

## عنوان مقاله:

پیشبینی عمق آمینواسیدها در توالی پروتیین با رویکرد یادگیری ماشین

## محل انتشار:

چهارمین کنفرانس بین المللی پژوهش های کاربردی در مهندسی کامپیوتر و پردازش سیگنال (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

## نویسندگان:

مهدی وثیقی - استاد، دانشکده علوم کامپیوتر و فناوری اطلاعات دانشگاه تحصیلات تکمیلی علوم پایه زنجان

محمدعباس شبیهی - دانشجو، دانشکده علوم کامپیوتر و فناوری اطلاعات دانشگاه تحصیلات تکمیلی علوم پایه زنجان

## خلاصه مقاله:

عمق آمینواسید پارامتری است که به طور غیر مستقیم میزان قرار گرفتن یک آمینواسید در معرض حلال را نشان میدهد و اطلاعات به دست آمده همبستگی بالایی را با اطلاعات مربوط به سطح دسترسی قسمتهای مختلف مولکول دارا میباشد. این اطلاعات بیانگر محل قرارگیری آمینواسید در فضای ساختاری پروتیین میباشد. پیشبینی عمق آمینواسیدها با دقت بالا اهمیت و کاربردهای فراوانی در شاخه بیوانفورماتیک ساختاری دارد. در این پژوهش روشی موثر با استفاده از ماشینبردار پشتیبان، جهت تعیین رابطه بین توالی و عمق آمینواسیدها معرفی شده است. در روش پیشنهادی از هشت نوع متفاوت ویژگی که از روشهای متفاوت کد کردن به دست میآیند جهت نمایش توالی پروتیین به صورت سیگنال عددی استفاده میگردد. همچنین عمق آمینواسیدها در چهار بازهی سطحی، نیمه سطحی، میانی و عمیق در نظر گرفته شده است. با توجه به ویژگیهای مربوطه و بازههای تعریف شده برای عمق آمینواسید، مدلی جهت طبقه بندی آمینواسیدها در یک رشته پروتیینی ساخته شد. دقت کلی روش پیشنهادی برای چهار بازه عمق تعریف شده برابر با 62/2 درصد بدست آمد. بهبود قابل توجه نتایج به دست آمده نسبت به روشهای پیشین نشان از قدرت بالای روش پیشنهادی در پیشبینی و بکارگیری ویژگیهای مناسب جهت ساخت مدل طبقه بندی میباشد.

## کلمات کلیدی:

بیوانفورماتیک، توالی پروتیین، عمق آمینواسید، ماشین بردار پشتیبان

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/617116>

