



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Análisis bioinformático del proteoma, fosfoproteoma y acetiloma de pacientes con leucemia mieloide aguda

Descripción general (resumen y metodología):

La leucemia mieloide aguda (LMA) es una enfermedad hematológica con alta mortalidad en individuos de edad avanzada y con difícil recuperación tras episodios reincidentes. Las glicoproteínas de membrana celular destacan, entre otros, por su papel en procesos de señalización intra e intercelulares. Diversos estudios han caracterizado el proteoma y fosfoproteoma de pacientes con LMA mediante espectrometría de masas de alta resolución (EMAR), sin embargo, el estudio del acetiloma queda actualmente aun por describir entre pacientes reincidentes y pacientes no reincidentes en un intervalo de cinco años después del diagnóstico.

Muestras de pacientes con AML con y sin reincidencia han sido procesadas para el aislamiento de modificaciones postraduccionales y su posterior análisis mediante EMAR en la plataforma de proteómica de la Universidad de Sydney. Los objetivos de este proyecto TFG es el análisis estadístico y bioinformático de los raw files obtenidos con el espectrómetro de masas. Con ello, pretendemos así descubrir las diferencias cualitativas y cuantitativas de las proteínas con diversas modificaciones postraduccionales, así como las interacciones entre ellas, de estos dos grupos de pacientes LMA y explorar posibles rutas terapéuticas.

El alumno o la alumna participara en todos los pasos que implican el workflow bioinformático de proteómica, fosfoproteómica y acetolímica. Los raw files serán analizados mediante el software Proteome Discoverer o MaxQuant. El data cleaning y tratamiento estadístico serán efectuados con el software Perseus y la visualización de datos proteicos se realizarán con diferentes aplicaciones online y teniendo en cuenta diferentes databases del proteoma humano. El alumno o alumna creara diferentes ilustraciones de alta resolución para la visualización interactiva de los diferentes proteomas de estos pacientes. Los resultados serán comparados con otros estudios publicados de pacientes con diferentes enfermedades oncológicas.

Tipología: Trabajos experimentales, de toma de datos de campo o de laboratorio.

Objetivos planteados:

Actividades presenciales	Planteamiento, orientación y supervisión	10 horas
	Exposición del trabajo	1 horas
Actividades no presenciales	Estudio y trabajo autónomo dele estudiante	289 horas
Total (12 ECTS)		300 horas

Bibliografía básica:

Zhu, X. et al. Quantitative analysis of global proteome and lysine acetylome reveal the differential impacts of VPA and SAHA on HL60 cells. *Sci Rep.* 2016, 6:199926

Aasebo, E., et al. Proteome and phosphoproteome changes associated with prognosis in acute myeloid leukemia. *Cancers* 2020, 12(3), 709

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: MARIA HERNANDEZ VALLADARES

Ámbito de conocimiento/Departamento: QUÍMICA FÍSICA

Correo electrónico: mariahv@ugr.es

3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):

Nombre y apellidos:

Ámbito de conocimiento/Departamento:

Correo electrónico:

4. COTUTOR/A EXTERNO/A (en su caso):

Nombre y apellidos:

Correo electrónico:

Nombre de la empresa o institución:

Dirección postal:

Puesto del tutor en la empresa o institución:

Centro de convenio Externo:

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos:

Correo electrónico: