

عنوان مقاله:

Presenting a Meta-Heuristic Algorithm to Detect Regulatory Elements in the Genome of Breast Cancer Patients

محل انتشار:

مجله علوم پیشرفته زیست پزشکی، دوره 10، شماره 1 (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 11

نویسندگان:

محمدجواد حسین پور - Department of Computer Engineering, Yasooj Branch, Islamic Azad University, Yasooj, Iran

حمید پروین - Department of Computer Engineering, Nourabad Mamasani Branch, Islamic Azad University, Nourabad - Mamasani, Iran

صمد نجاتیان - Department of Electrical Engineering, Yasooj Branch, Islamic Azad University, Yasooj, Iran

وحیده رضائی - Department of Mathematics, Yasooj Branch, Islamic Azad University, Yasooj, Iran

کرم الله باقری فرد - Young Researchers and Elite Club, Yasooj Branch, Islamic Azad University, Yasooj, Iran

خلاصه مقاله:

زمینه و هدف: امروزه در دانش پزشکی، روش‌های تشخیص علائم و کشف بیماری‌ها، بسیار وسیع و گسترده شده است. در نتیجه، تحلیل کلیه عوامل دخیل در یک بیماری، اغلب چالش‌برانگیز است؛ بنابراین به یک سیستم مکانیزه برای کمک به کشف قوانین، شناسایی الگوهای موجود و پیش بینی رخ داده‌های آینده، کاملا احساس می‌شود. در این تحقیق قصد داریم با استفاده از یک الگوریتم فراابتکاری چندهدفه، روشی را ارائه کنیم که بتواند توالی‌های تنظیمی (Regulatory Elements) با طول متغیر از ژنوم را کشف و استخراج کرده و برهم‌کنش‌های بین آن‌ها را نیز شمارش کند. در واقع این توالی تنظیمی می‌توانند نقش قابل توجهی در بروز و تشدید بیماری سرطان ایفا کنند. مواد و روش‌ها: در این پژوهش، از یک متد پیشنهادی جهت کشف توالی تنظیمی در ژنوم بیمار مبتلا به سرطان سینه استفاده شده است. متد پیشنهادی در نرم‌افزار Matlab پیاده‌سازی شده است. همچنین، جهت سنجش عملکرد و کارایی روش پیشنهادی، الگوریتم موردنظر بر روی مجموعه داده‌های Hi-C (Hi-C Dataset) مربوط به بیماران مبتلا به سرطان سینه در دو رده سلول خونی ۱۲۸۷۸GM و ۳۴CD+ معرفی شده توسط میفسود و همکاران، اجرا گردید. نتایج: اجرای روش پیشنهادی با روش HiCUP مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج نشان می‌دهند که روش MSARE در کشف توالی‌های تنظیمی، عملکرد بهتری را نسبت به روش HiCUP داشته است. نتیجه گیری: در این پژوهش، بررسی‌های تجربی نشان می‌دهند که دو پروموتور ۶BLC و HOTTIP کشف‌شده توسط روش پیشنهادی در هر دو سلول خونی ۱۲۸۷۸GM و ۳۴CD+ در بروز و تشدید بیماری سرطان سینه تاثیر معنی‌داری داشته‌اند.

کلمات کلیدی:

Regulatory Elements, Meta-Heuristic Algorithm, BLC6 Promoter, HOTTIP Promoter, سرطان سینه, HiCUP, الگوریتم فراابتکاری, پروموتور ۶BLC, پروموتور HOTTIP.

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1702501>



