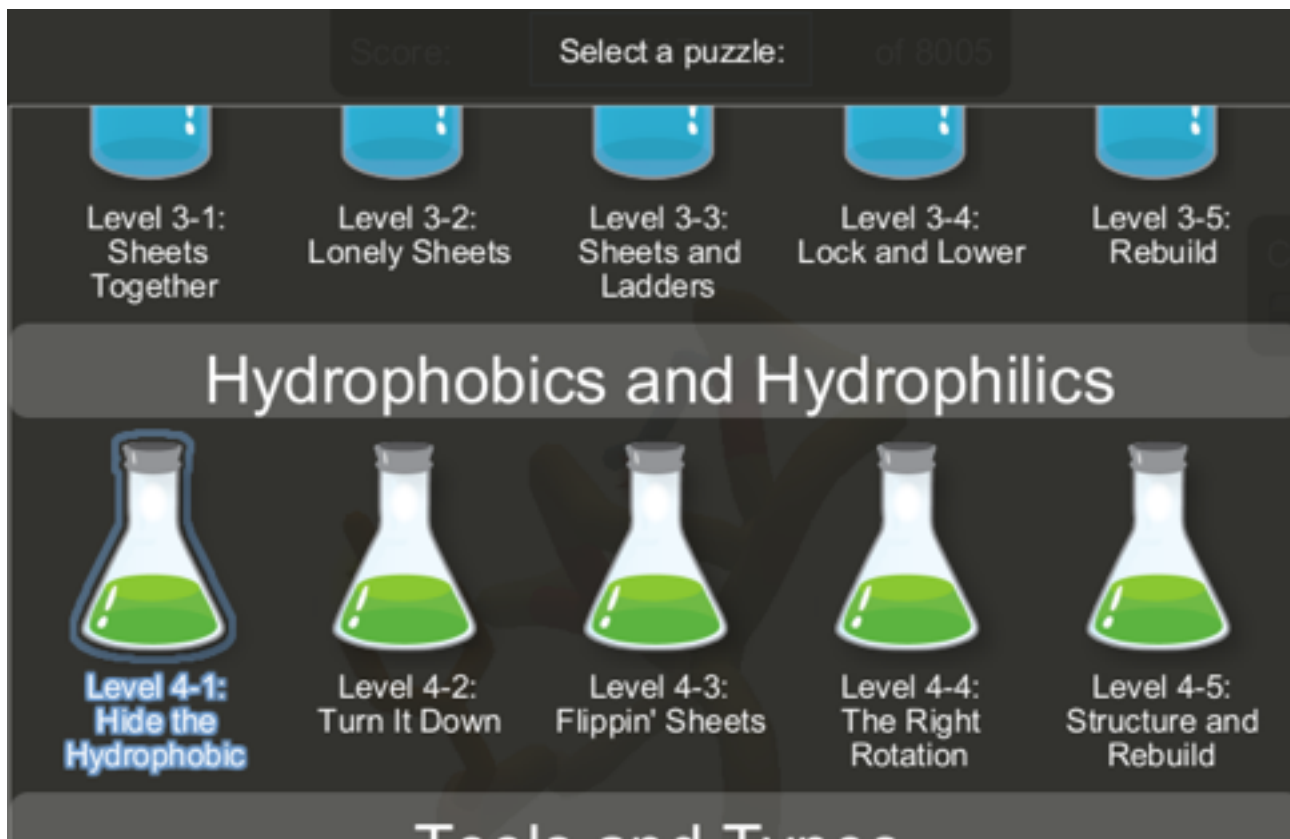


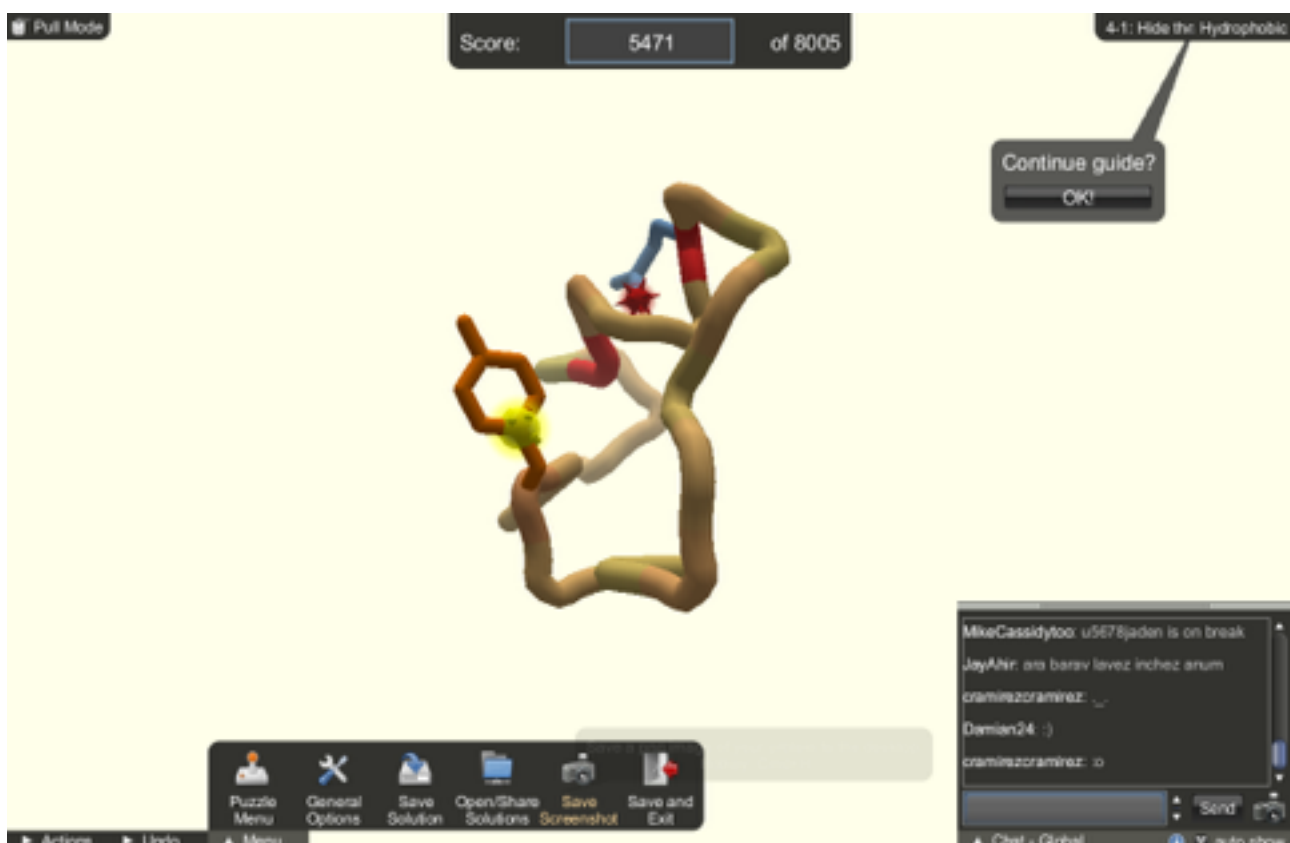
Jesús Emiliano Sotelo Fonseca

Reporte de FoldIt

Llegué hasta el nivel 4-5

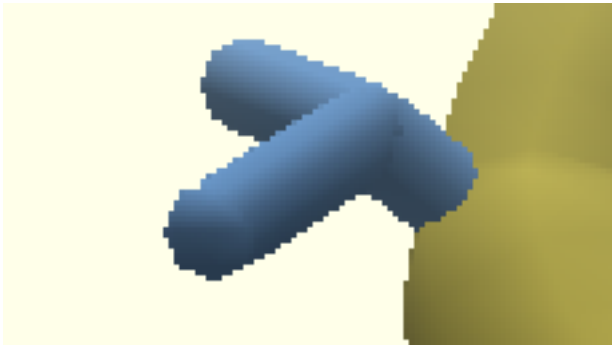


Residuo aromático

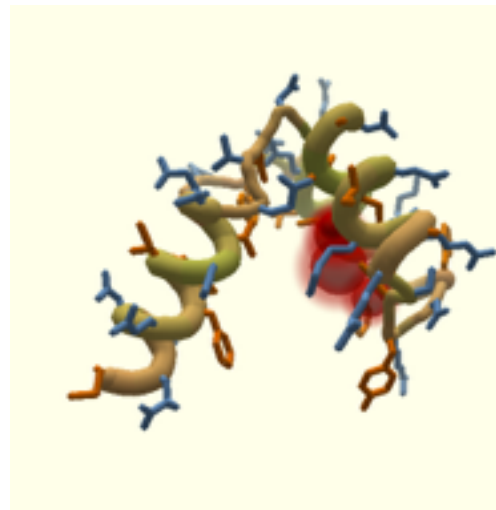
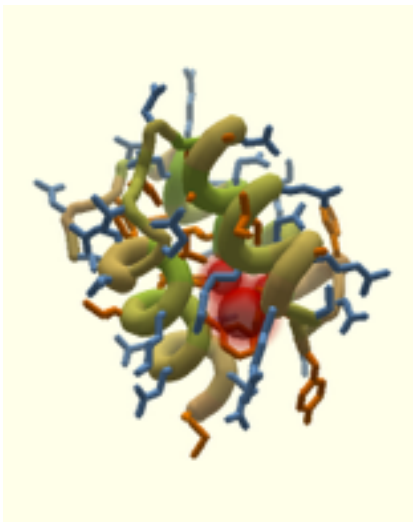


Jesús Emiliano Sotelo Fonseca

Cadena lateral chica



Giro de residuos



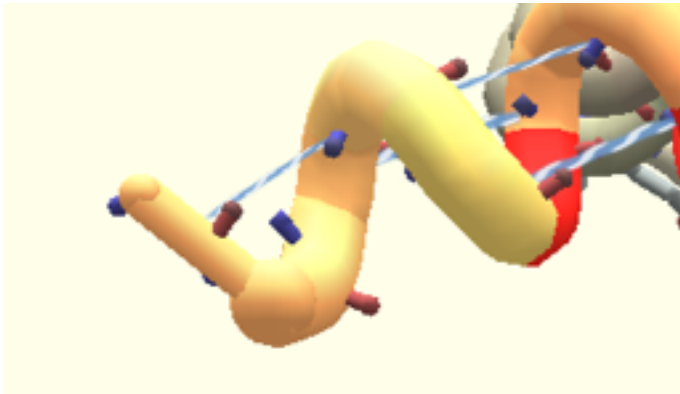
Cuando los vecinos tienen cadenas laterales voluminosas, estos residuos tienden a chocar entre si, haciendo un impedimento estérico para la viabilidad de esa proteína.

Puentes de hidrógeno entre hojas beta



Jesús Emiliano Sotelo Fonseca

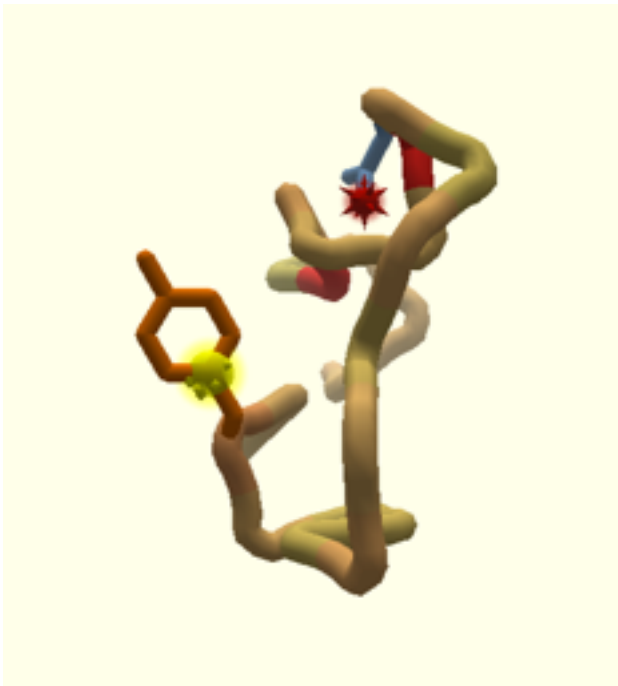
No encontré puentes de hidrógeno entre hélices alfa en los niveles del tutorial de Foldit que jugué, pero en los niveles de “Science Puzzles” si aparece la opción.



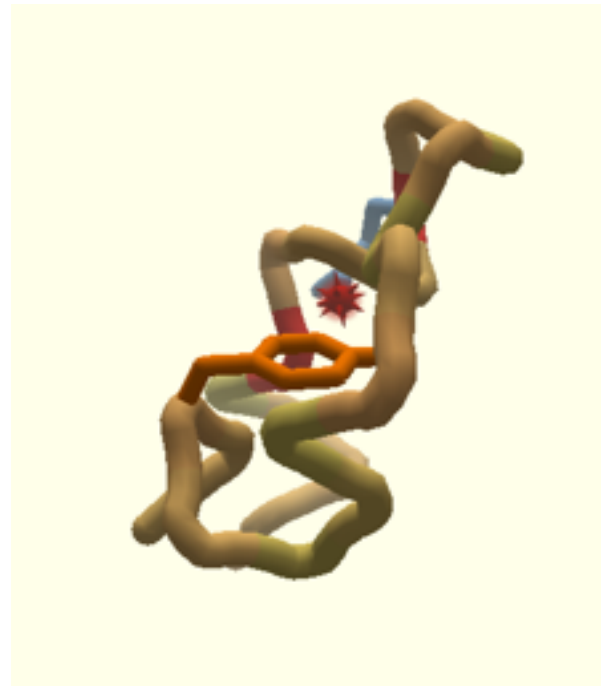
Las hélices se ven más difíciles de programar porque a parte de formar enlaces con otras hélices, también forman enlaces con aminoácidos dentro de la hélice.

Residuo hidrofóbico

expuesto



enterrado

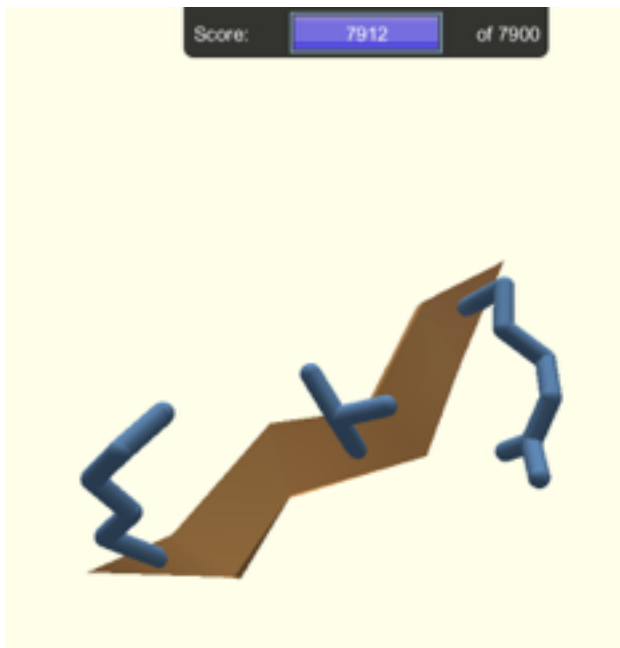


Jesús Emiliano Sotelo Fonseca

Score parecido, diferente estructura

Cadena lateral hacia dentro

Cadena lateral hacia afuera



¿Cuánto tiempo me llevaría explorar todos los estados posibles de esta proteína?

Esta proteína tiene, 19 aminoácidos así que si supongo que cada uno puede existir en 10 estados distintos (como en http://eead-csic-compbio.github.io/bioinformatica_estructural/node17.html), y que pasar de un estado a otro en FoldIt me lleva aproximadamente 1s, entonces el tiempo esperado es $(1s)(10^{19})$, o sea 10^{19} segundos.

