



کاربرد ابزارهای بیوانفورماتیک در آنالیز پروتئین های ضروری

هانیه شاه‌نظری^۱، محمد فضیلتی^۲، زهرا رزاقی مقدم^۳^۱ دانشگاه پیام نور مرکز اصفهان، haniehshahnazari@gmail.com^۲ دانشگاه پیام نور استان اصفهان، mfazilati@yahoo.com^۳ دانشگاه تهران، razzaghi@ut.ac.ir

چکیده

درک درست سیستم‌های پیچیده‌ی زیستی، اغلب نیازمند یک آنالیز جزء به کل است. از آنجا که تحقیق و بررسی سیستم‌ها، نه بر پایه‌ی اجزای مستقل بلکه بر اساس کل مجموعه استوار است، ابتدا باید هر یک از مؤلفه‌ها را به صورت مستقل آزمود و سپس به بررسی چگونگی ارتباط آن‌ها پرداخت. هزاران مؤلفه‌ی شبکه‌های زیستی و نیز ارتباطات و اتصالات آن‌ها را می‌توان به کمک یک گراف نمایش داد که در آن هر رأس نماینده‌ی اجزا و یال‌ها نشاندهنده‌ی ارتباط بین آن‌ها می‌باشد. در این مقاله ابتدا روش‌ها و مدل‌هایی از نظریه‌ی گراف را توضیح می‌دهیم و سپس به بحث در مورد نقش چنین ابزارهایی در آشکارسازی ویژگی‌های پنهان شبکه‌های زیستی خواهیم پرداخت. اطلاعات به‌دست آمده به درک بهتر اهمیت زیستی سیستم‌ها کمک می‌کند.

واژه‌های کلیدی

آنالیز، شبکه‌ی زیستی، نظریه‌ی گراف، رأس، یال.

مقدمه

در چند دهه‌ی اخیر، پیشرفت‌های حاصل در زمینه‌ی علوم زیستی و تجهیزات مختلف موجب تسریع روند توالی‌یابی پروتئین‌های بزرگ شده است. بانک‌های مرسوم توالی پروتئین، (یونی پرت)^۱ و یا (ای ام بی ال)^۲ گسترش یافته‌اند و این حجم عظیم اطلاعات اهمیت به‌کارگیری علوم جدیدی چون بیوانفورماتیک را در زیست‌شناسی به منظور صرفه‌جویی در وقت و هزینه مشخص می‌کند. به‌طور کلی یک بررسی پروتئومیکس دارای سه مرحله‌ی اصلی جداسازی و تفکیک پروتئین‌ها، به‌دست آوردن اطلاعات در مورد آن‌ها و در نهایت، ذخیره‌سازی اطلاعات در بانک‌های اطلاعاتی است. در مقایسه با روش‌های قدیمی‌تر همچون ژل الکتروفورز دو بعدی و طیف‌سنجی جرمی^۳، مدل‌سازی‌های بیوانفورماتیکی می‌توانند مسیرهای شناسایی پروتئین‌ها را کوتاه‌تر کنند و نیز با توجه به کاربرهای نوین بیومارکرها

در شناسایی بیماری‌ها قادر خواهند بود باعث تسریع روند گردآوری داده‌ها و ارائه‌ی یک دیدگاه اولیه جهت تحقیقات شوند. در سال ۱۹۹۹، کوهن^۴ یک نمونه از نقشه‌ی تعاملات مولکولی تهیه کرد [۱]. در سال ۲۰۰۰، اسکوتز و فیلدز^۵ مقاله‌ای در مورد اندرکنش‌های پروتئین-پروتئین^۶ در مخمر براساس آزمون دو هیبریدی ارائه دادند [۲ و ۳]. در کشور ما مطالعات بیوانفورماتیکی، به طور معمول، از لحاظ تئوری بررسی می‌شوند اما با پررنگ‌تر شدن اهمیت پروتئومیکس در شناسایی بیماری‌ها و بیومارکرها و تهیه داروها، می‌توان ضرورت به کارگیری چنین ابزارهایی را بیشتر احساس نمود.

شبکه‌های اندرکنش پروتئین

ظریف ترین سطوح جزئیات در زیست شناسی، سطح مولکولی شامل DNA - RNA - پروتئین‌ها و متابولیت‌ها هستند. تمامی این مولکولها اجزا تشکیل دهنده‌ی یک سلول و قسمتی از یک بافت می‌باشند. بافت‌های مختلف، اندام‌های یک موجود زنده را تشکیل می‌دهند و تعداد زیادی از موجودات زنده با یکدیگر یک اکوسیستم^۷ را ایجاد می‌کنند. در طول زمان این موجودات زنده تکامل یافته و ارتباط فیلوژنی مشخصی میانشان به وجود می‌آید. در تمامی این سطوح، ارتباطات بین اجزا تشکیل دهنده حائز اهمیت است؛ این ارتباطات را می‌توان به صورت یک شبکه توصیف نمود. شبکه‌های معروف زیستی در سطح مولکولی شامل شبکه‌های تنظیم ژن، شبکه‌های متابولیکی، شبکه‌های انتقال پیام و شبکه‌های اندرکنش پروتئینی هستند. پروتئین‌ها مواد آلی بزرگ و یکی از انواع ماکرومولکول‌های زیستی هستند که از زیرواحدهایی به نام اسیدهای آمینه به واسطه پیوند پپتیدی میان گروه‌های کربوکسیل و آمین مجاور ساخته شده اند [۴] و اکثر فرایندهای زیستی را در یک سلول زنده اجرا و کنترل می‌کنند. از چنین منطری پروتئین‌ها شامل آنزیم‌ها، پروتئین‌های ساختاری^۸، پروتئین‌های تنظیمی^۹

Kohn^۴Skuetz & Fields^۵Protein-Protein Interaction (PPI)^۶Ecosystem^۷Structural Proteins^۸UniProt^۱EMBL^۲Mass Spectrometry (MS)^۳