



Guía Docente						
Datos Identificativos				2020/21		
Asignatura (*)	Dinámica e Estructura de Proteínas		Código	610441011		
Titulación						
Descriptores						
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 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 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 suas estruturas coa su función e actividade bioloxica. Estudiaranse os conceptos necesarios para a descripción das estruturas, os métodos computacionais e experimentais utilizados para o seu estudio e os fundamentos teóricos que os xustifican.					
Plan de continxencia	1. Modificacións nos contidos Non hai modificacións nos contidos 2. Metodoloxías *Metodoloxías docentes que se manteñen Manteñense todas ás metodoloxías *Metodoloxías docentes que se modifican Sesión magistral: pasará a impartirse a través de Teams. O profesor poderá subir presentacións, mini-videos, clases comentadas a plataforma de teledocencia e utilizar estas sesión para resolver cuestións ou dúbihdas Prácticas de laboratorio: As prácticas de laboratorio poderanse substituir por videos, simulacións ou casos prácticos. As orientacións poderanse realizar a través da aula virtual. Prácticas a través de TIC: O alumno terá a súa disposición un guión da práctica que poderá realizar pola súa conta e entregar un informe final do traballo realizado. Todas as ferramentas a utilizar serán de acceso libre. Proba mixta: Farase a través de Moodle. Mientras se esté a realizar a proba o alumno estará conectado vía Teams coa cámara activa e o micrófono desconectado. 3. Mecanismos de atención personalizada ao alumnado Realizarase a través do correo electrónico, Teams ou foros de Moodle. 4. Modificacións na avaliación Non se propoñen cambios na avaliación *Observacións de avaliación: A avaliación será online a través de Moodle e o seguimento do alumnado durante a proba farase mediante Teams. 5. Modificacións da bibliografía ou webgrafía Non se propoñen cambios na bibliografía ou webgrafía.					

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. Ensaios de EMSA. Ensaios 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	Descripción



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 (demonstracións, simulacións, etc.) Teoría dun campo do coñecemento a través do uso da tecnoloxía da información e comunicacóns.
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	Descripción
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 obligatoria 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	Descripción	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 substituir as prácticas de laboratorio por uns informes de prácticas que se detallarán no curso.	15
Proba mixta	A9	Proba relativa a conocimientos 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	§ 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. <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). 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: continuos automatic evaluation of protein structure prediction servers. <i>Bioinformatics</i> , 17: 12421243. § Ferentz, A.E. y Wagner, G. (2000). NMR spectroscopy: a multifaceted approach to macromolecular structure. <i>Quarter Rev. Biophys.</i> 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 Resonante 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. <i>Proteins Mar</i> 1,(4): 50, 600608. § Kleanthous, C. (ed.) (2000). ProteinProtein 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 emergente of electrón tomography as an important tool for investigating cellular ultrastructure. <i>J. Histochem. Cytochem.</i> Vol 49, 553563. § Mc Pherson, 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. <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 electrón cryomicroscopy: towards atomic resolution. <i>Q. Rev. Byophis.</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 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
-----------------------------	---



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