

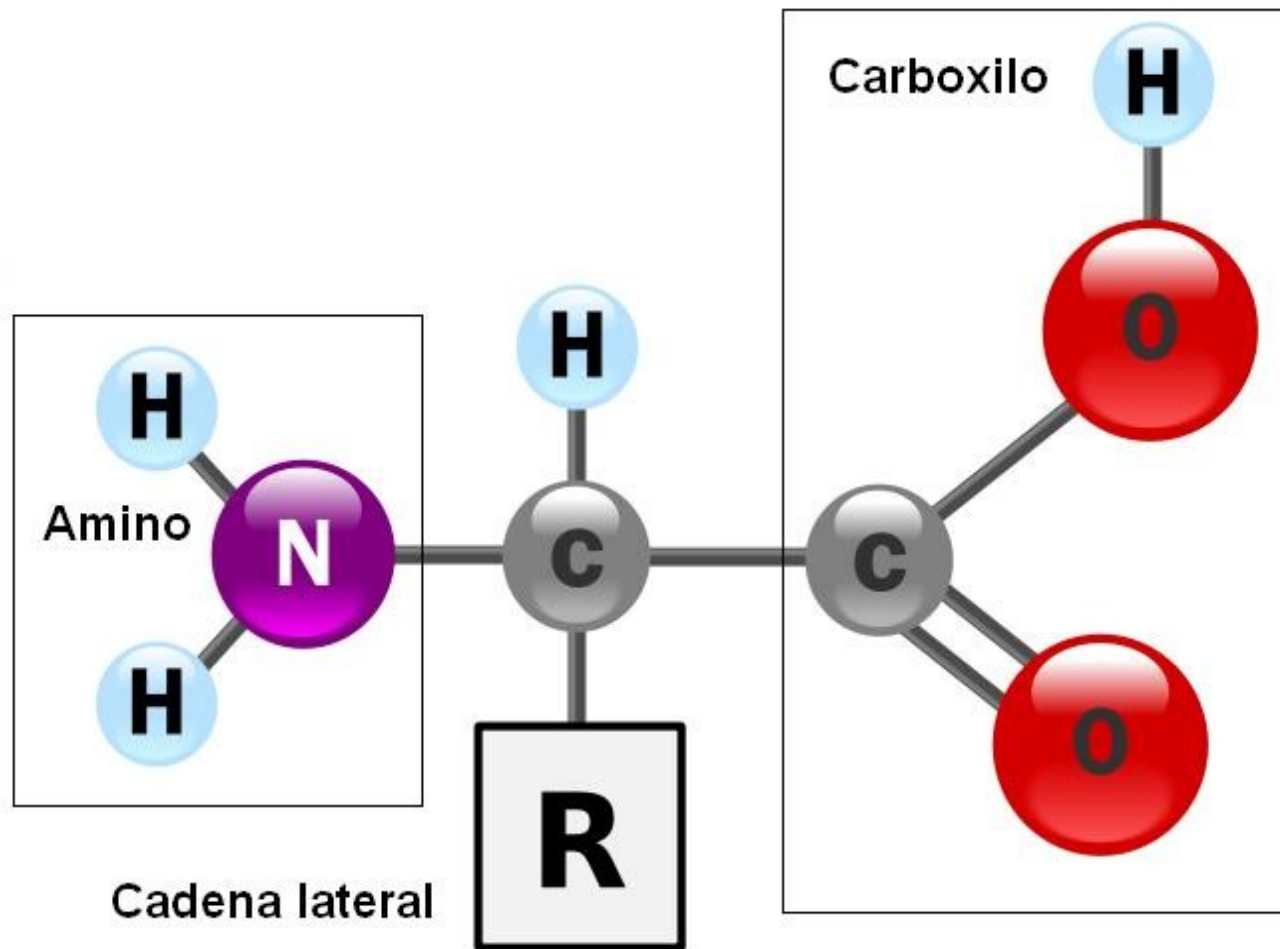
Las proteínas



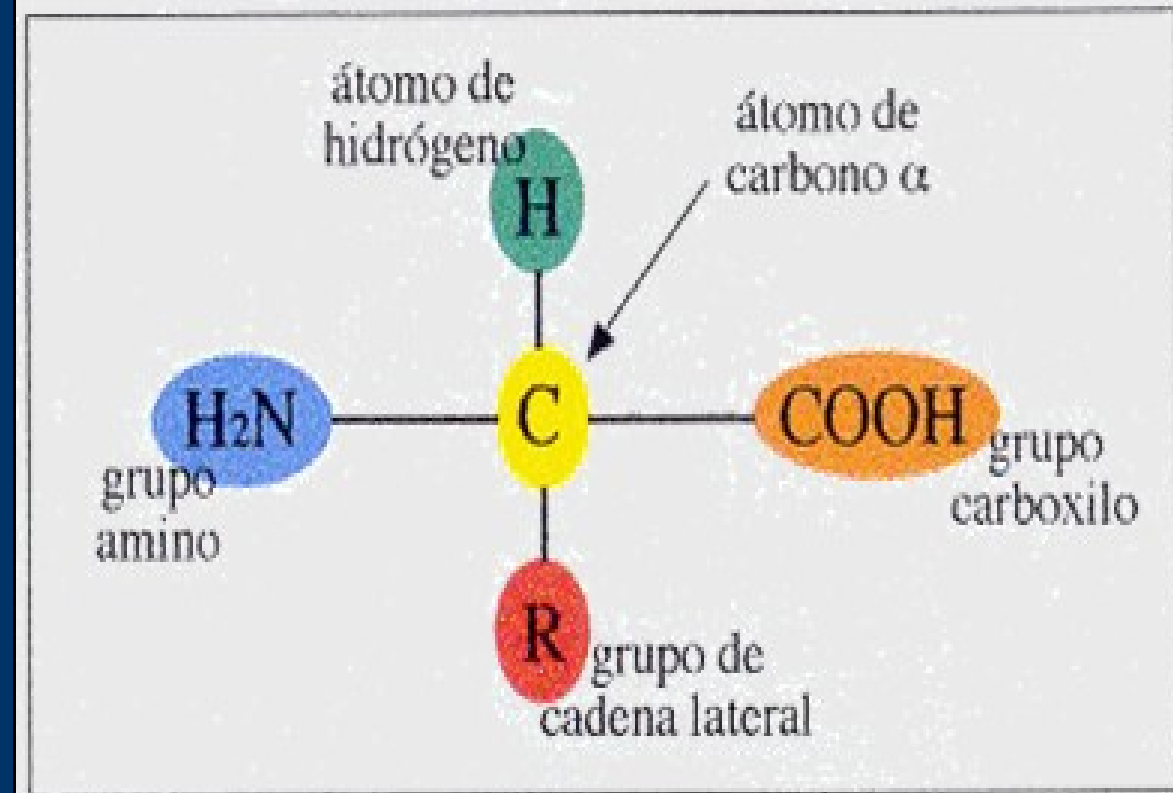
AMINOÁCIDOS: LOS MONÓMEROS DE LAS PROTEÍNAS

Los aminoácidos son moléculas sencillas, con una estructura general que presenta:

- 1- Una parte común, con un grupo carboxilo y un grupo amino unidos al mismo átomo de carbono, que se denomina "carbono α "
- 2- Una parte variable, que es una cadena lateral o grupo R, diferente para cada aminoácido

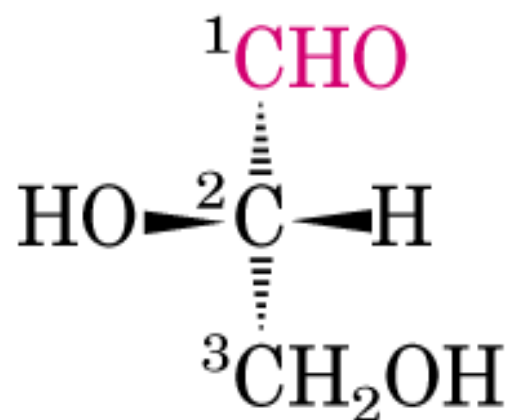


La fórmula general de un aminoácido es:

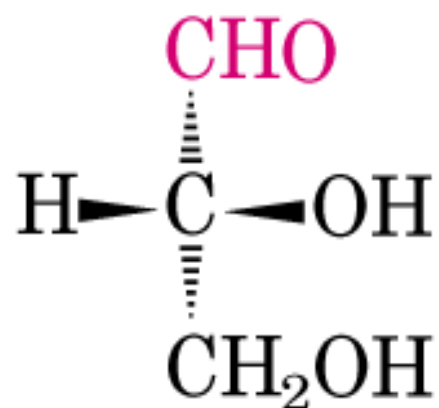


ESTEROISOMERÍA DE LOS AMINOÁCIDOS

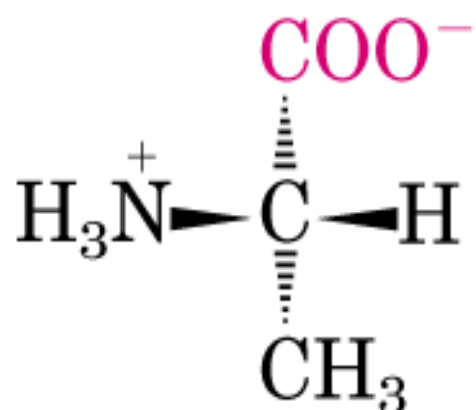
En todos los aminoácidos, a excepción de la Glicina cuyo grupo R es -H, el átomo de carbono α es asimétrico, por lo que presentan actividad óptica y estereoisomería. Los estereoisómeros se nombran atendiendo a la configuración del Carbono asimétrico, de manera análoga al gliceraldehído. Colocando la cadena carbonada vertical, con la parte más oxidada hacia arriba, el isómero D es el que presenta el grupo amino a la derecha y el isómero L el que lo presenta a la izquierda. Todos los aminoácidos que forman parte de las proteínas son de la serie L.



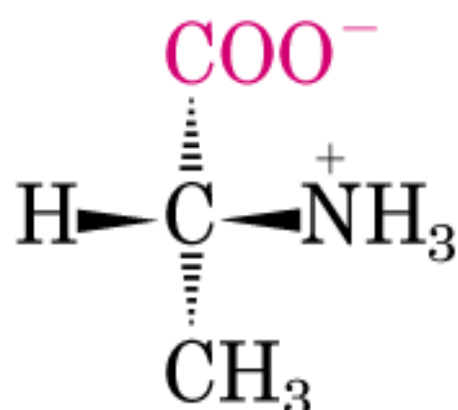
L-Glyceraldehyde



D-Glyceraldehyde



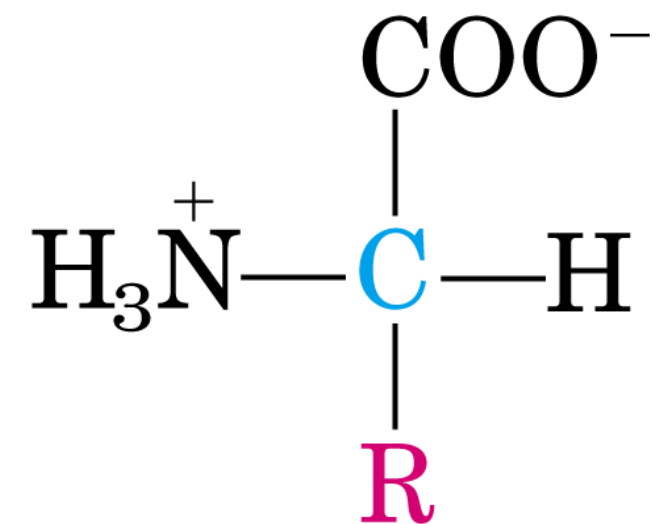
L-Alanine



D-Alanine

La configuración D o L no indica la desviación que experimenta el plano de luz polarizada al atravesar el aminoácido, según la cual éste puede ser dextrógiro(+) o levógiro(-).

L-AMINOÁCIDO



AMINOÁCIDOS COMPONENTES DE LAS PROTEÍNAS

Todas las proteínas de los seres vivos están compuestas por los mismos 20 aminoácidos.

Los aminoácidos proteicos se clasifican atendiendo a la polaridad de sus grupos R en:

- No polares
- Polares sin carga
- Polares con carga positiva
- Polares con carga negativa

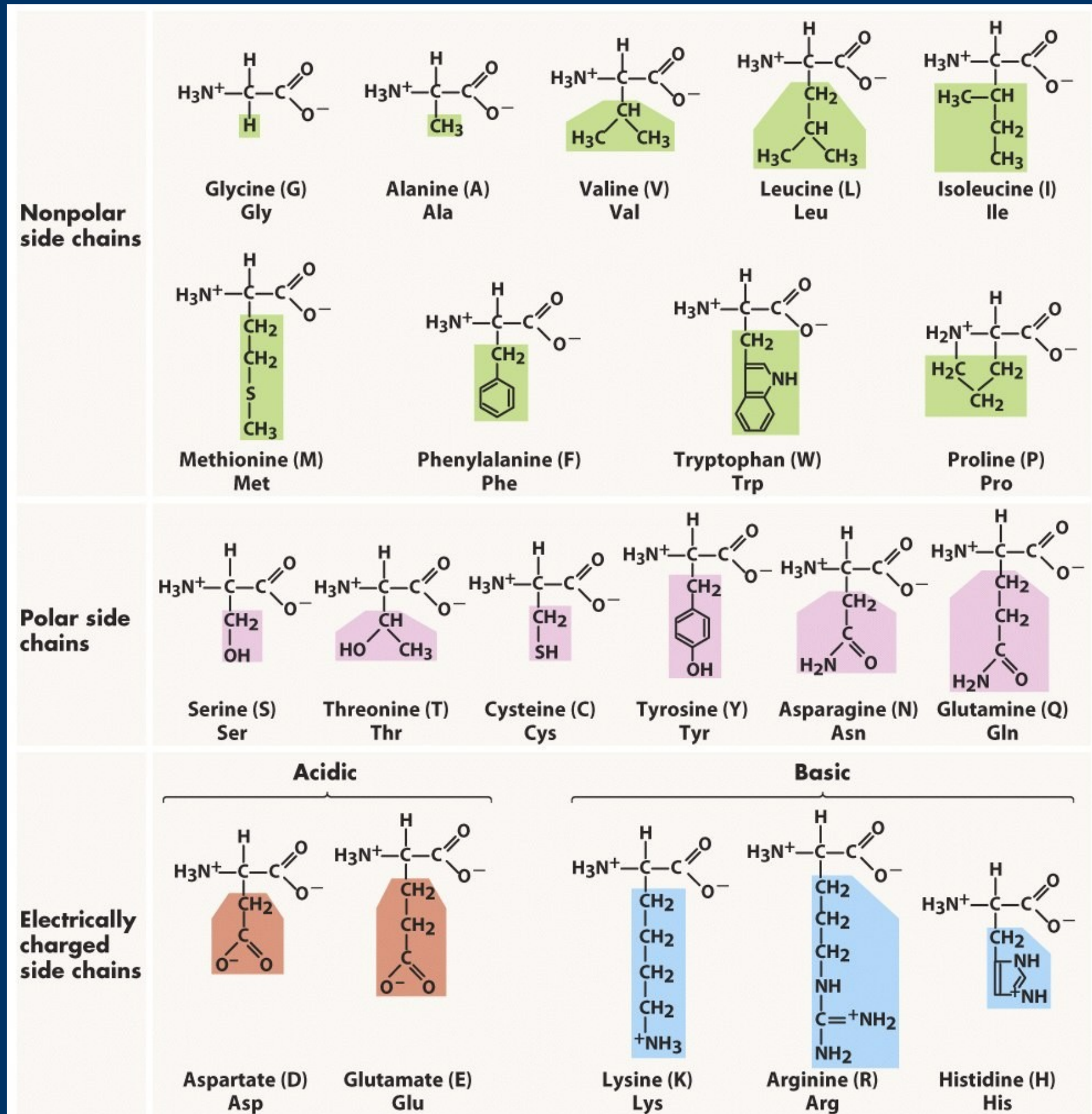


Figure 3-5 Biological Science, 2/e

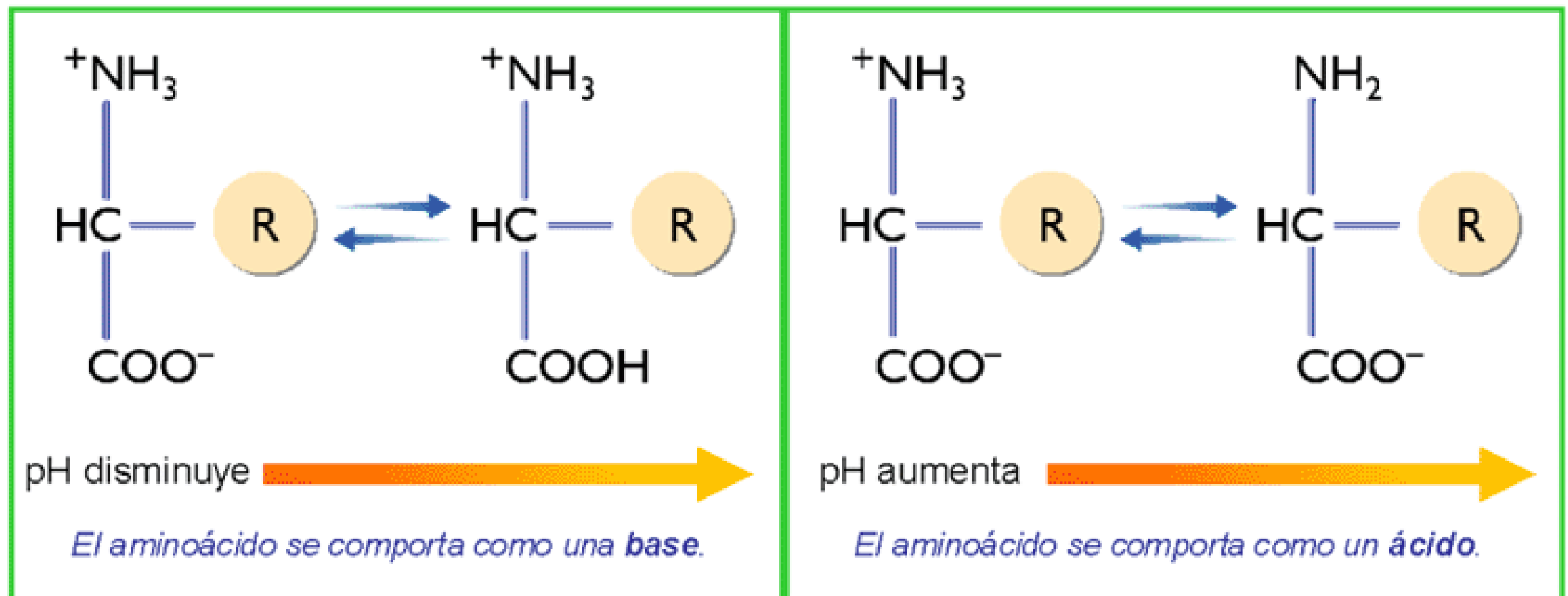
LOS AMINOÁCIDOS SON COMPUESTOS ANFÓTEROS

En una disolución acuosa (pH neutro) los aminoácidos forman **iones dipolares**.

Un ion dipolar se puede comportar como ácido o como base según el pH de la disolución.

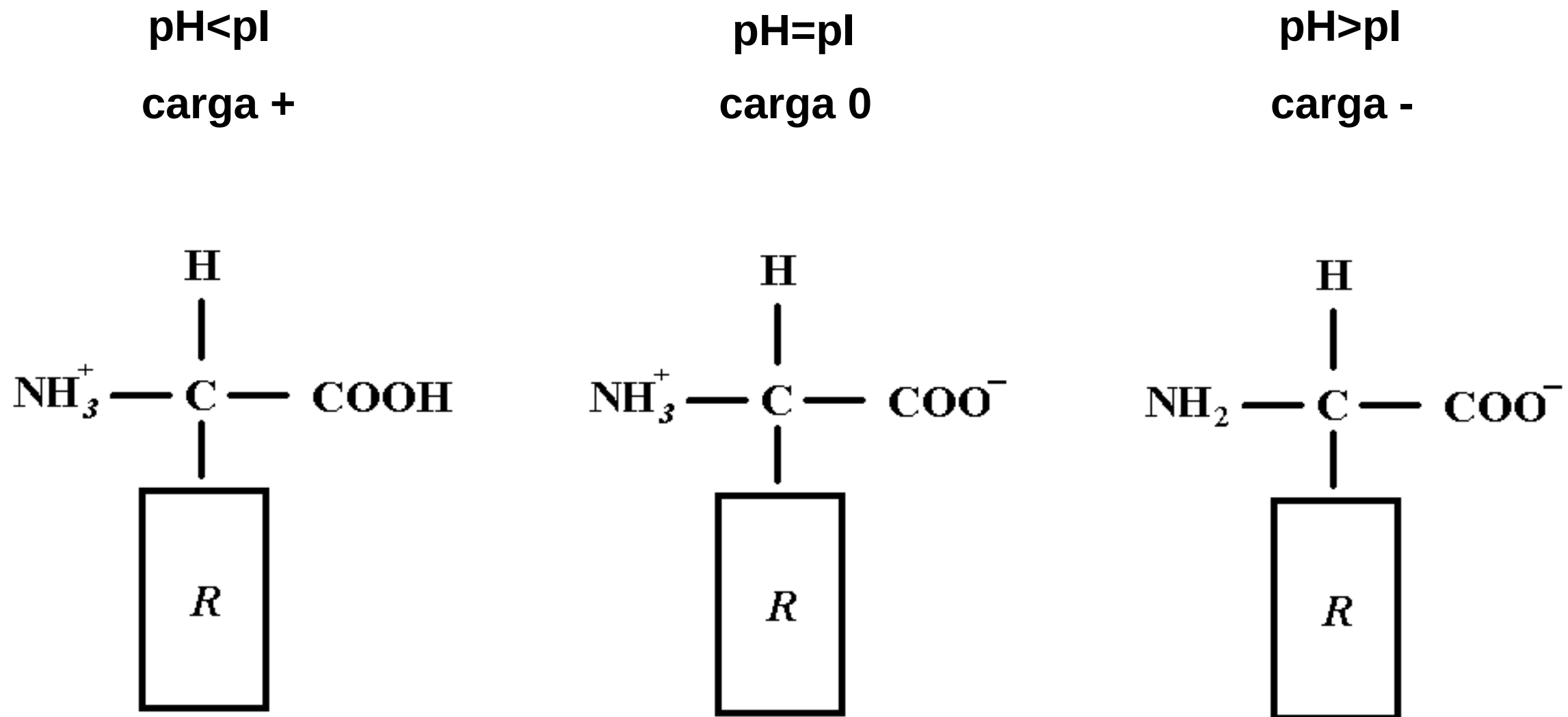
Las sustancias que poseen esta propiedad se denominan **anfóteras**.

CARÁCTER ANFÓTERO DE LOS AMINOÁCIDOS



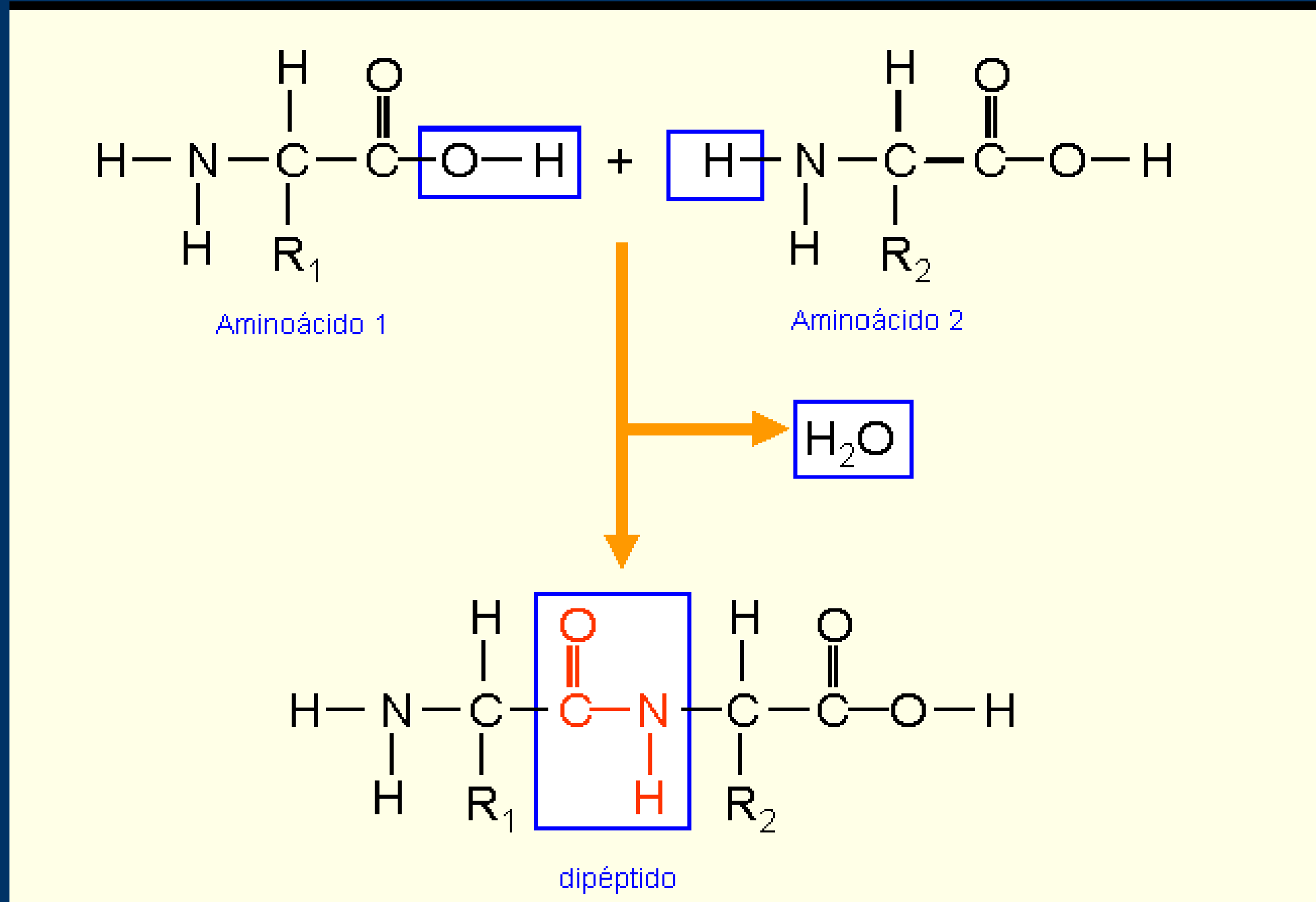
PH ISOELÉCTRICO DE LOS AMINOÁCIDOS

En disolución acuosa los aminoácidos se presentan ionizados y las formas iónicas predominantes dependen del valor de pH de la disolución. Para cada aminoácido existe un pH en el que su molécula es eléctricamente neutra, presentándose en forma de “ión dipolar”, con carga positiva en el grupo amino y negativa en el carboxilo. A este pH característico se le denomina “pH isoeléctrico” o “punto isoeléctrico” del aminoácido (pI). El pI es aproximadamente 7 para los aminoácidos que solo poseen un grupo amino y un grupo carboxilo, menor que 7 para los aminoácidos ácidos y superior a 7 para los básicos.



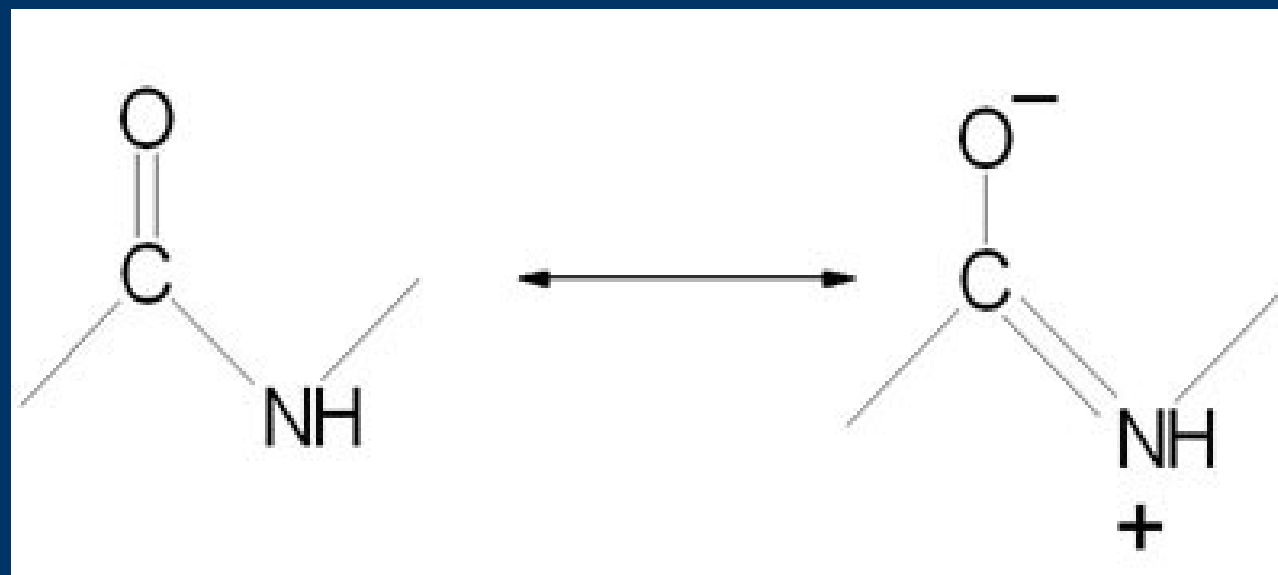
EL ENLACE PEPTÍDICO

Los aminoácidos se unen covalentemente entre sí mediante enlaces de tipo amida, denominados “enlaces peptídicos”, originando Oligopéptidos (pocos aminoácidos) y polipéptidos (mas de 10 aminoácidos). El enlace se forma por eliminación de una molécula de agua entre el grupo carboxilo de un aminoácido y el grupo amino del siguiente.



CARACTERÍSTICAS DEL ENLACE PEPTÍDICO (I)

Los estudios de difracción de rayos X de cristales de aminoácidos y de dipéptidos y tripéptidos simples demostraron que el enlace amida C-N de un péptido es ligeramente más corto que el enlace C-N de una amina simple y que los átomos asociados con el enlace son coplanares. Esto indica la existencia de una resonancia, es decir, que el O carbonílico y el N amida comparten parcialmente dos pares de electrones o, lo que es lo mismo, **el enlace peptídico tiene carácter parcial de doble enlace** (los enlaces C-O y C-N tienen estructuras intermedias entre el enlace simple y el doble). Ello se debe al desplazamiento de los electrones que participan en el enlace, siendo posibles dos estructuras resonantes que se superponen. La estructura real es la intermedia entre las dos resonantes.

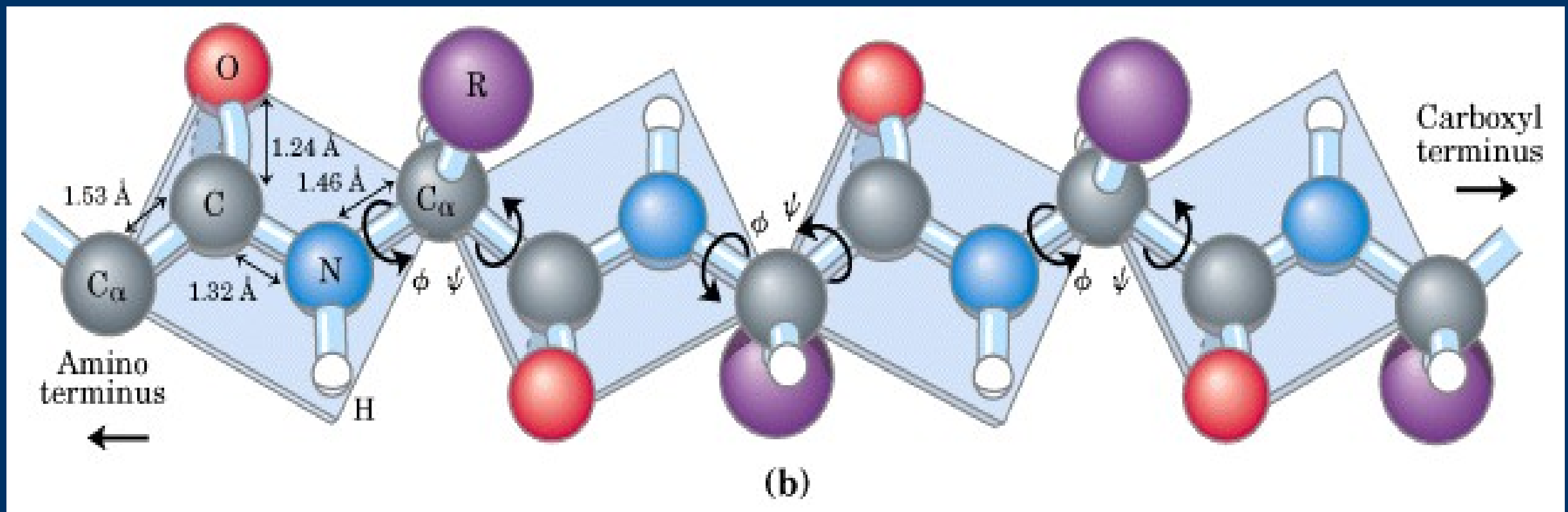


el enlace peptídico tiene carácter parcial de doble enlace debido a la resonancia

CARACTERÍSTICAS DEL ENLACE PEPTÍDICO (II)

El carácter parcial de doble enlace que tiene el enlace peptídico hace que sea **relativamente rígido y no pueda girar libremente**. Además, **los cuatro átomos del enlace peptídico se hallan localizados en el mismo plano, con los átomos de oxígeno y de hidrógeno en posición trans**, es decir, en lados opuestos del enlace peptídico. De esta manera, los únicos enlaces con libertad de giro son los que unen al carbono α con los átomos adyacentes y, así, la cadena peptídica presenta una serie de planos que pueden girar por los carbonos α , lo cual limita el número de posibles conformaciones de estas cadenas.

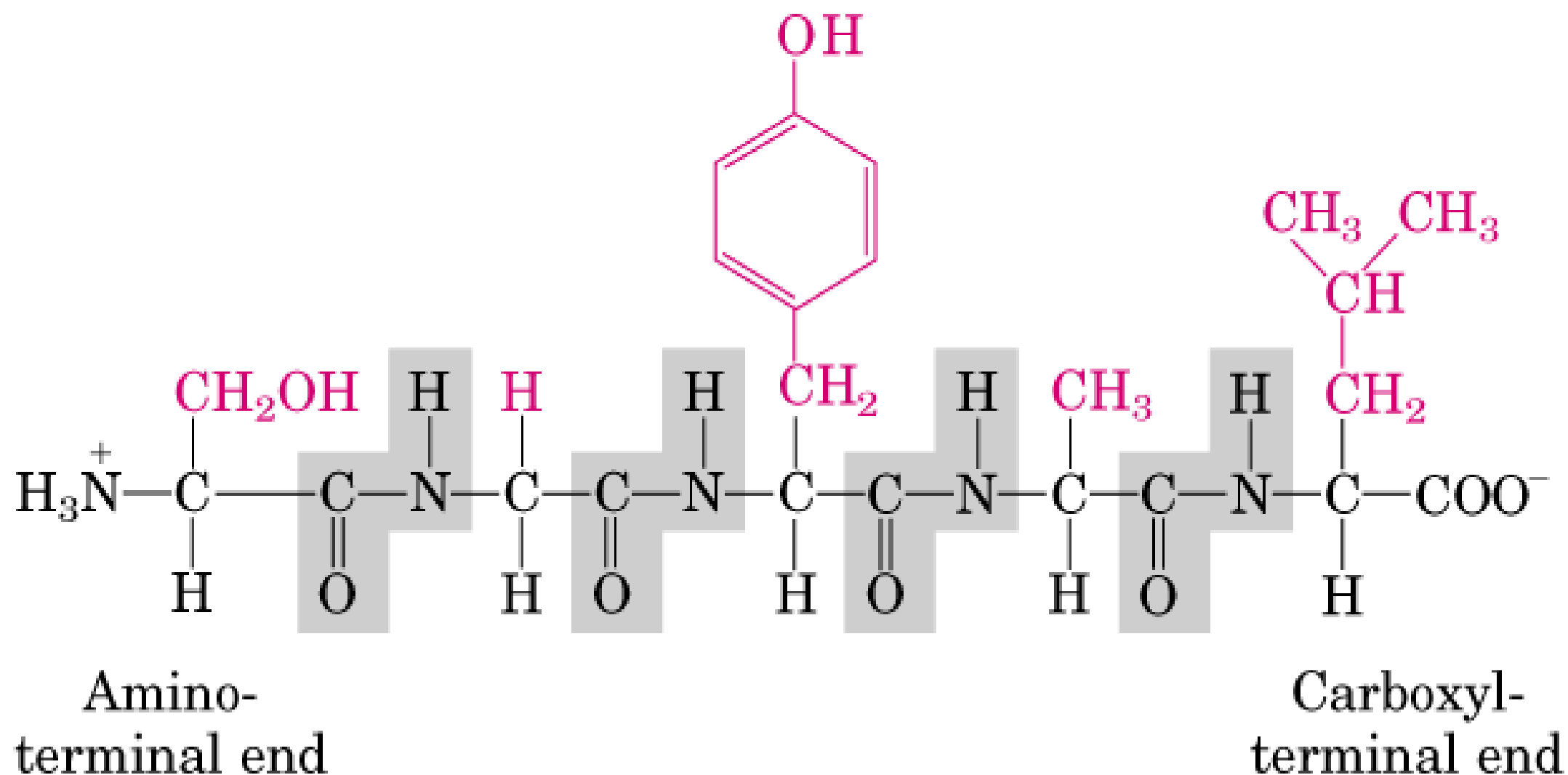
Animación



La cadena peptídica no puede girar por los enlaces peptídicos.
Los 4 átomos de los grupos CO y NH del enlace peptídico son coplanares con el O y el H en posición trans

ESQUELETO COVALENTE Y EXTREMOS DE LAS CADENAS PEPTÍDICAS

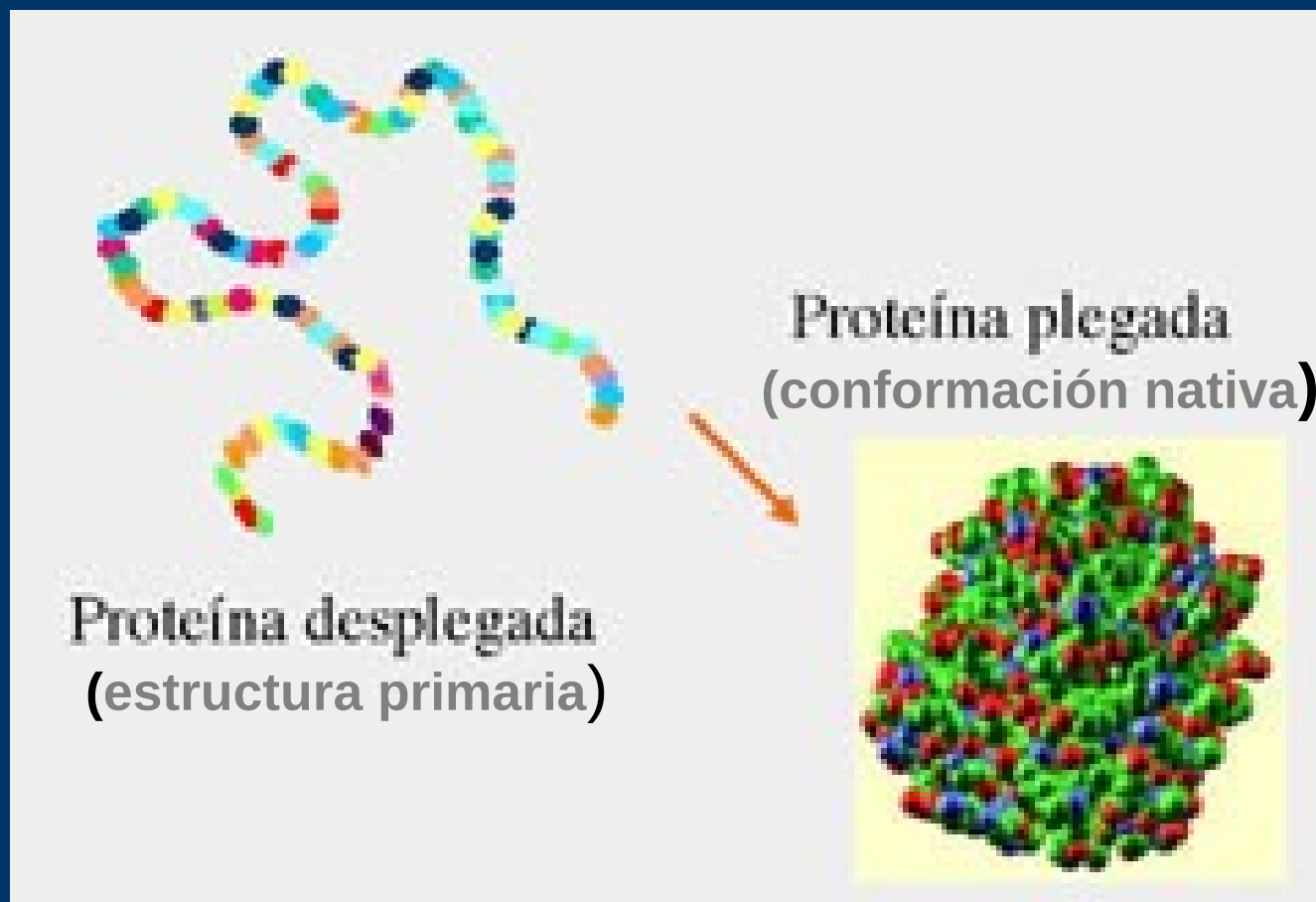
Las unidades de aminoácidos de un péptido se denominan habitualmente “residuos”. En uno de los extremos de un péptido hay un residuo con un grupo amino libre que se denomina residuo o extremo amino-terminal o N-terminal, y en el extremo opuesto está el residuo carboxilo-terminal o C-terminal, con un grupo carboxilo libre. En el esqueleto covalente de los péptidos y cadenas de proteínas alternan los átomos de C y N de manera que cada dos átomos de carbono hay uno de nitrógeno.



CONFORMACIÓN DE LAS CADENAS PEPTÍDICAS

El término conformación se refiere a la distribución espacial de los átomos en las moléculas como resultado de la rotación alrededor de los enlaces simples. A pesar de que el esqueleto covalente de una cadena polipeptídica solo posee enlaces simples, en condiciones biológicas normales de pH y temperatura, dicha cadena se plegará en el espacio adoptando una sola conformación que se denomina “conformación nativa”. Los factores que impiden la existencia de numerosas conformaciones polipeptídicas son los siguientes:

- El enlace peptídico es rígido y permanece en configuración trans.
- Los grupos R con carga eléctrica de los residuos aminoácidos pueden atraerse o repelerse entre sí.
- Las cadenas laterales voluminosas de los aminoácidos compiten entre sí por el espacio
- Los residuos de Prolina originan un acodamiento de las cadenas peptídicas.



De esta manera, dependiendo del tipo de residuos y de su posición en la cadena (estructura primaria), se desarrolla una importante fuerza que confiere gran estabilidad a una conformación determinada de la cadena.

ESTRUCTURA DE LAS PROTEÍNAS

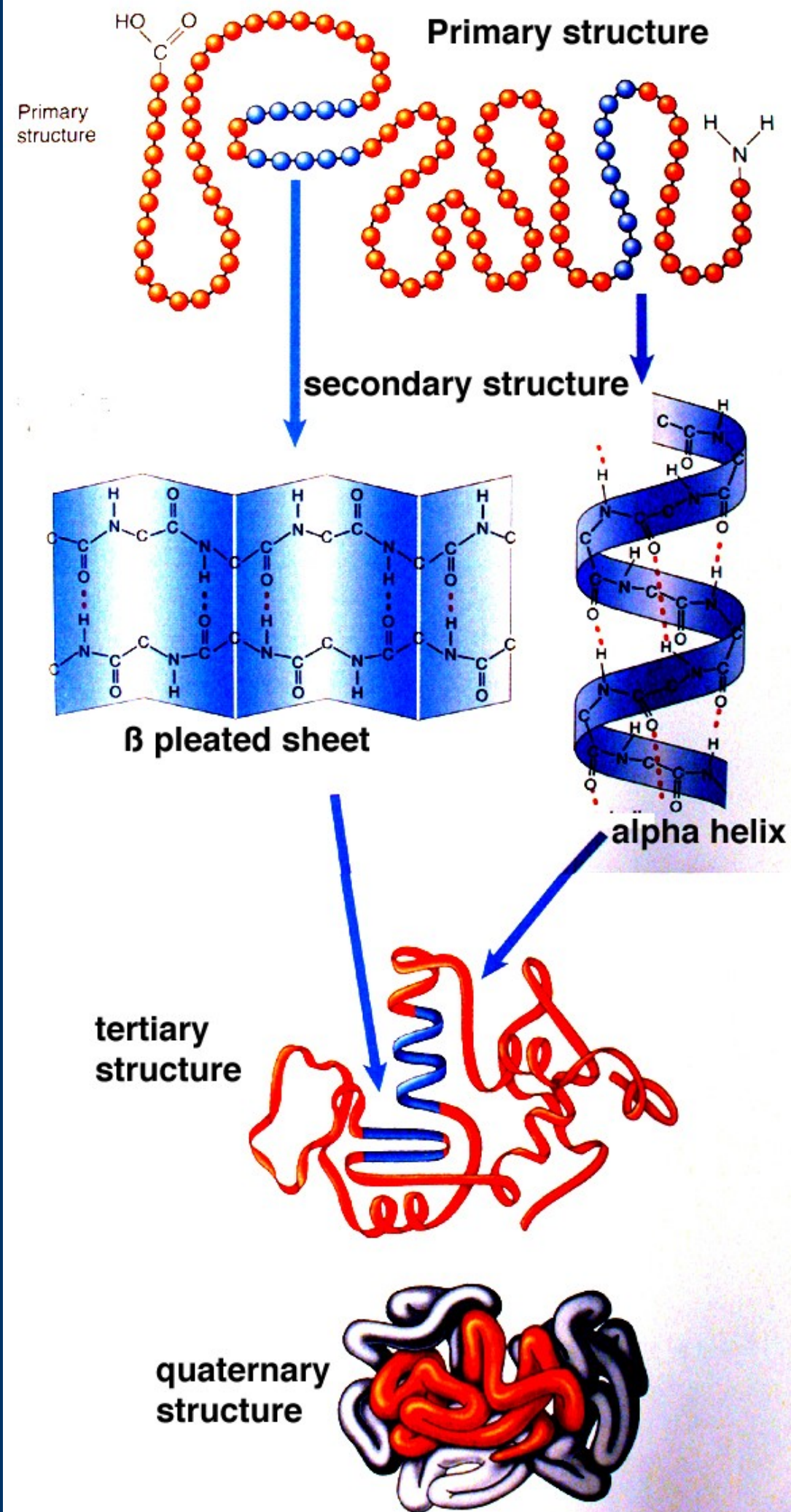
La conformación de una proteína responde a cuatro niveles estructurales:

1-“estructura primaria” es la secuencia de aminoácidos de la proteína. Nos indica qué aminoácidos componen la cadena peptídica y en que orden se encuentran enlazados.

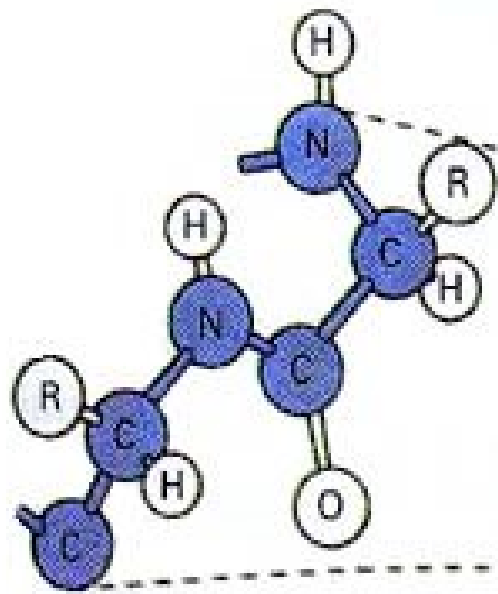
2-“estructura secundaria” es la disposición de la secuencia de aminoácidos en el espacio, debido a la formación de puentes de hidrógeno entre los grupos CO y NH de los enlaces peptídicos.

3-“estructura terciaria” es la conformación tridimensional esférica y compacta que se obtiene cuando la cadena, con segmentos de estructura secundaria, sufre nuevos plegamientos debido al establecimiento de interacciones entre grupos R de ciertos residuos alejados en la estructura primaria.

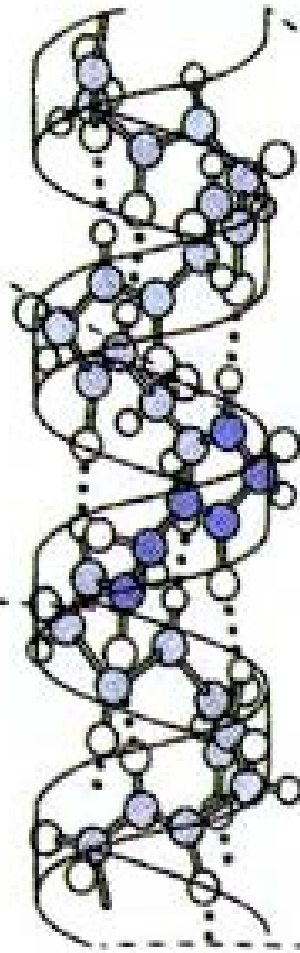
4-“estructura cuaternaria” es la que resulta de la asociación de dos o más cadenas peptídicas, en el caso de proteínas con más de una cadena.



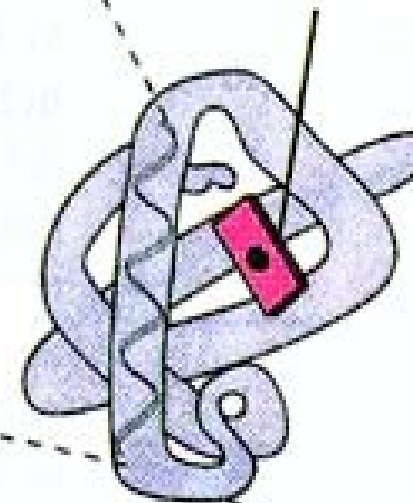
TIPOS DE ESTRUCTURAS DE LAS PROTEÍNAS



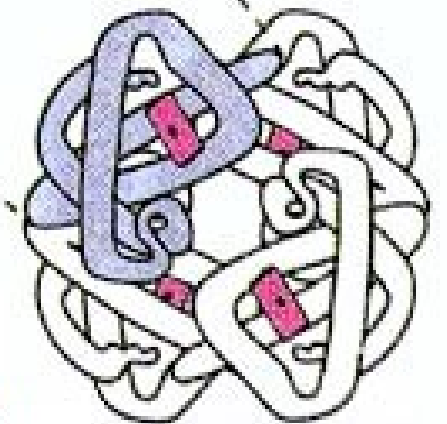
Estructura primaria



Estructura secundaria



Estructura terciaria



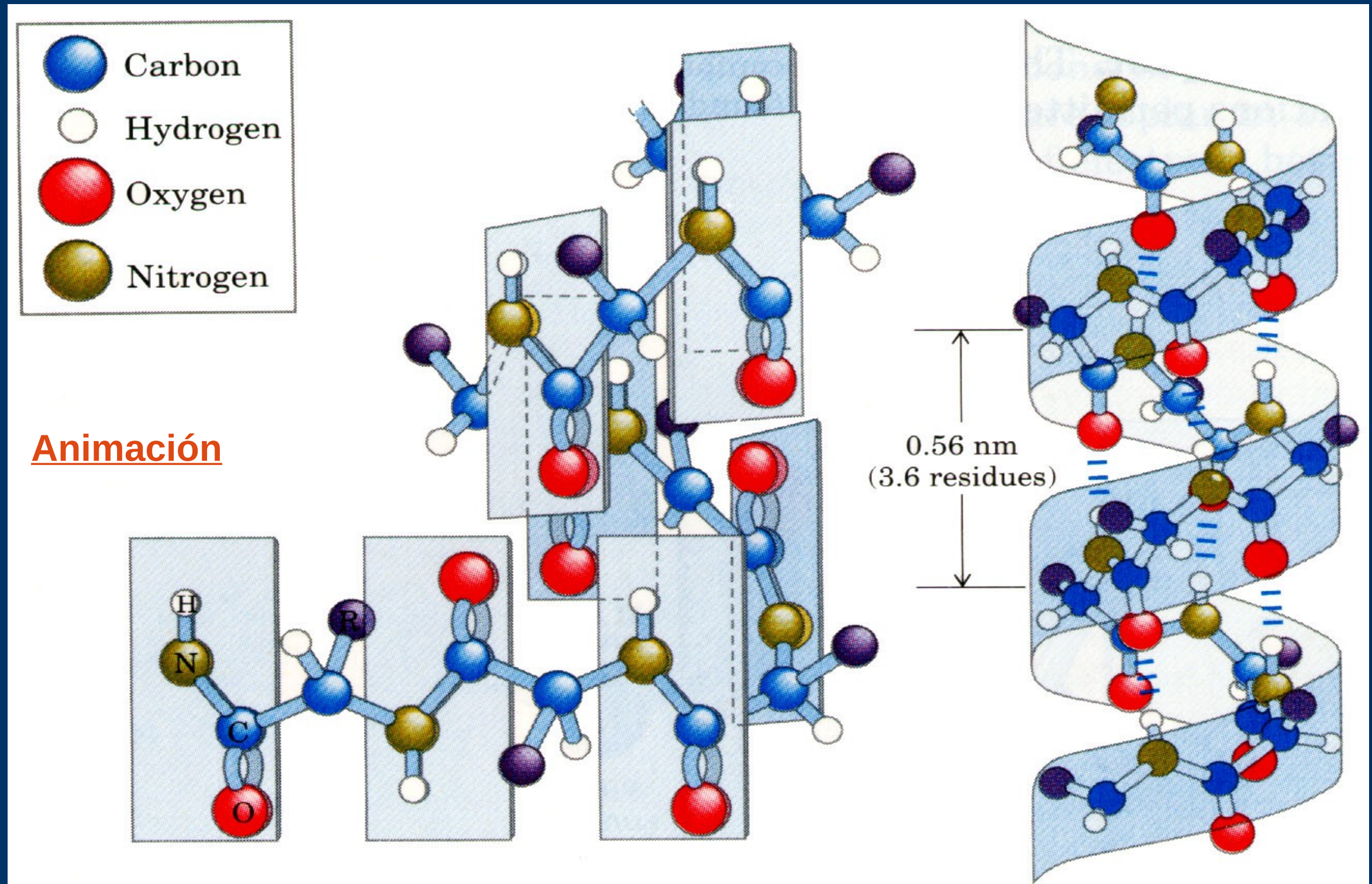
Estructura Cuaternaria

Vídeo

Vídeo 2

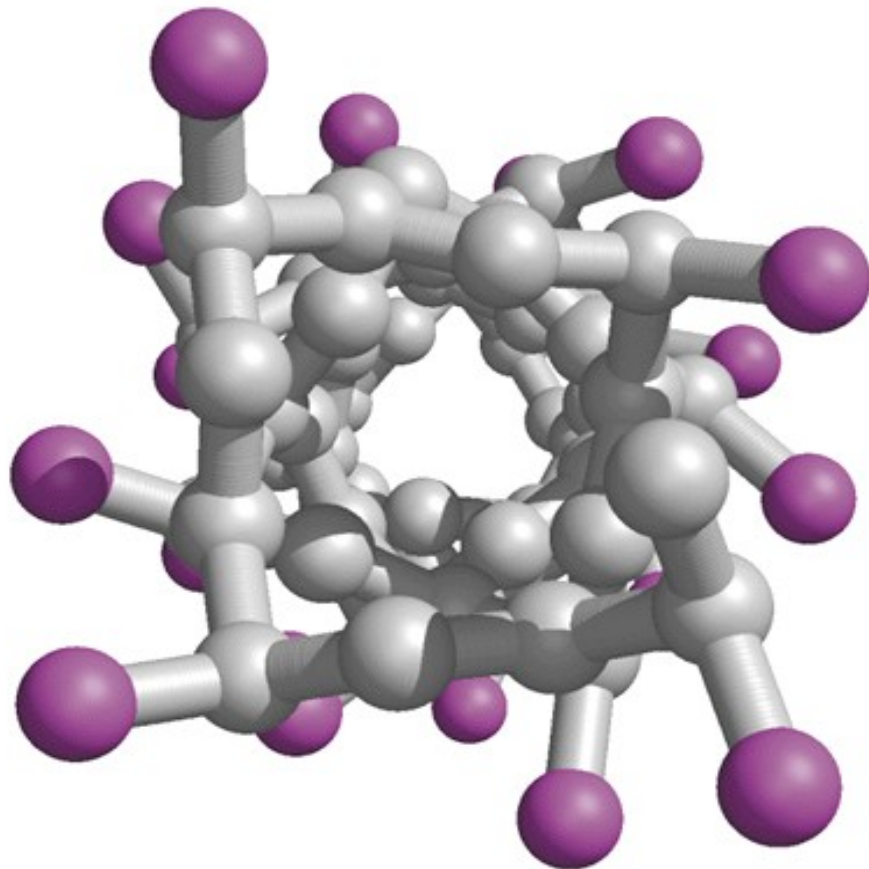
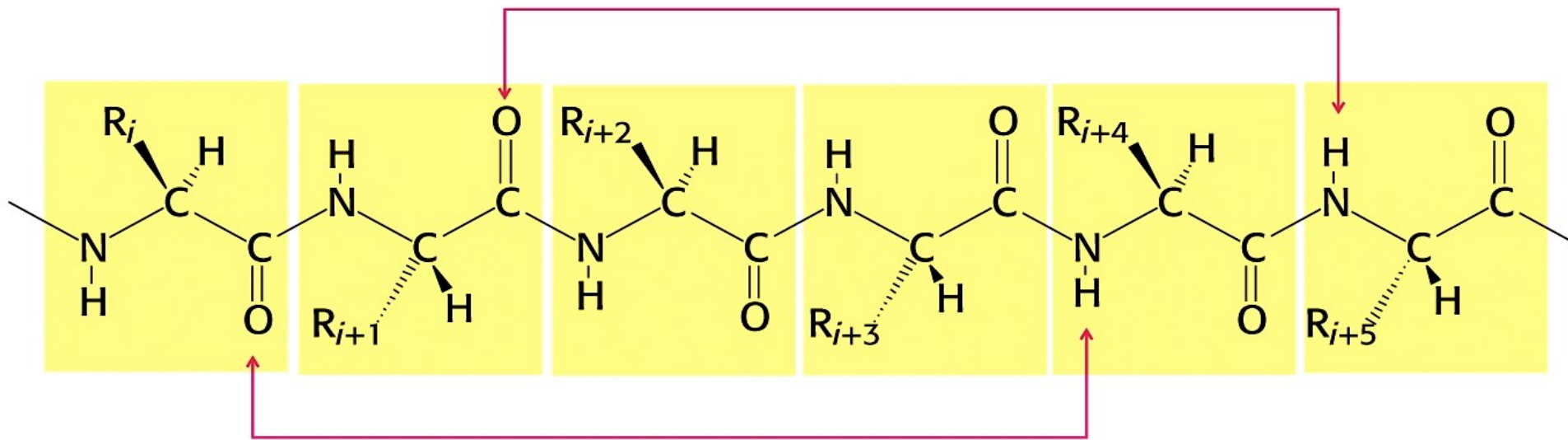
ESTRUCTURA SECUNDARIA: HÉLICE α

Se obtiene por el giro de la cadena en torno a los carbonos α , formando una hélice dextrógira, con 3,6 aminoácidos por vuelta. Esta estructura se mantiene estable debido a los enlaces de hidrógeno que se establecen entre los grupos $-CO$ y $-NH$ de los enlaces peptídicos. Los grupos R se proyectan hacia el exterior de la hélice.



ESTABILIDAD DE LA HÉLICE α

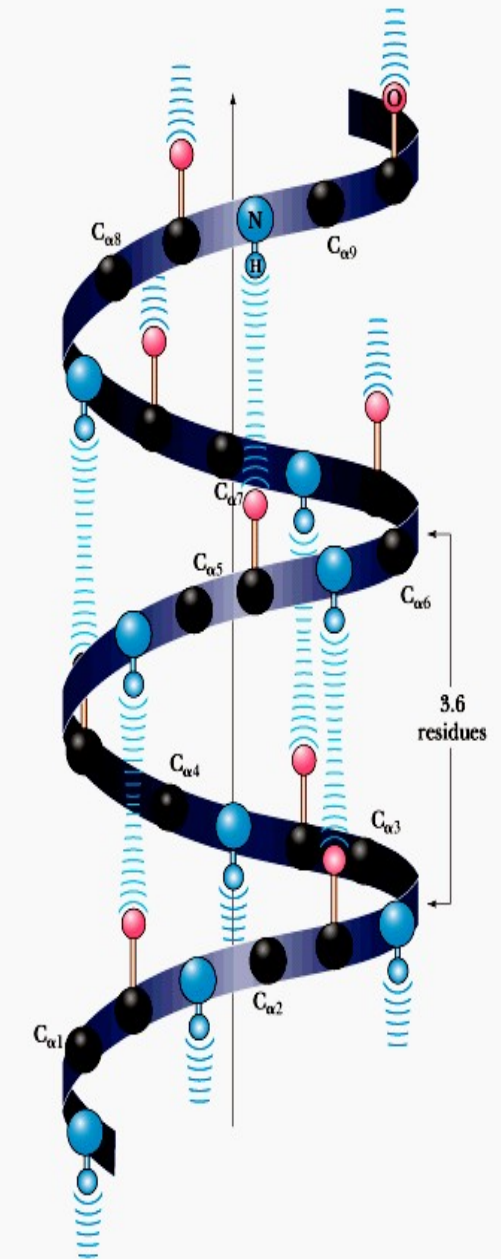
La estabilidad de la hélice α se mantiene debido a la formación de enlaces de hidrógeno que se establecen entre el grupo CO de cada aminoácido y el grupo NH del cuarto aminoácido que le sigue en la cadena.



Los grupos R se proyectan hacia el exterior de la hélice. Grupos R próximos con carga eléctrica o muy voluminosos desestabilizan esta estructura, así como la presencia del aa Prolina.

("Lehninger Principles of Biochemistry. Nelson, DL and Cox, M.M. Worth Publishers,2000.)

Garrett & Grisham: Biochemistry, 2/e
Figure 6.9

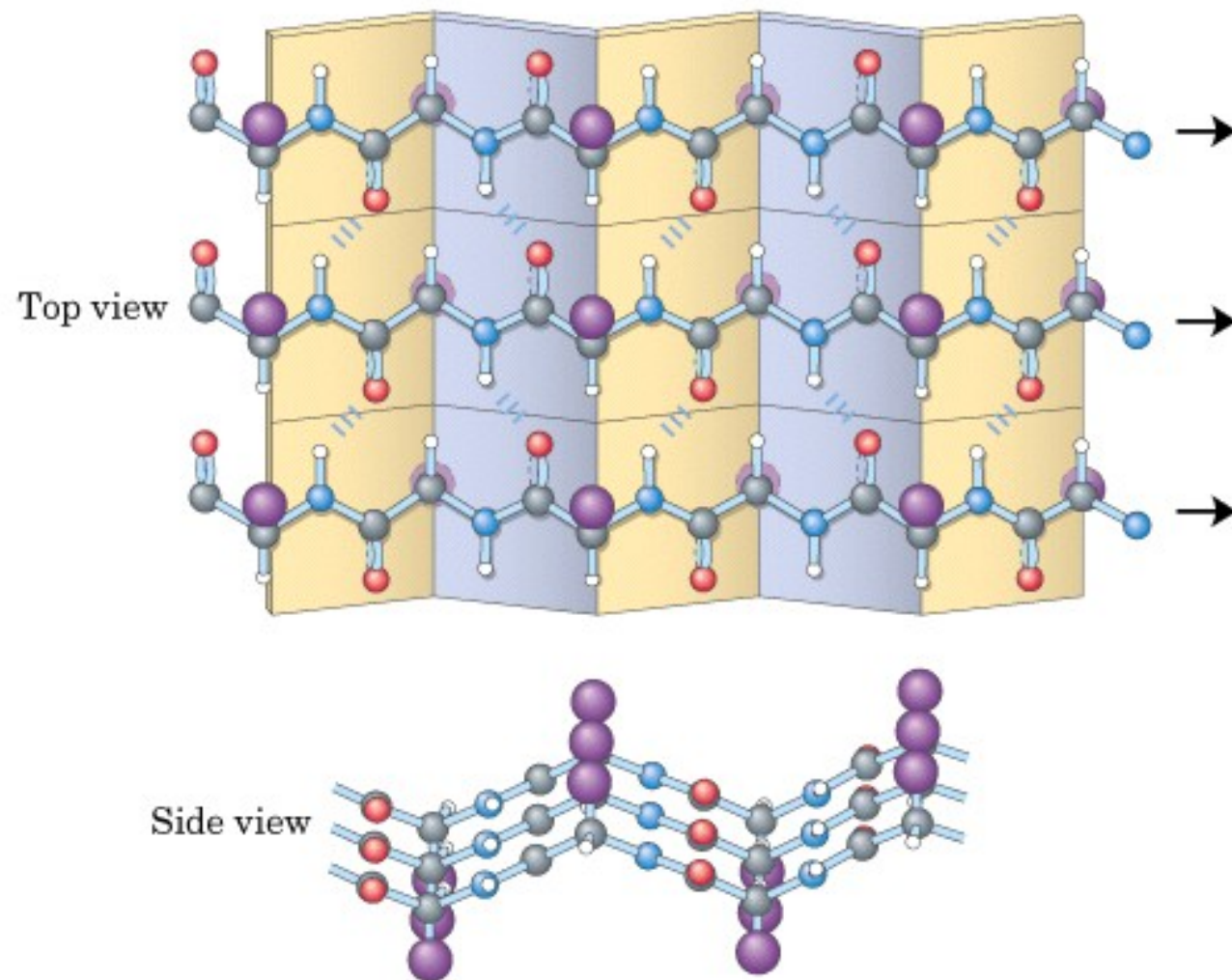


ESTRUCTURA SECUNDARIA: LÁMINA PLEGADA β

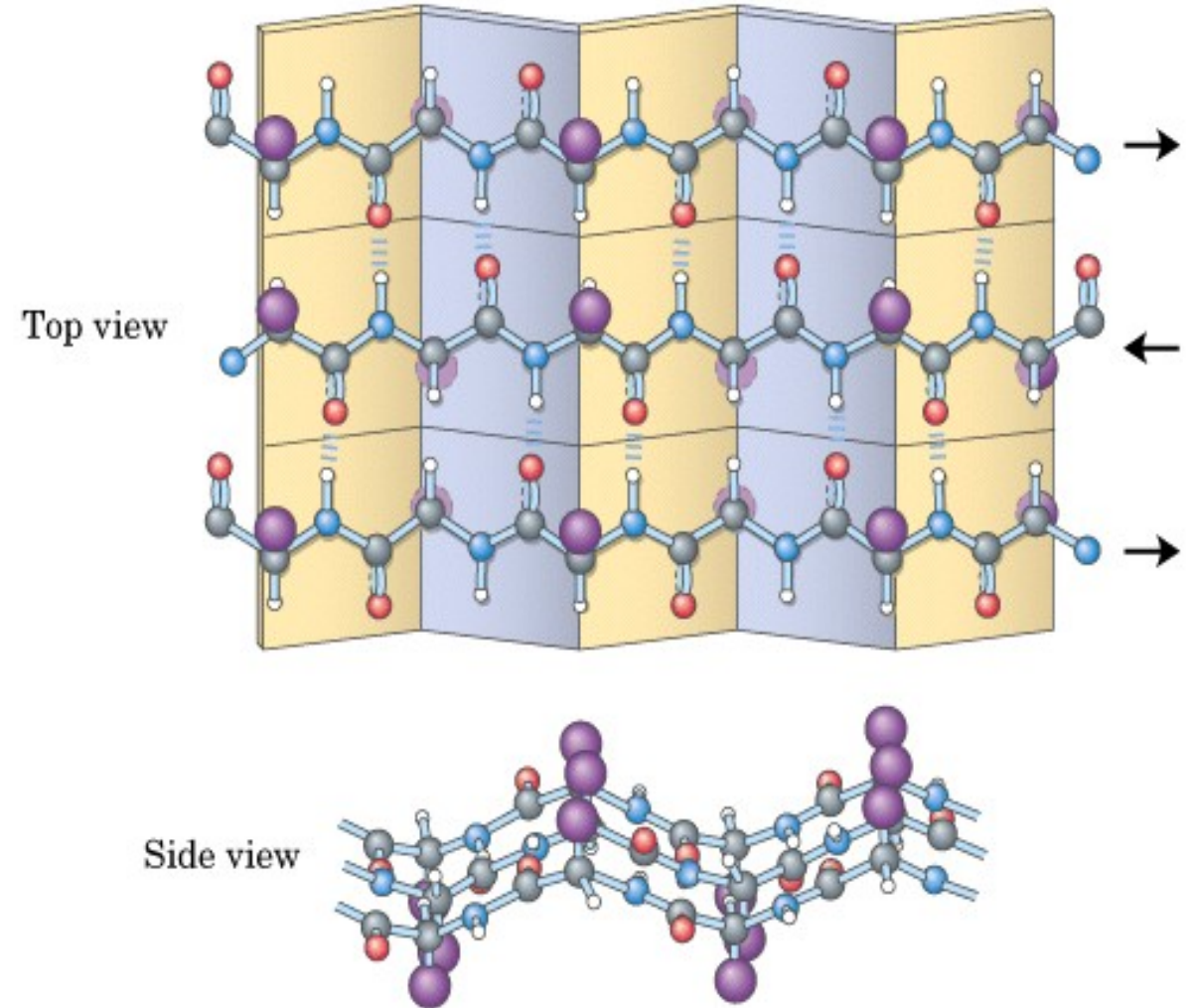
La cadena presenta una conformación extendida en zig-zag, llamada conformación β , en la que los ángulos corresponden a los carbonos α . La lámina plegada se obtiene al situarse segmentos de cadena con conformación β paralelos (orientados en la misma dirección) o antiparalelos (orientados en direcciones opuestas), formando una estructura similar a una “hoja plegada”. La lámina β se mantiene estable gracias al establecimiento de enlaces de H entre los grupos $-CO$ y $-NH$ de las cadenas adyacentes. Los grupos R se disponen en las cadenas alternativamente por encima y por debajo del plano de la lámina.

Animación

(b) Parallel

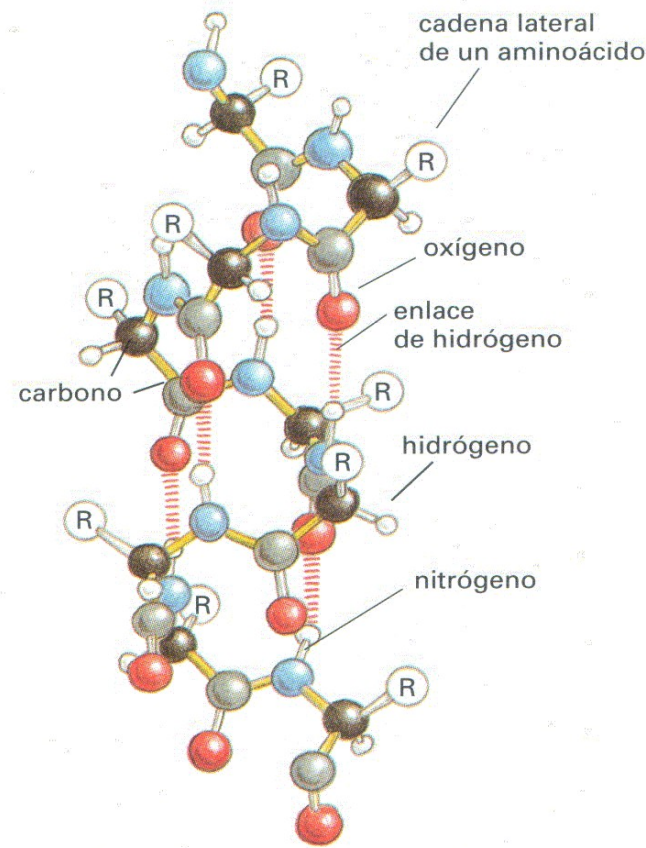


(a) Antiparallel

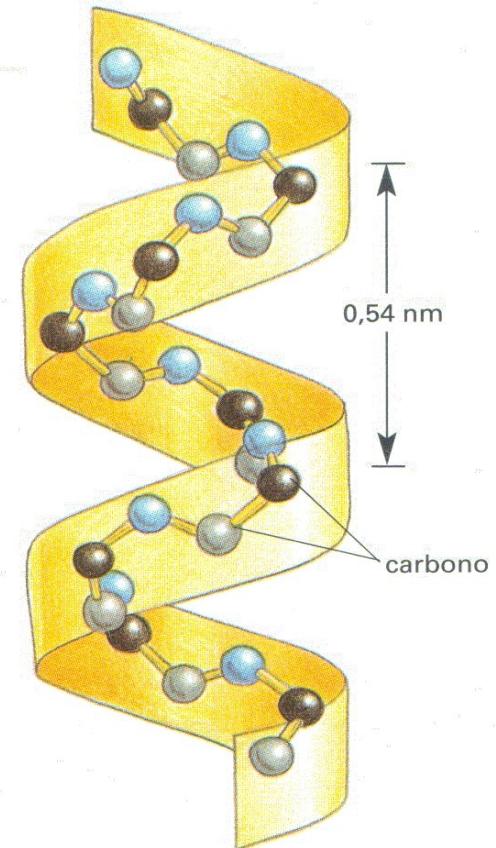


REPRESENTACIÓN ESQUEMÁTICA DE LAS ESTRUCTURAS SECUNDARIAS DE HÉLICE α Y LÁMINA β

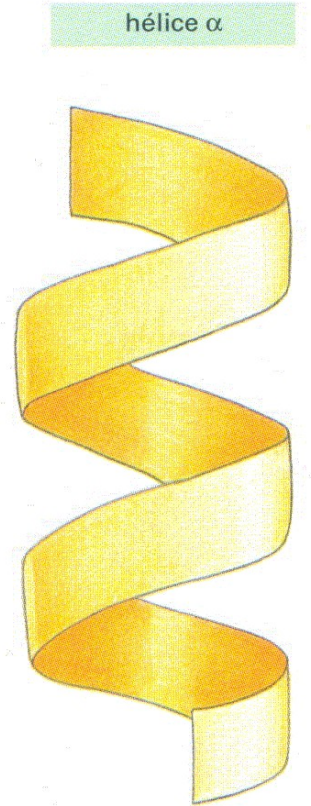
En proteínas grandes, las cadenas β se representan en forma de cinta terminada en flecha que indica el sentido de la cadena (del extremo amino al carboxilo). Igualmente para las hélices α la representación es una cinta helicoidal.



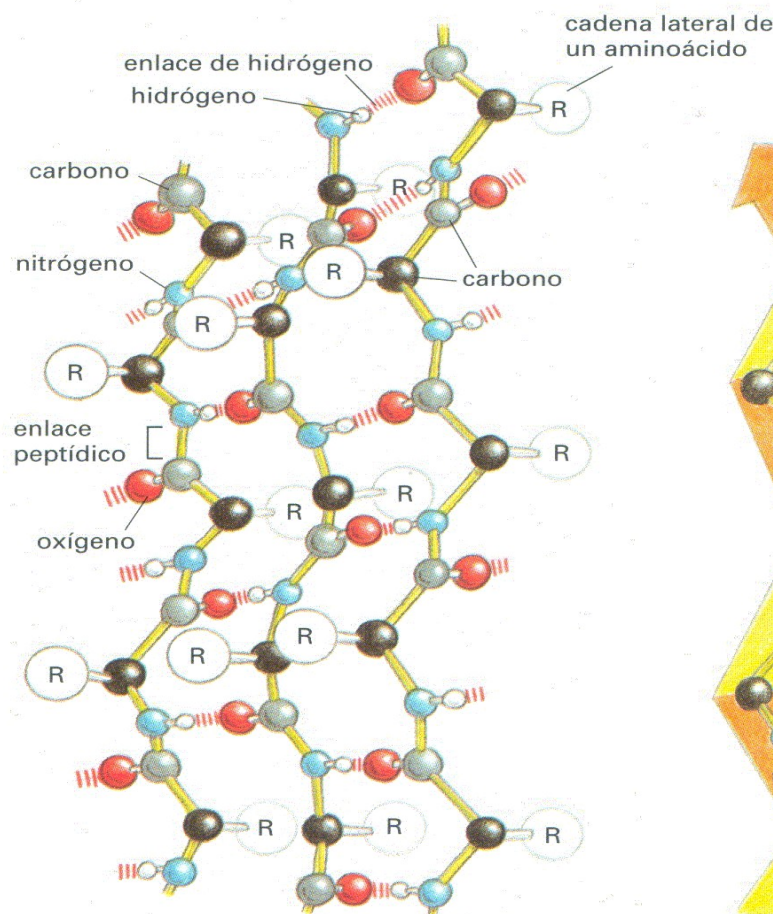
(A)



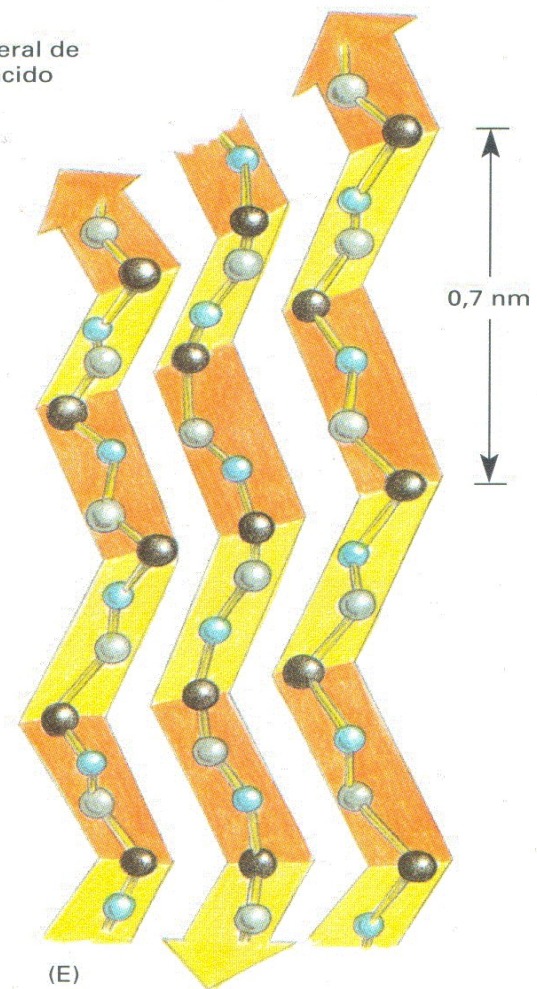
(B)



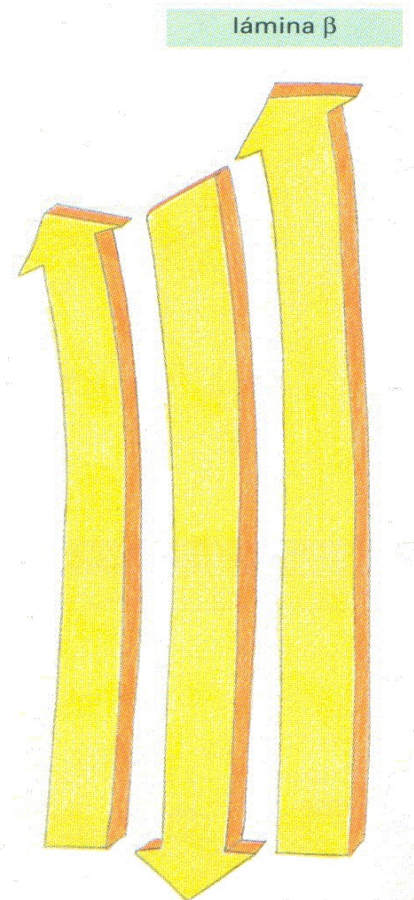
(C)



(D)



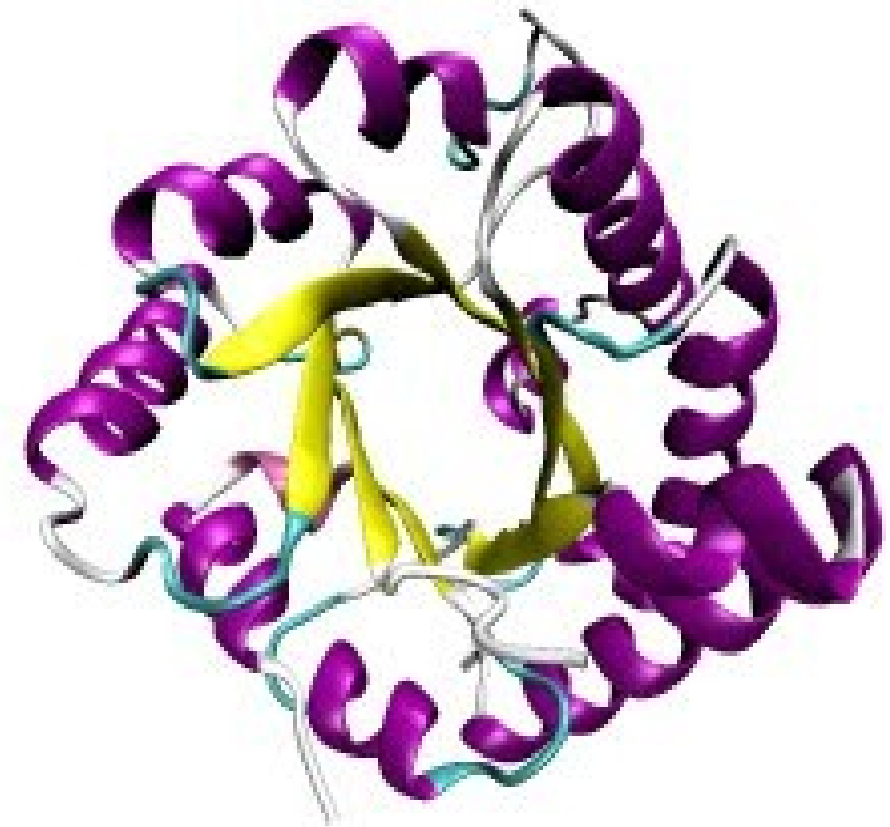
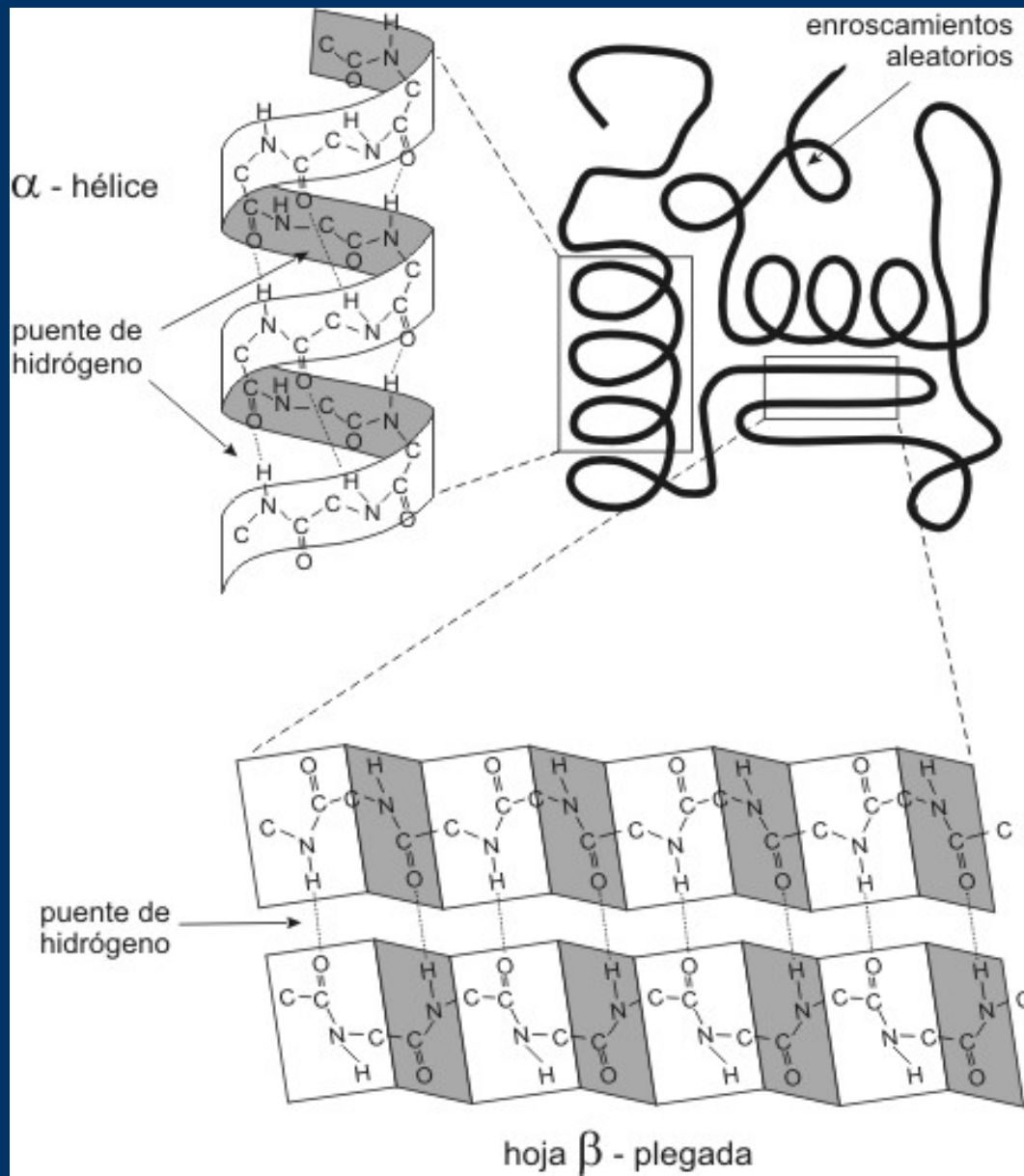
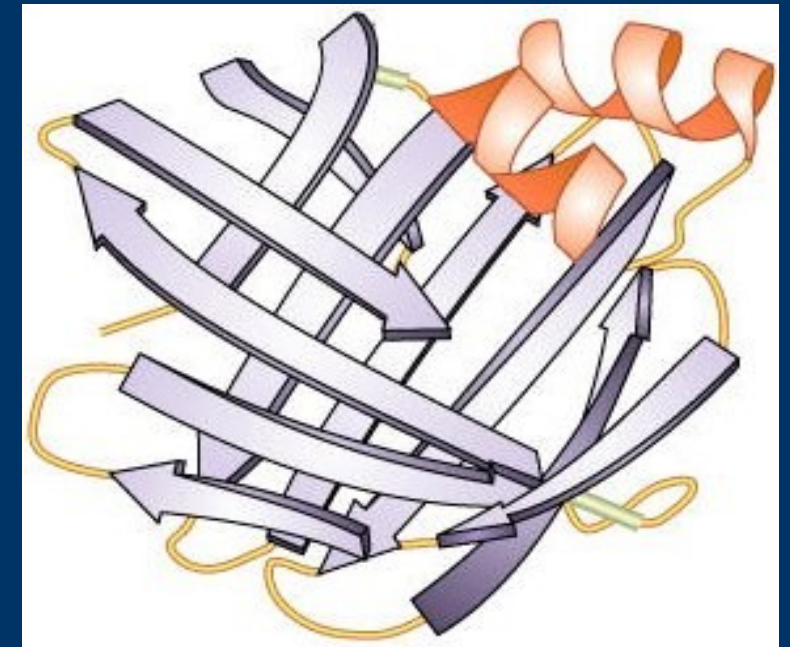
(E)



(F)

ESTRUCTURA TERCIARIA DE LAS PROTEÍNAS

Es la conformación tridimensional completa de una cadena polipeptídica. Esta estructura incluye regiones localizadas de estructura secundaria (hélice α , conformación β) unidas por segmentos de la cadena que presentan conformación al azar. En esta estructura la cadena se empaqueta de forma compacta, esférica o globular, en la que los residuos hidrofóbicos se agrupan en el interior mientras que los más polares se sitúan en la superficie externa, permitiendo así la dispersión de estas proteínas en agua.



Representación de una proteína: en violeta las hélices alfa y en amarillo las hojas beta

TIPOS DE ENLACE QUE ESTABILIZAN LA ESTRUCTURA TERCIARIA

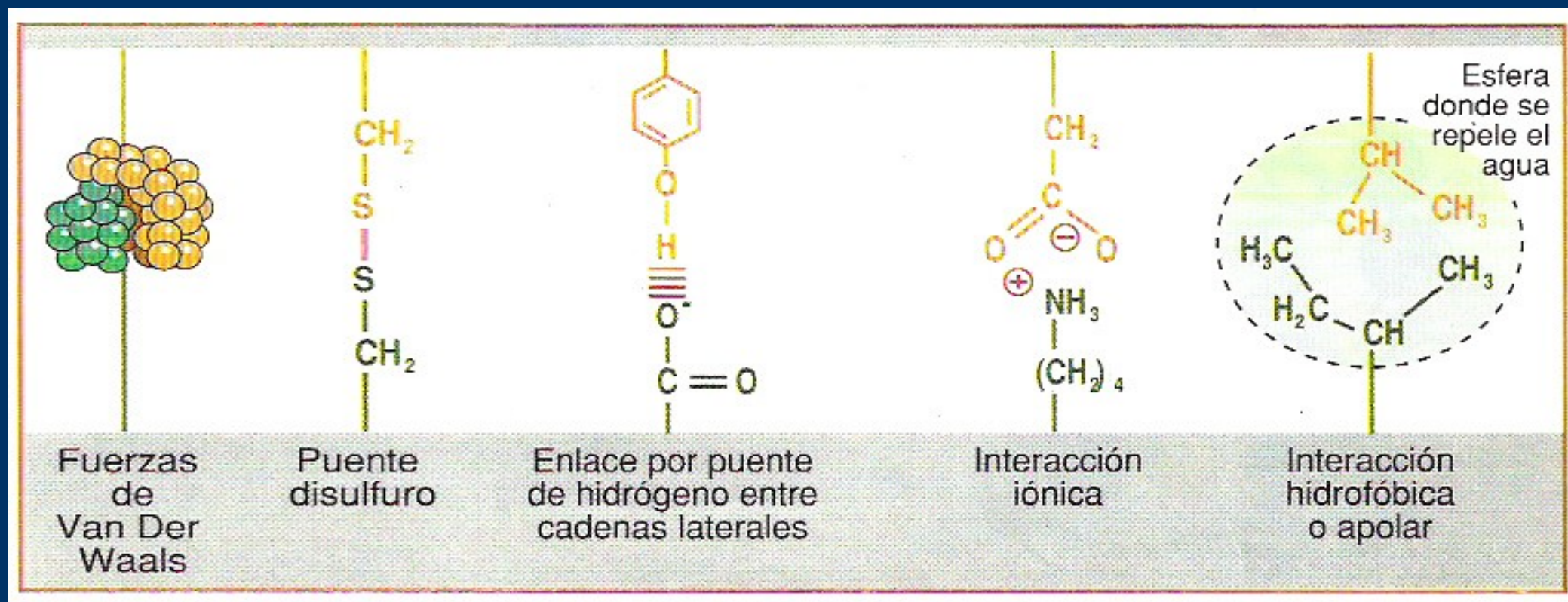
La estructura terciaria se mantiene estable gracias a la existencia de varios tipos de interacciones entre los grupos R de aminoácidos distantes en la cadena:

Enlaces débiles

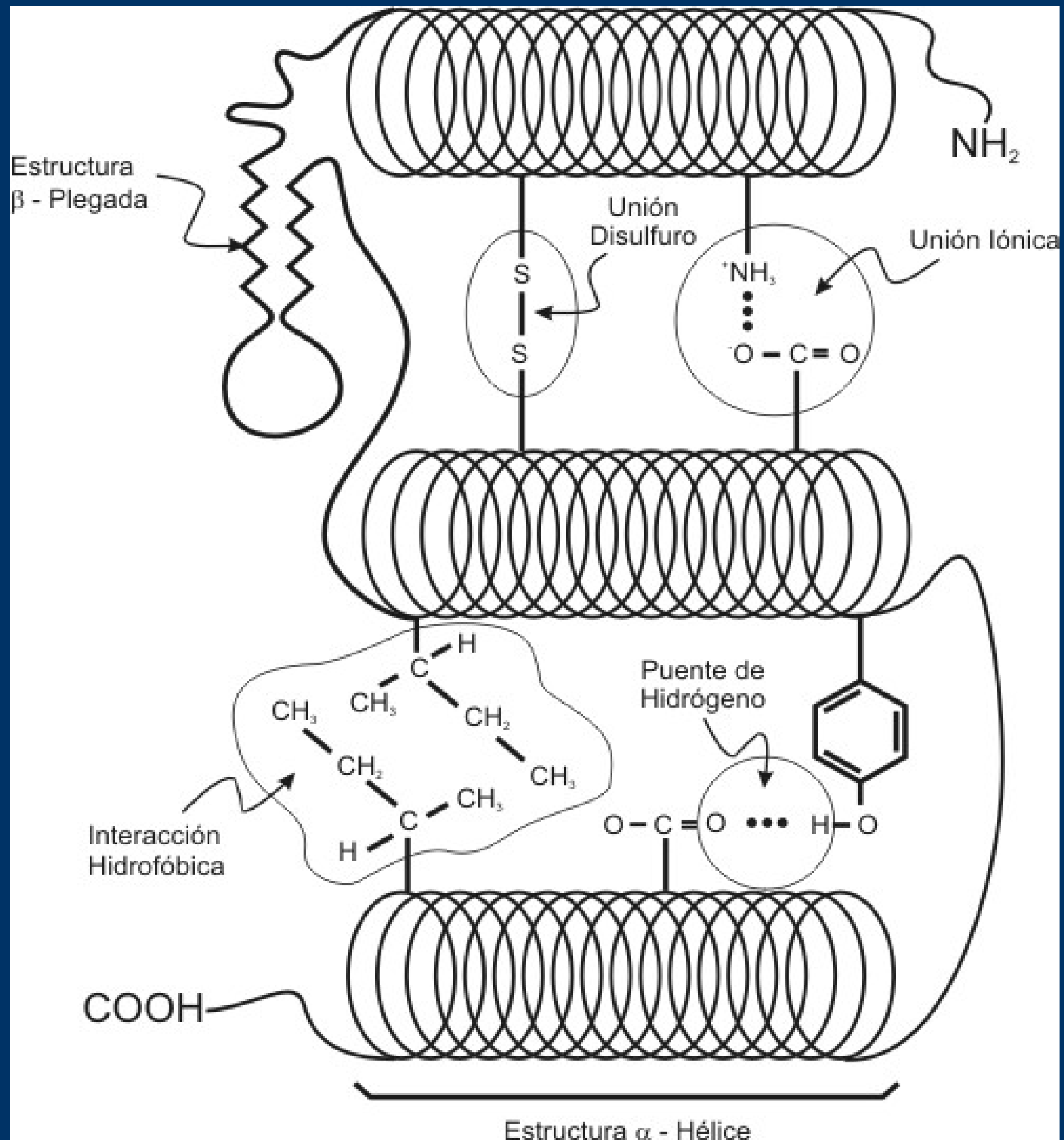
- Puentes de Hidrógeno
- Atracciones iónicas
- Interacciones hidrofóbicas
- Fuerzas de Van der Waals

Enlace covalente

- Enlaces disulfuro entre los grupos -SH de dos residuos Cisteína

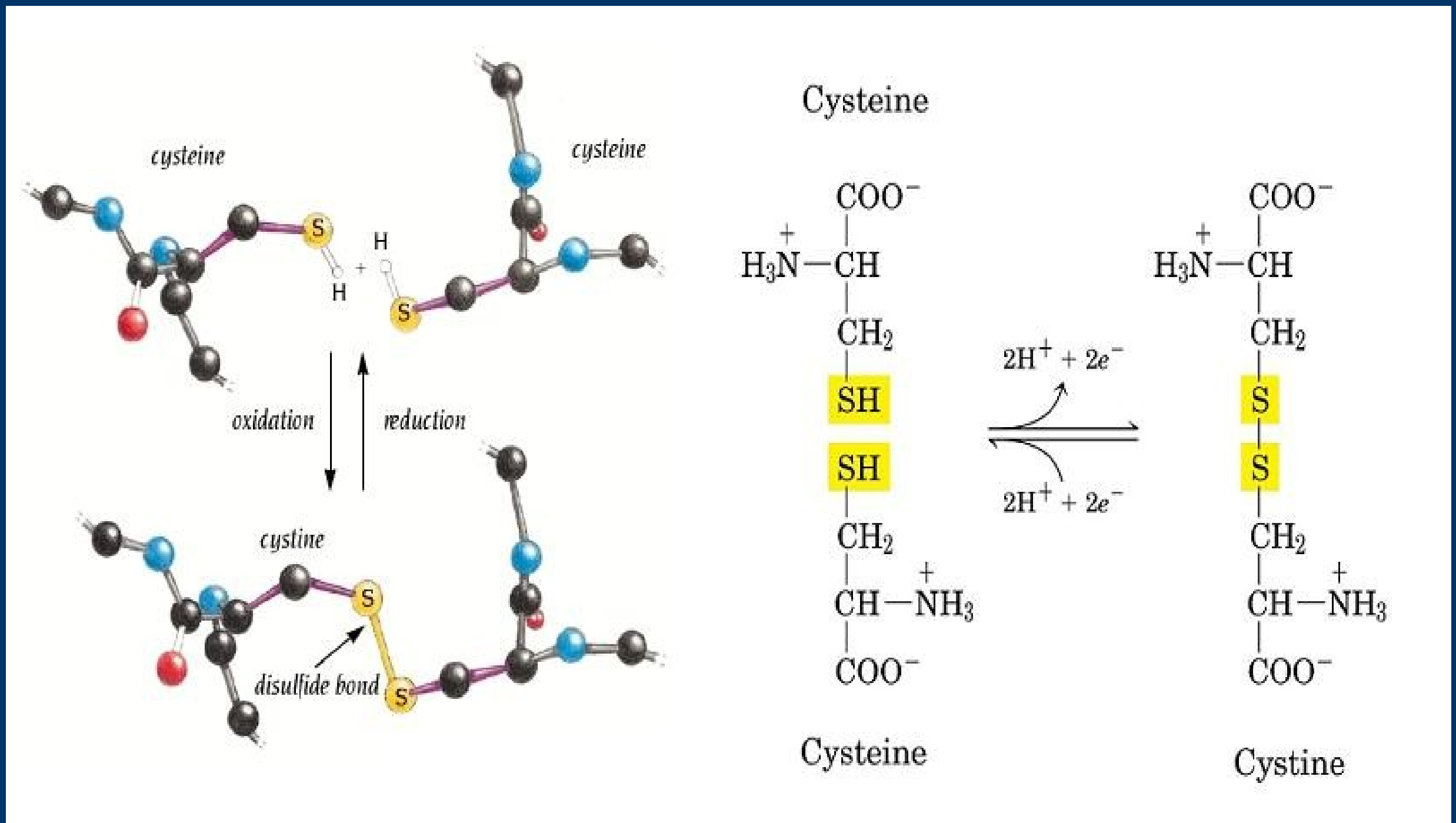


Tipos de enlace que estabilizan la estructura terciaria de las proteínas



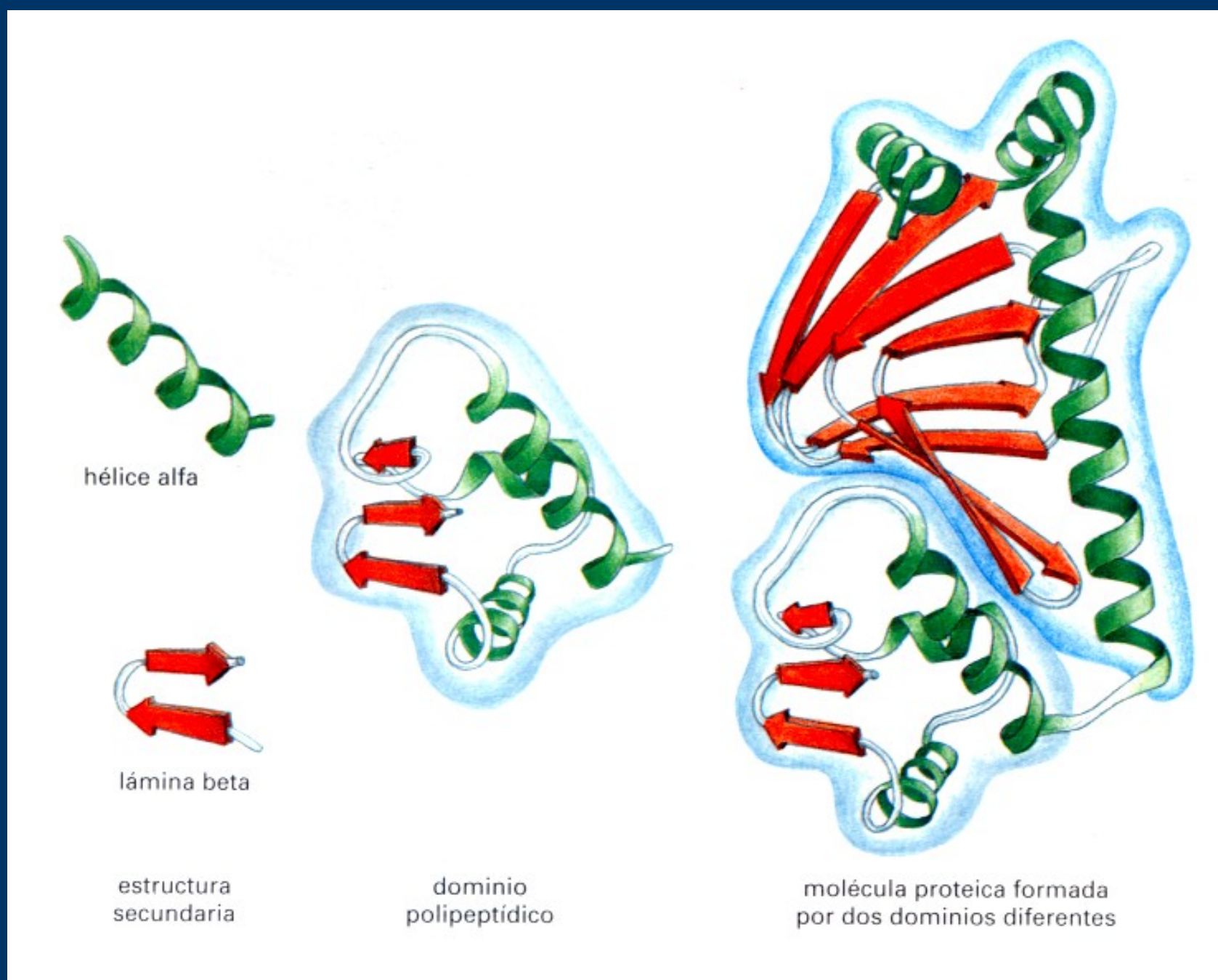
ENLACE COVALENTE DISULFURO

Se establece por oxidación de los grupos -SH de dos aminoácidos Cisteína que pueden estar separados por muchos aminoácidos, o pertenecer a diferentes cadenas polipeptídicas de la proteína. Se denomina también puente disulfuro.



DOMINIOS EN LA ESTRUCTURA TERCIARIA

Un dominio es una región compacta (40-400 aa) que constituye una unidad estructural particular en el ámbito de una cadena polipeptídica mayor. Se trata de combinaciones estables de hélice α y conformaciones β que aparecen repetidamente en proteínas distintas. Los dominios corresponden a porciones de la proteína que se pliegan con independencia y, a menudo están asociados a diferentes funciones dentro de la misma proteína. Por tanto, la estructura terciaria de una proteína está compuesta por uno o más dominios empaquetados en una relación tridimensional determinada.

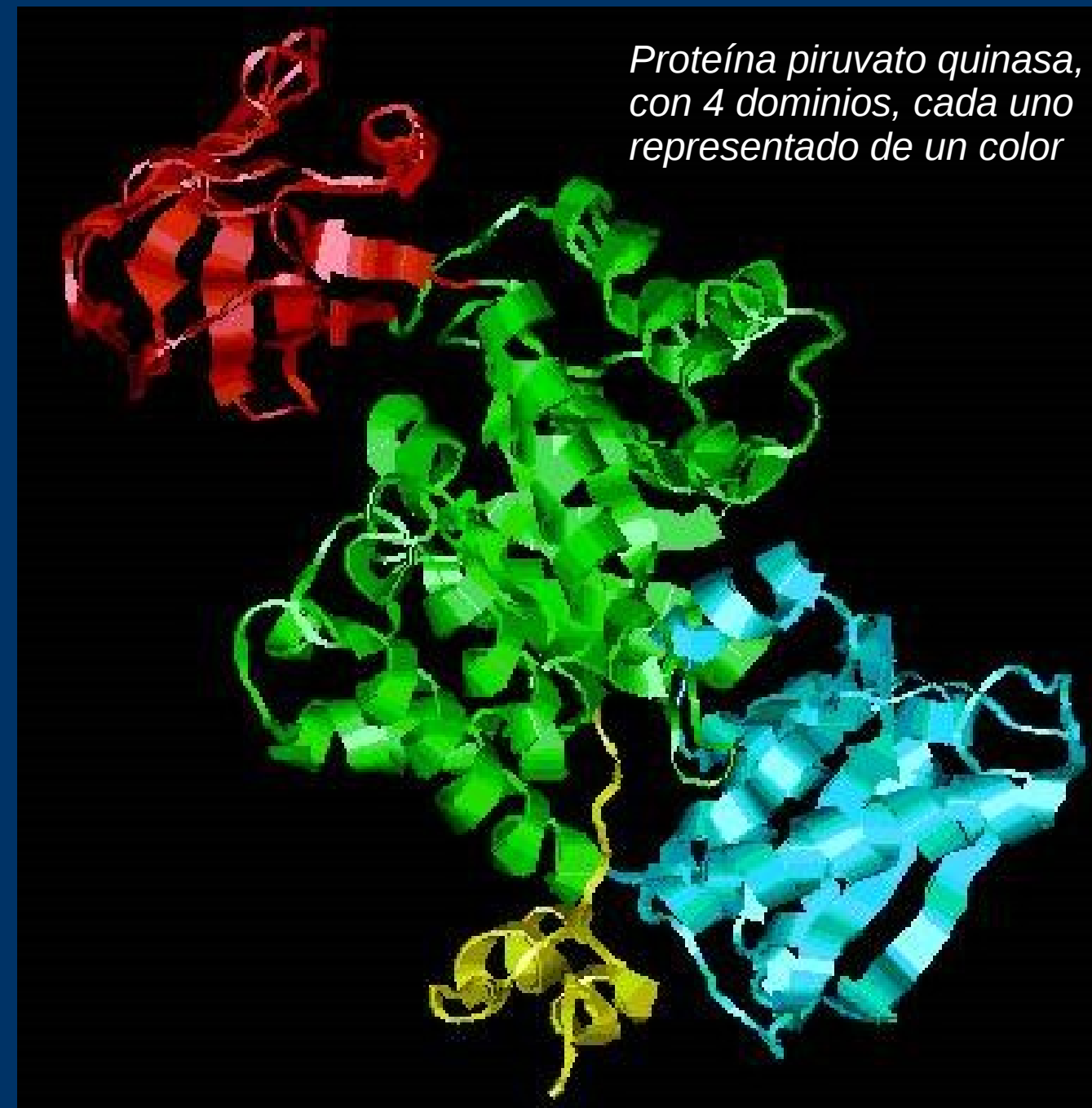


SIGNIFICADO BIOLÓGICO DE LOS DOMINIOS

Muchas proteínas están compuestas por varios dominios, y se sabe que a lo largo de la evolución se ha producido un barajado de dominios de modo que estos han servido como unidades modulares para constituir, mediante distintas combinaciones, diferentes tipos de proteínas globulares. En algunos casos, cada dominio de una proteína es codificado por un exon separado en el gen que codifica a la proteína. A menudo los dominios realizan funciones específicas en la proteína, de manera que la función de una proteína es el resultado de las funciones de sus dominios.

Son ejemplos de estas funciones:

- Enlazar a un ligando
- “Atravesar” la membrana plasmática (proteínas transmembrana)
- Contener el centro activo (enzimas)
- Enlazar al DNA (en factores de transcripción)
- Proveer una superficie para enlazarse específicamente a otra proteína.



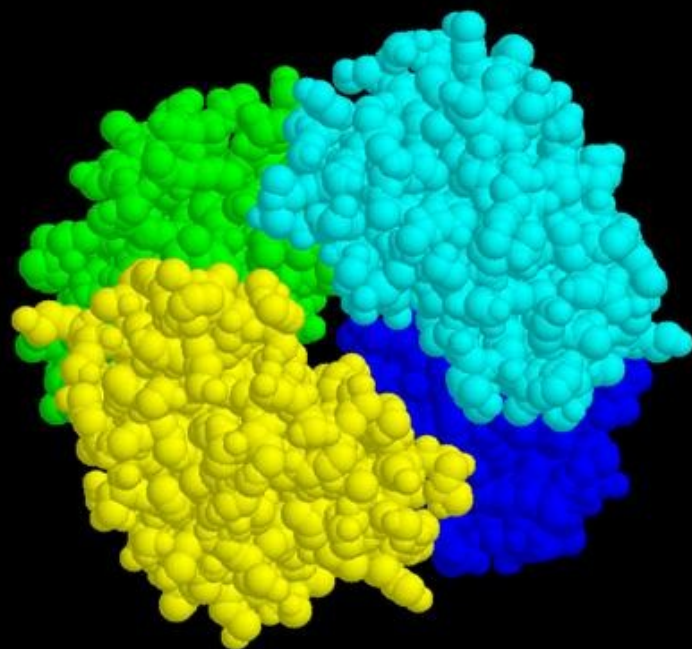
ESTRUCTURA CUATERNARIA

Esta estructura la poseen aquellas proteínas que están compuestas por la asociación de dos o más cadenas polipeptídicas iguales o distintas. Cada cadena es una subunidad o “protómero” de la proteína que, en conjunto, se denomina “oligómero”. Las fuerzas que mantienen unidas a las cadenas peptídicas que forman la estructura cuaternaria son del mismo tipo que las implicadas en el mantenimiento de las estructuras terciarias, es decir enlaces débiles entre los grupos R de aminoácidos pertenecientes a distintas cadenas y, en ocasiones, enlaces covalentes disulfuro.

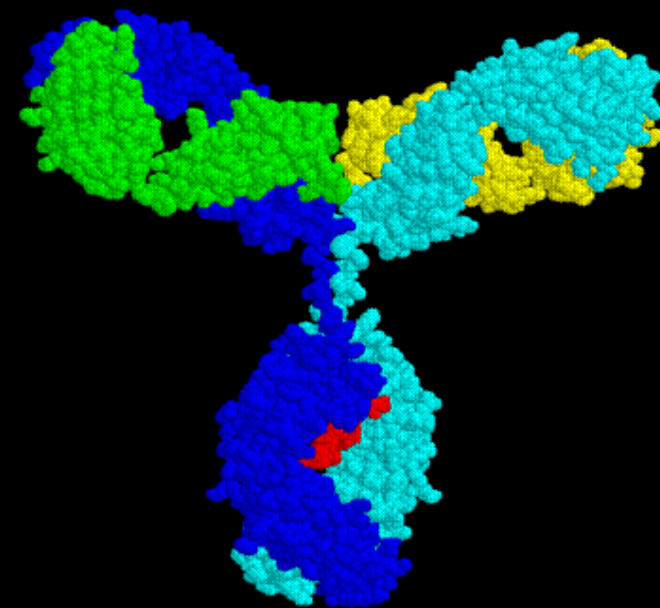
La actividad biológica de una proteína oligomérica depende de la integridad de su estructura cuaternaria, perdiendo la actividad al separarse sus subunidades.

Estructura cuaternaria: tetrámero de la hemoglobina, cada cadena o protómero está de un color diferente.

Esta proteína transporta el oxígeno en la sangre.



Los anticuerpos son proteínas con estructura cuaternaria formada por cuatro cadenas.



CLASIFICACIÓN DE PROTEÍNAS ATENDIENDO A SU FORMA

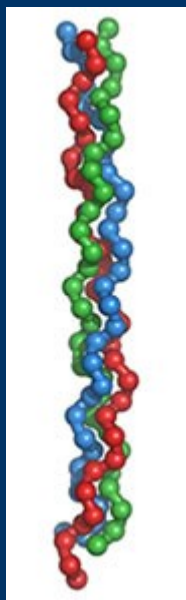
FIBROSAS

Cadenas polipeptídicas dispuestas en forma de hebras largas o de hojas

Función estructural o de soporte

Insolubles en sistemas acuosos

Asociación de cadenas con un solo tipo de estructura secundaria



Ejemplos

Queratinas α y β
Colágeno
Elastina

GLOBULARES

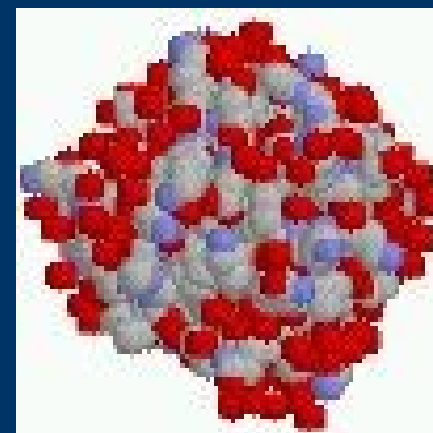
Cadenas polipeptídicas intimamente plegadas con forma esférica o globular

Funciones dinámicas

Solubles en sistemas acuosos

Estructura terciaria o cuaternaria

Ejemplos



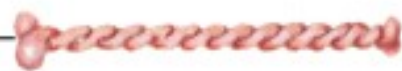
Enzimas
Inmunoglobulinas
(anticuerpos)
Proteínas de transporte
(hemoglobina)

α -QUERATINAS

Keratin α helix



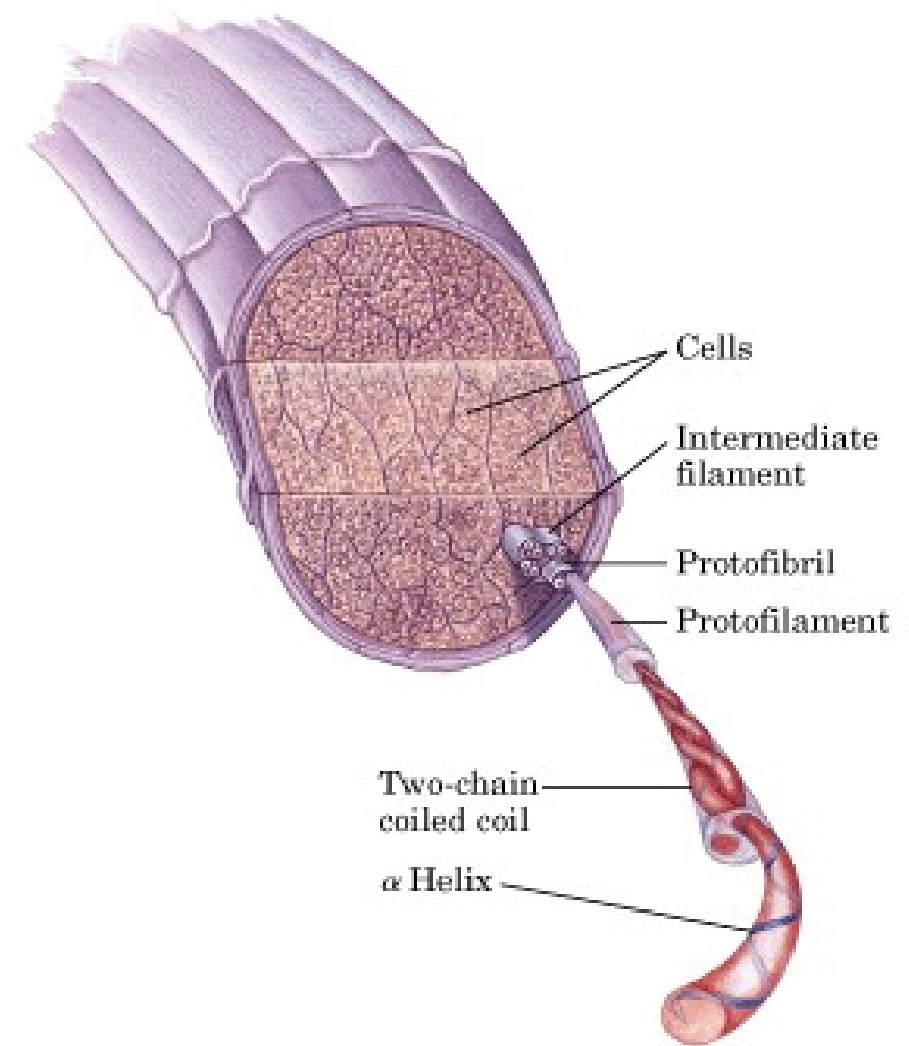
Two-chain
coiled coil



Protofilament {  } 20–30 Å

Protofibril {  } 40–50 Å

(a)



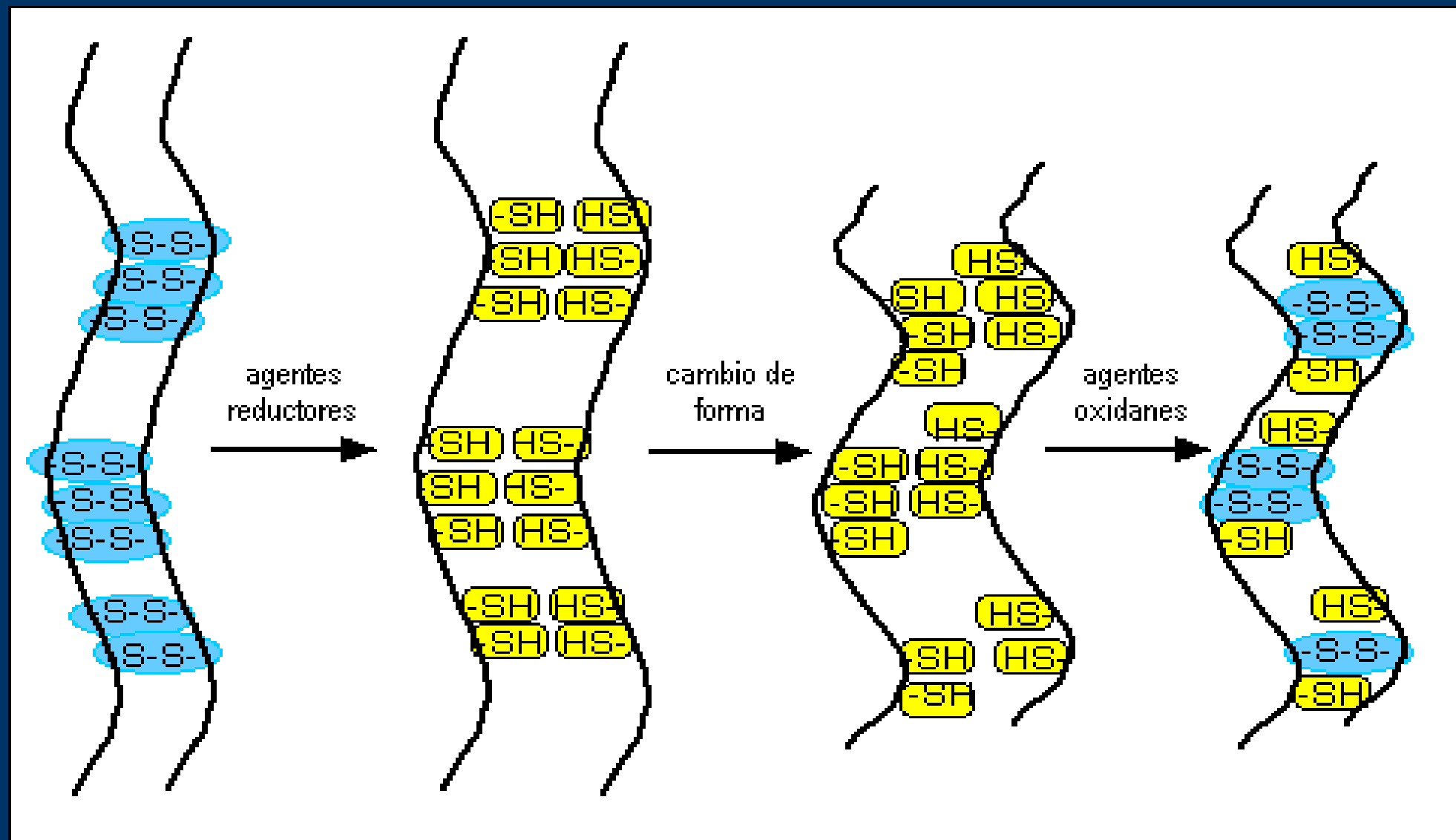
Cross section of a hair
(b)

Son proteínas fibrosas extensibles y elásticas que forman parte de la piel de los animales y constituyen estructuras asociadas a la piel como los pelos, uñas, plumas, cuernos, pezuñas, caparazones de tortugas, etc.

Las cadenas individuales, de unos 300 aminoácidos, presentan estructura en hélice α . Un par de hélices se enrollan entre sí a la izquierda formando un dímero. Los dímeros se asocian a su vez formando protofilamentos que, por asociación forman las protofibrillas que son elásticas y flexibles. Las α -queratinas son muy ricas en residuos Cisteína, lo que permite establecer gran cantidad de enlaces disulfuro entra las distintas cadenas.

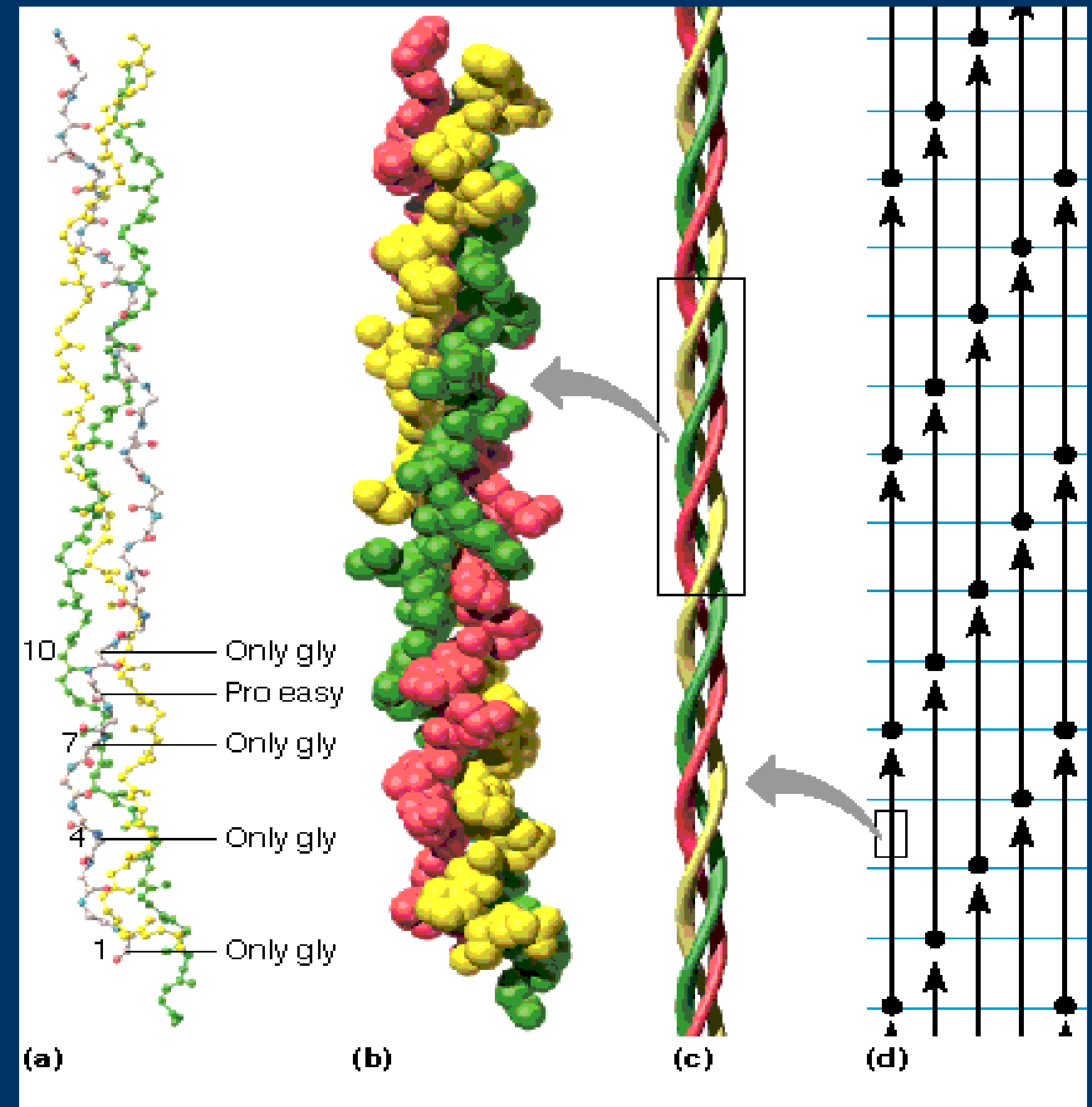
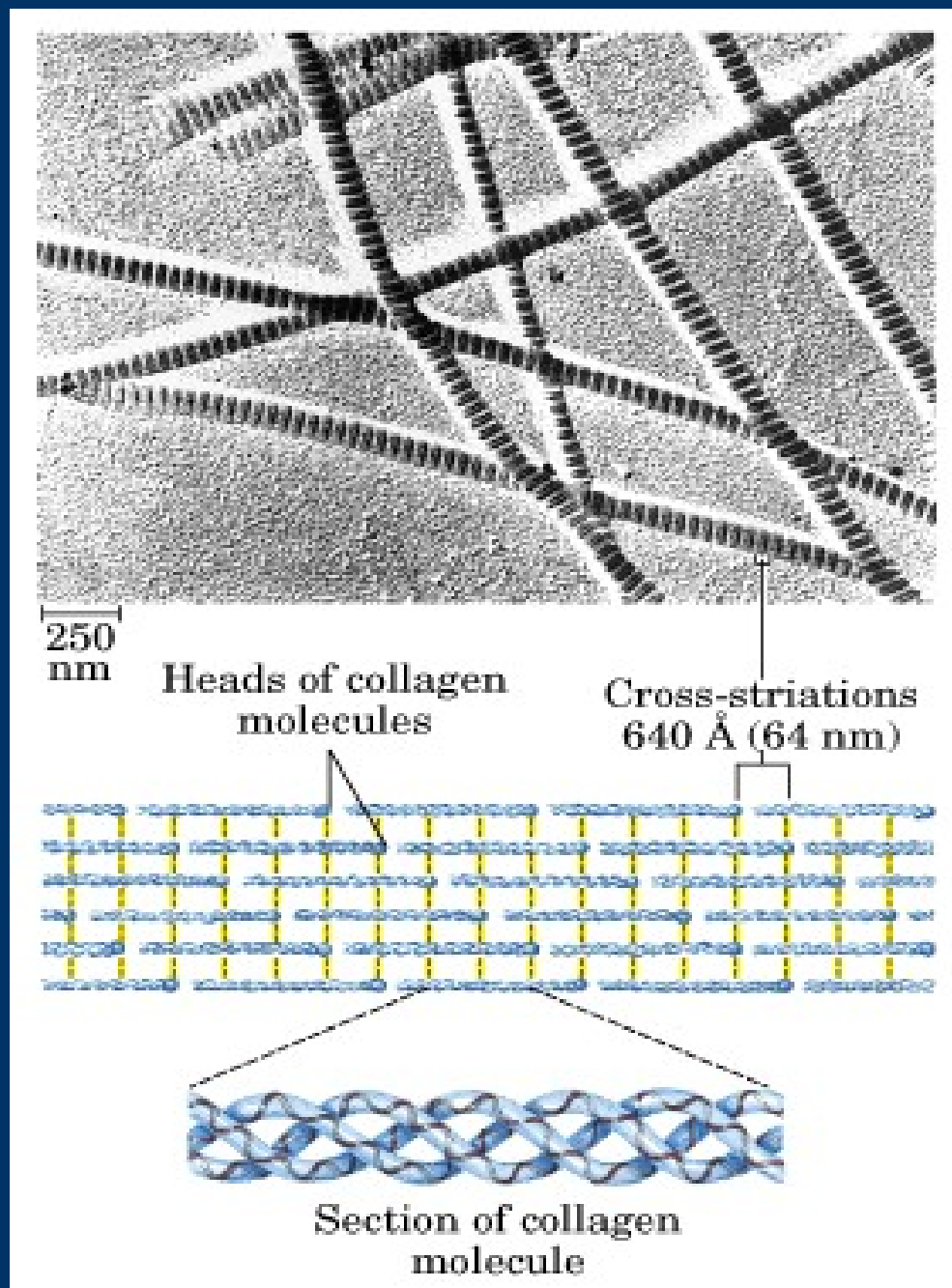
BASE BIOQUÍMICA DE LA ONDULACIÓN PERMANENTE DEL PELO

Mediante la aplicación de agentes reductores se puede cambiar el patrón de enlaces disulfuro entre las distintas cadenas de queratina. Una vez que el cabello se moldea en la forma deseada, se aplica un agente oxidante que establece un patrón diferente de puentes disulfuro y el cabello queda así permanentemente ondulado.



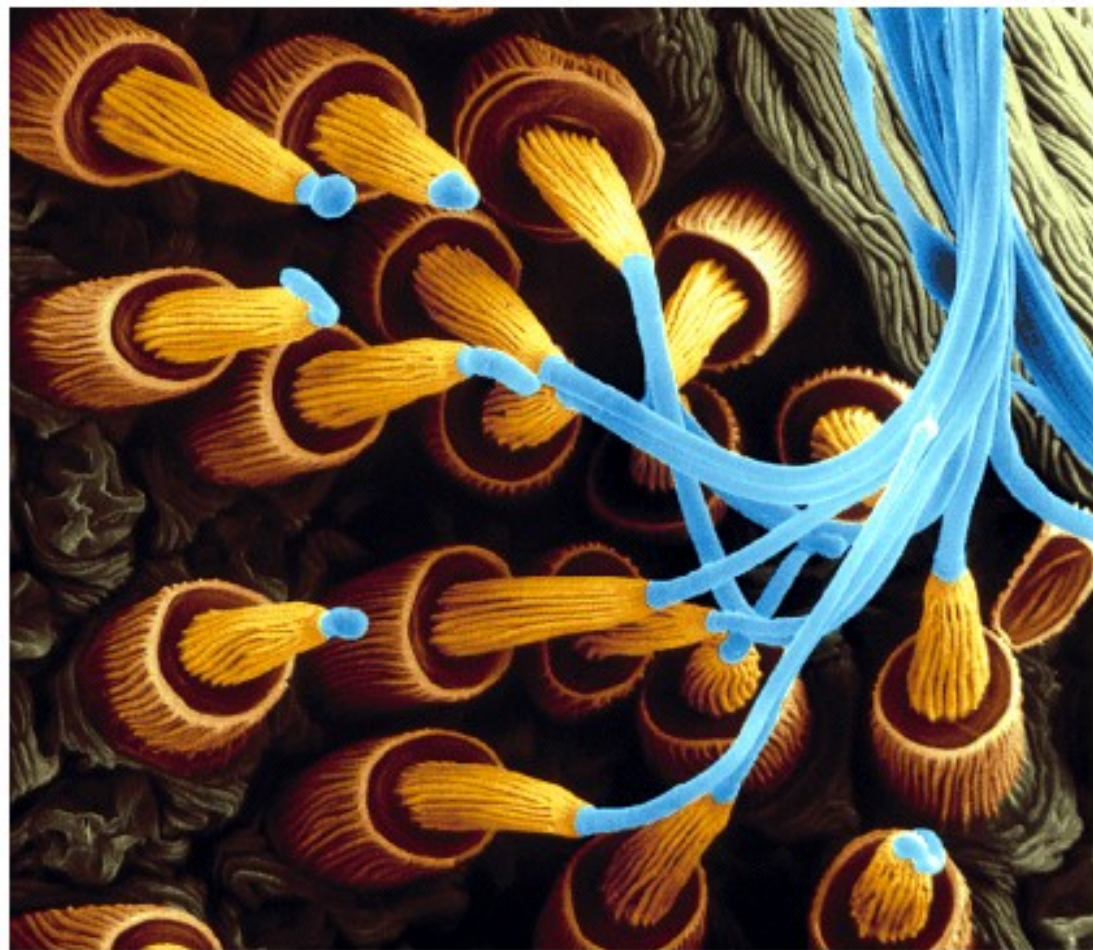
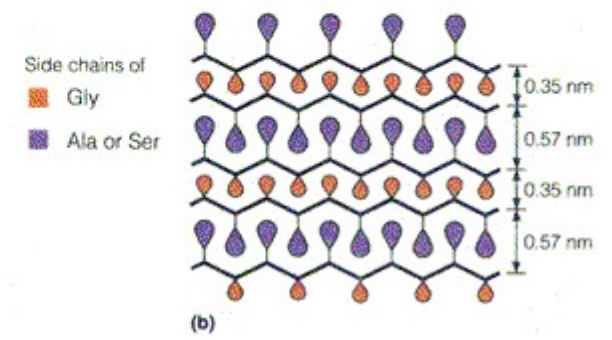
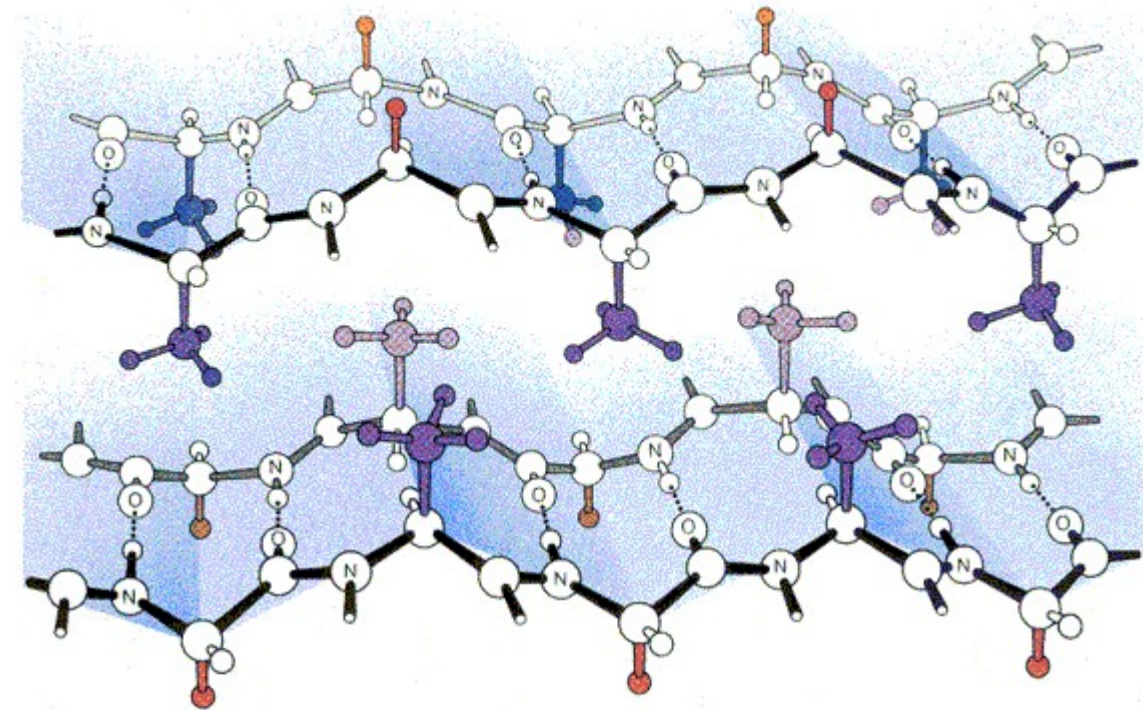
COLÁGENO

Es la principal proteína estructural de los tejidos conectivos animales, formando en su mayor parte tendones, cartílagos, la matriz orgánica de los huesos y la córnea del ojo. Cada cadena (aprox. 1000 aas) es una hélice levógira mas extendida que la hélice α , con 3,3 aminoácidos por vuelta. Tres cadenas se asocian enrollándose hacia la derecha para formar las unidades básicas o moléculas de Tropocolágeno (triple hélice), que a su vez se empaquetan paralelamente para formar las fibrillas, de gran resistencia a la tensión.



B-QUERATINAS: FIBROÍNA DE LA SEDA Y LAS TELARAÑAS

Son proteínas flexibles pero no extensibles. Las cadenas polipeptídicas forman láminas plegadas β antiparalelas que se empaquetan unas sobre otras. La flexibilidad de la fibroína se debe a que las láminas se mantienen unidas solo por fuerzas de Van der Waals entre los grupos R enfrentados que quedan entre las láminas.

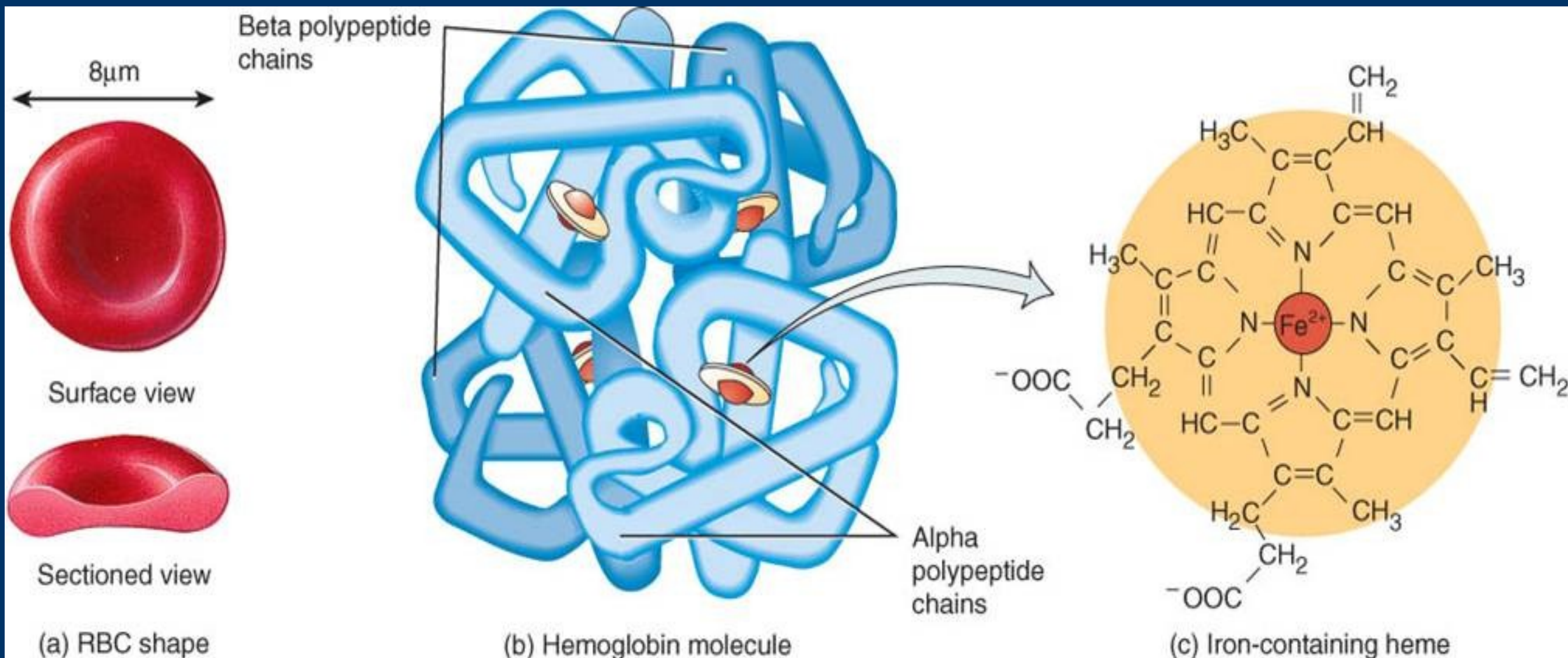


70 μm



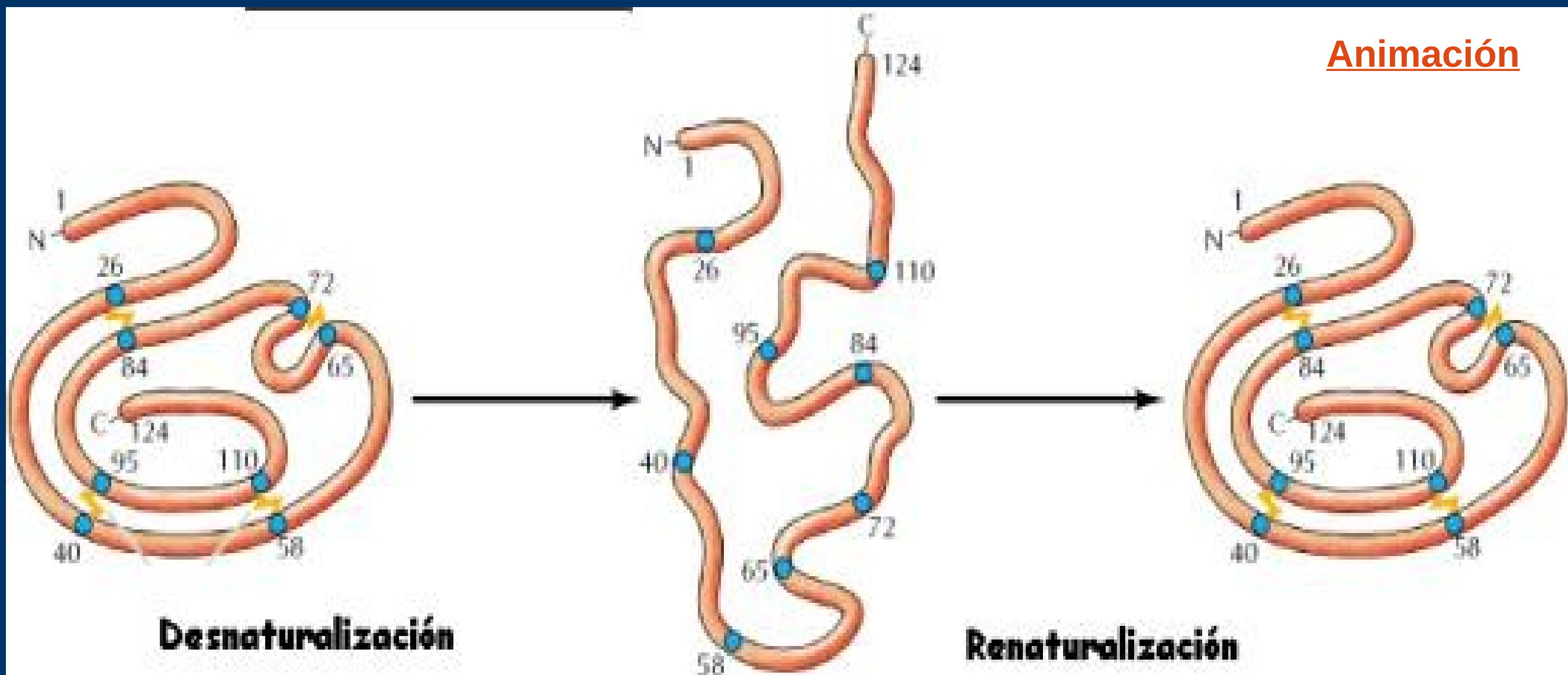
ESTRUCTURA CUATERNARIA DE LA HEMOGLOBINA

La hemoglobina es una heteroproteína tetramérica presente en los glóbulos rojos de la sangre, a la que estos deben su color, cuya función es el transporte de oxígeno. Está compuesta por 4 subunidades iguales dos a dos: dos cadenas α (con 141 aa cada una) y dos cadenas β (146 aa cada una) con estructuras secundarias y terciarias muy similares. Cada subunidad tiene un grupo prostético, el grupo hemo, formado por un anillo tetrapirrólico con un ión ferroso en el centro al que se enlaza la molécula de oxígeno. La hemoglobina puede existir en dos estados diferentes: oxihemoglobina, de color rojo escarlata, y desoxihemoglobina, de color rojo oscuro, y ambas formas presentan ligeras diferencias en su estructura cuaternaria (comportamiento alostérico de la proteína).



DESNATURALIZACIÓN DE LAS PROTEÍNAS

Desnaturalización es la pérdida total o parcial de los niveles estructurales superiores al primario que experimentan las proteínas globulares cuando se someten a la acción de “agentes desnaturalizantes” como el calor, pH extremos o algunos disolventes orgánicos, detergentes, etc. En la desnaturalización se rompen enlaces débiles y la cadena peptídica se despliega, perdiendo su conformación nativa y, por lo tanto, su actividad biológica. Los enlaces peptídicos no se rompen en este proceso y por ello la molécula puede recuperar su conformación nativa (renaturalización) si se restauran las condiciones previas al tratamiento desnaturalizante. La renaturalización no siempre es posible.



INFORMACIÓN GENÉTICA
Secuencia de nucleótidos de un segmento de ADN

ESTRUCTURA PRIMARIA
Secuencia de aminoácidos de la cadena polipeptídica

Plegamiento espontáneo

Desnaturalización

CONFORMACIÓN NATIVA=estructura tridimensional necesaria para la actividad biológica (función)

Estructura 2^{aria}
Plegamiento de la cadena peptídica

Estructura 3^{aria}
Conformación tridimensional completa

Estructura 4^{aria}
Asociación de 2 o mas cadenas

Asociación de varias cadenas

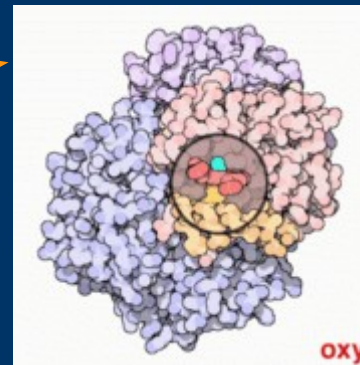
PROTEÍNAS FIBROSAS

PROTEÍNAS GLOBULARES

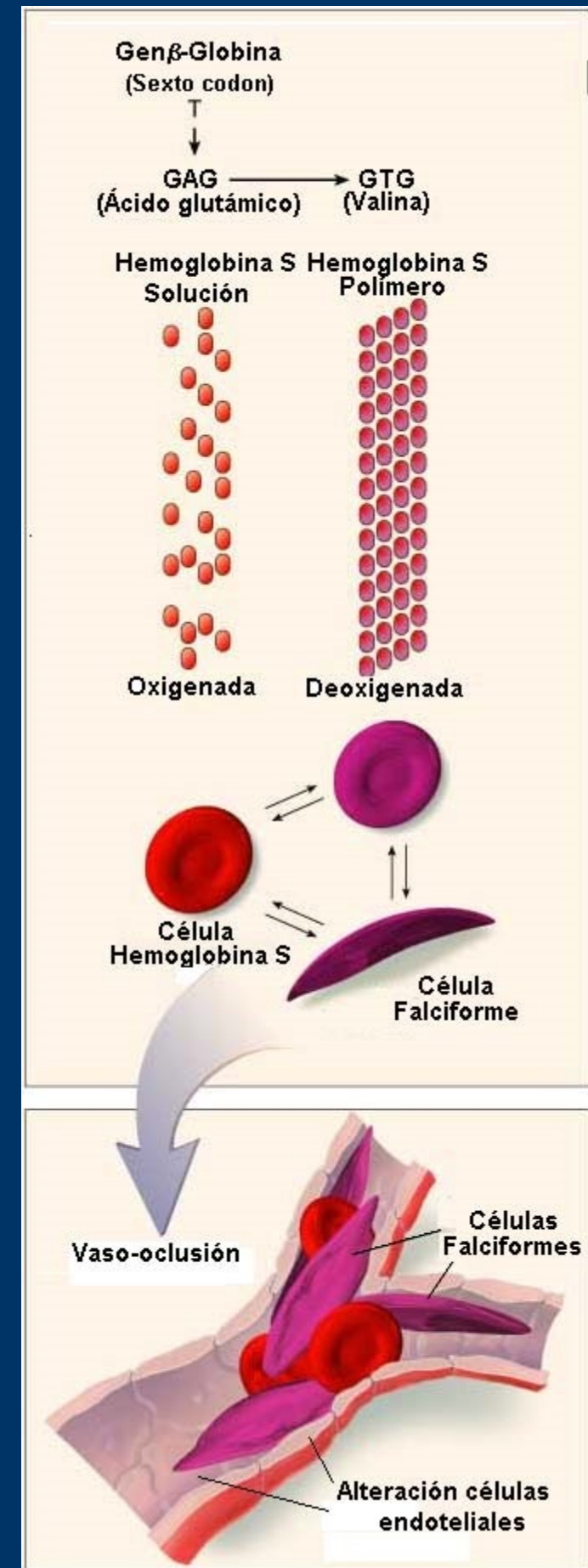
CAMBIOS EN LA ESTRUCTURA PRIMARIA PUEDEN PROVOCAR CAMBIOS EN LA CONFORMACIÓN PROTEICA QUE AFECTEN A LA FUNCIÓN DE LA PROTEÍNA

La conformación, que determina la función biológica de la proteína, está a su vez determinada por la secuencia de aminoácidos, por lo que cualquier variación en ésta, por pequeña que sea, puede provocar cambios en la conformación que afecten a la actividad biológica de la proteína. Los cambios en la secuencia de aminoácidos se deben a cambios en la secuencia de nucleótidos del gen que codifica a la proteína.

Hemoglobina normal



La sustitución de ác. Glutámico por valina origina un punto adherente que facilita la polimerización de la hemoglobina, que forma fibras que deforman los glóbulos rojos



CLASIFICACIÓN DE LAS PROTEÍNAS ATENDIENDO A LA COMPOSICIÓN QUÍMICA

Compuestas solo por aminoácidos

Compuestas por parte proteica (apoproteína) y parte no proteica (grupo prostético)

HETEROPROTEÍNAS (PROTEÍNAS CONJUGADAS)

Heteroproteína = Apoproteína + Grupo prostético

Según la naturaleza química del grupo prostético

HOLOPROTEÍNAS
(PROTEÍNAS SIMPLES)

Glicoproteínas
Anticuerpos,
...

Lipoproteínas
(LDL, HDL...)

Nucleoproteínas
(Nucleosomas,
Ribosomas...)

Hemoproteínas
(Hemoglobina,
Citocromos...)

Fosfoproteínas
(Caseína...)

LIPOPROTEÍNAS PLASMÁTICAS

Son heteroproteínas cuyos grupos prostéticos son lípidos. La parte proteica (apoproteína) es específica y tiene dos funciones: constituir partículas solubles para el transporte de los lípidos en el medio acuoso del plasma sanguíneo (en el que los lípidos son insolubles) y contener señales para las células diana, destinatarias de los lípidos. Estas tienen en su membrana receptores de las lipoproteínas capaces de identificarlas e integrarlas mediante endocitosis.

Las lipoproteínas del plasma son partículas esféricas en cuyo interior viajan triacilglicéridos y ésteres del colesterol. En la superficie externa se sitúan las cabezas polares de los lípidos anfipáticos (fosfolípidos y colesterol libre) y las apolipoproteínas.

Las lipoproteínas se clasifican en función de su densidad en QUILOMICRONES, VLDL, LDL y HDL, correspondiendo las tres últimas a las lipoproteínas de muy baja, baja y alta densidad respectivamente (conocidas por las siglas de sus iniciales en inglés)

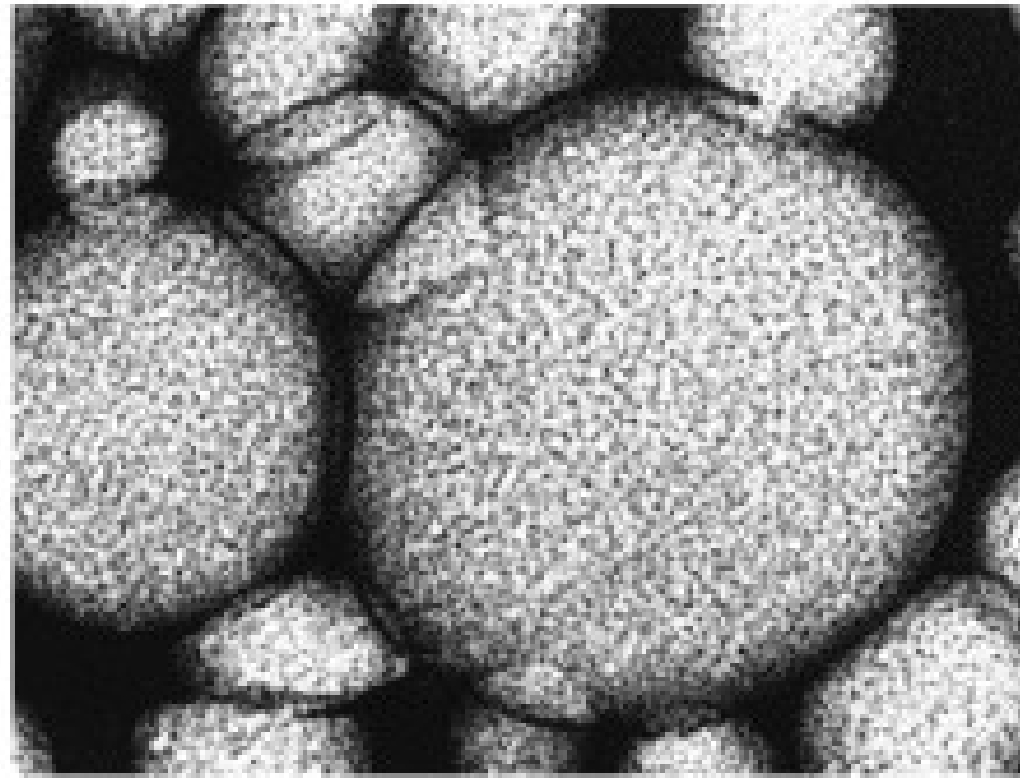
table 21-2

Major Classes of Human Plasma Lipoproteins: Some Properties

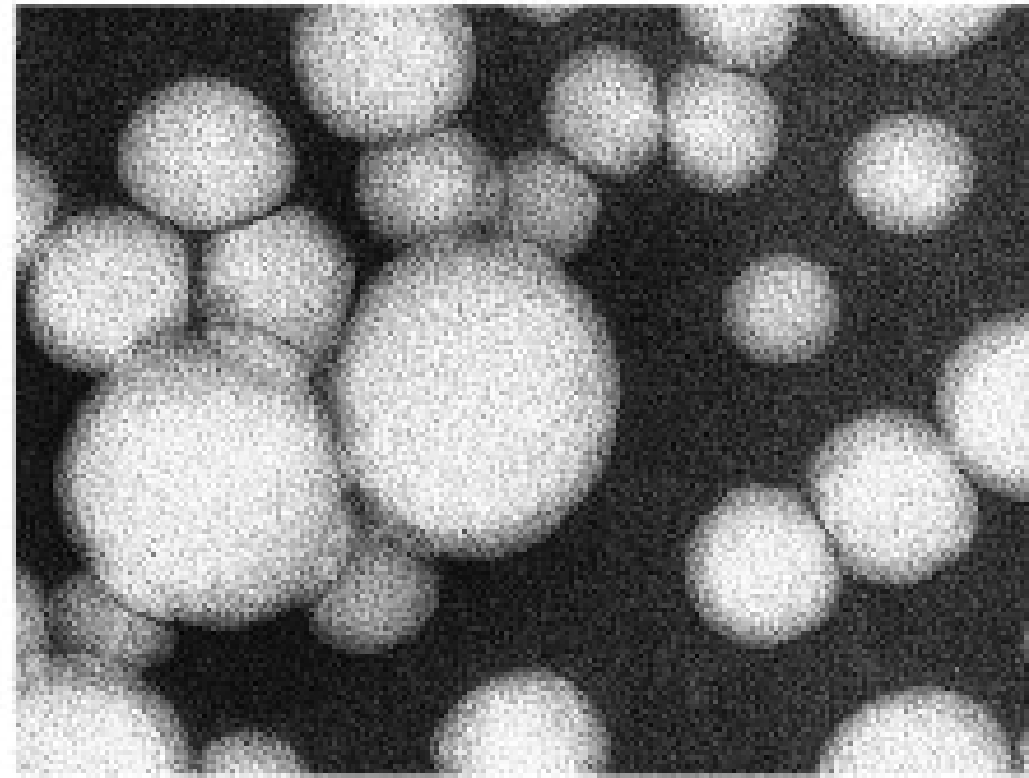
Lipoprotein	Density (g/mL)	Composition (wt %)				
		Protein	Phospholipids	Free cholesterol	Cholesteryl esters	Triacylglycerols
Chylomicrons	<1.006	2	9	1	3	85
VLDL	0.95-1.006	10	18	7	12	50
LDL	1.006-1.063	23	20	8	37	10
HDL	1.063-1.210	55	24	2	15	4

Source: Modified from Kritchevsky, D. (1986) Atherosclerosis and nutrition. *Nutr. Int.* 2, 290-297.

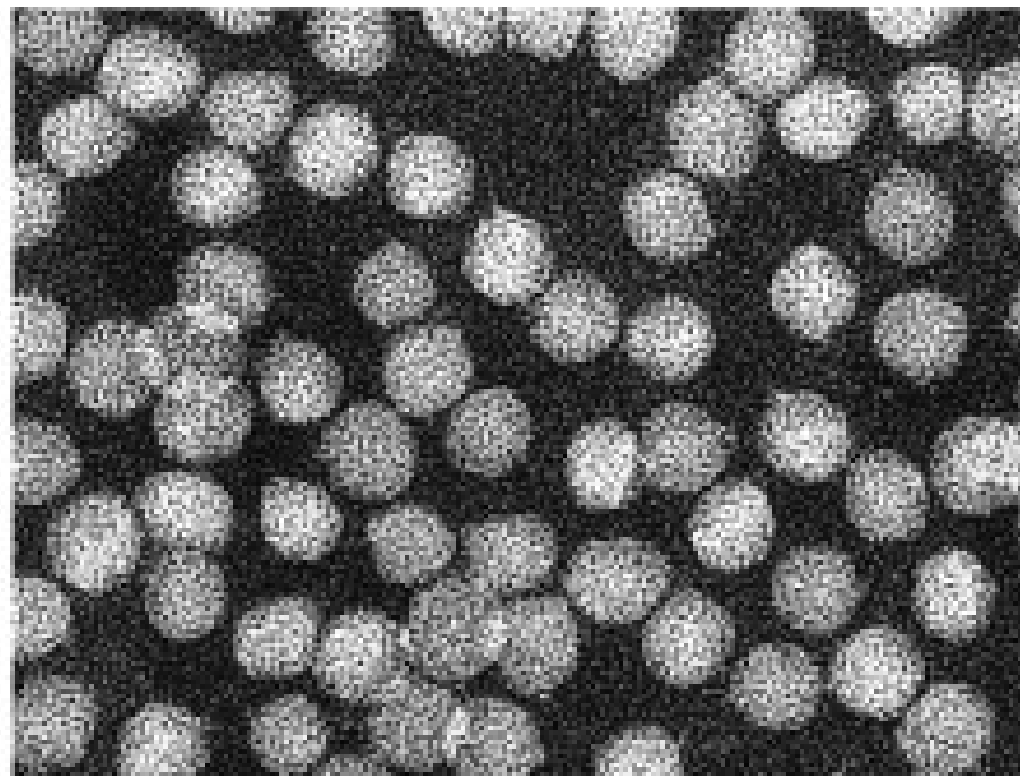
Lipoproteínas plasmáticas fotografiadas al Microscopio electrónico



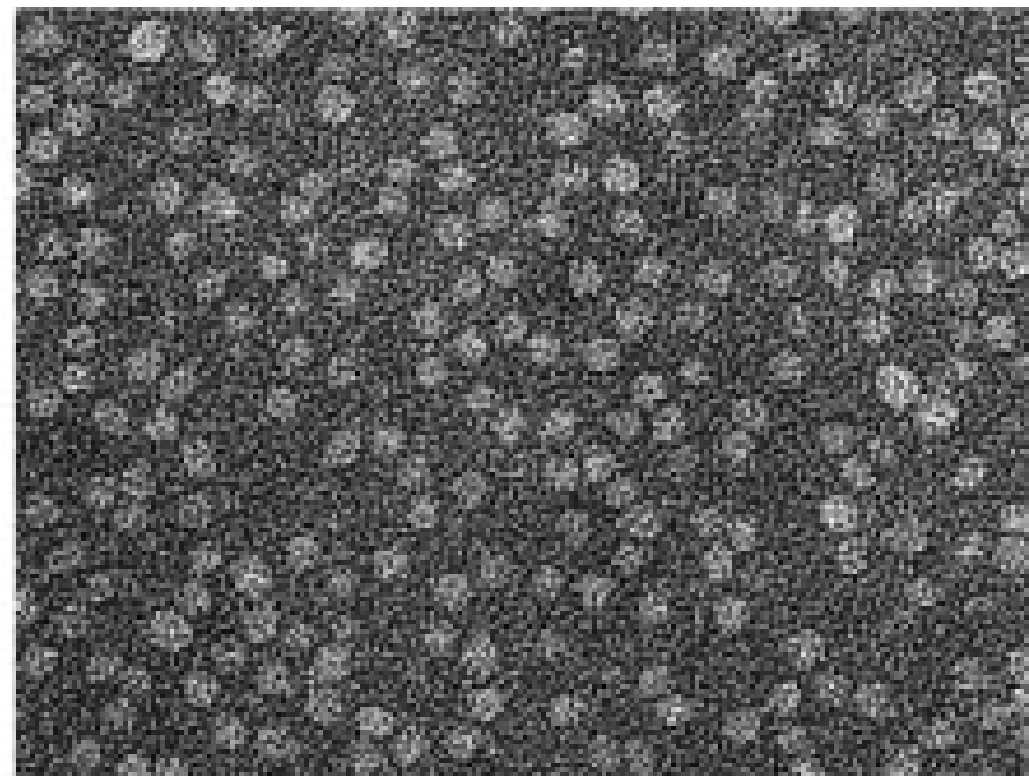
Chylomicrons (50–200 nm diameter)



VLDL (28-70 nm diameter)



LDL (20-25 nm diameter)



HDL (8-11 nm diameter)

(b)

ESTRUCTURAS MOLECULARES DE TRES TIPOS DE LIPOPROTEÍNAS PLASMÁTICAS

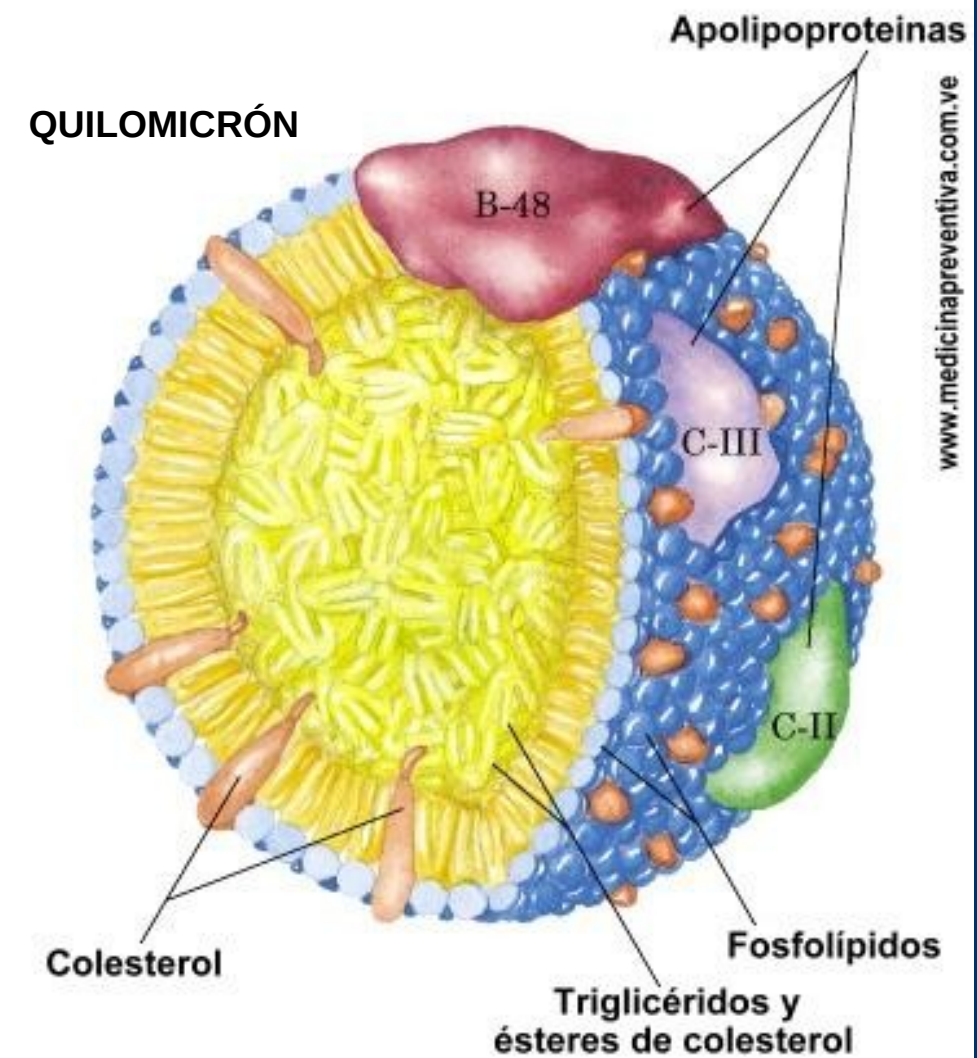
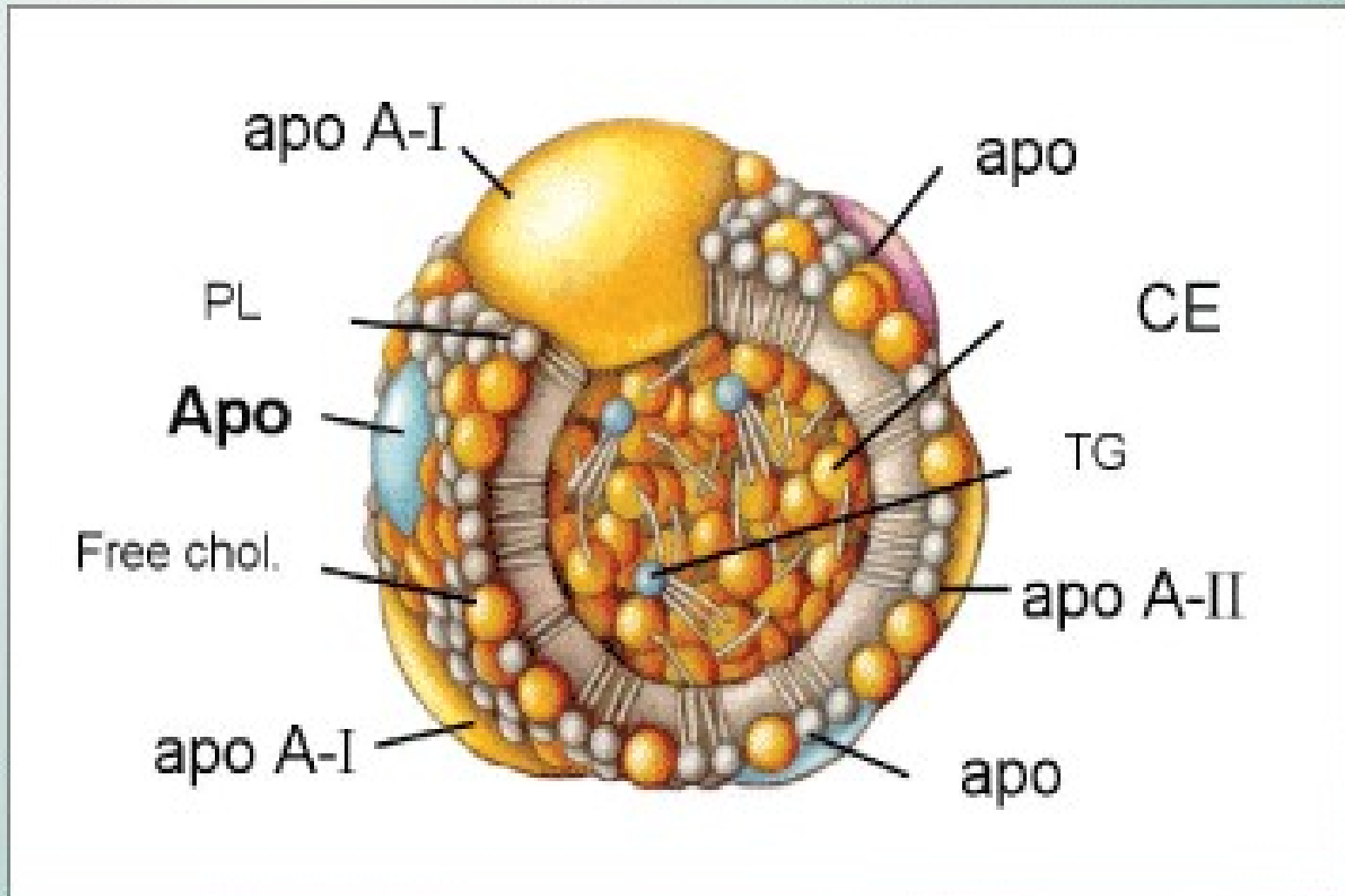
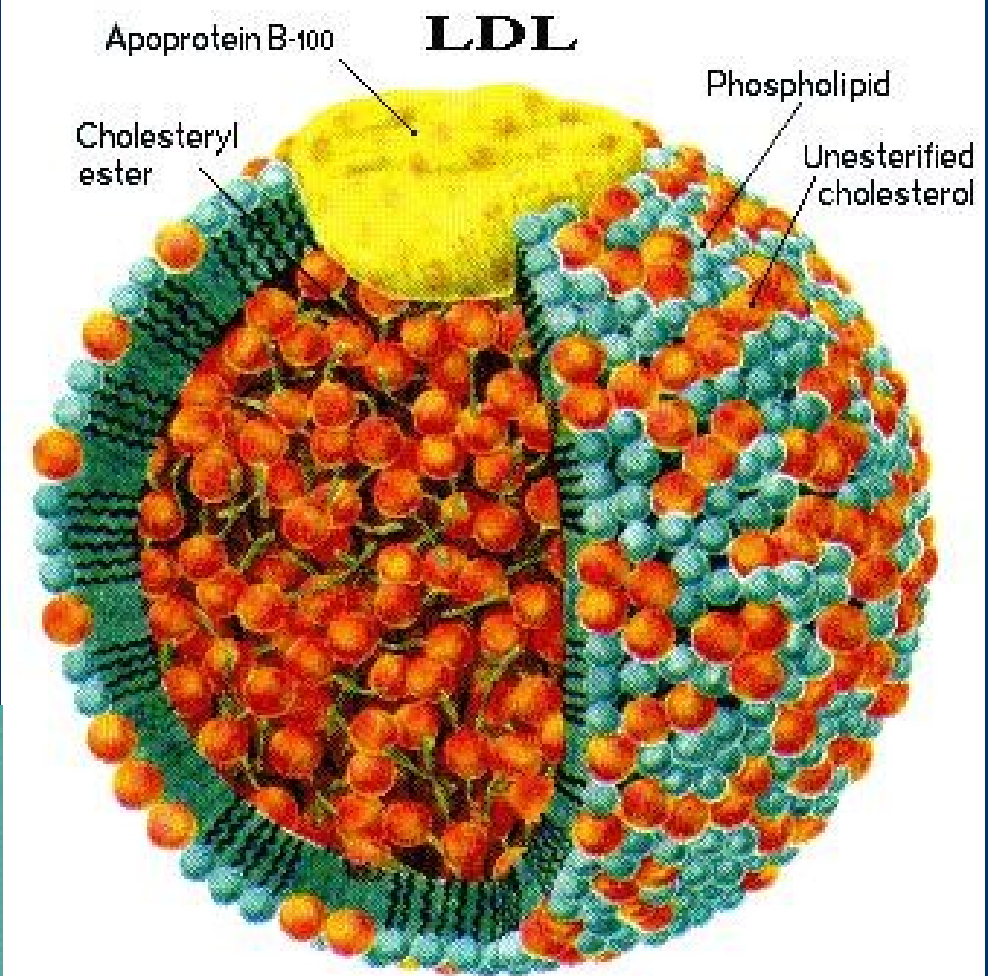
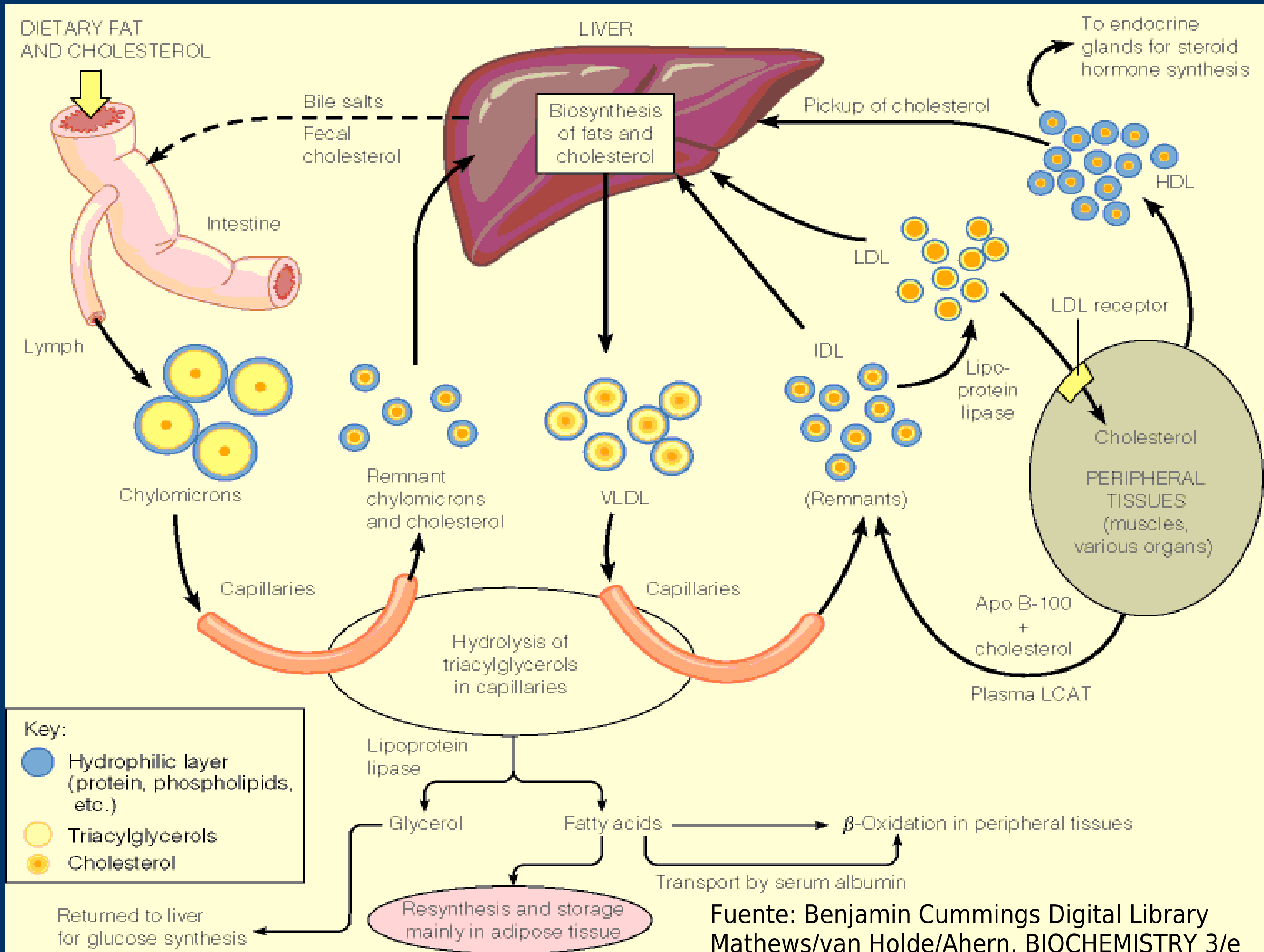


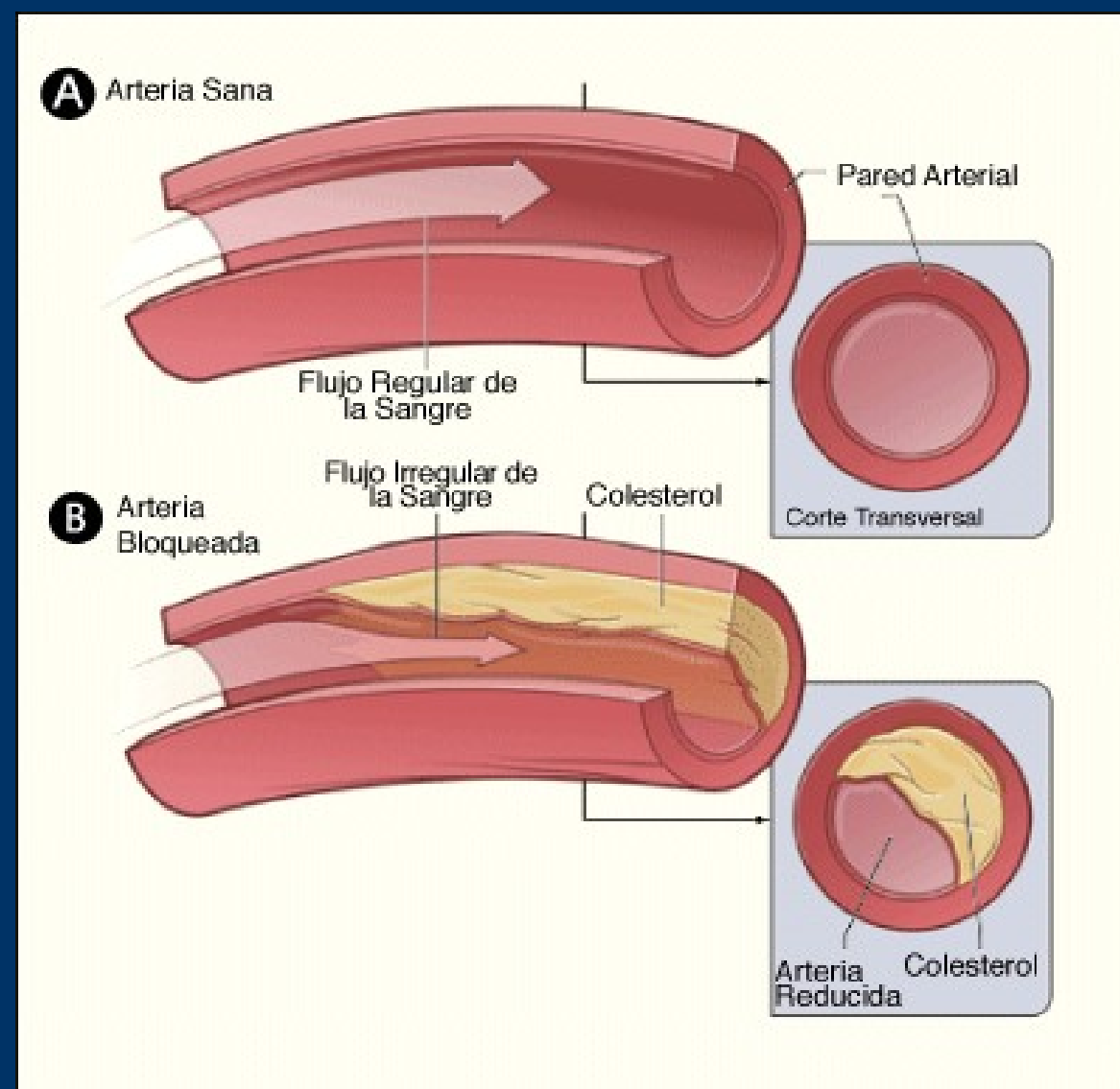
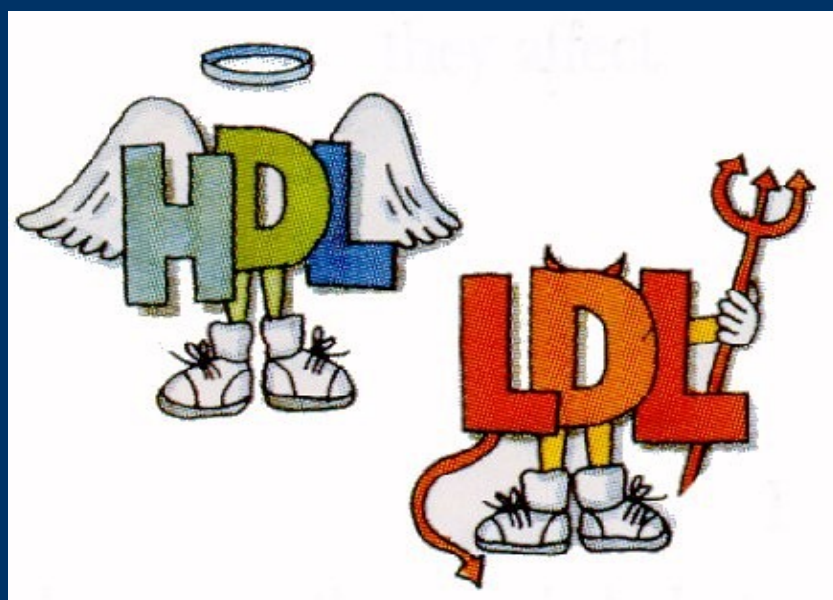
Fig. 1 - Composition of high-density lipoprotein (HDL). Apo = apoprotein; PL = phospholipids; chol. = cholesterol; CE = esterified cholesterol; TG = triglycerides.

Transporte de lipoproteínas en el organismo



LIPOPROTEÍNAS HDL Y LDL: “COLESTEROL BUENO” Y “COLESTEROL MALO”

Las lipoproteínas LDL transportan el colesterol desde el hígado a todos los tejidos y las HDL transportan el colesterol sobrante de vuelta al hígado, para que este lo excrete con la bilis. Si los niveles de LDL en sangre son elevados, el colesterol se deposita en las paredes internas de las arterias formando placas, llamadas ateromas, que crecen y endurecen las paredes arteriales, reduciendo su luz, y pueden llegar a obstruirlas. Esta enfermedad, denominada arteriosclerosis puede provocar infartos, accidentes cerebrovasculares, etc, según la arteria afectada. Por contra, niveles elevados de HDL reducen el riesgo cardiovascular. Es por este hecho que se conoce a las lipoproteínas LDL y HDL como “colesterol malo” y “colesterol bueno” respectivamente. Se ha comprobado que el consumo de grasas saturadas favorece la formación de LDL y el de grasas insaturadas aumenta el nivel de HDL, al igual que el ejercicio físico, mientras que el tabaco lo disminuye.



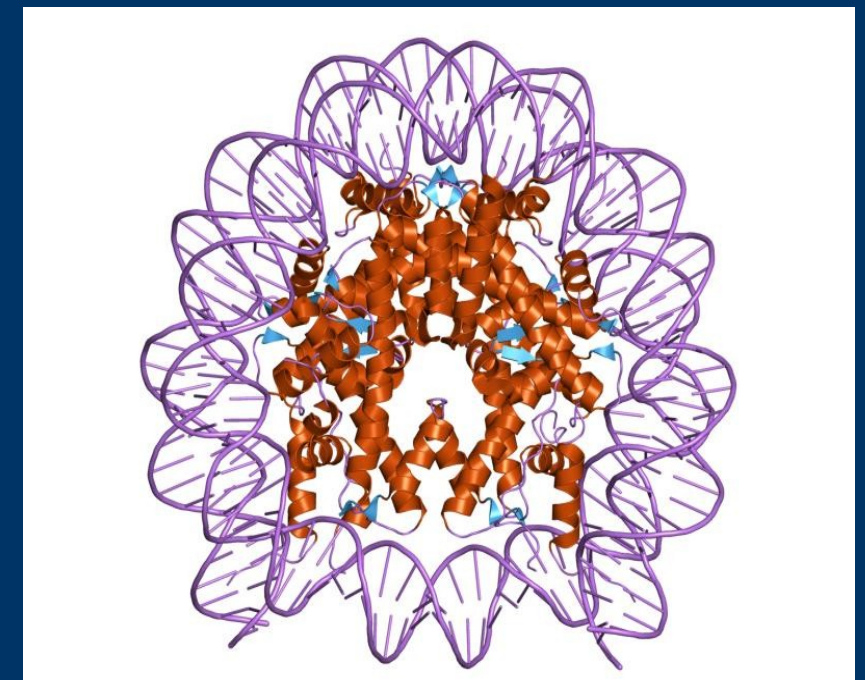
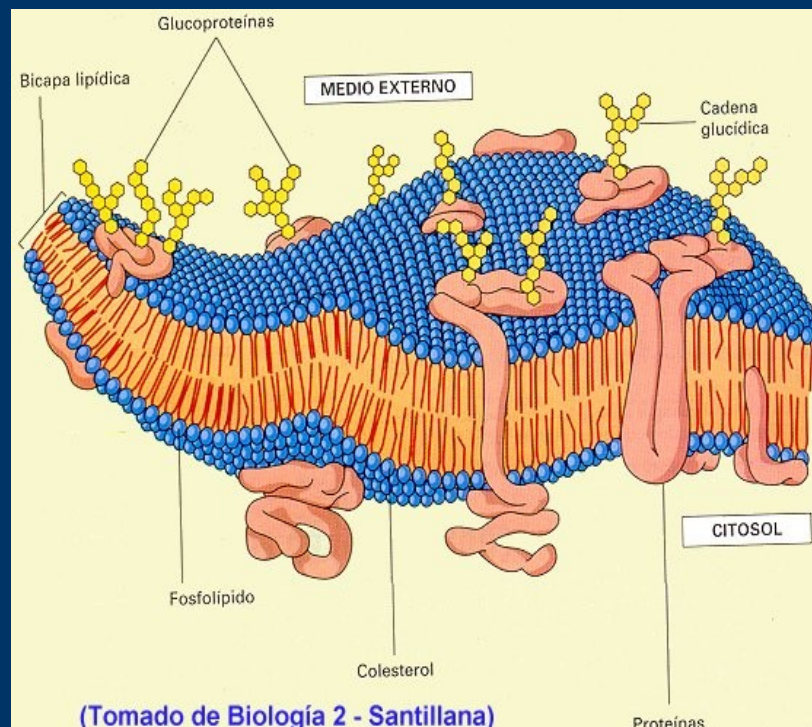
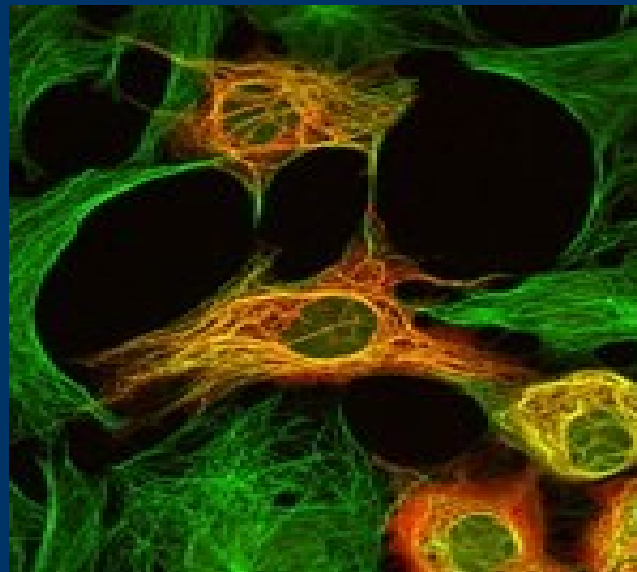
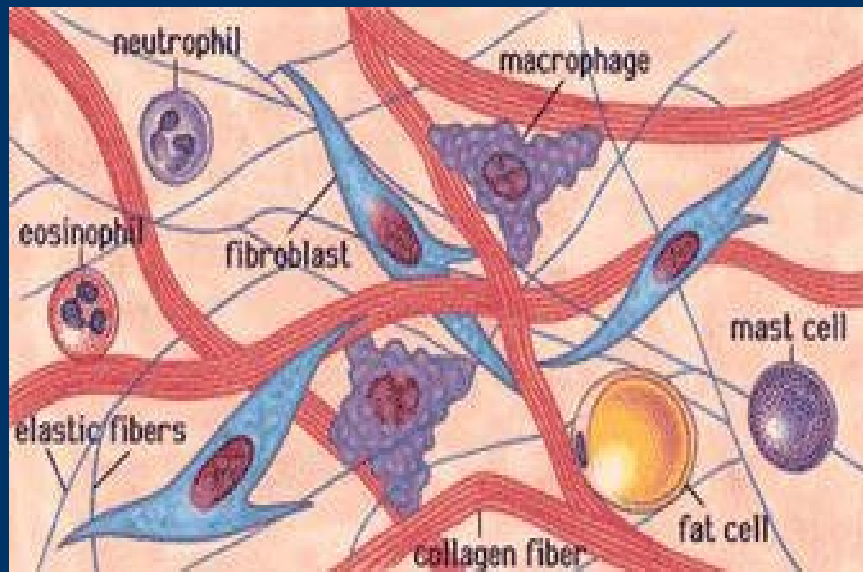
Para obtener mas información haz click aquí:

<http://www.medicinapreventiva.com.ve/laboratorio/colesterol.htm>



PROTEÍNAS CON FUNCIÓN ESTRUCTURAL

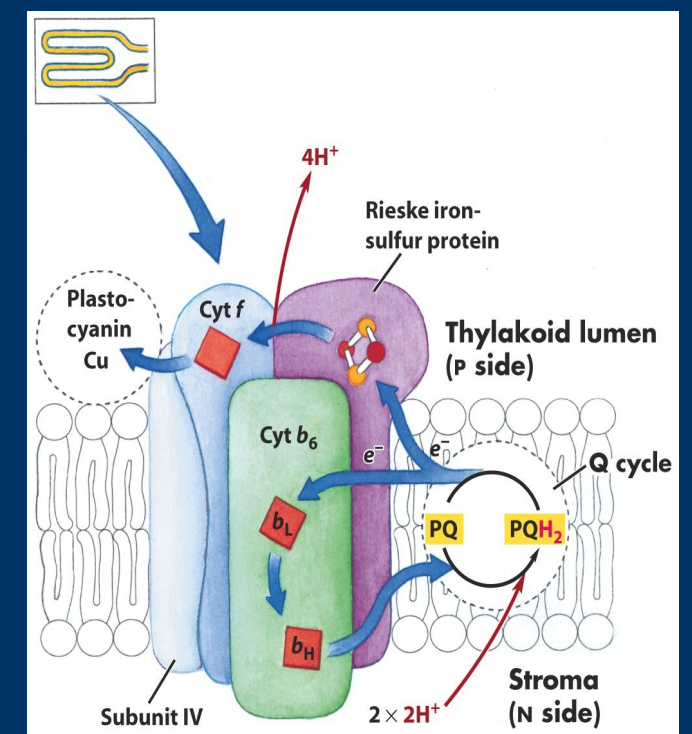
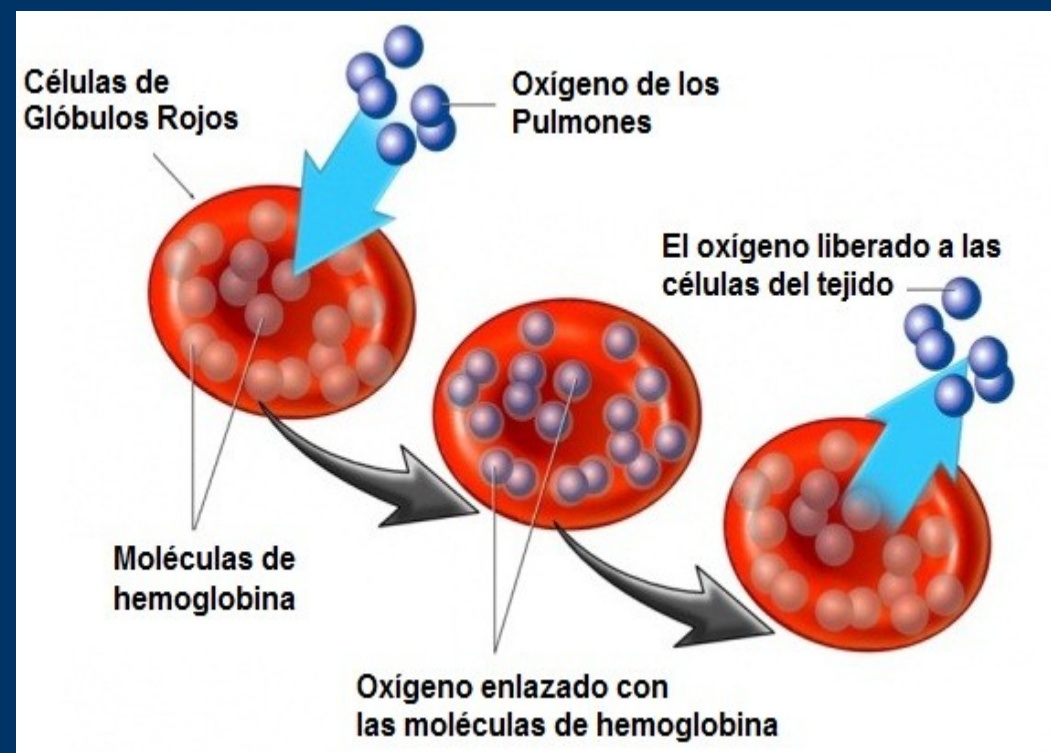
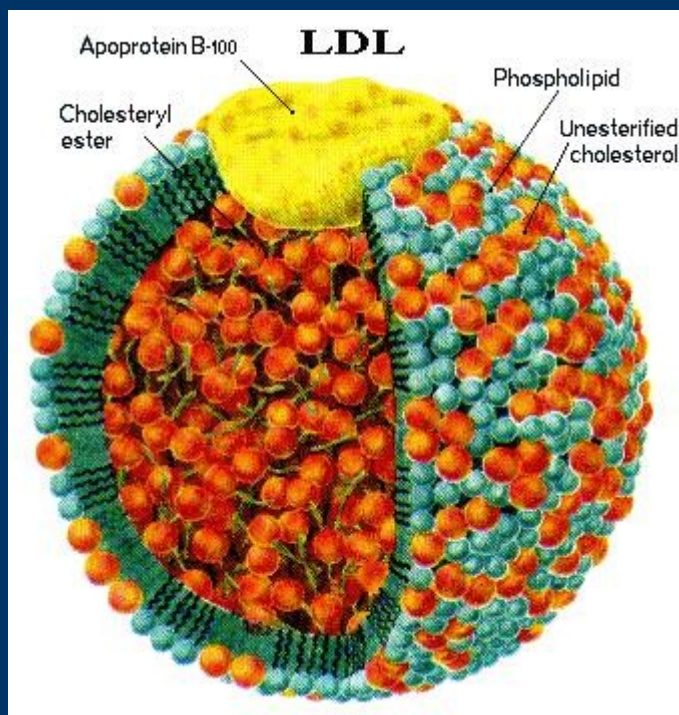
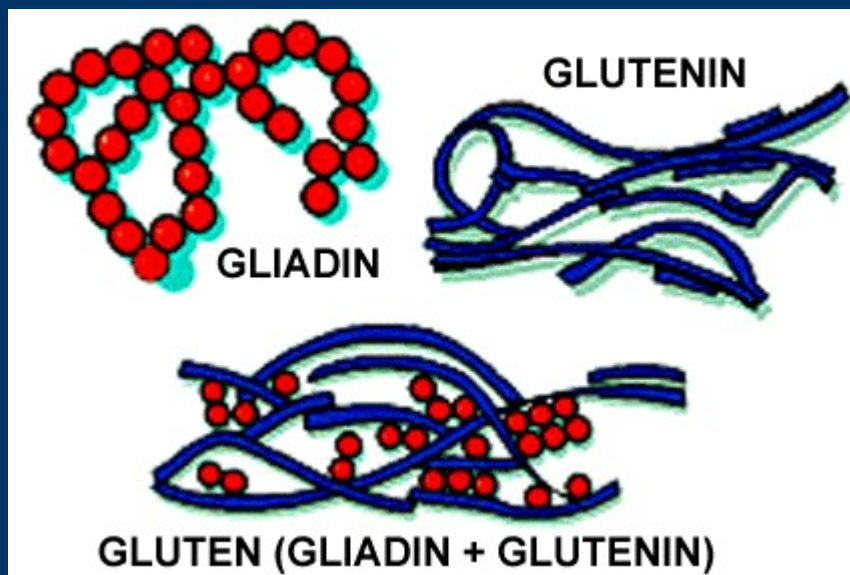
Son ejemplos las queratinas, fibroína, colágeno, elastina, proteínas de membrana, del citoesqueleto, de empaquetamiento del DNA como histonas y protaminas, etc.



PROTEÍNAS CON FUNCIÓN NUTRITIVA Y CON FUNCIÓN DE TRANSPORTE

De reserva o nutritiva: ovoalbúmina del huevo, caseína de la leche, gliadina y glutenina (gluten) del trigo, etc.

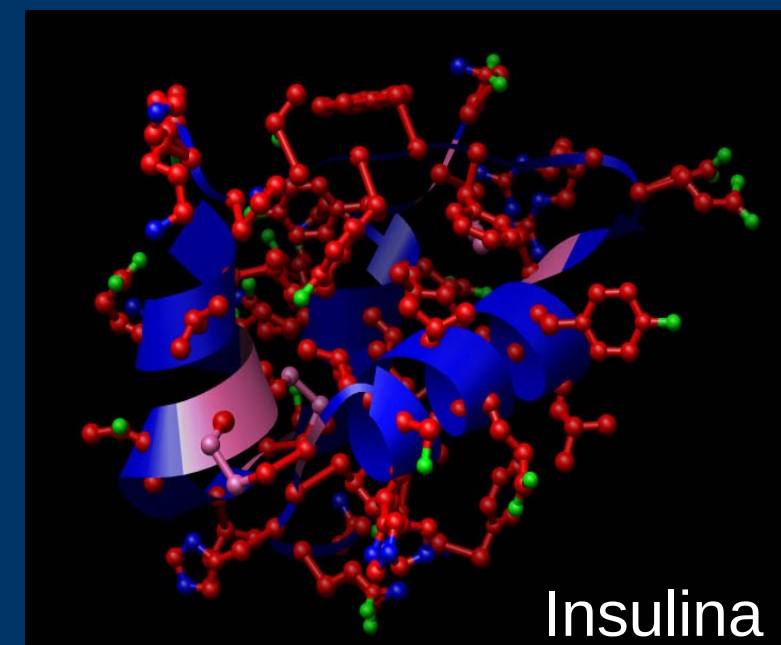
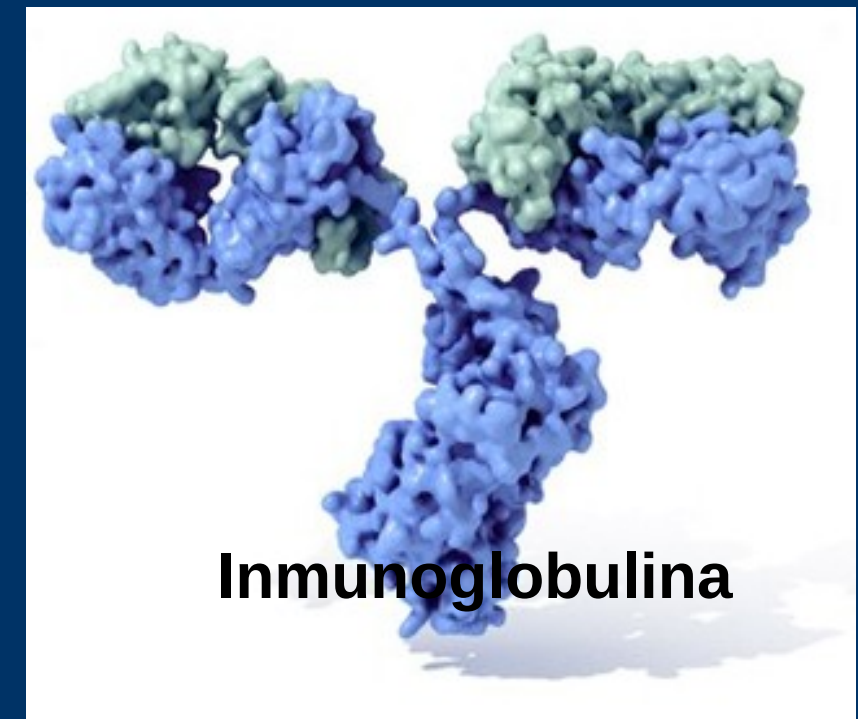
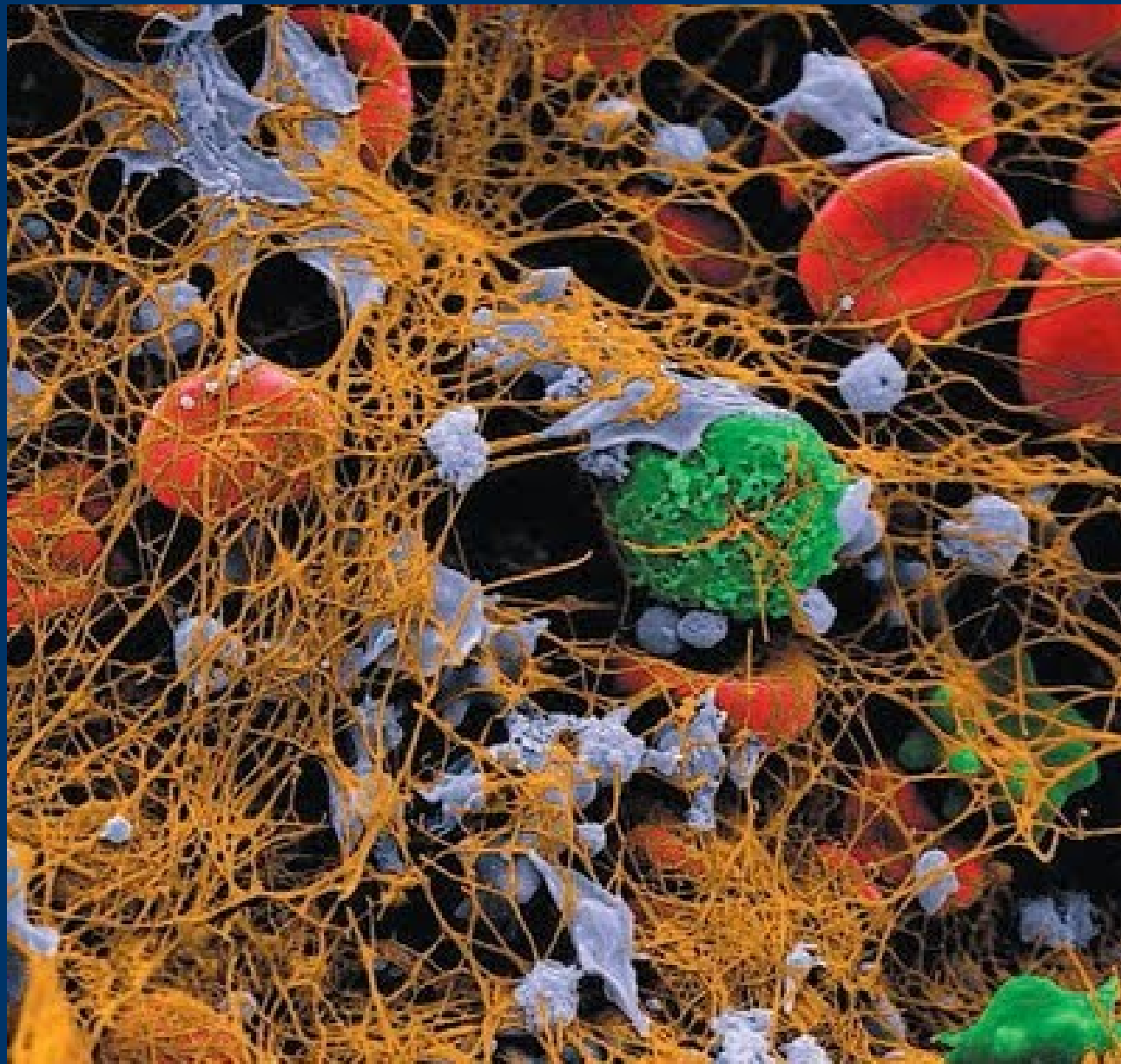
De transporte: Hemoglobina, mioglobina, seroalbúmina, lipoproteínas del plasma, proteínas transportadoras de electrones como los citocromos, etc.



PROTEÍNAS CON FUNCIÓN DEFENSIVA Y CON FUNCIÓN REGULADORA

Defensiva: inmunoglobulinas o anticuerpos, proteínas que intervienen en la coagulación como la trombina, el fibrinógeno y la fibrina, proteínas antivíricas como el interferón...

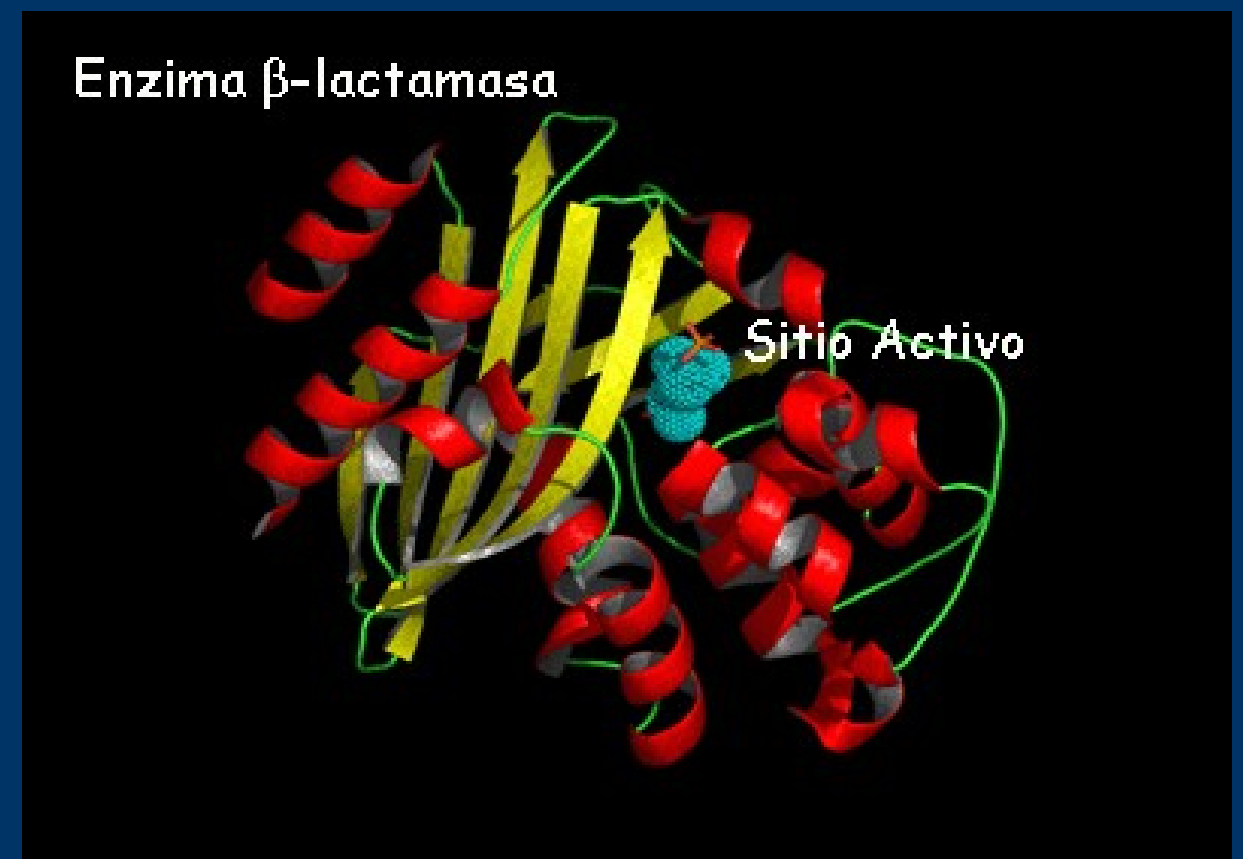
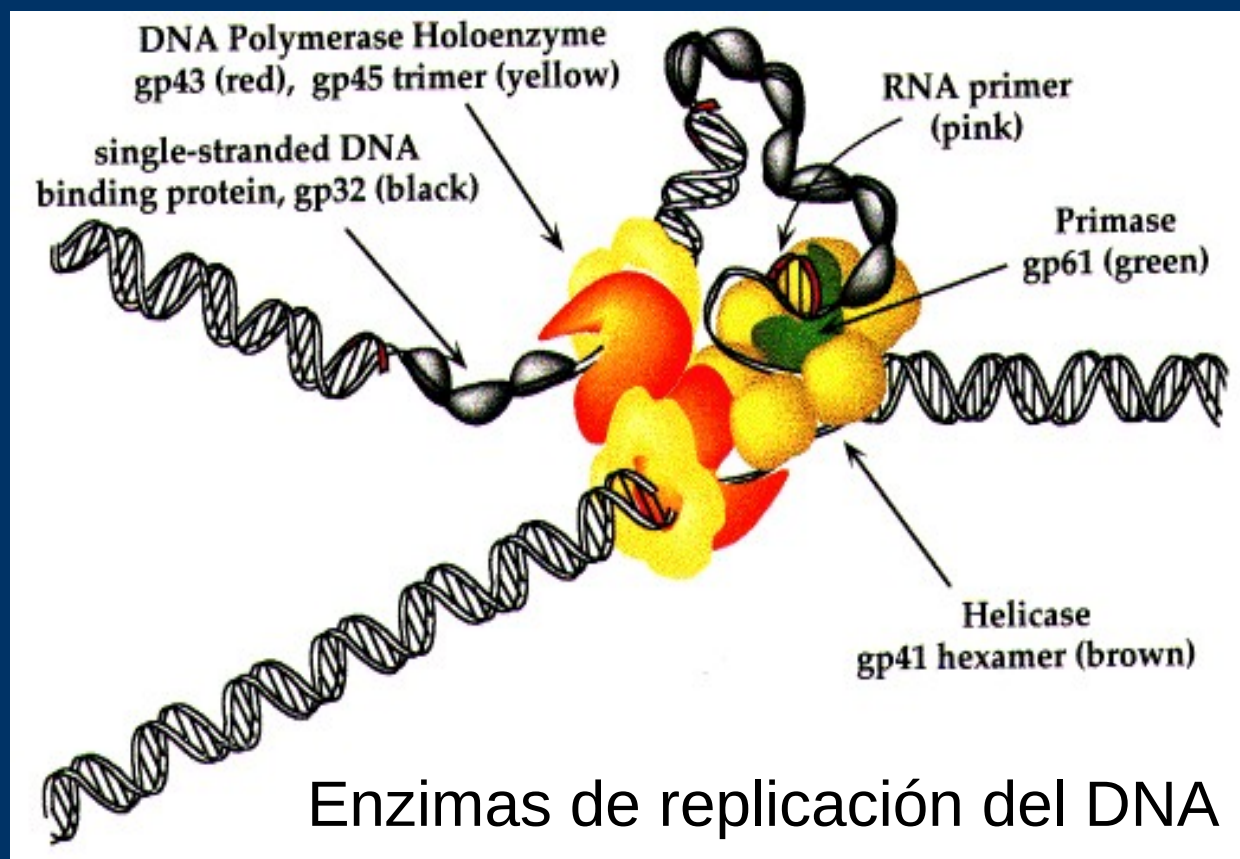
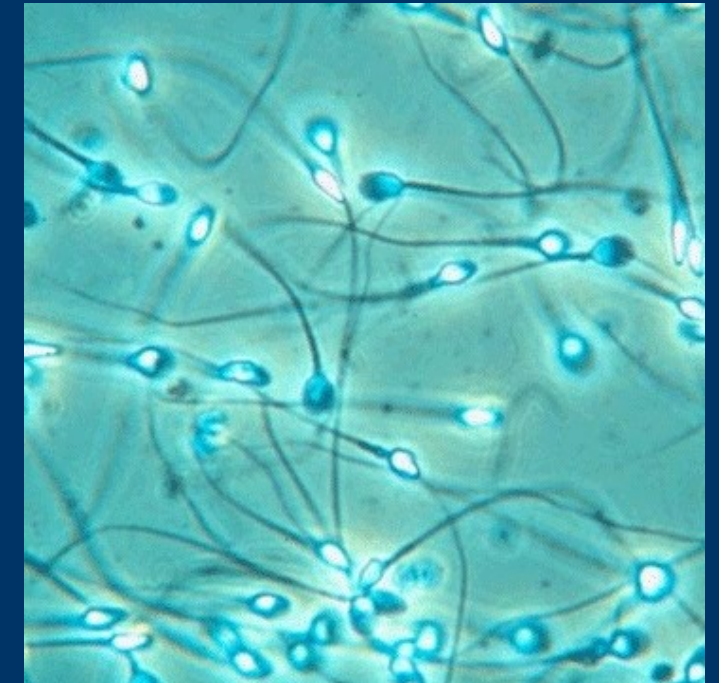
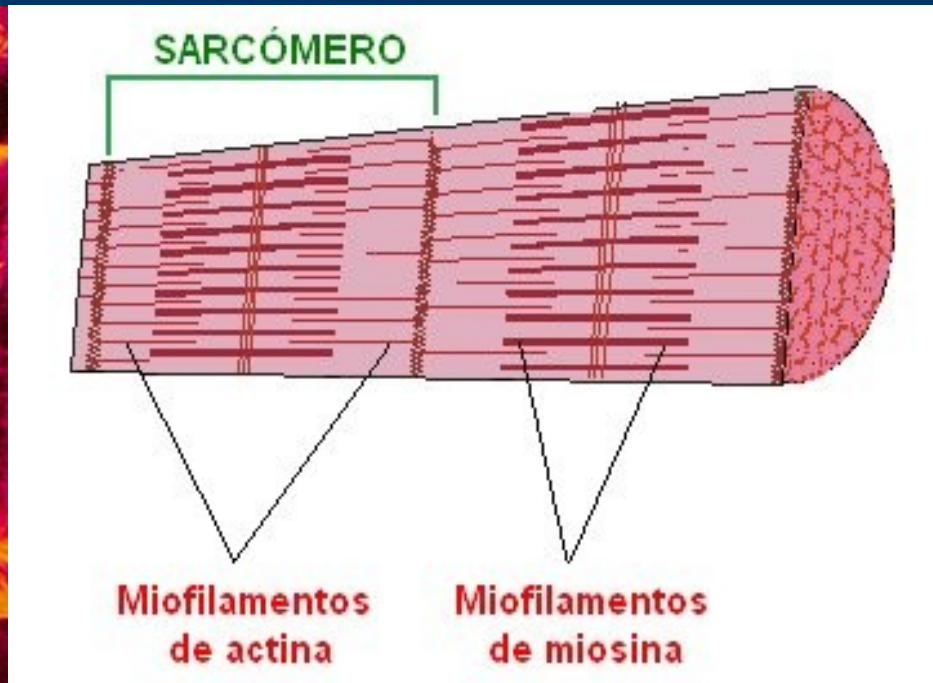
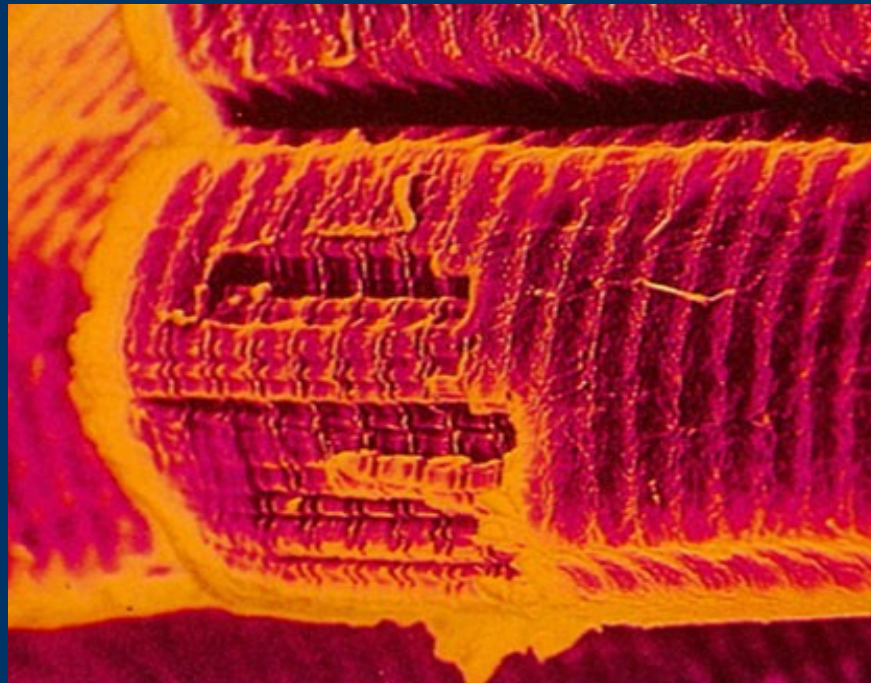
Reguladora: hormonas como insulina, glucagón, oxitocina, prolactina, hormona del crecimiento, etc, proteínas reguladoras de la expresión génica...



PROTEÍNAS CON FUNCIÓN CATALÍTICA Y CON FUNCIÓN CONTRÁCTIL

Contráctiles: necesarias para el movimiento y la locomoción, por ejemplo, la miosina y la actina de los músculos o la dineína de cilios y flagelos.

Catalítica: las enzimas garantizan la realización de las reacciones metabólicas.



Solubilidad

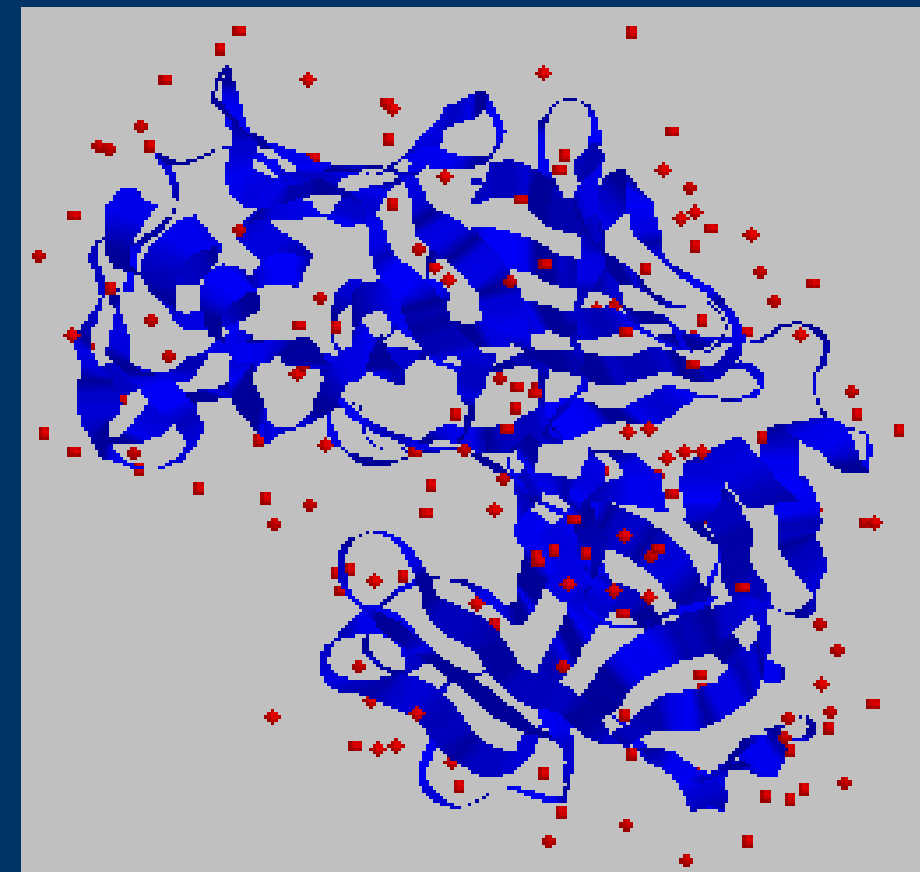
Especificidad

Desnaturalización

Capacidad amortiguadora

SOLUBILIDAD (I)

Las proteínas fibrosas suelen ser insolubles en agua, mientras que las globulares generalmente son solubles en medios acuosos donde, debido a su tamaño, forman dispersiones coloidales. La solubilidad es debida a la disposición en la superficie de los aminoácidos con grupos R polares y grupos R ionizables que establecen puentes de hidrógeno con las moléculas de agua, formándose alrededor de la molécula de proteína una capa de moléculas de agua llamada capa de solvatación, que impide su unión con otras moléculas de proteínas, lo cual provocaría su precipitación. Esta propiedad es la que hace posible la hidratación de los tejidos de los seres vivos.



SOLUBILIDAD (II)

Si esta capa de solvatación se pierde, las moléculas de proteínas se unen entre sí formando un agregado insoluble y precipitan. Esto ocurre cuando se añaden iones (sales en disolución) que compiten con las cargas de los grupos R por unirse a las moléculas de agua, despojando así a la proteína de su capa de solvatación.

También puede perderse la capa de solvatación por cambios en el pH del medio que, al provocar cambios en las cargas de los grupos R de la superficie proteica, disminuyen las interacciones de estos grupos con el agua, reduciendo así la capa de solvatación y, en consecuencia, la solubilidad de la proteína.

Por último, las proteínas se vuelven insolubles al desnaturizarse y, por tanto, cualquier factor desnaturizante provocará la pérdida de la solubilidad de la proteína.



ESPECIFICIDAD PROTEICA

DE ESPECIE

Cada especie de seres vivos posee proteínas diferentes a las de otras especies.

Se utiliza para estudios evolutivos: las diferencias entre proteínas homólogas permiten establecer el grado de parentesco evolutivo entre especies.

DE INDIVIDUO

Cada individuo posee proteínas exclusivas que le diferencian del resto de individuos de su misma especie.

Es la causa del rechazo en los trasplantes de órganos, ya que el organismo reconoce como extrañas proteínas procedentes de otros individuos y produce una respuesta inmunitaria para su destrucción.

DE UNIÓN A OTRAS MOLÉCULAS

La actividad biológica (función) de una proteína depende de su interacción física con otras moléculas. La sustancia que se une a la proteína se denomina "ligando".

Necesaria para las funciones de catálisis (enzima-sustrato), de defensa (anticuerpo-antígeno), de transporte (hemoglobina-oxígeno...), reguladora (hormona-receptor...), etc.

PROTEÍNAS HOMÓLOGAS (origen evolutivo común)
Proteínas con la misma función en especies diferentes

RESIDUOS INVARIABLES
(aminoácidos idénticos
en las mismas posiciones)

Corresponden a aminoácidos necesarios para mantener estable la conformación nativa de la proteína, garantizando así su función.

RESIDUOS VARIABLES
(aminoácidos distintos
en ciertas posiciones)

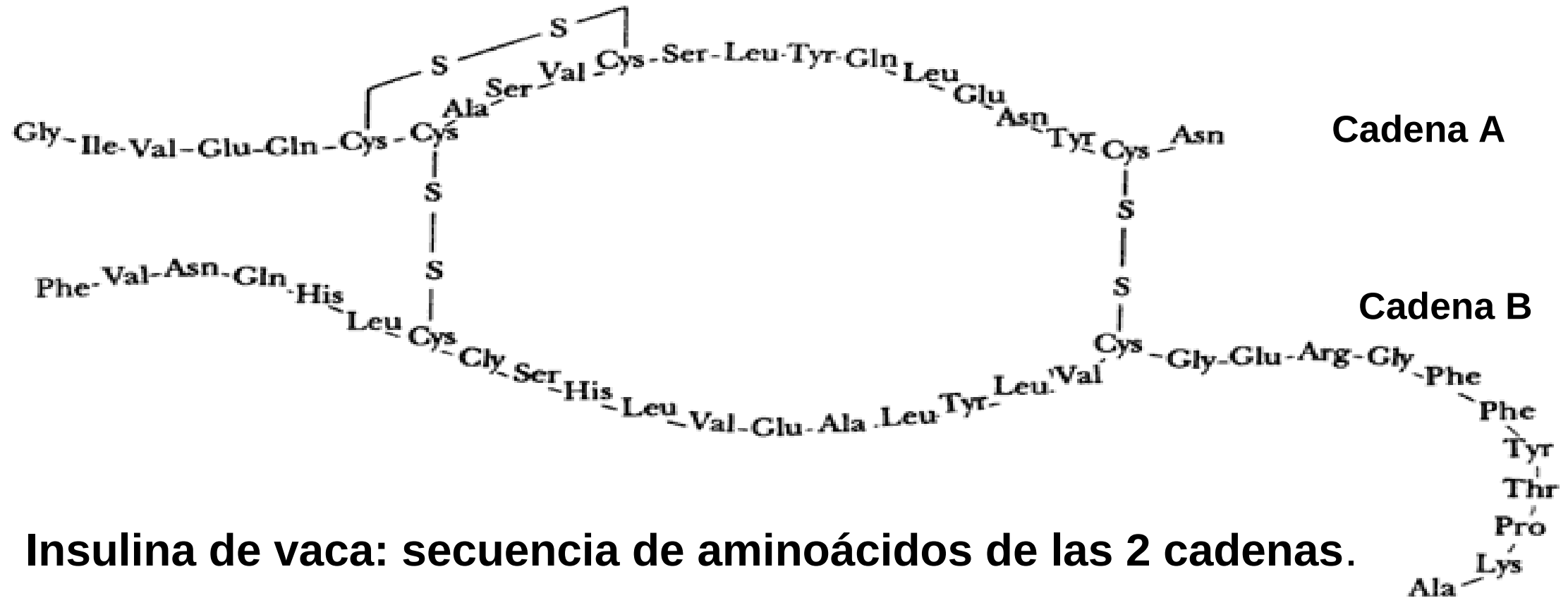
Sustituciones
conservadoras

Aminoácidos similares
(por ejemplo con la
misma carga eléctrica)

Sustituciones mas
aleatorias en otras
posiciones

El número de residuos diferentes en proteínas homólogas de dos especies es proporcional a la diferencia filogenética entre ambas. Permiten la construcción de árboles evolutivos que suelen corresponderse con los establecidos por la Taxonomía

DIFERENCIAS EN LAS MOLÉCULAS DE HEMOGLOBINA DE 6 ESPECIES ANIMALES

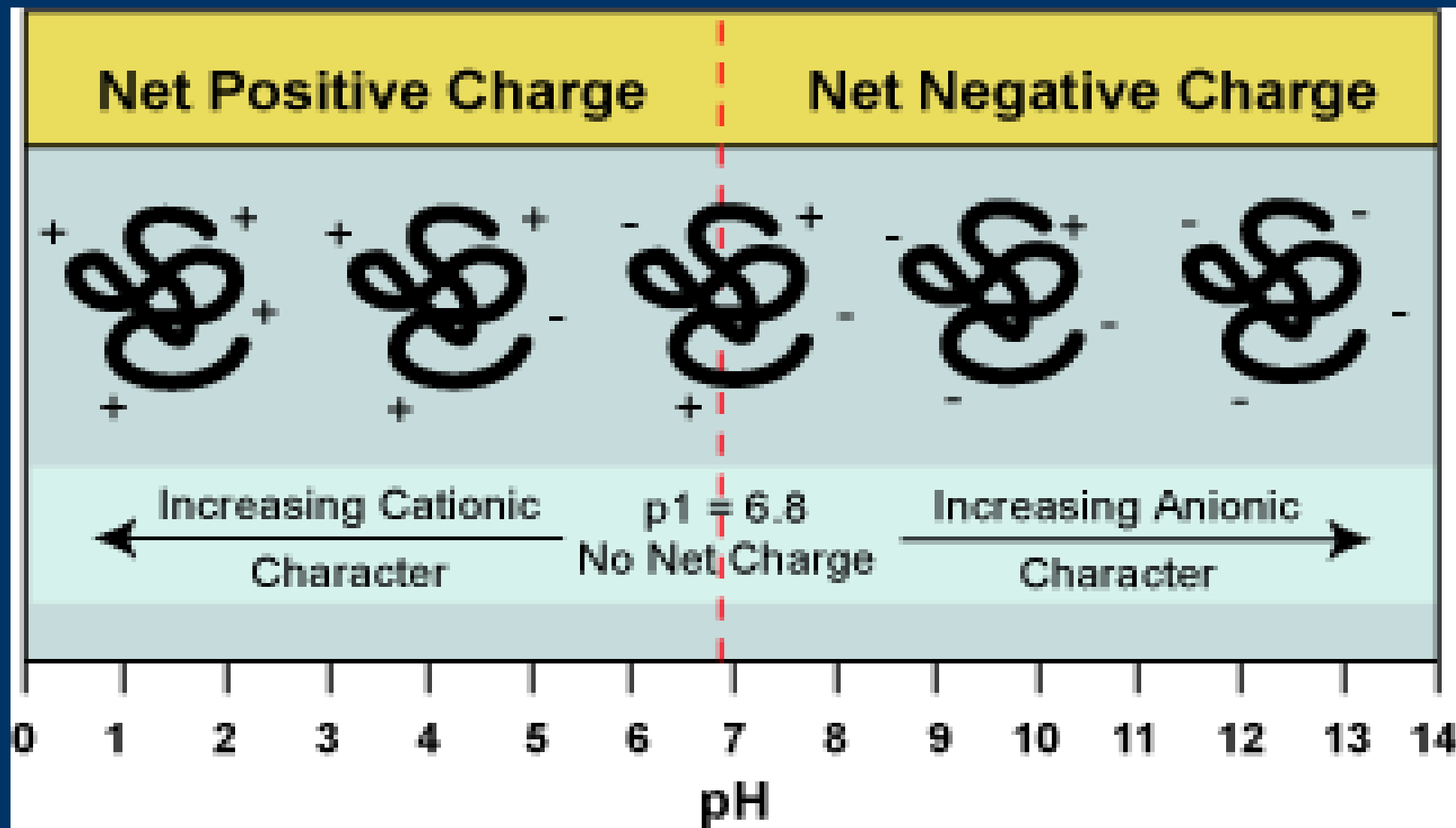


Insulina de vaca: secuencia de aminoácidos de las 2 cadenas.

ESPECIES	AMINOACIDOS			
	A8	A9	A10	B30
CERDO	Thr	Ser	Ile	Ala
HOMBRE	Thr	Ser	Ile	Thr
CABALLO	Thr	Gly	Ile	Ala
CARNERO	Ala	Gly	Val	Ala
POLLO	His	Asn	Thr	Ala
VACA	Ala	Ser	Val	Ala

CAPACIDAD AMORTIGUADORA

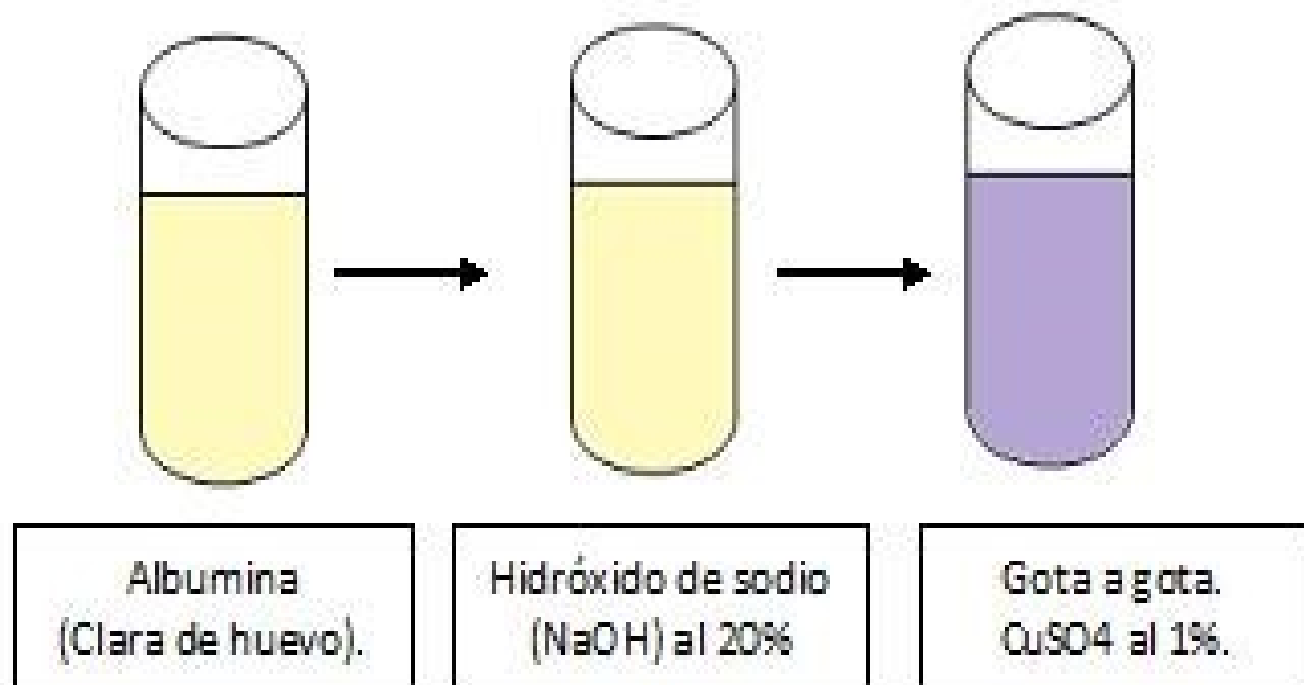
Las proteínas tienen un comportamiento anfótero y esto las hace capaces de neutralizar las variaciones de pH del medio, ya que pueden comportarse como un ácido o una base y por tanto liberar o retirar protones (H⁺) del medio donde se encuentran.



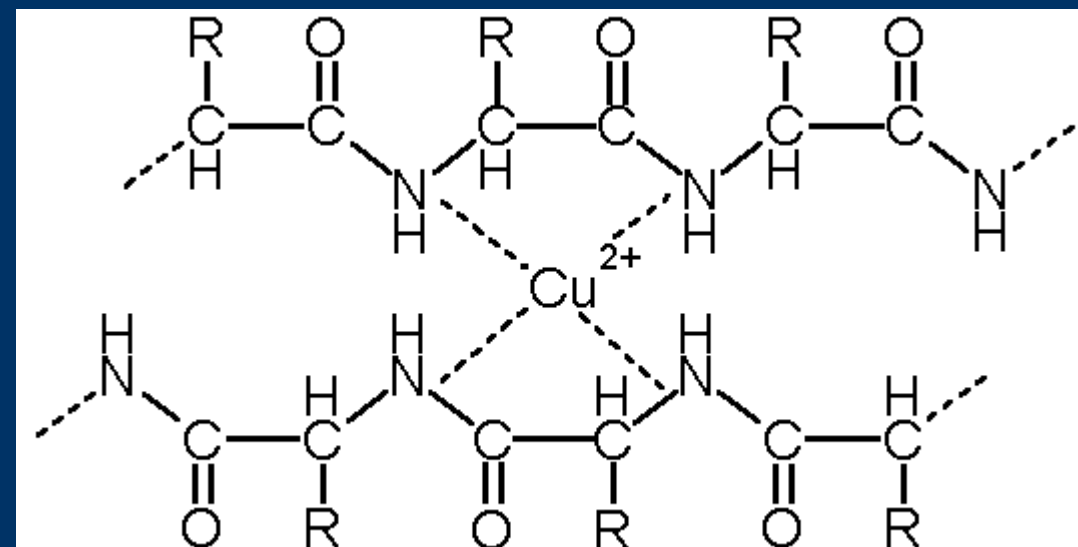
RECONOCIMIENTO DE PROTEÍNAS MEDIANTE EL REACTIVO DE BIURET

El Reactivo de Biuret es aquel que detecta la presencia de proteínas, péptidos cortos y otros compuestos con dos o más enlaces peptídicos en sustancias de composición desconocida. Debe su nombre al biuret, molécula formada por unión de 2 de urea, que es la mas sencilla que da positiva esta reacción. La prueba se realiza de la siguiente manera:

1. Se toma un tubo de ensayo con unos 3 cm³ de la muestra que se quiere analizar.
2. Se añaden 2 cm³ de solución de hidróxido de sodio al 20%.
3. Se agregan 4 ó 5 gotas de solución de sulfato cúprico diluida al 1%.
4. En una reacción positiva, indicativa de la presencia de péptidos o proteína, la mezcla se torna de color violeta.



La coloración violeta se debe a la formación de un complejo de coordinación entre los iones Cu²⁺ y los nitrógenos de los enlaces peptídicos.



Resuelve las siguientes cuestiones de Selectividad:

[Pregunta obligatoria de Junio y I.3 Septiembre 2005](#)

[Pregunta obligatoria Septiembre 2006](#)

[Cuestión I.1 Junio 2007](#)

[Cuestión I.1 Septiembre 2008](#)