

## عنوان مقاله:

مقایسه تحلیلی روشهای تشخیص ژن های وابسته در فرآیند پیری و ارایه یک مدل مناسب برای آن

## محل انتشار:

کنفرانس بین المللی مهندسی و علوم کامپیوتر (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 12

## نویسندگان:

مرتضی شیرانی - دانشکده مهندسی کامپیوتر، واحد نجف آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، نجف آباد، ایران

محمدحسین ندیمی - دانشکده مهندسی کامپیوتر، واحد نجف آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، نجف آباد، ایران

## خلاصه مقاله:

علیرغم پیشرفت زیاد در مورد تحقیقات پیر شدن، پیری هنوز هم تا حد زیادی فرآیندی است که خصوصا در انسانها به خوبی درک نشده است. فرآیند پیری بزرگترین عامل خطر در بسیاری از بیماریها از جمله انواع سرطان، بیماری های قلبی، هیپاتیت می باشد. در این مقاله تعدادی از الگوریتم های معروف طبقه بند مانند KNN, ANN, C4.5, CART برای تشخیص ژنهای وابسته در فرآیند پیری مورد بررسی قرار گرفته و میزان صحت آنها با یکدیگر مقایسه شده است. میزان صحت بدست آمده از تمامی این طبقه بندها روی شانزده مجموعه دادگان مختلف مورد ارزیابی قرار گرفته است. نتایج ارزیابی نشان میدهد که الگوریتم CART بالاترین میزان صحت 90/24 و الگوریتم Naive Bayes کمترین میزان صحت 27/50 را داشت.

## کلمات کلیدی:

فرآیند پیری، ژن ترمیم DNA، تکنیک های طبقه بند داده کاوی، معیار صحت

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/648276>

