

Aplicaciones de la espectrometría de masa al estudio de proteínas y proteomas

Durán, R

* Unidad de Bioquímica y Proteómica Analíticas, Institut Pasteur de Montevideo, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay

El estudio de un proteoma implica la identificación de las proteínas presentes en cada situación de la vida celular, el análisis de sus interacciones, la cuantificación de sus niveles de expresión y la identificación de sus modificaciones post-traduccionales. La interpretación de esta enorme cantidad de información permite una aproximación a la función de las proteínas y sus mecanismos de regulación en gran escala. El desarrollo de la proteómica ha sido posible gracias a avances tecnológicos, entre los que cabe destacar aquellos que permitieron la secuenciación de genomas completos, herramientas bioinformáticas y muy particularmente la espectrometría de masa (EM) aplicada a macromoléculas biológicas. La EM ha experimentado notables avances tecnológicos en los últimos años, en particular en lo que respecta a la sensibilidad, la resolución, el rango dinámico y la capacidad para identificar un número cada vez mayor de proteínas en un único experimento. Esto ha permitido que las aproximaciones proteómicas basadas en la EM sean hoy en día utilizadas en forma rutinaria, sin embargo convertir un catálogo de proteínas en datos de relevancia biológica es aún un desafío y depende en gran manera del correcto diseño experimental.

En esta presentación mostraremos las distintas estrategias proteómicas basadas en la EM que utilizamos en la Unidad de Bioquímica y Proteómica Analíticas (Institut Pasteur de Montevideo e IIBCE) para la identificación de proteínas y sus modificaciones post-traduccionales en diferentes modelos biológicos. Profundizaremos en estudios fosfoproteómicos e interactómicos para la elucidación de vías de transducción de señales mediadas por Ser/Thr quinasas de proteínas en bacterias. La identificación de sustratos endógenos e interactores a nivel de proteoma nos ha permitido una caracterización bioquímica fundamental en cuanto a selectividad, especificidad y mecanismos de activación/ inhibición de estas enzimas, así como establecer su participación en vías de señalización específicas [1,2,3].

Referencias:

- [1] A. Villarino, R. Durán *et al.* J. Mol. Biol. 350, 953 (2005)
- [2] H. O'Hare, R. Durán *et al.* Molecular Microbiology 70, 1408 (2008)
- [3] A. Lima, R. Durán *et al.* J Proteomics; 74, 1720 (2011)