2. ÍNDICE

1. AGRADECIMIENTOS	<u>1</u>
2. ÍNDICE	2
3. ÍNDICE DE TABLAS	<u>4</u>
4. ÍNDICE DE FIGURAS	<u>5</u>
5. ÍNDICE DE GRÁFICOS	<u>8</u>
6. RESUMEN	<u>13</u>
7. ABSTRACT	<u>15</u>
8. INTRODUCCIÓN	<u>17</u>
8.1. Dendrímeros	17
8.1.1. Dendrímero de PAMAM	18
8.2. Moléculas en Estudio	22
8.2.1 Dendrímeros PAMAM G ₀ -NH ₂ , G ₁ -NH ₂ , G ₄ -NH ₂	22
8.2.2. Fenobarbital y Primidona	25
9. MOTIVACIÓN	28
10. HIPÓTESIS	29
11. OBJETIVOS	29
11.1. Objetivo general	29
11.2. Objetivos específicos	29

12. METODOLOGÍA	L
12.1. Obtención Estructuras 3D 31	L
12.2. Experimentos de Acoplamiento Molecular	L
12.3. Optimización de las Estructuras por Métodos Químico Cuánticos 32	2
12.4. Parametrización de las Estructuras de los Fármacos	3
12.5. Dinámicas Moleculares y Optimización del Complejo PAMAM/Fármaco 36	3
13. RESULTADOS Y DISCUSIÓN 38	<u>}</u>
13.1. Resultados Preliminares obtenidos por medio de Docking Molecular y Químio	ca
Cuántica 38	3
13.2. Resultados obtenidos por medio de Dinámica Molecular 43	3
13.2.1. Sistema PAMAM G ₄ -NH ₃ /Fenobarbital cargado	7
13.2.2. Sistema PAMAM G₄-NH₃/Primidona neutra	L
13.2.3. Sistema PAMAM G ₄ -NH ₃ /Fenobarbital neutro	1
13.2.4. Sistema PAMAM G4-NH3/Primidona Cargada	3
14. CONCLUSIONES	7
15. REFERENCIAS 10	<u>)1</u>
<u>16. ANEXOS 10</u>	<u>08</u>
16.1. Asistencia a Congresos 10	08
16.2. Métodos de Química Computacional 10	09
16.2.1. Química Cuántica y Mecánica Molecular10	09
16.2.2. Métodos de Docking 12	13
16.2.3. Dinámica Molecular1	13

3. ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1: Energías de unión obtenidas a partir del Docking realizado sobre	e los	16
complejos PAMAM/Fármaco	38	i

4. ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1: Representación esquemática de un dendrímero, modificado de (Tolia	y choi,
2008)	17
Figura 2: PAMAM G ₀ , obtenido de (Liyanage y col., 2013)	22
Figura 3: PAMAM G1, obtenido de (Liyanage y col,. 2013)	23
Figura 4: PAMAM G4, obtenido de (Klajnert y col., 2003)	24
Figura 5: Fenobarbital y Primidona en su forma neutra. Imagen obtenida de (C	Cheng y
col., 2008)	25

Figura 6: Equilibrio entre las formas cargadas y no cargadas de las moléculas de Fenobarbital y Primidona en solución. Imagen obtenida de (Cheng y col., 2008).25

<u>Figura</u>	<u>9:</u>	Mejores	conformaciones	PAMAM/Fármaco	según	los	resultados	Docking
								39

Figura 10: Mejores Conformaciones PAMAM/Fármaco con el método semi-e	empírico
РМЗ	42

Figura 14: Ubicación propuesta de la molécula de Fenobarbital en las cavidades internas de PAMAM. Imagen obtenida y modificada de Cheng y col. (2009). 60

5. ÍNDICE DE GRÁFICOS