



سازمان اسناد و کتابخانه ملی جمهوری اسلامی ایران

سرشناسه	: رمضانی پور، نفیسه، ۱۳۶۱ -
عنوان و نام پدیدآور	: متدی نوین در فشرده سازی دنباله DNA با استفاده از نمایش بازی آشوب موازی/ مولف نفیسه رمضانی پور.
مشخصات نشر	: تهران: ستیجش و دانش، ۱۳۹۶.
مشخصات ظاهری	: ۷۶ص.
شابک	: 978-600-469-471-1
وضعیت فهرست نویسی	: فیا
موضوع	: الگوریتم های ژنتیک
موضوع	: Genetic algorithms
موضوع	: محاسبات تکاملی
موضوع	: Evolutionary computation
موضوع	: زیست شناسی محاسباتی
موضوع	: Computational biology
رده بندی کنگره	: QAT۰۲/۵/۸م۲ ۱۳۹۶
رده بندی دیویی	: ۰۰۵/۱
شماره کتابشناسی ملی	: ۵۰۹۰۰۸

متدی نوین در

فشرده سازی دنباله DNA با استفاده از نمایش بازی آشوب موازی

مؤلف:	نفیسه رمضانی پور
ناشر:	انتشارات ستیجش و دانش
تیراژ:	۵۰ نسخه
نوبت چاپ:	اول، ۱۳۹۶
شابک:	۹۷۸-۶۰۰-۴۶۹-۴۷۱-۱

آدرس: خ دانشگاه - تقاطع روانمهر - ساختمان ستیجش و دانش پ ۱۲۶

۲۳۰۰۰ تومان

کلیه حقوق مادی و معنوی این اثر محفوظ می باشد.

فهرست مطالب

فصل اول.....	۹
مقدمه ای بر رشد سریع دنباله های DNA، چالشها و راهکار ها.....	۹
مقدمه	۱۰
۱-۲- بیان مسأله.....	۱۱
۱-۳- اهمیت و ضرورت تحقیق.....	۱۴
۱-۴- اهداف تحقیق.....	۱۴
- راهنمای فصل های آینده.....	۱۵
فصل دوم	۸
مروری بر مفاهیم پایه و پیشینه راهکار های ارائه شده در زمینه فشردن سازی DNA	۸
۱-۲- مقدمه	۹
۲-۲- تعاریف عملیاتی	۹
۲-۲-۲- نمایش بازی آشوب	۱۰
۲-۲-۳- تکرار نمایش بازی آشوب	۱۱
۲-۲-۴- فشردن سازی	۱۱
۲-۲-۵- فشردن سازی با ائتلاف	۱۱
۲-۲-۶- فشردن سازی بدون ائتلاف	۱۲
۲-۲-۷- شباهت درون رشته ای	۱۲
۲-۲-۸- شباهت بین رشته ای	۱۳
۲-۳- الگوریتم های نمایش بازی آشوب	۱۴
گام های الگوریتم:	۱۴
گام های ساخت CGR برای پروتئین:	۱۹
۲-۴- الگوریتم های استاندارد فشردن سازی	۲۴
۲-۵- الگوریتم های مبتنی بر جانشینی یا مبتنی بر دیگسزنی	۲۵
۲-۶- الگوریتم های آماری	۲۷
۲-۷- الگوریتم های ارجاعی	۲۸
۲-۸- الگوریتم های تبدیلی	۲۹
۲-۹- الگوریتم های مبتنی بر گرامر	۲۹
۲-۹-۱- الگوریتم Sequitur	۳۰
۲-۱۰- الگوریتم های مبتنی بر دو بیت	۳۲
۲-۱۱- الگوریتم فشردن سازی دنباله DNA با استفاده از شباهت سومین حرف کد های سه تایی	۳۷
۲-۱۲- الگوریتم های فشردن سازی متن	۳۸
۲-۱۲-۱- کدگذاری طول اجرا	۳۸
۲-۱۲-۲- الگوریتم فشردن سازی عمودی متن به صورت هگزادسیمال	۳۹
۲-۱۲-۳- مدل بیتی	۴۰

۴۱	۲-۱۲-۴- الگوریتم فشرده سازی متن براساس دیکشنری موجود
۴۲	۲-۱۳- الگوریتم فشرده سازی LZW
۴۵	۲-۱۴- الگوریتم فشرده سازی هافمن
۴۷	۲-۱۵- جمع بندی
۴۶	فصل سوم
۴۶	معرفی روشی نوین در فشرده سازی DNA با استفاده از نمایش بازی آشوب موازی (PCGR)
۴۷	۳-۱- مقدمه
۴۷	۳-۲- مسائل حل نشده در فشرده سازی DNA
۴۸	۳-۳- نمایش بازی آشوب
۵۱	۳-۴- دیاگرام الگوریتم PCGR
۵۲	۳-۵- فرایند الگوریتم PCGR
۵۲	۳-۵-۱- مرحله اول اجرای PCGR _۳ به صورت موازی
۵۲	۳-۵-۲- مرحله دوم جاگزینی و ساخت دیکشنری
۵۲	۳-۵-۳- مرحله سوم کد گذاری هافمن به صورت موازی
۵۲	۳-۴-۵- مرحله چهارم ساخت Structure
۵۳	۳-۶- ویژگی های الگوریتم PCGR
۵۳	فصل چهارم
۵۳	بررسی و مقایسه نتایج PCGR با سایر الگوریتم های معروف فشرده سازی DNA
۵۴	۴-۱- مقدمه
۵۴	۴-۲- نتایج الگوریتم پیشنهادی بر روی رشته های DNA محک
۵۸	۴-۳- جمع بندی نهایی
۶۲	منابع