

Congreso conjunto SEProt-EuPA: balance y reflexiones. O viceversa.

Juan J. Calvete

Durante los pasados días 10-14 de Febrero celebramos en Valencia, en el Auditorio *Santiago Grisolia* del Museo de las Ciencias *Príncipe Felipe*, el segundo congreso de nuestra Sociedad conjuntamente con el primer congreso de la European Proteomics Association. Esta circunstancia exigió una serie de modificaciones respecto al formato de organización de un evento a escala nacional, siendo quizás el más notable la adopción del inglés como idioma oficial del congreso. Además, no quisimos renunciar al enfoque iberoamericano que, con anterioridad a ser elegida la SEProt para albergar el congreso inaugural de la EuPA, habíamos decidido darle al congreso de Valencia. Hubo, que hacer malabarismos para elaborar un programa equilibrado a tres bandas y con un océano por medio. De ahí la coletilla de la denominación del congreso, "*joining both sides of the Atlantic ocean*". Establecer relaciones constantes, estables y fluidas con países latinoamericanos, tanto con aquellos en los que la proteómica es ya un soporte común en la investigación biológica, como con los países en los que la tecnología proteómica está en su infancia, debe ser un objetivo irrenunciable de la SEProt. Consecuentemente, el segundo congreso de nuestra Sociedad contó con una nutrida representación de conferenciantes de países latinoamericanos, incluyendo Argentina (1), Brasil (2), Cuba (2) y Uruguay (3). Frente a los 5 conferenciantes españoles invitados y los 12 ponentes de países miembros de la EuPA, nuestros colegas del otro lado del charco sumaron una cuota de participación del 30%. Echamos de menos la participación de colegas mexicanos, pero -a pesar de haber sido invitado- el Presidente de la Sociedad Mexicana de Proteómica declinó asistir. No obstante, las excelentes conferencias que impartieron los investigadores latinoamericanos evidenciaron que el desarrollo de la Proteómica, particularmente como herramienta de investigación biológica, constituye una decidida apuesta al sur de Rio Grande. A este respecto, y

desde un punto de vista cronológico, es interesante reseñar la reciente inauguración del Instituto Pasteur de Montevideo (IPM), fundado en parte por reinversión de la deuda externa uruguaya condonada por Francia, así como con aportaciones de la Fundación Pasteur y de la Comunidad Europea. El IPM (<http://www.pasteur.edu.uy>) abrió sus puertas en la capital administrativa del MERCOSUR en Diciembre del 2006 dotado de la más moderna tecnología en Biología Molecular y Estructural, Biofísica de Proteínas y Proteómica, y abanderando un ambicioso programa de desarrollo nacional y regional. En el otro extremo, hay que destacar el nivel de la proteómica que el Centro de Ingeniería Genética y Biotecnología (CIGB) de La Habana, Cuba, lleva aplicando de forma pionera en Latinoamérica a pesar de la precariedad de condiciones como consecuencia del absurdo bloqueo económico y tecnológico impuesto por el vecino al norte de Rio Grande. Representa, pues, un motivo de justicia científica, y de enorme satisfacción personal, que el premio SEProt a "*una contribución relevante en el campo de la Proteómica*", patrocinado por Promega y dotado con placa conmemorativa y 500 €, haya sido otorgado al Dr. Gabriel Padrón (CIGB) "por su contribución al desarrollo de la espectrometría de masas y su aplicación a la revolución proteómica" (Material suplementario, figura 1).

Otro motivo de orgullo para los organizadores del congreso y extensible, sin duda, a las asociaciones paraguas del evento, SEProt y EuPA, fue la impartición de la conferencia inaugural por John Fenn (Premio Nobel de Química del 2002 por su contribución al desarrollo de la técnica de ionización de macromoléculas por electrospray¹). John Fenn es

¹Fenn, J. (2003). *Electrospray Wings for Molecular Elephants*, *Angew. Chem. Intl. Ed.* 42: 3871-3894.

el primer Socio de Honor de la SEProt y, en reconocimiento por ello, al finalizar su conferencia recibió la placa conmemorativa cuyo texto reproduce la foto adjunta.

A sus casi 90 años, John nos mantuvo en vilo deambulando al borde del escenario, al tiempo que nos deleitaba con una visión personal y perspicaz de los acontecimientos más significativos que motivaron a un quimicofísico experto en combustión y propulsión de gases a adentrarse en el campo del análisis macromolecular. La Investigación Científica se basa en la observación, y Fenn, precisamente por su trayectoria profesional, estaba preparado para darse cuenta de que la expansión adiabática de un gas produce una caída súbita de la temperatura y, por tanto, una solvatación de las moléculas ionizadas que impide la interpretación de los correspondientes espectros de masas. La aplicación de una corriente de nitrógeno seco perpendicular a la salida del electrospray - entre otros ajustes instrumentales- fue el toque mágico que permitió obtener espectros limpios e interpretables de moléculas de complejidad creciente. Cito esta anécdota (quizás demasiado simplificada) como reflexión sobre la manera de investigar que está imponiéndose en muchos, demasiados, laboratorios de Proteómica. Me refiero a los proyectos de identificación masiva de proteínas que generan una enorme cantidad de datos, cuya validez debe ser refrendada por fríos e impersonales parámetros estadísticos que minimicen la tasa de error de las identificaciones automatizadas. Se pierde, en gran medida, la observación del detalle biológico, del cómo, del cuándo, del cuánto, del dónde. Quizás sea el inevitable reto de aplicar todo el potencial tecnológico lo que motive la realización de muchos proyectos de proteómica "*high-throughput*". Pero también es incuestionable que los avances tecnológicos de la Fórmula I proteómica son relevantes para la práctica cotidiana en la medida en que posibiliten una investigación cada vez más detallada de los sistemas biológicos. No trato de estigmatizar las estrategias proteómicas HT, sino más bien de establecer una unión indisoluble entre tecnología proteómica y la proteómica como herramienta en biología. Ambos aspectos de nuestra disciplina son vagones del mismo tren, la Biología de Sistemas. Tecnología y biología gozan, como los quarks, de libertad asintótica: no pueden existir aisladas, pues cuanto más se separan mayor es la fuerza atractiva entre ellas. En este sentido,

nuestra Sociedad, puede y debe desempeñar un rol pivotante entre los países fuertemente tecnológicos del ámbito EuPA y aquellos del otro lado del Atlántico en los que la tecnología proteómica está necesariamente supeditada a la Biología, como quedó patente en las conferencias de Rosario Durán, Silvia Moreno, Carlos Carmona, Carlos Robello, Gilberto Domont....

El lema del congreso "Proteómica y Patología" y el hecho de que el programa del evento exigiera dar más cancha a ponentes extranjeros que a los socios de la SEProt, han sido criticados en más de una ocasión. Aunque no les falta razón a los detractores del formato del congreso, debo decir que el término "patología" abarca cualquier alteración de la fisiología de los seres vivos, así como el estudio de los agentes causantes de la aberración fisiológica, sean unos y otros animales, vegetales, bacterias o virus. Además, para reconocer lo patológico hace falta definir lo fisiológico. Así expuesto, se hace difícil argumentar que algún grupo de investigación pudiera quedar excluido por el lema del congreso. Prueba de la amplitud temática del simposio fueron las sesiones dedicadas a herramientas y tecnología proteómicas, así como a proteómica no convencional. En este ámbito, quedó una vez más demostrado el poder de la imaginación y la capacidad detectivesca del maestro Righetti. Por su parte, en una vívida conferencia, Alfredo Sanz-Medel nos expuso los principios y potencialidades de la ICP-MS (Inductively Coupled Plasma Mass Spectrometry), una técnica de análisis inorgánico que es capaz de determinar y cuantificar la mayoría de los elementos de la tabla periódica en un rango dinámico lineal de 8 órdenes de magnitud, y que puede llegar a desempeñar un papel relevante en fosfoproteómica. La glicoproteómica, una gran ausente del panorama proteómico español, también estuvo representada por dos de sus mejores valedores, el entrañable Peter Roepstorff y la meticulosa Jasna Peter-Katalinic.

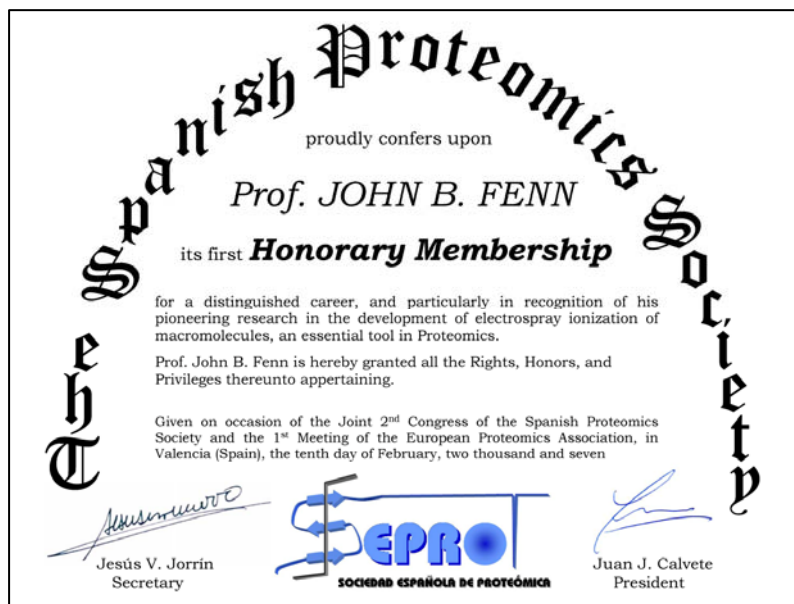
Algunas estadísticas y datos para el archivo. El número total de participantes, incluyendo delegados inscritos, ponentes invitados, miembros de los diversos comités de EuPA y HUPO, profesores del Curso pre-congreso, expositores, etc. fue de alrededor de 360, provenientes de 22 países. Se presentaron 145 pósters y 37 comunicaciones orales cortas, elegidas entre los 40 resúmenes que

explícitamente lo solicitaron. Respecto a la participación de los socios de nuestra Sociedad, la organización científica del congreso reservó el

máximo número de comunicaciones orales cortas (40%) para los socios, especialmente los más jóvenes, de la SEProt.



John Fenn recibe la placa conmemorativa como Socio de Honor de la SEProt de manos del Presidente de la Sociedad, Juanjo Calvete.



Además del citado Premio SEProt-Promega, hubo otros. El Director Comercial de Bruker Daltonics para el sur de Europa, Alberto Sánchez Martínez, hizo entrega de los Premios SEProt-Bruker. En esta segunda edición se premiaron 2 artículos científicos publicados en el bienio 2005-2006 y dos presentaciones de grupos españoles al congreso en forma de panel. En la

modalidad de publicación científica resultaron galardonados los trabajos *Decoding serological response to Candida cell wall immunome into novel diagnostic, prognostic, and therapeutic candidates for systemic candidiasis by proteomic and bioinformatic analyses*, Pitarch A, Jiménez A, Nombela C, Gil C, *Mol Cell Proteomics* 5(1):79-96, y *Functional screening of serine*

protease inhibitors in the medical leech Hirudo medicinalis monitored by intensity fading MALDI-TOF MS, Yanes O, Villanueva J, Querol E, Avilés FX, Mol Cell Proteomics 4(10):1602-1613. En la modalidad de panel, el jurado seleccionó los pósters 45 (*Identification of new substrates of the metalloprotease ADAMTS1 using isotope coded protein labeling (ICPL)*, Canals F y cols.) y 8-9 (compartido) (*Large-scale quantitative proteomics of human vascular endothelial cells (HUVEC) stimulated by the angiogenic factor VEGF by stable ¹⁶O/¹⁸O labelling*, Jorge, I y cols.; *A fully automated and integrated bioinformatic toolset for large-scale peptide identification and quantitation by stable ¹⁸O isotope labelling*, Navarro, P. et al.). Por su parte, Applied Biosystems patrocinó los Premios SEProt-ABI para pósters presentados por grupos no españoles, que recayeron en: Pavel Rehulka (República Checa) por *Quantitation of intact proteins fractionated by ProteomeLab PF 2D system using isobaric tags for relative and absolute quantitation (iTRAQ)* (p22) y Asif Abdul Rahaman (Alemania) por *Endothelial protein expression in response to laminar shear stress, role of the NOS-3 gene ⁻⁷⁸⁶T>C polymorphism* (p33). Al igual que los anteriores, los Premios SEProt-ABI estuvieron dotados con 500 €y un diploma, que entregó Susanna Baqué, Representante de Ventas de ABI para España y Portugal, durante la cena del congreso. Quisiera expresar la ¡enhorabuena a todos los galardonados! y el agradecimiento de la SEProt a los patrocinadores de estos reconocimientos.

En el plano económico, los gastos totales ascendieron a 131.405,44 € mientras que los ingresos sumaron 129.316,62 €, aunque queda pendiente de resolución las ayudas que concede la Generalitat Valenciana para la organización de eventos científicos. Este balance casi milimétrico es obra de la excelente gestión de la Secretaria Técnica del Congreso, Amparo Martínez de la

Cátedra Santiago Grisolíá, Fundación Ciudad de las Artes y las Ciencias. ¡Gracias Amparo! Y, evidentemente, nuestro agradecimiento va también dirigido a las instituciones subvencionadoras del congreso (CSIC, MEC, Genoma España, Generalitat Valenciana -eso espero...), así como a los socios corporativos de la SEProt y demás empresas patrocinadoras del congreso (Abgent, ACS Publications, Agilent Technologies, Alfa Wassermann, AMS Biotechnology, Análisis Vénicos, Applied Biosystems, Beckman Coulter, Becton Dickinson, Bruker, Celta Ingenieros, GE Healthcare, Genoptics, Intavis, Nanoxis, Promega, Proxeon Bioinformatics, Sigma-Aldrich, ThermoFisher Scientific, Waters). Con la presentación de sus productos, los expositores nos mostraron hacia donde se dirige el futuro tecnológico de la Proteómica.

El congreso SEProt-EuPA fue clausurado con una conferencia en la que Emilio Gelpí, pionero de la espectrometría de masas en España, hizo un extenso recorrido histórico por las etapas más relevantes del desarrollo de esta técnica durante los últimos 40 años que posibilitaron cosas tan asombrosas como que John Fenn pusiera alas electronebulizadoras a elefantes moleculares!

Finalmente, se anunció que el tercer congreso de la Sociedad Española de Proteómica se celebrará en Pamplona bajo la batuta de Fernando Corrales. Retrospectivamente, resulta difícil acordarse de la tensión acumulada durante la organización del congreso de Valencia; todas las imágenes que consigo recuperar de mi caja negra evocan momentos entrañables (las caras de sorpresa de los galardonados al oír su nombre, un Premio *Nobel* firmando ejemplares del libro de resúmenes al personal del catering...). Así que ¡ánimo Fernando! que en el 2009 la SEProt al completo se pondrá el pañuelo rojo para pasear nuestra Proteómica por Pamplona.