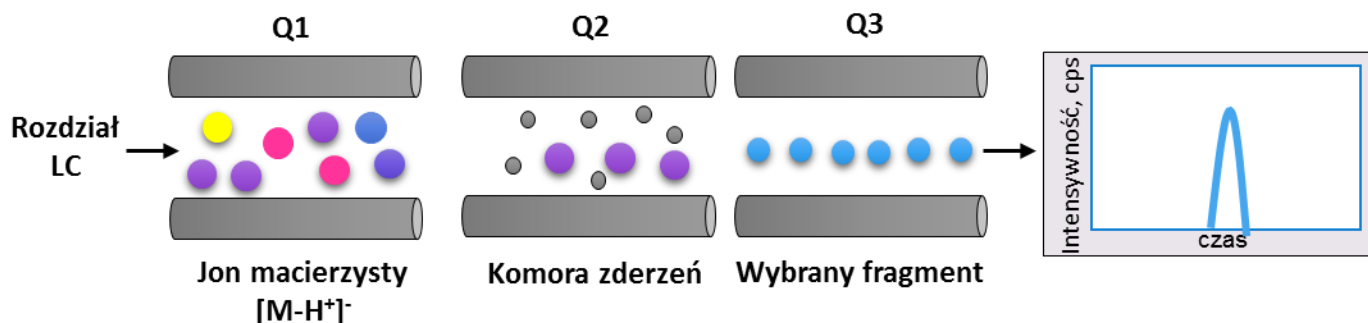


Streszczenie popularnonaukowe

Spektrometria mas jest jedną z technik analitycznych umożliwiających identyfikację cząsteczek na podstawie ich masy. Cząsteczka analizowana za pomocą spektrometrii mas musi posiadać ładunek czyli być w postaci jonu. Taka molekula może być przyspieszona w polu elektrycznym i skierowana do analizatora, gdzie jest identyfikowana na podstawie jej stosunku masy do ładunku (m/z). Istnieje wiele rodzajów spektrometrów, które wykorzystują różne sposoby jonizacji i różne analizatory. Oprócz informacji jakościowych o badanych analitach, jakie może dostarczyć spektrometria mas możliwa jest analiza ilościowa badanych cząsteczek. Ponadto, spektrometria mas jest kompatybilna z innymi metodami np. chromatografią ciekłą (LC), która umożliwia wstępny rozdział mieszanin a następnie detekcję MS. Co więcej wybór trybu pracy spektrometru jakim jest MRM (ang. *Multiple Reaction Monitoring*), pozwala na selektywne monitorowanie wybranych reakcji fragmentacji. Schemat eksperymentu MRM przedstawiony jest na Rysunku 1.



Rys.1. Schemat eksperymentu MRM.

W omawianym projekcie planujemy wykorzystać spektrometrię mas z jonizacją typu elektrosprej i niskorozdzielczym potrójnym analizatorem kwadropolowym, sprzężoną z chromatografią ciekłą do analizy modyfikowanych cząsteczek RNA. Poddane analizie będą nowe analogi RNA posiadające duży potencjał terapeutyczny. W związku z tym dokładne poznanie struktury takich cząsteczek, wskazanie ilości i rodzaju modyfikacji jest bardzo ważne. W projekcie skupimy się na zaprojektowaniu procedury i metody dokładnej identyfikacji modyfikacji wprowadzonych do RNA. Przygotowanie metody będzie obejmowało (i) syntezę odpowiednich związków wzorcowych znakowanych izotopowo za pomocą tlenu ^{18}O , posiadających właściwości bardzo zbliżone do badanych analitów, (ii) dobór odpowiednich parametrów do rozdzielania chromatograficznego oraz optymalizację parametrów związanych z metodą spektrometrii mas a następnie (iii) wykorzystanie metody do analizy modyfikowanych RNA. Opracowanie metody pozwoli nie tylko na analizę modelowych cząsteczek RNA ale również na identyfikację produktów jego metabolizmu w komórkach co ma duże znaczenie w przypadku zastosowania tych cząsteczek jako terapeutyków. Co więcej opracowana metoda przyczyni się do rozpowszechnienia stosowania spektrometrów niskorozdzielczych w identyfikacji dużych cząsteczek takich jak RNA czy DNA.