

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	ค
บทคัดย่อภาษาไทย	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	จ
สารบัญตาราง	ญ
สารบัญภาพ	ฉ
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 หลักการ ทฤษฎี และเหตุผล	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการศึกษา	2
1.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการวิจัย	2
1.4 ขอบเขต และ วิธีการวิจัย	2
1.5 สถานที่ที่ใช้ในการดำเนินการวิจัยและรวบรวมข้อมูล	4
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	5
2.1 เอ็มเอชซี	5
2.1.1 กระบวนการนำเสนอแอนติเจน	7
2.1.2 เอชแอลเอกลุ่มที่ I	7
2.1.3 เอชแอลเอกลุ่มที่ II	8
2.2 ข้อมูลรหัสพันธุกรรมของดีเอ็นเอ	10
2.3 การถอดรหัสพันธุกรรมของดีเอ็นเอ	11
2.4 โคดอนยูสเอส	12
2.5 ไค-โคดอนยูสเอส	14
2.6 การเรียนรู้ด้วยเครื่อง	14
2.6.1 การเรียนแบบมีผู้สอน	14
2.6.2 การเรียนแบบไม่มีผู้สอน	15

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
บทที่ 3 แบบจำลองการคำนวณ	16
3.1 เค-เนียร์เรสต์เนเบอร์	16
3.2 โครงข่ายประสาท	19
3.2.1 โครงสร้างของโครงข่ายประสาท	20
3.2.2 สถาปัตยกรรมโครงข่ายประสาท	22
3.2.3 การเรียนรู้ของโครงข่ายประสาท	23
3.3 ชัฟฟอร์ตเวกเตอร์แมชชีน	24
3.3.1 ชัฟฟอร์ตเวกเตอร์แมชชีนสำหรับการแบ่งกลุ่ม	24
3.3.2 ชัฟฟอร์ตเวกเตอร์แมชชีนแบบไม่เชิงเส้น	32
3.3.3 การฝึกสอนชัฟฟอร์ตเวกเตอร์แมชชีน ในปริภูมิลักษณะมิติสูง	33
3.3.4 เคอร์เนลฟังก์ชัน	34
3.3.5 การจำแนกข้อมูลแบบหลายกลุ่มด้วยชัฟฟอร์ตเวกเตอร์แมชชีน	36
3.4 สตริงเคอร์เนล	37
3.4.1 สเปกตรัมเคอร์เนล	37
3.4.2 เค-สเปกตรัม (K-Spectrum) สำหรับข้อมูลสายลำดับ	40
3.4.3 การกำหนดคุณลักษณะแบบ (เค, เอ็ม)-มิสแมช	41
3.4.4 กลวิธีของสเปกตรัมเคอร์เนล	42
บทที่ 4 การจำแนกชนิดข้อมูลของโมเลกุลเอชแอลเอโดยใช้สเปกตรัมเคอร์เนล	45
4.1 การเตรียมชุดข้อมูลของโมเลกุลเอชแอลเอ	45
4.2 การวิเคราะห์กระบวนการวินิจฉัยงาน	47
4.3 การวัดประสิทธิภาพในการทำนาย	49

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
4.4 ผลการทดลอง	50
4.4.1 สเปกตรัมเคอร์เนลเปรียบเทียบกับวิธีการทันสมัยอื่น ในการจำแนกชนิดข้อมูลของเฮกเซลเอากลุ่มหลัก	52
4.4.2 สเปกตรัมเคอร์เนลเปรียบเทียบกับวิธีการทันสมัยอื่น ในการจำแนกชนิดข้อมูลของเฮกเซลเอากลุ่มย่อย	53
บทที่ 5 การจำแนกชนิดข้อมูลของโมเลกุลเฮกเซลเอ โดยใช้วิธีการเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์ บนพื้นฐานของสเปกตรัมเคอร์เนล	55
5.1 การจำแนกข้อมูลสายลำดับโดยวิธีการเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์ บนพื้นฐานของสเปกตรัมเคอร์เนล	56
5.2 ผลการทดลอง	57
5.2.1 วิธีการเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์บนพื้นฐานของสเปกตรัมเคอร์เนล	57
5.2.2 วิธีการเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์บนพื้นฐานของ สเปกตรัมเคอร์เนลเปรียบเทียบกับวิธีการทันสมัยอื่น ในการจำแนกชนิดข้อมูลของโมเลกุลเฮกเซลเอากลุ่มหลัก	59
5.2.3 วิธีการเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์บนพื้นฐานของ สเปกตรัมเคอร์เนลเปรียบเทียบกับวิธีการทันสมัยอื่น ในการจำแนกชนิดข้อมูลของโมเลกุลเฮกเซลเอากลุ่มย่อย	60
บทที่ 6 บทสรุป	61
6.1 สรุปผลการทดลอง	61
6.1.1 วิธีสเปกตรัมเคอร์เนลโดยวิธีซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน	61
6.1.2 วิธีสเปกตรัมเคอร์เนลรวมกับวิธีของเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์	62
6.2 ข้อจำกัด	63
6.3 ข้อเสนอแนะ	63
บรรณานุกรม	64

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
ภาคผนวก	69
ภาคผนวก ก วิธีสเปกตรัมเคอร์เนลโดยวิธีซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน	70
ภาคผนวก ข วิธีสเปกตรัมเคอร์เนลรวมกับวิธีของเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์	73
ประวัติผู้เขียน	92

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

สารบัญตาราง

ตาราง	หน้า
2.1 ตารางรหัสพันธุกรรม	12
4.1 รายละเอียดของชุดข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์	46
4.2 การวัดประสิทธิภาพในการจำแนกชนิดข้อมูลสายลำดับของ โมเลกุลเอชแอลเอโดยใช้สเปกตรัมเคอร์เนลในกรณีที่แตกต่างกัน	50
4.3 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของวิธีการสเปกตรัมเคอร์เนล กับวิธีการทันสมัยในการจำแนกชนิดข้อมูลของโมเลกุลเอชแอลเอกลุ่มหลัก	52
4.4 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของวิธีการสเปกตรัมเคอร์เนล กับวิธีการทันสมัยในการจำแนกชนิดข้อมูลของโมเลกุลเอชแอลเอกลุ่มย่อย	53
5.1 การวัดประสิทธิภาพของการทำนายในวิธีสเปกตรัมเคอร์เนล ร่วมกับวิธีเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์	57
5.2 ประสิทธิภาพในการทำนายของวิธีการแบบเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์บนพื้นฐาน ของสเปกตรัมเคอร์เนลโดยเปรียบเทียบกับวิธีการทันสมัยอื่น (เอชแอลเอกลุ่มหลัก)	59
5.3 ประสิทธิภาพในการทำนายของวิธีการแบบเค-เนียร์เรสต์เนเบอร์บนพื้นฐาน ของสเปกตรัมเคอร์เนลโดยเปรียบเทียบกับวิธีการทันสมัยอื่น (เอชแอลเอกลุ่มย่อย)	60

สารบัญภาพ

รูป	หน้า	
2.1	เอชแอลเอ	6
2.2	โครงสร้างของโปรตีนเอชแอลเอกลุ่มที่ I และเอชแอลเอกลุ่มที่ II ในการจับกับแอนติเจนพร้อมกับการนำเสนอเซลล์ไซโตโตซิก และเซลล์ผู้ช่วยในการกระตุ้นที-เซลล์	7
2.3	ขั้นตอนการนำเสนอแอนติเจนด้วยโมเลกุลโปรตีนเอชแอลเอกลุ่มที่ I	8
2.4	ขั้นตอนการนำเสนอด้วยโมเลกุลโปรตีนเอชแอลเอกลุ่มที่ II	9
2.5	การเรียนรู้แบบมีผู้สอนและการเรียนรู้แบบไม่มีผู้สอน	15
3.1	เค-เอ็นเอ็นที เค เท่ากับ 3	17
3.2	ขนาดของเค-เนียร์เลส เนชเบอร์	19
3.3	แบบจำลองของประสาทในสมองมนุษย์	20
3.4	นิรอนของโครงข่ายประสาท	21
3.5	โครงข่ายประสาทแบบชั้นเดียว	22
3.6	โครงข่ายประสาทแบบหลายชั้น	23
3.7	กระบวนการในการหาระนาบเกินที่เหมาะสมในการแบ่งข้อมูล	26
3.8	ระนาบเกินที่เหมาะสมที่สุดซึ่งระยะห่างจากระยะขอบมากที่สุด	26
3.9	แนวคิดการส่งแบบไม่เชิงเส้นไปสู่ปริภูมิอันดับสูง	32
3.10	(ก) ตัวอย่างข้อมูลเวกเตอร์ฝึกสอนที่แบ่งแยกได้แบบเชิงเส้น (ข) ข้อมูลเวกเตอร์ฝึกสอนที่สามารถแบ่งแยกได้แบบเชิงเส้น (ค) การส่งเวกเตอร์ฝึกสอนไปยังปริภูมิมิติสูงขึ้น (ในที่นี้คือ 2 มิติ) ทำให้ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนสามารถแบ่งแยกข้อมูลได้	34
3.11	แนวคิดการส่งในเคอร์เนลฟังก์ชัน	35
3.12	เซตของความยาวทั้งหมดที่มีขนาด เค เท่ากับ 3	40
3.13	การให้ค่าของความเหมือนหรือแตกต่างให้กับข้อมูลสายลำดับ	41
3.14	การพิจารณานิยามความเหมือนที่กำหนดไว้	41

สารบัญภาพ (ต่อ)

รูป	หน้า
3.15 การคำนวณค่าคะแนนของเค-สเปกตรัม	43
4.1 ลักษณะของข้อมูลสายลำดับเอชแอลเอที่นำมาวิเคราะห์	45
4.2 กระบวนการวิธีการจำแนกข้อมูลสายลำดับ	47
4.3 ลักษณะของโมเลกุลเอชแอลเอกลุ่มที่ I และกลุ่มที่ II	48