

ФОРМИРОВАНИЕ ПЕПТИДНЫХ ГЕТЕРОКЛАСТЕРНЫХ ИОНОВ В PDMS-АНАЛИЗЕ ТВЕРДОФАЗНЫХ ОБРАЗЦОВ

Гребеник Л. И., Чиванов В. Д. , Суходуб Л. Ф.*

СумГУ, кафедра биофизики, биохимии, фармакологии и биомолекулярной инженерии

**ИПФ НАНУ, отдел масс-спектрометрии*

В последние годы отмечена тенденция к активному изучению пептидов, роль которых долгое время преимущественно рассматривалась в контексте функционирования регуляторных систем живых организмов. Бурный прогресс в пептидомике становится возможным благодаря развитию физико-химических методов исследования, в том числе, таких как масс-спектрометрия. Понимание молекулярных механизмов формирования ионов пептидных молекул в PDMS-анализе при исследовании многокомпонентных твердофазных образцов позволяет оценить возможности и обосновать интерпретацию получаемых масс-спектров исходя из особенностей ионообразования.

Целью нашего исследования было изучение экстрактов, полученных из ткани гипофиза крыс, и оценка особенностей образования гетерокластерных ионов пептидных молекул. В качестве основного метода исследования была выбрана масс-спектрометрия с ионизацией осколками деления ^{252}Cf (PDMS), возможности которой для анализа многокомпонентных биологических образцов с упрощенным этапом пробоподготовки были показаны нами ранее при изучении структурных компонентов нуклеиновых кислот и белков. Полученные масс-спектры позволили оценить влияние изменения этапов подготовки образцов на формирование гетерокластерных ван-дер-ваальсовых ионов пептидов. В масс-спектрах одного и того же экстракта были зарегистрированы наборы пиков биокластерных ионов различных по составу, образование которых регулировалось изменением последовательности процедур обработки проб.

Результаты исследования свидетельствуют в пользу перспективности PDMS при изучении пептидов в микроколичествах биологических образцов. С нашей точки зрения успешное применение указанного метода возможно при условии оптимизации этапа пробоподготовки, в том числе с применением хромато-масс-спектрометрии.