

Estructura de Biomoléculas

Código: 42887
Créditos ECTS: 9

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
4313794 Bioquímica, Biología Molecular y Biomedicina	OT	0	1

Contacto

Nombre: Ester Boix Borrás

Correo electrónico: ester.boix@uab.cat

Idiomas de los grupos

Puede consultarlo a través de este [enlace](#). Para consultar el idioma necesitará introducir el CÓDIGO de la asignatura. Tenga en cuenta que la información es provisional hasta el 30 de noviembre del 2023.

Equipo docente

Francesc Xavier Avilés Puigvert

Joan-Ramon Daban

Sandra Villegas Hernández

Ramon Barnadas Rodriguez

Mario Lopez Martin

Nathalia Varejao Nogueira

David Reverter Cendros

Susanna Navarro Cantero

Marc Torrent Burgas

Nuria Benseny Cases

Equipo docente externo a la UAB

Ana Joaquina Pérez Berna

Fernando Gil

Pablo Guerra

Tassos Papageorgiou

Xavier Fernández-Busquets

Prerrequisitos

Licenciados o graduados en Bioquímica, Biotecnología, Biología, Ciencias Biomédicas, Genética, Microbiología, Química, Informática, Física, Veterinaria, Farmacia o Medicina.

Objetivos y contextualización

El objetivo general del curso es proporcionar una introducción de las diferentes técnicas y herramientas de análisis estructural de las biomoléculas empleadas en la investigación en Biomedicina. Se espera que el alumno alcance un nivel de conocimientos que le permitan entender la utilidad del conjunto de técnicas biofísicas y bioinformáticas para el análisis estructural y funcional de macromoléculas y complejos macromoleculares, la potencialidad de estas técnicas en el diseño de novo de biomoléculas, y sus aplicaciones en Biotecnología y Biomedicina.

Competencias

- Analizar los resultados de investigación para obtener nuevos productos biotecnológicos o biomédicos para su transferencia a la sociedad.
- Desarrollar el razonamiento crítico en el ámbito de estudio y en relación con el entorno científico o empresarial.
- Identificar y proponer soluciones científicas a problemas relacionados con la investigación biológica a nivel molecular y demostrar una comprensión de la complejidad bioquímica de los seres vivos.
- Identificar y utilizar las herramientas bioinformáticas para resolver problemas relacionados con la bioquímica, la biología molecular y la biomedicina.
- Integrar los contenidos en bioquímica, biología molecular, biotecnología y biomedicina desde el punto de vista molecular.
- Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
- Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- Que los estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
- Trabajar individualmente y en equipo en un contexto multidisciplinario.
- Utilizar terminología científica para argumentar los resultados de la investigación y saber comunicarlos oralmente y por escrito.
- Utilizar y gestionar información bibliográfica y recursos informáticos relacionados con la bioquímica, la biología molecular o la biomedicina.

Resultados de aprendizaje

1. Analizar los resultados de investigación para obtener nuevos productos biotecnológicos o biomédicos para su transferencia a la sociedad.
2. Aplicar las técnicas de biología estructural para solucionar problemas científicos de biomedicina molecular.
3. Conocer los métodos más avanzados para poder caracterizar a nivel estructural los sistemas biológicos estudiados (ex. cristalografía de proteínas, resonancia magnética nuclear, microscopía electrónica, difracción de rayos X).
4. Desarrollar el razonamiento crítico en el ámbito de estudio y en relación con el entorno científico o empresarial.

5. Discriminar los diferentes métodos biofísicos y bioquímicos para aplicarlos a problemas relacionados con la Biomedicina.
6. Identificar las propiedades de las biomoléculas que podemos caracterizar con las técnicas biofísicas estudiadas.
7. Interpretar y analizar estructuras de biomoléculas depositadas en los bancos de datos estructurales (PDB).
8. Interpretar y reconstruir estructuras de proteínas por ordenador.
9. Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
10. Procesar y analizar los datos experimentales de difracción de rayos X.
11. Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
12. Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
13. Que los estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
14. Trabajar individualmente y en equipo en un contexto multidisciplinario.
15. Utilizar terminología científica para argumentar los resultados de la investigación y saber comunicarlos oralmente y por escrito.
16. Utilizar y gestionar información bibliográfica y recursos informáticos relacionados con la bioquímica, la biología molecular o la biomedicina.

Contenido

1- Dicroísmo circular y espectroscopia de fluorescencia. Técnicas iniciales para el estudio del plegamiento, estabilidad e interacciones de las proteínas. Aplicaciones al diseño de proteínas (3h Teoría)

2- Proteínas intrínsecamente desordenadas. Aplicación al estudio de procesos degenerativos. (3 h Teoría)

3- Dispersión dinámica de la luz. Aplicaciones al estudio de macromoléculas y de sistemas agregados (1h Teoría + 5 h Prácticas de laboratorio)

4- Proteómica e interactómica. (1,5 h Teoría)

5- Microscopias avanzadas

a) Microscopia de Infrarrojo para el estudio de enfermedades neurodegenerativas. (3h Teoría + 1.5 h Prácticas)

b) Microscopia de Fluorescencia de rayos X para el estudio de enfermedades neurodegenerativas (1.5 h Teoría + 1.5 h Prácticas).

c) Microscopia de transmisión de rayos X. Crio Tomografía de rayos X. Aplicaciones al estudio de orgánulos, microorganismos y procesos de infección intracelular, (3h Teoría + 1h visita estación Mistral ALBA)

d) - Microscopia electrónica de transmisión y de escaneado, crio Tomografía electrónica y microscopia de fuerza atómica. Aplicación al estudio de la estructura de los cromosomas.

- Nanotécnicas para el estudio de interacciones entre biomoléculas. Pinzas ópticas; Espectroscopia de correlación de fluorescencia; Microscopia de fluorescencia de reflexión interna total (TIRF); Microscopia de fuerza atómica; Microscopia confocal (FRET,...); Microscopia óptica de rastreo de campo cercano (NSOM); Microscopia de fluorescencia de superresolución. Aplicaciones en Biomedicina.

(7,5 h Teoría)

e) Crio microscopia electrónica (3h Teoría + 1h visita a instalación ALBA)

6- Resonancia Magnética Nuclear aplicada al estudio 3D de macromoléculas (3h Teoría)

7- Cristalografía y difracción de rayos X aplicada a la resolución de estructuras 3D de macromoléculas (2h Teoría + 2h Laboratorio + 5h prácticas en el aula de informática+ 1h visita estación Xaloc y Xaira ALBA)

8- Bioinformática Estructural.

a) Predicción y análisis de estructuras 3D de macromoléculas (1h Teoría + 5h Prácticas aula de informática)

b) Predicción y análisis de complejos (1 h Teoría + 2 h Prácticas aula de informática)

c) Dinámica molecular. Bases teóricas. Simulación de sistemas biomoleculares. Aplicaciones en investigación biomédica y farmacéutica. (1 h Teoría + 2 h Prácticas Aula de informática)

Metodología

- La metodología de trabajo combinará las clases presenciales con el trabajo autónomo del estudiante. Se realizarán clases en la sala de ordenadores y también sesiones en el laboratorio. Principalmente se pretende que el curso tenga un cariz más práctico que teórico. También se visitará el sincrotrón ALBA con una explicación de su uso en diferentes estaciones de trabajo.

Nota: se reservarán 15 minutos de una clase dentro del calendario establecido por el centro o por la titulación para que el alumnado rellene las encuestas de evaluación de la actuación del profesorado y de evaluación de la asignatura o módulo.

Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Conocimiento de métodos biofísicos y identificación de las propiedades de las biomoléculas	70	2,8	2, 3, 5, 6
Tipo: Supervisadas			
Procesamiento datos de difracción de rayos X y reconstrucción de estructuras de proteínas por ordenador	35	1,4	7, 8, 10
Tipo: Autónomas			
Aplicación de los conocimientos adquiridos	35	1,4	12, 14, 16
Comunicación científica	30	1,2	13, 15
Desarrollar nuevas ideas en la investigación y razonamiento crítico	52	2,08	1, 4, 11, 9

Evaluación

- La evaluación del módulo se hará a partir de la asistencia (que es obligatoria), la participación en clase, la evaluación continuada y de un breve examen tipo test sobre los contenidos principales de la asignatura.

Cálculo de la calificación final:

$$\text{Nota final} = T \cdot 0,40 + Av \cdot 0,4 + PC \cdot 0,2$$

T (nota final de teoría)

Av (nota evaluación continuada)

PC (nota participación en clase)

- Se considerará "no evaluable" cuando las actividades de evaluación (prueba final y asistencia) no permitan obtener una nota global mínima de 5,0.

Importante: Si se detecta plagio en alguno de los trabajos entregados podrá comportar que el alumno suspenda el módulo entero.

Habrà también la posibilidad de realizar una prueba de recuperación una vez finalizado el módulo

Para participar en la recuperación, el alumnado debe haber estado previamente evaluado en un conjunto de actividades cuyo peso equivalga a un mínimo de dos terceras partes de la calificación total de la asignatura o módulo. Por lo tanto, el alumnado obtendrá la calificación de "No Evaluable" cuando las actividades de evaluación realizadas tengan una ponderación inferior al 67% en la calificación final.

- Normativa evaluación única:

El alumnado que se acoja a la evaluación única debe realizar de forma presencial obligatoria todas las sesiones de prácticas de laboratorio, prácticas en el aula de informática y salida de campo (visita al sincrotrón).

La evaluación única consiste en una prueba de síntesis única (con preguntas de tipo test del contenido de las sesiones teóricas y preguntas de formato variable sobre los contenidos de las sesiones de las otras tipologías).

La prueba de evaluación única se hará coincidiendo con la fecha fijada de examen del módulo en el calendario. El cálculo de la nota final para los alumnos que pidan la evaluación única será:

$$\text{Nota final} = T \cdot 0,90 + PC \cdot 0,1$$

T (nota del examen final que incluye evaluación de todas las tipologías de docencia)

PC (nota participación en clases de Laboratorio, aula informática y salida de campo)

Actividades de evaluación continuada

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Evaluación continuada	30	1,12	0,04	1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 10, 14, 16
Realización de una prueba escrita	50	1,88	0,07	1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 10, 14, 16
Seguimiento y participación activa en clase	20	0	0	4, 12, 13, 11, 9, 15

Bibliografía

- Cada profesor indicará la bibliografía correspondiente de su parte.

EBook:

[Integrative structural biology with hybrid methods](#) / Haruki Nakamura, Gerard Kleywegt, Stephen K. Burley, John L. Markley, editors. Llibre en línia | 2018

Enlaces:

•Protein Crystallography course. Structural Medicine. Cambridge University, MRC-LMB:

<http://www-structmed.cimr.cam.ac.uk/course.html>

•Dpt. de Biología Estructural. CSIC, Madrid

<http://www.xtal.iqfr.csic.es/Cristalografia/index-en.html>

- Training and outreach portal of the Protein Data Bank

<https://pdb101.rcsb.org>

Software

UCSF Chimera; VMD; CCP4 interfase package; Coot; Phenix; Pymol; Modeller; Autodockv4; AlphaFold2