

Подробное описание страницы STRING

Источник: <https://string-db.org/cgi/network?taskId=b3cklra9FMKz&sessionId=bYIOm6DgvgmS>

Что это за страница

Это страница сервиса STRING с интерактивной визуализацией сети белок-белковых ассоциаций для человека (*Homo sapiens*). Она показывает, что выбранные белки функционально связаны между собой и образуют компактную биологическую сеть.

Что находится на странице

В верхней части расположена стандартная навигация STRING: Search, Download, Help, My Data, а также ссылки Login, Register и Survey. В центре находится основная сетевая диаграмма. Ниже — панель вкладок Viewers, Legend, Settings, Analysis, Exports, Clusters, а также кнопки More и Less. Под схемой расположены поясняющие блоки и таблица с краткими аннотациями белков.

Главный объект страницы

В центре расположена диаграмма с заголовком: 5 nodes (human) - STRING interaction network. Это означает, что показана сеть из пяти белков человека. Каждый круглый узел — отдельный белок. Рядом с ним стоит подпись, а внутри может быть миниатюра структуры белка. Линии между узлами показывают функциональные ассоциации между белками.

Какие белки показаны

1) MSH2 — белок системы репарации несоответствий ДНК. 2) ERCC6L2 — белок, связанный с ранним ответом на повреждение ДНК. 3) SBDS — белок созревания рибосом, также упоминается возможная роль в клеточном стресс-ответе и ответе на повреждение ДНК. 4) RAD51 — ключевой белок гомологичной рекомбинации и репарации ДНК. 5) FANCM — компонент пути анемии Фанкони, участвующий в обработке повреждённой ДНК и поддержании стабильности генома.

Как организована сеть

По расположению узлов видно, что FANCM находится примерно в центре сети и выступает как центральный узел. Остальные белки располагаются вокруг него: MSH2 — справа и ниже; ERCC6L2 — справа и выше; RAD51 — ниже и левее; SBDS — выше и левее.

Какие связи видны

На диаграмме видны следующие связи: MSH2 ↔ FANCM, MSH2 ↔ RAD51, FANCM ↔ ERCC6L2, FANCM ↔ RAD51, RAD51 ↔ ERCC6L2, SBDS ↔ FANCM. Из-за этого сеть выглядит как компактный функциональный модуль вокруг механизмов репарации ДНК и ответа на повреждение генома.

Что означают линии

В STRING связь между белками не обязательно означает прямой физический контакт. Чаще это означает, что белки участвуют в общей функции, биологическом процессе или подтверждаются несколькими типами данных как связанные между собой. Разные цветные сегменты линий показывают разные типы доказательств: Experiments, Textmining, Coexpression, Cooccurrence, Neighborhood, Homology и другие.

Что есть во вкладках

Во Viewers доступны режимы Network, Neighborhood, Experiments, Cooccurrence, Textmining и Coexpression. Пункты Databases и Fusion для этой сети отключены. Во вкладке Legend поясняется, что узлы представляют белки, а рёбра — белок-белковые ассоциации, причём ассоциация не обязательно равна прямому

связыванию.

Таблица с аннотациями

Ниже страницы находится таблица с краткими функциональными описаниями всех пяти белков. Из этих описаний видно, что большая часть сети связана с репарацией повреждений ДНК, поддержанием стабильности генома, ответом клетки на генотоксический стресс и специализированными путями ремонта ДНК.

Главный смысл страницы

Страница показывает, что MSH2, ERCC6L2, RAD51 и FANCM образуют логичную функциональную группу вокруг репарации ДНК и контроля геномной стабильности. SBDS выглядит более необычным участником, так как его основная функция связана с биогенезом рибосом, но STRING показывает его функциональную связанность с этой сетью, что может указывать на более широкий клеточный контекст — стресс-ответ, пролиферацию или косвенное участие в процессах, связанных с повреждением ДНК. В практическом смысле перед нами не случайный набор генов, а небольшой биологический модуль, в котором доминирует тема DNA damage response и DNA repair.