วีรศักดิ์ ช่องงูเหลือม : การคนหาเบสเปาหมายในลําดับของดีเอ็นเอ โดยวิธีการเขียนโปรแกรมแบบหลายโปรเซสพรอมกันดวยภาษาเออแลง

(SEARCHING FOR MARKERS IN DNA SEQUENCES WITH MULTIPROCESSING USING ERLANG)

อาจารย์ที่ปรึกษา : รองศาสตราจารย์ ดร. กิตติศักดิ์ เกิดประสพ

ในงานวิจัยทางดานชีวสารสนเทศ ตองอาศัยอัลกอริทึมในการที่จะทําความเขาใจในขบวนการตางๆทางดานชีววิทยา โดยอาศัยการคํานวณทางดานสถิติ และ เทคนิคการคนหาขอมูลตางๆเขาชวย โดยวิธีเหลานี้จะมีขอมูลทีตองใชวิเคราะหปริมาณมากและมีขั้นตอนในการประมูลผลซับซอนสูงดังนั้นจึงใชคอมพิวเตอรเขามาชวยจัดการ ใน งานวิจัยเรื่องนี้จะใชเทคนิคการเขียนโปรแกรมแบบพรอมกัน โดยใชภาษาเออแลง ซึ่งออกแบบมาใหงายตอการเขียนโปรแกรมแบบหลายๆโปรเซสพรอมกัน และ มีลักษณะเปนภาษาเชิงฟงกชัน เพื่อจัดการกับขอมูลทางดานชีวสารสนเทศ คือ ขอมูลของลําดับเบสของดีเอ็นเอ โดยที่โปรแกรมจะทําการคนหาวาลําดับเบสที่กําหนด ปรากฎอยูในตําแหนงใดบางของลําดับดีเอ็นเอทั้งหมด โดยเขียนโปรแกรมขึ้น 2 แบบเปรียบเทียบกัน แบบแรกใชเพียงโปรเซสเดียวและคนหาเรียงลําดับตั้งแตตนจนหมดลําดับ อีกแบบใชวิธีการแบงสตริงออกเปนสวนๆโดยอาศัยเทคนิคแบงใหมีการซอนทับกันอยางละครึ่งทําใหผลการคนหาไมขาดตรงสวนรอยตอที่แบง แลวจึงสงไปคนหาแบบหลายโปรเซสพรอมกันและเปรียบเทียบการทํางานของทั้งสองแบบ