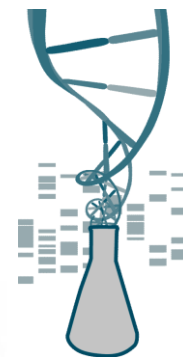




ASTURIAS  
CAMPUS DE EXCELENCIA  
INTERNACIONAL  
|AD FUTURUM|

| AD FUTURUM |

DEL XVII AL XXI: PROYECTANDO  
NUESTRA TRADICIÓN HACIA EL FUTURO



30/03/2011

1ª JORNADA SECTORIAL

L1: GENOMICA Y PROTEOMICA  
RELACIONADA CON CANCER Y  
ENVEJECIMIENTO

CLÚSTER DE BIOMEDICINA Y SALUD



INVESTIGADOR RESPONSABLE: Luis M<sup>a</sup> Sánchez Pérez

Nº MIEMBROS: 2

TEL: 985 10 9620

@: [lmsp@uniovi.es](mailto:lmsp@uniovi.es)

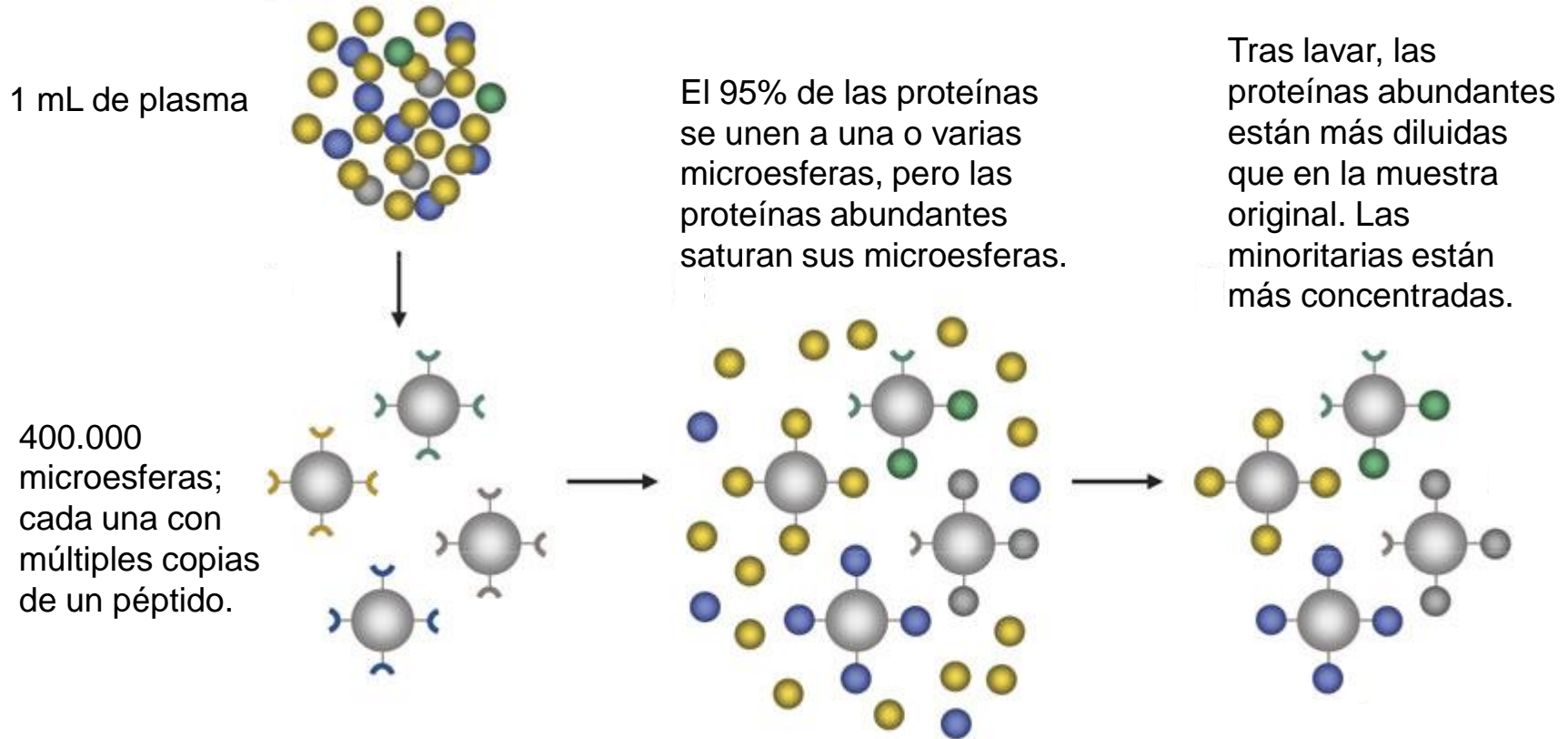
WEB:

## LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN PRINCIPALES

Biblioteca de ligandos para identificar las proteínas poco abundantes en muestras clínicas:

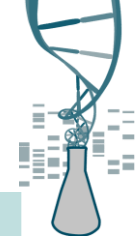
- Las proteínas minoritarias quedan ocultas por las proteínas abundantes, por tanto...
- Fracciona las proteínas de las muestras:
  - Multiplica trabajo y costo, y acumula errores.
- Elimina las proteínas abundantes:
  - Pierde bastantes proteínas minoritarias, costoso.
- Reduce el rango dinámico con una biblioteca de péptidos:

# Incubación con una biblioteca de péptidos unidos a microesferas



- Las bibliotecas comerciales permiten identificar 3-5 veces más proteínas, pero...
- Cada ensayo sólo incluye un 1% de 40 millones de péptidos distintos: Cada ensayo detectará distintas proteínas, dificultando la identificación de marcadores clínicos.
- Estas bibliotecas favorecen las interacciones hidrofóbicas, que son poco específicas.
- Pretendemos hacer una nueva biblioteca más específica. Cada ensayo incluirá el 99% de la biblioteca.

## NOMBRE DE GRUPO: Unidad de proteómica del IUOPA



INVESTIGADOR RESPONSABLE: Luis M<sup>a</sup> Sánchez Pérez

TEL: 985 10 9620

Nº MIEMBROS: 2

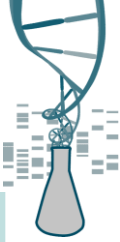
@: [lmsp@uniovi.es](mailto:lmsp@uniovi.es)

WEB:

### PROYECTOS, CONTRATOS, PATENTES

IUPA (Cajastur)

### COLABORACIONES CON EMPRESAS, CENTROS, REDES...



**INVESTIGADOR RESPONSABLE:** Luis M<sup>a</sup> Sánchez Pérez

**Nº MIEMBROS:** 2

**TEL:** 985 10 9620

**@:** [lmsp@uniovi.es](mailto:lmsp@uniovi.es)

**WEB:**

### COMPETENCIAS Y CAPACIDADES TECNOLÓGICAS MÁS RELEVANTES

IEF + SDS-PAGE de 26 x 20 cm: Separa un máximo de 2.500 isoformas proteicas.

NEpHGE + SDS-PAGE de 40 x 30 cm: Separa un máximo de 10.000 isoformas proteicas.

DiGE.

Peptide mass fingerprinting (MALDI-ToF).

Shotgun proteomics (nanoHPLC-MS-MS) en el futuro.



INVESTIGADOR RESPONSABLE: Luis M<sup>a</sup> Sánchez Pérez

Nº MIEMBROS: 2

TEL: 985 10 9620

@: [lmsp@uniovi.es](mailto:lmsp@uniovi.es)

WEB:

## INTERESES, OBJETIVOS, PROYECTOS FUTUROS

Selección optimizada de células productoras de anticuerpos

Los sueros policlonales suelen ser diez veces más potentes que los anticuerpos monoclonales, porque las técnicas de selección de células productoras de anticuerpos no discriminan entre anticuerpos buenos y excelentes.

Pretendemos desallorzar un protocolo de FACS para seleccionar las células que produzcan los anticuerpos de mayor afinidad y especificidad.