

Conclusiones

La proteómica supone una alternativa robusta y precisa para detectar la presencia de distintas es-

pecies animales en productos cárnicos cocinados, superando las limitaciones que los métodos de detección de ADN presentan actualmente en alimentos procesados.

Determinación y validación de dianas implicadas en la carcinogénesis del osteosarcoma infantil mediante plataformas de genómica y proteómica

Zalacain M, Folio C, Corrales FJ, Mora MI, Sierrasesúmaga L, Toledo G, Patiño-García A.

Introducción

El osteosarcoma es el tumor óseo más frecuentemente diagnosticado en la infancia y adolescencia. La tasa de supervivencia con la quimioterapia disponible en la actualidad se sitúa en 70%, únicamente limitada en aquellos pacientes con tumores metastásicos o quimiorresistentes (Picci, 2007).

Material y métodos

Se han aislado osteoblastos normales y tumorales de 5 pacientes afectados de osteosarcoma. Los análisis comparativos de sus proteomas se realizaron mediante DIGE (150µg proteína/gel). Los análisis de imagen se realizaron con Decyder y las bandas diferenciales se localizaron en geles bidimensionales preparativos (400µg proteína/gel) que se tiñeron con SYPRO-Ruby y se cortaron para su identificación. Se realizó digestión en gel con tripsina y los péptidos resultantes se analizaron mediante MALDI-TOF-MS y nanoLC-ESI-MS/MS para identificar las proteínas utilizando los motores de búsqueda Proteinlynx Global Server y Phenyx. Las proteínas, identificadas en Swissprot, se validaron mediante IHQ en un TMA (*tissue microarray*) compuesto por 233 puntos de tejido (46 pacientes): hueso normal (17,2%), osteosarcomas primarios (37,3%), recidivas (10,1%) y metástasis (35,4%).

Resultados

Se han identificado 58 puntos proteicos diferencialmente expresados, de las que se han obtenido 27 identificaciones. Las proteínas con mayores diferencias entre hueso normal y osteosarcoma se cotejaron con una lista de genes obtenida de la comparación de los mismos tejidos mediante el *array* de expresión GeneChip/HG-U133A (Affymetrix). Entre otras, las siguientes dianas eran comunes en ambos estudios: CRYAB (Incrementada en osteosarcoma, I), HEBP1 (disminuida, D), hnRNH1 (D), PCBP1 (D), EZRI (D), FSCN (D) y LMNA (D). Se ha validado en TMA la proteína CRYAB detectándose, no sólo un incremento significativo en los tumores ($p < 0.01$), sino un incremento progresivo en estadios avanzados de la enfermedad; tumores primarios vs metástasis vs recidivas ($p = 0,011$).

Conclusiones

El estudio comparativo mediante plataformas de genómica y proteómica y la validación en sistemas de alto rendimiento es un método útil para determinar dianas implicadas en patologías infrecuentes y de muestra escasa y de difícil acceso, como el osteosarcoma infantil.

Bibliografía

Picci P. Osteosarcoma (Osteogenic sarcoma). 2007. Orphanet Journal of Rare Diseases;2:6.