

第三组：

项目名称：蛋白相互作用网络及其功能注释数据库

项目成员：龙伟淼、魏嘉璐、程子健、梅天秀

目标

基于不同物种的蛋白相互作用的数据库，建立相互作用网络，及GOI网络，实现蛋白相互作用及其功能的查询及预测，制作集成软件，方便用户的使用体验。

预计完成内容

- 提供基于蛋白质名称、序列等几种查询，输出蛋白相互作用表以及功能
- 查询某个物种中的所有蛋白-蛋白相互作用及相关功能并提供下载
- 基于机器学习，提供未知蛋白的功能预测
- 基于进化信息，推断可能的蛋白质功能

预计分工

魏嘉璐：机器学习

龙伟淼：机器学习

梅天秀：前端

程子健：数据库搭建

数据库设计

1. Protein表：物种ID、蛋白ID、蛋白名称、蛋白的序列、二级结构、三级结构
2. PPI表：物种ID、蛋白ID、互作蛋白ID、（互作类型）
3. GO表：蛋白ID、生物学过程（BP）、细胞定位（CC）、分子功能（MF）
4. GOI表：GOID1、GOID2、（互作类型）
5. Organism表：物种ID、物种名称

对拟采用的前后端和数据库技术进行详细阐述

数据库技术：mysql、Django（web应用框架）

前端： javascript, html5, css3

后端: python（pytorch、tensorflow）、Matlab、Linux