**Білки** — складні високомолекулярні природні органічні речовини, що складаються з амінокислот, сполучених пептидними зв'язками. Термін найчастіше використовується для посилання на білок, як речовину, коли не важливий її конкретний склад, у множині (білки) — для посилання на деяку кількість білків, коли точний склад важливий.

Зазвичай білки є лінійними полімерами — поліпептидами, хоча інколи мають складнішу структуру. Невеликі білкові молекули, тобто олігомери поліпептидів, називаються пептидами. Послідовність амінокислот у конкретному білку визначається відповідним геном і зашифрована генетичним кодом. Хоча генетичний код більшості організмів визначає лише 20 «стандартних» амінокислот, їхнє комбінування уможливлює створення великого різномаїття білків із різними властивостями. Крім того, амінокислоти у складі білка часто піддаються посттрансляційним модифікаціям, які можуть виникати і до того, як білок починає виконувати свою функцію, і під час його «роботи» в клітині. Для досягнення певної функції білки можуть діяти спільно, і часто зв'язуються, формуючи великі стабілізовані комплекси (наприклад, фотосинтетичний комплекс).

Функції білків в клітині різноманітніші, ніж функції інших біополімерів — полісахаридів і нуклеїнових кислот. Так, білки-ферменти каталізують протікання біохімічних реакцій і грають важливу роль в обміні речовин. Деякі білки виконують структурну або механічну функцію, утворюючи цитоскелет, що є важливим засобом підтримки форми клітин. Також білки грають важливу роль в сигнальних системах клітин, клітинній адгезії, імунній відповіді і клітинному циклі.

Білки — важлива частина харчування тварин і людини, оскільки ці організми не можуть синтезувати повний набір амінокислот і повинні отримувати частину з них із білковою їжею. У процесі травлення протолітичні ферменти руйнують спожиті білки, розкладаючи їх до рівня амінокислот, які використовуються при біосинтезі білків організму або піддаються подальшому розпаду для отримання енергії.

Білки були вперше описані шведським хіміком Єнсом Якобом Берцеліусом в 1838 році, який і дав їм назву протеїни, від грец. πρώτα — «першорядної важливості». Проте, їх центральна роль в життєдіяльності всіх живих організмів була виявлена лише у 1926 році, коли Джеймс Самнер показав, що фермент уреаза також є білком. Секвенування першого білка — інсуліну, тобто визначення його амінокислотної послідовності, принесло Фредерику Сенгеру Нобелівську премію з хімії 1958 року. Перші тривимірні структури білків гемоглобіну і міоглобіну були отримані за допомогою рентгеноструктурного аналізу, за що автори методу, Макс Перуц і Джон Кендрю, отримали Нобелівську премію з хімії 1962 року.

**Будова**

Молекули білків є лінійними полімерами, що складаються з α-L-амінокислот (які є мономерами цих полімерів) і, в деяких випадках, з модифікованих основних амінокислот (щоправда модифікації відбуваються вже після синтезу білка на рибосомі). Для позначення амінокислот в науковій літературі використовуються одно- або трьохбуквені скорочення. Хоча на перший погляд може здатися, що використання «всього» 20 основних типів амінокислот обмежує різноманітність білкових структур, насправді кількість варіантів важко переоцінити: для ланцюжка всього з 5 амінокислот воно складає вже більше 3 мільйонів, а ланцюжок з 100 амінокислот (невеликий білок) може бути представлений більш ніж в 10130 варіантах. Поліпептидні ланцюжки завдовжки від двох до кількох десятків амінокислотних залишків зазвичай називають пептидами, при більшому ступені полімеризації — власне білками або протеїнами, хоча цей поділ вельми умовний.

При утворенні білка в результаті взаємодії α-аміногрупи (-NH2) однієї амінокислоти з α-карбоксильною групою (-СООН) іншої амінокислоти утворюються пептидні зв'язки.



*Схематичне зображення утворення пептидного зв'язку. Подібна реакція відбувається на рибосомі — молекулярній машині по збиранню білків.*

Кінці білка називають С- і N- кінцями (залежно від того, яка з груп кінцевої амінокислоти вільна: -COOH чи -NH2, відповідно). При природному синтезі білка на рибосомі, нові амінокислоти приєднуються до C-кінця, тому назва пептиду або білка дається шляхом перерахування амінокислотних залишків починаючи з N-кінця.

Послідовність амінокислот в білку відповідає інформації, що міститься в гені даного білка. Ця інформація представлена у вигляді нуклеотидної послідовності, причому одній амінокислоті відповідає одна або декілька послідовностей з трьох нуклеотидів — так званих кодонів. Те, яка амінокислота відповідає даному кодону в ДНК та мРНК (проміжній ланці біосинтезу білків), визначається генетичним кодом, який може дещо відрізнятися у різних організмів.

Гомологічні білки (що виконують одну функцію і мають загальне еволюційне походження, наприклад, гемоглобіни) різних організмів мають в багатьох місцях ланцюжка різні амінокислотні залишки, які називають варіабельними, на противагу консервативним, спільним залишкам. За ступенем гомології можна оцінити еволюційну відстань між таксонами, до яких належать організми.

**Рівні структури білків**

Окрім послідовності амінокислот поліпептиду (первинної структури), для функціонування білків украй важлива тривимірна структура, яка формується в процесі згортання білків (або фолдинга, від англ. folding). Ця структура утримується в результаті взаємодії структур нижчих рівнів. Тривимірна структура білків за нормальних природних умов називається нативним станом білка. Хоча чимало білків здатні згортатися та приймати нативнй стан самостійно, завдяки властивостям свого поліпептидного ланцюжка, інші вимагають допомоги інших білків, молекулярних шаперонів. Виділяють чотири рівні структури білків:

**Первинна структура** — пептидна або амінокислотна послідовність, тобто послідовність амінокислотних залишків у пептидному ланцюжку. Саме первинна структура кодується відповідним геном і найбільшою мірою визначає властивості сформованого білка.



**Вторинна структура** — локальне впорядковування фрагменту поліпептидного ланцюжка, стабілізоване водневими зв'язками і гідрофобними взаємодіями. Найпоширеніші типи вторинної структури білків включають: α-спіралі (спіраль, що має 4 залишки на виток, стабілізована водневими зв'язками між пептидними групами з кроком у 4 ланки) і β-листи (кілька зигзагоподібних поліпептидних низок, в яких водневі зв'язки утворюються між відносно віддаленними ділянками ланцюжка або між різними ланцюжками, а не між близько розташованими пептидними групами, як це має місце для α-спіралі). Інші елементи вторинної структури включають π-спіралі (спіралі з кроком водневих зв'язків у 3 ланки), 310-спіралі (спіралі з кроком водневих зв'язків у 5 ланок), повороти, невпорядковані фрагменти та інші. Найпоширеніша єдина класифікація таких структур — номенклатура DSSP.

**Третинна структура** — повна просторова будова цілої білкової молекули, просторове взаємовідношення вторинних структур одна до одної. Третинна структура загалом стабілізується нелокальними взаємодіями, найчастіше формуванням гідрофобного ядра, а також завдяки утворенню водневих зв'язків, сольових містків, інших типів іонних взаємодій, дисульфідних зв'язків між залишками цистеїну.



*Приклади зображення тривимірної структури білків або їхніх фрагментів. Показаний білок — триозофосфатізомераза — складається з восьми α-спіралей, розташованих на зовнішній поверхні й восьми паралельних β-листів всередині (так звана структура αβ-бареля, від англ. barrel — «бочка»). Ліворуч — «паличкова» модель, із зображенням всіх атомів і зв'язків між ними. Кольорами позначені різні атоми. В середині — зображення елементів вторинної структури — α-спіралей і β-листів. Кольорами позначені типи елементів. Праворуч — контактна поверхня білка, на підставі ван дер Ваальсових радіусів атомів. Кольорами позначені електростатичні властивості поверхні.*

 До третинної структури зазвичай відносять і проміжні рівні між основними елементами вторинної структури та повною структурою білка — «надвторинну» структуру, що складається із структурних мотивів та доменів. Структурні мотиви — невеликі усталені поєднання кількох елементів вторинної структури, що мають схожу структуру, важливу для виконання білком певних функцій. Схожі структурні мотиви зазвичай виконують схожі функції, завдяки чому за ними можна передбачити функцію невідомого білка. Хоча структурні мотиви можуть бути аналогічними, частіше за все вони зберігаються в процесі еволюції видів. Домени — дещо більші елементи структури білка, що характеризуються стабілізацією незалежною від решти поліпептидного ланцюжка, і що часто виконують окрему функцію. В процесі еволюції елементи надвторинної структури можуть передаватися між генами, надаючи їм нові функції, таким чином існує набагато менше різновидів цих елементів, ніж різних білків. Процес передачі доменів можно здійснити і штучними методами генної інженерії, створюючи химерні білки.

**Четвертинна структура** — структура, що виникає в результаті взаємодії кількох білкових молекул, які в даному контексті називають субодиницями. Повна структура кількох поєднаних субодиниць, що разом виконують спільну функцію, називається білковим комплексом.

**Властивості білків**

***Денатурація білків***

Як правило, білки протягом досить довгого часу зберігають структуру і, отже, фізико-хімічні властивості, наприклад, розчинність, в умовах (таких як pH, температура), до яких пристосований даний організм або які підтримуються в його межах в результаті збереження гомеостазу. Різка зміна цих умов, наприклад, внаслідок нагрівання або обробки білка кислотою чи лугом, приводить до втрати четвертинної, третинної і вторинної структур білка, цей процес називається денатурацією. Відомий випадок денатурації білка в побуті — приготування курячого яйця, коли під впливом високої температури розчинений у воді прозорий білок овальбумін стає щільним, нерозчинним і непрозорим.



*Необоротна денатурація білка курячого яйця під впливом високої температури*.

 Білки, що використовуються в технологічних методах і вимагають нетипових умов, часто підбираються з екстремофілів — організмів, здатних проживати в екстремальних умовах. Так, наприклад, ДНК-полімераза Taq, що використовується в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР), може витримувати без денатурації багаторазове нагрівання до 95 °C. Вона була спочатку виділена з бактерії Thermus aquaticus. Денатурація в деяких випадках оборотна, як, наприклад, при преципітації водорозчинних білків за допомогою солей амонію, і використовується як спосіб їх очищення.

***Згортання білків і підтримка їх структури***

Здатність білків відновлювати правильну тривимірну структуру після денатурації дозволила висунути гіпотезу про те, що вся інформація про кінцеву структуру білка міститься в його амінокислотній послідовності. В даний час загальновизнана теорія про те, що стабільна форма білка має мінімальну вільну енергію в порівнянні з іншими можливими формами цього поліпептиду.

Проте, кінцева структура буває дуже складною, а процес її прийняття новосинтезованим поліпептидним ланцюжком вимагає деякого часу. Процес прийняття білком цієї структури називається згортанням або фолдингом (від англ. folding). Невеликі однодоменні білки розміром до 100 амінокислот зазвичай згортаються за один крок, таке згортання займає кілька мілісекунд і зазвичай відбувається одночасно з трансляцією. З іншого боку, великі складні білки вимагають кілька хвилин або годин для фолдингу, перш за все через ізомеризацію проліну та формування помилкових дисульфідних містків. Такі білки повинні пройти через ряд проміжних кроків для завершення процесу.

Багато білків не здатні завершити згортання самостійно і досягти нативного стану, часто через взаємодію з іншими білками клітини. Такі білки вимагають зовнішньої допомоги від білків спеціального класу — молекулярних шаперонів.



*Зображення моделі комплексу бактеріальних шаперонов GroES і GroEL. Агрегований білок поступає в центральну порожнину комплексу, де в результаті гідролізу АТФ відбувається зміна його структури.*

 Часто шаперони необхідні лише за певних умов, наприклад за умов теплового **Функції білків в організмі**

Класифікація білків за функцією може бути як біохімічною, тобто за типом безпосередньої біохімічної функції, яку білок виконує в організмі, так і заснованою на головних клітинних процесах, один з кроків яких виконує даний білок. В останньому випадку класифікація включає наступні категорії:

· Обробка та збереження інформації (процеси реплікації, експресії генів та підтримки геному)

· Клітинні процеси та сигнали (контроль клітинного циклу, підтримка структури клітини та органів, транспорт, модифікації макромолекул, сигнальні системи)

· Метаболізм (отримання та перетворення енергії, синтез та транспорт ліпідів, амінокислот, цукрів, неорганічних молекул, вторинних метаболітів)

шоку, коли висока температура призводить до збільшення числа помилок згортання.