

عنوان مقاله:

آنالیز بیان ژن های سلول با استفاده از Support Vector Machines

محل انتشار:

اولین کنفرانس داده کاوی ایران (سال: 1386)

تعداد صفحات اصل مقاله: 11

نویسندگان:

امیرحسین اسدی - دکتری ریاضیات، دانشگاه ویسکانسین - مدیسون، آمریکا

حسام الدین ترابی دشتی - دانشجوی مقطع کارشناسی ارشد علوم کامپیوتر، دانشگاه تهران

نسیم جمالی - مهندسی نرم افزار، مرکز عالی بیوماتماتیک، دانشگاه تهران

خلاصه مقاله:

آنالیز رفتار سلول های موجودات زنده به منظور ادراک فرآیندهای حیاتی سلول یکی از مهم ترین مسائل مطرح در زمینه تحقیقاتی بیوانفورماتیک به شمار میرود. از آنجا که رفتارهای گوناگون سلول از طریق تغییر مقدار کپیبرداری از ژن هایش - که به آن بیان ژن میگویند - صورت می پذیرد، آنالیز رفتار سلول از طریق بررسی بیان ژن های سلول صورت میگیرد. در مورد تغییر مقدار بیان ژن، نکته حائز اهمیت، تأثیر تغییر بیان یک ژن بر مقدار بیان سایر ژن هاست. تحقیقات زیست - شناسان در این زمینه، نشان داده است که این تأثیر به صورت گروهی صورت میپذیرد. این بدان معنی است که تغییر بیان دسته ای از ژن ها باعث تغییر بیان ژن دسته یا دسته های دیگری از ژن ها میگردد. این تأثیرات به صورت سلسله مراتبی به سایر دسته ژن ها [۴۵] نیز منتقل میگردد. به عنوان مثال افزایش (کاهش) مقدار بیان ژن های دسته A باعث افزایش (کاهش) مقدار بیان ژن های دسته B میگردد؛ که این تغییر، خود بر مقدار بیان ژن های دسته C میتواند تأثیر گذار باشد و این سلسله تأثیرگذاری ها ادامه پیدا میکند. این مثال بیانگر درجه ی اهمیت تشخیص گروه ژن های تأثیر گذار بر یکدیگر در آنالیز رفتار سلول میباشد. گروه بندی ۵ ژن هایی که تأثیر یکسان بر سایر ژن ها دارند یا به عبارت دیگر هم رفتارند، از طریق بررسی مکاشفهای میزان تغییر بیان هر یک از ژن ها صورت میگیرد. از آنجا که تأثیر بیان ژن ها بر یکدیگر نیازمند گذر زمان است، بررسی تغییر بیان ژن ها بر یکدیگر، نیازمند آنالیز یک سری زمانی از مقدار بیان ژن ها می باشد. متد محاسباتی ارائه شده در این مقاله بر پایه Support Vector Machines به گروه بندی ژن های هم رفتار میپردازد. این متد بر روی پایگاه دادهای از مقدار بیان ۷۲۰۰ ژن در ۳ حالت مختلف سلول که از ۱۱ مورد اندازه گیری بیان ژن ها به دست آمده، آزمایش گردید. بیان ژن ها از سلول های مبتلا به بیماری پارکینسون جمع آوری شده است و سه حالت فوق مربوط به سلول سالم، سلول بیماری که داروی پرگولاید ۶ روی آن آزمایش گردیده و حالت آخر مربوط به زمانی است که دارو های پرگولاید و کینسترین ۷ بر روی بدن بیمار آزمایش گردیده اند. نتایج بدست آمده از این تحقیق نشان میدهد که الگوریتم طراحی شده، ۸۹٪ گروه بندی زیست شناسان - که بر پایه اطلاعات آزمایشگاهی میباشد - را به درستی تشخیص داده و همچنین گروه بندیهای جدید و سلسله مراتبهای جدیدی را نیز استخراج نموده است.

کلمات کلیدی:

گروه بندی، بیان ژن ها، مسیر تأثیرگذاری ژن ها، Support Vector Machine

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/33018>



