

## 7. Összefoglalás

Diplomamunkám során olyan eszközöket hoztam létre melyek megkönnyítik a molekuláris hálózatok építését. Az általunk tervezett *MiTab SQL* formátum megkönnyíti a molekuláris hálózat adatok tárolását, átalakítását és elemzését. Létrehoztam a *PsimiSQL Python* osztályt, melynek segítségével számos különböző formátumú adat gyorsan átalakítható *MiTab SQL* formátumra. A kutatócsoportunk létrehozott egy olyan protokollt, mely hatékony módszert biztosít molekuláris hálózatok létrehozására. A protokoll segítségével hatékonyan fel tudtam építeni az ember-*Salmonella* adatbázist.

A *TopologyAnalyser* egy szintén általam készített *Python* osztály mely segítségével él-lista fájlok elemezhetők. Az osztály képes a beadott hálózat TI értékeinek kiszámítására. Ilyen él-listák bármilyen hálózatból könnyen készíthetők.

Az elért célok:

- Sikerült olyan adatszerkezeteket és keretrendszert fejlesztenem mely képes molekuláris hálózatok feldolgozására
- Sikerült az *ARN* a *Salmonet* és a predikciók alapján gazda-patogén hálózatot készítenem
- Sikerült olyan programot fejlesztenem és tesztelnem, mely képes a TI kiszámolására, és jellemzésére.

A TI-t én alkalmaztam először gazda patogén molekuláris hálózaton. A TI alkalmazásnak bizonyult Bár a TI egy ökológiai mérőszám, de mégis használhatónak bizonyult a gazda-patogén hálózat központ fehérjéinek kijelölésében. Az ilyen típusú topológiai mérőszámokat csak ritkán alkalmazzák molekuláris hálózatokra. A diplomamunkám bebizonyította, hogy biológiailag releváns eredmények érhetőek el az ilyen mérőszámok alkalmazásával.

Az integrált adatbázisban az ember-*Salmonella* predikciók és a TI kiemelt egy az slpA-t egy olyan fehérjét aminek a *Salmonella* virulenciájában játszott szerepe még nincsen leírva.

Az általam készített adatszerkezetek és szkriptek segítségével meghatározott TI alapján a *Salmonella* és belsejtek közti kapcsolatokat vizsgáló kísérletek már folyamatban vannak.