บทคัดย่อ

การฟอร์มตัวของพันธะไดซัลไฟด์ระหว่างซิสเทอินมีบทบาทความสำคัญในการม้วนตัวของโปรตีน, โครงสร้าง, หน้าที่, และวิวัฒนาการ รวมถึงมีความสำคัญกับการช่วยหาแก้ปัญหาการม้วนตัวของโปรตีน การที่พันธะไดซัลไฟด์มีความห่างกันของตำแหน่งของการเกิดพันธะส่งผลให้โปรตีนตัวนั้นมีความแข็งแรงของโครงสร้าง โดยกรณีที่เมื่อซิสเทอิน 2 ตัวมีการเชื่อมกันด้วยพันธะไดซัลไฟด์ระหว่าง 2โปรตีนส่งผลทำให้มีความซับซ้อนทางด้านโครงสร้างและหน้าที่ สำหรับปัญหาของการทำนายการม้วนตัวของโปรตีน หรือการระบุตำแหน่งของการเกิดพันธะไดซัลไฟด์มีผลทำให้การหาโครงสร้างที่เสถียรได้รวดเร็วขึ้น สำหรับการทดลองเพื่อที่จะหาตำแหน่งของพันธะไดซัลไฟด์นั้นต้องใช้สารเคมีที่มีราคาแพง รวมทั้งขั้นตอนอีกมาก ดังนั้นเป้าหมายของการวิจัยในครั้งนี้ต้องการที่จะพัฒนาวิธีการที่จะทำนายการเกิดไดซัลไฟด์โดยใช้ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล ร่วมกับโครงสร้างอันดับสองและสมบัติการชอบน้ำของโปรตีน

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Abstract

The formation of disulfide bonding between cysteines plays a major role in protein folding, structure, function, and evolution. It conveys important information about the protein conformation and that helps toward the solution of the folding problem. When the disulfide bond occurs at the distance portion of the protein chain (intra-chain disulfide bond), the protein will have strong structure. For two cysteines form disulfide bond from different proteins (inter-chain disulfide bond), from this form lead to enable more complicated protein structures and function. In protein folding prediction, the localization of disulfide bonds cans greatly reduce the search in conformational space. Experimentally, the determination of bonding states of cysteines involves use of costly biomarker and thiol reagent incombination with many techniques which are time consuming lab procedures and use costly biograde chemicals as well as expensive equipment. Therefore, these research objectives are to improve the prediction of disulfide bond formation from protein sequences. Hidden Markov Models (HMMs) will be used to solve this problem based on secondary structure and relative solvent accessibilities.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved