

عنوان مقاله:

استفاده از الگوریتم ژنتیک و K-means در پیش بینی ساختار سوم پروتیین

محل انتشار:

اولین کنفرانس ملی کامپیوتر و فناوری اطلاعات (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

زهرا ابوالحسنی فروغی - کارشناسی ارشد مهندسی نرم افزار، دانشگاه آزاد اسلامی، مرودشت، ایران

فرزاد پیروی - دکترای تخصصی کامپیوتر- نرم افزار، هیات علمی دانشگاه آزاد اسلامی، مرودشت، ایران

خلاصه مقاله:

پروتیین زنجیره ای متشکل از 20 نوع آمینه اسید است که با یکدیگر پیوند پپتیدی تشکیل می دهند. این زنجیره در فضای سه بعدی به گونه ای تا می خورد که پایین ترین سطح انرژی را دارد. تعیین ساختار دقیق پروتیین با روش های آزمایشگاهی به سادگی و در زمانی محدود امکان پذیر نیست. دانستن ساختار سوم پروتیین بسیار مهم است چرا که مستقیماً به عملکرد آن مرتبط می شود و رفتار سلولی و تمام فعالیت هایی که در سلول انجام می شود بر عهده پروتیین ها است. در حالی که روش های محاسباتی زیادی از قبیل الگوریتم بهینه سازی زنبوران، روش تکاملی مونت کارلو و الگوریتم ژنتیک برای حل این مسیله در فضاهای دو بعدی و سه بعدی ارائه شده است. در این مقاله مساله ی پیش بینی ساختار سوم پروتیین مورد بررسی قرار گرفته است که با استفاده از الگوریتم ژنتیک و الگوریتم K-means سعی در به حداقل رساندن انرژی کل تعاملات بین اسید آمینه ها صورت گرفته است.

کلمات کلیدی:

بیوانفورماتیک، الگوریتم ژنتیک، مدل آب دوست آب گریز، شبکه FCC سه بعدی، الگوریتم خوشه بندی K-means

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/687179>

