

## **BIOPEP-PBIL alat za analizu biološki aktivnih motiva, izdvojenih iz proteina hrane**

### **Sažetak**

U radu je opisana prilagodljiva tehnika analize sekvencije proteina koji sadrže motive što utječu na funkcije organizma. BIOPEP baza podataka i Pôle Bioinformatique Lyonnais (PBIL) server upotrijebljeni su da bi se odredile aktivnosti peptida što prevladavaju u prekurzorima proteina, te koje strukture proteina imaju najveću aktivnost. Takav bi pristup mogao pomoći u otkrivanju strukturnih značajka koje pridonose biološkoj aktivnosti peptida. Utvrđeno je da ispitani proteini, osim što pokazuju aktivnost uobičajenu za većinu proteina (npr. inhibiraju acetilkolinesterazu), mogu sadržavati motive koji sudjeluju u ubikvitin-ovisnoj proteolizi. To bi moglo biti važno za određivanje prehrane bolesnika koji pate od neuroloških poremećaja. Analizom strukture i biološke aktivnosti uočeno je da bioaktivni peptidi moraju imati konformaciju uzvojnice (ili kombinaciju uzvojnice i  $\alpha$ -ploče) u sekvencijama prekurzora proteina da bi imali to svojstvo. Međutim, pri proučavanju bioaktivnosti i strukture biomolekula treba uzeti u obzir i duljinu peptidnih lanaca, broj peptida u bazi podataka, te ponovljivost karakterističnih aminokiselina u peptidu i proteinu.

*Ključne riječi:* baze podataka, proteini, bioaktivni peptidi, bioinformatika