

## Curso: Cristalografía en Biología Estructural

### ¿Cómo y para que obtener el cristal de una proteína?

#### Cronograma tentativo

##### Día 1 (17/7/2017)

9-13: Teórica: Presentación del curso. Motivaciones y objetivos de la cristalografía. Introducción histórica.

14-17: Teórica: Simetría en sólidos.

##### Día 2 (18/7/2017)

9-13: Teórica: Planos y redes cristalinos. Difracción. Difracción de Rayos X.

14-17: Trabajos Prácticos: Difracción con láseres.

##### Día 3 (19/7/2017)

9-13: Teórica: Red recíproca, extinciones sistemáticas, esfera de Edwal.

14-17: Teórica: Ley de Friedel. Dispersión anómala.

##### Día 4 (20/7/2017)

9-13: Teórica: Métodos de medición de proteínas. Técnicas de laboratorio vs. Técnicas de grandes facilities (Sincrotrón).

14-17: Teórica: Métodos de resolución de proteínas.

##### Día 5 (21/7/2017)

9-17: Trabajo Práctico: Cristalización de Lizosima y Xylanase.

##### Día 6 (24/7/2017)

9-13: Trabajo Práctico: Selección y medición de cristales.

14-17: Trabajo Práctico: Demostración de resolución de estructura.

##### Día 7 (25/7/2017)

9-13: Trabajo Práctico (en laboratorio de computación): Resolución individual de estructuras.

14-17: Teórica: Validación del método, armado de CIF, introducción a la utilización de PDB.

**Día 8 (26/7/2017)**

9-13: Teórica: Difracción de neutrones en la biología estructural.

14-17: Mesa Redonda: Para qué sirve obtiene cristales de proteínas? Qué información puede obtenerse?

**Día 9 (27/7/2017)**

9-13: Teórica: Obtención y purificación de proteínas.

14-17: Trabajo Práctico: Obtención y purificación de proteínas (Lizosima).

**Día 10 (28/7/2017)**

9-13: Teórica: Métodos bioinformáticos para la extracción de información a partir de datos de cristalografía.

14-17: Trabajo Práctico (laboratorio de computación): Métodos bioinformáticos- Simulaciones para la extracción de información sobre estructuras de proteínas.

