

วิทยานิพนธ์เรื่อง การทำนายยีนของยูแคริโอตด้วยวิธีฟิคเกตและกลิมเมอร์ มีวัตถุประสงค์เพื่อเปรียบเทียบผลการทำนายยีนของสิ่งมีชีวิตด้วยวิธีฟิคเกตและกลิมเมอร์ และพิจารณาหาความสัมพันธ์ของผลการทำนายยีนของทั้งสองวิธี

ปัจจุบันมีโปรแกรมเกี่ยวกับการทำนายยีนออกมาเป็นจำนวนมาก แต่เมื่อมองในภาพรวมแล้ว ผลการทำนายยีนที่ได้จากโปรแกรมต่าง ๆ มีทั้งส่วนที่เหมือนและแตกต่างกัน ดังนั้นผู้วิจัยจึงสนใจที่จะเปรียบเทียบผลของการทำนายยีน โดยศึกษาวิธีการทำนายยีนด้วยวิธีของฟิคเกตและกลิมเมอร์ และทดลองสร้างโปรแกรมทำนายยีนขึ้นมา แล้วนำไปเปรียบเทียบและพิจารณาหาความสัมพันธ์จากผลการทำนายที่ได้

จากการทดลองพบว่า ผลการทำนายยีนของวิธีทั้งสองมีความเหลื่อมทับกันสูง โดยมีผลการทำนายตรงกันสูงสุดที่ 62.59% ซึ่งช่วยยืนยันความถูกต้องในการทำนาย เมื่อกำหนดพารามิเตอร์วินโดว์ไซสเท่ากับ 200 ผลการทำนายยีนโดยเฉลี่ยของโปรแกรมฟิคเกตมีจำนวนและความยาวมากกว่าผลการทำนายยีนจากโปรแกรมกลิมเมอร์ และเมื่อกำหนดพารามิเตอร์วินโดว์ไซสเท่ากับ 500 ทำให้ผลการทำนายยีนของโปรแกรมฟิคเกต ลดลงอย่างเห็นได้ชัด

The objective of this thesis, entitled Gene Prediction in Eukaryote by Fickett and Glimmer Methods, is to compare the results of gene prediction from Fickett and Glimmer methods and find relation of both results.

Nowadays, many gene-prediction programs have been invented, but the results of these programs in overall have some difference. Therefore, we are interested to compare results of gene prediction. We focus on Fickett and Glimmer methods, and analyze both predicted results.

From the experimentation, the results of both prediction methods have large parts, 62.59%, in common which support the accuracy of the prediction. Fickett performs better than Glimmer, when the windows size is set at 200, and worse when the windows size is set at 500.