

Munkánk során folyamatosan igyekeztük aktualizálni az NMD-fehérjéket és adataikat tekintettel arra, hogy az általunk használt adatbázisok is rendszeresen frissülnek. Változás történt például a mRNS két végét összekapcsoló állványzati EIF4G1 fehérjével kapcsolatban, amelyet *C. elegans*-ban (Q21531) is sikerült megtalálnunk a UniProt adatbázis segítségével. Rendezetlenségi mértéke 0,583, jószolt rendezetlen szakaszai pedig nagymértékben átfednek a többi vizsgált faj EIF4G1 fehérjéjével.

Hasonlóképpen az eRF1 fehérjét is sikerült megtalálnunk *C. elegans*-ban (O16520) és *S. cerevisiae*-ben (P12385) 0,03, valamint 0,01 rendezetlenségi mértékekkel.

A dolgozatban eRF3 az eRF3B izoformát jelenti ember esetében. Mivel az irodalom és a UniProt egyaránt utaltak egy még gyakoribb izoformára, a B izoformánál rövidebb eRF3A-ra (P15170), ezt is megvizsgáltuk az ismertetett szempontok alapján. Az eRF3A szekvenciálisan majdnem teljesen azonos a B izoformával, de hiányzik belőle a B izoformára jellemző kezdeti két rendezetlen szakasz, így ennek rendezetlenségi értéke 0,20. Emellett sikerült megtalálnunk *D. melanogaster*-ben (0,30), *A. thaliana*-ban (Q8L835), valamint *S. cerevisiae*-ben (0,38) is eRF3-t.

Munkánk során elvégeztük az Anchor predikciókat is a humán NMD-fehérjékre (az ábrákon nem szerepelnek), amelynek során azt kaptuk, hogy ezek nagymértékben átfednek az ismert és jószolt rendezetlen kötőhelyekkel. Az Anchor program kötőhelyet jószolt például UPF3 és SMG6 EJC-kötő régiójára, UPF2 UPF1-et kötő szakaszára, valamint UPF1 SMG5-öt és SMG7-et kötő szakaszainak egy részére is, megerősítve ez által a feltevéseinket, miszerint a rendezetlen szakaszok fontos szerepet játszanak az NMD-fehérjék és komplexek kommunikációjában.

A témában idén cikk is született:

Kalmar L, Acs V, Silhavy D, Tompa P. Long-Range Interactions in Nonsense-Mediated mRNA Decay Are Mediated by Intrinsically Disordered Protein Regions. *J Mol Biol* pii: S0022-2836(12)00722-X (2012).