

## پیش بینی تاخوردگی دامنه پروتئین‌ها مبتنی بر روش DBSCAN

محمدرضا محمدیان<sup>۱</sup>، محمدتقی حمیدی بهشتی<sup>۲</sup>، کاوه کاوسی<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشگاه تربیت مدرس، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه کنترل، m.mohamadian@modares.ac.ir

<sup>۲</sup> دانشیار، دانشگاه تربیت مدرس، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه کنترل، mbeheshti@modares.ac.ir

<sup>۳</sup> استادیار، دانشگاه تهران، دانشکده تحقیقات بیوشیمی-بیوفیزیک، گروه کنترل، kkavousi@alumni.ut.ac.ir

(تاریخ دریافت مقاله ۱۳۹۲/۹/۱۶، تاریخ پذیرش مقاله ۱۳۹۲/۱۲/۵)

**چکیده:** در این مقاله یک روش طبقه‌بندی تغییر یافته بر مبنای روش‌های طبقه‌بندی بر اساس چگالی برای طبقه‌بندی تاخوردگی پروتئین‌ها ارائه شده است که این روش در برابر وجود نویز مقاوم بوده و از سرعت بالایی برخوردار خواهد بود. طبقه‌بندی پروتئین‌ها بمنظور پیش‌بینی عملکرد آنها و شناسایی خواص پروتئین‌ها یکی از مسائل بزرگ در حوزه طبقه‌بندی است. با توجه به پیشرفت علم و دستگاه‌های توالی‌یابی پروتئین‌های بسیاری کشف شده‌اند که نیازمند یک سیستم طبقه‌بندی خودکار هستند. این مقاله روش طبقه‌بندی خودکاری را برای طبقه‌بندی پروتئین‌ها براساس تاخوردگی و اطلاعات مستخرج از توالی ارائه خواهد نمود. همچنین در این مقاله از روش ترکیب اطلاعات فازی برای ترکیب اطلاعات طبقه‌بندی کننده‌ها جهت افزایش قطعیت عمل طبقه‌بندی استفاده شده است.

**کلمات کلیدی:** طبقه‌بندی تاخوردگی پروتئین، طبقه‌بندی براساس حذف نویز، طبقه‌بندی براساس چگالی

## Protein Domain Folding Prediction Based on DBSCAN

Mohammad Reza Mohammadian, Mohammad Taghi Hamidi Beheshti, Kaveh Kavousi

**Abstract:** This paper presents a density-based clustering approach for data classification of protein folding. The method is shown to perform better as compared with the conventional methods with respect to computational speed and robustness against noise. Protein clustering is known to be one of the important challenges of prediction and identification of protein's properties and its performances. Due to recent advances in sequence detection devices, many proteins have been discovered which requires an automatic protein clustering system. An automatic protein clustering method is thus presented here which is based on folding and information extracted from the output features of the sequence. Further, fuzzy data fusion is used to combine the clustered information in order to improve the clustering performance.

**Keywords:** Density-Based Clustering, Protein-Fold Classification, Robust Clustering

## ۱- مقدمه

در سیستم‌های بیولوژی طبقه‌بندی ساختاری پروتئین‌ها به قصد پیشگویی عملکرد آنها یکی از چالش‌های بزرگ و مسائل مطرح شده می‌باشد.

در این زمینه طبقه‌بندی تاخوردگی پروتئین‌ها مسأله‌ای است که در سالهای اخیر بسیار به آن پرداخته شده است. چرا که در علوم زیست‌شناسی پروتئین‌های بسیاری کشف شده‌اند که این پروتئین‌ها نیازمند یک روش طبقه‌بندی و شناسایی خودکار می‌باشند.

پیش‌بینی تاخوردگی پروتئین‌ها همواره با عدم قطعیت همراه است و این عدم قطعیت‌ها به دلیل نبود تعریف روش و بدون ابهام از الگوی تاخوردگی پروتئین‌ها است. طبقه‌بندی تاخوردگی پروتئین‌ها حتی با استفاده از ساختمان سوم پروتئین‌ها کاری دشوار است. در حالی که برای طبقه‌بندی و شناسایی پروتئین‌ها تنها از اطلاعات بدست آمده از توالی پروتئین‌ها استفاده می‌شود.

در طبقه‌بندی پروتئین‌ها دو حالت را می‌توان در نظر گرفت، حالتی که برای طبقه‌بندی به ساختار سوم پروتئین نیاز است و حالتی که بر مبنای اطلاعات استخراج شده از توالی پروتئین‌ها کار طبقه‌بندی انجام می‌شود. روش‌های طبقه‌بندی پروتئین‌ها را می‌توان به سه دسته کاملاً دستی، نیمه خودکار و خودکار دسته‌بندی کرد که در این روش‌ها روش کاملاً دستی بر مبنای نظر افراد خبره و دانشمندان حوزه بیولوژی انجام می‌شود روش طبقه‌بندی <sup>1</sup>SCOP یک روش سلسله‌مراتبی از این نوع روش‌ها است [۱]. روش نیمه خودکار هم بر مبنای نظر افراد خبره و هم به صورت خودکار طبقه‌بندی را انجام می‌دهد روش طبقه‌بندی <sup>2</sup>CATH یک روش نیمه خودکار است [۲] روش خودکار بدون در نظر گرفتن نظر افراد خبره و به صورت کاملاً خودکار و بدون سرپرست طبقه‌بندی را انجام می‌دهد.

روش‌های طبقه‌بندی پروتئین‌ها هر یک براساس یکی از ویژگی‌های پروتئین‌ها عمل می‌کنند که این ویژگی‌ها می‌تواند ساختارهای چهارگانه پروتئین، عملکرد پروتئین، زنجیره تکاملی و یا معیارهای دیگر باشد.

در [۳، ۴] اولین تحقیقات شناسایی ساختار سوم پروتئین‌ها از روی توالی آنها و با استفاده از اصل کمترین انرژی آزاد انجام گرفت. این روش‌ها اگرچه در پاره‌ای موارد نتایج درخشانی داشته‌اند اما در حالت کلی از معضل کمینه‌ی محلی رنج می‌بردند و به عنوان روشی قابل اعتماد برای تعیین ساختار سوم پروتئین از روی توالی قابل استفاده نیستند.

<sup>1</sup> Structural Classification Of Proteins

<sup>2</sup> Class- Architecture- Topology- Homologous

در [۵] همترازی دوه توالی‌ها در مورد دامنه‌هایی که رابطه‌ی تکاملی نزدیکی با یکدیگر دارند نتایج مطلوبی گرفته شده است. یک روش برای طبقه‌بندی پروتئین‌ها نگاشت مسئله به یک مسئله یادگیری ماشینی با سرپرست است. این روش‌ها نیازمند یک استاندارد طلائی هستند تا بتوانند تا حد ممکن خود را با استاندارد مورد استفاده هماهنگ کنند. در این روش‌ها پروتئین ناشناخته براساس استاندارد مورد نظر و آنچه طبقه‌بندی کننده از آن می‌آموزد باید به کلاس الگوی تاخوردگی صحیح و یا کلاس ساختار دوم مناسب منتسب شود. در [۶] لیستی از روش‌های یادگیری ماشینی را می‌توان مشاهده کرد.

تعیین صحیح کلاس ساختار دوم دامنه پروتئین اولین گام در ایجاد سیستم‌های طبقه‌بندی خودکار پروتئین می‌باشد. در [۷] نیشیکاوا<sup>۳</sup> و همکاران ارتباط قوی بین ویژگی مستخرج از ترکیب اسیدهای آمینه و کلاس ساختار دوم را نشان دادند.

تعدادی از روش‌ها برای پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها از ایده‌های فازی استفاده می‌کنند. که در آنها به جای تخصیص یک ساختار قطعی به یک مانده اندازه‌ی فازی تعلق مانده‌ی مورد نظر به هر یک از کلاس‌های ساختاری تخمین زده می‌شود. در [۸] سه اندازه‌ی مهم برای ارزیابی کارآیی الگوریتم‌های پیشگویی ساختار دوم پروتئین معرفی شده‌اند. اندازه‌های سنتی امتیاز Q، اندازه‌ی SOV<sup>۴</sup> و ضرایب همبستگی k-Correlation (Corr) به ترتیب به سه اندازه‌ی فازی امتیاز F، FOV<sup>۵</sup> و ضرایب همبستگی فازی<sup>۶</sup> (Fov) تعمیم داده شدند.

استفاده از مدل مخفی مارکوف (HMM) با تعداد حالات کاهش یافته با قابلیت یادگیری برای پیشگویی کلاس ساختار دوم پروتئین و نیز طبقه‌بندی الگوی تاخوردگی پروتئین در [۹] گزارش شده است.

دوبچک<sup>۹</sup> و همکارانش یک روش مبتنی بر استفاده از توصیف-گرهای سراسری زنجیره‌ی پروتئین و یک فرآیند رای‌گیری را برای طبقه‌بندی الگوی تاخوردگی دامنه پروتئین پیشنهاد کردند [۱۰]. آنها از یک شبکه عصبی مصنوعی برای اتخاذ توصیف‌گرها بر پایه‌ی چگونگی ترکیب ۱۰، گذار ۱۱ و توزیع ۱۲ برای ویژگی‌های مختلف اسیدهای آمینه مانند آبرگریزی، ساختار دوم پیشگویی شده و ... را مورد استفاده قرار دادند. همچنین ایده‌ی خود را با استفاده از مفهوم توصیف‌گرهای

<sup>3</sup> Nishikawa

<sup>4</sup> Segment Overlap measure

<sup>5</sup> k-state Correlation Coefficient

<sup>6</sup> Fuzzy Overlap measure

<sup>7</sup> Fuzzy Correlation Coefficient

<sup>8</sup> Hidden Markov Models

<sup>9</sup> Dubchak

<sup>10</sup> Composition

<sup>11</sup> Transition

<sup>12</sup> Distribution

سراسری مبتنی بر خواص فیزیکی، شیمیایی و ساختاری اسیدهای آمینه-  
ی تشکیل دهنده ساختار اول پروتئین پیگیری کردند [۱۱].

دینگ<sup>۱</sup> و دوبچک از روش های منحصر به فرد "یک در مقابل دیگران"<sup>۲</sup> و "همه در برابر همه"<sup>۳</sup> به عنوان جدا کننده برای پیش بینی کلاس پروتئین جهت کاهش میزان خطا در مقایسه با روش های عادی "یک در مقابل دیگران" استفاده کردند. و از ماشین بردار پشتیبان SVM<sup>۴</sup> و شبکه های عصبی به عنوان طبقه بندی کننده های پایه استفاده کردند [۱۲].

در [۱۳] از روش طبقه بندی کننده پایه ای OET-KNN<sup>۵</sup> [۱۴]، [۱۵] استفاده می شود. این روش یک طبقه بندی کننده با N طبقه را در نظر می گیرد و k نزدیک ترین همسایگی را بدست آورده و با استفاده از قاعده ترکیب دمپر شافر [۱۶-۱۸] آن را طبقه بندی می کند.

در [۱۹] مفاهیم فولدهای درهم تنیده و ابر فولدها مطرح شده است. که نوعی از طبقه بندی کننده را براساس تشکیل ساختارهای اعتقادی مبتنی بر هر یک از ویژگی ها، در تصمیم گیری هر دامنه ی پروتئینی به جای تخصیص به یک طبقه ی مشخص، به یک ابر فولد تخصیص می دهد و سپس از طریق ترکیب این ساختارهای اعتقادی و پالایش نتایج در نهایت دامنه ی ناشناخته، حتی الامکان به یک طبقه ی الگوی تاخوردگی تخصیص می یابد و در غیر این صورت یک ابر فولد کاندید مقصد نهایی خواهد شد.

## ۲- داده ها و روش مورد استفاده

در این مقاله یک طبقه بندی کننده خودکار برای پیش بینی تاخوردگی پروتئین ها با در دست داشتن اطلاعات مستخرج از توالی پروتئین ها بیان می شود. طبقه بندی بدون استفاده از نظر افراد خبره و بصورت خودکار کار طبقه بندی را انجام می دهد. که از روش طبقه بندی تغییر یافته DBSCAN<sup>۶</sup> استفاده شده است. برای طبقه بندی پروتئین ها دو معیار شباهت و عدم شباهت در نظر گرفته شده که عمل طبقه بندی براساس این دو معیار عمل خواهند کرد معیار عدم شباهت می تواند در جداسازی انواع تاخوردگی هایی که از یکدیگر فاصله دارند مفید واقع شود. چرا که می توان دو پروتئینی که به مقدار کافی از یکدیگر فاصله دارند را به طور یقین از هم جدا کرد و در تاخوردگی های متفاوتی قرار داد. برای حذف عدم قطعیت های موجود از روش ترکیب اطلاعات

- 1 Ding
- 2 one-against-others
- 3 All against-all

4 Support vector machine

5 Optimized Evidence Theoretic – K-Nearest Neighbor

6 Density-Based Spatial Clustering of Applications with Noise

انتگرال فازی سوگنو برای ترکیب اطلاعات بدست آمده استفاده می-  
شود.

## ۱-۲- داده های مورد استفاده

مجموعه داده های مورد استفاده در این مقاله داده های مستخرج از توالی پروتئین ها است که از بانک اطلاعاتی مربوط به پژوهش دینگ و دوبچک [20, 12] تامین شده است.

مجموعه داده های اولیه آموزش و تست هر یک به ترتیب شامل ۳۱۱ و ۳۸۳ پروتئین می باشند.

طبق گزارش دینگ و دوبچک برای پروتئین های با طول زنجیره ی ۸۰ و با بالاتر هیچ پروتئینی در مجموعه آموزش از لحاظ توالی بیش از ۳۵ درصد همانندی با سایر پروتئین های مجموعه آموزش ندارد. براساس طبقه بندی SCOP مجموعه داده های آموزش و تست در همان مرجع به ۲۷ الگوی تاخوردگی پروتئینی مختلف تقسیم شده اند.

این طبقات تاخوردگی در ردیف پر جمعیت ترین طبقات تاخوردگی SCOP (با حداقل ۷ عضو در هر طبقه ی الگوی تاخوردگی) قرار دارند و از میان چهار کلاس ساختاری اصلی انتخاب شده اند.

مجموعه داده های آزمون شامل دامنه هایی از SCOP است که کمتر از ۴۰ درصد مشابهت با یکدیگر دارند. هیچ یک از دامنه های مجموعه داده های آموزش و آزمون بیش از ۳۵ درصد مشابهت با یکدیگر ندارند و بیش از ۹۰ درصد دامنه های مجموعه آزمون کمتر از ۲۵ درصد مشابهت توالی با داده های مجموعه آموزش دارند.

جدول ۱ طبقات داده های مورد استفاده و نیز کلاس های داده به همراه تعداد داده های مورد استفاده در قسمت آموزش و تست را نشان می دهد [۲۱].

جدول ۱: تاخوردگی و کلاس داده های آموزش و تست مورد استفاده

| Fold no | Fold Name                         | Class | Train Sample | Test Sample |
|---------|-----------------------------------|-------|--------------|-------------|
| 1       | Globin-like                       | All α | 13           | 6           |
| 2       | Cytochrome c                      | All α | 7            | 9           |
| 3       | DNA-binding3-helical bundle       | All α | 12           | 20          |
| 4       | 4-helical up-and-down bundle      | All α | 7            | 8           |
| 5       | 4-helical cytokines EF-hand       | All α | 9            | 9           |
| 6       | EF-hand                           | All α | 6            | 9           |
| 7       | Immunoglobulin-like               | All β | 30           | 44          |
| 8       | cupredoxins                       | All β | 9            | 12          |
| 9       | Viral coat and capsid protein     | All β | 16           | 13          |
| 10      | Cona-like lectin glucanases       | All β | 7            | 6           |
| 11      | SH3-like barrel                   | All β | 8            | 8           |
| 12      | OB-fold                           | All β | 13           | 19          |
| 13      | Beta-trefoil                      | All β | 8            | 4           |
| 14      | Trypsin-like serine proteases     | All β | 9            | 4           |
| 15      | lipocalins                        | All β | 9            | 7           |
| 16      | (TIM)-barrel                      | αβ    | 29           | 48          |
| 17      | FAD(also NAD)-binding motif       | αβ    | 11           | 12          |
| 18      | Flavodoxin-like                   | αβ    | 11           | 13          |
| 19      | NAD(P)-binding rossmann-fold      | αβ    | 13           | 27          |
| 20      | P-loop                            | αβ    | 10           | 12          |
| 21      | Thioredoxin-like                  | αβ    | 9            | 8           |
| 22      | ribonuclease H-like motif         | αβ    | 10           | 12          |
| 23      | Hydrolases                        | αβ    | 11           | 7           |
| 24      | Periplasmic binding protein-like  | αβ    | 11           | 4           |
| 25      | Grasp β                           | αβ    | 7            | 8           |
| 26      | Ferredoxin-like                   | αβ    | 13           | 27          |
| 27      | Small inhibitors, toxins, lectins | αβ    | 13           | 27          |

در جدول ۲، ۱۰ ویژگی متفاوت جهت بررسی طبقه بندی تاخوردگی پروتئین ها نشان داده شده است. این ویژگی ها برای داده های تست و آزمون مورد استفاده قرار می گیرند که در مقابل هر ویژگی ابعاد

آن نیز قرار دارد.

جدول ۲: ویژگی‌ها و ابعاد ویژگی‌های مورد استفاده در طبقه‌بندی

تغییر یافته [۱۳]

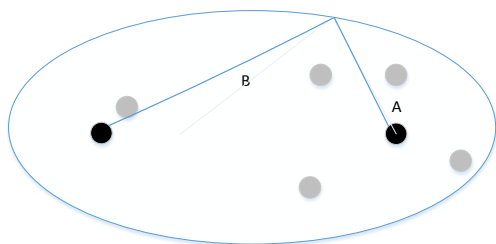
| NO. | Feature                                        | Dimension |
|-----|------------------------------------------------|-----------|
| 1   | Hydrophobicity                                 | 21        |
| 2   | Predicted secondary structure                  | 21        |
| 3   | Normalized van der waals volume                | 21        |
| 4   | Polarity                                       | 21        |
| 5   | Polarizability                                 | 21        |
| 6   | Pseudo amino acid composition ( $\lambda=1$ )  | 22        |
| 7   | Pseudo amino acid composition ( $\lambda=4$ )  | 28        |
| 8   | Pseudo amino acid composition ( $\lambda=14$ ) | 48        |
| 9   | Pseudo amino acid composition ( $\lambda=30$ ) | 80        |
| 10  | PSSM representative                            | 20        |

## ۲-۲- روش طبقه‌بندی تغییر یافته DBSCAN

فرض می‌شود مجموعه‌ای  $\{P_i\}_{i=1}^N$  که یک مجموعه‌ای  $N$  عضویی از پروتئین‌های ناشناخته است وجود دارد که باید این مجموعه را بدرستی طبقه‌بندی کرد. همچنین در این مجموعه پروتئین یک مجموعه  $\{F_j\}_{j=1}^M$  وجود دارد که مجموعه تاخوردگی‌های پروتئین‌های موجود خواهد بود. که  $M$  تعداد انواع تاخوردگی پروتئین‌ها است. روش طبقه‌بندی باید پروتئین‌های مجموعه قبل را به این  $M$  نوع تاخوردگی افزایش دهد.

برای طبقه‌بندی تاخوردگی پروتئین‌ها از طبقه‌بندی‌های مبتنی بر توزیع چگالی استفاده شده است. در این طبقه‌بندی کننده‌ها با استفاده از این خاصیت که توزیع چگالی بردارهای ویژگی هر طبقه در یک ناحیه از فضا متمرکز است و هر طبقه با استفاده از ناحیه‌های با چگالی توزیع کم از دیگر طبقه‌ها جدا می‌شود، طبقه‌بندی انجام خواهد شد [۲۲]. چگالی را می‌توان به روش‌های متفاوتی تعریف کرد. در این مقاله روش تعریف چگالی براساس بیضی ارائه شده است.

چگالی هر نقطه در فضای دو بعدی برابر است با تعداد نقاط موجود در یک بیضی که مجموع فواصل این نقاط از مراکز بیضی یک مقدار مثبت  $\varepsilon$  است. نمایشی از روش بهینه پایه‌ی مرکز در شکل ۱ نیز نشان داده شده است.



شکل ۱: روش بیضی برای تعریف چگالی هر نقطه

بنابراین طبقه‌بندی دامنه پروتئین‌ها با این روش تابعی از انتخاب صحیح مقدار  $\varepsilon$  است. در این طبقه‌بندی دامنه پروتئین‌های موجود را می‌توان به سه دسته تقسیم بندی کرد.

**پروتئین‌های مرکزی:** پروتئین‌های مرکزی پروتئین‌های هستند که در مرکز بیضی قرار می‌گیرند و در واقع هسته اصلی یک طبقه را تشکیل می‌دهند. چگالی پروتئین‌های مرکزی باید از یک مقدار  $MinPts$  بزرگتر باشد.  $MinPts$  کمترین تعداد نقاط موجود در حداقل همسایگی یک نقطه است.

**پروتئین‌های حاشیه‌ای:** پروتئین‌های حاشیه‌ای پروتئین‌های هستند که در مرز طبقه‌ها قرار می‌گیرند و چگالی این پروتئین‌ها کمتر از مقدار  $MinPts$  است ولی این نقاط در همسایگی یک پروتئین مرکزی قرار دارند. همسایگی یک پروتئین به تمام پروتئین‌هایی گفته می‌شود که در مجموع فاصله  $\varepsilon$  از پروتئین‌های مرکزی قرار می‌گیرند. همسایگی پروتئین  $p$  را توسط رابطه زیر می‌توان بیان کرد.

(۱)

به طوری که در رابطه قبل  $D$  نشان دهنده تمام پروتئین‌های آموزش است.

همچنین در این روش می‌توان پروتئین‌هایی را که نه در نقطه همسایگی قرار دارند و نه جزو نقاط مرکزی هستند را برای طبقه مورد نظر نویز در نظر گرفت.

الگوریتم DBSCAN از الگوریتم‌های مبتنی بر توزیع چگالی است. برای توضیح این الگوریتم ابتدا یک سری مفاهیم و لم بر پایه توزیع چگالی تعریف می‌شود.

**تعریف قابلیت دسترسی مستقیم چگالی:** نقطه  $p$  را قابل دسترسی مستقیم چگالی<sup>۱</sup> از نقطه  $q$  می‌گوییم هرگاه دو شرط زیر برقرار باشد.

- 1-  $p \in N_\varepsilon(q)$
- 2-  $|N_\varepsilon(p)| > MinPts$

خاصیت قابلیت دسترسی مستقیم چگالی دارای تقارن نیست. این بدین معنی است که ممکن است نقطه  $p$  قابل دسترسی مستقیم از نقطه  $q$  باشد ولی نقطه  $q$  قابل دسترسی مستقیم از نقطه  $p$  نباشد. عدم تقارن این

<sup>1</sup> Directly density-reachable

زیرمجموعه ناتهی از داده‌ها است که دو خاصیت زیر در آن برقرار باشد.

۱- به ازای هر  $p, q \in C$ ، اگر  $r$  باشد و  $r$  قابل دسترسی چگالی با پارامترهای  $\epsilon$  و  $MinPts$  از نقطه  $p$  یا  $q$  باشد آنگاه  $r$  نیز عضو طبقه  $C$  خواهد بود.

۲- به ازای هر  $p, q \in C$ ، عضو  $r$  و  $q, p$  متصل چگالی باشند.

**تعریف نویز:** با فرض اینکه  $C_1, C_2, \dots, C_k$  طبقه‌های موجود در داده‌های  $D$  با پارامترهای  $\epsilon_i$  و  $MinPts_i$  به ازای  $i = 1, 2, \dots, k$  باشند آنگاه نویز به نقاطی گفته می‌شود که به هیچکدام از طبقه‌ها متعلق نباشد.

$$noise = [p \in D \mid \forall i: p \notin C_i] \quad (2)$$

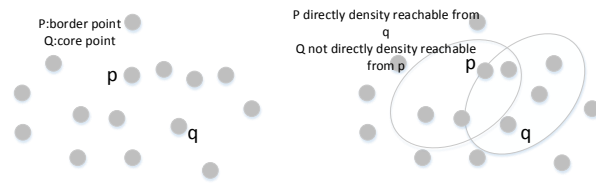
در ادامه برای مشخص کردن طبقه‌ها چند لم ارائه شده است.  
لم ۱: در صورتی که نقطه  $p$  در داده‌های  $D$  دارای  $|N_\epsilon(p)| > MinPts$  باشد آنگاه تمام نقاط مجموعه‌ای که قابل دسترسی چگالی از نقطه  $p$  (با پارامترهای  $MinPts$  و  $\epsilon$ ) هستند یک طبقه را تشکیل می‌دهند.

لم ۲: در صورتی که  $C$  یک طبقه با پارامترهای  $MinPts$  و  $\epsilon$  باشد و یک نقطه  $p$  در آن طبقه با  $|N_\epsilon(p)| > MinPts$  باشد آنگاه طبقه  $C$  برابر با مجموعه تمام نقاطی است که قابل دسترسی چگالی از نقطه  $p$  هستند.

## ۲-۲-۱- تعیین $\epsilon$ و $MinPts$

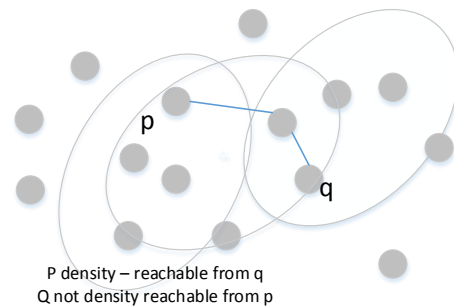
در روش DBSCAN برای بدست آوردن کارایی قابل قبول، باید دو پارامتر  $\epsilon$  و  $MinPts$  به طور مناسب تعیین شوند. یک روش که به طور معمول برای تعیین مناسب دو پارامتر  $\epsilon$  و  $MinPts$  به کار می‌رود بر اساس فاصله  $k$  امین نزدیکترین همسایه نقاط موجود در داده-های آموزش است [۲۳، ۲۴]؛ به فاصله  $k$  امین نزدیکترین همسایه هر نقطه  $k - dist$  آن نقطه گفته می‌شود. در صورتی که نقاط انتخابی برای محاسبه  $k - dist$  متعلق به طبقه‌ها باشند، و مقدار  $k$  بزرگتر از سائز طبقه‌ها نباشد و همچنین چگالی طبقه مورد نظر تفاوت زیادی با دیگر طبقه‌ها نداشته باشد آنگاه رنج تغییرات  $k - dist$  کم خواهد بود. در حالیکه برای نقاط نویز که در قسمت قبل اشاره شد  $k - dist$  مقدار بزرگی است. در صورتی که مقدار  $k - dist$  برای تعداد زیادی از نقاط موجود در داده‌ها حساب شود و به طور افزایشی مرتب شود و همچنین  $k$  یک مقدار مناسب باشد آنگاه یک تغییر شدید در یک مقدار  $k - dist$  مشاهده می‌شود. مقداری از  $k - dist$  که تغییر شدید در مقدار آن بوجود می‌آید به عنوان  $\epsilon$  شناخته می‌شود و  $MinPts$  برابر با  $k$  در نظر گرفته می‌شود [۲۳]. مقدار  $k$  به طور معمول در روش DBSCAN تصادفی انتخاب می‌شود در پژوهش انجام شده

خاصیت در شکل ۲ نیز نشان داده شده است.



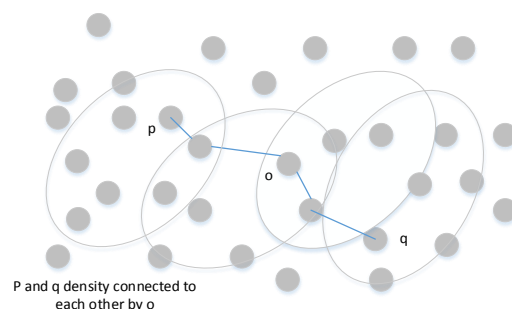
شکل ۲: خاصیت عدم تقارن قابلیت دسترسی مستقیم چگالی

**تعریف قابلیت دسترسی چگالی:** نقطه  $p$  قابل دسترسی چگالی<sup>۱</sup> از نقطه  $q$  است هرگاه یک زنجیره از نقاط  $p_1 = p, p_2, \dots, p_n = q$  وجود داشته باشد به قسمی که  $p_{i+1}$  قابل دسترسی مستقیم چگالی از  $p_i$  باشد. این خاصیت نیز دارای عدم تقارن است. عدم تقارن این خاصیت در شکل ۳ نشان داده شده است.



شکل ۳: خاصیت عدم تقارن قابلیت دسترسی چگالی

**تعریف اتصال چگالی:** دو نقطه  $p$  و  $q$  متصل چگالی<sup>۲</sup> هستند هرگاه یک نقطه  $o$  وجود داشته باشد به گونه‌ای که  $p$  و  $q$  هر دو قابل دسترسی چگالی از نقطه  $o$  باشند. این خاصیت دارای تقارن است. نمایش این خاصیت در شکل ۴ ارائه شده است.

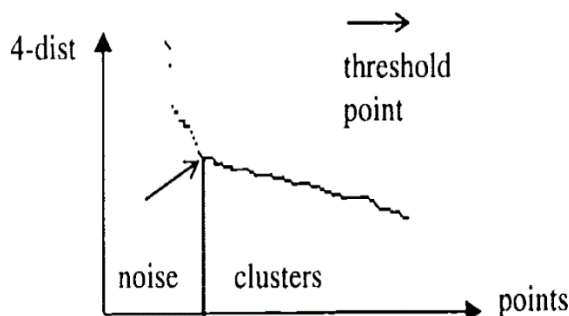


شکل ۴: نقاط متصل چگالی

**تعریف طبقه:** طبقه  $C$  با پارامترهای  $\epsilon$  و  $MinPts$  یک

<sup>۱</sup> Density-reachable  
<sup>۲</sup> Density-connected

مقدار  $k$  برای هر طبقه، جداگانه در نظر گرفته شده و به طور معمول برابر با ۴ انتخاب شده است.



شکل ۵: تعیین  $\epsilon$  و MinPts

برای طبقه‌بندی دامنه پروتئین‌ها ابتدا ماتریس داده‌های پروتئین تشکیل می‌شود این ماتریس شامل تمامی بردارهای ویژگی استخراج شده از توالی پروتئین‌های در دسترس است. این ماتریس دارای ابعاد  $N \times q$  می‌باشد به طوریکه  $N$  نشان‌دهنده تعداد بردار ویژگی در دسترس و  $q$  برابر با تعداد ویژگی موجود در هر بردار ویژگی است.

$$M = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & x_{13} & \dots & x_{1q} \\ x_{21} & x_{22} & x_{23} & \dots & x_{2q} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{N1} & x_{N2} & x_{N3} & \dots & x_{Nq} \end{bmatrix}_{N \times q} \quad (3)$$

برای طبقه‌بندی از یک ماتریس تشابه و یک ماتریس عدم تشابه استفاده شده است. ماتریس شباهت ماتریسی با ابعاد  $N \times N$  است که عضو  $p_{ij}$  آن میزان شباهت پروتئین  $i$ ام به پروتئین  $j$ ام است (سطر  $i$  و  $j$ ام ماتریس داده‌ها).

ماتریس عدم شباهت نیز ماتریسی با ابعاد  $N \times N$  است که عضو  $p_{ij}$  آن میزان عدم شباهت پروتئین  $i$ ام به پروتئین  $j$ ام می‌باشد.

۱- برای ماتریس عدم تشابه خواهیم داشت:

$$\begin{cases} p_{ii} = d_0 & \text{for all } i \\ d_0 \leq p_{ij} & \text{for all } i, j \end{cases} \quad (4)$$

و برای ماتریس تشابه داریم:

$$\begin{cases} p_{ii} = s_0 & \text{for all } i \\ p_{ij} \leq s_0 & \text{for all } i, j \end{cases} \quad (5)$$

(در حالتی که از ماتریس تشابه استفاده شود، به طور معمول

مقادیر ماتریس تشابه بین صفر و یک هستند و  $p_{ii}$  ها برابر با یک خواهند بود.)

۲- عناصر ماتریس مجاورت دارای ویژگی تقارن هستند.

$$p_{ij} = p_{ji} \quad (6)$$

عناصر ماتریس مجاورت در حالت ماتریس تشابه برابر با  $d_0$  و

در حالت عدم تشابه برابر با  $s_0$  هستند اگر و فقط اگر  $i$  برابر با  $j$  باشد. همچنین در روشهای اندازه‌گیری مجاورت دو خاصیت زیر نیز برقرار هستند.

۱- در حالت ماتریس عدم تشابه

$$p_{ik} \leq (p_{ij} + p_{jk}) \quad \text{for all } i, j \text{ and } k \quad (7)$$

۲- در حالت ماتریس تشابه

$$p_{ik} \geq (p_{ij} + p_{jk}) \quad \text{for all } i, j \text{ and } k \quad (8)$$

برای معیار شباهت و عدم شباهت از متریک cosine برای اندازه‌گیری شباهت دو بردار ویژگی استفاده می‌شود که از رابطه (۹) بدست می‌آید [۲۲].

$$\cos(\underline{x}_i, \underline{x}_j) = \frac{\underline{x}_i \cdot \underline{x}_j}{\|\underline{x}_i\| \|\underline{x}_j\|} \quad (9)$$

در رابطه (۹)  $\underline{x}_i \cdot \underline{x}_j$  ضرب داخلی دو بردار  $\underline{x}_i$  و  $\underline{x}_j$  است و  $\|\underline{x}_j\|$  نشان‌دهنده نرم بردار  $\underline{x}_j$  است که مطابق با رابطه‌های (۱۰) محاسبه می‌شود [۲۲].

$$\|\underline{x}_j\| = \left( \sum_{k=1}^q x_{jk}^2 \right)^{\frac{1}{2}} \quad (10)$$

ماتریس داده بوسیله رابطه (۱۱) یکنواخت سازی می‌شود. که در این رابطه  $\mu_j$  و  $\sigma_j$  به صورت رابطه‌های (۱۲) و (۱۳) بدست می‌آیند.

$$x'_{ij} = \frac{x_{ij} - \mu_j}{\sigma_j} \quad (11)$$

$$\mu_j = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m x_{ij} \quad (12)$$

$$\sigma_j = \frac{1}{m} \sqrt{\sum_{i=1}^m (x_{ij} - \mu_j)^2} \quad (13)$$

## ۳-۲- ترکیب اطلاعات بدست آمده از روش طبقه‌بندی

برای بهبود طبقه‌بندی دامنه پروتئین‌ها می‌توان با توجه به ویژگی‌های مطرح شده در جدول ۲ طبقه‌بندی را انجام داده و سپس با استفاده از روش‌های ترکیب اطلاعات برای کاهش عدم قطعیت‌های موجود نتایج بدست آمده را با یکدیگر ترکیب کرد [۲۵، ۲۰].

برای ترکیب اطلاعات ابتدا تاخوردگی پروتئین‌ها را براساس ویژگی‌های موجود در جدول ۲ طبقه‌بندی کرده و به هر طبقه مقدار  $C_{ij}$  به عنوان درجه طبقه‌بندی  $i$  در ویژگی  $j$  نسبت داده می‌شود. حال باید با

$D_i$  از فرضیه‌ی تعلق  $Q$  به طبقه‌ی تاخوردگی  $K$  می‌باشد.  $\lambda$  اندازه‌ی فازی  $g$  را می‌توان از مجموعه‌ای از  $L$  مقدار  $g^{ik}$  که چگالی فازی نامیده می‌شود از رابطه (۱۷) بدست آورد.

$$\begin{cases} g^{ik} = N_{\varepsilon}(i, k) \\ i = 1, 2, 3, \dots, L \end{cases}$$

با در نظر گرفتن رابطه‌ی (۱۷)  $g^{ik}$  میزان خبرگی طبقه‌بندی کننده  $D_i$  در طبقه‌بندی تاخوردگی  $k$  می‌باشند که از مجموعه داده‌های آموزش به دست می‌آیند.

$$\begin{aligned} N_{\varepsilon}(i, k) &= \frac{1}{N_{ik}} \sum_t \sum_{j=1}^C [(-\frac{1}{C} \ln \frac{1}{C}) \\ &\quad - (-p_{itj} \ln p_{itj})] \\ &= \frac{1}{N_{ik}} \sum_t \sum_{j=1}^C \ln[C \frac{1}{C} \\ &\quad \times (p_{itj})^{p_{itj}}] \end{aligned}$$

با به کارگیری چگالی‌های فازی، یک  $\lambda$  اندازه‌ی فازی می‌توان یافت که با این چگالی‌ها سازگار باشد. مقدار  $\lambda$  به عنوان تنها ریشه‌ی حقیقی بزرگتر از ۱- چند جمله‌ای زیر به دست می‌آید:

$$\begin{cases} \lambda_k + 1 = \prod_{i=1}^L (1 + \lambda_k g^{ik}), \quad \lambda_k \neq 0 \\ i = 1, 2, 3, \dots, L; k = 1, 2, 3, \dots, C \end{cases} \quad (18)$$

انتگرال فازی سوگنو شواهد مربوط به یک فرضیه را با انتظار پیشین از اهمیت آن قطعه از شواهد را با هم ترکیب می‌نماید. الگوریتم انتگرال فازی سوگنو به صورت زیر عمل می‌کند.

چگالی‌های فازی  $g^{1k}, g^{2k}, g^{3k}, \dots, g^{Lk}$  را با برابر قرار دادن  $g^{ik}$  با مهارت محاسبه شده برای طبقه‌بندی کننده  $D_i$  در کلاس  $k$  تصحیح می‌کند ( $k = 1, 2, 3, \dots, C$ ). سپس مقدار  $\lambda_k > -1$  را برای هر کلاس  $k = 1, 2, 3, \dots, C$  از رابطه (۱۹) بدست می‌آورد.

$$\begin{aligned} \text{target class} \\ = \arg \max_{k=1}^C (\mu_k(q)) \end{aligned}$$

$\mu_k(q)$  درجه پشتیبانی برای حضور پروتئین  $q$  در کلاس  $k$  می‌باشد. برای هر پروتئین داده شده  $q$ ، ستون  $k$ ام ماتریس  $DP(q)$  را جهت بدست آوردن  $[d_{i1,k}(q), d_{i2,k}(q), \dots, d_{iL,k}(q)]^T$  مرتب می‌کند. که در این رابطه  $d_{i1,k}(q)$  بالاترین میزان پشتیبانی و  $d_{iL,k}(q)$  کمترین مقدار پشتیبانی را شامل می‌شود.

انتگرال فازی در مرحله بعد چگالی‌های فازی را با توجه به ارتباط آنها مرتب می‌کند و  $g^{1k}, g^{2k}, g^{3k}, \dots, g^{Lk}$  را برابر با  $g_k(1)$  قرار خواهد داد.

سپس برای  $T=2$  تا  $L$  رابطه بازگشتی (۲۰) را محاسبه می‌کند.

استفاده از روش‌های ترکیب اطلاعات نتایج حاصله را ترکیب کرده و طبقه‌بندی کلی را بر مبنای ترکیب اطلاعات بدست آورد.

ایده روش ترکیب اطلاعات انتگرال فازی بر اساس میزان خبرگی ویژگی‌های جدول ۲ در روش استفاده شده برای طبقه‌بندی کننده‌هاست. این میزان خبرگی نه تنها برای هر طبقه‌بندی کننده بلکه برای هر زیر مجموعه از مجموعه‌های طبقه‌بندی می‌باشد. در نتیجه به هر زیر مجموعه از طبقه‌بندی‌ها یک مقدار خبرگی تخصیص داده می‌شود که این میزان خبرگی نشان‌دهنده میزان تصمیم برای کلاس‌های مختلف است.

فرض می‌شود که  $D = \{D_i\}$  مجموعه‌ی  $L$  طبقه‌بندی کننده حاصل از روش تغییر یافته DBSCAN باشد و  $P(D)$  مجموعه‌ی توانی  $D$  باشد.  $\lambda$  یک اندازه‌ی یکنوای ویژه مانند تابع مجموعه‌ای  $g$  است که به وسیله‌ی فرضیات زیر توصیف می‌شود (۱۴):

$$\begin{cases} 1. g: P(D) \rightarrow [0, 1] \\ 2. g(\emptyset) = 0, g(D) = 1 \\ 3. \forall D_i, D_j \in D, D_i \subset D_j \rightarrow g(D_i) \leq g(D_j) \\ 4. \forall D_i, D_j \in D, D_i \cap D_j = \emptyset \rightarrow g(D_i \cup D_j) = g(D_i) + g(D_j) + \lambda g(D_i)g(D_j), \lambda \in (-1, \infty) \end{cases}$$

اگر  $q$  یک بردار  $n$  بعدی از نماینده پروتئین ناشناخته  $Q$  باشد. که هر طبقه‌بندی کننده اندازه احتمال را به آن تخصیص می‌دهد. که این اندازه احتمال به تعداد ویژگی‌های مورد استفاده در جدول ۲ بستگی دارد. تعداد طبقه‌ها در ویژگی‌های مورد استفاده برابر  $C$  و تعداد ویژگی‌ها برابر  $L$  در نظر گرفته می‌شود. با توجه به این اندازه احتمالات می‌توان ماتریس پروفایل تصمیم  $(DP^1)$  را تشکیل داد.

$$DP(q) = \begin{bmatrix} d_{1,1}(q) & \dots & d_{1,k}(q) & \dots & d_{1,C}(q) \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ d_{i,1}(q) & \dots & d_{i,k}(q) & \dots & d_{i,C}(q) \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ d_{L,1}(q) & \dots & d_{L,k}(q) & \dots & d_{L,C}(q) \end{bmatrix} \quad (15)$$

رابطه (۱۵) هر طبقه‌بندی کننده  $D_i$  بردار ویژگی را به عنوان ورودی دریافت می‌کند و  $C$  عدد احتمال را به عنوان درجه‌ی پشتیبانی در خروجی تولید می‌نماید.

$D_i: R^n \rightarrow [0, 1]^C$

هر مقدار  $d_{i,k}$  در رابطه‌ی (۱۵) میزان پشتیبانی طبقه‌بندی کننده‌ی

<sup>1</sup> Decision Profile

(۲۰)

$$g_k(t) = g^{itk}_k + g_k(t-1) + \lambda g^{itk}_k g_k(t-1)$$

در پایان میزان نهایی پشتیبانی برای کلاس  $k$  از رابطه (۲۱) بدست می‌آید [۳۲].

(۲۱)

$$\mu_k(q) = \max_{t=1}^L \{ \min \{ d_{it,k}(q), g_k(L) \} \}$$

### ۳- نتیجه‌گیری

در این مقاله روش ارائه شده با توجه به تعریف چگالی جدید می‌تواند قطعیت بیشتری را در زمینه مراکز طبقات از خود نشان دهد. با افزایش مراکز طبقات می‌توان از قطعیت وجود همسایگی‌های بدست آمده نیز اطمینان حاصل کرد. در روش مورد استفاده برای طبقه‌بندی تاخوردگی پروتئین‌ها از ۱۰ ویژگی برای طبقه‌بندی پروتئین‌ها استفاده شده است. استفاده از ۱۰ ویژگی برای طبقه‌بندی پروتئین‌ها می‌تواند خبرگی بیشتری را برای طبقه‌بندی ایجاد کند. در پایان طبقه‌بندی نتایج حاصل از طبقه‌بندی کننده‌ها با استفاده از عملگر ترکیب اطلاعات انتگرال فازی سوگنو با هم ترکیب شده و میزان خبرگی هر ویژگی در این عملگر مد نظر قرار می‌گیرد.

روش طبقه‌بندی ارائه شده یک روش خودکار برای طبقه‌بندی تاخوردگی‌های پروتئین است که می‌تواند بدون ناظر عمل طبقه‌بندی را با دقت بالایی انجام دهد. روش طبقه‌بندی ارائه شده با فرض نامحدود بودن طبقات عمل طبقه‌بندی را انجام می‌دهد. در نتیجه می‌توان از این روش برای پروتئین‌های کشف نشده استفاده کرده و آنها را طبقه‌بندی کرد.

روش طبقه‌بندی ذکر شده بر روی داده‌های قسمت قبل اعمال گردید. شکل ۶ نشان دهنده نتایج طبقه‌بندی هر یک از ویژگی‌های جدول ۲ برای کلاس‌های تاخوردگی مختلف پروتئین‌ها است. همانطور که در شکل‌ها مشخص است نتایج حاصله از هر یک از ویژگی‌ها با ویژگی دیگر متفاوت است. که این امر می‌تواند در تشخیص یک نوع تاخوردگی مفید واقع شود. چرا که ممکن است نتایج حاصل از یک ویژگی در یک طبقه نتیجه ضعیفی داشته باشد ولی ویژگی دیگر در همان طبقه نتیجه قابل قبولی را ارائه دهد. با استفاده از ترکیب اطلاعات

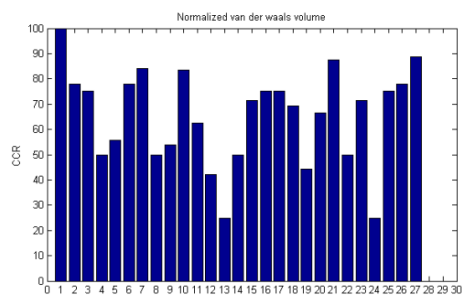
می‌توان ضعف طبقه‌بندی حاصل از یک ویژگی را در یک نوع تاخوردگی بوسیله طبقه‌بندی ویژگی‌های دیگر جبران کرد.

نتایج اعمال شده به صورت نرخ طبقه‌بندی صحیح<sup>۱</sup> (CCR) بیان شده است. همانطور که از شکل‌ها مشخص است بهترین ویژگی برای طبقه‌بندی پروتئین‌ها طبقه‌بندی براساس ویژگی Predicted secondary structure و PSSM است که می‌توان از آن برای خبرگی بیشتری در ترکیب اطلاعات انتگرال فازی سوگنو استفاده کرد.

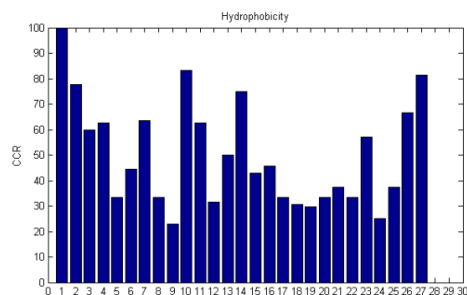
شکل ۷ نشان دهنده مقایسه روش طبقه‌بندی با کارهای پیشین است. در این شکل روش طبقه‌بندی اعمال شده با سه روش Information Theoretic Classifier, PFRES[26], Heperfold[19] و Fusion[13] که بیشترین نرخ صحت طبقه‌بندی را دارا هستند مقایسه شده است، همانطور که از شکل ۷ مشخص است روش اعمالی در شش نوع تاخوردگی (1) globin-like, 4-conA-like, helical up-1nd-down bundle(4), periplasmic binding protein-, lectin/glucanases(10), small like(24), -graspβ(25) و inhibitors, toxins, lectins(27) بالاترین نرخ صحت طبقه‌بندی را دارا است.

<sup>1</sup> Correct Classification Rate

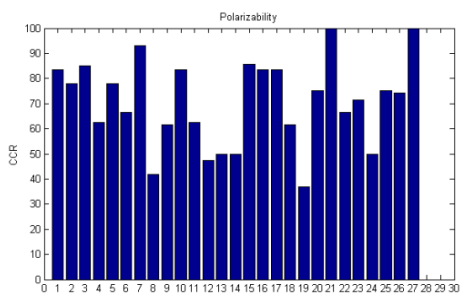




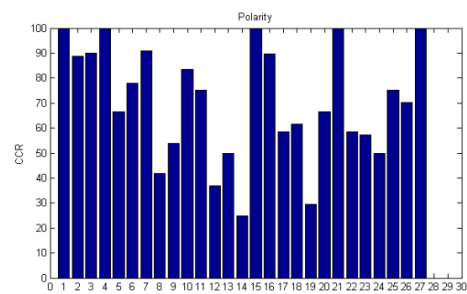
نتیجه طبقه‌بندی Normalized van der Waals volume



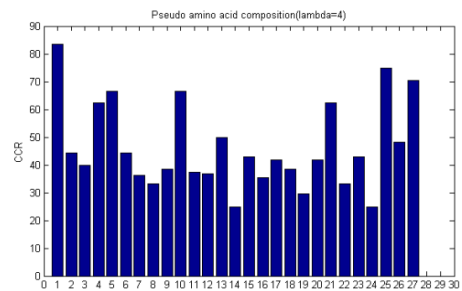
نتیجه طبقه‌بندی Hydrophobicity



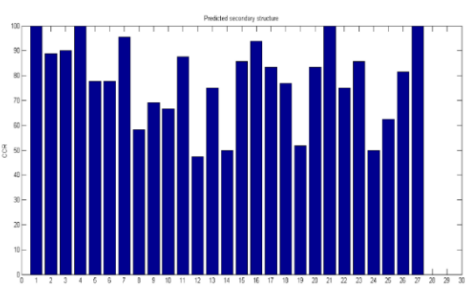
نتیجه طبقه‌بندی Polarizability



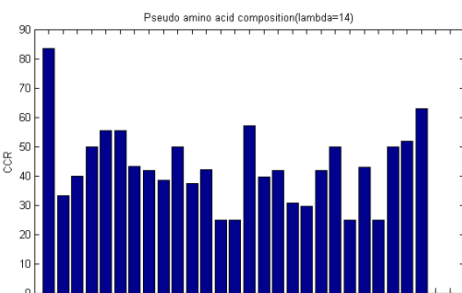
نتیجه طبقه‌بندی Polarity



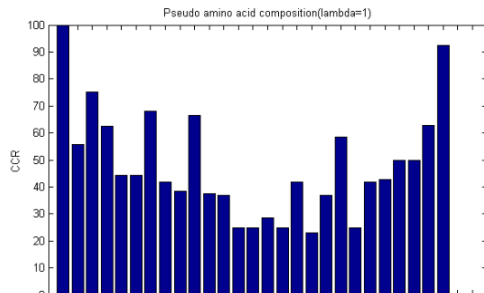
نتیجه طبقه‌بندی Pseudo amino acid ( $\lambda=4$ )



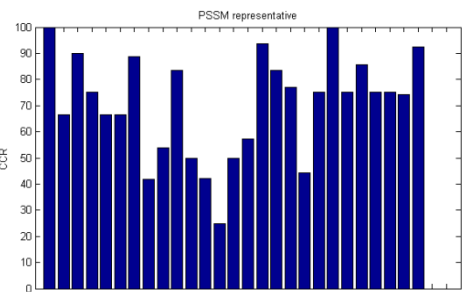
نتیجه طبقه‌بندی Predicted secondary structure



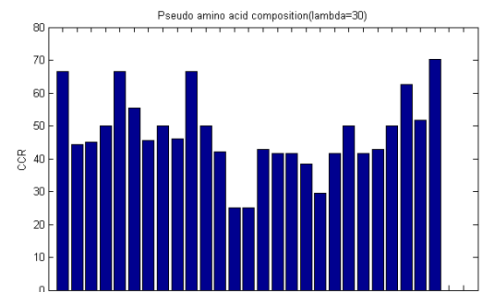
نتیجه طبقه‌بندی Pseudo amino acid ( $\lambda=14$ )



نتیجه طبقه‌بندی Pseudo amino acid ( $\lambda=1$ )

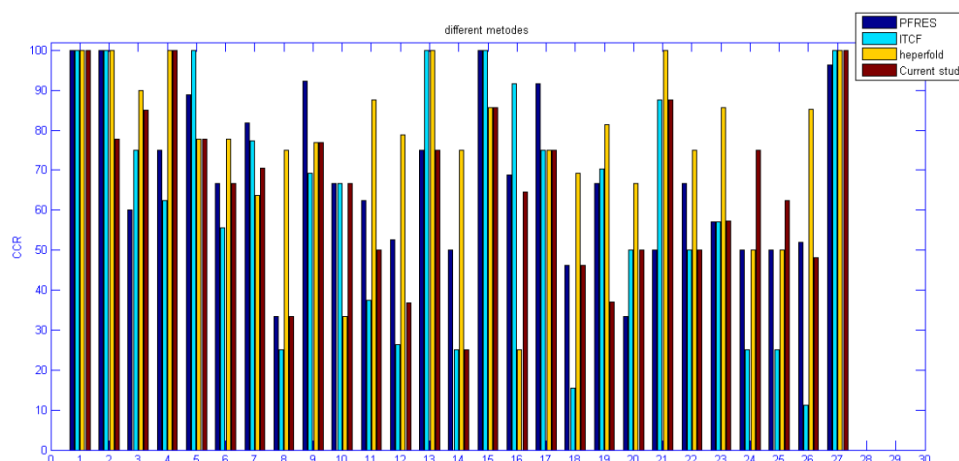


نتیجه طبقه‌بندی PSSM representative



نتیجه طبقه‌بندی Pseudo amino acid ( $\lambda=30$ )

شکل ۶: نتایج طبقه‌بندی ویژگی‌ها با استفاده از روش DBSCAN



شکل ۷: مقایسه روش اعمالی با روش‌های پیشین

## مراجع

- [8] J. Lee, "Measures for the assessment of fuzzy predictions of protein secondary structure," *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, vol. 65, pp. 453-462, 2006.
- [9] C. Lampros, C. Papaloukas, T. P. Exarchos, Y. Goletsis, and D. I. Fotiadis, "Sequence-based protein structure prediction using a reduced state-space hidden Markov model," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 37, pp. 1211-1224, 2007.
- [10] I. Dubchak, I. Muchnik, S. R. Holbrook, and S.-H. Kim, "Prediction of protein folding class using global description of amino acid sequence," *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 92, pp. 8700-8704, 1995.
- [11] I. Dubchak, I. Muchnik, C. Mayor, I. Dralyuk, and S. H. Kim, "Recognition of a protein fold in the context of the SCOP classification," *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, vol. 35, pp. 401-407, 1999.
- [12] C. H. Ding and I. Dubchak, "Multi-class protein fold recognition using support vector machines and neural networks," *Bioinformatics*, vol. 17, pp. 349-358, 2001.
- [13] K. Kavousi, B. Moshiri, M. Sadeghi, B. N. Araabi, and A. A. Moosavi-Movahedi, "A protein fold classifier formed by fusing different modes of pseudo amino acid composition via PSSM," *Computational biology and chemistry*, vol. 35, pp. 1-9, 2011.
- [1] A. G. Murzin, S. E. Brenner, T. Hubbard, and C. Chothia, "SCOP: a structural classification of proteins database for the investigation of sequences and structures," *Journal of molecular biology*, vol. 247, pp. 536-540, 1995.
- [2] C. A. Orengo, A. Michie, S. Jones, D. T. Jones, M. Swindells, and J. M. Thornton, "CATH—a hierarchic classification of protein domain structures," *Structure*, vol. 5, pp. 1093-1109, 1997.
- [3] C. B. Anfinsen, "Studies on the principles that govern the folding of protein chains," ed, 1972.
- [4] C. Anfinsen and H. Scheraga, "Experimental and theoretical aspects of protein folding," *Adv Protein Chem*, vol. 29, pp. 205-300, 1975.
- [5] L. Holm and C. Sander, "Protein folds and families: sequence and structure alignments," *Nucleic acids research*, vol. 27, pp. 244-247, 1999.
- [6] P. Jain, J. M. Garibaldi, and J. D. Hirst, "Supervised machine learning algorithms for protein structure classification," *Computational Biology and Chemistry*, vol. 33, pp. 216-223, 2009.
- [7] K. NISHIKAWA and O. Tatsuo, "Correlation of the amino acid composition of a protein to its structural and biological characters," *Journal of Biochemistry*, vol. 91, pp. 1821-1824, 1982.

- [20] K.-C. Chou and C.-T. Zhang, "Prediction of protein structural classes," *Critical reviews in biochemistry and molecular biology*, vol. 30, pp. 275-349, 1995.
- [21] ک.کاوسی, "طبقه بندی خودکار دامنه پروتئین با رویکرد ترکیب اطلاعات", دانشگاه تهران, ۱۳۹۱.
- [22] P.-N. Tan, M. Steinbach, and V. Kumar, "khdaw. com," 2006.
- [23] M. Ester, H.-P. Kriegel, J. Sander, and X. Xu, "A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases with noise," in *KDD*, 1996, pp. 226-231.
- [24] H.-P. Kriegel and M. Pfeifle, "Density-based clustering of uncertain data," in *Proceedings of the eleventh ACM SIGKDD international conference on Knowledge discovery in data mining*, 2005, pp. 672-677.
- [25] M. Kazemian, B. Moshiri, H. Nikbakht, and C. Lucas, "A new expertness index for assessment of secondary structure prediction engines," *Computational biology and chemistry*, vol. 31, pp. 44-47, 2007.
- [26] K. Chen and L. Kurgan, "PFRES: protein fold classification by using evolutionary information and predicted secondary structure," *Bioinformatics*, vol. 23, pp. 2843-2850, 2007.
- [14] T. Cover and P. Hart, "Nearest neighbor pattern classification," *Information Theory, IEEE Transactions on*, vol. 13, pp. 21-27, 1967.
- [15] L. I. Kuncheva, "Combining pattern classifiers: Methods and algorithms (kuncheva, li; 2004)[book review]," *Neural Networks, IEEE Transactions on*, vol. 18, pp. 964-964, 2007.
- [16] A. P. Dempster, "Upper and lower probabilities induced by a multivalued mapping," *The annals of mathematical statistics*, vol. 38, pp. 325-339, 1967.
- [17] T. Denoeux, "A k-nearest neighbor classification rule based on Dempster-Shafer theory," *Systems, Man and Cybernetics, IEEE Transactions on*, vol. 25, pp. 804-813, 1995.
- [18] G. Shafer, *A mathematical theory of evidence* vol. 1: Princeton university press Princeton, 1976.
- [19] K. Kavousi, M. Sadeghi, B. Moshiri, B. N. Araabi, and A. A. Moosavi-Movahedi, "Evidence Theoretic Protein Fold Classification Based on the Concept of Hyperfold" *Mathematical Biosciences*, 2012.