SOFT COMPUTING TECHNIQUES FOR FUSION PROTEIN STRUCTURE AND LINKER PREDICTION

U.Subhashini[1], P.Bhargavi[2], S.Jyothi[3]
[1]Research Scholar, [2]Assistant professor, [3]Professor
[1,2,3]Department of Computer Science, Sri Padmavati Mahila Visvavidyalayam Tirupati

Abstract

A fusion protein is one whose polypeptide sequence is composed by joining two or more different protein sequences with a suitable linker. Fusion protein exhibits multifunctional properties derived from each of their parent proteins. Fusion proteins can be used in a wide variety of applications and playing an important role in structural biology and biotechnology. The major challenges in computational biology for the design of the novel bifunctional fusion protein are the prediction of the structure and linker. This review highlights the applications of the fusion protein, linkers and soft computing techniques for the prediction of the fusion protein structure.

KEYWORDS: Computational Biology, Fusion Protein, Linkers, Protein, Soft computing techniques.

1. Introduction

Proteins are large, complex molecules in our cells and are the essence of life processes. They are the fundamental constituents of all protoplasm, involved in the structure of the living cell and in its function. Proteins are organic compounds made up of smaller units called amino acids, which are covalently linked to each other by peptide bonds. There are 20 standard amino acids that can be combined to make a protein [1]. Proteins have widespread applications in pharmaceuticals and medical diagnosis [2]. In the beginning, natural proteins were extracted from animal, human sources, or from plants. Then, Recombinant DNA technology started a new area of research and applied aspects of biology [3]. Since then, a significant increase has been seen in reproducing natural proteins by Recombinant DNA technology. It also focused toward developing de novo proteins that do not exist in nature and are called as fusion proteins. Fusion proteins are a class of proteins, constructed by joining two or more different domain proteins [4]. Fusion proteins are also called as chimeric proteins or hybrid proteins. Fusion protein obtains many functional properties derived from each of the original proteins, including biological activity [5]. Many of the research studies revealed that some fusion proteins have greater stability and effectiveness over naturally occurring proteins [6]-[8]. Over the years, researchers have been using the recombinant DNA technology for the construction of the fusion proteins due to the wide variety of its applications such as tissue engineering, improving enzyme activity, drug development, half-life extension[7][9], biomaterial design[10] and analyses of protein-protein interactions [11][12]. Successful construction of the fusion protein initially requires the desired proteins and its compatibility. If component domains are not compatible then it leads to misfolding [13]. The simplest method of fusing selected domains is an end to end genetic fusion. In some cases, direct fusing is simple and works best where N or C-terminal regions of the component proteins act as a “bridge” to provide enough space between protein domains for correct folding[14][15]. However, this strategy fails when the N or C-terminal is not flexible or long enough to avoid steric hindrance, which reduces the degrees of freedom in protein bioactivity and may give rise to undesirable outcomes such as lack of proper protein folding, low yield in protein production and decreased bioactivity[16]-[18]. For this reason, several protein bioactivity studies

Determination of Protonation Constants of ligands *bis*(pyridyl)benzilidene(BPB), Glycine, L-alanine, L-phenylalanine, L-leucine and L-valine

[1]M.V.Ramanjanayelu, [2*]N. Vijaya Kumar and [3]T. Sreevaram
[1]Lecturer in Chemistry, KGRL (A) College, Bhimavaram-534201, AP, INDIA.
[2]Lecturer in Chemistry, DNR (A) College, Bhimavaram-534202, AP, INDIA.
[3]Lecturer in Chemistry, Govt. Degree College, Ravulapalem-533238, AP, INDIA.

Abstract:

Central atom or ion, surrounded by a set (usually 2 to 9) of other atoms, ions or groups, latter being called ligands. Ligands may be negative (Cl^-), positive (NO^+) or neutral (NH_3). Ligands are classified on the basis of number of donor groups attached to the ligands, like monodentate (NH_3), bidentate (en), tridentate (terpyridine) and tetradentate (triethylene tetraamine). In this present study calculated the protonation constants of *bis*(pyridyl)benzilidene(BPB), Glycine, L-alanine, L-phenylalanine, L-leucine and L-valine in Dimethyl sulphoxide (DMSO). The computations of the protonation constants of the α-amino acids and BPB from potentiometric and pH metric data were carried out with SCOGS computer program. The program SCOGS was used to minimise the standard deviation of the fit between the observed and calculated pH values for the overall titration data.

Key Words:
Central atom, Ligand, protonation constants, Dimethyl sulphoxide and SCOGS.

Introduction:

Co-ordination compounds have always been a challenge to the inorganic chemists. In early days these compounds seemed to be unusual (hence the name “complex” ions) which defy the rules of valence. The modern study of co-ordination compounds begins with Alfred Werner (1893) and Sophus Mads Jorgensen.

Co-ordination chemistry pertains to the complexity of the compounds, which do not exist as individual, but as related groups often surrounding a metal ion in the center. The groups that are bound to the central metal ion in a symmetrically oriented fashion are called ligands. For a long time, the co-ordination compounds were considered as a rare and special class of compounds, but later they have been recognized as the most resorted type of compounds which help the nature to convert the simple inorganic molecules into complex organic matter. For instance, in the conversion of carbon dioxide and water into carbohydrate in the plants, a co-ordination compound called chlorophyll [Mg^{2+} complex] plays an important role. A similar iron complex known as haemoglobin operates in the red blood cells as carrier of oxygen.

Ligands:

Co-ordination compounds are conveniently formulated as consisting of a central atom or ion, surrounded by a set (usually 2 to 9) of other atoms, ions or groups, latter being called ligands e.g. NH_3, Cl, CO etc., ligands may be negative (Cl^-), positive (NO^+) or neutral (NH_3). Ligands are classified on the basis of number of donor groups attached to the ligands, like monodentate (NH_3), bidentate (en), tridentate (terpyridine) and tetradentate (triethylene tetraamine) etc.

Figure 1: Structures of Ligands

Preparation and Characterization of the ligand "*bis*(pyridyl) benzilidene" (BPB)

[1]Dr. M. V. V. Ramanjaneyulu, [2]A. V .R. Gajapathi Raju, [3*]Dr. N. Vijaya Kumar, [4]Dr. T. Sreevaram

[1]Lecturer in Chemistry, KGRL (A) College, Bhimavaram-534201, AP, India
[2 & 3]Lecturers in Chemistry, DNR (A) College, Bhimavaram-534202, AP, India
[4]Lecturer in Chemistry, Govt. Degree College, Ravulapalem-533238, AP, India
*Corresponding author: nethalavk[at]gmail.com

Abstract: ***Coordination compounds have always been playing an important role in human life. A coordination compound consist central metal ion and ligands. The ligands are classified in different ways, based on charge and dentisity. In the present study a tetra dentate ligand Bis-(pyridyl)benzilidene (BPB) was prepared and characterized by microanalysis, UV and FT-IR, melting point, and TLC methods.***

Key words: Coordination compounds, ligand, *Bis*-(pyridyl)benzilidene, UV and FT-IR Spectrum

1. Introduction

Coordination compounds have always been a challenge to the inorganic chemists. In early days these compounds seemed to be unusual (hence the name "complex" ions) which defy the rules of valence. The modern study of coordination compounds begins with Alfred Werner (1893) and Sophus Mads Jorgensen.

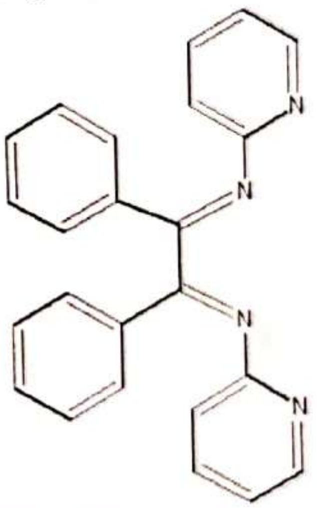
Coordination chemistry pertains to the complexity of the compounds, which do not exist as individual, but as related groups often surrounding a metal ion in the center. The groups that are bound to the central metal ion in a symmetrically oriented fashion are called ligands. For a long time, the coordination compounds were considered as a rare and special class of compounds, but later they have been recognized as the most resorted type of compounds which help the nature to convert the simple inorganic molecules into complex organic matter. For instance, in the conversion of carbon dioxide and water into carbohydrate in the plants, a coordination compound called chlorophyll [Mg^{2+} complex][1, 2] plays an important role. A similar iron complex known as haemoglobin[3, 4] operates in the red blood cells as carrier of oxygen.

Ligands:

Coordination compounds are conveniently formulated as consisting of a central atom or ion, surrounded by a set (usually 2 to 9) of other atoms, ions or groups, latter being called ligands e.g. NH_3, Cl, CO etc., ligands may be negative (Cl^-), positive (NO^+) or neutral (NH_3). Ligands are classified on the basis of number of donor atoms present in the ligand attached to the central atom or ions, like monodentate (NH_3), bidentate (en), tridentate (terpyridine) and tetradentate (triethylene tetraamine) etc.

Structure of the ligand:

Structure of the ligand BPB is



Bis-(pyridyl)benzilidene

Experimental:

1:2 mole ratio of benzil (0.01 mol) and 2-aminopyridine (0.02 mol) were treated with 1 to 2 drops of acetic acid in 100 ml of rectified spirit. The mixture was refluxed for 10 hrs. The mixture was cooled to room temperature and poured into de-ionised water. The colourless product was filtered in a buckner funnel, dried and recrystallized from benzene pyridyl (40 - 60°C). Yield was 50% (MP 79°C). The purity of the product was checked by TLC method.

Licensed Under Creative Commons Attribution CC BY

Scanned with CamScanner

Webology (ISSN: 1735-188X)
Volume 19, Number 2, 2022

A Novel Soft Computing Technique For Fusion Protein Structure Prediction

P.Bhargavi [1] , U.Subhashini[2] , S.Jyothi[3]

[1,2]Assistant professor, [2]Research Scholar,
[3]Professor

[1,2,3] Department of Computer Science Sri
Padmavati Mahila Visvavidyalayam
Tirupati-517 502

Abstract— Fusion protein structure prediction is one of the most significant and difficult issues in bioinformatics. Nowadays, structural bioinformatics majorly focuses on predicting the 3D structure of proteins by various test methods, for example, nuclear magnetic resonance (NMR), electron microscopy or X-ray diffraction. In this circumstance, fusion proteins are complex proteins because they have many structural domains. Determining the fusion protein structure utilizing experimental methods is costly because of the costs of NMR, electron microscopy or crystallography and time consumption. Machine learning methods were utilized to address the problem, and they've had a lot of success in this field. However, there is still opportunity for improvement in terms of approaching the limit. This chapter proposes a new technique for fusion protein structure forecast based on an Enhanced Fuzzy Logic (EFL) soft computing technique. Given a protein sequence database, this proposed work has to construct candidates of length equal to the query fusion protein sequence, find a overall figure of fuzzy matching techniques for query with provided fault tolerance, also applying this overall figure of matches to the secondary structure prediction. Experimental outcomes demonstrated that the EFL technique effectively predicts fusion protein structure.

Keywords — Peptide, Linker, Linker Flexibility, Fusion protein, Fuzzy logic.

1. INTRODUCTION

Proteins play an important role in nearly entire biological procedures; They are the foundation of life. For instance, they keep the constructional honesty of the cell, the transfer and room of little molecules, signalling, control, catalysis, and the immune system [1]— Proteins in nature contain twenty different amino acids. Amino acids are sequentially linked to the carboxyl group of an amino acid that forms a peptide bond by the amino group of the subsequent amino acid [2]. At first, proteins are derived from the cells of microorganisms, plants, and animals. There is a significant increase in the reproduction of natural proteins by recombinant DNA (rDNA) technology. [3]. It also concentrated on cultivating "de novo" proteins, which are not natural and are called fusion proteins. A fusion protein is a protein constructed by merging minimum of two kinds of protein domains. Fusion proteins enhance biological functions through a wide range of biopharmaceutical and biotechnological devices. The protein structure is necessary for comprehending protein function [4]. To

INTERNATIONAL JOURNAL OF MULTIDISCIPLINARY EDUCATIONAL RESEARCH
ISSN:2277-7881; IMPACT FACTOR :6.514(2021); IC VALUE:5.16; ISI VALUE:2.286
Peer Reviewed and Refereed Journal: VOLUME:10, ISSUE:3(5), March:2021
Online Copy Available: www.ijmer.in

సత్యహరిశ్చంద్ర నాటకం – భార్యాభర్తల బంధం

డా|| జి. హరిబాబు

విశ్వంలో అనంతమైన జీవరాసుల్లో స్త్రీ లింగం, పురుష లింగం అనే భేదాలు సృష్టితోపాటే పుట్టాయి. ప్రతీ జీవరాసి, ఆయా జాతిలో ఉన్న వ్యతిరేక లింగ సంపర్కం కూడా ఆది నుండే ప్రారంభమై ఉంటుంది. ఈ సంపర్కంలో రెండు శరీరాల కలయక జరుగుతుంది. కాని కొన్ని జీవరాసుల్లో రెండు శరీరాలతోపాటు – రెండు మనసుల కలయిక కూడా జరుగుతుంది. కొన్ని ప్రాణుల్లో ఈ మనసుల కలయిక కాలం కొన్ని గంటలు లేదా కొన్ని రోజులు. మనుషుల్లో మాత్రం మనసుల కలయిక కాలం జీవిత కాలం. “దీనినే ప్రేమ అనవచ్చు”. ప్రేమతో స్త్రీ, పురుషులు ఇద్దరూ తమకు తామే బంధీలవుతారు.

మానవ జాతిలో స్త్రీ, పురుషుల మనసుల కలయిక ద్వారా ఏర్పడిన ‘ప్రేమను’ పునీతం చేయడానికి “వివాహం అనే పవిత్రమైన సంబంధాన్ని” మానవులు సృష్టించుకున్నారు. దీని పుట్టుక కాలాన్ని సరిగ్గా అంచనా వేయలేకపోయినా, ఇది మాత్రం మానవ జీవితంలోనే అత్యంత అద్భుతమైన బంధం. వివాహ బంధం ద్వారానే కుటుంబ వ్యవస్థ ఏర్పడుతుంది. ప్రపంచ దేశాల్లోకల్లా భారతదేశంలో కుటుంబ వ్యవస్థ చాలా పవిత్రంగా, బలమైనదిగా విరాజిల్లుతుంది. దేశంలో జనాభా పెరుగుదలకు కుటుంబ వ్యవస్థ చక్కగా ఉండటం కూడా ఒక కారణం. భార్యాభర్తల పవిత్ర సంబంధంలో ఒకరికొకరు త్యాగధనులుగా జీవిస్తారు. అలాంటి త్యాగధనులు మధ్య పెరిగిన బిడ్డలు సంస్కారవంతులుగా పెరిగి సమాజానికి ఉపయోగపడి తరిస్తారు.

నేటి నవనాగరిక సమాజంలో పవిత్ర సంబంధం కాస్తా అపవిత్రంగా మారింది. త్యాగాలకు బదులు స్వార్థం మర్రిఊడలు లాగా పాతుకుపోతుంది.

INTERNATIONAL JOURNAL OF MULTIDISCIPLINARY EDUCATIONAL RESEARCH
ISSN:2277-7881; IMPACT FACTOR :6.514(2020); IC VALUE:5.16; ISI VALUE:2.286
Peer Reviewed and Refereed Journal: VOLUME:10, ISSUE:2(4), February:2021
Online Copy Available: www.ijmer.in

జానపద సాహిత్యం – వైద్య పాటలు

జానపదుల జీవితాలతో మిళితమైన అనేక విషయాల్లో జానపద వైద్యం ఒకటి. జానపదుల సాంఘిక జీవితంలో జానపద వైద్యం ప్రముఖమైనది. "ఆరోగ్యమే మహా భాగ్యం" అన్నది పెద్దల మాట. మంచి ఆరోగ్యం కలిగి ఉండటం కన్నా, వేరొక భాగ్యం లేదు. ప్రకృతిని దైవంగా భావించే జానపదులు ప్రకృతినే వైద్యశాలగా భావిస్తారు. ప్రకృతిలో లభించే రాళ్ళు, చెట్లు, మూలికలు, సొంతంగా పండించే ధాన్యాలనే పరమౌషధాలుగా ఉపయోగిస్తారు.

"సాంఘిక ఆచారంగా, సంప్రదాయంగా, నమ్మకం ప్రధానంగా, తరతరాల నుండి వస్తున్న అనుభవ గృహ వైద్యమే జానపద వైద్యం".

జానపదులు పగలంతా కాయకష్టంచేసి సాయంత్రానికి అనేక రకాల కళాప్రదర్శనలతో ఆనందిస్తారు. అందులో భాగంగానే అనేక వైద్య విషయాలను పాటల రూపంలో పాడుతూ ప్రజలకు తెలియజేస్తారు. నేటి ఆధునిక సమాజంలో కూడా అనేక చోట్ల జానపద వైద్య విధానాలను అవలంభిస్తూనే ఉన్నారు. జానపద వైద్య విధానాల్లో కొన్ని మేలు చేసేవి, మరికొన్ని కీడు చేసేవి కూడా ఉన్నవి. జానపద సాహిత్యంలో వైద్య విషయాలను పాటల రూపంలో చెప్పటం వల్ల పిల్లలు వాటిని తొందరగా అర్థం చేసుకుంటారు. యుక్తవయస్సులో ఉన్న ఆడపిల్లలు ఆడుతూ పాడుతూ వైద్య విషయాలను పాటల రూపంలో చెప్పటం విశేషం.

ఒప్పుల కుప్ప – వయ్యారి భామ
మినప పప్పు – మెంతి పిండి
తాటి బెల్లం – తగువగు నెయ్యి
గుప్పెడుతింటే – కులుకులాడె
నడుము గట్టి – నామాట బట్టి.

ఇలాంటి పాటలు ఆడపిల్లలు పుష్పవతి అయినపుడు వారికి నడుం గట్టి పడాలని మినపపప్పు, మెంతిపిండి, తాటిబెల్లం, నెయ్యి కలిపి లడ్డులుచేసి ఆసమయంలో ఎక్కువ తినిపిస్తారు.ఇది జానపదుల నమ్మకం.

BHAVAVEENA
Vol. 18, Issue. 12, December (2) 2021
ISSN No. : 2456-4702 - RNI No. APTEL/2003/12253

UGC CARE List Group - 1 Journal
under Arts and Humanities Category

భర్తృహరి సుభాషితాలు – కార్యసాధన

(THE WAY OF ACHIEVEMENT)

– డా॥. గరికపాటి కాశిబాబు, లెక్చరర్, తెలుగుశాఖ, గవర్నమెంట్ డిగ్రీ కళాశాల, రావులపాలెం, తూర్పుగోదావరి.

ఈ భూమ్మీద కోట్లమంది పుడుతున్నారు, చస్తున్నారు. పుట్టలో చెదపురుగులు మాదిరి. మానవులుగా పుట్టి నందుకు తమ జీవితాలను సార్థకం చేసుకొనేవారు అతి తక్కువ మంది. దీనికి కారణం ఏ లక్ష్యంలేని జీవన గమనం. లక్ష్యం ఉన్నా కృషిలేకపోవటం. సమాజంలో చదువులేని వారుకూడా తమ జీవితంలో అనేక విషయాల్లో సార్థకత పొందుతారు. లక్ష్యసాధనలు అనేవి వ్యక్తిగతం, సమాజగతం అది రెండు విధాలుగా ఉంటాయి. చదువు కున్న వారి లక్ష్యసాధనలు ఎక్కువగా సమాజగతమై ఉంటాయి. అందువల్లనే అక్షరాస్యత ఎంత ఎక్కువగా ఉంటే సమాజం అంత అభివృద్ధి చెందుతుంది. విద్యావేత్తల ద్వారానే Innovations జరుగుతాయి. విద్య ద్వారా మనిషిలో అన్వేషణా జిజ్ఞాస ప్రారభమవుతుంది. అందువల్ల మానవవులు విద్యనభ్యసించటం సమాజానికి చాలా అవసరం.

ఆధునిక సమాజంలో విద్యనభ్యసించే విద్యార్థులలో సింహభాగం విద్యార్థులకు ఎలాంటి లక్ష్యాలు లేనివారు న్నారు. డిగ్రీ చదువుతున్న విద్యార్థుల్లో కూడా ఎలాంటి లక్ష్యాలు లేకపోవటం సోచనీయం. ఇది చాలా బాధాకర మైన విషయంగా సమాజం భావించాలి. గమ్యంలేని సముద్ర ప్రయాణంలా-నేటి విద్యార్థుల విద్యా గమనం ఉంది. ఇలాంటి విద్యార్థులవల్ల సమాజానికి నష్టమే కాని లాభం లేదు. ఇది తల్లిదండ్రుల అజ్ఞానమా? విద్యార్థుల నిర్లక్ష్యమా? లేక ఉపాధ్యాయుల చేతగాని తనమా? అని ఆలోచన చేయాలి. డిగ్రీ చదివిన విద్యార్థులు యూని వర్శిటీ విద్యనభ్యసించె సంకల్పం లేకపోతే పరిశోధనాభి వృద్ధి కుంటుపడుతుంది. పరిశోధనలతోనే కదా ప్రగతి సాధన చేకూరేది. అందువల్ల ప్రతి విద్యార్థికి ఒక లక్ష్యం ఉండేవిధంగా, ఒక స్థిరమైన 'Goal' ని వారి మనస్సులో నాటుకొనే విధంగా, స్కూల్ వయస్సులోనే చెయ్యాల్సిన బాధ్యత గురువులపైన ఉంది.

కార్యసాధన గురించి భర్తృహరి సుభాషితాల్లో అనేక పద్యాలున్నాయి. ఇలాంటి పద్యాల్ని చిన్న వయస్సులోనే విద్యార్థుల మనస్సుల్లో చొప్పించాలి.

"ఒకచో నేలను బవ్వళించు, నొకచో నొప్పారు
బూసెజ్జపై,
నొకచో శాకము లారగించు, నొకచో నుత్కృష్ట
శాల్యోదనం,
బొకచో బొంత ధరించు, నొక్కొకతరిన్ యోగ్యాం
బరశ్రేణి, లె
క్కకు రానీయడు కార్యసాధకుడు దుఃఖంబున్
సుఖంబున్ మదిన్"

భావం :

కార్య సాధకుడు అవసరమైతే కొన్నిసార్లు నేలమీద పడుకుంటాడు. తనకు లభిస్తే పూల పాన్పుమీద శయనిస్తాడు. దొరికితే పంచభక్ష్య పదార్థాలను భుజిస్తాడు, దొరక్కపోతే కందమూలాలతో ఆకలి తీర్చుకుంటాడు. లభిస్తే పట్టువస్త్రాలు ధరిస్తాడు లేకుంటే గోనెపట్టాలు చుత్తుకుంటాడు. కష్టాలైనా సుఖాలైనా లెక్కచేయకుండా ముందుకు సాగుతాడు.

ఒక లక్ష్యాన్ని సాధించాలనుకునే వ్యక్తికి కష్టసుఖాల బేరిజు ఉండదు. తన ఆలోచన, దృష్టి అంతా గమ్యం మీదనే ఉంటుంది. ఏ లక్ష్యం లేకపోయినా ప్రతి మనిషి జీవితంలో కొంతకాలం సుఖాలు, కొంతకాలం కష్టాలు, కొన్నిసార్లు ఆనందం, కొన్నిసార్లు దుఃఖం సహజం.

ఎరుకుల – ఓలి/సుల్ల – కన్యాశుల్కం

– డా॥. గరికపాటి శౌరిబాబు, లెక్చరర్, తెలుగుశాఖ, గవర్నమెంట్ డిగ్రీ కళాశాల, రావులపాలెం, తూర్పుగోదావరి.

సమాజంలో ఎరుకుల వారికి కొన్ని వేల సంవత్సరాల చరిత్ర ఉంది. సాంఘిక జీవన గమనంలో ప్రతి జాతికి వారితో అవసరం ఉంది. ముఖ్యంగా పల్లె జీవితంలో ప్రతి సామాజిక వర్గానికి వారి అవసరాలు ఉన్నాయి. వీరు అల్లే గంపలు, పల్లికలు, జల్లలు, తరాజు శిబ్బెలు, బుట్టలు, తూరుపాత పల్లికలు అన్ని ఎరుకులవారు సమకూర్చవలసిందే. వెంట్రుకలు చిక్కుతీసి అందమైన సవరాలు కట్టి ధనిక స్త్రీలకు అందాన్ని పెంపొందించే క్రమంలో వీరి కృషి అద్భుతమైంది. పురాణ ఇతిహాసాలను పరిశీలిస్తే ధర్మవ్యాధుడు, ఏకలవ్యుడు, వీరికి పురాణ పురుషులుగా కీర్తింపబడ్డారు. ఐతరేయ బ్రాహ్మణంలో శునశ్శేపుని కథ ప్రకారం అంధకులు అనగా సంచార జాతులవారు, పక్షులను, జంతువులను వేటాడి తినే వారుగా చెప్పబడింది. అందులో శబరులు, పుళిందులు గురించిన ప్రస్తావన కూడా వస్తుంది. ఆ పుళింద దేశాన్ని పాలించిన హిరణ్యధన్వుడి కుమారుడే ఏకలవ్వుడుగా భారతంలో చెప్పబడింది.

"వినయమున ద్రోణురూపు మన్నున నమర్చిదాని కతి భక్తితోడ బ్రదక్షిణంబు జేసి మ్రొక్కుచు సంతతాభ్యాసశక్తి, నస్త్ర విద్యా రహస్యంబు లర్థిబడెసె"

(నన్నయ భట్టారకుడు. శ్రీమదాంధ్ర మహాభారతం. ఆదిపర్వం, పంచమాశ్వాసము, 232) (సుబ్రహ్మణ్యం జి.వి. పుట. 512-2000)

వినయంతో ఏకలవ్వుడు ద్రోణుని బొమ్మను మట్టితో చేసి నిలిపి, దానికి భక్తితో నమస్కరించి ప్రదక్షణలు చేస్తూ కఠొరమైన దీక్షతో తానే విలు విద్యా రహస్యాలన్ని నేర్చుకున్నాడు.

"నెమ్మని నీ దక్షిణహ! స్తమ్మున పెనువ్రేలు దునిమి దక్షిణయిమ్మి
ష్టమ్మిది నా కనపుడు వినయమ్మున వాడిచ్చె దాని నా చార్యునకున్."

నా కుడి చేతి బొటన వ్రేలిని కోసి ప్రీతితో నాకు గురు దక్షిణగా ఇమ్ము అది నాకిష్టం. అని ద్రోణుడనగానే ఏకలవ్వుడు వినయంతో దానిని ఆచార్యునికి ఇచ్చాడు. (నన్నయ భట్టారకుడు శ్రీమదాంధ్ర మహాభారతము. ఆదిపర్వము, పంచమాశ్వాసము, 244).

హిరణ్యాధన్వుడనే ఎరుకరాజు కుమారుడే ఏకలవ్వుడు. అతడు నిషాదుడు కావటం చేత ద్రోణుని చేత నిరాకరించబడి కూడా పట్టుదలతో విలువిద్యను నేర్చి అర్జునుని కంటే గొప్పవాడయ్యాడు. రాకుమారులు కుట్రకు బలి అయిన, అతని విద్య అంతా హరించి పోతుందని తెలిసి కూడా ద్రోణునికి తన కుడిచేతి బొటనవ్రేలును గురుదక్షిణగా ఇచ్చి తన గురు భక్తిని, దాన గుణాన్ని చాటుకున్నాడు. అలాంటి మహావీరుని వంశీకులైన ఎరుకులవారు ఆంధ్రదేశం అంతటా వ్యాపించి ఉన్నారు.

నేటి ఆధునిక సాంఘిక జీవన విధానంలో కూడా వారి సామాజిక కట్టుబాట్లు కొనసాగుతూనే ఉన్నాయి. ఎరుకుల వారు వారి యొక్క కుల ఆచారాలు, సంప్రదాయాలు అనేక సందర్భాలల్లో అమలవుతూనే ఉన్నాయి. ఈ జాతిలో ఉన్న కొన్ని కట్టుబాట్లు, మరియే ఇతర జాతుల్లోనూ కనిపించవు. కులంలో ఉన్న అతి ప్రాచీనాచారాలు నేటికీ కొనసాగిస్తున్నారు. వారి పిల్లలు బాగా చదువుకొని సామాజికంగా కొంత మార్పుచెంది, కొన్ని ఆచారాలను వ్యతిరేకించినా కూడా, వారి తల్లి దండ్రులు చదువుకున్న పిల్లల్ని ఒప్పించే సంఘటనలు జరుగుతూనే ఉన్నవి. వారికి చెందిన అనేక ఆచారాల్లో అతి ముఖ్యమైన ఆచారం ఒకటి - "సుల్ల" దీనినే "ఓలి"

Original Article

A Hybrid Genetic Particle Swarm Optimization Algorithm Based Fusion Protein Functionality Prediction

U. Subhashini[1], P. Bhargavi[2], S. Jyothi[3]
[1]Research Scholar, Department of Computer Science
[2]Assistant professor, Department of Computer Science
[3]Professor, Department of Computer Science
Email: pbhargavi18@yahoo.co.in
DOI: 10.47750/pnr.2022.13.S06.149

Abstract

A fusion protein is a protein with at least two domains that are each encoded by a different gene and are combined into a single polypeptide by transcription and translation. For example, chromosomal rearrangement could result in the in vivo production of fusion proteins. One such fusion protein is the one responsible for chronic myelogenous leukaemia, the BCR-ABL protein. Recombinant DNA techniques could be used to create fusion proteins in vitro. By combining genes or portion of genes from similar or dissimilar organisms, fusion genes and proteins may be produced. But, real-time lab experiments for automated fusion protein functionality prediction are expensive and time-consuming. This paper proposes a novel Fusion Protein Functionality Prediction based on a Hybrid Genetic Particle Swarm Optimization (HybGPSO) algorithm to deal with this problem. The cellular component, biological process, and molecular function of an unannotated fusion protein by the GO consortium are the three functionalities predicted by this algorithm. The results of the experiments demonstrate that the proposed HybGPSO algorithm accurately predicts the function of fusion proteins.

1. INTRODUCTION

Fusion or chimeric proteins are proteins formed by combining two or more genes that initially coded for separate proteins [1]. By combining several proteins with the β-galactosidase enzyme in Escherichia coli, a few primary fusion proteins were created [2]. These fusions were initially used to calculate the protein of interest's expression level. Initially, only proteins from genes near the β-galactosidase gene were included in fusions. However, Malcolm Casadaban and colleagues later invented in vivo and in vitro methods that made it possible to fuse practically any protein.

Researchers were first shocked to find that when a protein's carboxy-terminus was fused to the amino terminus of β-galactosidase, both proteins retained activity; some of the fusions were functional [3]. Researchers started to create fusions to other proteins moreover β-galactosidase were more and more fusions to that protein were created and discovered to have activity. They discovered that fusing two domains frequently resulted in a fusion protein that kept the activity of both domains.

Other fusion partners have been added using the same method for making fusion proteins, and the fusion partner has been given new applications. The following are three of the most significant applications of fusion proteins: as tools for cloned gene purification, as reporters of expression level and histochemical tags to permit visualization of protein localization in a cell, tissue, or organism [4].

The concept of protein function is not clearly defined and very context-sensitive. Typically, this idea serves as a catch-all phrase for all types of protein-related activities, whether they are physiological, molecular or cellular. One such classification has various functions a protein might perform is provided by [5]:

1) Molecular function: The biochemical functions that a protein performs like ligand binding, catalyzing biochemical reactions and conformational changes.

B. SRINIVASARAO
DEPARTMENT OF MATHEMATICS PAPER PUBLICATIONS

Sl. No	TITLE OF THE PAPER	Journal Name Volume. No. PP	ISBN/ ISSN N0	Impact Factor/ Citation Index	National/ International
1.	NUMARICAL COMPARISON IN INTERNET TRAFFIC SHRING	INTERNATIONAL JOURNAL OF MULTIDISPLINARY ADVANCED RESEARCH TRENDS VOL -III ISSUE - 2**APRIL 2012** PP 4 TO 11	ISSN:2349-7408	-	International
2.	THE LAGRANGIAN-EULERIAN APPROOACH FOR THE FREE SURFACEFLOW OF VISCOELASTIC FLUIDS	INTERNATIONAL JOURNAL OF MULTIDISPLINARY EMPIRICAL RESEARCH. VOL-III, ISSUE 2(3), **JUNE-2012** PP 26 TO 43	ISSN:2349-9656	-	International
3.	GROUP THEORETICAL METHODS IN MACHINE LEARNING	INTERNATIONAL JOURNAL OF MULTIDISPLINARY ADVANCED EXPERIMENTAL RESEARCH TRENDS VOL -III ISSUE -II(2) **NOV 2012** .PP 12 TO 30	ISSN:2349-9648	-	International
4	SOLUTIONS OF ECOLOGICAL MODELS BY HOMOTOPYPERTURBATION METHOD(HPM)	QUEST JOURNAL OF RESEARCH IN APPLIED MATHEMATICS VOL:2 ISSUE 10 (**2016**) PP 27 TO 41	ISSN 2394-0743	-	International
5	IS ENERGY CONSERVATION SO IMPORTANT	ENERGY&ECOLOGY OCT 2016 ROSHAN PUBLICATIONS PP 42 TO 46 **2016**	ISBN 978-93-86251-20-6	-	National
6	A MATHEMATICAL APPROACH TO STEGNOGRAPHY	IJACTA VOL-4 ISSUE -1, JUNE 2016. PP: 147 TO 151 **2016**	ISSN:2321-4546	-	International