

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อภาษาไทย	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	จ
สารบัญภาพ	ฉ
สารบัญตาราง	ญ
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 หลักการ ทฤษฎี เหตุผล และสมมุติฐาน	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย	2
1.3 ประโยชน์ที่จะได้รับจากการศึกษาเชิงทฤษฎีและ/หรือเชิงประยุกต์	3
1.4 ขอบเขตการวิจัย	3
1.5 วิธีการวิจัย	3
1.6 สถานที่ใช้ในการดำเนินการวิจัยและรวบรวมข้อมูล	4
บทที่ 2 หลักการและทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง	5
2.1 ชีวสารสนเทศศาสตร์ (Bioinformatics)	5
2.2 ข้อมูลรหัสพันธุกรรมของดีเอ็นเอ (DNA Data)	6
2.3 การถอดรหัสพันธุกรรมของดีเอ็นเอ (DNA Transcription)	7
2.4 ไมโครอาร์เรย์ดีเอ็นเอ (DNA Microarrays)	8
2.5 เครือข่ายการควบคุมกันระหว่างยีน (Gene Regulatory Network)	13
2.6 การอนุมานด้วยเบย์เซียน (Bayesian Inference)	14
2.7 มาร์คอฟเชนมอนติคาร์โล (Markov Chain Monte Carlo)	15
2.8 อัลกอริทึมเมโทรโพลิส – แฮสติงส์ (Metropolis – Hastings Algorithm)	17
2.9 ซิงเกิล – คอมโพเนนต์ เมโทรโพลิส – แฮสติงส์ (Single – component Metropolis – Hastings)	19

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
2.10 กิบบ์ แซมพลิง (Gibbs Sampling)	21
2.11 การสร้างแบบจำลอง (Modeling)	22
2.12 การปรับแบบจำลองให้เหมาะสมด้วยวิธีการกิบบ์ แซมพลิง (Fitting a model using Gibbs sampling)	24
2.13 รีเวิร์สจัมป์ มาร์คอฟเชนมอนติคาร์โล (Reversible Jump MCMC)	26
2.14 โปรแกรมวินบักส์ (WinBUGS program)	27
บทที่ 3 การสร้างแบบจำลองเพื่อศึกษาผลกระทบของปริมาณความเข้มข้นกลูโคสและ ความหนาแน่นเซลล์ต่อระดับการแสดงออกของยีนในยีสต์สายพันธุ์ แซคคาโรไมซีส เซรีวิซิเย	29
3.1 ชุดข้อมูลการทดลอง	30
3.2 วิธีการกิบบ์ แซมพลิง	32
3.3 แบบจำลองเชิงกราฟเพื่อเป็นตัวแทนระดับการแสดงออกของยีน	33
3.4 อัลกอริทึมของการทดลอง	36
3.5 การทดลอง	37
3.6 ผลการทดลอง	38
3.7 บทสรุป	43
บทที่ 4 การอนุมานแบบจำลองการควบคุมกันระหว่างยีนด้วยเครือข่ายเบย์เซียน โดยอาศัย วิธีการมาร์คอฟเชนมอนติคาร์โล	45
4.1 ชุดข้อมูลการทดลอง	46
4.2 วิธีการและการทดลอง	48
4.3 ผลการทดลอง	55
4.4 บทสรุป	58

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
บทที่ 5 บทสรุป	60
5.1 สรุปภาพรวมของงานวิจัย	60
5.2 ข้อเสนอแนะและแนวทางการวิจัยในอนาคต	62
เอกสารอ้างอิง	64
ประวัติผู้เขียน	67

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
 Copyright© by Chiang Mai University
 All rights reserved

สารบัญภาพ

รูป	หน้า
2.1 ไมโครอาร์เรย์ดีเอ็นเอ	9
2.2 เทคโนโลยีไมโครอาร์เรย์	11
2.3 ห่วงโซ่ข้อมูลที่สร้างขึ้นจากทำงานของอัลกอริทึมเมโทรโพลิต – แอสติงส์	18
2.4 แบบจำลองเชิงกราฟสำหรับข้อมูล anti-HBs titre	23
3.1 รูปแบบลักษณะการแสดงออกของทั้งห้ากลุ่มยีนที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการได้อ็อกซิซิฟท์	31
3.2 แบบจำลองเชิงกราฟแสดงพฤติกรรมการแสดงออกของยีน	35
3.3 การแจกแจงของพารามิเตอร์ μ ในแต่ละกลุ่มยีน จากแบบจำลองเชิงกราฟ ที่กำหนดความสัมพันธ์เป็น โมเดลถดถอยแบบเอ็กโพเนนเชียลชนิดหลายตัวแปร	40
3.4 ค่าเฉลี่ยของพารามิเตอร์ μ	41
3.5 การแจกแจงของพารามิเตอร์ μ แสดงค่าเฉลี่ยของระดับการแสดงออกของยีนที่เป็น ค่าจำลองที่ได้จากแบบจำลองเชิงกราฟที่กำหนดสมการความสัมพันธ์เป็น โมเดลถดถอยเชิงเส้น	42
4.1 เครื่องข่ายเบย์เซียนแสดงการควบคุมกันระหว่างยีน CYC1 HAP2 HAP3 และ HAP4	48
4.2 ตัวอย่างการหาเครือข่ายเบย์เซียนของ M_{old} และ M_{new}	50
4.3 ส่วนประกอบของเครือข่ายความเชื่อของเบย์เซียน	52
4.4 การลู่เข้าของค่าความน่าจะเป็นของ $edge_prob$ สำหรับทุกเส้นเชื่อม	56
4.5 ค่าความน่าจะเป็นของเครือข่ายที่ยอมรับทั้ง 1,853 เครือข่าย	56
4.6 รูปแบบความสัมพันธ์ที่พบทั้งหมด 10 รูปแบบ จากเครือข่ายที่ยอมรับ 100 เครือข่ายที่ถูกเลือก	57

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright © by Chiang Mai University

All rights reserved

สารบัญตาราง

ตาราง	หน้า
3.1 ค่าเฉลี่ยของพารามิเตอร์ λ_{gs} , λ_{gd} และ σ ที่มีส่วนกระทบต่อ ระดับการแสดงออกของยีนในแต่ละกลุ่มยีน	39
4.1 ข้อมูลการแสดงออกของยีน CYC1, HAP2, HAP3 และ HAP4	47
4.2 ระดับการแสดงออกของยีน CYC1, HAP2, HAP3 และ HAP4 ที่ผ่านการแปลง ให้เป็นข้อมูลชนิดไม่ต่อเนื่องแล้ว	47