

สารบัญ

หน้า

กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อภาษาไทย	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	จ
สารบัญตาราง	ช
สารบัญภาพ	ฌ
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 หลักการ ทฤษฎี เหตุผล และ สมมุติฐาน	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการศึกษา	2
1.3 ประโยชน์ที่จะได้จากการศึกษาเชิงทฤษฎี และ เชิงประยุกต์	3
1.4 ขอบเขตการวิจัย	3
1.5 วิธีการวิจัย	3
1.6 สถานที่ที่ใช้ในการดำเนินการวิจัยและรวบรวมข้อมูล	3
บทที่ 2 หลักการและทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง	5
2.1 ชีวสารสนเทศ	5
2.2 ข้อมูลรหัสพันธุกรรมของจีเอ็นเอ	6
2.3 หน่วยพันธุกรรม	8
2.4 จีโนม	9
2.5 ยีนออนโทโลยี	10
บทที่ 3 วิธีการทำนายยีนด้วยวิธี Fickett และ Glimmer	12
3.1 วิธีการทำนายยีนของ Fickett J.W. (1982)	12
3.2 วิธีการทำนายยีนของ GLIMMER	14
บทที่ 4 วิธีดำเนินการวิจัย	16

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
บทที่ 5 ผลการทดลอง	23
บทที่ 6 บทสรุป	26
6.1 สรุปภาพรวมของงานวิจัย	26
6.2 ข้อเสนอแนะและแนวทางการวิจัยในอนาคต	27
เอกสารอ้างอิง	28
ภาคผนวก	30
ภาคผนวก ก คู่มือการใช้โปรแกรมทำนายอินด้วยวิธี Fickett	31
ภาคผนวก ข ตารางแสดงค่า found, under และ over ของผลการทำนาย	
จากโปรแกรม Fickett และ Glimmer	35
ประวัติผู้เขียน	79

สารบัญตาราง

ตาราง		หน้า
4.1	ตัวอย่างผลการทำนายของโปรแกรมทั้งสองที่ต้องนำมาพิจารณาหาความสัมพันธ์	21
5.1	ตัวอย่างตารางแสดงค่า found, under และ over ของผลการทำนายจากโปรแกรม	23
5.2	ค่าเฉลี่ยร้อยละของความเหลื่อมทับกัน	24
5.3	เปรียบเทียบจำนวนข้อมูลของผลการทำนาย	25

สารบัญภาพ

รูป		หน้า
3.1	ค่า Probability of Coding ของ Position และ Content พารามิเตอร์	13
3.2	ค่า weight ที่กำหนดให้แต่ละพารามิเตอร์	14
3.3	ค่า Probability of Coding ของ Position และ Content พารามิเตอร์	14
4.1	วิธีการอ่านสายลำดับเบส	16
4.2	อธิบายตัวแปร step และ windows size	17
4.3	ขั้นตอนการทำงานของโปรแกรมทำนายยีนด้วยวิธี Ficket	18
4.4	Flowchart แสดงขั้นตอนการทำงานของโปรแกรมทำนายยีนด้วยวิธี Ficket	19
4.5	แสดงส่วน found, under และ over	20
4.6	แสดงการคำนวณหาส่วน found, under และ over	20
ก.1	การเปิด script ในโปรแกรม R version 2.2.0	31
ก.2	การกำหนดค่าให้ตัวแปร ip และ rp	32
ก.3	การกำหนดค่าให้ตัวแปร nbwin	32
ก.4	การ Run script ในโปรแกรม R version 2.2.0	33
ก.5	ตัวอย่างผลการทำนายแต่ละไฟล์	33
ก.6	การกำหนดค่าให้ตัวแปร gp และ cp	34