

Dissertation Title	Prediction of Protein-Protein Interaction Network of the Starch Biosynthesis in Cassava
Dissertation Credits	48
Candidate	Miss Ratana Thanasomboon
Dissertation Advisors	Assoc. Prof. Dr. Treenut Saithong Asst. Prof. Dr. Saowalak Kalapanulak Dr. Supatcharee Netrphan
Program	Doctor of Philosophy
Field of Study	Biological Engineering
Faculty	Engineering
Academic year	2019

### Abstract

Cassava is one of the important staple crops, not only for Thailand, but for the world. Its starchy roots play a crucial role in food security and become more significant nowadays. In addition to being food supply, cassava starch is considered as an essential raw material for industrial uses for versatile purposes. Demand of cassava starch is, thus, continuously larger. Despite, there is a lack of in-depth study to uncover the mystery of cellular regulation, especially the interaction between proteins. This protein-protein interaction (PPI) is operative regulatory process happening at almost every level of cell function. This work aimed to construct genome-wide PPI network of cassava using incorporative interolog-based and domain-based methods. The resulting PPI network, namely MePPI-U, contained 3,638,916 interactions with 24,590 proteins. About 99 percent of total predictions were supported from protein or gene expression data, while further co-expression analysis yielded 4,742 highly promising PPIs. The confidence score (*CV*) was employed as a measure of reliability for the PPI predictions in the MePPI-U network that would be used to guide and search for more groups of promising PPIs in laboratory. In addition, the GO analysis showed that most proteins related to protein modification, one of the regulation at protein level. Integrated PPI network with expression information provided a lot of knowledge about regulation based on PPIs, such as starch metabolism. The PPIs of AGPase proteins were different in leaf and root tissues of cassava, reflecting to different starch phenotypes in both tissues. The insights provided by MePPI-U will

hopefully enable us to come closed to the capability to perform a tailor-made cassava starch production, both qualitatively and quantitatively.

Keywords: Cassava/ Protein-Protein Interaction/ Protein-Protein Interaction Prediction  
Based on Domain/ Protein-Protein Interaction Prediction Based on Interolog/  
Protein-Protein Interaction Network

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การทำนายเครือข่ายความสัมพันธ์ของโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสร้างแป้งในมันสำปะหลัง
หน่วยกิต	48
ผู้เขียน	นางสาวรัฐณา ธนะสมบุญ
อาจารย์ที่ปรึกษา	รศ. ดร.ตรีสุข สายทอง ผศ. ดร.เสาวลักษณ์ กัลปณัฐ ดร.สุพัชรี เนตรพันธุ์
หลักสูตร	ปรัชญาคุษุบัณฑิต
สาขาวิชา	วิศวกรรมชีวภาพ
คณะ	วิศวกรรมศาสตร์
ปีการศึกษา	2562

#### บทคัดย่อ

มันสำปะหลังเป็นหนึ่งในพืชเศรษฐกิจที่สำคัญสำหรับประเทศไทยตลอดจนถึงระดับโลก รากสะสมอาหารของมันสำปะหลังมีบทบาทสำคัญต่อความมั่นคงทางอาหารและมีความสำคัญเพิ่มมากขึ้นในปัจจุบัน นอกจากการเป็นแหล่งอาหารแล้วแป้งมันสำปะหลังยังใช้เป็นวัตถุดิบหลักในอุตสาหกรรมสำหรับวัตถุประสงค์ที่หลากหลายทำให้ความต้องการแป้งมันสำปะหลังเพิ่มสูงขึ้นอย่างต่อเนื่อง แม้กระนั้นการศึกษาเชิงลึกเพื่อให้เข้าใจการควบคุมในระดับเซลล์ของมันสำปะหลังยังมีจำนวนน้อยมาก โดยเฉพาะการปฏิสัมพันธ์ระหว่างโปรตีนซึ่งเป็นกระบวนการควบคุมการทำงานที่เกิดขึ้นในเกือบทุกระดับของการทำงานของเซลล์ งานวิจัยนี้มุ่งที่จะสร้างเครือข่ายการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนทั้งหมดในจีโนมของมันสำปะหลังโดยใช้วิธีการ interolog-based ร่วมกับการใช้ข้อมูลการปฏิสัมพันธ์ระหว่างโดเมนของคู่โปรตีน (domain-based) เครือข่ายการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีน (MePPI-U) ที่สร้างขึ้นประกอบด้วยปฏิสัมพันธ์ทั้งสิ้น 3,638,916 ปฏิสัมพันธ์ของโปรตีน 24,590 ชนิด โดยพบว่าประมาณร้อยละ 99 ของการทำนายทั้งหมดมีข้อมูลการแสดงผลออกของยีนหรือโปรตีนที่ยืนยันถึงการทำงานของโปรตีนนั้นๆ ในขณะที่การวิเคราะห์การแสดงผลออกร่วมกัน (co-expression) พบว่ามีคู่ปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนจำนวน 4,742 คู่ ที่มีโอกาสสูงในการเกิดการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีน ความน่าเชื่อถือของการทำนายเครือข่าย

การปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนมีการพิจารณาจากค่าความเชื่อมั่น (confidence score; CV) ซึ่งสามารถใช้เพื่อเป็นแนวทางหรือเพื่อค้นหากลุ่มของการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนที่น่าสนใจในระดับห้องปฏิบัติการ นอกจากนี้การวิเคราะห์ข้อมูลจีโอ (GO analysis) ยังแสดงให้เห็นว่าโปรตีนส่วนใหญ่ใน MePPI-U เกี่ยวข้องกับกระบวนการตัดแต่งโปรตีนซึ่งเป็นหนึ่งในกระบวนการควบคุมการทำงานในระดับโปรตีน การบูรณาการเครือข่ายการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนร่วมกับข้อมูลการแสดงออกของยีนช่วยเพิ่มความเข้าใจที่เกี่ยวข้องกับการควบคุมการทำงานในเซลล์จากข้อมูลการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีน เช่น เมตาบอลิซึมของแป้ง โดยพบว่าเครือข่ายการทำงานของโปรตีน AGPase มีความแตกต่างกันในเนื้อเยื่อใบและรากของต้นมันสำปะหลัง ซึ่งสะท้อนถึงลักษณะของแป้งที่แตกต่างกันในสองเนื้อเยื่อ โดยคาดว่าองค์ความรู้เชิงลึกที่ได้จาก MePPI-U นี้จะนำไปสู่การปรับปรุงการผลิตแป้งมันสำปะหลังตามที่ต้องการได้ทั้งในเชิงคุณภาพและเชิงปริมาณ

คำสำคัญ: การปฏิสัมพันธ์ของโปรตีน/ การทำนายการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนบนพื้นฐานของโดเมน/  
การทำนายการปฏิสัมพันธ์ของโปรตีนแบบอินเทอโรล็ค/ เครือข่ายการปฏิสัมพันธ์ของ  
โปรตีน/ มันสำปะหลัง