

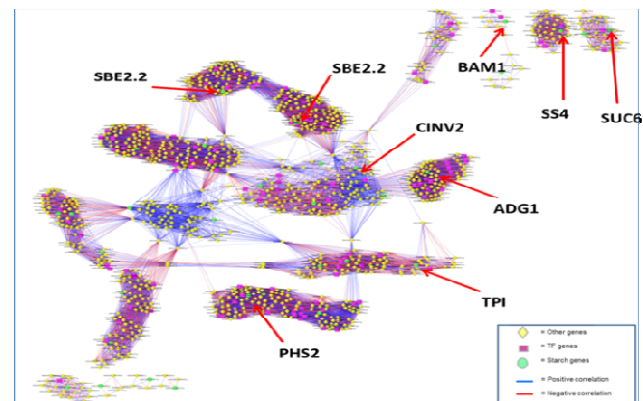
การสร้างเครือข่ายการควบคุมกระบวนการสร้างแปงในระดับ transcription ของต้นมันสำปะหลังจากการวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีน

มันสำปะหลังเป็นพืชที่มีความสำคัญในระดับโลกในการเป็นแหล่งอาหารและพลังงานสีเขียว สำหรับประเทศไทยมันสำปะหลังเป็นพืชเศรษฐกิจที่มีศักยภาพสูงในการนำรายได้เข้าสู่ประเทศ ความโดดเด่นของมันสำปะหลังอยู่ที่คุณลักษณะของรากที่มีแป้งสะสมอยู่เป็นจำนวนมาก จึงเป็นพืชที่ให้ผลผลิตแป้งสูงเมื่อเทียบกับพืชที่ให้แป้งอื่นๆ อีกทั้งเป็นพืชที่ทนต่อสภาพการเพาะปลูกที่ไม่สมบูรณ์ได้ดี แม้ว่าความสำคัญของมันสำปะหลังจะเด่นชัดขึ้นเรื่อยๆ ความรู้ความเข้าใจในกระบวนการควบคุมการสร้างแปงในรากของมันสำปะหลังที่จะนำไปสู่การปรับปรุงพันธุ์ให้ได้คุณสมบัติตามที่ต้องการอย่างมีประสิทธิภาพประสิทธิผลนั้นมีอยู่อย่างจำกัด และการศึกษาค้นคว้าในเรื่องดังกล่าวยังทำกันในวงแคบ โดยเฉพาะในระดับ transcription ซึ่งมีผลการศึกษาอยู่อย่างกว้างขวางแล้วในพืชต้นแบบ เช่น Arabidopsis และมันฝรั่ง ดังนั้น เพื่อเป็นการทำให้ความเข้าใจในกระบวนการควบคุมการสร้างแปงในรากมันสำปะหลังมีความชัดเจนมากยิ่งขึ้น และเป็นการต่อยอดความคิดจากงานวิจัยที่ได้ศึกษามาแล้ว (วิธีการสังเคราะห์แปงของมันสำปะหลัง ในระดับเมตาโบลิซึม)

ดร.ตรีสุข สายทอง และคณะ จากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี มีเป้าหมายที่จะศึกษาเพื่อสร้างองค์ความรู้ในกระบวนการสังเคราะห์แปงในระดับยีน รวมถึงการแสดงออกของยีน (transcription) ที่ควบคุมการสร้างแปง โดยอาศัยข้อมูลการแสดงออกของยีนที่มีรายงานไว้ในฐานข้อมูล และสิ่งพิมพ์ โดยใช้เทคนิคการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศและชีววิทยาระบบที่ผู้วิจัยมีความเชี่ยวชาญ ซึ่งเครือข่ายแสดงการควบคุมการสร้างแปงในระดับ transcription ของรากมันสำปะหลัง ที่เป็นผลิตภัณฑ์หลักของแผนงานวิจัยนี้ จะมีความสำคัญอย่างยิ่งยวด ในการเป็นข้อมูลพื้นฐานเพื่อหาแนวทางปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังให้ได้ผลิตผลที่ต้องการอย่างมีประสิทธิภาพ

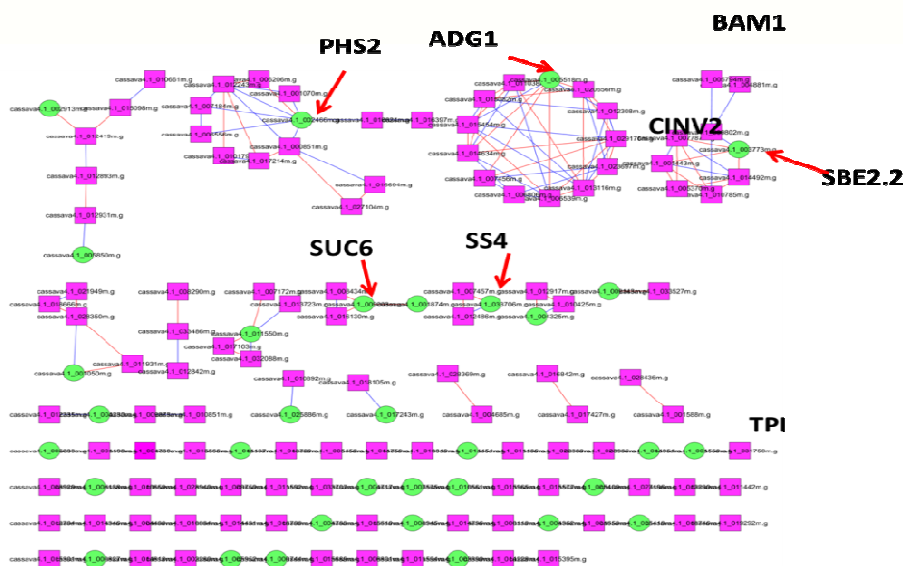
จากการศึกษาดังกล่าวจะสามารถสร้างแบบจำลองเชิงคุณภาพของกลไกการควบคุมกระบวนการสร้างแปงในมันสำปะหลัง ในระดับ transcription ได้ ซึ่งจะสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการหาอินที่สำคัยในการควบคุมกระบวนการสร้างแปงในมันสำปะหลัง เพื่อนำไปสู่แนวทางการปรับปรุงสายพันธุ์ของมันสำปะหลังที่สามารถสร้างแปงที่มีคุณสมบัติเฉพาะตัวสอดคล้องต่อความต้องการในระดับอุตสาหกรรมต่อไป

ทั้งนี้ ผลการดำเนินงาน ณ ปัจจุบัน ทีมวิจัยสามารถวิเคราะห์ข้อมูลการแสดงออกของยีนของมันสำปะหลัง จำนวน 2 ชุดข้อมูล (Li et al. และ Yang et al.) และสร้างแบบจำลองเครือข่ายการควบคุมระดับยีนโดยการรวมผลการวิเคราะห์ข้อมูลใน 2 รูปแบบ คือ การผนวกข้อมูล 2 ชุดเข้าด้วยกัน และ การวิเคราะห์แบบชุดข้อมูลเดี่ยว และได้ดำเนินการวิเคราะห์ข้อมูลทั้งหมด จนสามารถสร้างแบบจำลองเชิงคุณภาพของเครือข่ายการควบคุมระดับยีนของรากมันสำปะหลังได้ ซึ่งประกอบด้วยยีน 1,892 ยีน มียีนที่เกี่ยวข้องกับการสร้างแปงจำนวน 22 ยีน ยีนที่เป็นโปรตีนควบคุมจำนวน 195 ยีนและอื่นๆจำนวน 1,675 ยีน



รูปที่ 1 แบบจำลองเครือข่ายการควบคุมการสร้างแปงในรากของมันสำปะหลัง เมื่อพิจารณาเฉพาะคู่ความสัมพันธ์ที่เกี่ยวข้องกับยีนแปง (first neighbour): ยีนแปง (วงกลมสีเขียว), ยีนที่ทำหน้าที่เป็น transcription factor (สี่เหลี่ยมสีชมพู), และยีนอื่นๆ (ข้าวหลามตัดสีเหลือง), ความสัมพันธ์ที่เป็นไปทางบวก (เส้นสีน้ำเงิน), ความสัมพันธ์ที่เป็นไปทางบวก (เส้นสีแดง)

ต่อต้านหลัง →



รูปที่ 2 เครือข่ายแสดงความสัมพันธ์ระหว่างยีนแ่งและยีนที่ทำหน้าที่เป็น transcription factor ในรูปที่ 1: ยีนแ่ง (วงกลมสีเขียว), ยีนที่ทำหน้าที่เป็น transcription factor (สี่เหลี่ยมสีชมพู), และยีนอื่นๆ (ข้าวหลามตัดสีเหลือง), ความสัมพันธ์ที่เป็นไปทางบวก (เส้นสีน้ำเงิน), ความสัมพันธ์ที่เป็นไปทางบวก (เส้นสีแดง)