



Guía Docente				
Datos Identificativos				2017/18
Asignatura (*)	Dinámica e Estructura de Proteínas		Código	610441011
Titulación				
Descritores				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3
Idioma	CastelánInglés			
Modalidade docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Bioloxía			
Coordinación	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es	
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@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. Estudiaranse 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 / Resultados do título	
Código	Competencias / Resultados do título

Resultados da aprendizaxe			
Resultados de aprendizaxe	Competencias / Resultados do título		
Capacidade para comprender os conceptos e teorías relacionados coa dinámica das proteínas nas células	AI3 AI9	BI2	CM3 CM8
Familiarización coas fontes bibliográficas e informáticas onde se pode obter información actualizada	AI3 AI9	BI2	CM3 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 AI9	BI2	CM3 CM8
Coñecer as técnicas para determinar interaccións entre proteínas e das proteínas con outras biomoléculas e ligandos.	AI3 AI9	BI4	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.	Dominios 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 rayos 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 / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas traballo autónomo	Horas totais
Sesión maxistral	A9	14	28	42
Prácticas de laboratorio	A9 B3 B2 B4 C8	4	6	10
Prácticas a través de TIC	A3 C3	2	3	5
Proba mixta	A9	1	15.5	16.5
Atención personalizada		1.5	0	1.5

*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	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.
Prácticas a través de TIC	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 Para o alumnado con recoñecemento de dedicación a tempo parcial e dispensa académica de exención de asistencia, o profesor adoptará as medidas que considere oportunas para non perxudicar a súa cualificación.

Avaliación			
Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Prácticas de laboratorio	A9 B3 B2 B4 C8	Avaliarase a asistencia regular e a participación activa nas prácticas de laboratorio. Os alumnos en modalidade semipresencial poderán substituír as prácticas de laboratorio por uns informes de prácticas que se detallarán no curso.	15



Proba mixta	A9	Proba relativa a conhecimentos teóricos e prácticos. Os alumnos en modalidade semipresencial ademáis de superar a proba mixta deberán entregar unha serie de tarefas que se lle irán pedindo ao longo do curso.	75
Prácticas a través de TIC	A3 C3	Valorarase a asistencia e participación activa. Os alumnos en modalidade semipresencial poderán realizar as prácticas a través de TIC pola súa conta e entregar unha memoria/informe do traballo realizado.	10

Observacións avaliación

Podrán optar a MH os alumnos examinados na primeira oportunidade de Xuño.
Para o alumnado con recoñecemento de dedicación a tempo parcial e dispensa académica de exención de asistencia, o profesor adoptará as medidas que considere oportunas para non perxudicar a súa cualificación.

Fontes de información

Bibliografía básica	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.
----------------------------	---



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