

## **Segunda parte del ejercicio**

Desarrolle una sola pregunta  
90 minutos

### **Desarrollar uno de los siguientes ejercicios**

#### **Supuesto 1**

En un experimento de proteómica se quieren estudiar los cambios en el fosfoproteoma producidos por el tratamiento con un fármaco de una línea celular tumoral. Para ello, se plantea un experimento utilizando SILAC para comparar una muestra de las células sin tratar con una muestra de las células tratadas durante 6h con el fármaco. Describa brevemente cada una de las etapas que habría que llevar a cabo para la realización del experimento, desde la preparación de muestra hasta el análisis de datos. Dibuje un esquema que resuma el diseño completo del experimento.

#### **Supuesto 2**

Se quiere llevar a cabo un estudio para comparar los cambios en los niveles de proteínas secretadas al medio (secretoma) de una línea celular tumoral tras el tratamiento con un fármaco experimental. Para ello se recogen los medios de cultivo células control (sin tratar) y de células tratadas con el fármaco. El experimento se lleva a cabo utilizando 5 réplicas de cada uno de los medios. Describa brevemente cada una de las etapas que habría que llevar a cabo para la realización de un experimento de proteómica cuantitativa utilizando reactivos TMT10 para comparar las 10 muestras. Dibuje un esquema que resuma el diseño completo del experimento.

#### **Supuesto 3**

Se ha llevado a cabo un estudio proteómico en que se ha analizado el tejido adiposo de unos ratones modelo que presentan diabetes, en comparación con los de ratones wild-type no diabéticos. Como resultado de este estudio, se han identificado varias proteínas cuya secreción al medio extracelular está aumentada en los ratones diabéticos. Se dispone de resultados de diez proteínas candidatas, para las que se han identificado varios péptidos en cada caso, con diferentes intensidades de señal en el análisis LC-MS realizado.

En una segunda fase del proyecto, se quiere investigar la presencia de estas proteínas en el plasma de los ratones modelo, y comparar cuantitativamente su concentración en plasma. Explique que pasos seguiría para desarrollar un método que permita el análisis proteómico dirigido de estas diez proteínas en muestras de plasma.