



## 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<sup>\*</sup>; 王磊<sup>\*</sup>; 周喜<sup>\*</sup>; 蒋同海<sup>\*</sup>; 黄历广

2021-05-25

专利权人 中国科学院新疆理化技术研究所

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 20210525

代理机构 65106 乌鲁木齐中兴新兴专利事务所(普通合伙)

文献类型 **专利**

条目标识符 http://ir.tianshanzw.cn/handle/365002/8089

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. 20210525[P]. 2021-05-25. 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

