

Técnicas de rastreo de proteínas para predecir los infartos

Investigadores de la UAM y la Fundación Jiménez Díaz proponen una metodología que puede facilitar la búsqueda de nuevas proteínas relacionadas con la aterosclerosis, cuya presencia en sangre podría indicar un riesgo aumentado de sufrir un infarto.

UAM | Setiembre 27 de 2010

Los infartos de miocardio y las trombosis cerebrales se deben a obstrucciones arteriales súbitas ocasionadas por trombos. Uno de los grandes problemas de la medicina cardiovascular es que estos cuadros se presentan con frecuencia súbitamente y sin previo aviso.

Entre las diversas vías que se están explorando para poder predecir la aparición de estos eventos destaca la de los biomarcadores plasmáticos. En este caso se trata de encontrar moléculas cuyos niveles en sangre indiquen que hay una probabilidad aumentada de desarrollar uno de estos cuadros, posiblemente porque están involucradas en la formación de los trombos. Hasta la fecha, se han propuesto varios de estos biomarcadores potenciales, entre ellos la [proteína C reactiva](#). Sin embargo, no han mostrado resultados suficientemente consistentes y no se están utilizando en la práctica clínica habitual.

Los métodos tradicionales que se han usado para buscar nuevos biomarcadores consisten en estudiar primero en la literatura proteínas involucradas en esta enfermedad, para testarlas luego en estudios con humanos. Sin embargo, esta estrategia puede llevar hasta unos 10 años para cada proteína. Teniendo en cuenta que el plasma puede albergar hasta 900.000 proteínas, es evidente que esta estrategia tradicional es muy lenta, salvo que se cuente con la suerte de encontrar en los primeros intentos un buen biomarcador.

Los nuevos abordajes [proteómicos](#) podrían solucionar en gran medida este problema, según un estudio dirigido por el Dr. José Tuñón, profesor asociado a la Facultad de Medicina de la [UAM](#) y al Departamento de Cardiología de la [Fundación Jiménez Díaz](#).

Según el [estudio, publicado en Journal of the American College of Cardiology](#), combinando la electroforesis bidimensional y la espectrometría de masas los abordajes proteómicos son capaces de rastrear muestras de tejido buscando proteínas que estén presentes en diferente cantidad. Esto hace posible comparar tejido procedente de una persona con aterotrombosis con el de un sujeto sano, y encontrar en un solo experimento múltiples proteínas presentes en diferente cantidad en el tejido enfermo, que podrían ser testadas como posibles biomarcadores.

Esta metodología, por tanto, ahorrará una gran cantidad de tiempo en la búsqueda de biomarcadores y hará que éste y otros campos de la investigación avancen de manera mucho más rápida a partir de ahora.

