

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

Web: <https://www.navarrabiomed.es/es/recursos/proteómica>

Servicios y tarifas (2019)

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

¹La Preparación de la muestra incluye:

- Extracción, precipitación y resuspensión en el tampón correspondiente
- Cuantificación de Proteína mediante ensayo de Bradford
- Digestión de la muestra con la enzima de interés

²El Marcaje iTRAQ incluye:

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

³El Fraccionamiento Subcelular incluye:

- Fraccionamiento subcelular de cada muestra con el Qproteome Cell Compartment Kit de Qiagen
- Análisis preliminar mediante LC-MS/MS

⁴El fraccionamiento de péptidos incluye:

- Fraccionamiento mediante fase reversa o SCX de la muestra en las fracciones propuestas en el diseño experimental correspondiente

⁵SDS-PAGE incluye:

- Separación de proteínas en gel de acrilamida (9 muestras + marcador PM)
- Tinción Azul de Coomassie
- Digitalización del gel

⁶Western-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

⁷Análisis mediante LC-MS/MS Low Resolution incluye:

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

⁸Análisis mediante LC-MS/MS High Resolution incluye:

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

⁹Bioinformática: identificación proteínas diferenciales:

- Identificación y cuantificación de proteínas mediante Maxquant y Perseus
- Tabla de proteínas diferenciales obtenidas mediante ProteinPilot
- Representación de los datos según estándares de publicación, incluidos volcano, heatmap y foldchange
- Análisis adicionales requeridos por el usuario para la publicación de los datos en revistas de interés
- Subida de datos a repositorios públicos

¹⁰Bioinformática: análisis funcionales incluye:

- 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.
- Otros análisis