



UNIVERSIDAD DEL SURESTE

CAMPUS TABASCO

LIC. EN ENFERMERÍA

TEMA:

ENSAYO

NOMBRE DEL ALUMNO: DANIEL DE JESUS JIMENEZ MARTINEZ

1 CUATRIMESTRE

GRUPO: B

DOCENTE: NERY FABIOLA ORNELAS RESENDIZ

VILLAHERMOSA, TABASCO A 5 DE NOVIEMBRE DEL 2021.

INTRODUCCION

En este ensayo se aprenderá a identificar los tipos de aminoácidos son una unidad que constituyen las proteínas las cuales son sus organizaciones estructurales las proteínas, tienen diferentes métodos las cuales serían ácidos, básicos o enzimáticos existen otros tipos de aminoácidos no proteicos y no forman parte de la estructura proteica. Donde podremos identificar que los aminoácidos son compuestos sólidos cristalizables y que tienen un comportamiento donde los aminoácidos son capaces de ionizarse. aprenderemos a identificar las estructuras de los aminoácidos saber dónde encontrarlos poder identificarlos de una manera rápida y poder trabajar con los aminoácidos.

Estructura y clasificación de los aminoácidos

De los más de 300 aminoácidos que existen de manera natural, 20 constituyen las unidades monómero de proteínas predominantes. Si bien un código genético de tres letras podría tener cabida para más de 20 aminoácidos, diversos aminoácidos son especificados por múltiples codones. Su redundancia limita los codones disponibles a los 20. Pueden usarse abreviaturas tanto de una como de tres letras para cada aminoácido a fin de representar los aminoácidos en péptidos y proteínas (cuadro 3-1). Algunas proteínas contienen aminoácidos adicionales que surgen por modificación de un aminoácido ya presente en un péptido. Los ejemplos incluyen conversión de peptidil prolina y lisina en 4-hidroxiprolina y 5-hidroxislisina; la conversión de peptidil glutamato en γ -carboxiglutamato, y la metilación, formilación, acetilación, prenilación y fosforilación de ciertos residuos aminoácido. Dichas modificaciones extienden la diversidad biológica de las proteínas al alterar su solubilidad, estabilidad e interacción con otras proteínas.

Estereoisómeros y propiedades ópticas de los aminoácidos.

La selenocisteína es un L- α -aminoácido que se encuentra en proteínas de cada dominio de vida. Los seres humanos contienen aproximadamente dos docenas de selenoproteínas que incluyen ciertas peroxidasas y reductasas, selenoproteína P que circula en el plasma, y las yodotironina desyodasas de las cuales depende la conversión de la prohormona tiroxina (T4) en la hormona tiroidea 3,3',5'-triyodotironina (T3) (capítulo 41). Como su nombre lo indica, un átomo de selenio reemplaza el azufre de su análogo estructural, cisteína. La pK_3 de la selenocisteína, 5.2, es tres

Propiedades químicas de los aminoácidos

Los aminoácidos son compuestos sólidos; incoloros; cristalizables; de elevado punto de fusión (habitualmente por encima de los 200 °C); solubles en agua; con actividad óptica y con un comportamiento anfótero. El comportamiento anfótero se refiere a que, en disolución acuosa, los aminoácidos son capaces de ionizarse, dependiendo del pH, como un ácido (cuando el pH es básico), como una base (cuando el pH es ácido) o como un ácido y una base a la vez (cuando el pH es neutro). En este último caso adoptan un estado dipolar iónico conocido como zwitterión.

Métodos de separación de aminoácidos

Los aminoácidos pueden separarse por distintos métodos: Cromatografía en columna o capa fina (cuando por el tamaño presenta diferentes velocidades de recorrido sobre el soporte de la placa cromatografía, separación a través de resinas (cuando existe una diferencia notable entre los volúmenes de los aminoácidos, los pequeños pasan y los grandes se retienen, en este caso la glicina es pequeña y la lisina más voluminosa); o por electroforesis, cuando existe también diferencias considerables entre los puntos isoeléctricos de los aminoácidos a separarse.

Péptidos y proteínas.

En mamíferos, las hormonas peptídicas en forma típica sólo contienen los veinte aminoácidos α genéticamente codificados enlazados por enlaces peptídicos estándar. Sin embargo, otros péptidos pueden contener aminoácidos no proteínicos, derivados de los aminoácidos proteínicos, o aminoácidos ligados por un enlace peptídico atípico. Los aminoácidos no proteínicos d-fenilalanina y ornitina están presentes en los antibióticos peptídicos cíclicos tirocidina y gramicidina S, mientras que los opioides heptapeptídicos dermorfina y deltoforina en la piel de ranas arborícolas (plataneras) sudamericanas contienen d-tirosina y d-alanina.

Péptidos con actividad biológica oxiócica, glutatión, factor liberador de las gonadotropinas.

El enlace peptídico está no cargado a cualquier pH de interés fisiológico; por ende, la formación de péptidos a partir de aminoácidos está acompañada de pérdida neta de una carga positiva y una negativa por cada enlace peptídico formado. Sin embargo, los péptidos están cargados a pH fisiológico debido a sus grupos carboxilo y amino terminales y, donde están presentes, sus grupos R ácidos o básicos. Al igual que para aminoácidos, la carga neta sobre un péptido depende del pH de su ambiente y de los valores de pKa de sus grupos en disociación.

Niveles estructurales de las proteínas.

La estructura de las proteínas puede jerarquizarse en una serie de niveles, interdependientes. Estos niveles corresponden a: *Estructura primaria*, que corresponde a la secuencia de aminoácidos unidos en fila. *Estructura secundaria*, que provoca la aparición de motivos

estructurales. *Estructura terciaria*, que define la estructura de las proteínas compuestas por un solo polipéptido. *Estructura cuaternaria*, si interviene más de un polipéptido.

Estructura primaria.

El número y el orden de todos los residuos aminoácidos en un polipéptido constituyen su estructura primaria. Los aminoácidos presentes en péptidos reciben el nombre de residuos aminoácido y obtienen su denominación mediante reemplazar los sufijos -ato o -ina de aminoácidos libres por -il (p. ej., alanil, aspartil, tirosil). La nomenclatura de los péptidos está en función de los derivados del residuo aminoácido carboxilo terminal; por ejemplo, Lis-LeuTir-Gln se llama lisil-leucil-tirosil-glutamina. Así, la terminación -ina en la glutamina indica que su grupo carboxilo α no participa en la formación del enlace peptídico.

Estructura secundaria.

La estructura secundaria de las proteínas es la disposición espacial local del esqueleto proteico, gracias a la formación de puentes de hidrógeno entre los átomos que forman el enlace peptídico, es decir, un tipo de enlace covalente, sin hacer referencia a la cadena lateral. Existen diferentes tipos de estructura secundaria: - Estructura secundaria ordenada, (repetitivos donde se encuentran los hélices alfa y cadenas beta, y no repetitivos donde se encuentran los giros beta y comba beta) -Estructura secundaria no ordenada -Estructura secundaria desordenada

Estructura terciaria.

Es el modo en que la cadena polipeptídica se pliega en el espacio, es decir, cómo se enrolla una determinada proteína, ya sea globular o fibrosa. Es la disposición de los dominios en el espacio. La estructura terciaria se realiza de manera que los aminoácidos apolares se sitúan hacia el interior y los polares hacia el exterior en medios acuosos. Esto provoca una estabilización por interacciones hidrofóbicas, de fuerzas de van der Waals y de puentes disulfuro¹ (covalentes, entre aminoácidos de cisteína convenientemente orientados) y mediante enlaces iónicos.

Estructura cuaternaria

La estructura cuaternaria deriva de la conjunción de varias cadenas peptídicas que, asociadas, conforman un ente, un multímero, que posee propiedades distintas a la de sus monómeros componentes. Dichas subunidades se asocian entre sí mediante interacciones no covalentes, como pueden ser puentes de hidrógeno, interacciones.

CONCLUSIÓN

Aprendimos que los aminoácidos son moléculas que se combinan para formar la proteína las cuales son pilares fundamentales en la vida cotidiana donde observamos que los aminoácidos se clasifican en tres grupos las cuales se encuentra el primario, secundaria y terciario las cual estructura de varias cadenas peptídicos donde dichas sub unidades se asocian entre sí mediante interacciones no covalentes, así como también hay diferentes métodos para separar los aminoácidos donde las estructuras de las proteínas pueden jerarquizarse en una serie de niveles.

BIBLIOGRAFIA

Berger M, Lawrence, MS, Demichelis F, et al: The genomic complexity of primary human prostate cancer. *Nature* 2011;470(7333):214. Bielas JH, Loeb KR, Rubin BP, et al: Human cancers express a mutator phenotype. *Proc Natl Acad Sci USA* 2006;103(48):18238.

CouzinFrankel J: Immune therapy steps up the attack. *Science* 2010;330:440.

Croce CM: Oncogenes and cancer. *N Engl J Med* 2008;358(5):502. (Es uno de una serie de 12 artículos sobre el origen molecular de cáncer publicados en esta revista entre el 31 de enero de 2008 y el 17 de diciembre de 2009.)