



NOMBRE DE LA ALUMNA : Rubí Yadelín Santiago Lanza

NOMBRE DE LA MATERIA: BIOQUÍMICA TEMA:

Resumen y cuestionarios.

NOMBRE DEL MAESTRO: Del solar Villareal Guillermo

NOMBRE DE MA CARRERA: Medicina Humana

PARCIAL: Segundo parcial

GRADO: 1 GRUPO:A

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 de la 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

RESUMEN DE LA ESTRUCTURA TRIDIMENSIONAL DE LAS PROTEÍNAS

- Estructura tridimensional de las proteínas. -

D M A

Scribe

Las proteínas son moléculas grandes. El esqueleto covalente de una proteína típica se compone de centenares de enlaces individuales. Las estructuras tridimensionales adoptadas por una proteína vienen determinadas por su secuencia de aminoácidos. La función de una proteína depende de su estructura, la estructura de las proteínas no es estática.

Visión general de la estructura de las proteínas.

Las proteínas son macromoléculas compuestas por cadenas de aminoácidos. Desempeñan funciones cruciales en los organismos vivos, como catalizadores (enzimas), transporte, defensa (anticuerpos), y estructura (colágeno). Los bloques de construcción básicos de las proteínas. Hay 20 aminoácidos estándar que se combinan en diferentes secuencias para formar diversas proteínas, cada una con propiedades y funciones únicas. Se revisa brevemente la importancia de los cuatro niveles de estructura (primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria) como base para entender cómo se pliegan y funcionan las proteínas. Se enfatiza que el plegamiento adecuado es esencial para la función proteica. El proceso es guiado por interacciones entre los aminoácidos y puede ser asistido por chaperonas. Se mencionan factores como cambios en temperatura, pH o concentración salina pueden causar la desnaturalización, llevando a la pérdida de la estructura y función proteica. La forma tridimensional de una proteína está directamente relacionada con su función biológica. Cambios en la estructura pueden alterar su actividad. Se discuten técnicas como cristalografía de rayos x y espectroscopia para determinar estructuras proteicas, lo que ha sido fundamental para entender su funcionamiento.

Estructura secundaria de las proteínas.

Se refiere a las conformaciones locales que adoptan las cadenas polipeptídicas debido a enlaces de hidrógeno entre los átomos del esqueleto de la cadena. Estas estructuras son fundamentales para el plegamiento y estabilidad de la proteína.

Helice alfa. Estructura en espiral donde cada vuelta de la helice está estabilizada por enlaces de hidrógeno entre el grupo carbonilo ($C=O$) de un aminoácido y el grupo amino ($N-H$) de otro que se

encuentra cuatro posiciones más adelante en la cadena.

Hoja beta. Se forma cuando segmentos de la cadena polipeptídica se alinean y forman una estructura plana o plegada. Enlaces de hidrógeno se establecen entre los grupos carbonilo y amino de cadenas adyacentes, lo que puede dar lugar a hojas beta paralelas o antiparalelas, dependiendo de la dirección en que están dispuestas las cadenas. Además de las hélices alfa y hojas beta, también existen giros (turns) y bucles que permiten que las cadenas polipeptídicas cambien de dirección. Estos elementos son importantes para conectar diferentes regiones estructurales y contribuir a la flexibilidad y funcionalidad. La estabilidad de la estructura secundaria está influenciada por factores como la naturaleza química de los aminoácidos involucrados y el entorno físico, incluyendo el pH y la temperatura. Las estructuras secundarias son críticas porque proporcionan un marco para el plegamiento adicional hacia estructuras terciarias más complejas, lo que a su vez determina la función biológica de la proteína.

Estructura Terciaria

Se refiere a la disposición tridimensional de una cadena polipeptídica. Esta estructura es el resultado de interacciones entre los grupos R de los aminoácidos, que incluyen enlaces de hidrógeno, interacciones hidrofóbicas, enlaces iónicos y puentes disulfuro. La forma final es crucial para la función de la proteína, ya que determina cómo interactúa con otras moléculas.

Estructura cuaternaria

Se refiere a la asociación de múltiples cadenas polipeptídicas (subunidades) para formar una proteína funcional. No todas las proteínas tienen esta estructura; aquellas que sí lo hacen tienen subunidades que pueden ser idénticas o diferentes. La interacción entre estas subunidades es similar a las interacciones en la estructura terciaria y también es esencial para la función biológica del complejo proteico.

Desnaturalización y plegamiento de proteínas

D M A

Scribe®

La desnaturalización de proteínas es el proceso en el que una proteína pierde su estructura tridimensional nativa debido a la ruptura de los enlaces que mantienen su conformación, como los enlaces de hidrógeno, interacciones hidrofóbicas y puentes disulfuro. Esto puede ser causado por factores como cambios en la temperatura, pH, o la presencia de agentes químicos (como detergentes o solventes). Cuando una proteína se desnaturaliza, generalmente pierde su actividad biológica, ya que la forma es crucial para su función.

El plegamiento de proteínas es el proceso mediante el cual una cadena polipeptídica se pliega en su estructura tridimensional funcional. Este proceso es altamente específico y está guiado por la secuencia de aminoácidos, que determina cómo se interaccionan entre sí. El plegamiento puede ser asistido por chaperonas moleculares, que ayudan a prevenir el mal plegamiento y a asegurar que las proteínas alcancen su conformación correcta. Un plegamiento inadecuado puede llevar a enfermedades, como la amiloidosis.

