

Связь последовательностей с отклонениями в частотах аминокислот с белок-белковыми взаимодействиями

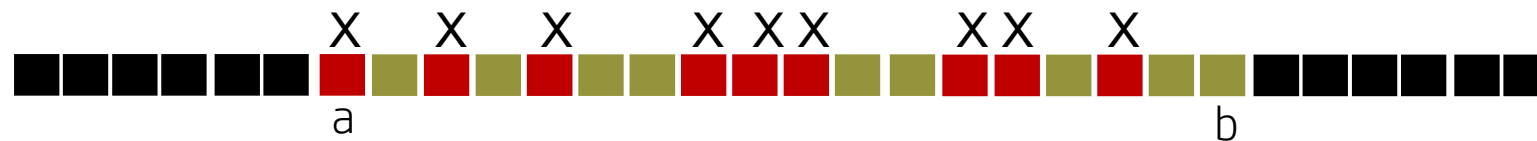
Студент:
Ткаченко А.А.

Руководители:
Антонец К.С.
Нижников А.А.

Последовательности с отклонениями в частотах аминокислот

S a, b – подпоследовательность белковой последовательности с началом в a и концом в b .

X - заданная аминокислота (к примеру, глутамин)



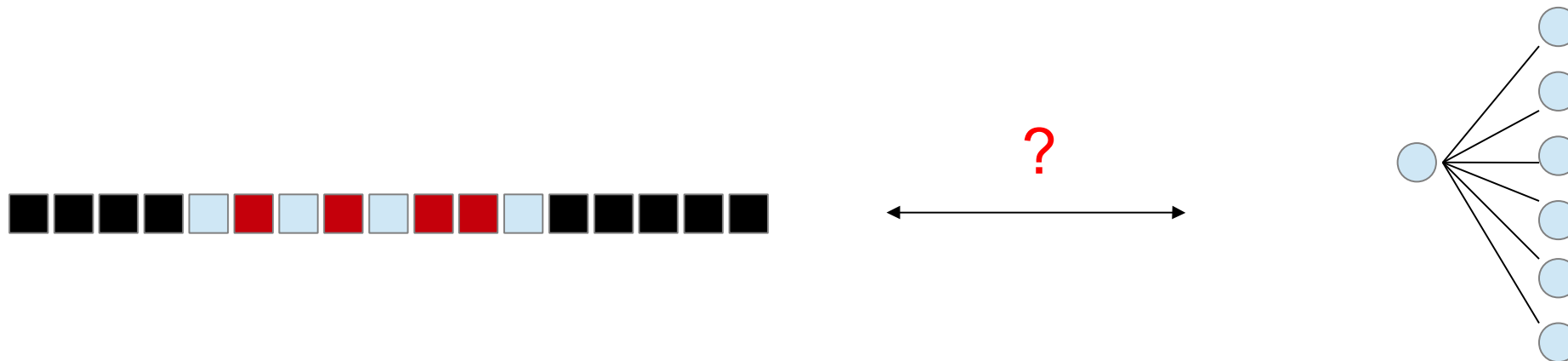
Если вероятность случайного возникновения последовательности ниже некоего порога, то говорим, что у белка есть подпоследовательность с отклонением в частоте аминокислоты.

Цель проекта

Изучение зависимости количества взаимодействий от наличия у партнеров подпоследовательностей с измененной частотой одинаковых аминокислот.

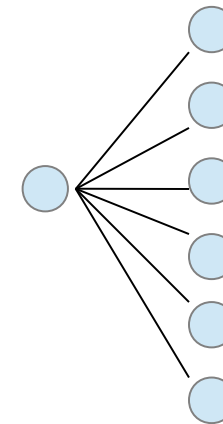
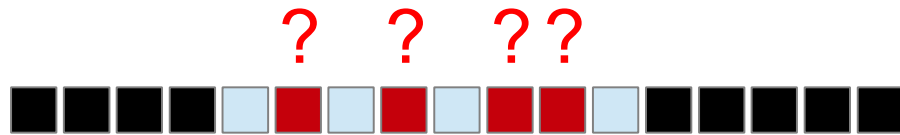
Задачи проекта

1. Изучить связь количества взаимодействий между белками с наличием участков, обогащенных определёнными аминокислотами.



Задачи проекта

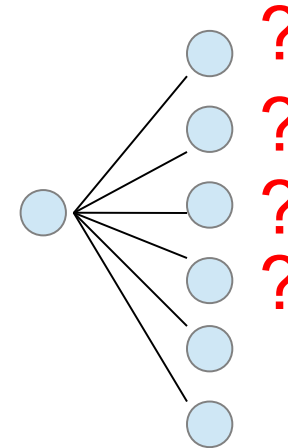
2. Выявить аминокислоты, для которых такая связь наиболее сильная



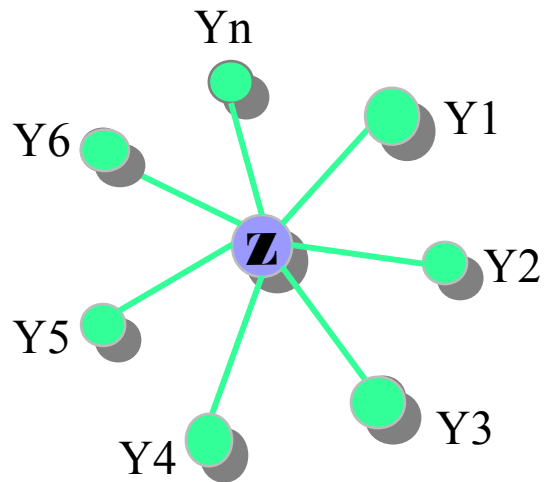
5

Задачи проекта

3. Определить, для каких функциональных групп белков связь количества взаимодействий между белками с наличием участков, обогащенных определёнными аминокислотами будет проявляться сильнее всего.



Анализ влияния отклонений частот аминокислот на взаимодействия



Z – выбранный белок
Y 1-n – белки, с которыми взаимодействует Z

Схема анализа

Ресэмплинг n-белков из протеома

Доля репликаций, в которых количество отклонений частот аминокислот больше, чем в реальном случае

Выявление пар отклонений частот, для которых влияние достоверно

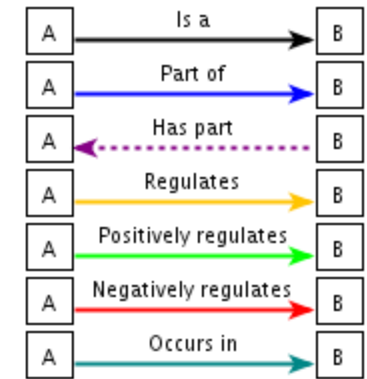
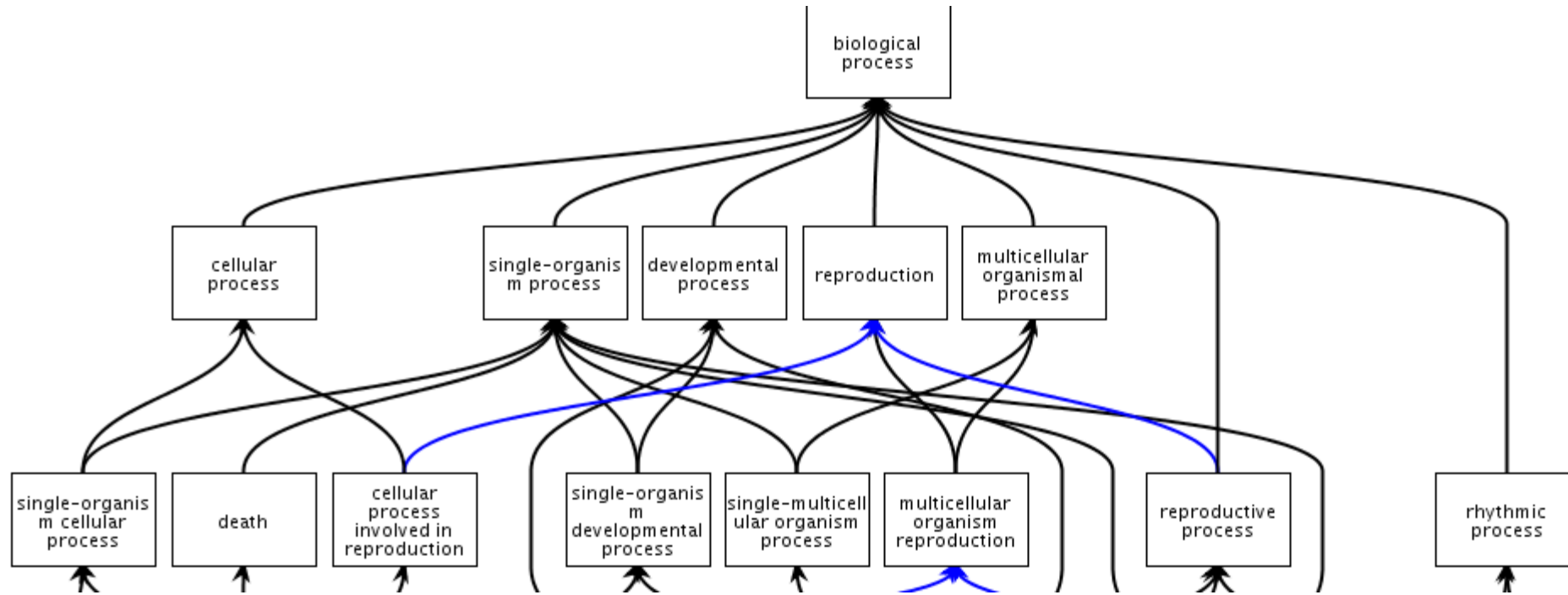
Результаты анализа для *Saccharomyces cerevisiae*

Для 1213 белков показано, что на взаимодействия значимо влияет хотя бы один тип отклонения по частотам аминокислот ($p\text{-value} < 0,001$)

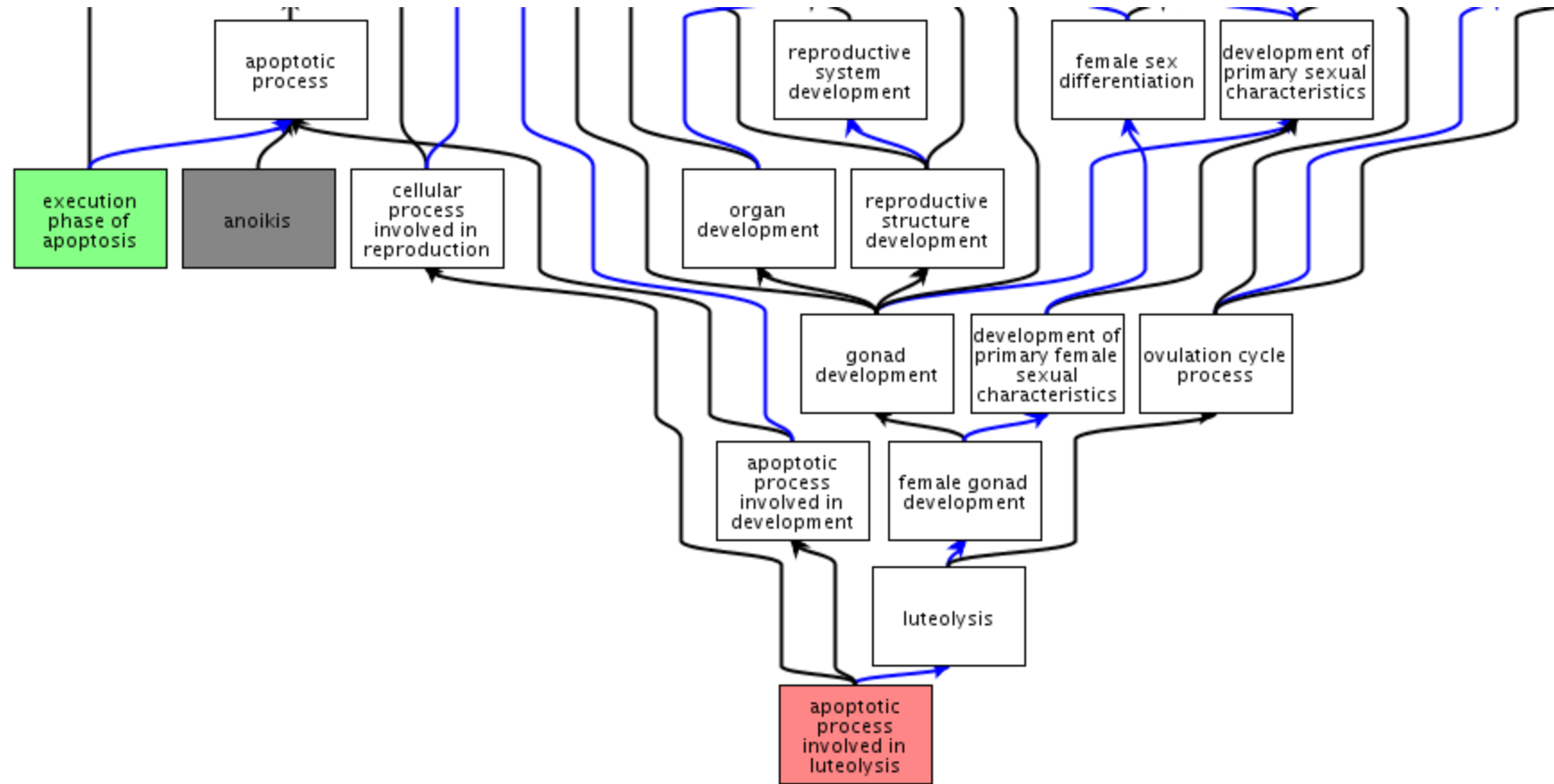
Результаты аннотации по Gene Ontology

Для белков, у которых отклонения частот аминокислот значительно влияют на взаимодействия, обнаружено обогащение по локализации в плазматической мембране и участию в трансмембранном транспорте (GO:0005886, GO:0055085)

Структура Gene Ontology

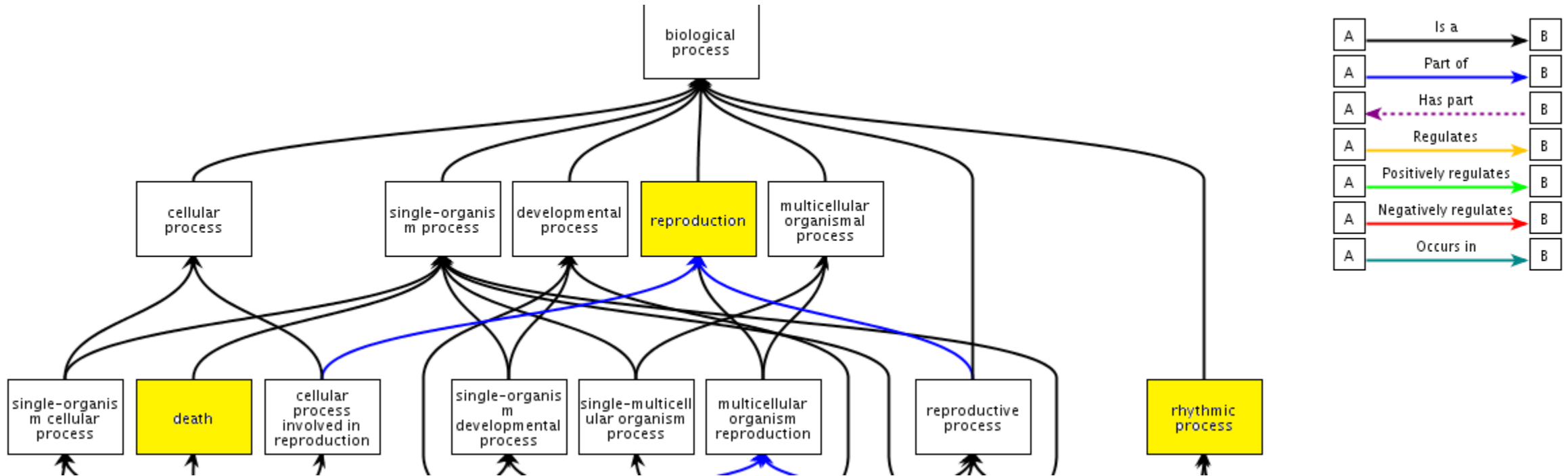


Структура Gene Ontology



GO slim

Упрощение работы с GO, чтобы не иметь дело с большим количеством разношерстных аннотаций



Анализ влияния отклонений частот аминокислот внутри функциональных групп

Схема анализа

Аннотируем все белки набора при помощи GO slim

Внутри получившихся групп смотрим взаимосвязь количества взаимодействий и наличия отклонений в частотах аминокислот

Анализ влияния отклонений частот аминокислот внутри функциональных групп

Групп, которые значимо бы отличались от по характеру влияния частот аминокислот на взаимодействия, пока не найдено (это не значит, что их нет :)



That's all Folks!