



Segundo Semestre

Bioquímica de la Nutrición

Unidad 3

Macronutrientes II

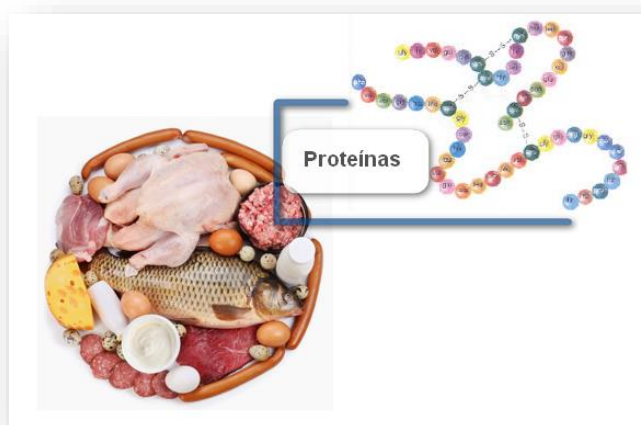
Programa desarrollado



División de Ciencias de la Salud, Biológicas y Ambientales



Macronutrientes II



Proteínas



Índice

Presentación	4
Competencia específica	5
Logros	5
3.1 Proteínas	6
3.1.1 Estructura y función	6
Aminoácidos.....	6
Péptidos	10
Proteínas.....	12
Niveles estructurales de las proteínas	15
Enzimas	19
3.1.2 Absorción, digestión, transporte y almacenamiento de proteínas	21
3.1.3 Proteólisis, nitrógeno y ciclo de la urea	22
3.1.4 Síntesis de proteínas	25
Estructura y función de los ácidos nucleicos	25
3.1.5 Importancia de las proteínas en la dieta	38
Cierre de la unidad	41
Para saber más	42
Actividades	43
Fuentes de consulta	44



Presentación

Te damos la bienvenida a la unidad 3, ya hemos revisado dos de los macronutrientes que nos proporcionan energía y cumplen diversas funciones importantes en el organismo: carbohidratos y lípidos. Ahora revisemos las proteínas ¿Cuáles son? ¿Para qué sirven? ¿Cuál es su importancia? ¿En qué procesos biológicos intervienen y de qué manera?

Las proteínas tienen diversas funciones esenciales en todos los aparatos y sistemas del organismo, son los cimientos que conforman a tales sistemas. Cada proteína está constituida de unidades monómeras que al unirse constituyen cada una de estas moléculas, estas unidades son los aminoácidos, que al organizarse alcanzan diversos niveles estructurales y que por su estructura y función se ubican en distintas partes del organismo. Forman parte de los macronutrientes y cumplen un rol dentro de los mismos.

Comienza a revisar esta unidad, verás que es muy interesante ligar estos macronutrientes con casos prácticos y ejemplos comunes. Cada elemento de las proteínas son fundamentales para la vida, te darás cuenta que están contenidas en alimentos que consumimos todos los días

Espero que disfrutes y asimiles el contenido de esta unidad.

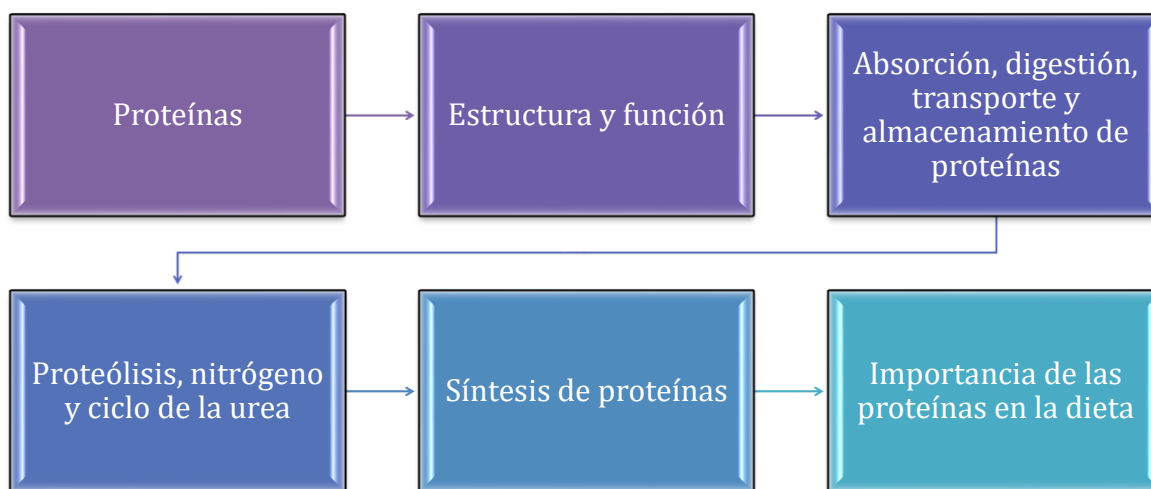


Figura 1. Estructura unidad 1



Competencia específica

Reconoce la importancia de las proteínas, por medio de la estructura y función, para comprender la relación con el metabolismo y la dieta.

Logros

Identifica la importancia de las proteínas en la dieta y en diversos procesos fundamentales para los seres vivos.

Reconoce la estructura y función de los aminoácidos, proteínas y enzimas.

Identifica las principales rutas metabólicas en las que participan las proteínas.



3.1 Proteínas

Las proteínas, al igual que los carbohidratos y los ácidos grasos son constituyentes esenciales para la vida y forman parte de todos los organismos vivos. Tienen diversas funciones, entre ellas procesos de reparación, de transporte (vitaminas, minerales, oxígeno y combustibles), de defensa, de reserva, de regulación metabólica, de catálisis y construcción de estructuras celulares tan complejas como el músculo esquelético, huesos, cabello, uñas, piel y tejidos, forman parte del código genético que determina las características hereditarias y de la hemoglobina que transporta el oxígeno en la sangre, lo que implica que en la mayoría de las tareas que realiza la célula participan las proteínas.

Aunque existen más de 300 aminoácidos, todas las proteínas son sintetizadas por únicamente por 20 aminoácidos, algunos de ellos son codificados por el ADN, formando secuencias lineales (polímeros) de aminoácidos unidos mediante enlaces peptídicos, para luego adoptar estructuras tridimensionales muy complejas en su función.

3.1.1 Estructura y función

Aminoácidos

Vamos a comenzar con una revisión de las estructuras básicas que conforman a las proteínas, es decir, las estructuras y propiedades químicas de los **aminoácidos**.

Los aminoácidos son compuestos orgánicos constituidos por un grupo amino ($-NH_2$), un grupo carboxilo ($-COOH$), un átomo de hidrógeno ($-H$) y una cadena lateral específica para cada aminoácido denominada ($-R$), que confiere a cada aminoácido propiedades únicas.

Los aminoácidos poseen propiedades ácidas y básicas, ya que el grupo carboxilo es un ácido débil ($-COO^-$), mientras que el grupo amino es una base débil ($-NH_3^+$). A esta propiedad se le define con el término **anfótero**, es decir, cada aminoácido puede comportarse como un ácido o como una base.

La fórmula general de un aminoácido es el siguiente:

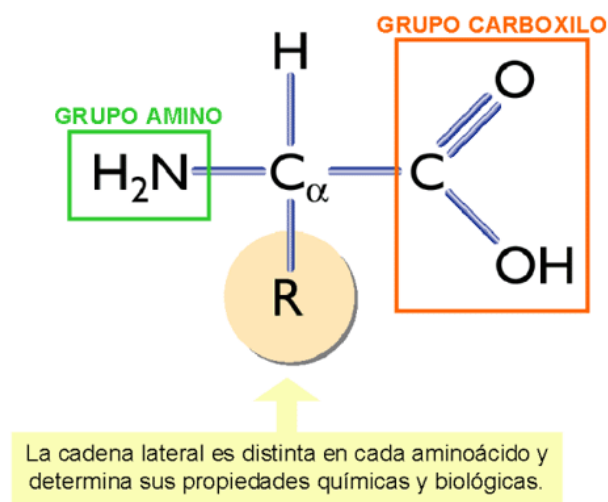


Figura 2. [Estructura general de un aminoácido.](#)

En los aminoácidos tienen un carbono central o carbono α que dispone una configuración tetraédrica, lo que tiene implicaciones significativas sobre la estructura y función de los aminoácidos. La posición del grupo amino (izquierda o derecha del carbono α) determina si un aminoácido es α -L-aminoácido o α -D-aminoácido respectivamente, sin embargo, las proteínas sólo están formadas por aminoácidos con configuración L.

Funciones de los aminoácidos

Los aminoácidos cumplen con múltiples funciones, como son:

1. Precursores de neurotransmisores y hormonas
2. Metabolitos intermediarios de vías metabólicas
3. Forman parte de otras moléculas (coenzimas)
4. Forman aminas biógenas, moléculas con acción fisiológica importante
5. Constituyen los precursores de los péptidos y las proteínas.

Los aminoácidos pueden clasificarse según la capacidad que tienen para interactuar con el agua en relación a su cadena lateral ($-R$) que es la que determina la estructura, función y carga eléctrica de la molécula. Utilizando ese criterio pueden clasificarse en cuatro clases: 1) no polares, 2) polares, 3) ácidos y 4) básicos.

Los **aminoácidos no polares**, contienen principalmente grupos R hidrocarbonados sin cargas positivas o negativas. Estos aminoácidos hidrófobos y son importantes en la conformación estructural de las proteínas, se encuentran enterrados en el interior hidrofóbico de la proteína, fuera del contacto con el agua. Dentro de este grupo se encuentran los aminoácidos aromáticos y los aminoácidos alifáticos, cuyas cadenas son hidrocarburos aromáticos (benceno) y no aromáticos (metano, ciclohexano) respectivamente.



Los aromáticos contienen estructuras cíclicas e insaturadas, cómo la fenilalanina, tirosina y el triptófano.

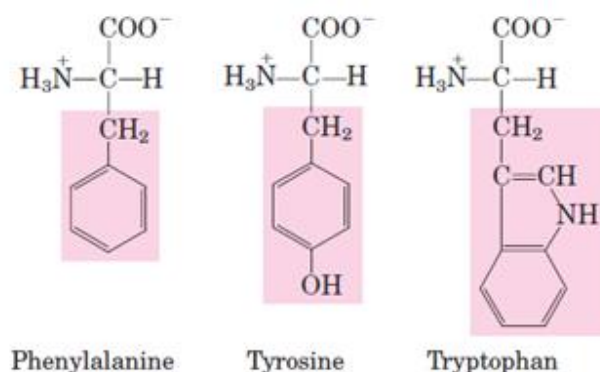


Figura 3. Aminoácidos no polares – aromáticos. Leninger, 2009.

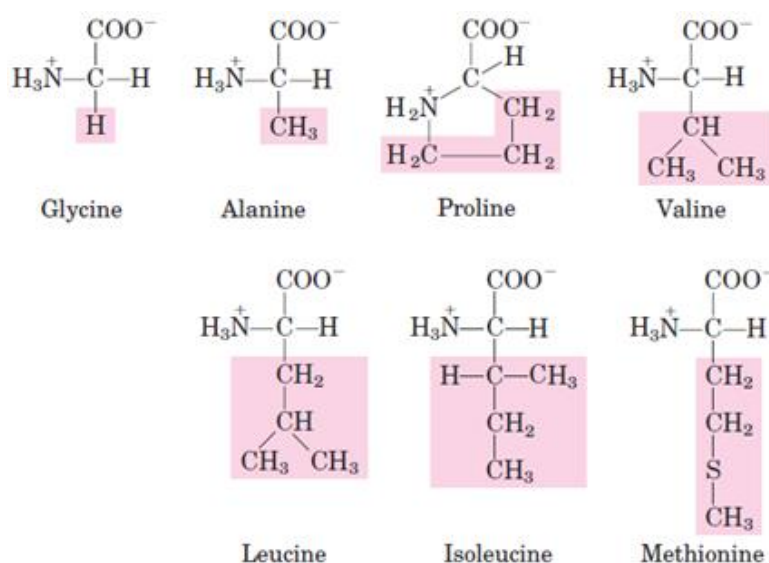


Figura 4. Aminoácidos no polares - alifáticos. Leninger, 2009.

Los **aminoácidos polares**, por su parte poseen grupos funcionales capaces de formar puentes de hidrógeno que interactúan con el agua, es decir, son hidrófilos o “afines al agua”. Estos aminoácidos contienen grupos hidroxilo o amida en su grupo lateral, los cuales se encuentran muchas de las veces en los sitios activos de las enzimas o participan en la regulación del metabolismo energético, como es el caso de la serina y la treonina. La asparagina y la glutamina en condiciones fisiológicas no tienen carga, pero su capacidad de formar puentes de hidrogeno tiene un efecto significativo en la estabilidad de la proteína. La serina, la asparagina y la treonina participan en la unión de los azúcares con las proteínas para la formación de glucoproteínas.

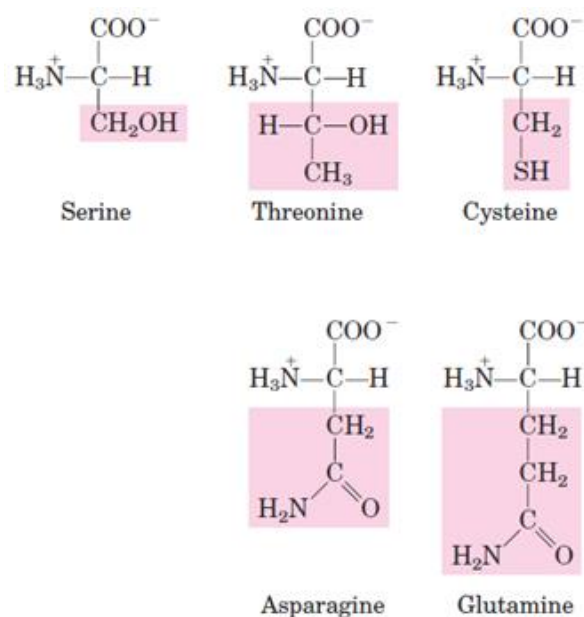


Figura 5. Aminoácidos polares. . Leninger, 2009.

Los **aminoácidos ácidos** tienen cadenas laterales con grupos carboxilato (ácido carboxílico) que se ionizan a pH 7.0 (pH fisiológico), presentando cargas negativas. En estado ionizado el ácido glutámico y el ácido aspártico, se denominan glutamato y aspartato respectivamente.

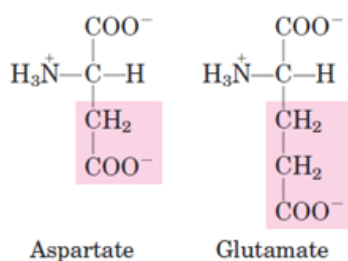


Figura 6. Aminoácidos ácidos cargados negativamente. Leninger, 2009.

Los **aminoácidos básicos** a pH fisiológico tienen una carga positiva, por lo tanto, pueden formar enlaces iónicos con los aminoácidos ácidos. Entre ellos se encuentran la Lisina, la arginina y la histidina.

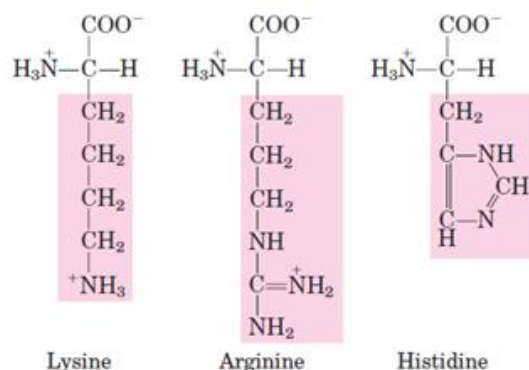


Figura 7. Aminoácidos básicos cargados positivamente. Leninger, 2009.

Los aminoácidos que nuestro organismo no puede sintetizar, se les denomina aminoácidos esenciales, ya que la fuente de éstos es exclusivamente a través de la dieta. Los **aminoácidos esenciales** son nueve: histidina, isoleucina, leucina, lisina, metionina, fenilalanina, treonina, triptófano y valina. Algunos alimentos que los contienen son la carne, los huevos, los lácteos y algunos vegetales como la soya, espelta y quinoa.

Por otro lado, los aminoácidos no esenciales, son los que nuestro organismo si puede sintetizar aun cuando no los obtengamos de los alimentos que consumimos. Entre ellos se encuentran la alanina, la asparagina, el ácido aspártico y el ácido glutámico.

Péptidos

Los aminoácidos no están presentes en forma aislada, están organizados en estructuras más complejas que dan lugar a los péptidos y las proteínas, que a continuación se presenta.

La polimerización de los aminoácidos origina los péptidos y las proteínas, que toman su nombre de acuerdo a su peso molecular menor o mayor de 5000 dalton. La unión de 2 o más aminoácidos genera cadenas, aquellas constituidas de menos de 50 aminoácidos reciben el nombre de **péptidos**.

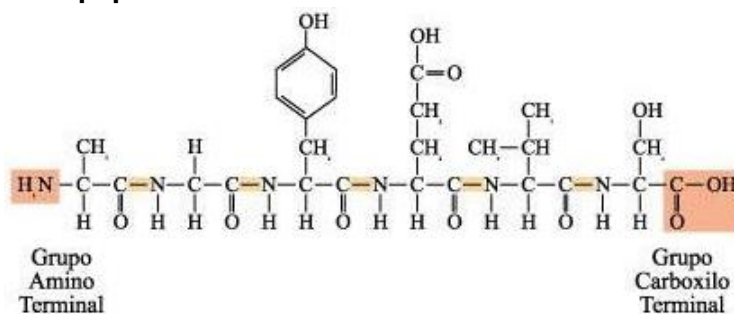
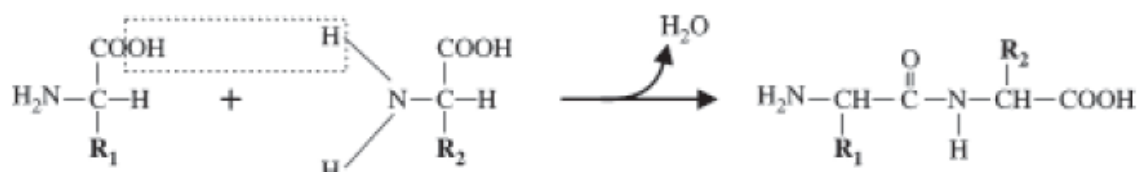


Figura 8. [Péptido](#)



Cada aminoácido que forma parte de una cadena peptídica se le denomina **residuo**, pues ha perdido un átomo de hidrógeno de su grupo amino y una porción hidroxilo de su grupo carboxilo, o uno de los dos, si ocupan los extremos de la cadena.

A la unión que sucede entre los aminoácidos se le denomina **enlace peptídico** y da lugar a la formación de los péptidos y las proteínas y es de tipo amida sustituida



Se observa que el grupo carboxilo de un aminoácido reacciona con el grupo amino de otro aminoácido, se forma el enlace peptídico y se elimina una molécula de H₂O.

Los péptidos pueden clasificarse de acuerdo con el número de aminoácidos constituyentes en:

- ✓ **Dipéptidos**, si contienen dos aminoácidos;
- ✓ **Tri péptidos**, si contienen tres aminoácidos;
- ✓ **Tetrapéptidos**, si contienen cuatro aminoácidos; y así sucesivamente,
- ✓ o en general denominarse **polipéptidos** cuando están integrados por más de 7 residuos de aminoácidos, pero menos de 100

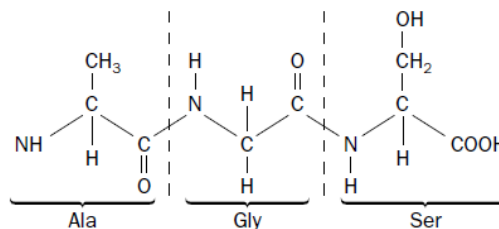
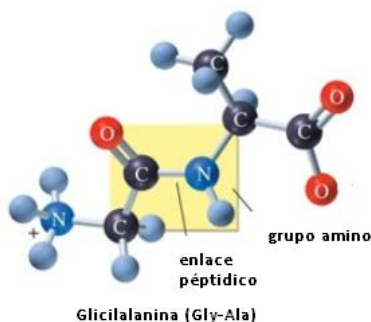


Figura 9. Ejemplos de péptidos

Entre los péptidos más importantes encontramos a hormonas como el glucagón, la insulina y la calcitonina.

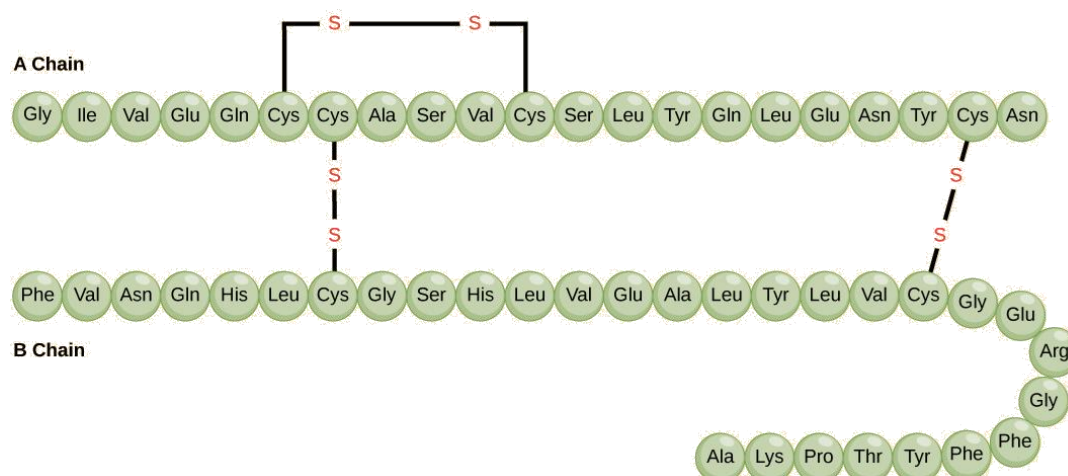


Figura 10. La insulina, ejemplo de polipéptido

Proteínas

Las proteínas pueden distinguirse de acuerdo a su número de aminoácidos, las diferentes combinaciones de éstos generan una cadena peptídica de las que se puede reconocer varios niveles de organización estructural. Son polipéptidos que contienen en su estructura más de 100 residuos de aminoácidos.

Las proteínas se pueden clasificar por su función y estructura, vamos a revisar cada una de ellas:

Por su función

- Proteínas estructurales

Son responsables de la forma y estabilidad de las células y tejidos, en este grupo encontramos al colágeno e histonas.

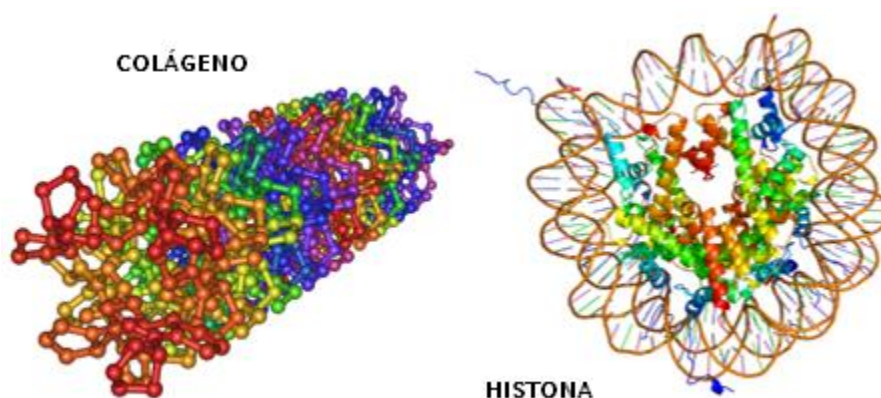


Figura 11. Proteínas estructurales



- Proteínas de transporte

Son responsables de transportar diversas moléculas a través del torrente sanguíneo o membrana celular, en este grupo ubicamos a la hemoglobina, la albúmina y proteínas de los canales iónicos.

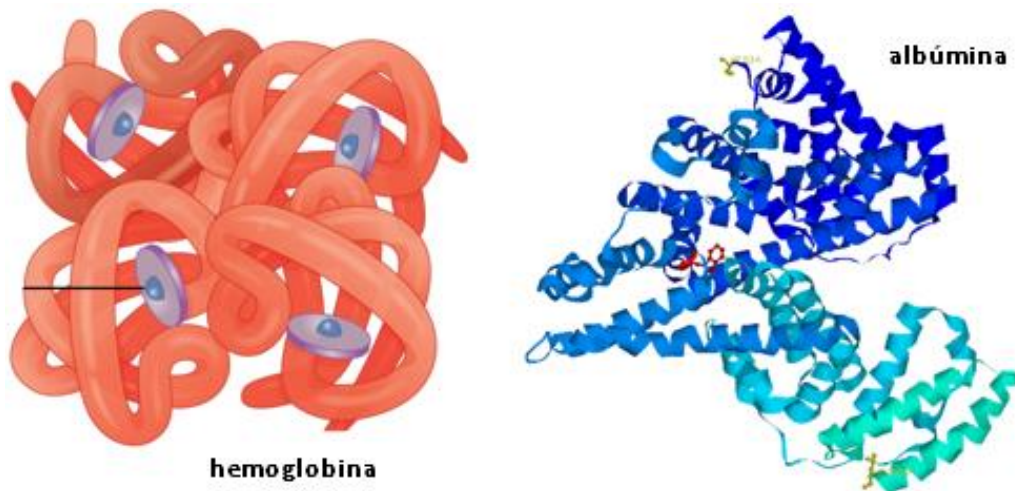


Figura 12. Proteínas de transporte

- Proteínas de defensa

Participando como un componente importante del sistema inmune para la protección del organismo ante patógenos y sustancias extrañas, en este grupo ubicamos a las inmunoglobulinas.

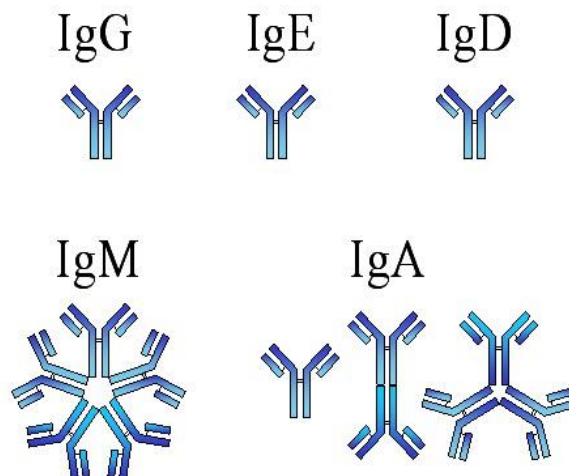


Figura 13. Proteínas de defensa



- Proteínas reguladoras

Participando en las cadenas de señales bioquímicas como señalizadores y receptores, como ejemplo tenemos a las hormonas (somatotropina, insulina, entre otras).

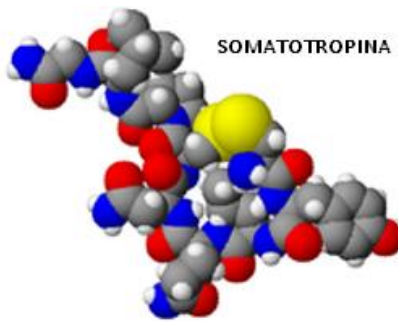


Figura 14. Proteínas reguladoras

- Proteínas catalíticas

Funcionan como aceleradores de diversas reacciones químicas, mejor conocidas como enzimas, que constituyen el grupo más grande de proteínas.

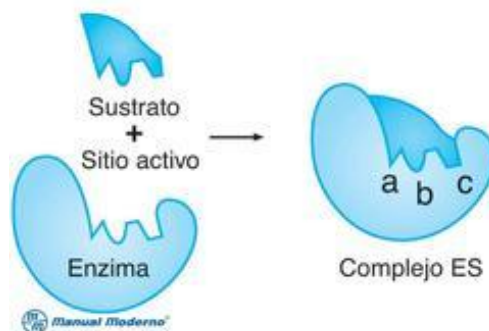


Figura 15. Proteínas catalíticas

- Proteínas motoras

Responsables de la contracción muscular y otros procesos que implican movimiento, entre las que encontramos a la actina y miosina.

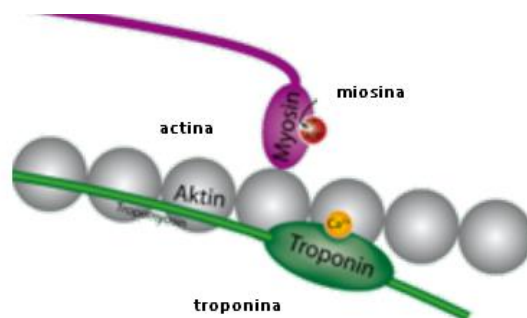


Figura 16. Proteínas motoras

Por su estructura

- **Proteínas simples**

Están compuestas solo por aminoácidos, por ejemplo, la albumina, globulina, escleroproteínas

- **Proteínas complejas**

Están unidas a un grupo no proteico denominado grupo prostético, por ejemplo, lipoproteínas, cromoproteínas, glucoproteínas, nucleoproteínas

Las proteínas se organizan en grandes cadenas y suelen combinarse dando lugar a estructuras más complejas, ahora se revisará los niveles estructurales de las proteínas.

Niveles estructurales de las proteínas

La **estructura primaria**, consiste en la secuencia de aminoácidos de las moléculas, formando estructuras lineales sin ramificaciones, conocidas también como polipéptidos. Los aminoácidos se encuentran unidos mediante uniones peptídicas, las cuales se forman por una reacción de síntesis entre el grupo carboxilo del primer aminoácido con el grupo amino del segundo aminoácido. Por convención, el aminoácido terminal (N-terminal) se considera el primer residuo y la secuencia de aminoácidos se escribe de izquierda a derecha.

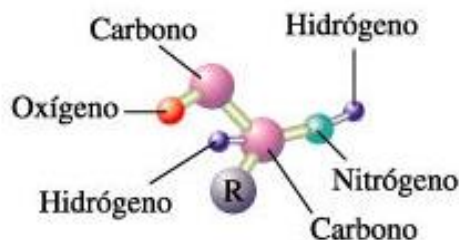


Figura 17. Estructura Primaria



La **estructura secundaria** se refiere a la estructura local de los polipéptidos cuando éstos interactúan mediante enlaces o puentes de hidrógeno entre el oxígeno del grupo carbonilo de una cadena polipeptídica con el hidrógeno del grupo amida de otra cadena polipeptídica próxima, lo que consta de varios patrones repetitivos. La estructura secundaria con mayor frecuencia es la hélice α y la hoja β plegada

La **hélice α** es una estructura rígida en forma de varilla, fuertemente enrollada en una conformación helicoidal dextrógira. Las cadenas laterales de los residuos de los aminoácidos se extienden por fuera del eje de la espiral. Los puentes de hidrógeno se forman entre el grupo amida de cada aminoácido y el carboxilo del aminoácido que se encuentra cuatro residuos más adelante, los que ocasiona la formación de la espiral.

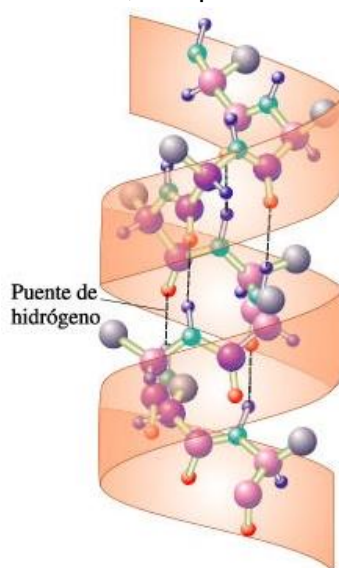


Figura 18. Estructura secundaria, hélice α . Leninger, 2013

La estructura de **hoja β plegada** se forma cuando se alinean dos o más segmentos de la cadena polipeptídica de forma paralela o antiparalela formando láminas plegadas. La estructura está extendida por completo, pero no es plana. Las láminas plegadas β , están estabilizadas por enlaces de hidrógeno que se forman entre los grupos $-NH$ y carbonilo de los aminoácidos de las cadenas adyacentes. Secuencias de la cadena polipeptídica con estructura alfa o beta, a menudo están conectadas entre sí por medio de los llamados giros beta. Son secuencias cortas, con una conformación característica que impone un brusco giro de 180 grados a la cadena principal de un polipéptido.

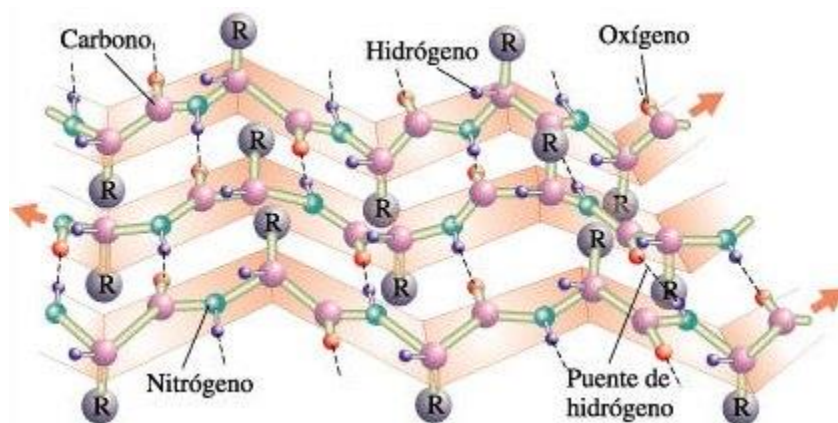


Figura 19. Estructura secundaria, hoja β plegada. Leninger, 2013

La **estructura terciaria** de una proteína se refiere a la forma tridimensional, superplegada y enrollada en sus estructuras nativas y biológicamente activa de la proteína. Esta estructura refleja la forma global de la proteína, que está estabilizada por interacciones entre grupos funcionales de las cadenas laterales, como puentes disulfuro covalente, puentes de hidrógeno, puentes salinos o interacciones electrostáticas, e interacciones hidrofóbicas, adquiriendo una estructura muy organizada. La estructura terciaria tiene varias características importantes, por ejemplo; muchos polipéptidos se pliegan de tal forma que aminoácidos distantes en la estructura primaria quedan cerca. Las proteínas se compactan debido al plegamiento, de tal forma que los aminoácidos hidrófobos quedan dentro y los aminoácidos hidrófilos quedan por fuera, permitiendo interacciones entre los grupos polares y no polares. Las proteínas muy grandes, es decir, con más de 300 residuos de aminoácidos suelen contener varias subunidades denominadas dominios, que son proteínas independientes, con funciones específicas que forman una proteína mayor.

Hay dos tipos de proteínas según su estructura terciaria: Las **proteínas fibrosas** cuya estructura tiene forma de lámina o de fibra, se forman por repetición de estructuras secundarias simples, generalmente tienen una función estructural (músculo esquelético).

Las **proteínas globulares** tienen una estructura terciaria más compleja, formada a partir de varias estructuras secundarias diferentes, suelen tener funciones de naturaleza dinámica, como de transporte o catálisis.

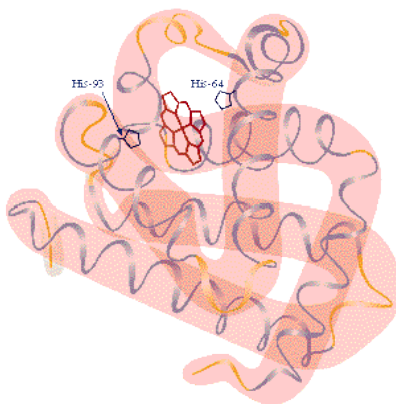
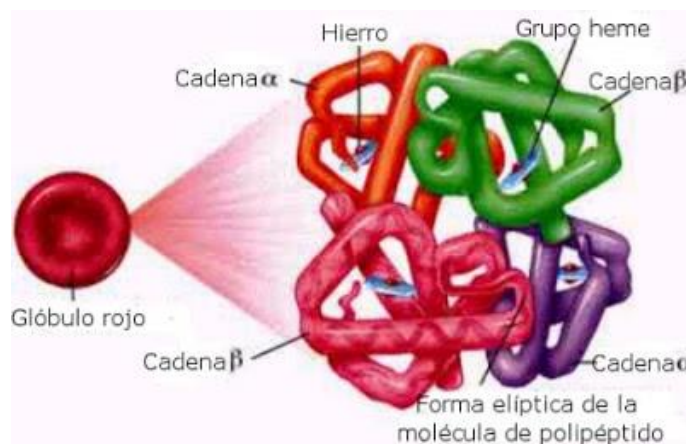


Figura 20. Estructura terciaria. Leninger, 2013

La **estructura cuaternaria** está formada por varias cadenas polipeptídicas iguales o diferentes para formar un complejo o un ensamblaje de más de dos subunidades proteicas unidas por interacciones no covalentes, aunque en algunos casos son enlaces covalentes. Las proteínas con múltiples subunidades (iguales o diferentes) se denominan oligómeros, mientras que los oligómeros a su vez están formados por protómeros que pueden estar formados por una o varias subunidades. Un gran número de proteínas oligoméricas contienen dos o cuatro subunidades protoméricas, denominadas dímeros y tetrameros respectivamente. Estas subunidades pueden tener funciones reguladoras y catalíticas. La *hemoglobina* es una proteína tetramérica, mientras que la *ATPasa* mitocondrial de corazón de vaca tiene 10 protómeros.

Figura 21. [Estructura cuaternaria de la hemoglobina](#)

Las proteínas pueden clasificarse de acuerdo a su composición: Las **proteínas simples** o *haloproteínas*, son las que están compuestas exclusivamente por aminoácidos. Las **proteínas conjugadas** o *heteroproteínas*, están compuestas de aminoácidos, pero tienen otra sustancia de naturaleza no proteica que recibe el nombre grupo prostético, estos grupos pueden ser carbohidratos, lípidos, metales o grupos fosfato, denominadas glucoproteínas, lipoproteínas, metaloproteínas y fosfoproteínas respectivamente.



Enzimas

Como vimos en la unidad anterior, para que se lleve a cabo el metabolismo de los carbohidratos y lípidos es necesario romper los enlaces químicos internos y los productos resultantes puedan desempeñar su función. En estas reacciones bioquímicas intervienen una serie de catalizadores biológicos conocidos como enzimas.

Las enzimas son proteínas globulares capaces de catalizar las reacciones metabólicas, acelerando la velocidad de reacción en lapsos que van desde los microsegundos hasta los milisegundos. Estos procesos, sin ayuda catalítica, ocurrirían a velocidades muy bajas o serían prácticamente nulas. Las enzimas realizan su trabajo a temperaturas moderadas o temperaturas fisiológicas, son muy específicas para las reacciones que catalizan, ya que poseen un sitio activo en la molécula proteínica que sirve como sitio de unión covalente para el sustrato al que se va a unir y rara vez forman productos secundarios. Al igual que en las reacciones químicas, en las reacciones biológicas, también se produce una transformación de las sustancias iniciales o sustratos, para transformarlas a productos o sustancias finales.

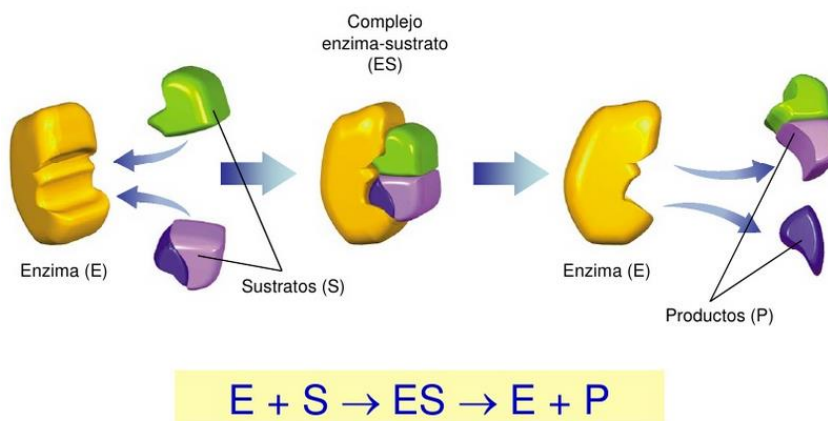


Figura 22. [Esquema de una reacción enzimática](#)

Debido a que los procesos biológicos deben estar controlados para conservar energía y materia prima, las enzimas gracias a su estructura pueden regularse activándose y desactivándose cuando es necesario.

Las enzimas, al igual que los catalizadores inorgánicos, favorecen la velocidad de las reacciones biológicas, sin alterarse permanentemente por la reacción, debido a que disminuyen la energía de activación, proporcionando una alternativa que requiere menos energía.

En la actualidad, las enzimas se clasifican de acuerdo a la clase de reacción que catalizan y se le asigna una clasificación de cuatro números y un nombre con dos partes, denominado nombre sistemático de acuerdo a la Unión Internacional de Bioquímica, por ejemplo, el



alcohol: NAD⁺ oxidoreductasa (E.C. 1.1.1.1) de forma habitual se le conoce como alcohol deshidrogenasa.

Las enzimas se clasifican en seis categorías principales:

- **Oxidoreductasas** – catalizan reacciones redox cambiando el estado de oxidación de uno o más átomos de una molécula. Las deshidrogenasas, reductasas, oxigenasas y peroxidasas son ejemplos de éstas.
- **Transferasas** – Transfieren grupos moleculares de una molécula donadora a una aceptora. Generalmente las transferasas incluyen el prefijo *trans* como las transcarboxilasas, las transaminasas y las transmetilasas.
- **Hidrolasas** – Catalizan reacciones en las que se rompe algún enlace por la adición de agua. Las esterasas, las fosfatasas y las peptidasas son algunos ejemplos.
- **Liasas** – Catalizan reacciones en las que se elimina algún grupo para formar un doble enlace o se añade un doble enlace. Las descarboxilasas, las hidratasas, las deshidratasas, desaminasas y las sintetasas son ejemplos de estas enzimas.
- **Isomerasas** – Este se trata de un grupo heterogéneo de enzimas en el que catalizan varios tipos de reordenamientos intramoleculares. Por ejemplo, las epimerasas catalizan la inversión de carbonos asimétricos y las mutasas catalizan la transferencia intramolecular de grupos funcionales.
- **Ligasas** – Catalizan la formación de enlaces entre dos moléculas de sustrato. Algunas de estas enzimas incluyen el término sintetasa y otras se denominan carboxilasas.

Ahora que has revisado la estructura básica de las proteínas revisemos su metabolismo desde que ingresan al organismo.



3.1.2 Absorción, digestión, transporte y almacenamiento de proteínas

A diferencia de las macromoléculas que revisamos en la unidad anterior, en donde la digestión comienza con la saliva durante el proceso de masticación, la digestión de las proteínas comienza en el estómago en donde el ácido secretado activa la *pepsina*. Con ayuda del HCl, el *pepsinógeno* (zimógeno o pro-enzima secretado por la mucosa estomacal) es transformado a *pepsina* para favorecer en conjunto con el medio ácido, la desnaturalización de las proteínas.

La degradación de proteínas consiste en reacciones de hidrólisis a polipéptidos, tripéptidos, dipéptidos y finalmente aminoácidos que inicia con la *pepsina*. Esta enzima desdobra las proteínas y péptidos, actuando sobre sitios específicos de los enlaces peptídicos entre los aminoácidos fenilalanina, triptófano y tirosina.

Las proteínas parcialmente fraccionadas, pasan a intestino delgado como quimo y una vez en el duodeno, las enzimas pancreáticas: *tripsina*, *quimotripsina*, *elastasa* y *carboipeptidasas A y B*, continúan la digestión. La tripsina actúa sobre las uniones peptídicas de los grupos carboxilo de arginina y lisina. Estas enzimas transforman los polipéptidos en peptonas, para que posteriormente las *peptidasas*: *aminopeptidasa* y *exopeptidasa*, producidas por las células epiteliales de las vellosidades intestinales van hidrolizando a los aminoácidos, degradando repetidamente el residuo N-terminal de los oligopéptidos para producir aminoácidos libres y péptidos de tamaño pequeño. El resultado final de la digestión luminal de las proteínas en el intestino delgado es la obtención de fragmentos de oligopéptidos, dipéptidos y aminoácidos.

Los aminoácidos individuales así obtenidos son absorbidos en las vellosidades del íleon en el intestino delgado, mediante un mecanismo de transporte activo que utiliza energía y está acoplado al transporte de sodio, para dirigirse al hígado en donde se depositan un tiempo para luego ser transportados a través de la sangre hacia las células. Por su parte, los péptidos pequeños se absorben a través de pinocitosis por los *enterocitos* que son las células epiteliales del intestino delgado, en donde se terminan de hidrolizar para pasar en forma de aminoácidos libres a la vena porta.

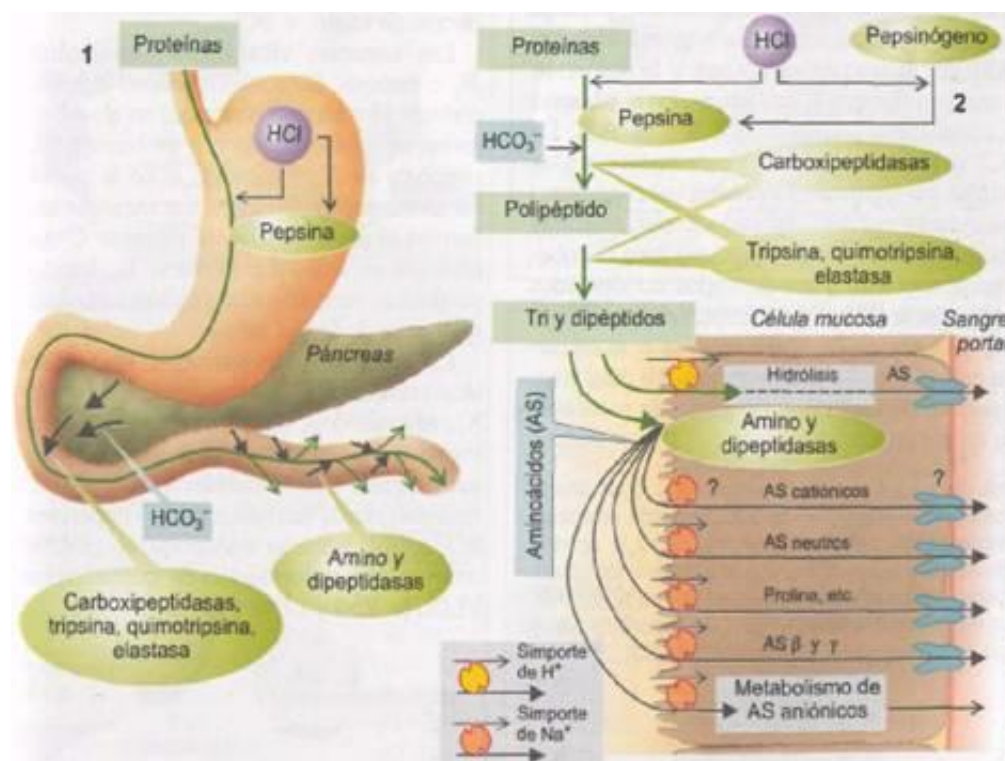


Figura 23. [Mecanismo de la digestión de las proteínas y absorción de aminoácidos.](#)

3.1.3 Proteólisis, nitrógeno y ciclo de la urea

Como parte del metabolismo de proteínas, la degradación y síntesis es necesaria para mantener el equilibrio en la concentración hormonal, de las moléculas receptoras y de enzimas reguladoras. A esto se le conoce como intercambio proteínico, el cual también protege a las células de proteínas anómalas, además que muchos procesos fisiológicos dependen tanto de la degradación oportuna como de la síntesis.

Las vías de degradación de los aminoácidos son muy complejas, comienzan con la eliminación del grupo amino en la síntesis de la urea, mientras que los esqueletos carbonados que se producen se pueden degradar para formar acetyl-CoA, acetoacetyl-CoA, piruvato, α -cetoglutarato, succinil-CoA, fumarato y oxalacetato, que dependiendo de las necesidades metabólicas que se tengan se pueden utilizar para sintetizar ácidos grasos, glucosa o generar energía.

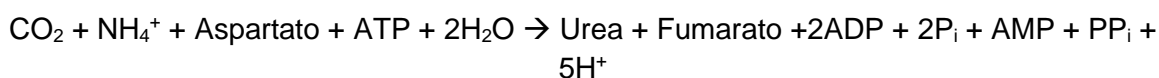
Los aminoácidos cetogénicos (los que se degradan a *acetyl-CoA* y *acetoacetyl-CoA*) pueden convertirse a ácidos grasos o cuerpos cetónicos mientras que los esqueletos carbonados producto de los aminoácidos glucogénicos (se degradan a piruvato o intermediarios del ciclo de Krebs), pueden utilizarse en la gluconeogénesis.



La eliminación del grupo amino α de los aminoácidos incluye dos tipos de reacciones: la **desaminación** oxidativa que consiste en la separación del grupo amino de los aminoácidos en forma de amoníaco y la **transaminación** que consiste en la síntesis de aminoácidos no-esenciales, mediante la transferencia de un grupo amino desde un aminoácido hasta un cetoácido. Ambas reacciones son reversibles, por lo que es fácil que se sinteticen aminoácidos cuando son escasos o se sintetice urea cuando hay exceso de aminoácidos, es decir, cuando la ingesta de proteínas es muy elevada se producen cantidades elevadas de urea. Este mismo fenómeno también ocurre durante la inanición.

El proceso de síntesis de urea, se conoce como **ciclo de la urea**, en donde se elimina cerca del 90% del nitrógeno que sobra. Este se lleva a cabo en las células del hígado, llamadas hepatocitos, más específicamente en la mitocondria y el citoplasma de estas células.

La **ecuación general** para la síntesis de urea es la siguiente:



La primera parte del ciclo ocurre en la mitocondria y comienza con la formación del **carbamoil fosfato**, a partir de los sustratos CO_2 y NH_4^+ mediante la enzima *carbamoil fosfato sintetasa I* que actúa con ayuda de un cofactor o activador alostérico llamado **N-acetilglutamato**. Esta reacción necesita 2 moléculas de ATP para que se lleve a cabo y es esencialmente irreversible.

El **carbamoil fosfato** así formado reacciona con la **ornitina** para formar **citrulina**, con ayuda de la enzima **ornitina transcarbamilasa**. Una vez formada la **citrulina**, se transporta al citoplasma en donde reacciona con **aspartato** para formar **arginosuccinato**. La reacción necesita una molécula de ATP y se lleva a cabo por la *arginosuccinato sintetasa*.

Posteriormente el **arginosuccinato** se divide con ayuda de la enzima *arginosuccinasa*, para formar **fumarato** y **arginina** que es el precursor inmediato de la urea.

La reacción final del ciclo de la urea se lleva a cabo mediante la enzima *arginasa*, que cataliza la hidrólisis de la **arginina** para formar **ornitina** y **urea**.

La urea así formada, se difunde hacia afuera de los hepatocitos al torrente sanguíneo, para llegar al riñón en donde se elimina a través de la orina, mientras que la **ornitina** vuelve a reaccionar con otra molécula de **carbamoil fosfato** para iniciar nuevamente el ciclo.

El ciclo de la urea, está muy bien controlado por mecanismos reguladores de corto y largo plazo, debido a que la urea es una molécula tóxica. Las cinco enzimas que participan en el



ciclo se alteran dependiendo de la cantidad sus sustratos y de las proteínas que se consuman en los alimentos, es decir cuando consumimos proteínas en exceso, las concentraciones enzimáticas se incrementan. Hay varias hormonas que participan en este proceso modificando la síntesis de enzimas, como son el glucagón y los glucocorticoides que activan la transcripción de estas enzimas, mientras que la insulina las reprime.

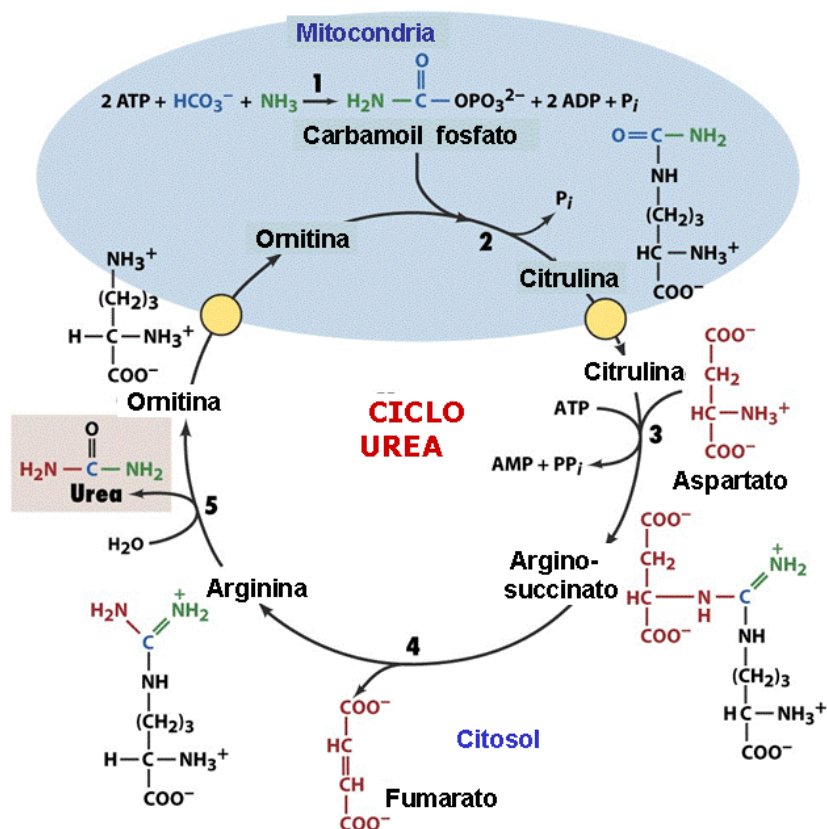


Figura 24. Ciclo de la Urea. *Leninger 2013*

Para complementar el estudio del ciclo de la urea, se invita a revisar el siguiente material.



Hospital Sant Joan de Deú (s.f.)
 Ciclo de la urea [Documento en línea] Recuperado el
 17 de enero de 2023 de
<https://metabolicas.sjdhospitalbarcelona.org/etiquetas/ciclo-urea>



3.1.4 Síntesis de proteínas

Para empezara a abordar este tema iniciemos con la revisión de los ácidos nucleicos que tienen un papel primordial en la síntesis de proteínas en el organismo.

En la revista *Nature*, a principios de los años 50's James Watson y Francis Crick en su artículo “*Estructura molecular de los ácidos nucleicos. Una estructura para el ácido nucleico de desoxirrobosa*” revelaron el modelo estructural de doble hélice del ácido desoxirribonucleico mejor conocido como **ADN** (DNA por sus siglas en inglés), tras integrar muchos años de investigación y datos de otros investigadores como William Astbury, Rosalind Franklin y Maurice Frederick Wilkins. Esta publicación les valió el premio nobel de fisiología y medicina. A partir de entonces muchos científicos se han dedicado a elucidar el funcionamiento asombrosamente complejo del ADN y el ARN.



Figura 25. [ADN](#)

Estructura y función de los ácidos nucleicos

Estas biomoléculas, no son consideradas como macronutrientes, pero tienen una participación directa en la síntesis de enzimas y proteínas. El **ADN** forma parte de todas las células, dirige el desarrollo y funcionamiento de los organismos vivos conocidos y de algunos virus. El ADN contiene la información genética que se transmite a la progenie, que es la responsable de la transmisión hereditaria. La principal función del ADN es el almacenamiento a largo plazo de la información genética, la cual está codificada en forma de una secuencia de **nucleótidos** unidos por enlaces fosfodiéster, conocidos como **bases púricas** y **pirimídicas** organizadas en una estructura de doble hélice o doble cadena de nucleótidos enrollada parecida a una escalera de caracol.

Los **nucleótidos** están formados por una base nitrogenada, una molécula de azúcar y un grupo fosfato. En el **ADN**, la molécula de azúcar es una **desoxirribosa**, mientras que en el



ARN el azúcar es una **ribosa**. Si la molécula sólo tiene el azúcar unido a la base nitrogenada, entonces se denomina nucleósido.

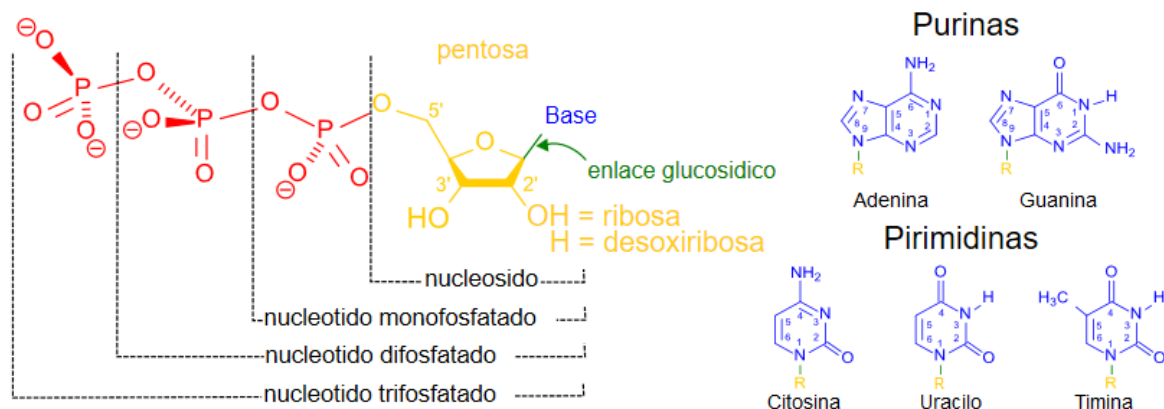


Figura 26. [Fuente de proteínas Nucleótido](#)

La estructura de la **purina**, está compuesta por dos anillos fusionados, uno de seis átomos y el otro de cinco átomos. Presentado en total cuatro átomos de nitrógeno, tres de los cuales tienen un carácter básico, ya que tienen un par de electrones sin compartir. Los ácidos nucleicos derivados de la purina son la **Adenina (A)** y la **Guanina (G)**. Estas purinas cuando son metabolizadas producen ácido úrico, el cual se puede cristalizar en las articulaciones por diferentes motivos, produciendo gota.

Mientras que la **pirimidina** es un compuesto orgánico similar al benceno, pero con un anillo heterocíclico, es decir dos átomos de nitrógeno sustituyen al carbono en las posiciones 1 y 3. Los ácidos nucleicos derivados de las pirimidinas son tres; la **Citosina (C)**, la **Timina (T)** y el **Uracilo (U)**, este último sólo se encuentra en el **ARN**.

Las bases nitrogenadas, entonces, para el **ADN** son Adenina-Guanina y Citosina-Timina (T). Y en el caso del **ARN** son Adenina-Guanina y Citosina-Uracilo. Estos nucleótidos se unen entre sí por medio de puentes de hidrógeno entre sus bases nitrogenadas, formando los peldaños de la escalera. En el caso del ADN, la adenina se une con la timina (A-T) y la guanina se une con la citosina (G-C). Ambas cadenas se orientan de forma antiparalela, es decir, se alinean en forma paralela pero en direcciones opuestas. Los extremos de cada una de las cadenas son denominados 5'-P (fosfato) y 3'-OH (hidroxilo) en la desoxirribosa, por lo que una cadena estará en sentido 5' → 3' y la complementaria en el sentido inverso.

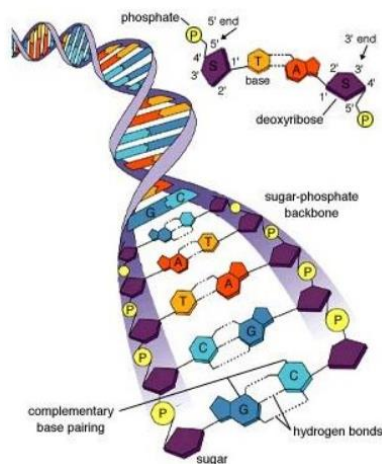


Figura 27. [Bases nitrogenadas.](#)

El estudio de la molécula de ADN se puede hacer en varios niveles:

Estructura primaria; se refiere a la secuencia de nucleótidos en una cadena de ADN, ésta secuencia determinará la información, según el orden de las bases, es decir el código genético queda determinado por el orden de estas bases, y cada gen tiene una secuencia única de pares de bases. Los científicos utilizan estas secuencias para localizar la posición de los genes en los cromosomas y elaborar el mapa del genoma humano.

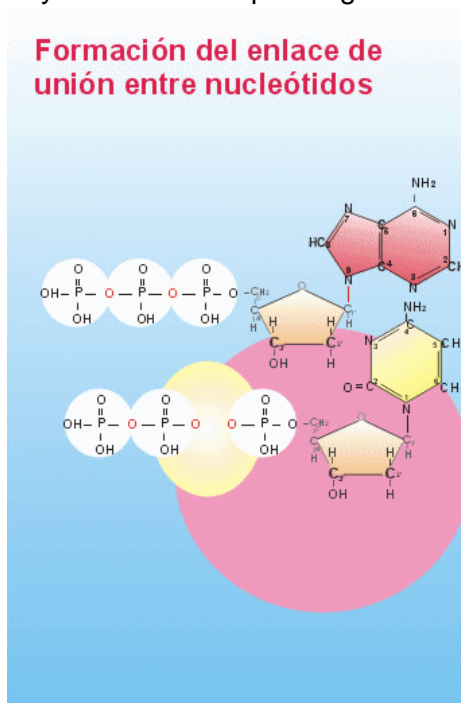


Figura 28. [Formación del enlace de unión entre nucleótidos.](#)



Estructura secundaria; se refiere a la estructura enrollada de doble hélice, formada por dos cadenas de ADN en forma antiparalela. Estas cadenas están enrolladas a en torno a un eje imaginario en contra de las manecillas del reloj, estabilizando las vueltas mediante puentes de hidrógeno. La Adenina forma dos puentes de hidrógeno con la Timina, mientras que la Guanina forma tres puentes de hidrógeno con la Citosina. Esta estructura explica el almacenamiento de la información genética y la duplicación de ADN. La segunda cadena de ADN se forma por duplicación y es complementaria a la primera. En la actualidad se han descrito tres estructuras de doble hélice del ADN.

La **forma B**, fue descrita por Watson y Crick como ya mencionamos, esta se trata de una hélice dextrógira cuyas bases complementarias se sitúan en planos horizontales, de manera que su eje imaginario atraviesa dichos planos por su centro.

La **forma A**, también es dextrógira, pero las bases complementarias se encuentran en planos inclinados, por lo que el eje imaginario de la molécula atraviesa dichos planos en puntos desplazados del centro. Esta forma no se ha encontrado en condiciones fisiológicas.

La **forma Z**, tiene un enrollamiento irregular, lo que ocasiona una configuración en *zig-zag*. Esta estructura aparece en regiones del ADN, en donde se alteran muchas citosinas y guaninas.

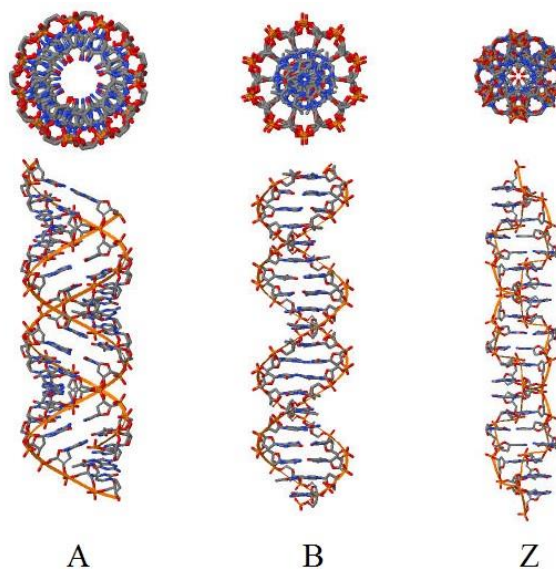


Figura 29. [Formas alternativas del ADN.](#)

Estructura terciaria; Es cuando la molécula de ADN se asocia a proteínas básicas, denominadas histonas, formando una especie de super-hélice, es decir, el ADN se *superenrolla* debido a la acción de enzimas denominadas Topoisomerasas II. La molécula de ADN tan larga que no cabría dentro del núcleo, sin embargo, este enrollamiento da estabilidad a la molécula y reduce su longitud. La unión con las histonas, genera una



conformación tridimensional específica denominada nucleosoma, en donde el ADN se enrolla fuertemente a dichas proteínas, formando estructuras denominadas solenoides, los cuales a su vez se enrollan para formar un cromosoma.

Estructura cuaternaria; los solenoides se enrollan formando la cromatina, que se compacta en cromosomas una vez que la célula entra en división: Los cromosomas contienen muchos genes y cada gen contiene información particular sobre caracteres o rasgos hereditarios específicos, además que cada gen tiene su propia ubicación o locus genético en un tipo de cromosoma. Las distintas formas de un gen se llaman alelos.

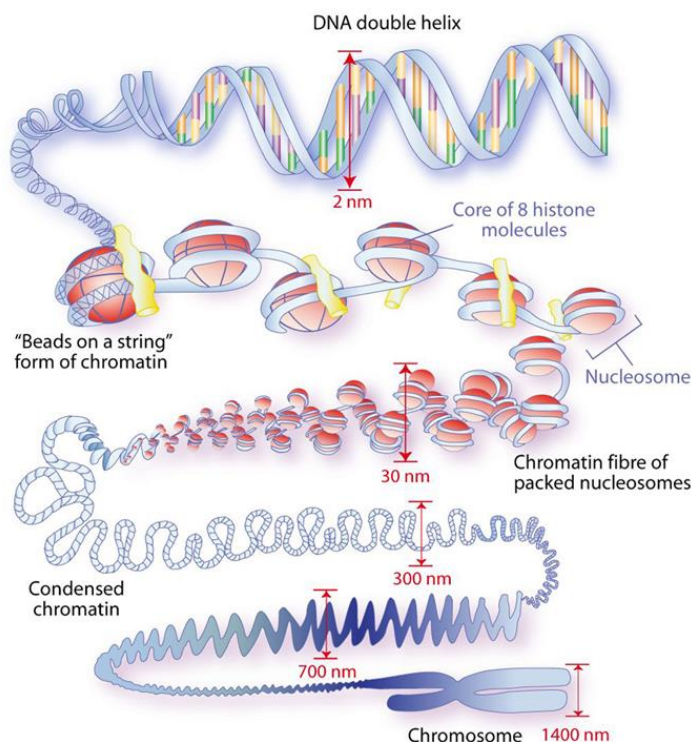


Figura 30. [Empaquetamiento del ADN](#).

Si quieres saber más de la historia de esta fascinante molécula, da clic en el siguiente enlace.



Bonfil M. (abril de 2003) 50 años de la doble hélice, la molécula más bella del mundo. *Revista ¿Cómo ves?*: <http://www.comoves.unam.mx/numeros/articulo/53/50-anos-de-la-doble-helice-la-molecula-mas-bella-del-mundo>



Dr. Luca Merlini (21 de diciembre de 2014.). *Estructura del ADN (Ácido Desoxirribonucleico)* [Archivo de Vídeo] Youtube <https://www.youtube-nocookie.com/embed/XtBml-EcGAY?rel=0&controls=0&showinfo=0>



Lifeder Educación (5 de noviembre de 2021) ¿Qué es el ADN y cuáles son sus FUNCIONES? Doble hélice, nucleótidos, bases [Archivo de Vídeo] Youtube <https://www.youtube.com/watch?v=9mQN9CoJCis>

Ahora empecemos a revisar la síntesis de proteínas

A principios del siglo XX muchos investigadores como Walter Sutton, Theodor Boveri y Thomas Morgan, a partir de los trabajos hechos por George Mendel en 1856, se dedicaron a elucidar el cómo se transmitía la herencia a través de los cromosomas y genes. Descubrieron que las células tienen dos cromosomas de cada tipo y los genes se encuentran también en pares, un alelo de cada par de genes se halla localizado en cada miembro del par cromosómico. Pero no fue, sino hasta 1944 con los trabajos de Avery, Macleod y McCarty en bacterias, que se obtuvo la primera evidencia directa de que los genes eran los portadores de la información hereditaria, siendo las proteínas la forma en que estos genes expresan la información.

Como ya vimos, una propiedad singular del material genético es su capacidad para hacer copias exactas de sí mismo. En el momento de la duplicación de los cromosomas, la molécula de ADN se abre, separándose las bases nitrogenadas a nivel de los puentes de hidrógeno y; debido a la ordenación y naturaleza de las bases nitrogenadas, cada cadena de ADN sirve de molde para la síntesis de una nueva cadena complementaria. Este proceso se conoce como **replicación**, cuyo primer paso consiste en el desenrollamiento de ADN a través de la presencia de *helicases*, enzimas que catalizan el desenrollamiento de la doble hélice del ADN. Posteriormente se forman segmentos cortos de ARN llamados cebadores,



catalizados por la *primasa*, que es una *ARN polimerasa*. Los cebadores son necesarios para iniciar la replicación del ADN.

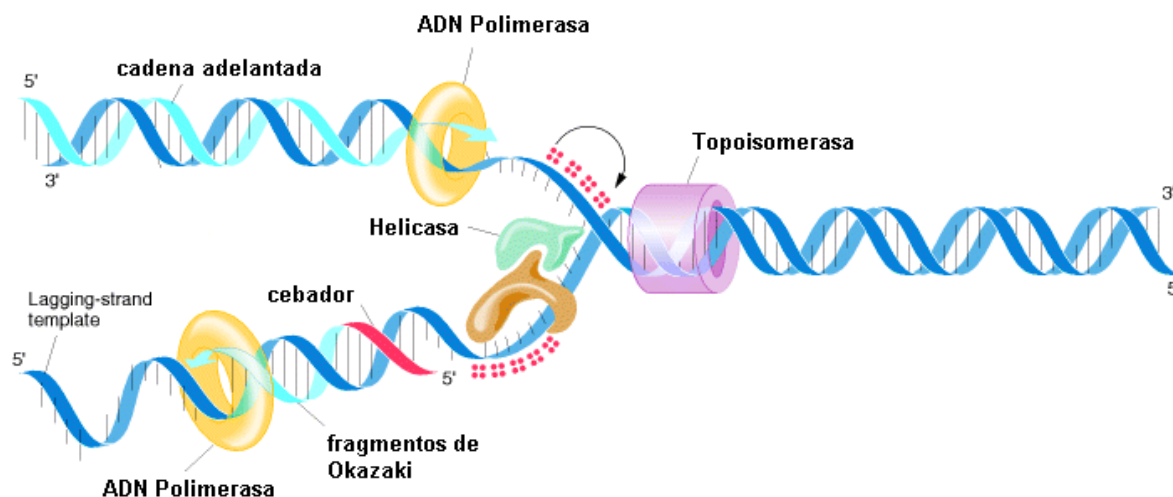


Figura 31. [Empaquetamiento del ADN](#)

La síntesis de una cadena de ADN comienza en la dirección $5' \rightarrow 3'$ por la formación de enlaces fosfodiéster entre los nucleótidos apareados a una cadena molde. Esta síntesis es catalizada por complejos multienzimáticos denominados *ADN polimerasas*. Al final de este proceso hay dos moléculas idénticas de ADN. Cada doble hélice producida posee una cadena de doble hélice original y una cadena nueva. Por tal razón este proceso se denomina replicación semiconservativa. A pesar de que la acción de la ADN polimerasa es muy precisa, la síntesis no siempre es perfecta, por lo que de vez en cuando un nucleótido no complementario se inserta por error dando lugar a una **mutación**.

La mutación es un cambio en la secuencia original, que en algunos casos tiene como consecuencia la alteración del mensaje genético que incluso podría ser fatal para el organismo, aunque estas mutaciones a la larga también conducen a la creación de nuevas especies. No todas las mutaciones son consecuencia de la replicación, éstas también pueden ser inducidas por agentes químicos o radiaciones como los rayos X o rayos ultravioleta. Sin embargo, para compensar estos errores o mutaciones, la célula ha desarrollado mecanismos de reparación que tienen como finalidad mantener la integridad estructural del ADN. Por ejemplo, las ADN polimerasas I y III poseen actividad de *exonucleasa* $3' \rightarrow 5'$, las cuales son capaces de detectar, interrumpir y escindir un nucleótido mal emparejado. Una vez escindido el nucleótido mal emparejado la síntesis se reanuda. Existen por supuesto, otros tipos de reparación, como la reparación por fotorreactivación, la reparación por escisión de bases, reparación del enlace N-glucosídico, reparación de los sitios apúricos y apirimídicos y reparación por escisión de nucleótidos, en donde participan otras enzimas.

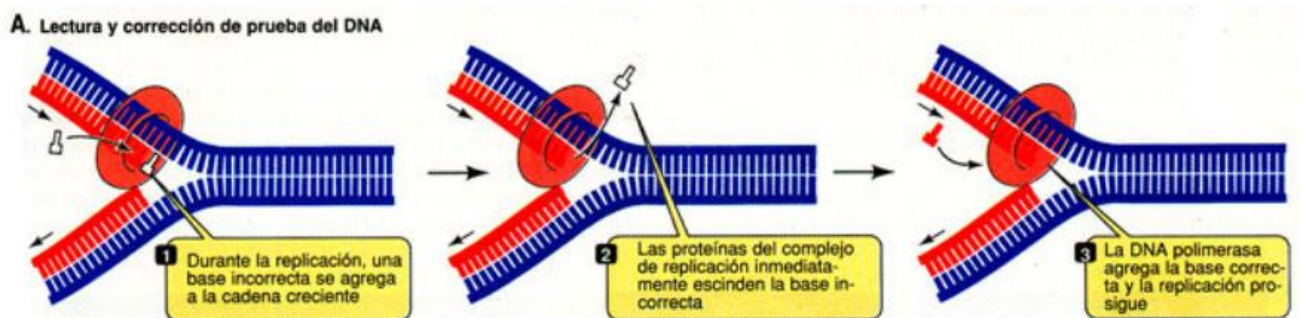


Figura 32. [Empaquetamiento del ADN](#).

Como ya se mencionó, el orden específico de los nucleótidos dentro de la estructura primaria del ADN constituye el código químico o código genético que determina las proteínas específicas que se producirán, así el mecanismo por el cual se descodificará esta información genética comienza con la síntesis de ARN o ácido ribonucleico. Este proceso se conoce como **transcripción** e implica el apareamiento complementario de las bases de los ribonucleótidos con las bases de una molécula de ADN.

Este proceso es catalizado por la enzima *ARN polimerasa*, la cual se une a una secuencia específica de ADN denominada **secuencia promotora** que abre la doble hélice formando un bucle de transcripción que sirve de molde en donde se van añadiendo los ribonucleótidos complementarios, que en este caso son A=T, T=U, G≡C y C≡G, es decir, a diferencia del ADN la Timina se complementa con un Uracilo.

La elongación de la nueva cadena de ARN continua hasta la **señal de terminación** que corresponde a una secuencia específica en donde la polimerasa se detiene y libera la cadena de ADN molde que recupera su conformación helicoidal y la cadena de ARN recién sintetizada, conocida como **transcrito**. El ARN es una cadena sencilla de nucleótidos que no toma la configuración helicoidal y existen tres tipos de ARN que participan en la síntesis de proteínas, enzimas y otros polipéptidos necesarios para generar todas las demás biomoléculas que intervienen en el funcionamiento del organismo: El **ARN mensajero** (ARNm), el **ARN de transferencia** (ARNt) y el **ARN ribosomal** (ARNr).

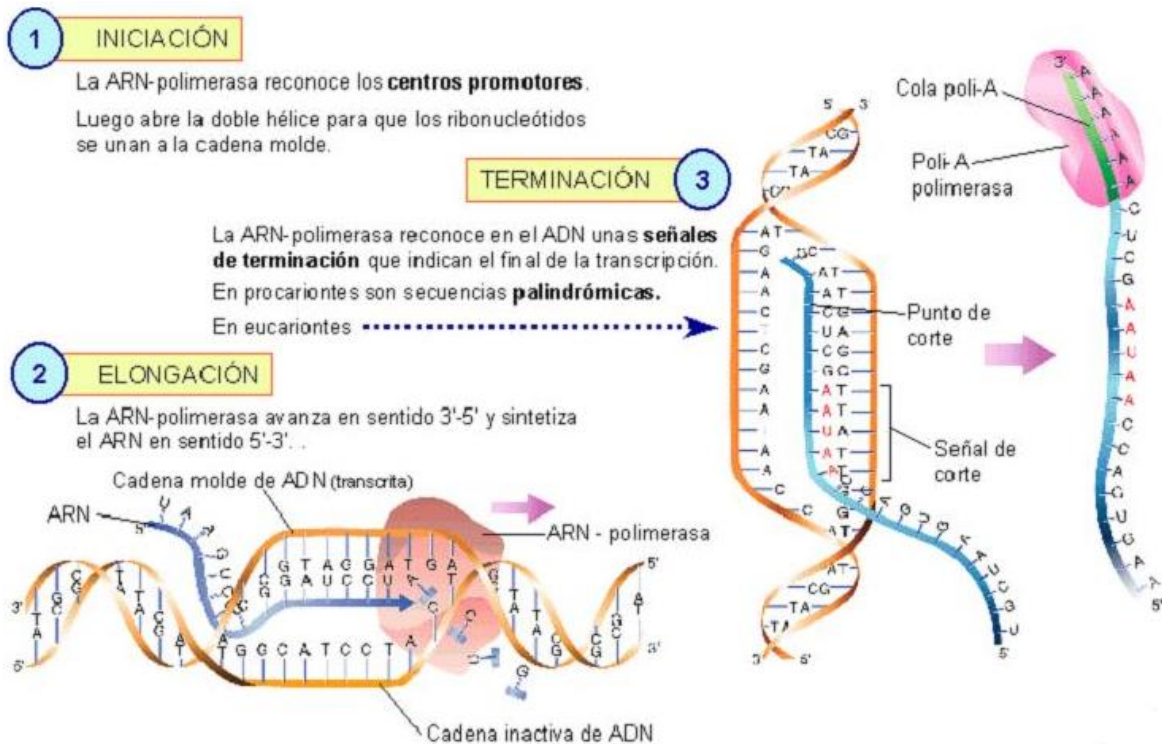


Figura 33. [El proceso de la transcripción](#)

La secuencia ribonucleótida de ARN tras un proceso de maduración en el que se eliminan los intrones (secuencias que no codifican para nada), forma el ARNm maduro que puede entonces dirigir el proceso de **traducción**, especificando el orden de inserción de los aminoácidos durante la síntesis proteica. La secuencia de bases de cada ARNm especifica la secuencia primaria de un polipéptido particular. Las moléculas de ARNr son componentes de los ribosomas y las moléculas de ARNt se unen covalentemente a un aminoácido específico y lo entrega al ribosoma para su incorporación en una cadena polipeptídica que se está sintetizando. La síntesis de proteínas se lleva a cabo dentro de los ribosomas, las cuales traducen las secuencias de bases de los ARNm en las secuencias de aminoácidos de los polipéptidos.

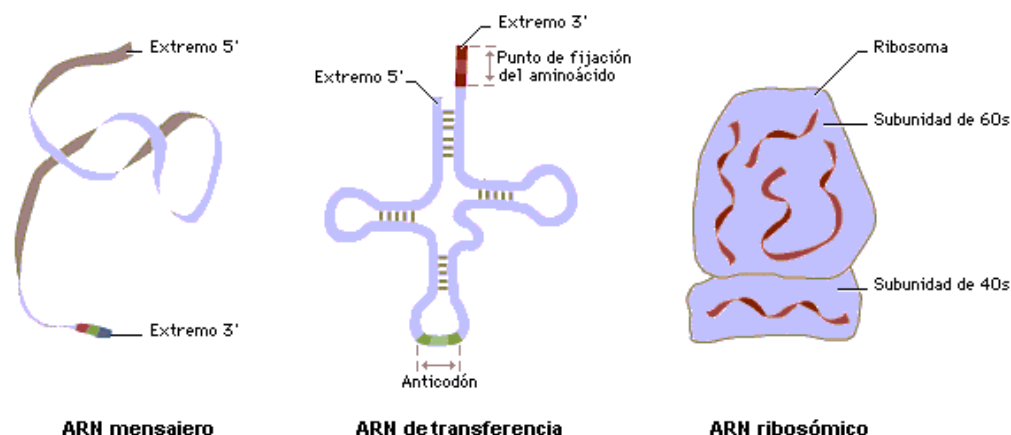


Figura 34. Tipos de ARN

La **traducción** es un proceso muy bien regulado y complejo que requiere un elevado gasto energético. En este proceso de síntesis proteica, participan al menos 32 tipos de ARNt portadores de aminoácidos, ribosomas que están formados por al menos 70 proteínas y 5 diferentes ARNr. Alrededor de una docena de enzimas y factores proteicos que asisten los procesos de inicio, elongación y terminación. Y otras 100 proteínas adicionales que participan en la modificación de las distintas proteínas recién sintetizadas, dando un total de más de 300 macromoléculas diferentes.

Para comprender el proceso general, resumiremos en el siguiente esquema el flujo de la información genética, mejor conocido como “**dogma central**”. El ADN es el molde mediante el cual la información genética necesaria para la **síntesis de proteínas** se transcribe a un ARNm. El ARNm sale del núcleo y se dirige a los ribosomas en donde tiene lugar la síntesis proteica.



Figura 35. Dogma Central de la Biología

La **traducción** se realiza utilizando una secuencia de bases específica de tres bases de ARNm llamada **triplete** o **codón**, presentado como un código de tres letras. Cada aminoácido es codificado por al menos un triplete, que es su conjunto constituye el **código genético** que es universal para todas las especies.



Cada triplete de nucleótidos del ARNm determina un aminoácido específico y cada molécula de ARNt porta el aminoácido correspondiente a un codón. Todas las moléculas de ARNt están plegadas en una conformación secundaria parecida a una hoja de trébol, algunas regiones de esta molécula forman una doble cadena. Estas moléculas tienen dos sitios de unión; en un extremo se acopla un aminoácido particular, y en el extremo opuesto tiene un triplete de bases, conocido como el anti-codón, que se acopla al codón de la molécula de ARNm. El ARNt es el adaptador que aparea el aminoácido correcto con cada codón del ARNm durante la síntesis de proteínas.

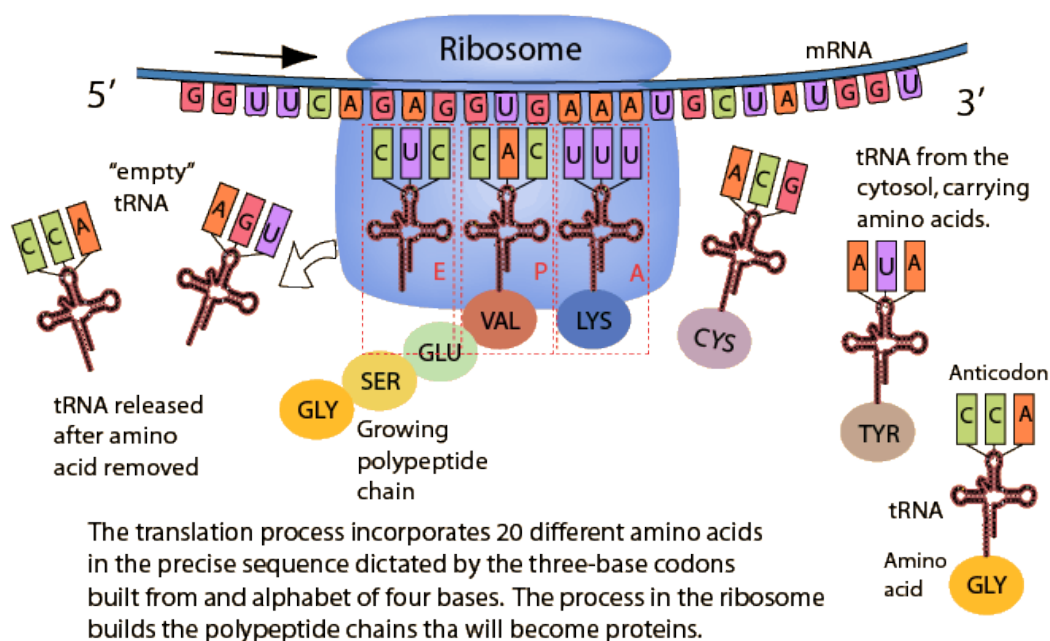


Figura 36. [Síntesis de proteínas](#)

Cada codón del ARNm complementario a la región anti-codón del ARNt que lleva el correspondiente aminoácido dirige la inserción secuencial de aminoácidos en la cadena polipeptídica, mediante la formación de un enlace peptídico, que es catalizado por la enzima *peptidil transferasa*. Después de que la molécula de ARNm se mueve respecto al ribosoma, un nuevo codón ingresa en el sitio catalítico (cada ribosoma tiene dos sitios de unión, denominados sitios P (peptídico) y A (aminoacílico)), éste se aparea con sus bases con las del anti-codón apropiado para continuar con la formación del polipéptido. La traducción continúa hasta que aparece un codón de terminación (UAG, UAA y UGA).

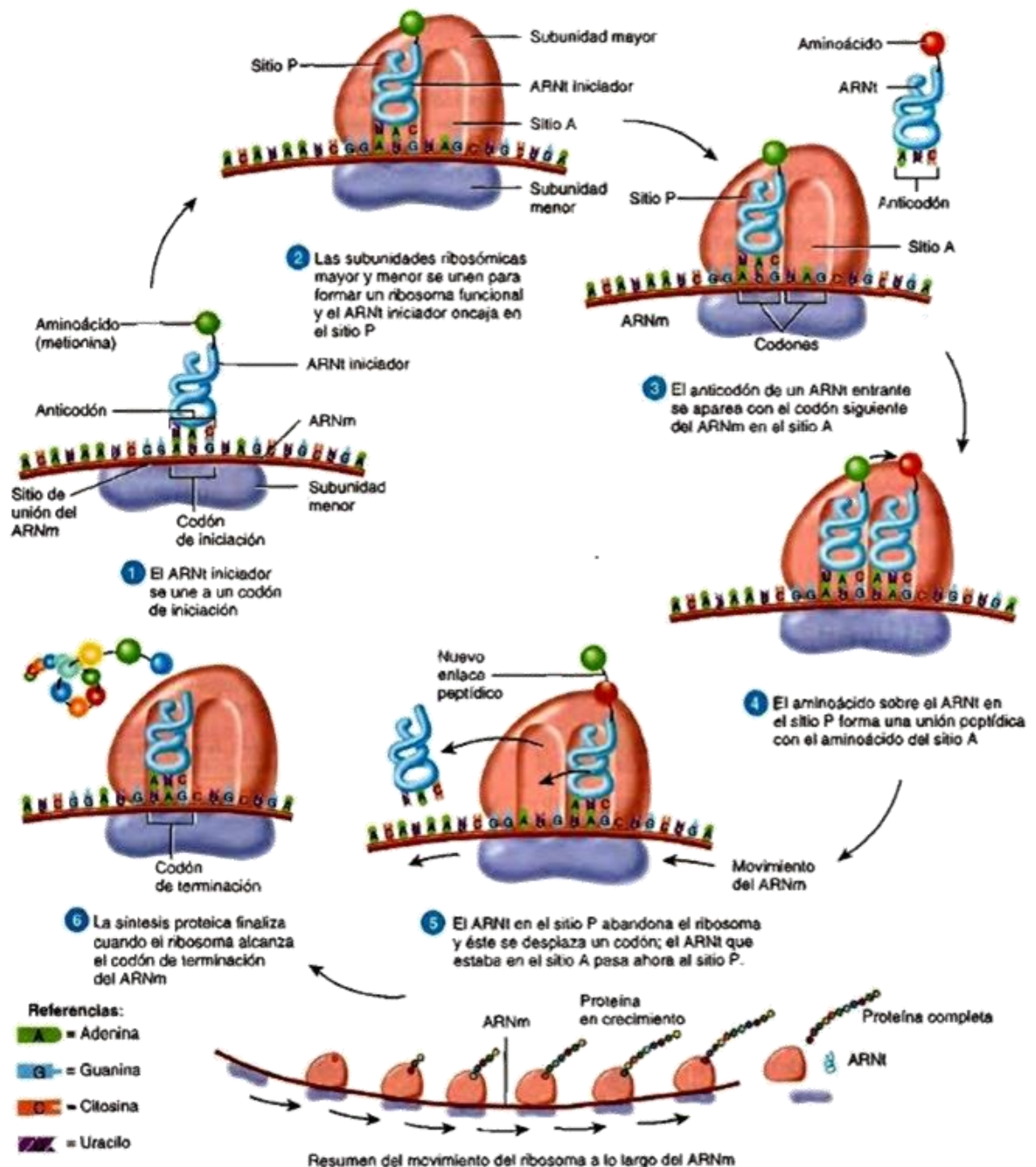


Figura 37. [Proceso de traducción de proteínas](#)

El desciframiento del código genético fue un trabajo complejo realizado a finales de los 50' y principios de los 60's, descifrando las complejidades de un particular lenguaje químico que sirve de base a todas las formas vivas en la Tierra, indicando que todas las formas de vida provenimos de un ancestro común.



El código genético se descifró completo en 1963 y está escrito de manera lineal utilizando como letras las bases ribonucleótidas que componen las moléculas de ARNm, que por supuesto proviene de su complementaria cadena molde de ADN. Los codones están escritos en la dirección 5' → 3'. Se dice que el código genético es redundante, porque cada aminoácido puede ser codificado por más de un codón, sin embargo, no es ambiguo, ya que cada triplete especifica un solo aminoácido. El código genético tiene códigos de puntuación de inicio y término, es decir, existen tripletes específicos que indican cuando inicia o termina la transcripción. Una vez que inicia la traducción, ésta se lee en orden, un triplete tras otro. Este código es universal, salvo algunas excepciones en la mitocondria, algunos virus y bacterias.

		Segunda base									
		U		C		A		G			
P r i m e r a b a s e	U	Phe	UUU	Ser	UCU	Tyr	UAU	Cys	UGU	U	T e r c e r a b a s e
		Phe	UUC	Ser	UCC	Tyr	UAC	Cys	UGC	C	
		Leu	UUA	Ser	UCA	Stop	UAA	Stop	UGA	A	
		Leu	UUG	Ser	UCG	Stop	UAG	Trp	UGG	G	
	C	Leu	CUU	Pro	CCU	His	CAU	Arg	CGU	U	
		Leu	CUC	Pro	CCC	His	CAC	Arg	CGC	C	
		Leu	CUA	Pro	CCA	Gln	CAA	Arg	CGA	A	
		Leu	CUG	Pro	CCG	Gln	CAG	Arg	CGG	G	
	A	Ile	AUU	Thr	ACU	Asn	AAU	Ser	AGU	U	
		Ile	AUC	Thr	ACC	Asn	AAC	Ser	AGC	C	
		Ile	AUA	Thr	ACA	Lys	AAA	Arg	AGA	A	
		Met	AUG	Thr	ACG	Lys	AAG	Arg	AGG	G	
	G	Val	GUU	Ala	GCU	Asp	GAU	Gly	GGU	U	
		Val	GUC	Ala	GCC	Asp	GAC	Gly	GGC	C	
		Val	GUA	Ala	GCA	Glu	GAA	Gly	GGA	A	
		Val	GUG	Ala	GCG	Glu	GAG	Gly	GGG	G	

Figura 38. [Dogma Central de la Biología](#)

Una vez sintetizadas las proteínas, se genera un conjunto de modificaciones posteriores a la traducción que preparan a la molécula para su función, por ejemplo el plegamiento, la inserción de cofactores, la activación y modificación de determinadas cadenas laterales de los aminoácidos, así como el transporte a los sitios de acción específicos.

Como te has dado cuenta la síntesis de proteínas es un proceso muy complejo, que las células deberán controlar rigurosamente, así como los mecanismos de replicación y transcripción de ARN a través de la regulación de expresión génica, ya que esto permitirá la eficiente función del organismo, así como la optimización de recursos y de energía. Para complementar y reforzar este tema, observa el siguiente video:



Scienza Educación (19 de abril de 2020). *Proteínas: Aspectos generales y clasificación* [Archivo de Vídeo] Youtube
<https://www.youtube.com/watch?v=EVbUzvCmujY>

3.1.5 Importancia de las proteínas en la dieta

Como ya mencionamos existen diversos aminoácidos que no podemos sintetizar (aminoácidos esenciales) por lo que resulta de vital importancia obtenerlos de la dieta a través de las proteínas. No obstante, es importante que las proteínas que se consuman sean de un alto valor biológico (gran cantidad y diversidad de aminoácidos esenciales) para que sean mejor aprovechadas por nuestro organismo. La leche materna es considerada la fuente de proteínas con el mayor valor biológico. La caseína de la leche y la albúmina del huevo, contienen todos los aminoácidos esenciales en buenas proporciones y nutricionalmente superiores a las proteínas de origen vegetal, que tienen un menor valor biológico comparado con las proteínas de origen animal. Las proteínas de origen animal contienen todos los aminoácidos esenciales y aporte proteico se asimila mejor en nuestro sistema digestivo, mientras que las leguminosas como frijoles, soja y lentejas tienen bajas cantidades de aminoácidos esenciales, por lo que necesitarán combinarse con cereales y/o lácteos para mejorar su calidad y obtener un conjunto de aminoácidos equilibrado.

Tipo de proteínas	Valor Biológico
Suero de leche	104-120
Huevo entero	100
Clara de huevo	88
Pescados	80-85
Aislado de guisante	80-85
Carnes	78-80
Caseína	77
Soja	74-90
Gluten de trigo	64
Arroz	59
Legumbres	50
Cereales	<50

Figura 39. [Valor biológico de algunas proteínas](#)



Muchos alimentos vegetales tienen un buen contenido proteico, pero carecen de algún aminoácido como es el caso del arroz y el maíz que carecen de lisina (aminoácido limitante), que al combinarse con garbanzos que son abundantes de este aminoácido, se forma una buena mezcla de aminoácidos cuando se consumen simultáneamente, es decir, es posible mejorar el aporte proteico de dos alimentos de bajo valor proteico al combinarlos entre sí, aunque las dietas exclusivamente vegetarianas pueden tener deficiencias de vitaminas o minerales, como el hierro.



Figura 40. [Fuente de proteínas](#)

Las proteínas de origen animal con mayor valor biológico dependerán en gran medida de la composición de sus aminoácidos y su digestibilidad. Por otro lado, la cantidad de proteínas que requieren dependerá de la talla, peso, edad, periodo de crecimiento y estado de salud, además del valor biológico de las proteínas que se consuman. Los niños necesitan mayor cantidad de proteína que los adultos, ya que deben crecer. Las madres embarazadas necesitan un suministro adicional de proteína para desarrollar el feto, y durante la lactancia también necesita proteínas adicionales debido a que la leche que secreta contiene proteínas.

El consumo inadecuado de proteína, altera el crecimiento y reparación del organismo. La carencia de proteína es sobre todo peligrosa en niños debido a que están creciendo y que están en mayor riesgo de infección. El máximo de proteínas que podemos ingerir sin afectar a nuestra salud es un tema aún en debate. LA FAO y la OMS (Organización mundial de la Salud) se reúnen periódicamente para revisar y actualizar las cantidades recomendadas. Una vez que se han cubierto los requerimientos proteicos, de las proteínas consumidas en exceso se eliminan el grupo amino (NH_2) para formar urea y el resto de la molécula se utiliza para producir glucosa que puede ser utilizada para producir energía o para almacenar en forma de grasa.

A pesar de que las proteínas tienen un rendimiento energético igual al de los carbohidratos, (4 Kilocalorías por gramo) su combustión es más compleja y dejan residuos metabólicos, como el amoníaco, que son tóxicos para el organismo, pueden provocar en exceso la



destrucción de tejidos, envejecimiento prematuro o enfermedades cardiovasculares (microangiopatía), sin embargo, la ingesta adecuada de proteínas puede ayudar a mantener el peso y mejorar la salud.

Las proteínas de origen animal proporcionan aminoácidos como la fenilalanina y el triptófano, que incrementan la producción de hormonas que regulan el apetito. Estos alimentos también proporcionan minerales como el calcio, hierro y vitamina D que revisaremos más a detalle en la siguiente unidad.



Cierre de la unidad

Hemos llegado al final de la unidad, en la que revisamos y analizamos la estructura, función y metabolismo de las proteínas:

Los aminoácidos, que son los monómeros que constituyen la base de las mismas, revisaste que existen 20 aminoácidos que dan origen a las proteínas de nuestro organismo y que al unirse, a través de enlaces peptídicos, otros dan origen a otra molécula; los péptidos.

Los péptidos son estructuras que contienen menos de 50 aminoácidos y que tienen diversas funciones, desde transporte hasta catalizadores y hormonas.

De esta estructura, parten las proteínas que se origina a partir de la unión de más de 50 aminoácidos, cuyo peso molecular es mayor a 5000 Daltons.

Estos nutrientes son básicos para realizar diversas funciones en nuestro organismo, que requiere de dichas moléculas para mantener la homeostasis dentro de nuestro organismo fuente de energía para evitar desajustes metabólicos, es importante que el aporte de dichos nutrientes sea suficiente ya que de esta forma se mantendrán en óptimas condiciones todos los aparatos y sistemas.

Te invito a que sigas conociendo más sobre este mundo tan maravilloso, como es la bioquímica, y que continúes con la siguiente unidad que complementará el tema de nutrientes, en la última unidad se estudiarán a los micronutrientes.



Para saber más



WissenSync [20 de enero de 2017) *Bioquímica | Enlace peptídico | Péptidos, polipéptidos y proteínas*. [Archivo de Vídeo] Youtube
[.https://www.youtube.com/watch?v=kljm6rTvbfc](https://www.youtube.com/watch?v=kljm6rTvbfc)



sketchfab. (s.f.) *Proteínas. Entornos Virtuales Para la Educación EVE3D UNAM*
https://sketchfab.com/eve3d_unam/collections/proteinas-3ad22474cfd04a7d917bcb73853c17eb



Control de la síntesis de proteínas. (s.f.)
<http://recursostic.educacion.es/secundaria/edad/4esobiologia/4quincena6/imagenes6/propiedadesadn.swf>



Actividades

La elaboración de las actividades estará guiada por tu docente en línea, mismo que te indicará, a través de la *Planeación didáctica del docente en línea*, la dinámica que tú y tus compañeros (as) llevarán a cabo, así como los envíos que tendrán que realizar.

Para el envío de tus trabajos usarás la siguiente nomenclatura: **BNU_U3_A#_XXYZ**, donde BNU corresponde a las siglas de la asignatura, U3 es la unidad de conocimiento, A# es el número y tipo de actividad, el cual debes sustituir considerando la actividad que se realices, XX son las primeras letras de tu nombre, Y la primera letra de tu apellido paterno y Z la primera letra de tu apellido materno.

Autorreflexiones

Para la parte de **autorreflexiones** debes responder las *Preguntas de Autorreflexión* indicadas por tu docente en línea y enviar tu archivo. Cabe recordar que esta actividad tiene una ponderación del 10% de tu evaluación.

Para el envío de tu autorreflexión utiliza la siguiente nomenclatura:

BNU_U3_ATR _XXYZ, donde BNU corresponde a las siglas de la asignatura, U3 es la unidad de conocimiento, XX son las primeras letras de tu nombre, y la primera letra de tu apellido paterno y Z la primera letra de tu apellido materno.



Fuentes de consulta

Básica

- Alberts, Bruce. Johnson, A. Lewis, J. Raff, M. Keith, Roberts. Walter, P. (2008). *Biología Molecular de la Célula*. México Editorial Omega.
- Curtis, H. Barnes, N.S. (2009) *Biología*. Editorial Médica Panamericana.
- Díaz, J. (2006). *Bioquímica: un enfoque básico aplicado a las ciencias de la vida*. México. UNAM.
- Fell, David. (1999). *Bases del Control del Metabolismo*. España. Editorial Omega.
- Lehninger. (2009). *Bioquímica*. México. Editorial Omega.
- Lodish. H. Berk, A. Matsudaria, P. Kaiser, C. Scott, M. Zipursky, L. Darnell, J. (2007). *Biología celular y molecular*. 5ª edición. México. Editorial Médica Panamericana.
- Lozano, J. A. (2005). *Bioquímica y biología molecular en Ciencias de la salud*. México. McGraw Hill.
- Madigan, M.T., Martinko, J.M., Parker, J., Brock (2003) *Biology of Microorganisms*, 10ª Ed. Prentice Hall, Upper Saddle River: NJ, EEUU,
- Mathews, C.K; Van Holde, K. E; Ahern, K.G. (2002). *Bioquímica*. 3a edición. México. Pearson Addison Wesley.
- Murray, R. Mayers, P. Granner, D. Rodwell, V. (2010). Harper. *Bioquímica ilustrada*. 28ª ED. México. McGraw Hill.
- Nelson, D.L., Cox, M.M. (2009). Lehninger: *Principios de Bioquímica*. España. Editorial Omega.
- Tello E. (2013). *Conceptos básicos de la biología molecular, II*. CINVESTAV-Tamaulipas. Retomado de:
<http://www.tamps.cinvestav.mx/~ertello/bioinfo/sesion03.pdf>

Complementaria

- Gonzáles A. M. Célula: *Organización celular*.
<http://www.facultad.efn.uncor.edu/webs/departamentos/biologia/intrbiol/cdel2.htm>
- Mathews & van Holde. *Tema 28.- Glucolisis. Características y función. Etapas y reacciones de la conversión de glucosa a piruvato*. Lanzaderas. *Balance energético. Regulación. Incorporación de otros glúcidos a la glucolisis*. Cap. 13, págs. 503 a 514 y 519 a 52. Retomado de:
<https://exa.unne.edu.ar/biologia/fisiologia.vegetal/Glucolisis.pdf>
- McMurry, J.G. Jr. (2001) *Química Orgánica*. 2ª Edición. México, Ed. International
- Thomson Editores.FAO (s.f.). *Macronutrientes: Carbohidratos, grasas y proteínas*.
- FAO (s.f.). *Macronutrientes: Carbohidratos, grasas y proteínas*.
<https://www.fao.org/3/w0073s/w0073s0d.htm>
- Ortiz Leyba, C.; Gómez-Tello, V.; Serón Arbeloa, C. *Requerimientos de macronutrientes y micronutrientes*. *Nutrición Hospitalaria*, vol. 20, núm. 2, julio,



2005, pp. 13-17. Madrid, España. Grupo Aula Médica. Retomado de: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=309225674016>

- (s.f.) *Alimentación y nutrición*. Retomado de: http://catarina.udlap.mx/u_dl_a/tales/documentos/lda/lopez_g_m/capitulo1.pdf
- Tejada V. (2007). *Genética y Biología Molecular*. Víctor Antonio Tejada Moreno. Revista Médica de la Universidad Veracruzana / Vol. 7 núm. 2, Julio - Diciembre 2007. Retomado de: <http://www.medigraphic.com/pdfs/veracruzana/muv-2007/muv072g.pdf>