

Jan Barciszewski

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Poznań

INFORMACJA O BANKACH KWASÓW RYBONUKLEINOWYCH

Stale rozszerzające się badania kwasów rybonukleinowych powodują gromadzenie się olbrzymiej ilości danych strukturalnych (sekwencje nukleotydów, struktury I-rzędowe), których przechowywanie i analiza są obecnie prawie niemożliwe bez wykorzystania maszyn matematycznych.

Zbiory struktur czy sekwencji nazywamy krótko bankami. Niektóre z nich są przygotowywane przez wielkie organizacje naukowe np. Europejska Organizacja Biologii Molekularnej (EMBO), inne natomiast przez niewielkie grupy badawcze. Oczywiście te ostatnie są bardziej wyspecjalizowane i mają mniejszy zasięg.

Prowadzone od wielu lat w Zakładzie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu badania kwasów rybonukleinowych głównie transferowych powodowały nasze zainteresowania w tworzeniu własnych kompilacji. Początkowo takie zestawienie wydano w postaci skryptu (1), a następnie w formie książkowej (2). Szybki rozwój metod określania sekwencji nukleotydów w kwasach rybonukleinowych, ale nie tylko, spowodował wzrost ilości poznanych struktur I-rzędowych, których gromadzenie w tradycyjny sposób okazało się niemożliwe. Wykorzystując posiadane własne zbiory oraz innych autorów (3,4)

stworzyliśmy w Zakładzie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu 2 banki struktur:

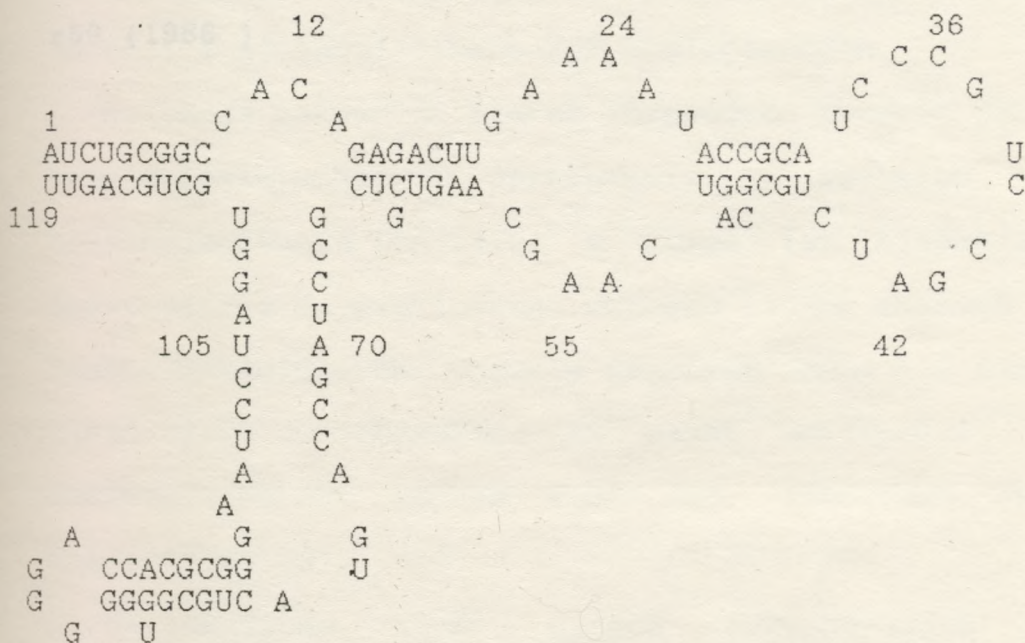
- 1) transferowych kwasów rybonukleinowych (tRNA),
- 2) rybosomalnych 5SrRNA.

Bank tRNA zawiera wszystkie struktury I-rzędowe tych kwasów poznane do połowy 1987. Podstawowe informacje zawarte tutaj to sekwencje nukleotydowe oraz dane literaturowe. Integralną częścią banku jest pakiet programów opracowanych przez nas i służących do: wykreślenia struktury II-rzędowej tRNA, porównywania sekwencji nukleotydowych różnych tRNA oraz do analizowania występowania modyfikowanych nukleozydów itd. Dalsze programy są w opracowaniu.

Bank 5S rRNA zawiera wszystkie struktury I-rzędowe tego rodzaju kwasów nukleinowych zgromadzone do 1987. Szybkość narastania informacji jest tutaj szczególnie duża. Publikacje na ten temat ukazują się na łamach różnych czasopism (także mało specjalistycznych) co w pewnej mierze utrudnia utrzymywanie zbioru w wersji najaktualniejszej. Bank zawiera informacje dostępne w literaturze (4) oraz zebrane przez nas, głównie jednak sekwencje nukleotydowe oraz dane literaturowe. Jesteśmy w posiadaniu niewielkiego pakietu programów (będącego w rozbudowie) służącego do zapisu struktury II-rzędowej oraz analizy stabilności termodynamicznej. Przykładowy wydruk informacji dotyczącej jednego z 5S rRNA grzybów (zob. rys.)

Prace nad aktualizacją banków danych oraz poszerzeniem pakietów programów są kontynuowane.

ID USTILAGO.MAYDIS.5SRNA; RNA; 118 BP.
 SQ SEQUENCE 118 BP; 26 A; 35 C; 22 U; 35 G.
 AUCUGCGGCCACAGAGACUUGAAAAUACCGCAUCCCGUCCGAUCUGCGCAGUCAAGCAAG
 UCGUCGCCUAGCCAGUACUGCGGUGGGGGACCACGCGGGAAUCCUAGGUGCUGCAGUU
 DT 10-MAY-1985
 DE 5S RRNA
 KW 5S RRNA; RIBOSOMAL RNA; BASE SEQUENCE; PHYLOGENETIC TREE.
 OS USTILAGO MAYDIS GD 1042
 OC EUKARYOTA; MYCOTA; BASIDIOMYCETES; USTOMYCETES.
 HS ZEA MAYS (MAIZE, MAYS, MAIS)
 HC EUKARYOTA; CHLOROBIONTA; CORMOPHYTA; SPERMATOPHYTA;
 HC ANGIOSPERMAE; LITIATAE; POALES; POACEAE.
 RN [1]
 RA BLANZ P.A., GOTTSCHALK M.;
 RT 'A COMPARISON OF 5S RIBOSOMAL RNA NUCLEOTIDE SEQUENCES
 RT FROM SMUT FUNGI'
 RL SYSTEM. APPL. MICROBIOL. 5:518-526(1984)
 LT 50734
 SP USTILAGO MAYDIS (BASIDIOMYCOTA, USTOMYCETES)
 ST 1 9, 110 118
 ST 14 21, 57 62 64 65
 ST 27 32, 45 48 51 52
 ST 66 71, 104 109
 ST 78 82 84 86, 91 98



Rys. Przykładowy wydruk informacji jednego z 5SrNA grzybów.

Literatura:

1. J. Barciszewski, A. Rafalski, K. Szyfter, Atlas Struktur Pierwszorzędowych Transferowych Kwasów Rybonukleinowych, Wyd. UAM, Poznań 1974.
2. J. Barciszewski, A. Rafalski, Atlas of Transfer Ribonucleic Acids Sequences and Modified Nucleosides, PWN, Warszawa-Poznań 1981.
3. M. Sprinzl, T. Hartmann, F. Meissner, J. Moll, T. Vorderwülbecke, Compilation of tRNA Sequences and Sequences of tRNA Genes, Nucleic Acids Res. 15, r53 - r188 (1987).
4. V. Erdmann, J. Wolters, Collection of Published 5S, 5.8 S and 4.5 S Ribosomal Sequences, Nucleic Acids Res. 14, r1 - r59 (1986).

Wielokole sekwencji białek rozpoczęto tworzyć już w latach sześćdziesiątych. Opracowanie szybkich technik wyselekcjonowania DNA (1,2) w końcu lat siedemdziesiątych doprowadziło do gwałtownego wzrostu liczby znanych sekwencji kwasów nukleinowych. Obecnie przybiera ponad 1,5 mln zasad w ciągu roku i roszczone są nawet możliwości oznaczenia kolejności całego genomu ludzkiego, liczącego około 3×10^9 nukleotydów (3).

Wzrastająca ilość danych sekwencyjnych stworzyła konieczność zastosowania techniki komputerowej do ich przechowywania i analizy. W różnych ośrodkach badawczych zaczęły powstawać komputerowe banki wyselekcjonowanych grup kwasów nukleinowych i białek. Znana jest m.in. kompilacja struktur tRNA i genów tRNA (4,5), bank sekwencji organizmów prokariotycznych (6), kompilacja map genetycznych (7), bank