

Registro RENIECYT-CONAHCYT: 2000001

# Curso de acoplamiento molecular (docking) proteínaligando con ADFR

Proceso de registro red SEP-CONOCER ECO 301 y 217



Profesor: Dr LENIN DOMÍNGUEZ RAMÍREZ, SNI-2

https://mx.linkedin.com/in/lenin-dominguez-9b852838

### Inicia: 2 de septiembre del 2024

100% online: asincrónico (material disponible en todo momento) y sincrónico de 5:00 a 6:00 PM de CDMX, México los días: lunes, miércoles y viernes), 4 semanas (24 horas).

Sistemas operativos: Linux, Mac, Windows



## Programa

- I. Presentación
- A. Interacciones proteína ligando, cambios conformaciones y catálisis
- II. Línea de comandos básica
- A. Determinar la ubicación de los archivos
- B. Listar los archivos
- C. Visualización básica
- D. Nomenclaturas recomendadas
- E. Trabajo remoto
- III. Introducción a ADFR
- A. ¿Qué es AGFR/ADFR?
- B. ¿Por qué ADFR?
- C. Ventajas y limitaciones
- IV. Obtención de los archivos básicos
- A. RCSB, base de datos de proteínas
- B. Estructuras determinadas por rayos X
- C. UCSF Zinc
- 1. Estructuras novedosas (Avogadro)
- V. Validación energética (Avogadro y UCSF Chimera)
- A. Remoción de heteroátomos



- B. Remoción de moléculas de agua
- C. Conformaciones alternativas de cadenas laterales
- D. Fragmentos ausentes y numeración de la secuencia
- E. Minimización de energía (proteínas, UCSF Chimera)
- F. MInimización de energía (ligandos, Avogadro)
- VI. Estructura de los archivos de docking
- A. PDBQT de proteína
- B. PDBQT de ligando
- VII. Preparación de los archivos de entrada (línea de comandos)
- A. prepare\_receptor
- B. prepare\_ligand

#### VIII.AGFRGUI

- A. Receptor
- B. Caja (acoplamiento ciego)
- C. Cavidades
- D. Ligando (acoplamiento dirigido)
- E. Átomos representados en las mallas de docking
- IX. Acoplamiento de proteína rígida
- A. ADFR
- B. Nombre del "trabajo"



- C. Número de ejecuciones
- D. Número de evaluaciones
- E. Número de núcleos a usar
- X. Controles negativos
- A. ¿Qué son?
- B. ¿Quienes son?
- C. Limitaciones
- XI. Controles positivos
- A. ¿Quienes son?
- **B.** Limitaciones
- XII. Estadística y convergencia
- A. Análisis y visualización de los resultados
- XIII. Acoplamiento de proteína con cadenas laterales flexibles.
- A. ¿Cómo hacerlo?
- B. ¿Por qué hacerlo?
- C. Precauciones

#### XIV. Análisis visual en UCSF Chimera

A. Tips y trucos para usar los archivos PDBQT

#### XV. Actividad Final

**Nota:** Se califica con actividades en rcampùs.com (70%) y ejercicio final (30%), la constancia se entrega con calificación numérica de 1-10.



Inversión: \$ 1,499.00 MXN (aprox 85 USD). Para inscribirse, enviar Comprobante de pago a cuenta CLABE SANTANDER: 0141-8065-5079-1315-04, a nombre de Pharmaceutical and Biotechnological Innovation Services SAS De CV. El comprobante se manda al correo: <a href="mailto:pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com">pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com</a> Pagos por PayPal: <a href="mailto:pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com">pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com</a> y en la página https://bit.ly/40lHINn por Mercado Pago y Stripe (pagos con TDC a MSI). Tenemos descuentos desde 5-10% a alumnos, profesores de tiempo completo, haber tomado cursos en pharbiois.com

#### Comentarios al curso

Excelentes cursos 100% recomendados.