



## **XXIII Comunicaciones Científicas y Tecnológicas**

Orden Poster: CE-009 (ID: 625)

**Autor: Van De Velde, Andrea Carolina**

**Título: Caracterización estructural parcial de baltergina-DC**

Director:

Palabras clave: B alternatus, Metaloproteinasa, Desintegrina / rico en cisteína

Área de Beca: Cs. Naturales Y Exactas

Tipo Beca: Cofinanciadas Doctorales

Periodo: 01/04/2013 al 31/03/2018

Lugar de trabajo: Iquiba Nea - Inst. De Química Básica Y Aplicada Del Nordeste Argentino

Proyecto: (13CF01) Proteínas de venenos ofídicos con potencial aplicación farmacológica

### **Resumen:**

*Bothrops alternatus* es un vipérido extensamente distribuido en América del Sur que representa una de las especies más importantes asociadas a accidentes por ofidios en Argentina. Las metaloproteinasas de veneno de serpientes (SVMPs) representan el 43,1% de los componentes identificados en el veneno de *B. alternatus* y desempeñan un papel importante en el envenenamiento, causando efectos locales relevantes. Las SVMPs se pueden dividir en tres clases (PI a PIII) de acuerdo con la presencia de varios dominios estructurales. Las enzimas pertenecientes a la subclase PIII-b, son aquellas que por autoproteólisis liberan un fragmento de 30 kDa correspondiente a los dominios similar a disintegrina / rico en cisteína. Previamente se ha demostrado que baltergina, una PIIIb-SVMP aislada del veneno de *B. alternatus* es capaz de autolizarse in vitro, dando lugar a un fragmento estable de 28 kDa (baltergina-DC) con capacidad de inhibir la adhesión celular. En este trabajo, se llevó a cabo la purificación del fragmento de obtenido por autoproteólisis de baltergina y su caracterización estructural parcial, a través de secuenciación N-terminal por método de Edman. Inicialmente, se incubó a baltergina a 37°C por 96h y la mezcla de fragmentos de la autoproteólisis se separó por cromatografía de filtración en gel. El perfil de elución mostró dos fracciones, las mismas se analizaron por SDS-PAGE en condiciones reductoras. La fracción correspondiente a 28kDa, baltergina-DC, se transfirió a una membrana de PVDF y posteriormente se determinó la secuencia aminoacídica. Por último, se realizó el análisis de alineamiento múltiple con secuencias conocidas de jarrahagin-C y alternagin-C, los resultados mostraron un alto grado de homología de baltergina-DC con estas proteínas DC obtenidas por autólisis de SVMPs ó aisladas a partir de veneno. De esta manera se comprueba la estructura primaria parcial de baltergina-DC. Estudios posteriores, podrán discernir si baltergina-DC y alternagin- C presentan diferencias estructurales y biológicas significativas. Esta información ha de ser tenida en cuenta para dilucidar, junto estudios ulteriores, si este fragmento carente del dominio metaloproteinasa reúne características estructurales que le otorguen potencialidad farmacológica, específicamente en el campo de los anti-metastásicos, por reunir en su secuencia un dominio desintegrina.