



علوم ریاضی / علوم داده ها و کامپیوتر

چنگیز

اصلاحچی

شماره تماس: ۲۲۴۳۱۶۵۴

رایانامه: Ch-Eslahchi@sbu.ac.ir

وب سایت:

پروفاایل علم سنجی:

http://scimet.sbu.ac.ir/Changiz_Eslahchi

تحصیلات

■ دانشگاه صنعتی شریف – تهران، ریاضی

علاقه پژوهشی

■ بیوانفورماتیک

فعالیت‌های اجرایی

■ سرپرست گروه پژوهشی مدل سازی، ۱۴۰۰ تا زمان حال

■ معاونت آموزشی دانشکده علوم ریاضی، ۱۳۹۶ تا ۱۳۹۷

■ سرپرست گروه پژوهشی مدل سازی، ۱۳۹۶ تا ۱۴۰۰

■ معاونت آموزشی دانشکده علوم ریاضی، ۱۳۹۴ تا ۱۳۹۶

■ سرپرست معاونت آموزشی دانشکده علوم ریاضی، ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۴

■ سرپرست گروه پژوهشی مدل سازی، ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۶

ارتباط با صنعت

مدل سازی محاسباتی الگوی برامگیختگی و پیشمانی در تصمیم گیری پر خطر براساس آزمون های عصب شناسی و تدوین کاربرست آن در

■ توانبخشی شناختی

۱۳۹۳

■ کاربرد منطق فازی برای تعیین ساختمان دوم مولکولهای پروتئینی

۱۳۸۳

مقالات علمی چاپ شده در مجلات

■ A Fuzzy Hellix Assignment

Changiz Eslahchi, , ,
INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY

■ A Probabilistic Model for the Spread of HIV Infection among Injection Drug

Changiz Eslahchi
Word Journal of Modeling And Simulation, Vol.1

■ Structural Comparison for Identifying Protein Hotspots

Mohamad Houssein Hoballa, Changiz Eslahchi
Journal of Applied Biotechnology Reports, Vol.101, pp. 1156-1168, 2023

■ Removing the association of random gene sets and survival time in cancers with positive random bias using fixed-point gene set

Maryam Maghsoudi, Changiz Eslahchi, Rosa Aghdam
Scientific Reports, Vol.13, 2023

■ Identification of repurposed drugs targeting significant long non-coding RNAs in the cross-talk between diabetes mellitus and Alzheimer's disease

Shokofeh Ghiam, Changiz Eslahchi, Sajad Gharaghani
Scientific Reports, Vol.12, 2022

■ Detection of Structural and Conformational Changes in ALS-causing Mutant Profilin1 with Hydrogen/Deuterium Exchange Mass Spectrometry and Bioinformatics Techniques

Ahmad Shahir Sadr, Zahra Abdollahpour, Atousa Aliahmadi, Changiz Eslahchi, Mina Nekouei, Lily Kiaei, Mahmoud Kiaei, Alireza Ghassempour
METABOLIC BRAIN DISEASE, Vol.37, pp. 229-241, 2022

■ Assignment of structural domains in proteins using diffusion kernels on graphs

Changiz Eslahchi, Mohammad Taheri
BMC BIOINFORMATICS, pp. 1-24, 2022

■ Detection of structural and conformational changes in ALS-causing mutant profilin-1 with hydrogen/deuterium exchange mass spectrometry and bioinformatics techniques

Ahmad Shahir Sadr, Zahra Abdollahpour amlashi, Atousa Aliahmadi, Changiz Eslahchi, Mina Nekouei, Lily Kiaei, Mahmoud Kiaei, Alireza Ghassempour
METABOLIC BRAIN DISEASE, Vol.37, pp. 229-241, 2022

■ Exploring the role of non-coding RNAs as potential candidate biomarkers in the cross-talk between diabetes mellitus and Alzheimer's disease

Shokofeh Ghiam, Changiz Eslahchi, Sajad Gharaghani
Frontiers in Aging Neuroscience, Vol.14, pp. 1-15, 2022

■ A neural network-based method for polypharmacy side effects prediction

Razieh Masumshah, Rosa Aghdam, Changiz Eslahchi
BMC BIOINFORMATICS, pp. 1-17, 2021

■ A computational method for drug sensitivity prediction of cancer cell lines based on various molecular information

Fatemeh Ahmadi Moughari, Changiz Eslahchi
PLoS One, Vol.16, 2021

■ Predicting Anti-Cancer Drug Response by Finding Optimal Subset of Drugs

Fatemeh Yassaee, Changiz Eslahchi
BIOINFORMATICS, Vol.37, pp. 4509-4516, 2021

■ Auto-HMM-LMF: Feature selection based method for prediction of drug response via Autoencoder and Hidden Markov Model

Akram Emdadi, Changiz Eslahchi
BMC BIOINFORMATICS, Vol.22, 2021

■ In silico studies reveal structural deviations of mutant profilin-1 and interaction with riluzole and edaravone in amyotrophic lateral sclerosis

Ahmad Shahir Sadr, Changiz Eslahchi, Alireza Ghassempour, Mahmoud Kiaei
Scientific Reports, Vol.11, pp. 1-14, 2021

■ **An order independent algorithm for inferring gene regulatory network using quantile value for conditional independence tests**

Sayyed Hadi Mahmoodi, Rosa Aghdam, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.11, 2021

■ **Clinical drug response prediction from preclinical cancer cell lines by logistic matrix factorization approach**

Akram Emdadi, Changiz Eslahchi
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.20, pp. 1-13, 2021

■ **DisCoVering potential candidates of RNAi-based therapy for COVID-19 using computational methods**

Narjes Rohani, Fatemeh Ahmadi Moughari, Changiz Eslahchi
PeerJ, Vol.9, 2021

■ **Classifying Breast Cancer Molecular Subtypes by Using Deep Clustering Approach**

Narjes Rohani, Changiz Eslahchi
Frontiers in Genetics, Vol.11, pp. 1-15, 2020

■ **ADRML: anticancer drug response prediction using manifold learning**

Fatemeh Ahmadi Moughari, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.10, 2020

■ **DSPLMF: A Method for Cancer Drug Sensitivity Prediction Using a Novel Regularization Approach in Logistic Matrix Factorization**

Akram Emdadi, Changiz Eslahchi
Frontiers in Genetics, Vol.11, 2020

■ **ISCMF: Integrated similarity-constrained matrix factorization for drug-drug interaction prediction**

Narjes Rohani, Changiz Eslahchi, Ali Katanforoush
Network Modeling and Analysis in Health Informatics and Bioinformatics, Vol.9, 2020

■ **CAMND: Comparative analysis of metabolic network decomposition based on previous and two new criteria, a web based application**

Fatemeh Yassaee, Akram Emdadi, Abolfazl Rezvan, Changiz Eslahchi
BIOSYSTEMS, Vol.189, 2020

■ **TOPDRIVER: the novel identifier of cancer driver genes in Gastric cancer and Melanoma**

Sayed Mohammad Razavi, Farzaneh Rami, Seyedeh Hour Razavi, Changiz Eslahchi
Applied Network Science, Vol.4, 2019

■ **Significant random signatures reveals new biomarker for breast cancer**

Elnaz Saberi Ansar, Changiz Eslahchi, Mahsa Rahimi, Lobat Geranpayeh, Marzieh Ebrahimi, Rosa Aghdam, Gweneg Kerdivel
BMC Medical Genomics, Vol.12, 2019

■ **CDAP: An Online Package for Evaluation of Complex Detection Methods**

Ali M. A. Maddi, Fatemeh Ahmadi Moughari, Mohammad mehdi Balouchi, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.9, 2019

■ **A novel algorithm for parameter estimation of Hidden Markov Model inspired by Ant Colony Optimization**

Akram Emdadi, Fatemeh Ahmadi Moughari, Fatemeh Yassaee, Changiz Eslahchi
Heliyon, Vol.5, pp. 1-25, 2019

■ **Drug-Drug Interaction Predicting by Neural Network Using Integrated Similarity**

Narjes Rohani, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.9, 2019

■ **PMLPR A novel method for predicting subcellular localization based on recommender systems**

Elnaz Mirzaei Mehrabad, Reza Hassanzadeh, Changiz Eslahchi
Scientific Reports, Vol.8, pp. 1-10, 2018

■ **Gender Classification Based on Eye Movements A Processing Effect during Passive Face Viewing**

Negar Sammaknejad, Hamid Reza Pouretmad, Changiz Eslahchi, Alireza Salahirad, Ashkan Alinejad
Advances in Cognitive Psychology, Vol.13, pp. 232-240, 2017

■ **Comparison of different approaches for identifying subnetworks in metabolic networks**

Abolfazl Rezvan, Changiz Eslahchi

Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.15, pp. 1750025-1750050, 2017

■ **Dynamical 2-domination in Graphs**

Changiz Eslahchi, Hamid Reza Maimani, Tusserkani Rouzbeh, Rouzbeh Torabi

ARS COMBINATORIA, Vol.134, pp. 339-350, 2017

■ **Screening of autism based on task-free fMRI using graph theoretical approach**

Masoomah Sadeghi Damavandi, Reza Khosrowabadi, Fatemeh Bakouie, Hoda Mahdavi, Changiz Eslahchi, Hamid Reza Pouretamad

PSYCHIATRY RESEARCH-NEUROIMAGING, Vol.1, pp. 48-56, 2017

■ **Discovering overlapped protein complexes from weighted PPI networks by removing inter-module hubs**

A. M. A. Maddi, Changiz Eslahchi

Scientific Reports, Vol.7, pp. 3247-3261, 2017

■ **OrthoGNC A Software for Accurate Identification of Orthologs Based on Gene Neighborhood Conservation**

Limsoon Wong, Soheil Jahangiri Tazehkand, Changiz Eslahchi

GENOMICS PROTEOMICS & BIOINFORMATICS, Vol.15, pp. 361-370, 2017

■ **Proper Nearly Perfect Sets in Graphs**

Changiz Eslahchi

ARS COMBINATORIA, pp. 143-156, 2016

■ **Analysis of dynamical system to transition probabilities in the Birth-Death Markov process in the epidemic model**

Fateme Sadat Movahedi, Changiz Eslahchi, Mahdi Pourbarat, Mohammad Sadegh Shahrokhi-Dehkordi

Far East Journal of Dynamical Systems, Vol.26, pp. 61-74, 2015

■ **Inferring Gene Regulatory Networks by PCA-CMI Using Hill Climbing Algorithm Based on MIT Score and SORDER Method**

roza aghdam, Mohsen Alijanpour Ghahroudi, , Changiz Eslahchi, Abolfazl Rezvan

International Journal of Biomathematics, Vol.18, pp. 23-44, 2015

■ **Inferring gene regulatory networks by an order independent algorithm using incomplete data sets**

Rosa Aghdam, Mojtaba Ganjali, , Changiz Eslahchi

JOURNAL OF APPLIED STATISTICS, Vol.43, pp. 893-913, 2015

■ **Some Remarks On Global Total Domination In Graphs**

, Changiz Eslahchi, ,

Applied Mathematics E - Notes, Vol.15, pp. 22-28, 2015

■ **TripNet A Method for Constructing Rooted Phylogenetic Networks from Rooted Triplets**

Hadi Poormohammadi, Changiz Eslahchi,

PLoS One, Vol.9, pp. 1-12, 2014

■ **A New Protein Domain Assignment Algorithm Based on the Dominating Set of a Graph**

Changiz Eslahchi,

MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.71, pp. 445-456, 2014

■ **CN A Consensus Algorithm for Inferring Gene Regulatory Networks Using SORDER Algorithm and Conditional Mutual Information Test**

Rosa Aghdam, Mojtaba Ganjali, Xiujuan Zhang, Changiz Eslahchi

Molecular BioSystems, pp. 942-949, 2014

■ **ProDomAs protein domain assignment algorithm using center-based clustering and independent dominating set**

Elnaz Saberi Ansari, Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, Mehdi Sadeghi

PROTEINS-STRUCTURE FUNCTION AND BIOINFORMATICS, Vol.82, pp. 1-10, 2014

■ **IPCA-CMI An Algorithm for Inferring Gene Regulatory Networks based on a Combination of PCA-CMI and MITScore**

Roza Aghdam, Mojtaba Ganjali, Changiz Eslahchi

PLoS One, Vol.9, pp. 1-10, 2014

■ **Do Triplets Have Enough Information to Construct the Multi-Labeled Phylogenetic Tree**

Reza Hassanzadeh, Changiz Eslahchi, Wing-Kin Sung
PLoS One, Vol.9, pp. 1-10, 2014

■ **FCDECOMP Decomposition of metabolic networks based on flux coupling relations**

, Abolfazl Rezvan, Changiz Eslahchi
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.12, pp. 1-22, 2014

■ **CHARACTERIZATION OF CUBIC GRAPHS G WITH $\text{irt}(G)$ $\text{IRt}(G)$ 2**

Changiz Eslahchi,
Discussiones Mathematicae Graph Theory, Vol.34, pp. 559-565, 2014

■ **SSP An interval integer linear programming for de novo transcriptome assembly and isoform discovery of RNA-seq reads**

, , Changiz Eslahchi,
GENOMICS, Vol.102, pp. 507-514, 2013

■ **A clustering approach for estimating parameters of a profile hidden Markov model**

Rosa Aghdam, , , Changiz Eslahchi
International Journal of Data Mining and Bioinformatics, Vol.8, pp. 66-75, 2013

■ **Assignment of Protein Sequences to Protein Family Profiles Using Spatial Statistics**

, , Changiz Eslahchi,
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.69, pp. 7-24, 2013

■ **Two Scenarios for Overcoming Drug Resistance by Co-Targeting**

, , Changiz Eslahchi, Wong Limsoon
International Journal of Bioinformatics Research and Applications, Vol.9, pp. 198-217, 2013

■ **DISRUPTION OF PROTEIN COMPLEXES**

, , Changiz Eslahchi, WONG LIMSOON
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol.11, 2013

■ **Discovering Domains Mediating Protein Interactions**

Changiz Eslahchi
Iranian Journal of Biotechnology, Vol.11, 2012

■ **Calculation of transition probabilities in the birth and death Markov process in the epidemic model**

Changiz Eslahchi, Fateme Sadat Movahedi
MATHEMATICAL AND COMPUTER MODELLING, Vol.55, pp. 810-815, 2012

■ **Comparison of the bidirectional Baum-Welch algorithm and the Baum-Welch algorithm on regular lattice**

, , , Changiz Eslahchi
Progress in Biological Sciences, Vol.2, pp. 14-22, 2012

■ **Erratum to Total domination supercritical graphs with respect to relative complements Discrete Math.258(2002) 361-371**

, Changiz Eslahchi, , ,
DISCRETE MATHEMATICS, Vol.312, pp. 1-10, 2012

■ **A Note on the total Domination supercritical Graphs**

, Changiz Eslahchi,
AAPS PHARMSCI, Vol.1, 2012

■ **Construcing circular phlogenetic networks from weighted quartets using simulated annealing**

Changiz Eslahchi, REZA HASSANZADEH, , Mahnaz Habibi, ,
MATHEMATICAL BIOSCIENCES, pp. 123-127, 2012

■ **Constructing Rooted Phylogenetic Networks from Triplets based on Height Function**

Hadi Poormohammadi, Changiz Eslahchi
International Journal of Emerging Technology and Advanced Engineering, Vol.2, 2012

■ **Constructing phylogenetic supernetworks based on simulated annealing**

REZA HASSANZADEH, Changiz Eslahchi,
MOLECULAR PHYLOGENETICS AND EVOLUTION, Vol.63, pp. 738-744, 2012

■ **LSPC An Algorithm for Inference of Gene Networks Using Bayesian Network**

, Rosa Aghdam, Parisa Niloofar, Mojtaba Ganjali, Changiz Eslahchi
AATCC REVIEW, Vol.3, pp. 774-782, 2012

■ **A note on the Total Irredundance in Regular Graphs**

Changiz Eslahchi, ,
Australian journal of basic and applied sciences (MSRT BLACKLIST), Vol.9, pp. 1999-2001, 2011

■ **Outer-k-connected component domination in graphs**

, Changiz Eslahchi, ,
GRAPHS AND COMBINATORICS, Vol.8, pp. 131-139, 2011

■ **A Bidirectional Bayesian Monte Carlo Approach for Estimating Parameters of a Profile Hidden Markov Model**

, Rosa Aghdam, Parisa Niloofar, Mojtaba Ganjali, Changiz Eslahchi
AAPG BULLETIN, Vol.2, pp. 1-10, 2011

■ **Haplotype block partitioning and tagSNP selection under the perfect phylogeny model**

Changiz Eslahchi, Ali Katanforoush, Nargess Afzaly, Hamid Pezeshk
Iranian Journal of Biotechnology, Vol.9, pp. 1209-1221, 2011

■ **Hosoya Polynomial of an Infinite Family of Dendrimer**

Changiz Eslahchi, ,
Iranian Journal of Mathematical Chemistry, Vol.2, pp. 71-79, 2011

■ **An Information Theoretic Approach to Secondary Structure Assignment**

Mahnaz Habibi, Changiz Eslahchi, ,
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, 2011

■ **a pairwise residue contact area based mean force potential for discrimination of native protein structure**

, , Changiz Eslahchi, ,
BMC BIOINFORMATICS, Vol.16, 2010

■ **MCNet A method for the construction of phylogenetic networks based on the Monte-Carlo method**

Changiz Eslahchi, Mahnaz Habibi, , Reza Hassanzadeh
BMC EVOLUTIONARY BIOLOGY, pp. 254-264, 2010

■ **Protein Complex Prediction based on k-Connected Sub-graphs in Protein Interaction Network**

Changiz Eslahchi
BMC System Biology, 2010

■ **The interpretation of protein structures based on graph theory and contact map**

Changiz Eslahchi
Open Access Bioinformatics, 2010

■ **Construction of Random Perfect Phylogeny Matrix**

Changiz Eslahchi
Advanced And Applications in bioinformatics and chemistry, Vol.3, pp. 1-8, 2010

■ **A Segmental Semi Markov Model for Protein Secondary Structure Prediction**

Changiz Eslahchi
MATHEMATICAL BIOSCIENCES, Vol.221, pp. 130-135, 2009

■ **An Algorithm for Construction of all Perfect Phylogeny Matrices**

Changiz Eslahchi
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.62, pp. 251-259, 2009

■ **Ston A Novel Method for Protein three-dimensional Structure Comparison**

Changiz Eslahchi,
COMPUTERS IN BIOLOGY AND MEDICINE, Vol.39, pp. 166-172, 2009

■ **A Distance Dependent Atomic Knowledge Based Potential and Force for Discrimination of Native Structures from Decoys**

Mahdi Miirzaie, Changiz Eslahchi,
PROTEINS-STRUCTURE FUNCTION AND BIOINFORMATICS, Vol.77, pp. 454-464, 2009

■ **Protein Secondary Structure Prediction Using three Neural Networks and a Segmental Semi Markov Model**

, Changiz Eslahchi, ,
MATHEMATICAL BIOSCIENCES, Vol.217, pp. 145-150, 2009

■ **Enhanced Evolutionary and Heuristic Algorithms for Haplotype Reconstruction Problem Using Minimum Error Correction Model**

Changiz Eslahchi
MATCH-COMMUNICATIONS IN MATHEMATICAL AND IN COMPUTER CHEMISTRY, Vol.62, pp. 261-274, 2009

■ **A Tale of two Symmetrical Tails Structural and Functional Characteristics of Palindroms in Proteins**

Changiz Eslahchi,
BMC BIOINFORMATICS, Vol.9, pp. 274-281, 2008

■ **PROSIGN A Method for Protein Secondary Structure Assignment Based on Three-Dimensional Coordinates of Cosecutive Ca atoms**

Changiz Eslahchi,
COMPUTATIONAL BIOLOGY AND CHEMISTRY, Vol.32, pp. 406-411, 2008

■ **The Performance of chi-square Test and complexity Measures for Signal Recognition in Biological Sequences**

Changiz Eslahchi
JOURNAL OF THEORETICAL BIOLOGY, Vol.251, pp. 380-387, 2008

■ **AIP Conference Proceedings**

Changiz Eslahchi
World Student Christian Federation. Dossier, Vol.936, pp. 185-190, 2007

■ **An Algorithm for Rank Aggregation Problem**

Changiz Eslahchi,
APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTATION, Vol.189, pp. 1847-1858, 2007

■ **The k-Zero-Divisor Hypergraph of A Commutative Ring**

Changiz Eslahchi,
INTERNATIONAL JOURNAL OF MATHEMATICS AND MATHEMATICAL SCIENCES, pp. 1-15, 2007

■ **Some Properties Of Ordered Hypergraphs**

Changiz Eslahchi, Amirhossein Rahimi
Matematicki Vesnik, Vol.59, pp. 9-13, 2007

■ **Haplotyping Problem A Clustering Approach**

Changiz Eslahchi
American Institute of Physics conference proceedings, Vol.936, pp. 185-190, 2007

■ **Helix segment assignment in proteins using fuzzy logic**

, , Changiz Eslahchi
Iranian Journal of Biotechnology, Vol.5, 2007

■ **AIP Conference Proceedings**

Changiz Eslahchi
Netherlands Philately Journal, Vol.936, pp. 185-190, 2007

■ **Vertex-Strength of Fuzzy Graphs**

Changiz Eslahchi, B.N Onagh
Journal of Mathematics and Mathematical Sciences, pp. 1-9, 2006

■ **Impact of prediction of donor and acceptor splic site using RNA structure information**

Changiz Eslahchi, S. A Marashi, m Sadeghi, H Pezeshk
BMC BIOINFORMATICS, pp. 1-8, 2006

■ Importance of RNA secondary structure information for yeast donor and acceptor splice site prediction by neural networks

... , Changiz Eslahchi
COMPUTATIONAL BIOLOGY AND CHEMISTRY, Vol.30, pp. 50-57, 2006

■ Impact of RNA structure on the prediction of donor and acceptor splice sites

Changiz Eslahchi
BMC BIOINFORMATICS, Vol.7, pp. 297-304, 2006

■ c-Perfect k- uniform hypergraphs

Changiz Eslahchi,
Journal of Ars Combinatorics, Vol.79, pp. 235-244, 2006

■ Characterization of graphs with Hall number 2

Changiz Eslahchi, matthew johnson
JOURNAL OF GRAPH THEORY, Vol.45, pp. 81-100, 2004

■ Circular chromatic number of hypergraphs

Changiz Eslahchi,
Journal of Ars Combinatorics, Vol.73, pp. 239-246, 2004

■ Some Concepts in List Coloring

Changiz Eslahchi, , Hossein Hajiabolhassan
Journal of Combinatorial Mathematics and Combinatorial Computing, Vol.41, pp. 151-160, 2002

■ Characterization of Graphs with Hall index 2

Changiz Eslahchi
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.21, pp. 13-21, 2000

■ The Hall-Condition index of a Graph and Overfull Conjecture

Changiz Eslahchi, A.J.W HILTON, - Dugdale
Journal of Combinatorial Mathematics and Combinatorial Computing, Vol.35, pp. 197-216, 2000

■ Progress on the Hall number Two problem

Changiz Eslahchi, A.J.W HILTON, P.D johnson
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.21, pp. 211-236, 2000

■ Progress on the Hall-Number-Two Problem

Changiz Eslahchi
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.21, pp. 211-236, 2000

■ The Hall-Condition Index of a Graph and the Overfull Conjecture

Changiz Eslahchi
Journal of Combinatorial Mathematics and Combinatorial Computing, Vol.35, pp. 197-216, 2000

■ A counterexample for Hilton Johnson s conjecture on list coloring of graphs

Hossein Hajiabolhassan, Changiz Eslahchi, M.L Mehrabadi, R Tusserkani
Australasian Journal of Combinatorics, Vol.18, pp. 127-131, 1998

■ A Counterexample for Hilton- Jojnson s Conjecture on List-Coloring of Graphs

Changiz Eslahchi
Australasian Journal of Combinatorics, pp. 127-131, 1998

■ برآزش یک مدل رگرسیون پواسونی بر نتایج فوتبال لیگ برتر ایران

سهیلا شعبانی مشکول، احسان بهرامی سامانی، چنگیز اصلاچی

مجله ی بررسی های آمار رسمی ایران، نسخه ۲۱، صفحات: ۲۳۰-۲۳۷، ۱۳۸۹

■ پیشگیری انعطاف پذیری قطعات پروتیین با استفاده از پروفایل انرژی

چنگیز اصلاچی

■ روش تحلیلی برای نسبت دادن ساختمان دوم پروتئین

چنگیز اصلاچی، مهناز حبیبی، حمید پزشک، مهدی صادقی

نسخه ۳۴، صفحات: ۴۱-۴۸، ۱۳۸۶، JOURNAL OF SCIENCE UNIVERSITY OF TEHRAN،

■ نقشه های تماس پروتئینی اسید آمینه محور

چنگیز اصلاچی، مهدی صادقی، نارسیس آفتاب کیانی

مجله علوم دانشگاه تهران، نسخه ۳۴، صفحات: ۴۹-۵۴، ۱۳۸۶

■ پیرایشی بر الگوی وابستگی چپ-به-راست و راست-به-چپ برای پیشگویی ساختار دوم

چنگیز اصلاچی، محسن محمدزاده، مهدی صادقی، حمید پزشک، سیما تقی زاده

نسخه ۳۴، صفحات: ۶۱-۶۶، ۱۳۸۶، JOURNAL OF SCIENCE UNIVERSITY OF TEHRAN،

مقالات علمی ارائه شده در همایش‌ها

■ generalization of the outer-connected domination in graphs

Changiz Eslahchi

2th Istanbul design theory graph theory and combinatorics conference

■ overcoming dRug resistance by cotrageting

, , , Changiz Eslahchi,

IEEE(BIBM)2010

■ overcoming drug resistance by co-trageting

Changiz Eslahchi

IEEE(BIBM)

■ A Monte-Carlo Method for the Construction of Phylogenetic Networks from Weighted Quartets

Changiz Eslahchi

AMIC 2010

■ a modified biodirectional hidden markov model and its appliction in protein secondary structure prediction

, , , Changiz Eslahchi,

ieee 2010

■ haplotype block partitioning and tagsnp selection under the perfect phylogeny

Changiz Eslahchi, , , Ali Katanforoush

(tcwmc 2010) the third conference and workshop on mathematical chemistry

■ construction of random perfect phylogeny matrix

, , , , Changiz Eslahchi

(tcwmc 2010) the third conference and workshop on mathematical chemistry

■ mc net a monte carlo method for the construction of phylogentic networks

Changiz Eslahchi, Mahnaz Habibi, REZA HASSANZADEH,

4th international conference on resarch and education in mthematics

■ Libra a de novo motif finding in promoter sequences based on linear algebra

Changiz Eslahchi, , , Alireza Sheykhatar

WCSET 2009 (world congress on science engineering and technology) - proceedings of world academy of science engineering and technology

■ Haplotyping problem A clustering approach

Changiz Eslahchi

International conference of numerical analysis and applied mathematics 2007(ICNAAM 2007)

■ Hyplotyping problem a cclustering approach

Changiz Eslahchi

International society for computational biology

■ یک الگوریتم ژنتیک برای استنباط هاپلوتیپ ها

Hamid Pezeshk، چنگیز اصلاحچی، Mehdi Sadeghi، سید علی کتافروش

دهمین کنفرانس سیستم های فازی ایران، صفحات: ۸-۱۳

■ ها Ca روشی جدید برای نسبت دادن ساختار دوم پروتئین بر اساس روابط ریاضیاتی بین مختصات سه بعدی

چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ هاپلوتیپها با استفاده از نظریه اطلاعات-SNP بررسی ساختار بلوکی در

چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتمی برای پیدا کردن موتیف های توالی بر مبنای جبر خطی

علیرضا شیخ عطار، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ بررسی پیچیدگی توالی های آیینی ای در پروتئین ها

چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتمی برای پلاک بندی هاپلوتیپ ها بر مبنای درخت های فیلوژنتیک کامل

چنگیز اصلاحچی، حمید پزشک

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتم حریمانه برای مساله تشخیص کمترین تعداد هاپلوتایپ ها از ژنو تایپ ها

هادی پورمحمدی، حمید پزشک، مهدی کارگر، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ ترکیبی از مدل های مارکوف پنهان و شبکه های عصبی برای تعیین ساختار دوم پروتئین ها

حمید پزشک، چنگیز اصلاحچی، مهدی صادقی، امین ملک پور

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ شناسایی الگوها در توالی های زیستی با استفاده از آماره مربع کای و روش های مبتنی بر اندازه گیری

لیلا پیرحاجی، مهدی صادقی، مهدی کارگر، آرمینا شعاری، هادی پورمحمدی، حمید پزشک، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ الگوریتم خوشه بندی برای مساله بازسازی هاپلو تایپ ها

مهدی کارگر، حمید پزشک، هادی پورمحمدی، لیلا پیرحاجی، چنگیز اصلاحچی

پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ روشی جدید برای مقایسه ساختمان سه بعدی پروتئینها ston

شهریار عرب سید، چنگیز اصلاحچی
پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

■ تخصیص ساختمان دوم پروتئین با استفاده از اتروپی
چنگیز اصلاحچی، حمید پزشک، مهناز حبیبی
پنجمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران

پایان نامه ها و رساله های دکتری
■ تعین جهش های داغ در پروتئین های مربوط به سرطان با استفاده از هم ترازی سه بعدی پروتئینی
محمدحسین حب الله
۱۴۰۲

■ رویکرد مبتنی بر شبکه برای پیشگویی پاسخ دارویی
فاطمه یاسائی میبدی
۱۴۰۰

■ یک رویکرد یادگیری ماشین جدید برای پیشگویی پاسخ دارویی با استفاده از انواع داده ها
فاطمه احمدی موغاری
۱۴۰۰

■ بررسی مکانسیم ایجاد و طراحی دارو برای بیماری های آمیوتروفیک لترال اسکروزیس و لوسمی لنفوبلاستیک حاد
احمد شهیر صدر
۱۴۰۰

■ یک روش نوین برای پیش گویی پاسخ داروهای سرطانی با استفاده از سیستم های توصیه گر
اکرم امدادی
۱۳۹۹

■ استنباط پیشینه ی تکاملی زیر گونه های باکتریایی
سهیل جهانگیری تازه کند
۱۳۹۶

■ شناسایی و تحلیل ساختارهای پیمانه ای در شبکه های متابولیک
ابوالفضل رضوان
۱۳۹۶

■ روشی برای کنترل همه گیری در شبکه های جمعیت بر مبنای تئوری گراف
فاطمه سادات موحدی
۱۳۹۳

■ ساختن شبکه های فیلوژنتیک از مجموعه ای از درخت ها یا سه تایی ها
رضا حسن زاده
۱۳۹۳

■ الگوریتمی برای ساختن شبکه های فیلوژنتیک از روی مجموعه ای دلخواه از سه تایی ها

هادی پورمحمدی

۱۳۹۲

■ بررسی کارکرد پروتئین ها بر اساس نظریه گراف

مهناز حبیبی

۱۳۸۹

پایان نامه های کارشناسی ارشد

■ پیشگویی غلظت ترکیبی دارو با استفاده از تجزیه ماتریسی در فضای اعداد مختلط

محمد عبدالهی

۱۴۰۲

■ روشی نوین برای انتخاب و چینش بازیکنان تیم فوتبال با رویکرد یادگیری عمیق و نظریه ی گراف

مهدی نورائی

۱۴۰۲

■ رنگ آمیزی گراف، عدد راسی گراف، عدد همبندی گراف های هندسی تصافی متناظر باشبکه های بی سیم

ایاد سامی کاظم الاماره

۱۴۰۲

■ پیش بینی هم افزایی دارویی و کشف ترکیبات دارویی جدید بر اساس رمزگذاری خودکار گراف و شبکه عصبی کانولوشنال

فیصل غازی عبدالصاحب الفرخان

۱۴۰۲

■ یک روش ادغام بر اساس گرافها برای پیش بینی تعاملات عملکرد چند سطحی

نورالدین عباس حمید النوری

۱۴۰۲

■ کنترل پذیری هدفی شبکه های پیچیده با هدف کمینه کردن تعداد رؤس واسطه به روش برنامه نویسی پویا

سیده فاطمه خضری

۱۴۰۲

■ $Hi-C$ بهبود روش داربست سازی ژنوم با رویکرد یادگیری عمیق به کمک نقشه های حرارتی داده های

سایه سبجانی

۱۴۰۱

■ رویکرد یادگیری ماشین برای پیشگویی افزایش دارویی، برمبنای پیدا کردن زیرمجموعه بهینه از رده های سلولی

سودابه ذاکری

۱۴۰۱

■ تحلیل تصاویر پزشکی با شبکه های عصبی گرافی

■ دسته بندی اطلاعات متاژنتیکی با کمک گراف تجمیعی

امین دارابی

۱۴۰۰

■ روشی برای پیشگویی جهش های نادر ایجاد کننده سرطان در خانواده های پروتئینی

زهرا قربانی جیرنده

۱۴۰۰

■ روش آماری برای شناسایی نشانگرهای زیستی سرطان از مجموعه ژن های معنادار

مریم مقصودی

۱۴۰۰

■ پیش بینی برهمکنش های دارویی توسط گراف شبکه های عصبی پیچشی

راضیه معصومشاه

۱۳۹۹

■ بهبود پیشبینی جایگاه سلولی آر ان ای پیام رسان با استفاده از شبکه های عصبی عمیق

نگین سادات بابائیه

۱۳۹۹

■ پیش بینی تاثیرات متقابل جفت داروها با رویکرد سیستمهای توصیه گر

بهاره لویان

۱۳۹۹

■ انتخاب مشخصه مبتنی بر کمپلکس در آنالیز بیان ژن

بهنام ریحانی متنق

۱۳۹۸

■ طراحی شبکه عصبی ژرف برای تعیین توالی دنا بر اساس سیگنال های دستگاه توالی یاب

عادل عابدی اشکاوندی

۱۳۹۸

■ پیش بینی برهم کنش دارو-دارو با استفاده از یادگیری انجمنی مبتنی برگراف

الهام نییان خوزانی

۱۳۹۸

■ طبقه بندی زیر گروه های مولکولی سرطان با استفاده از رویکرد یادگیری ماشین

نرجس روحانی

۱۳۹۸

■ بهبود الگوریتم های یادگیری شبکه های بیزی برای یافتن شبکه های تنظیم ژنی و ارائه روشی کارا برای ترتیب ژن ها

■ پیشبینی برهمکنش دارو-دارو با استفاده از سیستم های توصیهگر

مریم محمدی

۱۳۹۷

■ مقایسه ی روش های پیش بینی تعامل دارو و هدف

محمدامین خدامرادی

۱۳۹۷

■ ارائه یک روش مبتنی بر گراف جهت تشخیص ژن های محرک سرطان

سیدمحمد رضوی

۱۳۹۷

■ کاربردهایی از سیستم های توصیه گر در بیوانفورماتیک

روح اله جمالی

۱۳۹۶

■ الگوریتمی جدید برای بدست آوردن تشابه بین بیماری ها بر اساس فنوتایپ و ژنوتایپ

فاطمه عباسی

۱۳۹۶

■ بررسی و تعیین الگوهای دیداری مردان و زنان به هنگام نگاه کردن به تصویر چهره ی انسان

مهرداد جهانبانی فرد

۱۳۹۶

■ تخصیص دامنه های ساختاری پروتئین با پیدا کردن هسته های آبگریز

محمد طاهری لداری

۱۳۹۵

■ مدلسازی پشیمانی و برانگیختگی در تصمیم گیری پر خطر

نرگس رضا

۱۳۹۵

■ بررسی شبکه ارتباطات عملکردی مغز در بیماران اوتیستیک با استفاده از نظریه گراف

معصومه سادات صادقی دماوندی

۱۳۹۴

■ بررسی روند رشد بر فعالیت های الکتریکی مغز انسان با استفاده از تئوری گراف ها

فرشید جوادی

۱۳۹۴

■ برای تخصیص دامنه های ساختاری پروتئین ها با استفاده از شبکه عصبی proDomAs بهبود کارایی

■ بررسی مسئله تکمیل شبکه بر روی شبکه های تعاملی پروتئین - پروتئین

مرتضی میلانی

۱۳۹۳

■ پیش بینی موقعیت استقرار پروتئینها در اجزاء زیرسلولی با استفاده از رویکرد پیشنهاد شخصی بر اساس شبکه های دو بخشی

الناز میرزائی مهرآباد

۱۳۹۳

■ مبتنی بر قید دو گانه PC استنباط شبکه های تنظیمی ژنی از داده بیان ژن با استفاده از الگوریتم

امید شریفی

۱۳۹۲

■ روشی برای تخصیص دمین های پروتئینی بر پایه ی نظریه ی گراف

آمنه کوچکزاده

۱۳۹۲

■ بررسی و تبیین اثر همشنوایی در شبکه های پیچیده

حمید تراکمی

۱۳۹۲

■ بازسازی شبکه های رتیکولت از چندین درخت فیلوژنتیک

نساء خلیلی ثمرتوئی

۱۳۹۲

■ پیچیدگی ساخت درختان چند برچسبی از روی اسپلیت ها

بهاره علی پناهی رامندی

۱۳۹۲

■ ساختن یک درخت فیلوژنیک با بر چسب چند گانه با کمترین تعداد برگها از روی یک مجموعه از سه تایی ها

الهه شائی شهرائی

۱۳۹۲

■ بدست آوردن درختان گونه ای با استفاده از درختان ژنی چندبرچسبی

مظاهر مقصودلو

۱۳۹۲

■ پیمان های قوی در گراف ها

حسن طاهری

۱۳۹۱

■ تنظیم شبکه بیان ژن بر مبنای شبکه بیزی

■ غیر افزونگی تام در گراف ها

شهاب الدین حق

۱۳۹۰

■ گراف های فوق بحرانی نسبت به متمم های نسبی

عبداله علی مددی

۱۳۹۰

■ یک روش ابتکاری برای زمان بندی یک تورنمنت و استفاده از استنباط بیزی برای توجیه نتایج آن

سهیلا شعبانی مشکول

۱۳۸۹

■ کاربرد موجک و چند جمله ای های چبیشف در حل دستگاه معادلات انتگرال –دیفرانسیل ولترا–فرد هلم

حدیث مختوای

۱۳۸۹

■ دوروش برای ساختن شبکه های فیلوژنتیکی چهار تایی وزندار: MCQ–NET,QNET

احسان متقی

۱۳۸۹

■ N–NET,MC–NET دوروش برای ساختن شبکه های فیلو ژنتیکی

رضا حسن زاده

۱۳۸۹

■ متریک های مقایسه شبکه های فیلوژنتیک

نجمه فیروزی

۱۳۸۷

■ روش جدید برای یافتن موتیف بر مبنای جبر خطی: Libra الگوریتم

علیرضا شیخ عطار

۱۳۸۶

■ بررسی برخی از الگوریتم های ساختن درختان فیلوژنتیک

تورج افقهی

۱۳۸۶