**รายงานรายวิชา SC187002 Practical skills in Biology (PSB)**

หัวข้อ NCBI database and BLAST

**ตอนที่ 1** : ศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของยีนที่นักศึกษามีความสนใจใช้เครื่องมือ และข้อมูลในฐานข้อมูล NCBI เท่านั้น

**ข้อมูลผู้ทำการทดลอง** นางสาวสาธิตา แสงพระจันทร์ รหัสนักศึกษา 675020077-0

**ที่มาและความสำคัญของยีนที่สนใจ**

ยีน EGFR (Epidermal Growth Factor Receptor) คือยีนชนิดหนึ่งที่อยู่บนเยื่อหุ้มเซลล์ ซึ่งมีบทบาทสำคัญในการควบคุมการเจริญเติบโต 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

ยีน EGFR มีจำนวนลำดับเบสทั้งหมด 3848 bp และมีจำนวนลำดับกรดอะมิโน 1091 aa

A screenshot of a computer

Description automatically generated

**ขั้นตอนการดำเนินงาน**

**การค้นหาลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ**

1. ใส่ชื่อยีน EGFR ในช่อง Search แล้วเลือก Gene

A screenshot of a computer

Description automatically generated

1.2

1.1

2. กดเลือก EGFR ID:1956

A screenshot of a computer

Description automatically generated

2

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

A screenshot of a computer

Description automatically generated

3

4. กดเลือก NP\_001333826.1

A screenshot of a computer

Description automatically generated

4

5. ข้อมูลของยีน EGFR แสดงจำนวนลำดับกรดอะมิโน 1091 aa กดเลือก FASTA

A screenshot of a computer

Description automatically generated

5

จำนวนลำดับกรดอะมิโน

6. จะได้ลำดับกรดอะมิโนเพื่อนำมาศึกษาเปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของยีน โดยใช้โปรแกรม blastp

A screenshot of a computer

Description automatically generated

ลำดับกรดอะมิโน

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

1. กดเลือกใช้โปรแกรม blastp

A screenshot of a computer

Description automatically generated

1

2. นำลำดับกรดอะมิโนเติมลงในช่อง Enter accession number(s) และกด blast

A screenshot of a computer

Description automatically generated

2

3. เลือก Algorithm parameters และตั้งค่า Max target sequences = 50

A screenshot of a computer

Description automatically generated

3

4. กดเลือก BLAST

A screenshot of a computer

Description automatically generated

4

5. หน้าจอจะแสดงข้อมูล Protein Sequence ให้เลือกข้อมูลยีนเปรียบเทียบกับกรดอะมิโนของสิ่งมีชีวิต 10 ชนิด

A screenshot of a computer

Description automatically generated

A screenshot of a computer

Description automatically generated

5

6. กดเลือก Distance tree of results เพื่อสร้าง phylogenetic tree

A screenshot of a computer

Description automatically generated

6

7. ได้ phylogenetic tree รูปแบบ Rectangle Cladogram

A screenshot of a computer

Description automatically generated

**ผลการทดลอง**

A screenshot of a computer

Description automatically generated

**ภาคผนวก**

NCBI accession number : [EGFR](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/1956) 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