

# Plantilla de Respuestas

## Actividad Práctica 2

Nombre alumno	<b>Marta Sevillano González</b>
<b>Apartado</b>	<b>Respuesta</b>
<b>AP2</b>	<b>Docking proteico con pyDock</b>
<b>A</b>	Sube el archivo <b>AP2.1-1a_score.ene</b> y <b>AP2.1-1a.ini</b>
	Sube el archivo <b>AP2.1-1b.png</b>
<b>B</b>	Los residuos “hot-spots” que parecen formar parte de las interacciones entre las proteínas 1RAX y 5WDR son la isoleucina 30 (I30), la tirosina 105 (Y105), la asparagina 104 (N104), arginina 32 (R32). La isoleucina, al ser apolar, participa en interacciones hidrofóbicas que favorecen el empaquetamiento en la zona de unión. La asparagina y la tirosina forman puentes de hidrógeno con grupos de la superficie de la proteína ligando que ayudan a la estabilidad del complejo. La arginina, al ser un aminoácido básico, atrae residuos ácidos cargados de manera opuesta, formando así puentes salinos que refuerzan la estabilidad de la unión. Por tanto, el conjunto de los tres tipos de interacciones es importante para la estabilidad y especificidad del complejo de unión.
<b>N</b>	Sube el archivo <b>AP2.1-1c_ref.png</b>
<b>D</b>	Sube el archivo <b>AP2.1-1d_restrict.eneRST</b> y <b>AP2.1-1d.ini</b>