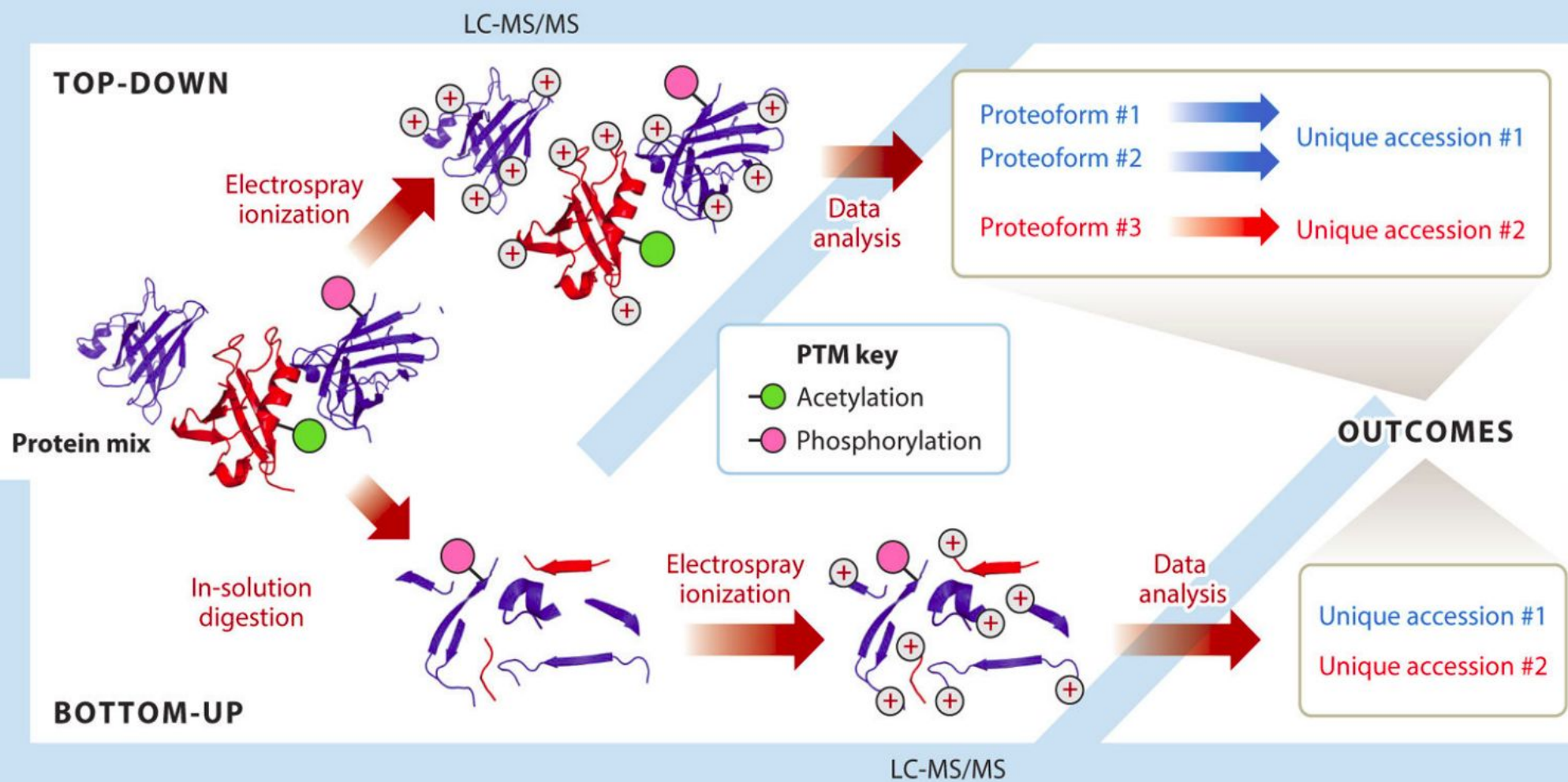


**Занятие №13. Обработка  
протеомных данных (масс-  
спектрометрия)**

## Подходы к анализу в протеомной масс-спектрометрии

- I. “Восходящий” анализ – Bottom-up
  - гидролиз белка/белков, масс-спектрометрия малых пептидных фрагментов
- II. “Нисходящий” анализ – Top-down
  - анализ без гидролиза (интактные протеины)
- III. Middle-down
  - гидролизат состоит из более крупных пептидов

# Два главных подхода к протеомному анализу



## Top-down: изучение интактных белков

- 1). Позволяет изучать индивидуальные протеины.
- 2). Является низкопроизводительным подходом.
- Исключение: изучение белкового спектра для идентификации бактериальных культур. Данная методика предусматривает высокопроизводительное сравнительное исследование целых протеомов (однако, имеет ограниченную информативность о природе белков).

## Bottom-up

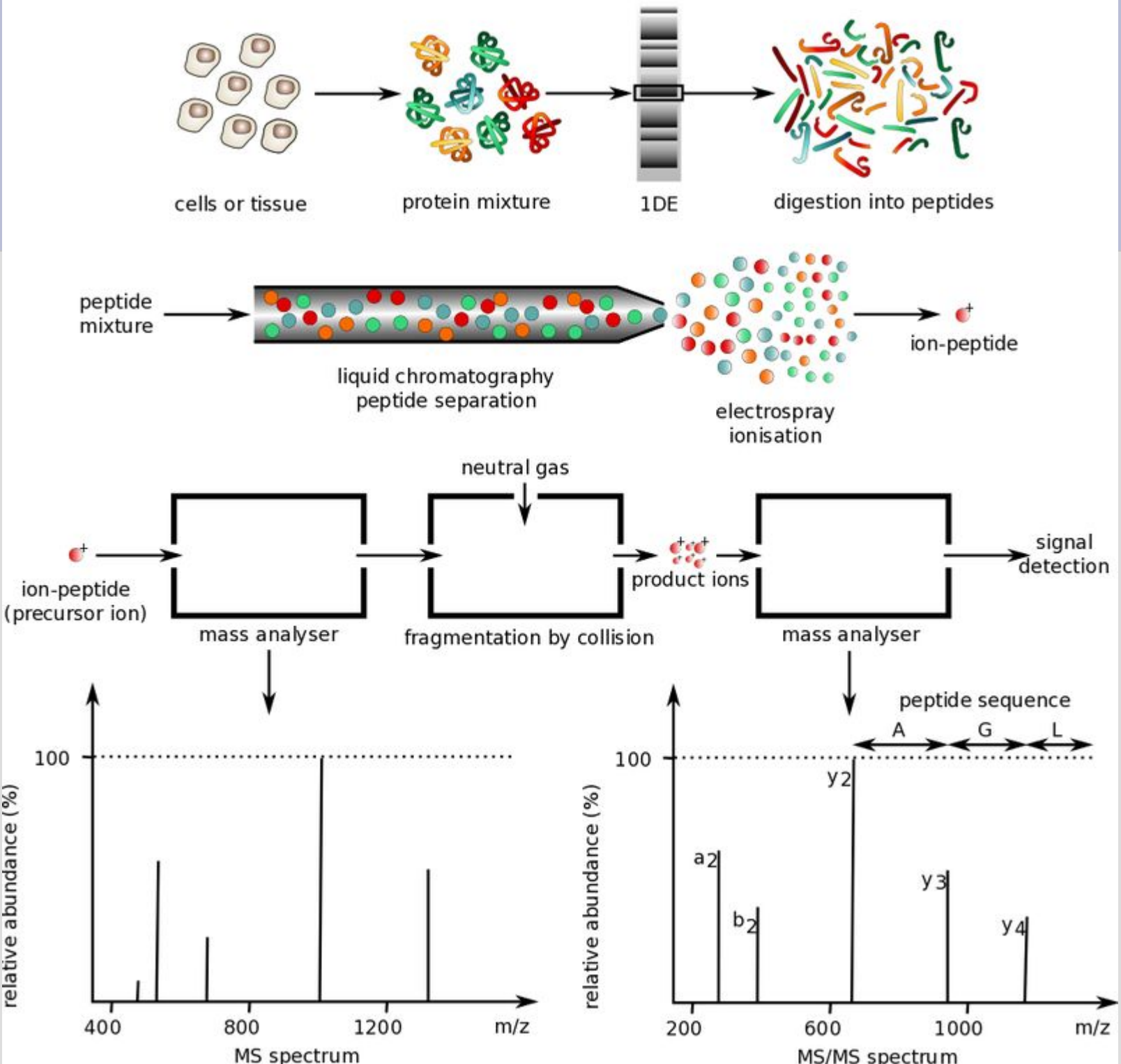
- Данный подход преобладает в протеомных исследованиях.
- Существует в двух вариантах:
  1. Выделение одного/нескольких белков (PAGE), их гидролиз → масс-спектрометрия.
  2. Гидролиз сложной смеси белков → хроматомасс-спектрометрия.
- Второй вариант известен также как протеомное исследование по методу дробовика – shotgun proteomics.

## Типы протеомного исследования

1. Определение наличия в образце белков с известной последовательностью (“ресеквенирование” белков).
2. Определение последовательности белков de novo.

## Определение белков de novo

- Применяется на основе bottom-up подхода (анализ пептидных спектров). В данном случае требуется (особенно для сложных смесей белков) использование тандемного хроматомасс-спектрометра (LC-MS/MS). MS/MS обеспечивает большую разрешающую способность за счёт образования большего числа ионов.





## Основа анализа масс-спектров – определение типов образующихся ионов

В подавляющем большинстве методов МС в результате ионизации образуются положительно заряженные ионы (протонирование,  $[M+H]^+$ ). При этом из одной изначальной молекулы (или иона в случае второго этапа MS/MS) может образовываться несколько типов ионов:

- 1). Протонированная исходная молекула – простое присоединение иона  $H^+$ .
- 2). Множество ионизированных кусочков исходной молекулы – в результате миграции иона  $H^+$  по молекуле и его “оседания” около какой-либо связи происходит разрыв по этой связи.

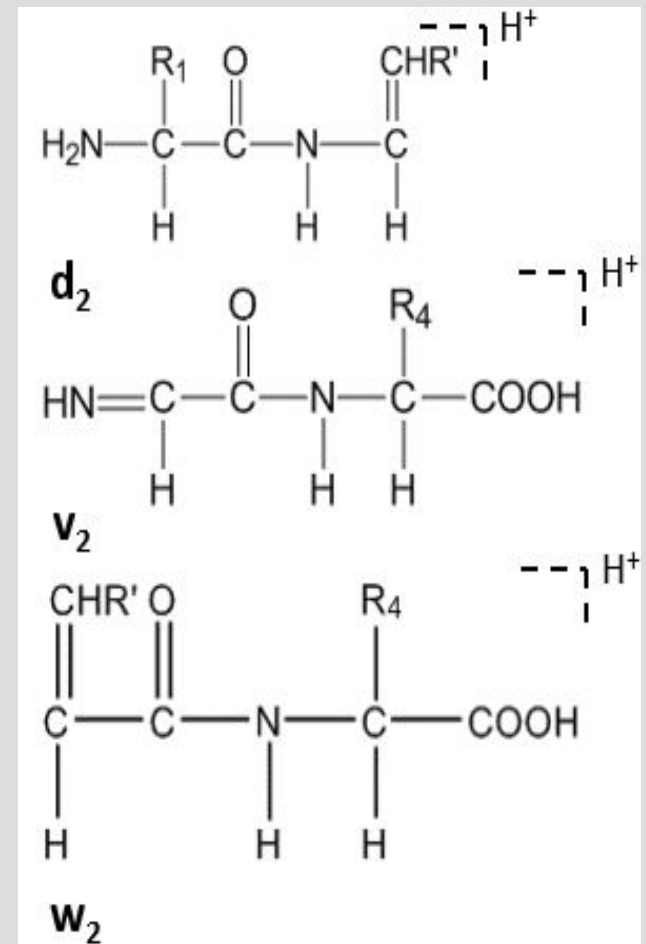
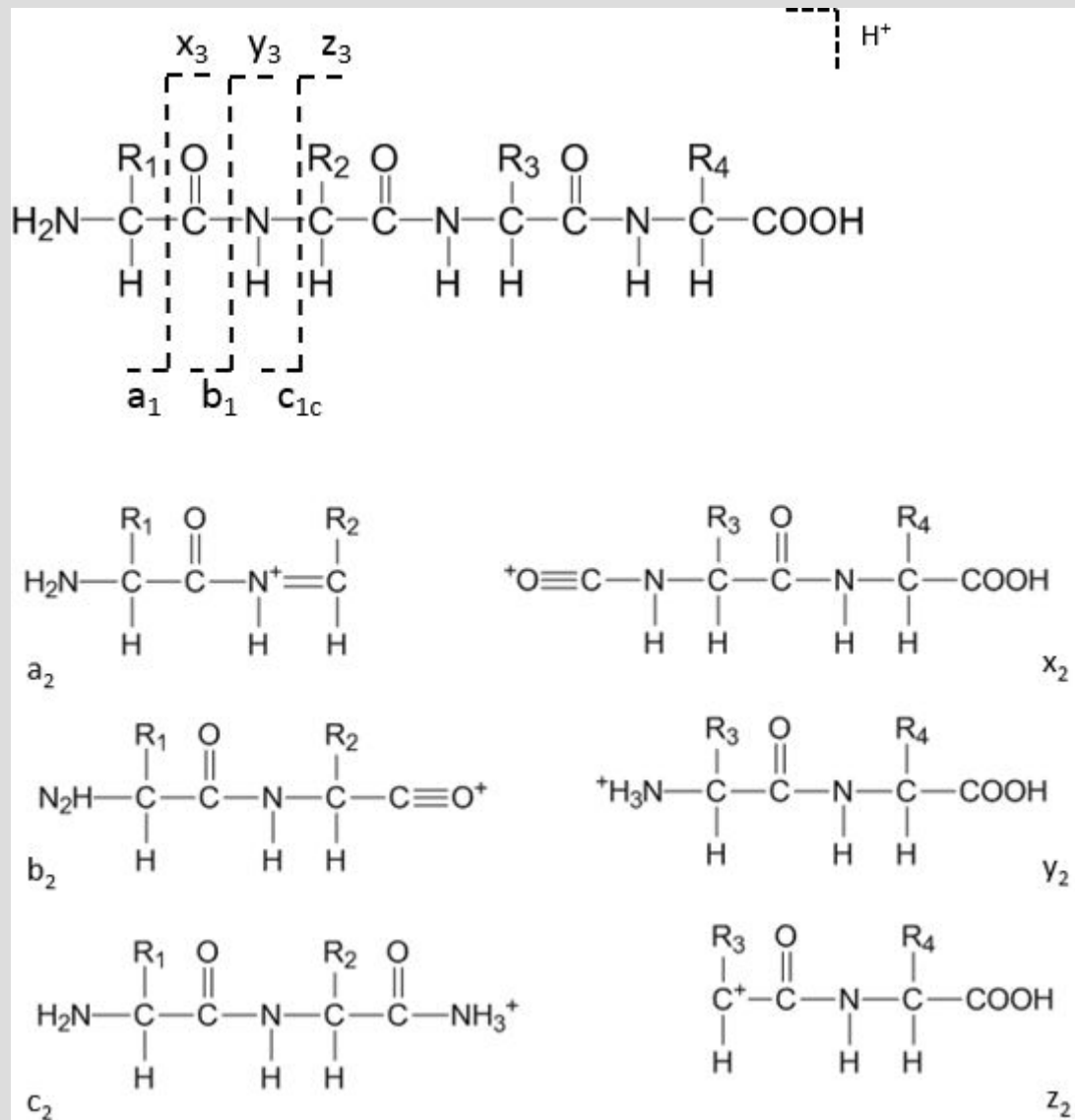
## Главные типы ионов, образующихся в протеомной МС

- Существует три вида связей в пептидах, по которым происходит ионная фрагментация:
  - а). Алкил-карбонильная:  $\text{HC(R)} - \text{CO}$  (ионы типа a или x)
  - б). Пептидная:  $\text{C(O)} - \text{NH}$  (ионы типа b или y)
  - в). Амино-алкильная:  $\text{HN} - \text{CHR}$  (ионы типа c или z)
- 6 типов ионов возникают из-за того, что заряженным может быть фрагмент как слева от связи (ближе к N-концу; типы a, b, c), так и справа (ближе к C-концу; типы x, y, z). В качестве нижнего индекса к типу иона приписывают количество аминокислотных остатков, его образующих (напр.,  $y_2$ ,  $b_1$ ).
- Наиболее распространёнными являются ионы типов b и y (комплементарные ионы). Часто встречаются a-ионы, образующиеся из b-ионов в результате потери карбонильной группы (CO).

## Дополнительные пептидные ионы

- При более жёсткой ионизации наряду с главными ионами происходит образование сателлитных ионов (d-, v-, и w-типы).
- В этих ионах по сравнению с главными ионами происходит дополнительное присоединение  $H^+$  к аминокислотному радикалу.

# Главные и сателлитные пептидные ионы



## Связь между массой главного иона и массами аминокислотных остатков иона

- Масса образующихся главных ионов определяется суммой масс аминокислот, входящих в их состав с учётом особенностей образования (с N- или C-конца; первичный или вторичный ион):
  - $m(b) = \sum m(aa) + 1$  ; 1 – масса протона
  - $m(y) = \sum m(aa) + 19$  ; 19 – масса протона+молекула воды
  - $m(a) = m(b) - 28$  ; 28 – масса карбонила (CO)

## Массы аминокислотных остатков, главных и соответствующих главных ( $\alpha_1$ -ионы; immonium ion) и сателлитных ионов (related ions)

Name	3-letter code	1-letter code	Residue Mass	Immonium ion	Related ions	Composition
Alanine	Ala	A	71.03711	44		$C_3H_5NO$
Arginine	Arg	R	156.10111	129	59,70,73,87,100,112	$C_6H_{12}N_4O$
Asparagine	Asn	N	114.04293	87	70	$C_4H_6N_2O_2$
Aspartic Acid	Asp	D	115.02694	88	70	$C_4H_5NO_3$
Cysteine	Cys	C	103.00919	76		$C_3H_5NOS$
Glutamic Acid	Glu	E	129.04259	102		$C_5H_7NO_3$
Glutamine	Gln	Q	128.05858	101	56,84,129	$C_5H_8N_2O_2$
Glycine	Gly	G	57.02146	30		$C_2H_3NO$
Histidine	His	H	137.05891	110	82,121,123,138,166	$C_6H_7N_3O$
Isoleucine	Ile	I	113.08406	86	44,72	$C_6H_{11}NO$
Leucine	Leu	L	113.08406	86	44,72	$C_6H_{11}NO$
Lysine	Lys	K	128.09496	101	70,84,112,129	$C_6H_{12}N_2O$
Methionine	Met	M	131.04049	104	61	$C_5H_9NOS$
Phenylalanine	Phe	F	147.06841	120	91	$C_9H_9NO$
Proline	Pro	P	97.05276	70		$C_5H_7NO$
Serine	Ser	S	87.03203	60		$C_3H_5NO_2$
Threonine	Thr	T	101.04768	74		$C_4H_7NO_2$
Tryptophan	Trp	W	186.07931	159	11,117,130,132,170,100	$C_{11}H_{10}N_2O$
Tyrosine	Tyr	Y	163.06333	136	91,107	$C_9H_9NO_2$
Valine	Val	V	99.06841	72	44,55,69	$C_5H_9NO$



## Массы b2-ионов

	G	A	S	P	V	T	C	I/L	N	D	K/Q	E	M	H	F	R	Y	W
G	115																	
A	129	143																
S	145	159	175															
P	155	169	185	195														
V	157	171	187	197	199													
T	159	173	189	199	201	203												
C	161	175	191	201	203	205	207											
I/L	171	185	201	211	213	215	217	227										
N	172	186	202	212	214	216	218	228	229									
D	173	187	203	213	215	217	219	229	230	231								
K/Q	186	200	216	226	228	230	232	242	243	244	257							
E	187	201	217	227	229	231	233	243	244	245	258	259						
M	189	203	219	229	231	233	235	245	246	247	260	261	263					
H	195	209	225	235	237	239	241	251	252	253	266	267	269	275				
F <sup>b</sup>	205	219	235	245	247	249	251	261	262	263	276	277	279	285	295			
R	214	228	244	254	256	258	260	270	271	272	285	286	288	294	304	313		
Y	221	235	251	261	263	265	267	277	278	279	292	293	295	301	311	320	327	
W	244	258	274	284	286	288	290	300	301	302	315	316	318	324	334	343	350	373

GG=N=114; GA=K/Q=128; GV=R=156; GE=AD=SV=W=186.

## “Правила” ионизации пептидов

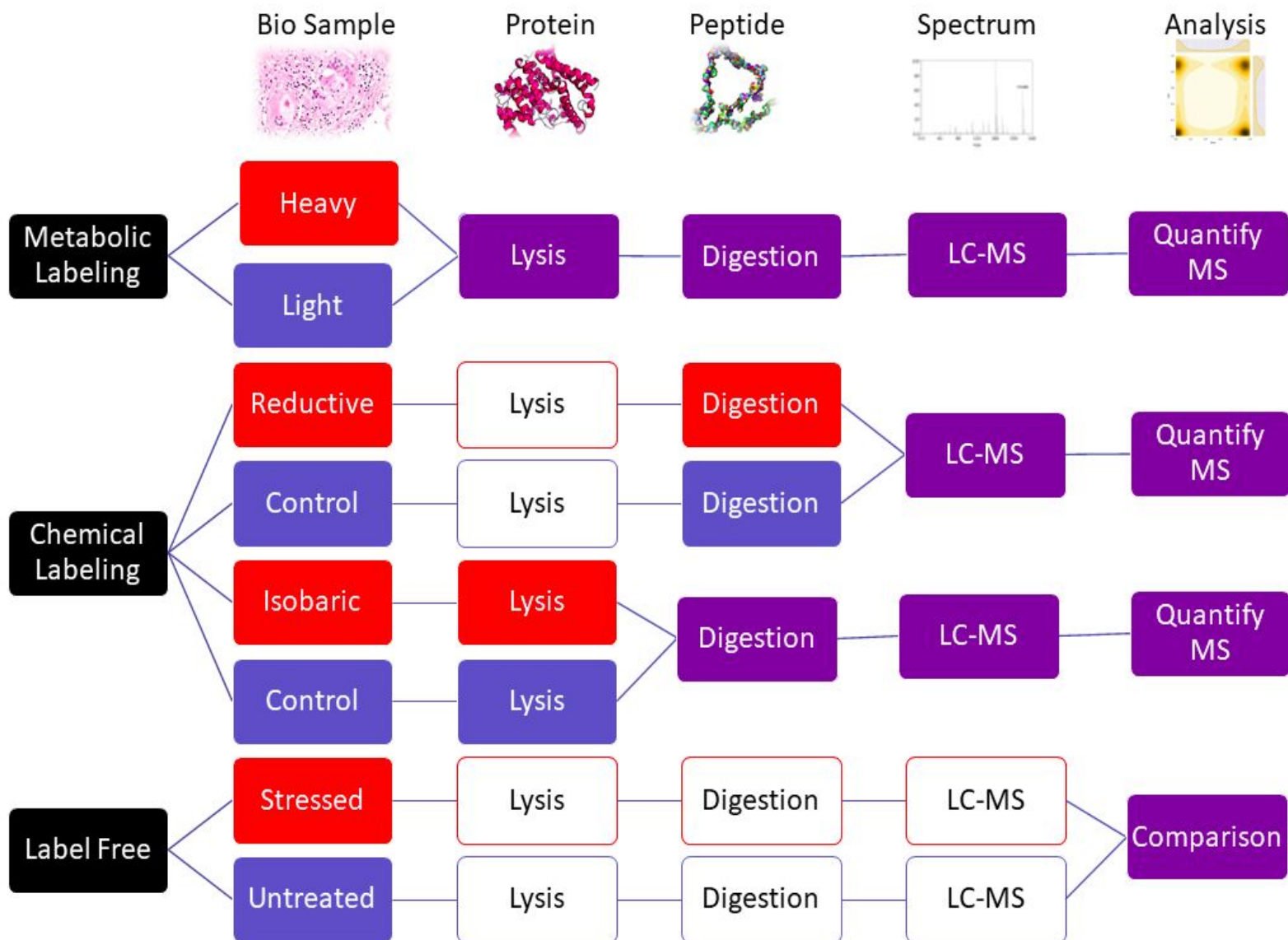
- 1). Подавляющее большинство ионов приходится на b-, y- и a-ионы. a-Ионы образуются из b-ионов в результате отщепления CO.
- 2). Аминокислоты, содержащие гидроксильную группу в радикале (Ser, Thr, Asp, Glu), при ионизации теряют её в виде воды (-18).
- 3). Аминокислоты, содержащие аминогруппу в радикале (Lys, Arg, Asn, Gln), при ионизации теряют её в виде аммиака (-17).
- 4). Наличие на C-конце основной аминокислоты (Arg, His, Lys) приводит к образованию вместо иона  $b_n$  иона  $(b_{n-1} + 18)$ .
- 5). Комплементарные ионы ( $b_n$  и  $y_{N-n}$ ), образующиеся из одного пептида, в сумме дают одно и то же значение массы пептида из N аминокислот (точнее, массу пептида + 2 из-за двух ионов водорода).



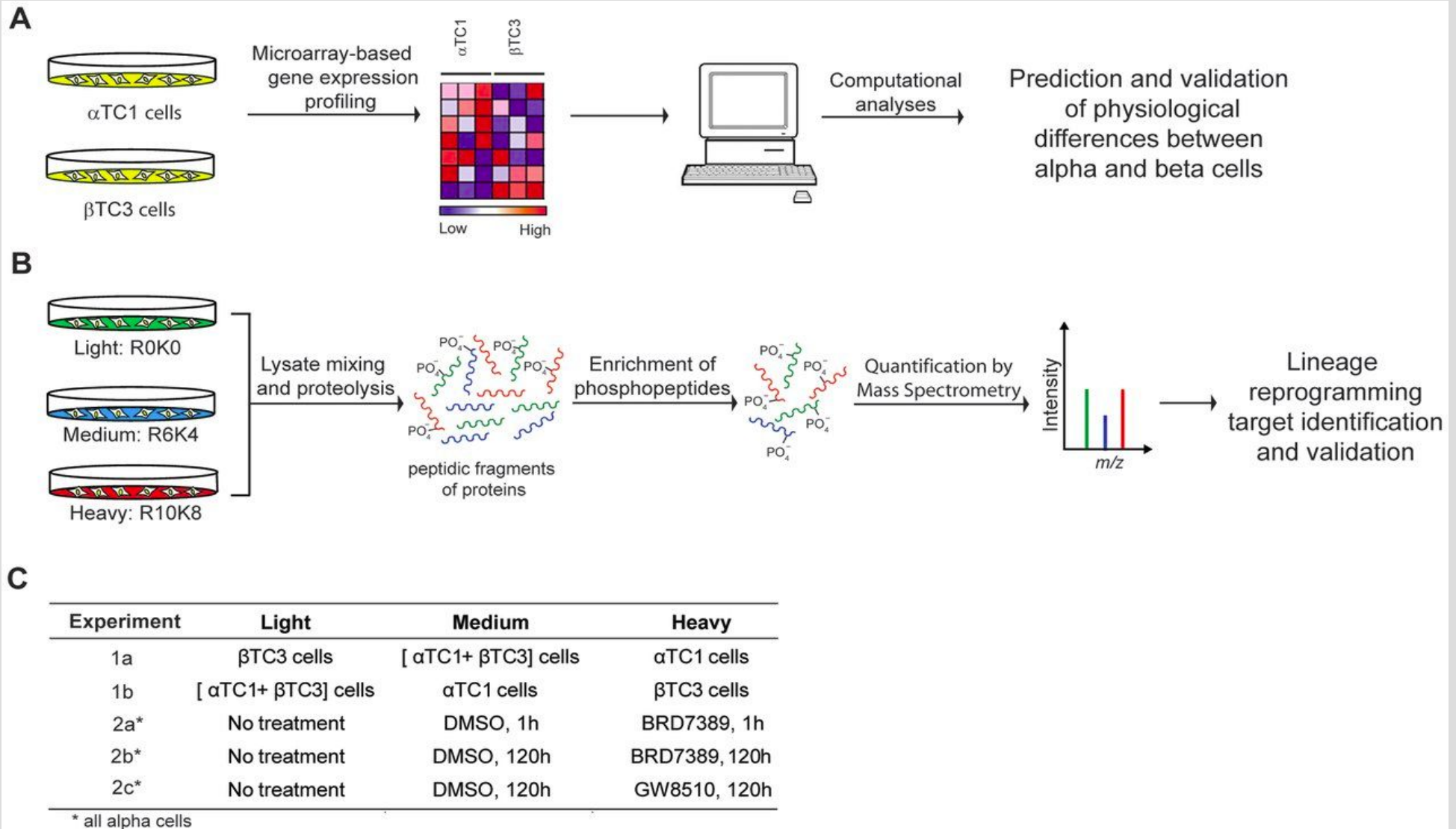
## Количественный протеомный анализ

- Позволяет оценивать относительные количества одинаковых белков их разных источников в результате анализа смешанного образца.
- Выделяют несколько методов:
  - I. С введением метки – исследуемые белки метят молекулами, содержащими разное количество стабильных изотопов  $^{13}\text{C}$  и  $^{15}\text{N}$ .
    - 1). Метаболическая метка
    - 2). Химическая метка
  - II. Без введения метки – анализ хроматограмм или пиков специфических пептидных ионов, отвечающих отдельным протеинам.

# Виды количественного протеомного МС-анализа



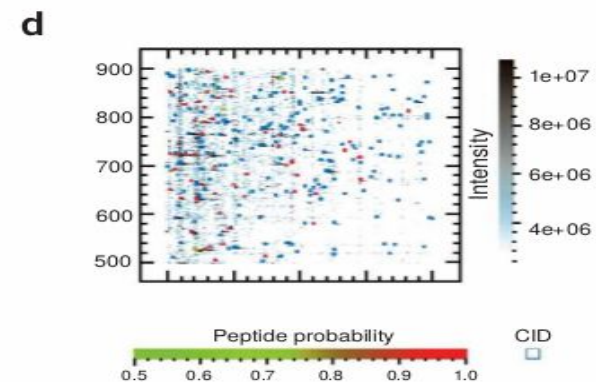
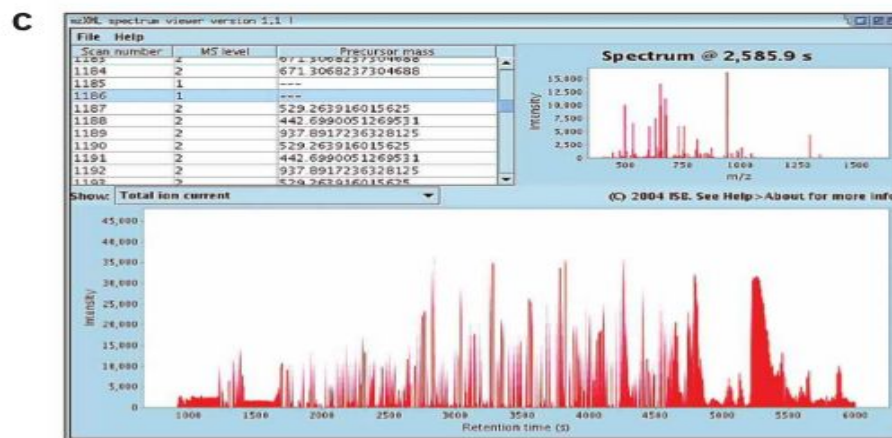
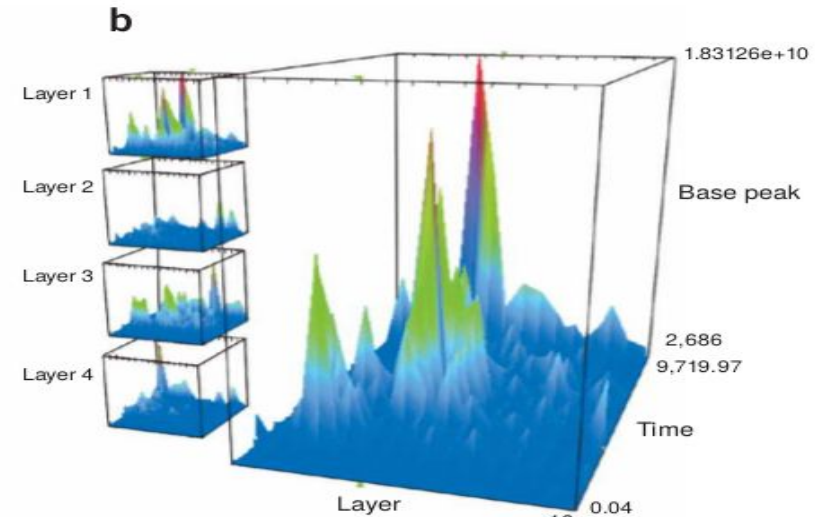
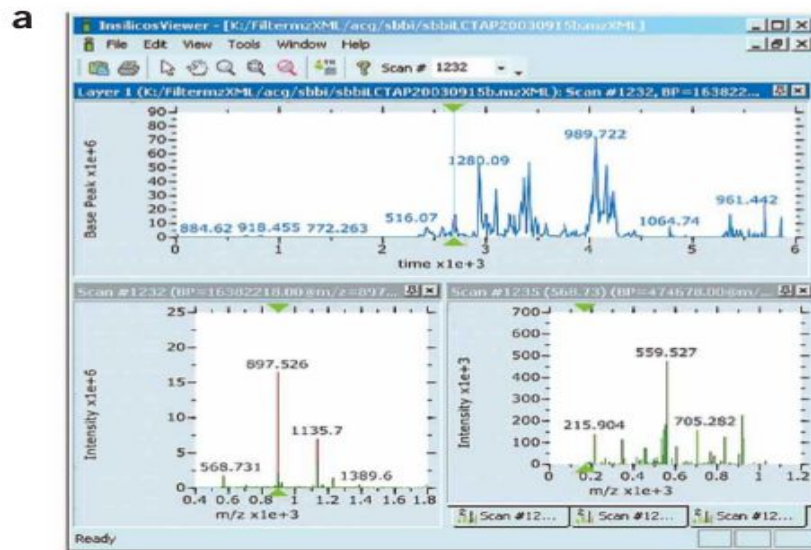
# Схема метаболического мечения белков – культивирование клеток на средах с разным содержанием “лёгких” и “тяжёлых” аминокислот – метод SILAC



## Форматы представления MS-данных

- 1. “Родные” форматы приборов
- TDF (Bruker), t2d (ABI), lcd (Shimadzu), tdc (Physical Electronics) и мн. др.
- 2. Универсальные форматы
- mzXML, mzXL

# Примеры представления данных из mzXML файлов в разных программах (a,b – InsilicosViewer; c – mzXML Spectrum Viewer; d - Pep3D)



a,c – масс-спектры и хроматограммы; b – масс-спектры четырёх экспериментов; d – оценка результатов исследования после поиска в пептидной базе данных

## Анализ результатов МС-эксперимента

- 1. Поиск по базам данных масс-спектров пептидных фрагментов записей, отвечающих (с учётом посттрансляционных модификаций) с полученными данными (напр., SEQUEST).
- 2. Расчёт вероятности правильного определения пептидов (напр., PeptideProphet).
- 3. Поиск по базам данных масс-спектров триптических гидролизатов белков соответствий с выявленными пептидами и оценка вероятности правильного определения белков (напр., ProteinProphet).
- 4. [Для количественных исследований] Определение количественного отношения белков из разных источников (напр., XPRESS).
- 5. Интерпретация качественных и количественных данных с помощью метаболических сетей (Cytoscape).





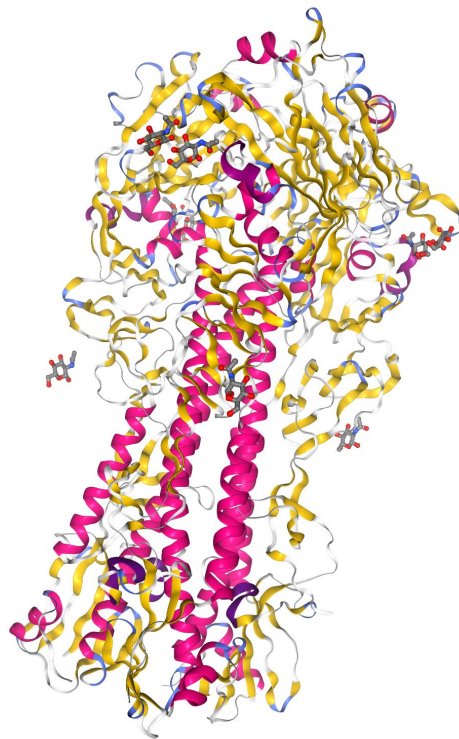
## FASTA – универсальный формат представления первичной структуры белков и нуклеиновых кислот

- >BBB04705.1 M1 protein [Influenza A virus (A/WSN/1933(H1N1))]  
MSLLTEVETYVLSIVPSGPLKAEIAQRLEDVFAGKNTDLEVLMEWL  
KTRPILSPLTKGILGFVFTLTVPSERGLQRRRFVQNALNGNGDPNN  
MDKAVKLYRKLKREITFHGAKEIALSYSAGALASCMGLIYNRMGAV  
TTEVAFGLVCATCEQIADSQHRSHRQMVTNTNPLIRHENRMVLAS  
TTAKAMEQMAGSSEQAAEAMDIASQARQMVMRTVGTHTPSSS  
AGLKDDLLENLQAYQKRMGVQMQRFK





**Трёхмерная структура гемагглютинаина Н1, полученная с помощью средств базы данных PDB (разным цветом обозначены разные участки вторичной структуры)**



## Протеомные базы данных и интернет-ресурсы

- **Molbiol** – <https://www.molbiol.ru>
- операции с нуклеотидными и аминокислотными последовательностями и др.
- **NCBI** – <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Protein>
- белковые последовательности, их сравнение, статьи и пр.
- **Protein Data Bank (PDB)** – <https://www.rcsb.org>
- структура белковых молекул
- **ExPASy** – <https://www.expasy.org/proteomics>
- портал биоинформатических ресурсов
- **ProteinProspector** – <https://www.prospector.ucsf.edu/prospector/mshome.htm>
- инструменты для анализа масс-спектров макромолекул