



آگهی دفاع از پایان‌نامه‌ی دکترا

دانشگاه تهران

مرکز تحقیقات بیوشیمی و بیوفیزیک
گروه بیوانفورماتیک

«مسائل محاسباتی در شناسائی هاپلوتیپ‌ها»

سید علی کتان‌فروش

توالی نوکلئوتیدها در ژنوم انسان بجز برخی از جایگاه‌های معین بر روی آن، در بین همه افراد یکسان است. با این حال همین تفاوت‌های اندک، عامل اصلی بروز صفات متفاوت در افراد مختلف است. رایج‌ترین نوع این تفاوت‌ها، چندریختی تک نوکلئوتیدی یا اسنپ (SNP) است. در موقعیت اسنپ‌ها بر روی ژنوم، بیش از یک نوع نوکلئوتید در بین افراد مختلف جمعیت مشاهده می‌شود. یک هاپلوتیپ، نشان‌دهنده‌ی توالی نوکلئوتیدهای یک فرد در تعدادی از اسنپ‌ها بر روی ژنوم است. ژنوم هر فرد ترکیبی از دو هاپلوتیپ به ارث رسیده از والدین است و به نظر می‌رسد تنوع آنها در طی نسل‌های متوالی، در نواحی معینی از ژنوم بدون تغییر باقی می‌ماند.

در این رساله، دو مسئله‌ی محاسباتی در شناسائی هاپلوتیپ‌ها مورد بحث قرار می‌گیرند؛ مسئله‌ی استنباط هاپلوتیپ‌ها از داده‌های ژنوتیپ، تحت مدل بیشترین پارسیمونی و مسئله‌ی تعیین بلوک‌های هاپلوتیپ. برای حل مسئله‌ی اول، ترکیبی از یک الگوریتم ژنتیک و رده‌ای از روال‌های سودجویانه برای حل مسئله‌ی بیشترین پارسیمونی بکار گرفته می‌شوند. در مسئله‌ی دوم، بلوک‌های هاپلوتیپ با حل یک مسئله‌ی بهینه‌سازی مقید به کمک روش‌های برنامه‌ریزی پویا تعیین می‌شوند. این بلوک‌ها، بیشترین تعداد جفت اسنپ‌های «همبسته» در ژنوم را شامل می‌شوند. برای ارزیابی ویژگی‌های مختلف ساختارهای بلوکی، طرح‌های جدیدی ارائه می‌شوند که از طریق آنها، ثبات بلوک‌های هاپلوتیپ و کارایی آنها در شناسائی نقاط پراحتمال نوترکیبی و شناسائی جایگاه ژنی مرتبط با بیماری مورد بررسی قرار می‌گیرند.

اساتید راهنما: دکتر حمید پزشک و دکتر مهدی صادقی
استاد مشاور: دکتر چنگیز اصلاحچی (دانشگاه شهید بهشتی)

داوران: دکتر مجید صادقی‌زاده (دانشگاه تربیت مدرس)، دکتر کوروش پرند (دانشگاه شهید بهشتی)
دکتر علی فرازمند (دانشگاه تهران)، دکتر عباس نوذری (دانشگاه تهران)

مکان: آمفی‌تئاتر مرکز تحقیقات
بیوشیمی و بیوفیزیک

زمان: یکشنبه ۱۰ آبان - ساعت ۱۵

شرکت در جلسه برای کلیه‌ی علاقه‌مندان آزاد است.