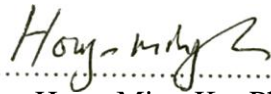


Development of an automatic RNA design tool using genetic algorithm

Mr. Jirote Teeranan B.Eng. (Chemical Engineering)

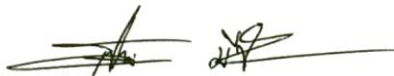
A Special Research Project Submitted in Partial Fulfillment
of the Requirements for
the Degree of Master of Engineering (Chemical Engineering)
Faculty of Engineering
King Mongkut's University of Technology Thonburi
2014

Special Research Project Committee



.....
(Lect. Hong-Ming Ku, Ph.D.)

Chairman of Special
Research Project Committee



.....
(Asst. Prof. Asawin Meechai, Ph.D.)

Member and Special
Research Project Advisor



.....
(Asst. Prof. Boonserm Kaewkamnerdpong, Ph.D.)

Member and Special
Research Project Co-Advisor



.....
(Assoc. Prof. Kwanchanok Pasuwat, Ph.D.)

Member

Special Research Project Title	Development of an automatic RNA design tool using genetic algorithm
Special Research Project Credits	6
Candidate	Mr. Jirote Teeranan
Special Research Project Advisor	Asst. Prof. Dr. Asawin Meechai Asst. Prof. Dr. Boonserm Kaewkamnerdpong
Program	Master of Engineering
Field of study	Chemical Engineering
Department	Chemical Engineering
Faculty	Engineering
Academic Year	2014

Abstract

RNA is a biological molecule that can be applied to synthetic biology as new functional devices in living organisms. The functions of RNAs are usually dictated by their secondary structures. Therefore, synthetic RNAs with required structures are needed. Currently, the sequence of bases can be designed by a computer program called iDoDe. But iDoDe designs RNA sequence using a random algorithm, and thus does not provide optimal RNA solutions. Hence genetic algorithm is added into the existing tool for optimization in this work. A set of suitable parameters for genetic algorithm determined in this study were found to be the crossover rate of 0.9, the mutation rate of 0.1, the weight of similarity score of 0.7 and the number of individual (solution) per iteration of 10. The performance of this developed tool was compared with iDoDe. It was found that this tool can generate an interacting RNA sequence that has a higher fitness score with less computational time than iDoDe.

Keywords : RNA/RNA-RNA interaction/genetic algorithm/crossover/mutation

หัวข้อโครงการศึกษาวิจัย	การพัฒนาเครื่องมือออกแบบสายอาร์เอ็นเอแบบอัตโนมัติด้วย ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม
หน่วยกิต	6
ผู้เขียน	นาย จิโรจ ชีระนันท์
อาจารย์ที่ปรึกษา	ผศ. ดร. อศวิณ มีชัย ผศ. ดร. บุญเสริม แก้วกำหนดพงษ์
หลักสูตร	วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	วิศวกรรมเคมี
ภาควิชา	วิศวกรรมเคมี
คณะ	วิศวกรรมศาสตร์
ปีการศึกษา	2557

บทคัดย่อ

อาร์เอ็นเอก็เป็นหนึ่งในโมเลกุลทางชีวภาพที่สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในซินเทติกไบโอโลยี เพื่อพัฒนาการทำงานใหม่ๆในสิ่งมีชีวิต การทำงานของอาร์เอ็นเอถูกกำหนดโดยโครงสร้างทุติยภูมิของอาร์เอ็นเอ ดังนั้นการสังเคราะห์อาร์เอ็นเอให้ได้โครงสร้างตามต้องการจึงมีความจำเป็น ในปัจจุบันลำดับของเบสสามารถออกแบบได้โดยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่มีชื่อว่าไอคูดี แต่โปรแกรมไอคูดีไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ ด้วยเหตุนี้จึงมีการเพิ่มขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเข้าไปเพื่อช่วยในการหาคำตอบที่ดีที่สุด ในขั้นตอนเชิงพันธุกรรมมีพารามิเตอร์หลายตัวที่ส่งผลต่อประสิทธิภาพของโปรแกรม ซึ่งค่าที่เหมาะสมของพารามิเตอร์ต่างๆ คือ ค่าอัตราครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.9, ค่าอัตราการมิวเตชันเท่ากับ 0.1, น้ำหนักของค่าความเหมือนเท่ากับ 0.7 และ จำนวนคำตอบในหนึ่งรอบการทำงานเท่ากับ 10 นอกจากนั้นเมื่อนำเครื่องมือที่พัฒนาใหม่นี้ไปเปรียบเทียบกับโปรแกรมไอคูดี พบว่าเครื่องมือใหม่นี้สามารถออกแบบลำดับเบสในสายอาร์เอ็นเอที่จับกัน โดยที่มีคะแนนความเหมาะสมมากกว่าและยังใช้เวลาในการทำงานที่น้อยกว่าโปรแกรมไอคูดี

คำสำคัญ : อาร์เอ็นเอ/การจับกันของสายอาร์เอ็นเอ/ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม/ครอสโอเวอร์/มิวเตชัน

ACKNOWLEDGEMENTS

I would like to express my gratitude to people for their contribution to this thesis. The first one is my advisor, Asst. Prof. Dr. Asawin Meechai for his guidance, kindness and patience. I am grateful to Asst. Prof. Dr. Boonserm Kaewkamnerdpong for her valuable vision about programming and encouragement. I also appreciate my committee, Dr. Hong-Ming Ku and Assoc. Prof. Dr. Kwanchanok Pasuwat for their suggestions and comments. I would like to give my special thanks to Miss Jittrawan Thaiprasit for gadgets of programing and simulation, support information, suggestion and mercifulness. And I would like to thank all Systems Biology and Bioinformatics Research Laboratory (SBI) members for attention.

Moreover, I would like to thank Chemical Engineering Practice School (ChEPS) staff, Mrs. Chadaporn Dammunee for information and suggestion. And I would like to thank King's Mongkut University of Technology Thonburi.