

## Neue methodische Ansätze zur Charakterisierung von Proteinen und Peptiden in der Follikelflüssigkeit

Florian J. Schweigert<sup>1</sup>, Beate Gericke<sup>1</sup>, Wiebke Düben<sup>1</sup>, Ulrich Büscher<sup>2</sup>, Joachim W. Dudenhausen<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institut für Ernährungswissenschaft, Universität Potsdam; <sup>2</sup>Klinik für Geburtsmedizin der Charite zu Berlin

Proteine und Peptide der Follikelflüssigkeit stammen entweder aus dem Plasma oder werden lokal synthetisiert. Die Beschreibung des Protein- und Peptidmusters der Follikelflüssigkeit dient deshalb einerseits der Beantwortung von Fragen bezüglich lokaler Transfer- und Sekretionsprozesse, unterstützt aber auch die Suche nach neuen Biomarkern für beispielsweise die Qualität eines Follikels. Üblicherweise erfolgt die Analyse von Proteinen mittels SDS-PAGE oder der 2-dimensionalen Gelelektrophorese. Diese Methoden trennen vor allem Proteine im Massenbereich von 15–200 kDa auf. Ziel der vorliegenden Untersuchung war jedoch die Beschreibung des Protein- und Peptidprofils im Massenbereich von < 20 kDa. Dazu wurde Plasma und parallel dazu durch Punktion gewonnene Proben des dominanten Follikels von 16 Frauen im Rahmen eines IVF-Eingriffes mittels „surface enhanced laser desorption and ionization (SELDI) time-of-flight (TOF)“ Massenspektrometry (MS) untersucht. Peptide und Proteine wurden auf aktivierten ProteinChip-Oberflächen (Anionen- und Kationenaustauscheroberflächen und Normalphasenoberflächen) selektiv angereichert. Aus diesen drei Ansätzen konnten insgesamt 143 einzelne Massensignale im Bereich von 2000 – 80000 Da isoliert werden. Zehn dieser Signale konnten auf der Basis ihrer Masse und ihres isoelektrischen Punktes annäherungsweise über die SwissProt Datenbank und TagIdent in ExPaSy sowie mittels Western blotting (Retinol-Bindungsprotein, Transthyretin, Albumin) identifiziert werden. Zwischen Follikelflüssigkeit und Plasma bestanden signifikante quantitative und qualitative Unterschiede, was auf einen sehr selektiven Prozess vor allem in Bezug auf die Filtration an der Blut-Follikelflüssigkeits-Schranke hinweist. Sowohl einzelne der identifizierten Proteine oder charakteristische Peptid- und Proteinmuster können potentielle Kandidaten für Biomarker der Follikel- und/oder Oozytenreifung darstellen.