



BIO-0456  
Introdução à Bioinformática

Prof. Sergio Russo Matioli



### Exercício 12

Para a questão 1, você utilizará os arquivos da estrutura resolvida da estreptovidna, do ligante biotina e da estreptovidna associada a biotina fornecidas na página da disciplina.

1. Devido ao tempo elevado que é gasto para o processamento, os resultados de previsão da atracção ("docking") entre a molécula de estreptavidina e a molécula de biotina pelo software "SwissDock" estão indicados no cronograma. Utilize o Chimera ou o CN3D para verificar a estrutura de cada molécula, delas associadas e examine os resultados das simulações de atracção na página indicada.

2. Compare o resultado obtido pelo experimento com a estrutura resolvida da proteína associada ao ligante. e envie suas conclusões a respeito da comparação.

3.- Classifique a dificuldade desse exercício: A) Fácil demais, fiz durante a aula e sobrou tempo; B) Adequado, fiz dentro do tempo programado; C) Um pouco puxado, tive que deixar uma parte para fazer em casa; D) Puxadíssimo, fiquei vários dias debruçado sobre um computador.

Envie as respostas desse exercício para o email [srmatioli@ib.usp.br](mailto:srmatioli@ib.usp.br), com assunto da mensagem [BIO-0456]  
Exercício 12. NÃO ESQUEÇA DE IDENTIFICAR-SE.