

Curso de Visualización y Modelado de Proteínas con UCSF Chimera

Folio con validez oficial por la red SEP-CONOCER EC0301 y próximamente EC0366



Profesor: Dr LENIN DOMÍNGUEZ RAMÍREZ (SNII-2) https://scholar.google.com/citations?user=54xqlCwAAAAJ&hl=es

Masterclass GRATIS: 12 de febrero del 2026 Fecha de Inicio del curso: 23 de febrero del 2026



100% online: asincrónico (material disponible en todo momento) y sincrónico de 6:00 a 7:00 PM de CDMX, México los días: lunes, miércoles y viernes), 4 semanas (24 horas).

SOBRE EL CURSO

Curso práctico con UCSF Chimera para estudiantes, investigadores y profesionales del sector farmacéutico con conocimientos básicos en biología molecular y formatos PDB/FASTA. Aprenderás a visualizar, analizar y preparar estructuras proteicas desde su secuencia hasta su uso en docking molecular. Aplicarás estos conocimientos en investigación biomédica, modelado estructural, y desarrollo de fármacos en entornos académicos e industriales.

TEMARIO

I. Presentación

A. Las ventajas de usar UCSF Chimera para el análisis de estructuras obtenidas por difracción de rayos X

II. UCSF Chimera (1.16)

- A. ¿Qué es UCSF Chimera?
- B. ¿Cómo funciona?
- C. ¿Con qué estructuras funciona?

III. Ventanas básicas

A. Ventana principal



- B. Ventana de modelos
- C. Ventana lateral
- D. Generalidades de otras ventanas
- IV. Uso del ratón
- A. Tipo de interacciones con el ratón
- B. Como modificar la interacción usando el ratón
- C. Limitaciones
- V. Visualización básica e interacción.
- A. Listones, hélices, láminas.
- B. Estructura secundaria por colores
- C. Átomos, esferas, esferas con escala y más
- VI. Visualizaciones predefinidas.
- A. Estructura secundaria
- B. Todos los átomos.
- C. Superficie hidrofóbica.
- D. Siluetas, color de fondo, niebla y más.
- E. Archivado de imagen.
- F. Archivado de representación.
- VII. Etiquetas y colores.
- A. Selecciones de átomos, residuo, y molécula.



- B. Etiquetar y configuración de la etiqueta.
- C. Colores de la selección.

VIII. Distancias, puentes de hidrógeno y contactos

- A. Selección de átomos o centroides.
- B. Selección de átomos, ínter-molécula o intramolecular.
- C. Selección he interpretación.
- D. Archivado.

IX. Ángulos, rotameros y choques.

- A. Selección de átomos.
- B. Selección y modificación.
- C. Selección de átomos e interpretación.
- X. Superficies y atributos.
- A. Cálculo de superficies
- B. Representación de superficies
- C. Mapeo de propiedades a la superficie.
- XI. Superposición de estructuras y secuencias.
- A. Superposición de monomeros
- B. Superposición de multímeros
- C. Superposición de secuencias
- XII. Análisis de estructuras, ligandos y heteroátomos.



- A. Aplicando los principios aprendidos.
- XIII. Preparación y reparación de estructuras para docking.
- A. Remoción del solvente.
- B. Remoción de iones.
- C. Reemplazo de cadenas laterales.
- D. Adición de hidrógenos.
- E. Adición de cargas
- XIV. Visualización de resultados de docking (autodock, vina o ADFR)
- A. Autodock Vina
- B. ViewDock
- XV. Archivado de resultados.
- A. Salvado de sesiones.

Inversión: \$ 1,399.00 MXN (85.65 USD). Para inscribirse en México, hacer 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: pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com. Pagos fuera de México y en México en la página: https://www.pharbiois.com/inscribirme-visualizacion-chimera (PayPal, 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