

عنوان مقاله:

طبقه بندی پروتئینهای گیرنده جفت شونده با پروتئین G مبتنی بر یادگیری عمیق

محل انتشار:

پنجمین کنفرانس ملی محاسبات توزیعی و پردازش داده های بزرگ (سال: 1398)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

رضا پاکی - دانشجوی کارشناسی مهندسی فناوری اطلاعات، دانشکده فناوری اطلاعات و مهندسی کامپیوتر، دانشگاه شهید مدنی آذربایجان، تبریز، ایران

اسماعیل نورانی - استادیار گروه مهندسی فناوری اطلاعات، دانشکده فناوری اطلاعات و مهندسی کامپیوتر، دانشگاه شهید مدنی آذربایجان، تبریز، ایران

داود فرج زاده - دانشیار گروه زیستشناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شهید مدنی آذربایجان، تبریز، ایران

خلاصه مقاله:

طبقه بندی توالیهای پروتئین در پیش بینی عملکرد توالیهای تازه کشف شده بسیار مهم است. در سالهای اخیر، برای پیشبینی توالیهای طولانی از الگوریتم های یادگیری ماشین به کثرت استفاده شده است. برای بهبود دقت پیشبینی، این الگوریتمها باید با چالش اصلی یعنی استخراج ویژگیهای ارزشمند روبرو شوند. در این مقاله، استخراج ویژگی از توالیهای خام پروتئین صورت میگیرد و نیازی به روشهای همردیفی توالی مثل MSA نداریم. ایده اصلی این است که با تقسیم توالی به 3-gram و رمزگذاری هر یک و سپس استفاده از لایه های تعبیه استخراج ویژگی را انجام میدهم. در ادامه با استفاده از لایه های کانولوشنی و تمام متصل سعی در استخراج ویژگیهای مراتب بالاتر داریم تا در طبقه بندی توالیهای پروتئین به ما کمک کند. نتایج حاصل نشان میدهد روش پیشنهادی ما نسبت به آزمایشهای قبلی انجام گرفته در مجموعه داده مشابه دقت خوبی برابر با 97/33 درصد را ارائه داده است و همچنین از نظر زمانی و حافظه بهینه بوده است.

کلمات کلیدی:

پروتئینهای G، یادگیری عمیق، شبکه های کانولوشن، طبقه بندی پروتئینها

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/961891>

