

## บทที่ 5

### ผลการทดลอง

จากการศึกษาทดลองตามวิธีที่ได้กล่าวมาในบทที่ 4 เมื่อพัฒนาโปรแกรมในขั้นที่ 1 เรียบร้อย หลังจากนั้นนำโปรแกรมที่ได้มาทำนายข้อมูลค่าเบสย่อย ๆ ทั้งหมด 385 ไฟล์โดยทำนายทั้งหมด 6 รอบตามกลุ่มที่ได้แบ่งไว้จากการตั้งค่าพารามิเตอร์ที่แตกต่างกัน หลังจากนั้นนำผลที่ได้มาคำนวณหาส่วน found, under และ over เพื่อทำการเปรียบเทียบผลการทำนายจากโปรแกรม Fickett และ Glimmer ดังตัวอย่างในตาราง 5.1

ตาราง 5.1 ตัวอย่างตารางแสดงค่า found, under และ over ของผลการทำนายจากโปรแกรม Fickett และ Glimmer

Name	Windows size 200			Windows size 500		
	found	over	under	found	over	under
Contig106	59.23%	32.34%	8.43%	38.07%	15.88%	46.05%
Contig110	58.22%	35.48%	6.30%	58.59%	7.56%	33.86%
Contig1101_ABD	60.50%	25.49%	14.01%	63.35%	14.87%	21.78%
Contig1143_ABD	55.10%	37.49%	7.41%	56.06%	17.67%	26.27%
Contig...	...	...	...	...	...	...
Contig...	...	...	...	...	...	...
Contig...	...	...	...	...	...	...
Contig547	88.54%	4.06%	7.39%	62.99%	3.03%	33.98%
Contig548	62.27%	26.31%	11.42%	60.46%	0.00%	39.54%
Contig549	87.29%	2.06%	10.65%	61.97%	2.21%	35.82%
Contig550	62.75%	27.48%	9.78%	73.47%	11.86%	14.68%
Average	62.59%	27.99%	9.41%	60.74%	16.06%	23.19%

เมื่อนำผลการหาค่าเฉลี่ยของส่วน found, under และ over ของทั้ง 6 กลุ่มมาสรุปรวมกัน เพื่อมองภาพรวมของการเปรียบเทียบผลการทำนายจากโปรแกรมทั้งสอง ได้ผลดังตาราง 5.2

ตาราง 5.2 ค่าเฉลี่ยร้อยละของความเหลื่อมทับกัน

กลุ่ม	found	over	under
กลุ่ม 1 วิธี Normal windows size = 200	62.59%	27.99%	9.42%
กลุ่ม 2 วิธี Normal, windows size = 500	60.75%	16.06%	23.19%
กลุ่ม 3 วิธี Complement, windows size = 200	49.23%	35.59%	15.18%
กลุ่ม 4 วิธี Complement, windows size = 500	47.51%	23.93%	28.56%
กลุ่ม 5 วิธี Translate Complement, windows size = 200	52.12%	33.18%	14.70%
กลุ่ม 6 วิธี Translate Complement, windows size = 500	51.55%	22.16%	26.29%

จากการเปรียบเทียบความเหลื่อมทับกันโดยเฉลี่ย ของผลการทำนายจากโปรแกรมทั้งสอง ในตาราง 5.2 พบว่า กลุ่มที่ 1 มีส่วน found และ over รวมกันมากที่สุดคือ 90.58% แบ่งเป็น found 62.59%, over 27.99% และ under เพียง 9.42% ซึ่งแสดงให้เห็นว่าในกลุ่มนี้ผลการทำนายของโปรแกรม Fickett โดยเฉลี่ยครอบคลุมผลการทำนายของโปรแกรม Glimmer มากที่สุดแต่ยังไม่ใกล้เคียงกันมากนักเพราะยังมีส่วน over อยู่ 27.99% ส่วนกลุ่มที่ผลการทำนายโดยเฉลี่ยของโปรแกรม Fickett ครอบคลุมผลของโปรแกรม Glimmer น้อยที่สุดคือ กลุ่มที่ 4 คือมีส่วน found 47.51% ซึ่งน้อยที่สุดในทุกกลุ่มและมีส่วน over 23.93% ซึ่งน้อยกว่า under ของกลุ่มนี้เองที่สูงถึง 28.56% มากที่สุดในทุกกลุ่ม ทั้งนี้อาจแสดงให้เห็นว่าการกำหนด windows size เท่ากับ 500 ไม่เหมาะสม เพราะจะสังเกตได้ว่าในกลุ่มที่ 2, 4 และ 6 เมื่อกำหนด windows size เท่ากับ 500 จะทำให้ found และ over ลดลงแต่ under เพิ่มขึ้น และเมื่อเปรียบเทียบทั้งสามส่วนของกลุ่มที่ 3 และ 4 กับกลุ่ม 5 และ 6 คือกลุ่มที่ใช้วิธีการอ่านสายลำดับเบสแบบ Complement และ Translate Complement เห็นได้ว่าส่วน found และ over ของกลุ่ม 5 และ 6 สูงกว่ากลุ่ม 3 และ 4 เพียงเล็กน้อย จึงไม่สามารถสรุปได้ชัดเจนว่าการอ่านสายลำดับเบสแบบ Complement ต้องอ่านแบบใดจึงจะถูกต้อง

นอกจากนี้ผลการทดลองไม่ได้มีเพียงส่วนที่ผลการทำนายจากโปรแกรมทั้งสอง มีความเหลื่อมทับกันเท่านั้น แต่ยังมีความสัมพันธ์อื่น ๆ ของผลจากโปรแกรมทั้งสองอีก ดังที่แสดงในตาราง 5.3

ตาราง 5.3 เปรียบเทียบจำนวนข้อมูลของผลการทำนาย

	โปรแกรม ทั้งคู่ไม่พบ ยีน	Fickett พบยีน แต่ Glimmer ไม่พบ	Glimmer พบ ยีนแต่ Fickett ไม่พบ	พบยีนทั้งคู่ แต่ไม่เหลื่อม ทับกัน	พบยีนทั้งคู่ โดยเหลื่อม ทับกัน
กลุ่ม 1	6	69	1	20	289
กลุ่ม 2	28	47	40	24	244
กลุ่ม 3	0	96	6	12	271
กลุ่ม 4	30	66	37	22	230
กลุ่ม 5	4	92	5	13	271
กลุ่ม 6	37	59	33	33	223

จากการเปรียบเทียบจำนวนข้อมูลของผลการทำนายจากโปรแกรมทั้งสอง ในตาราง 5.3 พบว่า ในกลุ่มที่ 1 มีผลการทำนายจากโปรแกรมทั้งสองใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ พบยีนทั้งคู่โดยเหลื่อมทับกัน 289 ไฟล์ และมีข้อมูลที่โปรแกรม Glimmer พบยีนแต่โปรแกรม Fickett ไม่พบเพียง 1 ไฟล์เท่านั้น ส่วนกลุ่มที่ใกล้เคียงกันน้อยที่สุดคือ กลุ่มที่ 6 พบยีนทั้งคู่โดยเหลื่อมทับกัน 223 ไฟล์ และเนื่องจากโปรแกรม Glimmer เป็นโปรแกรมที่มีความละเอียดสูงกว่าโปรแกรม Fickett จึงทำให้มีข้อมูลที่โปรแกรม Glimmer ไม่พบยีนเป็นจำนวนมากสังเกตได้จากมีข้อมูลที่โปรแกรม Glimmer พบยีนแต่โปรแกรม Fickett ไม่พบเป็นจำนวนมากในทุกกลุ่ม และจะสังเกตได้ว่าในกลุ่มที่ 2, 3 และ 6 เมื่อกำหนด windows size เท่ากับ 500 จะทำให้ผลการทำนายที่ทั้งคู่พบยีน โดยเหลื่อมทับกันลดลง อีกทั้งทำให้โปรแกรม Fickett มีผลการทำนายลดลงโดยสังเกตได้จาก การที่มีข้อมูลที่โปรแกรม Glimmer พบยีนแต่โปรแกรม Fickett ไม่พบเพิ่มขึ้นมาก และมีข้อมูลที่โปรแกรมทั้งคู่ไม่พบยีนเพิ่มมากขึ้น