บทคัดย่อ

224877

แป้งถูกสร้างและสะสมในพืช มีความสำคัญในระดับอุตสาหกรรมต่างๆ โดยเฉพาะแป้งมันสำปะหลัง การจะปรับปรุงคุณภาพและปริมาณของแป้งในมันสำปะหลังให้มีคุณสมบัติตรงตามความต้องการในระดับอุตสาหกรรมนั้น เราต้องเข้าใจพื้นฐานเกี่ยวกับแป้งอย่างลึกซึ้ง เช่น วิถีเมตาบอลิซึมที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์แป้ง เป็นต้น แต่ในปัจจุบันยังไม่มีข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมของมันสำปะหลัง ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงพัฒนาแพลทฟอร์มออนไลน์ที่ช่วยวิเคราะห์ข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์แป้งของมันสำปะหลังโดยใช้ข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมของพืชอื่น แพลทฟอร์มนี้เรียกว่า “comprehensive Bioinformatics Platform for Plant (cBPP)” ซึ่งประกอบด้วยข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมของพืชทั้ง 6 ชนิด คือ *Arabidopsis thaliana, Capsicum annuum, Solanum lycopersicum, Solanum tuberosum, Oryza sativa* และ *Sorghum bicolor* พืชเหล่านี้เป็นพืชที่มีการหาลำดับเบสและหายีนที่เกี่ยวข้องในวิถีเมตาบอลิซึมแล้ว ข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมของพืชทั้งหมดจะถูกเก็บเบื้องต้นในรูปแบบ Microsoft Excel และถูกจัดระบบข้อมูลใหม่ด้วย Visual Basic Application (VBA) ก่อนจัดเก็บในระบบฐานข้อมูล MySQL ที่ใช้ร่วมกับภาษาคอมพิวเตอร์ HTML และ PHP ในแพลทฟอร์ม ฐานข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมของพืชในแพลทฟอร์มนั้นประกอบด้วยข้อมูลยีน อีซีนัมเบอร์ เอนไซม์ ปฏิกิริยา เมตาบอไลต์ และวิถีเมตาบอลิซึม จำนวน 1,150, 2,164, 3,775, 2,073 และ 533 ตามลำดับ ผู้ใช้สามารถหาข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมในแพลทฟอร์มได้โดยใช้ยีน เอนไซม์ อีซีนัมเบอร์ เมตาบอไลต์ และวิถีเมตาบอลิซึมในการค้นหา และผู้ใช้ยังสามารถดาวโหลดข้อมูลวิถีเมตาบอลิซึมของพืชแต่ละชนิดได้ นอกจากนี้ ยังมีการรวบรวมแหล่งข้อมูลของเครื่องมือทางชีวสารสนเทศและแหล่งข้อมูลต่างๆ ของพืชในแพลทฟอร์ม เพื่อใช้เป็นข้อมูลสำหรับผู้วิจัยด้านพืชอีกด้วย จะเห็นได้ว่าข้อมูลต่างๆ ที่ได้จากแพลทฟอร์มนั้นสามารถใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการวิเคราะห์ข้อมูลของยีน เอนไซม์ เมตาบอไลต์ในวิถีเมตาบอลิซึมที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์แป้ง ซึ่งข้อมูลนี้สามารถใช้เป็นแนวทางในการปรับปรุงคุณภาพและปริมาณของแป้งในมันสำปะหลังต่อไปได้

Abstract

224877

Starch is synthesized and stored in plant organs. It is used as a raw material in a number of industries, especially, cassava starch. To improve the starch quality and quantity of cassava starch for industrial uses, we have to gain an insightful understanding of starch metabolism. Unfortunately, the metabolic information of cassava is not known yet. So, the aim of this work is to develop an integrated web-based bioinformatics platform for analysis of cassava starch by using other plant metabolisms so called "comprehensive Bioinformatics Platform for Plant (cBPP). cBPP includes metabolic network databases of six different plants, i.e., *Arabidopsis thaliana, Capsicum annuum, Solanum lycopersicum, Solanum tuberosum, Oryza sativa and Sorghum bicolor.* All of these organisms are sequenced and functional analysis for metabolic pathways are already finished. The metabolic network data is initially kept in a Microsoft Excel format and then adjusted by Visual basic Application (VBA) before importing to MySQL interacted with HTML and PHP in platform. The genes, EC numbers, enzymes, reactions, and pathways of plant metabolism in platform are 1150, 2164, 3775, 2073, and 533, respectively. Users can gain metabolic information by using search function for queries on genes, EC numbers, enzymes, metabolites, or pathways. Users can also download metabolic information of each organism. Moreover, the platform provides a resource guide that directs users to many online plant-related resources and relevant bioinformatics tools for plant research. It shows that metabolic information from the platform can be used as basic knowledge for analyzing genes, EC numbers, enzymes, metabolites, or pathways related to starch metabolism. This information can be useful as a tool for further improvement of cassava starch quality and quantity.