

Estructura de Biomoléculas

Código: 42887
Créditos ECTS: 9

2025/2026

Titulación	Tipo	Curso
Biochemistry, Molecular Biology and Biomedicine	OP	1

Contacto

Nombre: Ester Boix Borrás

Correo electrónico: ester.boix@uab.cat

Equipo docente

Joan-Ramon Daban

Sandra Villegas Hernández

Ramon Barnadas Rodriguez

Nathalia Varejao Nogueira

Èric Catalina Hernández

Enea Sancho Vaello

David Reverter Cendros

Susanna Navarro Cantero

Marc Torrent Burgas

Nuria Benseny Cases

(Externo) Ana Joaquina Pérez Berna

(Externo) Fernando Gil

(Externo) Pablo Guerra

(Externo) Tassos Papageorgiou

(Externo) Xavier Fernández-Busquets

Idiomas de los grupos

Puede consultar esta información al [final](#) del documento.

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.

Resultados de aprendizaje

1. CA24 (Competencia) Trasladar la utilidad de las técnicas y tecnologías de análisis estructural y funcional de macromoléculas para solucionar problemas en entornos nuevos o poco conocidos relacionados con el ámbito de la Bioquímica, la Biología Molecular y la Biomedicina.
2. CA25 (Competencia) Actuar en el desarrollo de proyectos que den respuesta a los retos emergentes de la estructura de biomolécula en la industria y la biomedicina, así como con responsabilidad ética y con respeto por los derechos y deberes fundamentales, la diversidad y los valores democráticos.
3. KA34 (Conocimiento) Identificar la utilidad del conjunto de técnicas y tecnologías para el análisis estructural y funcional de macromoléculas siempre de acuerdo con el estado actual de desarrollo de dichas técnicas.
4. KA35 (Conocimiento) Identificar las propiedades de las biomoléculas que pueden ser caracterizadas con las técnicas biofísicas proporcionadas.
5. KA36 (Conocimiento) Citar el avance actual de la técnicas y tecnologías dentro del ámbito del análisis estructural y funcional de las biomoléculas.
6. SA33 (Habilidad) Utilizar los métodos más avanzados para caracterizar, a nivel estructural, los sistemas biológicos.
7. SA34 (Habilidad) Analizar estructuras de biomoléculas depositadas en los bancos de datos estructurales (PDB), así como los datos experimentales obtenidos por cristalografía de rayos X.
8. SA35 (Habilidad) Aplicar herramientas bioinformáticas para resolver y construir estructuras de biomoléculas de interés científico o empresarial.

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. Proteómica. Técnicas de Análisis de la Interacción proteína- proteína (ITC y SPR) (3 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)

Actividades formativas y Metodología

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

- 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.

Uso restringido de la IA: para esta asignatura, se permite el uso de tecnologías de Inteligencia Artificial (IA) exclusivamente en tareas de apoyo, como la búsqueda bibliográfica o de información y las traducciones. El estudiante deberá identificar claramente qué partes han sido generadas con esta tecnología, especificar las herramientas empleadas e incluir una reflexión crítica sobre cómo éstas han influido en el proceso y el resultado final de la actividad. La no transparencia del uso de la IA en esta actividad evaluable se considerará falta de honestidad académica y puede conllevar una penalización parcial o total en la nota de la actividad, o sanciones mayores en casos de gravedad."

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.

Evaluación

Actividades de evaluación continuada

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Evaluación continuada	30	1,12	0,04	CA24, CA25, KA34, KA35, KA36, SA33
Realización de una prueba escrita	50	1,88	0,07	
Seguimiento y participación activa en clase	20	0	0	SA34, SA35

- 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)

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; Autodock; AlphaFold

Grupos e idiomas de la asignatura

La información proporcionada es provisional hasta el 30 de noviembre de 2025. A partir de esta fecha, podrá consultar el idioma de cada grupo a través de este [enlace](#). Para acceder a la información, será necesario introducir el CÓDIGO de la asignatura

Nombre	Grupo	Idioma	Semestre	Turno
(PAULm) Prácticas de aula (máster)	1	Inglés	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(PCAMm) Prácticas de campo (máster)	1	Inglés	primer cuatrimestre	tarde
(PLABm) Prácticas de laboratorio (máster)	1	Inglés	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(SEMm) Seminarios (máster)	1	Inglés	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(TEm) Teoría (máster)	1	Inglés	primer cuatrimestre	mañana-mixto