

ՀԱՍՏԱՏՈՒՄ ԵՄ՝

ՀՀ ԳԱԱ-ի Մաթեմատիկայի
ինստիտուտի տնօրեն



Տիգրան Վահագնի Գալստյանի "Հատկանիշներ համապատասխանեցնող արտապատկերումների հայտնաբերման խնդրի վիճակագրական և հաշվողական բարդությունը" վերնագրով Ա.01.05- "հավանականությունների տեսություն և մաթեմատիկական վիճակագրություն" մասնագիտությամբ ֆիզիկա-մաթեմատիկական գիտությունների թեկնածուի գիտական աստիճանի հայցման ատենախոսության մասին

ԱՌԱՋԱՏԱՐ ԿԱԶՄԱԿԵՐՊՈՒԹՅԱՆ ԿԱՐԾԻՔ

Ատենախոսությունը նվիրված է հատկանիշների բազմություններ համապատասխանեցնող արտապատկերման հայտնաբերման խնդրի տարբեր դրվածքների համար համապատասխանեցման տարբեր մեթոդների մշակմանը, դրանց օպտիմալության և ճշգրիտ արտապատկերման վերականգնման համար անհրաժեշտ պայմանների ուսումնասիրությանը: Աշխատանքում ստացված արդյունքներից շատերը հանդիսանում են հատկանիշների բազմություններ համապատասխանեցնող արտապատկերման հայտնաբերման խնդրի վերաբերյալ հայտնի արդյունքների ընդհանրացումներ:

Տվյալների հավաքածուների համապատասխանեցումը տարբեր տվյալների շտեմարաններում նույն կետերը գտնելու խնդիր է: Այս խնդիրն առաջանում է բազմաթիվ գործնական կիրառություններում, ինչպիսիք են նկարում օբյեկտների հայտնաբերումը, տեսախցիկի դիրքի գնահատումը, կենսաբժշկական տվյալների վերլուծությունը և այլն: Օբյեկտների հայտնաբերման ժամանակ տվյալների համընկնումը օգտագործվում է տարբեր պատկերների վրա բանալի կետերի նկարագրիչներ համապատասխանեցնելու համար: Երկու նկարագրիչներ համընկնում են, եթե դրանք ներկայացնում են նույն եռաչափ կետի արտապատկերումը տարբեր պատկերներում: Կենսաբանական հետազոտություններում հաճախ են հանդիպում տվյալների հավաքածուներ, որոնք պարունակում են չափումներ բջիջների համընկնող խմբերի վրա՝ նմանատիպ (բայց տարբեր) փորձարարական արձանագրություններով և հետևախա-մշակման քայլերով: Այսպիսով կենսաբժշկական տվյալների շտեմարանների համապատասխանեցումը՝ յուրաքանչյուր սուբյեկտի ընդլայնված նկարագրություն ստանալու համար, լուծելի և ոչ տրիվիալ խնդիր է:

Ատենախոսությունը բաղկացած է չորս զլխից: Առաջին զլխում տրվում են հիմնական օգտագործվող հասկացությունների բացատրությունները և սահմանումները, ձևակերպվում են խնդիրները և դրանց վարիացիաները, որոնց շուրջ իրականացվել է հետազոտությունը: Քննարկվում են խնդրին առնչվող աշխատանքներն ու դրանց արդյունքները, որոնց վրա հիմնվում է տվյալ աշխատանքը:

Երկրորդ զլխում հատկանիշների համապատասխանեցման արտապատկերման հայտնաբերման խնդրի առավել ընդհանրացված ձևակերպումն է ներկայացվում: Այստեղ համապատասխանեցվող երկու բազմություններից մեկում կան «ավելորդ» վեկտորներ (outlier): Համապատասխանեցնող արտապատկերումը ճշգրտորեն վերականգնելու համար նոր մոտարկիչ է առաջարկվում, սահմանվում են անհրաժեշտ պայմանները, ցույց է տրվում առաջարկված մոտարկիչների օպտիմալությունը:

Երրորդ զլուխում խնդրի ամենաընդհանրացված դրվածքն է դիտարկվում: Այստեղ համապատասխանեցվող բազմություններից երկուսում էլ կան արտապատկերման մեջ չմասնակցող վեկտորներ (outlier-ներ): Քննարկվում են այն նոր բարդությունները, որոնք առաջանում են վերոնշյալ ընդհանրացման արդյունքում, ներկայացվում են դրանց հաղթահարման առաջարկված մեթոդները: Հատկանիշների համապատասխանեցման խնդրում արտապատկերման ճշգրիտ չափը (համապատասխան ունեցող վեկտորների քանակի) գնահատելու համար տրվում է նոր, տվյալների վրա հիմնված ալգորիթմ: Առաջարկված մեթոդների արդյունավետությունը ցուցադրելու համար զլխի վերջում ներկայացվում են սինթետիկ և իրական տվյալների շտեմարանների վրա իրականացված փորձերի արդյունքները:

Չորրորդ զլուխը ներկայացնում է առաջարկված և գրականությունում առկա համապատասխանեցնող արտապատկերման հայտնաբերման այլ ժամանակակից մեթոդների կիրառությունների ուսումնասիրություն կենսաբժշկական տվյալների շտեմարանների վրա: Դիտարկվում են խնդրի տարբեր ձևակերպումներ՝ ինչպես պարզագույն, այնպես էլ տարբեր ընդհանրացումներով: Այստեղ ներկայացված փորձարարական արդյունքները ցուցադրում են առաջարկված մեթոդների արդյունավետությունը և կիրառելիությունը իրական կյանքում հանդիպող խնդիրներ լուծելու նպատակով:

Այսպիսով, Տիգրան Գալստյանի ատենախոսության մեջ լուծված են համապատասխանեցնող արտապատկերումների հայտնաբերման առնչվող կարևոր խնդիրներ: Թեորեմներից շատերի ապացույցներում պահանջվել են նոր մտահղացումներ, որոնք հետագայում կարող են կիրառվել ապագա ուսումնասիրությունների մեջ: Աշխատանքը շարադրված է բարձր գիտական մակարդակով: Հիմնական արդյունքները տպագրված են չորս գիտական հոդվածներում: Սեդմագիրը համապատասխանում է ատենախոսության բովանդակությանը:

- (2.1) և (3.1) խնդիրների ձևակերպումներում որպես պարտադիր նախապայման նշվում է $\theta_i \neq \theta_j$ բայց $i \neq j$ գույգերի համար: Տվյալ պայմանի խախտումը հնարավոր է որոշ իրական կիրառությունների դեպքում, ինչը չի բնարկվում ատենախոսությունում:
- Թեորեմ 3.1 - ում սահմանված γ և λ հիպերպարամետրերի սրժերների ընտրությունը ներառված որոշ փորձերի համար (գլուխ 3.5.2) չի համընկնում թեորեմում տրված խիստ սահմանման հետ:
- Figure 4.1-ի վերնագրում նշվում է «Highest expression RNAs for Celseq (left) and Smartseq (right) datasets», սակայն տեքստի համապատասխան մասում օգտագործվում է ուրիշ ձևակերպում՝ «Top 10 most active RNAs...», ինչը կարող է շփոթեցնել ընթերցողին:

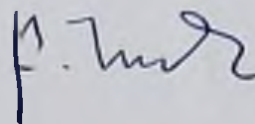
Այս դիտողությունները, սակայն, չեն ազդում աշխատանքի գիտական արժեքի վրա:

Նկատվել են աննշան թերություններ, որոնք չեն ազդում ատենախոսության ընդհանուր որակի վրա.

Կարծում ենք, որ ատենախոսությունը բավարարում է ՀՀ ԲՈԿ-ի կողմից Ա.01.05- «հայկականությունների տեսություն և մաթեմատիկական վիճակագրություն» մասնագիտությամբ թեկնածուական ատենախոսություններին ներկայացվող պահանջներին, և նրա հեղինակը՝ Տիգրան Գալստյանը, արժանի է ֆիզիկա-մաթեմատիկական գիտությունների թեկնածուի գիտական աստիճանի շնորհմանը:

ՀՀ ԳԱԱ-ի Մաթեմատիկայի ինստիտուտի նիստին ներկա էին ՀՀ ԳԱԱ թղթ. ակադ. Բ. Նահապետյանը, ֆ.մ.գ.դ. Ռ. Արամյանը, ֆ.մ.գ.դ. Գ. Կարազուլյանը, տ.գ.դ. Հ. Սուքիասընը, ֆ.մ.գ.թ. Գ. Գևորգյանը, ֆ.մ.գ.թ. Դ. Դավիդովան:

ՀՀ ԳԱԱ Մաթեմատիկայի ինստիտուտի
 Մաթեմատիկական ֆիզիկայի մեթոդների
 բաժնի վարիչ ֆիզ.-մաթ. գիտ. դոկտոր,
 պրոֆեսոր



Բ. Նահապետյան