



CENTRO DE INVESTIGACIÓN  
DEL CÁNCER

Universidad de Salamanca-CSIC



Campus Miguel de Unamuno  
37007 Salamanca, España  
Tel. +34 923 29 47 20  
Fax +34 923 29 47 43  
[www.cicancer.org](http://www.cicancer.org)

## *Diseño y desarrollo de una nueva metodología para el estudio de proteínas*

Se ha generado un nuevo chip alta densidad de proteínas, aplicando un protocolo innovador, que permite obtener una gran cantidad de proteínas para su utilización como posibles marcadores tumorales o dianas de fármacos.

Los resultados de este trabajo –*Next-generation High-Density Self-assembling Funcional Protein Arrays*- serán publicados en *Nature Methods* (I.F. 18-19), y ha sido desarrollado durante tres años en el Harvard Institute of Proteomics por ocho investigadores —uno de ellos, Manuel Fuentes García, recientemente incorporado al Centro de Investigación del Cáncer (IBMCC; Centro Mixto de la Universidad de Salamanca y del CSIC).

En este trabajo se expone la creación de un chip de proteínas en formato de alta densidad, que permite el estudio masivo (o a gran escala) de interacciones proteína-proteína o proteínas con otras moléculas, como nuevos fármacos.

### *NOVEDAD DE LA TECNOLOGIA DESARROLLADA*

El mismo equipo de investigadores desarrolló un trabajo preliminar cuyos resultados fueron publicados en el año 2004 en la revista *Science* (*Science*, 2004, 305:86-90). Con este estudio posterior, desarrollado en los tres años siguientes a la primera publicación, se ha dado un salto cualitativo y cuantitativo al desarrollar un array que contiene 2500 proteínas.

El novedoso array de proteínas desarrollado en este estudio es muy diferente a otros arrays de proteínas y presenta claras ventajas respecto a los sistemas



convencionales, evitar los procesos de purificación, generalmente tediosos y laboriosos, que deben realizarse en el chip convencional. El sistema presentado se basa en un chip donde se coloca un DNA plasmídico específico de cada proteína, y se expresa posteriormente con un sistema de expresión de proteínas libre de células, obteniendo todas las proteínas en el momento del ensayo. De esta manera, se tienen todas las ventajas de un array de cDNA en cuanto a su elaboración —cuya tecnología está muy desarrollada y aceptada por la comunidad científica— y todas las ventajas que presentan los arrays de proteínas.

El trabajo se ha llevado a cabo con proteínas que tienen gran protagonismo en procesos tumorales, como quinasas, proteínas de membrana, factores de transcripción, etc., proteínas que en su gran mayoría constituyen o pueden constituir posibles dianas de nuevos fármacos.

### *FUTURO*

Esta estrategia permite realizar ensayos a mayor escala para el desarrollo de nuevos fármacos o el descubrimiento de nuevos biomarcadores; además, se prevé que su empleo suponga un ahorro económico y de tiempo, ya que permiten realizar pruebas multi-funcionales por cada uno de los ensayos.

En la actualidad, se han hecho estudios preliminares con cáncer de mama y diabetes.