

***Instituto de Investigación
Biomédica de Salamanca IBSAL***



***PLATAFORMA DE
PROTEÓMICA CLÍNICA
DEL IBSAL***

Salamanca 10 de julio de 2024

PLATAFORMA DE PROTEÓMICA CLÍNICA DEL IBSAL

1.- Introducción

A pesar de los grandes avances realizados tanto en Biología Molecular como en Genética hasta la fecha, únicamente se han descrito y caracterizado desde el punto de vista bioquímico una mínima cantidad del proteoma humano. De ahí la necesidad de promover e impulsar un esfuerzo tanto en Genómica como en Proteómica por el diseño y desarrollo de plataformas metodológicas robustas que permitan el estudio a gran escala y masivo de proteínas/péptidos en muestras biológicas y/o clínicas.

En este sentido, el IBSAL dispone de un Servicio de Proteómica con altas prestaciones analíticas para caracterizaciones proteómicas en profundidad y alta sensibilidad, junto con una extraordinaria reproducibilidad para responder a las necesidades actuales y futuras de los proyectos de investigación biomédica del instituto y de otros centros de investigación.

2.- Objetivos

Esta plataforma pretende poner al servicio de investigadores del IBSAL, principalmente, pero también de otros investigadores de grupos de Castilla y León, nacionales e internacionales, un Servicio de Proteómica con altas prestaciones analíticas para caracterizaciones proteómicas en profundidad y alta sensibilidad.

3.- Composición

El IBSAL cuenta con personal altamente cualificado y experimentado, en el diseño y desarrollo de ensayos proteómicos y en análisis de datos, en muestras de elevado valor biológico e interés biomédico. El grupo de investigación IIMD21 "Proteómica Funcional y Nanomedicina", cuyo jefe de grupo es Manuel Fuentes García, será el encargado de la gestión de esta plataforma y de forma específica las determinaciones también serán realizadas por Fernando Sánchez Juanes (Identificación de Microorganismos (MALDITOF) y Pablo Juanes Velasco (Caracterización Proteómica TIMS-TOF y *arrays* proteicos).

4.- Cartera de servicios

A.- Caracterizar cambios dinámicos en el proteoma de muestras clínico-biológicas, la identificación de biomarcadores y la caracterización/validación de nuevos fármacos.

B.- Proporcionar servicios proteómicos *High-throughput*, sensibilidad y alta capacidad resolutive a investigadores del IBSAL y otras agrupaciones científicas multicéntricas como CIBER, RICORS, ERA-NET, con el fin de acelerar la traslación *from the bench to the bedside*; tales como:

- i. Caracterización de proteomas complejos: con mínimas cantidades de muestra biológica de partida y además con resolución espacial (*spatial proteomics*)
- ii. Detección y determinación de PTMs (ie. fosforilación, acetilación, metilación, ubiquitina, glicosilación...).
- iii. Proteómica cuantitativa: Con etiquetas químicas de masa conocida (ie. TMT, iTRA,..) o aminoácidos pesados (SILAC) o marcados químicamente (AHA chemistry) o LFQ (*Label-free quantification*) que permiten la comparación exhaustiva y sistemática de proteomas complejos en múltiples condiciones experimentales, secretomas y degradomas (ej. exosomas...), y en una amplia variedad de fluidos biológicos proximales (ej. suero/plasma, saliva, CSF, lágrima...).
- iv. Validación y cuantificación absoluta de proteínas o péptidos diana o candidatos a biomarcadores, mediante la monitorización exclusiva de masas de iones específicos y sus fragmentos (mediante tecnologías como PRM, SRM...).
- v. Caracterización proteómica de célula única: Cuantitativa & cualitativa.
- vi. Inmunopeptidoma: Identificación de neoantígenos mediante caracterización proteómica de HLAs.
- vii. Proteína intacta: Caracterización de proteína completa (ej. Inmunoglobulinas).
- viii. Arrays de proteínas de múltiples formatos Luminex, Arrayjet... para cribado masivo de perfiles serológicos y análisis funcional de interacción proteína/fármaco o interacciones proteína/proteína.

C.- Enriquecimiento predictivo y análisis de la respuesta biológica en el contexto de ensayos clínicos con fármacos.

5.- Procedimiento de uso

La solicitud del servicio se realizará a la Secretaría del IBSAL (secretaria@ibsal.es; Tel: 923291100- ext. 55113), mediante el Anexo I. Aquí se registra la demanda en el sistema establecido y se redirigirá a la Plataforma de proteómica, (e-mail: proteomica@ibsal.es), donde se valora la solicitud y contacta con el investigador si es necesario para concretar la demanda. Posteriormente, si es un servicio dentro de la cartera de la plataforma del IBSAL, se presupuesta y una vez aceptado por el investigador, se desarrolla el trabajo y se comunica a la secretaria, quien completa el sistema de registro establecido y lo trasladará al área de contabilidad de IBSAL, que será el encargado de las gestiones económicas de los servicios prestados por la plataforma.

6.- Equipamiento disponible

1. Equipamiento LC-MS/MS de alta resolución y sensibilidad: EVO-SEP (HPLC) + TIMS-TOF Pro 2 (IMS-MS) (Bruker Inc.)
2. Ultra-Marathon Non-contact Printer (Arrayjet Inc.) + Microarray station processor (M2 Automation GmbH) + HT-slide scanner (Sensovation GmbH).
3. MagPix (Luminex Co.).
4. Software y servidor de procesamiento de datos: ProteoScape, Peaks, Skyline, DIANN, MSFragger, MxQuant, Perseus.



7.- Tarifas

Para investigadores del IBSAL: Tarifa 1

Esta tarifa será la mínima para cubrir los costes del material empleado.

Para investigadores que no pertenecen al IBSAL: Tarifas 2 y 3

- Entidades que componen el IBSAL (GRS/SACYL de Salamanca, USAL y CSIC (Salamanca): **Tarifa 2**
- Otros Institutos de investigación de Castilla y León: **Tarifa 2**
- Otras entidades públicas o empresas privadas: **Tarifa 3**

(Ver tabla de tarifas en Anexo II)

8.- Contacto y ubicación

Contacto para solicitar el servicio

Jessica Martin Pescador

e-mail: Secretaria@ibsal.es

Tel: 923291100 EXT. 55144

Responsable de la plataforma:

Manuel Fuentes Garcia

e-mail: proteomica@ibsal.es

Tel: 923291100 EXT. 55144

Ubicación:

Facultad de Medicina de Salamanca de la Universidad de Salamanca. C/ Alfonso X el Sabio, s/n, 37007 Salamanca.

Anexo I

FORMULARIO DE CONSULTA PLATAFORMA DE PROTEÓMICA

Instrucciones

Para realizar una solicitud de servicios a la plataforma de proteómica, por favor complete el siguiente formulario con los datos solicitados. Una vez completado debe enviarlo por e-mail a secretaria@ibsal.es. El personal de la plataforma se pondrá en contacto con usted para obtener más información y responder a su consulta.

DATOS PERSONALES

Nombre y apellidos	
Grupo IBSAL	
Entidad/ Servicio/Departamento	
E-mail	
Teléfono	

DATOS DE LA CONSULTA

Descripción de la consulta Por favor, describa brevemente el servicio solicitado. Incluya información sobre el proyecto, la tecnología involucrada, el objetivo y cualquier otra información relevante.

INFORMACIÓN BÁSICA SOBRE EL TRATAMIENTO DE SUS DATOS PERSONALES	
Responsable del tratamiento	[Fundación Instituto de Estudios de Ciencias de la Salud de Castilla y León (IECSCYL)]
Finalidad del tratamiento	[Gestionar su solicitud, Cumplir con las obligaciones legales derivadas de su actividad en el tráfico jurídico, bien sea en relación con el personal adscrito al mismo, como con aquellos terceros que perfeccionan cualquier clase de contrato con el IBSAL; Mantener al Usuario informado, bien por medios electrónicos o telefónicos, bien por cualquier otro medio que así se haya previsto y facilitado en relación a servicios ya prestados; Tratamiento posterior de los datos con fines estadísticos; Prevenir abusos y fraudes en el uso de nuestros servicios; Cesión de datos a organismos y autoridades públicas, siempre y cuando sean requeridos de conformidad con las disposiciones legales y reglamentarias]
Legitimación del tratamiento	[Consentimiento del interesado; El cumplimiento de una obligación legal, y/o; La ejecución de un contrato]
Destinatarios de los datos	[Los datos serán cedidos a las administraciones públicas siempre que sea necesario en base al interés público para el cumplimiento de las finalidades antes mencionadas. Asimismo, se le ceden datos a aquellas instituciones y centros participantes en los servicios prestados por IBSAL y que quedan señaladas en la Web]
Derechos que ostenta frente al tratamiento	[Acceso, rectificación, supresión y olvido, oposición, limitación, portabilidad. Puede dirigirse por escrito a la dirección postal del responsable o por correo electrónico a protecciondedatos@ibsal.es . En cualquier caso siempre podrá dirigirse a la Agencia Española de Protección de Datos (AEPD) para solicitar más información]
Información detallada	Puede consultar información adicional y detallada sobre el tratamiento de sus datos personales en nuestra página web [http://ibsal.es/es/aviso-legal]

Fecha y Firma

ANEXO II: TARIFAS

TARIFAS DE LA PLATAFORMA DE PROTEOMICA			
SERVICIOS	Tarifa-1*	Tarifa-2*	Tarifa-3*
1.-PREPARACIÓN DE MUESTRA			
Precipitación proteica	4.2	10.0	45.0
Cuantificación proteica (BCA, Protein 660) (precio/muestra)	14	20	40
Digestión en gel	10	20	111
Extracción y digestión mediante iST	40	58	75
Extracción y digestión mediante SP3+iST	50	68	90
Extracción, digestión y marcaje TMT	Consultar	Consultar	Consultar
Extracción y digestión mediante STRAP, FASP	Consultar	Consultar	Consultar
Enriquecimiento de fosfopéptidos con TiO2	30.0	44.5	65.3
Enriquecimiento con IMAC	30.0	44.5	65.3
2.-SEPARACION Y TINCION			
Electroforesis			
SDS-PAGE (10x8 cm)	9.3	23.0	48.3
SDS-PAGE (16x14 cm)	14.5	30.0	60.0
SDS-PAGE (18,5x20 cm)	17.6	45.0	75.0
Tinción y adquisición de imagen			
Tinción Plata (gel, 10x8 cm) incluida adquisición de imagen	9.3	38.0	57.0
Tinción Plata (gel, 16x14 cm) incluida adquisición de imagen	14.5	46.8	81.6
Tinción Plata (gel, 18,5x20 cm) incluida adquisición de imagen	19.7	50.0	91.0
Tinción Plata (gel, 26x22 cm) incluida adquisición de imagen	36.2	62.2	102.2
Tinción Coomassie (gel, 10x8 cm) incluida adquisición de imagen	9.3	23.0	42.0
Tinción Coomassie (gel, 16x14 cm) incluida adquisición de imagen	14.5	28.3	44.6
Tinción Coomassie (gel, 18,5x20 cm) incluida adquisición de imagen	17.5	31.5	47.9
Tinción Coomassie (gel, 26x22 cm) incluida adquisición de imagen	36.2	52.2	91.4
Adquisición de Imagen (gel, 10x8 cm y 16x14 cm)	4.2	8.0	12.0

*Coste en €/ muestra.

SERVICIOS	Tarifa-1*	Tarifa-2*	Tarifa-3*
3.-ESPECTROMETRÍA DE MASAS LC-MS/MS (Incluye preparación de muestra y adquisición de datos)			
Identificación y cuantificación de proteínas mediante LC-MS/MS de muestras proteicas de baja complejidad gradiente corto Ultra-corto	51.3	175.5	267.2
Identificación y cuantificación de proteínas mediante LC-MS/MS de muestras proteicas de mediana complejidad gradiente medio	92.6	142.1	367.2
LC-MSMS de muestras proteicas de alta complejidad gradiente Alta-resolución	160.0	222.1	467.2
LC-MSMS, análisis TMT, de muestras proteicas de baja complejidad gradiente corto hasta 60 min (no incluyen preparación de muestra)	51.3	175.5	267.2
LC-MSMS, análisis TMT, de muestras proteicas de mediana complejidad gradiente medio de 60-150 min	92.6	222.1	367.2
LC-MSMS, análisis TMT, de muestras proteicas de alta complejidad gradiente largo mayor de 150 min	160.0	222.1	467.2
LC-MS/MS, diseño experimentación PRM, de muestras proteicas	250.0	330.0	490.3
Asesoramiento científico-técnico personalizado (€/hora)	30.0	50.0	221.1
4.-ANÁLISIS DE DATOS (€/hora)			
Re-análisis de datos, repositorio (PRIDE, MASSIVE...) (€/hora)	30.0	50.0	221.1
Asesoramiento científico-técnico personalizado (€/hora)	30.0	221.1	467.2
5.-PROTEINAS RECOMBINANTES			
cDNA proteína recombinantes humanas	50	75	150
Producción <i>in situ</i> proteínas recombinantes humanas	65	85	120
6.-ARRAYS DE PROTEÍNAS			
Microarrays mediante sistema nano inyección (run 25 slides)	150	195	300
Microarrays mediante sistema Luminex	Consultar	Consultar	Consultar
Ensayos de microarrays (por muestra): Identificación de proteínas, interacciones proteína-proteína, screening muestras biológicas (perfil serológico...).	50	75	120
Adquisición de Imagen (unidad)	8	10	15
Análisis de microarrays (hora)	30	45	60
7.-IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS (MALDI-TOF)			
Método Directo	5	10	40
Método de Extracción	10	20	80
Elaboración de dendrogramas	Consultar	Consultar	Consultar
Análisis de espectros, comparación de clases	Consultar	Consultar	Consultar

*Coste en €/ muestra.