

Aspectos generales

Título:	Interacciones proteína-ligando: fundamentos y nuevas aproximaciones
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	
Si bien no se someterá a evaluación en otros programas, este tópico es apropiado también para estudiantes de los Posgrados en Ciencias Bioquímicas y Ciencias Biológicas	
Área del conocimiento:	Biología molecular
Semestre:	2027-1
Modalidad:	Tópico selecto
Horario:	Viernes de 9:00 a 12:00
No. sesiones:	14
Horas por sesión:	3.0
Total alumnos PDCB:	10
Total alumnos:	15
Videoconferencia:	Si
Lugar donde se imparte:	Centro de Ciencias Genómicas, UNAM campus Morelos
Informes:	jesoto@ccg.unam.mx, bellahsen87@gmail.com

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
Participación en clase	30%	
Presentación de proyectos	50%	Proyectos individuales
Trabajos	20%	

Contribución de este curso/tópico en la formación del alumnado del PDCB:

Este tópico está dirigido a estudiantes interesados en comprender las bases del reconocimiento molecular. Se abordarán y analizarán diversas herramientas y técnicas moleculares empleadas en el estudio de interacciones proteína-proteína y proteína-ADN. Se analizará los detalles y las ventajas de diversas técnicas, así como sus límites y desventajas en diferentes organismos, particularmente en bacterias. Puede resultar de interés a alumnas y alumnos cuyos proyectos involucren interacciones proteína-proteína proteína-ADN.

Profesor (a) responsable

Nombre:	SOTO GUZMÁN JOSÉ EDUARDO (TUTOR ACREDITADO PARA PROCESO DE ADMISIÓN 2027-2)
Teléfono:	(56) 10714487
Email:	jesoto@ccg.unam.mx

Profesores (as) participantes

PARTICIPANTE	ENTIDAD O ADSCRIPCIÓN	SESIONES
SOTO GUZMÁN JOSÉ EDUARDO (TUTOR ACREDITADO PARA PROCESO DE ADMISIÓN 2027-2) Responsable	Centro de Ciencias Genómicas	Escaneo mutacional profundo — ES Estructura de proteínas y ADN. Fundamentos básicos de interacción molecular. Herramientas in silico para la predicción de interacciones proteína-proteína Presentación de proyectos (Parte 1) Técnicas de interacción proteína-proteína. (Sesión 1: aplicaciones) Técnicas de interacción proteína-proteína. Far-Western, sistemas doble híbrido y ensayos de complementación de proteínas, ensayos de proximidad.

BELLAHSEN OUSSAMA Integrante	Instituto de Biotechnología-UNAM	<p>1 Introducción a la biología de proteínas (ADN, proteínas y fuerzas moleculares involucradas en las interacciones) — OB</p> <p>5 Técnicas de interacción proteína–proteína. Pull-down assays, sistema LexA, fotoentrecruzamiento in vivo con pBpa, co-inmunoprecipitación (Sesión 2: teoría) — OB</p> <p>6 Técnicas de interacción proteína–proteína. Pull-down assays, sistema LexA, fotoentrecruzamiento in vivo con pBpa, co-inmunoprecipitación (Sesión 2: aplicaciones) — OB</p> <p>7 Técnicas de interacción proteína–DNA. Ensayos bioquímicos de unión y afinidad (EMSA, DNase I footprinting, ChIP, mapeo genómico in vivo). (Sesión 1: teoría)— OB</p> <p>8 Técnicas de interacción proteína–DNA. Ensayos bioquímicos de unión y afinidad (EMSA, DNase I footprinting, ChIP, mapeo genómico in vivo). (Sesión 1: aplicaciones) — OB</p> <p>9 Ampliación de herramientas CRISPR/Cas: aplicaciones en proteómica — OB</p> <p>14 Presentación de proyectos (Parte 2) — ES y OB</p>
MÉNDEZ ALEMÁN JULIO MANUEL Integrante	Instituto de Biología UNAM	AlphaFold como herramienta para la predicción de interacciones moleculares

Introducción

Las proteínas constituyen los efectores primarios del fenotipo celular. Más allá de su función como componentes estructurales, estas macromoléculas representan los elementos críticos de la regulación molecular y la maquinaria catalítica. Su versatilidad química les permite mediar procesos fundamentales que rigen la vida, desde la replicación del genoma en procariontes hasta la compleja señalización transductora en células eucariotas superiores. Sin embargo, las proteínas no actúan de manera aislada, sino que operan en conjunto con otras macromoléculas, como proteínas o ácidos nucleicos, formando redes de interacción complejas y dinámicas. El estudio de estas interacciones es imperativo para desentrañar la fisiología celular a nivel sistémico. En este contexto, comprender cómo una proteína reconoce e interacciona con ligandos específicos constituye uno de los pilares de la biología estructural contemporánea. Durante este curso, y mediante la integración de enfoques provenientes de la biofísica, la genética molecular y la ingeniería de proteínas, se analizarán diferentes herramientas de alta resolución para descifrar la arquitectura y la cinética de estas complejas interacciones moleculares.

Temario

- 1 Introducción a la biología de proteínas (ADN, proteínas y fuerzas moleculares involucradas en las interacciones) — OB
- 2 Estructura de proteínas y ADN. Fundamentos básicos de interacción molecular. — ES
- 3 Técnicas de interacción proteína–proteína. Far-Western, sistemas doble híbrido y ensayos de complementación de proteínas, ensayos de proximidad. (Sesión 1: teoría) — ES
- 4 Técnicas de interacción proteína–proteína. (Sesión 1: aplicaciones) — ES
- 5 Técnicas de interacción proteína–proteína. Pull-down assays, sistema LexA, fotoentrecruzamiento in vivo con pBpa, co-inmunoprecipitación (Sesión 2: teoría) — OB
- 6 Técnicas de interacción proteína–proteína. Pull-down assays, sistema LexA, fotoentrecruzamiento in vivo con pBpa, co-inmunoprecipitación (Sesión 2: aplicaciones) — OB
- 7 Técnicas de interacción proteína–DNA. Ensayos bioquímicos de unión y afinidad (EMSA, DNase I footprinting, ChIP, mapeo genómico in vivo). (Sesión 1: teoría)— OB
- 8 Técnicas de interacción proteína–DNA. Ensayos bioquímicos de unión y afinidad (EMSA, DNase I footprinting, ChIP, mapeo genómico in vivo). (Sesión 1: aplicaciones) — OB
- 9 Ampliación de herramientas CRISPR/Cas: aplicaciones en proteómica — OB
- 10 Herramientas in silico para la predicción de interacciones proteína–proteína — ES
- 11 AlphaFold como herramienta para la predicción de interacciones moleculares — JM
- 12 Escaneo mutacional profundo — ES
- 13 Presentación de proyectos (Parte 1) — ES y OB
- 14 Presentación de proyectos (Parte 2) — ES y OB

Clases impartidas por: ES, Eduardo Soto; OB, Oussama Bellahsen; JM, Julio Manuel Méndez Alemán

Bibliografía

- Daines, D. A., Granger-Schnarr, M., Dimitrova, M., and Silver, R. P. (2002). Use of LexA-based system to identify protein-protein interactions in vivo. *Methods enzymol* 358, 153–161. doi: 10.1016/S0076-6879(02)58087-3
- Daines, D. A., and Silver, R. P. (2000). Evidence for Multimerization of Neu Proteins Involved in Polysialic Acid Synthesis in *Escherichia coli* K1 Using Improved LexA-Based Vectors. *J. Bacteriol.* 182, 5267–5270. doi: 10.1128/JB.182.18.5267-5270.2000
- Dolgalev, G., and Poverennaya, E. (2021). Applications of CRISPR-Cas Technologies to Proteomics. *Genes (Basel)*. 12, 1790. doi: 10.3390/genes12111790
- Evans, Richard, Michael O'Neill, Alexander Pritzel, et al. 2021. "Protein Complex Prediction with AlphaFold-Multimer." In bioRxiv. BioRxiv.

<https://doi.org/10.1101/2021.10.04.463034>.

Keskin, O., Gursoy, A., Ma, B., and Nussinov, R. (2008). Principles of Protein-Protein Interactions: What are the Preferred Ways For Proteins To Interact? *Chem. Rev.* 108, 1225–1244. doi: 10.1021/cr040409x

Levin-Kravets, Olga, Alina Kordonsky, Anna Shusterman, et al. 2021. "Split Chloramphenicol Acetyl-Transferase Assay Reveals Self-Ubiquitylation-Dependent Regulation of UBE3B." *Journal of Molecular Biology* 433 (23): 167276.

Punde, A., Dey, S., Pandire, R., Bhattacharjee, A., and Patra, C. (2025). Expanding the CRISPR/Cas toolkit: applications in proteomics and theranostics. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 13. doi: 10.3389/fbioe.2025.1713700

Qin, Wei, Kelvin F. Cho, Peter E. Cavanagh, and Alice Y. Ting. 2021. "Deciphering Molecular Interactions by Proximity Labeling." *Nature Methods* 18 (2): 133–143.

Walker, J. M. (2009). *DNA-Protein Interactions.*, third Edition, eds. B. Leblanc and T. Moss. Totowa, NJ: Humana Press. doi: 10.1007/978-1-60327-015-1

Observaciones

Los artículos que se discutirán en clase se distribuirán con antelación, con el fin de que el alumnado tenga tiempo de familiarizarse con su contenido.