วัชรพัฐ เมตตานันท 2552: อัลกอริทึมแบบเวลาเชิงเส้นสำหรับปัญหาการคัดลอกหลายยีน ปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต (วิศวกรรมคอมพิวเตอร์) สาขาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์จิตร์ทัศน์ ฝักเจริญผล, Ph.D. 36 หน้า

การสร้างต้นไม้วิวัฒนาการ เป็นหนึ่งในเป้าหมายที่สำคัญที่สุดในการวิจัยทางชีววิทยาด้านที่เกี่ยวข้องกับการวิวัฒนาการ ในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ เราสนใจประเด็นหนึ่งเกี่ยวกับการพิจารณาความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการโดยดูจากความสัมพันธ์ของยีน ในรูปแบบที่เรียกว่าต้นไม้ยีน ซึ่งยีนแต่ละชนิดจะให้ความสัมพันธ์ระหว่างสิ่งมีชีวิตแตกต่างกัน ความขัดแย้งตรงนี้เกิดได้จากกระบวนการที่เรียกว่า การคัดลอกยีน ซึ่งเป็นกระบวนการที่ผิดปรกติ Guigo, Muchnik, และ Smith ได้นิยามปัญกาการคัดลอกหลายยีนขึ้น ซึ่งเป็นการหาจำนวนการคัดลอกหลายยีนที่น้อยที่สุดที่อธิบายความขัดแย้งของต้นไม้สปีชีส์และต้นไม้ยีนทั้งหมดได้ เร็วๆนี้ Bansal และ Eulenstein ได้เสนออัลกอริทึมแรกที่สามารถแก้ปัญหาการคัดลอกหลายยีนนี้ได้ ซึ่งอัลกอริทึมนั้นใช้เวลาทำงานเป็นกำลังสองของขนาดข้อมูลเข้า ในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เราได้เสนออัลกอริทึมใหม่สำหรับปัญหาการคัดลอกหลายยีน ซึ่งเป็นอัลกอริทึมแรกที่ใช้เวลาทำงานเชิงเส้นบนขนาดข้อมูลเข้า และยังได้เสนออัลกอริทึมที่ใช้เวลาทำงานใกล้เคียงเชิงเส้น แต่นำไปใช้งานจริงได้ง่ายกว่า ซึ่งเมื่อทำการทดลอง ได้ผลว่าอัลกอริทึมที่ใช้เวลาใกล้เคียงเชิงเส้นนี้ยังทำงานได้เร็วกว่าอัลกอริทึมเดิมอย่างน้อย 2 เท่า

ลายมือชื่อนิสิต	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	___ / ___ / ___