

## عنوان مقاله:

تطبیق دنباله های DNA با استفاده از الگوریتم ژنتیک

## محل انتشار:

اولین همایش ملی فناوریهای نوین در علوم مهندسی (سال: 1389)

تعداد صفحات اصل مقاله: 12

## نویسندگان:

سمانه نوفرستی - دانشجوی کارشناسی ارشد گروه کامپیوتر دانشگاه آزاد اسلامی واحد مشهد

قمرناز تدین تبریزی - عضو هیات علمی گروه کامپیوتر دانشگاه آزاد اسلامی واحد مشهد

حسین دلداری - عضو هیات علمی گروه کامپیوتر دانشگاه فردوسی مشهد

## خلاصه مقاله:

تطبیق دنباله ها یکی از مسائل مهم در زمینه تحلیل های زیستی می باشد که می تواند به صورت سراسری یا محلی صورت گیرد و برای این منظور می توان از روش های مختلفی همچون برنامه نویسی پویا و الگوریتم ژنتیک استفاده کرد. در روش برنامه نویسی پویا با افزایش تعداد دنباله ها برای تطبیق، هزینه محاسبات و پیچیدگی زمانی و مکانی به صورت نمایی افزایش می یابد به همین دلیل یکی از روش هایی که اخیراً به منظور تطبیق دنباله ها توسعه داده شده است، الگوریتم ژنتیک می باشد. در این مقاله، تطبیق سراسری دنباله های DNA با استفاده از الگوریتم ژنتیک مطرح شده است و بر این اساس یک الگوریتم پیشنهادی ارائه شده که قابلیت توسعه برای تطبیق چندین دنباله را دارد. با تطبیق دنباله ها می توان میزان شباهت آن ها و نواحی همسان و غیر همسان را شناسایی کرد. نتایج حاصل از تطبیق می تواند در زمینه های مختلف علوم ژنتیک همچون تشخیص سلول های سالم از سلول های سرطانی، تشخیص رنگ چشم و ... استفاده شود. نتایج تجربی بدست آمده نشان می دهد، روش پیشنهادی نسبت به روش GAPSA قادر به یافتن تطبیق های بیشتری می باشد.

## کلمات کلیدی:

الگوریتم ژنتیک، برنامه نویسی پویا، بیوانفورماتیک، تطبیق دنباله

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/84379>

