



UNIVERSIDAD DEL SURESTE
CAMPUS TAPACHULA

PRESENTA

LUIS DANIEL NOLASCO GONZÁLEZ

GRADO Y GRUPO

1°B

CARRERA

LICENCIATURA MEDICO CIRUJANO

MATERIA

BIOQUIMICA

DOCENTE

DR. GUILLERMO DEL SOLAR VILLAREAL

TAPACHULA, CHIAPAS 12 DE OCTUBRE 2024

INTRODUCCION

La estructura tridimensional de las proteínas es clave para su función biológica y se organiza en varios niveles de complejidad. Cada proteína está compuesta por una secuencia única de aminoácidos, lo que determina cómo se pliega en una estructura tridimensional específica. Esta disposición espacial es fundamental para que la proteína interactúe con otras moléculas y lleve a cabo su función dentro de la célula.

La conformación de una proteína se mantiene estable gracias a interacciones débiles, como los enlaces de hidrógeno, las interacciones hidrofóbicas, las fuerzas de Van der Waals y los enlaces iónicos, que actúan entre los aminoácidos. Estas fuerzas no covalentes son suficientes para asegurar que la proteína mantenga su estructura sin necesidad de enlaces más fuertes, lo que permite flexibilidad y dinamismo. El enlace peptídico, que une los aminoácidos para formar la cadena proteica, es el pilar fundamental de la estructura primaria de las proteínas. Este enlace es covalente y forma una secuencia lineal de aminoácidos. Sin embargo, el simple encadenamiento de aminoácidos no es suficiente para dar a la proteína su funcionalidad; el plegamiento y la organización en estructuras secundarias, terciarias y cuaternarias son necesarios para alcanzar una conformación. La estructura secundaria se refiere a patrones locales dentro de la proteína, como las hélices alfa y las láminas beta. Estos ajustes son estabilizados principalmente por enlaces de hidrógeno entre los átomos del esqueleto de la cadena polipeptídica. A partir de aquí, la estructura se organiza aún más en una estructura terciaria tridimensional, que define la forma general de una sola cadena proteica. En algunas proteínas, varias cadenas polipeptídicas interactúan entre sí para formar una estructura cuaternaria. Finalmente, la secuencia de aminoácidos es el elemento más básico y determinante de todas estas estructuras, ya que dicta cómo la proteína se plegará y qué funciones podrán realizar. La compleja relación entre la secuencia y la estructura final es un campo fundamental en la bioquímica y biología estructural, ya que explica cómo una proteína puede funcionar de manera específica y eficaz.

ESTRUCTURA TRIDIMENSIONAL DE LAS PROTEÍNAS.

Las proteínas son moléculas grandes. El esqueleto covalente de una proteína típica se compone de centenares de enlaces individuales. Las proteínas pueden adoptar en principio un número ilimitado de conformaciones, y cada proteína conforme a cada estructura tridimensional diferente que tiene también su función.

VISIÓN GENERAL DE LA ESTRUCTURA DE LAS PROTEÍNAS.

Se denomina conformación a la disposición espacial de los átomos de una proteína o parte de las proteínas que se encuentran en cualquiera de sus conformaciones funcionales y plegadas se denominan proteínas nativas.

La conformación de una proteína está estabilizada por interacciones débiles.

Es el término estabilidad puede definirse como tendencia a mantener la conformación nativa. El valor de la entropía, puede junto con las interacciones por enlace de hidrógeno de muchos grupos de la cadena polipeptídica con el disolvente (agua).

TIENE A FAVORRECER EL MANTENIMIENTO DEL ESTADO DE PLÉGADO.

MUCHAS PROTEÍNAS CARECEN DE ENLACES DE DISULFURO EN EUKARIOTAS, ESTOS ENLACES SE ENCUENTRAN EN PROTEÍNAS SECRETADAS EXTRACELULARMENTE. EL EFECTO HIDROFÓBICO JUEGA UN PAPEL IMPORTANTE EN LA ESTABILIZACIÓN DE LA CONFORMACIÓN DE LAS PROTEÍNAS. EL INTERIOR DE UNA PROTEÍNA ESTÁ ESTRUCTURADO POR UN NUCLEO EMPAQUETADO DE CADENAS LATERALES HIDROFÓBICAS DE AMINOACIDOS.

ENLACE PEPTÍDICO ES PLANO Y RÍGIDO

LOS ENLACES CVALENTES TAMBIEN IMPONEN LIMITES IMPORTANTES A LAS POSIBLES CONFORMACIONES DE UN POLIPEPTIDO. EL ENLACE POLIPEPTÍDICO TIENE UN CARACTER DE DOBLE ENLACE PARCIAL QUE MANTIENE A LOS SEIS ÁTOMOS DEL GRUPO PEPTÍDICO EN UNA CONFIGURACIÓN PLANA RÍGIDA. LOS ENLACES N-C Y C α -C PUEDEN ROTAR ADQUIRIENDO DIVERSOS VALORES EN LOS ÁNGULOS ϕ Y ψ .

ESTRUCTURA SECUNDARIA DE LAS PROTEÍNAS

SE REFIERE O CUALQUIERA SEGMENTO DE UNA CADENA POLIPEPTÍDICA Y DESCRIBE LA DISTRIBUCIÓN ESPACIAL LOCAL DE LOS ÁTOMOS DE SU CADENA PRINCIPAL.

UNA ESTRUCTURA SEC. SE CONSIDERA REGULAR CUANDO TODOS LOS ÁNGULOS DEBEN ϕ Y ψ ADOPTAN VALORES IGUALES EN TODO EL SEGMENTO.

LA SECUENCIA DE AMINOACIDOS AFECTA A LA ESTABILIDAD DE LA HELICE α

NO TODOS LOS POLIPEPTIDOS PUEDEN FORMAR UNA HELICE α ESTABLE. CADA RESIDUO AMINOACIDO DE UN POLIPEPTIDO TIENE UNA TENDENCIA INTRINSECA A FORMAR HELICE α , LO QUE REFLEJA LAS PROPIEDADES DEL GRUPO R Y EL MODO EN QUE ESTAS AFECTAN LA CAPACIDAD DE LOS ATOMOS DE CADENA PRINCIPAL CIRCUNDADES PARA ADAPTARSE A LOS VALORES CARACTERISTICOS DE LOS ANGULOS ϕ Y ψ .

EN CADA ENLACE PEPTIDICO EXISTE UN PEQUEÑO DIPOLO ELECTRICO. LA HELICE α Y LA CONFORMACION β SON LAS ESTRUCTURAS SECUNDARIAS REPETITIVAS MAS IMPORTANTES EN GRAN NUMERO DE PROTEINAS AUNQUE EXISTEN OTRAS ESTRUCTURAS REPETITIVAS EN PROTEINAS ESPECIALIZADAS.

LA ESPECTROSCOPIA DE DICROISMO CIRCULAR ES UN METODO UTIL PARA CONOCER LA ESTRUCTURA SECUNDARIA Y PARA SEGUIR EL PLEGAMIENTO DE PROTEINAS

ESTRUCTURA TERCARIA Y CUATERNARIA DE LAS PROTEINAS.

LA DISPOSICION TRIDIMENSIONAL GLOBAL DE TODOS LOS ATOMOS DE UNA PROTEINA SE CONOCE COMO

ESTRUCTURA TERCARIA

ALGUNAS PROTEÍNAS CONTIENEN UNA O MÁS CADENAS
POLIPEPTÍDICAS SEPARADAS, O SUBUNIDADES, QUE PUEDE
SER IDENTIFICADAS O DIFERENTES. LA DISTRIBUCIÓN DE
DE ESTAS CONSTITUYE A LA ESTRUCTURA CUATERNARIA

LOS GRUPOS DE PROTEÍNAS SE CLASIFICAN EN
DOS GRUPOS:

- PROTEÍNAS FIBROSAS: PRESENTAN CADENAS POLIPEPTÍDICAS
DISTRIBUIDAS A CARGAS HERBRAS U HOJAS.
- PROTEÍNAS GLOBULARES: SON CADENAS POLIPEPTÍDICAS
PLEGADAS EN FORMAS GLOBULARES O ESFERICAS.

ESTRUCTURA

PRIMARIA

Está constituida por la secuencia de aminoácidos de una cadena polipeptídica

Se diferencia en

- El número de aminoácidos
 - El tipo de aminoácidos en su orden
- cualquier alteración en su orden de aminoácidos determina una proteína diferente

SECUNDARIA

carácter segmentado de cadena polipeptídica describe la distribución espacial de cada aminoácido

- CO -

como como

aceptar de H+

Forma espines

Heuter (C₁₂)

- NH -

como donador

de H+

Lamina

TERCIARIA

Como cuando existen interacciones en las zonas B y D y cada una de ellas determina su función

Tiros

Albúmina

+ Menor en su orden y no tiene grandes modificaciones

Glóbulos

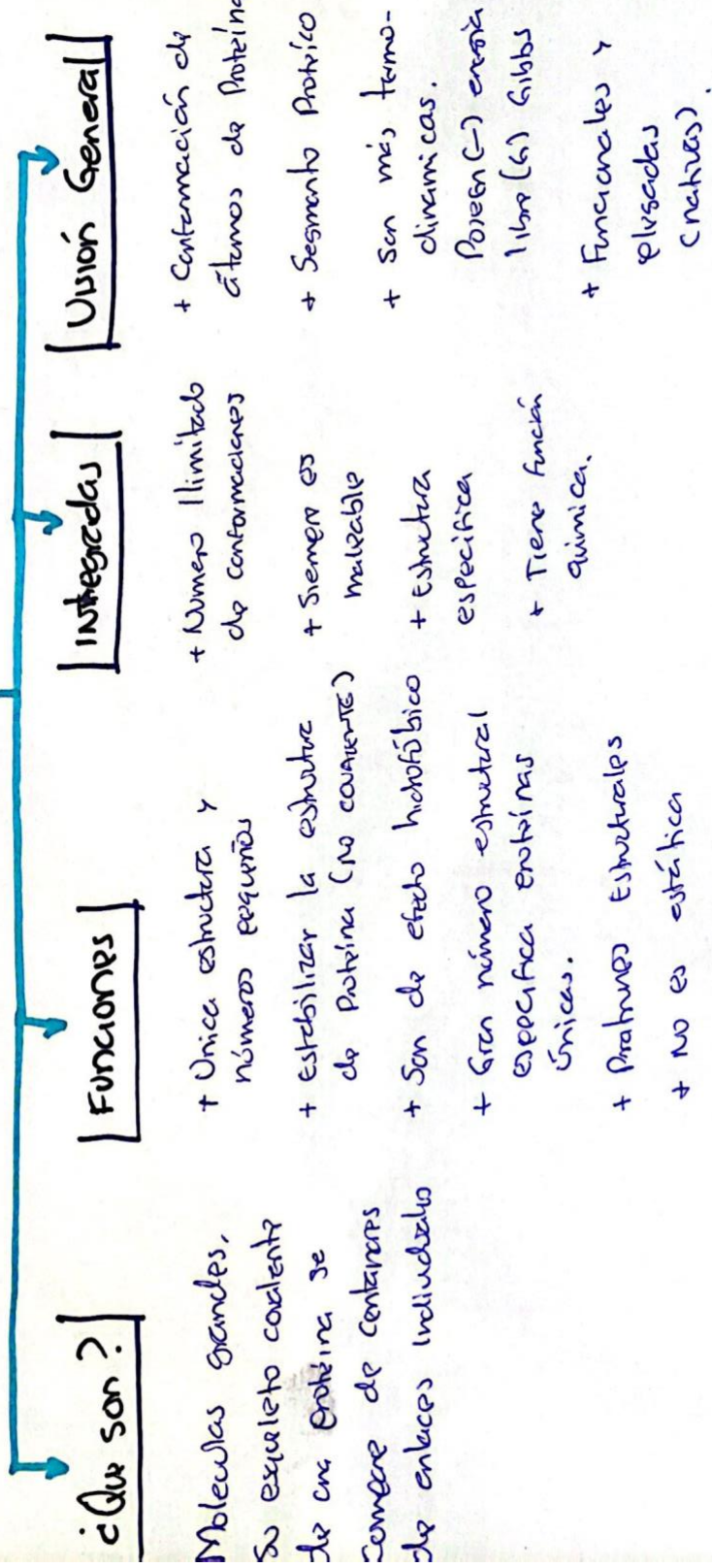
- + Es esférica
- + se forma espines al azar.
- + Hélice, láminas y carboxilo

CUATERNARIA

incluye la interacción de más de una cadena polipeptídica de las anteriores

o en asociación de subunidades por

ESTRUCTURA TRIDIMENSIONAL DE LAS PROTEINAS



¿Que son?

Moléculas grandes,
 Su esqueleto covalente
 de una proteína se
 compone de enlaces
 de enlaces individuales

Funciones

- + Única estructura y números pequeños
- + Estabilizar la estructura de proteína (no covalente)
- + Son de efecto hidrofóbico
- + Gran número estructural específica proteínas únicas.
- + Proteínas estructurales
- + No es estática

Integridad

- + Número limitado de conformaciones
- + Siempre es maleable
- + Estructura específica
- + Tiene función química.

Unión General

- + Conformación de átomos de proteínas
- + Segmento Protéico
- + Son más termodinámicas.
- + Poseen (-) energía libre (G) Gibbs
- + Funcionales y plisadas (netras).

CONCLUSION

La estructura tridimensional de las proteínas es crucial para su función biológica y se fundamenta en una serie de interacciones y características estructurales. En una visión general, cada proteína se forma a partir de una secuencia específica de aminoácidos, que se conoce como su estructura primaria. Esta secuencia determina cómo la cadena polipeptídica se pliega, formando estructuras más complejas a través de los enlaces peptídicos que conectan los aminoácidos.

A medida que la proteína se pliega, se desarrollan patrones de estructura secundaria, como hélices alfa y láminas beta, que son estabilizados por enlaces de hidrógeno. Estos patrones son esenciales para la conformación global de la proteína. La estructura terciaria, que representa la conformación tridimensional final de la proteína, está estabilizada principalmente por interacciones débiles como enlaces de hidrógeno, interacciones hidrofóbicas, puentes disulfuro y fuerzas de Van der Waals. Estas interacciones permiten que la proteína mantenga su forma activa y funcional, mientras que también le otorgan la flexibilidad necesaria para participar en interacciones con otras moléculas.

En conclusión, la estructura tridimensional de las proteínas es un resultado directo de su secuencia de aminoácidos, los enlaces peptídicos que la mantienen unida, las configuraciones de estructura secundaria y las interacciones débiles que estabilizan su conformación final. La comprensión de estos aspectos es fundamental para descifrar cómo las proteínas llevan a cabo sus diversas funciones biológicas, y cualquier alteración en estas interacciones puede tener implicaciones significativas en la actividad y estabilidad de la proteína.