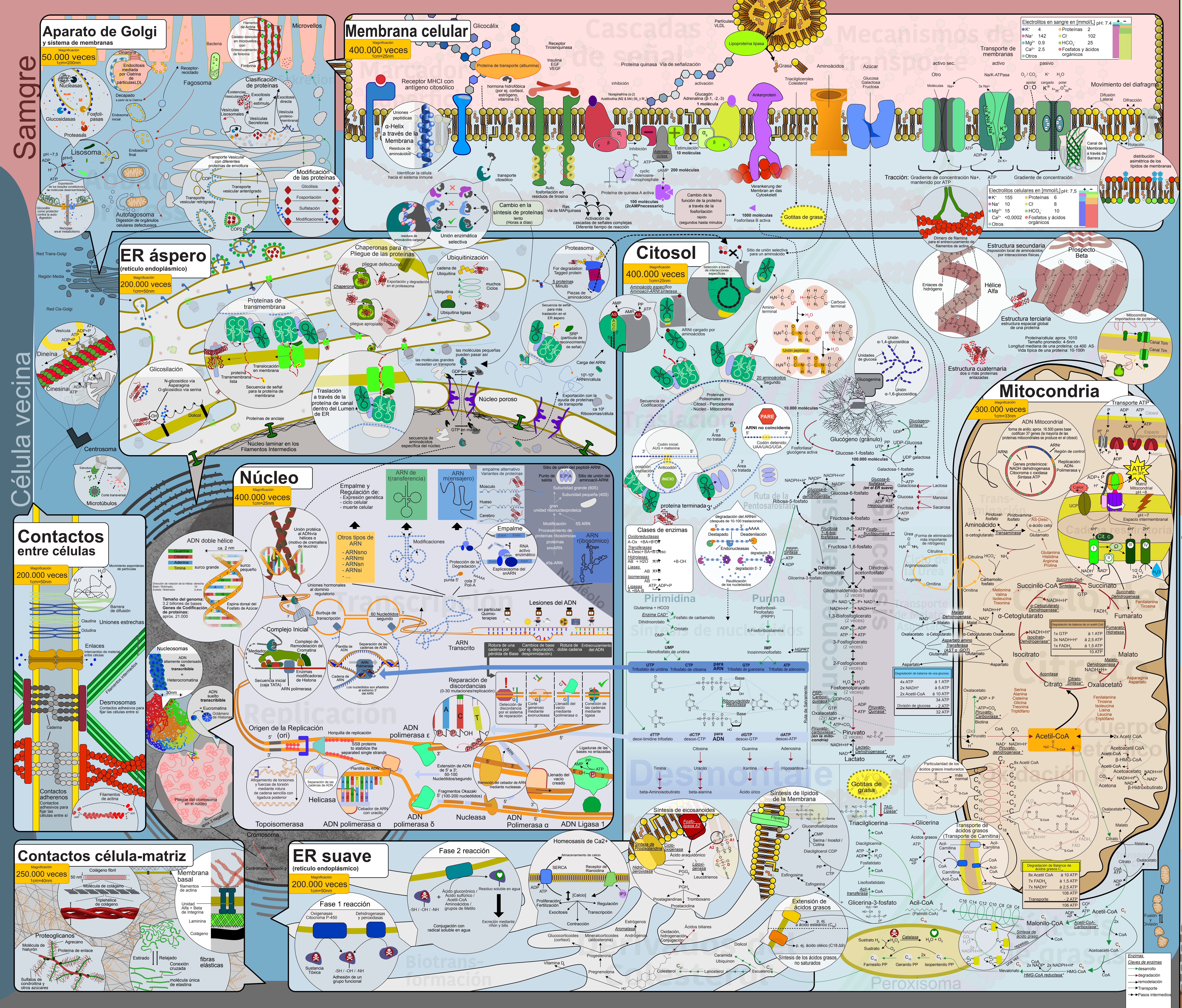


Samgre

Célula vecina

Aparato de Golgi
y sistema de membranas

Magnificación
50.000 veces
1cm=200nm

Microvellos
Filamentos de Actina
Cadalso desnudo en microvellos con Entrecruzamiento de fimbrina
Fimbrina
Bacteria
Dinamina
Endocitosis mediada por Clatrina de párticulasLDL
Receptor-reciclado
Fagosoma
Decapado a partir de la Clatrina
Endosoma inicial
Endosoma final
Nucleasas
Glucosidasas
Fosfolipasas
Proteasas
Lisosoma
pH ~7,5
pH=5
ADP
H⁺
ATP
Exportación de los bloques constitutivos de moléculas desensambladas
Glicocálix como protector contra la auto-digestión
Reciclaje en el metabolismo
Clasificación de proteínas
Existencias Vesiculares
Exocitosis al estímulo
Exocitosis directa
Vesículas Lisosomales
Vesículas Secretoras
Vesícula proteico-membranal
Exkretion
Transporte Vesicular con diferentes proteínas de envoltura
COP1
Transporte vesicular anterógrado
Transporte vesicular retrógrado
COP2
Modificación de las proteínas
Glicólisis
Fosporilación
Sulfatación
Modificaciones
P
Sul
Autofagosoma
Digestión de orgánulos celulares defectuosos
Abbau prozess
Red Trans-Golgi
Región Media
Red Cis-Golgi

Vesícula
ATP
ADP+P
Dineína
Cinesina
Centrosoma
Estructura
Desmontaje
Corte transversal
Microtúbulos

Membrana celular

Magnificación
400.000 veces
1cm=25nm

Glicocálix
Marcador superficie
Receptor MHCI con antígeno citosólico
Uniones peptídicas
α-Helix a través de la Membrana
Residuos de aminoácidos
Identificar la célula hacia el sistema inmune
Proteína de transporte (albumina)
hormona hidrofóbica (por ej. cortisol, estrógeno, vitamina D)
transporte citosólico
Unión enzimática selectiva
residuos de aminoácidos cargados
Cambio en la síntesis de proteínas
lento
(Horas a días)
Cascadas de señal
Receptor Tirosinquinasa
Insulina
EGF
VEGF
Auto fosforilación en residuos de tirosina
Ras; vía de MAPquinasa
Activación de cascadas de señales complejas
Diferente tiempo de reacción
Proteína quinasa Vía de señalización
inhibición
activación
Norepinefrina (α-2)
Acetilcolina (M2 & M4) (M_2 y M_4)
Glucagón
Adrenalina (β-1, -2, -3)
1 molécula
α_i
α_s
β
γ
Inhibición
Adenilato-ciclasa
Estimulación
10 moléculas
ATP
cyclic Adenosine-monophosphate
cAMP 200 moléculas
Proteína de quinasa A activa
100 moléculas (2cAMPnecessario)
Cambio de la función de la proteína a través de la fosforilación
rápido
(segundos hasta minutos)
1000 moléculas
Fosforilasa B activa
Partículas VLDL
Lipoproteína lipasa
Grasa
Triacilgliceroles
Colesterol
Ankerprotein
Verankerung der Membran an das Cytoskelett
Gotitas de grasa
Mecanismos de transporte
Aminoácidos
Azúcar
Glucosa
Galactosa
Fructosa
activo sec.
Otro
Moléculas
Na+
Transporte de membranas
activo
pasivo
Na/K-ATPasa
3x Na+
ADP+P
2x K+
O_2 / CO_2
apolar
K⁺
cargado
H_2O
polar
Tracción: Gradiente de concentración Na+, mantenido por ATP
Gradiente de concentración
Movimiento del diafragma
Difusión Lateral
Difracción
Aleta
Rotación
Canal de Membranas a través de Barrera β
distribución asimétrica de los lípidos de membranas
Dímero de filamina para el entrecruzamiento de filamentos de actina

Electrolitos en sangre en [mmol/L] pH: 7.4

K⁺	4	Proteínas	2
Na⁺	142	Cl⁻	102
Mg^{2+}	0.9	HCO_3^-	25
Ca^{2+}	2.5	Fosfatos y ácidos orgánicos	
Otros			

Electrolitos celulares en [mmol/L] pH: 7,5

K⁺	155	Proteínas	6
Na⁺	10	Cl⁻	8
Mg^{2+}	15	HCO_3^-	10
Ca^{2+}	<0,0002	Fosfatos y ácidos orgánicos	
Otros			

ER áspero
(retículo endoplásmico)

Magnificación
200.000 veces
1cm=50nm

Proteínas de transmembrana
proteína Transmembrana lista
Translocación en membrana
Secuencia de señal para la proteína de membrana
Glicosilación
N-gilcosídico vía Asparagina
O-glicosídico vía serina
OH
Dolicol
Proteínas de anclaje
Núcleo laminar en los Filamentos Intermedios
Traslación a través de la proteína de canal dentro del Lumen de ER
Chaperonas para el Pliegue de las proteínas
pliegue defectuoso
Chaperona
Exportación y degradación en el proteasoma
pliegue apropiado
Ubiquitinización
cadena de Ubiquitina
Ubiquitina
muchos Ciclos
Ubiquitina ligasa
Proteasoma
For degradation Tagged protein
5 proteínas Minuto
Piezas de aminoácidos
Secuencia de señal para más traslación en el ER áspero
SRP (partícula de reconocimiento de señal)
Carga del ARNt
10^5-10^6 ARNm/célula
las moléculas pequeñas pueden pasar así
las moléculas grandes necesitan un transporte
GDP en marcha
GTP en marcha
Núcleo poroso
Exportación con la ayuda de proteínas de transporte
ca 10^6 Ribosomas/célula
secuencia de aminoácidos específica del núcleo

Citosol

Magnificación
400.000 veces
1cm=25nm

Aminoácido específico
Aminoacil-ARNt sintetasa
Selección a través de interacciones específicas
Sitio de unión selectiva para un aminoácido
AMP
PP
ATP
AS
ACC
3'
5'
ARNt cargado por aminoácidos
Amino-terminal
Carboxi-terminal
H_2O
Unión peptídica
20 aminoácidos Segundo
Secuencia de Codificación
Proteínas Polisomales para:
- Citosol - Peroxisomas
- Núcleo - Mitocondria
Traslación
Codón inicial: AUG = metionina
posición oscilación
Anticodón
INICIO
5' Área no tratada
3' Área no tratada
PARE
ARNt no coincidente
Codón detenido: UAA/UAG/UGA
proteína terminada
AAAAA
degradación del ARNm (después de 10-100 traslaciones)
AAAA
Destapado
Deadenilación
Endonucleasas
degradación 3'- 5'
degradación 5'- 3'
Reutilización de los nucleósidos
Unión α-1,4-glucosídica
Unidades de glucosa
Glucogenina
Unión α-1,6-glucosídica
10.000 moléculas
Glucógeno (gránulo)
Glucógeno-Sintasa*
UDP
PP
UTP
UDP-Glucosa
UDP galactosa
Fosforilasa* glucógena activa
Glucose-1-fosfato
100.000 moléculas
Galactosa-1-fosfato
Glucosa-6-fosfatasa* (en el ER suave)
Glucosa-6-fosfato
Glucosa-6-fosfato-dehidrogenasa*
NADPH+H⁺
NADP⁺
Ruta de la Pentosafosfato
Ribosa-5-fosfato
Hexoquinasa*
Glucosa
Galactosa
Fructosa
Lactosa
Manosa
Sacarosa
Fructosa-6-fosfato
Fosfo-fructoquinasa 1*
Fructosa 1-,6-bis-fosfatasa
Fructosa-1,6-fosfato
Dihidroxi-acetonfosfato
Glicerina-3-fosfato
Gliceraldehído-3-fosfato (2 veces)
P+ NAD⁺
NADH+H⁺
1,3-Bisfosfoglicerato (2 veces)
3-Fosfoglicerato (2 veces)
2-Fosfoglicerato (2 veces)
H_2O
Fosfoenolpiruvato (2 veces)
PEP-Carboxi-quinasa*
GDP+CO_2
GTP
Piruvato-Quinasa*
Oxalacetato
(2x) ADP + P
ATP+CO_2
Piruvato-carboxilasa* (en la mito-condria)
Piruvato (2 veces)
Lactato-Dehidrogenasa*
Lactato
Gluconeogénesis
Glucólisis
Ruta de Salvamento

Degradación de balance de una glucosa

4x ATP	à 1 ATP
2x NADH⁺	à 5 ATP
2x Acetil-CoA	à 10 ATP
	34 ATP
División de glucosa	- 2 ATP
	32 ATP

Clases de enzimas
Oxidoreductasas
A-Ox +BA+B-Ox
Transferasas
A-Desc+ BA+B-Desc
Hidrolasas
AB + H2O A-H +B-OH
Liasas
AB A+B
Isomerasas
AB
Ligasas
A +BA-B ATP ADP+P

Síntesis de nucleótidos
Pirimidina
Glutamina + HCO3⁻
Enzima CAD*
Fosfato de carbamoilo
Dihidroorotato
Orotato
OMP
UMP
Monofosfato de uridina
Purina
Fosforibosil-Pirofosfato (PRPP)
PRPP-Sintasa
ATP
ADP
5-Fosforibosilamina
IMP
Inosinmonofosfato
HGPRT
UTP Trifosfato de uridina
CTP Trifosfato de citosina
para ARN
GTP Trifosfato de guanosina
ATP Trifosfato de adenosina
Base
Ribonucleótido Reductasa
dTTP deoxi-timidine trifosfato
dCTP desoxi-CTP
para ADN
dGTP desoxi-GTP
dATP desoxi-ATP
Desmontaje
Citosina
Guanina
Adenosina
Timina
Uracilo
Xantina
Hipoxantina
beta-Aminoisobutirato
beta-alanina
Ácido úrico

Particularidad de los ácidos grasos insaturados
(trans)
S-CoA
(cis)
más normal
Gotitas de grasa
TAG-Lipasa*
Triacilglicerina
Glicerina
CoA
Ácidos grasos
Diacilglicerina
ATP
ADP
P
H_2O
Fosfatidato
Lisofosfatidato
Acil-transferasa
Glicerina-3-fosfato
Acil-CoA
(Palmitil-CoA)
C_{16}
Síntesis de lípidos de la Membrana
Flipasa
Glicerofosfolípidos
CMP
Serina / Inositol / Colina
Diacilglicerol CDP
PP
CTP
Esfingosina
Esfinganina
Extensión de ácidos grasos
p. ej. a ácido esteárico (C_{18})
p. ej. ácido oléico (C18 Δ9)
Síntesis de los ácidos grasos no saturados
Peroxisoma
Sustrato H_2
H_2O_2
Catalasa
$H_2O + O_2$
Sustrato
O_2
C_{15} Farnesilo PP
C_{10} Geranilo PP
C_5 Isopentenilo PP

Mitocondria

Magnificación
300.000 veces
1cm=33nm

ADN Mitocondrial
forma de anillo; aprox. 16.500 pares base codifican 37 genes (la mayoría de las proteínas mitocondriales se produce en el citosol)
ARNt
ARNr
Región de control
Genes proteínicos: NADH dehidrogenasa Citocroma c oxidasa Sintasa ATP
Replicación: ADN-Polimerasa γ
Transporte ATP
P
ADP
ATP
Citosol
Espacio intermembranas
Matríz
H⁺
1ATP por 3H⁺
Calor
UCP
Matriz Mitocondrial pH ~8
pH ~7 Espacio intermembranal
Cadena respiratoria
4H⁺
2H⁺
Cit. c
I
II
III
IV
Q
NADH +H⁺
NAD⁺
1/2 O_2 + 2x H⁺
H_2O
Trans-aminación
Piridoxal-fosfato
Piridoxamina-fosfato
Aminoácido
α-cetoglutarato
Transaminasa
AS-Desc
α-ácido ceto
Glutamato
Glutamina
Histidina
Arginina
Prolina
Ciclo de la Urea
Úrea (Forma de eliminación más importante de nitrógeno)
Citrulina
Argininosuccinato
Arginina
Ornitina
Citrulina HCO_3^- NH_3
Carbamoilo-fosfato
Transporte de Malato-Aspartato
Malato Dehidrogenasa
NAD⁺
Malato
Oxalacetato
α-Cetoglutarato
Aspartato amino Transferasa (AST o GOT)
Glutamato
Aspartato
Ciclo del Citrato
Metionina
Valina
Isoleucina
Treonina
Succinilo-CoA
Succinilo-CoA-Sintetasa
Succinato
GTP
Succinato-Dehidrogenasa
FADH₂
Fenilalanina
Tirosina
Fumarato
Fumarato-Hidratasa
Malato
Malato-Dehidrogenasa
NADH+H+
Asparagina
Aspartato
Oxalacetato
Citrato-Sintasa*
Citrato
Aconitasa
Isocitrato
Isocitrato-Dehidrogenasa*
α-Cetoglutarato
α-Cetoglutarato Dehidrogenasa*
Serina
Alanina
Cisteína
Glicina
Treonina
Triptófano
Fenilalanina
Tirosina
Isoleucina
Lisina
Leucina
Triptófano

Degradación de balance de un acetil-CoA

1x GTP	à 1 ATP
3x NADH+H⁺	à 2,5 ATP
1x FADH₂	à 1,5 ATP
	10 ATP

Piruvato
ADP + P
ATP+CO_2
Piruvato-Carboxilasa *
Biotina
CoA
CO_2
NAD⁺ NADH+H⁺
Piruvato-dehidrogenasa *
Acetil-CoA
Cuerpo cetónico
2x Acetil CoA
Acetoacetil CoA
Acetil-CoA
β-HMG-CoA
Acetoacetato
NADH+H⁺
NAD⁺
Acetona
β-Hidroxibutirato
Oxidación β
C_2
8x Acetil CoA
C_4 C_6 C_8 C_{10} C_{12} C_{14} C_{16}
FADH₂
FAD
Transporte de ácidos grasos (Transporte de Carnitina)
Acil-Carnitina
Carnitina + Acil-CoA

Degradación de Balance de ácidos grasos C_{16}

8x Acetil CoA	à 10 ATP
7x FADH₂	à 1,5 ATP
7x NADH⁺	à 2,5 ATP
	108 ATP
Transporte	- 2 ATP
	106 ATP

Transporte de Citrato
Citrato
Oxalacetato
Malato
Fusión y División
Síntesis de grasas
CO_2
Acetil-CoA
Acetil-CoA-Carboxilasa*
C_3 Malonilo-CoA
Sintasa de ácido graso
repetido
una vez
C16 C14 C12 C10 C8 C6 C4
NADP⁺
NADPH+H⁺
Acetoacetil-CoA
C_6 HMG-CoA
HMG-CoA reductasa*
2x NADP⁺ 2x NADPH+H⁺
Mevalonato

Enzimas
Claves de enzimas
→ desarrollo
→ degradación
→ remodelación
⇢ Transporte
→→ Pasos intermedios

Núcleo

Magnificación
400.000 veces
1cm=25nm

Unión protéica al ADNvía hélices α (motivo de cremallera de leucina)
Uniones hormonales al dominio regulatorio
Empalme y Regulación de:
- Expresión genética
- ciclo celular
- muerte celular

Otros tipos de ARN
- ARNsno
- ARNmi
- ARNsn
- ARNsi
- ...

ARN de t(ransferencia)
ARN m(ensajero)
Modificaciones
Protección de la Degradación
punta 5'
cola 3' Poli-A
AAAAA
Empalme
Exon
Intron
RNA activo enzimático
Espliceosoma del snARN
empalme alternativo Variantes de proteínas
Músculo
Hueso
Cerebro
Sitio de unión del peptidil-ARNt
Punto de salida
E P A
Sitio de unión del aminoacil-ARNt
Subunidad grande (60S)
Subunidad pequeña (40S)
gran unidad ribonucleoproteica
Modificación
5S ARN
Procesamiento de proteínas ribosómicas
proteínas
snoARN
45s-ARN
ARN r(ibosómico)
Nucléolo
Transcripción
Burbuja de transcripción
60 Nucleótidos segundo
ARN Transcrito
en particular Quimio-terapias
Lesiones del ADN
Rotura de una cadena por pérdida de Base
Cambios de base (por ej. depuración, despirimidización)
Rotura de doble cadena
Entrecruzamiento del ADN
Complejo Inicial
Mediador
Complejo de Remodelación de Cromatina
Enzimas modificadoras de Histona
Secuencia inicial (caja TATA)
ARN polimerasa
Plantilla de ADN
Separación de las cadenas de ADN
ARN Polimerasa
Cadena de ARN
Los nucleótidos son añadidos al extremo 3' del ARN
Reparación de discordancias (0-30 mutaciones/replicación)
Detección de discordancia por el sistema de reparación
Corte generoso mediante exonucleasa
Llenado del vacío mediante polimerasa α
Conexión de las cadenas mediante ligasa
Replicación
Origen de la Replicación (ori)
Horquilla de replicación
SSB proteins to stabilize the separated single strands
ADN polimerasa ε
Aflojamiento de torsiones y fuerzas de torsión mediante rotura de cadena sencilla con ligadura posterior
Separación de las cadenas de ADN
Helicasa
Plantilla de ADN
Cebador de ARN con uracilo
Extensión de ADN de 5' a 3'; 50-100 Nucleótidos/segundo
Fragmentos Okazaki 5' (100-200 nucleótidos)
Remoción del cebador de ARN mediante nucleasas
Llenado del vacío creado
Ligaduras de las bases no enlazadas
AMP
PP
ATP
OH
Topoisomerasa
ADN polimerasa α
ADN polimerasa δ
Nucleasa
ADN Polimerasa α
ADN Ligasa 1

ADN doble hélice
ca. 2 nm
Guanina
Citosina
Adenina
Timina
surco grande
surco pequeño
Dirección de rotación de la hélice: derecha
Base / Bobinado: 10
Subida / Bobinado: 3.4nm
Tamaño del genoma: 3.2 billones de bases
Genes de Codificación de proteínas: aprox. 21.000
Espina dorsal del Fosfato de Azúcar
Nucleosomas
ADN altamente condensado no transcribible = Heterocromatina
30nm
ADN suelto transcribible = Eucromatina
Octámero de Histonas
Pliegue del cromosoma en el núcleo
aprox. 5 megabases
Cromosoma
sección q
Centrómero
sección p
Telómeros

Contactos entre células

Magnificación
200.000 veces
1cm=50nm

Movimiento espontáneo de partículas
H_2O
Barrera de difusión
Claudina
Ocludina
Uniones estrechas
Enlaces
Intercambio de material entre células
Filamentos intermedios
Desmosomas
Contactos adhesivos para fijar las células entre sí
Caderina
Contactos adherenos
Contactos adhesivos para fijar las células entre sí
Filamentos de actina
ADP
ATP
P

Contactos célula-matriz

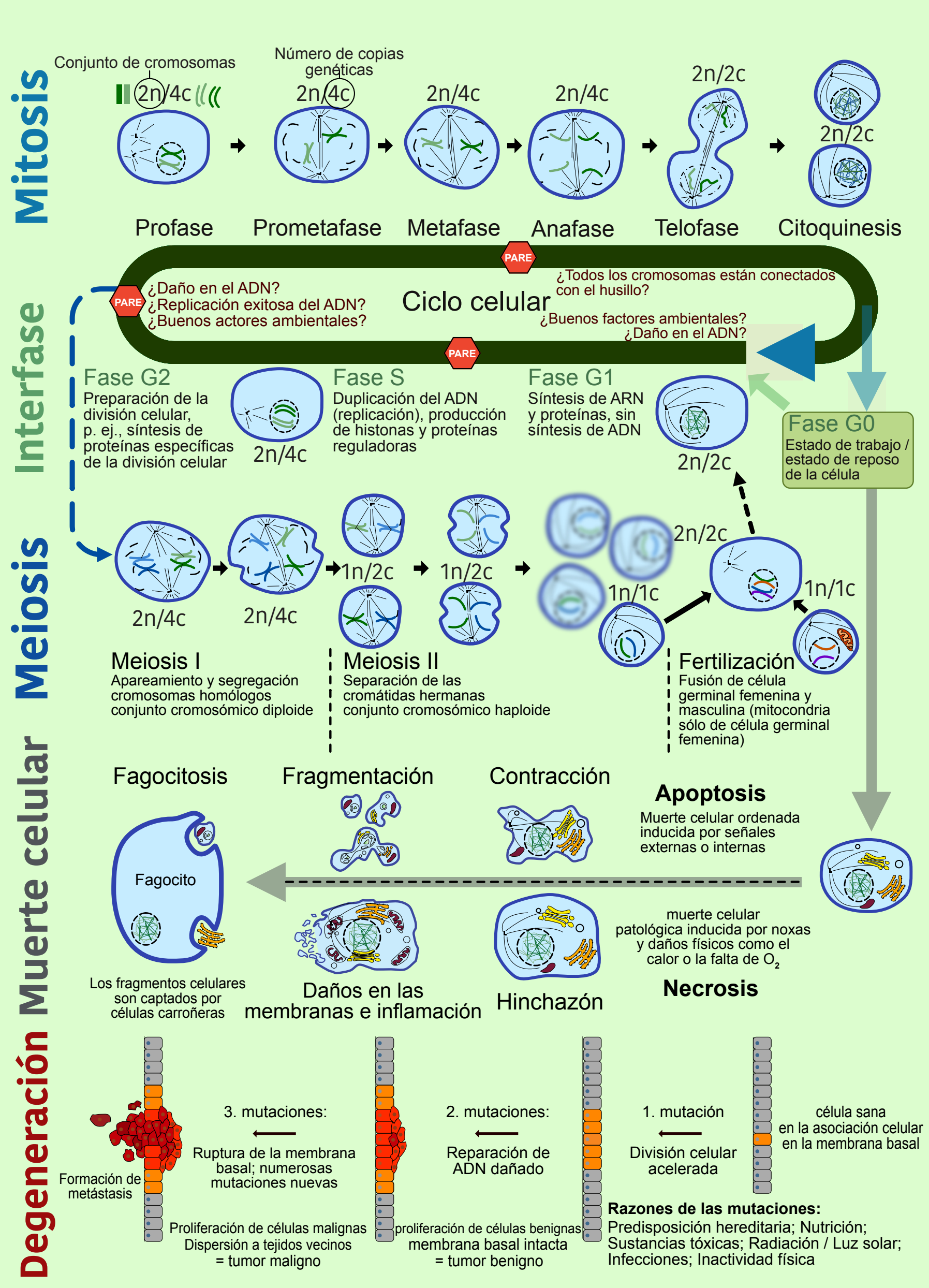
Magnificación
250.000 veces
1cm=40nm

Colágeno fibril
50 nm
Molécula de colágeno
Triplehélice de colágeno
Membrana basal
filamentos de actina
Unidad Alfa + Beta de Integrina
Laminina
Colágeno
Proteoglicanos
Molécula de hialurón
Agrecano
Proteína de enlace
Sulfatos de condroitina y otros azúcares
Estirado
Relajado
Conexión cruzada
fibras elásticas
molécula única de elastina

ER suave
(retículo endoplásmico)

Magnificación
200.000 veces
1cm=50nm

Fase 1 reacción
Oxigenasas Citocroma P-450
Dehidrogenasas y peroxidasas
Sustancia Tóxica
-SH / -OH / -NH
Adhesión de un grupo funcional
Fase 2 reacción
Ácido glucorónico / Ácido sulfúrico / Acetil-CoA Aminoácidos / grupos de Metilo
Residuo soluble en agua
Conjugación con radical soluble en agua
Excreción mediante riñón y bilis
Biotrans-formación
Homeosasis de Ca2+
Almacenamiento de calcio
SERCA
Receptor de Rianoidina
IP3
ADP
ATP
[Calcio]
Proliferación/ Fertilización
Regulación
Exocitosis
Transcripción
Contracción
Síntesis de eicosanoides
Fosfo-lipasa A2
Sintasa de Prostaglandina
Ciclo-oxigenasa
Ácido araquidónico
Hidro-peroxidasa
Lipoxi-genasa
PGG₂
Leucotrienos
PGH₂
Prostaglandinas
Tromboxano
Prostaciclina
A1
A2
C
D
Derivados del Colesterol
Estrógenos
Aromatasa
Andrógenos
Glucocorticoides (cortisol)
Mineralcorticoides (aldosterona)
Progesterona
Pregnenolona
Vitamina D_3
Oxidación, hidrogenación, Conjugación
Ácidos biliares
Dolicol
Ceramida
Ubiquinon
C_{27} Colesterol
Lanosterol
C_{30} Escualeno



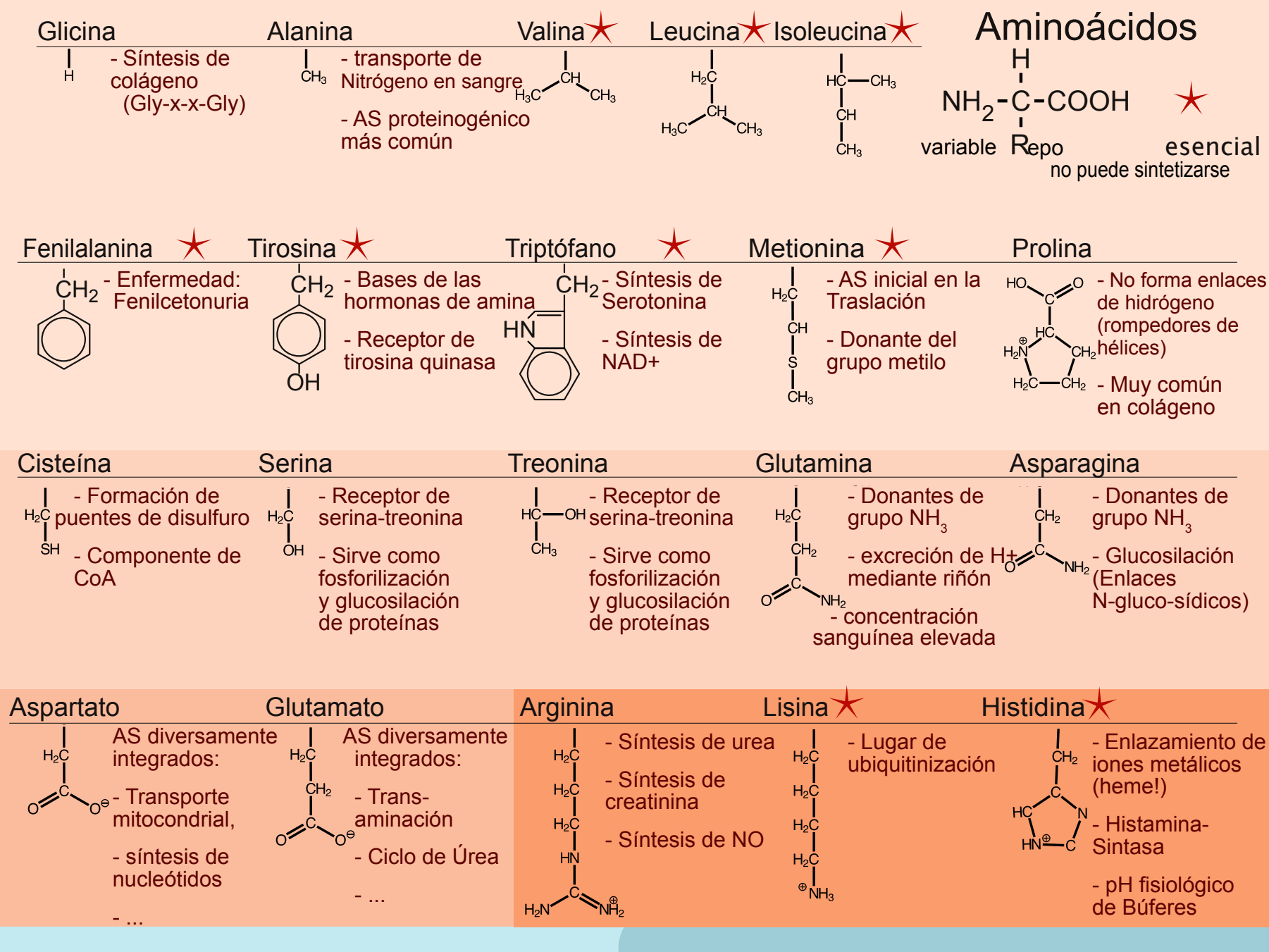
Mitosis
Conjunto de cromosomas
Número de copias genéticas
2n/4c
2n/2c
Profase
Prometafase
Metafase
Anafase
Telofase
Citoquinesis

Interfase
Ciclo celular
PARE
¿Daño en el ADN?
¿Replicación exitosa del ADN?
¿Buenos actores ambientales?
¿Todos los cromosomas están conectados con el husillo?
¿Buenos factores ambientales?
¿Daño en el ADN?
Fase G2
Preparación de la división celular, p. ej., síntesis de proteínas específicas de la división celular
Fase S
Duplicación del ADN (replicación), producción de histonas y proteínas reguladoras
Fase G1
Síntesis de ARN y proteínas, sin síntesis de ADN
Fase G0
Estado de trabajo / estado de reposo de la célula

Meiosis
2n/4c
1n/2c
1n/1c
2n/2c
Meiosis I
Apareamiento y segregación cromosomas homólogos conjunto cromosómico diploide
Meiosis II
Separación de las cromátidas hermanas conjunto cromosómico haploide
Fertilización
Fusión de célula germinal femenina y masculina (mitocondria sólo de célula germinal femenina)

Muerte celular
Fagocitosis
Fragmentación
Contracción
Apoptosis
Muerte celular ordenada inducida por señales externas o internas
Fagocito
Los fragmentos celulares son captados por células carroñeras
Daños en las membranas e inflamación
Hinchazón
muerte celular patológica inducida por noxas y daños físicos como el calor o la falta de O_2
Necrosis

Degeneración
célula sana en la asociación celular en la membrana basal
1. mutación
División celular acelerada
2. mutaciones:
Reparación de ADN dañado
3. mutaciones:
Ruptura de la membrana basal; numerosas mutaciones nuevas
Formación de metástasis
Proliferación de células malignas Dispersión a tejidos vecinos = tumor maligno
proliferación de células benignas membrana basal intacta = tumor benigno
Razones de las mutaciones:
Predisposición hereditaria; Nutrición; Sustancias tóxicas; Radiación / Luz solar; Infecciones; Inactividad física



Aminoácidos
NH_2-C-COOH
H
R
variable
★ esencial
no puede sintetizarse

Glicina
- Síntesis de colágeno (Gly-x-x-Gly)

Alanina
- transporte de Nitrógeno en sangre
- AS proteinogénico más común

Valina ★
Leucina ★
Isoleucina ★

Fenilalanina ★
- Enfermedad: Fenilcetonuria

Tirosina ★
- Bases de las hormonas de amina
- Receptor de tirosina quinasa

Triptófano ★
- Síntesis de Serotonina
- Síntesis de NAD+

Metionina ★
- AS inicial en la Traslación
- Donante del grupo metilo

Prolina
- No forma enlaces de hidrógeno (rompedores de hélices)
- Muy común en colágeno

Cisteína
- Formación de puentes de disulfuro
- Componente de CoA

Serina
- Receptor de serina-treonina
- Sirve como fosforilización y glucosilación de proteínas

Treonina
- Receptor de serina-treonina
- Sirve como fosforilización y glucosilación de proteínas

Glutamina
- Donantes de grupo NH_3
- excreción de H⁺ mediante riñón
- concentración sanguínea elevada

Asparagina
- Donantes de grupo NH_3
- Glucosilación (Enlaces N-gluco-sídicos)

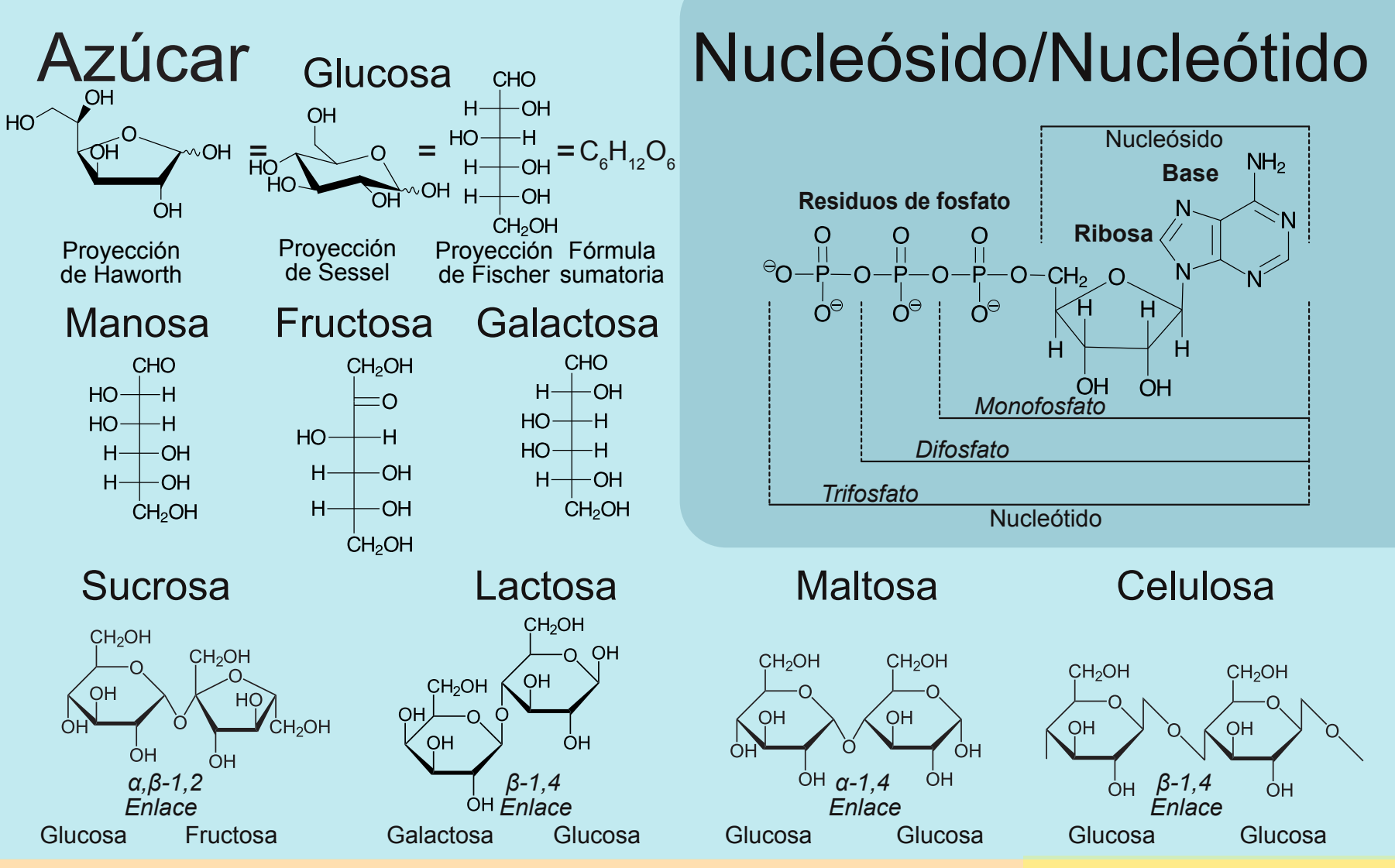
Aspartato
AS diversamente integrados:
- Transporte mitocondrial,
- síntesis de nucleótidos
- ...

Glutamato
AS diversamente integrados:
- Trans-aminación
- Ciclo de Úrea
- ...

Arginina
- Síntesis de urea
- Síntesis de creatinina
- Síntesis de NO

Lisina ★
- Lugar de ubiquitinización

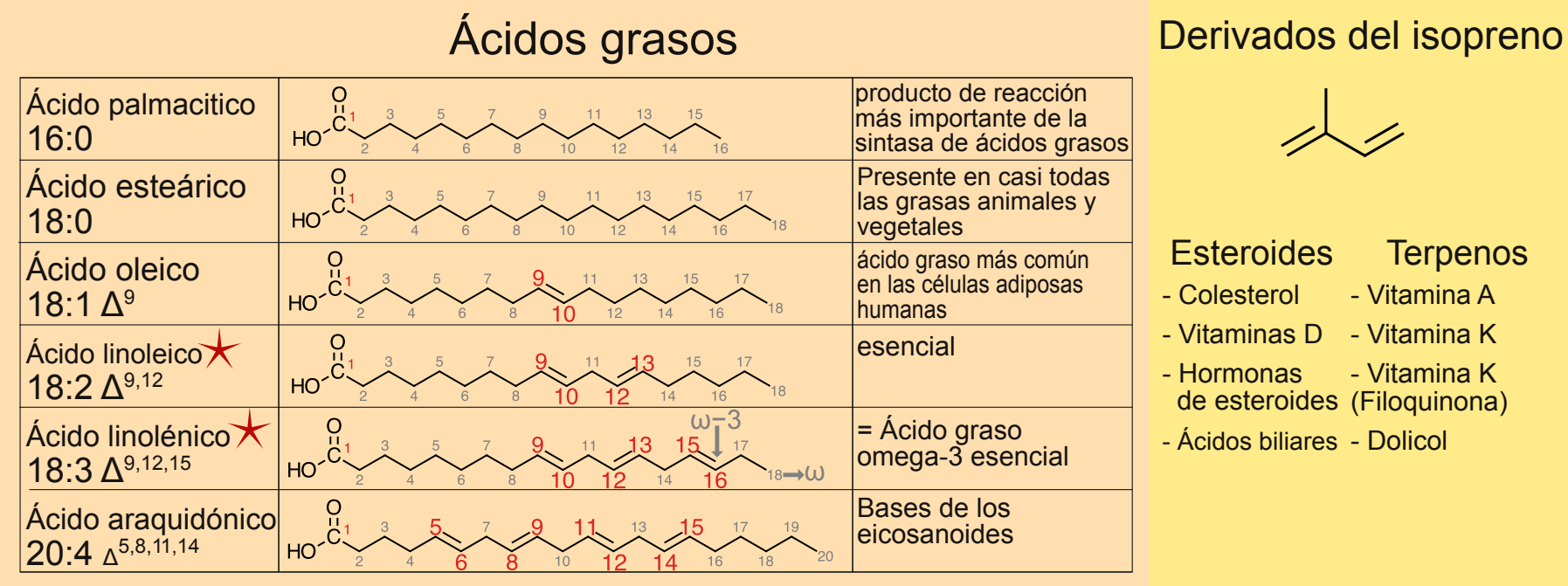
Histidina ★
- Enlazamiento de iones metálicos (heme!)
- Histamina-Sintasa
- pH fisiológico de Búferes



Azúcar
Glucosa
$=C_6H_{12}O_6$
Proyección de Haworth
Proyección de Sessel
Proyección de Fischer
Fórmula sumatoria
Manosa
Fructosa
Galactosa
Sucrosa
α,β-1,2 Enlace
Glucosa
Fructosa
Lactosa
β-1,4 Enlace
Galactosa
Glucosa
Maltosa
α-1,4 Enlace
Glucosa
Glucosa
Celulosa
β-1,4 Enlace
Glucosa
Glucosa

Nucleósido/Nucleótido
Nucleósido
Base
Residuos de fosfato
Ribosa
Monofosfato
Difosfato
Trifosfato
Nucleótido

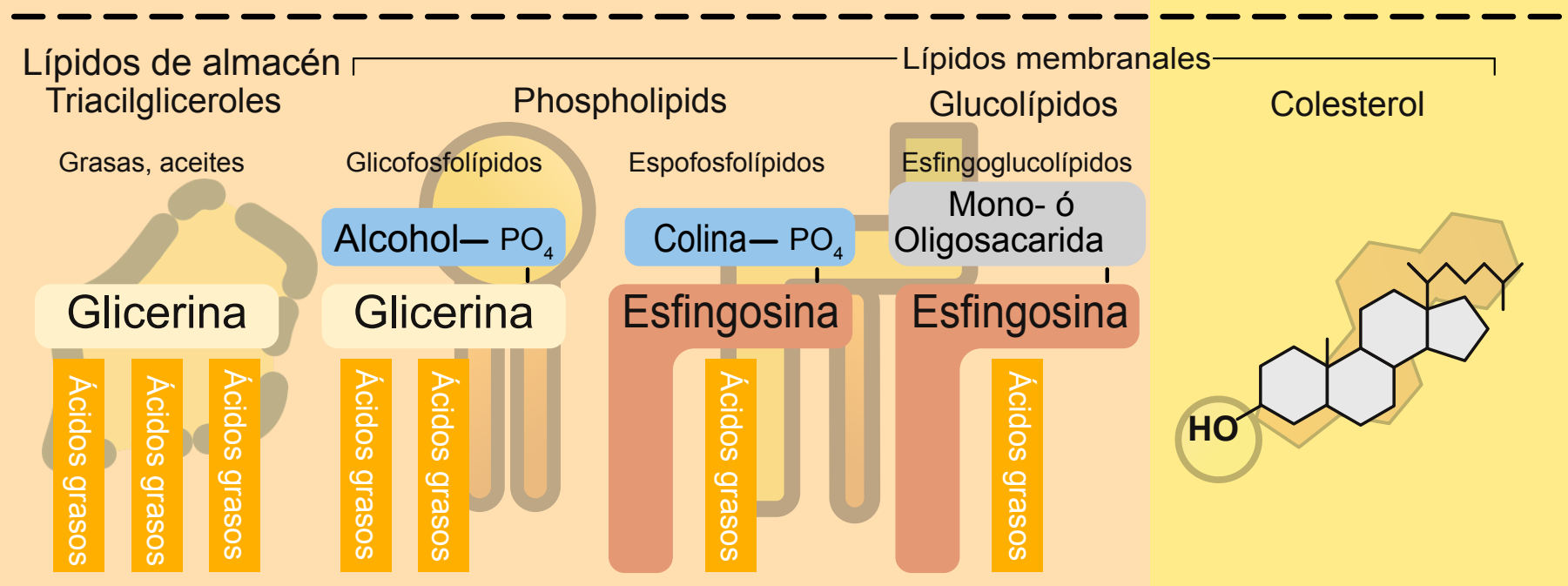
Ácidos grasos



Ácido palmacitico 16:0		producto de reacción más importante de la sintasa de ácidos grasos
Ácido esteárico 18:0		Presente en casi todas las grasas animales y vegetales
Ácido oleico 18:1 Δ^9		ácido graso más común en las células adiposas humanas
Ácido linoleico ★ 18:2 $\Delta^{9,12}$		esencial
Ácido linolénico ★ 18:3 $\Delta^{9,12,15}$		= Ácido graso omega-3 esencial
Ácido araquidónico 20:4 $\Delta^{5,8,11,14}$		Bases de los eicosanoides

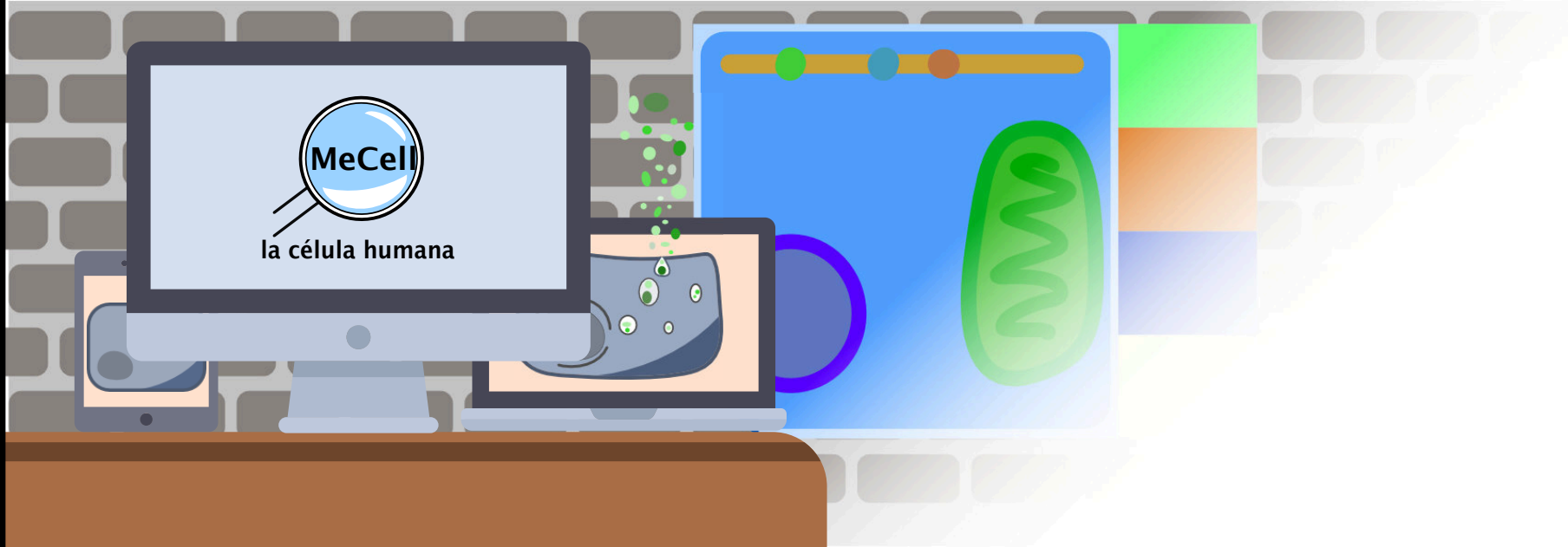
Derivados del isopreno
Esteroides
- Colesterol
- Vitaminas D
- Hormonas de esteroides
- Ácidos biliares

Terpenos
- Vitamina A
- Vitamina K
- Vitamina K (Filoquinona)
- Dolicol



Lípidos de almacén
Triacilgliceroles
Grasas, aceites
Lípidos membranales
Phospholipids
Glicofosfolípidos
Espofosfolípidos
Glucolípidos
Esfingoglucolípidos
Alcohol— PO_4
Colina— PO_4
Mono- ó Oligosacarida
Glicerina
Esfingosina
Ácidos grasos
Colesterol
HO

Constantes	Factores de Conversión		Grupos químicos	
Dalton 1,661 x 10^{-24}g	Longitudes	1m = 10^2cm = 10^3mm = 10^6 µm = 10^9nm =10^{10}Å	Hidroxilo	R-OH
Número de Avogadro 6,022 x 10^{23}/mol	Masa	1kg = 10^3g =10^6mg = 10^9 µg = 10^{12}ng	Carbonilo (Aldehído)	R-C(=O)-H
Constante del gas 8,315J/mol*K	Temperatura	K = °C + 273 °C= 5/9(°F-32)	Carbonilo (cetona)	R-C(=O)-R
	Energía	1J = 0,239 cal 1cal = 4,184J	Carboxilo	R-C(=O)-OH
	Presión	1mmHg = 1,333 x 10^2Pa = 1,32 x 10^{-3}atm	Amino	R-NH_2
			Tiol (sulfhidrilo)	R-SH



MeCell
la célula humana