

Примена метода истраживања података на употребу кодона ради класификације протеинских секвенци и одређивања међусобне сличности вируса

кандидат: Биљана Стојановић

Резиме:

Одређивање склоности појединачних (група) организама (или њихових вируса) као и функционалних карактеристика протеина унутар организма према употреби кодона представља проблем који још увек није решен. Појам употребе кодона (енг. Codon Usage) се односи на склоност према одређеним синонимним кодонима аминокиселина унутар гена који кодирају протеине, скупа таквих гена у организмима, или врстама. Развијене су бројне биоинформатичке методе (мере) за анализу употребе кодона.

Основни циљ предложене теме је утврђивање утицаја (промене) коришћења кодона на класификацију протеинских (аминокиселинских) ниски, или делова ниски, на модел-систему појединачних вируса и/или група вируса, као и склоности вируса или њихових компоненти (гена) ка одређеним кодонима. Испитиваће се и постојање мутација у сличним протеинима вируса и утицај тих мутација на евентуалну промену (функционалних) карактеристика протеина или самих вируса.

У раду ће бити анализирано више фамилија вируса са посебним освртом на фамилију коронавируса. Анализираће се постојеће методе за карактеризацију употребе кодона. Основне научне методе које ће бити коришћене у истраживању засноване су на моделима и алгоритмима у области истраживања података (одређивања правила придруживања, класификације, кластеровања, истраживања образаца). Добијени рачунарски модели би требало да допринесу бољем разумевању карактеристика вируса, предвиђању сродних региона у вирусима, као и бољем разумевању утицаја мутација на нуклеотидном нивоу на промену карактеристика самог вируса.