**TP2 : Bioinformática**

**Qué información nos provee** [**https://www.rcsb.org/**](https://www.rcsb.org/) **?**

Es una base datos que nuclea información sobre la estructura de las proteínas. Se encarga a partir de datos de crear herramientas y recursos para estudiantes e investigadores sobre biologia molecular, biologia estructural, bioinformática, etc.

**Como se determinó la estructura de esta proteína ?**

Se determinó mediante la cristalización de la proteína, para que luego se someta a fotografías por rayos, en las cuales cuando la luz se encuentra con un átomo hace que rebote la luz, y cuando no, sigue de largo. De esta manera se puede conseguir una estructura de la proteína

**Qué significan las cintas, las flechas y las regiones angostas?**

Las cintas son alfa hélices, las flechas son láminas plegadas y las regiones angostas son bucles.

**Representa esa imagen a la realidad del sistema biológico ?**

No, porque en la realidad dicha proteína está en constante movimiento.

**Cuál es la utilidad y los condicionamientos de usar un modelo científico que sabemos inexacto ?**

Los medios actuales hacen que por el momento se utilice este medio (limitación tecnológica), pero de todas formas sigue siendo de utilidad ya que aporta una representación para poder tener una idea de la forma de la proteína.

**Que diferencias y similitudes notamos respecto a la representación inicial ?**

La principal diferencia es que esto es una representación espacial (gráfica) de la proteína en cambio la inicial no. Las similitudes son que ambas representan a la misma proteína, su representación no cambia.

**Para qué podría ser útil visualizar lo mismo de distintas maneras ?**

Para poder obtener datos adicionales o precisos sobre lo que se desea investigar en ese momento.

**Qué información esperaría encontrar como resultado de un experimento destinado a determinar la estructura terciaria de una molécula biológica ?**

Esperaría obtener las coordenadas para poder armar la estructura de la molécula.

**En qué consiste un archivo PDB ?**

Cada archivo PDB contiene la información y las coordenadas de los atomos de una proteína en cuestión.

**Qué tipo de información brinda la sección ATOM ?**

La sección ATOM brinda la información de cada átomo que compone la molécula por ejemplo las coordenadas para poder graficarla.

**Podríamos extraer de este archivo información sobre la estructura primaria de la proteína en cuestión ?**

Si, cada línea de ATOM tiene el átomo y además el aminoácido del que forma parte.

**Cómo se presenta dicha información y qué significa la representación?**

Se presenta como una cadena de 3 caracteres que representan el aminoácido los cuales son compuestos por varias líneas de átomos. Por Ejemplo, MET, GLN, ILE.

**Desde el punto de vista computacional: De qué tipo de dato se trata esta información?**

De una cadena de caracteres.

**Considera que el formato PDB es útil para presentar los resultados del experimento ?**

El formato PDB es útil ya que esta armado precisamente para ser exportado a otras aplicaciones que lo puedan leer.

**Cuáles son los beneficios y las limitaciones de imponer una estructura para comunicar los resultados de un experimento ?**

Los beneficios son la facilidad para poder migrar la información de un sistema a otro solo pasando un archivo. Las limitaciones se presentan justamente en la estructura del archivo, y que no se puede salir de esa estructura para que sea útil. Además de su dificultad para poder ser interpretado por una persona (no es cómodo de leer).

**Será igual con los ácidos nucléicos ?**

Supongo que debe ser igual ya que al parecer hay una convención para guardar los archivos con este formato en particular.