

# PROGRAMA CIENTÍFICO

**Jueves, 9 de Febrero de 2012**

## **Sesión 1: Proteómica Cuantitativa** (10:00-11:30h)

- **Nuevas herramientas para nuevos retos en proteómica cuantitativa**  
*Antonio Serna Sanz - ABSciex*
- **Caracterización del secretoma asociado a metástasis de cáncer colorrectal mediante SILAC utilizando el sistema celular KM12**  
*Marta Mendes, Rodrigo Barderas, María López-Lucendo, Roi Villar-Vázquez, Tamar San Hipólito-Marín, Alberto Peláez, Rubén A. Bartolomé, Sofía Torres, Ignacio Casal*
- **Estudio comparativo del secretoma de condrocitos articulares humanos analizados mediante las técnicas iTRAQ e SILAC**  
*Valentina Calamia, Jesús Mateos, Patricia Fernández-Puente, Lucía Lourido, Beatriz Rocha, Carolina Fernández, Cristina Ruiz-Romero, Francisco J. Blanco*
- **DIRECT DETECT - Sistema revolucionario para la cuantificación de biomoléculas**  
*Birgit Haas – Merck Millipore*
- **El análisis proteómico del interactoma intracelular revela que las tetraspaninas modulan el repertorio de proteínas que forman parte de los exosomas de linfocitos T humanos**  
*Daniel Pérez-Hernández, Inmaculada Jorge, María Yáñez-Mo, Mónica Sala-Valdés, M<sup>a</sup> Ángeles Ursa, Francisco Sánchez-Madrid, Jesús Vázquez*
- **Validación por SRM de marcadores de la actividad TGF- $\beta$  en CSF de pacientes con glioma**  
*Núria Colomé, Gerard Folch, M<sup>a</sup> Ángeles Artaza, Luna Martín, Marta Monge, Ricardo Gonzalo, Joan Seoane, Francesc Canals*

**Café y Pósters** (11:30-12:00h)

## **Sesión 2: Modificaciones Post-traduccionales** (12:00-13:00h)

- **Efecto de la activación linfocitaria sobre el fosfoproteoma del linfocito T primario humano: estudio mediante marcaje isotópico y espectrometría de masas**  
*Vanessa Casas, Marina Gay, Montserrat Carrascal, Emilio Gelpí, Joaquín Abián*
- **Análisis molecular de la ubiquitinación de RIG-I en el contexto de la infección por el virus Influenza**  
*Rocío Daviña Núñez, Matthias Budt, Thorsten Wolff*

- **El preconditionamiento isquémico induce cambios en las proteínas de la fosforilación oxidativa y atenúa el daño oxidativo durante la isquemia-reperfusión por mecanismos independientes de la señalización citosólica**  
*Pilar Caro, Pablo Martínez-Acedo, Estefanía Núñez, Elisabet Miró-Casas, Raquel Mesa, Marisol Ruiz-Meana, David García-Dorado, Jesús Vázquez*
- **Proteomics through integrated MALDI and ESI**  
*Marcus Macht, Arnd Ingendoh, Arndt Asperger, Andrea Kiehne, Detlev Suckau, Michael Becker, Peter Hufnagel – Bruker Daltonics*

### **Sesión 3: Arrays de proteínas, análisis de datos y biología de sistemas** (13:00-14:00h)

- **Construcción de microarrays de proteínas a partir de genotecas de expresión para el estudio de la interfase molecular garrapata-hospedador**  
*Verónica Díaz-Martín, Raúl Manzano-Román, Manuel Fuentes, Ana Oleaga, Eduardo de la Torre, Ana Hernández, Ricardo Pérez-Sánchez*
- **¿Puedo confiar en mis experimentos de SRM?**  
*Pedro Navarro, Lucía Espona Pernas, Hannes Röst, Lars Malmström, Ruedi Aebersold*
- **Análisis cuantitativo en profundidad del proteoma de células de músculo liso vascular tratadas con angiotensina II**  
*Fernando J. García-Marqués, Elena Bonzón Kulichenko, Jesús Vázquez*
- **El modelado matemático en el estudio de mecanismos de señalización celular: Apoptosis inducida por interferón de tipo I**  
*Irene Otero-Muras, Joerg Stelling*

### **Comida y pósters** (14:00-15:30h)

### **Sesión 4: Proteómica Biomédica** (15:30-18:00h)

- **Descubrimiento de Biomarcadores Mediante Estrategias Multi-ómicas**  
*Jaume Morales – Agilent Technologies*
- **Papel de NFκB como posible biomarcador en el desarrollo de Cáncer de pulmón en pacientes previamente diagnosticados de EPOC**  
*M Dolores Pastor, Ana Nogal, Sonia Molina, Ricardo Menéndez, Eduardo Márquez, M. José de Miguel, Amancio Carnero, Luis Paz-Ares*
- **Determinación del perfil proteico diferencial de líquido sinovial de pacientes con artrosis y artritis reumatoide mediante nanoLC acoplada a MALDI-TOF/TOF**  
*Jesús Mateos, Lucía Lourido, Patricia Fernández-Puente, Valentina Calamia, Carlos Fernández-López, Natividad Oreiro, Cristina Ruiz-Romero, Francisco Blanco García*
- **Análisis proteómico de exosomas de orina humana en la búsqueda de marcadores de nefropatía diabética**  
*Irene Zubiri, A. Benito-Martin, E. Calvo, M. Posada, M. Martin-Lorenzo, F. De la Cuesta, J.A. Lopez, M. G. Barderas, B. Fernandez-Fernandez, A. Ramos, A. Ortiz, F. Vivanco, G. Alvarez-Llamas*

- **Caracterización por proteómica del tejido muscular esquelético como órgano endocrino**  
*Arturo Roca-Rivada, Jana Alonso, Omar Al-Massadi, Cecilia Castelao, Lucía L. Senín, Luisa M Seoane, Felipe F Casanueva, María Pardo*
- **Aproximación a la patogenia de la aterosclerosis. Análisis del secretoma de arterias humanas sanas y con distintos grados de afección**  
*Fernando de la Cuesta, María G. Barderas, Enrique Calvo, Irene Zubiri, Aroa S. Maroto, Verónica M. Darde, Tatiana Martín-Rojas, Félix Gil-Dones, María Posada, Teresa Tejerina, Juan A. Lopez, Fernando Vivanco, Gloria Álvarez-Llamas*
- **DISC-1 regula la expresión del neuropéptido antidepresivo VGF en neuronas**  
*Adriana Ramos, Carmen R. Seoane, Isaac Rosa, Jana Alonso, Verian Bader, Carsten Korth, Ángel García, Jesús R. Requena*
- **Validación de un nuevo método de extracción proteica de tejidos fijados en formalina e incluidos en bloques de parafina**  
*Teresa Rodríguez-Rigueiro, Manuel Valladares-Ayerbes, Mar Haz-Conde, Moisés Blanco, Guadalupe Aparicio, Patricia Fernández-Puente, Francisco J. Blanco, M<sup>a</sup> Jose Lorenzo, Luis A. Aparicio y Angélica Figueroa*
- **Uso de la técnica de MALDI-Imaging para la caracterización de un modelo murino en estudios de enfermedad celíaca**  
*Sebastián Trejo, Silvia Bronsoms, Fernando Trejo, Yolanda Sanz, Xavier Avilés*
- **Targeted MS quantification assays for signal transduction protein pathways**  
*Michaela Scigelova - Thermo Fisher Scientific*

## Viernes, 10 de Febrero de 2012

### Sesión 5: Proteómica de Microorganismos y Parásitos (9:30-11:00h)

- **Proteoma de la superficie endotelial de la vena porta en ratones infectados con *Schistosoma bovis***  
*Eduardo de la Torre-Escudero, Luz Valero Ana Hernández-González, Verónica Díaz-Martín, Raúl Manzano-Román, Ricardo Pérez-Sánchez, Ana Oleaga*
- **Evaluación de la variabilidad de la expresión proteica en poblaciones de *Perkinsus Olseni*, protozoo parásito de moluscos marinos, mediante electroforesis bidimensional y espectrometría de masas**  
*Sergio Fernández, Antonio Villalba, Asunción Cao*
- **Proteómica aplicada a la mejora de nuevos procesos industriales en *Corynebacterium glutamicum*: Producción de ácidos dicarboxílicos**  
*Carlos Barreiro, María Fernanda Vasco, Miriam Martínez-Castro, Juan Francisco Martín*
- **Caracterización de un proteoma mínimo: *Mycoplasma genitalium***  
*Noemí Párraga-Niño, Nuria Colomé, Francesc Canals, Enrique Querol, Mario Ferrer-Navarro*

- **Inmunoproteómica de la respuesta a la infección sistémica en ratón con una cepa de *Saccharomyces cerevisiae* procedente de suplementos dietéticos**

*Carolina Hernández-Haro, Silvia Llopis, Lucía Monteoliva, Concha Gil, María Molina*

## **Café y Pósters (11:00-11:30h)**

### **Sesión 6: Proteómica Vegetal y Animal (11:30-13:30h)**

- **Análisis del proteoma del exudado estigmático**

*Juan David Rejón, François Delalande, Christine Schaeffer-Reiss, Krzysztof Zienkiewicz, Juan de Dios Alché, María Isabel Rodríguez-García, Alain Van Dorsselaer, Antonio J. Castro*

- **Caracterización del proteoma de las envolturas interna y externa de cloroplasto de *Pisum sativum***

*Elain F. Gutierrez-Carbonell, Giuseppe Lattanzio, Jorge Rodriguez-Celma, Daniela Duy, Julia Kehr, Katrin Philipp, Ana Flor López-Millán, Javier Abadía*

- **Aislamiento y caracterización de proteínas implicadas en la meiosis de arroz**

*Melania Collado-Romero, Pilar Prieto*

- **Disección del metabolismo de la baya de vid durante el desarrollo mediante las técnicas de proteómica cuantitativa DIGE e iTRAQ**

*María José Martínez Esteso, María Teresa Vilella, Juan Casado Vela, Susana Selles Marchart, María Ángeles Pedreño, Roque Bru*

- **Increasing the System Peak Capacity of LC-MS/MS Work-Flows for Qualitative and Quantitative Protein Profiling by Incorporating Ion Mobility Separations**

*Mark McDowall, James Langridge, Tim Riley, Scott Geromanos – Waters Corporation*

- **Activación de las calpaínas en la glándula mamaria tras el destete: Identificación mediante proteómica de nuevas dianas**

*Iván Ferrer-Vicens, Teresa Arnandis, Concha García, Estefanía Fernández, Elisa Alonso-Yuste, Elena R García-Trevijano, Luís Torres, Juan R Viña, Rosa Zaragoza*

- **Proteómica para la identificación de biomarcadores en estudios medioambientales**

*Eduardo Chicano-Gálvez, Ricardo Fernández-Cisnal, Inmaculada Osuna-Jiménez, Amalia Vioque-Fernández, Nieves Abril, José Alhama, José Luis Gómez-Ariza, Juan López-Barea, Carmen Pueyo*