

A Espectrometria de massas como ferramenta analítica para a análise de proteínas: da sequencia à quantificação e à estrutura tridimensional

Prof. Dr. Fábio Cesar Gozzo

Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP Instituto de Química
University of Campinas - UNICAMP, Institute of Chemistry

A Espectrometria de Massas (MS) passou por uma verdadeira revolução no início dos anos 90 com a possibilidade de se ionizar moléculas de alta massa molecular. Embora a química como um todo tenha se beneficiado enormemente desses avanços, a área de proteínas foi de longe a que mais avançou com essas novas técnicas de MS, em particular eletrospray (ESI) e MALDI.

A área de análise e caracterização de proteínas possui desafios únicos, tais como a baixíssima quantidade de material disponível (geralmente na faixa de pico/femtomols), a grande variedade de proteínas (estima-se que os humanos tenham mais de 100.000 proteínas), a possibilidade de modificações (tais como fosforilação) que determinam suas atividades, entre outras.

Neste sentido, as características extremamente atrativas da MS tais como alta sensibilidade, curtos tempos de análise, facilidade de uso e alto grau de automatização, se encaixam perfeitamente com as necessidades da área de proteínas. As quantificações de proteínas, que antes era feitas uma a uma, agora podem ser realizadas todas simultaneamente com o uso da MS.

Outro fator diferencial é que a caracterização estrutural das proteínas envolve os seus quatro níveis de organização tridimensional, as chamadas estruturas primárias, secundárias, terciárias e quaternárias. E é justamente nesta área que a MS traz uma grande promessa, onde novas técnicas permitem a caracterização tridimensional de proteínas e complexos proteicos.

Neste seminário mostraremos essa revolução da MS na área de análise de proteínas e o futuro da técnica nesta área.