****

**دانشگاه شهید بهشتی**

**دانشکده مهندسی و علوم کامپیوتر**

**اطلاعیه دفاع**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **نام استاد راهنما:**  **جناب آقای دکتر علی جهانیان** | | | **نام دانشجو:**  **مرسده سنجابی** | |
| **مقطع:دکتری** | **گرایش: معماری سیستم های کامپیوتری** | | | **رشته: مهندسی کامپیوتر** |
| **تاریخ: 06/06/1401** | | | **نوع دفاع:**   * **دفاع پروپوزال □** * **دفاع پایان نامه □** * **دفاع رساله دکترا ▪** | |
| **ساعت: 9:30 الی 11:30** | | |
| **مکان: دانشگاه شهید بهشتی، دانشکده مهندسی و علوم کامپیوتر ، طبقه دوم اتاق 200** | | |
| **عنوان: ارائه­ی راهکار طراحی سامانه­های منطقی مبتنی بر دنا باهدف تشخیص کارآمد الگوی زیست‌نشانگرهای نوکلئوتیدی** | | | | |
| **داوران داخلی: جناب آقای دکتر حمیدرضا مهدیانی و جناب آقای دکتر دارا رحمتی** | | **داوران خارجی:جناب آقای دکتر مرتضی کریمی پور و جناب آقای دکتر سید شمس الدین مهاجرزاده** | | |
| **چکیده:**  محاسبات مبتنی بر رشته­های دی اِن اِی (دنا) به عنوان یک رویکرد با سطح توازی بسیار بالا مطرح هستند. در این روش محاسبه، تعداد بسیار بالایی از مولکول­ها به صورت موازی در یک محاسبه شرکت دارند و سطح بسیار بالایی از توازی را برای حل مسائل بزرگ ایجاد می­کنند. محاسبات دنا در کنار توازی بسیار بالا، برای کاربردهای پزشکی نیز جذابیت­های قابل توجهی دارند. یکی از کاربردهای محاسبات دنا طراحی دروازه­های منطقی با کاربرد حسگر بیومارکرهای نوکلئوتیدی است. تحقیقات اخیر نشان داده کهزیست نشانگرهای نوکلئونیدی از نوع microRNA(miRNA) می­توانند به عنوان نشانگرهای قابل اعتمادی برای تشخیص زودهنگام بیماری‏هایی مانند سرطان یا عفونت­های ویروسی و یا ام­اس مورد استفاد قرار گیرند. روش معمول برای تشخیص میزان بیان miRNAها استفاده از Realtime-PCR است که هم‌زمان و هزینه بالایی دارد و هم از دقت کافی برخوردار نیست.  در سال­های اخیر روش­هایی برای تشخیص میزان بیان miRNA با استفاده از دروازه­های منطقی مبتنی بر دنا ارائه‌شده که هم از دقت و هم سرعت مناسب­تری نسبت به Realtime-PCR برخوردار است. البته با توجه به اینکه معمولاً miRNAهای متعدی با سطوح بیان مختلف در هر بیماری درگیر هستند، طراحی دروازه­ی مناسب برای تشخیص بیماری­های مختلف، ازنظر کامپیوتری پیچیده است و تاکنون کار جدی و قابل استفاده از سوی متخصصان این حوزه روی آن انجام نشده است. اکثر کارهای انجام‌شده توسط متخصصان ژنتیک و در سطح دروازه­های ابتدایی و ناکارآمد بوده است و برای تشخیص بیماری­ها با سطح دقت مناسب، کافی نیستند.  ما در این رساله، یک روش کارآمد برای طراحی محاسبه­گرهای دنا در جهت تشخیص الگوی miRNAها به‌عنوان زیست‌نشانگرهای بیماری‌ها ارائه داده­ایم. در این روش، با ترکیب روش‌های مرسوم طراحی سیستم­های منطقی با دانش ژنتیک، سیستم­های منطقی دنا برای تشخیص میزان بیان الگوی miRNAها متناسب با پیچیدگی و دقت لازم طراحی شد. مشکلات اصلی در طراحی سیستم تشخیص‌دهنده، تعداد بالای miRNAهای مؤثر در هر بیماری و تفاوت سطح آستانه هر miRNA برای شرایط مختلف است. ما توانستیم روشی برای طراحی دروازه­های تشخیص‌دهنده­ای باقابلیت تشخیص الگوهای پیچیده­ی miRNAها با تعداد ورودی بالا و نیز سطوح آستانه­ی متفاوت ارائه دهیم. هدف طراحی قالبی انعطاف­پذیر بوده که بتوان به‌راحتی آن را برای تشخیص بیماری‌های مختلف برنامه­ریزی نمود و برای افراد متفاوت شخصی‌سازی کرد. همچنین با جایگزینی مدار تشخیص‌دهنده به‌جای یک دروازه­ی ساده، احتمال تشخیص زودهنگام بیماری افزایش و احتمال رخداد تشخیص غلط کاهش‌یافته است.  درنهایت بر اساس آزمایش‌های انجام‌شده و تجربه­ی حاصل از آن‌ها روندی بهینه و نیمه‌خودکار برای طراحی مدارهای تشخیص‌دهنده ارائه گردید. مزایای استفاده ازاین‌رو شامل: حداقل کردن هزینه­ها توسط خودکارسازی روند طراحی برای بیماری‌های مختلف، تشخیص کاهش یا افزایش سطح زیست‌نشانگرها و در نظر گرفتن متفاوت بودن میزان تغییرات در زیست‌نشانگرهای مختلف هست. نتایج شبیه­سازی­ها و مقایسه­های صورت گرفته بین طرح پیشنهادی و کارهای انجام‌شده، بیانگر میزان بهبود در حدود 50% در سرعت تشخیص الگوی miRNAها (زمان رسیدن به غلظت نهایی) و 12% در دقت تشخیص (میزان غلظت نهایی رشته­ی خروجی) است. همچنین، تحلیل­های احتمالاتی صورت گرفته بیانگر این مطلب است که طرح پیشنهادی دارای حداقل میزان احتمال رخداد خطا و واکنش‌های ناخواسته بوده و احتمال تولید رشته­ی خروجی دروازه­ی پیشنهادی،­ در حدود 29% بهبود یافته است درنتیجه سیستم ارائه‌شده قابلیت اطمینان مناسبی داشته و نتایج شبیه­سازی­ها با تحلیل دقیق صحه­گذاری شده است. درواقع، در این رساله با استفاده از تجریه و دانش طراحی سیستم­های کامپیوتری، روشی ساخت­یافته ارائه‌شده به‌طوری‌که متخصصان ژنتیک بتوانند با استفاده از نتایج آن برای شرایط و افراد مختلف به‌راحتی سیستم تشخیصی دقیق و ارزان طراحی نمایند. | | | | |