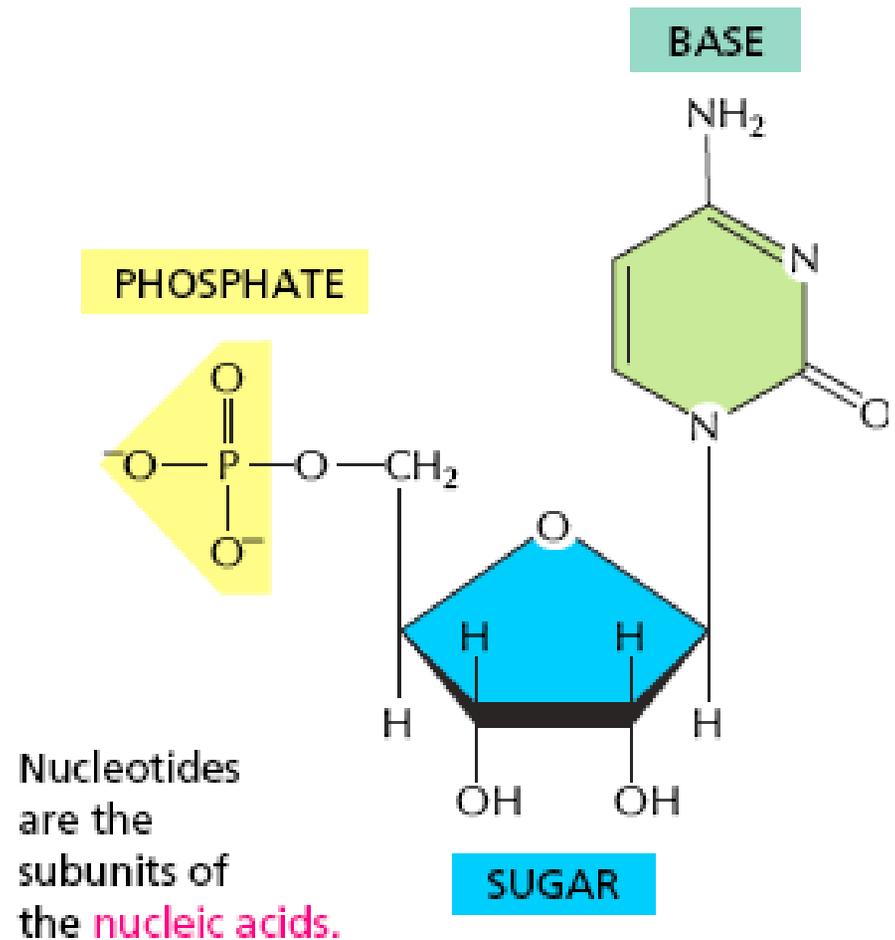


NUCLEOTIDOS

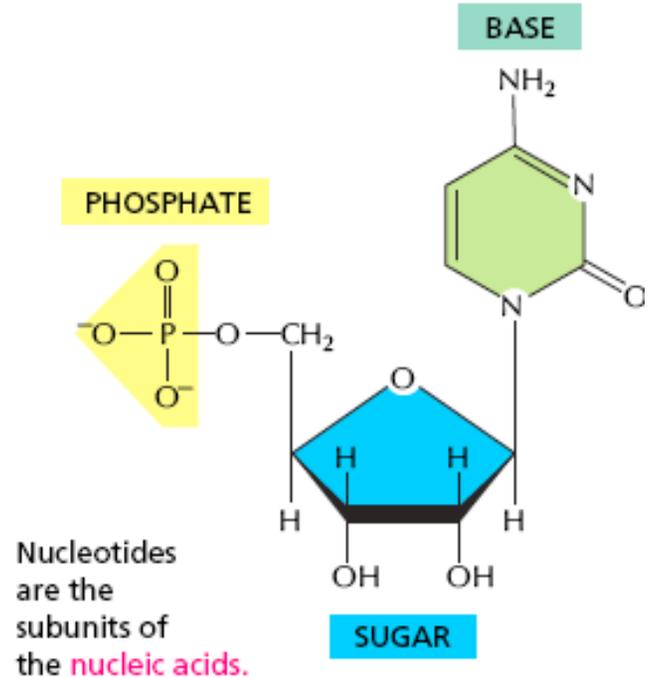
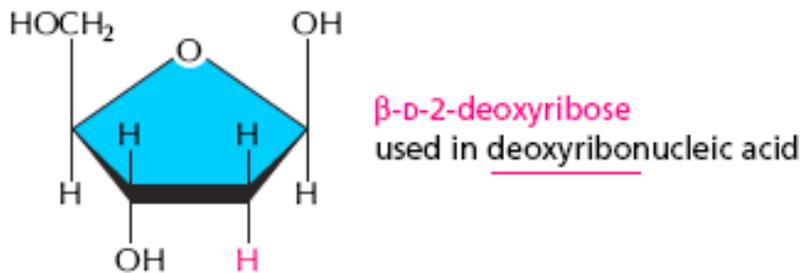
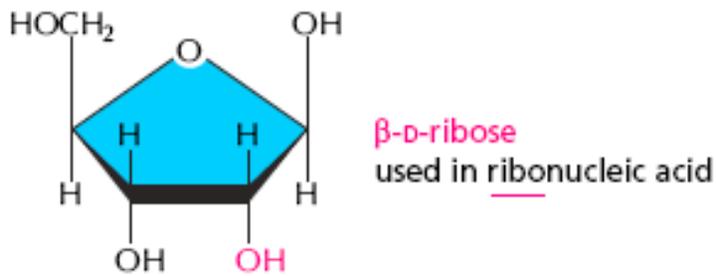
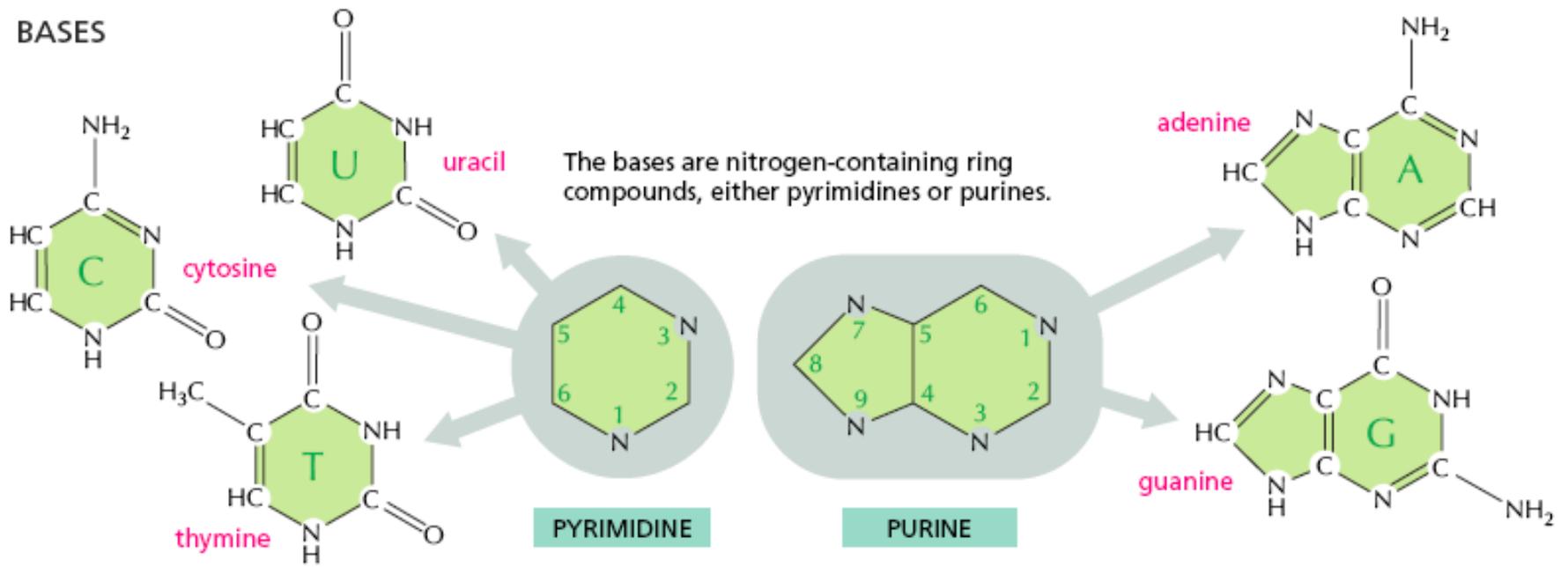
Los nucleótidos están formados por una base orgánica unida a una azúcar la que tiene 1 a 3 grupos fosfatos. Las bases pueden ser Púricas: adenina y guanina; Pirimídicas: citocina, uracilo y timina. El azúcar puede ser ribosa (RNA) o deoxiribosa (DNA)



Los nucleótidos tienen dos funciones principales: el almacenar energía y formar parte de los ácidos nucleicos.

Los ácidos nucleicos son polímeros de nucleótidos en donde se almacena la información genética.

BASES



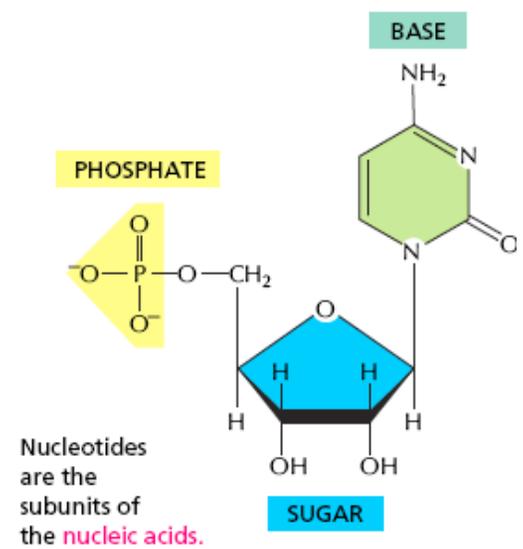
“NOMENCLATURA”

BASE + AZUCAR:

NUCLEOSIDO

BASE + AZUCAR + FOSFATO:

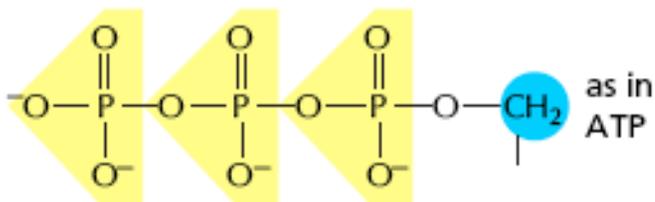
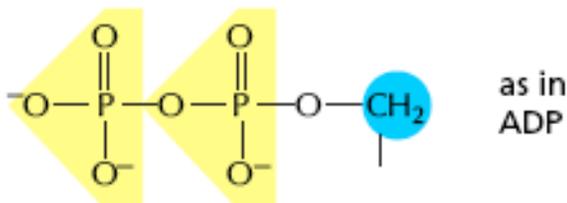
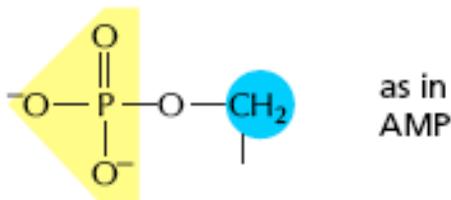
NUCLEOTIDO



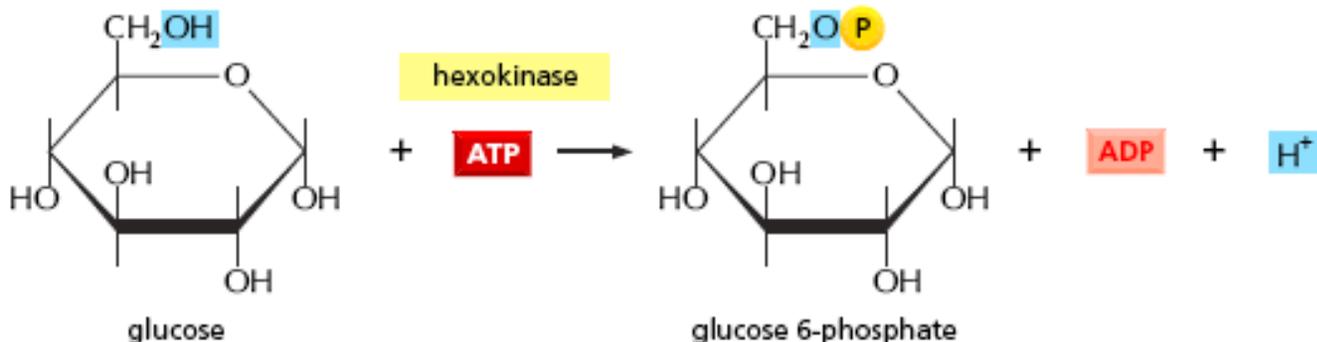
Base	Azúcar	Fosfatos	Nucleótido	Ac. nucleico
Adenina (A)	ribosa	1	AMP	RNA
Adenina	ribosa	2	ADP	RNA
Adenina	ribosa	3	ATP	RNA
Guanina (G)	ribosa	1	GMP	RNA
Citosina (C)	ribosa	1	CMP	RNA
Uracilo (U)	ribosa	1	UMP	RNA
Adenina	deoxiribosa	1	dAMP	DNA
Guanina	deoxiribosa	1	dGMP	DNA
Citocina	deoxiribosa	1	dCMP	DNA
Timina (T)	deoxiribosa	1	dTMP	DNA

PHOSPHATES

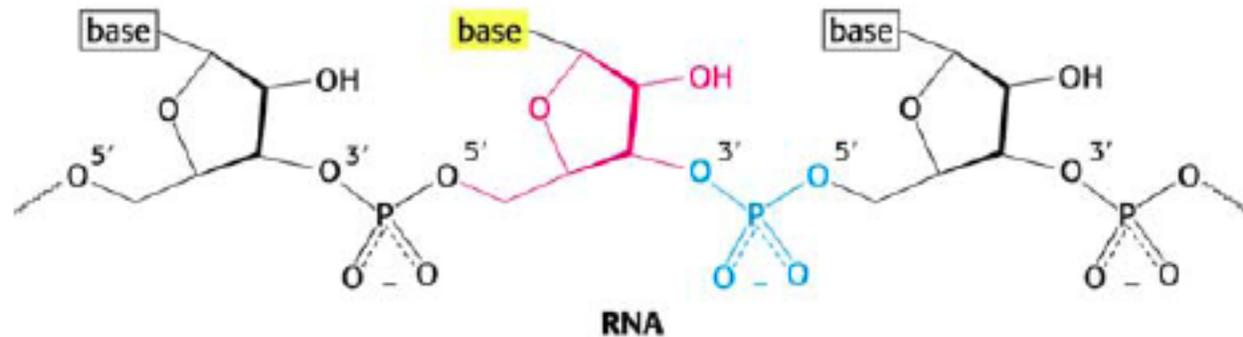
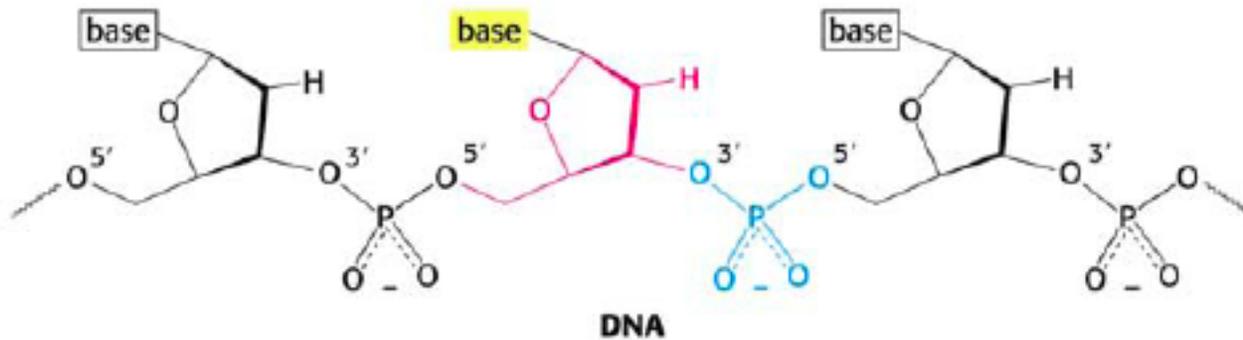
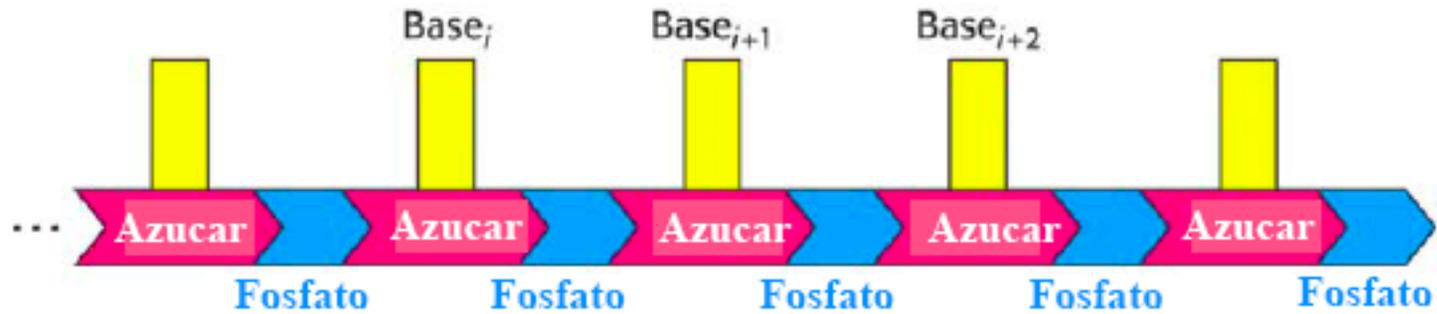
The phosphates are normally joined to the C5 hydroxyl of the ribose or deoxyribose sugar (designated 5'). Mono-, di-, and triphosphates are common.



The phosphate makes a nucleotide negatively charged.



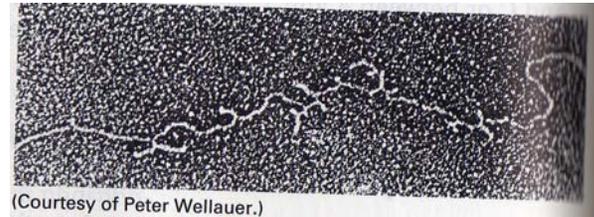
Polimerización de nucleótidos



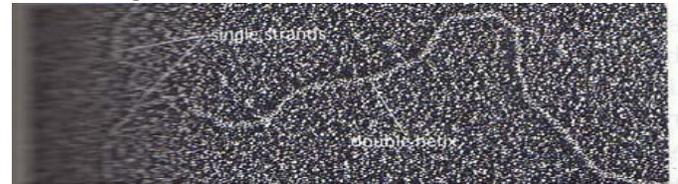
Comparación RNA y DNA

- RNA:
 - Azúcar es Ribosa
 - Contiene U en lugar de T
 - Se encuentra como hebra simple
- DNA:
 - Azúcar es Desoxirribosa
 - Contiene T
 - Se encuentra como doble hélice formada por dos hebras nucleotídicas complementarias antiparalelas.

Micrografía electrónica de RNA

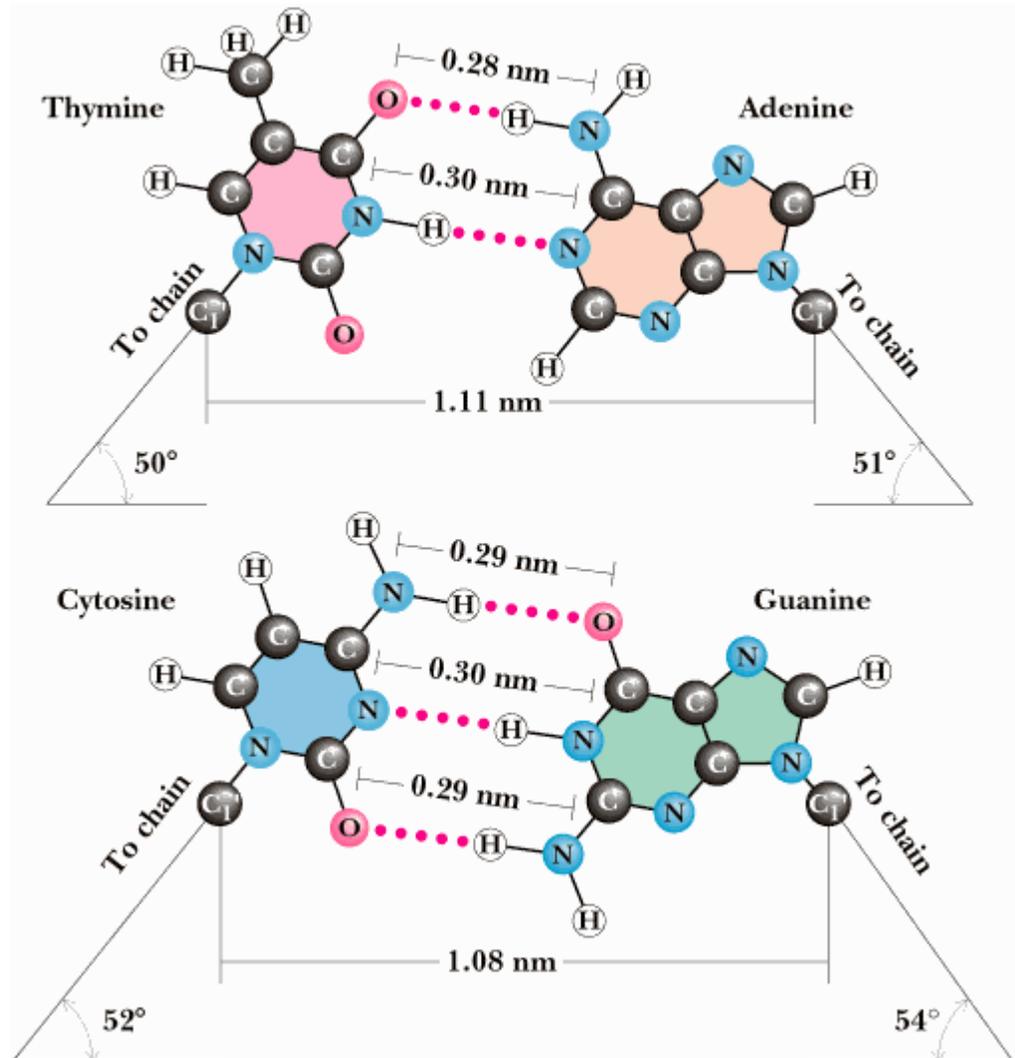


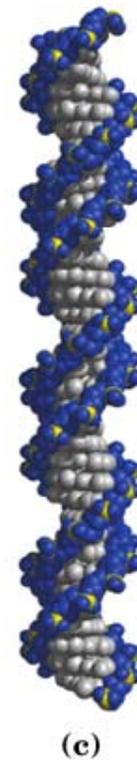
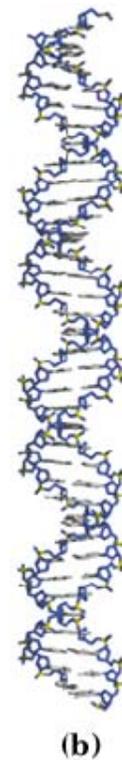
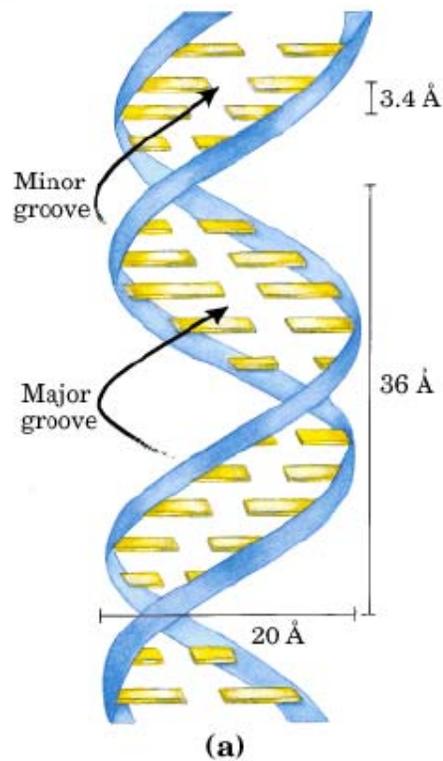
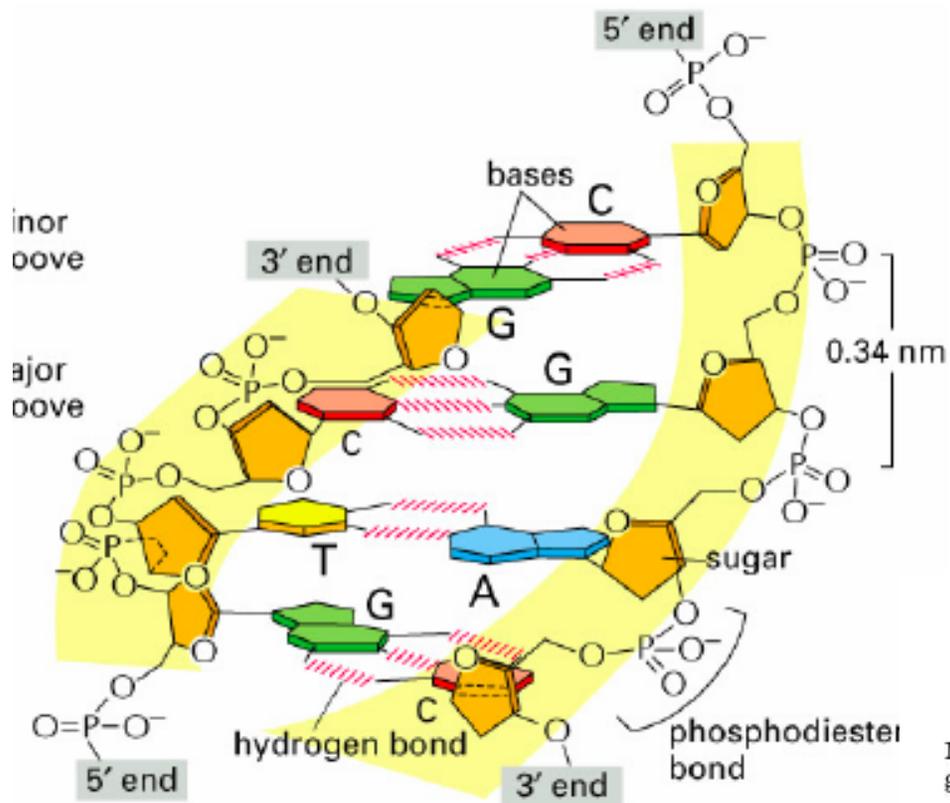
Micrografía electrónica de DNA



APAREAMIENTO DE BASES

Las bases se aparean por puentes de hidrógeno





GENOMA

- Qué es?
- Cómo está estructurado?
- Cuál es su función?

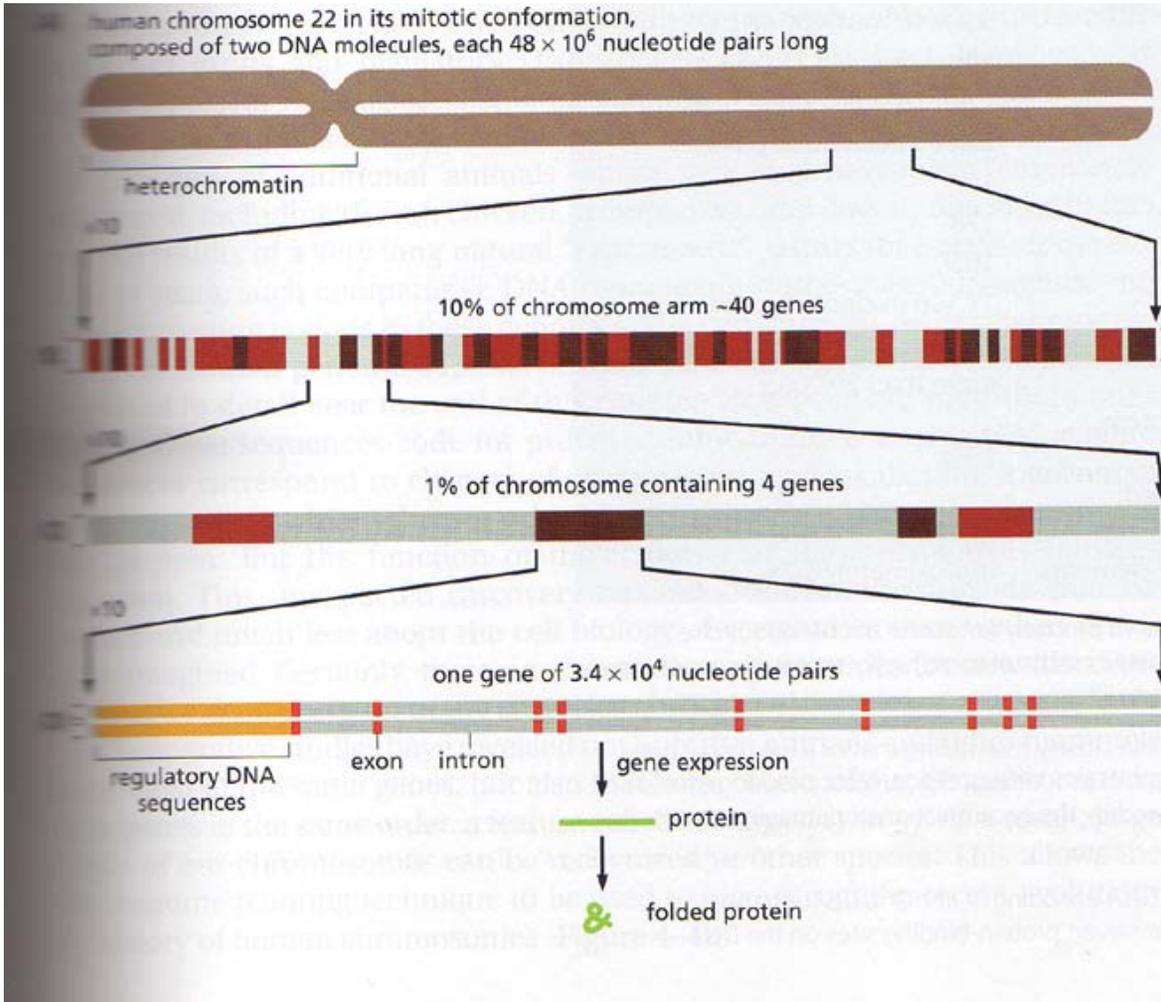
- Es el set de información de un organismo (DNA).
- Incluye toda la información para todas las proteínas y moléculas de RNA que el organismo siempre sintetizará.

```

CCCTGTGGAGCCACACCOCTAGGGTTGGCCA
ATCTACTCCCAGGAGCAGGGAGGCCAGGAG
CCAGGCTGGGCATAAAGTCAGGGCAGAG
CCATCTATTGCTTACATTTGCTTCTGACAC
AACTGTGTTCACTAGCAACTCAAACAGACA
CCATGTTGCACCTGACTCCTGAGGAGAAGT
CTGCCGTTACTGCCCTGTGGGGCAAGGTGA
ACCTGGATGAAGTTGGTGGTGAGGCCCTGG
GCAGGTTGGTATCAAGGTTACAAGCAGGTT
TTAAGGAGACCAATAGAACTGGGCATGTTG
GAGACAGAGAAGACTCTGGGTTCTGATA
GGCACTGACTCTCTCTGCTATTGGTCTAT
TTTCCACCOCTTAGGCTGGTGGTCTAC
CCTTGGACCCAGAGGTTCTTTGAGTCTTT
GGGGATCTGTCCACTCCTGATGCTGTTATG
GGCAACCCTAAGGTGAAGGCTCATGGCAAG
AAAGTCTCGGTGCTTTAGTGATGGCCTG
GCTCACTGGACAACCTCAAGGGCACCTTT
GCCACACTGAGTGAGCTGCACTGTGACAAAG
CTGCACGGTGAATCCCTGAGAACTTCAGGGTGT
AGTCTATGGGACCCCTGATGTTTTCTTCC
CCTCTTTTCTATGTTAAGTTTCATGTCAI
AGGAAGGGGAGAAGTAAACAGGGTACAGTTT
AGAAATGGAAACAGACGAATGATTGCATCA
GTGTGGAGTCTCAGGATCGTTTTAGTTTC
TTTTATTGCTGTTTACATAACAATTGTTTTT
TTTGTTTAATTTCTGCTTTCTTTTTTTTT
CTTCTCCGCAATTTTTACTATTATACTTAA
TGCTTTAACAATTGTTATACAAAAGGAA
TATCTCTGAGATACATTAAGTAACTTAA
AAAACTTTACACAGTCTGCTAGTACATT
ACTATTTGGAATATATGTGCTTATTTGC
ATATTCATAATCTCCCTACTTTATTTCTT
TTATTTTAAATGATACATAATCATTATAC
ATATTTATGGGTTAAAGGTAAATGTTTTAA
TATGTGTACACATATGACCAAAACAGGGT
AATTTGCATTTGTAAITTTAAAAAATGCT
TCTCTTTTAAATATACTTTTTTGTTTATC
TTATTTCTAAACTTTTCCCTAATCTCTTC
TTTCAGGGCAATAATGATACAATGTATCAT
GCCTTTTGCACCATTTCTAAAGAATAACAG
TGATAATTTCTGGTTAAGGCAATAGCAAT
ATTTCTGCATATAAATATTTCTGCATATAA
ATTGTAAGTATGTAAGAGGTTTCATATGG
CTAATAGCAGCTACAATCCAGCTACCATTC
TGCTTTATTTTATGGTTGGGATAAGGCTG
GATTATTTCTGAGTCCAAGCTAGGCCCTTT
GCTAATCATGTTTCACTCCTTATCTTCC
CCCACAGCTCCTGGGCAAGTCTGGTCTG
TGTGCTGGCCCATCACTTTGGCAAAAGAAAT
CACCCCACCAAGTGCAGGCTGCCTATCAGNA
AGTGGTGGCTGGTGGCTAATGCCCTGGC
CCACAAGTATCACTAAAGCTGGCTTCTTGC
TGTCCAATTTCTATTAAGGTTCCCTTTGTT
CCCTAAGTCCAATCTAATACTGGGGGATA
TTATGAAGGGCTTGAGCATCTGGATCTG
CCTAATAAAAACATTTATTTTCATTGCCA
TGATGATTTAAATATTTCTGAATATTT
ACTAAAAGGGAAATGTTGGGAGGTCAGTGCA
TTTAAAACATAAAGAAATGATGAGCTGTT
AAACCTTGGGAAATAACACTATATCTTAAA
CTCCATGAAGAAGGTGAGGCTGCAACCCAG
CTAATGCACATTTGCCAACAGCCCTGATGC
CTATGCCTTATTCATCCCTCAGAAAAGGAG
TCTTGTAGAGGCTTGATTTGCAGGTTAAAG
TTTTGCTATGCTGATTTTACATTACTTAT
TGTTTTAGCTGCTCATGAATGCTTTTTT

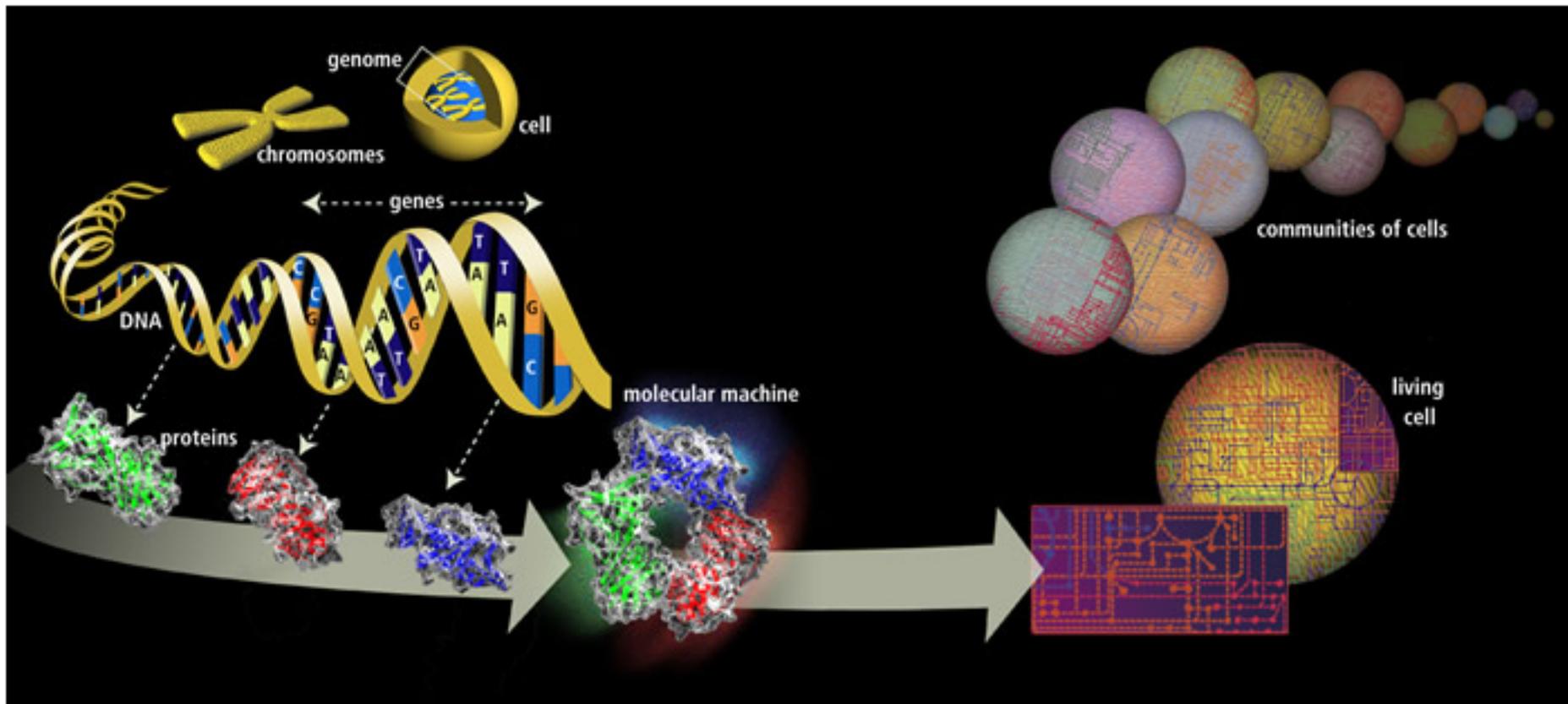
```

Secuencia de nucleótidos del gen de la b-globina humana. Las 3 regiones mostradas en amarillo, corresponden a las secuencias codificantes del gen (exones) para la secuencia aminoacídica de la proteína.



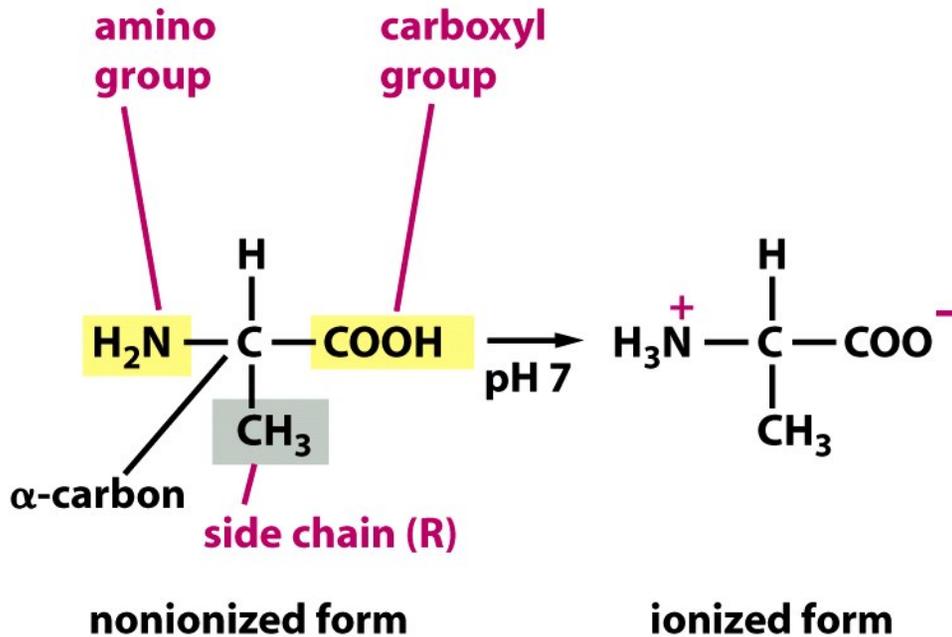
Organización de los genes en un cromosoma humano.

- Genoma Humano:
- 3.2×10^9 pares de nt
 - 25000 genes
 - 24 cromosomas

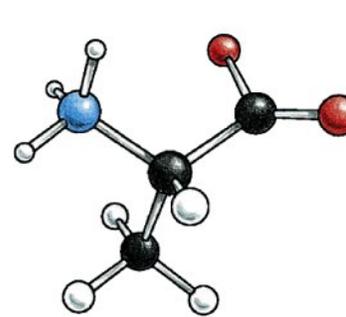


AMINOACIDOS

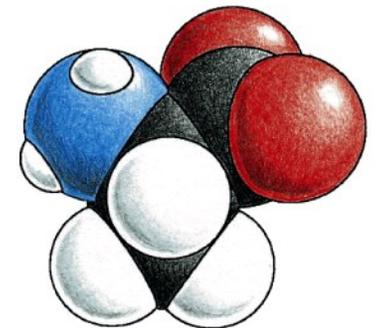
Formados por un carbono ($C\alpha$) al que se unen un grupo amino, un hidrógeno y un grupo sustituyente, el que le da sus características químicas



(A)

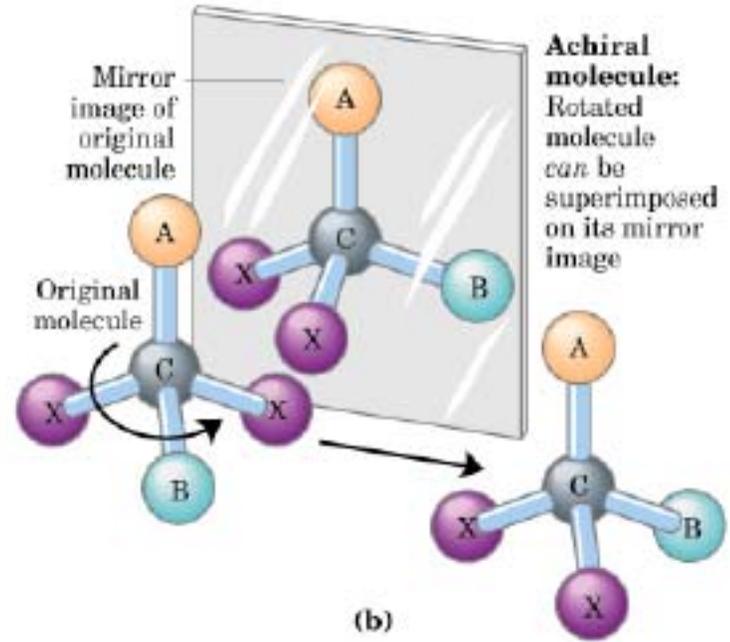
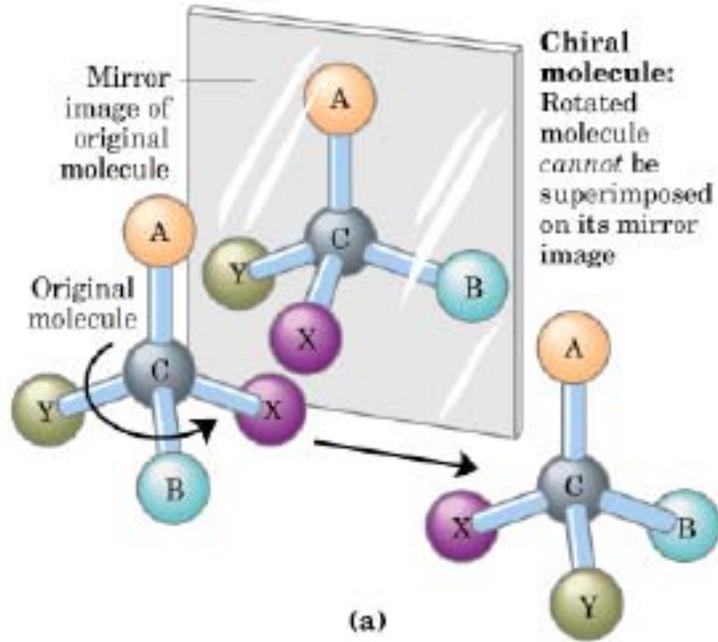


(B)



(C)

Quiralidad



Según la naturaleza de la cadena lateral, los aminoácidos se agrupan en ácidos, básicos, polares no cargados y no polares.

Nombre	Abreviación	Letra	Carga a pH 7
ACIDOS			
aspartico	Asp	D	-
glutamico	Glu	E	-
BASICOS			
lisina	Lys	K	+
histidina	His	H	+
arginina	Arg	R	+
POLARES NO CARGADOS			
serina	Ser	S	-
treonina	Thr	T	-0
asparagina	Asn	N	-
glutamina	Gln	Q	-
tirosina	Tyr	Y	-
NO POLARES			
glicina	Gly	G	-
alanina	Ala	A	-
valina	Val	V	-
leucina	Leu	L	-
isoleucina	Ile	I	-
prolina	Pro	P	-0
fenilalanina	Phe	F	-
metionina	Met	M	-
triptofano	Try	W	-
cisteina	Cys	C	-

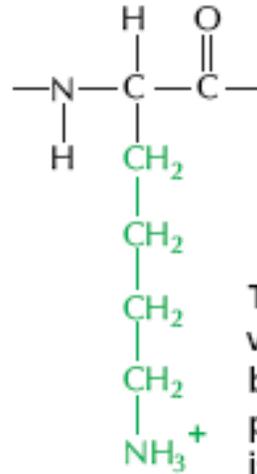
Aminoácidos Cargados.

- Su carga neta es diferente de cero.
- Son altamente polares.

BASIC SIDE CHAINS

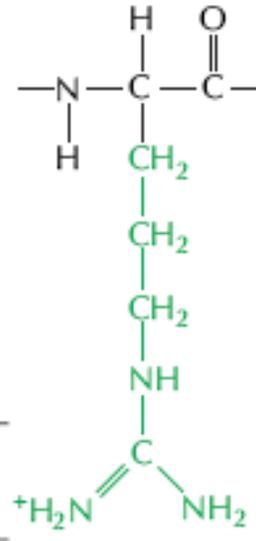
lysine

(Lys, or K)



arginine

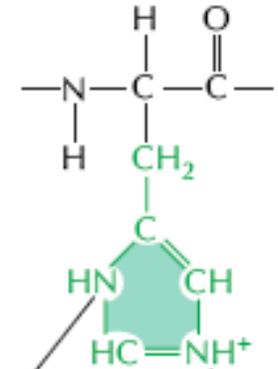
(Arg, or R)



This group is very basic because its positive charge is stabilized by resonance.

histidine

(His, or H)

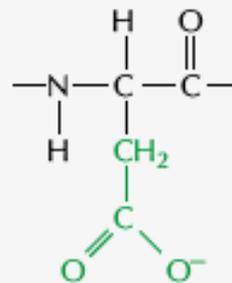


These nitrogens have a relatively weak affinity for an H⁺ and are only partly positive at neutral pH.

ACIDIC SIDE CHAINS

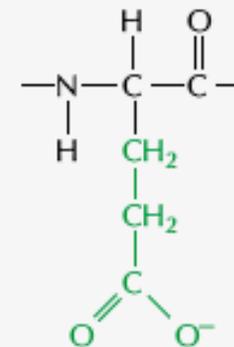
aspartic acid

(Asp, or D)



glutamic acid

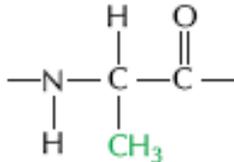
(Glu, or E)



NONPOLAR SIDE CHAINS

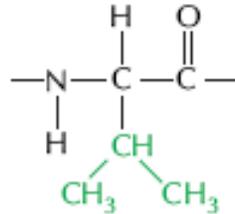
alanine

(Ala, or A)



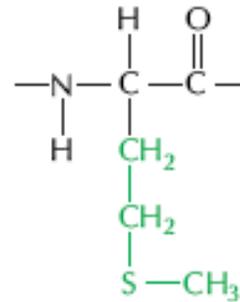
valine

(Val, or V)



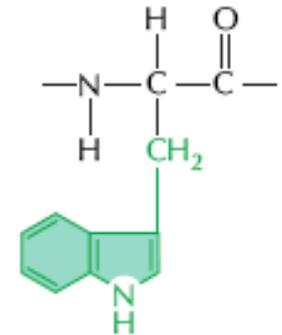
methionine

(Met, or M)



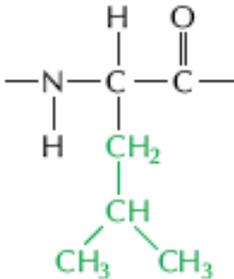
tryptophan

(Trp, or W)



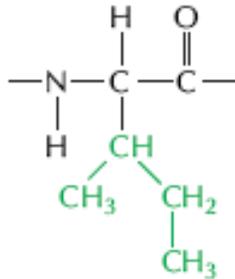
leucine

(Leu, or L)



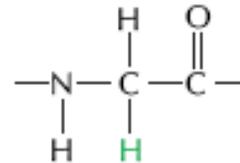
isoleucine

(Ile, or I)



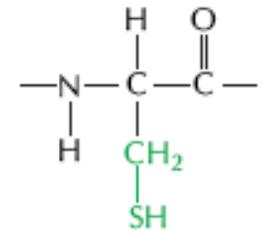
glycine

(Gly, or G)



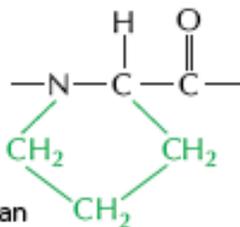
cysteine

(Cys, or C)



proline

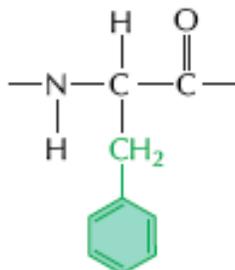
(Pro, or P)



(actually an imino acid)

phenylalanine

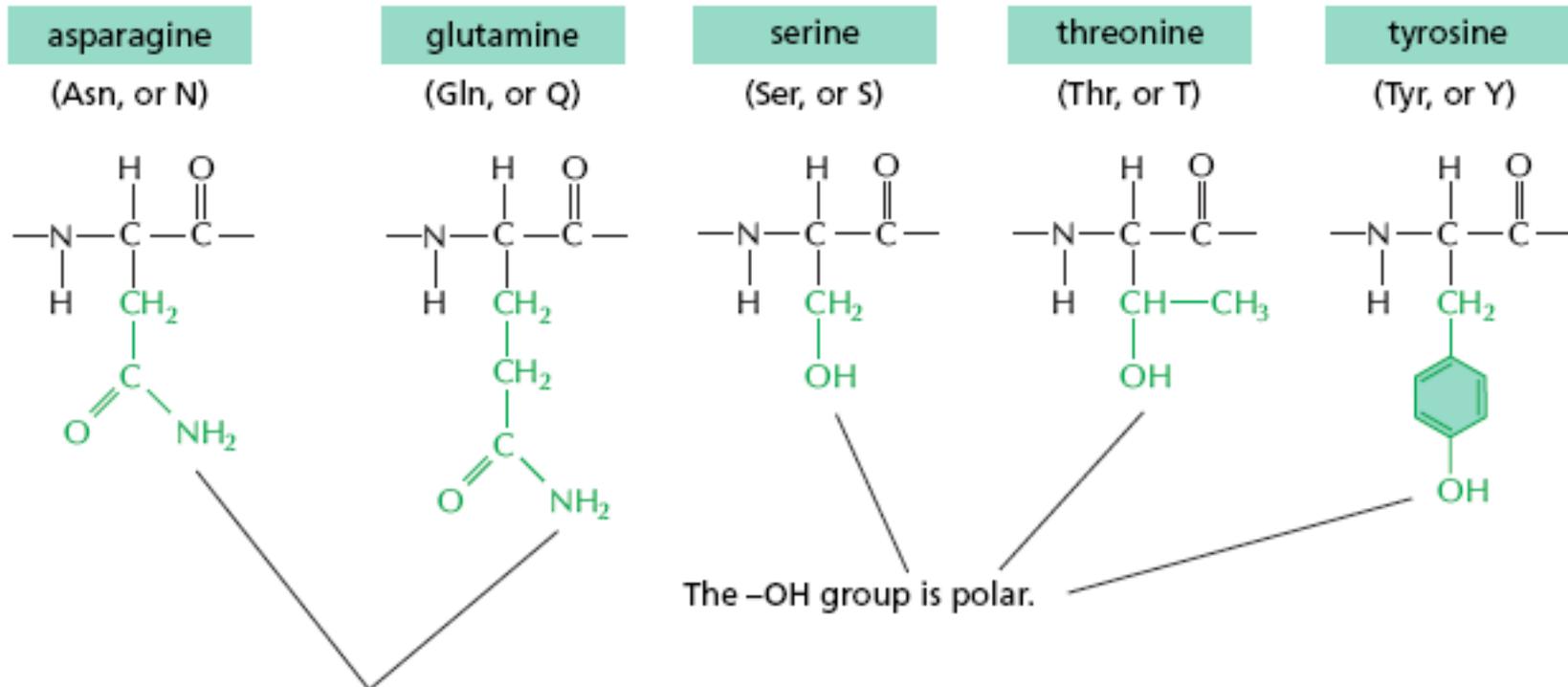
(Phe, or F)



Disulfide bonds can form between two cysteine side chains in proteins.



UNCHARGED POLAR SIDE CHAINS



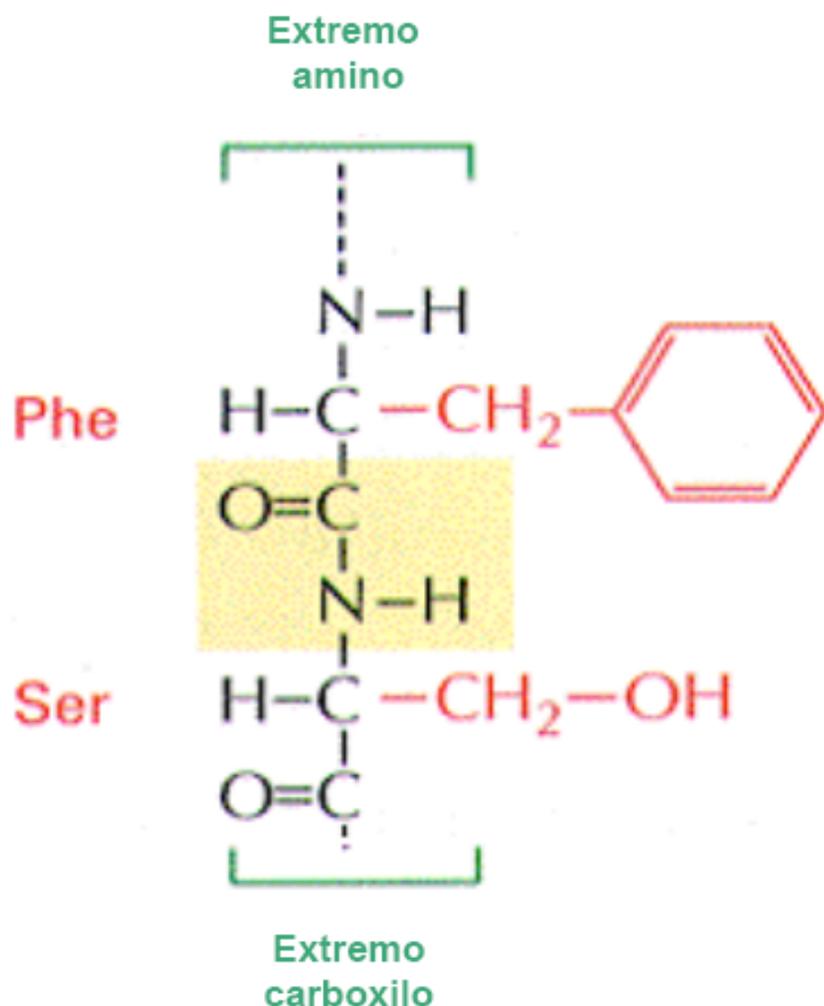
The -OH group is polar.

Although the amide N is not charged at neutral pH, it is polar.

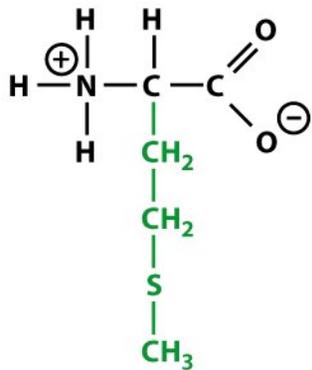
EL ENLACE PEPTÍDICO

Las proteínas son polímeros de aminoácidos unidos por un enlace peptídico.

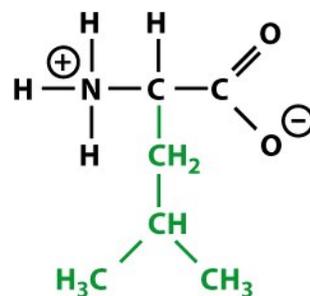
La estructura de los aminoácidos y el enlace peptídico definen un extremo amino-terminal y uno carboxilo terminal.



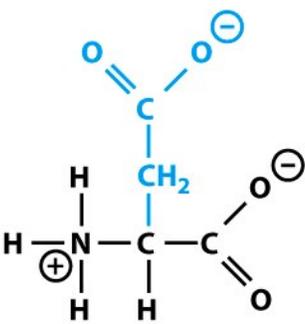
methionine (Met)



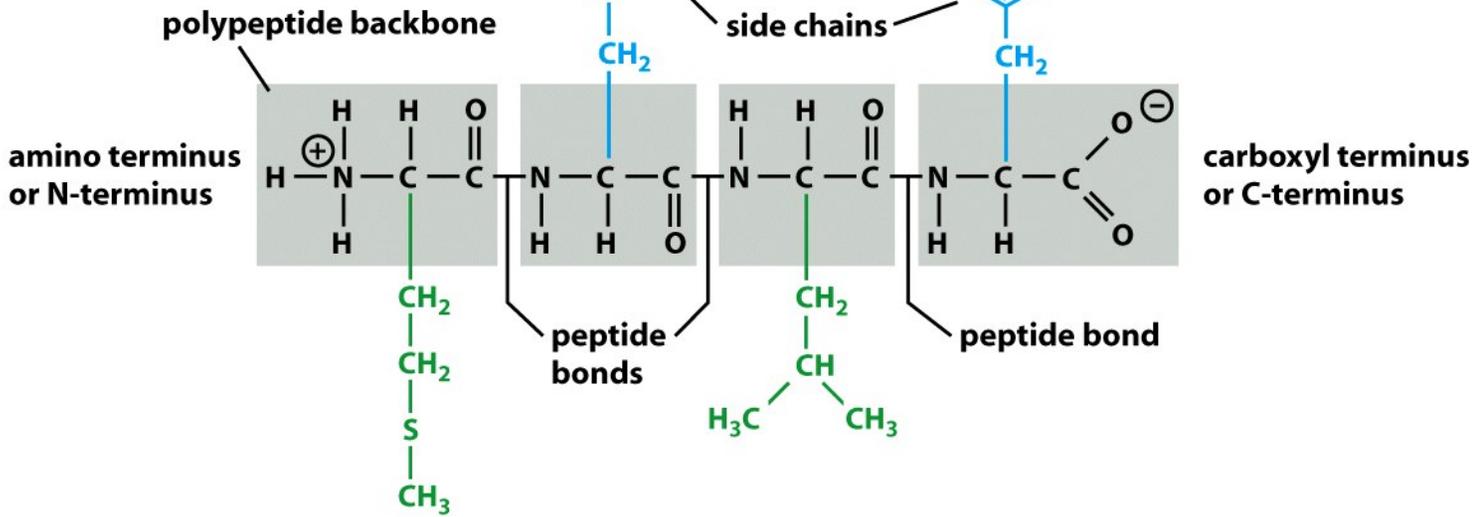
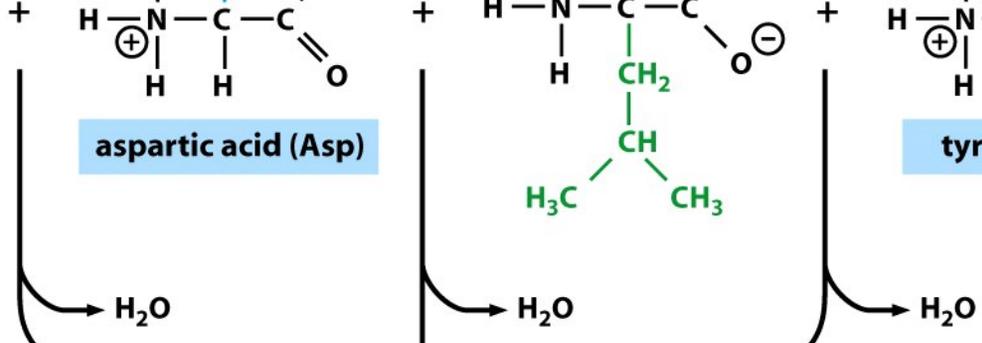
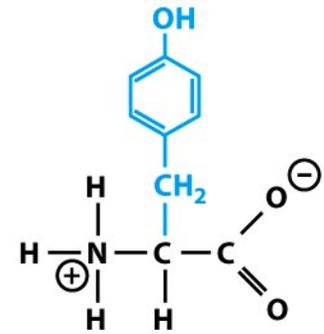
leucine (Leu)

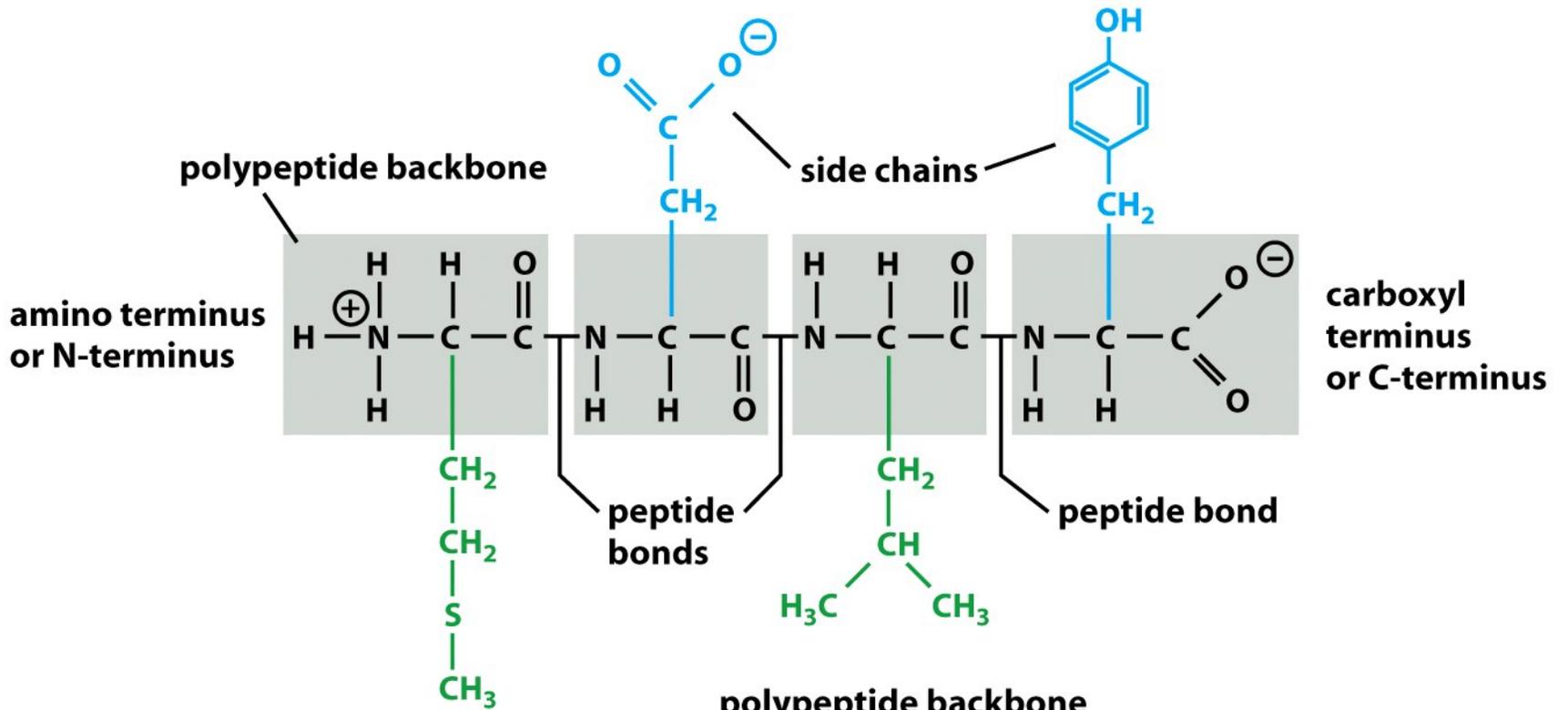


aspartic acid (Asp)

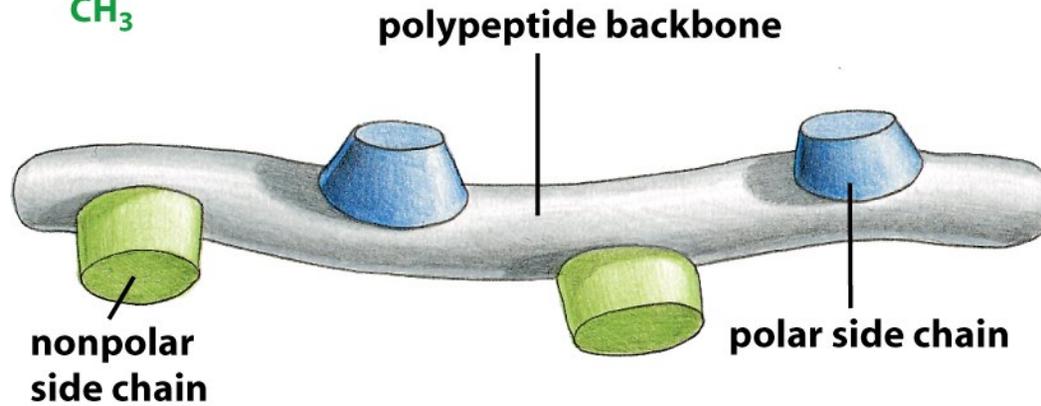


tyrosine (Tyr)





SCHEMATIC

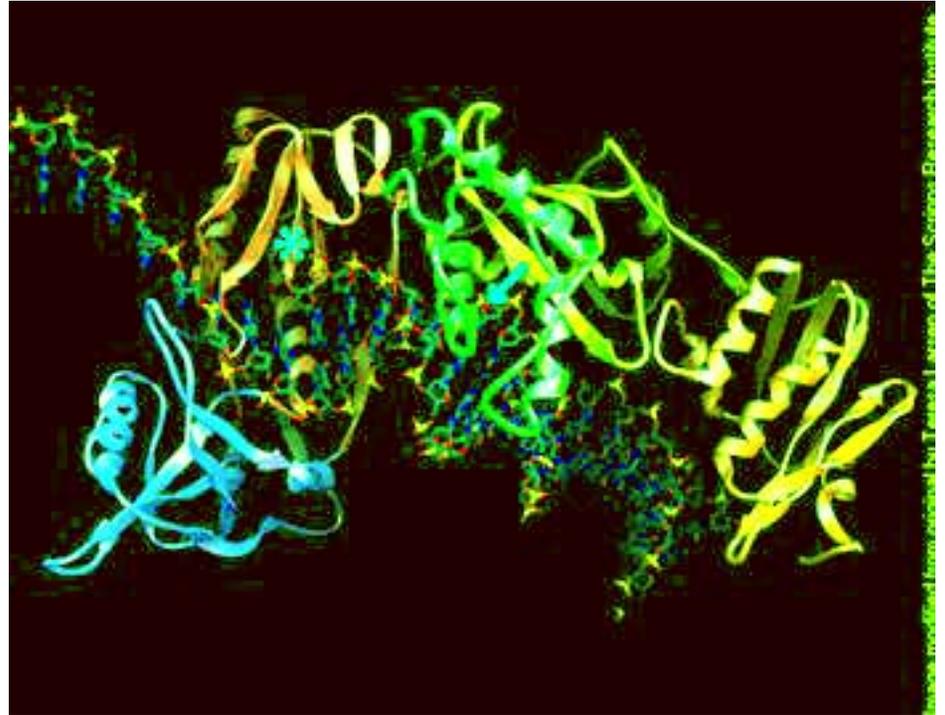


SEQUENCE



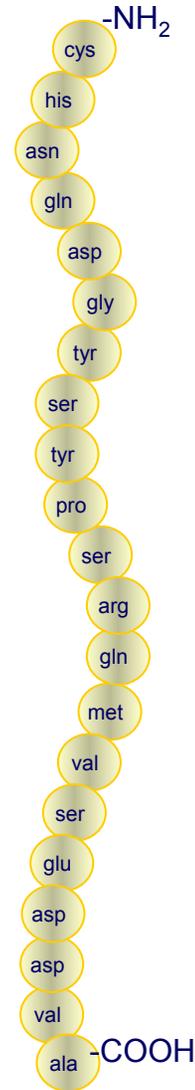
ESTRUCTURA DE LAS PROTEINAS

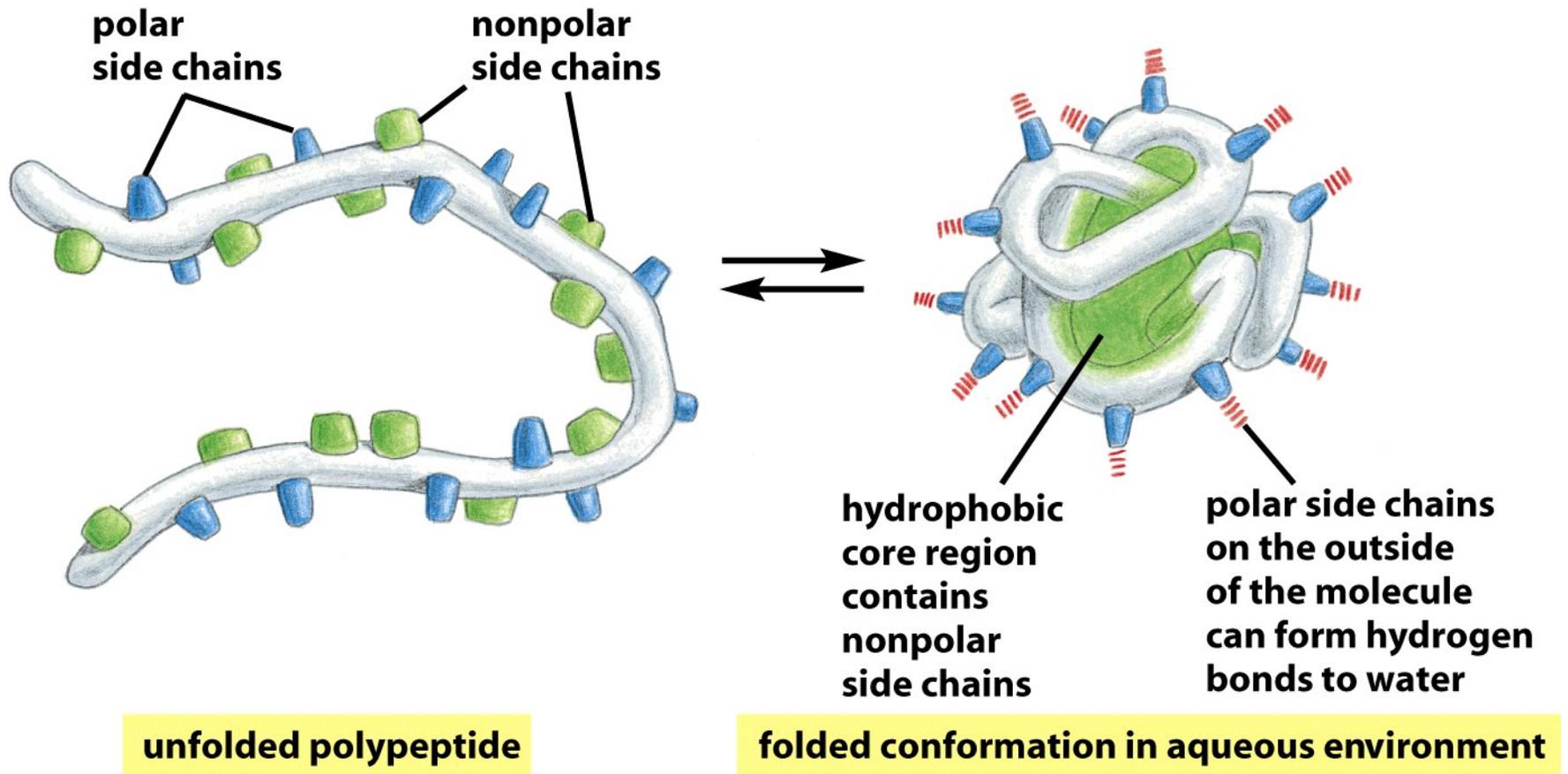
- ❖ Estructura primaria
- ❖ Estructura secundaria
- ❖ Estructura terciaria
- ❖ Estructura cuaternaria



Las proteínas son moléculas extraordinariamente versátiles involucradas en el reconocimiento molecular, la catálisis y la estructura celular

LA ESTRUCTURA
PRIMARIA
de una proteína es
aquella determinada
por la secuencia de
sus residuos
aminoacídicos



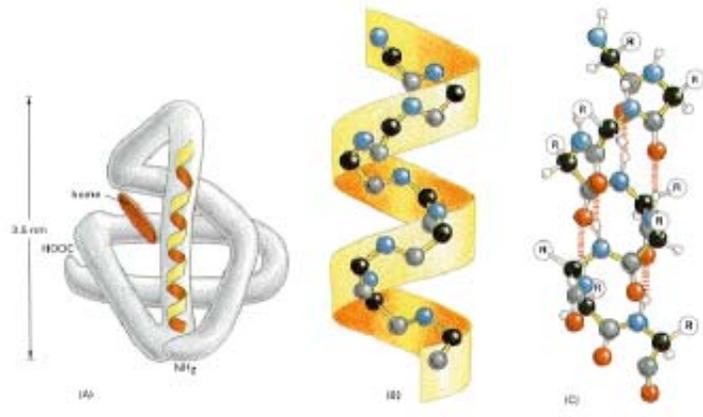


La **ESTRUCTURA SECUNDARIA** se refiere a ordenamientos espaciales regulares, a lo largo de un eje, encontrados en forma recurrente en las cadenas polipeptídicas. Dos ordenamientos comunes son la α -hélice y el plegamiento β o sábana β . Ambas estructuras se estabilizan por puentes de hidrógeno entre el carboxilo el amino primario de residuos intercalados.

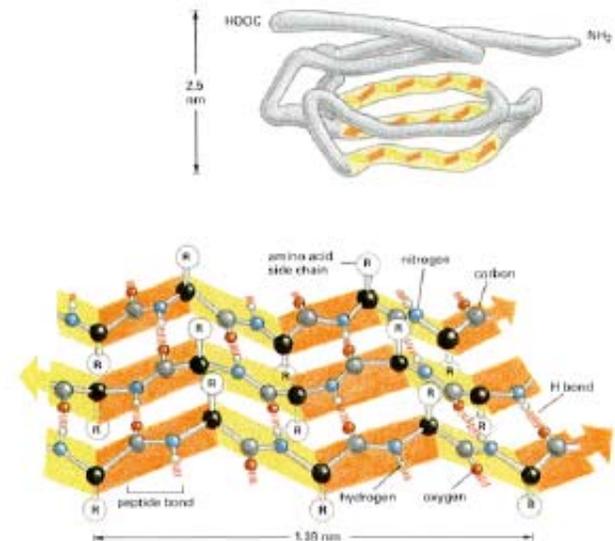
α hélice:

3,7 residuos por giro

5,6 Å por giro



Sábana β



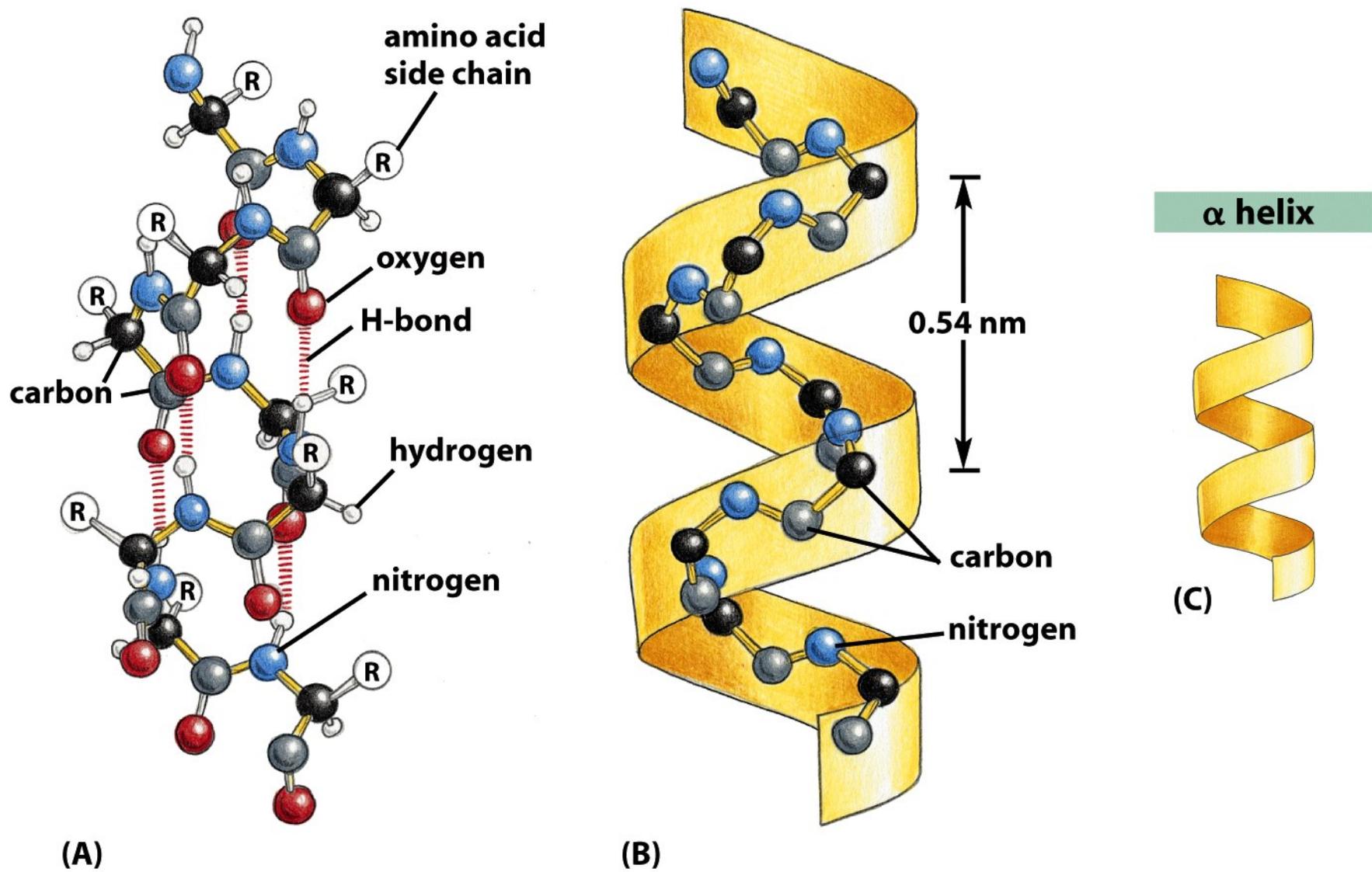


Figure 3-7a,b,c Molecular Biology of the Cell (© Garland Science 2008)

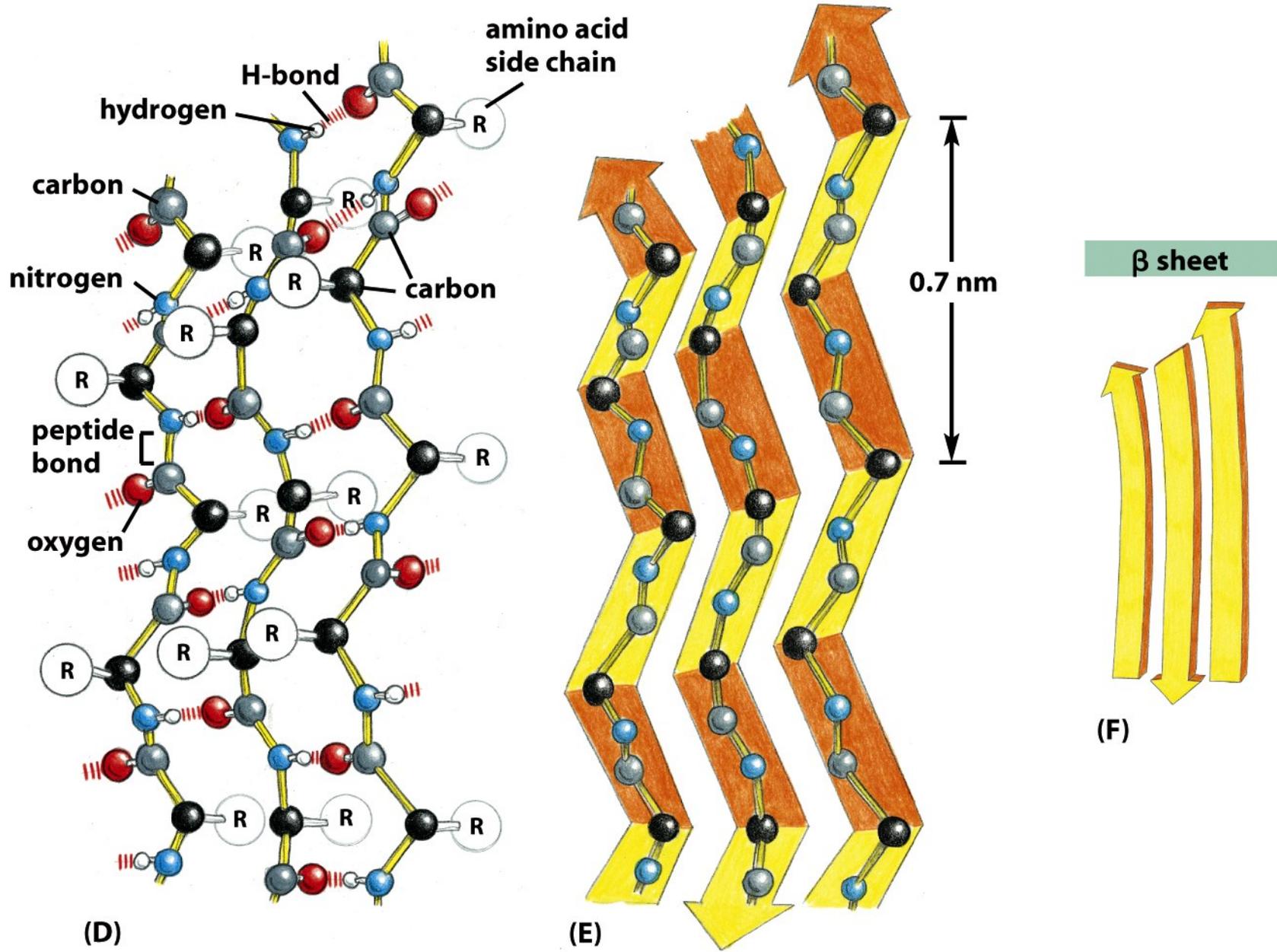
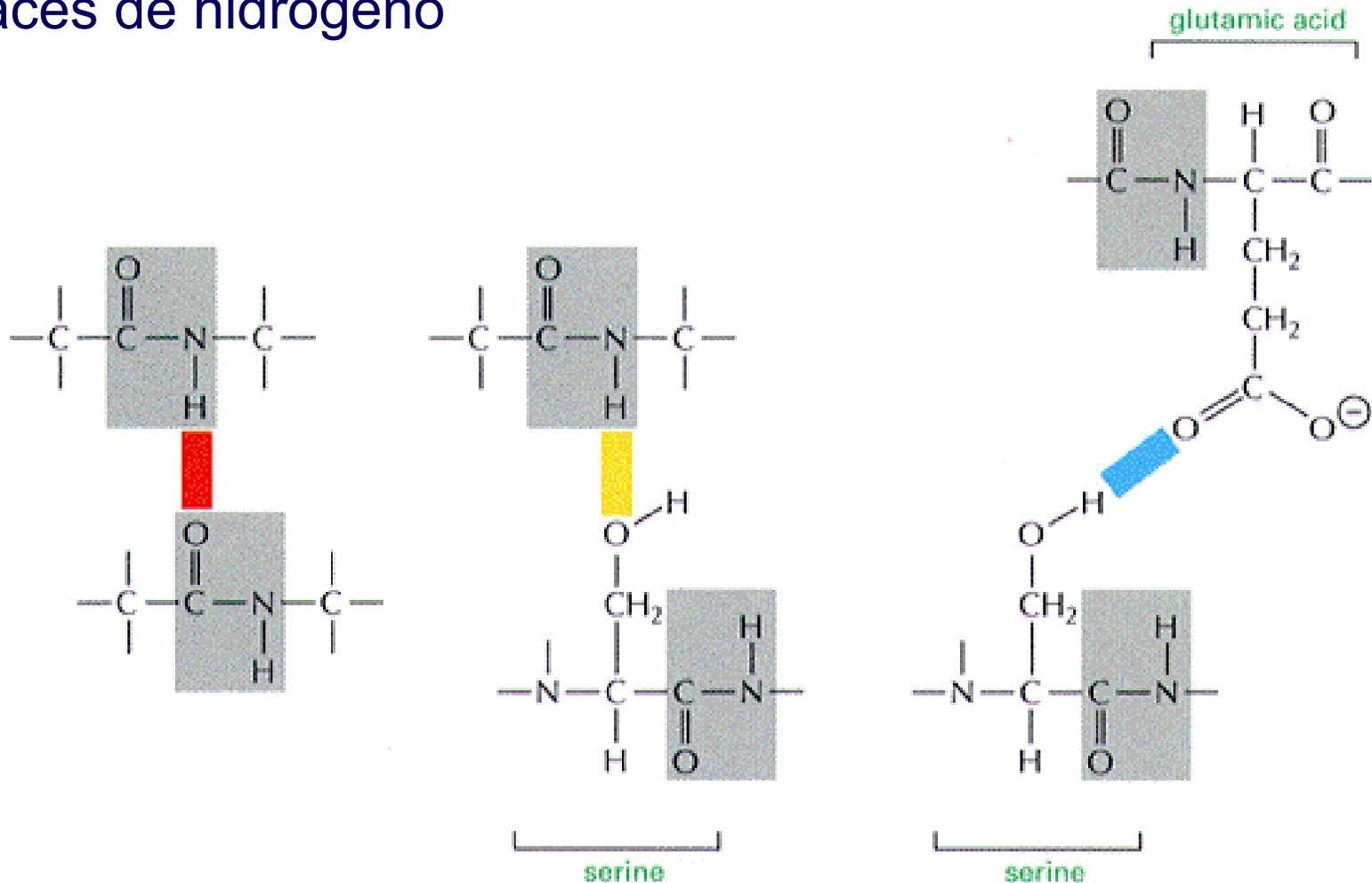


Figure 3-7d,e,f Molecular Biology of the Cell (© Garland Science 2008)

La estructura secundaria de las proteínas es estabilizada por enlaces de hidrógeno

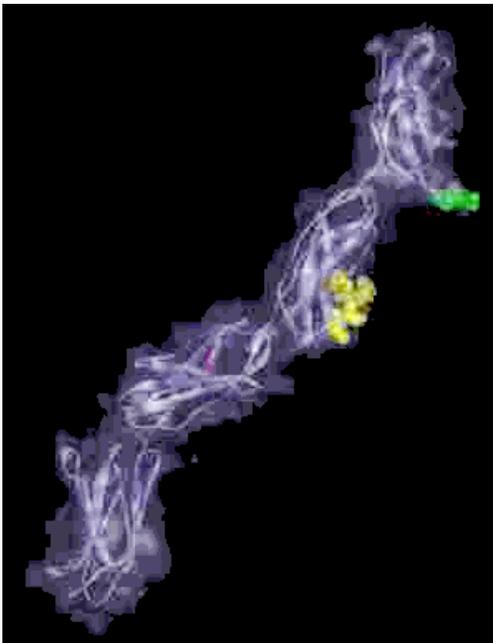


hydrogen bond between atoms of two peptide bonds

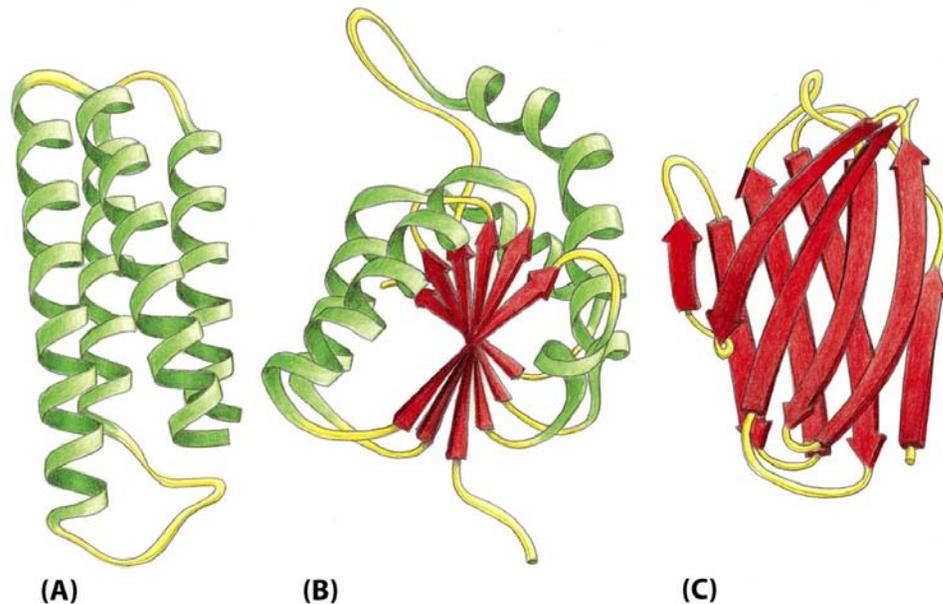
hydrogen bond between atoms of a peptide bond and an amino acid side chain

hydrogen bond between two amino acid side chains

La estructura terciaria se refiere al ordenamiento espacial de α -hélices y sábanas β que forman dominios en la cadena polipeptídica. Los dominios límites dan lugar a la estructura globular (albúmina) y la estructura fibrilar (fibroina en seda, queratina, fibrinógeno etc). Un dominio tiene entre 40 y 350 aminoácidos. Una proteína puede tener 1 o más dominios.

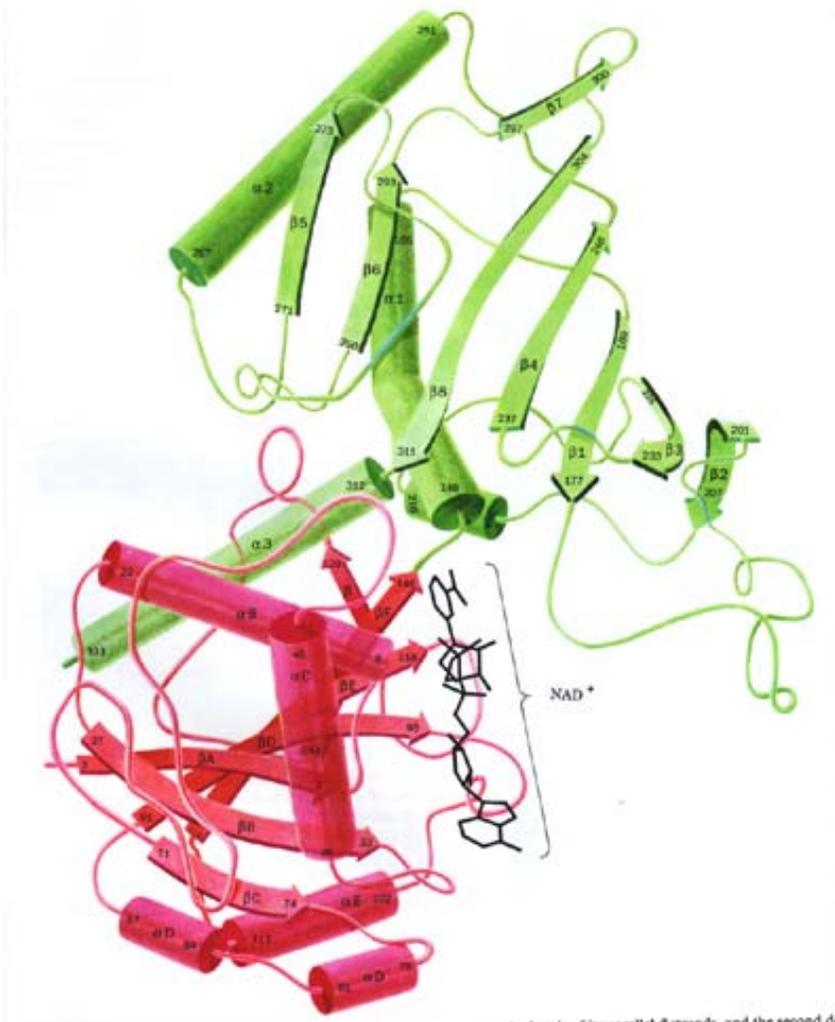


Fibrinogeno



DOMINIOS DE LAS PROTEÍNAS

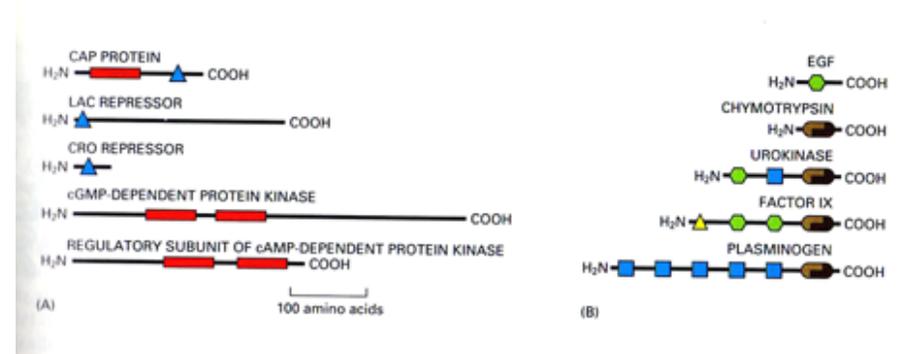
1. Las largas cadenas polipeptídicas se pliegan formando dominios.
2. Cada dominio funciona como una unidad independiente, por lo que posee características de una pequeña proteína globular con funciones específicas.
3. En general están formados por la combinación de 2 o más estructuras secundarias (α -hélice, sábana β) llamados motivos.
4. La unión entre las estructuras generan loops, que a menudo forman sitios de unión a otras moléculas.



Subunidad de la enzima gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa de una bacteria.

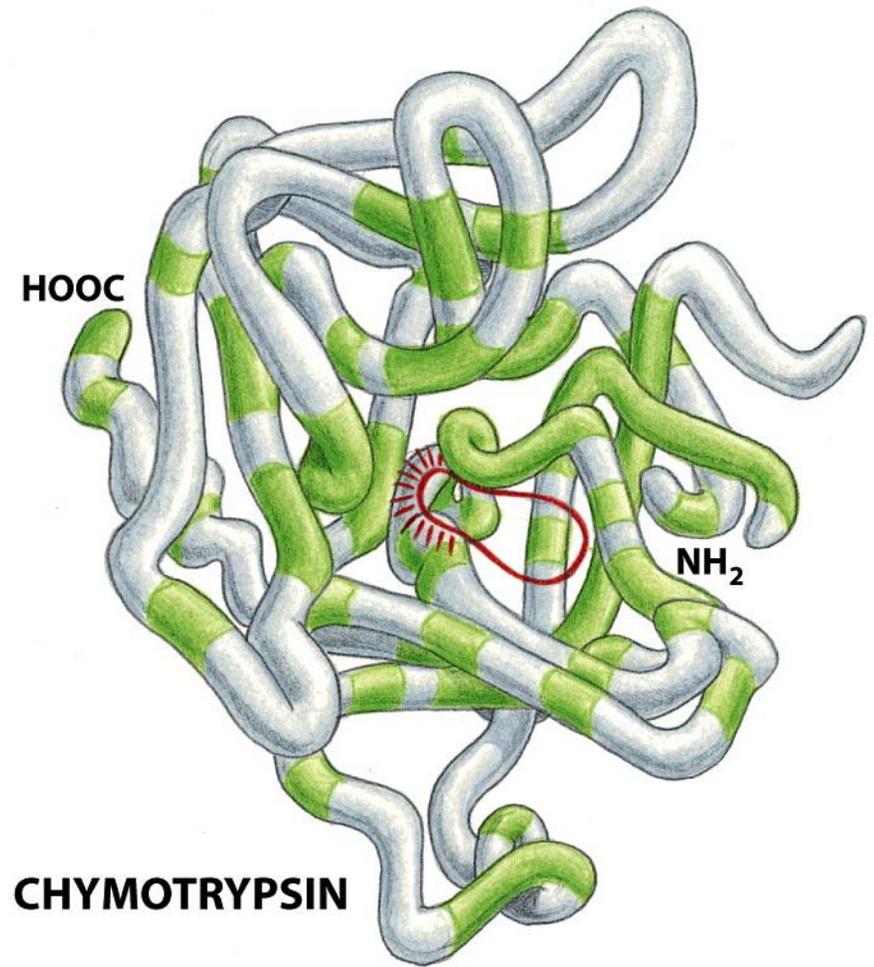
Los dos dominios son mostrados en colores distintos.

- Algunos dominios son de tipo conservados en distintas proteínas (con secuencias aminoácidicas similares) y funciones similares.
- Dominios transmembrana: Se encuentran en algunas proteínas (de transmembrana) que forman parte de la bicapa lipídica. Son de tipo hidrofóbicos y permiten el anclaje de la proteína a la mb. (dominio hidrofílico de la proteína queda expuesto).

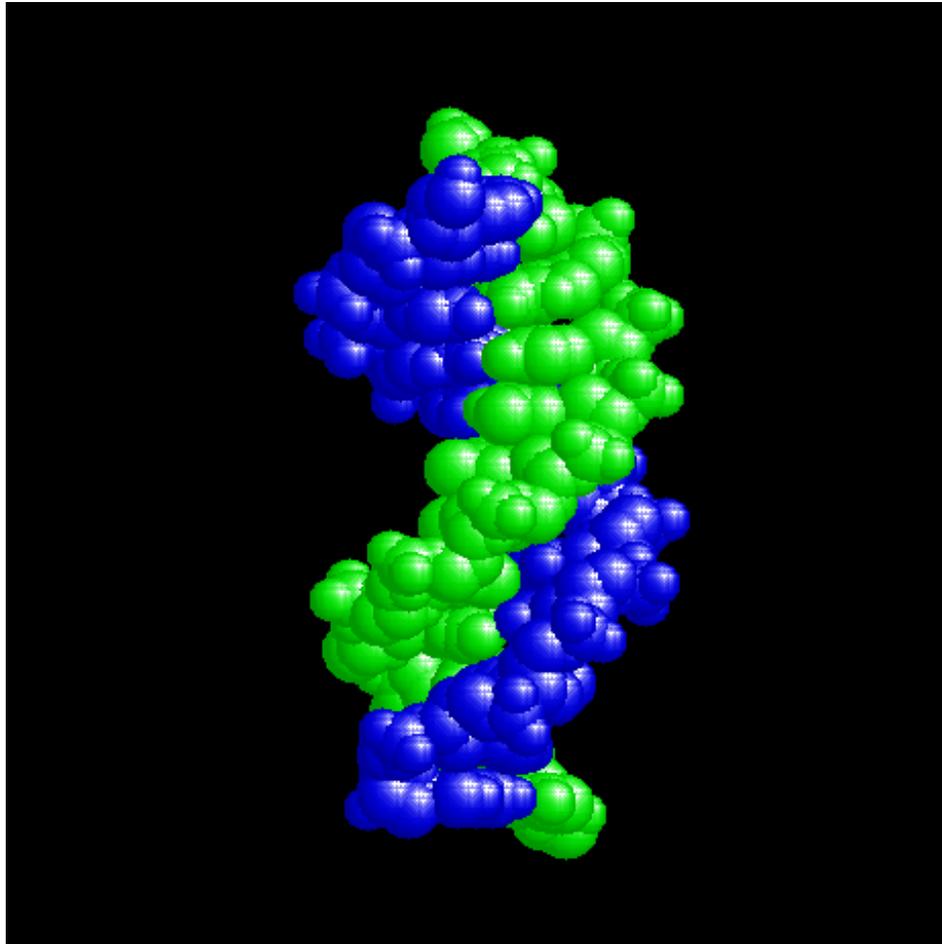


Estructura terciaria:

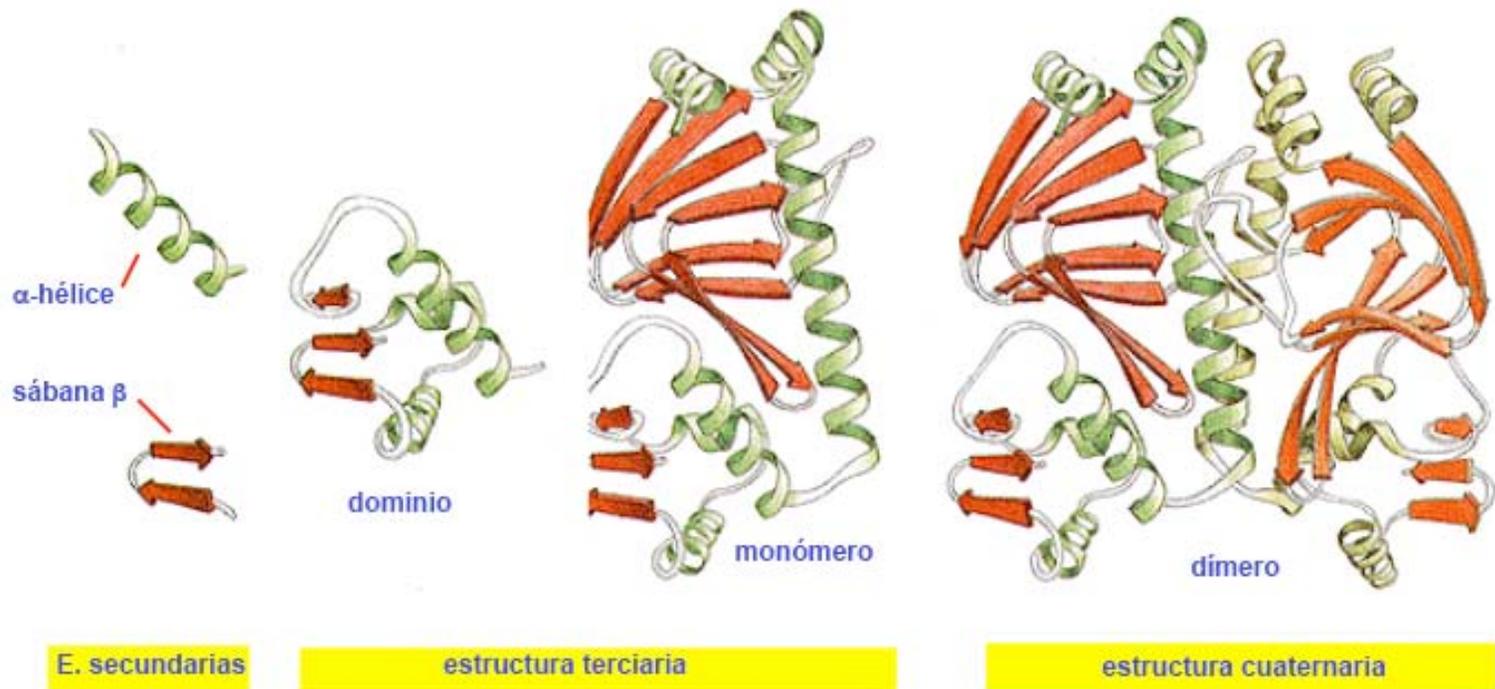
Generalmente, la parte interna de la proteína contendrá los centros más hidrófobos, y la parte externa, más compleja e irregular, contendrá aquellos residuos aminoacídicos más polares



La estructura cuaternaria se refiere a la interacción de dos o más cadenas polipeptídicas formando oligómeros: homo o hétero dímeros, trímeros, etc. Muchas enzimas son oligómeros.



**Anhidrasa:
héterodímero**



La estructura secundaria y terciaria de una proteína esta determinada por su estructura primaria: como resultado de las interacciones entre los aminoácidos, la cadena polipetídica se doblará en la estructura más estable posible.

Resumen

Los organismos vivos están hechos de un restringido número de moléculas basadas en el carbono. Estas son los azúcares, lípidos, aminoácidos y nucleótidos. Los azúcares son las fuentes más importantes de energía. Su oxidación completa a CO_2 y H_2O genera aproximadamente 39 moléculas de ATP. Los lípidos también son una excelente fuente de energía y, además, por su capacidad anfipática, forman la bicapa lipídica, la base estructural de las membranas celulares. Los aminoácidos constituyen las proteínas, moléculas extraordinariamente versátiles involucradas en la estructura y la catálisis celular. Los nucleótidos tienen un papel fundamental en el almacenamiento y la transferencia de energía. Componen, además, las moléculas de información genética, RNA y DNA.