

Предсказание топологии транспортера NaPi2b

Научный руководитель – Акберова Наталья Ивановна

Козлова Анастасия Сергеевна

Студент (магистр)

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной
медицины и биологии, Казань, Россия

E-mail: hellgatedoctor@yandex.com

Натрий-зависимый фосфатный транспортер 2b (NaPi2b) играет важную роль в транспорте фосфатов в кишечнике человека[1] и является мишенью для терапевтических антител MX35 при раке яичников[6]. NaPi2b относится к семейству NaPi2, которое включает кроме него еще 2 представителя - NaPi2a и NaPi2c[5]. Семейство натрий-зависимых фосфатных транспортеров относится к суперсемейству TOG (Transporter-Op sin-G protein-coupled receptor), которые обычно имеют 8-9 трансмембранных участков [7]. Анализ вторичной структуры мы проводили в программах GORIV[3] и PsiPred[2]. Для предсказания трансмембранных участков использовали CSTOP[4]. Для сравнения использовали топологию из базы данных UniProt. Все полученные результаты анализировали в программе UGENE.

На рисунке показано, что топология, полученная из UniProt и CSTOP, в целом, похожи. Однако, на участке 429-485, где по предсказанию CSTOP расположены еще две альфа-спирали, кроме того, расположение альфа спиралей, предсказанных при помощи PsiPred, коррелирует с расположением трансмембранных участков в UniProt и CSTOP, хотя на участке 429-485 такого сходства не наблюдается. Поскольку сравнительный анализ топологий представителей семейства показал, что NaPi2a и NaPi2c имеют 8 трансмембранных участков, вероятно, что и NaPi2b имеет 8 трансмембранных участков в соответствии с топологией UniProt.

Источники и литература

- 1) Blaine J., Weinman E.J., Cunningham R. The Regulation of Renal Phosphate Transport // *Advances in Chronic Kidney Disease*. № 2 (18). С. 77–84.
- 2) Buchan D.W.A. [и др.]. Scalable web services for the PSIPRED Protein Analysis Workbench // *Nucleic Acids Research*. 2013. № Web Server issue (41). С. W349–W357
- 3) Deléage G. ALIGNSEC: viewing protein secondary structure predictions within large multiple sequence alignments // *Bioinformatics*. 2017. № 24 (33). С. 3991–3992
- 4) Dobson L., Reményi I., Tusnády G.E. CSTOP: a Consensus Constrained TOPOlogy prediction web server // *Nucleic Acids Research*. 2015. № Web Server issue (43). С. W408–W412
- 5) Gattineni J., Baum M. Genetic disorders of phosphate regulation // *Pediatric Nephrology* (Berlin, Germany). 2012. № 9 (27). С. 1477–1487
- 6) Lindegren S. [и др.]. Binding Affinity, Specificity and Comparative Biodistribution of the Parental Murine Monoclonal Antibody MX35 (Anti-NaPi2b) and Its Humanized Version Rebma b200 // *PLoS ONE*. 2015. № 5 (10). С. e0126298
- 7) Yee D.C. [и др.]. The Transporter-Op sin-G protein-coupled receptor (TOG) Superfamily // *The FEBS journal*. 2013. № 22 (280). С. 10.1111/febs.12499

Иллюстрации

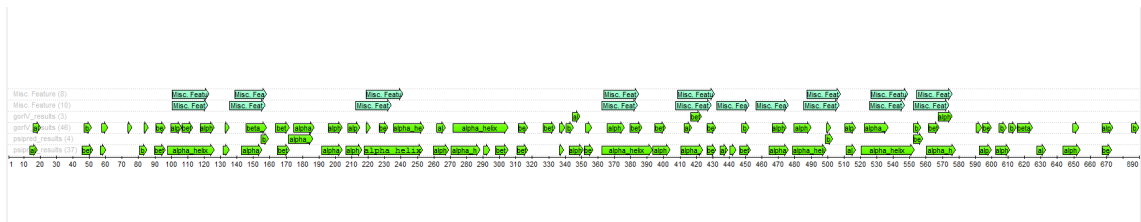


Рис. 1. Сравнение вторичной структуры предсказанные при помощи GORIV, PsiPred и топологии из базы данных Uniprot и CСТОР. На картинке сверху вниз представлены: топология Uniprot, топология CСТОР, вторичная структура GORIV и вторичная структура Psy-Pred соответственно