

PROTEÓMICA: TÉCNICAS Y APLICACIONES

OBJETIVOS:

El objetivo fundamental es formar a profesionales de las Ciencias de la Salud en las tecnologías proteómicas, con especial énfasis en:

Análisis de proteomas mediante separación de las mezclas proteicas por electroforesis bidimensional (2D) o cromatografía.

Análisis de péptidos mediante espectrometría de masas para la identificación de proteínas por huella peptídica o fragmentación.

Proteómica de expresión diferencial (DIGE, iTRAQ, SILAC, etc.).

Manejo de bases de datos y herramientas bioinformáticas para el análisis de proteínas y la integración de los resultados obtenidos en los experimentos proteómicos.

Para ello se ofrecerán los conocimientos teórico-prácticos necesarios para comprender y manejar la metodología proteómica, así como una visión del estado actual del tema, sus aplicaciones y posibilidades.

PROGRAMA:

- **Introducción.**
 - Proteómica: perspectivas y posibilidades.
 - Introducción a la tecnología Proteómica.

- **Proteómica.**
 - Preparación de extractos proteicos. Proteomas y subproteomas.
 - Electroforesis mono y bidimensional de proteínas.
 - Técnicas inmunológicas de análisis de proteínas.
 - Cromatografía de péptidos.
 - Espectrometría de masas MALDI-TOF. Identificación de proteínas mediante huella peptídica.
 - Espectrometría de masas en tándem (MS/MS): secuenciación de péptidos.
 - Modificaciones post-traduccionales.
 - Análisis de complejos protéicos.
 - Expresión de proteínas y chips de proteínas.
 - Proteómica de expresión diferencial en gel, DIGE.
 - Proteómica de expresión sin gel: ICAT, iTRAQ, SILAC.
 - Aplicaciones de la proteómica en el campo de la Biomedicina: desarrollo de vacunas y métodos de diagnóstico.
 - Biotecnología en la era post-genómica.
 - El Proteoma humano.
 - ProteoRed (Red de Servicios de Proteómica) y EUPA (Asociación Europea de Sociedades de Proteómica).

- **Bioinformática.**
 - Programas de análisis y comparación de geles bidimensionales.
 - Análisis bioinformático de los espectros para la identificación de proteínas mediante huella peptídica, etiqueta de secuencia y secuenciación de novo.
 - Bases de Datos de proteínas.
 - Comparación de secuencias. BLAST y Psi-BLAST. Comparaciones múltiples.

- Búsquedas de homólogos en bases de datos secundarias.
- Herramientas de análisis de secuencias proteicas.
- Integración de datos:
 - LIMS.
 - Búsqueda dinámica de información a partir de bases de datos biológicas (PIKE).
 - Búsqueda de información a partir de textos bibliográficos (Text Mining).
 - Representación gráfica de los datos.

ACTIVIDADES PRÁCTICAS:

Obtención y cuantificación de extractos proteicos totales.

Análisis proteico mediante "western blotting".

Electroforesis bidimensional de proteínas.

2d-dige: uso de fluorocromos para proteómica de expresión (demostración).

Identificación de proteínas mediante huella peptídica.

Identificación de proteínas mediante etiqueta de secuencia.

Secuenciación *de novo*.

Identificación de proteínas en solución mediante cromatografía líquida acoplada a electrospray y espectrometría de masas *en tandem* (trampa iónica y q-tof).

Proteómica de expresión sin gel mediante itraq (demostración).

Bioinformática.

PROFESORADO:

- D. Javier Arroyo, UCM.
- D. Benito Cañas.
- D^a Concha Gil García, UCM.
- D. Víctor Jiménez Cid, UCM.
- D^a M^a Aranzazu Llama Palacios, UCM.
- D. Humberto Martín Brieva, UCM.
- D^a Raquel Martínez López, UCM.
- D^a María Molina Martín, UCM.
- D^a Gloria Molero Martín-Portugués, UCM.
- D^a Lucía Monteoliva, UCM.
- D. César Nombela, UCM.
- D. Federico Navarro García, UCM.
- D. Jesús Pla Alonso, UCM.
- D. Juan Alberto Medina Muñón, CSIC.
- D^a María Luisa Hernández Sánchez, UCM-PCM.
- D^a María Dolores Gutiérrez.
- D^a Monserrat Martínez Gomarís, UCM-PCM.
- D. Antonio Serna Sanz, UCM-ProteoRed.
- D^a Pilar Ximénez.