

سیستم ایمنی مصنوعی ممیتیک (MAIS)

محمدرضا ممیدی

رامین جوادزاده

دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران

دانشکده کامپیوتر و فناوری اطلاعات دانشگاه صنعتی امیرکبیر

mmeybodi@aut.ac.ir

javadzadeh.r@srbiau.ac.ir

چکیده: الگوریتم‌های سیستم ایمنی مصنوعی از جمله متاهیورستیک‌هایی هستند که در مسائل بهینه‌سازی، خوشه‌بندی اطلاعات و شناسایی الگو کاربرد فراوان دارند. این الگوریتم‌ها در مسائل بهینه‌سازی که بیش از یک نقطه بهینه مورد نظر است نسبت به الگوریتم‌های ژنتیک کارایی بیشتری از خود نشان می‌دهند. از اشکالات عمده این الگوریتم‌ها می‌توان به همگرایی کند، به بهینه سراسری و عدم پایداری در اجراهای مختلف اشاره نمود. در این مقاله برای اولین بار سیستم ایمنی مصنوعی ممیتیک (MAIS) به منظور غلبه بر مشکلات سیستم ایمنی مصنوعی معرفی شده است که از یک جستجوی محلی ولی در ابعاد کوچک در اطراف آنتی‌بادی‌های حافظه بهره گرفته شده است. برای اعتبار سنجی راهکار پیشنهادی شبیه‌سازی‌هایی صورت گرفته است که نتایج این شبیه‌سازی‌ها نشان می‌دهد راهکار پیشنهادی پاسخ‌های به مراتب بهتری نسبت به الگوریتم استاندارد سیستم ایمنی مصنوعی نتیجه می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: بهینه‌سازی، جستجوی محلی، سیستم ایمنی مصنوعی.

توصیف ژنهای میکرو آرایه ای در دسته بندی بیماری سرطان با استفاده از الگوریتم ژنتیک و شبکه ی عصبی مصنوعی

رضا جوانمرد علی تپه	کریم فائز	سکینه زنگنه	محمد مهدی عباد زاده
دانشگاه آزاد اسلامی قزوین	دانشگاه صنعتی امیرکبیر تهران	دانشگاه آزاد اسلامی قزوین	دانشگاه صنعتی امیرکبیر تهران
R_Javanmard@qazviniau.ac.ir	KFaez@aut.ac.ir	Zanganeh_60@yahoo.com	Ebadzadeh@itrc.ac.ir

چکیده: تکنولوژی میکرو آرایه های DNA، محققین را قادر ساخته است تا به اطلاعاتی راجع به سطوحی از مفاهیم هزاران ژن در یک زمان برسند. این تکنولوژی رفتار تمامی ژنها را در یک چیپ ساده نظارت می کند تا محققین، تصاویر بهتری از نحوه ی تعامل میان آنها داشته باشند. این امر باعث ایجاد چالشی در استخراج اطلاعات از میان داده ها ی بسیار بزرگ، در بحث داده کاوی شده است. یکی از کاربردهای مهم تفسیر ژنها از داده های میکرو آرایه ها، در دسته بندی بیماری سرطان می باشد. در این مقاله یک روش ترکیبی مبتنی بر شبکه عصبی (ANN) الگوریتم ژنتیک (GA) بیان ژنها، ارائه شده است بدین صورت که در مرحله ی اول با استفاده از الگوریتم ژنتیک، ژنها را برای کاهش ابعاد مساله انتخاب و در مرحله ی دوم نیز تومورهای سرطانی با استفاده از شبکه عصبی دسته بندی می شوند. در مدل ترکیبی ارائه شده، با استفاده از مجموعه داده از حوزه ی تشخیص سرطان-از GEMS- آزمایش شده است، که نتایج پیاده سازی هم نشان می دهد که استفاده از الگوریتم ژنتیک دقت دسته بندی کننده ی شبکه ی عصبی را بهبود می بخشد.

واژه‌های کلیدی: الگوریتم ژنتیک، انتخاب ژن، بیان داده های ژنی، شبکه عصبی، میکروآرایه