



УДК 577.21; 577.29; 621.37

Исследование статистических свойств первичной структуры факторов патогенности белковой природы

© Авторы, 2011

Айрат Рашитович

Каюмов –
к.б.н., ст. преподаватель
кафедры генетики,
ФГАОУ ВПО «Казанский
(Приволжский) федеральный
университет», ст. преподаватель
кафедры водоснабжения
и водоотведения, ФГБОУ ВПО
«Казанский государственный
архитектурно-строительный
университет».

E-mail: kairat@yandex.ru

Михаил Игоревич

Богачев –
к.т.н., ст. науч. сотрудник
кафедры биотехнических систем,
докторант кафедры радиотехнических
систем, Санкт-Петербургский
государственный электротехнический
университет «ЛЭТИ»
им. В.И. Ульянова (Ленина)
E-mail: togex@mail333.com

А.Р. Каюмов, М.И. Богачев

Проведено сравнительное исследование статистических свойств аминокислотных последовательностей факторов патогенности бактерий. Выявлены значимые различия в первичной структуре токсинов, адгезинов и токсинов грамположительных и грамотрицательных микроорганизмов.

Ключевые слова: патогенные бактерии, факторы патогенности, интервальные статистики.

The comparative investigation of statistic properties of amino acid sequences of protein factors of pathogenicity is performed. The significant differences are revealed in a primary structure of toxins, adhesins and membrane bound proteins from gram-positive and gram-negative bacteria.

Keywords: pathogenic bacteria, factors of pathogenicity, return interval statistics.

Патогенные бактерии имеют различные полипептидные инструменты, во-первых, позволяющие проникнуть в организм хозяина, а вторых – способствующие защите микроба от иммунной системы. Эти функции выполняют, как правило, белки, которые также могут быть связаны и с углеводами, и называются *факторами патогенности*. Каждый из них ответственен за проявление конкретных свойств микроорганизма в инфекционном процессе. К ним относят: факторы адгезии и колонизации; факторы инвазии; факторы, препятствующие фагоцитозу; ферменты «защиты и агрессии» бактерий. Положение в первичной структуре белка ключевых аминокислот, участвующих в связывании и распознавания субстрата и акте каталитической реакции, а также участвующих в формировании и стабилизации пространственной структуры биополимера, можно рассмотреть в качестве сигналов биосистемы [1]. В последнее время в ряде работ были показаны самоподобные, или фрактальные свойства биомолекул, вначале ДНК [2, 3], а затем и белков [4, 5]. Вопрос о взаимосвязи фрактальных структурных и функциональных свойств биомолекул, а также эволюционной и функциональной роли наличия в биомолекулах структурных единиц, имеющих случайное и неслучайное распределение, остается открытым.

В данной работе для анализа первичной структуры полипептидов применен высокоспецифичный подход на основе интервальных статистик [6 – 8]. Эффективность метода при анализе биологических последовательностей было показано ранее в работах [9, 10]. Для проведения анализа формировали выборки факторов патогенности грамотрицательных и грамположительных бактерий с исполь-