



Mi Universidad

CUESTIONARIO Y

RESUMEN

Yareli Monserrat Citalán Villanueva

Cuestionarios

Primer Parcial

Bioquímica

Dr. Guillermo Del Solar Villareal

Medicina Humana

Ier Semestre

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 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

VISIÓN GENERAL

Las proteínas pueden adoptar un número muy grande de conformaciones, cada proteína posee una estructura tridimensional única, esto depende de la secuencia de aminoácidos en una cadena polipeptídica, conformación se refiere a la disposición espacial de los átomos de una proteína, esto incluye cualquier estado estructural que pueda lograrse sin romper sus enlaces covalentes, las proteínas nativas son la estructura plegada más estable o también son las que se encuentran en cualquier conformación funcional y plegada.

LA CONFORMACIÓN DE UNA PROTEÍNA ESTA ESTABILIZADA POR INTERACCIONES DÉBILES

Al hablar de estabilidad nos referimos a la tendencia a mantener conformación nativa, un ejemplo de interacciones débiles son las interacciones hidrofóbicas que se producen al plegarse un polipéptido los radicales hidrofóbicos se acercan y después las moléculas de agua muy ordenadas en una capa de solvatación se liberan del interior aumentando el desorden, la capa de solvatación es cuando una proteína se solubiliza quedando recubierta por una capa de moléculas de agua que impide que puedan unirse con otras proteínas.

ENCUENQUE PEPTÍDICO ES RÍGIDO Y PLANO

Se debe a que los seis átomos del grupo peptídico se encuentran en el mismo plano, unidos por doble enlace y no pueden girar.

Toda proteína posee una o más estructuras tridimensionales o conformaciones que son un reflejo de su función, los enlaces covalentes no peptídicos especialmente los enlaces de disulfuro contribuyen a la estabilización de la estructura de algunas proteínas.

ESTRUCTURA SECUNDARIA

Se refiere a cualquier segmento de una cadena polipeptídica y describe la distribución local de los átomos de su cadena principal, existe un número limitado de estructuras secundarias que son particularmente estables y que se encuentran ampliamente distribuidas en las proteínas, como las conformaciones de hélice α y β o giro β

LA HÉLICE α ES UNA ESTRUCTURA SECUNDARIA HABITUAL EN LAS PROTEÍNAS. Se encuentra fuertemente enrollado alrededor del eje longitudinal imaginario de la molécula y los grupos R de los residuos de aminoácidos sobresalen del esqueleto helicoidal hacia el exterior, la estabilidad de la hélice α se debe a los puentes de hidrógeno que se forman en el grupo carbonilo, cada giro de la hélice α contiene aproximadamente 3-6 residuos de aminoácidos, se enrolla en una espiral dextrógiro (hacia la derecha)

LA SECUENCIA DE AMINOÁCIDOS AFECTA A LA ESTABILIDAD DE HÉLICE α . No todos los polipeptidos pueden formar una hélice estable, una de las restricciones es la presencia de residuos pro o Gly

LA CONFORMACIÓN β ORGANIZA CADENAS POLIPEPTÍDICAS EN UNA TORNA DE HOJA. Se encuentra extendido en zig zag en lugar de plegarse como una hélice. Dentro de esta hoja se encuentran enlaces de hidrógeno en tres segmentos adyacentes de cadena polipeptídica.

LOS GIROS BETA SON FRECUENTES EN PROTEÍNAS

En las proteínas globulares con una estructura de plegamiento compacta algunos residuos de aminoácidos están en giros o en bloques donde la cadena polipeptídica cambia de dirección, estos son elementos de conexión que van a unir tramos sucesivos de hélices o con conformaciones. Los giros β que conectan los extremos adyacentes de hojas β antiparalelas son especialmente frecuentes.

ESC. TERCIARIA Y CUATERNARIA

La disposición tridimensional global de todos los átomos de una proteína se conoce como estructura terciaria, mientras que el término estructura secundaria se refiere al ordenamiento espacial de residuos aminoácidos adyacentes en un segmento polipeptídico, incluye aspectos de largo alcance en la secuencia de aminoácidos.

Las proteínas se pueden clasificar en 2 grupos principales

- Proteínas fibrosas, que presentan cadenas polipeptídicas dispuestas en largas hebras y hojas y proteínas globulares con cadenas polipeptídicas plegadas en formas globulares o esféricas

Las proteínas fibrosas están adaptadas a una función estructural

La α -queratina, el colágeno y la fibroína de la seda son ejemplos claros de la relación entre estructura proteica y función biológica.