

## Guía docente

### Identificación de la asignatura

<b>Asignatura / Grupo</b>	11356 - Química, Estructura y Función de las Proteínas / 1
<b>Titulación</b>	Máster Universitario en Ciencia y Tecnología Química
<b>Créditos</b>	3
<b>Período de impartición</b>	Primer semestre
<b>Idioma de impartición</b>	Castellano

### Profesores

#### Horario de atención a los alumnos

Profesor/a	Hora de inicio	Hora de fin	Día	Fecha inicial	Fecha final	Despacho / Edificio
Josefa Laurentina Donoso Pardo (Responsable) <a href="mailto:josefa.donoso@uib.es">josefa.donoso@uib.es</a>						Hay que concertar cita previa con el/la profesor/a para hacer una tutoría
Miguel Adrover Estelrich <a href="mailto:miquel.adrover@uib.es">miquel.adrover@uib.es</a>						Hay que concertar cita previa con el/la profesor/a para hacer una tutoría

### Contextualización

#### El profesorado

Dra. Josefa Donoso Pardo

La Dra. Donoso es Catedrática de Química Física en el Departamento de Química de la UIB desde el año 2004. Obtuvo su licenciatura en Ciencias Químicas en la Universidad Complutense de Madrid en 1978 y el Doctorado en Ciencias (Química) en la UIB en el año 1984. Forma parte del grupo de investigación "Reactividad Molecular y diseño de fármacos" de la UIB, integrado en el IUNICS.

Su trabajo de investigación se ve reflejado en más de un centenar de artículos científicos publicados en diversas revistas internacionales con alto índice de impacto y más de un centenar de comunicaciones, ponencias y conferencias convidadas en encuentros científicos y congresos especializados nacionales e internacionales. Ha trabajado y/o trabaja actualmente en las siguientes líneas de investigación:

- \* Mecanismos de resistencia antibacteriana: Betalactamasas de las clases A y C
- \* Mecanismos catalíticos en enzimas dependientes de 5'fostato de piridoxal (PLP)
- \* Mecanismos de la glicación no enzimática de proteínas (GP): formación e inhibición de AGEs (advanced glycations products)
- \* La relación entre la GP y los procesos de agregación de proteínas

En todas estas líneas, la relación entre la estructura protéica y la función es un factor clave.

Durante más de diez cursos académicos, la Dra Donoso ha sido profesora responsable de la asignatura Biopolímeros y Química Física Biológica en los estudios de licenciatura de química en la UIB y de la asignatura Cinética Enzimática en la asignatura de postgrado (máster y doctorado) en Química y Ciencia y Tecnología Química de la UIB, con Mención de Calidad y Mención hacia la Excelencia otorgada por el gobierno español

## Guía docente

**Dr: Miquel Adrover Estelrich.** El Dr. Miquel Adrover Estelrich es Profesor Titular de Universidad del área de conocimiento de Química Física en el Departamento de Química de la UIB. Su investigación se centra en el estudio de las modificaciones post-traduccionales de las proteínas, su estructura y su función. Pertenece al grupo de Reactividad Molecular y Diseño de Fármacos. Tiene reconocidos 1 quinquenio de docencia y 1 sexenio de investigación.

### La asignatura

*Química, estructura y función de las proteínas* es una asignatura básica, aunque no obligatoria, del itinerario de *Química Biológica* del Máster en Ciencia y Tecnología Química de la UIB. Su programa de contenidos está elaborado para profundizar en los conocimientos sobre este tipo de biomoléculas, tomando como referencia un alumno tipo con la titulación de graduado en química, con el objetivo de que adquiriera una sólida formación teórico-práctica en este campo científico, de utilidad en una posterior etapa formativa de doctorado.

En el desarrollo de cada uno de los apartados que se contemplan en el programa de contenidos se dará, además de una visión general de los problemas, una particularización de los mismos mediante el estudio de casos concretos que ayuden a clarificar la realidad de los problemas tratados.

Finalmente hay que reseñar que, puesto que el itinerario incluye también otra asignatura específicamente dedicada a las enzimas, en esta asignatura el tratamiento que se hace de la función enzimática es muy superficial. Así mismo hay que destacar que, aunque esta asignatura no contempla la realización de cálculos de modelización molecular, ya que el itinerario también contiene una asignatura específica al respecto, sin embargo, sí que se utilizarán programas de visualización molecular especialmente indicados para biomoléculas y los recursos en red necesarios para establecer la clasificación estructural y funcional de las proteínas.

### Requisitos

Es una asignatura optativa del Máster en Ciencia y Tecnología Química que no tiene requisitos específicos de matrícula, más allá de los estipulados para la admisión al máster.

Es muy conveniente tener un buen conocimiento de idioma inglés, dado que una buena parte de la bibliografía está escrita o editada en este idioma.

Así mismo es muy conveniente tener un conocimiento del uso de ordenadores personales y paquetes estándar de software a nivel de usuario (edición de textos y gráficos, tratamiento de resultados experimentales, análisis matemático de funciones, etc).

### Recomendables

Tal como se apuntó anteriormente, es muy conveniente tener un buen conocimiento de idioma inglés y del uso de ordenadores personales y paquetes estándar de software a nivel de usuario.

Se debe tener un conocimiento de Química Física y Química Biológica equivalente al exigido en la titulación de grado en química.

### Competencias

## Guía docente

### Específicas

- \* Capacidad de evaluar y prever el comportamiento de sistemas supramoleculares en general y particularmente los sistemas proteicos .

### Genéricas

- \* No definidas en el plan de estudios de la Titulación. .

### Básicas

- \* Se pueden consultar las competencias básicas que el estudiante tiene que haber adquirido al finalizar el máster en la siguiente dirección: [http://estudis.uib.cat/es/master/comp\\_basiques/](http://estudis.uib.cat/es/master/comp_basiques/)

## Contenidos

Los contenidos que se enuncian a continuación obedecen y son el desarrollo de los descriptores de la asignatura recogidos en el Plan de Estudios verificado

### Contenidos temáticos

#### Capítulo I. Estructura de Proteínas

Después de una breve descripción de las proteínas y de las funciones que estos polímeros realizan, en este capítulo se hace un recordatorio de las propiedades químico-físicas de los aminoácidos componentes de la proteínas y de las fuerzas físicoquímicas responsables de los diferentes niveles de estructura de las proteínas, incluyendo las estructuras supersecundarias y los dominios.

Puesto que una buena parte de estos aspectos del comportamiento de las proteínas forman parte de los contenidos del grado de química, solo se tratarán aquí de manera breve, remitiendo al alumno a la bibliografía recomendada y/o a las tutorías individuales, para la adquisición adecuada del nivel de los conocimientos requeridos

También se trata aquí la clasificación estructural de las proteínas y los diferentes sistemas establecidos para hacerlo. Se describen las bases de datos y los sitios web de información sobre la estructura y función de las proteínas.

#### Capítulo II. Plegamiento y estabilidad de las proteínas

En este capítulo se da una visión general sobre el plegamiento y la estabilidad conformacional de las proteínas, analizando los modelos clásicos para la racionalización del fenómeno y describiendo las aproximaciones experimentales y teóricas (simulación) al plegamiento protéico.

Finalmente se da una breve visión de los plegamientos proteicos defectuosos y de algunos de los problemas patológicos asociados (amiloidosis y otros)

#### Capítulo III. Bases estructurales de la función protéica

Una vez que los hechos fundamentales y las causas que condicionan la estructura, estabilidad y plegamiento de las proteínas han sido estudiados, se dedica este capítulo al estudio de los condicionantes estructurales de la función proteína.

## Guía docente

Se tratan aquí aspectos diversos del binomio secuencia-función: alineamiento de secuencias y comparación, evolución convergente y divergente, modelización de la homología, superfamilias de proteínas, etc.

También en este capítulo se tratan los condicionantes estructurales del reconocimiento molecular proteína-ligandos (arquitectura del sitio activo)

El estudio de todos estos condicionantes en las interacciones proteína-ligado se ilustra con casos concretos ya investigados y con amplia documentación bibliográfica (en revistas en papel, on-line y en bases de datos)

### Capítulo IV. El control de la función proteica

Finalmente se dedica un capítulo al estudio de los mecanismos mediante los que se controla la función de las proteínas en los seres vivos: control del pH y potencial redox del entorno, disparadores GTPasas, modificación covalente, activación de precursores, etc.

Igual que en el capítulo anterior, la descripción de ejemplos concretos de cada uno de los mecanismos de control se usa como metodología para ilustrar los casos generales

## Metodología docente

### Actividades de trabajo presencial (0,72 créditos, 18 horas)

Modalidad	Nombre	Tip. agr.	Descripción	Horas
Clases teóricas	Clases Teóricas	Grupo grande (G)	Clase magistral del profesor que introduce y explica los diferentes aspectos de los contenidos recogidos en el programa de la asignatura. Las exposiciones se realizarán con la ayuda de documentos Power Point y otros elementos audiovisuales on-line	14
Seminarios y talleres	Seminarios	Grupo mediano (M)	Sesiones de tratamientos de bases de datos en el aula de ordenador.  Realización de ejercicios de visualización, búsqueda y clasificación y comparación de estructuras de proteínas.	4

Al inicio del semestre estará a disposición de los estudiantes el cronograma de la asignatura a través de la plataforma UIBdigital. Este cronograma incluirá al menos las fechas en las que se realizarán las pruebas de evaluación continua y las fechas de entrega de los trabajos. Asimismo, el profesor o la profesora informará a los estudiantes si el plan de trabajo de la asignatura se realizará a través del cronograma o mediante otra vía, incluida la plataforma Aula Digital.

### Actividades de trabajo no presencial (2,28 créditos, 57 horas)

Modalidad	Nombre	Descripción	Horas
Estudio y trabajo autónomo individual o en grupo	Trabajo autónomo	Estudio de una proteína tipo; lo que implica atender tanto los aspectos estructurales, como de función. El desarrollo del trabajo ha de realizarse el	57

## Guía docente

Modalidad	Nombre	Descripción	Horas
		nivel marcado en las clases teóricas de la asignatura y en las sesiones de seminario.  El trabajo se evaluará mediante una memoria escrita del mismo y una exposición oral pública.	

### Riesgos específicos y medidas de protección

Las actividades de aprendizaje de esta asignatura no conllevan riesgos específicos para la seguridad y salud de los alumnos y, por tanto, no es necesario adoptar medidas de protección especiales.

### Evaluación del aprendizaje del estudiante

#### Fraude en elementos de evaluación

De acuerdo con el artículo 33 del Reglamento académico, "con independencia del procedimiento disciplinario que se pueda seguir contra el estudiante infractor, la realización demostradamente fraudulenta de alguno de los elementos de evaluación incluidos en guías docentes de las asignaturas comportará, a criterio del profesor, una minusvaloración en su calificación que puede suponer la calificación de «suspense 0» en la evaluación anual de la asignatura".

#### Clases Teóricas

Modalidad	Clases teóricas
Técnica	Técnicas de observación ( <b>no recuperable</b> )
Descripción	Clase magistral del profesor que introduce y explica los diferentes aspectos de los contenidos recogidos en el programa de la asignatura. Las exposiciones se realizarán con la ayuda de documentos Power Point y otros elementos audiovisuales on-line
Criterios de evaluación	
Porcentaje de la calificación final: 20%	

#### Seminarios

Modalidad	Seminarios y talleres
Técnica	Técnicas de observación ( <b>no recuperable</b> )
Descripción	Sesiones de tratamientos de bases de datos en el aula de ordenador. Realización de ejercicios de visualización, búsqueda y clasificación y comparación de estructuras de proteínas.
Criterios de evaluación	
Porcentaje de la calificación final: 30%	

## Guía docente

### Trabajo autónomo

Modalidad	Estudio y trabajo autónomo individual o en grupo
Técnica	Trabajos y proyectos ( <b>recuperable</b> )
Descripción	Estudio de una proteína tipo; lo que implica atender tanto los aspectos estructurales, como de función. El desarrollo del trabajo ha de realizarse el nivel marcado en las clases teóricas de la asignatura y en las sesiones de seminario. El trabajo se evaluará mediante una memoria escrita del mismo y una exposición oral pública.
Criterios de evaluación	Si la evaluación de la memoria fuera claramente insuficiente y fuera la causa fundamental de una calificación de suspenso en la asignatura, el alumno tendrá la opción de presentar una nueva memoria, dentro del plazo reglamentario de evaluación extraordinario establecido por la autoridad académica.

Porcentaje de la calificación final: 50%

### Recursos, bibliografía y documentación complementaria

A través de la biblioteca de la UIB se podrá tener acceso a un buen número de bases de datos y de recursos electrónicos que serán imprescindibles a la hora de realizar búsquedas bibliográficas para la realización de los proyectos y trabajos establecidos.

<http://biblioteca.uib.cat/>

[http://biblioteca.uib.cat/oferta/recursos\\_electronicos/](http://biblioteca.uib.cat/oferta/recursos_electronicos/)

#### Bibliografía básica

- \* **Estructura de Proteínas.** C. Gómez-Moreno y J. Sancho (coords.) Ed: Ariel. Madrid (2003)
- \* **Protein structure and function.** G. Petsko and G. Ringe. New Science Press Ltd. London (2004)
- \* **Introduction to protein structure.** C. Branden and J Tooze . Garland Publishing. New York (1999)

#### Bibliografía complementaria

- \* **The molecules of life. Physical and Chemical Principles.** J. Kuriyan, B. Konforti, D. Wemmer. Garland Science. New York (2013)
- \* **Structure and Mechanism in protein science.** A. Fersht. W.H. Freeman and company. New York (1999)
- \* **Structural bioinformatics.** P.E. Bourne and H. Weissing. John Wiley and sons. New Jersey (2003)

#### Otros recursos

- \* Protein Data Bank: <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>
- \* [http://proteopedia.org/wiki/index.php/Main\\_Page](http://proteopedia.org/wiki/index.php/Main_Page)
- \* ExPASy. SIB Bioinformatics Resources Portal: <http://www.expasy.org/vg/welcome>

