

## 5. PROTEÓMICA MICROBIANA Y DE PARÁSITOS

Coordinadores: *Aida Pitarch, Antonio Marcilla, Ana Oleaga y Manuel Rodríguez*

### 5.1 Aspectos generales

#### Problemas en el análisis proteómico de muestras procedentes de organismos ‘raros’

*María Luz Valero<sup>1</sup>, Javier Ortiz<sup>2</sup>, Esther Dionís<sup>1</sup>, Laura Cantero<sup>1</sup>, Manuel Mateo Sánchez del Pino<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Laboratorio de Proteómica. Centro de Investigación Príncipe Felipe. Avda. Autopista del Saler 16. 46012 Valencia. <sup>2</sup>SCSIE. Universitat de Valencia

Los métodos actuales de identificación de proteínas se basan generalmente en la comparación de la información de MS (o MS/MS) obtenida con la información de secuencias de proteínas que existe en diferentes bases de datos.

Aunque algunas bases de datos incluyen un elevado número de proteínas, como por ejemplo NCBI con aproximadamente 8500000 secuencias, no todos los organismos están representados por igual. Así, en NCBI existen 508911 proteínas humanas y el número decae drásticamente hasta 110313 para rata, un organismo ampliamente utilizado en experimentación. Y el número es mucho menor para otros organismos de alto interés como parásitos (54542 entradas para *Trematoda*), vegetales (13955 para

*Citrus*) o especies marinas de alto interés económico (2353 entradas para *Clavicipitaceae*).

En muchos casos es necesario recurrir a la secuenciación *de novo* que requiere de espectros de MS/MS de gran calidad y es costosa en cantidad de muestra y tiempo de análisis, por lo que su aplicabilidad es limitada.

Aún así existen algunas estrategias que pueden aplicarse en el caso de disponer sólo de información de MS y MS/MS parcial. En algunos casos pueden utilizarse herramientas químicas para la mejora de los espectros de MS/MS. Mientras que en otros las herramientas son bioinformáticas, y nos permitirán obtener más información de las diferentes bases de datos existentes.

### 5.2 Proteómica de Microorganismos

#### A) Proteómica de Bacterias

#### Preparación de extractos proteicos bacterianos para el análisis de glicoproteínas mediante geles bidimensionales y cromatografías de afinidad

*Alfonso Olaya, Lidia Gómez-Gascón, Manuel J. Rodríguez-Ortega*

Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba

#### Resumen

Las glicoproteínas bacterianas, por sus funciones y localización, son potenciales dianas para vacu-

nas. Sin embargo, su estudio mediante electroforesis bidimensional y cromatografías de afinidad, bien mediante la química de la hidrazida y del ácido aminofenilborónico o bien mediante reconocimien-