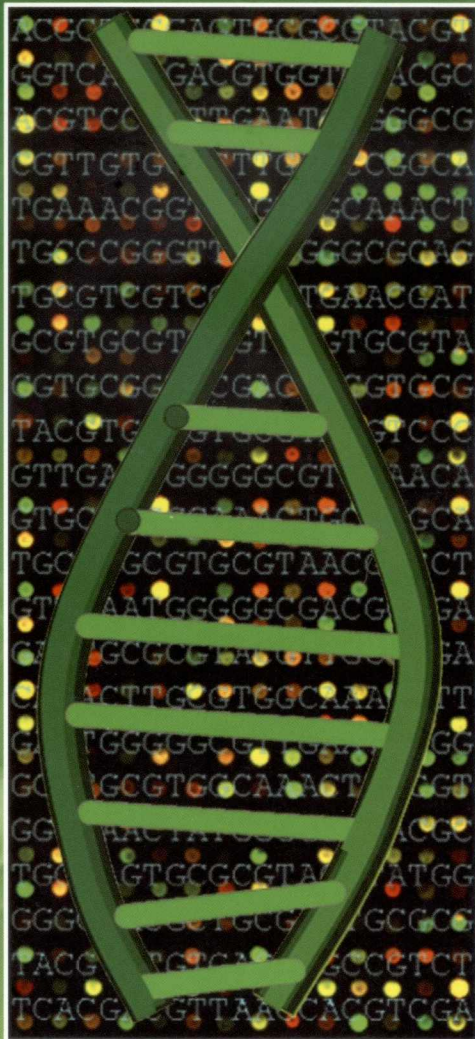


# ชีวสารสนเทศทางสัตวศาสตร์



ศุภมิตร เมมฉาย  
ภาควิชาสัตวศาสตร์และสัตว์น้ำ  
คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

# สารบัญ

|                                                     | หน้า      |
|-----------------------------------------------------|-----------|
| คำนำ                                                | i         |
| คำนิยาม                                             | ii        |
| สารบัญ                                              | iii       |
| คำย่อ                                               | vi        |
| <b>บทที่ 1 ชีวสารสนเทศศาสตร์</b>                    | <b>1</b>  |
| 1.1 ความหมายของชีวสารสนเทศศาสตร์                    | 1         |
| 1.2 ขอบเขตของชีวสารสนเทศศาสตร์                      | 2         |
| 1.3 การประยุกต์ใช้ชีวสารสนเทศศาสตร์                 | 4         |
| 1.4 ชีวสารสนเทศทางสัณฐานศาสตร์                      | 6         |
| <b>บทที่ 2 รหัสพันธุกรรม</b>                        | <b>7</b>  |
| 2.1 ข้อมูลรหัสพันธุกรรม                             | 7         |
| 2.2 การแปลรหัสพันธุกรรมไปเป็นโปรตีน                 | 12        |
| 2.3 การถอดรหัสพันธุกรรม                             | 13        |
| 2.4 การใช้ประโยชน์จากข้อมูลรหัสพันธุกรรม            | 16        |
| <b>บทที่ 3 ฐานข้อมูลรหัสพันธุกรรม</b>               | <b>19</b> |
| 3.1 ฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์                      | 19        |
| 3.2 การส่งข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์เข้าสู่ฐานข้อมูล   | 25        |
| 3.3 การค้นหาข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์                 | 28        |
| 3.4 ฐานข้อมูลทางชีวโมเลกุลของสิ่งมีชีวิต            | 41        |
| <b>บทที่ 4 การจัดการข้อมูลรหัสพันธุกรรม</b>         | <b>43</b> |
| 4.1 การเปลี่ยนรูปแบบการแสดงผลลำดับนิวคลีโอไทด์      | 43        |
| 4.2 การกลับทิศทางลำดับนิวคลีโอไทด์                  | 48        |
| 4.3 การกลับทิศทางลำดับนิวคลีโอไทด์ของเบสคู่สม       | 49        |
| 4.4 การจัดเก็บข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ในรูปแบบเอกสาร | 52        |
| 4.5 การแปลรหัสพันธุกรรมไปเป็นกรดอะมิโน              | 54        |

|                 |                                                      |            |
|-----------------|------------------------------------------------------|------------|
| <b>บทที่ 5</b>  | <b>การเปรียบเทียบข้อมูลแบบ Pairwise Alignment</b>    | <b>65</b>  |
| 5.1             | โปรแกรม BLAST                                        | 65         |
| 5.2             | โปรแกรม Basic BLAST                                  | 70         |
| 5.3             | ตัวอย่างการใช้โปรแกรม BLASTN                         | 81         |
| 5.4             | ตัวอย่างการใช้โปรแกรม BLASTP                         | 89         |
| 5.5             | ตัวอย่างการใช้โปรแกรม BLAST 2 Sequence               | 90         |
| 5.6             | ตัวอย่างการใช้โปรแกรม BLAST Assembled RefSeq Genomes | 93         |
| <b>บทที่ 6</b>  | <b>การเปรียบเทียบข้อมูลแบบ Multiple Alignment</b>    | <b>97</b>  |
| 6.1             | Multiple alignment                                   | 97         |
| 6.2             | หลักการของการเปรียบเทียบข้อมูลแบบ Multiple alignment | 98         |
| 6.3             | ตัวอย่างการใช้โปรแกรม Multiple alignment             | 100        |
| <b>บทที่ 7</b>  | <b>ฐานข้อมูลจีโนมของสัตว์เศรษฐกิจ</b>                | <b>115</b> |
| 7.1             | จีโนมของสัตว์เศรษฐกิจ                                | 115        |
| 7.2             | ฐานข้อมูลจีโนมสัตว์เศรษฐกิจ                          | 118        |
| <b>บทที่ 8</b>  | <b>ฐานข้อมูล QTL</b>                                 | <b>143</b> |
| 8.1             | การวิเคราะห์ QTL                                     | 143        |
| 8.2             | ฐานข้อมูล QTL ของสัตว์เศรษฐกิจ                       | 144        |
| 8.3             | การสืบค้นฐานข้อมูล QTLdb                             | 158        |
| 8.4             | ฐานข้อมูล Bovine QTL Viewer                          | 169        |
| <b>บทที่ 9</b>  | <b>ฐานข้อมูล SNP</b>                                 | <b>179</b> |
| 9.1             | เครื่องหมายโมเลกุล SNP                               | 179        |
| 9.2             | ประเภทของความผันแปรทางพันธุกรรม                      | 181        |
| 9.3             | ฐานข้อมูล SNP                                        | 181        |
| 9.4             | ตัวอย่างการสืบค้นข้อมูล SNP                          | 184        |
| <b>บทที่ 10</b> | <b>ฐานข้อมูลจีโนม UCSC</b>                           | <b>195</b> |
| 10.1            | ฐานข้อมูล USCS                                       | 195        |
| 10.2            | องค์ประกอบของฐานข้อมูลจีโนม UCSC                     | 196        |
| 10.3            | ตัวอย่างการสืบค้นฐานข้อมูลจีโนม UCSC                 | 198        |

|                 |                                                      |            |
|-----------------|------------------------------------------------------|------------|
| <b>บทที่ 11</b> | <b>ฐานข้อมูลจีโนม Ensembl</b>                        | <b>209</b> |
| 11.1            | ฐานข้อมูล Ensembl                                    | 209        |
| 11.2            | องค์ประกอบของฐานข้อมูล Ensembl                       | 210        |
| 11.3            | การสืบค้นข้อมูลจีโนมจากฐานข้อมูล Ensembl             | 214        |
| 11.4            | ตัวอย่างการใช้โปรแกรม BLAST/BLAT ในฐานข้อมูล Ensembl | 230        |
| 11.5            | ตัวอย่างการใช้โปรแกรม Biomart ในฐานข้อมูล Ensembl    | 234        |
|                 | <b>บรรณานุกรม</b>                                    | <b>239</b> |
|                 | <b>ภาคผนวก</b>                                       | <b>252</b> |
|                 | <b>ดัชนี</b>                                         | <b>254</b> |
|                 | <b>อภิธานศัพท์</b>                                   | <b>260</b> |