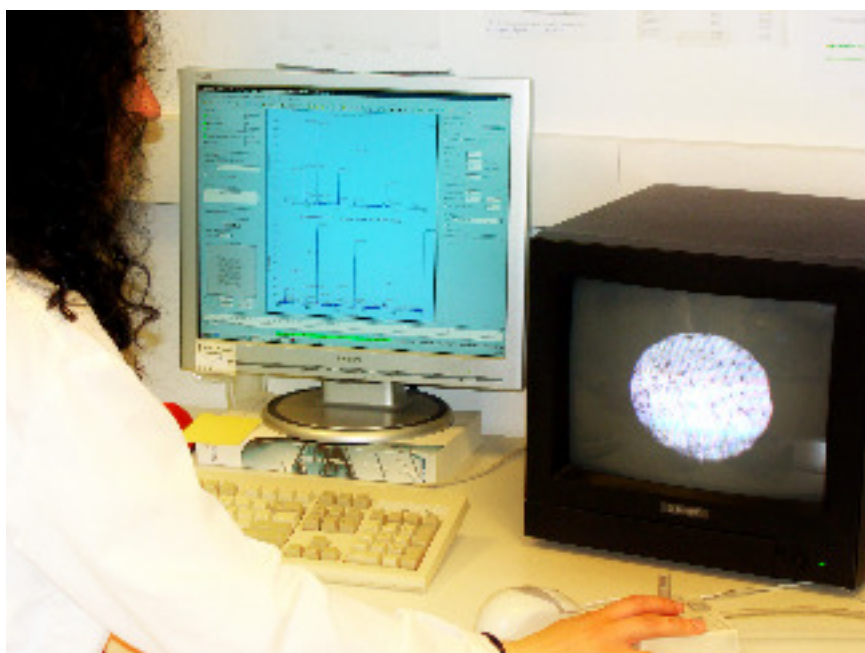


Desvetllada la complexitat dels preparats comercials d'albumina humana

07/2010 - Medicina i Salut.

La importància de l'albumina rau en la seva utilització com a proteïna majoritària en els preparats comercials de sèrum humà. La presència poc coneguda d'altres pèptids i proteïnes sèriques en el sèrum comercial ha motivat aquesta investigació, a causa de la importància de possibles efectes adversos per a l'activitat biològica que poguessin tenir aquests pèptids minoritaris. Una exhaustiva anàlisi i classificació, utilitzant tecnologia de la proteòmica, ha aconseguit construir la més completa col·lecció sobre la composició dels preparats comercials d'albumina.



L'espectrometria de masses permet determinar de forma molt precisa el pes molecular de pèptids i proteïnes. Amb aquesta informació i amb l'ajut de les bases de dades del genoma i proteoma humans, és possible identificar de forma ràpida i automatitzada aquestes molècules.

Les solucions d'albumina sèrica humana són actualment un dels principals hemoderivats comercialitzats per al seu ús en teràpia humana. L'albumina és la proteïna majoritària en el flux sanguini i constitueix aproximadament el 60% del total de les proteïnes del sèrum. Les solucions d'albumina s'empren principalment per a mantenir el volum sanguini en situacions en que es produeix una pèrdua de sang com en el cas d'accidents o en cirurgia.

L'albumina s'obté industrialment mitjançant la seva purificació a partir de sèrum humà. El producte comercial conté aproximadament un 95% d'albumina a més a més d'altres pèptids i proteïnes sèriques que copurifiquen amb ella i dels quals la composició exacta és poc coneguda. La rellevància d'aquests preparats en clínica fa molt important la identificació d'aquestes proteïnes acompanyants, ja que la possible activitat biològica d'alguns d'aquests compostos podria ser la causa d'efectes no desitjats.

En els últims anys diversos avenços tecnològics ens han dotat d'eines molt potents per a l'anàlisi i identificació de molècules biològiques com són les proteïnes. Aquestes tècniques han permès el naixement del que ara coneixem com a proteòmica, una àrea de recerca dirigida a l'estudi global de les proteïnes produïdes per una cèl·lula, teixit o organisme. Mitjançant aquestes tecnologies, entre les que l'espectrometria de masses hi juga un paper primordial, és possible l'anàlisi conjunta de milers de molècules i la seva identificació i quantificació en poques hores o dies.

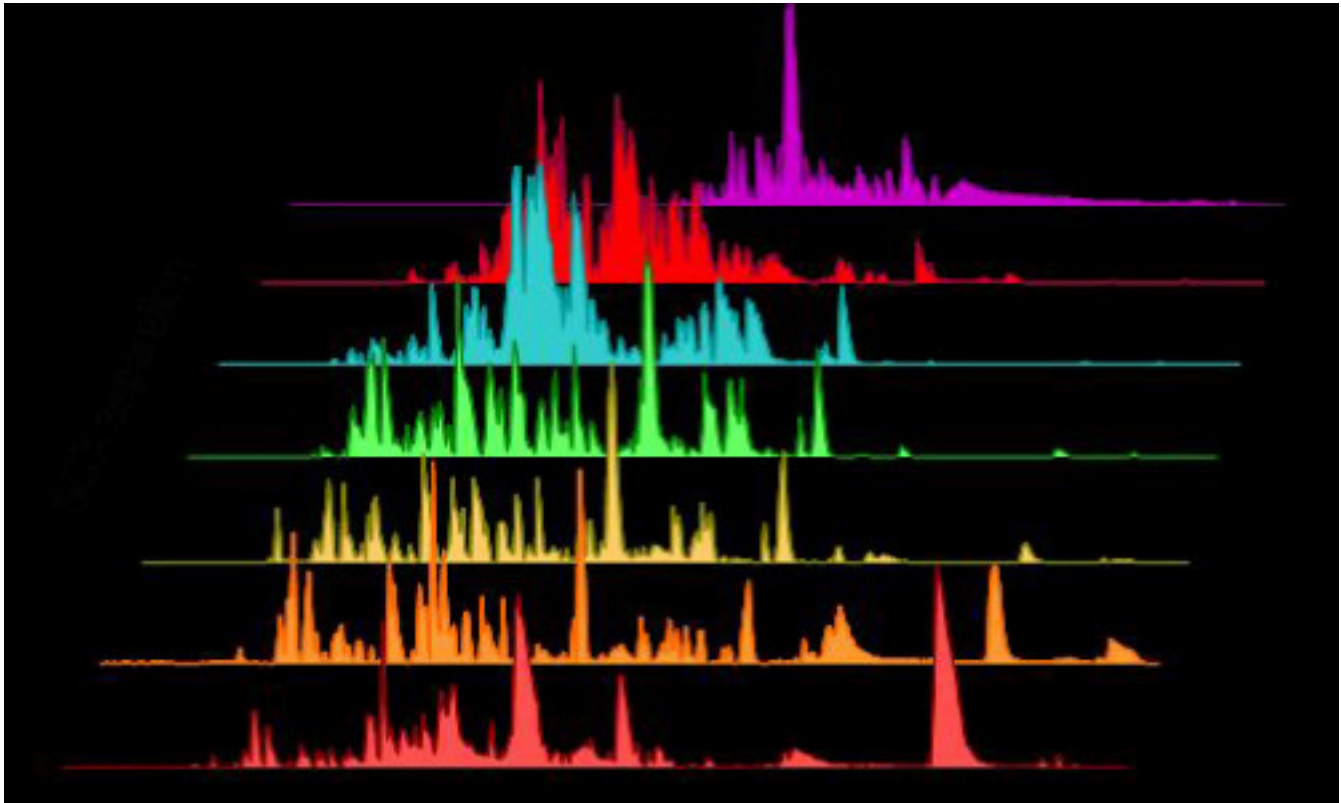


Figura.- Anàlisi de una solució de albumina mitjançant cromatografia líquida multidimensional acoplada a la espectrometria de masses que permet separar i analitzar diversos milers de senyals per experiment.

En el nostre laboratori hem emprat aquestes tecnologies proteòmiques per a revelar la identitat de les proteïnes presents en les solucions d'albumina d'ús en teràpia humana. L'anàlisi realitzada implica la ruptura enzimàtica de les proteïnes en la solució d'albumina, la separació dels fragments peptídics produïts mitjançant tècniques cromatogràfiques i la identificació de les seves seqüències per espectrometria de masses. En conjunt s'estudiaren prop de 100.000 espectres que permeteren la identificació de 141 proteïnes diferents a l'albumina en aquests preparats, algunes d'elles amb coneguda i important activitat biològica.

Algunes de les proteïnes identificades han estat descrites com a components de l'anomenat albuminoma, el conjunt de proteïnes que es poden trobar formant complexos amb l'albumina. La [figura](#) mostra el resultat d'una anàlisi bioinformàtica (STRING) que mostra com un percentatge molt alt de les proteïnes identificades (71 de 143) es troben interrelacionades en una xarxa d'interacció. L'albumina és la proteïna central marcada com ALB.

Aquest conjunt de molècules constitueix la col·lecció més exhaustiva disponible actualment sobre la composició dels preparats comercials d'albumina. Aquesta informació és de gran importància a l'hora de comprendre els efectes terapèutics de les solucions d'albumina, així com la prevenció d'efectes secundaris potencials derivats de la seva possible activitat biològica.

Joaquín Abián

Departament de Medicina

Instituto de Aplicaciones Biomédicas de Barcelona, CSIC

"Characterization of peptides and proteins in commercial HSA solutions". Gay, Marina; Carrascal, Montserrat; Gorga, Marina; Parés, Albert; Abián, Joaquín. *PROTEOMICS*, 10 (2): 172-181 JAN 2010.