

Química e ingeniería de proteínas

Código: 100935
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2500253 Biotecnología	OB	3	1

Contacto

Nombre: Josep Vendrell Roca

Correo electrónico: Josep.Vendrell@uab.cat

Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: catalán (cat)

Algún grupo íntegramente en inglés: No

Algún grupo íntegramente en catalán: Sí

Algún grupo íntegramente en español: No

Otras observaciones sobre los idiomas

De común acuerdo entre estudiantes y profesor, parte de la docencia de teoría se podrá impartir en inglés,

Prerequisitos

No hay prerequisites oficiales, pero se supone que el alumnado ha adquirido conocimientos suficientemente sólidos de las asignaturas de los dos primeros cursos, en especial de las de Fundamentos de Química, Química Orgánica, Bioquímica y Tecnología del DNA recombinante.

Como en otras materias, gran parte de la bibliografía está en inglés, idioma que también es utilizado en las figuras proyectadas en las clases de teoría y, eventualmente, también en la comunicación oral.

Objetivos y contextualización

La asignatura Química e Ingeniería de Proteínas forma parte de la materia "Proteínas y ácidos nucleicos: estructura, función e ingeniería" de la que las dos primeras asignaturas se han impartido en el segundo curso. En esta asignatura se estudian las características estructurales y funcionales de los aminoácidos, los péptidos y las proteínas tanto desde un punto de vista básico como aplicado, las metodologías empleadas en su análisis y modificación y sus aplicaciones biomédicas y biotecnológicas.

Las proteínas son las moléculas efectoras de muchos procesos bioquímicos y biológicos, gran parte de los cuales han sido vistos los dos primeros cursos. Sin embargo, el conocimiento de su estructura y función es fundamental para la comprensión transversal y profunda de un buen número de materias del Grado de Biotecnología. Los conocimientos teóricos adquiridos en la asignatura de Química e Ingeniería de Proteínas se complementan con una formación práctica en el laboratorio en la asignatura de Laboratorio Integrado 5. Los objetivos específicos de la asignatura son:

- Profundizar en el conocimiento de las características físico-químicas de los aminoácidos y los péptidos.
- Describir y aplicar las metodologías para el análisis de la secuencia de proteínas y la síntesis de péptidos.
- Reconocer los elementos estructurales, los diferentes niveles de complejidad, los tipos de plegamientos de proteínas y su capacidad de formación de estructuras de orden superior.
- Saber recurrir a las fuentes de información adecuadas para establecer clasificaciones estructurales de proteínas.

- Conocer y saber explicar los métodos más habituales de análisis de la conformación y la estabilidad de las proteínas, incluidos los de análisis tridimensional.
- Describir las bases moleculares del plegamiento de proteínas, de su dinámica molecular, de su procesamiento post-traducciona l y de su tráfico intra y extracelular.
- Saber establecer relaciones evolutivas entre proteínas y conocer los métodos de análisis y de predicción estructural.
- Conocer y saber cómo aplicar las metodologías más habituales para la producción y purificación de proteínas recombinantes.
- Saber diseñar estrategias para la modificación y optimización de las propiedades de las proteínas. Conocer las bases para el diseño de proteínas y las metodologías utilizadas en estos procesos.
- Alcanzar una visión global de las relaciones estructura-función en proteínas y de las aplicaciones de estas biomoléculas en la medicina, la industria y la investigación.
- Integrar los conocimientos teóricos adquiridos para interpretar los resultados de experimentos científicos y para resolver problemas experimentales, utilizando la terminología científica adecuada.

Competencias

- Aplicar los recursos informáticos para la comunicación, la búsqueda de información, el tratamiento de datos y el cálculo.
- Describir las bases moleculares, celulares y fisiológicas de la organización, funcionamiento e integración de los organismos vivos en el marco de su aplicación a los procesos biotecnológicos.
- Hacer una presentación oral, escrita y visual de un trabajo a una audiencia profesional y no profesional, tanto en inglés como en las lenguas propias.
- Interpretar resultados experimentales e identificar elementos consistentes e inconsistentes.
- Leer textos especializados tanto en lengua inglesa como en las lenguas propias.
- Obtener información de bases de datos y utilizar el software necesario para establecer correlaciones entre estructura, función y evolución de macromoléculas.

Resultados de aprendizaje

1. Analizar correctamente datos sobre constantes de afinidad y sitios de unión ligando-macromolécula.
2. Aplicar los recursos informáticos para la comunicación, la búsqueda de información, el tratamiento de datos y el cálculo.
3. Clasificar proteínas en familias estructurales partiendo de datos sobre secuencia y estructuras secundaria y terciaria.
4. Deducir relaciones evolutivas entre macromoléculas en base al análisis de datos secuenciales.
5. Describir correctamente las bases moleculares del plegamiento, tráfico, modificación y recambio de proteínas.
6. Extraer estructuras tridimensionales de macromoléculas de bases de datos y manejar el software necesario para su visualización y comprensión de las relaciones estructura-función.
7. Extraer información de las bases de datos genómicos y proteómicos.
8. Hacer una presentación oral, escrita y visual de un trabajo a una audiencia profesional y no profesional, tanto en inglés como en las lenguas propias.
9. Identificar motivos y dominios conservados de proteínas.
10. Interpretar datos experimentales sobre estabilidad y plegamiento de proteínas.
11. Interpretar los resultados que se obtienen de estudios estructurales de proteínas y ácidos nucleicos.
12. Interpretar resultados experimentales e identificar elementos consistentes e inconsistentes.
13. Leer textos especializados tanto en lengua inglesa como en las lenguas propias.
14. Valorar las distintas técnicas de análisis estructural y decidir sobre su aplicación a situaciones experimentales concretas.

Contenido

TEORÍA

1. Propiedades fundamentales de los aminoácidos y de las proteínas

Las proteínas, los péptidos y sus funciones en los seres vivo. Estructura y propiedades físico-químicas de los aminoácidos. Reactividad química. Aportación diferencial de los aminoácidos a las propiedades de las proteínas. Relaciones evolutivas.

II. El enlace peptídico y la secuencia polipeptídica

Esterеоquímica del enlace peptídico. Tipos de péptidos naturales. Reactividad química en péptidos. La secuencia polipeptídica. Estrategias para la determinación de la secuencia de proteínas. Síntesis química de péptidos; bibliotecas combinatoriales.

III. Determinantes conformacionales. Estructuras secundarias

Jerarquía estructural. Tipos de fuerzas estabilizadoras de la conformación. Cooperatividad de las interacciones débiles. Condicionantes del plegamiento de proteínas. Tipos principales de estructuras secundarias.

IV. Clasificación estructural de las proteínas

Estructuras supersecundarias y motivos. Dominios estructurales. Estructura terciaria. Clasificación de dominios. Conformación y función en proteínas fibrosas. IDPs- Proteínas intrínsecamente desordenadas.

V. Correlación estructura-función. Ejemplos

Funciones generales de las proteínas. Proteínas enzimáticas: ejemplos. Proteínas que se unen a ácidos nucleicos: ejemplos. Motores moleculares: ejemplos. Proteínas de membrana.

VI. Estructura cuaternaria de proteínas

Ventajas de la adopción de estructuras cuaternarias. Protómeros y subunidades. Principios generales de la formación de estructuras cuaternarias; interfases, geometrías, simetrías. Ejemplos de proteínas oligoméricas: relaciones estructura-función y regulación de la actividad

VII. Determinación de la estructura tridimensional de las proteínas

Metodologías generales de caracterización estructural de proteínas. Análisis en disolución: IR, DC, UV-Vis, fluorescencia. Análisis en cristales: cristalografía - rayos-X y criomicroscopía electrónica. Espectroscopia de RMN: estructura 3D en disolución.

VIII. Plegamiento y dinámica conformacional

Plegamiento y desplegamiento de proteínas: estado nativo y estado desplegado. Métodos de análisis del plegamiento. Características termodinámicas y mecanísticas del proceso de plegamiento; modelos que lo describen. Plegamiento y agregación; las enfermedades conformacionales. Plegamiento de proteínas *in vivo*: las chaperonas moleculares. Dinámica molecular de proteínas.

IX. Procesos y modificaciones post-traducción

Tipo de modificaciones post-traducción e implicaciones funcionales. Transporte y modificaciones asociadas. Proteólisis limitada: pre-proteínas, zimógenos. Ejemplos de regulación por proteólisis limitada: coagulación, enzimas digestivas. Degradación y recambio proteico *in vivo*.

X. Interacción proteína-ligando

Fuerzas que intervienen en la asociación proteína-ligando. Métodos de estudio de la interacción. Determinación de los parámetros cinéticos y termodinámicos. Diseño de fármacos basado en la estructura.

XI. Evolución bioquímica de proteínas

Relaciones evolutivas en proteínas. Detección y análisis de homologías; bases de datos secuenciales; árboles filogenéticos. Evolución convergente y divergente; ejemplos. De la secuencia a la estructura y la función. Predicción de estructura 3D; modelado conformacional. Evolución de genomas y evolución proteica.

XII. Ingeniería de proteínas: diseño racional

Diseño racional: la mutagénesis dirigida como herramienta de análisis y modificación de proteínas. Ejemplos y aplicaciones de la ingeniería de proteínas en el análisis, modificación y mejora de la estructura, la estabilidad, y la funcionalidad.

XIII. Ingeniería de proteínas: evolución dirigida y síntesis de novo

Evolución dirigida: mutagénesis al azar e ingeniería de proteínas por métodos combinatorios. Métodos de generación y selección de variantes. Ejemplos de proteínas rediseñadas. Diseño de proteínas de novo - algoritmos computacionales.

Fuera de programa. XIV. Ingeniería de proteínas: producción heteróloga

Objetivos de la ingeniería de proteínas y ciclo productivo. Estrategias generales para la expresión heteróloga de proteínas recombinantes. Expresión heteróloga en diferentes organismos; elección del sistema de expresión. Metodologías para la purificación y el análisis de proteínas recombinantes.

Este tema no forma parte del programa porque sus contenidos, ampliamente transversales, se han visto en la asignatura Tecnología del DNA recombinante

PROBLEMAS

El contenido de este apartado se entregará en forma de dossier el comienzo del semestre a través del Campus Virtual y consiste en una cantidad determinada de enunciados de problemas relacionados con los temas desarrollados en Teoría. El dossier podrá ser actualizado periódicamente. Las propias características de las diversas partes del temario de Teoría hacen que los enunciados de los problemas se concentren en algunos aspectos determinados. Por esta razón, el peso de los ejercicios de problemas puede variar entre evaluaciones parciales.

Metodología

Las actividades formativas de la asignatura se dividen en clases de teoría, clases de resolución de problemas o casos prácticos, entrega de trabajos mediante el Campus Virtual y seminarios / tutorías. Estas últimas sesiones de tutoría / seminarios complementan las oficialmente programadas y se realizarán durante el último tercio del curso para discutir algunos seminarios seleccionados.

Clases de teoría

El profesorado explicará el contenido del temario con el apoyo de material audiovisual, disponible en el Campus Virtual de la asignatura con antelación al inicio de cada tema. Estas sesiones expositivas, de las que hay previstas 38, constituirán la parte más importante de la docencia presencial. Es recomendable que el alumnado disponga del material publicado en el CV en forma impresa para poder seguir las clases con más comodidad y que consulte de forma regular los libros recomendados en el apartado de Bibliografía de esta guía docente.

Las clases de teoría tomarán mayoritariamente el formato de clases expositivas. Sin embargo, con el objeto de dinamizar la docencia se podrá utilizar metodologías alternativas como clases inversas, propuestas de cuestionarios sobre partes del temario preparadas mediante auto-estudio o mini-tests en línea presenciales durante algunas de las sesiones de teoría.

Resolución de problemas o casos prácticos

El grupo-clase se dividirá en dos subgrupos (A y B), cuyas listas se harán públicas a comienzos de curso. Está previsto llevar a cabo 7 sesiones dedicadas a la resolución de casos prácticos y problemas experimentales relacionados con los contenidos del programa de teoría.

Se trabajarán los problemas en grupos de 3-4 personas fuera del horario de clase. Las sesiones presenciales

serán generalmente no expositivas, por lo que la resolución de problemas o casos prácticos se hará conjuntamente entre alumnado y profesorado de problemas. Periódicamente, se informará de la futura recogida de algún problema que se deberá llevar resuelto y entregarlo al inicio de la sesión posterior. También de manera periódica se deberá resolver y entregar problemas presencialmente en sesiones escogidas al azar.

Entrega de trabajos

A través del Campus Virtual se propondrán ejercicios o casos prácticos que se deberán resolver antes de una fecha concreta por parte de los mismos grupos formados para clases de problemas. Se prevé un total de dos o tres entregas a lo largo del semestre que se deberán enviar, en formato PDF, mediante la herramienta de entrega de archivos del Campus Virtual dentro del plazo establecido. Esta actividad docente está diseñada para complementar la docencia tanto de teoría como de problemas / casos prácticos.

Seminarios / tutorías

Siendo los contenidos de la asignatura fuerza extensos, resulta aconsejable proponer que parte de la materia sea preparada de manera autónoma por parte de los estudiantes. A mediados de semestre se informará a través del CV de la lista de puntos del temario o relacionados con él que podrán ser preparados en grupos de 3-4 personas (que, en este caso, pueden ser diferentes de los formados para resolver problemas y preparar entregas). Dado que la lista probablemente no contendrá suficientes temas para que cada grupo elabore uno de manera exclusiva, es posible que un mismo tema deba ser tratado por más de un grupo. Sin embargo, las iniciativas para preparar seminarios de temática no prevista pero claramente relacionada con la asignatura serán muy bienvenidas. La actividad de seminarios no es estrictamente obligatoria, pero sí altamente recomendable.

Para la preparación de los seminarios se podrá programar tutorías con las personas interesadas en hacerlas. Los seminarios elaborados serán entregados a través del Campus Virtual y en formato PDF dentro de los límites de las fechas fijadas y anunciadas con antelación.

Como se decía al inicio de este apartado sobre metodología docente, se programarán tres sesiones de seminarios fuera del horario oficial donde se presentará públicamente una selección de los mismos (2-3 seminarios por sesión). La elección de estos seminarios no obedecerá necesariamente a criterios de calidad sino a criterios de oportunidad para complementar la docencia hecha a las clases presenciales.

Calendario de actividades

En la programación elaborada por la coordinación de la titulación figuran horas de docencia los lunes, miércoles, jueves y viernes, estando los problemas / casos prácticos generalmente programados los miércoles y los jueves. Dado que, como se ha especificado antes, hay previstas 38 sesiones de teoría y 7 sesiones de problemas / casos prácticos, en el Campus Virtual irá apareciendo actualizada la información sobre qué sesiones específicas se dedican a teoría y problemas, que pueden sufrir ligeras modificaciones según la marcha del curso y otras circunstancias. El CV de la asignatura también informará sobre las fechas de las entregas y de las sesiones de seminarios.

El calendario de las pruebas parciales se podrá consultar en el CV de la asignatura o en la página web de la Facultad.

Material disponible en el Campus Virtual de la asignatura

guía docente

Presentaciones utilizadas a clases de teoría

Dossier de problemas

Calendario esquemático de las actividades docentes

Y todo aquel material que se vaya generando a lo largo del semestre

Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Clases de teoría	38	1,52	1, 3, 5, 9, 10, 12, 13, 14
Resolución de problemas o casos prácticos	7	0,28	1, 4, 7, 10, 11, 12, 14
Tipo: Supervisadas			
Entrega de ejercicios	4	0,16	2, 4, 6, 7, 9, 10, 11
Preparación de seminarios	4	0,16	2, 6, 8, 11, 12, 13
Tutorías/presentación de seminarios	3	0,12	2, 8, 11, 12
Tipo: Autónomas			
Estudio - Trabajo autónomo	65	2,6	1, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 14
Trabajo en grupo o individual para resolución de problemas o entregas. Preparación de seminarios. Búsqueda de información	20	0,8	2, 4, 6, 7, 11, 12

Evaluación

La evaluación de la asignatura será individual y continuada y estará subdividida en los siguientes módulos: pruebas parciales donde se integrará la teoría y los problemas, resolución presencial de mini-pruebas en línea, resolución presencial de problemas, entregas de ejercicios mediante el Campus virtual y elaboración de un seminario.

Pruebas parciales integradas de teoría y problemas

Habrán tres pruebas parciales a lo largo del semestre que constarán de preguntas tipo test, preguntas cortas y ejercicios-problemas. Las preguntas tipo test supondrán el 50% de la nota total de cada prueba y las preguntas cortas y ejercicios-problemas el 50% restante. De esta manera se pretende hacer una evaluación integrada de todos los conceptos vistos en clases presenciales. El calendario de las pruebas se podrá consultar el CV moodle de la asignatura o en la página web de la Facultad.

La nota mínima para considerar superado un examen parcial es el 4,0, por lo que aquellas personas que hayan obtenido una nota igual o superior a 4,0 en los dos primeros parciales obtendrán una nota para el apartado de exámenes escritos que será la media de las notas de los tres parciales. Para calcular esta media no se requiere una nota mínima del tercer parcial. Véase el último párrafo del apartado Evaluación global para una explicación sobre el proceso de recuperación de parte de la asignatura.

Cada una de las pruebas parciales tendrá un peso del 25% en la nota total del curso; por tanto, el peso total de este apartado en la nota final es de un 75%.

Resolución presencial de mini-tests en clase

A lo largo del semestre se propondrán 3-4 pruebas presenciales en línea que ocuparan aproximadamente un tercio del tiempo dedicado a una sesión de teoría. La respuesta a estos tests se efectuará en grupos de dos personas. El peso total de este apartado será de un 5% de la nota final.

Resolución presencial de problemas

En las clases presenciales de problemas se resolverán los enunciados del dossier de problemas / casos prácticos que estará publicado en el CV. Como se ha explicado antes, los estudiantes deberán preparar los problemas previstos para cada una de las sesiones. En alguna de las sesiones se pedirá a los estudiantes que entreguen los ejercicios propuestos mientras que en otros se propondrá ejercicios nuevos que deben ser resueltos en la sesión presencial.

El peso total de este apartado es del 5% de la asignatura y se calculará como la media de las notas de cada entrega (tres como máximo).

Entregas de ejercicios mediante el Campus Virtual

Las entregas deberán resolverse de manera grupal y se entregarán mediante la herramienta correspondiente del CV antes de una fecha concreta que será anunciada con suficiente antelación. Hay que respetar estrictamente la fecha de entrega ya que el CV rechaza automáticamente cualquier entrega fuera de plazo. No se podrán admitir entregas enviadas fuera de plazo por otro medio.

El peso de este apartado en la nota es del 10%, que se calculará a partir de la media de las notas obtenidas.

Seminarios

La evaluación de los seminarios preparados en grupos de 3-4 personas computará como un 5% de la nota final (excepto en el caso de las personas que opten por no presentar seminario, a las que se les aplicará un cálculo de la nota global basado en el máximo de 10 como suma de las otras partes de la asignatura). En las tres sesiones que se programarán fuera del horario oficial se presentarán públicamente algunos seminarios seleccionados, en especial aquellos que cubran las partes del temario no expuestas en clase. En el examen del tercer parcial constará un número limitado de preguntas sobre los seminarios expuestos públicamente. La respuesta a estas preguntas computará como una pequeña nota adicional a la obtenida a partir de las actividades señaladas en la tabla que se ve al final de este apartado

Evaluación global

Aquellas personas que no hayan superado la puntuación de 4,0 en cualquiera de los dos primeros exámenes parciales deberán recuperar el parcial o parciales pendientes el día del tercer examen, siendo las últimas notas las que se tendrán en cuenta para el cálculo de la nota final. También es posible acceder a mejorar la nota de los dos primeros parciales con la única condición de renunciar a la primera nota. Hay que observar que, al suponer tan sólo el 25% de la nota, el examen del tercer parcial no es recuperable, como no lo son las actividades presenciales de problemas, los mini-tests, las entregas y los seminarios; estas últimas cuatro actividades suponen otro 25% de la nota final.

Considerando que, según la normativa de evaluación UAB, para poder participar en la recuperación los estudiantes deben haber sido previamente evaluados en un conjunto de actividades cuyo peso equivalga a un mínimo de dos terceras partes de la calificación total de la asignatura, para acceder a la prueba de recuperación programada junto con el tercer parcial de esta asignatura será necesario haber obtenido nota de al menos uno de los dos exámenes parciales previos y haber participado en las actividades de entrega de archivos a través del CV y en los ejercicios de problemas.

Los estudiantes deben participar y ser evaluados en todos los apartados de la asignatura para poder superar. La nota mínima exigida para poder superar la asignatura es un 3,5 / 10 en la nota media de los tres exámenes parciales. La asignatura se considerará aprobada cuando, cumplida la condición antes citada, la suma final de los diversos apartados en que se subdivide la nota alcance el 5,0.

Otras consideraciones

Las personas que no puedan asistir a una prueba de evaluación individual por causa justificada (como por enfermedad, fallecimiento de un familiar de primer grado o accidente) y aporten la documentación oficial correspondiente ala Coordinación del Grado y al profesorado de teoría, tendrán derecho a realizar la prueba en otra fecha.

Cuando las actividades de evaluación continua realizadas tengan una ponderación inferior al 67% en la calificación final, la calificación será "No Evaluable".

A partir de la segunda matrícula de la asignatura, las personas repetidoras no deberán llevar a cabo las actividades docentes ni las evaluaciones de aquellas competencias superadas, consistentes, en este caso, en el trabajo en grupo de casos / problemas, en el entrega de trabajos y en la elaboración de seminarios. Se considerará que las competencias de las diversas partes son superadas si se alcanza un 50% o más de la nota correspondiente.

Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Entrega de archivos mediante el CV	10%	1	0,04	3, 4, 7, 8, 11, 13
Entrega de casos/problemas resueltos en clase	5%	1	0,04	1, 11, 12, 14
Pruebas parciales de teoría	75%	5	0,2	1, 3, 4, 5, 9, 10, 11, 12, 13, 14
Respuestas a cuestionarios presenciales en clases de teoría	5%	1	0,04	1, 3, 5, 9, 10, 11, 12, 14
Seminarios	5%	1	0,04	2, 6, 7, 8, 9, 10, 13

Bibliografía

Básica

(de publicación más antigua a más moderna)

- Brandèn C. & Tooze J., Introduction to Protein Structure (1999) Garland Science
- Gómez-Moreno C i Sancho J. (eds.) Estructura de Proteínas (2003) Ariel Ciencia
- Petsko, R. & Ringe, D., Protein Structure and Function (2003) Blackwell Publishing
- Whitford, D., Proteins: Structure and Function (2005) Wiley
- Kessel, A. & Ben-Tal, N., Introduction to Proteins: Structure, Function and Motion (2010) CRC Press
- Williamson, M., How Proteins Work (2012) Garland Science
- Kuriyan, J., Konforti, B. & Wemmer, D. The Molecules of Life (2013) Garland Science
- Lesk, A.M., Introduction to Protein Science 3rd ed. (2016) Oxford University Press
- Almeida, P., Proteins. Concepts in Biochemistry (2016) Garland Science
- Bahar I., Jernigan R.L. & Dill, K.A., Protein Actions (2017) Garland Science

Cualquiera de estos libros contiene nociones interesantes para la asignatura. Sin embargo, ninguno de ellos puede actuar como libro de texto único. Algunos están pensados para ser más didácticos (Petsko & Ringe, Williamson, Brand & Tooze, Kuriyan et al) pero la consulta de cualquiera de ellos puede ser provechosa.

Complementaria

- Buckel, P. (ed), Recombinant Protein Drugs (2001), Birkhäuser Verlag
- Bujnicki, J.M. (ed.) Prediction of protein structure, functions and interactions (2008) Wiley
- Buxbaum, E., Fundamentals of Protein Structure and Function (2007), Springer
- Creighton T.E., Proteins. Structures and Molecular Properties. (1993) (2nd ed.) Freeman W.H. & Co.

- Fersht A. Structure and Mechanism in Protein Science (1999) W.H. Freeman & Co.
- Glick, B.R. & Pasternak, J.J. Molecular Biotechnology (1998)ASM Press
- Kamp, R.M., Calvete, J. J., Choli-Papadopoulou, T. Methods in Proteome and Protein Analysis (2004) Springer-Verlag
- Kraj, A. & Silberring, J. (eds) Introduction to Proteomics (2008) Wiley
- Kyte, J. Structurein Protein Chemistry 2nd ed. (2007) Garland Science
- Lutz, S., Bornscheuer,U.T. (eds.) Protein Engineering Handbook (2008) Wiley
- Nussinov, R. & Schreiber, G. Computational Protein-Protein Interactions (2017) CRC Press
- Oxender D.L. & Fox C.F., Protein Engineering (1987) Alan Liss Inc.
- Patthy, L. Protein Evolution (2007) (2nd ed.) Wiley
- Perutz M., Protein Structure. New Approaches to Disease and Therapy. (1992). Freeman W.H. & Co.
- Schultz, G.E. & Schirmer, R.H. Principles of Protein Structure (1979) Springer Verlag
- Park, S.J., Cochran, J.R. Protein Engineering and design (2009)CRC Press
- Sternberg M.J.E. Protein Structure Prediction. (1996) IRL- Oxford University Press
- Tompa, P. & Fersht, A. Structure and function of intrinsically disordered proteins (2009) CRC Press
- Twyman, R., Principles of Proteomics (2004) Taylor & Francis
- Veenstra, T.D. & Yates, J.R. Proteomics for Biological Discovery (2006) Wiley
- Walsh, G. Proteins: Biochemistry and Biotechnology (2014) Wiley

Búsqueda bibliográfica (en negrita los más destacados)

[NCBI PubMed search](#)

[Bibliotecas de la UAB](#)

[Medline](#)

Servidores de diversas instituciones / Bases de datos estructurales de proteínas / Programas de visualización

Nota: muchos de estos enlaces son a día de hoy reliquias ya inexistentes en la red debido a los rápidos cambios que se producen. Sin embargo, os pueden conducir a los sitios de sustitución.

[3Dee database](#)

[BLAST a NCBI](#)

[CATH](#)

[Comparative Sequence Analysis](#)

[DALI](#)

[EMBL](#)

[Human Genome](#)

[European Bioinformatics Institute](#)

[EXPASY \(Swiss Inst. of Bioinformatics\)](#)

[Molecular visualization resources](#)

[Molscript](#)

[National Center for Biotechnology Information](#)

[PIR](#)

[Pfam home page](#)

[Predict protein](#)

[Protein Engineering \(2102\) Edited by Pravin Kaumaya](#)

[<class="llocweb">Protein Engineering, Design and Selection](#)

[Protein Explorer](#)

[Protein sequence Analysis](#)

[ProteinDataBank](#)

[ProteinDataBank - Europe](#)

[PyMol home page](#)

[RasMol](#)

[SCOP](#)

[Structural protein domain classification](#)

[Swiss-PDBViewer/DeepView](#)

[SWISS-PROT](#)

[WHAT IF software](#)

[World index of molecular visualization resources](#)

Llocs generals i d'iniciació, cursos de proteïnes i de Bioquímica estructural

[Molecular Models for Biochemistry](#)

[P. Reisberg's Biochemistry pages](#)

[BioMolecules in the Classroom](#)

[Curs de proteïnes amb temaris, auto-tests, etc](#)

[Principles of Protein Structure Using the Internet](#)

[Bioquímica - Devlin](#)

[<ahref="http://www.umass.edu/microbio/chime/explorer/index.htm">Protein explorer](http://www.umass.edu/microbio/chime/explorer/index.htm)

[Medical Biochemistry](#)

[BioROM](#)