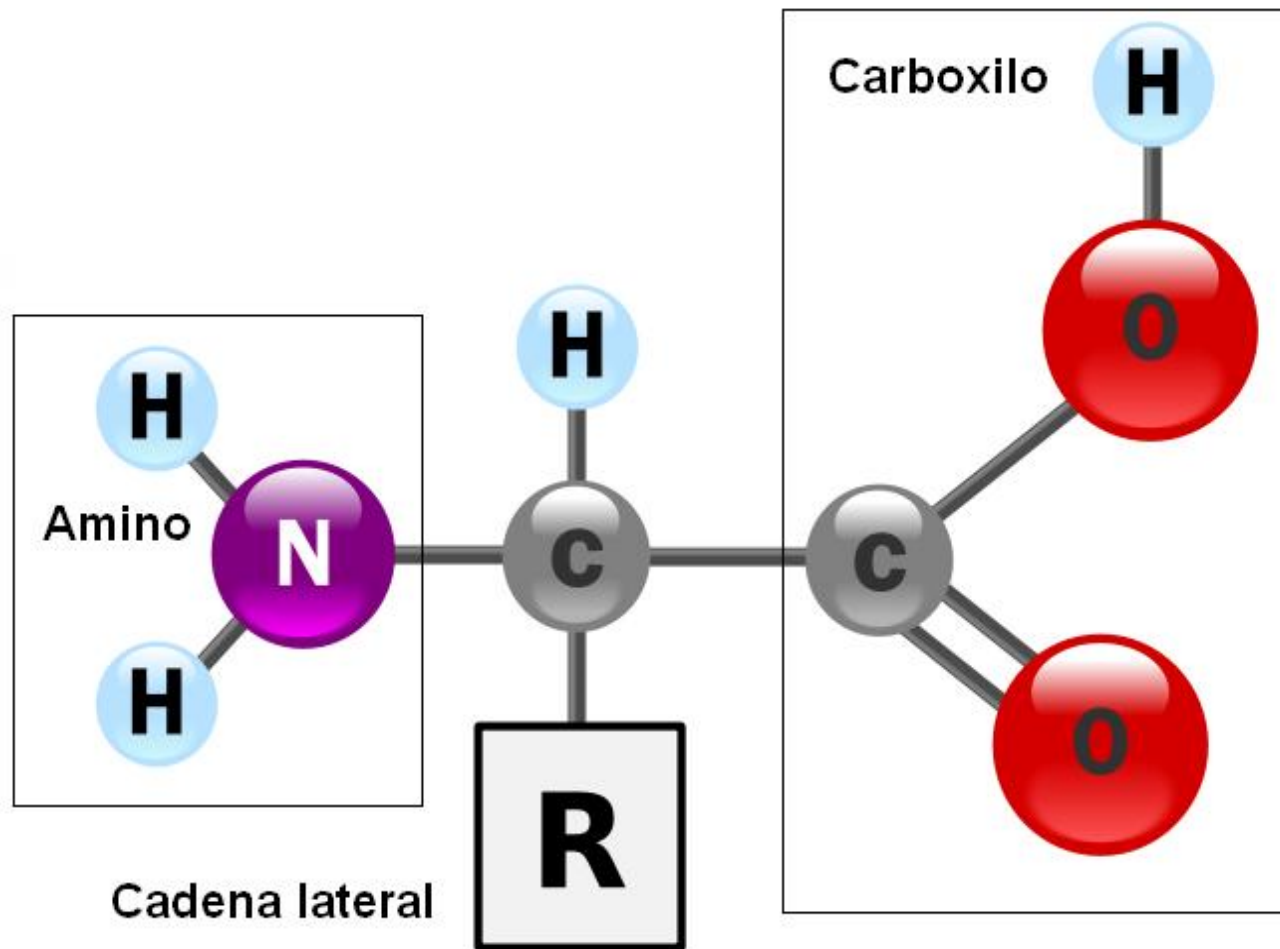


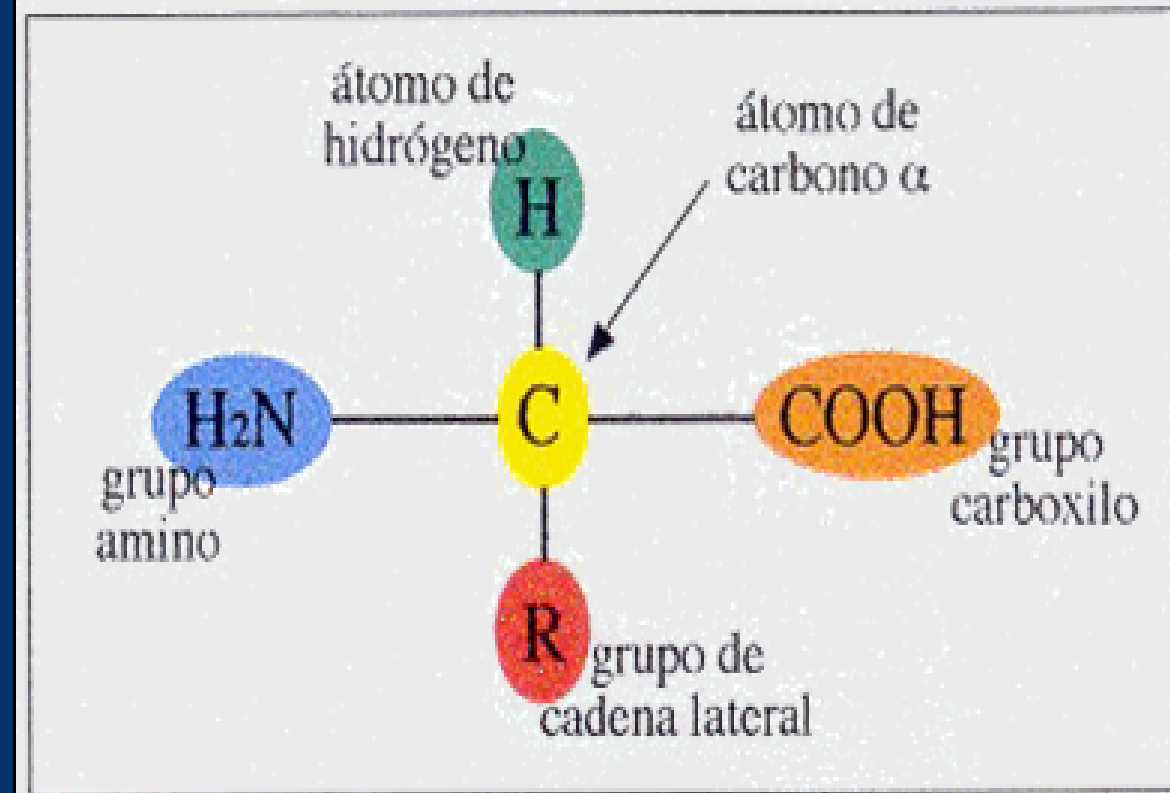
AMINOÁCIDOS: LOS MONÓMEROS DE LAS PROTEÍNAS

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



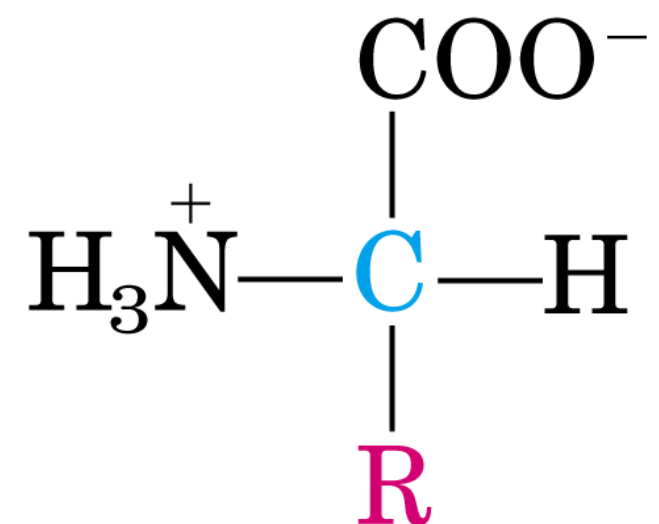
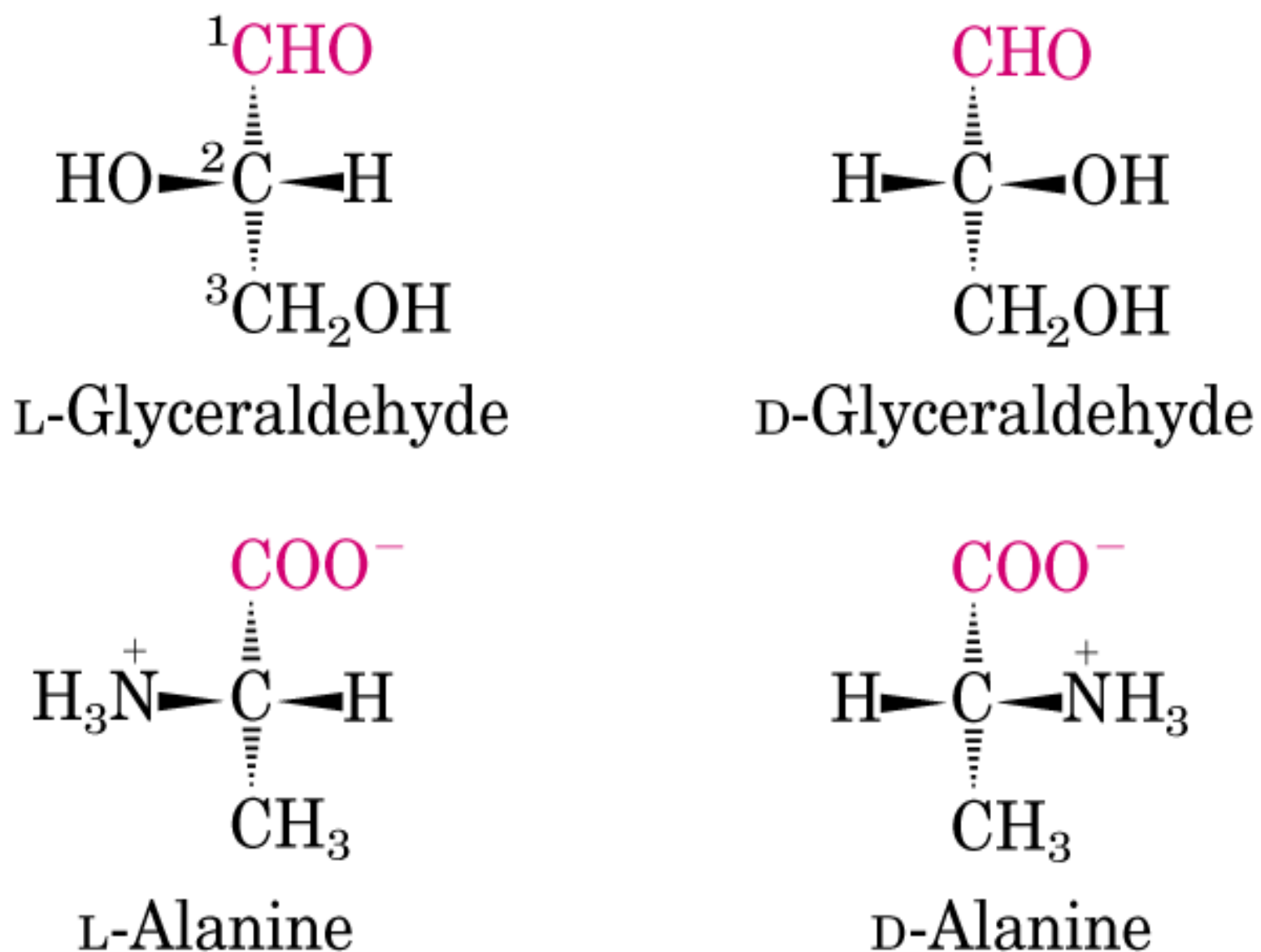
La fórmula general de un aminoácido es:



ESTEROISOMERÍA DE LOS AMINOÁCIDOS

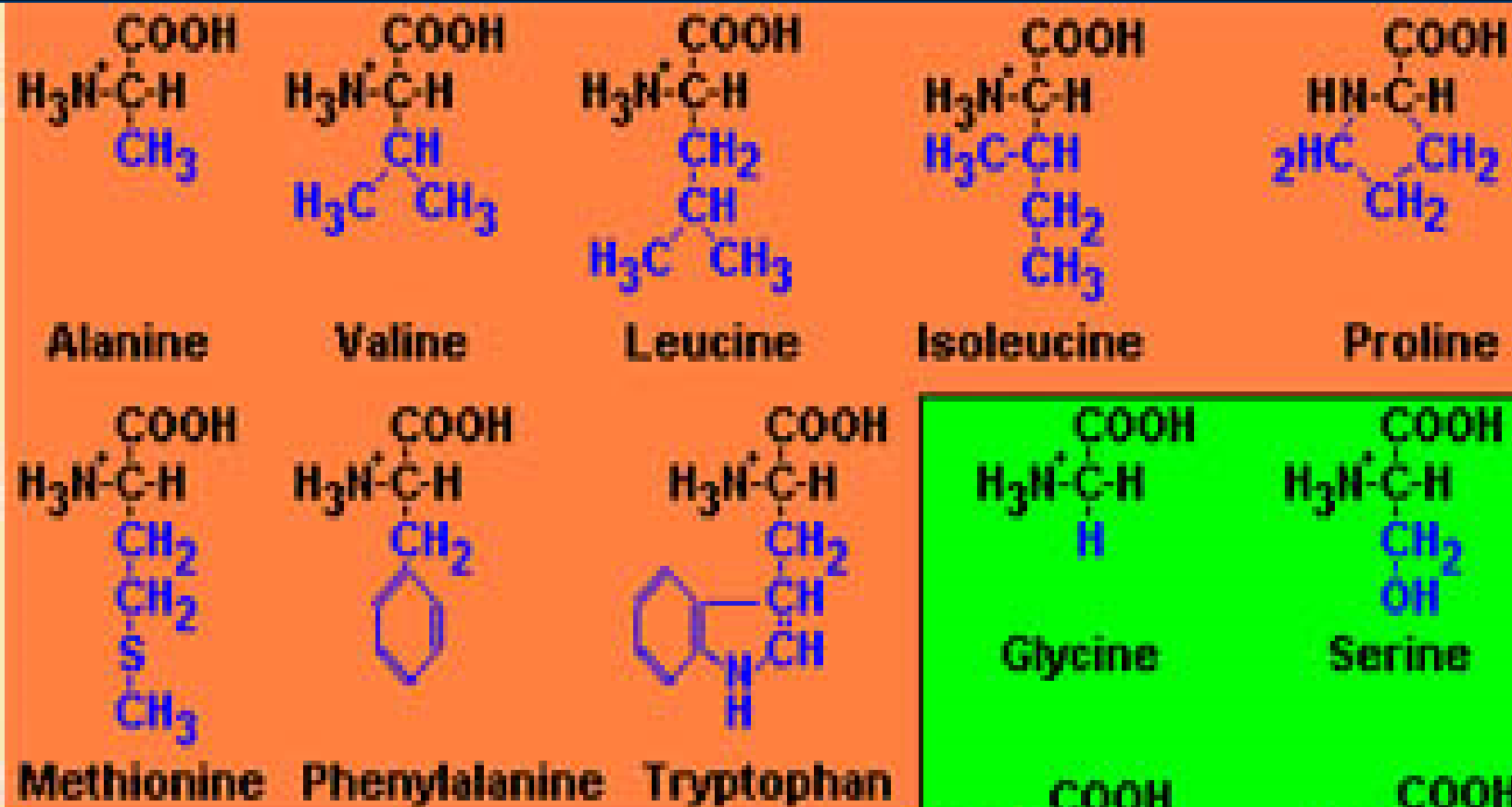
En todos los aminoácidos, a excepción de la Glicina cuyo grupo R es -H, el átomo de carbono α es asimétrico, por lo que presentan actividad óptica y estereoisomería. Los estereoisómeros se nombran atendiendo a la configuración del Carbono asimétrico, de manera análoga al gliceraldehído. Colocando la cadena carbonada vertical, con la parte mas 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.

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(-).

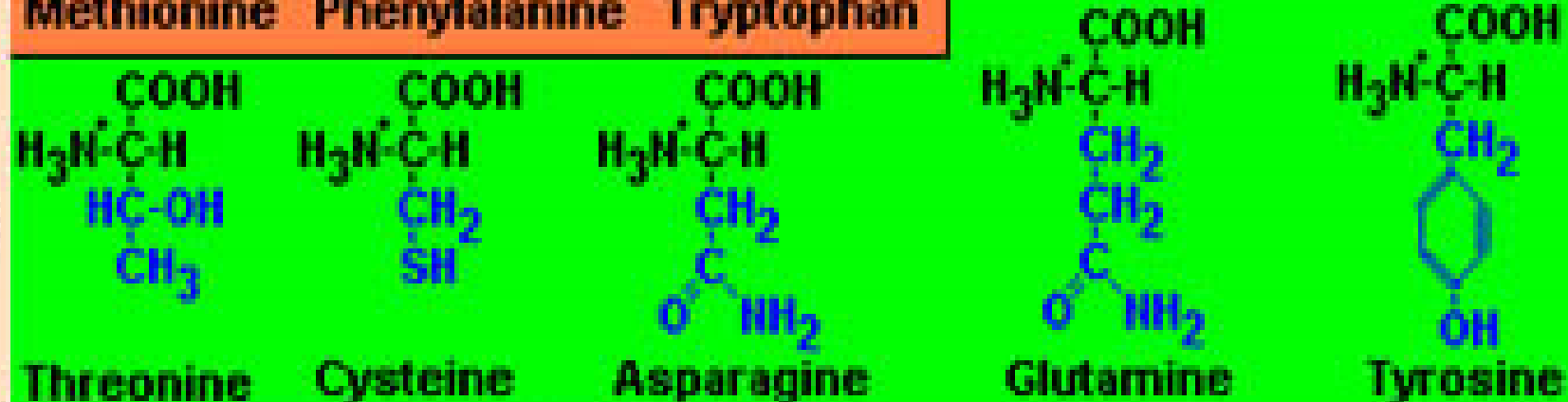


Existen 20 aminoácidos para construir todas las proteínas de todos los seres vivos.
Los aminoácidos se clasifican atendiendo a la polaridad de sus grupos R

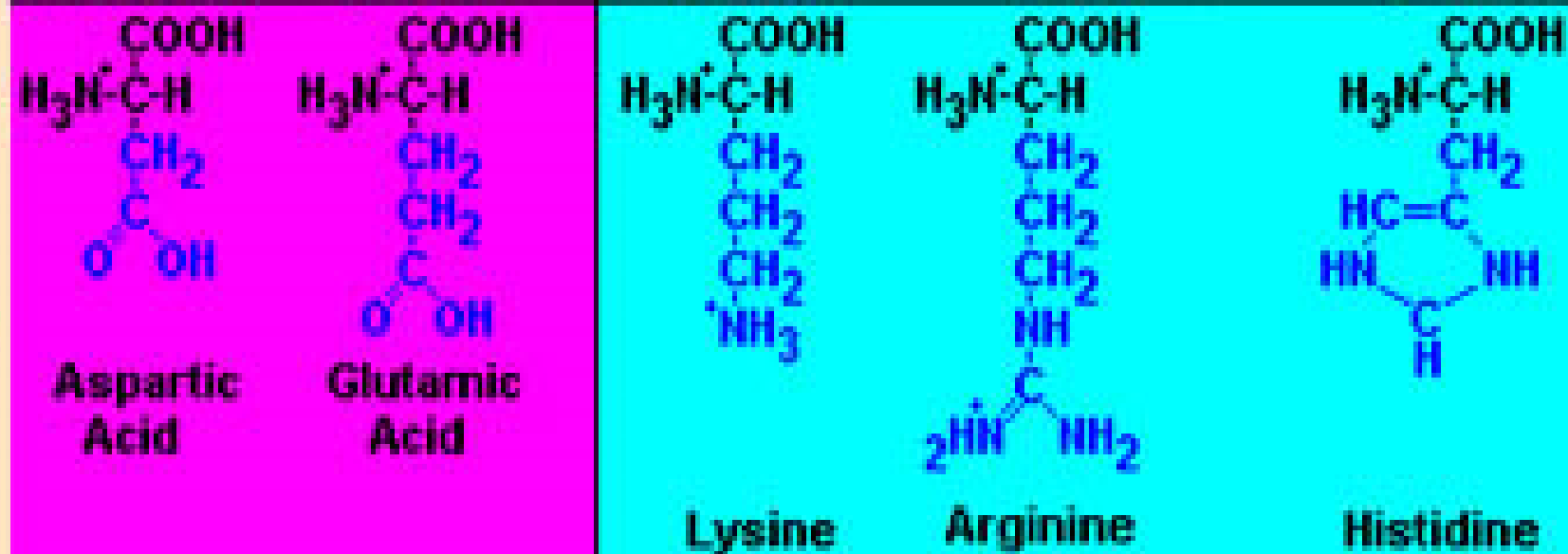
apolares



polares
sin carga



ácidos



básicos

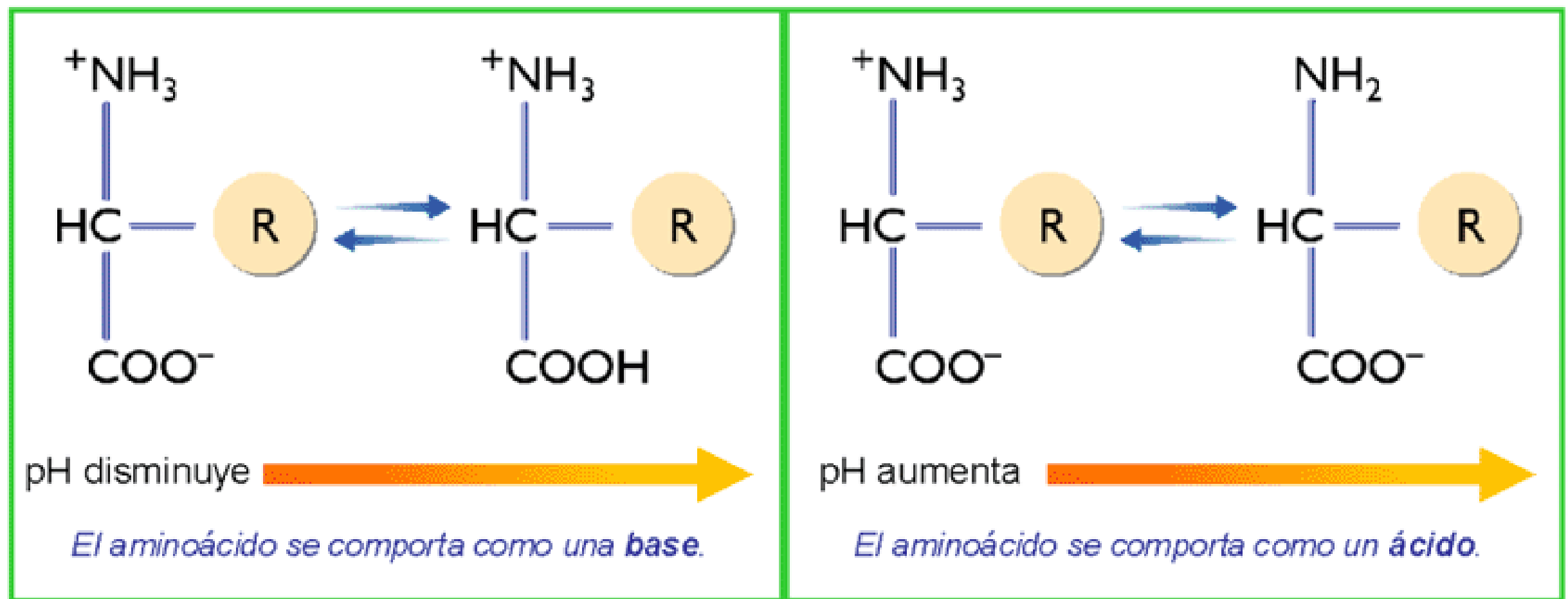
LOS AMINOÁCIDOS SON COMPUESTOS ANFÓTEROS

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.

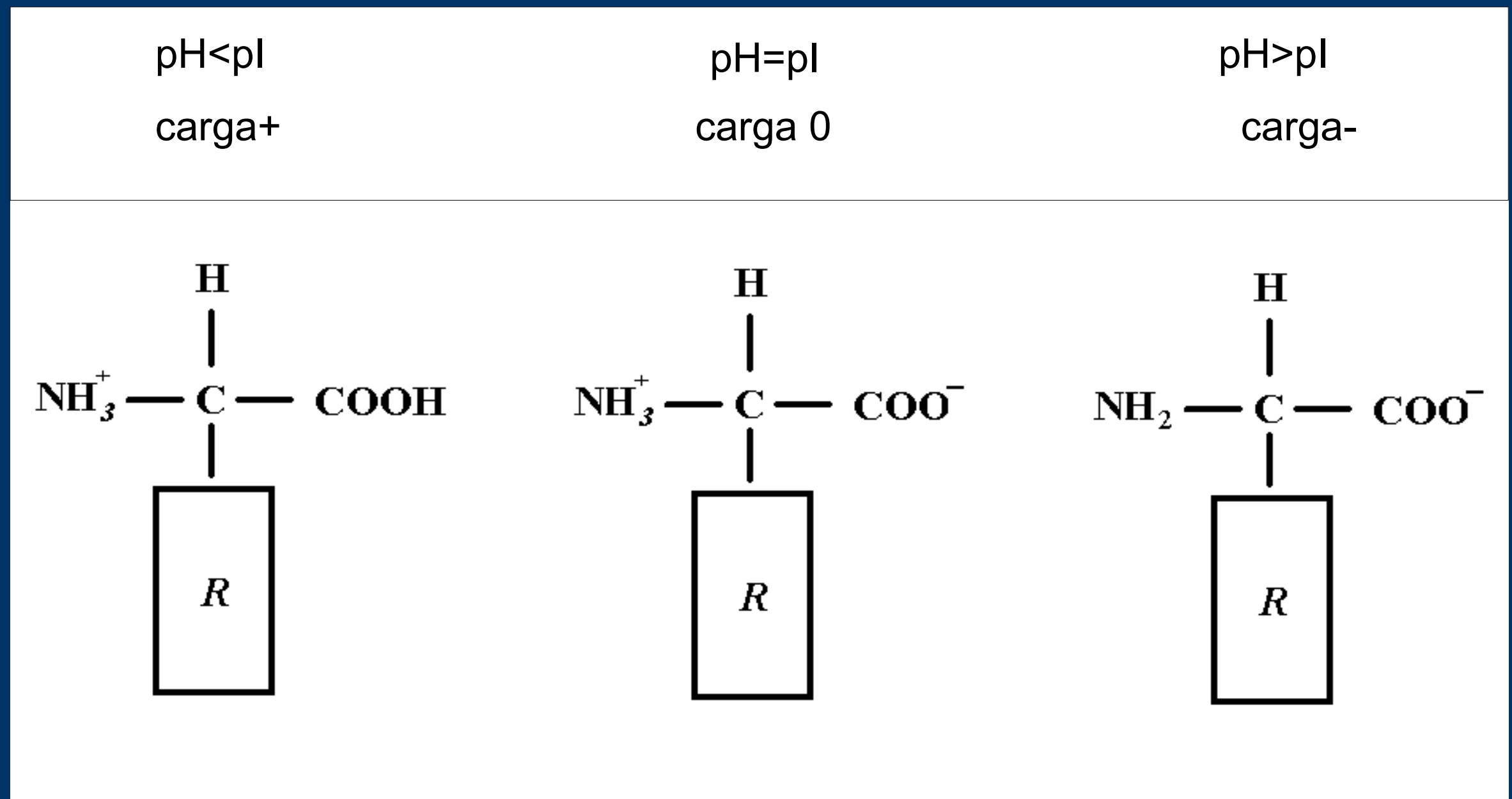
Las sustancias que poseen esta propiedad se denominan **anfóteras**.

CARÁCTER ANFÓTERO DE LOS AMINOÁCIDOS



PH ISOELÉCTRICO DE LOS AMINOÁCIDOS

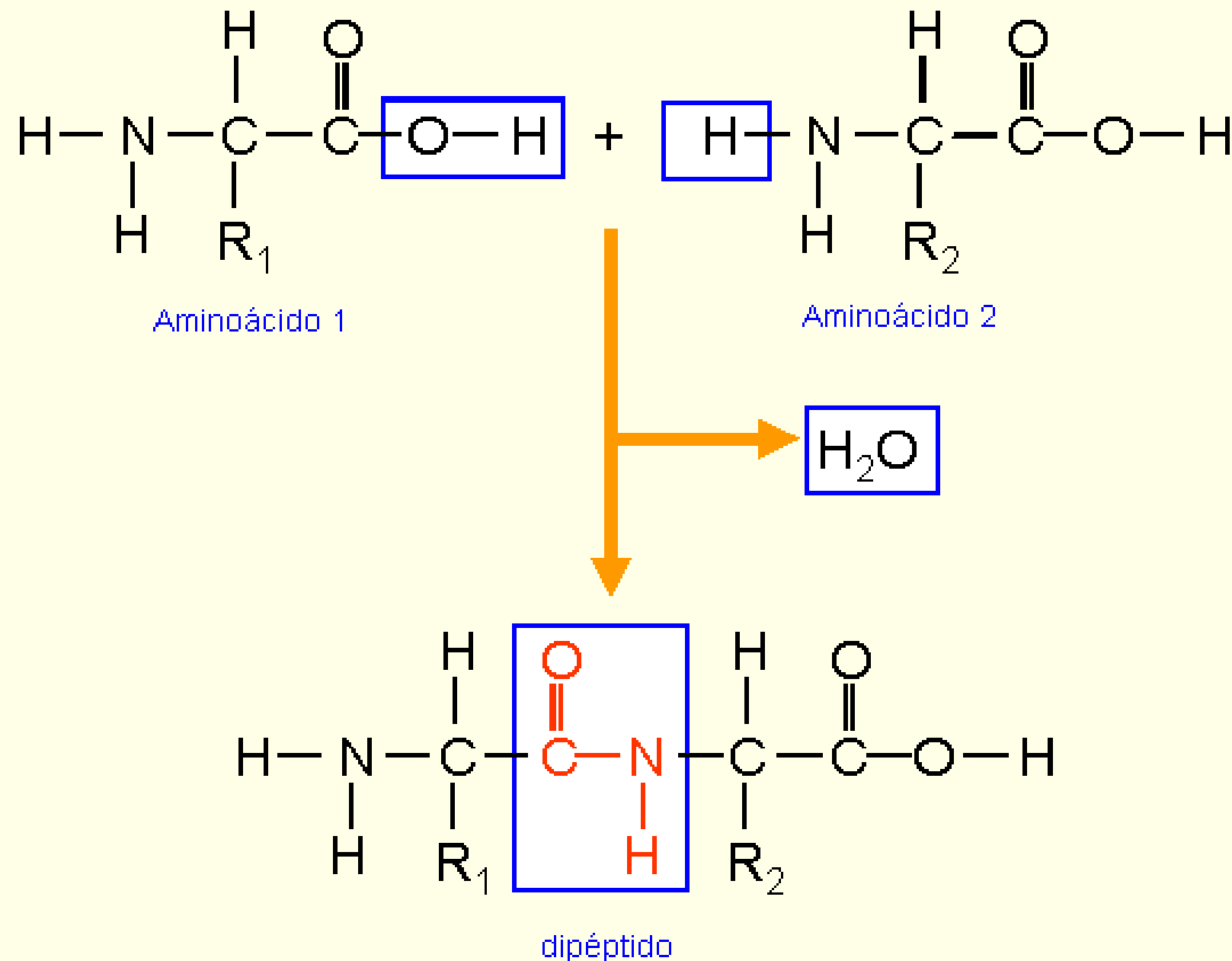
En disolución acuosa los aminoácidos se presentan ionizados y las formas iónicas predominantes dependen del valor de pH de la disolución. Para cada aminoácido existe un pH en el que su molécula es eléctricamente neutra, presentándose en forma de “ión dipolar”, con carga positiva en el grupo amino y negativa en el carboxilo. A este pH característico se le denomina “pH isoelectrico” o “punto isoelectrico” 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

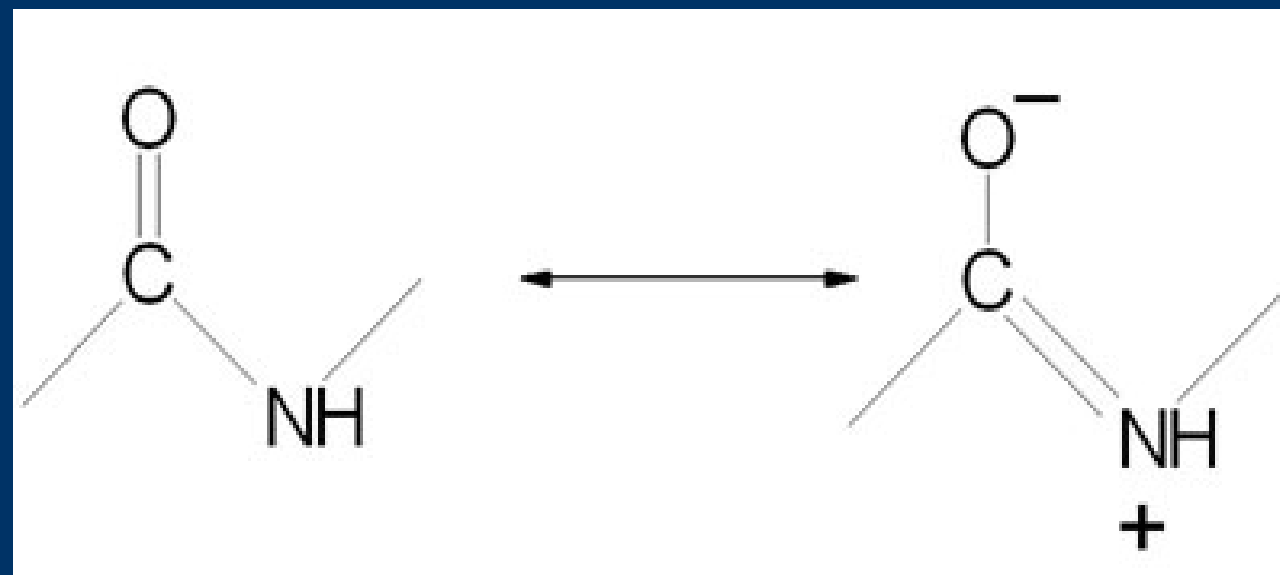
Los aminoácidos se unen covalentemente entre sí mediante enlaces de tipo amida, denominados “enlaces peptídicos”, originando Oligopéptidos (pocos aminoácidos) y polipéptidos (mas de 10 aminoácidos). El enlace se forma por eliminación de una molécula de agua entre el grupo carboxilo de un aminoácido y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

Reacción de formación del enlace peptídico



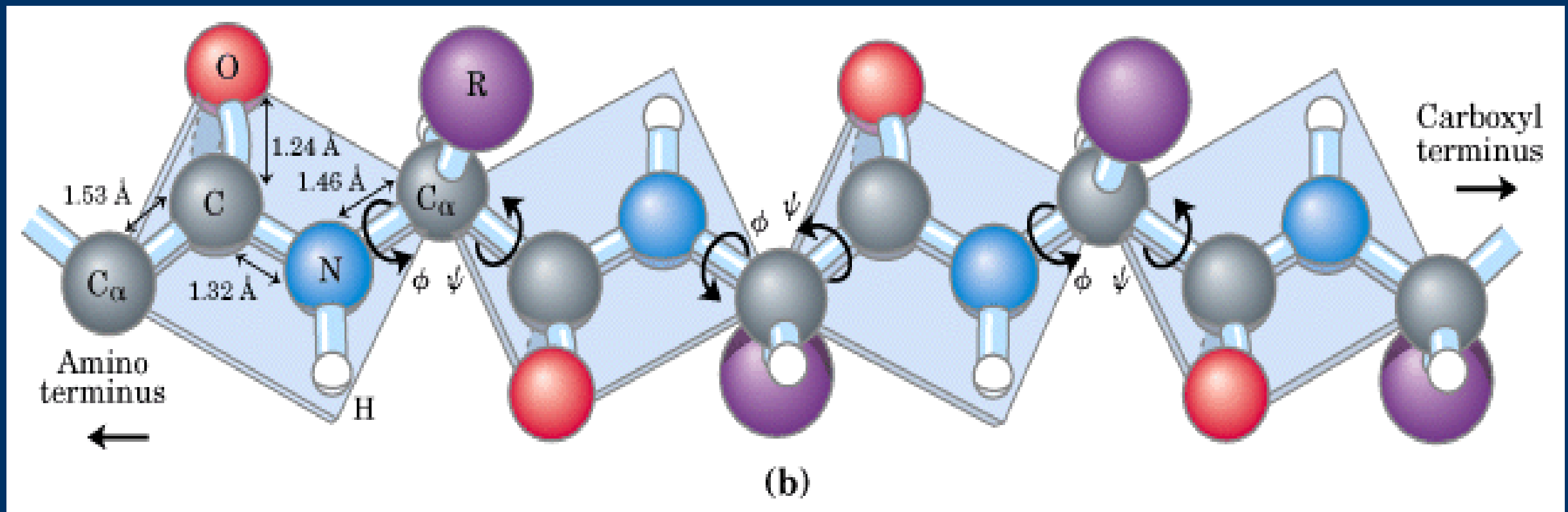
CARACTERÍSTICAS DEL ENLACE PEPTÍDICO (I)

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 mas 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.



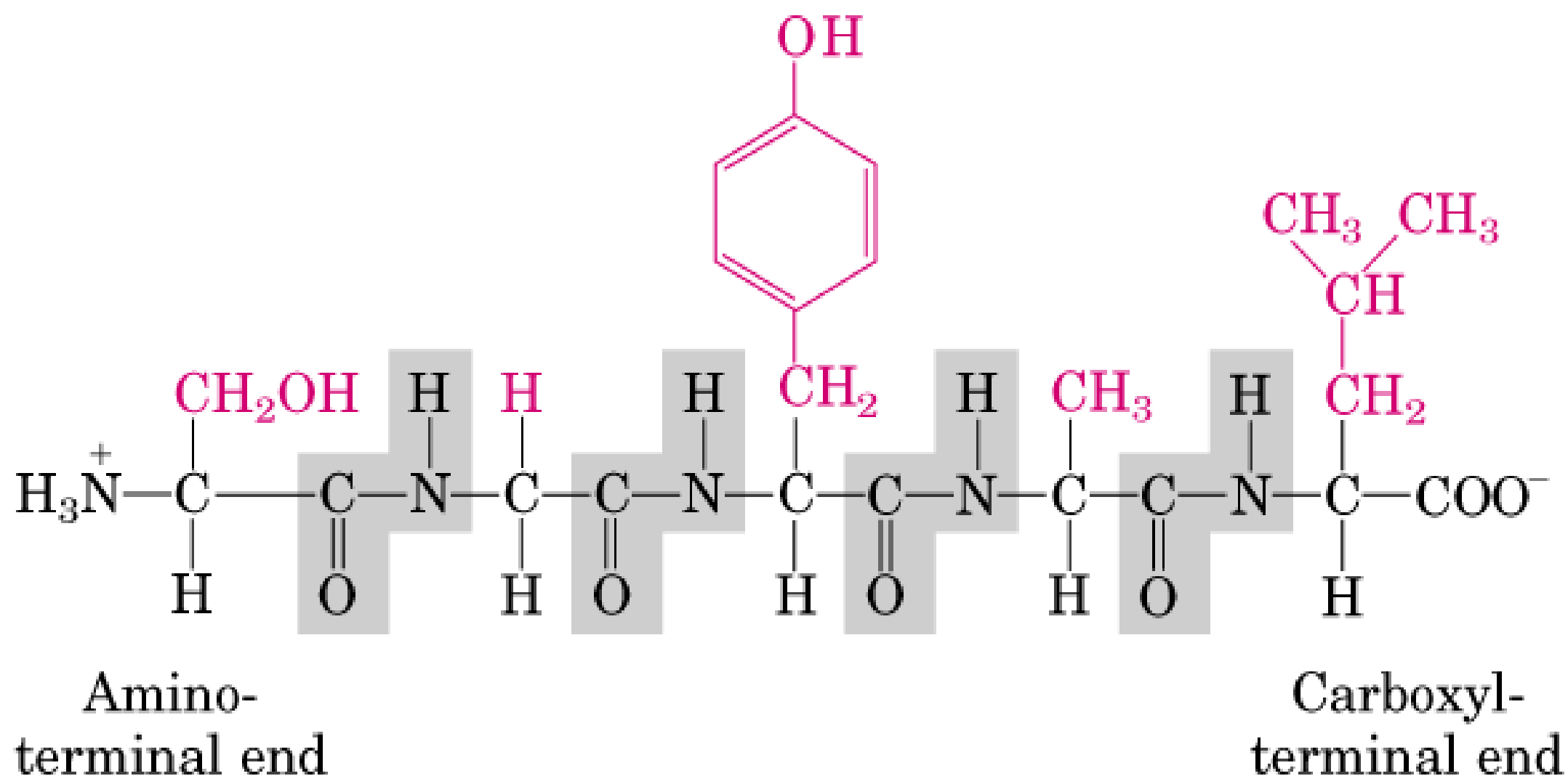
CARACTERÍSTICAS DEL ENLACE PEPTÍDICO (II)

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.



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:

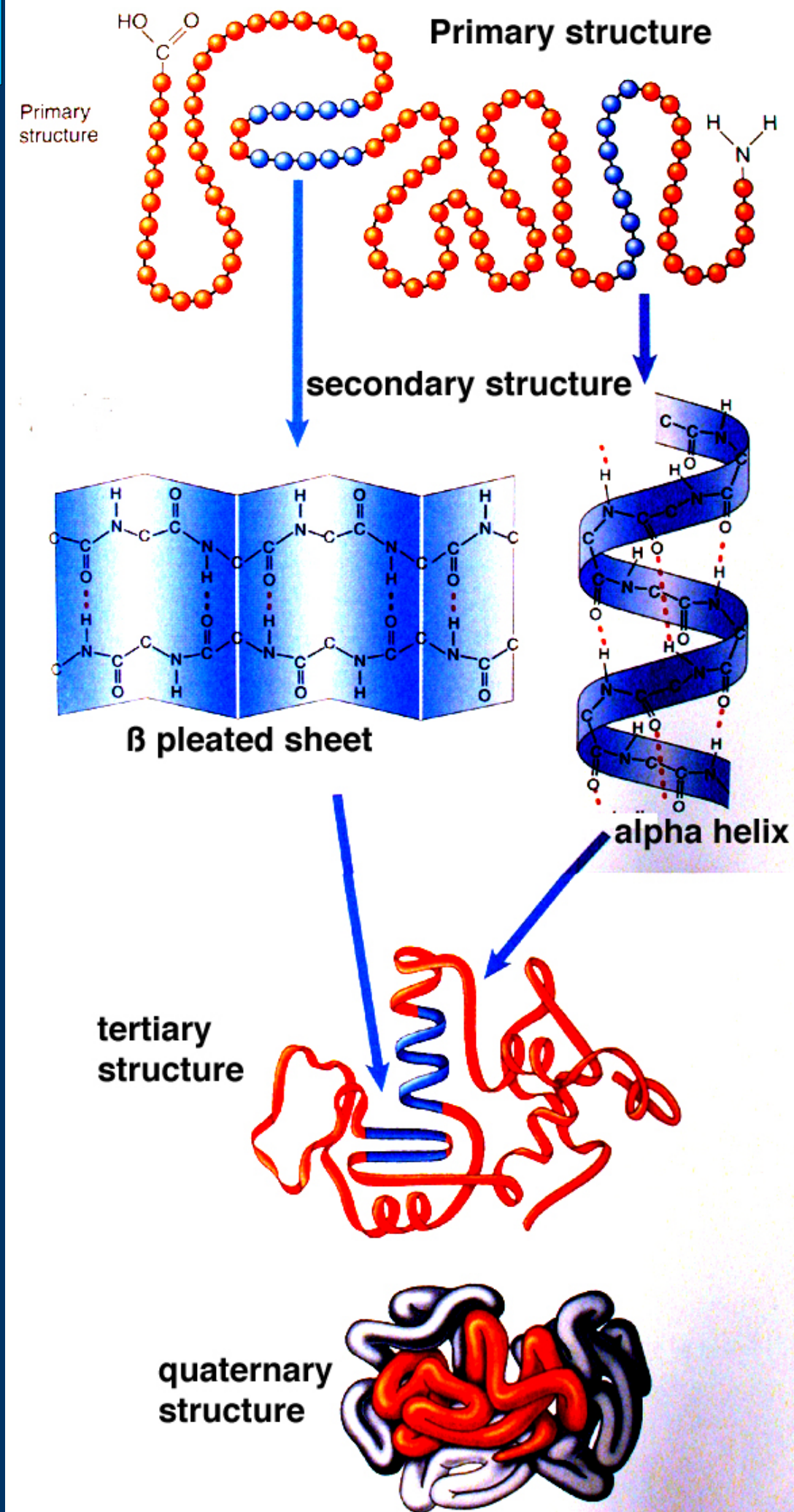
- El enlace peptídico es rígido y permanece en configuración trans.
- Los grupos R con carga eléctrica de los residuos aminoácidos pueden atraerse o repelerse entre sí.
- Las cadenas laterales voluminosas de los aminoácidos compiten entre sí por el espacio
- Los residuos de Prolina originan un acodamiento 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. Dicha conformación determina la función biológica de la proteína. Cualquier variación en la secuencia de aminoácidos, por pequeña que sea, puede provocar cambios en la conformación que afecten a la actividad biológica de la proteína. Recuerda que cada cadena polipeptídica y, por lo tanto su secuencia de aminoácidos, es el producto de la expresión de un gen (secuencia de nucleótidos de un segmento de una molécula de ADN)

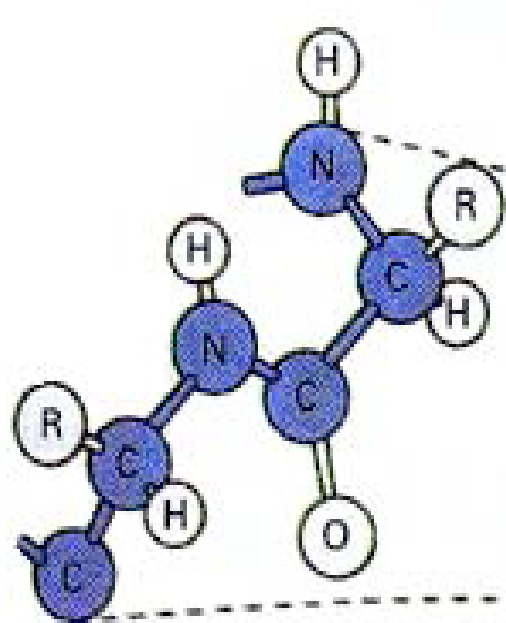
ESTRUCTURA DE LAS PROTEÍNAS

El estudio de la estructura de las proteínas se puede abordar en términos de secuencia de aminoácidos de la cadena peptídica, conformación de dicha cadena o asociación de varias cadenas.

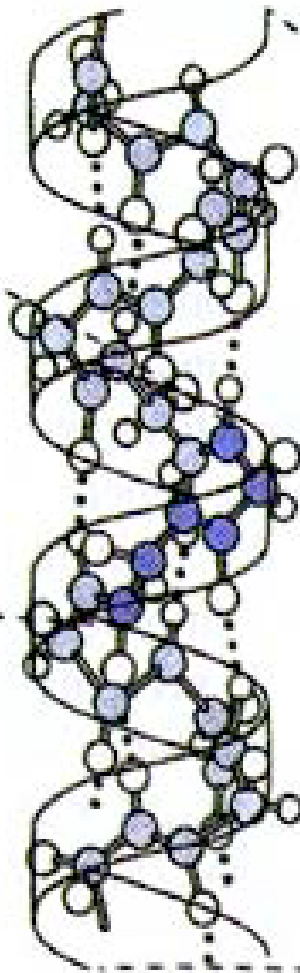
Las proteínas difieren unas de otras por su secuencia de aminoácidos que determina la “*estructura primaria*”. Cada cadena covalente de aminoácidos adopta una forma en el espacio o “conformación nativa” como resultado de las interacciones entre los residuos aminoácidos de la estructura primaria. Un primer nivel en el plegamiento de la cadena se obtiene debido a la formación de puentes de hidrógeno entre los átomos de los enlaces peptídicos, que da lugar a estructuras regulares, en las cadenas o en segmentos de las cadenas, conocidas como “*estructuras secundarias*”. Las dos mas importantes son la “hélice α ” y la “conformación β ”, que forma la “lámina plegada β ”. Un nivel superior de estructura, la “*estructura terciaria*”, se obtiene cuando la cadena, con segmentos de estructura secundaria, sufre nuevos plegamientos, adoptando entonces una conformación tridimensional esférica y compacta debido al establecimiento de interacciones entre grupos R de ciertos residuos alejados en la estructura primaria. Algunas proteínas resultan de la asociación de dos o mas cadenas peptídicas, lo que determina la “*estructura cuaternaria*”.



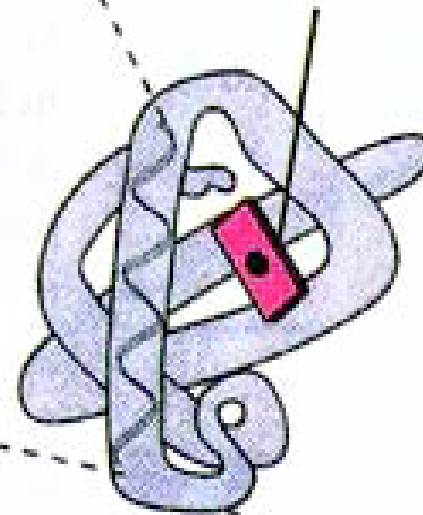
TIPOS DE ESTRUCTURAS DE LAS PROTEÍNAS



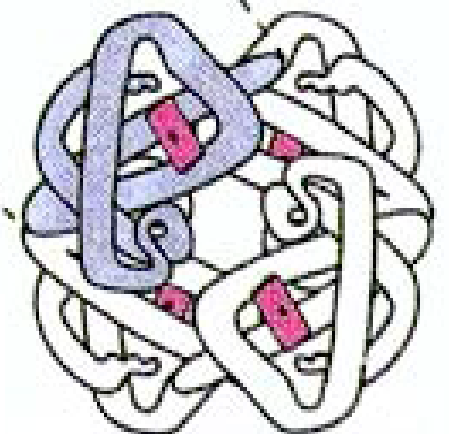
Estructura primaria



Estructura secundaria



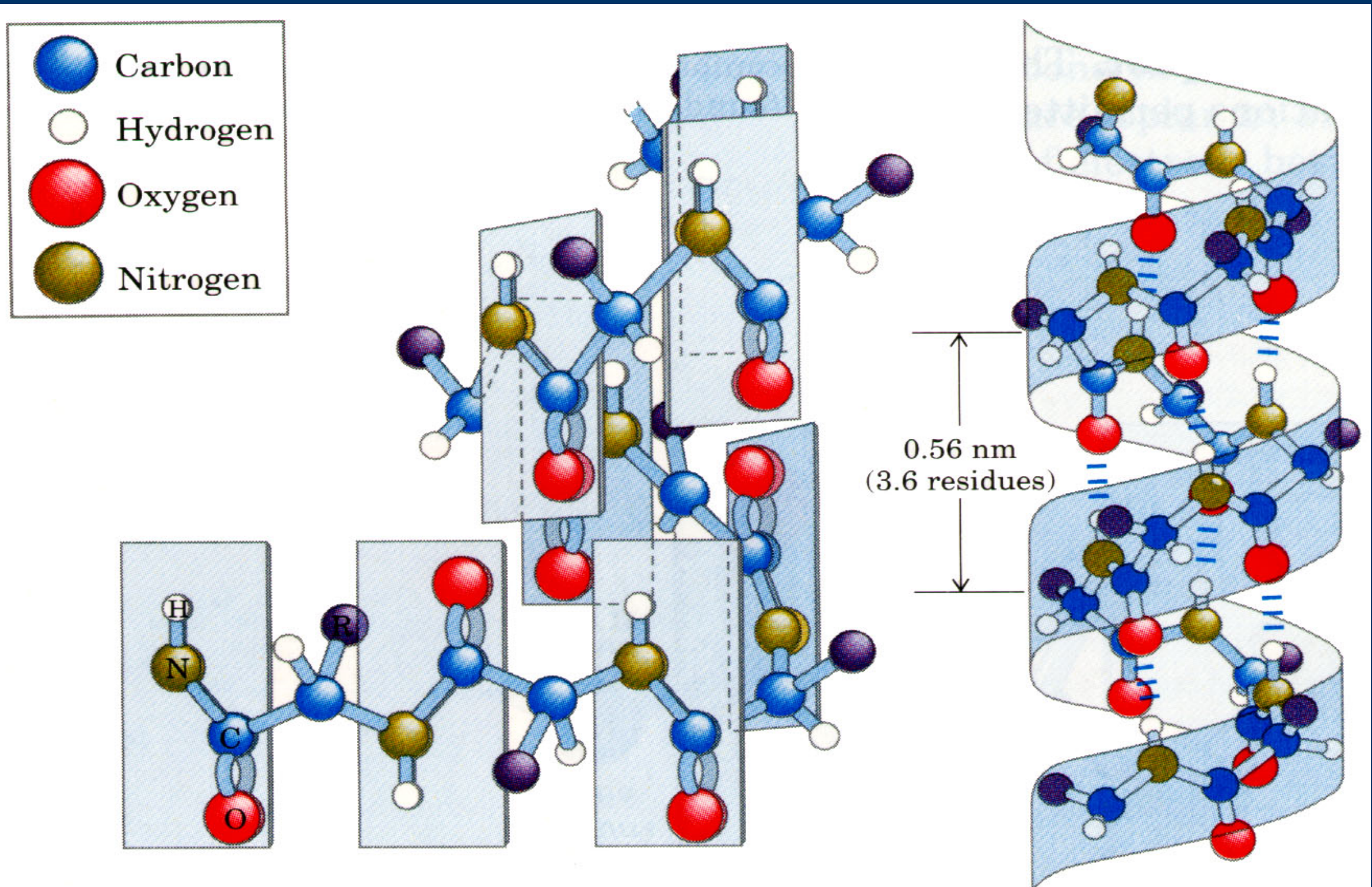
Estructura
terciaria



Estructura
Cuaternaria

ESTRUCTURA SECUNDARIA: HÉLICE α

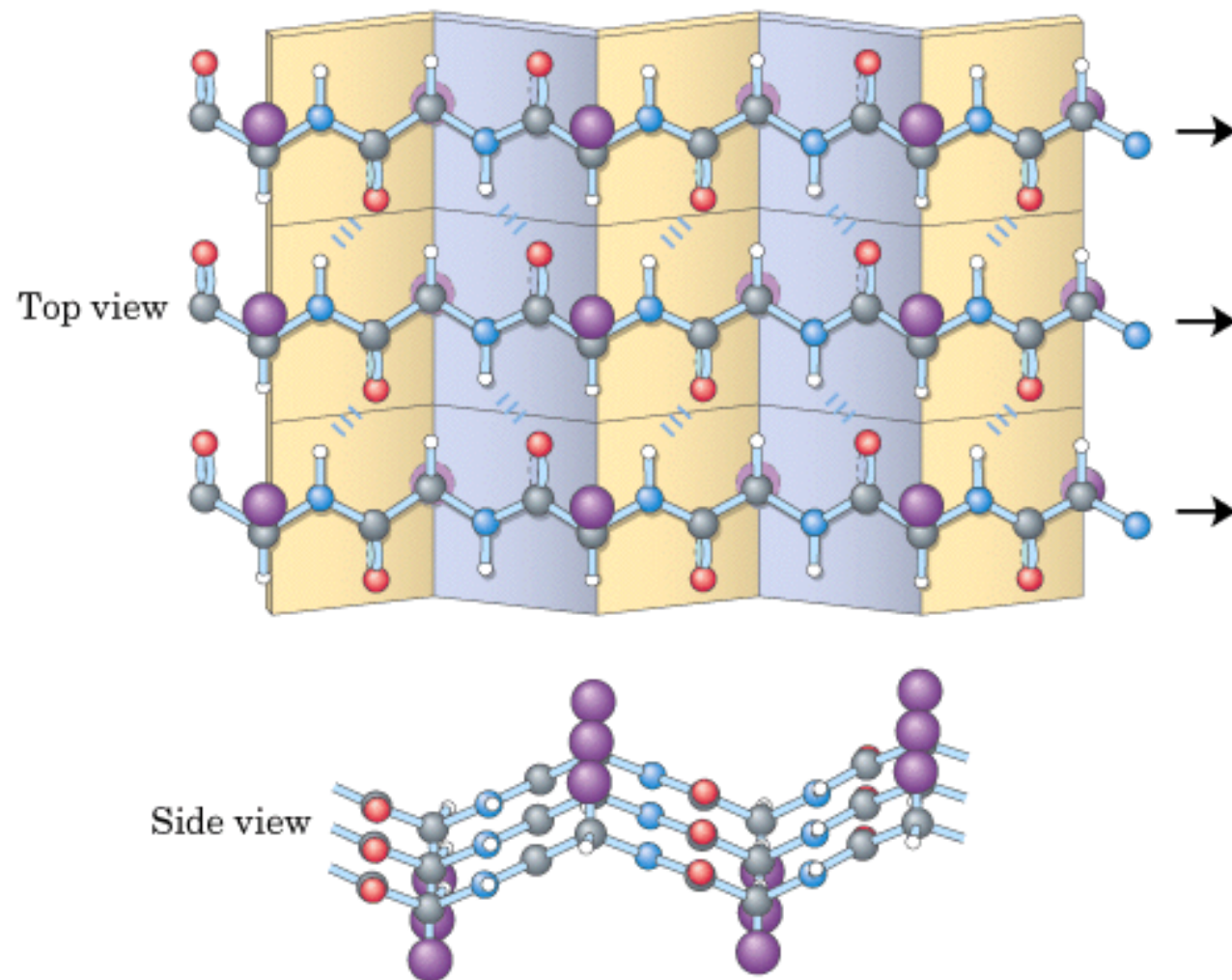
Se obtiene por el giro de la cadena en torno a los carbonos α , formando una hélice dextrógira, con 3,6 aminoácidos por vuelta. Esta estructura se mantiene estable debido a los enlaces de hidrógeno que se establecen entre los grupos -CO y -NH de los enlaces peptídicos. Los grupos R se proyectan hacia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



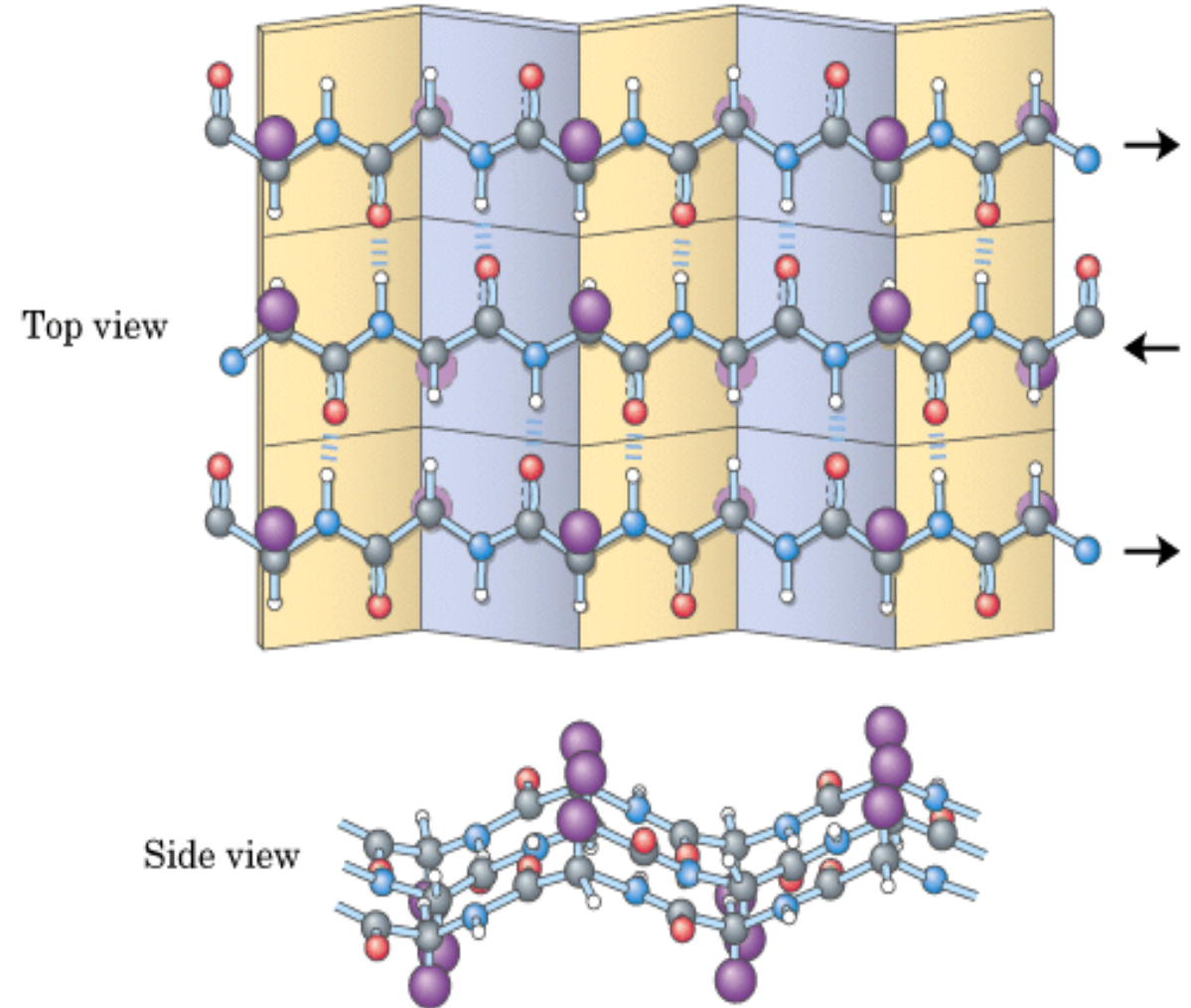
ESTRUCTURA SECUNDARIA: LÁMINA PLEGADA β

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.

(b) Parallel

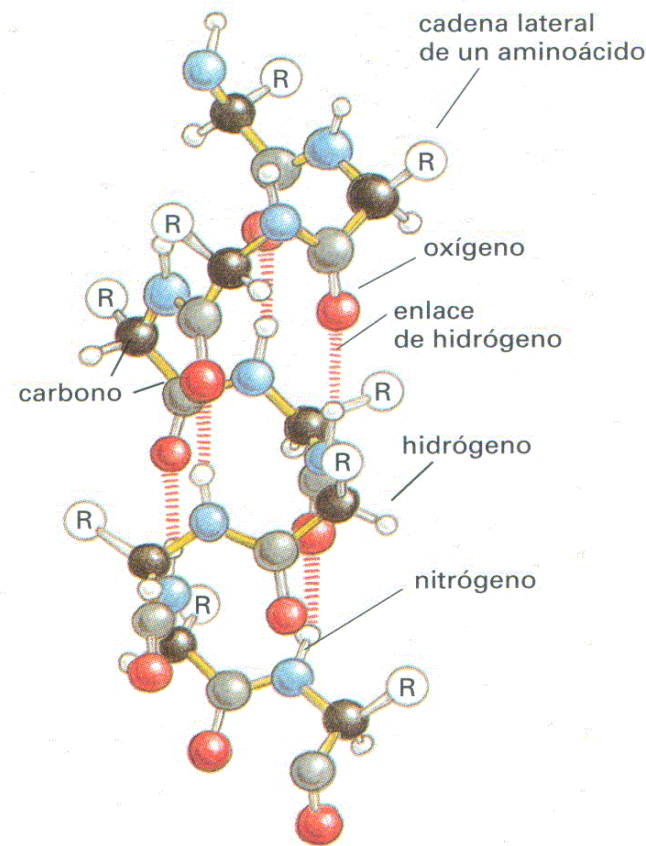


(a) Antiparallel

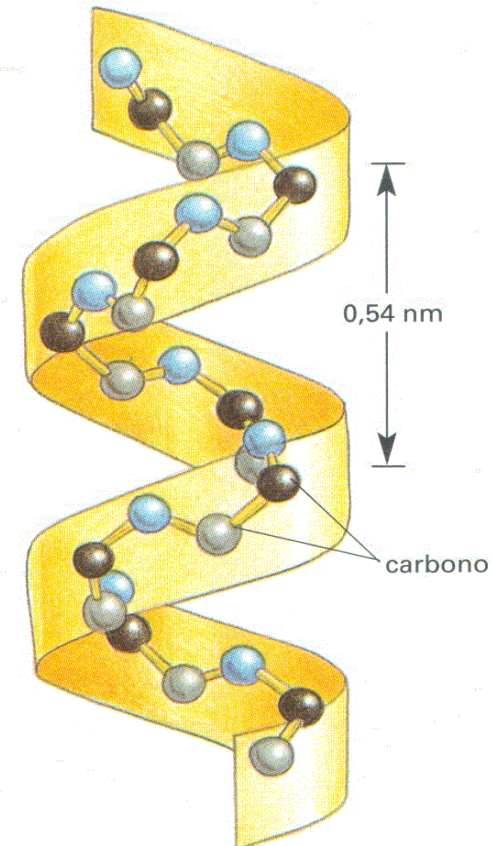


REPRESENTACIÓN ESQUEMÁTICA DE LAS ESTRUCTURAS SECUNDARIAS DE HÉLICE α Y LÁMINA β

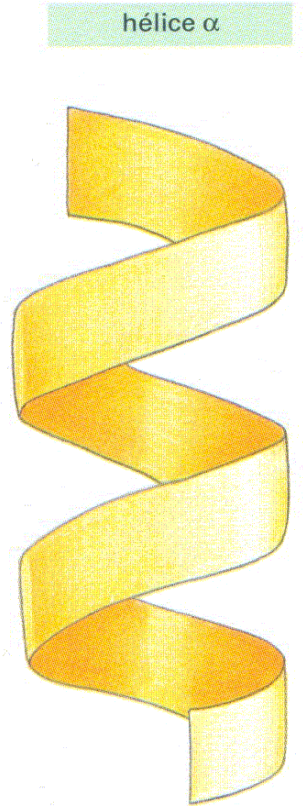
En proteínas grandes, las cadenas β se representan en forma de cinta terminada en flecha que indica el sentido de la cadena (del extremo amino al carboxilo). Igualmente para las hélices α la representación es una cinta helicoidal.



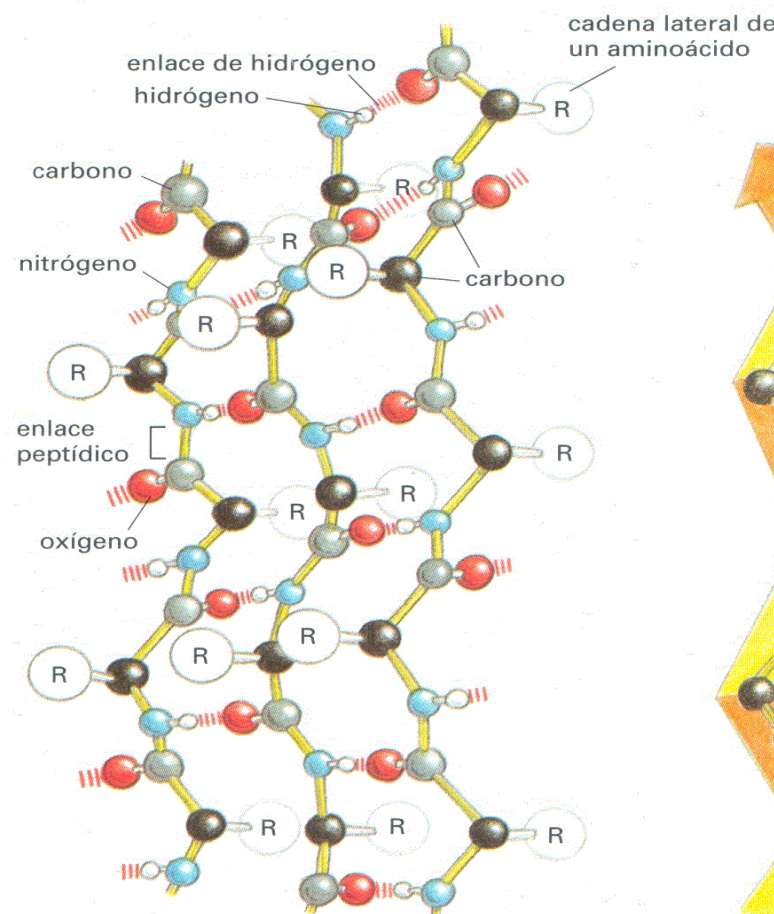
(A)



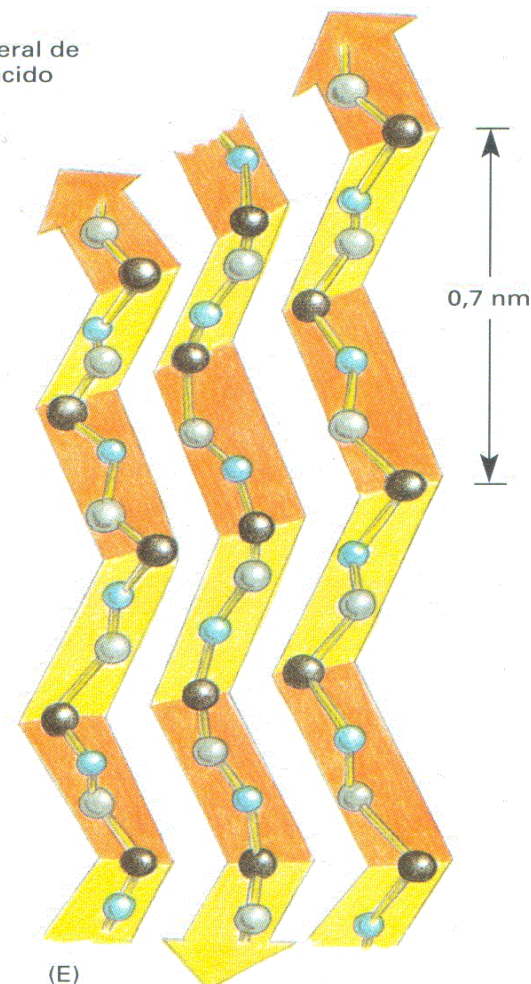
(B)



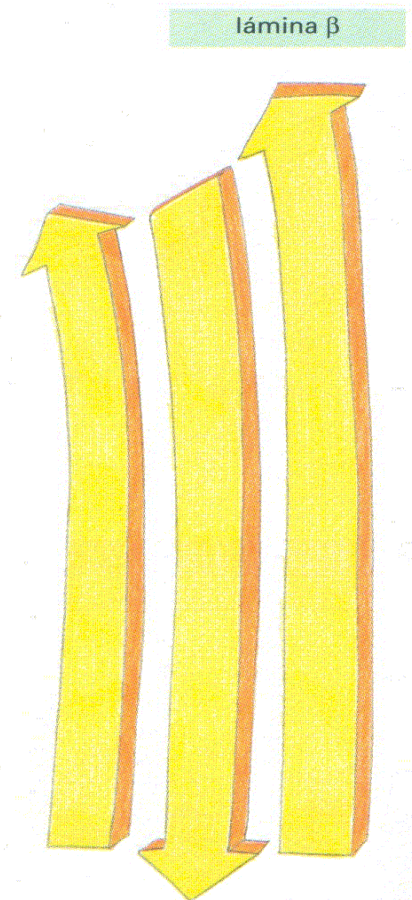
(C)



(D)



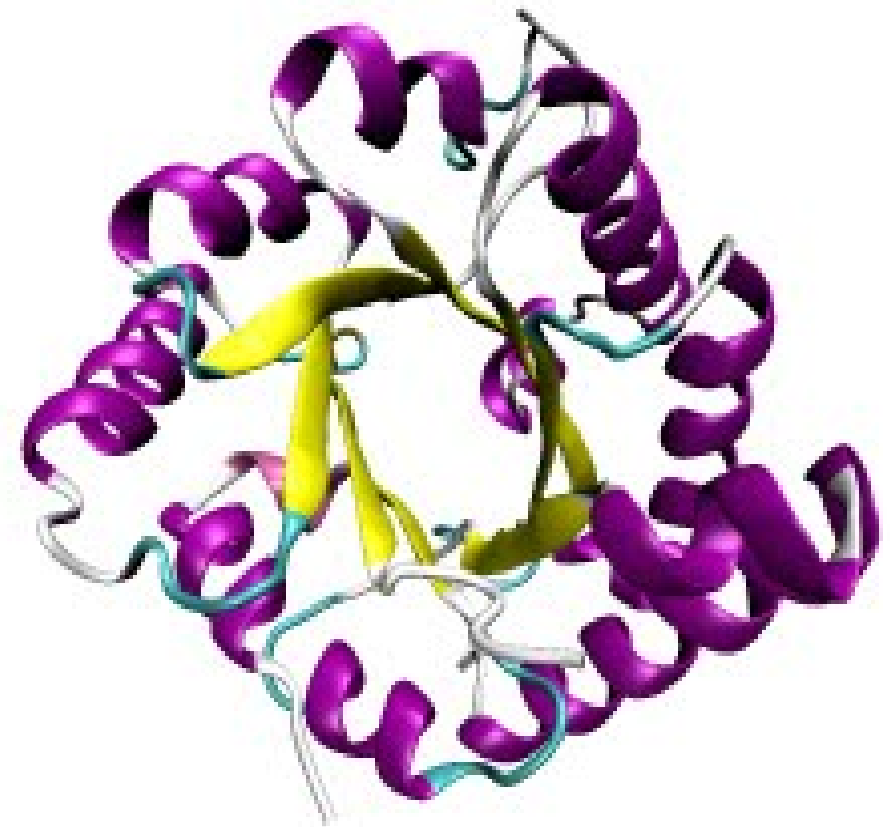
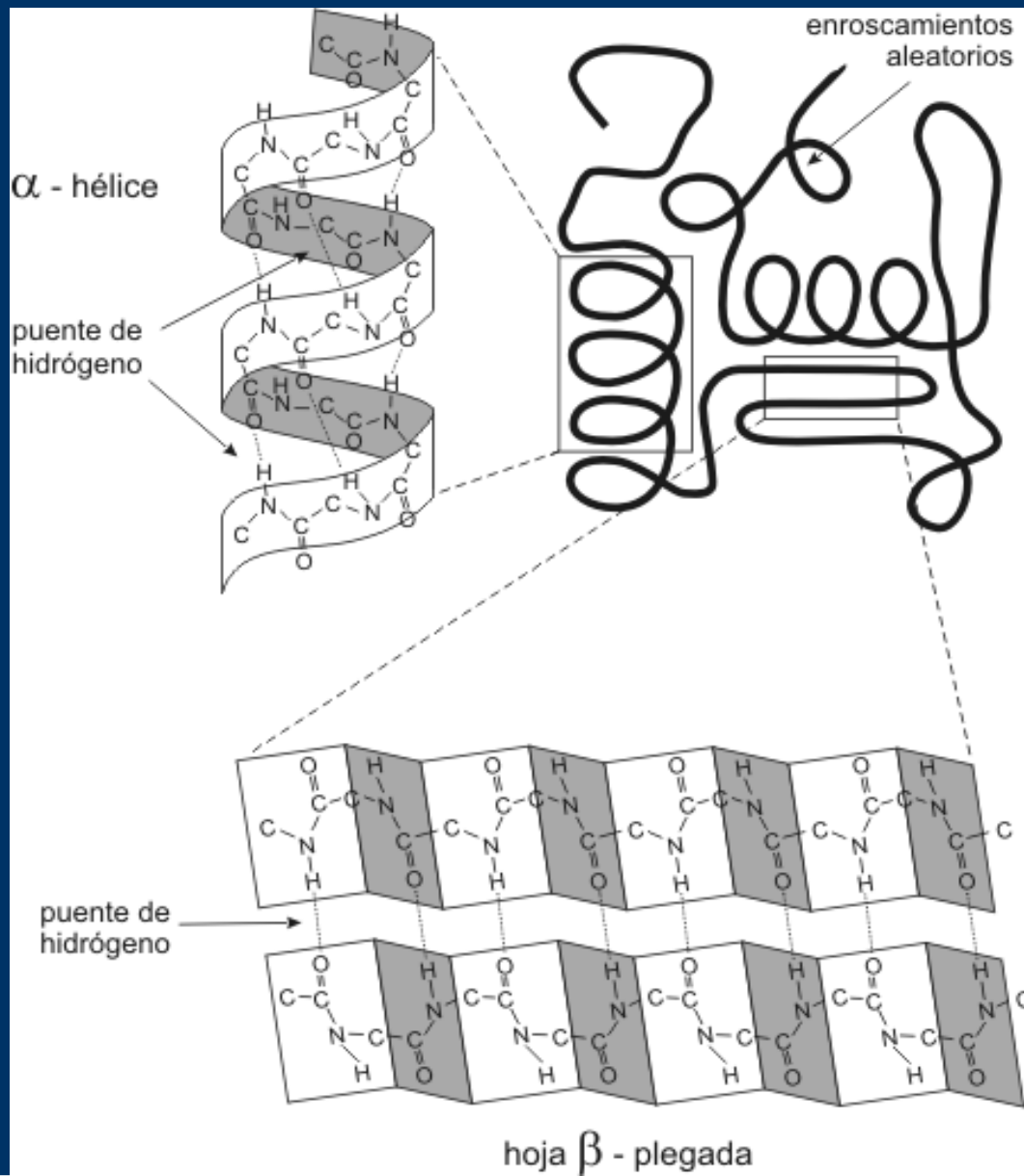
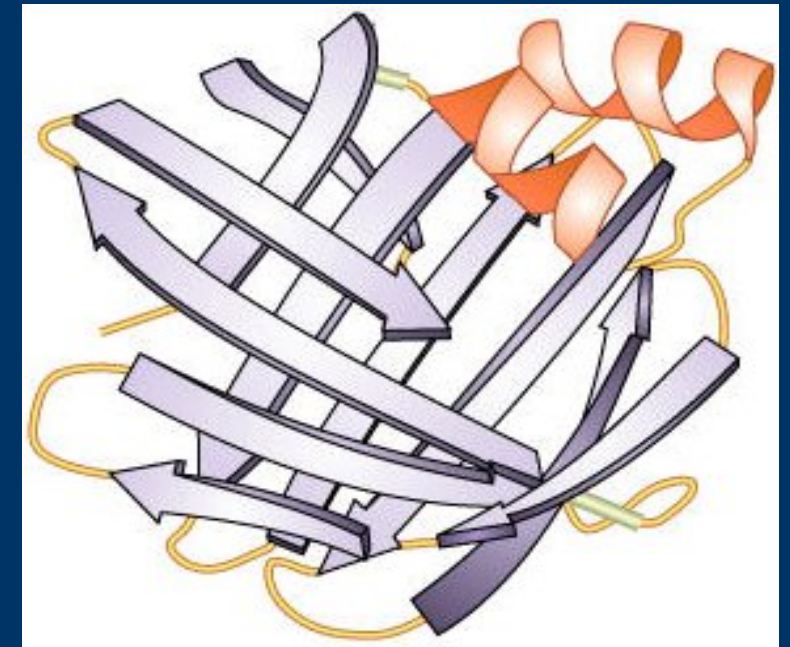
(E)



(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 mas polares se sitúan en la superficie externa, permitiendo así la dispersión de estas proteínas en agua.

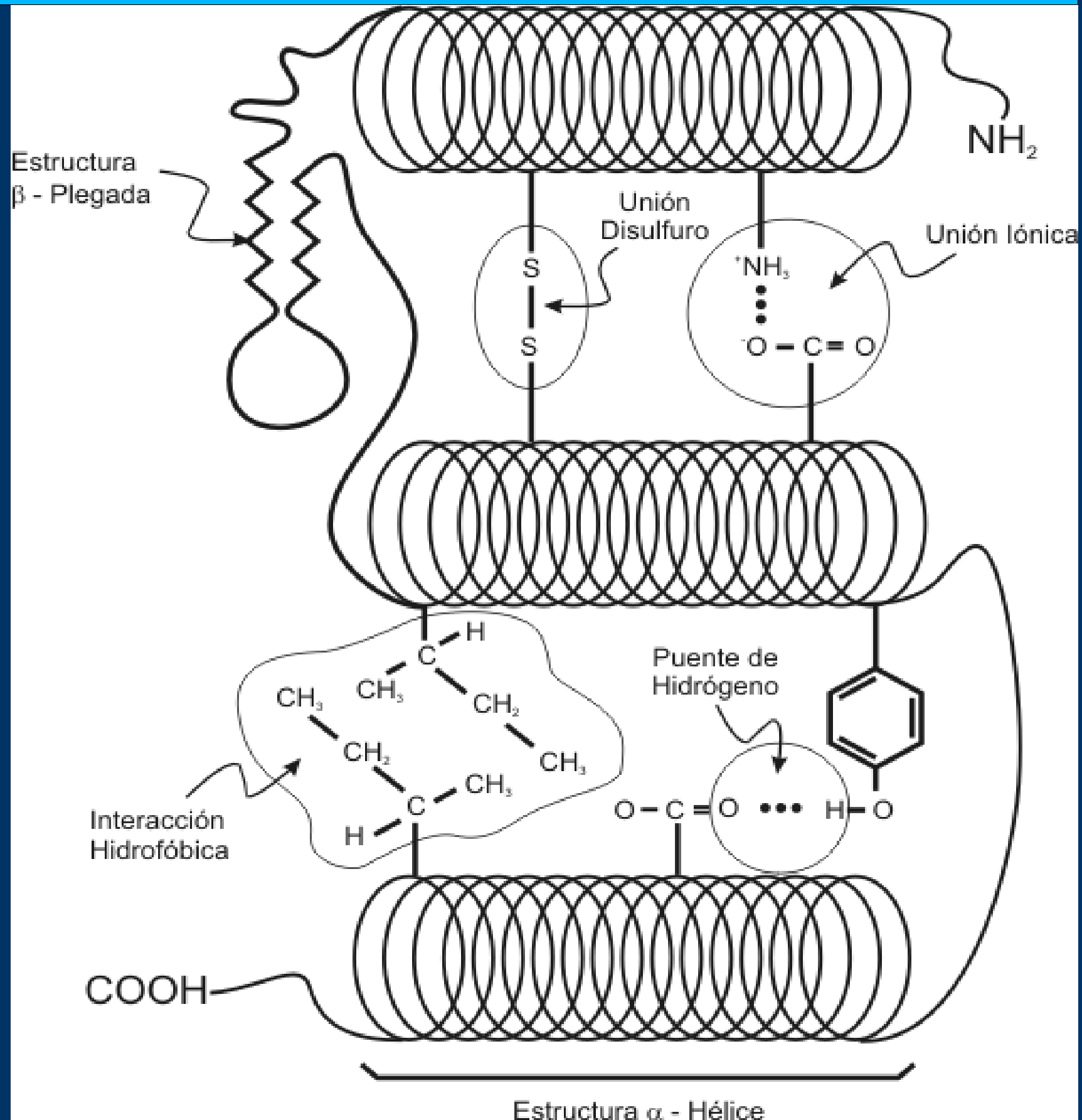


Representación de una proteína: en violeta las hélices alfa y en amarillo las hojas beta

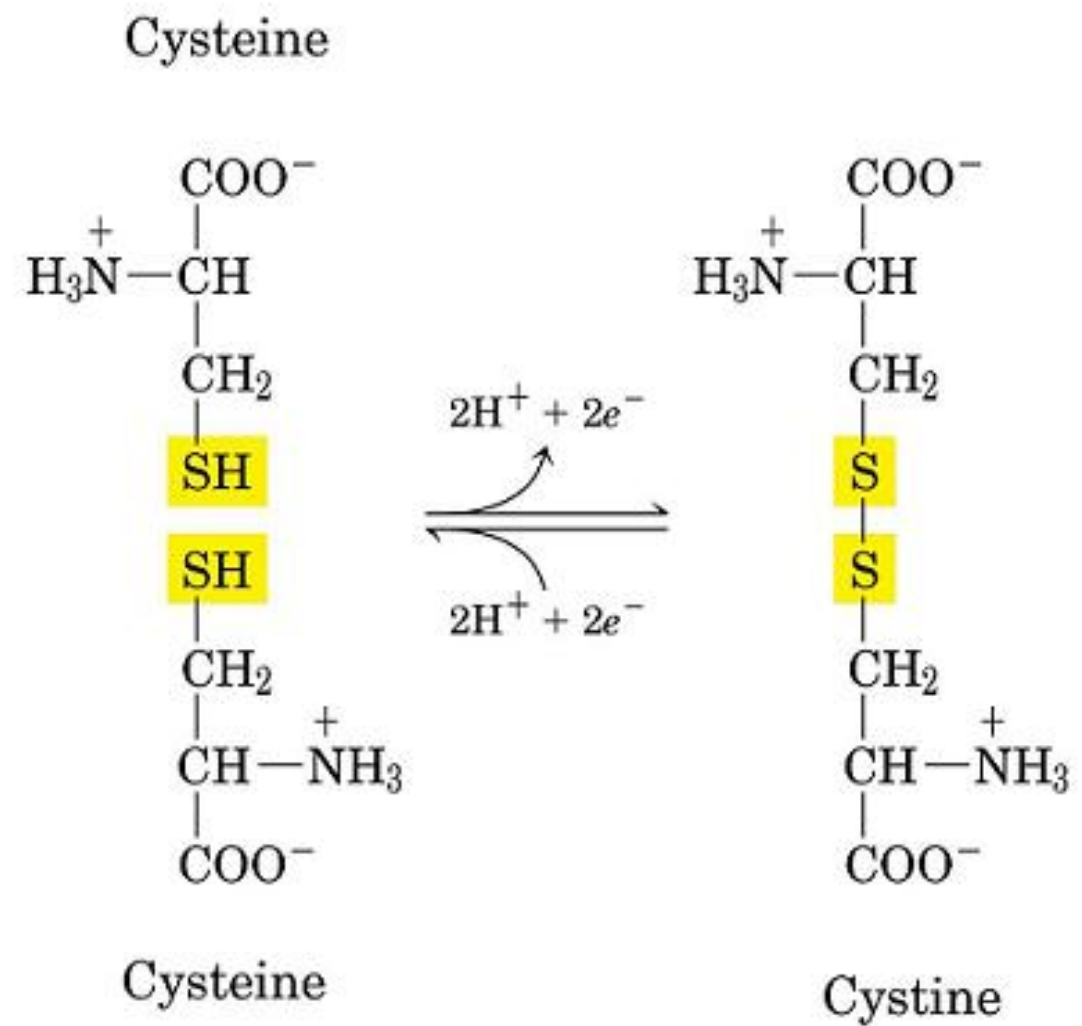
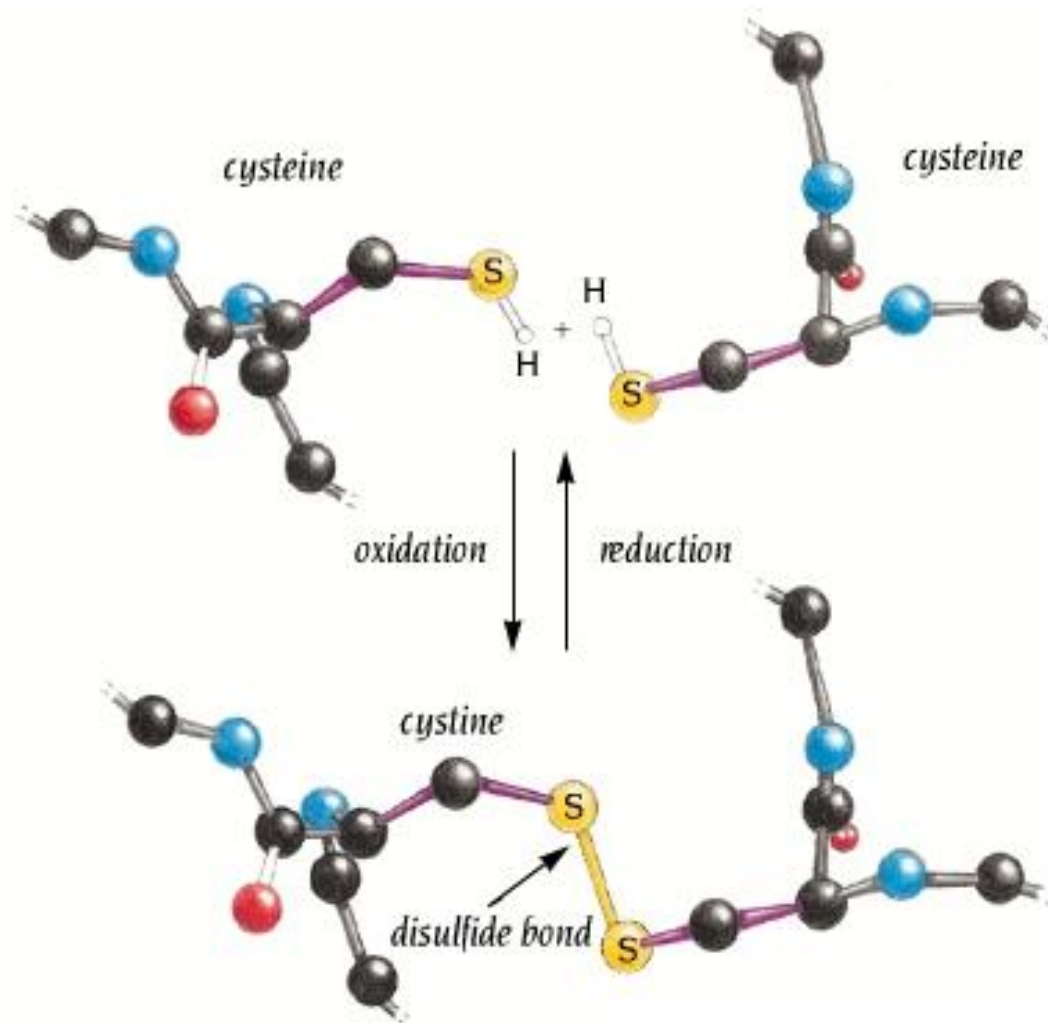
TIPOS DE ENLACE QUE ESTABILIZAN LA ESTRUCTURA TERCIARIA

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:

- Puentes de Hidrógeno
- Atracciones iónicas
- Interacciones hidrofóbicas
- Fuerzas de Van der Waals
- Enlaces disulfuro (covalentes) entre los grupos -SH de dos residuos Cisteína

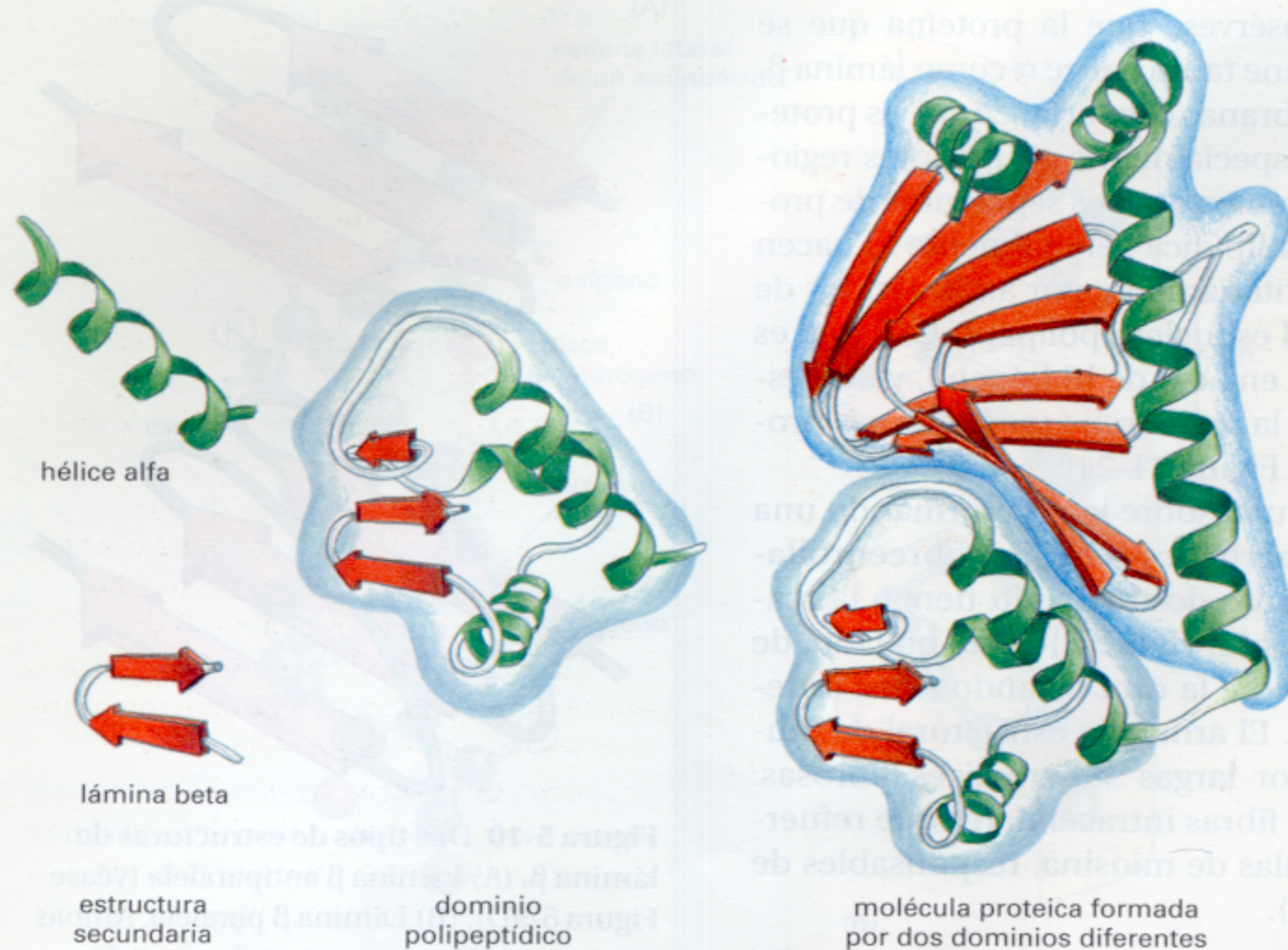


ENLACE COVALENTE DISULFURO



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. 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 mas dominios empaquetados en una relación tridimensional determinada.



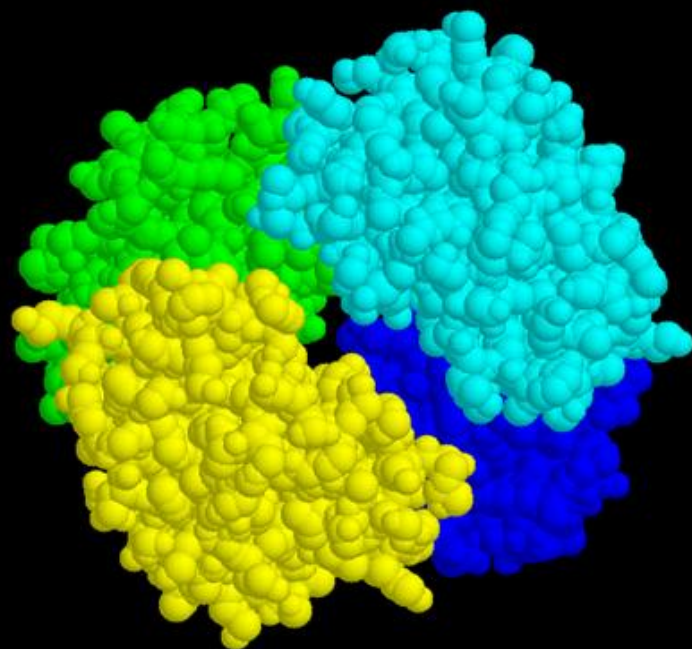
ESTRUCTURA CUATERNARIA

Esta estructura la poseen aquellas proteínas que están compuestas por la asociación de dos o mas 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.

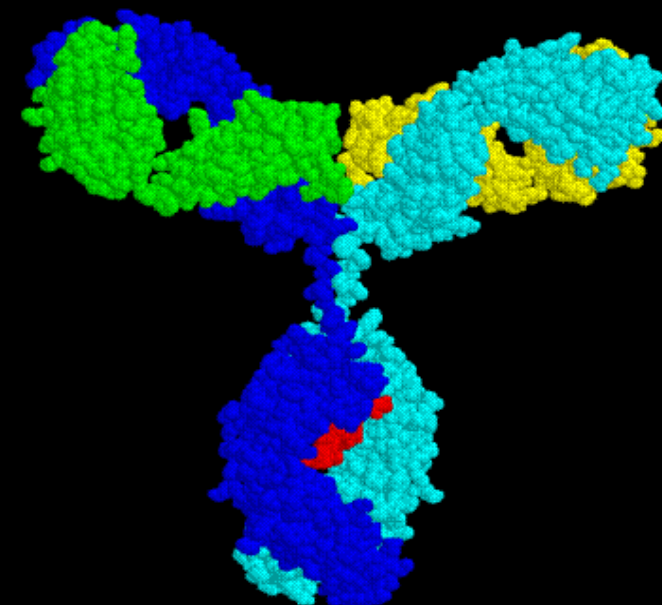
La actividad biológica de una proteína oligomérica depende de la integridad de su estructura cuaternaria, perdiendo la actividad al separarse sus subunidades.

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



α y β Queratinas
Colágeno
Elastina

GLOBULARES

Cadenas polipeptídicas intimamente plegadas con forma esférica o globular

Funciones dinámicas

Solubles en sistemas acuosos

Estructura terciaria o cuaternaria



Enzimas
Inmunoglobulinas (anticuerpos)
Proteínas de transporte (hemoglobina)

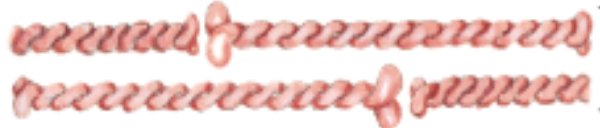
α -QUERATINAS

Keratin α helix



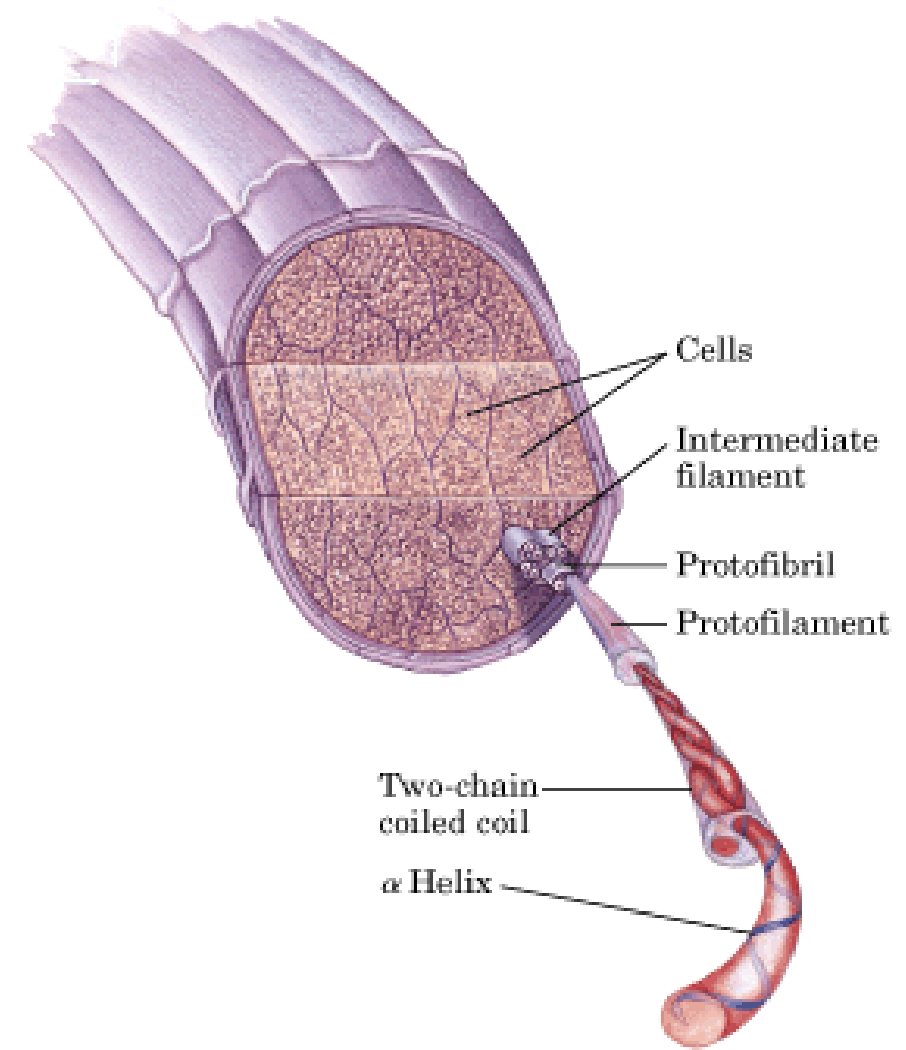
Two-chain
coiled coil



Protofilament {  } 20–30 Å

Protofibril {  } 40–50 Å

(a)



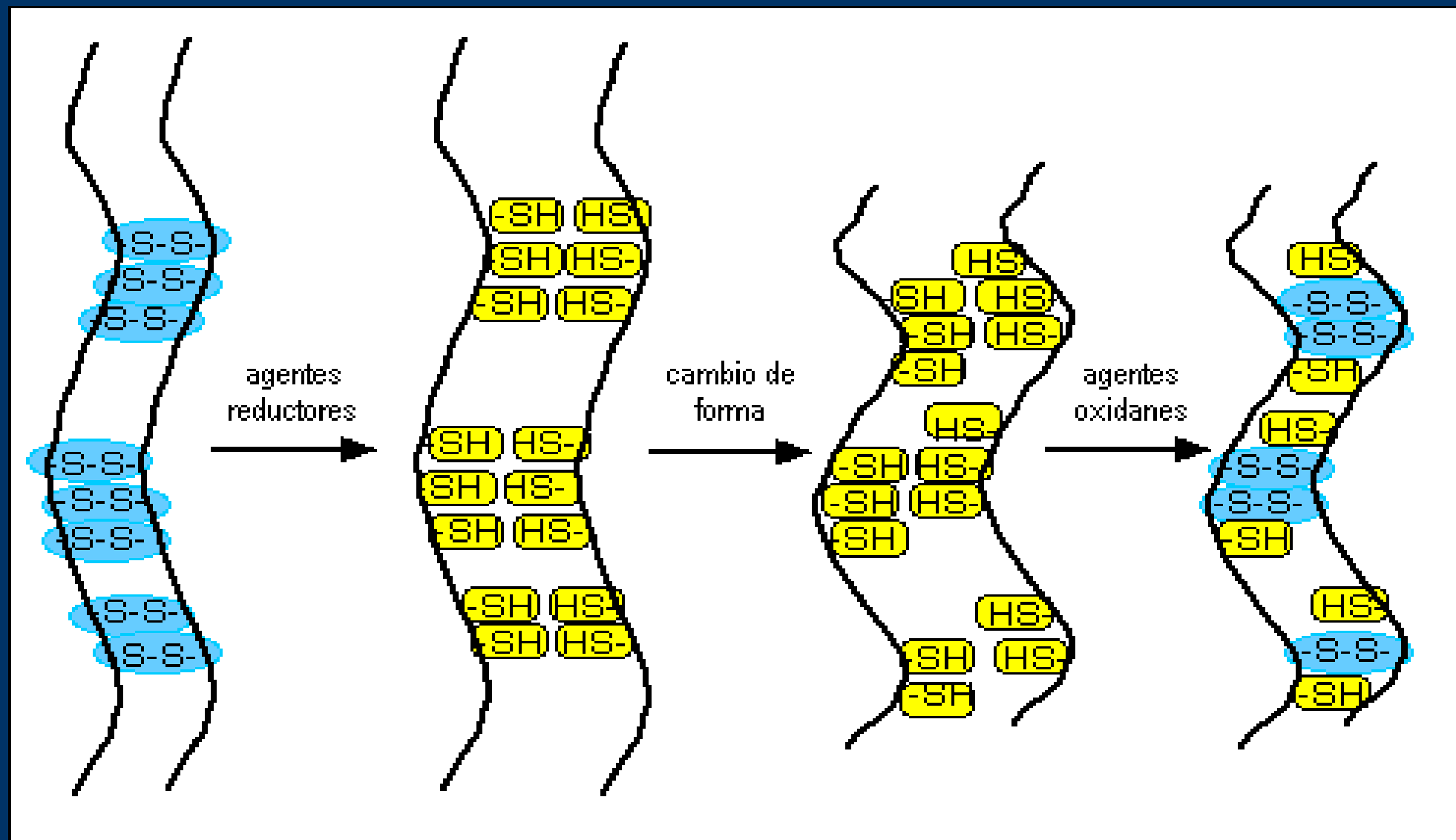
Cross section of a hair
(b)

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.

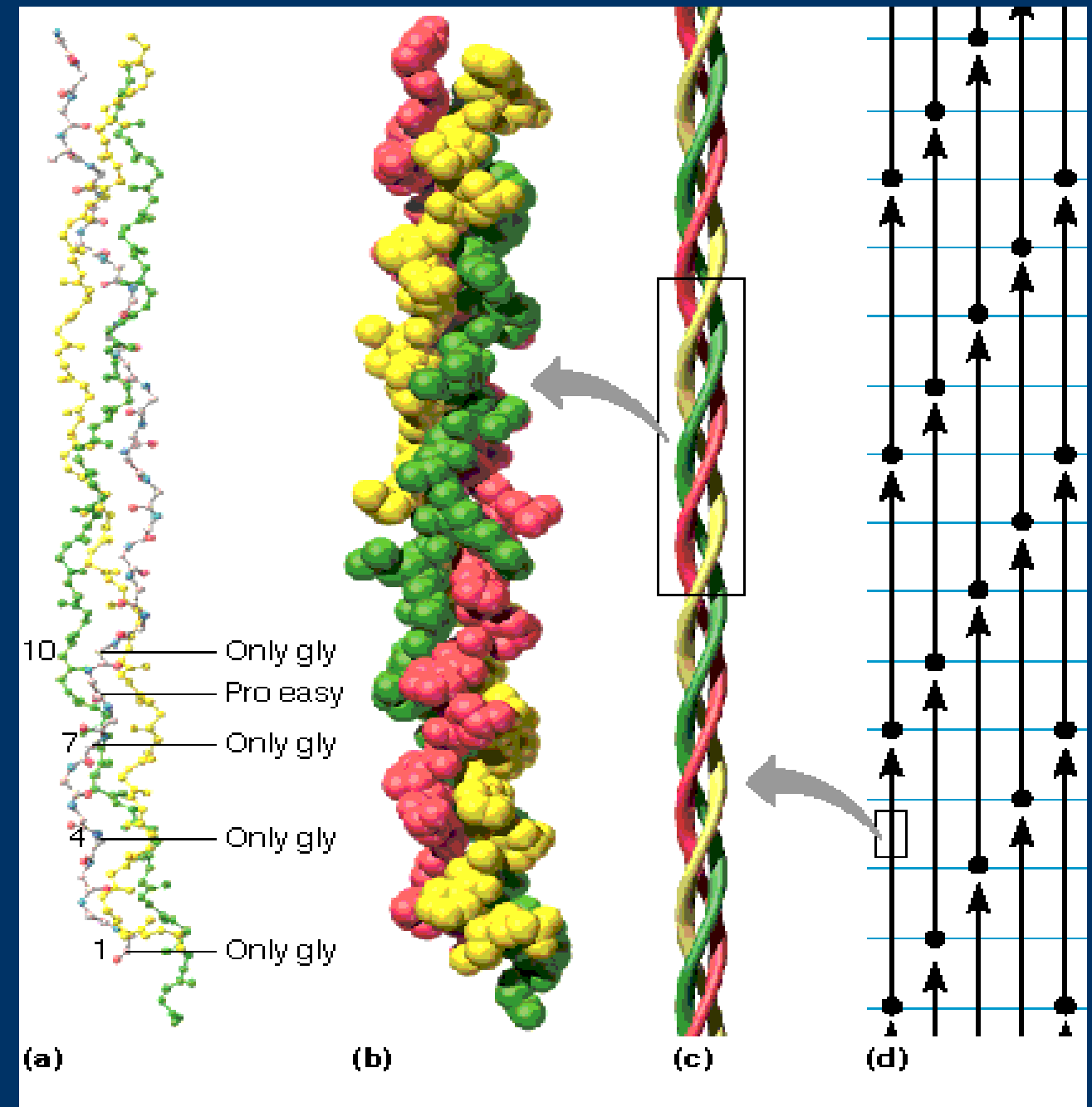
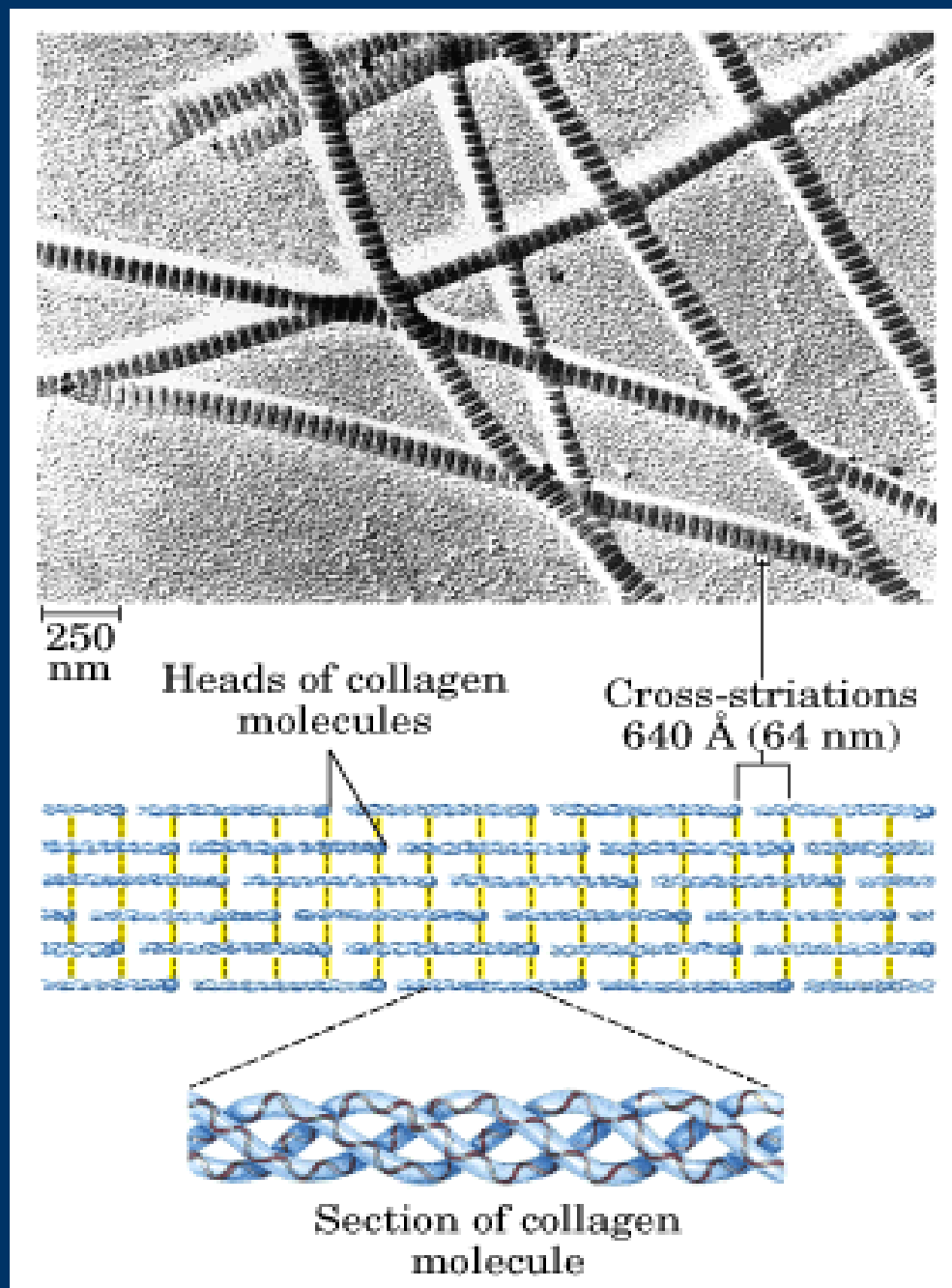
BASE BIOQUÍMICA DE LA ONDULACIÓN PERMANENTE DEL PELO

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.



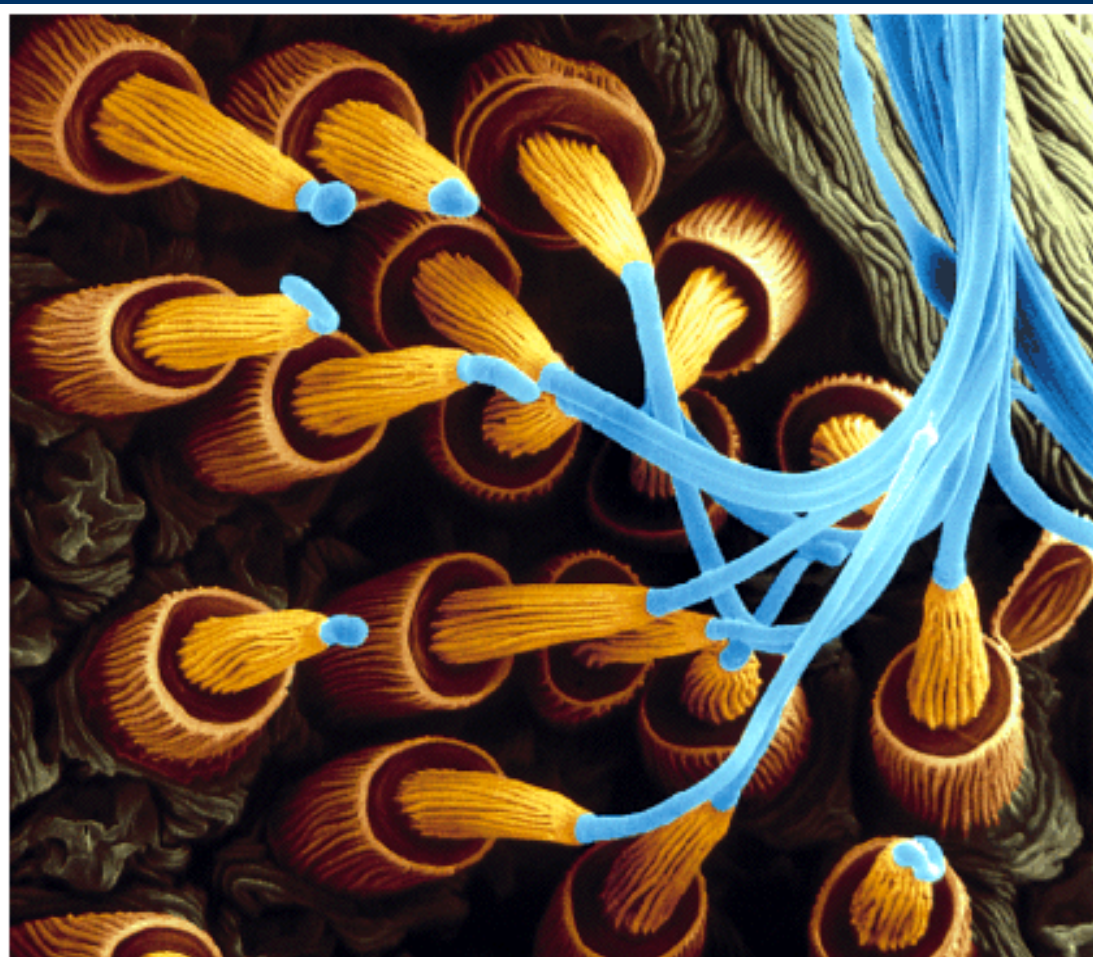
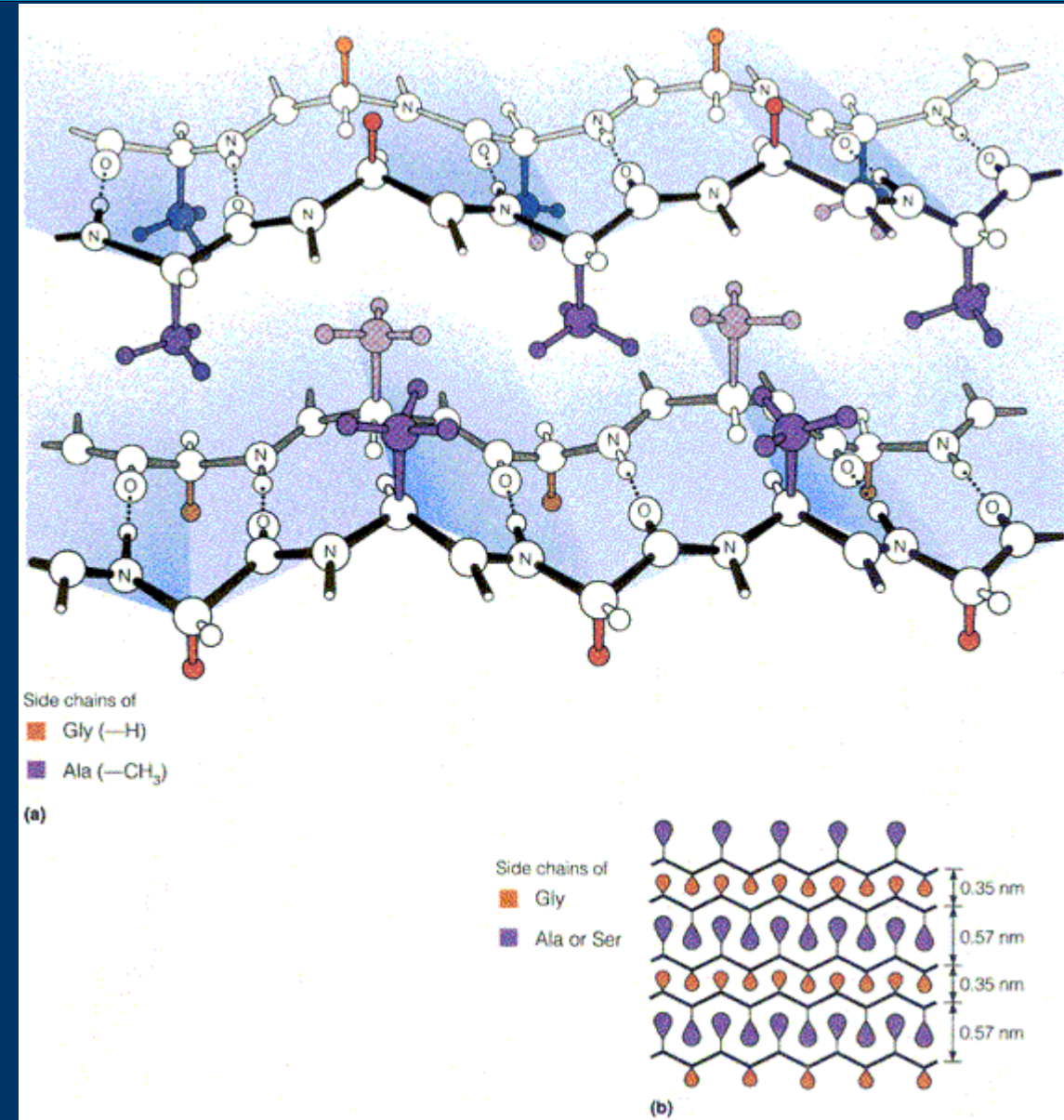
COLÁGENO

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.

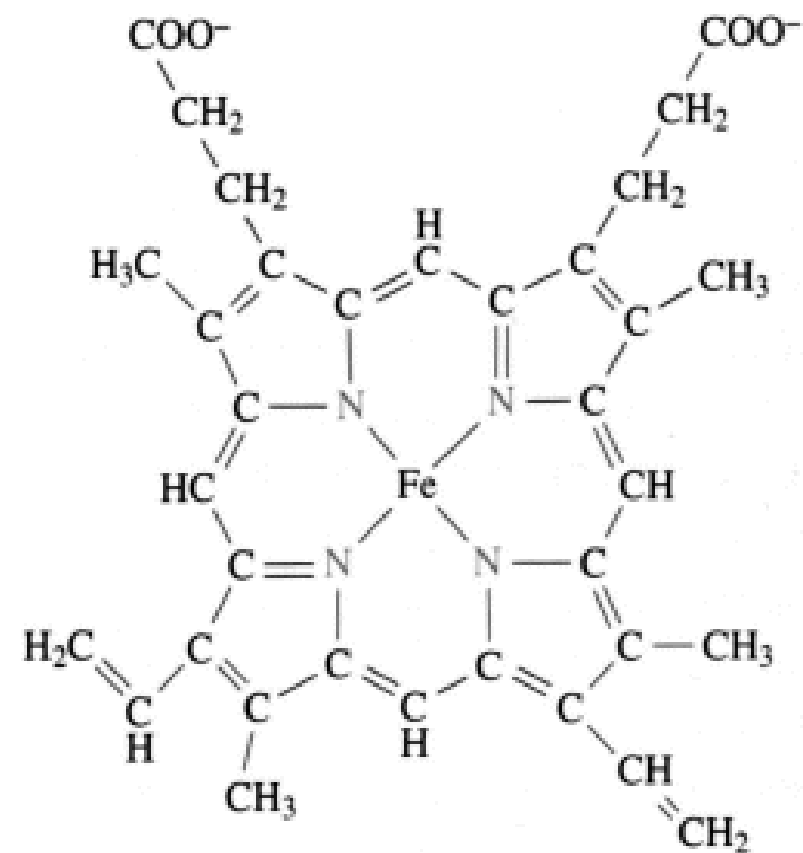
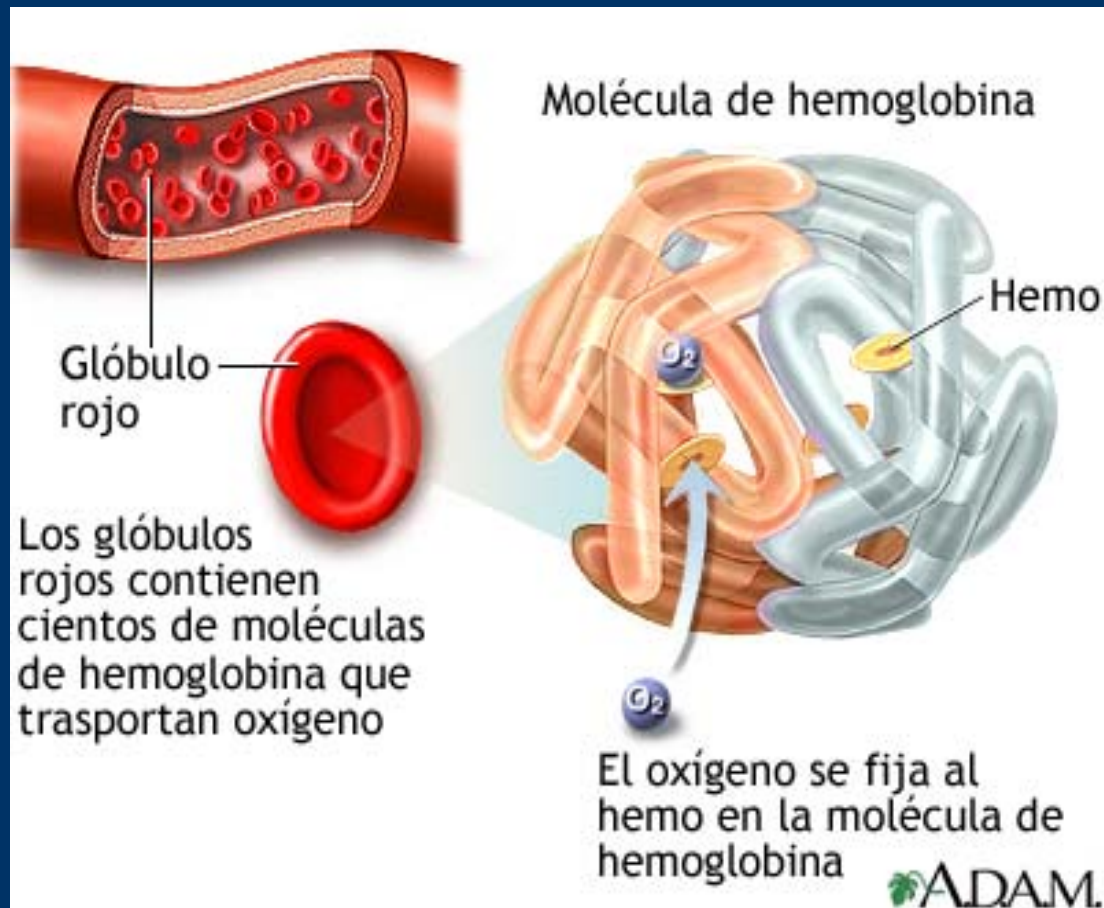
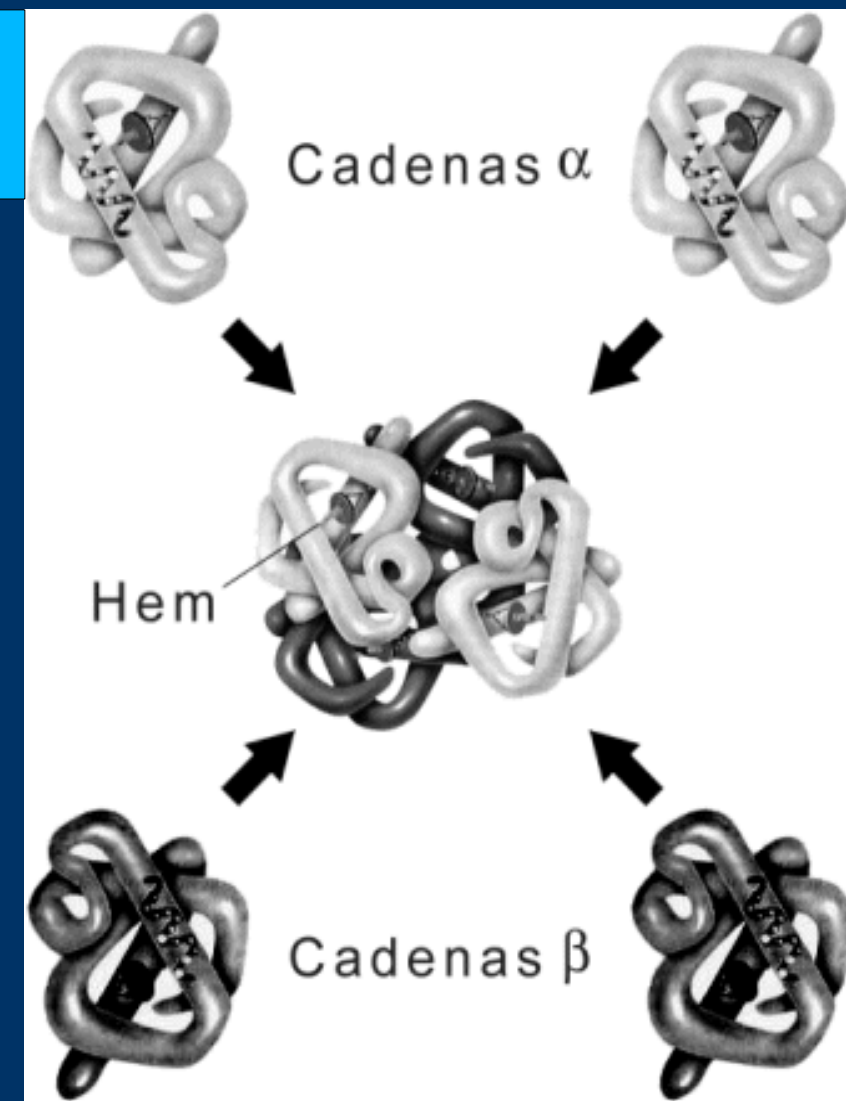


(b)



ESTRUCTURA CUATERNARIA DE LA HEMOGLOBINA

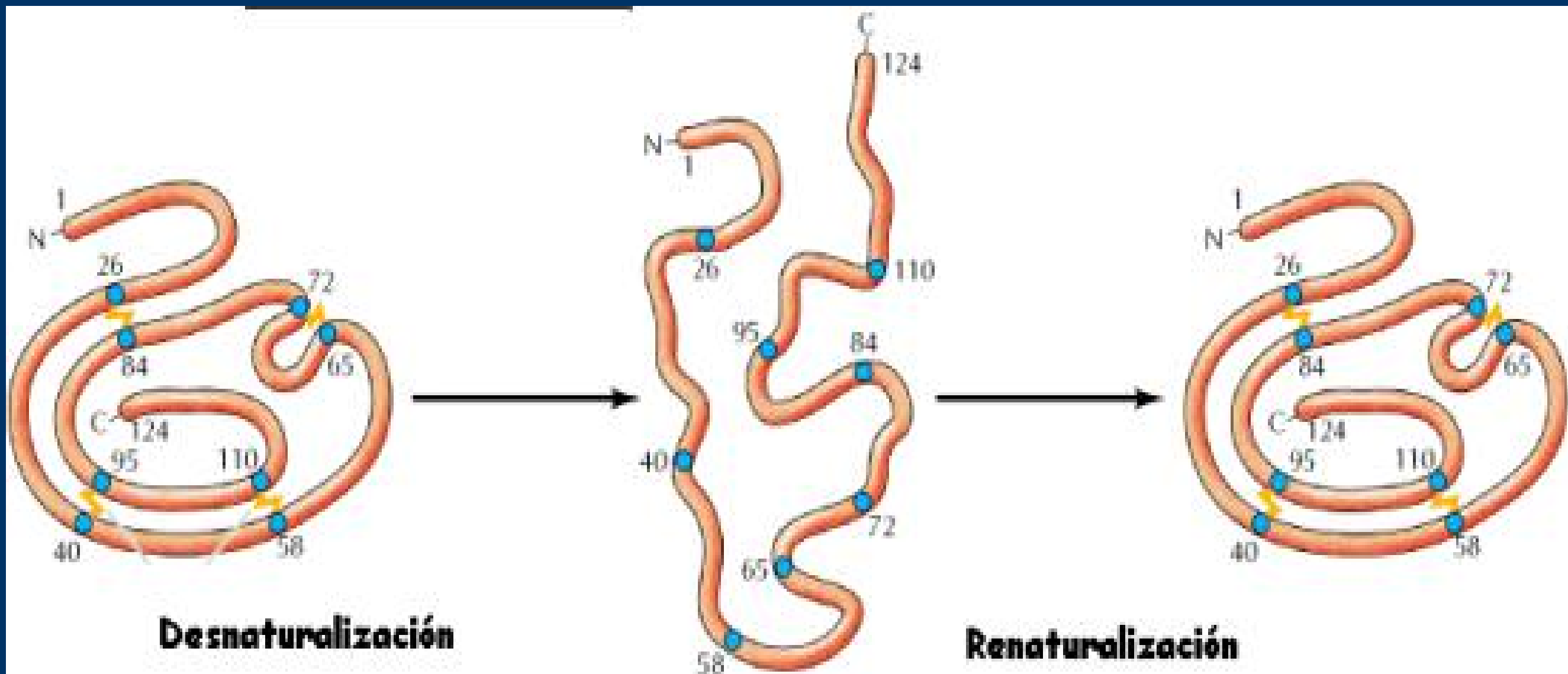
La hemoglobina es una proteína tetramérica cuya función es el transporte de oxígeno. Está compuesta por 4 Subunidades iguales dos a dos: dos cadenas α (con 141 aminoácidos cada una) y dos cadenas β (146 aa cada una) muy parecidas en su secuencia y estructura terciaria. Cada subunidad tiene un grupo prostético, 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: desoxihemoglobina y oxihemoglobina y ambas formas presentan ligeras diferencias en su estructura cuaternaria (comportamiento alostérico de la proteína).



Grupo hemo

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.



Secuencia de nucleótidos de un segmento de ADN

INFORMACIÓN GENÉTICA

Secuencia de aminoácidos de la cadena peptídica

Estructura 1^{aria}

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

CLASIFICACIÓN DE LAS PROTEÍNAS ATENDIENDO A LA COMPOSICIÓN QUÍMICA

Compuestas solo por aminoácidos

**HOLOPROTEÍNAS
(PROTEÍNAS SIMPLES)**

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

**HETEROPROTEÍNAS
(PROTEÍNAS CONJUGADAS)**
Holoproteína = Apoproteína + Grupo prostético

Según la naturaleza química del grupo prostético

Glicoproteínas

Lipoproteínas

Nucleoproteínas

Hemoproteínas

Fosfoproteínas

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)

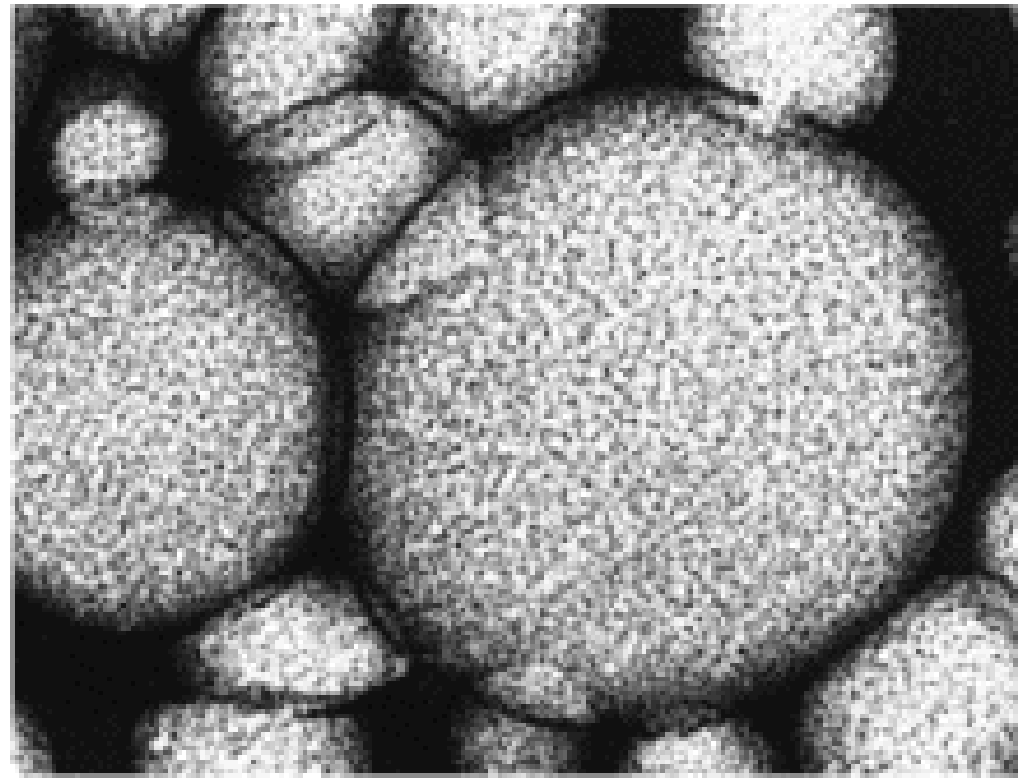
table 21-2

Major Classes of Human Plasma Lipoproteins: Some Properties

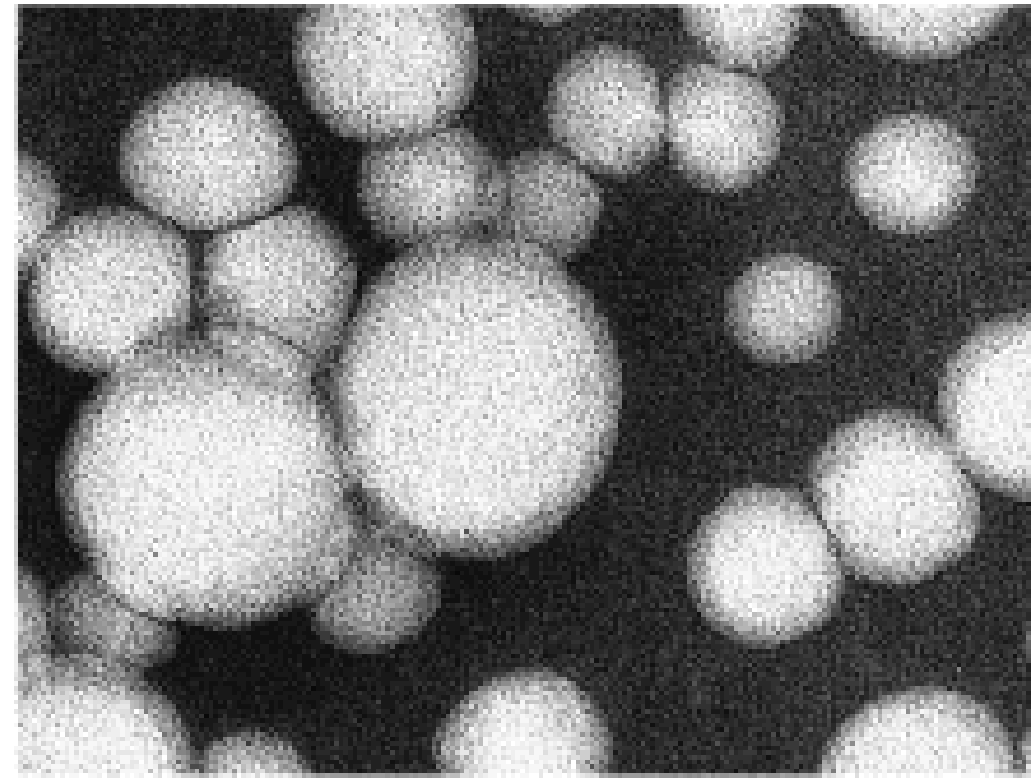
Lipoprotein	Density (g/mL)	Composition (wt %)				
		Protein	Phospholipids	Free cholesterol	Cholesteryl esters	Triacylglycerols
Chylomicrons	<1.006	2	9	1	3	85
VLDL	0.95–1.006	10	18	7	12	50
LDL	1.006–1.063	23	20	8	37	10
HDL	1.063–1.210	55	24	2	15	4

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

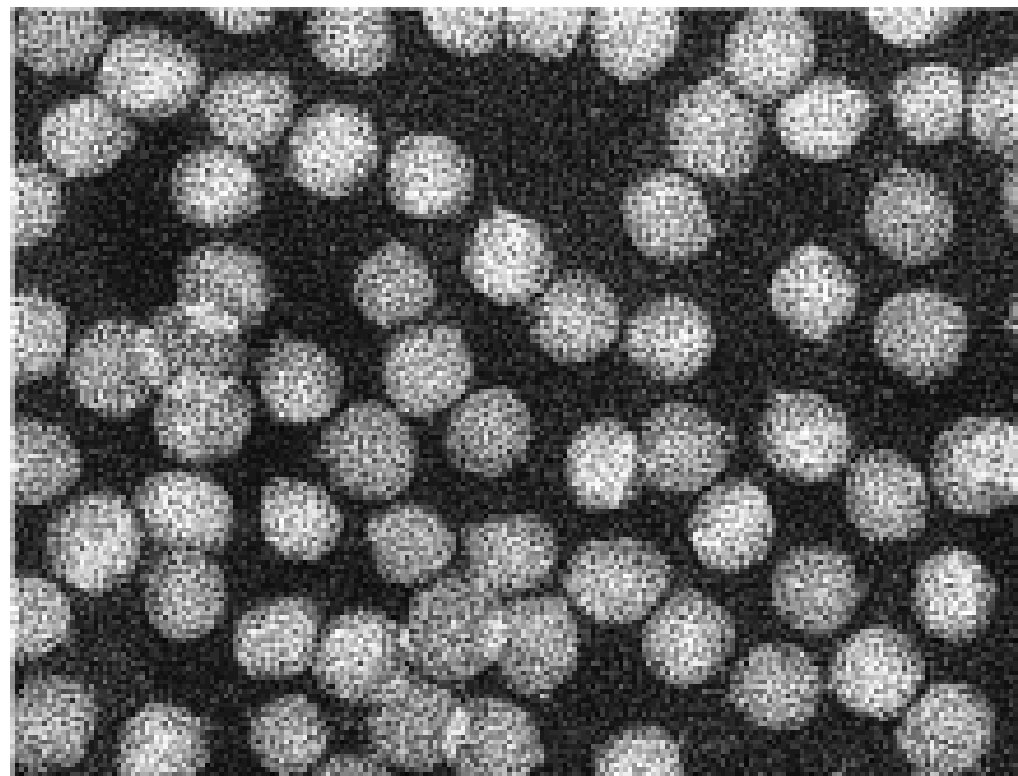
Lipoproteínas plasmáticas fotografiadas al Microscopio electrónico



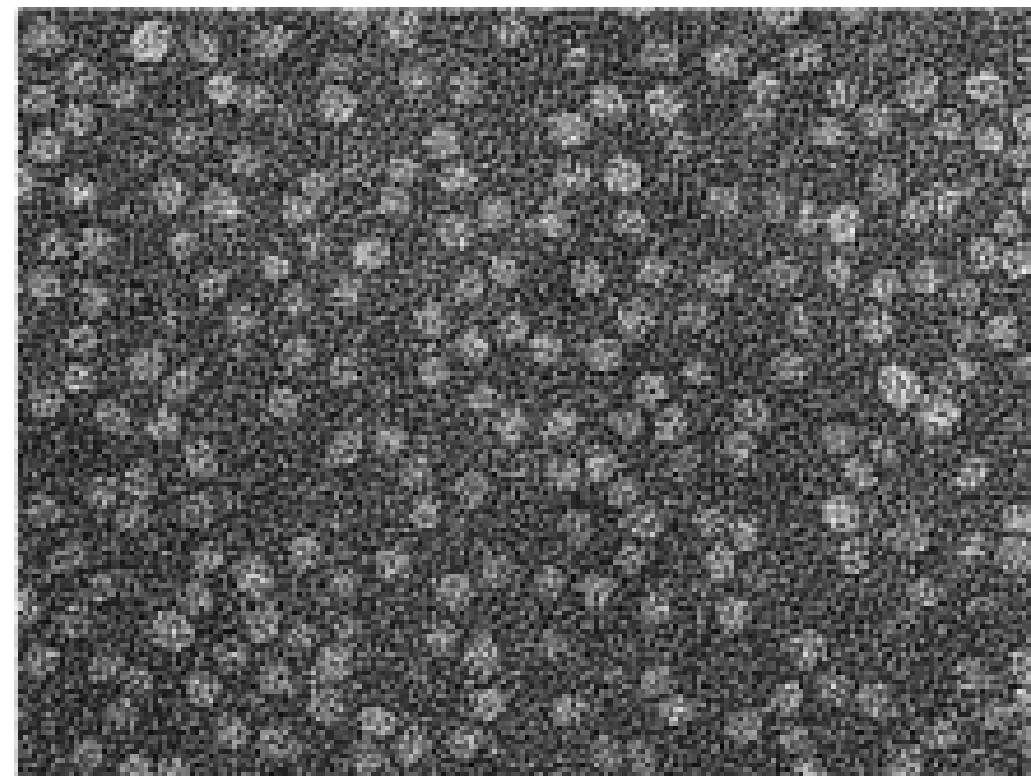
Chylomicrons (50–200 nm diameter)



VLDL (28-70 nm diameter)



LDL (20-25 nm diameter)



HDL (8-11 nm diameter)

(b)

ESTRUCTURAS MOLECULARES DE TRES TIPOS DE LIPOPROTEÍNAS PLASMÁTICAS

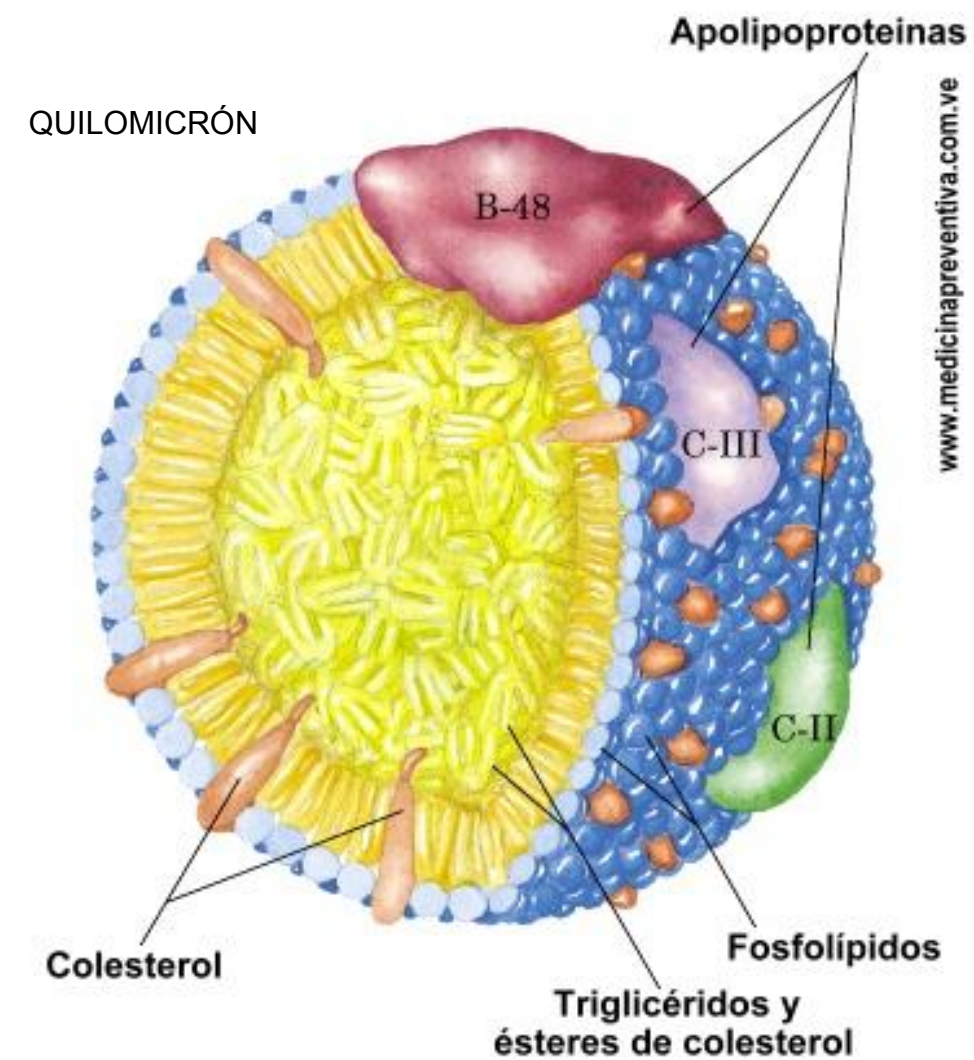
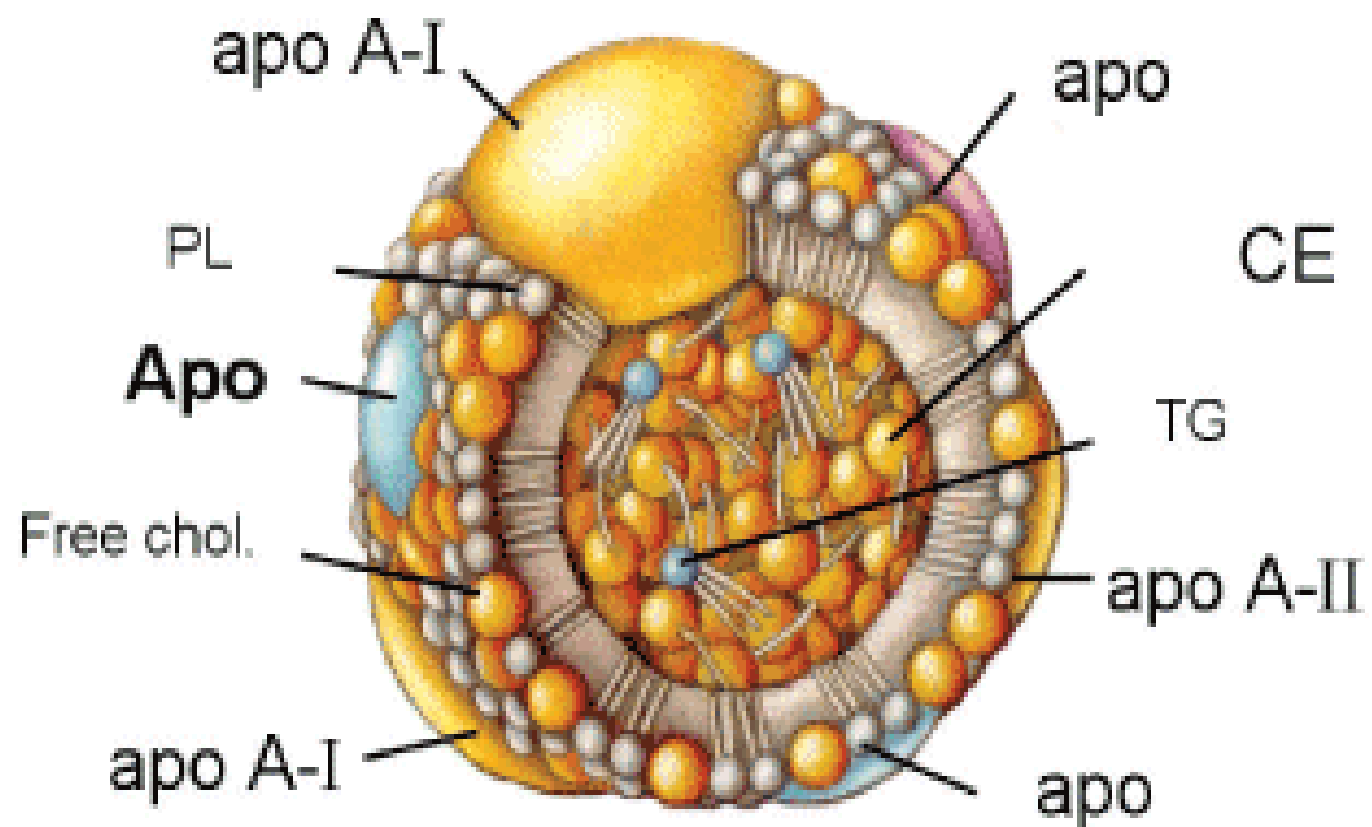
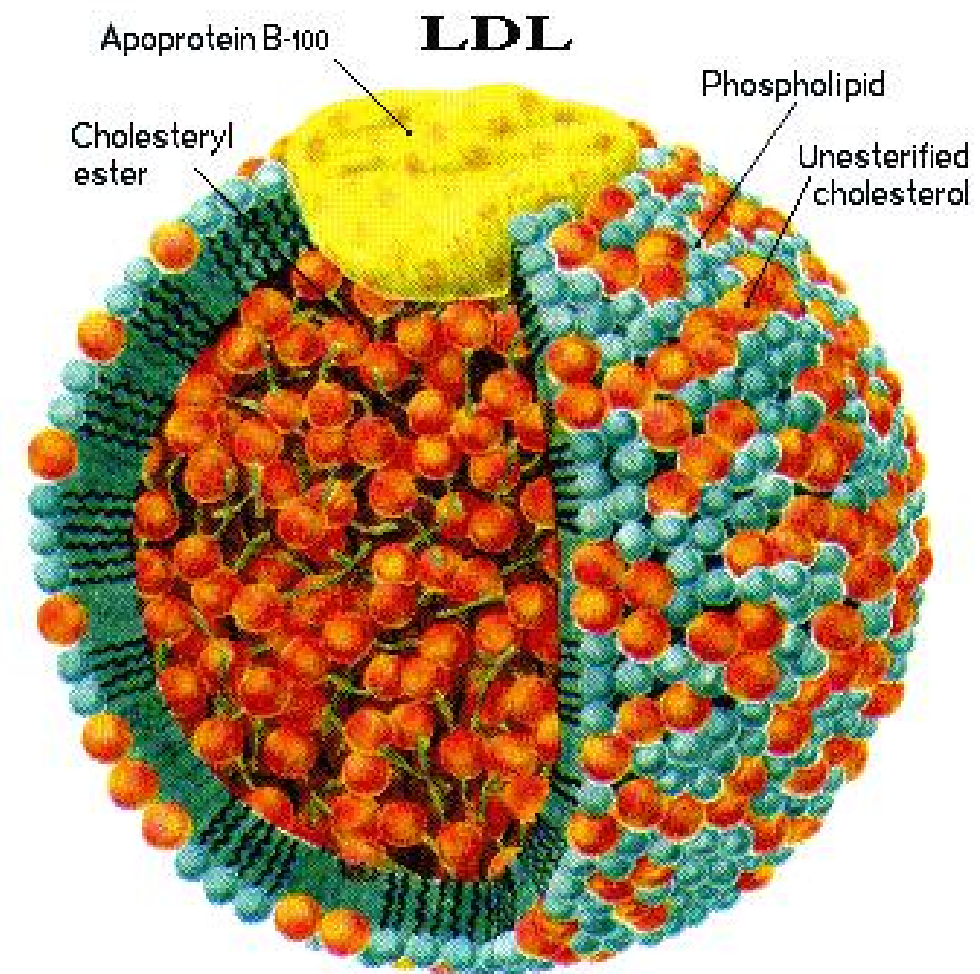
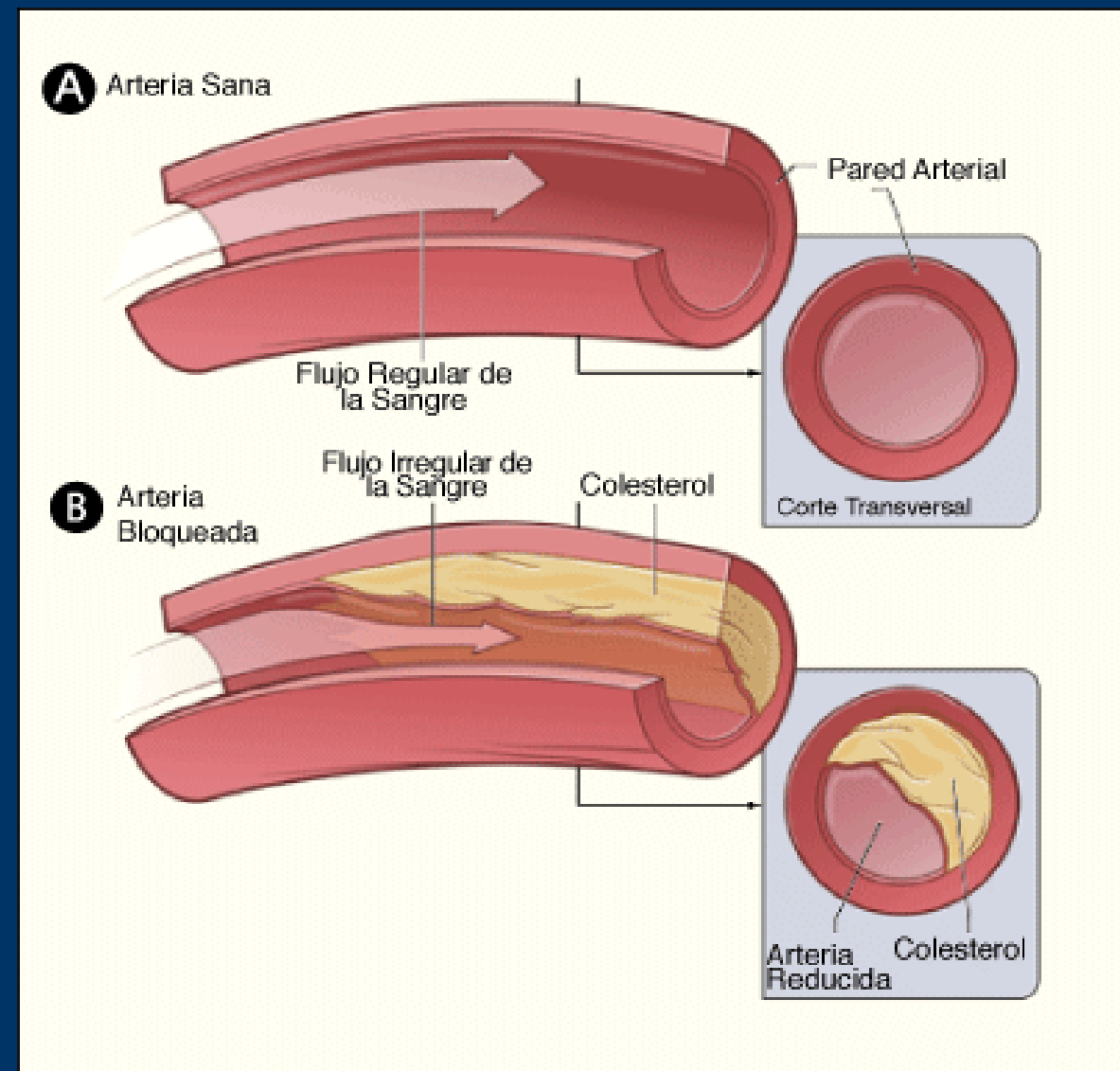
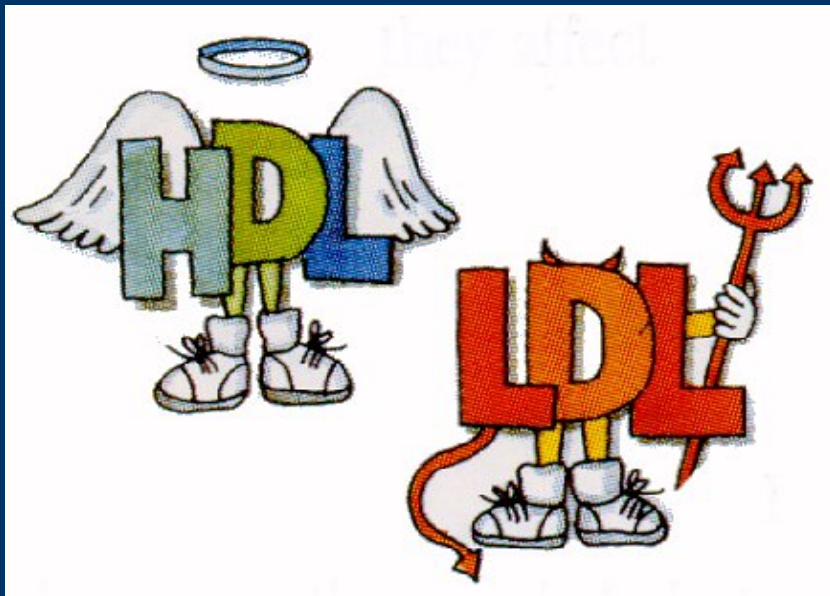


Fig. 1 - Composition of high-density lipoprotein (HDL). Apo = apoprotein; PL = phospholipids; chol. = cholesterol; CE = esterified cholesterol; TG = triglycerides.

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

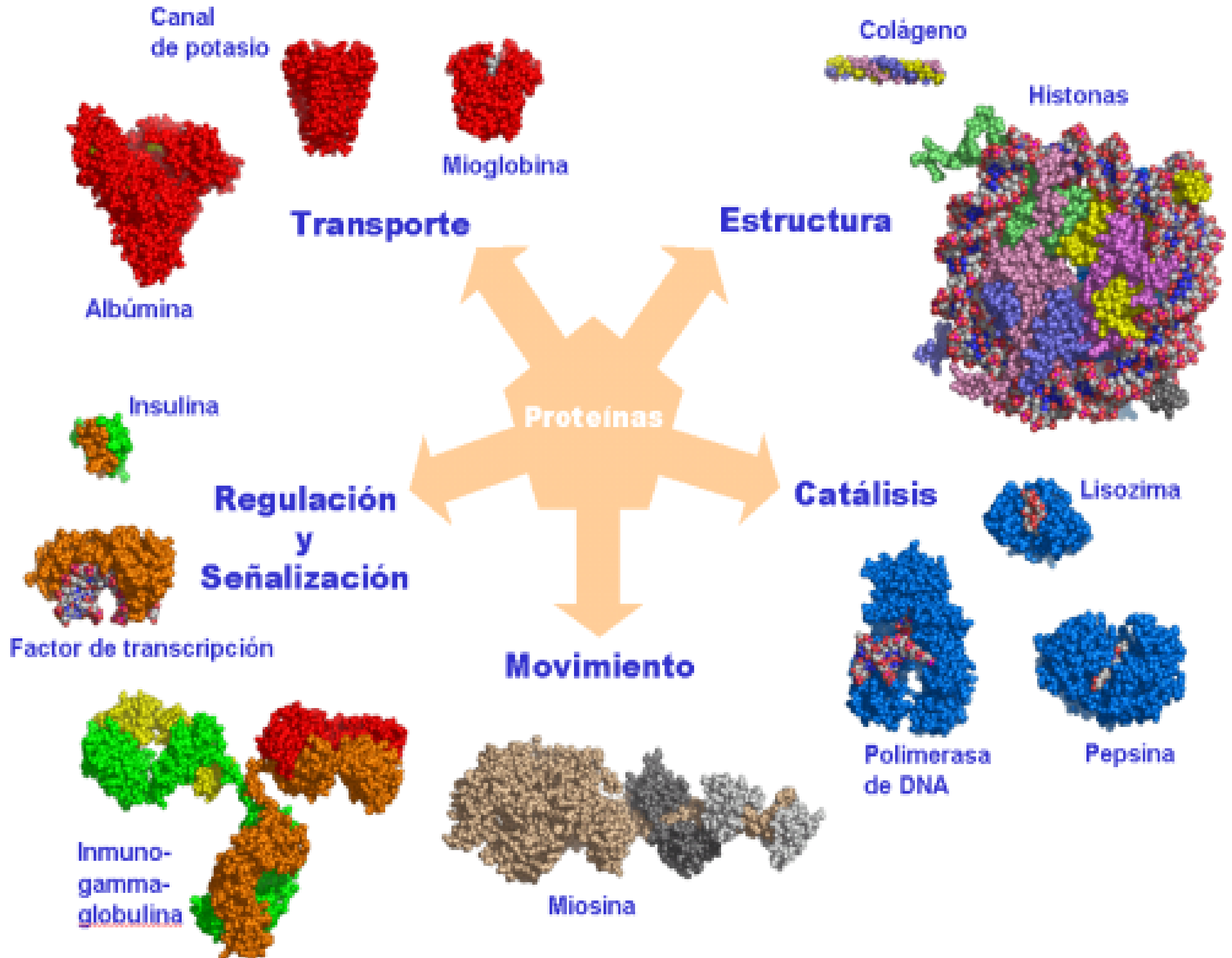
Las lipoproteínas LDL transportan el colesterol desde el hígado a todos los tejidos y las HDL transportan el colesterol sobrante de vuelta al hígado, para que este lo excrete con la bilis. Si los niveles de LDL en sangre son elevados, el colesterol se deposita en las paredes internas de las arterias 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>

FUNCIONES DE LAS PROTEÍNAS



ESPECIFICIDAD PROTEICA

```
graph TD; A[ESPECIFICIDAD PROTEICA] --> B[DE ESPECIE]; A --> C[DE INDIVIDUO]; A --> D[DE UNIÓN A OTRAS MOLÉCULAS]; B --> E[Cada especie de seres vivos posee proteínas diferentes a las de otras especies.]; E --> F[Se utiliza para estudios evolutivos: las diferencias entre proteínas homólogas permiten establecer el grado de parentesco evolutivo entre especies.]; C --> G[Cada individuo posee proteínas exclusivas que le diferencian del resto de individuos de su misma especie.]; G --> H[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.]; D --> I[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".]; I --> J[Necesaria para las funciones de catálisis (enzima-sustrato), de defensa (anticuerpo-antígeno), de transporte (hemoglobina-oxígeno...), reguladora (hormona-receptor...), etc.];
```

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 con la misma función en especies diferentes

PROTEÍNAS HOMÓLOGAS

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)

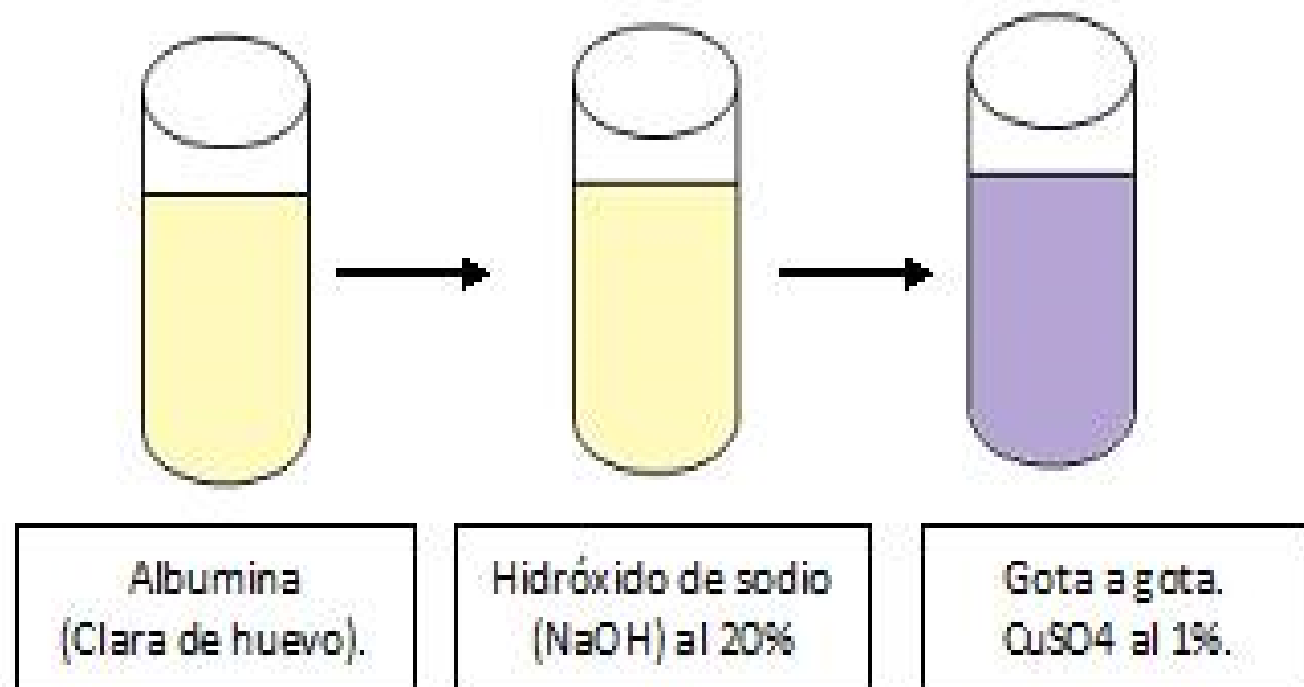
Sustituciones mas
aleatorias en otras
posiciones

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

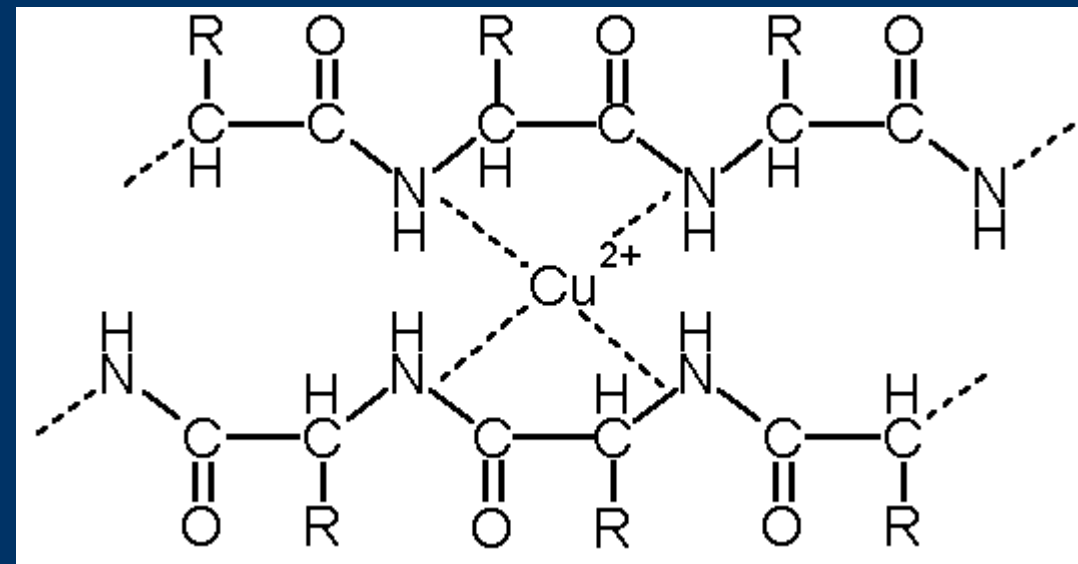
RECONOCIMIENTO DE PROTEÍNAS MEDIANTE EL REACTIVO DE BIURET

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. Para observar una reacción positiva procederemos de la siguiente manera:

1. Se toma un tubo de ensayo y se colocan tres centímetros cúbicos de albúmina de huevo.
2. Se añaden 2 centímetros cúbicos de solución de hidróxido de sodio al 20%.
3. Más adelante se agregan 4 ó 5 gotas de solución de sulfato cúprico diluida al 1%.
4. El resultado es que la mezcla se torna de color violeta.



La coloración violeta se debe a la formación de un complejo de coordinación entre los iones Cu^{2+} y los nitrógenos de los enlaces peptídicos.



Para consultar en la Red, estas direcciones te pueden ser de utilidad:

<http://www.ehu.es/biomoleculas/cibert.htm>

<http://www.johnkyrk.com/index.esp.html>

<http://www.genomasur.com/lectu.htm> (En “recursos” hay buenas animaciones)

<http://highered.mcgraw-hill.com/sites/dl/free/0072437316/120060/ravenanimation.h>

<http://bcs.whfreeman.com/thelifewire/pages/bcs-main.asp?s=00020&n=01000&i=0102>

<http://biomodel.uah.e>

proteínas (educasti

http://www.biorom.uma.es/contenido/av_biomo/material.

