

Beszámoló a „30th Asilomar Conference on Mass Spectrometry: Advances in Glycomics and Glycoproteomics: Methods and Applications” (2014. október 10-14, Pacific Grove, CA, USA) konferenciáról

Az Amerikai Tömegspektrometria Társaság (ASMS) évente két alkalommal rendez speciális konferenciákat, melyek egy-egy szűkebb szakterület kutatási lehetőségeire és eredményeire fókuszálnak. Idén a glikoziláció analízis volt az őszi gyűlés tematikája, ahol saját kutatásainkhoz kapcsolódóan számos előadást hallgattunk meg glikoproteomika és glikán analízis tárgykörben.

Az előadások alapján úgy tűnik, hogy a glikán analízis – bár nyilvánvalóan nagy szakértelmet és gyakorlatot kíván – javarészt megoldott analitikai probléma, a glikoproteinekről lehasított szénhidrátok tömegspektrometriás analíziséről (akár jelöletlenül, akár fluoreszcens jelölés után) több előadást is hallhattunk.

Továbbra is nagy analitikai kihívást jelent viszont komplex mintákból izolált intakt glikopeptidok jellemzése, ahol mind a mintaelőkészítés, mind a tömegspektrometriás analízis gondos hangolást igényel. A bemutatott poszterek, előadások alapján glikopeptidok szelektív izolálására továbbra is többnyire lektin affinitás kromatográfiát és hidrofil kromatográfiát használnak, elvétel ERLIC kromatográfiát (electrostatic repulsion hydrophilic interaction chromatography) is alkalmaznak. Az N-glikopeptidok tömegspektrometriás jellemzésére talán kezd teret nyerni az intakt glikopeptidok analízise is (korábban gyakran csak a szénhidrátlánc enzimatisztos eltávolítása utáni peptidazonosítást végeztek). O-glikopeptidok analíziséről kutatócsoportunkon kívül egyetlen ausztrál csoport számolt be.

A prezentációk döntő többsége glikoproteinekről lehasított szénhidrátok, illetve enzimatisztos hasítással nyert glikopeptidok analíziséről számolt be. A komplex(ebb) glikoprotein elegyek fehérje szintű szeparálása egyelőre megoldatlan – egyetlen előadás számolt be glikoproteinek hidrofil kromatográfiás szeparálási kísérleteiről. Az eredmények alapján egyértelmű, hogy egyelőre csak nagyon limitált komplexitású glikoproteinek szeparálása lehetséges, az is csak a kromatográfiás rendszer gondos hangolása után.

Az előadások során többször felmerült a glikopeptidok tömegspektrometriás adatainak hatékony kiértékeléséhez használt bioinformatikai eszközök fejlesztésének szükségessége. Bár ezen a területen egyelőre nincs áttörés, biztató, hogy több glikopeptid analízisre használható adatbázis kereső programot dolgoztak ki (Byonic, GlycoFragWork, GlycoMaster DB, Protein Prospector), illetve ezeket folyamatosan fejlesztik.

A rendezvény a kis konferenciák közé sorolható – közel száz résztvevő volt, a 27 plenáris előadáson kívül mindössze 38 posztert mutattak be. Ez viszont lehetővé tette, hogy minden egyes poszter tartalmát egy rövid, három perces előadáson bemutassák a szerzők. Ez a megoldás nagyon tetszett – sokan nem szívesen vállalkoznak előadás tartására és az is gyakran előfordul, hogy a kutatóknak nincs energiájuk az absztraktokat végigolvasni vagy a poszter prezentációkat megnézni, így viszont mindenki lehetőséget kapott, hogy felkeltse a jelenlevők figyelmét a saját poszterére.

Kutatócsoportunk eredményeit a “Different sample preparation protocols for the selective isolation of human serum O-glycopeptides. Zsuzsanna Darula, Farkas Sarnyai, Eva Klement, Eva Hunyadi-Gulyas, Katalin Medzihradzky” poszteren mutattuk be az érdeklődőknek.

Ezúton is hálásan köszönöm a Magyar Elváltástudományi Társaságnak, hogy támogatásukkal részt vehettem a rendezvényen.

Szeged, 2014. október 27.

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