مقاله پژوهشی

مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی
مرکز تحقیقات انفورماتیک پزشکی
دوره پنجم شماره اول. ص ۶۹-۵۶، ۱۳۹۷

مروری بر روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل کمپلکس‌های آنتی‌بادی–پروتئین مبتنی بر هوش مصنوعی

مرضیه عبدی[۱]، مهدی سعادتمند طرزجان[۲]*، محمد طاهرزاده ثانی[۳]، علیرضا حق‌پرست[۴]

• دریافت مقاله: ۹۶/۶/۳۰ • پذیرش مقاله: ۹۶/۱۲/۱۰

مقدمه: سرطان یکی از مهمترین چالش‌های بهداشتی قرن اخیر و آینده می‌باشد. طراحی داروهای ضدسرطان هدفمند، مبتنی بر آنتی‌بادی‌های مونوکلونال، نیازمند درک مکانیسم تعامل آنتی‌بادی–پروتئین در سطح باقی‌مانده‌ها است. اولین گام برای تولید آنتی‌بادی های مونوکلونال، پیش‌بینی ساختار آن‌ها می‌باشد.

روش: در این مقاله، مهم‌ترین تحقیقات منتشر شده در پایگاه‌های اطلاعاتی PubMed، ScienceDirect، Springer و IEEE، برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل کمپلکس‌های آنتی‌بادی–پروتئین و تعیین ساختار مؤثر آنتی‌بادی‌ها، به صورت ساختاریافته مورد بررسی قرار گرفت. معمولاً برای این منظور، از شبکه‌های عصبی مصنوعی یا وب‌سرورها استفاده می‌شود. به علاوه، برخی محققین نیز از الگوریتم‌های تکاملی برای پیش‌بینی ساختار مؤثر آنتی‌بادی‌ها استفاده نموده‌اند. بر این اساس، تعداد ۱۴ روش مبتنی بر ساختار فضایی پروتئین‌ها، ۲۸ روش مبتنی بر توالی اسیدهای آمینه (مستقل از ساختار فضایی) و ۱۸ روش پیش‌بینی ساختار آنتی‌ژن/آنتی‌بادی مورد بررسی قرار گرفت.

نتایج: مطالعه حاضر نشان داد که دقت روش‌های مبتنی بر ساختار فضایی تا ۸۰٪ قابل افزایش می‌باشد؛ در حالی که دقت روش‌های پیش‌بینی مبتنی بر توالی اسیدهای آمینه به ندرت بهتر از ۷۵٪ بود. از آنجا که ساختار فضایی بسیاری از آنتی‌بادی‌ها در دسترس نمی باشد؛ برخی محققین برای بهبود دقت (حتی تا ۹۶٪)، تنها از توالی آنتی‌بادی‌های مؤثر بر چند آنتی‌ژن مشابه در آموزش شبکه عصبی استفاده نموده‌اند؛ لذا با توجه به دقت بالای به دست آمده، پیشنهاد می‌شود که از روش اخیر برای پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌های مونوکلونال استفاده گردد.

نتیجه‌گیری: در این مقاله، پس از مرور روش‌های موجود برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل آنتی‌بادی–پروتئین، پیشنهادهایی برای پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌های مونوکلونال پیشنهاد گردید.

کلید واژه‌ها: ایمونولوژی، آنتی‌بادی‌های مونوکلونال، کمپلکس آنتی‌بادی–پروتئین، هوش مصنوعی، شبکه‌های عصبی

•**ارجاع:** عبدی مرضیه، سعادتمند طرزجان مهدی، طاهرزاده ثانی محمد، حق‌پرست علیرضا . مروری بر روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل کمپلکس‌های آنتی‌بادی–پروتئین مبتنی بر هوش مصنوعی. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی ۱۳۹۷؛ ۵(۱): ۶۹-۵۶.

۱. کارشناسی ارشد مهندسی پزشکی (بیوالکتریک)، آزمایشگاه تصویربرداری پزشکی، گروه مهندسی برق، دانشکده مهندسی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران
۲. دکتری مهندسی پزشکی (بیوالکتریک)، استادیارآزمایشگاه تصویربرداری پزشکی، گروه مهندسی برق، دانشکده مهندسی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران
۳. دکتری مهندسی برق (الکترونیک)، استادیار، گروه مهندسی برق، دانشکده مهندسی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران
۴. دکتری پاتوبیولوژی، دانشیار، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

*** نویسنده مسئول:** مشهد، میدان آزادی، دانشگاه فردوسی مشهد، دانشکده مهندسی، گروه برق

• **شماره تماس:** ۵۱۳۷ ۸۸۰ ۵۱۳ ۹۸+

• **Email:** saadatmand@um.ac.ir

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

مقدمه

سرطان یکی از نگران‌کننده‌ترین بیماری‌ها در سراسر جهان بوده و هزینه‌های بسیار زیادی به خانواده‌ها و دولت‌ها تحمیل می‌کند. روش‌های متداول برای درمان سرطان همچون جراحی، پرتو درمانی و شیمی درمانی عوارض جانبی زیادی به دنبال دارند؛ زیرا علاوه بر نابودی سلول‌های سرطانی موجب مختل شدن عملکرد سلول‌های طبیعی نیز می‌شوند؛ لذا محققان به سمت گسترش درمان‌های هدفمند برای سرطان گام برداشته‌اند [۳-۱].

درمان هدفمند مبتنی بر آنتی‌بادی در سال ۱۹۸۳ توسط [۱] Oldham و Dillman [۱] معرفی گردید. آن‌ها با آزمایش آنتی‌بادی‌های مونوکلونال موشی در حیوانات و تعداد محدودی از بیماران نشان دادند که این نوع آنتی‌بادی‌ها می‌توانند پیشرفت عمده‌ای در درمان سرطان ایجاد نمایند. این روش به عنوان یکی از مؤثرترین روش‌های درمان سرطان شناخته شده است؛ زیرا به صورت اختصاصی، تنها بر نابودی سلول‌های سرطانی (با یک درصد خطا) تمرکز دارد. تاکنون، بیش از ۱۰۰ آنتی‌بادی مونوکلونال مختلف در پژوهش‌های تجربی در حیوانات و کارآزمایی‌های انسانی برای درمان سرطان مورد استفاده قرار گرفته‌اند که از میان آن‌ها تنها شمار اندکی برای مصارف بالینی توصیه شده‌اند [۲]. این نوع درمان نیازمند درک عمیقی از سرم‌شناسی سرطان، تکنیک‌های مهندسی پروتئین، مکانیسم عمل سلول‌های سرطانی و نحوه تعامل بین سیستم ایمنی و سلول‌های سرطانی است. یک چالش کلیدی در این نوع درمان، شناسایی آنتی‌ژن‌های مناسب برای درمان‌های مبتنی بر آنتی‌بادی است [۳]. علاوه بر این، برای درمان مؤثرتر، می‌توان آنتی‌بادی‌های مونوکلونال را با مولکول‌های سمّی، رادیوایزوتوپ‌ها و یا داروهای ضد توموری ترکیب نمود. به این ترتیب، مواد سمّی به طور اختصاصی در مجاورت سلول‌های توموری قرار گرفته و فرآیند تخریب سلول‌ها تسریع می‌گردد [۲].

معمولاً برای پیش‌بینی میزان برهم‌کنش آنتی‌بادی – پروتئین از روش‌های هوشمند استفاده می‌شود. در این روش‌ها معمولاً فرآیند پیش‌بینی بر مبنای تعامل بین باقی‌مانده‌های موجود در سایت تعامل (باقی‌مانده‌های واسط) بین دو پروتئین انجام می‌شود. بدیهی است که اگر ساختار سه‌بعدی دو پروتئین با قدرت تفکیک بالا در دسترس باشد، (به دلیل استفاده از خصوصیات فضایی کمپلکس آنتی‌بادی – پروتئین) پیش‌بینی ساختار مولکولی آنتی‌بادی با دقت بهتری انجام می‌شود [۴-۱۹]؛ اما از آنجا که معمولاً ساختارهای سه‌بعدی در دسترس نیستند، برای پیش‌بینی ساختار مولکولی آنتی‌بادی باید از توالی اسید آمینه‌ها استفاده نمود که با کاهش دقت (نسبت تعداد باقیمانده‌های واسط به درستی پیش‌بینی شده به تعداد کل پیش‌بینی‌ها) و پوشش (نسبت تعداد سایت‌های پروتئین–پروتئین پیش‌بینی شده به تعداد سایت‌های پروتئین–پروتئین موجود در دنباله پروتئینی موردنظر) همراه است [۲۶-۲۰]. برخی از روش‌های مذکور در قالب وب سرور (web-server) در دسترس می‌باشند [۲۷-۴۶]. با توجه به اهمیت آنتی‌ژن‌ها و آنتی‌بادی‌ها در سیستم ایمنی بدن انسان، برخی محققین تحقیقات مستقلی در زمینه پیش‌بینی ساختار آنتی‌ژن‌ها و ساختار آنتی‌بادی‌ها انجام داده‌اند [۶۴-۴۷].

با توجه به اینکه روش‌های آزمایشگاهی برای مطالعه ساختار آنتی‌بادی‌های مونوکلونال بسیار زمان‌بر و گران می‌باشد، پیش‌بینی ساختار مؤثر آنتی‌بادی‌های مونوکلونال می‌تواند منجر به صرفه‌جویی قابل توجه در زمان و هزینه گردد. در این مقاله، ابتدا، الگوریتم‌های هوشمند ارائه شده توسط محققین، در زمینه پیش‌بینی ساختارهای مؤثر پروتئین‌ها، آنتی‌ژن‌ها و آنتی‌بادی‌ها بررسی شده است. سپس، با مقایسه و بررسی روش‌های موجود مختلف، بهترین راه‌کار برای تعیین ساختار مؤثر آنتی‌بادی‌های مونوکلونال پیشنهاد گردید.

روش

در این تحقیق، ابتدا تعداد ۶ واژه کلیدی مناسب شامل کمپلکس پروتئین–پروتئین، کمپلکس آنتی‌بادی–پروتئین، آنتی بادی مونوکلونال، ایمونولوژی، هوش مصنوعی و شبکه عصبی برای انجام یک جستجوی جامع و کامل در زمینه روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین‌ها انتخاب شد. سپس، تمامی مقالات مرتبط با واژه‌های کلیدی فوق از پایگاه‌های اطلاعاتی PubMed، ScienceDirect، Springer و IEEE استخراج شدند. با توجه به هدف این تحقیق مبنی بر بررسی و مرور ساختاریافته روش‌های مبتنی بر هوش مصنوعی، در همه مراحل جستجو، از ترکیب کلید واژه هوش مصنوعی یا شبکه عصبی با کلید واژه‌های دیگر استفاده شد. همچنین، به منظور محدود نمودن تعداد نتایج جستجو و دستیابی به مقاله‌های مرتبط‌تر جستجو به بخش‌های عنوان، کلمات کلیدی و چکیده مقاله‌های موجود در پایگاه‌های مذکور محدود گردید. در نهایت، با مطالعه چکیده مقاله‌های استخراج شده در فرآیند جستجو و تبادل‌نظر، نویسندگان تعداد ۶۰ مقاله مرتبط با

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین‌ها را انتخاب نمودند. همچنین سعی شد که فرآیند جستجو تا حد امکان جامع بوده و همه تحقیقات مرتبط را شامل گردد. به علاوه، در فرآیند انتخاب مقاله‌ها هیچ محدودیتی لحاظ نشده و همه مقاله‌های مرتبط با موضوع این تحقیق، مورد بررسی قرار گرفته است.

در مرحله بعد، به دسته‌بندی مقاله‌های جمع‌آوری شده پرداختیم. به طور کلی، تحقیقات انجام شده در خصوص پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین‌ها را به دو دسته روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین-پروتئین و روش‌های پیش‌بینی ساختار مؤثر آنتی‌بادی و آنتی‌ژن تقسیم شد. اگرچه آنتی‌بادی‌ها و آنتی‌ژن‌ها نیز در حقیقت نوعی پروتئین می‌باشند؛ اما به دلیل اهمیت آن‌ها در مطالعه و شناخت عملکرد سیستم ایمنی بدن و خصوصاً پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌های مونوکلونال، تحقیقات مربوط به آنتی‌بادی‌ها و آنتی‌ژن‌ها در دسته جداگانه‌ای قرار داده شد. به عبارت دیگر، در دسته اول تحقیقات انجام شده در زمینه پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین‌ها به طور عام و در دسته دوم، تحقیقات اختصاصی در رابطه با آنتی‌بادی‌ها و آنتی‌ژن‌ها قرار داده شده‌اند. به علاوه، دسته اول براساس استفاده یا عدم استفاده از اطلاعات ساختار فضایی پروتئین‌ها در فرآیند پیش‌بینی به دو زیربخش تقسیم شد. این در حالی است که در دسته دوم نیز الگوریتم‌های مربوط به ساختار آنتی‌بادی‌ها و ساختار آنتی‌ژن‌ها در دو زیربخش جداگانه دسته‌بندی شده‌اند.

در مجموع، می‌توان گفت که از میان ۶۰ مقاله استخراجی، ۱۴ روش مبتنی بر ساختار فضایی پروتئین‌ها، ۲۸ روش مبتنی بر توالی اسیدهای آمینه (مستقل از ساختار فضایی) پروتئین‌ها، ۱۱ روش پیش‌بینی ساختار آنتی‌ژن‌ها و ۷ روش پیش‌بینی سایت‌های تعامل آنتی‌بادی‌ها مورد بررسی قرار گرفته است. با وجود این، تحقیق مستقلی در خصوص پیش‌بینی ساختار مؤثر آنتی‌بادی‌های مونوکلونال یافت نشد.

نتایج

۳-۱- پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین-پروتئین:

درک مکانیسم تعامل میان پروتئین‌ها به منظور طراحی داروها، نیازمند شناسایی باقی‌مانده‌های در حال تعامل است. بدیهی است که اگر ساختار فضایی پروتئین در دسترس باشد، شناسایی قابل اطمینان‌تر خواهد بود؛ اما برای گستره وسیعی از پروتئین‌ها، ساختار فضایی با قدرت تفکیک بالا در دسترس نیست. در نتیجه، تنها باید با استفاده از توالی اسیدهای آمینه به پیش‌بینی باقی‌مانده‌ها (اسیدآمینه‌هایی که با تشکیل پیوند پپتیدی، مولکول آب خود را از دست داده‌اند) پرداخت. بر این اساس می‌توان روش‌های پیش‌بینی ساختار مولکولی را به دو دسته با دسترسی به ساختار فضایی و بدون دسترسی به ساختار فضایی، تقسیم نمود [۵].

- **پیش‌بینی با استفاده از اطلاعات ساختار فضایی**

زمانی که ساختار فضایی پروتئین (جهت‌گیری فضایی اسیدآمینه‌ها) در دسترس باشد، معمولاً برای پیش‌بینی بهتر از

جدول ۱: روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین-پروتئین با استفاده از اطلاعات ساختار فضایی

روش پیش‌بینی	سال	نوع طبقه‌بند	مشخصات طبقه بند	نتایج ارزیابی
Zhou و Shan [۶]	۲۰۰۱	دو شبکه عصبی پرسپترون متوالی	شبکه اول: ۴۲۰ نرون ورودی، ۷۵ نرون در لایه پنهان و ۲ نرون خروجی شبکه دوم: ۶۰ نرون ورودی، ۳۰ نرون در لایه پنهان و ۲ نرون خروجی	دقت ۷۰٪، پوشش ۴۷٪
Fariselli و همکاران [۷]	۲۰۰۲	شبکه عصبی پیشرو	۲۲۰ نرون ورودی، ۴ نرون در لایه پنهان و ۱ نرون خروجی	دقت ۷۲٪، پوشش ۵۶٪
Koike و Takagi [۸]	۲۰۰۴	ماشین بردار پشتیبان	کرنل گاوسی	دقت ۵۶٪ ، پوشش ۸۷٪
Bordner وAbagyan [۹]	۲۰۰۵	ماشین بردار پشتیبان	کرنل گاوسی	دقت ۸۰٪، پیش‌بینی مثبت ۳۹٪، حساسیت ۶۴٪
Wang و همکاران [۱۰]	۲۰۰۶	ماشین بردار پشتیبان	کرنل گاوسی	دقت ۶۵/۴٪، حساسیت ۶۶/۳٪، ویژگی ۴۹/۷٪
Chung و همکاران [۱۱]	۲۰۰۶	ماشین بردار پشتیبان	کرنل پایه شعاعی	دقت ۵۱٪، حساسیت ۶۳/۷٪
Nguyen و Rajapakse [۱۲]	۲۰۰۶	ماشین بردار پشتیبان	کرنل گاوسی	دقت ۷۳/۸٪، حساسیت ۶۸٪، ویژگی ۷۶٪
Dong و همکاران [۱۳]	۲۰۰۷	ماشین بردار پشتیبان	کرنل پایه شعاعی	دقت ۷۳/۵٪، حساسیت ۷۰٪
Li و همکاران [۱۴]	۲۰۰۸	ماشین بردار پشتیبان	کرنل پایه شعاعی	حساسیت ۶۰/۶٪، ویژگی ۵۳/۴٪
Liu و همکاران [۱۵]	۲۰۰۹	ماشین بردار پشتیبان	مدل مارکوف پنهان	دقت ۶۹/۳٪، حساسیت ۵۳/۶٪، ویژگی ۵۸/۶٪
Sikic و همکاران [۱۶]	۲۰۰۹	الگوریتم جنگل تصادفی	–	پیش‌بینی مثبت ۷۶٪، حساسیت ۳۸٪
Chen و همکاران [۱۷]	۲۰۱۲	شش شبکه عصبی تابع پایه شعاعی	آموزش با استفاده از روش بهینه‌سازی ازدحام ذرات	دقت ۸۰٪
Li و همکاران [۱۸]	۲۰۱۲	الگوریتم جنگل تصادفی	–	دقت ۶۷٪، حساسیت ۷۹٪، ویژگی ۵۵٪
Hwang و همکاران [۱۹]	۲۰۱۴	ماشین بردار پشتیبان	کرنل خطی	؟

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

آنالیز تکه‌ای (patch analysis)، مساحت سطح در دسترس (accessible surface area)، همسایگان فضایی باقی‌مانده‌ها و ... استفاده می‌شود [۵]. در جدول ۱، ۱۴ روش مختلف پیش‌بینی سایت‌های تعامل با استفاده از ساختار فضایی پروتئین‌ها معرفی گردید. همچنین، برای هر روش، طبقه‌بند مورد استفاده و عملکرد آن برحسب معیارهای مختلف نیز گزارش شد. به عنوان مثال، Zhou و Shan [۶]، روش PPISP را ارائه نموده‌اند. در این روش، با استفاده از دو شبکه عصبی پرسپترون متوالی، واسط (سایت تعامل) بودن یا نبودن یک باقیمانده سطحی پروتئین مورد بررسی قرار می‌گیرد (یک باقیمانده واسط یا سایت تعامل است اگر بتواند با باقیمانده‌ای از یک پروتئین دیگر در یک کمپلکس شرکت نماید). ورودی‌های شبکه عصبی ابتدایی شامل پروفایل توالی یک باقی‌مانده سطحی و ۱۹ باقی‌مانده از نزدیک‌ترین همسایگان فضایی آن و همچنین مساحت قابل دسترس آن‌ها برای حلال بوده است در حالی که ورودی‌های شبکه عصبی دوم شامل مقادیر خروجی شبکه اول و مساحت سطح قابل دسترس ۲۰ باقی‌مانده بوده است.

در مقاله دیگری که توسط Fariselli و همکاران [۷] ارائه شد، پیش‌بینی سایت‌های تعامل تنها به کمپلکس‌های پروتئینی از نوع هترودیمر (دو پروتئین غیر یکسان) محدود شده است. در این روش، برای پیش‌بینی از یک شبکه عصبی پیشرو با ورودی پروفایل دنباله یک باقی‌مانده سطحی و ده باقی‌مانده از نزدیک ترین همسایه‌های فضایی آن استفاده شده است.

Koike و Takagi [۸] با استفاده از ماشین بردار پشتیبان (Support Vector Machine)SVM به پیش‌بینی سایت های تعامل پرداختند. آن‌ها برای به دست آوردن بهترین پیش بینی، از ویژگی‌های مختلفی شامل پروفایل توالی، مساحت قابل دسترس باقی‌مانده هدف و ده همسایه فضایی آن و نیز سهم سایت‌های تعامل از کل توالی برای آموزش طبقه‌بند استفاده نمودند که بهترین نتایج با ترکیبی از آن‌ها و با بهره‌گیری از کرنل گاوسی حاصل شد. لازم به ذکر است که پروفایل توالی میزان شباهت توالی موردنظر با توالی‌های هم خانواده‌اش را در یک ماتریس بیان می‌کند که این اطلاعات با همترازسازی توالی‌های پروتئین با استفاده از نرم‌افزارهای خاص (مانند PSI-BLAST) به دست می‌آید.

Bordner و Abagyan [۹] از پروفایل توالی و نرخ تکاملی (محاسبه شده با استفاده از الگوریتم بیزی) برای کدکردن پنجره ورودی بهره بردند. این دو ویژگی برای پنجره‌ای شامل باقی مانده تحت بررسی و ۱۴ باقی‌مانده از نزدیک‌ترین همسایه‌های فضایی آن محاسبه شده است. آن‌ها نیز از طبقه‌بند SVM با کرنل گاوسی برای نگاشت ورودی استفاده نمودند.

همچنین Wang و همکاران [۱۰] برای پیش‌بینی سایت تعامل از پروفایل توالی و نرخ تکاملی به عنوان ورودی طبقه‌بند SVM استفاده نمودند. این دو ویژگی برای باقی‌مانده هدف و ۱۰ باقی مانده از نزدیک‌ترین همسایه‌های فضایی آن محاسبه و در بردار ورودی قرار گرفته است.

درمقاله دیگری، Chung و همکاران [۱۱] از SVM با تابع کرنل پایه شعاعی برای طبقه‌بندی داده‌ها استفاده کردند. برای آموزش SVM، دو بردار ورودی مختلف به کار رفته و نتایج آن ها مقایسه شده است. اولین بردار ورودی شامل پروفایل توالی و مساحت در دسترس پنجره تحت بررسی (شامل باقی‌مانده مورد نظر و ۱۱ باقی‌مانده از نزدیک‌ترین همسایه‌های فضایی آن) است. بردار ورودی دوم، علاوه بر ورودی‌های قبلی شامل نمرات حفاظت وابسته به پنجره ورودی نیز می‌باشد. همچنین، Nguyen و Rajapakse [۱۲] از پروفایل توالی و مساحت در دسترس برای کدگذاری پنجره ورودی استفاده نمودند. هر پنجره شامل باقی‌مانده هدف و ۱۴ باقی‌مانده از نزدیک‌ترین همسایگان فضایی آن بوده است. برای طبقه‌بندی داده‌ها نیز از SVM با کرنل گاوسی استفاده گردیده است.

Dong و همکاران [۱۳] اساس بیش‌بینی خود را بر مبنای گرایش اسیدآمینه‌های موجود در سایت‌های تعامل (گرایش هر اسیدآمینه متناسب است با نسبت فراوانی آن در باقیمانده واسط به فراوانی آن در کل باقیمانده‌های سطحی)، مساحت سطح در دسترس و پروفایل باینری قرار دادند. ویژگی‌های فوق برای پنجره‌ای شامل باقی‌مانده هدف و ۱۱ همسایه فضایی آن محاسبه و به عنوان ورودی به طبقه‌بند SVM با کرنل تابع پایه شعاعی داده شده است.

Li و همکاران [۱۴]، به منظور پیش‌بینی باقی‌مانده‌های واسط، مفهوم جدیدی برای آن‌ها ارائه دادند. آن‌ها برای تمایز بیشتر کلاس‌ها، مجموعه مثبت را تنها باقی‌مانده‌های واسطی در نظر گرفتند که نسبت همسایگان واسط آن‌ها به کل همسایگان، بیشتر از آستانه بهینه ۰/۲ باشد. در مجموعه داده نیز دو باقی مانده در حال تعامل در نظر گرفته می‌شوند، اگر فاصله بین اتم های آن‌ها کمتر از ۵ آنگستروم باشد. پنجره ورودی شامل ۴ همسایه فضایی و ۸ همسایه از توالی باقی‌مانده هدف بوده است. برای کدگذاری همسایگان فضایی از ۱۰ ویژگی شامل تعداد اتم ها، تعداد بار الکترواستاتیکی، تعداد باند هیدروژنی (ویژگی‌های فیزیکی – شیمیایی)، آب‌گریزی، مساحت نسبی در دسترس

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

حلال، ساختار دوم باقی‌مانده (شامل ۳ نوع: helix, coil, sheet)، نمره حفاظت، محیط زنجیره جانبی (براساس درجه غیرسطحی و مساحت زنجیره جانبی که توسط اتم‌های قطبی پوشیده شده است به ۶ ناحیه تقسیم می‌شود)، فاصله توالی و فاصله فضایی (حداقل فاصله بین باقیمانده موردنظر با باقیمانده هدف) بهره برده شده است. برای باقی‌مانده هدف نیز علاوه بر ۱۰ ویژگی مذکور، تعداد اتم‌ها و تعداد باقی‌مانده‌ها به تفکیک نوع برای کدگذاری محاسبه گردیده است (در مجموع، بردار ورودی شامل ۱۵۸=۲۰+۱۸+۴×۱۰+۸×۱۰ عنصر است). برای طبقه بندی داده‌ها نیز از SVM با کرنل تابع پایه شعاعی استفاده شده است.

Liu و همکاران [۱۵] برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین (برای مجموعه‌ای شامل هتروکمپلکس‌ها و هوموکمپلکس‌ها)، استفاده از SVM مدل مارکوف پنهان، را پیشنهاد دادند. آن‌ها از پروفایل توالی و مساحت نسبی در دسترس حلال پنجره‌ای شامل باقی‌مانده هدف و ۱۳ باقی‌مانده از نزدیک‌ترین همسایه‌های فضایی آن برای کدگذاری استفاده نمودند. برچسب باقی‌مانده‌های پنجره ورودی بر اساس تعریف باقی‌مانده واسط و غیر واسط تعیین شده و ارتباط بین برچسب‌ها نیز به عنوان یک ویژگی در کدگذاری پنجره به کار رفته است (به طوری که اگر دو برچسب مجاور برابر باشند، مقدار این ویژگی صفر و در غیر این صورت یک خواهد بود).

Sikic و همکاران [۱۶] پیش‌بینی سایت‌های تعامل را با استفاده از توالی و خصوصیات فضایی باقی‌مانده‌ها انجام دادند. خصوصیات فضایی به کار رفته شامل مساحت در دسترس و مساحت نسبی باقی‌مانده‌های غیر قطبی، ماکزیمم شاخص عمق، میانگین شاخص عمق و مینیمم شاخص برآمدگی می‌باشد. پنجره ورودی شامل N (1<N<9) باقی‌مانده بوده و از الگوریتم جنگل تصادفی برای پیش‌بینی واسط بودن آن استفاده گردیده است. برای هر پنجره به ازای طول‌های مختلف، ۹ پیش‌بینی انجام شده و در نهایت، اگر تعداد پیش‌بینی‌های مثبت (پیش‌بینی مثبت یعنی باقیمانده مرکزی به عنوان واسط شناخته شود) بیشتر از منفی بود، پنجره به عنوان سایت تعامل در نظر گرفته می‌شد.

Chen و همکاران [۱۷] از شش شبکه عصبی تابع پایه شعاعی (RBF) برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین استفاده نمودند. ورودی‌های هرکدام از شبکه‌ها به ترتیب پنجره‌هایی به طول ۱، ۳، ۵، ۷، ۹ و ۱۱ باقی‌مانده بوده و برای هر باقی‌مانده ۶ ویژگی شامل پروفایل توالی، آنتروپی، آنتروپی‌نسبی، نمره حفاظت، سطح در دسترس و تنوع توالی در نظر گرفته شده است. به علاوه، هر شبکه عصبی یک لایه پنهان با نرون‌هایی از نوع RBF (Radial Basis Function) و یک نرون خروجی نیز داشته است. برای تنظیم مرکز و عرض توابع RBF و وزن‌های بین نرون‌های لایه‌های پنهان و خروجی، روش بهینه‌سازی ازدحام ذرات PSO (Particle Swarm Optimization) به خدمت گرفته شده است. در نهایت، پاسخ نهایی با ادغام نتایج حاصل از شش شبکه عصبی به روش میانگین وزنی به دست آمده است. نتایج تجربی در این تحقیق، بیانگر آن است که روش‌های تصمیم‌گیری جمعی می‌توانند دقت و پوشش بیشتری فراهم آورند.

Li و همکاران [۱۸] با بهره‌گیری از یک پیش‌بینی‌کننده جدید مبتنی بر معیار حداکثر ارتباط–حداقل افزونگی، mRMR (minimum Redundancy Maximal Relevance) و الگوریتم جنگل تصادفی به پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین پرداختند. در این روش، برای پیش‌بینی علاوه بر اطلاعات توالی، از ویژگی‌های ساختار دوم و سوم پروتئین نیز بهره برده شده است. برای کدگذاری پنجره ورودی (شامل ۲۱ باقی‌مانده) از ۳۴ ویژگی شامل ماتریس امتیازدهی موقعیت، خصوصیات فیزیکی–شیمیایی اسیدآمینه‌ها، نمره بی‌نظمی، شکل اسیدهای آمینه در ساختار دوم و خصوصیات ساختار سوم شامل شاخص عمق، شاخص بیرون‌زدگی، مساحت سطح در دسترس حلال، مساحت سطح مولکولی و انحنای سطح برای هر باقی‌مانده استفاده شده است. در ادامه، با استفاده از روش حداکثر ارتباط – حداقل افزونگی ویژگی‌های کم اهمیت تر حذف و تعداد آن به ۵۱ عنصر کاهش یافته است. در نهایت برای طبقه‌بندی داده‌ها از از الگوریتم جنگل تصادفی استفاده شده است.

Hwang و همکاران [۱۹] علاوه بر ساختار پروتئین مورد نظر از ساختار پروتئین شریک نیز برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل کمک گرفتند (اصطلاحاً به این نوع الگوریتم‌ها، روش‌های مبتنی بر اتصال (داکینگ) پروتئین‌ها گفته می‌شود). برای این منظور، ابتدا برای هر اتم باقی‌مانده، تعداد تماس‌ها با اتم‌های پروتئین شریک محاسبه گردیده و پس از نرمال‌سازی، ضریبی به هر اتم اختصاص داده می‌شود. سپس، هر باقی‌مانده براساس مقایسه مجموع ضرایب اتم‌هایش با آستانه‌ای مشخص به عنوان واسط یا غیر واسط درنظر گرفته می‌شود. این روش در مقایسه با دیگر روش‌های متداول پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین (که توجهی به ساختار پروتئین شریک ندارند) عملکرد بهتری داشته است. به علاوه، به منظور بهبود نتایج، الگوریتم فوق با استفاده از

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

SVM (با کرنل خطی) با روش meta-PPISP [۳۵] نیز ترکیب شده است.

- **پیش‌بینی با استفاده از ساختار مولکولی (بدون ساختار فضایی)**

در روش‌های پیش‌بینی ساختار مولکولی بدون دسترسی به ساختار فضایی معمولاً از اطلاعات مربوط به مولکول پروتئین شامل ترکیب اسیدآمینه‌ها در توالی، نظم خاص آن‌ها و اطلاعات تکاملی به عنوان ورودی شبکه عصبی استفاده می‌شود [۵].

به عنوان مثال، Bock و Gough [۲۰] با همین رویکرد به پیش‌بینی تعاملات پروتئین‌ها پرداختند. آن‌ها از خواص فیزیکی–شیمیایی باقی‌مانده‌ها شامل بار الکتریکی، آب‌گریزی و فشار سطح برای کدگذاری توالی بهره بردند.

در کار دیگری، Ofran و Rost [۴] برای پیش‌بینی ساختار مولکولی از یک شبکه عصبی پیشرو استفاده نمودند. در این روش، ورودی شبکه عصبی شامل پروفایل توالی ۹ باقی‌مانده متوالی به مرکز باقی‌مانده تحت بررسی بوده است. به علاوه، به هر بردار یک متغیر با مقدار یک برای باقی‌مانده تحت بررسی و مقدار صفر برای سایر باقی‌مانده‌ها اضافه گردیده است. همچنین، Yan و همکاران [۲۱] از پروفایل توالی پنجره‌ای شامل ۱۱ باقی مانده متوالی به مرکز باقی‌مانده هدف برای تشخیص کمپلکس های آنتی‌بادی – آنتی‌ژن استفاده نمودند.

در مقاله دیگری که توسط Res و همکاران [۲۲] ارائه شد از پروفایل توالی و اطلاعات تکاملی برای پیش‌بینی سایت تعامل استفاده کردند. اطلاعات تکاملی براساس درخت فیلوژنتیک و آنتروپی هر ستون به هر باقی‌مانده، یک ضریب ارزش اختصاص می‌دهد.

ورودی طبقه‌بند شامل پروفایل توالی و ارزش تکاملی باقی‌مانده هدف و ۸ باقی‌مانده از نزدیکترین همسایه‌های آن خواهد بود.

Ofran و Rost [۲۳] با ترکیب اطلاعات ساختاری با اطلاعات تکاملی به تکمیل کار پیشین خود پرداختند. در این کار، علاوه بر ویژگی‌های فوق از ساختار دوم و مساحت در دسترس حلال برای پیش‌بینی واسط بودن باقی‌مانده موردنظر استفاده شده است.

Chen و Jeong [۲۴] پیش‌بینی سایت‌های تعامل را با استفاده از روش تلفیقی انجام دادند. در این روش، از ۳ گروه ویژگی برای کدکردن پنجره‌ای شامل باقی‌مانده هدف و ۲۰ باقی مانده از نزدیک‌ترین همسایه‌های آن بهره برده شد: گروه اول شامل ویژگی‌های فیزیکی–شیمیایی (از جمله آب‌گریزی، آب-دوستی، تمایل به حلال، نقطه ایزوالکتریک، جرم و ...) و نمره حفاظت، گروه دوم شامل فاصله باقی‌مانده هدف از ۲۰ باقی‌مانده همسایه آن و گروه سوم شامل ماتریس امتیازدهی موقعیت می باشد. در جدول ۲، ساختار طبقه‌بندهای مورد استفاده در روش‌های فوق و نتایج ارزیابی آن‌ها گزارش شده است. علاوه بر این، وب‌سرورهای متعددی (که به صورت برخط و از طریق اینترنت در دسترس می‌باشند) نیز به صورت کلی، به پیش‌بینی تعاملات پروتئین‌ها می‌پردازند. از جمله وب‌سرورهای پرکاربرد و مشهور می‌توان به موارد زیر اشاره کرد.

جدول ۲: روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین–پروتئین با استفاده از اطلاعات ساختار مولکولی

روش پیش‌بینی	سال	نوع طبقه‌بند	مشخصات طبقه بند	نتایج ارزیابی
Bock و Gough [۲۰]	۲۰۰۱	ماشین بردار پشتیبان	–	دقت ۸۰٪
Ofran و Rost [۴]	۲۰۰۳	شبکه عصبی پیشرو	۱۰ نرون ورودی، ۳۰۰ نرون در لایه پنهان و ۲ نرون خروجی	دقت ۷۰٪ پوشش ۲۰٪
Yan و همکاران [۲۱]	۲۰۰۴	ماشین بردار پشتیبان	کرنل چندجمله‌ای	حساسیت ۸۲/۳٪ ویژگی ۸۱٪
Res و همکاران [۲۲]	۲۰۰۵	ماشین بردار پشتیبان	کرنل چندجمله‌ای	دقت ۵۸/۷٪ ارزش پیش‌بینی مثبت ۲۶٪
Ofran و Rost [۲۳]	۲۰۰۷	شبکه عصبی پیشرو	–	دقت ۶۸٪
Chen و Jeong [۲۴]	۲۰۰۹	الگوریتم جنگل تصادفی	–	حساسیت ۷۳٪ ویژگی ۷۰٪

ProMate: براساس بعضی از خصوصیات سطح از جمله توزیع اسیدهای آمینه به تفکیک نوع، توزیع اتم‌ها، توزیع جفت اسیدهای آمینه، نمره حفاظت، ساختار دوم، اندازه پچ (patch size) و... به پیش‌بینی می‌پردازد [۲۶].

cons-PPISP: با اجماعی از شبکه‌های عصبی و بر اساس ساختار فضایی به پیش‌بینی باقی‌مانده‌های واسط می‌پردازد. در این وب‌سرور از پروفایل توالی و مساحت در دسترس باقی‌مانده سطحی و همسایگان فضایی آن به عنوان ورودی شبکه عصبی استفاده شده است [۲۷].

PPI-PRED: در این وب‌سرور، ابتدا پچ‌های سطح تولید شده و سپس برای راس هر پچ، ۷ ویژگی مختلف شامل شاخص سطح (عددی در بازه (۱, ۱–) که تعیین کننده میزان تقعر یا تحدب پچ می‌باشد)، میزان خمیدگی، نمره حفاظت، پتانسیل الکترواستاتیک، آب‌گریزی، گرایش به واسط بودن باقی‌مانده و

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

مساحت در دسترس حلال محاسبه می‌شود. سپس، برای پیش بینی سایت‌های تعامل، بردار ویژگی فوق به عنوان ورودی به SVM داده می‌شود [۲۸].

WHISCY: در این وب‌سرور، به هر باقی‌مانده براساس نمره حفاظت و گرایش به واسط بودن، ضریبی اختصاص می‌یابد. سپس، براساس ضرایب باقی‌مانده موردنظر و همسایه‌های آن، واسط بودن آن مشخص می‌شود [۲۹].

SPPIDER: در این وب‌سرور برای کدینگ پنجره ورودی شبکه عصبی از میانگین وزن‌دار ویژگی‌ها شامل مساحت نسبی در دسترس حلال (RSA)، اختلاف بین مقادیر پیش‌بینی شده و مشاهده شده RSA، آب‌گریزی، میزان بقای بار، میزان بقای آب گریزی، میزان بقای اندازه، میزان بقای نوع اسیدآمینه در پنجره ای با ۱۱ باقی‌مانده استفاده شده است [۳۰].

PIER: در این وب سرور از پارامترهای آماری (مساحت در دسترس و نمره حفاظت) به دست آمده از گروه‌های اتمی سطح پروتئین برای پیش‌بینی استفاده می‌شود. [۳۱].

meta-PSIVER: سایت‌های تعامل را تنها براساس ساختار اول پروتئین و با استفاده از طبقه‌بند بیز ساده پیش‌بینی می‌کند [۳۲].

meta-PIS: در این وب‌سرور، نتایج پنج الگوریتم مختلف شامل SPPIDER [۳۰]، meta-PSIVER [۳۲]، الگوریتم Sikic و همکاران [۱۶] و دو نسخه بهبودیافته از الگوریتم Liu و همکاران [۱۵] به شکلی مؤثر با یکدیگر ترکیب شده‌اند [۳۳].meta-PPISP: که با ترکیب خطی نتایج وب‌سرورهای ProMate [۲۶]، cons-PPISP [۲۷] و PINUP [۳۴] به پیش‌بینی باقی‌مانده‌های واسط می‌پردازد [۳۵].

عملکرد وب‌سرورهای فوق برحسب معیارهای ارزیابی مختلف در جدول ۳ با یکدیگر مقایسه شده است. همچنین، علاوه بر نمونه‌های فوق، می‌توان به وب‌سرورهای IPPRED [۲۵]، InterPreTS [۳۶]، HADDOCK [۳۷]، PatchDock [۳۸]، ClusPro [۳۹]، GRAMM-X [۴۰]، FireDock [۴۱]، RosettaDock [۴۲]، Struct2Net [۴۳]، Hex [۴۴]، CPORT [۴۵]، pyDockWEB [۴۶] نیز اشاره نمود.

جدول ۳: مقایسه عملکرد وب‌سرورهای پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین-پروتئین (با استفاده از تنها اطلاعات ساختار مولکولی) براساس معیارهای پوشش، ضریب همبستگی، دقت، پیش‌بینی مثبت، ویژگی و حساسیت

وب‌سرورها	سال	پوشش	ضریب همبستگی	دقت	پیش‌بینی مثبت	ویژگی	حساسیت
ProMate [۲۶]	۲۰۰۴	–	–	٪۷۰	–	–	–
cons-PPISP [۲۷]	۲۰۰۵	٪۵۰	–	٪۷۱	–	–	–
PPI-PRED [۲۸]	۲۰۰۵	–	–	٪۷۶	–	٪۵۰	٪۲۰
PINUP [۳۴]	۲۰۰۶	٪ ۳۰/۵	–	٪۲۹/۴	–	–	–
WHISCY [۲۹]	۲۰۰۶	–	–	٪۶۰	–	–	٪۱۰
SPPIDER [۳۰]	۲۰۰۷	–	۰/۴۳	٪۷۴/۲	–	٪ ۶۳/۷	٪ ۶۰/۳
meta-PPISP [۳۵]	۲۰۰۷	٪۵۰/۵	–	٪۴۹/۵	–	–	–
PIER [۳۱]	۲۰۰۷	–	–	–	–	٪ ۶۰	٪ ۵۰
meta-PSIVER [۳۲]	۲۰۱۰	–	۰/۱۳۵	–	–	٪ ۲۵	٪ ۴۶/۵
meta-PIS [۳۳]	۲۰۱۳	–	۰/۱۸۱	٪ ۶۶/۳	٪ ۳۳	٪ ۷۰/۶	٪ ۴۹/۵

پیش‌بینی ساختار مؤثر آنتی‌ژن‌ها و آنتی‌بادی‌ها:

از آنجا که همه آنتی‌بادی‌ها و آنتی‌ژن‌ها زیرمجموعه پروتئین‌ها هستند؛ لذا برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل آن‌ها می‌توان از هر یک از روش‌های عمومی پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین‌ها (که در بخش‌های قبلی مورد بررسی قرار گرفتند) استفاده نمود؛ اما به دلیل اهمیت عملکرد آنتی‌بادی‌ها و نحوه تعامل آن‌ها با آنتی‌ژن‌ها در سیستم ایمنی بدن انسان، برخی محققین برای دستیابی به کارایی بیشتر، اقدام به توسعه روش‌های اختصاصی برای آنتی‌بادی‌ها و آنتی‌ژن‌ها نموده‌اند. بدیهی است که تعیین ساختارهای مؤثر آنتی‌ژن‌ها و آنتی‌بادی‌ها در طراحی داروهای مؤثرتر از اهمیت ویژه‌ای برخوردار می‌باشد. لازم به ذکر است که در همه روش‌های ارائه شده برای پیش‌بینی ساختار آنتی‌ژن‌ها و آنتی‌بادی‌ها، تنها از اطلاعات توالی اسیدهای آمینه استفاده شده

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

است؛ زیرا ساختار فضایی بسیاری از آنتی‌ژن‌ها و آنتی‌بادی‌های شناخته شده، هنوز مشخص نشده است.

- **ساختار مؤثر آنتی‌ژن‌ها**

Resch و همکاران [۴۷] به پیش‌بینی فنوتیپ‌های مختلف ویروس نقص ایمنی انسانی نوع ۱ (آنتی‌ژن) پرداختند. ایزوله‌های این ویروس دارای دو نوع فنوتیپ می‌باشند. فنوتیپ اول براساس توانایی ویروس برای القا و تکثیر چند هسته‌ای شدن سلول‌های MT-2 به دو گونه SI (Syncytium Inducing) و NSI (Non-SI) می‌باشد. این در حالی است که فنوتیپ دوم بر اساس اینکه ویروس برای داخل‌شدن به سلول‌های بدن از چه گیرنده کموکاینی استفاده می‌کند به دو گونه CXCR4-using (X4) و CCR5-using تقسیم‌بندی می‌شود. آن‌ها برای پیش‌بینی فنوتیپ‌ها از یک شبکه عصبی پیشرو با ۱۶ نرون در ورودی و ۳ نرون در لایه پنهان و یک نرون در لایه خروجی استفاده نمودند. آموزش شبکه با الگوریتم پس‌انتشار خطا انجام شده است (با نرخ یادگیری ۰/۵). اسیدآمینه‌های موجود در چند موقعیت خاص در حلقه سوم متغیر ویروس ایدز (V3) و بار کلی آن به عنوان ورودی‌های شبکه عصبی در نظر گرفته شده است. نتایج بیانگر توانایی شبکه برای پیش بینی فنوتیپ اول است؛ اما از دقت مناسبی در پیش‌بینی فنوتیپ دوم برخوردار نیست.

Chen و همکاران [۴۸] با استفاده از طبقه‌بند SVM و تجزیه توالی آنتی‌ژن به ترکیبات دوتایی به پیش‌بینی اپی‌توپ‌ها پرداختند. برای محاسبه بردار ورودی، ابتدا توالی به ترکیبات دوتایی تجزیه شده و سپس، یک بردار ۴۰۰ عنصری براساس فراوانی ترکیب‌های مذکور ساخته می‌شود. در نهایت، این روش به ویژگی ۵۸/۹۴٪، حساسیت ۷۴/۳۱ ٪ و دقت ۶۹/۶۵ ٪ رسیده است.

علاوه بر مقالات ذکر شده، وب‌سرورهای متعددی نیز در ارتباط با تعیین ساختار آنتی‌ژن (به صورت خاص تعیین اپی‌توپ‌های آن) براساس توالی آن ارائه شده است. به عنوان مثال، می‌توان از وب‌سرورهای BcePred [۴۹] (پیش‌بینی براساس خصوصیات فیزیکی–شیمیایی اسیدآمینه مانند آبدوستی، انعطاف‌پذیری، میزان قطبی بودن، سطح در معرض و میزان دسترسی به حلال)، CEP [۵۰] (پیش‌بینی براساس میزان دسترس‌پذیری حلال و توزیع فضایی اسیدهای آمینه)، DiscoTope [۵۱] (پیش‌بینی براساس ساختار و نمرات گرایش اسیدهای آمینه)، ELLIPRO [۵۲] (پیش‌بینی براساس ساختار فضایی)، EPITOPIA [۵۳] (پیش‌بینی براساس خصوصیات فیزیکی–شیمیایی و ویژگی‌های هندسی ساختار فضایی)، EPCES [۵۴] و EPSVR [۵۵]، SEPPA [۵۶]، EPMeta [۵۵] و Bpredictor [۵۷] نام برد.

برای مقایسه روش‌های فوق، جدول ۴ را ببینید.

جدول ٤: مقایسه عملکرد وب‌سرورهای پیش‌بینی اپی‌توپ آنتی‌ژن‌ها براساس معیارهای پوشش، ضریب همبستگی، دقت، پیش‌بینی مثبت، ویژگی و حساسیت

الگوریتم پیش‌بینی	سال	دقت	پیش‌بینی مثبت	ویژگی	حساسیت
Bcepred [۴۹]	۲۰۰۴	٪ ۵۸/۷	–	٪ ۶۱	٪ ۵۶
CEP [۵۰]	۲۰۰۵	٪ ۷۵	–	–	–
DiscoTope [۵۱]	۲۰۰۸	–	–	٪ ۷۵	٪ ۴۷/۳
ElliPro [۵۲]	۲۰۰۸	٪ ۸۴	٪ ۲۹/۱	٪ ۸۶/۲	٪ ۶۰/۱
Epitopia [۵۳]	۲۰۰۹	٪ ۸۹/۴	–	–	–
EPCES [۵۴]	۲۰۰۹	–	–	٪ ۶۹/۵	٪ ۴۷/۸
SEPPA [۵۶]	۲۰۰۹	–	–	٪ ۷۰/۷	٪ ۵۸
EPSVR [۵۵]	۲۰۱۰	٪ ۵۹/۱	–	–	–
EPMeta [۵۵]	۲۰۱۰	–	–	–	–
Bpredictor [۵۷]	۲۰۱۱	۰/۶۷۲	–	٪ ۶۹/۲	٪ ۴۹

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

- **ساختار مؤثر آنتی‌بادی‌ها**

محمودی و همکاران [۵۸] و طاهرزاده و همکاران [۵۹] در دو تحقیق متفاوت، با استفاده از شبکه عصبی پرسپترون چندلایه و بهره‌گیری از دو ویژگی آبدوستی و PH ایزوالکتریک، به دسته بندی اتوآنتی‌بادی‌ها (در بیماری لوپوس) پرداختند. در این کار، برای آموزش و تست شبکه عصبی از نواحی متغیر آنتی‌بادی‌های ضد DNA (مجموعه مثبت) و آنتی‌بادی‌های غیر اتوآنتی‌بادی (مجموعه منفی) استفاده گردیده است. همچنین، ساختار شبکه عصبی، شامل ۲۶۶ نرون در لایه ورودی، ۹ نرون در هر یک از دو لایه پنهان و ۱ نرون در لایه خروجی می‌باشد که به روش آزمون و خطا تنظیم گردیده است. برای آموزش شبکه نیز از الگوریتم پس انتشار خطا استفاده شده است. این روش توانست به حساسیت و ویژگی ۷۱٪ دست یابد.

در پژوهش دیگری، عبدی و همکاران [۶۰] روشی جدید برای ارزیابی و تعیین آنتی‌بادی‌های مؤثر بر HIV با استفاده از SVM ارائه شد. در این روش، از ترکیب ۳ ویژگی مختلف شامل احتمال وقوع اسید آمینه در هم‌ترازی، همسایگی اسیدآمینه‌ها در توالی و آبدوستی برای کدگذاری زنجیره پروتئینی استفاده شد.

در واقع، روش فوق با معرفی بردار جدید همسایگی، در ارزیابی آنتی‌بادی‌های مؤثر بر HIV به حساسیت ۸۱/۸۰٪، ویژگی ۹۹/۶۶٪، ارزش پیش‌بینی مثبت ۹۸/۲۹٪ و دقت ۹۶/۲۰٪ دست یافته است.

در حقیقت، در دو تحقیق اخیر به جای آموزش طبقه‌بند با انواع مختلفی از ترکیب‌های آنتی‌بادی–آنتی‌ژن، تنها ساختار آنتی‌بادی های قابل تعامل با آنتی‌ژن مورد نظر (مثلاً HIV) و آنتی ژن‌هایی با ساختار مشابه، به طبقه‌بند آموزش داده شده است. به این ترتیب، با توجه به ساده شدن فضای مدل‌سازی، طبقه‌بند می تواند به دقت بسیار بهتری از خود نشان دهد.

در ارتباط با تعیین پاراتوپ‌ها نیز هم‌اکنون چندین وب‌سرور به صورت برخط در دسترس می‌باشد. به عنوان مثال، وب‌سرور Paratome [۶۱] از همترازسازی ساختاری پروتئین‌ها و شباهت‌های ساختاری آن‌ها استفاده می‌نماید. به بیانی دیگر، این وب‌سرور با مقایسه توالی اسیدآمینه‌ای یا ساختار سوم آنتی‌بادی موردنظر با ساختار آنتی بادی‌هایی شناخته شده، به پیش‌بینی نواحی اتصال با آنتی‌ژن می‌پردازد. همچنین، وب‌سرور proABC [۶۲] برای تعیین نواحی اتصال، الگوریتم جنگل تصادفی را به خدمت گرفته است. این وب سرور قادر به پیش بینی احتمال اتصال هر اسیدآمینه بر اساس نوع تعامل (تعاملات با تشکیل پیوند هیدروژنی ، تعاملات آب‌گریز، تعاملات بدون اتصال) و نوع اتم‌های آن (زنجیره اصلی، زنجیره جانبی و یا هردو) نیز می‌باشد. دو وب‌سرور مذکور از همترازسازی ساختاری یا همترازسازی توالی برای پیش‌بینی بهره می‌برند. این در حالی است که به دلیل جهش‌های غیرهمبسته در کمپلکس‌های آنتی بادی‌آنتی‌ژن (و درنتیجه، عدم دسترسی به اطلاعات تکاملی) استفاده از همترازی چندان قابل قبول نیست. لذا، Krawczyk و همکاران وب سرور Antibody i-Patch را معرفی نمودند. در این وب‌سرور به جای همترازی، از ساختار همولوژی آنتی‌بادی ها برای تعیین احتمال اتصال اسیدآمینه‌ها به آنتی‌ژن استفاده شده است. به بیانی دقیق‌تر، این وب‌سرور با مدل‌سازی ساختار آنتی–بادی موردنظر به روش همولوژی و براساس نمره گرایش اسیدآمینه (براساس فراوانی اسیدآمینه در سایت تعامل نسبت به نواحی دیگر تعیین می‌شود)، به هر اسیدآمینه نواحی CDR، امتیاز واسط بودن اختصاص می‌دهد. Asti و همکاران [۶۴] نیز روشی مبتنی بر آنتروپی برای پیش‌بین میزان کشش بین آنتی بادی و آنتی‌ژن پیشنهاد کردند. پیش‌بینی موردنظر با استفاده از مدل‌سازی حداکثر آنتروپی بر روی مجموعه توالی به دست آمده از بیمار آلوده به ویروس HIV حاصل شد. نتایج به دست آمده از این روش بر روی ۳۰ آنتی‌بادی، بیانگر ضریب همبستگی ۰/۷۷ می‌باشد. برای مقایسه روش‌های فوق، جدول ۵ را ببینید.

جدول ۵: مقایسه عملکرد روش‌های پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌ها براساس معیارهای پوشش، ضریب همبستگی، دقت، پیش‌بینی مثبت، ویژگی و حساسیت

الگوریتم پیش‌بینی	سال	دقت	پیش‌بینی مثبت	ویژگی	حساسیت
اتوآنتی‌بادی‌ها [۵۹]	۲۰۰۴	–	–	٪ ۷۱	٪ ۷۱
Paratome [۶۱]	۲۰۱۲	٪ ۴۱	٪ ۳۶	٪ ۱۱	٪ ۱۰۰
ProABC [۶۲]	۲۰۱۳	٪ ۸۱	٪ ۶۹	٪ ۸۲	٪ ۸۰
Antibody i-Patch [۶۳]	۲۰۱۳	–	٪ ۴۰	–	٪ ۹۴
عبدی و همکاران [۶۰]	۲۰۱۵	٪ ۹۶/۲	٪ ۹۸/۳	٪ ۹۹/۷	٪ ۸۱/۸

بحث و نتیجه گیری

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

همان‌طور که بیان گردید، درک مکانیسم تعامل میان پروتئین‌ها به منظور طراحی داروها، نیازمند شناسایی باقی‌مانده‌های در حال تعامل است. در این مقاله، با بررسی آخرین و پرکاربردترین منابع در این زمینه سعی گردید که بررسی جامعی از انواع روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل کمپلکس‌های آنتی‌بادی–پروتئین ارائه گردد.

به عنوان مثال، بسیاری از محققین برای دستیابی به دقت قابل قبول در پیش‌بینی سایت‌های تعامل، از اطلاعات ساختار فضایی پروتئین برای آموزش شبکه عصبی سود جسته‌اند. در مطالعه حاضر به بررسی ۱۴ منبع مختلف در این زمینه نشان داده شد که با استفاده از اطلاعات ساختار فضایی امکان بهبود دقت پیش‌بینی تا ۸۰٪ (روش Bordner و Abagyan[۹]) نیز میسر بوده است. همچنین، ماشین بردار پشتیبان پرکاربردترین طبقه‌بند برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل با استفاده از اطلاعات ساختار فضایی بود. با وجود این، اطلاعات فضایی برای بسیاری از پروتئین‌ها در دسترس نمی‌باشد؛ لذا برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین–پروتئین تنها با استفاده از اطلاعات توالی اسیدهای آمینه، الگوریتم‌های هوشمند و وب‌سرورهای متعددی تاکنون معرفی شده‌اند. در این تحقیق، ۲۸ منبع مختلف در این رابطه مورد بررسی قرار گرفت.

به عنوان مثال، در جدول ۲، شش روش مختلف پیش‌بینی سایت های تعامل با استفاده از ساختار مولکولی مورد بررسی قرار گرفته که بهترین دقت توسط Bock و Gough [۲۰] ارائه شده است. همچنین، در جدول ۳، عملکرد ۱۰ وب‌سرور پرکاربرد در پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین–پروتئین (تنها با استفاده از توالی اسیدهای آمینه)، براساس معیارهای ارزیابی مختلف شامل پوشش، ضریب همبستگی، پیش‌بینی مثبت و منفی، ویژگی و حساسیت با یکدیگر مقایسه شده است. همان‌طور که مشاهده شد، پوشش، دقت، ویژگی و حساسیت روش‌های مذکور بدون استفاده از اطلاعات ساختار فضایی به ترتیب ۵۰/۵٪ (وب سرور meta-PPISP [۳۵])، ۷۶٪ (وب سرور PPI-PRED [۲۸])، ۶۳/۷٪ (وب سرور SPPIDER [۳۰]) و ۶۰/۳٪ (وب سرور SPPIDER [۳۰]) تجاوز نمی‌کند.

با توجه به دقت پایین روش‌های پیش‌بینی سایت‌های تعامل، برخی محققین اقدام به توسعه الگوریتم‌هایی هوشمند برای پیش‌بینی ساختارهای مؤثر آنتی‌ژن‌ها و آنتی‌بادی‌ها نموده‌اند. در این گونه روش‌ها، به جای آموزش کمپلکس‌های پروتئین–پروتئین، تنها آنتی‌ژن‌ها یا آنتی‌بادی‌های مرتبط به شبکه عصبی آموزش داده می‌شوند. در همین رابطه، مطالعه حاضر به بررسی ۱۱ منبع مختلف در خصوص پیش‌بینی ساختار آنتی‌ژن‌ها و ۷ منبع مختلف در زمینه پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌ها پرداخت. به عنوان مثال، در جدول ۴ عملکرد ۱۰ روش پیش‌بینی ساختار آنتی‌ژن‌ها و همچنین، در جدول ۵، کارایی ۵ روش پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌ها، بر حسب معیارهای ارزیابی مختلف شامل دقت، پیش‌بینی مثبت، ویژگی، و حساسیت با یکدیگر مقایسه شد. همان‌طور که مشاهده می‌شود، بهترین دقت، ویژگی و حساسیت به دست آمده برای پیش‌بینی اپی‌توپ آنتی‌ژن‌ها به ترتیب عبارت است ۸۹/۴٪ (Epitopia [۵۳])، ۸۶/۲٪ (ElliPro [۵۲])، و ۶۰/۱٪ (ElliPro [۵۲]). این در حالی است که روش عبدی و همکاران [۶۰] با دقت ۹۶/۲٪، پیش‌بینی مثبت ۹۸/۳٪، ویژگی ۹۹/۷٪ و حساسیت ۸۱/۸٪ بهترین کارایی را در میان همه روش‌های پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌ها داشته است.

از آنجا که تاکنون تحقیق مستقلی در رابطه با پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌های مونوکلونال انجام نشده است، نتایج اخیر می‌تواند در این زمینه بسیار امیدبخش باشد. به عبارت دقیق‌تر، عبدی و همکاران [۶۰] نشان دادند که به جای انواع مختلفی از کمپلکس‌های آنتی‌بادی–آنتی‌ژن، می‌توان تنها از ساختار آنتی بادی‌های قابل تعامل با آنتی‌ژن مورد نظر (یا چند آنتی‌ژن با ساختار مشابه) برای آموزش شبکه عصبی (یا طبقه‌بند) استفاده نمود. به این ترتیب، با افزایش شباهت الگوهای آموزشی و ساده شدن فضای ویژگی، دقت شبکه عصبی تا ۹۶/۲٪ افزایش یافته است. تنها دشواری در این زمینه، تعداد محدود آنتی‌بادی‌های شناخته‌شده مؤثر بر گیرنده‌های سلول سرطانی است؛ لذا در این حالت، طبقه‌بند SVM به دلیل عدم حساسیت به تفاوت تعداد نمونه‌های آموزشی در کلاس‌های مثبت منفی و قابلیت آموزش با تعداد نمونه‌های کم، عملکرد بهتری در مقایسه با شبکه‌های عصبی مصنوعی داشته است.

با توجه به رشد روزافزون سرطان و عوارض درمان‌های رایج، توجه‌ها به سمت درمان‌های اختصاصی و هدفمند جلب شده است. این نوع درمان بر پایه استفاده از آنتی‌بادی‌های مونوکلونال می‌باشد. اولین گام در تولید این نوع آنتی‌بادی‌ها، پیش‌بینی ساختار آن‌ها است. پیش‌بینی ساختار باید با توجه به تعامل آنتی‌ژن مربوطه با آنتی‌بادی‌های تأثیرگذار بر آن انجام شود؛ لذا در این مقاله روش‌های موجود برای پیش‌بینی سایت‌های تعامل پروتئین–پروتئین در حالت عام و آنتی‌بادی–آنتی‌ژن در حالت خاص بررسی شد. در این مطالعه نشاد داه شد که تنها روش‌های توسعه داده شده برای پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌های مشابه

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

(مثلاً مؤثر بر یک یا چند آنتی‌ژن مشابه) از دقت کافی برای پیش‌بینی ساختار آنتی‌بادی‌های مونوکلونال برخوردار هستند. از آنجا که معمولاً تعداد آنتی‌بادی‌های شناخته شده با قابلیت تعامل با یک آنتی‌ژن خاص زیاد نمی‌باشد، استفاده از طبقه‌بند SVM برای این منظور پیشنهاد گردید.

References

1. Oldham RK, Dillman RO. Monoclonal antibodies in cancer therapy: 25 years of progress. J Clin Oncol 2008;26(11):1774-7.

2. Abbas AK, Lichtman AH. Cellular and Molecular Immunology. 9th ed. Canada: Elsevier/Saunders; 2017.

3. Scott AM, Wolchok JD, Old LJ. Antibody therapy of cancer. Nat Rev Cancer 2012;12(4):278-87.

4. Ofran Y, Rost B. Predicted protein-protein interaction sites from local sequence information. FEBS Lett 2003;544(1-3):236-9.

5. Keskin O, Tuncbag N, Gursoy A. Characterization and prediction of protein interfaces to infer protein-protein interaction networks. Curr Pharm Biotechnol 2008;9(2):67-76.

6. Zhou HX, Shan Y. Prediction of protein interaction sites from sequence profile and residue neighbor list. Proteins 2001;44(3):336-43.

7. Fariselli P, Pazos F, Valencia A, Casadio R. Prediction of protein--protein interaction sites in heterocomplexes with neural networks. Eur J Biochem 2002;269(5):1356-61.

8. Koike A, Takagi T. Prediction of protein-protein interaction sites using support vector machines. Protein Eng Des Sel 2004;17(2):165-73.

9. Bordner AJ, Abagyan R. Statistical analysis and prediction of protein-protein interfaces. Proteins 2005;60(3):353-66.

10. Wang B, Chen P, Huang DS, Li JJ, Lok TM, Lyu MR. Predicting protein interaction sites from residue spatial sequence profile and evolution rate. FEBS Lett 2006;580(2):380-4.

11. Chung JL, Wang W, Bourne PE. Exploiting sequence and structure homologs to identify protein-protein binding sites. Proteins 2006;62(3):630-40.

12. Nguyen MN, Rajapakse JC. Protein-Protein Interface Residue Prediction with SVM Using Evolutionary Profiles and Accessible Surface Areas. Symposium on Computational Intelligence and Bioinformatics and Computational Biology; 2006 Sep 28-29; Toronto, Ont., Canada: IEEE; 2007.

13. Dong Q, Wang X, Lin L, Guan Y. Exploiting residue-level and profile-level interface propensities for usage in binding sites prediction of proteins. BMC Bioinformatics 2007;8:147.

14. Li N, Sun Z, Jiang F. Prediction of protein-protein binding site by using core interface residue and support vector machine. BMC Bioinformatics 2008;9:553.

15. Liu B, Wang X, Lin L, Tang B, Dong Q, Wang X, Prediction of protein binding sites in protein structures using hidden Markov support vector machine. BMC Bioinformatics 2009; 10:381.

16. Sikic M, Tomic S, Vlahovicek K. Prediction of protein-protein interaction sites in sequences and 3D structures by random forests. PLoS Comput Biol 2009;5(1):e1000278.

17. Chen Y, Xu J, Yang B, Zhao Y, He W. A novel method for prediction of protein interaction sites based on integrated RBF neural networks. Comput Biol Med 2012;42(4):402-7.

18. Li BQ, Feng KY, Chen L, Huang T, Cai YD. Prediction of protein-protein interaction sites by random forest algorithm with mRMR and IFS. PLoS One 2012;7(8):e43927.

19. Hwang H, Vreven T, Weng Z, Binding interface prediction by combining protein–protein docking results. Proteins 2014; 82(1): 57–66.

20. Bock JR, Gough DA. Predicting protein--protein interactions from primary structure. Bioinformatics 2001;17(5):455-60.

21. Yan C, Honavar V, Dobbs D. Identification of interface residues in protease-inhibitor and antigen-antibody complexes: a support vector machine approach. Neural Comput Appl 2004;13(2):123-9.

22. Res I, Mihalek I, Lichtarge O. An evolution based classifier for prediction of protein interfaces without using protein structures. Bioinformatics 2005;21(10):2496-501.

23. Ofran Y, Rost B. ISIS: interaction sites identified from sequence. Bioinformatics 2007;23(2):e13-6.

24. Chen XW, Jeong JC. Sequence-based prediction of protein interaction sites with an integrative method. Bioinformatics 2009;25(5):585-91.

25. Goffard N, Garcia V, Iragne F, Groppi A, de Daruvar A. IPPRED: server for proteins interactions inference. Bioinformatics 2003;19(7):903-4.

26. Neuvirth H, Raz R, Schreiber G. ProMate: a structure based prediction program to identify the location of protein-protein binding sites. J Mol Biol 2004;338(1):181-99.

27. Chen H, Zhou HX. Prediction of interface residues in protein-protein complexes by a consensus neural network method: test against NMR data. Proteins 2005;61(1):21-35.

28. Bradford JR, Westhead DR. Improved prediction of protein-protein binding sites using a support vector machines approach. Bioinformatics 2005;21(8):1487-94.

29. de Vries SJ, van Dijk AD, Bonvin AM. WHISCY: what information does surface conservation yield? Application to data-driven docking. Proteins 2006;63(3):479-89.

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

30. Porollo A, Meller J. Prediction-based fingerprints of protein-protein interactions. Proteins 2007;66(3):630-45.
31. Kufareva I, Budagyan L, Raush E, Totrov M, Abagyan R. PIER: protein interface recognition for structural proteomics. Proteins 2007;67(2):400-17.
32. Murakami Y, Mizuguchi K. Applying the Naive Bayes classifier with kernel density estimation to the prediction of protein-protein interaction sites. Bioinformatics 2010;26(15):1841-8.
33. Huang J, Deng R, Wang J, Wu H, Xiong Y, Wang X. metaPIS: a sequence-based meta-server for protein interaction site prediction. Protein Pept Lett 2013;20(2):218-30.
34. Liang S, Zhang C, Liu S, Zhou Y. Protein binding site prediction using an empirical scoring function. Nucleic Acids Res 2006;34(13):3698-707.
35. Qin S, Zhou HX. meta-PPISP: a meta web server for protein-protein interaction site prediction. Bioinformatics 2007;23(24):3386-7.
36. Aloy P, Russell RB. InterPreTS: protein interaction prediction through tertiary structure. Bioinformatics 2003;19(1):161-2.
37. Dominguez C, Boelens R, Bonvin AM. HADDOCK: a protein-protein docking approach based on biochemical or biophysical information. J Am Chem Soc 2003;125(7):1731-7.
38. Schneidman-Duhovny D, Inbar Y, Polak V, Shatsky M, Halperin I, Benyamini H, et al. Taking geometry to its edge: fast unbound rigid (and hinge-bent) docking. Proteins 2003;52(1):107-12.
39. Comeau SR, Gatchell DW, Vajda S, Camacho CJ. ClusPro: an automated docking and discrimination method for the prediction of protein complexes. Bioinformatics 2004;20(1):45-50.
40. Tovchigrechko A, Vakser IA. GRAMM-X public web server for protein-protein docking. Nucleic Acids Res 2006;34(Web Server issue):W310-4.
41. Mashiach E, Schneidman-Duhovny D, Andrusier N, Nussinov R, Wolfson HJ. FireDock: a web server for fast interaction refinement in molecular docking. Nucleic Acids Res 2008;36(Web Server issue):W229-32.
42. Lyskov S, Gray JJ. The RosettaDock server for local protein-protein docking. Nucleic Acids Res 2008;36(Web Server issue):W233-8.
43. Singh R, Park D, Xu J, Hosur R, Berger B. Struct2Net: a web service to predict protein-protein interactions using a structure-based approach. Nucleic Acids Res 2010;38(Web Server issue):W508-15.
44. Macindoe G, Mavridis L, Venkatraman V, Devignes MD, Ritchie DW. HexServer: an FFT-based protein docking server powered by graphics processors. Nucleic Acids Res 2010;38(Web Server issue):W445-9.
45. de Vries SJ, Bonvin AM. CPORT: a consensus interface predictor and its performance in prediction-driven docking with HADDOCK. PloS one 2011;6(3):e17695.
46. Jimenez-Garcia B, Pons C, Fernandez-Recio J. pyDockWEB: a web server for rigid-body protein-protein docking using electrostatics and desolvation scoring. Bioinformatics 2013;29(13):1698-9.
47. Resch W, Hoffman N, Swanstrom R. Improved success of phenotype prediction of the human immunodeficiency virus type 1 from envelope variable loop 3 sequence using neural networks. Virology 2001;288(1):51-62.
48. Chen J, Liu H, Yang J, Chou KC. Prediction of linear B-cell epitopes using amino acid pair antigenicity scale. Amino Acids 2007;33(3):423-8.
49. Saha S, Raghava GP. Prediction of continuous B-cell epitopes in an antigen using recurrent neural network. Proteins 2006;65(1):40-8.
50. Kulkarni-Kale U, Bhosle S, Kolaskar AS. CEP: a conformational epitope prediction server. Nucleic Acids Res 2005;33(Web Server issue):W168-71.
51. Haste Andersen P, Nielsen M, Lund O. Prediction of residues in discontinuous B-cell epitopes using protein 3D structures. Protein Sci 2006;15(11):2558-67.
52. Ponomarenko J, Bui HH, Li W, Fusseder N, Bourne PE, Sette A, et al. ElliPro: a new structure-based tool for the prediction of antibody epitopes. BMC Bioinformatics 2008;9:514.
53. Rubinstein ND, Mayrose I, Martz E, Pupko T. Epitopia: a web-server for predicting B-cell epitopes. BMC Bioinformatics 2009; 10: 287.
54. Liang S, Zheng D, Zhang C, Zacharias M. Prediction of antigenic epitopes on protein surfaces by consensus scoring. BMC Bioinformatics 2009;10:302.
55. Liang S, Zheng D, Standley DM, Yao B, Zacharias M, Zhang C. EPSVR and EPMeta: prediction of antigenic epitopes using support vector regression and multiple server results. BMC Bioinformatics 2010;11:381.
56. Sun J, Wu D, Xu T, Wang X, Xu X, Tao L, et al. SEPPA: a computational server for spatial epitope prediction of protein antigens. Nucleic Acids Res 2009;37(Web Server issue):W612-6.
57. Zhang W, Xiong Y, Zhao M, Zou H, Ye X, Liu J. Prediction of conformational B-cell epitopes from 3D structures by random forests with a distance-based feature. BMC Bioinformatics 2011;12:341.
58. Mahmoudi M, Khademi M, Mirsalehi M, Taherzadeh-Sani M, Azemi A, Naghibi MB. Determination of effective structures of antibodies in binding to DNA using artificial neural networks. Iranian Journal of Basic Medical Sciences 2004; 6(4):315–22. Persian
59. Taherzadeh M, Mirsalehi M, Khademi M, Mahmoudi M, Naghibi MB, Azemi A. Usage of the genetic algorithm and multi-layer perceptron to predict effective structures for antibody binding, Amirkabir 2004; 33(1). Persian
60. Abdi M, Saadatmand-Tarzjan M, Taherzadeh M, Haghparast A. The new algorithm for for determining antibodies effective to HIV using support vector machine. 1st National E-Conference of Technology Development on Electrical, Electronics and Computer Engineering; 2015 Feb 15; Mashhad: Ferdowsi University of Mashhad; 2015

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

61. Kunik V, Ashkenazi S, Ofran Y. Paratome: an online tool for systematic identification of antigen-binding regions in antibodies based on sequence or structure. Nucleic Acids Res 2012;40(Web Server issue):W521-4.
62. Olimpieri P, Chailyan A, Tramontano A, Marcatili P. Prediction of site-specific interactions in antibody-antigen complexes: the proABC method and server. Bioinformatics 2013; 29(18): 2285–91.
63. Krawczyk K, Baker T, Shi J, Deane CM. Antibody i-Patch prediction of the antibody binding site improves rigid local antibody-antigen docking. Protein Eng Des Sel 2013;26(10):621-9.
64. Asti L, Uguzzoni G, Marcatili P, Pagnani A. Maximum-Entropy Models of Sequenced Immune Repertoires Predict Antigen-Antibody Affinity. PLoS Comput Biol 2016;12(4):e1004870.

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]

Original Article

Journal of Health and Biomedical Informatics
Medical Informatics Research Center
2018; 5(1): 56-69

A Review of Prediction Methods of Interaction Sites of Antibody-Protein Complexes Based on Artificial Intelligence

Abdi Marzieh[1], Saadatmand-Tarzjan Mahdi[2]*, Taherzadeh-Sani Mohammad[3], Haghparast Alireza[4]

• **Received:** 21 Sep, 2017 • **Accepted:** 1 Mar, 2018

Introduction: Cancer is one of the most important health issues in the current and next centuries. Understanding the mechanism of interaction between antibody-protein residues is essential for designing targeted anticancer drugs based on monoclonal antibodies. Prediction of the effective structure is the first step for production of monoclonal antibodies.

Methods: This paper is a systematic review of the state-of-the-art researches on prediction of interaction sites and specification of antibody structures. Artificial neural networks or web servers are frequently used for evaluation of interaction sites while some researchers have employed evolutionary algorithms for prediction of the effective structure of antibodies. Accordingly, 14 methods based on the protein spatial structure, 28 researches based on the molecular amino-acide sequence (without usage of the spatial structure), and 18 antigen/antibody structure prediction techniques were reviewed.

Results: We demonstrated that the accuracy of structure-based methods can be increased up to 80% while the acuracy of sequence-based methods was rarely better than 75%. Since the spatial structure of many antibodies is unknown, some researchers raised the accuracy (even to 96%) by only antibody sequences able to interact with some similar antigens in training neural networks. Therefore, we suggest this approach for structure prediction of monoclonal antibodies because of its adequate high accuracy.

Conclusion: In this paper, after reviewing available methods for prediction of antibody-protein interaction sites, some suggestions were made for effective prediction of structure of monoclonal antibodies.

Keywords: Immunology, Monoclonal Antibodies, Antibody-Protein Complexes, Artificial Intelligence, Neural Networks

• **Citation:** Abdi M, Saadatmand Tarzjan M, Taherzadeh Sani M, Haghparast AR. A Review of Prediction Methods of Interaction Sites of Antibody-Protein Complexes Based on Artificial Intelligence. Journal of Health and Biomedical Informatics 2018; 5(1): 56-69.

1. M.Sc in Bioelectronc, Medical Imaging Lab, Department of Electrical Engineering, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran.
2. Ph.D in Bioelectronc, Assistant Professor, Medical Imaging Lab, Department of Electrical Engineering, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran
3. Ph.D in Electronic Engineering, Assistant Professor, Department of Electrical Engineering, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran
4. Ph.D in Pathobiology, Associate Professor, Department of Veterinary Medicine, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

***Correspondence**: Department of Electrical Engingeering, Faculty of Engineering, Ferdowsi University of Mashhad, Vakil-Abad Blv., 9177948974 Mashhad, Iran
• **Tel:** +98 51 3880 5137 • **Email:** saadatmand@um.ac.ir

[Downloaded from jhbmi.com on 2026-11-17]