

Rapidní vývoj celogenomových sekvenčních metod a jejich snižující se cena zapříčinila existenci velkého množství osekvenovaných genomů. Vývoj spolehlivých in-silico metod pro anotaci rychle rostoucího počtu osekvenovaných genomů představuje výzvu pro moderní biologii. V práci představujeme způsob predikce funkce proteinů, založený na aplikaci teorie grafů v protein-protein interakčních sítích a identifikujeme jeho silné a slabé stránky. Tento přístup poté ilustrujeme na vybraných algoritmech založených na různých myšlenkách. Představené algoritmy porovnáváme a vyhodnocujeme jejich spolehlivost.