

PRO2INS: un database per l'annotazione di interazioni proteina-proteina

Raffaele Calogero¹ e Giovanni Iazzetti²

¹Dip. Scienze Cliniche e Biologiche (Orbassano - TO) Università di Torino

²Dip. Genetica, Biologia Generale e Molecolare, via Mezzocannone 8, 80134 Napoli, Università di Napoli

Negli ultimi anni, tecniche quali il "yeast two hybrid system" hanno permesso la produzione di una notevole mole di dati riguardanti le interazioni proteina-proteina, aprendo di fatto la via alla comprensione dell'intricata rete d'interazioni proteiche che regolano le funzioni della cellula. Pur essendo disponibili un notevole numero di banche dati dedicate alle proteine ed ai domini strutturali proteici, le interazioni proteina-proteina sono raramente annotate (ad es.: domini d'interazione proteina-proteina

caratterizzati strutturalmente) in questi databases. Quindi, non essendo i dati d'interazione tra proteine raggruppati in alcun modo, risulta alquanto tedioso risalire all'identificazione dei possibili pathways d'interazione tra più proteine. Il database PRO2INS (PROtein-PROtein INteractionS) nasce come punto di raccolta dei dati d'interazione tra proteine ed è stato costruito utilizzando prevalentemente dati di letteratura (MEDLINE). PRO2INS è stato sviluppato sfruttando le potenzialità offerte dal linguaggio VRML 2.0 nella costruzione di mondi virtuali. In particolare modo il VRML 2.0 ha permesso di creare una rete tridimensionale dove le proteine sono rappresentate dai punti di giunzione (nodi) tra i filamenti della rete che rappresentano invece le interazioni proteina-proteina. I nodi (proteine) sono rappresentati da cilindri, le cui dimensioni sono proporzionali alla lunghezza della proteina. All'interno dei cilindri (nodi), i domini d'interazione con altre proteine sono rappresentati da fasce colorate da cui si originano i filamenti (interazioni proteina-proteina). PRO2INS al momento contiene più di 100 proteine, per le quali è stata dimostrata sperimentalmente un'interazione.