



OFERTA  
TECNOLÓGICA

MÉTODO PARA LA CUANTIFICACIÓN  
ABSOLUTA DE PÉPTIDOS MEDIANTE  
ESPECTROMETRÍA DE MASAS EN TÁNDEM



VENTAJAS COMPETITIVAS

- ✓ **Amplitud del mercado:** la tecnología es aplicable en diversos sectores: la agricultura, la química, la farmacia, la biomedicina o la seguridad alimentaria.
- ✓ **Mercado creciente:** la aplicación en Química Clínica es particularmente relevante, ya que el número de proteínas que actúan como biomarcadores de enfermedades crece exponencialmente.
- ✓ **Frente a los métodos actuales:**

- Menores efectos isotópicos.
- Menores límites de detección.
- Mayor exactitud y precisión.
- Menor tiempo de análisis.

PROTECCIÓN

Patente española concedida.

Solicitud PCT en vigor, fase internacional.

TIPO DE COLABORACIÓN

Licencia de los derechos de explotación.

ASPECTOS INNOVADORES

- ✓ Permite obtener directamente la relación de moles entre el péptido a determinar y su análogo enriquecido isotópicamente.
- ✓ Permite la medir de una manera exacta y precisa la distribución isotópica del péptido de abundancia natural, del marcado isotópicamente y del péptido isotópicamente diluido.
- ✓ Aplicable a la determinación de proteínas cuando se hidrolizan (por ejemplo mediante una digestión triptíca).
- ✓ La relación de moles se obtiene a partir de la relación de fracciones molares en lugar de la relación de áreas de pico, proporcionando una mayor exactitud y precisión en comparación con otros métodos.
- ✓ Se evita la realización de un calibrado metodológico, lo que disminuye considerablemente el tiempo de análisis.

RESUMEN

El método cuantifica unidades de péptidos (entendidos como cadenas de aminoácidos con menos de 50 uds.) de forma absoluta, exacta, precisa y directamente trazable al Sistema Internacional de unidades. Puede utilizarse también para la determinación de las proteínas presentes en muestras biológicas mediante la cuantificación de sus péptidos característicos tras una hidrólisis de la proteína.

El método se basa en: i) la adición a la muestra de una cantidad conocida del péptido enriquecido isotópicamente que presente solapamiento espectral con el péptido de abundancia isotópica natural; ii) medida de la distribución isotópica de la mezcla del péptido de abundancia isotópica natural y del enriquecido isotópicamente mediante espectrometría de masas en tándem en modo SRM utilizando una resolución baja en el primer cuadrupolo (valores de FWHM de entre 2 y 20); iii) Cálculo mediante regresión lineal múltiple de las fracciones molares de péptido natural y marcado; y iv) cálculo de la concentración inicial del péptido en la muestra a partir de la cantidad de péptido marcado añadido.

Investigador principal

José Ignacio García Alonso

Departamento

Química Física y Analítica

E.mail de contacto

otri@uniovi.es

Tfnos. de contacto

985 10 27 62  
985 18 23 29