



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Estudio comparativo de las técnicas de co-cristalización y remojado para el análisis de interacciones proteína-ligando

Descripción general (resumen y metodología):

La función de una proteína está estrechamente relacionada con su estructura tridimensional. Por lo tanto, conocer esta conformación es clave para comprender su mecanismo molecular y modular su actividad. En este contexto, la cristalografía de rayos X es una de las técnicas más potentes para la determinación estructural de macromoléculas. Una de sus aplicaciones más relevantes es el estudio de las interacciones enzima-sustrato o enzima-inhibidor, un aspecto crucial para el diseño racional de fármacos. Sin embargo, dado que no siempre es posible co-cristalizar el complejo de interés, una estrategia alternativa consiste en cristalizar la proteína y añadir a posteriori el ligando mediante la técnica de remojado.

En este TFG se propone la cristalización de proteínas modelo como la lisozima o la concanavalina A y el análisis de su interacción con diversos compuestos (colorantes, azúcares y alcoholes), empleando y comparando las metodologías de co-cristalización y remojado.

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

Objetivos planteados:

Los objetivos planteados son:

- Cristalizar las proteínas modelo en su forma libre y en complejo con los diferentes ligandos de interés mediante las técnicas de co-cristalización y remojado.
- Analizar las interacciones estructurales que se producen en el complejo proteína-ligando.
- Comparar y evaluar los resultados obtenidos mediante el uso de ambas técnicas.

Bibliografía básica:

- Plaza-Garrido M, Salinas-Garcia MC, Alba-Elena D, Martínez JC, Camara-Artigas A. Lysozyme crystals dyed with bromophenol blue: where has the dye gone? Acta Crystallogr D Struct Biol. 2020 Sep 1;76(Pt 9):845-856.
- Gómez-Moreno & Sancho-Sanz. Estructura de Proteínas. Ed. Ariel Ciencia.
- Rupp B. Biomolecular Crystallography: Principles, Practice, and Applications to Structural Biology. Ed. Garland Science.
- Bergfors, Terese M. Ed. Protein crystallization. Internat'l University Line, 2009.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Se recomienda que el estudiante haya cursado la asignatura Estructura de Macromoléculas.

En el caso de utilizar herramientas de IA para el desarrollo de la asignatura, el estudiante debe adoptar un uso ético y responsable de las mismas. Se deben seguir las recomendaciones contenidas en el documento de "Recomendaciones para el uso de la inteligencia artificial en la UGR" publicado en esta ubicación: <https://ceprud.ugr.es/formacion-tic/inteligencia-artificial/recomendaciones-ia#contenido0>

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: MARÍA DEL CARMEN SALINAS GARCÍA

Ámbito de conocimiento/Departamento: QUÍMICA FÍSICA

Correo electrónico: mcsalinas@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: