

Сравнительный анализ белкового состава конденсата выдыхаемого воздуха пациентов с диагнозом рак легкого с уровнем экспрессии генов и белковым составом ткани, пораженной опухолевым процессом

Аксенова М.А., Широковских Т.С., Митрофанов С.И.

Студенты (специалисты)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова

факультета биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: tasse@bk.ru

Рак легкого является наиболее часто встречающейся злокачественной опухолью, он также характеризуется очень высокой смертностью среди онкологических заболеваний [3]. В отличие от многих других видов рака, для него еще не разработаны эффективные скрининговые программы [1]. Анализ пептидного и белкового состава проб конденсата выдыхаемого воздуха (КВВ) – наиболее перспективный на данный момент метод ранней диагностики рака легкого. Процедура сбора проб КВВ отличается неинвазивностью, легкостью проведения и возможностью многократного воспроизведения без выявления каких-либо побочных эффектов.

Особенностями метода являются низкая концентрация белков в пробе и их фрагментированность [2]. Это приводит к трудностям при работе с программой Mascot, необходимой для обработки результатов масс-спектрометрии, и значительно осложняет определение точного белкового состава КВВ, вследствие чего возникает необходимость в дополнительной проверке альтернативными методами.

Целью нашего исследования является выявление сходства пептидного и белкового состава КВВ с белками опухолевой ткани легкого и экспрессией генов в ней.

Анализ проб КВВ проводился с использованием тандемной масс-спектрометрии. Полученные спектры обрабатывались при помощи биоинформатических методов. Данные об экспрессии генов и белковом составе пораженной ткани были получены при анализе баз данных.

Результаты:

- выбраны оптимальные источники информации для сравнения – базы данных, содержащие информацию о белках (dbDEPC 2.0) и экспрессии генов (GEO DataSets);
- автоматизированы процессы поиска генов с повышенной экспрессией среди найденных в опухолевой ткани легкого, и последовательностей кодируемых ими белков;
- найдено 133 гена в опухолевой ткани с повышенной экспрессией (порогом являлось превышение экспрессии генов в опухолевой ткани более чем в 2,5 раза по отношению к здоровой);
- произведено сравнение последовательностей этих белков и белков КВВ;
- при сравнении списка из 122 белков КВВ пациентов со списком из 102 белков ткани легкого, полученным при анализе базы данных, определены три общих белка (2,5% белков из КВВ).

В тканях значительно больше белков, чем в КВВ, поэтому анализу подвергается только малая часть тканевых белков, следовательно, вероятность обнаружить белки из тканей в КВВ очень мала. Полученные результаты подтверждают, что некоторые белки попадают в КВВ непосредственно из опухоли.

Список литературы:

[1] Brothers et al.: Bridging the clinical gaps: genetic, epigenetic and transcriptomic biomarkers for the early detection of lung cancer in the post-National Lung Screening Trial era. // BMC Med. 2013. Vol. 11, No. 1, p. 168.

[2] Kurova et al.: Mass spectrometric monitoring of exhaled breath condensate proteome of a patient after lung transplantation. // Russian Chemical Bulletin, International Edition. January, 2010. Vol. 59, No. 1, pp. 292-296.

[3] Stewart, Wild: World Cancer Report 2014. // International Agency for Research on Cancer. Lyon, 2014.