

TABIY PROTEINLAR: MANBALARI VA QO'LLANISHI

XO'JANIYAZOV AZAMAT RUZIMBAEVICH

Toshkent tibbiyot akademiyasi Urganch filiali assistenti

E-mail: x.azamat1992@gmail.com

IBODULLAYEVA MUKADDAS OLIMBAYEVNA

Toshkent tibbiyot akademiyasi Urganch filiali assistenti

E-mail: ibodullayevamuqaddas@gmail.com

БАЛТАЕВА МУХАББАТ МАТНАЗАРОВНА

*Доцент, кандидат химических наук кафедры химии факультета
естественных и сельскохозяйственных наук Ургенчского
государственного университета*

ANNOTATSIYA: *Butun dunyoda o'simlik oqsili oziq-ovqat manbai sifatida katta hissa qo'shadi, chunki u inson fiziologik ehtiyojlarini qondirish uchun muhim aminokislotalarni o'z ichiga oladi. Biroq, ko'p qirrali o'simlik oqsillari bioteknologiyaning molekulyar vositalaridan foydalangan holda ishlab chiqarilganligi sababli dorivor vositalar sifatida ishlatiladi. Proteinlarni o'simliklar, hayvonlar va mikroorganizm hujayralaridan olish mumkin. Ko'p miqdorda iqtisodiy oqsillarni o'simlik urug'idan olish mumkin. Ushbu tabiiy oqsillar oqsillarning fizik-kimyoviy xususiyatlariiga qarab izolyatsiyalash usullari bilan olinadi. O'zaro bog'liq bo'lмаган oqsillar aralashmalarini o'z ichiga olgan hujayralardan bitta oqsilni ajratish va tozalash oqsillarning fizik va kimyoviy xususiyatlari tufayli amalgalash oshiriladi.*

ANNOTATION: *Worldwide, plant protein contributes substantially as a food resource because it contains essential amino acids for meeting human physiological requirements. However, many versatile plant proteins are used as medicinal agents as they are produced by using molecular tools of biotechnology. Proteins can be obtained from plants, animals and microorganism cells. The abundant economical proteins can be obtained from plant seeds. These natural*

Modern education and development

proteins are obtained by isolation procedures depending on the physicochemical properties of proteins. Isolation and purification of single protein from cells containing mixtures of unrelated proteins is achievable due to the physical and chemical attributes of proteins.

KALIT SO'ZLAR: Aminokislalar, tabiiy oqsillar, SDS gel elektroforez, tuzlash

KEY WORDS: Amino acid, natural proteins, SDS gel electrophoresis, salting out

KIRISH

Turli xil tana funktsiyalarini bajarish uchun, tana muntazam ravishda o'simlik yoki hayvonot manbalaridan yoki ikkalasidan olinadigan vitaminlar, minerallar, oqsillar, tolalar va uglevodlar kabi ozuqa moddalariga muhtojdir. Oziq moddalar orasida inson tanasi oqsillarni eng muhim birikmalar sifatida talab qiladi, chunki ular hujayralar va to'qimalarni qurishda va tanadagi to'qimalarni tiklashga yordam beradi. Tana yoki mushaklarni qurishni o'ylaydiganlar uchunyuqori proteinli mahsulotlar tavsiya etiladi. Agar tanada uglevodlar va yog'lar yetishmasa, organizm energiya ishlab chiqarish uchun oqsillardan foydalanadi, chunki ular mushak massasini qurish uchun zarurdir.

"To'liq protein" atamasi tanadagi oqsillarni hosil qilish uchun to'qqizta muhim aminokislalarning to'g'ri nisbatida bo'lgan oziq-ovqatlarni anglatadi. Bundan farqli o'laroq, "to'liq bo'limgan oqsil" barcha muhim aminokislalarga ega bo'lgan, ammo to'g'ri nisbatda bo'limgan va "cheklovchi aminokislota" deb ataladigan oziq-ovqatlarni bildiradi[2].

Shunday qilib, oqsillar nafaqat inson tanasida, balki sanoatda ham keng qo'llaniladi. Shuning uchun tabiiy ravishda olingan oqsillarni va uning farmatsevtika sanoatida qo'llanilishini ko'rib chiqishga harakat qilinadi.

Proteinlarning qurilish bloklari (aminokislalar)

Oqsilning asosiy tarkibiy qismlari bo'lgan, inson va hayvonlarning o'sishi va ovqatlanishi uchun zarur bo'lgan aminokislalar va karboksil guruhlari bo'lgan tabiiy organik birikmalar muhim aminokislalar deb ataladi. Demak, muhim

aminokislotalarga boy oziq-ovqatlarni iste'mol qilish ularni inson tanasi tomonidan ishlab chiqarilmagani uchun manba qilish variantidir.[3] Proteinlar (yoki polipeptidlar) peptid bog'lari bilan birlashtirilgan aminokislotalardir.[4] Turli xil aminokislotalarning roli 1-jadvalda ko'rsatilgan.[5]

Proteinlarning xossalari

Eruvchanlik

Oqsilning eruvchanlik xossalari quyidagicha umumlashtiriladi: 1. Suvda kolloid eritmalar hosil qiladi (katta kattaligi tufayli)

1-jadval: Muhim aminokislotalar va ularning ahamiyati

Aminokislotalar	Ahamiyati
Izoleysin	Gemoglobinning shakllanishi; zaiflashgan odamlarda mushaklarning yo'qolishini oldini oladi
Leysin	Teri va singan suyaklarning tiklanishiga yordam beradi; mushak oqsilining parchalanishini kamaytiradi
Valin	Neyrotransmitterning boshqa prekursorlarini (tryptofan, fenilalanin va tirozin) miyaning so'rilishiga ta'sir qiladi.
Gistidin	qizil va oq qon hujayralari ishlab chiqarish; anemiyanı davolash
Lizin	Viruslarni inhibe qiladi; Herpes simplex, lizin va vitamin C bilan birgalikda L-karnitinni, mushak to'qimasini kisloroddan samaraliroq foydalanishga imkon beradigan va charchoqni kechiktiradigan biokimyoiy moddalarni hosil qiladi.
Metionin	Antioksidant darajasini oshiradi (glutation); qonda xolesterin darajasini pasaytiradi
Fenilalanin	Tirozinning kashshofi kollagen ishlab chiqarish; o'rganish, xotira, kayfiyat va hushyorlikni oshiradi
Treonin	Jigarda yog' to'planishining oldini oladi; aminokislotalar

Triptofan	Jigarda yog' to'planishining oldini oladi; tinchlaniruvchi ta'sir ko'rsatadigan asosiy neyrotransmitter serotoninning kashshofi
-----------	---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

2. Eruvchanlik elektrostatik zaryadlarga bog'liq; aniq zaryad aminokislotalarning soni, o'ziga xosligi, joylashishi va erituvchining pH ga bog'liq

3. Bu izoelektrik nuqtaga bog'liq (5-8,5 diapazon): Izoelektrik nuqta etti zaryadli aminokislotalarga bog'liq, ya'ni. glutamat (d-karboksil guruhi), aspartat (β -karboksil guruhi), sistein (tiol guruhi), tirozin (fenol guruhi), histidin (imidazol yon zanjirlari), lizin (e-ammoniy guruhi) va arginin (guanidiniy guruhi).[5]

Molekulyar og'irlilik

Proteinlarning molekulyar og'irligi aminokislalar qoldiqlari soniga bog'liq. Har bir aminokislota oqsillarning molekulyar og'irligining 110 qiymatini oshiradi, masalan, insulin - 5700; miyoglobin - 1700; Gemoglobin - 64,450.

Shakl

Protein shakli globulyar (insulin), oval (albumin), tolali yoki cho'zilgan (fibrinogen) shaklida farqlanadi.

Kislotali va asosiy oqsillar

Proteinlar nisbati (>1 bo'lsa, u asosiy oqsil, qiymati <1 bo'lsa, u kislotali oqsildir.

Oqsillarning rang reaksiyalari

2-jadvalda keltirilgan oqsillarda mavjud bo'lgan aminokislotalarning tabiatini aniqlash uchun foydalidir.[6]

In vivo yarim yemirilish davri

Bu oqsillarning hujayradagi sintezidan so'ng boshlang'ich yarmigacha yo'q bo'lismeni ko'rsatadi va uchta model organizmlar (inson, xamirturush va E. coli) yordamida bashorat qilinadi.[7] Proteinning yarim yemirilish davri bilan bog'liq bo'lgan "N-oxirgi qoidasi" uning N-terminal qoldig'ini aniqlash uchun ishlatiladi.

Yo'qolib ketish koeffitsienti

Bu ma'lum bir to'ljin uzunligidagi oqsil tomonidan so'rilgan yorug'lik miqdorini ko'rsatadi. Ushbu koeffitsient qiymati spektrofotometr ta'sirida oqsilni aniqlash va aniqlashda yordam beradi.[7] Oqsilning molyar so'nish koeffitsientini uning aminokislotalar tarkibini bilish orqali aniqlash mumkin. Quyidagi tenglamadan foydalaniib, suvdagi tabiiy oqsilning yo'q bo'lib ketish koeffitsientini tirozin, triptofan va sistinning ma'lum to'ljin uzunligidagi molyar so'nish koeffitsienti qiymatlari yordamida hisoblash mumkin (280 nm, Tyrning so'nish qiymati 1490, Trp ning 5500 va Cys suvda 125 ni tashkil qiladi).[8]

$$E1 = \text{no. of (Tyr)} * \text{Ext (Tyr)} + \text{no. of (Trp)} * \text{Ext (Trp)} + \text{no. of (Cystine)} * \text{Ext (Cystine)}$$
$$E2 = \text{no. of (Tyr)} * \text{Ext (Tyr)} + \text{no. of (Trp)} * \text{Ext (Trp)}$$

Yuqoridagi tenglamadan foydalangan holda 280 nm da suvda hosil bo'lган oqsillarning ikkita qiymati birinchi qiymat ($E1$) sistein qoldiqlarining yarim sistin shaklida paydo bo'lishi va ikkinchi qiymat ($E2$) sisteinning yarim sistin sifatida ko'rinasligi bilan bog'liqligini ko'rsatadi.

Alifatik indeks

Proteinning alifatik indeksi alifatik yon zanjirlar (alanin, valin, izolösin va leytsin) egallagan nisbiy hajmni ko'rsatadi, bu ham ortib borayotgan qiymat bilan globulyar oqsillarning termostabilligini oshiradi. Bu quyidagi tarzda hisoblanadi.

$$\text{Alifatik indeks} = X(\text{Ala}) + a * X(\text{Val}) + b * \{X(\text{Ile}) + X(\text{Leu})\}$$
$$*a \text{ va } b \text{ koeffitsientlari valin yon zanjirining } (a = 2,9) \text{ va Leu/Ile yon zanjirlarining } (b = 3,9) \text{ alaninning yon zanjiriga nisbiy hajmlaridir. [9]}$$

GRAVY (gidropatiklikning o'rtacha darajasi)

$$\text{GRAVY} = \text{AA gidropatiya qiymatlari/qoldiq raqamlari yig'indisi} / \text{ketma-ketlikda}$$

Ortib borayotgan ijobiy ball ko'proq hidrofobiklikni ko'rsatadi. Proteinlarning ketma-ketligi aminokislotalar ketma-ketligini aniqlash, oqsil konformatsiyasi va har qanday peptid bo'limgan molekulalar bilan kompleks

hosil qilish darajasi Protein tarkibidagi protein sekvensiyasi deb ataladi.[11] Proteinlarni sekvensiyalash usullari quyidagilardan iborat:

1. Mass-spektrometriya
 2. Edman degradatsiyasi reaksiyasi.
- Edman degradatsiyasi reaktsiyasi

Proteinning buyurtma qilingan aminokislolar tarkibi bo'lishi mumkin bu reaksiya yordamida aniqlanadi. Peptidlar ketma-ketligi tomonidan 50 tagacha aminokislolarini ketma-ketlashtirish mumkin Avtomatlashtirilgan Edman sequencer. Reaktsiya sxemasi

Protein uchun ketma-ketlik bosqichlari quyidagicha:

1. Proteindagi har qanday disulfid ko'priklarini a bilan buzing oksidlovchi vosita, masalan, oksidlovchi yoki qaytaruvchi 2-merkaptoetanol kabi agent. Qayta shakllantirish disulfid ko'priklari himoya yordamida oldini oladi yodoasetik kislota kabi guruh. O'z ichiga olgan proteinlar bir nechta zanjir ajratiladi va tozalanadi

2. Har birining aminokislolar tarkibini aniqlang zanjir
3. Har bir zanjirning terminal aminokislotasini aniqlang
4. Har bir zanjirni 50 amino ostida bo'laklarga bo'ling kislolar uzoq
5. Parchalarni ajratib oling va tozalang
6. Har bir fragmentning ketma-ketligini aniqlang
7. Bo'linishning boshqa namunasi bilan takrorlang
8. Umumiyoq silning ketma-ketligini tuzing. 50-70 aminokislolarini o'z ichiga olgan oqsillarni ketma-ket qilib bo'lmaydi Edman degradatsiyasi bilan ishonchli, chunki uzun protein zanjirlari ketma-ket joylashgan kichik bo'laklarga bo'linishi kerak alohida. Ovqat hazm qilish endopeptidazalar tomonidan amalga oshiriladi tripsin yoki pepsin kabi yoki kimyoviy reagentlar bilan siyanogen bromid.

Mass-spektrometriya Protein ketma-ketligini bevosita shu bilan aniqlash mumkin elektro-sprey ionizatsiyasidan foydalangan holda texnika. ning proteini

har qanday o'lcham bu usul bilan ketma-ket bo'lishi mumkin, lekin qiyinchilik oqsil miqdori ortishi bilan paydo bo'ladi. Massa uchun suyuqlik namunalari ko'proq eruvchanligi tufayli spektrometriyani osongina tayyorlash mumkin

Foydanilgan adabiyotlar ro'yxati

1. Hermann JR. Protein and the Body. Oklahoma Cooperative Extension Service, Division of Agricultural Sciences and Natural Resources. Oklahoma State University: T-3163-1 – T-3163-4.
2. McArdle WD, Katch FI, Katch VL. Vitamins, minerals, and water, In: Exercise physiology: Energy, Nutrition, and Human Performance, 5th ed. Philadelphia, PA: Lippincott Williams and Wilkins; 2001. p. 47-81.
3. Millward DJ. The nutritional value of plant based diets in relation to human amino acid and protein requirements. Proc Nutr Soc 1999a; 58:249-60.
4. Streitwieser A, Jr. Heathcock CH. "Introduction to organic chemistry" 3rd ed., 1985.
5. Furst P, Stehle P. "What are the essential elements needed for the determination of amino acid requirements in humans?" J Nutr 2004;134 (6 Suppl):1558-65S.
6. Satyanarayana U, Chakrapani U. Books of Biochemistry. 3- ed., 2006.
7. Bachmair A, Finley D, Varshavsky A. In vivo half-life of a protein is a function of its amino-terminal residue. Science 1986;234:179-86.
8. Pace CN, Vajdos F, Fee L, Grimsley G, Gray T. How to measure and predict the molar absorption coefficient of a protein. Protein Sci 1995;11:2411-23.
9. Edelhoch H. Spectroscopic determination of tryptophan and tyrosine in proteins. Biochemistry 1967;6:1948-54.
10. Gill SC, von Hippel PH. Calculation of protein extinction coefficients from amino acid sequence data. Anal Biochem 1989;182:319-26.