

234018

เทคนิคการเปรียบเทียบความคล้ายคลึงกันในปัจจุบัน ซึ่งใช้การจัดเรียงกรดอะมิโนในลักษณะ 1 มิติ นั้นมีข้อจำกัดและมีความผิดพลาดเมื่อนำมาใช้เปรียบเทียบจัดเรียงลำดับกรดอะมิโนที่มีค่าความเหมือนต่ำ แม้ว่าลำดับกรดอะมิโนนั้นจะมีหน้าที่การทำงานเหมือนกัน จึงมีการนำเทคนิคการวิเคราะห์กลุ่มกรดอะมิโนที่ไม่ชอบน้ำในลักษณะ 2 มิติ มาใช้ในการทำนายลักษณะโครงสร้างและหน้าที่การทำงานของโปรตีน ในงานวิจัยชิ้นนี้ได้นำเสนอเทคนิคที่ใช้ในการสร้างเครื่องมือค้นหาโปรตีนที่ทำหน้าที่คล้ายคลึงกัน โดยมีพื้นฐานอยู่บนการจัดเรียงกลุ่มกรดอะมิโนที่ไม่ชอบน้ำในโครงสร้างระดับทุติยภูมิ เพื่อคิดคำนวณคะแนนความคล้ายคลึงกันของคู่โปรตีนโดยอัตโนมัติ ซึ่งช่วยลดภาระการค้นหาและจับคู่สายลำดับโปรตีนโดยผู้เชี่ยวชาญ เทคนิคที่ได้นำเสนอนี้ช่วยเพิ่มความเร็วในการคำนวณและแก้ไขข้อบกพร่องในการจับคู่กลุ่มกรดอะมิโนในงานวิจัยเก่าที่ใช้แนวความคิดเชิงละเอียด โดยได้ทำการทดสอบเทคนิคที่นำเสนอกับชุดข้อมูลจากฐานข้อมูล HOMSTRAD และฐานข้อมูล PIR ซึ่งผลการทดสอบแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพที่พัฒนาขึ้นจากเทคนิคการค้นหาโปรตีนที่ทำหน้าที่คล้ายคลึงกันแบบเก่า ทั้งทางด้านความถูกต้องและระยะเวลาที่ใช้คำนวณ

234018

## 5070254021 : MAJOR COMPUTER ENGINEERING

KEYWORDS: HYDROPHOBIC CLUSTER ANALYSIS / PROTEIN HOMOLOGY / PROTEIN SEQUENCE SEARCH TOOL

CHANIN CHANMA: PROTEIN HOMOLOGY SEARCH TOOL THROUGH HYDROPHOBIC CLUSTER ALIGNMENT WITH LOCAL SEARCH.

THESIS ADVISOR: PROF. PRABHAS CHONGSTITVATANA, Ph.D.,

THESIS CO-ADVISOR: RATH PICHYANGKURA, 60 pp.

Current techniques in protein homology testing involve a 1-dimensional alignment of nucleotide or amino acid sequencing. Due to its various constraints and low sequence identity values, a 2-Dimensional Hydrophobic Cluster Alignment has increasingly been used to predict the structure and functionality of protein. This work proposed an algorithm based on a secondary-structure Hydrophobic Cluster Alignment to compute a similarity score of protein sequences automatically, which helps reduce interventions of a human expert for a manual alignment. Additional techniques are introduced to speed up the calculation, as well as to resolve some greedy-based alignment limitation in the previous work. The alignment results and the classification accuracies from the well-known HOMSTRAD and PIR database have demonstrated an improvement in both accuracy and the computation time.