

TEMA 4

PROTEÍNAS

Aminoácido.

Molécula orgánica que presenta un grupo funcional ácido carboxílico y un grupo funcional amino unidos a un mismo átomo de carbono (denominado carbono α). A este mismo átomo de carbono se le une un hidrógeno y una cadena lateral que es distinta para cada tipo de molécula. Son las unidades que se ensamblan para formar las proteínas.

Molécula anfótera.

Es aquella molécula que tiene la capacidad de comportarse como ácido (liberando al medio iones H^+) o como base (retirando del medio iones H^+) dependiendo de las condiciones del mismo.

Punto isoeléctrico.

Es el valor del pH al cual un aminoácido presenta carga eléctrica neta nula (el número de cargas positivas se iguala al número de cargas negativas)

Enlace peptídico.

Se trata de un tipo de enlace que se establece entre los aminoácidos para formar péptidos o proteínas. En él participa al grupo ácido carboxílico de un aminoácido y el grupo amino del siguiente, al reaccionar ambos se libera una molécula de agua y aparece un enlace de tipo amida que une a ambas moléculas.

Estructura primaria.

Es la disposición lineal de los aminoácidos que forman una proteína unidos mediante enlaces peptídicos. Por convenio en la parte izquierda se sitúa el aminoácido que tiene libre el grupo amino terminal (extremo N-terminal) y a la derecha el que tiene libre el grupo carboxilo terminal (extremo C-terminal). Esta secuencia es propia de cada proteína y se debe al número, tipo y orden en el que se disponen los aminoácidos que la integran.

Estructura secundaria.

Es el plegamiento que adquiere la cadena peptídica que forma una proteína, debido al establecimiento de puentes de hidrógeno entre restos de enlaces peptídicos próximos y que le permite adoptar determinadas posiciones en el espacio.

Estas pueden ser de distintos tipos y las más comunes son: hélice alfa, hélice de colágeno y lámina beta.

Hélice alfa.

Se trata de un tipo de estructura secundaria de las proteínas que indica cómo se disponen la cadena de aminoácidos en el espacio. En esta conformación los aminoácidos se disponen arrollados en forma de espiral y con puentes de hidrógeno entre restos de enlaces peptídicos próximos que la estabilizan. Los restos R de los aminoácidos se disponen perpendiculares al eje imaginario de giro, suelen ser restos R voluminosos y con polaridad.

Lámina beta u hoja plegada.

Se trata de un tipo de estructura secundaria de las proteínas que indica cómo se disponen la cadena de aminoácidos en el espacio. En esta conformación los aminoácidos se disponen en

zig-zag sin puentes de hidrógeno entre aminoácidos próximos y con los restos R por encima y por debajo del plano en los vértices de plegamiento.

Se pueden producir plegamientos entre segmentos antes distantes y que queden estabilizados mediante puentes de hidrógeno, originando una lámina en zig-zag muy estable y llamada lámina beta plegada.

Estructura cuaternaria.

Es un tipo de estructura que presentan las proteínas que están formadas por más de una cadena peptídica. Esta estructura se estabiliza mediante enlaces débiles (puentes de hidrógeno, fuerzas de Van de Waals etc.) o enlaces fuertes (puentes disulfuro) que se establecen entre los restos R de los aminoácidos de diferentes cadenas peptídicas.

Desnaturalización.

Es la alteración de la configuración espacial de las proteínas mediante tratamientos extremos de pH, temperatura, agitación mecánica, presencia de iones etc., debida a la ruptura de los enlaces (excepto el enlace peptídico) que la mantienen estable y con la consiguiente pérdida de la funcionalidad.

Holoproteínas.

Se trata de un grupo de proteínas que están formadas únicamente por la unión de aminoácidos.

Heteroproteínas.

Se trata de un grupo de proteínas que están formadas por la unión de aminoácidos (parte proteica) y otras sustancias que no son de naturaleza proteica. Existen diferentes tipos dependiendo de la naturaleza de la parte no proteica: glucoproteínas, fosfoproteínas, lipoproteínas, nucleoproteínas, cromoproteínas etc.

Proteína globular

Es un tipo de proteína en la que la cadena peptídica se pliega sobre sí misma a modo de ovillo y adquiere una forma esferoidal y compacta. En ellas las tres dimensiones son aproximadamente iguales, son solubles en agua y desarrollan funciones dinámicas (enzimática, transportadora, etc.) Ejemplos: hemoglobina, albúminas, inmunoglobulinas etc.

Proteína fibrosa.

Se trata de un tipo de proteínas formadas por varias cadenas polipeptídicas dispuestas de forma paralela y enrollada entre sí a modo de trenzado. En ellas una dimensión es mayor que las otras dos y son insolubles en agua. Ejemplos: queratinas, colágeno, elastina, fibroína etc.

Hemoglobina.

Se trata de una Heteroproteína que transporta el oxígeno en los glóbulos rojos hasta las células. Está formada por cuatro cadenas polipeptídicas iguales dos a dos (llamadas alfa y beta). Cada una de ellas tiene como grupo prostético a una molécula de porfirina (anillo tetrapirrólico con un átomo de hierro central). Posee estructura primaria, secundaria, terciaria globular y cuaternaria.

Inmunoglobulinas o anticuerpos.

Se trata de una glucoproteína sintetizada por los linfocitos B como respuesta a la llegada al organismo e invasión de agentes extraños (antígenos). Están formadas por dos cadenas

polipeptídicas denominadas pesadas y dos cadenas denominadas ligeras. Estas se encuentran unidas mediante puentes disulfuro y en conjunto adquiere forma de Y. El antígeno se une al extremo de los brazos cortos del anticuerpo.

Vitaminas.

Son sustancias orgánicas de naturaleza y composición variable, que son indispensables para el normal funcionamiento del metabolismo de los seres vivos. Como resultan imposibles de sintetizar por ciertos organismos, deben ser ingeridas mediante la dieta y en pequeñas cantidades.

Se suelen agrupar en dos categorías: hidrosolubles (solubles en agua) e incluyen vitamina C y complejo vitamínico B y liposolubles (no solubles en agua, sí en grasas) e incluyen a la vitamina A, D, E y K.

Enzima

Son catalizadores orgánicos coloidales, producidos por los seres vivos, capaces de actuar fuera o dentro de la célula que los origina, desde el punto de vista químico la mayoría son proteínas (aunque existe un grupo de ARN –ribozimas- que también cumplen esta función) y que aumentan la velocidad de las reacciones químicas disminuyendo la energía de activación y sin alterar la constante de equilibrio de la misma.

Centro activo.

Es la región de la molécula de enzima a la que se une el sustrato, formándose el complejo enzima-sustrato y donde tiene lugar su transformación en producto. Lo constituyen dos tipos de aminoácidos: de fijación, se unen débilmente y no participan directamente en la reacción y catalíticos, se unen mediante enlaces débiles o fuertes al sustrato y lo transforman en producto.

Coenzima

Son un tipo de cofactor enzimático de naturaleza orgánica. Se unen de forma débil a la parte proteica (apoenzima) y no suelen ser específicos funcionando con diferentes apoenzimas. Su estructura no sufre transformación al final de la reacción (solo durante el desarrollo de la misma) y los más importantes son: ATP, NAD^+ , NADP^+ , FMN, FAD y coenzima A)

Holoenzima

Se trata de una enzima formada por una parte proteica o polipeptídica (llamada apoenzima) y otra parte no proteica (llamada cofactor). Dependiendo de su naturaleza química los cofactores pueden ser: inorgánicos (iones metálicos Fe^{2+} , Zn^{2+} etc.) u orgánicos (denominados coenzimas y los más importantes son: ATP, NAD^+ , NADP^+ , FMN, FAD y coenzima A)

Km o constante de Michaelis y Menten.

Se trata de un parámetro que ayuda a la caracterización de las enzimas. Se define como la concentración de sustrato necesaria para alcanzar la mitad de la velocidad máxima de la reacción catalizada por la enzima. Se utiliza como indicador de la afinidad de una enzima por un sustrato, cuanto menor sea la Km, mayor será la afinidad de la enzima por el sustrato.

Saturación enzimática.

Es el momento de la reacción enzimática en el que la velocidad de la reacción permanece constante por más sustrato que se añada al medio. Es debido a que todas las moléculas de

enzima disponibles se encuentran unidas a moléculas de sustrato formando el complejo enzima-sustrato.

Inhibición enzimática.

Acción de disminución o anulación de la actividad de una enzima por efecto de alguna sustancia denominada inhibidor enzimático.

Inhibidor enzimático.

Se trata de cualquier molécula que sea capaz de unirse a la enzima y provocar un descenso en el valor de la velocidad de la reacción catalizada por dicha enzima. Dependiendo del punto de unión y de sus capacidad para liberarse de la enzima hablamos de inhibidor irreversible o inhibidor reversible (dentro de este último puede ser competitivo, no competitivo o acompetitivo).

Inhibición competitiva.

Se trata de un tipo de inhibición enzimática reversible en la que el inhibidor compite con el sustrato por unirse a la enzima a nivel del centro activo, impidiendo la unión de dicho sustrato. La estructura del inhibidor es muy parecida a la del sustrato, por ello se forma el complejo E-I o bien el complejo E-S, pero no se puede formar el complejo E-S-I. Este tipo de inhibición puede revertirse aumentando la concentración de sustrato frente a la del inhibidor.

Inhibición no competitiva.

Se trata de un tipo de inhibición enzimática reversible en la que el inhibidor se une a la enzima en un lugar diferente del centro activo, llamado centro regulador. En este tipo de inhibición el complejo E-I y el complejo E-S-I son inactivos. Este tipo de inhibición la velocidad que alcanza la reacción en presencia del inhibidor es menor, debido a que parte del sustrato se encuentra no disponible al formar parte del complejo E-S-I.