



## ANÁLISIS DE LOS PRINCIPALES TRABAJOS PROTEOMICOS REALIZADOS PARA EXAMINAR LOS COMPONENTES MICOBACTERIANOS

SUSANA FLORES VILLALVA<sup>1</sup>, ELBA RODRIGUEZ HERNANDEZ<sup>1</sup>, YEZENIA RUBIO VENEGAS<sup>2</sup>, GERMINAL CANTO ALARCON<sup>2</sup> y FELICIANO MILIAN SUAZO<sup>2</sup>

1 Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal CENIDF y MA-INIFAP, 2 Universidad Autónoma de Querétaro. flores.susana@inifap.gob.mx

La tuberculosis es la segunda causa de muerte por un agente infeccioso, después del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH); esta enfermedad es causada principalmente por *Mycobacterium tuberculosis*, miembro del complejo *M. tuberculosis*. La enfermedad típicamente afecta los pulmones y linfonodos asociados pero puede afectar cualquier órgano del cuerpo. La infección se establece en aproximadamente un tercio de los individuos expuestos al bacilo; sin embargo, solo el 10% desarrollará la enfermedad. Diversos autores han realizado diferentes análisis en donde se analiza la compleja respuesta inmune hacia *M. tuberculosis* detallando los principales componentes micobacterianos asociados a la infección. Sin embargo, el proteoma de *M. tuberculosis* y *M. bovis* permanece pobremente definido, especialmente en términos de virulencia y patogénesis, esto a pesar del interés en identificar antígenos inmunodominantes que mejoren el diagnóstico de la enfermedad. Antes de la década de los 90, muchas proteínas micobacterianas se identificaron utilizando métodos basados esencialmente en el fraccionamiento bioquímico y en la detección inmunológica con anticuerpos monoclonales. En ese momento, proteínas importantes, como el complejo Ag85, MPB64, MPB70, y algunas proteínas citoplasmáticas como, DnaK, groEl, SodA, fueron identificadas. Los estudios clásicos de proteómica involucran el uso de la electroforesis bidimensional (2-DE). Los puntos o *spots* de las proteínas identificadas son aislados y digeridos con tripsina para producir péptidos que luego son sometidos a técnicas como la espectrometría de masas. Con estas herramientas han sido identificadas y caracterizadas diversas proteínas de secreción, proteínas de membrana e intracelulares. Así mismo ha sido posible describir su función y contribución en la patogénesis de la enfermedad, lo cual puede abrir el camino en la generación de nuevas vacunas o tratamientos para la tuberculosis. En esta revisión se resumen el estado del arte sobre los estudios de proteómica de *M. tuberculosis*.