

## Beszámoló a „Proteomic Forum 2017” (2017. április 2-5, Potsdam, Németország) konferenciáról

A Német Proteomikai Társaság (DGPF) két évente rendez nemzetközi proteomikai konferenciát, a rendezvény egyúttal a társaság éves taggyűlésének is helyet ad. Az idei konferencián a plenáris előadások az interakciós proteomika, MS-alapú imaging, foszfoproteomika, rendszerbiológia, top-down proteomika és integratív omika legújabb fejleményeiről számoltak be. A plenáris előadások mellett (többnyire párhuzamos szekciókban) számos rövidebb training course-on volt lehetőség részt venni, ahol elsősorban a műszer/szoftverfejlesztő cégek biztosítottak részletes betekintést egy-egy tömegspektrometriás megoldással vagy szoftver működésével kapcsolatban (pl. a Thermo Fisher Scientific tartott előadást a fehérje szerkezet, ill. fehérje-fehérje kölcsönhatás tömegspektrometriás vizsgálatához fejlesztett keresztkötőkről, valamint az analízisekhez használható MS/MS technikákról és az adatok értelmezéséről (Proteome Discoverer programcsomag aktuális fejlesztése)).

Személy szerint leginkább a top-down proteomikával kapcsolatos előadások érdekeltek. Ez a tömegspektrometriás fehérjeanalízis egyik leginkább felkapott területe. A bottom-up technikával szemben, ahol a fehérjemintát enzimatis (esetleg kémiai) kezelés után, peptid-szinten analizálják, a bottom-up technika proteolízis nélkül, tehát fehérje-szinten analizálja a kérdéses rendszert. Ezen megközelítés nyilvánvaló előnye, hogy a fehérjék intakt formájáról nyújt felvilágosítást (pl. megtudható, hogy egy fehérje hány különböző formában van jelen a rendszerben, milyen poszt-transzlációs módosításokat, ill. ezek milyen kombinációját hordozza), a számos technikai nehézség ellenére a proteomikában jelenleg még a bottom-up módszerrel kapott eredmények dominálnak. Ennek elsősorban az az oka, hogy komplex elegyek esetén mind a minta frakcionálása, mind a tömegspektrometriás analízis jóval egyszerűbb peptid-, mint fehérje-szinten. Az előadásokból kiderült, hogy a frakcionálásra változatlanul elektroforézist használnak, az egyes frakciókat SDS-mentesítés után analizálják. A jelenleg csúcstechnológiát képviselő speciális tömegspektrométerekkel a kb. 50-55 kDa molekulatömegű fehérjék top-down analízise már megoldható. Nagyobb fehérjék, komplex fehérjeelegyek top-down analízisére viszont még várni kell. Ennek szép illusztrációja volt Christian Huber előadása, mely az Etanercept top-down analíziséről számolt be. Ez a 120 kDa molekulatömegű fúziós fehérje (melyet elsősorban rheumatoid arthritis tüneteinek enyhítésére használnak) 3 N- és 13 O-glikozilációs helyet tartalmaz. Mivel a glikoziláció meghatározó szerepet játszik a fehérjék gyógyászati szempontból fontos tulajdonságaiban (aktivitás, stabilitás, oldhatóság, szérum fél-élettartam), nagyon fontos ezen biológikumok átfogó glikozilációs jellemzése. Erre nagyszerű lehetőség lenne az intakt fehérjék tömegspektrometriás jellemzése. Sajnos azonban a technika jelenleg annyit nyújt, hogy a fehérjék egyes glikoformáinak molekulatömegét lehet többé-kevésbé pontosan meghatározni, ennél mélyebb információk szerzéséhez különböző glikozidázos kezelések után elvégzett bottom-up vizsgálatok szükségesek.

A rendezvény a közepes konferenciák közé sorolható – mintegy 2-300 résztvevő volt, 60 tudományos és közel 20 indusztriális előadás hangzott el, 210 poszter került bemutatásra. Kutatócsoportunk eredményeit az “O-glycosylation analysis of human serum (Adam Pap, Amol Prakash, Katalin F. Medzihradzky, Zsuzsanna Darula)” poszteren mutattam be. Ezúton is hálásan köszönöm a Magyar Elválasztástudományi Társaságnak, hogy támogatásukkal részt vehettem a rendezvényen.

Szeged, 2017. április 17.

Darula Zsuzsanna  
MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont  
Proteomikai Laboratórium  
darula.zsuzsanna@brc.mta.hu