

به کارگیری خوشه‌بندی فازی در ریزآرایه DNA

ممسن همدی^{۱*}، دکتر حمید علوی‌مجد^۲، دکتر یدا... ممرابی^۳، بهار نقوی^۴

۱. کارشناس ارشد آمار زیستی، مرکز تحقیقات بیماریهای گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
۲. دانشیار، گروه آمار زیستی، دانشکده پیراپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
۳. استاد، گروه آمار و اپیدمیولوژی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
۴. مربی، دانشکده پرستاری و مامایی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی

چکیده

سابقه و هدف: فناوری ریزآرایه برای بررسی همزمان بیان هزاران ژن در بازه وسیعی از ژنومیک، نظیر شناسایی ژنها، اکتشاف داروها و تشخیص‌های کلینیکی مورد استفاده قرار گرفته است. آزمایشهایی که بر اساس فناوری ریزآرایه انجام می‌شوند حجم بسیار زیادی از داده‌ها را فراهم می‌کنند که در مطالعات بیولوژیک بی‌نظیر بوده است. نرمال سازی، خوشه‌بندی، طبقه‌بندی و ... از جمله روشهای مورد استفاده در تحلیل آماری این نوع داده‌هاست. هدف این مقاله بررسی نحوه به کارگیری روش خوشه‌بندی فازی در داده‌های ریزآرایه DNA است.

مواد و روش‌ها: تحقیق به روش توصیفی انجام شده و داده‌های بیان ژنی سرطان خون گلوب و همکاران (۱۹۹۹) که بر اساس روش آرایه الیگونوکلوئید تولید شده و از طریق اینترنت در اختیار عموم قرار دارد، با استفاده از روش آماری خوشه‌بندی فازی، مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته است. خوشه‌بندی داده‌های ریزآرایه به صورت خیلی محدود و گرایش بیشتر به سمت خوشه‌بندی کلاسیک در ایران صورت پذیرفته است و این مقاله شروعی در خوشه‌بندی فازی داده‌های ریزآرایه به شمار می‌آید. مجموعه داده‌ها شامل ۲۰ بیمار مبتلا به سرطان خون لنفوبلاستیک حاد (ALL) و ۱۴ بیمار مبتلا به سرطان خون میلوئیدی حاد (AML) است. کارایی روش خوشه‌بندی فازی با توجه به گروه‌بندی واقعی نمونه‌ها (ALL و AML) مورد ارزیابی قرار گرفت. نرم‌افزار R برای تحلیل داده‌ها استفاده شد.

یافته‌ها: ویژگی روش خوشه‌بندی فازی در تشخیص افراد AML، ۹۰٪ و حساسیت آن ۹۳٪ و صحت آن ۹۱٪ به دست آمد که نشان‌دهنده عملکرد خوب این روش است. نمونه سی و یکم که بر اساس یافته‌های بالینی در گروه AML قرار دارد در گروه ALL قرار گرفت، همچنین نمونه‌های دوم و هفدهم که بر اساس یافته‌های بالینی در گروه ALL قرار دارد طبق نتایج در گروه AML قرار گرفتند که از نظر بالینی می‌توانند قابل توجه باشند.

نتیجه‌گیری: خوشه‌بندی فازی اطلاعات نسبتاً قابل قبولی درباره ساختار داده‌ها فراهم می‌کند که با توجه به انطباق نتایج این روش با گروه‌بندی واقعی داده‌ها، از این روش آماری می‌توان در مواردی که اطلاع دقیقی درباره گروه‌بندی واقعی داده‌ها در دست نیست، استفاده کرد. به علاوه با بررسی نتایج خوشه‌بندی ممکن است زیرگروه‌هایی از نمونه‌ها را به نحوی متمایز کرد که برای انطباق آن با یافته‌های بالینی، پژوهشهای آزمایشگاهی یا بالینی جدیدی لازم باشد.

واژگان کلیدی: ریزآرایه DNA، بیان ژن، خوشه‌بندی کلاسیک، خوشه‌بندی فازی، سرطان خون

مقدمه

سلول در شرایط فیزیولوژیک و پاتولوژیک را تغییر داده‌اند. فناوری ریزآرایه برای بررسی همزمان بیان هزاران ژن در بازه وسیعی از ژنومیک، نظیر شناسایی ژنها، اکتشاف داروها و تشخیص‌های کلینیکی به صورت موفقیت‌آمیزی مورد استفاده قرار گرفته است (۱).

داده‌های سطوح بیان ژنها اطلاعات ارزشمندی در مورد شبکه‌های بیولوژیک، حالات سلولی و فهمیدن کارکرد ژنها در

در سالهای اخیر فناوری ریزآرایه، امکان کنترل بیان هزاران ژن را به صورت همزمان فراهم کرده و ژنومیکس و پروتئومیکس اساس شیوه‌های علمی مطالعه پایه مولکولی رفتارهای بافت و

* نویسنده مسئول مکاتبات: محسن واحدی؛ تهران، اوین، خیابان تابناک، بیمارستان آیت ... طالقانی، مرکز تحقیقات بیماریهای گوارش و کبد؛ پست الکترونیک: mohsenvahedi540@gmail.com