

学术探讨

一种鉴定蛋白质突变和翻译后修饰的算法

谢靖宇, 谢深泉

湘潭大学 信息工程学院, 湖南 湘潭 411105

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 2007-9-20 接受日期

摘要 提出的MSA (Modified Spectral Alignment) 算法, 改进了SA (Spectral Alignment) 算法中D (k) 和k-最佳Spectral Alignment的求解方式, 并在算法中引入“双端考虑”。实验结果数据表明, MSA算法有效地提高了鉴定含突变或翻译后修饰的蛋白质的能力。

关键词 [蛋白质](#) [翻译后修饰](#) [突变](#) [MSA算法](#)

分类号

Algorithm identifying mutations and post-translational modification of protein

XIE Jing-yu, XIE Shen-quan

College of Information Engineering, Xiangtan University, Xiangtan, Hunan 411105, China

Abstract

The algorithm MSA is presented in this paper, which improved the way to compute D (k) and k-optimal Spectral Alignment of SA algorithm and took into account simultaneous analysis of N-terminal and C-terminal ions. The experiment result data shows that efficiently improves the capability of identifying proteins containing mutations or post-translational modifications.

Key words [protein](#) [Post-translational Modification](#) [mutation](#) [MSA algorithm](#)

DOI:

通讯作者 谢靖宇 [E-mail: shenquanx@yahoo.com.cn](mailto:shenquanx@yahoo.com.cn)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1419KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [复制索引](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“蛋白质” 的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [谢靖宇](#)

· [谢深泉](#)