

1395, 9, 10

## IPM

دلتا توسر

## Information Theory

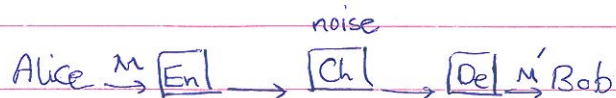
تصنيف الطوائف

## Shannon Theory

دو قسمی و مجردی در باره‌ی وجود کدهای ابره‌آل

اسفل (ثالثه)

فصل در ساری



کدامبره ال؟

کدام اول سے حد تک تیرین رضای اسعالم سے و تیرین علیا

Bioinformatic: Central Dogma : سلسلہ

مثال : واحدہ (تلم) سے دو درجہ اور گھٹا کر آد (g)

✓  
نظمِ دُورِ حیات سے Reproduction

۱۲) اس میں درج کیے گئے حروف، حلال کدو کے پتے پر جان جائیں گے۔

↓ ازین سلسلہ سے تدریس (درسی سلسلہ) مختلف  
ایہادالیہ : شرونیٹر سے "خیات حسبت" ۸

احتمالاً رسته ای با اربطین وجود دارد در سلول حاصل  
دری از صفحه و مساحت DNA سه است.

## Central Dogma

DNA در یک کانال ریزی مجامعه می شود و این کانال نوز دارد.

(آلودگی یک موج ریزه شبیه جان انعام پیام در کانال است.)

## Self-Organization of Cells

دقت در بهای یک موضوع صحبت در قسم، اطلاعات دریافت از آن، احتمال وقوع این واقعه را بهای علمی دارد.

احتمال طوفان

(1)

(4)

$$I, P, I_{(p)} \text{ ابتدائی شرائط, } I(1) = 0, I: (0, 1] \xrightarrow{\text{سورس}} \mathbb{R}$$

$$3) I(p_i, p_j) = I(p_i) + I(p_j)$$

منافع تولیدی شرط (۳) دارد و همان است.

(Cyo)

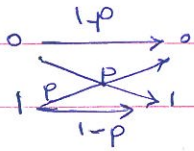
(c)  $I = -c \log p$   $X = \begin{cases} 0 & \frac{1}{4} \sqrt{2} \pi \\ 1 & \frac{1}{4} \sqrt{2} \pi \end{cases} \rightarrow I_{(p)} = -\log_r p$

نظریه شانون ← Source Coding Theory به هدف فشرده سازی اطلاعات را به تابع بالا مربوط می کند

بابک راه و سوری دیر

یک مدل شرمه سازی ایده آل است وقتی طول آن با این تابع به دست بیاید.

Binary Symmetric channel (B.S.C)

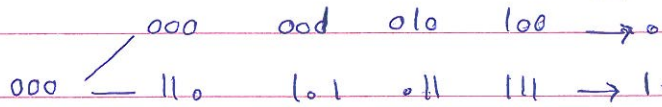


بهترین کانال که ممکن است  $p$  به ۱۲۰ نزدیک باشد و بهترین کانال،

کانال است که  $p = 1/2$  باشد پس به نظر هیچ ربطی بین ورودی و خروجی وجود ندارد.

$P = 0.1$

سه به ترین ایده برای حرف نوشته ها سه تکرار ارسال حرف است

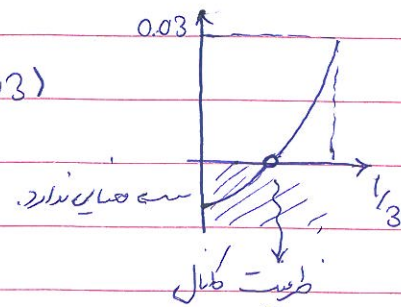


$$P_e = 3p^2(1-p) + p^3 \approx 0.03$$

گداشته آل به بهترین آفرایش طول، اطلاعات را با روشی سیستم.

Channel Rate  $R = \frac{m}{n} \rightarrow \frac{\text{طول داده}}{\text{طول فرستاده}} \rightarrow R = 1$

Achievable couple  $\rightarrow (R, p_e) = (1/3, 0.03)$

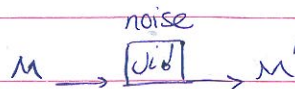
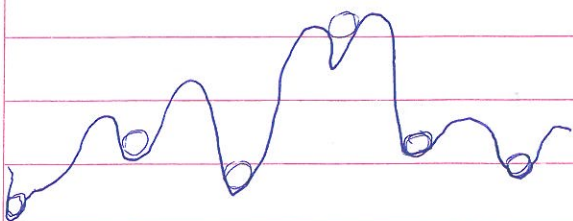


More about BioInformatics

Reproduction در محیط آلوده به روش Shannon نیست!

Waddington Landscape

تقسیم سلولی به Diffrensiation



به نظر می رسد دجیات به طرر عوی noise وجود دارد.



۱۳۹۴/۹/۱۵

دکتر توسیگرانی IPM

نویزها و پیام‌ها طوری به طرز عجیب تعیین شده‌اند که با نانی که عدد آن را دارای نویز ساخته‌ایم، نتایج دلخواه تولید کنیم.

مثلاً از تقسیم سلولی یک سلول واحد با یک سلول تحت نویز قرار می‌گیریم، به انواع مختلفی از سلول‌ها (چشم، گوش و...) تقسیم می‌شوند.

نکته‌ای که این جالب است، می‌آید، Self Organization این سلول‌ها است.

دون DNA، سیستم‌های شگفتی وجود دارد که به هم مرتبط است و به نوعی کنترل و تنظیم کننده‌ی سایر نویزها یا بر تقسیم سلولی است.

دانشگاه تهران - دانشکده مهندسی کامپیوتر - استاد بطحی

Genome wide Association Study (GWAS)  $3 \times 10^9$  کل تعداد ژنوم انسان

برای پیدا کردن ژن مرتبط با بیماری استفاده می شود و با مقایسه ژنوم های افراد که در درخت های مختلف

به هم شباهت دارند اما در آن مورد خاص با هم تفاوت دارند.

تفاوت در ژنوم انسان های مختلف  $5 \times 10^6$

Personalized medicine دایره ای از دانه ها و داروهای آینده به صورت شخصی سازی شده

مشکلات GWAS  $10^6$  تا  $10^8$  پیچیدگی ژنوم ما علاوه بر تاثیر ژن ها

در سبب بروز عین ما اصلاحات ژنومی می تواند [یا با حداقل چیزی - همان پدیده] که تعداد کل این ژنوم ها بسیار طولانی است.

بیماری های ژنتیکی

هر فرد ۴۶ کروموزوم (23x2)

کسی که 23 این مربوط به هر والد

در سیستم کتون یک از والدین هر دو کروموزوم خود را انتقال می دهد.

Human Genome Project (HGP) 1990

امای ستر

تشنه بی : در سال 2005 ژنوم انسان خوانده شد.

روژنوم های ویروس مطالعه کرد. نسخه های باحال خود را در آن نوشتن می توان کرد.

$10^8 \times 1000$  قطعه می این در یک قطعه های به صورت Random جان می رود در یک فرد. در سبب ارتباط این قطعه با هم مشخص می شود.

2003 هجری 3 میلیارد دلار HGP انجام شد.

دکتر محمد

انرژی بررسی های HGP است برای انسان های زیاد یک ژنوم مرجع به دست آوریم.

Read ها به قسمت های خوانده شده ژنوم

هر سلول بین همی ژنوم را دارد، اما با ترکیب این در مرجع همی سلول ها از یک سلول است، در هر سلول، هستی از ژن فعال است (سلول سلول چشم -)

انگازند 2005 → Next generation Sequences → NGS

قسمت های کوچک از ژنوم را تبدیل مرجع تفاوت است بررسی کند

Read Mapping

population Genetics