

## Задача 9.

### Исследуем белок (13 баллов)

#### 1. (2,5 балла)

- 1) Седиментационный анализ (ультрацентрифугирование).
- 2) Гель-хроматография.
- 3) Гель-электрофорез.
- 4) Осмометрический анализ (измерение осмотического давления белковых растворов).
- 5) Методы взвешивания «отдельных молекул» - масс-спектрометрия, «взвешивание» при помощи кантилевера.

**2. (1 балл)** Частота встречаемости аминокислот в белках в значительной степени определяется разной вырожденностью генетического кода, кодирующей аминокислоты (от 1 до 6 кодонов).

#### 3. (4,5 балла) Предположения:

- считаем, что белок кодируется стандартным генетическим кодом;
- пренебрегаем отличием веса реального белка от веса аминокислотной цепочки вследствие наличия связанных молекул воды, дополнительных молекул (например, соединений типа гемма в гемоглобине), дисульфидных связей и других посттрансляционных модификаций;
- считаем, что по условию в м-РНК встречаемость всех нуклеиновых кислот равновероятна;
- приблизительно считаем, что вероятности кодонов, кодирующих аминокислоты, равны

Оценим среднюю массу аминокислотного остатка исходя из вероятности встречаемости аминокислот (по числу кодонов, кодирующих каждую из них):  $M_{\text{пб}} = \sum_{\text{а/э}} \frac{(M_{\text{а/э}} - 18) \cdot n_{\text{а/э}}}{N}$ , где N – общее число кодонов, кодирующих аминокислоты (61).

Аминокислота	$M_{\text{а/к}}$ , г/моль	число кодонов $n_{\text{а/к}}$	Аминокислота	$M_{\text{а/к}}$ , г/моль	число кодонов $n_{\text{а/к}}$
Аланин	89,1	4	Лейцин	131,2	6
Аргинин	174,2	6	Лизин	146,2	2
Аспарагин	132,1	2	Метионин	149,2	1
Аспарагиновая кислота	133,1	2	Пролин	115,1	4
Валин	117,1	4	Серин	105,1	6
Глицин	75,1	4	Тирозин	181,2	2
Глутаминовая кислота	147,1	2	Треонин	119,1	4
Глутамин	146,1	2	Триптофан	204,2	1
Гистидин	155,2	2	Фенилаланин	165,2	2
Изолейцин	131,2	3	Цистеин	121,2	2

Подставляя в формулу, получаем  $M_{\text{пб}} = \sum_{\text{а/э}} \frac{(M_{\text{а/э}} - 18) \cdot n_{\text{а/э}}}{N} = 111,95$  г/моль.

Полученное значение (несмотря на отдельные значительные расхождения частот встречаемости, рассчитанных на основе вырожденности генетического кода, и справочных данных) очень близко к

массе, вычисленной по справочному среднему процентному содержанию аминокислот в белках  $\omega_{a/k}$ :

$$\sum_{\dot{a}/\dot{e}} \frac{(M_{\dot{a}/\dot{e}} - 18) \cdot \omega_{\dot{a}/\dot{e}}}{100\%} = 111,22 \text{ г/моль.}$$

Примерное число аминокислотных остатков можно оценить как  $90000/111,95 \approx 804$

**4. (2,5 балла)** Согласно справочным данным, плотность плотноупакованных глобул белков составляет примерно  $1,38 \text{ г/см}^3$ . (Можно было по справочнику взять размер и массу глобулярного белка и по формуле  $\rho = M/V$  получить примерно такую величину плотности). Тогда объем отдельной

$$\text{молекулы } V = \frac{M}{N_a \cdot \rho} = \frac{90000}{6,022 \cdot 10^{23} \cdot 1,38 \cdot 10^6} = 1,08 \cdot 10^{-25} \text{ м}^3.$$

$$\text{Вычислим радиус: } r = \sqrt[3]{\frac{3V}{4\pi}} = 2,96 \cdot 10^{-9} = 2,96 \text{ нм.}$$

Предположения:

- аминокислоты плотноупакованы в одну глобулу
- молекула белка имеет сферическую форму

**5. (1 балл)** Поскольку форма белка не будет идеально сферической, то любое изменение ее формы приведет к увеличению размера. Помимо этого, молекула белка может иметь менее плотную упаковку (состоять из нескольких глобул), содержать молекулы воды внутри глобулы – что дополнительно приведет к увеличению реальных размеров.

**6. (1,5 балла)**

- 1) Седиментационный анализ – оценочный анализ размера и формы (глобулярная, вытянутая, фибриллярная).
- 2) Атомная силовая микроскопия – визуализация размера и формы, морфологии.
- 3) Просвечивающая электронная микроскопия.
- 4) Рентгеноструктурный анализ.