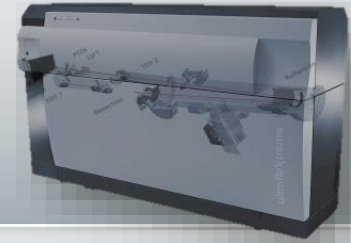


# ESPECTROMETRÍA DE MASAS DE PÉPTIDOS Y PROTEÍNAS



## “Aplicaciones para Estudios de Proteómica Funcional”

Del 12 al 16 de junio  
de 09:00 a 18:30

Dirección y  
Coordinación

Apoyo Institucional



**Centro Científico  
Tecnológico  
La Plata -  
CONICET**

Calle 8 N° 1467 entre 62 y 63

### Arancel

Teoría - 3 días:  
\$1200 (Cupo máx.: 50 alumnos)

Análisis de datos\* - 1 día:  
\$500 (Cupo máx.: 15 alumnos)

\* Asistir con computadora.  
(windows xp o windows 7 o windows 8).

### Dirección

Dr. SEBASTIÁN TREJO  
Investigador de CONICET  
Laboratorio de Neurofisiología



### Coordinación

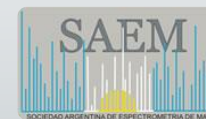
Dra. Pia Valacco  
Investigador de CONICET



UNIVERSIDAD  
NACIONAL  
DE LA PLATA



Universidad  
Nacional  
de Quilmes

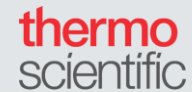


ProteoRed

Carlos III Networked Proteomics Platform



Auspiciado por



Representante Autorizado

Curso con certificado de evaluación final

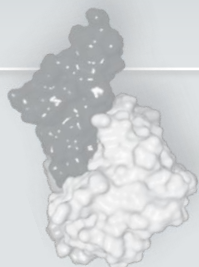
Inscripción: [strejo@imbice.gov.ar](mailto:strejo@imbice.gov.ar)

Pago y facturación: [veronicabalinio@yahoo.com.ar](mailto:veronicabalinio@yahoo.com.ar)

# 1

# ESPECTROMETRÍA DE MASAS DE PÉPTIDOS Y PROTEÍNAS

## “Aplicaciones para Estudios de Proteómica Funcional”



Actualmente, el campo de la proteómica continúa creciendo aceleradamente, la cuantificación relativa de las proteínas, la proteómica funcional y el estudio de imágenes de proteínas por espectrometría de masas son su mayor desafío.

En el campo de la medicina, la proteómica clínica ha permitido el descubrimiento de nuevos biomarcadores para el diagnóstico de enfermedades complejas, tales como el diagnóstico tumoral y ciertas patologías autoinmunes.

En este curso de formación se tratarán desde los conceptos básicos de la espectrometría de masas hasta las aplicaciones más novedosas como el estudio de imágenes de tejidos por MALDI-TOF MS, la identificación de microorganismos por MALDI-TOF MS y la cuantificación por nLC-MS<sup>2</sup>.

### Inscripciones e información

Dr. Trejo S.A.  
strejo@imbice.gov.ar

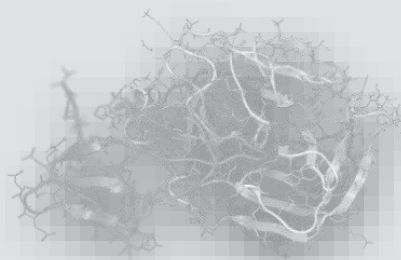
12 al 16 de junio  
de 9:00 a 18:30

#### Cupo

50 alumnos  
30 alumnos

#### Arancel

\$1200 Teoría (3 días)  
\$500 Análisis de datos (1 día). Imprescindible asistir con computadora. (windows xp o superior).



### Dirección

- Dr. Sebastián A. Trejo, Investigador de CONICET, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, centro CICPBA-CONICET-UNLP, La Plata, Argentina.

### Coordinación

- Dra. Pia Valacco, Investigador de CONICET, Centro de Estudios Químicos y Biológicos por Espectrometría de Masa, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

### Docentes Invitados

- Dr. Pablo Mobili, Centro de Investigaciones y Desarrollo en Criotecología de Alimentos, UNLP-CONICET.
- Dra. Paula Carasi, Centro de Investigaciones y Desarrollo en Criotecología de Alimentos, UNLP-CONICET.
- Dr. Antonio Lagares. Instituto de Biotecnología y Biología molecular (IBBM), UNLP-CONICET
- Dra. Ángela M. Candreva, Instituto de Estudios Inmunológicos y Fisiopatológicos, CONICET.
- Dr. Antonio Lagares (Jr.), Laboratorio de Bioquímica, Microbiología e Interacciones Biológicas en el Suelo (LBMIBS), UNQ-CONICET
- Dra. Lucía Carolina Lagrutta. Laboratorio Klonal S.R.L.
- Lic. Germán Fernández, Centro de Estudios Químicos y Biológicos por Espectrometría de Masa, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

### Especialistas Invitados

- THERMO Soluciones Analíticas.
- BRUKER South America.



Representante Autorizado



ProteoRed

Carlos III Networked Proteomics Platform



PLATAFORMA DE RECURSOS BIOMOLECULARES Y BIOINFORMÁTICOS



ProteoRed

Carlos III Networked Proteomics Platform



PLATAFORMA DE RECURSOS BIOMOLECULARES Y BIOINFORMÁTICOS

# 2

## PROGRAMA DEL CURSO

1

LUNES 12  
DE JUNIO

9:00	Recepción	Dr. Sebastián A. Trejo	"Apertura y presentación"
10:00	Fundamentos teóricos	Dr. Sebastián A. Trejo	"Conceptos básicos de proteómica y espectrometría de masas MALDI-TOF" (1º parte)
11:00	--- Café ---		
11:30	Fundamentos teóricos	Dr. Sebastián A. Trejo	"Conceptos básicos de proteómica y espectrometría de masas MALDI-TOF" (2º parte)
13:00	--- Intervalo ---		
14:30	Fundamentos teóricos	Dr. Jorge Furlong, Soluciones Analíticas	"Tecnología Orbitrap, Prestación que Compite con Instrumentos de Altísima Resolución y Masa Exacta"
15:30	Aplicaciones	Dra. Pia Valacco	"Abordajes proteómicos utilizando la tecnología Orbitrap"
16:30	--- Café ---		
16:45	Fundamentos teóricos	Dr. Sebastián A. Trejo	"Identificación de proteínas por huella peptídica (PMF) mediante MALDI-TOF"
17:30	Aplicaciones	Dr. Pablo Mobili Dra. Paula Carasi	"Heterogeneidad de las proteínas de capa-S de <i>Lactobacillus kefir</i> "
18:30	--- Finalización ---		

2

MARTES 13  
DE JUNIO

9:00	Fundamentos teóricos	Dr. Sebastián A. Trejo	"Conceptos básicos para la secuenciación <i>de novo</i> mediante espectrometría de masas"
10:45	--- Café ---		
11:15	Fundamentos teóricos y Aplicaciones	Dr. Sebastián A. Trejo	"Intensity Fading (IF): técnica de detección de ligandos mediante espectrometría de masas"
12:15	--- Intervalo ---		
14:30	Fundamentos teóricos	Dr. Sebastián A. Trejo	"Epitope mapping MALDI-TOF: una herramienta para determinar la secuencia aminoacídica de epítopes antigénicos".
15:15	Aplicaciones	Dra. Ángela M. Candreva	"Mapeo de epítopes de reactividad cruzada entre caseínas bovinas y proteínas de soja mediante técnicas de inmunoproteómica"
16:15	--- Café ---		
16:45	Aplicaciones	Dr. Luiz Santos, BRUKER	"Soluciones Bruker para proteómica shotgun: adquisición de datos y procesamiento"
17:45	Fundamentos teóricos	Dr. Sebastián A. Trejo	"MALDI Imaging Mass Spectrometry (MALDI-IMS)"
18:30	--- Finalización ---		

# 3

## PROGRAMA DEL CURSO

3

MIÉRCOLES 14  
DE JUNIO

9:00	Fundamentos teóricos	<i>Dr. Jorge Furlong, Soluciones Analíticas</i>	<b>“Sistema “Tríbrido”: Tres Tecnologías en un Único Instrumento”</b>
9:30	Aplicaciones	<i>Dr. Luiz Santos, BRUKER</i>	<b>“Nuevas tecnologías en MALDI imaging y su integración con proteómica”</b>
10:30	--- Café ---		
11:00	Aplicaciones	<i>Dr. Antonio Lagares Jr.</i>	<b>“Proteómica cuantitativa en bacterias. Marco teórico, estrategias experimentales y abordaje al análisis de los datos”</b>
12:30	--- Intervalo ---		
14:00	Aplicaciones	<i>Dr. Antonio Lagares</i>	<b>“Identificación de microorganismos por MALDI-TOF MS”.</b>
15:00	Aplicaciones	<i>Lic. Lucía C. Lagrutta</i>	<b>“Determinación del Proteoma de una muestra biológica compleja con baja proporción de Proteínas”</b>
15:45	--- Café ---		
16:15		<i>Dr. Sebastián Trejo</i>	Ronda de consultas y resumen del curso.
18:00	Clausura	<i>Dr. Sebastián Trejo</i>	Sistema de evaluación del curso.
18:30	--- Finalización ---		

4

JU15/VI16 MÓDULO  
DE JUNIO PRÁCTICO

9:00	Lic. Germán Fernandez Dra. Pia Valacco		<b>“Uso de software para identificación de proteínas con datos de LC-ESI- MSMS”</b> <b>“Diseño experimental y flujo de análisis para el estudio de proteómica cuantitativa sin marcaje”. 1º parte.</b>
10:30	--- Café ---		
11:00	Lic. Germán Fernandez Dra. Pia Valacco		<b>“Diseño experimental y flujo de análisis para el estudio de proteómica cuantitativa sin marcaje”. 2º parte.</b>
13:00	--- Intervalo ---		
14:30	Dr. Sebastián A. Trejo		<b>“Edición de espectros de masas MALDI TOF. Determinación de masas moleculares, estudios de perfil proteico-peptídico e identificación de proteínas. Instalación y configuración de los programas a utilizar.</b>
16:00	--- Café ---		
16:30	Dr. Sebastián A. Trejo		<b>“Uso de MASCOT para la identificación de proteínas a partir de espectros MALDI TOF y espectros de fragmentación MALDI TOF TOF. Secuenciación <i>de novo</i>. Análisis de ejemplos”</b>
17:30			Ronda de consultas
18:30	--- Finalización ---		