

# Протеомика. Масс- спектрометрия

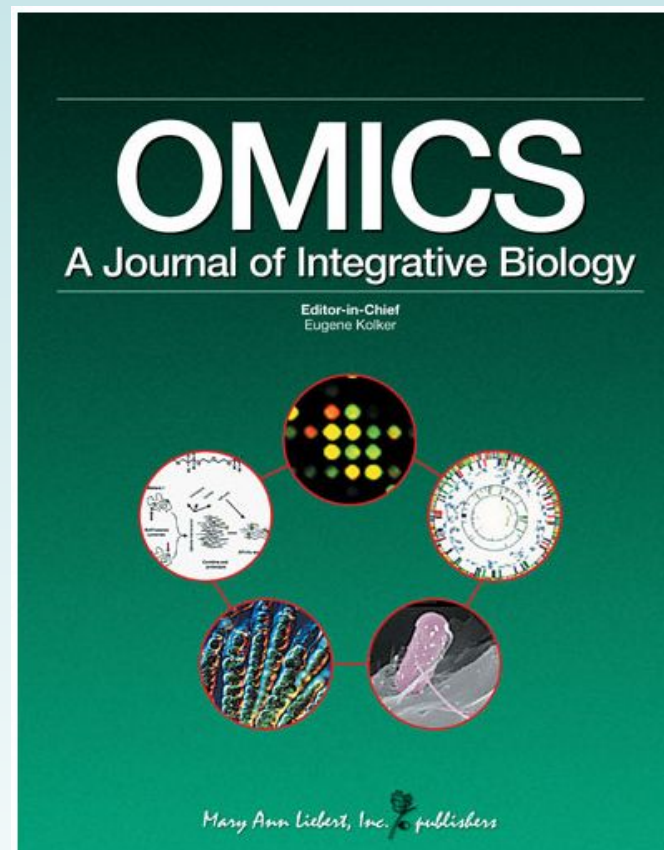
**ПРОТЕОМИКА**-молекулярлы биологияда жаңа пайда болған бағыт, ол салыстырмалы зерттеудің жасушалардың протеомдарын, яғни сол жасушадағы ақуыздардың құрылымымен бір қалыпты уақыттағы даму фазасын зерттеу.

◆ **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)

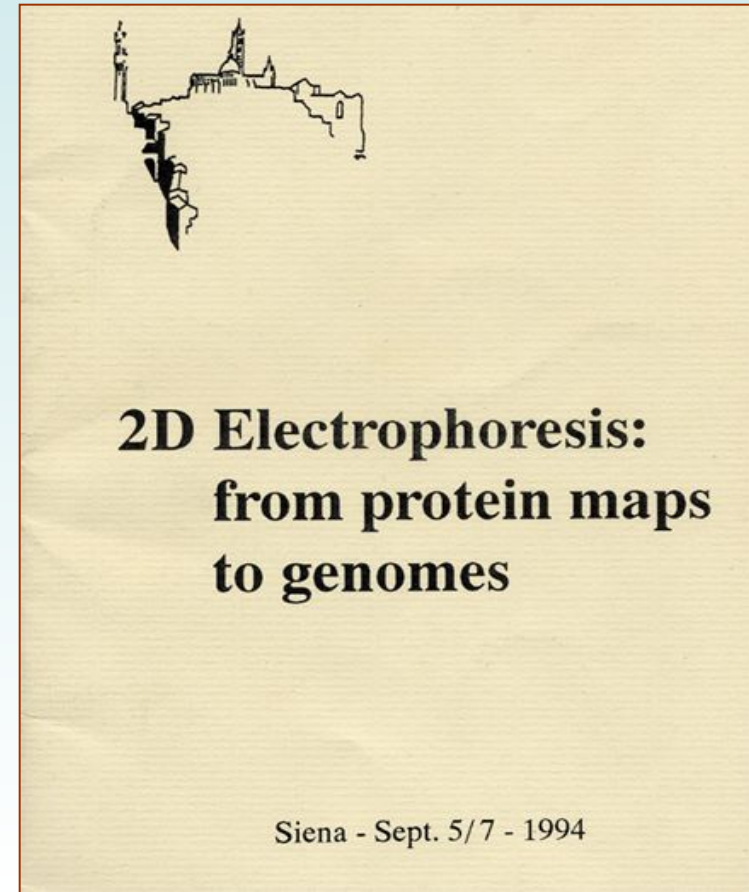
◆ **Метаболомика** – (за 2012 г. ~ 1540, всего ~ 5800 )



**«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

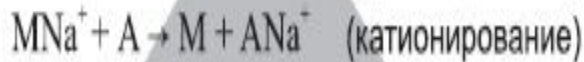
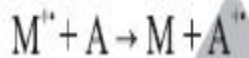
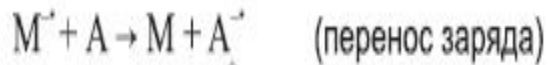
Масс  
спектрометрия

# МАСС - СПЕКТРОМЕТРИЯ

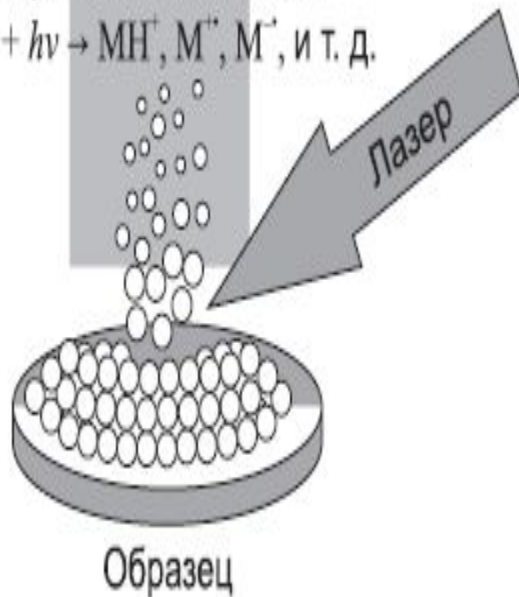
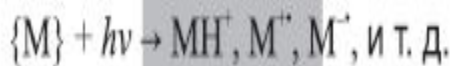
- сезімталдығы жоғары
- (қатыстық  $10^{-4}$ – $10^{-8}$  %; абсолюттілігі  $10^{-12}$ – $10^{-15}$  г)
- Байланыстың молекулалық массасын, құрамы мен құрылымына физико-химиялық талдау жасайды.
- MALDI (матрично-активированная лазерная десорбция/ионизация) және ESI (ионизация электрораспылением).

## Вторичная ионизация

Ион-молекулярные реакции:



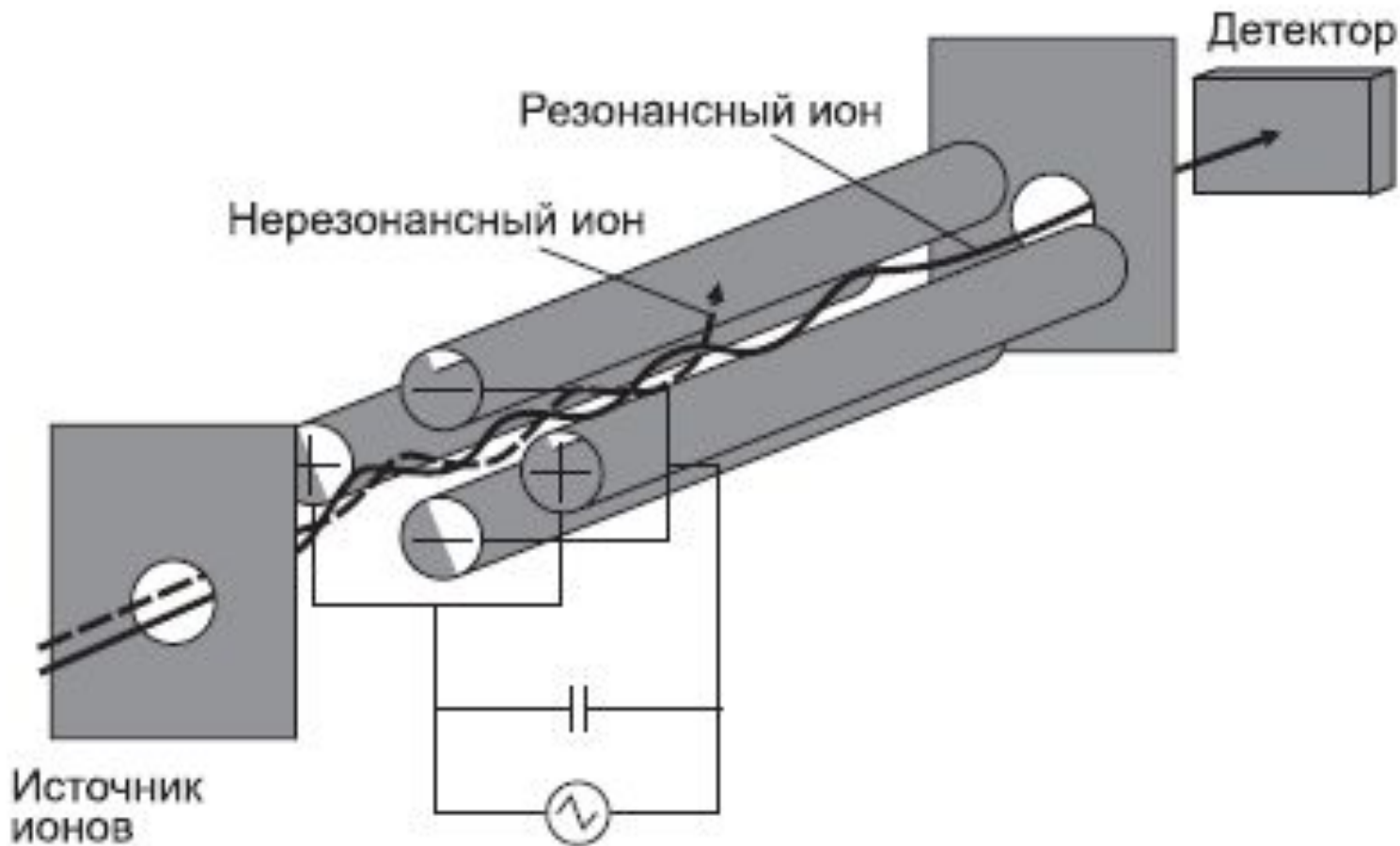
## Первичная ионизация



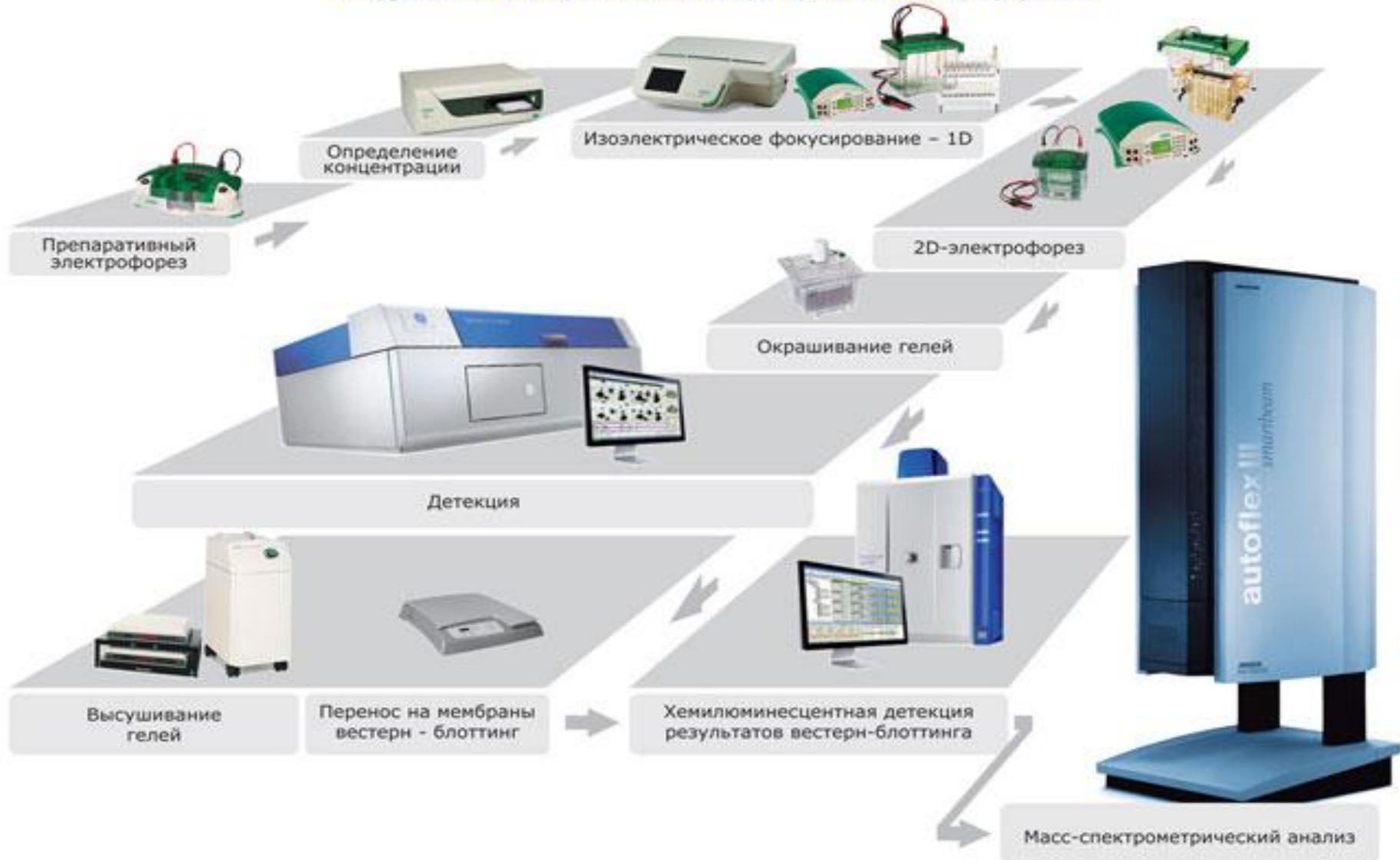
**Біріншілік ионизацияда** үлгілерде зарядтардың пайда болуы және газдық фазаға ауысуы.

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

# Квадрапульды масс анализатор жұмысының схемасы

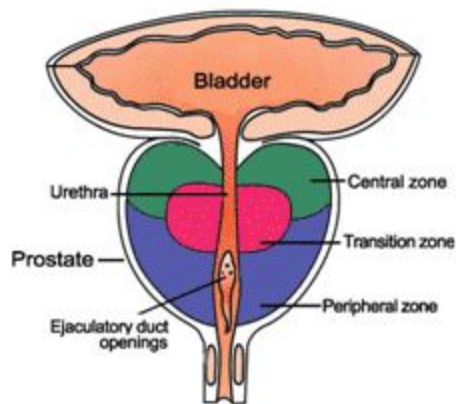


## Оборудование для протеомной лаборатории с 2D электрофорезом

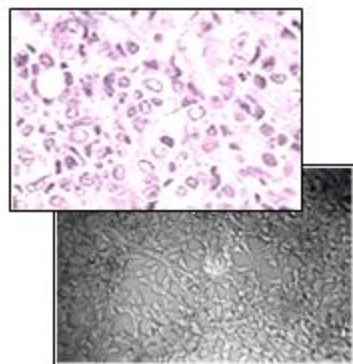




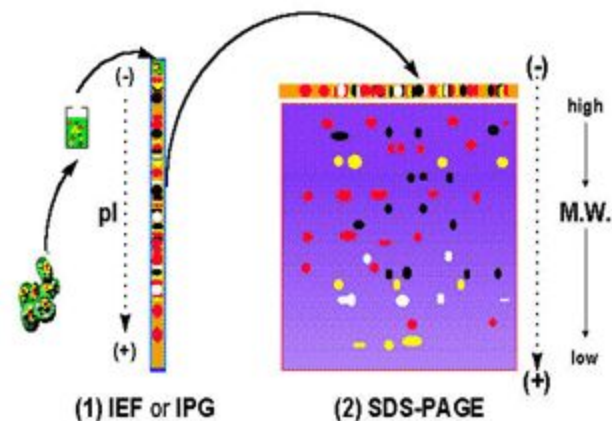
## Простата и ее окружение



## Образцы тканей и культивируемые клетки



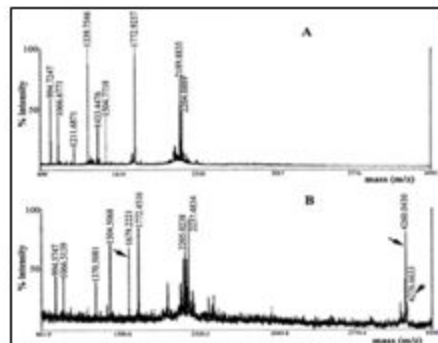
## Двумерный электрофорез



## Компьютерный анализ и идентификация белковых фракций, обзор литературы



## Масс-спектрометрия



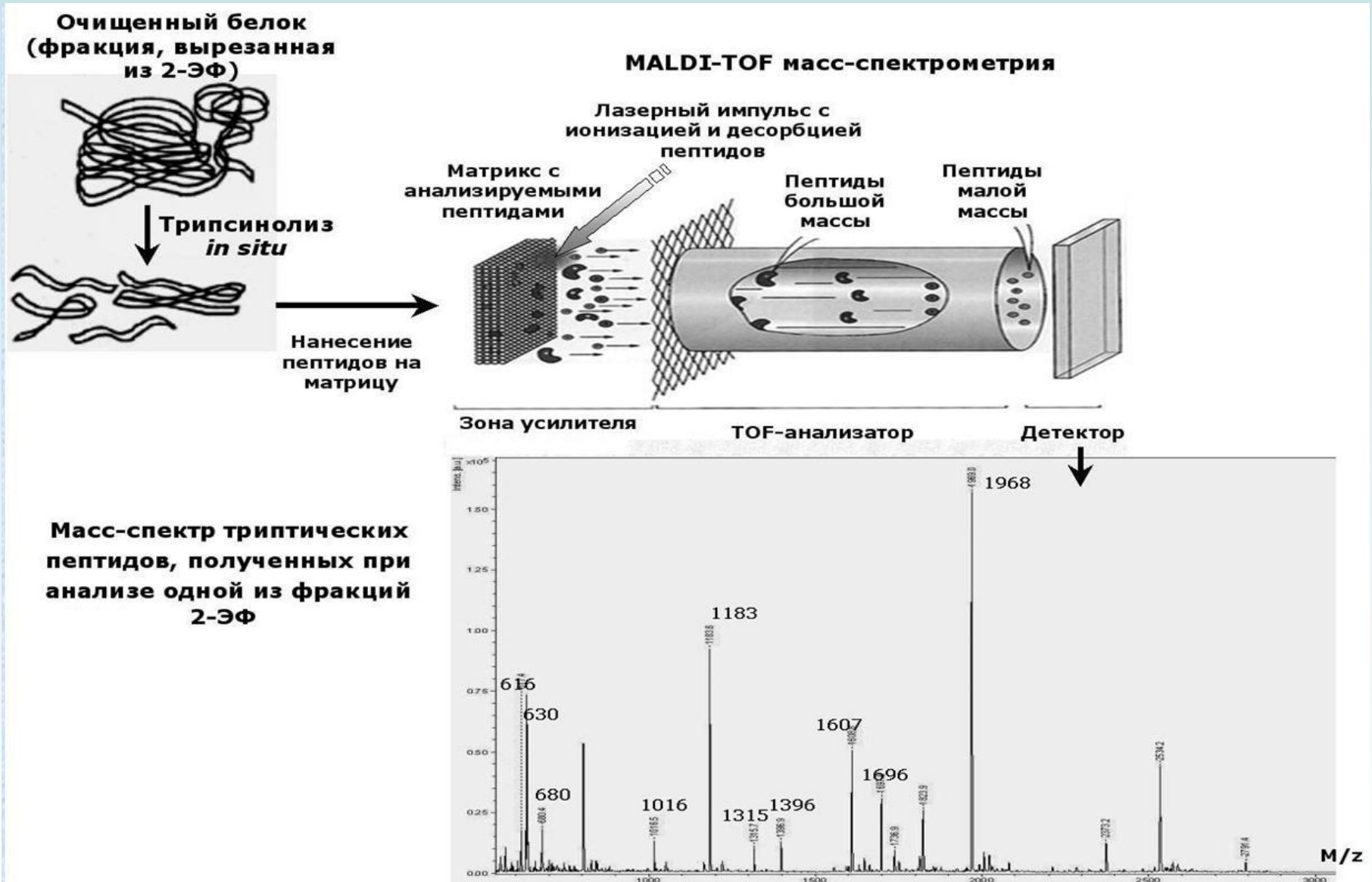
#	Accession	m	a*	d*	b*	Sep.	y	y*	y*	F				
1	72.02	72.02			200.00					14				
2	30.02	129.10			157.10			G	1441.66	1424.63	1422.61	13		
3	40.04	216.13			198.12	244.13		S	1304.64	1307.61	1306.61	12		
4	30.02	273.16			255.15	301.15		G	1297.61	1280.58	1279.61	11		
5	88.04	308.18			370.17	<b>406.28</b>		D	1240.58	1223.56	1222.57	10		
6	74.06	409.23			471.22	517.23		T	1125.56	1108.53	1107.55	9		
7	37.08	482.27			585.26	631.27	614.24		N	1024.51	1007.48	1006.50	8	
8	37.08	717.32			699.31	745.31	728.28		N	910.47	<b>893.44</b>	<b>892.40</b>	7	
9	120.02	844.30			847.36	846.37	<b>802.35</b>		F	<b>790.42</b>	779.40	778.41	6	
10	70.07	961.44			944.41	943.42	<b>900.43</b>		F	<b>640.30</b>	632.33	631.34	5	
11	136.08	1124.50			1107.47	1106.49	1152.50	<b>1136.47</b>		Y	552.30	535.28	534.29	4
12	86.10	1237.58			1220.56	1219.57	1265.58	1248.55		L	389.34	372.31	371.33	3
13	182.05	1346.63			1349.60	1348.62	1394.62	1377.60		E	<b>276.38</b>	259.33	258.34	2
14	101.11									K	347.31	138.00	1	

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. <a href="#">gi 41386697</a>	31265	362	troponin T, slow skeletal muscle [Bos taurus]
2. <a href="#">gi 21039010</a>	30148	360	troponin T slow skeletal muscle type [Bos taurus]
3. <a href="#">gi 344269649</a>	30074	358	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle-like [Loxodonta africana]
4. <a href="#">gi 187173290</a>	31223	337	troponin T, slow skeletal muscle isoform b [Homo sapiens]
5. <a href="#">gi 397471137</a>	31237	337	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle isoform 1 [Pan paniscus]
6. <a href="#">gi 507713406</a>	29906	335	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle isoform X5 [Octodon degus]
7. <a href="#">gi 55741809</a>	31224	335	troponin T, slow skeletal muscle [Sus scrofa]
8. <a href="#">gi 507713404</a>	30036	335	PREDICTED: troponin T, slow skeletal muscle isoform X4 [Octodon degus]
9. <a href="#">gi 187173292</a>	30078	335	troponin T, slow skeletal muscle isoform c [Homo sapiens]
10. <a href="#">gi 397471139</a>	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.AQELSDWIHQLESEKFDLMK.L + Oxidation (M)
2791.3582	2790.3510	2790.3534	-0.87	206	228	2	---	R.EKAQELSDWIHQLESEKFDLMK.L + Oxidation (M)

Protein sequence coverage: 55%

3

Matched peptides shown in **bold red**.

1	<b>MSDAEEQ</b> EYE	EEQPEEEEEAA	EEEEEAPEEP	EPAAEPEEER	PK <b>PSRPV</b> VVP
51	<b>LIPPKI</b> PEGE	<b>RVDFDDI</b> HRK	<b>RMEKD</b> LLELQ	<b>TLIDV</b> HFEQR	<b>KKEEEL</b> VAL
101	<b>KERIERR</b> RAE	<b>RAEQQR</b> FTE	<b>KERER</b> QAKLA	<b>EEMR</b> KEEEE	<b>AKKRAE</b> DDAK
151	<b>KKKVL</b> SNMGA	<b>HFGGYL</b> VKAE	<b>QKRGK</b> RQTGR	<b>EMKLR</b> ILSER	<b>KKPLN</b> IDHMG
201	<b>EEQLR</b> EKAQE	<b>LSDWI</b> HQLES	<b>EKFDL</b> MAKLK	<b>QQKYE</b> INVLY	<b>NRISHA</b> 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<sub>r</sub>): 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](#)