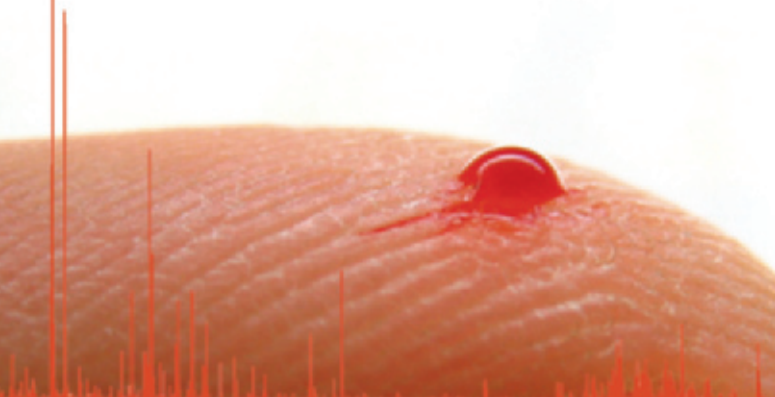


## Ein Blutstropfen – diagnostisch ausgeschöpft

Mit der Massenspektrometrie lassen sich chemische Verbindungen bestimmen. Beim MALDI-Verfahren (*Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization*) werden Proteine zusammen mit der Matrix ko-kristallisiert und durch Laserbestrahlung in kleine Protein-Ionen zerlegt. Diese werden nachfolgend detektiert und analysiert. Ein Nachteil bei dieser Methode sind die eingesetzten Feststoff-Matrices. Denn das Laserlicht erzeugt nicht nur Ionen aus dem zu messen-

Ein Tropfen Blut reicht aus für eine umfassende Analyse durch MAILD-Massenspektrometrie.



den Stoffgemisch, auch aus der Matrix entstehen Ionen mit Massen von weniger als 500 Dalton. Aufgrund dessen lassen sich die vielen kleinen Moleküle, die im Stoffwechselgeschehen von Lebewesen eine Rolle spielen, nicht erfassen. „Die aus herkömmlichen Matrices stammenden Ionen sind wie ein Heuhaufen, in dem wir ein paar wichtige Nadeln finden wollen“, veranschaulicht Aleš Svatoš, Forschungsgruppenleiter am Max-Planck-Institut für chemische Ökologie in Jena, das Problem.

Zusammen mit Kollegen von der Tschechischen Akademie der Wissenschaften hat sein Team die Matrices nun so verändert, dass diese keine störenden Ionen mehr erzeugen. Mit dem neuen *Matrix-Assisted Ionization/Laser Desorption* (MAILD) getauften Verfahren konnten die Forscher in ihren Messproben mehr als 100 verschiedene Moleküle zuverlässig und schnell identifizieren. Sie setzten auch klinische Proben ein: In einem Blutstropfen von weniger als einem millionstel Liter ließen sich eine ganze Reihe blutspezifischer organischer Säuren bestimmen. Solche Messungen werden heute in der praktischen Medizin noch mit umständlichen Methoden durchgeführt. Sollte es gelingen, die Metabolite nicht nur zu bestimmen, sondern auch zu quantifizieren, könnte MAILD in Zukunft zu einer schnellen Messmethode in der Biomedizin avancieren. Aufgrund dieses hohen diagnostischen Potenzials wurde das Verfahren inzwischen patentiert.

## Zuckerketten nach Maß

Kohlenhydrate machen nicht nur satt, sie dienen auch als Grundlage für neue Impfstoffe. Die Stoffe herzustellen und als Impfstoffe zu testen wird nun deutlich leichter – dank eines automatischen Synthesizers, den Wissenschaftler des Max-Planck-Instituts für Kolloid- und Grenzflächenforschung entwickelt haben. Das neue Gerät stellt beliebige Kohlenhydrate aus einzelnen Zuckermole-

külen her. Da Kohlenhydrate auf den Hüllen von Krankheitserregern sitzen, bieten sie dem Immunsystem einen Angriffspunkt und eignen sich als Impfstoffe, um das Immunsystem auf die Mikroben abzurichten. Fast ein Dutzend Impfstoff-Kandidaten – unter anderem gegen den Malaria-Erreger – haben die Forscher bereits identifiziert und mit der neuen Apparatur hergestellt.

„Unsere automatische Synthese-Anlage bietet derzeit die konkurrenzlos schnellste Methode, um komplexe Kohlenhydrate herzustellen“, sagt Peter Seeberger, Direktor am Potsdamer Max-Planck-Institut. „Da es bislang keine effizienten Verfahren dafür gab, hatten Biologen und Mediziner mit Kohlenhydraten ein Problem.“ Oft hätten sie die Arbeit daran sogar aufgeben müssen, weil sie keine Geräte kaufen konnten, um die Stoffe zu produzieren. „Es war entnervend“, klagt Seeberger – und hat Abhilfe geschaffen.

Auf der 237. Tagung der American Chemical Society in Salt Lake City präsentierte der Wissenschaftler seine Synthese-Anlage für Kohlenhydrate und erhielt dafür den Claude S. Hudson-Preis für Kohlenhydratchemie der American Chemical Society. Mit diesem Gerät lassen sich auch komplexe Moleküle aus vernetzten Zuckermolekülen gezielt in wenigen Stunden herstellen. Mit der bislang gebräuchlichen Technik dauerte das Monate oder gar Jahre.



Die richtige Mischung für Kohlenhydrate: Peter Seeberger und seine Mitarbeiter haben einen vollautomatischen Kohlenhydrat-Synthesizer entwickelt und erleichtern damit auch die Suche nach neuen Impfstoffen.