

Mikrobiális másodlagos metabolitok elemzése GC-MS segítségével különböző betegségekben szenvedő személyek székletmintáiból

Analysis of microbial secondary metabolites from fecal samples using GC-MS in diseased persons

JAKAB-KODÁ CZ Stefánia¹, ILKEI Klementina-Imelda^{2,3}, dr. ALBERT Csilla³,
dr. TAKÁTSY Anikó², dr. MARA Gyöngyvér³

¹ Pécsi Tudományegyetem, Természettudományok Kar, Biológiai és Sportbiológiai Doktori Iskola, Ifjúság útja 6. E207, H-7624, Pécs, Magyarország, tel.: +36-72-503-600/24428, 24432

² Pécsi Tudományegyetem, Természettudományok kar, Kémia Doktori Iskola, Ifjúság útja, 6 szám, H-7624, Pécs, Magyarország, www.pte.hu

³ Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem, Csíkszeredai Kar, Biomérnöki Tanszék, Csíkszereda, Szabadság tér 1, tel.: +40266-317121, fax: +40266-372099, e-mail: maragyongyver@uni.sapientia.ro, www.sapientia.ro

ABSTRACT

The gut microbiome is a diverse community of microorganisms living in the digestive tract, whose composition and balance has a significant impact on immune function, metabolism and overall health. Research has shown that imbalances in the gut microbiota are associated with the development of several diseases. The aim of this study was to determine microbial secondary metabolites from stool samples of individuals with diseases such as rheumatoid arthritis (RA) and type 2 diabetes mellitus (T2DM). Stool samples were treated with sodium hydroxide, extracted with methanol and then derivatised with 1-trimethylsilyl imidazole. Analysis of the derivatised samples was performed by gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) using an Agilent Technologies 7890b gas chromatograph and 5977a mass selective detector with HP-5 ms capillary column (Agilent Technologies). Several microbial metabolites such as lactic acid (C3), pentanoic acid (C5) and hexanoic acid (C6) were identified from the stool samples according to the described protocol. Differences in secondary metabolite profile related to the disease were observed, as example cholestanoids and sterols were predominant in RA.

Keywords: GC-MS, gut microbiome, secondary metabolites, rheumatoid arthritis, diabetes (T2DM).

ÖSSZEFOGLALÓ

A bélmikrobiom az emésztőrendszerben élő mikroorganizmusok sokszínű közössége, amelynek összetétele és egyensúlya jelentős hatással van az immunrendszer működésére, az anyagcserére és az általános egészségi állapotra. Kutatások kimutatták, hogy a bélmikrobióta egyensúlyának felborulása összefüggésbe hozható több betegség kialakulásával. A vizsgálat célja, hogy meghatározzuk a mikrobiális másodlagos metabolitokat olyan betegségekben szenvedő egyének székletmintáiból, mint a reumatoid artritisz (RA) és a 2-es típusú cukorbetegség (T2DM). A székletmintákat nátrium-hidroxiddal kezeltük, metanollal extraháltuk, majd 1-trimetilszilil-imidazzal deriváltuk. A derivatizált minták elemzését gázkromatográfia-tömegspektrometriával (GC-MS) végeztük, az Agilent Technologies 7890b gázkromatográfiát és 5977a tömegszelektív detektort használva, HP-5 ms kapillaris oszloppal (Agilent Technologies). A székletmintákból a leírt protokoll alapján sikerült azonosítani számos mikrobiális metabolitot, mint a tejsav (C3), pentánsav (C5) és hexánsav (C6).

Kulcsszavak: GC-MS, bélmikrobiom, másodlagos metabolitok, reumatoid artritisz, cukorbetegség (T2DM).