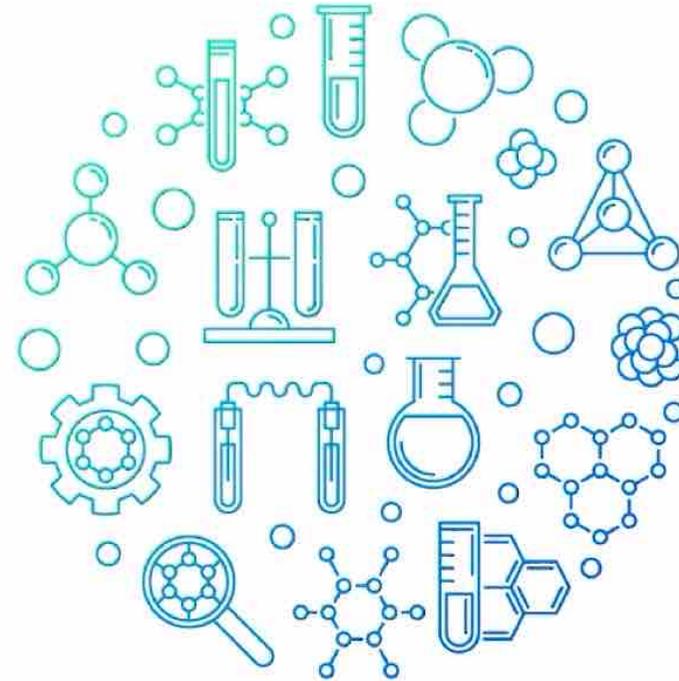


CUESTIONARIO

ZURY ANGELITA GONZÁLEZ SALAS 

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 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

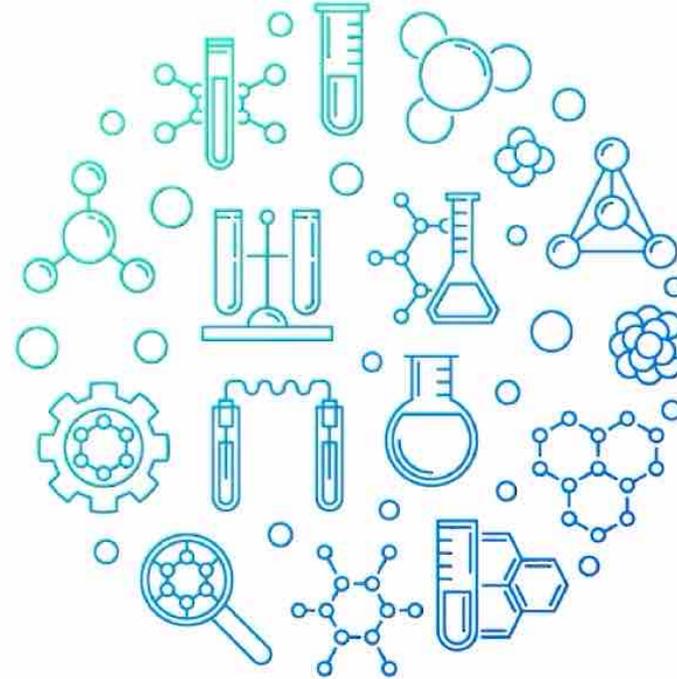
30. Las proteínas nativas tienden a mantener su estructura gracias a:

- a) Interacciones hidrofóbicas y enlaces de hidrógeno
- b) Interacciones iónicas exclusivamente
- c) Disminución de la energía cinética
- d) Incremento de la temperatura

RESÚMENES

ZURY ANGELITA GONZÁLEZ SALAS 

1 A



ESTRUCTURA TRIDIMENSIONAL DE LAS PROTEINAS

Las proteínas son moléculas grandes. El esqueleto covalente de una proteína típica se compone de centenares de enlaces individuales. Dado que es posible la rotación libre alrededor de muchos de estos enlaces, las proteínas pueden adoptar, en principio, un número ilimitado de conformaciones. Sin embargo cada proteína tiene una función química o estructural específica, lo que sugiere que cada proteína posee una estructura tridimensional única. A finales de los años 1920 se habían cristalizado varias proteínas, entre ellas la hemoglobina y el enzima ureasa. Dado que, en general, la ordenación de las moléculas en un cristal sólo se puede dar cuando las unidades moleculares que componen el cristal son idénticas, el simple hecho de que las proteínas pueden cristalizar es una prueba muy importante de que incluso las proteínas muy grandes son entidades químicas discretas con estructura única. Esta conclusión revolucionó el pensamiento vigente acerca de las proteínas y sus funciones, pero dio lugar a una visión incompleta. La estructura de las proteínas siempre es maleable, a veces de manera sorprendente. Los cambios estructurales pueden ser tan importantes para la función de las proteínas como la estructura misma.

"Visión general de la estructura de las proteínas"

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, por ejemplo, el resultado de la rotación alrededor de enlaces sencillos.

De entre las numerosas conformaciones teóricamente posibles para una proteína que contiene cientos de enlaces sencillos, hay una o más generalmente, unas pocas, que predominan en condiciones biológicas. La necesidad de la existencia de múltiples conformaciones estables refleja los cambios que deben producirse en la mayor parte de proteínas cuando se unen a otras moléculas o catalizan reacciones. Las conformaciones existentes en unas condiciones determinadas son generalmente la más estables termodinámica, es decir, las que poseen la menor energía libre de Gibbs (G). Las proteínas que se encuentran en cualquiera de sus conformaciones funcionales y plegadas se denominan proteínas nativas.

"La conformación de una proteína está estabilizada principalmente por interacciones débiles".

En el contexto de la estructura de proteínas, el término **estabilidad** puede definirse como la tendencia a mantener la conformación nativa. Las proteínas nativas solo son marginalmente estables. La ΔG entre los estados plegados y desplegado en condiciones fisiológicas se encuentra, normalmente, en el intervalo de tan solo 20 a 65 kJ/mol. Una cadena polipeptídica determinada puede asumir teóricamente incontables conformaciones diferentes, lo que hace que su estado desplegado se caracterice por un alto valor de la entropía conformacional. Este valor de la entropía, junto con las interacciones por enlace de hidrógeno de muchos grupos de la cadena polipeptídica con el disolvente (agua), tiende a favorecer el mantenimiento del estado desplegado. El medio intracelular es en la mayor de los casos muy reductor debido a las elevadas concentraciones de sustancias reductoras como el glutatión, por lo que la mayoría de grupos sulfhidrilo permanece reducido.

"El enlace peptídico es plano y rígido"

Los enlaces covalentes también imponen límites importantes a las posibles conformaciones de un polipéptido. A finales de la década de 1930, Linus Pauling y Robert Corey iniciaron una serie de estudios que sentaron las bases de nuestro conocimiento actual sobre la estructura proteica. Empezaron con un análisis cuidadoso del enlace peptídico.

El oxígeno tiene carga negativa parcial y el hidrógeno unido de nitrógeno y el nitrógeno carga neta positiva parcial, formando un pequeño dipolo eléctrico. Los seis 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 hidrógeno del nitrógeno amida. A partir de estos descubrimientos, Pauling y Corey dedujeron que los enlaces peptídicos, no pueden girar libremente.