

عنوان مقاله:

شناسایی ژن های ضروری انسان با استفاده از شبکه میانکنش پروتئین-پروتئین

محل انتشار:

اولین کنفرانس ملی هوش مصنوعی و مهندسی نرم افزار (سال: 1402)

تعداد صفحات اصل مقاله: 7

نویسندگان:

سروش مهرپو - School of Electrical and Computer Engineering, Shiraz University, Shiraz, Iran

اقبال منصوری - School of Electrical and Computer Engineering, Shiraz University, Shiraz, Iran

خلاصه مقاله:

پروتئین های ضروری گروهی از پروتئین ها هستند که برای بقا و رشد سلول ها ضروری هستند. پیش بینی و تجزیه و تحلیل پروتئین های ضروری برای کشف مکانیسم های سلولی بسیار مهم است. با کمک علوم کامپیوتر و فناوری های با توان بالا، پیش بینی پروتئین های ضروری توسط شبکه های میانکنش پروتئین-پروتئین (PPI) نسبت به روش های آزمایشگاهی که معمولا هزینه و زمان زیادی می خواهند، کارآمدتر شده است. مطالعات قبلی نشان داده اند که ماهیت ژن ها ارتباط نزدیکی با خواص آنها در شبکه PPI دارد. در این کار، ما یک روش نظارت شده برای پیش بینی پروتئین های ضروری انسان با استفاده از جزئیات همسایگی پروتئین ها در شبکه PPI پیشنهاد می کنیم. رویکرد ما پیاده سازی یک گام تصادفی در شبکه پیاده سازی می باشد، تا اطلاعات مربوط به همسایگی گره در شبکه را در سطح های بالاتر، بدست آورد. سپس، از سه معیار مختلف برای هر گره استفاده می کنیم تا یک بردار ویژگی از توالی بدست آمده برای هر گره آغازین، به دست آوریم که ساختار شبکه و ویژگی های گره ها را در شبکه، دارد. در نهایت، بردار ویژگی ها در طبقه بند های مختلف برای پیش بینی پروتئین های ضروری انسان قرار می گیرند. نتایج پیش بینی روی دو شبکه PPI انسانی نشان می دهد که روش ما نسبت به آن هایی که فقط به ویژگی های مرکزی پروتئین های سطح اول همسایگی در شبکه اشاره می کنند، عملکرد بهتری دارد.

کلمات کلیدی:

ژن های ضروری، گام تصادفی، شبکه میانکنش پروتئین-پروتئین

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1912883>

