



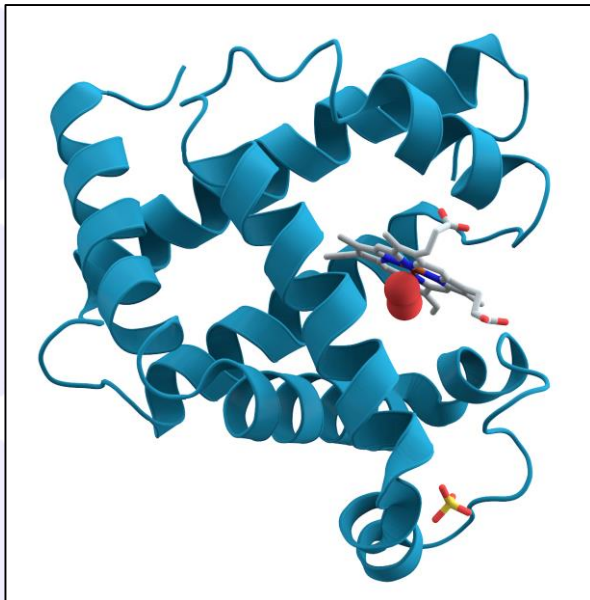
Científicos españoles en busca de las proteínas ‘perdidas’



Un consorcio internacional de científicos participa en el Proyecto Proteoma Humano, cuyo objetivo principal es caracterizar todas las proteínas humanas. El proyecto, del que forma parte la Universidad Complutense de Madrid, también persigue identificar las proteínas ‘perdidas’, aquellas de cuya existencia no existen pruebas directas, pero sí indirectas.



De manera similar al Proyecto Genoma Humano –que marcó un antes y un después en la investigación biomédica al secuenciar, por primera vez, nuestro genoma–, el [Proyecto Proteoma Humano](#) (HPP por sus siglas en inglés) es un consorcio internacional cuyo objetivo principal es realizar un mapa de todas las proteínas humanas.



Modelo que muestra las hélices alfa de la cadena polipeptídica de la mioglobina, un tipo de proteína. / [Splette](#).

En el marco del proyecto, diferentes instituciones españolas, entre ellas, la Universidad Complutense de Madrid (UCM), trabajan buscando unas biomoléculas tan escurridizas que nadie ha conseguido localizar en el organismo. Son las denominadas proteínas ‘perdidas’, que representan entre un 15% y un 18% del total.

“Son proteínas de las que se supone su existencia por los datos obtenidos de la secuenciación del genoma y de los estudios de transcriptómica (transcripción de genes), pero de las que no se tiene evidencia desde el punto de vista experimental”, explica Concha Gil, directora de la [Unidad de Proteómica de la UCM](#).

En un estudio publicado en *Journal of Proteome Research*, un equipo internacional de científicos, del que forma parte Gil, ha desarrollado una herramienta para buscar estas proteínas. La importancia de estas biomoléculas dependerá de la función que desempeñen y de su actividad biológica.

“Es fundamental ser capaces de identificarlas y cuantificarlas para tener una imagen completa del proteoma humano (conjunto de proteínas) y para tener herramientas



OTRI

Universidad Complutense de Madrid

OFICINA DE TRANSFERENCIA DE RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN

Unidad de Información Científica y Divulgación de la Investigación

necesarias de estudio en caso de que cualquiera de ellas tenga que ser utilizada en el diagnóstico, pronóstico o evolución de una enfermedad”, afirma la investigadora.

El rastro en el cromosoma 16

[El consorcio español](#) (sp-HPP) –liderado por Fernando Corrales, de la Universidad de Navarra– se encarga de caracterizar todas las proteínas codificadas por los genes del cromosoma 16, que suman 836. Aquí se incluyen tanto las 743 conocidas como las 93 ‘perdidas’. Los investigadores han desarrollado herramientas para buscar estas biomoléculas en muestras biológicas como suero, líquido cefalorraquídeo, orina, líneas celulares y tejidos.

“La novedad de esta aproximación radica en que, en lugar de realizar una búsqueda a ciegas de las proteínas, partimos de la información obtenida de una proteína sintética, de forma que conocemos qué es lo que tenemos que buscar antes de enfrentarnos a una muestra biológica”, detalla Gil.

Estos datos se cruzan con otros procedentes de numerosos estudios y repositorios públicos de datos de proteómica para tener información de células, tejidos y líquidos biológicos donde es más probable encontrar cada una de estas proteínas.

Una plataforma web específica

Para facilitar la búsqueda de esta cantidad ingente de información, en el marco del proyecto se ha creado el dasHPPboard, un portal web que recoge resultados experimentales provenientes de HPP y también de otros proyectos como [ENCODE](#) e *Illumina Human BodyMap*.

“Estos resultados se han procesado y filtrado utilizando algoritmos muy novedosos y unificando su formato, ya que lidiar con diferentes identificadores de genes o proteínas, y formatos de ficheros suele ser un quebradero de cabeza a los investigadores experimentalistas”, destaca Carlos García, científico de la [facultad de Informática de la UCM](#) y uno de los autores de esta herramienta, tal y como se recoge en otro artículo del *Journal of Proteome Research*.

En colaboración con investigadores de otras instituciones españolas, el científico de la UCM ha diseñado esta plataforma, enfocada especialmente para que los investigadores puedan encontrar las proteínas ‘perdidas’. Para ello, introducen el nombre de la proteína en el buscador y navegan por la lista de resultados hasta que encuentren un tejido o línea celular de su interés.

“Poder aunar gran cantidad de resultados de expresión génica para intentar comprender qué proteínas están produciendo esos mismos genes nos parece un proyecto apasionante”, señala García.

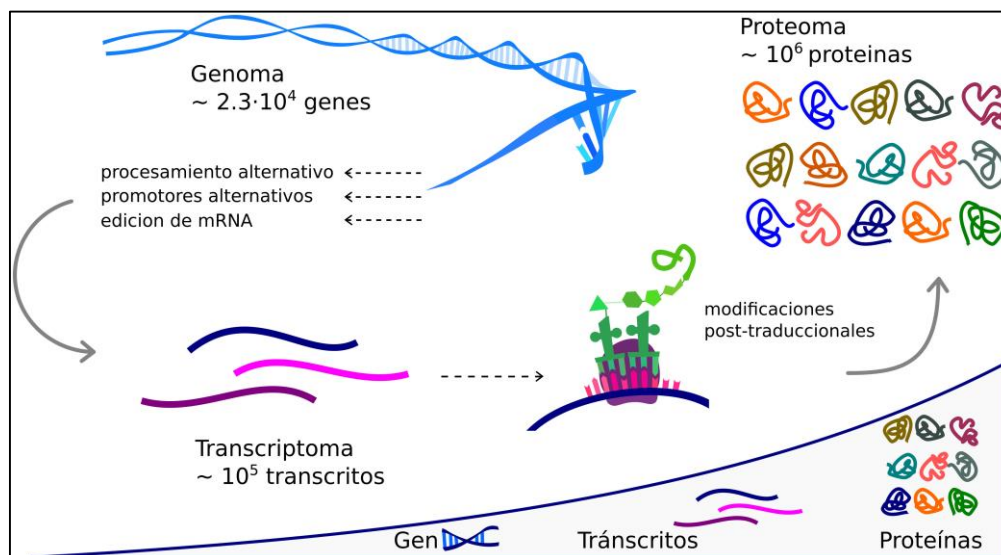


OTRI

Universidad Complutense de Madrid

OFICINA DE TRANSFERENCIA DE RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN

Unidad de Información Científica y Divulgación de la Investigación



Aumento de complejidad desde el genoma al proteoma. / Vital Vialás.

Además de la Universidad Complutense de Madrid, en HPP participan las siguientes instituciones españolas: Centro Nacional de Biotecnología, CSIC; Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, CSIC; Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC; Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares Carlos III, Madrid; Centro de Investigación Cooperativa en Biociencias (CIC bioGUNE), Bilbao; Centro de Investigación Médica Aplicada (en colaboración con Navarrabiomed), Pamplona; Universidad del País Vasco; Centro de Regulación Genómica, Barcelona; Instituto de Investigaciones Biomédicas de Barcelona, CSIC – IIB; Parque Científico de Barcelona; Instituto de investigación Oncológica Vall d'Hebron, Barcelona; Centro de Investigación del Cáncer, Salamanca; Instituto de Investigación Biomédica de A Coruña; Universidad de Valencia; Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, Madrid; Fundación Jiménez Díaz (en colaboración con el Hospital Nacional de Paraplégicos) y el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (en colaboración con el Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud).



Referencias bibliográficas:

Péter Horvatovich, Ákos Végvári, Justin Saul, Jin G. Park, Ji Qiu, Michael Syring, Patrick Pirrotte, Konstantinos Petritis, Tony J. Tegeler, Meraj Aziz, Manuel Fuentes, Paula Díez, María González-González, Nieves Ibarrola, Conrad Droste, Javier De Las Rivas, Concha Gil, Felipe Clemente, María Luisa Hernaez, Fernando J. Corrales, Carol L. Nilsson, Frode S. Berven, Rainer Bischoff, Thomas E. Fehniger, Joshua LaBaer y György Marko-Varga. "In Vitro Transcription/Translation System: A Versatile Tool in the Search for Missing Proteins", *Journal of Proteome Research*, 14 (9), 2015. DOI: [10.1021/acs.jproteome.5b00486](https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.5b00486).

Daniel Tabas-Madrid, Joao Alves-Cruzeiro, Víctor Segura, Elizabeth Guruceaga, Vital Vialas, Gorka Prieto, Carlos García, Fernando J. Corrales, Juan Pablo Albar y Alberto Pascual-Montano. "Proteogenomics Dashboard for the Human Proteome Project", *Journal of Proteome Research*, 14 (9), 2015. DOI: [10.1021/acs.jproteome.5b00466](https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.5b00466).