

1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	Estructura e ingeniería de proteínas
Total de tiempo guiado (teórico y práctico):	80 horas
Tiempo guiado por semana:	4 horas
Total de tiempo autónomo:	10 horas
Tipo de modalidad:	Escolarizada
Número y tipo de periodo académico:	7° semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Optativa
Ciclo:	Segundo
Área curricular:	Formación Profesional Integradora (ACFP-I)
Créditos UANL:	3
Fecha de elaboración:	16/03/2021
Responsable(s) de elaboración:	Dr. José María Viader Salvadó
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable(s) de actualización:	No aplica

2. Propósito:

La Unidad de Aprendizaje (UA) de Estructura e ingeniería de proteínas tiene como finalidad que el estudiante diseñe y produzca proteínas con estructura y propiedades alteradas o nuevas que no se encuentran en las proteínas naturales, por lo que la UA es pertinente debido a que dichas proteínas podrán ser usadas con fines biotecnológicos, así como comprender la estructura de las proteínas y su correlación con la función a nivel molecular, y este propósito se lleva a cabo empleando conocimientos de las propiedades químicas y fisicoquímicas de los aminoácidos, y de las técnicas de producción de proteínas recombinantes. La UA de Estructura e ingeniería de proteínas requiere del conocimiento previo de las UA de Bioquímica estructural de tercer semestre en cuanto a la estructura y propiedades químicas de las biomoléculas, la UA de Bioinformática de quinto semestre respecto al manejo de bases de datos y herramientas bioinformáticas, y la UA de Ingeniería genética de sexto semestre en cuanto a la construcción de microorganismos modificados genéticamente para

la producción de proteínas recombinantes. Además, los conocimientos previos que se adquieren en UA de Proteómica de quinto semestre sobre el análisis y caracterización de proteínas sirven de apoyo para adquirir las competencias de esta UA. Del mismo modo, se relaciona de forma subsecuente con la UA Taller de estrategias genómicas ya que comprenderá el funcionamiento y regulación de las proteínas, para la correcta interpretación y desarrollo de estrategias.

Esta UA contribuye a la adquisición de tres competencias generales de la UANL. Durante la presentación de los seminarios y la realización y presentación del Producto Integrador de Aprendizaje, esta UA promueve el pensamiento lógico, crítico, creativo y propositivo para analizar fenómenos naturales que le permitan tomar decisiones pertinentes en su ámbito profesional generando nuevas ideas para la solución de casos o situaciones reales o hipotéticas en donde el estudiante prueba sus afirmaciones aplicando mecanismos lógicos (5.3.3). Además, el estudiante actúa consciente de las consecuencias de sus actos en todos los ámbitos de su vida considerando los valores (como la responsabilidad) de la UANL (11.3.2) y genera ideas o posibles soluciones innovadoras a la necesidad o reto plantado por el facilitador (12.1.3).

Esta UA contribuye directamente a la adquisición de las competencias específicas que conforman el perfil de egreso de la carrera de Licenciado en Biotecnología Genómica. Específicamente contribuye a diseñar estrategias de modificación y selección de genomas, con el fin de desarrollar productos, y procesos biotecnológicos de utilidad en los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental (Esp.3).

3. Competencias del perfil de egreso:

Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje:

Competencias instrumentales:

5. Emplear pensamiento lógico, crítico, creativo y propositivo para analizar fenómenos naturales y sociales que le permitan tomar decisiones pertinentes en su ámbito de influencia con responsabilidad social

Competencias personales y de interacción social:

11. Practicar los valores promovidos por la UANL: verdad, equidad, honestidad, libertad, solidaridad, respeto a la vida y a los demás, paz, respeto a la naturaleza, integridad, comportamiento ético y justicia, en su ámbito personal y profesional para contribuir a construir una sociedad sustentable.

Competencias integradoras:

12. Construir propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente.

Competencias específicas del perfil de egreso a las que contribuye la unidad de aprendizaje:

3. Diseñar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, mediante la identificación de genes, proteínas o componentes metabólicos celulares, siguiendo la normatividad vigente en materia de bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (OGMs) y evaluando su ventaja competitiva al ser comparadas con lo utilizado tradicionalmente, con el fin de desarrollar productos, procesos y servicios biotecnológicos en los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental.

4. Factores a considerar para la evaluación:

- Mapa conceptual
- Informe de solución de un problema
- Participación en seminarios sobre temas específicos
- Exámenes de autoevaluación
- Exámenes parciales (teóricos)
- Producto integrador de aprendizaje

5. Producto integrador de aprendizaje:

Reporte de proyecto teórico sobre el diseño o rediseño y producción de una proteína de interés biomédico o industrial.

6. Fuentes de consulta:

- Agard, D. A. (1993). To fold or not to fold... *Science*, 260(5116), 1903-1904.
- Alcalde Galeote, M. (2003). Evolución molecular dirigida. *Investigación y Ciencia*, (326), 69-77.
- Betts, M.J., Russell, R.B. (2003). Amino acid properties and consequences of substitutions. In: Barnes, M.R., Gray, I.C., *Bioinformatics for geneticists*, John Wiley & Sons, Pp. 289-316.
- Bordoli, L., Kiefer, F., Arnold, K., Benkert, P., Battey, J., Schwede, T. (2009). Protein structure homology modeling using SWISS-MODEL workspace. *Nature Protocols*, 4(1), 1.
- Glick, B.R., Pasternak, J.J., Patten, C.L., (2017). *Molecular Biotechnology: principles and applications of recombinant DNA*. 5th Ed., Washington DC, USA: ASM Press.
- Gómez-Moreno Caldera, C., Sancho Sainz, J., (2003). *Estructura de proteínas*, Barcelona, España: Ariel S.A.
- Heckman, K. L., Pease, L. R. (2007). Gene splicing and mutagenesis by PCR-driven overlap extension. *Nature Protocols*, 2(4), 924-932.
- Ikai, A. (1980). Thermostability and aliphatic index of globular proteins. *The Journal of Biochemistry*, 88(6), 1895-1898.
- Kelley, L. A., Mezulis, S., Yates, C. M., Wass, M. N., Sternberg, M. J. (2015). The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. *Nature Protocols*, 10(6), 845-858.
- Kelley, L. A., Sternberg, M. J. (2009). Protein structure prediction on the Web: a case study using the Phyre server. *Nature Protocols*, 4(3), 363.
- Kumar, S., Tsai, C. J., Nussinov, R. (2000). Factors enhancing protein thermostability. *Protein Engineering* 13(3), 179-191.
- Lehmann, M., Kostrewa, D., Wyss, M., Brugger, R., D'Arcy, A., Pasamontes, L., van Loon, A. P. (2000). From DNA sequence to improved functionality: using protein sequence comparisons to rapidly design a thermostable consensus phytase. *Protein engineering*, 13(1), 49-57.
- Moran L.A., Horton, R.A., Scrimgeour, G., Perry, M., (2012). *Principles of Biochemistry*. 5th Ed., London, UK: Pearson
- National Center for Biotechnology Information (NCBI). <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Accesado 21.09.2020.
- Nelson, D.L., Cox, M.M., (2019). *Lehninger Principios de Bioquímica*, 7ed, Barcelona, España: Ediciones Omega.
- Orengo, C. A., Michie, A. D., Jones, S., Jones, D. T., Swindells, M. B., Thornton, J. M. (1997). CATH—a hierarchic classification of protein domain structures. *Structure*, 5(8), 1093-1109.
- Pace, C.N., Grimsley, G.R. (2001). Protein Stability. eLS. 1-4.
- Protein Data Bank (PDB). <http://www.rcsb.org>. Accesado 21.09.2020.
- Radford, S. E. (2000). Protein folding: progress made and promises ahead. *Trends in Biochemical Sciences* 25(12), 611-618.

- Rost, B. (1999). Twilight zone of protein sequence alignments. *Protein Engineering* 12(2) 85-94.
- Teter, S., Hartl, F. U. (2001). Protein Folding in vivo. eLS. 1-6.
- Timucin, E., Sezerman, O.U., (2016). *Molecular Modeling and Its Applications in Protein Engineering*. In: Glieder, A., Kubicek, C., Mattanovich, D., Wiltschi, B., Sauer, M. (eds) *Synthetic Biology*. New York, USA: Springer.
- Vázquez-Figueroa, E., Chaparro-Riggers, J., Bommarius, A. S. (2007). Development of a thermostable glucose dehydrogenase by a structure-guided consensus concept. *ChemBioChem*, 8(18), 2295-2301.