

Actividad Práctica “Laboratorio 7 – Modelado de Proteínas”

Bioinformática para Ingeniería en Biotecnología

Deberá enviar un informe con el desarrollo de las preguntas a continuación, hasta el día Jueves 11 de Agosto a las 23:59 hrs. al correo del curso: bioinformatica.unab2016@gmail.com

Responder según el tutorial:

1. De la información que entrega BLAST, seleccionar las 3 primeras secuencias que coinciden con la secuencia target, y obtener la siguiente información:
 - a. Largo de la secuencia
 - b. Identidad más probable
 - c. Organismo al que pertenece
 - d. Número de acceso
 - e. Valor E (e-value)
2. Definir los siguientes conceptos:
 - a. E-value
 - b. Puntaje DOPE
 - c. Interfaz gráfica
 - d. Script
 - e. Secuencia target
 - f. Templado
3. Ingrese la tabla de resultados de su modelo (nombre del archivo, molpdf, Dope score, GA341 score)
4. Con respecto a los resultados que obtuvo, indique cuál es su mejor y peor modelo y explique por qué.
5. Copie la imagen que representa el alineamiento estructural (Resultado de VMD) de su mejor modelo con el templado que escogió. Qué diferencias puede observar entre ambas estructuras.