

ПРИМЕНЕНИЕ МАСС-СПЕКТРОМЕТРИЧЕСКИХ МЕТОДОВ ХИМИЧЕСКОГО АНАЛИЗА В КЛИНИЧЕСКОЙ ФАРМАКОЛОГИИ

© Шичкин А.С., Якушина Е.А., Алимов М.М., Сабурова Д.А., Жуковская С.А., Алаидини Л.Н.

Научный руководитель: д.м.н., доцент Глушаков Р.И.

Кафедра фармакологии с курсом клинической фармакологии и фармакоэкономики

Контактная информация: Шичкин Александр Сергеевич — студент 3 курса, педиатрический факультет.

E-mail: Shichkin.00@inbox.ru

Ключевые слова: масс-спектрометрия, MALDI.

Актуальность исследования: масс-спектрометрические методы химического анализа основаны на ионизации атомов и молекул анализируемой пробы, разделении образовавшихся ионов в пространстве или во времени и последующем определении их массы (точнее — отношения массы иона m к его заряду z — m/z). Эти методы объединяют общим названием масс-спектрометрия.

Цель исследования: проанализировать данные научной литературы по использованию масс-спектрометрических методов химического анализа в клинической фармакологии.

Материалы и методы: анализ медицинской литературы реферативных баз данных и систем цитирования PubMed, Web of Science, Scopus, GoogleScholar, eLibrary методами моделирования печеночной недостаточности.

Результаты: аналитические приложения масс-спектрометрических методов анализа, ориентированные, прежде всего, на установление химического состава вещества, широко используются в различных областях науки и техники. Масс-спектрометрия в настоящее время является одним из наиболее чувствительных, информативных и надёжных методов, продолжая совершенствоваться и развиваться [1].

Масс-спектрометрия используется для идентификации и количественного определения соединений или изучения их структуры и реакционной способности. Также данный метод позволяет идентифицировать уникальные метаболиты в образцах сыворотки крови от пациентов с различными заболеваниями, например, сахарным диабетом, проводить скрининг новорожденных, тестирование на наркотики, анализ на токсикологические вещества, осуществлять контроль качества лекарственных препаратов. Допинг-контроль в профессиональном спорте осуществляется также при помощи масс-спектрометрии [2]. С этой задачей справляется метод масс-спектрометрии MALDI (матрично-активированная лазерная десорбция/ионизация). Метод MALDI позволяет изучать микроэкологию человека и получить качественно новый вариант микробиологического исследования благодаря возможности одновременного количественного определения более сотни микробных маркеров непосредственно в биологических пробах без предварительного культивирования микроорганизмов и использования биохимических тестовых материалов и генетических маркеров. Идентификация в короткие сроки некультивируемых микроорганизмов с целью начала противомикробной химиотерапии у пациентов с инфекционными заболеваниями. Также исследование метаболического профиля протеинов в биологическом отделяемом у больных с хроническими заболеваниями, например, сахарным диабетом, позволяет своевременно по данным протеомного профиля прогнозировать субклинические изменения, ассоциированные с осложненным течением заболевания и своевременно скорректировать терапию [3].

Выводы: в настоящее время существует огромный потенциал применения масс-спектрометрических методов как инструмента для принятия решений в клинической фармакологии, особенно для подбора первой линии противомикробной терапии.

Литература

1. Полосков, А.И. Масс-спектрометрия высокого разрешения лигнинов, выделенных при помощи ионных жидкостей / А.И. Полосков, Д.А. Решеткина, М.О. Соколова. — Известия Российской военно-медицинской академии, 2020. — Т. 39. № S3–1. — С. 136–141.
2. Jannetto, P.J. Mass spectrometry / P.J. Jannetto, D. Danso. — Clinical Biochemistry, 2020. — Vol. 82. — P. 1.
3. Noor, Z. Mass spectrometry-based protein identification in proteomics / Z. Noor, S.B. Ahn, M.S. Baker, S. Ranganathan, A. Mohamedal. — Briefings in Bioinformatics, 2020. — P. 1–19.