

عنوان مقاله:

مدلسازی شبکه های تنظیم کننده ژنی با استفاده از شبکه های بیزی دینامیک

محل انتشار:

دومین کنفرانس ملی رویکردهای نوین در مهندسی کامپیوتر و برق (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

علیرضا قهرمانی برندق - گروه مهندسی پزشکی، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز، ایران

سیامک حقی پور - گروه مهندسی پزشکی، واحد تبریز، دانشگاه آزاد اسلامی، تبریز، ایران

حنیف یعقوبی - گروه مهندسی پزشکی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

خلاصه مقاله:

کشف فعل و انفعالات بین ژنها یکی از مسائل کلیدی در درک رفتار سلولی است. مدلسازی شبکه های تنظیم کننده زنی می تواند در بسیاری از کاربردهای پزشکی و بیولوژی مولکولی مانند تشخیص مسیرهای متابولیکی و کشف دارو مورد استفاده قرار می گیرد. شناسایی این شبکه ها از داده های سری زمانی میکرو آرایه یکی از مسائل کلیدی در بیوانفورماتیک است. تاکنون روش های مختلفی برای مدلسازی شبکه های تنظیم کننده ژنی از داده های سری زمانی میکروآرایه ارائه شده است. با توجه به ماهیت تصادفی داده های میکروآرایه و ماهیت احتمالاتی شبکه های بیزی دینامیک، در این مقاله از این روش برای مدلسازی روابط علی بین ژنها استفاده شده است. این شبکه ها توانایی کار با متغیرهای پیوسته (متغیرهایی که به دو یا چند سطح گسسته سازی نشده اند) را دارند و بنابراین قادر به اخذ اطلاعات زمانی و مدلسازی پدیده های وابسته به زمان می باشند. در این مقاله برای سازگاری مدل با وابستگی غیرخطی بین متغیرها از مدل تعمیم یافته شبکه های گوسی استفاده شده است. همچنین برای جستجو در فضای ساختارها از روش جستجوی اکتشافی k2 استفاده شده است. در بسیاری از کارهایی که از این شبکه ها برای مدلسازی شبکه های ژنتیکی استفاده شده، تاخیر زمانی مرتبه اول (فرض مارکوف مرتبه اول) در مورد ارتباطات بین ژنها در نظر گرفته شده است و ما نیز در این مقاله این فرض را لحاظ کرده ایم.

کلمات کلیدی:

بیوانفورماتیک، شبکه های تنظیم کننده ی ژنی، داده های سری زمانی میکروآرایه، شبکه های بیزی دینامیک، الگوریتم k2

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/522699>

