รายงานรายวิชา SC187002 Practical skills in Biology (PSB)

หัวข้อ NCBI database and BLAST

ตอนที่ 1 : ศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของยีนที่นักศึกษามีความสนใจใช้เครื่องมือ และข้อมูลใน ฐานข้อมูล NCBI เท่านั้น

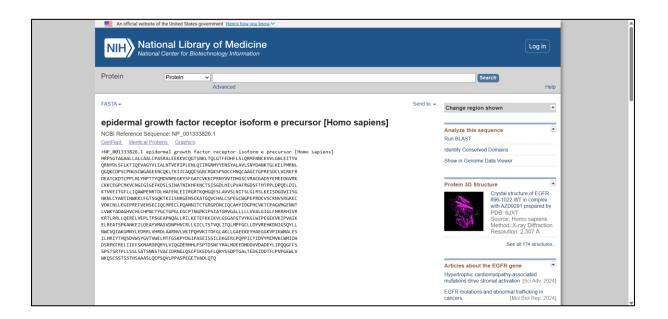
ข้อมูลผู้ทำการทดลอง นางสาวสาธิตา แสงพระจันทร์ รหัสนักศึกษา 675020077-0

ที่มาและความสำคัญของยืนที่สนใจ

ยืน EGFR (Epidermal Growth Factor Receptor) คือยืนชนิดหนึ่งที่อยู่บนเยื่อหุ้มเซลล์ ซึ่งมี บทบาทสำคัญในการควบคุมการเจริญเติบโต การแบ่งเซลล์ และการอยู่รอดของเซลล์ การกลายพันธุ์หรือ การแสดงออกมากเกินไปของ EGFR เกี่ยวข้องกับมะเร็งหลายชนิด เช่น มะเร็งปอดชนิด NSCLC (non-small cell lung cancer), มะเร็งสมอง (glioblastoma), มะเร็งลำไส้ใหญ่ และมะเร็งเต้านมบางชนิด

ยาต้านมะเร็งหลายชนิดที่พุ่งเป้าไปที่ EGFR เช่น gefitinib, erlotinib, Osimertinib, cetuximab และ panitumumab

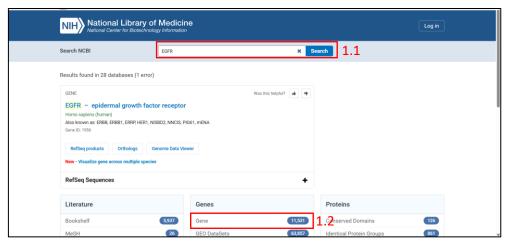
ยืน EGFR มีจำนวนลำดับเบสทั้งหมด 3848 bp และมีจำนวนลำดับกรดอะมิโน 1091 aa



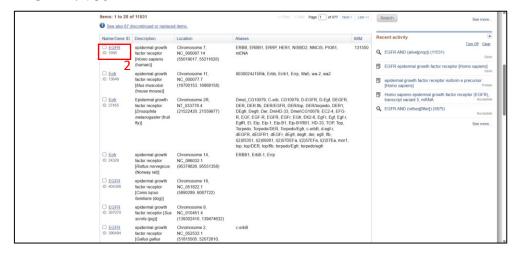
ขั้นตอนการดำเนินงาน

การค้นหาลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ

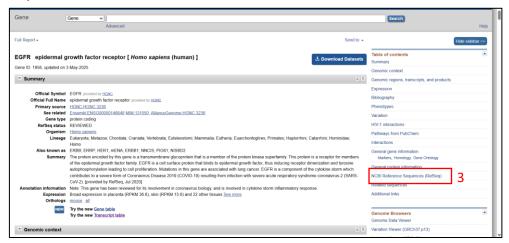
1. ใส่ชื่อยืน EGFR ในช่อง Search แล้วเลือก Gene



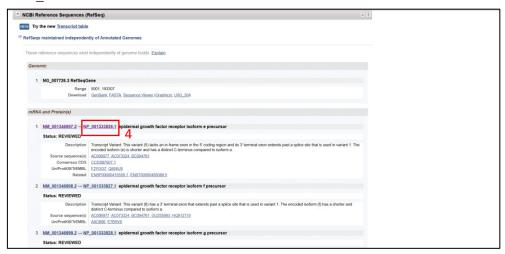
2. กดเลือก EGFR ID:1956



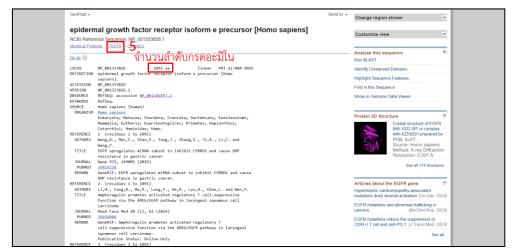
3. หน้าจอจะแสดง database ของยืน EGFR กดเลือก NCBI Reference Sequences (RefSeq) เพื่อดูข้อมูล Protein Sequences



4. กดเลือก NP 001333826.1



5. ข้อมูลของยืน EGFR แสดงจำนวนลำดับกรดอะมิโน 1091 aa กดเลือก FASTA

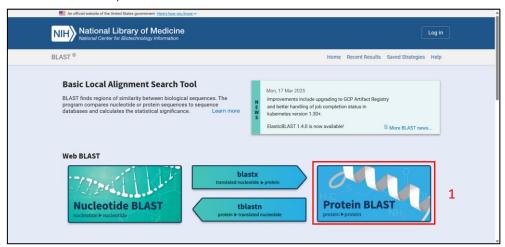


6. จะได้ลำดับกรดอะมิโนเพื่อนำมาศึกษาเปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของยีน โดยใช้โปรแกรม blastp

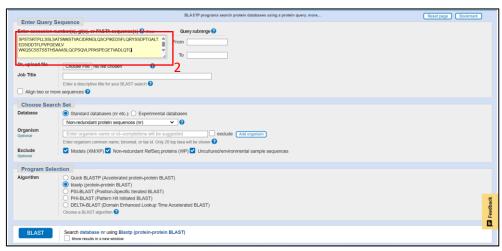


การใช้ blastp โดยเลือก database = RefSeq protein และ max target sequences = 50

1. กดเลือกใช้โปรแกรม blastp



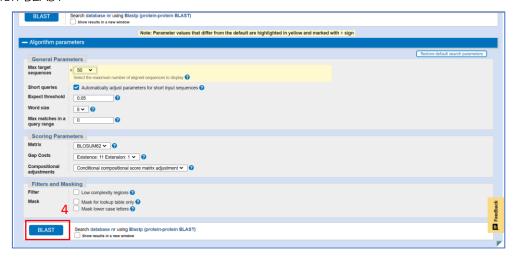
2. นำลำดับกรดอะมิโนเติมลงในช่อง Enter accession number(s) และกด blast



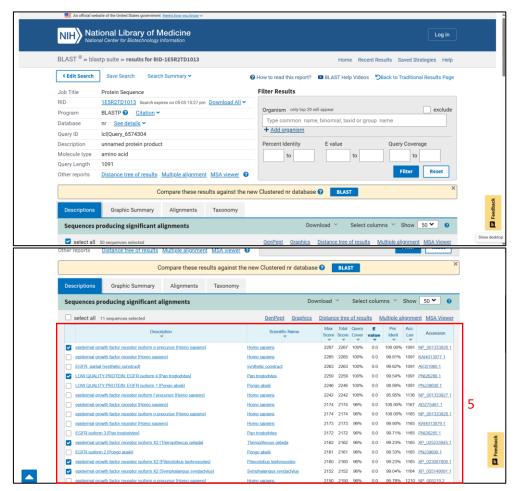
3. เลือก Algorithm parameters และตั้งค่า Max target sequences = 50

BLAST	Search database nr using Blastp (protein-protein BLAST) Show results in a new window	
Note: Parameter values that differ from the default are highlighted in yellow and marked with + sign		
— Algorithm parameters		
General Para	netore	Restore default search parameters
Max target sequences	4 6.50 √ 3 Select the maximal in number of sligned sequences to display €	
Short queries	☑ Automatically adjust parameters for short input sequences	
Expect threshold	0.05	
Word size	5 v	
Max matches in a query range	0	
Scoring Para	neters	
Matrix	BLOSUM62 ▼ 0	
Gap Costs	Existence: 11 Extension: 1 🗸 🧔	
Compositional adjustments	Conditional compositional score matrix adjustment ▼	
Filters and Ma		
Filter	Low complexity regions	
Mask	Mask for lookup table only Mask lower case letters	
BLAST	Search database nr using Blastp (protein-protein BLAST) \$ Show results in a new window	

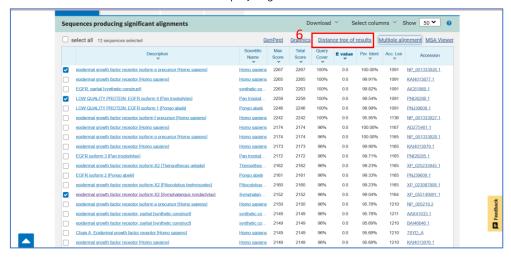
4. กดเลือก BLAST



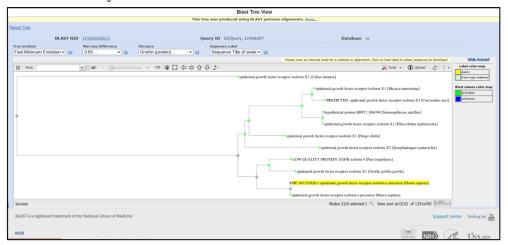
5. หน้าจอจะแสดงข้อมูล Protein Sequence ให้เลือกข้อมูลยืนเปรียบเทียบกับกรดอะมิโนของสิ่งมีชีวิต 10 หนิด



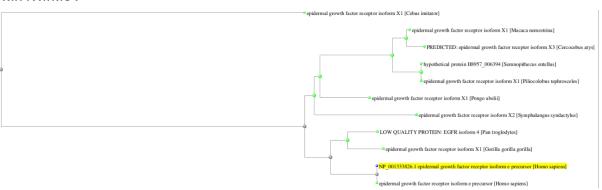
6. กดเลือก Distance tree of results เพื่อสร้าง phylogenetic tree



7. ได้ phylogenetic tree รูปแบบ Rectangle Cladogram



ผลการทดลอง



ภาคผนวก

NCBI accession number: EGFR ID: 1956: NP 001333826.1

ลำดับกรดอะมิโน :

>NP_001333826.1 epidermal growth factor receptor isoform e precursor [Homo sapiens]

MRPSGTAGAALLALLAALCPASRALEEKKVCQGTSNKLTQLGTFEDHFLSLQRMFNNCEVVLGNLEITYV QRNYDLSFLKTIQEVAGYVLIALNTVERIPLENLQIIRGNMYYENSYALAVLSNYDANKTGLKELPMRNL QGQKCDPSCPNGSCWGAGEENCQKLTKIICAQQCSGRCRGKSPSDCCHNQCAAGCTGPRESDCLVCRKFR DEATCKDTCPPLMLYNPTTYQMDVNPEGKYSFGATCVKKCPRNYVVTDHGSCVRACGADSYEMEEDGVRK CKKCEGPCRKVCNGIGIGEFKDSLSINATNIKHFKNCTSISGDLHILPVAFRGDSFTHTPPLDPQELDIL KTVKEITGFLLIQAWPENRTDLHAFENLEIIRGRTKQHGQFSLAVVSLNITSLGLRSLKEISDGDVIISG NKNLCYANTINWKKLFGTSGQKTKIISNRGENSCKATGQVCHALCSPEGCWGPEPRDCVSCRNVSRGREC VDKCNLLEGEPREFVENSECIQCHPECLPQAMNITCTGRGPDNCIQCAHYIDGPHCVKTCPAGVMGENNT LVWKYADAGHVCHLCHPNCTYGCTGPGLEGCPTNGPKIPSIATGMVGALLLLLVVALGIGLFMRRRHIVR KRTLRRLLQERELVEPLTPSGEAPNQALLRILKETEFKKIKVLGSGAFGTVYKGLWIPEGEKVKIPVAIK ELREATSPKANKEILDEAYVMASVDNPHVCRLLGICLTSTVQLITQLMPFGCLLDYVREHKDNIGSQYLL NWCVQIAKGMNYLEDRRLVHRDLAARNVLVKTPQHVKITDFGLAKLLGAEEKEYHAEGGKVPIKWMALES ILHRIYTHQSDVWSYGVTVWELMTFGSKPYDGIPASEISSILEKGERLPQPPICTIDVYMIMVKCWMIDA DSRPKFRELIIEFSKMARDPQRYLVIQGDERMHLPSPTDSNFYRALMDEEDMDDVVDADEYLIPQQGFFS SPSTSRTPLLSSLSATSNNSTVACIDRNGLQSCPIKEDSFLQRYSSDPTGALTEDSIDDTFLPVPGEWLV WKQSCSSTSSTHSAAASLQCPSQVLPPASPEGETVADLQTQ