

Системный анализ белкового профиля *Mycobacterium tuberculosis*

А.В. Смоляков¹

¹Московский физико-технический институт (государственный университет)

Mycobacterium tuberculosis - вирулентная бактерия из семейства *Mycobacteriaceae*, способная вызывать у человека и некоторых животных туберкулез. На территории России распространены штаммы из кластера Beijing B0/W148, отличающиеся повышенной вирулентностью, более строгой ассоциацией с лекарственной устойчивостью, увеличенной трансмиссивностью и фитнес-успешностью [1]. Поэтому исследование данного кластера является актуальной задачей.

Бактерии, полученные из мокроты больных людей, растут в течении месяца, после чего часть из них используется в исследовании, а часть отделяется и растет на питательной среде ещё один месяц. Выделенные белки подвергается разделению при помощи. После разделения белков по массам, гель разрезается на шесть полос, что позволяет в дальнейшем идентифицировать большее количество белков. Белки из каждой полосы разрезаются на пептиды, используя трипсин, после чего пептиды используется в LC-MS/MS анализе. Это позволяет проводить качественный и количественный анализ белкового профиля бактерии.

Отличительной особенностью этого эксперимента является, наличие высокого количества повторов: порядка 240. Это позволяет развить и проверить общие методы идентификации белковых масс-спектров.

Литература

1. Mokrousov I. Insights into the origin, emergence, and current spread of a successful Russian clone of *Mycobacterium tuberculosis* //Clinical microbiology reviews. – 2013. – Т. 26. – №. 2. – С. 342-360.