



Bioinformática aplicada a la proteómica

Modalidad	Curso práctico
Centro	Universidad de Córdoba Campus de Rabanales, Ed. Severo Ochoa.
Fecha	7 y 8 de Febrero de 2006

Objetivo.

Dar a conocer y profundizar en los fundamentos teóricos y aplicaciones prácticas de la Bioinformática en el campo de la proteómica. Se hará especial hincapié en la identificación de proteínas a partir de los datos de espectrometría de masas: estrategias (datos de huella peptídica, secuenciación de novo, organismos cuyo genoma está o no secuenciado, descripción de proteomas, estudios de expresión diferencial), algoritmos o motores de búsqueda, bases de datos (proteínas, DNA genómico, ESTs), predicción de funciones proteicas en proteínas de de función desconocida o con anotaciones no validadas. El curso además tiene una fuerte vertiente práctica, utilizándose, al respecto, productos comerciales líderes y productos de dominio público.

Motivación.

El objetivo de la **genómica** es obtener el catálogo de genes de los organismos vivos. Dicho catálogo contendría información sobre la ubicación del gen, sus elementos promotores, reguladores, etc, la composición del gen en exones e intrones, su secuencia de bases, función, proteína que sintetiza, etc. Es pues una lista detallada, finita y digamos que estática. La **proteómica** complementa la visión genómica con el entendimiento de la dinámica del genoma: el **proteoma**, o el conjunto de las proteínas expresadas en un organismo en un determinado momento bajo unas determinadas condiciones. Es decir, más que el conocimiento de cuales son los genes en un organismo, el interés se centra en comprender como esos genes se expresan bajo determinadas condiciones ambientales, y especialmente, como cambia ese comportamiento cuando las condiciones se modifican. Por otra parte, el trasfondo teórico es de vital importancia para poder controlar en su exacta medida la aplicación de cada metodología. En este curso hacemos una revisión precisa de la teoría y un entrenamiento exhaustivo en el manejo de herramientas punteras en el área.

El aspecto clave en proteómica -caracterización y estudio del proteoma- es la identificación de las diferencias en los niveles de proteínas cuando en un organismo bajo diversas condiciones ambientales, que genes se ven afectados -producen más o menos proteínas- como respuesta a dicho estímulo. Este conocimiento es de vital importancia para intentar restablecer los niveles "normales" de expresión como mecanismo de cura de enfermedades, o para su diagnóstico.

Existen dos grandes aproximaciones: (a) identificación a gran escala de todas las proteínas de una muestra para conocer la expresión global de proteínas en un organismo o tejido, y se lleva a cabo en organismos modelos cuyos genomas han sido totalmente secuenciados y (b) expresión diferencial, o comparación de dos o más muestras para encontrar diferencias en la expresión. En este caso los requerimientos de secuencia determinada en el organismo no son tan importantes, ya que se busca un número relativamente pequeño de diferencias y se puede dedicar más tiempo a la identificación de cada proteína

Patrocinadores



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA



Requisitos

Este curso de “Bioinformática aplicada a la proteómica” está dirigido a estudiantes de doctorado y jóvenes postdoctorales, preferentemente de grupos andaluces de investigación.

Los participantes deben poseer una base de manejo de ordenadores en entorno Windows o equivalente.

El número máximo de plazas es de 25. La formalización de la inscripción se hará por orden de llegada de la solicitud y tras haber hecho efectivo el pago.

Se priorizará a miembros de las Universidades de Málaga, Córdoba, y socios de la SEProt.

Contacto:

Secretaría de Integromics: (training@integromics.com)

Consultas:

Dr. Jesús V. Jorrín Novo; Dpto. Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de Córdoba/ Sociedad Española de Proteómica (bfljonoj@uco.es)

Dr. José A. Bárcena Ruiz; Dpto. Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de Córdoba/ Sociedad Española de Proteómica

Dr. Juan Antonio de los Cobos, Instituto Nacional de Bioinformática (jacobos@imim.es)

Dr. Oswaldo Trelles. Universidad de Málaga (952.13 2823; ots@ac.uma.es)

Plataformas de Trabajo:

Las aplicaciones se ejecutarán en entorno MS-Windows

Horario : El curso se impartirá los días 7 y 8 de Febrero de 2006 en horario de 9:00 am a 13:30 por las mañanas y de 15:00 a 19:30 por las tardes, con un total de 16 horas lectivas con las pausas adecuadas para refrigerios y almuerzos

Coste del Curso: 150 €.

Se dispone de una tarifa especial de 125 Euros para socios de la Sociedad Española de Proteómica.

La cuota de matrícula incluye la entrega de documentación, presentaciones y ejercicios guiados. Los costes de desplazamiento y manutención corren a cuenta del alumno.

Bioinformática aplicada a la proteómica

Contenido del Curso

1. Módulo 1: Introducción y Análisis de imagen
 - 1.1 Motivación
 - 1.2 Referencia histórica e integración de proteómica e informática
 - 1.3 Bases del análisis de imágenes digitales

2. Módulo 2: Espectrometría de masas MALDI-TOF
 - 2.1 Introducción
 - 2.2 Principios de la espectrometría de masas MALDI-TOF.
 - 2.3 Obtención de la huella peptídica
 - 2.4 Procesamiento del espectro de masas
 - 2.5 Identificación contra bases de datos. FingerPrinting
 - 2.5.1 Bases de Datos
 - 2.5.2 Motores de búsqueda
 - 2.6 Limitaciones

3. Módulo 3. Espectrometría de masas CID
 - 3.1 Introducción
 - 3.2 Principios para la obtención del espectro de fragmentación
 - 3.3 Interpretación clásica de espectros de fragmentación
 - 3.4 Identificación contra Bases de datos
 - 3.5 Herramientas útiles
 - 3.6 Secuenciación de Novo. Herramientas

4. Módulo 4.- Integración de datos
 - 4.1 Introducción
 - 4.2 ¿Qué son los LIMS?
 - 4.2.1 Utilización de herramienta libre (Garban)
 - 4.3 Estándares de Datos
 - 4.3.1 Inicios: PEDRO
 - 4.3.2 Proteios
 - 4.3.3 HUPO PSI
 - 4.3.4 Ontologías
 - 4.4 Herramientas PostIdentificación
 - 4.4.1 Búsqueda dinámica de información (PIKE)
 - 4.4.2 Representación de los datos (gráficamente)
 - 4.5 Futuras perspectivas

5. Módulo 5: Predicción de función proteica
 1. 4.1 Introducción.
 2. 4.2. Anotaciones por homología de secuencia;
 3. 4.3. nuevos métodos basados en motivos estructurales;
 4. 4.4. predicción de novo.
 5. 4.5. Limitaciones y perspectivas.

Personal Docente

Dr. Alberto Medina, Centro Nacional de Biotecnología, CNB-CSIC, Madrid
Dr. Alberto Paradela. Centro Nacional de Biotecnología, CNB-CSIC, Madrid

INSCRIPCIÓN Y FORMA DE PAGO

Para efectuar la inscripción deberá rellenar el Formulario (disponible en la web):
<http://www.integromics.com> (seguir el enlace a la llamada del curso en la página principal)

Las reservas se asignarán según orden de pago.

El pago se realizará mediante transferencia bancaria a INTEGROMICS, S.L. a la cuenta:

Caja Madrid 2038 1608 75 6000005826.

Tras efectuar el pago deberá enviar un Fax del recibo bancario al número: 91 4973471 (Integromics-Curso Proteómica-Córdoba 2005).

Las facturas se entregarán durante el curso. En caso de necesitarla con anterioridad por favor indíquelo en los "Comentarios" del formulario con los datos necesarios para emitirla (a nombre de quien, NIF, dirección, etc.)

Si encuentra problemas para enviar el formulario por la Web, por favor, envíenos un mensaje a :
training@integromics.com con la siguiente información:

Curso: Bioinformática aplicada a la Proteómica Lugar: Córdoba
Nombre:
Apellidos:
e-mail:
Teléfono de contacto:
Grupo de Investigación / Departamento / Centro / Organismo
Dirección:
Comentarios:

Gestión del curso: Integromics
Teléfono: 685 15 3817
E-mail: training@integromics.com
<http://www.integromics.com>