
нов и догов оставляют довольно длинные уши. Существует разная мода и на саму форму края уха. Она может быть, например, прямая или S – образная.

Отношение ветеринаров к онихэктомии - **удалению когтей у кошек** - достаточно негативное. И хотя операция в ряде стран (в том числе и в России) разрешена, врачи отказываются от ее проведения, за исключением тех случаев, когда это необходимо для сохранения здоровья животного. Известно, что операции по удалению когтей достаточно редко проводятся за пределами США. В большинстве европейских стран онихэктомия запрещена Европейской конвенцией по защите прав домашних животных.

Онихэктомия - удаление когтей - достаточно сложная операция, проводимая под общим наркозом. В зависимости от ситуации **удаляют когти кошки** только на передних лапах или на всех четырех конечностях. В результате онихэктомии у кошки вместе с когтями отсекается концевая фаланга пальцев.

Ассоциация ветеринаров за права животных Германии категорически против операций, единственная цель которых - изменить внешность животного для удовлетворения капризов человека убеждена, что для ветеринара более важной задачей является обеспечение хорошего самочувствия животных, а не удовлетворение прихотей владельцев.

ФОЛДИНГ БЕЛКОВ ИЛИ КОНСТРУКТОР XXI ВЕКА

*А. Е. Безрученкова, студентка 3 курса
факультета ветеринарной медицины
Научный руководитель – к.б.н., доцент О.А.Индирякова*

Поскольку биологическая функция закодированных в геномах белков определяется, прежде всего, их пространственным (трехмерным) строением, то задача определения закономерностей фолдинга белка исходя из закодированной в гене его аминокислотной последовательности, является сейчас центральной. Понимание механизмов фолдинга также важно для биотехнологии и развития белковой инженерии. Кроме того, возникновение многих нейродегенеративных заболеваний у человека и животных связано с наличием в их организме белков с ненормальным фолдингом.

В биохимии и молекулярной биологии фолдингом белка (укладкой белка, от англ. folding) называют процесс спонтанного сворачивания полипептидной цепи в уникальную нативную пространственную структуру (так называемая третичная структура).

Протеомика - недавно появившееся направление молекулярной биологии, занимающееся сравнительным изучением клеточных протеомов т.е. наборов белков данной клетки в данной фазе ее развития в определенный мо-

мент времени.

Существует несколько основных методов предсказания пути фолдинга и трехмерной структуры белков, два из них наиболее рассматриваемы: моделированием по гомологии первичной структуры и «протягивание нити».

Первый из них заключается в сравнении аминокислотных последовательностей моделируемого белка и белков с экспериментально установленным пространственным строением (т.н. шаблонных белков). Основным ограничением этого подхода является наличие хотя бы 25%-30% идентичности аминокислотных последовательностей моделируемых и шаблонных белков, что выполняется обычно только в ряду эволюционно и функционально родственных белков.

В основе второго подхода, получившего название «протягивание нити» (threading), лежит предположение, что одинаковый путь фолдинга могут иметь белки и с негомологичными аминокислотными последовательностями.

Еще один интересный подход предсказания пространственной структуры белков был предложен в работах российских ученых: Л. Меклера и Р. Идлис. На основе разработанной теории авторами был предложен и довольно успешно опробован на нескольких объектах (белки: репрессор Cro, тахиплезин, лизоцим) алгоритм предсказания пространственной структуры белков.

Правильное сворачивание (фолдинг) полипептидных цепей некоторых белков в клетках эукариот обеспечивается специфическими белками, называемыми шаперонами, которые необходимы для эффективного формирования третичной структуры полипептидных цепей других белков, но не входят в состав конечной белковой структуры. Наиболее часто описывают реакцию с шапероном hsp70.

Главная функция шаперонов состоит в удержании вновь синтезируемых белков от неспецифической агрегации и в передаче их другому «белку-помощнику», шаперонину, роль которого — обеспечить оптимальные условия для эффективного сворачивания.

В отличие от довольно просто построенных шаперонов (состоящих из одной-двух полипептидных цепей — субъединиц) шаперонины представляют собой сложные олигомерные структуры. Наиболее изученные hsp60 митохондрий, а также клеток *E. coli*.

Таким образом если представить всю реакцию то известно, что на сворачивание одной полипептидной цепи расходуется энергия гидролиза нескольких молекул АТФ. Модель, рассмотренная на примере шаперонина hsp60, дает лишь самое общее представление о механизмах функционирования шаперонинов. Вероятно, общие принципы функционирования, установленные для hsp60, распространяются и на цитоплазматический шаперонин клеток эукариот, однако конкретные механизмы могут существенно различаться.

Ученые из Медицинского института Ховарда Хьюза при университете Вашингтона сконструировали первый в истории искусственный белок, который никогда не существовал в природе. Top7 стал первым синтетическим протеином, созданным «с нуля» на компьютере и только затем полученным в лаборатории. В реальности форма молекулы в точности соответствует модели в компьютерной программе. Сейчас разворачивается новый этап работ по проекту Folding@Home — программе распределенных вычислений, работаю-

щей через интернет.

Эта разработка группы биологов под руководством Дэвида Бэйкера проливает свет на загадку фолдинга белков. Теперь, по словам Дэвида Бэйкера, стали понятны хотя бы некоторые характеристики таинственного процесса.

В наше время ученые развернули активную деятельность в попытках понять, каким образом протеины выполняют фолдинг так быстро и так надежно.

На современном ПК расчет 1 наносекунды фолдинга белка при определенных температурных условиях занимает примерно 1 день. Для расчета всего процесса требуется в десятки тысяч раз больше вычислительной мощности. Для выполнения этой задачи любой вычислительной мощности будет недостаточно.

На первой стадии развития Folding@Home с октября 2000 г. по октябрь 2001 г. были успешно смоделированы несколько простых, быстро сворачивающихся протеинов, в том числе Виллин (количество аминокислот — 36, время фолдинга — 10 микросекунд). Ученые на практике, в результате лабораторных экспериментов, подтвердили корректность полученных результатов.

Хотя Виллин стал «визитной карточкой» проекта, в настоящее время рассчитывается фолдинг более сложных и больших молекул. Так, скоро начнется обсчет протеина Alzheimer Amyloid Beta, который вызывает токсический эффект в болезни Альцгеймера.

Ошибки сворачивания обычно приводят к образованию неактивного белка с отличающимися свойствами. Считается, что некоторые болезни происходят от накопления в клетках неправильно свёрнутых белков (прионов).

Такая ошибка происходит с одним из протеинов в организме человека, пораженного болезнью Альцгеймера. Прионные болезни у животных: коровье бешенство, скрепи овец, куру и др.

В продолжении темы компьютерных моделей фолдинга можно упомянуть проект, который затрагивает простых людей.

Учёным из Университета Вашингтона, занимающимся предсказанием пространственного строения белков — также как и заядлым геймерам — всё время не хватает вычислительной мощности компьютеров. Мысль исследователей не стоит на месте: теперь они претендуют уже не на компьютеры простых пользователей, а на их... головы!

Используя стилистику оформления аркадных компьютерных игр, разработчики проекта FoldIt сумели совместить, казалось бы, несовместимое: увлекательность легкомысленной забавы и серьёзность настоящей научной работы. Изображение из руководства к компьютерной игре FoldIt. Игра доступна бесплатно на одноимённом сайте <http://fold.it>.

Руководители проекта профессора информатики и инженерного дела Зоран Поповиц и Дэвид Салесин, а также профессора биохимии Дэвид Бейкер.

«Существует слишком много вариантов строения молекулы, чтобы компьютеры могли перебрать их все», — говорит Бейкер. — «Распределённые проекты вроде нашей Rosetta@home показывают неплохие результаты на маленьких белках, но с увеличением размеров моделируемого белка сложность проблемы возрастает нелинейно, и компьютерные алгоритмы уже не могут дать правильного ответа. Однако же люди, используя свою интуицию, могут

получить правильный ответ намного быстрее».

Таким образом, суть этого эксперимента заключается в том, чтобы найти среди неучёных необыкновенных дарований, наделённых природным даром «чувствовать» структуру белков.

В настоящее время достигнуты значительные успехи в выяснении общих принципов организации полипептидной цепи в уникальную пространственную структуру, а также внутриклеточных механизмов контроля за процессом сворачивания белка. Главными проблемами, которые предстоит решить, остаются понимание структурных основ, определяющих путь сворачивания полипептидной цепи, с одной стороны, и выяснение молекулярных механизмов регуляции скорости и эффективности этого процесса, — с другой.

Наука – это интереснейшее занятие, особенно если рассматривать такие вопросы как фолдинг белков. Можно сказать, что это явление игра по поиску кода вечности, поскольку вариантов принятия какой-либо формы белком великое множество.

Используемые источники.

1. Кононский А. И. Биохимия животных. - М.: Колос, 1992.
2. Метревели Т. В. Биохимия животных. - СПб.: Издательство «Лань», 2005.
3. Наградова Н. К., Муронец В. И. Мультидоменная организация ферментов. Итоги науки и техники. Сер. Биологическая химия. - М.: ВИНТИ, 1991. - т. 38.
4. Современное естествознание: Энциклопедия: в 10 т./Под ред. Пашковского Ю. А. - М.: Издательский Дом МАГИСТР-ПРЕСС, 2000. - Т. 8.
5. Шульц Г., Ширмер Р. Принципы структурной организации белков. Пер. с англ. - М.: Мир. 1982.
6. distributed.ru/forum/?a=topic&topic=1030
7. forfive.ru/readarticle.php?article_id=5630
8. www.wikipedia.org/wiki/Фолдинг_белка
9. www.cytssp.rssi.ru/lab_turoverov/turoverov_lab_ru.html
10. www.bio.fizteh.ru/student/biotech/2004
11. Folding@Home
12. Gautam Dantas/University of Washington

ПОЛИТЕННЫЕ ХРОМОСОМЫ КАК ТЕСТ-ОБЪЕКТЫ В БИОЛОГИИ

*А.И.Гринько, Е.А.Моисеева, студентки 1 курса
факультета ветеринарной медицины
Научный руководитель – доцент, к.б.н. Т.А.Индирякова
Ульяновская ГСХА*

Одной из главных задач современной биологии является поиск недорогих и краткосрочных тест-систем для оценки воздействия различных факторов,