หอสมุดกลาง จุฬาลงกรณมหาวิทยาลัย

บทที่ ๔

สรุปผลการวิจัยและบทวิจารณ์

๔.๑ ผลการทดลองจากห้องปฏิบัติการ

จากการทดลองในห้องปฏิบัติการสามารถหาค่า

๔.๑.๑ จำนวนสารกัมมันตรังสีที่ยังไม่ได้ใช้ไป ซึ่งมีหน่วยเป็น dpm/mg protein ดังตารางที่ ๓.๑ ค่าที่ได้นี้จะใช้แทนจำนวนกรดอะมิโนที่มีสารกัมมันตรังสีส่วนที่ยังไม่ได้ถูกใช้ไป [p(t)] ค่าสัมพันธ์ของ p(t) และ t แสดงไว้ในกราฟ (รูปที่ ๔.๑)

๔.๑.๒ จำนวนสารกัมมันตรังสีบนไรโบโซม ซึ่งแสดงถึงจำนวนกรดอะมิโนที่มีสารกัมมันตรังสีที่ถูกจับเอาไว้ในโปลี่เปปไทด์บนไรโบโซม [B(t)] มีหน่วยเป็น dpm/mg protein ดังตารางที่ ๓.๒ ค่าความสัมพันธ์ของ B(t) และ t แสดงไว้ในกราฟ (รูปที่ ๔.๒)

๔.๑.๓ สารกัมมันตรังสีในโปรตีน [C(t)] มีหน่วยเป็น dpm/mg protein ดังตารางที่ ๓.๓ ค่าความสัมพันธ์ C(t) และ t แสดงไว้ในกราฟ (รูปที่ ๔.๒)

๔.๒ ผลการวิจัยทางคอมพิวเตอร์

๔.๒.๑ ในภาวะที่ไม่มีการรบกวนการสังเคราะห์โปรตีนซึ่งในภาวะนี้เวลาที่ใช้ในการเข้าของไรโบโซม ๑ ตัว (T_1) จะต้องมากกว่าหรือเท่ากับเวลาที่ไรโบโซม ๑ ตัว จะเคลื่อนที่ไปบน mRNA เป็นระยะทางเท่ากับความกว้างของไรโบโซมเอง ($1\hat{T}_2$) และค่า $1\hat{T}_2$ จะต้องมากกว่าหรือเท่ากับเวลาที่ไรโบโซมแต่ละตัวจะหลุดออกมาจาก mRNA เมื่อสิ้นสุดการสร้างโปรตีน (T_3) ในภาวะนี้นำใส่โปรแกรมคอมพิวเตอร์ (ภาคผนวก) จะได้ค่า N(t), p(t), B(t) และ C(t) ที่เวลาต่างๆ กัน (ภาคผนวก)

๔.๒.๑.๑ ความสัมพันธ์ของค่า N(t) กับเวลา (นาที) ในกรณีนี้จะมีค่าคงที่ ดังรูป ๔.๑๐ เนื่องจากอยู่ในสภาวะคงที่

๔.๒.๑.๒ ความสัมพันธ์ของ p(t) กับเวลา (นาที) ในกรณีนี้จะมีค่าลดลง เมื่อเวลาเพิ่มขึ้น เป็นแบบ **exponential** ดังรูป ๔.๓

๔.๒.๑.๓ ความสัมพันธ์ B(t) กับเวลา (นาที) ตอนช่วงเวลา ๐ ถึง ๑ นาที ค่าจะเพิ่มขึ้นและช่วงหลังจาก ๑ นาที ไปแล้วค่าจะลดลงเป็นแบบ exponential ดังรูปที่ ๔.๔

๔.๒.๑.๔ ความสัมพันธ์ของ C(t) กับเวลา (นาที) เมื่อเวลาเพิ่มขึ้นค่าก็จะเพิ่มขึ้น แล้วจะค่อยๆ คงที่ ดังรูปที่ ๔.๕

๔.๒.๒ ในภาวะที่มีการรบกวนการสังเคราะห์โปรตีนในกรณีนี้การสังเคราะห์โปรตีนจะเป็นไปได้ไม่ปกติ อาจเนื่องจากถูกขัดขวางในการเข้าของไรโบโซมที่จุดเริ่มต้น ทำให้เวลา T_1 มีค่าสูงขึ้น หรืออาจจะเนื่องมาจากถูกขัดขวางในขณะที่ไรโบโซมแต่ละตัวเคลื่อนที่ไปบน mRNA ทำให้ค่า $\hat{T}_2$ สูงขึ้น หรืออาจจะเนื่องมาจากถูกขัดขวางในการที่ไรโบโซมแต่ละตัวจะหลุดออกมาจาก mRNA เมื่อสิ้นสุดการสร้างโปรตีนนั้นคือเวลา T_3 จะต้องมีคาสูงขึ้นในการ run computer จะได้แปรค่า T_1, T_2 และ T_3 และศึกษาผลที่เกิดขึ้นต่อ N(t), p(t), B(t) และ C(t)

๔.๒.๒.๑ เปลี่ยนค่า T_1 โดยให้ค่า T_2 และ T_3 คงที่

ก. ผลต่อ p(t) จะคงเดิม ดังรูปที่ ๔.๓

ข. ผลต่อ N(t) นั้นเมื่อเพิ่มค่า T_1 ขึ้นนั้นอัตราการเข้าของไรโบโซมลดลง ซึ่งจะทำให้จำนวนไรโบโซม mRNA, [N(t)] ลดลง ดังรูปที่ ๔.๑๐

ค. ผลต่อ B(t) เมื่อเพิ่ม T_1 ขึ้นค่าสูงสุด (peak) ของสารกัมมันตรังสีในไรโบโซม [B(t)] จะอยู่ในช่วงเวลาเดียวกับภาวะปกติแต่จำนวนของสารกัมมันตรังสี

จะลดลงกว่าภาวะปกติมาก

ง. ผลต่อ C(t) นั้นเมื่อเปลี่ยนแปลงค่า T_1 ก็จะทำให้ค่า N(t),,B(t) ลดลง ซึ่งเป็นผลทำให้มีการหยุดยั้งอัตราการสร้างโปรตีนดังนั้นก็จะทำให้ลดจำนวนสารกัมมันตรังสีในโปรตีนลงด้วย โดยจะเห็นว่าค่า C(t) จะลดลงอย่างเห็นได้ชัด ดังรูปที่ ๔.๕

๔.๒.๒.๒ เปลี่ยนค่า T_2 โดยค่าคงที่ค่า T_1 และ T_3 เอาไว้ เมื่อ T_2 เพิ่มขึ้นจะทำให้ $i\hat{T}_2$ เพิ่มขึ้น ถ้าหากค่า T_1 เดิมน้อยกว่าค่า $i\hat{T}_2$ ใหม่ก็จะมีการปรับให้มีค่า T_1 ใหม่ ซึ่งจะเท่ากับ $i\hat{T}_2$ ใหม่ และผลที่ออกมาก็จะเป็นผลของการเปลี่ยนค่าต่างๆ เหล่านี้

ก. ผลต่อ p(t) จะไม่มีการเปลี่ยนแปลงไปจากในกรณีปกติ ดังรูปที่ ๔.๓

ข. ผลต่อ N(t) เมื่อค่า T_2 เพิ่มขึ้น จะทำให้อัตราการเคลื่อนที่ของไรโบโซม mRNA ลดลง ฉะนั้นจะทำให้การหลุดออกไปของไรโบโซมนั้นช้าไปด้วย จึงทำให้ค่า N(t) เพิ่มจนถึงสภาวะคงที่ใหม่ และถ้า T ใหม่นั้นสูงพอก็จะทำให้ N(t) มีค่าเท่ากับจำนวนสูงสุดที่ไรโบโซมสามารถจะอยู่บน mRNA ได้ $\frac{L}{l}$ ดังรูปที่ ๔.๑๐

ค. ผลต่อ B(t) เมื่อเพิ่มค่า T_2 จะทำให้สารกัมมันตรังสีในไรโบโซมลดน้อยลง ดังรู | ๔.๖

ง. ผลต่อ C(t) เมื่อเพิ่มค่า T_2 จะทำให้มีการยับยั้งการสร้างโปรตีน ดังนั้นสารกัมมันตรังสีในโปรตีนก็จะลดน้อยลงด้วย ดังรูปที่ ๔.๗

๔.๒.๒.๓ เปลี่ยนค่า T_3 โดยให้ค่า T_1 และ T_2 คงที่ ถ้าค่า T_3 เพิ่มจะค่อยๆ ทำให้ค่า T_2 เพิ่มมากจนกระทั่งถึงสภาวะคงที่ใหม่ ขณะเดียวกัน T_1 ก็จะเพิ่มตามด้วย ผลที่ออกมาเป็นผลจากการเพิ่มค่า T_3, T_2 และ T_1

ก. ผลต่อ p(t) จะไม่เปลี่ยนแปลง ดังรูปที่ ๔.๓

ข. ผลต่อ N(t) เมื่อเพิ่ม T_3 จะทำให้อัตราการหลุดออกของไรโบโซมบน mRNA ลดลง ทำให้เกิดการคั่งของไรโบโซมบน mRNA ฉะนั้นจะทำให้ N(t) นั้นเพิ่มขึ้นจนถึงจำนวน

สูงสุดบน mRNA $\frac{L}{1}$ ดังรูปที่ ๔.๑๐

ค. ผลต่อ B(t) เมื่อเพิ่ม T_3 ซึ่งเป็นการยับยั้งตรงจุดปลายฉะนั้นไรโบโซมจะเข้ามาอย่างปกติในระยะแรกและเคลื่อนอย่างปกติจึงทำให้คั่งขึ้น ดังนั้นค่า B(t) จึงสูงขึ้นกว่าภาวะปกติ แต่ต่อมาเมื่อค่า T_2 และ T_1 เปลี่ยนตามค่า T_3 แล้วก็จะเข้าสู่สภาวะคงที่ใหม่ค่า B(t) ก็จะค่อยๆ ลดลง ดังรูปที่ ๔.๘

ง. ผลต่อ C(t) เมื่อเพิ่ม T_3 นั้นจะทำให้มีการยับยั้งการสร้างโปรตีนที่การหยุดการสร้างโปรตีนจึงทำให้สารกัมมันตรังสีในโปรตีนลดน้อยลงด้วย ดังรูปที่ ๔.๙

๔.๓ บทวิจารณ์

ผลที่ได้จากการทำแบบจำลองโดยใช้คอมพิวเตอร์นี้จะเห็นได้ว่าค่าที่ได้ออกมาเป็นตัวเลขซึ่งใช้แทน specific activity (dpm/mg protein) ในทางปฏิบัติจริงๆ ค่าควรออกมาเป็นสัดส่วน (fraction) ของค่าเริ่มต้น การที่ได้ค่าออกมาดังในการศึกษานี้เพราะเวลาที่นำผลที่ได้จากการทดลองในห้องปฏิบัติการมาดำเนินการหาค่าตัวคงที่นั้น เราใช้ค่าดิบ (raw value) โดยไม่ได้แปลงเป็นสัดส่วนเสียก่อน ซึ่งตัวสำคัญก็คือ A_o ซึ่งจะแทนค่า specific activity (dpm/mg protein) ที่จุดเริ่มต้นและค่านี้ก็จะขึ้นอยู่กับจำนวนสารกัมมันตรังสีที่ใส่เข้าไปในจุดเริ่มต้น ถ้าหากใช้สารกัมมันตรังสีมากก็จะได้ค่า A_o มาก และค่า p(t), B(t), C(t) ก็จะสูงขึ้นในอัตราเดียวกัน

ข้อสังเกตอีกอย่างหนึ่งคือ ค่า p(t) จากการศึกษานี้ไม่มีการเปลี่ยนแปลงไม่ว่าจะเปลี่ยนค่าตัวแปรไปอย่างใดก็ตาม ทั้งนี้เพราะการศึกษานี้ได้กำหนดให้จำนวนกรดอะมิโนอิสระทั้งหมดมีขนาดใหญ่มาก และการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนอิสระทั้งหมดนี้ให้ถือว่าคงที่ เมื่อเทียบกับอัตราของการใช้ไปในการสังเคราะห์โปรตีนดังนั้น p(t) ซึ่งค่าที่บ่งถึงจำนวนกรดอะมิโนอิสระทั้งหมดจึงไม่มีการเปลี่ยนแปลง แม้ว่าการสังเคราะห์โปรตีนจะถูกยับยั้งก็ตาม เมื่อนำมาวิเคราะห์เปรียบเทียบกับผลที่ได้โดยการปฏิบัติการทดลองในห้องปฏิบัติการทดลองในห้องปฏิบัติการ จะเห็นได้ว่าอาจแบ่งออกเป็นกรณีต่างๆ ดังนี้

๔.๓.๑ ในภาวะปกติค่า p(t), B(t) และ C(t) มีการเปลี่ยนแปลงในลักษณะที่คล้ายคลึงกับค่าที่ได้จากการทดลอง ข้อแตกต่างซึ่งยังมีอยู่บ้างอาจเกิดเนื่องจากว่าค่าที่ได้จากคอมพิวเตอร์นั้นเป็นค่าที่แน่นอนเพราะเป็นค่าที่มาจากสูตรทางคณิตศาสตร์ส่วนค่าที่ได้จากการทดลองนั้นคือเป็น Biological value ซึ่งอาจมีการเปลี่ยนแปลงได้ตามองค์ประกอบต่างๆ ที่มีอิทธิพลต่อการทดลอง อาทิ อายุของสัตว์ที่ใช้ทดลองแต่ละตัว น้ำหนัก สภาพทางสรีรวิทยาของร่างกายขณะที่ทำการทดลองและอื่นๆ นอกจากนี้การทดลองก็ยังอาจมีการผิดพลาดได้บ้าง อาทิจากการวัดปริมาตรน้ำยา (solution) โดยปิเปต (pipette) ซึ่งไม่ละเอียดพอ หรือจากความไวของเครื่องมือซึ่งในบางกรณีไม่ไวพอที่จะเก็บข้อมูลโดยละเอียดเหล่านี้ ซึ่งในทางวิทยาศาสตร์ชีวภาพนั้นถือเป็นหลักปฏิบัติว่า ค่าที่ได้นั้นถ้าเบี่ยงเบนไปจากค่าที่ควรจะเป็นไม่เกิน ๑๐% ยังถือว่าอยู่ในพิสัยของค่าที่ควรจะเป็นได้ ซึ่งเมื่อพิเคราะห์โดยละเอียดแล้ว ความแตกต่างระหว่างค่าจากคอมพิวเตอร์และค่าจากการทดลองก็ยังอยู่ในพิสัยเดียวกัน

ในภาวะปกติค่าที่ได้จากคอมพิวเตอร์มีความใกล้เคียงกับค่าที่ได้จากการทดลองและอาจใช้แทนกันได้ หรืออีกนัยหนึ่ง แบบจำลองที่สร้างขึ้นมาในรายงานที่เสนอนี้มีความถูกต้องและสามารถเลียนสภาพการสังเคราะห์โปรตีนที่เกิดขึ้นในเซลล์ในภาวะปกติได้

๔.๓.๒ ในภาวะผิดปกติในภาวะนี้การสังเคราะห์โปรตีนจะถูกรบกวนที่ตำแหน่งต่างๆ การรบกวนนี้โดยธรรมชาติอาจเกิดจากยาหรือสารเคมีเช่น ยาปฏิชีวนะ (antibiotic) บางตัว อาทิ เพียวโรไมซิน (puromycin) เตตระไซคลิน (tetracycline), สเตรพโตไมซิน (streptomycin), คลอแรมเฟนิคอล (chloramphenicol) ไซโคลเฮ็กซาไมด์ (cyclohexamide) และเอ็ทไทโอนีน (ethionine) เป็นต้น กลไกการรบกวนการสร้างโปรตีนนี้อาจกระทำได้ที่ตำแหน่งต่างๆ เช่น ขัดขวางในการเข้าของไรโบโซมที่จุดเริ่มแรก ขัดขวางการเคลื่อนที่ไรโบโซมแต่ละตัวบน mRNA หรืออาจขัดขวางในการที่ไรโบโซมแต่ละตัวจะ

หลุดออกจาก mRNA เมื่อสิ้นสุดการสร้างโปรตีน หรืออาจจะมีการขัดขวางที่หลายๆ ตำแหน่งพร้อมๆ กันฉะนั้นในการทำวิจัยนี้เราจึงได้เปลี่ยนแปรค่าต่างๆ ให้สอดคล้องกับสภาวะที่การสร้างโปรตีนถูกขัดขวาง

๔.๓.๒.๑ เพิ่มค่า T_1 โดยให้ค่า T_2 และ T_3 คงเดิม

การเพิ่มค่า T_1 ทำให้อัตราการเข้าของไรโบโซมลดลงที่จุดเริ่มต้นของการสังเคราะห์โปรตีน เราจึงคาดหวังว่าจะทำให้อัตราการสังเคราะห์โปรตีนลดลง ซึ่งผลจากคอมพิวเตอร์ก็ได้ผลตามที่ตั้งสมมุติฐานเอาไว้ คือค่า C(t) ลดลง ดังรูปที่ ๔.๕ นอกจากนี้การที่อัตราการเข้าของไรโบโซมลดลงจะทำให้จำนวนโปลี่ไรโบโซมบน mRNA ก็ลดลงด้วย ดังจะเห็นได้จากการที่ค่า N(t) ลดลงด้วย ดังรูปที่ ๔.๑๐ และเมื่อโปลี่ไรโบโซมบน mRNA ลดลงทำให้จำนวนสารกัมมันตรังสีบนไรโบโซมลดลงด้วย ฉะนั้นค่า B(t) ก็ต่ำลง การลดต่ำของค่า B(t) เป็นสัดส่วนกับอัตราการเพิ่มช่วง T_1 เช่นเพิ่ม T_1 ๖ เท่าค่า B(t) ก็ลดลงประมาณ ๖ เท่า ดังรูปที่ ๔.๔ แต่ความสัมพันธ์นี้ไม่พบในค่า C(t) ทั้งนี้เพราะค่า C(t) เป็นค่าสะสม (accumulative value) การเปลี่ยนแปลงจึงไม่สัมพันธ์กับอัตราการเข้าของ T_1 โดยตรง

๔.๓.๒.๒ เพิ่มค่า T_2 โดยให้ค่า T_1 และ T_3 คงที่

การเพิ่มค่า T_2 ก็จะทำให้อัตราการเคลื่อนที่ของไรโบโซมแต่ละตัวบน mRNA ลดลงด้วย ผลที่ตามมาคือ อัตราการที่ไรโบโซมจะจับกรดอะมิโนก็จะลดลงด้วยดังนั้นเราจึงคาดได้ว่าการสังเคราะห์โปรตีนจะลดลง ซึ่งผลที่ได้จากคอมพิวเตอร์นั้นพบว่าค่า C(t) ลดลง ดังรูปที่ ๔.๗ แต่การที่ไรโบโซมเคลื่อนที่ช้า จึงทำให้เกิดการคั่งของโปลี่ไรโบโซมบน mRNA นั้นคือทำให้ค่า N(t) เพิ่มขึ้น ซึ่งถ้าใช้ค่า T_2 ที่เหมาะสมจะได้ค่าสูงสุดของไรโบโซมบน mRNA $[N_{max}]$ ซึ่งจะเท่ากับความยาวของ mRNA หารด้วยความกว้างของไรโบโซม ดังรูปที่ ๔.๑๐ ส่วนค่า B(t) ก็ลดลง ดังรูปที่ ๔.๖ เพราะมีการยับยั้งการสังเคราะห์โปรตีน อย่างไรก็ตามถ้าเปรียบเทียบค่า B(t) จากข้อ ๔.๓.๒.๑ กับ ๔.๓.๒.๒ จะเห็นว่าเมื่อเพิ่มค่า T_2 ๖ เท่า จะทำให้ค่า B(t)

ลดลงน้อยกว่าค่า B(t) ที่ลดลงเมื่อเพิ่มค่า T_1 ๖ เท่า การที่เป็นเช่นนี้เพราะปรากฏการณ์ที่เกิดขึ้น เมื่อมีการรบกวนที่ T_1 และ T_2 นั้นต่างกัน ถึงแม้ว่าผลสุดท้ายจะยับยั้งการสังเคราะห์โปรตีนเช่นกันกล่าวคือ

เมื่อมีการรบกวนที่ T_1 แต่อย่างเดียว ไรโบโซมจะเคลื่อนที่ไปบน mRNA ด้วยอัตราปกติ ดังนั้นจำนวน N(t) ที่สภาวะคงที่จะลดลงต่ำกว่าปกติ ค่า B(t) ที่ต่ำในกรณีนี้มีความสัมพันธ์โดยตรงกับค่า N(t) ที่ลดลง ในกรณีที่มีการรบกวนที่ T_2 ไรโบโซมแต่ละตัวจะเคลื่อนที่ได้ช้าลงจึงทำให้ค่า B(t) ต่ำลง ขณะเดียวกัน เมื่อ T_2 เพิ่มขึ้นก็ทำให้ค่า N(t) สูงขึ้นด้วยในกรณีนี้ก็จะมีส่วนทำให้ B(t) สูงตามขึ้นด้วย นอกจากนี้ค่า T_2 ที่ในภาวะปกตินั้นเป็นค่าที่ต่ำ ซึ่งจะทำให้ไรโบโซมบน mRNA จะเคลื่อนที่ไปพ้นจากที่เดิม ก่อนที่ไรโบโซมตัวต่อไปจะเข้ามาใหม่ถึง ๐.๐๙ นาที การเพิ่มค่า T_2 ในช่วงต้นๆ จึงไม่มีผลในการยับยั้งการสังเคราะห์โปรตีนซึ่งวัดโดยค่า C(t) และยังจะทำให้ค่า N(t) สูงขึ้น ซึ่ง B(t) ก็จะสูงตามด้วย เพราะจะยังไม่มีการคั่งที่ช่วง T_1 ต่อกับ T_2 การยับยั้งการสังเคราะห์โปรตีนซึ่งจะสามารถใช้ C(t) เป็นเครื่องชี้นั้นจะเริ่มสังเกตได้เมื่อ T_2 สูงจนทำให้เกิดคั่งที่จุดต่อ T_2 กับ T_1 กล่าวคือเมื่อ $1\hat{T}_2 > T_1$

ส่วนการเปลี่ยนแปลงของ C(t) เมื่อ T_2 เพิ่มสูงจน $1\hat{T}_2$ มากกว่า T_1 แล้วจะไม่มีความแตกต่างจากการเปลี่ยนแปลงเมื่อเพิ่ม T_1 มากนัก เพราะ C(t) เป็นเพียงดัชนีที่จะแสดงว่ามีการรบกวนการสังเคราะห์โปรตีนหรือไม่แต่ไม่ได้ช่วยในการที่จะระบุว่ามีการรบกวนที่จุดใด

๔.๓.๒.๓ เพิ่มค่า T_3 โดยให้ค่า T_2 และ T_1 คงที่

การเพิ่มค่า T_3 มีผลทำให้อัตราการหลุดออกของไรโบโซมและโปลี่เปปไทด์บน mRNA ช้าลงกว่าปกติ เนื่องจาก T_3 เป็นด่านสำคัญที่จะปล่อยโปรตีนออกมาจากไรโบโซม ดังนั้นผลที่ได้ควรเห็นได้อย่างชัดเจนทันทีเมื่อมีการรบกวนที่ T_3 โดยดูจาก C(t) อย่างไรก็ตาม เพื่อมิให้มีการคั่งเกิดขึ้นค่า T_3 ที่ใช้ในภาวะปกติจึงต่ำมาก ดังนั้นเมื่อเพิ่มค่า T_3 ในช่วงแรกจึงจะยังไม่เกิดการคั่ง การคั่งจะเกิดขึ้นต่อเมื่อ T_3

มากกว่า $1\hat{T}_2$ ซึ่งจะทำให้มีการรบกวนที่การสังเคราะห์โปรตีน และ $\hat{T}_2$ ก็จะค่อยๆเพิ่มขึ้นตามจนกระทั่ง $1\hat{T}_2 = T_3$ ในภาวะนี้จะได้สภาวะคงที่อันใหม่ ถ้าหาก $1\hat{T}_2$ ซึ่งเท่ากับ T_3 นี้ไม่มากว่า T_1 การสังเคราะห์โปรตีนก็จะดำเนินต่อไปได้ แต่ด้วยอัตราอาจต่ำกว่าอัตราเดิม ถ้าหากค่า T_3 ที่เพิ่มนั้นสูงพอ ก็จะทำให้ค่า $1\hat{T}_2$ สูงมากจนกระทั่ง $1\hat{T}_2$ มากกว่า T_1 ในกรณีนี้ก็จะมีการตั้งเกิดขึ้นที่ T_1 ด้วย

การเปลี่ยนแปลงของ $\hat{T}_2$ ที่จะทำให้ $1\hat{T}_2$ เท่ากับ T_3 นี้เป็นขบวนการที่ค่อยเป็นค่อยไป เพราะโดยปกติจะมีช่องว่างระหว่างไรโบโซมแต่ละตัวบน mRNA ซึ่งจะทำให้การตั้งเวลามีการเปลี่ยนค่า $\hat{T}_2$ เกิดขึ้นช้าๆ ในทางตรงกันข้าม ถ้า $1\hat{T}_2$ สูงกว่า T_1 ค่า T_1 จะเปลี่ยนตามทันที

ผลจากการที่มีความแตกต่างในลักษณะการเปลี่ยนค่า T_1 และ T_2 นี้ทำให้พฤติกรรมของไรโบโซมและการสังเคราะห์โปรตีนที่วัดได้แตกต่างกันออกไปตามตำแหน่งที่มีการรบกวนหรือยับยั้งที่ T_1 หรือ T_2 การเปลี่ยนแปลงของ N(t) จะเป็นไปอย่างเฉียบพลัน ขณะเดียวกันการเปลี่ยนแปลงของ N(t) ที่เกิดขึ้นเมื่อมีการรบกวนที่ T_3 จะค่อยๆ เป็นค่อยๆ ไป ดังรูปที่ ๔.๑๐

การเปลี่ยนแปลงของ N(t) ที่แตกต่างออกไปนี้จะมีผลตามมาคือทำให้มีการเปลี่ยนแปลงใน B(t) เมื่อเพิ่ม T_3 มีลักษณะแตกต่างออกไปจากในกรณีที่เพิ่ม T_1 หรือ T_2 โดยเฉพาะใน ๒.๓๐ นาทีแรก ซึ่งจะมีความสัมพันธ์กับช่วงที่ N(t) กำลังมีการเพิ่มจำนวนและยังไม่ถึงสภาวะคงที่อันใหม่ส่วนการเปลี่ยนแปลงของ B(t) ในช่วงหลังจากนั้น เป็นผลเนื่องจากมีการตั้งของไรโบโซม mRNA โดยไม่มีการปล่อยออกไป ค่า B(t) จึงสูงลอยอยู่ ดังรูปที่ ๔.๘

ส่วนค่า C(t) นั้นเป็นผลจากการยับยั้งการสังเคราะห์โปรตีนโดยทั่วๆ ไป ไม่มีความแตกต่างจากค่าที่ได้เมื่อมีการเพิ่ม T_1 หรือ T_2 มากนัก นอกจากว่าค่า C(t) นี้มีการเปลี่ยนแปลงน้อย เมื่อการเปลี่ยนแปลงใน T_3 เกิดขึ้นไม่มากนัก เช่น เมื่อพิจารณาดูว่า เราเพิ่มค่าเป็น ๕๐ หรือ ๑๐๐ เท่าของเดิม ซึ่งมากกว่าการเพิ่มค่า T_1

หรือ T_2 เป็น ๓ หรือ ๖ เท่าของค่าเดิม แต่ได้ผลต่อ C(t) คล้ายคลึงกัน การที่เป็นเช่นนี้เพราะค่า C(t) มีความสัมพันธ์โดยตรงกับ B(t) ซึ่งในกรณีที่เพิ่ม T_3 ค่า B(t) จะสูงลอยอยู่ ทำให้ค่า C(t) ซึ่งผูกพันอยู่ลดลงด้วย นอกจากนี้ดังที่ได้กล่าวในขั้นต้นแล้วว่า ค่า T_3 ที่ใช้ในภาวะปกตินั้น เราใช้ค่าที่ต่ำมาก เพื่อจะไม่ให้เกิดการคั่ง การที่จะเพิ่มค่า T_3 จนสามารถเห็นการรบกวนการสังเคราะห์โปรตีน จะต้องเพิ่มในอัตราส่วนสูงกว่าการเพิ่มค่า T_1, T_2 นั้นคือการเพิ่มค่า T_1, T_2 และ T_3 จะมีผลทำให้มีการรบกวนการสังเคราะห์โปรตีน และมีผลทำให้มีการเปลี่ยนแปลงในพฤติกรรมของไรโบโซมต่างๆ กัน ข้อแตกต่างเหล่านี้เกิดได้จาก

ก. ในภาวะปกติมีช่องว่างระหว่างไรโบโซมบน mRNA ดังนั้นการเปลี่ยนแปลงเนื่องจากคั่งที่ช่วง T_2 กับ T_3 จึงเกิดขึ้นได้ช้ากว่าการคั่งที่ T_1 กับ T_2

ข. ค่าที่ใช้ในคอมพิวเตอร์ เราใช้ค่า T_2 และ T_3 ที่ต่ำจนไม่เกิดการคั่งในภาวะปกติ ดังนั้นการเพิ่มค่า T_1 เล็กน้อย จะมีผลกระทบกระเทือนการสังเคราะห์โปรตีนทันทีแต่การเพิ่มค่า T_2 หรือ T_3 ถ้าไม่มากจนทำให้มีการเปลี่ยนแปลงในอัตราการเคลื่อนไหวของไรโบโซมบน ตัวที่ตามมาก็จะยังไม่มีผลที่เด่นชัดต่อการสังเคราะห์โปรตีน

ผลที่ได้จากการใช้คอมพิวเตอร์ก็เป็นไปอย่างที่ตั้งสมมุติฐานไว้นั้นสามารถอธิบายได้ดังเหตุผลดังกล่าว

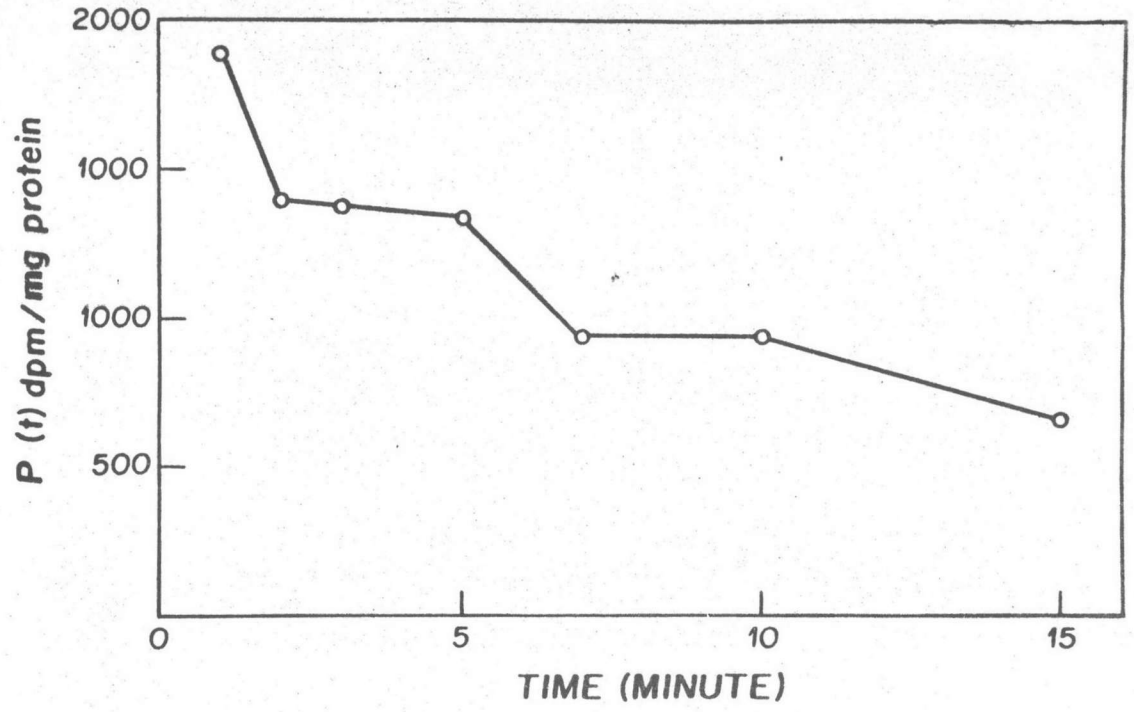
ดังนั้นจึงอาจกล่าวได้ว่า การทดลองนี้ได้ผลตามความมุ่งหมายและแบบจำลองที่สร้างขึ้นนี้ก็สามารถใช้เลียนสภาพการสังเคราะห์โปรตีนได้ในทุกสภาพ ผลที่ได้มีประโยชน์ในหลายแง่ อาทิ

๑. เป็นการทุ่นเวลาที่ใช้ในการปฏิบัติการวิจัยในห้องทดลองเพราะการทำการทดลองเพียงแต่หา control แต่ละชุดใช้เวลาไม่น้อยกว่า ๕ วัน และเพื่อให้ได้ข้อมูลที่มีนัยสำคัญทางสถิติก็ควรจะต้องมีข้อมูลอย่างน้อย ๖ ชุด ซึ่งถ้าจะหาเกี่ยวกับสภาวะที่การสังเคราะห์โปรตีนเกิดการรบกวนที่ตำแหน่งต่างๆ จะต้องใช้เวลามากกว่า

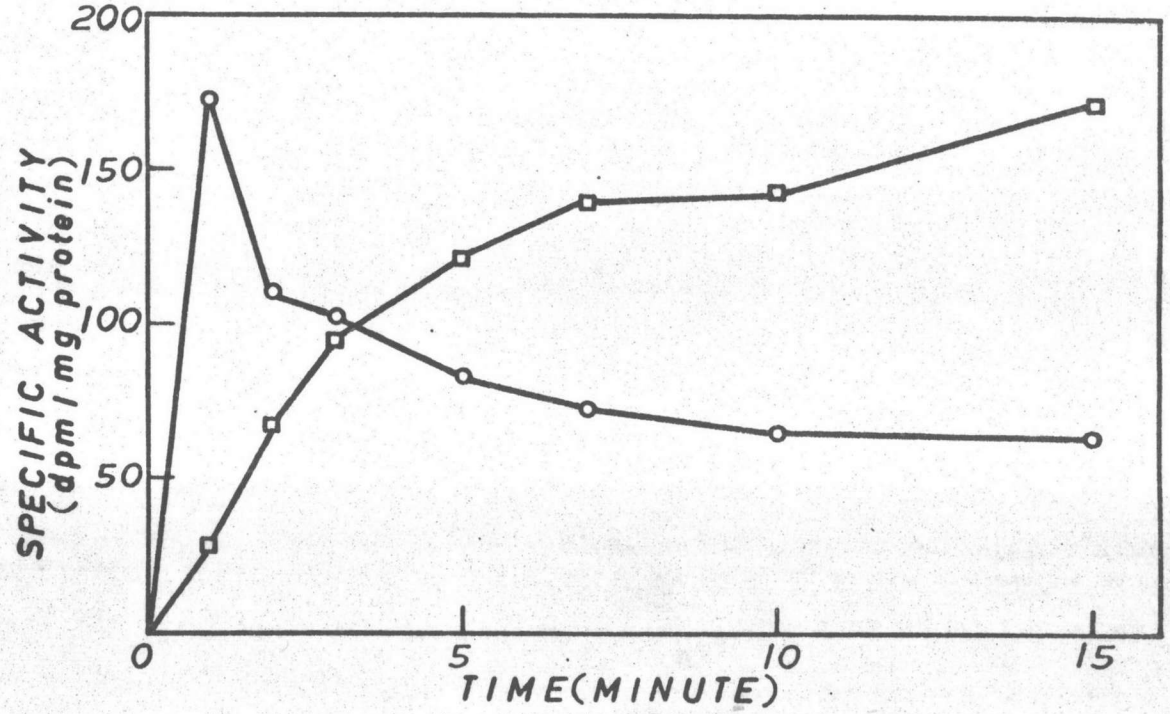
นี้หลายเท่า ส่วนใช้คอมพิวเตอร์นั้นจะใช้เวลาไม่มากก็จะได้ข้อมูลที่เชื่อถือได้แล้ว

๒. เป็นการทุ่นค่าใช้จ่ายเพราะการทำการวิจัยโดยเฉพาะเมื่อใช้สารกัมมันตรังสีด้วยนั้น จะเสียค่าใช้จ่ายสูงกว่าค่าใช้จ่ายในการใช้คอมพิวเตอร์มาก

๓. เป็นตัวอย่างในการประยุกต์ความรู้ทางคอมพิวเตอร์มาใช้ในการวิเคราะห์และศึกษาข้อมูลทางวิทยาศาสตร์ชีวภาพ



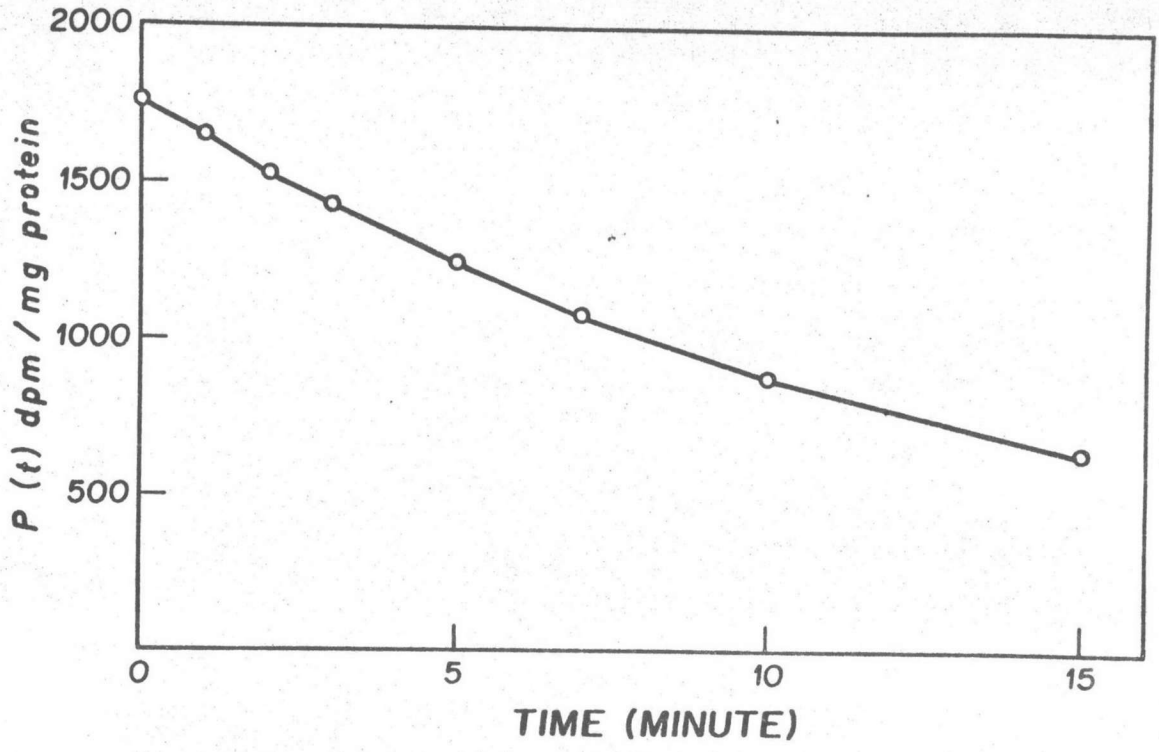
รูปที่ 4.1 กราฟแสดงค่า $P(t)$ จากผลการทดลอง



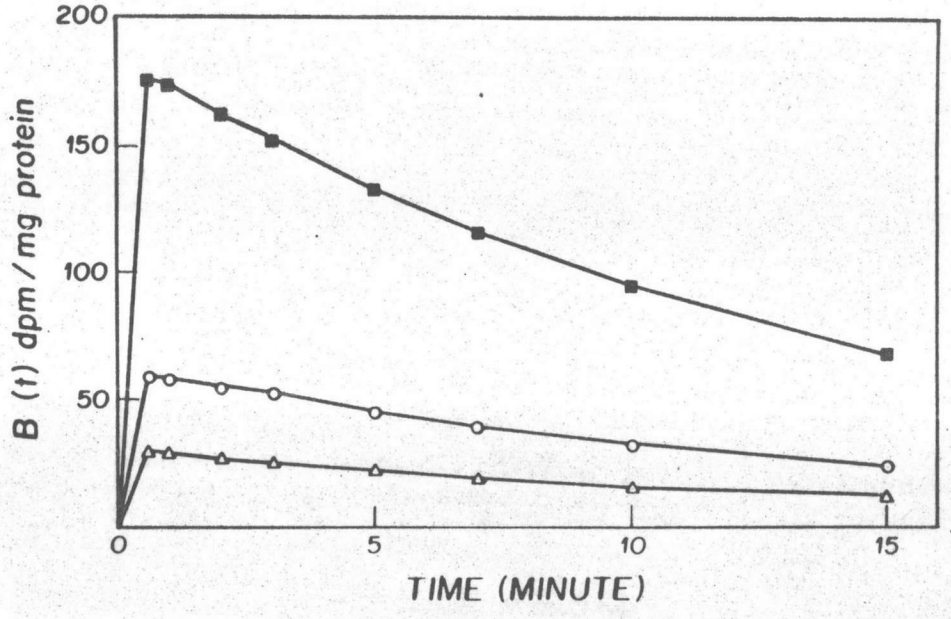
รูปที่ 4.2 กราฟแสดงค่า $B(t)$ และ $C(t)$ จากการทดลอง

o—o กราฟ $B(t)$

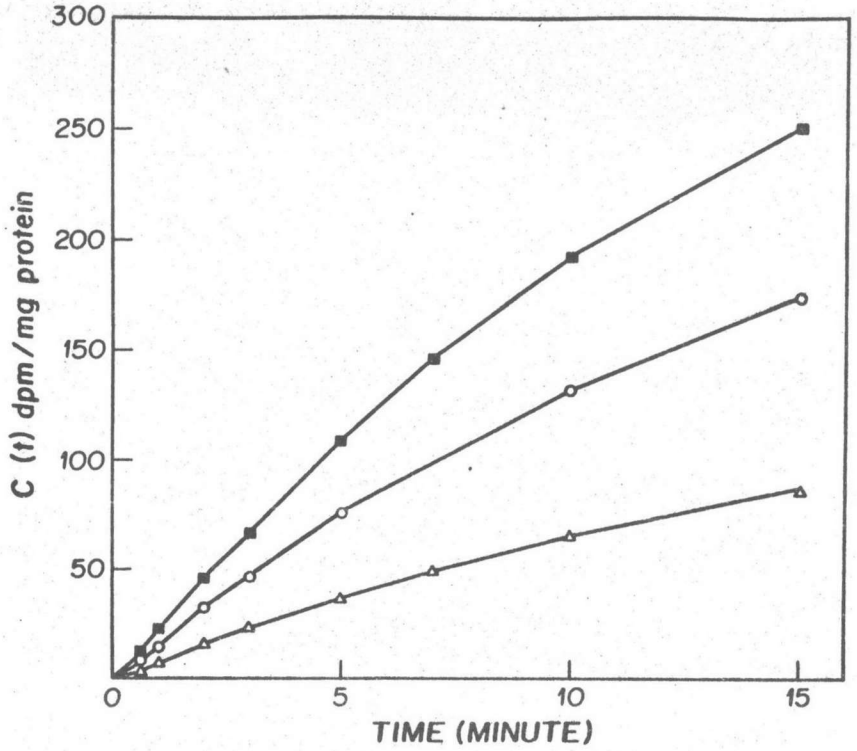
□—□ กราฟ $C(t)$



รูปที่ 4.3 กราฟแสดงค่า $P(t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์

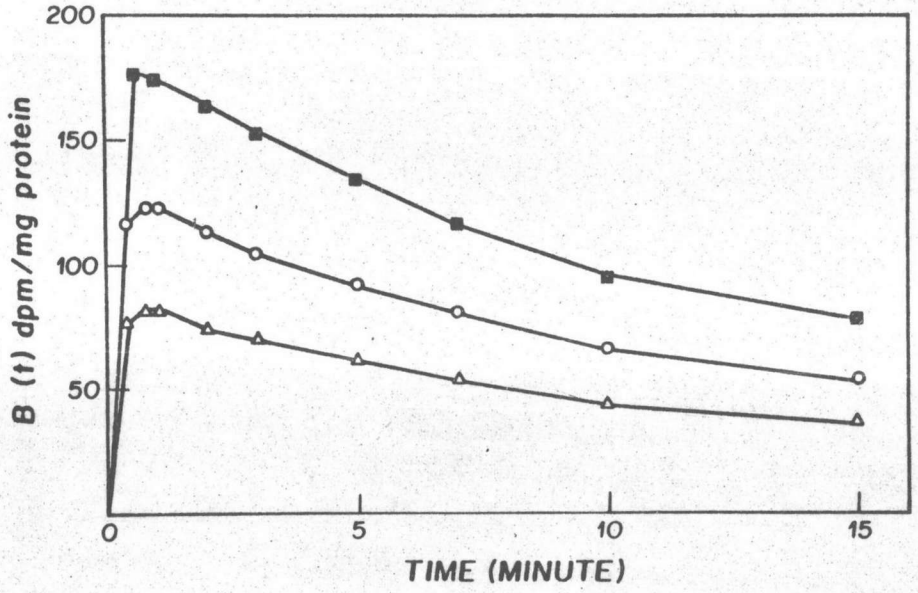


รูปที่ 4.4 กราฟแสดงค่า $B(t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์
โดยการเปลี่ยนแปลงค่า T_1 แต่คงที่ค่า T_2 และ T_3 เอาไว้



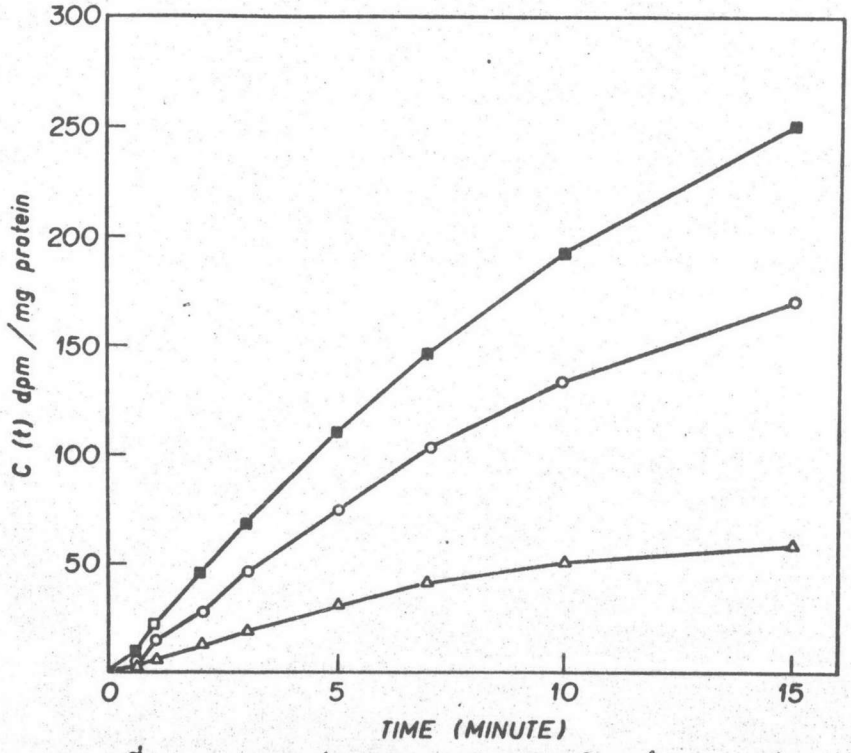
รูปที่ 4.5 กราฟแสดงค่า $C(t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์ โดยเปลี่ยนค่า T_1 แต่คงที่ค่า T_2 และ T_3

■—■ 0.15-1.5-0.01
○—○ 0.45-1.5-0.01
△—△ 0.9-1.5-0.01



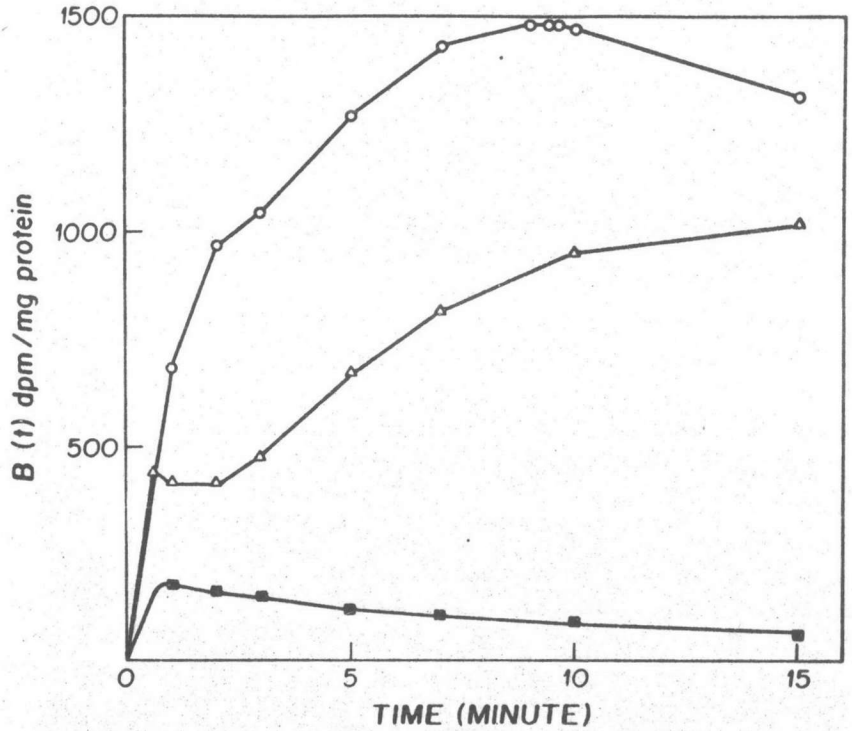
รูปที่ 4.6 กราฟแสดงค่า $B(t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์ โดยเปลี่ยนแปลงค่า T_2 แต่คงที่ค่า T_1 และ T_3 เอาไว้.

■—■ 0.15-1.5-0.01
○—○ 0.15-4.5-0.01
△—△ 0.15-9.0-0.01



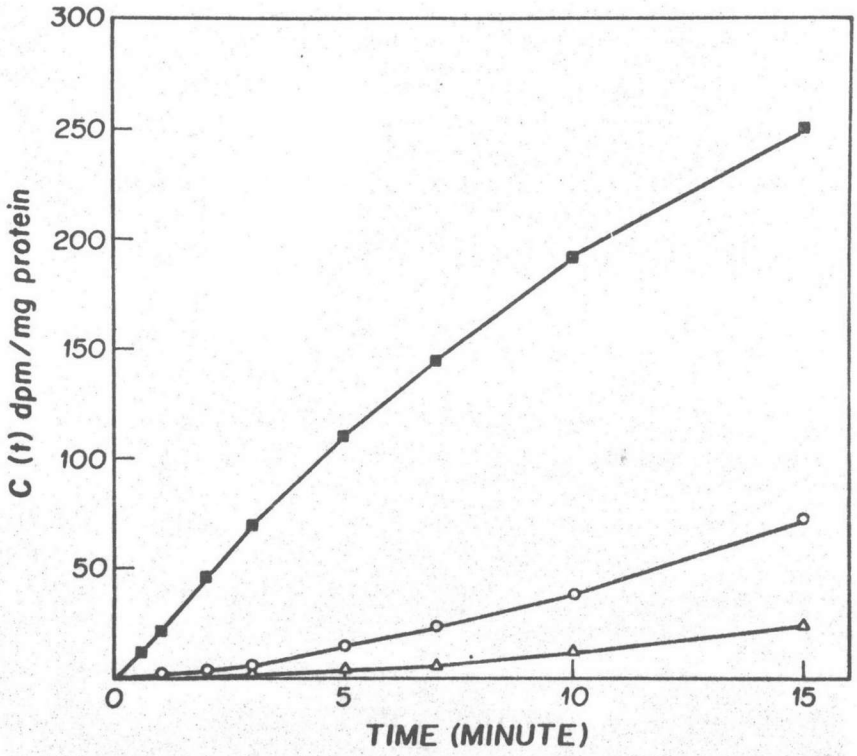
รูปที่ 4.7 กราฟแสดงค่า $C(t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์ โดยเปลี่ยนแปลงค่า T_2 แต่คงที่ค่า T_1 และ T_3 เอาไว้

■——■ 0.15-1.5-0.01
○——○ 0.15-4.5-0.01
△——△ 0.15-9.0-0.01

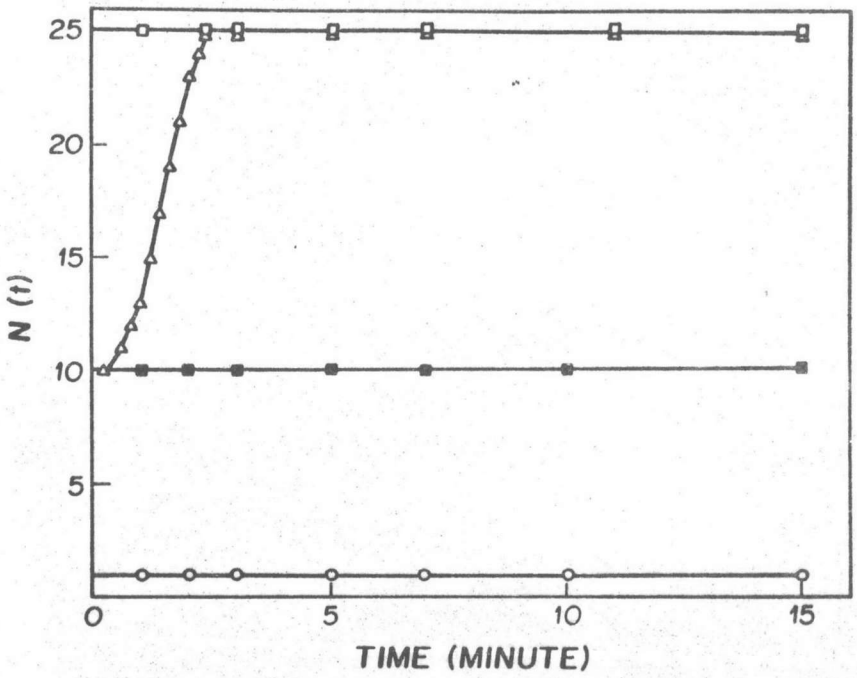


รูปที่ 4.8 กราฟแสดงค่า $B(t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์ โดยเปลี่ยนแปลงค่า r_3 แต่คงที่ค่า r_1 และ r_2 เอาไว้

■—■ 0.15-1.5-0.01
○—○ 0.15-1.5-0.5
△—△ 0.15-1.5-1.00



รูปที่ 4.9 กราฟแสดงค่า $C(t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์ โดยเปลี่ยนแปลงค่า T_3 และคงที่ค่า T_1 และ T_2 เอาไว้



รูปที่ 4.10 กราฟแสดงค่า $N\ (t)$ จากผลทางคอมพิวเตอร์