



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS
LGN 5799 – Seminários em Genética e Melhoramento de Plantas

Departamento de Genética
Avenida Pádua Dias, 11 - Caixa Postal 83, CEP: 13400-970 - Piracicaba - SP
<http://www.genetica.esalq.usp.br/semina.php>

MODIFICAÇÕES PÓS-TRADUCIONAIS DE PROTEÍNAS

Aluna: Fernanda Salvato

Orientador: Carlos Alberto Labate

Modificações pós-traducionais (MPTs) são eventos de processamento covalente que mudam as propriedades das proteínas por clivagem proteolítica ou por adição de um grupo químico a um ou mais aminoácidos. Estas modificações podem determinar a atividade, a localização, e interações com outras proteínas. Na sinalização, por exemplo, cascatas de quinases são ativadas e/ou desativadas pela adição e/ou remoção reversíveis de grupos fosfatos. Outro exemplo é a ubiquitinação de ciclinas no ciclo celular que corresponde à marcação de proteínas para a destruição em tempos definidos.

Apesar da grande importância da função biológica das modificações pós-traducionais, o seu estudo em larga escala foi dificultado pela ausência de métodos apropriados, e muitas das modificações só foram descobertas mais tarde com a elucidação de vários processos biológicos.

Muitas modificações foram descobertas durante estudos de proteínas individuais com a ajuda de técnicas moleculares, como deleções de aminoácidos modificados. A análise direta de modificações requer o isolamento da proteína processada em quantidades suficientes para estudos bioquímicos.

O novo campo da proteômica consiste no estudo das propriedades estruturais e funcionais de grande quantidade de proteínas. Estes estudos se baseiam na análise de proteínas através da espectrometria de massas. Assim, a identificação de certas modificações pós-traducionais em proteínas de interesse tornou-se rotina devido ao reduzido tempo e esforço requerido; no entanto esta facilidade na identificação é aplicável somente a proteínas que podem ser purificadas em quantidades suficientes.

A espectrometria de massa é o método ideal para a detecção e identificação de MPTs. Com o uso de espectrômetros de massa extremamente sensíveis é possível

mapear as modificações pós-traducionais, ou seja, identificar em qual resíduo encontra-se a alteração.

As MPTs encontram-se sob baixa estequiometria nas proteínas, tornando difícil a análise. Assim, é necessária a utilização de técnicas que enriqueçam a amostra com estas modificações para que seja possível a identificação das mesmas. As técnicas utilizadas para este fim são as de purificação de proteínas empregando-se anticorpos e cromatografia de afinidade. Outras estratégias como géis bidimensionais, colorações gel-específicas para determinadas modificações também podem auxiliar no estudo.

Uma vez que a análise de modificações pós-traducionais pode ser feita em escala proteômica, o envolvimento de MPTs em doenças, respostas a estresses e em caminhos regulatórios de processos biológicos podem ser melhor estudados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS RECOMENDADAS

Seo, J. & Lee, K-J. (2004) Post-translational Modifications and their biological functions: proteomic analysis and systematic approaches. *Journal of Biochemistry and Molecular Biology* 37, 55-44.

Jensen, O. N. (2004) Modification-specific proteomics: characterization of post-translational modifications by mass spectrometry. *Current Opinion in Chemical Biology* 8, 33-41.

Yates, J. R. & Cantin, G.T. (2004) Strategies for shotgun identification of post-translational modifications by mass spectrometry. *Journal of Chromatography A* 1053, 7-14.

Kwon, S.J.; Choi, E.Y; Choi, Y.J.; Ahn, J.H.; Park, O.K. (2006) Proteomics studies of post-translational modifications in plants. *Journal of Experimental Botany* 57, 1547-1551.