

Протеомика. Масс- спектрометрия

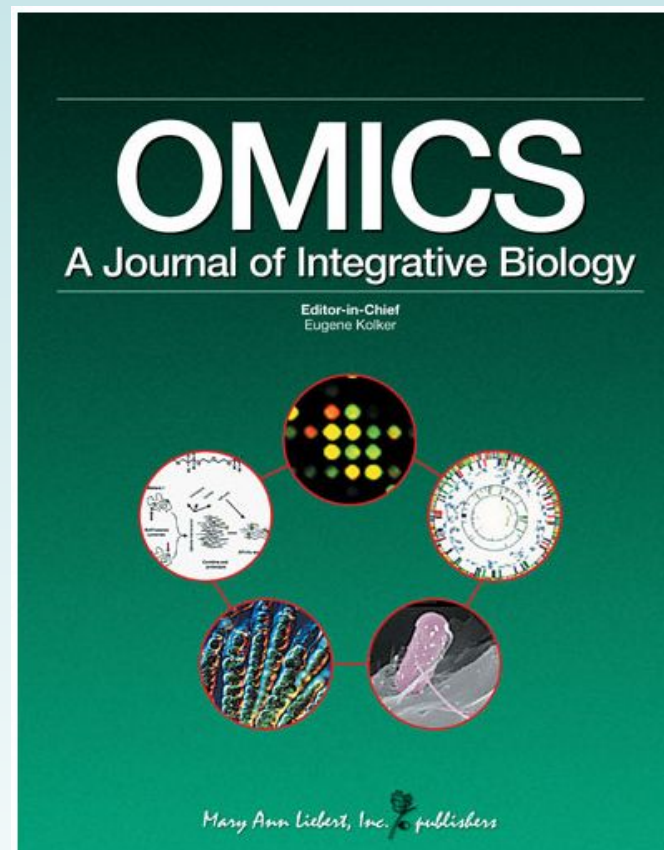
ПРОТЕОМИКА-молекулярлы биологияда жаңа пайда болған бағыт, ол салыстырмалы зерттеудің жасушалардың протеомдарын, яғни сол жасушадағы ақуыздардың құрылымымен бір қалыпты уақыттағы даму фазасын зерттеу.

◆ **ГЕНОМИКА** (2012 г. ~ 13000, всего – более 100 тыс.)

◆ **Транскриптомика** – (за 2012 г. ~ 4500, всего ~ 16 тыс.)

◆ **Протеомика** (за 2012 г. ~ 7380, всего ~ 52 тыс. публикаций)

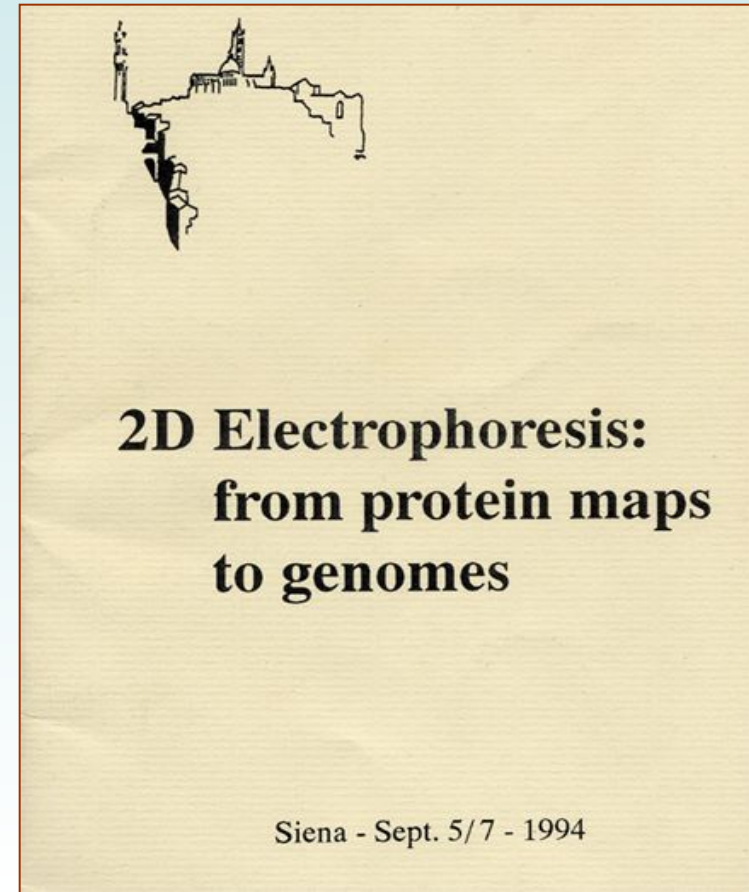
◆ **Метаболомика** – (за 2012 г. ~ 1540, всего ~ 5800)



«протеом» және «протеомика» терминдері 20-ғасырдың 90-шы жылдарында биохимияның бөлімі ретінде қолданыла бастады.

Қазіргі таңда, протеом туралы арнайы ғылыми журналдар және монографиялар әртүрлі халықаралық конференцияларда жарияланып жүр.

Алғаш “протеом” термині геномның белоктық кешенін білдірген (ағыл. транскрипция -“PROTEOME: entire PROTEin complement expressed by the genOME”) халықаралық конференция оргкомитет мүшесінің баяндамасында “2D-Electrophoresis: from protein maps to genomes” баяндалды, Италия(г. Сиена) 1994 ж.



ПРОТЕМИКА ӘДІСТЕРІ

```
graph TD; A[ПРОТЕМИКА ӘДІСТЕРІ] --- B[2-D PAGE ( екі жақты гель электрофорез)]; A --- C[Жоғары тиімді сұйық хроматография]; A --- D[Масс спектрометрия];
```

2-D PAGE (екі
жақты гель
электрофорез)

Жоғары тиімді
сұйық
хроматография

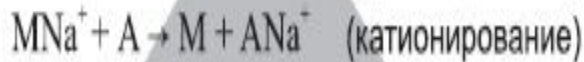
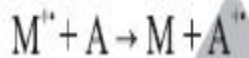
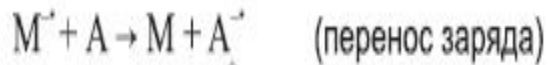
Масс
спектрометрия

МАСС - СПЕКТРОМЕТРИЯ

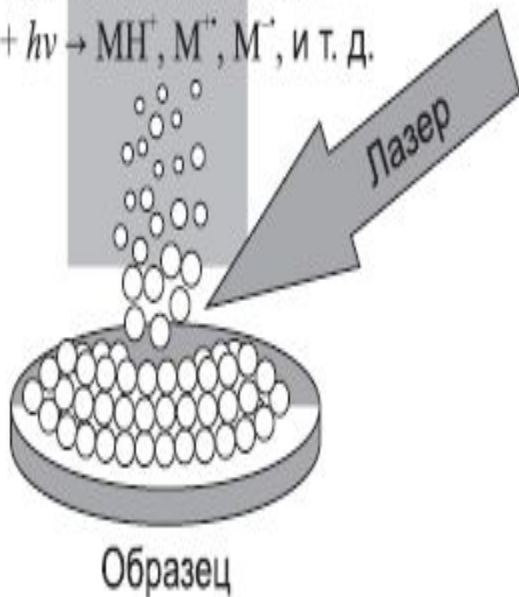
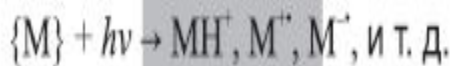
- сезімталдығы жоғары
- (қатыстық 10^{-4} – 10^{-8} %; абсолюттілігі 10^{-12} – 10^{-15} г)
- Байланыстың молекулалық массасын, құрамы мен құрылымына физико-химиялық талдау жасайды.
- MALDI (матрично-активированная лазерная десорбция/ионизация) және ESI (ионизация электрораспылением).

Вторичная ионизация

Ион-молекулярные реакции:



Первичная ионизация



Біріншілік

ионизацияда

үлгілерде

зарядтардың пайда

болуы және газдық

фазаға ауысуы.

Екіншілік ионизацияда

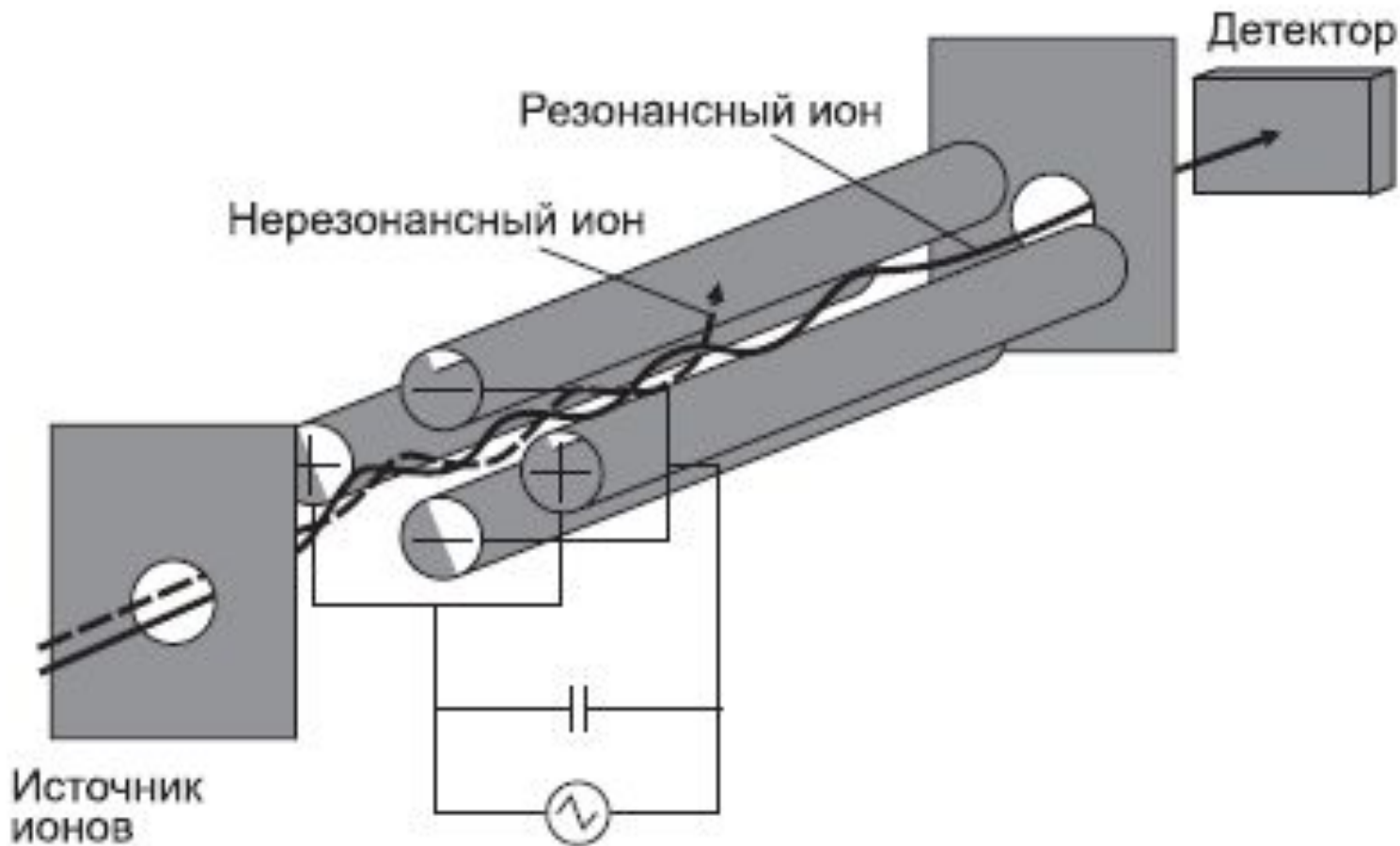
газдық фазада

иондардың үлгі

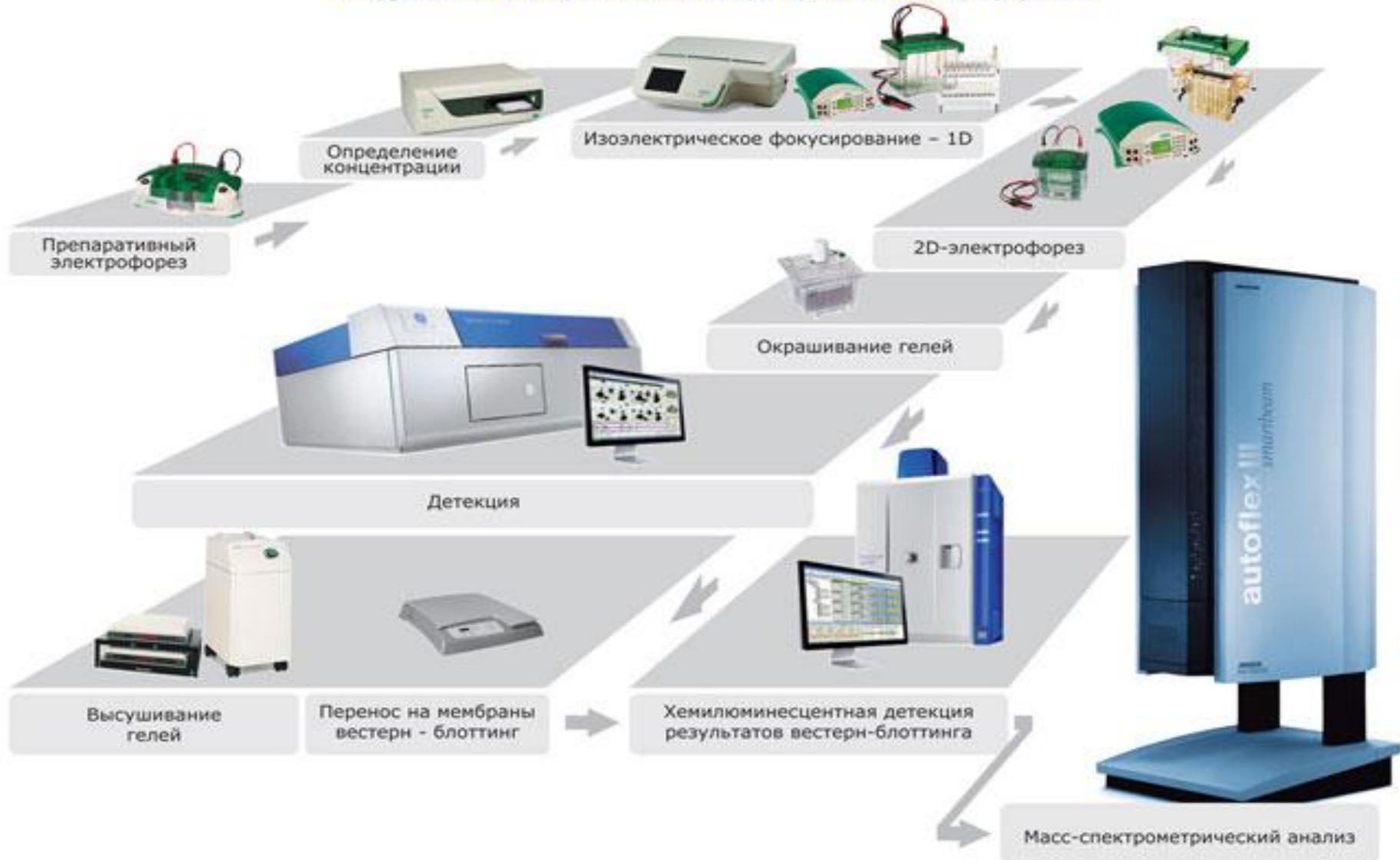
молекулаларымен

әрекеттесуі.

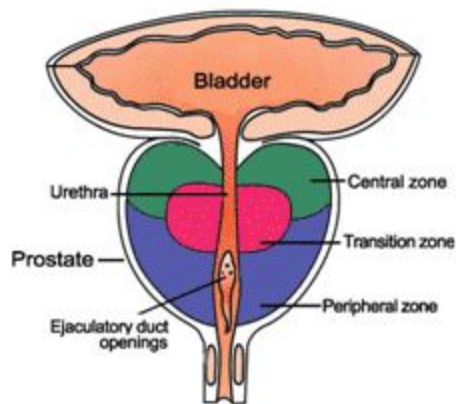
Квадрапульды масс анализатор жұмысының схемасы



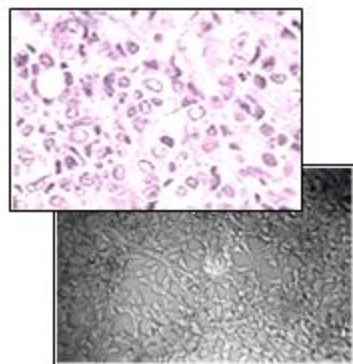
Оборудование для протеомной лаборатории с 2D электрофорезом



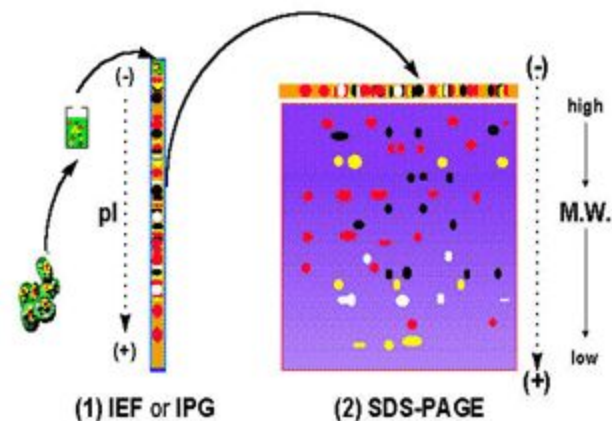
Простата и ее окружение



Образцы тканей и культивируемые клетки



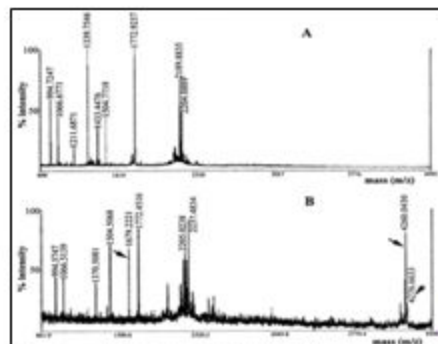
Двумерный электрофорез



Компьютерный анализ и идентификация белковых фракций, обзор литературы



Масс-спектрометрия



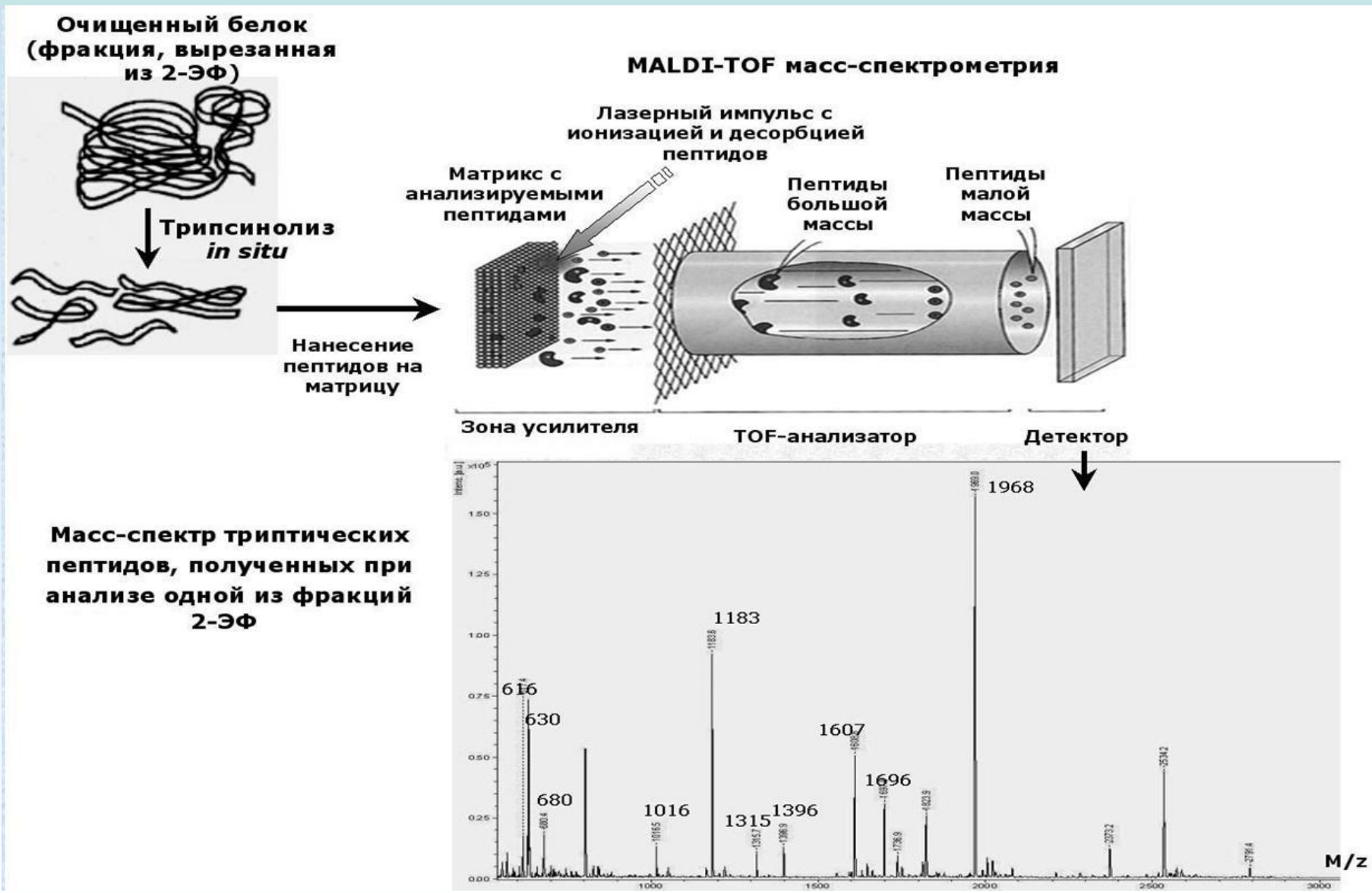
#	Accession	m	a*	d*	b*	Sep.	y	y*	y*	F	
1	72.02	72.02			200.00					14	
2	30.02	129.10			157.10		G	1441.66	1424.63	1422.61	
3	40.04	216.13		198.12	244.13		S	1304.64	1307.61	1306.61	
4	30.02	273.16		255.15	301.15		G	1297.61	1280.58	1279.61	
5	88.04	308.18		370.17	406.28		D	1240.58	1223.56	1222.57	
6	74.06	409.23		471.22	517.23		T	1125.56	1108.53	1107.55	
7	37.08	482.27	588.25	585.26	631.27	614.24		N	1024.51	1007.48	1006.50
8	37.08	717.32	780.29	699.31	745.31	728.28		N	910.47	893.44	892.46
9	120.02	844.30	847.36	946.37	802.36	870.35		F	790.42	779.40	778.41
10	70.07	961.44	944.41	943.42	980.43	972.41		F	640.30	632.30	631.34
11	136.08	1124.50	1107.47	1106.49	1152.50	1136.47		Y	552.30	535.28	534.29
12	86.10	1237.58	1220.56	1219.57	1265.58	1248.55		L	389.34	372.31	371.23
13	182.05	1346.63	1349.60	1348.62	1394.62	1377.60		E	276.38	259.33	258.34
14	101.11							K	347.31	338.09	

БД «Протеомика рака простаты»

Жалпы протеомика технологиясы



MALDI-TOF (matrix-assisted laser-desorption/ionization time-of-flight-mass spectrometry) - «петидный фингерпринт» схемасы



1

Index

Accession	Mass	Score	Description
1. gi 41386697	31265	362	troponin T, slow skeletal muscle [Bos taurus]
2. gi 21039010	30148	360	troponin T slow skeletal muscle type [Bos taurus]
3. gi 344269649	30074	358	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle-like [Loxodonta africana]
4. gi 187173290	31223	337	troponin T, slow skeletal muscle isoform b [Homo sapiens]
5. gi 397471137	31237	337	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle isoform 1 [Pan paniscus]
6. gi 507713406	29906	335	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle isoform X5 [Octodon degus]
7. gi 55741809	31224	335	troponin T, slow skeletal muscle [Sus scrofa]
8. gi 507713404	30036	335	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle isoform X4 [Octodon degus]
9. gi 187173292	30078	335	troponin T, slow skeletal muscle isoform c [Homo sapiens]
10. gi 397471139	30092	335	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle isoform 2 [Pan paniscus]

Results List

2

1. [gi|41386697](#) Mass: 31265 Score: 362 Expect: 1e-30 Matches: 20

troponin T, slow skeletal muscle [Bos taurus]

Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	Start	End	Miss	Ions	Peptide
617.3684	616.3611	616.3544	10.9	186	- 190	0	---	R.ILSER.K
631.3242	630.3170	630.3085	13.4	112	- 116	0	---	R.AEQQR.F
680.3729	679.3657	679.3653	0.53	117	- 121	1	---	R.FRTEK.E
1016.4795	1015.4722	1015.4723	-0.10	62	- 69	0	---	R.VDFDDIHR.K
1165.5500	1164.5427	1164.5444	-1.47	134	- 142	2	---	K.MRKEEEAK.K + Oxidation (M)
1183.6110	1182.6037	1182.6033	0.39	234	- 242	0	---	K.YEINVLYNR.I
1315.7455	1314.7382	1314.7394	-0.92	91	- 101	2	---	R.KKEEELVALK.E
1396.8695	1395.8622	1395.8602	1.45	43	- 55	1	128	K.PSRPVVPLIPPK.I
1592.8252	1591.8179	1591.8181	-0.09	154	- 168	0	---	K.VLSNMGAFGGYLVK.A
1600.8930	1599.8857	1599.8831	1.63	91	- 103	3	---	R.KKEEELVALKER.I
1608.8190	1607.8117	1607.8130	-0.82	154	- 168	0	---	K.VLSNMGAFGGYLVK.A + Oxidation (M)
1697.8291	1696.8218	1696.8169	2.88	56	- 69	1	---	K.IPEGERVDFDDIHR.K
1736.9120	1735.9047	1735.9080	-1.89	153	- 168	1	---	K.KVLSNMGAFGGYLVK.A + Oxidation (M)
1812.8770	1811.8697	1811.8690	0.43	208	- 222	0	---	K.AQELSDWIHQLESEK.F
1823.9418	1822.9346	1822.9359	-0.75	191	- 205	2	---	R.KKPLNIDHMGEEQLR.E + Oxidation (M)
1969.0430	1968.0357	1968.0316	2.06	75	- 90	0	---	K.DLLELQTLIDVHFQQR.K
2357.2107	2356.2034	2356.2097	-2.64	72	- 90	1	---	R.MEKDLELQTLIDVHFQQR.K
2373.2072	2372.2000	2372.2046	-1.94	72	- 90	1	---	R.MEKDLELQTLIDVHFQQR.K + Oxidation (M)
2534.2213	2533.2140	2533.2159	-0.72	208	- 228	1	---	K.AQELSDWIHQLESEKFDLMAK.L + Oxidation (M)
2791.3582	2790.3510	2790.3534	-0.87	206	- 228	2	---	R.EKAQELSDWIHQLESEKFDLMAK.L + Oxidation (M)

Protein sequence coverage: 55%

3

Matched peptides shown in **bold red**.

1	MSDAEEQ EYE	EEQPEEEEEAA	EEEEEAPEEP	EPAAEPEEER	PK PSRPV VVP
51	LIPPKI PEGE	RVDFDDI HRK	RMEKD LLELQ	TLIDV HFEQR	KKEEEL VAL
101	KERIERR RAE	RAEQQR FTE	KERER QAKLA	EEMR KEEEE	AKKRAE DDAK
151	KKKVL SNMGA	HFGGYL VKAE	QKRGK RQTGR	EMKLR ILSER	KKPLN IDHMG
201	EEQLR EKAQE	LSDWI HQLES	EKFDL MAKLK	QQKYE INVLY	NRISHA QKFR
251	KGAGKGRVGG	RWK			

MASCOT Search Results

4

Protein View: gi|41386697

troponin T, slow skeletal muscle [Bos taurus]

Database:	NCBIInr
Score:	362
Expect:	1e-30
Nominal mass (M_r):	31265
Calculated pI:	5.71
Taxonomy:	Bos taurus

This protein sequence matches the following other entries:

- [gi|166774017](#) from [Bos taurus](#)
- [gi|21039008](#) from [Bos taurus](#)
- [gi|109939901](#) from [Bos taurus](#)
- [gi|296477245](#) from [Bos taurus](#)