

## **Протеомика и метаболомика растений с практикумом по протеомному метаболомному анализу**

Целью курса является знакомство с основными разделами науки XXI века – протеомики, изучающей качественный и количественный состав белков клетки, их локализацию и взаимодействие, а также с возможностями, которые дает протеомика для решения фундаментальных и прикладных проблем биологии.

В курсе лекций рассматриваются предпосылки возникновения протеомики, основанные на достижениях геномики, секвенировании геномов модельных объектов, возникновении и развитии высокотехнологичных методов изучения белков, анализа вторичной и третичной структуры белков и их взаимодействия, развитии биоинформатики, компьютерного моделирования.

Приводятся сведения об уровнях организации белковой молекулы, даются представления о различных методах фракционирования белков – хроматографии, электрофорезе, изоэлектрофокусировании – и об их модификациях применительно к протеомному анализу. Рассматривается принцип и применение масс-спектрометрии (ЭСИ и МАЛДИ) и тандемной масс-спектрометрии в протеомике. Приводятся сведения об особенностях и возможностях количественной протеомики. Обсуждаются возможности протеомики для изучения посттрансляционных модификаций белков и их взаимодействия. Рассматриваются данные протеомного анализа модельных объектов, субклеточной протеомики и обсуждаются перспективы использования протеомики для решения задач современной молекулярной биологии и агробιοтехнологии растений.

В ходе практикума предлагается освоение интернет ресурсов, содержащих информацию о последовательностях и доменной структуре белков растений, протеоме модельных объектов, о данных 2D-электрофореграмм, а также проведение экспериментальной работы, включающей освоение методов по подготовке растительного материала, выделению белков и освоению разных стратегий протеомного анализа: 1) разделение гидролизата белков с помощью электрофореза в полиакриламидном геле с последующей твердофазной экстракцией и проведением жидкостной хроматографии, сопряженной с масс-спектральным анализом; 2) фракционирование белков при помощи дифференциального двумерного электрофореза (DIGE), идентификация интересующих белков при помощи иммунохимических методов; 3) фракционирование белков при помощи дифференциального двумерного электрофореза DIGE, гидролиз в геле интересующих белков, фракционирование полученных пептидов при помощи жидкостной хроматографии и идентификация белков масс-спектральным анализом.

Разработчики: Падкина М.В., д.б.н., старший научный сотрудник, профессор  
Фролов А.А., к.б.н., доцент