Protein structure prediction using deep learning

|  |  |
| --- | --- |
| **Name** | Sergej Lamert |
| **Studiengang** | Angewandte Informatik |
| **Fachsemester** | 7 |
| **Matrikelnummer** | 00727245 |
| **Kurs** | Wissenschaftliches Arbeiten 2 |
| **Semester** | WS 2020/2021 |
| **Kursleiterin** | Prof. Dr. Christina Bauer |

**Zusammenfassung**

Das Problem der Proteinfaltung ist mittlerweile mehr als 5 Jahrzehnte alt. Das Problem beinhaltet die Fragen, wie die Aminosäuresequenz eines Proteins seine dreidimensionale Struktur vorgibt und wie ein Algorithmus auf die 3D-Struktur schließen kann[1]. Solche Algorithmen werden beim CASP “Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction”getestet.

Die momentan präzisesten Algorithmen wurden von der Firma DeepMind unter dem Namen „AlphaFold“ entwickelt.

**Abstract**

**Literaturverzeichnis**

(University of California 2020)

Literaturverzeichnis

Andrew W. Senior; Richard Evans; John Jumper; James Kirkpatrick; Laurent Sifre; Tim Green et al. (2020): Improved protein structure prediction using potentials from deep learning. In: *Nature* 577 (7792), S. 706–710. DOI: 10.1038/s41586-019-1923-7.

Dill, Ken A.; MacCallum, Justin L. (2012): The protein-folding problem, 50 years on. In: *Science (New York, N.Y.)* 338 (6110), S. 1042–1046. DOI: 10.1126/science.1219021.

Moult, J.; Pedersen, J. T.; Judson, R.; Fidelis, K. (1995): A large-scale experiment to assess protein structure prediction methods (23). Online verfügbar unter https://zenodo.org/record/1229334.

University of California (2020): TS Analysis: Group performance based on combined z-scores. Online verfügbar unter https://www.predictioncenter.org/casp14/zscores\_final.cgi, zuletzt geprüft am 24.12.2020.

(Andrew W. Senior et al. 2020)

(Dill und MacCallum 2012)

(Moult et al. 1995)