

# Hohe Qualität und Zuverlässigkeit der Analytik

Proteine sind von zentraler Bedeutung für alle biologischen Prozesse. Besonders der Menge und Struktur von Proteinen als auch deren Modifikationen kommt dabei eine wichtige Rolle zu. Proteine können so zum Beispiel als Biomarker für bestimmte Krankheiten dienen, da sie die physiologischen Änderungen eines biologischen Systems reflektieren. Doch trotz des hohen Potentials von Proteinen für die Entwicklung von Diagnostika werden aktuell nur sehr wenige Biomarker in der alltäglichen Praxis verwendet. Gründe hierfür sind unter anderem die fehlenden Stan-

dards der analytischen Verfahren, gut charakterisierte Kontrollproben sowie die klinische Validierung von potentiellen Protein-Biomarkern im Rahmen von klinischen Studien.

Die Charakterisierung und Quantifizierung von Proteinen mittels Massenspektrometrie (MS) hat sich seit ihren Anfängen stark weiterentwickelt. Mittlerweile ist die Identifizierung und Quantifizierung von Proteinen, post-translationalen Modifikationen und Proteinkomplexen hochsensitiv und zuverlässig möglich. Die parallele Quantifizierung von hunderten Proteinen bietet neben der Forschung vielversprechende Möglichkeiten für industrielle und klinische Anwendungen. Um den Transfer der zielgerichteten MS-Proteomanalyse in die Routineanwendung zu realisieren, sind hochstandardisierte Arbeitsabläufe, validierte Prozessschritte und Qualitätskontrollen nötig. Da die Messergebnisse stark von den Eigenschaften der Probe, den Aufarbeitungsschritten und den angewandten Methoden und Geräten beeinflusst werden, ist eine Standardisierung des gesamten Verfahrens nötig. Diese sowie die Validierung der Proteomik sind essentiell, um Qualität, Verlässlichkeit und Sicherheit der Analytik zu garantieren. So können robuste, reproduzierbare und qualitativ hochwertige Ergebnisse erzeugt werden, die den hohen Ansprüchen der Kunden wie zum Beispiel Kliniken oder Industriepartnern genügen.

Das Verfahren zur Quantifizierung von Proteinen mittels Massenspektrometrie unter definierten und standardisierten Bedingungen wird derzeit unter anderem eingesetzt, um Veränderungen der Thrombozyten im Blut zu detektieren. Es ermöglicht, komplexe Signalkaskaden quantitativ darzustellen und dabei physiologische beziehungsweise patho-

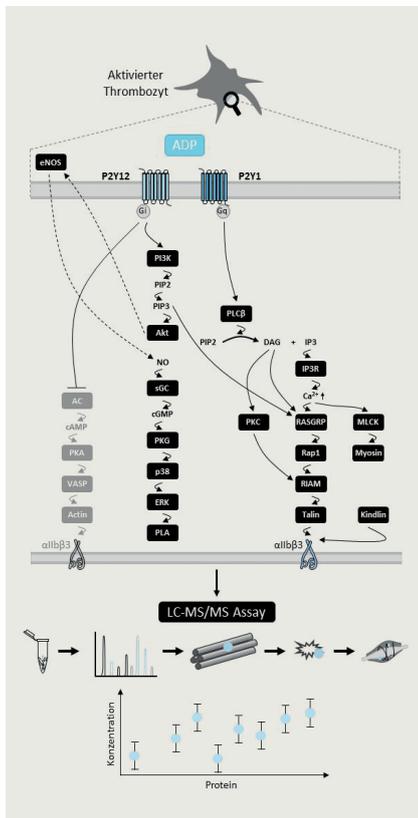


Abbildung 1: Schematischer Ablauf zur Quantifizierung von Thrombozyten-Rezeptoren und Signalkaskaden während der Aktivierung mittels Massenspektrometrie für die klinische und industrielle Anwendung



Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung e.V.

Termine

16.-20. Juli, Wien (AT)

Summer School on Practical Proteomics  
[www.proteomics-academy.org/summer-school](http://www.proteomics-academy.org/summer-school)

29. Juli - 4. August, Kloster Neustift, Bressanone/Brixen (I)

12th European Summer School on Advanced Proteomics  
[www.proteomic-basics.eu](http://www.proteomic-basics.eu)

26. September, Göttingen

Minisymposium „Proteomics“, Mitgliederversammlung der DGPF

30. September - 3. Oktober, Orlando/Florida (USA)

HUPO World Congress  
[www.hupo2018.org](http://www.hupo2018.org)

24.-28. März 2019, Potsdam

XIII. EUPA-Congress  
[www.eupa2019.org](http://www.eupa2019.org)

logische Prozesse sichtbar zu machen. So hat dieses Verfahren das Potential Herz-Kreislauf-Erkrankungen wie zum Beispiel Thrombosen in einem sehr frühen Stadium zu erkennen, bevor ein Gefäßverschluss entsteht, und individuelle Behandlungsmöglichkeiten von bereits Erkrankten in Zusammenarbeit mit Ärzten zu entwickeln. Ein großer Vorteil zu etablierten Verfahren wie ELISA und Immunoblot ist die hohe Geschwindigkeit mit der hunderte Proteine und deren Modifikationen gleichzeitig zweifelsfrei nachgewiesen und quantifiziert werden können, ohne dafür in aufwendigen Prozessen Antikörper zu erzeugen und zu validieren.

Dr. Christin Lorenz und Prof. Dr. Albert Sickmann, Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften – ISAS – e.V. Dortmund

Abb.: Die Autoren