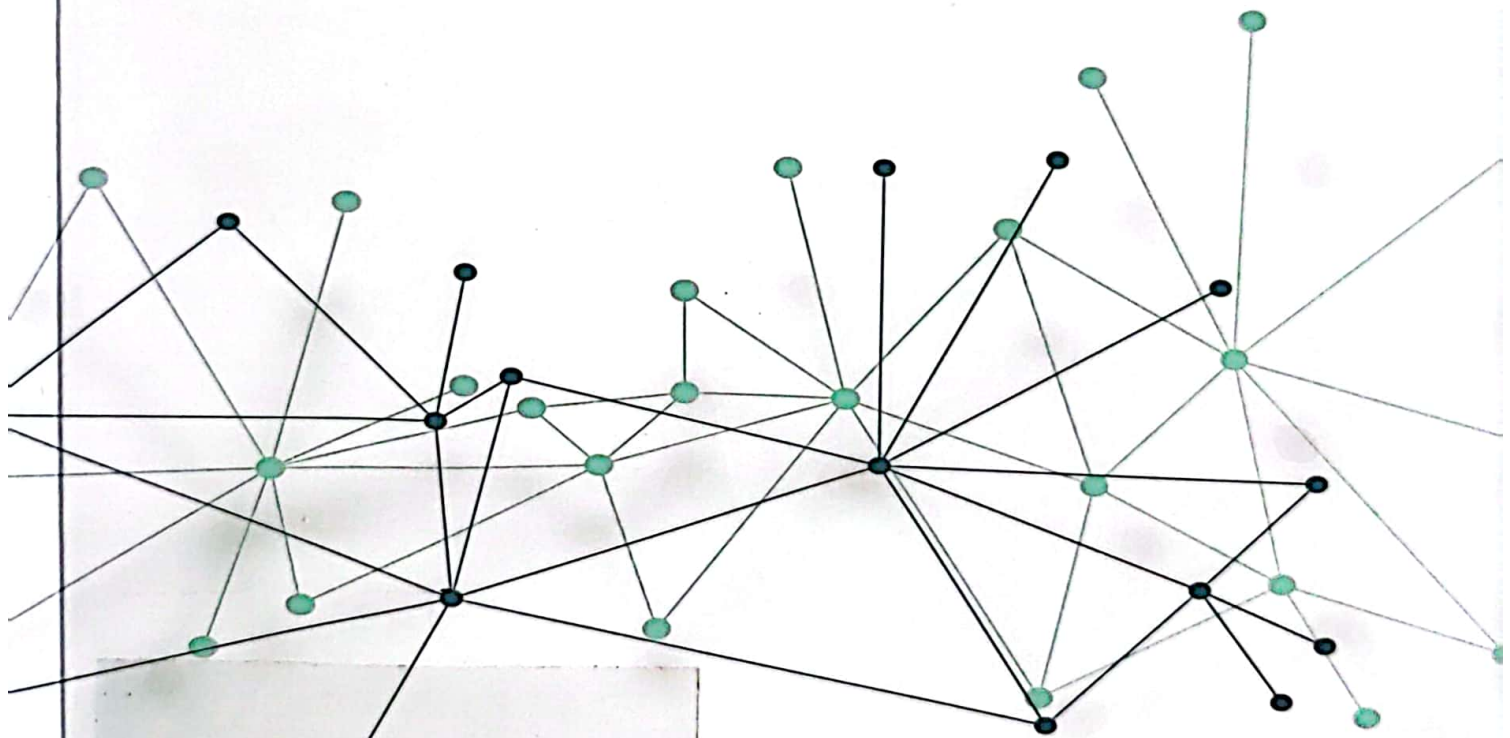




599.935

ณ 127ก

2560

ณ.1

และตัวอย่างปัญหาในพันธุศาสตร์มนุษย์
Application and Examples of Problems
in Human Genetics

ณชล ไชยรัตน์

	หน้า
บทที่ 1 การจำแนก	1
1.1. ตัวอย่างการจำแนก	2
1.2. การจำแนกสำหรับปัญหาในพันธุศาสตร์มนุษย์	4
1.3. การจำแนกโดยใช้ทฤษฎีการตัดสินใจแบบเบส	6
1.4. การแก้ปัญหาการจำแนกโดยใช้เทคนิคอิงพารามิเตอร์	12
1.4.1. ตัวจำแนกแบบเบสสำหรับการแจกแจงปรกติตัวแปรเดียว	12
1.4.2. ตัวจำแนกแบบเบสสำหรับการแจกแจงปรกติหลายตัวแปร	16
1.4.3. ตัวจำแนกแบบเบสสำหรับการแจกแจงแบร์นูลลี	24
1.5. การประมาณค่าพารามิเตอร์ของการแจกแจง	26
1.5.1. การประมาณความควรจะเป็นสูงสุด	26
1.5.1.1. การประมาณค่าพารามิเตอร์ของการแจกแจงปรกติโดย	
การประมาณความควรจะเป็นสูงสุด	28
1.5.1.2. การประมาณค่าพารามิเตอร์ของการแจกแจงแบร์นูลลีโดย	
การประมาณความควรจะเป็นสูงสุด	29
1.5.2. การอนุมานแบบเบส	31
1.5.2.1. การประมาณค่าพารามิเตอร์ของการแจกแจงปรกติโดย	
การอนุมานแบบเบส	31
1.5.2.2. การประมาณค่าพารามิเตอร์ของการแจกแจงแบร์นูลลีโดย	
การอนุมานแบบเบส	34
1.6. การแก้ปัญหาการจำแนกโดยใช้เทคนิคไม่อิงพารามิเตอร์	37
1.6.1. การประมาณแบบเคอร์เนล	40
1.6.2. การประมาณแบบ k เพื่อนบ้านใกล้สุด	42
บทที่ 2 การประเมินสมรรถนะการจำแนก	45
2.1. ค่าคลาดเคลื่อนการจำแนก	45
2.2. วิธีประเมินสมรรถนะการจำแนก	48
2.2.1. วิธีประเมินสมรรถนะการจำแนกแบบอิงพารามิเตอร์	48
2.2.2. วิธีประเมินสมรรถนะการจำแนกแบบไม่อิงพารามิเตอร์	51
2.2.2.1. วิธีแทนที่กลับ	52

	หน้า
2.2.2.2. วิธีชักออก	53
2.2.2.3. วิธีชักออกครั้งละหนึ่ง	55
2.2.2.4. การตรวจสอบความสมเหตุสมผลไขว้	57
2.2.2.5. วิธีบุทสเตร็ป	59
2.3. ดัชนีการประเมินสมรรถนะการจำแนก	63
2.3.1. ความแม่นยำการจำแนก	63
2.3.2. ความไว ความจำเพาะ ความเที่ยง และการจำได้	66
2.4. เส้นโค้งอาร์โอซี	69
2.4.1. เส้นโค้งอาร์โอซีสำหรับตัวจำแนกวิญุต	72
2.4.2. เส้นโค้งอาร์โอซีสำหรับตัวจำแนกต่อเนื่อง	74
2.4.2.1. การประมาณฟังก์ชันการแจกแจงสะสมของตัวอย่างจาก คลาสบวกและตัวอย่างจากคลาสลบโดยใช้ วิธีไม่อิงพารามิเตอร์	76
2.4.2.2. การประมาณฟังก์ชันการแจกแจงสะสมของตัวอย่างจาก คลาสบวกและตัวอย่างจากคลาสลบโดยใช้ วิธีอิงพารามิเตอร์	78
บทที่ 3 ตัวจำแนกเชิงเส้น	83
3.1. ฟังก์ชันจำแนกเชิงเส้น	83
3.1.1. ฟังก์ชันจำแนกเชิงเส้นสำหรับปัญหาการจำแนกซึ่งประกอบด้วย สองคลาส	83
3.1.2. ฟังก์ชันจำแนกเชิงเส้นสำหรับปัญหาการจำแนกซึ่งประกอบด้วย หลายคลาส	85
3.1.3. การค้นหาตัวถ่วงน้ำหนักการเชื่อมโยงของฟังก์ชันจำแนกเชิงเส้น	88
3.2. เพอร์เซ็ปตรอน	92
3.2.1. เพอร์เซ็ปตรอนสำหรับปัญหาการจำแนกซึ่งประกอบด้วยสองคลาส	92
3.2.2. เพอร์เซ็ปตรอนสำหรับปัญหาการจำแนกซึ่งประกอบด้วย หลายคลาส	99
3.3. วิธีกำลังสองน้อยสุด	103

	หน้า
3.3.1. วิธีกำลังสองน้อยสุดสำหรับปัญหาการจำแนกซึ่งประกอบด้วย สองคลาส	103
3.3.2. วิธีกำลังสองน้อยสุดสำหรับปัญหาการจำแนกซึ่งประกอบด้วย หลายคลาส	106
3.4. การถดถอยโลจิสติก	109
3.4.1. การถดถอยโลจิสติกทวิภาค	109
3.4.2. การถดถอยโลจิสติกอเนกนาม	114
บทที่ 4 ตัวจำแนกไม่เชิงเส้น	121
4.1. ต้นไม้การตัดสินใจ	121
4.1.1. แนะนำต้นไม้การตัดสินใจ	121
4.1.2. ต้นไม้การตัดสินใจ ID3	123
4.1.3. เอนโทรปีและอัตราการขยายสารสนเทศ	125
4.1.4. ตัวอย่างการสร้างต้นไม้การตัดสินใจ ID3	126
4.1.5. ดัชนีจีนิ	129
4.1.6. ลักษณะประจำค่าต่อเนื่อง	130
4.1.7. การแบ่งทวิภาค	132
4.1.8. ลักษณะประจำไม่สมบูรณ์	134
4.1.9. ต้นไม้การตัดสินใจ C4.5	135
4.1.10. ป่าสุ่ม	136
4.2. ข่ายงานระบบประสาท	138
4.2.1. แนะนำข่ายงานระบบประสาท	138
4.2.2. ขั้นตอนวิธีแพร่ย้อนหลัง	144
4.2.2.1. การคำนวณอนุพันธ์กรณีตัวถ่วงน้ำหนักการเชื่อมโยงของ นิวรอนในชั้นข้อมูลออก	146
4.2.2.2. การคำนวณอนุพันธ์กรณีตัวถ่วงน้ำหนักการเชื่อมโยงของ นิวรอนในชั้นซ่อน	147
4.2.2.3. สรุปขั้นตอนวิธีแพร่ย้อนหลัง	149

สแกนด้วย CamScanner

	หน้า
5.3.1.4. การกลายพันธุ์	185
5.3.1.5. การค้นหาทางพันธุกรรม-ความชันลูกผสม	187
5.3.2. การโปรแกรมทางพันธุกรรม	188
5.3.2.1. การแทนต้นไม้	188
5.3.2.2. การสร้างประชากรต้นไม้ม	190
5.3.2.3. การคำนวณความแข็งแรงและการคัดเลือกผลเฉลย	192
5.3.2.4. การครอสโอเวอร์	192
5.3.2.5. การกลายพันธุ์	194
5.3.2.6. การประยุกต์ใช้โปรแกรมทางพันธุกรรมกับปัญหา การจำแนกซึ่งประกอบด้วยหลายคลาส	195
บทที่ 6 ตัวอย่างปัญหาการจำแนกซึ่งข้อมูลเข้าเป็นลักษณะประจำค่าต่อเนื่อง: การจำแนกประเภทธาลัสซีเมีย	197
6.1. การจำแนกประเภทธาลัสซีเมียโดยการวิเคราะห์ข้อมูลการตรวจ ความสมบูรณ์ของเม็ดเลือด	201
6.1.1. ข้อมูลการตรวจความสมบูรณ์ของเม็ดเลือด	202
6.1.2. การแทนโครงสร้างในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมสำหรับการถดถอย ไม่เชิงเส้น	202
6.1.3. การคัดเลือกลักษณะประจำของข้อมูลการตรวจความสมบูรณ์ ของเม็ดเลือด	207
6.1.4. การจำแนกประเภทธาลัสซีเมียโดยการวิเคราะห์ข้อมูล การตรวจความสมบูรณ์ของเม็ดเลือดโดยใช้ข่ายงาน ระบบประสาท	209
6.2. การจำแนกประเภทธาลัสซีเมียโดยการวิเคราะห์ข้อมูลการตรวจชนิด ฮีโมโกลบิน	210
6.2.1. ข้อมูลการตรวจชนิดฮีโมโกลบิน	211
6.2.2. การทำให้ลักษณะประจำของข้อมูลการตรวจชนิดฮีโมโกลบิน เป็นค่าวิยุตและการคัดเลือกลักษณะประจำของข้อมูล การตรวจชนิดฮีโมโกลบิน	214

	หน้า
6.2.3. การจำแนกประเภทธาลัสซีเมียโดยการวิเคราะห์ข้อมูล การตรวจชนิดฮีโมโกลบินโดยใช้ข่ายงานระบบประสาทและ ต้นไม้การตัดสินใจ	218
6.2.4. การประเมินประสิทธิผลของการจำแนกประเภทธาลัสซีเมีย โดยการวิเคราะห์ข้อมูลการตรวจชนิดฮีโมโกลบินโดยใช้ ต้นไม้การตัดสินใจในสถานการณ์จริง	221
6.3. การจำแนกประเภทธาลัสซีเมียโดยการวิเคราะห์ข้อมูลการตรวจ ความสมบูรณ์ของเม็ดเลือดและข้อมูลการตรวจชนิดฮีโมโกลบิน	221
6.3.1. ข้อมูลการตรวจความสมบูรณ์ของเม็ดเลือดและข้อมูล การตรวจชนิดฮีโมโกลบิน	223
6.3.2. ตัวจำแนกเบสสามัญ	226
6.3.3. การทำให้ลักษณะประจำของข้อมูลการตรวจความสมบูรณ์ ของเม็ดเลือดและข้อมูลการตรวจชนิดฮีโมโกลบินเป็นค่าวิยุต	228
6.3.4. การจำแนกประเภทธาลัสซีเมียโดยการวิเคราะห์ข้อมูล การตรวจความสมบูรณ์ของเม็ดเลือดและข้อมูลการตรวจชนิด ฮีโมโกลบินโดยใช้ต้นไม้การตัดสินใจ ตัวจำแนกเบสสามัญ และข่ายงานระบบประสาท	228
6.3.5. การประเมินประสิทธิผลของการจำแนกประเภทธาลัสซีเมีย โดยการวิเคราะห์ข้อมูลการตรวจความสมบูรณ์ของเม็ดเลือดและ ข้อมูลการตรวจชนิดฮีโมโกลบินโดยใช้ตัวจำแนกเบสสามัญ และข่ายงานระบบประสาทในสถานการณ์จริง	238
บทที่ 7 ตัวอย่างปัญหาการจำแนกซึ่งข้อมูลเข้าเป็นลักษณะประจำค่าวิยุต: การตรวจจับอีพิสเตกซิสบริสุทธ์ในการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม	239
7.1. วิธีที่เกี่ยวข้อง	244
7.1.1. แบบจำลองอีพิสเตกซิสบริสุทธ์	244
7.1.2. genomeSIM	249
7.1.3. วิธีวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทั้งเขต	250

	หน้า
7.1.4. เทคนิคปรับ ReliefF	252
7.1.5. เทคนิคลดมิติหลายปัจจัย	252
7.1.6. ขั้นตอนวิธีการทดสอบการเรียงสับเปลี่ยนของกลุ่มการรวม	
ผลการวิเคราะห์ครั้งละสองตำแหน่งที่ตั้ง	257
7.1.6.1. การวิเคราะห์ครั้งละสองตำแหน่งที่ตั้ง	257
7.1.6.2. การทดสอบการเรียงสับเปลี่ยน	257
7.1.6.3. การคำนวณค่าฟิครอบคลุม	258
7.1.6.4. การค้นหากลุ่มการรวมผลการวิเคราะห์ครั้งละสอง	
ตำแหน่งที่ตั้งที่ดีที่สุด	259
7.1.7. JLIN	260
7.2. การตรวจจับอพิสเทซิสบริสุทธิ์	260
7.3. การตรวจจับอพิสเทซิสบริสุทธิ์ในขณะที่มีความต่างแบบกัน	
ทางพันธุกรรม	279
7.3.1. การศึกษาโดยใช้เซตข้อมูลขนาดเล็ก	279
7.3.2. การศึกษาโดยใช้เซตข้อมูลขนาดใหญ่	291
7.3.3. การศึกษาโดยการวิเคราะห์ข้อมูลเบาหวานชนิดที่หนึ่ง	294
เอกสารอ้างอิง	299
อภิธานศัพท์	315
ดัชนี	331
Index	343
ประวัติผู้เขียน	361