Саме тому в цій роботі буде розглянуто задачу, метою якої є знаходженні двох оптимальних антитіл до будь-якого вірусу (для прикладу взято SARS-CoV-2) та можливий спосіб її вирішення за допомогою алгоритмів кластеризації.

Епідемія Covid-19 показала що людству все ще достатньо тяжко контролювати та боротися з гострими респіраторними вірусними інфекціями. Згідно з даними ВООЗ майже 613 мільйонів людей у всьому світі перехворіли на COVID-19 та понад 6.5 мільйонів людей померли через хворобу [1]. Але всі ми знаємо що це не перша і мабуть не остання така епідемія.

Тому важливою задачею, що може допомогти в майбутньому є створення тестів для швидко виявлення захворювання, розробка вакцин, а також тестів на кількість наявних антитіл до того чи іншого вірусу. Зрозуміло що швидке виявлення захворювання дозволяє ізолювання розповсюдження вірусу та ефективніше лікувати пацієнта, а вакцинація покращує протидію імунітету до того чи іншого вірусу, а також зменшує імовірність негативних (в тому числі летальних) наслідків.

У вік комп'ютерів, коли потужна обчислювальна техніка є невід'ємною частиною життя будь-якої людини, важливим є розробка та застосування різного роду моделей та алгоритмів, в тому числі алгоритмів машинного навчання, для вирішення проблем у галузі біології, хімії та медицини, а саме зменшення кількості експериментів та рутинної роботи науковців у лабораторіях у цілому світі.

Мета цієї роботи розглянути задачу знаходження двох оптимальних антитіл до будь-якого вірусу (для прикладу взято вірус SARS-CoV-2) та запропонувати спосіб її вирішення за допомогою алгоритмів машинного навчання, а точніше алгоритми кластеризації.