

Аннотация учебной дисциплины «Основы химии белка и протеомики»

Все биологические процессы осуществляются при обязательном участии белков. Они служат регуляторами генетической функции нуклеиновых кислот, катализируют все биосинтетические и метаболические процессы, ответственны за клеточные и внутриклеточные движения, осуществляют иммунологические функции, обеспечивают в комплексе с липидами активный транспорт метаболитов через клеточные мембраны и выполняют многие другие функции. В основе этих процессов, их эффективности, избирательности и взаимообусловленности лежат тонкие структурные соответствия взаимодействующих соединений, определяемые, главным образом, спецификой пространственной организации белковых молекул и их динамическими конформационными свойствами. Поэтому решение любой биологической проблемы неизбежно сталкивается с необходимостью изучения трехмерных структур белков, и на этой основе - их биологических функций. Однако понимание структурно-функциональных зависимостей невозможно без знания фундаментальных свойств белковых молекул и принципов их структурной организации.

Учебная дисциплина «Основы химии белка и протеомики» состоит из теоретической части и лабораторных работ. В теоретической части рассматриваются современные приемы анализа аминокислотного состава белка, характеристика, классификация и структурно-функциональные характеристики отдельных аминокислот, описываются разнообразные химические модификации белков, используемые для изучения первичной структуры полипептидной цепи. Большое внимание уделяется детальному анализу основных уровней структурной организации белковых молекул, а также факторам и силам, определяющим эти структуры и свертывание полипептидной цепи в нативную конформацию *in vitro*. Излагаются разнообразные химические, физические и физико-химические методы, используемые для изучения этих конформаций, рассматриваются типы трехмерных структур доменов глобулярных белков и соответствующая классификация последних, модульная структура белков и ее генетическая основа, типичные модули, обеспечивающие белок-ДНК и белок-белок взаимодействия. Детально разбираются методические подходы, позволяющие оценить основные физико-химические и электро-химические характеристики белковых молекул.

Модернизация традиционных физико-химических методов изучения белков и поиск новых методических подходов в данной области, а также развитие проекта «Геном человека», в рамках которого была определена структура всей геномной ДНК человека и ряда других организмов, создало предпосылки технического прогресса в физике, химии и биологии и, как следствие, появления новых комплексов высокотехнологичного оборудования для исследования белков. Начало XXI века связано с появлением новой науки - «Протеомики», которая изучает белки, их функции и взаимодействия в живых организмах. Развитие «Протеомики» обусловлено использованием высокотехнологичных методов, позволяющих определить количество белка в образце, идентифицировать белок, его первичную структуру и посттрансляционные модификации.

В рамках данной учебной дисциплины подробно рассматриваются современные методические подходы, используемые в «Протеомике». Внимание студентов фокусируется на 2-D электрофорезе, ВЭЖХ и масс-спектрометрии. Рассматриваются

комбинации этих подходов в исследовании протеома, например, комбинация двумерного электрофореза с MALDI-масс-спектрометрией и сочетание высокоэффективной жидкостной хроматографии с тандемной масс-спектрометрией.

Лабораторные занятия, как иллюстрацию некоторых тем, рассмотренных в теоретической части, студенты выполняют с использованием оборудования кафедры биохимии и Ресурсных центров СПбГУ.

Наполняемость группы: 2-20 человек.

Разработчик программы учебной дисциплины – доцент, к.б.н., Гришина Татьяна Васильевна.