

บทที่ 6

บทสรุป

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ได้ศึกษาเทคนิคการทำนายด้วยวิธีต่าง ๆ ทั้งในเชิงทฤษฎี และการนำไปใช้งาน โดยได้เลือกวิธีการของ Fickett J.W. (1982) ซึ่งเป็นวิธีที่ได้คิดค้นมานานแล้วและเป็นที่ยอมรับ อีกทั้งยังเป็นวิธีการที่วิธีการทำนายอื่นอีกหลายวิธี ใช้เป็นพื้นฐานในการศึกษาและพัฒนา มาพัฒนาเป็นโปรแกรม และเลือกโปรแกรม Glimmer version 3.0 ซึ่งเป็นโปรแกรมที่เป็นที่รู้จัก เป็นที่นิยม รวมทั้งมีการพัฒนาอย่างต่อเนื่อง จึงเป็นโปรแกรมที่มีความทันสมัย ใช้งานได้ง่าย อีกทั้งยังเปิดให้ทำการดาวน์โหลดโดยไม่คิดค่าใช้จ่าย มาทำการเปรียบเทียบผลการทำนายเพื่อนำไปพิจารณาหาความสัมพันธ์ของผลการทำนายด้วยวิธีทั้งสอง

6.1 สรุปภาพรวมของงานวิจัย

จากผลการทดลองที่ได้เปรียบเทียบผลการทำนายของโปรแกรม Fickett และ Glimmer พบว่าผลการทำนายด้วยวิธีทั้งสองมีความเหลื่อมทับกันสูง โดยมีผลการทำนายตรงกันสูงสุดที่ 62.59% ซึ่งช่วยยืนยันความถูกต้องในการทำนายด้วยวิธีทั้งสอง และจากที่ทั้ง 6 กลุ่ม ค่าเฉลี่ยร้อยละของส่วน found มีค่าสูงแสดงว่าความถูกต้องของผลการทำนายที่ว่า ส่วนนี้ของลำดับเบส น่าจะเป็นยีนนั้นมีสูง ในกลุ่มที่กำหนดค่า windows size เท่ากับ 200 คือกลุ่มที่ 1, 3 และ 5 พบว่าค่าเฉลี่ยร้อยละของส่วน over มากกว่าส่วน under แสดงให้เห็นว่าผลการทำนายของโปรแกรม Fickett โดยเฉลี่ยมีความยาวมากกว่าผลการทำนายจากโปรแกรม Glimmer เพราะส่วน over เป็นส่วนที่แสดงให้เห็นว่าโปรแกรม Fickett มีผลการทำนายที่ยาวกว่าโปรแกรม Glimmer และในกลุ่มที่ 1, 3 และ 5 นี้ ยังพบว่าจำนวนของลำดับเบสที่โปรแกรม Fickett พบยีนแต่โปรแกรม Glimmer ไม่พบ มากกว่าที่โปรแกรม Glimmer พบยีนแต่โปรแกรม Fickett ไม่พบอย่างเห็นได้ชัด แสดงให้เห็นว่าผลการทำนายของโปรแกรม Fickett มีจำนวนมากกว่าผลการทำนายจากโปรแกรม Glimmer ซึ่งอาจเกิดจากการที่โปรแกรม Glimmer มีวิธีการทำนายที่มีเงื่อนไขละเอียดและซับซ้อน ทำให้ผลการทำนายที่ได้มีความละเอียดมาก มีความยาวน้อย และมีจำนวนน้อยกว่าผลการทำนายของโปรแกรม Fickett แต่ทั้งนี้จากเงื่อนไขละเอียดและซับซ้อนก็อาจจะทำให้ตัดส่วนที่น่าจะเป็นยีนที่นอกเหนือจากเงื่อนไขทิ้งไป ส่วนเมื่อกำหนดค่า windows size เท่ากับ 500 คือในกลุ่มที่ 2, 4 และ 6 เห็นได้ว่าค่าเฉลี่ยร้อยละของส่วน under และ over มีค่าใกล้เคียงกันโดยที่

ค่าเฉลี่ยร้อยละของส่วน under มากกว่า over รวมทั้งจำนวนของลำดับเบสที่โปรแกรม Fickett พบ ยีนแต่โปรแกรม Glimmer ไม่พบ และที่โปรแกรม Glimmer พบยีนแต่โปรแกรม Fickett ไม่พบ เปลี่ยนเป็นใกล้เคียงกัน แสดงให้เห็นว่าการกำหนดค่า windows size เท่ากับ 500 ทำให้ผลการ ทำนายยีนของโปรแกรม Fickett ลดลงอย่างเห็นได้ชัด และเมื่อเปรียบเทียบส่วน found, over และ under ของกลุ่มที่ 3 และ 4 กับกลุ่มที่ 5 และ 6 คือกลุ่มที่ใช้วิธีการอ่านสายลำดับเบสแบบ Complement และ Translate Complement เห็นได้ว่าส่วน found และ over ของกลุ่มที่ 5 และ 6 สูง กว่ากลุ่มที่ 3 และ 4 เพียงเล็กน้อย จึงไม่สามารถสรุปได้ชัดเจนว่า การอ่านสายลำดับเบสแบบ Complement ที่ถูกต้องจะต้องอ่านสายลำดับเบสแบบใด

6.2 ข้อเสนอแนะและแนวทางการวิจัยในอนาคต

จากการศึกษาประสิทธิภาพของการทำนายยีนของสิ่งมีชีวิตด้วยวิธี Fickett และ Glimmer ในงานวิจัยชิ้นนี้ ทำให้เห็นถึงภาพรวมในการทำนายยีน และสามารถเลือกใช้โปรแกรมหรือวิธีที่เหมาะสมต่อความต้องการได้ แต่ได้ศึกษาเพียง 2 วิธี ดังนั้นเพื่อให้สามารถมองถึงภาพรวมของการ ทำนายยีนได้กว้างขึ้น จึงควรการศึกษาประสิทธิภาพของการทำนายยีนด้วยวิธีอื่น ๆ ต่อไป ทั้งนี้ใน การวิจัยในอนาคต อาจเปลี่ยนชุดข้อมูลในการศึกษาเป็นชุดข้อมูลลำดับเบสดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตที่ ได้ทำแผนที่ยีนเสร็จสมบูรณ์แล้ว เพื่อสามารถทำการเปรียบเทียบและพิจารณาความสำคัญของผล การทำนายยีนด้วยวิธีต่าง ๆ ต่อไป