

## عنوان مقاله:

پیش بینی ساختار سوم پروتیین بر اساس مدل پنهان مارکوف

## محل انتشار:

کنفرانس ملی کامپیوتر، فناوری اطلاعات و کاربردهای هوش مصنوعی (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

## نویسندگان:

فرزاد پیروی - دانشجوی دکتری کامپیوتر، دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه یزد

علیمحمد لطیف - استادیار گروه کامپیوتر، دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه یزد

سیدمحمد مشتاقیون - استادیار گروه زیست شناسی، دانشکده زیست شناسی، دانشگاه یزد

## خلاصه مقاله:

پیش بینی ساختار سوم پروتیین باعث می شود که عملکرد پروتیین در بدن انسان شناسایی گردد و در تشخیص بیماری ها و طراحی دارو نقش مهمی ایفا می کند. در مقایسه با تعداد بسیار زیاد توالی پروتیین شناخته شده، ساختار تعداد کمی از پروتیین ها مشخص شده است. با رشد بیشتر شکاف بین توالی ها و ساختمان های شناخته شده، نیاز به توسعه روشهای پیشگویی که قابل اعتماد باشند افزایش یافته است. الگوریتم پیشنهادی با استفاده از داده های دنباله پروتیینها و مختصات جغرافیایی اتم کربن اصلی در ستون فقرات آمینو اسیدها مدلی بر مبنای شبکه براوه مکعبی با استفاده از مدل پنهان مارکوف ایجاد شده است. مدل پنهان مارکوف توانسته است دقت بیشتری به صورت کلی نسبت به سایر روش ها کسب کند. مختصات سه بعدی اتم های کربن اصلی کمک شایانی به بهبود دقت روش پیشنهادی کرده است و توانسته مسیر حرکت توالی های آمینو اسید های پروتیین های داده های آموزشی در مختصات سه بعدی را به خوبی یادگیری کند و داده ای آزمایشی را به هر فولد مرتبط انتساب دهد.

## کلمات کلیدی:

تعیین ساختار پروتیین، ساختار سوم پروتیین، بیوانفورماتیک ساختاری، مدل پنهان مارکوف، شبکه براوه، فولد

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/762545>

