

PATROCINADORES



Thermo Fisher
SCIENTIFIC



ORGANIZADO POR



Centro Nacional de Biotecnología

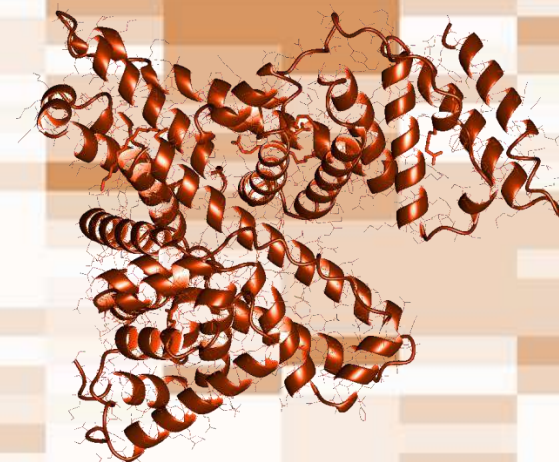
C/ Darwin 3
Campus de Cantoblanco
28049 Madrid
Tel. 91 585 45 40
91 585 46 95

EN TREN

Estación Cantoblanco Universidad
(RENFE cercanías, líneas C1, C7 y C10)

EN AUTOBÚS

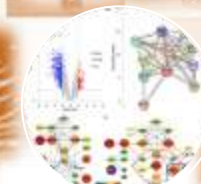
Parada Universidad Autónoma
(Centro Nacional de Biotecnología)
Líneas: 714, 827, 827A y 828.



IX CURSO DE PROTEÓMICA CUANTITATIVA



**ESTRATEGIA
LABEL-FREE**



**MARCAJE
iTRAQ/TMT**

**ANÁLISIS
FUNCIONAL**

**30 de Sept - 04 de Octubre de 2019
Centro Nacional de Biotecnología**



C/ Darwin, 3
Cantoblanco
28049-Madrid
Tel. 915 854 500
Fax 915 854 506



IX Curso de Proteómica Cuantitativa

La proteómica permite la identificación y caracterización (i.e, modificaciones postraduccionales) de las proteínas presentes en proteomas y subproteomas complejos. El desarrollo de métodos más potentes de fraccionamiento de muestras complejas, combinado con el empleo de nuevos reactivos químicos y herramientas bioinformáticas, ha añadido una nueva dimensión al análisis proteómico, permitiendo comparar proteomas complejos mediante espectrometría de masas: es la proteómica cuantitativa o diferencial. Así, es posible identificar las proteínas implicadas en multitud de procesos biológicos, incluyendo estados patológicos (biomarcadores), de interés en biomedicina.

Este curso de proteómica cuantitativa ofrece una exhaustiva mirada sobre algunas de las aproximaciones experimentales más utilizadas en proteómica diferencial. A lo largo de cuatro días se analizarán en detalle técnicas libres de marcaje ("label-free") o con marcaje isotópico diferencial (TMT y iTRAQ), seguido de fraccionamiento por cromatografía líquida y análisis mediante espectrometría de masas. Asimismo, se describirán técnicas de proteómica cuantitativa dirigida (MRM). El curso incluye clases teóricas así como demostraciones prácticas en el laboratorio, llevadas a cabo por los profesores, de las diversas técnicas de proteómica cuantitativa enseñadas, lo que permitirá al investigador familiarizarse con estas técnicas y descubrir todo su potencial.

Precio del curso: (I.V.A. no incluido)

- 450 € (personal del CNB y estudiantes de doctorado)
- 650 € (resto de alumnos)

Incluye el material didáctico, además de los cafés indicados en el programa.

Registro: (15 de Mayo al 30 de Junio)

Registro: <http://proteo.cnb.csic.es/qproteomics/>

Los organizadores se reservan el derecho a no celebrar el curso si no se cubre un número mínimo de inscripciones

PROGRAMA

Lunes, 30 de Sept. de 2019

14:30 Llegada y acreditación

- 15:00 Descripción del curso
Dr. A. Paradela
- 15:10 Proteómica: principios generales
Dr. F. J. Corrales
- 16:00 Introducción a la Espectrometría de Masas (MS)
Dr. F. J. Corrales
- 16:45 Análisis de datos en Proteómica I
A. Ramos (Proteobotics S.L.)

Martes, 01 de Octubre de 2019

- 10:00 Descripción de la muestra
S. Ciordia
- 10:10 Preparación de muestras: principios generales
S. Ciordia
- 10:45 Principios de cuantificación por MS
R. Navajas

11:30 Café

(los grupos se irán intercambiando en las sesiones prácticas)

- 12:00 Fundamentos de MRM
Dr. A. Paradela
- 12:45 Análisis LC-QTrap (1ª parte)
Dr. A. Paradela

13:30 Comida

- 15:00 Análisis LC-QTrap (2ª parte)
Dr. A. Paradela
- 16:00 Análisis de datos MRM: Identific./Cuantific.
Dr. A. Paradela

Miércoles, 02 de Octubre de 2019

- 10:00 SILAC: principios generales
Dr. M. Marcilla
- 10:45 Análisis de datos en Proteómica II
A. Ramos (Proteobotics S.L.)

11:30 Café

(los grupos se irán intercambiando en las sesiones prácticas)

- 12:00 Preparación de las muestras por LFQ
R. Navajas

- 12:45 Análisis LC-ESI-MS/MS TRIPLE-TOF (1ª parte)
R. Navajas

13:30 Comida

- 15:00 Análisis LC-ESI-MS/MS TRIPLE-TOF (2ª parte)
R. Navajas
- 16:00 Análisis de datos de LFQ: Identific./Cuantific.
R. Navajas

Jueves, 03 de Octubre de 2019

- 10:00 2D-DIGE: principios generales
Dr. A. Paradela
- 10:45 Análisis de datos en Proteómica III
A. Ramos (Proteobotics S.L.)

11:30 Café

(los grupos se irán intercambiando en las sesiones prácticas)

- 12:00 Digestión y marcaje de muestras con iTRAQ/TMT
S. Ciordia
- 12:45 Análisis LC-ESI-MS/MS TRIPLE-TOF (1ª parte)
S. Ciordia

13:30 Comida

- 15:00 Análisis LC-ESI-MS/MS TRIPLE-TOF (2ª parte)
S. Ciordia
- 16:00 Análisis de datos de iTRAQ/TMT: Identific./Cuantific.
S. Ciordia

Viernes, 04 de Octubre de 2019

- 10:00 Herramientas Bioinformáticas de Análisis Funcional I
Pendiente de confirmar

10:45 Café

- 11:15 Herramientas Bioinformáticas de Análisis Funcional II
Pendiente de confirmar

- 12:00 Puesta en común de los resultados. Discusión. Dudas
Mesa redonda