

研究、探讨

蛋白质相互作用网络的相似子网搜索问题研究

李松倍, 谢江, 张武, 武频

上海大学 计算机工程与科学学院, 上海 200072

收稿日期 2008-9-2 修回日期 2008-11-10 网络版发布日期 2010-1-28 接受日期

摘要 蛋白质相互作用网络 (Protein-Protein Interactions Network, PIN) 的相似性问题是目前生物信息学领域研究的热点。将计算机科学和生物学相结合, 提出了蛋白质相互作用网络邻居优先搜索算法。该算法综合蛋白质的序列信息和蛋白质相互作用网络的拓扑结构信息, 适度提高与相似蛋白质有直接相互作用的蛋白质之间的相似系数, 实现了不同物种间蛋白质相互作用相似子网的搜索。与同类算法的对比实验表明, 该算法可以处理更大规模的目标子网搜索, 计算速度明显提高, 且利用该算法获得的结果与目标子网具有更长的相似路径。论文采用该算法研究了酵母和果蝇的蛋白质相互作用网络, 获得了10条相对保守的蛋白质相互作用 (Protein-Protein Interactions, PPI)。

关键词 生物信息学 蛋白质相互作用网络 蛋白质相互作用关系 网络搜索

分类号 TP399 R857.3

Study on similar subnet searching method of protein-protein interactions network

LI Song-bei, XIE Jiang, ZHANG Wu, WU Pin

School of Computer Engineering and Science, Shanghai University, Shanghai 200072, China

Abstract

The problem of the Protein-Protein Interactions Network (PIN) similar is hot in bioinformatics researching domain. Here, computer science and biology is combined to present a prior neighbor searching method of protein-protein interactions network. The method uses both the protein sequence and the PIN structure. In the method, similarity is added to the proteins that have interaction with similar proteins and similar subnet searching of deferent species protein-protein interactions is implemented. Comparing with other methods, the method can search larger object subnet in quicker speed and it can get a more similar and longer PPI. In this paper, the method is applied to the PIN of yeasts and flies and gets ten relative conservative PPIs.

Key words [bioinformatics](#) [Protein-Protein Interactions Network](#) [Protein-Protein Interactions network searching](#)

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2010.03.010

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(556KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

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“生物信息学”的相关文章](#)

本文作者相关文章

- [李松倍](#)
- [谢江](#)
- [张武](#)
- [武频](#)

通讯作者 李松倍 beilsongb@yahoo.com.cn