



Guía Docente

Datos Identificativos					
Asignatura (*)			Dinámica e Estructura de Proteínas	Código	610441012s
Titulación					
Descritores					
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos	
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3	
Idioma	CastelánInglés				
Modalidade docente	Híbrida				
Prerrequisitos					
Departamento	BiologíaDepartamento profesorado máster				
Coordinación	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es		
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel Cerdan Villanueva, Maria 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					
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	CM2 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	CM2 CM3

Contidos

Temas	Subtemas
Clasificación estrutural das proteínas.	Domínios de proteínas estruturais. Categorias 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.



<p> Criterios para a elección dun método de purificación e caracterización preliminar. </p>	<p> 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. </p>
<p> Determinación experimental da estrutura de proteínas mediante difracción de raios X. </p>	<p> 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. </p>
<p> Interaccións entre biomoléculas. </p>	<p> 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 </p>

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	Descrición
Sesión maxistral	O estudantado 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 metodoloxía 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	Descrición
Estudo de casos Prácticas a través de TIC	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 obrigatoria para o alumno. 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	Descrición	Cualificación
Estudo de casos	A9 B2 B3 B4 C8	Os estudantes terán que responder uns cuestionarios en base ao estudo de caso plantexado.	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	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/ás estudantes 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	<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
Biología Celular Avanzada/610441003

Materias que se recomenda cursar simultaneamente

Proteínas Recombinantes e Inxeniería de Proteínas/610441013
Proteómica/610441014
Bioinformática e Modelado de Biomoléculas/610441021

Materias que continúan o temario

Traballo de Máster/610441023

Observacións

Programa Green Campus Facultade de Ciencias Para axudar a conseguir unha contorna inmediata sustentable e cumprir 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 de acordo coa normativa vixente que establece o proceso de elaboración de guías