

Abstrakt:

Interakcie DNA a proteínov sú dôležitou súčasťou bunky a bunčného cyklu. Aby sme mohli predikovať ich interakcie mali by sme poznať štruktúru DNA a proteínov. Pre predikciu interakcií sme zvolili strojové učenie, ktoré má adekvátne výsledky v oblasti biologickej predikcie. V tejto práci používame a upravujeme P2Rank pre predikciu DNA väzobných miest na povrchu proteínu. P2rank bol pôvodne navrhnutý pre predikciu väzobných miest ligandov. Rovnako sme pripravili popis existujúcich metód pre predikciu DNA väzobných miest. Návrhy nových vlastností pre predikciu väzobných miest je súčasťou popisu P2Rank.