

## ไบโอเทคแจกซอฟต์แวร์ค้นหาสnp (18/5/2552)

Source - เว็บไซต์กรุงเทพธุรกิจ (Th)

สถาบันจีโนมเปิดให้ดาวน์โหลดฟรี โปรแกรมคอมพิวเตอร์วิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับพันธุกรรมหรือสnp ร่นเวลางานวิจัยวินิจฉัยโรคพันธุกรรมระดับยีน

ดร.ศิษฏ์ ทงคิมา นักวิจัยจากสถาบันจีโนม ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค/ สวทช.) เปิดเผยว่า ทีมวิจัยประจำสถาบันจีโนม โดยห้องปฏิบัติการวิจัยไบโออินฟอร์เมติกส์ ได้พัฒนาเครื่องมือค้นหาความหลากหลายทางพันธุกรรมหรือ สnp (SNPs) อัตโนมัติ ในรูปแบบซอฟต์แวร์คอมพิวเตอร์ โดยใช้ชื่อว่า

VarDetect

สnp หรือ SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) เป็นความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างมนุษย์แต่ละคน เช่น ความสูง ผิวสี ความแข็งแรง ภาวะเจ็บป่วยและการตอบสนองต่อยา เป็นต้น ความแตกต่างนั้นสามารถใช้เป็นเครื่องหมายชีวภาพสำหรับการสร้างแผนที่พันธุกรรม หรือนำมาศึกษาในสิ่งที่ก่อให้เกิดโรคทั้งโรคทางร่างกายและโรคทางจิตใจ รวมทั้งงานด้านเภสัชพันธุศาสตร์ ที่เป็นประโยชน์มหาศาลต่อการวินิจฉัยโรค

ทั้งนี้ แพทย์และนักวิจัยให้ความสนใจการกลายพันธุ์ของยีน เนื่องจากความแตกต่างของยีนในตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่ง สามารถก่อโรคพันธุกรรมได้ เช่น โรคโลหิตจาง หรือธาลัสซีเมีย โรคเบาหวาน และความดันโลหิตสูง

"โดยทั่วไปการศึกษาทางระบาดวิทยาของโรคพันธุกรรม จำเป็นต้องรวบรวมข้อมูลรหัสพันธุกรรมของผู้ป่วยเปรียบเทียบกับรหัสพันธุกรรมของคนปกติ เพื่อดูความแตกต่างของยีนที่อาจก่อโรค นำไปสู่แนวทางการวินิจฉัยโรคและการรักษาได้อย่างถูกต้อง" นักวิจัย กล่าว

ซอฟต์แวร์มีส่วนช่วยให้การค้นหาความหลากหลายทางพันธุกรรมง่ายขึ้น ทีมวิจัยออกแบบซอฟต์แวร์ให้ใช้งานได้กับทุกระบบปฏิบัติการ ไม่ว่าจะเป็น ระบบปฏิบัติการ วินโดวส์ ลินุกซ์และแมค พร้อมทั้งเปิดให้นักวิจัยภาครัฐมหาวิทยาลัยและเอกชน ที่ต้องการใช้งาน ดาวน์โหลดโปรแกรมผ่านทางเว็บไซต์ [www.biotec.or.th/GI/tools/vardetect](http://www.biotec.or.th/GI/tools/vardetect) โดยไม่มีค่าใช้จ่าย

ปัจจุบันมีผู้ดาวน์โหลดโปรแกรมดังกล่าวไปใช้งานพอสมควร ยกตัวอย่างแพทย์จากสถาบันวิจัยจุฬาภรณ์ นำโปรแกรมไปใช้หาความแตกต่างของลำดับยีน

"ขณะนี้มีการพัฒนาเครื่องมืออิเล็กทรอนิกส์ ขึ้นมาช่วยในการถอดรหัสพันธุกรรมมากขึ้น เช่น รหัสพันธุกรรมของไวรัสไข้หวัดนก ทำให้แพทย์และนักวิจัยรู้สายพันธุ์ของเชื้อไวรัสได้อย่างรวดเร็ว รวมทั้งการออกแบบโปรแกรมคอมพิวเตอร์ จำลองรูปแบบการกลายพันธุ์ของไวรัสไข้หวัดนก ที่อาจจะเกิดขึ้นในอนาคตไว้ล่วงหน้า เพื่อเตรียมการป้องกันภัยอย่างรวดเร็ว เนื่องจากมีความเป็นไปได้ว่าเชื้อไวรัสสามารถติดคนได้ง่ายขึ้น" นักวิจัย กล่าว

นอกจากซอฟต์แวร์ค้นหาสnpแล้ว สถาบันจีโนมยังพัฒนาซอฟต์แวร์ตัวอื่น เช่น ซอฟต์แวร์ช่วยออกแบบไพรเมอร์ ใช้ในการขยายสัญญาณดีเอ็นเอ หนึ่งในขั้นตอนค้นหาลำดับพันธุกรรม รวมถึงทำงานร่วมกับนักวิจัยในมหาวิทยาลัยต่างๆ เช่น ภาควิชาเคมี คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ เพื่อนำเทคโนโลยีทางคอมพิวเตอร์มาช่วยในการวิเคราะห์มากขึ้น

ที่มา: <http://www.bangkokbiznews.com>