

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

Аксенова Марина Александровна<sup>1</sup>, Широковских Татьяна Сергеевна<sup>2</sup>

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет 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. В отличие от многих других видов рака, для него еще не разработаны эффективные скрининговые программы. Анализ пептидного и белкового состава проб конденсата выдыхаемого воздуха (КВВ) - перспективный метод ранней диагностики рака легкого. Процедура сбора проб КВВ отличается неинвазивностью, легкостью проведения и возможностью многократного воспроизведения без выявления каких-либо побочных эффектов.

Целью нашего исследования было выявить сходства белкового состава КВВ с белками опухолевой ткани легкого на основании данных об экспрессии генов в ней и данных анализа опухолевой ткани легкого методами 2D-электрофореза и ИФА.

Образцы КВВ были собраны у 103 человек, из них 43 пациента с диагностированным раком легкого, находящихся в отделении торакальной хирургии МНИОИ им. П.А. Герцена, 28 здоровых некурящих донора, 17 больных хронической обструктивной болезнью легких и 15 - внебольничной пневмонией, находящихся на лечении в пульмонологическом отделении ГКБ № 57 г.Москвы. Анализ проб КВВ проводился с использованием ВЭЖХ-МС/МС. Полученные спектры обрабатывались биоинформатическими методами с использованием программы Mascot (Matrix Science, version 2.0.04). Данные об экспрессии генов и белковом составе пораженной ткани были получены при анализе баз данных.

На основании анализа литературы базы данных dbDEPC 2.0 и GEO DataSets были признаны оптимальными для использования. Был произведен первичный анализ белкового состава опухолевой ткани легкого. Автоматизирован процесс поиска генов с повышенной экспрессией среди генов, найденных в опухолевой ткани легкого. Автоматизирован процесс поиска последовательностей белков, кодируемых этими генами, найдено 122 гена с повышенной экспрессией в опухолевой ткани. Произведено сравнение последовательностей белков, кодируемых генами с повышенной экспрессией, и белков, найденных в КВВ пациентов с диагностированным раком легкого, показано, что 30 опухолевых белков из 122 присутствует в пробе КВВ, причем некоторые из совпадающих белков ассоциированы с раком легкого по данным статей из базы данных PubMed.

**Слова благодарности**

Авторы благодарят Филимонова И.С., Федорченко К.Ю., Митрофанова С.И., Котлова Н.Ю., Пономареву О.А. за неоценимую помощь в работе.