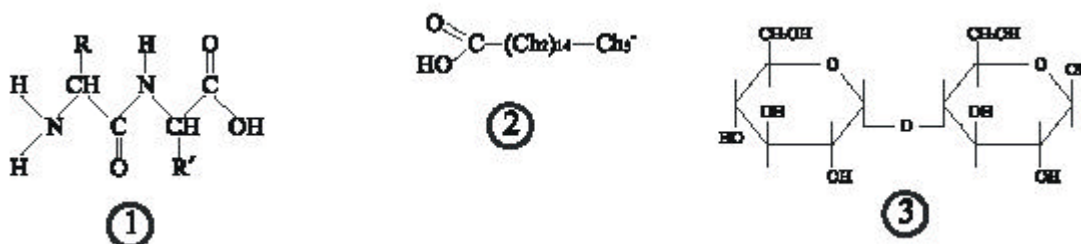


1.



Na figura móstranse TRES biomoléculas identificadas cun número:

- ¿Que biomoléculas se representan?
- ¿Que tipo de enlace característico aparece na 1?, ¿e na 3?
- ¿Como se comportaría a molécula 2 nun medio acuoso?
- Cita unha ruta metabólica específica da molécula 2 e outra relacionada coa 3. Indica dúas rutas metabólicas comúns á 2 e á 3.
- ¿Que niveis estruturais poden establecer as moléculas do tipo 1?

Solución:

a) Las tres biomoléculas representadas en la figura son:

- Dipéptido.
- Ácido graso.
- Disacárido.

b) Un dipéptido está formado por una unión de dos aminoácidos mediante **enlace peptídico** que es un enlace covalente que tiene lugar entre el grupo carboxilo de un aminoácido y el grupo amino de otro, con la formación de una molécula de agua.

Un disacárido está constituido por la unión de dos monosacáridos mediante **enlace O-glucosídico**. Este tipo de enlace se establece entre dos grupos hidroxilo de dos monosacáridos con la liberación o formación de una molécula de agua.

c) Los **ácidos grasos** son los lípidos más sencillos y es muy raro encontrarlos en estado libre. Todos ellos poseen una cadena hidrocarbonada larga de tipo alifático, (es decir, una cadena hidrocarbonada lineal con un nº par de carbonos, entre 14 y 22), y un grupo carboxilo terminal (-COOH).

Los ácidos grasos son **anfipáticos**, es decir, presentan una clara bipolaridad en su molécula al ser la cadena alifática una zona apolar y el grupo carboxilo una zona polar. En medio acuoso, la parte polar del ácido graso interacciona con los dipolos de la molécula de agua, mientras que la parte apolar, tiene a repelar el agua. Este fenómeno conduce a que diferentes moléculas de ácidos grasos interaccionen entre ellas y formen micelas y bicapas, estructuras en las que las partes polares se orientan hacia el medio acuoso y las apolares se orientan en el interior, evitando el contacto con el agua.

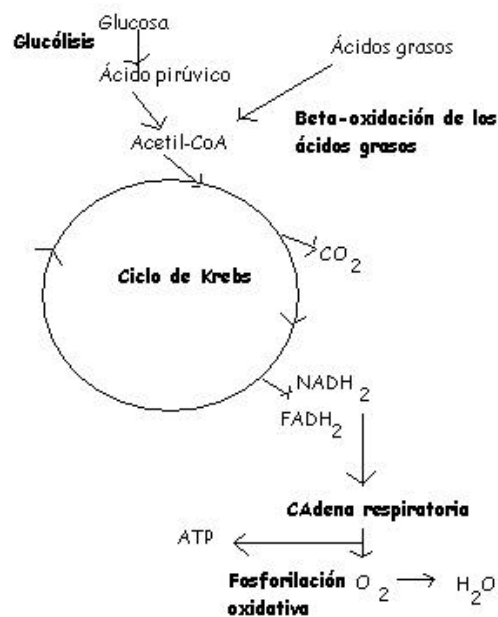
d) Las rutas degradativas de los glúcidos y ácidos grasos se conectan a la cadena respiratoria a través del ciclo de Krebs:

- *Catabolismo de glúcidos*: A través de la **glucólisis** se originan dos moléculas de ácido pirúvico a partir de una molécula de glucosa (proveniente de la hidrólisis del disacárido). El ácido pirúvico es catabolizado a acetil-CoA que penetra en el ciclo para su completa degradación.

- *Catabolismo de lípidos*: Los ácidos grasos provenientes de la hidrólisis de triglicéridos penetran en la ruta metabólica denominada **β -oxidación de los ácidos grasos**, en la que se producen moléculas de acetil-CoA que penetran en ciclo de Krebs degradándose completamente de forma aeróbica.

Durante el ciclo de Krebs, el grupo acetilo del acetil-CoA procedente del piruvato obtenido en la glucólisis o de la degradación metabólica de ácidos grasos, es degradado a CO_2 y a átomos de hidrógeno. Los protones obtenidos de la deshidrogenación son transferidos a las coenzimas NADH y FADH_2 . La reoxidación de estas coenzimas tiene lugar en la **cadena respiratoria** obteniéndose ATP mediante **fosforilación oxidativa**.

En el siguiente esquema están representadas las distintas rutas de oxidación de estas moléculas.



e) La composición y forma de una proteína viene definida por cuatro estructuras, éstas tienen un carácter jerarquizado, es decir, implican unos niveles o grados de complejidad creciente que dan lugar a los cuatro tipos de estructuras: primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria.

La **estructura primaria** de una proteína es la secuencia lineal de los aminoácidos que contiene, es decir, el número y el orden en el que se encuentran.

La **estructura secundaria** de una proteína se refiere a la ordenación regular y periódica en el espacio de la cadena polipeptídica a lo largo de una dirección. Puede decirse también, que es la disposición de la estructura primaria en el espacio. Existen dos modelos o tipos de estructuras secundarias: Hélice α y lámina β .

La **estructura terciaria** de una proteína informa de la disposición de la estructura secundaria en el espacio y, por tanto, del tipo de conformación tridimensional que posee. La conformación más frecuente que adoptan las proteínas es la globular. Las funciones biológicas que realizan las proteínas dependen de la estructura terciaria que éstas poseen.

La **estructura cuaternaria** de una proteína informa que ésta está compuesta de más de una cadena polipeptídica, y hace referencia al modo en que se asocian las cadenas o subunidades para constituir la proteína activa.