

Centro de Investigación Científica de Yucatán

Maestría y Doctorado en Ciencias Biológicas

Proteómica

**Cualquier Semestre
(Optativa)**

Profesor: Dr. Víctor M. Loyola Vargas

I. Justificación.

La proteómica es el estudio del juego completo del conjunto de proteínas de una célula dada u organismo. Los términos proteómica y proteoma fueron acuñados por Marc Wilkis al inicio de los años 90s. Desde entonces, las técnicas para realizar proteómica han cambiado sustancialmente, en particular en los últimos años. La desaparición del uso de la electroforesis para la separación previa de las proteínas y la aparición de nuevas tecnologías, ha propiciado un aumento exponencial en la cantidad de proteínas y péptidos que se pueden identificar en una sola corrida.

Ejemplos de investigación en proteómica incluye la determinación de los niveles de proteínas bajo diferentes condiciones, la elucidación de las interacciones proteína-proteína en la célula, y el análisis funcional de todas las proteínas.

El curso está dividido en tres partes. Aspectos sobre proteínas, su purificación y su determinación. La segunda parte cubre las técnicas proteómicas, incluyendo electroforesis en doble dimensión e interacciones proteína-proteína. La última parte cubre los aspectos bioinformáticos y bases de datos utilizados para el análisis proteómico.

II. Ubicación de la materia

Materias Anteriores

Química

Física

Fisicoquímica

Biología Celular

Anatomía Vegetal

Bioquímica

Biología molecular

Purificación de proteínas

Materias Posteriores

Todos los cursos optativos referentes a la Biología Experimental

Regulación Metabólica

III. Objetivo general

El objetivo general de este curso es el de que el alumno adquiera los conocimientos y las herramientas metodológicas necesarias para que sea capaz de hacer investigación sobre el comportamiento de las proteínas en los diversos fenómenos biológicos en las que éstas participan.

IV. Metodología

El curso de Proteómica constará de 48 horas.

Las sesiones serán, tanto del tipo seminario para el análisis y discusión de artículos como del tipo conferencia.

V. Evaluación

El aprovechamiento del alumno será evaluado de acuerdo con los siguientes parámetros:

ACTIVIDAD	POR CIENTO
Participación en clase	30
2 exámenes parciales	40
Escritura de un proyecto, presentación y discusión de un tema por alumno	30

La calificación para acreditar el curso será de 80 puntos.

Para tener derecho a acreditar el curso es requisito el haber entregado todos los trabajos solicitados en la fecha de entrega.

VI. Contenido programático.

I. Introducción.

Proteómica: un nuevo mundo, un nuevo campo de la biología.

Objetivo específico.

Que el alumno conozca los antecedentes que llevaron al desarrollo de la proteómica y le permita establecer claramente las diferencias entre genómica y proteómica.

II. Proteínas.

1. Aminoácidos.
2. Estructura de proteínas.
3. Modificación de proteínas.

Objetivo específico.

Que el alumno conozca la composición de las proteínas y sus propiedades y cómo los aminoácidos que las forman determinan sus propiedades.

III. Purificación de proteínas.

1. Precipitación.
2. Métodos cromatográficos.
 - a. Filtración.
 - b. Intercambio iónico.
 - c. Hidroxapatita.
 - d. Hidrofobicidad.
 - e. Afinidad.
 - f. Afinidad por metales.
 - g. Afinidad por lectina.
 - h. Colorantes inmovilizados.
 - i. Anticuerpos.
 - j. Cromatoenfoco.
3. Métodos electroforéticos.
 - a. Electroforesis de una dimensión.

- b. Electroforesis de dos dimensiones.
 - c. Electroenfoque.
 - d. Isotacoforesis.
 - e. Electroforesis capilar.
4. Tinción.
 5. Elusión.
 6. Ultrafiltración.
 7. Caracterización.
 8. Determinación de la pureza.
 9. Determinación del tamaño, masa molecular y presencia de subunidades.
 10. Almacenamiento.

Objetivo específico.

Que el alumno conozca las diferentes metodologías que existen para la purificación de una proteína y que utilice este conocimiento para diseñar sus propias estrategias de purificación, con el fin de simplificar el problema proteómico de la muestra, así como también que aprenda a calcular el grado de pureza de una proteína.

IV. Determinación de la concentración de proteínas.

1. Absorbancia 215.
2. Absorbancia 280.
3. Lowry.
4. Bradford.
5. Peterson.
6. Comassie.
7. Bichinconínico.

Objetivo específico.

Que el alumno adquiera las herramientas metodológicas para la determinación cuantitativa de proteínas y sea capaz de discernir entre los diferentes métodos que existen para la determinación de proteínas, cual es el método más adecuado para las necesidades particulares de su investigación.

V. Herramientas de la proteómica.

1. Vista general de la analítica de la proteómica.
2. Extracción de proteínas para uso en proteómica.
3. Electroforesis en geles de poliacrilamida en dos dimensiones para su uso en proteómica. El estado del arte.
4. Electroforesis en tres dimensiones.
5. Detección de proteínas en geles de poliacrilamida y membranas de electrotransferencia.
6. Electroforesis capilar.
7. Digestión de proteínas.
8. Espectrometría de masas para péptidos y proteínas.
9. Métodos para proteómica de proteínas de baja abundancia.
10. Identificación de proteínas por medio de la composición de aminoácidos después de hidrólisis ácida.
11. Identificación de proteínas por medio de la huella digital de la masa de sus péptidos.
12. Análisis de la secuencia de péptidos por medio de espectrometría de masa de tándem.
13. Estandarización del proceso de datos y análisis estadístico en proteómica.
14. Proteómica cuantitativa.

Objetivos específicos

Que el alumno conozca las diferentes técnicas que conforman la proteómica, aprenda a manejarlas y sea capaz de diseñar experimentos que permitan la identificación de proteínas específicas.

VI. Proteómica Shotgun

1. LC-MALDI-TOF/TOF para proteómica Shotgun.
2. GeLC-MS/MS análisis de mezclas complejas de proteínas.
3. Cuantificación de proteínas mediante Label-Free LC-MS.

Objetivos específicos

Que el alumno conozca las técnicas de la proteómica más avanzadas y aprenda a diseñar y analizar experimentos con ellas.

VIII. Proteómica descriptiva

1. Proteómica de semillas.
2. Proteómica de la savia del xilema.
3. Proteoma extracelular.
4. Proteoma del polen.

Objetivos específicos

Que el alumno conozca las diferentes posibilidades de descripción del contenido proteico de diferentes muestras.

IX. Proteómica subcelular.

1. Proteoma del citoplasma.
2. Proteoma de plástidos.
3. Proteoma de la membrana plasmática.
4. Proteoma de la mitocondria.
5. Proteoma del perixisoma.
6. Exoproteoma.

Objetivos específicos

Que el alumno conozca las herramientas metodológicas que le permitan analizar de forma individual la composición proteica de diferentes organelos.

X. Proteómica postraduccional.

1. Fosfoproteoma.
2. Glucoproteoma.
3. Sitios de nitrosilación.

Objetivos específicos.

Que el alumno conozca las herramientas proteómicas que permiten identificar las modificaciones postraduccionales y pueda diseñar experimentos para identificar estas modificaciones en sus muestras.

VIII. Bases de datos y bioinformática para proteómica

1. Introducción.

2. Bioinformática para proteómica.
3. Bases de datos con secuencias de proteínas.
4. SWISS-PROT.

Objetivos específicos

Que el alumno conozca las diferentes bases de datos en las que se deposita la información proteómica y aprenda a manejarlas.

IX. Aplicaciones de la proteómica

Mapas proteómicos.

1. Perfil de expresión de proteínas.
2. Identificación de interacciones proteína-proteína.
3. Mapeo de las modificaciones de proteínas.
4. Análisis proteómico para el desarrollo de fármacos.
5. Proteómica como herramienta para el mejoramiento genético de los vegetales.
6. Aplicaciones biomédicas y clínicas.
7. Nuevas direcciones en proteómica.

Objetivos específicos

Que el alumno conozca las diferentes aplicaciones de la proteómica que se han desarrollado hasta ahora y aprenda a diseñar experimentos que le permitan utilizar las herramientas de la proteómica para contestar sus propias preguntas.

X. Bibliografía

Revistas

[Electrophoresis](#)

[Journal of Protein Chemistry](#)

[Journal of Proteome Research](#)

[Molecular & Cellular Proteomics](#)

[Protein Engineering](#)

[Protein Expression & Purification](#)

[Protein Science](#)

[Proteins, Structure, Function, and Genetics](#)

[Proteome Science](#)

[Proteomics](#)

Bases de datos

[SWISS-PROT](#)

[Other molecular biology databases](#) in the Amos'WWW links page

[SWISS-2DPAGE](#) - 2-D PAGE database

[Other 2-D PAGE databases](#) in the WORLD-2DPAGE index

Libros

Agrawal G. K. y R. Rakwal, Seed development: OMICS technologies toward improvement of seed quality and crop yield, Springer, New York, Heidelberg, Dordrecht, London, pp 1-576, (2012).

Barh D., M. Sarwar Khan y E. Davies, PlantOmics: The omics of plant science, Springer, New Delhi Heidelberg New York Dordrecht London, pp 1-825, (2015).

Bäckvall H. y J. Lehtiö, The low molecular weight proteome, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-223, (2013).

Barh D., M. Sarwar Khan y E. Davies, PlantOmics: The omics of plant science, Springer, New Delhi Heidelberg New York Dordrecht London, pp 1-825, (2015).

Ciborowski P. y J. Silberring, Proteomic profiling and analytical chemistry. The Crossroads, Elsevier, The Netherlands, pp 1-245, (2013).

Drewes G. y M. Bantscheff, Chemical proteomics, Springer, New York Dordrecht Heidelberg London, pp 1-313, (2012).

Heazlewood J. L. y C. J. Petzold, Proteomic applications in biology, InTech, Croatia, pp 1-264, (2012).

Issaq H. J. y T. Veenstra, Proteomic and metabolomic approaches to biomarker discovery, Elsevier, San Diego, pp 1-472, (2013).

Jorrin-Novo J. V., S. Komatsu, W. Weckwerth y S. Wienkoop, Plant proteomics, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-786, (2014).

Katrin M., Quantitative methods in proteomics, Publisher, New York Dordrecht Heidelberg London, pp 1-539, (2012).

Leung H.-C. E., Integrative proteomics, InTech, Croatia, pp 1-442, (2012).

- Martins-de-Souza D., Shotgun proteomics, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-492, (2014).
- Matthiesen R., Mass spectrometry data analysis in proteomics, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-405, (2013).
- Montanaro G. y B. Dichio, Advances in selected plant physiology aspects, InTech, Croatia, pp 1-388, (2012).
- Owens R. J., Structural proteomics. High-throughput methods, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-375, (2015).
- Posch A., Proteomic profiling. Methods and protocols, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-501, (2015).
- Rédini F., Proteoglycans, Springer, New York Dordrecht Heidelberg London, pp 1-359, (2012).
- Sarwat M., A. Ahmad y M. Z. Abdin, Stress signaling in plants: genomics and proteomics perspective. Volume 1, Springer, Heidelberg New York Dordrecht London, pp 1-233, (2013).
- Schulze W. X., Plant phosphoproteomics. Methods and protocols, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-231, (2015).
- Toldrá F. y L. M. L. Nollet, Food microbiology and food safety, Springer, Springer New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-589, (2013).
- Vlahou A. y M. Makridakis, Clinical proteomics, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-278, (2015).
- Wang F., Applications of monolithic column and isotope dimethylation labeling in shotgun proteome analysis, Springer, Berlin Heidelberg, pp 1-94, (2014).
- Zanders E. D., Chemical genomics and proteomics, Springer, New York Dordrecht Heidelberg London, pp 1-243, (2012).

Artículos 2010-2015

- Afroz A., G. Ali, A. Mir y S. Komatsu, Application of proteomics to investigate stress-induced proteins for improvement in crop protection, **Plant Cell Rep.**, 30(5): 745-763, (2011). DOI: 10.1007/s00299-010-0982-x.
- Alexandersson E., A. Ashfaq, S. Resjö y E. Andreasson, Plant secretome proteomics, **Front. Plant Sci.**, 4(2): 1, (2013). DOI: 10.3389/fpls.2013.00009.
- Amara I., A. Odena, E. Oliveira, A. Moreno, K. Masmoudi, M. Pagés y A. Goday, Insights in maize LEA proteins: from proteomics to functional approaches, **Plant Cell Physiol.**, 53(2): 312-329, (2011). DOI: 10.1093/pcp/pcr183.
- Amara I., A. Odena, E. Oliveira, A. Moreno, K. Masmoudi, M. Pagés y A. Goday, Insights into maize LEA proteins: from proteomics to functional approaches, **Plant Cell Physiol.**, 53(2): 312-329, (2012). DOI: 10.1093/pcp/pcr183.
- Anderson L., Six decades searching for meaning in the proteome, **J. Proteom.**, 107(0): 24-30, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2014.03.005.

- Barallobre-Barreiro J., Y. L. Chung y M. Mayr, Proteomics and metabolomics for mechanistic insights and biomarker discovery in cardiovascular disease, **Revista Española de Cardiología**, 66(8): 657-661, (2013). DOI: 10.1016/j.rec.2013.04.009.
- Bensimon A., A. J. R. Heck y R. Aebersold, Mass spectrometry-based proteomics and network biology, **Annu. Rev. Biochem.**, 81(1): 379-405, (2012). DOI: 10.1146/annurev-biochem-072909-100424.
- Bian F., C. Zheng, F. Qu, X. Gong y C. You, Proteomic analysis of somatic embryogenesis in *Cyclamen persicum* Mill, **Plant Mol. Biol. Rep.**, 28(1): 22-31, (2010). DOI: 10.1007/s11105-009-0104-5.
- Biemann K., Laying the groundwork for proteomics: Mass spectrometry from 1958 to 1988, **J. Proteom.**, 107(0): 62-70, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2014.01.008.
- Böhmer M. y J. I. Schroeder, Quantitative transcriptomic analysis of abscisic acid-induced and reactive oxygen species-dependent expression changes and proteomic profiling in *Arabidopsis* suspension cells, **Plant J.**, 67(1): 105-118, (2011). DOI: 10.1111/j.1365-313X.2011.04579.x.
- Braaksma M., E. Martens-Uzunova, P. Punt y P. Schaap, An inventory of the *Aspergillus niger* secretome by combining *in silico* predictions with shotgun proteomics data, **BMC Genomics**, 11(1): 584, (2010). DOI: 10.1186/1471-2164-11-584.
- Braga de Abreu C. E., G. d. S. Araújo, A. C. d. O. Monteiro-Moreira, J. H. Costa, H. d. B. Leite, F. B. M. Batista Moreno, J. T. Prisco y E. Gomes-Filho, Proteomic analysis of salt stress and recovery in leaves of *Vigna unguiculata* cultivars differing in salt tolerance, **Plant Cell Rep.**, 33(8): 1289-1306, (2014). DOI: 10.1007/s00299-014-1616-5.
- Calvete J. J., L. Bini, D. Hochstrasser, J. C. Sanchez y N. Turck, The magic of words, **J. Proteom.**, 107(0): 1-4, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2014.06.018.
- Celis J. E., A personal account of the early stages of proteomics at Aarhus University, **J. Proteom.**, 107(0): 31-38, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2014.01.021.
- Cerny M., A. Kuklová, W. Hoehenwarter, L. Fagner, O. Novák, G. Rotková, P. L. Jedelsky, K. Zaková, M. Smehilová, M. Strnad, W. Weckwerth y B. Brzobohaty, Proteome and metabolome profiling of cytokinin action in *Arabidopsis* identifying both distinct and similar responses to cytokinin down- and up-regulation, **J. Exp. Bot.**, 64(14): 4193-4206, (2013). DOI: 10.1093/jxb/ert227.
- Chait B. T., Mass spectrometry in the postgenomic era, **Annu. Rev. Biochem.**, 80(1): 239-246, (2011). DOI: 10.1146/annurev-biochem-110810-095744.
- Chen Y., W. Hoehenwarter y W. Weckwerth, Comparative analysis of phytohormone-responsive phosphoproteins in *Arabidopsis thaliana* using TiO₂-phosphopeptide enrichment and mass accuracy precursor alignment, **Plant J.**, 63(1): 1-17, (2010). DOI: 10.1111/j.1365-313X.2010.04218.x.
- Cheng Z., B. J. McConkey y B. R. Glick, Proteomic studies of plant-bacterial interactions, **Soil Biol. Biochem.**, 42(10): 1673-1684, (2010). DOI: http://dx.doi.org/10.1016/j.soilbio.2010.05.033.
- Choi D. S. y B. K. Hwang, Proteomics and functional analyses of pepper abscisic acid-responsive 1 (ABR1), which is involved in cell death and defense signaling, **Plant Cell**, 23(2): 8223-842, (2011). DOI: 10.1104/tpc.110.082081.

- Cox J. y M. Mann, Quantitative, high-resolution proteomics for data-driven systems biology, **Annu. Rev. Biochem.**, 80(1): 273-299, (2011). DOI: 10.1146/annurev-biochem-061308-093216.
- Cozzolino D., A. Fassio, E. Restaino y E. Vicente, Instrumental techniques and methods: Their role in plant omics, en: *PlantOmics: The Omics of Plant Science*, (Barh D., M. S. Khan y E. Davies, eds.), Springer, India, 33-52, (2015). DOI:10.1007/978-81-322-2172-2_2.
- De-la-Peña C. y J. M. Vivanco, Root-microbe interactions: the importance of protein secretion, **Curr. Proteom.**, 7(4): 265-274, (2010). DOI: <http://dx.doi.org/10.2174/157016410793611819>.
- Decourcelle M., L. Perez-Fons, S. Baulande, S. Steiger, L. Couvelard, S. Hem, C. Zhu, T. Capell, P. Christou, P. Fraser y G. Sandmann, Combined transcript, proteome, and metabolite analysis of transgenic maize seeds engineered for enhanced carotenoid synthesis reveals pleotropic effects in core metabolism, **J. Exp. Bot.**, 66(11): 3141-3150, (2015). DOI: 10.1093/jxb/erv120.
- Delaunoy B., P. Jeandet, C. Clément, F. Baillieux, S. Dorey y S. Cordelier, Uncovering plant-pathogen crosstalk through apoplastic proteomic studies, **Front. Plant Sci.**, 5249, (2014). DOI: 10.3389/fpls.2014.00249.
- Deng G., L. Liu, X. Zhong, C. Lao, H. Wang, B. Wang, C. Zhu, F. Shah y D. Peng, Comparative proteome analysis of the response of ramie under N, P and K deficiency, **Planta**, 239(6): 1175-1186, (2014). DOI: 10.1007/s00425-014-2040-3.
- Deng Z., S. Xu, R. J. Chalkley, J. A. Osés-Prieto, A. L. Burlingame, Z. Y. Wang y U. Kutschera, Rapid auxin-mediated changes in the proteome of the epidermal cells in rye coleoptiles: implications for the initiation of growth, **Plant Biol.**, 14(3): 420-427, (2012). DOI: 10.1111/j.1438-8677.2011.00513.x.
- Döll S., R. Lippmann y H. P. Mock, Proteomic approaches to identify cold-regulated soluble proteins, en: *Plant Cold Acclimation*, (Hinch D. K. y E. Zuther, eds.), Springer, New York, 139-158, (2014). DOI:10.1007/978-1-4939-0844-8_12.
- Eldakak M., S. I. Milad, A. I. Nawar y J. S. Rohila, Proteomics: a biotechnology tool for crop improvement, **Front. Plant Sci.**, 435, (2013). DOI: 10.3389/fpls.2013.00035.
- Elmore J. M., J. Liu, B. Smith, B. Phinney y G. Coaker, Quantitative proteomics reveals dynamic changes in the plasma membrane proteome during *Arabidopsis* immune signaling, **Mol. Cell. Prot.**, 11(4): M111.014555, (2012). DOI: 10.1074/mcp.M111.014555.
- Facette M. R., Z. Shen, F. R. Björnsdóttir, S. P. Briggs y L. G. Smith, Parallel proteomic and phosphoproteomic analyses of successive stages of maize leaf development, **Plant Cell**, 25(8): 2798-2812, (2013). DOI: 10.1105/tpc.113.112227.
- Fernández-Acero F. J., T. Colby, A. Harzen, M. Carbú, U. Wieneke, J. M. Cantoral y J. Schmidt, 2-DE proteomic approach to the *Botrytis cinerea* secretome induced with different carbon sources and plant-based elicitors, **Proteomics**, 10(12): 2270-2280, (2010). DOI: 10.1002/pmic.200900408.
- Floerl S., A. Majcherczyk, M. Possienke, K. Feussner, H. Tappe, C. Gatz, I. Feussner, U. Kües y A. Polle, *Verticillium longisporum* infection affects the leaf apoplastic proteome, metabolome, and cell wall properties in *Arabidopsis thaliana*, **PLoS ONE**, 7(2): e31435, (2012). DOI: 10.1371/journal.pone.0031435.
- Gabaldón T., Peroxisome diversity and evolution, **Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.**, 365(1541): 765-773, (2010). DOI: 10.1098/rstb.2009.0240.

- Galland M., R. Huguet, E. Arc, G. Cueff, D. Job y L. Rajjou, Dynamic proteomics emphasizes the importance of selective mRNA translation and protein turnover during Arabidopsis seed germination, **Mol. Cell. Prot.**, 13(1): 252-268, (2014). DOI: 10.1074/mcp.M113.032227.
- Gao W., Analysis of protein changes using two-dimensional difference gel electrophoresis, en: *Molecular Toxicology Protocols*, (Keohavong P. y S. G. Grant, eds.), Humana Press, 17-30, (2014). DOI:10.1007/978-1-62703-739-6_2.
- Garcés M., G. Le Provost, C. Lalanne, S. Claverol, A. Barré, C. Plomion y R. Herrera, Proteomic analysis during ontogenesis of secondary xylem in maritime pine, **Tree Physiol.**, 34 (11): 1263-1277. (2014). DOI: 10.1093/treephys/tpt117.
- Gatto L., J. A. Vizcaíno, H. Hermjakob, W. Huber y K. S. Lilley, Organelle proteomics experimental designs and analysis, **Proteomics**, 10(22): 3957-3969, (2010). DOI: 10.1002/pmic.201000244.
- Ghosh S. y A. Pal, Proteomic analysis of cotyledonary explants during shoot organogenesis in *Vigna radiata*, **Plant Cell Tiss. Org. Cult.**, 115(1): 55-68, (2013). DOI: 10.1007/s11240-013-0340-0.
- Gong C. Y. y T. Wang, Proteomic evaluation of genetically modified crops: current status and challenges, **Front. Plant Sci.**, 441, (2013). DOI: 10.3389/fpls.2013.00041.
- Gunawardana Y. y M. Niranjan, Bridging the gap between transcriptome and proteome measurements identifies post-translationally regulated genes, **Bioinformatics**, 29(23): 3060-3066, (2013). DOI: 10.1093/bioinformatics/btt537.
- Gupta D., S. Shekhar y L. Agrawal, Plant proteomics: Technologies and applications, en: *PlantOmics: The Omics of Plant Science*, (Barh D., M. S. Khan y E. Davies, eds.), Springer, India, 213-256, (2015). DOI:10.1007/978-81-322-2172-2_8.
- Han C., K. Wang y P. Yang, Gel-based comparative phosphoproteomic analysis on rice embryo during germination, **Plant Cell Physiol.**, 55(8): 1376-1394, (2014). DOI: 10.1093/pcp/pcu060.
- Han C., D. He, M. Li y P. Yang, In-depth proteomic analysis of rice embryo reveals its important roles in seed germination, **Plant Cell Physiol.**, 55(10): 1826-1847, (2014). DOI: 10.1093/pcp/pcu114.
- He R., M. J. Kim, W. Nelson, T. S. Balbuena, R. Kim, R. Kramer, J. A. Crow, G. D. May, J. J. Thelen, C. A. Soderlund y D. R. Gang, Next-generation sequencing-based transcriptomic and proteomic analysis of the common reed, *Phragmites australis* (Poaceae), reveals genes involved in invasiveness and rhizome specificity, **Am. J. Bot.**, 99(2): 232-247, (2012). DOI: 10.3732/ajb.1100429.
- Heazlewood J. L., The Green proteome: challenges in plant proteomics, **Front. Plant Sci.**, 26, (2011). DOI: 10.3389/fpls.2011.00006.
- Jo L., A. L. W. Dos Santos, C. A. Bueno, H. R. Barbosa y E. I. S. Floh, Proteomic analysis and polyamines, ethylene and reactive oxygen species levels of *Araucaria angustifolia* (Brazilian pine) embryogenic cultures with different embryogenic potential, **Tree Physiol.**, 34(1): 94-104, (2014). DOI: 10.1093/treephys/tpt102.
- Joshi H. J., K. M. Christiansen, J. Fitz, J. Cao, W. S. Schackwitz, A. Lipzen, J. Martin, A. M. Smith-Moritz, L. Pennacchio, D. Weigel y J. L. Heazlewood, 1001 Proteomes: A functional

proteomics portal for the analysis of *Arabidopsis thaliana* accessions, **Bioinformatics**, 28 (10): 1303-1306, (2012). DOI: 10.1093/bioinformatics/bts133.

- Kim M. S., S. M. Pinto, D. Getnet, R. S. Nirujogi, S. S. Manda, R. Chaerkady, A. K. Madugundu, D. S. Kelkar, R. Isserlin, S. Jain, J. K. Thomas, B. Muthusamy, P. Leal-Rojas, P. Kumar, N. A. Sahasrabudde, L. Balakrishnan, J. Advani, B. George, S. Renuse, L. D. Selvan, A. H. Patil, V. Nanjappa, A. Radhakrishnan, S. Prasad, T. Subbannayya, R. Raju, M. Kumar, S. K. Sreenivasamurthy, A. Marimuthu, G. J. Sathe, S. Chavan, K. K. Datta, Y. Subbannayya, A. Sahu, S. D. Yelamanchi, S. Jayaram, P. Rajagopalan, J. Sharma, K. R. Murthy, N. Syed, R. Goel, A. A. Khan, S. Ahmad, G. Dey, K. Mudgal, A. Chatterjee, T. C. Huang, J. Zhong, X. Wu, P. G. Shaw, D. Freed, M. S. Zahari, K. K. Mukherjee, S. Shankar, A. Mahadevan, H. Lam, C. J. Mitchell, S. K. Shankar, P. Satishchandra, J. T. Schroeder, R. Sirdeshmukh, A. Maitra, S. D. Leach, C. G. Drake, M. K. Halushka, T. S. K. Prasad, R. H. Hruban, C. L. Kerr, G. D. Bader, C. A. Iacobuzio-Donahue, H. Gowda y A. Pandey, A draft map of the human proteome, **Nature**, 509(7502): 575-581, (2014). DOI: 10.1038/nature13302.
- Klodmann J., M. Senkler, C. Rode y H. P. Braun, Defining the protein complex proteome of plant mitochondria, **Plant Physiol.**, 157(2): 587-598, (2011). DOI: 10.1104/pp.111.182352.
- Kumar R., S. Singh y V. Dubey, Bioinformatics tools to analyze proteome and genome data, en: *Advances in the Understanding of Biological Sciences Using Next Generation Sequencing (NGS) Approaches*, (Sablok G., S. Kumar, S. Ueno, J. Kuo y C. Varotto, eds.), Springer International Publishing, 179-194, (2015). DOI:10.1007/978-3-319-17157-9_11.
- Latosinska A., M. Frantzi, W. Mullen, A. Vlahou y M. Makridakis, Targeting the proteome of cellular fractions: Focus on secreted proteins, en: *Clinical Proteomics*, (Vlahou A. y M. Makridakis, eds.), Springer, New York, 29-41, (2015). DOI:10.1007/978-1-4939-1872-0_2.
- Lee S.-J. y J. K. C. Rose, Characterization of the plant cell wall proteome using high-throughput screens, en: *The Plant Cell Wall: Methods and Protocols*, *Methods in Molecular Biology*, vol. 715, (Popper Z. A., ed.), Springer, Clifton, NJ, 255-272, (2011). DOI:10.1007/978-1-61779-008-9_18.
- Lee Y. H., H. T. Tan y M. C. M. Chung, Subcellular fractionation methods and strategies for proteomics, **Proteomics**, 10(22): 3935-3956, (2010). DOI: 10.1002/pmic.201000289.
- Li T., S. L. Xu, J. A. Osés-Prieto, S. Putil, P. Xu, R. J. Wang, K. H. Li, D. A. Maltby, L. H. An, A. L. Burlingame, Z. P. Deng y Z. Y. Wang, Proteomics analysis reveals post-translational mechanisms for cold-induced metabolic changes in *Arabidopsis*, **Mol. Plant**, 4(2): 361-374, (2011). DOI: 10.1093/mp/ssq078.
- Li Y., Y. Nie, Z. Zhang, Z. Ye, X. Zou, L. Zhang y Z. Wang, Comparative proteomic analysis of methyl jasmonate-induced defense responses in different rice cultivars, **Proteomics**, 14(9): 1088-1101, (2014). DOI: 10.1002/pmic.201300104.
- Liu C.-P., L. Yang y H.-L. Shen, Proteomic analysis of immature *Fraxinus mandshurica* cotyledon tissues during somatic embryogenesis: effects of explant browning on somatic embryogenesis, **International Journal of Molecular Sciences**, 16(6): 13692-13713, (2015). DOI: 10.3390/ijms160613692.
- Liu H., Z. Yang, M. Yang y S. Shen, The differential proteome of endosperm and embryo from mature seed of *Jatropha curcas*, **Plant Sci.**, 181(6): 660-666, (2011). DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.plantsci.2011.03.012>.
- Lv D. W., S. Subburaj, M. Cao, X. Yan, X. Li, R. Appels, D. F. Sun, W. Ma y Y. M. Yan, Proteome and phosphoproteome characterization reveals new response and defense mechanisms of

- Brachypodium distachyon* leaves under salt stress, **Mol. Cell. Prot.**, 13: 632-652. (2013). DOI: 10.1074/mcp.M113.030171.
- Mahajan N. S., M. Mishra, V. A. Tamhane, V. S. Gupta y A. P. Giri, Stress inducible proteomic changes in *Capsicum annuum* leaves, **Plant Physiol. Biochem.**, 74(1): 212-217, (2014). DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.plaphy.2013.11.017>.
- Manaa A., H. Ben Ahmed, B. Valot, J. P. Bouchet, S. Aschi-Smiti, M. Causse y M. Faurobert, Salt and genotype impact on plant physiology and root proteome variations in tomato, **J. Exp. Bot.**, 62(8): 2797-2813, (2011). DOI: 10.1093/jxb/erq460.
- Marx V., Proteomics: An atlas of expression, **Nature**, 509(7502): 645-649, (2014). DOI: 10.1038/509645a.
- Mastrorunzio J. y D. Benson, Wild nodules can be broken: proteomics of *Frankia* in field-collected root nodules, **Symbiosis**, 50(1): 13-26, (2010). DOI: 10.1007/s13199-009-0030-1.
- Meijer H. J. G., F. M. Mancuso, G. Espadas, M. F. Seidl, C. Chiva, F. Govers y E. Sabido, Profiling the secretome and extracellular proteome of the potato late blight pathogen *Phytophthora infestans*, **Mol. Cell. Prot.**, 13: 2101-2113, (2014). DOI: 10.1074/mcp.M113.035873.
- Mukul-López H. G., C. De-la-Peña, R. M. Galaz-Avalos y V. M. Loyola-Vargas, Evaluation of the extracellular proteome profile during the somatic embryogenesis process of *Coffea spp.*, **J. Mex. Chem. Soc.**, 56(1): 72-79, (2012).
- Nakagami H., N. Sugiyama, Y. Ishihama y K. Shirasu, Shotguns in the front line: phosphoproteomics in plants, **Plant Cell Physiol.**, 53(1): 118-124, (2012). DOI: 10.1093/pcp/pcr148.
- Narula K., E. Elagamey, A. Datta, N. Chakraborty y S. Chakraborty, Comparative analyses of extracellular matrix proteome: an under-explored area in plant research, en: Crop plant, (Goyal A., ed.), InTech, Rijeka, Croatia, 146-166, (2012).
- Ndimba B. K., R. J. Ndimba, T. S. Johnson, R. Waditee-Sirisattha, M. Baba, S. Sirisattha, Y. Shiraiwa, G. K. Agrawal y R. Rakwal, Biofuels as a sustainable energy source: An update of the applications of proteomics in bioenergy crops and algae, **J. Proteom.**, 93:234-244, (2013). DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.jprot.2013.05.041>.
- Nesvizhskii A. I., A survey of computational methods and error rate estimation procedures for peptide and protein identification in shotgun proteomics, **J. Proteom.**, 73(11): 2092-2123, (2010). DOI: 10.1016/j.jprot.2010.08.009.
- Nilsen T. W. y B. R. Graveley, Expansion of the eukaryotic proteome by alternative splicing, **Nature**, 463(7280): 457-463, (2010). DOI: 10.1038/nature08909.
- Nilsson T., M. Mann, R. Aebersold, J. R. Yates, A. Bairoch y J. J. M. Bergeron, Mass spectrometry in high-throughput proteomics: ready for the big time, **Nat. Meth.**, 7(9): 681-685, (2010). DOI: 10.1038/nmeth0910-681.
- Nogueira F. C. S., G. Palmisano, E. L. Soares, M. Shah, A. A. Soares, P. Roepstorff, F. A. P. Campos y G. B. Domont, Proteomic profile of the nucellus of castor bean (*Ricinus communis* L.) seeds during development, **J. Proteom.**, 75(6): 1933-1939, (2012). DOI: 10.1016/j.jprot.2012.01.002.

- Nouri M. Z. y S. Komatsu, Root proteomics, en: Root Engineering, (Morte A. y A. Varma, eds.), Springer, Berlin Heidelberg, 407-421, (2014). DOI:10.1007/978-3-642-54276-3_19.
- Owens R. J., Structural proteomics. High-throughput methods, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-375, (2015).
- Padrón G. y G. B. Domont, Two decades of proteomics in Latin America: A personal view, **J. Proteom.**, 10783-92, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2014.03.045.
- Pandey R. P. y J. K. Sohng, Genetics of Flavonoids, en: Natural Products, (Ramawat K. G. y J. M. Mérillon, eds.), Springer, Berlin Heidelberg, 1617-1645, (2013). DOI:10.1007/978-3-642-22144-6_52.
- Pavokovic D., D. Poljuha, A. Horvatic, N. Ljubescic, D. Hagene y M. Krsnik-Rasol, Morphological and proteomic analyses of sugar beet cultures and identifying putative markers for cell differentiation, **Plant Cell Tiss. Org. Cult.**, 108(1): 111-119, (2012). DOI: 10.1007/s11240-011-0019-3.
- Petrovská B., M. Sebela y J. Dolezel, Inside a plant nucleus: discovering the proteins, **J. Exp. Bot.**, 66(6): 1627-1640. (2015). DOI: 10.1093/jxb/erv041.
- Posch A., Proteomic profiling. Methods and protocols, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-501, (2015).
- Printz B., R. Dos Santos Morais, S. Wienkoop, K. Sergeant, S. Lutts, J. F. Hausman y J. Renaut, An improved protocol to study the plant cell wall proteome, **Front. Plant Sci.**, 6237, (2015). DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2015.00237>.
- Quan S., P. Yang, G. Cassin-Ross, N. Kaur, K. Aung, R. Switzenberg, J. Li y J. Hu, Proteome analysis of peroxisomes from etiolated Arabidopsis seedlings identifies a peroxisomal protease involved in β -oxidation and development, **Plant Physiol.**, 163(4): 1518-1538 (2013). DOI: 10.1104/pp.113.223453.
- Rabilloud T., Paleoproteomics explained to youngsters: how did the wedding of two-dimensional electrophoresis and protein sequencing spark proteomics on: Let there be light, **J. Proteom.**, 107(0): 5-12, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2014.03.011.
- Rabilloud T., M. Chevallet, S. Luche y C. Lelong, Two-dimensional gel electrophoresis in proteomics: Past, present and future, **J. Proteom.**, 73(11): 2064-2077, (2010). DOI: 10.1016/j.jprot.2010.05.016.
- Rabilloud T. y S. Triboulet, Two-dimensional SDS-PAGE fractionation of biological samples for biomarker discovery, en: Proteomics for Biomarker Discovery, (Zhou M. y T. Veenstra, eds.), Humana Press, 151-165, (2013). DOI:10.1007/978-1-62703-360-2_13.
- Raorane M., S. Popluechai, A. Gatehouse y A. Kohli, Proteomic perspectives on understanding and improving *Jatropha curcas* L., en: Jatropha, challenges for a new energy crop. Volume 2: Genetic improvement and biotechnology, (Bahadur B., M. Sujatha y N. Carels, eds.), Springer, New York, 375-391, (2013). DOI:10.1007/978-1-4614-4915-7_19.
- Rejón J. D., F. Delalande, C. Schaeffer-Reiss, C. Carapito, K. Zienkiewicz, J. de Dios Alché, M. I. Rodríguez-García, A. Van Dorsselaer y A. J. Castro, Proteomics profiling reveals novel proteins and functions of the plant stigma exudate, **J. Exp. Bot.**, 64(18): 5695-5705, (2013). DOI: 10.1093/jxb/ert345.

- Righetti P. G., The Monkey King: A personal view of the long journey towards a proteomic Nirvana, **J. Proteom.**, 107(0): 39-49, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2013.11.026.
- Ritchie M. D., E. R. Holzinger, R. Li, S. A. Pendergrass y D. Kim, Methods of integrating data to uncover genotype-phenotype interactions, **Nat. Rev. Genet.**, 16, 85-97, (2015). DOI: 10.1038/nrg3868.
- Rode C., S. Gallien, D. Heintz, A. Van Dorsselaer, H. P. Braun y T. Winkelmann, Enolases: storage compounds in seeds? Evidence from a proteomic comparison of zygotic and somatic embryos of *Cyclamen persicum* Mill, **Plant Mol. Biol.**, 75(3): 305-319, (2011). DOI: 10.1007/s11103-010-9729-x.
- Rode C., K. Lindhorst, H. P. Braun y T. Winkelmann, From callus to embryo: a proteomic view on the development and maturation of somatic embryos in *Cyclamen persicum*, **Planta**, 235(5): 995-1011, (2012). DOI: 10.1007/s00425-011-1554-1.
- Rogic T., A. Horvatic, M. Tkalec, M. Cindric y B. Balen, Proteomic analysis of *Mammillaria gracilis* Pfeiff. *in vitro*-grown cultures exposed to iso-osmotic NaCl and mannitol, **Plant Cell Tiss. Org. Cult.**, 122(1): 127-146, (2015). DOI: 10.1007/s11240-015-0756-9 2015_PCTOC_127_39749.
- Rose J. K. C. y S. J. Lee, Straying off the highway: trafficking of secreted plant proteins and complexity in the plant cell wall proteome, **Plant Physiol.**, 153(2): 433-436, (2010). DOI: 10.1104/pp.110.154872.
- Ruiz-May E., S. Hucko, K. J. Howe, S. Zhang, R. W. Sherwood, T. W. Thannhauser y J. K. C. Rose, A comparative study of lectin affinity based plant *N*-glycoproteome profiling using tomato fruit as a model, **Mol. Cell. Prot.**, 13: 566-579. (2014). DOI: 10.1074/mcp.M113.028969.
- Ruiz-May E., T. W. Thannhauser, S. Zhang y J. K. C. Rose, Analytical technologies for identification and characterization of the plant *N*-glycoproteome, **Front. Plant Sci.**, 3150, (2012). DOI: 10.3389/fpls.2012.00150.
- Ruiz-May E., C. De-la-Peña, R. M. Galaz-Avalos, Z. Lei, B. S. Watson, L. W. Sumner y V. M. Loyola-Vargas, ATP biosynthesis deficiency revealed by proteomics approach is correlated with oxidative burst in *Catharanthus roseus* (L.) G. hairy roots treated with methyl jasmonate, **Plant Cell Physiol.**, 52(8): 1401-1421, (2011). DOI: 10.1093/pcp/PCR086.
- Ruiz-May E. y J. K. C. Rose, Cell wall architecture and metabolism in ripening fruit and the complex relationship with softening, en: *The Molecular Biology and Biochemistry of Fruit Ripening*, (Seymour G. B., M. Poole, J. J. Giovannoni y G. A. Tucker, eds.), Blackwell Publishing Ltd., 163-187, (2013). DOI:10.1002/9781118593714.ch7.
- Ruiz-May E., S. J. Kim, F. Brandizzi y J. K. C. Rose, The secreted plant *N*-glycoproteome and associated secretory pathways, **Front. Plant Sci.**, 3117, (2012). DOI: 10.3389/fpls.2012.00117.
- Ruiz-May E. y J. K. C. Rose, Progress toward the tomato fruit cell wall proteome, **Front. Plant Sci.**, 4159, (2013). DOI: 10.3389/fpls.2013.00159.
- Salvato F., J. F. Havelund, M. Chen, R. S. P. Rao, A. Rogowska-Wrzesinska, O. N. Jensen, D. R. Gang, J. J. Thelen y I. M. Moller, The potato tuber mitochondrial proteome, **Plant Physiol.**, 164(2): 637-653, (2013). DOI: 10.1104/pp.113.229054.

- Sanchez-Bel P., I. Egea, M. T. Sanchez-Ballesta, L. Sevillano, M. del Carmen Bolarin y F. B. Flores, Proteome changes in tomato fruits prior to visible symptoms of chilling injury are linked to defensive mechanisms, uncoupling of photosynthetic processes and protein degradation machinery, **Plant Cell Physiol.**, 53(2): 470-484, (2012). DOI: 10.1093/pcp/pcr191.
- Sarwat M., A. Ahmad y M. Z. Abdin, Stress signaling in plants: genomics and proteomics perspective. Volume 1, Springer, Heidelberg New York Dordrecht London, pp 1-233, (2013).
- Schulze W. X., Plant phosphoproteomics. Methods and protocols, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-231, (2015).
- Schulze W. X. y B. Usadel, Quantitation in mass-spectrometry-based proteomics, **Annu. Rev. Plant Biol.**, 61(1): 491-516, (2010). DOI: 10.1146/annurev-arplant-042809-112132.
- Severino V., A. Farina y A. Chambery, Analysis of secreted proteins, en: Proteomics for Biomarker Discovery, (Zhou M. y T. Veenstra, eds.), Humana Press, 37-60, (2013). DOI:10.1007/978-1-62703-360-2_4.
- Shah M., E. L. Soares, P. C. Carvalho, A. A. Soares, G. B. Domont, F. C. S. Nogueira y F. A. P. Campos, Proteomic analysis of the endosperm ontogeny of *Jatropha curcas* L. seeds, **J. Proteome Res.**, 14(6): 2557-2568, (2015). DOI: 10.1021/acs.jproteome.5b00106.
- Shi J., Y. Zhen y R. H. Zheng, Proteome profiling of early seed development in *Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook, **J. Exp. Bot.**, 61(9): 2367-2381, (2010). DOI: 10.1093/jxb/erq066.
- Shinano T., S. Komatsu, T. Yoshimura, S. Tokutake, F. J. Kong, T. Watanabe, J. Wasaki y M. Osaki, Proteomic analysis of secreted proteins from aseptically grown rice, **Phytochemistry**, 72(4-5): 312-320, (2011). DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.phytochem.2010.12.006>.
- Stitt M. y Y. Gibon, Why measure enzyme activities in the era of systems biology?, **Trends Plant Sci.**, 19(4): 256-265, (2014). DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tplants.2013.11.003>.
- Sun L., Y. Wu, H. Zou, S. Su, S. Li, X. Shan, J. Xi y Y. Yuan, Comparative proteomic analysis of the H99 inbred maize (*Zea mays* L.) line in embryogenic and non-embryogenic callus during somatic embryogenesis, **Plant Cell Tiss. Org. Cult.**, 113(1): 103-119, (2013). DOI: 10.1007/s11240-012-0255-1.
- Sun M. M., J. Sun, J. W. Qiu, H. Jing y H. Liu, Characterization of the proteomic profiles of the brown tide alga *Aureoumbra lagunensis* under phosphate- and nitrogen-limiting conditions and of its phosphate limitation-specific protein with alkaline Phosphatase Activity, **Appl. Environ. Microbiol.**, 78(6): 2025-2033, (2012). DOI: 10.1128/AEM.05755-11.
- Takahashi D., T. Nakayama, Y. Miki, Y. Kawamura y M. Uemura, Proteomic approaches to identify cold-regulated plasma membrane proteins, en: Plant Cold Acclimation, (Hinch D. K. y E. Zuther, eds.), Springer, New York, 159-170, (2014). DOI:10.1007/978-1-4939-0844-8_13.
- Tan E. C., S. A. Karsani, G. Foo, S. M. Wong, N. bdul Rahman, N. Khalid, S. Othman y R. Yusof, Proteomic analysis of cell suspension cultures of *Boesenbergia rotunda* induced by phenylalanine: identification of proteins involved in flavonoid and phenylpropanoid biosynthesis pathways, **Plant Cell Tiss. Org. Cult.**, 111(2): 219-229, (2012). DOI: 10.1007/s11240-012-0188-8.

- Taniguchi Y., P. J. Choi, G. W. Li, H. Chen, M. Babu, J. Hearn, A. Emili y X. S. Xie, Quantifying *E. coli* proteome and transcriptome with single-molecule sensitivity in single cells, **Science**, 329(5991): 533-538, (2010). DOI: 10.1126/science.1188308.
- Teyssier C., C. Grondin, L. Bonhomme, A. M. Lomenech, M. Vallance, D. Morabito, P. Label y M. A. Lelu-Walter, Increased gelling agent concentration promotes somatic embryo maturation in hybrid larch (*Larix x eurolepsis*): a 2-DE proteomic analysis, **Physiol. Plant.**, 141(2): 152-165, (2011). DOI: 10.1111/j.1399-3054.2010.01423.x.
- Tipton J. D., J. C. Tran, A. D. Catherman, D. R. Ahlf, K. R. Durbin y N. L. Kelleher, Analysis of intact protein isoforms by mass spectrometry, **J. Biol. Chem.**, 286(29): 25451-25458, (2011). DOI: 10.1074/jbc.R111.239442.
- Toldrá F. y L. M. L. Nollet, Food microbiology and food safety, Springer, Springer New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-589, (2013).
- Tyagi S., *E. coli*, what a noisy bug, **Science**, 329(5991): 518-519, (2010). DOI: 10.1126/science.1194036.
- Uberegui E., M. Hall, Ó. Lorenzo, W. P. Schröder y M. Balsera, An Arabidopsis soluble chloroplast proteomic analysis reveals the participation of the Executer pathway in response to increased light conditions, **J. Exp. Bot.**, 66(7): 2067-2077, (2015). DOI: 10.1093/jxb/erv018.
- Vannini C., M. Marsoni, C. Cantara, M. C. De Pinto, V. Locato, L. De Gara y M. Bracale, The soluble proteome of tobacco Bright Yellow-2 cells undergoing H₂O₂-induced programmed cell death, **J. Exp. Bot.**, 63(8): 3137-3155, (2012). DOI: 10.1093/jxb/ers031.
- Varhaníková M., L. Uvackova, L. Skultety, A. Pretova, B. Obert y M. Hajduch, Comparative quantitative proteomic analysis of embryogenic and non-embryogenic calli in maize suggests the role of oxylipins in plant totipotency, **J. Proteom.**, 10457-65, (2014). DOI: 10.1016/j.jprot.2014.02.003.
- Vlahou A. y M. Makridakis, Clinical proteomics, Springer, New York Heidelberg Dordrecht London, pp 1-278, (2015).
- Wang F., Applications of monolithic column and isotope dimethylation labeling in shotgun proteome analysis, Springer, Berlin Heidelberg, pp 1-94, (2014).
- Wijk K. J., Plant proteomics and photosynthesis, en: Photosynthesis, (Eaton-Rye J. J., B. C. Tripathy y T. D. Sharkey, eds.), Springer, Netherlands, 151-173, (2012). DOI:10.1007/978-94-007-1579-0_7.
- Wilhelm M., J. Schlegl, H. Hahne, A. M. Gholami, M. Lieberenz, M. M. Savitski, E. Ziegler, L. Butzmann, S. Gessulat, H. Marx, T. Mathieson, S. Lemeer, K. Schnatbaum, U. Reimer, H. Wenschuh, M. Mollenhauer, J. Slotta-Huspenina, J. H. Boese, M. Bantscheff, A. Gerstmair, F. Faerber y B. Kuster, Mass-spectrometry-based draft of the human proteome, **Nature**, 509(7502): 582-587, (2014). DOI: 10.1038/nature13319.
- Witzel K., A. Matros, M. Strickert, S. Kaspar, M. Peukert, K. H. Mühling, A. Börner y H.-P. Mock, Salinity stress in roots of contrasting barley genotypes reveals time-distinct and genotype-specific patterns for defined proteins, **Mol. Plant**, 7(2): 336-355 (2013). DOI: 10.1093/mp/sst063.

- Wu Z., J. Cheng, C. Qin, Z. Hu, C. Yin y K. Hu, Differential proteomic analysis of anthers between cytoplasmic male sterile and maintainer lines in *Capsicum annuum* L., **International Journal of Molecular Sciences**, 1422982-22996, (2013). DOI: 10.3390/ijms141122982.
- Xie F., T. Liu, W. J. Qian, V. A. Petyuk y R. D. Smith, Liquid chromatography-mass spectrometry-based quantitative proteomics, **J. Biol. Chem.**, 286(29): 25443-25449, (2011). DOI: 10.1074/jbc.R110.199703.
- Xing M. y H. Xue, A proteomics study of auxin effects in *Arabidopsis thaliana*, **Acta Biochimica et Biophysica Sinica**, 44(9): 783-796, (2012). DOI: 10.1093/abbs/gms057.
- Yadav N., S. M. P. Khurana y D. Yadav, Plant secretomics: Unique initiatives, en: PlantOmics: The Omics of Plant Science, (Barh D., M. S. Khan y E. Davies, eds.), Springer, India, 357-384, (2015). DOI:10.1007/978-81-322-2172-2_12.
- Yang L., S. Guo, Y. Li, S. Zhou y S. Tao, Protein microarrays for systems biology, **Acta Biochimica et Biophysica Sinica**, 43(3): 161-171, (2011). DOI: 10.1093/abbs/gmq127.
- Yang Z. B., D. Eticha, H. Fühns, D. Heintz, D. Ayoub, A. Van Dorselaer, B. Schlingmann, I. M. Rao, H. P. Braun y W. J. Horst, Proteomic and phosphoproteomic analysis of polyethylene glycol-induced osmotic stress in root tips of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), **J. Exp. Bot.**, 64(18): 5569-5586, (2013). DOI: 10.1093/jxb/ert328.
- Yao S. X., Y. Zhang, Y. L. Chen, H. T. Deng y J. Y. Liu, SILARS: An effective stable isotope labelling with ammonium nitrate-¹⁵N in rice seedlings for quantitative proteomic analysis, **Mol. Plant**, 7(11): 1697-1700, (2014). DOI: 10.1093/mp/ssu089.
- Yeats T. H., K. J. Howe, A. J. Matas, G. J. Buda, T. W. Thannhauser y J. K. C. Rose, Mining the surface proteome of tomato (*Solanum lycopersicum*) fruit for proteins associated with cuticle biogenesis, **J. Exp. Bot.**, 61(13): 3759-3771, (2010). DOI: 10.1093/jxb/erq194.
- You C., H. Okano, S. Hui, Z. Zhang, M. Kim, C. W. Gunderson, Y. P. Wang, P. Lenz, D. Yan y T. Hwa, Coordination of bacterial proteome with metabolism by cyclic AMP signalling, **Nature**, 500(7462): 301-306, (2013). DOI: 10.1038/nature12446.
- Yun Z., S. Jin, Y. Ding, Z. Wang, H. Gao, Z. Pan, J. Xu, Y. Cheng y X. Deng, Comparative transcriptomics and proteomics analysis of citrus fruit, to improve understanding of the effect of low temperature on maintaining fruit quality during lengthy post-harvest storage, **J. Exp. Bot.**, 63(8): 2873-2893, (2012). DOI: 10.1093/jxb/err390.
- Zhang B., Z. B. Guan, Y. Cao, G. F. Xie y J. Lu, Secretome of *Aspergillus oryzae* in Shaoxing rice wine koji, **International Journal of Food Microbiology**, 155(3): 113-119, (2012). DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.01.014>.
- Zhang J. H., L. W. Sun, L. L. Liu, J. Lian, S. L. An, X. Wang, J. Zhang, J. L. Jin, S. Y. Li y J. H. Xi, Proteomic analysis of interactions between the generalist herbivore *Spodoptera exigua* (Lepidoptera: Noctuidae) and *Arabidopsis thaliana*, **Plant Mol. Biol. Rep.**, 28(2): 324-333, (2010). DOI: 10.1007/s11105-009-0156-6.
- Zhang S., R. W. Sherwood, Y. Yang, T. Fish, W. Chen, J. A. McCardle, R. M. Jones, V. Yusibov, E. Ruíz-May, J. K. C. Rose y T. Thannhauser, Comparative characterization of the glycosylation profiles of an influenza hemagglutinin produced in plant and insect hosts, **Proteomics**, 12(8): 1269-1288, (2012). DOI: 10.1002/pmic.201100474.

- Zhao J., B. Wang, X. Wang, Y. Zhang, M. Dong y J. Zhang, iTRAQ-based comparative proteomic analysis of embryogenic and non-embryogenic tissues of Prince Rupprecht's larch (*Larix principis-rupprechtii* Mayr), **Plant Cell Tiss. Org. Cult.**, 120(2): 655-669, (2015). DOI: 10.1007/s11240-014-0633-y.
- Zhou S., R. J. Sauvé, Z. Liu, S. Reddy y S. Bhatti, Identification of salt-induced changes in leaf and root proteomes of the wild tomato, *Solanum chilense*, **J. Amer. Soc. Hort. Sci.**, 136(4): 288-302, (2011). DOI:
- Zhu W., J. W. Smith y C.-M. Huang, Mass spectrometry-based label-free quantitative proteomics, **J. Biomed. Biotechnol.**, 840518, (2010). DOI: 10.1155/2010/840518.