



Francesc Márquez Garrido. Se licenció en la Universidad de Barcelona (UB) y realizó la Tesis Doctoral en el Departamento de Química Orgánica y Farmacéutica de la Facultad de Farmacia de la misma Universidad bajo la dirección del Dr. Antonio Delgado, defendiéndola en 2001. Desde entonces ha trabajado en la empresa privada. En 2004 se incorporó a la división de espectrometría de masas de Bruker Española donde ahora ocupa el cargo de Especialista en espectrometría de masas aplicada a Ciencias de la Vida, especialmente en proteómica y metabolómica. Ha participado, escribiendo un capítulo, en el libro Manual de Proteómica de la Sociedad Española de Proteómica, así como en varias publicaciones.

Contacto: francisco.marquez@bruker.com

Web: www.bruker.com

Seminario: Proteómica y Metabolómica: Con qué herramientas contamos para abordar una visión más profunda de los procesos biológicos.

Resumen: El seminario abordará las tendencias para ahondar en el conocimiento de los procesos biológicos desde el punto de vista de la metabolómica y la proteómica. Para ello es básico el uso de la espectrometría de masas acoplada a cromatografía líquida o de gases, así como el software asociado y las bases de datos que están en constante desarrollo.

La espectrometría de masas acoplada a cromatografía permite la separación de cientos, incluso miles de proteínas, péptidos o metabolitos que se pueden caracterizar mediante el acoplamiento a la espectrometría de masas. Además de caracterizar estos compuestos, la espectrometría de masas permite la cuantificación de los mismos y conocer mejor los procesos biológicos en los que estos compuestos se encuentran implicados.

Debido a la gran cantidad de datos generados mediante esta tecnología, es necesaria la utilización de software adecuado para poder extraer la mayor información posible. En este sentido, veremos que la bioinformática juega un papel fundamental en el procesado de los datos y poder encontrar los compuestos involucrados los procesos biológicos de interés.

Así mismo, la generación y crecimiento de bases de datos de metabolitos y proteínas es igualmente necesario para poder automatizar en la medida de lo posible la identificación de los compuestos y tener respuestas en menor tiempo.