

1. DATOS DEL TFG OFERTADO:

Título: Caracterización Bioinformática de la proteína transmembrana SecY,

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.

Este proyecto pretende que el alumno identifique, clasifique y realice un intenso y sistemático análisis bioinformático de la proteína transmembrana SecY, así como la identificación de patrones conservados relevantes a su funcionamiento.

La proteína SecY es la principal subunidad transmembrana de la vía secretora eubacteriana Sec o Tipo II y un complejo ATPasa secretora de proteínas, también conocido como translocón. La secreción de algunas proteínas que llevan un péptido señal a través de la membrana interna en 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 dentro de la membrana. A partir de ahí, las proteínas maduras se dirigen a la membrana externa o permanecen como proteínas periplasmáticas. La proteína SecY eubacteriana interactúa con las secuencias señal de las proteínas secretoras, así como con otros dos componentes del sistema de translocación de proteínas: SecA y SecE. SecY es una proteína de membrana plasmática integral de 419 a 492 residuos de aminoácidos que aparentemente contiene 10 regiones transmembrana (TM), 6 citoplásmicas y 5 regiones periplásmicas. Las regiones citoplásmicas 2 y 3, y los dominios TM 1, 2, 4, 5, 7 y 10 están bien conservados: se cree que las regiones citoplásmicas conservadas interactúan con factores de secreción citoplásmica, mientras que los dominios TM pueden participar en la exportación de proteínas. Los homólogos de SecY se encuentran en las arqueobacterias. SecY también está codificado en el genoma del cloroplasto de algunas algas donde podría estar involucrado en un sistema de exportación de proteínas tipo procariótico a través de las dos membranas del retículo endoplasmático del cloroplasto (CER) que está presente en las algas criptofitas y cromofitas.

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	100
Preparación de la memoria	30
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:

CG1 - Capacidad para la modelización, simulación y optimización de procesos y productos biotecnológicos.

CB2 - Que los estudiantes sepan aplicar sus conocimientos a su trabajo o vocación de una forma profesional y posean las competencias que suelen demostrarse por medio de la elaboración y defensa de argumentos y la resolución de problemas dentro de su área de estudio

CB3 - Que los estudiantes tengan la capacidad de reunir e interpretar datos relevantes (normalmente dentro de su área de estudio) para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética

CB4 - Que los estudiantes puedan transmitir información, ideas, problemas y soluciones a un público tanto especializado como no especializado

CB5 - Que los estudiantes hayan desarrollado aquellas habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores con un alto grado de autonomía

CT1 - Capacidad de análisis y síntesis

CT2 - Capacidad de organizar y planificar

CT3 - Capacidad de aplicar los conocimientos en la práctica y de resolver problemas

CT4 - Capacidad de comunicar de forma oral y escrita en las lenguas del Grado

CT5 - Razonamiento crítico

CT8 - Capacidad para la toma de decisiones

CT9 - Capacidad de trabajar en equipo y en entornos multidisciplinares

CE2 - Poseer habilidades matemáticas, estadísticas e informáticas para obtener, analizar e interpretar datos, y para entender modelos sencillos.

CE3 - Saber buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos (genómicos, transcriptómicos, proteómicos, metabolómicos y similares, derivados de otros análisis masivos) y de datos bibliográficos, y usar herramientas bioinformáticas básicas.

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, Freitas 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, Antony 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
Teléfono: 958 240468/77952

Nombre: Coral
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;** _____