

Genómica Estructural

Modelización por homología de la
Hemoglobina

CEFIRE 2011

Marta Bleda
mbleda@cipf.es

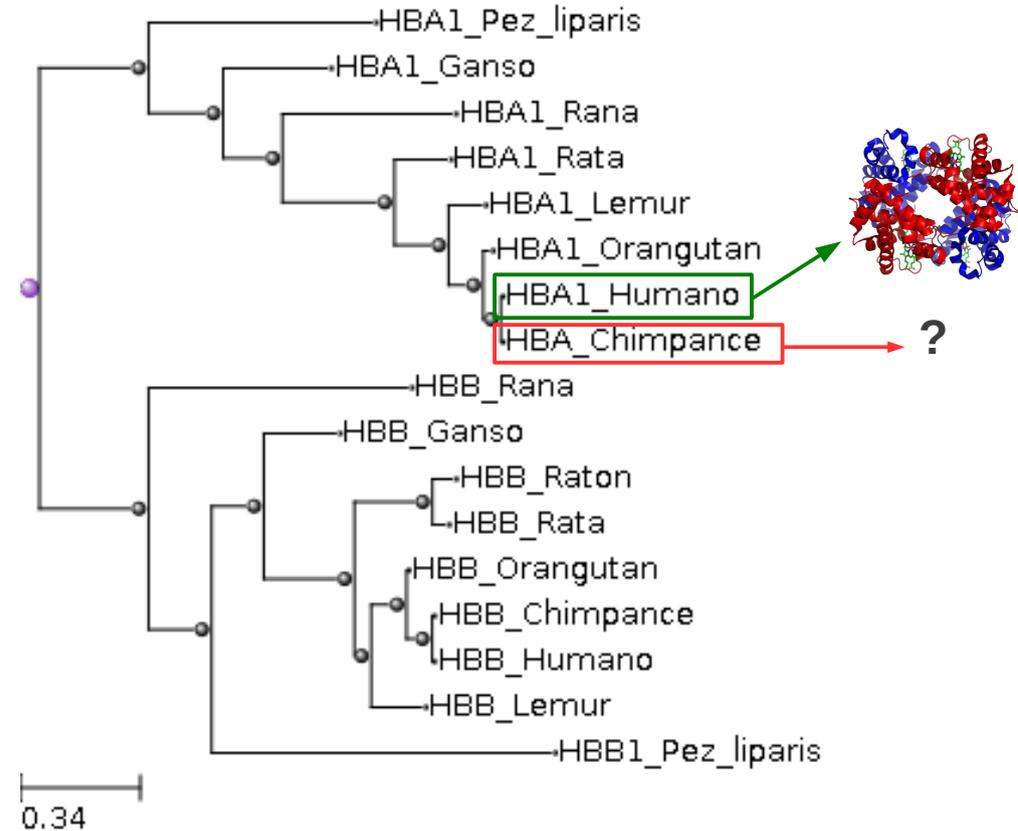
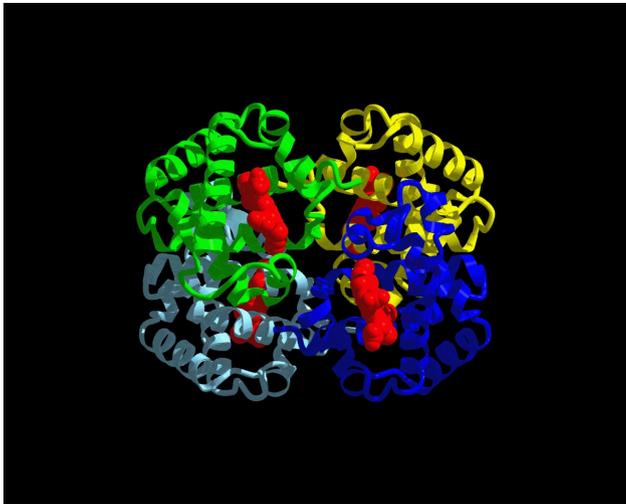
¿Qué es la modelización por homología?

- Creación de un **modelo tridimensional (3D)** de una proteína...
- **...basado en la estructura conocida** de otras proteínas con secuencias homólogas (*templates*).

¿Por qué lo hacemos?

- Necesidad de conocer estructuras no determinadas experimentalmente de secuencias conocidas.
- Las alternativas (Cristalografía por rayos-X y RMN) son lentas, costosas y caras.

Recordad que ayer...



¿Qué necesitamos para modelar?

- La **secuencia** de nuestra proteína problema
- Una o, preferiblemente, varias secuencias relacionadas con **estructura conocida**
- Un **alineamiento** entre estas secuencias

Pasos de la modelización

1. Búsqueda de los *templates*
2. **Alineamiento** la secuencia problema con los *templates*
3. Obtención del **modelo**
4. **Evaluación** del modelo

Gracias!

