

CARTA DEL PRESIDENTE

De Córdoba a Segovia, pasando por Estoril

Como bien sabéis, se acaba de celebrar el 4º Congreso de la EuPA en Estoril cuyas presentaciones, grabadas en video, podréis consultar en breve desde la página web de la EuPA (<http://www.eupa.org/>). No es mi intención contaros los pormenores de los excelentes trabajos presentados, pero si quisiera dedicar unas líneas a comentar algunos aspectos que me han parecido de interés general. En primer lugar, el desarrollo de nuevos métodos bioinformáticos y la aplicación de otros ya conocidos en entornos como la genómica al análisis e interpretación de experimentos de proteómica a gran escala, así como su integración con otras fuentes de información como expresión génica, metabolómica, interacción, etc. Muchas de las herramientas son de libre acceso, lo que a buen seguro contribuirá a su uso generalizado y, en consecuencia, dinamizará su perfeccionamiento. Estas aproximaciones sintéticas impulsan de manera muy significativa la generación de hipótesis funcionales a partir de las colecciones de datos generadas. Sin embargo, es evidente que las hipótesis han de ser convertidas en tesis mediante experimentos de validación. En este sentido, es unánime la aceptación de la técnica denominada SRM (*Selected Reaction Monitoring*) como método relativamente sencillo y eficaz que permite la detección y cuantificación de un péptido mediante la monitorización de transiciones específicas. Su eficacia incluso en el contexto de matrices complejas como los fluidos biológicos, postulan a este método como un candidato prometedor en la búsqueda de biomarcadores en el sentido amplio de la palabra. Es importante comentar, por lo que pueda significar en un futuro próximo, que se adoptó una postura bastante crítica hacia los estudios basados en la identificación de biomarcadores de potencial aplicación en el seguimiento, diagnóstico o tratamiento de enfermedades. La razón es la falta de experimentos que validen los rasgos que diferencian las limitadas series de individuos analizadas, algo que resulta bastante lógico. En general, los experimentos son excelentes desde un punto de vista técnico, la validez de los postulados biomarcadores y, por lo tanto, su alcance en cuanto a la aplicación en clínica, depende del análisis de miles de muestras, proceso en el que podemos encontrar limitaciones a dos niveles: disponer de un método que permita realizar los análisis masivos y el acceso a muestras debidamente recogidas, almacenadas y documentadas. En cuanto al método, el SRM emerge como una posible alternativa a los métodos clásicos basados en la inmunodetección de la proteína de interés. La disponibilidad de muestras depende en gran medida de la creación de biobancos altamente especializados que deberían promoverse a través de iniciativas de alcance nacional, como ya está ocurriendo en algunos países. En mi opinión, el conocimiento detallado de las bases moleculares de los procesos patogénicos mediante la combinación de modelos experimentales de enfermedad, sistemas *in vitro* fácilmente manipulables, muestras humanas y métodos de análisis tan eficaces como los disponibles hoy en día aportarán una información robusta de la que emanarán de forma natural las aplicaciones biomédicas.

Otro de los temas estrella, lejos de las sesiones canónicas, ha sido el recientemente lanzado *Human Proteome Project*, iniciativa que se hizo pública en el congreso de la HUPO celebrado el mes pasado en Sidney. El objetivo final es identificar y cuantificar al menos la especie proteica producto mayoritario de cada gen, en cada uno de los más de 230 tipos celulares distintos que constituyen nuestro organismo. Es un trabajo de enormes proporciones que se plantea a diez años vista y que realizarán equipos de investigación pluridisciplinarios que elegirán su parcela de trabajo, básicamente el cromosoma en el que se trabajará de forma individual o consorciada para caracterizar las proteínas codificadas por los genes que los integran. En una segunda fase se investigarán las alteraciones que cursan con la progresión de enfermedades. Se propone basar el análisis en SRM y generar los datos en formatos que permitan su intercambio y una total

integración. Los detalles se pueden consultar en la página web de la HUPO (<http://www.hupo.org/research/hpp/>). En Europa se están gestando algunas propuestas y quizás algunos de nosotros queramos formar parte de esta interesante iniciativa.

En cuanto a esta nuestra sociedad, dejamos atrás unas excelentes Jornadas de Córdoba, sobre las tendréis puntual y detallada información en este número y nos aprestamos ya a una nueva edición de nuestro congreso, la cuarta. En esta ocasión nos marchamos a Segovia donde a buen seguro volveremos a hacer historia y seremos recordados junto con obras tan memorables como el Acueducto, el Alcázar o la Catedral. Además de los aspectos mundanos que endulzan tales eventos, la calidad de la ciencia que en ellos se destila, es imán para propios y extraños, como indica el elenco de invitados que podéis consultar ya en la página web ya disponible (<http://www.seprot2011.es>). No es de extrañar tal éxito de convocatoria, porque el trabajo realizado durante estos últimos años tanto a nivel individual como a través de iniciativas coordinadas (como ProteoRed o la propia SEProt) ha situado a la proteómica española a un excelente nivel. En otro orden de cosas, tenemos que felicitar a Juan Pablo Albar por su reciente elección como miembro de la Junta Directiva de la HUPO. Otra buena noticia, ha sido la elección de la candidatura de Madrid por la Junta Directiva de la EuPA como sede del congreso EuPA-HUPO que se celebrará en 2014. Nuestra candidatura fue seleccionada entre 4 excelentes propuestas que incluían a Estocolmo, Dublín y Moscú. Ahora sólo queda esperar que la HUPO de su aprobación; cabe la posibilidad de que se presente algún candidato adicional. Dadas las fechas, quiero recordaros que estamos cerca de cerrar el plazo de la convocatoria de becas de diciembre. Os animo a emplearlas para ayudaros a financiar la asistencia a cursos, estancias cortas en otros laboratorios y, eventualmente, para asistencia a algún congreso, aunque las dos primeras actividades serán priorizadas por el comité de selección. Finalmente, quiero agradecer a Jesús Jorrín por su generoso esfuerzo que hace posible que tengáis en la mano este nuevo número de la revista Proteómica. No dejéis de mandar vuestras reflexiones, comentarios sobre trabajos que os hayan parecido interesantes, resúmenes de vuestras tesis y cualquier otra contribución que se os ocurra.

Nos vemos en Segovia, donde si miráis al horizonte, hacia Mujer Muerta, en el frío atardecer veréis, según cuenta la leyenda, como, surcando los cielos, se acercan los dos hermanos a besar a la madre que se sacrificó para evitar una guerra fratricida.

Fernando Corrales