



Guía Docente				
Datos Identificativos				2015/16
Asignatura (*)	Dinámica e Estructura de Proteínas		Código	610441011
Titulación	Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética			
Descritores				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3
Idioma	CastelánInglés			
Modalidade docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Bioloxía Celular e Molecular			
Coordinación	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es	
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel Cerdan Villanueva, Maria Esperanza Lamas Maceiras, Mónica	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es esper.cerdan@udc.es monica.lamas@udc.es	
Web				
Descrición xeral	Dentro do Máster en Bioloxía Molecular, Celular e Xenética, esta asignatura, ten como obxectivos coñecer e manexar os fundamentos teóricos e as aproximacións experimentais ao análise das propiedades físicas e químicas das macromoléculas biolóxicas, en especial as proteínas, co fin de relacionar as súas estruturas coa su función e actividade biolóxica. Estudaránse os conceptos necesarios para a descrición das estruturas, os métodos computacionais e experimentais utilizados para o seu estudio e os fundamentos teóricos que os xustifican.			

Competencias do título	
Código	Competencias do título
A3	Capacidade de utilizar ferramentas Bioinformáticas a nivel de usuario
A9	Capacidade de comprender a estrutura, e función das proteínas a nivel individual e da proteómica, así como das técnicas necesarias para analizaras e estudar as súas interaccións con outras biomoléculas
B2	Capacidade de toma de decisións para a resolución de problemas: que sexan capaces de aplicar os coñecementos teóricos e prácticos adquiridos na formulación de problemas biolóxicos e a busca de solucións
B3	Capacidade de xestión da información: reunir e interpretar datos, información e resultados relevantes, obter conclusións e emitir informes razoados sobre cuestións científicas e biotecnolóxicas
B4	Capacidade de organización e planificación do traballo: que sexan capaces de xestionar a utilización do tempo así como os recursos dispoñibles e organizar o traballo no laboratorio
C3	Utilizar as ferramentas básicas das tecnoloxías da información e as comunicacións (TIC) necesarias para o exercicio da súa profesión e para a aprendizaxe ao longo da súa vida.
C8	Valorar a importancia que ten a investigación, a innovación e o desenvolvemento tecnolóxico no avance socioeconómico e cultural da sociedade.

Resultados da aprendizaxe			
Resultados de aprendizaxe		Competencias do título	
Capacidade para comprender os conceptos e teorías relacionados coa dinámica das proteínas nas células	AI3	BI2	CM3
	AI9		CM8
Familiarización coas fontes bibliográficas e informáticas onde se pode obter información actualizada	AI3	BI2	CM3
	AI9		CM8
Coñecer os sistemas para a determinación de estruturas mediante difracción de raios X	AI9	BI2	CM3
			CM8
Coñecer diferentes programas informáticos para a representación de proteínas e o seu uso	AI3	BI2	CM3
	AI9		CM8



Coñecer as técnicas para determinar interaccións entre proteínas e das proteínas con outras biomoléculas e ligandos.	AI3 AI9	B14	CM8
Capacidade de interpretar de modo crítico os datos dunha publicación dunha estrutura dunha proteína	AI3 AI9	BI3	CM3

Contidos	
Temas	Subtemas
Clasificación estrutural das proteínas.	Domínios de proteínas estruturais. Categorías de proteínas de acordo coa súa estrutura tridimensional. Proteínas alfa. Alfa Proteína / beta. Proteínas Beta. Clases estruturais de proteínas. Cath Clasificación. SCOP Clasificación. Clasificación DALI. Clasificación SMART.
Criterios para a elección dun método de purificación e caracterización preliminar.	Técnicas cromatográficas: xel filtración, intercambio iónico, afinidade, interacción hidrofóbica. Estratexias de desinfección. Caracterización preliminar da conformación de proteínas: Aparición de compacidade. A estrutura secundaria e indicadores de estrutura terciaria. Cuantificación de proteínas.
Determinación experimental da estrutura de proteínas mediante difracción de raios X.	Técnicas de cristalización. Ferramentas e estratexias para facer os datos difracción. A interpretación dos difratogramas. A recollida de datos e modelo de refinamento molecular. Parámetros para estimar modelo de converxencia. Modeling.
Interaccións entre biomoléculas.	As interaccións de proteínas para a formación de complexos con proteínas e outros ligandos. Métodos experimentais para determinar esas interaccións e súa estrutura. O método de dobre híbrido. Método Split-ubiquitina. GST-pull-down. Traste. Ensaio de EMSA. Ensaio chip. Outras metodoloxías

Planificación				
Metodoloxías / probas	Competencias	Horas presenciais	Horas non presenciais / traballo autónomo	Horas totais
Sesión maxistral	A9	16	24	40
Prácticas de laboratorio	A9 B3 B2 B4 C8	6	9	15
Prácticas a través de TIC	A3 C3	2	3	5
Proba mixta	A9	1	10	11
Atención personalizada		4	0	4

*Os datos que aparecen na táboa de planificación son de carácter orientativo, considerando a heteroxeneidade do alumnado

Metodoloxías	
Metodoloxías	Descrición
Sesión maxistral	Presentación oral complementada polo uso de medios audiovisuais para a transmisión de coñecementos e facilitar a aprendizaxe
Prácticas de laboratorio	Metodoloxía que permite que os alumnos aprendan de forma eficaz a través de actividades prácticas (demostracións, simulacións, etc.) Teoría dun campo do coñecemento a través do uso da tecnoloxía da información e comunicacións.
Prácticas a través de TIC	TIC para ver modelos de estrutura de proteínas e experimentos de deseño de interacción.
Proba mixta	Combinación de cuestións de múltiple elección e preguntas curtas

Atención personalizada	
Metodoloxías	Descrición



Prácticas de laboratorio Prácticas a través de TIC	A atención persoal que se describe en relación a estas metodoloxías concíbense como momentos de traballo do alumno en clase con profesor para implicar a participación obrigatoria para o alumno. A forma eo momento en que se levou a cabo indícase en relación a cada unha das actividades ao longo do curso de acordo co plan de traballo do curso
---	--

Avaliación			
Metodoloxías	Competencias	Descrición	Cualificación
Sesión maxistral	A9	Valorarase asistencia e participación activa	5
Prácticas de laboratorio	A9 B3 B2 B4 C8	Evaluarase a asistencia regular e a participación activa nas prácticas de laboratorio.	10
Proba mixta	A9	Proba relativa a coñecimentos teóricos e prácticos	75
Prácticas a través de TIC	A3 C3	Valorarase a asistencia e participación activa	10

Observacións avaliación
Podrán optar a MH os alumnos examinados na primeira oportunidade de Xuño.

Fontes de información	
Bibliografía básica	<ul style="list-style-type: none">· Banaszak, L. J. (2000). Foundations of structural biology. Academic Press.· Berg, J. M., Tymoczko, J. L., Stryer. L. (2003). BIOQUÍMICA. 5ª Edición. Reverté.· Branden, C. & Toozze, J. (1998). INTRODUCTION TO PROTEIN STRUCTURE. 2nd edition Garland Publishing, Inc, New York.· Cerdán Villanueva, M. E. (2005). Curso avanzado de proteínas y ácidos nucleicos. Universidade da Coruña.· Creighton, T. E. (1993). PROTEINS: STRUCTURES AND MOLECULAR PROPERTIES, 2nd edition. W.H. Freeman & Company, New York.· Gómez-Moreno, C. & Sancho, J. (Coords). (2003). ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS. Ariel Ciencia, Barcelona.· Lesk, A. M. (2000). INTRODUCTION TO PROTEIN ARCHITECTURE. THE STRUCTURAL BIOLOGY OF PROTEINS. Oxford University Press, Oxford.· Nelson, D. L., Cox, M. M. (2000). LEHNINGER PRINCIPLES OF BIOCHEMISTRY. Worth Publishers.· Rodes, G. (2000). Crystallography. Made Crystal Clear. Academic Press.



Bibliografía complementaria	<p>§ Carter, Jr., C.V. y Sweet, R. M. (1997). <i>Macromolecular Crystallography</i>, parts A and B. <i>Methods in Enzymology</i>, vols. 276 y 277. Academic Press. NY. § Casari, G., Sander, C., Valencia, A. (1995). A method to predict functional residues in proteins. <i>Nature Struct. Biol.</i>, 2: 171178. § Clore, G. M. y Gonenborg, A. M. (1998). New methods of structure refinement for macromolecular structure determination by NMR. <i>Proc. Natl. Acad. Sci.</i>, 95, 58915898. § Del Sol Mesa, A., Pazos, F., Valencia, A. (2003). Automatic methods for predicting functionally important residues. <i>J. Mol. Biol.</i>, 326: 12891302. § Ducruix, A., Giegé, R. (1999). <i>Crystallisation of Nucleic Acids and Proteins. A Practical Approach</i>, edn 2. Oxford University Press. Oxford. § Eyrich, V. A., MartiRenom, M. A., Przybylski, D., Madhusudhan, M.S., Fiser, A., Pazos, F., Valencia, A., Sali, A. y Rost, B. (2001). EVA: continuous automatic evaluation of protein structure prediction servers. <i>Bioinformatics</i>, 17: 12421243. § Ferentz, A.E. y Wagner, G. (2000). <i>NMR spectroscopy: a multifaceted approach to macromolecular structure</i>. <i>Quarter Rev. Biophys.</i> 33, 2965. § Fersht, A. R. (1999). <i>Structure and Mechanism in Protein Science</i>, Freeman and Co., NY. § Frank, J. (1996). <i>Three dimensional electron microscopy of macromolecular assemblies</i>. Academic Press, San Diego. § Harris, E. L. V. y Angel, S. (eds.) (1999): <i>Protein purification methods. A practical approach</i>. IRL Press. Oxford. § James, T. L., Dötsch, V. y Smith, U. (2001). <i>Nuclear Magnetic Resonance of Biological Macromolecules. Part A and B. Methods Enzymol.</i>, 338, Academic Press, San Diego. § Juan, D., Graña, O., Pazos, F., Fariselli, P., Casadio, R., Valencia, A. (2003). A neural network approach to evaluate Fold recognition results. <i>Proteins Mar 1,(4): 50, 600608.</i> § Kleanthous, C. (ed.) (2000). <i>Protein-Protein Recognition</i>. Oxford University Press, Oxford. § Mayo, K. H. y Daragan, U. A. (2003). <i>Protein dynamics using NMR relaxation</i>. World Scientific, Nueva Jersey. § McEwen, B. F. y Marcko, M. (2001). The emergence of electron tomography as an important tool for investigating cellular ultrastructure. <i>J. Histochem. Cytochem. Vol 49, 553563.</i> § McPherson, A. (2002). <i>Introduction to Macromolecular Crystallography</i>. John Wiley and Sons. Inc., NY. § Naomi, E. C. (2004). Turning Protein crystallisation from an art into a science. <i>Current Opinion in Structural Biology</i>, 14: 577583. § Sinha, N. y SmithGill, S. J. (2002). Protein structure to function via dynamics. <i>Protein Peptid Letters</i>, 9: 367377. § Van Heel, M. (2000). Single particle electron cryomicroscopy: towards atomic resolution. <i>Q. Rev. Biophys.</i> Vol. 33, 307369. § Igor Stagljar and Stanley Fields (2002). Analysis of membrane protein interactions using yeast-based technologies ? REVIEW . <i>Trends in Biochemical Sciences</i>, 27: 559-563. § Sandor Vajda and Carlos J. Camacho (2004). Protein-protein docking: is the glass half-full or half-empty? <i>Trends in Biotechnology</i>, 22: 110-116. § Dobrin Nedelkov and Randall W. Nelson (2003). Surface plasmon resonance mass spectrometry: recent progress and outlooks ? REVIEW <i>Trends in Biotechnology</i>, 21: 301-305. § Takashi Ito, Tomoko Chiba and Mikio Yoshida (2001). Exploring the protein interactome using comprehensive two-hybrid projects ? REVIEW . <i>Trends in Biotechnology</i>, 19 (Supplement 1): 23-27. § Valerio Orlando (2000). Mapping chromosomal proteins in vivo by formaldehyde-crosslinked-chromatin immunoprecipitation ? REVIEW . <i>Trends in Biochemical Sciences</i>, 25: 99-104. § Dobrin Nedelkov and Randall W. Nelson (2003) Surface plasmon resonance mass spectrometry: recent progress and outlooks ? REVIEW . <i>Trends in Biotechnology</i>, 21: 301-305. § Philippe I. H. Bastiaens and Rainer Pepperkok (2000). Observing proteins in their natural habitat: the living cell ? REVIEW . <i>Trends in Biochemical Sciences</i>, 25: 631-637</p> <p>Coordenadas: Protein Data Bank: http://www.rcsb.org/pdb BioMagResBank: http://www.brmb.wisc.edu Cambridge Crystall Data Centre: http://www.ccdc.cam.ac.uk Molecular Modelling DataBase: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/structure Nucleic Acid Database: http://ndbserver.rutgers.edu:80/ MOOSE: http://db2.sdsc.edu/moose Molecules To Go (R US): http://molbio.info.nih.gov/cgi-bin/pdb Enzyme Structures Database: http://www.ebi.ac.uk/thornton-srv/databases/enzymes Clasificación estructural CATH http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath SCOP http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop FSSP http://www2.embl-ebi.ac.uk/dali/fssp Programas de visualización molecular: Rasmol: http://www.umass.edu/microbio/rasmol Swiss-PdbViewer: http://www.expasy.ch/spdbv/ MOLMOL http://www.mol.biol.ethz.ch/wuthrich/software/molmol Cn3D http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml Chime http://www.umass.edu/microbio/chime Servidores de alineamientos de secuencias: BLAST http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST FASTA http://www.ebi.ac.uk/fasta33 Servidores de predicción y modelización: SWISS-MODEL http://expasy.ch/swissmod/ The PredictProtein Server http://www.embl-heidelberg.de/predictprotein/predictprotein.html Center for Molecular Modeling: http://cmm.info.nih.gov/modeling/ GRAMM: http://reco3.musc.edu/gramm/ PQS (Probable Quat. Structure): http://msd.ebi.ac.uk/services/quaternary/quaternary.html</p>
------------------------------------	---



Recomendacións

Materias que se recomenda ter cursado previamente

Técnicas Moleculares/610441002
Bioloxía Celular Avanzada/610441003

Materias que se recomenda cursar simultaneamente

Proteínas Recombinantes e Inxeniería de Proteínas/610441012
Proteómica/610441013
Bioinformática e Modelado de Biomoléculas/610441020

Materias que continúan o temario

Traballo de Máster/610441022

Observacións

(*A Guía docente é o documento onde se visualiza a proposta académica da UDC. Este documento é público e non se pode modificar, salvo casos excepcionais baixo a revisión do órgano competente dacordo coa normativa vixente que establece o proceso de elaboración de guías