

A MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA ISMERETÁBRÁZOLÁSI PROBLÉMÁI

Pongor Sándor

a biológiai tudomány doktora, MTA Biológiai Központ, Szeged
International Centre of Genetic Engineering and Biotechnology, Trieste
pongor@icgeb.org

Az elmúlt évtized leglátványosabb fejlődése kétségtelenül a számítógéptudományok és a biotechnológia területén zajlott le. Nem meglepő, hogy megjelentek a biológiai információ kezelésének sajátos számítógépes közelítései is, melyeket ma együttesen *bioinformatikának* szokás nevezni. Ennek a szakterületnek alig tíz-tizenöt év alatt tekintélyes önálló intézményei, folyóiratai létesültek, az egyetemek többségén tantárgyként vagy önálló szakként oktatják, évente több kongresszust rendeznek a témában, és sorra jelennek meg a bioinformatikai tankönyvek is.¹ A bioinformatika fogalma azonban nem írható körül módszertani alapokon, már csak azért sem, mert informatikai eszközöket a tudomány minden ágában használnak. Ez az írás amellettt igyekszik érvelni, hogy a bioinformatika elsősorban nem különálló szaktudomány, hanem sokkal inkább egy újszerű ismeretábrázolási módszereket alkalmazó *általános szemléletmód*, melynek fejlődését itt a molekuláris biológia szögéből igyekszünk nyomon követni.

A vizsgált objektum szempontjából a bioinformatika három, többé-kevésbé jól

elhatárolható irányzatra oszlik, egyik a DNS és a fehérjék szekvencia-adataival, másik a molekulák háromdimenziós szerkezetével, a harmadik pedig a biológiai kölcsönhatások hálózataival foglalkozik. Kezdetben a szekvenciaanalízis fejlődése volt talán a leglátványosabb. A genom- adatok ugyanis szekvenciák (karakter sorozatok) alakjában jelennek meg az adatbázisokban, ezek az eredmények a felhasználók széles köre számára érthetőek. Ráadásul, a szekvencia nagyon jól kezelhető adattípus. Ebben a körben nagyon sok olyan feladat is megoldható, amely például gráfok vagy háromdimenziós szerkezetek esetében túlságosan időigényes lenne.

Igen eltérőek a háromdimenziós szerkezeti adatokkal foglalkozó számítások motivációi. A szerkezeti bioinformatika történetileg nem a molekuláris biológiából, hanem a makromolekuláris szerkezetkutatásokból (structural biology) fejlődött ki. Ez utóbbi komplex fizikai vizsgálati módszereket (például röntgendiffrakciót és magmágneses rezonancia spektroszkópiát) és modellezési technikákat (például molekuláris mechanikát, molekuláris dinamikai modelleket) alkalmaz, melyek általában távol esnek a biológusok, orvosok érdeklődésétől.

A kölcsönhatási hálózatok vizsgálata a legújabb kutatási irányzat. Megjelentek ugyanis olyan kísérleti technikák (például *microarray* és kettőshibrid módszerek stb.),

¹ Magyar nyelven olvasható Malcolm A. Campbell és Laurie J. Heyer *Genomika, proteomika, bioinformatika* című orvosi biológiai szemléletű bevezető tankönyve (Medicina, Budapest, 2004). Magyar nyelvű oktatási anyagok találhatóak például a www.brc.hu/ps/bioinformatika-oktatás címen.

amelyek tömegesen állították elő a gének, fehérjék kölcsönhatási adatait, és ezek ábrázolására a hálózatszerű, gráfelméleti leírások a legkézenfekvőbbek. A három modell típusban mindössze annyi közös, hogy a biológiai struktúrákat mindegyikük elemek és köztük lévő relációk segítségével írja le (Pongor, 1988), mely utóbbiak egy bonyolult és fejlődő fogalmi rendszert képeznek (1. ábra).

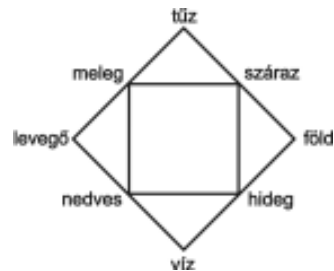
E rövid bevezetés sejteti, hogy a technikai újítások mellett a bioinformatikában az ismeretek ábrázolásának új útjairól van szó. Mindennek látható jele, hogy az új biológia eredményei már egyre inkább elektronikus adatbázisok formájában jutnak el a felhasználókhoz (1. táblázat). Míg azonban a nyomtatott információt saját magunk értelmezzük, az adatbázisokat már közvetve, programok segítségével olvassuk, és a programok saját maguk is sok – a felhasználó számára sokszor korántsem transzparens – információt tartalmaznak. A programokba épített interpretációs módszerek eleinte magában a programkódban voltak elrejtve, újabban azonban már

a biológiában is megjelentek az egyes területek szabályait formálisan leíró biológiai ontológiák (objektumokra és viszonyaikra vonatkozó enciklopédikus összegzés [a szerk.]) (2. táblázat). Az alábbiakban a molekuláris ismeretek ábrázolásának nyelvi, térbeli illetve hálózati modelljeit, ill. a számítástechnikai eszközök fejlődését tekintjük át.

Szekvenciák és nyelvek

Nyelvi leírásoknak tágabb értelemben azon leírásokat nevezzük, amelyek szemantikus, fogalmi definíciók segítségével definiálják az elemeket és a közöttük lévő relációkat. A molekuláris biológia maga olyan korszakban született, mikor a tudományban a nyelvi megközelítések uralkodtak. Ilyenek voltak elsősorban a nyelvelmélet (lásd Ludwig Wittgenstein, Ferdinand de Saussure, Noam Chomsky műveit) és az információelmélet eredményei, valamint a kor katonai kutatásain alapuló kriptológiai és alakfelismerési irányzatok. Ezekre alapozva kialakult egy tág, nyelvi, kommunikációs és számítástudomá-

Rendszer	Elem	Reláció
Molekulák, pl. fehérje-szerkezet	Atomok	Kémiai kötés
Fehérje-szekvencia	Aminosavak	Szekvenciális szomszédság
Egyszerűsített fehérje-szerkezet	Másodlagos szerk. elemek	Szekvenciális szomszédság, 3-D
Föld-típusok	C α -atomok	Szekvenciális szomszédság, 3-D
Komplexek	Fehérjék, DNS	Molekula-kölcsönhatások
Metabolikus útvonalak	Enzimek	Kémiai reakciók (szubsztrát/termék)
Génhálózatok	Gének	Ko-reguláció



1. ábra • A biológiai és bioinformatikai adatbázisok tudományos nyelve elemek és komplex relációk hierarchikus rendszerére épül (A), szemben a tradicionális természetleírás fogalmi rendszerével (B).

Nukleotid-szekvencia adatbázisok

Nemzetközi nukleotid-adatbázis kollaboráció (USA–EU–Japán)
Kódoló és nem-kódoló DNS
Génszerkezet, intronok, exonok
Transzkripció faktorok és kötőhelyeik
RNS szekvenciák

Fehérje-szekvencia adatbázisok

Általános szekvencia adatbázisok
Fehérje-tulajdonságok
Fehérje-lokalizáció és targeting
Fehérje-szekvencia motívumok és aktív helyek
Fehérje domének, fehérjék osztályozása
Egyes fehérjecsaládok adatbázisai

Szerkezeti adatbázisok

Kis molekulák
Szénhidrátok
Nukleinsav-szerkezetek
Fehérje-szerkezetek

Genom-adatbázisok (nem-gerincesek)

Genom-annotációs kifejezések, ontológiák és nevezéktan
Taxonómia és azonosítás
Általános genom adatbázisok
Vírus genomok
Prokarióta genomok
Egysejtű eukarióta genomok
Gomba genomok
Egyéb nem-gerinces genomok

Metabolikus és jeltovábbítási (signaling) útvonalak

Enzimek és enzim-nevezéktan
Molekuláris kölcsönhatások és jeltovábbítási útvonalak

Emberi- és egyéb gerinces genomok

Modell szervezetek, összehasonlító genomika
Humán genom adatbázisok, géntérképek és vizualizáló eszközök
Humán ORF-ok
Humán gének és betegségek

Microarray és egyéb génexpressziós adatbázisok

Proteomikai adatbázisok és analízáló rendszerek

Egyéb molekuláris biológiai adatbázisok

Biológiai makromolekulák képei
Bioremediációs adatbázisok
Gyógyszerek és gyógyszertervezés
Jelzőmolekulák és primerek
Organelum adatbázisok

Növényi adatbázisok

Általános növényi adatbázisok
Arabidopsis thaliana
Rizs
Más növények

Immunológiai adatbázisok

1. táblázat • A bioinformatikai adatbázisok főbb típusai (A *Nucleic Acids Research* 2005 évi adatbázis száma alapján, <http://www3.oup.co.uk/nar/database/cat/12/>).

Genew – human gén-nevezéktani adatbázis, <http://www.gene.ucl.ac.uk/cgi-bin/nomenclature/searchgenes.pl>
GO – Gene Ontology, gén-ontológia, <http://www.geneontology.org/>
GOA – Gene Ontology Annotation, gén-ontológia, <http://www.ebi.ac.uk/GOA>
IUBMB Enzim-nevezéktani adatbázis, <http://www.chem.qmul.ac.uk/iubmb/>
IUPAC Szerves- és biokémiai nevezéktan, <http://www.chem.qmul.ac.uk/iupac/>
IUPHAR-RD Gyógyszerek és receptorok farmakológiai adatbázisa, <http://www.iuphar-db.org/iuphar-rd/>
PANTHER Géntermékek nevezéktana, <http://panther.celera.com/>
STAR/mmCIF: an ontology for macromolecular structure, <http://ndbserver.rutgers.edu/mmcif>
UMLS – Unified Medical Language System (Egységes orvostudományi nyelvrendszer, tezaurusz, lexikon és szemantikus hálózatok formájában) - <http://umlsks.nlm.nih.gov>

2. táblázat • Az adatbázis anotációk nevezetékének és nomenklatúrájának adatbázisai, ontológiák

nyi eszközöket egyesítő gondolkodásmód, melynek alapján kézenfekvőnek tűnt, hogy maguk a biológiai szekvenciák is egyfajta kódot jelentenek, azaz egy ismeretlen nyelven leírt információ hordozói. Ez a metaforikus értelmezés olyan kifejezésekben köszön vissza, mint a „genetikai kód” vagy „az élet könyve”.

A biológiai szekvenciák elemzése először valóban a matematikai nyelvészet karakterisorozat elemzési metodikáit használta, ezek közül sokan, például a sorozatok komplexitási vizsgálatai, ma is a standard módszerek közé tartoznak. Mikor a 90-es években megindultak a genomszekvenálási programok, a karakterisorozatok hasonlóságait vizsgáló heurisztikus módszerek – például a jól ismert *BLAST* program (Altschul et al., 1990) – lettek a leggyakrabban alkalmazott algoritmusok, és nemcsak a bioinformatika, hanem az egész tudományos számítógép felhasználás területén.

A szekvenciák adatbázisainak története a 60-as években kezdődött, mikor Margaret Dayhoff és munkatársai a Georgetown Egyetemen rendszerezni kezdték és közzétették az irodalomból gyűjtött fehérjeszekvenciákat. A példaértékű vállalkozás azonban hamar kinőtte a nyomtatás lehetőségeit, át kellett térni a kizárólagosan számítógépes tárolásra. Közben megjelentek a DNS-szekvenálás

produktív technikái is, melyek az addig egyeduralgó fehérjeszekvenálási módszereket lassan ki is szorították a tömeges adatgyűjtésből. Az adatok ma már szinte kizárólag DNS-szekvenálásból származnak, gyűjtésük nemzetközi kollaboráció keretében folyik. Erre a célra az Egyesült Államok, az Európai Unió és Japán szakintézményeket hozott létre. A 90-es években jelentkezett két új fejlődési irány. Egyrészt megjelentek az első specializált adatbázisok – ilyen volt például az első fehérje doménszekvencia gyűjtemény (Pongor et al., 1993) – amelyek a szekvenciák egyes előre csoportosított szakaszaira koncentráltak. Ezek száma ma már meghaladja a százat. Másrészt az adatbázisok annotációja is egyre rendszeresebbé vált. Eleinte ugyanis a szekvenciák mellett csak egy azonosító kód állt, később megjelentek a bibliográfiai, funkációs és szerkezeti információk, illetve a bibliográfiai adatbázisokra történő hivatkozások is. Mindezek az információk természetes nyelven íródtak. Hamar felmerült tehát egy uniform, számítógéppel olvasható tudományos nyelv iránti igény. A természetes nyelvet használó megközelítések eredményei egyrészt a biológiai ontológiák, másrészt a bibliográfiai adatbányászat módszerei, melytől a nagyszámban produkált molekuláris adatok értelmezésének automatizálását várják.

Térbeli modellek

A térbeli látásmód csirái már az atomokra vonatkozó legkorábbi elképzelésekben tetten érhetők, a modern molekuláris tudományokban pedig talán Jacobus Henricus van t'Hoff volt az első, aki 1874-ben felismerte, hogy egyes kémiai tulajdonságok nem magyarázhatók az atomok háromdimenziós elrendeződése nélkül (Palló, 2001). Ahogy a röntgendiffrakció módszerei fokozatosan lehetővé tették a szerves molekulák vizsgálatát, Olga Kennard és John Desmond Bernal elkezdték a molekuláris szerkezetek rendszerezését, ebből a gyűjteményből fejlődött ki a későbbi *Cambridge Structural Database* adatbázis, mely nagyban hozzájárult ahhoz, hogy a kémiában konszolidálódtak a molekuláris geometria és a sztereokémia fogalmai. A makromolekulák szerkezeti adatbázisainak közös öse az 1971-ben alapított *Protein Data Bank* (Bernstein et al., 1977). A 90-es évek során a háromdimenziós adatokra vonatkozó adatbázisok között is megjelentek a másodlagos adatbázisok, melyekből szintén több tucatot számlálhatunk össze (Carugo – Pongor, 2002). A nukleinsavak szerkezeti adatbázisai a közelmúltig a fehérjékétől eltérő utakon fejlődtek. A nukleinsavak háromdimenziós szerkezetmeghatározása ugyanis gyakorlatilag sokkal nehezebb és kevésbé produktív, mint a fehérjéké, és a meglévő adatok többsége is rövidebb DNS-szakaszokra vonatkozik. Mind fehérjéknél, mind nukleinsavaknál alkalmazunk alacsonyfelbontású modelleket is, a DNS makroszkopikus alakváltozásait szokás például végtelen szál, pontosabban elasztikus rúdmodell segítségével ábrázolni (Munteanu et al., 1998).

Ahogy a szekvenciák számára nyelv, a háromdimenziós modellek metaforái számára a tárgyakra vonatkozó ismeretek jelentik a fogalmi háttérrel. A tárgyak kezelésének képessége pedig, ha lehet, még ősbib

tulajdonság, mint a nyelvi készség. A számítógépes grafika a makromolekulák szerkezetét a tárgyi világból kölcsönzött objektumok, például hengerek, gömbök, szalagok, felületek segítségével jeleníti meg, ezek révén az áttekinthetetlen atomi részletek helyett kirajzolódnak a makromolekulák formái, térbeli mintázatai, szimmetriái. A fehérjék konformációjának analízise, a fold-típusok felismerése például lehetetlen lett volna számítógépes vizualizálási módszerek nélkül, de a tárgyi metafora megjelenik a szerkezeti számításokban is, hiszen a molekulászerkezetek optimalizálásakor a szerkezetet például gyakran egyszerű, klasszikus mechanikai tárgyként modellezzük. Végül, valahol a háromdimenziós leírási módszerek határán helyezkednek el az egy- vagy többdimenziós diagrammatikus ábrázolások, melyekben az adott molekulák valamilyen jellemzőjének eloszlását ábrázoljuk (Pongor, 1987).

Hálózati modellek

Az előbbi két modelltypusnál kikötöttük, hogy az elemek és kapcsolataik definíciói a tudományos nyelv szemantikái illetve a molekuláris geometria tárgyi leírásait kövessék. Ha ezektől a megkötésektől eltekintünk, általános topológiai modellekhez, vagyis hálózatokhoz jutunk, amelyekkel tetszőleges elemek és viszonylatok ábrázolhatók, mint például a metabolikus útvonalak, a neuronok hálózatai, a táplálkozási láncok, gének regulációs hálózatai. Ennek az egyszerű ábrázolásmódnak első példája a kémiában alkalmazott szerkezeti képlet, matematikai formája pedig a gráf – például egyszerű, irányított és súlyozott gráf. A molekulászerkezetek egyébként már a XIX. században is inspirálták a gráfelmélet fejlődését. Fontos lépés volt az Erdős Pál és Rényi Alfréd nevéhez fűződő véletlen-gráf modell (Erdős – Rényi, 1959), amelyet később a sejten belüli hálózatok állapotainak modellezésére alkal-

maztak (Kauffman, 1992). A hálózati modellek napjainkbeli népszerűsége viszont annak a felismerésnek köszönhető, hogy egyes biológiai és technikai hálózatok (például Internet, légiutak stb.) tényleges topológiája jellemzően eltér a véletlen gráfoktól, és ez összefüggésbe hozható a hálózatok stabilitásával (Barabási – Albert, 1999). A hálózati modellek különösen hasznosnak bizonyultak az új technikák, például a genomszintű expressziós vizsgálatok eredményeinek ábrázolásában, itt ugyanis a nagy adattömegekből a kölcsönható elemek éppen részgráfok segítségével azonosíthatók.

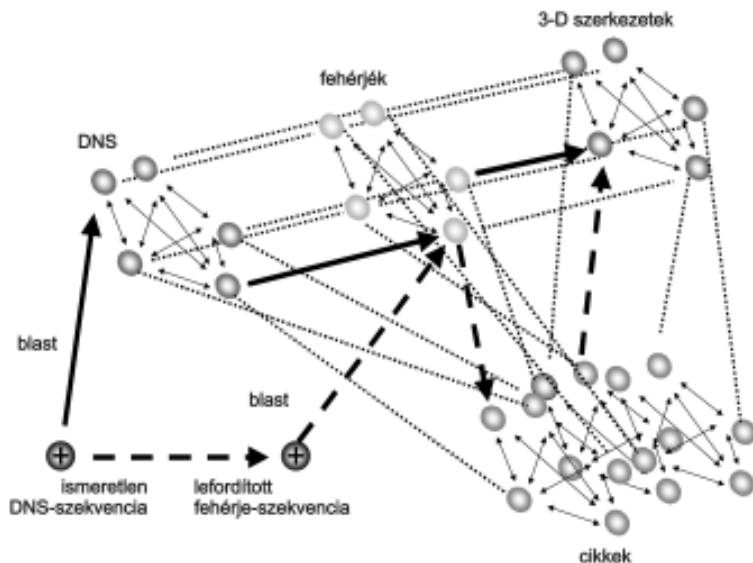
Számítógépes módszerek

A bioinformatika olyan korszakban keletkezett, mikor a számítástechnika bevonult a biológiai kutatások mindennapos gyakorlatába. Adatbázis-architektúrák, programozási módszerek, felhasználói felületek és más szoftver komponensek tekintetében a bioinformatika lényegében nem különbözik az informatika egyéb területeitől. Önálló szint hoztak a nyolcvanas évek közepén megjelenő bioinformatikai programcsomagok, amelyek egységes, moduláris rendszerben tudták kezelni a szekvenciákkal kapcsolatos módszerek majdnem teljes körét. Ezek a programok eleinte az egyetemek központi számítógépei révén terjedtek el, ma már személyi számítógépen is hozzáférhetők. Közben kialakultak a biológiai adatok rögzítésének standardizált formátumai is, így a mai felhasználó az adatbázisokból letöltött adatokat már könnyen tudja analizálni. A kereskedelmi programcsomagok nehezen tudnak lépést tartani az újabb és újabb módszerekkel, ezért jelentek a programcsomagok, programkönyvtárak nyílt forrású (open source) változatai, amelyek – a Linux rendszerhez hasonlóan – a fejlesztők önkéntes kooperációján alapulnak. Az egyetemi, kutatóintézeti csoportok pedig legtöbbször közvetlenül, internetes szolgáltatás formájá-

ban teszik közzé új módszereiket. Ilyenkor a számítás részletei ugyan gyakran rejtve maradnak, de a felhasználók biztosak lehetnek abban, hogy a program legújabb változatához férnek hozzá. A módszerfejlesztők is kedvelik a web-szervereket, mert így munkájuk azonnal ismertté válik,² míg a programcsomagokba illesztett módszerek szerzőire kevesebbet hivatkoznak.

A leglátványosabb fejlődést azonban kétségkívül a World Wide Web technika okozta és okozza. Ennek segítségével először is az adatbázisok közötti keresztreferenciák „navigálhatóvá” váltak, így ma a felhasználó pillanatok alatt tud váltani ismeret-típusok és adatbázisok között. A biológiai adatbázisok hálózata tényleges hasonlóságot mutat az emlékezet asszociációs hálózataival, azzal a különbséggel, hogy itt a kapcsolatok – legalább is egyelőre – statikusak és előre kiszámítottak. Egy adatbázis elemre nézve – ami lehet például szekvencia, térszerkezet, szöveges összefoglaló, – időről időre meghatározzuk a hozzá valamilyen szempontból hasonló elemek körét, és ezek között WWW (World Wide Web) kapcsolatot létesítünk. Így ún. „szomszédságok” keletkeznek, és a felhasználó ezeken keresztül navigálva egy DNS-szekvenciától eljuthat például egy térszerkezethez vagy a biológiai funkció szöveges összefoglalójához, a kódolt fehérje metabolikus vagy evolúciós környezetének térképéhez (2. ábra). Az ilyen integrált rendszerekben általában ingyenesen hozzáférhetőek az analízis számításos módszerei (WWW szerverek), de egyre gyakrabban találunk elektronikus oktatási anyagokat és tankönyveket is. Kialakulóban van tehát egy bioinformatikai infrastruktúra, ahol a felhasználók mélyreható elméleti vagy számítástechnikai ismeretek nélkül is el tudnak

² Pl. az ISI felmérése (www.in-cites.com/countries/hungary.html) szerint az elmúlt 10 év legtöbbet idézett magyar szerzőségű cikke is egy web-szerveren közzétett számítási módszer (Tusnády – Simon, 1998).



2. ábra • Keresés integrált molekuláris adatbázisokon. Az egyes adatbázisok (DNS és fehérje szekvenciák, 3-D szerkezetek, szakcikkek) WWW kereszthivatkozásokkal vannak ellátva (pontosított vonal). Az egyes adatbázisokon belül további kapcsolatok (vékony nyilak) kötik össze a hasonló tételek „szomszédságait”. Így ha egy hasonlóság keresési módszer (vastag nyíl) egy nem-annotált (ismeretlen funkciójú) DNS szekvenciára mutat, akkor ugyanazon szekvencia szomszédságának egy (nagy valószínűséggel funkcionálisan rokon) másik, annotált (már jobban ismert) tagja segítségével az adatgyűjtés során tovább léphetünk a fehérjék, esetleg a 3-D szerkezetek irányában. Ezekben a példákban a keresést itt a *BLAST* programmal kezdtük, de más pontokon is kezdhetünk.

végezni majdnem minden rutinfeladatot. Az igényesebb publikációkhoz azonban továbbra is szükség van a helyben telepített programokra is. Ezzel párhuzamosan a bioinformatika felhasználóinak köre is www-orientált rutinfelhasználókra, és a programozásban jártas szakfelhasználók körére oszlanak; utóbbi felhasználókat a biomedikai kutatás-fejlesztés legtöbb területén különösen szívesen alkalmazzák.

Az ismeretábrázolás új szintje

A bioinformatika – bár képviselői gyakran panaszkodnak az adatok özönvízzerű áradására – nem mozgat több adatot, mint a tudomány és a technika többi ágazata. A különbséget sokkal inkább az adatok sokféleségében és az ismeretek komplexitásában

kell keresnünk. Az új technológiák és számítási eszközök révén ugyanis sok, eddig hozzáférhetetlen probléma lett kísérletileg vizsgálható, s így az élettudományokban a komplex fogalmak és megközelítések egész sora alakult ki (elegendő például a funkcionális genomikára, a szerkezeti biológiára gondolnunk). Nem túlzás, hogy a biológiai, molekuláris és bibliográfiai adatbázisok hálózata talán a legösszetettebb tudásábrázolási rendszer a tudomány eddigi történetében.

Mi okozhatta a komplex ismeretek új hullámát? Biológiáról lévén szó, talán helyénvaló egy evolúciós hasonlat. Szathmáry Eörs és John Maynard Smith az egyre komplexebb életformák megjelenését a genetikai információ tárolásának és kommunikációjának megváltozásával, mint például a kromoszó-

mák megjelenésével, az eukarióták és a többsejtű organizmusok kialakulásával magyarázták (Szathmáry – Smith, 1995; Smith – Szathmáry, 1995). Az ismeretábrázolás komplexitási ugrásait ennek megfelelően az ismeretek tárolásának és kommunikációjának megváltozásában kell keresnünk. A tradicionális társadalmakban szóban kommunikálják az ismereteket, melyeket aztán egy egész emberi közösség tárol és örökít. Összetett ismeretek rögzítésének és kommunikációjának lehetőségét az írásbeliség teremtette meg, de ez tömegessé csak a könyvnyomtatás – azaz egy új kommunikációs technológia – révén válhatott. Ekkor alakultak ki a tudás tárolásának szervezett és szisztematikusan kerestethető hordozói, az enciklopédiák (Nyíri, 2003), amelyek sok tekintetben a mai elektronikus adatbázisok előfutárainak tekinthetők. A bioinformatika kialakulásakor mind az elektronikus adattá-

rolás, mind pedig az adatokkal való kommunikáció megváltozott, s ez utóbbiban véleményünk szerint az adatok széles körének hálózatba történő összekötése volt az a lényeges lépés, amelyben az élettudományok talán némileg megelőzték a többi alkalmazási területet. Összefoglalásként elmondhatjuk, hogy az új kommunikációs módszerek révén a biológiában egy új, komplexebb szemléletmód van kialakulóban, melynek alapjai a nyelvi, vizuális és hálózati modellek.

Ezúton szeretném megköszönni Csányi Vilmos, Falus András, Izsák János, Nyíri Kristóf, Pléh Csaba és Szathmáry Eörs segítségét, tanácsait és értékes gondolatait, illetve az Oktatási Minisztérium támogatását (OMFB -01887/2002, OTKA M45378)

Kulcsszavak: bioinformatika, molekuláris biológia, adatbázis

IRODALOM

- Altschul, Stephen F. – Gish, W. – Miller, W. – Myers, E. W. – Lipman, D. J. (1990): Basic Local Alignment Search Tool. *Journal of Molecular Biology*. **215**, 403–410.
- Barabási Albert László – Albert Réka (1999): Emergence of Scaling in Random Networks. *Science*. **286**, 509–512.
- Bernstein, Frances C. – Koetzle, T. F. – Williams, G. J. – Meyer, E. F. Jr. – Brice, M. D. – Rodgers, J. R. – Kennard, O. – Shimanouchi, T. – Tasumi, M. (1977): The Protein Data Bank: A Computer-Based Archival File for Macromolecular Structures. *Journal of Molecular Biology*. **112**, 535–542.
- Carugo, Oliviero – Pongor Sándor (2002): The Evolution of Structural Databases. *Trends Biotechnology*. **20**, 498–501.
- Erdős Pál – Rényi Alfréd (1959): On Random Graphs. *Publicationes Mathematicae Debrecen*. **6**, 290–297.
- Kauffman, Stuart A. (1992): *The Origins of Order: Self-Organization and Selection in Evolution*. Oxford University Press, Oxford, UK
- Maynard Smith, John – Szathmáry Eörs (1995): *The Major Transitions in Evolution*, W.H. Freeman, Oxford, New York, Heidelberg
- Munteanu, Mircea G. – Vlahovicek, K. – Parthasarthy, S. – Simon I. – Pongor S. (1998): Rod Models of DNA: Sequence-Dependent Anisotropic Elastic Modelling of Local Bending Phenomena. *Trends Biochemical Sciences*. **23**, 341–347.
- Nyíri Kristóf (2003): Enciklopédikus tudás a 21. században. *Mindentudás Egyeteme*, 2003. dec. 21.
- Palló Gábor (2001): Vizualitás és a kémia nyelve. *Világosság*. **7–9**, 58–66.
- Pongor Sándor (1987): The Use of Structural Profiles and Parametric Sequence Comparison in the Rational Design of Polypeptides. *Methods in Enzymology*. **154**, 450–73.
- Pongor Sándor (1988): Novel Databases for Molecular Biology. *Nature*. **332**, 24.
- Pongor Sándor – Skerl, V. – Cserző M. – Hátsági Z. – Simon G. – Bevilacqua, V. (1993): The SBASE Domain Library: A Collection of Annotated Protein Segments. *Protein Engineering*. **6**, 391–395.
- Szathmáry Eörs – Maynard Smith, John (1995): The Major Evolutionary Transitions. *Nature*. **374**, 227–232.
- Tusnády Gábor E. – Simon István (1998): Principles Governing Amino Acid Composition of Integral Membrane Proteins: Application to Topology Prediction. *Journal of Molecular Biology*. **283**, 489–506.