


بسمه تعالی

| | | |
|------------------|------------------------------------|--|
| شماره: تاریخ: | اطلاعیه برگزاری جلسه دفاع از رساله |  تاسیس 1307 دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی |
|------------------|------------------------------------|--|

برگزاری جلسه دفاع از رساله

(مشخص شود: **حضور** ● **غیرحضور** ● **نیمه حضوری** ○)

عنوان رساله: ارائه مدل یادگیری ماشین به منظور دقت بیشتر در تشخیص سرطان تیروئید
براساس ریزآرابه‌های ژن

نام و نام خانوادگی دانشجو(شماره دانشجویی، ایمیل): مریم السادات سیفی 9712064 _ msseifi8@email.kntu.ac.ir
استاد/اساتید راهنما: جناب آقای دکتر محمد تشنه لب _ teshnehlab@eed.kntu.ac.ir
جناب آقای دکتر امیرحسین نیکوفرد _ a.nikoofard@kntu.ac.ir
استاد مشاور:

ارزیاب داخلی(مرتب علمی): جناب آقای دکتر جعفر حیرانی نوبری، استاد یار _ nobari@eed.kntu.ac.ir
ارزیاب داخلی(مرتب علمی):

ارزیاب خارجی(مرتب علمی، نام دانشگاه): جناب آقای دکتر محمد منثوری ، استاد یار _ دانشگاه شاهد (گروه آموزشی مهندسی
برق قدرت - کنترل) _ mmanthouri@shahed.ac.ir

ارزیاب خارجی(مرتب علمی، نام دانشگاه):

نماینده تحصیلات تکمیلی دانشگاه(مرتب علمی): جناب آقای دکتر جعفر حیرانی نوبری ، استاد یار

چکیده(فارسی):

در چند دهه گذشته شاهد افزایش شدید شیوع سرطان تیروئید در سراسر جهان بودیم که آن را به پنجمین سرطان شایع در زنان تبدیل شده است؛ سرطان تیروئید شایع ترین نوع سرطان ناشی از سیستم غدد درون ریز است که تشخیص زودهنگام منجر به نتایج بالینی خوبی در انواع متمایز سرطان تیروئید می شود. بنابراین شناسایی نشانگر مولکولی که فرایند پاتولوژی در طول تکامل این سرطان را توضیح می دهد، از اهمیت بالایی برخوردارند. MicroRNA ها نشان داده شده است که بر فعالیت مسیرهای پیام رسانی مربوط به سرطان تیروئید می گذارد. شبکه های عصبی عمیق گونه‌ای از ساختارهای عصبی هستند که به دلیل داشتن بیش از یک لایه-ی مخفی و آموزش محلی هر لایه، قادر به تعمیم‌دهی بهتر در مقایسه با شبکه عصبی مرسوم هستند. در این تحقیق قصد داریم با پیاده‌سازی و ارائه شبکه عصبی عمیق به عنوان طبقه بندی کننده و با استفاده از روش

ANOVA برای انتخاب ویژگی به دقت بیشتری در تشخیص سرطان تیروئید پردازیم. مدل‌های یادگیری ماشین به منظور دسته بندی مراحل اولیه و پیشرفته نمونه‌ها از بیماری سرطان تیروئید انجام دهیم. بی‌تابست miRNA مورد استفاده شامل 502 بیمار است که از پایگاه داده اطلس ژنوم سرطان استخراج شده است. در ابتدا با استفاده از انتخاب ویژگی، به جداسازی

Formatted: Font: 12 pt, Complex Script Font: 12 pt

بررسی‌هایی که از اهمیت بیشتری برخوردار بودند پرداختیم تا به توان با این کاهش آماد به دقت بهتری از دسته بندی مراحل سرطان دست پیدا کرد. روش پیشنهادی قادر است سرطان تیروئید را به مقدار f1-score ، 0.78 و 0.55 به ترتیب برای مراحل زودهنگام و پیشرفته و دقت 0.71 و مقدار ROC 0.74 تشخیص دهد.

زمان: 12:30 روز پنج شنبه 29 مهر 1400

مکان:

تذکر:

1. فرم حداکثر در یک صفحه آماده شود.
2. درج ایمیل اساتیدی که حضورشان در جلسه دفاعیه به صورت مجازی (غیر حضوری) است، الزامی است.