



ID: P-105

پیش بینی رفتار ویروس آنفلوانزا با استفاده از الگوریتم‌های دنباله‌کاوی

۴۸

منصور ابراهیمی ۱، فائزه کریمی جعفری ۲*

۱ دکترای بیوانفورماتیک، دانشگاه قم، ۲* کارشناسی ارشد مهندسی فناوری اطلاعات، دانشگاه قم
faezeh.krm@gmail.com

آنفلوانزا یک بیماری واگیردار و خطرناک بوده که آمار مرگ و میر ناشی از آن به ویژه در کشورهای آمریکایی بسیار تکان دهنده است. یکی از راه‌های پیشگیری از این تلفات گسترده، ساخت واکسن است. اما از آنجایی که این ویروس در اثر تغییرات فصلی یا تغییر محل با جهش مواجه می‌گردد، یعنی سویه آن تغییر می‌کند، بنابراین واکسن‌ها خاصیت خود را از دست می‌دهند و غیرقابل استفاده می‌گردند. در اصل در اثر این جهش در نوع پروتئین هم‌گلوتینین یا نورامینداز این ویروس تغییر حاصل می‌گردد. هم‌گلوتینین‌ها به ۱۶ دسته طبقه‌بندی می‌شوند که کشف الگوهای تغییر بین این گروه‌ها، هدف محققین برای ساخت واکسن بوده است. در این تحقیق ابتدا تکنیک دنباله‌کاوی و انواع آن شرح داده می‌شود، سپس الگوریتم Fournier-Viger که تغییر یافته روش prefixspan است و علت به کارگیری آن بر روی این پایگاه داده بیان خواهد شد. سپس نتایج حاصله و الگوهای استخراجی از این الگوریتم، با اعمال بر روی داده‌های مربوط به کلیه سویه‌های ویروس آنفلوانزا در سطح جهان بدست خواهد آمد. لازم به ذکر است پایگاه داده مورد بررسی به صورت رکوردهایی از شهرهای سراسر دنیا است و برای نتایج نهایی یک مقدار support به عنوان نسبت دنباله‌های دارای الگوی مورد نظر به کل دنباله‌ها، بدست آمده است.

کلمات کلیدی: دنباله‌کاوی، جهش، هم‌گلوتینین، آنفلوانزا

