

# Tabla de Contenidos

<b>1. Introducción</b>	<b>1</b>
1.1. Motivación y Generalidades . . . . .	1
1.2. Descripción del proyecto . . . . .	1
<b>2. Objetivos</b>	<b>2</b>
2.1. General . . . . .	2
2.2. Específicos . . . . .	2
<b>3. Antecedentes</b>	<b>3</b>
3.1. Proteínas . . . . .	3
3.1.1. Aminoácidos . . . . .	3
3.1.2. Estructura de las proteínas . . . . .	4
3.1.2.1. Estructura primaria . . . . .	4
3.1.2.2. Estructura secundaria . . . . .	5
3.1.2.3. Estructura terciaria . . . . .	8
3.1.2.4. Estructura cuaternaria . . . . .	9
3.1.2.5. Técnicas para la determinación de la estructura terciaria . . . . .	9
3.1.3. Funciones de las proteínas . . . . .	11
3.1.4. Mutaciones . . . . .	11
3.2. Ingeniería de proteínas . . . . .	13
3.2.1. Diseño racional . . . . .	13
3.2.2. Evolución dirigida . . . . .	13
3.2.3. Diseño semiracional . . . . .	14
3.3. Métodos computacionales para proteínas . . . . .	16
3.3.1. Estrategia de representación de proteínas . . . . .	16
3.3.2. Implementación de grafos . . . . .	17
3.3.3. Detección de comunidades en grafos . . . . .	18
3.3.4. Graph Neural Network . . . . .	20
<b>4. Metodología</b>	<b>22</b>
4.1. Adquisición de datos . . . . .	22
4.1.1. Estructura secundaria . . . . .	22
4.1.2. Función enzimática . . . . .	23
4.1.3. Unión con ARN o ADN . . . . .	24
4.1.4. Variantes de p53 humana . . . . .	25
4.1.5. Parámetros de unión . . . . .	25
4.1.6. Afinidad con distintos sustratos . . . . .	26
4.2. Generación de grafos . . . . .	26

4.2.0.1. Implementación . . . . .	29
4.3. Detección de comunidades . . . . .	29
4.3.0.1. Implementación . . . . .	30
4.4. Comparación de grafos . . . . .	30
4.4.0.1. Implementación . . . . .	31
4.5. Graph Convolutional Networks . . . . .	31
4.5.1. Implementación . . . . .	32
<b>5. Resultados</b>	<b>33</b>
5.1. Adquisición de datos . . . . .	33
5.1.1. Estructura secundaria . . . . .	33
5.1.2. Función enzimática . . . . .	34
5.1.3. Unión con ARN o ADN . . . . .	34
5.1.4. Variantes de p53 humana . . . . .	35
5.1.5. Parámetros de unión . . . . .	35
5.1.6. Afinidad con distintos sustratos . . . . .	36
5.2. Generación de grafos . . . . .	36
5.3. Detección de comunidades . . . . .	37
5.4. Comparación de grafos . . . . .	43
5.4.1. Grafos Carbono alfa-Distancia . . . . .	43
5.4.1.1. C141Y . . . . .	44
5.4.1.2. G244D . . . . .	44
5.4.1.3. P278L . . . . .	45
5.4.1.4. T284E . . . . .	45
5.4.2. Grafos Centroide-Distancia . . . . .	45
5.4.2.1. C141Y . . . . .	46
5.4.2.2. G244D . . . . .	46
5.4.2.3. P278L . . . . .	47
5.4.2.4. T284E . . . . .	48
5.4.3. Grafos Interacciones intermoleculares . . . . .	49
5.4.3.1. C141Y . . . . .	49
5.5. Graph Convolutional Networks . . . . .	55
<b>6. Discusiones</b>	<b>58</b>
6.1. Adquisición de datos . . . . .	58
6.2. Generación de grafos . . . . .	58
6.3. Detección de comunidades . . . . .	60
6.4. Comparación de grafos . . . . .	62
6.5. Graph Convolutional Network . . . . .	64
<b>7. Conclusiones</b>	<b>66</b>
<b>Bibliografía</b>	<b>69</b>
<b>Anexos</b>	<b>74</b>
<b>A. Nomenclatura de mutaciones</b>	<b>75</b>

<b>B. Predicción del efecto de mutaciones puntuales sobre la proteína p53 humana</b>	<b>76</b>
<b>C. Parámetros de detección de comunidades para cada variante</b>	<b>83</b>
<b>D. Similitud entre las comunidades de la proteína nativa y ciertas variantes de interés</b>	<b>142</b>
D.1. Grafos Carbono alfa-Distancia . . . . .	142
D.1.1. C141Y . . . . .	142
D.1.2. G244D . . . . .	143
D.1.3. P278L . . . . .	143
D.1.4. T284E . . . . .	144
D.2. Grafos Centroide-Distancia . . . . .	145
D.2.1. C141Y . . . . .	145
D.2.2. G244D . . . . .	148
D.2.3. P278L . . . . .	151
D.2.4. T284E . . . . .	152
D.3. Grafos Interacciones intermoleculares . . . . .	153
D.3.1. C141Y . . . . .	153
<b>E. Representación visual de detección de comunidades para grafos de interacción intermolecular</b>	<b>163</b>