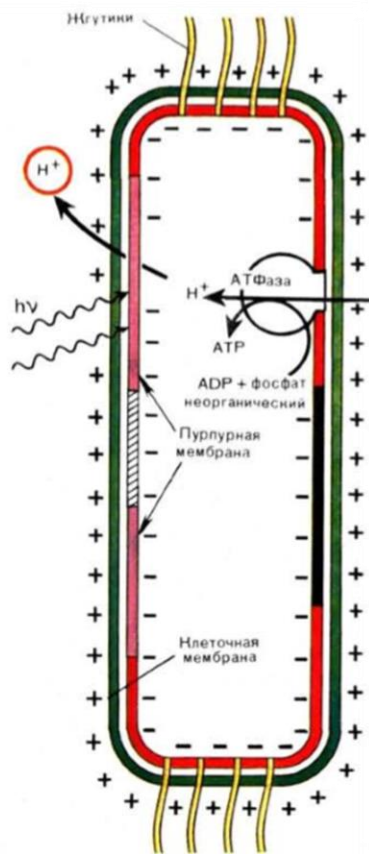
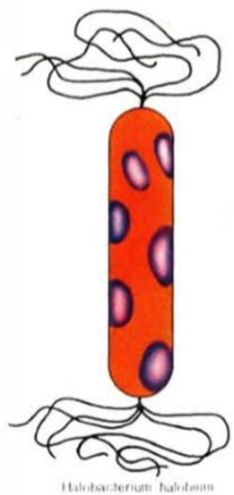




Биомембраны и липиды

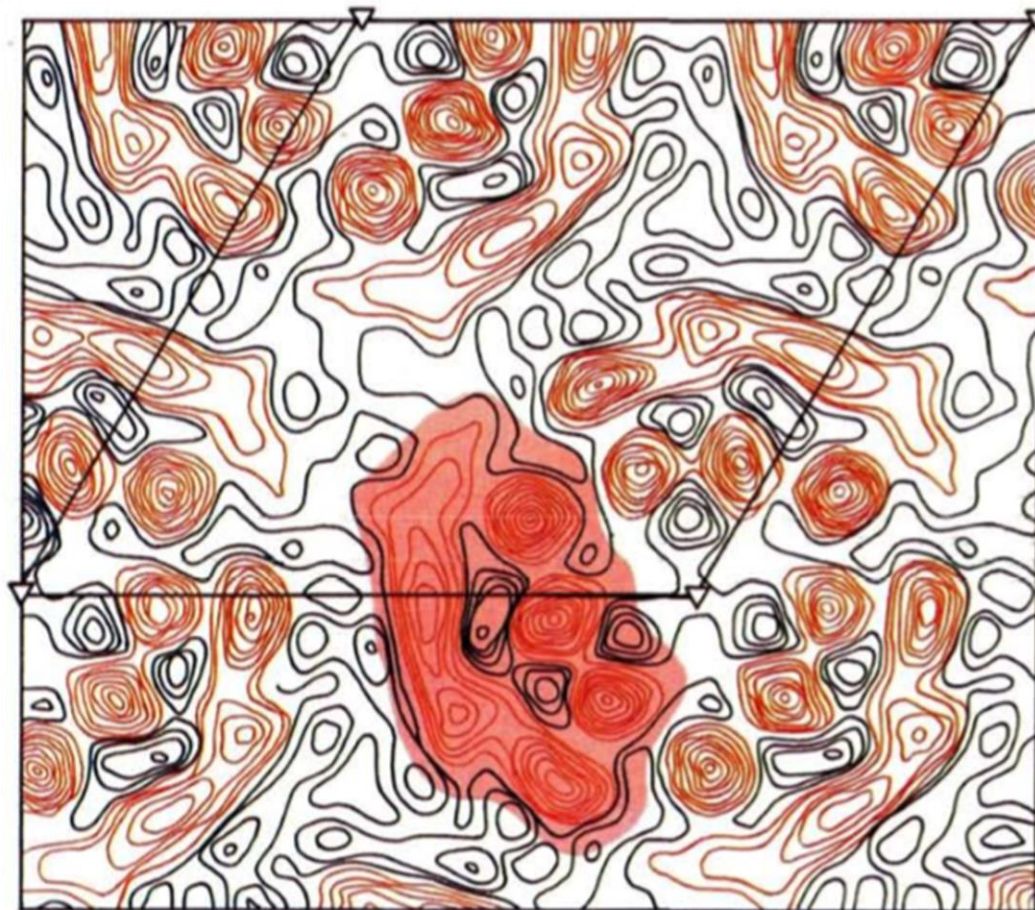
ХАРАКТЕРИСТИКА ОТДЕЛЬНЫХ
БИОЛОГИЧЕСКИХ МЕМБРАННЫХ
СИСТЕМ

Пурпурная мембрана и бактериородопсин

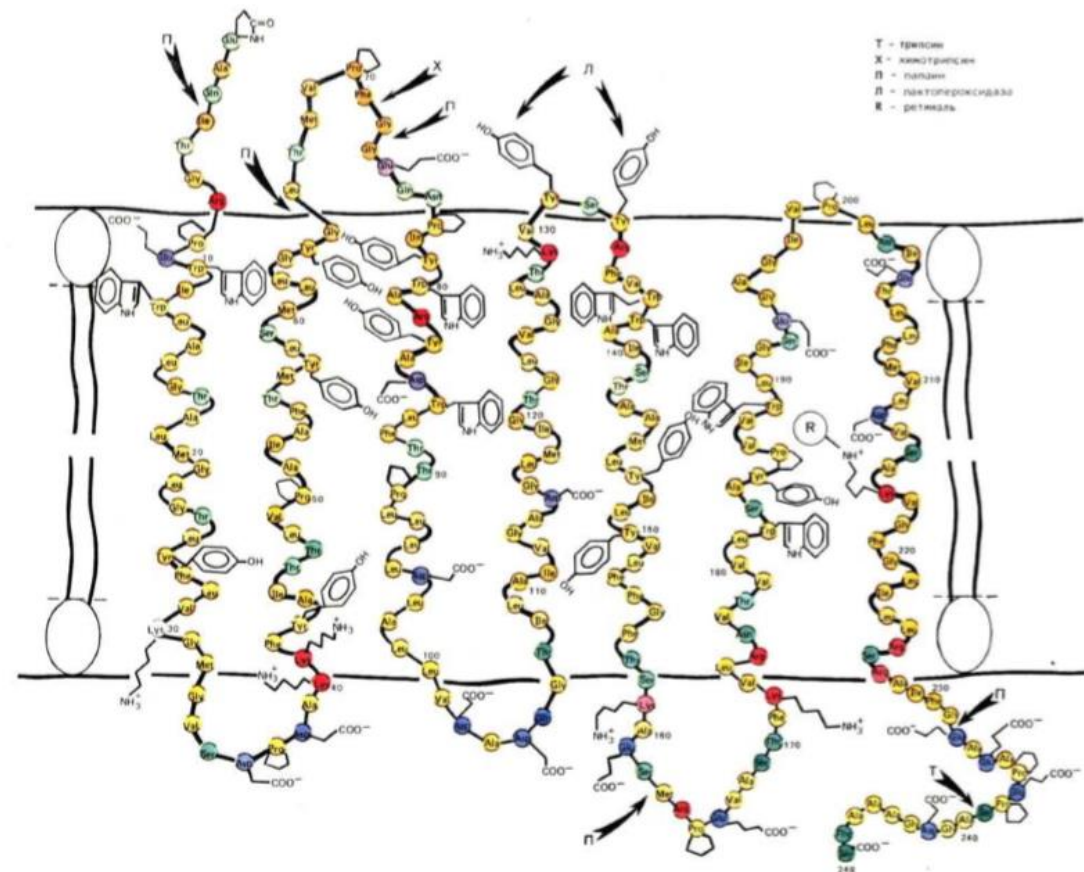


Светозависимый синтез
АТФ в клетках
Halobacterium halobium

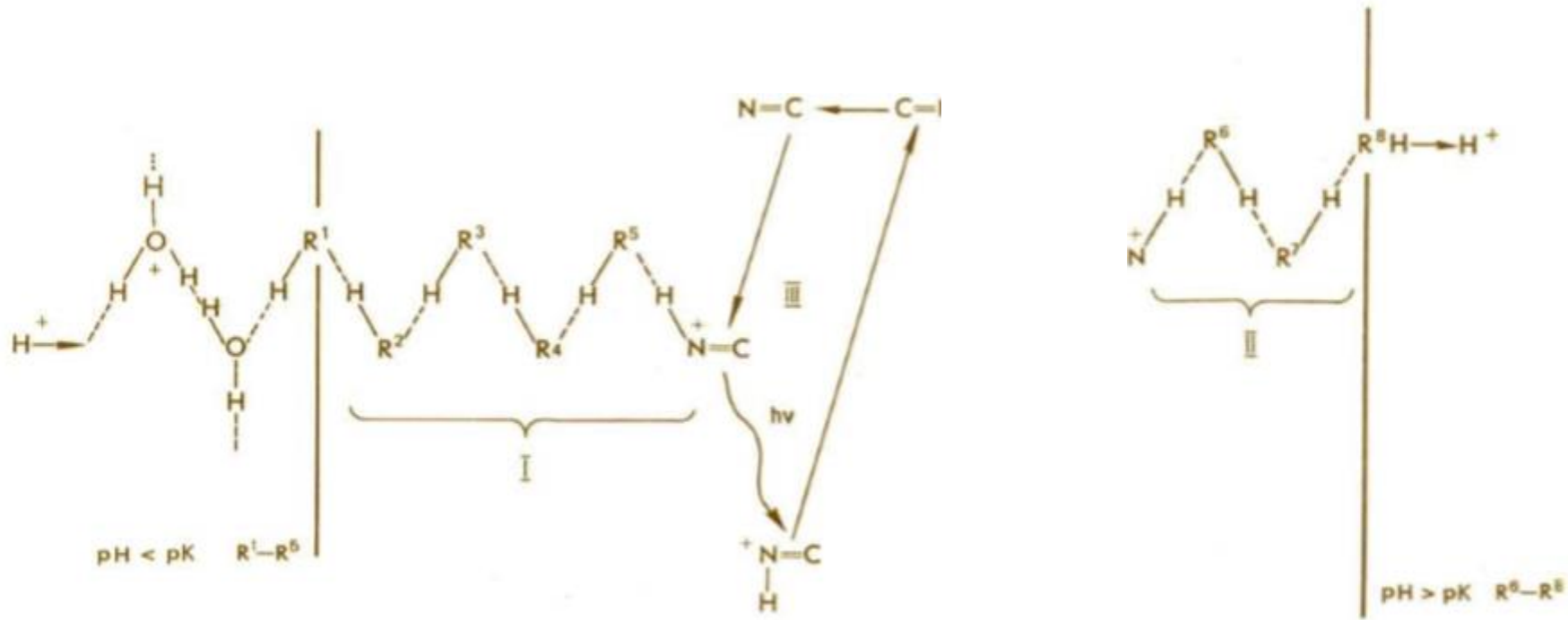
Карта электронной плотности пурпурных мембран



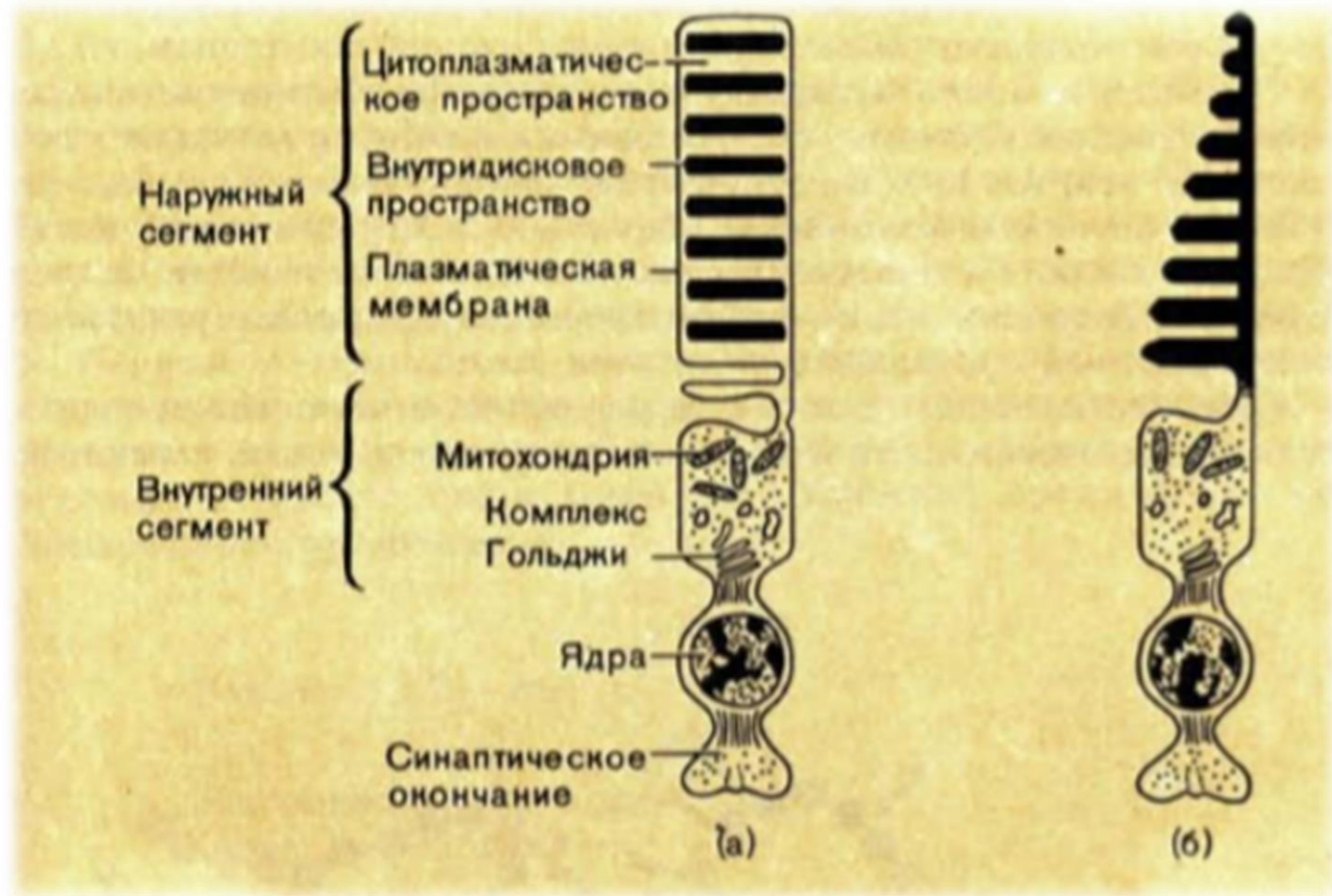
Топография бактериородопсина в мембране



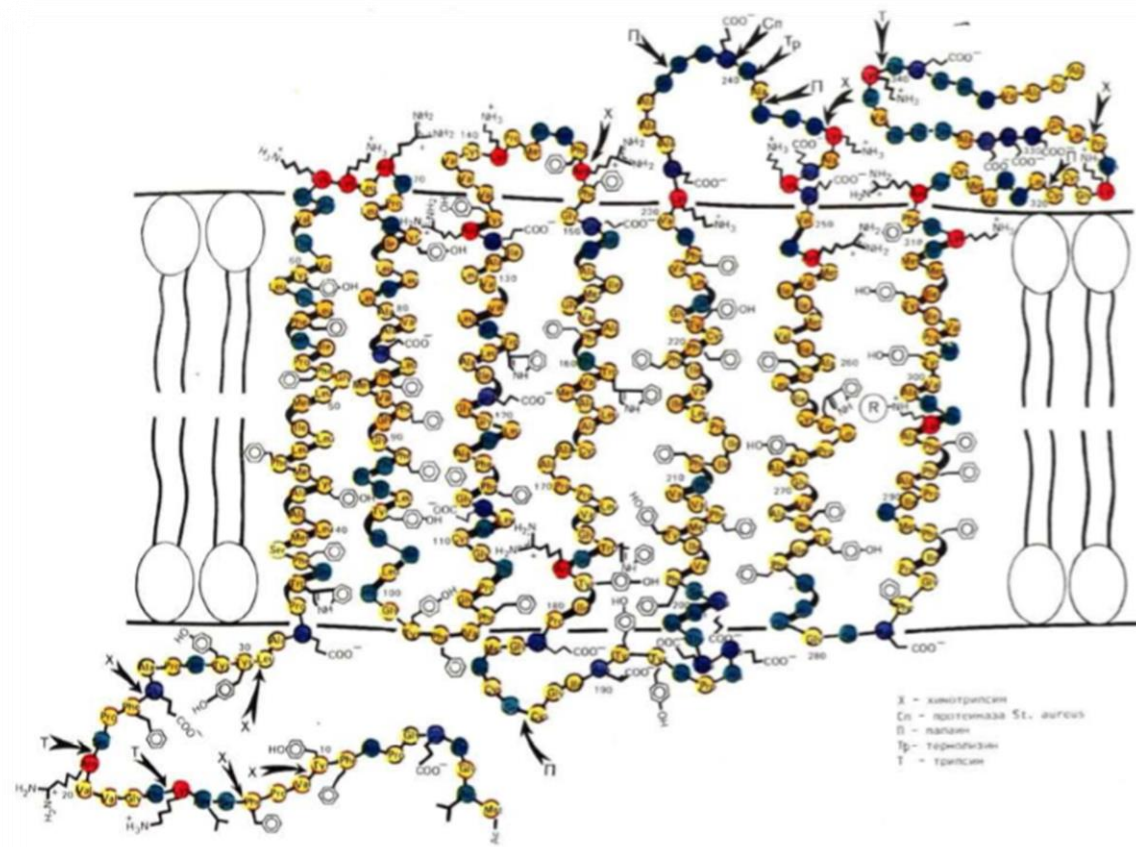
Один из возможных механизмов переноса протона через молекулу бактериородопсина: R^1-R^6 — аминокислотные остатки, участвующие в образовании цепей водородных связей I и II; III — светоиндуцированное превращение альдимины ретиналя



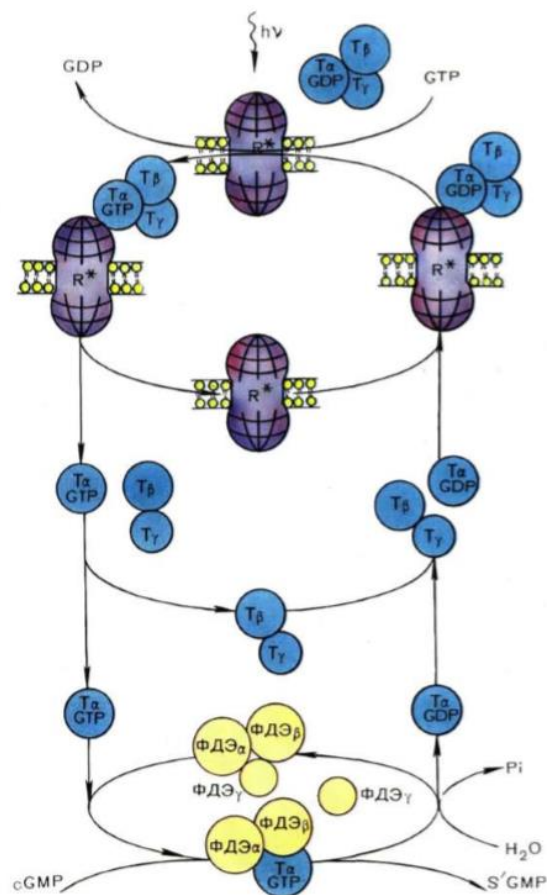
Зрительный родопсин

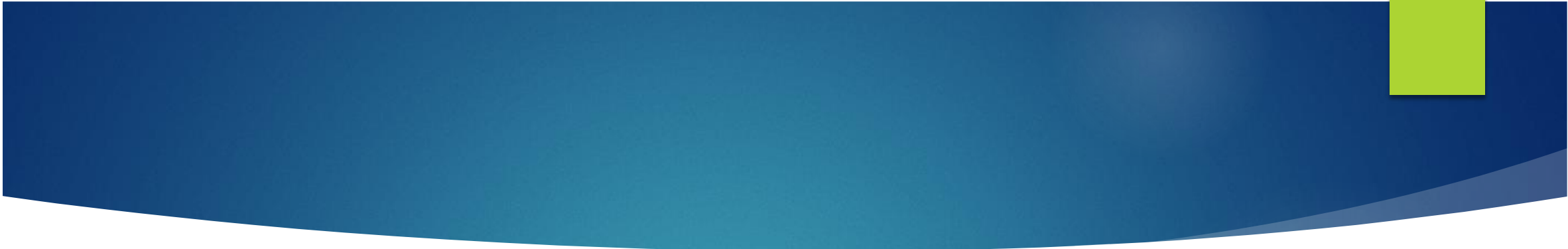


Топография родопсина в мембране



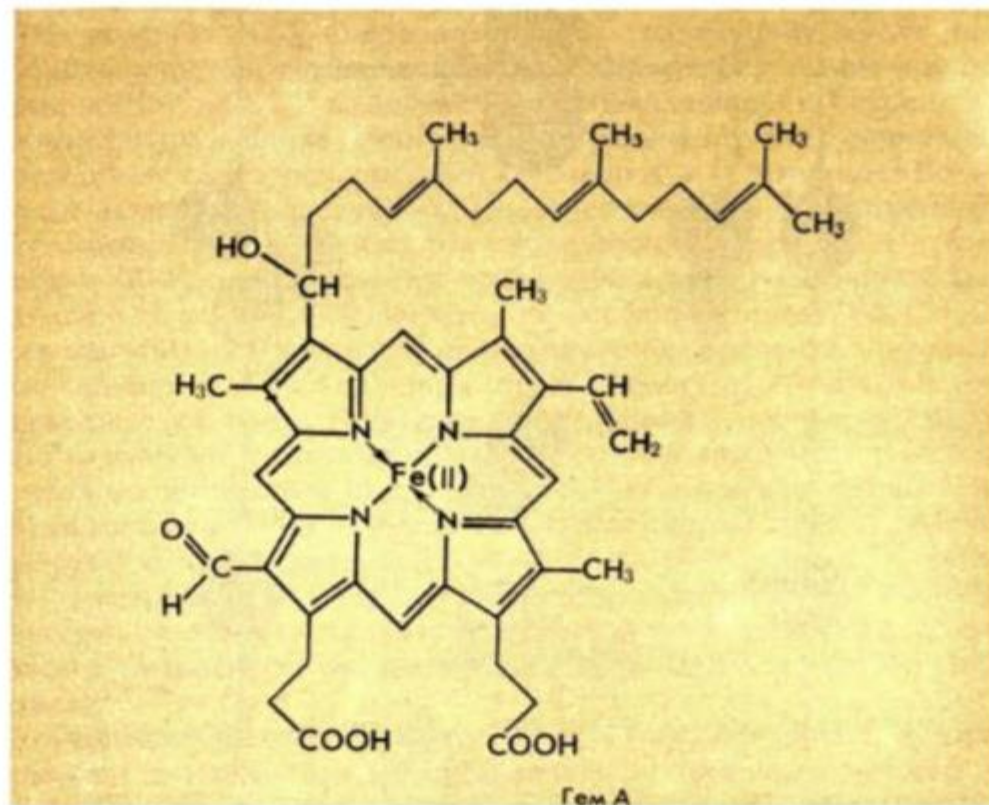
На рисунке представлена схема функционирования белков зрительного каскада



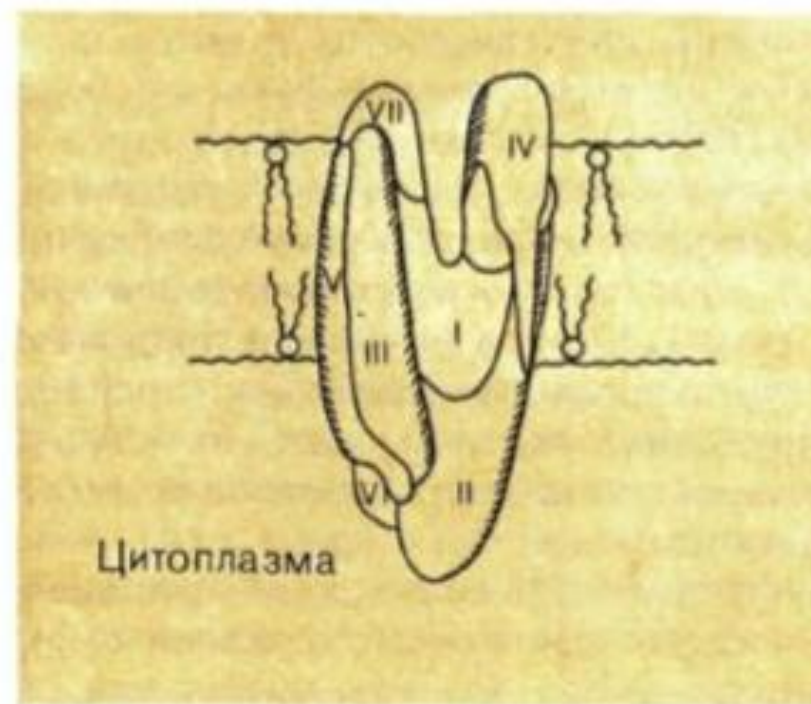


Цитохром-с-оксидаза

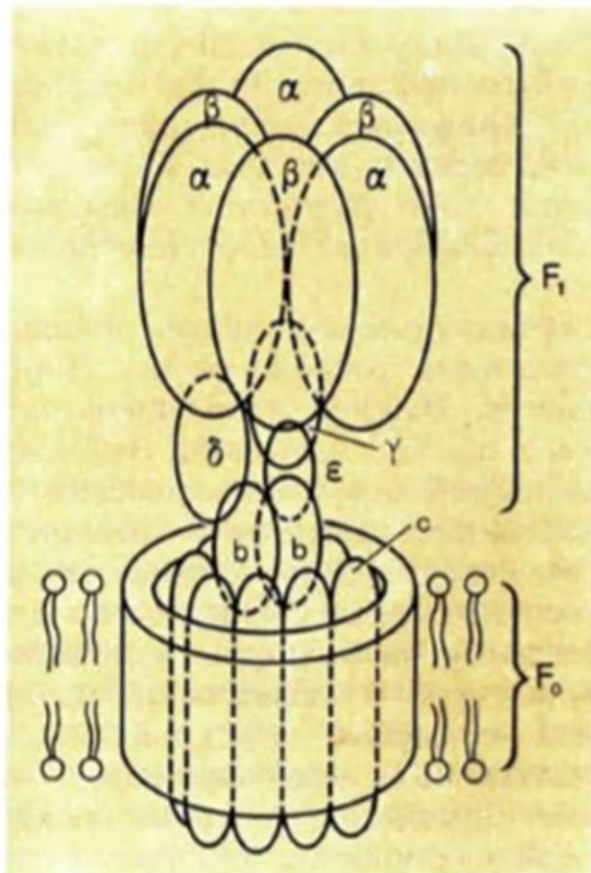
Цитохромоксидаза представляет собой мультисубъединичный интегральный мембранный белок, содержащий 2 гема а и 2 иона меди



Трехмерная модель мономера цитохромоксидазы (разрешение ~ 2,5 нм)

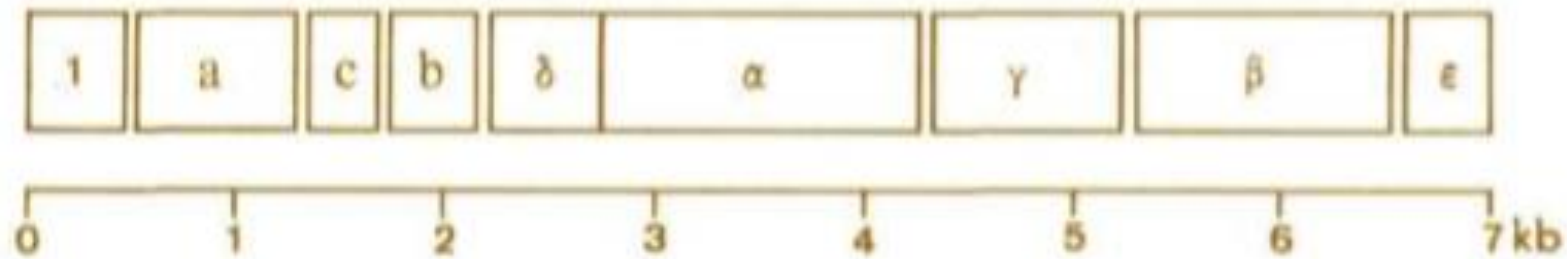


Транспортные аденозинтрифосфатазы (АТФазы)



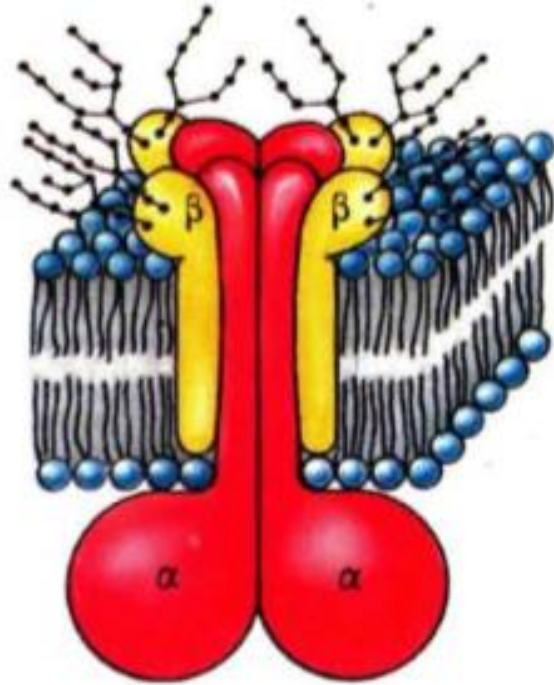
Модель структурной
организации H⁺ -АТФазы
E. coli

Схема строения *lac*-оперона *E. coli*



	F_0			F_1				
Число аминокислотных остатков	a	b	c	a	β	γ	δ	ϵ
	271	156	79	513	459	287	177	133
Молекулярная масса	30267	17212	8250	55264	50157	31410	19310	14194

Трехмерная модель Na^+ , K^+ АТФазы



Аминокислотная последовательность α-субъединицы Na⁺, K⁺ АТФазы почек свиньи

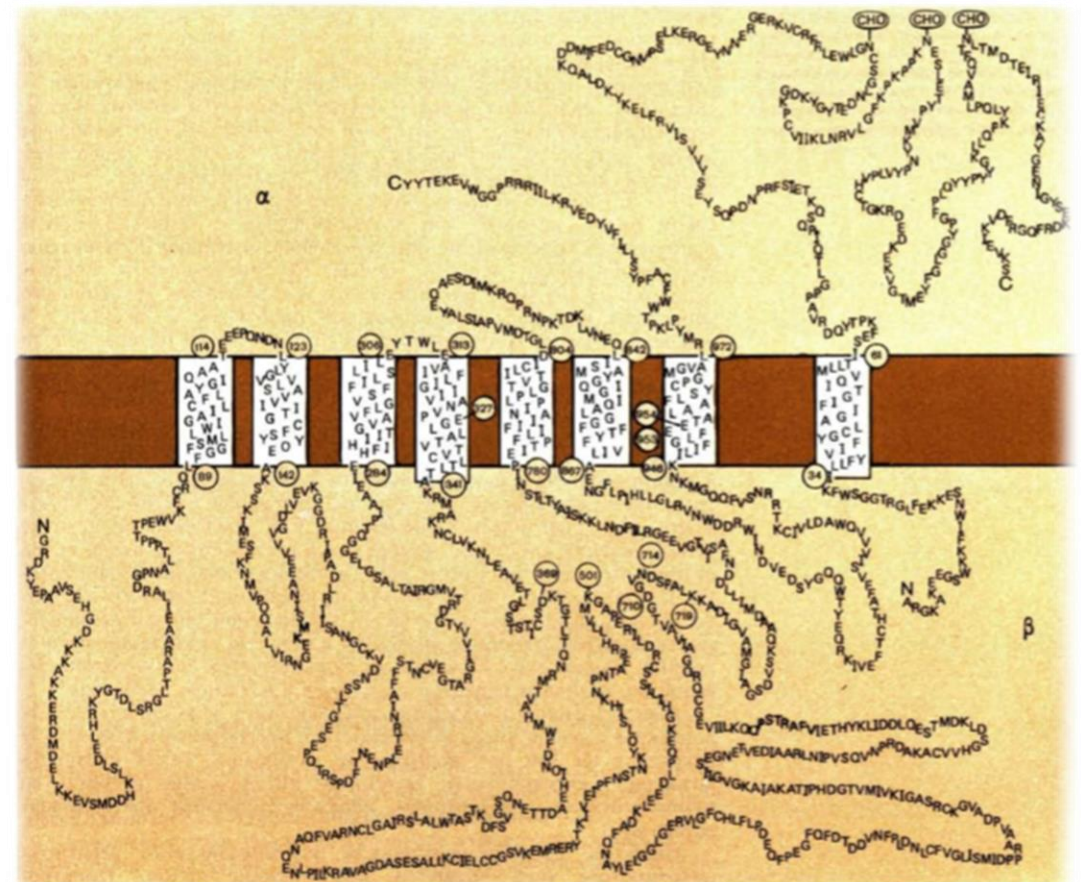
```
1-19 AGGACCCGGCGGGGACACAGACCACCCGCACT ATG GGG AAG GGG GTT  
(-5)-(-1) Met-Gly-Lys-Gly-Val-  
16-90 GGA CGC GAT AAA TAT GAG CCC GCA GCC GTG TCA GAG CAT GGC GAC AAA AAG AAG GCC AAG AAG GAG AGG GAT ATG  
1-25 Gly-Arg-Asp-Lys-Tyr-Glu-Pro-Ala-Ala-Val-Ser-Glu-His-Gly-Asp-Lys-Lys-Lys-Ala-Lys-Lys-Glu-Arg-Asp-Met-  
91-165 GAT GAG CTG AAG AAG GAA GTT TCT ATG GAT GAC CAT AAA CTT AGC CTT GAT GAG CTT CAT CGC AAA TAC GGA ACG  
26- 50 Asp-Glu-Leu-Lys-Lys-Glu-Val-Ser-Met-Asp-Asp-His-Lys-Leu-Ser-Leu-Asp-Glu-Leu-His-Arg-Lys-Tyr-Gly-Thr-  
166-240 GAC TTG AGC CGA GGC TTA ACA CCT GCT CGA GCT GCT GAG ATC CTA GCC CGA GAC GGT CCC AAT GCC CTG ACA CCC  
51- 75 Asp-Leu-Ser-Arg-Gly-Leu-Thr-Pro-Ala-Arg-Ala-Ala-Glu-Ile-Leu-Ala-Arg-Asp-Gly-Pro-Asn-Ala-Leu-Thr-Pro-  
241-315 CCA CCC ACA ACC CCT GAA TGG GTC AAG TTC TGT CGG CAG CTC TTC GGA GGC TTC TCC ATG TTA CTG TGG ATC GGA  
76-100 Pro-Pro-Thr-Thr-Pro-Glu-Trp-Val-Lys-Phe-Cys-Arg-Gln-Leu-Phe-Gly-Gly-Phe-Ser-Met-Leu-Leu-Trp-Ile-Gly-  
316-390 GCG ATT CTT TGT TTC TTG GCC TAT GGC ATT CAA GCT GCT ACA GAA GAG GAA CCT CAA AAT GAT AAT CTG TAC CTT  
101-125 Ala-Ile-Leu-Cys-Phe-Leu-Ala-Tyr-Gly-Ile-Gln-Ala-Ala-Thr-Glu-Glu-Glu-Pro-Gln-Asn-Asp-Asn-Leu-Tyr-Leu-  
391-465 GGT GTG GTG CTC TCC GCC GTC GTC ATC ATA ACT GGC TGT TTC TCC TAC TAT CAA GAA GCG AAA AGC TCA AAG ATC  
126-150 Gly-Val-Val-Leu-Ser-Ala-Val-Val-Ile-Ile-Thr-Gly-Cys-Phe-Ser-Tyr-Tyr-Gln-Glu-Ala-Lys-Ser-Ser-Lys-Ile-  
466-540 ATG GAA TCC TTC AAA AAC ATG GTT CCT CAG CAA GCC CTC GTG ATT CGA AAT GGT GAA AAG ATG AGC ATA AAT GCA  
151-175 Met-Glu-Ser-Phe-Lys-Asn-Met-Val-Pro-Gln-Gln-Ala-Leu-Val-Ile-Arg-Asn-Gly-Glu-Lys-Met-Ser-Ile-Asn-Ala-  
541-615 GAG GAA GTC GTC GGC GAT CTG GTG GAG GTG AAG GGA GGG GAT CGA ATC CCT GCT GAC CTC AGG ATC ATA TCT  
176-200 Glu-Glu-Val-Val-Val-Gly-Asp-Leu-Val-Glu-Val-Lys-Gly-Gly-Asp-Arg-Ile-Pro-Ala-Asp-Leu-Arg-Ile-Ile-Ser-  
616-690 GCG AAC GGC TGC AAG GTG GAC AAC TCC TCC CTC ACT GGT GAA TCA GAA CCG CAG ACC AGG TCT CCA GAT TTC ACC  
201-225 Ala-Asn-Gly-Cys-Lys-Val-Asp-Asn-Ser-Ser-Leu-Thr-Gly-Glu-Ser-Glu-Pro-Gln-Thr-Arg-Ser-Pro-Asp-Phe-Thr-  
691-765 AAT GAG AAC CCC CTG GAG ACT AGG AAC ATC GCC TTT TTT TCA ACC AAC TGC GTT GAA GGC ACT GCA CGT GGT ATT  
226-250 Asn-Glu-Asn-Pro-Leu-Glu-Thr-Arg-Asn-Ile-Ala-Phe-Phe-Ser-Thr-Asn-Cys-Val-Glu-Gly-Thr-Ala-Arg-Gly-Ile-  
766-840 GTG GTG TAC ACT GGC GAT CGC ACC GTG ATG GGC AGA ATC GCT ACC CTT GCT TCC GGG CTG GAA GGG GGC CAG ACT  
251-275 Val-Val-Tyr-Thr-Gly-Asp-Arg-Thr-Val-Met-Gly-Arg-Ile-Ala-Thr-Leu-Ala-Ser-Gly-Leu-Glu-Gly-Gly-Gln-Thr-  
841-915 CCC ATC GCT GCG GAG ATT GAA CAT TTT ATC CAC ATC ATC ACG GGC GTG GCC GTG TTC CTG GGC GTG TCC TTC TTC  
276-300 Pro-Ile-Ala-Ala-Glu-Ile-Glu-His-Phe-Ile-His-Ile-Ile-Thr-Gly-Val-Ala-Val-Phe-Leu-Gly-Val-Ser-Phe-Phe-  
916-990 ATC CTT TCT CTG ATC CTC GAG TAC ACC TGG CTC GAG GCC GTC ATC TTC CTC ATC GGG ATC ATT GTA GCC AAC GTG  
301-325 Ile-Leu-Ser-Leu-Ile-Leu-Glu-Tyr-Thr-Trp-Leu-Glu-Ala-Val-Ile-Phe-Leu-Ile-Gly-Ile-Ile-Val-Ala-Asn-Val-  
991-1065 CCT GAA GGT TTG CTG GCC ACC GTC ACG GTG TGC TTG ACC CTG ACT GCC AAG CGC ATG GCC AGG AAG AAC TGC CTT  
326- 350 Pro-Glu-Gly-Leu-Leu-Ala-Thr-Val-Thr-Val-Cys-Leu-Thr-Leu-Thr-Ala-Lys-Arg-Met-Ala-Arg-Lys-Asn-Cys-Leu-  
1066-1140 GTG AAG AAC TTG GAG GCT GTG GAG ACC CTG GGG TCC ACA TCC ACC ATC TGC TCA GAC AAA ACC GGA ACC CTC ACC  
351- 375 Val-Lys-Asn-Leu-Glu-Ala-Val-Glu-Thr-Leu-Gly-Ser-Thr-Ser-Thr-Ile-Cys-Ser-Asp-Lys-Thr-Gly-Thr-Leu-Thr-  
1141-1215 CAG AAC CGA ATG ACA GTG GCC CAC ATG TGG TTC GAC AAT CAA ATC CAC GAG GCT GAC ACG ACG GAA AAT CAG AGC  
376- 400 Gln-Asn-Arg-Met-Thr-Val-Ala-His-Met-Trp-Phe-Asp-Asn-Gln-Ile-Mis-Glu-Ala-Asp-Thr-Thr-Glu-Asn-Gln-Ser-  
1216-1290 GGT GTC TCA TTC GAC AAG ACT TCG GCC ACC TGG CTT GCT CTG TCC AGA ATT GCA GGT CTT TGT AAC AGG GCA GTG  
401- 425 Gly-Val-Ser-Phe-Asp-Lys-Thr-Ser-Ala-Thr-Trp-Leu-Ala-Leu-Ser-Arg-Ile-Ala-Gly-Leu-Cys-Asn-Arg-Ala-Val-  
1291-1365 TTC CAG GCC AAC CAG GAA AAC CTA CCT ATC CTG AAG CGG GCA GTG GCG GGC GAC GCC TCC GAG TCC GCG CTC TTA  
426- 450 Phe-Gln-Ala-Asn-Gln-Glu-Asn-Leu-Pro-Ile-Leu-Lys-Arg-Ala-Val-Ala-Gly-Asp-Ala-Ser-Glu-Ser-Ala-Leu-Leu-  
1366-1440 AAG TGC ATC GAG CTG TGC TGT GGG TCC GTG AAG GAG ATG AGG GAG CGA TAC ACC AAG ATC GTC GAG ATT CCC TTC  
451- 475 Lys-Cys-Ile-Glu-Leu-Cys-Cys-Gly-Ser-Val-Lys-Glu-Met-Arg-Glu-Arg-Tyr-Thr-Lys-Ile-Val-Glu-Ile-Pro-Phe-  
1441-1515 AAC TCC ACC AAC AAG TAC CAG CTG TCC ATC CAC AAG AAC CCC AAC ACG GCT GAG CCC CGG CAC CTG CTG GTG ATG  
476- 500 Asn-Ser-Thr-Asn-Lys-Tyr-Gln-Leu-Ser-Ile-His-Lys-Asn-Pro-Asn-Thr-Ala-Glu-Pro-Arg-His-Leu-Leu-Val-Met-
```



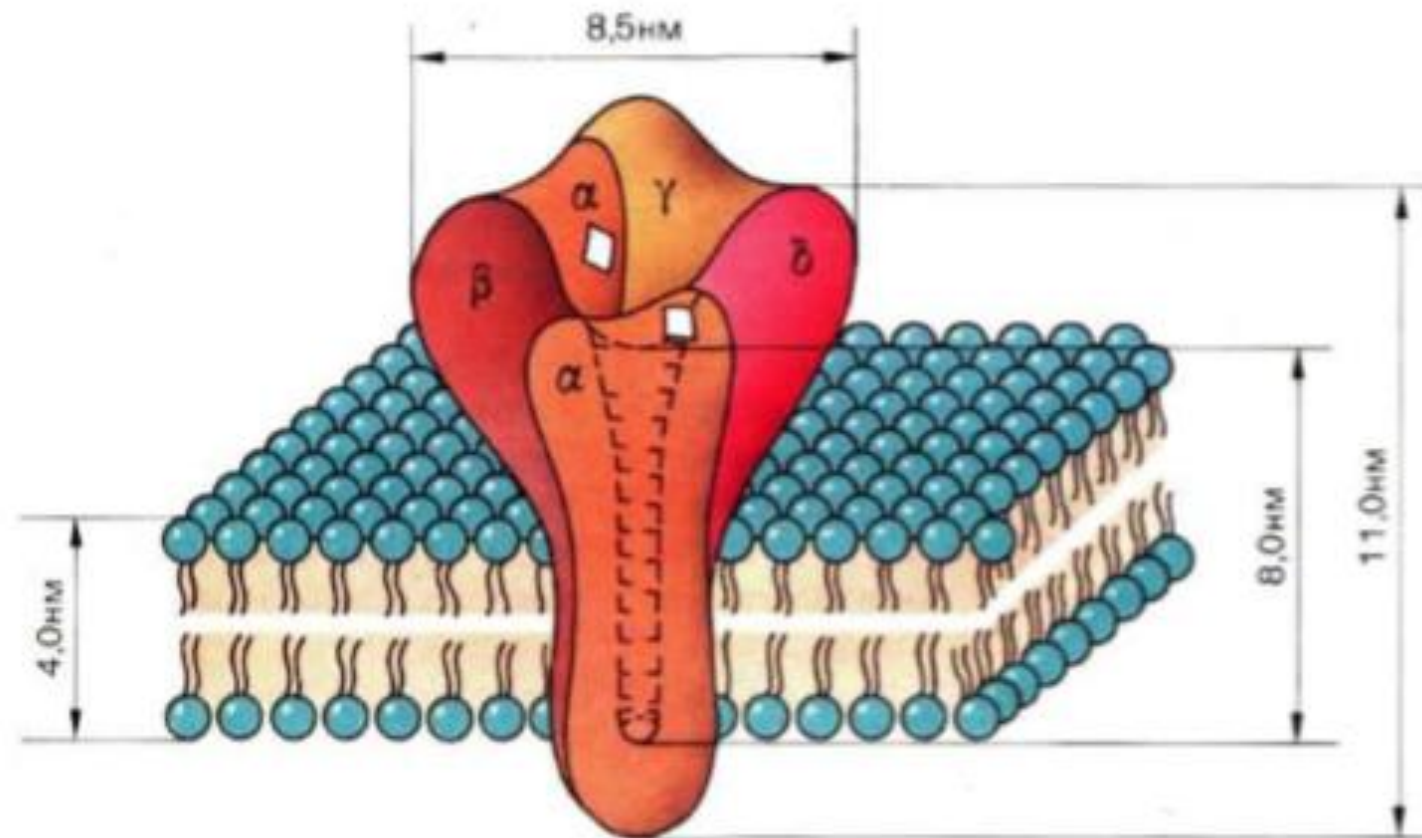
Схема пространственной организации молекул α - и ρ -субъединиц Na^+ , K^+ -АТФазы.

Предполагаемые внутримембранные фрагменты белка обозначены прямоугольниками.

Гликозилированные остатки аспарагина обозначены CHO



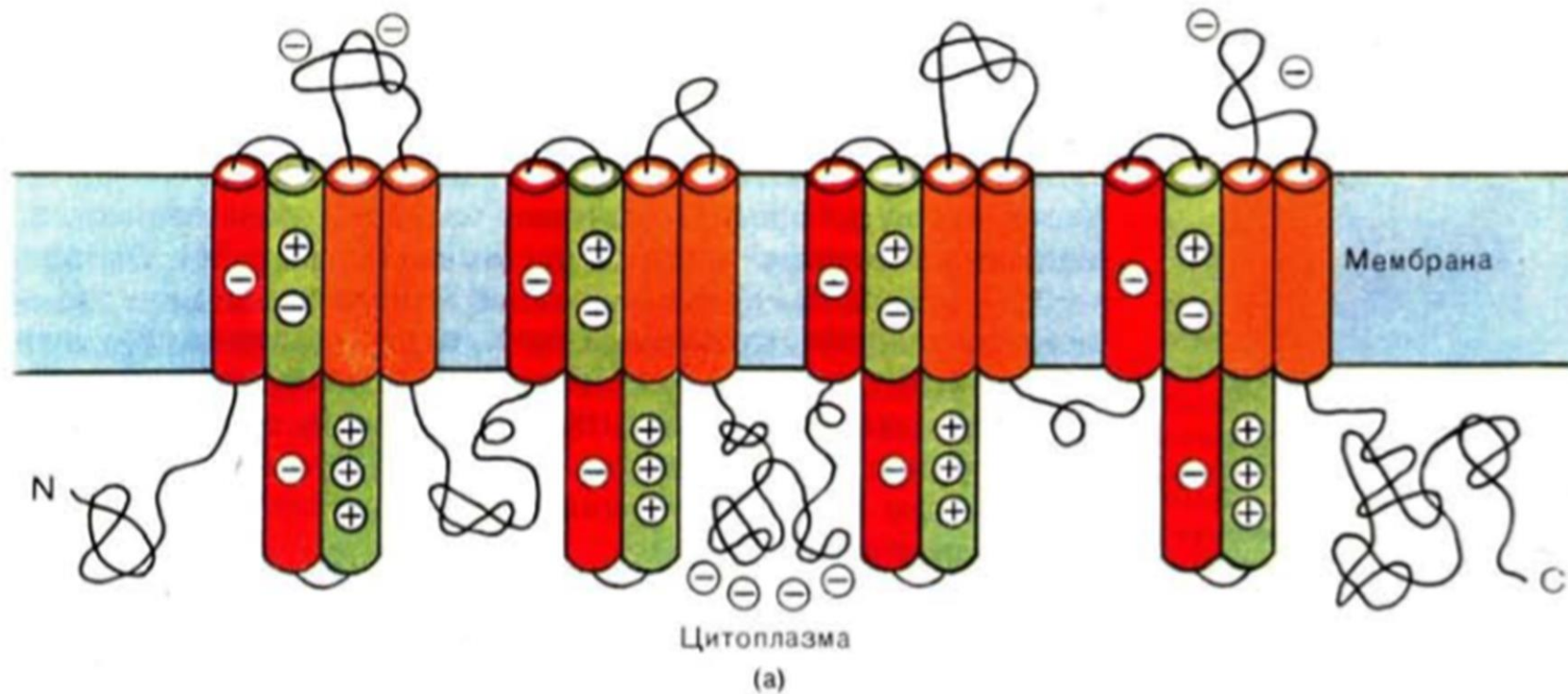
Модель трансмембранной организации ацетилхолинового рецептора



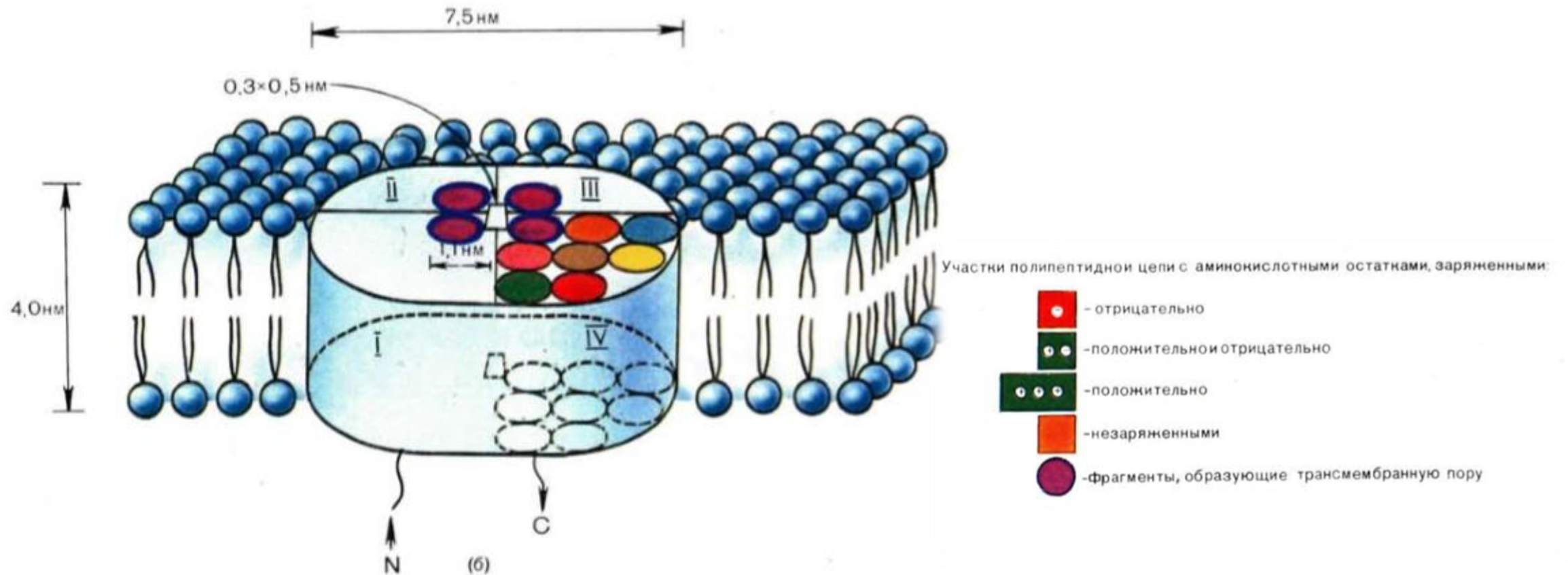


Натриевый канал

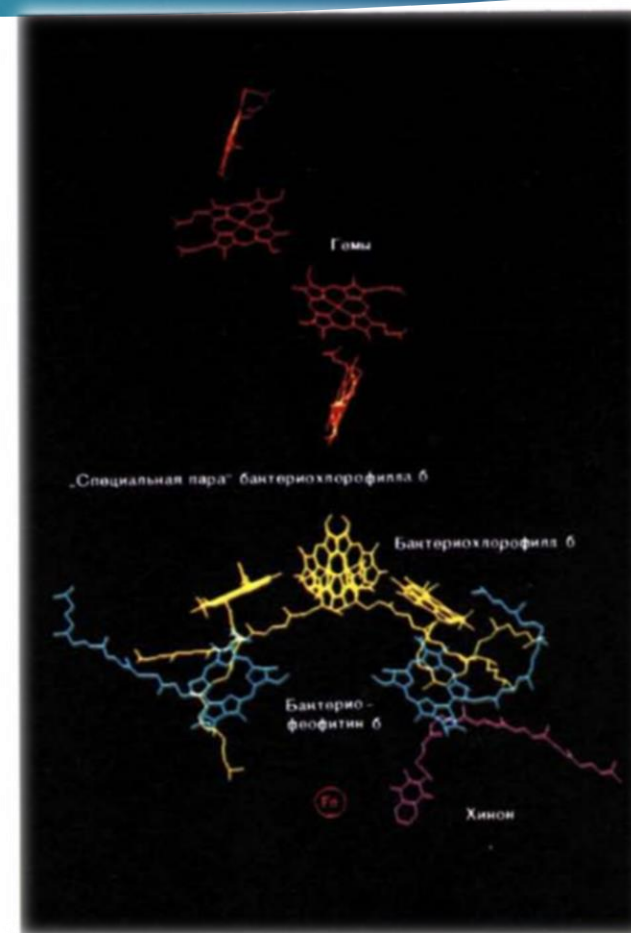
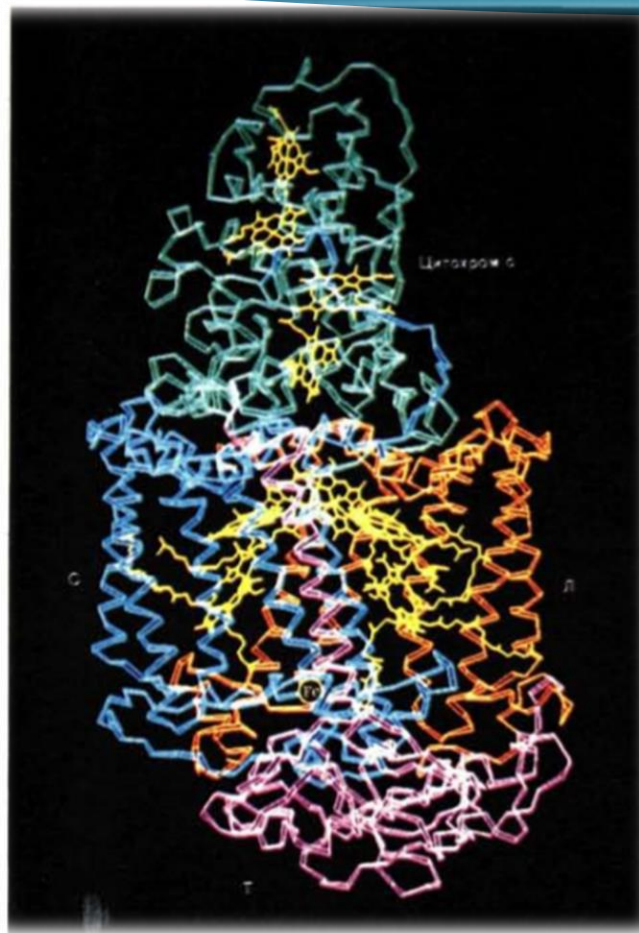
Аминокислотная последовательность белка натриевого канала из электрического органа угря была определена в лаборатории Ш. Нумы при анализе кДНК, полученной с использованием мРНК электроплаксов



Гипотетическая модель натриевого канала: (а) — схема укладки полипептидной цепи; (б) — схема пространственной организации



Белки фотосинтетических реакционных центров





СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ!