

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์

การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์โดยอาศัยวิธีการมาร์คอฟ
เชนมอนติคาร์โล

ผู้เขียน

นางสาว ขวัญตา ศิริมาศทอง

ปริญญา

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.จรรย์บุทร ไชยจารุณิช

บทคัดย่อ

วิทยานิพนธ์นี้มีวัตถุประสงค์เพื่อนำเสนอวิธีการในการวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ เพื่อสร้างแบบจำลองของการควบคุมกันระหว่างยีน โดยอาศัยวิธีการมาร์คอฟเชนมอนติคาร์โล โดยแบ่งการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีววิทยานี้ออกเป็นสองส่วนหลัก คือ ส่วนแรกเป็นการสร้างแบบจำลองเพื่อศึกษาผลกระทบของปริมาณความเข้มข้นของกลูโคสและความหนาแน่นเซลล์ที่มีต่อระดับการแสดงออกของยีนในยีสต์สายพันธุ์ *แซคคาโรไมซีส เซรีวิซิเย* ในระหว่างกระบวนการได้ออกซิซิฟท์ และการวิเคราะห์ข้อมูลในส่วนที่สอง เป็นการสร้างแบบจำลองของการควบคุมกันระหว่างกลุ่มยีนที่มีการรายงานไว้แล้วในทางอณูชีววิทยา คือ ยีน เอชเอพี2 เอชเอพี3 เอชเอพี4 ที่ต่างร่วมกันควบคุมการแสดงออกของยีน ซีวายซี1 ซึ่งจากผลการทดลองที่ได้นั้นทำให้เรามีความเข้าใจในธรรมชาติของการแสดงออกของยีนมากขึ้น และพบเครือข่ายของการควบคุมกันระหว่างยีนที่เป็นไปได้ทั้งหมดสิบรูปแบบ ซึ่งเครือข่ายทั้งสิบรูปแบบที่ได้นี้ พบว่ามีลักษณะสัมพันธ์กับเครือข่ายที่นักอณูชีววิทยาเชื่อ งานวิจัยในครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าวิธีการของมาร์คอฟเชนมอนติคาร์โลสามารถช่วยในการสร้างแบบจำลองที่แสดงพฤติกรรมการแสดงออกของยีน และรูปแบบการควบคุมกันระหว่างยีนได้

Thesis Title	DNA Microarray Data Analysis Using Markov Chain Monte Carlo
Author	Miss Khwunta Kirimasthong
Degree	Master of Science (Computer Science)
Thesis Advisor	Assistant Professor Dr. Jeerayut Chaijaruwanich

ABSTRACT

The objective of this thesis is to propose the methodology for analysis DNA microarray data to construct a gene regulatory network using Markov Chain Monte Carlo. The analysis is divided into two parts. The first part is the simulation study of a quantitative impact of glucose concentrations and cell density on the transcriptional expression levels of genes in *Saccharomyces Cerevisiae* during diauxic shift condition. The second part is the inference of gene regulatory mechanisms of yeast *Saccharomyces Cerevisiae* that CYC1 gene as reported in literature on molecular biology to be co-regulated by HAP2, HAP3 and HAP4 genes are considered as case study. Due to the simulation results, we gain more understanding on the behavior of the gene expressions and obtain ten possible regulatory networks which are similar to the one believed by the molecular biologist. This thesis shows that Markov Chain Monte Carlo can be used as a simulation model for gene expression behaviors and gene regulatory network.