



Breve reseña curricular

Nombre y Apellidos: Jesús Mateos Martín

Categoría Profesional: Investigador Postdoctoral

Formación Académica: Licenciado en Biología (Universidad de Alcalá) Dr. en Ciencias (Universidad Autónoma de Madrid)

Área/s Científicas CSIC (Recursos Naturales, Ciencia y Tecnología de Alimentos, Ciencias Agrarias): Ciencia y Tecnología de Alimentos

Experiencia Científica y/o Tecnológica (líneas de trabajo; instrumentación/técnicas que maneja) (máximo 1000 caracteres con espacios):

- Clonación y expresión génica. Transducción lentiviral de células. PCR en tiempo real. RNAseq
- Purificación de proteínas (Sephadex, Silica) Separación y aislamiento de proteínas (PAGE, IEF), cromatografía líquida
- Espectrometría de masas: ABSciex 4800 TOF/TOF; ABSciex 5500 Q-Trap; Thermo LTQ-Orbitrap Elite. Proteómica cuantitativa (iTRAQ, SILAC, Label-free, TMT10plex, MRM).
- Separación de péptidos endógenos del suero mediante extracción en fase sólida y secuenciación *de novo*
- Cultivo celular y de tejidos. Aislamiento de células madre mesenquimales de diferentes orígenes (estroma del cordón umbilical, membrana sinovial, médula ósea). Diferenciación dirigida de células madre a adipocitos, hueso, condrocitos, etc., microscopía óptica y microscopía confocal. Inmunotransferencia y ELISA
- Manejo de muestras clínicas (plasma, suero, saliva, esputo y cartílago)
- Análisis estadístico de datos. Manejo de software: 4000 Series explorer, Protein Pilot, MaxQuant, Mascot, Peaks, Analyst, TPP, Proteome Discoverer, Multiquant, MRMPilot, Skyline, R, Prisma, SPSS

Resumen libre del Currículum/biografía (máximo 2000 caracteres con espacios):

En los últimos años he desarrollado una amplia formación en Proteómica aplicada al estudio de las enfermedades humanas. Por un lado he perfeccionado el uso y manejo de plataformas proteómicas que han permitido la determinación del perfil diferencial de proteínas del líquido sinovial humano entre dos enfermedades degenerativas que afectan a la articulación, pero con diferentes orígenes moleculares, osteoartritis (OA) y artritis reumatoide (AR) (Mateos et al, 2012, 2014, 2017). La principal conclusión de este estudio radica en el hecho de que es posible diferenciar el líquido sinovial de estas dos enfermedades en términos de su contenido proteico. Mientras que en el caso del líquido sinovial de pacientes osteoártríticos (OA) las proteínas implicadas en la síntesis y estructura de la matriz extracelular (MEC) del cartílago son más abundantes, en la artritis reumatoide (AR) existe una acumulación de componentes implicados en el proceso de inflamación y respuesta inmune. Por otro lado, he estudiado los



mecanismos moleculares de la OA y el envejecimiento prematuro (síndrome de la progeria) debido a la desregulación de la expresión de la proteína nuclear Lamina A (Mateos et al 2013, 2015). Me centré en el efecto de la sobreexpresión en las células madre mesenquimales (MSCs) de la Lámina A o una isoforma mutada llamada Progerina (PG), que causa el síndrome genético Progeria (HGPS). Esta es una enfermedad actualmente incurable que se caracteriza por un compendio, a muy temprana edad, de los síntomas clásicos del envejecimiento, como la artritis y la lipodistrofia. La desregulación de la Lámina A causa en estas células defectos en su capacidad condrogénica. Hemos demostrado que estos defectos se deben en parte a una acumulación de moléculas reactivas de oxígeno (ROS). Desde mayo de 2016 tengo un puesto postdoctoral en el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) trabajando en el consorcio EMI-TB (Eliciting Mucosal Immunity in Tuberculosis), una acción financiada por la UE Horizon2020 centrada en seleccionar y desarrollar una nueva vacuna candidata para la tuberculosis.



Brief curriculum review

Name and Surname: *Jesús Mateos Martín*

Professional Category: *Postdoctoral Researcher*

Academic History: *Bachelor in Biology (Universidad de Alcalá) PhD in Science (Universidad Autónoma de Madrid)*

CSIC Scientific Areas (Natural Resources, Food Science and Technology, Agricultural Sciences): *Food Science and Technology*

Scientific and/or Technological Experience (research lines, instrumentation/techniques) (maximum 1000 characters with spaces):

- Gene cloning and gene expression. Lentiviral transduction of cells. Real Time PCR. RNAseq
- Protein purification (Sephadex, Silica) Protein separation and isolation (PAGE, IEF), Liquid Chromatography
- Mass Spectrometry: ABSciex 4800 TOF/TOF; ABSciex 5500 Q-Trap; Thermo LTQ-Orbitrap Elite. Quantitative proteomics (iTRAQ, SILAC, Label-free, TMT10plex, MRM).
- Serum endogenous Peptide separation by Solid Phase Extraction and *de novo* sequencing
- Cell and tissue culture. Isolation of Mesenchymal Stem Cells of different origins (umbilical cord stroma, synovial membrane, bone marrow). Directed differentiation of stem cells to adipocytes, bone, chondrocytes, etc., optical microscopy, and confocal microscopy. Immunoblotting and ELISA
- Handling of clinical samples (plasma, serum, saliva, sputum and cartilage)
- Data and statistical analysis. Software skills: 4000 Series explorer, Protein Pilot, MaxQuant, Mascot, Peaks, Analyst, TPP, Proteome Discoverer, Multiquant, MRMPilot, Skyline, R, Prisma, SPSS

Free CV summary/biography (maximum 2000 characters with spaces):

Over the past years I have developed extensive training in Proteomics applied to the study of human diseases. On one hand I have perfected the use and management of proteomic platforms that have allowed the determination of differential protein profile of human synovial fluid between two degenerative diseases affecting the joint, but with different molecular origins, Osteoarthritis (OA) and Rheumatoid arthritis (RA) (Mateos et al, 2012, 2014, 2017). The main conclusion of this study lies in the fact that it is possible to differentiate the synovial fluid of these two diseases in terms of their protein content. While in the case of synovial fluid from osteoarthritic patients (OA) proteins involved in the synthesis and structure of the extracellular matrix (ECM) of the cartilage are more abundant, in Rheumatoid Arthritis (RA) there is an accumulation of components involved in the inflammation process and immune response. On the other hand I have studied the molecular mechanisms of OA and premature aging (Progeria Syndrome) due to the deregulation of the expression of the nuclear protein Lamin A (Mateos et al 2013,



MINISTERIO
DE ECONOMÍA, INDUSTRIA
Y COMPETITIVIDAD



CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS

2015). I focused on the effect of over-expression in mesenchymal stem cells (MSCs) of Lamin A or a mutated isoform call Progerin (PG), which causes the genetic syndrome Progeria (HGPS). This is a currently incurable disease characterized by a recapitulation, at very early age, of classic symptoms of aging, including arthritis and lipodystrophy. The deregulation of the Lamin A causes in these cells defects in their chondrogenic capacity. We have shown that these defects are due in part to an accumulation of Reactive Oxygen Species (ROS). Since May, 2016 I have a postdoctoral position at the Spanish Research Council (CSIC) working on the EMI-TB (Eliciting Mucosal Immunity in Tuberculosis) consortium, an EU Horizon2020 funded action focused on selecting and developing a novel vaccine candidate for Tuberculosis.



Breve nota curricular

Nome e Apelidos: Jesús Mateos Martín

Categoría Profesional: Investigador Posdoutoral

Formación Académica: Licenciado en Bioloxía (Universidad de Alcalá) Dr. en Ciencias (Universidad Autónoma de Madrid)

Área/s Científicas CSIC (Recursos Naturais, Ciencia e Tecnoloxía de Alimentos, Ciencias Agrarias): Ciencia e Tecnoloxía de Alimentos

Experiencia Científica e/ou Tecnolóxica (liñas de traballo; instrumentación/técnicas que manexa) (máximo 1000 caracteres con espazos):

- Clonación e expresión xénica. Transducción lentiviral de células. PCR en tempo real. RNAseq
- Purificación de proteínas (Sephadex, Silica) Separación e illamento de proteínas (PAGE, IEF), cromatografía líquida
- Espectrometría de masas: ABSciex 4800 TOF/TOF; ABSciex 5500 Q-Trap; Thermo LTQ-Orbitrap Elite. Proteómica cuantitativa (iTRAQ, SILAC, Label-free, TMT10plex, MRM).
- Separación de péptidos endóxenos do soro mediante extracción en fase sólida e secuenciación *de novo*
- Cultivo celular e de tecidos. Illamento de células nai mesenquimais de diferentes orixes (estroma do cordón umbilical, membrana sinovial, medula ósea). Diferenciación dirixida de células nai a adipocitos, óso, condrocitos, etc., microscopía óptica e microscopía confocal. Inmunotransferencia e ELISA
- Manexo de mostras clínicas (plasma, soro, saliva, esputo e cartilaxe)
- Análise estatística de datos. Manexo de software: 4000 Series explorer, Protein Pilot, MaxQuant, Mascot, Peaks, Analyst, TPP, Proteome Discoverer, Multiquant, MRMPilot, Skyline, R, Prisma, SPSS

Resumo libre do Currículo/biografía (máximo 2000 caracteres con espazos):

Nos últimos anos desenvolvín unha ampla formación en Proteómica aplicada ao estudo das enfermidades humanas. Por unha banda perfeccionei o uso e manexo de plataformas proteómicas que permitiron a determinación do perfil diferencial de proteínas do líquido sinovial humano entre dúas enfermidades dexenerativas que afectan á articulación, pero con diferentes orixes moleculares, osteoartrite (OA) e artrite reumatoide (AR) (Mateos et al, 2012, 2014, 2017). A principal conclusión deste estudo radica no feito de que é posible diferenciar o líquido sinovial destas dúas enfermidades en termos do seu contido proteico. Mentres que no caso do líquido sinovial de pacientes osteoartíticos (OA) as proteínas implicadas na síntese e estrutura da matriz extracelular (MEC) do cartilaxe son máis abundantes, na artrite reumatoide (AR) existe unha acumulación de compoñentes implicados no proceso de inflamación e resposta inmune. Doutra banda, estudei os mecanismos moleculares da OA e o envellecemento



MINISTERIO
DE ECONOMÍA, INDUSTRIA
Y COMPETITIVIDAD



CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS

premature (síndrome da proxeira) debido á desregulación da expresión da proteína nuclear Lamina A (Mateos et al 2013, 2015). Centreime no efecto da sobreexpresión nas células nai mesenquimais (MSCs) da Lámina A ou unha isoforma mutada chamada Proxeirina (PG), que causa a síndrome xenética Proxeirina (HGPS). Esta é unha enfermidade actualmente incurable que se caracteriza por un compendio, a moi temperá idade, dos síntomas clásicos do envellecemento, como a artrite e a lipodistrofia. A desregulación da Lámina A causa nestas células defectos na súa capacidade condroxénica. Demostramos que estes defectos débense en parte a unha acumulación de moléculas reactivas de osíxeno (ROS). Desde maio de 2016 teño un posto posdoutoral no Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) traballando no consorcio EMI-TB (Eliciting Mucosal Immunity in Tuberculosis), unha acción financiada pola UE Horizon2020 centrada en seleccionar e desenvolver unha nova vacina candidata para a tuberculose.