



Guía Docente				
Datos Identificativos				2024/25
Asignatura (*)	Dinámica e Estructura de Proteínas		Código	610441012s
Titulación				
Descriptores				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3
Idioma	CastelánInglés			
Modalidade docente	Híbrida			
Prerrequisitos				
Departamento	BioloxíaDepartamento profesorado máster			
Coordinación	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es	
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel Cerdan Villanueva, María Esperanza De Castro De Antonio, María Eugenia Vizoso Vázquez, Ángel José	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es esper.cerdan@udc.es m.decastro@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 biolóxica. 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.			

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 BI2 CM3 AI9 CM8
Familiarización coas fontes bibliográficas e informáticas onde se pode obter información actualizada			AI3 BI2 CM2 AI9 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 BI2 CM3 AI9 CM8
Coñecer as técnicas para determinar interaccións entre proteínas e das proteínas con outras biomoléculas e ligandos.			AI3 BI4 CM8 AI9
Capacidade de interpretar de modo crítico os datos dunha publicación dunha estrutura dunha proteína			AI3 BI3 CM2 AI9 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 C2	1	41	42
Estudo de casos	A9 B2 B3 B4 C8	1	9	10
Prácticas a través de TIC	A3 C3	1	3	4
Proba mixta	A9	2	12	14
Atención personalizada		5	0	5

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

Metodoloxías

Metodoloxías	Descripción
Sesión maxistral	O estudiantado poderá asistir de xeito síncrono a través de TEAMS ás sesións presenciais. As sesións quedarán gravadas para a súa visualización de xeito asíncrono.
Estudo de casos	Consistirán en simulacións e traballos empregando a metodoxía de aprendizaxe baseado en problemas.
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
Estudo de casos	A atención persoal que se describe en relación a estas metodoloxías concíbense como momentos de traballo do alumno co profesor a través de TEAMS polo que implican unha participación obligatoria para o alumno.
Prácticas a través de TIC	A forma e o momento en que se leva 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 / Resultados	Descripción	Cualificación
Estudo de casos	A9 B2 B3 B4 C8	Os estudiantes terán que responder uns cuestionarios en base ao estudo de caso plantexado.	15



Proba mixta	A9	Proba relativa a conocimentos teóricos e prácticos. Os alumnos en modalidade semipresencial ademáis de superar a proba mixta deberán entregar unha serie de tareas que se lle irán pedindo ao longo do curso.	75
Prácticas a través de TIC	A3 C3	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 ós/as estudiantes que soliciten a CONVOCATORIA ADIANTADA DE DECEMBRO, aplicarase a normativa vixente, segundo a cal rixe a guía docente do curso en vigor.

Implicacións do PLAXIO na cualificación: Aplicarase a normativa vixente, segundo a cal a realización fraudulenta das probas ou actividades de avaliación implicará directamente a cualificación de suspenso.

Todos os aspectos relacionados con ?dispensa académica?, ?dedicación ao estudo?, ?permanencia? e ?fraude académica? rexeranse de acordo coa normativa académica vixente da UDC.

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

Biología Celular Avanzada/610441003

Materias que se recomenda cursar simultaneamente

Proteínas Recombinantes e Ingeniería de Proteínas/610441013

Proteómica/610441014

Bioinformática e Modelado de Biomoléculas/610441021

Materias que continúan o temario

Trabajo de Máster/610441023

Observacións

Programa Green Campus Facultade de Ciencias Para axudar a conseguir unha contorna inmediata sustentable e cumplir co punto 6 da "Declaración Ambiental da Facultade de Ciencias (2020)", os traballos documentais que se realicen nesta materia solicitaranse en formato virtual e soporte informático.

(*)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