



Univerzitet u Beogradu
Matematički fakultet

Seminarski rad

Analiza, klasifikacija i klasterovanje proteinskih blokova

Mentor:

Prof. dr Nenad Mitić
Katedra za računarstvo i informatiku

Studenti:

Anja Milutinović 235/2021
Đurđa Milošević 84/2021
Smer: Informatika

Datum: 2024/25

Sadržaj

| | | |
|----------|---|-----------|
| 1 | Uvod | 2 |
| 2 | O Proteinskim blokovima | 3 |
| 3 | Analiza | 6 |
| 3.1 | Opis podataka | 6 |
| 3.1.1 | Izdvajanje retkih prelaza između proteinskih blokova u podacima | 8 |
| 3.2 | Izdvajanje parova aminokiselina prisutnih u neočekivanim prelazima | 8 |
| 3.3 | Izdvajanje parova sekundarnih struktura koji se javljaju u neočekivanim prelazima | 10 |
| 3.3.1 | Izdvajanje kombinacija aminokiselina i sekundarnih struktura u neočekivanim prelazima | 11 |
| 3.4 | Analiza vrednosti pLDDT parametra | 12 |
| 3.4.1 | Vrednosti pLDDT u opštem slučaju | 14 |
| 3.4.2 | Vrednosti pLDDT prema proteinskim blokovima | 15 |
| 3.4.3 | Vrednosti pLDDT prema aminokiselinama | 16 |
| 3.4.4 | Vrednosti pLDDT prema sekundarnim strukturama | 17 |
| 3.5 | Analiza vrednosti RSA parametra | 18 |
| 3.5.1 | Vrednosti RSA u opštem slučaju | 20 |
| 3.5.2 | Vrednosti RSA prema proteinskim blokovima | 20 |
| 3.5.3 | Vrednosti RSA prema aminokiselinama | 21 |
| 3.5.4 | Vrednosti RSA prema sekundarnim strukturama | 21 |
| 3.6 | Ispitivanje zastupljenosti aminokiselina u podacima | 22 |
| 4 | Klasifikacija | 24 |
| 5 | Klasterovanje | 25 |
| 6 | Zaključak | 26 |

1 Uvod

Proteini su osnovni gradivni blokovi svih ćelija u organizmu i kao takvi igraju ključnu ulogu u održavanju života, reprodukciji, odbrani i replikaciji. Funkcije proteina zavise od njihove strukture, zbog čega je analiza strukture proteina od izuzetnog značaja u bioinformatičkim i biohemijskim istraživanjima.

U nastojanju da se postigne precizniji, detaljniji i informativniji prikaz trodimenzionalne strukture proteina, razvijeni su proteinski blokovi. Kao jedni od najistaknutijih predstavnika strukturnih alfabeta, pokazano je da omogućavaju detekciju strukturne sličnosti između proteina sa izuzetnom efikasnošću.

Ovaj seminarski rad se fokusira na proteinske blokove, sa posebnim akcentom na retke i neočekivane prelaze između njih. Niz proteinskih blokova dobijen je analizom humanog proteoma, koji je generisan pomoću AlphaFold2 programa. Seminarski rad se sastoji od tri ključna segmenta: analize, klasifikacije i klasterovanja proteinskih blokova.

Analiza obuhvata izdvajanje aminokiselina i sekundarnih struktura u retkim prelazima, određivanje prirode vrednosti pLDDT (eng. *the predicted local distance difference test*) i RSA (eng. *relative solvent accessibility*) parametara, kao i poređenje zastupljenosti pojedinačnih aminokiselina u podacima u odnosu na očekivane procenete.

Klasifikacija je usredsređena na predviđanje aminokiselina i sekundarnih struktura u prelazima, kao i parova proteinskih blokova koji čine posmatrane prelaze. Ovaj pristup omogućava donošenje interesantnih zaključaka o relevantnosti, ubedljivosti i stabilnosti proteinskih blokova kao strukturnih indikatora.

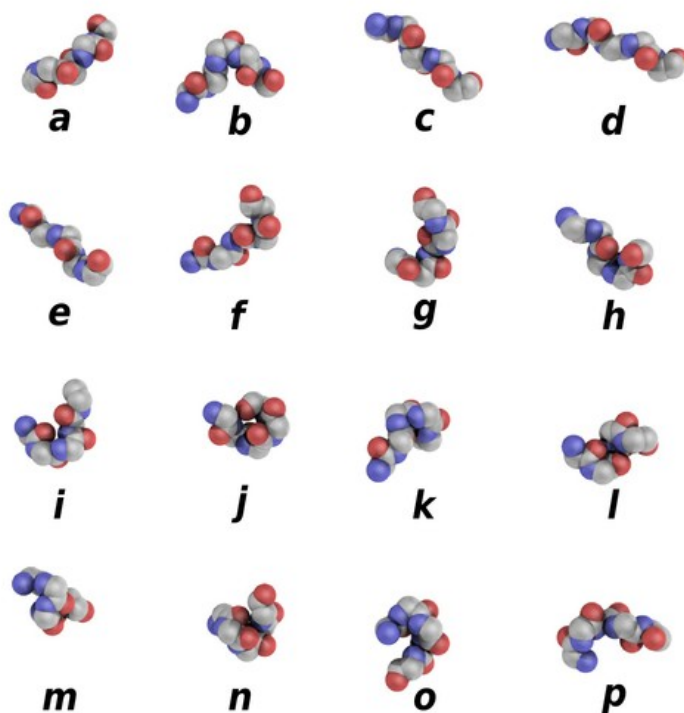
Klasterovanje je izvedeno nad skupom podataka koji sadrži informacije o strukturi proteina, uključujući prelaze između proteinskih blokova, kao i aminokiseline i sekundarne strukture prisutne u tim prelazima.

Seminarski rad je realizovan u okviru kursa „Istraživanje podataka 2” na Matematičkom fakultetu Univerziteta u Beogradu.

2 O Proteinskim blokovima

Pronalaženje sličnosti u prostornoj strukturi proteina je važno jer može da ukaže na sličnosti u funkcionalnosti proteina, koja nije vidljiva ispitivanjem sekvencijalnih informacija o proteinu. Eksperimentalno određivanje trodimenzionalne strukture proteina je skup i vremenski zahtevan proces. Zato, potrebno je da se pronađe efikasan i pouzdan način opisivanja trodimenzionalne strukture proteina, kao i način upoređivanje više struktura proteina međusobno.

Struktura proteina se obično opisuje kao alfa-heliks ili beta-ravan zasnovano na vodoničnim vezama između peptidnih veza unutar glavnog lanca proteina, ali ovaj pristup se pokazao previše uprošćen jer preko 50% strukture proteina ostaje neopisano.[3] Trodimenzionalna struktura može se opisati i korišćenjem aproksimativnih prototipova lokalne strukture proteina. Skup definisanih prototipova lokalne strukture se naziva i strukturni alfabet. Direktno određivanje trodimenzionalne strukture proteina je težak problem, zato se koriste strukturni alfabeti koji opisuju trodimenzionalnu strukturu proteina jednodimenzionalnim nizom strukturnih prototipova.



Slika 1: Šematski prikaz 16 proteinskih blokova označenih slovima od a do p

Jedan od najpoznatijih strukturnih alfabeta jeste Proteinski blokovi (PB), koje je razvio De Brevern (2000). Proteinski blokovi se sastoji od 16 prototipova, koji su izdvojeni korišćenjem algoritama klasterovanja, Kohenonove samoorganizovajuće mape, nad fragmentima od pet uzastopnih aminokiselina kod proteina sa već poznatom strukturom. U prvom istraživanju je korišćeno 228 poznatih proteina, a kasnije je istraživanje ponovljeno nad 400 poznatih proteina. Procedura klasterovanja se odvijala u tri koraka. U prvom koraku se koristi mera sličnosti fragmenata RMSDA (eng. Root Mean Square Deviation on Angle), u drugom koraku se dodatno koristi i verovatnoća prelaska jednog fragmenta u drugi u sekvenci, dok se u trećem koraku izbacuje ograničenje verovatnoće prelaska. Na kraju je odabrano 16 proteinskih blokova, definisanih sa osam diedarskih uglova, ψ_{i-2} , ϕ_{i-1} , ψ_{i-1} , ϕ_i , ψ_i , ϕ_{i+1} , ψ_{i+1} , ϕ_{i+2} u odnosu na centralnu aminokiselinu u fragmentu dužine pet. [7] (Tabela 1)

| PB | ψ_{i-2} | ϕ_{i-1} | ψ_{i-1} | ϕ_i | ψ_i | ϕ_{i+1} | ψ_{i+1} | ϕ_{i+2} |
|----|--------------|--------------|--------------|----------|----------|--------------|--------------|--------------|
| a | 41.14 | 75.53 | 13.92 | -99.80 | 131.88 | -96.27 | 122.08 | -99.68 |
| b | 108.24 | -90.12 | 119.54 | -92.21 | -18.06 | -128.93 | 147.04 | -99.90 |
| c | -11.61 | -105.66 | 94.81 | -106.09 | 133.56 | -106.93 | 135.97 | -100.63 |
| d | 141.98 | -112.79 | 132.20 | -114.79 | 140.11 | -111.05 | 139.54 | -103.16 |
| e | 133.25 | -112.37 | 137.64 | -108.13 | 133.00 | -87.30 | 120.54 | 77.40 |
| f | 116.40 | -105.53 | 129.32 | -96.68 | 140.72 | -74.19 | -26.65 | -94.51 |
| g | 0.40 | -81.83 | 4.91 | -100.59 | 85.50 | -71.65 | 130.78 | 84.98 |
| h | 119.14 | -102.58 | 130.83 | -67.91 | 121.55 | 76.25 | -2.95 | -99.88 |
| i | 130.68 | -56.92 | 119.26 | 77.85 | 10.42 | -99.43 | 141.40 | -98.01 |
| j | 114.32 | -121.47 | 118.14 | 82.88 | -150.05 | -83.81 | 23.35 | -85.82 |
| k | 117.16 | -95.41 | 140.40 | -59.35 | -29.23 | -72.39 | -25.08 | -76.16 |
| l | 139.20 | -55.96 | -32.70 | -68.51 | -26.09 | -74.44 | -22.60 | -71.74 |
| m | -39.62 | -64.73 | -39.52 | -65.54 | -38.88 | -66.89 | -37.76 | -70.19 |
| n | -35.34 | -65.03 | -38.12 | -66.34 | -29.51 | -89.10 | -2.91 | 77.90 |
| o | -45.29 | -67.44 | -27.72 | -87.27 | 5.13 | 77.49 | 30.71 | -93.23 |
| p | -27.09 | -86.14 | 0.30 | 59.85 | 21.51 | -96.30 | 132.67 | -92.91 |

Tabela 1: Referentni uglovi Proteinskih blokova

Proteinski blokovi su označeni slovima od a do p (Slika 1). Najčešći proteinski blokovi, m i d, odgovaraju redom alfa-heliksi i beta-ravni. Proteinski blokovi od g do j odgovaraju nespecifičnim strukturama (eng. coil). Prevođenje u sekvencu proteinskih blokova kod proteina sa poznatom 3D strukturom odvija se tako što se svakom fragmentu uzastopnih aminokiselina dužine pet dodeli jedan proteinski blok sa najmanjom vrednošću RMSDA-a. Može se desiti i da se diedralni uglovi ne mogu izračunati u tom se slučaju dodeljuje slovo Z. Na ovaj način svaka aminokiselina učestvuje u pet proteinskih blokova, osim prve i poslednje. Strukturni alfabet Proteinski blokovi se koristi i u drugim podoblastima bioinformatike kao što su nadređivanje 3D strukture proteina, istraživanje strukture proteina, definisanje mesta vezivanja, i analize lokalnih konformacija poremećenih proteina. Postoje alati koji prevode PDB fajlove u sekvence proteinskih blokova, kao što je Plxplore.

3 Analiza

U ovom poglavlju analizirani su prelazi između proteinskih blokova. Fokus analize bio je na identifikaciji neočekivanih prelaza između proteinskih blokova i proučavanju aminokiselina i sekundarnim struktura prisutnih u njima. Dodatno, ispitane su vrednosti relevantnih parametara, kao i zastupljenost pojedinačnih aminokiselina u podacima.

3.1 Opis podataka

Podaci korišćeni u analizi obuhvataju informacije o proteinskim blokovima (PBs), aminokiselinama (AA), sekundarnim strukturama (S2), predviđenoj učestalosti prelaza, kao i dodatnim parametrima poput pLDDT i RSA. Izvor podataka su rezultati generisani pomoću AlphaFold2 programa. Konkretno, analiza je sprovedena nad dve datoteke: prvobitnog, obimnijeg skupa podataka, koji detaljnije opisuje prelaze između proteinskih blokova i manjeg podskupa dobijenog filtriranjem rezultata u skladu sa humanim proteomom. Podaci su organizovani u tabelarnom formatu, pri čemu svaki red sadrži parove proteinskih blokova koji čine prelaz, parove aminokiselina i sekundarnih struktura koji ga opisuju, predviđenu učestalost prelaza i vrednosti parametara pLDDT i RSA.

U nastavku je dat detaljan opis atributa:

- **Protein_number** – diskretan, kategorijski i redni atribut koji označava pojedinačne proteine u skupu podataka.
- **res_number** – diskretan, kategorijski i redni atribut koji označava poziciju aminokiselinskog ostatka unutar sekvence.
- **PB1, PB2** – diskretni, kategorijski i nominalni atributi koji predstavljaju oznake proteinskih blokova između kojih dolazi do prelaza.
- **AA1, AA2** – diskretni, kategorijski i nominalni atributi koji opisuju aminokiseline prisutne u prelazu. Postoji ukupno 20 različitih vrednosti za ove attribute, u skladu sa standardnim skupom aminokiselina koje grade proteine. U tabeli 2 prikazane su odgovarajuće jednoslovne oznake za svaku aminokiselinu.

| Aminokiselina | Jednoslovna oznaka |
|-----------------------|--------------------|
| Alanin | A |
| Arginin | R |
| Asparagin | N |
| Asparaginska kiselina | D |
| Cistein | C |
| Glutaminska kiselina | E |
| Glutamin | Q |
| Glicin | G |
| Histidin | H |
| Izoleucin | I |
| Leucin | L |
| Lizin | K |
| Metionin | M |
| Fenilalanin | F |
| Prolin | P |
| Serin | S |
| Treonin | T |
| Triptofan | W |
| Tirozin | Y |
| Valin | V |

Tabela 2: Aminokiseline i njihove jednoslovne oznake korišćene kao vrednosti atributa AA1 i AA2.

- **S2_1, S2_2** – diskretni, kategorijski i nominalni atributi koji predstavljaju sekundarne strukture prisutne u prelazu. Vrednosti ovih atributa određene su pomoću DSSP (*eng. Dictionary of Secondary Structure of Proteins*) programa. DSSP program se koristi za dodeljivanje jednog od osam stanja sekundarne strukture aminokiselinama tako što se identifikuju vodonične veze između amino i karboksilnih grupa glavnog lanca proteina.

U tabeli 3 prikazane su oznake i odgovarajući tipovi sekundarne strukture [1].

| Oznaka | Tip sekundarne strukture |
|--------|--|
| H | Alfa-heliks (<i>eng. α-helix</i>) |
| B | Beta-most (<i>eng. beta bridge</i>) |
| E | Prošireni beta list (<i>eng. extended beta sheet</i>) |
| G | 3(10)-heliks |
| I | Pi-heliks (<i>eng. π-helix</i>) |
| T | Heliks okret (<i>eng. helix-turn</i>) |
| S | Zavojnica (<i>eng. bend</i>) |
| C | Nespecifična ili neorganizovana struktura (<i>eng. coil</i>) |

Tabela 3: Sekundarne strukture proteina prema DSSP standardu, korišćene kao vrednosti atributa S2_1 i S2_2.

- **expected_frequency** - neprekidan, kvantitativan i razmerni atribut čija vrednost pripada intervalu $[0,1]$ i označava očekivanu učestalost prelaza između proteinskih blokova.
- **pLDDT, RSA1, RSA2** – neprekidni, kvantitativni i razmerni atributi čije su vrednosti u intervalu $[0,100]$. Parametar pLDDT procenjuje pouzdanost predikcije lokalne strukture proteina, dok RSA1 i RSA2 predstavljaju relativnu izloženost aminokiselinskih ostataka rastvaraču.

3.1.1 Izdvajanje retkih prelaza između proteinskih blokova u podacima

Glavni zadatak analize bio je proučavanje prelaza između proteinskih blokova pri čemu je akcenat stavljen na neočekivane, retke prelaze. Takvi prelazi su, zbog svoje prirode, od posebnog interesa za istraživanje jer mogu doprineti novim saznanjima o nizu proteinskih blokova koji opisuje trodimenzionalnu strukturu proteina.

U ovom radu, retkim prelazom smatra se onaj koji se javlja u manje od 1% slučajeva.

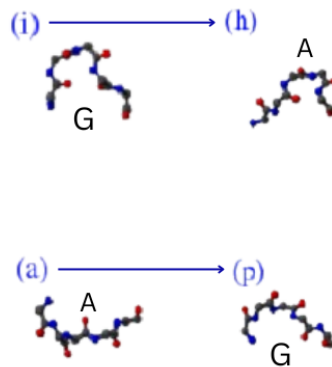
3.2 Izdvajanje parova aminokiselina prisutnih u neočekivanim prelazima

U cilju pronalaženja potencijalnih korelacija između atributa, odnosno između parova aminokiselina vezanih za retki prelaz i proteinskih blokova koji formiraju prelaz, izvršeno je izdvajanje tih parova. Pored toga, izračunate su frekvencije svih parova, a zatim su izdvojeni oni najfrekventiniji.

S obzirom na to da se u podacima korišćenim za ovu analizu prelazi ne nado-
vezuju, posmatran je pojedinačno svaki prelaz i unutar njega određen svaki
par aminokiselina. Važno je napomenuti da redosled aminokiselina u paru ni-
je irelevantan, zbog čega se parovi aminokiselina (A1, A2) ne mogu smatrati
identičnim parovima (A2, A1). Kako bi ova tvrdnja bila intuitivnija i jasnija,
potrebno je prvo objasniti zašto je prelaz određen sa dve aminokiseline iako
su proteinski blokovi sačinjeni od 5 uzastopnih aminokiselina.

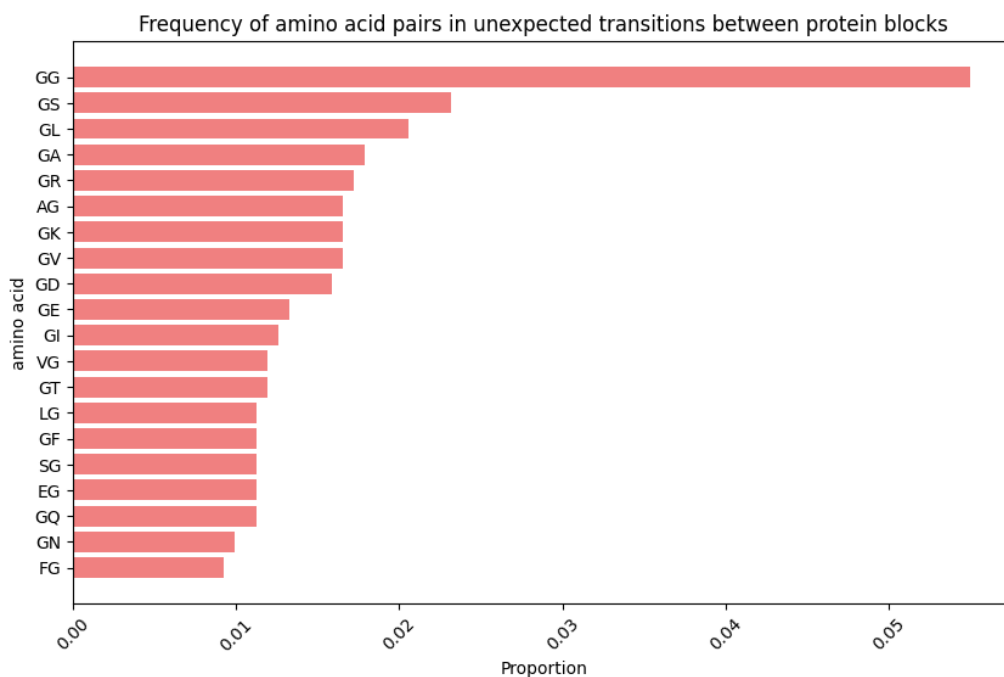
Naime, prilikom dodeljivanja proteinskog bloka fragmentu od 5 aminokise-
lina, centralna aminokiselina igra ključnu ulogu jer je ona ta koja efektivno
definiše fragment i omogućava izračunavanje 8 diedarskih uglova $\psi_{i-2}, \phi_{i-1},$
 $\psi_{i-1}, \phi_i, \psi_i, \phi_{i+1}, \psi_{i+1}, \phi_{i+2}$. Ovi uglovi se zatim upoređuju sa već definisanim
diedarskim uglovima prototipova proteinskih blokova nakon čega se dodeljuje
odgovarajući proteinski blok. Dakle, za svaki prelaz centralna aminokiselina
je najvažnija zbog njenog uticaja na ceo fragment i zato je baš ona ta koja
je izabrana da bude deo podataka, odnosno da bude predstavnik u prelazu.

Imajući u vidu prethodno navedeno, obrnut redosled aminokiselina u paru
može da predstavlja potpuno različit prelaz između proteinskih blokova i zato
je važno analizirati ih kao zasebne parove. Slika 2 prikazuje primer iz skupa
podataka koji ilustruje iznesenu tvrdnju.



Slika 2: Redosled aminokiselina u paru je važan.

Izračunate su frekvencije svakog para aminokiselina u prelazima. Najčešće se
javlja par (G, G). Pregled ostalih 19 najučestalijih parova dat je na slici 3.



Slika 3: Frekvencija parova aminokiselina u retkim prelazima.

Dobijeni najfrekventniji par je od posebnog interesa s obzirom na specifične karakteristike glicina. Glicin, zbog svog malog bočnog lanca, ima ključnu ulogu u omogućavanju fleksibilnosti u proteinu. Takođe, glicin doprinosi stabilnosti tercijalne strukture proteina [2]. S obzirom na to, njegova velika učestalost može ukazivati na stabilnost u prelazima.

3.3 Izdvajanje parova sekundarnih struktura koji se javljaju u neočekivanim prelazima

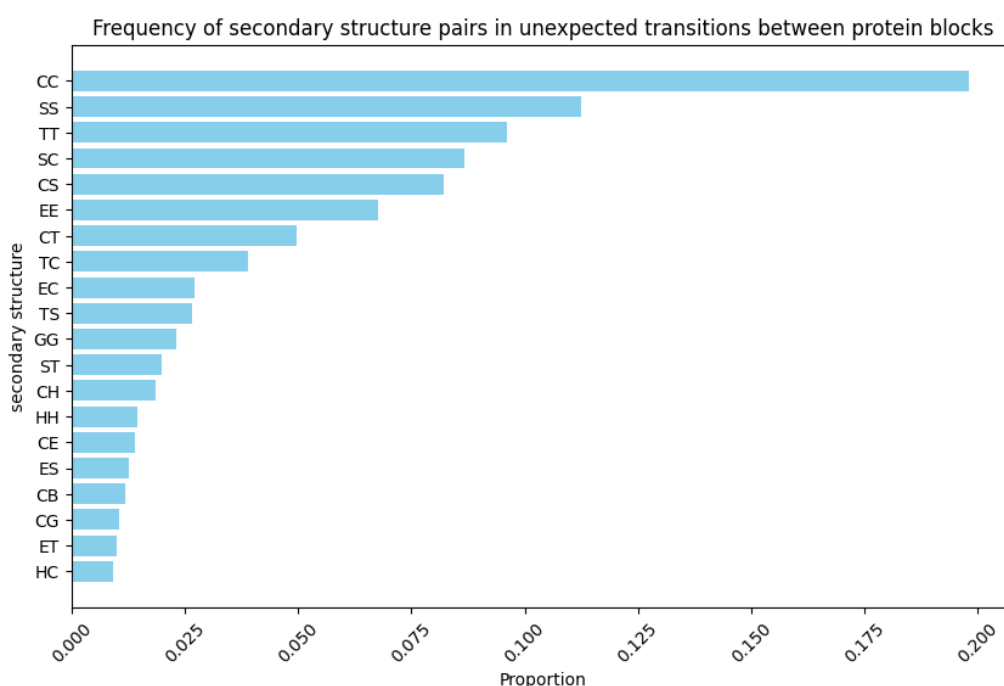
Nakon izdvajanja aminokiselina, sledeći korak u analizi bio je ispitivanje sekundarnih struktura koje se javljaju u prelazima i njihove učestalosti. Kao i u slučaju aminokiselina, izvojeni su parovi sekundarnih struktura tako da je redosled unutar svakog para važan.

Sekundarna struktura proteina definiše lokalne konformacije polipeptidnog lanca koje nastaju usled interakcija između atoma kičme lanca. Najčešća klasifikacija sekundarne strukture je na α -zavojnice i β -ploče, dok se ostale konformacije označavaju kao neregularno stanje (*eng. coil*). Međutim, utvrđeno je da u proseku čak 50% ostataka [3] kolektivno tretira kao neregularno stanje što značajno pojednostavljuje strukturu proteina i dovodi do brojnih ograničenja u njenoj analizi. To je jedan od glavnih razloga formiranja pro-

teinskih blokova kao koncepta.

U skladu sa tim, očekuje se da će analiza parova sekundarnih struktura u retkim prelazima između proteinskih blokova pokazati pretežnu zastupljenost neregularnih stanja, odnosno *coil*, pošto sami proteinski blokovi treba što vernije da opišu upravo one konformacije koje se ne mogu jednostavno klasifikovati kao α -zavojnice i β -ploče, niti njihove varijacije (E - *extended beta sheet*, G - (*10*)-*helix*)).

Izračunate su frekvencije parova sekundarnih struktura u prelazima i na slici 4 su prikazani oni najučestaliji, odnosno dvadeset najučestalijih parova.



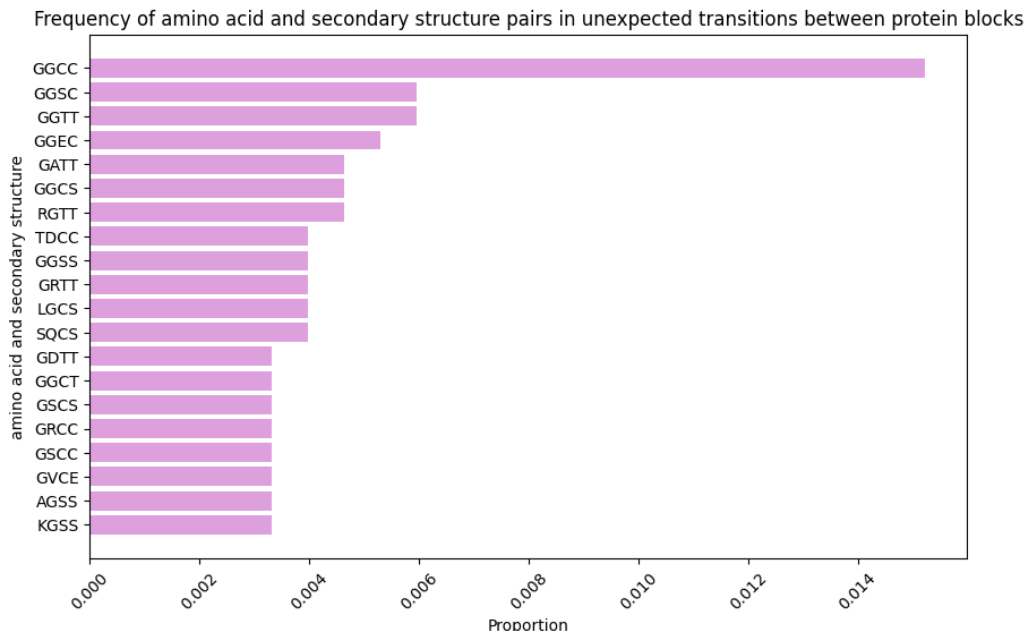
Slika 4: Frekvencija parova sekundarnih struktura u retkim prelazima.

Rezultati analize pokazuju da su najčešće zastupljeni parovi CC (*coil-coil*), SS (*bend-bend*) i TT (*helix-turn-helix-turn*), koji ne pripadaju klasičnim tipovima sekundarnih struktura. Ovo je u skladu sa pretpostavkom da će u retkim prelazima dominirati neregularne sekundarne strukture.

3.3.1 Izdvajanje kombinacija aminokiselina i sekundarnih struktura u neočekivanim prelazima

Pored analize parova aminokiselina i sekundarnih struktura zasebno, izvršeno je i ispitivanje njihovih kombinacija radi pronalaska međusobnih korelacija u prelazima.

Na slici 5 dat je prikaz najfrekventnijih kombinacija.



Slika 5: Frekvencija kombinacija parova aminokiselina i sekundarnih struktura u retkim prelazima.

Rezultati pokazuju da je daleko najzastupljenija kombinacija GG CC. Može se zaključiti da je razlog toga visok stepen fleksibilnosti glicina, koji ga može učiniti sklonijim ka formiranju neregularnih konformacija. Prethodna analiza je pokazala da su pojedinačno najzastupljeniji parovi aminokiselina i sekundarnih struktura baš glicin i neregularno stanje, što dodatno doprinosi tvrdnji da postoji visoka korelisanost kako između njih tako i između njih i proteinskih blokova koji čine prelaz.

3.4 Analiza vrednosti pLDDT parametra

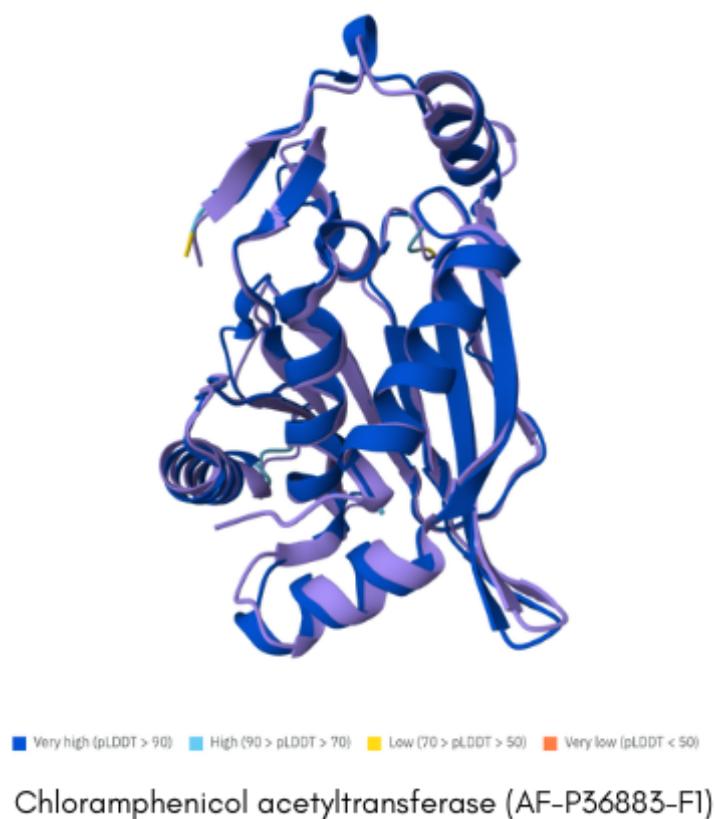
pLDDT (*eng. the predicted local distance difference test*) predstavlja meru pouzdanost lokalne strukture proteina, predviđene AlphaFold2 programom. Vrednosti su na skali od 0 do 100, pri čemu veće vrednosti ukazuju na visoku pouzdanost i precizniju predikciju.

Vrednosti pLDDT veće od 90 se kategorišu kao najveća preciznost i tada se smatra da su i kičma i bočni lanci proteina predviđeni sa visokom preciznošću. Nasuprot tome, vrednosti ispod 70 tipično ukazuju na ispravno predviđenu kičmu, ali sa mogućim greškama u predikciji bočnih lanaca.

Važno je napomenuti da pLDDT vrednost može značajno varirati duž proteinskog lanca. S obzirom da se ova mera odnosi se na pojedinačne regione strukture, određeni segmenti mogu biti predviđeni s visokom pouzdanošću, dok drugi mogu imati nisku prediktivnu tačnost.

Niska pLDDT vrednost u određenim oblastima proteina može biti posledica više faktora. Najčešći uzroci su visoka fleksibilnost regiona ili odsustvo dobro definisane strukture. Takođe, moguće je da oblast ima stabilnu strukturu, ali da nedostaju relevantni podaci neophodni za pouzdanu predikciju pomoću AlphaFold2 programa. U oba slučaja, ovakvim oblastima se obično pridružuje pLDDT vrednost ispod 50.

Na slici 6 prikazan je primer strukture proteina sa određenim pLDDT vrednostima.



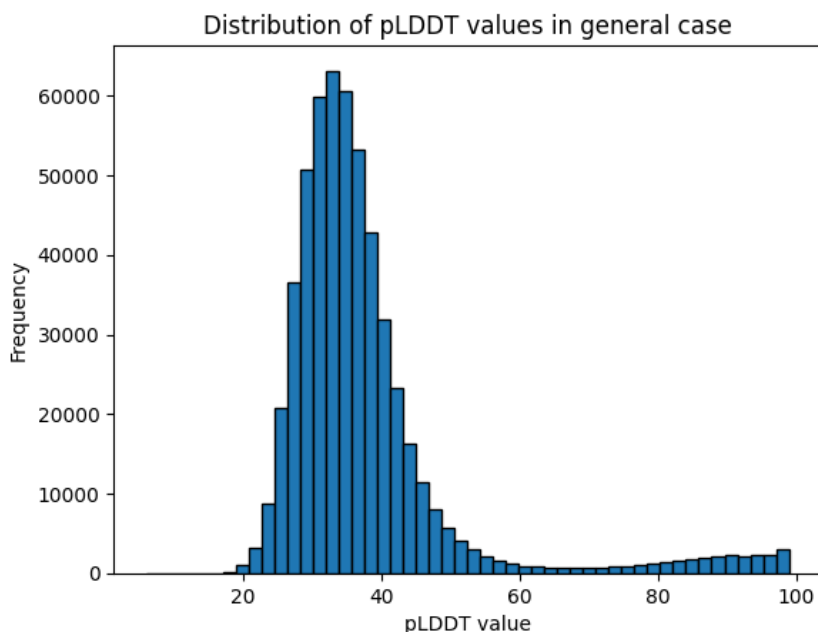
Slika 6: Prosečna pLDDT vrednost za protein Chloramphenicol acetyltransferase iznosi 96.28.

Glavni cilj ovog dela analize je upravo bio ispitivanje prirode vrednosti pLDDT mere u podacima.

3.4.1 Vrednosti pLDDT u opštem slučaju

Ispitivanje vrednosti pLDDT u opštem slučaju podrazumeva analiziranje vrednosti ove mere na celom skupu podataka. Ovakva analiza omogućava donošenje zaključaka o preciznosti predikcija lokalnih struktura proteina čiji su proteinski blokovi bili predmet intraživanja u ovom radu.

Radi utvrđivanja prirode posmatrane mere, najpre je konstruisan histogram vrednosti pLDDT. Prikaz histograma je dat na slici 7.



Slika 7: Histogram raspodele pLDDT vrednosti u celom skupu podataka

Raspodela pokazuje izraženu asimetričnost, sa dominantnim vrhom u intervalu 30–40 i dugim desnim repom. Ovakav oblik raspodele sugerise da može biti aproksimirana gama raspodelom ili nekom drugom asimetričnom raspodelom. Dodatno, primećuje se manja frekvencija pLDDT vrednosti u višem opsegu (iznad 70), što može ukazivati na retkost visoko pouzdanih predikcija u opštem slučaju.

Za preciznije ispitivanje raspodele, potrebno je izračunati osnovne deskriptivne statistike. Srednja vrednost iznosi približno 37.6, 0.75 kvantil 39.6, dok maksimalna pLDDT vrednost koja se javlja u skupu iznosi 98.95. Vrednost ostalih statistika dat je u tabeli 4.

| Deskriptivna statistika | pLDDT |
|-------------------------|-----------|
| mean | 37.586782 |
| std | 13.145442 |
| min | 5.920000 |
| 25% | 30.540001 |
| 50% | 34.570000 |
| 75% | 39.570000 |
| max | 98.949997 |

Tabela 4: Osnovne deskriptivne statistike za pLDDT parametar.

Zaključak je da se u opštem slučaju najčešće javljaju veoma niske pLDDT vrednosti. Ovaj rezultat može da sugerise na to da analizu nije prikladno vršiti na osnovu celih redova u skupu podataka zbog potencijalne pristrasnosti vrednostima koje se javljaju samo u određenim prelazima, za određene proteine. Iz tog razloga, potrebno je grupisati podatke na osnovu nekog atributa i dalje vršiti analizu.

3.4.2 Vrednosti pLDDT prema proteinskim blokovima

Sledeći korak analize pLDDT-a jeste ispitivanje vrednosti te mere u odnosu na proteinske blokove. Ispitivanje je vršeno tako što su se podaci grupisali na osnovu parova proteinskih blokova. Nakon toga, izračunata je prosečna vrednost pLDDT mere. Na taj način dodeljena je reprezentativna pLDDT vrednost za svaki par proteinskih blokova.

Ideja je da se za određeni prelaz utvrdi da li se pretežno javljaju visoke ili niske vrednosti pLDDT-a i na taj način donese zaključak da li taj prelaz sadrži relativno precizno predviđene lokalne strukture proteina.

Da bi se dobila relevantna informacija o prirodi vrednosti pLDDT u odnosu na sve prelaze, izračunate su deskriptivne statistike za tako grupisane podatke. Pregled vrednosti statistika je dostupan u tabeli 5.

Prosečna vrednost od približno 63.45 ukazuje na to da, posmatrano u odnosu na parove proteinskih blokova, pLDDT vrednost teži visoko pouzdanoj. Takođe, izračunat je broj parova kod kojih se javlja visoka vrednost. Dobijeno je da se u 49 od 106, odnosno u 46.23%, retkih prelaza između proteinskih blokova dostiže precizna predikcija lokalne strukture proteina. U tabeli 6 dat je prikaz parova proteinskih blokova za koje se vezuju veoma visoke vrednosti pLDDT-a. U tim prelazima nisu prisutni proteinski blokovi g, h, ni kao par, ni pojedinačno, dok se i i j javljaju ali veoma retko i ne zajedno. S obzirom na to da oni odgovaraju nespecifičnim strukturama (eng. *coil-coil*), opravdano je da se za njih vezuju niže vrednosti pLDDT-a.

| Deskriptivna statistika | pLDDT |
|-------------------------|-----------|
| mean | 63.454415 |
| std | 18.023050 |
| min | 33.597163 |
| 25% | 45.888131 |
| 50% | 65.646074 |
| 75% | 79.848490 |
| max | 90.566951 |

Tabela 5: Osnovne deskriptivne statistike za pLDDT parametar prema proteinskim blokovima.

| PB1 | PB2 | pLDDT |
|-----|-----|-------|
| n | k | 90.57 |
| f | o | 90.30 |
| p | n | 88.73 |
| k | p | 88.16 |
| i | m | 87.34 |
| m | j | 87.13 |
| d | n | 85.99 |
| e | n | 85.81 |
| k | i | 85.79 |
| e | l | 85.53 |

Tabela 6: Parovi proteinskih blokova (PB1-PB2) sa najvišom prosečnom vrednošću pLDDT-a.

3.4.3 Vrednosti pLDDT prema aminokiselinama

U ovom delu analize podaci su grupisani na osnovu parova aminokiselina, izračunata je prosečna vrednost pLDDT mere za svaki par i na kraju određene deskriptivne statistike, date u tabeli 7.

Dobijeni rezultati ukazuju na veoma niske vrednosti posmatrano prema parovima aminokiselina. Maksimalna vrednost u skupu pokazuje da se ni za jedan par ne javljaju visoko pouzdane vrednosti, odnosno vrednosti iznad 70. Naime, razlog ovako niskih vrednosti leži u tome što ista kombinacija aminokiselina može da se pojavi u potpuno različitim delovima različitih proteina, i to u okruženjima sa različitom stabilnošću, fleksibilnošću i strukturnom definisanošću što dovodi do velike varijacije pLDDT vrednosti.

| Deskriptivna statistika | pLDDT |
|-------------------------|-----------|
| mean | 38.670799 |
| std | 3.802211 |
| min | 33.752673 |
| 25% | 36.140094 |
| 50% | 37.688579 |
| 75% | 39.974417 |
| max | 61.994733 |

Tabela 7: Osnovne deskriptivne statistike za pLDDT parametar prema aminokiselinama.

3.4.4 Vrednosti pLDDT prema sekundarnim strukturama

U analizi pLDDT mere ostalo je još ispitati njene vrednosti u odnosu na parove sekundarnih struktura. Ispitivanje je vršeno identično kao u slučaju parova proteinskih blokova i aminokiselina - podaci su najpre grupisani, zatim je izračunata prosečna pLDDT vrednost i na kraju su izračunate vrednosti statistika za novoformirani skup podataka koje su date u tabeli 8.

| Deskriptivna statistika | pLDDT |
|-------------------------|-----------|
| mean | 73.448625 |
| std | 15.828469 |
| min | 35.300866 |
| 25% | 65.967828 |
| 50% | 78.462409 |
| 75% | 85.288241 |
| max | 95.586667 |

Tabela 8: Osnovne deskriptivne statistike za pLDDT parametar prema sekundarnim strukturama.

Vrednosti deskriptivnih statistika, pre svega prosečna vrednost od približno 73.45 i medijana od približno 78.46, ukazuju na visoku pouzdanost u ovom slučaju. Takođe, čak 68.97%, odnosno 40 od 58, parova sekundarnih struktura ima pLDDT vrednost iznad 70. Može se zaključiti da većinu parova, u prelazima čiji su deo, odlikuje precizna predikcija strukture. U tabeli 9 izvojeni su oni parovi kod kojih se javljaju najviše pLDDT vrednosti.

| S2_1 | S2_2 | pLDDT |
|------|------|-------|
| B | E | 95.59 |
| B | H | 95.20 |
| G | E | 92.51 |
| H | E | 92.51 |
| T | B | 88.82 |
| S | E | 88.16 |
| E | C | 87.04 |
| S | B | 86.99 |
| G | H | 86.99 |
| E | E | 86.85 |

Tabela 9: Parovi sekundarnih struktura (S2_1 - S2_2) sa najvišom prosečnom vrednošću pLDDT-a.

Najpouzdaniji parovi sekundarnih struktura, odnosno parovi čija pLDDT vrednost prelazi 90, uglavnom uključuju elemente B, E i H, što je očekivano jer upravo ovi oblici strukture predstavljaju najstabilnije i najčešće strukturne oblike u proteinima. Odnosno, sasvim je prirodno pretpostaviti da će AlphaFold2 program moći baš te najosnovnije sekundarne strukture da predvidi precizno.

3.5 Analiza vrednosti RSA parametra

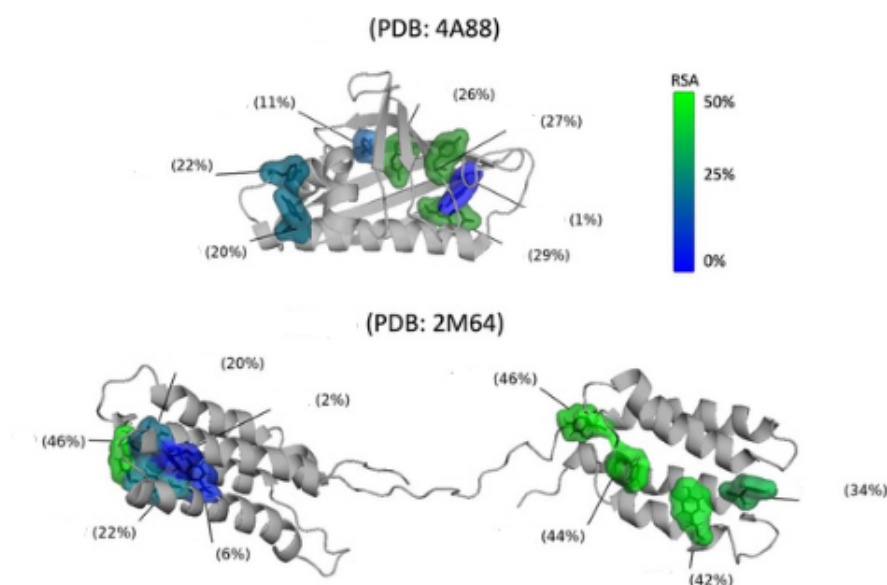
Pored pLDDT parametra, od posebnog interesa za analizu je bio i parametar RSA (eng. *relative solvent accessibility*). RSA predstavlja meru izloženosti aminokiselinskog ostatka rastvaraču (vodi) u strukturi proteina i koristi se za opisivanje biofizičkih karakteristika proteina. Vrednost RSA za aminokiselinski ostatak računa se na osnovu formule:

$$RSA = \frac{ASA}{maxASA} \quad (1)$$

gde je *ASA* (eng. *accessibility surface area*) pristupačna površina rastvaraču, a *maxASA* maksimalna moguća pristupačna površina rastvaraču za datu aminokiselinu.

Na osnovu vrednosti RSA, odnosno izračunatoj izloženosti rastvaraču, aminokiselinski ostaci mogu biti „zakopani” (eng. *buried*) ili „izloženi” (eng. *exposed*). Definicije praga za klasifikaciju aminokiselina u jednu od dve kategorije variraju, međutim, u većini slučajeva prag se definiše kao 25% vrednosti RSA, odnosno ukoliko aminokiselinski ostatak ima vrednost RSA manju od 25%

onda se može zaključiti da on nije izložen rastvaraču (zakopan), u suprotnom je izložen [4]. S obzirom na to da je prag relativno mali, potrebno je razumeti da vrednosti iznad praga označavaju različite stepene izloženosti rastvaraču. Naime, vrednosti iznad 90% ukazuju na to da je ostatak gotovo čitavom površinom dostupan rastvaraču i istraživanja pokazuju da se takve konformacije najčešće javljaju u petljama (eng. *loops*) i okretima (*turns*) [5], dok vrednosti bliže 25% označavaju blagu izloženost tj. izloženost manjih delova površine ostatka. Na slici 8 prikazane su 3D strukture proteina proteina glutamin sintaze i K-Ras-a sa izračunatim RSA vrednostima za neke aminokiselinske ostatke.



Slika 8: RSA vrednosti za aminokiselinske ostatke u proteinima.

3.5.1 Vrednosti RSA u opštem slučaju

Radi utvrđivanja RSA vrednosti u skupu podataka izračunate su deskriptivne statistike i određen je broj izloženih i zakopanih aminokiselinskih ostataka. U podacima postoje dve kolone koje se odnose na RSA jer se svaki prelaz između proteinskih blokova sastoji od para aminokiselina za koji je određena RSA vrednost. U skladu sa tim, prilikom računanja brojnosti svake od RSA kategorija sabrane su vrednosti dobijene za prvu i drugu kolonu. Za obe kolone dobijena je srednja vrednost od približno 92%, dok medijana i treći kvartil iznose 100%. Takođe, dobijeno je da je 97.5% aminokiselinskih ostataka, posmatrano u opštem slučaju, izloženo. Zaključak je da su u podacima daleko zastupljenije izložene aminokiseline i to visoko izložene, odnosno tako da su gotovo čitavom površinom dostupne rastvaraču.

3.5.2 Vrednosti RSA prema proteinskim blokovima

U ovom delu analize, podaci najpre grupisani na osnovu prelaza između proteinskih blokova, analogno pristupu koji je korišćen u analizi parametra pLDDT. Budući da za svaki prelaz postoje dve RSA vrednosti (po jedna za svaki od dva susedna ostatka), izračunata je njihova prosečna vrednost, koja je potom dodeljena kao reprezentativna vrednost za dati prelaz. Nad tako grupisanim podacima izračunate su deskriptivne statistike, čije vrednosti su date u tabeli 10.

| Deskriptivna statistika | RSA |
|-------------------------|-----------|
| mean | 64.219617 |
| std | 20.352375 |
| min | 22.983397 |
| 25% | 48.298345 |
| 50% | 59.209232 |
| 75% | 83.560475 |
| max | 96.876662 |

Tabela 10: Osnovne deskriptivne statistike za RSA parametar prema proteinskim blokovima.

Rezultati ukazuju da su aminokiselinski ostaci, posmatrano za svaki pojedinačni prelaz, srednje izloženi rastvaraču odnosno da se nalaze u umereno izloženim regijama strukture. Posebno je značajan podatak da se kod čak 99.06% svih prelaza beleži prosečna RSA vrednost iznad 25%, što sugeriše da se potpuno zakopane aminokiseline praktično ne javljaju kao karakteristika celih parova proteinskih blokova, već eventualno samo lokalno, na nivou pojedinačnih ostataka.

3.5.3 Vrednosti RSA prema aminokiselinama

Za potrebe detaljnije analize, izvršeno je i ispitivanje prirode vrednosti RSA prema parovima aminokiselina u prelazima. Primenjena metodologija je identična kao u prethodnoj analizi – podaci su grupisani prema svim mogućim parovima aminokiselina koji se javljaju u prelazima, a zatim je za svaki par izračunata prosečna vrednost RSA. Na tako grupisanim podacima izračunate su osnovne deskriptivne statistike prikazane u Tabeli 11.

| Deskriptivna statistika | RSA |
|-------------------------|-----------|
| mean | 89.822263 |
| std | 5.541973 |
| min | 65.555131 |
| 25% | 65.555131 |
| 50% | 90.880001 |
| 75% | 93.854497 |
| max | 98.135047 |

Tabela 11: Osnovne deskriptivne statistike za RSA parametar prema aminokiselinama.

Rezultati pokazuju izuzetno visoku prosečnu izloženost aminokiselinskih parova, sa srednjom vrednošću od približno 90%, što znači da se velika većina analiziranih parova nalazi u izloženim regijama proteinskih struktura. Čak i prvi kvartil iznosi 65.56%, što implicira da ni u jednom od posmatranih parova aminokiselina ne dolazi do značajnije zaklonjenosti površine.

3.5.4 Vrednosti RSA prema sekundarnim strukturama

Na kraju ove analize, ispitana je pristupačnost aminokiselinskih ostataka rastvaraču u kontekstu parova sekundarnih struktura koje definišu prelaz. Kao i u prethodnim slučajevima, podaci su grupisani na osnovu para, izračunata je prosečna RSA vrednost i određene su potrebne statistike za analiziranje prirode RSA vrednosti. Rezultati su dati u tabeli 12.

Dobijeni rezultati ukazuju na širi raspon izloženosti aminokiselinskih ostataka u zavisnosti od kombinacije sekundarnih struktura u prelazu. Srednja vrednost i medijana impliciraju umerenu izloženost u većini slučajeva. Zanimljivo je da je 58.62% svih analiziranih parova sekundarnih struktura imalo prosečnu RSA vrednost veću od 25%, što ukazuje da je više od polovine parova locirano u regijama koje su bar delimično dostupne rastvaraču. S druge strane, prisustvo prelaza sa RSA vrednostima bliskim nuli ukazuje na to da neki tipovi sekundarnih struktura uključuju strukturno zaklonjene pozicije.

| Deskriptivna statistika | RSA |
|-------------------------|-----------|
| mean | 41.925664 |
| std | 30.019328 |
| min | 0.000000 |
| 25% | 16.518614 |
| 50% | 43.529417 |
| 75% | 62.653578 |
| max | 97.473198 |

Tabela 12: Osnovne deskriptivne statistike za RSA parametar prema sekundarnim strukturama.

3.6 Ispitivanje zastupljenosti aminokiselina u podacima

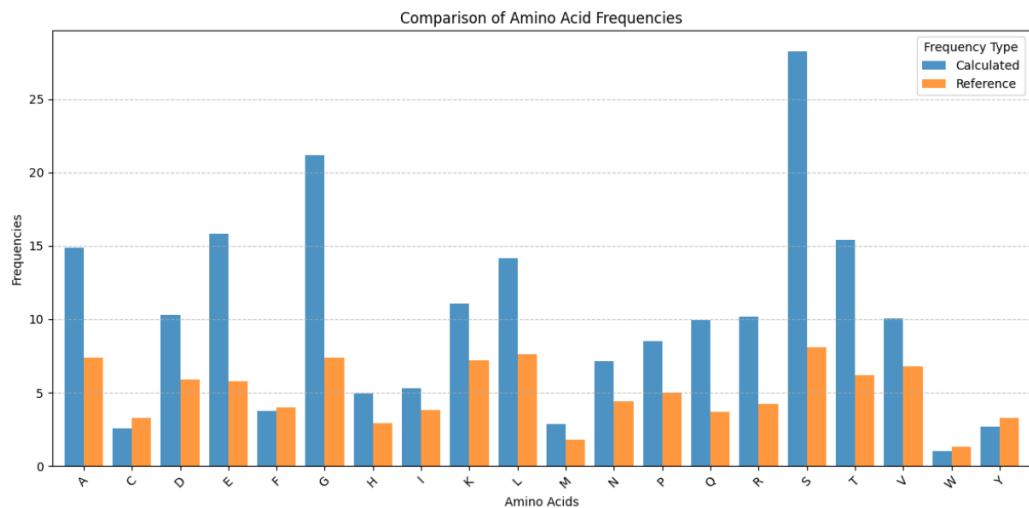
Kodon je triplet nukleotida, odnosno tri uzastopna nukleotida mRNK. Kodoni predstavljaju šifre za aminokiseline. Jedna aminokiselina može biti kodirana jednim kodonom ili sa više kodona. Aminokiseline se dalje kombinuju i kreiraju proteine. Postoje regioni u kodu proteina gde sastav aminokiselina nije od značaja, i gde se neke aminokiseline pojavljuju više od drugih. Postavlja se pitanje da li je to slučajno ili postoji neki razlog koji objašnjava prezastupljenost određenih aminokiselina. Određivanje prezastupljenosti i podzastupljenosti aminokiselina vršeno je poređenjem frekvencije aminokiseline u podacima sa očekivanim vrednostima frekvencija. Očekivane vrednosti frekvencije kodona računaju se množenjem prirodnih frekvencija svake DNK baze koja čini kodon, gde se frekvencije u prirodi za uracil 22%, citozin 21.7%, guanin 26.1% i adenin 30.3%. Zatim se očekivana vrednost frekvencije aminokiseline dobija kao suma očekivanih vrednosti svih kodona koji kodiraju tu aminokiselinu. Kako postoje tri kodona koji ne kodiraju aminokiseline već su stop ili nonsense kodoni, prethodnu sumu treba pomnožiti faktorom korekcije 1.057. [6]

Posmatrane frekvencije aminokiselina izračunate su prebrojavanjem svih aminokiselina koje se javljaju u prelazima, računajući i atribut AA1 i atribut AA2, i njihovim deljenjem sa ukupnim brojem prelaza. U našoj analizi retkih prelaza između proteinski blokova dobijeno je da je većina aminokiselina prezastupljena, jedine koje su blago podzastupljene su C, F, W, Y. Zanimljivo je da je prezastupljenost vrlo izražena kod nekih aminokiselina kao što su G i S je zastupljenost više nego duplo veća. (Slika 9)

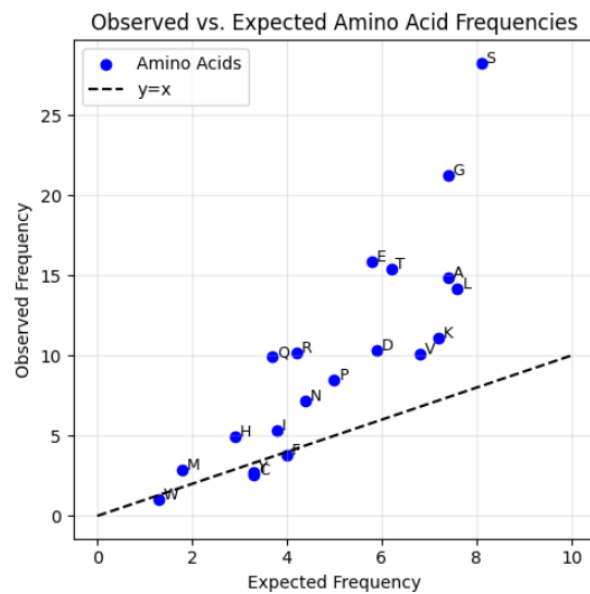
Očekivano je da korelacije između očekivanih i posmatranih frekvencija bude visoka, ali u našem radu to nije slučaj. (Slika 10)

| Aminokiseline | Kodoni | Posmatrana zastupljenost kod kičmenjaka |
|---------------|------------------------------|---|
| Alanine | GCU, GCA, GCC, GCG | 7.4% |
| Arginine | CGU, CGA, CGC, CGG, AGA, AGG | 4.2% |
| Asparagine | AAU, AAC | 4.4% |
| Aspartic Acid | GAU, GAC | 5.9% |
| Cysteine | UGU, UGC | 3.3% |
| Glutamic Acid | GAA, GAG | 5.8% |
| Glutamine | CAA, CAG | 3.7% |
| Glycine | GGU, GGA, GGC, GGG | 7.4% |
| Histidine | CAU, CAC | 2.9% |
| Isoleucine | AUU, AUA, AUC | 3.8% |
| Leucine | CUU, CUA, CUC, CUG, UUA, UUG | 7.6% |
| Lysine | AAA, AAG | 7.2% |
| Methionine | AUG | 1.8% |
| Phenylalanine | UUU, UUC | 4.0% |
| Proline | CCU, CCA, CCC, CCG | 5.0% |
| Serine | UCU, UCA, UCC, UCG, AGU, AGC | 8.1% |
| Threonine | ACU, ACA, ACC, ACG | 6.2% |
| Tryptophan | UGG | 1.3% |
| Tyrosine | UAU, UAC | 3.3% |
| Valine | GUU, GUA, GUC, GUG | 6.8% |
| Stop Codons | UAA, UAG, UGA | — |

Tabela 13:



Slika 9: Poređenje izračunatih i referentnih zastupljenosti aminokiselina



Slika 10: Poređenje izračunatih i referentnih zastupljenosti aminokiselina

4 Klasifikacija

5 Klasterovanje

6 Zaključak

Literatura

- [1] Phil Carter, Claus A. F. Andersen, Burkhard Rost. *DSSPcont: Continuous Secondary Structure Assignments for Proteins*. Bioinformatics, 19(2):230-231, 2003.
- [2] Hao Dong, Mukesh Sharma, Huan-Xiang Zhou, Timothy A. Cross. *Glycines: Role in α -Helical Membrane Protein Structures and a Potential Indicator for Native Conformation*. Biochemistry, 51(26): 5299-5307, 2012. PMCID: PMC3426646, NIHMSID: NIHMS383776, PMID: 22650985.
- [3] Agnel Praveen Joseph, Garima Agarwal, Swapnil Mahajan, Jean-Christophe Gelly, Lakshmipuram S. Swapna, Bernard Offmann, Frédéric Cadet, Aurélie Bornot, Manoj Tyagi, Hélène Valadié, Bohdan Schneider, Catherine Etchebest, Narayanaswamy Srinivasan, Alexandre G. de Brevern. *A short survey on protein blocks*. Biophysical Reviews, 2(3):137–147, 2010.
- [4] Wei Wu, Zhiheng Wang, Peisheng Cong, Tonghua Li. *Accurate Prediction of Protein Relative Solvent Accessibility Using a Balanced Model*. Scientific Reports, 10:17560, 2020.
- [5] Matthew Z. Tien, Austin G. Meyer, Dariya K. Sydykova, Stephanie J. Spielman, Claus O. Wilke. *Maximum Allowed Solvent Accessibilities of Residues in Proteins*. PLoS ONE, 8(11):e80635, 2013.
- [6] National Institute for Mathematical and Biological Synthesis (NIM-BioS). *Amino Acid Properties and Functions Web Module*. Available at: <https://legacy.nimbios.org/~gross/bioed/webmodules/aminoacid.htm>, accessed May 27, 2025.
- [7] Joseph J. and Agarwal G. *Protein Secondary Structure: An Evolutionary Perspective*. BioPhysical Reviews, Preprint, 2010. Available at: https://inserm.hal.science/inserm-00512823/file/Joseph_Agarwal_BiohysRev_2010_preprint.pdf, accessed May 27, 2025.