یکی از اهداف اصلی علم نوظهور بیوانفورماتیک، درک فرایند تنظیم ژن در موجودات مختلف است که در چند سال اخیر مساله مهندسی معکوس در مدلسازی و شناسایی شبکه های تنظیم کننده ژنی با استفاده از داده های بیان ژن محور بسیاری از پژوهشها قرار گرفته است. از آنصجا که فرآیند تنظیم ژنها در سطح سلولی یک روند دینامیک و پویا است، بر این اساس شبکه های عصبی به دلیل قابلیت آموزش و تنظیم بر اساس داده های آموزشی و سیستمهای فازی به دلیل قابلیت تفسیرپذیری، الگوریتمهای مناسبی جهت این نوع محاسبات شناخته شده اند. در پایان نامه پیش روی، روش هایی برای پیش بینی ارتباطات پیچیده میان ژن ها انجام شده است که مبنای شبکه های عصبی -فازی دارد. هم چنین روشی جهت استخراج روابط از روی داده های ریزآرایه پیشنهاد شده که ساختاری نوین پویا و همراه با بهینه سازی دارد. روش پیشنهادی، ژن هایی که بیشترین تاثیر بر هم دارند را به عنوان ژن های تنظیم کننده می یابد و نوع روابط آن ها شامل اثر سدکنندگی، فعال-کنندگی و یا خنثی، مشخص می کند و در نهایت شبکه تنظیم ژنی بر اساس نتایج به دست آمده ترسیم می شود. اگرچه در ابتدا قصد بر آموزش شبکه با مجموعه داده های مربوط به اسید فسفاتاز های یک گیاه خاص بود، اما به دلیل عدم دسترسی به مجموعه داده نام برده، به عنوان جایگزین، از مجموعه داده های استاندارد ریزآرایه مربوط به ۱۲ ژن شاخص موثر در مدت سیکل جوانه زدن نوعی مخمر استفاده شد. این داده ها شامل نمونه های جمع آوری شده در نقاط زمانی مختلف از سیکل سلولی است که جهت نمایش خروجی استخراج شده و در نتیجه تعیین بازدهی با مقایسه روابط بین ژنی به دست آمده تجربی، استفاده شده است. مجموعه داده ها به ترتیب شامل Alpha با ۱۸ نقطه زمانی و cdc۱۵ با ۲۴ نقطه زمانی است. فعل و انفعالاتی که از میان مجموعه ای از ژن های مشخص، با نقش تنظیمی در طول چرخه سلول، حاصل شده است با نتایج پژوهشی بیولوژیکی پیشین، تحت معتبرسازی قرار گرفته اند. نتایج شبیه سازی نشان-دهنده آن است که با اجرای روش پیشنهادی، ۱۵%از تعداد قوانین استخراج شده جهت بخش بندی فضای ورودی- خروجی کاسته شده و این منجر به کاهش شدید محاسبات می شود، در حالی که میزان مجموع مربعات خطای الگوریتم نیز در مقایسه با نزدیکترین روش از لحاظ الگوریتم، کاهش یافته است