

IDENTIFICACIÓN DE PROTEÍNAS Y RUTAS METABÓLICAS ASOCIADAS A LA RESPUESTA NEUROPROTECTORA MEDIADA POR LA TIBOLONA EN ASTROCITOS BAJO UN MODELO INFLAMATORIO INDUCIDO.

Daniel Camilo Osorio

Agosto 14, 2015

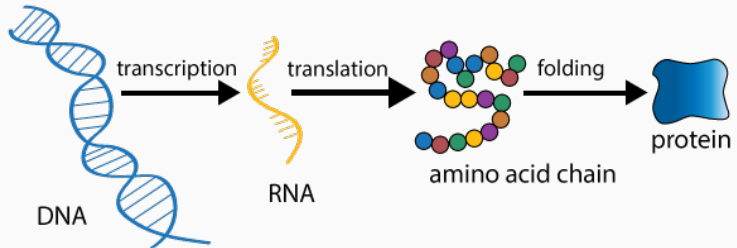
Maestría en Bioinformática

Universidad Nacional de Colombia

Laboratorio de Bioquímica Computacional y Bioinformática

Pontificia Universidad Javeriana

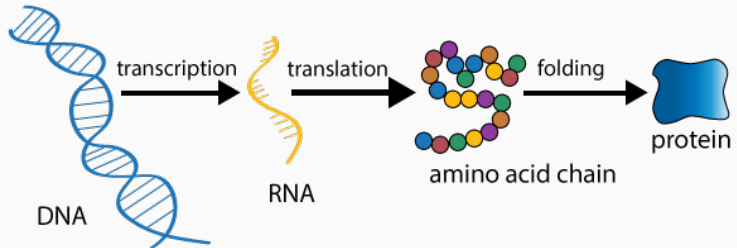
PROTEINAS



© Bio-Social Methods Collaborative 2013 The Regents of the University of Michigan

- Están determinadas mayoritariamente por la genética de los organismos.

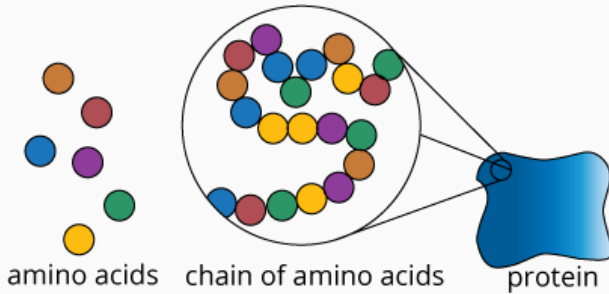
PROTEINAS



© Bio-Social Methods Collaborative 2013 The Regents of the University of Michigan

- Están determinadas mayoritariamente por la genética de los organismos.
- Son los componentes principales de las rutas metabólicas de las células.

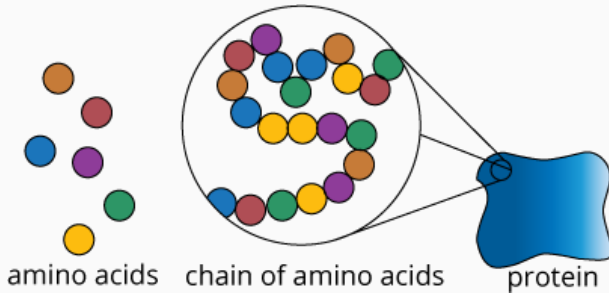
PROTEÍNAS



© Bio-Social Methods Collaborative 2013 The Regents of the University of Michigan

- Son moléculas formadas por cadenas lineales de aminoácidos.

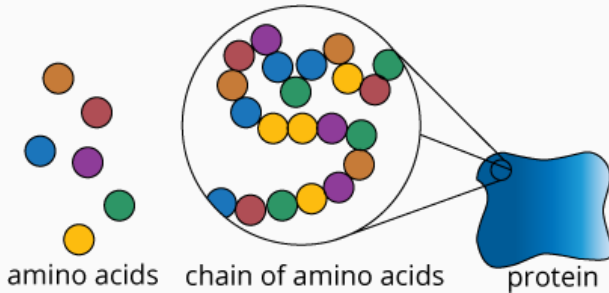
PROTEÍNAS



© Bio-Social Methods Collaborative 2013 The Regents of the University of Michigan

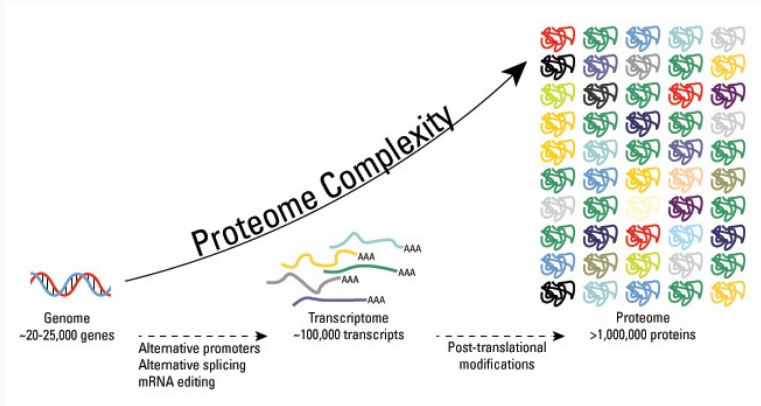
- Son moléculas formadas por cadenas lineales de aminoácidos.
- Realizan funciones enzimáticas, estructurales y de transducción de señales entre otras.

PROTEÍNAS



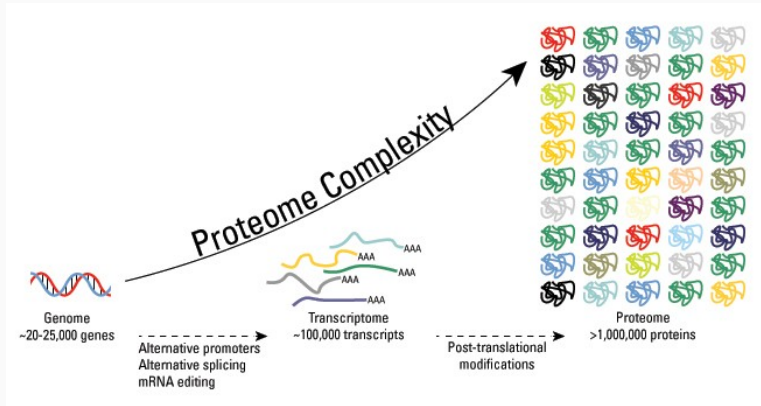
© Bio-Social Methods Collaborative 2013 The Regents of the University of Michigan

- Son moléculas formadas por cadenas lineales de aminoácidos.
- Realizan funciones enzimáticas, estructurales y de transducción de señales entre otras.
- El conjunto de las proteínas expresadas en una circunstancia determinada es denominado *proteoma*.



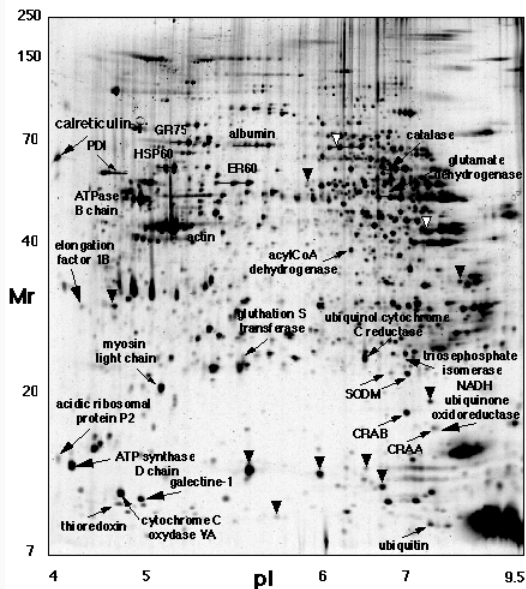
- Es el equivalente proteínico del *genoma*.

PROTEOMA

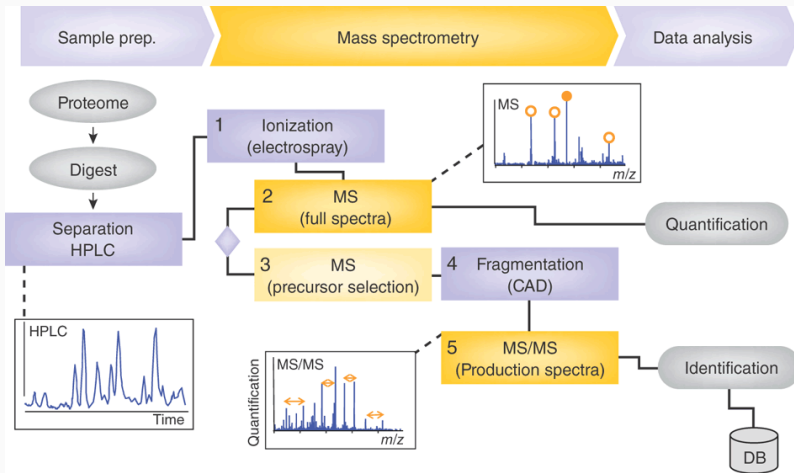


- Es el equivalente proteínico del *genoma*.
- Es la totalidad de proteínas expresadas en una célula bajo ciertas condiciones ó etapa de desarrollo específicas.

MÉTODOS PARA CARACTERIZACIÓN DE PROTEOMAS

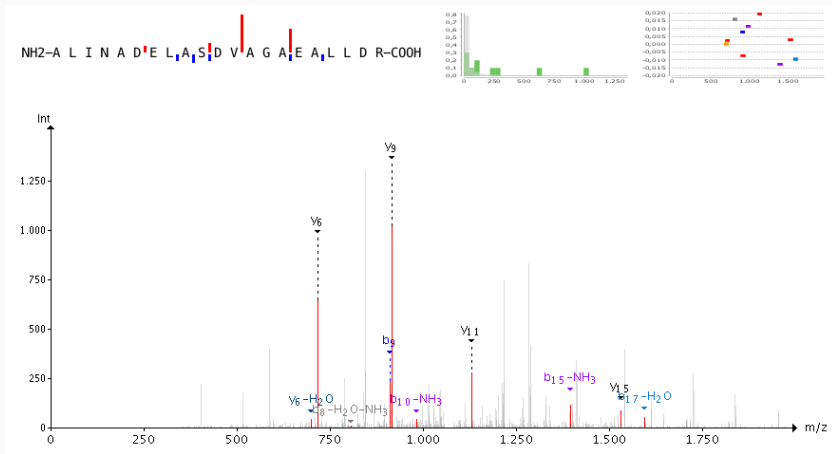


MÉTODOS PARA CARACTERIZACIÓN DE PROTEOMAS



Secuenciación de alto rendimiento de proteomas

ESPECTROS DE MASAS



Representa la abundancia de los diferentes tipos de iones en función de la relación masa/carga de cada uno de ellos.

TITLE=01-02.734.734.3 File:"01-02.RAW",
NativeID:"controllerType=0 controllerNumber=1
scan=734"

BEGIN IONS

RTINSECONDS=810.6452

PEPMASS=423.252593994141 12337.3798828125

CHARGE=3+

129.1288300 52.872806549

149.1461182 3.9003605843

157.1478424 2.5976366997

163.1104431 7.5093927383

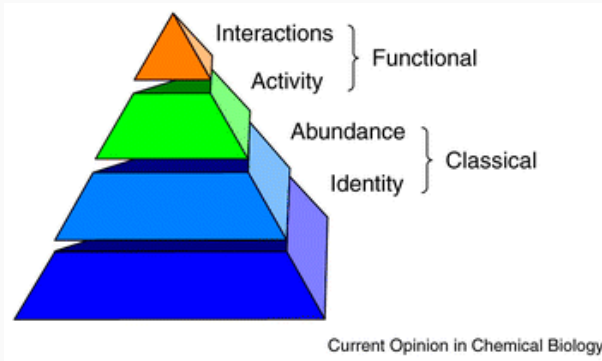
174.8226013 9.9194545746

193.2301788 2.1630632877

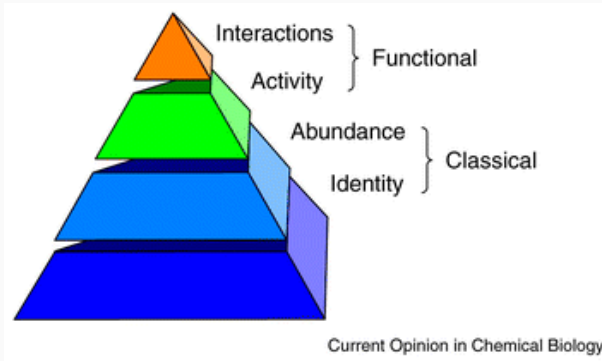
.

.

.



- La *proteómica* es el estudio a gran escala de la identidad, abundancia, actividad e interacciones de las proteínas.



- La *proteómica* es el estudio a gran escala de la identidad, abundancia, actividad e interacciones de las proteínas.
- La comparación de proteomas en diferentes situaciones metabólicas permite identificar proteínas correlacionadas con determinados estadios fisiológicos.

OBJETIVO:

Caracterizar computacionalmente el conjunto de proteínas expresadas diferencialmente por el aumento en la concentración de ácidos grasos libres y la presencia del esteroide Tibolona en astrocitos humanos.

PROTEOMICS.sh

IDENTIDAD

X!TANDEM
MS-GF+
MIRYMATCH
COMET
TIDE
OMSSA

ABUNDANCIA

**PEPTIDE
SHAKER**

(ABUNDANCIA y PROBABILIDAD)

ACTIVIDAD

UNIPROT

ID PROTEINAS



EC.



HMR

REACCIONES



METABOLISMO

INTERACCIÓN

ENSEMBL

ID GENES



STRINGDB

PPI



SEÑALIZACIÓN

3548

DOI 10.1002/pmic.201300201

Proteomics 2013, 13, 3548–3553

DATASET BRIEF

The human oligodendrocyte proteome

Keiko Iwata^{1,2,3}, Cecilia C. Café-Mendes^{4,5}, Andrea Schmitt^{1,6}, Johann Steiner⁷, Takayuki Manabe⁸, Hideo Matsuzaki^{2,3}, Peter Falkai¹, Christoph W. Turck⁴ and Daniel Martins-de-Souza^{1,4,6}

¹ Department of Psychiatry and Psychotherapy, Ludwig Maximilians University of Munich (LMU), Munich, Germany

² Research Center for Child Mental Development, University of Fukui, Japan

³ Department of Development of Functional Brain Activities, United Graduate School of Child Development, Osaka University, Kanazawa University, Hamamatsu University School of Medicine, Chiba University and University of Fukui, Fukui, Japan

⁴ Max Planck Institute for Psychiatry, Proteomics and Biomarkers, Munich, Germany

⁵ Lab. de Neurobiologia Celular, Inst. Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brazil

⁶ Lab. de Neurociências (LIM-27), Inst. de Psiquiatria, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo, São Paulo, Brazil

⁷ Department of Psychiatry, University of Magdeburg, Magdeburg, Germany

⁸ Division of Gene Expression Mechanism, Institute for Comprehensive Medical Science, Fujita Health University, Aichi, Japan



6 PARALELIZABLES, AUTOMATIZABLES Y DISEÑADOS PARA LINUX



6 PARALELIZABLES, AUTOMATIZABLES Y DISEÑADOS PARA LINUX

MS-GF+
X!TANDEM

MYRIMATCH
COMET

OMSSA
TIDE



6 PARALELIZABLES, AUTOMATIZABLES Y DISEÑADOS PARA LINUX

MS-GF+
X!TANDEM

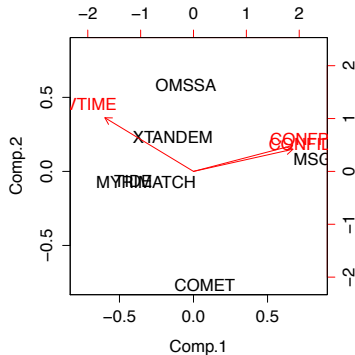
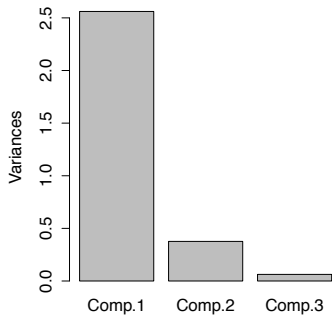
MYRIMATCH
COMET

OMSSA
TIDE

TIEMPO	PROTEINAS	PEPTIDES	P. CONFIABLES	P. DUDOSAS
--------	-----------	----------	---------------	------------

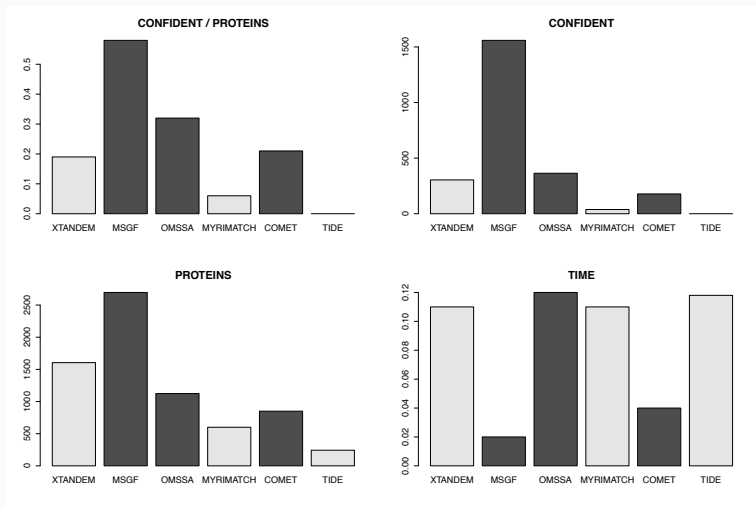
SELECCIÓN DE MOTORES DE BÚSQUEDA: PCA

MODELO: *CONFPROT* + *CONFIDENT* + *INVTIME*



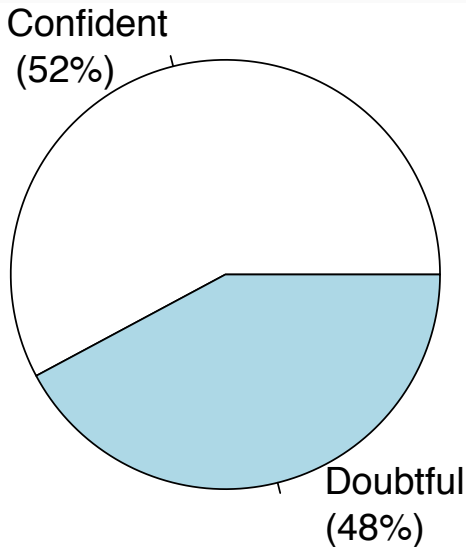
SELECCIÓN DE MOTORES DE BÚSQUEDA

SELECCIONADOS: MSGF + COMET + OMSSA

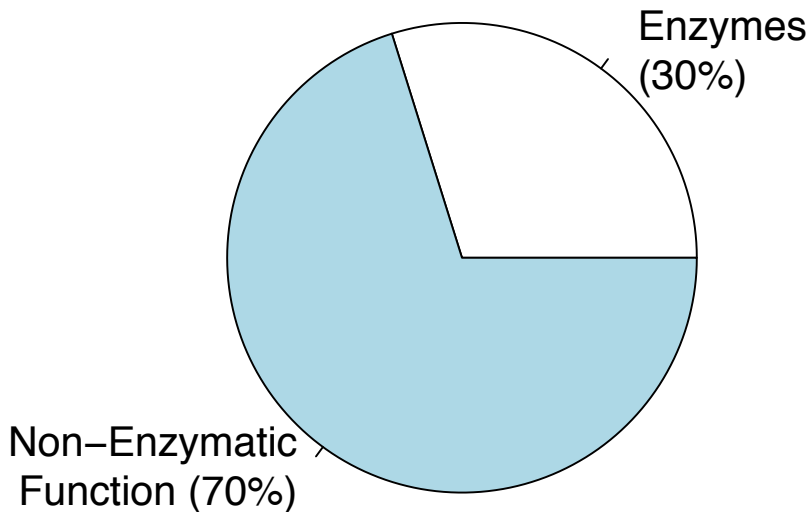


TOTAL PROTEÍNAS IDENTIFICADAS: 2696

PROTEÍNAS IDENTIFICADAS



PROTEÍNAS IDENTIFICADAS



REDES		
REGULACIÓN	SEÑALIZACIÓN	METABOLISMO
PROT-DNA	PROT-PROT	ENZIMAS

¿PREGUNTAS?