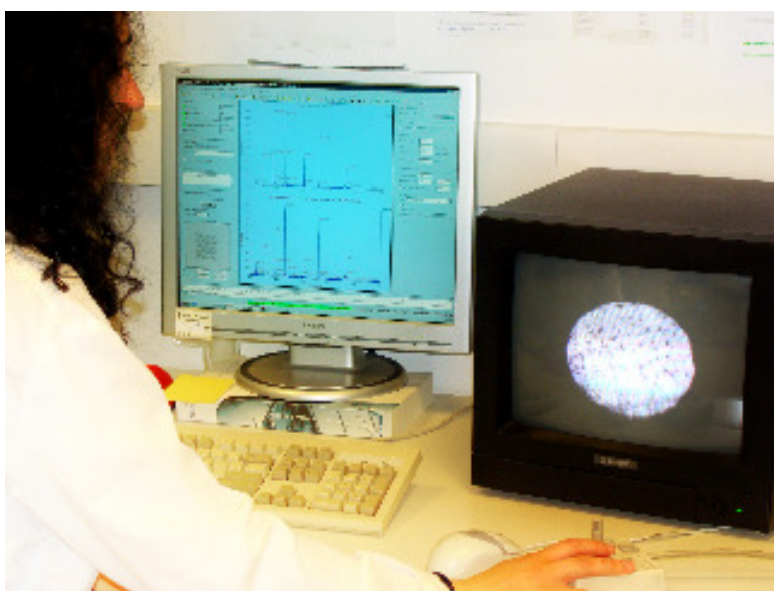


07/2010

Desvelada la complejidad de los preparados comerciales de albúmina humana



La importancia de la albúmina radica en su utilización como proteína mayoritaria en los preparados comerciales de suero humano. La presencia poco conocida de otros péptidos y proteínas séricas en el suero comercial ha motivado esta investigación, debido a la importancia de posibles efectos adversos por la actividad biológica que pudieran tener esos péptidos minoritarios. Un exhaustivo análisis y clasificación, utilizando tecnología de la proteómica, ha logrado construir la más completa colección sobre la composición de los preparados comerciales de albúmina.

Las soluciones de albúmina sérica constituyen uno de los principales hemoderivados comercializados para su uso en terapia humana. La albúmina es la proteína mayoritaria en el fluido sanguíneo constituyendo aproximadamente el 60% del total de las proteínas del suero.

Las soluciones de albúmina se emplean principalmente para mantener el volumen sanguíneo en situaciones en que hay pérdida de sangre como puede ser el caso de accidentes o en cirugía.

La albúmina se obtiene industrialmente mediante su purificación a partir de suero humano. El producto comercial contiene aproximadamente un 95 % de albúmina además de otros péptidos y proteínas séricas que copurifican con ésta y cuya composición exacta es poco conocida. Dada la relevancia de estos preparados en clínica, la identificación de estas proteínas acompañantes es de gran importancia, ya que la posible actividad biológica de algunos de estos compuestos podría ser causa de efectos indeseables.

En los últimos años diversos desarrollos tecnológicos nos han provisto de herramientas muy potentes para el análisis e identificación de moléculas biológicas de gran tamaño como son las proteínas. Estas técnicas han permitido el florecimiento de lo que ahora conocemos como Proteómica un área de investigación dirigida al estudio global de las proteínas producidas por una célula, tejido u organismo. Mediante estas tecnologías, entre las que la denominada espectrometría de masas juega un papel primordial, es posible el análisis conjunto de miles de moléculas y su identificación y cuantificación en pocas horas o días.

Figura.- Análisis de una solución de albúmina mediante cromatografía líquida multidimensional acoplada a la espectrometría de masas que permite separar y analizar varios miles de señales por experimento.

En nuestro laboratorio hemos utilizado estas tecnologías proteómicas para desvelar la identidad de las proteínas presentes en las soluciones de albúmina de uso en terapia humana. El análisis realizado implica la rotura enzimática de las proteínas en la solución de albúmina, la separación de los péptidos fragmento producidos por estas roturas mediante técnicas cromatográficas y la identificación de sus secuencias mediante espectrometría de masas. En conjunto se estudiaron cerca de 100.000 espectros que permitieron identificar hasta 141 proteínas diferentes de la albúmina en estos preparados, algunas de ellas con conocida e importante actividad biológica.

Algunas de las proteínas identificadas han sido descritas como componentes del denominado albuminoma, el conjunto de proteínas que pueden encontrarse formando complejos con la albúmina. La [figura](#) muestra el resultado de un análisis bioinformático (STRING) que muestra cómo un porcentaje muy alto de las proteínas identificadas (71 de 143) se encuentran interrelacionadas en una red de interacción. La albúmina es la proteína central marcada como ALB.

Este conjunto de moléculas constituye la colección más exhaustiva disponible actualmente sobre la composición de los preparados comerciales de albúmina. Esta información es de gran importancia para la comprensión de los efectos terapéuticos de las soluciones de albúmina así como para la prevención de potenciales efectos secundarios derivados de su posible actividad biológica.

Joaquín Abián

Instituto de Aplicaciones Biomédicas de Barcelona, CSIC

joaquim.abian.csic@uab.cat

Referencias

"Characterization of peptides and proteins in commercial HSA solutions". Gay, Marina; Carrascal, Montserrat; Gorga, Marina; Parés, Albert; Abián, Joaquín. PROTEOMICS, 10 (2): 172-181 JAN 2010.

[View low-bandwidth version](#)