



SOCIEDAD QUÍMICA
DE MÉXICO, A.C.

Análisis proteómico cuantitativo a través de la marcación isotópica estable

- Dr. César Ferreira Batista. Instituto de Biotecnología- UNAM.

La espectrometría de masas era conocida como una técnica analítica inapropiada para la cuantificación de proteínas, principalmente debido los sistemas de ionización y analizadores iónicos utilizados para este fin. La intensidad de una señal m/z no es proporcional a la cantidad de muestra en análisis, pero sí a la capacidad de ionización del péptido o proteína. La cuantificación de péptidos y proteínas debe ser realizado por comparación de señales m/z producidas por moléculas exactamente iguales. La técnica ICAT (Isotope-Coded Affinity Tags) fue la primera metodología utilizada para la cuantificación relativa la expresión diferencial de proteínas en sistemas biológicos. ICAT marca tioles generados por la reducción de puentes de disulfuro mediante un alquilante que contiene átomos ligeros e isótopos estables. La comparación entre péptidos con estructura primaria idéntica pero con masas moleculares distintas, permitió por primera vez comparar sistemas biológicos iguales en condiciones fisiológicas distintas. Por ejemplo, evaluar la influencia de agentes etiológicos sobre la expresión de proteínas y determinar blancos moleculares para la terapia. La introducción de la técnica de ICAT por Stephen Gygi en 1999 posibilitó el desarrollo de la proteómica cuantitativa. Actualmente, la introducción de isótopos estables en amino ácidos permite la cuantificación de proteínas in vivo. En este trabajo se hará una descripción general de los principales métodos de cuantificación relativa de proteomas (ICAT, iTRAQ y SILAC) y sus aplicaciones en la medicina y biotecnología.

Mérida-Yucatán Septiembre-2014