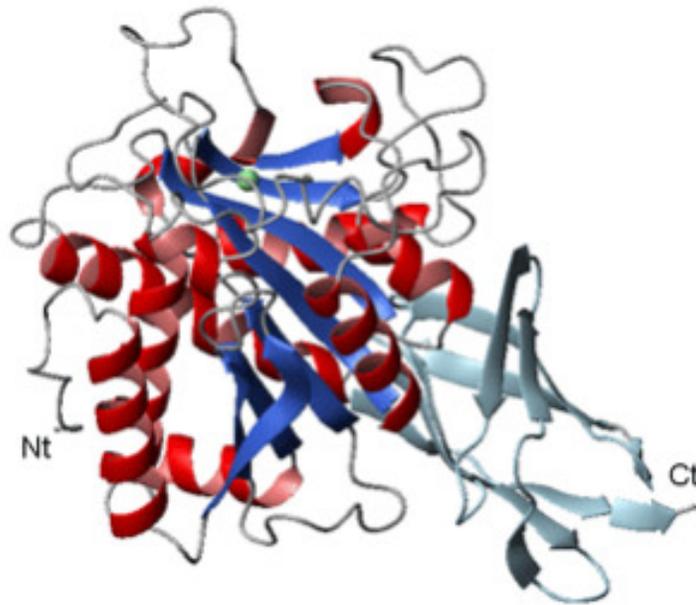


06/2010

## Nuevo método para identificar los dos extremos de las proteínas



Investigadores de la Universidad de Gante (Bélgica) y de la UAB han desarrollado un nuevo procedimiento para identificar los dos extremos de las moléculas de proteínas, y su procesamiento-maduración, en estudios de proteómica masiva *in-vivo* o *ex-vivo*. El trabajo ha sido publicado on line en *Nature Methods*, con el título "Complementary Positional Proteomics for Screening of Endo- and Exoproteases". El nuevo método desarrollado permite ampliar estos estudios al extremo C-terminal de las proteínas, aquel que tiene el grupo carboxilo, que se considera constituye el final de las cadenas lineales de aminoácidos que las forman.

El mundo de las proteínas es uno de los más complejos y fundamentales en los seres vivos, puesto que son biomoléculas que efectúan y controlan o intervienen en la mayoría de funciones

biológicas. Su identificación y caracterización masiva en multitud de organismos vivos y en diferentes estadios vitales ha sido (y todavía es) una de las tareas más importantes de la proteómica, dado que está permitiendo calibrar mucho más su participación en funciones biológicas y en patologías-enfermedades y desarrollar estrategias para su control (por ejemplo, el desarrollo de fármacos y vacunas).

Hasta hace muy poco la mayoría de estudios de proteómica se han centrado en las regiones internas de las proteínas, las que suelen dar lugar a su plegamiento tridimensional (esencial para muchas funciones), o en su extremo N-terminal (-Nt), aquel que tiene un grupo amino, NH<sub>2</sub>, desde el que se empieza a contar la cadena lineal de aminoácidos enlazados de las proteínas. Cabe recordar que las moléculas proteicas pueden tener desde unos pocos aminoácidos enlazados hasta centenares (lo más habitual) o miles de ellos, siempre en forma lineal, aunque después se produzca un plegamiento tridimensional. Esta focalización de estudios se ha debido a que los procedimientos y química para estudiar estas regiones N-terminal e internas son más fáciles y se han podido desarrollar antes.

El nuevo método desarrollado permite ampliar estos estudios al extremo C-terminal de las proteínas (-Ct), aquel que tiene el grupo carboxilo, COOH, que se considera constituye el final de las cadenas lineales de aminoácidos. La estrategia global e integrada ha sido generada por grupos de investigación de la Universidad de Gante-Bélgica (Petra van Damme y Kris Gevaert y otros), y de la UAB (Silvia Bronsoms y Francesc Xavier Avilés, del Instituto de Biotecnología y de Biomedicina, y del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular).

Es decir, en adelante se puede estudiar, por métodos masivos proteómicos, procesos de maduración de las proteínas que suelen involucrar cortes en su secuencia lineal, tanto a nivel interno como de sus dos extremos Nt- y -Ct. Esto permite evaluar la participación concreta de estas regiones en los procesos mencionados y en funciones relacionadas, como la generación, activación y desactivación de hormonas, los factores de crecimiento, los neuropéptidos, las enzimas, los receptores de membrana y otras muchas proteínas de importante acción biológica. La estrategia desarrollada se puede llevar a cabo *ex-vivo* (extractos celulares) o *in-vivo* (por transfección seguida de análisis proteómico). Además, por sí mismos, los extremos proteicos se suelen encontrar involucrados en funciones muy importantes, como localización y direccionamiento celular-tisular, inicio-afectación del plegamiento tridimensional, unión a otras biomoléculas y macro-estructuras, y modificaciones químicas post-generación de proteínas, entre otros.

Esta publicación completa otras previas (p.e. de regiones N-terminales) realizadas en este campo por el grupo flamenco, que es un líder en el campo de la proteómica general. También del grupo de la Universitat Autònoma de Barcelona, líder en el campo de las enzimas que procesan y maduran proteínas por el extremo C-terminal (las carboxipeptidasas), como una publicación reciente en prensa sobre el procesamiento de fragmentos proteicos (péptidos) por este extremo en el *Journal of Biological Chemistry*, firmada por S. Cierro, J. Lorenzo y F.X. Avilés, de la UAB y por LI. Fricker et al del A. Einstein College of Medicine of New York.

**Francesc Xavier Avilés**

[francescxavier.aviles@uab.cat](mailto:francescxavier.aviles@uab.cat)

## Referencias

"Complementary Positional Proteomics for Screening of Endo- and Exoproteases". Van Damme P. et al (2010) Nature Methods.

[View low-bandwidth version](#)