

PATROCINADORES



ORGANIZADO POR



Plataforma en Red de Proteómica Carlos III



Instituto de Salud Carlos III

Centro Nacional de Biotecnología

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

EN TREN

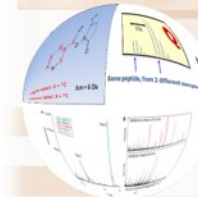
Estación Cantoblanco Universidad
(RENFE cercanías, líneas C1, C7 y C10)

EN AUTOBÚS

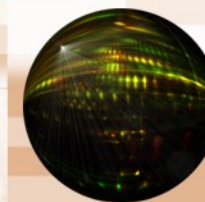
Parada Universidad Autónoma
(Centro Nacional de Biotecnología)
Líneas: 714, 827, 827A y 828.



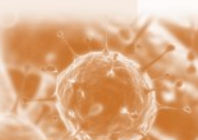
VII CURSO DE PROTEÓMICA CUANTITATIVA



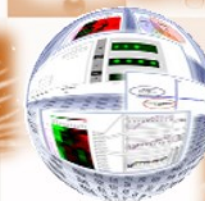
MARCAJE ICPL



2D-DIGE



MARCAJE ITRAQ



HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS

12-16 de Junio de 2017

Centro Nacional de Biotecnología



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



"Una manera de hacer Europa"

VII 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). Se trata, por tanto, de una herramienta de enorme interés en biomedicina.

Este curso de Proteómica Cuantitativa pretende ofrecer una exhaustiva visión teórica y práctica de algunas de las aproximaciones experimentales más utilizadas en proteómica diferencial. A lo largo de cuatro días se analizarán en detalle técnicas como el marcaje isotópico diferencial con reactivos como ICPL y iTRAQ, seguido de fraccionamiento por cromatografía líquida y análisis mediante espectrometría de masas y técnicas de proteómica cuantitativa dirigida (MRM). Las clases teóricas se combinarán con clases prácticas que permitirán al investigador familiarizarse con estas técnicas y descubrir todo su potencial.

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

- 450 € (estudiantes de doctorado)
- 650 € (resto de alumnos)

Incluye el material didáctico, además de los cafés y las comidas indicadas en el programa.

Registro: 01 de Abril al 01 de Mayo

Contactar con: protcuantitativa@proteored.org

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

PROGRAMA

Lunes, 12 de Junio de 2017

14:30 Llegada y acreditación

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

Martes, 13 de Junio de 2017

- 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: Identificación/Cuantificación**
Dr. A. Paradela

Miércoles, 14 de Junio de 2017

- 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 Digestión y marcaje de muestras con ICPL**
R. Navajas

- 12:45 Análisis LC-ESI IonTrap MSMS (1ª parte)**
R. Navajas

13:30 **Comida**

- 15:00 Análisis LC-ESI IonTrap MSMS (2ª parte)**
R. Navajas
- 16:00 Análisis de datos de ICPL: Identificación/Cuantificación**
R. Navajas

Jueves, 15 de Junio de 2017

- 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**
S. Ciordia
- 12:45 Análisis LC-ESI-QTOF MSMS (1ª parte)**
S. Ciordia

13:30 **Comida**

- 15:00 Análisis LC-ESI-QTOF MSMS (2ª parte)**
S. Ciordia
- 16:00 Análisis de datos de iTRAQ: Identificación/Cuantificación**
S. Ciordia

Viernes, 16 de Junio de 2017

- 10:00 Introducción a la proteogenómica**
D. Tabas

10:45 **Café**

- 11:15 Herramientas de análisis bioinformático**
D. Tabas

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