



دانشگاه تربیت مدرس

دانشکده علوم زیستی

پایان‌نامه کارشناسی ارشد

رشته بیوانفورماتیک

**پیش­بینی پپتید­های ضد­سرطانی با استفاده از یادگیری ماشین**

نگارنده

**زینب محمدتبار**

استاد راهنما

**دکتر پرویز عبدالمالکی**

دی ۱۴۰۰

چكيده

اگر­چه تلاش­های بسیار زیادی در جهت توسعه درمان­های جدید سرطان صورت گرفته­است اما هنوز هم سرطان یکی ازعلل عمده مرگ در جهان است. شیمی درمانی با وجود عوارض جانبی شدید بر روی سلول­های طبیعی، هنوز هم روش اصلی مورد استفاده در درمان سرطان در مراحل پیشرفته یا متاستاتیک است. بنابراین، توسعه داروهای ضد سرطانی جدید با سمیت کم برای سلول های طبیعی، یک مسیر جدید برای درمان سرطان فراهم می کند. در حال حاضر یکی از روش­های موثر نسبت به شیمی­درمانی استفاده از پپتید­های ضد­سرطانی است. اما شناسایی این نوع پپتید­ها به روش­های تجربی، پرهزینه و زمانبر است. بنابراین در سال‌های اخیر استفاده از روش­های محاسباتی جهت شناسایی پپتیدهای ضد­سرطانی، مورد توجه پژوهشگران بسیاری قرار­گرفته­است. به­همین منظور در این پژوهش نیز سعی شده است تا توسط یادگیری ماشین مدلی برای تشخیص پپتید­های ضدسرطانی از پپتید­های غیر­ضد­سرطانی ایجاد شود.

در این پژوهش با جمع­آوری داده مربوط به توالی پپتید­های ضد­سرطانی و غیر­ضد­سرطانی، استخراج ویژگی از توالی این پپتیدها توسط کتابخانه پایتون iFeature، ساخت و آموزش دو طبقه­بند جنگل تصادفی و ماشین بردار پشتیبان توسط کتابخانه پایتون scikit-learn بر روی ویژگی های استخراج شده، به نتایج با صحت بالای 80% دست یافته­ایم. با بررسی نتایج مدل­های آموزش دیده بر­روی داده های تست مستقل، می­توان اعلام کرد که دو ویژگی QSOrder و APseduoAAC توسط هر دو طبقه­بند جنگل تصادفی و ماشین بردار پشتیبان بالاترین عملکرد برای تشخیص پپتید­های ضد­سرطانی از بین پپتید­های غیر­ضد­سرطانی را با 80 درصد صحت دارند.

كليد واژه: پیش‌بینی پپتید­های ضد­سرطانی، یادگیری ماشین، جنگل تصادفی، ماشین بردار پشتیبان، سرطان

فهرست مطالب

فهرست شکل‌ها و نمودارها

فهرست جدول‌ها

# فصل اول: مقدمه

## مقدمه‌ای بر پپتید­های ضد­سرطانی[[1]](#footnote-1)

سرطان یکی از علل عمده مرگ و میر میلیونها انسان در جهان است[1, 2]. برآورد آژانس بین المللی تحقیقات سرطان (IARC)[[2]](#footnote-2) نشان می دهد که در سال 2018، 18.1 میلیون مورد جدید سرطان و 9.6 میلیون مرگ ناشی از سرطان در سراسر جهان رخ داده­است. همچنین، آمار در سراسر جهان نشان می دهد که سرطان ریه، پستان و روده بزرگ بیش ازهمه انواع سرطان­ها بوده است[3].

یکی از روش­های معمول در درمان سرطان، پرتو درمانی است. اما در روش پرتو درمانی علاوه بر از بین رفتن سلول­های سرطانی، سلول­های طبیعی نیز دچار آسیب می­شوند. مشاهده شده­است، که سلولهای سرطانی در برابر داروهای شیمی درمانی که جهت مهار تکثیر DNA به کار می­روند به صورت مقاوم و خاموش به تکثیر خود ادامه می­دهند[4]. بنابراین، توسعه داروهای ضد سرطانی جدید با سمیت کم برای سلول های طبیعی، یک مسیر جدید برای درمان سرطان فراهم می کند. پپتیدها به دلیل عواملی نظیر اندازه کوچک، سنتز راحت، فعالیت و ویژگی بالا و تنوع بیولوژیکی توجه دانشمندان را به خود جلب کرده است. از جمله پپتیدهای درمانی که در سال‎های اخیر به منظور درمان سرطان مورد توجه قرارگرفته‎اند، می‎توان پپتیدهای کاتیونی ضدسرطانی و پپتیدهای نفوذپذیر سلولی را نام برد.

تحقیقات نشان می­دهد که پپتیدهای ضد­سرطانی، در مقایسه با روش­های شیمی درمانی و پرتو درمانی، عملکردی مناسب برای شناسایی و مهار سلول­های سرطانی بدون ایجاد مقاومت دارویی دارند[5].

بنابراین در حال حاضر یکی از روش­های موثردر درمان سرطان که توجه دانشمندان رابه خود جلب کرده است، استفاده از پپتیدهای ضدسرطانی است. در ادامه به بررسی ویژگی­های زیستی پپتیدهای ضدسرطانی می­پردازیم.

## ویژگی­های زیستی پپتید­های ضدسرطانی

همانطور که گفته شد یکی از راهکارهای نوین برای درمان سرطان، استفاده از پپتیدهای ضد­سرطانی است که با توجه به انتخابی بودن نسبت به سلولهای سرطانی، عوارض کمتر و اثربخشی آنها مورد توجه بسیاری از دانشمندان قرار گرفته است[6]. یکی از انواع پپتیدهای مورد استفاده، پپتید ضدمیکروبی[[3]](#footnote-3) است که بخشی از پاسخ ایمنی ذاتی در برابر میکروب­ها در بسیاری از گونه­ها است. این پپتیدها­ دارای وزن مولکولی کم (10-40 اسید­آمینه) و ساختار آمفی­پاتیک و کاتیونی هستند که به آن­ها اجازه می­دهد تا غشاهای منفی و سلول­های سرطانی (همانند باکتری­ها) را هدف قرار دهند. غشاء بیرونی سلول های سرطانی نسبت به سلول های طبیعی دارای فسفولیپیدهایی با بار منفی بیشتر نظیرفسفاتیدیل سرین و گلیکوپروتئین ها و گلیکوز آمینوگلیکان های منفی هستند[7]. پپتیدهای ضد سرطانی با توجه به ویژگی های کاتیونی و آمفی­پاتیک خود با تعاملات الکترواستاتیک به سلول های سرطانی متصل شده و از این رو این پپتیدها از طریق نکروز یا آپوپتوز سمیت سلول­های سرطانی را محدود می کنند[8-10].

پپتیدهای ضدسرطانی در درمان دیابت، سرطان و بیماری های قلبی عروقی به کار برده می­شوند[11]. اکثر پپتیدهای ضد­سرطانی به صورت محلول و بدون ساختار هستند و تنها پپتید ضد­میکروبی انسانی به نام LL37 با توجه به حضور یک یا چند پیوند دی­سولفیدی با صفحات β-sheets به شکل گلومرولی دیده­ شده­است. از نظر تنوع ساختاری چند صد پپتید­ ضد­میکروبی مورد مطاله قرارگرفته است. این پپتیدها دارای ساختار آلفاهلیکسی غنی از سیستئین(نظیر cecropins) یا دارای ساختار β-sheet(نظیر defensins) هستند، همچنین حضور اسیدآمینه آرژنین، پرولین، هیستدین و تریپتوفان در این پپتیدها(نظیر indolicidin) معمول است[12].



شکل ‑: تعدادی پپتید ضد­میکروبی طبیعی با فعالیت ضد­سرطانی[6]

در دهه­های اخیر استفاده از این پپتید­ها به عنوان عوامل ضد­سرطان به عنوان یک روش درمانی نوین در نظر گرفته شده است [13-15].

## طبقه­بندی پپتیدهای ضدسرطانی

رزونانس مغناطیسی هسته ای NMR[[4]](#footnote-4) به عنوان یک روش مفید برای مطالعه جزئیات ساختاری بسیاری از پپتیدهای ضد میکروبی شناخته شده پدید آمده است. تجزیه و تحلیل ساختار سه بعدی این پپتیدها منجر به درک بهتری از عملکرد این پپتیدها می­گردد[16]. براساس ساختارهای شناخته شده توسط NMR پپتیدهای ضد­سرطانی به پنج گروه طبقه­بندی می­گردند.

### پپتید­های ضد­سرطانی با ساختار آلفا-هلیکس (*α-*HelicalACPs)

برای اولین بار در پپتید cecropins بسیاری از ویژگی­ها شناسایی شد و مطالعات اولیه با NMR نشان داد که پپتید cecropin-A دارای ساختارهلیکس است. در ساختار هلیکس این پپتید 15% الکل hexafluoro isopropyl شرکت دارد. در نتیجه پپتیدهای ضد­میکروبی دارای ساختار هلیکس، پپتیدهایی آمفی­پاتیک با سطوح آبگریز و حاوی بار خالص مثبت هستند. پپتیدهای ضدمیکروبی با ساختار هلیکس بیشتر از سایر ساختارها مشاهده می­شوند. پپتید ضدمیکروبی به نام Magainins گروه دیگری از پپتیدها با ساختارآلفا-هلیکس است. این پپتیدها از پوست نوعی قورباغه آفریقایی جدا می گردد. مطالعات NMR نشان داده­است، که cecropins، نیز مانند magainins دارای ساختارآمفی پاتیک-هلیکس در 25% از trifluoroethanol است [17].

### پپتید­های ضد­سرطانی غنی از سیستئن

پپتیدهای نوتروفیل انسان HNP-123 اولین پپتیدهای غنی از سیستئین جدا شده از گرانول انسان بودند [18]. پپتیدهای غنی از سیستئین با 30 اسیدآمینه در طیف گسترده­ای از موجودات زنده وجود دارد. این پپتیدها به صورت یک موتیف حفاظت شده حاوی شش سیستئین با سه پیوند دی­سولفید درون مولکولی است. اکثرا موقعیت پل دی­سولفیدی بین C1-C4، C2، C3-C5-C6 است. مطالعات کریستالوگرافی HNP-3 توسط XRAY، در ترکیب با سانتریفوژ تعادل رسوب، نشان می­دهد که این پپتید به صورت دایمر وجود دارد [19]. در مطالعات NMR بر روی ساختارdefensin مشخص گردید، که این پپتید حاوی سه رشته آنتی­پارالل است. پپتید Drosomycin جدا شده از مگس سرکه شامل چهار پیوندهای دی­سولفید است و ازسه رشته آنتی­پارالل ساخته شده­است. در این پپتید یک ساختار هلیکس بین دو رشته اول وجود دارد [20].

### پپتید­های ضد­سرطانی با ساختار بتا-شیت (*β-*SheetACPs)

تعدادی از پپتیدهای ضد­سرطانی با طول 20 اسیدآمینه دارای یک ساختار سنجاق سری هستند. این پپتیدها دارای یک یا دو پیوند دی­سولفیدی می باشند. پپتیدهای خرچنگ نعل اسبی، tachyplesin وpolyphemusin II که به صورت موتیف کوتاه سنجاق سری هستند، این پپتید کوتاه توسط دو پیوند دی سولفیدی پایدار می گردد [20, 21]. مطالعات NMR همراه با ساختار­های D3 نشان می­دهد که پپتید tachyplesin شباهت بسیار زیادی با پپتیدهای جدا شده از خوک دارد. مولکول پپتیدی صفحات آنتی­پارالل به یک ساختار turn متصل شده­اند و شامل دو پل دی­سولفید هستند [21].

### پپتید­های ضد­سرطانی غنی از اسید­آمینه­های منظم

تعدادی از پپتیدهای ضد­سرطانی دارای تعداد زیادی از یک اسیدآمینه خاص هستند. این پپتیدها دارای ساختار­های مختلف آلفا­-­هلیکس و بتا­-­شیت هستند. پپتید Histatin، غنی از اسید آمینه هیستیدین از بزاق انسان جدا شده و این پپتید در برابر کاندید آلبیکانس فعال است[22]. در حالی که پپتیدهای cathelicidins، غنی از پرولین و دارای ساختار نامنظم هستند. پپتیدهایtritrpticin سرشار از تریپتوفان و پپتیدهای Bactenecin Bac-5 and Bac-7 مانند پپتیدهای cathelicidins غنی از اسیدآمینه پرولین هستند؛ در حالی که پپتید39 PR-، غنی از اسیدآمینه آرژنین است [23-26].

### پپتید­های ضد­سرطانی با اسید­آمینه­های تغییر­یافته یا اصلاح­شده

تعدادی از پپتیدهای ضد­سرطانی دارای اسید­آمینه­های اصلاح شده هستند. بهترین نمونه از این پپتیدها، پپتیدهای تولید شده توسط باکتری­ها است. از این پپتیدها می­توان به نیسین[[5]](#footnote-5)، که توسط باکتری لاکتوکوکوس­لاکتیس[[6]](#footnote-6) تولید می­شود اشاره کرد. این پپتید باکتریایی از اسید­آمینه­های نادر مانند( 3-methyllationine, dyhydroalanine and dehydrobutyrine) تشکیل شده­است و این پپتیدها برعلیه باکتری­های گرم مثبت فعال هستند[27]. از دیگر پپتیدهای ضدمیکروبی که دارای اسیدآمینه اصلاح­شده هستند، می­توان به پپتید Leucocin A، که ازLeuconostoc gelidum جدا شده­است، اشاره کرد. این پپتید ساختار کانفورماسیونی آمفی­پاتیک از خود نشان می­دهد، که این ساختارها دارای نقش مهمی در تعامل با غشا هستند [28].

## روش‌های تجربی شناسایی پپتید­های ضدسرطانی

برای شناسایی پروتئین­ها یا پپتیدها به روش تجربی اول از همه نیازمند استخراج نمونه و یا آزمایش­هایی روی موجود زنده است. هم­چنین برای کشف عملکرد مورد­نظر که در این پژوهش خاصیت ضد­سرطانی پپتیدها مد­نظر است نیازمند روش­های آزمایشگاهی خاص خود است. تمام مراحل از یافت نمونه تا بررسی عملکرد پپتید نیازمند متخصص و تجهیزات زیستی است. این پر ­واضح است که انجام روش­های آزمایشگاهی زیستی برای شناسایی عملکرد یک پپتید نیازمند زمان و هزینه مالی و انسانی قابل توجهی است. به­همین دلیل همیشه امید است که با مطالعه بر روی روش­های محاسباتی بتوان محققان زیستی را تا حدی نجات داد، تا محققان زیستی برای انجام آزمایش­های خود، از بین کاندیدهای میلیونی برای مطالعه و آزمایش به کاندیدهای صدتایی یا حتی هزارتایی برسند. این پدیده باعث میشود تا محققان زیستی در زمان و هزینه­های مالی و مواد صرفه جویی کنند و این زمان را صرف تحقیقات با ارزش­تری کنند. شناسایی پپتید­های ضد­سرطانی نیز از این قاعده مستثنی نمی­شود. به­همین دلیل در این پایان­نامه نیز سعی می­شود تا با انجام یک روش محاسباتی به تشخیصی از پپتیدهای ضدسرطانی برسیم.

## روش‌های محاسباتی تشخیص پپتیدهای ضدسرطانی

همانطور که در قسمت قبل اشاره شد، روش­های تجربی نیازمند صرف انرژی انسانی و هزینه­های مالی زیاد است، در نتیجه نیاز به رویکرد­های محاسباتی در­کنار روش­های تجربی وجود دارد.

یکی از روش­های محاسباتی برای تشخیص پپتید­های ضد­سرطانی، استفاده از داده­های بدست آمده توسط محققان زیستی برای یادگیری­ماشین است. در ادامه به توضیح مختصری از الگوریتم­های به کار­رفته در این پایان­نامه می­پردازیم.

### روش‌های مبتنی بر یادگیری ماشین

یادگیری ماشین به مجموعه وسیعی از روش‌های محاسباتی برای درک داده‌ها اشاره دارد که می‌تواند الگوهای پیچیده در یک مجموعه را پیدا و بر اساس آن‌ها تصمیم‌گیری کند. این روش‌ها را می‌توان به دو دسته یادگیری با نظارت[[7]](#footnote-7) و یادگیری بدون نظارت[[8]](#footnote-8) تقسیم کرد. یادگیری ماشین با نظارت، یک مدل آماری برای پیش‌بینی برچسب کلاس[[9]](#footnote-9) بر اساس یک یا چند توصیف­کننده[[10]](#footnote-10) (ویژگی[[11]](#footnote-11)) ایجاد می‌کند. در این روش با هدف پیش‌بینی دقیق کلاس­ها برای مشاهدات آینده، مدلی[[12]](#footnote-12) تنظیم می‌شود که برچسب کلاس­ها را به ویژگی‌ها مرتبط کند.

در یادگیری ماشین بدون نظارت، به توصیف­کننده­ها کلاسی نسبت داده نشده است. در این روش با پیدا کردن ساختار و روابط بین توصیف‌کننده‌ها، داده‌ها کلاسترمی‌شوند.[[13]](#footnote-13)

در مسائلی که داده‌ها برچسب کلاس دارند؛ از روش‌های با نظارت که به آن­ها طبقه‌بندی[[14]](#footnote-14) می­گویند، استفاده می‌شود. در ادامه به اختصار طبقه­بندهای استفاده شده در این پایان­نامه توضیح داده می‌شود.

#### طبقه­بند درخت تصمیم[[15]](#footnote-15)

درخت نوع خاصی از گراف است و درخت تصمیم یک روش برای پیش‌بینی بر اساس این ساختار است. به دلیل تفسیر­پذیر بودن درخت­تصمیم، این روش از پرکاربردترین مدل‌ در مسائل یادگیری ماشین کلاسیک است. این ساختار از گره ریشه[[16]](#footnote-16) شروع می‌شود و به برگ­ها[[17]](#footnote-17) (گره پایانی) ختم می‌شود. برگ‌ است که مشخص می‌کند یک نمونه در چه کلاسی قرار خواهد گرفت. گره‌های داخلی با استفاده از قوانینی و با توجه به ویژگی‌ها، نمونه‌ها را به زیر مجموعه‌های مختلف تقسیم می‌کند، تا در نهایت مشخص شود هر نمونه به کدام کلاس تعلق دارد.[29]



شکل ‑: ساختار کلی یک درخت تصمیم

#### طبقه­بند جنگل تصادفی[[18]](#footnote-18)

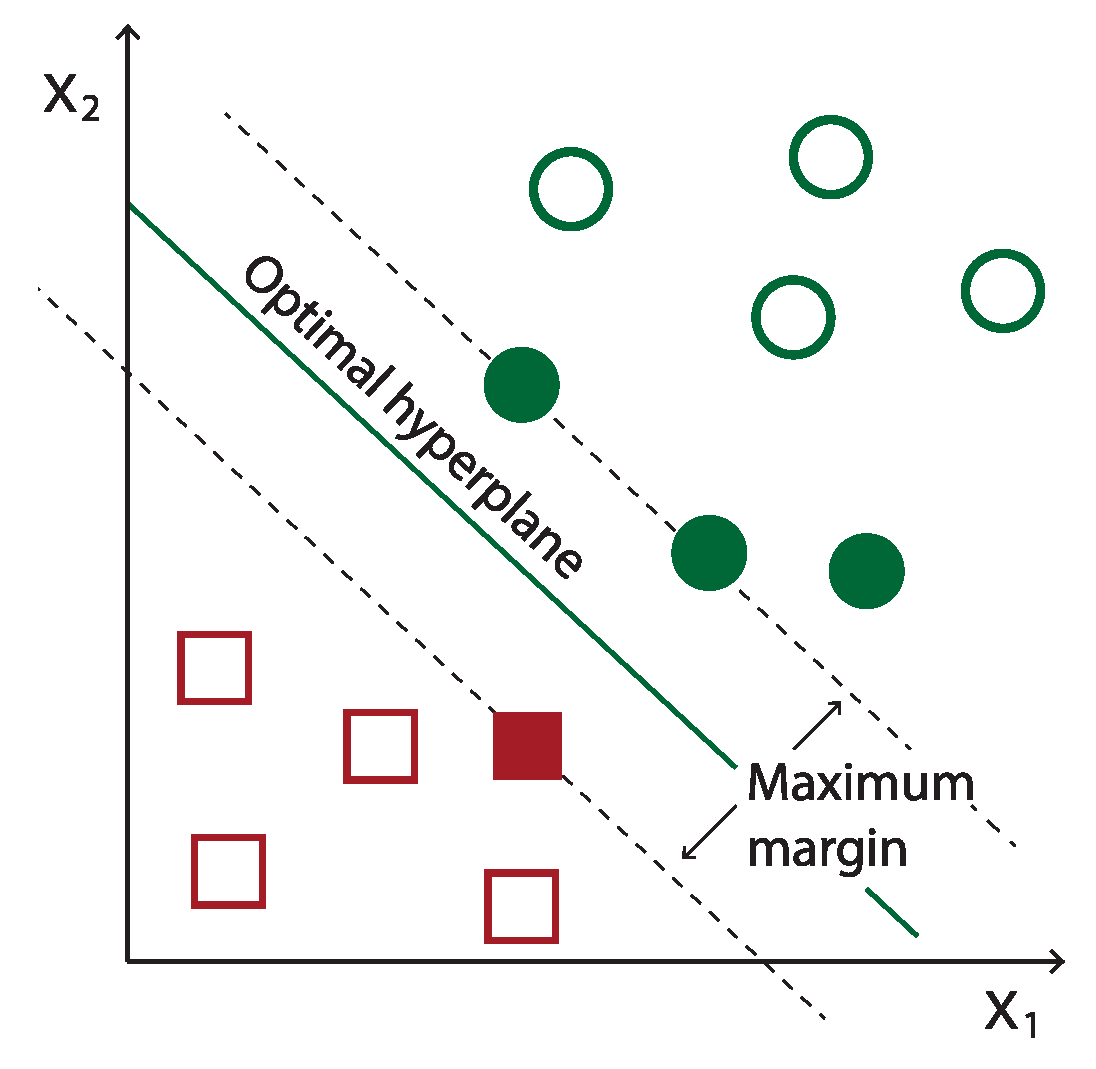
طبقه‌بند جنگل تصادفی از تعداد زیادی درخت­تصمیم استفاده می‌کند. به همین دلیل الگوریتم جنگل تصادفی در دسته الگوریتم­های یادگیری گروهی[[19]](#footnote-19) قرار می­گیرد. در این روش هر درخت­تصمیم به صورت تصادفی تعدادی از ویژگی‌ها را انتخاب می‌کند و در مورد هر نمونه پیش‌بینی انجام می‌دهد. برای تعیین برچسب یک نمونه بین تمام برچسب‌هایی که هر درخت به آن نمونه نسبت داده است؛ رأی اکثریت گرفته می‌شود[30].



شکل ‑: ساختار کلی از یک طبقه بند جنگل تصادفی

#### طبقه­بند ماشین بردار پشتیبان[[20]](#footnote-20)

ماشین بردار پشتیبان یک الگوریتم یادگیری ماشین است که سعی دارد با ایجاد یک ابرصفحه داده‌ها را به نسبت تعداد برچسب­ها تقسیم کند. این طبقه‌بند در ایجاد ابر صفحه مناسب به دنبال بیشینه کردن فاصله نمونه‌ها از ابرصفحه است. به این فاصله حاشیه[[21]](#footnote-21) گفته­ می­شود.



شکل ‑: ساختار یک ماشین بردار پشتیبان دوکلاس خطی

از آنجایی که همیشه و به راحتی امکان یافتن چنین ابرصفحه‌ای نیست؛ با تابعی به نام هسته[[22]](#footnote-22) نمونه‌ها به فضایی جدید منتقل می‌شوند و سپس ابرصفحه مناسب ایجاد می‌شود. همچنین این الگوریتم اجازه می‌دهد تعداد کمی از نمونه‌ها در سمت نادرست ابرصفحه قرار بگیرند[31] .



شکل ‑: مثالی از فضای نمونه‌ پس از اعمال تابع هسته

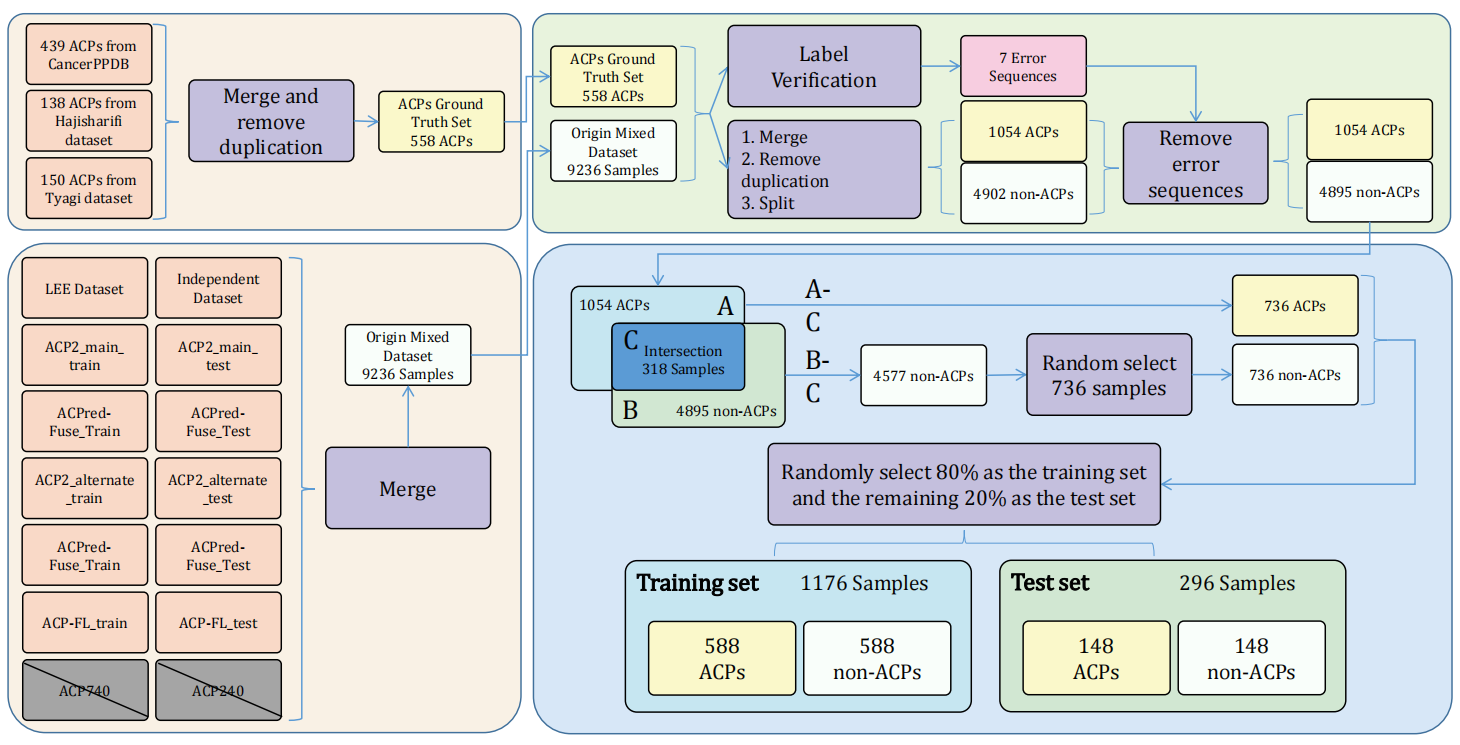
## پیشینه تحقیق

پایگاه داده­های متعددی برای ذخیره داده­ پپتید­های ضدمیکروبی با عملکرد ضد­سرطانی که توسط محققان زیستی گزارش شده­اند بوجود آمده است. همچنین مقالات متعددی در حوزه پیش­بینی پپتید­های ضد­سرطانی به روش­های محاسباتی در حال انتشار هستند که این نشان­دهنده جذابیت و اهمیت موضوع تشخیص پپتید­های ضدسرطانی از پپتید­های غیر­ضدسرطانی است.

همچنین الگوریتم­های یادگیری ماشین کلاسیک و مدرن (شبکه­های عصبی عمیق[[23]](#footnote-23)) متعددی تا به امروز ارائه شده است. یکی از روش­های پیش­بینی ACPs[[24]](#footnote-24) استخراج ویژگی از توالی این پپتیدها است. مطالعات گسترده­ای در حوزه استخراج ویژگی از توالی پپتیدها به صورت محاساباتی صورت گرفته است، که شامل استخراج ویژگی از توالی ساختار اول، ساختار دوم و سوم آن­ها میشود. عمده تحقیقات برای پیش­بینی ACPها توسط استخراج ویژگی از ساختار اولیه این پپتیدها انجام شده است. بعلاوه ابزارهای متعددی برای استخراج این ویژگی­ها در حال توسعه هستند و منتشر­شده­اند.

با مطالعه و جستجو بین پایگاه داده­ها[[25]](#footnote-25) و مقالات منتشر­شده در حوزه پیش­بینی ACPs، مطالعه­ای در سال 2021 تجمیعی از تمام داده­های موجود در حوزه پپتیدهای ضد­سرطانی را در مقاله خود انجام داده است، داده­های این مطالعه مورد استفاده این پایان­نامه قرار گرفته است.[32]

مراحل تجمیع داده­­ بین پایگاه داده­­های پپتید­های ضدمیکروبی و داده­های استفاده شده در مقالات پیشین حوزه ACPs که اشاره شده[32] بیان شد، درشکل 6-1 مشاهده می­شود.

**

شکل ‑: مراحل ادغام ساخت مجموعه­داده­های ACP [32]

برای استخراج ویژگی از ساختار اولیه، ثانویه و یا ساختار سوم پروتئین و پپتید، ابزارهای متعددی منتشرشده و در حال توسعه هستند. با بررسی ابزار­های متفاوت برای استخراج ویژگی­ها از ساختار­اولیه توالی پروتئین و پپتیدها، پکیج پایتون iFeature که در سال 2018 منتشر شده است[33]، پوشش دهنده نیاز­های این پایان­نامه است.

همچنین با بررسی مقالات موجود در حوزه ACP prediction به روش­های محاسباتی و همچنین بررسی الگوریتم­های کلاسیک یادگیری ماشین، بررسی شده­است که RF [[26]](#footnote-26)و SVM [[27]](#footnote-27)کاندیدای خوبی برای استفاده بر روی داده­های ACP، non-ACP[[28]](#footnote-28) هستند.

## هدف از انجام طرح

اگرچه AMP[[29]](#footnote-29)ها در چندین دهه قبل شناخته شده­اند، اما تنها در دهه اخیر است که تعداد مقالات مربوط به فعالیت­های ضدسرطانی آن­ها افزایش یافته و از آن­ها به عنوان پپتیدهای ضدسرطانی یاد میکنند[6-8, 14, 34]. به همین علت بر این باوریم که در سالهای آینده، این پپتیدها به علت ویژگی­های منحصربه­فردشان در راستای تأثیرگذاری روی سلول­های سرطانی، پیشرفت مهمی در درمان بیماری سرطان که از بزرگترین نگرانی­های جامعه بشری در جهان است، رقم خو اهند زد. استراتژی دیگری که مورد توجه قرار گرفته­است، استفاده ترکیبی از پپتیدها با داروهای مرسوم شیمی­درمانی است که هزینه­های درمان را کاهش می­دهد و باعث به حداقل رساندن مشکل مقاومت به سرطان و جلوگیری از عود مجدد آن میشود. پیشرفت­هایی در جهت تولید این پپتیدها در مقیاس بزرگ در جهان صورت گرفته­است تا این روش درمانی، برای بیماران ارزان­تر و قابل دسترس­تر باشد. هرچند محدودیت­هایی ازجمله شباهت احتمالی این پپتیدها با آنتی­ژنهای خودی یا تحریک سیستم ایمنی علیه این پپتیدها میتواند وجود داشته باشد. در نهایت با توجه به مطالب گفته­شده میتوان پیش­بینی کرد این پپتیدها مسیری رو به پیشرفت در جهت بهینه­سازی روند درمان بیماری سرطان را طی کرده و میتوانند یک روش درمانی نوین و با عوارض کم را ارائه دهند. همچنین با توجه به هزینه مالی و انسانی زیاد برای شناسایی این پپتید­ها به روش آزمایشگاهی، همیشه نیاز به روش­هایی محاسباتی در کنار روش­های آزمایشگاهی وجود دارد. به­ همین دلیل در این پایان­نامه نیزسعی در بررسی تشخیص پپتید­های ضدسرطانی از بین پپتید­های غیر­ضدسرطانی توسط یادگیری ماشین شده­است.

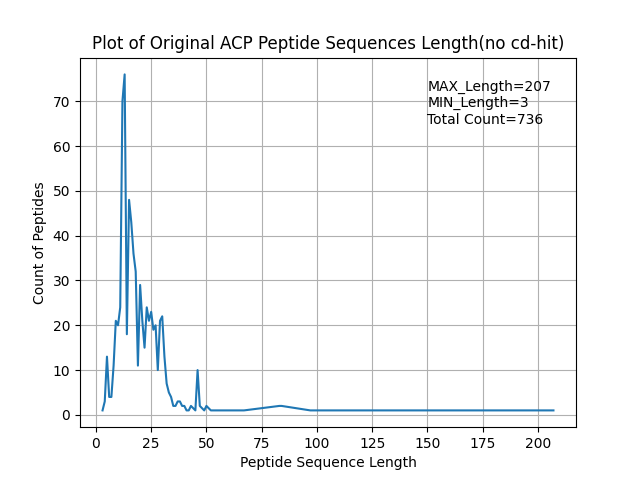
# فصل دوم: مواد و روش‌ها

## مجموعه داده[[30]](#footnote-30)

مجموعه داده­­ مورد استفاده برای پیش­بینی پپتید­های ضدسرطانی که در این پایان­نامه استفاده شده و در فصل قبل نیز به آن­ها اشاره شد به دو مجموعه تقسیم می­شوند[32]. 1- مجموعه داده مثبت که شامل پپتید­های ضد­میکروبی با عملکرد ضدسرطانی که توسط محققان زیستی به صورت آزمایشگاهی تایید شده­اند. 2- مجموعه داده منفی که شامل پپتید­های ضدمیکروبی که عملکرد ضدسرطانی برای آن­ها گزارش نشده است.

### مجموعه داده مثبت[[31]](#footnote-31)

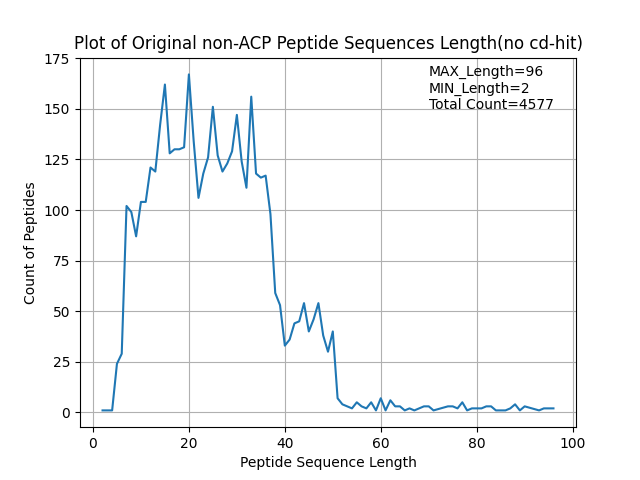
مجموعه داده مثبت که شامل پپتید­های ضد­میکروبی با عملکرد ضدسرطانی که توسط محققان زیستی به صورت آزمایشگاهی تایید شده­اند که شامل 736 پپتید ضدسرطانی(ACP) است[32].



شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده مثبت خام (ACP)

### مجموعه داده منفی[[32]](#footnote-32)

مجموعه داده منفی که شامل پپتید­های ضدمیکروبی که عملکرد ضدسرطانی توسط محققان زیستی برای آن­ها گزارش نشده­است شامل 4577 پپتید غیرضدسرطانی(non-ACP) است[32].

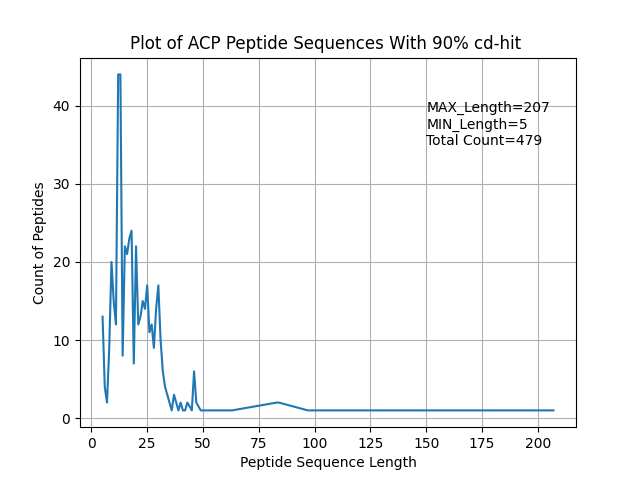


شکل ‑: نمای کلی از مجموعه داده منفی خام (non-ACP)

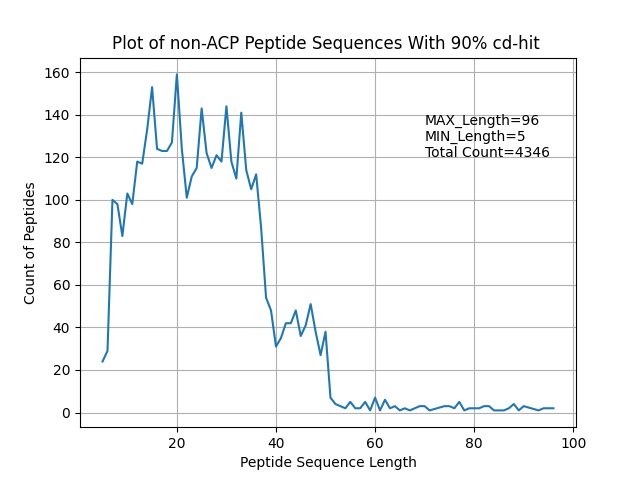
## پیش پردازش مجموعه داده

### شناسایی و حذف توالی پپتیدهای مشابه توسط ابزار cd-hit

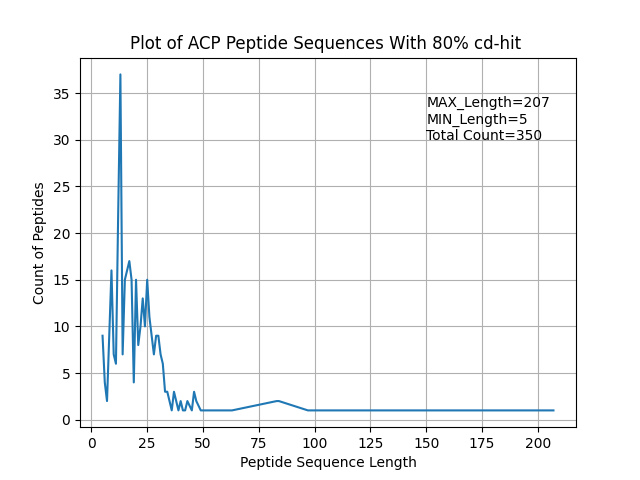
اجتماع مجموعه داده خام مثبت و مجموعه داده خام منفی، مجموعا تعداد 5313 پپتید است. با استفاده از ابزار cd­-­hit­ [35]، 2 بار بصورت کاملا مستقل اقدام به حذف توالی­های مشابه شد. یکبار بر روی داده­های خام cd-hit با 90 درصد شباهت[[33]](#footnote-33) و حذف پپتید­های با طول کمتر از 5 اسید­آمینه اجرا شد. بار دیگر مجددا بر روی داده­های خام cd-hit با 80 درصد شباهت و حذف پپتید­های با طول کمتر از 5 اسید­آمینه اجرا شد. نتایج بدست آمده به تفکیک داده­های مثبت و منفی در شکل­های زیر مشاهده می­شود. در نهایت با اجرا cd-hit 90 مجموع داده به 4825 داده کاهش یافت و با اجرا cd-hit 80 مجموع داده به 4534 داده کاهش یافت. بدلیل اینکه با اعمال cd-hit80 مقدار قابل توجهی از داده­ها کم می­شود، داده­های مربوط به cd-hit90 ملاک انجام ادامه پژوهش قرار می­گیرند.



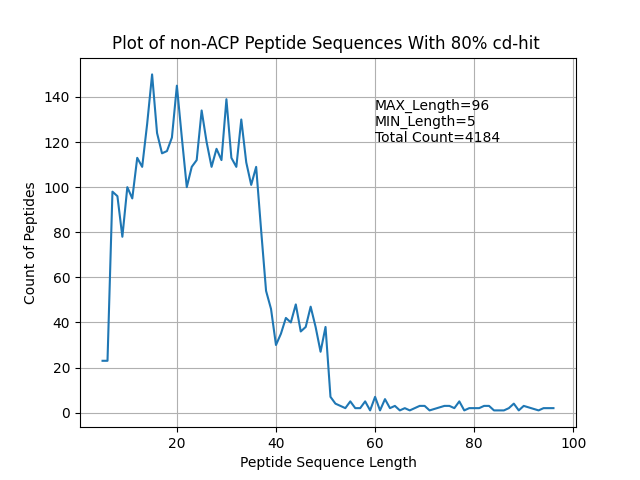
شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده مثبت با اعمال cdhit-90(ACP)



شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده منفی با اعمال cdhit-90 (non-ACP)



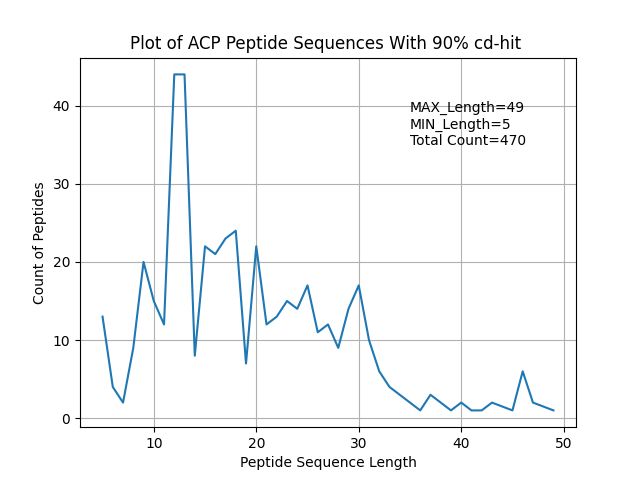
شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده مثبت با اعمال cd-hit80 (ACP)



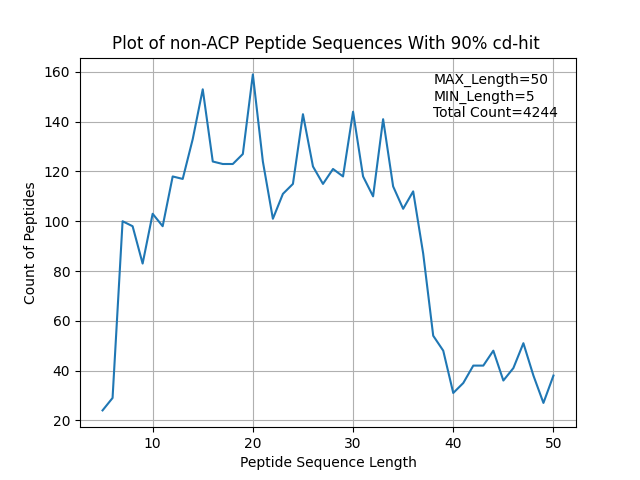
شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده منفی با اعمال cd-hit80 (non-ACP)

### فیلتر طول توالی پپتید­ها

با توجه به اینکه نُرم پپتید­های ضدمیکروبی در طبیعت بین 5 تا حداکثر 40 اسید­آمینه دارند[6]، به همین دلیل بر روی داده­های cd-hit90 فیلتر با طول حداکثر 40 اعمال شد، که در مجموعه داده به 4714 داده کاهش یافت.



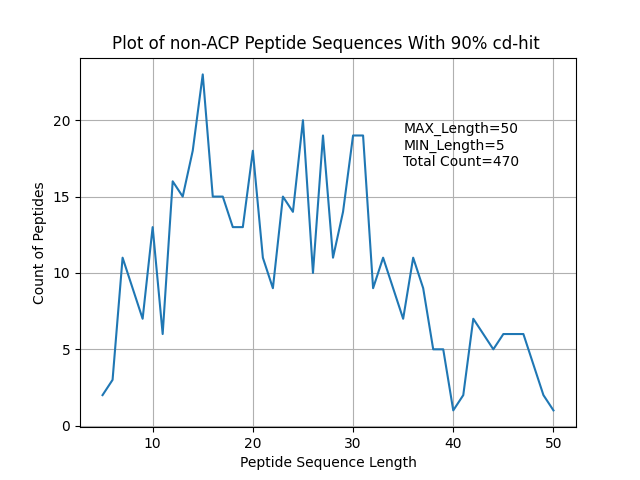
شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده مثبت cdhit90 پس از اعمال فیلتر طول توالی



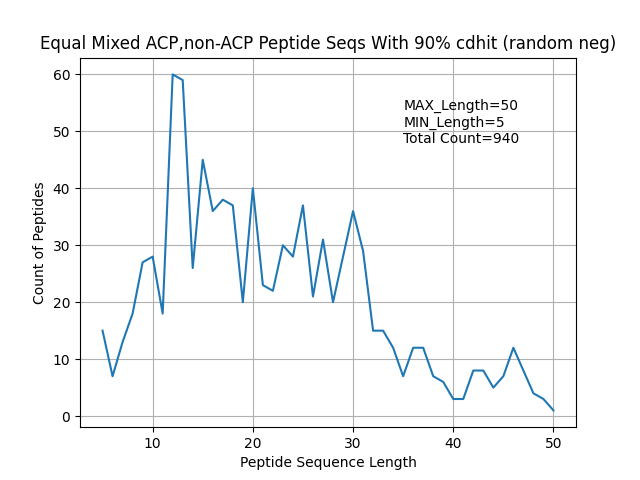
شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده منفی cdhit90 پس از اعمال فیلتر طول توالی

### بالانس کردن داده­های مثبت و منفی

پس از اعمال پیش پردازش بر روی داده­های خام، تعداد داده­ cd-hit90 به تعداد 470 داده مثبت (ACP) و 4244 داده منفی (non-ACP) کاهش یافت. با توجه به تعداد بیشتر مجموعه داده منفی و همچنین عدم گزارش وسیع پپتیدهای ضدسرطانی(ACP) به صورت آزمایشگاهی، یکی از چالش‌های انتخاب مجموعه داده منفی است. برای انتخاب داده‌های منفی به تعداد داده­های مثبت روش‌های مختلفی وجود دارد که رایج‌ترین آن، انتخاب به صورت تصادفی به تعداد داده­های مثبت است. با انتخاب 470 داده منفی از بین 4244 داده منفی، در نهایت به مجموعه­ای 940تایی با تعدادی مساوی از پپتیدهای ضدسرطانی و غیرضدسرطانی دست یافتیم. نمای کلی از مجموعه داده اصلی برای استفاده در ادامه پژوهش در شکل 10-2 مشاهده می­شود.



شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده منفی cdhit90 پس از انتخاب رندوم به تعداد داده­های مثبت



شکل ‑: نمایی کلی از مجموعه داده مثبت و منفی پس از اعمال پیش­پردازش­ها

## مجموعه داده آموزش و تست

برای آموزش و ارزیابی مدل­های یادگیری، مجموعه داده 940 تایی پپتیدهای بدست آمده در مرحله قبل به نسبت 80-20 طوری که 80 درصد برای مجموعه داده آموزش و 20 درصد برای مجموعه داده مستقل در نظر گرفته شد.

### مجموعه داده آموزش[[34]](#footnote-34)

برای یادگیری مدل­های یادگیری ماشین و همچنین تنظیم پارامتر­های[[35]](#footnote-35) مدل­­ها 80 درصد از کل مجموعه داده مثبت یعنی 376 داده مثبت و همچنین 80 درصد از مجموعه داده منفی یعنی 376 داده منفی به صورت کاملا رندوم و بدون تکرار انتخاب شدند، که در مجموع برای هر بار آموزش و تنظیم پارامترها، 725 داده کنارگذاشته شدند.

### مجموعه داده تست مستقل[[36]](#footnote-36)

برای ارزیابی عملکرد مدل­های آموزش دیده 20 درصد از 940 پپتید موجود کنار گذاشته شد، طوری که این 20 درصد در هیچ مرحله ای از آموزش و انتخاب پارامترهای تنظیمی استفاده نشدند. بعبارتی 188 داده طوری که تعداد 94 داده مثبت بصورت کاملا رندوم و بدون تکرار از مجموعه داده­های مثبت و همچنین تعداد 94 داده منفی بصورت کاملا رندوم و بدون تکرار از مجموعه داده­های منفی انتخاب شدند.

## استخراج ویژگی[[37]](#footnote-37)

با توجه به مطالعات پیشین در حوزه پیش­بینی پپتیدهای ضد­سرطانی، تصمیم به استخراج ویژگی از ساختار اولیه پپتیدها شد، با بررسی ابزار­های موجود برای استخراج ویژگی از توالی پپتید­ها، کتابخانه پایتون iFeature نیازمندی­های این پایان­نامه را پوشش میدهد[33]، در ادامه 10 ویژگی­ استخراج شده مبتنی بر ساختار اول پپتیدها که در این پایان­نامه استفاده شده است، به اختصار توضیح داده می­شود[36-41].

### ویژگی PseudoAAC [[38]](#footnote-38)

فرض کنید ، و برای به ترتیب مقادیر آب­گریزی، آب­دوستی و وزن زنجیره جانبی برای ۲۰ اسید آمینه معمول باشند. مقدار آب­گریزی برای هر اسید آمینه از رابطه (‏2‑1) بدست می­آید.

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‏2‑1) |  |

و نیز به ترتیب برای ویژگی­های آب­دوستی و وزن زنجیره جانبی برای هر اسید­آمینه مانند رابطه (‏2‑1) به دست می‌آیند. سپس تابع correlation­­ای به ازای هر جفت آمینواسید و طبق رابطه (‏2‑2) تعریف می­شود.

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‏2‑2) |  |

سپس مجموعه‌ عوامل مرتبط با ترتیب توالی به صورت زیر تعریف می‌شود. طول توالی و است. در اینجا λ برابر با 4 در نظر گرفته شده‌است.

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‏2‑3) |  |

در نهایت برداری به طول در اینجا به طول 24 برای هر پروتئین از رابطه (‏2‑4) بدست می­آید که به آن ویژگی PseudoAAC گفته می­شود. فراوانی نرمال شده اسید­آمینه ام و *w* = 0.5 در نظر گرفته شده‌است[33].

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‏2‑4) |  |

### ویژگی APseudoAAC [[39]](#footnote-39)

تعریف مجموعه ویژگی­های این ویژگی مشابه ویژگی PseudoAAC است. و ویژگی­های آبگریزی و آب­دوستی از رابطه همبستگی زیر محاسبه می­شود.

رابطه (‏2‑5)

,

همچنین مجموعه‌ عوامل مرتبط با ترتیب توالی به صورت زیر تعریف می‌شود.

رابطه (‏2‑6)

سپس مجموعه­ای از توصیفگرها که به آن­ها APseudoAAC گفته می­شود به صورت زیر تعریف می­شون*د.*

*w* = 0.5.

### ویژگی CKSAAP [[40]](#footnote-40)

ویژگی CKSAAP، تعداد تکرار جفت اسید­آمینه که توسط *k اسید­آمینه از هم فاصله [[41]](#footnote-41)دارند را محاسبه می­کند. در این پایان نامه k* = 0, 1, 2, 3 در نظر گرفته شده است. به­همین دلیل بردار ویژگی به طول 1600 برای CKSAAP ساخته شد.

### ویژگی CDT [[42]](#footnote-42)

ویژگیCDT که مخفف سه کلمه ترکیب (Composition)، توزیع (Distribution) و انتقال (Transition) است؛ الگوهای توزیع ویژگی‌های ساختاری یا فیزیکوشیمیایی یک آمینواسید در یک توالی پروتئین یا پپتید را نشان می‌دهد. برای محاسبه این ویژگی از 13 ویژگی فیزیکوشیمیایی استفاده شده‌است؛ که شامل ویژگی های آبگریزی، حجم نرمال شده وندروالس[[43]](#footnote-43)، قطبیت[[44]](#footnote-44) ، قطبش پذیری[[45]](#footnote-45)، بار[[46]](#footnote-46)، ساختارهای ثانویه [[47]](#footnote-47)و قابلیت دسترسی به حلال[[48]](#footnote-48) است. هر یک از این ویژگی­ها بیست اسید­آمینه را بر اساس خواص فیزیکوشیمیایی به سه گروه تقسیم می‌کند و سپس توالی پروتئینی بر اساس این که هر آمینواسید در کدام گروه قرار می‌گیرند بازنویسی می‌شوند. ویژگی‌های ترکیب، انتقال و توزیع برای توالی بازنویسی شده محاسبه می‌شود و هریک به ترتیب بردارهایی به طول 39، 39 و 195 تولید می‌کنند. در نهایت بردار ویژگی CDT برای یک پروتئین از کنار هم قرار گرفتن این سه بردار ساخته می‌شود که به طول 273 است.

### ویژگی DDE [[49]](#footnote-49)

ویژگی DDE توسط 3 پارامتر ساخته می­شود، 1- ترکیب دوتایی [[50]](#footnote-50)(*Dc*)، میانگین نظری[[51]](#footnote-51) (*Tm*) و واریانس نظری[[52]](#footnote-52) (*Tv*). 3 پارامترهای بیان شده و DDE در روابط زیر محاسبه می­شوند.

*Dc(r,s)، معیار ترکیب دوتایی برای دوپپتید* ‘*rs’ :*



که، *Nrs*  تعداد پپتیدهای دوتایی با اسیدآمینه *r و s، N طول پپتید هستند.*

*Tm(r,s)، میانگین نظری:*



که، *Cr* تعداد کدون[[53]](#footnote-53)­های کد­کننده اولین اسید­آمینه و *Cs*تعداد کدون­های کدکننده دومین اسید­آمینه در پپتید دوتایی ‘*rs*’ است. *CN* تعداد کل کدون­های ممکن بغیر از 3 کدون متوقف کننده[[54]](#footnote-54) است.

*Tv* (*r,s*)، واریانس نظری:



و، در نهایت *DDE(r,s) از رابطه زیر محاسبه می­شود:*



### ویژگی Geary Correlation (Geary)

### ویژگی KSCTriad [[55]](#footnote-55)

این ویژگی ۲۰ آمینواسید را بر اساس خواص فیزیکوشیمیایی به ۷ گروه تقسیم می‌کند و توالی پروتئینی براساس این که هر آمینواسید در کدام گروه قرار گرفته بازنویسی می‌کند. تعداد سه‌تایی‌های متوالی در این حالت برابر با ۷×۷×۷ می‌شود؛ سپس فراوانی هر یک از این سه‌تایی‌ها محاسبه و نرمال می‌شود و برای یک پروتئین یک بردار ویژگی به طول ۳۴۳ تولید می‌کند.[32]‌[34]

در نهایت بردار ویژگی از کنار هم قرار گرفتن ویژگی‌های فوق و مربوط به دو پروتئین ساخته می‌شود. با توجه به توضیحات بالا طول بردار ویژگی برای یک پروتئین برابر با ۱۲۷۰ است و برای یک برهمکنش که شامل دو پروتئین است برابر با ۲۵۴۰ است. نمایی از بردار ویژگی در شکل زیر نشان داده شده ‌است.

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| ویژگی۶  پروتئین۲ | ویژگی۵  پروتئین۲ | ویژگی۴  پروتئین۲ | ویژگی۳  پروتئین۲ | ویژگی۲  پروتئین۲ | ویژگی۱  پروتئین۲ | ویژگی۶  پروتئین۱ | ویژگی۵  پروتئین۱ | ویژگی۴  پروتئین۱ | ویژگی۳  پروتئین۱ | ویژگی۲  پروتئین۱ | ویژگی۱  پروتئین۱ |

شکل ‏2‑ : نمایی از بردار ویژگی

### ویژگی Moran Correlation

این ویژگی ۲۰ آمینواسید را بر اساس خواص فیزیکوشیمیایی به ۷ گروه تقسیم می‌کند و توالی پروتئینی براساس این که هر آمینواسید در کدام گروه قرار گرفته بازنویسی می‌کند. تعداد سه‌تایی‌های متوالی در این حالت برابر با ۷×۷×۷ می‌شود؛ سپس فراوانی هر یک از این سه‌تایی‌ها محاسبه و نرمال می‌شود و برای یک پروتئین یک بردار ویژگی به طول ۳۴۳ تولید می‌کند.[32]‌[34]

در نهایت بردار ویژگی از کنار هم قرار گرفتن ویژگی‌های فوق و مربوط به دو پروتئین ساخته می‌شود. با توجه به توضیحات بالا طول بردار ویژگی برای یک پروتئین برابر با ۱۲۷۰ است و برای یک برهمکنش که شامل دو پروتئین است برابر با ۲۵۴۰ است. نمایی از بردار ویژگی در شکل زیر نشان داده شده ‌است.

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| ویژگی۶  پروتئین۲ | ویژگی۵  پروتئین۲ | ویژگی۴  پروتئین۲ | ویژگی۳  پروتئین۲ | ویژگی۲  پروتئین۲ | ویژگی۱  پروتئین۲ | ویژگی۶  پروتئین۱ | ویژگی۵  پروتئین۱ | ویژگی۴  پروتئین۱ | ویژگی۳  پروتئین۱ | ویژگی۲  پروتئین۱ | ویژگی۱  پروتئین۱ |

شکل ‑ : نمایی از بردار ویژگی

### ویژگی NMBroto [[56]](#footnote-56)

این ویژگی ۲۰ آمینواسید را بر اساس خواص فیزیکوشیمیایی به ۷ گروه تقسیم می‌کند و توالی پروتئینی براساس این که هر آمینواسید در کدام گروه قرار گرفته بازنویسی می‌کند. تعداد سه‌تایی‌های متوالی در این حالت برابر با ۷×۷×۷ می‌شود؛ سپس فراوانی هر یک از این سه‌تایی‌ها محاسبه و نرمال می‌شود و برای یک پروتئین یک بردار ویژگی به طول ۳۴۳ تولید می‌کند.[32]‌[34]

در نهایت بردار ویژگی از کنار هم قرار گرفتن ویژگی‌های فوق و مربوط به دو پروتئین ساخته می‌شود. با توجه به توضیحات بالا طول بردار ویژگی برای یک پروتئین برابر با ۱۲۷۰ است و برای یک برهمکنش که شامل دو پروتئین است برابر با ۲۵۴۰ است. نمایی از بردار ویژگی در شکل زیر نشان داده شده ‌است.

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| ویژگی۶  پروتئین۲ | ویژگی۵  پروتئین۲ | ویژگی۴  پروتئین۲ | ویژگی۳  پروتئین۲ | ویژگی۲  پروتئین۲ | ویژگی۱  پروتئین۲ | ویژگی۶  پروتئین۱ | ویژگی۵  پروتئین۱ | ویژگی۴  پروتئین۱ | ویژگی۳  پروتئین۱ | ویژگی۲  پروتئین۱ | ویژگی۱  پروتئین۱ |

شکل ‑ : نمایی از بردار ویژگی

### ویژگی QSOrder [[57]](#footnote-57)

این ویژگی توالی پروتئین را به سه قسمت N-terminal، C-terminal و قسمت میانی تقسیم می‌کند و فراوانی آمینواسیدها را در هر قسمت محاسبه می‌کند و در نهایت یک بردار ویژگی به طول ۶۰ برای یک پروتئین تولید می‌کند.

## پیش‌پردازش داده‌ها

در مرحلة پیش‌پردازش داده‌ها[[58]](#footnote-58) ویژگی‌هایی که برای تمامی نمونه‌ها یکسان است، حذف شدند؛ زیرا حاوی اطلاعاتی برای پیش‌بینی برهمکنش بین پروتئین‌ها نیستند. از آنجایی که ویژگی‌های متفاوت در محدوده‌های مختلفی تغییر می‌کنند، ممکن است ویژگی‌هایی که شامل اعداد بزرگتری هستند نسبت به بقیة ویژگی‌ها تأثیر نامناسبی روی نتیجة پیش‌بینی داشته باشند. به همین منظور تمام ویژگی‌ها باید نرمال‌سازی یا استانداردسازی شوند. در این مطالعه با استفاده از روش نرمال‌سازی min-max و با رابطه (‏2‑5) هر ویژگی‌ در مجموعه دادة آموزش به بازة نگاشت شدند.

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‏2‑) |  |

هر یک از ویژگی‌های مجموعه دادة آزمون و آزمون مستقل هم با پارامترهای مربوط به همان ویژگی در مجموعه دادة آموزش و با رابطه (‏2‑5) به اعداد جدیدی نگاشت شدند.

یکی دیگر از مسائلی که روی نتیجة اکثر طبقه‌بندی‌ها تأثیر منفی دارد، همبستگی[[59]](#footnote-59) بین ویژگی‌هاست. برای حل این مشکل در مجموعه دادة آموزش، ازبین ویژگی‌هایی که بیش از ۰٫۹ با هم همبستگی داشتند؛ تنها یکی حفظ شد و بقیه حذف شدند. ویژگی‌های حذف شده در این مرحله، از مجموعه داده‌های آزمون و آزمون مستقل نیز حذف شدند.

تمامی موارد بالا برای هر دو مجموعه دادة Random و SDD انجام شد. پس از این مرحله، طول بردار ویژگی برای مجموعه دادة Random برابر با ۲۱۵۵ و برای مجموعه دادة SDD برابر با ۲۱۳۷ شد.

## ‌ معیارهای ارزیابی

جهت سنجش کارایی الگوریتم‌های یادگیری ماشین نیاز به معیارهایی داریم و برای تعریف معیارهای ارزیابی ابتدا احتیاج به پارامترهایی داریم که بدانیم چه تعداد از نمونه‌ها به درستی پیش‌بینی شده‌اند. با توجه به این که این مطالعه در زمینة برهمکنش پروتئین-پروتئین است، پارامترها و معیارهای ارزیابی بر این اساس تعریف خواهند شد.

مثبت صحیح[[60]](#footnote-60): برهمکنش مثبت پروتئین-پروتئین که به درستی تشخیص داده شده است را گویند. تعداد این برهمکنش‌ها را با TP نشان می‌دهند.

مثبت کاذب[[61]](#footnote-61): برهمکنش منفی پروتئین-پروتئین که به اشتباه مثبت تشخیص داده شده است را گویند. تعداد این برهمکنش‌ها را با FP نشان می‌دهند.

منفی صحیح[[62]](#footnote-62): برهمکنش منفی پروتئین-پروتئین که به درستی تشخیص داده شده است را گویند. تعداد این برهمکنش‌ها را با TN نشان می‌دهند.

منفی کاذب[[63]](#footnote-63): برهمکنش مثبت پروتئین-پروتئین که به اشتباه منفی تشخیص داده شده است را گویند. تعداد این برهمکنش‌ها را با FN نشان می‌دهند.

در ادامه معیارهای ارزیابی توضیح داده شده است.

### حساسیت

توانایی یک الگوریتم یادگیری ماشین برای تشخیص مقادیر مثبت صحیح را حساسیت[[64]](#footnote-64) یا یادآوری[[65]](#footnote-65) گویند و با رابطه (‏2‑6) محاسبه می‌شود. با توجه به این رابطه می‌توان دریافت که هر چه تعداد برهمکنش‌های مثبت پروتئین-پروتئین که به اشتباه منفی پیش‌بینی شده‌اند؛ کمتر باشد، حساسیت به عدد یک نزدیک‌تر است و حساسیت الگوریتم برای پیش‌بینی بالاتر است.

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‏2‑) |  |

### اختصاصیت

توانایی یک الگوریتم یادگیری ماشین برای تشخیص مقادیر منفی صحیح را اختصاصیت[[66]](#footnote-66) گویند و با رابطه (‏2‑7) محاسبه می‌شود. با توجه به این رابطه می‌توان دریافت که هر چه تعداد برهمکنش‌های منفی پروتئین-پروتئین که به اشتباه مثبت پیش‌بینی شده‌اند؛ کمتر باشد، یعنی مثبت کاذب کمتر باشد، اختصاصیت به عدد یک نزدیک‌تر است.

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‏2‑) |  |

### صحت

یکی از مهم‌ترین معیارهای ارزیابی صحت[[67]](#footnote-67) است و با رابطه (‏2‑8) محاسبه می‌شود. این معیار نشان می‌دهد چند درصد از داده‌ها به درستی طبقه‌بندی شده‌اند.

|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‑) |  |

### دقت

دقت[[68]](#footnote-68) نشان دهندة نسبت تعداد برهمکنش‌های مثبت پروتئین-پروتئین که توسط الگوریتم یادگیری ماشین به درستی مثبت گزارش شده است به تعداد تمام برهمکنش‌های پروتئین-پروتئین که توسط الگوریتم یادگیری ماشین مثبت گزارش شده است؛ می‌باشد و بارابطه (‏2‑9) محاسبه می‌شود.[9]

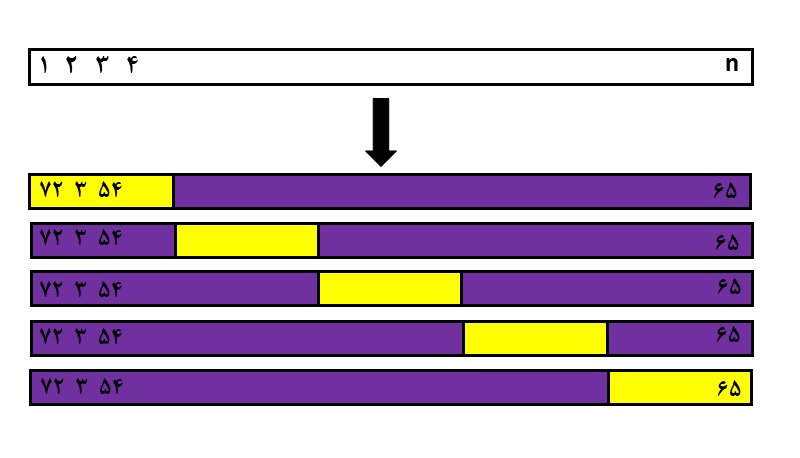
|  |  |
| --- | --- |
| رابطه (‑) |  |

## روش اعتبارسنجی متقابل

اعتبارسنجی متقابل[[69]](#footnote-69) یک روش برای ارزیابی مدل است، در این روش مجموعه دادة آموزش به چند بخش قسمت می‌شود و هر بار یک بخش به عنوان مجموعة آزمون برای ارزیابی در نظر گرفته می‌شود و مدل روی بقیة بخش‌ها اجرا می‌شود.

### اعتبارسنجی متقابل -لایه

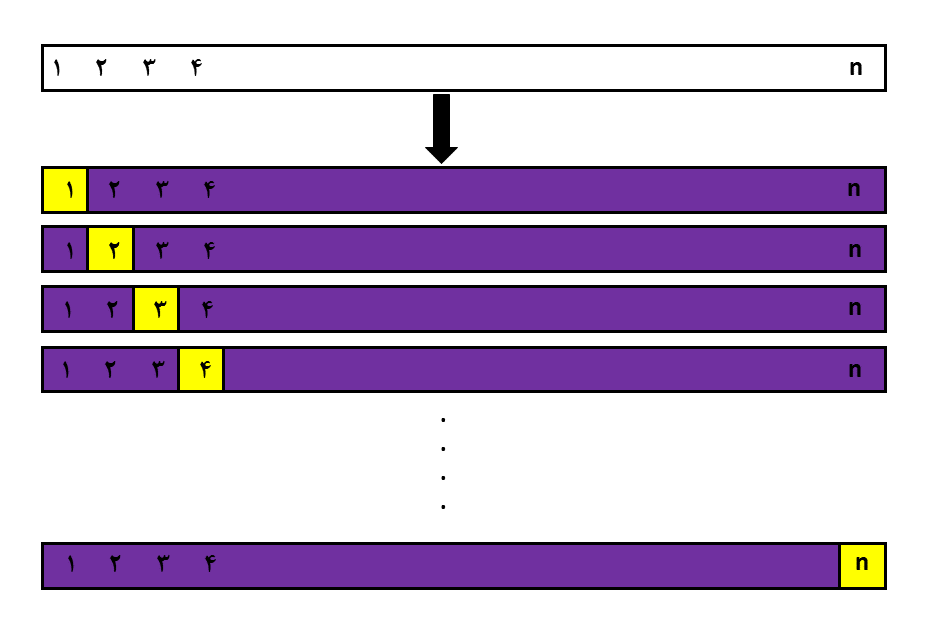
اعتبارسنجی متقابل -لایه[[70]](#footnote-70)، مجموعه دادة آموزش به افراز می‌شود. هر بار یک بخش به عنوان مجموعة آزمون در نظر گرفته می‌شود و مدل روی بخش‌ دیگر اجرا می‌شود. دقت مدل روی بخشی که به عنوان مجموعة آزمون در نظر گرفته شده بود؛ محاسبه می‌شود. در نهایت میانگین دقت محاسبه شده در مرحله فوق به عنوان دقت مدل گزارش می‌شود.



شکل ‑ : نمایی از اعتبار سنجی متقابل ۵-لایه

### اعتبارسنجی یک طرفه

اعتبارسنجی یک طرفه (LOOCV) [[71]](#footnote-71) شبیه اعتبارسنجی متقابل -لایه عمل می‌کند. اگر مجموعة آموزش شامل نمونه باشد در هر مرحله مدل برای نمونه ساخته می‌شود و سپس بر اساس مدل ساخته شده آن یک نمونه پیش‌بینی می‌شود. در نهایت دقت روی پیش‌بینی‌هایی که در مرحله صورت گرفته بود؛ به عنوان دقت مدل گزارش می‌شود.[15]



شکل ‑ : نمایی از اعتبارسنجی یک طرفه

## انتخاب ویژگی

انتخاب ویژگی[[72]](#footnote-72)، انتخاب یک زیرمجموعه از کل مجموعة ویژگی‌هاست به طوری که بیشترین و مناسب‌ترین ارتباط را با برچسب‌ها را داشته باشد. انتخاب ویژگی‌های مناسب باعث می‌شود مدل‌های یادگیری ماشین کارآیی بیشتری داشته باشند و ارتباط بین ویژگی‌ها و برچسب‌ها بیشتر قابل درک‌ شود. به طور کلی روش‌های انتخاب ویژگی را می‌توان به دو گروه بسته‌بندی[[73]](#footnote-73) و فیلتر[[74]](#footnote-74) تقسیم کرد.

### روش بسته‌بندی

در این روش، مدل را برای زیر مجموعه‌های مختلف از ویژگی‌ها که با حذف یا اضافه کردن آن‌ها ساخته می‌شود؛ اجرا می‌کند. در نهایت زیرمجموعه‌ای که موجب ‌شود مدل بالاترین کارآرایی را داشته باشد؛ انتخاب می‌شود. از روش‌های جستجو در مجموعة ویژگی‌ها می‌توان جستجوی مستقیم ترتیبی[[75]](#footnote-75) و جستجوی معکوس ترتیبی[[76]](#footnote-76) نام برد. در واقع این روش یک الگوریتم جستجو است که ویژگی‌ها به عنوان ورودی الگوریتم هستند و کارآیی مدل به عنوان خروجی است؛ که باید بهینه ‌شود.

### روش فیلتر

روش فیلتر ارتباط بین ویژگی‌ها را خارج از مدل‌های پیش‌بینی‌کننده ارزیابی می‌کند و ویژگی‌هایی را که معیارهای لازم را داشته باشند انتخاب می‌کند. به عنوان مثال در مسائل طبقه‌بندی، هر ویژگی به طور جداگانه مورد بررسی قرار می‌گیرد تا رابطة آن و برچسب‌ها مشخص شود. در نهایت ویژگی‌هایی که با برچسب‌ها ارتباط خوبی دارند؛ انتخاب می‌شوند.[35]

به دلیل این‌که این روش‌ها به صورت جداگانه روی داده‌های این مطالعه به خوبی پاسخگو نبود؛ از ترکیبی از آن‌ها استفاده شد. برای این منظور باید یک مدل یادگیری ماشین روی مجموعه داده اجرا شود و سپس تمام ویژگی‌ها بر اساس اهمیت و سهمشان در پیش‌بینی امتیاز ‌بگیرند. برای یافتن مهترین ویژگی‌ها از بستة caret در نرم‌افزار R استفاده شد.[36] در این پایان‌نامه پنج مدل k-نزدیکترین همسایه، adaBag، niave Bayes، جنگل تصادفی و treeBag روی داده‌های آموزش اجرا شد. همة مدل‌ها با ۳ بار تکرار اعتبارسنجی متقابل ۱۰-لایه اجرا شدند. برای k-نزدیکترین همسایه مدل با k برابر با ۱، ۳، ۵، ۷ و ۱۱ ساخته شد. Naïve Bayes برای Laplace correctionهای برابر با صفر تا ۵ و Bandwidth Adjustment برابر با ۱ تا ۵ اجرا شد. جنگل تصادفی برای ۱۰، ۱۵ و ۲۰ ویژگی که به صورت تصادفی انتخاب می‌شوند؛ ساخته شد. مدل adaBag برای تعداد درخت‌های ۵، ۱۰، ۱۵، ۲۰ و ۲۵ و بیشترین عمق ۳، ۵، ۷ و ۱۰ اجرا شد. مدل treeBag پارامتر تنظیمی نداشت.

سپس امتیاز هر ویژگی برابر با مجموع امتیازهایی که از هر مدل کسب کرده‌ بودند قرار داده شد و از بیشترین تا کمترین امتیاز مرتب شد. این مراحل برای هر دو مجموعه داده‌های Random و SDD انجام شد. به منظور یافتن مناسب‌ترین تعداد ویژگی برای مجموعه دادة Random، چهار مجموعه با نام‌های Random-1، Random-2، Random-3 و Random-4 که به ترتیب شامل ۵۰ ویژگی مهم اول، ۱۰۰ ویژگی مهم اول، ۱۵۰ ویژگی مهم اول و ۲۰۰ ویژگی مهم اول هستند؛ ساخته شد. به همین ترتیب مجموعه‌های SDD-1، SDD-2، SDD-3 و SDD-4 ساخته شد.

## کاهش ابعاد مجموعه داده

تعداد زیاد ویژگی‌ها باعث تحمیل هزینه محاسباتی بالا به طبقه‌بندی‌ها می‌شود و به مشقت تعداد ابعاد[[77]](#footnote-77) معروف است. برای کاهش ابعاد[[78]](#footnote-78) می‌توان از روش تحلیل مؤلفه‌های اصلی[[79]](#footnote-79) استفاده کرد.

به صورت ریاضی تحلیل مؤلفه‌های اصلی یک تبدیل خطی متعامد است که داده‌ها را به دستگاه مختصات جدید می‌برد. به ‌صورتی‌که اولین بزرگترین واریانس داده بر روی اولین محور مختصات، دومین بزرگترین واریانس بر روی دومین محور مختصات و ... قرار می‌گیرد. [15]

این روش روی هر دو مجموعه دادة آموزش Random و SDD اجرا شد. به منظور یافتن مناسب‌ترین تعداد مؤلفة اصلی برای مجموعه دادة Random، دو مجموعه با نام‌های Random-5 و Random-6، که به ترتیب شامل ۵ مؤلفة اصلی اول و ۱۰ مؤلفة اصلی اول هستند؛ ساخته شد. به همین ترتیب مجموعه‌های SDD-5 و SDD-6 ساخته شد.

## مدل‌های یادگیری ماشین اجرا شده روی مجموعه داده‌ها

در این مطالعه برای مجموعه‌های مجموعه داده‌های Random-1، Random-2، Random-3، Random-4، Random-5 و Random-6 و همچنین SDD-1، SDD-2، SDD-3، SDD-4، SDD-5 و SDD-6 مدل‌های زیر با پارامترهای تنظیمی ذکر شده در زیر، ساخته شد. برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی برای هر مدل از روش اعتبارسنجی یک طرفه استفاده شده است. برای اجرای تمامی مدل‌ها از بستة caret در نرم‌افزار R استفاده شد.

### طبقه‌بندی جنگل تصادفی

برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی‌، این مدل برای تعداد ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵ و ۳۰ ویژگی که به صورت تصادفی انتخاب می‌شود، اجرا شد.

### طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة خطی

برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی‌، این مدل برای هزینه‌های برابر با ۵، ۱۰، ۱۵ و ۲۰ اجرا شد. منظور از هزینه در این طبقه‌بندی حداکثر تعداد نمونه‌هایی است که الگوریتم اجازه می‌دهد در سمت نادرست ابرصفحه قرار گیرد.

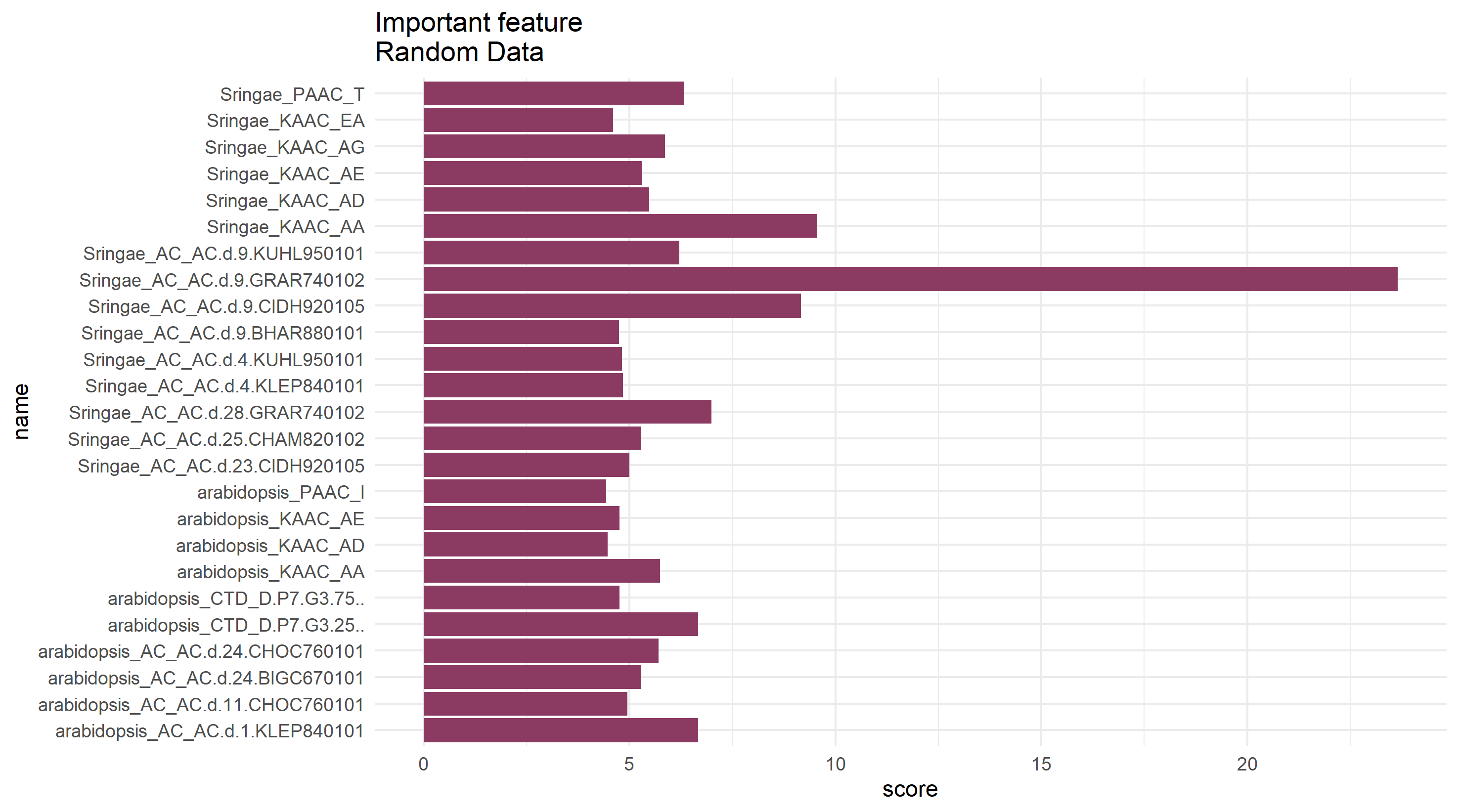
### طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی

برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی‌، این مدل برای هزینه‌های برابر با ۵، ۱۰، ۱۵ و ۲۰ اجرا شد. پارامتر هزینه در ‏6-8-2 توضیح داده شده است.

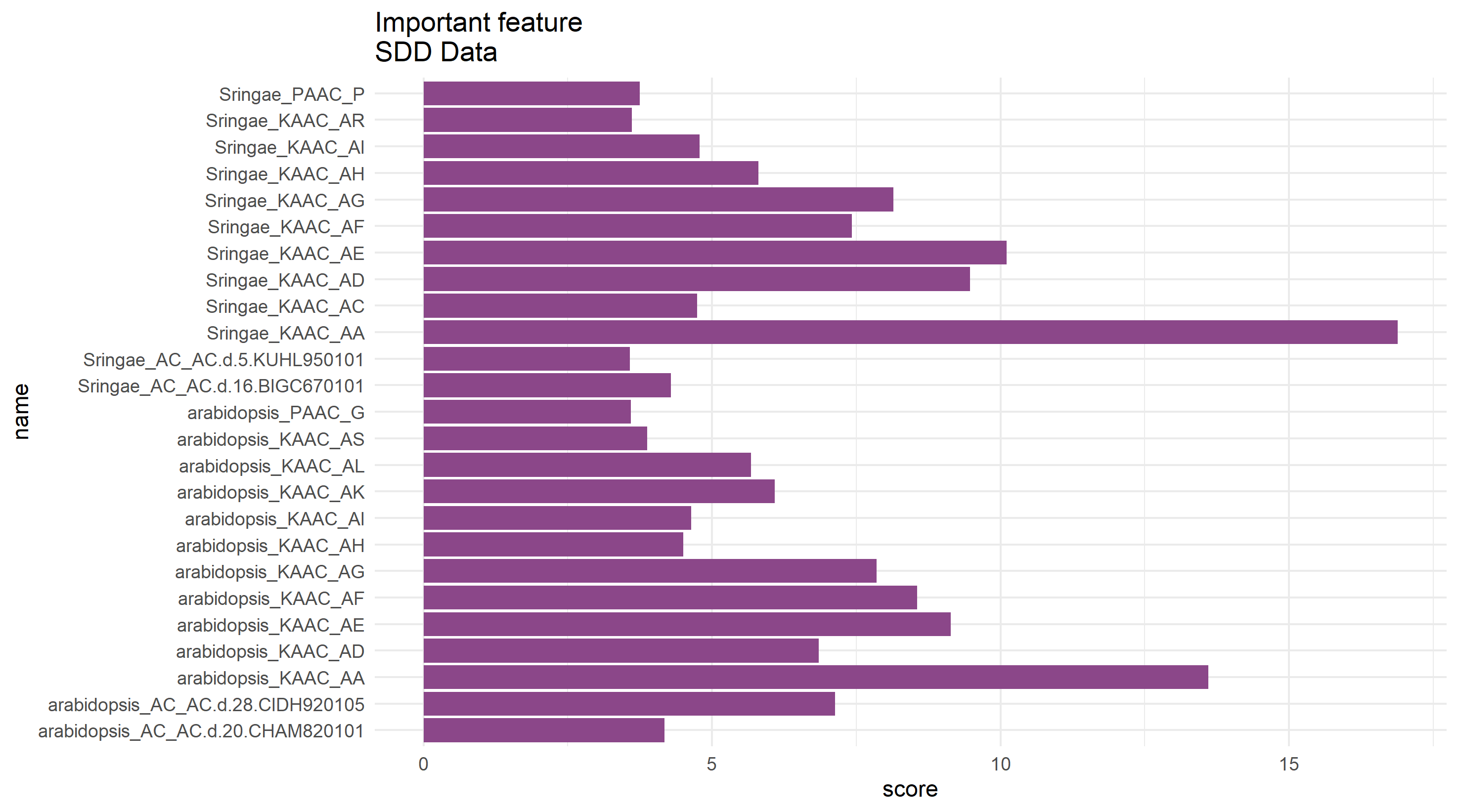
# فصل سوم: نتایج و بحث

## ویژگی‌های تأثیرگذار

جهت این که مشخص شود کدام یک از ویژگی‌های استفاده شده که در فصل دوم توضیح داده شد، اهمیت بیشتری داشته‌اند؛ باید امتیازی که ویژگی‌ها در مرحلة انتخاب ویژگی گرفته‌اند را با یکدیگر مقایسه کرد. شکل ‏3‑1 و شکل ‏3‑2 امتیاز ۲۵ ویژگی مهم اول در مجموعه داده‌های Random و SDD نشان می‌دهد. با توجه به شکل‌های گفته شده؛ مشخص می‌شود ویژگی‌هایK-Amino Acid Composition وAuto Covariance نسبت به سایر ویژگی‌ها از اهمیت بیشتری برخوردارند.



شکل ‑ : امتیاز ۲۵ ویژگی مهم اول در مجموعه دادة Random



شکل ‏3‑ : امتیاز ۲۵ ویژگی مهم اول در مجموعه دادة‌ SDD

## نتایج طبقه‌بندی‌ها

جهت ارزیابی مدل‌ها از روش اعتبارسنجی یک طرفه استفاده شد. در تمام جدول‌های مربوط به صحت مجموعه دادة آموزش، خانه‌های رنگی بهترین پارامتر را برای مدل نشان می‌دهند و با توجه به پارامترهای مدل برگزیده، صحت، حساسیت و اختصاصیت مجموعة آزمون و حساسیت مجموعة آزمون مستقل محاسبه شده است. توجه شود با وجود گزارش یکسان صحت‌های مجموعة آموزش، فقط یک پارامتر به عنوان پارامتر برگزیده انتخاب شده است و این یکسانی صحت‌ها می‌تواند در نتیجة گرد کردن اعداد صحت اتفاق افتاده باشد و یا صحت‌ها کاملاً برابر باشند ولی پارامتری برگزیده شده است که هزینة محاسباتی کمتری داشته باشد. . برای انتخاب بهترین پارامتر و تعداد ویژگی برای هر مدل، صحت مجموعه‌های آزمون در نظر گرفته شد. مجموعه آزمونی که بالاترین صحت را داشت به عنوان بهترین مدل انتخاب شد. اگر در این مرحله صحت دو یا چند مجموعه آزمون یکسان باشد، صحت مجموعة آموزش و یا حساسیت مجموعة آزمون مقایسه شد و آن که مقدار بیشتری داشت، به عنوان بهترین مدل برگزیده شد.

نتایج مربوط به طبقه‌بندی‌های ‌k-نزدیکترین همسایه، جنگل تصادفی، ماشین بردار پشتیبان با هستة شعاعی، TreeBag و شبکة عصبی چند لایه که کارآیی بالاتری داشتند؛ در این فصل و نتایج مربوط به طبقه‌بندی‌های Naïve Bayes، آنالیز تشخیصی خطی، آنالیز تفکیک‌کنندة درجه دو و ماشین بردار پشتیبان با هستة خطی در پیوست آمده است. در پایان نیز خلاصه‌ای از نتایج تمام طبقه‌بندی‌های اجرا شده، در جدول ‏3‑31 و جدول ‏3‑32 آمده است.

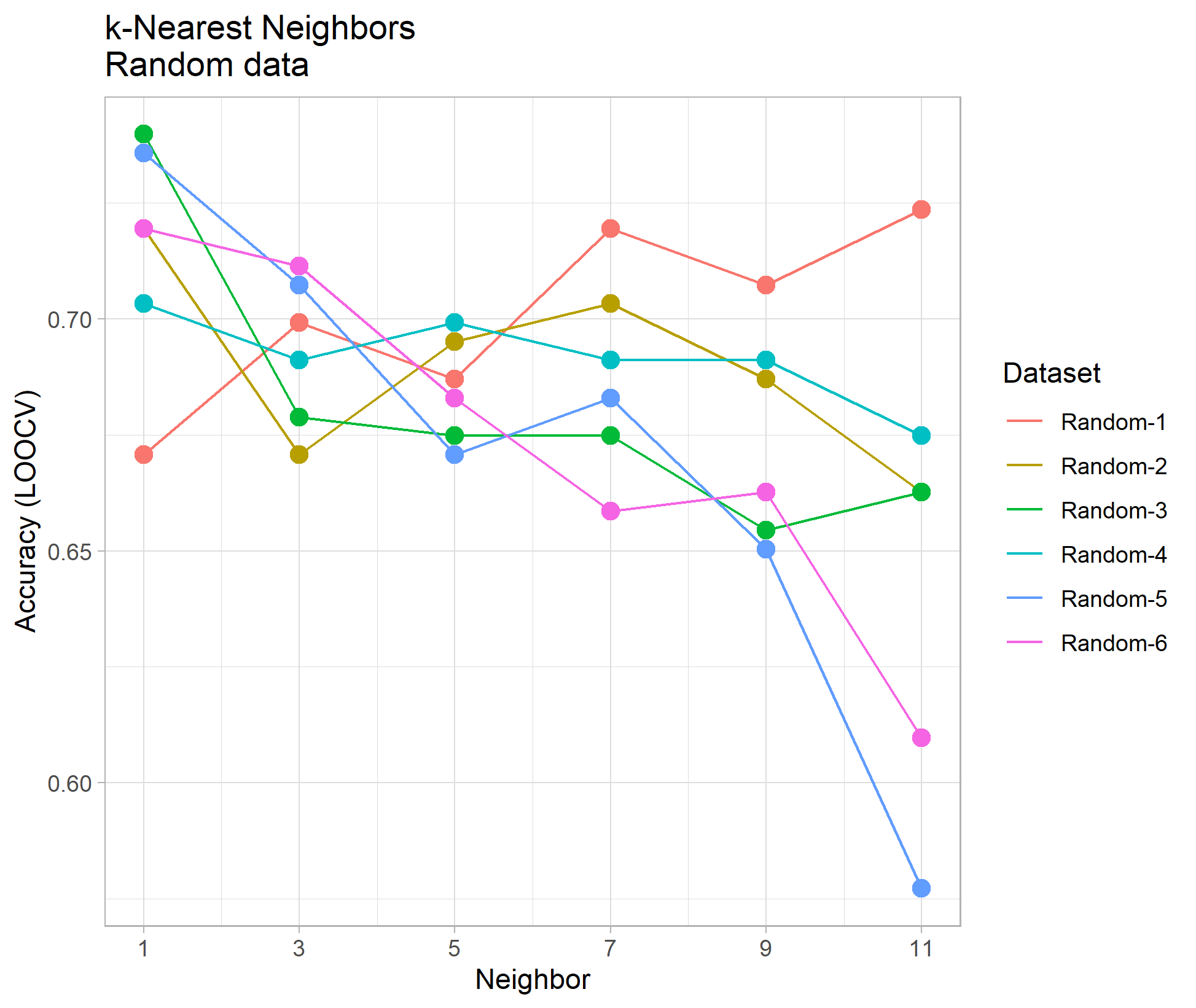
### نتایج مربوط به طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه

برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی‌، این مدل برای kهای برابر با ۱، ۳، ۵، ۷، ۹ و ۱۱ روی مجموعه داده‌های Random-1، Random-2، Random-3، Random-4، Random-5 و Random-6 اجرا شد. همچنین این مدل با پارامترهای گفته شده روی مجموعه داده‌های SDD-1، SDD-2، SDD-3، SDD-4، SDD-5 و SDD-6 اجرا شد. نتایج به شرح زیر است.

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة Random

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| تعداد k  مجموعه داده |  |  |  |  |  |  |
| Random-1 | ۰٫۶۷ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۹ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۱ | ۰٫۷۲ |
| Random-2 | ۰٫۷۲ | ۰٫۶۷ | ۰٫۷۰ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۶ |
| Random-3 | ۰٫۷۴ | ۰٫۶۸ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۵ | ۰٫۶۶ |
| Random-4 | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۹ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۷ |
| Random-5 | ۰٫۷۴ | ۰٫۷۱ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۸ | ۰٫۶۵ | ۰٫۵۸ |
| Random-6 | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۱ | ۰٫۶۸ | ۰٫۶۶ | ۰٫۶۶ | ۰٫۶۱ |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه

جدول ‏3‑ : نتایج مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه و مربوط به kهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| Random-1 | ۰٫۵۷ | ۰٫۷۰ | ۰٫۴۳ |
| Random-2 | ۰٫۶۵ | ۰٫۷۳ | ۰٫۵۷ |
| Random-3 | ۰٫۶۷ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۳ |
| Random-4 | ۰٫۶۳ | ۰٫۷۰ | ۰٫۵۷ |
| Random-5 | ۰٫۶۵ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۰ |
| Random-6 | ۰٫۷2 | ۰٫۷۷ | ۰٫۶۷ |

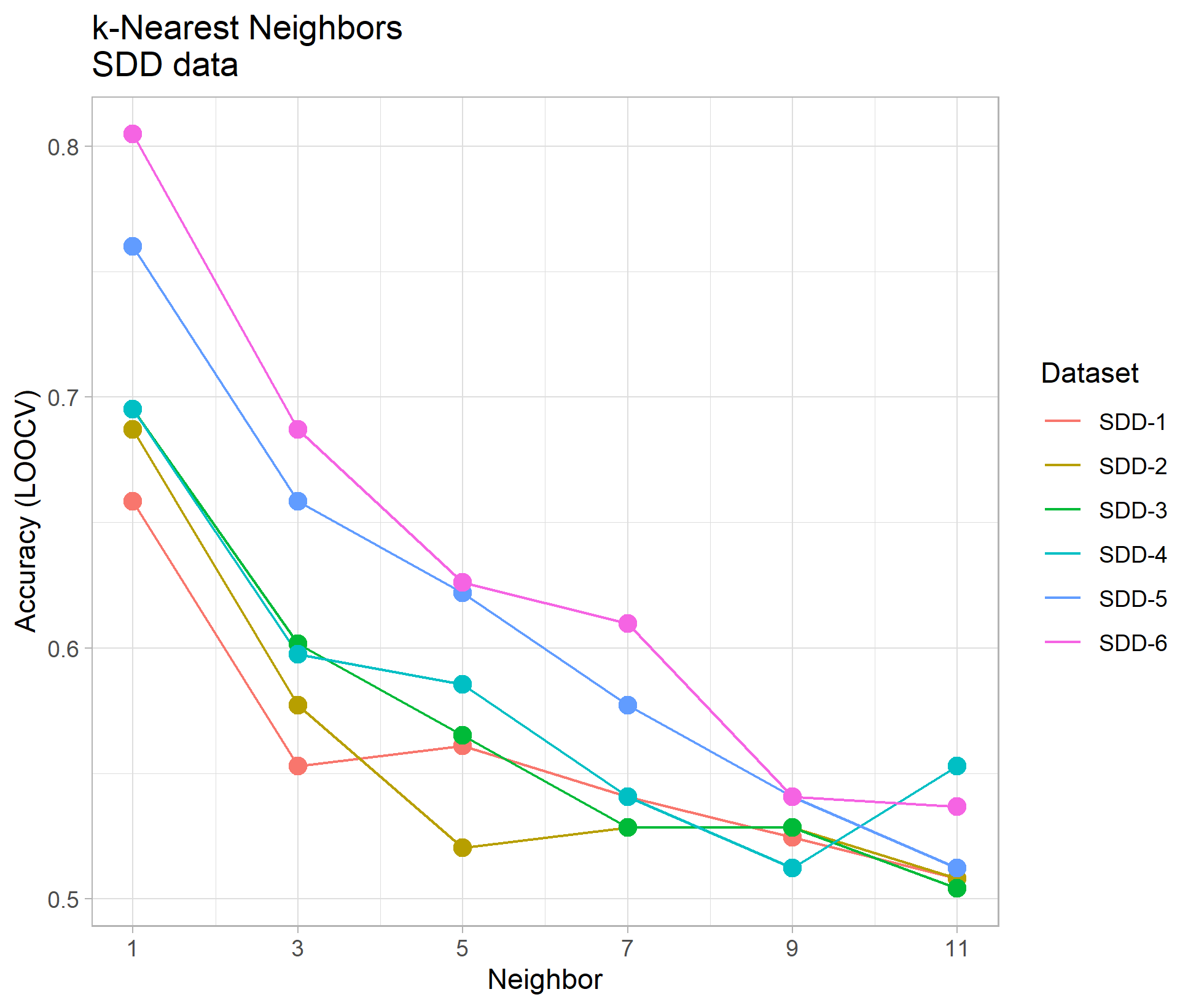
جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه و مربوط به kهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | Random-1 | Random-2 | Random-3 | Random-4 | Random-5 | Random-6 |
| حساسیت | ۰٫۱۳ | ۰٫۲۰ | ۰٫۴۰ | ۰٫۲۰ | ۰٫۶۷ | ۰٫۱۳ |

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة SDD

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| تعداد k  مجموعه داده |  |  |  |  |  |  |
| SDD-1 | ۰٫۶۶ | ۰٫۵۵ | ۰٫۵۶ | ۰٫۵۴ | ۰٫۵۲ | ۰٫۵۱ |
| SDD-2 | ۰٫۶۹ | ۰٫۵۸ | ۰٫۵۲ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۱ |
| SDD-3 | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۰ | ۰٫۵۷ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۰ |
| SDD-4 | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۰ | ۰٫۵۹ | ۰٫۵۴ | ۰٫۵۱ | ۰٫۵۵ |
| SDD-5 | ۰٫۷۶ | ۰٫۶۶ | ۰٫۶۲ | ۰٫۵۸ | ۰٫۵۴ | ۰٫۵۱ |
| SDD-6 | ۰٫۸۰ | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۳ | ۰٫۶۱ | ۰٫۵۴ | ۰٫۵۴ |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه

جدول ‏3‑ : نتایج مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه و مربوط به kهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| SDD-1 | ۰٫۶۲ | ۰٫۷۷ | ۰٫۴۷ |
| SDD-2 | ۰٫۵۷ | ۰٫۶۰ | ۰٫۵۳ |
| SDD-3 | ۰٫۵۸ | ۰٫۶۳ | ۰٫۵۳ |
| SDD-4 | ۰٫۵۸ | ۰٫۶۰ | ۰٫۵۷ |
| SDD-5 | ۰٫۷۲ | ۰٫۸۰ | ۰٫۶۳ |
| SDD-6 | ۰٫۷۰ | ۰٫۷۰ | ۰٫۷۰ |

جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه و مربوط به kهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | SDD-1 | SDD-2 | SDD-3 | SDD-4 | SDD-5 | SDD-6 |
| حساسیت | ۰٫۶۰ | ۰٫۶۰ | ۰٫۴۷ | ۰٫۸۰ | ۰٫۴۷ | ۰٫۶۰ |

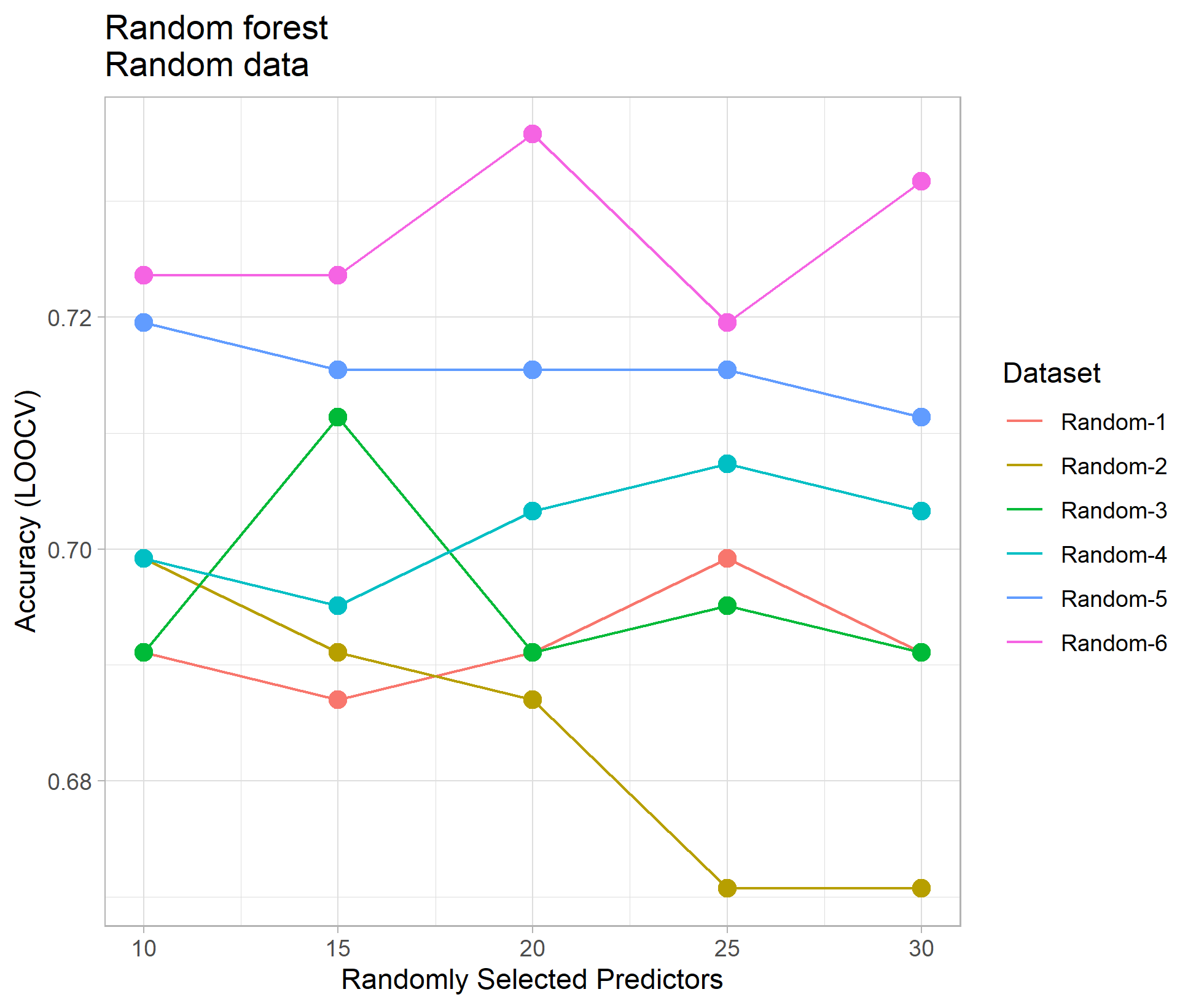
### نتایج مربوط به طبقه‌بندی جنگل تصادفی

در این طبقه‌بندی مدل برای تعداد مختلف ویژگی‌ که به صورت تصادفی انتخاب می‌شود؛ ساخته شد. این پارامتر با mtry نشان داده شده است. برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی‌، این مدل برای پارامتر mtry برابر با ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵ و ۳۰ روی مجموعه داده‌های Random-1، Random-2، Random-3، Random-4، Random-5 و Random-6 و همچنین روی مجموعه داده‌های SDD-1، SDD-2، SDD-3، SDD-4، SDD-5 و SDD-6 اجرا شد. نتایج به شرح زیر است.

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة Random

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| mtry  مجموعه داده | ۱۰ | ۱۵ | ۲۰ | ۲۵ | ۳۰ |
| Random-1 | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۹ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۹ |
| Random-2 | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۷ |
| Random-3 | ۰٫۶۹ | ۰٫۷۱ | ۰٫۶۹ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۹ |
| Random-4 | ۰٫۷۰ | ۰٫۷۰ | ۰٫۷۰ | ۰٫۷۱ | ۰٫۷۰ |
| Random-5 | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۱ |
| Random-6 | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۴ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷3 |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی

جدول ‑ : نتایج مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| Random-1 | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۷ |
| Random-2 | ۰٫۶۵ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۳ |
| Random-3 | ۰٫۶۸ | ۰٫۶۷ | ۰٫۷۰ |
| Random-4 | ۰٫۶۸ | ۰٫۷۳ | ۰٫۶۳ |
| Random-5 | ۰٫۶۸ | ۰٫۷۳ | ۰٫۶۳ |
| Random-6 | ۰٫۶۵ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۰ |

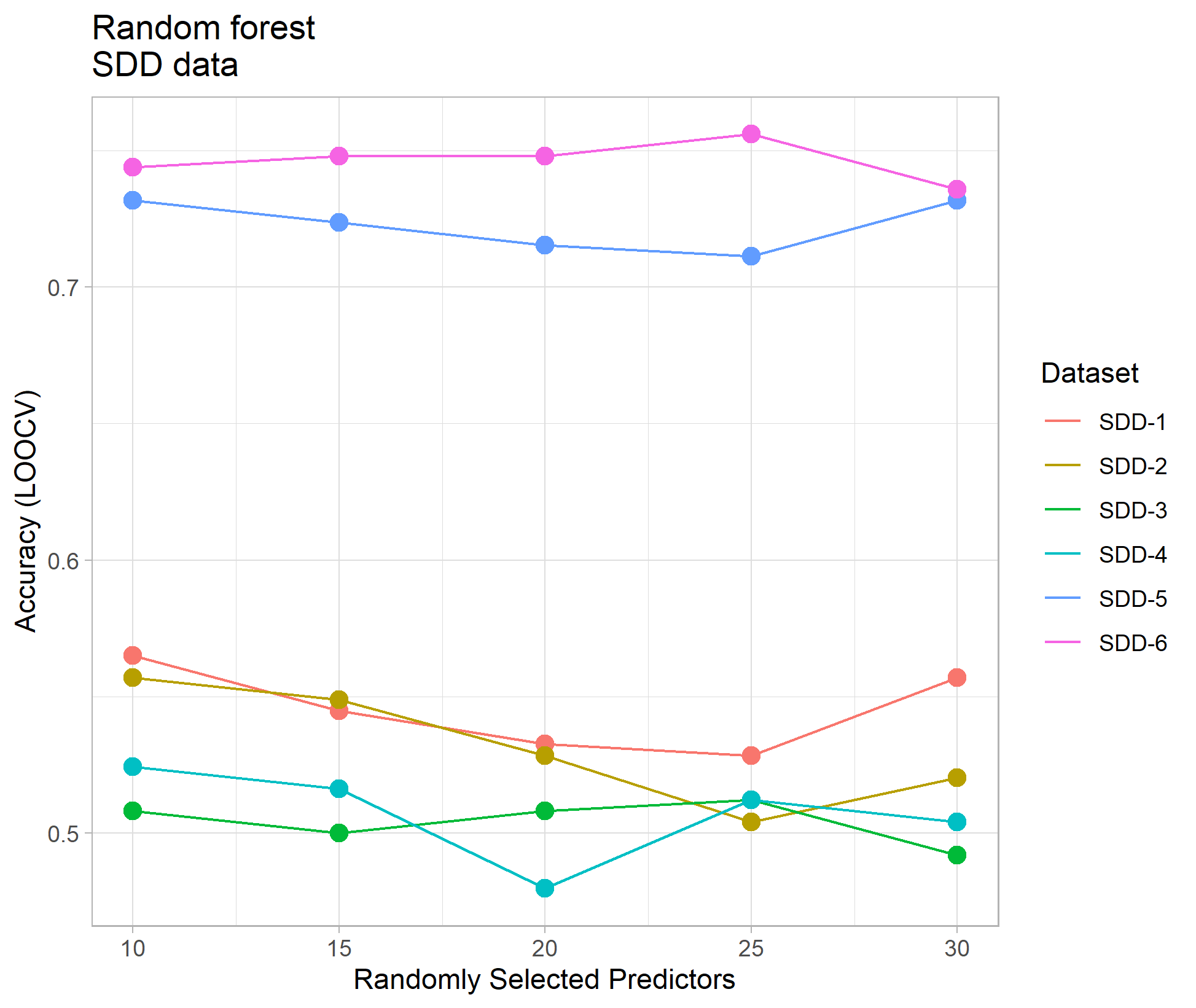
جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | Random-1 | Random-2 | Random-3 | Random-4 | Random-5 | Random-6 |
| حساسیت | ۰٫۱۳ | ۰٫۰7 | ۰٫۱۳ | ۰٫۰7 | ۰٫۲۰ | ۰٫۴۰ |

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة SDD

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| mtry  مجموعه داده | ۱۰ | ۱۵ | ۲۰ | ۲۵ | ۳۰ |
| SDD-1 | ۰٫۵۷ | ۰٫۵۴ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۶ |
| SDD-2 | ۰٫۵۶ | ۰٫۵۵ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۰ | ۰٫۵۲ |
| SDD-3 | ۰٫۵۱ | ۰٫۵۰ | ۰٫۵۱ | ۰٫۵۱ | ۰٫۴۹ |
| SDD-4 | ۰٫۵۲ | ۰٫۵۲ | ۰٫۴۸ | ۰٫51 | ۰٫۵۰ |
| SDD-5 | ۰٫۷۳ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۲ | ۰٫۷۱ | ۰٫۷۳ |
| SDD-6 | ۰٫۷۴ | ۰٫۷۵ | ۰٫۷۵ | ۰٫۷۶ | ۰٫۷۴ |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی

جدول ‑ : نتایج مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| SDD-1 | ۰٫۴۳ | ۰٫۵۰ | ۰٫۳۷ |
| SDD-2 | ۰٫۳۸ | ۰٫۴۳ | ۰٫۳۳ |
| SDD-3 | ۰٫۳۳ | ۰٫۴۰ | ۰٫۲۷ |
| SDD-4 | ۰٫۳۳ | ۰٫۳۷ | ۰٫۳۰ |
| SDD-5 | ۰٫۶۲ | ۰٫۶۷ | ۰٫۵۷ |
| SDD-6 | ۰٫۶۲ | ۰٫۷۰ | ۰٫۵۳ |

جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی جنگل تصادفی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | SDD-1 | SDD-2 | SDD-3 | SDD-4 | SDD-5 | SDD-6 |
| حساسیت | ۰٫۸۰ | ۰٫۶۷ | ۰٫۸۰ | ۰٫۷۳ | ۰٫۶۰ | ۰٫۷۳ |

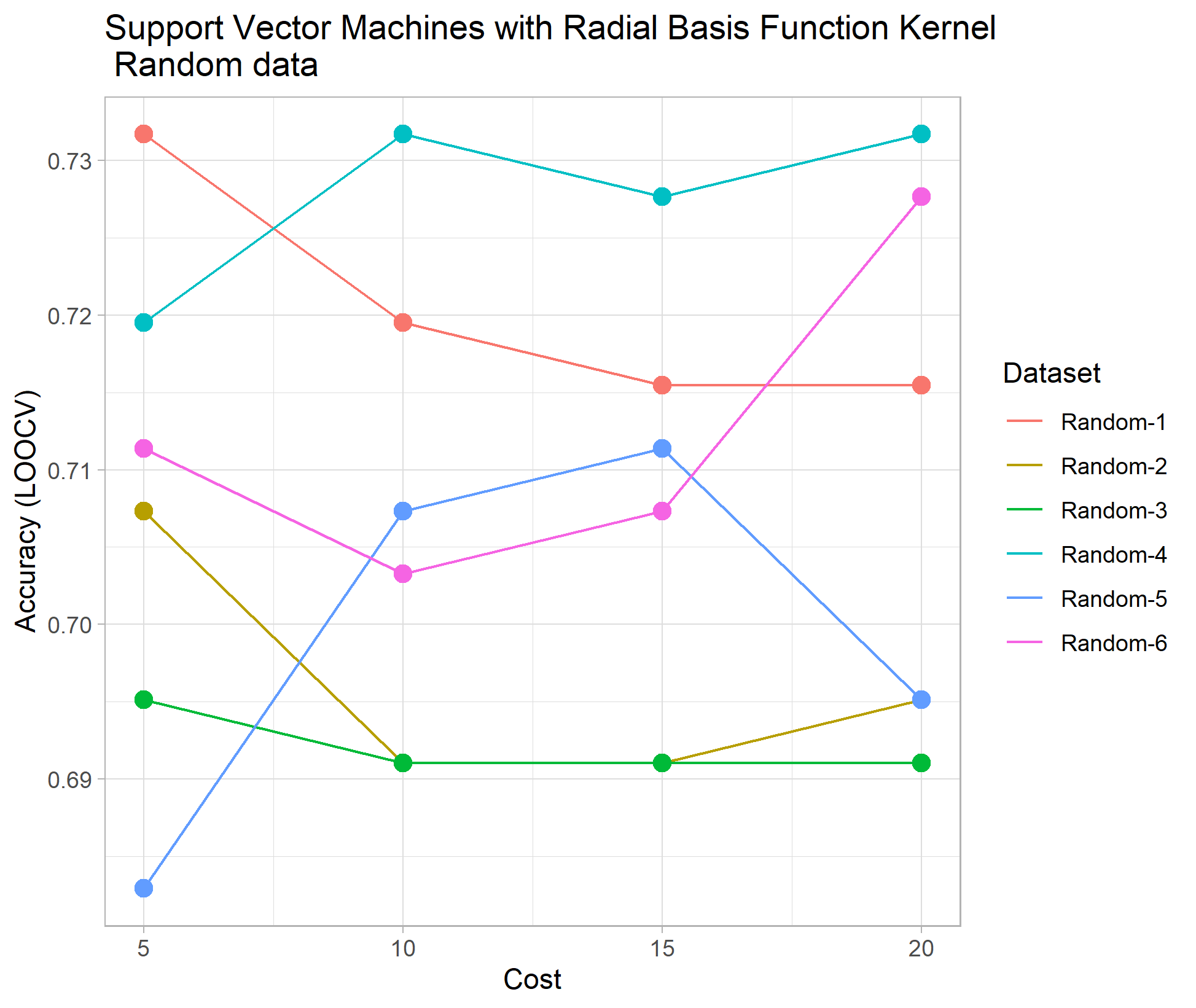
### نتایج مربوط به طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی

برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی‌، این مدل برای هزینه‌های برابر با ۵، ۱۰، ۱۵ و ۲۰ روی مجموعه داده‌های Random-1، Random-2، Random-3، Random-4، Random-5 و Random-6 اجرا شد. همچنین این طبقه‌بندی با هزینه‌های گفته شده روی مجموعه داده‌های SDD-1، SDD-2، SDD-3، SDD-4، SDD-5 و SDD-6 اجرا شد. نتایج به شرح زیر است.

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة Random

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| هزینه  مجموعه داده | ۵ | ۱۰ | ۱۵ | ۲۰ |
| Random-1 | 0٫73 | 0٫7۲ | 0٫7۲ | 0٫7۲ |
| Random-2 | 0٫7۱ | 0٫69 | 0٫69 | 0٫۷۰ |
| Random-3 | 0٫۷۰ | 0٫69 | 0٫69 | 0٫69 |
| Random-4 | 0٫7۲ | 0٫73 | 0٫7۳ | 0٫73 |
| Random-5 | 0٫68 | 0٫7۱ | 0٫71 | 0٫۷۰ |
| Random-6 | 0٫71 | 0٫70 | 0٫7۱ | 0٫7۳ |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی

جدول ‏3‑: نتایج مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| Random-1 | ۰٫۶۳ | ۰٫۷۰ | ۰٫۵۷ |
| Random-2 | ۰٫۶۳ | ۰٫۷۳ | ۰٫۵۳ |
| Random-3 | ۰٫۶۳ | ۰٫۷۳ | ۰٫۵۳ |
| Random-4 | ۰٫۶۷ | ۰٫۷۷ | ۰٫۵۷ |
| Random-5 | ۰٫۶۷ | ۰٫۸۰ | ۰٫۵۳ |
| Random-6 | ۰٫۶۳ | ۰٫۷۰ | ۰٫۵۷ |

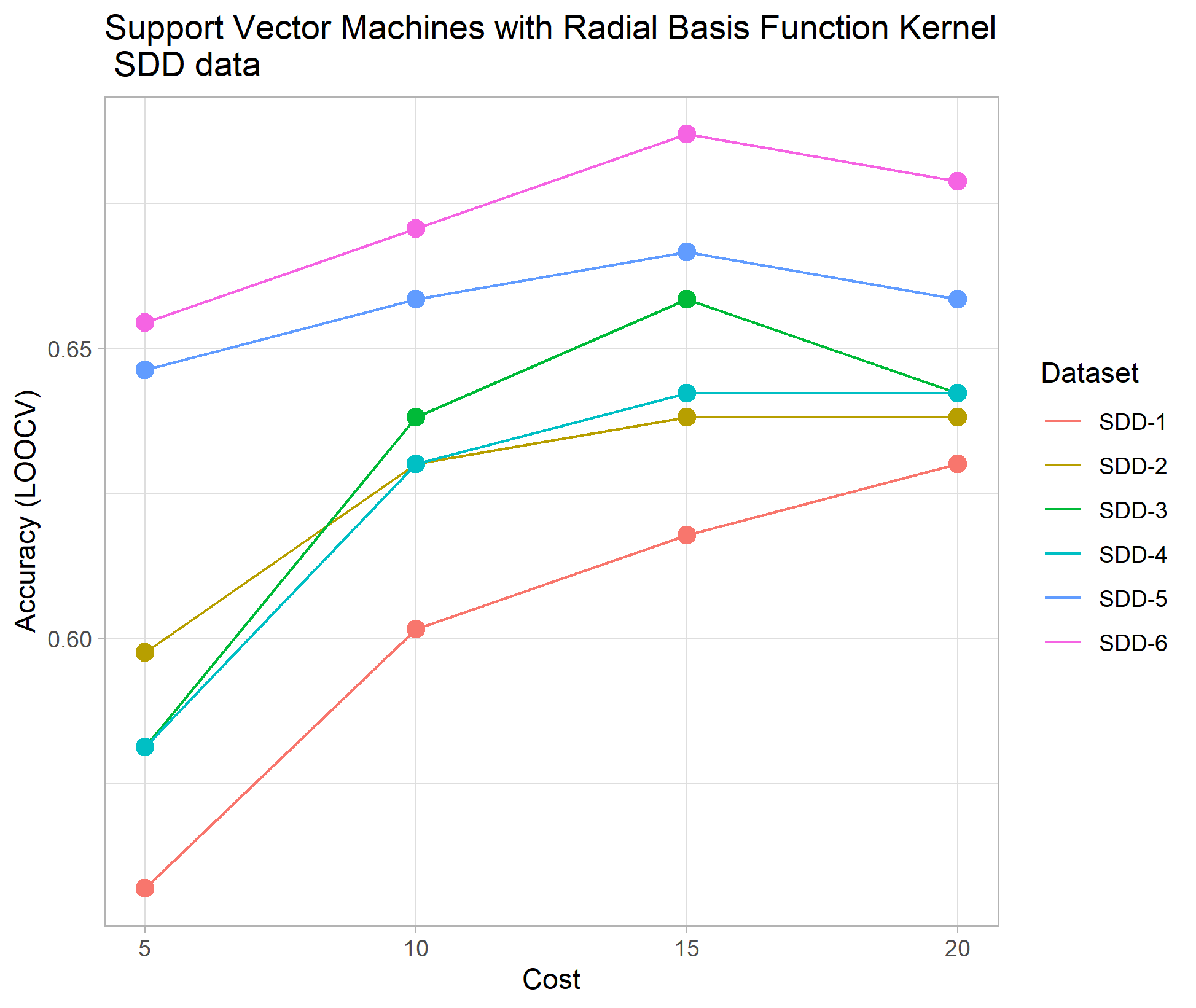
جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | Random-1 | Random-2 | Random-3 | Random-4 | Random-5 | Random-6 |
| حساسیت | 0٫2۰ | 0٫13 | 0٫07 | 0٫13 | 0٫33 | 0 |

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة SDD

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| هزینه  مجموعه داده | ۵ | ۱۰ | ۱۵ | ۲۰ |
| SDD-1 | 0٫5۶ | 0٫60 | 0٫6۲ | 0٫63 |
| SDD-2 | 0٫۶۰ | 0٫63 | 0٫6۴ | 0٫6۴ |
| SDD-3 | 0٫58 | 0٫6۴ | 0٫6۶ | 0٫64 |
| SDD-4 | 0٫58 | 0٫63 | 0٫64 | 0٫64 |
| SDD-5 | 0٫6۵ | 0٫6۶ | 0٫67 | 0٫6۶ |
| SDD-6 | 0٫65 | 0٫67 | 0٫6۹ | 0٫6۸ |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی

جدول ‏3‑ : نتایج مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| SDD-1 | ۰٫۵۰ | ۰٫۴۷ | ۰٫۵۳ |
| SDD-2 | ۰٫۵۰ | ۰٫۵۷ | ۰٫۴۳ |
| SDD-3 | ۰٫۴7 | ۰٫۵۷ | ۰٫۳۷ |
| SDD-4 | ۰٫۴۸ | ۰٫۵۷ | ۰٫۴۰ |
| SDD-5 | ۰٫۶۲ | ۰٫۶۰ | ۰٫۶۳ |
| SDD-6 | ۰٫۶۵ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۰ |

جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | SDD-1 | SDD-2 | SDD-3 | SDD-4 | SDD-5 | SDD-6 |
| حساسیت | 0٫47 | 0٫6۰ | 0٫67 | 0٫6۰ | 0٫27 | 0٫87 |

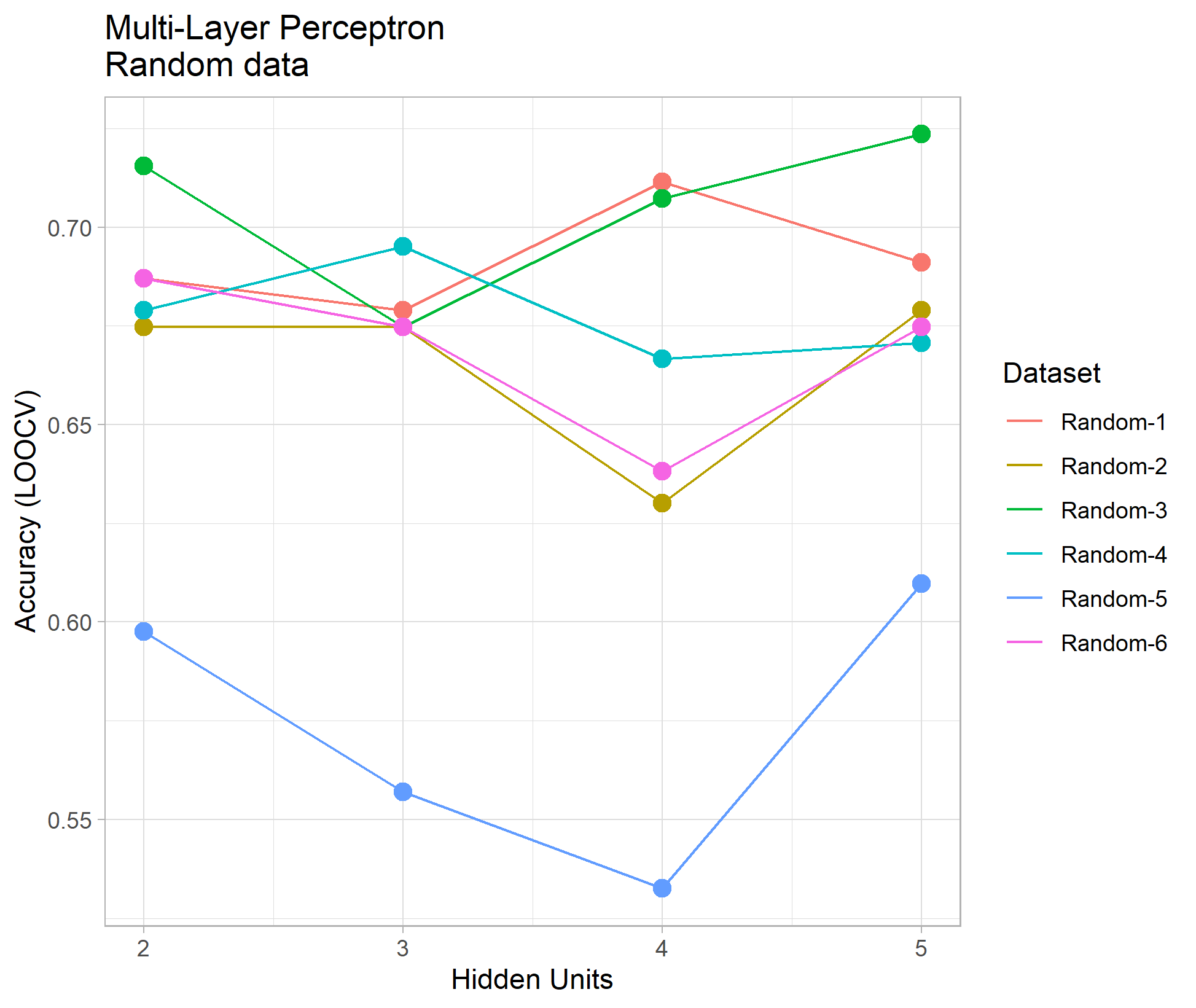
### نتایج مربوط به طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه

این مدل برای تعداد لایه‌های درونی‌های برابر با ۲، ۳، ۴ و ۵ روی مجموعه داده‌های Random-1، Random-2، Random-3، Random-4، Random-5 و Random-6، برای یافتن بهترین پارامتر و تعداد ویژگی‌ اجرا شد. همچنین این طبقه‌بندی با تعداد لایه‌های درونی‌ گفته شده روی مجموعه داده‌های SDD-1، SDD-2، SDD-3، SDD-4، SDD-5 و SDD-6 اجرا شد. نتایج به شرح زیر است.

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة Random

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| لایه‌های درونی  مجموعه داده | ۲ | ۳ | ۴ | ۵ |
| Random-1 | 0٫6۹ | 0٫6۸ | 0٫71 | 0٫69 |
| Random-2 | 0٫67 | 0٫67 | 0٫63 | 0٫6۸ |
| Random-3 | 0٫7۲ | 0٫67 | 0٫7۱ | 0٫72 |
| Random-4 | 0٫6۸ | 0٫۷۰ | 0٫67 | 0٫67 |
| Random-5 | 0٫۶۰ | 0٫5۶ | 0٫53 | 0٫6۱ |
| Random-6 | 0٫6۹ | 0٫67 | 0٫6۴ | 0٫67 |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه

جدول ‏3‑ : نتایج مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| Random-1 | ۰٫۵۵ | ۰٫۶۷ | ۰٫۴۳ |
| Random-2 | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۰ | ۰٫۷۳ |
| Random-3 | ۰٫۶۰ | ۰٫۶۳ | ۰٫۵۷ |
| Random-4 | ۰٫۶۵ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۳ |
| Random-5 | ۰٫۶۵ | ۰٫۸۰ | ۰٫۵۰ |
| Random-6 | ۰٫۶۲ | ۰٫۶۰ | ۰٫۶۳ |

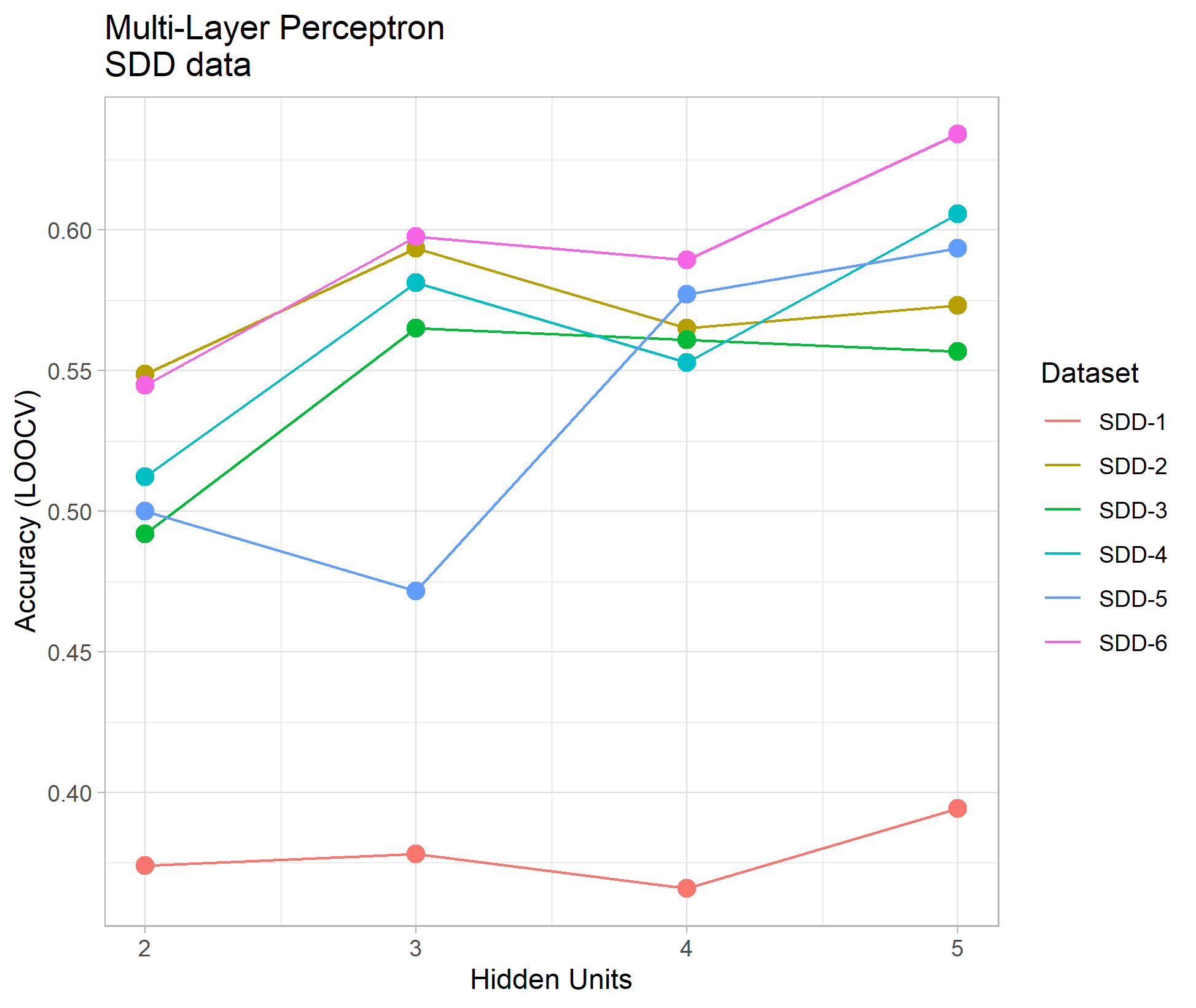
جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | Random-1 | Random-2 | Random-3 | Random-4 | Random-5 | Random-6 |
| حساسیت | 0٫2۰ | 0٫13 | 0٫2۰ | 0٫27 | 0 | 0٫6۰ |

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة SDD

جدول ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| لایه‌های درونی  مجموعه داده | ۲ | ۳ | ۴ | ۵ |
| SDD-1 | 0٫37 | 0٫3۸ | 0٫3۷ | 0٫39 |
| SDD-2 | 0٫5۵ | 0٫59 | 0٫5۷ | 0٫57 |
| SDD-3 | 0٫49 | 0٫5۷ | 0٫56 | 0٫5۶ |
| SDD-4 | 0٫51 | 0٫58 | 0٫55 | 0٫61 |
| SDD-5 | 0٫5۰ | 0٫47 | 0٫5۸ | 0٫59 |
| SDD-6 | 0٫54 | 0٫۶۰ | 0٫5۹ | 0٫63 |



شکل ‏3‑ : صحت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آموزش برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه

جدول ‏3‑ : نتایج مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| SDD-1 | ۰٫۳۵ | ۰٫۱۰ | ۰٫۶۰ |
| SDD-2 | ۰٫۴۵ | ۰٫۲۷ | ۰٫۶۳ |
| SDD-3 | ۰٫۴۵ | ۰٫۶۳ | ۰٫۲۷ |
| SDD-4 | ۰٫۴۷ | ۰٫۵۷ | ۰٫۳۷ |
| SDD-5 | ۰٫۵۳ | ۰٫۷۰ | ۰٫۳۷ |
| SDD-6 | ۰٫۴۲ | ۰٫۳۳ | ۰٫۵۰ |

جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی شبکه عصبی چند لایه و مربوط به پارامترهای برگزیده با توجه به مجموعة آموزش

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | SDD-1 | SDD-2 | SDD-3 | SDD-4 | SDD-5 | SDD-6 |
| حساسیت | 0٫87 | 0٫53 | 0٫6۰ | 0٫87 | 0٫67 | 0٫33 |

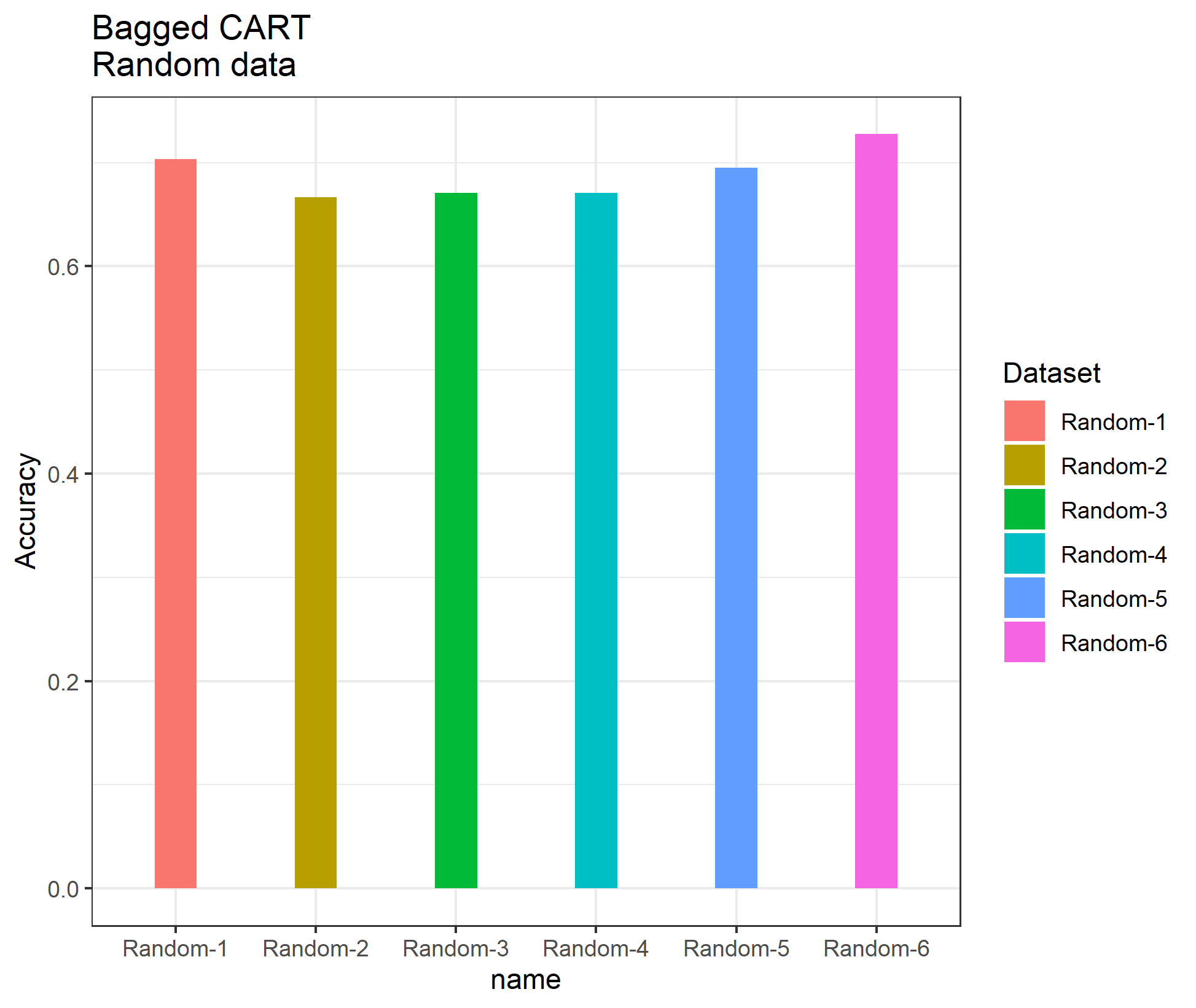
### نتایج مربوط به طبقه‌بندی TreeBag

این روش پارامتری برای تنظیم جهت ساختن مدل با کارایی بهتر نداشت؛ و آن روی مجموعه داده‌های Random-1، Random-2، Random-3، Random-4، Random-5 و Random-6 و همچنین روی مجموعه داده‌های SDD-1، SDD-2، SDD-3، SDD-4، SDD-5 و SDD-6 اجرا شد. نتایج به شرح زیر است.

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة Random

جدول ‏3‑ : صحت طبقه‌بندی TreeBag روی مجموعة آموزش و برای برای هر یک از مجموعه داده‌های Random

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | Random-1 | Random-2 | Random-3 | Random-4 | Random-5 | Random-6 |
| صحت | 0٫7۰ | 0٫67 | 0٫67 | 0٫67 | 0٫۷۰ | 0٫7۳ |

****

شکل ‏3‑ : صحت طبقه‌بندی TreeBag روی مجموعة آموزش و برای برای هر یک از مجموعه داده‌های Random

جدول ‏3‑ : نتایج مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی TreeBag

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| Random-1 | ۰٫۶۳ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۰ |
| Random-2 | ۰٫۶۷ | ۰٫۷۳ | ۰٫۶۰ |
| Random-3 | ۰٫۶۵ | ۰٫۶۳ | ۰٫۶7 |
| Random-4 | ۰٫۶۳ | ۰٫۶۳ | ۰٫۶۳ |
| Random-5 | ۰٫۶۳ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۰ |
| Random-6 | ۰٫۶۵ | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۳ |

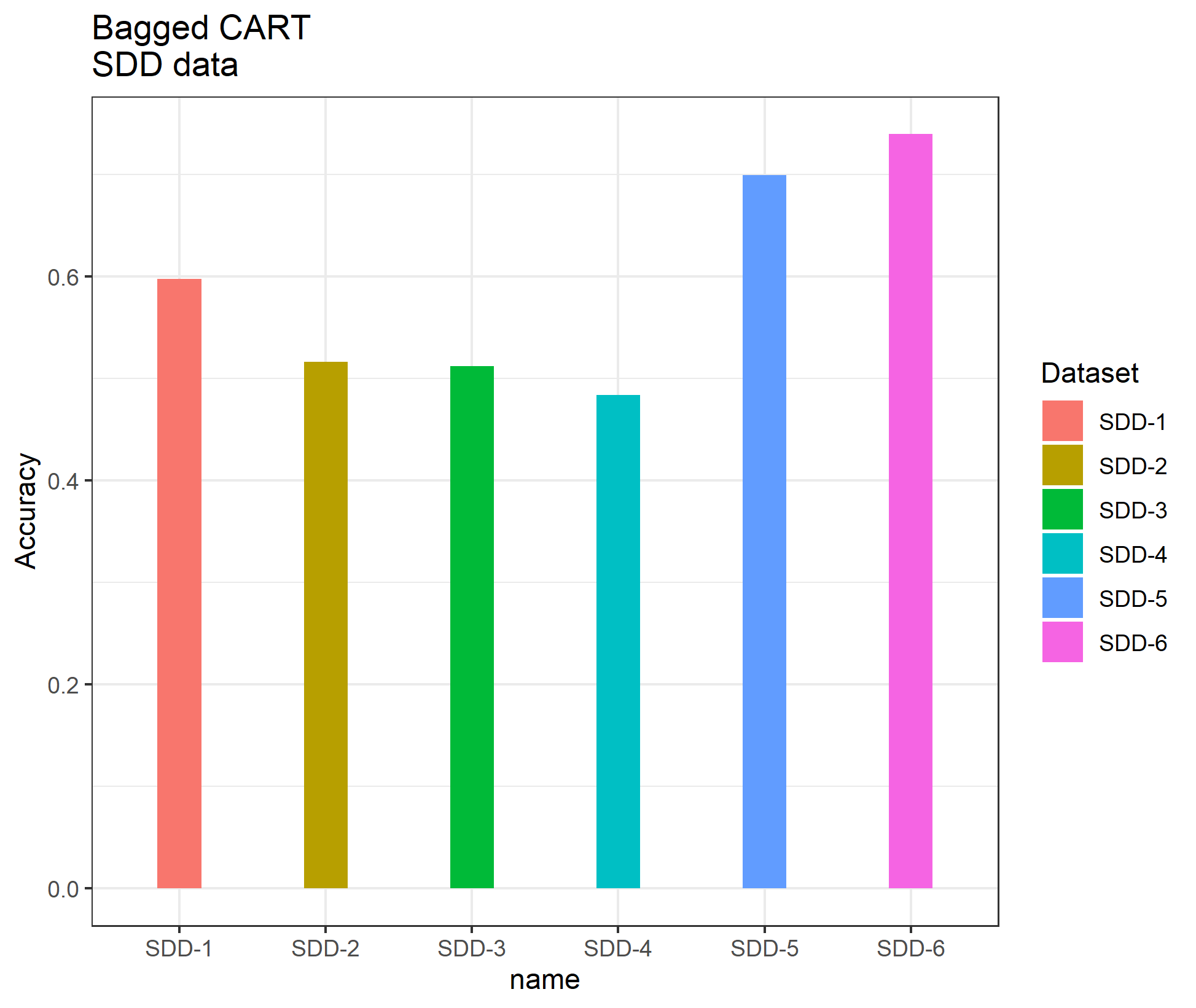
جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های Random روی مجموعة آزمون مستقل برای طبقه‌بندی TreeBag

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | Random-1 | Random-2 | Random-3 | Random-4 | Random-5 | Random-6 |
| حساسیت | 0٫13 | 0٫27 | 0٫33 | 0٫2۰ | 0٫07 | 0٫27 |

#### نتایج مربوط به مجموعه دادة SDD

جدول ‏3‑ : صحت طبقه‌بندی TreeBag روی مجموعة آموزش و برای برای هر یک از مجموعه داده‌های SDD

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | SDD-1 | SDD-2 | SDD-3 | SDD-4 | SDD-5 | SDD-6 |
| صحت | 0٫۶۰ | 0٫5۲ | 0٫51 | 0٫48 | 0٫۷۰ | 0٫7۴ |

****

شکل ‏3‑ : صحت طبقه‌بندی TreeBag روی مجموعة آموزش و برای برای هر یک از مجموعه داده‌های SDD

جدول ‏3‑ : نتایج مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی TreeBag

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | صحت | حساسیت | اختصاصیت |
| SDD-1 | ۰٫۵۸ | ۰٫۶۳ | ۰٫۵۳ |
| SDD-2 | ۰٫۴۰ | ۰٫۳۷ | ۰٫۴۳ |
| SDD-3 | ۰٫۳۸ | ۰٫۵۰ | ۰٫۲۷ |
| SDD-4 | ۰٫۳۸ | ۰٫۴۰ | ۰٫۳۷ |
| SDD-5 | ۰٫۵۷ | ۰٫۵۷ | ۰٫۵۷ |
| SDD-6 | ۰٫۶۵ | ۰٫۷۰ | ۰٫۶۰ |

جدول ‏3‑ : حساسیت مجموعه داده‌های SDD روی مجموعة آزمون برای طبقه‌بندی TreeBag

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| مجموعه داده | SDD-1 | SDD-2 | SDD-3 | SDD-4 | SDD-5 | SDD-6 |
| حساسیت | 0٫4۰ | 0٫47 | 0٫73 | 0٫47 | 0٫4۰ | 0٫67 |

نتایج تمام طبقه‌بندی‌ها روی دادة Random و SDD در جدول ‏3‑31 و جدول ‏3‑32 آمده است.

جدول ‑: نتایج تمام طبقه‌بندی‌های برگزیده برای مجموعه دادة Random روی مجموعه‌های آموزش، آزمون و آزمون مستقل

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| روش طبقه‌بندی | بهترین مجموعه داده (از نظر تعداد ویژگی) | بهترین پارامترها | صحت مجموعة آموزش | صحت مجموعة آزمون | حساسیت مجموعة آزمون مستقل |
| k-نزدیکترین همسایه | Random-6 |  | ۰٫۷2 | ۰٫۷۲ | ۰٫13 |
| Naïve Bayes | Random-1 |  | ۰٫۶۳ | ۰٫۶۵ | ۰٫۲۷ |
| آنالیز تشخیصی خطی | Ramdom-5 | - | ۰٫59 | ۰٫۶5 | ۰٫۲0 |
| جنگل تصادفی | Ramdom-5 |  | ۰٫۷۲ | ۰٫۶۸ | ۰٫۲۰ |
| ماشین بردار پیشتیبان با هستة خطی | Random-5 |  | ۰٫59 | ۰٫۶5 | ۰٫07 |
| ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی | Random-5 |  | ۰٫۷۱ | ۰٫۶۷ | ۰٫۳۳ |
| شبکه عصبی چند لایه | Random-2 | # | ۰٫۶۸ | ۰٫۶۷ | ۰٫۱۳ |
| treebag | Random-2 | - | ۰٫۶۷ | ۰٫۶۷ | ۰٫۲۷ |
| آنالیز تفکیک‌کننده درجه دوم | Random-6 | - | ۰٫۶۵ | ۰٫۶۵ | ۰٫۱۳ |

جدول ‑: نتایج تمام طبقه‌بندی‌های برگزیده برای مجموعه دادة SDD روی مجموعه‌های آموزش، آزمون و آزمون مستقل

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| روش طبقه‌بندی | بهترین مجموعه داده (از نظر تعداد ویژگی) | بهترین پارامترها | صحت مجموعة آموزش | صحت مجموعة آزمون | حساسیت مجموعة آزمون مستقل |
| k-نزدیکترین همسایه | SDD-5 |  | ۰٫۷۶ | ۰٫۷۲ | ۰٫۴۷ |
| Naïve Bayes | SDD-5 |  | ۰٫۵۷ | ۰٫۵۳ | ۰٫۵۳ |
| آنالیز تشخیصی خطی | SDD-5 | - | ۰٫۴۵ | ۰٫۴۰ | ۰٫۷۳ |
| جنگل تصادفی | SDD-6 |  | ۰٫۷۶ | ۰٫۶۲ | ۰٫۷۳ |
| ماشین بردار پیشتیبان با هستة خطی | SDD-5 |  | ۰٫۵۲ | ۰٫۴۲ | ۰٫۸۷ |
| ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی | SDD-6 |  | ۰٫۶۹ | ۰٫۶۵ | ۰٫۸۷ |
| شبکه عصبی چند لایه | SDD-5 |  | ۰٫۵۹ | ۰٫۵۳ | ۰٫۶۷ |
| treebag | SDD-6 | - | ۰٫۷۴ | ۰٫۶۵ | ۰٫۶۷ |
| آنالیز تفکیک‌کننده درجه دوم | SDD-5 | - | ۰٫۵۲ | ۰٫۴۲ | ۰٫۵۳ |

# فصل چهارم: بحث و پیشنهادات

با توجه به نتایج مربوط به طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه و صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون Random در جدول ‏3‑2، می‌توان نتیجه گرفت؛ این طبقه‌بندی برای k برابر با یک و مجموعة Random-6 بهترین صحت را دارد. همچنین با توجه به صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون SDD در جدول ‏3‑5، می‌توان نتیجه گرفت؛ این طبقه‌بندی برای k برابر با یک و مجموعة SDD-5 بهترین صحت را دارد.

نتایج مربوط به طبقه‌بندی جنگل تصادفی و صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون Random در جدول ‏3‑8 نشان می‌دهد؛ این طبقه‌بندی برای مجموعه‌های Random-4 و Random-5 بهترین صحت و حساسیت را دارد. اما چون صحت مجموعة آموزش Random-5 بالاتر بود؛ این مجموعه با تعداد ده ویژگی که به صورت تصادفی انتخاب شده است؛ برگزیده شد. همچنین با توجه به صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون SDD در جدول ‏3‑11، می‌توان نتیجه گرفت؛ این طبقه‌بندی با تعداد ۲۵ ویژگی که به صورت تصادفی انتخاب شده است و برای مجموعة SDD-6 بهترین صحت را دارد.

با توجه به نتایج مربوط به ماشین بردار پیشتیبان با هستة شعاعی و صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون Random در جدول ‏3‑14، می‌توان نتیجه گرفت؛ این طبقه‌بندی برای مجموعة Random-5، با هزینة برابر با ۱۵، بهترین صحت و حساسیت را دارد. همچنین صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون SDD در جدول ‏3‑17نشان می‌دهد؛ این طبقه‌بندی برای مجموعة SDD-6 و با هزینة برابر با ۱۵، بهترین صحت را دارد.

از نتایج مربوط به شبکه عصبی چند لایه و صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون Random در جدول ‏3‑20، می‌توان نتیجه گرفت؛ این طبقه‌بندی برای مجموعة Random-2 و با تعداد لایه‌های درونی برابر با ۵، بهترین صحت و حساسیت را دارد. همچنین صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون SDD در جدول ‏3‑23، نتیجه می‌دهد؛ این طبقه‌بندی برای مجموعة SDD-5 و با تعداد لایه‌های درونی برابر با ۵، بهترین صحت را دارد.

نتایج مربوط به روش TreeBag و صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون Random در جدول ‏3‑26، نتیجه می‌دهد؛ این طبقه‌بندی برای مجموعة Random-2 بهترین صحت را دارد. همچنین از صحت گزارش شده برای داده‌های آزمون SDD در جدول ‏3‑29، می‌توان نتیجه گرفت؛ این طبقه‌بندی برای مجموعة SDD-6 بهترین صحت را دارد.

با توجه به خلاصه تمام نتایج مربوط به مجموعه دادة Random در جدول ‏3‑31 و صحت مجموعه‌های آزمون می‌توان نتیجه گرفت؛ برای مجموعه دادة Random طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه با k برابر با یک و با ده مولفة اصلی اول بهترین مدل خواهد بود. اما با توجه به حساسیت مجموعه دادة آزمون مستقل مشخص می‌شود؛ نه تنها این مدل بلکه سایر مدل‌ها توانایی پیش‌بینی خوبی روی مجموعه داده‌های جدید ندارند. با توجه به خلاصه تمام نتایج مربوط به مجموعه دادة SDD جدول ‏3‑32 و صحت مجموعه‌های آزمون می‌توان نتیجه گرفت؛ برای مجموعه دادة SDD طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه با k برابر با یک و با پنج مولفة اصلی اول بهترین مدل خواهد بود.

همچنین نتایج جدول ‏3‑31 و جدول ‏3‑32 نشان می‌دهد، اگرچه صحت مدل‌هایی که روی مجموعة آموزش و مجموعة آزمون Random و SDD اجرا شد؛ تقریباً یکسان است و حتی در بعضی موارد روی مجموعة Random بهتر است؛ اما مدل‌های ساخته شده روی مجموعة SDD روی مجموعه دادة مستقل بهتر عمل می‌کنند. در نتیجه مدل‌های ساخته شده روی مجموعه SDD برهمکنش پروتئین-پروتئین داده‌های جدید را بهتر و مطمئن‌تر پیش‌بینی می‌کنند.

نتایج نشان می‌دهد نوع انتخاب داده‌های منفی، روی کارآیی مدل‌ها تأثیر زیادی دارد و در بعضی موارد انتخاب داده‌های منفی به صورت تصادفی به اشتباه کارآیی مدل را بیشتر تخمین می‌زند. در صورتی که انتخاب داده‌های منفی به صورتی که درجة هر رأس، در شبکة مثبت و منفی یکسان باشد، باعث می‌شود پیش‌بینی برهمکنش پروتئین-پروتئین داده‌های جدید بهتر شود. همچنین روش تحلیل مؤلفه‌های اصلی برای این داده‌های این مطالعه، بهتر از روش انتخاب ویژگی بر اساس اهمیت و سهمشان در پیش‌بینی، عمل می‌کند.

اجرای طبقه‌بندی‌های مختلف روی هر دو نوع مجموعه داده نشان می‌دهد؛ طبقه‌بندی‌هایی که از قضیة بیز برای طبقه‌بندی داده‌ها استفاده می‌کنند؛ مانند Naïve Bayes، آنالیز تشخیص خطی و آنالیز تفکیک کنندة درجه دو؛ توانایی خوبی برای طبقه‌بند‌ی مجموعه دادة این مطالعه ندارند. اما طبقه‌بندی k-نزدیکترین همسایه و طبقه‌بندی‌هایی که از درخت تصمیم استفاده می‌کنند؛ مانند جنگل تصادفی و TreeBag؛ داده‌های این مطالعه را بهتر می‌توانند طبقه‌بندی کنند.

نتایجی که از این مطالعه به دست آمده است نشان می‌دهد روش‌های یادگیری ماشین برای پیش‌بینی برهمکنش بین گیاه *Arabidopsis thaliana* و باکتری *Pseudomonas syringae* می‌تواند بسیار مفید باشد؛ اما از کمبود داده‌های آزمایشگاهی رنج می‌برد. دسترسی به داده‌های آزمایشگاهی بیشتر برهمکنش گیاه-پاتوژن به بالا بردن کارآیی مدل‌های یادگیری ماشین و در نتیجه پیش‌بینی‌های با صحت بالاتر کمک کند. پیش‌بینی برهمکنش پروتئین-پروتئین با صحت بالاتر می‌تواند به انجام کارهای آزمایشگاهی برای یافتن مکانسیم بیمار شدن گیاه و روش‌های درمانی سرعت ‌بخشد.

##### مراجع

##### پیوست‌ها

Abstract

Cancer is one of the major causes of death worldwide. To treat cancer, the use of anticancer peptides (ACPs) has attracted increased attention in recent years. ACPs are a unique group of small molecules that can target and kill cancer cells fast and directly. However, identifying ACPs by wet-lab experiments is time-consuming and labor-intensive. Therefore, it is significant to develop computational tools for ACPs prediction. Hence, this study tries to build a machine learning model for distinguishing ACPs from non-ACPs. This study utilizes data of ACPs and non-ACPs, uses iFeature python package to extract features from peptides sequence, builds and trains random forest models on extracted features.

Comparing random forest models in this work, random forests with QSOrder and DDE features show better performance (accuracy: 80% for QSORrder model and accuracy: 81% for QSOrder+DDE model) on independent test set.

Keywords: Anticancer Peptides Prediction, Machine Learning, Random Forest, Cancer



Prediction of *Anticancer Peptides*

*Using Random Forest*

Thesis Submitted in Partial Fulfilment of the Requirements for the Degree of Master of Science (M.Sc.) in Bioinformatics

Department of Biophysics

Faculty of Bioinformatics

Tarbiat Modares University

By:

**Mohammadtabar Zeynab**

Supervisor:

**Dr. Abdolmaleki Parviz**

January 2022

1. Xi, J., et al., *Inferring subgroup-specific driver genes from heterogeneous cancer samples via subspace learning with subgroup indication.* Bioinformatics, 2020. **36**(6): p. 1855-1863.

2. Yue, Z., et al., *dbCID: a manually curated resource for exploring the driver indels in human cancer.* Briefings in bioinformatics, 2019. **20**(5): p. 1925-1933.

3. Bray, F., et al., *Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries.* CA: a cancer journal for clinicians, 2018. **68**(6): p. 394-424.

4. Wijdeven, R.H., et al., *Old drugs, novel ways out: Drug resistance toward cytotoxic chemotherapeutics.* Drug Resistance Updates, 2016. **28**: p. 65-81.

5. Huang, Y., et al., *Alpha-helical cationic anticancer peptides: a promising candidate for novel anticancer drugs.* Mini reviews in medicinal chemistry, 2015. **15**(1): p. 73-81.

6. Hoskin, D.W. and A. Ramamoorthy, *Studies on anticancer activities of antimicrobial peptides.* Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Biomembranes, 2008. **1778**(2): p. 357-375.

7. Giuliani, A., G. Pirri, and S. Nicoletto, *Antimicrobial peptides: an overview of a promising class of therapeutics.* Open Life Sciences, 2007. **2**(1): p. 1-33.

8. Gaspar, D., A.S. Veiga, and M.A. Castanho, *From antimicrobial to anticancer peptides. A review.* Frontiers in microbiology, 2013. **4**: p. 294.

9. Ting, C.-H., et al., *The mechanisms by which pardaxin, a natural cationic antimicrobial peptide, targets the endoplasmic reticulum and induces c-FOS.* Biomaterials, 2014. **35**(11): p. 3627-3640.

10. Buri, M.V., et al., *Resistance to degradation and cellular distribution are important features for the antitumor activity of gomesin.* PLoS One, 2013. **8**(11): p. e80924.

11. Vijayakumar, S. and P. Lakshmi, *ACPP: A web server for prediction and design of anti-cancer peptides.* International Journal of Peptide Research and Therapeutics, 2015. **21**(1): p. 99-106.

12. Reddy, K., R. Yedery, and C. Aranha, *Antimicrobial peptides: premises and promises.* International journal of antimicrobial agents, 2004. **24**(6): p. 536-547.

13. Ejtehadifar, M., et al., *Anti-cancer effects of Staphylococcal Enterotoxin type B on U266 cells co-cultured with Mesenchymal Stem Cells.* Microbial pathogenesis, 2017. **113**: p. 438-444.

14. Wang, Z. and G. Wang, *APD: the antimicrobial peptide database.* Nucleic acids research, 2004. **32**(suppl\_1): p. D590-D592.

15. Schweizer, F., *Cationic amphiphilic peptides with cancer-selective toxicity.* European journal of pharmacology, 2009. **625**(1-3): p. 190-194.

16. Wüthrich, K., *NMR with proteins and nucleic acids.* Europhysics News, 1986. **17**(1): p. 11-13.

17. Marion, D., M. Zasloff, and A. Bax, *A two-dimensional NMR study of the antimicrobial peptide magainin 2.* FEBS letters, 1988. **227**(1): p. 21-26.

18. Ganz, T., et al., *Defensins. Natural peptide antibiotics of human neutrophils.* Journal of Clinical Investigation, 1985. **76**(4): p. 1427.

19. Hill, C.P., et al., *Crystal structure of defensin HNP-3, an amphiphilic dimer: mechanisms of membrane permeabilization.* Science, 1991. **251**(5000): p. 1481-1485.

20. Landon, C., et al., *Solution structure of drosomycin, the first inducible antifungal protein from insects.* Protein Science, 1997. **6**(9): p. 1878-1884.

21. Tamamura, H., et al., *A comparative study of the solution structures of tachyplesin I and a novel anti-HIV synthetic peptide, T22 ([Tyr 5, 12, Lys 7]-polyphemusin II), determined by nuclear magnetic resonance.* Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Protein Structure and Molecular Enzymology, 1993. **1163**(2): p. 209-216.

22. Xu, T., et al., *Anticandidal activity of major human salivary histatins.* Infection and immunity, 1991. **59**(8): p. 2549-2554.

23. Selsted, M.E., et al., *Indolicidin, a novel bactericidal tridecapeptide amide from neutrophils.* Journal of Biological Chemistry, 1992. **267**(7): p. 4292-4295.

24. Lawyer, C., et al., *Antimicrobial activity of a 13 amino acid tryptophan-rich peptide derived from a putative porcine precursor protein of a novel family of antibacterial peptides.* FEBS letters, 1996. **390**(1): p. 95-98.

25. Gennaro, R., B. Skerlavaj, and D. Romeo, *Purification, composition, and activity of two bactenecins, antibacterial peptides of bovine neutrophils.* Infection and immunity, 1989. **57**(10): p. 3142-3146.

26. AGERBERTH, B., et al., *Amino acid sequence of PR‐39.* European Journal of Biochemistry, 1991. **202**(3): p. 849-854.

27. De Vos, W.M., et al., *Properties of nisin Z and distribution of its gene, nisZ, in Lactococcus lactis.* Applied and environmental microbiology, 1993. **59**(1): p. 213-218.

28. Fregeau Gallagher, N.L., et al., *Three-dimensional structure of leucocin A in trifluoroethanol and dodecylphosphocholine micelles: spatial location of residues critical for biological activity in type IIa bacteriocins from lactic acid bacteria.* Biochemistry, 1997. **36**(49): p. 15062-15072.

29. Rokach, L. and O. Maimon, *Decision trees*, in *Data mining and knowledge discovery handbook*. 2005, Springer. p. 165-192.

30. Breiman, L., *Random forests.* Machine learning, 2001. **45**(1): p. 5-32.

31. Osuna, E.E., *Support vector machines: Training and applications*. 1998, Massachusetts Institute of Technology.

32. He, W., et al., *Learning embedding features based on multisense-scaled attention architecture to improve the predictive performance of anticancer peptides.* Bioinformatics, 2021. **37**(24): p. 4684-4693.

33. Chen, Z., et al., *iFeature: a python package and web server for features extraction and selection from protein and peptide sequences.* Bioinformatics, 2018. **34**(14): p. 2499-2502.

34. van Zoggel, H., et al., *Antitumor and angiostatic activities of the antimicrobial peptide dermaseptin B2.* 2012.

35. Huang, Y., et al., *CD-HIT Suite: a web server for clustering and comparing biological sequences.* Bioinformatics, 2010. **26**(5): p. 680-682.

36. Wei, L., et al., *ACPred-FL: a sequence-based predictor using effective feature representation to improve the prediction of anti-cancer peptides.* Bioinformatics, 2018. **34**(23): p. 4007-4016.

37. Schaduangrat, N., et al., *ACPred: a computational tool for the prediction and analysis of anticancer peptides.* Molecules, 2019. **24**(10): p. 1973.

38. Manavalan, B., et al., *MLACP: machine-learning-based prediction of anticancer peptides.* Oncotarget, 2017. **8**(44): p. 77121.

39. Chen, W., et al., *iACP: a sequence-based tool for identifying anticancer peptides.* Oncotarget, 2016. **7**(13): p. 16895.

40. Hajisharifi, Z., et al., *Predicting anticancer peptides with Chou′ s pseudo amino acid composition and investigating their mutagenicity via Ames test.* Journal of Theoretical Biology, 2014. **341**: p. 34-40.

41. Cao, R., et al., *DLFF-ACP: prediction of ACPs based on deep learning and multi-view features fusion.* PeerJ, 2021. **9**: p. e11906.

1. Anticancer Peptides (ACP) [↑](#footnote-ref-1)
2. International Agency for Research on Cancer [↑](#footnote-ref-2)
3. Antimicrobial Peptides (AMP) [↑](#footnote-ref-3)
4. NMR spectroscopy [↑](#footnote-ref-4)
5. Nissen [↑](#footnote-ref-5)
6. Lactococcus Lactis [↑](#footnote-ref-6)
7. Supervised [↑](#footnote-ref-7)
8. Unsupervised [↑](#footnote-ref-8)
9. Class Label [↑](#footnote-ref-9)
10. Descriptor [↑](#footnote-ref-10)
11. Feature [↑](#footnote-ref-11)
12. Predictors [↑](#footnote-ref-12)
13. Clustering [↑](#footnote-ref-13)
14. Classification [↑](#footnote-ref-14)
15. Decision Tree Classifier [↑](#footnote-ref-15)
16. Root Node [↑](#footnote-ref-16)
17. Leaves [↑](#footnote-ref-17)
18. Random Forest Classifier [↑](#footnote-ref-18)
19. Ensemble Learning [↑](#footnote-ref-19)
20. Support Vector Machine [↑](#footnote-ref-20)
21. Margin [↑](#footnote-ref-21)
22. Kernel [↑](#footnote-ref-22)
23. Deep Neural Networks [↑](#footnote-ref-23)
24. Anticancer Peptides [↑](#footnote-ref-24)
25. Datebases [↑](#footnote-ref-25)
26. Random Forest [↑](#footnote-ref-26)
27. Support Vector Machine [↑](#footnote-ref-27)
28. Non Ancticancer Peptide [↑](#footnote-ref-28)
29. Antimicrobal Peptides [↑](#footnote-ref-29)
30. Datasets [↑](#footnote-ref-30)
31. Positive Dataset [↑](#footnote-ref-31)
32. Negative Dataset [↑](#footnote-ref-32)
33. Similarity [↑](#footnote-ref-33)
34. Training Dataset [↑](#footnote-ref-34)
35. Hyper Parameter Tuning [↑](#footnote-ref-35)
36. Independent Test Set [↑](#footnote-ref-36)
37. Feature Extraction [↑](#footnote-ref-37)
38. Pseudo-Amino Acid Composition [↑](#footnote-ref-38)
39. Amphiphilic Pseudo-Amino Acid Composition [↑](#footnote-ref-39)
40. Composition of k-spaced Amino Acid Pairs [↑](#footnote-ref-40)
41. Gap [↑](#footnote-ref-41)
42. Composition/Transition/Distribution [↑](#footnote-ref-42)
43. Normalized Van der Waals Volume [↑](#footnote-ref-43)
44. Polarity [↑](#footnote-ref-44)
45. polarizability [↑](#footnote-ref-45)
46. charge [↑](#footnote-ref-46)
47. secondary structures [↑](#footnote-ref-47)
48. solvent accessibility [↑](#footnote-ref-48)
49. Dipeptide Deviation from Expected Mean [↑](#footnote-ref-49)
50. Dipeptide Composition [↑](#footnote-ref-50)
51. Theoretical mean [↑](#footnote-ref-51)
52. Theoretical Variance [↑](#footnote-ref-52)
53. Codon [↑](#footnote-ref-53)
54. stop codons [↑](#footnote-ref-54)
55. k-Spaced Conjoint Triad [↑](#footnote-ref-55)
56. Normalized Moreau-Broto Autocorrelation [↑](#footnote-ref-56)
57. Quasi-sequence-order [↑](#footnote-ref-57)
58. Data pre-processing [↑](#footnote-ref-58)
59. Correlation [↑](#footnote-ref-59)
60. True positive [↑](#footnote-ref-60)
61. False positive [↑](#footnote-ref-61)
62. True negative [↑](#footnote-ref-62)
63. False negative [↑](#footnote-ref-63)
64. Sensitivity [↑](#footnote-ref-64)
65. Recall [↑](#footnote-ref-65)
66. Specificity [↑](#footnote-ref-66)
67. Accuracy [↑](#footnote-ref-67)
68. Precision [↑](#footnote-ref-68)
69. Cross validation (CV) [↑](#footnote-ref-69)
70. K-fold cross validation [↑](#footnote-ref-70)
71. Leave one out cross validation (LOOCV) [↑](#footnote-ref-71)
72. Feature selection [↑](#footnote-ref-72)
73. Wrapper [↑](#footnote-ref-73)
74. Filter [↑](#footnote-ref-74)
75. Sequential Forward Search [↑](#footnote-ref-75)
76. Sequential Backward Search [↑](#footnote-ref-76)
77. Curse of dimensionality [↑](#footnote-ref-77)
78. Dimension reduction [↑](#footnote-ref-78)
79. Principal Component Analysis [↑](#footnote-ref-79)