

<p style="text-align: center;">UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHIHUAHUA</p>  <p style="text-align: center;">FACULTAD DE MEDICINA Y CIENCIAS BIOMÉDICAS</p> <p style="text-align: center;">PROGRAMA DEL CURSO:</p> <p style="text-align: center;"><u>Ingeniería de proteínas</u></p>	DES:	Salud
	Programa académico	Maestría en Ciencias Biomédicas
	Tipo de materia (Obli/Opta):	Optativa
	Clave de la materia:	MCBOP05
	Semestre:	
	Área en plan de estudios:	Específica
	Total de horas por semana:	6
	<i>Teoría: Presencial o Virtual</i>	2
	<i>Laboratorio o Taller:</i>	2
	<i>Prácticas:</i>	0
	<i>Trabajo extra-clase:</i>	2
	Créditos Totales:	6
	Total de horas semestre (x 16 sem):	96
Fecha de actualización:	Junio 2017	
<i>Prerrequisito (s):</i>	Ninguno	

DESCRIPCIÓN DEL CURSO:

El objetivo de la asignatura es proporcionar conocimiento sobre la biosíntesis, estructura y función de las proteínas. Asimismo, sobre las técnicas relacionadas con la clonación de genes, expresión de proteínas recombinantes y diseño de proteínas con propiedades específicas.

COMPETENCIAS A DESARROLLAR:

Gestión del Conocimiento: Demuestra habilidades para la búsqueda, análisis crítico, síntesis y procesamiento de la información y su transformación en conocimiento, con actitud ética.

Investigación: Desarrolla investigación original, tecnología y/o innovaciones en procesos, servicios o productos que contribuyan a la solución de problemas, mejoren la convivencia, generen oportunidades para el desarrollo sustentable y propicien una mejor calidad de vida.

Técnicas experimentales: Utiliza tecnología y herramientas experimentales que le permitan dar respuesta a problemas de salud relacionados con la etiología y mecanismos patogénicos de enfermedades de impacto social, así como en su diagnóstico, tratamiento y prevención.

DOMINIOS	OBJETOS DE ESTUDIO (Contenidos, temas y subtemas)	RESULTADOS DE APRENDIZAJE	METODOLOGÍA (Estrategias, secuencias, recursos didácticos)	EVIDENCIAS
<p>Gestión de conocimiento</p> <p>D1. Accede a diferentes fuentes de información (journal revistas científicas, bases de datos, índices, etc.) de</p>	<p>Objeto de estudio I. Métodos de análisis estructural, predicción y diseño de proteínas.</p> <p>1.1 Bases conceptuales y metodológicas del rediseño y modificación funcional de las proteínas.</p> <p>1.2 Plegamiento, estructura nativa y</p>	<p>Adquiere las herramientas teóricas a través de diferentes fuentes de información para precisar las bases conceptuales de la modificación</p>	<p>A. Métodos computacionales.</p> <p>- A lo largo de la asignatura se propondrán y resolverán, de manera sistemática, problemas y casos prácticos de predicción</p>	<ul style="list-style-type: none"> ● Conferencia ● Simposium ● Encuentro ● Reuniones de intercambio con empresarios y productores. ● Ámbitos sociales

<p>calidad.</p> <p>D2. Analiza y recupera información pertinente mediante diversas estrategias de búsqueda de datos científicos.</p> <p>D3. Gestiona, almacena, organiza y categoriza la información de manera que se traduzca en conocimiento.</p> <p style="text-align: center;">Investigación</p> <p>D1. Aplica procesos metodológicos para el desarrollo de investigación o intervención, en congruencia con el planteamiento y objetivos del proyecto a abordar.</p> <p>D2. Genera nuevo conocimiento que contribuye a la solución de problemas de su ámbito de desempeño con compromiso ético.</p> <p>D3. Manifiesta capacidad de innovar y creatividad al producir soluciones apropiadas para los contextos en los que se desenvuelve.</p> <p style="text-align: center;">Investigación básica</p> <p>D1. Obtiene, registra y sistematiza información para responder a preguntas de carácter científico proponiendo experimentos pertinentes en el área de investigación básica.</p> <p>D2. Muestra habilidad para el manejo de equipos de laboratorio,</p>	<p>estabilidad de péptidos y proteínas.</p> <p>1.3 Aplicación de métodos teóricos y computacionales a la modelización estructural y diseño racional de proteínas.</p> <p>1.4 Cartografía e infografía molecular de proteínas.</p> <p>1.5 Superficie funcional y textura superficial de las proteínas.</p> <p>Objeto de estudio II. Hidrofobicidad y predicción de la topología básica. Predicción de la estructura básica y del plegamiento</p> <p>2.1 Hidrofobicidad.</p> <p>2.2 Análisis de periodicidad estructural.</p> <p>2.3 Análisis predictivo y diseño de elementos estructurales secundarios de proteínas.</p> <p>Objeto de estudio III. Alineamiento de proteínas. Identificación de motivos estructurales. Métodos matriciales.</p> <p>3.1 Identificación y diseño de elementos estructurales y funcionales a partir de motivos secuenciales.</p> <p>3.2 Técnicas de alineamiento y análisis de homología entre secuencias polipeptídicas.</p> <p>Objeto de estudio IV. Predicción mediante homología estructural. Mapas de distancia.</p> <p>4.1 Modelización estructural mediante homología.</p> <p>4.2 Análisis conformacional de proteínas: métodos variacionales de minimización de energía y mecánica molecular ("force-fields").</p> <p>4.3 Simulación dinámica molecular.</p> <p>4.4 Métodos de reconocimiento heurístico y clasificación asociados al diseño racional de</p>	<p>racional de las proteínas .</p> <p>Identifica las mejores estrategias diseñar y modificar proteínas.</p> <p>Predice la estructura y función de las proteínas.</p>	<p>estructural y diseño que tendrán que ser resueltos con ayuda del ordenador y del software específico en cada caso. Se prevé, para ello, la utilización, vía red, el empleo tanto de software preexistente "online" como de diversos programas y herramientas básicas que serán desarrolladas por los alumnos en el entorno de programación adecuado.</p> <p>1. Acceso, búsqueda y adquisición de datos secuenciales y estructurales de proteínas. Localización de herramientas y recursos relativos a bioinformática estructural de proteínas. Adquisición y manejo de software específico sobre temas definidos.</p> <p>2. Desarrollo de algoritmos de reconocimiento y análisis de formatos estándares de datos: format EMBL, PIR, Swiss-Prot y PDB. Formatos de alineamientos de secuencias.</p> <p>3. Software estándar de visualización de proteínas. Lenguajes de comandos y generación de scripts. Visualización de ficheros generados mediante herramientas propias desarrolladas por</p>	<ul style="list-style-type: none"> Proyectos y protocolos de investigación e intervención.
---	--	--	---	---

<p>procedimientos estándares de operación, normas y criterios de bioseguridad aplicables.</p> <p>D3. Contrasta y analiza los resultados obtenidos en una investigación o experimento con hipótesis previas y comunica sus conclusiones.</p> <p>D4. Asume una actitud ética en el desarrollo de los experimentos y al procesar la información derivada de los resultados de investigación.</p>	<p>proteínas.</p> <p>4.5 Diseño de ligandos y fármacos.</p> <p>Objeto de estudio V. Mutagénesis dirigida y expresión de proteínas recombinantes. Diseño combinatorial de proteínas.</p> <p>5.1 Mutagénesis dirigida por oligonucleótidos.</p> <p>5.2 Sistemas de expresión de alto rendimiento.</p> <p>5.3 Librerías combinatoriales de péptidos sintéticos.</p> <p>5.4 Diseño y modelización funcional de proteínas y enzimas.</p> <p>5.5 Aplicaciones de la ingeniería de proteínas: investigación básica, diseño de fármacos y aplicaciones nanotecnológicas.</p>		<p>el alumno.</p> <p>4. Determinación de parámetros geométricos en estructuras nativas de proteínas: cálculo de distancias, ángulos de enlaces y ángulos de torsión mediante hojas de cálculo y programas "ad hoc".</p> <p>5. Transformaciones espaciales de las representaciones 3D de las proteínas. Cálculo de traslaciones, escalamientos y giros mediante hojas de cálculo y otras herramientas informáticas. Obtención de estéreo-diagramas y proyecciones en el plano. Técnicas de "clipping".</p> <p>6. Estudio predictivo de la estructura secundaria y la topología básica de proteínas de membrana mediante perfiles hidrofóbicos. Aplicación a la predicción de determinantes antigénicos y al análisis de flexibilidad.</p> <p>7. Cálculo de potenciales hidrofóbicos y análisis de anfipatía axial de proteínas. Desarrollo de una herramienta informática para el cálculo del espectro de potencias de Fourier de un perfil hidrofóbico.</p> <p>8. Alineamiento de secuencias peptídicas. Comparación de algoritmos globales y locales. Estudio de las matrices de similitud.</p>	
---	---	--	---	--

			<p>Investigación del comportamiento de los parámetros ajustables del modelo.</p> <p>9. Sistemas de búsqueda de secuencias homólogas en bases de datos: FASTA, BLAST, BLITZ, etc. Ejercicios prácticos.</p> <p>10. Análisis de similitud estructural. Desarrollo de una herramienta informática sencilla para el cálculo de RMSD. Reconocimiento de plegamientos estructurales. Alineamiento estructural de proteínas con FSSP y Dali. Métodos de homología estructural: el servidor ExpASy.</p> <p>11. Ejemplos de aplicación de memorias asociativas y algoritmos genéticos en el reconocimiento de patrones estructurales, la predicción y el rediseño de proteínas.</p> <p>12. Ejemplo de aplicación de algoritmos de "Docking" proteína-ligando al diseño racional de fármacos frente a dianas de naturaleza proteica.</p>	
--	--	--	--	--

FUENTES DE INFORMACIÓN (Bibliografía, direcciones electrónicas)	EVALUACIÓN DE LOS APRENDIZAJES (Criterios, ponderación e instrumentos)
<ul style="list-style-type: none"> • "Protein Structure: A Practical Approach". T. E. Creighton. 2nd edition. Oxford University Press. 2ª edición (1997) • "Protein Engineering and Design". Sheldon Park and Jennifer Cochran. CRC Press. 1ª edición (2009) • "Protein Bioinformatics: An Algorithmic Approach to Sequence and Structure Analysis". Inqvar Eidhammer, Inge Jonassen and William R. Taylor. Wiley. 1ª edición (2004) • "Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, Second 	<p>Asistencia y participación a seminarios (Valor 50 %)</p> <p>Presentación y defensa de temas que involucren la ingeniería de proteínas (Valor 50 %)</p>

<p>Edition". David. W. Mount. Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2ª edición (2004).</p> <ul style="list-style-type: none"> • "Structural Bioinformatics: An Algorithmic Approach". Forbes J. Burkowski. Chapman and Hall/CRC Eds.; 1ª edición (2008). <p>Enlaces recomendados</p> <p>http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do (Protein Data Bank)</p> <p>http://www.ebi.ac.uk/Tools/ (European Bioinformatics Institute –EBI)</p> <p>http://www.embl.de/services/index.html (European Molecular Biology Laboratory – EMBL)</p> <p>http://us.expasy.org/tools/ (ExpASY Proteomics Server)</p>	
---	--

Cronograma del avance programático

Objetos de aprendizaje	Semanas															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Objeto de estudio 1 Métodos de análisis estructural, predicción y diseño de proteínas.																
Objeto de estudio 2 Hidrofobicidad y predicción de la topología básica. Predicción de la estructura básica y del plegamiento																
Objeto de estudio 3 Alineamiento de proteínas. Identificación de motivos estructurales. Métodos matriciales.																
Objeto de estudio 4 Predicción mediante homología estructural. Mapas de distancia.																
Objeto de estudio 5 Mutagénesis dirigida y expresión de proteínas recombinantes. Diseño combinatorial de proteínas.																