

Literatuur

1. Bartels PCM, Goldschmidt HMJ. Mens, robot en zorg om de patiënt. *Ned Tijdschr Klin Chem* 2000; 25: 185-187.

2. Hoffmann JJML, Hoedemakers RMJ. Verslag van het 2^e STZ symposium klinische chemie. *Ned Tijdschr Klin Chem* 2002; 27: 147-153.

Ned Tijdschr Klin Chem Labgeneesk 2004; 29: 48

Proteomics in de Klinische Chemie

J.M.G. BONFRÈR en M.P. van DIEIJEN-VISSER*

Op 22 mei 2003 werd door de werkgroep proteomics een symposium georganiseerd over proteomics in de klinische chemie. Identificatie en karakterisering van eiwitten en met name het ontdekken van nieuwe markers voor ziekten zijn belangrijke uitdagingen van het proteomicsonderzoek. Proteomics omvat het karakteriseren van eiwitten en hun posttranslationale modificaties. Belangrijke analysetechnieken zijn tweedimensionale elektroforese of andere eiwitscheidings- of zuiveringsmethodieken, gevolgd door massaspectrometrische identificatie van de eiwitten. Recente ontwikkelingen gaan steeds meer in de richting van zeer gevoelige 'high throughput'-opstellingen. Proteomics zal in de toekomst niet alleen binnen het wetenschappelijk onderzoek een belangrijke rol spelen, maar ook binnen de patientenzorg. Vanuit de diagnos-

tiel is er een groeiende belangstelling voor proteomics, getuige enkele recente artikelen, waarin de massaspectrometrische analyse van serumeiwitprofielen veelbelovend lijkt.

De snelle ontwikkelingen binnen dit vakgebied en het te verwachten grote aantal toepassingen binnen de patiëntenzorg, onderstrepen het belang van vroegtijdige participatie van de klinische laboratoria bij de verdere implementatie van proteomics. Tijdens het symposium werd ingegaan op de methodiek van massaspectrometrische identificatie van eiwitten of eiwitprofielen. Vervolgens werden vanuit verschillende invalshoeken toepassingen besproken. Hieronder treft u de samenvattingen van de bijdragen aan. Vanwege de snelle ontwikkelingen op dit terrein heeft de werkgroep besloten jaarlijks een symposium te organiseren. Het volgende symposium zal plaatsvinden op 18 november 2004.

*Namens de werkgroep Proteomics

Ned Tijdschr Klin Chem Labgeneesk 2004; 29: 48-49

Proteomics en het in kaart brengen van alle humane eiwitten

C.G. de KOSTER

Het genoom van de mens is grotendeels opgehelderd. Ongeveer 30.000 humane genen zijn geïdentificeerd. Een grotere uitdaging wordt het in kaart brengen van alle humane eiwitten die tot expressie worden gebracht (1).

Proteomics beoogt de structuur, de functie en de hoeveelheid van alle eiwitten die aanwezig zijn in een cellulaire subfractie, organel, cel, weefsel, orgaan of zelfs het gehele organisme in kaart te brengen. De

complexiteit van het humane proteoom wordt geschat op 80.000-100.000 eiwitten, maar dit aantal zal ongetwijfeld groter zijn. Het aantal humane eiwitten is groter dan het aantal genen, veroorzaakt door 'processing' van mRNA's en posttranslationale modificaties van eiwitten. Een humaan gen is opgebouwd uit exonen die coderen voor een deel van de aminozuurvolgorde van een eiwit en intronen die niet coderen. Tijdens transcriptie worden alle exonen en intronen van een gen vertaald naar één precursor-mRNA-molecuul. Door 'splicing' worden alle intronen verwijderd en vormen de overblijvende exonen een mRNA dat tot eiwit wordt vertaald. Bij alternatieve splicing wordt ook een deel van de exonen verwijderd en kan

Swammerdam Institute for Life Sciences - Mass Spectrometry Group, University of Amsterdam, Amsterdam

E-mail: dekoester@science.uva.nl