



Principios básicos de cristalografía de proteínas

Victor Rivelino Juárez González^{1,2} * 

¹Dirección de Posgrado en Ciencias en Biotecnología, Universidad Politécnica del Estado de Morelos, Jiutepec, Morelos, México. CP.62550. ²Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. México. CP: 62210.

*rivelino.juarez@ibt.unam.mx

<http://doi.org/10.5281/zenodo.15066733>

Sesión 239

Fecha de publicación: 15 de diciembre de 2024

Editado por: Verónica Quintero Hernández (Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), Insurgentes Sur 1582, Col. Crédito Constructor, Alcaldía Benito Juárez, Ciudad de México, México, C.P. 03940).

Revisado por: Jesús Muñoz Rojas (Instituto de Ciencias, BUAP).

Resumen

La cristalización de proteínas es una técnica fundamental en la biología estructural para determinar la conformación tridimensional de macromoléculas mediante difracción de rayos X. Este curso aborda el proceso completo, desde la expresión recombinante de la proteína hasta el análisis estructural de los cristales obtenidos. Se inicia con la selección del sistema de expresión adecuado y la optimización de condiciones para maximizar la producción de la

proteína. Posteriormente, se lleva a cabo la purificación mediante técnicas cromatográficas para obtener una muestra homogénea y estable. La fase de cristalización se desarrolla explorando diversos métodos, como la difusión en vapor y la microbatch, optimizando parámetros físicos y químicos. Finalmente, los cristales se someten a difracción de rayos X, obteniendo patrones que permiten la reconstrucción de la estructura atómica de la proteína. Este curso proporciona un enfoque teórico, capacitando a los participantes en las metodologías esenciales para la resolución estructural de proteínas con aplicaciones en el diseño de fármacos y la biotecnología [1].

Palabras clave: Cristalización de proteínas; biología estructural; rayos X; macromoléculas; sistema de expresión.

Referencias

[1]. Arreola-Barroso R, Quintero-Hernández V, Muñoz-Rojas J, Gaytán P, Rivera-Urbalejo A, Rosete-Enríquez M, et al. SWISS-MODEL es un generador de modelos estructurales de proteínas cuyas estructuras aún no están depositadas en el PDB. Alianzas y Tendencias BUAP [Internet]. 2022;7(27):117–30. Available from: <https://www.aytbuap.mx/aytbuap-727/swiss-model-es-un-generador-de-modelos-estructurales-de-proteinas>