**Белковое профилирование конденсата выдыхаемого воздуха при помощи масс-спектрометрии высокого разрешения**

А.М. Рябоконь1, 5, Н.В. Захарова1, А.Э. Юсупов1, 4,  К.Ю. Федорченко1, 5, М.И. Индейкина1, А.Е. Бугрова1, А.И. Спасский2, А.С. Кононихин1, 2, 3, С.Д. Варфоломеев1, 5, Е.Н. Николаев1

*1Институт биохимической физики им. Н. М. Эмануэля Российской академии наук, Москва*

*2Институт энергетических проблем химической физики им. В.Л. Тальрозе Российской академии наук, Москва*

*3Сколковский институт науки и технологий, Сколково*

*4Московский физико-технический институт, Москва*

*5Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва*

Конденсат выдыхаемого воздуха (КВВ) сравнительно недавно стал рассматриваться в качестве источника потенциальных биомаркеров различных заболеваний респираторной системы человека. Этот неинвазивный метод диагностики применяется независимо от тяжести заболевания, у пожилых пациентов и новорожденных детей. Анализ КВВ можно выполнять так часто, как это необходимо для контроля за проводимым лечением и тяжестью заболевания.

Конденсат выдыхаемого воздуха содержит большое число компонентов - от простых газов до сложных белковых молекул. Применение современных методов, таких как масс-спектрометрия высокого разрешения, обладает огромным потенциалом в области белкового профилирования КВВ. В то же время, низкая концентрация белка и вариабельность состава протеома в КВВ являются серьезными ограничениями для идентификации возможных биомаркеров. Поэтому важной задачей является модернизация методики пробоподготовки образцов КВВ дальнейшего масс-спектрометрического анализа

Для анализа белково-пептидного состава КВВ пробы собирали при 3-х разных температурных режимах охлаждении трубки R–tube (Respiratory research, США) (-80°C, -20°C и -10°C). Также был проведен дополнительный метанольный смыв биологического материала со стенок собирающего устройства. Хромато-масс-спектрометрический анализ (ВЭЖХ-МС/МС) проводили на системе, состоящей из хроматографа Agilent 1100 (Agilent Technologies Inc., США) и масс-спектрометра LTQ FT Ultra (Thermo, Германия). Показано, что оптимальной температурой сбора была -20оС и дополнительная обработка органическим растворителем позволяет существенно увеличить количество детектируемых белков.

Работа выполнения при финансовой поддержке гранта РФФИ 18-29-09158 МК

**Еxhaled breath condensate protein profiling by high resolution mass spectrometry**

A.M. Ryabokon1,5, N.V. Zakharova1, A.E. Iusupov1,4, K.Yu. Fedorchenko1,5, M.I. Indeykina1, A.E. Bugrova1, A.I. Spassky2, A.S. Kononikhin1,2,3, S.D. Varfolomeev1,5, E.N. Nikolaev1,2,3

*1N.M. Emanuel Institute of Biochemical Physics of the Russian Academy of Sciences, Moscow*

*2V.L. Talrose Institute of Energy Problems of Chemical Physics of the Russian Academy of Sciences, Moscow*

*3Skolkovo Institute of Science and Technology, Skolkovo*

*4Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow*

*5Lomonosov Moscow State University, Moscow*

Exhaled air condensate (EBC) has recently become considered as a source of potential biomarkers for various diseases of the human respiratory system. This non-invasive diagnostic method is used regardless of the severity of the disease, in elderly patients and newborns. EBC analysis can be performed as often as necessary to control the treatment being conducted and the severity of the disease.

Exhaled air condensate contains a large number of components, from simple gases to complex protein molecules. The use of modern methods, such as high resolution mass spectrometry, has great potential in the field of protein profiling of EBC. At the same time, the low protein concentration and variability of the proteome composition in ESCs are serious limitations for identifying possible biomarkers. Therefore, an important task is the modernization of the sample preparation methodology for EBC samples for further mass spectrometric analysis.

For analysis of the protein-peptide composition of the EBC, samples were collected at 3 different temperature conditions for cooling the R – tube tube (Respiratory Research, USA) (-80 ° C, -20 ° C, and -10 ° C). An additional methanol washout of biological material from the collecting device walls was also carried out. Chromato-mass spectrometric analysis (HPLC-MS / MS) was performed on a system consisting of an Agilent 1100 chromatograph (Agilent Technologies Inc., USA) and an LTQ FT Ultra mass spectrometer (Thermo, Germany). It was shown that the optimal collection temperature was -20 ° C and the additional treatment with an organic solvent allows one to significantly increase the amount of proteins detected.

 The work of implementation with the financial support of the grant of the RFBR 18-29-09158 MK

Уважаемые коллеги!

Программный комитет II Объединенного научного форума, включающего VI Съезд физиологов СНГ, VI Съезд биохимиков России и IX Российский симпозиум «Белки и пептиды» (Сочи, Дагомыс, 1–6 октября 2019), подтверждает получение Ваших тезисов

По вопросам включения доклада в программу, регистрации и бронирования просим обращаться в оргкомитет по электронной почте info@physiology-cis.org.

С уважением,  
Третьяк Марина Викторовна  
Генеральный секретарь форума