



UNIVERSIDAD
DE GRANADA



Facultad de Ciencias



BIOTECNOLOGÍA
UGR

Propuesta TFG_BIOTEC
Curso: 2018-19
DEPARTAMENTO:
Ciencias de la Computación e
Inteligencia Artificial

CÓDIGO DEL TFG: CCIA-5

1. DATOS DEL TFG OFERTADO:

Título: **Caracterización Bioinformática del complejo transmembrana SecDF**

Resumen (máx 250 palabras, estructurado en Introducción, Objetivos y Plan de trabajo):

Las proteínas transmembranas conocidas se caracterizan por tener el extremo N-terminal de la proteína 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 que interactúa 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 exterior de la célula. El resultado es una proteína anfipática.

Estas proteínas tienen una gran variedad de funciones incluyendo el control de la secreción de señales a través de los poros de la membrana de dentro afuera de la célula y viceversa. Entre estas señales se encuentran iones, moléculas de agua e incluso péptidos.

SecD y SecF son proteínas de membrana de exportación procarióticas. Son parte del complejo de exportación de proteínas multiméricas más grande que comprende SecA, D, E, F, G, Y y YajC. SecD y SecF son necesarios para mantener una fuerza motriz de protones.

La secreción a través de la membrana interna en algunas bacterias Gram-negativas se produce a través de la vía preproteína translocasa. Las proteínas se producen en el citoplasma como precursores y requieren una subunidad chaperona para dirigir las al componente translocasa. A partir de ahí, las proteínas maduras se dirigen a la membrana externa o permanecen como proteínas periplasmáticas. Las subunidades de proteína translocasa están codificadas en el cromosoma bacteriano

La translocasa en sí misma comprende 7 proteínas, que incluyen una proteína chaperona (SecB), una ATPasa (SecA), un complejo de membrana integral (SecCY, SecE y SecG) y dos proteínas de membrana adicionales que promueven la liberación del péptido maduro en el periplasma (SecD y SecF).

La comparación con las proteínas SecD y SecF de otros organismos reveló la presencia de 10 regiones conservadas en SecDF, algunas de las cuales parecen ser importantes para la función de SecDF. La proteína SecDF de *B. subtilis* tiene 12 dominios transmembrana putativos. Por lo tanto, SecDF no solo muestra similitud de secuencia sino también similitud estructural con transportadores de solutos secundarios.

El resultado del trabajo será la creación de alineamientos múltiples según grupos filogenéticos, la curación manual de los mismos y análisis posteriores del alineamiento con el fin de encontrar dichos motivos y la verdadera funcionalidad de la proteína.

Tabla de actividades y dedicación
estimada:

Planteamiento, orientación y supervisión	10
Exposición del trabajo	10
Desarrollo del trabajo	105
Preparación de la memoria	25
TOTAL (6 ECTS)	150 horas

OFERTADO POR:

Profesor del Departamento x

Profesor del Departamento junto con Empresa o Institución

Propuesto por alumno (*)

(*) En el caso de TFG propuesto por alumno, por favor completar la siguiente información sobre el mismo:

Apellidos:

Nombre:

e-mail institucional:

2. MODALIDAD: 5

1. Estudio de casos, teóricos o prácticos, relacionados con la temática del Grado
2. Elaboración de un informe o un proyecto de naturaleza profesional
3. Elaboración de un plan de empresas
4. Simulación de encargos profesionales
5. Trabajos experimentales, de toma de datos.
6. Trabajos bibliográficos sobre el estado actual de una temática relacionada con el Grado.
7. Trabajos derivados de la experiencia desarrollada en prácticas externas.

3. COMPETENCIAS Y RESULTADOS DEL APRENDIZAJE:

4. BIBLIOGRAFIA BÁSICA:

1. del Val C, Bondar L, Bondar AN. Coupling between inter-helical hydrogen bonding and water dynamics in a proton transporter. *J Struct Biol.* 2014 Apr;186(1):95-111. doi: 10.1016/j.jsb.2014.02.010. Epub 2014 Feb 24. PubMed PMID: 24576681.
2. Del Val C, Royuela-Flor J, Milenkovic S, Bondar AN. Channelrhodopsins: a bioinformatics perspective. *Biochim Biophys Acta.* 2014 May;1837(5):643-55. doi: 10.1016/j.bbabi.2013.11.005. Epub 2013 Nov 16. Review. PubMed PMID: 24252597.
3. Bondar AN, del Val C, Freites JA, Tobias DJ, White SH. Dynamics of SecY translocons with translocation-defective mutations. *Structure.* 2010 Jul 14;18(7):847-57. doi: 10.1016/j.str.2010.04.010. PubMed PMID: 20637421; PubMed Central PMCID: PMC2909450.
4. Cournia Z, Allen TW, Andricioaei I, Antonny B, Baum D, Brannigan G, Buchete NV, Deckman JT, Delemotte L, Del Val C, Friedman R, Gkeka P, Hege HC, Hénin J, Kasimova MA, Kolocouris A, Klein ML, Khalid S, Lemieux MJ, Lindow N, Roy M, Selent J, Tarek M, Tofoleanu F, Vanni S,

Urban S, Wales DJ, Smith JC, Bondar AN. Membrane Protein Structure, Function, and Dynamics: a Perspective from Experiments and Theory. *J Membr Biol.* 2015 Aug;248(4):611-40. doi: 10.1007/s00232-015-9802-0. Epub 2015 Jun 11. PubMed PMID: 26063070; PubMed Central PMCID: PMC4515176.

5. ACLARACIONES PARA EL ESTUDIANTE:

El trabajo es un trabajo bioinformático en el que conocimientos de programación en Matlab, y algo de Linux seria aconsejable. También es necesario tener la capacidad de leer textos en inglés a nivel medio.

3. DATOS DEL TUTOR/A UGR:

Apellidos: del Val Muñoz **Nombre:** Coral

Teléfono: 958240468/77952

e-mail: delval@decsai.ugr.es

**En el caso de trabajos desarrollados en Empresas u otras Instituciones ajenas a la Universidad de Granada, por favor completar la siguiente información:

TUTOR/A DE LA EMPRESA O INSTITUCIÓN:

Apellidos:

Nombre:

Empresa/Institución:

Teléfono:

e-mail: