

博士论文

基于复杂性K近邻规则的蛋白质亚细胞位点预测

李 斌¹, 李义兵², 何红波²

(1. 中南大学信息科学与工程学院, 长沙 410083; 2. 中南大学物理科学与技术学院, 长沙 410083)

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 2007-3-28 接受日期

摘要 提出了一个基于符号序列LZ复杂性相似度和K近邻规则的蛋白质亚细胞位点类型预测的方法。相比许多其他特征参数, 蛋白质序列的LZ复杂性相似度计算无需深入的生物学领域知识和除序列数据以外的其他辅助数据。同时, K近邻规则的延迟学习特性适合于亚细胞位点类型已知的蛋白质数据的动态增加。在标准的RH数据集上对该预测方法进行10重交叉验证, 其总体的预测准确率优于4种对照预测方法。

关键词 [生物信息学](#) [LZ复杂性相似度](#) [K近邻](#) [蛋白质](#) [亚细胞位点](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [李 斌¹](#); [李义兵²](#); [何红波²](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (204KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“生物信息学”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
- [李 斌¹, 李义兵², 何红波²](#)