



*Электронный журнал
«Ученые заметки ТОГУ»*

*№ 1, 2010
(тематический выпуск)*

<http://ejournal.khstu.ru/>

УДК 51-76:57.087.1

© И.Э. Памирский

(Амурская государственная медицинская академия, Благовещенск)

К.С. Голохваст, канд. биол. наук

(Дальневосточный государственный технический университет, Владивосток)

ПРИМЕНЕНИЕ ЭЛЕКТРОННЫХ БАЗ ДАННЫХ В ИССЛЕДОВАНИИ БЕЛКОВ, УЧАСТВУЮЩИХ В БИОМИНЕРАЛИЗАЦИИ

Применение электронных базы данных белков как подход в изучении механизма биоминерализации, протекающей с участием белков, в том числе, в организме человека. Раскрывается вопрос актуальности использования тех или иных баз в исследовании белков силикатеинов.

Ключевые слова: базы данных белков, биоинформатика, биоминерализация.

I.E. Pamirskiy, K.S. Golokhvast

APPLICATION OF ELECTRONIC DATA BASE IN RESEARCH OF PROTEINS INVOLVED IN BIOMINERALIZATION

The article deals with the application of electronic data base of proteins as an approach to the study of biomineralization mechanism which runs with the participation of proteins including the human body. The question of the urgency of different data bases application in research of silicateins is discussed.

Keywords: protein data base, bioinformation studies, biomineralization.

Процессы биоминерализации у низших организмов (бактерии, губки, водоросли), протекающие с участием белков, имеют сходства с подобными процессами у эволюционно более высших организмов. Современным подходом к решению проблем связанных с исследованием белков биоминерализации является применение электронных баз данных веществ. Эти базы доступны в сети Интернет для любого пользователя, и, как правило, содержат перекрестные ссылки друг на друга. Часть из них поддерживается и курируется ведущими международными научно-исследовательскими институтами: Европейским Институтом Биоинформатики (EBI), Швейцарским Институтом Биоинформатики (SIB), Национальным Институтом Здоровья (NIH), Университетским Медицинским Центром Джоржтауна, Wellcome Trust Sanger Institute и др.

На сегодняшний день имеется более 50 электронных баз данных (AARSDB, ASTRAL, BRENDA, COG, GTOP, HISTONES, LIGAND и др.), хранящих информацию о веществах белковой природы. Некоторые базы имеют узкую специализацию и посвящены только одному семейству белков. При таком разнообразии источников, у исследователей возникает резонный вопрос о целесообразности выбора той или иной базы. Вопрос этот стоял и перед нами, когда мы, впервые для себя, решили использовать электронные базы веществ в исследовании белков, участвующих в биоминерализации. Для работы с базами данных на первых этапах мы выбрали белки силикатеины (относятся к семейству катепсинов), участвующие в формировании/разрушении неорганических структур на основе кремния (кремнезем) [1, 2].

Поиск показал, что информация о силикатеинах содержится в следующих базах: CluSTr (clusters of SWISS-PROT+TrEMBL proteins), KEGG LIGAND (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), MEROPS, PDB (Protein Data Base), PFAM (Protein families database of alignments and hidden Markov models), PIR (Protein Information Resource), PRINTS, ExPASy (Expert Protein Analysis System), UniProt (Universal Protein knowledgebase).

Базы MEROPS (содержит структурную классификацию пептидаз и их ингибиторах белкового происхождения; <http://merops.sanger.ac.uk/>), PDB (содержит описание молекул и трехмерные модели третичных структур белков; <http://www.rcsb.org/pdb>), PFAM (база представлена обширной коллекцией белковых семейств; <http://pfam.sanger.ac.uk/>) включают информацию только об одном из силикатеинов, который на сегодняшний день охарактеризован не полностью. UniProt (ресурс о аминокислотных последовательностях и функциональной активности пептидов и белков; <http://www.uniprot.org/>) включает более 50 силикатеинов, обнаруженных у разных видов морских и речных губок.

В данных базах содержится информация следующего рода: идентификационный номер молекулы в конкретной базе; описание молекул (уровни организации, предшественники, реакционные и связывающие центры, механизм действия, молекулы-мишени, спектр биологической активности, белки-гомологи); классификация и таксономические сведения (кланы, подкланы, семейства, подсемейства); ссылки на литературу.

Остальные из перечисленных баз ссылаются на другие базы данных. Так, база CluSTr (содержит группы родственных белков; <http://www.ebi.ac.uk/clustr/>) берет первичные структуры белков из баз данных UniProt. PIR (ресурс о белках и их функциях; <http://pir.georgetown.edu/>) ссылается на UniProt. База KEGG LIGAND (включает описание ферментативных реакций; <http://www.genome.jp/kegg/>) выдает по запросу первичную последовательность (формат FASTA) силикатеинов, а также ссылки на литературу, запрашивая их из базы PRF (Petroleum Research Fund). PRINTS (содержит в основном описание семейств белков; <http://www.bioinf.manchester.ac.uk/dbbrowser/>) ссылается на UniProt. ExPASy (представляет собой сервер баз белков; <http://www.expasy.ch/>) ссылается на UniProt.

Подводя итог, можно сказать что, наиболее информативной, на предмет силикатеинов, является база UniProt. Данная база снабжена рядом других инструментов биоинформатики для работы с белковыми последовательностями и является наиболее приемлемой в исследовании силикатеинов. Методами биоинформатики установлено, что гомологи данных белков встречаются у многих растений и животных, включая человека. Подобные исследования могут иметь важное прикладное значение при изучении механизмов биоминерализации, сопровождающих ряд патологий.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Калюжная О.В.* Поиск исследование силикатеинов пресноводных губок. автореф... дис. канд. биол. наук. – Владивосток: ТИБОХ ДВО РАН, 2007.
2. Silicateins, silicase and spicule-associated proteins: synthesis of demosponge silica skeleton and nanobiotechnological applications / *H.C.Schröder [et al.]* // Biodiversity, innovation and Sustainability – 2007. – P. 581-592.

E-mail: parimski@mail.ru, droopy@mail.ru