

สาหร่ายสไปรูลินา (*Spirulina (Arthrospira) platensis*) เป็นไซยาโนแบคทีเรียในกลุ่มของสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงินที่สามารถสังเคราะห์แสงเหมือนกับพืชได้ สาหร่ายสไปรูลินาถูกให้ความสำคัญในแง่ของอาหารสำหรับคนทั่วโลกเนื่องจากสาหร่ายสไปรูลินามีสารอาหารที่มีคุณค่ามาก ทั้ง ๆ ที่สาหร่ายสไปรูลินามีความสำคัญทั้งในแง่การศึกษา และในแง่ของการผลิตเชิงอุตสาหกรรม แต่ความรู้ความเข้าใจในพื้นฐานทางพันธุกรรมของสาหร่ายสไปรูลินารวมทั้งกลไกการผลิตรายสำคัญต่าง ๆ ยังมีไม่มากนัก

ในงานวิจัยครั้งนี้ Pathway Tools โปรแกรมถูกนำมาใช้ในการสร้างวิถีเมตาบอลิซึมของสาหร่ายสไปรูลินาโดยใช้ข้อมูลลำดับเบสที่ยังไม่สมบูรณ์ ณ วันที่ 23 กันยายน 2552 จากสไปรูลินาจีโนมโปรเจกต์ โดยข้อมูลที่ใช้ประกอบไปด้วย 6360 ORFs และ 1372 contigs ดังนั้นการสร้างวิถีเมตาบอลิซึมแบบอัตโนมัติสำหรับข้อมูลการหาหน้าที่ให้ยีนในสาหร่ายสไปรูลินา ด้วยการนำข้อมูลการหาหน้าที่ให้ยีนที่มาจากการใช้คอมพิวเตอร์ มาสร้างวิถีเมตาบอลิซึมด้วยโปรแกรม Pathway Tools ซึ่งใช้ฐานข้อมูล MetaCyc รุ่น 10.5 เป็นฐานข้อมูลอ้างอิง ทำให้ได้วิถีเมตาบอลิซึมของสาหร่ายสไปรูลินา ประกอบไปด้วย 102 วิถี และ 218 ปฏิกริยา วิถีเมตาบอลิซึมของสาหร่ายสไปรูลินาได้ถูกปรับปรุงโดยการนำข้อมูลการหาหน้าที่ให้ยีนซึ่งถูกปรับปรุงด้วยผู้เชี่ยวชาญแล้ว ทำให้ได้วิถีเมตาบอลิซึมที่ถูกต้องมากขึ้น ประกอบไปด้วย 687 ยีน 883 เมตาบอไลต์ และ 969 ปฏิกริยา นอกจากนี้การเปรียบเทียบวิถีเมตาบอลิซึมของสาหร่ายสไปรูลินากับไซยาโนแบคทีเรียตัวอื่น (*Synechocystis* sp. PCC6803) แสดงให้เห็นว่าชนิดของเมตาบอไลต์ที่เข้าไปเกี่ยวข้องกับการปฏิบัติจำนวนมากมีความคล้ายคลึงกัน นอกจากนี้ยังพบว่ารูปแบบของ Metabolic network ของทั้งสองสิ่งมีชีวิตนั้นเป็นแบบ scale-free network

นอกจากนี้คือการศึกษาสารอาหารที่สาหร่ายสไปรูลินาผลิตขึ้นทำให้ประเมินวิถีเมตาบอลิซึมว่ามีจริงในสาหร่ายสไปรูลินาและยังชี้ว่าวิถีเมตาบอลิซึมที่คาดว่าจะมีในสาหร่ายสไปรูลินา

Spirulina (Arthrospira) platensis, a cyanobacterium, belongs to the group of blue green algae with the ability to perform oxygenic photosynthesis like higher plants. It is also preferred for consumption by millions of people all over the world, due to its high nutritional values. Despite its importance in academic and industry research, very little is known about the genetic basis of this organism, as well as production mechanism of valuable nutrients.

In this study, the metabolic pathways of *S. platensis* C1 were reconstructed from its genome sequenced (not yet completed) and annotated (on 23 September 2009) by the *Spirulina* genome project using Pathway Tools program. The annotated genome sequence of *S. platensis* C1 composed of 6360 Open Reading Frames and 1372 contigs. Using the computationally annotated *S. platensis* C1 genome, the metabolic pathways was reconstructed automatically by using MetaCyc as a reference database. The obtained metabolic pathways consisted of 102 pathways and 218 metabolic reactions. With the use of human curated annotation data, the pathway were later refined. The refined pathways (sub-networks) composed of 687 metabolic gene 883 metabolites and 969 reactions. By comparing these pathways with those of *Synechocystis* sp. PCC6803, the result showed the top 10 of highly connected metabolites are ATP, ADP, phosphate, diphosphate, NADP, NADPH, CO₂, NAD, NADH, and O₂. It is noted that these metabolites are involved in the energy and redox metabolism, representing the currency metabolites of life. In addition, the structural organization of both metabolic networks are found to be scale-free network.

Moreover, the reconstructed metabolic pathways were evaluated with known nutritional data of *S. platensis*, confirming the existence of certain pathways as well as suggesting pathways probably exist in this organism.