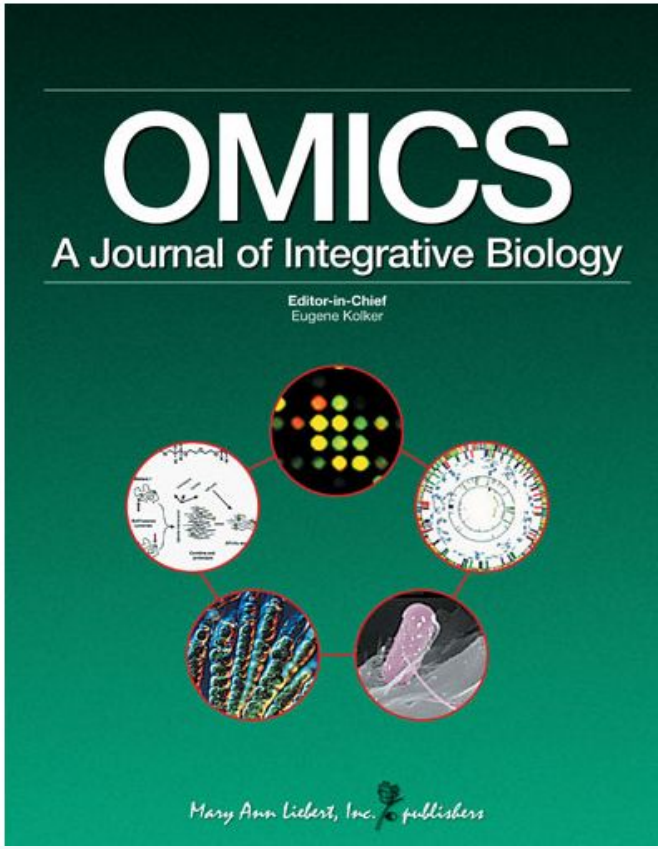
# Протеомика. Масс-спектрометрия

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

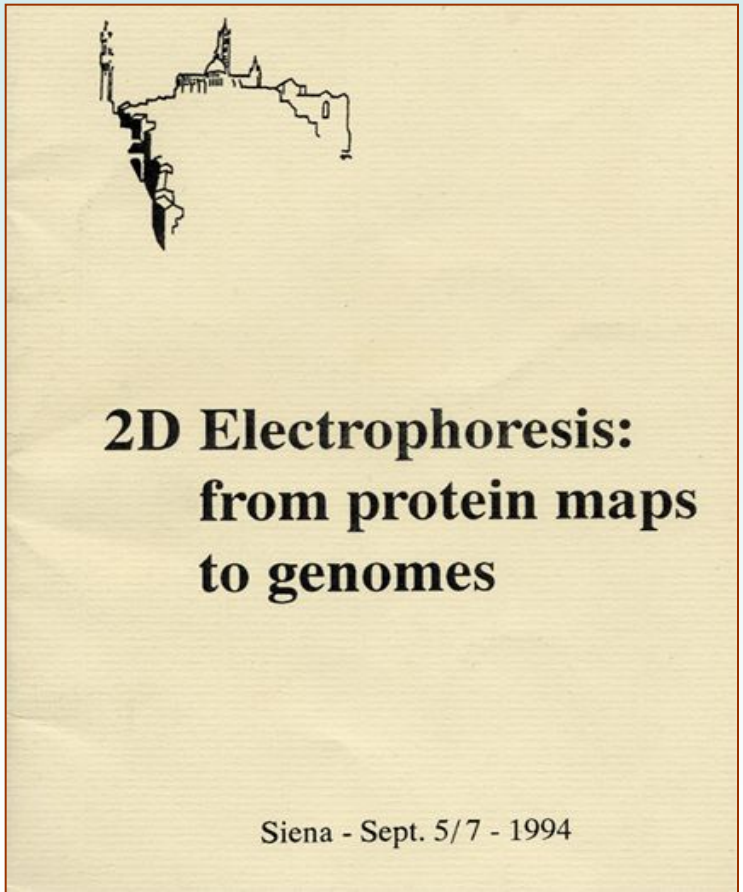
- **ГЕНОМИКА** **( 2012 г. ~ 13000, всего – более 100 тыс.)**
- **Транскриптомика – (за 2012 г. ~ 4500, всего ~ 16 тыс.)**
- **Протеомика (за 2012 г. ~ 7380, всего ~ 52 тыс. публикаций)**
- **Метаболомика – (за 2012 г. ~ 1540, всего ~ 5800 )**



**«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.**

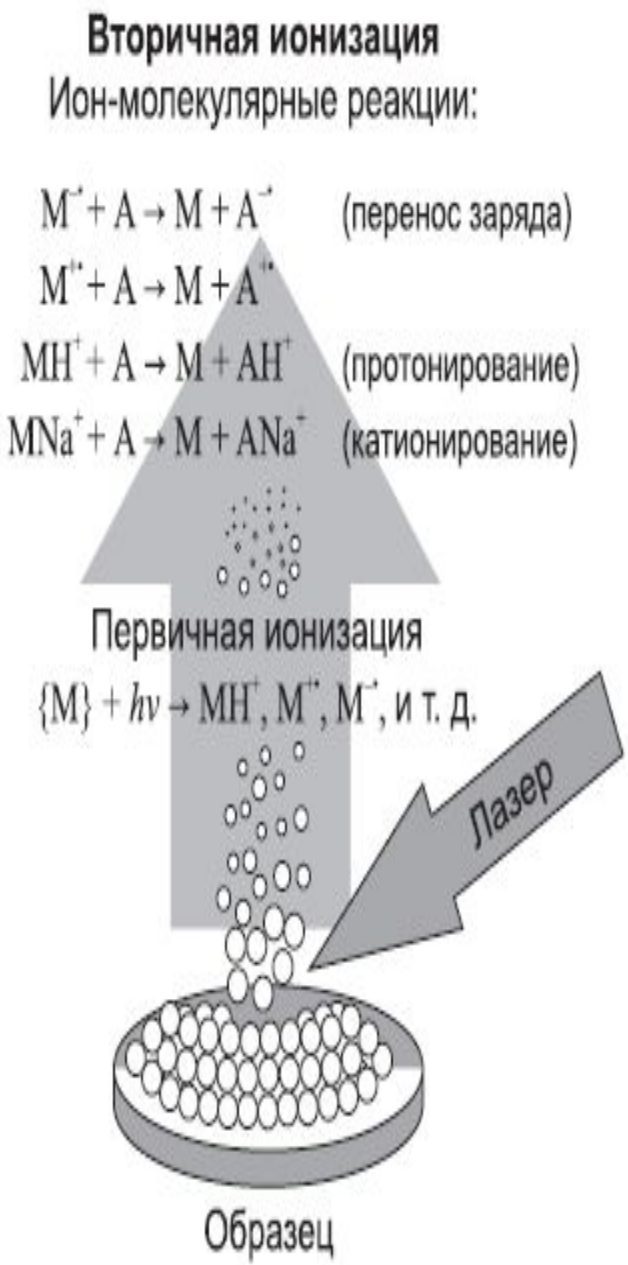


# ПРОТЕМИКА ӘДІСТЕРІ

- 2-D PAGE ( екі жақты гель электрофорез)
- Жоғары тиіімді сұйық хромотография
- Масс спектрометрия

# МАСС - СПЕКТРОМЕТРИЯ

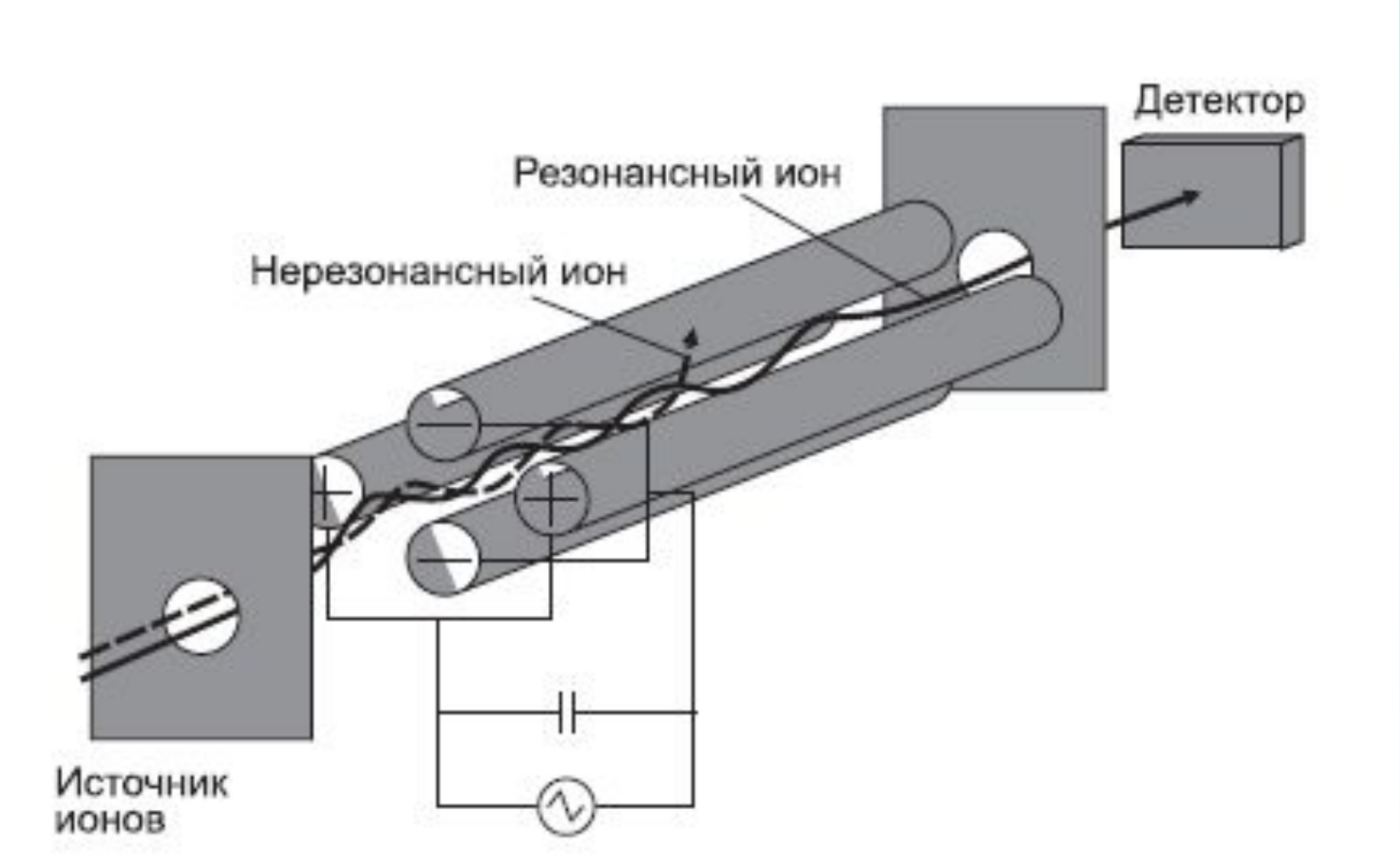
- сезімталдығы жоғары
- (қатыстық 10–4–10–8 %; абсолюттілігі 10–12–10–15 г)
- Байланыстың молекулалық массасын, құрамы мен құрылымына физико-химиялық талдау жасайды.
- MALDI (матрично-активированная лазерная десорбция/ионизация) және ESI (ионизация электрораспылением).




**Біріншілік ионизацияда** үлгілерде зарядтардың пайда болуы және газдық фазаға ауысуы.

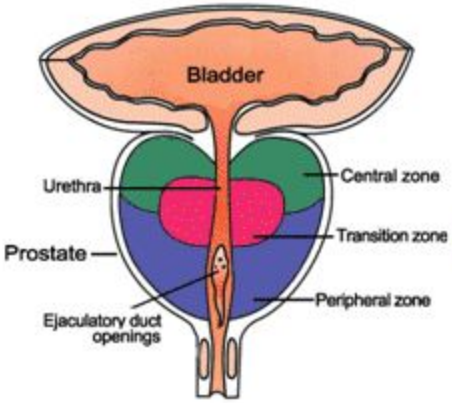
**Екіншілік ионизацияда** газдық фазада иондардың үлгі молекулаларымен әрекеттесуі.

# Квадрапульды масс анализатор жұмысының схемасы

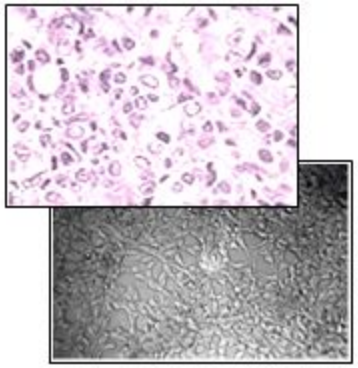


Оборудование для протеомной лаборатории с 2D электрофорезом
Определение концентрации
Изоэлектрическое фокусирование – 1D
Препаративный электрофорез
2D-электрофорез
Окрашивание гелей
Детекция
Высушивание гелей
Перенос на мембраны вестерн - блоттинг
Хемилюминесцентная детекция результатов вестерн-блоттинга
Масс-спектрометрический анализ
autoflex III smartbeam

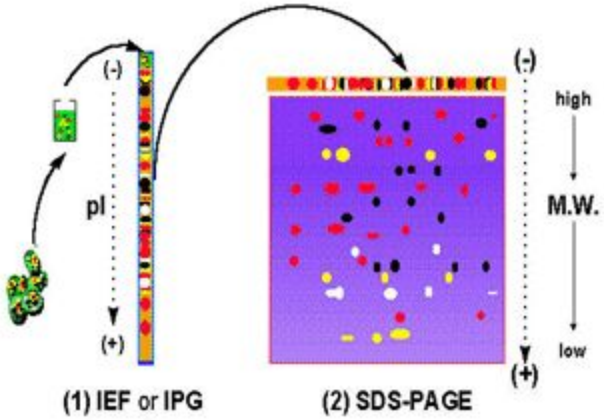
Простата и ее окружение

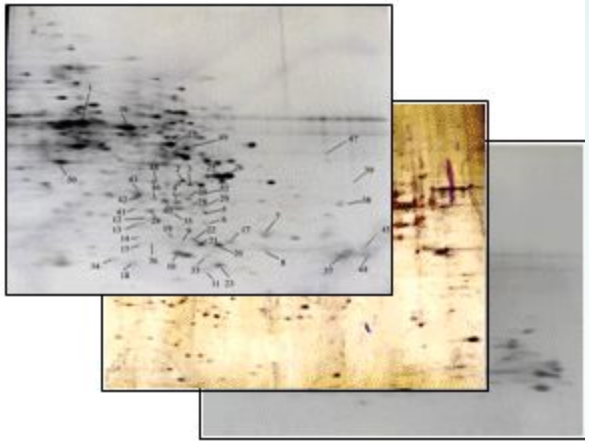



Образцы тканей и культивируемые клетки

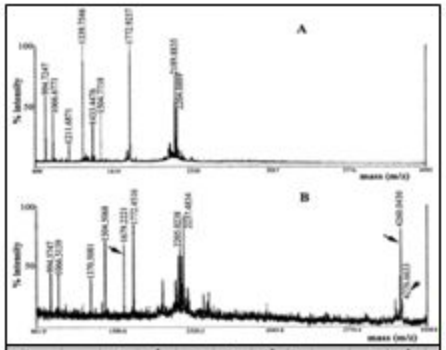


Двумерный электрофорез



Масс-спектрометрия



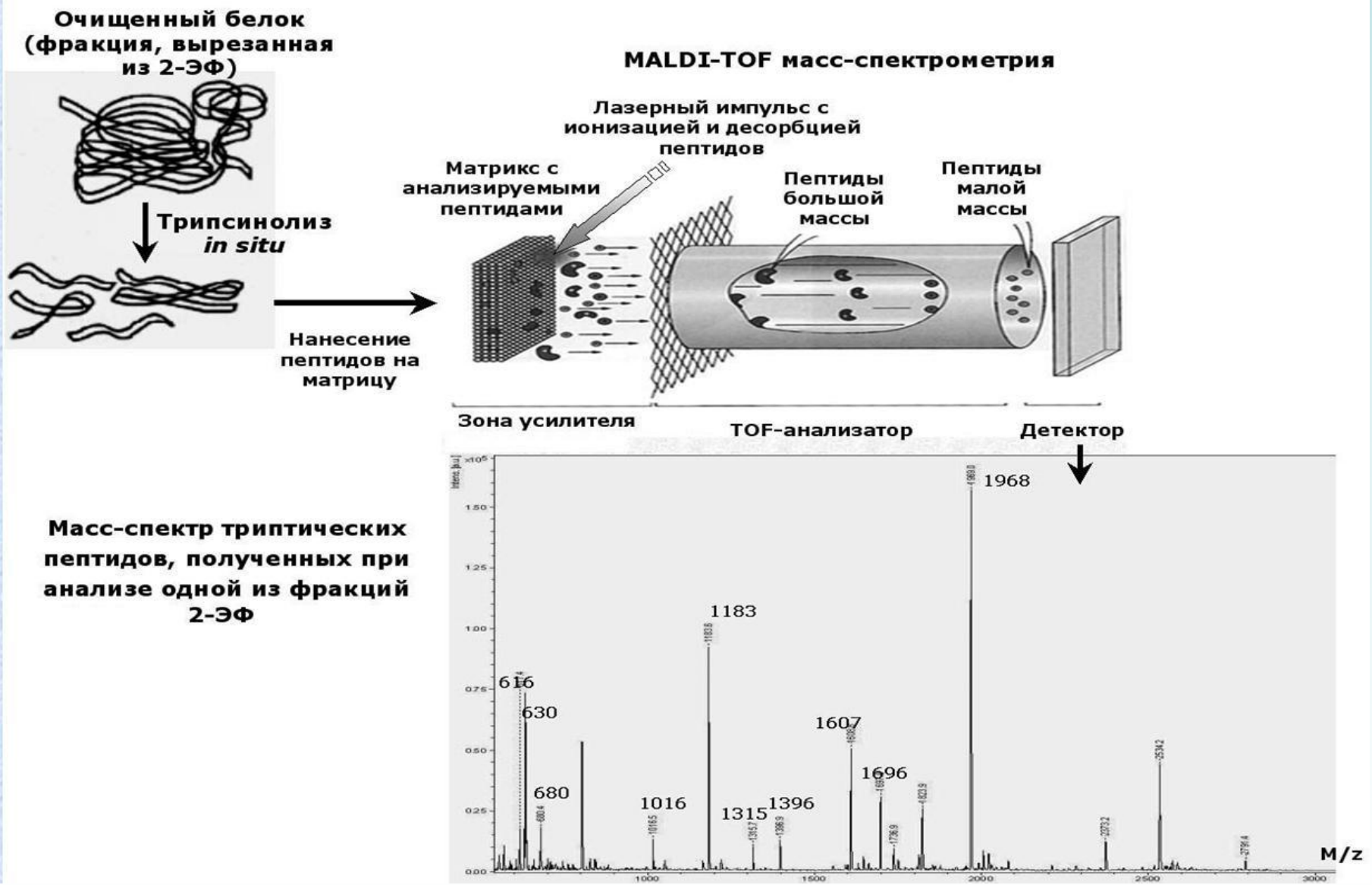

| # | Sequence | a | a* | a° | b | b* | b° | Seq. | y | y* | y° | # |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 72.08 | 72.08 | | | 100.08 | | | V | | | | 14 |
| 2 | 30.03 | 129.10 | | | 157.10 | | | G | 1441.66 | 1424.63 | 1423.65 | 13 |
| 3 | 60.04 | 216.13 | | 198.12 | 244.13 | | 226.12 | S | 1384.64 | 1367.61 | 1366.63 | 12 |
| 4 | 30.03 | 273.16 | | 255.15 | 301.15 | | 283.14 | G | 1297.61 | 1280.58 | 1279.60 | 11 |
| 5 | 88.04 | 388.18 | | 370.17 | 436.18 | | 398.17 | D | 1240.58 | 1223.56 | 1222.57 | 10 |
| 6 | 74.06 | 489.23 | | 471.22 | 517.23 | | 499.21 | T | 1125.56 | 1108.53 | 1107.55 | 9 |
| 7 | 87.06 | 603.27 | 586.25 | 585.26 | 631.27 | 614.24 | 613.26 | N | 1024.51 | 1007.48 | 1006.50 | 8 |
| 8 | 87.06 | 717.32 | 700.29 | 699.31 | 745.31 | 728.28 | 727.30 | N | 910.47 | 893.44 | 892.45 | 7 |
| 9 | 120.08 | 864.38 | 847.36 | 846.37 | 892.38 | 875.35 | 874.37 | F | 796.42 | 779.40 | 778.41 | 6 |
| 10 | 70.07 | 961.44 | 944.41 | 943.43 | 989.43 | 972.41 | 971.42 | P | 649.36 | 632.33 | 631.34 | 5 |
| 11 | 136.08 | 1124.50 | 1107.47 | 1106.49 | 1152.50 | 1135.47 | 1134.49 | Y | 552.30 | 535.28 | 534.29 | 4 |
| 12 | 86.10 | 1237.58 | 1220.56 | 1219.57 | 1265.58 | 1248.55 | 1247.57 | L | 389.24 | 372.21 | 371.23 | 3 |
| 13 | 102.05 | 1366.63 | 1349.60 | 1348.62 | 1394.62 | 1377.60 | 1376.61 | E | 276.18 | 259.13 | 258.14 | 2 |
| 14 | 101.11 | | | | | | | K | 147.11 | 130.09 | | 1 |

Компьютерный анализ и идентификация белковых фракций, обзор литературы

БД «Протеомика рака простаты»

# Жалпы протеомика технологиясы

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



# биоинформациялық анализ «пептидті фингерпринт». Программа Mascot.

MATRIX SCIENCE **Mascot Search Results**

## Index

1

| | 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.MRKEEEEAK.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.KKEEEELVALK.E |
| 1396.8695 | 1395.8622 | 1395.8602 | 1.45 | 43 | 55 | 1 | 128 | K.PSRPVVPPLIPPK.I |
| 1592.8252 | 1591.8179 | 1591.8181 | -0.09 | 154 | 168 | 0 | --- | K.VLSNMGAHFGGYLVK.A |
| 1600.8930 | 1599.8857 | 1599.8831 | 1.63 | 91 | 103 | 3 | --- | R.KKEEEELVALKER.I |
| 1608.8190 | 1607.8117 | 1607.8130 | -0.82 | 154 | 168 | 0 | --- | K.VLSNMGAHFGGYLVK.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.KVLSNMGAHFGGYLVK.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.DLLELQTLIDVHFEQR.K |
| 2357.2107 | 2356.2034 | 2356.2097 | -2.64 | 72 | 90 | 1 | --- | R.MEKDLLELQTLIDVHFEQR.K |
| 2373.2072 | 2372.2000 | 2372.2046 | -1.94 | 72 | 90 | 1 | --- | R.MEKDLLELQTLIDVHFEQR.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 MSDAEEQEYE EEQPEEEEAA EEEEEAPEEP EPAAEPEEER PKPSRPVVPP
 51 LIPPKIPEGE RVDFDDIHRK RMEKDLLELQ TLIDVHFEQR KKEEEELVAL
101 KERIERRRAE RAEQQRFRTE KERERQAKLA EEKMRKEEEE AKKRAEDDAK
151 KKKVLSNMGA HFGGYLVKAE QKRGKRQTGR EMKLRILSER KKPLNIDHMG
201 EEQLREKAQE LSDWIHQLES EKFDLMAKLK QQKYEINVLY NRISHAQKFR
251 KGAGKGRVGG RWK
```

MATRIX SCIENCE **MASCOT Search Results**

4

## Protein View: gi|41386697

**troponin T, slow skeletal muscle [Bos taurus]**

| | |
|---|---|
| **Database:** | NCBInr |
| **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|66774017 from Bos taurus
- gi|21039008 from Bos taurus
- gi|109939901 from Bos taurus
- gi|296477245 from Bos taurus

Sequence similarity is available as an NCBI BLAST search of gi|41386697 against nr.