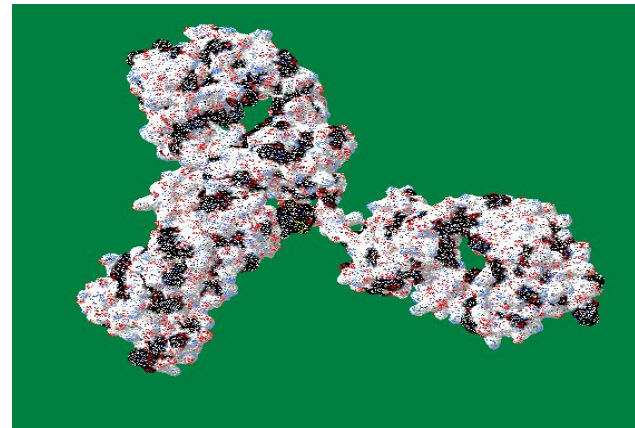


**ГБОУ ВПО «АСТРАХАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ
МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ» МИНЗДРАВА РОССИИ**

96-я Всероссийская итоговой научная конференция студентов и молодых ученых с
международным участием
20-22 апреля 2016 г.

**ИЗУЧЕНИЕ МЕЖБЕЛКОВЫХ
ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ
ТРОФОБЛАСТСПЕЦИФИЧЕСКОГО
БЕТА-1-ГЛИКОПРОТЕИНА
И IgG МЕТОДАМИ БИОИНФОРМАТИКИ**

**А.В. Гавриленко (V курс,
лечебный факультет)
Научный руководитель – д.
м.н., проф. Д.М. Никулина**



Трофобластический бета-глобулин

- Трофобластический бета-глобулин (ТБГ) был выделен наряду с другими белками беременности более 40 лет тому назад. Наибольшее значение в качестве онкомаркера ТБГ имеет в диагностике трофобластической болезни (пузырного заноса), в акушерской практике – как раннего маркера беременности.
- В отечественной и зарубежной литературе данный белок фигурирует под несколькими названиями:
- трофобластический бета-глобулин,
- трофобласт-специфический бета-глобулин,
- трофобластический бета-гликопротеин,
- трофобласт-специфический бета-гликопротеид
- beta-Globulin, Trophoblastic;
- pregnancy Protein, SP1;
- pregnancy Associated Plasma Protein C;
- pregnancy Associated Plasma Protein B;
- CD66f (Cluster of Differentiation 66f)
- PSBG 1;
- PAPPB (<http://pro-analzy.ru/trofoblasticheskiy-beta-globulin-tbg/>)

ТБГ и IgG могут взаимодействовать

- Ранее при определении подвижности нативного сывороточного ТБГ в ПААГ была выявлена его неоднородность: выявлялся как быстрый (в зоне трансферрина), так и медленный (в зоне гамма-глобулинов) компоненты (Никулина Д. М., 1977). Неоднородность подвижности ТБГ может быть обусловлена его межмолекулярными взаимодействиями с IgG, которые могут быть объяснены тем, что ТБГ выполняет иммуносупрессивную функцию. Следовательно, межмолекулярные белок-белковые взаимодействия ТБГ и IgG могут быть физиологически важными и нуждаются в дополнительном изучении. В возникновении таких взаимодействий особую роль играют гидрофобные силы.

Цель

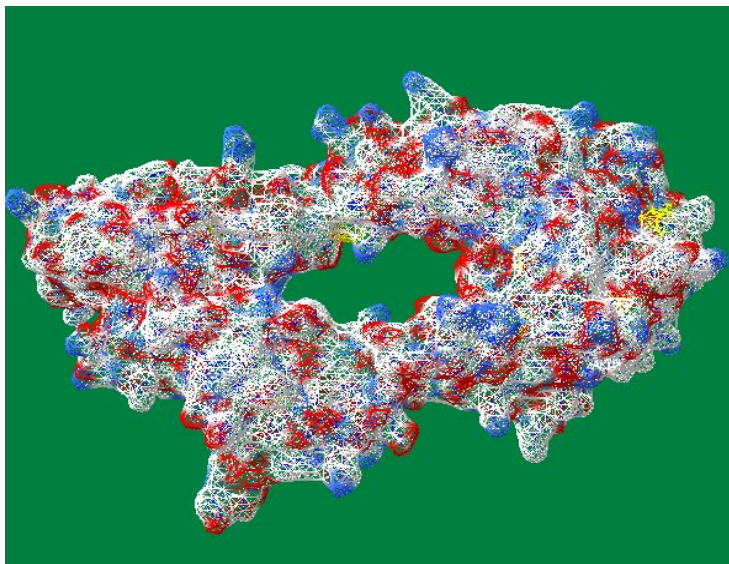
Цель: изучить обусловленность межмолекулярных взаимодействий ТБГ и IgG наличием на поверхности их структур идентичных кластеров гидрофобных радикалов, которые посредством Ван-дер-Ваальсовых сил реализуют эти взаимодействия.

Методы

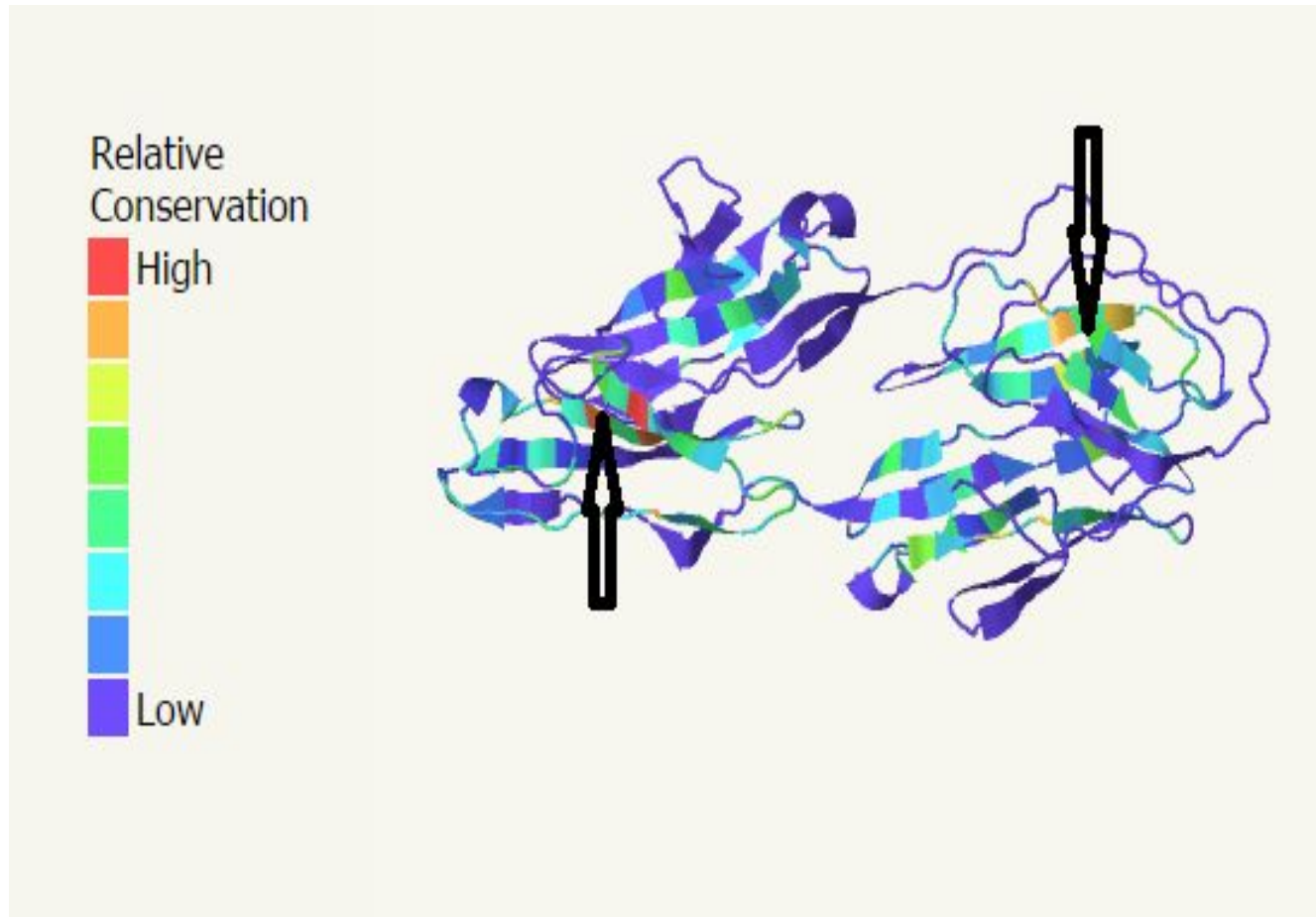
- **Методы:**
- Из базы данных белковых последовательностей Uniprot (<http://www.uniprot.org/>) была взята аминокислотная последовательность ТБГ (трофобластический бета-глобулин, PSBG 1, pregnancy-specific beta-1-glycoprotein), состоящая из 419 аминокислотных остатков и последовательность IgG(1352 аминокислоты). Затем на сервере I-Phyre (<http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index>) была получена пространственная структура ТБГ. Пространственная структура IgG, полученная с помощью рентгеноструктурного анализа, была взята из базы данных белковых структур PDB (<http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>)
- Визуализация и сравнительный анализ белковых последовательностей и структур был проведен с помощью программ Swiss PDB Viewer (<http://spdbv.vital-it.ch/>) и Yasara(<http://www.yasara.org/>).

Результаты

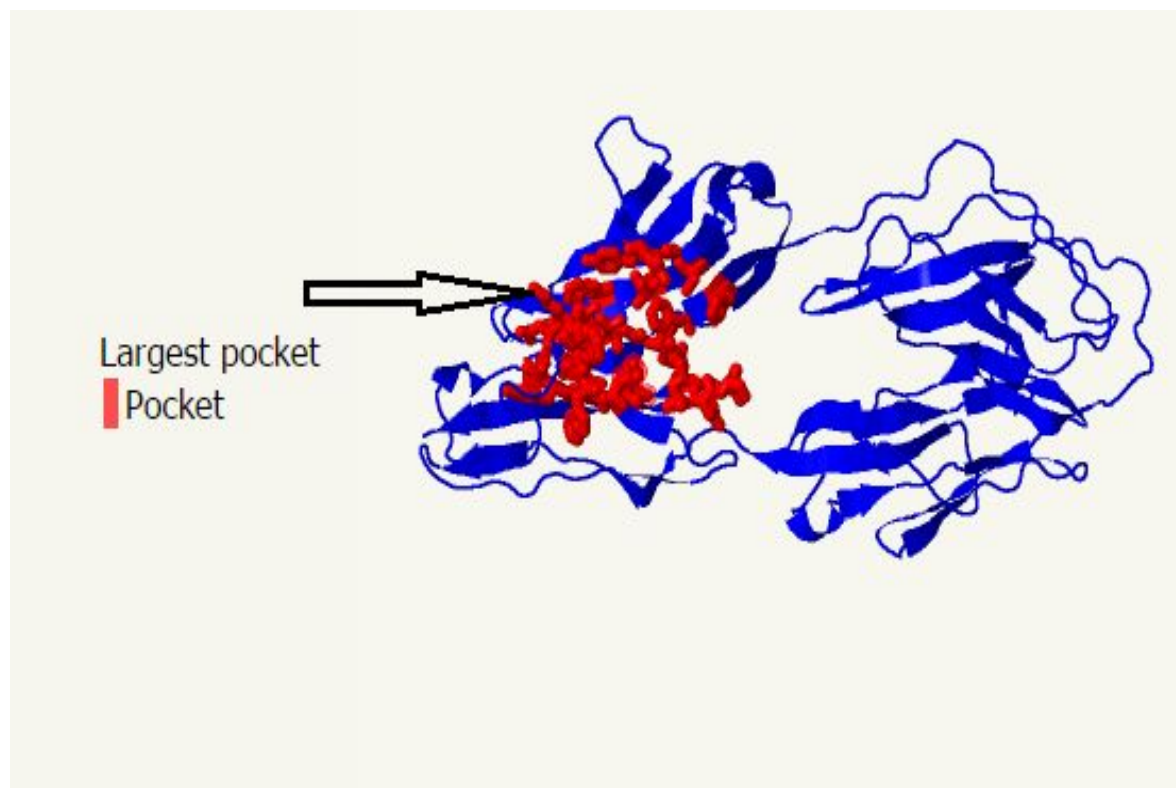
- Модели ТБГ



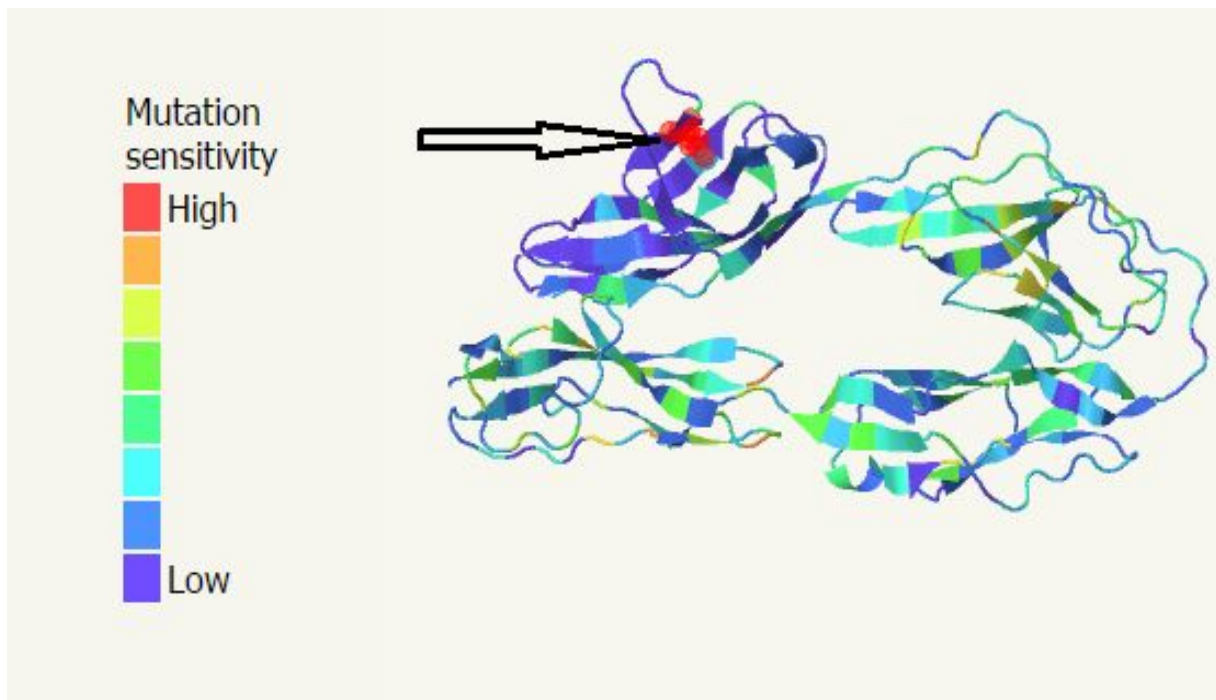
В ТБГ имеются высококонсервативные участки (указаны стрелками)



Детекция кармана-углубления белковой молекулы, где может находиться активный центр



Мутационная чувствительность- обнаружен участок, который наиболее вариабелен и постоянно изменяется



Сравнение аминокислотных последовательностей ТБГ и IgG

- Затем был проведен сравнительный анализ аминокислотных последовательностей данных белков на предмет наличия в них гидрофобных аминокислот. В последовательности IgG имеется 476 амк, из них 230 неполярных(48%). В последовательности ТБГ имеется 419 аминокислот, из них 196 неполярных(47%).
- В аминокислотных последовательностях изучаемых белков имеются гидрофобные кластеры аминокислот, сгруппированные по 2 и более гидрофобных аминокислоты. В белке IgG содержится 51 кластер (по 2 амк-32 кластера, по 3 амк-8, по 4 амк-2, по 5 амк-2, по 6 амк-3, по 7 амк-2, по 8 амк-1, по 10 амк-1). В белке ТБГ содержится 42 кластера(по 2 амк-24 кластера, по 3 амк-12 кластеров, по 4 амк-3 кластера, по 5 амк-2 кластера, по 6 амк-1).

Выводы

- **Выводы:**

Экспериментальные данные и данные *in silico* могут означать, что некоторые из гидрофобных аминокислот расположены на поверхности белков и могут обуславливать их межмолекулярные взаимодействия.

Спасибо за внимание!

Swiss-PdbViewer 4.1.0

File Edit Select Build Tools Fit Display Color Prefs SwissModel Wind Help

Move All

PZP dimer E F (832 x 588)

EDM Infos

?MAP	vis	dot	sigma	corX	corY	corZ	cell	cc
PZP dime.p	v	v	1.600	v	v	v	v	v
	v	v	-1.600					

Control Panel

PZP dimer E F

visible can move

group show side label ribbon color

E	HHT1	v							
E	MET1	v							
E	ARG2	v							
E	h LYS3	v							
E	h ASP4	v							
E	ARG5	v							
E	LEU6	v							
E	LEU7	v							
E	h HIS8	v							
E	h LEU9	v							
E	h CYS10	v							
E	h LEU11	v							
E	h VAL12	v							
E	h LEU13	v							
E	h LEU14	v							
E	h LEU15	v							
E	h ILE16	v							
E	LEU17	v							
E	LEU18	v							
E	SER19	v							
E	h ALA20	v							
E	h SER21	v							
E	h ASP22	v							
E	h SER23	v							
E	ASN24	v							
E	SER25	v							
E	THR26	v							
E	GLU27	v							
E	PRO28	v							
E	s GLN29	v							

Поиск: SPDBV_4.10_PC

Размер

- с файлами
- с файлами
- с файлами
- с файлами
- с файлами
- с файлами
- ирение при... 297 КБ
- овый докум... 2 КБ
- ожение 2 204 КБ
- "PDB" 3 353 КБ

отдать на бх инфо

Амиго

disser взаимod ...

Kaspersky Internet...

bdcam.exe

22:54 18.03.2015