



Mi Universidad

Nombre del Alumno: Victor Manuel Moreno Villatoro

Nombre del tema: Estructura tridimensional de las proteínas

Nombre de la Materia: Bioquímica

Nombre del profesor: Guillermo Villarreal Delsolar

Nombre de la Licenciatura: Medicina Humana

Primer semestre grupo: A

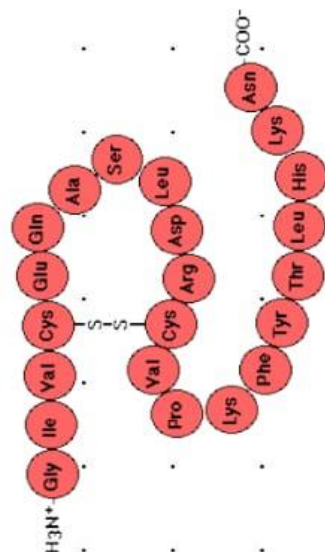
David L. Nelson Michael M. Cox.7.a EDICION., Lehninger, PRINCIPIOS de
BIOQUIMICA, págs. 115-156.

INTRODUCCION

Las proteínas son moléculas grandes. El esqueleto covalente de una proteína típica se compone de centenares de enlaces individuales. Dado que es posible la rotación libre alrededor de muchos de estos enlaces, las proteínas pueden adoptar, en principio, un número ilimitado de conformaciones. Sin embargo, cada proteína tiene una función química o estructural específica, lo que sugiere que cada proteína posee una estructura tridimensional única. ¿Qué estabilidad tiene esta estructura? ¿Qué factores rigen su formación y cómo se mantiene estable? A finales de los años 1920 se había cristalizado varias proteínas, entre ellas la hemoglobina (Mr. 64.500) y el enzima ureasa (Mr. - 183.000). Dado que, en general, la ordenación de las moléculas en un cristal solo se puede dar cuando las unidades moleculares que componen el cristal son idénticas, el simple hecho de que las proteínas puedan cristalizar es una prueba muy importante de que incluso las proteínas muy grandes son entidades químicas discretas con estructura única. Esta conclusión revolucionó el pensamiento vigente acerca de las proteínas y sus funciones, pero dio lugar a una visión incompleta. La estructura de las proteínas siempre es maleable, a veces de manera sorprendente. Los cambios estructurales pueden ser tan importantes para la función de la proteína como la estructura misma. En este capítulo exploraremos la estructura de las proteínas. Haremos énfasis en seis temas. En primer lugar, la estructura o estructuras tridimensionales adoptadas por una proteína vienen determinadas por su secuencia de aminoácidos. En segundo lugar, la función de una proteína depende de su estructura. En tercer lugar, la mayoría de proteínas aisladas existen en una (única) forma estructural o un número limitado de ellas. En cuarto lugar, las fuerzas más importantes que estabilizan la estructura específica de una proteína son de naturaleza no covalente; el efecto hidrofóbico es particularmente importante. En quinto lugar, dentro del gran número de estructuras proteicas únicas, es posible reconocer algunos patrones estructurales comunes que nos ayudan a organizar nuestro conocimiento sobre la arquitectura de las proteínas. Finalmente, la estructura de las proteínas no es estática. Todas las proteínas experimentan cambios de conformación, que pueden ser sutiles o espectaculares. Partes de muchas proteínas no poseen estructura discernible. Para algunas proteínas, la falta de estructura definida resulta básica para su función.

PROTEÍNAS

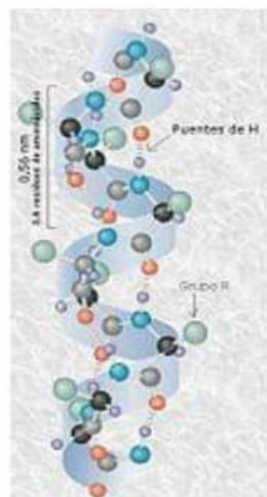
- Composición
- Forma Tridimensional
- Función



Forma tridimensional

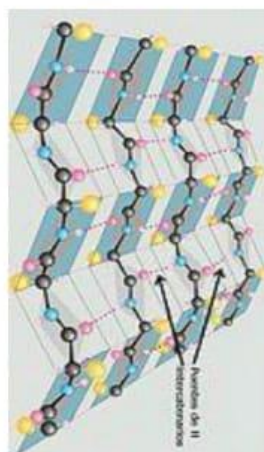
Primaria

El grupo carboxilo de un aminoácido se une al grupo amino del aminoácido siguiente, formando un enlace amida durante la reacción se elimina agua. Las unidades de aminoácidos de una cadena peptídica denominan residuos aminoácidos. Una cadena peptídica formada por 3 residuos aminoácidos se denomina tripéptido. Por convención, el amino terminal se considera el primer residuo y la secuencia de aminoácidos se escribe de izquierda a derecha. El residuo aminoácido que tiene un grupo amino libre en uno de los extremos del péptido se denomina aminoácidos N-Terminal



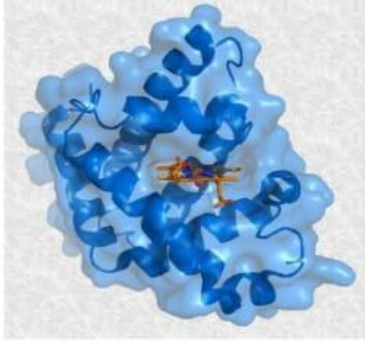
Secundaria

Hace referencia a la estructura local de la cadena polipeptídica. Esta estructura está determinada por las interacciones mediante puentes de hidrogeno entre el oxígeno del grupo carboxílico de una cadena peptídica y el hidrogeno de amida de otro puente peptídico cercano. Existen 2 tipos de estructuras secundarias: la hélice Alpha y la hoja plegada beta.



La hélice Alpha es una estructura en forma de varilla con la cadena peptídica fuertemente enrollada y con las cadenas laterales de los residuos aminoácidos extendiéndose hacia fuera del eje de la espiral. Cada grupo carboxilo amídico está unido mediante un puente de hidrogeno al grupo amida de un enlace peptídico

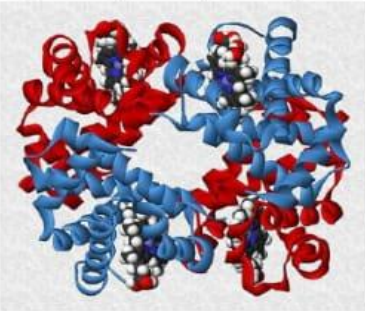
La hoja Plegada de hidrogeno se forman lateralmente entre los enlaces peptídicos, las secuencias polipeptídicas se ordenan de forma paralela o antiparalela entre sí, en una disposición que se denomina hoja plegada B. Esta enrollada con enlaces carbono carbono, son tetraédricas y no pueden existir en una configuración plana



Terciaria

Se denominan así a su conformación tridimensional, plegada y biológicamente activa. Esta estructura refleja la forma global de la molécula y por lo general consta de varias unidades pequeñas de menor tamaño plegadas denominadas dominios.

Esta estabilizada por las interacciones entre los grupos funcionales de las cadenas laterales, puentes de disulfuro covalentes, enlaces de hidrógeno, puentes salinos e interacciones hidrofóbicas. Las cadenas laterales de triptófano y arginina sirven como donadores de hidrogeno, mientras que la asparagina, la glutamina, la seria y la treonina pueden servir tanto de donadores como de aceptores de hidrógeno. La lisina



Cuaternaria

Hace referencia a un complejo o un ensamblaje de dos o más cadenas peptídicas que se mantienen unidas por interacciones no covalentes o, en algunos casos, covalentes. En general, la mayoría de las proteínas mayores de cincuenta kDa constan de más de una cadena y se les conoce como proteínas dimericas, triméricas o multiméricas. Muchas proteínas que contienen varias subunidades están compuestas por diferentes tipos de subunidades funcionales, como las subunidades reguladoras y las catalíticas.

CONCLUSION

La estructura tridimensional de las proteínas es un factor determinante de su actividad biológica y se caracteriza por tener cuatro niveles de complejidad: primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria.

Cada nivel de estructura se define de la siguiente manera:

Estructura primaria: Es la secuencia lineal de aminoácidos que componen la proteína.

Estructura secundaria: Se define por las interacciones locales de tramos de la cadena polipeptídica, que pueden formar hélices α y láminas β .

Estructura terciaria: Se forma cuando la estructura secundaria se pliega sobre sí misma, originando una conformación globular.

Estructura cuaternaria: Define cómo múltiples subunidades proteicas interaccionan para formar complejos más grandes.

Cuando una proteína pierde su estructura tridimensional, se dice que se desnatura. Esto significa que la estructura se aleja de su forma nativa debido a un cambio en su conformación tridimensional.

La estructura tridimensional de una proteína es un factor determinante en su actividad biológica. Tiene un carácter jerarquizado, es decir, implica unos niveles de complejidad creciente que dan lugar a 4 tipos de estructuras: primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria.