

Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

СИСТЕМНАЯ ОБРАБОТКА ДАННЫХ ПРОТЕОМНОГО АНАЛИЗА  
ШТАММОВ ПАТОГЕНА ЧЕЛОВЕКА *NEISSERIA GONORRHOEA*

*Хлебус Элеонора Юрьевна*

*Студент*

*Московский физико-технический институт, Биологической и медицинской физики,  
Москва, Россия*

*E-mail: elkhlebus@gmail.com*

Протеомное тестирование с последующей биоинформатической обработкой данных – движущая сила современной биологической науки, в том числе системной биологии прокариот. Целью нашего исследования был системный анализ данных протеомного профилирования штаммов *N. gonorrhoeae* с целью обнаружения новых молекулярных механизмов лекарственной устойчивости.

В работе были исследованы три штамма вида *N. gonorrhoeae*, проявляющие разные фенотипические свойства, а именно: клинический изолят i19.05 (донор), проявляющий устойчивость к пенициллину; чувствительный к пенициллину клинический изолят n01.08 (реципиент); и NG03(SurA<sup>mut</sup>, Omp85<sup>mut</sup>) – штамм, полученный в ходе трансформации клеток реципиента n01.08 фрагментами геномной ДНК донора i19.05. Штамм-трансформант, в отличие от реципиентного штамма, проявлял сниженную восприимчивость к пенициллину.

Для трех изучаемых штаммов в трех биологических повторах проведен масс-спектрометрический LC-MS/MS анализ, осуществлена идентификация пептидов с помощью программного пакета Mascot v2.2.07. После этого проводился безметочный количественный протеомный анализ с использованием программного пакета Progenesis LC-MS (Nonlinear Dynamics). С помощью этой программы было квантифицировано 986 белков. Для статистического анализа использовался язык программирования R. Сравнительный количественный анализ был проведен с использованием t-теста Стьюдента, каждому белку для трех сравнений был поставлен в соответствие p-value. По результатам проведенных расчетов было отобрано 122 белка, достоверно различающихся по количеству между штаммами. Полученные результаты помогут дать ответ в изучении механизмов устойчивости гонококка на системном уровне.