

MÓDULO	MATERIA	CURSO	SEMESTRE	CRÉDITOS	TIPO
COMPLEMENTOS EN BIOTECNOLOGÍA	INGENIERÍA DE PROTEÍNAS	4º	7º	6	Optativa
PROFESORES ⁽¹⁾			DIRECCIÓN COMPLETA DE CONTACTO PARA TUTORÍAS (Dirección postal, teléfono, correo electrónico, etc.)		
<ul style="list-style-type: none"> Hilario Ramírez Rodrigo 			Dpto. Bioquímica y Biología Molecular I. Facultad de Ciencias Despacho nº 4 Correo electrónico: y hilario@ugr.es		
			HORARIO DE TUTORÍAS Y/O ENLACE A LA PÁGINA WEB DONDE PUEDAN CONSULTARSE LOS HORARIOS DE TUTORÍAS ⁽¹⁾		
			Lunes, martes y miércoles, de 11:00 a 13:00. Facultad de Ciencias, Edificio de Biología, Planta 4ª, despacho nº4.		
GRADO EN EL QUE SE IMPARTE			OTROS GRADOS A LOS QUE SE PODRÍA OFERTAR		
Grado en BIOTECNOLOGÍA Grado en BIOQUÍMICA			Biología, Química, Farmacia, Medicina y Física		
PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES (si procede)					
Se recomienda seguir el orden cronológico de las enseñanzas del módulo.					
BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (SEGÚN MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL GRADO)					
<ul style="list-style-type: none"> Aplicaciones Tecnológicas y Biomédicas de las Proteínas (Enfoque estructural). Caracterización de propiedades relevantes de las proteínas (con especial énfasis en su estructura) 					

¹ Consulte posible actualización en Acceso Identificado > Aplicaciones > Ordenación Docente

(∞) Esta guía docente debe ser cumplimentada siguiendo la "Normativa de Evaluación y de Calificación de los estudiantes de la Universidad de Granada" (<http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/fichasugr/ncg7121/>)

molecular).

- Estrategias generales de modificación de proteínas (incluyendo análisis y predicción estructural de las estructuras nativas y modificadas).
- Diseño racional/computacional de proteínas orientado a la creación de nuevas funciones/actividades y estructuras (mediante desarrollo y aplicación de técnicas de bioinformática estructural).
- Diseño combinatorial de proteínas: estudio de modelos de evolución dirigida en el laboratorio.

COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS

Básicas y Generales

El diseño de la asignatura supone un acercamiento a la estructura y la función de las proteínas desde la perspectiva de la aplicación tecnológica y el diseño y desarrollo de proteínas modificadas que resulten de interés en biomedicina y otros campos, incidiendo por tanto en las competencias CG3, CG5 y CG7. Para este propósito se necesitará abordar el estudio de modelos de predicción y diseño estructural (en el ámbito de la competencia CG2), implementados sobre una serie de conceptos básicos y avanzados relativos a la estructura tridimensional y la función de las proteínas (área de las competencias CG5 y CB1). La metodología a emplear incluirá la resolución de problemas de índole cuantitativa y computacional, centrados en aspectos de la geometría, la interpretación estadística o el análisis termodinámico de las estructuras en estudio (lo que supondrá una aportación a las competencias CG1, CB2 y CB3. En esencia, el alumno deberá reflexionar y comprender acerca de determinadas estrategias de intervención en los procesos biológicos con la finalidad de introducir modificaciones ventajosas desde una perspectiva, agroalimentaria, industrial o biomédica (ámbito de las competencias CG4, CG6 y CG8). Finalmente, deberá recoger sus observaciones y experimentos en un cuaderno de actividades que servirá de base para la evaluación de la asignatura, como se describirá en el apartado correspondiente. Un aspecto de la asignatura que contribuirá sin duda al desarrollo de las competencias CB4 y CB5.

Transversales y Específicas

El carácter intrínsecamente multidisciplinar de la asignatura permitirá el desarrollo de las competencias CT9 CE1 y CE2. Sus contenidos poseen un deliberado sesgo teórico y estructural (en línea con la competencia CE8). Las clases y otras actividades presenciales previstas se han diseñado a modo de talleres, de modo que se garantice un elevado grado de interacción alumno-alumno y alumno-profesor. Esta dinámica, clave en el diseño de la asignatura, reforzará las competencias CT8 y CT9. En su mayoría serán actividades orientadas a la resolución de problemas específicos y al debate y a la comunicación de los resultados obtenidos individualmente, lo que garantizará un impacto claro sobre las competencias CT2, CT3, CT5, CE2 y CE3. Con frecuencia, los debates incluirán, inevitablemente, aspectos sensibles de tipo bioético o medioambiental relacionados con propuestas de manipulación genética y rediseño de proteínas (recogidos en las competencias CE11, CE17 y CE27). Estos aspectos se emplearán para reforzar las competencias CT6 y CT7. El alumno, como ya se ha dicho, tendrá que documentar sus observaciones, experimentos y actividades, lo que sin duda incidirá en las competencias CT1, CT2 y CT4.

OBJETIVOS (EXPRESADOS COMO RESULTADOS ESPERABLES DE LA ENSEÑANZA)

El principal objetivo de la asignatura es conseguir que el alumno sea capaz de desarrollar, de forma autónoma, herramientas bioinformáticas que permitan interrogar bases de datos secuenciales y estructurales de proteínas, analizar características estructurales o funcionales de las mismas y elaborar predicciones útiles para su rediseño.

Se pretende, por lo tanto, que el conocimiento del alumno se centre en el “*know how*” más que en la acumulación de conceptos y datos descriptivos o “lineales”, alejados de la experiencia científica y del acercamiento a la solución de un problema específico.

Para conseguir este propósito el alumno deberá adquirir soltura suficiente con las herramientas bioinformáticas y conceptuales necesarias, cuyo dominio básico constituye, por tanto, otro objetivo esencial de la enseñanza. La elaboración, por parte de cada alumno, de una librería de funciones de análisis, predicción y rediseño de proteínas constituye “*per se*” una manera muy efectiva de objetivar el logro de estos objetivos, que ha sido probada con éxito en ediciones anteriores de este curso. Su confección, por tanto, será otro objetivo



fundamental, vinculado a los anteriores.

TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

TEMARIO TEÓRICO:

Parte I. Métodos de análisis estructural, predicción y diseño de proteínas.

1. **Bases conceptuales y metodológicas del rediseño y modificación funcional de las proteínas: implementación y fases de un proyecto tipo de ingeniería de proteínas.** El paradigma básico: predicción, diseño racional y determinación experimental de la estructura de las proteínas. Alcance y limitaciones de los diferentes métodos.
2. **Plegamiento, estructura nativa y estabilidad de péptidos y proteínas: interacciones implicadas en la estabilización conformacional de las cadenas polipeptídicas.** Modelos de plegamiento: criterios cinéticos y termodinámicos. Factores coadyuvantes del plegamiento.
3. **Aplicación de métodos teóricos y computacionales a la modelización estructural y diseño racional de proteínas.** Bases de datos secuenciales y estructurales y recursos "online". Acceso y utilización de PIR, SwissProt y Protein Data Bank.
4. **Cartografía e infografía molecular de proteínas.** Diagramación y proyección cartesiana de coordenadas atómicas. Cálculo de distancias, ángulos de enlace y ángulos de torsión. Transformaciones geométricas en el espacio tridimensional: matrices de traslación, rotación y escalamiento. Estereodiagramas.
5. **Superficie funcional y textura superficial de las proteínas.** Radios de Van der Waals, superficies accesibles y superficies de contacto. Descripciones numéricas y analíticas de superficies. Proyecciones en redes. Teselación. Mapas de distancias. Medidas de complejidad superficial.

Parte II. Hidrofobicidad y predicción de la topología básica. Predicción de la estructura básica y del plegamiento

6. **Hidrofobicidad.** Perfiles hidrofóbicos y métodos de predicción y diseño basados en medidas de hidrofobicidad residual. Análisis topológico de proteínas integrales de membrana. Predicción y diseño de determinantes antigénicos. Análisis secuencial de flexibilidad. Diseño de secuencias "lider" y de canalización celular de proteínas recombinantes.
7. **Análisis de periodicidad estructural.** Distribución axial de hidrofobicidad a lo largo de la secuencia y su significado topogénico: análisis predictivo de anfipatía axial. Momentos hidrofóbicos. Análisis espectrales de Fourier. Diagramas de Stroud. Momentos de variabilidad.
8. **Análisis predictivo y diseño de elementos estructurales secundarios de proteínas: Conceptos y algoritmos básicos.** Criterios de asignación de elementos secundarios en estructuras conocidas. Secuencias determinantes de patrones de plegamiento. Diseño de elementos supersecundarios.

Parte III. Alineamiento de proteínas. Identificación de motivos estructurales. Métodos matriciales.

9. **Identificación y diseño de elementos estructurales y funcionales a partir de motivos secuenciales.** Descripciones "lineales" de motivos secuenciales: PROSITE. Descripciones y métodos matriciales. Perfiles de Griskov. Concepto y



medida de la "distancia" entre residuos isotópicos de secuencias homólogas. La matriz de Dayhoff y otras matrices de distancia.

10. **Técnicas de alineamiento y análisis de homología entre secuencias polipeptídicas.** Algoritmo de Needleman-Wunch. Índices de similitud y parámetros relacionados. Generalización del algoritmo de Needleman-Wunch: alineamiento múltiple de proteínas. Alineamientos globales y locales. Dendrogramas y árboles filogenéticos.

Parte IV. Predicción mediante homología estructural. Mapas de distancia.

11. **Modelización estructural mediante homología.** Alineamiento estructural de proteínas. Superposición de sólidos rígidos y métodos basados en medidas de desviación cuadrática media (RMSD). Ajuste de regiones estructuralmente conservadas (SCRs). Asignación estructural de regiones variables.
12. **Análisis conformacional de proteínas: métodos variacionales de minimización de energía y mecánica molecular ("force-fields").** Métodos de convergencia para el cálculo de potenciales. Problemática de los factores entrópicos y la simulación del disolvente.
13. **Simulación dinámica molecular.** Barreras conformacionales. Estrategias de calentamiento y equilibrado. Análisis combinado simulación dinámica-minimización. Compresibilidad.
14. **Métodos de reconocimiento heurístico y clasificación asociados al diseño racional de proteínas.** Métodos heurísticos basados en datos previos ("knowledge-based"). Memorias asociativas y redes neuronales. Algoritmos genéticos y métodos evolutivos. Métodos de clasificación ("clustering"). Los sistemas CATCH, SCOP y FSSP de clasificación estructural de proteínas.
15. **Diseño de ligandos y fármacos (opcional).** Interacción proteína-ligando. Análisis conformacional de moléculas no enlazadas ("docking"). Docking proteína-ligando y proteína-proteína. Métodos de evaluación estructura-función. QSAR. [Tema opcional a desarrollar por los alumnos]

Parte V. Mutagénesis dirigida y expresión de proteínas recombinantes. Diseño combinatorial de proteínas.

16. **Mutagénesis dirigida por oligonucleótidos (opcional).** Métodos de selección "in vivo": "gapped duplex", "single primer", "coupled priming". Métodos de selección "in vitro": Método de Eckstein. Métodos basados en el empleo de la PCR. Estrategias de mutagénesis sistemática: "cassete mutagénesis". Mutagénesis completa aleatoria. Vectores específicos para mutagénesis y secuenciación. [Tema opcional a desarrollar por los alumnos]
17. **Sistemas de expresión de alto rendimiento (opcional).** Optimización de promotores y mensajeros en procariontes. Proteínas de fusión y proteínas nativas. Purificación y estabilidad de proteínas y clones recombinantes. Secreción de proteínas recombinantes. Expresión de alto rendimiento en eucariotas: sistema de expresión mediante baculovirus. Modificaciones post-translacionales. Producción a escala industrial. [Tema opcional a desarrollar por los alumnos]
18. **Librerías combinatoriales de péptidos sintéticos (opcional).** Síntesis, barrido y verificación estructural. Librerías de exposición en fago ("phage display"). en vectores de M13. Estrategias de reconocimiento y selección ("panning") de fagos recombinantes. Sistemas de transcripción y traslación "in vitro". Síntesis química de genes. [Tema opcional a desarrollar por los alumnos]
19. **Diseño y modelización funcional de proteínas y enzimas (opcional).** Inducción de plegamiento mediante restricciones estructurales. Estabilización funcional mediante enlaces disulfuro. Rediseño de centros catalíticos y reguladores. Modificación de la especificidad catalítica de una enzima. Estudio detallado de algunos modelos experimentales. [Tema opcional a desarrollar por los alumnos]



20. **Aplicaciones de la ingeniería de proteínas: investigación básica, diseño de fármacos y aplicaciones nanotecnológicas (opcional).** Aplicaciones de la IP al análisis del plegamiento y de la estabilidad estructural y funcional de proteínas. Aplicaciones al estudio de mecanismos de catálisis enzimática. Aplicaciones al diseño de fármacos y al desarrollo de terapias génicas e inmunotóxicas. Aplicaciones en el campo de la bionanotecnología. [Tema opcional a desarrollar por los alumnos]

TEMARIO PRÁCTICO:

Métodos computacionales.- A lo largo de la asignatura se propondrán y resolverán, de manera sistemática, problemas y casos prácticos de predicción 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, de la infraestructura existente en el Centro de Informática de la Universidad de Granada, y 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:

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.
2. Desarrollo de algoritmos de reconocimiento y análisis de formatos estándares de datos: formato EMBL, PIR, Swiss-Prot y PDB. Formatos de alineamientos de secuencias. Desarrollo de un conjunto de funciones y estructuras de datos que permita el “parsing” y la representación interna de ficheros PDB.
3. Software estándar de visualización de proteínas. Lenguajes de comandos y generación de scripts. Visualización de ficheros generados mediante herramientas propias desarrolladas por el alumno.
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”.
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”.
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.
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.
8. Desarrollo de algoritmos de alineamiento estructural de péptidos y proteínas basados en cálculo de RMSD y otros estimadores
9. Desarrollo de una herramienta informática para el cálculo de desviaciones estructurales mediante cálculo del diagrama de Ramachandran.
10. Desarrollo de una herramienta de predicción estructural de enlaces disulfuro y evaluación estadística de los resultados obtenidos.
11. Desarrollo de funciones que permitan el empleo de recursos bioinformáticos compartidos por otros entornos de programación como Python o R.
12. Ejemplos de aplicación de memorias asociativas y algoritmos genéticos en el reconocimiento de patrones estructurales, la predicción y el rediseño de proteínas.

BIBLIOGRAFÍA

Textos fundamentales

“Protein Engineering and Design”. Sheldon Park and Jennifer Cochran. CRC Press. 1ª edición (2009)

“Structural Bioinformatics: An Algorithmic Approach”. Forbes J. Burkowski. Chapman and Hall/CRC Eds.; 1ª edición (2008).

“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 Edition”. David. W. Mount. Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2ª edición (2004).

“Structural Bioinformatics”. Jenny Gu (Editor), Philip E. Bourne (Editor) 2ª Ed. Wiley-Blackwell (2009)

“Protein Structure: A Practical Approach”. T. E. Creighton. 2ª edición. Oxford University Press. 2ª ed. (1997)

Referencias complementarias

“Computational Structural Biology: Methods and Applications”. Torsten Schwede and Manuel C. Peitsch. World Scientific Publishing Company. 1ª edición (2008).

“An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology)”. Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner. The MIT Press (2004).

“Bioinformatics”. Andrzej Polanski and Marek Kimmel. Springer. 1ª edición (2007).

“Protein families and their evolution. A structural perspective”. Christine A. Orengo and Janet M. Thornton Annu. Rev. Biochem. 2005. 74:867–900.

“Protein Geometry: Volumes, Areas, and Distances”. M Gerstein, F M Richards (2001) International Tables for Crystallography (Volume F, Chapter 22.1.1, pages 531-539; M Rossmann & E Arnold, editors).

“Visual software tools for bioinformatics”. Timothy Arndt. Journal of Visual Languages and Computing & Computing, 19 (2008) 291–301

“Recognizing the fold of a protein structure”. Andrew Harrison¹, Frances Pearl, Ian Sillitoe, Tim Slidel, Richard Mott, Janet Thornton, and Christine Orengo. Bioinformatics, 19:14 (2003), 1748–1759.

“Quantifying the Similarities within Fold Space”. Andrew Harrison, Frances Pearl, Richard Mott, Janet Thornton, and Christine Orengo. J. Mol. Biol. (2002) 323, 909–926.

Protein families and their evolution: A structural perspective. Christine A. Orengo and Janet M. Thornton. Annu. Rev. Biochem. 2005. 74:867–900.

“An Integrated Approach to the Analysis and Modeling of Protein Sequences and Structures. I. Protein Structural Alignment and a Quantitative Measure for Protein Structural Distance”. An-Suei Yang and Barry Honig. J. Mol. Biol. (2000) 301, 665–678.

ENLACES RECOMENDADOS

- <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do> (Protein Data Bank)
- <http://www.ebi.ac.uk/Tools/> (European Bioinformatics Institute –EBI)
- <http://www.embl.de/services/index.html> (European Molecular Biology Laboratory – EMBL)
- <http://us.expasy.org/tools/> (ExPASy Proteomics Server)

METODOLOGÍA DOCENTE

Partiendo de que se trata de una materia que ha experimentado un extraordinario impulso durante las apenas tres décadas de su existencia y teniendo en cuenta su marcado sesgo metodológico y experimental de carácter fuertemente multidisciplinar, la enseñanza de esta materia, esencialmente orientada hacia la investigación básica y aplicada, se articula en torno a tres pilares metodológicos fundamentales:

La información y los materiales docentes seleccionados para su discusión y trabajo en las clases presenciales serán de carácter eminentemente práctico y resolutivo: el alumno será enfrentado a una serie sucesiva de problemas y actividades de complejidad creciente que deberá ir resolviendo a lo largo del curso, dentro de los propios espacios presenciales, bajo la dirección atenta del profesor y empleará para ello las herramientas metodológicas y conceptuales que el profesor irá intercalando, siempre con la intencionalidad explícita de resolver las tareas propuestas. De este modo los contenidos de clase serán percibidos por el alumno como piezas cercanas de información útil y necesaria para poder completar las tareas específicas que se le han encomendado. Comprenderá que debe asimilar e integrar la información de un modo esencialmente práctico y operativo –útil- más que como un conjunto de datos, argumentos y conceptos que debe memorizar o aplicar para la resolución de supuestos problemas distantes en un futuro profesional aún no definido. Comprenderá,



finalmente, que el tipo de comprensión que se le pide ha de ser resolutoria en tanto que las tareas que tiene por delante han de ser resueltas de forma inmediata.

Una proporción muy alta de los materiales y contenidos seleccionados para su discusión en clase se refieren a predicción estructural de proteínas, diseño racional, desarrollo e implementación de algoritmos bioinformáticos, utilización de software “online” específico para análisis estructural de proteínas e investigación y consulta de los recursos de la Web. Para que todos estos contenidos produzcan en el alumno la pretendida sensación de inmediatez y cercanía en cuanto a su utilidad o aplicabilidad, las clases presenciales se articularán en su totalidad como talleres experimentales de trabajo en la consola del ordenador o, eventualmente, como sesiones de laboratorio. A cada alumno se asignará una proteína o familia de proteínas sobre la que realizará todo el trabajo del curso. De este modo, aunque las actividades propuestas sean comunes a todos los alumnos de clase, cada uno de ellos deberá referir individualmente su trabajo y sus resultados a la proteína que le ha sido previamente asignada. De este modo se potencia la colaboración y el trabajo coordinado del grupo (“todos realizan las mismas tareas”) pero se preserva la integridad del trabajo individual sobre el que pivotará, más tarde, la evaluación del rendimiento de cada alumno (“cada alumno debe referir sus resultados a la proteína asignada”).

Los Temas 15 al 20 serán considerados temas avanzados de investigación y podrán ser desarrollados de forma opcional en seminarios a impartir por los alumnos.

EVALUACIÓN (INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN, CRITERIOS DE EVALUACIÓN Y PORCENTAJE SOBRE LA CALIFICACIÓN FINAL, ETC.)

EVALUACIÓN CONTINUA

Convocatoria Ordinaria:

La evaluación de la materia se realizará, en primer lugar, sobre la base de la calidad de los resultados individuales obtenidos por el alumno para la proteína que le fue asignada. Para ello, el alumno elaborará un cuaderno electrónico de actividades (preferentemente en formato html) en el que consignará sus resultados. Para la realización de este cuaderno, su presencia activa en los talleres presenciales tendrá una importancia crucial, convirtiéndose así estos últimos en mecanismos auto-evaluativos del progreso alcanzado: las tareas que se resuelven en clase son análogas a las propuestas para la elaboración del cuaderno y, por tanto, indicativas del grado de maduración del alumno. Al final del curso el alumno habrá consultado bibliografía especializada, resuelto problemas numéricos, interpretado resultados experimentales, empleado programas de ordenador y recursos Web, elaborado estrategias de diseño estructural de proteínas, implementado algoritmos predictivos y redactado informes breves o revisiones bibliográficas sobre aspectos puntuales de la asignatura. La elaboración, con todo ello, del correspondiente cuaderno de actividades y su preceptiva presentación, al final del curso, constituirá la base de la evaluación de la asignatura. El seguimiento y debate del trabajo del alumno con el profesor a lo largo del curso junto con su participación en las tareas presenciales y el desarrollo, en su caso, de seminarios opcionales constituirá el 70% de la evaluación final, en tanto que la preceptiva presentación del cuaderno de actividades y la evaluación de sus contenidos constituirá el 30% de la calificación final. La tabla siguiente recoge las competencias evaluadas por cada uno de estos instrumentos de evaluación:

INSTRUMENTO DE EVALUACIÓN	PONDERACIÓN (%)	COMPETENCIAS
Seguimiento y debate continuados de las actividades desarrolladas por el alumno a lo largo del curso	70	CT4, CT6, CT9 CE1, CE3-4, CE8, CE24-26
Presentación y evaluación de contenidos del cuaderno de actividades	30	Las mismas que la anterior y, de manera especial, la CT9



Convocatoria Extraordinaria:

En Convocatoria Extraordinaria la evaluación de la materia se realizará de manera idéntica a la Convocatoria Ordinaria, dentro de los plazos y límites establecidos a tal efecto

DESCRIPCIÓN DE LAS PRUEBAS QUE FORMARÁN PARTE DE LA EVALUACIÓN ÚNICA FINAL ESTABLECIDA EN LA "NORMATIVA DE EVALUACIÓN Y DE CALIFICACIÓN DE LOS ESTUDIANTES DE LA UNIVERSIDAD DE GRANADA"

Según la Normativa de Evaluación y de Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada (Aprobada por Consejo de Gobierno en su sesión extraordinaria de 20 de mayo de 2013), se contempla la realización de una evaluación única final a la que podrán acogerse aquellos estudiantes que no puedan cumplir con el método de evaluación continua por motivos laborales, estado de salud, discapacidad o cualquier otra causa debidamente justificada que les impida seguir el régimen de evaluación continua. Para acogerse a la evaluación única final, el estudiante, en las dos primeras semanas tras la formalización de su matrícula, lo solicitará al Director del Departamento, quien dará traslado al profesorado correspondiente, alegando y acreditando las razones que le asisten para no poder seguir el sistema de evaluación continua. Transcurridos diez días sin que el estudiante haya recibido respuesta expresa y por escrito del Director del Departamento, se entenderá que ésta ha sido desestimada. En caso de denegación, el estudiante podrá interponer, en el plazo de un mes, recurso de alzada ante el Rector, quién podrá delegar en el Decano o Director del Centro, agotando la vía administrativa.

La evaluación única final se realizará en un solo acto académico el día de la convocatoria oficial de examen para la asignatura y el alumno podrá elegir entre dos opciones: una de las opciones consistirá en una prueba escrita, que se evaluará entre 0 y 10 e incluirá preguntas relativas al contenido de los temarios teórico y práctico. Como segunda opción, el alumno podrá presentar un cuaderno de actividades análogas a las trabajadas en clase (cuya relación se hará accesible a todos los alumnos inscritos en la asignatura al comienzo del curso). En este caso, el alumno debatirá con el profesor, en prueba oral, sobre el contenido de su trabajo. Esta prueba será evaluada como 70% de la calificación final. El 30% restante de la evaluación se hará en base al contenido y los informes del Cuaderno de Actividades presentado por el alumno.

INFORMACIÓN ADICIONAL

El sistema de calificaciones se expresará mediante calificación numérica de acuerdo con lo establecido en el art. 5 del R. D 1125/2003, de 5 de septiembre, por el que se establece el sistema europeo de créditos y el sistema de calificaciones en las titulaciones universitarias de carácter oficial y validez en el territorio nacional y siguiendo la "Normativa de Evaluación y de Calificación de los estudiantes de la Universidad de Granada"
([http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/fichasugr/ngc7121/!](http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/fichasugr/ngc7121/))

