



B0240

PADRONIZAÇÃO DE GÉIS 2D PARA AMOSTRAS DE SORO DE RATOS

Michelli Cristina de Andrade Gonçalves (Bolsista PIBIC/CNPq), Dra. Fernanda Lorenzi Lazarim (Co-orientadora) e Profa. Dra. Denise Vaz de Macedo (Orientadora), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

A análise proteômica permite separar, quantificar e identificar o perfil protéico de tecidos e fluidos biológicos, possibilitando a visualização das alterações ao nível protéico em resposta a um estímulo estressor. O sangue reflete o estado fisiológico de todos os tecidos, permitindo a identificação de biomarcadores que no futuro podem ser monitorados por técnicas não invasivas, mais simples e baratas. Embora seja uma amostra de fácil acesso, o proteoma de soro apresenta muitos desafios, dentre eles a presença de proteínas extremamente abundantes como albumina e imunoglobulinas (IgG). O objetivo do presente trabalho foi padronizar a preparação de amostra de soro de ratos através do fracionamento do soro total, isolando as proteínas albumina e IgG. Para isso, 1 mL de soro foi submetido a cromatografia com proteína G para retirada de IgG. A fração sem IgG foi submetida a cromatografia com concanavalina A para retirada da albumina. Todas as frações foram dialisadas, liofilizadas e em seguida submetidas à eletroforese bidimensional. Como resultado, obtivemos 4 géis com perfis protéicos distintos: soro total; amostra com IgG apenas; amostra sem IgG e sem albumina e amostra sem IgG e com albumina. Diversas proteínas antes não visualizadas na região da albumina e IgG puderam ser vistas após a retirada das mesmas. Essas frações permitem o estudo das alterações induzidas pelo exercício em diversas proteínas, mesmo naquelas de difícil visualização.

Soro sanguíneo - Preparação de amostra - Análise proteômica