

 Zawartość zarchiwizowana w dniu 2024-06-18



STATISTICAL ANALYSIS OF PROTEIN SEQUENCES TO INFER 3D STRUCTURE AND FUNCTION

Wyniki w skrócie

Zrozumienie związku między sekwencją białek, ich strukturą i funkcją

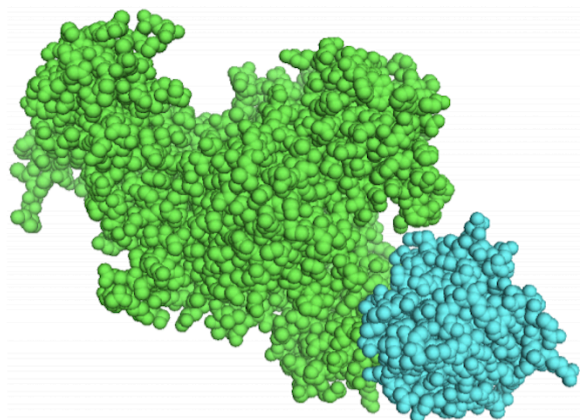
Zespół matematyków i naukowców połączył siły, aby zrozumieć białka wewnątrz wszystkich organizmów żywych. Ich przełomowa analiza w ramach unijnego projektu EVO-COUPPLINGS może ułatwić opracowanie leków.



GOSPODARKA
CYFROWA



BADANIA
PODSTAWOWE



© Lucy Colwell

Białka są najpowszechniejszymi po wodzie cząsteczkami w naszym organizmie, tworzą mięśnie i inne tkanki ciała, takie jak włosy. Są one niezbędną składową wszystkich żywych organizmów, a dzięki nowej analizie obliczeniowej prowadzonej przez dr Lucy Colwell, stypendystkę programu „Maria Skłodowska-Curie”, naukowcy będą w stanie lepiej je zrozumieć i opracowywać leki.

Jej zespół matematyków, chemików i biochemików z Uniwersytetu w Cambridge odkrył związki pomiędzy sekwencjami białek, ich trójwymiarowymi strukturami i funkcjami. „Wyniki te nadadzą kierunek przyszłym badaniom. Związek pomiędzy sekwencją a strukturą i funkcją białek jest jedną z największych zagadek naszych

czasów”, mówi dr Colwell, która pracowała nad projektem Evo-Couplings.

Dzięki projektowi EVO-COUPPLINGS łatwiej można dokonać nowych przełomowych odkryć w dziedzinie leków, ponieważ praca zespołu zwiększyła możliwości naukowców związane z przewidywaniem struktury trzeciorzędowej oraz [cząsteczek oddziałujących](#) z białkami.

Badania, prowadzone przy wsparciu programu „Maria Skłodowska-Curie”, cechowały się nowatorskim podejściem, które początkowo zostało przyjęte sceptycznie przez recenzentów. Ale z czasem się to zmieniło. „Jestem podekscytowana widząc, jak te pomysły weszły do głównego nurtu”, powiedziała. „Przed naszymi badaniami znacznie trudniej było przewidzieć strukturę białek i ich interakcje bazując na samych sekwencjach. To podejście staje się standardem w tej dziedzinie i stanowi kluczowy element wielu ostatnich ważnych osiągnięć”.

Rozwiązanie macierzy

W skład badawczy wchodził również matematycy, którzy opracowali metody wykorzystujące teorię macierzy losowych (probabilistyczne podejście opracowane przez fizyków), aby pomóc chemikom i biochemikom w analizie danych dotyczących sekwencji białek.

Techniki eksperymentalne w ostatnich latach umożliwiły naukowcom zajmującym się naukami przyrodniczymi zebranie dużej ilości danych do badań, ale próba znalezienia w rozległym zbiorze przydatnych informacji, może przyprawiać o ból głowy. „Moim zadaniem jest wycięcie szumu”, powiedziała dr Colwell. „Aby wykorzystać sekwencje białkowe do przewidywania struktury, musieliśmy najpierw zidentyfikować i usunąć »szum« w danych spowodowany faktem, że różne białka są ze sobą powiązane. Sygnał ten musi zostać »znormalizowany« pośród danych, zanim będą mogły zostać zbudowane modele matematyczne, które będą dostarczać użytecznych przewidywań”.

Analitycy wykorzystują metody wizualizacji danych, aby ułatwić identyfikację struktur w wielu innych dziedzinach. Metody te mogą być stosowane do każdego rodzaju danych. Dr Colwell współpracuje teraz z firmą Google w celu wykorzystania postępów w uczeniu maszynowym do wykrywania wzorów, które są trudne do zidentyfikowania przez ludzi.

Słowa kluczowe

EVO-COUPPLINGS

białka

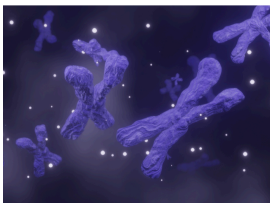
struktura białek

sekwencja

macierz losowa

uczenie maszynowe

Znajdź inne artykuły w tej samej dziedzinie zastosowania



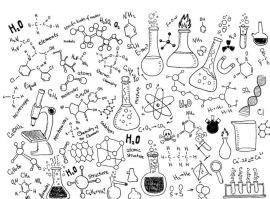
Badanie mechanizmów kontrolowania układu odpornościowego

4 Stycznia 2022



Energooszczędna informatyka czerpiąca inspiracje z natury

28 Października 2022



Rozwiązanie odwiecznego problemu w świecie chemii

27 Października 2022





Nagroda Nobla w dziedzinie chemii 2024 trafia do uczonego wspieranego przez UE

16 Października 2024



Informacje na temat projektu

EVO-COUPPLINGS

Identyfikator umowy o grant: 631609

Projekt został zamknięty

Data rozpoczęcia

1 Stycznia 2015

Data zakończenia

31 Grudnia 2018

Finansowanie w ramach

Specific programme "People" implementing the Seventh Framework Programme of the European Community for research, technological development and demonstration activities (2007 to 2013)

Koszt całkowity

€ 100 000,00

Wkład UE

€ 100 000,00

Koordynowany przez
THE CHANCELLOR MASTERS
AND SCHOLARS OF THE
UNIVERSITY OF CAMBRIDGE
 United Kingdom

Ostatnia aktualizacja: 8 Lipca 2019

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/379505-shining-a-light-on-the-relationship-between-protein-sequence-structure-and-function/pl>

European Union, 2025