

## Grupo de Proteómica. Universidad del País Vasco / Euskal Herriko Unibertsitatea

*Jesus M. Arizmendi, Asier Fullaondo, Kerman Aloria, Miren Josu Omaetxebarria, Mikel Azkargorta, Nerea Osinalde*

Dpto. de Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Ciencia y Tecnología. Universidad del País Vasco

### Componentes del grupo

Jesus M. Arizmendi, Profesor Asociado de Bioquímica y Biología Molecular; Asier Fullaondo, Profesor Asociado de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal; Kerman Aloria, Técnico Superior del Servicio General de Investigación de Genómica y Proteómica; Miren Josu Omaetxebarria, Investigadora post-doctoral; Mikel Azkargorta, Estudiante de doctorado; Nerea Osinalde, Estudiante de doctorado

### Historia del grupo

Nuestro grupo de investigación se creó en 2004 y promovió la creación de la Unidad de Proteómica del Servicio General de Investigación de Genómica y Proteómica de la Universidad. Desde entonces cumple una doble misión. Por una parte, se encarga del servicio mencionado, y por otra desarrolla diversos proyectos de investigación basados en metodología proteómica.

Como se ha mencionado anteriormente, además de ser los responsables del Servicio de Proteómica (integrado en Proteored), nuestro grupo desarrolla varios proyectos de investigación. Estos proyectos son de dos tipos. Por una parte, estamos involucrados en proyectos de investigación que tienen como objetivo el desarrollo de tecnología proteómica. Concretamente, participamos junto con el CIC bioGUNE en el proyecto HUPO de hígado y en otro de desarrollo de técnicas proteómicas de cuantificación y análisis de modificaciones post-traduccionales.

Por otro lado, participamos en un proyecto de investigación coordinado por la Dra. Ana M. Zubiaga que analiza de una forma multidisciplinar los factores de transcripción E2F en ratones. La

familia de factores de transcripción E2F consta de 8 miembros (E2F1-8) y desarrolla un papel fundamental en la regulación de la progresión a través del ciclo celular. Todos ellos poseen un alto grado de homología estructural y similitud en cuanto a la secuencia consenso que reconocen, pero presentan diferencias que les confieren características específicas tanto en la interacción con otras proteínas como en la función que desempeñan. Así, E2F1-3a han sido denominados E2F “activadores”, mientras que E2F3b-8 son considerados E2F “represores” debido a la función principal que desempeñan sobre sus genes diana. La función mejor conocida de los factores de transcripción E2F es la relacionada con el control del ciclo celular pero trabajos recientes también relacionan la actividad de miembros de esta familia con procesos tan diversos como la inducción a la apoptosis, morfogénesis, regulación metabólica o respuesta al daño del DNA. Nuestro grupo de investigación está comparando los perfiles de expresión proteica de linfocitos T de ratones salvajes con los de ratones deficientes en E2F2, habiendo comprobado la desregulación de genes relacionados con señalización mediada por TCR, supervivencia celular y respuesta a stress, explicando el fenotipo hiperproliferativo que presentan los ratones deficientes en E2F2. En este mismo proyecto, también estamos analizando las interacciones que E2F2 tiene con otras proteínas.

### Colaboraciones

- Dra. Ana Zubiaga. CIC bioGUNE
- Dr. Arturo Muga. UPV-EHU
- Dr. Ole N. Jensen. University of Southern Denmark
- Dr. Albert Heck. Utrech University.

## Publicaciones

- Omaetxebarria MJ, Elortza F, Hägglund P, Hooper N, Arizmendi JM, Jensen ON (2006) Characterization of GPI-anchored peptides by hydrophilic interaction (HILIC) and MALDI tandem mass spectrometry. *Anal. Chem.* 78, 3335-3341
- Azkargorta M, Arizmendi JM, Elortza F, Alkorta N, Zubiaga AM, Fullaondo A (2006) Differential protein profiles in E2F2-deficient T lymphocytes. *Proteomics* 6, S42-S50
- Fernández-Saiz V, Moro F, Arizmendi JM, Acebrón SP, Muga A (2006) Ionic contacts at DnaK substrate binding domain involved in allosteric regulation of lid dynamics. *J. Biol. Chem.* 281, 7479-7488
- Agirregabiria M, Blanco FJ, Berganzo J, Fullaondo A, Zubiaga AM, Mayora K, Ruano-López JM (2006) Sodium dodecyl sulfate-capillary gel electrophoresis of proteins in microchannels made of SU-8 films. *Electrophoresis* 27, 3627-3634
- Kolkman A, Daran-Lapujade P, Fullaondo A, Olsthoorn MM, Pronk JT, Slipjer M, Heck AJ (2006) The effect of carbon and nitrogen limitation on the yeast proteome studied by metabolic stable isotope labeling and mass spectrometry. *Mol. Syst. Biol.* 2, 2006.0026
- Romijn EP, Christis C, Wieffer M, Gouw JW, Fullaondo A, van der Sluijs P, Braakman I, Heck AJ (2005) Expression clustering reveals detailed co-expression patterns of functionally related proteins during B cell differentiation: a proteomic study using a combination of one-dimensional gel electrophoresis, LC-MS/MS, and stable isotope labeling by amino acids. *Mol. Cell Proteomics* 4, 1297-1310
- Agirregabiria M, Blanco FJ, Berganzo J, Arroyo MT, Fullaondo A, Mayora K, Ruano-López JM (2005) Fabrication of SU-8 multilayer microstructures based on successive CMOS compatible adhesive bonding and releasing steps. *Lab Chip* 5, 545-552