1. ข้อมูลผู้ทำการทดลอง : นายสรวิศ อนุนาค วท.ม. ชีววิทยาสำหรับครู รหัสนักศึกษา 675020076-2

2. ที่มาและความสำคัญ

ยีน pagA (protective antigen gene) เป็นยีนสำคัญบนพลาสมิด pXO1 ของ Bacillus anthracis ซึ่งมี บทบาทโดยตรงในการเข้ารหัสโปรตีนProtective Antigen (PA) หนึ่งในสามองค์ประกอบของสารพิษแอนแทรกซ์ (Anthrax toxin) ร่วมกับโปรตีน Lethal Factor (lef) และ Edema Factor (cya) โดยโปรตีน PA ทำหน้าที่เป็น ตัวนำส่งสารพิษเข้าสู่เซลล์ของร่างกาย ทำให้เกิดกระบวนการทำลายเซลล์และก่อให้เกิดอาการของโรค (Okinaka et al., 1999; Khmaladze et al., 2021)

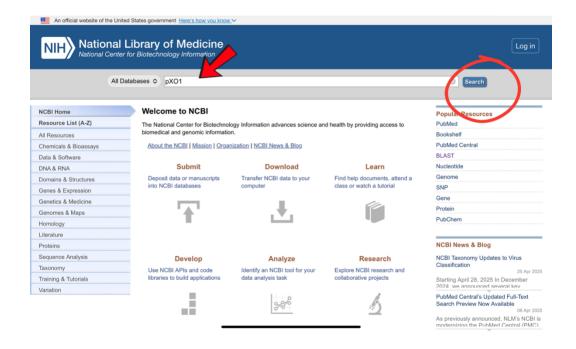
ยืน pagA มีลำดับนิวคลีโอไทด์ความยาว 2,292 เบสคู่ และเข้ารหัสโปรตีนที่มีความยาว 764 กรดอะมิโน (NCBI, 2024; UniProt, 2024) ลำดับยืนนี้ถูกอนุรักษ์ไว้สูงในสายพันธุ์ของ *B. anthracis* ทั่วโลก และถูกใช้เป็นหนึ่ง ในเป้าหมายหลักในการตรวจวินิจฉัยและเฝ้าระวังการระบาด

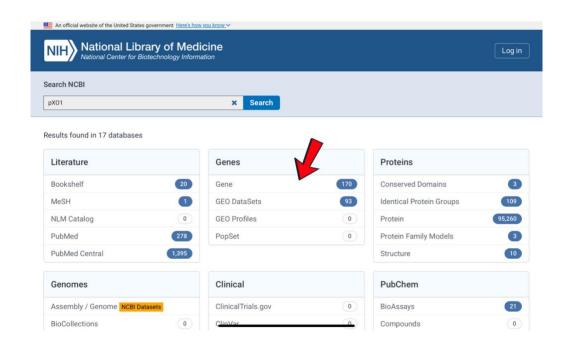
ในบริบทของประเทศไทย รายงานการระบาดของโรคแอนแทรกซ์ในจังหวัดมุกดาหาร เมื่อเดือนเมษายน พ.ศ. 2568 ซึ่งมีผู้เสียชีวิตจากการบริโภคเนื้อวัวดิบ และมีผู้สัมผัสเสี่ยงสูงกว่า 240 ราย (The Nation Thailand, 2025) สะท้อนให้เห็นถึงความสำคัญของการศึกษาและวิเคราะห์ยืน pagA ในระดับโมเลกุล เพื่อทำความเข้าใจ แหล่งที่มาความหลากหลายของสายพันธุ์และแนวโน้มการกลายพันธุ์ของยีนที่เกี่ยวข้องกับความสามารถในการก่อ โรค

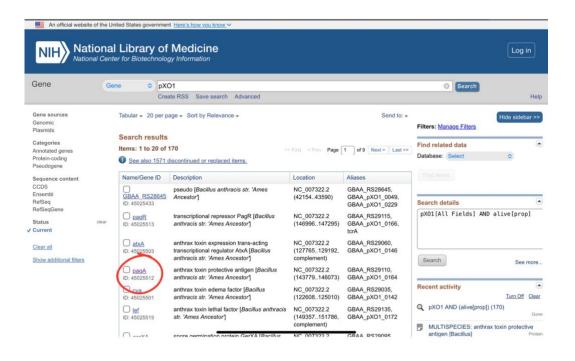
การศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของยืน pagA จากสายพันธุ์ต่าง ๆ โดยใช้ข้อมูลจาก NCBI จึงเป็น ประโยชน์ต่อการออกแบบวิธีการวินิจฉัยการติดตามการระบาดตลอดจนการพัฒนาแนวทางป้องกันและควบคุมโรค ในระดับพันธุกรรมอย่างยั่งยืน

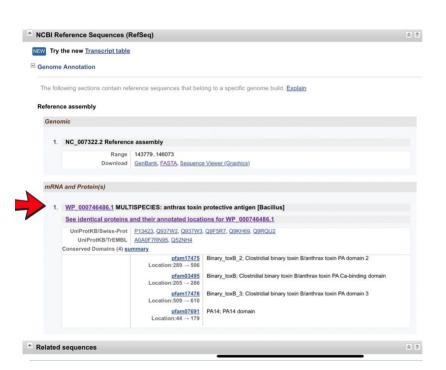
3. ขั้นตอนการดำเนินงาน

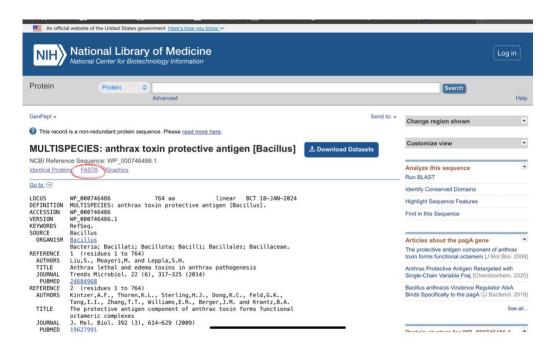
3.1. การค้นหาลำดับกรดอะมิโนของยืนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ

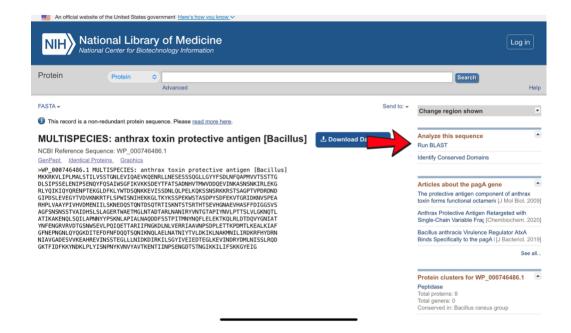




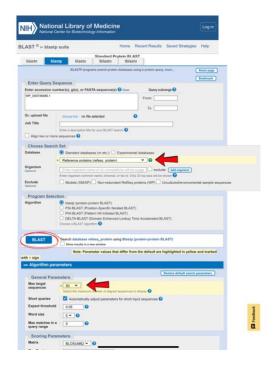




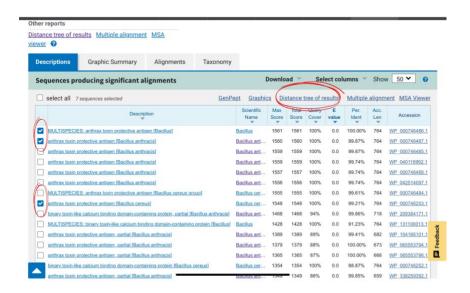




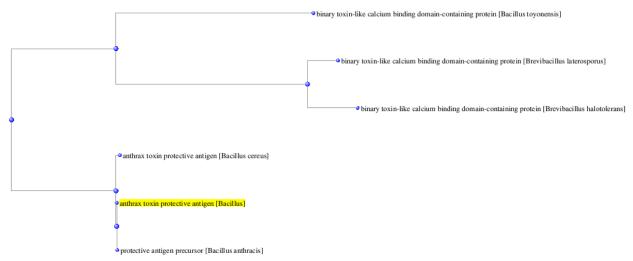
3.2 การใช้ blastp โดยเลือก database = RefSeq protein และ max target sequences = 50



3.3 การสร้าง phylogenetic tree จากผลของ blastp



4. ผลการทดลอง



ภาพ phylogenetic tree ของโปรตีนในกลุ่ม protective antigen และ binary toxin-like calcium binding domain-containing proteins

4.1ประเภทของข้อมูล:

- ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic Tree) สร้างจากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน
- แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของโปรตีนในกลุ่ม Bacillus และ Brevibacillus

4.2 รายละเอียดสายพันธุ์และโปรตีนในภาพ:

- 4.2.1 กลุ่ม Bacillus (ใกล้เคียงกันมาก):
- anthrax toxin protective antigen [Bacillus anthracis]
- anthrax toxin protective antigen [Bacillus cereus]
- anthrax toxin protective antigen [Bacillus] (ไม่ระบุสายพันธุ์ย่อย แต่ใกล้เคียงกลุ่มเดียวกัน)
- 4.2.2 กลุ่ม Brevibacillus (แยกกลุ่มต่างหาก):
- binary toxin-like calcium binding domain-containing protein [Brevibacillus laterosporus]
- binary toxin-like calcium binding domain-containing protein [Brevibacillus halotolerans]
- binary toxin-like calcium binding domain-containing protein [Brevibacillus sp. SKDU10] (ใหม่ที่เพิ่มเข้ามาในภาพนี้)

4.2.3 อื่น ๆ:

• binary toxin-like calcium binding domain-containing protein [Bacillus toyonensis]

4.3 การตีความทางวิวัฒนาการ:

- กลุ่มที่มีชื่อว่า anthrax toxin protective antigen อยู่รวมกลุ่มกันชัดเจน เป็นโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับพิษ แอนแทรกซ์ (Bacillus anthracis)
 - → แสดงว่าโปรตีนเหล่านี้มีความใกล้เคียงกันมากในด้านลำดับกรดอะมิโน
- กลุ่มโปรตีนที่มาจาก Brevibacillus แยกออกมาชัดเจน
 - → บ่งชี้ว่ามีความแตกต่างทางวิวัฒนาการ แม้จะมี "calcium-binding domain" แบบคล้ายกัน แต่ ไม่ได้มีความใกล้เคียงกับ protective antigen โดยตรง
- การเพิ่ม *Brevibacillus sp. SKDU10* เข้ามา ช่วยเสริมให้เห็นความหลากหลายของโปรตีนในสายพันธุ์ Brevibacillus ชัดเจนขึ้น

5. ภาคผนวก

5.1 NCBI accession number

REF|WP 000746486.1

5.2 ลำดับกรดอะมิโนที่สนใจ

MKKRKVLIPLMALSTILVSSTGNLEVIQAEVKQENRLLNESESSSQGLLGYYFSDLNFQAPMVVTSSTTG DLSIPSSELENIPSENQYFQSAIWSGFIKVKKSDEYTFATSADNHVTMWVDDQEVINKASNSNKIRLEKG RLYQIKIQYQRENPTEKGLDFKLYWTDSQNKKEVISSDNLQLPELKQKSSNSRKKRSTSAGPTVPDRDND GIPDSLEVEGYTVDVKNKRTFLSPWISNIHEKKGLTKYKSSPEKWSTASDPYSDFEKVTGRIDKNVSPEA RHPLVAAYPIVHVDMENIILSKNEDQSTQNTDSQTRTISKNTSTSRTHTSEVHGNAEVHASFFDIGGSVS AGFSNSNSSTVAIDHSLSLAGERTWAETMGLNTADTARLNANIRYVNTGTAPIYNVLPTTSLVLGKNQTL ATIKAKENQLSQILAPNNYYPSKNLAPIALNAQDDFSSTPITMNYNQFLELEKTKQLRLDTDQVYGNIAT YNFENGRVRVDTGSNWSEVLPQIQETTARIIFNGKDLNLVERRIAAVNPSDPLETTKPDMTLKEALKIAF GFNEPNGNLQYQGKDITEFDFNFDQQTSQNIKNQLAELNATNIYTVLDKIKLNAKMNILIRDKRFHYDRN NIAVGADESVVKEAHREVINSSTEGLLLNIDKDIRKILSGYIVEIEDTEGLKEVINDRYDMLNISSLRQD GKTFIDFKKYNDKLPLYISNPNYKVNVYAVTKENTIINPSENGDTSTNGIKKILIFSKKGYEIG

บรรณานุกรม (References)

- Khmaladze, E., Chitadze, L., Dzavashvili, M., Karalashvili, L., & Avaliani, N. (2021). Sequence

 Variability of pXO1-Located Pathogenicity Genes of *Bacillus anthracis* Natural Strains.

 Pathogens, 10(12), 1556. https://doi.org/10.3390/pathogens10121556
- NCBI. (2024). **Bacillus anthracis strain CZC5 plasmid pXO1**, complete sequence. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/CP051536
- Okinaka, R. T., Cloud, K., Hampton, O., Hoffmaster, A. R., Hill, K. K., Keim, P., ... & Jackson, P. J. (1999). Sequence and organization of pXO1, the large Bacillus anthracis plasmid harboring the anthrax toxin genes. **Journal of Bacteriology, 181**(20), 6509–6515. https://doi.org/10.1128/JB.181.20.6509-6515.1999
- The Nation Thailand. (2025, April 30). **Thailand confirms one anthrax death from beef** consumption, 247 under medical watch.
 - https://www.nationthailand.com/news/general/40049453
- UniProt Consortium. (2024). **Protein sequences: pagA, lef, cya in Bacillus anthracis.** https://www.uniprot.org