

عنوان مقاله:

فشرده سازی سیگنال های ژنوم با کمک حسگری فشرده و کاربرد آن در مقایسه دنباله های ژنی

محل انتشار:

فصلنامه مهندسی برق دانشگاه تبریز، دوره 49، شماره 1 (سال: 1398)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسندگان:

محمود طوماری - گروه برق و کامپیوتر - دانشکده مهندسی - دانشگاه زنجان

سپیده جباری - گروه برق و کامپیوتر - دانشکده مهندسی - دانشگاه زنجان

خلاصه مقاله:

تحلیل توالی های ژنی نقطه شروع درک عملکرد ارگانیسم های بیولوژیکی است. در سال های اخیر، هزینه های توالی برداری ژن به شدت کاهش یافته است و مقدار زیادی از داده های ژنومی در حال تولید هستند. از طرفی، هزینه حافظه ذخیره سازی، پردازش و انتقال این داده ها در حال افزایش است. پردازش این حجم عظیم اطلاعات بیشتر توسط روش های کاراکتر مبنای صورت می گیرد که زمان بر است. ظرفیت های بالقوه فراوانی برای مقابله با این چالش ها در حوزه پردازش سیگنال وجود دارد. بنابراین، نگاه سیگنالی به دنباله های ژنی، پردازش سیگنال ژنوم و فشرده سازی آن می تواند مفید واقع شود. فشرده سازی سیگنال ها هزینه برای آنالیز، فضای حافظه برای ذخیره سازی، پهنای باند برای مبادله و زمان مورد نیاز برای تحلیل را کاهش می دهد. در این مقاله ابتدا دنباله های ژنی کاراکتری به صورت سیگنالی بیان شدند. سپس، سیگنال های ژنومی حاصل توسط روش حسگری فشرده مبتنی بر یادگیری بیزین فشرده سازی شدند. توانایی روش در بازسازی سیگنال های فشرده شده با استفاده از معیارهای PRD و NMSE مورد بررسی قرار گرفت. سپس به منظور مقایسه و بررسی مشابهت دنباله ها، درختچه فیلوژنتیک از روی سیگنال های فشرده شده با نرخ 75% رسم شد. نتایج نشان دادند که مقایسه دنباله ها با روش سیگنال مبنای صرف زمان بسیار کمتر 1.2853 ثانیه در مقایسه با روش کاراکتر مبنای با زمان 126 ثانیه صورت می گیرد.

کلمات کلیدی:

توالی ژن، فشرده سازی، حسگری فشرده، پردازش سیگنال ژنوم، یادگیری بیزین، درختچه فیلوژنتیک

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/890052>

