



ICP-MS'nin Proteomik Analizde Ortaya Çıkan Rolü

Gamze Söğüt^{ID*}, Aslıhan Sümer^{ID}

Sağlık Bilimleri Üniversitesi, Hamidiye Eczacılık Fakültesi, 34668, İstanbul, Türkiye

TEZ ÖZETİ

ÖZET

Anahtar kelimeler:

Elementel etiketleme
Fosforilasyon
ICP-MS
İzotop seyreltme analizleri
Kantitatif proteomik
Proteomik

Proteinlerin kütle spektrometresi (MS) ile nicel analizi, analitik yanıtların (mesela iyonizasyon etkinliği) moleküler tür özgüllüğü sebebi ile kısmen sınırlı uygulama alanına sahiptir. İndüktif olarak eşleşmiş plazma kütle spektrometresi (ICP-MS) ise elementel konsantrasyonların belirlenmesi için ideal bir araçtır. ICP-MS'de bu tür bir ölçüme olanak sağlayan en güçlü özellik, sistemin bileşik yapısından bağımsız genel bir element tepkisine sahip olmasıdır. ICP-MS'de karşılaşılan ender sorunlardan biri olarak ise çok atomlu türlerin neden olduğu izobarik spektral girişimler sayılabilir. Proteinlerde doğal olarak bulunan ve ICP-MS ile saptanabilen elementlerin hassas ve müdahalesiz miktar belirlenebilmesi, ICP-MS'nin proteomikteki rolünü arttıracaktır. Ne yazık ki, birçok proteinde mevcut olan heteroatomların, yani kükürt (doğal proteinde yaklaşık %5 oranında bulunur) ve fosforun (fosforilasyon nedeniyle ökaryotik hücrelerdeki tüm proteinlerin yaklaşık 1/3'ünde), belirlenmesi yüksek iyonizasyon enerjileri nedeniyle büyük ölçüde zordur ve ayrıca yüksek ölçüde çok atomlu girişimlerden muzdariptir. Bu çalışmada söz konusu problemlerin çözülmesi için literatürde son yıllarda sunulan yaklaşımlar incelenmiştir. Sektör alan aletlerini veya kuadropol kütle analizörlü cihazlarda reaksiyon hücrelerini kullanan yüksek çözünürlüklü ICP-MS spektrometrisine dayanan bu yöntemler sayesinde elde edilen mutlak tespit limitleri, kükürt ve fosfor içeren türler için düşük pmol (pikomol) ve orta-yüksek fmlol (femtomol) aralığındadır. Bu nedenle ICP-MS'nin yaşam bilimlerinde gelecekte bir dönüm noktasına yol açması beklenmektedir.

2024

The Emerging Role of ICP-MS in Proteomic Analysis

THESIS ABSTRACT

ABSTRACT

Keywords:

Elemental labeling
ICP-MS
Phosphorylation
Proteomics
Isotope dilution analysis
Quantitative
Proteomics

Quantitative analysis of proteins by mass spectrometry (MS) has limited application in part due to the molecular species specificity of analytical responses (e.g. ionization efficiency), while inductively coupled plasma mass spectrometry (ICP-MS) is an ideal tool for determining elemental concentrations. The most powerful feature that enables this type of measurement in ICP-MS is that it has a general elemental response independent of the compound structure of the system. One of the rare problems encountered in ICP-MS is isobaric spectral interference caused by polyatomic species. Sensitive and non-invasive quantification of elements that occur naturally in proteins and can be detected by ICP-MS will increase the role of ICP-MS in proteomics. Unfortunately, heteroatoms present in many proteins, namely sulfur (occurring in about 5% in native protein) and phosphorus (in about 1/3 of all proteins in eukaryotic cells due to phosphorylation), are largely difficult to detect due to their high ionization energy and are also highly suffers from polyatomic interference. In this study, approaches presented in the literature in recent years to solve these problems were examined. Based on high-resolution ICP-MS spectrometry using sector field instruments or reaction cells in quadrupole mass analyzer devices, the absolute detection limits achieved by these methods are in the low pmol (picomole) and mid-to-high fmlol (femtomole) range for sulfur- and phosphorus-containing species. Therefore, ICP-MS is expected to lead to a future turning point in life sciences.

2024

Söğüt, G., & Sümer, A. (2024). ICP-MS' in Proteomik Analizde Ortaya Çıkan Rolü. Bütünleyici Ve Anadolu Tıbbı Dergisi, 5(SBÜ Hamidiye Eczacılık 2024 Bitirme Projesi Özetleri), 1-1.