

## ساختارهای داده نمایه سازی و توالی های ژنوم و پروتئینی

عادلہ اسعدی شالی\*

دانشجوی دکتری علم اطلاعات و دانش شناسی  
دانشگاه شیراز

دریافت: ۹۴/۰۱/۱۷

پذیرش: ۹۴/۰۵/۱۹

### چکیده:

ساختار داده ابزاری برای ذخیره و بازیابی بوده و به طور کلی، روش منطقی و ریاضی یک سازماندهی خاص از داده ها نامیده می شود. کشف توالی های مختلف ژنوم و پروتئین در جانداران مختلف نیاز به نمایه سازی آن و نوع ساختار داده متناسب، در جهت بازیابی سریعتر را افزایش داده است. ساختارهای داده رشته ای در طول سال های اخیر پرکاربردترین ساختارهای داده نمایه سازی ژنوم بوده است.

به لحاظ روش پژوهش این مقاله حاضر مروری بوده و با بررسی مقالات مختلف مرتبط، سه نوع ساختار داده نمایه سازی پایگاههای ژنوم از جمله رشته ای، درخت پسوندی، آرایه پسوندی و نمودار مارپیچ مستقیم کلمه را معرفی می نماید.

نتایج پژوهش نشان می دهد که درخت پسوندی و نمودار مارپیچ مستقیم کلمه ساختارهایی با حجم بالا و آرایه پسوندی حجم کمتری را در حافظه اشغال می کنند. درخت پسوندی و نمودار مارپیچ مستقیم کلمه، نسبتاً پویا بوده اما آرایه پسوندی ساختاری مرتب شده بوده و تغییر داده ها در این ساختار به سختی صورت می گیرد. آرایه پسوندی می تواند بر روی حافظه های جانبی ذخیره پیاده سازی شود با وجود اینکه بازیابی داده ها در آن به کندی صورت می گیرد. اما در مورد نمودار مارپیچ مستقیم کلمه امکان ذخیره سازی در حافظه جانبی امکان نداشته و درخت های پسوندی نیز ناکارآمد می باشد.

**کلیدواژه‌ها:** ساختار داده، ژنوم، نمایه سازی، درخت پسوندی، آرایه پسوندی، نمودار مارپیچ مستقیم کلمه، فایل مقلوب

# زود

فصلنامه علمی پژوهشی  
پژوهشگاه علوم و فناوری اطلاعات ایران  
شاپا(چاپی) ۸۲۲۳-۲۲۵۱  
شاپا(الکترونیکی) ۸۲۳۱-۲۲۵۱  
نمایه در SCOPUS، LISA و ISC  
<http://jst.irandoc.ac.ir>  
دوره XX | شماره X | صص XX-XX  
۱۳XX X

نوع مقاله: مروری

به این مقاله به شکل زیر استناد کنید:

دورن متن:

اسعدی شالی، عادلہ

در فهرست منابع:

اسعدی شالی، عادلہ. ساختارهای داده نمایه سازی و توالی های ژنوم و پروتئینی. پژوهشنامه پردازش و مدیریت اطلاعات.

(دسترسی در <http://jipm.irandoc.ac.ir>)

۱۳۹۳/امام/اسا، ۱.