

Новая платформа масс-спектрометрии сокращает поиск лекарств от рака с нескольких недель до четырех часов



Дата публикации: 21.06.2026

Разработка новых лекарств от рака традиционно считается одним из самых длительных и дорогостоящих процессов в современной медицине. На ранних этапах ученым приходится проверять тысячи и даже миллионы химических соединений, чтобы найти среди них молекулы, способные воздействовать на конкретные механизмы развития опухолей. Этот путь обычно занимает годы, а многие перспективные проекты останавливаются еще до начала клинических испытаний.

Исследователи из Института исследований рака Университета Пердью представили технологическую платформу нового поколения, которая способна радикально изменить этот процесс. Новая система объединяет химический синтез, биологический анализ и масс-спектрометрию в единую автоматизированную среду, позволяя проводить полный цикл поиска кандидатов в лекарственные препараты за считанные часы вместо недель.

Главная особенность технологии заключается в том, что она устраняет один из ключевых недостатков современной фармацевтической науки — разрыв между различными этапами разработки. Обычно химики создают новые соединения, затем образцы передаются биологам для тестирования, после чего результаты проходят длительный анализ. Каждый такой цикл требует времени, ресурсов и участия разных исследовательских групп. В результате процесс поиска перспективных молекул существенно замедляется.

Новая система использует метод масс-спектрометрии с десорбционной электроспрейной ионизацией, известный как DESI-MS. Эта технология позволяет анализировать химические соединения практически мгновенно, используя минимальные объемы образцов. Благодаря высокой степени автоматизации ученые могут одновременно синтезировать новые вещества, проверять их взаимодействие с биологическими мишенями и сразу получать результаты анализа.

Современные исследования в области геномики, вычислительной биологии и искусственного интеллекта регулярно выявляют новые молекулярные механизмы развития рака. Однако многие такие мишени остаются недоступными для терапии, поскольку поиск подходящих лекарственных соединений требует огромного количества времени. Автоматизированная платформа способна быстро проверять десятки тысяч вариантов и значительно ускорять переход от фундаментального открытия к созданию потенциального препарата.

Особенно важным достижением стала возможность выполнения полного исследовательского цикла в рамках одной системы. В ходе испытаний ученые смогли завершить процесс разработки и оценки новых соединений примерно за четыре часа. Для сравнения, аналогичная работа при использовании традиционных методов может занимать несколько дней или даже недель.

Технология уже продемонстрировала свою эффективность в реальных исследованиях. В одном из проектов, посвященных изучению фермента, связанного с развитием онкологических заболеваний, система позволила быстро установить, что ранее изучаемое соединение не взаимодействует с мишенью так, как предполагалось. Это помогло исследователям оперативно изменить направление работы и сосредоточиться на более перспективных вариантах, избежав дальнейшей потери времени и ресурсов.

Разработчики отмечают, что проблема скорости остается одной из главных трудностей мировой фармацевтической отрасли. Несмотря на колоссальный прогресс в биологии и вычислительных технологиях, многие химические процессы по-прежнему требуют значительного участия человека и длительных

лабораторных процедур. Новая платформа автоматизирует сразу несколько этапов разработки, включая синтез соединений, анализ продуктов реакций и проведение биологических тестов.

Перспективы применения технологии выходят далеко за рамки поиска новых противораковых препаратов. Методы современной масс-спектрометрии активно используются в диагностике различных заболеваний, включая онкологические. В последние годы ученые изучают возможность применения подобных систем непосредственно во время хирургических операций для определения границ опухолей и оценки состояния тканей в режиме реального времени.

Отдельный интерес вызывает взаимодействие новой платформы с технологиями искусственного интеллекта. Сегодня алгоритмы машинного обучения способны предлагать огромное количество потенциальных молекул-кандидатов для создания лекарств. Однако эффективность таких моделей напрямую зависит от качества экспериментальных данных. Автоматизированная система позволяет быстро генерировать большие массивы точной информации, создавая основу для более эффективной работы ИИ.

Специалисты считают, что именно сочетание высокопроизводительной автоматизации, масс-спектрометрии и искусственного интеллекта может стать одним из ключевых направлений развития фармацевтики в ближайшие годы. Вместо длительных последовательных этапов исследователи получают возможность организовать непрерывный цикл «прогнозирование — синтез — тестирование — анализ — оптимизация», многократно ускоряя процесс поиска новых лекарств.

Разработка стала результатом более чем десяти лет исследований и совместной работы химиков, биологов, инженеров и специалистов по аналитическим технологиям. Авторы проекта уже получили ряд патентов и рассчитывают, что в будущем технология будет использоваться не только в академических лабораториях, но и в фармацевтической промышленности.

Если дальнейшие испытания подтвердят эффективность платформы в широком масштабе, она сможет существенно сократить сроки появления новых методов лечения рака и других тяжелых заболеваний. Для пациентов это означает более быстрое внедрение современных лекарств, а для науки — возможность значительно ускорить путь от лабораторного открытия до реальной медицинской практики.

Ссылка: «Разработка лекарственных препаратов на ранних стадиях с использованием высокопроизводительной масс-спектрометрической

платформы нового поколения» DOI: [10.1073/pnas.253655212](https://doi.org/10.1073/pnas.253655212).