

图形、图像、模式识别

隐马尔可夫模型的多序列比对研究

罗泽举^{1, 2}, 宋丽红³

- 1.重庆工商大学 长江上游经济研究中心, 重庆 400067
- 2.重庆工商大学 计算机科学与信息工程学院, 重庆 400067
- 3.重庆工商大学 经济管理实验教学中心, 重庆 400067

收稿日期 2008-9-17 修回日期 2008-12-15 网络版发布日期 2010-3-2 接受日期

摘要 研究一种关于隐马尔可夫模型的多序列比对, 利用值和特征序列的保守性, 通过增加频率因子, 改进传统隐马尔可夫模型算法的不足。实验表明, 新算法不但提高了模型的稳定性, 而且应用于蛋白质家族识别, 平均识别率比传统隐马尔可夫算法提高了3.3个百分点。

关键词 [隐马尔可夫模型](#) [多序列分析](#) [蛋白质识别](#)

分类号 [TP391](#) [TN957.52](#)

Multiple sequence analysis of hidden Markov model

LUO Ze-ju^{1, 2}, SONG Li-hong³

- 1.Research Center of the Economy of the Upper Reaches of Yangtze River, Chongqing Technology and Business University, Chongqing 400067, China
- 2.School of Computer Science & Information Engineering, Chongqing Technology and Business University, Chongqing 400067, China
- 3.Economics and Management Center, Chongqing Technology and Business University, Chongqing 400067, China

Abstract

A new multiple sequence alignment about Hidden Markov Models (HMMs) is researched, using the conservative feature of L value and consensus sequence, by increasing frequency factor, traditional HMMs learning algorithm is improved. Experiment indicates that not only the stability of the model is improved, but also a average improvement of 3.3% is achieved for protein family recognition by comparing the new algorithm with the traditional one.

Key words [hidden markov models](#) [multiple sequence analysis](#) [protein recognition](#)

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2010.07.052

通讯作者 罗泽举 luozeju@126.com

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(763KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“隐马尔可夫模型”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

· [罗泽举](#)

· [宋丽红](#)