

ملخص :

التنبؤ بالبنية الثانوية للبروتين مرحلة هامة في الطريق نحو معرفة البنية ثلاثية الأبعاد للبروتين ووظيفته. وفي حين ان التقنيات التجريبية التي تقوم بالتنبؤ بالبنية الثانوية للبروتين (الأشعة السينية، الرنين المغناطيسي النووي) أصبحت مكلفة جدا وبطيئة جدا في كثير من الأحيان النتائج مشكوك فيها مع حجم المعلومات التي لا تزال تنمو. أصبح من المنطقي التوجه لاستخدام أساليب التعلم الآلي. هاذ العمل هو عبارة نهج قائم على التعلم الآلي عن طريق الشبكات العصبية متعددة الطبقات للتنبؤ بالبنية الثانوية للبروتين انطلاقا من تسلسل الاحماض الأمينية ، وقمنا في هاذ العمل بمحاولة تطبيق وتكيف الشبكات العصبية لغرض الوصول لنسبة تنبؤ مقبولة .

الكلمات المفتاحية: التنبؤ بالبنية الثانوية ، البروتين ، التعلم الآلي ، الأحماض الأمينية، الشبكات العصبية.

Résumé :

La prédiction des structures secondaire des protéines est une étape importante sur le chemin pour définir sa structure tridimensionnelle et sa fonction. Tandis que les techniques expérimentales qui jouent le rôle de prédire la structure secondaire (diffraction des rayons X, Résonance Magnétique Nucléaire) sont devenues très coûteuses et trop lentes aux résultats souvent douteux avec un volume d'information qui ne cesse de croître. Devenir une approche logique le recours vers les méthodes d'apprentissage automatique. Ce travail est une approche fondée sur l'apprentissage automatique à travers les réseaux neuronaux multicouches pour prédire des structures secondaire des protéines à partir de la séquence des acides aminés, et nous avons essayé dans ce travail d'implémenter et adapter les réseaux de neurones afin d'atteindre un pourcentage de prédiction assez acceptable.

Mots clés : Prédiction des structures secondaire, protéines, apprentissage automatique, acide aminées, les réseaux de neurones.

Abstract:

The prediction of secondary structure of proteins is an important step to define its tridimensional structure and its function. While the experimental technics that do the prediction of secondary structure of the protein (diffraction of X-ray, Nuclear magnetic) became very expensive and extremely slow, often the results are very dubious with the huge quantity of information that are still growing. It became very logical to take the attention to the automatic learning approaches. This work is an approach based on the automatic learning through the multi-layer neural network in order to predict the secondary structures of proteins starting from the sequence of amino acids, we have tried to implement and to adapt the neural network for obtaining good percentage of result.

Key Words: Secondary structure prediction, Protein, the automatic learning, amino acids, neural network.