



Tiedote 29.10.2008

Molekyyligenetiikan proteiinirinnastuksiin pitoa

Sekvenssirinnastukset ovat genomiikkatutkimuksen perustyökaluja. MTT:n bioinformaatikko Virpi Ahola kehittää väitöskirjassaan menetelmän, jolla voi arvioida proteiinisekvenssirinnastusten onnistumista.

Viime vuosina ihmisen ja muiden eliölajien koko genomien sekvensoinnin eli DNA:n emäsjärjestyksen (A, C, G ja T) selvittämisestä on syntynyt valtavasti aineistoja. Genomi sisältää DNA:n, joka taas sisältää elion perinnöllisen aineksen eli ohjeen siitä, millainen eliö on.

Virpi Ahola tutki eliölajien proteiinisekvenssien rinnastuksia. Niissä eri lajien sekvenssit pyritään laittamaan allekkain siten, että evolutiivisesti, rakenteellisesti tai toiminnallisesti toisiaan vastaavat kohdat osuvat samaan sarakkeeseen. Rinnastusten pituus vaihtelee useista kymmenistä tuhansiin aminohappoihin.

MONEN TIETEEN PERUSTUTKIMUSTA

Rinnastukset tehdään nykyisin tietokoneohjelmilla. Virpi Ahola selvittää, että kyse on perustutkimuksesta, jota voi käyttää lähes kaikissa molekyyligenetiikan sovelluksissa, muun muassa lääketieteessä ja - tutkimuksessa, kasvi- ja eläinjalostuksessa, elintarviketutkimuksessa sekä eläin- ja kasvigeenivarojen säilyttämisessä.

- On tärkeää, että rinnastukset ovat mahdollisimman hyviä, jotta heti analyysin alussa ei tehtäisi virheitä, Ahola painottaa.

Hänen kehittämänsä tilastollinen menetelmä ennustaa, kuinka hyvin eri lajien vastaavat proteiinikohdat saadaan allekkain.

- Sekvenssien rinnastaminen on vaikeaa, vaikka kirjainten allekkain pistäminen voi tuntua yksinkertaiselta. Monen sekvenssin rinnastusongelmaa ei ole vielä täysin ratkaistu matemaattisesti eikä laskennallisesti, Ahola pohtii.

USEITA MENETELMÄOIVALLUKSIA

Virpi Aholan kehittämän menetelmän biologista pätevyyttä testaa laadunvarmistus. Toisista tietokannoista näet saa valmiita rinnastuksia, jotka ovat biologisesti mahdollisimman luotettavia. Nämä on rinnastettu uudelleen. Sitten uusia rinnastuksia on verrattu tietokannan rinnastuksiin väitöskirjassa kuvatulla menetelmällä. Laskennan tulos on vielä testattu vertaamalla sitä

”todelliseen” laatuun.

- Tulokset osoittavat, että rinnastuksen laatua voi luotettavasti ennustaa menetelmälläni, Virpi Ahola myhäilee.

Ahola esittelee väitöskirjassaan myös menetelmän, jolla voi etsiä toiminnallisesti ja rakenteellisesti tärkeitä kohtia proteiineista.

VTM Virpi Aholan tilastotieteen väitöskirja Statistical methods for conservation and alignment quality in proteins (Tilastollisia menetelmiä proteiinien konservoitumiseen ja rinnastusten laadun arviointiin) tarkastetaan 7.11.2008 Turun yliopistossa. Vastaväittäjänä toimii professori Arne Elofsson Ruotsista ja kustoksena professori Esa Uusipaikka.

Lisätietoja:

bioinformaatikko Virpi Ahola, MTT, puh. (03) 4188 3202, virpi.ahola@mtt.fi

MTT (Maa- ja elintarviketalouden tutkimuskeskus) on johtava maatalous- ja elintarviketutkimusta sekä maatalouden ympäristöntutkimusta tekevä laitos. Tutkimusalojamme ovat bioteknologia- ja elintarviketutkimus, kasvintuotanto, kotieläintuotanto, talous, teknologia ja ympäristö. Tuotamme ja välitämme tieteellistä tutkimustietoa sekä kehitämme ja siirrämme teknologiaa koko maatalous- ja elintarvikesektorille. Lisätietoja www.mtt.fi