

# PROYECTO X O ALGO ASÍ

FRANCISCO MURPHY PÉREZ  
DR. ENRIQUE RUDIÑO PIÑERA

INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA  
UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

20 04 2020

# INTRODUCCIÓN

Actualmente la cristalografía de rayos X (CRX), es el principal método con el cual se puede obtener detalle atómico de la proteína de interés. De 163141 estructuras depositadas en la base de datos de proteínas (PDB)<sup>1</sup>, 145083 se han determinado gracias a este método<sup>2</sup>. Esto representa el 88.93 % del total.

---

<sup>1</sup><https://www.rcsb.org/>.

<sup>2</sup>A 25 de abril del 2020.

# EL EXPERIMENTO DE CRX

En breve, el experimento de CRX consiste en:

1. Incidir **rayos X** sobre el cristal de proteína.
2. Obtener el patrón de difracción.
3. Rotar el cristal en cierto eje.
4. Repetir  $n$  veces.

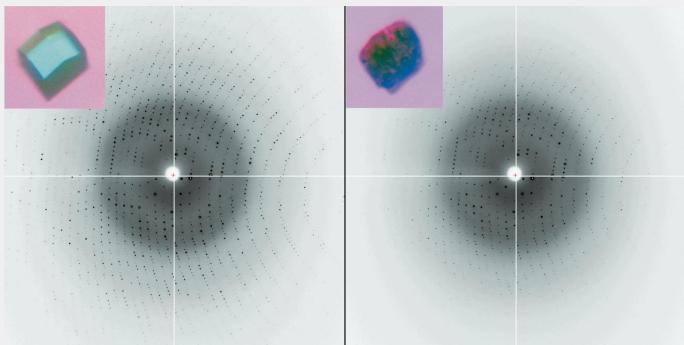
La fuente de rayos X más común para realizar un experimento de CRX, es la radiación sincrotrón. De 145083 estructuras determinadas por la CRX, 114781 fueron determinadas en un sincrotrón<sup>3</sup>. Esto representa el 79.11 %.

---

<sup>3</sup>A 25 de abril del 2020

# DAÑO POR RADIACIÓN

Una de las limitantes de la CRX, es el daño por radiación (DPR).



**Figura:** Cristal de lisozima expuesto a 120 kGy (izquierda) y 16.7 MGy (derecha). Imagen tomada de [1].

# CONSECUENCIAS DEL DAÑO POR RADIACIÓN

Notable en las métricas de calidad de los datos...

1. Cambio en el volumen de la celda unitaria.
2. Pérdida de datos<sup>4</sup>
3. Aumento del factor  $B$ .

---

<sup>4</sup>Número de reflexiones e intensidad de las mismas. Iniciando con aquellos en fajas de alta resolución.

Algo de texto por aquí y por allá.



# ANTECEDENTES

Algo de texto por aquí y por allá.

Algo de texto por aquí y por allá.

# **MATERIALES Y MÉTODOS**

Algo de texto por aquí y por allá.

# DISCUSIÓN

Algo de texto por aquí y por allá.

Algo de texto por aquí y por allá.



Algo de texto por aquí y por allá.

# CONCLUSIÓN

Algo de texto por aquí y por allá.

# REFERENCIAS



TSU YI TENG AND KEITH MOFFAT.

**PRIMARY RADIATION DAMAGE OF PROTEIN CRYSTALS BY AN INTENSE SYNCHROTRON X-RAY BEAM.**

*Journal of Synchrotron Radiation*, 2000.

## BACKUP SLIDE

This is a backup slide, useful to include additional materials to answer questions from the audience.

The package `appendixnumberbeamer` is used to refrain from numbering appendix slides.