

บทคัดย่อ

ที่ผ่านมามีการนำเบย์เซียนเน็ตเวิร์คมาใช้ในการอนุมานลักษณะการควบคุมการแสดงออกของยีนจากข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอะเรย์ เบย์เซียนเน็ตเวิร์คที่มีคะแนนสูงสุดมักถูกเลือกให้เป็นแบบจำลองของการควบคุมการแสดงออกของยีน แต่อย่างไรก็ตาม เบย์เซียนเน็ตเวิร์คที่ได้ อาจไม่สอดคล้องกับความเป็นจริง หากไม่มีการชี้แนะเกี่ยวกับความเชื่อเบื้องต้นทางชีววิทยาและมีข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอะเรย์จำนวนน้อยเมื่อเทียบกับจำนวนยีนที่พิจารณา เพื่อจัดการกับข้อจำกัดทั้งสองข้างต้น การศึกษาครั้งนี้เสนอเทคนิคสโตแคสติกที่อนุมานกลุ่มเบย์เซียนเน็ตเวิร์คที่มีความสอดคล้องกับข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอะเรย์ที่มีอยู่ไม่มาก โดยกำหนดให้ลักษณะการควบคุมการแสดงออกของยีนที่เชื่อในเบื้องต้นเป็นเบย์เซียนเน็ตเวิร์คเริ่มต้นและทำการจำลองด้วยวิธีเมโทรโพลิซิส-แฮสติงส์ โดยในการศึกษานี้ได้พิจารณาตัวอย่างของการควบคุมการแสดงออกของยีน CYC1 โดยกลุ่มยีน HAP2 HAP3 HAP4 ของเซลล์ยีสต์สายพันธุ์ *Saccharomyces Cerevisiae* ผลการทดลองทำให้เราพบลักษณะการควบคุมการแสดงออกของยีนดังกล่าว 10 รูปแบบ และมีความคล้ายคลึงกับแบบที่เชื่อในเบื้องต้นแต่มีรายละเอียดต่างกันเล็กน้อย ซึ่งรูปแบบหนึ่งในที่พบอาจตรงกับความเป็นจริงที่เกิดขึ้น

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University

All rights reserved

Abstract

Bayesian networks are widely used to infer genes regulatory network from their transcriptional expression data. Bayesian network of the best score is usually chosen as genes regulatory model. However, without the hint from biological ground truth, and given a small number of transcriptional expression observations, the resulting Bayesian networks might not correspond to the real one. To deal with these two constrains, this study proposes a stochastic approach to fit an existing hypothetical gene regulatory network, derived from biological evidence, with few available amount of transcriptional expression levels of the genes. The hypothetical gene regulatory network is set as an initial model of Bayesian network and fitted with transcriptional expression data by using Metropolis-Hastings algorithm. In this work, the transcriptional regulation of gene *CYC1* by co-regulators HAP2 HAP3 HAP4 of yeast (*Saccharomyces Cerevisiae*) is considered as example. Due to the simulation results, ten probable gene regulatory networks which are similar to the given hypothetical model are obtained. This shows that Metropolis-Hastings algorithm can be used as a simulation model for gene regulatory network.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved