

Структура мреже протеинских интеракција и њена рачунарска анализа на примеру испитивања неуређености протеина у интерактомима вируса SARS-CoV-2

Будући да се биолошки системи састоје од основних градивних јединица које међудејствују, природни модел им је граф (мрежа). Једна важна класа биолошких мрежа јесу интерактоми. Њихови чворови представљају протеине, док неусмерене гране сведоче о постојању специфичне физичке интеракције између два протеина. Посебно занимљива врста протеина јесу неуређени протеини, којима недостаје стабилна и добро дефинисана просторна структура. Како се уобичајено везују за велики број партнера у мрежама, често представљају чворишта (хабове) у сложеним графовима протеинских интеракција.

У раду су размотрене особине и односи протеина у интерактомима одабраних подскупова протеома вируса SARS-CoV-2 – мембрански протеин, неструктурни протеини, као и целокупан протеом. Као особине од интереса издвојени су степен неуређености протеина према различитим критеријумима, као и степен повезаности (број суседа) одговарајућих чворова у мрежи. Вирусни интерактоми такође су спојени са оним људског плућног ткива, како би се омогућила анализа веза између протеина вируса и домаћина, али и испитала повезаност тих интеракција са степеном неуређености интерактора.

Резултати укључују неколико дијаграма на којима је представљена веза степена повезаности чворова са разноврсним мерама неуређености, као и анализу корелације те две величине. Постоје одређене индиције да су високоповезани чворови и њихови суседи у просеку уређенији од протеина са мањим бројем веза и њихових суседа. Ово је донекле у супротности са сличним разматрањима еукариотских мрежа протеинских интеракција, тако да потенцијално отвара пут ка новом правцу истраживања вирусних интерактома.