

В их исследовании, опубликованном в *npj Systems Biology and Applications*, ученые выявили новые потенциальные цели для вакцины, оценив их важность на основе таких факторов, как необходимость гена и активность белков в жизненном цикле паразита. Эти результаты предлагают гибкий фреймворк для дальнейших исследований вакцин и могут быть применены не только к малярии, но и к другим заболеваниям.

Ученые анализировали тысячи белков паразита, рассматривая 272 различных фактора для каждого из них, и использовали технику машинного обучения для сортировки данных. Этот подход позволяет системе учиться на основе существующих данных об эффективных мишенях для вакцины.