



Laboratorio de Espectrometría de Masas  
Laboratorio de Dioxinas  
Dpto. de Ecotecnologías  
IIQAB-CSIC  
Jordi Girona, 18-26  
08034 Barcelona  
e-mail: secretaria@e-seem.org  
<http://www.e-seem.org>

## **SOCIEDAD ESPAÑOLA DE ESPECTROMETRÍA DE MASAS (SEEM)**

### **CURSOS DE ESPECTROMETRÍA DE MASAS**

#### **CURSO 2**

##### **Título del Curso:**

LC-MS en la caracterización de péptidos y proteínas mediante técnicas proteómicas.

Coordinador: Dr Joanquín Abián

Profesores: Dra Marina Gay (Técnicas Proteómica)  
David Ovelleiro (Bioinformática)

##### **Objetivos:**

Introducir los principales procedimientos para el análisis e identificación de proteínas mediante técnicas de cromatografía líquida-espectrometría de masas y para el manejo posterior de la información obtenida.

El curso presentará diversas soluciones prácticas al problema de la identificación de mezclas complejas de péptidos en bases de datos genómicas y proteómicas y/o mediante herramientas de secuenciación de novo.

Se aconseja que los participantes tengan un conocimiento moderado teórico-práctico de las técnicas cromatográficas y espectrométricas. Aunque se asume un contacto mínimo previo con los procedimientos de análisis proteómico, el curso se iniciará repasando los conceptos básicos del análisis de péptidos y proteínas en Proteómica.

##### **Programa (8 horas)**

1. Introducción. Métodos generales de análisis de péptidos y proteínas en Proteómica (2DE, métodos cromatográficos, mapeo peptídico, secuenciación).
2. Métodos de separación: cromatografía capilar convencional y multidimensional.
3. Técnicas espectrométricas (electrospray, MALDI, espectrometría de masas en tándem).
4. Herramientas bioinformáticas para la identificación de péptidos y proteínas en Bases de datos (SEQUEST, Xtandem, OMMSa)
5. Herramientas para la secuenciación de novo de péptidos (Lutefisk, , PEAKS in chorus).
6. Principales retos en el análisis de gran número de espectros (scores, clasificación de resultados).