

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Факультет прикладной математики и информатики

Кафедра технологий программирования

Аннотация к дипломной работе

«Предсказание белок-белковых взаимодействий»

Скидан Ольга Николаевна

Научный руководитель – ассистент кафедры БМИ Хадарович А. Ю.

Минск, 2018

Реферат

Дипломная работа, 44 страницы, 7 рисунков, 4 таблицы, 9 источников.

БЕЛОК, БЕЛОК-БЕЛКОВОЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ, АМИНОКИСЛОТА, АМИНОКИСЛОТНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ, НЕЙРОННАЯ СЕТЬ, МАШИННОЕ ОБУЧЕНИЕ, ПРЕДСКАЗАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ.

Объект исследования – предсказание белок-белковых взаимодействий, основанное на вычислительных методах.

Цель работы – разработать алгоритм с высокой точностью предсказания белок-белкового взаимодействия.

В ходе работы была изучена предметная область, рассмотрены существующие подходы для предсказания белок-белковых взаимодействий, разработан метод на основе различных свойств белка, приведены результаты имплементации алгоритма.

Результатом работы является разработанный алгоритм предсказания белок-белковых взаимодействий на основе нейронной сети, где в качестве входных данных взяты извлеченные свойства из аминокислотной последовательности, производительность алгоритма была сравнена со статистическими методами машинного обучения.

Областями применения являются биология, биохимия и медицина.

Abstract

Diploma thesis, 44 pages, 7 figures, 4 tables, 9 sources.

PROTEIN, PROTEIN-PROTEIN INTERACTION, AMINO ACID, AMINO ACID SEQUENCE, NEURONAL NETWORK, MACHINE LEARNING, PREDICTION OF INTERACTION.

Object of research – the prediction of protein-protein interactions, based on computational methods.

Purpose - to develop an algorithm with a high accuracy of prediction of protein-protein interaction.

In the course of the work, the subject area was studied, existing approaches for predicting protein-protein interactions were considered, a method based on various properties of the protein was developed, and the results of algorithm implementation were presented.

The result is the algorithm for predicting protein-protein interactions based on a neural network, where the extracted properties from the amino acid sequence are taken as input data, the performance of the algorithm was compared with statistical methods of machine learning.

Areas of application are biology, biochemistry and medicine.