

TEMARIO

Técnico/a Superior SGIker (Proteómica) Grupo 1

1. Sistemas de gestión de la prevención de riesgos laborales en la Universidad. La integración de la prevención en la Gestión. La asignación de responsabilidades. La participación de los trabajadores en la prevención de riesgos laborales. Órganos de representación y participación.
2. Ley 4/2005, de 18 de febrero, para la Igualdad de Hombres y Mujeres: objeto y fin de la norma. Principios generales. Medidas para promover la igualdad en la normativa y actividad administrativa. III Plan de Igualdad en la Universidad del País Vasco / Euskal Herriko Unibertsitatea (2019-2022).
3. Definición de Proteómica. Principales técnicas de separación y caracterización en el análisis proteómico.
4. Técnicas de preparación de muestra para el análisis proteómico: preparación de extractos proteicos. Sonicación. Desnaturalizantes y detergentes. Precipitación de proteínas.
5. Concentración y dialisis por ultrafiltración.
6. Digestión enzimática de proteínas.
7. Purificación de digeridos de proteínas. Cartuchos y microcolumnas de fase reversa y SCX (Zip-Tip).
8. Electroforesis bidimensional de proteínas.
9. Electroforesis diferencial 2D-DIGE con marcaje fluorescente
10. Herramientas de análisis de Imagen para la proteómica basada en 2D-electroforesis.
11. Espectrometría de Masas. Componentes principales de un Espectrómetro de Masas. Conceptos básicos: relación masa/carga, resolución, precisión y exactitud.
12. Principales tipos de analizadores utilizados en el análisis proteómico. Cuadrupolo. Trampa iónica. TOF. Orbitrap.
13. Espectrometría de masas MALDI-TOF de biomoléculas.
14. Identificación de proteínas por huella peptídica.

15. Cromatografía líquida HPLC de fase reversa de péptidos. Tipos de columnas y fases. Cromatografía a escala nano.
16. Espectrometría de masas Electrospray. Acoplamiento cromatografía líquida-espectrometría de masas.
17. Espectrometría de masas tandem MS-MS. Principales series de iones en los espectros de fragmentación de péptidos y nomenclatura. Fragmentación CID i ETD.
18. Secuenciación de péptidos de novo por espectrometría de masas.
19. Identificación de péptidos a partir de espectros de fragmentación MS-MS por búsqueda frente a bases de datos. Herramientas bioinformáticas: motores de búsqueda. Sequest, Mascot, Peaks, MaxQuant.
20. Principales bases de datos utilizadas en análisis proteómico. Uniprot, SwisProt, NCBI, Nextprot.
21. Modos de adquisición en LC-MS. Data Dependent Acquisition (DDA) y Data Independent Acquisition (DIA).
22. Análisis cuantitativo por LC-MS. Concepto de Extracted Ion Chromatogram (EIC).
23. Análisis proteómico LC-MS cuantitativo sin marcaje (label-free) basado en contaje espectral.
24. Análisis proteómico LC-MS cuantitativo sin marcaje (label-free) basado en la intensidad de señales de MS. Herramientas bioinformáticas de análisis (MaxQuant, Progenesis, otros)
25. Análisis proteómico LC-MS cuantitativo basado en marcaje isotópico no isobárico por derivatización química: ICAT, ICPL, dimetil)
26. Análisis proteómico LC-MS cuantitativo basado en marcaje isotópico no isobárico por marcaje metabólico (SILAC)
27. Análisis proteómico LC-MS cuantitativo basado en marcajes isotópicos isobáricos (ITRAQ, TMT)
28. Análisis proteómico de modificaciones post-traduccionales en proteínas.
29. Análisis fosfoproteómico. Métodos de preparación de muestra y enriquecimiento.
30. Análisis proteómico dirigido MRM. Concepto de Transición.

31. Análisis proteómico dirigido PRM.
32. Cuantificación absoluta de péptidos. Patrones marcados isotópicamente.
33. Proteómica Topdown. Análisis de proteínas puras. Modos de fragmentación. Análisis acoplado a cromatografía de proteínas.
34. Proteómica de muestras clínicas. Métodos de depleción de proteínas abundantes.
35. Imagen de tejidos por espectrometría de masas MALDI

Bibliografía sugerida

1. Manual de Proteómica, Volúmenes I y II. Sociedad Española de Proteómica:
2. <http://www.seprot.es/proteomica>
3. Tutoriales y artículos de revisión de la Proteomics Core Facility del EMBL:
4. https://www.embl.de/proteomics/proteomics_services/links_tutorials/bookshelf/index.html
5. Tutoriales del laboratorio de Proteómica del Broad Institute:
6. <https://www.broadinstitute.org/proteomics/tutorials-and-workshops>
7. Secciones de la web de ThermoFisher, descripciones, notas de aplicación y ebooks:
8. Overview of Mass Spectrometry for Protein Analysis
9. <https://www.thermofisher.com/es/es/home/life-science/protein-biology/protein-biology-learning-center/protein-biology-resource-library/pierce-protein-methods/overview-mass-spectrometry.html>
10. Proteomics Mass Spectrometry:
11. <https://www.thermofisher.com/es/es/home/industrial/mass-spectrometry/proteomics-mass-spectrometry.html>
12. A biologist's guide to modern techniques in quantitative proteomics
13. <https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/CMD/brochures/xx-65639-ms-biologist-guide-proteomics-xx65639-en.pdf>
14. Protein Sample Preparation for Mass Spectrometry
15. <https://www.thermofisher.com/es/es/home/life-science/protein-biology/protein-biology-learning-center/protein-biology-resource-library/pierce-protein-methods/sample-preparation-mass-spectrometry.html>
16. Sample Preparation for Mass Spectrometry
17. <https://www.thermofisher.com/es/es/home/life-science/protein-biology/protein-mass-spectrometry-analysis/sample-prep-mass-spectrometry.html>
18. Peptide Enrichment and Fractionation for Mass Spectrometry

19. <https://www.thermofisher.com/es/es/home/life-science/protein-biology/protein-mass-spectrometry-analysis/sample-prep-mass-spectrometry/peptide-enrichment-fractionation-mass-spectrometry.html>