

OBAVIJEST O JAVNOJ OBRANI TEME DOKTORSKOG RADA

Obrana teme doktorskog rada studenta Poslijediplomskog sveučilišnog studija „Biofizika“

JADRANKA BATISTE

održat će se u utorak, **2. svibnja 2017.** u **15.30 sati** na Prirodoslovno-matematičkom fakultetu Sveučilišta u Splitu, u amfiteatru **A-1-1**, pred članovima Povjerenstva:

prof. dr. sc. Mile Dželalija, predsjednik

prof. dr. sc. Paško Županović, član

dr. sc. Sanja Tomić, član

dr. sc. Igor Weber, zamjenski član

Naslov i sažetak:

„Izbor reprezentativnog skupa membranskih proteina poznate strukture: razvoj poboljšanih algoritama uporabom koncepta slučajnog modela“

(„Selection of representative set of membrane proteins of known structure: development of improved algorithms using the random model concept“)

Sažetak:

Membranski su proteini važna skupina proteina koja svoju funkciju obavlja u interakciji sa staničnom membranom. Eksperimentalno je bitno teže riješiti strukturu membranskog nego topljivog proteina, stoga su se nastojale što više razviti računalne metode za modeliranje ili predviđanje strukture membranskih proteina. U tom je razvoju najveći napredak ostvaren za najveću podskupinu integralnih membranskih proteina alfa vrste koji su uronjeni u membranu dijelovima sekvence (transmembranskim segmentima) koji imaju sekundarnu strukturu alfa. U razvoju novih pouzdanih metoda za predviđanje strukture proteina nastoji se krenuti od što je moguće većega reprezentativnoga skupa proteina koji su međusobno što je moguće manje slični (obično manje od 30%). Kod membranskih proteina ti su skupovi bitno manji od skupova topljivih proteina i sadrže najviše 150 proteinskih lanaca.

U proučavanju načina rada postojećih algoritama za izbor reprezentativnih skupova proteina uočene su mogućnosti za izradu poboljšanih algoritama za membranske proteine, uvođenjem informacije o specifičnostima same strukture membranskih proteina. Uočili smo da je analiza točnosti koja se može dobiti sa slučajnim modelom za svaki membranski protein novi kriterij koji omogućuje dobivanje većeg broja kvalitetnijih struktura membranskih proteina u reprezentativnome skupu.

U disertaciji su postavljeni sljedeći ciljevi istraživanja:

- a) provesti analizu nedostataka postojećih algoritama za izbor reprezentativnoga skupa membranskih proteina,
- b) definirati kriterij kvalitete sekvence u pogledu sadržaja korisne informacije analizom najvjerojatnije točnosti slučajnoga modela, te uzimanjem u obzir broja transmembranskih segmenata i duljine proteinske sekvence,
- c) na temelju spomenutih analiza razviti poboljšane verzije algoritama koji se najčešće rabe u ovom području,
- d) razviti originalne algoritme kojima će se dobivati kvalitetniji (informativniji) skupovi membranskih proteina, koji će dati više kvalitetnijih struktura proteina za potrebe razvoja i poboljšanja metoda za modeliranje i predviđanje strukture membranskih proteina.

U predavanju bit će izložen plan istraživanja i metode koje će se rabiti u provedbi planiranih istraživanja, te dan prikaz očekivanih rezultata.