

UNIDAD	IZTAPALAPA	DIVISION	CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD	1 / 5
NOMBRE DEL PLAN LICENCIATURA EN BIOLOGIA EXPERIMENTAL				
CLAVE	UNIDAD DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE		CRED.	10
2342043	PROTEOMICA		TIPO	OPT.
H. TEOR. 4.0	SERIACION		TRIM.	V-XII
H. PRAC. 2.0	112 CREDITOS			

OBJETIVO(S) :

Objetivo General:

Que al final de la UEA el alumno sea capaz de:

Conocer y profundizar en los fundamentos teóricos y en el desarrollo práctico de la tecnología Proteómica, incidiendo en sus problemas y su posible resolución. También que sea capaz de dar una visión de las diferentes aplicaciones actuales de la Proteómica.

Objetivos Específicos:

Que al final de la UEA el alumno sea capaz de:

- Conocer los alcances y limitaciones de las técnicas de la proteómica en el análisis de los proteomas.
- Conocer las implicaciones de la proteómica en áreas biológicas como la medicina, la agricultura, la ganadería, etc.

CONTENIDO SINTETICO:

1. Conceptos básicos de proteómica.
 - 1.1 Campos de investigación de la proteómica.
 - 1.2 Aproximaciones al estudio de la proteómica.
2. Técnicas de separación de proteínas.
 - 2.1 Electroforesis bidimensional (2DE).
 - 2.1.1 Obtención de la muestra.
 - 2.1.2 Primera dimensión. Isoelectroenfoque. IPG (immobilized pH gradients).
 - 2.1.3 Segunda dimensión. SDS-PAGE.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344

EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 2342043

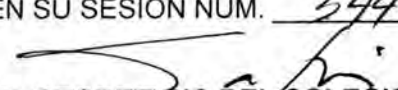
PROTEOMICA

- 2.1.4 Resolución de problemas asociados a la técnica.
- 2.1.5 Limitaciones del 2DE (rango dinámico de expresión, proteínas hidrofóbicas, etc).
- 2.1.6 Visualización de las proteínas y análisis de imagen.
- 2.1.7 Métodos de tinción: Coomassie, plata, métodos fluorescentes.
- 2.1.8 Proteómica de expresión diferencial: 2D-DIGE.
- 2.1.9 Análisis de imágenes.
- 2.2 Cromatografía líquida
 - 2.2.1 Cromatografía de intercambio iónico o de exclusión por tamaño (SEC) (Primera dimensión).
 - 2.2.2 Cromatografía de fase reversa (RP) (Segunda dimensión).
 - 2.2.3 Cromatografía MudPit (Multidimensional Protein Identification Technology).
3. Análisis y Caracterización de proteínas mediante espectrometría de masas (MS).
 - 3.1 Principios y elementos esenciales del espectrómetro de masas.
 - 3.2 Electropray (ESI).
 - 3.2.1 Cromatografía líquida acoplada a electropray.
 - 3.3 MALDI (Matrix Assisted Laser Desorption/Ionization).
 - 3.3.1 Obtención de la huella peptídica (MALDI-TOF).
 - 3.3.2 Identificación contra bases de datos. FingerPrinting .
 - 3.3.3 Bases de Datos.
4. Modificaciones post-traduccionales.
 - 4.1 Análisis de las modificaciones post-traduccionales de las proteínas.
 - 4.1.1 Fosfoproteomas.
 - 4.1.2 Nitroproteoma.
5. Proteómica cuantitativa: ICAT, ITRAQ, SILAC.
6. Secuenciación de péptidos (MS/MS).
7. SELDI (Surface-enhanced laser desorption/ionization).
8. Aplicaciones de la Proteómica.
 - 8.1 Oncoproteómica.
 - 8.2 Proteómica cardiovascular.
 - 8.3 Proteómica Vegetal.



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344
EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 2342043

PROTEOMICA

MODALIDADES DE CONDUCCION DEL PROCESO DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE:

Exposición de los conceptos básicos por parte del profesor y la participación activa de los alumnos en el proceso de enseñanza-aprendizaje. Para lograr la metas se utilizará material didáctico: ilustraciones, diaporamas, audiovisuales, artículos originales y de revisión, mapas conceptuales etc. Se propiciará la participación activa del alumno en la adquisición del conocimiento mediante lectura de artículos originales, la resolución de casos y problemas, seminarios y de preguntas intercaladas y de reflexión, entre otras.

Se realizarán actividades de laboratorio mediante prácticas que realizará el alumno supervisado por el profesor, en donde se busca que el alumno adquiera la destreza en el uso y manejo adecuado del material biológico, el equipo de laboratorio, el análisis y contraste de resultados.

Se fomentará que el alumno desarrolle actitudes críticas, analíticas y creativas, así como la capacidad de comunicación oral y escrita de los conocimientos del curso.

MODALIDADES DE EVALUACION:

Evaluación Global:

Evaluaciones periódicas utilizando pruebas objetivas y de ensayo, que evalúen la adquisición, comprensión, análisis, aplicación, el grado de profundización de los conceptos y la capacidad de síntesis y jerarquía de los conocimientos. Presentación de un mínimo de dos evaluaciones periódicas escritas, actividades que el profesor considere conveniente aplicar e informe o reporte de las prácticas de laboratorio. Los factores de ponderación para cada actividad serán definidos a juicio del profesor y se darán a conocer a los alumnos al inicio del curso.

Evaluación de Recuperación:

Incluirá los conocimientos teóricos y prácticos adquiridos durante el curso, podrá ser global o complementaria, a juicio del profesor.

BIBLIOGRAFIA NECESARIA O RECOMENDABLE:

Necesaria:



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADÉMICO
EN SU SESION NUM. 374
EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 2342043

PROTEOMICA

1. Bollag, D. M. et al. 1991. Protein extraction, in Protein Methods, Wiley-Liss, New York. USA.
2. Bushey, M.M., Jorgenson, J.W. 1990. Automated instrumentation for comprehensive two dimensional high-performance liquid chromatography of proteins. Analytical Chemistry 62(2): 61-167.
3. Corthals, G.L., Wasinger, V.C., Hochstrasser, D.F., Sanchez, J.C. 2000. The dynamic range of proteins expression: A challenge for proteomic research. Electrophoresis 21: 1104-1115.
4. Davis, M.T., Beierle, J., Bures, E.T., McGinley, M.D., Mort, J., Robinson, J.H., Spahr, C.S., Yu, W., Luethy, R., Patterson, S.D. 2001. Automated LC-LC-MS-MS platform using binary ion-exchange and gradient reversed-phase chromatography for improved proteomic analyses, Journal of chromatography. B, Biomedical Sciences and Applications 752(2): 281-291.
5. Fenn, J.B., Mann, M., Meng, C.K., Wong, S.F., Whitehouse, C.M. 1989. Electrospray ionization for mass spectrometry of large biomoléculas, Science. 246(4926): 64-71.
6. Ficarro, S.B., McClelland, M.L., Stukenberg, P.T., Burke, D.J., Ross, M.M., Shabanowitz, J., Hunt, D.F., White, F.M. 2002. Phosphoproteome analysis by mass spectrometry and its application to Saccharomyces cerevisiae, Nature Biotechnology 20(3): 301-305.
7. Gauss, C., Kalkum, M., Lowe, M., Lehrach, H., Klose, J. 1999. Analysis of the mouse proteome. (I) Brain proteins: Separation by two-dimensional electrophoresis and identification by mass spectrometry and genetic variation. Electrophoresis 20: 575-600.
8. Gygi, S. P., Rist, B., Gerber, S. A., Turecek, F., Gelb, M. H., Aebersold, R. 1999. Quantitative analysis of complex protein mixtures using isotope-coded affinity tags. Nature Biotechnology 17(10): 994-999.
9. Gorg, A., Obermaier, G.B., Boguth, G., Harder, A., Scheibe, B., Wildgruber, R., Weiss, W. 2000. The current state of two-dimensional electrophoresis with immobilized pH gradients. Electrophoresis 21: 1037-1053.
10. Hann Oteen, M. Matthias Mann, L. 2004. The ABC (and XYZ'S) of peptide sequencing. Nature Reviews 5: 699-711.
11. Issaq, H.J., Veenstra, T.D., Conrads, T.P., Felschow, D. 2002. The SELDI-TOF MS approach to proteomics: protein profiling and biomarker identification. Biochemical and Biophysical Research Communications 292: 587-592.
12. Ji J, A., Chakraborty, M., Geng, X., Zhang, A., Amini, M., Bina, L., Regnier, F. 2000. Strategy for qualitative and quantitative analysis in proteomics based on signature peptides, Journal of Chromatography 745(1): 197-210.
13. Karas, M., Hillenkamp, F. 1988. Laser desorption ionization of proteins with molecular masses exceeding 10,000 daltons, Analytical Chemistry



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344
EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 2342043

PROTEOMICA

- 60(20): 2299-301.
14. Medzihradsky, K.F., Campbell, J.M., Baldwin, M.A., Falick, A.M., Juhasz, P., Vestal, M.L., Burlingame, A.L. 2000. The characteristics of peptide collision-induced dissociation using a high-performance MALDI-TOF/TOF tandem mass spectrometer, *Analytical Chemistry* 72(3): 552-558.
 15. Samson, J., Richard, S., Donald, C. 2009. Auditory proteomics: Methods, accomplishments and challenges. *Brain Research* 10: 1016-1026.
 16. Tanaka, K., Waki, H., Ido, Y., Akita, S., Yoshida, Y. Yoshida, T. 1988. Protein and polymer analysis of up to m/z 100,000 by laser ionization time-of-flight mass spectrometry, *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 2: 151-153.
 17. Vitzthum, F., Behrens, F., Anderson, N.L., Shaw, J.H. 2005. Proteomics: from basic research to diagnostic application. A review of requirements and needs. *Journal of Proteome Research* 4:1086-1097.
 18. Washburn, M.P., Wolters, D., Yates, J.R. 3rd. 2001. Large-scale analysis of the yeast proteome by multidimensional protein identification technology. *Nature Biotechnology* 19(3): 242-247.
 19. Whitehouse, C.M., Dreyer, R.N., Yamashita, M., Fenn, J.B. 1985. Electrospray interface for liquid chromatographs and mass spectrometers. *Analytical Chemistry*, 57(3): 675-679.
 20. Wool, A., Smilansky, Z. 2002. Precalibration of matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight spectra for peptide mass fingerprinting. *Proteomics* 2(10): 1365-73.
 21. Yergey, A.L., Coorssen, J.R., Backlund, P.S. Jr, Blank, P.S., Humphrey, G.A., Zimmerberg, J., Campbell, J.M., Vestal, M.L. 2002. De novo sequencing of peptides using MALDI/TOF/TOF., *Journal of the American Society for Mass Spectrometry* 13(7): 784-91.
 22. Zhang, W., Chait, B.T. 2000. ProFound: an expert system for protein identification using mass spectrometric peptide mapping information, *Analytical Chemistry* 72(11): 2482-2489.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

Casa abierta al tiempo

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 344
EL SECRETARIO DEL COLEGIO