



UNIVERSIDAD DEL MAR

CAMPUS PUERTO ESCONDIDO

LICENCIATURA EN BIOLOGÍA

BIOQUÍMICA

CATEDRÁTICO: FRANCISCO RUÍZ RUIZ

TUTORIAL DE VISUALIZADOR

“ANTHEPROT”

**ALUMNA: LESLIE ARIADNA SANTIAGO
MARTÍNEZ**

PUERTO ESCONDIDO OAXACA, 23 DE ENERO 2015.

DESCARGA DEL VISUALIZADOR

Para la realización de este tutorial primero se tuvo que buscar un visualizador para lo cual se ingresó a esta página: <http://biomedbiotec.encb.ipn.mx/bioinformatica/Programas.html>

En esta página se puede observar varios visualizadores los cuales contienen su página de descarga y una pequeña descripción de ellos sobre su utilidad.

← C biomedbiotec.encb.ipn.mx/bioinformatica/Programas.html ☆

DESCRIPCION Y SITIOS DE DESCARGA DE LOS PROGRAMAS INCLUIDOS EN EL CD

Programa	Dirección URL (para la actualización)	Descripción
AntheProt 2000 V6.0 release 1.1.54	http://antheProt-pbil.ibcp.fr	Herramienta para el análisis de proteínas.
BioEdit 7.0.9	http://www.mbo.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html	Programa que contiene múltiples herramientas para el análisis de secuencias biológicas.
Blast 2.2.21 ia32 win32	ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/	Versión "standalone" del programa BLAST para la búsqueda en bases de datos.
Chroma	http://www.lg.ndirect.co.uk/chroma/ (desc continuado)	Programa para la edición de alineamientos múltiples de secuencias.
Cinema 5.021 beta	http://aig.cs.man.ac.uk/research/utopia/utopia.php	Programa para la edición de alineamientos múltiples.
Clustalw 2.0.11	ftp://ftp.genie.u-strasbg.fr/pub/ClustalW/ http://bps.u-strasbg.fr/fr/Documentation/ClustalX/	Programa para calcular alineamientos múltiples. Versión con interfaz en modo textual (Para DOS y XP).
Clustalx 2.0.11	ftp://ftp.genie.u-strasbg.fr/pub/ClustalX/ http://bps.u-strasbg.fr/fr/Documentation/ClustalX/	Programa para calcular alineamientos múltiples. Versión con interfaz gráfica para Windows.
Cn3D 4.1	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml	Programa para la modelación de estructuras de biomoléculas.
DAMBE 5.0.86 para Windows XP DAMBE 5.0.86 para Windows Vista	http://dambe.bio.uottawa.ca/dambe.asp	Programa para el análisis de datos en Biología Molecular y Evolución.
DeepView 4.0.1	http://ca.expasy.org/spdbv/	Visor de estructuras de SwissProt. Programa avanzado para mostrar archivos PDB y llevar a cabo alineamiento estructural.
DnaSP 4.20.2	http://www.ub.es/dnasp	Programa para estudiar polimorfismos de datos de secuencias de DNA para estudios de genética de poblaciones y evolución molecular.
DSSP	http://swift.cmbi.ru.nl/gv/dssp/	Programa diseñado por Wolfgang Kabsch y Chris Sander para estandarizar la asignación de estructura secundaria a partir de coordenadas 3D.
Fasta 35.4.7	http://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_down.shtml ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/software/unix/fastx/	Versión "standalone" de la suite de programas FASTA.
Geneious 3.5.6	http://www.geneious.com/	Programa con varias herramientas para el análisis y edición de secuencias biológicas.
GeneDoc 2.7 (32-bits)	http://www.nrisc.org/downloads/	Programa para la edición de alineamientos múltiples.
HMMER 2.3.2	http://hmmerr.janelia.org/	Conjunto de programas para la creación de modelos ocultos de Markov. Incluye varias herramientas para el análisis de secuencias, entre ellas herramientas para el alineamiento múltiple. Versión compilada para Windows.
Jalview editor versión 2.2.1	http://www.jalview.org/VWeb_Installers/install.htm	Programa para editar alineamientos múltiples de secuencias.
JModelTest	http://darwin.uvigo.es/	Es un nuevo programa para la selección de un modelo filogenético empleando PhymI. Implementa los métodos HLRts, dLRTs, AIC, BIC y DT methods (10 Abril 2008).
Macawz	ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/schuler/macaw/	Programa para el alineamiento de secuencias mediante bloques de similitud localizada.
Mage Display 6.44	http://kinemage.biochem.duke.edu/software/	Programa para visualizar imágenes de moléculas ("kinameges").
MDL-Chime 26 SP7	http://www.sv.mv.com	Plug-in para Netscape o IE para mostrar moléculas en 2D y 3D.
MEGA 4.0	http://www.megasoftware.net/	Programa para análisis filogenético.
Melting4.3b	http://www.ebi.ac.uk/~lenov/meltinghoms.html	Programa para analizar la estabilidad de moléculas de ácidos nucleicos.
mEMBOSS 6.1.0.1 (EMBOSS para Windows)	http://emboss.sourceforge.net/ ftp://emboss.open-bio.org/pub/EMBOSS/windows/	Colección de programas para llevar a cabo una amplia variedad de análisis de secuencias.
Microarrays Eisen	http://rana.lbl.gov/	Conjunto de herramientas del Lawrence Berkeley National Lab para el análisis de datos de microarreglos.
MODELLER 9v7	http://www.sallab.org/modeller/modeller.html	Programa para modelación por homología de estructuras tridimensionales de proteínas.
MODELTEST 3.7 Y MIMTGUI	http://darwin.uvigo.es/software/modeltest.html http://www.geneinf.org/migtgui.php	Programa para la selección del modelo de sustitución de nucleótidos que mejor se ajusta a un conjunto de datos. MIMTGUI es una versión del mismo que incluye una interfaz gráfica.
Molecular BioComputing Suite	http://www.biotechniques.com/	Complemento de Word para el análisis y manipulación de secuencias biológicas.
Mrbayes 3.1.2	http://mrBayes.cst.fsu.edu/download.php	Programa para la estimación bayesiana de filogenia.

A continuación se da click en el link de enlace para la página de AntheProt 2000 V6.0 release 1.1.54: <http://antheProt-pbil.ibcp.fr>

Esta es la página oficial de AntheProt, el cual es un software de Windows para el análisis de proteínas.

En la página se encuentra un menú de lado izquierdo con opciones de los cuales las más destacadas para nosotros serían "Manual de instrucciones" y en la opción de descargas: "AntheProt 3D". También cuenta con videos, galerías de imágenes visualizadas en AntheProt entre otras cosas más.

En el manual de instrucciones podemos encontrar la utilidad de este visualizador así como breves descripciones de como interactuar en él.

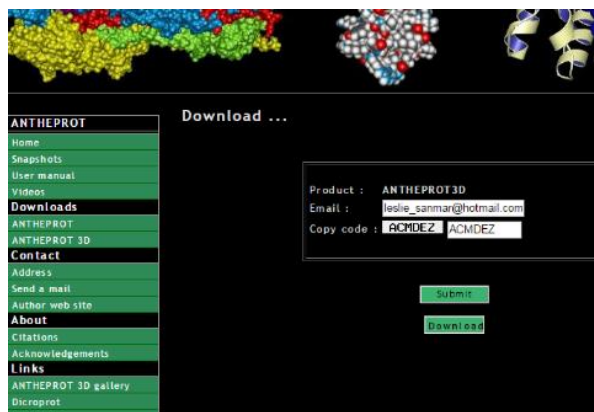
DESCARGA

AntheProt 3D es un programa de gráficos moleculares que permite la visualización de proteínas, ácidos nucleicos de RCSB archivo. En el cual podemos trabajar con archivos PDB y funciona en sistemas Microsoft Windows. Se ha desarrollado en Visual Basic 6 y OpenGL para las primitivas gráficas.



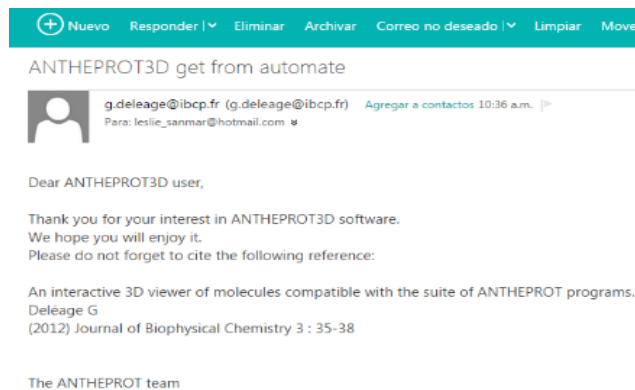
Para la descarga del visualizador damos click en la opción de “AntheProt 3D”.

En esta opción aparece una pequeña ventanita negra la cual tenemos que rellenar con nuestro correo electrónico y escribir el código que nos allí mismo nos indica. A continuación le damos click en el botón “presentar”.

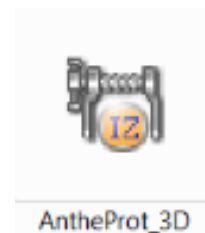


Nos envía a la misma página en la cual se tiene que hacer los mismos pasos de la anterior a diferencia de que ahora le damos click al botón “descargar” y se inicia automáticamente la descarga la cual tarda aproximadamente 2 minutos.

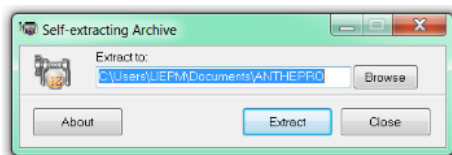
Al incluir nuestro correo electrónico para la descarga, AntheProt envía un correo en el cual agradece el interés por la descarga del software.



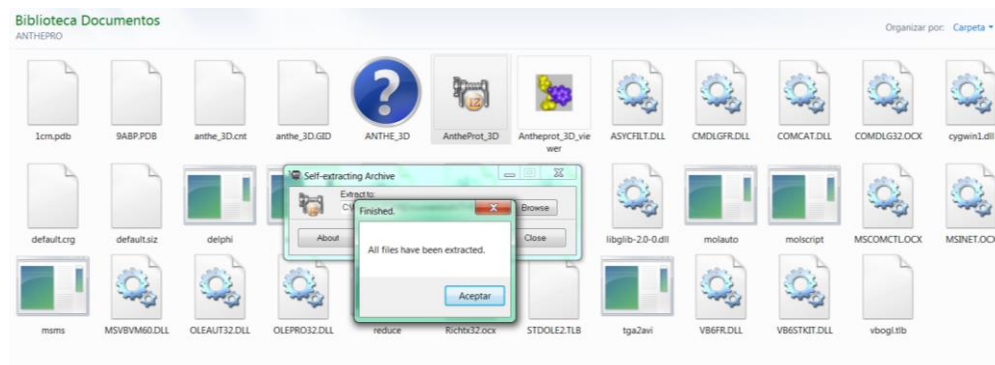
Una vez finalizada la descarga nos va aparecer este archivo del cual debemos extraer dándole click para tener el ejecutor del visualizador. Pero para ello es recomendable crear una nueva carpeta para guardar el archivo ya que al extraerlo nos van a aparecer varios archivos más sobre el visualizador.



Una vez que se dio clic al software descargado nos debe aparecer esta ventana:

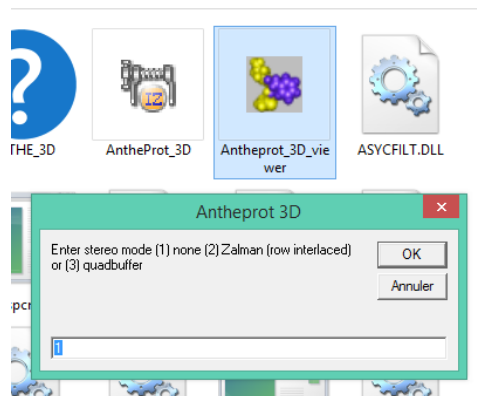


En la cual damos clic en “Extract” y nos aparecen varios archivos más como ya había mencionado anteriormente y damos clic en “aceptar”



Una vez hecho todo esto para ejecutar el programa damos click en el icono de “Antheprot_3D_viewer” el programa muestra una ventana para seleccionar el modo estéreo que depende de tu equipo del hardware. El modo Zalman [2] es para ninguna tarjeta gráfica particular (sólo los modos estéreo anaglifo y cross ojos son compatibles).

- 1.- Es para ninguna tarjeta gráfica en particular.
- 2.- para tarjetas OpenGL y pantallas Zalman .
- 3.- Es para tarjetas gráficas OpenGL de quadbuffer y una pantalla especial de apoyo a alta frecuencia de 120Hz.

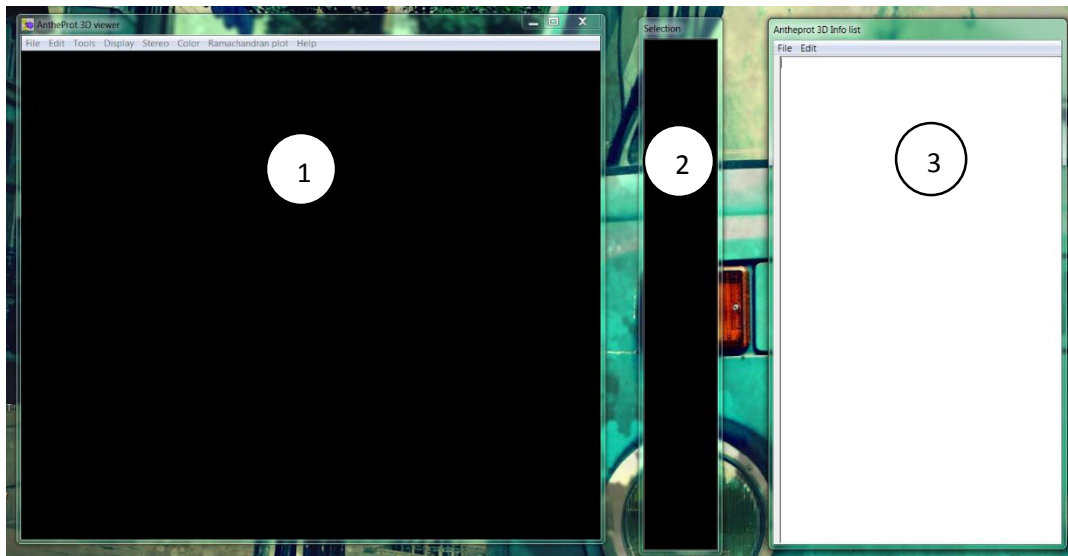


Aparece automáticamente la opción 1 que es la que trabajaremos ya que no tenemos ninguna tarjeta gráfica en particular y damos click en “ok”.

Nos aparecen 3 pantallas:

- 1.- una ventana 3D que permite al usuario mover interactivamente la molécula.
- 2.- Un panel de selección de grupo para la selección del grupo (véase Grupo de selección).
- 3.- Una ventana de texto para brindar al usuario la lista de los átomos clickeados o igual la podemos ver en la pestaña Display → información (f2)

También es posible hacer cálculos geométricos (diagrama de Ramachandran, distancias y ángulos) y moléculas de guarnición.



DESCARGA DE ARCHIVOS PDB

En este visualizador podemos trabajar con archivo PDB los cuales podemos descargar en esta página:

http://web.educastur.princast.es/proyectos/biogeo_ov/2BCH/B1_BIOQUIMICA/t10_MODELOS3D/MODELOS3D.htm

web.educastur.princast.es/proyectos/biogeo_ov/2BCH/B1_BIOQUIMICA/t10_MODELOS3D/MODELOS3D.htm

BIOGEO_OV Biología y Geología de la ESO y Bachillerato
José Luis Sánchez Guillén (Oviedo-Asturias)

Inicio Novedades 2º BIOLOGÍA 4º BIO-GEO 3º BIO-GEO 2º CC NN EDUCASTUR PANDO

[Tema siguiente](#)

Lateral 2º BCH

EDUCASTUR
PANDO

Bloques de contenido

- I- Biomoléculas
- II- La célula
- III- Información cel.
- IV- Microbiología
- V- Inmunología

Material complementario

- [ApuntesEn PDF](#)
- [Ejercicios](#)
- [Ejercicios pdf](#)
- [Test](#)
- [Diapositivas \(pdf\)](#)

ENLACES 2º Bch. GENERALIDADES

- [Diccionario](#)
- [Biografías](#)
- [Enlaces](#)

ÍNDICE DE MODELOS MOLECULARES PDB

DIRECCIONES WEB CON INSTRUCCIONES DETALLADAS PARA INSTALAR EL PLUGIN PARA VER LOS MODELOS PDB

Antes de poder ver los modelos moleculares 3D hay que tener instalado un pequeño programa (plugin) que permite al navegador abrir adecuadamente los ficheros en formato PDB. Ver instrucciones en los siguientes enlaces.

Instrucciones para bajar e instalar el plugin [Chime](#).

<http://www.mdlchime.com> Para bajarse el programa Chime.

Enlaces de interés sobre CHIME, su instalación, compatibilidad y los problemas de instalación que puedan darse

Si se tiene Windows XP y se ha instalado Chime 2.6 SP6 for Windows no se presentará ningún problema y sólo con registrarse, descargar el plugin e instalarlo será suficiente.

Si se tienen otros sistemas operativos y navegadores, es conveniente visitar las siguientes páginas:

- <http://www2.uah.es/biomodel/model1/info-cfg.htm>: Cómo configurar el ordenador para ver los modelos 3D en formato PDB en la páginas WEB.
- <http://www2.uah.es/biomodel/comun/compatib/neccsoft.htm#verify> : Resolución de problemas para la instalación de CHIME en el ordenador.
- <http://www2.uah.es/biomodel/comun/compatib/compatib.htm> : Compatibilidad entre CHIME y los diferentes navegadores (Internet

En esta página podemos encontrar glúcidos, lípidos, Aminoácidos, péptidos, proteínas, nucleótidos y ácidos nucleicos.

3 Glúcidos

3.1	dc_glucosa.pdb	Glucosa
3.2	df_glucosa_alfa.pdb	Alfa glucosa
3.3	dg_glucosa_beta.PDB	Beta glucosa
3.4	dh_fructosa.PDB	Fructosa
3.5	di_galactosa.PDB	Galactosa
3.6	dj_galactosa_alfa.PDB	Alfa galactosa
3.7	dl_ribosa_beta.PDB	Beta ribosa
3.8	dm_sacarosa.PDB	Sacarosa
3.9	dn_maltosa.PDB	Maltosa
3.10	do_celobiosa.PDB	Celobiosa
3.11	dp_lactosa.PDB	Lactosa
3.12	dq_sucrosa.PDB	Sucrosa
3.13	dr_union1_6.PDB	Unión 1-6 entre monosacáridos
3.14	ds_amilosa.PDB	Amilosa (almidón)
3.15	dt_amilopec.PDB	Amilopectina (almidón)
3.16	dt_glycoxen.PDB	Glucógeno
3.17	du_celulosa.PDB	Celulosa
3.18	dv_quitina.PDB	Quitina
3.19	dx_condro4.PDB	Condroitin- 4- sulfato
3.20	dy_dextrano_bact.PDB	Dextrano
3.21	dz_hialuron.PDB	Ácido hialurónico.
3.22	dz1_oligo_lisosomico.PDB	Oligosacárido lisosómico.
3.23	dz2_oligo_membr.PDB	Oligosacárido de membrana.
3.24	dz3_oligo_secrec.PDB	Oligosacárido de secreción

4 Lípidos

4.1	ea_laurico12l.pdb	Ácido láurico
4.2	eb_palmitic16l.pdb	Ácido palmítico
4.3	ec_estearico18l.PDB	Ácido esteárico
4.4	eg_oleico181d.PDB	Ácido oléico
4.5	eh_linoleic182d.pdb	Ácido linoléico
4.6	ei_arachi204d.pdb	Ácido araquidónico
4.7	ej_triglicerido.pdb	Triglicérido
4.8	ek_lectina.PDB	Fosfoglicérido. Fosfatidil colina (Lectina)
4.9	el_cefalina.PDB	Fosfoglicérido. Fosfatidil etanolamina (cefalina).
4.10	em_fosfaser.PDB	Fosfoglicérido. Fosfatidil serina.

4.11	en_fosfglic.PDB	Fosfatidil glicerol.
4.12	eo_cardiopl.PDB	Difosfatidil glicerol (cardiolipina)
4.13	ep_fosfinos.PDB	Fosfatidil inositol
4.14	eq_esfingos.PDB	Esfingosina
4.15	er_esfingomielina.PDB	Esfingomielina.
4.16	es_colester.pdb	Colesterol

5 Aminoácidos, péptidos y proteínas

5.1	g01_glycina.PDB	Glicocola
5.2	g02_alanina.PDB	Alanina
5.3	g03_leucina.PDB	Leucina
5.4	g04_valina.PDB	Valina
5.5	g05_ileucina.PDB	Isoleucina
5.6	g06_fenilalanina.PDB	Fenilalanina
5.7	g07_metionina.PDB	Metionina
5.8	g08_prolina.PDB	Prolina
5.9	g09_triptofano.PDB	Triptófano
5.10	g10_serina.PDB	Serina
5.11	g11_treonina.PDB	Treonina
5.12	g12_tirosina.PDB	Tirosina
5.13	g13_cisteina.PDB	Cisteina
5.14	g14_asparagina.PDB	Asparagina
5.15	g15_histidina.PDB	Histidina
5.16	g16_aspartico.PDB	Ácido Aspártico
5.17	g17_arginina.PDB	Arginina
5.18	g18_glutamina.PDB	Glutamina
5.19	g19_glutamico.PDB	Ácido glutámico
5.20	g20_lisina.PDB	Lisina
5.21	ha1_insulin.PDB	Insulina
5.22	ha2_oxitocin.PDB	Oxitocina
5.23	ha3_glucagon.PDB	Glucagón
5.24	ha4_glutation.PDB	Glutation
5.25	ha5_glucocorticoide.PDB	Glucocorticoide
5.26	hb_ubicultina53.PDB	Ubicultina
5.27	hj_hemob.PDB	Hemoglobina (201 KB)

6 Nucleótidos y ácidos nucleicos

6.1	ja_AMP.PDB	AMP
6.2	jb_GMP.PDB	GMP

6.3	jd_CMP.PDB	CMP
6.4	jd_UMP.PDB	UMP
6.5	je_TMP.PDB	TMP
6.6	jf_ATP.PDB	ATP
6.7	jg_GTP.PDB	GTP
6.8	ji_dna.PDB	ADN

MOVIMIENTO DE LA MOLÉCULA

El botón izquierdo es para rotar la molécula. Hay dos modos diferentes para rotar la molécula que puede ser (ON/OFF) o presionar F1 (Edit → preferences → trackball)

Si trackball está en "ON" la molécula puede ser lanzada en una rotación continua.

Si trackball esta en modo "OFF" la molécula sigue la posición del ratón.