

FTB 47 (4) 345-355.

(FTB-2277)

## **Programi i baze podataka o peptidima i proteolitičkim enzimima na internetu – kratak osvrt na 2007. i 2008. godinu**

### **Sažetak**

Bioinformatičke metode postale su jedan od najvažnijih alata u području istraživanja peptida. Sve je veći broj dostupnih baza podataka o peptidima, a i „online” programa koji obradom aminokiselinskih sljedova daju informacije o strukturi peptida te njihovim fizikalno-kemijskim i biološkim svojstvima. Mnogi od tih programa dizajnirani su za obradu aminokiselinskih sljedova proteina, ali nemaju ugrađenu restrikciju njihove primjene na oligopeptide koji sadrže manje od 20 aminokiselinskih ostataka. Radovi o takvim programima ne mogu se pronaći u bazama publikacija uporabom ključnih riječi „peptid” ili „peptidi”, u kombinaciji s pojmom „bioinformatika” ili sličnim terminima. Stoga je važno sažeti rezultate objavljenih radova u jednom izvoru. U ovom je radu dan kratak pregled baza podataka o bioaktivnim peptidima i programima za analizu aminokiselinskoga slijeda koji omogućuju: pronalazak peptidnih motiva; određivanje fizikalno-kemijskih svojstava aminokiselinskih ostataka; predviđanje strukture peptida, pojave posttranslacijske glikozilacije i imunogenosti; te programsku podršku za dizajn peptida. Također su prikazani programi i baze podataka o proteolitičkim enzimima. Svi navedeni programi i baze razvijeni su i ažurirani od rujna 2007. do prosinca 2008.

*Ključne riječi:* peptidi, peptidomika, proteoliza, bioinformatika, baze podataka, internet (world wide web)