



Análisis de matrices químicamente complejas con enfoque en metales/metaloideos y espectrometría de masas

Moisés Guerrero Esperanza¹, Katarzyna Wrobel¹, Kazimierz Wrobel¹, Francisco Javier Acevedo Aguilar¹

¹Universidad de Guanajuato. Cerro de la Venada, Col. Pueblito de Rocha, C.P. 36040.

Resumen

Existen varios compuestos orgánicos de Se naturalmente sintetizados por plantas que poseen propiedades anticancerígenas observadas en estudios *in vitro* e *in vivo* en organismos mamíferos. El contenido de Se en plantas varía dependiendo de la capacidad de las especies vegetales de su captación/metabolización sin que sufran efectos tóxicos [1].

En el presente trabajo se llevaron a cabo experimentos que involucran la posible metilación del Se para formar precursores de selenoaminoácidos. Se realizaron mezclas de distintos estándares y se analizaron mediante HPLC-DAD utilizando cromatografía por pares iónicos (columna Zorbax SB-C18 250 x 4.6 mm, 5 µm, TEA 5 mM pH 6.2, ACN 0.5 % como fase móvil, y una longitud de onda de detección de 220 nm).

Las mezclas que se analizaron fueron:

- a) Se(IV) + (Cys)₂; b) Se(IV) + (Cys)₂ + Betaína; c) Se(IV) + (Cys)₂ + Met; d) Se(IV) + (Cys)₂ + Raíces de cebolla (RC); e) Ácido metanoselenínico (AMS) + Cys; f) AMS + Cys + RC.

Para comparar si existió alguna interacción entre los constituyentes de las mezclas, se compararon los cromatogramas de las mezclas después de 20 h, contra los cromatogramas de los estándares. En el caso de la mezcla b) no se observó ninguna señal, lo que indica que no existió alguna reacción entre los compuestos. En el caso de las soluciones

a) y d) se presentó una señal con un tiempo de retención de 2.3 min. En el caso de la mezcla c) se encontraron dos señales correspondientes a los tiempos de retención 2.33 min y 2.53 min. En las mezclas e) y f) se observa la aparición de señales en los tiempos de retención 2.33, 2.68 y 6.05 min.

Las especies desconocidas que no fueron asignadas a un estándar en particular serán analizadas mediante HPLC-ESI-Q-TOF-MS/MS, con base en su masa exacta, patrón isotópico y patrón de fragmentación, para poderlas identificar y cuantificar.

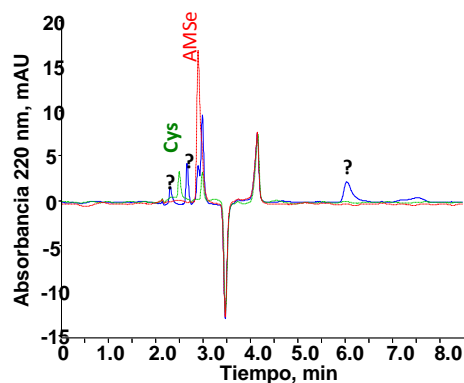


Figura 1. Mezcla “e)” (AMS + Cys), superpuesta con las señales de AMS y Cys

Referencias.

- [1] C. Ip, D.J. Lisk, Characterization of tissue selenium profiles and anticarcinogenic responses in rats fed natural sources of selenium-rich products, *Carcinogenesis* 15 (1994) 573-576.