



UGR Universidad
de Granada



Propuesta TFG
Curso 2014-15
Departamento de Ciencias de
la Computación e IA

1. DATOS DEL TFG OFERTADO

Título del trabajo:

Predicción e identificación de proteína transmembranas unipaso no comunes en el genoma de *Escherichia coli*.

Resumen estructurado en Objetivos y Plan de trabajo, reflejando una estimación de tiempo requerido para cada actividad presencial del alumno:

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 Proteintirosin 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.

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)

Palabras clave: Proteínas transmembranas, dominios únicos, predicción.

Número de alumnos por trabajo ofertado (máximo 3): 1-2

Ofertado por:

1. Profesor del Departamento
2. Profesor del Departamento junto con Empresa ó Institución
3. Propuesto por alumno (*)



2. MODALIDAD

1. Trabajo bibliográfico
2. Trabajo de investigación (*)
3. Informe o proyecto de naturaleza profesional (*)



3. DATOS DEL TUTOR Y COTUTOR (en su caso) DE LOS TFG OFERTADOS

Nombre y apellidos del tutor:

Coral del Val Muñoz

Teléfono:
958240468

Fax:
958240079

e-mail:
delval@decsai.ugr.es

Granada, 24 de Junio 2014

Fdo: Director/a del Departamento de Ciencias de la Computación