

Wraz z pojawieniem się wydajnych metod sekwencjonowania uzyskujemy olbrzymie ilości informacji na temat genów i kodowanych przez nie białek. Sekwencje przybywa tak szybko, że naukowcy nie nadążają z ich analizą. Obecnie liczba znanych sekwencji białkowych sięga aż 250 milionów! Aby poradzić sobie z tym problemem sekwencje białek niezbadanych porównuje się z sekwencjami białek, o których już coś wiadomo i na tej podstawie przewiduje odpowiadającą im strukturę przestrzenną i funkcję. W niniejszym projekcie zidentyfikujemy i scharakteryzujemy peptydazy - enzymy przecinające wiązania peptydowe występujące głównie w białkach. Peptydazy mają wielkie znaczenie dla prawie każdego aspektu żywej komórki, od trawienia pokarmu, przez zmianę kształtu komórki do rozkładania białek. Są one używane w przemyśle spożywczym i chemicznym, medycynie oraz są kluczowym elementem niektórych technik wykorzystywanych w laboratoriach. Peptydazy są obiecującym celem w terapiach kierowanych przeciw HIV, cukrzycy, otyłości i wielu innym ważnym chorobom.

W związku z tym, że peptydazy pełnią tak zróżnicowane i kluczowe funkcje warto poznać i opisać różnorodność ich budowy, ewolucję i związki zachodzące pomiędzy różnymi grupami tych enzymów. W tym projekcie będziemy identyfikować, klasyfikować i opisywać świat peptydaz próbując ustalić jakie reguły rządzą ich funkcją, ewolucją i dostosowaniem do procesowania wybranych substratów (głównie białek).

W tym projekcie zamierzamy również uzyskać informacje na temat wszystkich znanych obecnie peptydaz i na jej podstawie sporządzić ich ogólną klasyfikację, którą można by dalej uzupełniać o bardziej szczegółowe opisy charakteryzujących je cech. W oparciu o nie znajdziemy kolejne, podobne sekwencje białek, którym przypiszemy funkcję peptydaz i włączymy je do tworzonych zbioru. Stopniowe rozszerzanie tego zbioru o nowe klasy peptydaz pozwoli na stworzenie spójnej i całościowej klasyfikacji ze szczególnym uwzględnieniem ich trójwymiarowej budowy. Będzie to wartościowe dla planowania przyszłych badań eksperymentalnych oraz pozwoli na dalsze modyfikowanie znanych peptydaz do jeszcze wydajniejszego działania w przemyśle czy medycynie. Umożliwi też przeprowadzenie masowych badań komputerowych mających na celu wykrycie peptydaz w dużych grupach organizmów, np. w grzybach. Pozwoli również na odkrycie jak poszczególne peptydazy działają na poziomie cząsteczkowym i jaką rolę pełnią w procesach zachodzących w komórce. Szczegółowy opis działania białka może być podstawą zrozumienia podłoża choroby i pomóc w skutecznym projektowaniu nowych leków. Nasz projekt zakłada również identyfikację ludzkich peptydaz co wpisuje się w ogólnoswiatowe przedsięwzięcie lepszego opisanie organizmu człowieka.