จิรภา เพชร์สม : การตรวจสอบคุณภาพโอลิโกนิวคลิโอไทด์อเรย์ของข้าว (VALIDATION OF RICE OLIGONUCLEOTIDE ARRAY) อาจารย์ที่ปรึกษา : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.มารินา เกตุทัต-คาร์นส์, 158 หน้า

โอลิโกนิวคลิโอไทด์อเรย์ของข้าว 2 ขนาด ได้แก่ 20K และ 45K ที่นำมาศึกษา ได้ถูกสร้างขึ้นโดยการสนับสนุนจาก National Science Foundation (NSF) อเรย์ของข้าวขนาด 20K ถูกออกแบบด้วย TIGR gene model version 2 ซึ่งได้ทำขึ้นก่อนที่การศึกษายีโนมข้าวจะเสร็จสิ้น หลังจากที่ข้อมูลลำดับนิวคลิโอไทด์ของยีโนมสมบูรณ์ จึงได้มีการออกแบบอเรย์ขนาด 45K โดยใช้ TIGR gene model version 3 อเรย์ทั้งสองระบบได้รับการตรวจสอบด้วยเทคนิคการวิเคราะห์ทางสถิติและชีววิทยา ได้นำการวิเคราะห์ทางสถิติใช้ในการเปรียบเทียบและตรวจสอบความน่าเชื่อถือของข้อมูล 20K และ 45K ซึ่งประกอบไปด้วยค่าเฉลี่ยของความเข้มของแสง, ค่าลอการิทึม ($\log_2$) ของอัตราส่วน, กราฟการกระจายตัวของข้อมูลในแบบจุด (scatter) และแบบแท่ง (smoothed histogram) การวิเคราะห์ข้อมูลทางชีววิทยาได้จากการจัดกลุ่มของยีนที่สนใจในฐานข้อมูลการจำแนกยีน (Gene Ontology)

ได้ทำการตรวจสอบอุณหภูมิที่เหมาะสม ในการจับกันระหว่างตัวอย่างกับตัวติดตามของอเรย์ขนาด 20K ที่ 42, 46, และ 50 องศาเซลเซียส ซึ่งตัวอย่าง cDNA ที่นำมาทดสอบ ได้มาจากใบข้าวสายพันธุ์ nipponbare ที่ปลูกในที่มีแสงและที่มืด ผลการวิเคราะห์ทางสถิติพบว่าข้อมูลอเรย์ที่อุณหภูมิ 42 องศาเซลเซียส แสดงค่าความเข้มของสารตัวติดตาม รวมทั้งค่าแสดงความสัมพันธ์ของข้อมูลในชุดทดสอบได้สูงที่สุด จึงได้เลือกใช้ 42 องศาเซลเซียส ในการศึกษาอเรย์ขนาด 45K ตัวอย่างที่นำมาทดสอบกับอเรย์ 45K ประกอบไปด้วยข้าวสี่สายพันธุ์ได้แก่ Nipponbare, Kitaake, Taipei 309, และ IR24 ที่ปลูกในสภาวะที่มีแสงและที่มืดเช่นเดียวกับการทดสอบกับอเรย์ 20K จากการวิเคราะห์ผลของอเรย์ทางชีววิทยาโดยอาศัยฐานข้อมูลการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ของยีน เพื่อการจัดความสัมพันธ์ของข้อมูลอเรย์ใน 20K และ 45K พบว่ายีนในกลุ่มที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์ด้วยแสง มีผลต่อสภาวะการทดสอบ นอกจากนั้นข้อมูลของอเรย์ 45K สามารถนำมาศึกษากลุ่มของยีนที่มีลำดับใกล้เคียงกันได้ เช่น glycosyl hydrolase family 1

สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ ลายมือชื่อนักศึกษา_____

ปีการศึกษา 2549 ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา_____

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม_____

JIRAPA PHETSOM : VALIDATION OF RICE OLIGONUCLEOTIDE ARRAY. THESIS ADVISOR : ASST. PROF. MARIENA KETUDAT-CAIRNS, Ph.D. 158 PP.

RICE ARRAY/VALIDATION/OLIGONUCLEOTIDE/MICROARRAY

Two rice oligonucleotide microarrays of 20K and 45K were constructed with support from the National Science Foundation (NSF). The rice 20K array was designed with TIGR gene model version 2 prior to the complete genome assembly. After the genome sequence was completed, the rice 45K array was designed with TIGR gene model version 3. These two rice array systems were validated with statistical and biological analysis. The statistical analyses were used to compare and test the reliability of the 20K and 45K arrays, which included average mean intensity, $\log_2$ratio, scatter plot, and smoothed histogram. The biological analysis was done by classifying candidate genes with Gene Ontology database. To obtain images with high quality, the annealing temperatures of 42, 46, and 50 ^{o}C were tested in the 20K array. The testing samples were derived from nipponbare leaves treated with light and dark growing conditions. The array data for 42 ^{o}C showed the highest signal intensity and correlation coefficient value, therefore, it was selected and used in further study of the 45K array. The tested samples for the 45K array, which consisted of four rice cultivars of Nipponbare, Kitaake, Taipei 309, and IR24, were treated with light and dark growing condition similar to the 20K array samples. The biological analysis with Gene Ontology classification, both the 20K and 45K arrays results showed that the photosynthesis related genes were affected by the treatment

condition. The 45K array data can be used to analyze multigene families which have similar homologous sequences. Glycosyl hydrolase family 1 was used as an example of multigene family for data analysis from the 45K array.

School of Biotechnology

Academic Year 2006

Student's Signature_____

Advisor's Signature_____

Co-advisor's Signature_____