

عنوان مقاله:

ارائه الگوریتمی بهینه جهت تعیین نواحی کدکننده پروتئین در توالی DNA

محل انتشار:

اولین کنفرانس بازشناسی الگو و پردازش تصویر ایران (سال: 1391)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

حمیدرضا صابرقاری - دانشگاه صنعتی سهند، دانشکده برق، تبریز

موسی شمسی - دانشگاه صنعتی سهند، دانشکده برق، تبریز

محمدحسین صدافی - دانشگاه صنعتی سهند، دانشکده برق، تبریز

خلاصه مقاله:

شناسایی نواحی کدکننده پروتئین در ژنها با استفاده از ابزارهای پردازش سیگنال در سالهای اخیر به چالشی در بیوانفورماتیک تبدیل شده است. بسیاری از روشهای پردازش سیگنالهای ژنومیک بر مبنای خاصیت تناوب-3 بازهای موجود در رشتههای متمرکز بوده و سپس تحلیلهای طیفی به منظور یافتن موقعیت مولفههای متناوب بر روی توالیهای عددی DNA اعمال میشود. در این مقاله الگوریتمی بهینه بر مبنای ترکیب DFT و تبدیل موجک پیوسته به منظور شناسایی نواحی کدکننده پروتئین در توالی DNA ارائه میکنیم. همچنین اثر پنجرههای مختلف در حذف نویز پسزمینه بررسی میشود. نتایج شبیهسازی بر روی چند ژن نشان میدهد که با استفاده از الگوریتم پیشنهادی می توان موقعیت اکسونها را در توالی DNA به خوبی آشکار نمود

کلمات کلیدی:

نواحی کدکننده پروتئین، تناوب-3، تبدیل موجک پیوسته، اکسون

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/275909>

