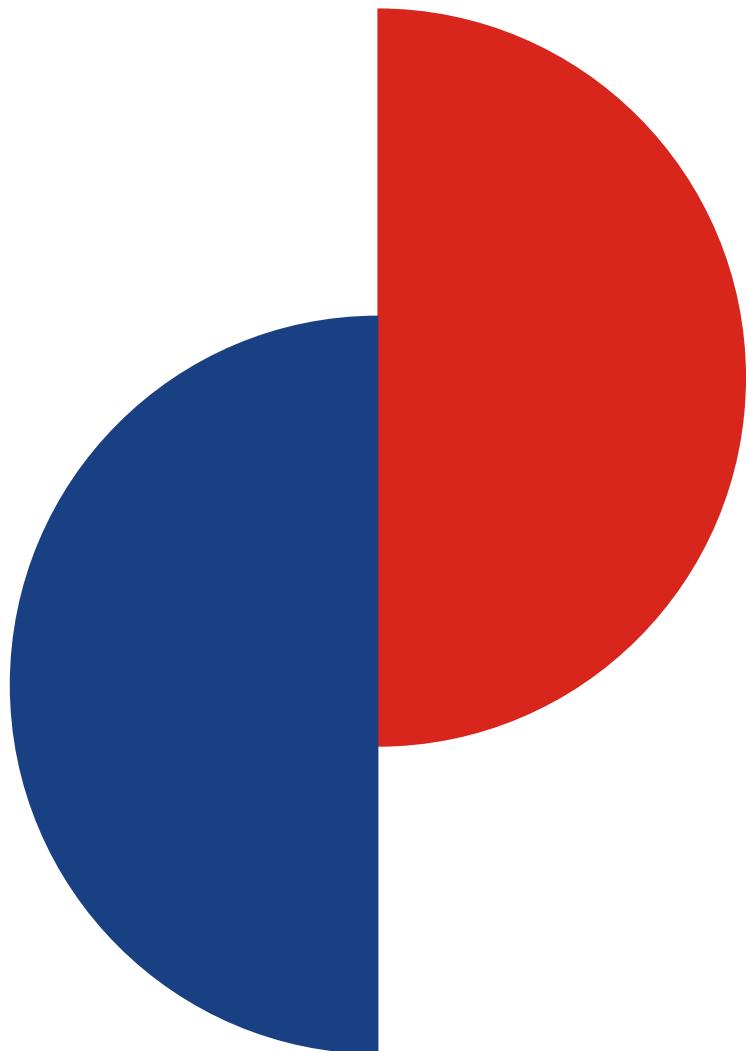




## PLATAFORMA DE PROTEÓMICA CLÍNICA DEL IBSAL



Salamanca 29-enero-2026

## 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 (MALDI-TOF) 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 resolutiva 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 proteomas complejos: con mínimas cantidades de muestra biológica de partida y 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 proteína completa (ej. Inmuno-globulinas).
- 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 ensayos clínicos con fármacos.

## 5.- Procedimiento de uso

- 1.- Se recibe la demanda de servicio vía web o por email.
- 2.- Valoración de la solicitud: Si está dentro de la oferta de servicios del IBSAL se registra en la Excel y se asigna un numero de registro.
- 3.- Según el tipo de cuestionario de la plataforma:
  - Modelo 1: (Formulario común):

Se cumplimenta el formulario con los datos aportados a través de la web, se pone un numero de registro y fecha y se envía al contacto de la plataforma.

- Modelo 2: (Formularios específicos):

Se cumplimenta número de registro y fecha y se envía de nuevo al solicitante, para que lo cumplimente y lo envié al email de la plataforma y con copia a secretaria.

- 4.- El responsable de la plataforma contactará con el solicitante del servicio y una vez que se concreta el trabajo a realizar se presupuesta, según las tarifas de cada situación.

- 5.- El solicitante del servicio debe aceptar el presupuesto (vía email es suficiente) y posteriormente se realiza el trabajo.

- 6.- Una vez finalizado el trabajo, el responsable de la plataforma envía el documento de fin de trabajo a secretaria con un resumen del trabajo realizado, presupuesto y el coste final del trabajo, si es diferente, con fecha de finalización del trabajo y firma.

- 7.- Registro de actividad: El responsable de la plataforma archivará una copia de los documentos de solicitud y realización del servicio, así como del presupuesto. En secretaria, además de archivar estos documentos, se llevará un registro de la actividad realizada en el formato Excel que se ha diseñado para tal fin, con el objetivo de llevar la contabilidad de la actividad de las plataformas y hacer la memoria de actividad a fin de año.

- 8.- Se enviará al solicitante desde secretaria el documento de pago, donde se especifica, método de pago, si es cargo interno a una bolsa o un proyecto o mediante factura y en tal caso los datos de la factura.

- 9.- Este documento se pasa a contabilidad para realizar el cargo a la bolsa/proyecto y facturación.

- 10.- En secretaria se dejará registrado todo el procedimiento y se da por cerrado el servicio.

Información que hay que hacer que debe constar en la respuesta al servicio:

- 1.- Resumen del trabajo
- 2.- Presupuesto aceptado según tarifa y coste final si es diferente
- 3.- Fecha de finalización del trabajo y firma

## 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 (Senovation GmbH).
3. MagPix (Luminex Co.) er, MxQuant, Perseus.
4. Software y servidor de procesamiento de datos: ProteoScape, Peaks, Skyline, DIANN, MSFagger, MxQuant, Perseus.



## 7.-Tarifas:

### **Tarifa 1:** General.

- Empresas privadas,
- Otras instituciones no incluidas en los siguientes puntos

### **Tarifa 2:** Centros de investigación sin ánimo de lucro

- Institutos de investigación Biosanitaria acreditados
- Otras entidades públicas o sin ánimo de lucro de Castilla y León

### **Tarifa 3:** Tarifa para usuarios internos (IBSAL, SACyL Salamanca, USAL, Institutos mixtos USAL/CSIC e Institutos de investigación biosanitaria de Castilla y León (IBIOLEÓN; IBioBURGOS e IBioVALL)).

(Ver tabla de tarifas en Anexo I)

## 8.- Contacto y ubicación

### **Contacto para solicitar el servicio**

Secretaría IBSAL

e-mail: [secretaria@ibsal.es](mailto:secretaria@ibsal.es)

Tel: 923291100 EXT. 55113

### **Responsable de la plataforma:**

Manuel Fuentes García

e-mail: [proteomica@ibsal.es](mailto:proteomica@ibsal.es)

Tel: 923294500 EXT. 4811

### **Ubicación:**

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

## Anexo I: TARIFAS

SERVICIOS	Tarifa-1*	Tarifa-2*	Tarifa-3*
<b>1.-PREPARACIÓN DE MUESTRA</b>			
Precipitación proteica	45	10	4.2
Cuantificación proteica (BCA, Protein 660) (precio/muestra)	40	20	14
Digestión en gel	111	20	10
Extracción y digestión mediante iST	75	58	40
Extracción y digestión mediante SP3+iST	90	68	50
Extracción, digestión y marcaje TMT	Consultar	Consultar	Consultar
Extracción y digestión mediante STRAP, FASP	Consultar	Consultar	Consultar
Enriquecimiento de fosfopéptidos con TiO2	65.3	44.5	30
Enriquecimiento con IMAC	65.3	44.5	30
<b>2.-SEPARACION Y TINCION</b>			
Electroforesis			
SDS-PAGE (10x8 cm)	48.3	23	9.3
SDS-PAGE (16x14 cm)	60	30	14.5
SDS-PAGE (18,5x20 cm)	75	45	17.6
Tinción (incluida adquisición de imagen)			
Tinción Plata (gel, 10x8 cm)	57	38	9.3
Tinción Plata (gel, 16x14 cm)	81.6	46.8	14.5
Tinción Plata (gel, 18,5x20 cm)	91	50	19.7
Tinción Plata (gel, 26x22 cm)	102.2	62.2	36.2
Tinción Coomassie (gel, 10x8 cm)	42	23	9.3
Tinción Coomassie (gel, 16x14 cm)	44.6	28.3	14.5
Tinción Coomassie (gel, 18,5x20 cm)	47.9	31.5	17.5
Tinción Coomassie (gel, 26x22 cm)	91.4	52.2	36.2
Adquisición de Imagen (gel, 10x8 cm y 16x14 cm)	12	8	4.2

\*Coste en €/ muestra.

SERVICIOS	Tarifa-1*	Tarifa-2*	Tarifa-3*
<b>3.-ESPECTROMETRÍA DE MASAS LC-MS/MS (Incluye preparación muestra y adquisición de datos)</b>			
Identificación y cuantificación de proteínas mediante LC-MS/MS de muestras proteicas de baja complejidad gradiente corto Ultra-corto	267.2	175.5	51.3
Identificación y cuantificación de proteínas mediante LC-MS/MS de muestras proteicas de mediana complejidad gradiente medio	367.2	142.1	92.6
LC-MSMS de muestras proteicas de alta complejidad gradiente Alta-resolución	467.2	222.1	160
LC-MSMS, análisis TMT , de muestras proteicas de baja complejidad gradiente corto hasta 60 min (no incluyen preparación de muestra)	267.2	175.5	51.3
LC-MSMS, análisis TMT, de muestras proteicas de mediana complejidad gradiente medio de 60-150 min	367.2	222.1	92.6
LC-MSMS, análisis TMT, de muestras proteicas de alta complejidad gradiente largo mayor de 150 min	467.2	222.1	160
LC-MS/MS, diseño experimentación PRM, de muestras proteicas	490.3	330	250
Asesoramiento científico-técnico personalizado (€/hora)	221.1	50	30
<b>4.-ANÁLISIS DE DATOS (€/hora)</b>			
Re-análisis de datos, repositorio (PRIDE, MASSIVE...) (€/hora)	221.1	50	30
Asesoramiento científico-técnico personalizado (€/hora)	467.2	221.1	30
<b>5.-PROTEÍNAS RECOMBINANTES</b>			
cDNA proteína recombinantes humanas	150	75	50
Producción <i>in situ</i> proteínas recombinantes humanas	120	85	65
<b>6.-ARRAYS DE PROTEÍNAS</b>			
Microarrays mediante sistema nano inyección (run 25 slides)	300	195	150
Microarrays mediante sistema Luminex	Consultar	Consultar	Consultar
Ensayos de microarrays (por muestra): Identificación de proteínas, interacciones proteína-proteína, screening muestras biológicas (perfil serológico...).	120	75	50
Adquisición de Imagen (unidad)	15	10	8
Ánálisis de microarrays (hora)	60	45	30
<b>7.-IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS (MALDI-TOF)</b>			
Método Directo	40	10	5
Método de Extracción	80	20	10
Elaboración de dendrogramas	Consultar	Consultar	Consultar
Ánálisis de espectros, comparación de clases	Consultar	Consultar	Consultar

\*Coste en €/ muestra.

Las presentes tarifas han sido aprobadas por los Órganos de Gobierno del IIS IBSAL con fecha 29 de enero de 2026.

En este documento se utiliza el masculino gramatical como genérico, según los usos lingüísticos, para referirse a personas de ambos性os.

#### **Cláusula de Confidencialidad**

Este documento es propiedad del Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca. Se deberá utilizar dicho material exclusivamente para el servicio acordado entre los responsables y la Dirección del Instituto y para lo que se requiere necesariamente su empleo. Dicho compromiso incluye la prohibición de la reproducción total o parcial del material mencionado por cualquier medio o método.



Este documento tiene licencia Creative Commons Reconocimiento No Comercial Sin Obra Derivada 4.0 International License.