

## عنوان مقاله:

بهبود تخمین اثر بیولوژیکی ملکول های مهارکننده پروتئین کیناز، با استفاده از شبکه عصبی و مینیمم خطای جزئی

## محل انتشار:

مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی، دوره 7، شماره 1 (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

## نویسندگان:

رویا آرین - M.Sc. in Bioelectronics, Bioelectronics Dept., School of Advanced Technologies in Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

علیرضا مهری دهنوی - Ph.D. in Bioelectronics, Professor, Bioelectronics Dept., School of Advanced Technologies in Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

فهیمة قاسمی - Ph.D. in Bioelectronics, Assistant Professor, Bioinformatics Dept., School of Advanced Technologies in Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

## خلاصه مقاله:

مقدمه: پروتئین کیناز عامل ایجاد بسیاری از بیماری ها از جمله سرطان است؛ بنابراین مهار آن ها در درمان بسیاری از بیماری ها نقش بسزایی ایفا می کند. کشف داروهای جدید با روش های آزمایشگاهی، از جمله موضوعات هزینه بردار و زمان بر می باشد؛ یافتن مدل های محاسباتی قابل اطمینان برای شناسایی مهار کننده ها می تواند هزینه ها را به حداقل برساند. هدف از این مطالعه به کارگیری روش شبکه عصبی جهت طبقه بندی ترکیبات در دو گروه فعال و غیر فعال و مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی به منظور تخمین میزان اثر بیولوژیکی آن ها است. روش: در این پژوهش، پس از استخراج توصیفگرها از داده ها، به منظور جلوگیری از بیش برآزش مدل ها، کاهش ابعاد داده از طریق الگوریتم ژنتیک صورت پذیرفت. همچنین جهت طبقه بندی داده ها در کلاس فعال و غیر فعال از مدل شبکه عصبی و جهت تخمین مقادیر اثر بیولوژیکی ریزملکول ها از مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی استفاده شد. نتایج: نتایج نشان داد بعد از کاهش بعد توصیفگرهای ملکولی، صحت مدل شبکه عصبی از ۷۴/۴۵٪ به ۸۶/۷٪ تغییر یافت. این مدل در تعداد گره های لایه پنهان برابر با ۶، صحت ۸۶/۷٪، حساسیت ۸۳/۴٪، اختصاصی بودن ۸۹/۶٪ و ضریب همبستگی متیو ۷۳/۲٪ را ارائه می دهد. مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی نیز با میزان همبستگی متوسط ۸۵/۸٪ مقادیر بیولوژیکی را تخمین می زند. نتیجه گیری: مدل طبقه بندی شبکه عصبی و مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی تا میزان قابل قبولی می توانند مهارکننده های پروتئین کیناز را پیش بینی کنند و الگوریتم کاهش بعد ژنتیک عملکرد این مدل ها را بهبود می بخشد.

## کلمات کلیدی:

Protein kinase, Classification, Neural network, Regression, partial least square, پروتئین کیناز، طبقه بندی، شبکه

عصبی، رگرسیون، مینیمم خطای جزئی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/2036489>

