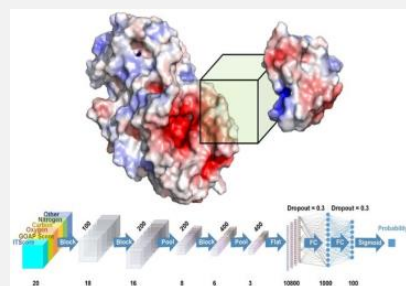


کشف بهتر داروها با کمک فناوری سه بعدی و یادگیری عمیق

پژوهشگران آمریکایی موفق شده‌اند با کمک فناوری سه بعدی و یادگیری عمیق، روش جدیدی را برای بررسی پروتئین‌ها ابداع کنند که به کشف بهتر داروها نیز کمک می‌کند.



پژوهشگران آمریکایی موفق شده‌اند با کمک فناوری سه بعدی و یادگیری عمیق، روش جدیدی را برای بررسی پروتئین‌ها ابداع کنند که به کشف بهتر داروها نیز کمک می‌کند.

به گزارش ایسنا و به نقل از وب سایت رسمی دانشگاه پردو، بدن انسان، سکونت گاه انواع پروتئین است و معمولاً بیش از 20 هزار نوع پروتئین را شامل می‌شود که فعالیت هر یک از آنها برای ادامه زندگی انسان لازم است.

پژوهشگران "دانشگاه پردو" (Purdue University)، روش جدیدی را برای استفاده از یادگیری ماشینی و درک بهتر نحوه تعامل پروتئین‌ها در بدن ابداع کرده‌اند که می‌تواند راه را برای ارائه مدل‌های ساختاری دقیق‌تری از پروتئین‌ها و کشف داروهای بهتر هموار کند.

"دایسوک کیهارا" (Daisuke Kihara)، استاد علوم زیستی دانشگاه پردو و سرپرست این پژوهش گفت: زیست‌شناسان برای درک مکانیسم‌های مولکولی پروتئین‌ها، از ابزارهای مانند اشعه ایکس و میکروسکوپ استفاده می‌کنند اما این ابزار به زمان و منابع محدود می‌شوند. ما در تلاش‌های خود موفق شده‌ایم تا روش‌های محاسباتی جدیدی برای مدل‌سازی مجموعه‌های پروتئین ابداع کنیم. یکی از چالش‌های بزرگ این است که یک روش محاسباتی معمولاً هزاران مدل را تولید می‌کند و به انتخاب یک مدل درست و طبقه‌بندی مدل‌های دشوار می‌پردازد.

کیهارا و گروهش، سیستمی موسوم به "داو" (DOVE) ابداع کرده‌اند که مبتنی بر شبکه عصبی عمیق است و اصول یادگیری عمیق را برای بررسی تعامل میان مدل‌های مجازی تعامل پروتئین به کار می‌گیرد. سیستم داو، تعامل پروتئین‌های یک مدل را اسکن می‌کند و سپس، اصول یادگیری عمیق را به کار می‌گیرد و ویژگی‌های ساختاری مدل‌های درست و نادرست را مشخص می‌کند.

"ژیائو وانگ" (Xiao Wang)، از پژوهشگران این گروه گفت: پژوهش ما، یک پیشرفت مهم در حوزه بیوانفورماتیک به شمار می‌رود. شاید این نخستین بار باشد که پژوهشگران، از ویژگی‌های یادگیری عمیق و فناوری سه بعدی برای درک کارایی مدل‌های خاصی از پروتئین استفاده می‌کنند. شاید پژوهشگران بتوانند اطلاعات به دست آمده در این پژوهش را برای ارائه داروهایی به کار ببرند که تعامل پروتئین‌ها هدف آنها است.

این پژوهش، در مجله "Bioinformatics" به چاپ رسید.