

Быстрое протеомное профилирование на основе хроматомасс-спектрометрии для биологии и медицины

Тарасова И.А.

ИНЭПХФ им. В.Л. Тальрозе ФИЦ ХФ РАН

Профилирование протеомов хроматомасс-спектрометрическими методами широко используется для мониторинга физиологического состояния клеток и организмов. Живая система отвечает на изменения окружающей среды и биотический стимул, т.е. изменяет свой фенотип, что отражается на экспрессии генов и белков. Сканирование протеомных изменений дает возможность оценить активность биохимических процессов благодаря количественному измерению тысяч белков в одном эксперименте.

Недавно был предложен новый метод, DirectMS1, использующий короткое хроматографическое разделение с масс-спектрометрическим детектированием пептидов без фрагментации, а также разработан биоинформатический конвейер для интерпретации данных и идентификации белков. Такой метод дает возможность анализировать до 200 образцов в сутки, что в десять раз быстрее классических методов. Метод позволяет идентифицировать от 1000 до 3000 белков, в пробах различного происхождения. Показано, что метод DirectMS1 сканирует количественные изменения в клеточных протеомах с эффективностью, сравнимой с количественным анализом без использования изотопных меток и на основе изобарного мечения (Tandem mass tags).

Возможность количественного профилирования протеомов в 5-минутном эксперименте привлекает огромное внимание, так как затраты на эксперимент снижаются пропорционально времени эксперимента. В настоящее время метод DirectMS1 активно тестируется с новыми типами образцов и для биомедицинских приложений. В докладе будет сделан обзор результатов применения метода DirectMS1 для протеомного анализа растительных тканей, бактерий и микробиомов, злокачественных клеток и других объектов.