

P34

Seguimiento por MALDI-Imaging del tratamiento de ratones con inhibidores de proteasas

Sílvia Bronsoms¹, Sebastián Alejandro Trejo¹, Patricia Marín-García², Giovanni Covalada³, Julia Lorenzo³, José María Bautista², Francesc Xavier Avilés^{1,3}

¹*Servei de Proteòmica, Institut de Biotecnologia i Biomedicina, Universitat Autònoma de Barcelona;*
²*Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid;* ³*Institut de Biotecnologia i de Biomedicina & Dept. Bioquímica, Universitat Autònoma de Barcelona*

Silvia.Bronsoms@uab.cat

La espectrometría de masas MALDI-imaging (MALDI-IMS) es una técnica experimental que permite la visualización de la distribución de biomoléculas en secciones de tejidos [1]. MALDI-IMS permite la adquisición de perfiles de péptidos, lípidos o proteínas en tejidos, la búsqueda y localización de biomarcadores o la clasificación de tejidos entre otros [1,2]. En este estudio se analizó la distribución de tres inhibidores de proteasas en distintos órganos de ratón después de ser administrados vía inyección intraperitoneal.

Los ratones fueron inyectados con distintas cantidades de inhibidores de proteasas (de 100 a 500 mg/kg) y fueron sacrificados una hora después de la última dosis. Se siguieron protocolos estándar para la congelación de los órganos, obtención de los cortes de tejido, espray de matriz sobre los cortes y adquisición de espectros de MALDI [3 & Protocolos de Bruker]. Se determinó la localización de los inhibidores de proteasas en tres órganos: riñón, hígado y cerebro, y también se caracterizó la formación de derivados de estas proteínas por acción de exopeptidasas.

[1] Schwamborn K & Caprioli RM *Nature Rev Cancer* 2010, 10, 639-646.

[2] Mc Donnell LA, Corthals GL, Willems SM, van Remoortere A, van Zeijl RJM and Deelder AM *J Proteomics* 2010, 73, 1921-1944.

[3] Reyzer ML, Chaurand P, Angel PM and Caprioli RM *Methods Mol Biol* 2010, 656, 285-330.