

ПРОТОКОЛЫ ЭКСПЕРИМЕНТОВ, ПОЛЕЗНЫЕ МОДЕЛИ, ПРОГРАММЫ И СЕРВИСЫ

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПРОТЕОФОРМ В РЕЗУЛЬТАТАХ 2D ЭЛЕКТРОФЕРЕЗА ПО ПРЕДСКАЗАННЫМ ЗНАЧЕНИЯМ ВЕЛИЧИНЫ ИЗОЭЛЕКТРИЧЕСКОЙ ТОЧКИ

А.В. Рыбина

Научно-исследовательский институт биомедицинской химии имени В.Н. Ореховича,
119121, Москва, ул. Погодинская, 10; e-mail: aleona.gybina@ibmc.msk.ru

В работе рассмотрена возможность идентификации конкретных протеоформ белка с посттрансляционными модификациями (ПТМ) по данным анализа карт двумерного (2D) гель-электрофореза с использованием предсказания величины изоэлектрической точки белков (pI). Для предсказания значений pI использовали программу pIPredict 3, которая поддерживает широкий спектр химических и посттрансляционных модификаций. В качестве конкретных примеров рассмотрены 11 белков (альбумин, альфа-1-микроглобулин, аннексин А2, аполипопротеин Е, желудочная триацилглицероллипаза, митохондриальная изоцитратдегидрогеназа, кластерин, плазмин, протромбин, шаперон эндоплазматического ретикулума, S-аденозилметионинсинтаза 1-го типа), идентифицированных на шести картах 2D электрофореза. Рассмотрены различные варианты подбора гипотез с учётом доступной информации о конкретном белке: возможных сайтов модификации, особенностей процессинга, вариабельности аминокислотного состава. Полученные результаты свидетельствуют о том, что использование предсказания величины pI для белков с гипотетическими ПТМ может сформировать набор гипотез о том, какие конкретно протеоформы наблюдаются на картах 2D электрофореза.

Ключевые слова: изоэлектрическая точка; 2D электрофорез; анализ протеоформ

DOI: 10.18097/BMCRM00191

ВВЕДЕНИЕ

Посттрансляционные модификации (ПТМ) белков, в частности химические модификации боковых радикалов аминокислотных остатков [1], играют важную роль в регуляции многих биохимических процессов в клетке в норме и при патологии. Однако идентификация белков с ПТМ часто не является основной задачей исследования и поэтому методически не поддерживается. Между тем, в протеомных масс-спектрометрических исследованиях, наряду с собственно идентификацией характеристических пептидов (а, следовательно, и белков), можно идентифицировать и их модифицированные формы [2, 3]. Но это, как правило, требует специфических настроек аналитического программного обеспечения. Анализ данных двумерного (2D) гель-электрофореза [4] далеко не всегда позволяет выявить ПТМ. При детекции белков методом иммуноферментного анализа не удается различить модифицированные и немодифицированные формы белков. При проведении MS/MS анализа исследователю нет необходимости получить полное покрытие белка; как правило, достаточно идентифицировать 2-3 характеристических пептида. В связи с этим исследователи редко настраивают программы идентификации на поиск широкого спектра ПТМ, особенно учитывая тот факт, что нередко вторичные спектры, потенциально содержащие такие ПТМ пептидов, менее качественные. В то же время с высокой долей вероятности масса первичных ионов для пептидов, содержащих модификации, измерена и записана. Иногда может существовать и информация по фрагментации

таких пептидов, но нужно применить другое программное обеспечение, либо сменить настройки при обработке исходных данных [5].

В данной работе рассмотрена возможность генерации гипотез о конкретных ПТМ белков на карте 2D гель-электрофореза на основании предсказания величины изоэлектрической точки белка (pI). Само по себе подобное предсказание мало что доказывает, но с помощью имеющейся совокупности косвенных данных (о наличии первичного иона неидентифицированного пептида, совпадающего по массе с предсказанным пептидом с ПТМ, совпадении экспериментально определённого для того же пептида и предсказанного для пептида с ПТМ времени удержания) вероятность правильной идентификации конкретных протеоформ существенно повышается. Список подобных косвенных данных можно расширить, добавив определённую величину pI для пептидов в процедуре изоэлектрического фокусирования пептидов, изменение молекулярного веса (MW) белков при модификации и т.д.

Ранее мы представили программу pIPredict 3 для предсказания изоэлектрической точки (pI) пептидов и белков [6], основанную на использовании уравнения Хендерсона-Хассельбаха [7]. При этом табличные значения pK_a были рассчитаны на основании данных, полученных для большой выборки пептидов, в том числе и с различными химическими и посттрансляционными модификациями, и программа может предсказывать pI для белков с ПТМ. Существуют и другие программы, позволяющие делать подобные предсказания [8, 9], но отличие от них спектр ПТМ в pIPredict 3 охватывает большую часть возможных



в физиологических условиях. Важно, что средняя ошибка предсказания pIPredict 3 для пептидов была меньше 0.1 единицы рН.

Возможности по предсказанию конкретных ПТМ у идентифицированных белков продемонстрированы на конкретных характерных примерах из реальных карт 2D гель-электрофореза.

МЕТОДИКА

Источники данных и стандартизация значений pI

В качестве демонстрационных примеров для предсказания протеоформ белков с известными значениями pI были использованы несколько наборов данных, полученных в экспериментах по 2D гель-электрофорезу, экстрагированные как из оригинальных статей, так и депонированные в World-2DPAGE Repository [10].

Карта 1 [11]

Целью работы [11] был поиск маркеров опухолей в плазме крови человека для создания профилей биомаркеров опухоли (в том числе с ПТМ). Авторы постулировали, что с помощью классического, секционного и полувиртуального 2D электрофореза в сочетании с тандемной масс-спектрометрией с жидкостной хроматографией и ионизацией электрораспылением (LC ESI-MS/MS) они создали паттерны 2D электрофореза для наиболее распространенных белков плазмы (более 100 наборов). Это единственная работа из рассмотренных статей, в которой обсуждаются ПТМ. Однако в основном обсуждаются данные из Uniprot [12], за исключением окисления метионина, фосфорилирования серина, треонина и тирозина, ацетилирования лизина. Упомянутые модификации в работе искали при анализе масс-спектрометрических данных. Конкретные аминокислотные остатки, для которых были выявлены ПТМ, в материалах статьи не указаны.

Карта 2 [13]

В данной работе при помощи двумерного разностного гель-электрофореза (2D-DIGE) исследователи сравнили белковые карты биоптатов желудка пациентов с аутоиммунным атрофическим гастритом и контрольной группы. Различающиеся по интенсивности пятна были идентифицированы с помощью LC-MS/MS. Было найдено 67 пятен для 53 белков.

Карта 3 [14]

В работе исследовали изменение уровня экспрессии белков в шести органах мыши, вызванное 2-дневным голоданием. 2D-DIGE использовали в качестве альтернативного средства для изучения системных адаптивных ответов. В двух органах (мозг и тестикулы) сильных изменений не нашли, для них фотографии гелей не приведены. Фотографии есть для печени, почки, селезенки и тимуса. Предполагаемые протеоформы есть только на 2D карте печени. При этом доступна только объединённая карта (мышь до и после голодания).

Карты из базы данных WORLD-2D PAGE [10]

Данные карты аннотированы как референсные и сделаны специально для этого ресурса.

Карта 4 (идентификатор в БД – RAT_INS1E_4-7) [15] – клеточная линия INS-1E бета клеток поджелудочной железы крысы.

Карта 5 (PLASMA_HUMAN) сделана для плазмы крови человека [16].

Карта 6 (CSF_HUMAN) – спинномозговая жидкость человека [17].

Для трёх последних карт данные были хорошо аннотированы, но не стандартизированы. Подробно проблемы стандартизации данных, полученных из карт 2D гель-электрофореза, рассмотрены в нашей предыдущей работе [18]. Здесь нужно отметить следующее. Так как карты могли быть опубликованы достаточно давно, то в текущих версиях баз данных не всегда можно найти последовательность белка по имеющемуся идентификатору. Не все карты хорошо аннотированы, например, значения pI может понадобиться вычислять по координатам пятна на фотографии, при этом шкала рН может отсутствовать. Часто при аннотации карты всем протеоформам приписывают одно и то же значение pI, полученное расчётным способом. Для серии протеоформ конкретного белка неизвестно, какое из значений соответствует немодифицированной форме. Из общих соображений это может быть самое большое по площади пятно на 2D карте. Другой вариант – выбрать самое основное значение pI, так как большинство физиологических ПТМ смещают значение pI в кислую сторону. Если процедура предсказания pI учитывает различия в положении аминокислотных остатков в последовательности, то в зависимости от объекта исследований может идти речь об удалении N-концевого остатка метионина (в данной работе его удаляли из последовательности перед вычислениями). Достаточно сложно учесть флуктуации электрофоретического сдвига, пропорционального молекулярному весу белков (MW). Этот параметр также зависит от множества факторов: тех же РТМ, гликозилирования (на величину pI практически не влияет), наличия в пробах редуцированных форм или фрагментов белков, наличия в составе белков аминокислотных паттернов, характерных для устойчивых элементов вторичной структуры и не денатурирующих полностью [19], различия в способности конкретных белков связывать молекулы SDS. В данной работе при наличии существенных (более 20% от MW белка) отклонений данные отбрасывались.

Источники информации о существующих ПТМ и предсказание значений pI

За частичным исключением карты 1, для которой данные о возможных ПТМ обсуждаются в работе [11], все данные были получены из БД Uniprot (раздел РТМ/Processing) [12]. Предсказание величины pI выполняли с помощью программы pIPredict 3 [6], использовали вариант с учётом N- и C-концевых аминокислотных остатков, но без учёта соседних аминокислотных остатков. Учитывали только ПТМ, для которых программа pIPredict 3 могла рассчитать pI. При наличии нескольких вариантов ПТМ либо нескольких сайтов модификаций формировали варианты последовательностей с различными комбинациями и эти

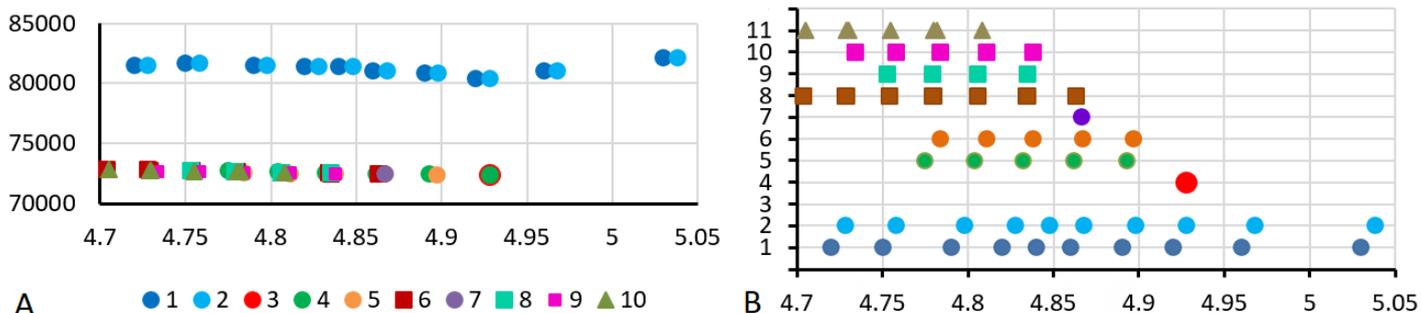


Рисунок 1. Пример преобразования данных для наглядности восприятия. А. Реальное распределение величин pI и MW, полученное для белка P06761 карты 4. В. Преобразованная диаграмма сравнения по значениям pI. Здесь и далее использована следующая легенда: актуальное положение точек на карте (ряд 1); выравнивание точек по предполагаемой немодифицированной форме (ряд 2); выравнивание точек по лучшему совпадению величин ΔpI (ряд 3); предсказание величины pI для немодифицированной формы (ряд 4); предсказание величины pI для белков с различным числом (от 1 до максимального) фосфорилированных остатков (ряд 5), сайтов ацетилирования (ряд 6) и сукцинирования (ряд 7); комбинация (ряд 8) ацетилирования и фосфорилирования (от 1 до максимального); комбинация (ряд 9) сукцинирования и фосфорилирования (от 1 до максимального); комбинация (ряд 10) ацетилирования, сукцинирования и фосфорилирования (от 1 до максимального); усреднённые значения для кратных чисел фосфорилированных остатков от 1 до 15 (ряд 11).

предсказания также рассматривали. Так как при анализе величину изменения MW белка фактически не учитывали, то данные для наглядности представления преобразовывали, как показано на рисунке 1. На всех иллюстрациях данные по значениям pI, полученные из 2D карт, представлены как в виде исходных данных, так и с корректирующей поправкой, позволяющей совместить предполагаемый вариант без ПТМ с виртуальным. В основе данного действия лежит допущение, что: (i) предсказание величины pI для целого белка менее точно, чем предсказание изменения данной величины при минимальных изменениях последовательности; (ii) идентифицированные белки могут содержать единичные аминокислотные замены, смещающие общее значение pI в ту или иную сторону. Также выравнивание относительно одного из конкретных значений может определяться природой рассматриваемого белка (пояснения есть в разделе РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ). В ряде случаев смещение выполняли таким образом, чтобы ΔpI между всеми наблюдаемыми значениями совпадали с ΔpI отдельного паттерна среди предсказанных значений.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Для анализа карты 1 (рис. 2А) был использован простой вариант стандартизации величин pI. Так как в статье [11] имеется явным образом указанная шкала pH, то данные пересчитывали напрямую из координат идентифицированных точек с использованием уравнения многочлена третьего порядка (рис. 2В), построенного по координатам меток шкалы pH на фотографии. Для сравнения величин pI, предсказанных программой pIPredict 3 с экспериментально определёнными данными, в качестве предполагаемой немодифицированной формы белка использовали самые основные в серии точек, идентифицированных как один белок. В качестве примеров рассматривали серии не менее чем из 3 точек (протеоформ).

Белок аполипопротеин Е (Uniprot ID P02649, MW 36 кДа, рис. 2С). В статье [11] идёт речь о 9 сайтах фосфорилирования, 1 сайте ацетилирования, 5 сайтах убиквитинирования, 6 сайтах гликозилирования. Так как убиквитинирование добавляет к MW белка 8.6 кДа, то эту ПТМ можно было бы предположить по сдвигу по массе, который не наблюдается. К тому же, программа pIPredict 3 по умолчанию не работает

со штырями белками, хотя вручную с её использованием приблизительный расчёт pI для такой системы произвести можно, создав химерную последовательность. Гликозилирование не должно существенно менять величину pI, по крайней мере не напрямую (так как нет модификации диссоциирующих групп). Таким образом, для этих модификаций никаких выводов сделать нельзя. pI предполагаемой немодифицированной формы (линия 1, точка справа) отличается от расчётного значения (линия 4) на 0.07 единицы значений pI (т.е. лежит в пределах ошибки предсказания). Если рассмотреть вариант совмещения (линия 2), то наиболее вероятным будет ряд: немодифицированная форма, одиночное ацетилирование (или одиночное фосфорилирование), неидентифицированный вариант и последняя точка – либо тройное или четвертное фосфорилирование, либо комбинация ацетилирования и двойного фосфорилирования. Несложно заметить, что имеется и другой вариант совмещения (линия 3), который даёт свой ряд вариантов: одиночное, двойное, тройное и шестикратное фосфорилирование. Неоднозначность вариантов предсказания pI для фосфорилирования (линия 5) у данной карты определена тем, что в статье не указывается, какие из остатков модифицируются (серин, треонин или тирозин).

Белок альфа-1-микроглобулин (P02760, 39 кДа, рис. 2D). Из данных Uniprot следует, что первые 19 аминокислотных остатков отщепляются при процессинге, так что ожидаемый MW 37 кДа (позиционирование на карте 28-33 кДа). В статье упоминается 3 сайта фосфорилирования, 1 ацетилирования и множество сайтов гликозилирования. Две (возможно три) из семи идентифицированных протеоформ имеют MW на 3-4 кДа меньше остальных, возможно, в результате деградации белка. Предполагаемая немодифицированная форма сильно отличается по величине pI от предсказанного значения. Однако при выравнивании можно предположить наличие двух вариантов рядов для первых 4 наблюдений: (i) немодифицированная форма, неидентифицированная форма, одиночное и двойное фосфорилирование (либо для последних двух возможно дополнительное ацетилирование); (ii) ацетилирование в каждой из 4 форм и последовательно 1, 2, 3 и 4 фосфорилирования.

Белок плазмин (P00747, 90.5 кДа, рис. 2Е). В статье речь идёт о 15 возможных сайтах фосфорилирования и большим

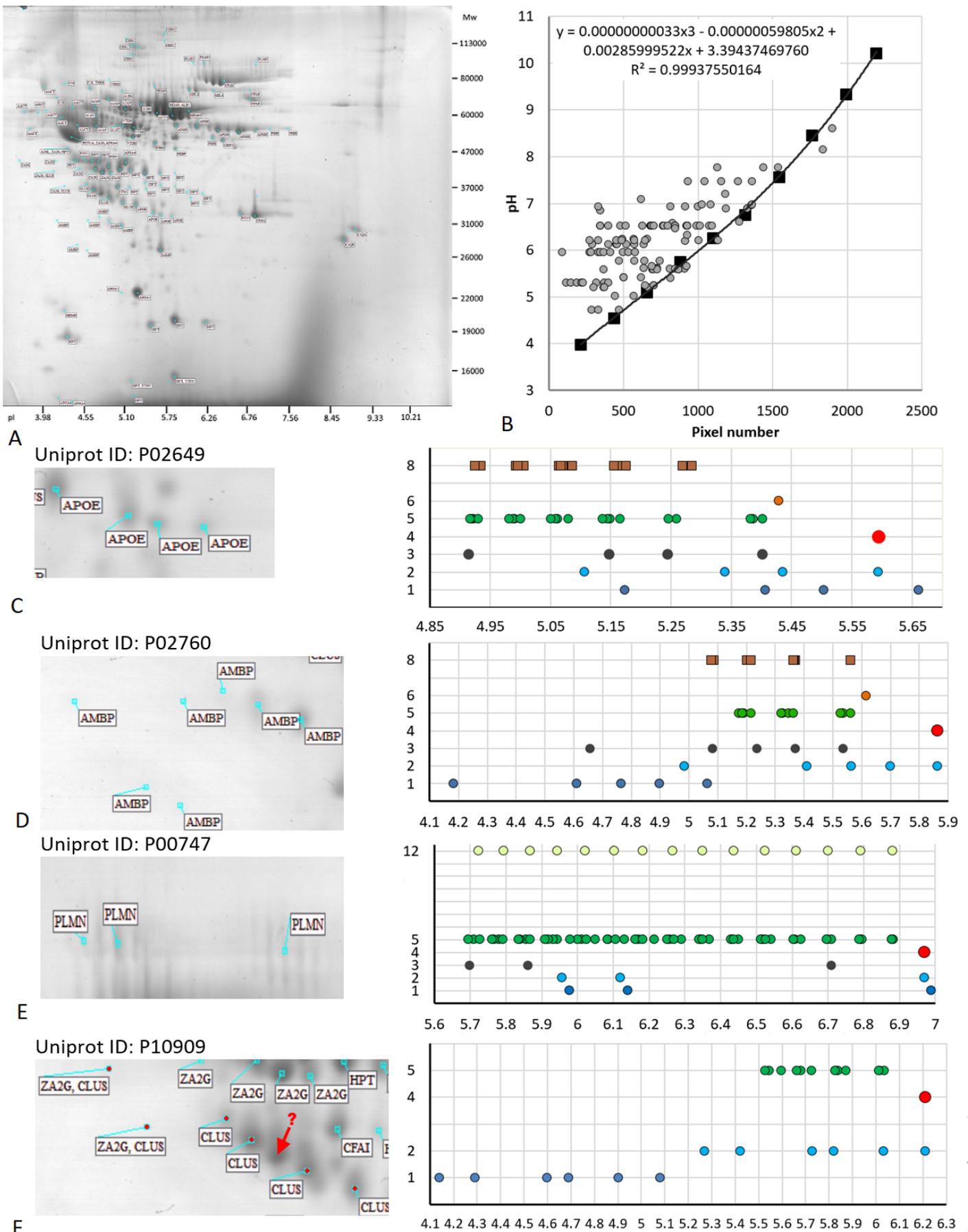


Рисунок 2. Результаты анализа карты 1. А. Фотография карты, опубликованная в статье [11]. В. Сравнение пиксельных координат (ось абсцисс) и величины рI (по меткам, представленным на фотографии; ось ординат) и уравнение пересчёта. Серым цветом показаны идентифицированные в работе белки и протеоформы. С-Ф. Анализ протеоформ идентифицированных белков. Слева фрагмент фотографии карты с анализируемыми протеоформами.

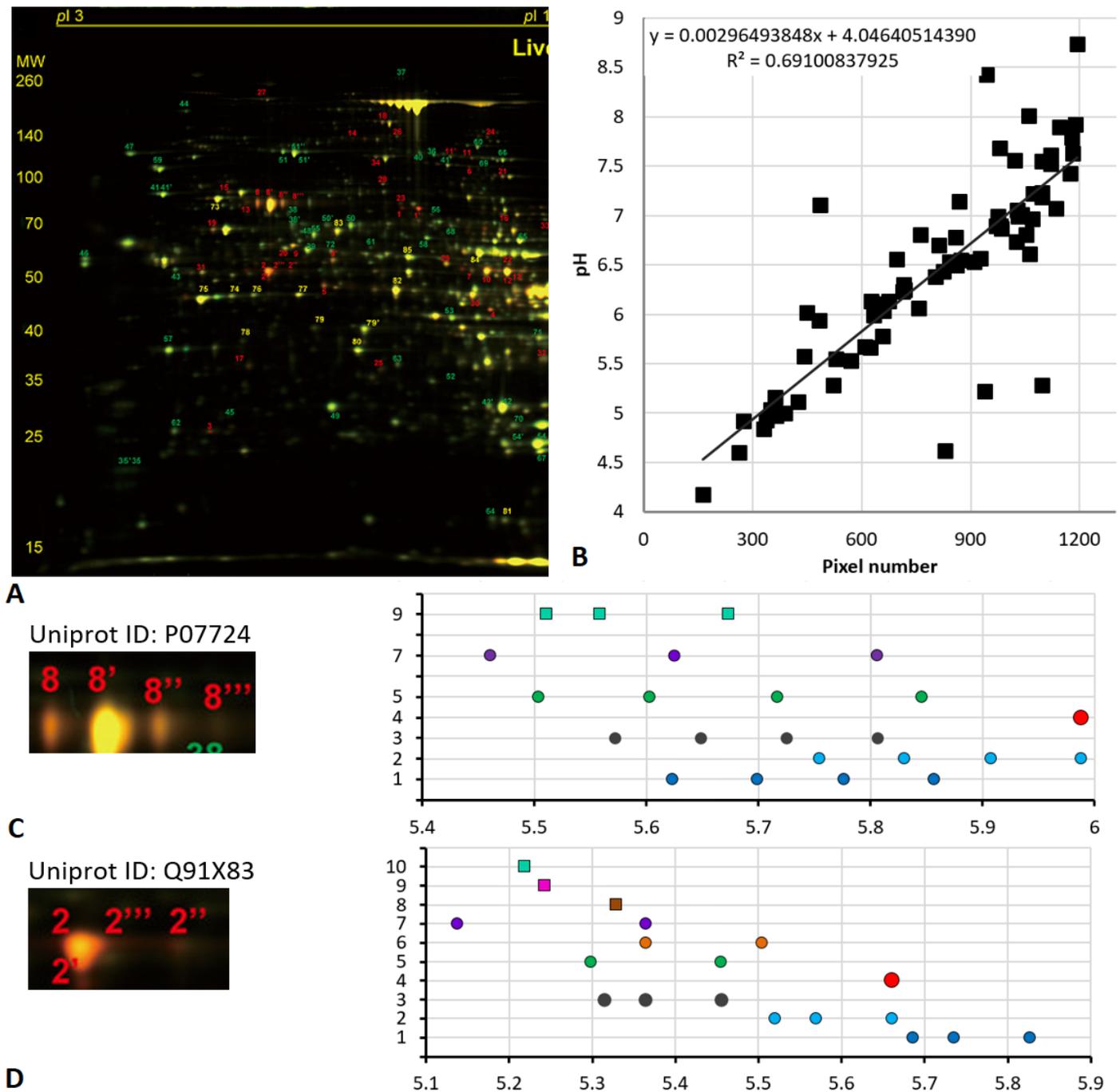


Рисунок 4. Результаты анализа карты 3. А. Фотография карты, опубликованная в статье [14]. В. Сравнение пиксельных координат (ось абсцисс) и предсказанных величин рI (ось ординат) идентифицированных белков (при наличии нескольких протеоформ учитывалась только самая основная форма) и корреляционное уравнение, использованное для пересчёта значений рI из координат. С-Д. Анализ протеоформ идентифицированных белков. Слева фрагмент фотографии карты с анализируемыми протеоформами.

не обнаружено. Ряд предсказания: немодифицированная форма, 1, 2 и 3-кратное фосфорилирование.

В отличие от карты 1, для карты 2 (рис. 3А) данных о шкале рН в статье нет. Поэтому для определения и стандартизации значений рI был применён другой вариант, а именно построение корреляционного уравнения, связывающего координаты пикселей со значениями рI, предсказанными для идентифицированных белков (рис. 3В). При наличии протеоформ использовали значение рI только для самого основного варианта.

Белок митохондриальная изоцитратдегидрогеназа (P48735, 51 кДа, рис. 3С). По данным из Uniprot имеется до 8 сайтов сукцинирования (рассмотрено до 4), до 21

сайта ацетилирования (рассмотрено до 4). Ряд предсказания: немодифицированная форма, ацетилирование, тройное ацетилирование (либо сукцинирование и ацетилирование), четверное ацетилирование (либо двойное сукцинирование, либо сукцинирование и двойное ацетилирование).

Белок желудочная триацилглицероллипаза (P07098, 45 кДа, рис. 3D). В Uniprot есть данные только о сайтах гликозилирования. Однако, используя наиболее часто встречающиеся ПТМ, можно предположить следующий ряд: немодифицированный белок, ацетилирование, фосфорилирование (либо сукцинирование, либо двойное ацетилирование).

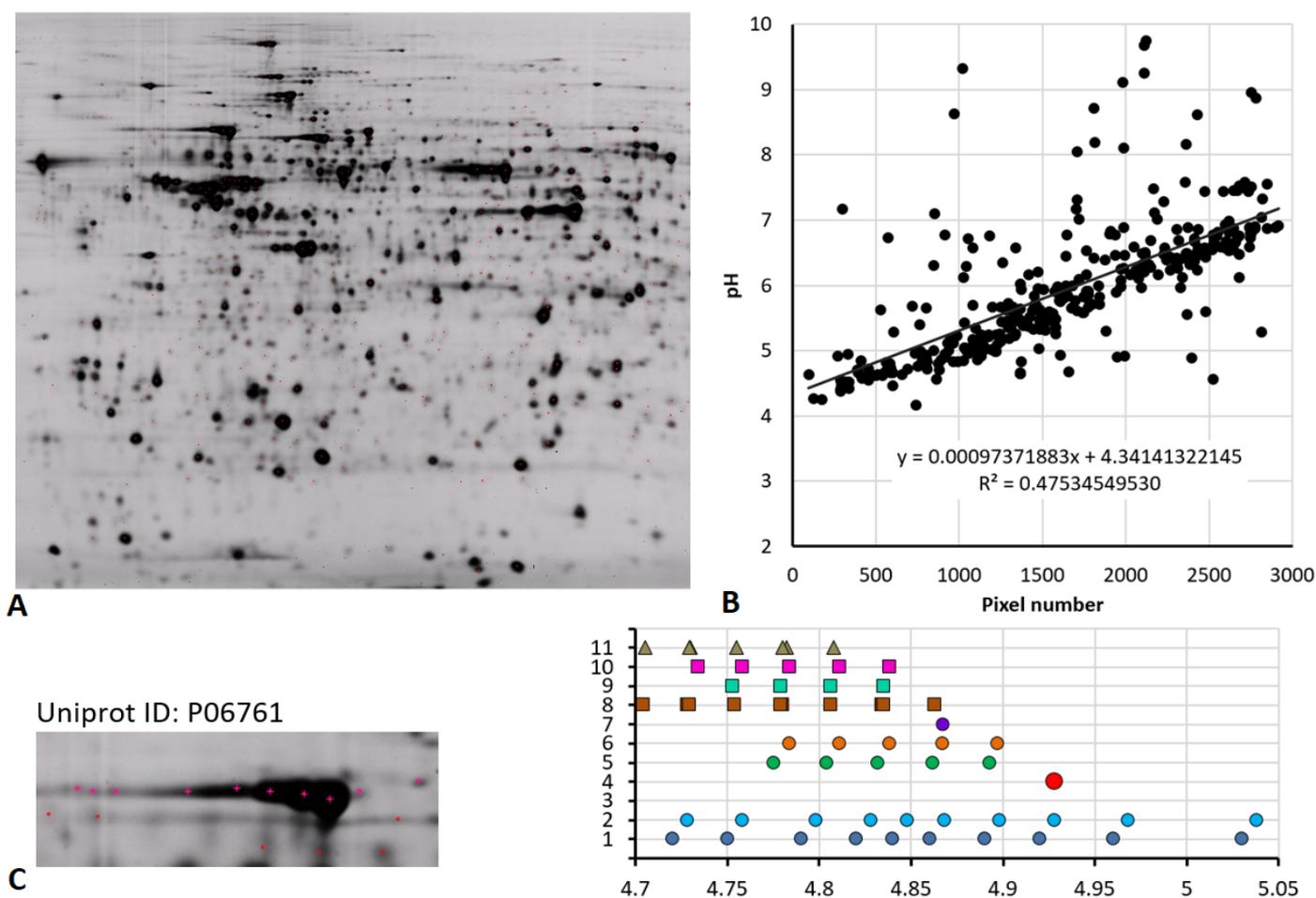


Рисунок 5. Результаты анализа карты 4. А. Фотография карты, опубликованная в статье [15]. В. Сравнение пиксельных координат (ось абсцисс) и предсказанных величин pI (ось ординат) идентифицированных белков. С. Анализ протеоформ белка P06761. Слева фрагмент фотографии карты с анализируемыми протеоформами.

Белок аннексин А2 (P07355, 38.5 кДа, рис. 3Е). По данным из Uniprot имеется 4 сайта фосфорилирования и 4 сайта ацетилирования. Это пример условно «неудачного» предсказания, так как можно предположить положение немодифицированного белка и точки, соответствующей либо фосфорилированию, либо двойному ацетилированию. Для идентификации ещё двух точек нужно использовать другие ПТМ, данных о которых в Uniprot нет.

Для анализа карты 3 (рис. 4А) использовали вариант построения корреляционного уравнения, аналогично карте 2 (рис. 4В). Белок альбумин (P07724, 68.5 кДа, рис. 4С). Наиболее вероятный вариант: немодифицированный белок, нет соответствия, фосфорилирование (либо менее вероятное сукцинирование) и двойное фосфорилирование. Белок S-аденозилметионин синтаза первого типа (Q91X83, 43.5 кДа, рис. 4D). Логично предположить: немодифицированный белок, нет соответствия и ацетилирование. Возможен и такой вариант: фосфорилирование, сукцинирование и двойное фосфорилирование.

Рассмотрим далее два особых случая анализа карт 2D электрофореза. Первый из них на примере белка шаперона эндоплазматического ретикулума (P06761, 72 кДа) карты 4 (рис. 5А) вариант выбора немодифицированной формы, отличный от ранее использованного. Так как карта 4 хорошо аннотирована, нет нужды перечислять экспериментальные

значения pI (на рисунке 5В продемонстрировано сравнение координат в пикселях по оси pH с предсказанными значениями pI при условии, что для разных протеоформ одного белка эта величина одинаковая). В данном случае (рис. 5С) более адекватный набор предсказаний получен, когда в качестве немодифицированной формы приняли точку с самой большой площадью пятна. Однако, в таком случае для двух более основных точек в Uniprot не описаны ПТМ, которые могли бы дать такой результат.

Ещё один пример – это демонстрация важности для исследователя знания особенности белков, которые являются объектом исследования. В данном случае имеется в виду протромбин человека (P00734, 70 кДа) из карт 5 (рис. 6А) и 6 (рис. 6В). Если следовать логике, использованной ранее, то мы должны были совместить самую основную точку в серии с точкой, предсказанной для немодифицированной формы. Но в норме на N-концевом фрагменте белка находится 10 сайтов карбоксилирования, и благодаря специфическому ферменту карбоксилазе [20] все 10 остатков глутамата модифицированы. Таким образом, в данном случае выравнивание нужно проводить по самому кислому значению pI в серии с точкой максимально модифицированного (с точки зрения карбоксилирования) белка. В таком случае протеоформы будут представлять собой варианты белка с неполным карбоксилированием.

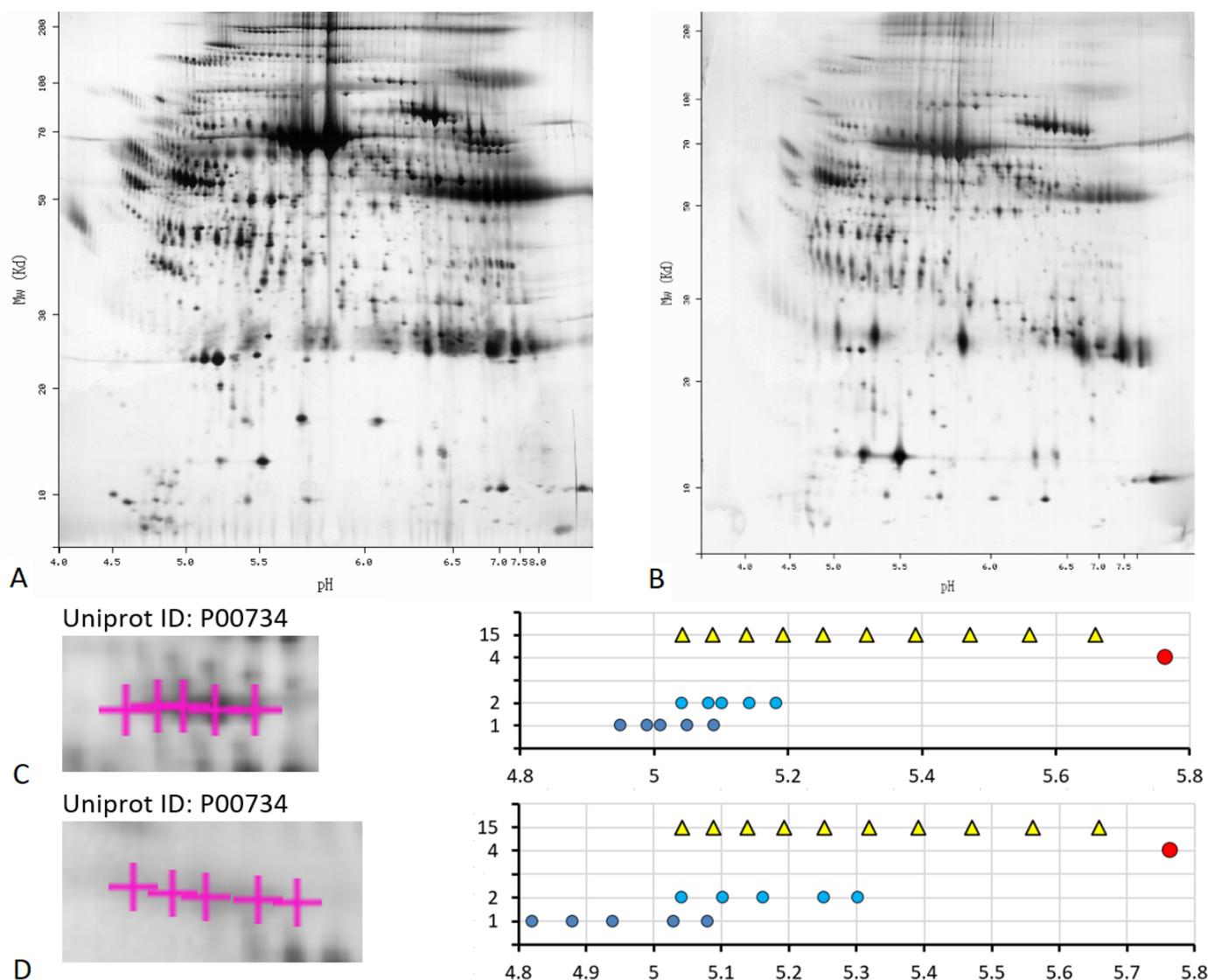


Рисунок 6. Результаты анализа протеоформ протромбина на картах 5 (А, С) и 6 (В, D). Слева от диаграмм фрагмент фотографии карты [16, 17] с анализируемыми протеоформами. Ряд 15 - карбоксилирование глутамата (от 1 до 10 остатков).

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, использование предсказания величины pI для белков с гипотетическими ПТМ может сформировать набор гипотез, какие конкретно протеоформы наблюдаются на картах 2D электрофореза. При этом важно учитывать всю доступную информацию о конкретном белке: возможные (желательно доказанные) сайты модификации, особенности процессинга, вариабельность аминокислотного состава и т.д. Важно помнить, что сделанные предсказания не доказывают, что наблюдается именно данная протеоформа. Эти гипотезы только указывают направление, в котором нужно искать подтверждающие гипотезу факты. Например, наличие в данных LC-MS/MS первичных ионов с соответствующей массой, со временем ожидания, совпадающим с предсказанным для пептида, который может появиться, если подобная модификация белка имеет место.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена в рамках Программы фундаментальных научных исследований в Российской

Федерации на долгосрочный период (2021-2030 годы) (№ 122030100170-5).

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Данная работа не содержит каких-либо исследований с использованием людей и животных в качестве объектов исследования.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

ЛИТЕРАТУРА

1. Knorre, D.G., Kudryashova, N.V., Godovikova, T.S. (2009) Chemical and functional aspects of posttranslational modification of proteins. *Acta Naturae*, **1**(3), 29-51. DOI: 10.32607/20758251-2009-1-3-29-51
2. Kiseleva, O.I., Lisitsa, A.V., Poverennaya, E.V. (2018) Proteoforms: methods of analysis and clinical prospects. *Molecular Biology*, **52**(3), 335-349. DOI: 10.7868/S0026898418030047
3. Naryzhny, S.N., Legina, O.K. (2019) Structural-functional diversity of p53 proteoforms. *Biomeditsinskaya Khimiya*, **65**(4), 263-276. DOI: 10.18097/PBMC20196504263

4. Rabilloud, T., Charmont, S. (2000) Detection of proteins on two-dimensional electrophoresis gels. In Proteome Research: Two-dimensional Gel Electrophoresis and Identification Methods. Principles and Practice (T. Rabilloud eds), Springer, Berlin, Heidelberg, pp. 107-126. DOI: 10.1007/978-3-642-57105-3_5
5. Skvortsov, V.S., Ivanova, Ya.O., Voronina, A.I. (2021) The bioinformatic identification of proteins with varying levels of post-translational modifications in experimental ischemic stroke in mice. *Biomeditsinskaya Khimiya*, **67**(6), 475-484. DOI: 10.18097/PBMC20216706475
6. Skvortsov, V.S., Voronina, A.I., Ivanova, Y.O., Rybina, A.V. (2021) The prediction of the isoelectric point value of peptides and proteins with a wide range of chemical modifications. *Biomedical Chemistry: Research and Methods*, **4**(4), e00161. DOI: 10.18097/BMCRM00161
7. Po, H.N., Senozan, N.M. (2001) The Henderson-Hasselbalch equation: its history and limitations. *Journal of Chemical Education*, **78**, 1499-1503. DOI: 10.1021/ed078p1499
8. Halligan, B.D., Ruotti, V., Jin, W., Laffoon, S., Twigger, S.N., Dratz, E.A. (2004) ProMoST (Protein Modification Screening Tool): a web-based tool for mapping protein modifications on two-dimensional gels. *Nucleic Acids Research*, **32**(suppl_2), W638-W644. DOI: 10.1093/nar/gkh356
9. Frolov, A.I., Chankeshwara, S.V., Abdulkarim, Z., Ghiandoni, G.M. (2023) pIChemiSt — free tool for the calculation of isoelectric points of modified peptides. *Journal of Chemical Information and Modeling*, **63**(1), 187-196. DOI: 10.1021/acs.jcim.2c01261
10. Hoogland, C., Mostaguir, K., Appel, R.D., Lisacek, F. (2008) The World-2DPAGE constellation to promote and publish gel-based proteomics data through the ExpASY server. *Journal of Proteomics*, **71**(2), 245-248. DOI: 10.1016/j.jprot.2008.02.005
11. Naryzhny, S., Ronzhina, N., Zorina, E., Kabachenko, F., Klopov, N., Zgoda, V. (2022) Construction of 2DE patterns of plasma proteins: aspect of potential tumor markers. *International Journal of Molecular Sciences*, **23**(19), 11113. DOI: 10.3390/ijms231911113
12. The UniProt Consortium (2021) UniProt: the universal protein knowledge-base in 2021. *Nucleic Acids Research*, **49**(D1), D480-D489. DOI: 10.1093/nar/gkaa1100
13. Repetto, O., De Re, V., Giuffrida, P., Lenti, M.V., Magris, R., Venerito, M., Steffan, A., Di Sabatino, A., Cannizzaro, R. (2021) Proteomics signature of autoimmune atrophic gastritis: towards a link with gastric cancer. *Gastric Cancer*, **24**(3), 666-679. DOI: 10.1007/s10120-020-01148-3
14. Kamata, S., Yamamoto, J., Ohtani, H., Tosaka, Y., Yoshikawa, S., Akahoshi, N., Ishii, I. (2018) 2D DIGE proteomic analysis reveals fasting-induced protein remodeling through organ-specific transcription factor(s) in mice. *FEBS Open Bio*, **8**(9), 1524-1543. DOI: 10.1002/2211-5463.12497
15. D'Hertog, W., Maris, M., Thorrez, L., Waelkens, E., Overbergh, L., Mathieu, C. (2011) Two-dimensional gel proteome reference map of INS-1E cells. *Proteomics*, **11**(7), 1365-1369. DOI: 10.1002/pmic.201000006
16. Golaz, O., Hughes, G. J., Frutiger, S., Paquet, N., Bairoch, A., Pasquali, C., Sanchez, J. C., Tissot, J. D., Appel, R. D., Walzer, C. (1993) Plasma and red blood cell protein maps: update 1993. *Electrophoresis*, **14**(11), 1223-1231. DOI: 10.1002/elps.11501401183
17. Sanchez, J.C., Appel, R.D., Golaz, O., Pasquali, C., Ravier, F., Bairoch, A., Hochstrasser, D.F. (1995) Inside SWISS-2DPAGE database. *Electrophoresis*, **16**(7), 1131-1151. DOI: 10.1002/elps.11501601190
18. Skvortsov, V.S., Rybina, A.V. (2022) The filtration of 2D electrophoresis data during creation of a learning set for prediction of the value of the isoelectric point of proteins. *Biomedical Chemistry: Research and Methods*, **5**(1), e00162. DOI: 10.18097/BMCRM00162
19. Rath, A., Glibowicka, M., Nadeau, V.G., Chen, G., Deber, C.M. (2009) Detergent binding explains anomalous SDS-PAGE migration of membrane proteins. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **106**(6), 1760-1765. DOI: 10.1073/pnas.0813167106
20. Sokolnikov, A.A., Kodentsova, V.M. (1999) Functional role of vitamin K. *Voprosy Meditsinskoi Khimii*, **45**(6), 453-461.

Поступила: 13.02.2023
 После доработки: 28.02.2023
 Принята к публикации: 02.03.2023

PROTEOFORM IDENTIFICATION IN 2D ELECTROPHORESIS MAPS BY USING ISOELECTRIC POINT PREDICTION

A.V. Rybina

Institute of Biomedical Chemistry, 10 Pogodinskaya str., Moscow, 119121 Russia; *e-mail: aleona.rybina@ibmc.msk.ru

The possibility of identifying specific protein proteoforms with post-translational modifications (PTM) by analyzing two-dimensional (2D) gel electrophoresis maps and using the prediction of the isoelectric point of proteins (pI) has been investigated. The pI values were predicted using the pIPredict 3 program, supporting a wide range of chemical and post-translational modifications. Eleven 11 proteins (albumin, alpha-1-microglobulin, annexin A2, apolipoprotein E, gastric triacylglycerol lipase, mitochondrial isocitrate dehydrogenase, clusterin, plasmin, prothrombin, endoplasmic reticulum chaperone, S-adenosylmethionine synthase type 1) identified on six 2D electrophoresis maps were used as examples. Various options for selecting hypotheses are considered. These take into consideration the following available information about a particular protein: possible modification sites, processing features, variability of the amino acid composition. The obtained results indicate that the use of predicting the pI value for proteins with hypothetical PTMs can form a set of hypotheses about specific proteoform occurrence on 2D electrophoresis maps.

Key words: isoelectric point; 2D electrophoresis; proteoform analysis

FUNDING

The work was performed within the framework of the Program for Basic Research in the Russian Federation for a long-term period (2021-2030) (№122030100170-5).

Received: 13.02.2023, revised: 28.02.2023, accepted: 02.03.2023