Аннотация учебной дисциплины

«Биоаналитическая химия с основами хроматографии и масс-спектрометрии»

Цель курса — создать представление о разнообразии методов современной биоаналитической химии, современном аналитическом оборудовании, его возможностях и характере решаемых с помощью него задач. При этом основной акцент делается на теоретические основы и практические аспекты хроматографии и масс-спектрометрии, а также их применение в метаболомике и протеомике. Особое внимание уделяется методическим подходам и техническим решениям, доступным в ресурсных центрах Санкт-Петербургского Государственного Университета.

Курс состоит из четырех блоков:

- 1. Введение разнообразие биоаналитических методов
- 2. Основы хроматографии и разнообразие хроматографических методов. В этом разделе рассматриваются основные механизмы хроматографического разделения. Особое внимание уделяется разнообразию методов афинной, а также высокоэффективной и ультравысокоэффективной хроматографии. Рассматриваются общие принципы устройства и работы хроматографического оборудования.
- 3. Основы масс-спектрометрии. Освещаются базовая терминология, механизмы ионизации и принципы работы наиболее коммерчески распространенных массанализаторов и детекторов. Рассматриваются тандемная масс-спектрометрия, механизмы фрагментации и типы MS/MS экспериментов. Также обсуждаются основные типы коммерческих масс-спектрометров в плане их достоинств, недостатков и специфики решаемых задач.
- 4. Метаболомика и протеомика. Рассматриваются основные принципы этих подходов и используемые аналитические стратегии. Обсуждается роль рассмотренных хроматографических и масс-спектрометрических методов в этих стратегиях. Особое внимание уделяется количественной метаболомике и протеомике. Также обсуждаются критерии выбора стратегии анализа.

После прослушивания курса студенты будут иметь представление

- о базовой хроматографической и масс-спектрометрической терминологии
- о разнообразии современных хроматографических и масс-спектрометрических методов и соответствующих приборов
- о принципах структурного анализа с помощью тандемной масс-спектрометрии и секвенировании пептидов
- о принципах и возможностях протеомики и метаболомики
- о критериях выбора прибора и аналитической стратегии для решения той или иной задачи
- о возможностях ресурсных центров университета в плане хроматографического и массспектрометрического оборудования

Наполнение группы – 2 – 25 человек

Разработчик программы: доцент каф. биохимии, PhD Фролов A.A.