



UGR | Universidad  
de Granada



Propuesta TFG. Curso 2015-16

Departamento  
Ciencias de la Computación e  
Inteligencia Artificial

## 1. DATOS DEL TFG OFERTADO

**Título del trabajo:** Predicción e identificación de proteína transmembranas unipaso no comunes genomas bacterianos

**Resumen** (máx 250 palabras) estructurado en Objetivos y Plan de trabajo. Se debe incluir en folio adjunto.

**Palabras clave:** bioinformática, proteínas transmembrana, software de predicción

**Número de alumnos por trabajo ofertado (máximo 3):** 1

**Ofertado por:**

1. Profesor del Departamento
2. Profesor del Departamento junto con Empresa ó Institución
3. Propuesto por alumno ( <sup>†</sup> )



( <sup>†</sup> ). En el caso de TFG propuesto por alumno, por favor completar la siguiente información:

Nombre y apellidos del alumno:

e-mail institucional:

## 2. MODALIDAD

1. Trabajo bibliográfico  x
2. Trabajo experimental ( <sup>†</sup> )  x
3. Informe o proyecto de naturaleza profesional ( <sup>†</sup> )

( <sup>†</sup> ) En el caso de trabajos experimentales e informes o proyectos de naturaleza profesional desarrollados en empresas u otras instituciones ajenas a la Universidad de Granada, por favor, completar la siguiente información

Nombre de la empresa/institución:

Domicilio social:

Teléfono/ e-mail de contacto:

## 3. DATOS DEL TUTOR DE LA UGR Y TUTOR DE LA EMPRESA O INSTITUCIÓN (en su caso) DEL TFG OFERTADO

**Nombre y apellidos del tutor/a UGR:** Coral del Val Muñoz

Teléfono: 958 240468

e-mail: delval@decsai.es

**Nombre y apellidos del tutor/a de la empresa o institución:**

Empresa o Institución:

Teléfono:

e-mail:

## Resumen

### Introducción

Una proteína transmembrana es aquella proteína integral de membrana que atraviesa la bicapa lipídica de la membrana celular, si lo hace una sola vez se llaman unipaso, si lo hacen varias multipaso.

Las proteínas transmembranas unipaso conocidas se caracterizan por tener el extremo N-terminal de la proteína queda a un lado de la membrana, y el extremo C-terminal al otro. Estas proteínas tienen tres dominios: a) una zona que pasa a través de la membrana, de características hidrofóbicas para interactuar con los lípidos de la bicapa lipídica; b) un dominio citosólico en contacto con el interior de la célula y c) otro extracitosólico en contacto con el exterior de la célula. El resultado es una proteína anfipática.

A este tipo de proteínas pertenecen los Receptores-PTK con actividad Proteintirosín kinasa, enzimas del Aparato de Golgi, etc. sin embargo se han encontrado evidencias de la existencia de proteínas transmembrana unipaso con características distintivas a las conocidas hasta ahora como son la carencia de secuencias señal y que tengan el dominio transmembrana muy alejado del extremo N-terminal lo cual impediría su funcionamiento como señal de anclaje en la membrana, funcionamiento estándar para las otras proteínas unipaso conocidas.

### Objetivos

Este proyecto pretende que el alumno identifique y clasifique los tipos de proteínas transmembrana unipaso en el genoma de *E. coli* utilizando principalmente el sistema Octopus/Spoctopus sobre el transcriptoma de *E. coli*.

El resultado del trabajo será la puesta en marcha del sistema Octopus/Spoctopus, y el análisis de los resultados obtenidos.

### BIBLIOGRAFÍA

- <http://octopus.cbr.su.se/index.php?about=SPOCTOPUS>
- Improving topology prediction by two-track ANN-based preference scores and an extended topological grammar. Håkan Viklund and Arne Elofsson (2008) *Bioinformatics*
- A combined predictor of signal peptides and membrane protein topology. Håkan Viklund, Andreas Bernsel, Marcin Skwark and Arne Elofsson (2008)
- Topology, dimerization, and stability of the single-span membrane protein CadC. Lindner E, White SH.J Mol Biol. 2014 Aug 12;426(16):2942-57. doi: 10.1016/j.jmb.2014.06.006. Epub 2014 Jun 16.
- SecA drives transmembrane insertion of RodZ, an unusual single-span membrane protein. Rawat S, Zhu L, Lindner E, Dalbey RE, White SH.J Mol Biol. 2015 Mar 13;427(5):1023-37. doi: 10.1016/j.jmb.2014.05.005. Epub 2014 May 15.

### Requisitos

Capacidad de leer textos en inglés a nivel medio, Linux aconsejable, conocimientos de bioinformática o programación facilitarán mucho el trabajo.

Tabla de actividades y dedicación horaria estimada	
Planteamiento, orientación y supervisión	40 horas
Formación en el uso de herramientas bibliográficas para la investigación	50 horas
Exposición del trabajo	30 horas
Desarrollo del trabajo	120 horas
Preparación de la memoria	60 horas
<b>TOTAL (12 ECTS)</b>	<b>300 horas</b>