

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

การศึกษาการตอบสนองของพืชต่อสภาวะเครียดโดยใช้อุปกรณ์การคำนวณ
สำหรับวิเคราะห์ข้อมูล



โครงการพิเศษนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรบัณฑิต
ภาควิชาชีววิทยาประยุกต์
คณะวิทยาศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ปีการศึกษา 2550

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**A Study of the Plant Stress Responses Using Computational Tool
for Data analysis**



Mr. Issaranuwatt Phangchaimongkol

**A Special Project Submitted in Partial Fulfillment of the Requirement
for the Degree of Bachelor of Science**

Department of Applied Biology

Faculty of Science

King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang

Academic Year 2007

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครงการพิเศษเรื่อง การศึกษาการตอบสนองของพืชต่อสภาวะเครียดโดยใช้อุปกรณ์การคำนวณ
สำหรับวิเคราะห์ข้อมูล
นักศึกษา นายอิสราณวัฒน์ ผังชัยมงคล
ภาควิชา ชีววิทยาประยุกต์
สาขาวิชา เทคโนโลยีชีวภาพ
ปีการศึกษา 2550
อาจารย์ที่ปรึกษา ผศ.ดร. กนกพร สมพรไพลิน

ภาควิชาชีววิทยาประยุกต์ คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
อนุมัติให้โครงการพิเศษนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรบัณฑิต

คณะกรรมการตรวจสอบ	ลายมือชื่อ
ประธานกรรมการ รศ.มาลินี ดันติยาภรณ์	
กรรมการ รศ.ธีรวัฒน์ ประกอบผล	
กรรมการ ผศ.ดร. กนกพร สมพรไพลิน	



(รศ.ดร.นวลพรรณ ณ रणอง)

หัวหน้าภาควิชา

ลิขสิทธิ์ของภาควิชา ชีววิทยาประยุกต์ คณะวิทยาศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครงการพิเศษเรื่อง	การศึกษาการตอบสนองของพืชต่อสภาวะเครียดโดยใช้อุปกรณ์การ คำนวณสำหรับวิเคราะห์ข้อมูล
นักศึกษ	นายอิสราณวัฒน์ ผังชัยมงคล
ภาควิชา	ชีววิทยาประยุกต์
สาขาวิชา	เทคโนโลยีชีวภาพ
ปีการศึกษา	2550
อาจารย์ที่ปรึกษา	ผศ.ดร. กนกพร สมพรไพฑิณ

บทคัดย่อ

ทำการศึกษาการตอบสนองต้น *Arabidopsis thaliana* ภายใต้สภาวะเครียด โดยใช้การวิเคราะห์คำนวณข้อมูลของการทดลองจากเว็บไซต์ TAIR ข้อมูลนี้ได้มาจากต้น *A. thaliana* สายพันธุ์ Columbia-0 อายุ 18 วัน ซึ่งได้เลี้ยงภายใต้สภาวะเครียดจากความเย็นที่ 4 องศาเซลเซียส ความแห้งแล้งโดยทำให้แห้งเป็นเวลา 15 นาที แรงดันออสโมติกโดยเติมสารแมนนิทอล 300 มิลลิโมลาร์ อนุมูลอิสระโดยเติมสารเมทิลไวโอโลเจน 10 ไมโครโมลาร์ และความเค็มโดยเติมสารโซเดียมคลอไรด์ 150 มิลลิโมลาร์ เก็บเกี่ยวพืชที่ 24 ชั่วโมง ทำการทดลองเปรียบเทียบกับต้นพืชที่ไม่ได้รับสภาวะเครียด โดยการสกัดอาร์เอ็นเอและใช้สำหรับการแสดงออกของยีนโดยใช้ชิพ Affymetrix ATH1 นำข้อมูลที่ได้มาวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรม MapMan ผลการทดลองที่ได้แสดงให้เห็นการแสดงออกของยีนที่แตกต่างกันในจีโนมของ *A. thaliana* ภายใต้สภาวะเครียดต่างๆ การเปลี่ยนแปลงของการถอดรหัสและสารเมแทบอลิต์ในชีวสังเคราะห์สารจำเพาะจะแสดงการตอบสนองต่อชนิดของสภาวะเครียด โมเดลของชีวสังเคราะห์เมแทบอลิต์กลุ่มน้ำตาล-แป้ง และสารทุติยภูมิจะใช้นำเสนอในการอธิบายระบบการปรับตัวของต้นพืชต่อสภาวะเครียด การเปลี่ยนแปลงอย่างกว้างขวางในการแสดงออกของยีนต่อการถอดและแปลรหัสให้รีเซปเตอร์ไคเนส โปรตีนควบคุม สารที่ทำหน้าที่เป็นสัญญาณโมเลกุลในชีวสังเคราะห์ดังกล่าว โปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการเปลี่ยนแปลงภายหลังการแปลรหัสและการนำสารกลับมาใช้ใหม่ โปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์และการส่งสัญญาณของน้ำตาล-แป้ง และสารทุติยภูมิ ปรากฏให้เห็นการควบคุมเชื่อมโยงกันเป็นเครือข่าย เพื่อตอบสนองต่อสภาวะเครียด การรวบรวมข้อสังเกตต่างๆ แสดงให้เห็นถึงความจำเป็นในการปรับโปรแกรมการแสดงออกของยีน และสารเมแทบอลิต์ในชีวสังเคราะห์ เพื่อให้พืชสามารถทนต่อสภาวะเครียดจำเพาะได้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Special Project Title	A Study of the Plant Stress Responses Using Computational Tool for Data analysis
Name	Mr. Issaranuwatt Phangchaimongkol
Department	Applied Biology
Program	Biotechnology
Academic Year	2007
Special Project Advisor	Asst. Prof. Dr. Kanokporn Sompornpailin

ABSTRACT

The responding of *Arabidopsis thaliana* plant under stress conditions was studied using computational analysis of microarray experimental data from TAIR website. These data are derived from 18 days old *A. thaliana* plants of Columbia-0 ecotype which were incubated under cold stress (4°C), drought stress (air stream for 15 min), osmotic stress (300 mM mannitol), oxidative stress (10 µM methyl viologen) and salt stress (150 mM NaCl). The material was harvested at 24 hours comparing with control sample which collected from non-treated plants. RNA was prepared and used for gene expression using Affymetrix ATH1 chip. The relevant data were analyzed using MapMan. The results showed the different expression of genes in *A. thaliana* genome under various stresses. Transcript and metabolite changes in particular metabolic pathways exhibited a response depending type of stresses. The model of sucrose-starch and secondary metabolite pathways is proposed to explain the systems behavior of plants during stresses acclimatization. Widespread changes in the expression of genes encoding receptor kinases, transcription factors, components of signaling pathways, proteins involved in post-translational modification and turnover, and proteins involved in the synthesis and sensing of sucrose, starch and secondary metabolites revealing large-scale rewiring of the regulatory network is a response to stresses. The combined observations suggest a requirement for the reprogramming of gene expression and metabolic pathways to maintain plant survival upon specific stress.

กิตติกรรมประกาศ

โครงการพิเศษนี้เกิดขึ้น และสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี ผู้จัดทำโครงการขอกราบ
 ขอบพระคุณ ผศ.ดร. กนกพร สมพรไพลิน ซึ่งเป็นอาจารย์ที่ปรึกษาโครงการ รศ.มาลินี ดันติยา-
 ภรณ์ รศ.ธีรวัฒน์ ประกอบผล ซึ่งเป็นคณะกรรมการตรวจสอบ ที่ได้กรุณาเสียสละเวลาในการให้
 คำแนะนำและแนวคิดในการจัดทำโครงการ และให้คำปรึกษาด้านวิชาการที่เป็นประโยชน์ในการ
 ทำโครงการ และให้ความช่วยเหลือในการแก้ไขเอกสาร เรียบเรียงเอกสาร รวมทั้งได้รับการดูแล
 เอาใจใส่ ให้ความเมตตา และให้กำลังใจแก่ผู้จัดทำด้วยดีเสมอมา

ขอกราบขอบพระคุณอาจารย์ทุกๆ ท่านที่ได้ให้ความรู้ซึ่งเป็นประโยชน์อย่างยิ่งแก่ข้าพเจ้า
 รวม ทั้งเจ้าหน้าที่ห้องปฏิบัติการ และเจ้าหน้าที่ห้องธุรการในภาควิชาชีววิทยาประยุกต์ คณะ
 วิทยาศาสตร์

และสุดท้ายนี้ขอกราบขอบพระคุณ คุณพ่อ คุณแม่ ที่ให้กำเนิด ให้การศึกษา พี่สาว
 พี่ชาย รวมทั้งญาติมิตร ที่เป็นกำลังใจ และเป็นแรงผลักดันที่ยิ่งใหญ่ให้ผู้จัดทำมีกำลังใจที่จะมุ่งมั่น
 ในการศึกษาครั้งนี้จนเป็นผลสำเร็จลุล่วงด้วยดี

ประโยชน์อันใดที่เกิดจากการศึกษาครั้งนี้ ย่อมเป็นผลมาจากความกรุณาของท่านทั้งหลาย
 ดังกล่าวข้างต้นผู้จัดทำรู้สึกทราบบ้างซึ่งเป็นอย่างยิ่งจึงใคร่ขอขอบพระคุณเป็นอย่างสูงไว้ ณ โอกาสนี้

นายอิสรานูวัฒน์ ผังชัยมงคล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย	ก
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	ข
กิตติกรรมประกาศ	ค
สารบัญ	ง
สารบัญตาราง	ฉ
สารบัญรูป	ช
บทที่ 1 บทนำ	
1.1 ความเป็นมาของโครงการพิเศษ	1
1.2 วัตถุประสงค์	2
1.3 ขอบเขตของการวิจัย	2
1.4 ขั้นตอนในการดำเนินงาน	2
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	3
บทที่ 2 ทฤษฎีและหลักการ	
2.1 สารพันธุกรรมและโครงสร้างพื้นฐานของจีโนม	4
2.2 การถอดรหัสพันธุกรรมพืช <i>Arabidopsis (Arabidopsis thaliana)</i>	10
2.3 ระบบชีวสารสนเทศศาสตร์	11
2.4 โครงสร้างฐานข้อมูล	17
2.5 ข้อมูลจากฐานข้อมูลชีวสารสนเทศ	23
2.6 DNA Microarrays and Expression Bioinformatics	27
2.7 การใช้บริการค้นหาและวิเคราะห์ข้อมูลด้านอณูชีววิทยาบนเครือข่ายอินเทอร์เน็ต	31
2.8 การใช้โปรแกรม MapMan ประมวลผลทางชีวสารสนเทศ	35
บทที่ 3 วิธีการดำเนินการวิจัย	
3.1 ขั้นตอนการลงโปรแกรม MapMan เพื่อทำการคำนวณในเครื่องผู้ใช้งาน	43
3.2 การใช้โปรแกรม MapMan เพื่อวิเคราะห์กลุ่มจีโนมที่เกี่ยวข้องกับ	46

สถานะเครือข่ายใน *Arabidopsis thaliana*

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

	หน้า
3.3 ข้อมูลที่นำมาใช้ในการวิเคราะห์สภาวะเครียดของ <i>Arabidopsis thaliana</i>	52
3.4 การวิเคราะห์กระบวนการต่างๆ ที่เกิดขึ้นจริงภายในเซลล์ของ <i>Arabidopsis thaliana</i>	54
3.5 การเลิกใช้โปรแกรม MapMan และนำโปรแกรม MapMan ออกจากเครื่องคอมพิวเตอร์	58
บทที่ 4 ผลการทดลองและอภิปรายผล	
4.1 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากความเย็น	61
4.2 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากความแห้งแล้ง	74
4.3 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากแรงดันออสโมติก	89
4.4 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากอนุมูลอิสระ	104
4.5 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากความเค็ม	119
บทที่ 5 สรุปและข้อเสนอแนะ	135
เอกสารอ้างอิง	139

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
3.1	53
4.1	62
4.2	76
4.3	91
4.4	105
4.5	121

สารบัญรูปภาพ

รูปที่	หน้า
2.1	6
2.2	9
2.3	10
2.4	16
2.5	19
2.6	19
2.7	22
2.8	29
2.9	29
2.10	36
2.11	36
2.12	37
2.13	38
2.14	38
2.15	39
2.16	40
2.17	41
2.18	41
2.19	42
3.1	43
3.2	44
3.3	44

รูปที่	หน้า	
3.4	การยินยอมให้ดาวน์โหลด MapMan เข้าเครื่องคอมพิวเตอร์ผู้ใช้	45
3.5	การติดตั้งโปรแกรม MapMan เข้าเครื่องคอมพิวเตอร์ผู้ใช้เสร็จสมบูรณ์	45
3.6	การดาวน์โหลด Download MapMan pathway, mapping และ sample data files	47
3.7	หน้าจอโปรแกรม MapMan ทำการดาวน์โหลด Mappings ใหม่	48
3.8	หน้าจอ Mappings ที่ได้ทำการดาวน์โหลดสำเร็จแล้ว	48
3.9	หน้าจอโปรแกรม MapMan ทำการดาวน์โหลด Pathways ใหม่	49
3.10	หน้าจอ Pathways ที่ได้ทำการดาวน์โหลดสำเร็จแล้ว	49
3.11	การสร้างโฟลเดอร์ผลการทดลองใหม่จากโปรแกรม MapMan	50
3.12	การสร้างโฟลเดอร์ที่สำเร็จรูปแล้วของ Experiments	50
3.13	หน้าจอโปรแกรม MapMan ทำการเพิ่ม Experiments ใหม่	51
3.14	หน้าจอ Experiments ที่ได้ทำการเพิ่มข้อมูลผลการทดลองสำเร็จแล้ว	51
3.15	รูปแบบข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์โดยโปรแกรม MapMan	52
3.16	ภาพฐานข้อมูลผลการทดลองวิเคราะห์สภาวะเครียดต่างๆ โดยใช้โปรแกรม MapMan	54
3.17	เลือก Pathways ที่ใช้เป็น Secondary Metabolite เพื่อวิเคราะห์สภาวะเครียด	55
3.18	เลือก Pathways ที่ใช้เป็น Sucrose-Starch เพื่อวิเคราะห์สภาวะเครียด	56
3.19	การเลือก Mappings โดยใช้เป็น ath_affy_tair6	56
3.20	ภาพ Pathways ที่เลือกใช้เป็น Secondary Metabolite รวมวิเคราะห์สภาวะเครียดใน <i>Arabidopsis thaliana</i>	57
3.21	ภาพ Pathways ที่เลือกใช้เป็น Sucrose-Starch วิเคราะห์สภาวะเครียดใน <i>Arabidopsis thaliana</i>	57
3.22	การ Uninstall MapMan จากหน้าจอวินโดวส์	58
3.23	หน้าจอหลังจากการเลือก Uninstall MapMan	59
3.24	การ Uninstall MapMan จาก Windows Explorer	59
3.25	หน้าจอ Add Remove Programs	60
3.26	การ Uninstall MapMan ที่เสร็จสมบูรณ์	60

รูปที่	หน้า
4.1 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเย็นของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	61
4.2 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเย็นของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	62
4.3 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความแห้งแล้งของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	75
4.4 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความแห้งแล้งของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	75
4.5 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากแรงดันออสโมติกของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	90
4.6 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากแรงดันออสโมติกของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	90
4.7 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากอนุมูลอิสระของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	104
4.8 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากอนุมูลอิสระของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	105
4.9 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเค็มของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	120
4.10 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเค็มของต้น <i>Arabidopsis</i> เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan	120

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาของโครงการพิเศษ

ชีวสารสนเทศศาสตร์ (bioinformatics) เป็นศาสตร์ที่ว่าด้วยการนำข้อมูลทางชีววิทยามาใช้ อย่างเป็นระบบ รวมทั้งการจัดเก็บ การพัฒนาโปรแกรมประยุกต์แบบต่างๆ สำหรับเปรียบเทียบ วิเคราะห์ คำนวณ และประเมินผลข้อมูลที่ได้จากการสืบค้นจากคอมพิวเตอร์ระดับองค์กร ทั้งใน และต่างประเทศผ่านเครือข่ายสารสนเทศต่างๆ ชีวสารสนเทศศาสตร์ถูกใช้ในการหาคำตอบหรือ ตอบคำถามทางด้านวิทยาศาสตร์ชีวภาพในหลายรูปแบบ ซึ่งเดิมทำได้ยากและต้องใช้ขั้นตอนที่ ซับซ้อน ชีวสารสนเทศศาสตร์จึงเป็นเครื่องมือที่ปรับเปลี่ยนรูปแบบหลัก (paradigm shift) ของการ ค้นคว้าวิจัยจากแบบดั้งเดิม ซึ่งใช้เวลาส่วนใหญ่ในห้องปฏิบัติการแต่อย่างเดียว มาเป็นการ ผสมผสานกับการสืบค้น วิเคราะห์ หรือทำการทดลองบนเครื่องคอมพิวเตอร์จำลอง (simulation) โดยใช้ข้อมูลดิจิทัล (digital data) เป็นวัตถุดิบ จากนั้นจึงกลับมาวิจัยในห้องปฏิบัติการ (wet lab) เพื่อยืนยันผลลัพธ์ที่ได้จากการประเมินหรือวิเคราะห์ผลจากข้อมูลเหล่านั้น อันเป็นการประหยัดทั้ง เวลาและงบประมาณการวิจัย

เทคโนโลยีสำหรับการศึกษาทางด้านวิทยาศาสตร์ และด้านการแพทย์ได้มีการพัฒนา เทคนิคใหม่ๆ ขึ้นมาอย่างมากมาย รวมทั้ง microarray (Cwllis และคณะ, 2000; De Risi และคณะ, 1997; Michaut และคณะ, 2003; Wang และคณะ, 2003) และ mass spectrometry (MS) (Fiehn และ คณะ, 2000; Stitt และ Fernie, 2003) ทำให้ได้ชุดข้อมูลจำนวนมากมาในแต่ละครั้ง ซึ่งจะมี ข้อจำกัดในการวิเคราะห์ข้อมูลจำนวนมากเหล่านี้ด้วยการวิเคราะห์ข้อมูลแบบดั้งเดิม ดังนั้น เพื่อให้การวิเคราะห์การตอบสนองต่อระบบต่างๆ เป็นไปอย่างครอบคลุม จึงมีความจำเป็นต้อง รวบรวมข้อมูลต่างๆเหล่านี้เป็นระบบด้วยการใช้เครื่องมือ หรือซอฟต์แวร์ต่างๆ ทาง คอมพิวเตอร์ในการจัดระบบวิเคราะห์ข้อมูล รวมทั้งการหาความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลด้วยตนเอง หรือข้อมูลกับการทดลอง เพื่อให้สามารถวิเคราะห์และประเมินผลจากฐานข้อมูลที่มีขนาดใหญ่ได้ อย่างสะดวก และได้ผลใกล้เคียงข้อเท็จจริงมากที่สุด

ในปัจจุบันการทำงานวิจัยในด้านต่างๆนั้น การวิเคราะห์ข้อมูลจากฐานข้อมูลเพื่อให้ทำงาน วิจัยได้อย่างถูกต้อง และลดข้อผิดพลาดนั้นเป็นสิ่งที่จำเป็น ดังนั้นในงานการทดลองนี้จะศึกษาการ ใช้ฐานข้อมูลทางด้านพืช เพื่อนำไปใช้สำหรับการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมทางคอมพิวเตอร์ที่มีชื่อว่า MapMan เพื่อจำแนกยีนหรือสารที่เกี่ยวข้องกับการทนต่อสถานะเครียดของพืชทดลอง คือ *Arabidopsis* และนำผลที่วิเคราะห์ไปทำการทดลองต่อไป

1.2 วัตถุประสงค์

เพื่อศึกษาการใช้งานของโปรแกรม MapMan ในการแสดงออกของยีนที่เกี่ยวข้องกับสถานะเครียดใน *Arabidopsis thaliana* และวิเคราะห์กระบวนการต่างๆ ที่เกิดขึ้นจริงภายในเซลล์ของพืช

1.3 ขอบเขตของการวิจัย

การศึกษาการใช้งานโปรแกรม MapMan ในการวิเคราะห์การแสดงออกของยีนในจีโนม *Arabidopsis thaliana* ที่ได้รับสถานะเครียดชนิดต่างๆ และทำการประมวลผลออกมาในรูปแบบของภาพกระบวนการทำงานภายในเซลล์

1.4 ขั้นตอนในการดำเนินงาน

1.4.1 การศึกษาการใช้งานของโปรแกรม MapMan

- 1.4.1.1 ดาวน์โหลดโปรแกรม MapMan 2.1.1 exe. ที่เว็บ <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/>
- 1.4.1.2 ติดตั้งโปรแกรม MapMan 2.1.1 exe. ลงบนเครื่องคอมพิวเตอร์
- 1.4.1.3 เครื่องจะทำการเข้าระบบเองโดยอัตโนมัติพร้อมลงข้อมูลเดิมที่มีอยู่ก่อนให้
- 1.4.1.4 ทำการเปิดโปรแกรม MapMan 2.1.1 exe. เครื่องจะทำการลงข้อมูลการทดลอง และแผนที่ต่างๆ เป็นพื้นฐานให้ระบบ
- 1.4.1.5 ทำการศึกษาวิธีการใช้งานอย่างง่ายโดยเลือกคำสั่ง Help ที่ด้านบน จากนั้นเลือก Help อีกรอบจะขึ้นหน้าต่างวิธีการใช้งานอย่างง่าย

1.4.2 การใช้โปรแกรม MapMan ในการวิเคราะห์กลุ่มจีโนมใน *Arabidopsis thaliana*

- 1.4.2.1 ดาวน์โหลดข้อมูล *Arabidopsis thaliana* จาก <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/>
- 1.4.2.2 นำข้อมูลที่ได้จากโปรแกรม Microsoft office excel มาปรับให้อยู่ในรูปแบบไฟล์เป็นซอฟต์แวร์ Notepad หรือ .txt
- 1.4.2.3 ทำการป้อนข้อมูลในซอฟต์แวร์ Notepad ให้สมบูรณ์ โดยการแทนค่าข้อมูลผลการทดลองที่สนใจเพื่อทำการศึกษา
- 1.4.2.4 บันทึกข้อมูลใส่ใน experiments file ตามชื่อการทดลองที่ทำการศึกษา
- 1.4.2.5 เปิดโปรแกรม MapMan เลือก Experiments จากนั้นทำการสร้างโพลเดอร์ใหม่

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- 1.4.2.6 เปลี่ยนชื่อโพลเดอร์เป็นชื่อการทดลองที่ทำการศึกษา
- 1.4.2.7 เลือกโพลเดอร์นั้นแล้วทำการใส่ข้อมูลโดยเลือกที่ Add Data เข้าไป
- 1.4.2.8 คำนวน์โพลคแผนที่ *Arabidopsis thaliana* จาก <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/>
- 1.4.2.9 เลือก Mapping ทำการสร้าง New mapping โดยระบบจะทำการประมวลผลเอง
- 1.4.2.10 คำนวน์โพลควิถีที่เกิดขึ้นในเซลล์ *Arabidopsis thaliana* เลือก New pathway แล้ว คำนวน์โพลคจากอินเทอร์เน็ต (internet) โดยเลือกวิธีที่เหลือซึ่งยังไม่มีใน Pathway

1.4.3 การวิเคราะห์กระบวนการต่างๆ ที่เกิดขึ้นจริงภายในเซลล์ของ *Arabidopsis thaliana*

- 1.4.3.1 เลือก Pathway ที่ต้องการจะทำการศึกษา
- 1.4.3.2 เลือก Mapping ที่ต้องการจะทำการศึกษา
- 1.4.3.3 เลือก Experiments ที่ต้องการจะทำการศึกษา
- 1.4.3.4 ระบบจะทำการประมวลผลออกมาในรูปแบบกระบวนการทำงานที่เกิดขึ้นภายในเซลล์ และมีจุดภาพเล็กแสดงออกว่ามีส่วนใดเกี่ยวข้องกับการทำงานบ้าง

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

- 1.5.1 สามารถใช้โปรแกรม MapMan วิเคราะห์ข้อมูลจากเทคนิค micro array ของ *Arabidopsis thaliana* ที่ได้รับสภาวะเครียดต่างๆ
- 1.5.2 วิเคราะห์ฮีนของ *Arabidopsis thaliana* ที่มีแนวโน้มส่งผลให้พืชเพิ่มความต้านทานต่อสภาวะแวดล้อมต่างๆ
- 1.5.3 สามารถนำเทคนิคการวิเคราะห์ฮีนที่มีแนวโน้มเพิ่มความต้านทานต่อสภาวะเครียดไปประยุกต์ใช้กับพืชชนิดอื่นๆ ข้อมูลสายพันธุ์พืชต่างๆ ที่เป็นข้อมูลมาประมวลเป็นภาพการแสดงออกของกระบวนการที่เกิดขึ้นภายในเซลล์

บทที่ 2

ทฤษฎีและหลักการ

2.1 สารพันธุกรรมและโครงสร้างพื้นฐานของจีโนม

เซลล์ของสิ่งมีชีวิตทุกชนิดไม่ว่าเป็น พืช สัตว์ จุลินทรีย์ รวมไปถึงมนุษย์ประกอบไปด้วย โครงสร้างพื้นฐานสำคัญที่เรียกว่า สารพันธุกรรม หรือ ดีเอ็นเอ (deoxyribonucleic acid : DNA) ซึ่งทำหน้าที่เก็บข้อมูลทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต โดยมีองค์ประกอบย่อยของดีเอ็นเอที่เหมือนกันในสิ่งมีชีวิตทุกชนิดที่จะประกอบด้วยหน่วยย่อยของนิวคลีโอไทด์ 4 ชนิด คือ อะดีนีน (adenine; A) ไซโทซีน (cytosine; C) กวานีน (guanine; G) ไทมิน (thymine; T) ส่วนย่อยเหล่านี้เมื่อนำมาเรียงต่อกันจะเกิดเป็นเส้นสายของดีเอ็นเอขึ้น ดังนั้นจึงเห็นได้ว่าสิ่งมีชีวิตทุกชนิดไม่ว่า มนุษย์ สัตว์ พืช หรือแม้กระทั่ง จุลินทรีย์ ต่างมีรากฐานของชีวิตเหมือนกัน หรือมาจากรากฐานที่มีความเกี่ยวพันกัน ดีเอ็นเอในสิ่งมีชีวิตชั้นสูงเช่นมนุษย์ ดีเอ็นเอจะมีความยาวกว่าในจุลินทรีย์แต่อาจสั้นหรือยาวกว่าในพืชหรือสัตว์ก็ได้ เพราะพืชหรือสัตว์มีความหลากหลายของชนิดที่มากกว่า บางส่วนของเส้นดีเอ็นเอทำหน้าที่เก็บรหัสข้อมูลทางพันธุกรรมซึ่งสามารถถ่ายทอดจากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูกได้ ดังนั้นลูกจึงมีลักษณะของพ่อและแม่อยู่ในเซลล์ทุกเซลล์ ส่วนของดีเอ็นเอที่ควบคุมลักษณะนี้ถูกเรียกว่า หน่วยพันธุกรรม หรือ ยีน (gene) ยีนจึงสามารถถ่ายทอดจากสิ่งมีชีวิตหนึ่งไปสู่สิ่งมีชีวิตอีกชนิดหนึ่งได้ ทำให้เกิดการศึกษาด้านการแสดงออกของยีน และการนำเอายีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ที่ต้องการมาใช้ประโยชน์ จากศตวรรษที่ผ่านมาจะเห็นได้ว่าวิทยาการด้านดีเอ็นเอได้เข้ามามีบทบาทกับชีวิตประจำวันของมนุษย์ยุคปัจจุบันมากขึ้น เห็นได้จากเรื่องของการพิสูจน์หลักฐานทางคดีความ หรือเรื่องของสิ่งมีชีวิตที่มีการตัดแต่งสารพันธุกรรม (ว่าgenetically modified organisms; GMOs) ตลอดจนการรักษาโรคต่างๆด้วยยีน ในศตวรรษใหม่นี้การศึกษาด้านดีเอ็นเอของมนุษย์จะทำให้เราทราบถึงรายละเอียดของชีวิตได้มากขึ้น สามารถก่อประโยชน์ต่อการดำรงชีวิตของมนุษย์มากมาย เช่น การบำบัดรักษาโรคที่เกิดจากพันธุกรรม การผลิตยาและสารเคมีที่มีประโยชน์ต่างๆ การสร้างพืชและสัตว์ชนิดใหม่ๆ ให้มีคุณสมบัติดีขึ้น รวมถึงประโยชน์ด้านการค้า ซึ่งทุกอย่างจะมีเรื่องของดีเอ็นเอเข้ามาเกี่ยวข้องดังนั้นการทำความรู้จักกับดีเอ็นเอ และวิทยาการด้านเทคโนโลยีชีวภาพจึงเป็นเรื่องที่สำคัญมากในปัจจุบันและอนาคต

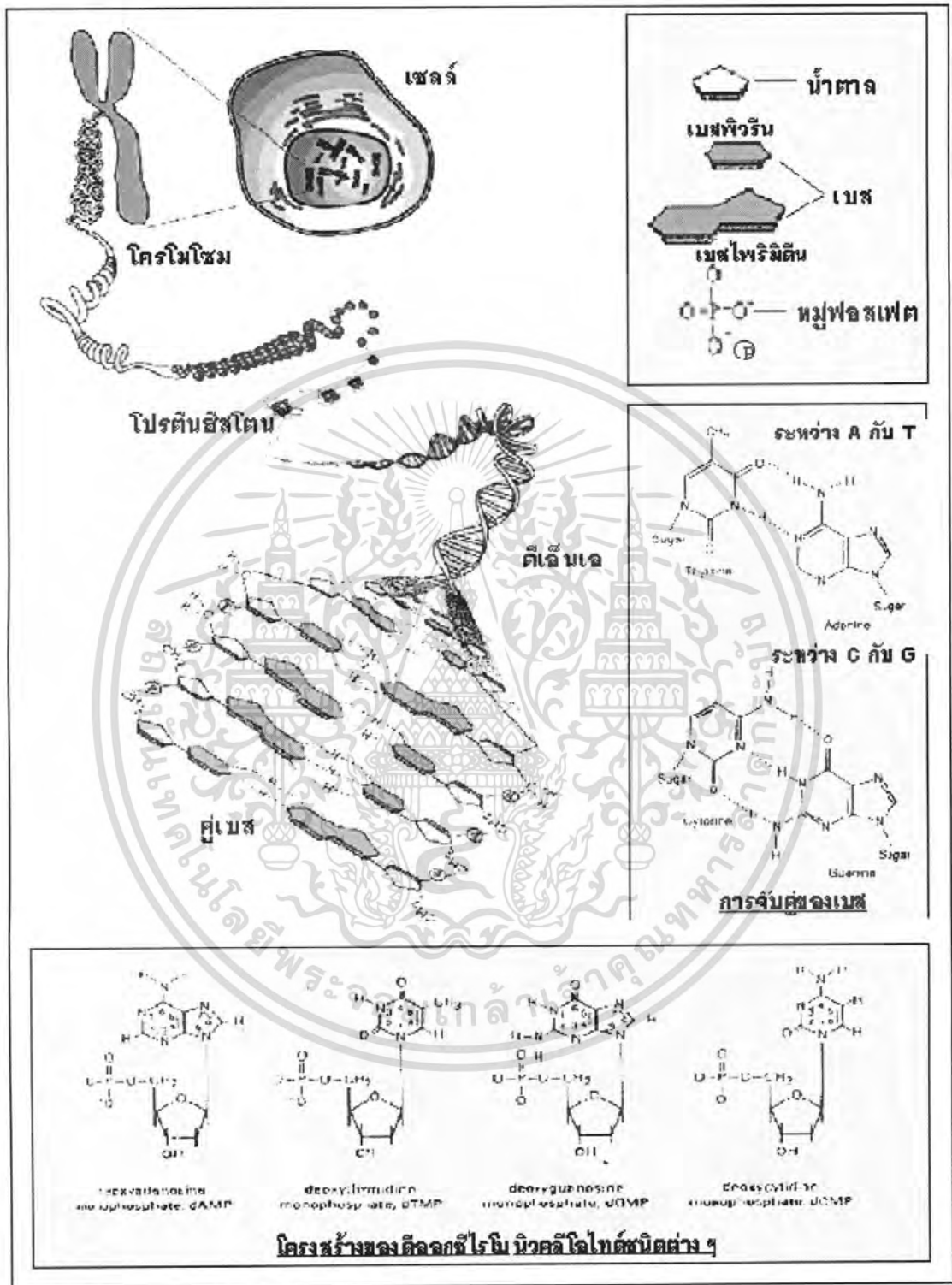
การศึกษาด้านเทคโนโลยีชีวภาพต้องอาศัยความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับโครงสร้างของจีโนม สารพันธุกรรมและพฤติกรรมของสารพันธุกรรม รวมทั้งวิธีการสำคัญต่างๆ ที่มีส่วนเกี่ยวข้องกับกระบวนการทางเทคโนโลยีชีวภาพ เพื่อการนำไปใช้อย่างมีประสิทธิภาพ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.1.1 สารพันธุกรรม หรือ ดีเอ็นเอ

ดีเอ็นเอเป็นกรดนิวคลีอิก (nucleic acid) ที่ทำหน้าที่เก็บข้อมูลทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต โดยมีหน้าที่สำคัญคือ การจำลองตัวเอง (DNA replication) เมื่อเกิดการแบ่งเซลล์ (cell division) เพื่อสร้างดีเอ็นเอที่เหมือนเดิมให้กับเซลล์ใหม่ และการถ่ายทอดข้อมูลผ่านอาร์เอ็นเอ (transcription) เพื่อกำหนดการเรียงตัวของกรดอะมิโนในการสังเคราะห์โปรตีน (translation) ดีเอ็นเอประกอบด้วยหน่วยย่อยที่เรียกว่า นิวคลีโอไทด์ (nucleotide) ซึ่งจะประกอบด้วย ไนโตรจีนัสเบส (nitrogenous base) ที่แบ่งเป็น 2 กลุ่มด้วยกันคือ พิวรีนเบส (purine) ได้แก่ ไทมีน ไซโทซีน และไพริมิดีนเบส (pyrimidine) ได้แก่ อะดีนีน กวานีน น้ำตาล 5 คาร์บอน (deoxyribose sugar) และ กรดฟอสฟอริก (phosphoric acid) ส่วนประกอบทั้ง 3 ส่วนรวมตัวเป็นนิวคลีโอไทด์ในดีเอ็นเอซึ่งมีอยู่ 4 ชนิดตามแต่ละชนิดของไนโตรจีนัสเบส คือ อะดีโนซีนไตรฟอสเฟต (adenosine triphosphate; ATP) กวานโนซีนไตรฟอสเฟต (guanosine triphosphate; GTP) ไซโทซีนไตรฟอสเฟต (cytosine triphosphate; CTP) และ ไทมีนดีนไตรฟอสเฟต (thymidine triphosphate; TTP) การเรียงลำดับของนิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ชนิด ทำให้เกิดความหลากหลาย และสร้างความแตกต่างในพืชแต่ละชนิด

โครงสร้างของดีเอ็นเอ (รูปที่ 2.1) จะประกอบไปด้วยสายโพลีนิวคลีโอไทด์ที่เกิดมาจากการเชื่อมต่อกันของนิวคลีโอไทด์หลายๆหน่วยด้วยพันธะฟอสโฟไดเอสเทอร์จำนวน 2 สายเรียงตัวขนานกันในทิศทางตรงกันข้าม พันกันเป็นเกลียวเวียนขวาที่เรียกว่าดับเบิลเฮลิคซ์ (double helix) โดยที่สายโพลีนิวคลีโอไทด์ทั้งสองเส้นที่มีลำดับเบสเป็นคู่สม (complementary) มาเชื่อมต่อกัน น้ำตาลและหมู่ฟอสเฟตทำหน้าที่เป็นแกนอยู่ด้านนอก โมเลกุล การเข้าคู่กันของสายโพลีนิวคลีโอไทด์ เกิดจากการเข้าคู่กันระหว่างเบสพิวรีน และเบสไพริมิดีน จากการสร้างพันธะไฮโดรเจน โดย A จะสร้างพันธะจำนวน 2 พันธะกับ T ($A = T$) และ G จะสร้างพันธะจำนวน 3 พันธะกับ C ($G \equiv C$) จึงทำให้ดีเอ็นเอ มีคุณสมบัติทางเคมี 3 ประการ คือ ปริมาณของเบสพิวรีนและเบสไพริมิดีนจะเท่ากันเสมอ ($A+G = C+T$) ในสิ่งมีชีวิตทุกชนิด ปริมาณของอะดีนีนจะเท่ากับไทมีน ($A=T$) และกวานีนจะเท่ากับไซโทซีน ($G=C$) และอัตราส่วนของ $A+T / G+C$ จะไม่คงที่ในสิ่งมีชีวิตทั่วไป แต่จะคงที่ในสิ่งมีชีวิตหนึ่งๆ ทำให้สิ่งมีชีวิตมีความหลากหลาย



รูปที่ 2.1 โครงสร้างของดีออกซีไรโบนิวคลีโอไทด์ชนิดต่างๆ

ที่มา: <http://dna.kps.ku.ac.th/m-crop/Chapter1.html>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.1.2 พลาสมิด (plasmid)

สารพันธุกรรมในแบคทีเรีย นอกเหนือจากโครโมโซมขนาดใหญ่ซึ่งมีลักษณะเป็น ดีเอ็นเอวงแหวนเกลียวคู่ ยังพบในโมเลกุลดีเอ็นเอขนาดเล็กที่มีโครงสร้างเป็นวงแหวน เกลียวคู่ขนาดเล็กในไซโตพลาสซึม เรียกว่าพลาสมิด ซึ่งบรรจุข้อมูลทางพันธุกรรมและ สามารถเพิ่มจำนวนด้วยกระบวนการสร้างดีเอ็นเอเช่นเดียวกับการสร้างดีเอ็นเอโครโมโซม ซึ่งในบางครั้งพลาสมิดสามารถเข้าไปรวมอยู่กับดีเอ็นเอของโครโมโซม และสามารถ แยกตัวออกมาได้ พลาสมิดบางชนิดมียืนภายในที่มีคุณสมบัติต้านทานต่อสารปฏิชีวนะ เช่น สเตรปโตมัยซิน (streptomycin) เททระไซคลิน (tetracyclin) ทำให้แบคทีเรียที่มี พลาสมิดจะแสดงอาการต้านทานต่อการทำลายของสารปฏิชีวนะ คุณสมบัติของพลาสมิดที่ สามารถแยกออกและนำเข้าสู่แบคทีเรียได้ รวมถึงความสามารถในการเปลี่ยนหรือใส่ยีน จากสิ่งมีชีวิตอื่นเข้าไปได้ และสามารถถ่ายทอดรหัสทางพันธุกรรมจากดีเอ็นเอมาเป็น โครงสร้างของโปรตีนได้ ทำให้มีการนำเอาพลาสมิดมาใช้ในกระบวนการทาง เทคโนโลยีชีวภาพต่างๆ เช่น การเพิ่มจำนวนของยีน (gene cloning) กระบวนการถ่ายยีน (gene transformation) เป็นต้น

2.1.3 คำจำกัดความของ “จีโนม”

จีโนม คือ สารพันธุกรรมทั้งหมดของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดหรือยีนทั้งหมดของ สิ่งมีชีวิต เป็นตัวที่คอยควบคุมลักษณะต่างๆ ของสิ่งมีชีวิต ซึ่งประกอบไปด้วย

1. Nuclear genome
2. Mitochondria genome
3. Chloroplast genome ซึ่งพบในพืช และสาหร่ายเซลล์เดียวเท่านั้น

2.1.4 อาร์เอ็นเอ (ribonucleic acid; RNA)

อาร์เอ็นเอเป็นกรดนิวคลีอิกเช่นเดียวกับดีเอ็นเอประกอบด้วยสายไรโบนิวคลีโอไทด์ (ribonucleotide) ที่มีขนาดสั้นกว่าโมเลกุลของดีเอ็นเอ แต่มีปริมาณที่มากกว่า ใน สิ่งมีชีวิตแทบทุกชนิดมีอาร์เอ็นเอเป็นสายเดี่ยว ยกเว้นในไวรัสที่บางชนิดที่สายอาร์เอ็นเอมี โครงสร้างเป็นสายเกลียวคู่ อาร์เอ็นเอถูกสังเคราะห์มาจากดีเอ็นเอมีหน้าที่ในการนำสาร พันธุกรรมจากนิวคลีอัสเพื่อเข้าสู่กระบวนการสังเคราะห์โปรตีน โครงสร้างของอาร์เอ็นเอ ประกอบด้วยหน่วยย่อยของนิวคลีโอไทด์เช่นเดียวกับดีเอ็นเอ คือ ไนโตรจีนัสเบส ที่ แบ่งเป็น พิวรีนเบส ได้แก่ ยูราซิล (U) (แทนที่ไทมีน (T) ในดีเอ็นเอ สามารถเข้าคู่กับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้าน การค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

อะดีนีน (A) ไซโทซีน (C) และไพริดีนเบส ได้แก่ อะดีนีน (A) กวานีน (G) น้ำตาลไรโบส (ribose sugar) และกรดฟอสฟอริก (phosphoric acid) รวมตัวเป็นนิวคลีโอไทด์ 4 ชนิด คือ ยูริดีนไตรฟอสเฟต (Uridine triphosphate; UTP) อะดีโนซีนไตรฟอสเฟต กวานอซีนไตรฟอสเฟต และไซโทซีนไตรฟอสเฟต เรียงตัวกันต่อเป็นสายยาว อาร์เอ็นเอมีทั้งหมด 3 ชนิด คือ เมสเซนเจอร์อาร์เอ็นเอ (messenger RNA; mRNA) ทรานส์เฟอร์อาร์เอ็นเอ (transfer RNA; tRNA) และ ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ (ribosomal RNA; rRNA) ซึ่งมีมวลโมเลกุล การเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์ และหน้าที่ทางชีวภาพที่แตกต่างกัน ในสิ่งมีชีวิตชั้นสูงมีอาร์เอ็นเอ พิเศษอีก 2 ชนิดคือ เฮเทอโรจีนิกนิวเคลียอาร์เอ็นเอ (heterogenic nuclear RNA; hnRNA) ทำหน้าที่เป็นสารตั้งต้นของ mRNA ในนิวเคลียส และนิวเคลียสอาร์เอ็นเอขนาดเล็ก (small nuclear RNA; snRNA) ที่ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการตัดแปลงอาร์เอ็นเอ

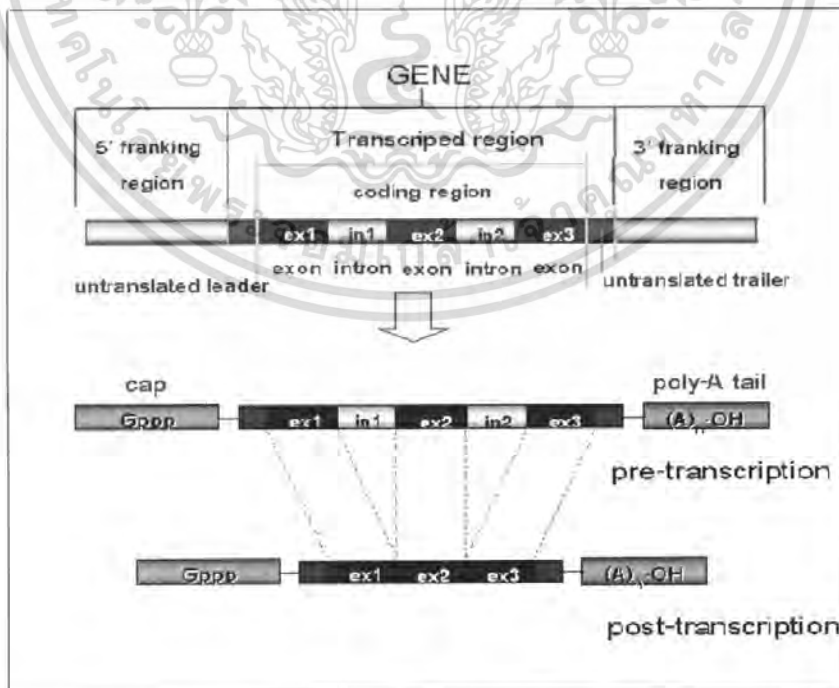
2.1.5 โปรตีน (protein)

โปรตีนเป็นสารอินทรีย์ประกอบด้วยธาตุ คาร์บอน ไฮโดรเจน ออกซิเจน ไนโตรเจน และซัลเฟอร์ บางชนิดอาจประกอบด้วย ฟอสเฟส เหล็ก สังกะสี และทองแดง โปรตีนเป็นส่วนประกอบของโครงสร้างเกือบทุกชนิดของร่างกาย รวมทั้งเป็นเอนไซม์ที่มีความสำคัญต่อกระบวนการต่างๆภายในร่างกาย โดยโครงสร้างของโปรตีนประกอบด้วย กรดอะมิโนต่อเป็นสายยาวที่เรียกว่า สายโซ่พอลิเปปไทด์ (polypeptide chain) โปรตีนแต่ละชนิดประกอบด้วยสายโซ่เดี่ยวๆ หรือมากกว่า มีกรดอะมิโนตั้งแต่ 400 - 4000 หน่วย ชนิดของโปรตีนสามารถแบ่งออกเป็น โปรตีนเชิงเดี่ยว (simple protein) ที่มีเฉพาะสายโซ่พอลิเปปไทด์ และโปรตีนเชิงคู่ (conjugated protein) ที่มีสายโซ่พอลิเปปไทด์ และองค์ประกอบอื่นที่ไม่ใช่กรดอะมิโน เช่น คาร์โบไฮเดรต ลิพิด หมู่ฟอสเฟต เป็นต้น ในส่วนของโครงสร้างสามารถแบ่งออกเป็นโปรตีนเส้นใย (fibrous protein) ที่ประกอบด้วยสายโซ่พอลิเปปไทด์เป็นเส้นยาวหรือเป็นแผ่น มีลักษณะที่แข็ง เหนียว มีความยืดหยุ่น ไม่ละลายน้ำได้แก่โปรตีนโครงสร้างต่างๆ เช่น คอลลาเจนของเอ็น คีราตินของเส้นผม ขน เขา เล็บ เป็นต้น และโปรตีนกลอบูลาร์ (globular protein) ประกอบด้วยสายโซ่พอลิเปปไทด์ขดม้วนเป็นกลุ่มที่แน่นในลักษณะก้อนกลม ส่วนใหญ่มีคุณสมบัติที่ละลายน้ำได้ ได้แก่ เอนไซม์เกือบทุกชนิด แอนติบอดี (antibody) ฮอร์โมนบางชนิด เป็นต้น

2.1.6 หน่วยพันธุกรรม หรือ ยีน (gene)

ยีน คือ ดีเอ็นเอส่วนที่บอกรหัสหรือมีลำดับเบสที่สามารถดำเนินการสร้างโปรตีนได้ โดยเป็นแหล่งรวบรวมข้อมูลทางพันธุกรรมในการควบคุมลักษณะในการแสดงออกซึ่งสามารถถ่ายทอดจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่งได้ ยีนแต่ละหน่วยเป็นรหัสของอาร์เอ็นเอ และโปรตีนทำให้เกิดกระบวนการดำรงชีวิตและพัฒนาของเซลล์ ยีนในสิ่งมีชีวิตชั้นสูงมีความซับซ้อนมากกว่ายีนในสิ่งมีชีวิตชั้นต่ำ จากการมีลำดับเบสของดีเอ็นเอที่ไม่สามารถแปลรหัสเป็นโปรตีนแทรกในส่วนของยีน โดยไม่ทราบหน้าที่แน่ชัดแต่พบเฉพาะในสิ่งมีชีวิตชั้นสูงและถูกกำจัดออกก่อนเข้าสู่กระบวนการแปลรหัสจากยีน ไปเป็น โปรตีน (รูปที่ 2.2) จึงสามารถแบ่งส่วนของยีนออกเป็น 2 ส่วน คือ exon และ intron

1. Exon ลำดับเบสของดีเอ็นเอ ในส่วนที่เป็น exon เป็นส่วนที่มีความสามารถในการถอดรหัส (transcription) และหรือแปลรหัส (translation) ออกมาเป็นสายพอลิเปปไทด์ซึ่งประกอบของโปรตีนแต่ละชนิด
2. Intron ลำดับเบสของดีเอ็นเอในส่วนนี้ไม่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์โปรตีนจะกั้นอยู่ระหว่าง exon จำนวนและความยาวของ exon และ intron แตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับตำแหน่งของยีนและวิวัฒนาการของยีน



รูปที่ 2.2 การแปลรหัสยีนโดยตัด intron และต่อ exon เข้าด้วยกัน

เอกสารที่มา: <http://dna.kps.ku.ac.th/m-crop/Chapter1.html> นั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.2 การถอดรหัสพันธุกรรมพืช *Arabidopsis (Arabidopsis thaliana)* (สิริศักดิ์, 2543)

พืชเป็นสิ่งมีชีวิตที่มีความสำคัญอย่างมากต่อการดำรงอยู่ของสิ่งมีชีวิตต่างๆ ในโลก ซึ่งรวมทั้งมนุษย์อยู่ด้วย ไม่ว่าจะเป็นในแง่ของการเป็นอาหาร หรือจะเป็นผู้ผลิตออกซิเจนรายใหญ่ เมื่อวิทยาการแขนงต่างๆ เช่น ทางด้านอนุชีววิทยา (molecular biology) และเทคโนโลยีชีวภาพ (biotechnology) รวมทั้งความรู้พื้นฐานทางพันธุศาสตร์ (genetics) เจริญยิ่งขึ้น ซึ่งมีผลให้ทราบรหัสพันธุกรรมว่าสิ่งมีชีวิตนั้นๆ เมื่อประมาณ 4 ปีที่แล้วกลุ่มนักวิทยาศาสตร์จากประเทศสหรัฐอเมริกา สหภาพยุโรป (อียู) และญี่ปุ่น ได้ตกลงทำการร่วมมือจัดทำแผนที่พันธุกรรม (genome mapping) และหาลำดับเบส (DNA sequencing) ของพืชให้ได้เร็วที่สุด พืชที่ได้รับการยอมรับให้เป็นต้นแบบของพืชอื่นๆ ก็คือ *Arabidopsis* เนื่องจากเป็นพืชที่มีขนาดเล็กโตเร็ว วงจรชีวิตสั้น รวมทั้งมีจีโนมขนาดเล็กประมาณ 12 เมกกะเบสทำให้เหมาะในการศึกษาเป็นอย่างดี เมื่อเทียบกับจีโนมของข้าวโพดซึ่งมีขนาด 2,500 เมกกะเบส และจีโนมของข้าวสาลีซึ่งมีขนาด 16,000 เมกกะเบส



รูปที่ 2.3 ต้น *Arabidopsis thaliana*

ที่มา : <http://www.biotech.or.th/rde/Arabidopsis.pdf>

แม้ว่าในปี 1777 นักพฤกษศาสตร์ และเภสัชกรชาวอังกฤษชื่อ William Curtis จะได้ลงบันทึกเกี่ยวกับ *Arabidopsis* ไว้ว่า “no particular virtues or uses” หรือ “ไม่สามารถทำประโยชน์ได้” เนื่องจาก *Arabidopsis* ซึ่งเป็นพืชดอกขนาดเล็กในตระกูลกะหล่ำที่ไม่มีคุณค่าทางเศรษฐกิจใดๆ ทั้งสิ้น และยังถือว่าเป็นวัชพืชนิดหนึ่งอีกด้วย แต่ในขณะนี้ *Arabidopsis* กลับกลายเป็นพืชเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นานนักก็ไปไขประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ที่มีความสำคัญมากขึ้นในอาณาจักรพืช เมื่อนักวิทยาศาสตร์กลุ่มนี้ได้ถอดรหัสพันธุกรรมได้สำเร็จเป็นครั้งแรก

ในอดีตพบว่าพืชดอกกำเนิดขึ้นมาบนโลกเมื่อประมาณ 200 ล้านปีที่แล้ว แต่เพิ่งจะมีวิวัฒนาการเมื่อเร็ว ๆ นี้บ่งชี้ให้เห็นว่า กระบวนการทางกายภาพและชีวเคมีของพืชชนิดต่างๆ ไม่ว่าจะเป็น การสังเคราะห์แสง หรือการดูดน้ำและธาตุอาหารจากดินมีความคล้ายคลึงกันในพืชแต่ละชนิด และมักจะถูกรักษาด้วยยีนชุดเดียวกัน และจากการถอดรหัสพันธุกรรมพืชได้สำเร็จนี้ทำให้คณะนักวิทยาศาสตร์พบว่า ในยีนทั้งหมดของ *Arabidopsis* จำนวน 26,000 ยีน มีเพียง 15,000 ยีนเท่านั้นที่มีความแตกต่างกัน และที่เหลือเป็นยีนส่วนที่ซ้ำกัน ซึ่งสันนิษฐานว่าเกิดจาก 2 กรณีคือ จากการจำลองยีนแบบทั้งชุด (polyploidization) และแบบเฉพาะที่ (local gene duplication) การจำลองยีนของพืชอาจบ่งบอกถึงวิวัฒนาการที่ทำให้เกิดพืชชนิดต่างๆ เช่น กะหล่ำปลี และกะหล่ำดอกซึ่งมีบรรพบุรุษเดียวกันกับ *Arabidopsis* เมื่อประมาณ 12 ถึง 19 ล้านปีที่แล้ว นอกจากนี้ยังพบว่ายีนของพืชมีการจำลองตัวเอง เช่นมียีน 2 ชุดที่ทำหน้าที่เดียวกัน แต่ถ้ายีนชุดใดชุดหนึ่งมีการเปลี่ยนแปลง แทนที่ยีนอีกชุดหนึ่ง หรือยีนที่เหลือจะทำหน้าที่ทดแทนกัน พืชกลับแสดงลักษณะการกลายพันธุ์ออกมาแสดงให้เห็นว่า ยีนจำลองหลายยีนในพืชมีหน้าที่เฉพาะในตัวเอง

เมื่อมีแผนที่พันธุกรรมและลำดับเบสที่สมบูรณ์ สิ่งต่อไปคือการตรวจสอบหน้าที่ของโปรตีนใน *Arabidopsis* แต่ละตัว ว่ามีบทบาทอย่างไรต่อการก่อให้เกิดเป็นส่วนประกอบต่างๆ ของพืช ซึ่งข้อมูลเหล่านี้สามารถนำมาใช้ประโยชน์ได้ในการปรับปรุงพันธุ์พืชให้มีผลผลิตสูงชัน มีความทนแล้ง ทนเค็ม ทนต่อโรคและแมลงมากขึ้น และยังสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการแพทย์เพื่อผลิตวัคซีนป้องกันโรคต่างๆ ได้อีกด้วย

2.3 ระบบชีวสารสนเทศศาสตร์ (วิระพงษ์, 2544)

ชีวสารสนเทศศาสตร์ จัดเป็นศาสตร์ที่ใช้ในการบริหารจัดการกับข้อมูลด้านชีววิทยา ซึ่งนับวันจะมีปริมาณเพิ่มขึ้นอย่างมากมาและรวดเร็ว ส่วนหนึ่งเป็นผลมาจากโครงการจีโนมในมนุษย์ที่มีเป้าหมายหลักในการหาลำดับเบสทั้งหมดของจีโนมในมนุษย์ ปัญหาสำคัญคือ จะมีวิธีการอย่างไรในการบริหารจัดการกับข้อมูลจำนวนมหาศาลนี้ นับตั้งแต่การจัดเก็บข้อมูล การจัดระบบฐานข้อมูล การค้นหาข้อมูล รวมถึงการวิเคราะห์และแปรผลข้อมูล ซึ่งเกินความสามารถของมนุษย์ที่สามารถจะดำเนินการได้ จึงจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องนำชีวสารสนเทศศาสตร์เข้ามาช่วยในการบริหารจัดการข้อมูลเหล่านี้ เช่น การคิดค้นพัฒนาโปรแกรมเพื่อช่วยในการเก็บและค้นคืนข้อมูล การออกแบบระบบฐานข้อมูลรวมถึงโปรแกรมเพื่อช่วยในการเก็บและค้นคืนข้อมูล การ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ออกแบบระบบฐานข้อมูลรวมถึงโปรแกรมเพื่อช่วยในการวิเคราะห์ข้อมูลรูปแบบต่างๆ ที่สะดวกต่อการเรียนรู้และการใช้งาน เป็นต้น การบริหารจัดการข้อมูลดังกล่าวในรูปแบบที่เหมาะสมด้วยชีวสารสนเทศสามารถนำไปสู่ความรู้ความเข้าใจในกระบวนการต่างๆ ที่เกิดขึ้นในสิ่งมีชีวิต

การนำชีวสารสนเทศศาสตร์มาประยุกต์ใช้ให้เกิดประสิทธิผลสูงสุด เครือข่ายอินเทอร์เน็ตจัดเป็นตัวอย่างที่มีบทบาทอย่างมาก ทั้งนี้เนื่องจากเครือข่ายอินเทอร์เน็ต ช่วยให้นักวิทยาศาสตร์สามารถเข้าไปทำการสืบค้น ค้นคืนข้อมูลต่างๆ ตลอดจนการใช้บริการต่างๆ เพื่อการวิเคราะห์ข้อมูลจากฐานข้อมูลต่างๆ ได้อย่างสะดวกรวดเร็ว ดังนั้นอินเทอร์เน็ตจึงเป็นเครื่องมือพื้นฐานสำคัญที่ช่วยให้สามารถเข้าถึงการบริหารจัดการกับข้อมูลทางชีววิทยาอย่างมีประสิทธิภาพ

2.3.1 อินเทอร์เน็ตคืออะไร

อินเทอร์เน็ตเป็นเครือข่ายคอมพิวเตอร์ขนาดใหญ่ที่มีการติดต่อเชื่อมโยงไปเกือบทั่วโลกอินเทอร์เน็ตมีต้นกำเนิดขึ้นในช่วงปี ค.ศ. 1969 ในชื่อ APRANET (Advanced Research Project Agency) ซึ่งถูกจัดตั้งขึ้นโดยกระทรวงกลาโหมสหรัฐอเมริกา ด้วยวัตถุประสงค์เพื่อใช้เป็นเครือข่ายการสื่อสารคอมพิวเตอร์ที่แยกต่อการทำลายจากศัตรู ทั้งนี้เนื่องจากอินเทอร์เน็ตไม่มีคอมพิวเตอร์ที่เป็นศูนย์กลาง ดังนั้นหากมีคอมพิวเตอร์ใดหรือสายที่เชื่อมต่อระหว่างคอมพิวเตอร์คู่ใดถูกทำลายหรือชำรุด อินเทอร์เน็ตก็ยังคงสามารถทำงานอยู่ ปัจจุบันคาดกันว่ามีผู้ใช้บริการอินเทอร์เน็ตไม่ต่ำกว่า 50 ล้านคน เพื่อการติดต่อสื่อสาร การส่งข้อมูลข่าวสารทั้งในเชิงวิชาการและเชิงพาณิชย์ โดยบริการพื้นฐานทางอินเทอร์เน็ตมีหลายชนิด เช่น electronic mail (e-mail), File Transfer Protocol (FTP), Telnet หรือ remote computer operation, Usenet และ World Wide Web เป็นต้น บริการต่างๆ เหล่านี้มีโครงสร้างร่วมกันโดยประกอบด้วยคอมพิวเตอร์แม่ข่ายเป็นคอมพิวเตอร์ตัวบริการและ/หรือ โปรแกรมที่ให้บริการต่างๆ บนเครือข่ายอินเทอร์เน็ตตามคำขอจากบรรดาลูกข่าย (client) เป็นคอมพิวเตอร์ลูกข่ายและ/หรือ โปรแกรมที่ส่งคำขอใช้บริการต่างๆ ไปยังเครื่องแม่ข่าย และ โปรแกรมมาตรฐานสำหรับใช้ในการติดต่อระหว่างแม่ข่ายกับลูกข่าย

E-mail (อี-เมล) หรือ จดหมายอิเล็กทรอนิกส์ เป็นบริการทางอินเทอร์เน็ตที่ใช้ในการติดต่อสื่อสารระหว่างบุคคลที่มีการใช้อย่างแพร่หลาย ทั้งนี้เนื่องจากอี-เมลเป็นบริการที่มีความสะดวกรวดเร็วกว่าจดหมายธรรมดา ข่าวสารจะสามารถส่งถึงผู้รับได้ แม้ว่าจะอยู่ห่างกัน โดยอินเทอร์เน็ตจะทำหน้าที่เสมือนตู้ไปรษณีย์ที่เก็บข้อมูลข่าวสารที่ส่งมาจากคอมพิวเตอร์ของผู้ส่ง และส่งข้อมูลข่าวสารดังกล่าวไปยังคอมพิวเตอร์ของผู้รับทันทีที่ผู้รับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับบริการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เปิดเครื่อง สำหรับ โปรแกรมที่ใช้ในงานอี-เมลล์มีหลายชนิด ซึ่งส่วนใหญ่จะสามารถใช้ บันทึกรหัส พิมพ์หรือได้ตอบข่าวสารที่ส่งมาได้

Usenet เป็นกลุ่มอภิปรายที่จัดตั้งขึ้น โดยกลุ่มคนที่มีความสนใจในเรื่องใดเรื่อง หนึ่งเพื่อสื่อสารแลกเปลี่ยนถามตอบปัญหาซึ่งกันและกันในเรื่องนั้นๆ Usenet จะแตกต่าง จากอี-เมลล์ในแง่ที่อี-เมลล์เป็นการสื่อสารรายบุคคล หรือส่วนตัวบุคคลนั้น โดยเฉพาะเจาะจง ลงไป แต่การสื่อสารโดยใช้วิธี Usenet จะเป็นการสื่อสารลักษณะกลุ่มบุคคลที่มีรายชื่ออยู่ใน บัญชีในกลุ่มเหล่านี้ เมื่อใครมีปัญหาหรือคำถามอะไรจะสามารถส่งคำถามเข้าไปทาง อี-เมลล์คำถามดังกล่าวจะถูกจัดส่งไปยังทุกคนที่มีรายชื่อในบัญชี ซึ่งก็อาจมีคนใดคนหนึ่ง ที่สามารถตอบคำถามดังกล่าวได้ถูกต้องจะช่วยประหยัดเวลาการค้นคว้าของผู้ถามได้มาก ด้วยเหตุนี้ Usenet จึงจัดเป็นบริการที่เหมาะสม สำหรับการอภิปรายในเรื่องใดเรื่องหนึ่งกับ กลุ่มคนที่มีความสนใจคล้ายคลึงกัน

Telnet เป็นโปรแกรมที่พัฒนาโดย NCSA (National Center for Supercomputing Application) เพื่อให้เราสามารถใช้งานคอมพิวเตอร์อีกตัวหนึ่งที่อยู่ห่างไกลได้ โดยการ พิมพ์ชื่อของคอมพิวเตอร์หรือ IP number จากนั้นก็ใส่ชื่อ login และ password ที่ ถูกต้องเข้าไปก็สามารถเข้าไปยังคอมพิวเตอร์ดังกล่าวได้

File Transfer Protocol (FTP) เป็นโปรแกรมพื้นฐานสำหรับการจัดส่งและการ ค้นคืนแฟ้มข้อมูลระหว่างเครื่องคอมพิวเตอร์ต่างๆ ผ่านทางอินเตอร์เน็ต โดยทั่วไป ฐานข้อมูลที่ใช้ FTP มักเป็นฐานข้อมูลขนาดเล็กซึ่งมีการเก็บรวบรวมข้อมูลและ/หรือ โปรแกรมต่างๆ เข้าเป็นแฟ้ม และข้อมูล FTP เหล่านี้ อนุญาตให้บุคคลที่สนใจทุกๆ ไป สามารถเปิดดู และ/หรือคัดลอกข้อมูลต่างๆ ไปใช้งานได้ ซึ่งมีการใช้ระบบที่เรียกว่า anonymous FTP ซึ่งโดยระบบนี้ผู้ใช้สามารถเข้าถึงฐานข้อมูล FTP โดยการพิมพ์ คำว่า anonymous ตรงช่อง username และใส่อี-เมลล์ของผู้ใช้ตรงช่อง password ฐานข้อมูล FTP บางแห่งอาจจำกัดการเข้าถึงข้อมูลให้เฉพาะกับกลุ่มคนบางกลุ่มเท่านั้น ในกรณีนี้การ เข้าถึงข้อมูลจำเป็นต้องมี username และ password ที่ถูกต้อง ซึ่งมักได้มาโดยการสมัคร หรือขอจากฐานข้อมูลนั้นๆ โดยทั่วไปแฟ้มข้อมูลที่จัดเก็บมักจัดรวบรวมไว้เป็น directory และหลายๆ directory จะถูกเก็บเป็น directory ซ้อนๆกันไปหลายๆ ชั้น (hierarchical arrangement)

เนื่องจากมีข้อมูลหรือโปรแกรมต่างๆ อยู่เป็นจำนวนมากในฐานข้อมูล FTP ต่างๆทั่วโลก การค้นหาแฟ้มจากฐานข้อมูล FTP จะทำได้ลำบาก หรืออาจหาไม่เจอได้ ถ้าไม่รู้ทราบที่อยู่ของฐานข้อมูล FTP ด้วยเหตุนี้นักวิจัยที่ McGill University ได้ทำดัชนี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น เมื่อนุญาตให้มาใช้ประโยชน์ด้านการศึกษา ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ของชื่อแฟ้มต่างๆ ไว้ให้สืบค้นโดยในช่วงเวลาหนึ่ง เช่น ทุกเดือนก็จะส่งโปรแกรมไปตามคอมพิวเตอร์ต่างๆ ในอินเทอร์เน็ต แล้วจัดส่งรายชื่อแฟ้มที่พบมาเก็บรวบรวมไว้ในที่เดียวกัน ทำให้สามารถค้นดัชนีชื่อแฟ้มเหล่านี้ได้ โดยใช้โปรแกรม Archie ซึ่งมีคอมพิวเตอร์หลายที่ให้บริการ Archie เช่น archie.ruigers.edu หรือ archie.mcgill.ca เป็นต้น วิธีใช้โดยการ telnet ไปยังคอมพิวเตอร์เหล่านั้น (telnet เป็นโปรแกรมที่ทำให้เราสามารถใช้งานคอมพิวเตอร์อีกตัวที่อยู่คนละที่ห่างไกลออกไป ทำให้เสมือนหนึ่งคอมพิวเตอร์ทั้งสองเป็นคอมพิวเตอร์เดียวกัน) เมื่อพิมพ์คำว่า telnet ตามด้วยชื่อคอมพิวเตอร์แล้วก็จะถูกถามชื่อ ให้พิมพ์ตอบว่า archie จากนั้นให้พิมพ์คำว่า prog ตามด้วยชื่อแฟ้มที่ต้องการ เนื่องจากในปัจจุบันคนส่วนใหญ่นิยมใช้บริการ World Wide Web (www) (ดูรายละเอียดข้างล่าง) ซึ่งมีความสะดวกกว่า จึงมีผู้ดัดแปลงโปรแกรม Archie เพื่อใช้งานบน www ที่ชื่อ ArchiePlexForm ซึ่งผู้ใช้บริการสามารถเข้าไปสืบค้นแฟ้มข้อมูลได้จากเว็บไซต์ที่มีบริการให้สามารถใช้งาน ArchiePlexForm ได้โดยอาทิเช่นที่ <http://www.sunsite.doc.ic.ac.uk/archieplex/from.html> หรือ <http://www.lerc.nasa.gov/archieplex/dec/from.html> และยังสามารถหาเว็บไซต์ที่มีบริการนอกจากนี้เรายังสามารถสืบค้นแฟ้มข้อมูลได้จากเว็บไซต์ที่มี search engines เช่น Aita Vista หรือ Excite เป็นต้น

World Wide Web (WWW) จัดเป็นบริการทางอินเทอร์เน็ตที่ใช้สะดวกสบายและนิยมใช้แพร่หลายที่สุดในปัจจุบัน ลักษณะการจัดข้อมูลจะอยู่ในลักษณะของ hypertext โดย hypertext เป็นข้อมูลที่อยู่ในรูปของข้อความต่างๆ ซึ่งเมื่อเราทำการเลือกค่าหรือข้อความใดในนั้น โปรแกรมที่ใช้ใน www นำไปยังข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับค่าหรือข้อความที่เลือก ตัวอย่างเช่น การอ่านข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับ bioinformatics และมีคำว่า gene annotation เมื่อเลือกคำว่า gene annotation โปรแกรมจะนำไปยังข้อมูลเกี่ยวกับ gene annotation เป็นต้น การใช้บริการ www จำเป็นต้องมีโปรแกรมที่อ่านมันได้ (web browser) ซึ่งโปรแกรมที่ใช้แพร่หลายในปัจจุบันคือ Internet Explorer ของบริษัท Microsoft และ Netscape Navigator ของบริษัท Netscape Communications

นอกจากนี้ การสืบค้นยังสามารถสืบค้นได้จาก virtual libraries หรือห้องสมุดเสมือนจริง ตัวอย่างของ virtual libraries ทางด้านชีววิทยาที่น่าสนใจและมีประโยชน์ได้แก่

- The www virtual libraries (<http://vlib.org>) เป็นเว็บไซต์ที่เก่าแก่ และสร้างโดย Berners-Lee ในปัจจุบัน Keith Robison เป็นผู้ดูแลรักษาเว็บไซต์นี้ เป็นแหล่งรวบรวม web resources ต่างๆ ที่จัดแบ่งเป็นตามเนื้อเรื่องหรือเนื้อหา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับบริการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- Pedro's Biomolecular Research Tool (http://www.public.lastate.edu/pedro/research_tool.html) เป็นแหล่งรวบรวมและเชื่อมต่อไปยังเว็บไซต์ต่างๆ ที่มีข้อมูลและบริการต่างๆ ที่เกี่ยวข้องกับงานด้านอณูชีววิทยา
- EBI Biocatalog (<http://www.ebi.ac.uk/biocat.html>) จัดเป็น software directory สำหรับงานด้านอณูชีววิทยาและทางพันธุศาสตร์ซึ่งผู้ที่มีความสนใจหรือเกี่ยวข้องสามารถเข้าไปสืบค้นและ/หรือใช้บริการต่างๆ ของฐานข้อมูลที่เหมาะสมโดยผ่านทางเครือข่ายอินเทอร์เน็ต

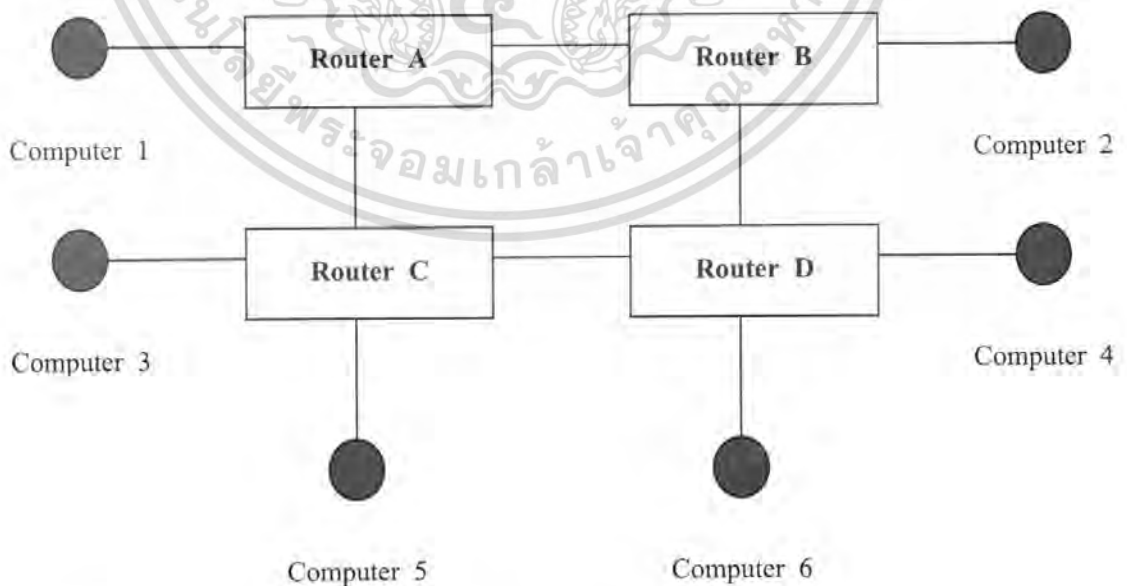
2.3.2 การทำงานอินเทอร์เน็ต

ดังที่กล่าวข้างต้นอินเทอร์เน็ตเป็นเครือข่ายคอมพิวเตอร์ที่ประกอบขึ้นจากเครื่องคอมพิวเตอร์จำนวนมากที่มีการติดต่อเชื่อมโยงถึงกัน ในการส่งผ่านข้อมูลจากคอมพิวเตอร์ตัวส่งไปสู่คอมพิวเตอร์ตัวรับโดยผ่านทางเครือข่ายอินเทอร์เน็ต คอมพิวเตอร์แต่ละตัวจำเป็นต้องมีที่อยู่ที่จำเพาะที่เรียกว่า IP number หรือ IP address เพื่อให้การรับส่งข้อมูลสามารถไปยังจุดหมายที่ต้องการได้อย่างถูกต้อง เช่น คอมพิวเตอร์ที่เป็นคอมพิวเตอร์ตัวบริการหลักของ National Center for Biotechnology Information (NCBI) ที่ National Health Institute (NIH) จะมี IP number เป็น 130.14.25.1 โดย 130.14 จะเป็นเครือข่ายหลักคือ NIH 25 จะเป็นเครือข่ายย่อยลงมาคือ National Library of Medicine ที่ NIH ส่วน 1 หมายถึงตัวคอมพิวเตอร์หลักที่ NCBI เอง การจดจำ IP number ที่เป็นตัวเลขค่อนข้างจะลำบาก จึงมีการแปลงเป็นชื่อจำเพาะโดยใช้ระบบการตั้งชื่อที่เรียกว่า Domain Name Server (DNS) ซึ่งชื่อจะสื่อถึงชื่อของสถานที่หรือองค์กรของเครื่องคอมพิวเตอร์ดังกล่าว เช่น คอมพิวเตอร์ที่ NCBI จะมี IP address เป็น ncbi.nlm.nih.gov เป็นต้น

เพื่อให้การส่งผ่านข้อมูลมีความรวดเร็วและไม่ผิดพลาดระหว่างเครือข่าย จึงจำเป็นต้องมีคอมพิวเตอร์พิเศษที่เรียกว่า router เป็นตัวเชื่อมการส่งผ่านข้อมูลระหว่างเครือข่าย โดยมีโปรแกรมที่เรียกว่า TCP/IP เป็นตัวควบคุมติดต่อส่งผ่านข้อมูลระหว่างคอมพิวเตอร์โดย TCP (Transmission Control Protocol) ทำหน้าที่ในการส่งผ่านข้อมูลระหว่างคอมพิวเตอร์ที่ติดต่อกันทางอินเทอร์เน็ต ส่วน IP (Internet Protocol) ควบคุมเกี่ยวกับที่อยู่ของคอมพิวเตอร์และการจัดการกับข้อมูลที่อยู่ในรูปของข้อมูลย่อยที่เรียกว่า packet โดยเมื่อมีการส่งผ่านข้อมูลระหว่างคอมพิวเตอร์ผ่านทางอินเทอร์เน็ต TCP จะนำส่งข้อมูลในรูปแบบของ packet ไปตามอินเทอร์เน็ตในขณะที่ IP จะควบคุมการส่ง packets ไปยังจุดหมายปลายทางให้ถูกต้องรวมถึงการประกอบ packets กลับคืนเป็น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านอื่นๆ
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ข้อมูลเดิมที่ถูกต้องด้วย router จะเป็นตัวควบคุมการส่งผ่านของ packets บนเครือข่ายให้ไปยังเครือข่ายเป้าหมายโดยใช้เส้นทางบนเครือข่ายที่เหมาะสมที่สุด รูปที่ 2.4 แสดงแผนภาพเครือข่ายอินเทอร์เน็ตแบบง่ายๆ ในแผนภาพคอมพิวเตอร์กับเครือข่ายจะเชื่อมต่อกันด้วย router การส่งผ่านข้อมูลจากคอมพิวเตอร์ 1 ไปสู่คอมพิวเตอร์ 2 สามารถเกิดขึ้นได้อย่างง่ายดาย ไม่ซับซ้อน โดยเริ่มต้นจากการส่งข้อมูลออกจากคอมพิวเตอร์ 1 ผ่าน router A และ router B ไปยังคอมพิวเตอร์ 2 หากบางส่วนของเครือข่ายระหว่าง router A และ B เกิดการชำรุดเสียหายไม่สามารถทำงานได้ การส่งผ่านข้อมูลยังสามารถทำได้ โดยเส้นทางจะเปลี่ยนไปโดยจาก router A ไปยัง router C และ D แล้วเข้าสู่ router B ไปยังคอมพิวเตอร์ 2 ในที่สุด และจากที่กล่าวข้างต้นว่า ข้อมูลที่ส่งทางอินเทอร์เน็ตจะถูกแยกออกไป packets แล้วส่งไปบนเครือข่ายอย่างอิสระไปสู่จุดหมาย สมมติข้อมูลที่ส่งถูกแยกออกเป็น 4 packets ส่งจากคอมพิวเตอร์ 1 ไปสู่คอมพิวเตอร์ 2 โดยผ่าน router A และ B หลังส่ง packets ไปได้ 2 packets เกิดความชำรุดในเครือข่ายระหว่าง router A และ B เกิดขึ้น packets ที่เหลือจะมีการเปลี่ยนเส้นทางใหม่โดยจะผ่านไปทาง router C, D และ B เพื่อเข้าสู่คอมพิวเตอร์ 2 เราเรียกกลไกการเปลี่ยนแปลงการส่งผ่านข้อมูลในลักษณะที่กล่าวข้างต้นนี้ว่า packet switching และเนื่องจากการเกิด packet switching มีผลให้ลำดับของ packets ที่เข้ามายังปลายทางต่างจากเมื่อออกจากต้นทาง ดังนั้น IP จะเป็นตัวที่ทำหน้าที่จัดเรียง และรวบรวมข้อมูลให้กลับไปที่เหมือนข้อมูลเริ่มต้น



รูปที่ 2.4 แสดงแผนภาพเครือข่ายอินเทอร์เน็ตแบบง่ายๆ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

2.4 โครงสร้างฐานข้อมูล (บุญช่วย, 2544)

วิทยาการทางวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีก้าวหน้าอย่างรวดเร็ว ข้อมูล (data) และข้อสนเทศ (information) ทางวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีเกิดขึ้นอย่างมากมาย บางครั้งก่อให้เกิดมลพิษทางข้อมูลและข้อสนเทศ (information pollution) กระบวนการบริหารและจัดการมลพิษทางข้อมูลและข้อสนเทศมีหลายวิธี วิธีหนึ่งที่ได้รับคามนิยมมากคือ การนำกระบวนการจัดระเบียบของข้อมูลและข้อสนเทศในรูปฐานข้อมูล (database)

ข้อมูลคือความจริงที่ได้มาโดยตรงจากแหล่งข้อมูล สามารถบันทึกได้ และมีความหมายไม่ผ่านกระบวนการใดๆ ทั้งสิ้น บางครั้งเรียกข้อมูลประเภทนี้ว่า ข้อมูลดิบ สำหรับข้อสนเทศหรือบางครั้งเรียกว่าสารสนเทศนั้นคือข้อมูลที่ผ่านกระบวนการตัดแปลงหรือจัดการให้มีความหมายหรือรูปแบบตามที่ต้องการเพื่อสื่อข้อมูลให้ชัดเจน เช่น การจัดเรียงข้อมูลดิบในรูปตารางการจัดเรียงข้อมูลดิบจากน้อยไปหามาก เป็นต้น ฐานข้อมูลคือสารสนเทศประเภทหนึ่งเป็นการรวบรวมหรือจัดระเบียบข้อมูล หรือข้อสนเทศในสิ่งๆ หนึ่ง เช่น ข้อมูลเฉพาะบุคคล ข้อมูลสินค้า ข้อมูลบริษัท ข้อมูลของสิ่งมีชีวิต เป็นต้น

โดยทั่วไป ฐานข้อมูลมีคุณสมบัติดังต่อไปนี้

- เป็นแหล่งของข้อมูลที่เป็นจริง (real world)
 - เป็นแหล่งของข้อมูลที่มีความหมายสืบเนื่องต่อกัน (inherent meaning)
 - เป็นแหล่งของข้อมูลที่มีวัตถุประสงค์เฉพาะในการจัดทำเพื่อตอบสนองผู้ใช้เฉพาะกลุ่ม
- ระบบฐานข้อมูลคือกลุ่มของโปรแกรมที่สามารถใช้ในการสร้างและบำรุงรักษาฐานข้อมูล

โดยทั่วไประบบฐานข้อมูลถูกออกแบบเพื่อจัดการข้อมูลและข้อสนเทศ การจัดการฐานข้อมูลจะขึ้นอยู่กับโครงสร้างของการรวบรวมข้อมูลสารสนเทศ และขึ้นอยู่กับการจัดสรรในกระบวนการสำหรับจัดทำข้อมูลและข้อสนเทศ

2.4.1 วัตถุประสงค์ของระบบฐานข้อมูล

1. เพื่อให้ง่ายต่อการเข้าถึงข้อมูลได้อย่างมีประสิทธิภาพ
2. เพื่อหลีกเลี่ยงการแปรเปลี่ยนในรูปแบบข้อมูล
3. เพื่อหลีกเลี่ยงการซ้ำซ้อนของข้อมูล
4. เพื่อให้ข้อมูลมีความปลอดภัย
5. เพื่อให้ข้อมูลมีเอกภาพและมั่นคง

2.4.2 คาต้าแอปสแต็คชัน (data abstraction)

คาต้าแอปสแต็คชันหรือสถาปัตยกรรมของฐานข้อมูล คือ การจัดสรรประเภทของผู้ใช้ตามการเข้าถึงข้อมูลข้อสนเทศ คาต้าแอปสแต็คชันจะไม่บอกรายละเอียดในการจัดเก็บรวบรวมและบำรุงรักษาข้อมูลของระบบฐานข้อมูลว่าเป็นอย่างไร แต่จะทำให้ผู้ใช้ข้อมูลเข้าถึงข้อมูลในฐานข้อมูลนั้นอย่างมีประสิทธิภาพ และเพราะว่าผู้ใช้ข้อมูลส่วนมากไม่มีความชำนาญด้านระบบฐานข้อมูล คาต้าแอปสแต็คชันจะซ่อนความสลับซับซ้อนในโครงสร้างฐานข้อมูลเพื่อให้ผู้ใช้ข้อมูลรู้สึกง่าย และสะดวกต่อการใช้ระบบฐานข้อมูล คาต้าแอปสแต็คชันได้จัดแบ่งสถาปัตยกรรมของฐานข้อมูลออกเป็น 3 ระดับด้วยกัน (รูปที่ 2.5) ดังนี้คือ

- ระดับกายภาพหรือระดับภายใน (physical level) เป็นระดับที่ต่ำที่สุด โดยบรรยายถึงการเก็บรวบรวมข้อมูลในฐานข้อมูลนั้นเป็นอย่างไร ระดับกายภาพนี้โดยทั่วไปจะถูกดูแลโดยผู้จัดการฐานข้อมูล
- ระดับหลักการ (conceptual level) เป็นระดับที่อยู่ถัดขึ้นมา โดยบรรยายถึงข้อมูลอะไรที่ถูกเก็บรวบรวมในฐานข้อมูล รวมถึงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูล ระดับนี้จะถูกบริหารโดยผู้บริหารฐานข้อมูล ซึ่งจะทำหน้าที่ตัดสินใจว่าข้อมูลข้อสนเทศอะไรที่น่าจะถูกเก็บรวบรวมไว้ในฐานข้อมูล
- ระดับการมองหรือระดับภายนอก (view level) เป็นระดับสูงสุด โดยกล่าวถึงบางส่วนของฐานข้อมูลทั้งฐาน ระบบฐานข้อมูลอาจมีระดับการมองได้มากกว่าหนึ่ง การมองในฐานข้อมูลหนึ่งฐาน ผู้ใช้ฐานข้อมูลจะเข้าถึงฐานข้อมูลโดยผ่านระดับการมองนี้

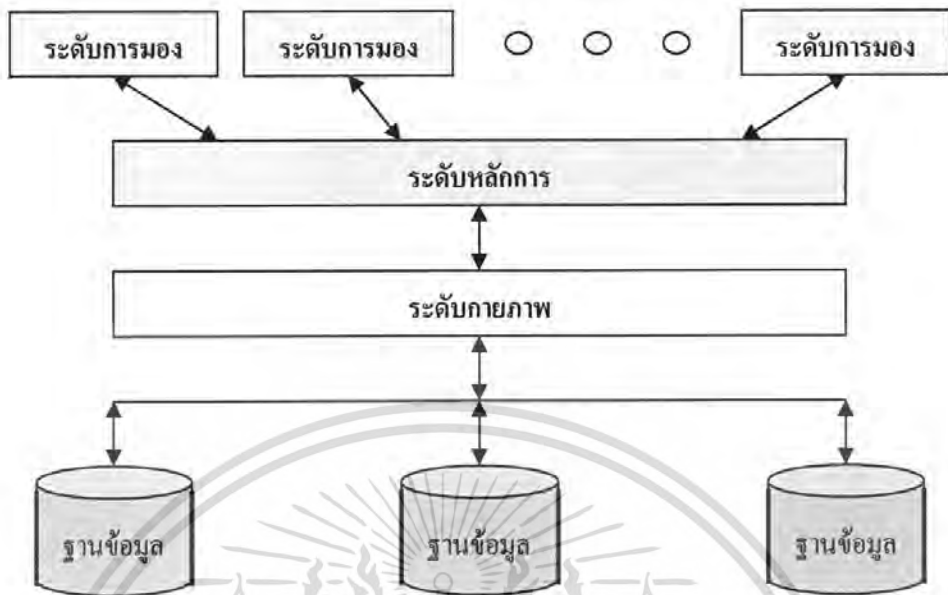
2.4.3 ประเภทระบบฐานข้อมูล

ประเภทฐานข้อมูลสามารถแบ่งออกเป็น 3 ประเภทใหญ่ๆ คือ

2.4.3.1 ฐานข้อมูลที่สัมพันธ์กับระเบียบข้อมูล (record-based model)

2.4.3.2 ฐานข้อมูลที่สัมพันธ์กับวัตถุสิ่งของ (object-based model)

2.4.3.3 ฐานข้อมูลที่สัมพันธ์กับกายภาพข้อมูล (physical data model)



รูปที่ 2.5 ระดับต่างๆ ในดาต้าแอปสแต็คชั้น
ที่มา : ชิวสารสนเทศศาสตร์ สวทช 2544 ; หน้า 11

2.4.4 ฐานข้อมูลสัมพันธ์ (relational database)

ฐานข้อมูลสัมพันธ์ประกอบด้วยตารางมากกว่า 1 ตารางที่สัมพันธ์กัน แต่ละตารางจะมีชื่อที่เป็นเอกเทศ ตารางประกอบด้วยแถบ (column) และแถว (row) แต่ละแถวจะแสดงถึงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูล ในระบบฐานข้อมูลมีความแตกต่างกันระหว่างแผนภาพฐานข้อมูล โครงสร้างฐานข้อมูล และตัวข้อมูลซึ่งแปรเปลี่ยนไปตามเวลา รูปที่ 2.6 แสดงถึงความสัมพันธ์ของลูกค้าในกิจกรรมหนึ่ง

ลูกค้า = แผนภาพ, ฐานข้อมูล
แผนภาพ, ฐานข้อมูล = (ชื่อลูกค้า, ที่อยู่, ถนน)

ชื่อลูกค้า	ที่อยู่	ถนน
พิภพ	128 ซอยพิบูล	ราชปรารภ
สุริย์	5	พระรามที่ 6
สด	32/16 หมู่บ้านร่มรื่น	สุขาภิบาล 1
สมชาติ	8401 หมู่ 4	สุขาภิบาล 3
กนก	9 ซอยกิ่งเพชร	เพชรบุรี

รูปที่ 2.6 ความสัมพันธ์ในฐานข้อมูลลูกค้า

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้ในวงวนวิชาการเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ที่มา : ชิวสารสนเทศศาสตร์ สวทช 2544 ; หน้า 13
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ความสัมพันธ์ถูกกำหนดด้วยกลุ่มของข้อมูลที่เรียกว่า ทัพเพิล (tuple) แต่ละทัพเพิลมีความเป็นเอกเทศ ในหนึ่งทัพเพิลจะแทนความสัมพันธ์ของข้อมูลในฐานะข้อมูล เช่น ทัพเพิล (สุริย์, 5, พระรามที่ 6) ทัพเพิล (กนก, 9 ซอยกิ่งเพชร, ถนนเพชรบุรี) เป็นต้น ดังนั้นทัพเพิลคือความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลหรือค่าของข้อมูลในแถว ในระบบฐานข้อมูลสัมพันธ์ทัพเพิลสองทัพเพิลจะมีความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลที่แตกต่างกัน ความสัมพันธ์ที่แตกต่างกันนั้นเป็นที่มาของคำจำกัดความที่เรียกว่า ซูเปอร์คีย์ (superkey)

ซูเปอร์คีย์ประกอบด้วยกลุ่มข้อมูลที่มีความแตกต่างกันประกอบกันเข้าเป็นความสัมพันธ์ เช่น รหัสนักศึกษาเป็น คีย์ (key) ของความสัมพันธ์ของนักศึกษา เพราะว่านักเรียน 2 คนไม่สามารถมีรหัสนักศึกษาที่เหมือนกันได้ ดังนั้นกลุ่มของข้อมูลที่ประกอบด้วยคีย์รหัสนักศึกษา ตัวอย่างเช่น กลุ่มข้อมูลที่ประกอบด้วย (รหัสนักศึกษา ชื่อ อายุ) สามารถเป็นซูเปอร์คีย์ได้ อย่างไรก็ตาม ซูเปอร์คีย์ (รหัสนักศึกษา ชื่อ อายุ) นี้ไม่เป็นคีย์ของความสัมพันธ์ของนักศึกษาทั้งนี้เพราะเมื่อลบชื่อ หรืออายุ หรือชื่อและอายุออกจากซูเปอร์คีย์ (รหัสนักศึกษา ชื่อ อายุ) แล้วที่เหลือยังคงใช้ซูเปอร์คีย์ที่เหมือนเดิม

โดยทั่วไปความสัมพันธ์อาจมีคีย์มากกว่าหนึ่งคีย์ เช่น เลขประจำตัวประชาชน เลขประจำตัวใบขับขี่ เป็นต้น แต่ละคีย์นั้นถูกเรียกว่า แคนดิเดตคีย์ ในแคนดิเดตคีย์จะเลือกคีย์เพียงหนึ่งคีย์ให้แสดงเป็นคีย์ปฐมภูมิ (primary key) คีย์ปฐมภูมินี้จะเป็นตัวชี้ทัพเพิลในความสัมพันธ์ สำหรับคีย์อื่นๆ จะถูกเรียกว่าคีย์ทุติยภูมิ (secondary key) ความสัมพันธ์ในแต่ละความสัมพันธ์ต้องประกอบด้วยคีย์ปฐมภูมิ

การปฏิบัติงานบนความสัมพันธ์

1. การแทรก (insert) เป็นการเพิ่มความสัมพันธ์ขึ้นในฐานะข้อมูลแบบสัมพันธ์ การแทรกความสัมพันธ์ใหม่อาจเป็นสาเหตุให้เกิดความซ้ำซ้อน และความไม่เป็นเอกเทศและมั่นคงในฐานะข้อมูลแบบสัมพันธ์ได้

2. การลบ (delete) เป็นการลบความสัมพันธ์ในฐานะข้อมูล การลบอาจก่อให้เกิดการทำลายความเป็นเอกเทศและมั่นคงของการอ้างอิงในฐานะข้อมูลแบบสัมพันธ์ ถ้าทัพเพิลที่ถูกลบทั้งนั้นยังมีส่วนเกี่ยวข้องกับความสัมพันธ์อื่นๆ อยู่

3. การปรับเปลี่ยน (modify) ใช้สำหรับเปลี่ยนค่าความสัมพันธ์ในฐานะข้อมูล โดยมีเงื่อนไขในการเลือกกลุ่มข้อมูลของความสัมพันธ์ในการเปลี่ยนแปลง การปรับเปลี่ยนกลุ่มข้อมูลที่ไม่ใช่คีย์ปฐมภูมิหรือคีย์นอก จะไม่ก่อให้เกิดปัญหาใดๆ แต่การปรับเปลี่ยนคีย์ปฐมภูมิเปรียบเสมือนการลบทัพเพิลเดิมออกแล้วแทรกทัพเพิลใหม่ที่

ตำแหน่งเดิม ถ้าคีย์นอกถูกปรับเปลี่ยนต้องแน่ใจว่าข้อมูลใหม่ที่ใส่เข้าไปนั้นยังคงอ้างอิงกับทัพเฟิลที่มีอยู่ในความสัมพันธ์ที่อ้างถึงนั้น

2.4.5 สถาปัตยกรรมลูกข่าย / แม่ข่าย (Client / Server Architecture)

ในปัจจุบันนี้ ระบบคอมพิวเตอร์แบบกระจาย (distributed computer system) เป็นที่นิยมกันอย่างแพร่หลาย เพราะเป็นระบบที่มีการเชื่อมต่อเครือข่ายการสื่อสารเข้าด้วยกัน ระบบคอมพิวเตอร์แบบกระจายนี้ถูกนำมาประยุกต์ใช้ในระบบฐานข้อมูลแบบกระจาย (distributed database system) เพื่อจะทำให้เป็นระบบที่รวบรวมข้อมูลไว้ในแหล่งเก็บข้อมูลที่เปรียบเสมือนเป็นแหล่งเดียวกัน แต่ในความเป็นจริงแหล่งที่เก็บรวบรวมข้อมูลนั้นอยู่อย่างกระจัดกระจายไปทั่วเครือข่าย ข้อดีสำหรับระบบฐานข้อมูลแบบกระจายนั้นคือ

- ปรับปรุงการปฏิบัติงานของฐานข้อมูล
- เพิ่มความเชื่อถือและความมีประโยชน์ของฐานข้อมูล
- ยินยอมให้มีการใช้ข้อมูลร่วมกันด้วยการควบคุมการใช้ในระดับหนึ่ง

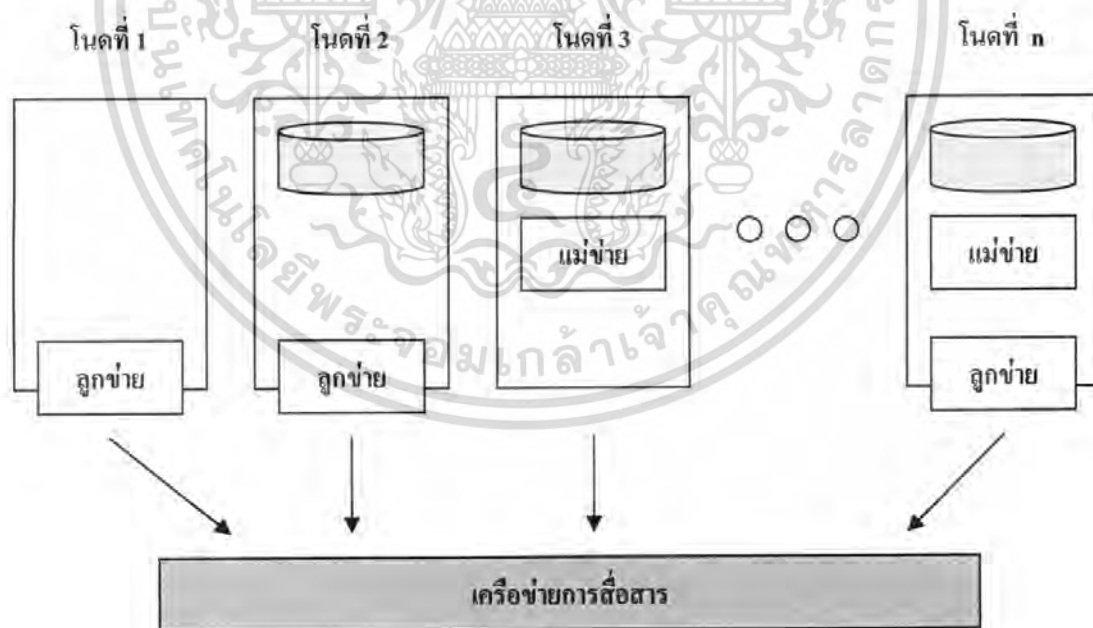
สถาปัตยกรรมลูกข่าย/แม่ข่าย เป็นสถาปัตยกรรมที่สร้างขึ้นด้วยระบบแบบกระจาย (distributed system) ซึ่งจะประกอบด้วยโหนด (node) ที่มีเครื่องคอมพิวเตอร์ 1 เครื่องหรือมากกว่า 1 เครื่องต่อเชื่อมกันด้วยเครือข่ายการสื่อสาร มีเครื่องคอมพิวเตอร์ที่ทำหน้าที่เป็นแม่ข่ายและมีเครื่องคอมพิวเตอร์ที่ทำหน้าที่เป็นลูกข่าย (รูปที่ 2.7) โดยเครื่องคอมพิวเตอร์ที่เป็นแม่ข่ายจะเป็นเครื่องที่มีโปรแกรมสำเร็จรูปติดตั้งอยู่ภายใน เพื่อให้เครื่องคอมพิวเตอร์ที่เป็นเครื่องหมายของลูกข่ายสามารถเรียกไปใช้ได้ โปรแกรมสำเร็จรูปดังกล่าว เช่น โปรแกรมฐานข้อมูล SQL โปรแกรมออราเคิล โปรแกรมการเงิน / การบัญชี เป็นต้น ลูกข่ายแต่ละเครื่องจะใช้คำสั่งสืบค้น (query) ส่งไปยังแม่ข่ายเพื่อสืบค้นข้อมูลตามที่ต้องการ แม่ข่ายจะทำการประมวลผลแล้วส่งผลลัพธ์กลับไปให้ลูกข่ายเพื่อแสดงผล โดยมีโปรแกรมเครือข่ายการสื่อสารทำหน้าที่ส่งข้อมูลระหว่างแม่ข่ายกับลูกข่ายอย่างมีประสิทธิภาพ

ฐานข้อมูลชีวสารสนเทศโดยทั่วไปจะประกอบด้วยข้อมูลพื้นฐานทางชีวภาพของ ดีเอ็นเอ กรดนิวคลีอิกหรือโปรตีน และข้อมูลโครงสร้างของสารเหล่านั้นที่อยู่ในรูป 3 มิติ อย่างไรก็ตามข้อมูลเหล่านั้นจะถูกจัดเก็บในรูปฐานข้อมูลแบบสัมพันธ์ที่มีสถาปัตยกรรมลูกข่าย/แม่ข่าย ตัวอย่างฐานข้อมูลชีวสารสนเทศแบบโครงสร้างที่นิยมและรู้จักกันอย่าง

แพร่หลาย คือ ฐานข้อมูล พี ดี บี (Protein Data Bank : PDB Database) และฐานข้อมูล เอ็ม เอ็ม ดี บี (Molecular Modeling Database : MMDB Database)

ฐานข้อมูล พี ดี บี (PDB Database)

เป็นฐานข้อมูลที่ดูแลโดยห้องปฏิบัติการบรูคเฮเวน (Brookhaven National Laboratories) ฐานข้อมูลนี้จะเก็บข้อมูลทางสเตริโอเคมีคัล (stereochemical) และจีโอเมตริกัล (geometrical) ของกรดนิวคลีอิกและโปรตีน การเข้าถึงฐานข้อมูลนี้อาศัยรหัสประจำตัว พี ดี บี (PDB ID Code) ซึ่งเป็นตัวเลขผสมกับตัวอักษรขนาด 4 ตัวอักษร เช่น 3INS คือข้อมูลของอินซูลินในฐานข้อมูลนี้ นอกจากนี้ยังสามารถสืบค้นข้อมูลในฐานข้อมูลได้ด้วยกลุ่มข้อมูลอื่นๆ เช่น วันที่รับข้อมูล ชื่อเจ้าของข้อมูล รายละเอียดของโครงสร้างโปรตีน เป็นต้น ฐานข้อมูล พี ดี บี ยังประกอบด้วยข้อมูลการเรียงลำดับของโปรตีน 2 ชุดที่เป็นอิมพลิซิท (implicit) และเอกพลิซิท (explicit) คู่กัน



รูปที่ 2.7 สถาปัตยกรรมลูกข่าย/แม่ข่ายแบบง่าย สำหรับระบบฐานข้อมูลแบบกระจายฐานข้อมูล พี ดี บี (PDB Database)

ที่มา : ชีวสารสนเทศศาสตร์ สวทช 2544 ; หน้า 16

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ฐานข้อมูล เอ็ม เอ็ม ดี บี (MMDB Database)

เป็นฐานข้อมูลของศูนย์แห่งชาติทางสารสนเทศเทคโนโลยีชีวภาพ (National Center for Biotechnology Information) ประเทศสหรัฐอเมริกา ฐานข้อมูลนี้เป็นส่วนหนึ่งของระบบเอ็นเทรซ (Entrez System) ซึ่งเป็นระบบการนำข้อมูลกลับมาใช้ (Information Retrieval System) ฐานข้อมูล เอ็ม เอ็ม ดี บี เป็นฐานข้อมูลที่ได้จากการแปล (compile) ข้อมูลจากฐานข้อมูลพีดีบี โดยอาศัยข้อมูลจากการศึกษาโครงสร้างผลึก (crystallography) และเอ็น เอ็ม อาร์ (Nuclear Magnetic Resonance : NMR) ของกรดนิวคลีอิกและโปรตีน ดังนั้นฐานข้อมูลเอ็ม เอ็ม ดี บี จะเป็นฐานข้อมูลทุติยภูมิ (secondary database) ที่มีการเพิ่มคุณค่าข้อมูลจากฐานข้อมูลปฐมภูมิ (primary database)

ฐานข้อมูล เอ็ม เอ็ม ดี บี จะประกอบด้วยส่วนต่างๆ ดังนี้

- ส่วนที่เป็นข้อมูลพื้นฐานที่สามารถค้นหาด้วยการใช้คำสั่งสืบค้นหาคำอย่างอิสระ (free text query)
- ส่วนที่เป็นบทสรุปโครงสร้างรูปแบบทางโมเลกุลของโปรตีนและกรดนิวคลีอิก
- บลาสต์ (Basic Local Alignment Search Tool : BLAST) เป็นส่วนที่ใช้ค้นหาโครงสร้างที่ใกล้เคียงหรือเกี่ยวข้องกับลำดับที่ค้นพบใหม่
- เอ็นเทรซเนเบอร์ริง (Entrez Neighboring) เป็นส่วนที่แสดงความน่าจะเป็นของโครงสร้างการเรียงลำดับของโปรตีนที่มีส่วนคล้ายคลึงหรือใกล้เคียงกับลำดับของโปรตีนที่ใช้ในการสืบค้น โดยอาศัยคุณสมบัติเนเบอร์ริงของเอ็นเทรซ (Entrez's neighboring facilities)
- วาสต์ (Vector Analysis Search Tool : VAST) เป็นส่วนที่ใช้ในการค้นหาความเหมือนของโครงสร้างของโมเลกุลแม้ว่าโมเลกุลจะต่างกัน โดยอาศัยคุณสมบัติทางกายภาพด้านเวกเตอร์ของโมเลกุล

2.5 ข้อมูลจากฐานข้อมูลชีวสารสนเทศ (บุญช่วย, 2544)

ด้วยความร่วมมือขององค์กรหลัก 3 องค์กร อันได้แก่ เจนแบงก์ (GenBank ประเทศสหรัฐอเมริกา) อี เอ็ม บี แอล (European Molecular Biology Laboratory : EMBL, สหภาพยุโรป) และ ดี ดี บี เจ (DNA Database of Japan : DDBJ, ประเทศญี่ปุ่น) ข้อมูลที่ได้โดยตรงจากการส่งให้ฐานข้อมูลหรือองค์กร 2 องค์กรแลกเปลี่ยน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลทั่วไปๆ จะมีคุณค่าและเป็นประโยชน์อย่างมาก

ถ้าการสืบค้นข้อมูลในฐานข้อมูลเป็นไปอย่างง่ายสะดวกและรวดเร็ว เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต หากต้องการนำข้อมูลไปใช้ กรุณาติดต่อเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ข้อมูลที่ได้ควรมีรูปแบบที่เข้าใจง่ายและมีประโยชน์ต่อการใช้งาน ทั้งนี้เพราะการเรียงลำดับเบสหรือการเรียงตัวของกรดอะมิโน จะไม่มีความหมายอะไรเลย ถ้าไม่สามารถดึงข้อมูลที่ซ่อนเร้นอยู่ในการเรียงลำดับนั้นได้อย่างมีประสิทธิภาพ กระบวนการนำข้อมูลจากฐานข้อมูลชีวสารสนเทศที่น่าสนใจและเป็นที่น่าสนใจคือ

- แม่ข่ายรีทรีฟ (Retrieve Server)
- ระบบเอ็นเทรซ (Entrez System)
- แม่ข่ายคิวรี (Query Server)

2.5.1 แม่ข่ายรีทรีฟ

เป็นแม่ข่ายที่ใช้ในการสืบค้นข้อมูลจากฐานข้อมูลของศูนย์สารสนเทศเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ โดยการส่งอี-เมลล์ไปที่ retrieve@ncbi.nlm.nih.gov ในเนื้อหาของจดหมายให้ระบุประเภทของฐานข้อมูล และคำสำคัญ (keyword) ที่ต้องการสืบค้นโดยคำค่านั้น อาจจะเป็นคำๆ เดียว หรือเป็นคำที่มากกว่า 1 คำ ที่เชื่อมคำด้วยเครื่องหมายทางตรรกศาสตร์ (Boolean Operator) เช่น AND, OR, NOT เป็นต้น ตัวอย่างเช่น

To retrieve@ncbi.nlm.nih.gov

Subject Complex query

DATALIB PIR

BEGIN

“histone H1” AND (*Saccharomyces* OR *Schizosacchomyces*)

จากตัวอย่างข้างบนเป็นการสืบค้นข้อมูลในแม่ข่ายรีทรีฟ โดยหัวข้อจดหมาย (subject) จะเป็นการบอกแม่ข่ายว่า เป็นประโยคคำถามที่ซับซ้อน (complex query) หรือเป็นประโยคคำถามที่ง่าย (simple query) ฐานข้อมูลที่ต้องการสืบค้น (DATALIB) คือ ฐานข้อมูลอะไร และจุดเริ่มต้นของประโยคคำถาม (BEGIN) หากต้องการรายละเอียดของการใช้แม่ข่ายรีทรีฟให้ใส่คำว่า help ในหัวข้อจดหมายโดยละฐานข้อมูลและประโยคคำถามไว้ แล้วส่งอีเมลล์ไปยังแม่ข่ายรีทรีฟ แม่ข่ายรีทรีฟจะส่งรายละเอียดของการใช้แม่ข่ายกลับมา [หมายเหตุ : PIR (Protein Information Resource Database) คือ ฐานข้อมูลโปรตีน]

ข้อจำกัดของการใช้แม่ข่ายรีทรีฟ คือ การสืบค้นข้อมูลทำได้โดยอาศัยฐานข้อมูลเพียงฐานข้อมูลเดียวที่กำหนดไว้ใน DATALIB ทำให้การสืบค้นไม่สะดวก และอาจได้ข้อมูลไม่ครบเนื่องจากการสืบค้นจากฐานข้อมูลเพียงฐานข้อมูลเดียวเท่านั้น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ทางด้านชีวสารสนเทศจำเป็นต้องอาศัยแหล่งข้อมูลหลายแหล่งไปพร้อมกันในการสืบค้นข้อมูลเพียงครั้งเดียว เช่น การเรียงตัวของนิวคลีโอไทด์ที่เป็นรหัสในการสร้างโปรตีนจากฐานข้อมูลโปรตีน และโครงสร้างสามมิติของยีน นิวคลีโอไทด์ และโปรตีนที่ต้องอาศัยฐานข้อมูล พี ดี บี หรือฐานข้อมูล เอ็ม เอ็ม ดี บี เป็นต้น ศูนย์แห่งชาติทางสารสนเทศเทคโนโลยีชีวภาพจึงได้พัฒนาระบบอินเทอร์เน็ตขึ้นมา

2.5.2 ระบบอินเทอร์เน็ต

เป็นระบบที่ใช้ในการนำข้อมูลจากฐานข้อมูล (information retrieval system) ระบบอินเทอร์เน็ตสามารถใช้ได้กับเครื่องคอมพิวเตอร์ทั่วไป โดยการใช้ประโยคคำถามหรือคำที่ใช้ในการสืบค้นง่ายๆ เพื่อให้ได้ข้อมูลจากฐานข้อมูล เช่น ได้ข้อมูลพื้นฐานของนิวคลีโอไทด์ รหัสการสร้างโปรตีน โครงสร้างโปรตีน โครงสร้างสามมิติ และข้อมูลในการแมปปีง (mapping) ระบบอินเทอร์เน็ตจะเชื่อมโยงข้อมูลจากฐานข้อมูลหรือแหล่งข้อมูลที่มากกว่าหนึ่งแหล่งเข้าด้วยกัน การเชื่อมโยงนั้นอาศัยเทคนิคเชื่อมโยง 2 ประเภทคือ การเชื่อมโยงแบบเนเบอร์อิง (neighboring) และการเชื่อมโยงแบบฮาร์ดลิงก์ (hard links)

การเชื่อมโยงแบบเนเบอร์อิง จะเป็นการเชื่อมโยงข้อมูลภายในฐานข้อมูลที่ให้ไว้ใน การสืบค้นส่วนการเชื่อมโยงแบบฮาร์ดลิงก์จะเป็นการเชื่อมโยงข้อมูลในฐานข้อมูลที่มีอยู่ภายในระบบซึ่งต่อโยงกันอยู่ภายในเครือข่ายของระบบนั้น ความสัมพันธ์แบบเนเบอร์อิงนั้นจะอาศัยโปรแกรมทางสถิติที่ใช้วัดความคล้ายคลึงกันของข้อมูลภายในแหล่งข้อมูลที่กำหนดให้ นั่น โปรแกรมทางสถิติดังกล่าวคือ โปรแกรมบลาสต์ ซึ่งจะเปรียบเทียบข้อมูลการเรียงตัวของสารหนึ่งกับข้อมูลการเรียงตัวของสารอื่นๆ ที่มีลักษณะคล้ายคลึงกัน และโปรแกรมวาสต์ซึ่งอาศัยข้อมูลพิกัด (coordinate data) ของอะตอมหรือโมเลกุลภายในสารมาเปรียบเทียบโดยใช้คุณสมบัติกายภาพด้านเวกเตอร์ โปรแกรมบลาสต์จะเป็นโปรแกรมที่ใช้ง่าย และเป็นที่ยอมรับมากกว่าโปรแกรมวาสต์

ในการใช้คำถาม (query) เพื่อการสืบค้นข้อมูลภายในระบบอินเทอร์เน็ต ผลลัพธ์ที่ได้จะเป็นข้อมูลที่เกิดจากเทคนิคการเชื่อมโยงแบบเนเบอร์อิงและฮาร์ดลิงก์ ข้อมูลที่ได้จะเป็นประโยชน์ และมีจำนวนมากกว่าข้อมูลที่ได้จากสืบค้นในฐานข้อมูลที่ละฐานข้อมูล เหมือนกับการสืบค้นข้อมูลจากแม่ข่ายริทริฟ ทั้งนี้เพราะระบบอินเทอร์เน็ตประกอบด้วยฐานข้อมูล 5 ฐานข้อมูลด้วยกันคือ ฐานข้อมูลเมดไลน์ (MEDLINE) ฐานข้อมูลนิวคลีโอไทด์ ฐานข้อมูลโปรตีน ฐานข้อมูลโครงสร้าง และฐานข้อมูลจีโนม

การเข้าถึงระบบอินเทอร์เน็ตจะผ่านหน้าจอคอมพิวเตอร์ 2 ลักษณะด้วยกัน คือ การผ่านหน้าจอในลักษณะลูกข่าย – แม่ข่าย ที่เรียกว่า เครือข่ายอินเทอร์เน็ต (network entrez) โดยที่แม่ข่ายจะอยู่ที่ศูนย์สารสนเทศเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ และลูกข่ายจะอยู่ที่ผู้ใช้อินเทอร์เน็ต การเข้าถึงระบบด้วยวิธีนี้ผู้ใช้ต้องแน่ใจว่าได้ติดตั้งโปรแกรมลูกข่ายรุ่นล่าสุด (Latest Version of Client Program) เพื่อให้ได้ประสิทธิภาพของการสืบค้นที่ดีที่สุด โปรแกรมลูกข่ายรุ่นล่าสุดสามารถดาวน์โหลดได้จากแม่ข่ายโดยตรง

การเข้าถึงระบบอินเทอร์เน็ตอีกวิธีหนึ่งคือการใช้โปรแกรมผ่านเว็บ (web browser) ซึ่งอาจจะเป็น โปรแกรมไอ อี (Internet Explorer : IE) หรือ โปรแกรมเน็ตสเคป (Netscape) ข้อดีของการสืบค้นข้อมูลโดยผ่านโปรแกรมอ่านเว็บนี้ โดยผู้ใช้สามารถสืบค้นข้อมูลจากฐานข้อมูลภายนอกในระบบอินเทอร์เน็ตได้ โดยอาศัยการเชื่อมต่อข้อมูลผ่านไฮเปอร์ลิงก์ (Hyperlink) ที่มีข้อมูลภายในระบบอินเทอร์เน็ตเชื่อมโยงอยู่ แต่ในการสืบค้นข้อมูลโดยผ่านเครือข่ายอินเทอร์เน็ตนั้น ผู้ใช้จะถูกจำกัดให้สืบค้นข้อมูลภายในระบบอินเทอร์เน็ตเท่านั้น และความเร็วของการสืบค้นผ่านเครือข่ายอินเทอร์เน็ตขึ้นอยู่กับรุ่นของโปรแกรมลูกข่ายซึ่งถ้าใช้โปรแกรมของลูกข่ายรุ่นเก่าความเร็วในการสืบค้นก็จะช้า อย่างไรก็ตามผลของข้อมูลที่ได้จากการสืบค้นจากฐานข้อมูลในระบบอินเทอร์เน็ตโดยผ่านเครือข่ายอินเทอร์เน็ต หรือผ่านโปรแกรมอ่านเว็บจะได้ผลลัพธ์ที่เหมือนกัน

2.5.3 แม่ข่ายคิวรี (Query Server)

ในบางครั้งระบบอินเทอร์เน็ตอาจเกิดการขัดข้อง ผู้ใช้ไม่สามารถเข้าสู่ระบบอินเทอร์เน็ตได้ทางเว็บ หรือทางเครือข่ายอินเทอร์เน็ต ศูนย์สารสนเทศเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติได้เตรียมแก้ไขสถานการณ์ดังกล่าวด้วยวิธีการส่งประโยคคำถามเพื่อการสืบค้นข้อมูลผ่านทางอี-เมล โดยอาศัยแม่ข่ายที่เรียกว่า แม่ข่ายคิวรี

แม่ข่ายคิวรีมีลักษณะการทำงานคล้ายคลึงกันกับแม่ข่ายรีทริฟ เพียงแต่ว่าแม่ข่ายคิวรีสามารถสืบค้นข้อมูลในฐานข้อมูลที่มีอยู่ในระบบอินเทอร์เน็ต และยังสามารถให้ข้อมูลที่มีการเชื่อมโยงแบบเนเบอร์อิงและฮาร์ดลิงก์ได้ ตัวอย่างต่อไปนี้เป็นตัวอย่างการนำข้อมูลจากฐานข้อมูลโดย

To query@ncbi.nlm.nih.gov

Subject: Simple query

DB: p

TERM histone H1(PROT) &

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับบริการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

(*Saccharomyces* [ORGN] / *Schizosacchomyces* [ORGN])

เป็นการส่งอี-เมลไปที่แม่ข่ายคิวรี โดยใช้หัวเรื่องจดหมายเป็นประโยคคำถามง่ายๆ และต้องการสืบค้นข้อมูลในฐานข้อมูลโปรตีน คำที่ใช้ในการสืบค้นก็คือ histoneH1 ในเขตข้อมูลชื่อโปรตีน (Protein Name : PROT) และคำ *Saccharomyces* ในเขตข้อมูลสิ่งมีชีวิต (Organism Name : ORGN) หรือคำ *Schizosacchomyces* ในเขตข้อมูลสิ่งมีชีวิต เครื่องหมาย & แทนคำว่า AND และเครื่องหมาย / แทนคำว่า OR สำหรับ DB คือ ฐานข้อมูลในระบบอินเทอร์เน็ต ซึ่งใช้ p จะหมายถึงฐานข้อมูลโปรตีน แต่ถ้าใช้ n จะหมายถึงฐานข้อมูลนิวคลีโอไทด์ ใช้ m จะหมายถึงฐานข้อมูลเมดลายน์ ใช้ t จะหมายถึงฐานข้อมูลโครงสร้าง และใช้ s จะหมายถึงฐานข้อมูลโปรตีนและนิวคลีโอไทด์ รายละเอียดต่างๆ ในการใช้แม่ข่ายคิวรี สามารถขอได้จากการใช้คำว่า help ในหัวเรื่องจดหมายโดยละฐานข้อมูลและประโยคคำถามไว้แล้วแม่ข่ายคิวรีจะส่งรายละเอียด กลับมา

2.6 DNA Microarrays and Expression Bioinformatics (วีระพงศ์, 2544)

DNA microarray technology จัดเป็นเทคโนโลยีใหม่ที่กำลังเข้ามามีบทบาทอย่างมากในงานวิจัยวิทยาศาสตร์ชีวภาพ โดยเฉพาะอย่างยิ่งงานการศึกษาวิเคราะห์ด้านจีโนม ด้วยศักยภาพของ DNA microarrays ที่เหนือกว่าวิธีการทางอณูชีววิทยาเดิมๆ ในการค้นหาการแสดงออกของยีนในระดับจีโนม (genome wide scale) การศึกษาการกลายพันธุ์ genetic polymorphism และการทำ genotyping ตลอดจนการค้นหาใหม่ๆ ในเวลาที่รวดเร็วและมีประสิทธิภาพ จึงไม่น่าสงสัยเลยในอนาคตอันใกล้ DNA microarrays จะกลายเป็นเทคนิคพื้นฐานสำหรับประยุกต์ใช้ในงานสาขาต่างๆ ไม่ว่าจะเป็นงานด้านวิทยาศาสตร์การเกษตร สัตวแพทย์ ตลอดจนงานด้านเทคโนโลยีชีวภาพ

2.6.1 DNA microarrays คืออะไร

DNA microarrays เป็นชุดของดีเอ็นเอชนิดต่างๆ ที่มีความแตกต่างกัน ที่มีความแตกต่างกันในลำดับเบส หรือมาจากยีน หรือจากโคลน (clones) ที่แตกต่างกัน ซึ่งถูกนำมาหยดเรียงหรือสังเคราะห์ขึ้นอย่างเป็นระเบียบแบบแผนบนผิวของแผ่นค้ำจุน

DNA microarrays ได้ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อนำมาใช้ในการตรวจวิเคราะห์ยีน และการแสดงออกของยีนในระดับจีโนม ซึ่งดีเอ็นเอต่างๆ ที่นำมาใช้ในการทำ DNA microarrays มักเป็นดีเอ็นเอจากกลุ่มยีนที่มีความสัมพันธ์กัน เช่น กลุ่มยีนที่มีการแสดงออกในเนื้อเยื่อ

ที่จำเพาะในช่วงใดช่วงหนึ่งของการเจริญพัฒนา หรือในวิถีเมทาบอลิซึมใดวิถีหนึ่ง เป็น

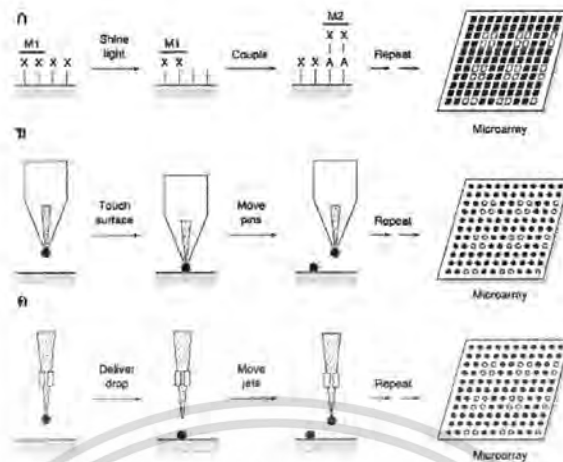
ต้น ส่วนรูปแบบของดีเอ็นเอที่ใช้อาจเป็น โอลิโกนิวคลีโอไทด์, PCR products, genomic DNA หรือ complementary DNA (cDNA) ก็ได้ สำหรับแผ่นค้ำจุนที่ใช้อาจเป็นแผ่นสไลด์แก้ว, แผ่นไนลอน, แผ่นซิลิโคน หรือ polypropylene ก็ได้ และเนื่องจากขนาดของวัสดุค้ำจุนที่ใช้มีขนาดค่อนข้างเล็ก ในบางครั้งจึงอาจเรียก DNA microarrays ว่า DNA chips ส่วนจำนวนชนิดของดีเอ็นเอที่หยดเรียงหรือสังเคราะห์ขึ้นบนแผ่นค้ำจุน อาจมีตั้งแต่หลายร้อยจนถึงหลายหมื่นกว่าชนิดต่อแผ่นขึ้นกับเทคนิคที่ใช้หยดหรือสังเคราะห์

2.6.2 ชนิดของ DNA microarrays

DNA microarrays สามารถแบ่งออกตามวิธีการผลิตและตามลักษณะของดีเอ็นเอที่อยู่บนผิวค้ำจุน โดยวิธีการผลิต DNA microarrays สามารถแบ่งออกได้ดังนี้ (ดูรูปที่ 2.8) คือ Photolithography, Mechanical microspotting และ Ink jetting ในที่นี้จะอธิบายถึง Photolithography ซึ่งใช้ในการทดลองนี้เท่านั้น

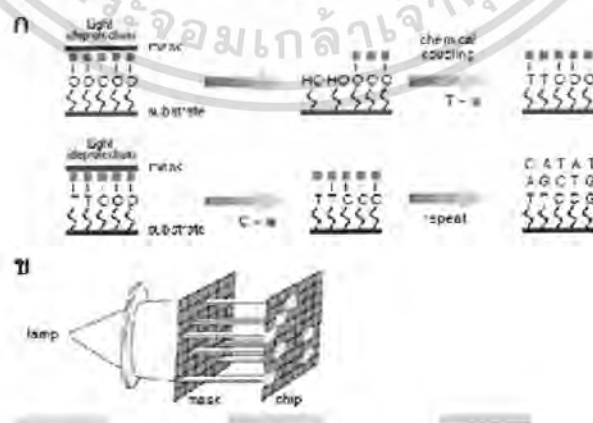
Photolithography

วิธีนี้พัฒนาขึ้นโดย Fodor และคณะจากบริษัท Affymetrix (<http://www.affymetrix.com>) โดยอาศัยเทคโนโลยีจากอุตสาหกรรมการผลิต semiconductor ที่เรียกว่า photolithography ร่วมกับเทคนิคการสังเคราะห์ดีเอ็นเอโดยวิธีทางเคมี ด้วยวิธีดังกล่าวสายโอลิโกนิวคลีโอไทด์ที่มีขนาดและลำดับเบสที่ต้องการจะถูกสังเคราะห์ขึ้นบนแผ่นแก้ว (glass wafer) (รูปที่ 2.9) ในขบวนการผลิตแผ่นแก้วจะถูกฉาบด้วยตัวเชื่อมต่อ (linker molecule) ซึ่งปลายแผ่นแก้วจะติดด้วย photoabile protecting group สายดีเอ็นเอจะถูกสังเคราะห์โดยการฉาบแสงผ่านม่านกำกับแสงในจุดที่ต้องการ เพื่อ deprotect และ activate จุดดังกล่าวจากนั้นแผ่นแก้วจะถูกฉาบด้วย photoprotected DNA base ซึ่งเบสดังกล่าวจะเชื่อมเข้ากับจุดที่ถูก activated ข้างต้น ขบวนการ deprotection และ activation ด้วยแสง ตามด้วยการเชื่อมต่อของเบสจะเกิดขึ้นซ้ำและซ้ำอีกหลายๆ รอบ ทำให้สายดีเอ็นเอค่อยๆ มีความยาวและลำดับเบสที่ต้องการ



รูปที่ 2.8 เทคโนโลยีการผลิต microarray ประกอบด้วย 3 แบบใหญ่ คือ ก) Photolithography ข) Mechanical microspotting ค) Ink jetting
ที่มา : http://www.genoccheck.co.kr/service_1-3.asp

ปัจจุบันบริษัท Affymetrix สามารถสังเคราะห์สายโพลิโนวคลีโอไทด์จำนวน 400,000 ชนิดลงบนพื้นที่เพียง 1.6 ตารางเซนติเมตรข้อดีของวิธีการผลิตนี้คือ ปริมาณ โพลิโนวคลีโอไทด์ในแต่ละจุดที่สร้างจะมีความหนาแน่นสูง (ประมาณ 107 โพลิโนวคลีโอไทด์/จุด) คุณภาพของ microarrays ที่ผลิตจะค่อนข้างคงที่ไม่มีความแตกต่างหรือแปรปรวนในคุณภาพของ microarrays แต่ละอันหรือแต่ละรอบของการผลิต ข้อเสียของวิธีนี้ก็คือน่าจะราคาต้นทุนการผลิตสูง แต่คาดว่าในอนาคตอันใกล้ราคาน่าจะลดลงมากกว่านี้



รูปที่ 2.9 ก) การใช้แสงร่วมในขั้นตอนการสังเคราะห์สายดีเอ็นเอ ข) ภาพแสดงส่วนของตัวกำเนิดแสงร่วมกันกับการผ่านของแสงไปยังแผ่นคำจูนที่จะสังเคราะห์สายดีเอ็นเอ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกรใช้งานเมื่อจากรีเสืงนงเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ที่มา : http://www.genoccheck.co.kr/service_1-3.asp
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.6.3 ขั้นตอนการตรวจวิเคราะห์ด้วย DNA microarrays

โดยทั่วไปการตรวจวิเคราะห์ด้วย DNA microarrays ประกอบด้วย 4 ขั้นตอน คือ

2.6.3.1 การผลิต DNA microarrays

การผลิต microarrays ที่เหมาะสมสำหรับการตรวจวิเคราะห์ สิ่งสำคัญเริ่มแรก คือ การคัดเลือก probes เพื่อใช้หยดเรียงลงบนแผ่นค้ำจุนข้อมูลเพื่อใช้ในการคัดเลือก probes สามารถค้นคืนจากฐานข้อมูลสาธารณะต่างๆ เช่น Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) และ dbEST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene/index.html>) นอกจากนี้ยังได้จาก cDNA libraries ที่สร้างเอง หรืออาจคัดเลือกจากโคลนที่มี (expressed sequence tags; ESTs) ที่น่าสนใจจากบริษัทต่างๆ ที่จัดจำหน่าย เช่น Genome Systems (GS) (<http://www.genomesystems.com>) หรือ Research Genetics (RS) (<http://www.resgen.com>) ในกรณีที่มีข้อจำกัดในการผลิต microarrays เอง อาจเลือกซื้อ microarrays สำเร็จรูป ซึ่งมีจำหน่ายโดยบริษัทต่างๆ เช่น GS, RS, Clontech เป็นต้น

2.6.3.2 การเตรียมตัวอย่างตรวจ

สำหรับการศึกษาด้าน genomics ตัวอย่างตรวจที่ใช้เป็น genomic DNA บางกรณีอาจใช้ mRNA ส่วนการศึกษาด้านการแสดงออกของยีนตัวอย่างที่ใช้เป็น mRNA หรือ total RNA ซึ่งจะนำไปใช้สำหรับสร้าง cDNA ต่อไป ความบริสุทธิ์ของ RNA เป็นปัจจัยสำคัญที่มีผลต่อการ hybridization เนื่องจากโปรตีน ไขมัน และคาร์โบไฮเดรต มีผลทำให้กรดนิวคลีอิกที่ติดฉลาก เกาะติดกับแผ่นสไลด์อย่างไม่จำเพาะ โดยทั่วไปในการตรวจวิเคราะห์จะมีตัวอย่างอ้างอิงที่เหมาะสมมาทำการทดสอบ ตัวอย่างเช่นการศึกษากการกลายพันธุ์จะใช้ตัวอย่างที่ทดสอบดูการกลายพันธุ์เปรียบเทียบกับตัวอย่างอ้างอิงที่เป็นพันธุ์ปกติ (wild type) หรือในกรณีการศึกษากการแสดงออกของยีนจะใช้ตัวอย่างเปรียบเทียบกับตัวอย่างอ้างอิง ซึ่งตัวอย่างทั้งสองจะเป็นตัวอย่างที่อยู่ในภาวะที่ต่างกัน เช่น ภาวะไม่เป็นโรครกับภาวะที่เป็นโรค เป็นต้น

2.6.3.3 การติดฉลากตัวอย่างตรวจและการ hybridization

ตัวอย่างที่จะทำการตรวจสอบและตัวอย่างอ้างอิงจะนำมาทำการติดฉลากด้วยสารเรืองแสงที่แตกต่างกัน เช่น Cy3 และ Cy5 เป็นต้น สำหรับตัวอย่างตรวจที่เป็น RNA จะใช้ปฏิกิริยา reverse transcription เพื่อสร้างสาย cDNA พร้อมกับติดฉลากสารเรืองแสงไปในตัว หรืออาจนำ cDNA มาทำ PCR labeling ก็ได้ สำหรับ genomic DNA จะทำการติดฉลากโดย nick translation หรือ PCR labeling ก็ได้ หลังจากติดฉลากแล้วตัวอย่างทั้งสองจะถูกนำมาผสมให้เข้ากัน แล้วนำไป hybridize กับ microarray ที่เหมาะสมต่อไป

2.6.3.4 การอ่านและบันทึก

DNA microarray ที่ hybridize แล้วจะนำไปอ่านผลโดยการใช้ laser scanner ผลที่ได้จะถูกบันทึกและประมวลผล โดยการใช้โปรแกรมที่เหมาะสมต่อไป

2.7 การใช้บริการค้นหาและวิเคราะห์ข้อมูลด้านอณูชีววิทยาบนเครือข่ายอินเทอร์เน็ต (สิทธิรักษ์, 2544)

2.7.1 การนำเครือข่ายอินเทอร์เน็ตมาประยุกต์ใช้กับงานทางอณูชีววิทยา

ในปัจจุบันวิทยาการด้านอณูชีววิทยา (molecular biology) มีการพัฒนาและเจริญก้าวหน้าอย่างรวดเร็ว โดยเฉพาะอย่างยิ่ง โครงการ GENOME PROJECT ที่ทำให้เกิดการศึกษาทดลองและรวบรวมข้อมูลด้านอณูชีววิทยาไว้เป็นจำนวนมาก มีข้อมูลบางส่วนได้ถูกนำเสนอหรือตีพิมพ์เผยแพร่ผลงานแต่ข้อมูลปริมาณมหาศาลที่ไม่เปิดเผยยังคงถูกเก็บรักษาและมีแนวโน้มเพิ่มมากขึ้นเป็นทวีคูณ มีรายงานว่าเฉพาะปริมาณข้อมูลลำดับเบสจะถูกเพิ่มเติมในฐานข้อมูลประมาณปีละ 210 ล้านเบส หรืออีกนัยหนึ่งปริมาณข้อมูลในแต่ละฐานข้อมูลจะทวีคูณเป็น 2 เท่าภายในเวลาประมาณ 1 ปีเท่านั้น เหตุนี้อาจก่อให้เกิดปัญหากับนักวิทยาศาสตร์หรือผู้สนใจที่ต้องการอ้างอิงหรือนำข้อมูลดังกล่าวมาประยุกต์ใช้ในงานวิจัย เพื่อแก้ไขปัญหาดังกล่าวนี้จึงเริ่มใช้วิทยาการคอมพิวเตอร์มาจัดการรวบรวมข้อมูลด้านอณูชีววิทยา และสาขาวิชาที่เกี่ยวข้องมาจัดเก็บในฐานข้อมูลอย่างเป็นระบบ เช่น ฐานข้อมูลของลำดับเบสในโครโมโซม ฐานข้อมูลของลำดับกรดอะมิโนในโปรตีน ฐานข้อมูลโครงสร้างตติยภูมิของโปรตีน หรือฐานข้อมูลความหลากหลายทางชีวภาพของสิ่งมีชีวิต เป็นต้น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.7.2 ฐานข้อมูลทางอณูชีววิทยาบนเครือข่ายอินเทอร์เน็ต

ทั่วโลกมีฐานข้อมูลด้านอณูชีววิทยามากกว่า 400 ฐานข้อมูล แต่ละฐานข้อมูลจะเก็บรักษาข้อมูลที่มีค่าและมีเอกลักษณ์เฉพาะตัว ดังนั้นจึงจำเป็นต้องรู้จักและเข้าใจว่า ฐานข้อมูลนั้นๆ เก็บรักษาข้อมูลประเภทใด อนุญาตให้บุคคลากรเฉพาะในองค์กรนั้นๆ หรือบุคคลทั่วไปติดต่อกับ (access) และคัดลอกข้อมูลไปศึกษาได้หรือไม่ หรือผู้ดูแล ฐานข้อมูลนั้นๆ มีบริการอื่นใดซึ่งอาจเป็น software เพื่อช่วยเก็บและวิเคราะห์ข้อมูลหรือไม่ ถ้าทราบรายละเอียดปลีกย่อย ดังกล่าวนี้อาจทำให้ประสิทธิภาพในการเรียกใช้ ฐานข้อมูลและวิเคราะห์ข้อมูลเพิ่มมากขึ้น สำหรับปฏิบัติการนี้ขอแบ่งฐานข้อมูลทางอณูชีววิทยาออกเป็น 3 ประเภทใหญ่ๆ ได้แก่ Generalized database, Specialized database และ Integrated database

2.7.2.1 Generalized database

บรรจุข้อมูลทางอณูชีววิทยาที่เป็นข้อมูลดิบหรือเป็นข้อมูลที่ได้รับการวิเคราะห์ให้เบื้องต้นบ้างแล้ว พร้อมกับลักษณะที่สำคัญทางชีววิทยา สัญญาณวิทยาและข้อมูลที่สำคัญเช่น accession number ชื่อเจ้าของข้อมูล วารสารที่อ้างถึงข้อมูลนี้ สิ่งมีชีวิตที่กำลังศึกษาข้อมูล predicted sequence, translated sequence, putative sequence, motif promoter region เป็นต้น ส่วนใหญ่วารสารทางวิทยาศาสตร์จะตีพิมพ์เฉพาะบทความที่อ้างถึงลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโนที่มี accession number ปรากฏในฐานข้อมูลประเภทนี้แล้วเท่านั้น ตัวอย่างของฐานข้อมูลลำดับเบส ได้แก่

GENBANK <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

EMBL <http://www.ebi.ac.uk/>

DDBJ <http://www.ddbj.nig.ac.jp/>

ฐานข้อมูลลำดับเบสทั้ง 3 ฐานข้อมูล เป็นฐานข้อมูลหลักที่มักมีการอ้างอิงถึงเสมอ แต่ละฐานข้อมูลตั้งอยู่ตามแหล่งข้อมูลสำคัญของโลก (สหรัฐอเมริกา อังกฤษ และญี่ปุ่น) แต่จะมีการแลกเปลี่ยนข้อมูลลำดับเบสระหว่าง 3 ฐานข้อมูลเป็นประจำทุกวัน ดังนั้นไม่ว่าจะติดต่อกับฐานข้อมูลใดผู้ใช้จะได้ข้อมูลเดียวกันและทันสมัยตลอดเวลา ตัวอย่างของฐานข้อมูลลำดับกรดอะมิโน ได้แก่

SWISS-PROT <http://www.expasy.ch/sprot/sprot-top.html>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

PIR	http://www-nbrf.georgetown.edu/pir/
TREMBL	http://www.ebi.ac.uk/ebi_docs/swissprot_db/swisshome.html

2.7.2.2 Specialized database

ฐานข้อมูลประเภทนี้แบ่งออกได้เป็น 3 จำพวก ได้แก่

1. ฐานข้อมูลที่ระบุเฉพาะลงไปว่าจะเก็บข้อมูลชนิดใดชนิดหนึ่งเท่านั้น เช่น เฉพาะข้อมูลที่เป็นรหัสของการสร้างโปรตีนจริงๆ (Express Sequence Tag หรือ EST)

DBEST <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST/index.html>

เฉพาะข้อมูลที่เป็นกรดนิวคลีอิกชนิดอาร์เอ็นเอ

RDP <http://rdp.life.uiuc.edu/>

RRNA WWW <http://rna.uia.ac.be/>

2. ฐานข้อมูลที่จัดเก็บเฉพาะจีโนมของสิ่งมีชีวิตหรือของออร์แกเนลล์ เช่น

GDB <http://www.gdb.org/>

MITOMAP <http://www.gen.emory.edu/mitomap.html>

3. ฐานข้อมูลที่เก็บข้อมูลทางอณูชีววิทยา ชีววิทยาและสาขาที่เกี่ยวข้อง เพื่อใช้เป็นแหล่งข้อมูลที่สำคัญเมื่อต้องศึกษาวิเคราะห์ข้อมูลในระดับสูงต่อไป เช่น ข้อมูลการใช้รหัสพันธุกรรม (Genetic Codon) ในยีนของสิ่งมีชีวิตกว่า 6,048 ชนิด

CUD <http://www.dna.affrc.go.jp/~nakamura/cutg.html>

ข้อมูลเกี่ยวกับเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ (Restriction Enzyme)

REBASE <http://www.neb.com/rebase/rebase.html>

ข้อมูลโครงสร้างสามมิติของโปรตีน กรดนิวคลีอิกหรือมหโมเลกุลชนิดอื่น

PDB <http://www.pdb.bnl.gov/>

ข้อมูลเกี่ยวกับลายพิมพ์โปรตีน

PRINTS <http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/dbbrowser/>

[PRINTS/PRINTS.html](http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/dbbrowser/PRINTS/PRINTS.html)

ข้อมูลเกี่ยวกับกลุ่ม Protein domain

PRODOM <http://protein.toulouse.inra.fr/prodom.html>

PROSITE <http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>

SBASE <http://base.icgeb.trieste.it/sbase/>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ข้อมูลเกี่ยวกับการจัดแบ่งโปรตีนออกเป็นกลุ่ม (family) โดยการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน

PFAM <http://pfam.wustl.edu/>

ข้อมูลเกี่ยวกับช่วงลำดับอนุรักษ์ (conserved region) ของโปรตีนแต่ละกลุ่ม (family)

BLOCKS <http://www.blocks.fhcrc.org/>

ข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับ Cloning vector ชนิดต่าง ๆ

ESF-PLASMID <http://esfplasmid.ulb.ac.be/>

VECTORDB <http://www.atcg.com/vectordb/>

PHABAGEN http://www.cbs.knaw.nl/nccb/search_pdb.html

CVECTOR <http://shigen.lab.nig.ac.jp/cvector.html>

VECTORS <http://www.bioscience.org/urlists/vector.htm>

2.7.2.3 Integrated Database

เพื่อความสะดวกต่อนักวิจัย และนักวิทยาศาสตร์ที่สนใจข้อมูลในระบบฐานข้อมูลแต่ประสบปัญหาคือ ได้รับข้อมูลไม่ตรงกับที่ต้องการเนื่องจากข้อมูลมีจำนวนมากเกินไป ผู้ดูแลฐานข้อมูลจึงต้องพัฒนาซอฟต์แวร์ที่สามารถรับคำสั่งหาข้อมูลที่ซับซ้อน (Boolean queries) แล้วไปค้นหาข้อมูลที่จำเพาะหรือใกล้เคียงกับคำสั่งหาข้อมูลนั้นๆ มากที่สุดจากฐานข้อมูลใหญ่ทั่วโลก ตัวอย่างฐานข้อมูลประเภทนี้ได้แก่

ENTREZ <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/>

PUBMED <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/>

DBGET <http://www.genome.ad.jp/dbget/dbget.html>

ทั้ง 3 ฐานข้อมูลนี้มีลักษณะพิเศษคือ รับคำสั่งหาข้อมูลแม่ข่ายคิวรีที่ซับซ้อนได้ไม่ว่าจะเป็นข้อมูลเกี่ยวกับลำดับนิวคลีโอไทด์ ลำดับกรดอะมิโนหรือส่วนเกี่ยวข้องอื่น ไม่ว่าจะเป็คำสำคัญ (keyword) accession number ชื่อเจ้าของข้อมูล ตำแหน่งบนโครโมโซม ชนิดของสิ่งมีชีวิต หรือแม้แต่ชื่อบทความในวารสารวิทยาศาสตร์ ฐานข้อมูลประเภทนี้จะทำการค้นหาข้อมูล (search) ในฐานข้อมูล 2 ประเภทแรก (generalize database and specialized database) และแสดงผลข้อมูลที่ตรงหรือใกล้เคียงกับคำสั่งคิวรี หรือแสดงผลในรูปแบบที่สามารถเชื่อมโยง (link) กับฐานข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับแม่ข่ายคิวรี ตำแหน่งของข้อมูลบนเครือข่ายอินเทอร์เน็ตที่เกี่ยวข้องหรือแม้แต่เอกสาร เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปเผยแพร่บนสื่อออนไลน์ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

อ้างอิงชนิด Medline ได้จากคำสำคัญเพียงคำเดียวฐานข้อมูลประเภทนี้จะโยงใยหาข้อมูลที่เกี่ยวข้องได้มหาศาลทั้งที่เกี่ยวข้องทางตรงและทางอ้อม

ตัวอย่างฐานข้อมูลประเภทนี้อีกฐานข้อมูลหนึ่งคือ EcoCyc <http://ecocyc.pangeasystems.com/ecocyc/ecocyc.html> รวบรวมฐานข้อมูลที่เกี่ยวข้องรายละเอียดของจุลินทรีย์ *Escherichia coli* ไว้เป็นฐานข้อมูลเฉพาะตัวขนาดใหญ่ แล้วสร้างความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลเพื่ออำนวยความสะดวกการศึกษาและค้นหา ตัวอย่างฐานข้อมูลย่อยใน EcoCyc ได้แก่ ฐานข้อมูลของเอ็นไซม์และสารตั้งต้น วิตามิน เทบอลิซึม ยีน โปรตีนและบทความต่างๆ

2.8 การใช้โปรแกรม MapMan ประมวลผลทางชีวสารสนเทศ

MapMan เป็นเครื่องมือที่ใช้ประมวลผลและแสดงออกถึงกลุ่มข้อมูลขนาดใหญ่ ตัวอย่างเช่น จากการทดลองให้เห็นถึงการแสดงออกของยีน ไปยังแผนภาพกระบวนการเมแทบอลิซึม หรือกระบวนการอื่นๆ ที่เกิดขึ้นภายในเซลล์ โดยผู้ใช้งานไม่เพียงแต่จะใช้แผนภาพเท่านั้น แต่ยังสามารสรสร้างผลงานของตัวเองได้ด้วย โดยใช้โปรแกรมนี้แสดงผลงาน และข้อมูลอื่นๆ ที่คุณสร้างขึ้นมาโดยนำไปประมวลออกมาเป็นรูปแผนภูมิกระบวนการที่เกิดขึ้นภายในเซลล์จริง ซึ่งจะประกอบด้วยเอกสารด้วยกันทั้งหมด 3 ชนิด คือ เอกสารข้อมูลผลการทดลอง (รูปแบบเอกสาร *.xls* หรือ *.txt*) เอกสารแผนภาพกระบวนการที่เกิดขึ้นจริงภายในเซลล์ (รูปแบบเอกสาร *.bmp*) และเอกสารแผนที่ซึ่งเป็นยีน สารเมแทบอลิซึม และโปรตีน โดยระบุไว้ในกลุ่มข้อมูลยีน (BINs) ซึ่งจะจัดแยกตามประเภทและบทบาทหน้าที่ต่างๆ (รูปแบบเอกสาร *.xls* หรือ *.txt*)

2.8.1 ภาพข้อมูลที่ประกอบในโปรแกรม MapMan

ภายหลังการลงโปรแกรม MapMan เพื่อใช้ประมวลผลข้อมูลการทดลองต่างๆ จะสามารถค้นหาเอกสารข้อมูลการทดลองได้ในแฟ้มเอกสารข้อมูลผลการทดลอง (Experiments folder) (รูปที่ 2.10) ค้นหาเอกสารแผนภาพกระบวนการได้ในแฟ้มเอกสารแผนภาพกระบวนการที่จำลองการเกิดขึ้นจริงภายในเซลล์ (Pathways folder) และค้นหาเอกสารแผนที่ได้ในแฟ้มเอกสารแผนที่ (Mappings folder) ในรูปแบบที่เป็นยีน สารเมแทบอลิซึม และโปรตีน ทั้งหมดนี้สามารถเลือกได้ในรายการที่อยู่ทางซ้ายมือ

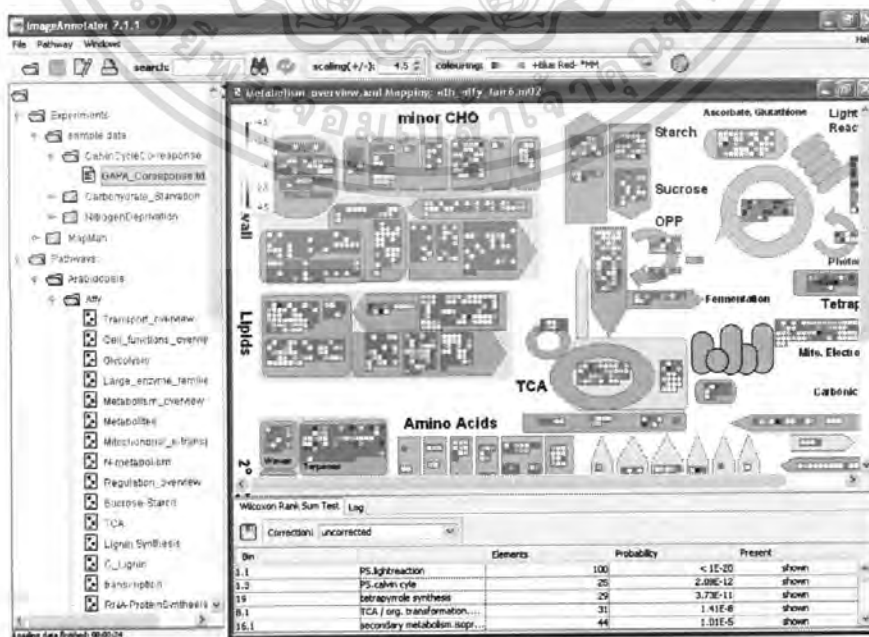
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.10 การคลิก 2 ครั้งที่เพิ่มภาพจากโฟลเดอร์ Pathways

ที่มา : <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

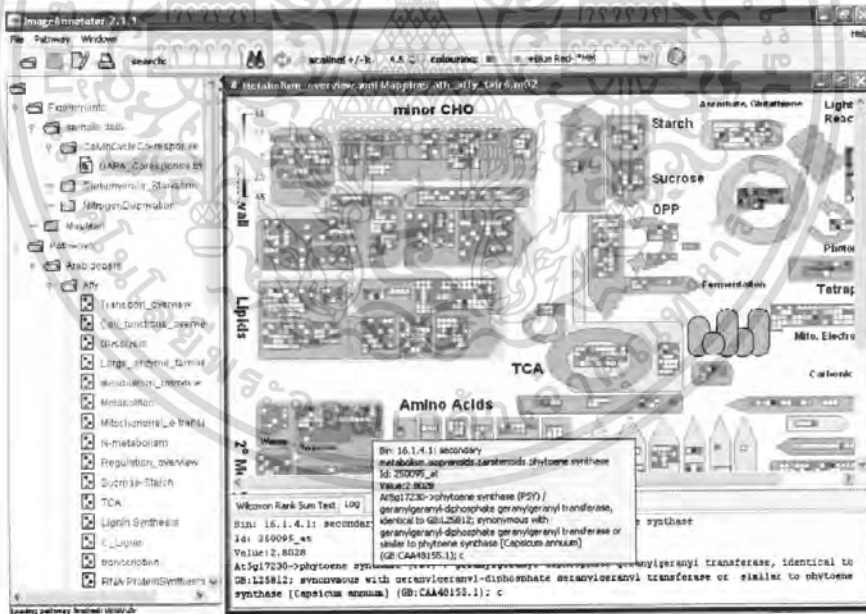
ตัวอย่างเช่น Metabolism_overview หรือ Glycolysis เลือกแผนที่ที่ต้องการจากกล่องข้อมูลจากนั้นตอบตกลง เมื่อเลือกแผนที่ Mapping overview_Affymetrix_2005 โดยใช้ร่วมกับ Metabolism_overview และแผนที่นั้นจะแสดงให้เห็นกระบวนการชีวภาพภายในเซลล์ที่เกิดขึ้น โดยเป็นที่เข้าใจกันว่าภาพแต่ละภาพนั้นจะต้องใช้เพิ่มแผนที่ที่แตกต่างกันด้วย ภาพที่ตอบสนองนั้นต้องมาจากเพิ่มแผนที่ที่ตอบสนองด้วยเช่นกัน ซึ่งในความเป็นจริงถ้าไม่สนใจในเรื่องสถิติ โปรแกรมจะสามารถรวมเพิ่มทั้งคู่เข้าด้วยกันเพื่อใช้งานได้ภายในโปรแกรม MapMan ได้เช่นเดียวกันผลการทดลอง (รูปที่ 2.11)



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาค้นคว้าที่ไม่อนุญาตให้วางไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
รูปที่ 2.11 ผลการทดลอง Metabolism_overview จากแผนที่ ath_affy_tair6
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

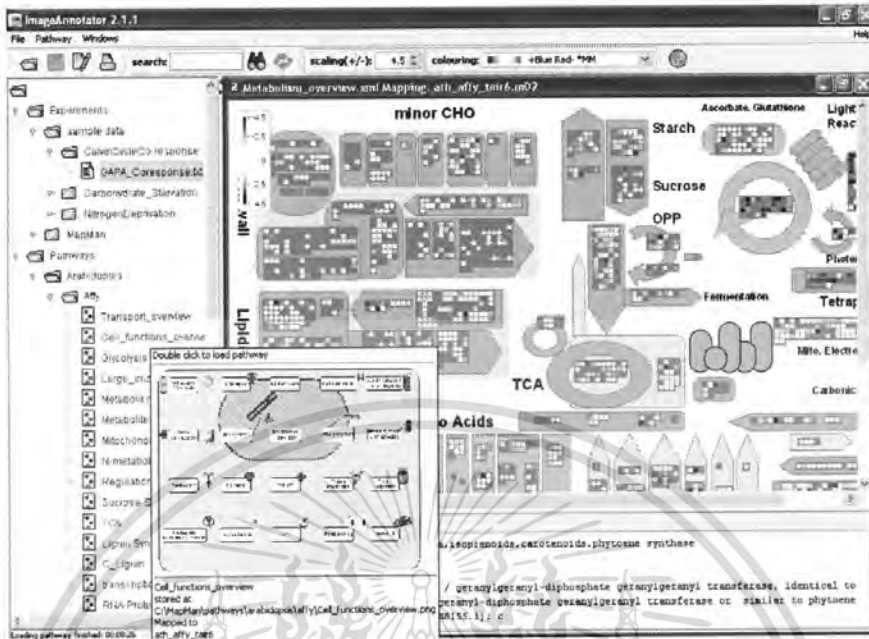
จากรูปที่ 2.11 ผลการทดลองจะแสดงออกที่ละหนึ่งผลการทดลอง โดยจะประมวลผลจากผลการทดลอง 1 ครั้งเท่านั้นต่ออาร์วิเคราะห์ โดยในแต่ละเพิ่มนั้นจะใช้งานได้ภายหลังจากการลงโปรแกรมในครั้งแรก โดยแต่ละตำแหน่งของรูปภาพนั้นจะเป็นการแสดงผลของแต่ละยีน โดยสีแดงจะแทนการควบคุมการถอดรหัสยีนที่ลดลง และสีน้ำเงินจะแทนการควบคุมการถอดรหัสยีนที่เพิ่มขึ้น

ตัวอย่างการใช้ mouse ที่แต่ละจุดบนภาพ โปรแกรมจะอธิบายยีนที่ mouse นั้นชี้ไปได้ดังรูปที่ 2.12 และถ้า mouse ไปชี้เอกสารกระบวนการที่เกิดภายในเซลล์ต่างๆ เราก็จะสามารถเห็นแผนที่กระบวนการที่เกิดขึ้นอย่างง่ายเมื่อคลิกซ้ายช่องผลการทดลอง เฉพาะนั้นสามารถที่จะเห็นการทำงาน (รูปที่ 2.13) โดยเราสามารถใส่ข้อมูลเดี่ยวๆ ที่เกิดขึ้น ซึ่งข้อมูลนั้นจะเป็นผลให้เห็นการถอดรหัสยีนโดยโปรแกรม MapMan



รูปที่ 2.12 ภาพแสดงการอธิบายยีน 250095_at จากแผนที่ ath_affy_tair 6

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.13 ภาพแสดงกระบวนการ Cell_functions_overview

2.8.2 หน่วยแสดงผลตัวเลือก Options

ในวิธีการทดลองนั้น ยีนแต่ละตัวจะถูกนำเสนอในรูปแบบกล่องสี่เหลี่ยมเล็กแต่กล่องมีระดับการแสดงผลที่แตกต่างกัน โดยระดับการแสดงผลจะถอดรหัสออกมาเป็นสี ซึ่งในกรณีศึกษาของการทดลองการแสดงผลออกของยีน การควบคุมการแสดงผลออกของยีนที่เพิ่มขึ้นจะถูกแสดงผลเป็นสีน้ำเงิน ส่วนการควบคุมการแสดงผลออกของยีนที่ลดลงจะถูกแสดงผลออกเป็นสีแดง ซึ่งรหัสของแถบสีจะเป็นส่วนขยายวิธีการเพิ่มขึ้น การแสดงผลตัวเลือกสามารถที่จะเปลี่ยนโดยการเลือก Options (รูปที่ 2.14)



รูปที่ 2.14 เลือก Options จากเมนู Pathway

ที่มา : <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ภายใน Options จะมีรายละเอียดต่างๆ ดังนี้ (รูปที่ 2.15)

Scaling: การเปลี่ยนแปลงการเพิ่มขึ้นหรือลดลงของสีจากข้อมูลที่ใช้เป็นแบบจุด หรือฮิสโตแกรม โดยการปรับค่าให้ลดลงนั้นจะทำให้ได้สีเข้มขึ้น และการปรับค่าเพิ่มขึ้นจะทำให้ได้สีที่จางลง โดยค่าที่เริ่มต้นนั้นเป็น 3.0

Datasize: การลดลงหรือการเพิ่มขึ้นของขนาดกล่องที่ใส่ข้อมูลแบบจุด โดยมีค่าเริ่มต้นเป็นขนาดตรงกลาง (M)

Background Colour: การเปลี่ยนแปลงสีพื้นหลังของกล่องใส่ข้อมูล



รูปที่ 2.15 หน้าต่าง Options

ที่มา : <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

Visualization Type: การเปลี่ยนแปลงวิธี โดย default ที่ใช้หมายถึงการแสดงผลภาพที่จำเพาะสำหรับแต่ละขอบเขตของข้อมูล ซึ่งวิธีการอื่นๆ จะข้ามผ่านไป โดยจะขึ้นอยู่กับวิธีการที่จำเพาะของแต่ละขอบเขตข้อมูล

Coloring Scheme: ทางเลือกของรูปแบบสีส้น ซึ่งเราสามารถเลือกได้จากที่นี่ อาทิเช่น +yellow blue- โดยสีเหลืองสำหรับยีนที่ถูกควบคุมเพิ่มขึ้น และสีน้ำเงินสำหรับยีนที่ถูกควบคุมลดลง

Marked Visualization Type: การเปลี่ยนแปลงการแสดงผลภาพสำหรับส่วนพิเศษ คุณจะสังเกตการเปลี่ยนแปลงได้เท่านั้นในการแสดงผลภาพสำหรับส่วนพิเศษ ซึ่งมีการค้นหาผ่าน

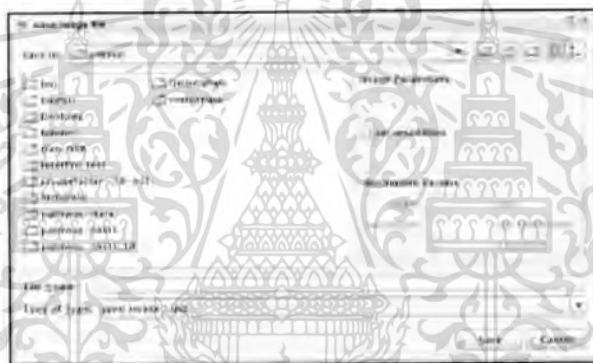
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่จัดทำขึ้นไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.8.3 การพิมพ์ (print)

การพิมพ์เพิ่มข้อมูลรูปภาพของคุณ โดยเลือก Print จากเมนู Pathway

2.8.4 การบันทึก (save)

เราสามารถบันทึกผลการทดลอง ได้จากการบรรยายการทดลองบน Pathway เช่นเดียวกับเพิ่มข้อมูลภาพ โดยเลือก Save as Image จากเมนู Pathway ซึ่งมันสามารถที่จะบันทึกเป็นรูปภาพ .bmp, .gif, .jpeg หรือ .png เราสามารถบันทึกรายละเอียดความคมชัดของภาพได้อีกด้วย เพียงตรวจสอบที่กล่อง set resolution ภายหลังจากการเลือกชนิดของแฟ้มเขียนชื่อแฟ้ม และเพิ่มการตรวจสอบที่กล่องสำหรับการเลือกชนิดแฟ้มได้ (รูปที่ 2.16)



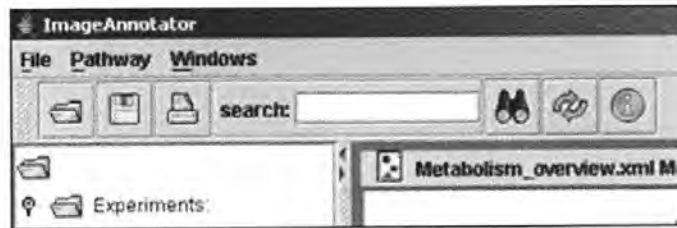
รูปที่ 2.16 การบันทึก save

ที่มา : <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

2.8.5 การค้นหาหน้าที่ (search functions)

การค้นหาหน้าที่สำหรับทุกชิ้น สารเมตาบอลิซึม และโปรตีน ซึ่งแสดงออกโดยการเลือก Pathways ประเภทของการค้นหาเพื่อใช้ในการบรรยายของเราสามารถค้นหาได้ในเขตข้อมูล โดยกดปุ่มด้านขวามือที่อยู่ด้านข้างรูปกล้องสองตาจะเป็นเมนู Search field (รูปที่ 2.17) เพื่อเริ่มต้นในการตั้งจุดระยะ Log หรือช่องในวินโดว์ จำนวนชุดของการสร้างจุดเป็นการแสดงออกที่เพิ่มขึ้น ทุกจุดเป็นการเข้าคู่กันโดยอัตโนมัติ การค้นหาการแสดงผลออกเลือกแสดงได้โดย Options จากเมนู Pathway->Options->Marked Visualiation Type โดยผู้ใช้สามารถทดลองทำได้โดยการควบคุมการแสดงผลออกของ a.k.a. REGEX syntax เมื่อกดปุ่ม recycle เพื่อตั้งค่าแผนภาพใน Pathways ใหม่

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.17 การค้นหาหน้าที่ search functions

ที่มา : <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

ผลลัพธ์ของการจับคู่ระหว่างวิถีชีวสังเคราะห์เข้ากับแผนที่เป็นจุดเด่นของภาพในแต่ละกล่องเฉพาะ (รูปที่ 2.18) โดยการแสดงผลสามารถจะคัดแปลงภายใต้เมนู Options เลือก Marked Visualization Type โดยค่าเริ่มต้นแสดงออกเป็น 3D effect ในตัวอย่างแสดงให้เห็นการใช้ตัวเลือก greying ซึ่งไม่ได้จับคู่ตามที่บรรยายไว้โดยค้นหาส่วนที่สนใจ ค้นหาตัวเลือกอื่นๆที่หาได้เป็น inner symbol ตัวเลือกสำคัญสามารถประยุกต์ใช้ภายใต้ Pathways->Options->Marked Visualization Type



รูปที่ 2.18 ผลลัพธ์ของการจับคู่ข้อมูลที่เป็นจุดเด่นของภาพในแต่ละกล่อง

ที่มา : <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.8.6 สถิติ (Statistics)

สถิติที่ใช้ในโปรแกรม MapMan เป็นพื้นฐานบน Wilcoxon Rank Sum โดยข้อมูลที่นำมาใช้ภายในโปรแกรม จะถูกอธิบายไว้ใน BINs ดังรูปที่ 2.19

Bin	Element	Element Count	Probability
10.5.1	cell wall.cell wall proteins.AGPs	24	9.05E-7
1.1	PS.lightreaction	126	2.17E-5
10.6.3	cell wall.degradation.pectate lyas...	34	2.58E-5
10.7	cell wall.modification	38	3.60E-5
16.7	secondary metabolism.wax	9	6.26E-5
19	tetrapyrrole synthesis	30	1.35E-4
23.1.2	nucleotide metabolism.synthesis...	14	4.12E-4

รูปที่ 2.19 ฐานข้อมูลทางสถิติที่ใช้ภายในโปรแกรม MapMan

ที่มา : <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 3

วิธีการดำเนินการวิจัย

3.1 ขั้นตอนการลงโปรแกรม MapMan เพื่อทำการคำนวณในเครื่องผู้ใช้งาน

3.1.1 ดาวน์โหลดโปรแกรม MapMan Version 2.1.1 exe. ที่เว็บ <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/> (รูปที่ 3.1)



รูปที่ 3.1 เว็บ <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/>

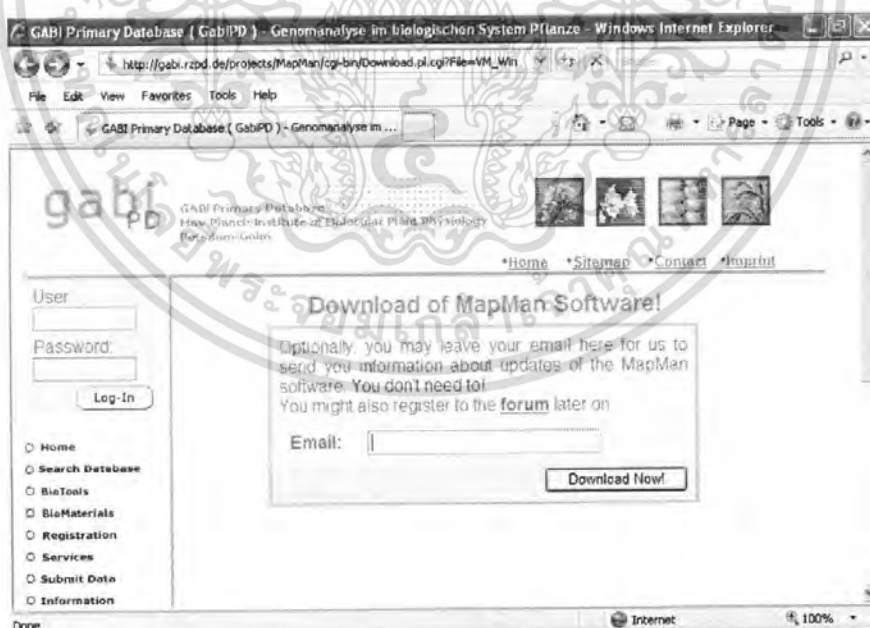
3.1.2 เลือกดาวน์โหลดโปรแกรม MapMan จากระบบปฏิบัติการที่ผู้ใช้ได้ใช้ระบบอยู่ ซึ่งในการทดลองนี้ใช้ระบบปฏิบัติการ Windows ในการทำงาน (รูปที่ 3.2)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.2 การเลือกระบบปฏิบัติการเพื่อดาวน์โหลดโปรแกรม MapMan

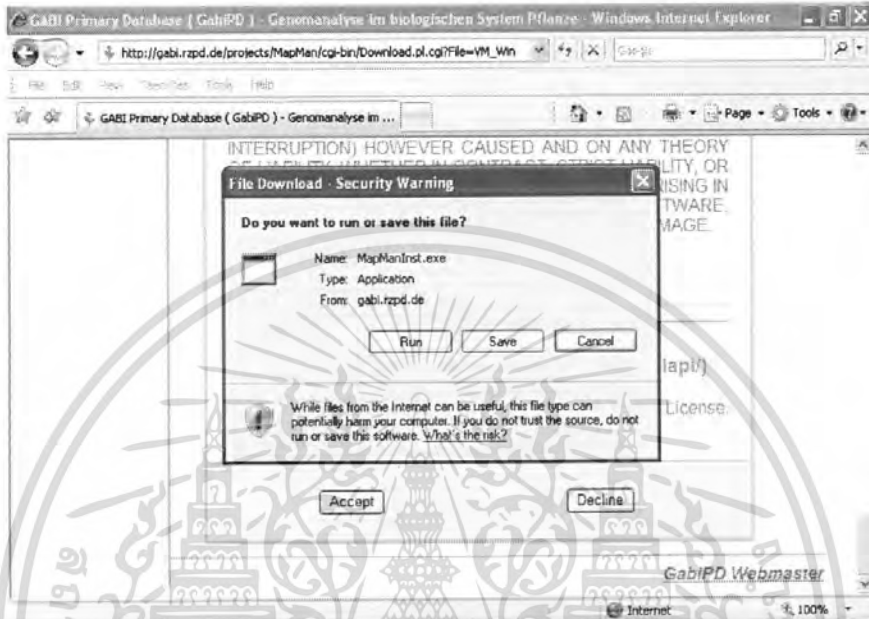
3.1.3 ทำการใส่ E-mail ที่สามารถติดต่อได้เพื่อรับข้อมูลข่าวสาร (รูปที่ 3.3)



รูปที่ 3.3 การใส่อีเมลเพื่อขอรับการดาวน์โหลด MapMan

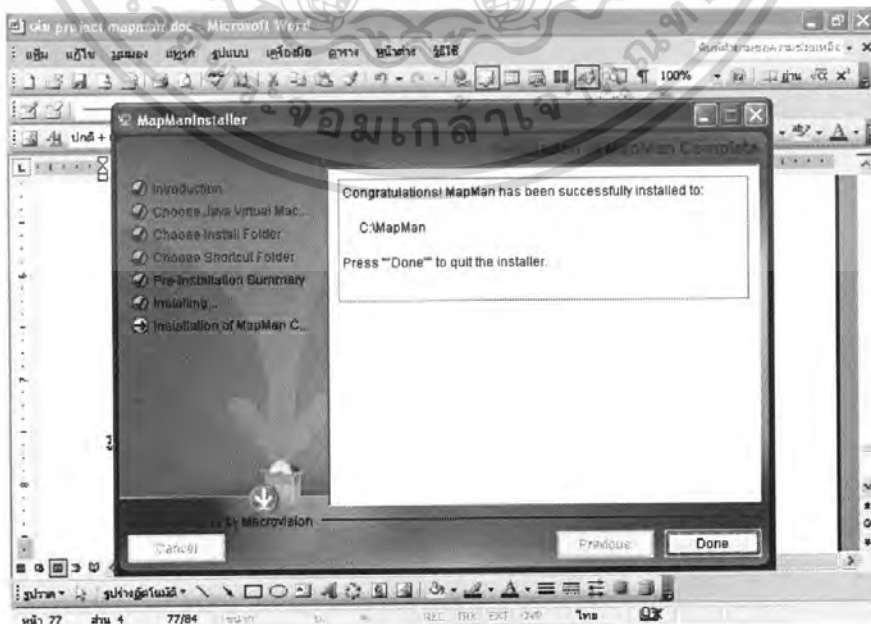
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.1.4 เลือก Accept เพื่อตอบรับ และทำการเลือก Run เพื่อทำการดาวน์โหลด MapMan (รูปที่ 3.4)



รูปที่ 3.4 การยินยอมให้ดาวน์โหลด MapMan เข้าเครื่องคอมพิวเตอร์ผู้ใช้

3.1.5 โปรแกรม MapMan จะทำงานอัตโนมัติจนเสร็จสมบูรณ์ (รูปที่ 3.5)



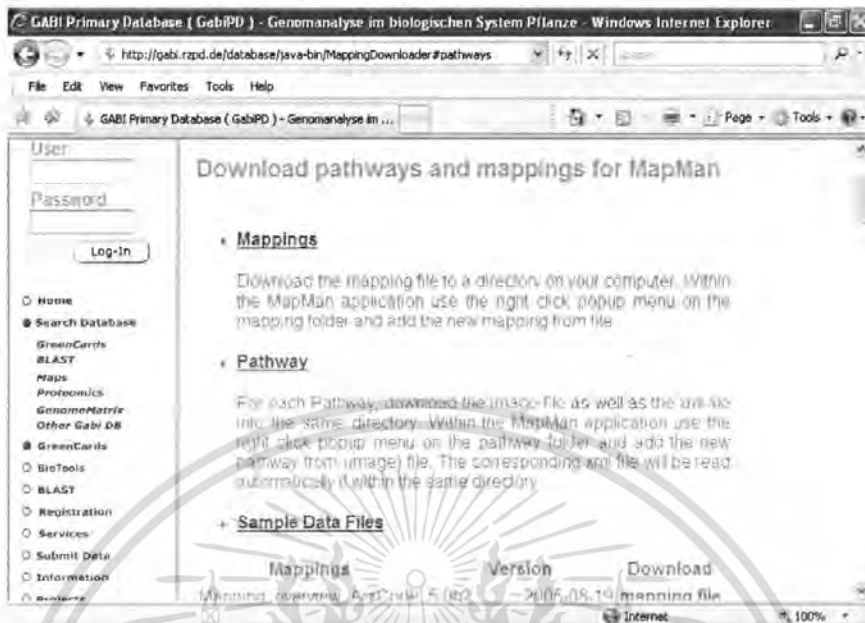
เอกสารรูปที่ 3.5 การติดตั้งโปรแกรม MapMan ที่เข้าเครื่องคอมพิวเตอร์ผู้ใช้เสร็จสมบูรณ์ ระเบียบขั้นตอนการดำเนินงานที่กล่าวถึงในเอกสารฉบับนี้ อาจมีการเปลี่ยนแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.2 การใช้โปรแกรม MapMan เพื่อวิเคราะห์กลุ่มจีโนมที่เกี่ยวข้องกับสถานะเครียดใน

Arabidopsis thaliana

3.2.1 คำนวณโหลดข้อมูลกระบวนการต่างๆ แผนที่ และข้อมูลผลการทดลอง *A. thaliana* จาก <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/> จากนั้นทำการบันทึกลงในไฟล์เดอร์ Experiments Pathways และ Mappings เพื่อเตรียมการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่มีผลมาจากกลุ่มจีโนมต่างๆ ซึ่งแบ่งออกเป็น 2 วิธีด้วยกัน

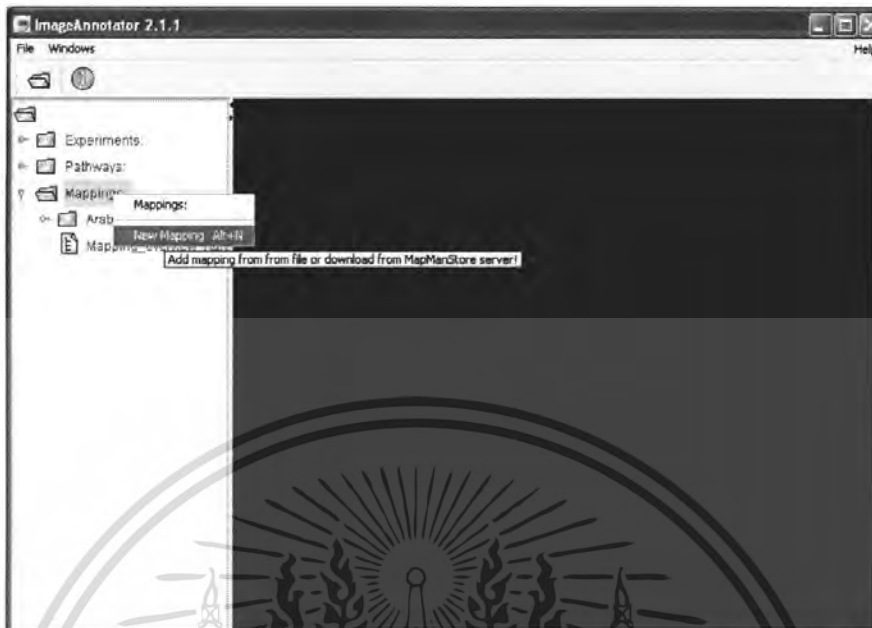
3.2.1.1 การคำนวณโหลดข้อมูลต่างๆ มาเก็บไว้ในเครื่องคอมพิวเตอร์ก่อนโดย คำนวณโหลดจาก <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/> เลือกเมนู Download MapMan pathway, mapping และ sample data files จากนั้นทำการคำนวณโหลดข้อมูลเข้าเครื่องเก็บไว้ยังไฟล์เดอร์ Experiments Pathways และ Mappings เพื่อเตรียมการวิเคราะห์ บันทึกข้อมูลใส่ใน experiments file ตามชื่อการทดลองที่เรากำลังศึกษา เปิดโปรแกรม MapMan เลือก Experiments จากนั้นทำการสร้างไฟล์เดอร์ใหม่ เปลี่ยนชื่อไฟล์เดอร์เป็นชื่อการทดลองที่เรากำลังศึกษา เลือกไฟล์เดอร์นั้นแล้วทำการ Add Data เข้าไปก็เป็นอันเสร็จสิ้นการสร้างข้อมูล คำนวณโหลดแผนที่ *A. thaliana* จาก <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/> เลือก Mappings ทำการสร้าง New mapping ระบบจัดการเอง คำนวณโหลดวิธีที่เกิดในเซลล์ *A. thaliana* เลือก New pathway แล้วคำนวณโหลดจากอินเทอร์เน็ต โดยเลือกวิธีที่ยังไม่มีใน Pathways ของโปรแกรมนี้คำนวณโหลดไว้ (รูปที่ 3.6)



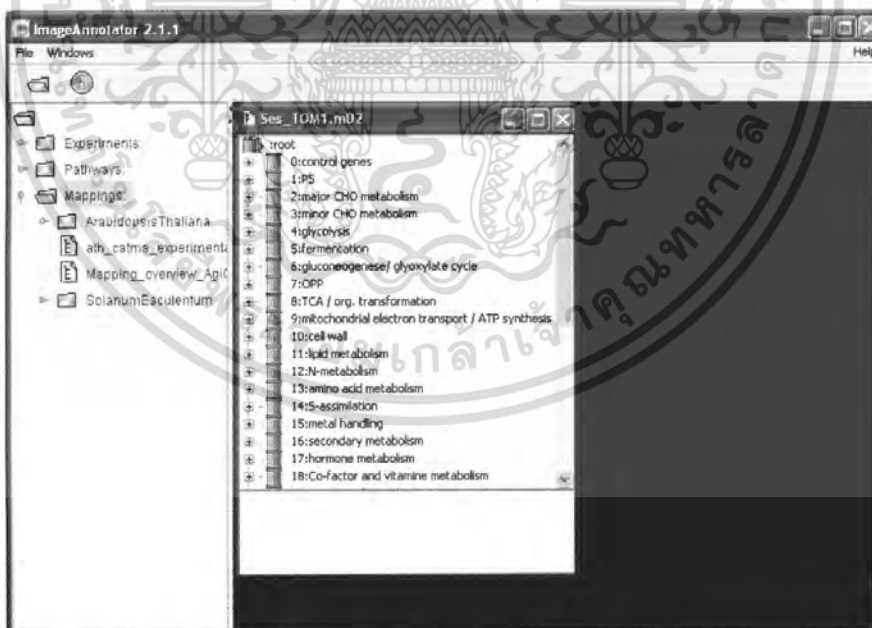
รูปที่ 3.6 การดาวน์โหลด Download MapMan pathway, mapping และ sample data files

3.2.1.2 การดาวน์โหลดข้อมูลต่างๆ โดยใช้โปรแกรม MapMan เป็นตัวดาวน์โหลดข้อมูลโดยตรง โดยเราจะทำการเลือกข้อมูลที่จะทำการดาวน์โหลดตาม Mappings Pathways และ Experiments จากนั้นทำการเลือกเพื่อบันทึกไว้ยังโฟลเดอร์ Experiments Pathways และ Mappings เพื่อเตรียมการวิเคราะห์ข้อมูล โดยทำการดาวน์โหลดแผนที่ *A. thaliana* จาก <http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/> เลือก Mapping (รูปที่ 3.7) ทำการสร้าง New mapping ระบบจัดการเอง ดาวน์โหลดวิถีที่เกิดในเซลล์ *A. thaliana* (รูปที่ 3.8) เลือก New pathway (รูปที่ 3.9) แล้วดาวน์โหลดจากอินเทอร์เน็ต โดยเลือก Pathways ที่เหลือ ซึ่งไม่มีในฐานข้อมูล จะได้ Pathways ที่สมบูรณ์ (รูปที่ 3.10) บันทึกข้อมูลใส่ใน experiments file ตามชื่อการทดลองที่เรากำลังศึกษาเปิดโปรแกรม MapMan เลือก Experiments จากนั้นทำการสร้างโฟลเดอร์ใหม่ (รูปที่ 3.11) เปลี่ยนชื่อโฟลเดอร์เป็นชื่อการทดลองที่กำลังศึกษา (รูปที่ 3.12) เลือกโฟลเดอร์นั้นแล้วทำการ Add Data (รูปที่ 3.13) เข้าไปที่เป็นอันเสร็จสิ้นการสร้างข้อมูล (รูปที่ 3.14)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

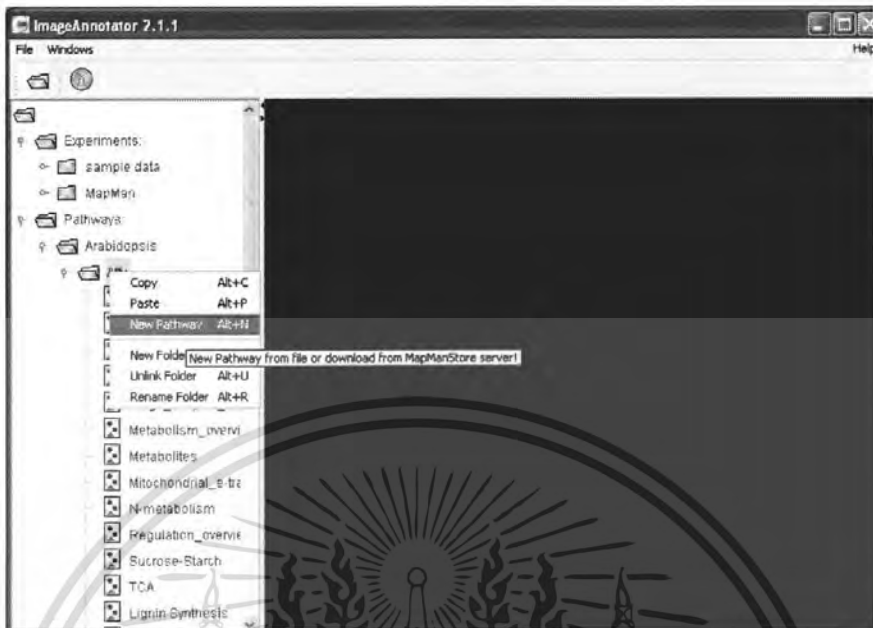


รูปที่ 3.7 หน้าจอโปรแกรม MapMan ทำการดาวน์โหลด Mappings ใหม่

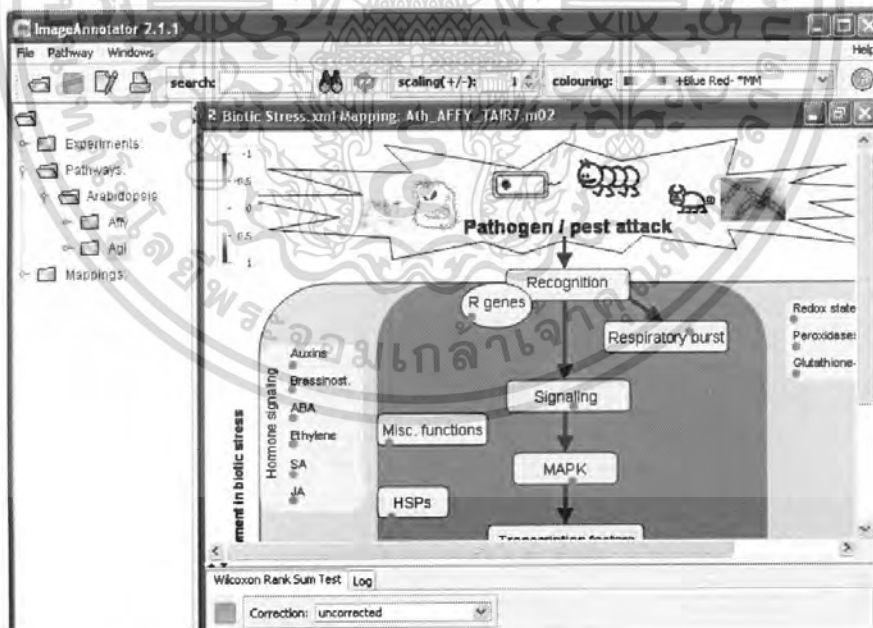


รูปที่ 3.8 หน้าจอ Mappings ที่ได้ทำการดาวน์โหลดสำเร็จแล้ว

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

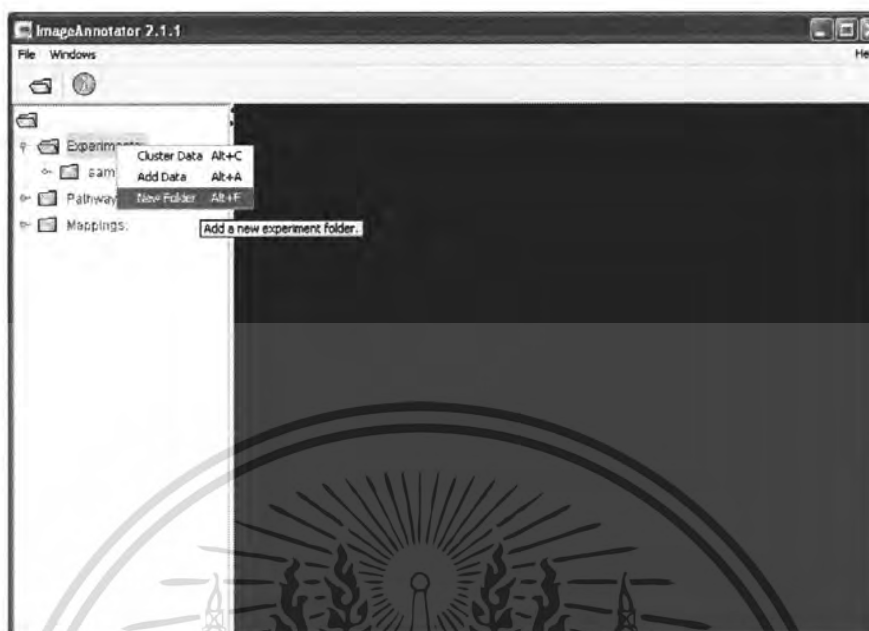


รูปที่ 3.9 หน้าจอโปรแกรม MapMan ทำการดาวน์โหลด Pathways ใหม่



รูปที่ 3.10 หน้าจอ Pathways ที่ได้ทำการดาวน์โหลดสำเร็จแล้ว

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

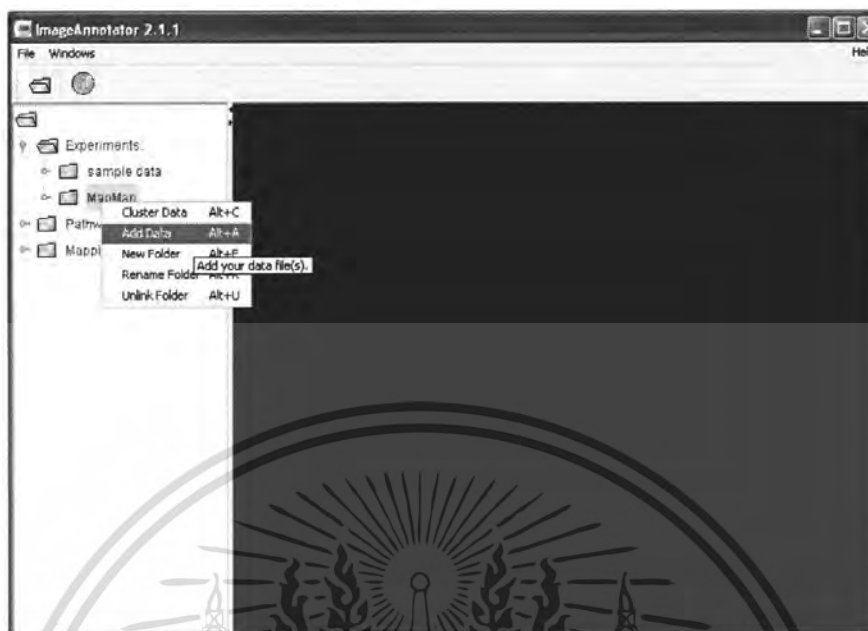


รูปที่ 3.11 การสร้างโฟลเดอร์ผลการทดลองใหม่จากโปรแกรม MapMan

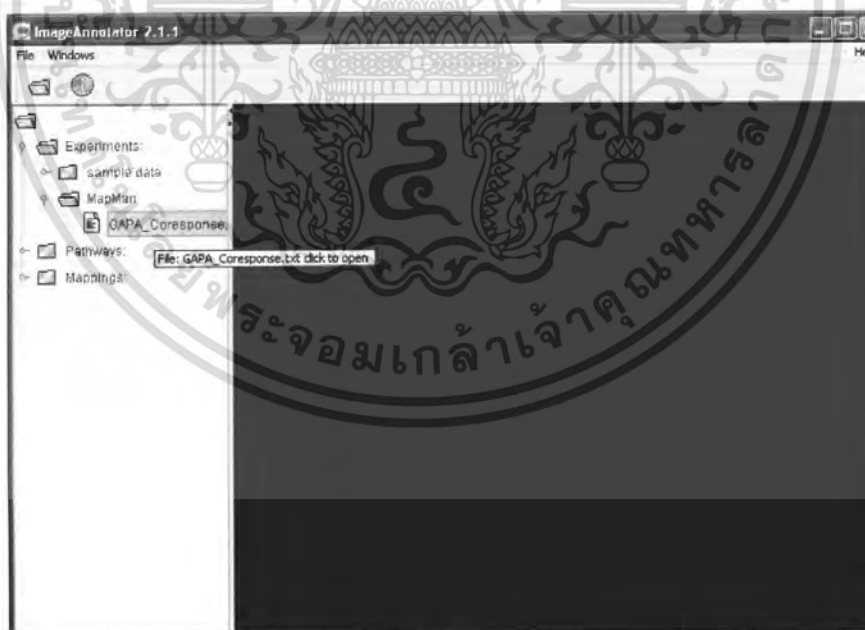


รูปที่ 3.12 การสร้างโฟลเดอร์ที่สำเร็จรูปแล้วของ Experiments

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.13 หน้าจอโปรแกรม MapMan ทำการเพิ่ม Experiments ใหม่



รูปที่ 3.14 หน้าจอ Experiments ที่ได้ทำการเพิ่มข้อมูลผลการทดลองสำเร็จแล้ว

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.2.2 ใช้เป็นซอฟต์แวร์ Notepad หรือ .txt ทำการป้อนข้อมูลให้สมบูรณ์ โดยการแทนค่า สิ่งที่น่าสนใจเปลี่ยนแปลง และสิ่งที่ไม่รู้ (รูปที่ 3.15)

IDENTIFIER	VALUE
244901_at	0.0
244902_at	X
244903_at	X
244904_at	X
244905_at	X
244906_at	X
244907_at	X
244908_at	X
244909_at	X
244910_s_at	0.0
244911_at	X
244912_at	0.0
244913_at	X
244914_at	X
244915_s_at	X
244916_at	X
244917_at	X
244918_at	X
244919_at	X
244920_s_at	0.0
244921_s_at	0.0
244922_s_at	X
244923_s_at	X
244924_at	X
244925_at	X
244926_s_at	X
244927_at	X
244928_s_at	X
244929_at	1.306
244930_at	X
244931_at	X
244932_at	2.2296
244933_at	1.4016
244934_at	X
244935_at	3.3644
244936_at	2.5379
244937_at	X

รูปที่ 3.15 รูปแบบข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์โดยโปรแกรม MapMan

3.3 ข้อมูลที่นำมาใช้ในการวิเคราะห์สภาวะเครียดของ *Arabidopsis thaliana*

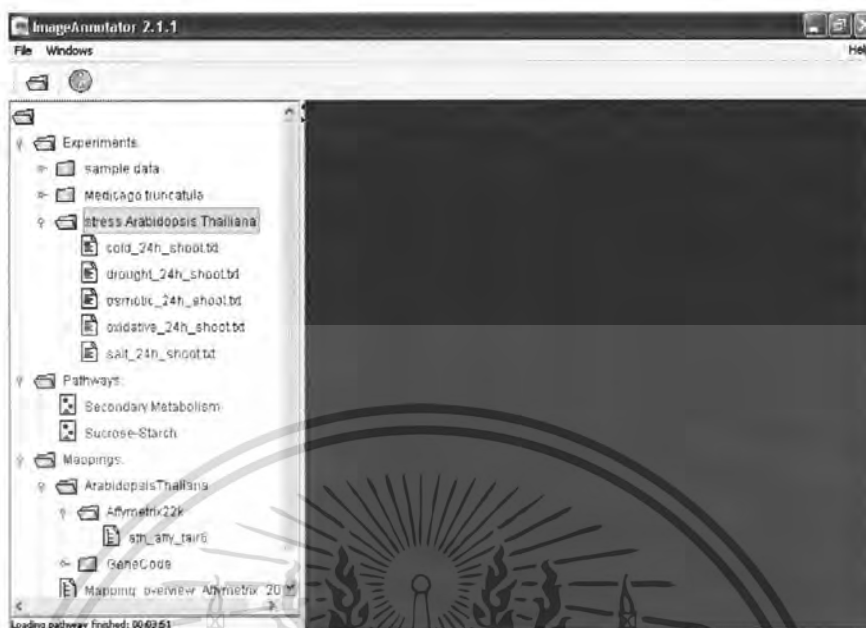
ใช้ต้น *A. thaliana* พันธุ์ columbia-0 ที่ได้จากการเตรียมต้นพืชโดยนำมาชักนำให้เกิดการงอกด้วยอาหารแข็ง $\frac{1}{2}$ MS ร่วมกับวิตามิน Gamborg's B5 2.2 กรัมต่อลิตร ที่ประกอบไปด้วยวุ้น 5 กรัมต่อลิตร และน้ำตาลซูโครส 5 กรัมต่อลิตร ปรับพีเอชให้เป็น 5.7 เพาะเลี้ยงในสภาวะมืดที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 วัน จากนั้นนำไปให้แสงที่ความเข้มแสง 150 ไมโครไอน์สไตร์ต่อตารางเซนติเมตรวินาที ($\mu\text{Einstein/cm}^2\text{sec}$) 16 ชั่วโมงต่อวัน ที่อุณหภูมิ 25 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 11 วัน จากนั้นจึงย้ายไปเลี้ยงในอาหารชนิดเดิมที่ไม่มีการเติมวุ้น โดยปราศจากน้ำตาลซูโครส จากนั้นนำไปให้แสงที่ความเข้มแสง 150 ไมโครไอน์สไตร์ต่อตารางเซนติเมตรวินาที 16 ชั่วโมงต่อวัน เพาะเลี้ยงที่อุณหภูมิ 25 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 วัน จากนั้นนำต้น *Arabidopsis* ที่เพาะเลี้ยงไปทดสอบสภาวะเครียดต่างๆ ดังตารางที่ 3.1 เป็นเวลา 24 ชั่วโมง ขณะที่ต้นควบคุมจะเพาะเลี้ยงในสภาวะเดิมเป็นเวลา 24 ชั่วโมง นำต้น *Arabidopsis* ที่ได้รับสภาวะเครียดไปศึกษาความแตกต่างในการแสดงออกของยีนเปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้เทคนิค Affymetrix array และนำข้อมูลที่ได้ใช้ในการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม MapMan (รูปที่ 4.16)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.1 ชื่อฐานข้อมูลและสภาวะที่ใช้ในการวิเคราะห์สภาวะเครียด

สภาวะเครียด	ชื่อฐานข้อมูล	สภาวะที่ใช้ในการวิเคราะห์
ความเย็น	cold_24h_shoot.txt	เพาะเลี้ยงในอาหารเพาะเลี้ยงเต็มที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วจึงนำไปวิเคราะห์ต่อไป
ความแห้งแล้ง	drought_24h_shoot.txt	เพาะเลี้ยงในอาหารเพาะเลี้ยงเต็มที่ โดยนำมาทำแห้ง (dry air stream) เป็นเวลา 15 นาที ทำให้สูญเสียความชื้นไปประมาณ 10% จากนั้นนำไปเลี้ยงในสภาวะเดิมเป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วจึงนำไปวิเคราะห์ต่อไป
แรงดันออสโมติก	osmotic_24h_shoot.txt	เพาะเลี้ยงในอาหารเพาะเลี้ยงเต็มที่ที่มีการเติมสารแมนนิทอล (mannitol) ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงให้ความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 300 มิลลิโมลลาร์ เป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วจึงนำไปวิเคราะห์ต่อไป
อนุมูลอิสระ	oxidative_24h_shoot.txt	เพาะเลี้ยงในอาหารเพาะเลี้ยงเต็มที่ที่มีการเติมสารเมทิลไวโอโลจีน (Methyl viologen) ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงให้ความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 10 ไมโครโมลลาร์ เป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วจึงนำไปวิเคราะห์ต่อไป
ความเค็ม	salt_24h_shoot.txt	เพาะเลี้ยงในอาหารเพาะเลี้ยงเต็มที่ที่มีการเติมสารโซเดียมคลอไรด์ (NaCl) ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงให้ความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 150 มิลลิโมลลาร์ เป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วจึงนำไปวิเคราะห์ต่อไป

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.16 ภาพฐานข้อมูลผลการทดลองวิเคราะห์สภาวะเครียดต่างๆโดยใช้โปรแกรม MapMan

3.4 การวิเคราะห์กระบวนการต่างๆที่เกิดขึ้นจริงภายในเซลล์ของ *Arabidopsis thaliana*

3.4.1 เลือก Pathway ที่ใช้เป็น Secondary Metabolite (รูปที่ 3.17) และ Sucrose-Starch (รูปที่ 3.18) เพื่อทำการวิเคราะห์ผลการแสดงออกของยีนใน *Arabidopsis thaliana* ที่อยู่ภายใต้สภาวะเครียดต่างๆ

3.4.2 เมื่อเลือก Pathways แล้วคลิก 2 ครั้งที่เมนู Pathways ที่ใช้เพื่อทำการเลือก Mappings โดยใช้เป็น ath_arry_tair6 (รูปที่ 3.19) ซึ่งจะเป็นการวิเคราะห์เฉพาะของกลุ่มจีโนมใน *Arabidopsis thaliana* และทำการประมวลผลออกมาจากข้อมูลในรูปแบบของภาพกระบวนการทำงานภายในเซลล์ตาม Pathways ที่เลือก โดย Pathways เป็น Secondary Metabolite (รูปที่ 3.20) การทดลองนี้วิเคราะห์ผลเฉพาะ phenyl propanoids, simple phenols, lignin และ lignans, alkaloids-like, carotenoids, flavonoids-chacones, flavonoids-isoflavonoids, flavonoids-flavonols, flavonoids-dihydroflavonols, flavonoids-anthocyanins และเลือก Pathways เป็น Sucrose-Starch (รูปที่ 3.21)

3.4.3 จากนั้นทำการเลือก Experiments ที่ใช้วิเคราะห์ข้อมูลเป็น cold_24h_shoot.txt, drought_24h_shoot.txt, osmotic_24h_shoot.txt, oxidative_24h_shoot.txt และ salt_24h_shoot.txt ทำการศึกษาของยีนใน *A. thaliana* ที่อยู่ภายใต้สภาวะเครียด

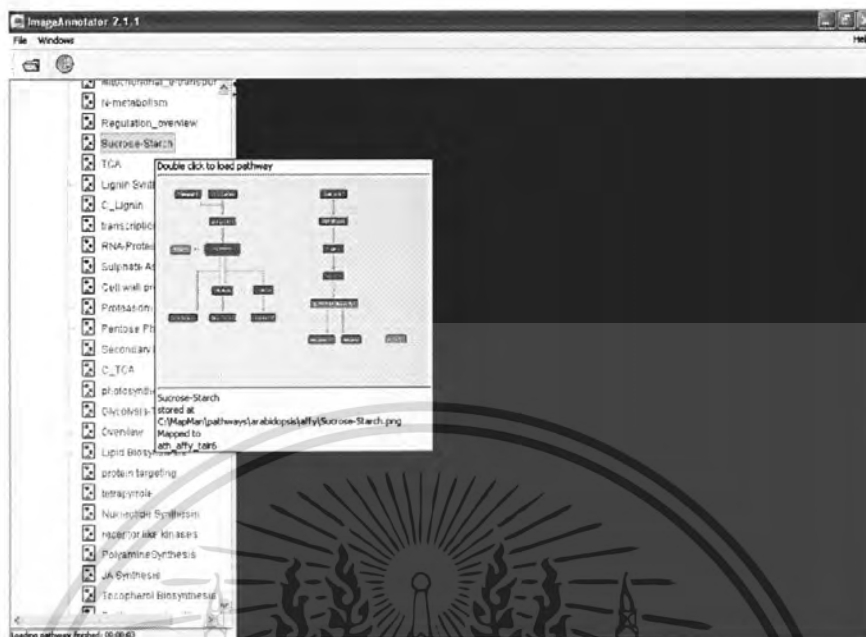
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่ต่างๆ และทำการประมวลผลออกมาในรูปแบบภาพกระบวนการทำงานภายในเซลล์ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยระบบจะทำการประมวลผลออกมาในรูปแบบภาพกระบวนการทำงานที่เกิดขึ้นในเซลล์ และมีจุดภาพเล็กแสดงออกว่ามีส่วนใดเกี่ยวข้องกับ Pathways ที่ใช้ในการทำงาน สีในแต่ละจุดจะบ่งบอกการแสดงออกของยีนแต่ละชนิด โดยสีแดงและสีน้ำเงินเป็นสัญญาณแสดงถึงการลดลงและการเพิ่มขึ้นตามลำดับ ซึ่งเกิดขึ้นจากความสัมพันธ์ของการถอดรหัสยีนที่เกิดขึ้นจากการทดลอง microarrays โดยขนาดความเข้มของสีแดงและสีน้ำเงินที่ใช้วัดค่าการเกิดขึ้นเป็นสัญญาณจากการคำนวณค่า \log_2 ratios ซึ่งจะเป็นค่า (value) ที่ซอฟต์แวร์ MapMan ใช้ในการวิเคราะห์สถานะเครียดใน *Arabidopsis* ให้แปลผลออกมาเป็นระดับความเข้มของสีที่ลดลงและเพิ่มขึ้นตามลำดับของค่า \log_2 ratios ที่คำนวณได้จากการทดลองด้วย microarrays

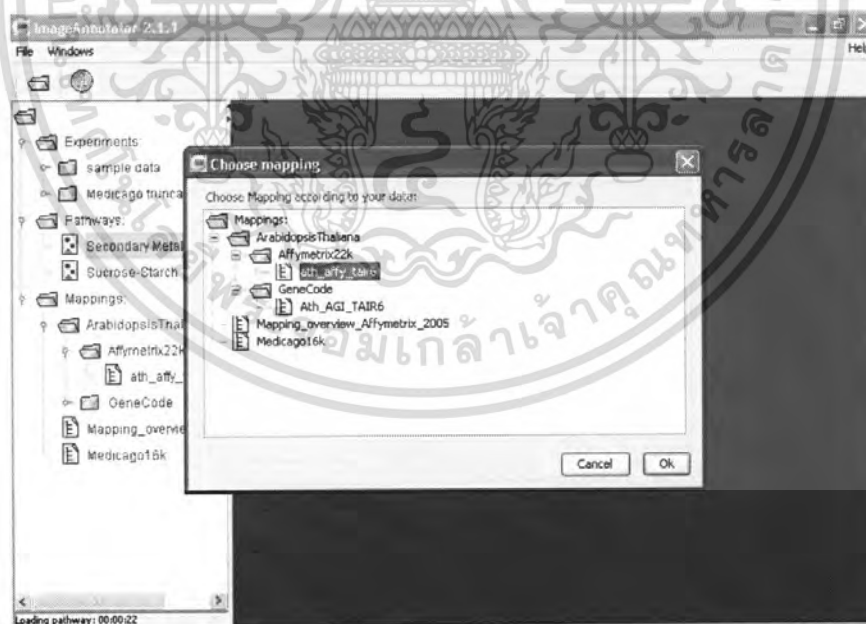


รูปที่ 3.17 เลือก Pathways ที่ใช้เป็น Secondary Metabolite เพื่อวิเคราะห์สถานะเครียด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

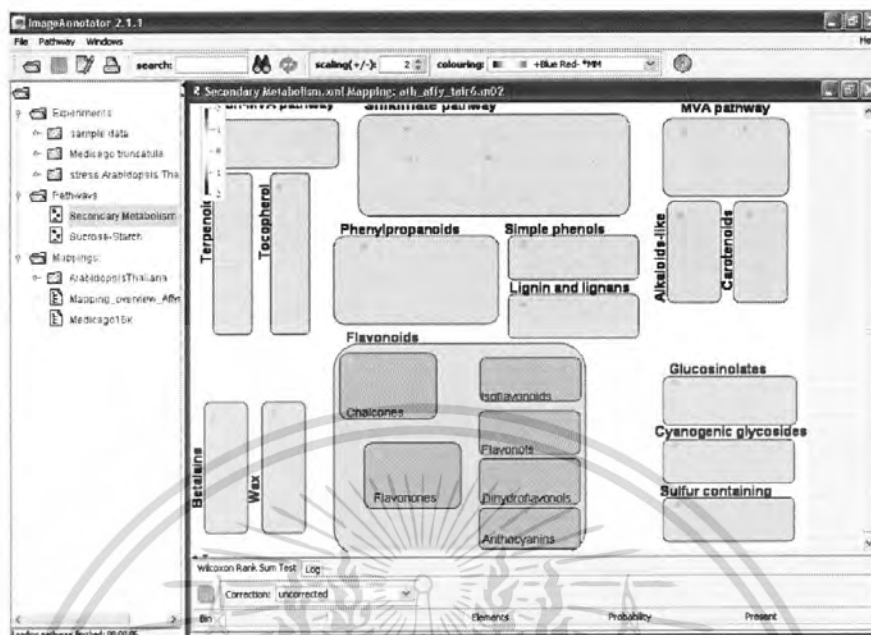


รูปที่ 3.18 เลือก Pathways ที่ใช้เป็น Sucrose-Starch เพื่อวิเคราะห์สถานะเครียด

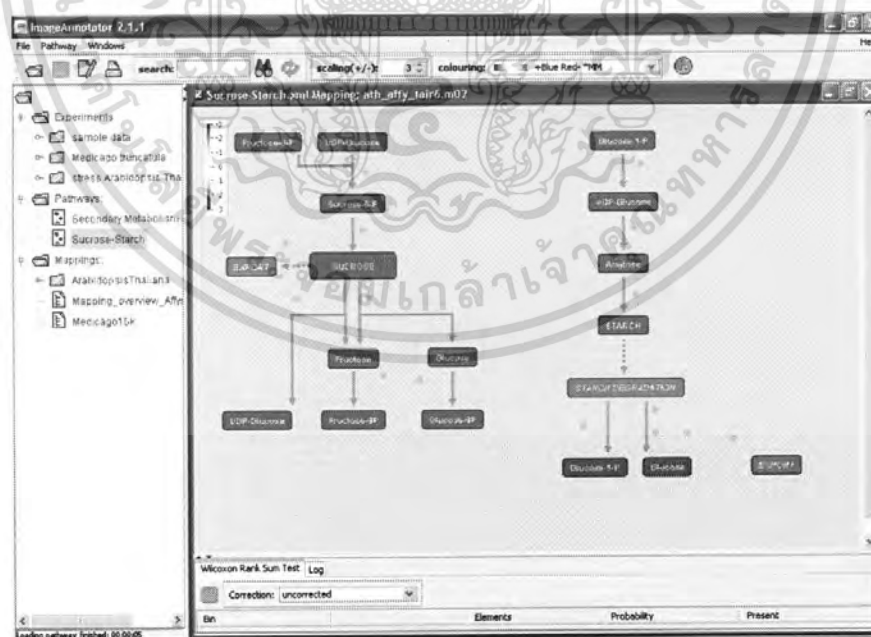


รูปที่ 3.19 การเลือก Mappings โดยใช้เป็น ath_affy_tair6

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.20 ภาพ Pathways ที่เลือกใช้เป็น Secondary Metabolite รวมวิเคราะห์สถานะเครือข่ายใน *Arabidopsis thaliana*



รูปที่ 3.21 ภาพ Pathways ที่เลือกใช้เป็น Sucrose-Starch วิเคราะห์สถานะเครือข่ายใน *Arabidopsis thaliana*

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.5 การเลิกใช้โปรแกรม MapMan และนำโปรแกรม MapMan ออกจากเครื่องคอมพิวเตอร์

3.5.1 การใช้หน้าจอวินโดวส์ทั่วไปในการ Uninstall MapMan

3.5.1.1 เลือกเมนู start ต่อด้วย Programs ต่อด้วย MapMan ต่อด้วย Uninstall (รูปที่3.22)

3.5.1.2 เลือก Uninstall MapMan เพื่อดำเนินการต่อ หรือ Cancel เพื่อยกเลิก (รูปที่3.23)

3.5.2 การ Uninstall MapMan จาก Windows Explorer

3.5.2.1 เปิดหน้าจอ Windows Explorer เลือก My Computer ต่อด้วย Control Panel จากนั้นเลือก Add Remove Programs (รูปที่3.24)

3.5.2.2 การเลือก Change/Remove เพื่อทำการ Uninstall MapMan (รูปที่3.25)

3.5.3 การ Uninstall MapMan ที่เสร็จสมบูรณ์เครื่องจะทำการขึ้นหน้าจอ เพื่อแสดงผลการเสร็จสิ้น (รูปที่3.26)

3.5.4 ทำการลบข้อมูลที่เหลือภายในโฟลเดอร์ MapMan ให้เรียบร้อย

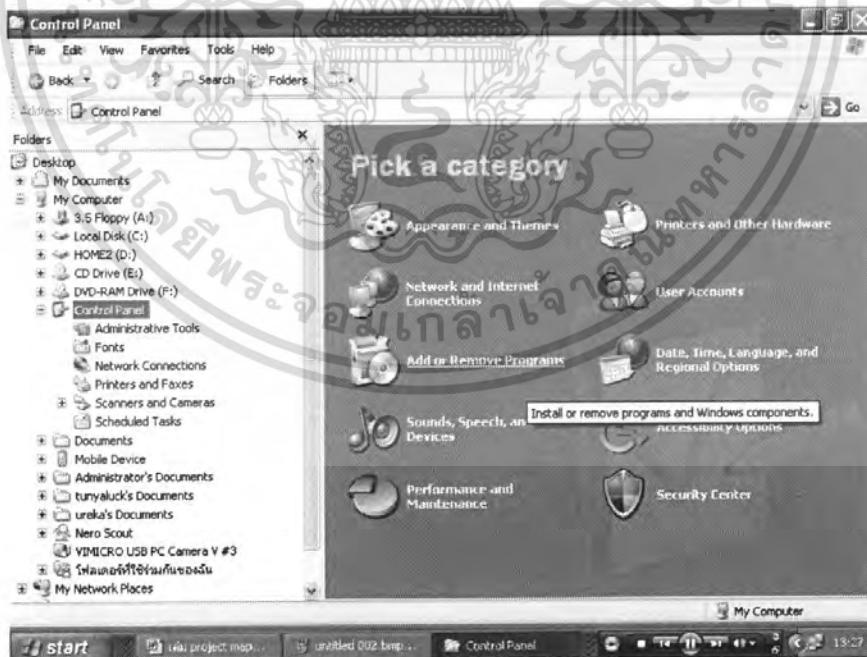


รูปที่ 3.22 การ Uninstall MapMan จากหน้าจอวินโดวส์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.23 หน้าจอหลังจากการเลือก Uninstall MapMan

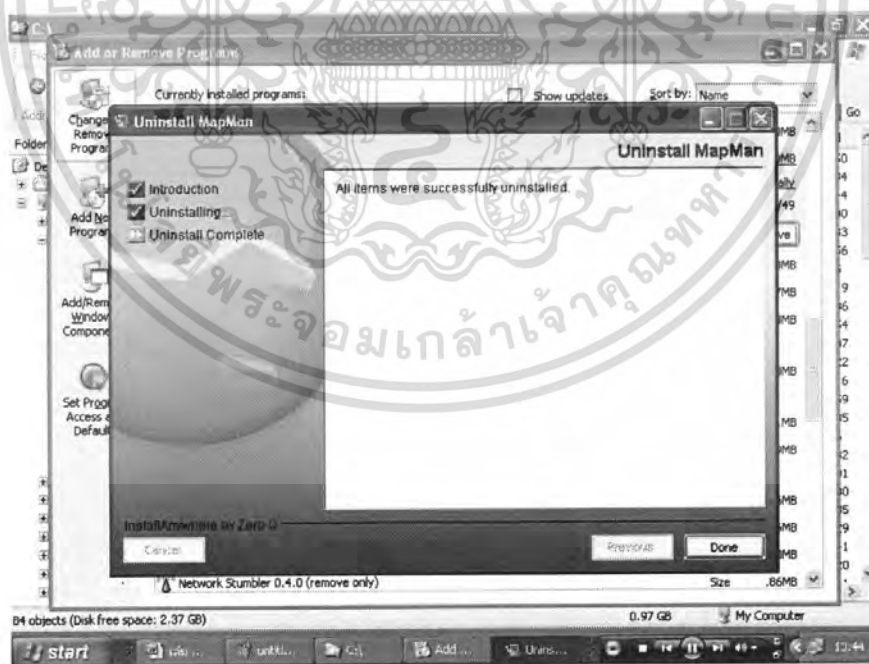


รูปที่ 3.24 การ Uninstall MapMan จาก Windows Explorer

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.25 หน้าจอ Add Remove Programs



รูปที่ 3.26 การ Uninstall MapMan ที่เสร็จสมบูรณ์

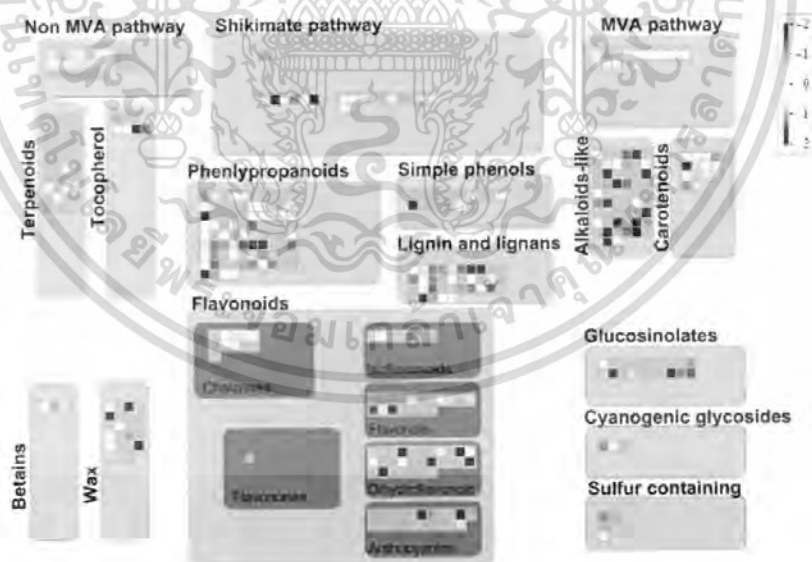
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 4

ผลการทดลองและอภิปรายผล

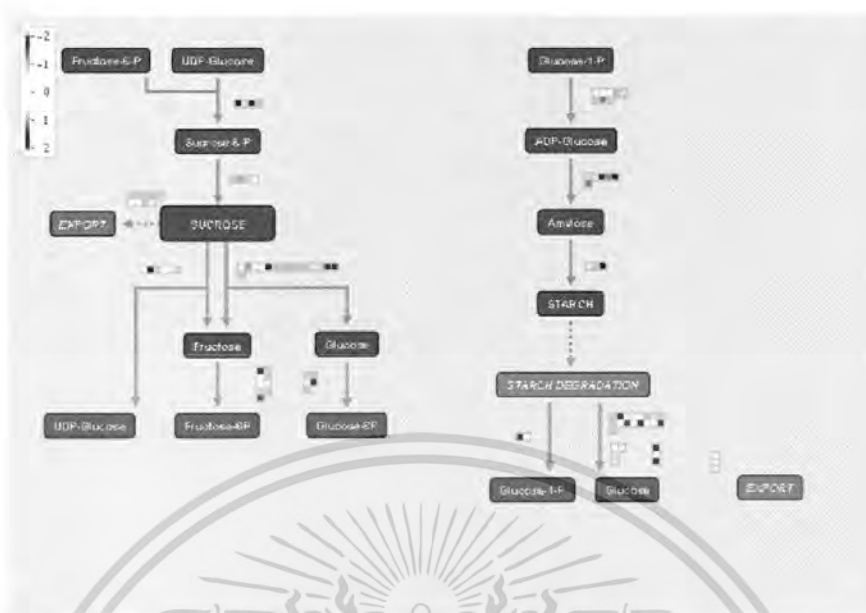
4.1 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากความเย็น

เมื่อนำข้อมูลจากต้น *Arabidopsis thaliana* ที่ได้รับการเพาะเลี้ยงเป็นเวลา 18 วัน โดยได้รับสภาวะเครียดจากความเย็นที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 24 ชั่วโมง มาทำการประมวลผลโดยใช้โปรแกรม MapMan วิเคราะห์โดยเลือกใช้ Pathways เป็น Secondary Metabolite (รูปที่ 4.1) การทดลองนี้จะวิเคราะห์ผลเฉพาะ phenylpropanoids, simple phenols, lignin และ lignans, alkaloids-like, carotenoids, flavonoids-chaicones, flavonoids-isoflavonoids, flavonoids-flavonols, flavonoids-dihydroflavonols, flavonoids-anthocyanins และเลือกใช้ Pathways เป็น Sucrose-Starch (รูปที่ 4.2) ใช้ควบคู่กับแผนที่ ath_affy_tair6 และใช้ฐานข้อมูลเป็น cold_24h_shoot.txt ในการประมวลผลจากนั้นได้นำเสนอขึ้นที่ระบุตำแหน่งและบรรยายบทบาทหน้าที่ไว้ในตารางที่ 4.1



รูปที่ 4.1 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเย็นของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.2 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเย็นของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan

ตารางที่ 4.1 ผลการแสดงผลของยีน จากต้น *Arabidopsis thaliana* เมื่อได้รับสภาวะเครียดจากความเย็นที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 24 ชั่วโมง เปรียบเทียบกับต้นปกติ

Phenylpropanoids			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245792_at	At1g32100	pinoresinol-lariciresinol reductase, putative similar to pinoresinol-lariciresinol reductase GB:AAF63508 GI:7542583 from [<i>Thuja plicata</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:33000	-1.157
249540_at	At5g38120	4-coumarate--CoA ligase -like protein 4-coumarate--CoA ligase, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PIR:S57784	-0.098
252199_at	At3g50270	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, <i>Dianthus caryophyllus</i>	-1.733
255787_at	At2g33590	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.37;supported by full-length cDNA: Ceres:11254	-0.236
262016_at	At1g35513	Unknown protein	0.188
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, <i>Manihot esculenta</i> , PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271.gb_AY049277.1	0.579
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	0.423

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกร... ไม่ว่ากรรมใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งยังมีให้คัดแบบ... เอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1 ATHORF	-0.1
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	1.615
247038_at	At5g67160	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:32856	-0.729
255845_at	At2g33600	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.36	-0.664
262744_at	At1g28680	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, putative similar to anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase GB:Z84384 GI:2239084 [Dianthus caryophyllus];supported by full-length cDNA: Ceres:12689	-0.993
245690_at	At5g04230	phenylalanine ammonia-lyase PAL3	1.373
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	1.313
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	1.454
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	1.147
263382_at	At2g40230	putative anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:105546	0.241
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	1.078
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa]	0.066
247380_at	At5g63380	4-coumarate-CoA ligase-like protein	0.472
259518_at	At1g20510	hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_13430675_gb_AF360250.1_AF360250	0.434
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	0.708
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	0
247834_at	At5g58490	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, cider tree, PIR:T10733;supported by full-length cDNA: Ceres:30064	-0.564
265343_at	At2g22570	unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 117955	-0.4
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	-1.432

เอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น ออกทั้งหมดนี้เพื่อจุดประสงค์เพื่อการศึกษา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งหากมีการนำไปใช้

253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	-1.134
250149_at	At5g14700	cinnamoyl CoA reductase - like protein cinnamoyl CoA reductase, <i>Populus tremuloides</i> , EMBL:AF217958;supported by full-length cDNA: Ceres:17229	-0.479
253638_at	At4g30470	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, <i>Saccharum officinarum</i> , gb:AJ231134; supported by full-length cDNA: Ceres: 150515	0.145
259710_at	At1g77670	putative aminotransferase similar to kynurenine aminotransferase GB:S48737 [<i>Rattus norvegicus</i>], similar to aspartate aminotransferase GB:P53001 [<i>Bacillus subtilis</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:35179	-1.441
266202_at	At2g02400	putative cinnamoyl-CoA reductase	-0.832
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	-1.705
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.226
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	-1.325
250448_at	At5g10820	putative protein lignostilbene-alpha,beta-dioxygenase gene, <i>Synechococcus</i> PCC7942, EMBL:AF055873	0.225
253664_at	At4g30210	NADPH-ferrihemoprotein reductase (ATR2)	0.133
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [<i>Arabidopsis thaliana</i>] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	-3.232
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	-0.488
250549_at	At5g07860	N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase - like protein N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase, <i>Ipomoea batatas</i> , EMBL:AB035183	-0.914
254127_at	At4g24520	NADPH-ferrihemoprotein reductase ATR1 ; supported by cDNA: gi_15451215_gb_AY054688.1	-0.426
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, <i>Populus tremuloides</i> , PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	-0.589
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	-1.347
254600_at	At4g19010	4-coumarate-CoA ligase - like 4-coumarate-CoA ligase, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PIR2:S57784	0.185
260260_at	At1g68540	putative reductase similar to cinnamoyl CoA reductase GB:CAA12276 [<i>Populus balsamifera</i> subsp. <i>trichocarpa</i>], aldehyde reductase GB:AAD53967 [<i>Vigna radiata</i>], dihydroflavonol 4-reductase GB:BAA12723 [<i>Rosa hybrida</i>]	-0.928
251144_at	At5g01210	anthranilate N-benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, clove pink, PIR:T10717; supported by cDNA: gi_15912268_gb_AY056412.1	0.047

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในห้องสมุดเท่านั้น ไม่ควรนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

255263_at	At4g05160	4-coumarate--CoA ligase - like protein 4-coumarate--CoA ligase 4CL, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	-0.594
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	-0.038
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1_AF106088	1.377

Simple Phenols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
259878_at	At1g76790	putative catechol O-methyltransferase similar to catechol O-methyltransferase GB:CAA55358 [Vanilla planifolia];supported by full-length cDNA: Ceres:9016	4.493
267094_at	At2g38080	putative diphenol oxidase ; supported by cDNA: gi_15450602_gb_AY052669.1	-0.293
250958_at	At5g03260	laccase precursor - like laccase precursor, common tobacco, PIR:JC5229	-0.206
259036_at	At3g09220	putative laccase similar to laccase GB:CAA74105 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa]; contains Pfam profile: Multicopper oxidases	-0.222

Lignin and lignans

Identifier	Locus Tag	Description	Value
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	-0.038
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1_AF106088	-1.337
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1	0.579
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.423
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1_ATHORF	-0.1
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1	1.615
245690_at	At5g04230	Phenylalanine ammonia-lyase PAL3	-1.373
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1	-1.313
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	-1.454

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการศึกษาค้นคว้าเท่านั้น ไม่อนุญาตให้ทำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	-1.147
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	1.078
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [<i>Medicago sativa</i>]	0.066
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [<i>Petroselinum crispum</i>]	-0.708
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [<i>Glycine max</i>]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	0
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	-1.432
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	-1.134
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	-1.705
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.226
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	-1.325
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [<i>Arabidopsis thaliana</i>] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	-3.232
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	-0.488
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, <i>Populus tremuloides</i> , PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	-0.589
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	-1.347

Alkaloids-like

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245756_at	At1g35190	hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase, putative similar to hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase GB:P24397 from [<i>Hyoscyamus niger</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:2551	-0.269
260391_at	At1g74020	putative strictosidine synthase extremely similar to STRICTOSIDINE SYNTHASE 1/2 PRECURSOR GB:P94111; supported by cDNA: gi_14334593_gb_AY034970.1_	-0.441
261068_at	At1g07450	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [<i>Datura stramonium</i>] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993))	-1.285
266275_at	At2g29370	putative tropinone reductase	-0.244
267414_at	At2g34790	putative berberine bridge enzyme	0.373

250706_at	At5g05920	deoxyhypusine synthase ;supported by full-length cDNA: Ceres:38743	0.594
252092_at	At3g51420	mucin-like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38547	-3.099
254431_at	At4g20840	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase precursor, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR:A41533	-1.098
261084_at	At1g07440	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [<i>Datura stramonium</i>] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993)); supported by cDNA: gi_13605590_gb_AF361621.1_AF361621	-2.314
266291_at	At2g29320	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:1637	-2.205
267425_at	At2g34810	putative berberine bridge enzyme	-1.538
251469_at	At3g59530	putative protein strictosidine synthase - <i>Rauvolfia mannii</i> , PIR:S29894	-0.376
254432_at	At4g20830	reticuline oxidase -like protein reticuline oxidase, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR:A41533; supported by cDNA: gi_15983492_gb_AF424621.1_AF424621	2.644
266277_at	At2g29310	putative tropinone reductase	-1.715
267573_at	At2g30670	putative tropinone reductase	-0.101
249046_at	At5g44400	berberine bridge enzyme	-1.483
251658_at	At3g57020	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - <i>Rauvolfia mannii</i> (fragment);supported by full-length cDNA: Ceres:98698	0.964
254447_at	At4g20860	berberine bridge enzyme - like protein ; supported by cDNA: gi_14194126_gb_AF367269.1_AF367269	1.281
266293_at	At2g29360	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2618	-1.414
249047_at	At5g44410	berberine bridge enzyme-like protein	-1.956
261696_at	At1g08470	unknown protein similar to hypothetical protein GB:AAF22901 GI:6664319 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_16930480_gb_AF419594.1_AF419594	-0.257
265305_at	At2g20340	putative tyrosine decarboxylase	-0.971
266279_at	At2g29290	putative tropinone reductase	-3.054
266391_at	At2g41290	putative strictosidine synthase identical to GB:AF076979; involved in alkaloid biosynthesis	-2.572
251679_at	At3g57030	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - <i>Rauvolfia mannii</i> (fragment)	-0.176
254232_at	At4g23600	tyrosine transaminase like protein tyrosine transaminase (EC 2.6.1.5) - rat, EMBL:X02741; supported by cDNA: gi_15076852_gb_AF268090.1_AF268090	2.632
266265_at	At2g29340	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_	-2.535

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Carotenoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
246411_at	At1g57770	hypothetical protein contains similarity to phytoene dehydrogenase (PDH1) GI:433144 from [Cercospora nicotianae]	-0.269
260391_at	At1g74020	putative strictosidine synthase extremely similar to STRICTOSIDINE SYNTHASE 1/2 PRECURSOR GB:P94111; supported by cDNA: gi_14334593_gb_AY034970.1_	-1.949
264799_at	At1g08550	putative violaxanthin de-epoxidase precursor (U44133) similar to EST gb N37612; supported by cDNA: gi_1465734_gb_U44133.1_ATU44133	0.474
259140_at	At3g10230	lycopene beta cyclase identical to lycopene beta cyclase GB:AAB53337 [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_1399182_gb_U50739.1_ATU50739	-1.273
248311_at	At5g52570	beta-carotene hydroxylase	0.321
259092_at	At3g04870	putative zeta-carotene desaturase precursor nearly identical to zeta-carotene desaturase precursor GB:AAA91161 [Arabidopsis thaliana]; supported by full-length cDNA: Ceres:21773	-0.758
250095_at	At5g17230	phytoene synthase (gb AAB65697.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:15761	-0.865
251146_at	At3g63520	neoxanthin cleavage enzyme nc1	-0.711
248613_at	At5g49555	phytoene dehydrogenase-like	-0.563
260821_at	At1g06820	unknown protein contains Pfam profile:PF02032 Phytoene dehydrogenase related enzyme	-0.043
245284_at	At4g14210	phytoene dehydrogenase precursor (phytoene desaturase) ; supported by cDNA: gi_14532765_gb_AY040007.1_	-0.638
254020_at	At4g25700	beta-carotene hydroxylase ; supported by cDNA: gi_9230269_gb_AF125576.1_AF125576	-1.159
263873_at	At2g21860	unknown protein predicted by genscan; supported by full-length cDNA: Ceres:38497	-0.344
247936_at	At5g57030	lycopene epsilon cyclase ; supported by cDNA: gi_14532799_gb_AY040024.1_	-0.586

Flavonoids-chalcones

Identifier	Locus Tag	Description	Value
250207_at	At5g13930	chalcone synthase (naringenin-chalcone synthase) (testa 4 protein) (sp P13114) ;supported by full-length cDNA: Ceres:38370	-0.319
255703_at	At4g00040	putative chalcone synthase similar to plant chalcone and stilbene synthases; supported by full-length cDNA: Ceres:21877	0.04
250794_at	At5g05270	putative protein contains similarity to chalcone-flavonone isomerase (chalcone isomerase) supported by full-length cDNA: Ceres:40439	-0.627

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้เผยแพร่ไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

260982_at	At1g53520	chalcone isomerase, putative similar to GI:4126399 from (<i>Citrus sinensis</i>);supported by full-length cDNA: Ceres:116131	-0.465
251827_at	At3g55120	chalcone isomerase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2122	0.485
251923_at	At3g53880	reductase-like protein abscisic acid activated protein - <i>Medicago sativa</i> , PIR:T09670;supported by full-length cDNA: Ceres:119862	0
262913_at	At1g59960	NADPH-dependent codeinone reductase, putative similar to NADPH-dependent codeinone reductase GI:6478210 from [<i>Papaver somniferum</i>]; supported by cDNA: gi_15451097_gb_AY054629.1_	-0.922

Flavonoids-Isoflavonoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
252939_at	At4g39230	NAD(P)H oxidoreductase, isoflavone reductase - like protein Pycr2, <i>Pyrus communis</i> , AF071477	-0.251
253242_at	At4g34540	isoflavone reductase - like protein isoflavone reductase homolog P3, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PIR2:S57613	0.066
256454_at	At1g75280	NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>] (<i>J. Biol. Chem.</i> 270 (44), 26224-26231 (1995));supported by full-length cDNA: Ceres:11944	-1.249

Flavonoids-Flavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
256818_at	At3g21420	hypothetical protein contains Pfam profile: PF00671 iron/ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:118190	1.341
256922_at	At3g19010	hypothetical protein contains similarity to flavonol synthase (FLS) GB:Q41452 from [<i>Solanum tuberosum</i>], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:41506	0.636
261804_at	At1g30530	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, putative similar to UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase GB:AAB81683 GI:2564114 from [<i>Vitis vinifera</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:38407	-2.04
250533_at	At5g08640	flavonol synthase (FLS) (sp Q96330) ;supported by full-length cDNA: Ceres:23924	0.069
251402_at	At3g60290	SRG1 - like protein SRG1 protein, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PIR:S44261	-0.886
252213_at	At3g50210	flavonol synthase - like protein SRG1 protein, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PIR:S44261; supported by full-length cDNA: Ceres: 25787	0.227
253334_at	At4g33360	putative protein dihydrokaempferol 4-reductase (EC 1.1.1.219) - <i>Synechocystis</i> , PIR2:S75325; supported by cDNA: gi_13926212_gb_AF370578.1_AF370578	-0.727
254053_s_at	At4g25300	SRG1-like protein strong homology to SRG1 protein, a new member of the Fe(II)/ascorbate oxidase superfamily, PID:g479047	-0.719

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในของหน่วยงานราชการ
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเผยแพร่ และต้องอ้างอิงถึงชื่อของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Flavonoids-Dihydroflavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245360_at	At4g16330	naringenin 3-dioxygenase like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:40793	-0.835
252123_at	At3g51240	flavanone 3-hydroxylase (FH3) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36653	0.16
261046_at	At1g01390	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	0.848
261048_at	At1g01420	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	2.272
263135_at	At1g78550	flavanone 3-hydroxylase, putative similar to flavanone 3-hydroxylase GI:727410 from [Persea americana]; supported by cDNA: gi_13507544_gb_AF360338.1_AF360338	-1
246468_at	At5g17050	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase - like protein UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, Vitis vinifera, EMBL:AF000372	1.787
254834_at	At4g12300	flavonoid 3,5-hydroxylase -like protein flavonoid 3,5 -hydroxylase - Campanula medium, PID:d1003951	-0.273
255622_at	At4g01070	putative flavonol glucosyltransferase similar to Manihot esculenta flavonol 3-O-glucosyltransferase 5, GenBank accession number Q40287;supported by full-length cDNA: Ceres:1204	-1.837
249012_at	At5g44620	flavonoid 3,5-hydroxylase-like; cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_16226349_gb_AF428311.1_AF428311	-0.64
249754_at	At5g24530	flavanone 3-hydroxylase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 149654	1.831
250558_at	At5g07990	flavonoid 3-hydroxylase - like protein flavonoid 3 -hydroxylase Ht1, Petunia x hybrida, EMBL:AF155332; supported by cDNA: gi_10334803_gb_AF271649.1_AF271649	-0.489
257205_at	At3g16520	putative glucosyltransferase similar to UDP-glucose glucosyltransferase GB:X77459 [Manihot esculenta], UDP-glycose:flavonoid glycosyltransferase GB:BAA36411 [Vigna mungo]	-1.913

Flavonoids-Anthocyanins

Identifier	Locus Tag	Description	Value
249493_at	At5g39080	acyltransferase -like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708;supported by full-length cDNA: Ceres:37806	-1.622
249494_at	At5g39050	acyltransferase - like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708; supported by cDNA: gi_15450468_gb_AY052335.1	1.015

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับบุคลากรภายในมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี ไม่ควรเผยแพร่ไปใช้ประโยชน์ด้วยการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

254283_s_at	At4g22870	anthocyanidin synthase - like protein putative leucoanthocyanidin dioxygenase, Arabidopsis thaliana, PID:g1575699	-1.827
267337_at	At2g39980	putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase ; supported by cDNA: gi_13937225_gb_AF372968.1_AF372968	0.612
255032_at	At4g09500	putative protein anthocyanin rhamnosyltransferase -Petunia x hybrida, PID:g454253	0.943

Sucrose-Strach

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245904_at	At5g11110	sucrose-phosphate synthase -like protein sucrose-phosphate synthase isoform 1, Citrus unshiu, PIR:S72648	4.202
246076_at	At5g20280	sucrose-phosphate synthase-like protein sucrose-phosphate synthase (EC 2.4.1.14) isoform 1 - Citrus unshiu, EMBL:AB005023; supported by cDNA: gi_14532573_gb_AY039911.1_	0.72
255016_at	At4g10120	sucrose-phosphate synthase - like protein sucrose-phosphate synthase, Zea mays, PIR2:JQ1329	-2.371
256681_at	At3g52340	unknown protein ; supported by cDNA: gi_13811668_gb_AF356816.1_AF356816	-1.101
263954_at	At2g35840	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15450787_gb_AY054474.1_	-0.199
260143_at	At1g71880	sucrose transport protein SUC1 identical to GB:S38197 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15146267_gb_AY049275.1_	-0.991
264204_at	At1g22710	putative sucrose transport protein, SUC2 strong similarity to GB:S38196 sucrose transport protein SUC2 from [Arabidopsis thaliana]; supported by full-length cDNA: Ceres:7894	-0.09
264662_at	At1g09960	putative sucrose/H ⁺ symporter similar to GB:CAA76367 and Vicia sucrose transport protein (gb Z93774); supported by cDNA: gi_9957052_gb_AF175321.1_AF175321	-0.015
266792_at	At2g02860	putative sucrose/H ⁺ symporter	0.639
245725_at	At1g73370	sucrose synthase, putative similar to sucrose synthase GI:4468151 from [Craterostigma plantagineum]	0.374
245998_at	At5g20830	sucrose-UDP glucosyltransferase	4.903
249633_at	At5g37180	sucrose synthase-like protein sucrose synthase - Citrus unshiu, EMBL:AB022091	0.018
252746_at	At3g43190	sucrose synthase -like protein SUCROSE SYNTHASE (SUCROSE-UDP GLUCOSYLTRANSFERASE), Arabidopsis thaliana, SWISSPROT:SUS1_ARATH; supported by cDNA: gi_14334569_gb_AY034958.1_	0.322
245681_at	At1g56560	alkaline/neutral invertase, putative similar to alkaline/neutral invertase GI:9758657 from [Arabidopsis thaliana]	-0.048
249898_at	At5g22510	alkaline/neutral invertase ; supported by cDNA: gi_15912342_gb_AY056449.1_	-1.248

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับองค์กรที่สนับสนุนโดยโครงการวิจัยของศูนย์วิจัยเทคโนโลยีชีวภาพ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

253224_at	At4g34860	invertase - like protein mRNA, Liliun longiflorum, gb:D21823; supported by cDNA: gi_15215775_gb_AY050417.1_	0.275
255038_at	At4g09510	neutral invertase like protein Daucus carota mRNA, PID:e1372926;supported by full-length cDNA: Ceres:156092	-0.03
258507_at	At3g06500	neutral invertase, putative similar to neutral invertase GB:CAA76145 from [Daucus carota] (Physiol. Plantarum (1999) 107, 159-165)	2.991
256787_at	At3g13790	beta-fructofuranosidase 1 identical to GB:S37212 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15027838_gb_AY045776.1_	-0.234
260969_at	At1g12240	beta-fructosidase identical to beta-fructosidase GI:1871503 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15028118_gb_AY046009.1_	-3.461
265118_at	At1g62660	beta-fructosidase nearly identical to beta-fructosidase GB:CAA67560 GI:1429209 (Arabidopsis thaliana); supported by cDNA: gi_14517549_gb_AY039610.1_	-1.719
248381_at	At5g51830	fructokinase 1 ; supported by cDNA: gi_13878052_gb_AF370289.1_AF370289	1.812
251935_at	At3g54090	fructokinase - like protein fructokinase, Lycopersicon esculentum, EMBL:LEU62329	-0.193
260107_at	At1g66430	fructokinase, putative similar to fructokinase (Lycopersicon esculentum) GI:2102691; supported by cDNA: gi_13878132_gb_AF370329.1_AF370329	0.197
263250_at	At2g31390	putative fructokinase ; supported by full-length cDNA: Ceres: 17664	1.397
260343_at	At1g69200	fructokinase (Frk1), putative similar to fructokinase (Frk1) GI:2102690 from (Lycopersicon esculentum)	-0.346
253705_at	At4g29130	hexokinase ; supported by cDNA: gi_8567421_gb_U18754.2_ATU18754	-0.428
261851_at	At1g50460	hexokinase, putative similar to chloroplast outer envelope hexokinase 1 GB: AAF18584 GI:6594672 from [Spinacia oleracea]	-1.036
266702_at	At2g19860	hexokinase (ATHXK2) ; supported by cDNA: gi_1899024_gb_U28215.1_ATU28215	2.01
248687_at	At5g48300	ADPG pyrophosphorylase small subunit (gb AAC39441.1) ; supported by cDNA: gi_15146247_gb_AY049265.1_	-0.025
249927_at	At5g19220	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (ApL1/adg2) ; supported by cDNA: gi_2149020_gb_U72290.1_ATU72290	-0.298
263544_at	At2g21590	putative ADP-glucose pyrophosphorylase large subunit	1.229
252888_at	At4g39210	glucose-1-phosphate adenylyltransferase (APL3) ; supported by cDNA: gi_16648984_gb_AY059862.1_	-0.084
261642_at	At1g27680	ADP-glucose pyrophosphorylase, putative similar to ADP-glucose pyrophosphorylase GB:X78900 GI:556623 from [Beta vulgaris]	0.903
262174_at	At1g74910	putative GDP-mannose pyrophosphorylase similar to GDP-mannose pyrophosphorylase A GB:AAD38517 (Homo sapiens); supported by cDNA: gi_13937223_gb_AF372967.1_AF372967	-0.792

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการ
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกหนึ่งหน่วยที่ให้อัตโนมัติ
การนำไปใช้

247163_at	At5g65685	Expressed protein ; supported by cDNA: gi_15215828_gb_AY050444.1_	-0.838
262809_at	At1g11720	putative glycogen synthase strong similarity to gb X95759 soluble-starch-synthase precursor (SSIII) from Solanum tuberosum	-1.392
249785_at	At5g24300	soluble starch synthase	0.658
254659_at	At4g18240	starch synthase-like protein bacterial and plant glycogen (starch) synthases; for example B.subtilis, PATCHX:D1020368	1.453
259277_at	At3g01180	putative glycogen synthase similar to glycogen synthase precursor (Granule-Bound Starch Synthase II) GB:Q43093 from [Pisum sativum]; supported by cDNA: gi_15450774_gb_AY054467.1_	-1.294
261191_at	At1g32900	starch synthase, putative similar to starch synthase GI:21613 from [Solanum tuberosum];supported by full-length cDNA: Ceres:7714	-2.506
250906_at	At5g03650	1,4-alpha-glucan branching enzyme protein soform SBE2.2 precursor	-0.687
263912_at	At2g36390	starch branching enzyme II	2.486
252468_at	At3g46970	starch phosphorylase H (cytosolic form) - like protein starch phosphorylase H, cytosolic isoform, Vicia faba, PIR:T12091; supported by cDNA: gi_15983802_gb_AY056807.1_	3.509
256746_at	At3g29320	alpha-glucan phosphorylase, putative similar to alpha-glucan phosphorylase, L isozyme 1 precursor GB:P04045 from [Solanum tuberosum] (J. Biochem. 106 (4), 691-695 (1989)); supported by cDNA: gi_15146188_gb_AY049235.1_	-0.222
245346_at	At4g17090	putative beta-amylase ;supported by full-length cDNA: Ceres:36882	2.914
255676_at	At4g00490	putative beta-amylase similar to the family of glycosyl hydrolases	-0.359
247298_at	At5g63840	glucosidase II alpha subunit	-0.545
248029_at	At5g55700	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_15027954_gb_AY045834.1_	0.482
258109_at	At3g23640	hypothetical protein contains Pfam profile: PF01055 Glycosyl hydrolases family 31; supported by cDNA: gi_16648902_gb_AY059821.1_	-0.516
248997_at	At5g45300	beta-amylase-like	0.012
260412_at	At1g69830	putative alpha-amylase similar to alpha-amylase GB:AAA91884 [Solanum tuberosum]; supported by cDNA: gi_15215737_gb_AY050398.1_	1.966
250007_at	At5g18670	beta-amylase-like proten beta-amylase - Prunus armeniaca, EMBL:AF139501;supported by full- length cDNA: Ceres:30798	-1.05
261754_at	At1g76130	alpha-amylase, putative similar to alpha-amylase GI:7532799 from [Malus domestica];supported by full-length cDNA: Ceres:119931	0.336
250336_at	At5g11720	alpha-glucosidase 1 ; supported by cDNA: gi_15450744_gb_AY053414.1_	-0.785

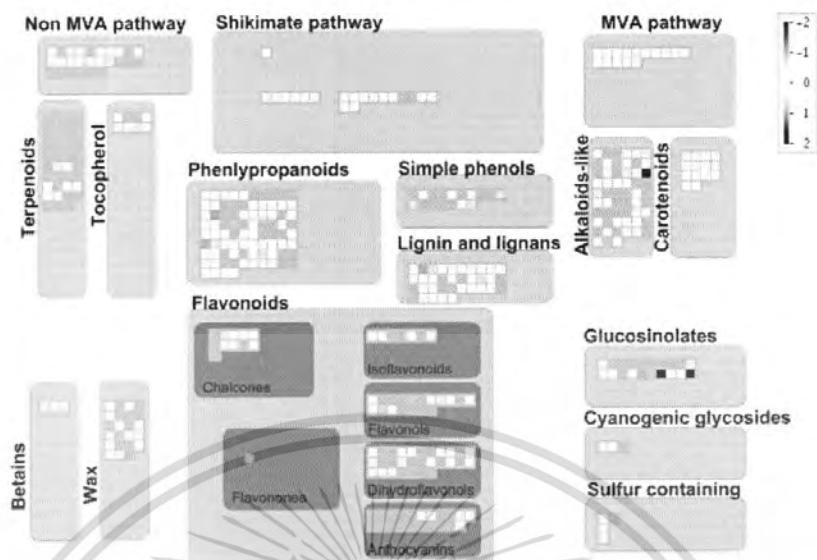
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

262230_at	At1g68560	alpha-xylosidase precursor identical to alpha-xylosidase precursor GB:AAD05539 GI:4163997 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_15982750_gb_AY057482.1_	-0.049
266357_at	At2g32290	putative beta-amylase	-2.218
245094_at	At2g40840	4-alpha-glucanotransferase	0.318
247216_at	At5g64860	4-alpha-glucanotransferase ; supported by cDNA: gi_14335103_gb_AY037231.1_	0.717
251110_at	At5g01260	putative protein various alpha amylases from diverse species; supported by cDNA: gi_16323040_gb_AY057624.1_	-0.684
263322_at	At2g04270	putative ribonuclease E	-0.481
246829_at	At5g26570	putative protein pyruvate water dikinase, <i>Archaeoglobus fulgidus</i> , PIR:F69338	1.73
254153_at	At4g24450	putative protein hypothetical protein R1 - <i>Solanum tuberosum</i> ,PIR2:T07050	0
262784_at	At1g10760	unknown protein strong similarity to gb Y09533 involved in starch metabolism from <i>Solanum tuberosum</i> and contains a PF 01326 Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain. EST gb N96757 comes from this gene; supported by cDNA: gi:12044357	2.909
246434_at	At5g17520	root cap 1 (RCP1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:10216	-0.139
246508_at	At5g16150	sugar transporter-like protein putative sugar transporter - <i>Prunus armeniaca</i> , EMBL:AF000952; supported by cDNA: gi_16648752_gb_AY058152.1_	-0.352
248886_at	At5g46110	phosphate/triose-phosphate translocator precursor (gb AAC83815.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36058	-0.357

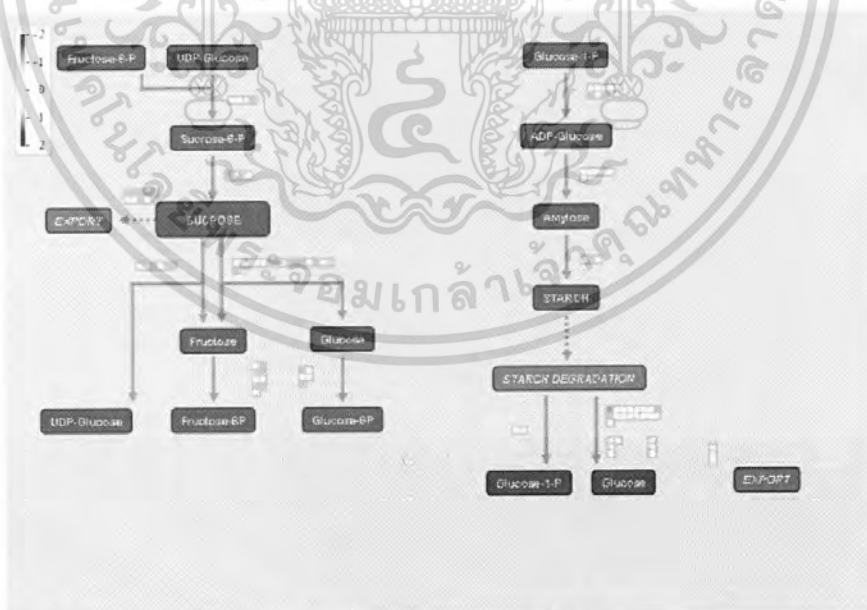
4.2 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากความแห้งแล้ง

เมื่อนำข้อมูลจากต้น *Arabidopsis thaliana* ที่ได้รับการเพาะเลี้ยงเป็นเวลา 18 วัน โดยได้รับสภาวะเครียดจากความแห้งแล้ง โดยวิธีการทำแห้ง (dry air stream) เป็นเวลา 15 นาที ทำให้สูญเสียความชื้นไปประมาณ 10% จากนั้นนำไปเพาะเลี้ยงตามปกติเป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วนำมาทำการประมวลผลโดยใช้โปรแกรม MapMan วิเคราะห์โดยเลือกใช้ Pathways เป็น Secondary Metabolite (รูปที่ 4.3) การทดลองนี้จะวิเคราะห์ผลเฉพาะ phenylpropanoids, simple phenols, lignin และ lignans, alkaloids-like, carotenoids, flavonoids-chalcones, flavonoids-isoflavonoids, flavonoids-flavonols, flavonoids-dihydroflavonols, flavonoids-anthocyanins และเลือกใช้ Pathways เป็น Sucrose-Starch (รูปที่ 4.4) ใช้ควบคู่กับแผนที่ ath_affy_tair6 และใช้ฐานข้อมูลเป็น drought_24h_shoot.txt จากนั้นได้นำเสนอขึ้นที่ระบุตำแหน่ง และบรรยายบทบาทหน้าที่ไว้ในตารางที่ 4.2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.3 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความแห้งแล้งของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan



รูปที่ 4.4 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความแห้งแล้งของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.2 ผลการแสดงออกของยีน จากต้น *Arabidopsis thaliana* เมื่อได้รับสภาวะเครียดจากความแห้งแล้ง โดยทำแห้ง เป็นเวลา 15 นาที จากนั้นนำไปเพาะเลี้ยงในอาหารเดิมเป็นเวลา 24 ชั่วโมง เปรียบเทียบกับต้นปกติ

PhenylPropanoids			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245792_at	At1g32100	pinoresinol-lariciresinol reductase, putative similar to pinoresinol-lariciresinol reductase GB:AAF63508 GI:7542583 from [Thuja plicata];supported by full-length cDNA: Ceres:33000	0.271
249540_at	At5g38120	4-coumarate--CoA ligase -like protein 4-coumarate--CoA ligase, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	0.047
252199_at	At3g50270	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus	0.091
255787_at	At2g33590	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.37;supported by full-length cDNA: Ceres:11254	-0.287
262016_at	At1g35513	unknown protein	0.188
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1	0.941
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.145
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1_ATHORF	0.202
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1	0.343
247038_at	At5g67160	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:32856	0.271
249541_at	At5g38130	anthranilate N-benzoyltransferase -like protein anthranilate N-benzoyltransferase (EC 2.3.1.144), clove pink, PIR:T10717	0.331
252200_at	At3g50280	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus, PIR:T10717	0.984
255845_at	At2g33600	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.36	0.109

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นิยมนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

262744_at	At1g28680	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, putative similar to anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase GB:Z84384 GI:2239084 [Dianthus caryophyllus];supported by full-length cDNA: Ceres:12689	0.223
245690_at	At5g04230	Phenylalanine ammonia-lyase PAL3	0.601
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.086
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	-0.042
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	0.151
247040_at	At5g67150	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:114226	-0.328
263382_at	At2g40230	putative anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:105546	-0.016
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	-0.079
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa]	0.138
247380_at	At5g63380	4-coumarate-CoA ligase-like protein	0.204
259518_at	At1g20510	hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_13430675_gb_AF360250.1_AF360250	0.792
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	0.186
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0.294
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	-0.081
247834_at	At5g58490	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, cider tree, PIR:T10733;supported by full-length cDNA: Ceres:30064	-0.075
253483_at	At4g31910	putative protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase,Dianthus caryophyllus, Z84384; supported by cDNA: gi_15450358_gb_AY052280.1_	0.288
265343_at	At2g22570	unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 117955	0.384
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	-0.281
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	0.041
250149_at	At5g14700	cinnamoyl CoA reductase - like protein cinnamoyl CoA reductase, Populus tremuloides, EMBL:AF217958;supported by full-length cDNA: Ceres:17229	0.143

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในเท่านั้น ไม่ควรเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งยังมีให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

253638_at	At4g30470	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, <i>Saccharum officinarum</i> , gb:AJ231134; supported by full-length cDNA: Ceres: 150515	-0.379
259710_at	At1g77670	putative aminotransferase similar to kynurenine aminotransferase GB:S48737 [<i>Rattus norvegicus</i>], similar to aspartate aminotransferase GB:P53001 [<i>Bacillus subtilis</i>]; supported by full-length cDNA: Ceres:35179	-0.138
266202_at	At2g02400	putative cinnamoyl-CoA reductase	0.117
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	-0.113
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	0.101
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	-0.249
250448_at	At5g10820	putative protein lignostilbene-alpha,beta-dioxygenase gene, <i>Synechococcus</i> PCC7942, EMBL:AF055873	0.048
253664_at	At4g30210	NADPH-ferrihemoprotein reductase (ATR2)	-0.279
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [<i>Arabidopsis thaliana</i>] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	-0.163
251304_at	At3g61990	putative protein several O-methyltransferases - different species; supported by full-length cDNA: Ceres:40117	0.643
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	0.072
250549_at	At5g07860	N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase - like protein N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase, <i>Ipomoea batatas</i> , EMBL:AB035183	0.194
254127_at	At4g24520	NADPH-ferrihemoprotein reductase ATR1 ; supported by cDNA: gi_15451215_gb_AY054688.1	0.209
258037_at	At3g21230	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 similar to GB:AAD47192 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]	0.237
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, <i>Populus tremuloides</i> , PID:G857578; supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.037
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	0.052
250550_at	At5g07870	N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, <i>Dianthus caryophyllus</i> , PIR:T10717	-0.21
260260_at	At1g68540	putative reductase similar to cinnamoyl CoA reductase GB:CAA12276 [<i>Populus balsamifera</i> subsp. <i>trichocarpa</i>], aldehyde reductase GB:AAD53967 [<i>Vigna radiata</i>], dihydroflavonol 4-reductase GB:BAA12723 [<i>Rosa hybrida</i>]	-0.076
258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	0.143

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับองค์กรในเครือของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

251144_at	At5g01210	anthranilate N-benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, clove pink, PIR:T10717; supported by cDNA: gi_15912268_gb_AY056412.1	0.403
255263_at	At4g05160	4-coumarate--CoA ligase - like protein 4-coumarate--CoA ligase 4CL, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	-0.095
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.108
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1_AF106088	-0.42

Simple Phenols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
259878_at	At1g76790	putative catechol O-methyltransferase similar to catechol O-methyltransferase GB:CAA55358 [Vanilla planifolia];supported by full-length cDNA: Ceres:9016	0.564
247648_at	At5g60020	laccase - like protein laccase LAC2-4, Liriodendron tulipifera, EMBL:LTU73106	0.073
250674_at	At5g07130	laccase-like protein laccase - Populus trichocarpa, EMBL:Y13772	-0.037
267094_at	At2g38080	putative diphenol oxidase ; supported by cDNA: gi_15450602_gb_AY052669.1	0.374
250958_at	At5g03260	laccase precursor - like laccase precursor, common tobacco, PIR:JC5229	0.418
267307_at	At2g30210	putative laccase	0.594
259036_at	At3g09220	putative laccase similar to laccase GB:CAA74105 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa]; contains Pfam profile: Multicopper oxidases	0.612

Lignin and lignans

Identifier	Locus Tag	Description	Value
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.108
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1_AF106088	-0.42
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1	0.941
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.145
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1_ATHORF	0.202

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, <i>Populus deltoides</i> , PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	0.343
245690_at	At5g04230	Phenylalanine ammonia-lyase PAL3	0.601
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.086
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [<i>Eucalyptus gunnii</i>]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	-0.042
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	0.151
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	-0.079
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [<i>Medicago sativa</i>]	0.138
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [<i>Petroselinum crispum</i>]	0.186
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [<i>Glycine max</i>]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0.294
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	-0.081
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	-0.281
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	0.041
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	0.113
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	0.101
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	-0.249
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [<i>Arabidopsis thaliana</i>] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	-0.163
251304_at	At3g61990	putative protein several O-methyltransferases - different species;supported by full-length cDNA: Ceres:40117	0.643
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	0.072
258037_at	At3g21230	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 similar to GB:AAD47192 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]	0.237
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, <i>Populus tremuloides</i> , PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.037
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	0.052

เอกสารนี้เป็นทรัพย์สินทางปัญญาของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	0.143
Alkaloids-like			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245756_at	At1g35190	hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase, putative similar to hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase GB:P24397 from [Hyoscyamus niger];supported by full-length cDNA: Ceres:2551	-0.225
254430_at	At4g20820	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase (EC 1.5.3.9) precursor, Eschscholzia californica, PIR2:A41533	0.346
260391_at	At1g74020	putative strictosidine synthase extremely similar to STRICTOSIDINE SYNTHASE 1/2 PRECURSOR GB:P94111; supported by cDNA: gi_14334593_gb_AY034970.1	-0.62
261068_at	At1g07450	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [Datura stramonium] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993))	-0.449
266275_at	At2g29370	putative tropinone reductase	-0.19
267414_at	At2g34790	putative berberine bridge enzyme	0.316
250706_at	At5g05920	deoxyhypusine synthase ;supported by full-length cDNA: Ceres:38743	0
252092_at	At3g51420	mucin-like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38547	-0.16
254431_at	At4g20840	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase precursor, Eschscholzia californica, PIR:A41533	-0.24
252092_at	At3g51420	mucin-like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38547	-0.16
254431_at	At4g20840	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase precursor, Eschscholzia californica, PIR:A41533	-0.24
261084_at	At1g07440	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [Datura stramonium] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993)); supported by cDNA: gi_13605590_gb_AF361621.1_AF361621	0.243
266291_at	At2g29320	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:1637	-0.148
267425_at	At2g34810	putative berberine bridge enzyme	0.788
252114_at	At3g51450	mucin -like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38956	0.862
254432_at	At4g20830	reticuline oxidase -like protein reticuline oxidase, Eschscholzia californica, PIR:A41533; supported by cDNA: gi_15983492_gb_AF424621.1_AF424621	0.132
266277_at	At2g29310	putative tropinone reductase	-0.156
267573_at	At2g30670	putative tropinone reductase	0.095
249046_at	At5g44400	berberine bridge enzyme	-0.138
251658_at	At3g57020	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment);supported by full-length cDNA: Ceres:98698	0.247

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

252117_at	At3g51430	mucin -like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:34197	0.538
254447_at	At4g20860	berberine bridge enzyme - like protein ; supported by cDNA: gi_14194126_gb_AF367269.1_AF367269	0.222
266278_at	At2g29300	putative tropinone reductase	-0.27
266293_at	At2g29360	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2618	-0.283
249047_at	At5g44410	berberine bridge enzyme-like protein	-0.334
253788_at	At4g28680	aromatic amino-acid decarboxylase - like protein tryptophan decarboxylase, <i>Camptotheca acuminata</i> , gb:U73657	-0.277
261020_at	At1g26390	hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAB45850 GI:5262224 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_15293132_gb_AY051000.1	0
261696_at	At1g08470	unknown protein similar to hypothetical protein GB:AAF22901 GI:6664319 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_16930480_gb_AF419594.1_AF419594	0.228
265305_at	At2g20340	putative tyrosine decarboxylase	0.218
266279_at	At2g29290	putative tropinone reductase	-0.02
266391_at	At2g41290	putative strictosidine synthase identical to GB:AF076979; involved in alkaloid biosynthesis	-0.061
249051_at	At5g44390	berberine bridge enzyme-like protein ; supported by cDNA: gi_16648924_gb_AY059832.1_	0.503
251679_at	At3g57030	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - <i>Rauvolfia mannii</i> (fragment)	0.258
254232_at	At4g23600	tyrosine transaminase like protein tyrosine transaminase (EC 2.6.1.5) - rat, EMBL:X02741; supported by cDNA: gi_15076852_gb_AF268090.1_AF268090	2.068
266265_at	At2g29340	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_	-0.026

Carotenoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
246411_at	At1g57770	hypothetical protein contains similarity to phytoene dehydrogenase (PDH1) GI:433144 from [<i>Cercospora nicotianae</i>]	-0.484
258708_at	At3g09580	putative oxidoreductase similar to phytoene desaturase GB:P28553 from [<i>Glycine max</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:17350	-0.342
264799_at	At1g08550	putative violaxanthin de-epoxidase precursor (U44133) similar to EST gb N37612; supported by cDNA: gi_1465734_gb_U44133.1_ATU44133	-0.041
259140_at	At3g10230	lycopene beta cyclase identical to lycopene beta cyclase GB:AAB53337 [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_1399182_gb_U50739.1_ATU50739	-0.256
248311_at	At5g52570	beta-carotene hydroxylase	-0.484
259092_at	At3g04870	putative zeta-carotene desaturase precursor nearly identical to zeta-carotene desaturase precursor GB:AAA91161 [<i>Arabidopsis thaliana</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:21773	-0.272

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการ
 ญาตเห็นไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

250095_at	At5g17230	phytoene synthase (gb AAB65697.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:15761	0.323
251146_at	At3g63520	neoxanthin cleavage enzyme nc1	0.008
248613_at	At5g49555	phytoene dehydrogenase-like	0.235
260821_at	At1g06820	unknown protein contains Pfam profile:PF02032 Phytoene dehydrogenase related enzyme	0.07
245284_at	At4g14210	phytoene dehydrogenase precursor (phytoene desaturase) ; supported by cDNA: gi_14532765_gb_AY040007.1_	-0.236
254020_at	At4g25700	beta-carotene hydroxylase ; supported by cDNA: gi_9230269_gb_AF125576.1_AF125576	-0.182
263873_at	At2g21860	unknown protein predicted by genscan;supported by full-length cDNA: Ceres:38497	-0.495
247936_at	At5g57030	lycopene epsilon cyclase ; supported by cDNA: gi_14532799_gb_AY040024.1_	-0.075

Flavonoids-chalcones

Identifier	Locus Tag	Description	Value
250207_at	At5g13930	chalcone synthase (naringenin-chalcone synthase) (testa 4 protein) (sp P13114) ;supported by full-length cDNA: Ceres:38370	-0.606
255703_at	At4g00040	putative chalcone synthase similar to plant chalcone and stilbene synthases;supported by full-length cDNA: Ceres:21877	0.236
250794_at	At5g05270	putative protein contains similarity to chalcone-flavonone isomerase (chalcone isomerase)supported by full-length cDNA: Ceres:40439	-0.23
260982_at	At1g53520	chalcone isomerase, putative similar to GI:4126399 from (Citrus sinensis);supported by full-length cDNA: Ceres:116131	-0.46
251827_at	At3g55120	chalcone isomerase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2122	-0.079
251923_at	At3g53880	reductase-like protein abscisic acid activated protein - Medicago sativa, PIR:T09670;supported by full-length cDNA: Ceres:119862	-0.252
262913_at	At1g59960	NADPH-dependent codeinone reductase, putative similar to NADPH-dependent codeinone reductase GI:6478210 from [Papaver somniferum]; supported by cDNA: gi_15451097_gb_AY054629.1	0.265

Flavonoids-Isoflavonoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
252939_at	At4g39230	NAD(P)H oxidoreductase, isoflavone reductase - like protein Pycr2, Pyrus communis, AF071477	0.146
253242_at	At4g34540	isoflavone reductase - like protein isoflavone reductase homolog P3, Arabidopsis thaliana, PIR2:S57613	-0.157
256454_at	At1g75280	NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] (J. Biol. Chem. 270 (44), 26224-26231 (1995));supported by full-length cDNA: Ceres:11944	0.147
260662_at	At1g19540	2-hydroxyisoflavone reductase, putative similar to PIR:T08106 from [Betula pendula]	0.385

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับดูเท่านั้น ไม่สามารถนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Flavonoids-Flavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245141_at	At2g45400	putative flavonol reductase	-0.273
256818_at	At3g21420	hypothetical protein contains Pfam profile: PF00671 iron/ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:118190	-0.067
256922_at	At3g19010	hypothetical protein contains similarity to flavonol synthase (FLS) GB:Q41452 from [Solanum tuberosum], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:41506	0.703
261804_at	At1g30530	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, putative similar to UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase GB:AAB81683 GI:2564114 from [Vitis vinifera];supported by full-length cDNA: Ceres:38407	-0.037
250533_at	At5g08640	flavonol synthase (FLS) (sp Q96330) ;supported by full-length cDNA: Ceres:23924	-0.852
251402_at	At3g60290	SRG1 - like protein SRG1 protein, Arabidopsis thaliana, PIR:S44261	0.336
252213_at	At3g50210	flavonol synthase - like protein SRG1 protein, Arabidopsis thaliana, PIR:S44261; supported by full-length cDNA: Ceres: 25787	0.533
253334_at	At4g33360	putative protein dihydrokaempferol 4-reductase (EC 1.1.1.219) -Synechocystis, PIR2:S75325; supported by cDNA: gi_13926212_gb_AF370578.1_AF370578	-0.109
254053_s_at	At4g25300	SRG1-like protein strong homology to SRG1 protein, a new member of the Fe(II)/ascorbate oxidase superfamily, PID:g479047	-0.077

Flavonoids-Dihydroflavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245360_at	At4g16330	naringenin 3-dioxygenase like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:40793	0.139
252123_at	At3g51240	flavanone 3-hydroxylase (FH3) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36653	-0.437
261046_at	At1g01390	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	0.036
261048_at	At1g01420	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	0.319
263135_at	At1g78550	flavanone 3-hydroxylase, putative similar to flavanone 3-hydroxylase GI:727410 from [Persea americana]; supported by cDNA: gi_13507544_gb_AF360338.1_AF360338	0.233
246468_at	At5g17050	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase -like protein UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, Vitis vinifera, EMBL:AF000372	-0.296
254834_at	At4g12300	flavonoid 3,5-hydroxylase -like protein flavonoid 3,5 -hydroxylase - Campanula medium, PID:d1003951	0.435
248185_at	At5g54060	flavonol 3-O-glucosyltransferase-like	0.287

เอกสารนี้เป็นทรัพย์สินของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

255622_at	At4g01070	putative flavonol glucosyltransferase similar to Manihot esculenta flavonol 3-O-glucosyltransferase 5, GenBank accession number Q40287;supported by full-length cDNA: Ceres:1204	-0.004
249012_at	At5g44620	flavonoid 3,5-hydroxylase-like; cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_16226349_gb_AF428311.1_AF428311	0.201
249215_at	At5g42800	dihydroflavonol 4-reductase	0.131
256892_at	At3g19000	hypothetical protein contains similarity to flavanone-3-hydroxylase GB:Q05965 from [Matthiola incana], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:36985	-0.194
249754_at	At5g24530	flavanone 3-hydroxylase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 149654	0.805
250558_at	At5g07990	flavonoid 3-hydroxylase - like protein flavonoid 3 - hydroxylase Ht1, Petunia x hybrida, EMBL:AF155332; supported by cDNA: gi_10334803_gb_AF271649.1_AF271649	-0.051
257205_at	At3g16520	putative glucosyltransferase similar to UDP-glucose glucosyltransferase GB:X77459 [Manihot esculenta], UDP-glycose:flavonoid glucosyltransferase GB:BAA36411 [Vigna mungo]	0.256

Flavonoids-Anthocyanins

Identifier	Locus Tag	Description	Value
249493_at	At5g39080	acyltransferase -like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708;supported by full-length cDNA: Ceres:37806	0.071
249494_at	At5g39050	acyltransferase - like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708; supported by cDNA: gi_15450468_gb_AY052335.1_	0.1
254283_s_at	At4g22870	anthocyanidin synthase - like protein putative leucoanthocyanidin dioxygenase, Arabidopsis thaliana, PID:g1575699	-0.287
267337_at	At2g39980	putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase ; supported by cDNA: gi_13937225_gb_AF372968.1_AF372968	0.172
255032_at	At4g09500	putative protein anthocyanin rhamnosyltransferase - Petunia x hybrida, PID:g454253	0.263

Sucrose-Strach

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245904_at	At5g11110	sucrose-phosphate synthase -like protein sucrose-phosphate synthase isoform 1, Citrus unshiu, PIR:S72648	0.13
246076_at	At5g20280	sucrose-phosphate synthase-like protein sucrose-phosphate synthase (EC 2.4.1.14) isoform 1 - Citrus unshiu, EMBL:AB005023; supported by cDNA: gi_14532573_gb_AY039911.1_	0.046

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการศึกษาเท่านั้น การนำเอกสารนี้ไปใช้โดยไม่ได้รับอนุญาตให้ทำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

255016_at	At4g10120	sucrose-phosphate synthase - like protein sucrose-phosphate synthase, Zea mays, PIR2:JQ1329	-0.585
256681_at	At3g52340	unknown protein ; supported by cDNA: gi_13811668_gb_AF356816.1_AF356816	-0.124
263954_at	At2g35840	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15450787_gb_AY054474.1_	-0.116
260143_at	At1g71880	sucrose transport protein SUC1 identical to GB:S38197 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15146267_gb_AY049275.1_	0.95
264204_at	At1g22710	putative sucrose transport protein, SUC2 strong similarity to GB:S38196 sucrose transport protein SUC2 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:7894	0.398
264662_at	At1g09960	putative sucrose/H+ symporter similar to GB:CAA76367 and Vicia sucrose transport protein (gb Z93774); supported by cDNA: gi_9957052_gb_AF175321.1_AF175321	0.074
266792_at	At2g02860	putative sucrose/H+ symporter	0.061
245725_at	At1g73370	sucrose synthase, putative similar to sucrose synthase GI:4468151 from [Craterostigma plantagineum]	0.188
245998_at	At5g20830	sucrose-UDP glucosyltransferase	-0.106
249633_at	At5g37180	sucrose synthase-like protein sucrose synthase - Citrus unshiu, EMBL:AB022091	0.293
245681_at	At1g56560	alkaline/neutral invertase, putative similar to alkaline/neutral invertase GI:9758657 from [Arabidopsis thaliana]	0.087
249898_at	At5g22510	alkaline/neutral invertase ; supported by cDNA: gi_15912342_gb_AY056449.1_	0.044
253224_at	At4g34860	invertase - like protein mRNA, Lilium longiflorum, gb:D21823; supported by cDNA: gi_15215775_gb_AY050417.1_	0.098
255038_at	At4g09510	neutral invertase like protein Daucus carota mRNA, PID:e1372926;supported by full-length cDNA: Ceres:156092	0.393
258507_at	At3g06500	neutral invertase, putative similar to neutral invertase GB:CAA76145 from [Daucus carota] (Physiol. Plantarum (1999) 107, 159-165)	0.273
262038_at	At1g35580	invertase, putative similar to neutral invertase GB:76145 GI:4200165 from [Daucus carota]	0.466
256787_at	At3g13790	beta-fructofuranosidase 1 identical to GB:S37212 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15027838_gb_AY045776.1_	0.224
260969_at	At1g12240	beta-fructosidase identical to beta-fructosidase GI:1871503 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15028118_gb_AY046009.1_	0.283
248381_at	At5g51830	fructokinase 1 ; supported by cDNA: gi_13878052_gb_AF370289.1_AF370289	0.113
251935_at	At3g54090	fructokinase - like protein fructokinase, Lycopersicon esculentum, EMBL:LEU62329	-0.866
260107_at	At1g66430	fructokinase, putative similar to fructokinase (Lycopersicon esculentum) GI:2102691; supported by cDNA: gi_13878132_gb_AF370329.1_AF370329	-0.224

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในมหาวิทยาลัย
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต
ของโรงเรียนราชประชานุเคราะห์ ๓๑

260343_at	At1g69200	fructokinase (Frk1), putative similar to fructokinase (Frk1) GI:2102690 from (<i>Lycopersicon esculentum</i>)	-0.453
263250_at	At2g31390	putative fructokinase ; supported by full-length cDNA: Ceres: 17664	0.119
253705_at	At4g29130	hexokinase ; supported by cDNA: gi_8567421_gb_U18754.2_ATU18754	-0.036
261851_at	At1g50460	hexokinase, putative similar to chloroplast outer envelope hexokinase 1 GB: AAF18584 GI:6594672 from [<i>Spinacia oleracea</i>]	0.25
266702_at	At2g19860	hexokinase (ATHXK2) ; supported by cDNA: gi_1899024_gb_U28215.1_ATU28215	0.373
248687_at	At5g48300	ADPG pyrophosphorylase small subunit (gb AAC39441.1) ; supported by cDNA: gi_15146247_gb_AY049265.1_	0.121
249927_at	At5g19220	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (ApL1/adg2) ; supported by cDNA: gi_2149020_gb_U72290.1_ATU72290	-0.055
263544_at	At2g21590	putative ADP-glucose pyrophosphorylase large subunit	-0.504
252888_at	At4g39210	glucose-1-phosphate adenylyltransferase (APL3) ; supported by cDNA: gi_16648984_gb_AY059862.1_	-0.185
261642_at	At1g27680	ADP-glucose pyrophosphorylase, putative similar to ADP-glucose pyrophosphorylase GB:X78900 GI:556623 from [<i>Beta vulgaris</i>]	-0.036
262174_at	At1g74910	putative GDP-mannose pyrophosphorylase similar to GDP-mannose pyrophosphorylase A GB:AAD38517 (<i>Homo sapiens</i>); supported by cDNA: gi_13937223_gb_AF372967.1_AF372967	0.247
247163_at	At5g65685	Expressed protein ; supported by cDNA: gi_15215828_gb_AY050444.1_	-0.114
262809_at	At1g11720	putative glycogen synthase strong similarity to gb X95759 soluble-starch-synthase precursor (SSIII) from <i>Solanum tuberosum</i>	-0.189
249785_at	At5g24300	soluble starch synthase	-0.167
254659_at	At4g18240	starch synthase-like protein bacterial and plant glycogen (starch) synthases; for example <i>B.subtilis</i> , PATCHX:D1020368	0.058
259277_at	At3g01180	putative glycogen synthase similar to glycogen synthase precursor (Granule-Bound Starch Synthase II) GB:Q43093 from [<i>Pisum sativum</i>]; supported by cDNA: gi_15450774_gb_AY054467.1_	0.246
261191_at	At1g32900	starch synthase, putative similar to starch synthase GI:21613 from [<i>Solanum tuberosum</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:7714	-0.107
250906_at	At5g03650	1,4-alpha-glucan branching enzyme protein soform SBE2.2 precursor	-0.102
263912_at	At2g36390	starch branching enzyme II	-0.032
252468_at	At3g46970	starch phosphorylase H (cytosolic form) - like protein starch phosphorylase H, cytosolic isoform, <i>Vicia faba</i> , PIR:T12091; supported by cDNA: gi_15983802_gb_AY056807.1_	0.144

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกรใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านธุรกิจ
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

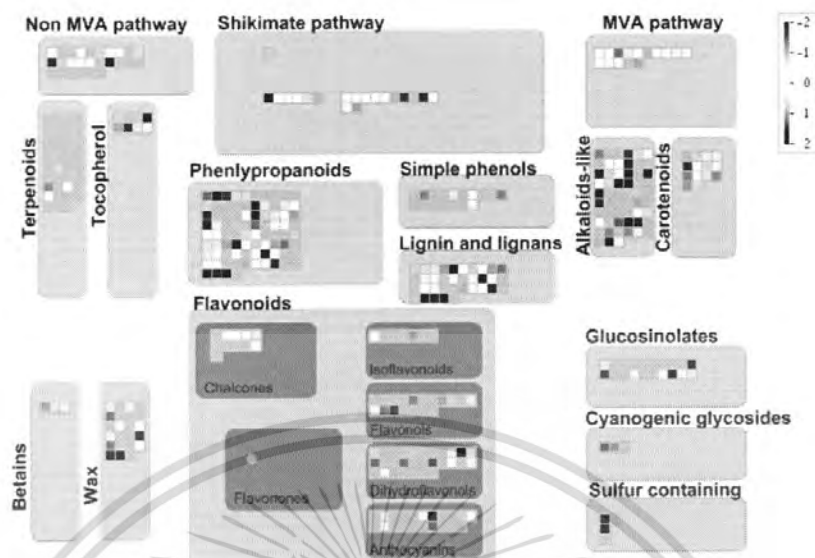
256746_at	At3g29320	alpha-glucan phosphorylase, putative similar to alpha-glucan phosphorylase, L isozyme 1 precursor GB:P04045 from [Solanum tuberosum] (J. Biochem. 106 (4), 691-695 (1989)); supported by cDNA: gi_15146188_gb_AY049235.1_	0.441
245275_at	At4g15210	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_166601_gb_M73467.1_ATHAMYB	1.048
266914_at	At2g45880	putative beta-amylase	-0.269
245346_at	At4g17090	putative beta-amylase ;supported by full-length cDNA: Ceres:36882	-0.463
255676_at	At4g00490	putative beta-amylase similar to the family of glycosyl hydrolases	-0.431
247298_at	At5g63840	glucosidase II alpha subunit	-0.173
256861_at	At3g23920	beta-amylase, putative similar to beta-amylase GB:CAB58423 [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_14194172_gb_AF367293.1_AF367293	0.294
248029_at	At5g55700	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_15027954_gb_AY045834.1_	0.142
258109_at	At3g23640	hypothetical protein contains Pfam profile: PF01055 Glycosyl hydrolases family 31; supported by cDNA: gi_16648902_gb_AY059821.1_	0.424
248997_at	At5g45300	beta-amylase-like	0.114
260412_at	At1g69830	putative alpha-amylase similar to alpha-amylase GB:AAA91884 [Solanum tuberosum]; supported by cDNA: gi_15215737_gb_AY050398.1_	0.054
250007_at	At5g18670	beta-amylase-like proten beta-amylase - Prunus armeniaca, EMBL:AF139501;supported by full-length cDNA: Ceres:30798	-0.47
261754_at	At1g76130	alpha-amylase, putative similar to alpha-amylase GI:7532799 from [Malus domestica];supported by full-length cDNA: Ceres:119931	-0.059
250336_at	At5g11720	alpha-glucosidase 1 ; supported by cDNA: gi_15450744_gb_AY053414.1_	-0.168
262230_at	At1g68560	alpha-xylosidase precursor identical to alpha-xylosidase precursor GB:AAD05539 GI:4163997 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15982750_gb_AY057482.1_	0.071
266357_at	At2g32290	putative beta-amylase	-0.411
245094_at	At2g40840	4-alpha-glucanotransferase	0.499
247216_at	At5g64860	4-alpha-glucanotransferase ; supported by cDNA: gi_14335103_gb_AY037231.1_	0.397
251110_at	At5g01260	putative protein various alpha amylases from diverse species; supported by cDNA: gi_16323040_gb_AY057624.1_	-0.107
263322_at	At2g04270	putative ribonuclease E	-0.201
246829_at	At5g26570	putative protein pyruvate water dikinase, Archaeoglobus fulgidus, PIR:F69338	0.232
254153_at	At4g24450	putative protein hypothetical protein R1 - Solanum tuberosum,PIR2:T07050	0.01

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

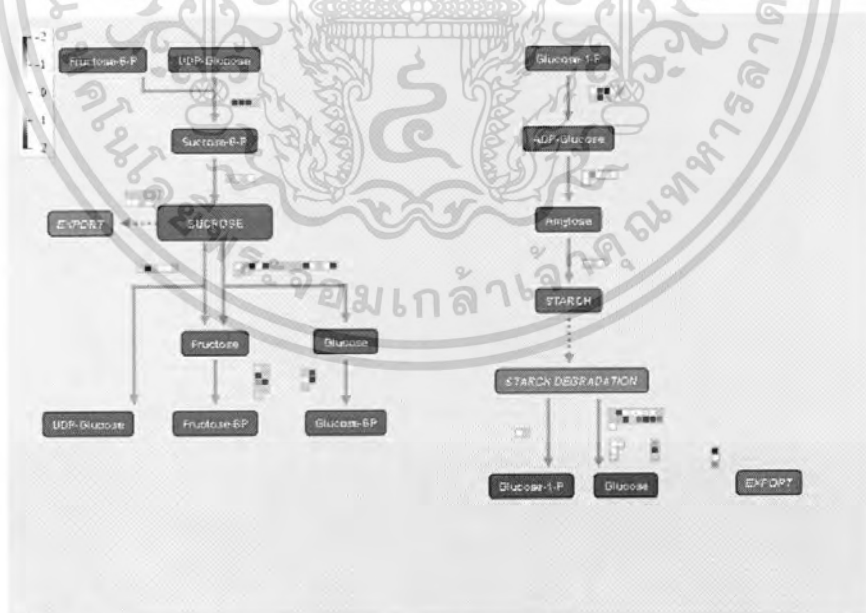
262784_at	At1g10760	unknown protein strong similarity to gb Y09533 involved in starch metabolism from <i>Solanum tuberosum</i> and contains a PF 01326 Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain. EST gb N96757 comes from this gene; supported by cDNA: gi:12044357	0.153
246434_at	At5g17520	root cap 1 (RCP1); supported by full-length cDNA: Ceres:10216	0.435
246508_at	At5g16150	sugar transporter-like protein putative sugar transporter - <i>Prunus armeniaca</i> , EMBL:AF000952; supported by cDNA: gi_16648752 gb_AY058152.1	0.434
248886_at	At5g46110	phosphate/triose-phosphate translocator precursor (gb AAC83815.1); supported by full-length cDNA: Ceres:36058	0.113

4.3 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากแรงดันออสโมติก

เมื่อนำข้อมูลจากต้น *Arabidopsis thaliana* ที่ได้รับการเพาะเลี้ยงเป็นเวลา 18 วัน โดยได้รับสภาวะเครียดจากแรงดันออสโมติก โดยวิธีการเติมสารแมนนิทอล (mannitol) ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงให้ความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 300 มิลลิโมลลาร์ จากนั้นนำไปเลี้ยงตามปกติเป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วนำมาทำการประมวลผลโดยใช้โปรแกรม MapMan วิเคราะห์โดยเลือกใช้ Pathways เป็น Secondary Metabolite (รูปที่ 4.5) การทดลองนี้จะวิเคราะห์ผลเฉพาะ phenylpropanoids, simple phenols, lignin และ lignans, alkaloids-like, carotenoids, flavonoids-chalcones, flavonoids-isoflavonoids, flavonoids-flavonols, flavonoids-dihydroflavonols, flavonoids-anthocyanins และเลือกใช้ Pathways เป็น Sucrose-Starch (รูปที่ 4.6) ใช้ควบคู่กับแผนที่ ath_affy_tair6 และใช้ฐานข้อมูลเป็น osmotic_24h_shoot.txt จากนั้นได้นำเสนออินที่ระบุตำแหน่ง และบรรยายบทบาทหน้าที่ไว้ในตารางที่ 4.3



รูปที่ 4.5 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากแรงดันออสโมติกของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan



รูปที่ 4.6 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากแรงดันออสโมติกของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.3 ผลการแสดงออกของยีน จากต้น *Arabidopsis thaliana* เมื่อได้รับสภาวะเครียดจากความดันออสโมติก โดยเติมสารแมนนิทอล ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงเดิม จากนั้นนำไปเลี้ยงเป็นเวลา 24 ชั่วโมง เปรียบเทียบกับต้นปกติ

PhenlyPropanoids			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245792_at	At1g32100	pinoresinol-lariciresinol reductase, putative similar to pinoresinol-lariciresinol reductase GB:AAF63508 GI:7542583 from [Thuja plicata];supported by full-length cDNA: Ceres:33000	1.321
249540_at	At5g38120	4-coumarate--CoA ligase -like protein 4-coumarate--CoA ligase, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	-0.843
252199_at	At3g50270	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus	-3.28
255787_at	At2g33590	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.37;supported by full-length cDNA: Ceres:11254	3.151
262016_at	At1g35513	unknown protein	-0.041
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1	0.666
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.624
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682	0.07
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	3.468
247038_at	At5g67160	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:32856	1.896
255845_at	At2g33600	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.36	-0.541
262744_at	At1g28680	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, putative similar to anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase GB:Z84384 GI:2239084 [Dianthus caryophyllus];supported by full-length cDNA: Ceres:12689	0.401
245690_at	At5g04230	phenylalanine ammonia-lyase PAL3	-0.656
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.405

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้เฉพาะในโครงการวิจัยเท่านั้น ไม่ควรเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งยังมีให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	-0.338
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	-2.007
247040_at	At5g67150	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:114226	-1.696
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	-1.207
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa]	2.796
247380_at	At5g63380	4-coumarate-CoA ligase-like protein	-0.784
259518_at	At1g20510	hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_13430675_gb_AF360250.1_AF360250	0.81
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	2.385
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0.079
247834_at	At5g58490	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, cider tree, PIR:T10733;supported by full-length cDNA: Ceres:30064	0.703
253483_at	At4g31910	putative protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase,Dianthus caryophyllus, Z84384; supported by cDNA: gi_15450358_gb_AY052280.1_	-0.42
265343_at	At2g22570	unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 117955	0.659
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	-0.252
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	0.912
250149_at	At5g14700	cinnamoyl CoA reductase - like protein cinnamoyl CoA reductase, Populus tremuloides, EMBL:AF217958;supported by full-length cDNA: Ceres:17229	1.829
253638_at	At4g30470	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, Saccharum officinarum, gb:AJ231134; supported by full-length cDNA: Ceres: 150515	2.952
259710_at	At1g77670	putative aminotransferase similar to kynurenine aminotransferase GB:S48737 [Rattus norvegicus], similar to aspartate aminotransferase GB:P53001 [Bacillus subtilis];supported by full-length cDNA: Ceres:35179	-1.478
266202_at	At2g02400	putative cinnamoyl-CoA reductase	-0.296
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	0.757

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการ (GB:U71080); supported by cDNA: ให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ทำซ้ำ แพร่กระจาย หรือตีพิมพ์เอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.276
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	0.316
250448_at	At5g10820	putative protein lignostilbene-alpha,beta-dioxygenase gene, Synechococcus PCC7942, EMBL:AF055873	0.59
253664_at	At4g30210	NADPH-ferrihemoprotein reductase (ATR2)	0.741
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [Arabidopsis thaliana] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	0.301
251304_at	At3g61990	putative protein several O-methyltransferases - different species;supported by full-length cDNA: Ceres:40117	2.77
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	-0.219
254127_at	At4g24520	NADPH-ferrihemoprotein reductase ATR1 ; supported by cDNA: gi_15451215_gb_AY054688.1_	0.565
259975_at	At1g76470	putative cinnamoyl-CoA reductase similar to cinnamoyl-CoA reductase GB:CAA56103 [Eucalyptus gunnii]; contains non-consensus GG acceptor splice site at exon 4	-0.196
258037_at	At3g21230	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 similar to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]	1.026
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, Populus tremuloides, PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.315
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	1.515
250550_at	At5g07870	N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus, PIR:T10717	-0.608
254600_at	At4g19010	4-coumarate-CoA ligase - like 4-coumarate-CoA ligase, Arabidopsis thaliana, PIR2:S57784	-0.127
260260_at	At1g68540	putative reductase similar to cinnamoyl CoA reductase GB:CAA12276 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa], aldehyde reductase GB:AAD53967 [Vigna radiata], dihydroflavonol 4-reductase GB:BAA12723 [Rosa hybrida]	-0.363
258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	1.256
251144_at	At5g01210	anthranilate N-benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, clove pink, PIR:T10717; supported by cDNA: gi_15912268_gb_AY056412.1_	-0.112
255263_at	At4g05160	4-coumarate--CoA ligase - like protein 4-coumarate--CoA ligase 4CL, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	1.011
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.733

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์การเข้าถึงข้อมูลทั้งหมดนี้โดยไม่ได้รับอนุญาตในการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Simple Phenols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
247648_at	At5g60020	laccase - like protein laccase LAC2-4, Liriodendron tulipifera, EMBL:LTU73106	1.183
250674_at	At5g07130	laccase-like protein laccase - Populus trichocarpa, EMBL:Y13772	-0.671
267094_at	At2g38080	putative diphenol oxidase ; supported by cDNA: gi_15450602_gb_AY052669.1_	0.848
250958_at	At5g03260	laccase precursor - like laccase precursor, common tobacco, PIR:JC5229	0.116
267307_at	At2g30210	putative laccase	-0.118
259036_at	At3g09220	putative laccase similar to laccase GB:CAA74105 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa]; contains Pfam profile: Multicopper oxidases	1.193

Lignin and lignans

Identifier	Locus Tag	Description	Value
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.733
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1_	0.666
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	0.624
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682	0.07
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	3.468
245690_at	At5g04230	phenylalanine ammonia-lyase PAL3	-0.656
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.405
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	-0.338
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	-2.007
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	-1.207
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa	2.796
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	2.385

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น เมื่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450; supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0.079
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	-0.252
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	0.912
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	0.757
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.276
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	0.316
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [Arabidopsis thaliana] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	0.301
251304_at	At3g61990	putative protein several O-methyltransferases - different species;supported by full-length cDNA: Ceres:40117	2.77
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	0.219
258037_at	At3g21230	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 similar to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]	1.026
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, Populus tremuloides, PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.315
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	1.515
258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	1.256

Alkaloids-like

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245756_at	At1g35190	hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase, putative similar to hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase GB:P24397 from [Hyoscyamus niger];supported by full-length cDNA: Ceres:2551	1.227
252068_at	At3g51440	mucin -like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014; supported by cDNA: gi_13430723_gb_AF360274.1_AF360274	3.206
254430_at	At4g20820	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase (EC 1.5.3.9) precursor, Eschscholzia californica, PIR2:A41533	0
260391_at	At1g74020	putative strictosidine synthase extremely similar to STRICTOSIDINE SYNTHASE 1/2 PRECURSOR GB:P94111; supported by cDNA: gi_14334593_gb_AY034970.1_	2.297
261068_at	At1g07450	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [Datura stramonium] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993))	-2.392

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการ
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

266275_at	At2g29370	putative tropinone reductase	0.151
267414_at	At2g34790	putative berberine bridge enzyme	0.9
250706_at	At5g05920	deoxyhypusine synthase ;supported by full-length cDNA: Ceres:38743	-0.068
252092_at	At3g51420	mucin-like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38547	-0.808
254431_at	At4g20840	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase precursor, Eschscholzia californica, PIR:A41533	-0.831
261084_at	At1g07440	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [Datura stramonium] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993)); supported by cDNA: gi_13605590_gb_AF361621.1_AF361621	0.855
266291_at	At2g29320	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:1637	-1.353
267425_at	At2g34810	putative berberine bridge enzyme	3.091
251469_at	At3g59530	putative protein strictosidine synthase - Rauvolfia mannii , PIR:S29894	-0.046
252114_at	At3g51450	mucin -like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38956	0.282
254432_at	At4g20830	reticuline oxidase -like protein reticuline oxidase, Eschscholzia californica, PIR:A41533; supported by cDNA: gi_15983492_gb_AF424621.1_AF424621	2.26
266277_at	At2g29310	putative tropinone reductase	-1.524
267573_at	At2g30670	putative tropinone reductase	-0.423
249046_at	At5g44400	berberine bridge enzyme	-1.734
251658_at	At3g57020	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment);supported by full-length cDNA: Ceres:98698	2.312
252117_at	At3g51430	mucin -like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:34197	2.858
254447_at	At4g20860	berberine bridge enzyme - like protein ; supported by cDNA: gi_14194126_gb_AF367269.1_AF367269	2.068
266278_at	At2g29300	putative tropinone reductase	2.788
266293_at	At2g29360	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2618	-1.28
249047_at	At5g44410	berberine bridge enzyme-like protein	-0.783
261020_at	At1g26390	hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAB45850 GI:5262224 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15293132_gb_AY051000.1	0.807
261696_at	At1g08470	unknown protein similar to hypothetical protein GB:AAF22901 GI:6664319 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_16930480_gb_AF419594.1_AF419594	-1.106
265305_at	At2g20340	putative tyrosine decarboxylase	-0.037
266279_at	At2g29290	putative tropinone reductase	-3.548
266391_at	At2g41290	putative strictosidine synthase identical to GB:AF076979; involved in alkaloid biosynthesis	-0.576
249051_at	At5g44390	berberine bridge enzyme-like protein ; supported by cDNA: gi_16648924_gb_AY059832.1	-0.216
251679_at	At3g57030	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment)	-0.913

254232_at	At4g23600	tyrosine transaminase like protein tyrosine transaminase (EC 2.6.1.5) - rat, EMBL:X02741; supported by cDNA: gi_15076852_gb_AF268090.1_AF268090	5.424
266265_at	At2g29340	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_	0.64

Carotenoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
246411_at	At1g57770	hypothetical protein contains similarity to phytoene dehydrogenase (PDH1) GI:433144 from [Cercospora nicotianae]	-1.018
258708_at	At3g09580	putative oxidoreductase similar to phytoene desaturase GB:P28553 from [Glycine max];supported by full-length cDNA: Ceres:17350	-2.488
264799_at	At1g08550	putative violaxanthin de-epoxidase precursor (U44133) similar to EST gb N37612; supported by cDNA: gi_1465734_gb_U44133.1_ATU44133	-1.347
259140_at	At3g10230	lycopene beta cyclase identical to lycopene beta cyclase GB:AAB53337 [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_1399182_gb_U50739.1_ATU50739	-1.187
248311_at	At5g52570	beta-carotene hydroxylase	-0.809
259092_at	At3g04870	putative zeta-carotene desaturase precursor nearly identical to zeta-carotene desaturase precursor GB:AAA91161 [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:21773	0.315
250095_at	At5g17230	phytoene synthase (gb AAB65697.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:15761	-0.476
251146_at	At3g63520	neoxanthin cleavage enzyme nc1	0.666
248613_at	At5g49555	phytoene dehydrogenase-like	-0.613
260821_at	At1g06820	unknown protein contains Pfam profile:PF02032 Phytoene dehydrogenase related enzyme	-0.811
245284_at	At4g14210	phytoene dehydrogenase precursor (phytoene desaturase) ; supported by cDNA: gi_14532765_gb_AY040007.1_	-0.761
254020_at	At4g25700	beta-carotene hydroxylase ; supported by cDNA: gi_9230269_gb_AF125576.1_AF125576	-0.48
263873_at	At2g21860	unknown protein predicted by genscan;supported by full-length cDNA: Ceres:38497	-0.331
247936_at	At5g57030	lycopene epsilon cyclase ; supported by cDNA: gi_14532799_gb_AY040024.1_	-1.309

Flavonoids-chalcones

Identifier	Locus Tag	Description	Value
250207_at	At5g13930	chalcone synthase (naringenin-chalcone synthase) (testa 4 protein) (sp P13114) ;supported by full-length cDNA: Ceres:38370	0.157
255703_at	At4g00040	putative chalcone synthase similar to plant chalcone and stilbene synthases;supported by full-length cDNA: Ceres:21877	0.844

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นิยมนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

250794_at	At5g05270	putative protein contains similarity to chalcone-flavonone isomerase (chalcone isomerase)supported by full-length cDNA: Ceres:40439	0.017
251827_at	At3g55120	chalcone isomerase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2122	0.404
251923_at	At3g53880	reductase-like protein abscisic acid activated protein - Medicago sativa, PIR:T09670;supported by full-length cDNA: Ceres:119862	0.596
262913_at	At1g59960	NADPH-dependent codeinone reductase, putative similar to NADPH-dependent codeinone reductase GI:6478210 from [Papaver somniferum]; supported by cDNA: gi_15451097_gb_AY054629.1_	0.106

Flavonoids-Isoflavonoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
252939_at	At4g39230	NAD(P)H oxidoreductase, isoflavone reductase - like protein Pycr2, Pyrus communis, AF071477	0.045
253242_at	At4g34540	isoflavone reductase - like protein isoflavone reductase homolog P3, Arabidopsis thaliana, PIR2:S57613	0.843
256454_at	At1g75280	NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] (J. Biol. Chem. 270 (44), 26224-26231 (1995));supported by full-length cDNA: Ceres:11944	-1.181

Flavonoids-Flavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
256818_at	At3g21420	hypothetical protein contains Pfam profile: PF00671 iron/ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:118190	-0.197
256922_at	At3g19010	hypothetical protein contains similarity to flavonol synthase (FLS) GB:Q41452 from [Solanum tuberosum], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:41506	1.257
261804_at	At1g30530	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, putative similar to UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase GB:AAB81683 GI:2564114 from [Vitis vinifera];supported by full-length cDNA: Ceres:38407	-1.826
250533_at	At5g08640	flavonol synthase (FLS) (sp Q96330) ;supported by full-length cDNA: Ceres:23924	-1.41
252213_at	At3g50210	flavonol synthase - like protein SRG1 protein, Arabidopsis thaliana, PIR:S44261; supported by full-length cDNA: Ceres: 25787	1.304
253334_at	At4g33360	putative protein dihydrokaempferol 4-reductase (EC 1.1.1.219) -Synechocystis, PIR2:S75325; supported by cDNA: gi_13926212_gb_AF370578.1_AF370578	-0.871
254053_s_at	At4g25300	SRG1-like protein strong homology to SRG1 protein, a new member of the Fe(II)/ascorbate oxidase superfamily, PID:g479047	0.61

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Flavonoids-Dihydroflavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245360_at	At4g16330	naringenin 3-dioxygenase like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:40793	0.707
252123_at	At3g51240	flavanone 3-hydroxylase (FH3) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36653	1.338
261048_at	At1g01420	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	-0.028
263135_at	At1g78550	flavanone 3-hydroxylase, putative similar to flavanone 3-hydroxylase GI:727410 from [Persea americana]; supported by cDNA: gi_13507544_gb_AF360338.1_AF360338	0.878
246468_at	At5g17050	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase -like protein UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, Vitis vinifera, EMBL:AF000372	0.824
254834_at	At4g12300	flavonoid 3,5-hydroxylase -like protein flavonoid 3,5-hydroxylase - Campanula medium, PID:d1003951	1.32
248185_at	At5g54060	flavonol 3-O-glucosyltransferase-like	0.809
255622_at	At4g01070	putative flavonol glucosyltransferase similar to Manihot esculenta flavonol 3-O-glucosyltransferase 5, GenBank accession number Q40287;supported by full-length cDNA: Ceres:1204	1.404
249215_at	At5g42800	dihydroflavonol 4-reductase	0.509
256892_at	At3g19000	hypothetical protein contains similarity to flavanone-3-hydroxylase GB:Q05965 from [Matthiola incana], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:36985	-0.09
249754_at	At5g24530	flavanone 3-hydroxylase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 149654	2.41
250558_at	At5g07990	flavonoid 3-hydroxylase - like protein flavonoid 3 - hydroxylase Ht1, Petunia x hybrida, EMBL:AF155332; supported by cDNA: gi_10334803_gb_AF271649.1_AF271649	0.033
257205_at	At3g16520	putative glucosyltransferase similar to UDP-glucose glucosyltransferase GB:X77459 [Manihot esculenta], UDP-glycose:flavonoid glycosyltransferase GB:BAA36411 [Vigna mungo]	-0.481

Flavonoids-Anthocyanins

Identifier	Locus Tag	Description	Value
247172_at	At5g65550	anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase	0.585
256924_at	At3g29590	Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, putative similar to Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase GB:BAA74428 from [Gentiana triflora]	0.439
249493_at	At5g39080	acyltransferase -like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708;supported by full-length cDNA: Ceres:37806	-0.203

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ทางการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

249494_at	At5g39050	acyltransferase - like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, <i>Gentiana triflora</i> , EMBL:AB010708; supported by cDNA: gi_15450468_gb_AY052335.1_	2.826
265091_s_at	At1g03495	hypothetical protein similar to Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase GB:BAA74428	1.334
254283_s_at	At4g22870	anthocyanidin synthase - like protein putative leucoanthocyanidin dioxygenase, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PID:g1575699	0.758
267337_at	At2g39980	putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase ; supported by cDNA: gi_13937225_gb_AF372968.1_AF372968	0.888
255032_at	At4g09500	putative protein anthocyanin rhamnosyltransferase - <i>Petunia x hybrida</i> , PID:g454253	0.263

Sucrose-Strach

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245904_at	At5g11110	sucrose-phosphate synthase -like protein sucrose-phosphate synthase isoform 1, <i>Citrus unshiu</i> , PIR:S72648	3.465
246076_at	At5g20280	sucrose-phosphate synthase-like protein sucrose-phosphate synthase (EC 2.4.1.14) isoform 1 - <i>Citrus unshiu</i> , EMBL:AB005023; supported by cDNA: gi_14532573_gb_AY039911.1_	1.608
255016_at	At4g10120	sucrose-phosphate synthase - like protein sucrose-phosphate synthase, <i>Zea mays</i> , PIR2:JQ1329	-2.14
256681_at	At3g52340	unknown protein ; supported by cDNA: gi_13811668_gb_AF356816.1_AF356816	0.482
263954_at	At2g35840	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15450787_gb_AY054474.1_	0.371
264204_at	At1g22710	putative sucrose transport protein, SUC2 strong similarity to GB:S38196 sucrose transport protein SUC2 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:7894	0.108
264662_at	At1g09960	putative sucrose/H ⁺ symporter similar to GB:CAA76367 and <i>Vicia</i> sucrose transport protein (gb Z93774); supported by cDNA: gi_9957052_gb_AF175321.1_AF175321	0.185
260143_at	At1g71880	sucrose transport protein SUC1 identical to GB:S38197 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_15146267_gb_AY049275.1_	-0.991
266792_at	At2g02860	putative sucrose/H ⁺ symporter	0.193
245725_at	At1g73370	sucrose synthase, putative similar to sucrose synthase GI:4468151 from [<i>Craterostigma plantagineum</i>]	-0.377
245998_at	At5g20830	sucrose-UDP glucosyltransferase	2.571
249633_at	At5g37180	sucrose synthase-like protein sucrose synthase - <i>Citrus unshiu</i> , EMBL:AB022091	-0.368
252746_at	At3g43190	sucrose synthase -like protein SUCROSE SYNTHASE (SUCROSE-UDP GLUCOSYLTRANSFERASE), <i>Arabidopsis thaliana</i> , SWISSPROT:SUS1_ARATH; supported by cDNA: gi_14334569_gb_AY034958.1_	0.348

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้เพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้เผยแพร่ไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

245681_at	At1g56560	alkaline/neutral invertase, putative similar to alkaline/neutral invertase GI:9758657 from [Arabidopsis thaliana]	0.412
249898_at	At5g22510	alkaline/neutral invertase ; supported by cDNA: gi_15912342_gb_AY056449.1_	0.907
253224_at	At4g34860	invertase - like protein mRNA, Lilium longiflorum, gb:D21823; supported by cDNA: gi_15215775_gb_AY050417.1_	3.093
255038_at	At4g09510	neutral invertase like protein Daucus carota mRNA, PID:e1372926;supported by full-length cDNA: Ceres:156092	-0.845
258507_at	At3g06500	neutral invertase, putative similar to neutral invertase GB:CAA76145 from [Daucus carota] (Physiol. Plantarum (1999) 107, 159-165)	2.653
256779_at	At3g13784	beta-fructofuranosidase, putative similar to beta-fructofuranosidase 1 GB:S37212 from [Arabidopsis thaliana]	3.834
256787_at	At3g13790	beta-fructofuranosidase 1 identical to GB:S37212 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15027838_gb_AY045776.1_	0.259
260969_at	At1g12240	beta-fructosidase identical to beta-fructosidase GI:1871503 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15028118_gb_AY046009.1_	-0.409
265118_at	At1g62660	beta-fructosidase nearly identical to beta-fructosidase GB:CAA67560 GI:1429209 (Arabidopsis thaliana); supported by cDNA: gi_14517549_gb_AY039610.1_	1.9
248381_at	At5g51830	fructokinase 1 ; supported by cDNA: gi_13878052_gb_AF370289.1_AF370289	0.661
251935_at	At3g54090	fructokinase - like protein fructokinase, Lycopersicon esculentum, EMBL:LEU62329	-2.227
260107_at	At1g66430	fructokinase, putative similar to fructokinase (Lycopersicon esculentum) GI:2102691; supported by cDNA: gi_13878132_gb_AF370329.1_AF370329	-1.283
263250_at	At2g31390	putative fructokinase ; supported by full-length cDNA: Ceres: 17664	0.72
260343_at	At1g69200	fructokinase (Frk1), putative similar to fructokinase (Frk1) GI:2102690 from (Lycopersicon esculentum)	-1.814
253705_at	At4g29130	hexokinase ; supported by cDNA: gi_8567421_gb_U18754.2_ATU18754	0.231
261851_at	At1g50460	hexokinase, putative similar to chloroplast outer envelope hexokinase 1 GB: AAF18584 GI:6594672 from [Spinacia oleracea]	-1.651
266702_at	At2g19860	hexokinase (ATHXK2) ; supported by cDNA: gi_1899024_gb_U28215.1_ATU28215	2.02
248687_at	At5g48300	ADPG pyrophosphorylase small subunit (gb AAC39441.1) ; supported by cDNA: gi_15146247_gb_AY049265.1_	-0.324
249927_at	At5g19220	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (ApL1/adg2) ; supported by cDNA: gi_2149020_gb_U72290.1_ATU72290	-1.734
263544_at	At2g21590	putative ADP-glucose pyrophosphorylase large subunit	4.671

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

252888_at	At4g39210	glucose-1-phosphate adenyltransferase (APL3) ; supported by cDNA: gi_16648984_gb_AY059862.1_	2.715
261642_at	At1g27680	ADP-glucose pyrophosphorylase, putative similar to ADP-glucose pyrophosphorylase GB:X78900 GI:556623 from [Beta vulgaris]	-0.328
262174_at	At1g74910	putative GDP-mannose pyrophosphorylase similar to GDP-mannose pyrophosphorylase A GB:AAD38517 (Homo sapiens); supported by cDNA: gi_13937223_gb_AF372967.1_AF372967	-1.105
247163_at	At5g65685	Expressed protein ; supported by cDNA: gi_15215828_gb_AY050444.1_	-0.547
262809_at	At1g11720	putative glycogen synthase strong similarity to gb X95759 soluble-starch-synthase precursor (SSIII) from Solanum tuberosum	-0.427
249785_at	At5g24300	soluble starch synthase	-1.369
254659_at	At4g18240	starch synthase-like protein bacterial and plant glycogen (starch) synthases; for example B.subtilis, PATCHX:D1020368	-0.024
259277_at	At3g01180	putative glycogen synthase similar to glycogen synthase precursor (Granule-Bound Starch Synthase II) GB:Q43093 from [Pisum sativum]; supported by cDNA: gi_15450774_gb_AY054467.1_	-0.094
261191_at	At1g32900	starch synthase, putative similar to starch synthase GI:21613 from [Solanum tuberosum]; supported by full-length cDNA: Ceres:7714	-0.101
250906_at	At5g03650	1,4-alpha-glucan branching enzyme protein soform SBE2.2 precursor	-0.521
263912_at	At2g36390	starch branching enzyme II	-0.011
252468_at	At3g46970	starch phosphorylase H (cytosolic form) - like protein starch phosphorylase H, cytosolic isoform, Vicia faba, PIR:T12091; supported by cDNA: gi_15983802_gb_AY056807.1_	-0.056
256746_at	At3g29320	alpha-glucan phosphorylase, putative similar to alpha-glucan phosphorylase, L isozyme 1 precursor GB:P04045 from [Solanum tuberosum] (J. Biochem. 106 (4), 691-695 (1989)); supported by cDNA: gi_15146188_gb_AY049235.1_	-0.923
266914_at	At2g45880	putative beta-amylase	-0.047
245346_at	At4g17090	putative beta-amylase ; supported by full-length cDNA: Ceres:36882	-2.381
255676_at	At4g00490	putative beta-amylase similar to the family of glycosyl hydrolases	-1.069
247298_at	At5g63840	glucosidase II alpha subunit	0.181
256861_at	At3g23920	beta-amylase, putative similar to beta-amylase GB:CAB58423 [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_14194172_gb_AF367293.1_AF367293	3.034
248029_at	At5g55700	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_15027954_gb_AY045834.1_	0.462
258109_at	At3g23640	hypothetical protein contains Pfam profile: PF01055 Glycosyl hydrolases family 31; supported by cDNA: gi_16648902_gb_AY059821.1_	0.77
248997_at	At5g45300	beta-amylase-like	-0.176

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับบุคลากรภายในเท่านั้น ไม่สามารถเผยแพร่ไปใช้ประโยชน์ด้วยการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมีเหตุดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

260412_at	At1g69830	putative alpha-amylase similar to alpha-amylase GB:AAA91884 [Solanum tuberosum]; supported by cDNA: gi_15215737_gb_AY050398.1_	-1.509
250007_at	At5g18670	beta-amylase-like proten beta-amylase - Prunus armeniaca, EMBL:AF139501;supported by full-length cDNA: Ceres:30798	-0.706
261754_at	At1g76130	alpha-amylase, putative similar to alpha-amylase GI:7532799 from [Malus domestica];supported by full-length cDNA: Ceres:119931	1.723
250336_at	At5g11720	alpha-glucosidase 1 ; supported by cDNA: gi_15450744_gb_AY053414.1_	-0.516
262230_at	At1g68560	alpha-xylosidase precursor identical to alpha-xylosidase precursor GB:AAD05539 GI:4163997 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15982750_gb_AY057482.1_	-1.862
266357_at	At2g32290	putative beta-amylase	-1.475
245094_at	At2g40840	4-alpha-glucanotransferase	0.006
247216_at	At5g64860	4-alpha-glucanotransferase ; supported by cDNA: gi_14335103_gb_AY037231.1_	0.162
251110_at	At5g01260	putative protein various alpha amylases from diverse species; supported by cDNA: gi_16323040_gb_AY057624.1_	0.638
263322_at	At2g04270	putative ribonuclease E	-0.602
246829_at	At5g26570	putative protein pyruvate water dikinase, Archaeoglobus fulgidus, PIR:F69338	0.995
254153_at	At4g24450	putative protein hypothetical protein R1 - Solanum tuberosum,PIR2:T07050	1.403
262784_at	At1g10760	unknown protein strong similarity to gb Y09533 involved in starch metabolism from Solanum tuberosum and contains a PF 01326 Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain. EST gb N96757 comes from this gene; supported by cDNA: gi:12044357	0.767
246434_at	At5g17520	root cap 1 (RCP1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:10216	1.78
246508_at	At5g16150	sugar transporter-like protein putative sugar transporter - Prunus armeniaca, EMBL:AF000952; supported by cDNA: gi_16648752_gb_AY058152.1_	0.054
248886_at	At5g46110	phosphate/triose-phosphate translocator precursor (gb AAC83815.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36058	-1.205

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

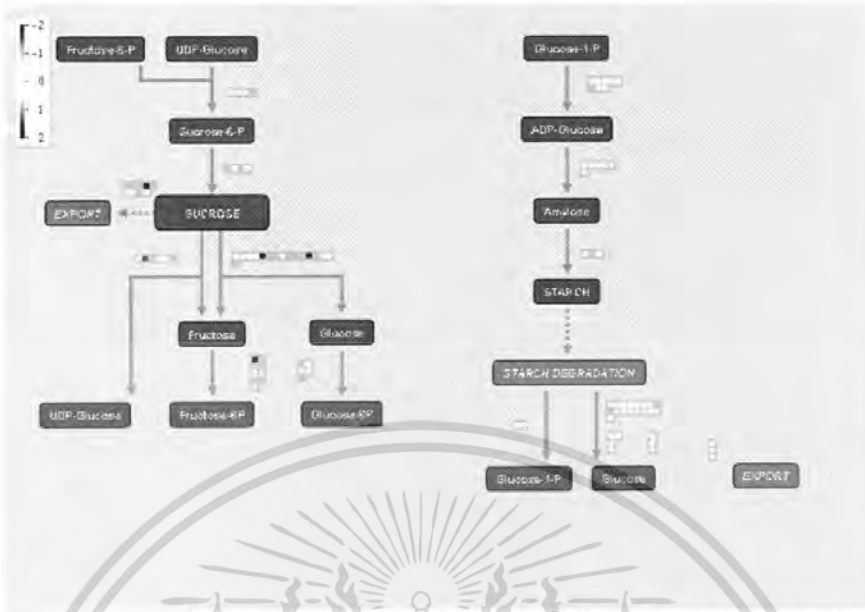
4.4 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่เกิดจากอนุมูลอิสระ

เมื่อนำข้อมูลจากต้น *Arabidopsis thaliana* ที่ได้รับการเพาะเลี้ยงเป็นเวลา 18 วัน โดยได้รับสภาวะเครียดจากอนุมูลอิสระ โดยวิธีการเติมสารเมทิลไวโอโลจีน (Methyl viologen) ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงให้ความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 10 ไมโครโมลลาร์ จากนั้นนำไปเลี้ยงตามปกติเป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วนำมาทำการประมวลผลโดยใช้โปรแกรม MapMan วิเคราะห์โดยเลือกใช้ Pathways เป็น Secondary Metabolite (รูปที่ 4.7) การทดลองนี้จะวิเคราะห์ผลเฉพาะ phenylpropanoids, simple phenols, lignin และ lignans, alkaloids-like, carotenoids, flavonoids-chalcones, flavonoids-isoflavonoids, flavonoids-flavonols, flavonoids-dihydroflavonols, flavonoids-anthocyanins และเลือกใช้ Pathways เป็น Sucrose-Starch (รูปที่ 4.8) ใช้ควบคู่กับแผนผังที่ ath_affy_tair6 และใช้ฐานข้อมูลเป็น oxidative_24h_shoot.txt จากนั้นได้นำเสนอขึ้นที่ระบุตำแหน่ง และบรรยายบทบาทหน้าที่ไว้ในตารางที่ 4.4



รูปที่ 4.7 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากอนุมูลอิสระของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.8 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลวิถีของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สถานะเครียดจากอนุมูลอิสระของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan

ตารางที่ 4.4 ผลการแสดงผลออกของยีน จากต้น *Arabidopsis thaliana* เมื่อได้รับสถานะเครียดจากอนุมูลอิสระ โดยเติมสารเมทิล ไวโอลิจิน ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงเดิม จากนั้นนำไปเลี้ยงเป็นเวลา 24 ชั่วโมง

PhenlyPropanoids			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245792_at	At1g32100	pinoresinol-lariciresinol reductase, putative similar to pinoresinol-lariciresinol reductase GB:AAF63508 GI:7542583 from [<i>Thuja plicata</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:33000	-0.289
249540_at	At5g38120	4-coumarate--CoA ligase -like protein 4-coumarate--CoA ligase, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PIR:S57784	-0.346
252199_at	At3g50270	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, <i>Dianthus caryophyllus</i>	-0.17
255787_at	At2g33590	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.37;supported by full-length cDNA: Ceres:11254	0.615
262016_at	At1g35513	unknown protein	-0.082
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, <i>Manihot esculenta</i> , PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1_	0.645

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในห้องปฏิบัติการเท่านั้น ไม่ควรเผยแพร่สู่สาธารณะโดยไม่ได้รับอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.124
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1_ATHORF	0.222
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	0.391
247038_at	At5g67160	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:32856	0.1
249541_at	At5g38130	anthranilate N-benzoyltransferase -like protein anthranilate N-benzoyltransferase (EC 2.3.1.144), clove pink, PIR:T10717	0.09
252200_at	At3g50280	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus, PIR:T10717	0.123
255845_at	At2g33600	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.36	0.063
262744_at	At1g28680	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, putative similar to anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase GB:Z84384 GI:2239084 [Dianthus caryophyllus];supported by full-length cDNA: Ceres:12689	0.236
245690_at	At5g04230	phenylalanine ammonia-lyase PAL3	0.03
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.171
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	0.078
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	-0.078
247040_at	At5g67150	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:114226	0.114
263382_at	At2g40230	putative anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:105546	-0.193
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	0.024
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa]	1.261
247380_at	At5g63380	4-coumarate-CoA ligase-like protein	0.21

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์การเขียนเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์อื่นใด

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

249761_at	At5g23970	acetyl-CoA:benzylalcohol acetyltransferase-like protein	-0.209
259518_at	At1g20510	hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_13430675_gb_AF360250.1_AF360250	1.129
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	-0.038
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	-0.055
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	0
247834_at	At5g58490	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, cider tree, PIR:T10733;supported by full-length cDNA: Ceres:30064	-0.053
253483_at	At4g31910	putative protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase,Dianthus caryophyllus, Z84384; supported by cDNA: gi_15450358_gb_AY052280.1_	0.045
265343_at	At2g22570	unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 117955	-0.38
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	0.242
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	0.008
250149_at	At5g14700	cinnamoyl CoA reductase - like protein cinnamoyl CoA reductase, Populus tremuloides, EMBL:AF217958;supported by full-length cDNA: Ceres:17229	0.605
253638_at	At4g30470	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, Saccharum officinarum, gb:AJ231134; supported by full-length cDNA: Ceres: 150515	-0.285
259710_at	At1g77670	putative aminotransferase similar to kynurenine aminotransferase GB:S48737 [Rattus norvegicus], similar to aspartate aminotransferase GB:P53001 [Bacillus subtilis];supported by full-length cDNA: Ceres:35179	0.082
266202_at	At2g02400	putative cinnamoyl-CoA reductase	0.048
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	0.121
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.042
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	-0.059
250448_at	At5g10820	putative protein lignostilbene-alpha,beta-dioxygenase gene, Synechococcus PCC7942, EMBL:AF055873	-0.136
253664_at	At4g30210	NADPH-ferrihemoprotein reductase (ATR2)	0.316
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [Arabidopsis thaliana] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	-0.546

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในเท่านั้น ไม่ควรเผยแพร่หรือใช้เพื่อวัตถุประสงค์อื่นใดโดยไม่ได้รับอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งยังมีเนื้อหาและข้อมูลอ้างอิงถึงงานวิจัยของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

251304_at	At3g61990	putative protein several O-methyltransferases - different species;supported by full-length cDNA: Ceres:40117	0
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	-0.058
250549_at	At5g07860	N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase - like protein N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase, Ipomoea batatas, EMBL:AB035183	-0.225
254127_at	At4g24520	NADPH-ferrihemoprotein reductase ATR1 ; supported by cDNA: gi_15451215_gb_AY054688.1_	0.375
259975_at	At1g76470	putative cinnamoyl-CoA reductase similar to cinnamoyl-CoA reductase GB:CAA56103 [Eucalyptus gunnii]; contains non-consensus GG acceptor splice site at exon 4	0.26
258037_at	At3g21230	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 similar to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]	-0.098
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, Populus tremuloides, PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.118
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	-0.02
250550_at	At5g07870	N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus, PIR:T10717	0.015
254600_at	At4g19010	4-coumarate-CoA ligase - like 4-coumarate-CoA ligase, Arabidopsis thaliana, PIR2:S57784	0.485
260260_at	At1g68540	putative reductase similar to cinnamoyl CoA reductase GB:CAA12276 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa], aldehyde reductase GB:AAD53967 [Vigna radiata], dihydroflavonol 4-reductase GB:BAA12723 [Rosa hybrida]	-0.444
258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	0.124
251144_at	At5g01210	anthranilate N-benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, clove pink, PIR:T10717; supported by cDNA: gi_15912268_gb_AY056412.1	0.816
255263_at	At4g05160	4-coumarate--CoA ligase - like protein 4-coumarate--CoA ligase 4CL, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	-0.105
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.143
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1_AF106088	-0.087

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Simple Phenols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
259878_at	At1g76790	putative catechol O-methyltransferase similar to catechol O-methyltransferase GB:CAA55358 [Vanilla planifolia];supported by full-length cDNA: Ceres:9016	0.491
247648_at	At5g60020	laccase - like protein laccase LAC2-4, Liriodendron tulipifera, EMBL:LTU73106	-0.519
250674_at	At5g07130	laccase-like protein laccase - Populus trichocarpa, EMBL:Y13772	-0.794
267094_at	At2g38080	putative diphenol oxidase ; supported by cDNA: gi_15450602_gb_AY052669.1_	-0.184
250958_at	At5g03260	laccase precursor - like laccase precursor, common tobacco, PIR:JC5229	-0.365
267307_at	At2g30210	putative laccase	-0.35
259036_at	At3g09220	putative laccase similar to laccase GB:CAA74105 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa]; contains Pfam profile: Multicopper oxidases	0.119

Lignin and lignans

Identifier	Locus Tag	Description	Value
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.143
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1 AF106088	-0.087
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1_	0.645
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.124
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1 ATHORF	0.222
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	0.391
245690_at	At5g04230	phenylalanine ammonia-lyase PAL3	0.03
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.171
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	0.078
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	-0.078

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในเท่านั้น การเผยแพร่โดยไม่ขออนุญาต
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมีเหตุดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	0.024
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa	1.261
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	-0.038
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	-0.055
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	0
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1	0.242
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	0.008
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	0.121
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.042
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	-0.059
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [Arabidopsis thaliana] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	-0.546
251304_at	At3g61990	putative protein several O-methyltransferases - different species;supported by full-length cDNA: Ceres:40117	0
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	-0.058
258037_at	At3g21230	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 similar to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]	0.098
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, Populus tremuloides, PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.118
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	-0.02
258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	0.124

Alkaloids-like

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245756_at	At1g35190	hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase, putative similar to hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase GB:P24397 from [Hyoscyamus niger];supported by full-length cDNA: Ceres:2551	-0.191
252068_at	At3g51440	mucin -like protein hemomucin, Drosophila melanogaster, EMBL:DM42014; supported by cDNA: gi_13430723_gb_AF360274.1_AF360274	-0.112

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ภายในของหน่วยงานราชการ
 ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต

254430_at	At4g20820	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase (EC 1.5.3.9) precursor, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR2:A41533	0.273
260391_at	At1g74020	putative strictosidine synthase extremely similar to STRICTOSIDINE SYNTHASE 1/2 PRECURSOR GB:P94111; supported by cDNA: gi_14334593_gb_AY034970.1	0.67
261068_at	At1g07450	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [<i>Datura stramonium</i>] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993))	-0.5
266275_at	At2g29370	putative tropinone reductase	-0.539
267414_at	At2g34790	putative berberine bridge enzyme	-0.134
250706_at	At5g05920	deoxyhypusine synthase ;supported by full-length cDNA: Ceres:38743	0
252092_at	At3g51420	mucin-like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38547	-0.377
254431_at	At4g20840	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase precursor, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR:A41533	0.26
261084_at	At1g07440	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [<i>Datura stramonium</i>] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993)); supported by cDNA: gi_13605590_gb_AF361621.1_AF361621	-0.059
266291_at	At2g29320	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:1637	-0.22
267425_at	At2g34810	putative berberine bridge enzyme	0.246
251469_at	At3g59530	putative protein strictosidine synthase - <i>Rauvolfia mannii</i> , PIR:S29894	-0.395
252114_at	At3g51450	mucin -like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38956	0.88
254432_at	At4g20830	reticuline oxidase -like protein reticuline oxidase, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR:A41533; supported by cDNA: gi_15983492_gb_AF424621.1_AF424621	3.326
266277_at	At2g29310	putative tropinone reductase	-0.76
267573_at	At2g30670	putative tropinone reductase	-0.128
249046_at	At5g44400	berberine bridge enzyme	-0.53
251658_at	At3g57020	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - <i>Rauvolfia mannii</i> (fragment);supported by full-length cDNA: Ceres:98698	0.174
252117_at	At3g51430	mucin -like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:34197	0.538
254447_at	At4g20860	berberine bridge enzyme - like protein ; supported by cDNA: gi_14194126_gb_AF367269.1_AF367269	1.423
266278_at	At2g29300	putative tropinone reductase	0.527
266293_at	At2g29360	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2618	-0.213
249047_at	At5g44410	berberine bridge enzyme-like protein	-0.567
253788_at	At4g28680	aromatic amino-acid decarboxylase - like protein tryptophan decarboxylase, <i>Camptotheca acuminata</i> , gb:U73657	-0.897
261020_at	At1g26390	hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAB45850 GI:5262224 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_15293132_gb_AY051000.1	0

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเอกสารทศครั้งที่มีการนำไปใช้

261696_at	At1g08470	unknown protein similar to hypothetical protein GB:AAF22901 GI:6664319 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_16930480_gb_AF419594.1_AF419594	0.184
265305_at	At2g20340	putative tyrosine decarboxylase	-0.083
266279_at	At2g29290	putative tropinone reductase	-0.341
266391_at	At2g41290	putative strictosidine synthase identical to GB:AF076979; involved in alkaloid biosynthesis	-0.428
249051_at	At5g44390	berberine bridge enzyme-like protein ; supported by cDNA: gi_16648924_gb_AY059832.1_	0.637
251679_at	At3g57030	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - Rauvolfia mannii (fragment)	-0.097
254232_at	At4g23600	tyrosine transaminase like protein tyrosine transaminase (EC 2.6.1.5) - rat, EMBL:X02741; supported by cDNA: gi_15076852_gb_AF268090.1_AF268090	1.17
266265_at	At2g29340	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_	0.154

Carotenoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
246411_at	At1g57770	hypothetical protein contains similarity to phytoene dehydrogenase (PDH1) GI:433144 from [Cercospora nicotianae]	0.009
258708_at	At3g09580	putative oxidoreductase similar to phytoene desaturase GB:P28553 from [Glycine max];supported by full-length cDNA: Ceres:17350	-0.851
264799_at	At1g08550	putative violaxanthin de-epoxidase precursor (U44133) similar to EST gb N37612; supported by cDNA: gi_1465734_gb_U44133.1_ATU44133	-0.209
259140_at	At3g10230	lycopene beta cyclase identical to lycopene beta cyclase GB:AAB53337 [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_1399182_gb_U50739.1_ATU50739	-0.438
248311_at	At5g52570	beta-carotene hydroxylase	0.169
259092_at	At3g04870	putative zeta-carotene desaturase precursor nearly identical to zeta-carotene desaturase precursor GB:AAA91161 [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:21773	-0.342
250095_at	At5g17230	phytoene synthase (gb AAB65697.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:15761	0.098
251146_at	At3g63520	neoxanthin cleavage enzyme nc1	-0.027
248613_at	At5g49555	phytoene dehydrogenase-like	0.592
260821_at	At1g06820	unknown protein contains Pfam profile:PF02032 Phytoene dehydrogenase related enzyme	0.029
245284_at	At4g14210	phytoene dehydrogenase precursor (phytoene desaturase) ; supported by cDNA: gi_14532765_gb_AY040007.1_	0.112
254020_at	At4g25700	beta-carotene hydroxylase ; supported by cDNA: gi_9230269_gb_AF125576.1_AF125576	0.221
263873_at	At2g21860	unknown protein predicted by genscan;supported by full-length cDNA: Ceres:38497	-0.451
247936_at	At5g57030	lycopene epsilon cyclase ; supported by cDNA: gi_14532799_gb_AY040024.1_	-0.3

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์หรือการคุ้มครองทางปัญญาทั้งหมดภายใต้ลิขสิทธิ์ของหน่วยงานต้นฉบับ

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Flavonoids-chalcones			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
264175_at	At1g02050	unknown protein Similar to rice chalcone synthase homolog, gp U90341 2507617 and anther specific protein, gp Y14507 2326772	-0.624
250207_at	At5g13930	chalcone synthase (naringenin-chalcone synthase) (testa 4 protein) (sp P13114) ;supported by full-length cDNA: Ceres:38370	0.073
255703_at	At4g00040	putative chalcone synthase similar to plant chalcone and stilbene synthases;supported by full-length cDNA: Ceres:21877	0.047
250794_at	At5g05270	putative protein contains similarity to chalcone-flavonone isomerase (chalcone isomerase)supported by full-length cDNA: Ceres:40439	-0.421
260982_at	At1g53520	chalcone isomerase, putative similar to GI:4126399 from (Citrus sinensis);supported by full-length cDNA: Ceres:116131	-0.5
251827_at	At3g55120	chalcone isomerase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2122	0.648
251923_at	At3g53880	reductase-like protein abscisic acid activated protein - Medicago sativa, PIR:T09670;supported by full-length cDNA: Ceres:119862	-0.308
262913_at	At1g59960	NADPH-dependent codeinone reductase, putative similar to NADPH-dependent codeinone reductase GI:6478210 from [Papaver somniferum]; supported by cDNA: gi_15451097_gb_AY054629.1__	0.802
Flavonoids-Isoflavonoids			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
252939_at	At4g39230	NAD(P)H oxidoreductase, isoflavone reductase - like protein Pycr2, Pyrus communis, AF071477	0.278
253242_at	At4g34540	isoflavone reductase - like protein isoflavone reductase homolog P3, Arabidopsis thaliana, PIR2:S57613	-0.332
256454_at	At1g75280	NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] (J. Biol. Chem. 270 (44), 26224-26231 (1995));supported by full-length cDNA: Ceres:11944	0.474
260662_at	At1g19540	2-hydroxyisoflavone reductase, putative similar to PIR:T08106 from [Betula pendula]	-0.03
Flavonoids-Flavonols			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245141_at	At2g45400	putative flavonol reductase	-0.163
256818_at	At3g21420	hypothetical protein contains Pfam profile: PF00671 iron/ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:118190	-0.369
256922_at	At3g19010	hypothetical protein contains similarity to flavonol synthase (FLS) GB:Q41452 from [Solanum tuberosum], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:41506	1.094

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

261804_at	At1g30530	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, putative similar to UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase GB:AAB81683 GI:2564114 from [Vitis vinifera];supported by full-length cDNA: Ceres:38407	0.223
250533_at	At5g08640	flavonol synthase (FLS) (sp Q96330) ;supported by full-length cDNA: Ceres:23924	-0.293
251402_at	At3g60290	SRG1 - like protein SRG1 protein, Arabidopsis thaliana, PIR:S44261	-0.376
252213_at	At3g50210	flavonol synthase - like protein SRG1 protein, Arabidopsis thaliana, PIR:S44261; supported by full-length cDNA: Ceres: 25787	0.305
253334_at	At4g33360	putative protein dihydrokaempferol 4-reductase (EC 1.1.1.219) -Synechocystis, PIR2:S75325; supported by cDNA: gi_13926212_gb_AF370578.1_AF370578	0
253907_at	At4g27250	putative protein dihydrokaempferol 4-reductase, Medicago sativa, PIR2:S61416	-0.358
254053_s_at	At4g25300	SRG1-like protein strong homology to SRG1 protein, a new member of the Fe(II)/ascorbate oxidase superfamily, PID:g479047	0.073

Flavonoids-Dihydroflavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245360_at	At4g16330	naringenin 3-dioxygenase like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:40793	-0.211
252123_at	At3g51240	flavanone 3-hydroxylase (FH3) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36653	-0.127
261046_at	At1g01390	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	-0.206
263135_at	At1g78550	flavanone 3-hydroxylase, putative similar to flavanone 3-hydroxylase GI:727410 from [Persea americana]; supported by cDNA: gi_13507544_gb_AF360338.1_AF360338	-0.573
261048_at	At1g01420	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	0.24
263135_at	At1g78550	flavanone 3-hydroxylase, putative similar to flavanone 3-hydroxylase GI:727410 from [Persea americana]; supported by cDNA: gi_13507544_gb_AF360338.1_AF360338	0.07
246468_at	At5g17050	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase -like protein UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, Vitis vinifera, EMBL:AF000372	0.103
254834_at	At4g12300	flavonoid 3,5-hydroxylase -like protein flavonoid 3,5-hydroxylase - Campanula medium, PID:d1003951	-0.072
248185_at	At5g54060	flavonol 3-O-glucosyltransferase-like	0.624
255622_at	At4g01070	putative flavonol glucosyltransferase similar to Manihot esculenta flavonol 3-O-glucosyltransferase 5, GenBank accession number Q40287;supported by full-length cDNA: Ceres:1204	0.508
249012_at	At5g44620	flavonoid 3,5-hydroxylase-like; cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_16226349_gb_AF428311.1_AF428311	-0.394

249215_at	At5g42800	dihydroflavonol 4-reductase	0.802
256892_at	At3g19000	hypothetical protein contains similarity to flavanone-3-hydroxylase GB:Q05965 from [Matthiola incana], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:36985	-0.198
249754_at	At5g24530	flavanone 3-hydroxylase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 149654	0.356
250558_at	At5g07990	flavonoid 3-hydroxylase - like protein flavonoid 3 - hydroxylase Ht1, Petunia x hybrida, EMBL:AF155332; supported by cDNA: gi_10334803_gb_AF271649.1_AF271649	0.776
257205_at	At3g16520	putative glucosyltransferase similar to UDP-glucose glucosyltransferase GB:X77459 [Manihot esculenta], UDP-glycose:flavonoid glucosyltransferase GB:BAA36411 [Vigna mungo]	-0.078

Flavonoids-Anthocyanins

Identifier	Locus Tag	Description	Value
256924_at	At3g29590	Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, putative similar to Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase GB:BAA74428 from [Gentiana triflora]	0.848
249493_at	At5g39080	acyltransferase -like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708;supported by full-length cDNA: Ceres:37806	0.31
249494_at	At5g39050	acyltransferase - like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708; supported by cDNA: gi_15450468_gb_AY052335.1	2.394
265091_s_at	At1g03495	hypothetical protein similar to Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase GB:BAA74428	0.861
254283_s_at	At4g22870	anthocyanidin synthase - like protein putative leucoanthocyanidin dioxygenase, Arabidopsis thaliana, PID:g1575699	0.784
267337_at	At2g39980	putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase ; supported by cDNA: gi_13937225_gb_AF372968.1_AF372968	0.767
255032_at	At4g09500	putative protein anthocyanin rhamnosyltransferase - Petunia x hybrida, PID:g454253	-0.322

Sucrose-Strach

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245904_at	At5g11110	sucrose-phosphate synthase -like protein sucrose-phosphate synthase isoform 1, Citrus unshiu, PIR:S72648	0.217
246076_at	At5g20280	sucrose-phosphate synthase-like protein sucrose-phosphate synthase (EC 2.4.1.14) isoform 1 - Citrus unshiu, EMBL:AB005023; supported by cDNA: gi_14532573_gb_AY039911.1_	0.259
255016_at	At4g10120	sucrose-phosphate synthase - like protein sucrose-phosphate synthase, Zea mays, PIR2:JQ1329	-0.497
256681_at	At3g52340	unknown protein ; supported by cDNA: gi_13811668_gb_AF356816.1_AF356816	0.127
263954_at	At2g35840	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15450787_gb_AY054474.1_	0.123

264204_at	At1g22710	putative sucrose transport protein, SUC2 strong similarity to GB:S38196 sucrose transport protein SUC2 from [Arabidopsis thaliana]; supported by full-length cDNA: Ceres:7894	-0.281
264662_at	At1g09960	putative sucrose/H ⁺ symporter similar to GB:CAA76367 and Vicia sucrose transport protein (gb Z93774); supported by cDNA: gi_9957052_gb_AF175321.1_AF175321	-0.195
260143_at	At1g71880	sucrose transport protein SUC1 identical to GB:S38197 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15146267_gb_AY049275.1_	1.546
266792_at	At2g02860	putative sucrose/H ⁺ symporter	0.379
245725_at	At1g73370	sucrose synthase, putative similar to sucrose synthase GI:4468151 from [Craterostigma plantagineum]	-0.363
245998_at	At5g20830	sucrose-UDP glucosyltransferase	1.355
249633_at	At5g37180	sucrose synthase-like protein sucrose synthase - Citrus unshiu, EMBL:AB022091	-0.132
252746_at	At3g43190	sucrose synthase -like protein SUCROSE SYNTHASE (SUCROSE-UDP GLUCOSYLTRANSFERASE), Arabidopsis thaliana, SWISSPROT:SUS1_ARATH; supported by cDNA: gi_14334569_gb_AY034958.1_	0.095
245681_at	At1g56560	alkaline/neutral invertase, putative similar to alkaline/neutral invertase GI:9758657 from [Arabidopsis thaliana]	-0.319
249898_at	At5g22510	alkaline/neutral invertase ; supported by cDNA: gi_15912342_gb_AY056449.1_	-0.306
253224_at	At4g34860	invertase - like protein mRNA, Lilium longiflorum, gb:D21823; supported by cDNA: gi_15215775_gb_AY050417.1_	-0.286
255038_at	At4g09510	neutral invertase like protein Daucus carota mRNA, PID:e1372926; supported by full-length cDNA: Ceres:156092	-0.04
258507_at	At3g06500	neutral invertase, putative similar to neutral invertase GB:CAA76145 from [Daucus carota] (Physiol. Plantarum (1999) 107, 159-165)	1.689
262038_at	At1g35580	invertase, putative similar to neutral invertase GB:76145 GI:4200165 from [Daucus carota]	0.411
256787_at	At3g13790	beta-fructofuranosidase 1 identical to GB:S37212 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15027838_gb_AY045776.1_	1.571
260969_at	At1g12240	beta-fructosidase identical to beta-fructosidase GI:1871503 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15028118_gb_AY046009.1_	-0.296
265118_at	At1g62660	beta-fructosidase nearly identical to beta-fructosidase GB:CAA67560 GI:1429209 (Arabidopsis thaliana); supported by cDNA: gi_14517549_gb_AY039610.1_	0.278
248381_at	At5g51830	fructokinase 1 ; supported by cDNA: gi_13878052_gb_AF370289.1_AF370289	1.845
251935_at	At3g54090	fructokinase - like protein fructokinase, Lycopersicon esculentum, EMBL:LEU62329	-0.927

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกรณีฉุกเฉินเท่านั้น ไม่ควรใช้เพื่อวัตถุประสงค์อื่นใด

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

260107_at	At1g66430	fructokinase, putative similar to fructokinase (Lycopersicon esculentum) GI:2102691; supported by cDNA: gi_13878132_gb_AF370329.1_AF370329	0.004
263250_at	At2g31390	putative fructokinase ; supported by full-length cDNA: Ceres: 17664	0.558
260343_at	At1g69200	fructokinase (Frk1), putative similar to fructokinase (Frk1) GI:2102690 from (Lycopersicon esculentum)	-0.513
253705_at	At4g29130	hexokinase ; supported by cDNA: gi_8567421_gb_U18754.2_ATU18754	0.172
261851_at	At1g50460	hexokinase, putative similar to chloroplast outer envelope hexokinase 1 GB: AAF18584 GI:6594672 from [Spinacia oleracea]	0.274
266702_at	At2g19860	hexokinase (ATHXK2) ; supported by cDNA: gi_1899024_gb_U28215.1_ATU28215	0.08
248687_at	At5g48300	ADPG pyrophosphorylase small subunit (gb AAC39441.1) ; supported by cDNA: gi_15146247_gb_AY049265.1_	0.394
249927_at	At5g19220	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (ApL1/adg2) ; supported by cDNA: gi_2149020_gb_U72290.1_ATU72290	-0.038
263544_at	At2g21590	putative ADP-glucose pyrophosphorylase large subunit	-0.23
252888_at	At4g39210	glucose-1-phosphate adenylyltransferase (APL3) ; supported by cDNA: gi_16648984_gb_AY059862.1_	0.173
263619_at	At2g04650	putative GDP-mannose pyrophosphorylase	-0.246
261642_at	At1g27680	ADP-glucose pyrophosphorylase, putative similar to ADP-glucose pyrophosphorylase GB:X78900 GI:556623 from [Beta vulgaris]	-11
262174_at	At1g74910	putative GDP-mannose pyrophosphorylase similar to GDP-mannose pyrophosphorylase A GB:AAD38517 (Homo sapiens); supported by cDNA: gi_13937223_gb_AF372967.1_AF372967	0.296
247163_at	At5g65685	Expressed protein ; supported by cDNA: gi_15215828_gb_AY050444.1_	-0.121
262809_at	At1g11720	putative glycogen synthase strong similarity to gb X95759 soluble-starch-synthase precursor (SSIII) from Solanum tuberosum	-0.251
249785_at	At5g24300	soluble starch synthase	0.25
254659_at	At4g18240	starch synthase-like protein bacterial and plant glycogen (starch) synthases; for example B.subtilis, PATCHX:D1020368	-0.538
259277_at	At3g01180	putative glycogen synthase similar to glycogen synthase precursor (Granule-Bound Starch Synthase II) GB:Q43093 from [Pisum sativum]; supported by cDNA: gi_15450774_gb_AY054467.1_	-0.142
261191_at	At1g32900	starch synthase, putative similar to starch synthase GI:21613 from [Solanum tuberosum];supported by full-length cDNA: Ceres:7714	0.436
250906_at	At5g03650	1,4-alpha-glucan branching enzyme protein soform SBE2.2 precursor	0.058
263912_at	At2g36390	starch branching enzyme II	-0.184

252468_at	At3g46970	starch phosphorylase H (cytosolic form) - like protein starch phosphorylase H, cytosolic isoform, <i>Vicia faba</i> , PIR:T12091; supported by cDNA: gi_15983802_gb_AY056807.1_	-0.34
256746_at	At3g29320	alpha-glucan phosphorylase, putative similar to alpha-glucan phosphorylase, L isozyme 1 precursor GB:P04045 from [<i>Solanum tuberosum</i>] (J. Biochem. 106 (4), 691-695 (1989)); supported by cDNA: gi_15146188_gb_AY049235.1_	-0.078
245275_at	At4g15210	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_166601_gb_M73467.1_ATHAMYB	0.585
266914_at	At2g45880	putative beta-amylase	0.376
245346_at	At4g17090	putative beta-amylase ;supported by full-length cDNA: Ceres:36882	0.012
255676_at	At4g00490	putative beta-amylase similar to the family of glycosyl hydrolases	-0.639
247298_at	At5g63840	glucosidase II alpha subunit	-0.253
256861_at	At3g23920	beta-amylase, putative similar to beta-amylase GB:CAB58423 [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_14194172_gb_AF367293.1_AF367293	0.35
248029_at	At5g55700	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_15027954_gb_AY045834.1_	0.13
258109_at	At3g23640	hypothetical protein contains Pfam profile: PF01055 Glycosyl hydrolases family 31; supported by cDNA: gi_16648902_gb_AY059821.1_	0
248997_at	At5g45300	beta-amylase-like	0.058
260412_at	At1g69830	putative alpha-amylase similar to alpha-amylase GB:AAA91884 [<i>Solanum tuberosum</i>]; supported by cDNA: gi_15215737_gb_AY050398.1_	-0.45
250007_at	At5g18670	beta-amylase-like proten beta-amylase - <i>Prunus armeniaca</i> , EMBL:AF139501;supported by full-length cDNA: Ceres:30798	-0.432
261754_at	At1g76130	alpha-amylase, putative similar to alpha-amylase GI:7532799 from [<i>Malus domestica</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:119931	0.472
250336_at	At5g11720	alpha-glucosidase 1 ; supported by cDNA: gi_15450744_gb_AY053414.1_	-0.268
262230_at	At1g68560	alpha-xylosidase precursor identical to alpha-xylosidase precursor GB:AAD05539 GI:4163997 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_15982750_gb_AY057482.1_	0.021
266357_at	At2g32290	putative beta-amylase	-0.456
245094_at	At2g40840	4-alpha-glucanotransferase	0.168
247216_at	At5g64860	4-alpha-glucanotransferase ; supported by cDNA: gi_14335103_gb_AY037231.1_	-0.104
251110_at	At5g01260	putative protein various alpha amylases from diverse species; supported by cDNA: gi_16323040_gb_AY057624.1_	0.051
263322_at	At2g04270	putative ribonuclease E	0.041
246829_at	At5g26570	putative protein pyruvate water dikinase, <i>Archaeoglobus fulgidus</i> , PIR:F69338	-0.01
254153_at	At4g24450	putative protein hypothetical protein R1 - <i>Solanum tuberosum</i> ,PIR2:T07050	0.04

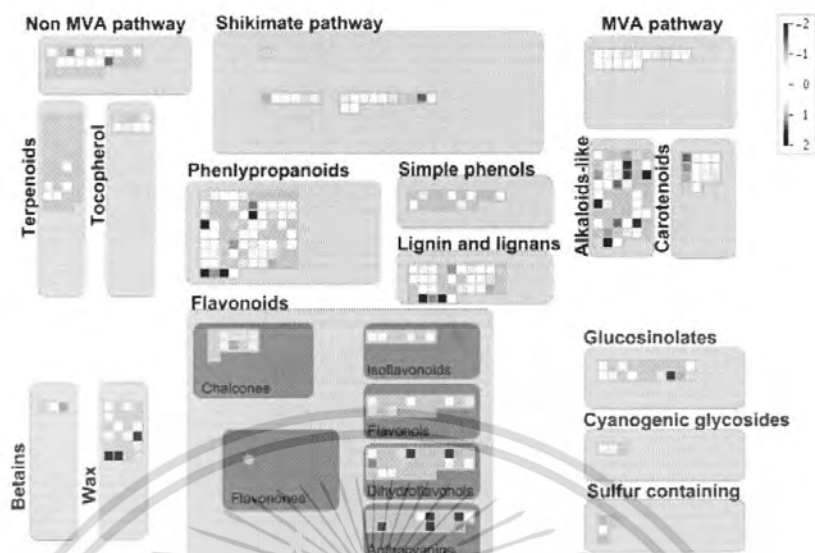
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานภายในเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

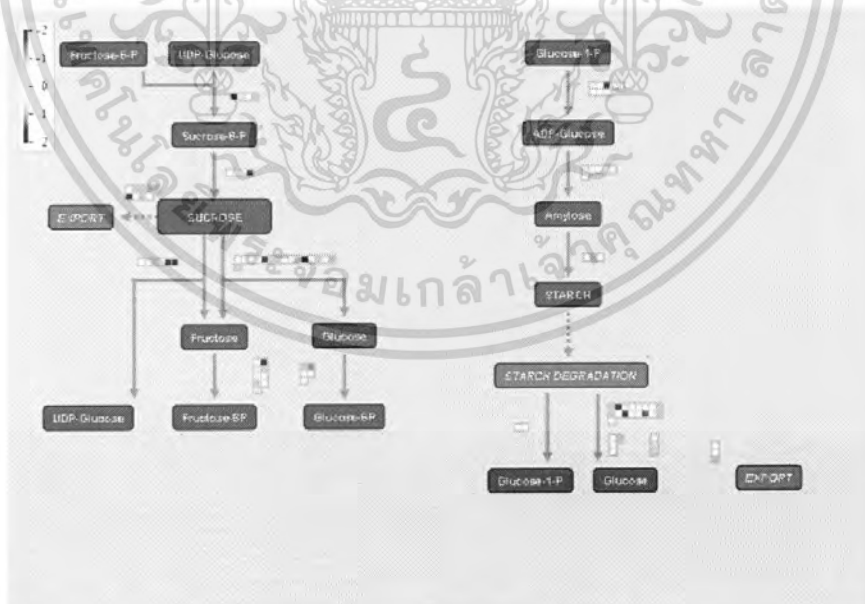
262784_at	At1g10760	unknown protein strong similarity to gb Y09533 involved in starch metabolism from <i>Solanum tuberosum</i> and contains a PF 01326 Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain. EST gb N96757 comes from this gene; supported by cDNA: gi:12044357	-0.265
246434_at	At5g17520	root cap 1 (RCP1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:10216	0.115
246508_at	At5g16150	sugar transporter-like protein putative sugar transporter - <i>Prunus armeniaca</i> , EMBL:AF000952; supported by cDNA: gi_16648752_gb_AY058152.1_	-0.265
248886_at	At5g46110	phosphate/triose-phosphate translocator precursor (gb AAC83815.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36058	-0.266

4.5 ผลการวิเคราะห์สถานะเครียดที่เกิดจากความเค็ม

เมื่อนำข้อมูลจากต้น *Arabidopsis thaliana* ที่ได้รับการเพาะเลี้ยงเป็นเวลา 18 วัน โดยได้รับสถานะเครียดจากความเค็ม โดยวิธีการเติมสารโซเดียมคลอไรด์ (NaCl) ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงให้ ความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 150 มิลลิโมลลาร์ จากนั้นนำไปเลี้ยงตามปกติเป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้ว นำมาทำการประมวลผลโดยใช้โปรแกรม MapMan วิเคราะห์โดยเลือกใช้ Pathways เป็น Secondary Metabolite (รูปที่ 4.9) การทดลองนี้จะวิเคราะห์ผลเฉพาะ phenylpropanoids, simple phenols, lignin และ lignans, alkaloids-like, carotenoids, flavonoids-chalcones, flavonoids-isoflavonoids, flavonoids-flavonols, flavonoids-dihydroflavonols, flavonoids-anthocyanins และเลือกใช้ Pathways เป็น Sucrose-Starch (รูปที่ 4.10) ใช้ควบคู่กับแผนที่ ath_affy_tair6 และใช้ฐานข้อมูลเป็น salt_24h_shoot.txt จากนั้นได้นำเสนอขึ้นที่ระบุตำแหน่ง และบรรยายบทบาทหน้าที่ไว้ในตารางที่ 4.5



รูปที่ 4.9 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลสถิติของ Secondary Metabolite ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเค็มของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan



รูปที่ 4.10 ภาพการวิเคราะห์ข้อมูลสถิติของ Sucrose-Starch ที่ได้จากการแสดงออกของยีนภายใต้สภาวะเครียดจากความเค็มของต้น *Arabidopsis* เปรียบเทียบกับต้นปกติโดยใช้โปรแกรม MapMan

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.5 ผลการแสดงออกของยีน จากต้น *Arabidopsis thaliana* เมื่อได้รับสภาวะเครียดจากความเค็ม โดยเติมสารโซเดียมคลอไรด์ ลงไปในอาหารเพาะเลี้ยงเดิม จากนั้นนำไปเลี้ยงเป็นเวลา 24 ชั่วโมง

PhenylPropanoids			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245792_at	At1g32100	pinoresinol-lariciresinol reductase, putative similar to pinoresinol-lariciresinol reductase GB:AAF63508 GI:7542583 from [Thuja plicata];supported by full-length cDNA: Ceres:33000	0.714
249540_at	At5g38120	4-coumarate--CoA ligase -like protein 4-coumarate--CoA ligase, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	-0.376
252199_at	At3g50270	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus	-0.651
255787_at	At2g33590	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.37;supported by full-length cDNA: Ceres:11254	2.484
262016_at	At1g35513	unknown protein	0.256
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1_	-0.512
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.221
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1_ATHORF	-0.179
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	2.717
247038_at	At5g67160	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:32856	0.474
255845_at	At2g33600	putative cinnamoyl-CoA reductase highly similar to F4P9.36	-0.171
262744_at	At1g28680	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, putative similar to anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase GB:Z84384 GI:2239084 [Dianthus caryophyllus];supported by full-length cDNA: Ceres:12689	0.277
245690_at	At5g04230	phenylalanine ammonia-lyase PAL3	-0.297
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.504

261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	0.182
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana]; supported by full-length cDNA: Ceres:4357	-1.311
247040_at	At5g67150	anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase-like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:114226	-0.232
251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	-0.92
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa]	1.806
247380_at	At5g63380	4-coumarate-CoA ligase-like protein	0.261
249761_at	At5g23970	acetyl-CoA:benzylalcohol acetyltransferase-like protein	-0.122
259518_at	At1g20510	hypothetical protein ; supported by cDNA: gi_13430675_gb_AF360250.1_AF360250	0.715
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	1.079
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450; supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0.079
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	0.026
247834_at	At5g58490	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, cider tree, PIR:T10733; supported by full-length cDNA: Ceres:30064	0.538
253483_at	At4g31910	putative protein anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus, Z84384; supported by cDNA: gi_15450358_gb_AY052280.1_	-0.341
265343_at	At2g22570	unknown protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 117955	0.088
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	0.033
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	-0.683
250149_at	At5g14700	cinnamoyl CoA reductase – like protein cinnamoyl CoA reductase, Populus tremuloides, EMBL:AF217958; supported by full-length cDNA: Ceres:17229	1.273
253638_at	At4g30470	cinnamoyl-CoA reductase – like protein cinnamoyl-CoA reductase, Saccharum officinarum, gb:AJ231134; supported by full-length cDNA: Ceres: 150515	2.261
259710_at	At1g77670	putative aminotransferase similar to kynurenine aminotransferase GB:S48737 [Rattus norvegicus], similar to aspartate aminotransferase GB:P53001 [Bacillus subtilis]; supported by full-length cDNA: Ceres:35179	0.003
266202_at	At2g02400	putative cinnamoyl-CoA reductase	0.344

267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	0.599
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.301
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	0.343
250448_at	At5g10820	putative protein lignostilbene-alpha,beta-dioxygenase gene, Synechococcus PCC7942, EMBL:AF055873	0.139
253664_at	At4g30210	NADPH-ferrihemoprotein reductase (ATR2)	0.277
259758_s_at	At1g77530	putative caffeic acid 3-O-methyltransferase similar to caffeic acid 3-O-methyltransferase GB:O23760 [Clarkia breweri	0
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [Arabidopsis thaliana] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	0.158
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, Populus tremuloides, PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.687
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	0.968
250550_at	At5g07870	N-hydroxycinnamoyl benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, Dianthus caryophyllus, PIR:T10717	-0.176
254600_at	At4g19010	4-coumarate-CoA ligase - like 4-coumarate-CoA ligase, Arabidopsis thaliana, PIR2:S57784	0.103
260260_at	At1g68540	putative reductase similar to cinnamoyl CoA reductase GB:CAA12276 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa], aldehyde reductase GB:AAD53967 [Vigna radiata], dihydroflavonol 4-reductase GB:BAA12723 [Rosa hybrida]	-0.227
258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	0.792
251144_at	At5g01210	anthranilate N-benzoyltransferase - like protein anthranilate N-benzoyltransferase, clove pink, PIR:T10717; supported by cDNA: gi_15912268_gb_AY056412.1_	-0.164
255263_at	At4g05160	4-coumarate--CoA ligase - like protein 4-coumarate--CoA ligase 4CL, Arabidopsis thaliana, PIR:S57784	0.518
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.126
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1_AF106088	-0.184

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Simple Phenols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
259878_at	At1g76790	putative catechol O-methyltransferase similar to catechol O-methyltransferase GB:CAA55358 [Vanilla planifolia];supported by full-length cDNA: Ceres:9016	-0.301
247648_at	At5g60020	laccase - like protein laccase LAC2-4, Liriodendron tulipifera, EMBL:LTU73106	0.585
250674_at	At5g07130	laccase-like protein laccase - Populus trichocarpa, EMBL:Y13772	-0.427
267094_at	At2g38080	putative diphenol oxidase ; supported by cDNA: gi_15450602_gb_AY052669.1_	0.589
250958_at	At5g03260	laccase precursor - like laccase precursor, common tobacco, PIR:JC5229	0.266
259036_at	At3g09220	putative laccase similar to laccase GB:CAA74105 [Populus balsamifera subsp. trichocarpa]; contains Pfam profile: Multicopper oxidases	0.28

Lignin and lignans

Identifier	Locus Tag	Description	Value
247059_at	At5g66690	UTP-glucose glucosyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:151441	0.126
261907_at	At1g65060	4-coumarate:CoA ligase 3 identical to 4-coumarate:CoA ligase 3 GI:5702190 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702191_gb_AF106088.1_AF106088	-0.184
252183_at	At3g50740	UTP-glucose glucosyltransferase - like protein UTP-glucose glucosyltransferase, Manihot esculenta, PIR:S41951; supported by cDNA: gi_15146271_gb_AY049277.1_	-0.512
248639_at	At5g48930	anthranilate N-benzoyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:114130	-0.221
260015_at	At1g67980	putative S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase similar to S-adenosyl-L-methionine:trans-caffeoyl-Coenzyme A 3-O-methyltransferase GB:AAA62426 [Arabidopsis thaliana] (function=disease resistance); supported by cDNA: gi_682727_gb_L40031.1_ATHORF	-0.179
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1_	2.717
245690_at	At5g04230	phenylalanine ammonia-lyase PAL3	0.297
245101_at	At2g40890	putative cytochrome P450 ; supported by cDNA: gi_15810181_gb_AY056105.1_	-0.504
261792_at	At1g15950	cinnamoyl CoA reductase, putative similar to cinnamoyl CoA reductase GI:2058310 from [Eucalyptus gunnii]; supported by full-length cDNA: Ceres: 34141	0.182
258023_at	At3g19450	cinnamyl alcohol dehydrogenase identical to GB:P48523 from [Arabidopsis thaliana];supported by full-length cDNA: Ceres:4357	-1.311

251984_at	At3g53260	phenylalanine ammonia-lyase ;supported by full-length cDNA: Ceres:110886	-0.92
259911_at	At1g72680	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase similar to cinnamyl-alcohol dehydrogenase GB:AAC35846 [Medicago sativa	1.806
259149_at	At3g10340	putative phenylalanine ammonia-lyase similar to phenylalanine ammonia-lyase GB:S48726 [Petroselinum crispum]	1.079
260233_at	At1g74550	putative cytochrome P450 similar to cytochrome P450 GB:O48922 [Glycine max]; contains Pfam profile: PF00067 cytochrome P450;supported by full-length cDNA: Ceres:232402	0.079
263927_s_at	At2g21890	putative cinnamyl-alcohol dehydrogenase	0.026
263845_at	At2g37040	phenylalanine ammonia lyase (PAL1) ; supported by cDNA: gi_15028192_gb_AY045919.1_	0.033
253088_at	At4g36220	ferulate-5-hydroxylase (FAH1) ; supported by cDNA: gi_1488254_gb_U38416.1_ATU38416	-0.683
267470_at	At2g30490	cinnamate-4-hydroxylase molecular marker C4H (GB:U71080); supported by cDNA: gi_1773288_gb_U71081.1_ATU71081	0.599
251295_at	At3g62000	putative protein several O-methyltransferases - different species	-0.301
248200_at	At5g54160	O-methyltransferase ;supported by full-length cDNA: Ceres:33790	0.343
256186_at	At1g51680	4-coumarate:CoA ligase 1 identical to 4-coumarate:CoA ligase 1 [Arabidopsis thaliana] GI:5702184; supported by cDNA: gi_609339_gb_U18675.1_ATU18675	-0.158
251304_at	At3g61990	putative protein several O-methyltransferases - different species;supported by full-length cDNA: Ceres:40117	0.318
252943_at	At4g39330	cinnamyl-alcohol dehydrogenase CAD1 ;supported by full-length cDNA: Ceres:34593	0.437
258037_at	At3g21230	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 similar to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]	0.185
253276_at	At4g34050	caffeoyl-CoA O-methyltransferase - like protein caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase, Populus tremuloides, PID:G857578;supported by full-length cDNA: Ceres:8049	0.687
252983_at	At4g37980	cinnamyl-alcohol dehydrogenase ELI3-1 ; supported by cDNA: gi_13430625_gb_AF360225.1_AF360225	0.968
258047_at	At3g21240	putative 4-coumarate:CoA ligase 2 almost identical (1 amino acid difference) to GB:AAD47192 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_5702187_gb_AF106086.1_AF106086	0.792

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Alkaloids-like			
Identifier	Locus Tag	Description	Value
245756_at	At1g35190	hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase, putative similar to hyoscyamine 6-dioxygenase hydroxylase GB:P24397 from [<i>Hyoscyamus niger</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:2551	0.307
252068_at	At3g51440	mucin -like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014; supported by cDNA: gi_13430723_gb_AF360274.1_AF360274	1.07
254430_at	At4g20820	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase (EC 1.5.3.9) precursor, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR2:A41533	0.248
260391_at	At1g74020	putative strictosidine synthase extremely similar to STRICTOSIDINE SYNTHASE 1/2 PRECURSOR GB:P94111; supported by cDNA: gi_14334593_gb_AY034970.1_	0.154
261068_at	At1g07450	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [<i>Datura stramonium</i>] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993))	-1.943
266275_at	At2g29370	putative tropinone reductase	-0.158
267414_at	At2g34790	putative berberine bridge enzyme	0.775
250706_at	At5g05920	deoxyhypusine synthase ;supported by full-length cDNA: Ceres:38743	0.521
252092_at	At3g51420	mucin-like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38547	-0.469
254431_at	At4g20840	reticuline oxidase - like protein reticuline oxidase precursor, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR:A41533	-0.076
261084_at	At1g07440	tropinone reductase-I, putative similar to GB:L20473 from [<i>Datura stramonium</i>] (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 9591-9595 (1993)); supported by cDNA: gi_13605590_gb_AF361621.1_AF361621	0.616
266291_at	At2g29320	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:1637	-1.191
267425_at	At2g34810	putative berberine bridge enzyme	2.431
251469_at	At3g59530	putative protein strictosidine synthase - <i>Rauvolfia mannii</i> , PIR:S29894	-0.109
252114_at	At3g51450	mucin -like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:38956	0.607
254432_at	At4g20830	reticuline oxidase -like protein reticuline oxidase, <i>Eschscholzia californica</i> , PIR:A41533; supported by cDNA: gi_15983492_gb_AF424621.1_AF424621	1.3
266277_at	At2g29310	putative tropinone reductase	-1.464
267573_at	At2g30670	putative tropinone reductase	-0.359
249046_at	At5g44400	berberine bridge enzyme	-1.127
251658_at	At3g57020	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - <i>Rauvolfia mannii</i> (fragment);supported by full-length cDNA: Ceres:98698	1.546

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

252117_at	At3g51430	mucin -like protein hemomucin, <i>Drosophila melanogaster</i> , EMBL:DM42014;supported by full-length cDNA: Ceres:34197	1.415
254447_at	At4g20860	berberine bridge enzyme - like protein ; supported by cDNA: gi_14194126_gb_AF367269.1_AF367269	0.544
266278_at	At2g29300	putative tropinone reductase	0.034
266293_at	At2g29360	putative tropinone reductase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2618	-0.712
249047_at	At5g44410	berberine bridge enzyme-like protein	-0.795
253788_at	At4g28680	aromatic amino-acid decarboxylase - like protein tryptophan decarboxylase, <i>Camptotheca acuminata</i> , gb:U73657	-1.209
261020_at	At1g26390	hypothetical protein similar to reticuline oxidase-like protein GB:CAB45850 GI:5262224 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_15293132_gb_AY051000.1_	-0.082
261696_at	At1g08470	unknown protein similar to hypothetical protein GB:AAF22901 GI:6664319 from [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_16930480_gb_AF419594.1_AF419594	-0.018
265305_at	At2g20340	putative tyrosine decarboxylase	0.237
266279_at	At2g29290	putative tropinone reductase	-2.019
266391_at	At2g41290	putative strictosidine synthase identical to GB:AF076979; involved in alkaloid biosynthesis	-0.453
251679_at	At3g57030	putative protein strictosidine synthase (EC 4.3.3.2) - <i>Rauvolfia mannii</i> (fragment)	-0.126
254232_at	At4g23600	tyrosine transaminase like protein tyrosine transaminase (EC 2.6.1.5) - rat, EMBL:X02741; supported by cDNA: gi_15076852_gb_AF268090.1_AF268090	5.267
266265_at	At2g29340	putative tropinone reductase ; supported by cDNA: gi_14334839_gb_AY035093.1_	-0.062

Carotenoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
246411_at	At1g57770	hypothetical protein contains similarity to phytoene dehydrogenase (PDH1) GI:433144 from [<i>Cercospora nicotianae</i>]	-1.476
258708_at	At3g09580	putative oxidoreductase similar to phytoene desaturase GB:P28553 from [<i>Glycine max</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:17350	-1.283
264799_at	At1g08550	putative violaxanthin de-epoxidase precursor (U44133) similar to EST gb N37612; supported by cDNA: gi_1465734_gb_U44133.1_ATU44133	-1.082
259140_at	At3g10230	lycopene beta cyclase identical to lycopene beta cyclase GB:AAB53337 [<i>Arabidopsis thaliana</i>]; supported by cDNA: gi_1399182_gb_U50739.1_ATU50739	-0.898
248311_at	At5g52570	beta-carotene hydroxylase	-0.555
259092_at	At3g04870	putative zeta-carotene desaturase precursor nearly identical to zeta-carotene desaturase precursor GB:AAA91161 [<i>Arabidopsis thaliana</i>];supported by full-length cDNA: Ceres:21773	-0.06

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการ
 ไม่ควรเผยแพร่ ห้ามนำไปใช้โดยไม่ได้รับอนุญาต
 ไม่ควรนำข้อมูลไปใช้โดยไม่ได้รับอนุญาต

250095_at	At5g17230	phytoene synthase (gb AAB65697.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:15761	-0.07
251146_at	At3g63520	neoxanthin cleavage enzyme nc1	0.183
248613_at	At5g49555	phytoene dehydrogenase-like	0.044
260821_at	At1g06820	unknown protein contains Pfam profile:PF02032 Phytoene dehydrogenase related enzyme	-0.268
245284_at	At4g14210	phytoene dehydrogenase precursor (phytoene desaturase) ; supported by cDNA: gi_14532765_gb_AY040007.1_	-0.569
254020_at	At4g25700	beta-carotene hydroxylase ; supported by cDNA: gi_9230269_gb_AF125576.1_AF125576	-0.105
263873_at	At2g21860	unknown protein predicted by genscan;supported by full-length cDNA: Ceres:38497	-0.417
247936_at	At5g57030	lycopene epsilon cyclase ; supported by cDNA: gi_14532799_gb_AY040024.1_	-0.704

Flavonoids-chalcones

Identifier	Locus Tag	Description	Value
250207_at	At5g13930	chalcone synthase (naringenin-chalcone synthase) (testa 4 protein) (sp P13114) ;supported by full-length cDNA: Ceres:38370	0.624
255703_at	At4g00040	putative chalcone synthase similar to plant chalcone and stilbene synthases;supported by full-length cDNA: Ceres:21877	0.553
250794_at	At5g05270	putative protein contains similarity to chalcone-flavonone isomerase (chalcone isomerase)supported by full-length cDNA: Ceres:40439	0.718
260982_at	At1g53520	chalcone isomerase, putative similar to GI:4126399 from (Citrus sinensis);supported by full-length cDNA: Ceres:116131	-1.212
251827_at	At3g55120	chalcone isomerase ;supported by full-length cDNA: Ceres:2122	0.679
251923_at	At3g53880	reductase-like protein abscisic acid activated protein - Medicago sativa, PIR:T09670;supported by full-length cDNA: Ceres:119862	0.649
262913_at	At1g59960	NADPH-dependent codeinone reductase, putative similar to NADPH-dependent codeinone reductase GI:6478210 from [Papaver somniferum]; supported by cDNA: gi_15451097_gb_AY054629.1_	0.592

Flavonoids-isoflavonoids

Identifier	Locus Tag	Description	Value
252939_at	At4g39230	NAD(P)H oxidoreductase, isoflavone reductase - like protein Pycr2, Pyrus communis, AF071477	-0.288
253242_at	At4g34540	isoflavone reductase - like protein isoflavone reductase homolog P3, Arabidopsis thaliana, PIR2:S57613	0.468
256454_at	At1g75280	NADPH oxidoreductase, putative similar to GI:1708420 from [Arabidopsis thaliana] (J. Biol. Chem. 270 (44), 26224-26231 (1995));supported by full-length cDNA: Ceres:11944	0.562
260662_at	At1g19540	2-hydroxyisoflavone reductase, putative similar to PIR:T08106 from [Betula pendula]	-0.405

Flavonoids-Flavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245141_at	At2g45400	putative flavonol reductase	-0.559
256818_at	At3g21420	hypothetical protein contains Pfam profile: PF00671 iron/ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:118190	0.011
256922_at	At3g19010	hypothetical protein contains similarity to flavonol synthase (FLS) GB:Q41452 from [Solanum tuberosum], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:41506	0.682
261804_at	At1g30530	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, putative similar to UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase GB:AAB81683 GI:2564114 from [Vitis vinifera];supported by full-length cDNA: Ceres:38407	-0.037
250533_at	At5g08640	flavonol synthase (FLS) (sp Q96330) ;supported by full-length cDNA: Ceres:23924	-0.146
252213_at	At3g50210	flavonol synthase - like protein SRG1 protein, Arabidopsis thaliana, PIR:S44261; supported by full-length cDNA: Ceres: 25787	0.876
253334_at	At4g33360	putative protein dihydrokaempferol 4-reductase (EC 1.1.1.219) -Synechocystis, PIR2:S75325; supported by cDNA: gi_13926212_gb_AF370578.1 AF370578	-0.337
254053_s_at	At4g25300	SRG1-like protein strong homology to SRG1 protein, a new member of the Fe(II)/ascorbate oxidase superfamily, PID:g479047	0.671

Flavonoids-Dihydroflavonols

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245360_at	At4g16330	naringenin 3-dioxygenase like protein ;supported by full-length cDNA: Ceres:40793	0.41
252123_at	At3g51240	flavanone 3-hydroxylase (FH3) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36653	1.246
261048_at	At1g01420	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	0
263135_at	At1g78550	flavanone 3-hydroxylase, putative similar to flavanone 3-hydroxylase GI:727410 from [Persea americana]; supported by cDNA: gi_13507544_gb_AF360338.1_AF360338	0.42
246468_at	At5g17050	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase-like protein UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, Vitis vinifera, EMBL:AF000372	0.706
254834_at	At4g12300	flavonoid 3,5-hydroxylase-like protein flavonoid 3,5-hydroxylase - Campanula medium, PID:d1003951	0.753
248185_at	At5g54060	flavonol 3-O-glucosyltransferase-like	2.317
255622_at	At4g01070	putative flavonol glucosyltransferase similar to Manihot esculenta flavonol 3-O-glucosyltransferase 5, GenBank accession number Q40287;supported by full-length cDNA: Ceres:1204	0.832
249215_at	At5g42800	dihydroflavonol 4-reductase	2.371

256892_at	At3g19000	hypothetical protein contains similarity to flavanone-3-hydroxylase GB:Q05965 from [Matthiola incana], contains Pfam profile: PF00671 Iron/Ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:36985	0.507
249754_at	At5g24530	flavanone 3-hydroxylase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres: 149654	0.945
250558_at	At5g07990	flavonoid 3-hydroxylase - like protein flavonoid 3 - hydroxylase Ht1, Petunia x hybrida, EMBL:AF155332; supported by cDNA: gi_10334803_gb_AF271649.1_AF271649	0.852
257205_at	At3g16520	putative glucosyltransferase similar to UDP-glucose glucosyltransferase GB:X77459 [Manihot esculenta], UDP-glycose:flavonoid glycosyltransferase GB:BAA36411 [Vigna mungo]	-0.384

Flavonoids-Anthocyanins

Identifier	Locus Tag	Description	Value
256924_at	At3g29590	Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, putative similar to Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase GB:BAA74428 from [Gentiana triflora]	1.415
249493_at	At5g39080	acyltransferase -like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708;supported by full-length cDNA: Ceres:37806	-0.238
249494_at	At5g39050	acyltransferase - like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, Gentiana triflora, EMBL:AB010708; supported by cDNA: gi_15450468_gb_AY052335.1_	1.68
254283_s_at	At4g22870	anthocyanidin synthase - like protein putative leucoanthocyanidin dioxygenase, Arabidopsis thaliana, PID:g1575699	2.172
267337_at	At2g39980	putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase ; supported by cDNA: gi_13937225_gb_AF372968.1_AF372968	1.025
255032_at	At4g09500	putative protein anthocyanin rhamnosyltransferase - Petunia x hybrida, PID:g454253	0.335

Sucrose-Strach

Identifier	Locus Tag	Description	Value
245904_at	At5g11110	sucrose-phosphate synthase -like protein sucrose-phosphate synthase isoform 1, Citrus unshiu, PIR:S72648	2.585
246076_at	At5g20280	sucrose-phosphate synthase-like protein sucrose-phosphate synthase (EC 2.4.1.14) isoform 1 - Citrus unshiu, EMBL:AB005023; supported by cDNA: gi_14532573_gb_AY039911.1_	1.162
255016_at	At4g10120	sucrose-phosphate synthase - like protein sucrose-phosphate synthase, Zea mays, PIR2:JQ1329	-1.976
256681_at	At3g52340	unknown protein ; supported by cDNA: gi_13811668_gb_AF356816.1_AF356816	0.598
263954_at	At2g35840	unknown protein ; supported by cDNA: gi_15450787_gb_AY054474.1_	0.646

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์สำหรับการใช้งานภายในเท่านั้น ไม่ควรนำไปใช้ประโยชน์อื่นใด

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งยังมีเหตุเปลี่ยนแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

264204_at	At1g22710	putative sucrose transport protein, SUC2 strong similarity to GB:S38196 sucrose transport protein SUC2 from [Arabidopsis thaliana]; supported by full-length cDNA: Ceres:7894	0.431
264662_at	At1g09960	putative sucrose/H ⁺ symporter similar to GB:CAA76367 and Vicia sucrose transport protein (gb Z93774); supported by cDNA: gi_9957052_gb_AF175321.1_AF175321	0.088
260143_at	At1g71880	sucrose transport protein SUC1 identical to GB:S38197 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15146267_gb_AY049275.1_	-0.233
266792_at	At2g02860	putative sucrose/H ⁺ symporter	0.536
245725_at	At1g73370	sucrose synthase, putative similar to sucrose synthase GI:4468151 from [Craterostigma plantagineum]	-0.263
245998_at	At5g20830	sucrose-UDP glucosyltransferase	2.867
249633_at	At5g37180	sucrose synthase-like protein sucrose synthase - Citrus unshiu, EMBL:AB022091	-0.152
252746_at	At3g43190	sucrose synthase -like protein SUCROSE SYNTHASE (SUCROSE-UDP GLUCOSYLTRANSFERASE), Arabidopsis thaliana, SWISSPROT:SUS1_ARATH; supported by cDNA: gi_14334569_gb_AY034958.1_	0.348
245681_at	At1g56560	alkaline/neutral invertase, putative similar to alkaline/neutral invertase GI:9758657 from [Arabidopsis thaliana]	0.047
249898_at	At5g22510	alkaline/neutral invertase ; supported by cDNA: gi_15912342_gb_AY056449.1_	-0.311
253224_at	At4g34860	invertase - like protein mRNA, Liliun longiflorum, gb:D21823; supported by cDNA: gi_15215775_gb_AY050417.1_	1.736
255038_at	At4g09510	neutral invertase like protein Daucus carota mRNA, PID:e1372926; supported by full-length cDNA: Ceres:156092	0.14
258507_at	At3g06500	neutral invertase, putative similar to neutral invertase GB:CAA76145 from [Daucus carota] (Physiol. Plantarum (1999) 107, 159-165)	1.234
256779_at	At3g13784	beta-fructofuranosidase, putative similar to beta-fructofuranosidase 1 GB:S37212 from [Arabidopsis thaliana]	2.868
256787_at	At3g13790	beta-fructofuranosidase 1 identical to GB:S37212 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15027838_gb_AY045776.1_	-0.572
260969_at	At1g12240	beta-fructosidase identical to beta-fructosidase GI:1871503 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15028118_gb_AY046009.1_	-0.587
248381_at	At5g51830	fructokinase 1 ; supported by cDNA: gi_13878052_gb_AF370289.1_AF370289	0.723
251935_at	At3g54090	fructokinase - like protein fructokinase, Lycopersicon esculentum, EMBL:LEU62329	-1.104
260107_at	At1g66430	fructokinase, putative similar to fructokinase (Lycopersicon esculentum) GI:2102691; supported by cDNA: gi_13878132_gb_AF370329.1_AF370329	0.442

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ส่วนตัวเท่านั้น การคัดลอกหรือการเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาตจะถือว่าผิดกฎหมาย

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

263250_at	At2g31390	putative fructokinase ; supported by full-length cDNA: Ceres: 17664	0.734
260343_at	At1g69200	fructokinase (Frk1), putative similar to fructokinase (Frk1) GI:2102690 from (<i>Lycopersicon esculentum</i>)	-1.157
253705_at	At4g29130	hexokinase ; supported by cDNA: gi_8567421_gb_U18754.2_ATU18754	0.684
261851_at	At1g50460	hexokinase, putative similar to chloroplast outer envelope hexokinase 1 GB: AAF18584 GI:6594672 from [<i>Spinacia oleracea</i>]	-0.618
266702_at	At2g19860	hexokinase (ATHXK2) ; supported by cDNA: gi_1899024_gb_U28215.1_ATU28215	1.88
248687_at	At5g48300	ADPG pyrophosphorylase small subunit (gb AAC39441.1) ; supported by cDNA: gi_15146247_gb_AY049265.1_	-0.096
249927_at	At5g19220	Glucose-1-phosphate adenyltransferase (ApL1/adg2) ; supported by cDNA: gi_2149020_gb_U72290.1_ATU72290	-0.925
263544_at	At2g21590	putative ADP-glucose pyrophosphorylase large subunit	2.756
252888_at	At4g39210	glucose-1-phosphate adenyltransferase (APL3) ; supported by cDNA: gi_16648984_gb_AY059862.1_	3.366
263619_at	At2g04650	putative GDP-mannose pyrophosphorylase	0.282
261642_at	At1g27680	ADP-glucose pyrophosphorylase, putative similar to ADP-glucose pyrophosphorylase GB:X78900 GI:556623 from [<i>Beta vulgaris</i>]	0.217
262174_at	At1g74910	putative GDP-mannose pyrophosphorylase similar to GDP-mannose pyrophosphorylase A GB:AAD38517 (<i>Homo sapiens</i>); supported by cDNA: gi_13937223_gb_AF372967.1_AF372967	-0.288
247163_at	At5g65685	Expressed protein ; supported by cDNA: gi_15215828_gb_AY050444.1_	-0.624
262809_at	At1g11720	putative glycogen synthase strong similarity to gb X95759 soluble-starch-synthase precursor (SSIII) from <i>Solanum tuberosum</i>	-0.32
249785_at	At5g24300	soluble starch synthase	-0.58
254659_at	At4g18240	starch synthase-like protein bacterial and plant glycogen (starch) synthases; for example <i>B.subtilis</i> , PATCHX:D1020368	0.581
259277_at	At3g01180	putative glycogen synthase similar to glycogen synthase precursor (Granule-Bound Starch Synthase II) GB:Q43093 from [<i>Pisum sativum</i>]; supported by cDNA: gi_15450774_gb_AY054467.1_	-0.621
261191_at	At1g32900	starch synthase, putative similar to starch synthase GI:21613 from [<i>Solanum tuberosum</i>]; supported by full-length cDNA: Ceres:7714	0.119
250906_at	At5g03650	1,4-alpha-glucan branching enzyme protein soform SBE2.2 precursor	0.323
263912_at	At2g36390	starch branching enzyme II	0.28
252468_at	At3g46970	starch phosphorylase H (cytosolic form) - like protein starch phosphorylase H, cytosolic isoform, <i>Vicia faba</i> , PIR:T12091; supported by cDNA: gi_15983802_gb_AY056807.1_	0.26

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการ
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งยังมีให้ที่แสดงข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับเอกสารทุกครั้งที่มีการนำใบ

256746_at	At3g29320	alpha-glucan phosphorylase, putative similar to alpha-glucan phosphorylase, L isozyme 1 precursor GB:P04045 from [Solanum tuberosum] (J. Biochem. 106 (4), 691-695 (1989)); supported by cDNA: gi_15146188_gb_AY049235.1	-0.105
245275_at	At4g15210	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_166601_gb_M73467.1_ATHAMYB	0.233
266914_at	At2g45880	putative beta-amylase	-0.063
245346_at	At4g17090	putative beta-amylase ;supported by full-length cDNA: Ceres:36882	-0.725
255676_at	At4g00490	putative beta-amylase similar to the family of glycosyl hydrolases	-0.048
247298_at	At5g63840	glucosidase II alpha subunit	0.259
256861_at	At3g23920	beta-amylase, putative similar to beta-amylase GB:CAB58423 [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_14194172_gb_AF367293.1_AF367293	2.06
248029_at	At5g55700	beta-amylase ; supported by cDNA: gi_15027954_gb_AY045834.1	-0.084
258109_at	At3g23640	hypothetical protein contains Pfam profile: PF01055 Glycosyl hydrolases family 31; supported by cDNA: gi_16648902_gb_AY059821.1	0.464
248997_at	At5g45300	beta-amylase-like	-0.085
260412_at	At1g69830	putative alpha-amylase similar to alpha-amylase GB:AAA91884 [Solanum tuberosum]; supported by cDNA: gi_15215737_gb_AY050398.1	-0.463
250007_at	At5g18670	beta-amylase-like proten beta-amylase - Prunus armeniaca, EMBL:AF139501;supported by full-length cDNA: Ceres:30798	-1.537
261754_at	At1g76130	alpha-amylase, putative similar to alpha-amylase GI:7532799 from [Malus domestica];supported by full-length cDNA: Ceres:119931	2.04
250336_at	At5g11720	alpha-glucosidase 1 ; supported by cDNA: gi_15450744_gb_AY053414.1	-0.012
262230_at	At1g68560	alpha-xylosidase precursor identical to alpha-xylosidase precursor GB:AAD05539 GI:4163997 from [Arabidopsis thaliana]; supported by cDNA: gi_15982750_gb_AY057482.1	-0.741
266357_at	At2g32290	putative beta-amylase	-1.112
245094_at	At2g40840	4-alpha-glucanotransferase	0.521
247216_at	At5g64860	4-alpha-glucanotransferase ; supported by cDNA: gi_14335103_gb_AY037231.1	1.083
251110_at	At5g01260	putative protein various alpha amylases from diverse species; supported by cDNA: gi_16323040_gb_AY057624.1	0.106
263322_at	At2g04270	putative ribonuclease E	-1.274
246829_at	At5g26570	putative protein pyruvate water dikinase, Archaeoglobus fulgidus, PIR:F69338	1.092
254153_at	At4g24450	putative protein hypothetical protein R1 - Solanum tuberosum,PIR2:T07050	0.877

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

262784_at	At1g10760	unknown protein strong similarity to gb Y09533 involved in starch metabolism from <i>Solanum tuberosum</i> and contains a PF 01326 Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain. EST gb N96757 comes from this gene; supported by cDNA: gi:12044357	1.538
246434_at	At5g17520	root cap 1 (RCP1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:10216	1.741
246508_at	At5g16150	sugar transporter-like protein putative sugar transporter - <i>Prunus armeniaca</i> , EMBL:AF000952; supported by cDNA: gi_16648752_gb_AY058152.1_	0.223
248886_at	At5g46110	phosphate/triose-phosphate translocator precursor (gb AAC83815.1) ;supported by full-length cDNA: Ceres:36058	-0.502



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 5

สรุปและข้อเสนอแนะ

โปรแกรม MapMan เป็นโปรแกรมที่กลุ่มผู้ออกแบบได้ออกแบบขึ้นมาเพื่อใช้สำหรับพืช *Arabidopsis* โดยโปรแกรมมีความละเอียดซับซ้อน เมื่อมีการใส่ข้อมูลของ microarrays ที่สัมพันธ์กับโปรแกรมจะทำให้ได้ข้อมูลของยีนที่ทำงานเกี่ยวข้องกับส่วนต่างๆ และชีวสังเคราะห์ต่างๆ ของเซลล์

ในการทดลองครั้งนี้ได้เลือกข้อมูลจากเทคนิค microarrays ของต้น *Arabidopsis* ซึ่งปลูกภายใต้สภาวะเครียดต่างๆ 5 สภาวะ ได้แก่ ความเย็นที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส ความแห้งแล้งโดยการทำให้แห้งเป็นเวลา 15 นาที แรงดันออสโมติกโดยการเติมสารละลายแมนนิทอลลงในอาหารให้มีความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 300 มิลลิโมลาร์ อนุมูลอิสระโดยการเติมสารเมทิลไวโอโลเจนลงในอาหารให้มีความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 10 ไมโครโมลาร์ และความเค็มโดยการเติมสารละลายโซเดียมคลอไรด์ลงในอาหารให้มีความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 150 มิลลิโมลาร์ เป็นเวลา 24 ชั่วโมงเปรียบเทียบกับต้นที่เลี้ยงในสภาวะปรกติ โดยเลือกวิเคราะห์ผลเฉพาะวิถีชีวสังเคราะห์ secondary metabolite ได้แก่ phenyl propanoids, simple phenols, lignin, lignans, alkaloids-like, carotenoids, flavonoids-chalcones, flavonoids-isoflavonoids, flavonoids-flavonols, flavonoids-dihydroflavonols, flavonoids-anthocyanins และ วิถีชีวสังเคราะห์ sucrose-starch โดยพบว่า *Arabidopsis* ภายใต้สภาวะเครียดในแต่ละสภาวะมีการแสดงออกของยีนในแต่ละตำแหน่งที่วิถีชีวสังเคราะห์แต่ละชนิดเพิ่มขึ้นหรือลดลงในปริมาณที่แตกต่างกันออกไป ซึ่งคาดว่าสภาวะเครียดแต่ละชนิดน่าจะมีกลไกในการส่งสัญญาณ โมเลกุลแบบเครือข่าย มีผลให้เกิดการถอดและแปลรหัสของยีนในจีโนมตอบสนองต่อสภาวะเครียด ผลผลิตของโปรตีนที่แสดงออกเพิ่มขึ้นหรือลดลงในวิถีชีวสังเคราะห์จะบ่งบอกถึงสารเมแทบอไลต์ที่เกิดขึ้น และมีผลต่อการตอบสนองต่อสภาวะเครียดในวิถีชีวสังเคราะห์นั้นๆ โดยเฉพาะสารทุติยภูมิ เป็นสารที่คาดว่าพืชจะสร้างขึ้นเพื่อตอบสนองต่อสภาวะเครียด เพื่อเพิ่มความต้านทานต่อสภาวะเครียดนั้นๆ จากตารางที่ 5.1 จะเห็นได้ว่าต้น *Arabidopsis* สายพันธุ์ Columbia-0 เมื่อได้รับสภาวะเครียดแต่ละชนิด ได้แก่ ความเย็นที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส ความแห้งแล้งโดยการทำให้แห้งเป็นเวลา 15 นาที แรงดันออสโมติกโดยการเติมสารละลายแมนนิทอลลงในอาหารให้มีความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 300 มิลลิโมลาร์ อนุมูลอิสระโดยการเติมสารเมทิลไวโอโลเจนลงในอาหารให้มีความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 10 ไมโครโมลาร์ หรือความเค็มโดยการเติมสารละลายโซเดียมคลอไรด์ลงในอาหารให้มีความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 150 มิลลิโมลาร์ เป็นเวลา 24 ชั่วโมง พบว่ามีการแสดงออกของยีนแต่ละชนิดในแต่ละสภาวะเพิ่มขึ้นหรือลดลงในปริมาณที่

แตกต่างกันจากพืชในสภาวะปกติ ซึ่งบ่งบอกถึงความจำเป็นของการทำงานของโปรตีนที่ได้จากการแสดงออกของยีน ถึงแม้ว่าวิถีชีวสังเคราะห์ของน้ำตาลและแป้งจะเป็นกลุ่มของสารปฏุมุมิ จากตารางที่ 5.1 จะเห็นได้ว่าสภาวะเครียดแต่ละชนิดมีการแสดงออกของยีนกลุ่มนี้แตกต่างกันออกไป เนื่องจากวิถีชีวสังเคราะห์ของน้ำตาลและแป้งบ่งบอกถึงชนิดและปริมาณของน้ำตาลที่พืชสร้างสะสม หรือใช้ภายในเซลล์ น้ำตาลนั้นนอกจากจะทำหน้าที่เป็นแหล่งพลังงานที่สำคัญแล้วยังทำหน้าที่เป็นสัญญาณโมเลกุลภายในเซลล์ที่ส่งผลต่อวิถีชีวสังเคราะห์อื่นๆ อีกด้วย การแสดงออกที่แตกต่างกันอาจเป็นสัญญาณโมเลกุลที่ต่างกัน ซึ่งจะส่งผลถึงการแสดงออกของยีนอื่นๆ ภายในจีโนมอีกด้วย

จากการวิเคราะห์ข้อมูลต่างๆ เหล่านี้ ทำให้ทราบกลไกภายในเซลล์ที่ตอบสนองต่อสภาวะเครียดแต่ละชนิดในแต่ละวิถีชีวสังเคราะห์ โดยเฉพาะวิถีชีวสังเคราะห์ของน้ำตาลและแป้ง และสารทุติยภูมิ ซึ่งจะเป็นแนวทางในการศึกษากลไกที่สร้างความต้านทานต่อสภาวะเครียดของต้นพืช โดยการตัดต่อพันธุกรรม หรือหาชนิดสารที่เป็นสัญญาณบ่งบอกถึงการต้านทานต่อสภาวะเครียดแต่ละชนิดต่อไป

ตารางที่ 5.1 ผลการวิเคราะห์สภาวะเครียดที่แตกต่างกันจากยีนเดียวกัน

			cold-stress	drought-stress	osmotic-stress	oxidative-stress	salt-stress
PhenlyPropanoids							
253277_at	At4g34230	cinnamyl alcohol dehydrogenase - like protein cinnamyl alcohol dehydrogenase, Populus deltoides, PATCHX:G288753; supported by cDNA: gi_14334455_gb_AY034919.1	1.615	0.343	3.468	0.391	2.717
253638_at	At4g30470	cinnamoyl-CoA reductase - like protein cinnamoyl-CoA reductase, Saccharum officinarum, gb:AJ231134; supported by full-length cDNA: Ceres: 150515	0.145	-0.379	2.952	-0.285	2.261
Simple phenol							
259878_at	At1g76790	putative catechol O-methyltransferase similar to catechol O-methyltransferase GB:CAA55358 [Vanilla planifolia];supported by full-length cDNA: Ceres:9016	4.493	0.564	x	0.491	-0.301
Flavonoid							
256818_at	At3g21420	hypothetical protein contains Pfam profile: PF00671 iron/ascorbate oxidoreductase family;supported by full-length cDNA: Ceres:118190	1.341	-0.067	-0.197	-0.369	0.011
252213_at	At3g50210	flavonol synthase - like protein SRG1 protein, Arabidopsis thaliana, PIR:S44261; supported by full-length cDNA: Ceres: 25787	0.227	0.533	1.304	0.305	0.876
261048_at	At1g01420	flavonol 3-o-glucosyltransferase, putative similar to flavonol 3-o-glucosyltransferase GB:Q40287 from [Manihot esculenta]	2.272	0.319	-0.028	0.24	0

263135_at	At1g78550	flavanone 3-hydroxylase, putative similar to flavanone 3-hydroxylase GI:727410 from [<i>Persea americana</i>]; supported by cDNA: gi_13507544_gb_AF360338.1_AF360338	-1	0.233	0.878	0.07	0.42
246468_at	At5g17050	UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase -like protein UDP glucose:flavonoid 3-o-glucosyltransferase, <i>Vitis vinifera</i> , EMBL:AF000372	1.787	-0.296	0.824	0.103	0.706
249754_at	At5g24530	flavanone 3-hydroxylase-like protein ; supported by full-length cDNA: Ceres:149654	1.831	0.805	2.41	0.356	0.945
249215_at	At5g42800	dihydroflavonol 4-reductase	X	0.131	0.509	0.802	2.371
249494_at	At5g39050	acyltransferase - like protein Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, <i>Gentiana triflora</i> , EMBL:AB010708; supported by cDNA: gi_15450468_gb_AY052335.1	1.015	0.1	2.826	2.394	1.68
254283_s_at	At4g22870	anthocyanidin synthase - like protein putative leucoanthocyanidin dioxygenase, <i>Arabidopsis thaliana</i> , PID:g1575699	-1.827	-0.287	0.758	0.784	2.172
Sucrose-Strach							
245904_at	At5g11110	sucrose-phosphate synthase -like protein sucrose-phosphate synthase isoform 1, <i>Citrus unshiu</i> , PIR:S72648	4.202	0.13	3.465	0.217	2.585
263544_at	At2g21590	putative ADP-glucose pyrophosphorylase large subunit	X	-0.504	4.671	-0.23	2.756

เอกสารอ้างอิง

- ดวงแก้ว สวามิภักดิ์ (2540) ระบบฐานข้อมูล กรุงเทพฯ : ซีเอ็ดยูเคชั่น
- วีระพงษ์ ลูติดานนท์, โลงจสิริ อมรพันธ์, สุรศักดิ์ วงรัตนชีวิน (2538) INTERNET กับจุลชีววิทยา ใน บ.ก. วิทยาการสมัยใหม่ที่ใช้ในการตรวจวินิจฉัยโรคติดเชื้อ ภาควิชาจุลชีววิทยาคณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น : ประสิทธิ์ ผลิตผลการพิมพ์, 17-1 – 17-9.
- วสันต์ จันทราทิพย์, วีระพงษ์ ลูติดานนท์ (2544) BIOINFORMATICS ชีวสารสนเทศศาสตร์ สถาบันบัณฑิตวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีไทย สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ กรุงเทพฯ : ฝ่ายนิเทศสัมพันธ์ สวทช
- A. Bruce Cahoon, Elizabeth M. Takacs, Richard M. Sharpe, David B. Stern. (2007) Nuclear, chloroplast, and mitochondrial transcript abundance along a maize leaf developmental gradient. *Plant Molecular Biology*
- Alain Goossens, Heiko Rischer. (2007) Implementation of functional genomics for gene discovery in alkaloid producing plants. *Phytochemistry Reviews* 6:1, 35
- Alain Puppo, Karin Groten, Fabiola Bastian, Raffaella Carzaniga, Mariam Soussi, M. Mercedes Lucas, Maria Rosario de Felipe, Judith Harrison, Hélène Vanacker and Christine H. Foyer. (2005) Legume nodule senescence: roles for redox and hormone signalling in the orchestration of the natural aging process. *New Phytologist* 165:3, 683–701
- Alison M. Smith, Samuel C. Zeeman, Steven M. Smith. (2005) STARCH DEGRADATION. *Annual Review of Plant Biology* 56:1, 73
- Andreas Sjödin, Max Bylesjö, Oskar Skogström, Daniel Eriksson, Peter Nilsson, Patrik Rydén, Stefan Jansson and Jan Karlsson. (2006) UPSC-BASE –Populus transcriptomics online. *The Plant Journal* 48:5, 806–817
- A. Wiese, M. M. Christ, O. Virnich, U. Schurr and A. Walter. (2007) Spatio-temporal leaf growth patterns of *Arabidopsis thaliana* and evidence for sugar control of the diel leaf growth cycle. *New Phytologist* 174:4, 752–761
- Byung-Hoon Kim, Albrecht G. Arnim. (2006) The Early Dark-Response in *Arabidopsis thaliana* Revealed by cDNA Microarray Analysis. *Plant Molecular Biology* 60:3, 321
- Charles Guy, Fatma Kaplan, Joachim Kopka, Joachim Selbig and Dirk K. Hinch. Metabolomics of temperature stress. *Physiologia Plantarum* doi: 10.1111/j.1399-3054.2007.00999.x

- Christina Fritz, Cathrin Mueller, Petra Matt, Regina Feil & Mark Stitt. (2006) Impact of the C–N status on the amino acid profile in tobacco source leaves. *Plant, Cell & Environment* 29:11, 2055–2076
- Christina Fritz, Natalia Palacios-Rojas, Regina Feil and Mark Stitt. (2006) Regulation of secondary metabolism by the carbon–nitrogen status in tobacco: nitrate inhibits large sectors of phenylpropanoid metabolism. *The Plant Journal* 46:4, 533–548
- Daniel Osuna, Bjorn Usadel, Rosa Morcuende, Yves Gibon, Oliver E. Bläsing, Melanie Höhne, Manuela Günter, Beate Kamlage, Richard Trethewey, Wolf-Rüdiger Scheible and Mark Stitt. (2007) Temporal responses of transcripts, enzyme activities and metabolites after adding sucrose to carbon-deprived Arabidopsis seedlings. *The Plant Journal* 49:3, 463–491
- Daniel P. Rasse and Pierre Tocquin. (2006) Leaf carbohydrate controls over Arabidopsis growth and response to elevated CO₂: an experimentally based model. *New Phytologist* 172:3, 500–513
- Elena Baena-González, Filip Rolland, Johan M. Thevelein, Jen Sheen. (2007) A central integrator of transcription networks in plant stress and energy signalling. *Nature* 448:7156, 938
- Estelle Goulas, Maria Schubert, Thomas Kieselbach, Leszek A. Kleczkowski, Per Gardeström, Wolfgang Schröder and Vaughan Hurry. (2006) The chloroplast lumen and stromal proteomes of Arabidopsis thaliana show differential sensitivity to short- and long-term exposure to low temperature. *The Plant Journal* 47:5, 720–734
- Ewa Urbanczyk-Wochniak, Björn Usadel, Oliver Thimm, Adriano Nunes-Nesi, Fernando Carrari, Marcus Davy, Oliver Bläsing, Magdalena Kowalczyk, Daniel Weicht, Anna Polinceusz. (2006) Conversion of MapMan to Allow the Analysis of Transcript Data from Solanaceous Species: Effects of Genetic and Environmental Alterations in Energy Metabolism in the Leaf. *Plant Molecular Biology* 60:5, 773
- Ewa Urbanczyk-Wochniak, Charles Baxter, Anna Kolbe, Joachim Kopka, Lee J. Sweetlove, Alisdair R. Fernie. (2005) Profiling of diurnal patterns of metabolite and transcript abundance in potato (*Solanum tuberosum*) leaves. *Planta* 221:6, 891
- Filip Rolland, Elena Baena-Gonzalez, Jen Sheen. (2006) SUGAR SENSING AND SIGNALING IN PLANTS: Conserved and Novel Mechanisms. *Annual Review of Plant Biology* 57:1, 675

- Fred Rook, Fiona Corke, Margarete Baier, Rachel Holman, Alexander G. May and Michael W. Bevan. (2006) Impaired sucrose induction1 encodes a conserved plant-specific protein that couples carbohydrate availability to gene expression and plant growth. *The Plant Journal* 46:6, 1045–1058
- Hanhong Bae, Eliot Herman, Bryan Bailey, Hyeun-Jong Bae and Richard Sicher. (2005) Exogenous trehalose alters Arabidopsis transcripts involved in cell wall modification, abiotic stress, nitrogen metabolism, and plant defense. *Physiologia Plantarum* 125:1, 114–126
- Heiko Lokstein, Boris Hedtke, Angelika Mustroph, Christina Kühn. (2006) Signals, Sensing, and Plant Primary Metabolism. *Journal of Plant Growth Regulation* 25:4, 339
- Holger Hesse, Rainer Hoefgen. (2006) On the way to understand biological complexity in plants: S-nitric oxide as a case study for systems biology. *Cellular & Molecular Biology Letters* 11:1, 37
- Huei-Jing Wang, Ai-Ru Wan, Chia-Mei Hsu, Kuo-Wei Lee, Su-May Yu, Guang-Yuh Jauh. (2007) Transcriptomic adaptations in rice suspension cells under sucrose starvation. *Plant Molecular Biology* 63:4, 441
- Irina G. Strizh. (2006) Ontologies for data and knowledge sharing in biology: plant ROS signaling as a case study. *BioEssays* 28:2, 199
- Ivan de Godoy Maia, Paulo Arruda, Iolanda Midea Cuccovia, Hernan Chaimovich, Anibal Eugenio Vercesi, Jiri Borecky. (2006) PLANT UNCOUPLING MITOCHONDRIAL PROTEINS. *Annual Review of Plant Biology* 57:1, 383
- Jean E. Harthill, Sarah E. M. Meek, Nick Morrice, Mark W. Pegg, Jonas Borch, Barry H. C. Wong and Carol MacKintosh. (2006) Phosphorylation and 14-3-3 binding of Arabidopsis trehalose-phosphate synthase 5 in response to 2-deoxyglucose. *The Plant Journal* 47:2, 211–223
- Jens Allmer, Bianca Naumann, Christine Markert, Monica Zhang, Michael Hippler. (2006) Mass spectrometric genomic data mining: Novel insights into bioenergetic pathways in *Chlamydomonas reinhardtii*. *PROTEOMICS* 6:23, 6207
- Ji-Feng Lin and Shu-Hsing Wu. (2004) Molecular events in senescing Arabidopsis leaves. *The Plant Journal* 39:4, 612–628

- Joachim Schuster, Stefan Binder. (2005) The mitochondrial branched-chain aminotransferase (AtBCAT-1) is capable to initiate degradation of leucine, isoleucine and valine in almost all tissues in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Molecular Biology* 57:2, 241
- Johannes Siemens, Ingo Keller, Johannes Sarx, Sabine Kunz, Astrid Schuller, Wolfgang Nagel, Thomas Schmülling, Martin Parniske, Jutta Ludwig-Müller. (2006) Transcriptome Analysis of *Arabidopsis* Clubroots Indicate a Key Role for Cytokinins in Disease Development. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 19:5, 480
- Joseph D. Clarke and Tong Zhu. (2006) Microarray analysis of the transcriptome as a stepping stone towards understanding biological systems: practical considerations and perspectives. *The Plant Journal* 45:4, 630–650
- Kathrin Michel, Olaf Abderhalden, Rémy Bruggmann, Robert Dudler. (2006) Transcriptional changes in powdery mildew infected wheat and *Arabidopsis* leaves undergoing syringolin-triggered hypersensitive cell death at infection sites. *Plant Molecular Biology* 62:4-5, 561
- Katja Morgenthal, Stefanie Wienkoop, Matthias Scholz, Joachim Selbig, Wolfram Weckwerth. (2005) Correlative GC-TOF-MS-based metabolite profiling and LC-MS-based protein profiling reveal time-related systemic regulation of metabolite–protein networks and improve pattern recognition for multiple biomarker selection. *Metabolomics* 1:2, 109
- Kegui Chen and Yong-Qiang Charles An. (2006) Transcriptional Responses to Gibberellin and Abscisic Acid in Barley Aleurone. *Journal of Integrative Plant Biology* 48:5, 591–612
- Kiana Toufighi, Siobhan M. Brady, Ryan Austin, Eugene Ly and Nicholas J. Provart. (2005) The Botany Array Resource: e-Northern, Expression Angling, and promoter analyses. *The Plant Journal* 43:1, 153–163
- Lee J. Sweetlove and Alisdair R. Fernie. (2005) Regulation of metabolic networks: understanding metabolic complexity in the systems biology era. *New Phytologist* 168:1, 9–24
- Leonardo D. Gómez, Sébastien Baud, Alison Gilday, Yi Li and Ian A. Graham. (2006) Delayed embryo development in the *ARABIDOPSIS* TREHALOSE-6-PHOSPHATE SYNTHASE 1 mutant is associated with altered cell wall structure, decreased cell division and starch accumulation. *The Plant Journal* 46:1, 69–84

- Maneesha R. Aluru, Dan J. Stessman, Martin H. Spalding, Steven R. Rodermel. (2007) Alterations in photosynthesis in Arabidopsis lacking IMMUTANS, a chloroplast terminal oxidase. *Photosynthesis Research* 91:1, 11
- Mark Stitt, Yves Gibon, John E. Lunn, Maria Piques. (2007) Multilevel genomics analysis of carbon signalling during low carbon availability: coordinating the supply and utilisation of carbon in a fluctuating environment. *Functional Plant Biology* 34:6, 526
- Mirko Glinski, Wolfram Weckwerth. (2006) The role of mass spectrometry in plant systems biology. *Mass Spectrometry Reviews* 25:2, 173
- Mohsen Mohammadi, Nat N. V. Kav & Michael K. Deyholos. (2007) Transcriptional profiling of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) roots identifies novel, dehydration-responsive genes. *Plant, Cell & Environment* 30:5, 630–645
- Nicola Tosti, Stefania Pasqualini, Andrea Borgogni, Luisa Ederli, Egizia Falistocco, Stefania Crispi & Francesco Paolocci. (2006) Gene expression profiles of O₃-treated Arabidopsis plants. *Plant, Cell & Environment* 29:9, 1686–1702
- Patrick Giavalisco, Eckhard Nordhoff, Thomas Kreitler, Klaus-Dieter Klöppel, Hans Lehrach, Joachim Klose, Johan Gobom. (2005) Proteome analysis of Arabidopsis thaliana by two-dimensional gel electrophoresis and matrix-assisted laser desorption/ionisation-time of flight mass spectrometry. *PROTEOMICS* 5:7, 1902
- Pyung Ok Lim, Yumi Kim, Emily Breeze, Ja Choon Koo, Hye Ryun Woo, Jong Sang Ryu, Don Ha Park, Jim Beynon, Alex Tabrett, Vicky Buchanan-Wollaston and Hong Gil Nam. (2007) Overexpression of a chromatin architecture-controlling AT-hook protein extends leaf longevity and increases the post-harvest storage life of plants. *The Plant Journal* 52:6, 1140–1153
- Robert D. Hall. (2006) Plant metabolomics: from holistic hope, to hype, to hot topic. *New Phytologist* 169:3, 453–468
- Robert L. Last, A. Daniel Jones, Yair Shachar-Hill. (2007) Towards the plant metabolome and beyond. *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 8:2, 167
- Roger P. Wise, Matthew J. Moscou, Adam J. Bogdanove, Steven A. Whitham. (2007) Transcript Profiling in Host?Pathogen Interactions. *Annual Review of Phytopathology* 45:1, 329

- Roger Thilmony, William Underwood and Sheng Yang He. (2006) Genome-wide transcriptional analysis of the *Arabidopsis thaliana* interaction with the plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 and the human pathogen *Escherichia coli* O157:H7. *The Plant Journal* 46:1, 34–53
- Rosa Morcuende, Rajendra Bari, Yves Gibon, Wenming Zheng, Bikram Datt Pant, Oliver Blasing, Bjorn Usadel, Tomasz Czechowski, Michael K. Udvardi, Mark Stitt & Wolf-Rudiger Scheible. (2007) Genome-wide reprogramming of metabolism and regulatory networks of *Arabidopsis* in response to phosphorus. *Plant, Cell & Environment* 30:1, 85–112
- R. Swanson, T. Clark, D. Preuss. (2005) Expression profiling of *Arabidopsis* stigma tissue identifies stigma-specific genes. *Sexual Plant Reproduction* 18:4, 163
- Silvia Gonzali, Elena Loreti, Cinzia Solfanelli, Giacomo Novi, Amedeo Alpi, Pierdomenico Perata. (2006) Identification of sugar-modulated genes and evidence for in vivo sugar sensing in *Arabidopsis*. *Journal of Plant Research* 119:2, 115
- Sona Pandey, Laetitia Perfus-Barbeoch, J. Philip Taylor, Zhixin Zhao. (2005) Plant Cell Signaling: In Vivo and -omics Approaches. *Journal of Plant Growth Regulation* 24:1, 46
- Steven A. Whitham, Chunling Yang, Michael M. Goodin. (2006) Global Impact: Elucidating Plant Responses to Viral Infection. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 19:11, 1207
- Torben Gjetting, Peter H. Hagedorn, Patrick Schweizer, Hans Thordal-Christensen, Timothy L. W. Carver, Michael F. Lyngkjær. (2007) Single-Cell Transcript Profiling of Barley Attacked by the Powdery Mildew Fungus. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 20:3, 235
- Ulrich Eckhardt, Bernhard Grimm, Stefan Hörtensteiner. (2004) Recent advances in chlorophyll biosynthesis and breakdown in higher plants. *Plant Molecular Biology* 56:1, 1
- Vicky Buchanan-Wollaston, Tania Page, Elizabeth Harrison, Emily Breeze, Pyung Ok Lim, Hong Gil Nam, Ji-Feng Lin, Shu-Hsing Wu, Jodi Swidzinski, Kimitsune Ishizaki and Christopher J. Leaver. (2005) Comparative transcriptome analysis reveals significant differences in gene expression and signalling pathways between developmental and dark/starvation-induced senescence in *Arabidopsis*. *The Plant Journal* 42:4, 567–585
- William Truman, Marta Torres de Zabala and Murray Grant. (2006) Type III effectors orchestrate a complex interplay between transcriptional networks to modify basal defence responses during pathogenesis and resistance. *The Plant Journal* 46:1, 14–33

Wolfram G. Brenner, Georgy A. Romanov, Ireen Köllmer, Lukas Bürkle and Thomas Schmölling. (2005) Immediate-early and delayed cytokinin response genes of *Arabidopsis thaliana* identified by genome-wide expression profiling reveal novel cytokinin-sensitive processes and suggest cytokinin action through transcriptional cascades. *The Plant Journal* 44:2, 314–333

Yves Gibon, Oliver E. Bläsing, Natalia Palacios-Rojas, Dejana Pankovic, Janneke H.M. Hendriks, Joachim Fisahn, Melanie Höhne, Manuela Günther and Mark Stitt. (2004) Adjustment of diurnal starch turnover to short days: depletion of sugar during the night leads to a temporary inhibition of carbohydrate utilization, accumulation of sugars and post-translational activation of ADP-glucose pyrophosphorylase in the following light period. *The Plant Journal* 39:6, 847–862

<http://dna.kps.ku.ac.th/m-crop/Chapter1.html>

<http://gabi.rzpd.de/projects/MapMan/help/MapManHelp.html>

<http://www.biotec.or.th/rde/Arabidopsis.pdf>