

### 3. SECUENCIACION DE NOVO

#### De novo sequencing of proteins not represented in databases using LTQ-Orbitrap: a case study

Casado-Vela, J.<sup>1)</sup>; Martínez-Ballesta, M.C.<sup>2)</sup>; Muries, B.<sup>2)</sup>; Carvajal, M.<sup>2)</sup>; Matthiesen, R.<sup>3)</sup>; Elortza, F.<sup>1)</sup>

1) Unidad de Proteómica, CIC bioGUNE. Parque Tecnológico de Bizkaia, Edificio 800, 48160, Bizkaia. 2) Departamento de Nutrición Vegetal. Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura - CSIC. Apdo. Correos 164, 30100 Espinardo, Murcia. 3) Unidad de Bioinformática, CIC bioGUNE. Parque Tecnológico de Bizkaia, Edificio 800, 48160, Bizkaia.

Protein identification using proteomic technologies is routinely achieved through the comparison of experimental MS or MS<sup>2</sup> spectral peak lists with the theoretical ones calculated from peptide/nucleotide sequence databases. Whilst this general strategy is successful when applied to fully sequenced species, it is very limited when species underrepresented in databases are the aim of the study (Jensen *et al.*, 2006). In this study we take advantage of the high mass accuracy of LTQ-Orbitrap (Thermo Fisher Scientific), combined with the use of the *de novo* sequencing software PEAKS (Bioinformatic Solutions, Inc.) to approach the characterization of plasmatic and vacuolar aquaporins isolated from broccoli (*Brassica oleracea* L. var *italica*) plants. Aquaporins belong to the major intrinsic protein (MIP) family and facilitate the flow of water across cellular membranes (plasma and vacu-

olar membranes), following osmotic or hydrostatic pressure gradients (Chrispeels and Maurel, 1994). In most of plant species investigated, pharmacological and/or genetic evidence has suggested that aquaporins represent a major role during water uptake by roots (Martínez-Ballesta *et al.*, 2006).

#### References

Chrispeels, MJ, Maurel, C. (1994). *Plant Physiology* 105, 9-13.

Jensen, O. N. (2006). *Nature Reviews in Molecular Cell Biology*. 7: 391-403.

Martínez- Ballesta MC, Silva C, López-Berenguer C, Cabañero FJ, Carvajal M (2006). *Plant Biology* 8: 535-546.

#### Secuenciación de novo de péptidos diferenciadores del decápodo de interés comercial *Pleoticus muelleri*

Ortea I., Barros L., Gallardo J. M.

#### Introducción

La identificación de especies marinas tiene capital importancia en la industria pesquera, ya que las regulaciones comerciales impuestas por diferentes países imponen requisitos de trazabilidad y de correcta identificación y etiquetado de los productos (Secretaría General de Pesca Marítima, 2005). El objetivo de este trabajo es caracterizar, por medio

de técnicas de proteómica, péptidos marcadores de una determinada especie de crustáceo decápodo de gran interés comercial: *Pleoticus muelleri*.

#### Material y métodos

Se solubilizaron las proteínas de la fracción sarcoplásmica del abdomen de individuos de *P. muelleri* y