

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้เป็นการนำเสนอแนวทางและพัฒนาเครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำแบบ 2 มิติโดยอัตโนมัติ และจากเครื่องมือที่พัฒนาขึ้นมาทำให้มีความสะดวกรวดเร็วและมีความแม่นยำที่เพิ่มมากขึ้น และจากการทดลองในบทที่ 4 สามารถสรุปผลการทดลองได้ดังนี้

5.1 สรุปผลการวิจัย

วิธีการวิเคราะห์กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำเป็นวิธีการเปลี่ยนกรดอะมิโนให้อยู่ในรูปแบบแผนภูมิ 2 มิติเพื่อใช้สำหรับการทดสอบความเหมือนของลำดับกรดอะมิโน โดยมีสมมติฐานว่าโปรตีนที่ทำหน้าที่เหมือนกันจะไม่โครงสร้างที่เหมือนกัน ซึ่งโครงสร้างที่เหมือนกันยังสามารถดูได้จากรูปแบบของกรดอะมิโนที่ไม่ชอบน้ำที่ได้จากการวิเคราะห์กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำ (HCA) และวิธีการนี้ยังช่วยลดปัญหาของลำดับกรดอะมิโนที่มีความเหมือนของลำดับต่ำ ซึ่งจะทำให้เกิดช่องว่างได้ และยังมีกลุ่มผู้วิจัยที่ใช้การเปรียบเทียบโดยใช้รูปแบบกลุ่มที่ไม่ชอบน้ำที่เกิดขึ้น แต่ทว่าการเปรียบเทียบยังคงใช้การเปรียบเทียบโดยผู้เชี่ยวชาญ ซึ่งยังไม่มีเครื่องมือเปรียบเทียบแบบอัตโนมัติ ดังนั้นงานวิจัยนี้ได้สร้างเครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำแบบ 2 มิติโดยอัตโนมัติ โดยทำการทดลองกับชุดข้อมูลต่างๆ เพื่อทดสอบความถูกต้องและความแม่นยำที่สามารถทำได้

สำหรับงานวิจัยนี้ได้นำเสนอเครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำแบบ 2 มิติโดยอัตโนมัติ โดยอาศัยหลักการกำหนดการพลวัตในการจับคู่รูปแบบของกลุ่มที่ไม่ชอบน้ำเข้าด้วยกัน และใช้วิธีการหาคะแนนระหว่างกลุ่มด้วยการใช้วิธีการเปรียบเทียบอักขระแบบไม่เว้นช่องว่างกลาง ใช้ตารางคะแนน BLOSUM62 สำหรับการเปรียบเทียบเพื่อหาคะแนนที่ได้ และจากการทดลองสามารถหาค่าหักลบช่องว่างที่ให้ความถูกต้องมากที่สุดได้สูงสุด 94.38 เปอร์เซ็นต์ ที่ค่าหักลบเมื่อเปิดช่องว่าง (Gap Open Penalty) เท่ากับ -4 และค่าหักลบเมื่อขยายช่องว่าง (Gap Extension Penalty) เท่ากับ 0 และจากผลการทดลองได้แสดงให้เห็นว่าค่าหักลบเมื่อเปิดช่องว่างมีความไวต่อความถูกต้องมากกว่าค่าหักลบเมื่อขยายช่องว่าง แต่สำหรับงานวิจัยนี้วิธีการหักลบช่องว่างนี้ก็ยังไม่เหมาะสมมากนัก เนื่องจากว่าการหักลบช่องว่างจะเกิดเมื่อมีการกระโดดข้ามกลุ่ม ซึ่งเป็นการข้ามลำดับกรดอะมิโนครั้งละหลายตัวในคราวเดียวกัน ดังนั้นวิธีการหักลบด้วยวิธีการนี้จึงยังมีประสิทธิภาพไม่ดีนัก

สำหรับการทดลองการเปรียบเทียบความถูกต้องของเครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำแบบ 2 มิติโดยอัตโนมัติกับวิธีการจับคู่กลุ่มโดยผู้เชี่ยวชาญ สามารถสรุปได้ว่า เครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำสามารถจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำโดยมีความแตกต่างเฉลี่ยเท่ากับ 7.98 เปอร์เซ็นต์ มีค่าความแปรปรวนของข้อมูลที่ 6.75 เปอร์เซ็นต์ จากการทดลองพบว่าจะเกิดความแตกต่างมากเมื่อมีความเหมือนของลำดับที่ไม่ชอบน้ำต่ำ และความแตกต่างจะเริ่มลดน้อยลงเมื่อความเหมือนของลำดับที่ไม่ชอบน้ำมีค่าสูงขึ้น นอกจากนี้ยังมีการเปรียบเทียบจำนวนไม่น้อยที่สามารถจับคู่กลุ่มได้เหมือนกับผู้เชี่ยวชาญ ซึ่งความแตกต่างที่เกิดขึ้นนี้เกิดจากการจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำโดยผู้เชี่ยวชาญไม่จับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำในทุกรูปแบบกลุ่มที่เกิดขึ้น ในขณะที่เครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำแบบ 2 มิติโดยอัตโนมัติมีการจับคู่ในทุกรูปแบบกลุ่มที่ไม่ชอบน้ำที่เกิดขึ้น จึงทำให้เกิดค่าความเหมือนของลำดับที่ต่างกัน จึงส่งผลให้การจับคู่รูปแบบที่ไม่ชอบน้ำมีการคลาดเคลื่อนซึ่งเกิดขึ้นในส่วนที่ผู้เชี่ยวชาญไม่ได้ทำการจับคู่ไว้ และในบางกรณีอาจมีการจับคู่ที่ดีกว่าการจับคู่โดยผู้เชี่ยวชาญ เนื่องจากอาจมีการผิดพลาดจากตัวบุคคลได้ เช่น ผู้เชี่ยวชาญแต่ละคนมีมาตรฐานในการจับคู่ที่ไม่เหมือนกันซึ่งอาจได้ผลการจับคู่ที่ไม่เหมือนกัน หรือในลำดับกรดอะมิโนที่มีขนาดยาวอาจทำให้เกิดความผิดพลาดได้ง่ายขึ้น

สุดท้ายนี้เครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำมีประสิทธิภาพในการจับคู่ใกล้เคียงกับการจับคู่โดยผู้เชี่ยวชาญ และสำหรับความเร็วในการเปรียบเทียบ เครื่องมือใหม่จะมีความเร็วในการคำนวณเร็วกว่าการคำนวณจากวิธีการแบบ 1 มิติ เนื่องจากเครื่องมือใหม่มีการเลือกจับคู่เฉพาะกลุ่มที่ไม่ชอบน้ำมาใช้ในการจับคู่ ซึ่งทำให้เครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำแบบ 2 มิติโดยอัตโนมัติเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพอย่างมากสำหรับงานวิจัยในอนาคต เพื่อศึกษาลำดับกรดอะมิโนในสิ่งมีชีวิตชั้นสูงได้ง่ายยิ่งขึ้น

5.2 ข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้ได้เสนอเครื่องมือจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำแบบ 2 มิติโดยอัตโนมัติเพื่อช่วยในการระบุหน้าที่ของโปรตีนโดยใช้การเปรียบเทียบรูปแบบกลุ่มที่ไม่ชอบน้ำ อย่างไรก็ตาม ผู้เขียนยังมีข้อเสนอแนะบางประการที่สามารถช่วยเพิ่มประสิทธิภาพของวิธีการจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำให้ดียิ่งขึ้น

1. สำหรับตารางคะแนน ต้องมีการปรับใหม่ให้เหมาะสม และสามารถใช้ได้กับวิธีการจับคู่กลุ่มที่ไม่ชอบน้ำ จะทำให้การจับคู่มีประสิทธิภาพ และเหมือนกับการจับคู่โดยผู้เชี่ยวชาญมากขึ้น
2. สำหรับการจับคู่กลุ่มแบบเฉพาะช่วง (Local Alignment) และการจับคู่กลุ่มครั้งละหลายลำดับ (Multiple Alignment) จะสามารถช่วยให้มีขอบเขตการใช้งานเครื่องมือที่กว้างขวางขึ้น
3. การใช้วิธีการเทียบค่าขอบเขตล่าง ช่วยลดจำนวนข้อมูลที่ต้องคำนวณได้ ซึ่งจะทำให้เครื่องมือสามารถเลือกลำดับที่เหมือนที่สุดได้เร็วขึ้น
4. การทำดัชนี (Index) จะช่วยตัดกลุ่มข้อมูลที่ไม่น่าจะใช้ลำดับกรดอะมิโนที่ต้องการได้ และยังช่วยให้เครื่องมือมีความเร็วในการคำนวณเพิ่มมากขึ้นด้วย