

عنوان مقاله:

ارایه یک چارچوب جدید مبتنی بر آنتولوژی ژن در روش خوشه بندی همپوشان برای داده های بیان ژنی

محل انتشار:

سومین کنفرانس ملی محاسبات توزیعی و پردازش داده های بزرگ (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 9

نویسنده:

منصوره میرزایی - استادیار گروه مهندسی کامپیوتر، دانشکده فنی و مهندسی گلیپایگان، اصفهان

خلاصه مقاله:

یکی از محدودیتهای روشهای سنتی برای خوشه بندی داده های بیان ژن، یافتن خوشه های مجزا است که هدف نهایی اغلب این الگوریتمها میباشد. در حالیکه خوشه های همپوشان با دقت بالا در درک تعاملات صحیح مابین ژنها و یافتن شبکه های ژنی قابل اطمینان نقش مهم و بسزایی دارند، در این مقاله الگوریتم OverDBC، که یک روش خوشه بندی مبتنی بر چگالی جدید برای مدلسازی خوشه های همپوشان است، با مفهوم آنتولوژی ژن توسعه داده می شود. این الگوریتم لیست هایی از ژنهای مشابه را با در نظر گرفتن سطوح بیان آنها ایجاد میکند که این امر ممکن است لزوما دانش قبلی را منعکس نکند. بنابراین نیاز به تمرکز بر روی روشهایی است که اطلاعات تشابه بدست آمده از آنتولوژی ژن را برای پشتیبانی تحلیل بیان ژن مبتنی بر خوشه بندی، تجمیع کند. با ترکیب دانش آنتولوژی ژن و داده های همبستگی بیان ژن برای این روش خوشه بندی، می توان ناسازگاریها را به حداقل رساند و نزدیکترین نقاط را در یک خوشه قرار داد. نتایج ارزیابی خوشه ها و همچنین شبکه های ژنی استخراج شده نشان می دهد که ترکیب اطلاعات آنتولوژی ژن با پارامتر فاصله ساختاری، منجر به بهبود نتایج خوشه های همپوشان میشود.

کلمات کلیدی:

خوشه های همپوشان، داده های بیان ژن، شبکه های ژنی، آنتولوژی ژن

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/649170>

