

عنوان مقاله:

کنترل شبکه های تنظیم کننده ژن P53 مبتنی بر یادگیری تقویتی عمیق و کاربرد آن در بیماری سرطان

محل انتشار:

نهمین کنگره مشترک سیستم های فازی و هوشمند ایران (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

علی صالحی - گروه مهندسی کامپیوتر، قطب علمی رایانش نرم و پردازش هوشمند اطلاعات، دانشگاه فردوسی مشهد

محمدرضا اکبرزاده توتونچی - گروه مهندسی برق، قطب علمی رایانش نرم و پردازش هوشمند اطلاعات، دانشگاه فردوسی مشهد

علیرضا روحانی منش - گروه مهندسی برق، دانشگاه نیشابور

خلاصه مقاله:

شبکه های تنظیم کننده ژن (GRN) مجموعه ای از تنظیم کننده ای مولکولی بیان DNA هستند که با یکدیگر و سایر مواد سلول برهم کنش دارند. این شبکه مسئولیت کنترل فرایند عمرکرد سلولی را بر عهده دارد و با تنظیم نرخ تبدیل ژن به mRNA، به طور غیرمستقیم روی ترجمه پروتئین اثر می گذارد در پزشکی مولکولی، GRN ها نقشی اساسی در شناخت جاذب های ۳ بیماری و سلامتی دارند، و همچنین ساز و کار بیماری را از طریق روش های درمانی برای سوق دادن جاذب های سلامتی کنترل می کنند. از نگاه مدل سازی محاسباتی، GRN را می توان به صورت شبکه ای از سیستم های پویای غیر خطی در نظر گرفت که دارای رفتارهای تصادفی و ناپایستا هستند. شبکه های عصبی عمیق (FQ(DQN) نسخه ای از یادگیری تقویتی عمیق هستند که در آن تابع Q توسط شبکه های عصبی عمیق تقریب زده می شوند. در اکثر روش های موجود قابلیت پیاده سازی سیاست کارگزار، پیچیدگی و عدم قطعیت در GRN ها کمتر مورد توجه قرار گرفته است. لذا در این مقاله قصد داریم تا سیاست درمانی هوشمندی مبتنی بر DQN برای شبکه دودویی تنظیم کننده ژن P53 به گونه ای ارائه کنیم تا با در نظر داشتن محدودیت های کنش در دنیای واقعی، کارگزار از مقاومت کافی در مواجهه با عدم قطعیت بر خوردار باشد. نتایج حاصل نشان می دهد که با افزایش نرخ اغتشاش شبکه P53، درصد ماندگاری در ژن caspase که منجر به مرگ سلول سرطانی می شود به ترتیب برابر با ۹۹.۸٪، ۹۷.۸۵٪، ۹۶.۷٪، و ۹۵.۰۵٪ است

کلمات کلیدی:

شبکه های تنظیم کننده ژن، یادگیری تقویتی عمیق، شبکه های عصبی عمیق Q-P53، سرطان

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1436426>

