

## บทที่ 6

### สรุป

การทดสอบฮอโมโลยีของโปรตีนโดยใช้วิธีการทดสอบทดสอบความคล้ายกันของลำดับของกรดอะมิโนที่ใช้กันอยู่ในปัจจุบันยังมีข้อจำกัด หากลำดับของกรดอะมิโนที่นำมาทดสอบ มี sequence identity ต่ำ มีช่องว่าง (gap) ขนาดใหญ่หรือจำนวนมาก หรือขนาดของลำดับของกรดอะมิโนมีความแตกต่างกันมากจนเกินไป

การเปลี่ยนลำดับของกรดอะมิโนให้อยู่ในรูปของแผนภูมิ 2 มิติเป็นวิธีการทดสอบฮอโมโลยีของโปรตีน ที่ลดปัญหาในเรื่องดังกล่าว พบว่าโปรตีนที่ฮอโมโลยีกันจะให้แผนภูมิ 2 มิติของกรดอะมิโนที่มีลักษณะคล้ายกัน และเนื่องจากการพิจารณาความคล้ายกันของแผนภูมิ 2 มิติไม่ได้พิจารณาความคล้ายกันของลำดับของกรดอะมิโนโดยตรง แต่จะพิจารณาความเหมือนกันหรือคล้ายกันของของ cluster ของกรดอะมิโนชนิด hydrophobic จากนั้นก็ดูกรดอะมิโนรอบข้าง ดังนั้นการที่ลำดับของกรดอะมิโนมี sequence identity ต่ำและ การมี gap จึงไม่มีผลในการพิจารณาความคล้ายกันของแผนภูมิ 2 มิติมากนัก และเพื่อความถูกต้องในการทดสอบฮอโมโลยีควรพิจารณาลำดับทางวิวัฒนาการควบคู่กันไปด้วย

ข้อจำกัดในการใช้แผนภูมิ 2 มิติของกรดอะมิโนคือ บางครั้งมีความยากในการพิจารณาความเหมือนหรือคล้ายกันของแผนภูมิ 2 มิติของกรดอะมิโนจำเป็นต้องใช้ประสบการณ์และความชำนาญในการพิจารณา จึงได้สร้างโครงข่ายประสาทเทียมเพื่อช่วยในการพิจารณาความเหมือนหรือคล้ายกันของแผนภูมิ 2 มิติของกรดอะมิโนขนาดเล็ก

โดยได้งานวิจัยนี้สร้างโครงข่ายประสาทเทียมพิจารณาความเหมือนหรือคล้ายกันของแผนภูมิ 2 มิติที่เกิดจากลำดับของกรดอะมิโนจำนวน 18 ตัว จากโปรตีน 5 กลุ่มด้วยกัน โครงข่ายประสาทเทียมจะเป็นตัวจำแนกว่ารูปแบบที่นำมาทดสอบเป็นรูปแบบชนิดไหน ถ้าเป็นรูปแบบชนิดเดียวกันแสดงว่าแผนภูมิ 2 มิติที่เกิดจากลำดับของกรดอะมิโนจำนวน 18 ตัวนั้นเหมือนหรือคล้ายกัน พบว่าการจำแนกให้ความถูกต้องประมาณ 86 เปอร์เซ็นต์ ถึง 92 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งแสดงให้เห็นโครงข่ายประสาทเทียมน่าจะช่วยในจำแนกแผนภูมิ 2 มิติของกรดอะมิโนขนาดเล็ก แต่มีความจำเป็นที่จะต้องพัฒนาโครงข่าย-

ประสาทเทียมให้มีประสิทธิภาพในการจำแนกรูปแบบของแผนมิติ 2 มิติของกรดอะมิโน โดยการเพิ่มจำนวนรูปแบบในการสอนให้มากและหลากหลาย เพื่อสามารถนำไปใช้ได้ อย่างมีประสิทธิภาพและนำไปใช้ในวิธีการ local alignment สำหรับโปรตีนที่มีขนาดใหญ่ต่อไป