

عنوان مقاله:

پیش بینی ساختار سوم پروتیین با شبکه Lattice و الگوریتم ژنتیک

محل انتشار:

چهارمین کنفرانس بین المللی مطالعات نوین در علوم کامپیوتر و فناوری اطلاعات (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 17

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. پیش بینی ساختار سوم پروتیین یک عمل بسیار مشکل است چراکه پروتیین ها از 20 اسید آمینه مختلف تشکیل شده اند که می تواند یکی از میلیاردها شکل مختلف را به خود بگیرد. ساختار سوم یکپروتیین دارای پایین ترین سطح انرژی می باشد که به یک مساله بهینه سازی تبدیل می گردد. در این مقاله برای حل مساله از الگوریتم ژنتیک و ترکیب آن با روش خوشه بندی k-means برای پیش بینی ساختار سوم پروتیین بهره گرفته شده است. از شبکه سه بعدی FCC برای جانمایی اتم های اسید آمینه استفاده شده است زیرا نسبت به بقیه شبکه ها متراکم تر است. تابع ارزیابی را بر اساس تابع انرژی مدل HP استفاده شده است و برای فشرده تر شدن اتم های اسید آمینه از روش نقطه مرکزی (HCC) اتم های H (آبگریز) بهره بردیم تا انرژی حاصله کمتر گردد. نتایج بدست آمده نشان می دهد که روش پیشنهادی بر روی توالی هایی با طول کمتر از 64 جواب های خوبی را بدست خواهد آورد.

کلمات کلیدی:

ساختار سوم پروتیین، الگوریتم ژنتیک، شبکه FCC سه بعدی، مدل آب دوست-آب گریز، اسید آمینه

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/779187>

