

10. KÜTLE SPEKTROMETRESİ TEMELLİ PROTEOMİK YAKLAŞIMLAR VE UYGULAMALARI

10. MASS SPECTROMETRY-BASED PROTEOMIC APPROACHES AND APPLICATIONS

Doç. Dr. Gülistan Meşe Özçivici

KÜTLE SPEKTROMETRESİ TEMELLİ PROTEOMİK YAKLAŞIMLAR VE UYGULAMALARI

Doç. Dr. Gülistan Meşe Özçivici
İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü

Özet

Proteomik çalışmalar, biyolojik sistemlerdeki bütün protein koleksiyonunun tayin edilmesinde kullanılan teknikleri içerir. Bu çalışmalar kullanılan yaklaşımlara göre düşük ve yüksek verimli olarak gruplanmaktadır. Yüksek verimli yaklaşımlarda Kütle spektrometrisi en yaygın kullanılan tekniktir. Kütle spektrometrisi; iyon kaynağı, kütle analizörü ve dedektör olmak üzere üç ana bileşenden oluşur ve moleküllerin kütle/net yük oranını belirleyerek analizini sağlar. Örneklerden alınan proteinlerin analizi doğrudan veya proteazlarla kesildikten sonra elde edilen peptitler aracılığı ile yapılır. Kütle spektrometrisi temelli yaklaşımlar hem biyoloji hem de klinik araştırmalarda yaygın olarak kullanılmaktadır. Bunlarla protein analizleri, post-translasyonel modifikasyonların tespiti, protein lokalizasyon ve fonksiyonlarının araştırılması, proteomların nitel ve nicel karşılaştırmaları, görüntüleme, tanı ve tedavi yaklaşımlarının takibi gerçekleştirilir. Kütle spektrometrisi ile proteomlar hakkında elde edilen bilgilerin diğer omiks çalışmalarıyla bütünleşik bir çerçevede araştırılması, örneklerin normal fizyolojik durumlarının anlaşılmasını ve patolojilerde ortaya çıkan değişimlerin tespit edilerek hastalıklar hakkında geniş kapsamlı bilgilerin elde edilmesini sağlar. Bu sayede uygun tedavi yöntemlerinin kullanılması ve geliştirilmesi mümkün olacaktır.

Anahtar Kelimeler

Kütle spektrometrisi, Omiks, Protein, Proteomiks

MASS SPECTROMETRY-BASED PROTEOMIC APPROACHES AND APPLICATIONS

Abstract

Proteomic studies are used to determine whole protein collections in biological systems. They can be low- or high-throughput based on the technology. Mass spectrometry is one of the widely used high-throughput technique. Mass spectrometers have three main components: ion source, mass analyzer and detector, and analyze molecules by determining the mass/net charge ratio. Analysis of proteins is done either directly or by obtaining peptides after digestion with proteases. Mass spectrometry analyses are widely used in biology and clinical research and enable protein analysis, post-translational modification detection, investigation of protein localization and functions, qualitative and quantitative comparisons of proteomes, imaging, and diagnosis and treatment outcomes. Information collected from proteomes offers an integrated framework with other omics studies to understand normal physiological states, detect changes that occur in pathologies and obtain comprehensive information about diseases. In this way, it will be possible to use and develop appropriate treatment methods.

Keywords

Mass spectrometry, Omics, Protein, Proteomics