

ในงานวิจัยฉบับนี้เราได้พิจารณากลุ่มยีน HAP2, HAP3, HAP4 และ CYC1 ซึ่งเกี่ยวข้องกับกระบวนการไดออกซิซิฟิ์ของยีสต์ *Saccharomyces Cerevisiae* โดยมีจุดประสงค์เพื่อทำนายรูปแบบการควบคุมกันระหว่างยีน จากข้อมูลการแสดงออกของยีนเหล่านี้ภายใต้สภาวะไดออกซิซิฟิ์ที่มีการเปลี่ยนแปลงการใช้แหล่งพลังงานจากกลูโคสเป็นเอทานอล โดยใช้วิธีการเบย์เซียนเพื่อคาดประมาณค่าความน่าจะเป็นอย่างมีเงื่อนไข และคะแนนสำหรับทุกเครือข่ายการควบคุมกันที่เป็นไปได้ จากการทดลองเราพบแปดเครือข่ายที่ให้คะแนนสูงสุดเท่ากัน โดยเครือข่ายที่พบทั้งหมดมีลักษณะบางประการคล้ายกัน คือมีความสัมพันธ์การร่วมควบคุมยีน CYC1 โดยยีน HAP2 และ HAP3 ซึ่งสอดคล้องกับรายงานทางชีววิทยาที่กล่าวว่ายีน HAP2, HAP3 และ HAP4 ร่วมกันไปควบคุมยีน CYC1 โดยที่ยีน HAP2 และ HAP3 เป็นโปรตีนควบคุมที่เข้าไปจับกับส่วนโปรโมเตอร์ที่เฉพาะเจาะจงของยีน CYC1 และยีน HAP4 นั้นมีรายงานว่าเป็นตัวกระตุ้นเพื่อให้ CYC1 เริ่มทำงานได้ การศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าการอนุมานเครือข่ายการควบคุมกันจากข้อมูลการแสดงออกของกลุ่มยีนที่สนใจอาจทำได้โดยอาศัยวิธีเครือข่ายเบย์เซียน

ABSTRACT

In this research, the group of genes HAP2, HAP3, HAP4 and CYC1 under diauxic shift condition of *Saccharomyces Cerevisiae* is considered. The objective of this study is to infer the regulatory mechanism of these genes from their expression levels under diauxic shift condition; i.e. changing carbon resource from glucose to ethanol. Bayesian inference technique is applied to evaluate the conditional probabilities and scores of all probable regulatory networks. Experimentally, eight networks of maximum score are found. These networks all report the co-regulation of CYC1 by HAP2, HAP3. The result coincides with prior biological reports confirming that HAP2, HAP3, HAP4 are co-regulators of CYC1. HAP2 and HAP3 proteins bind at specific promoter site of CYC1 gene and HAP4 is reported to be the activator of CYC1. This shows that the inference of gene regulatory network from the expression data could be reasonably done by using Bayesian network technique.