

[Akceptuję](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Nagrody za pracę nad komputerowym modelowaniem białek

TAJEMNICE WNETRZA BIAŁKA

Przewidywanie struktury białek jest jedną z najprężniej rozwijających się dziedzin współczesnej

biochemii i bioinformatyki. Ma znaczenie nie tylko poznawcze; otwiera również możliwość praktycznych zastosowań w wielu dziedzinach. Określenie przestrzennego kształtu białka jest bowiem niezbędne do poznania roli, jaką spełnia ono w organizmie.

„Znajomość jego struktury można posłużyć do zaprojektowania nowych leków oraz inspirowania eksperymentów, które pozwolą otrzymać nowe, bardziej użyteczne białko” - mówi Bujnicki.

Jednak badanie protein metodami doświadczalnymi (krystalografia i rezonans magnetyczny) jest kosztowne i czasochłonne. Pełna analiza przestrzennego ułożenia sekwencji aminokwasów może trwać nawet kilka lat, a czasami w ogóle się nie udaje. Dlatego dużą nadzieję pokłada się w metodach teoretycznych, opartych na modelowaniu komputerowym. Specjalistyczne programy pozwalają znacznie szybciej - w ciągu kilku godzin, minut, a nawet sekund - odgadnąć sposób zwinięcia nici aminokwasowej.

Modelowanie takie może się opierać na budowaniu trójwymiarowego modelu białka „od zera” (na podstawie znajomości sekwencji aminokwasów) lub w oparciu o identyfikację jego pokrewieństwa ewolucyjnego do innych, wcześniej poznanych, białek.

SZANSA NA NOWE LEKI

Wyróżniona przez ekspertów praca habilitacyjna dra Bujnickiego dotyczyła metylotransferaz RNA, czyli enzymów, które zmieniają właściwości kwasu nukleinowego poprzez modyfikowanie czterech podstawowych „liter alfabetu genetycznego”: A, U, C i G. „Działanie tych enzymów można porównać do dodawania podstawowym literom różnych +ogonków+, co znacząco zwiększa ilość kombinacji oraz możliwość tworzenia cząsteczek RNA o różnych funkcjach” - wyjaśnia Bujnicki.

Okazuje się, że opisane modyfikacje są jednym z mechanizmów nabywania oporności na antybiotyki przez bakterie chorobotwórcze. „Niektóre enzymy poprzez dodawanie owych +ogonków+ do liter bakteryjnego RNA sprawiają, że patogen staje się zupełnie niewrażliwy na najczęściej stosowane leki” - wyjaśnia Bujnicki.

Na całym świecie, także w krajach wysoko rozwiniętych, stanowi to coraz większy problem. Wielu pacjentów umiera zanim uda się znaleźć skuteczne lekarstwo. Dlatego zrozumienie procesu nabywania oporności i poznanie struktury odpowiedzialnego za to białka jest kluczowe dla rozwoju medycyny i opracowywania nowych, skutecznych leków.

Kierowany przez Bujnickiego zespół zajmuje się teoretycznym i doświadczalnym badaniem białek i RNA, a ostatnio także projektowaniem małych cząsteczek, które staną się punktem wyjścia do tworzenia leków. „Udało nam się już zidentyfikować pewne cząsteczki, w obecności których potraktowane antybiotykiem patogeny giną, choć normalnie są na niego niewrażliwe” - cieszy się naukowiec.

Biolodzy wierzą, że w przyszłości modelowanie komputerowe przyczyni się do opracowania skutecznej szczepionki zapobiegającej zarażeniu wirusem HIV, a także leku hamującego przerzutowanie nowotworów.

WIRTUALNE BIAŁKA

Farmacja i medycyna nie są jednak jedynymi dziedzinami, które bazują na tej technice. Wykorzystuje się ją również w przemyśle chemicznym (nowoczesne proszki do prania) i spożywczym (produkcja piwa), produkcji tworzyw sztucznych czy utylizacji szkodliwych odpadów.

Próby tworzenia modeli białek przy użyciu komputerów rozpoczęto w latach 70-tych ubiegłego wieku. Do tej pory naukowcom udało się doświadczalnie poznać budowę przestrzenną około 30 tys. białek i określić ponad trzy miliony sekwencji białkowych.

Tegoroczne nagrody nie są pierwszymi wyróżnieniami dla dr Bujnickiego. W 2002 r. otrzymał on prestiżową nagrodę Programu Młodych Badaczy (Young Investigator Programme Award), przyznawaną przez Europejską Organizację Biologii Molekularnej (EMBO) i Instytut Medyczny Howarda Hughesa (HHMI). Doceniono jego projekt dotyczący przewidywania struktury białek, badania ich ewolucji i inżynierii ich funkcji.

W 2002 i 2004 r. dwa zespoły z warszawskiego laboratorium dr Bujnickiego uplasowały się w pierwszej piątce prestiżowego, międzynarodowego konkursu w modelowaniu struktury przestrzennej białek, odbywającego się w Stanach Zjednoczonych pod nazwą Critical Assessment of techniques for protein Structure Prediction (CASP). Z kolei w ostatniej edycji CASP w 2006 r grupa studentów z jego poznańskiego laboratorium zajęła wysokie miejsce w kategorii „przewidywanie funkcji białek”.

Dr hab. Janusz Marek Bujnicki jest kierownikiem Pracowni Bioinformatyki i Inżynierii Białka z Międzynarodowego Instytutu Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie oraz grupy badawczej na Wydziale Biologii Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu.

[PAP - Nauka w Polsce, Katarzyna Pawłowska](#)

Skomentuj na forum