نموذج (I)

بيانات عن بحث مقدم للترقية
البحث العاشر (فردي)

عنوان البحث	**TMAC: an automated text mining tool for construction of an annotated corpus to support protein-protein interaction information extraction** **TMAC: أداة أليه لمعالجة النصوص لبناء نصوص ذات حواشي لدعم استخراج المعلومات الخاصه بتفاعلات البروتينات**
أسماء المؤلفين	**رانيا أحمد عبد العظيم عبد الرحمن – بحث منفرد**
اسم المجلة	**Proc. 2nd International Conference on Computer Technology and Development ,ICCTD2010, Cairo, Egypt**
رقم المجلد والعدد	**Proceeding, IEEE explore**
تاريخ النشر	**November 2-4, 2010.**
الملخص باللغة العربية	**استخراج المعلومات الخاصه بتفاعلات البروتينات من النصوص الطبية الحيوية هو موضوع هادف في علوم البروتين . مجموعات النصوص المشروحة المبين فيها اسمي البروتينات مهمة لتطوير وتقييم أنظمة استخلاص المعلومات الخاصه بتفاعلات البروتينات من النصوص .ولذلك فمن المهم بناء أداة لمعالجة النصوص للتعرف على وتحيدي المعلومات الخاصه بتفاعلات بين البروتينات وبعضها من النصوص.هذا البحث قدم نظام TMAC الذي تم انشائه بلغة البرمجه Java .** **TMAC توضح أسماء البروتين و تفاعلات البروتينات في النصوص الطبية الحيوية مستخدما مزيج من القواعد المصممة بعناية و معجم أسماء البروتينات .النظام المقترح قادر على توحيد طريقة ظهور اسماء لببوتينات وتفاعل البروتينات التي وجدت في النصوص مع تقديم مرجع لكل منهما لقواعد البيانات المناسبة .وينقسم النظام المقترح إلى وحدتين .الوحدة الأولى هي تحديد وتوحيد اسماء البروتينات والجينات وخلافه في النصوص .,الوحدة الثانية هي تحديد الكلمات التفاعليه التي ستضمن حدوث التفاعل بين البروتينات . وقد حقق النظام المقترح في المتوسط دقة بنسبة ٨٥.٢ ٪ ، وقد حقق نسبة استدعاء تقدر ب ٧٦.٧ ٪ لعملية تحديد أسماء البروتينات . وقد حقق النظام المقترح في المتوسط ٨٨.٢ دقة بنسبة ٪ ، وقد حقق نسبة استدعاء تقدر ب ٧١.٨ ٪ لعملية أستخراج المعلومات الخاصه بتفاعل البروتينات وبعضها و عملية تحديد الهوية. النظام المقترح هو نظام مرن ويمكن استخدامه كتطبيق مستقل أو يمكن إدراجه في عمل نظم أستخراج النصوص بشكل عام.**