

Titulación	Tipo	Curso
Nanociencia y Nanotecnología	OP	4

Profesor/a de contacto

Nombre : David Reverter Cendros

Correo electrónico : david.reverter@uab.cat

Equipo docente

David Reverter Cendros

Idiomas de los grupos

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

Prerrequisitos

No hay prerrequisitos oficiales, pero se supone que el estudiante ha adquirido previamente conocimientos suficientemente sólidos de las asignaturas de los tres primeros cursos, en especial de las asignaturas del 1er curso sobre las bases de Bioquímica, Reactividad química y Biología celular, de 2º curso Biología molecular y Química orgánica, y de 3r curso Espectroscopía molecular y Química analítica.

Como en otras materias, gran parte de la bibliografía está en inglés, idioma que también es utilizado de manera importante en las figuras y presentaciones proyectadas en las clases de teoría y en otras actividades. Se evaluará positivamente que los alumnos lo utilicen en alguna actividad dirigida (Problemas y clases prácticas, Seminarios ... etc).

Objetivos

Objetivos generales. En esta asignatura se estudian las características estructurales, funcionales y de reactividad/interacción de los aminoácidos, los péptidos y las proteínas. También, como han evolucionado biológicamente y como podemos transformarlos por rediseño racional, evolución dirigida o modificación química-biológica en el laboratorio a fin que adopten estructuras, superestructuras y propiedades de interés fundamental y/o aplicado. Las proteínas son moléculas estructurales, reguladoras y efectoras en la mayoría de procesos bioquímicos y biológicos, naturales/ patológicos/ de interés industrial, así como protagonistas habituales, y entre los más diversos de ellos. El conocimiento de sus propiedades y estrategias para transformarlas es fundamental para la comprensión y dominio profundo de un buen número de materias en el Grado de Nanociencia y Nanotecnología.

Objetivos concretos de la asignatura.

- Ahondar en el conocimiento de las características físico-químicas de los aminoácidos, péptidos y proteínas, así como en su reactividad y modificaciones.

- 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, el tipo de plegamiento 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 estabilidad de las proteínas, incluyendo los de análisis tridimensional.
- Describir las bases moleculares del plegamiento de proteínas, de su dinámica molecular, de su procesamiento post-traducciona, y de su tránsito intra- y extra-celular.
- Saber establecer relaciones evolutivas entre proteínas y conocer los métodos de análisis y de predicción estructural.
- Conocer y saber como aplicar las metodologías más habituales para la producción y purificación de proteínas recombinantes.
- Capacitar en la selección de estrategias para la modificación y optimización de las propiedades de los péptidos y de las proteínas. Conocer las bases para su diseño, para la construcción de mini-, super-estructuras y miméticos, y las metodologías utilizadas en estos procesos. También, conocer aproximaciones que hayan resultado válidas para formar nano-estructuras y nano-sondas con ellas.
- Alcanzar una visión global de las relaciones estructura-función en proteínas y de las aplicaciones de estas biomoléculas a la medicina, industria e investigación.
- Integrar los conocimientos teóricos adquiridos para interpretar los resultados de experimentos científicos y para resolver problemas experimentales, utilizando la terminología científica adecuada.

Resultados de aprendizaje

- KM43 (Identificar las propiedades dinámicas y funcionales que permiten los diversos niveles de plegamiento de las proteínas.) Identificar las propiedades dinámicas y funcionales que permiten los diversos niveles de plegamiento de las proteínas.
- SM34 (Realizar procedimientos básicos de ingeniería genética y de ingeniería de proteínas.) Realizar procedimientos básicos de ingeniería genética y de ingeniería de proteínas.

Contenidos

Listado de Temas de teoría propuestos para la asignatura QUÍMICA Y INGENIERÍA DE PROTEÍNAS.

I. Propiedades fundamentales de los aminoácidos y de las proteínas

II. El enlace peptídico y la secuencia polipeptídica

III. Determinantes estructurales. Estructuras secundarias

IV. Clasificación estructural de las proteínas

V. Correlación estructura-función en proteínas. Ejemplos

VI. Estructura cuaternaria de proteínas

VII. Determinación de la estructura tridimensional de proteínas

VIII. Plegamiento y dinámica conformacional

IX. Procesos y modificaciones post-traducción

X. Interacción proteína-ligando

XI. Ingeniería de proteínas: diseño racional

XII. Ingeniería de proteínas: evolución dirigida y síntesis *de novo*

Actividades formativas y Metodología

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Problemas	22,5	0,9	KM43, SM34
Tutorías	8	0,32	KM43, SM34
Estudio en general	61,5	2,46	KM43, SM34
Clases de teoría	34	1,36	KM43, SM34
Problemas	18	0,72	KM43, SM34

Las actividades formativas están repartidas en dos apartados: clases de teoría y clases de problemas y/o seminarios, cada una de ellas con su metodología específica. Estas actividades serán complementadas por una serie de sesiones de tutoría que se programarán adicionalmente.

Clases de Teoría El profesor/a explicará el contenido del temario con el apoyo de material audiovisual que se pondrá a disposición de los estudiantes en el aula Moodle de la asignatura. Estas sesiones expositivas constituirán la parte más importante del apartado de teoría.

Clases de Problemas y / o Seminarios Un conjunto de enunciados de problemas de la asignatura (relacionados con los temas desarrollados en Teoría) se pondrá a disposición de los alumnos y se acumulará en forma de dossier en el Campus Virtual, que se irán resolviendo a lo largo de las sesiones. Los estudiantes trabajarán los problemas fuera del horario de clase de manera individual. Las sesiones presenciales no expositivas se dedicarán a la resolución de problemas previamente trabajados durante la semana anterior. Complementaria o alternativamente, se podrán organizar seminarios para proporcionar a los alumnos este tipo de formación docente más viva y adicional a la de teoría.

Tutorías Se realizarán asol.licitut los estudiantes. El objetivo de estas sesiones es el de resolver dudas, repasar conceptos con una dificultad conceptual elevada y llevar a cabo debates sobre los temas del programa. Estas sesiones no serán expositivas ni en ellas se avanzará materia del temario oficial, sino que serán sesiones de debate y discusión.

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 de Problemas	30%	3	0,12	KM43, SM34
Evaluación de teoría	70%	3	0,12	KM43, SM34

Teoría. La evaluación principal de esta parte de la asignatura tendrá el formato de evaluación continuada con dos pruebas parciales (35% cada una de ellas), con otra prueba final que permita examinarse del contenido de cada uno de los dos parciales no superados previamente, o los dos simultáneamente, en caso de no superar ninguno de los parciales. El objetivo de la evaluación continua es el de incentivar el esfuerzo continuado del estudiante a lo largo de todo el temario, permitiendo también que tome conciencia de su grado de seguimiento y comprensión de la materia. Los alumnos que hayan superado los parciales de teoría y problemas con una nota superior a 4,0 sobre 10 puntos, pueden optar por obtener la nota media de los dos parciales. Aquellos que no hayan superado el valor de 4,0 de cualquiera de los dos parciales deberán examinarse en la fecha fijada para el examen final de la asignatura del parcial o parciales en cuestión, en este caso la calificación del último examen parcial hecho es la que se tomará para calcular la calificación final.

Problemas y / o Seminarios. El peso de la evaluación de este apartado será del 30% del total: un 15% de ese total se asignará a las entregas individuales de los problemas-ejercicios, seminarios y / o participación activa en clase, y el otro 15% será para los exámenes particulares de estas actividades, que tendrán lugar en paralelo a los exámenes de Teoría.

Evaluación global. Se superará la asignatura cuando la suma de las diferentes partes ponderada por su peso específico en la asignatura supere un 5,0 sobre 10 puntos. Los estudiantes a los que no les sea posible, con causa justificada, participar en la evaluación continua, podrán ser evaluados mediante la prueba final. Para optar a la recuperación (examen final) necesario haberse presentado 2/3 de las actividades evaluativas de la asignatura.

Si el alumno sólo ha sido evaluado como máximo de un 25% de las pruebas y abandona, la calificación final será de NO EVALUABLE.

IA: En esta asignatura, no se permite el uso de tecnologías de Inteligencia Artificial (IA) en ninguna de sus fases. Cualquier trabajo que incluya fragmentos generados mediante IA será considerado una falta de integridad académica y podrá conllevar una penalización parcial o total en la calificación de la actividad, o sanciones más graves en casos de especial gravedad.

Evaluación única. La evaluación única consiste en una prueba de síntesis única con preguntas tipo test (puede incluir preguntas cortas) sobre los contenidos de todo el programa de teoría (70%); así como 2 problemas por resolver (30%).

La prueba de evaluación única se hará coincidiendo con la misma fecha fijada en calendario para la última prueba de evaluación continua y se aplicará el mismo sistema de recuperación que para la evaluación continua.

La realización de cualquier irregularidad en una actividad de evaluación (fraude académico, plagio o uso indebido de la Inteligencia Artificial (IA), salvo que dicho uso esté expresamente autorizado en la guía docente) que pueda conducir a una variación significativa de la calificación supondrá la calificación de 0 (cero) en dicha actividad de evaluación. En caso de que la guía docente establezca que para superar la asignatura sea requisito imprescindible haber obtenido una nota mínima en esa actividad de evaluación, o de que se produzcan varias irregularidades en las actividades de evaluación de una misma asignatura, la calificación final de la asignatura será de 0 (cero). Además, podrá iniciarse un procedimiento disciplinario contra el estudiante que incurra en cualquiera de estas irregularidades.

Bibliografía

Básica

- Brandén C. & Tooze J., Introduction to Protein Structure (1999) Garland Pub.
- Buxbaum E. Fundamentals of Protein Structure and Function (2007) Springer.
- Gómez-Moreno C y Sancho J. (eds.), Estructura de Proteínas (2003) Ariel Ciencia.
- Kessel A. & Ben-Tal N., Introduction to Proteins. Structure, Function and Motion (2011) CRC Press
- Petsko, R. & Ringe, D., Protein Structure and Function (Primers in Biology) (2008) Blackwell Publishing.
- Whitford, D., Proteins: Structure and Function (2005, 1ª edic / 2016, 2ª edic) Wiley.

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
- Lesk, A.M. Introduction to Protein Science (2010) Oxford University Press
- Lutz, S., Bornscheuer, U.T. (eds.) Protein Engineering Handbook (2008) Wiley
- Oxender D.L. i 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.

- Remigopalakrishnan V., Carey P.R. & Smith I.C.P. Proteins : Structure, Dynamics & Design (2013).
- Sternberg M.J.E. Protein Structure Prediction. (1996) IRL- Oxford University 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 (2001) Wiley

Software

PyMol: <https://pymol.org/2/>

JMol: <http://jmol.sourceforge.net/>

Grupos e idiomas de la asignatura

La información proporcionada es provisional hasta el 30 de noviembre. 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

Tipo de docencia	Grupo	Idioma	Semestre	Turno
(TE) Teoría	1	Catalán	segundo cuatrimestre	mañana-mixto
(PAUL) Prácticas de aula	1	Catalán	segundo cuatrimestre	mañana-mixto