

نموذج (I)

بيانات عن بحث مقدم للترقية
البحث الثامن (مشترك)

IF (Impact Factor): 2013 Still Computing

<p>" DMCA: A Combined Data Mining Technique for Improving the Microarray Data Classification Accuracy," DMCA : التقنيات المجمعه لاستخراج البيانات لتحسين دقة تصنيف بيانات مصفوفات الحمض النووي الدقيقة</p>	<p>عنوان البحث</p>
<p>١. دينا أحمد سالم – طالبة ماجستير وقد قامت بإجراء البحث وإعداده للنشر. ٢. رانيا أحمد عبد العظيم – مشرف على الرسالة وقد قامت بتحديد نقطة البحث والمساعدة في إجرائه وإعداده للنشر. ٣. هشام أحمد علي – المشرف الرئيسي وقد بالإشراف على إخراج البحث ومراجعة العمل.</p>	<p>أسماء المؤلفين</p>
<ul style="list-style-type: none">• International Proceedings of Chemical, Biological and Environmental Engineering journal, (IJBBB), ISSN: 2010-4618, DOI: 10.7763/PCBEE• Proc International Conference on Environment and BioScience, PCBEE	<p>اسم المجلة</p>
<p>vol. 21, pp. 36-41 http://www.ipcbee.com/vol21.htm http://www.ipcbee.com/vol21/7--ICEBS2011B024.pdf</p>	<p>رقم المجلد والعدد</p>
<p>Oct. 2011</p>	<p>تاريخ النشر</p>
<p>تعد تقنيات استخراج البيانات تقنيه هامه من أجل التدقيق في الكميات الهائلة من قيم التعبير الجيني المتواجده في مصفوفات الحمض النووي الدقيقة و تقنيات استخراج البيانات تنتج معرفة بيولوجية جيدة. ومن الأمثلة الهامة هي تصنيف عينات سرطان، و التي تعتبر أمر حاسم لعلماء الأحياء لتشخيص مرض السرطان وعلاجه. في هذا البحث نقترح تقنية DMCA :-التقنيات المجمعه لاستخراج البيانات لتحسين دقة تصنيف بيانات مصفوفات الحمض النووي الدقيقة. والهدف الرئيسي من هذه التقنيه هو تقليل عدد الجينات اللازمة للتصنيف الدقيق. التقنيه المقترحة هي عبارة عن دمج مزيج من اثنين من تقنيات اختيار الخصائص للجينات، والتقنيات هي :- أساليب F- درجة و الأساليب القائمه علي الأنتروبي ، مع المتجهات الإعتمادية . وقد حققت التقنيه المقترحه نتائج واعدة وتتميز بكونها مرنة في جميع مراحلها. عندما طبقت التقنيه المقترحه علي مجموعتين من البيانات العامة لمصفوفات الحمض النووي الدقيقة ، نجحت التقنيه المقترحه في خفض عدد من قيم التعبير الجيني اللازمة لتصنيف العينة بنسبة 71.29% واعطاء دقة تصنيف موثوق بها.</p>	<p>الملخص باللغة العربية</p>