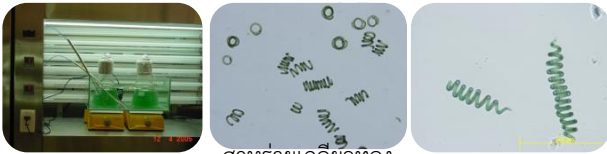


การพัฒนาฐานข้อมูล Interactive Spirulina Proteome Database

สาหร่ายเกลียวทอง (*Spirulina* หรือ *Arthrospira*) มีคุณค่าทางโภชนาการสูง มีโปรตีนสูง 70% มีเกลือแร่ และวิตามินสูง รวมทั้งมีสารมูลค่าสูงอื่นๆ ได้แก่ ไฟโคไซยานิน เบต้า-แคโรทีน คลอโรฟิลล์ และกรดไขมันจีแอลเอ (โอเมก้า-6) เพาะเลี้ยงได้ง่ายในบ่อเปิด สาหร่ายเกลียวทองจึงเหมาะนำมาใช้เป็นอาหารเสริมสุขภาพของมนุษย์ และเป็นแหล่งโปรตีนราคาถูกในอาหารสัตว์



สาหร่ายเกลียวทอง

จากคุณสมบัติข้างต้น นักวิทยาศาสตร์ทั่วโลกให้ความสนใจศึกษาสาหร่ายเกลียวทองอย่างต่อเนื่อง ทั้งในด้านการพัฒนากระบวนการเพาะเลี้ยง และการคัดเลือกสายพันธุ์สำหรับประเทศไทย เทคโนโลยีชีวภาพเข้ามามีบทบาทในการพัฒนาการคัดเลือกสายพันธุ์เพิ่มมากขึ้น ในปี 2551 นักวิจัยของศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ และมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ประสบความสำเร็จในการถอดรหัสพันธุกรรมของสาหร่ายเกลียวทอง “**สไปรูไลน่าพลาเทนซิส**” (*Spirulina (Arthrospira) platensis*) ครั้งแรกของโลก พบว่า ข้อมูลของรหัสพันธุกรรมของสาหร่ายเกลียวทองมีจำนวนประมาณ 5.8 ล้านคู่เบส

ข้อมูลพันธุกรรมดังกล่าว ยังไม่ถูกนำไปใช้ประโยชน์เท่าที่ควร เนื่องจาก ขาดการวิเคราะห์หน้าที่และการทำงานของยีนในรหัสพันธุกรรม ด้วยเหตุนี้ นักวิจัยนำเครื่องมือทางชีวสารสนเทศและระบบคอมพิวเตอร์มาประยุกต์ใช้วิเคราะห์ข้อมูลดังกล่าว ส่งผลให้การพัฒนางานวิจัยพื้นฐานมีความก้าวหน้าไปได้อย่างรวดเร็ว

คณะผู้วิจัยจาก มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี นำข้อมูลระดับโปรตีน (Proteome) ของ *Spirulina (Arthrospira) platensis* สายพันธุ์ C1 มาพัฒนาเป็นระบบ Interactive Spirulina Proteome Database (SpirPro) รวมทั้งพัฒนา Web-based application หรือมีชื่อย่อว่า CyanoCOG เพื่อให้ใช้งานได้ง่าย เป็นเครื่องมือวิเคราะห์และติดตามหน้าที่การทำงานของยีนที่เกี่ยวข้องกับโปรตีนในฐานข้อมูลของสาหร่ายเกลียวทองที่เปิดให้นักวิทยาศาสตร์ทั่วโลกเข้ามาใช้งานผ่านเว็บไซต์ <http://spirpro.sbi.kmutt.ac.th/cyanoCOG.html>

ระบบ Interactive Spirulina Proteome Database ใช้เป็นเครื่องมือวิเคราะห์ข้อมูลต่างๆ ได้ ดังนี้

1. สืบค้นข้อมูลของยีน และโปรตีนที่สนใจ
2. แสดงปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนที่สนใจกับโปรตีนอื่นได้ (protein-protein interaction หรือ PPI)
3. เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนที่อยู่ในกลุ่ม ortholog เดียวกัน (Multiple protein sequence alignment)
4. วิเคราะห์และแสดง Protein domain ชนิดต่างๆ
5. วิเคราะห์และแสดง conserved motif ในแต่ละกลุ่มของ client protein ที่มีลักษณะเป็น hub ของเครือข่าย PPI
6. แสดงการเปลี่ยนแปลงระดับของการแสดงออกของโปรตีน (protein expression level) ในการตอบสนองต่ออุณหภูมิ

เครื่องมือ CyanoCOG มีฟังก์ชันหลัก 4 อย่าง

1. **search** ใช้สืบค้นรายละเอียดข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับโปรตีนที่สนใจ
2. **domain** ใช้สืบค้นหาโดเมนจากโปรตีนที่สนใจ
3. **pattern** ใช้วิเคราะห์หา phyletic pattern เพื่อเปรียบเทียบความเหมือนและต่างกันของการปรากฏโปรตีนในแต่ละจีโนม
4. **blast** ใช้สืบค้นหาโปรตีนที่มี conserved region กับลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนที่สนใจ

ต่อต้านหลัง →

Arthrospira (Spirulina) Research Group



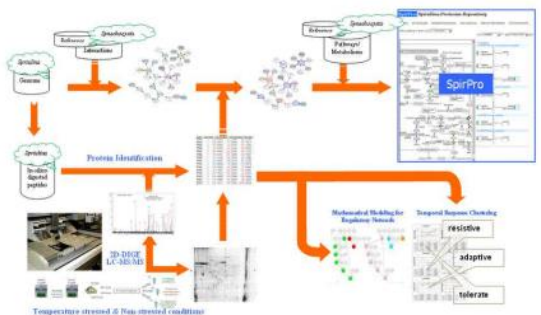
เว็บไซต์กลุ่มงานวิจัยด้านชีวสารสนเทศของสาหร่ายเกลียวทอง
(<http://www.sbi.kmutt.ac.th/arthrobases/>)

SpirPro: Spirulina-Proteome Repository

Home aD-Gel Images Snapshot Interactions Inter-pathways Effect on Metabolisms YTH experiments CyanoCOG

This website shows the results from proteome analyses of *Spirulina (Arthrospira) platensis* C1 which have been carried out by our group, Algal Bio Systems Biology and Bioinformatics (SBI) laboratories at King Mongkut's University of Technology Thonburi (KMUTT). *Spirulina* proteome under were analyzed, and the protein identification was performed based on *Spirulina* genome sequence. Integration with available data by bioinformatics to effect of stresses to the cell in the molecular levels; for example, protein-protein interaction and metabolic levels. The main components of the *Spirulina* listed below.

- 2D-Gel Images: Proteome analysis by 2D-DIGE technique
- Snapshot Interactions: Surrounding interested (or, differentially expressed) proteins
- Inter-pathways: Interactions among differentially expressed proteins overlaying on particular KEGG pathways (*Synechocystis* sp. PCC6803)
- Effect on Metabolism: Overall metabolic pathways with differentially expressed proteins and involving interactions
- Interaction Experiment: Interaction screening in *Spirulina* by yeast two-hybrid system



เครื่องมือ CyanoCOG บนระบบฐานข้อมูล SpirPro
(<http://spirpro.sbi.kmutt.ac.th/cyanoCOG.html>)

ปัจจุบัน มีสถิติผู้เข้าใช้งานแล้ว 5,141 ครั้ง (page view; ข้อมูลตั้งแต่ 30 ส.ค. 2555 ถึง 2 มิ.ย. 2557) จากผู้เยี่ยมชม 917 ราย (visitor) จากต่างชาติ 284 ราย ได้แก่ ประเทศในกลุ่มยุโรป สหรัฐอเมริกา และญี่ปุ่น เป็นต้น และจากภายในประเทศ จำนวน 633 ราย

แนวทางการพัฒนาระบบในระยะต่อไป

1. เพิ่มข้อมูลจีโนมของไซยาโนแบคทีเรียที่มีอยู่ในฐานข้อมูล NCBI ในปัจจุบันกว่า 100 จีโนมและวิเคราะห์ ortholog ของไซยาโนแบคทีเรียทั้งหมด
2. เพิ่มข้อมูลระดับการแสดงออกของยีน (transcriptome) ของสาหร่ายเกลียวทองจากผลไม้โครอเรียของกลุ่มวิจัย
3. พัฒนาส่วนสืบค้นให้สมบูรณ์ขึ้น โดยแสดงข้อมูลคู่ client protein ที่สนใจ และ conserved motif ของกลุ่มโปรตีนในเครือข่าย PPI
4. ผู้ใช้งานสามารถวิเคราะห์หาโปรตีนที่เชื่อมต่อกับข้อมูล Omics บนเครือข่าย PPI แบบ interactive