

รายงานรายวิชา SC187002 Practical skills in Biology (PSB)

หัวข้อ NCBI database and BLAST

1. ข้อมูลผู้ทำการทดลอง ชื่อ นายปณณธร นามสกุล กุลาศรี รหัสนักศึกษา 675020079-6

2. ที่มาและความสำคัญของยีนที่สนใจ

2.1 ที่มาและความสำคัญของยีน

ยีน MSTN (Myostatin gene) เป็นยีนที่มีความสำคัญอย่างมากต่อการพัฒนาและการควบคุมมวลกล้ามเนื้อในร่างกาย โดยมีความสำคัญหลัก ๆ ดังนี้:

หน้าที่และความสำคัญ

- การควบคุมการเจริญของกล้ามเนื้อ: MSTN ผลิตโปรตีนชื่อ myostatin ที่ทำหน้าที่ยับยั้งการเติบโตและพัฒนาของกล้ามเนื้อ
- การรักษาสมดุลมวลกล้ามเนื้อ: ช่วยควบคุมขนาดและจำนวนเซลล์กล้ามเนื้อให้เหมาะสม
- กลไกป้องกันการเติบโตมากเกินไป: เป็นกลไกธรรมชาติที่ป้องกันไม่ให้กล้ามเนื้อเติบโตมากเกินไปจนเป็น

ความสำคัญทางการแพทย์และการวิจัย

- การรักษาโรคกล้ามเนื้อเสื่อม: การพัฒนายาที่ยับยั้ง myostatin เพื่อช่วยรักษาโรคกล้ามเนื้อเสื่อม หรือภาวะกล้ามเนื้อลีบ
- การต่อต้านภาวะกล้ามเนื้อฝ่อลงตามวัย (sarcopenia): มีศักยภาพในการชะลอการสูญเสียมวลกล้ามเนื้อในผู้สูงอายุ
- โรคอ้วนและเมแทบอลิซึม: เชื่อมโยงกับการควบคุมเมแทบอลิซึมของไขมันและการต้านอินซูลิน

การกลายพันธุ์ของยีน MSTN

การกลายพันธุ์ของยีนนี้สามารถนำไปสู่ภาวะกล้ามเนื้อเพิ่มขึ้นผิดปกติ ซึ่งพบได้ในสัตว์บางสายพันธุ์ เช่น วัว แกะ และสุนัขบางพันธุ์ที่มีกล้ามเนื้อมากผิดปกติ

ความสำคัญด้านการเกษตรและปศุสัตว์

- มีการศึกษายีน MSTN เพื่อพัฒนาสายพันธุ์ปศุสัตว์ที่ให้เนื้อคุณภาพสูงและมีปริมาณมากขึ้น
- การศึกษาและเข้าใจยีน MSTN มีความสำคัญอย่างยิ่งต่อการพัฒนาวิธีการรักษาโรคที่เกี่ยวข้องกับกล้ามเนื้อและการปรับปรุงสายพันธุ์สัตว์เศรษฐกิจในอนาคต

2.2 จำนวนลำดับเบสทั้งหมดของยีนที่สนใจ

จำนวน 2,819 bp

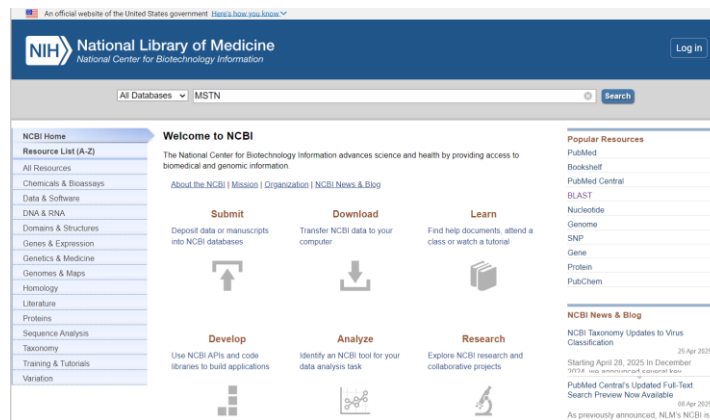
2.3 จำนวนลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจนี้

จำนวน 375 aa

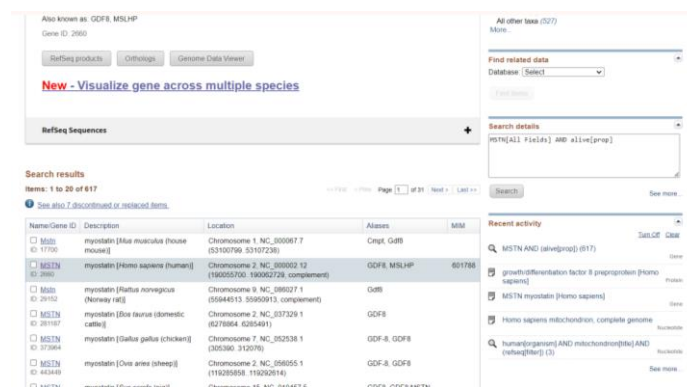
3. ขั้นตอนการดำเนินงาน

3.1. แสดงขั้นตอนการหาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการระหว่างลำดับกรดอะมิโนของยีนในสิ่งมีชีวิตที่สนใจกับกรดอะมิโน ที่ใกล้เคียงที่สุด 5-10 ชนิด ที่มาจากสิ่งมีชีวิตอื่นโดยโปรแกรม blastp และสร้าง phylogenetic tree โดยการถ่ายภาพหน้าจออธิบายในแต่ละขั้นตอนของการทำ

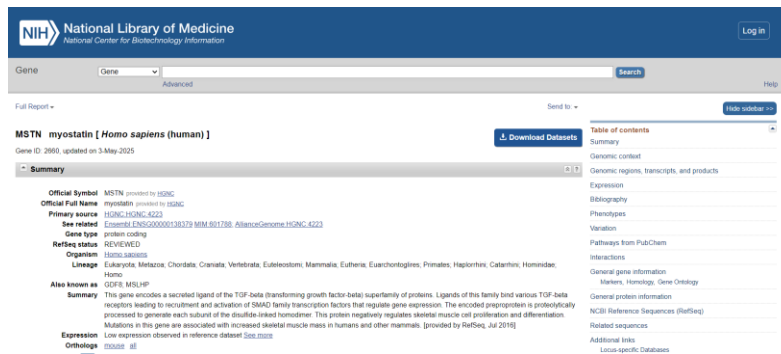
การค้นหาลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ



เลือก gene



เลือก NCBI Reference Sequences (RefSeq)



NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Gene:

Full Report

MSTN myostatin [Homo sapiens (human)]

Gene ID: 2960, updated on 3 May 2025

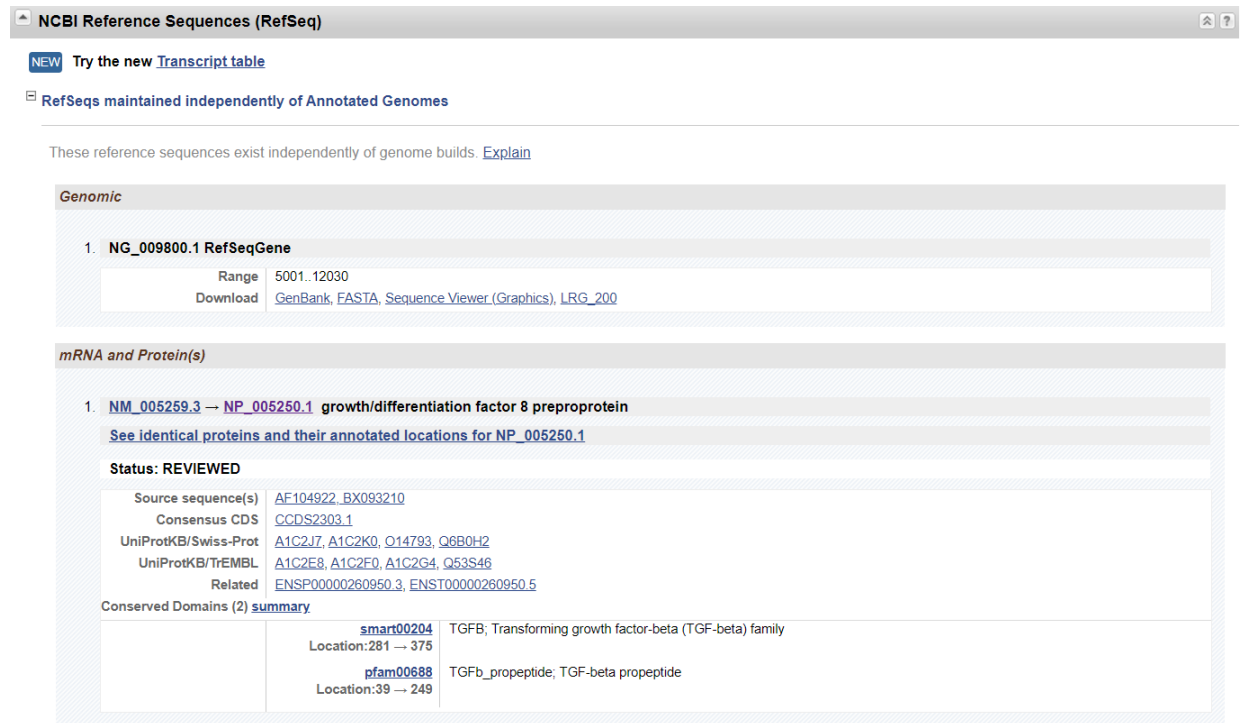
Summary

Official Symbol: MSTN provided by HGNC
Official Full Name: myostatin provided by HGNC
Primary source: HGNC:HGNC:4223
See related: [Ensembl](#), [ENSG00000130379](#), [MM.B01708](#), [AtlasGenome](#), [HGNC](#), [4223](#)
Gene type: protein coding
RefSeq status: REVIEWED
Organism: [Homo sapiens](#)
Lineage: Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Mammalia, Eutheria, Euarchontoglires, Primates, Haplorhina, Catarrhini, Hominoidea
Also known as: GDF8, MSLRP
Summary: This gene encodes a secreted ligand of the TGF-beta (transforming growth factor-beta) superfamily of proteins. Ligands of this family bind various TGF-beta receptors leading to recruitment and activation of SMAD family transcription factors that regulate gene expression. The encoded preproprotein is proteolytically processed to generate each subunit of the disulfide-linked homodimer. This protein negatively regulates skeletal muscle cell proliferation and differentiation. Mutations in this gene are associated with increased skeletal muscle mass in humans and other mammals. [provided by RefSeq, Jul 2018]
Expression: Low expression observed in reference dataset [View image](#)
Orthologs: [DROME](#) [HSL](#)

Table of contents

- Summary
- Genomic context
- Genomic regions, transcripts, and products
- Expression
- Biography
- Phenotypes
- Variation
- Pathways from PubChem
- Interactions
- General gene information
- Markers, Homology, Gene Ontology
- General protein information
- NCBI Reference Sequences (RefSeq)
- Related sequences
- Additional links
- Locus-specific Databases

เลือก mRNA and Protein(s) --->NP_005250.1



NCBI Reference Sequences (RefSeq)

NEW Try the new [Transcript table](#)

RefSeqs maintained independently of Annotated Genomes

These reference sequences exist independently of genome builds: [Explain](#)

Genomic

1. **NG_009800.1 RefSeqGene**

Range: 5001..12030
Download: [GenBank](#), [FASTA](#), [Sequence Viewer \(Graphics\)](#), [LRG_200](#)

mRNA and Protein(s)

1. **NM_005259.3 — NP_005250.1 growth/differentiation factor 8 preproprotein**

[See identical proteins and their annotated locations for NP_005250.1](#)


Status: REVIEWED


Source sequence(s): [AF104922](#), [BX093210](#)
Consensus CDS: [CCDS2303.1](#)
UniProtKB/Swiss-Prot: [A1C2JZ](#), [A1C2K0](#), [Q14793](#), [Q6B0H2](#)
UniProtKB/TrEMBL: [A1C2E8](#), [A1C2F0](#), [A1C2G4](#), [Q53S46](#)
Related: [ENSP00000260950.3](#), [ENST00000260950.5](#)

Conserved Domains (2) [summary](#)

smart00204 Location:281 → 375	TGFB; Transforming growth factor-beta (TGF-beta) family
pfam00688 Location:39 → 249	TGFb_propeptide; TGF-beta propeptide

เลือก Run BLAST


An official website of the United States government
[Here's how you know](#)


National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Log in

Protein

Advanced

Help

GenPept
Send to:

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

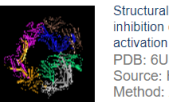
Identify Conserved Domains

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Show in Genome Data Viewer

Protein 3D Structure


Structural basis for specific inhibition of extracellular activation of pro/latent PDB: 6UMX Source: Homo sapiens Method: X-ray Diffraction Resolution: 2.79 Å

growth/differentiation factor 8 preproprotein [Homo sapiens]

NCBI Reference Sequence: NP_005250.1

[Identical Proteins](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

[Go to](#)

LOCUS	NP_005250	375 aa	linear	PRI 28-APR-2025
DEFINITION	growth/differentiation factor 8 preproprotein [Homo sapiens].			
ACCESSION	NP_005250			
VERSION	NP_005250.1			
DBSOURCE	REFSEQ: accession NM_005250.3			
KEYWORDS	RefSeq; MANE Select.			
SOURCE	Homo sapiens (human)			
ORGANISM	Homo sapiens			
	Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo.			
REFERENCE	1 (residues 1 to 375)			
AUTHORS	de Luis,D., Primo,D., Izaola,O. and Gomez,J.J.L.			
TITLE	Role of irisin and myostatin on sarcopenia in malnourished patients diagnosed with GLIM criteria			
JOURNAL	Nutrition 120, 112348 (2024)			
PUBMED	38309190			
REMARK	GeneRIF: Role of irisin and myostatin on sarcopenia in malnourished patients diagnosed with GLIM criteria.			

BLAST® » blastp suite
Home
Recent Results
Saved Strategies
Help

blastn

blastp

blastx

tblastn

tblastx

Standard Protein BLAST

BLASTP programs search protein databases using a protein query. more...

Reset page

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) ? Clear

NP_005250.1

Query subrange ?

From

To

Or, upload file

Choose File No file chosen ?

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search ?

☐ Align two or more sequences ?

Choose Search Set

Database

☒ Standard databases (nr etc.): ☐ Experimental databases

Reference proteins (refseq_protein) ?

Organism

Optional

Enter organism name or id—completions will be suggested ☐ exclude [Add organism](#)

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown ?

Exclude

Optional

☐ Models (XM/XP) ☒ Non-redundant RefSeq proteins (WP) ☒ Uncultured/environmental sample sequences

Program Selection

Algorithm

☒ blastp (protein-protein BLAST)

☐ PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)

☐ PHI-BLAST (Pattern Hit Initiated BLAST)

เลือก สิ่งมีชีวิต

[View search](#)
[Save search](#)
[Search summary](#)
[How to read this report?](#)
[BLAST Help videos](#)
[Back to traditional Results Page](#)

Job Title ref|NP_005250.1|

RID [1SS8X9U0013](#) Search expires on 05-09 15:45 pm [Download All](#)

Program BLASTP [Citation](#)

Database refseq_protein [See details](#)

Query ID [NP_005250.1](#)

Description growth/differentiation factor 8 preproprotein [Homo sapiens]

Molecule type amino acid

Query Length 375

Other reports [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) [MSA viewer](#)

Filter Results

Organism only top 20 will appear ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[+ Add organism](#)

Percent Identity to E value to Query Coverage to

[Filter](#) [Reset](#)

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Select columns Show 100

☐ select all 8 sequences selected [GenPent](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) [MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	growth/differentiation factor 8 preproprotein [Homo sapiens]	Homo sapiens	783	783	100%	0.0	100.00%	375	NP_005250.1
<input checked="" type="checkbox"/>	growth/differentiation factor 8 precursor [Pan troglodytes]	Pan troglodytes	782	782	100%	0.0	99.73%	375	NP_001073388.1
<input checked="" type="checkbox"/>	growth/differentiation factor 8 [Nomascus leucogenys]	Nomascus leucogenys	780	780	100%	0.0	99.47%	375	XP_003253902.1
<input type="checkbox"/>	PREDICTED: growth/differentiation factor 8 [Mandrillus leucophaeus]	Mandrillus leucophaeus	780	780	100%	0.0	99.47%	375	XP_011829618.1
<input type="checkbox"/>	growth/differentiation factor 8 [Macaca nemestrina]	Macaca nemestrina	780	780	100%	0.0	99.47%	375	XP_011716613.1

Find:

Sequence ID Start 1 20 40 60 80 100 120 140 160 180 200 220 240 260 280 300 320 340 360 375 End Organism

NP_005250.1	1	375	Homo sapiens
NP_001073388.1	1	375	Pan troglodytes
XP_003253902.1	1	375	Nomascus leucogenys
XP_025459678.1	1	375	Theropithecus gelada
XP_062971873.1	1	375	Cynoccephalus volans
XP_003991021.1	1	375	Felis catus
XP_045114910.1	1	375	Lemur catta
XP_047626420.1	1	375	Phacochoerus africanus

PROTEIN: 1 - 375 (375r shown)

Rows shown: 8/8

เลือก phylogenetic Tree

National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

[Log in](#)

COBALT Constraint-based Multiple Alignment Tool

[Home](#) [Recent Results](#) [Help](#)

[Phylogenetic Tree](#) [Edit and Resubmit](#) [Back to Blast Results](#) [Download](#)

Multiple Alignment Results - ref|NP_005250.1| - Cobalt RID 1SSE0WYM212 (8 seqs)

Graphical Overview

Find:

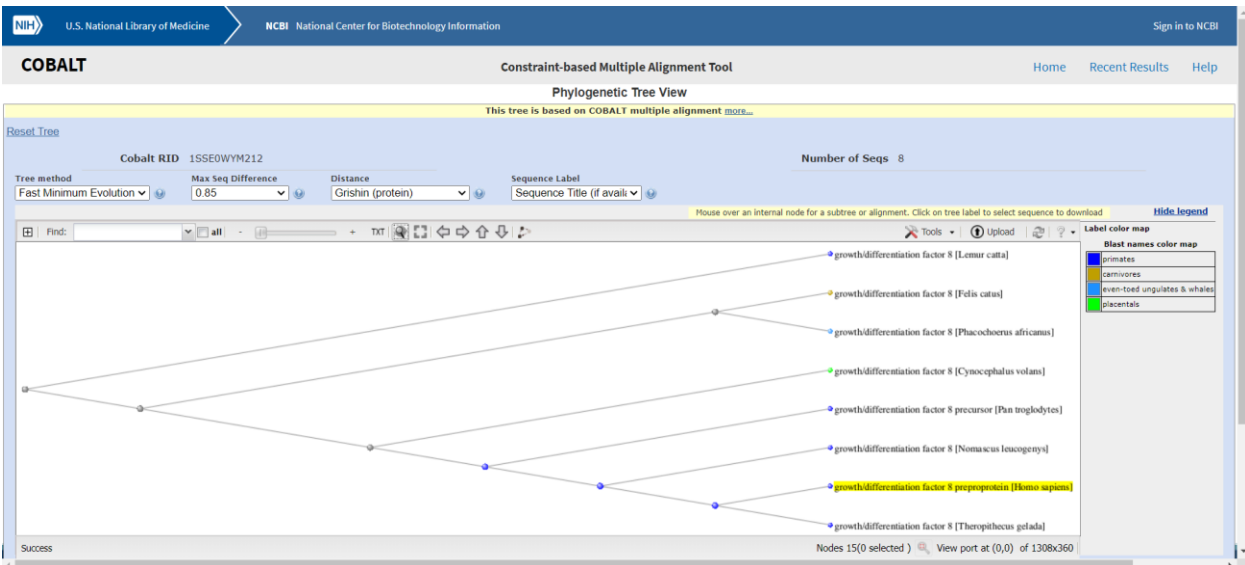
Sequence ID Start 1 20 40 60 80 100 120 140 160 180 200 220 240 260 280 300 320 340 360 375 End Organism

NP_005250.1	1	375	Homo sapiens
NP_001073388.1	1	375	Pan troglodytes
XP_003253902.1	1	375	Nomascus leucogenys
XP_025459678.1	1	375	Theropithecus gelada
XP_062971873.1	1	375	Cynoccephalus volans
XP_003991021.1	1	375	Felis catus
XP_045114910.1	1	375	Lemur catta
XP_047626420.1	1	375	Phacochoerus africanus

PROTEIN: 1 - 375 (375r shown)

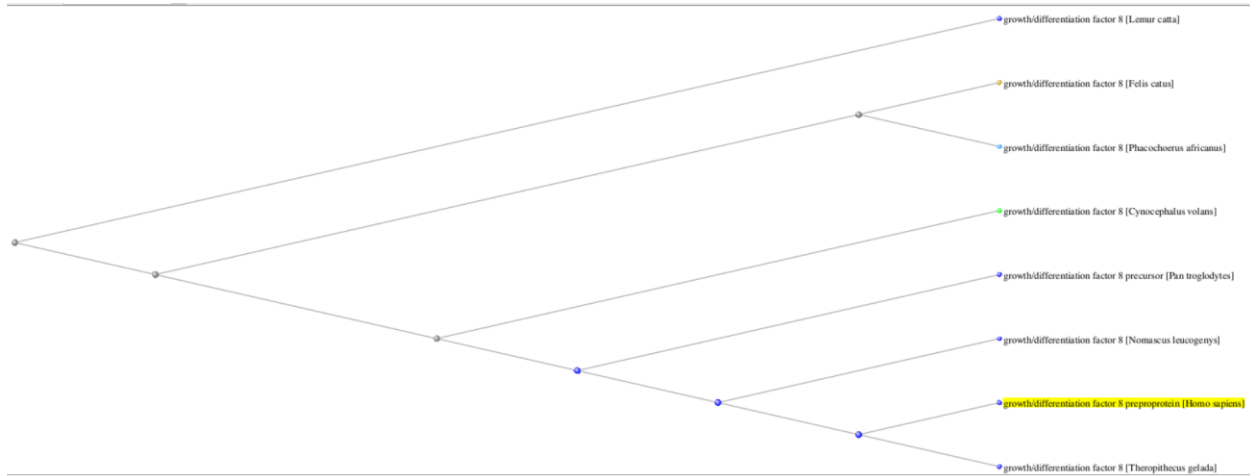
Rows shown: 8/8

Descriptions ☒ Select All [Re-align](#) [Alignment parameters](#)



4. ผลการทดลอง

4.1. Phylogenetic tree ของยีนที่สนใจเปรียบเทียบกับกับกรดอะมิโนใกล้เคียงจำนวน 5 กรดอะมิโนขึ้นไป โดยแต่ละกรดอะมิโนต้องมาจากสิ่งมีชีวิตที่แตกต่างกัน



5. ภาคผนวก

5.1. NCBI accession number

CBI Reference Sequence: NP_005250.1

5.2 ลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจ

>NP_005250.1 growth/differentiation factor 8 preproprotein [Homo sapiens]

MQKLQLCVYIYLFMLIVAGPVDLNENSEQKENVEKEGLCNACTWRQNTKSSRIEAIKIQILSKLRLETAP
NISKDVIRQLLPKAPPLRELIDQYDVQRDDSSDGSLEDDDYHATTETIITMPTESDFLMQVDGKPKCCFF
KFSSKIQYNKVKAQLWIYLRPVETPTTVFVQILRLIKPMKDGTRYTGIRSLKLDMNPGTGIWQSIDVKT
VLQNWLKQPESNLGIEIKALDENGHDLAFTFPGPGEDGLNPFLEVKVTDTPKRSRRDFGLDCDEHSTESR
CCRYPLTVDFEAFGWDWIIAPKRYKANYCSGECEVFVLQKYPHTHLVHQANPRGSAGPCCTPTKMSPINM
LYFNGKEQIIYGKIPAMVVDRCGCS