

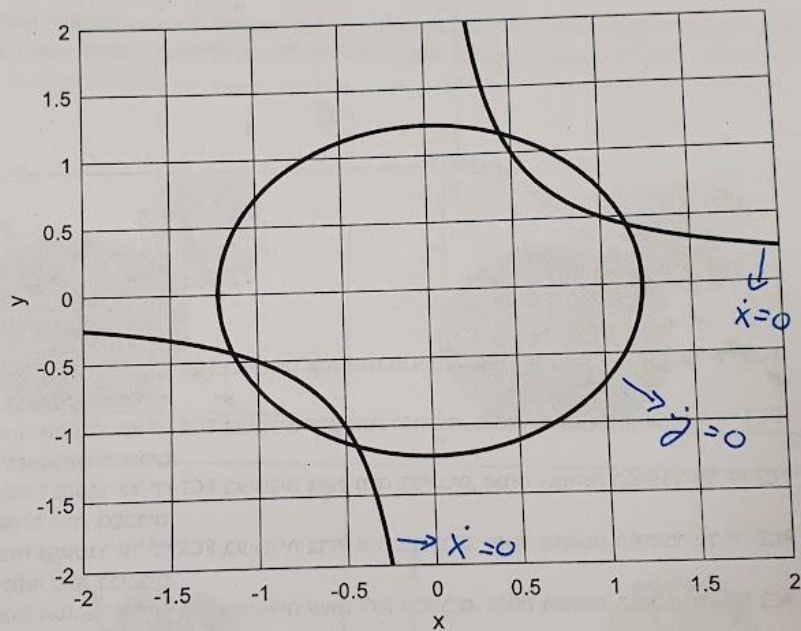
שאלה פתוחה - דינמיות

תשובות על הטופס בלבד. מחברת הבחינה היא טיוטה

נתונה המערכת הדינמית הבאה:

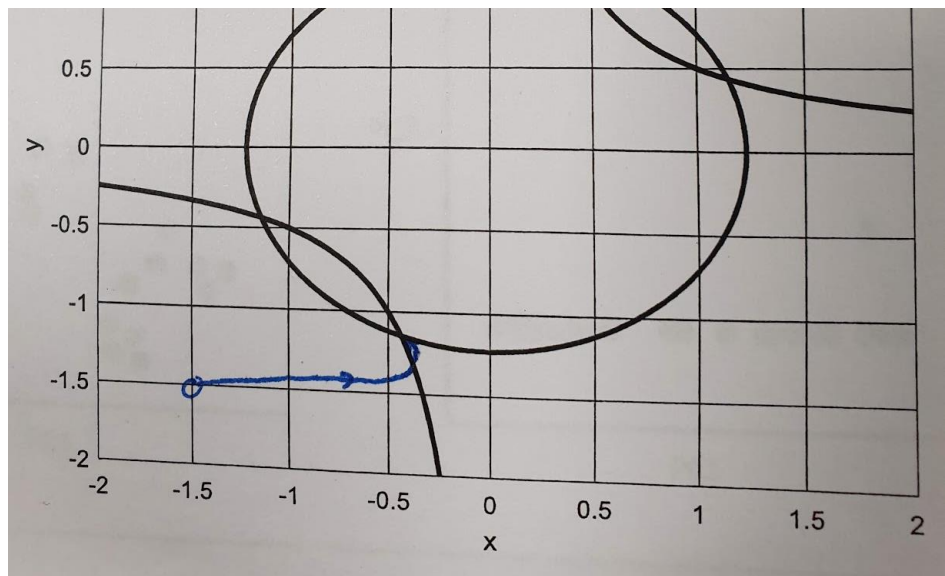
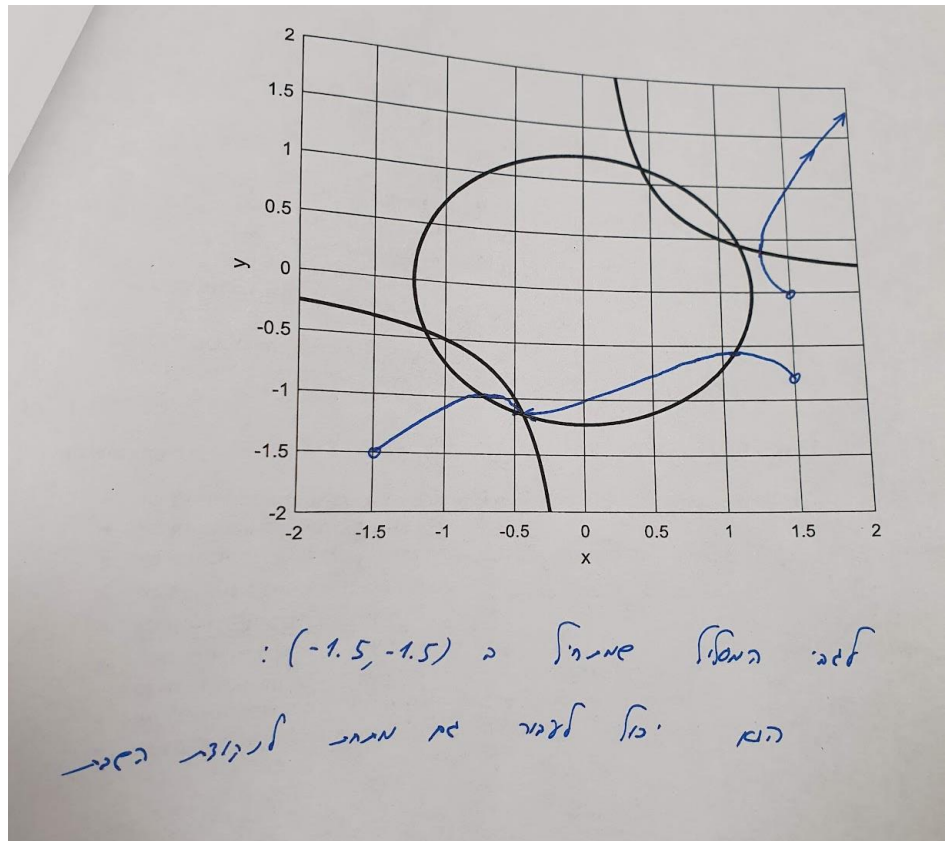
$$\begin{aligned}\dot{x} &= xy - 0.5 \\ \dot{y} &= \epsilon(x^2 + y^2 - 1.5) \\ \epsilon &= 1\end{aligned}$$

כמו כן, בציור שלפניכם מופיעים עקומי האפס של המערכת

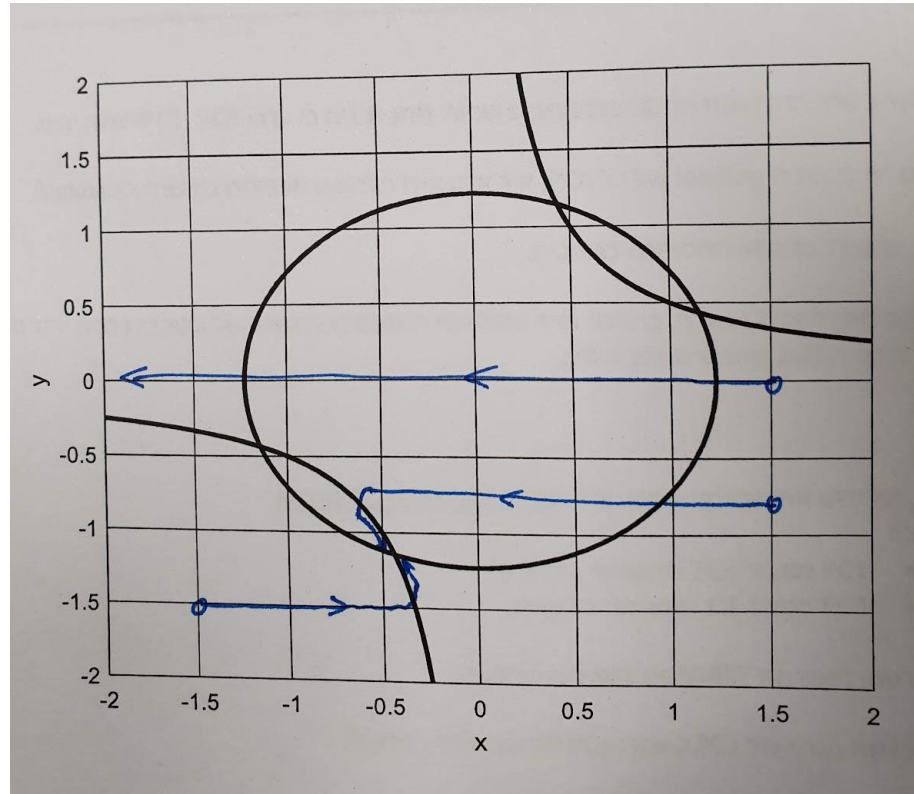


$$\dot{x} = 0 \Rightarrow xy = \frac{1}{2} \quad y = \frac{1}{2x} \quad (x \neq 0)$$

$$\dot{y} = 0 \Rightarrow x^2 + y^2 = 1.5 \rightarrow \text{סגור}$$



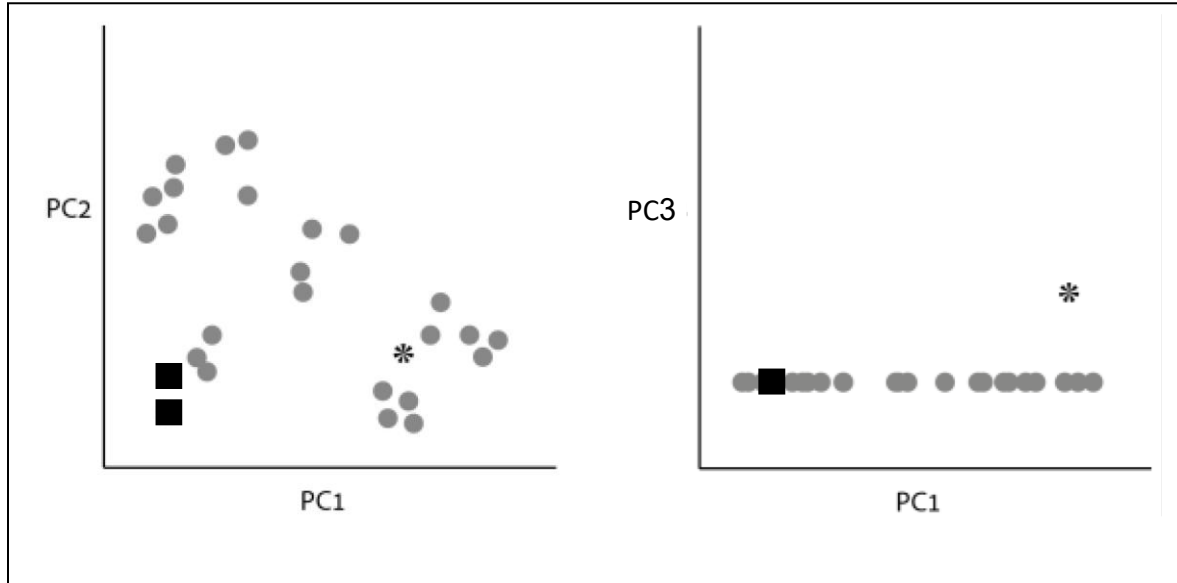
הערה: המשוואות קובעות במדויק איך המסלול יעבור. במקרה הזה מעל נקודת השבת. מבחינת הדרישות בבחינה, גם האפשרות השנייה מתקבלת.



2	שיוך נכון של עקומי אפס
2	נימוק נכון לשיוך
5	שלושת המסלולים נכונים באופן כללי: מגיעים למקומות הנכונים, עוברים בדרך במקומות הנכונים
2	המסלולים מתחילים במקום הנכון
3	המסלולים חוצים עקומי אפס בכיוון הנכון – בניצב לצירים
3	אין שינוי כיוון במסלולים ללא חציית עקומי אפס
5	הפרדת קבועי זמן – המסלולים נכונים באופן כללי
2	הפרדת קבועי זמן – כיוון מהיר נכון
2	הפרדת קבועי זמן – חצייה וזחילה נכונה של עקומי אפס

## שאלה פתוחה רב-מימד

עבור מספר גדול של תאים, נמדדו ריכוזים של 3 חלבונים מכל תא (אותם חלבונים). לפניכם תוצאות אנליזת PCA של המידע לפי צירי ה-Principle Component (שימו לב להגדרות הצירים בשני הגרפים)



נתמקד בשתי הדוגמאות המסומנות בריבוע שחור. ניתן להניח כי ערכי PC1, PC3 שלהן זהים.

א. אם יש לי את ה loading של כל ה-PC, איך אדע אילו חלבונים מבדילים בין שתי הדוגמאות?

החלבונים המבדילים בין שתי הדוגמאות בציר PC2 יהיו בעלי loadings שונים מאפס בציר זה, ובעלי loadings גדולים באופן יחסי ל- loadings של שאר המדדים ב-PC2, יחסית ליחס שנראה בצירים אחרים.

- 3- אין התייחסות להסקה על סמך ה-loadings של PC2
- 2- אין התייחסות להסקה על ה-features הרלוונטים על סמך הייחסיות בין הצירים.

כעת, נתמקד בדוגמא המסומנת בכוכבית.

ב. האם ניתן להסיק מהגרף, כי ריכוז אחד משלושת החלבונים בדוגמא של הכוכבית גבוה יותר משל כל שאר התאים? נמקו בקצרה (2-3 משפטים לכל היותר).

במקרה הפרטני פה, בו אנחנו מייצגים רק שלושה חלבונים שונים, ולכן ניתן להסיק על כך שריכוז של לפחות חלבון אחד שונה. אולם במקרים בו מספר המימדים גדול יותר, ייתכן שרק ע"י קומבנציה של חלבונים נשיג את ההפרדה שנצפית ב-PC3. מעבר לכך יש לשים לב כי הכיווניות ב-PC היא ארביטרית, ולכן לא נוכל להבטיח כיוון שהכיוון הוא בהכרח גבוה יותר.

- 2- חוסר זיהוי שאפשר במקרה זה ע"י חלבון אחד

2- אם לא חלבון אחד, לא לתאר את המקרה הכללי של קומבינציות

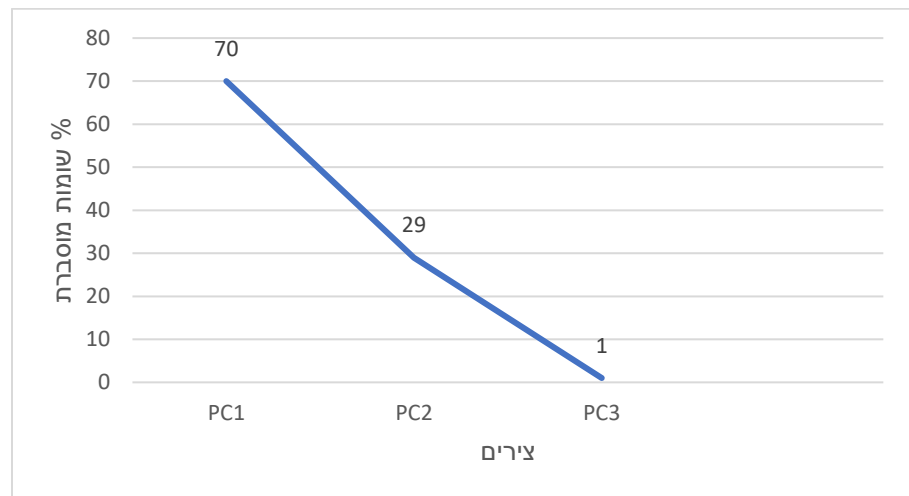
כעת, מורידים את הדוגמא המסומנת בכוכב, ומבצעים PCA מחדש.

נתון כי:

- PC1 מסביר 70% מהשונות בנתונים
- PC3 מסביר 1% מהשונות בנתונים

ג. שרטטו דיאגרמת SCREE של האנליזה החדשה.

כיוון שמספר שבשאלה קיימים רק שלושה חלבוניים, הנתונים בשאלה מאפשרים לחשב את השונות המוסברת ע"י כל אחד מהצירים. גרף ה- Scree יראה כך:

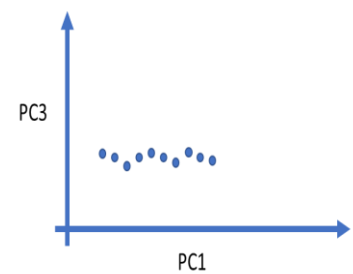


4- לא לנקוב בערכי הצירים

2- לא לצייר את השרטוט ה-Scree בצורה הנהוגה בה רואים את מגמת הירידה ואת הכתף בנתונים

ד. ציירו את הגרף של PC1 לעומת PC3 לפי האנליזה החדשה.

העלמת הכוכבית לא מנטרלת את הציר השלישי (לפי הגדרת ה-PCA ביטול הציר אינו אפשרי) אלא מורידה את % השונות בנתונים אותו הוא מסביר. כיוון שאף אחת מהנקודות האחרות לא השתנתה נצפה לראות מעין zoom in למה שקודם נראה כרעש זניח יחסית לנקודה עם הכוכבית. לגובה עצמו אין משמעות בצירים אלו כיוון שהוא מציג את ערכי ה- scores של הנקודות ולא את השונות המוסברת



1- לא להציג שונות קטנה בנתונים בציר

1- לחשוב שציר ה- $\gamma$  הוא ב-%

2- לא להראות מגמת scores דומה

5- לא לזהות שעדיין קיים PC3