

PROGRAMA ANALÍTICO DE PROTEÓMICA

1. Datos de identificación:	
• Nombre de la institución y de la dependencia	Universidad Autónoma de Nuevo León Facultad de Ciencias Biológicas
• Nombre de la unidad de aprendizaje	Proteómica
• Horas aula-teoría y/o práctica, totales	72
• Horas extra aula totales	18
• Modalidad	Escolarizada
• Tipo de periodo académico	7° Semestre
• Tipo de Unidad de aprendizaje	Obligatoria
• Área Curricular	ACFP
• Créditos UANL	3
• Fecha de elaboración	30/1/12
• Fecha de última actualización	16/06/16
• Responsable (s) del diseño:	Dra. Dvorak Montiel Condado Dra. Azucena del Carmen González Horta Dra. Brenda González Hernández

2. Presentación:
<p>En esta unidad de aprendizaje se pretende que el alumno proponga las estrategias experimentales necesarias para ser capaces de separar, cuantificar, identificar y demostrar las interacciones de las proteínas expresadas por un genoma de interés. Para lograr esta meta el programa está dividido en tres etapas durante las cuales se estudiarán los requerimientos para la preparación de la muestra para extracción de proteínas, Conceptos básicos de la cuantificación de proteínas en solución, Principios generales de la electroforesis unidimensional y bidimensional, Detección de proteínas en gel, Conceptos básicos de la espectrometría de masas, Análisis MS para la identificación de proteínas y sus modificaciones post-traduccionales, Conceptos básicos de: cromatografía de Exclusión molecular, Intercambio iónico, Afinidad, RP-HPLC, Conceptos básicos de la proteomica cuantitativa: 2D-DIGE, ICAT, TRAQ, SILAC, Métodos experimentales para interacciones Proteína - Proteína , Métodos experimentales para interacciones Proteína - Ácidos Nucleicos. Siendo el Producto Integrador del Aprendizaje (PIA) una presentación escrita de una propuesta que describa las técnicas empleadas para la separación de una proteína de interés así como la identificación de sus modificaciones</p>

postraduccionales y sus probables interacciones con otras proteínas.

3. Propósito(s)

Esta Unidad de Aprendizaje tiene como propósito la adquisición de los conocimientos básicos de las técnicas empleadas para el análisis de proteomas, sus usos y aplicaciones, aporta los conocimientos y habilidades necesarias para el empleo de técnicas de la separación, cuantificación y análisis de proteínas para identificar su función en un organismo.

Proteómica requiere de los conocimientos previos de la composición y estructura de proteínas, la localización celular, sus interacciones y el funcionamiento general de éstas adquiridos previamente en las UA de Bioquímica I (2º semestre), Bioquímica II (3er semestre) y Biología Celular (3er semestre). El conocimiento adquirido en esta UA es necesario para las UA de Medicina Molecular (9º semestre), para el entendimiento de las mecanismos moleculares implicados en diversas enfermedades.

Las competencias desarrolladas en esta UA servirán de base para utilizar los métodos y técnicas de investigación tradicionales y de vanguardia que permitan la separación e identificación de proteínas, utilizando como herramientas las tecnologías de información, interviniendo frente a los retos de la sociedad contemporánea en lo local y lo global con una actitud crítica.

4. Enunciar las competencias del perfil de egreso

a. Competencias Generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje

- Manejar las tecnologías de la información y la comunicación como herramienta para el acceso a la información y su transformación en conocimiento, así como para el aprendizaje y trabajo colaborativo con técnicas de vanguardia que le permitan su participación constructiva en la sociedad. (3)
- Utilizar los métodos y técnicas de investigación tradicionales y de vanguardia para el desarrollo de su trabajo académico, el ejercicio de profesión y la generación de conocimientos. (8)
- Intervenir frente a los retos de la sociedad contemporánea en lo local y lo global con actitud crítica y compromiso humano, académico y profesional para contribuir a consolidar el bienestar general y desarrollo sustentable. (10)
- Construir propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente. (12)

b. Competencias específicas del perfil de egreso a las que contribuye la unidad de aprendizaje

- Diseño de nuevos productos biotecnológicos y métodos de diagnóstico molecular de utilidad para la industria químico-farmacéutica, veterinaria, agroalimentaria, y centros hospitalarios y de investigación en salud, mediante información genómica, proteómica y/o Metabolómica. (1)

5. Representación gráfica:

Proponer las estrategias experimentales necesarias para ser capaces de separar, cuantificar, identificar y demostrar las interacciones de las proteínas expresadas por un genoma (s) de interés bajo una condición determinada.

FASE 1

Describir los métodos de obtención y cuantificación de la muestra y los principios básicos de la electroforesis de proteínas.

FASE 2

Comparar los diferentes tipos de espectrometría de masas y los métodos cromatográficos en la separación e identificación de proteínas.

FASE 3

Sintetizar los métodos de expresión diferencial de proteínas y los que permiten revelar sus interacciones.

PIA: Exposición oral de una propuesta que describa las estrategias empleadas para la separación de una proteína de interés así como la identificación de sus modificaciones postraduccionales y sus probables interacciones con otras proteínas.

6. Estructuración en capítulos, etapas, o fases, de la unidad de aprendizaje				
(1) Elementos de competencias.				
Proponer alternativas de cuantificación y separación de proteínas en gel para la caracterización de todas éstas biomoléculas expresadas por un genoma.				
Evidencias de aprendizaje (2)	Criterios de desempeño (3)	Actividades de aprendizaje (4)	Contenidos (5)	Recursos (6)
1. Mapa conceptual (métodos de detección y cuantificación de proteínas)	<ul style="list-style-type: none"> • Se elabora un documento (mapa) con los conceptos clave para la detección y cuantificación de proteínas. • Se realiza de forma colaborativa y en formato libre • Se lee y se comprende el tema. • Se identifican las ideas principales. • Se identifica el concepto más general o inclusivo. • Se ordenan los conceptos por su grado de subordinación a partir del concepto general. • Se establecen relaciones entre la idea principal y las categorías secundarias. • Se incluyen detalles complementarios (características, temas, subtemas). • Se muestra congruencia del contenido • Se entrega en formato físico y 	<ul style="list-style-type: none"> • Exposición del facilitador sobre la importancia de la proteómica, la cuantificación de proteínas en solución, la electroforesis de proteínas y sus métodos de detección. • Preguntas insertadas • Búsqueda de información por parte del alumno. • Organización de la información por medio de toma de notas • Lluvia de ideas sobre los protocolos de cuantificación de proteínas • Solución de problemas. • Solución de casos. • Elaboración de un 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Introducción a la proteómica. 2. Requerimientos para la obtención y preparación de la muestra. 3. Conceptos básicos de la cuantificación de proteínas en solución. <ol style="list-style-type: none"> a. Biuret b. Lowry c. Bradford d. BCA 4. Fundamento de la electroforesis unidimensional y bidimensional (IEF y SDS-PAGE) 5. Métodos de detección de proteínas en gel <ol style="list-style-type: none"> a. Tinción con azul de Coomassie b. Tinción con plata c. Fluorescencia 	Marcadores Multimedia Rúbrica

<p>2. Examen teórico (primer parcial)</p>	<p>electrónico (nexus) en la fecha y hora indicada.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Los que indique el reglamento de la UANL y el de la FCB. • Fecha, hora y lugar que indique el Departamento Escolar de la FCB. • Evidencia 1 MAPA CONCEPTUAL entregado y aprobada. • Cumplir con el 80% de las actividades de aprendizaje. • Asistencia del 80% 	<p>Diagrama de flujo para las electroforesis uni- y bi-dimensional.</p>		
--	--	---	--	--

<p>7. Estructuración en capítulos, etapas, o fases, de la unidad de aprendizaje</p>				
<p>(2) Elementos de competencias.</p>				
<p>Utilizar las diferentes cromatografías líquidas y espectrometría de masas en la purificación e identificación de proteínas para lograr su caracterización.</p>				
<p>Evidencias de aprendizaje (2)</p>	<p>Criterios de desempeño (3)</p>	<p>Actividades de aprendizaje (4)</p>	<p>Contenidos (5)</p>	<p>Recursos (6)</p>
<p>3. Cuadro comparativo (de las diferentes cromatografías)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Se elabora un documento (Cuadro) con los conceptos clave de cada cromatografía. • Se realiza de forma colaborativa y en formato libre • Se identifican los elementos que se desean comparar • Se marcan los parámetros a comparar 	<ul style="list-style-type: none"> • Exposición del facilitador sobre la espectrometría de masas, los distintos tipos de cromatografía líquida y cromatogramas para cada caso. 	<p>6. Conceptos básicos de la espectrometría de masas</p> <ol style="list-style-type: none"> Elementos que componen un MS Tipos de fuentes de ionización (MALDI, electrospray) Tipos de 	<p>Marcadores Multimedia Rúbrica</p>

	<ul style="list-style-type: none"> • Se identifican y escriben las características de cada objeto • Se enuncian las afirmaciones donde se mencionen las semejanzas y diferencias más relevantes de los elementos • Se enuncia la conclusión a la que se llegó. • Se muestra congruencia del contenido • Se entrega en formato físico y electrónico (nexus) en la fecha y hora indicada. 	<ul style="list-style-type: none"> • Preguntas insertadas • Lectura de artículos científicos. • Discusión grupal • Organización de la información por medio de toma de notas • Resumen de los diferentes métodos de MS • Elaboración y exposición de un cartel con la información relevante de cada cromatografía estudiada. 	<p>analizadores (TOF, Triple cuadrupolo, Trampa de iones, etc.)</p> <ol style="list-style-type: none"> 7. Análisis MS y MS/MS para la identificación de proteínas y la determinación de sus posibles modificaciones post-traduccionales 8. Separación y purificación de Proteínas: Exclusión molecular <ol style="list-style-type: none"> a. Principio de separación b. Condiciones columna c. Condiciones muestra d. Cromatograma resultante 9. Intercambio iónico <ol style="list-style-type: none"> a. Principio de separación b. Condiciones columna c. Condiciones muestra d. Cromatograma resultante 10. Afinidad <ol style="list-style-type: none"> a. Principio de separación b. Condiciones 	
--	--	--	---	--

<p>4. Examen teórico (segundo parcial)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Los que indique el reglamento de la UANL y el de la FCB. • Fecha, hora y lugar que indique el Departamento Escolar de la FCB. • Evidencia 3 CUADRO COMPARATIVO entregado y aprobado. • Cumplir con el 80% de las actividades de aprendizaje. • Asistencia a clases del 80% 		<p>columna c. Condiciones muestra d. Cromatograma resultante 11.RP-HPLC a. Principio de separación b. Condiciones columna c. Condiciones muestra d. Cromatograma resultante</p>	
---	--	--	---	--

<p>8. Estructuración en capítulos, etapas, o fases, de la unidad de aprendizaje</p>				
<p>(3) Elementos de competencias.</p>				
<p>Identifica las estrategias de la cuantificación de expresión diferencial de proteínas y sus posibles interacciones en muestras que difieren en una condición dada para proponer biomarcadores.</p>				
<p>Evidencias de aprendizaje (2)</p>	<p>Criterios de desempeño (3)</p>	<p>Actividades de aprendizaje (4)</p>	<p>Contenidos (5)</p>	<p>Recursos (6)</p>

<p>5. Cuadro sinóptico (métodos de la proteómica de expresión y/o de interacción)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Se elabora un documento (Cuadro) con los conceptos clave de cada método para la expresión diferencial de proteínas y sus interacciones. • Se realiza de forma colaborativa y en formato libre • Se identifican los conceptos generales o inclusivos. • Se derivan los conceptos secundarios o subordinados. • Se categorizan los conceptos estableciendo relaciones de jerarquía. • Se utilizan llaves para señalar las relaciones. • Se muestra congruencia del contenido • Se entrega en formato físico y electrónico (nexus) en la fecha y hora indicada. 	<ul style="list-style-type: none"> • Exposición del facilitador sobre los aspectos generales de la proteómica de expresión, las interacciones proteicas. • Presentación de ejemplos para cada caso para facilitar el entendimiento y aprendizaje. • Preguntas insertadas • Búsqueda de información por parte del alumno. • Organización de la información por medio de toma de notas • Discusión guiada de casos donde se empleó una de las técnicas estudiadas. • Elaboración de un tríptico de los diferentes métodos que permiten demostrar en un solo experimento la expresión diferencial de proteínas en muestras que difieren en una condición 	<p>12. Detección y cuantificación de la expresión diferencial de Proteínas: 2D-DIGE</p> <ol style="list-style-type: none"> a. Características de marcaje b. Principio de separación c. Estrategia de cuantificación <p>13. ICAT</p> <ol style="list-style-type: none"> a. Características de marcaje b. Principio de separación c. Estrategia de cuantificación <p>14. ITRAQ</p> <ol style="list-style-type: none"> a. Característica de marcaje b. Principio de separación c. Estrategia de cuantificación <p>15. SILAC</p> <ol style="list-style-type: none"> a. Característica de marcaje b. Principio de separación c. Estrategia de cuantificación. <p>16. Detección de interacciones Proteína - Proteína</p> <ol style="list-style-type: none"> a. Y2H 	<p>Marcadores Multimedia Rúbrica</p>
--	---	--	---	--

<p>6. Examen teórico (tercer parcial)</p> <p>7. PIA (presentación oral de la propuesta)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Los que indique el reglamento de la UANL y el de la FCB. • Fecha, hora y lugar que indique el Departamento Escolar de la FCB. • Evidencia 5 CUADRO SINOPTICO entregado y aprobado. • Cumplir con el 80% de las actividades de aprendizaje. • Asistencia del 80% • La presentación oral del proyecto es con base en una proteína de interés relacionada a : Hemocromatosis, fibrosis quística, hepatitis, influenza, Alzheimer o Parkinson. • Incluye las correcciones acordes a la retroalimentación del docente y los aspectos descritos en la lista de cotejo. • Elaborado de forma colaborativa. • El formato electrónico es en 	<p>dada.</p>	<p>b. AP-MS c. Co-IP</p> <p>17. Detección de interacciones Proteína - Ácidos Nucleicos.</p> <p>a. ChIP b. EMSA</p>	
---	--	--------------	--	--

	<p>Power point.</p> <ul style="list-style-type: none"> • La presentación del incluye: Título, Antecedentes, Objetivos, Metodología, Resultados, Discusiones, Conclusiones y Bibliografía • La presentación incluye máximo 25 dispositivas. • Presentar los hallazgos más relevantes de su investigación documental frente al grupo. • La duración de la exposición por equipo es de 20 minutos. • Se muestra congruencia del contenido • Se presenta oralmente y en formato electrónico (nexus) en la fecha y hora indicada. 			
--	--	--	--	--

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

EVIDENCIAS A CONSIDERAR	ETAPAS/FASES/PARCIAL			TOTAL (%)
	I	II	III	
Evidencias	Mapa conceptual de los diferentes métodos de detección y cuantificación de proteínas.	Cuadro comparativo entre todas las diferentes cromatografías 10	Cuadro sinóptico de los métodos de la proteómica de expresión y/o de interacción. 10	30

	10			
Examen teórico	Primer parcial 15	Segundo parcial 15	Tercer parcial 10	40
Producto integrador	-	-	PIA 30	30
TOTAL	25	25	50	100

8. Producto integrador del aprendizaje de la unidad de aprendizaje.

Exposición oral de una propuesta que describa las técnicas empleadas para la separación de una proteína de interés así como la identificación de sus modificaciones postraduccionales y sus probables interacciones con otras proteínas.

Producto integrador:

Exposición oral de una propuesta que describa las estrategias empleadas para la separación de una proteína de interés así como la identificación de sus modificaciones postraduccionales y sus probables interacciones con otras proteínas.

Instrucciones	<ol style="list-style-type: none">1. Los estudiantes seleccionan una proteína de interés a investigar2. Realizar grupalmente la búsqueda de información correspondiente y realizar la planeación3. Enviar al facilitador la planeación argumentada para revisión.3. Una vez retroalimentada, implementar la planeación argumentada en el aula.4. Elaboración de la presentación con base en los criterios de evaluación.5. Presentación oral de la propuesta6. Entrega de la presentación en plataforma NEXUS
Valor	Total: 30%
Criterios de evaluación	<p>El formato del producto integrador será: Presenta una diapositiva Institucional (UANL/FCB) en la que se identifica el nombre de la propuesta y los alumnos que realizaron el PIA. Cuerpo de la propuesta: Estilo libre.</p> <p>Presentación de la propuesta: Contiene ordenadamente:</p> <ul style="list-style-type: none">• Antecedentes• Objetivos• Metodología• Resultados• Discusiones• Conclusiones• Literatura Consultada <p>Respetar la calendarización para subir a la plataforma Nexus.</p>
Modalidad	Colaborativo: Grupal
Medio de entrega	Oral en Clase y en Plataforma Nexus.

Fuentes de apoyo y consulta.

- Twyman, R. M. (2013). Principles of proteomics 2nd Edition. Garland Science, 2 edition.
- Lovric, J. Introducing Proteomics: From Concepts to Sample Separation, Mass Spectrometry and Data Analysis 1st Edition (2011). Wiley; 1 edition.
- Cutillas, PR., Timms, JF. LC-MS/MS in Proteomics: Methods and Applications (Methods in Molecular Biology) 2010th Edition. Springer protocols.
- Mishra, NC., Blobel, G. Introduction to Proteomics: Principles and Applications 1st Edition (2010). Wiley.
- Aguilar, M-I. (2004). HPLC of peptides and proteins. Methods and protocols. Humana Press.
- Westermeier, T. N. (2008). Proteomics in practice. A Laboratory manual of proteome análisis. Wiley-VCH.
- Kannicht C. Posttranslational Modification of Proteins: Tools for Functional Proteomics (Methods in Molecular Biology) (2002). Humana Press
- Simpson, R.J., Adams, PD., Golemis EA. (2008). Basic Methods in Protein Purification and Analysis: A Laboratory Manual 1st Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press; 1 edition
- Leibler, D.C. (2002). Introduction to Proteomics. Tools for the new biology. Humana Press.
- Wilkins, MR., Appel, R. D., Williams, K.L. y Hochstrasser, D. F. (2007). Proteome Research. Concepts, technology and application. Springer.
- Almeida, P. Proteins: Concepts in Biochemistry. (2016) Garland Science
- Lesk, A. Introduction to Protein Science: Architecture, Function, and Genomics (2010). Oxford University Press; 2 edition

Base de datos electrónica:

- PUBMED: <http://www.pubmedcentral.com>
- Expasy: <http://www.expasy.org/proteomics>
- Google escolar: <http://scholar.google.es/schhp?hl=es>
- MetaCyc Metabolic Pathway Database <http://www.metacyc.org>
- IonSource Proteome Players and Resource Links <http://www.ionsource.com/links/proteolinks.htm>
- European Molecular Biology Laboratory http://www.embl.de/proteomics/proteomics_services/links_tutorials/bookshelf/