



## PROGRAMA DEL CURSO

### Proteómica: técnicas y aplicaciones. Cód. L12

#### DIRECTORES:

Dr. D. César Nombela Cano y Dra. D<sup>a</sup> Concepción Gil García.

#### ESCUELA EN LA QUE SE INSCRIBE:

Escuela de Salud y Biomedicina.

#### HORARIO DEL CURSO:

Mañanas de 9:00 a 14:00 horas, de lunes a viernes.

#### NÚMERO DE ALUMNOS:

20.

#### PERFIL DEL ALUMNO:

El curso va dirigido a licenciados en ciencias Biomédicas como, Farmacia, Medicina, Veterinaria, Bioquímica, Biología etc., o a jóvenes investigadores de estas mismas áreas, con interés en adquirir conocimientos teóricos profundos sobre el estado actual de la Proteómica, así como las habilidades prácticas necesarias para la utilización de las técnicas más utilizadas en este área de investigación.

#### 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 proteicos.**
  - **Expresión de proteínas y chips de proteínas.**
  - **Proteómica de expresión diferencial en gel, DIGE.**
  - **Proteómica de expresión sin gel: iTRAQ, SILAC.**
  - **Aplicaciones de la proteómica en el campo de la Biomedicina: desarrollo de vacunas y métodos de diagnóstico.**
  - **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.
  - Identificación de proteínas. 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.
  - Cuantificación de proteínas.
  - Validación e integración de datos.

#### **ACTIVIDADES PRÁCTICAS:**

- Cuantificación de extractos proteicos totales.
- 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 tándem.
- Bioinformática.

#### **PROFESORADO:**

- D. Juan Pablo Albar, UCM.
- D. Javier Arroyo, UCM.
- D. Benito Cañas, UCM.
- D<sup>a</sup> Concha Gil, UCM.
- D. Víctor Jiménez, UCM.
- D. Salvador Martínez de Bartolomé, UCM.
- D. Alberto Medina, UCM.
- D<sup>a</sup> María Molina, UCM.
- D<sup>a</sup> Gloria Molero, UCM.
- D<sup>a</sup> Lucía Monteoliva, UCM.
- D. César Nombela, UCM.
- D<sup>a</sup> Aida Pitarch, UCM.
- D. Jesús Vazquez, UCM.
- D. Fernando Vivanco, UCM.