

**De novo идентификация и анализ пептидов сыворотки крови человека, не являющихся продуктами известных генов человека**

**Осетрова Мария Станиславовна**

*Студент (магистр)*

Московский физико-технический институт, Москва, Россия

*E-mail: m.osetrinka@gmail.com*

По современным оценкам, в человеческом организме лишь около 10% клеток являются собственно человеческими - оставшуюся часть составляют клетки симбиотических микроорганизмов, населяющих кишечник, слизистые оболочки и кожу человека. Это позволяет говорить о так называемом «*суперорганизме*», представляющем совокупность множества различных видов, лишь один из которых - человек [3, 6]. Поскольку кровь представляет соединительную ткань организма, которая контактирует с большинством органов и тканей, теоретически она содержит в своем составе белки, отражающие состояние организма в целом [1]. Комплексный подход к анализу протеома и пептидома сыворотки крови позволяет выявить функциональные зависимости для представленности тех или иных групп белков и пептидов в различных состояниях организма [4, 5, 7].

В ходе экспериментов пептиды из образцов сыворотки крови получали по отработанной методике, включающей в себя следующие этапы: разрушение белково-пептидных комплексов при инкубации в 5,6М растворе гуанидин гидрохлорида, ультрафильтрацию с использованием картриджей Vivaspin с порогом пропускания в 10 кДа и твердофазную экстракцию на обращенно-фазовом сорбенте Discovery DSC-18. Полученные элюаты анализировали на масс-спектрометрах Sciex TripleTOF 5600+. De novo идентификацию по полученным масс-спектрам проводили при помощи программного обеспечения PEAKS 7.5 [2].

Филогенетический анализ и кластеризация полученных *de novo* идентификаций позволили выявить пептиды сыворотки крови, относящиеся к симбиотическим микроорганизмам. Полученные результаты также подтверждаются сравнением спектров идентифицированных бактериальных пептидов с масс-спектрами их синтетических аналогов.

### **Источники и литература**

- 1) Anderson NL, Anderson NG. The human plasma proteome: history, character, and diagnostic prospects// Mol. Cell. Proteomics 2002 №1, p. 845-867.
- 2) Ma B. et al. PEAKS: powerful software for peptide de novo sequencing by tandem mass spectrometry// Rapid Commun. Mass Spectrom. 2003 №17, p. 2337-2342.
- 3) Manimozhayan Arumugam et al. Enterotypes of the human gut microbiome. Nature 2011 № 473 p. 174-180
- 4) Rodland KD. Proteomics and cancer diagnosis: the potential of mass spectrometry// Clin. Biochem 2004 №37, p. 579-583.
- 5) Schulz-Knappe P. et al. The peptidomics concept// Comb. Chem. & High Throughput Screen. 2005 №8, p. 697-704.
- 6) Tyakht, A.V. et al. Human gut microbiota community structures in urban and rural populations in Russia// Nat. Commun. 2013 №4, article number: 2469
- 7) Villanueva J. et al. Differential exoprotease activities confer tumor-specific serum peptidome patterns// J. Clin. Invest. 2006 №116, p. 271-284.

### **Слова благодарности**

Выражаю благодарность за помощь в подготовке данной работы Ивановой О.М., Говоруну В.М.