

Título: Desarrollo de herramientas bioinformática basadas en métodos evolutivos y estructurales para el estudio de proteínas.

Tipo: PICT 2014

Fecha de inicio: 18/03/2016

Finalización: 17/09/2019

Director: Parisi, Gustavo.

Integrantes: Benítez, Guillermo; Fornasari, María Silvina; Guisande Donadio, Cristian Emanuel; Hasenahuer, Marcia Anahí; Marchetti, Julia; Monzón, Alexander Miguel; Palopoli, Nicolás; Vélez Rueda, Ana Julia y Zea, Diego Javier.

Resumen

En el presente proyecto proponemos el desarrollo de diversas herramientas bioinformáticas para el estudio de distintos aspectos relacionados con proteínas. El tema central es el uso del patrón de sustitución, aspecto que representa la descripción del cambio entre los distintos aminoácidos para cada posición de la secuencia de una determinada proteína. El conocimiento del patrón de sustitución es la base para el desarrollo de la mayoría de las herramientas bioinformáticas ya que captura las principales características secuenciales de una proteína, información con la que se pueden predecir numerosas propiedades como la estructura, función y evolución de una proteína. En este proyecto proponemos actualizar un modelo de evolución desarrollado anteriormente por nosotros cuya principal propiedad es su capacidad de derivar el patrón de sustitución a partir de condicionamientos estructurales. Este modelo ha probado ser muy eficaz para reproducir el patrón de sustitución en proteínas de distintos plegamientos y funciones. Proponemos además utilizar este modelo para la estimación filogenética utilizando en forma explícita información estructural. Además, utilizando estas filogenias y nuestro modelo evolutivo proponemos desarrollar herramientas para el estudio del patrón de sustitución para detectar determinado tipo de mutaciones o sustituciones como son las sustituciones neutras, compensatorias y finalmente sustituciones activantes. El desarrollo del presente proyecto nos proveerá con herramientas y métodos que nos permitirán profundizar nuestro conocimiento sobre el proceso evolutivo así como también lograr una mejor comprensión del efecto de las mutaciones y su efecto sobre la estructura y función proteica.

Unidad Académica: Departamento de Ciencia y Tecnología.