

# FYZIKÁLNE PRINCÍPY HMOTNOSTNEJ SPEKTROMETRIE V PROTEOMICKEJ ANALÝZE VZORIEK PACIENTOV S OCHORENÍM COVID-19

M. Marcin<sup>1</sup>, M. Kacírová<sup>1</sup>, M. Šulíková<sup>1</sup>, M. Menkyna<sup>1</sup>, D. Tóth<sup>2</sup>, O. Záhornacký,  
P. Jarčuška<sup>3</sup>, J. Sabo<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Ústav lekárskej a klinickej biofyziky LF UPJŠ, Košice

<sup>2</sup> Gynekologicko-pôrodná klinika UPJŠ LF a UNLP, Košice

<sup>3</sup> Klinika infektológie a cestovnej medicíny UPJŠ LF a UNLP, Košice

## Úvod

Proteomika je interdisciplinárna oblasť, ktorá skúma štruktúru, funkcie a interakcie proteínov v biologických systémoch. Zohráva významnú úlohu pri posune nášho poznania bunkových procesov, mechanizmov ochorení a identifikácií nových biomarkerov ochorení. Jedným zo základných nástrojov proteomického výskumu súčasnosti je citlivá hmotnostná spektrometria, ktorá umožňuje identifikáciu ako aj kvantifikáciu proteínov. Zamerali sme sa na základné fyzikálne princípy modernej hmotnostnej spektrometrie a jej konkrétne aplikácie v oblasti proteomického výskumu vzoriek pacientov s akútno prebiehajúcim ochorením COVID-19.

## Materiál a metódy

Proteíny vyzisťované z pomocných T-lymfocytov s CD4<sup>+</sup> znakom, cytotoxických T-lymfocytov s CD8<sup>+</sup> znakom, monocytov s CD14<sup>+</sup> znakom a B-lymfocytov s CD19<sup>+</sup> znakom, získaných z krvi pacientov s ochorením COVID-19 a pacientov zdravej kontrolnej skupiny sme analyzovali pomocou hmotnostného spektrometra Orbitrap Exploris 480 v kombinácii s vysokotlakovou kvapalinovou chromatografiou. Získané dáta sme spracovali pomocou softvéru na identifikáciu a kvantifikáciu proteínov Proteome Discoverer.

## Výsledky

Uskutočnili sme kvalitatívnu a kvantitatívnu diferenciálnu proteomickú analýzu subpopulácií periférnych mononukleárných leukocytov vzorky zdravého subjektu a vzorky pacienta s COVID-19 odobratej počas akútneho priebehu ochorenia a mesiac po vypuknutí príznakov ochorenia. Predbežné výsledky poukazujú na významné rozdiely v kvantite proteínov medzi zdravým subjektom a pacientom s ochorením COVID-19.

## Záver

Výsledky poukazujú na výhody vyššie uvedeného experimentálneho prístupu pre presnejšiu identifikáciu a charakterizáciu proteínov, ktoré môžu ovplyvňovať vývoj a priebeh ochorenia. Zistené rozdiely v proteóme pacientov s ochorením COVID-19 pomôžu v identifikácii významných signálnych dráh buniek imunitného systému ovplyvnených týmto ochorením. Uvedené zistenia by mohli prispieť k hlbokému prieniku do mechanizmov interakcie vírusu SARS-CoV-2 a buniek imunitného systému pacientov a k vysvetleniu odlišného priebehu ochorenia u rôznych pacientov.

*Táto práca bola finančne podporená projektami spolufinancovaným Európskou úniou v rámci Európskeho fondu regionálneho rozvoja AKARDIO COVID-19 (Kód ITMS2014+: 313011AUB1) a LISPER (Kód ITMS2014+: 313011V446) a tiež projektom APVV v oblasti Základného výskumu VV – A1 (kód APVV-19-0476).*