

## Unidad de Proteómica Navarrabiomed

La Unidad de Proteómica tiene como objetivo principal fomentar la investigación científica y el desarrollo tecnológico en la Comunidad Foral de Navarra, así como dar soporte tecnológico y científico en el campo de la Proteómica a la comunidad científica. Ofrece sus servicios tecnológicos, asesoramiento y cursos de formación tanto a los investigadores del Sistema Navarro de Salud (SNS-O), como a otras instituciones públicas o privadas y a empresas del sector Biotech.

**Responsable:** Joaquín Fernández

**Teléfono:** 848425740

**mail:** [jfernani@navarra.es](mailto:jfernani@navarra.es)

### Servicios y tarifas (2020)

	IdiSNA	Público	Privado
<sup>1</sup> Preparación de la Muestra	75	115	175
<sup>2</sup> Marcaje TMT	105	160	240
<sup>3</sup> Fraccionamiento subcelular	56	84	126
<sup>4</sup> Fraccionamiento mediante HPLC	100	150	225
<sup>5</sup> SDS-PAGE	40	60	90
<sup>6</sup> Western-Blot	55	85	130
Caracterización Peso molecular mediante LC-MS/MS HR	Consultar		
<sup>7</sup> LC-MS/MS Low Resolution Short Gradient	20	30	45
<sup>7</sup> LC-MS/MS Low Resolution Medium Gradient	50	75	115
<sup>7</sup> LC-MS/MS Low Resolution Long Gradient	75	115	175
<sup>8</sup> LC-MS/MS High Resolution Short Gradient	75	115	175
<sup>8</sup> LC-MS/MS High Resolution Medium Gradient	125	190	285
<sup>8</sup> LC-MS/MS High Resolution Long Gradient	150	225	340
<sup>9</sup> Bioinformática: identificación proteínas diferenciales	Consultar		
<sup>10</sup> Bioinformática: análisis funcionales	Consultar		
Cuantificación de Proteínas Mediante MRM	Consultar		
Caracterización de PTMs	Consultar		

<sup>1</sup>La Preparación de la muestra incluye:

- Extracción, limpieza y resuspensión de proteínas en el tampón correspondiente
- Cuantificación de Proteína mediante ensayo de Bradford
- Digestión proteica de la muestra con la enzima de interés
- Limpieza del digerido peptídico mediante C18

<sup>2</sup>El Marcaje TMT incluye:

- Marcaje isobárico de cada muestra
- Análisis preliminar mediante LC-MS/MS

<sup>3</sup>El Fraccionamiento Subcelular incluye:

- Fraccionamiento subcelular mediante el kit Qproteome Cell Compartment (Qiagen)
- Análisis preliminar mediante LC-MS/MS

<sup>4</sup>El fraccionamiento de péptidos incluye:

- Fraccionamiento cromatográfico mediante fase reversa o intercambio iónico

<sup>5</sup>SDS-PAGE incluye:

- Separación de proteínas mediante SDS-PAGE
- Tinción Azul de Coomassie
- Digitalización del gel

<sup>6</sup>Western-Blot incluye:

- Transferencia de proteínas a membrana de Nitrocelulosa
- Bloqueo de membrana, incubaciones con anticuerpos y revelado por ECL
- Digitalización de la membrana y cuantificación de las bandas de interés
- El anticuerpo primario se facturará por separado

<sup>7</sup>Análisis mediante LC-MS/MS Low Resolution incluye:

- Gradiente de 45, 60 o 120 min en nanoHPLC acoplado a espectrómetro de masas 5500Qtrap

<sup>8</sup>Análisis mediante LC-MS/MS High Resolution incluye:

- Gradiente de 60, 120 o 180 min en nanoHPLC acoplado a espectrómetro de masas 5600+ TT

<sup>9</sup>Bioinformática (Cuantificación de proteínas)

- Identificación y cuantificación de proteínas
- Caracterización de modificaciones postraduccionales
- Representación de los datos según estándares de publicación (PCA, volcano, heatmap, etc)
- Subida de datos a repositorios públicos

<sup>10</sup>Bioinformática (Análisis funcionales)

- Análisis y visualización de funciones enriquecidas según términos de GO (función molecular, proceso biológico y localización celular)
- Generación de redes de interacción de proteínas, rutas metabólicas e implicación en procesos patológicos
- Predicción de interacción de proteínas de interés
- Predicción de sitios de unión a Factores de Transcripción.