

عنوان مقاله:

طبقه بندی گیرنده های جفت شونده با پروتئین جی با استفاده از شبکه عصبی CLSTM

محل انتشار:

نخستین کنفرانس بین المللی شهر هوشمند چالش ها و راهبردها (سال: 1398)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

شهاب شاکراردکانی - کارشناسی ارشد هوش مصنوعی، دانشگاه شیراز

ستار هاشمی - دانشیار بخش کامپیوتر دانشگاه شیراز

سیدمهدی حضرتی فرد - دکترای هوش مصنوعی دانشگاه شیراز

خلاصه مقاله:

پروتئین ها ماکرومولکول هایی هستند، که از پیوند پپتیدی بین آمینو اسیدها تشکیل شده اند اکثر اعمال حیاتی ارگان های زنده توسط پروتئین ها انجام می شود، از جمله این اعمال می توان کاتالیزور اعمال حیاتی، انتقال مواد بین سلول ها و غیره را نام برد. در سال های اخیر با پیشرفت روش های توالی یابی پروتئین ها، توالی بسیاری از پروتئین های جدید که عملکرد آن ها مشخص نیست، کشف شده اند، گرچه ساختار سوم پروتئین ها جهت کشف عملکرد و خانواده ی هر پروتئین کافی است، اما همیشه اطلاعات ساختاری برای پروتئین ها در دسترس نیست. روش های آزمایشگاهی جهت به دست آوردن اطلاعات ساختاری پروتئین ها برای تعداد بسیار زیاد پروتئین های موجود بسیار هزینه و زمان بر است، از این رو روش های مبتنی بر توالی از جمله روش های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق مورد توجه محققان قرار گرفته است. در این مقاله، با استفاده از شبکه های عصبی عمیق یک روش جدید برای طبقه بندی خانواده های پروتئینی ارائه شده است. در ابتدا داده های پروتئین ها پیش پردازش شده اند تا برای ورودی شبکه آماده شوند. سپس وابستگی های محلی داده ها با استفاده از دو لایه از شبکه کانولوشن استخراج شده اند، بردار ویژگی به دست آمده در هر لایه از کانولوشن با استفاده از یک لایه پولینگ مختصرسازی شده است و در نهایت برای یادگیری عمیق تر داده ها از یک شبکه عصبی ریکارنت بهره گرفته شده است. نتایج نهایی بیانگر بهبود این روش نسبت به روش های رقیب در این حیطه می باشند.

کلمات کلیدی:

پروتئین، شبکه های عصبی، طبقه بندی توالی، یادگیری عمیق

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/998603>

