

จากความสนใจในการใช้ประโยชน์จากจุลินทรีย์เพื่อใช้เป็นแหล่งทางเลือกสำหรับผลิตลิปิดและกรดไขมันที่มีมูลค่า ได้นำไปสู่การศึกษาและพัฒนากระบวนการผลิตลิปิดโดยใช้กลยุทธ์และเทคโนโลยีต่าง ๆ ซึ่งความก้าวหน้าทางเทคโนโลยีชีวภาพในระดับจีโนมได้เอื้อประโยชน์ต่องานวิจัยในเชิงองค์ความรู้พื้นฐาน และเชิงประยุกต์ ในโครงการวิจัยนี้ได้ใช้ประโยชน์จากจีโนมของ *Mucor circinelloides* ในการศึกษาเมตาบอลิซึมของลิปิดในราที่สะสมลิปิดสูง (oleaginous fungi) โดยได้ทำการจัดจำแนกยีนที่เกี่ยวข้องในเมตาบอลิซึมของลิปิดจากข้อมูลจีโนม โดยอาศัยเทคนิคทางชีวสารสนเทศ ร่วมกับข้อมูลทางด้านชีววิทยาและชีวเคมีจากยีสต์และราที่อยู่ในกลุ่มใกล้เคียงกัน ซึ่งสามารถวิเคราะห์หาบริเวณ open reading frame (ORF) จากจีโนมของ *M. circinelloides* โดยใช้โปรแกรม FGENEH และ GlimmerHMM จากการเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของ ORF ของ *M. circinelloides* ที่ได้ กับข้อมูลของยีนต่างๆที่เกี่ยวข้องกับเมตาบอลิซึมของลิปิดของ *Saccharomyces cerevisiae*, *Ustilago maydis* และ *Rhizopus oryzae* พบว่ามี 1,391 ORF ที่น่าจะเกี่ยวข้องกับเมตาบอลิซึมของลิปิด ซึ่งผลที่ได้ได้ผ่านการตรวจสอบหน้าที่ของยีนหรือเอ็นไซม์ เพื่อเพิ่มความเชื่อมั่นในความถูกต้อง โดยอาศัยฐานข้อมูลที่เกี่ยวข้องในการวิเคราะห์เปรียบเทียบลักษณะอนุรักษ์ต่างๆที่ใช้ในการบ่งบอกชนิดของยีนหรือเอ็นไซม์ ได้แก่ ความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนแบบ bidirectional sequence similarity search, cluster of orthologous, วิถีของเมตาบอลิซึมและปฏิกิริยาต่างๆที่เกี่ยวข้อง บริเวณอนุรักษ์ (conserved domain) ต่างๆของแต่ละเอ็นไซม์ ข้อมูลของ ORF ที่เกี่ยวข้องกับเมตาบอลิซึมของลิปิดของ *M. circinelloides* ที่ได้จากงานวิจัยนี้ จะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการนำไปใช้ในการศึกษาในเชิงลึกด้านเมตาบอลิซึมของลิปิดและกลไกการควบคุมการสังเคราะห์ลิปิด อันจะนำไปสู่การพัฒนาการผลิตกรดไขมันหรือลิปิดที่มีมูลค่าจากจุลินทรีย์กลุ่มต่อไป