

# สารบัญ

	หน้า
คำนำ	iii
<b>บทที่ 1 จีโนมและการศึกษาจีโนม</b>	<b>1</b>
1.1 กฎของเมนเดลกับการถ่ายทอดทางพันธุกรรม	1
1.2 กรดนิวคลีอิก ยีนและโครโมโซม	8
1.3 เทคนิคพื้นฐานสำหรับการศึกษาจีโนม	17
1.3.1 การโคลนดีเอ็นเอ	17
1.3.1.1 เรสทริกชันเอนโคมิวกลีเอสและดีเอ็นเอไลเกส	18
1.3.1.2 เจลอิเล็กโทรโฟรีซิส	21
1.3.1.3 เวกเตอร์	22
1.3.1.4 ทรานสฟอร์มชันและทรานสคักชัน	27
1.3.2 ห้องสมุดดีเอ็นเอ	29
1.3.3 เทคนิคไฮบริไดเซชัน	32
1.3.4 พีซีอาร์	34
<b>บทที่ 2 กลไกพื้นฐานทางพันธุกรรม</b>	<b>37</b>
2.1 การจำลองดีเอ็นเอ	37
2.1.1 สมบัติพื้นฐาน	38
2.1.2 ดีเอ็นเอพอลิเมอเรส	40
2.1.3 กลไกการจำลองดีเอ็นเอ	45
2.2 การถอดรหัส	47
2.2.1 อาร์เอ็นเอพอลิเมอเรส	48
2.2.2 กลไกการถอดรหัสในโปรคาริโอต	50
2.2.3 กลไกการถอดรหัสในยูคาริโอต	54
2.2.4 อาร์เอ็นเอโพรเซสซิง	57
2.3 การแปลรหัส	59
2.3.1 รหัสพันธุกรรม	59

2.3.2	ไรโบโซม	63
2.3.3	ทรานส์เฟอร์อาร์เอ็นเอ	64
2.3.4	ขั้นตอนการแปลรหัส	65
<b>บทที่ 3</b>	<b>โครงสร้างของจีโนมพืช</b>	<b>73</b>
3.1	จลนพลศาสตร์การเข้าจับกันของสายดีเอ็นเอ	73
3.2	จีโนมในนิวเคลียส	75
3.2.1	ลำดับเบสชุดเดียว	78
3.2.2	ลำดับเบสซ้ำกัน	79
3.2.2.1	เทโลเมียร์	79
3.2.2.2	เซนโทรเมียร์	82
3.2.2.3	ครอัครวียันที่มีความอนุรักษ์สูง	85
3.3	ทรานสพอซอน	86
3.3.1	ดีเอ็นเอทรานสพอซอน	87
3.3.2	เรโทรทรานสพอซอน	89
3.4	จีโนมในออร์แกเนลล์	92
3.4.1	จีโนมในพลาสติด	93
3.4.2	จีโนมในไมโทคอนเดรีย	97
<b>บทที่ 4</b>	<b>การหาลำดับเบสทั้งจีโนม</b>	<b>99</b>
4.1	เทคนิคการหาลำดับเบส	100
4.1.1	การหาลำดับเบสแบบ chain termination	100
4.1.2	การหาลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง	105
4.1.2.1	<i>in vitro</i> clonal amplification	105
4.1.2.2	Parallelized sequencing	108
4.1.2.2.1	วิธี pyrosequencing	109
4.1.2.2.2	วิธี reversible terminator sequencing	111
4.1.2.2.3	วิธี sequencing by ligation	113
4.2	แผนที่พันธุกรรมและแผนที่กายภาพ	116
4.3	กลยุทธ์การหาลำดับเบสทั้งจีโนม	119

4.3.1 การหาลำดับเบสทั้งจีโนมแบบ clone-by-clone shotgun	122
4.3.1.1 Minimum tiling path	122
4.3.1.2 BAC end	123
4.3.2 การหาลำดับเบสทั้งจีโนมแบบ whole genome shotgun	124
4.4 ขั้นตอนการหาลำดับเบสโดยวิธี shotgun	126
4.5 การหาลำดับเบสของจีโนมแบบเน้นบริเวณขึ้น	129
4.5.1 Methyl filtration	129
4.5.2 High $C_0t$ selection	130
4.6 โครงการจีโนมพืช	132
4.6.1 โครงการจีโนม <i>Arabidopsis</i>	132
4.6.2 โครงการจีโนมข้าว	133
4.6.3 โครงการจีโนมของพืชอื่นๆ	134
<b>บทที่ 5 ชีวสารสนเทศ</b>	<b>137</b>
5.1 ฐานข้อมูล	138
5.2 รูปแบบข้อมูล	146
5.3 การเทียบลำดับ	151
5.3.1 การเทียบลำดับแบบทั้งสายและการเทียบลำดับแบบบางส่วน	152
5.3.2 การเทียบคู่ลำดับ	153
5.3.3 ตารางคะแนน	154
5.3.3.1 PAM	154
5.3.3.2 BLOSUM	156
5.3.4 Gap penalty	157
5.3.5 Dynamic programming	158
5.3.6 การเทียบหลายลำดับ	162
5.4 การสืบค้นฐานข้อมูล	164
5.4.1 FASTA	164
5.4.2 BLAST	168
5.5 การเทียบลำดับเบสแบบอื่นๆ	174

<b>บทที่ 6 การค้นพบยีนในจีโนม</b>	<b>179</b>
6.1 การทำนายยีน	179
6.1.1 การทำนายยีนแบบ <i>ab initio</i> หรือแบบ intrinsic	180
6.1.2 การทำนายยีนแบบ extrinsic	185
6.1.3 ความไวและความจำเพาะในการทำนายยีน	187
6.2 การหาลำดับเบสของซีดีเอ็นเอ	189
6.2.1 Expressed Sequenced Tags (ESTs)	190
6.2.2 Full-length cDNA	194
6.3 การแอนโนเทตจีโนม	195
6.3.1 การแอนโนเทตเชิงโครงสร้าง	195
6.3.2 การแอนโนเทตเชิงหน้าที่	197
6.3.3 วิธีการแอนโนเทตจีโนม	198
6.3.4 การแอนโนเทตจีโนมพืช	199
6.3.4.1 การแอนโนเทตจีโนม <i>Arabidopsis</i>	199
6.3.4.2 การแอนโนเทตจีโนมข้าว	204
<b>บรรณานุกรม</b>	<b>211</b>
<b>ดัชนี</b>	<b>233</b>



๒ ส.ค. ๕๓

## จิโนมิกส์ของพืช

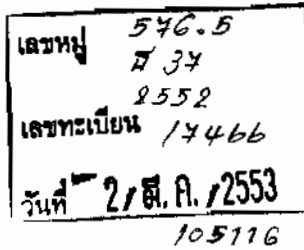
ข้อมูลสำหรับหอสมุดแห่งชาติ

โดย ดร.ธีรพงษ์ บัวบุชา

“จิโนมิกส์ของพืช”.- - กรุงเทพฯ ๓ 2552.

จำนวน 254 หน้า

ISBN : 974-03-2497-3



พิมพ์ที่ : โรงพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ถนนพญาไท เขตปทุมวัน กรุงเทพฯ ๓ 10330

โทร. 0-2218-3549-50, 0-2215-1991-2

แฟกซ์ 0-2215-3557, 0-2215-3612

<http://www.cuprint.chula.ac.th>, [cuprint@hotmail.com](mailto:cuprint@hotmail.com)

BSTI DEPT. OF SCIENCE SERVICE  
สำนักหอสมุดฯ กรมวิทยาศาสตร์บริการ



1110010592

ภาพปก : ศิริพร ศรีภิญโญวณิชย์