

XJIPC OpenIR > 多语种信息技术研究所



一种基于GloVe模型的氨基酸全局特征向量表示方法



陈治彪, 光彦, 李响, 魏明涛, 周磊, 袁伟, 葛海成, 陈法均, 彭新亮



2019-05-17



专利类型 发明专利



摘要 本发明公开了一种基于GloVe模型的氨基酸全局特征向量表示方法,该方法包括:输入GloVe模型中词向量的选择与建立,氨基酸序列切割与处理,利用GloVe模型训练得到每个氨基酸的特征向量,该方法利用GloVe词频共现生成模型生成氨基酸全局特征向量,对氨基酸序列进行特征向量表示,方便氨基酸序列的相似性计算,并能够对氨基酸序列的局部信息进行提取,最终所有的氨基酸的全局特征向量能够映射到100维的特征向量,该方法计算化程度低,效率高,有效地对氨基酸序列进行数量化的表示,为进一步蛋白质组学分析提供了坚实的基础。



申请日期 2019-01-17



申请号 CN201910042979.1



公开(公告)号 109767814A



代理机构 乌鲁木齐利新专利事务所(普通合伙) 65106



文献类型 [专利](#)



项目标识符 <http://ir.kanshazov.cn/handle/365002/7629>



专题 多语种信息技术研究所



推荐引用方式 陈治彪,光彦,李响,等.一种基于GloVe模型的氨基酸全局特征向量表示方法. 109767814A[P]. 2019-05-17. [CML77714](#)



包含附件文件 保存无附件文件



所有评论 [\[发表评论/修改评论\]](#)



暂无评论

除特殊情况, 本库中所有文献均为公开, 并受法律保护。

个性推荐



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目



推荐项目