

Debreceni innováció a fehérjekutatásban

A tömegspektrometriás elemzések előtt nyithat meg új utakat az az eljárás, melyet a Debreceni Egyetem Természettudományi és Technológiai Karának (DE TTK) kutatócsoportja dolgozott ki. Az új vizsgálati módszer jelentősen csökkenti a fehérjék tömegspektrometriás méréseinek idejét és költségét a gyógyszeriparban és a fehérjekutatásban. A tudományos eredményeket összegző publikáció az egyik legrangosabb nemzetközi kémiai szaklapban, az Angewandte Chemie-ben jelent meg.

A tömegspektrometria a gyógyszeripar egyik legfontosabb „szeme”. Tulajdonképpen egy szuperérzékeny mérleghez lehetne hasonlítani, ami nemcsak azt mondja meg, milyen nehéz egy molekula, hanem segít azonosítani is azt, sőt, azt is elárulja, ha valamilyen szennyeződés került egy gyógyszerbe. A kutatók így tudnak megbizonyosodni arról, hogy valóban azt a molekulát sikerült-e előállítaniuk, amit terveztek.

- Az analitikai kémia az a tudományterület, amivel bizonyos komponenseket, azok mennyiségét és minőségét igyekszünk meghatározni, akár olyanokét is, amiket korábban esetleg nem tudtunk. Az olyan nagy molekuláknak, mint a fehérjék, nagyon sok, egymástól alig különböző variánsuk van. A gyógyszeripar egyik fontos kihívása, hogy ezeket a variánsokat próbálja kiszűrni, kontrollálni. Erre szolgál a tömegspektrometria – tájékoztatott *Gáspár Attila*, a Debreceni Egyetem Természettudományi és Technológiai Karának analitikai kémiával foglalkozó egyetemi tanára.

A professzor elmondta, hogy a tömegspektrometriás méréseknél a mintában lévő sók és egyéb kis molekulák gyakran elnyomják a fehérjék jelét, vagy beszennyezik a műszert. Ezért a minta időigényes tisztítására vagy kromatográfiás elválasztására van szükség. A DE TTK Szervetlen és Analitikai Kémiai Tanszékének kutatócsoportja erre talált új, egyszerű, de annál hatékonyabb megoldást, amellyel tisztítás nélkül is képesek "látni" a fehérjét. A módszerük lényege a kapillárisban zajló áramlás dinamikájában rejlik.

- A szokásostól eltérően mi egy hosszú, vékony kapillárison keresztül injektáltuk a tömegspektrométerbe a vizsgálandó minta kicsiny részletét, és azt vettük észre, hogy a fehérjék jele a minta legelején sokkal erősebb és tisztább, mint a közepén. Ez ellentmondott a korábbi tapasztalatoknak, miszerint a fehérjék gyakran letapadnak a falra és inkább a minta végén várnánk a megjelenését. Egy konferencián aztán egy elméleti szakember rámutatott, hogy itt a Taylor-Aris diszperzió jelenségéről lehet szó – magyarázta *Gáspár Attila*.

- E diszperziós jelenség miatt a kicsiny diffúziós sebességű fehérjék sokkal jobban szétterülő zónát alakítanak ki, mint a kis molekulák, ezért a kapilláris végére a fehérjék egy része le hagyja a mátrixanyagokat. A fehérje tehát a zavaró anyagok előtt ér a detektorba, így tiszta képet kapunk róla időigényes tisztítás, vagy kromatográfiás szétválasztás nélkül – összegezte a professzor.

A mérés ezzel a módszerrel közvetlenül az eredeti mintából elvégezhető, ami drasztikusan gyorsítja az elemzési folyamatot, és sokkal kisebb mintából is pontos eredményt kapnak a kutatók, ami jelentősen csökkenti a vizsgálatok költségét is. Ez egy gyógyszergyárban, ahol naponta több száz vagy ezer mintát mérnek, hatalmas megtakarítás lehet.

[A tudományos felfedezést leíró cikk](#), melyért *Gáspár Attila* elnyerte a Gróf Tisza István Debreceni Egyetemért Alapítvány Publikációs Díját, az egyik legrangosabb nemzetközi kémiai szaklapban, az Angewandte Chemie-ben jelent meg.

Sajtókapcsolat:

- Debreceni Egyetem Rektori Hivatal Sajtóiroda
- +36 52 512 000 / 23251
- sajtoiroda@unideb.hu

Eredeti tartalom: Debreceni Egyetem

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:

<https://hellosajto.hu/?p=28127>