

# 🗵 DLMV 面向IncRNA-疾病关联预测的可视分析系统



四川大学计算机学院

# 周怡 朱佳旻 吴美璇

https://rna-disease.pages.dev/

# 系统简介:

本项目基于1ncRNA-miRNA-疾病关联网络数据,构建准确率高且 解释性强的1ncRNA-疾病关联预测模型。并借助可视分析的方法, 对原始数据、模型注意力层参数和模型结果进行解释,达到使生物 医疗研究人员感知原始关联网络、理解模型计算原理、分析模型预 测依据的目的。

#### 项目主要创新点如下:

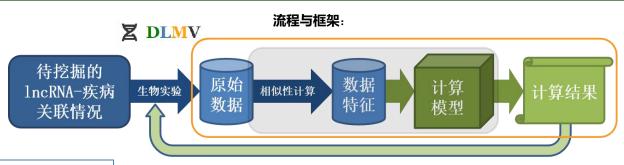
- 1. 构建准确率高、解释性强的1ncRNA-疾病关联预测模型。
- 2. 构建完整的1ncRNA-疾病关联分析流程。从原始的关联网络出 发,向上游解释同质节点对的相似性,向下游展示模型预测结果, 解释模型的计算原理与预测依据。
- 3. 界面交互友好,视图可理解性强。系统面向非算法设计背景 的生物医疗研究人员,以可视化的方法结合了生物医疗领域知识和 计算机预测模型的参数学习结果。

## 可视化任务:

- T1. 展示1ncRNA-miRNA-疾病关联网络的节点链接情况
- T2. 解释1ncRNA-miRNA-疾病关联网络中同质节点对的相似性
- T3. 展示模型预测结果
- T4. 解释模型的计算原理和预测依据

# 数据:

- 1. 疾病之间存在父子关系,可以被抽象为有向无环图结构。
- 2. 基于疾病之间的父子结构,可以计算出疾病之间的相似性。
- 3. 生物实验验证了1ncRNA-疾病、miRNA-疾病、1ncRNA-miRNA之 间存在关联关系。
- 4. 基于疾病有向无环图和1ncRNA/miRNA-疾病的关联情况,我们 计算得到1ncRNA/miRNA同质节点对的相似性。
- 5. 基于1ncRNA-miRNA-疾病关联数据和1ncRNA/miRNA/疾病相似 性数据,我们提取1ncRNA-疾病节点对特征,训练关联预测模型, 并保存预测结果、提取模型参数。



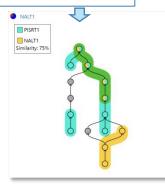
#### 异质节点链接图

概览关联网络的整体情况

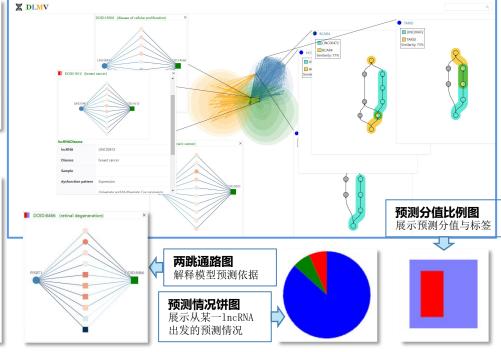


#### 疾病有向无环图

解释同质节点对的相似性



# 系统介绍:



#### 总结:

- 1. 绘制异质节点链接图, 概览关联网络的整体情况。
- 2. 绘制疾病有向无环图,展示同质节点对的相似性计算过程。
- 3. 构建准确率高、解释性强的1ncRNA-疾病关联预测模型。
- 4. 经用户交互, 高亮展示所选中的1ncRNA节点的模型预测结果。
- 5. 绘制两跳通路图,展示1ncNRA-疾病节点对的模型预测依据。

# 展望:

- 1. 使用内容更全、分类更细的新版本数据。
- 2. 升级交互设计,支持从疾病/miRNA出发进行分析。