

Znalost struktury, kterou proteiny zaujímají v prostoru, je klíčovým faktorem při studiu jejich funkce. Experimentální zjištění struktury je ale nákladné a časově náročné, proto jsou velmi populární predikční modely struktury. Nejvýraznějším podproblémem predikce struktury proteinů je predikce lokálního uspořádání sousedících aminokyselin určeného vodíkovými vazbami, tzv. sekundární struktury proteinů. Tato práce se zaměřuje na využití hlubokých neuronových sítí v predikci sekundární struktury. Na implementovaném predikčním modelu jsou v rámci této práce testovány různé modifikace sítě, především je pak provedeno srovnání LSTM a GRU paměťových buněk. Dále jsou zkoumány nové metody předzpracování proteinů, a to zrychlení klasické metody výpočtu PSSM a zahrnutí predikce terciární struktury mezi vstupy predikčního modelu. V poslední části práce je ověřována použitelnost vyhlazovacích metod pro modely predikující složitější osmistavové rozdělení sekundárních struktur.