

Az utóbbi években egyre intenzívebb kutatás folyik, hogy megértsék a fehérjék közt kialakuló kapcsolatokat, ezek közül is a szabályozási hálózatokban gyakran előforduló, peptid-domén kölcsönhatásokat. A munkám során egy olyan számítógépes algoritmus kifejlesztését kíséreltem meg, amely térszerkezeti adatokon megfigyelt párkölcsönhatási gyakoriságokat felhasználva próbálja megjósolni, hogy ismert térszerkezetű domének milyen peptidekkel képesek kölcsönhatást kialakítani. Az eredményeim ezen kívül segíthetnek majd abban, hogy jobban megérthessük a peptid-domén kölcsönhatásokat hajtó és stabilizáló erőket.

Understanding the organization of protein interaction networks is a key aspect modern molecular biology. Protein-peptide interactions are especially important in a number of regulatory processes, but our knowledge about the specificity of these is limited. My aim was to use available structural data to create a computational tool that can predict whether a protein domain with known structure is capable of binding a peptide with specified sequence. I hope that my results can lead to deeper understanding of the driving and stabilizing forces of the peptide-domain interactions.