



**Licenciatur  
a en Medicina humana**

**Nombre del alumno:**

**Yahnisi Alejandra Alegría Hernández**

**Docente:**

**Dr. Guillermo Del Solar Villarreal**

**Asignatura:**

**Bioquímica**

**Cuestionario**

**1°A**

## Cuestionario de estructura tridimensional de las proteínas

1. ¿Qué estructura determina la función de una proteína?
  - a) Secuencia de nucleótidos
  - b) Estructura primaria
  - c) Estructura tridimensional**
  - d) Presencia de iones metálicos
2. Las interacciones más importantes que estabilizan la estructura de una proteína son de naturaleza:
  - a) Covalente
  - b) No covalente**
  - c) Iónica
  - d) Metálica
3. La conformación tridimensional de una proteína está determinada principalmente por:
  - a) Enlaces covalentes
  - b) La secuencia de aminoácidos**
  - c) La interacción con lípidos
  - d) La concentración de sales en el entorno
4. Las proteínas nativas se caracterizan por:
  - a) Poseer múltiples formas estructurales
  - b) Estar desnaturalizadas
  - c) Tener una conformación funcional estable**
  - d) No tener una función específica
5. La energía libre de Gibbs (G) en proteínas plegadas es:
  - a) Alta
  - b) Inestable
  - c) La más baja posible**
  - d) No influyente en la estabilidad
6. La estabilidad de una proteína depende en gran medida de:
  - a) Enlaces disulfuro
  - b) Interacciones débiles**
  - c) La forma de la hélice alfa
  - d) Los residuos de carbono
7. El efecto hidrofóbico es importante porque:
  - a) Facilita la solubilidad en agua
  - b) Promueve la interacción con otras proteínas

c) Estabiliza la conformación globular

d) Aumenta la rigidez estructural

8. La estructura secundaria de las proteínas incluye principalmente:

a) Hélice alfa y hoja beta

b) Hélice alfa y enlaces disulfuro

c) Hojas beta y puentes iónicos

d) Giros de 180 grados

9. El enlace peptídico en las proteínas es:

a) Flexible

b) Rígido y plano

c) Inestable

d) Rompible con poca energía

10. La conformación beta se caracteriza por tener una disposición:

a) Helicoidal

b) Zigzag

c) Circular

d) Desordenada

11. La estabilidad de la hélice alfa se debe principalmente a:

a) Interacciones hidrofóbicas

b) Puentes de hidrógeno

c) Enlaces iónicos

d) Enlaces disulfuro

12. El número de residuos de aminoácidos por giro en la hélice alfa es:

a) 4.5

b) 2.7

c) 3.6

d) 5.2

13. Las proteínas fibrosas son típicamente:

a) Solubles en agua

b) Insolubles en agua

c) Desordenadas estructuralmente

d) De naturaleza globular

14. La hoja beta se estabiliza principalmente por:

a) Enlaces disulfuro

b) Puentes de hidrógeno entre cadenas adyacentes

c) Interacciones hidrofóbicas

d) Puentes iónicos

15. La estructura terciaria de las proteínas está formada por:

- a) Enlaces peptídicos
- b) Hélices alfa y hojas beta
- c) Plegamientos de la cadena polipeptídica**
- d) Interacciones débiles

16. Las proteínas nativas son marginalmente estables porque la diferencia de energía entre los estados plegado y desplegado es:

- a) Muy alta
- b) Muy baja**
- c) Insignificante
- d) Inmanejable

17. El efecto hidrofóbico en la estabilización de proteínas se debe a:

- a) Aumento de entropía del agua circundante**
- b) Disminución de energía interna
- c) Disminución de entropía de la proteína
- d) Incremento en la energía libre

18. La proteína alfa-queratina está involucrada principalmente en:

- a) Catálisis enzimática
- b) Estructura y protección de tejidos**
- c) Transporte de oxígeno
- d) Digestión de lípidos

19. Las proteínas con estructura terciaria globular son generalmente:

- a) Insolubles en agua
- b) Solubles en agua**
- c) Estructuras rígidas
- d) No funcionales

20. El colágeno se organiza en:

- a) Hélices alfa
- b) Triple hélice**
- c) Hojas plegadas
- d) Estructuras globulares

21. Las interacciones no covalentes débiles son importantes en la estabilización de proteínas porque:

- a) Son más fáciles de romper y reformar**
- b) Crean enlaces fuertes
- c) Facilitan la formación de enlaces covalentes
- d) Aumentan la rigidez estructural

22. La desnaturalización de proteínas puede ocurrir por:
- a) Incremento en la entropía
  - b) Temperatura extrema**
  - c) Disminución de energía libre
  - d) Reducción de enlaces disulfuro
23. La renaturalización de una proteína desnaturalizada depende de:
- a) La temperatura
  - b) La secuencia de aminoácidos**
  - c) La concentración de sales
  - d) La interacción con otros polímeros
24. Los giros beta son importantes porque:
- a) Permiten el cambio de dirección en la cadena polipeptídica**
  - b) Estabilizan la hélice alfa
  - c) Rompen los enlaces covalentes
  - d) Permiten la desnaturalización controlada
25. El plegamiento correcto de las proteínas puede ser asistido por:
- a) Chaperonas**
  - b) Proteasas
  - c) Lisosomas
  - d) Complejos ribosómicos
26. La mioglobina es un ejemplo de:
- a) Proteína fibrosa
  - b) Proteína globular**
  - c) Enzima digestiva
  - d) Carbohidrato estructural
27. La hélice alfa del alfa-queratina se estabiliza por:
- a) Interacciones iónicas
  - b) Puentes de hidrógeno**
  - c) Enlaces disulfuro
  - d) Interacciones de Van der Waals
28. El colágeno tipo I se encuentra principalmente en:
- a) Piel y huesos**
  - b) Músculos y corazón
  - c) Enzimas y hormonas
  - d) Plasma sanguíneo

29. La función principal de la mioglobina es:

a) Almacenamiento y liberación de oxígeno en células musculares

b) Transporte de lípidos

c) Catálisis de reacciones químicas

d) Digestión de carbohidratos

30. Las proteínas nativas tienden a mantener su estructura gracias a:

a) Interacciones hidrofóbicas y enlaces de hidrógeno

b) Interacciones iónicas exclusivamente

c) Disminución de la energía cinética

d) Incremento de la temperatura

# Estructuras tridimensional de las proteínas

Las proteínas son moléculas grandes.

Todas las proteínas poseen una o más estructuras tridimensionales o conformaciones, que son un reflejo de su función.

La estructura proteica está estabilizada en su mayor parte por múltiples interacciones débiles. El efecto hidrofóbico, derivado del incremento de la entropía del agua circundante cuando se agrupan moléculas o grupos apolares.

La naturaleza de los enlaces covalentes en el esqueleto polipeptídico impone limitaciones en la estructura.

La estruct. Secundaria es la disposición espacial local de los átomos de cadena principal en un determinado segmento de la cadena polipeptídica, las estructuras secundarias regulares más comunes son la hélice  $\alpha$ , la conformación  $\beta$  y los giros  $\beta$ .

Las estructuras terciarias es la estructura tridimensional completa de una cadena polipeptídica. Muchas proteínas pertenecen a una de las dos clases generales de proteínas en base a la estructura terciaria: Fibrosas y globulares, las proteínas fibrosas, que desempeñan mayoritariamente papeles estructurales, están formadas por elementos repetitivos simples de estructura secundaria.

Las proteínas globulares tienen estructuras terciarias más complicadas que a menudo contienen varios tipos de estructura secundaria en la misma cadena polipeptídica. La estructura tridimensional y la función de la mayoría de proteínas puede destruirse por desnaturalización, lo que demuestra la relación entre estructura y función. Muchas proteínas reciben la asistencia de chaperonas Hsp 70 y de chaperoninas en su plegamiento.

# Estructuras tridimensionales de las proteínas

DÍA	MES	AÑO
24	sep	2024

La estructura o estructuras tridimensionales adoptadas por una proteína vienen determinadas por su secuencia de aminoácidos. La función de la proteína depende de su estructura.

La mayoría de las proteínas aisladas existen en una única forma estructural o un pequeño número de ellas.

Las fuerzas más importantes que estabilizan la estructura específica de una proteína son de naturaleza no covalente; el efecto hidrofóbico es particularmente importante.

Dentro del gran número de estructuras proteicas únicas, es posible reconocer algunos patrones estructurales comunes que nos ayudan a organizar nuestros conocimientos sobre la arquitectura de las proteínas.

La estructura de las proteínas no es estática. Todas las estructuras de proteínas experimentan cambios.

Se denomina conformación a la disposición espacial de los átomos de una proteína o parte de la misma.

Las posibles conformaciones de una proteína o segmento proteico incluyen cualquier estado estructural que pueda lograrse sin romper enlaces covalentes.

Un cambio de conformación puede ser, el resultado de la rotación alrededor de enlaces sencillos.

La necesidad de la existencia de múltiples conformaciones estables refleja los cambios que deben producirse en la mayor parte de las proteínas cuando se unen a otras moléculas o catalizan reacciones, la conformación existentes en unas condiciones determinadas son generalmente las más estables termodinámicamente, es decir, poseen la menor energía libre de Gibbs ( $G$ ).

El término estabilidad se define como la tendencia a mantener la conformación nativa.

Las proteínas nativas solo son marginalmente estables.

Entre las interacciones químicas que contrarrestan estos efectos y estabilizan conformaciones nativas que incluyen los enlaces disulfuro y las interacciones débiles.



DA MILANO  
24 Sep 2024

Principales interacciones no covalentes: Son importantes en el mantenimiento de estructura de las proteínas.

La menor energía de estas interacciones es las que hacen importantes dado que pueden romperse y volverse a formar durante las interacciones moleculares.

La rotura de un solo enlace covalente requiere cerca de 200 a 460 kJ/mol, mientras que las interacciones pueden romperse con tan sólo 0.4 a 30 kJ/mol.

Enlaces covalentes individuales que contribuyen a las formaciones nativas de las proteínas, tales como enlaces disulfuro que unen partes separadas, de una única cadena polipeptídica.

Los enlaces covalentes no peptídicos especialmente los enlaces disulfuro, contribuyen a la estabilización de la estructura de algunas proteínas.

La naturaleza de los enlaces covalentes en el esqueleto polipeptídico impone limitaciones en la estructura.

Los 6 átomos del grupo peptídico se encuentran en el mismo plano, con el átomo de oxígeno del grupo carbonílico en posición trans respecto al átomo de H del N amida.

El hélice alfa es una estructura secundaria habitual a las proteínas, se forma cuando la cadena de aminoácidos se enrolla en una espiral dextrógira (hacia la derecha).

Giros y residuos: Cada giro de la hélice alfa contiene aprox. 3.6 residuos de aminoácidos.

Puentes de H: La estabilidad de hélice alfa se debe a los puentes de hidrógeno.

Disposición de los grupos R: Se extienden hacia el exterior de la hélice.

Toda proteína posee una o más estructuras tridimensionales, o conformaciones, que son un reflejo de su función.

Algunas proteínas tienen segmentos intrínsecamente desordenados.

La estructura proteica está estabilizada en su mayor parte por múltiples interacciones débiles.

El efecto hidrofóbico, derivado del incremento de la entropía del agua circundante cuando se agrupan en moléculas o grupos apolares, son las que más contribuye a la estabilización de la forma globular de la mayoría de proteínas solubles.

También contribuyen la interacción de Van der Waals. Los enlaces de hidrógeno y las interacciones iónicas están optimizados en estructuras más estables termodinámicamente.

Los enlaces covalentes no peptídicos, especialmente los enlaces disulfuro, contribuyen a la estabilización.

Estructuras secundarias de las proteínas:

La estructura secundaria es la disposición espacial local de los átomos de cadena principal en un determinado segmento de la capa polipeptídica.

Las estructuras secundarias regulares más comunes son las hélice  $\alpha$ , conformación  $\beta$  y giros  $\beta$ .

La estructura secundaria de un segmento polipeptídico puede definirse completamente si se conocen los valores de los ángulos  $\phi$  y  $\psi$  de todos los aminoácidos del segmento.

Estructura terciaria es la estructura tridimensional completa de una cadena polipeptídica.

Muchas proteínas permanecen o pertenecen a una de las dos clases generales de proteínas en base a la estructura terciaria: fibrosas y globulares.

Las proteínas fibrosas, que desempeñan la mayoría de papeles estructurales, están formadas por elementos repetitivos simples de estructura secundaria.

Las proteínas globulares tienen estructuras terciarias más complicadas que a menudo contienen varios tipos de estructuras secundarias en las mismas cadenas polipeptídicas.

La primera proteína globular cuya estructura se determinó mediante métodos de difracción de rayos X fue la mioglobulina.

Las complejas estructuras de las proteínas globulares pueden analizarse examinando los modelos de plegamiento denominados motivos.

Los miles de estructuras proteicas conocidas suelen ser construidas a partir de un repertorio de sólo unos pocos centenares de motivos.

Los dominios son regiones de la cadena polipeptídica que pueden plegarse de forma estable e independiente.