**La vida en tres dimensiones**

**¿En qué células encontramos hemoglobina?**

La hemoglobina es una proteína que se halla en los glóbulos rojos de la sangre, que transporta oxígeno a los órganos y tejidos del cuerpo y dióxido de carbono desde los órganos y tejidos hasta los pulmones

**¿Para qué es utilizado este oxígeno a nivel celular?**

Para que los alimentos (sobre todo los alimentos energéticos como los glúcidos o las grasas) liberen esa energía, la célula los oxida completamente en un proceso llamado RESPIRACIÓN CELULAR, que ocurre en las mitocondrias y que necesita oxígeno. Ese es el destino del oxígeno que tomamos por los pulmones.

**¿Cómo crees que es transportada esta molécula de O2 por la hemoglobina?**

El oxígeno es transportado tanto físicamente disuelto en la sangre como químicamente combinado con la hemoglobina en los eritrocitos; en circunstancias normales mucho más oxígeno es transportado combinado con hemoglobina que físicamente disuelto en la sangre, ya que, sin hemoglobina, el sistema cardiovascular no podría proporcionar suficiente oxígeno para satisfacer las demandas de los tejidos.

**¿Qué información nos provee esta página?**

Toda la información recabada hasta el momento de las proteínas identificadas.

**¿Cómo se determinó la estructura de esta proteína?**

A través de la cristalización se puede tomar fotografías que permiten identificar la estructura.

**A la izquierda vemos una representación de la estructura de ubiquitina. ¿Qué significan las cintas, las flechas y las regiones angostas?**

las estructuras α hélice se representan con cintas

las hebras β se representan con flechas amplias

los loops son representados con regiones angostas.

**¿Representa esa imagen a la realidad del sistema biológico?**

No dado que la proteína tiene movimiento y esto es un momento de ese movimiento.

**La estructura 2W6V fue “refinada a una resolución de 1.8 Angstroms”. Éste es el error asociado al experimento: mientras mayor es la resolución, menor es la certeza al determinar la posición de cada átomo. ¿Cuál es la utilidad y los condicionamientos de usar un modelo científico que sabemos inexacto?**

Dado que no es exacto nos permite dar aproximaciones muy certeras que por diferentes cálculos matemáticos podemos predecir ciertas racciones de la misma.

**¿Qué diferencias y similitudes notamos respecto de la representación inicial?**

La incial es una representación estatica que permite identificar ciertas partes de la proteína, pero en la visualización 3d podemos hacer foco en aeras mas detalladas como por ejemplo cavidades, tuneles, entre otras cosas.

**En el menú de la derecha hay opciones de distintos tipos de representación y formas de colorear la estructura tridimensional. ¿Para qué podría ser útil visualizar lo mismo de distintas maneras?**

Para centrarnos en funcionalidades de la proteína que están acompañadas de la estructura de la misma. Como por ejemplo en la hemoglobina el oxigeno es transportado en una cavidad compuesta por hierro.

**¿Qué información esperaría encontrar como resultado un experimento destinado a determinar la estructura terciaria de una molécula biológica?**

La posiciones de cada uno de los aminoácidos en cada cristalización realizada.

**Podemos explorar el contenido del archivo que acabamos de descargar si lo observamos con un editor de texto. Haciendo clic con el botón derecho del mouse sobre el archivo descargado, usemos la opción *Abrir con* y seleccionemos el *Bloc de Notas* u otro editor de texto. ¿En qué consiste un archivo PDB?**

Tiene toda la información de la proteína dividida en distintos sectores. Encontramos su estructura primaria, la posición de sus aminoácidos, como se relaacionan con distintos elementos.

**Desplacémonos por el archivo hasta encontrar las líneas que comienzan con la palabra ATOM. ¿Qué tipo de información brinda esta sección?**

Los atomos que la arman, las posiciones que tienen cada uno de esos atomos. Si hay variantes entre cada cristalizacion.

**¿Podríamos extraer de este archivo información sobre la estructura primaria de la proteína en cuestión? ¿Cómo se presenta dicha información y qué significa la representación? Desde el punto de vista computacional:¿de qué tipo de dato se trata esta información?**

Si en la parte de SEQRES, están con los nombres de los aminoácidos que la componen. Es una lista de texto con identificadores para cada aminoácido.

**En el sitio web** [**www.uniprot.org**](http://www.uniprot.org) **usá el código LPXA\_ECOLI para:**

1. **Identificá el tipo de proteína**

Acil- [proteína transportadora de acilo] - UDP-N-acetilglucosamina O-aciltransferasa

1. **¿Qué tipo de proteína es? ¿Es una enzima? ¿Cuál es su actividad?**

Es una encima, y esta involucrada en la biosíntesis del lípido A.

1. **Identificá a que organismo pertenece la proteína**

una **bacteria** presente frecuentemente en el intestino distal de los **organismos** de sangre caliente

1. **Analizá los “GO terms”, caracterizá el proceso biológico en el que se encuentra involucrada esta proteína y el lugar donde la LPXA\_ECOLI lleva a cabo su rol biológico.**

Se encuentra en el citoplasma.

Usando la sección de “Cross References”:

1. **Obtené la región codificante**

https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/api/fasta/M19334.1

1. **¿Está cristalizada la proteína? ¿Qué código PDB tiene?**

Si esta cristalizada. 1LXA