



## ОБЩЕИНСТИТУТСКИЙ СЕМИНАР

3 октября 2007 (среда)  
Начало в 15.00

Конференц-зал ЛТФ

**И.Н. Сердюк**

(Институт Белка РАН, г. Пущино, Московская область)

### **Биология и Физика. 50 лет вместе**

Датой рождения структурной молекулярной биологии принято считать 1953 год, когда Дж. Уотсон и Ф. Крик предложили модель ДНК в виде двойной спирали и объяснили с ее помощью механизм воспроизведения жизни. История построения модели ДНК ясно продемонстрировала необходимость разработки метода, позволяющего получать структуру биологических макромолекул с высоким пространственным разрешением и уже в 1957 году М. Перутц и Дж. Кендрю предложили метод рентгеновской кристаллографии, позволяющий получать структуру с атомарным разрешением. Вплоть до 1980 года метод рентгеновской кристаллографии не рассматривался как основной структурный метод молекулярной биологии. Ситуация кардинально изменилась после появления источников синхротронного излучения и сегодня время получения карт электронной плотности методом аномальной дисперсии для селен-метиониновых производных белков составляет около часа.

Метод рентгеновской кристаллографии, за последние годы дополнился методом ЯМР высокого разрешения. Все это привело к тому, что база расшифрованных белковых структур стала расти не по дням, а по часам.

Методы рентгеновской кристаллографии и ЯМР обладают двумя принципиальными ограничениями: во-первых, они требуют большого количества вещества (число молекул в образце составляет  $10^{15}$ ), во-вторых, и – это, пожалуй, самое главное – не позволяют видеть, как функционируют биологические молекулы в реальном режиме времени, и, конечно же, не позволяют наблюдать, как функционирует одна биологическая молекула.

Сегодня созданы физические подходы, на основе которых совершен принципиальный переход от исследования макромолекул в больших объемах (доли миллилитра) к исследованию макромолекул в предельно малых объемах (доли аттолитра). Тем самым появилась возможность перейти от описания свойств макромолекул в ансамбле к описанию их свойств на одиночном уровне. В результате их применения появилась уникальная возможность *визуализации и описания* работы линейных и роторных биологических моторов в терминах сил (пиконьютоны) и расстояний (нанометры), сопровождающих каждую фазу их рабочего цикла. Все это привело к применению термина “сила” для описания механики биологических молекул.

Последние достижения физики позволяют сформулировать несколько вопросов, важность которых для понимания природы живого трудно переоценить:

- 1) используют ли биологические системы волновые свойства вещества для оптимизации их функции?
- 2) какой «танец» исполняют ядерные спины в нашем организме, когда мы слушаем музыку?

По материалам книги

**Igor Serdyuk, Nathan Zaccai and Jozeph Zaccai**

“**Methods in Molecular Biophysics. Structure, Function, Dynamics**”,

**Cambridge University Press, Cambridge, 2007**