



| Guía docente | | | | |
|-----------------------|--|--------------------|--|----------|
| Datos Identificativos | | | | 2020/21 |
| Asignatura (*) | Dinámica y Estructura de Proteínas | Código | 610441011 | |
| Titulación | Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética | | | |
| Descriptores | | | | |
| Ciclo | Periodo | Curso | Tipo | Créditos |
| Máster Oficial | 2º cuatrimestre | Primero | Optativa | 3 |
| Idioma | CastellanoInglés | | | |
| Modalidad docente | Presencial | | | |
| Prerrequisitos | | | | |
| Departamento | Bioloxía | | | |
| Coordinador/a | Becerra Fernandez, Manuel | Correo electrónico | manuel.becerra@udc.es | |
| Profesorado | Becerra Fernandez, Manuel Cerdan Villanueva, Maria Esperanza Lamas Maceiras, Mónica Vizoso Vázquez, Ángel José | Correo electrónico | manuel.becerra@udc.es esper.cerdan@udc.es monica.lamas@udc.es a.vizoso@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. | | | |
| Plan de contingencia | <p>1. Modificaciones en los contenidos. No hay cambios en los contenidos.</p> <p>2. Metodologías * Metodologías docentes que se mantienen Se mantienen todas las metodologías. * Metodologías docentes que se modifican Sesión magistral: se impartirá a través de Teams. El profesor podrá subir presentaciones, mini-videos, clases comentadas a la plataforma de tele docencia y usar estas sesiones para resolver preguntas o dudas. Prácticas de laboratorio: las prácticas de laboratorio podrán ser sustituidas por videos, simulaciones o estudio de casos. Las orientaciones se podrán realizar a través del aula virtual. Prácticas a través de TIC: el alumno tendrá a su disposición un guión de la práctica que podrá realizar por su cuenta y entregar un informe final del trabajo realizado. Todas las herramientas que se utilizarán serán de acceso abierto. Prueba mixta: se realizará a través de Moodle. Mientras se realiza la prueba, el alumno se conectará a Teams y deberá permanecer con la cámara activa y el micrófono desconectado.</p> <p>3. Mecanismos de atención personalizada al alumnado. Se realizará por correo electrónico, Teams o los foros de Moodle.</p> <p>4. Modificaciones en la evaluación. No se proponen cambios en la evaluación. * Observaciones de la evaluación: La evaluación se realizará online a través de Moodle y el seguimiento de los estudiantes durante la prueba se hará mediante Teams.</p> <p>5. Modificaciones de la bibliografía o webgrafía. No se proponen cambios en la bibliografía o webgrafía.</p> | | | |

| 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 |
| Capacidades 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 compactidad. 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. | <p>Las interacciones de las proteínas para la formación de complejos con proteínas y otros ligandos.</p> <p>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</p> |
|-----------------------------------|---|

| 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 | 4 | 6 | 10 |
| Prácticas a través de TIC | A3 C3 | 2 | 3 | 5 |
| Prueba mixta | A9 | 1 | 15.5 | 16.5 |
| 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 | <p>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</p> <p>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.</p> |

| 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. Los alumnos en modalidad semipresencial podrán sustituir las prácticas de laboratorio por unos informes de prácticas que se detallarán en el curso. | 15 |
| Prueba mixta | A9 | Prueba relativa a conocimientos teóricos y prácticos. Los alumnos en modalidad semipresencial además de superar la prueba mixta deberán entregar una serie de tareas que se le irán solicitando a lo largo del curso. | 75 |



| | | | |
|---------------------------|-------|---|----|
| Prácticas a través de TIC | A3 C3 | Se valorará la asistencia y participación activa. Los alumnos en modalidad semipresencial podrán realizar las prácticas a través de TIC por su cuenta y entregar una memoria/informe del trabajo realizado. | 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

| | |
|---------------|---|
| 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. |
|---------------|---|



Complementaría

§ Carter, Jr., C.V. y Sweet, R. M. (1997). Macromolecular Crystallography, parts A and B. Methods in Enzymology, vols. 276 y 277. Academic Press. NY. § Casari, G., Sander, C., Valencia, A. (1995). A method to predict functional residues in proteins. Nature Struct. Biol., 2: 171178. § Clore, G. M. y Gonenborg, A. M. (1998). New methods of structure refinement for macromolecular structure determination by NMR. Proc. Natl. Acad. Sci., 95, 58915898. § Del Sol Mesa, A., Pazos, F., Valencia, A. (2003). Automatic methods for predicting functionally important residues. J. Mol. Biol., 326: 12891302. § Ducruix, A., Giegé, R. (1999). Crystallisation of Nucleic Acids and Proteins. A Practical Approach, 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. Bioinformatics, 17: 12421243. § Ferentz, A.E. y Wagner, G. (2000). NMR spectroscopy: a multifaceted approach to macromolecular structure. Quarter Rev. Biophys. 33, 2965. § Fersht, A. R. (1999). Structure and Mechanism in Protein Science, Freeman and Co., NY. § Frank, J. (1996). Three dimensional electron microscopy of macromolecular assemblies. Academic Press, San Diego. § Harris, E. L. V. y Angel, S. (eds.) (1999): Protein purification methods. A practical approach. IRL Press. Oxford. § James, T. L., Dötsch, V. y Smith, U. (2001). Nuclear Magnetic Resonance of Biological Macromolecules. Part A and B. Methods Enzymol., 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. Proteins Mar 1,(4): 50, 600608. § Kleanthous, C. (ed.) (2000). Protein-Protein Recognition. Oxford University Press, Oxford. § Mayo, K. H. y Daragan, U. A. (2003). Protein dynamics using NMR relaxation. World Scientific, Nueva Jersey. § McEwen, B. F. y Marcko, M. (2001). The emergence of electron tomography as an important tool for investigating cellular ultrastructure. J. Histochem. Cytochem. Vol 49, 553563. § McPherson, A. (2002). Introduction to Macromolecular Crystallography. John Wiley and Sons. Inc., NY. § Naomi, E. C. (2004). Turning Protein crystallisation from an art into a science. Current Opinion in Structural Biology, 14: 577583. § Sinha, N. y SmithGill, S. J. (2002). Protein structure to function via dynamics. Protein Peptid Letters, 9: 367377. § Van Heel, M. (2000). Single particle electron cryomicroscopy: towards atomic resolution. Q. Rev. Biophys. Vol. 33, 307369. § Igor Stagljar and Stanley Fields (2002). Analysis of membrane protein interactions using yeast-based technologies ? REVIEW . Trends in Biochemical Sciences, 27: 559-563. § Sandor Vajda and Carlos J. Camacho (2004). Protein-protein docking: is the glass half-full or half-empty? Trends in Biotechnology, 22: 110-116. § Dobrin Nedelkov and Randall W. Nelson (2003). Surface plasmon resonance mass spectrometry: recent progress and outlooks ? REVIEW Trends in Biotechnology, 21: 301-305. § Takashi Ito, Tomoko Chiba and Mikio Yoshida (2001). Exploring the protein interactome using comprehensive two-hybrid projects ? REVIEW . Trends in Biotechnology, 19 (Supplement 1): 23-27. § Valerio Orlando (2000). Mapping chromosomal proteins in vivo by formaldehyde-crosslinked-chromatin immunoprecipitation ? REVIEW . Trends in Biochemical Sciences, 25: 99-104. § Dobrin Nedelkov and Randall W. Nelson (2003) Surface plasmon resonance mass spectrometry: recent progress and outlooks ? REVIEW . Trends in Biotechnology, 21: 301-305. § Philippe I. H. Bastiaens and Rainer Pepperkok (2000). Observing proteins in their natural habitat: the living cell ? REVIEW . Trends in Biochemical Sciences, 25: 631-637

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>



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