

“Interpretación funcional de datos de proteómica utilizando MaxQuant y otras herramientas computacionales de acceso libre”. (Curso en Español)

**Curso 19 y 20 de Octubre.
Inicio del curso 19 de Octubre 9:00 AM**

**Será impartido por el Dr. Genaro Pimienta Rosales
Sanford Burnham Prebys Medical Discovery Institute, USA.**

“MaxQuant – Rstudio – METASCAPE – STRING; y otros programas”.

Primer día.

MaxQuant

1. Fundamentos Teóricos.
2. Estrategias Cuantitativas: iBAQ, LFQ, SILAC, TMT/iTRAQ y otras.
3. Modificaciones Post-traduccionales.
4. Proteogenómica: integración de datos de transcriptómica al funcionamiento de MaxQuant.

Segundo día.

Perseus vs. Rstudio.

Evaluación estadística de los resultados y generación de gráficas.

Megabases de datos proteína-función y construcción de redes de proteínas.

METASCAPE, HPA, NEXTPROT, REACTOME, STRING.

Requisitos: Asistir al inicio del curso con los programas MaxQuant y Rstudio instalados en sus computadoras. Para MaxQuant es indispensable utilizar una computadora Windows. Para Rstudio, se puede utilizar una Mac.

Se dará asesoría en la instalación a quien tenga dificultades.