



ترکیب برنامه نویسی ژنتیک و ماشین بردار پشتیبان برای پیش بینی جایگاه پیوند پروتئین - پپتید با ویژگی‌های مبتنی بر توالی و مبتنی بر ساختار

شیمای شفیعی آ، عبدالحسین فتحی آ*

آ دپارتمان مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران.

اطلاعات مقاله

تاریخچه مقاله:

دریافت: 5 January 2021

اصلاح: 2 May 2021

پذیرش: 14 July 2021

انتشار آنلاین: 31 July 2021

کلمات کلیدی:

جایگاه پیوند، برنامه‌نویسی ژنتیک، الگوریتم خوشه‌بند ساختاری، پیش‌بینی پروتئین - پپتید پیوندی.

چکیده

پیش‌بینی جایگاه پیوندی پپتید پروتئینی در وظایف اساسی مانند درک فرآیندهای بیولوژیکی، آنالیز عملکرد پروتئین، مقایسه جایگاه‌های عملکردی، درک مکانیسم تراکشن‌ها، طراحی دارو، سیگنالینگ سلولی و درمان سرطان نقش دارد. آنالیز پیش‌بینی جایگاه پیوند پروتئین - پپتید یکی از چالش برانگیزترین موضوعات بیوانفورماتیک است. روش‌های تجربی زمانبر، پرهزینه و پرزحمت هستند. بنابراین، ما یک روش مبتنی بر یادگیری ماشین را برای پیش‌بینی جایگاه‌های پیوندی پروتئین - پپتید با بکارگیری بردار ویژگی‌های بهبود یافته‌ی اکتسابی از ساختار پروتئین سه بعدی و داده‌های رشته‌ای یک بعدی، پیشنهاد می‌دهیم. برای این منظور، روش برنامه نویسی ژنتیک بر روی ویژگی‌های پایه اکتسابی، اعمال شده است تا بردار ویژگی افراتیتری استخراج گردد. سپس برای تعیین باقی مانده آمینو اسید پیوندی از ماشین بردار پشتیبان استفاده شده است. در نهایت، جایگاه‌های پیوندی با اعمال الگوریتم خوشه‌بند ساختاری بر روی بقایای پیوندی اکتسابی، پیش‌بینی شده‌اند. روش پیشنهادی بر روی مجموعه داده‌ی Bio Lip ارزیابی شده است و نرخ پیش‌بینی ۹۲/۷۶٪ و ۹۳/۵۹٪ با استفاده از اعتبار سنجی متقابل ده فولد و مجموعه تست مستقل به ترتیب، بدست آمد. نتایج بدست آمده با عملکرد سایر روش‌های پیشرفته مقایسه شده است. روش پیشنهادی با استفاده از ویژگی‌های مبتنی بر توالی و مبتنی بر ساختار، برای اعتبار سنجی متقابل ده فولد و مجموعه تست مستقل، به کارایی مستحکم و سازگار دست می‌یابد.

© Research Article, 2021 JComSec. تمامی حقوق محفوظ است.

* نویسنده مسئول.

آدرس‌های رایانامه: a.fathi@razi.ac.ir (ش. شفیعی)،

a.fathi@razi.ac.ir (ع. فتحی)

تمامی حقوق محفوظ است. ISSN: 2322-4460 © Research Article, 2021 JComSec

