



一种基于多模态堆叠自动编码器的microRNA-疾病关联预测方法



姬博亚; 尤善宏; 胡伦; 王磊; 周喜; 蒋同海; 黄历广



2022-07-22

专利权人 中国科学院新疆理化技术研究所

授权日期 2022-07-22

专利类型 发明专利

摘要 本发明公开了一种基于多模态堆叠自动编码器的microRNA-疾病关联预测方法, 该方法包括microRNA序列特征以及疾病语义相似性特征; 构建microRNA-蛋白质-疾病网络, microRNA-mRNA-疾病网络, microRNA-lncRNA-疾病网络, 利用LINE网络嵌入方法分别获取microRNA, 疾病与蛋白质, mRNA, lncRNA之间的网络邻近特征; 利用多模态堆叠自动编码器分别对microRNA与疾病的四种特征(本身属性特征, 蛋白质网络邻近特征, mRNA网络邻近特征, lncRNA网络邻近特征)挖掘高级抽象特征, 降低模型时间复杂度, 提高模型预测准确率; 对处理后特征分别使用CatBoost分类器进行训练和预测, 将四种特征预测得分平均值作为最终预测得分。本发明解决了传统生物实验方法高耗时, 高成本问题, 实现了更好的分类效果, 以更高的准确率预测出潜在的microRNA与疾病关联关系。

申请日期 2021-02-07

申请号 CN202110167684.4

公开(公告)号 112837753B

代理机构 乌鲁木齐中科新兴专利事务所(普通合伙) 65106

文献类型 **专利**

条目标识符 http://ir.tianshanzw.cn/handle/365002/8580

专题 多语种信息技术研究室

推荐引用方式 姬博亚, 尤善宏, 胡伦, 等. 一种基于多模态堆叠自动编码器的microRNA-疾病关联预测方法. 112837753B[P]. 2022-07-22. GB/T 7714

条目包含的文件

条目无相关文件。

所有评论 (0)

[发表评论/异议/意见]

暂无评论

除非特别说明, 本系统中所有内容都受版权保护, 并保留所有权利。

个性服务

推荐该条目

- ★ 保存到收藏夹
- 查看访问统计
- 导出为Endnote文件

谷歌学术

- 谷歌学术中相似的文章
- [姬博亚]的文章
- [尤善宏]的文章
- [胡伦]的文章

百度学术

- 百度学术中相似的文章
- [姬博亚]的文章
- [尤善宏]的文章
- [胡伦]的文章

必应学术

- 必应学术中相似的文章
- [姬博亚]的文章
- [尤善宏]的文章
- [胡伦]的文章

相关权益政策

暂无数据

收藏/分享

