

# PROYECTO X O ALGO ASÍ

FRANCISCO MURPHY PÉREZ  
DR. ENRIQUE RUDIÑO PIÑERA

INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA  
UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

20 04 2020

# INTRODUCCIÓN

# CRISTALOGRAFÍA DE RAYOS X

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. Esto representa el 88.93 % del total <sup>2</sup>.

---

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

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

El método Algo de texto por aquí y por allá.

Una de las limitantes de la CRX es el daño por radiación.

Algo de texto por aquí y por allá.

Algo de texto por aquí y por allá.

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



DONALD E. KNUTH.

**COMPUTER PROGRAMMING AS AN ART.**

*Commun. ACM*, pages 667–673, 1974.



DONALD E. KNUTH.

**TWO NOTES ON NOTATION.**

*Amer. Math. Monthly*, 99:403–422, 1992.



LESLIE LAMPORT.

**L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X: A DOCUMENT PREPARATION SYSTEM.**

Pearson Education India, 1994.

## 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.