

عنوان مقاله:

ارایه یکالگوریتم بهینه غیر بازگشتی برای مسیله هم ترازی دنباله ی DNA هومولوگ

محل انتشار:

دومین کنفرانس ملی کامپیوتر، فناوری اطلاعات و کاربردهای هوش مصنوعی (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

ستایش صادقی - ارشد نرم افزار

امین گلاب پور

خلاصه مقاله:

مطالعه بر روی ساختار زیستی DNA از مسایل مهم در بیولوژی است. به دلیل پیچیده و طویل بودن ساختار زیستی و همچنین بزرگ بودن داده های مورد مطالعه، برای بررسی خواص این نوع داده به الگوریتم های کارایی نیاز هست. یکی از شاخه های این مطالعات، الگوریتم هایی هستند که برای بررسی میزان شباهت و تطبیق این دنباله ها به کار می روند. مسیله تطبیق می تواند بین دو دنباله مطرح شود. در این حالت تطبیق دوگانه 1 نام دارد این مسیله مشابه مسیله یافتن کمترین میزان تغییرات ممکن برای تبدیل یک دنباله به دنباله ی دیگر است که از برنامه سازی پویا استفاده می شود روش های ارایه شده برای پیدا کردن هم ترازی دنباله ی DNA الگوریتم های بازگشتی و به دلیل طولانی بودن کد DNA با مشکل کمبود پشته الگوریتم موجود می شود در این پژوهش یک الگوریتم غیر بازگشتی با زمان چند جمله ای ارایه می شود که دارای زمان اجرا خطی است.

کلمات کلیدی:

هم تراز دنباله، الگوریتم غیر بازگشتی، DNA

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/849129>

