

**CoPreTHi : ENA ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΓΙΑ ΤΟΝ
ΣΥΝΔΥΑΣΜΟ ΤΩΝ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΩΝ ΜΕΘΟΔΩΝ
ΠΡΟΒΛΕΨΗΣ ΔΙΑΜΕΜΒΡΑΝΙΚΩΝ ΤΜΗΜΑΤΩΝ
ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΕΛΕΥΘΕΡΑ ΔΙΑΘΕΣΙΜΟ ΣΤΟ
ΔΙΑΔΙΚΤΥΟ**

**Προμπονάς, Β. Ι., Γ.Α. Παλαιός, C.M. Pasquier,
Ι.Σ. Χαμόδρακας και Σ.Ι. Χαμόδρακας
Τμήμα Βιολογίας, Τομέας Βιολογίας Κυττάρου και Βιοφυσικής,
Πανεπιστήμιο Αθηνών, Αθήνα 157 01**

Μέχρι σήμερα, έχουν αναπτυχθεί διάφορες μέθοδοι για την πρόβλεψη της ύπαρξης και της τοπολογίας διαμεμβρανικών τμημάτων σε πρωτεϊνικές ακολουθίες. Το CoPreTHi χρησιμοποιεί τα αποτελέσματα μερικών δημοφιλών μεθόδων (DAS, ISREC, PHD, SOSUI, TmPred, TopPred II), που είναι ελεύθερα προσβάσιμες μέσω του Διαδικτύου, συνδυάζοντάς τα σε ένα συνδυασμένο ιστόγραμμα για κάθε πρωτεΐνη. Παράλληλα υπολογίζεται ένας δείκτης αξιοπιστίας (Q) κατά Chou και Fasman καθώς και ο συντελεστής συσχέτισης κατά Mathews (C) για κάθε μέθοδο ξεχωριστά. Τα αποτελέσματα είναι δυνατόν να παρουσιαστούν υπό μορφή κειμένου ή γραφικών. Το CoPreTHi αποτελείται από δύο υποπρογράμματα από τα οποία το πρώτο δημιουργεί την φόρμα εισόδου των δεδομένων (αποτελέσματα μεθόδων πρόβλεψης) και εκτελεί τους υπολογισμούς, ενώ το δεύτερο δημιουργεί την γραφική παράσταση. Και τα δύο υποπρογράμματα είναι γραμμένα στη γλώσσα προγραμματισμού Java, ώστε να δημιουργείται μια διασύνδεση (interface) φιλική στον χρήστη. Με το πρόγραμμα αυτό, ελέγξαμε τα αποτελέσματα των προαναφερθέντων μεθόδων σε γνωστές ακολουθίες διαμεμβρανικών πρωτεϊνών, κατατεθειμένων στη SwissProt, διαπιστώνοντας σημαντικές διαφορές στις προβλέψεις, ακόμη και για χαρακτηριστικά παραδείγματα, όπως η Βακτηριοροδοψίνη. Είναι διαθέσιμο για ελεύθερη χρήση στο Διαδίκτυο στην διεύθυνση:

<http://o2.db.uoa.gr/~vasilis/Main.html>

CoPreTHi: A PROGRAM TO COMBINE THE RESULTS OF TRANSMEMBRANE PROTEIN SEGMENT PREDICTION METHODS, FREELY AVAILABLE THROUGH THE INTERNET

**Promponas, V.J., G.A. Palaios, C.M. Pasquier,
J.S. Hamodrakas and S. J. Hamodrakas**

**Department of Biology, Division of Cell Biology and Biophysics,
University of Athens, Athens 157 01, Greece**

Different methods have been developed for the prediction and topology of transmembrane segments in protein sequences. CoPreTHi uses the results of the most popular prediction methods (DAS, ISREC, PHD, SOSUI, TmPred, TopPred II) that are freely available through the Internet, combining them into a joint histogram for each protein. A Chou and Fasman reliability index (Q) and a Mathews correlation coefficient (C) are calculated for each method separately. The results may be presented in plain text or in graphics mode. CoPreTHi consists of two subprograms: the first creates the input form for the data (results of individual prediction methods) and performs the calculations, whereas the second draws a graphical representation. Both subprograms are written in Java, so that the interface is user friendly. Using this program, we compared the results of the methods mentioned above, in known sequences of transmembrane proteins, deposited in SwissProt. Significant differences were found between the prediction methods, even in characteristic examples, such as Bacterial Rhodopsin. It is freely available for use through the Internet at the address:
<http://o2.db.uoa.gr/~vasilis/Main.html>