

Proteoma, más nuevo que el genoma

El término proteoma fue acuñado por Marc Wilkins en Sydney, Australia en 1994, para indicar el complejo proteico codificado por el genoma.

El genoma contiene la información para sintetizar proteínas que permiten diferenciar unas células de otras, las cuales, en muchas ocasiones, no se encuentran aisladas sino formando una red entre unas y otras.

Mientras que el DNA de los genes está constituido por cuatro pares de bases, las proteínas están conformadas por un número diferente de aminoácidos, y organizadas no de manera lineal como los genes, sino que se doblan formando estructuras tridimensionales, y, a su vez, acoplan otra u otras proteínas, dificultando más su estudio; sin embargo, esto se ha convertido en el nuevo reto de la ciencia y la biotecnología.

Por otro lado, las células usualmente modifican las proteínas adicionando azúcares o grasas, o ambos, a la molécula proteica básica, hecho que es muy difícil de predecir, cuando se trata de identificar el gene que codifica para una secuencia específica de una proteína, de la misma manera que las interrelaciones proteicas cambian en una célula de acuerdo con la función que vayan a llevar a cabo dentro del tejido y las condiciones a que se vean sometidas en el momento. Se sabe también que un gen no codifica una sola proteína, sino que puede dar lugar a muchas proteínas diferentes.

Para el estudio de las proteínas presentes en una célula o en un tejido se emplean básicamente

dos técnicas: la electroforesis en gel bi-dimensional y la espectrofotometría de masa. En la primera se utilizan una mezcla de proteínas en los bordes de la película del gel que las separa en una dirección, de acuerdo con el tamaño y perpendicular a ellas de acuerdo con su carga electroquímica, originando una pequeña mancha en el gel, permitiendo así comparar e identificar las proteínas que contiene el tejido.

En la espectrofotometría de masa se utilizan campos magnéticos que permiten que las proteínas se separen de acuerdo con su carga eléctrica, y los resultados se muestran como en gráficas con picos. Ambos métodos tienen desventajas, pues el primero no identifica proteínas ni muy pequeñas ni muy grandes, y el segundo es costoso para su uso rutinario y a veces falla en identificar proteínas raras. Por tal motivo, en este momento varias compañías trabajan en refinar estos métodos para poder utilizarlos a gran escala y con mayor sensibilidad.

Sin embargo, y a pesar de toda la complejidad, los investigadores son optimistas e insistentes en su estudio, puesto que los proteomas se consideran de vital importancia para el futuro de la farmacología, pues, una vez identificadas las proteínas en su constitución y organización, permitirá desarrollar y clarificar el sitio exacto de acción de un medicamento dado y evitar efectos indeseables.

Además, este avance científico se espera que sea muy valioso para el estudio de enfermedades complejas de base genética, o tumores malignos como el melanoma.