



Guía docente				
Datos Identificativos				2016/17
Asignatura (*)	Dinámica y Estructura de Proteínas	Código	610441011	
Titulación	Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética			
Descriptorios				
Ciclo	Periodo	Curso	Tipo	Créditos
Máster Oficial	2º cuatrimestre	Primero	Optativa	3
Idioma	CastellanoInglés			
Modalidad docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Bioloxía Celular e Molecular			
Coordinador/a	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				
Descripción general	Dentro del Máster en Biología Molecular, Celular y Genética, esta asignatura, tiene como objetivos conocer y manejar los fundamentos teóricos y las aproximaciones experimentales al análisis de las propiedades físicas y químicas de las macromoléculas biológicas, en especial las proteínas, con el fin de relacionar sus estructuras con su función y actividad biológica. Se estudiarán los conceptos necesarios para la descripción de las estructuras, los métodos computacionales y experimentales utilizados para su estudio y los fundamentos teóricos que los justifican.			

Competencias del título	
Código	Competencias del título
A3	Capacidad de utilizar herramientas Bioinformáticas a nivel de usuario.
A9	Capacidad de comprender la estructura, y función de las proteínas a nivel individual y de la proteómica, así como de las técnicas necesarias para analizarlas y estudiar sus interacciones con otras biomoléculas
B2	Capacidad de toma de decisiones para la resolución de problemas: que sean capaces de aplicar los conocimientos teóricos y prácticos adquiridos en la formulación de problemas biológicos y la búsqueda de soluciones.
B3	Capacidad de gestión de la información: que sean capaces de reunir e interpretar datos, información y resultados relevantes, obtener conclusiones y emitir informes razonados sobre cuestiones científicas y biotecnológicas.
B4	Capacidad de organización y planificación del trabajo: que sean capaces de gestionar la utilización del tiempo así como los recursos disponibles y organizar el trabajo en el laboratorio.
C3	Utilizar las herramientas básicas de las tecnologías de la información y las comunicaciones (TIC) necesarias para el ejercicio de su profesión y para el aprendizaje a lo largo de su vida.
C8	Valorar la importancia que tiene la investigación, la innovación y el desarrollo tecnológico en el avance socioeconómico y cultural de la sociedad.

Resultados de aprendizaje			
Resultados de aprendizaje	Competencias del título		
Capacidad para comprender los conceptos y teorías relacionados con la dinámica de las proteínas en las células	AI3 AI9	BI2	CM3 CM8
Familiarización con las fuentes bibliográficas e informáticas donde se puede obtener información actualizada	AI3 AI9	BI2	CM3 CM8
Conocer los sistemas para la determinación de estructuras mediante difracción de rayos X	AI9	BI2	CM3 CM8
Conocer diferentes programas informáticos para la representación de proteínas y su uso	AI3 AI9	BI2	CM3 CM8



Conocer las técnicas para determinar interacciones entre proteínas y de las proteínas con otras biomoléculas y ligandos.	AI3 AI9	BI4	CM8
Capacidade de interpretar de modo crítico los datos de una publicación de una estructura de una proteína	AI3 AI9	BI3	CM3

Contenidos	
Tema	Subtema
Clasificación estructural de las proteínas.	Dominios estructurales de las proteínas. Clasificación de las proteínas de acuerdo a su estructura tridimensional. Proteínas alfa. Proteínas alfa/beta. Proteínas beta. Clases estructurales de proteínas. Clasificación CATH. Clasificación SCOP. Clasificación DALI. Clasificación SMART.
Criterios para la elección de un método de purificación y caracterización preliminar.	Técnicas cromatográficas: de filtración en gel, intercambio iónico, afinidad, interacción hidrofóbica. Estrategias de purificación. Caracterización preliminar de la conformación proteica: Estado de agregación, de compacidad. Estructura secundaria e indicadores de estructura terciaria. Cuantificación de las proteínas.
Determinación experimental de la estructura de proteínas mediante difracción de rayos X.	Técnicas de cristalización. Herramientas y estrategias para la toma de datos de difracción. Interpretación de los difractogramas. Obtención y refinamiento del modelo molecular. Parámetros para calcular la convergencia del modelo. Modelización.
Interacciones entre biomoléculas.	Las interacciones de las proteínas para la formación de complejos con proteínas y otros ligandos. Métodos experimentales para determinar estas interacciones y su estructura. El método del doble híbrido. Método de split-ubiquitina. Pull-down. GST-Pull-down. FRET. Ensayos EMSA. Ensayos CHIP. Otras metodologías

Planificación				
Metodologías / pruebas	Competencias	Horas presenciales	Horas no presenciales / trabajo autónomo	Horas totales
Sesión magistral	A9	14	28	42
Prácticas de laboratorio	A9 B3 B2 B4 C8	5	7.5	12.5
Prácticas a través de TIC	A3 C3	2	3	5
Prueba mixta	A9	1	13	14
Atención personalizada		1.5	0	1.5

(\*Los datos que aparecen en la tabla de planificación són de carácter orientativo, considerando la heterogeneidad de los alumnos

Metodologías	
Metodologías	Descripción
Sesión magistral	Exposición oral complementada con el uso de medios audiovisuales con la finalidad de transmitir conocimientos y facilitar el aprendizaje.
Prácticas de laboratorio	Metodología que permite al alumnado aprender de forma efectiva, a través de actividades de carácter práctico (demostraciones, simulaciones, etc.) la teoría de un ámbito de conocimiento, mediante la utilización de las tecnologías de la información y las comunicaciones.
Prácticas a través de TIC	Las TIC permiten visualizar modelos de estructura de proteínas y diseñar experimentos de interacción.
Prueba mixta	Combinación de preguntas de opción múltiple y preguntas cortas de relación



## Atención personalizada

Metodologías	Descripción
Prácticas de laboratorio	La atención personalizada que se describe en relación a estas metodologías se conciben como momentos de trabajo presencial del alumno con el profesor por lo que implican una participación obligatoria para el alumno.
Prácticas a través de TIC	La forma y el momento en que se desarrollará se indicará en relación a cada actividad a lo largo del curso según el plan de trabajo de la asignatura Para el alumnado con reconocimiento de dedicación a tiempo parcial y dispensa académica de exención de asistencia, el profesor adoptará las medidas que considere oportunas para no perjudicar su calificación.

## Evaluación

Metodologías	Competencias	Descripción	Calificación
Prácticas de laboratorio	A9 B3 B2 B4 C8	Se evaluará la asistencia regular y la participación activa en las prácticas de laboratorio. Para los alumnos en modalidad semipresencial con causas justificadas para no poder asistir a las prácticas deberán entregar un informe de prácticas con las metodologías empleadas en ellas. Para los alumnos en modalidad semipresencial que no tengan una causa justificada de no poder asistir a las prácticas tendrán un cero en este apartado.	15
Prueba mixta	A9	Prueba relativa a conocimientos teóricos y prácticos	75
Prácticas a través de TIC	A3 C3	Se valorará la asistencia y participación activa. Los alumnos en modalidad semipresencial con causas justificadas para no poder asistir a las prácticas de TIC deberán entregar un pequeño cuestionario sobre las prácticas a través de TIC realizadas. Los alumnos en modalidad semipresencial que no tengan una causa justificada de no poder asistir a las prácticas a través de TIC tendrán un cero en este apartado.	10

## Observaciones evaluación

Podrán optar preferentemente a MH los alumnos examinados en la primera oportunidad (Junio). Para el alumnado con reconocimiento de dedicación a tiempo parcial y dispensa académica de exención de asistencia, el profesor adoptará las medidas que considere oportunas para no perjudicar su calificación.
--

## Fuentes de información

<b>Básica</b>	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. & Tooze, 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.
---------------	---



Complementaría	<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: <a href="http://www.rcsb.org/pdb">http://www.rcsb.org/pdb</a> BioMagResBank: <a href="http://www.brmb.wisc.edu">http://www.brmb.wisc.edu</a> Cambridge Crystall Data Centre: <a href="http://www.ccdc.cam.ac.uk">http://www.ccdc.cam.ac.uk</a> Molecular Modelling DataBase: <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/structure">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/structure</a> Nucleic Acid Database: <a href="http://ndbserver.rutgers.edu:80/">http://ndbserver.rutgers.edu:80/</a> MOOSE: <a href="http://db2.sdsc.edu/moose">http://db2.sdsc.edu/moose</a> Molecules To Go (R US): <a href="http://molbio.info.nih.gov/cgi-bin/pdb">http://molbio.info.nih.gov/cgi-bin/pdb</a> Enzyme Structures Database: <a href="http://www.ebi.ac.uk/thornton-srv/databases/enzymes">http://www.ebi.ac.uk/thornton-srv/databases/enzymes</a> Clasificación estructural CATH <a href="http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath">http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/cath</a> SCOP <a href="http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop">http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop</a> FSSP <a href="http://www2.embl-ebi.ac.uk/dali/fssp">http://www2.embl-ebi.ac.uk/dali/fssp</a> Programas de visualización molecular: Rasmol: <a href="http://www.umass.edu/microbio/rasmol">http://www.umass.edu/microbio/rasmol</a> Swiss-PdbViewer: <a href="http://www.expasy.ch/spdbv/">http://www.expasy.ch/spdbv/</a> MOLMOL <a href="http://www.mol.biol.ethz.ch/wuthrich/software/molmol">http://www.mol.biol.ethz.ch/wuthrich/software/molmol</a> Cn3D <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml</a> Chime <a href="http://www.umass.edu/microbio/chime">http://www.umass.edu/microbio/chime</a> Servidores de alineamientos de secuencias: BLAST <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a> FASTA <a href="http://www.ebi.ac.uk/fasta33">http://www.ebi.ac.uk/fasta33</a> Servidores de predicción y modelización: SWISS-MODEL <a href="http://expasy.ch/swissmod/">http://expasy.ch/swissmod/</a> The PredictProtein Server <a href="http://www.embl-heidelberg.de/predictprotein/predictprotein.html">http://www.embl-heidelberg.de/predictprotein/predictprotein.html</a> Center for Molecular Modeling: <a href="http://cmm.info.nih.gov/modeling/">http://cmm.info.nih.gov/modeling/</a> GRAMM: <a href="http://reco3.musc.edu/gramm/">http://reco3.musc.edu/gramm/</a> PQS (Probable Quat. Structure): <a href="http://msd.ebi.ac.uk/services/quaternary/quaternary.html">http://msd.ebi.ac.uk/services/quaternary/quaternary.html</a></p>
----------------	---



## Recomendaciones

### Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente

Técnicas Moleculares/610441002

Biología Celular Avanzada/610441003

### Asignaturas que se recomienda cursar simultáneamente

Proteínas Recombinantes e Ingeniería de Proteínas/610441012

Proteómica/610441013

Bioinformática y Modelado de Biomoléculas/610441020

### Asignaturas que continúan el temario

Trabajo de Máster/610441022

### Otros comentarios

(\*) La Guía Docente es el documento donde se visualiza la propuesta académica de la UDC. Este documento es público y no se puede modificar, salvo cosas excepcionales bajo la revisión del órgano competente de acuerdo a la normativa vigente que establece el proceso de elaboración de guías