نموذج (I)

بيانات عن بحث مقدم للترقية
البحث الاول (فردي)
Impact Factor 1.555

عنوان البحث	**TMT-HCC: A Tool for Text Mining the Biomedical Literature for Hepatocellular Carcinoma (HCC) Biomarkers Identification** **TMT-HCC: أداة لاستخراج المعلومات من النصوص الطبية الحيوية لتحديد الدلالات المعملية للأورام الخاصة بسرطان الخلايا الكبدية.**
أسماء المؤلفين	**١. رانيا أحمد أبو السعود- فكرة بحث مشتركه و قامت بالمساعده في أجرائه وكتابته وتحليل النتائج واعداده للنشر** **٢. مى محمد سعيد محمود مبروك- فكرة بحث مشتركه و قامت بالمساعده في أجرائه وكتابته وتحليل النتائج واعداده للنشر**
اسم المجلة	**Computer Methods and Programs in Biomedicine; Elsevier , Pages 640-648, ISSN: 0169-2607**
رقم المجلد والعدد	**Volume 112, Issue 3** **http://www.cmpbjournal.com/article/S0169-2607(13)00249-6/abstract#sec2.2**
تاريخ النشر	**December 2013**
الملخص باللغة العربية	**إن سرطان الخلايا الكبدية هو السبب الرئيسي الثالث للوفيات المرتبطة بالسرطان في جميع أنحاء العالم لذا فهناك حاجة ماسة إلى رؤى جديدة في تحديد السبب في هذا المرض المميت. ايضا عدد نسخ البيانات الجينومية يمكن أن يؤدي إلى تنشيط الجينات المسرطنة أوالتعطيل لمكثفات الأورام في السرطانات البشرية. وهكذا، فإن تحديد عدد نسخ عدد نسخ البيانات الجينومية للسرطان لا يمدنا فقط برؤى جديدة في فهم الأساس الجزيئي لنشوء الورم الكبدى ولكن أيضا يسهل التعرف على الدلالات الحيوية المعملية لسرطان الكبد باستخدام طريقة تحدد التغير فى عدد نسخ البيانات الجينومية .وتعرض هذه الورقة نظام TMT-HCCوهو أداة لاستخراج المعلومات من النصوص الطبية الحيوية لسرطان الخلايا الكبدية و تحديد الدلالات الحيوية المعملية له ويوفر النظام المقترح للباحثين وسيلة قوية لتحديد وتمييز المؤشرات الحيوية الجزيئية لسرطان الكبد التى تساعد فى تشخيص هذا المرض ، والتنبؤ به، وعلاج الجينات المسببة في التسرطن من خلال الكشف عن مناطق الجينوم الخاصة به بموجب البيانات الجينومية المتكررة و أيضا يستخلص النظام المقترح التفاعلات بين البروتينات الكبدية من النصوص الطبية الحيوية الكاملة. وتشير نتائج هذا البحث الى أن تكامل البيانات الجينية عن عدد البيانات الجينومية يوفر إمكانات قوية لتحديد الجينات السرطانية المسببة لمرض سرطان الخلايا الكبدية.**