



FCB

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



Proteómica

Licenciatura en Biotecnología Genómica

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

**Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Biológicas
Licenciatura en Biotecnología Genómica
Programa analítico
Proteómica**

I. Bienvenida

Estimado (a) estudiante:

Es un gran placer darte la bienvenida a la Unidad de Aprendizaje de Proteómica que se imparte en el quinto semestre de la Licenciatura en Biotecnología Genómica. Se ha diseñado un programa que, partiendo de los aspectos teóricos generales, pueda ofrecerte la posibilidad de identificar las técnicas, los métodos y las estrategias disponibles para hacer proteómica. Para ello, primero se presentan los distintos métodos empleados para la extracción y solubilización del proteoma, posteriormente se estudian técnicas electroforéticas y cromatográficas para la separación de mezclas de proteínas / péptidos, así como los dos principales métodos de espectrometría de masas para estas biomoléculas. Finalmente, se abordan algunas de las estrategias de la proteómica de expresión y funcional para describir las diferencias cualitativas y cuantitativas del proteoma, así como las interacciones de las proteínas con otras biomoléculas.

Todos estos procesos utilizados en proteómica permiten el análisis sistemático de las proteínas que son codificadas por un genoma y que se expresan en un momento dado para diseñar posibles soluciones a problemas de interés para la biología, medicina, salud, nutrición, alimentos, agricultura, etc. Esperamos que en este curso teórico encuentres las herramientas de la proteómica para tu formación como licenciado (a) en Biotecnología Genómica y te invitamos a trabajar juntos para resolver las dudas e inquietudes que pudieran surgir.

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

II. Programa Analítico

1. Datos de identificación:

Nombre de la institución:	Universidad Autónoma de Nuevo León
Nombre de la dependencia:	Facultad de Ciencias Biológicas
Nombre de la unidad de aprendizaje:	Proteómica
Total de tiempo guiado (teórico y práctico):	80 horas
Tiempo guiado por semana:	4 horas
Total de tiempo autónomo:	10 horas
Modalidad:	No escolarizada
Semestre:	5° semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Obligatoria
Área curricular:	Formación Profesional Fundamental (ACFP-F)
Créditos UANL:	3
Fecha de elaboración:	28/04/2022
Responsable(s) de la elaboración:	Dra. Dvorak Montiel Condado Dra. Azucena del Carmen González Horta Dra. Brenda González Hernández
Fecha de última actualización:	22/05/2023
Responsable de la actualización:	Dra. Dvorak Montiel Condado

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

2. Presentación:

En esta unidad de aprendizaje pretende que el estudiante conozca y compare las técnicas para el estudio a gran escala de las proteínas expresadas por un genoma (proteoma), además de sus cambios en dependencia del contexto biológico; todo lo anterior, para lograr la identificación y caracterización de estas biomoléculas producidas bajo una condición determinada. Para alcanzar este conocimiento del proteoma, el programa está dividido en tres fases. La meta de la primera fase es la preparación de la muestra biológica, ya sea a partir de fluidos biológicos, células, tejidos u organismos completos. En la segunda fase se revisan las técnicas de separación y análisis de proteínas y péptidos y, en la tercera fase se describen las estrategias de la proteómica cuantitativa y funcional. Estos conocimientos le permitirán al estudiante realizar un portafolio de infografías donde es capaz de diagramar el proceso global y específico para el estudio de un proteoma de interés.

3. Propósito:

La finalidad de la UA Proteómica es que el estudiante será capaz de analizar péptidos y proteínas de diversas fuentes biológicas y no biológicas, de forma eficiente y reproducible utilizando las técnicas analíticas empleadas en proteómica. Es pertinente debido a que el empleo de estas herramientas proteómicas permite explicar la función de los genes a nivel de proteínas y con esto lograr identificar biomarcadores (p.e. de enfermedad, de contaminación) y detectar patógenos y proteínas alergénicas (p.e. en alimentos); mediante una visión global e integrada de la unidad biológica de estudio, ya sea una célula, tejido, órgano o sistema.

La proteómica está relacionada con las UA antecedentes de Bioquímica estructural y bioquímica metabólica ya que estas también estudian a las proteínas esenciales para la vida y la idea es relacionar las características biológicas de un sistema con la expresión de las proteínas y más específicamente, relacionar la variación en las propiedades biológicas con los cambios en la expresión de proteínas, como ocurre en los casos que se analizan en las UA sucesoras de farmacogenómica, medicina molecular y biotecnología genómica animal.

Con esta UA el estudiante podrá contrastar las ideas o información planteada sobre las distintas estrategias y métodos de la proteómica considerando que cada uno genera diferente información (5c.1.3); será capaz de plantear alternativas de esta nueva ciencia -ómica para solucionar o mejorar alguna situación en su ámbito de la competencia (10.3.3); además validará la construcción de propuestas innovadoras a través de pruebas piloto para su mejora (12.3.3).

Con base en las competencias desarrolladas el estudiante utilizará el conocimiento teórico metodológico e instrumental de esta UA, dentro del contexto básico químico biológico, aplicando herramientas de las ciencias exactas para comprender la interacción de los seres vivos con el medio ambiente (Esp.1)

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

4. Competencias del perfil de egreso:

Competencias instrumentales:

5. Emplear pensamiento lógico, crítico, creativo y propositivo para analizar fenómenos naturales y sociales que le permitan tomar decisiones pertinentes en su ámbito de influencia con responsabilidad social.

Competencias personales y de interacción social:

10. Intervenir frente a los retos de la sociedad contemporánea en lo local y global con actitud crítica y compromiso humano, académico y profesional para contribuir a consolidar el bienestar general y el desarrollo sustentable.

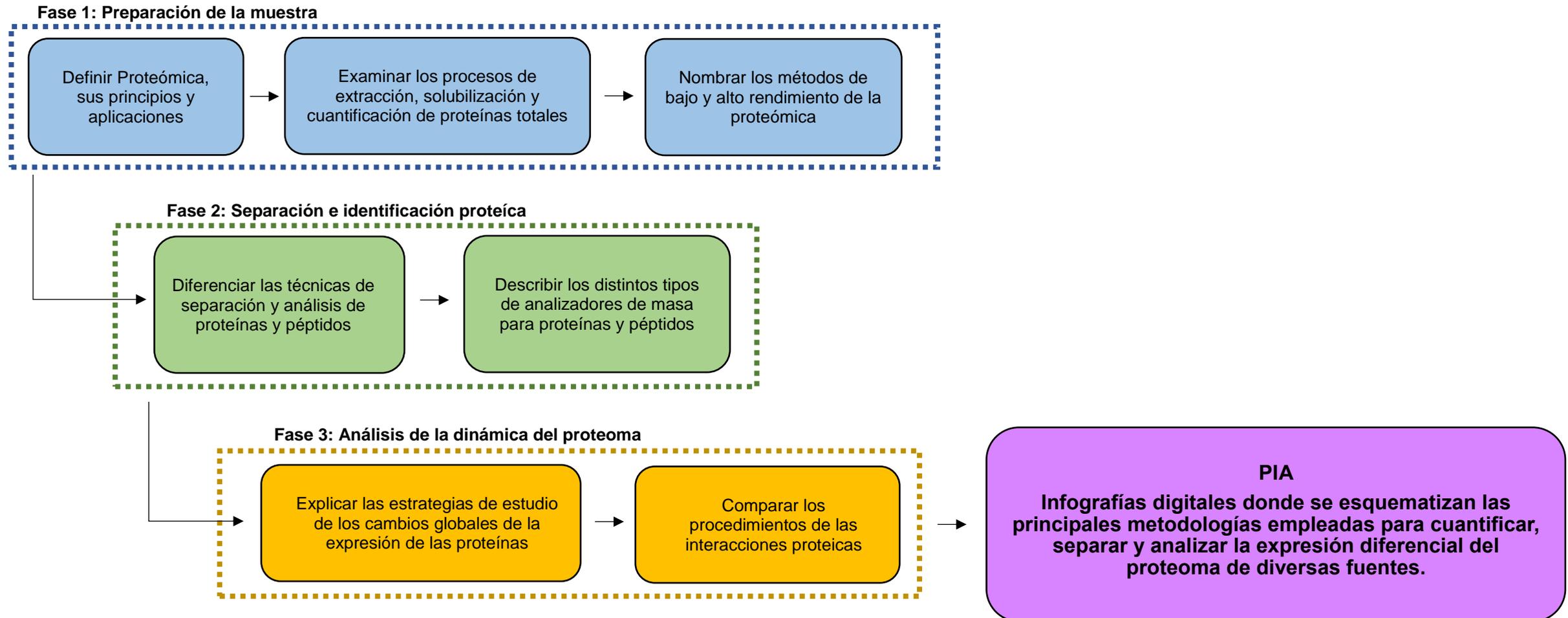
Competencias integradoras:

12. Construye propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente.

Competencias específicas a las que contribuye la unidad de aprendizaje:

1. Diseñar protocolos experimentales relacionados con la química biológica, utilizando el conocimiento teórico, metodológico e instrumental, tradicional y de vanguardia, de las ciencias exactas, la biología y la química, que sean aplicados en el estudio de los fenómenos naturales y la biodiversidad, de manera lógica, creativa y propositiva, con la finalidad de conservar los recursos bióticos y el medio ambiente en beneficio de la sociedad.

5. Representación gráfica:



6. Estructuración en fases de la unidad de aprendizaje:

Fase 1. Introducción a la proteómica, definición de conceptos, procesamiento de las muestras, técnicas de estudio de los proteomas.

Elemento de competencia: Describir los métodos generales de la preparación de péptidos y proteínas, de diversas muestras biológicas, para la solubilización y cuantificación de analitos.

Evidencia de aprendizaje	Criterios de evaluación	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
<p>Mapa conceptual sobre ¿Qué es la “Proteómica Top-down y Bottom-up”?</p>	<ul style="list-style-type: none"> Reconoce las diferencias entre “Proteómica Top-down y Bottom-up”. Interpreta los pasos de cada estrategia. Explica cada estrategia. Sintetiza y comunica de manera lógica y clara la información. Elabora el mapa con una herramienta web (Canva, Lucidchart, miro) con los siguientes puntos: <ul style="list-style-type: none"> Título Datos de identificación Cuerpo (Definición de proteómica, procesamiento de la muestra, estrategias experimentales y aplicaciones). Referencias en formato APA. 	<p>El estudiante responde el foro de discusión correspondiente a la evaluación diagnóstica dentro de la plataforma Nexus.</p> <p>El estudiante organiza la información y registra los apuntes pertinentes.</p> <p>El estudiante revisa el texto “From genomics to proteomics. Nature”.</p> <p>El estudiante revisa el artículo “La era post-genómica en biomedicina”</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Proteomics: technologies and their applications. Journal of chromatographic science”.</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Bottom-up and top-down proteomic approaches for the identification, characterization, and quantification of the low molecular weight proteome with</p>	<ul style="list-style-type: none"> Origen, metas y aplicaciones de la proteómica. Estrategias de extracción y solubilización de proteomas. Técnicas de cuantificación de proteínas totales en solución. Métodos de bajo y alto rendimiento para el estudio de proteomas 	<ul style="list-style-type: none"> Gutiérrez-Nava, A., & Mayorga-Reyes, L. (2011). La era post-genómica en biomedicina. <i>Revista mexicana de ciencias farmacéuticas</i>, 42(2), 7-13. https://www.scielo.org.mx/pdf/rmcf/v42n2/v42n2a2.pdf Tyers, M., & Mann, M. (2003). From genomics to proteomics. <i>Nature</i>, 422(6928), 193-197. DOI: 10.1038/nature01510 Aslam, B., Basit, M., Nisar, M. A., Khurshid, M., & Rasool, M. H. (2017). Proteomics: technologies and their applications. <i>Journal of chromatographic science</i>, 55(2), 182-196. DOI: 10.1093/chromsci/bmw167 Cassidy, L., Kaulich, P. T., Maaß, S., Bartel, J., Becher, D., & Tholey, A. (2021). Bottom-up and top-down proteomic approaches for the identification, characterization, and

	<ul style="list-style-type: none"> ▫ Entrega el mapa en formato póster (18 x 24 in) en PDF o JPG ▫ El trabajo es original y se presenta de manera ordenada, jerárquica, lógica y secuencial, con conectores que hacen fácil su comprensión. ▫ Mapa conceptual sobresaliente y atractivo sin errores ortográficos. ▫ Entrega en la plataforma educativa Nexus 	<p>focus on short open reading frame-encoded peptides”.</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “A critical review of bottom-up proteomics: The good, the bad, and the future of this field”</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Basics and recent advances of two dimensional-polyacrylamide gel electrophoresis”</p> <p>El estudiante revisa el texto “Evaluation of Sample Preparation Strategies for Human Milk and Plasma Proteomics”</p> <p>El estudiante participa activamente . en un foro de discusión sobre las estrategias de extracción y solubilización de proteomas.</p> <p>El estudiante resuelve los ejercicios presentados para practicar sobre las distintas técnicas de cuantificación.</p> <p>Actividad ponderada 1.1: El estudiante elabora Reporte de resolución del ABC acerca de las estrategias de extracción,</p>		<p>quantification of the low molecular weight proteome with focus on short open reading frame-encoded peptides. Proteomics, 21(23-24), 2100008. DOI: 10.1002/pmic.202100008</p> <ul style="list-style-type: none"> • Dupree, E. J., Jayathirtha, M., Yorkey, H., Mihasan, M., Petre, B. A., & Darie, C. C. (2020). A critical review of bottom-up proteomics: The good, the bad, and the future of this field. Proteomes, 8(3), 14. DOI: 10.3390/proteomes8030014 • Magdeldin, S., Enany, S., Yoshida, Y., Xu, B., Zhang, Y., Zureena, Z., ... & Yamamoto, T. (2014). Basics and recent advances of two dimensional-polyacrylamide gel electrophoresis. Clinical proteomics, 11(1), 1-10. DOI: 10.1186/1559-0275-11-16 • Milkovska-Stamenova, S., Wölk, M., & Hoffmann, R. (2021). Evaluation of Sample Preparation Strategies for Human Milk and Plasma Proteomics. Molecules, 26(22),6816. DOI: 10.3390/molecules26226816
--	--	--	--	--

		<p>solubilización y cuantificación de proteomas.</p> <p>El estudiante realiza un análisis y revisión crítica sobre los artículos científicos que abordan métodos de bajo y alto rendimiento.</p> <p>El estudiante, de manera individual, resuelve el primer examen parcial a través de la plataforma Nexus.</p>		<p>Bibliografía complementaria:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Bradshaw, R. A., & Burlingame, A. L. (2005). From proteins to proteomics. <i>Iubmb Life</i>, 57(4-5), 267-272. • Ferrier, D. R. (2014). <i>Biochemistry</i>. Lippincott Williams & Wilkins.
--	--	---	--	--

Fase 2. Técnicas de separación y estrategias de identificación de analitos.

Elemento de competencia: Distinguir las diferentes estrategias de separación de péptidos y proteínas para su identificación por datos de espectrometría de masas.

Evidencia de aprendizaje	Criterios de evaluación	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
<p>Presentación digital sobre ¿Cómo se aplica la “Espectrometría de masas a la proteómica”?</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Examina el principio de la espectrometría de masas. • Infiere su aplicación a la proteómica. • Muestra un claro y preciso entendimiento de los principios científicos y los contrasta. • La presentación se elabora con una herramienta web (Issu, Canva, Prezi) con los siguientes puntos: <ul style="list-style-type: none"> ▫ Título ▫ Datos de identificación ▫ Cuerpo (Definición, Breve historia, componentes, 	<p>El estudiante revisa el texto “Review of three-dimensional liquid chromatography platforms for bottom-up proteomics. <i>International Journal of Molecular Sciences</i>”.</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Extracellular vesicles provide a means for tissue crosstalk during exercise”.</p> <p>El estudiante revisa el artículo “Técnicas cromatográficas y su aplicación a estudios de cambios conformacionales, estabilidad y replegamiento de proteínas”</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Técnicas electroforéticas para la separación de proteínas • Detección de proteínas en gel • Técnicas cromatográficas para la separación de Proteínas: <ol style="list-style-type: none"> a. Exclusión molecular b. Intercambio iónico c. Afinidad d. RP-HPLC • Principio de separación • Condiciones columna • Condiciones muestra • Cromatograma resultante • Espectrometría de masas 	<ul style="list-style-type: none"> • Mayolo-Deloisa, K., Martínez, L. M., & Rito-Palomares, M. (2012). Técnicas cromatográficas y su aplicación a estudios de cambios conformacionales, estabilidad y replegamiento de proteínas. <i>Revista mexicana de ingeniería química</i>, 11(3), 415-429. https://www.scielo.org.mx/pdf/rmig/v11n3/v11n3a6.pdf • Duong, V. A., Park, J. M., & Lee, H. (2020). Review of three-dimensional liquid chromatography platforms for bottom-up proteomics. <i>International Journal of Molecular Sciences</i>, 21(4), 1524. DOI: 10.3390/ijms21041524

	<p>tipos más empleados, análisis de resultados y conclusiones, dos ejemplos de aplicaciones).</p> <ul style="list-style-type: none"> ▫ Referencias en formato APA. ▫ Entrega la presentación en formato flipping book - PDF. ▫ Usa como apoyo imágenes y poco texto. ▫ La información está organizada y estructurada de forma clara. ▫ Entrega en la plataforma educativa Nexus 	<p>El estudiante realiza lectura del texto “Proteins and proteoforms: New separation challenges”.</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Application of targeted mass spectrometry in bottom-up proteomics for systems biology research”</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Proteomics: technologies and their applications”</p> <p>El estudiante revisa el texto “Quantitative Proteomics Using Isobaric Labeling: A Practical Guide”</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Quantitative proteomics in lung cancer”</p> <p>El estudiante revisa el texto “High-throughput quantitative top-down proteomics.”</p> <p>El estudiante organiza la información y registra los apuntes pertinentes.</p> <p>El estudiante participa activamente en un foro de discusión sobre las técnicas de separación de proteínas</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Identificación de proteínas mediante huella peptídica y datos de (MS) 	<ul style="list-style-type: none"> • Whitham, M., Parker, B. L., Friedrichsen, M., Hingst, J. R., Hjorth, M., Hughes, W. E., ... & Febbraio, M. A. (2018). Extracellular vesicles provide a means for tissue crosstalk during exercise. <i>Cell metabolism</i>, 27(1), 237-251. DOI: 10.1016/j.cmet.2017.12.001 • Regnier, F. E., & Kim, J. (2018). Proteins and proteoforms: New separation challenges. <i>Analytical chemistry</i>, 90(1), 361. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5808416/ • Manes, N. P., & Nita-Lazar, A. (2018). Application of targeted mass spectrometry in bottom-up proteomics for systems biology research. <i>Journal of proteomics</i>, 189, 75-90 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6089676/ • Aslam, B., Basit, M., Nisar, M. A., Khurshid, M., & Rasool, M. H. (2016). Proteomics: technologies and their applications. <i>Journal of chromatographic science</i>, 1-15. https://academic.oup.com/chromsci/article/55/2/182/2333796?login=true • Chen, X., Sun, Y., Zhang, T., Shu, L., Roepstorff, P., & Yang, F. (2022). Quantitative Proteomics
--	--	---	---	---

		<p>El estudiante resuelve los ejercicios presentados para practicar sobre los distintos principios de separación.</p> <p>Actividad ponderable 2.1: El estudiante elabora un reporte de resolución del ABC acerca de las estrategias de separación de una mezcla compleja de proteínas.</p> <p>El estudiante realiza un análisis y revisión crítica sobre los artículos científicos que abordan la espectrometría de masas para proteínas.</p> <p>El estudiante, de manera individual, resuelve en línea el segundo examen parcial a través de la plataforma Nexus.</p>		<p>Using Isobaric Labeling: A Practical Guide. Genomics, proteomics & bioinformatics. DOI: 10.3390/molecules26216694</p> <ul style="list-style-type: none"> Cheung, C. H. Y., & Juan, H. F. (2017). Quantitative proteomics in lung cancer. <i>Journal of biomedical science</i>, 24(1), 1-11. DOI: 10.1186/s12929-017-0343-y Cupp-Sutton, K. A., & Wu, S. (2020). High-throughput quantitative top-down proteomics. <i>Molecular omics</i>, 16(2), 91-99. DOI: 10.1039/c9mo00154a <p>Bibliografía complementaria:</p> <ul style="list-style-type: none"> Mishra, N. C. (2011). <i>Introduction to proteomics: principles and applications</i>. John Wiley & Sons.
--	--	--	--	--

Fase 3. Marcaje isotópico y cuantificación de péptidos y proteínas, Interactiva de las proteínas.

Elemento de competencia: Explicar las estrategias de la proteómica cuantitativa, mediante el marcaje isotópico e isobárico; así como la interrelación de los analitos para cumplir con su función.

Evidencia de aprendizaje	Criterios de evaluación	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
<p>Esquema sobre ¿Cuál es un nuevo método de laboratorio para detectar interacciones proteína-proteína”?</p>	<ul style="list-style-type: none"> Diferencia un nuevo método de la interactómica. Describe un nuevo método de laboratorio. Ilustra el nuevo método. Examina las características y comunica los detalles. El esquema se elabora con una herramienta electrónica (LucidChart, Canva, Visme, Genially) con los siguientes puntos: <ul style="list-style-type: none"> Título Datos de identificación Cuerpo (Definición de interactómica, importancia en proteómica, descripción de un nuevo método, obtención de resultados, conclusiones del análisis y dos ejemplos de aplicaciones en proteómica). Referencias en formato APA. Entrega el mapa en formato póster (18 x 24 in) en PDF o JPG Elementos organizados en forma jerárquica 	<p>El estudiante revisa el texto “An overview of current methods to confirm protein-protein interactions”.</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Protein–DNA/RNA Interactions: An Overview of Investigation Methods in the-Omics Era”.</p> <p>El estudiante revisa el artículo “Estudio proteómico 2DE-DIGE en plasma sanguíneo de pacientes en etapa infantil con leucemia linfoblástica aguda”</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “Chromatin proteomics to study epigenetics—challenges and opportunities”.</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “DNA–protein interaction studies: a historical and comparative analysis”</p> <p>El estudiante realiza lectura del texto “ChIP-seq: a powerful tool for studying protein–DNA interactions in plants”</p>	<ul style="list-style-type: none"> Estrategias para la detección y cuantificación de la expresión diferencial de Proteínas: <ol style="list-style-type: none"> 2D-DIGE, ICAT, ITRAQ, SILAC TMT Características de marcaje Principio de separación Método de cuantificación Estrategias experimentales para el estudio de interacciones Proteicas <ol style="list-style-type: none"> Y2H Phage display Co-IP ChIP EMSA 	<ul style="list-style-type: none"> Calderón-Rodríguez, S. I., & Umaña-Pérez, A. (2019). Estudio proteómico 2DE-DIGE en plasma sanguíneo de pacientes en etapa infantil con leucemia linfoblástica aguda. <i>Revista Colombiana de Química</i>, 48(1), 5-15. http://www.scielo.org.co/pdf/rcq/v48n1/0120-2804-rcq-48-01-5.pdf Miura, K. (2018). An overview of current methods to confirm protein-protein interactions. <i>Protein and peptide letters</i>, 25(8), 728-733. DOI: 10.2174/0929866525666180821122240 Cozzolino, F., Iacobucci, I., Monaco, V., & Monti, M. (2021). Protein–DNA/RNA Interactions: An Overview of Investigation Methods in the-Omics Era. <i>Journal of Proteome Research</i>, 20(6), 3018-3030. DOI: 10.1021/acs.jproteome.1c00074 van Mierlo, G., & Vermeulen, M. (2021). Chromatin proteomics to study

	<ul style="list-style-type: none"> • Claramente presentado, así como de fácil seguimiento. • Esquema sobresaliente y atractivo sin errores ortográficos. • Entrega en la plataforma Nexus. 	<p>El estudiante organiza la información y registra los apuntes pertinentes.</p> <p>El estudiante participa activamente en un foro de discusión sobre las estrategias de la proteómica cuantitativa.</p> <p>El estudiante resuelve los ejercicios presentados para practicar las distintas técnicas de marcaje para la expresión diferencia de proteínas.</p> <p>Actividad ponderable 3.1: El estudiante elabora Reporte de resolución del ABC acerca de las estrategias para detectar los cambios de expresión de las proteínas.</p> <p>El estudiante realiza un análisis y revisión crítica sobre los artículos científicos que abordan las estrategias de la interactómica.</p> <p>El estudiante, de manera individual, resuelve en línea el tercer examen parcial a través de la plataforma Nexus.</p>		<p>epigenetics—challenges and opportunities. Molecular & Cellular Proteomics, 20. DOI: 10.1074/mcp.R120.002208</p> <ul style="list-style-type: none"> • Ferraz, R. A. C., Lopes, A. L. G., da Silva, J. A. F., Moreira, D. F. V., Ferreira, M. J. N., & de Almeida Coimbra, S. V. (2021). DNA–protein interaction studies: a historical and comparative analysis. <i>Plant Methods</i>, 17(1), 1-21. DOI: 10.1186/s13007-021-00780-z • Chen, X., Bhadauria, V., & Ma, B. (2018). ChIP-seq: a powerful tool for studying protein–DNA interactions in plants. <i>Current Issues in Molecular Biology</i>, 27(1), 171-180. DOI: 10.21775/cimb.027.171 <p>Bibliografía complementaria:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Westermeier, R., Naven, T., & Höpker, H. R. (2008). <i>Proteomics in practice: a guide to successful experimental design</i>. John Wiley & Sons.
--	---	--	--	--

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

7. Evaluación integral de procesos y productos (ponderación / evaluación sumativa).

Esquema global de evaluación de la Unidad de Aprendizaje.

Aspecto a evaluar	Porcentaje
Evaluación Diagnóstica	Requisito indispensable
Portafolio de Evidencias de Aprendizaje: <ul style="list-style-type: none"> - Primera fase (16 %) - Segunda fase (18 %) - Tercera fase (16 %) 	50%
Exámenes parciales	20%
Producto Integrador de Aprendizaje	30%
Calificación final	100%

Esquema de evaluación de la Unidad de Aprendizaje desglosada por Etapas y Evidencias de Aprendizaje:

Fase	Evidencia de aprendizaje	Ponderación
Evaluación Diagnóstica		Requisito
Primera Fase (16%)	Actividad ponderable 1.1: Reporte de resolución del ABC (Aprendizaje basado en casos) “Estrategias de extracción, solubilización y cuantificación de proteomas”.	6 puntos
	Evidencia de aprendizaje 1: Mapa conceptual ¿Qué es “Proteómica top-down y bottom-up”?	10 puntos
Segunda Fase (18%)	Actividad ponderable 2.1: Reporte de resolución del ABC (Aprendizaje basado en casos) “Estrategias de separación de una mezcla compleja proteínas “	6 puntos
	Evidencia de aprendizaje 2: Presentación digital ¿Cómo se aplica la “Espectrometría de masas a la proteómica”?	12 puntos
Tercera Fase (16%)	Actividad ponderable 3.1 Reporte de resolución del ABC (Aprendizaje basado en casos) Estrategias para detectar los cambios de expresión de las proteínas.	6 puntos
	Evidencia de aprendizaje 3: Esquema ¿Cuál es un nuevo método de laboratorio para detectar interacciones proteína-proteína”?	10 puntos
Exámenes parciales (20%)	Primer examen parcial	6 puntos
	Segundo examen parcial	8 puntos
	Tercer examen parcial	6 puntos
Producto Integrador de Aprendizaje		30 puntos
		TOTAL 100 puntos

8. Producto integrador del aprendizaje de la unidad de aprendizaje

Producto Integrador de Aprendizaje: Infografías digitales donde se esquematizan las principales metodologías empleadas para cuantificar, separar y analizar la expresión diferencial de proteínas de diversas fuentes.	
Instrucciones:	<ol style="list-style-type: none"> 1. Repasa el material correspondiente a las metodologías empleadas para: <ol style="list-style-type: none"> a. La extracción y cuantificación del proteoma b. La separación e identificación de elementos del proteoma c. La expresión diferencial del proteoma 2. Reúnete y organízate con tus compañeros de equipo. 3. Identifica el objetivo de la evidencia. 4. Investiga a fondo el tema en fuentes confiables y verificables para resumir el tema (artículos científicos). 5. Crea un borrador del diseño. 6. Elabora tres representaciones visuales tipo infografía (una por cada metodología empleada) en cada una debes contemplar lo siguiente: <ul style="list-style-type: none"> • Compila y explica los métodos estudiados. • Resalta los pasos y muestra los resultados esperados. • Presenta un nuevo método con el resultado esperado. • Referencias en formato APA 7. Formato de entrega: <ul style="list-style-type: none"> • Realiza las infografías en la herramienta Canva u otra de su elección. • Formato póster de 18 x 24 in (45.72 x 60.92 cm, resolución 2700 x 3600 píxeles). • PDF o JPG. • Se tomará en cuenta la estructura lógica de la información, la creatividad y originalidad. • Realiza le entrega en la plataforma educativa en la fecha indicada.
Valor:	30 puntos (10 puntos cada una)
Criterios de evaluación:	Criterios de fondo: <ul style="list-style-type: none"> • Identifica las estrategias proteómicas. • Describe los métodos proteómicos, sus resultados y se entienden fácilmente. • Ilustra un nuevo proceso.

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

	<ul style="list-style-type: none"> • Incluyen los métodos básicos y un método nuevo, los resultados esperados y referencias. <p>Criterios de forma:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Usa una aplicación informática y sus herramientas. • Muestra originalidad. • Sin errores ortográficos ni gramáticos. • Trabaja en equipo. • Título del trabajo con letras mayúsculas • Autores: comenzando por los apellidos • Visualmente únicas y creativas. • Cumple las medidas y entrega en formato PDF • Integra el contenido visual con poco texto • Uso creativo de imágenes, fuentes y tamaños de letras, colores con buen contraste.
Forma de trabajo:	Colaborativa
Medio de entrega:	Plataforma Educativa Nexus.

9. Bibliografía básica.

1. Aslam, B., Basit, M., Nisar, M. A., Khurshid, M., & Rasool, M. H. (2017). Proteomics: technologies and their applications. *Journal of chromatographic science*, 55(2), 182-196. DOI: [10.1093/chromsci/bmw167](https://doi.org/10.1093/chromsci/bmw167)
2. Aslam, B., Basit, M., Nisar, M. A., Khurshid, M., & Rasool, M. H. (2016). Proteomics: technologies and their applications. *Journal of chromatographic science*, 1-15. <https://academic.oup.com/chromsci/article/55/2/182/2333796?login=true>
3. Calderón-Rodríguez, S. I., & Umaña-Pérez, A. (2019). Estudio proteómico 2DE-DIGE en plasma sanguíneo de pacientes en etapa infantil con leucemia linfoblástica aguda. *Revista Colombiana de Química*, 48(1), 5-15. <http://www.scielo.org.co/pdf/rcq/v48n1/0120-2804-rcq-48-01-5.pdf>
4. Cassidy, L., Kaulich, P. T., Maaß, S., Bartel, J., Becher, D., & Tholey, A. (2021). Bottom-up and top-down proteomic approaches for the identification, characterization, and quantification of the low molecular weight proteome with focus on short open reading frame-encoded peptides. *Proteomics*, 21(23-24), 2100008. DOI: [10.1002/pmic.202100008](https://doi.org/10.1002/pmic.202100008)
5. Chen, X., Bhadauria, V., & Ma, B. (2018). ChIP-seq: a powerful tool for studying protein–DNA interactions in plants. *Current Issues in Molecular Biology*, 27(1), 171-180. DOI: [10.21775/cimb.027.171](https://doi.org/10.21775/cimb.027.171)
6. Chen, X., Sun, Y., Zhang, T., Shu, L., Roepstorff, P., & Yang, F. (2022). Quantitative Proteomics Using Isobaric Labeling: A Practical Guide. *Genomics, proteomics & bioinformatics*. DOI: [10.3390/molecules26216694](https://doi.org/10.3390/molecules26216694)
7. Cheung, C. H. Y., & Juan, H. F. (2017). Quantitative proteomics in lung cancer. *Journal of biomedical science*, 24(1), 1-11. DOI: [10.1186/s12929-017-0343-y](https://doi.org/10.1186/s12929-017-0343-y)
8. Cozzolino, F., Iacobucci, I., Monaco, V., & Monti, M. (2021). Protein–DNA/RNA Interactions: An Overview of Investigation Methods in the-Omics Era. *Journal of Proteome Research*, 20(6), 3018-3030. DOI: [10.1021/acs.jproteome.1c00074](https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.1c00074)
9. Cupp-Sutton, K. A., & Wu, S. (2020). High-throughput quantitative top-down proteomics. *Molecular omics*, 16(2), 91-99. DOI: [10.1039/c9mo00154a](https://doi.org/10.1039/c9mo00154a)
10. Duong, V. A., Park, J. M., & Lee, H. (2020). Review of three-dimensional liquid chromatography platforms for bottom-up proteomics. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(4), 1524. DOI: [10.3390/ijms21041524](https://doi.org/10.3390/ijms21041524)
11. Dupree, E. J., Jayathirtha, M., Yorkey, H., Mihasan, M., Petre, B. A., & Darie, C. C. (2020). A critical review of bottom-up proteomics: The good, the bad, and the future of this field. *Proteomes*, 8(3), 14. DOI: [10.3390/proteomes8030014](https://doi.org/10.3390/proteomes8030014)
12. Ferraz, R. A. C., Lopes, A. L. G., da Silva, J. A. F., Moreira, D. F. V., Ferreira, M. J. N., & de Almeida Coimbra, S. V. (2021). DNA–protein interaction studies: a historical and comparative analysis. *Plant Methods*, 17(1), 1-21. DOI: [10.1186/s13007-021-00780-z](https://doi.org/10.1186/s13007-021-00780-z)
13. Magdeldin, S., Enany, S., Yoshida, Y., Xu, B., Zhang, Y., Zureena, Z., ... & Yamamoto, T. (2014). Basics and recent advances of two dimensional-polyacrylamide gel electrophoresis. *Clinical proteomics*, 11(1), 1-10. DOI: [10.1186/1559-0275-11-16](https://doi.org/10.1186/1559-0275-11-16)
14. Gutiérrez-Nava, A., & Mayorga-Reyes, L. (2011). La era post-genómica en biomedicina. *Revista mexicana de ciencias farmacéuticas*, 42(2), 7-13. <https://www.scielo.org.mx/pdf/rmcf/v42n2/v42n2a2.pdf>
15. Manes, N. P., & Nita-Lazar, A. (2018). Application of targeted mass spectrometry in bottom-up proteomics for systems biology research. *Journal of proteomics*, 189, 75-90 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6089676/>
16. Mayolo-Deloisa, K., Martínez, L. M., & Rito-Palomares, M. (2012). Técnicas cromatográficas y su aplicación a estudios de cambios conformacionales, estabilidad y repliegamiento de proteínas. *Revista mexicana de ingeniería química*, 11(3), 415-429.

<https://www.scielo.org.mx/pdf/rmiq/v11n3/v11n3a6.pdf>

16. Milkovska-Stamenova, S., Wölk, M., & Hoffmann, R. (2021). Evaluation of Sample Preparation Strategies for Human Milk and Plasma Proteomics. *Molecules*, 26(22), 6816. DOI: [10.3390/molecules26226816](https://doi.org/10.3390/molecules26226816)
17. Miura, K. (2018). An overview of current methods to confirm protein-protein interactions. *Protein and peptide letters*, 25(8), 728-733. DOI: [10.2174/0929866525666180821122240](https://doi.org/10.2174/0929866525666180821122240)
18. Regnier, F. E., & Kim, J. (2018). Proteins and proteoforms: New separation challenges. *Analytical chemistry*, 90(1), 361. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5808416/>
19. Tyers, M., & Mann, M. (2003). From genomics to proteomics. *Nature*, 422(6928), 193-197. DOI: [10.1038/nature01510](https://doi.org/10.1038/nature01510)
20. van Mierlo, G., & Vermeulen, M. (2021). Chromatin proteomics to study epigenetics—challenges and opportunities. *Molecular & Cellular Proteomics*, 20. DOI: [10.1074/mcp.R120.002208](https://doi.org/10.1074/mcp.R120.002208)
21. Whitham, M., Parker, B. L., Friedrichsen, M., Hingst, J. R., Hjorth, M., Hughes, W. E., ... & Febbraio, M. A. (2018). Extracellular vesicles provide a means for tissue crosstalk during exercise. *Cell metabolism*, 27(1), 237-251. DOI: [10.1016/j.cmet.2017.12.001](https://doi.org/10.1016/j.cmet.2017.12.001)

10. Bibliografía complementaria

- Bradshaw, R. A., & Burlingame, A. L. (2005). From proteins to proteomics. *Iubmb Life*, 57(4-5), 267-272.
- Ferrier, D. R. (2014). *Biochemistry*. Lippincott Williams & Wilkins.
- Mishra, N. C. (2011). *Introduction to proteomics: principles and applications*. John Wiley & Sons.
- Westermeier, R., Naven, T., & Höpker, H. R. (2008). *Proteomics in practice: a guide to successful experimental design*. John Wiley & Sons.

11. Fuentes de consulta web.

- Google académico https://scholar.google.es/schhp?hl=es&as_sdt=0,5
- Proteomics resources at EMBL-EBI <https://www.ebi.ac.uk/training/online/courses/proteomics-an-introduction/proteomics-resources-at-the-ebi/>
- Proteomics resources HSLS <https://www.hslls.pitt.edu/obrc/index.php?page=proteomics>
- Pubmed <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>
- University of Washington's Proteomics resources (UWPR) <https://proteomicsresource.washington.edu/>

III. Documentos Generales

1. Metodología

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

NOTA: La “Metodología General de Unidades de Aprendizaje en Modalidad a Distancia” propuesta por la Dirección de Educación a Distancia puede establecerse como una metodología base, considerando la incorporación de las particularidades o elementos requeridos para cada Unidad de Aprendizaje bajo esta modalidad educativa.

2. Compromisos

NOTA: Los “Compromisos generales para la modalidad a distancia”, se ha establecido como un documento base para las unidades de aprendizaje en esta modalidad educativa.