

عنوان مقاله:

پیش بینی برهمکنش های پروتئین-پروتئین با استفاده از روش PPHGS-SVM

محل انتشار:

یازدهمین کنفرانس سراسری سیستم های هوشمند (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

سعیده محمودیان - دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه تربیت مدرس

عبدالعزیز یوسف - دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه تربیت مدرس

نصراالله مقدم چرکری - دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه تربیت مدرس

خلاصه مقاله:

پروتئین ها ماکرومولکول هایی هستند که در اکثر فرایندهای درون سلول نقش دارند. از قبیل انتقال، تنظیم هورمونی، سوخت و ساز بدن، تنفس و کنترل ژن ها. از طرفی اطلاعات برهم کنش های پروتئین-پروتئین که توسط فناوری های آزمایشگاهی با توان عملیاتی بالا استخراج می شوند اغلب ناکامل و نوبیزی می باشند. بنابراین گسترش روش های محاسباتی و داشتن مجموعه داده های برهم کنش با کیفیت بالا، برای پیش بینی برهم کنش های پروتئین-پروتئین ضروری است. هدف از این مقاله ارائه روشی برای بالابردن دقت پیش بینی برهمکنش ها می باشد. به منظور رسیدن به این هدف، روش PPHGS-SVM را پیشنهاد داده ایم که بر روی یک مجموعه داده تجمیعی اعمال شده است. بنابراین در این مقاله، از روش PCA برای کاهش ابعاد مجموعه داده استفاده کرده ایم تا با استخراج ویژگی های مهم آن، هم زمان پردازش را کم کنیم و هم دقت پیش بینی را افزایش دهیم. همچنین از روش PHGS به منظور انتخاب مناسب پارامتر ها برای دسته بندی SVM بهره برده ایم و توانستیم دقت پیش بینی برهمکنش های پروتئین-پروتئین را از 5.17% به 57.15% بهبود دهیم. نتایج به دست آمده نشان می دهد که روش ارائه شده نسبت به روش های قبلی کارایی بهتری دارد

کلمات کلیدی:

برهمکنش های پروتئین-پروتئین، دسته بندی، کاهش ابعاد، ماشین بردار پشتیبان، مجموعه داده تجمیعی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/214797>

