

ES COPIA

OSCAR GUILLERMO SEGURA
Jefe Depto. Despacho Gral.
U. N. S. L.



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS
RECTORADO

SAN LUIS, - 7 MAY 2010

VISTO:

El EXP-USL: 5082/2009, mediante el cual se solicita la protocolización del Curso de Posgrado: "**DETERMINACIÓN DE ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS POR CRISTALOGRAFÍA DE RAYOS X Y MÉTODOS TEÓRICOS**"; y

CONSIDERANDO:

Que el mencionado Curso se dictará en el ámbito de la Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia en el período comprendido de agosto a noviembre de 2010, bajo la responsabilidad del Dr. Carlos Fernando **AGUILAR** y como Coordinador el Lic. Juan Arturo **GÓMEZ BARROSO** con un crédito horario de 60 horas.

Que la Comisión Ad-Hoc propuesta para la evaluación del Curso de referencia por el Comité Científico del Programa de Posgrado de Bioquímica y Ciencias Biológicas entiende que: el mismo se ajusta a los parámetros requeridos para ser considerado Curso de Posgrado, que el currículum vitae del Profesor Responsable, el crédito horario y el tipo de evaluación son apropiados, por lo que sugiere que el mismo sea aprobado.

Que el Comité Científico del Programa de Posgrado de Bioquímica y Ciencias Biológicas teniendo en cuenta el informe de la Comisión, aconseja la aprobación del Curso como de Capacitación.

Que el Consejo de Posgrado de la Universidad Nacional de San Luis en su reunión del día 20 de abril de 2010, luego de su tratamiento aprobó el dictado del mismo como Curso de Posgrado de Capacitación.

Que corresponde su protocolización.

Por ello y en uso de sus atribuciones

EL RECTOR DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS

RESUELVE:

Cpde RESOLUCIÓN N°
nnh

465

Dr. JOSE LUIS RICCARDO
Rector
U. N. S. L.

Dra. LILIANA R. MENTASTY
Secretaria de Posgrado
U. N. S. L.



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS
RECTORADO

ES COPIA

OSCAR GUILLERMO SEGURA
Jefe Depto. Despacho Gral.
U. N. S. L.

ARTÍCULO 1º.- Protocolizar el dictado del Curso de Posgrado de Capacitación: **“DETERMINACIÓN DE ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS POR CRISTALOGRAFÍA DE RAYOS X Y MÉTODOS TEÓRICOS”** en el ámbito de la Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia en el período comprendido de agosto a noviembre de 2010, bajo la responsabilidad del Dr. Carlos Fernando **AGUILAR** (DNI N° 10.304.919) y como Coordinador el Lic. Juan Arturo **GÓMEZ BARROSO** (DNI N° 25.565.261) con un crédito horario de 60 horas.

ARTÍCULO 2º.- Aprobar el programa del Curso de referencia, de acuerdo al **ANEXO** de la presente disposición.-

ARTÍCULO 3º.- Comuníquese, insértese en el Libro de Resoluciones y archívese.-

RESOLUCIÓN N°
nnh

465


Dra. LILIANA R. MENTASTY
Secretaria de Posgrado
U. N. S. L.


Dr. JOSE LUIS RICCARDI
Rector
U. N. S. L.



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS
RECTORADO

ES COPIA

OSCAR GUILLERMO SEGURA
Jefe Depto. Despacho Gral.
U. N. S. L.

ANEXO

DENOMINACIÓN DEL CURSO: "DETERMINACIÓN DE ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS POR CRISTALOGRAFÍA DE RAYOS X Y MÉTODOS TEÓRICOS"

UNIDAD ACADÉMICA RESPONSABLE: Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia

RESPONSABLE: Dr. Carlos Fernando AGUILAR

COORDINADOR: Lic. Juan Arturo GÓMEZ BARROSO

CATEGORIZACIÓN: Capacitación

MODALIDAD DE DICTADO: presencial

CRÉDITO HORARIO: 60 horas

FECHA DICTADO DEL CURSO: Agosto-Noviembre de 2010

LUGAR DE DICTADO: Laboratorio Biología Molecular estructural

FECHA PREVISTA PARA ELEVAR LA NÓMINA DE ALUMNOS APROBADOS:

Diciembre 2010

DESTINATARIOS: Lic. Química, Lic. en Bioquímica, Lic. en Física, Lic. en Biología Molecular

CUPO: 5

FUNDAMENTACIÓN:

El conocimiento de la estructura tridimensional de proteínas es fundamental para la interpretación efectiva de datos e información provenientes de la proteómica y genómica estructural. La importancia estratégica de la **Biología Molecular Estructural-Cristalografía de Rayos X** en el desarrollo de la Biotecnología y de las industrias farmacéutica y químicas, es analizada por Daniel Goldstein en el capítulo 3 de su libro *Biotecnología, Universidad y Política* titulado *Sin Cristalografía de Rayos X No Hay Biotecnología Posible*. A continuación transcribo algunas de sus palabras que ilustran claramente este tema:

El conocimiento de la arquitectura molecular de las macromoléculas catalíticas e informativas de la biología hace posible:

Cpde RESOLUCIÓN N°
nnh

465

Dr. JOSE LUIS RICCARDO
Rector
U. N. S. L.

Dra. LILIANA R. MENTASTY
Secretaría de Posgrado
U. N. S. L.

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS
RECTORADO

- i) comprender los mecanismos químicos de la acción catalítica de las enzimas y las ribozimas, el funcionamiento de los ácidos nucleicos auxiliares y las condiciones estructurales que confieren las diversas propiedades fisiológicas a los ácidos nucleicos informacionales,
- ii) modificar macromoléculas para cambiar a voluntad sus funciones y sus propiedades físicas, químicas y biológicas,
- iii) inventar nuevas macromoléculas con nuevas funciones,
- iv) diseñar a medida moléculas capaces de modificar las funciones biológicas de macromoléculas informacionales o catalíticas específicas.

Como es imposible comprender cabalmente la función de las macromoléculas informacionales y catalíticas sin conocer sus arquitecturas moleculares, y dada la imposibilidad de deducirla a partir de la composición química, la biología molecular estructural constituye una disciplina fundamental y necesaria para solucionar todo problema bioquímico.

OBJETIVOS: Introducir los principios básicos de la resolución estructural de proteínas usando cristalografía de rayos-X.

El curso usará un enfoque teórico-práctico a la enseñanza del tema en el cual las clases teóricas se complementarán con la resolución del problema de fase usando programas de computación.

CONTENIDOS MÍNIMOS: Principios de Cristalografía de proteínas. Uso de software para la resolución estructural de proteínas.

PROGRAMA:

Tema 1: Producción de rayos X, Sincrotrón y Ánodos rotatorios. Monocromadores. Detectores.

Tema 2: Cristales. Principios generales de simetría. Simetría en cristales de proteínas. Unidad asimétrica. Simetría externa de cristales: grupos puntuales. Simetría de la matriz cristalina: grupos espaciales. Sistemas cristalinos.

Tema 3: Geometría de la difracción de rayos X. Tratamiento de Laue y Bragg. Matriz recíproca y diagrama de Ewald. Cámara de precesión. Colección de datos: El método de oscilación-rotación.

Dr. JOSE LOUIS RICCARDO
Rector
U. N. S. L.

Dr. LILIANA R. MENTASTY
Secretaría de Posgrado
U. N. S. L.

ES COPIA

OSCAR GUILLERMO SEGURA
Jefe Depto. Despacho Gral.
U. N. S. L.



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS
RECTORADO

Tema 4: Teoría de la difracción de rayos X por un cristal. Representación matemática de una onda: Amplitud y fase. Suma de Ondas. Diagrama de Argand. Vibración térmica: Factor de Temperatura. Factor de Estructura. El problema de fase en el análisis de la estructura. Condiciones limitantes y ausencias sistemáticas.

Tema 5: Teoría de la Transformada de Fourier. Formación de una imagen. Transformada de Fourier para una molécula. Convolucion. Representación de una estructura cristalina por una serie de Fourier. Densidad electrónica y factores de estructura. Función de Patterson. Interpretación de Distribuciones de Densidad Electrónica.

Tema 6: Métodos para la resolución del problema de fase: Método de sustitución isomorfa. Método de Sustitución molecular. Refinamiento.

SISTEMA DE EVALUACIÓN: Aprobación de los ejercicios propuestos en la parte práctica del curso, obteniendo la estructura tridimensional de una proteína.

BIBLIOGRAFÍA:

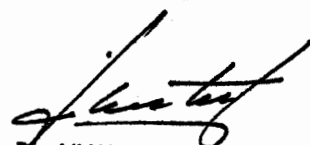
- **Structure Determination by X-ray crystallography**, 1993, M.F.C. Ladd and R.A. Palmer, third edition, *PLENUM Press*.
- **Principles of Protein X-ray Crystallography**. 1994, Jan Drenth, *Springer Advanced Texts in Chemistry*
- **Crystallography Made Crystal Clear**. 1993, Gale Rhodes, *Academic Press*.
- **Practical Protein Crystallography**. 1999, Duncan E. McRee, *Academic Press*
- **Protein Crystallography**. 1976, T.L. Blundell and L.N. Johnson, *Academic Press*.

ARANCEL: Sin arancel

COSTOS Y FUENTES DE FINANCIAMIENTO: Proyecto 9700-UNSL

RESOLUCIÓN N°
nnh

465


Dra. LILIANA R. MENTASTY
Secretaria de Posgrado
U. N. S. L.


Dr. JOSE LUIS RICCARDO
Rector
U. N. S. L.