รายงานรายวิชา SC187002 Practical skills in Biology (PSB) NCBI database and BLAST

1. ข้อมูลผู้ทำการทดลอง

ชื่อ - นามสกุล นางสาวภิรูญรุ่ง บุญสุข **รหัสนักศึกษา** 655020102-5

2. ที่มาและความสำคัญของยืนที่สนใจ

ยีน HBB (HBB – hemoglobin subunit beta) หรือยีน CD113t-C, ECYT6, beta-globin มีบทบาท สำคัญในระบบเลือดของมนุษย์ โดยสร้างเฮโมโกลบินชนิด β ที่เป็นส่วนประกอบหลักของเม็ดเลือดแดง เฮโมโกลบินทำหน้าที่หลักในการจับและลำเลียงออกซิเจน โดยยีน HBB เข้ารหัสโปรตีน "เบต้าโกลบิน (β -globin)" ซึ่งจับกับโปรตีนอัลฟาโกลบิน (α -globin) เพื่อสร้าง เฮโมโกลบิน A (HbA) ซึ่งเป็นเฮโมโกลบินชนิดหลัก ในผู้ใหญ่ ความผิดปกติของยีน HBB นั้น ก่อให้เกิดโรคทางพันธุกรรม เช่น โรคธาลัสซีเมียชนิดเบต้า (Beta-thalassemia) อาจเกิดจากการกลายที่ทำให้การสร้างเบต้าโกลบินลดลงหรือหยุดไปโดยลิ้นเชิง ผู้ป่วยจะมีอาการ ซีด เหนื่อยง่าย ตับม้ามโต กระดูกผิดรูป หรือโรคเม็ดเลือดแดงรูปเคียว (Sickle Cell Disease) ที่เกิดจากการกลาย จุดเดียว (point mutation) ที่ตำแหน่ง Glu6Val ในยีน HBB ส่งผลให้เฮโมโกลบินผิดปกติ (HbS) ทำให้เม็ดเลือด แดงมีรูปร่างคล้ายเคียว ติดในหลอดเลือด และจะมีอาการปวดรุนแรง อวัยวะขาดเลือด ซีดเรื้อรัง ดังนั้นในอนาคต แนวทางการรักษาโรคและการใช้เทคโนโลยีใหม่ เช่น Gene therapy โดยใช้เทคนิค CRISPR-Cas9 หรือ lentiviral vector เพื่อแก้ไขยีน HBB ในเซลล์ต้นกำเนิดเม็ดเลือด จะเป็นประโยชน์ต่อตัวผู้ป่วยอย่างมาก

3. ขั้นตอนการดำเนินงาน

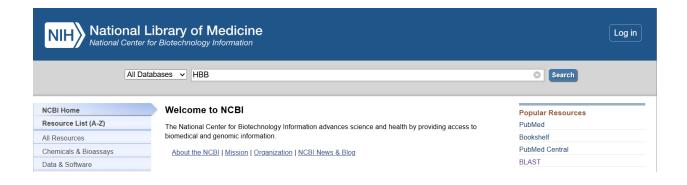
3.1. การค้นหาลำดับกรดอะมิโนของยืนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ

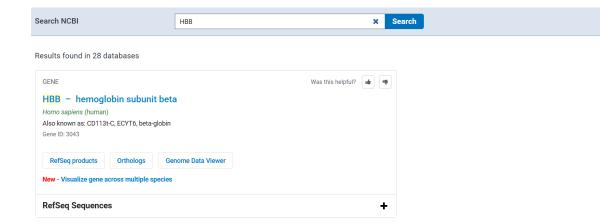
NM_000518.5

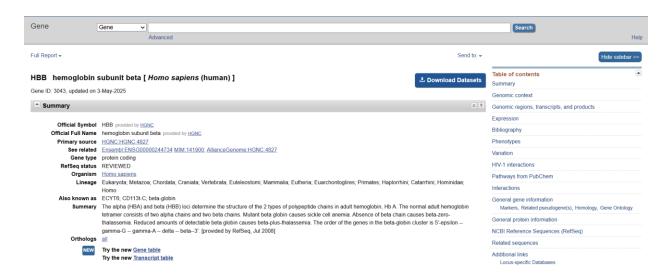
- จำนวนลำดับเบสทั้งหมดของยืน = 628 bp mRNA
- จำนวนลำดับกรดอะมิโนของยืน = 601 amino acids

NP_000509.1 (Identical protein)

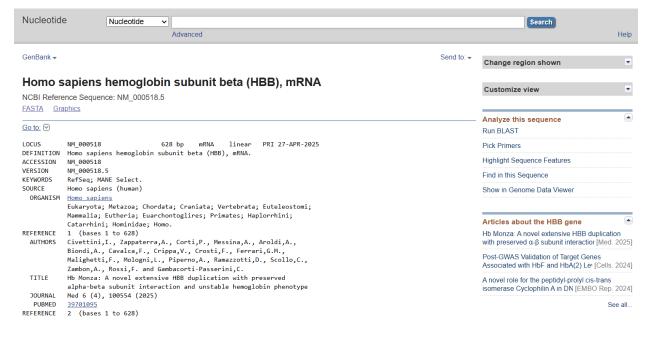
- จำนวนลำดับกรดอะมิโนของยีน = 147 amino acids

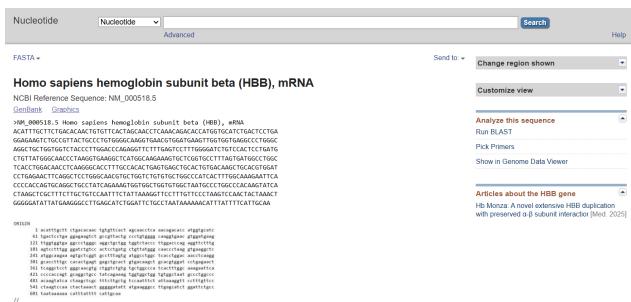


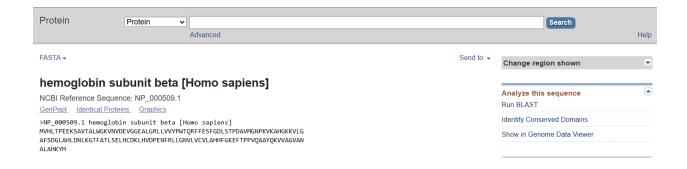




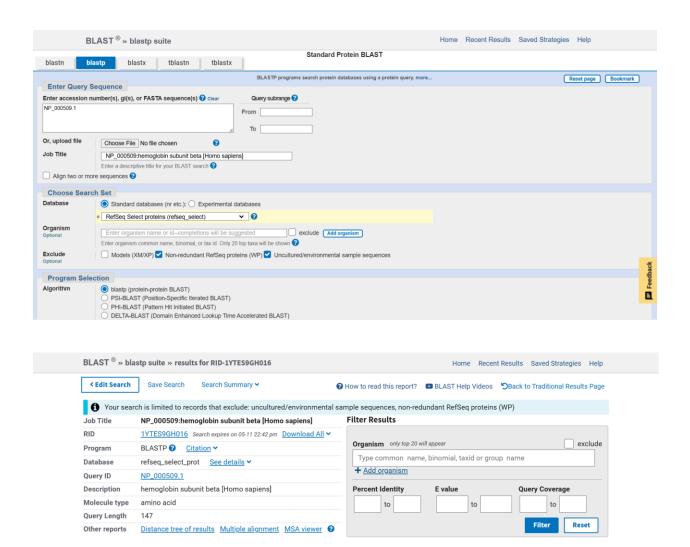








3.2. การใช้ blastp โดยเลือก database = RefSeq protein

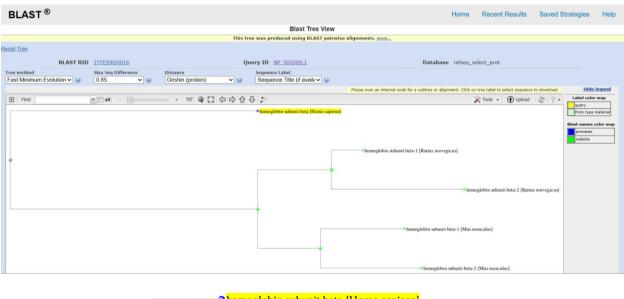


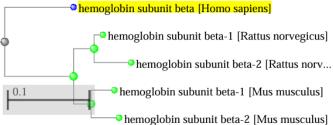
3.3. การสร้าง phylogenetic tree จากผลของ blastp

Descriptions (Graphic Summary	Alignments	Taxonom	у				/					
Sequences producing significant alignments Download ✓ Select columns ✓ Show 100 ✓ €													
select all 5 sequences selected				GenPept Graphics			Distance tree of results						
Description				Scientific Name		Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession	
hemoglobin subunit	hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]			Homo sapiens			301	100%	9e-104	100.00%	147	NP_000509.1	
hemoglobin subunit delta [Homo sapiens]			E	Homo sapiens			284	100%	3e-97	93.20%	147	NP_000510.1	
hemoglobin subunit beta-1 [Rattus norvegicus]			E	Rattus norvegicus			251	100%	3e-84	81.63%	147	NP_150237.1	
hemoglobin subunit beta-1 [Mus musculus]			1	Mus musculus			251	100%	4e-84	80.27%	147	NP_001265090.1	
hemoglobin subunit beta-2 [Mus musculus]			1	Mus musculus			249	100%	3e-83	80.27%	147	NP_058652.1	
hemoglobin subunit beta-2 [Rattus norvegicus]			E	Rattus norvegicus			246	100%	3e-82	78.91%	147	NP_001104739.1	
hemoglobin subunit	hemoglobin subunit epsilon [Homo sapiens]			Homo sapiens			240	100%	8e-80	75.51%	147	NP_005321.1	
hemoglobin, beta a	hemoglobin, beta adult major chain [Rattus norvegicus]			Rattus norvegicus			235	100%	7e-78	73.47%	147	NP_942071.2	
hemoglobin subunit	hemoglobin subunit gamma-2 [Homo sapiens]			Homo sapiens			235	100%	9e-78	73.47%	147	NP_000175.1	

4. ผลการทดลอง

Phylogenetic tree ของยีนที่สนใจเปรียบเทียบกับกับกรดอะมิโนใกล้เคียงจำนวน 5 กรดอะมิโน





5. ภาคผนวก

1. NCBI Reference Sequence: NM_000518.5

2. NCBI Reference Sequence: NP_000509.1

>NP_000509.1 hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]

MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLSTPDAVMGNPKVKAHGKKVLG

AFSDGLAHLDNLKGTFATLSELHCDKLHVDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVAN

ALAHKYH