

Registro RENIECYTSECIHTI: 2000001

Curso de Docking Flexible Proteína-Ligando

Constancia con folio de validez oficial de la red SEP-CONOCER EC 0301 y EC 0366



Profesor: Dr LENIN DOMÍNGUEZ RAMÍREZ, SNII-2 https://mx.linkedin.com/in/lenin-dominguez-9b852838

Master Class 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

5:00 a 6:00 PM de CDMX, México los días: lunes, miércoles y viernes), 4 semanas (24 horas).



Sistemas operativos: Linux, Mac, Windows

Acerca del curso

Este curso está dirigido a quienes deseen profundizar en el acoplamiento molecular incorporando la flexibilidad del receptor con ADFR (AutoDock for Flexible Receptors), sucesor de AutoDock y AutoDock Vina. Aprenderás a preparar archivos, ejecutar simulaciones y analizar resultados usando UCSF Chimera y Avogadro. Se requiere haber tomado el *Curso de Docking Proteína-Ligando con AutoDock*, además de tener conocimientos en biología molecular, formatos PDB o FASTA y nociones básicas de bioinformática. Lo aprendido se aplica en el diseño y reposicionamiento de fármacos, investigación biomédica y proyectos farmacéuticos o industriales.

TEMARIO

- 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: pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com. Pagos por PayPal: pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com. Y en la página https://www.pharbiois.com/inscribirme-docking-flexible 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.