

รายงานรายวิชา SC187002 Practical skills in Biology (PSB)

หัวข้อ NCBI database and BLAST

1. ข้อมูลผู้ทำการทดลอง

นางสาวสุดารัตน์ เขื่อนนุ่น รหัสนักศึกษา 665020086-8 คณะวิทยาศาสตร์ สาขาวิทยาสำหรับครู

2. ที่มาและความสำคัญ

2.1. ที่มาและความสำคัญของยีน KRAS

ยีน KRAS (Kirsten Rat Sarcoma viral oncogene homolog) เป็นยีนก่อมะเร็ง (oncogene) ที่มีบทบาทสำคัญในการควบคุมการเจริญเติบโตและการแบ่งตัวของเซลล์ผ่านทางเส้นทางสัญญาณ RAS/MAPK โปรตีน K-Ras ที่ผลิตจากยีนนี้ทำหน้าที่เป็น GTPase ซึ่งทำหน้าที่เป็นสวิตช์โมเลกุลในการส่งสัญญาณจากภายนอกเซลล์ไปยังนิวเคลียสของเซลล์ (Huang et al., 2021)

ยีน KRAS ถูกค้นพบครั้งแรกในปี 1983 จากการศึกษาเซลล์ของหนูที่ติดเชื้อไวรัสมะเร็ง (Kirsten murine sarcoma virus) โดยนักวิทยาศาสตร์พบร่วมกับ KRAS เข้าไปในจีโนม ซึ่งแสดงให้เห็นว่ายีนนี้สามารถถูกตัดออกได้โดยการเจริญเติบโตที่ไม่สามารถควบคุมได้ในเซลล์ (Barbacid, 1987)

ในปัจจุบัน KRAS เป็นยีนก่อมะเร็ง (oncogenes) ที่มีการกลایพันธุ์มากที่สุดในมะเร็งมนุษย์ เช่นมะเร็งตับอ่อน มะเร็งลำไส้ใหญ่ การกลัยพันธุ์ที่พบบ่อย ได้แก่ G12D, G12V, และ G12C ซึ่งส่งผลให้โปรตีน KRAS อยู่ในสถานะ active มีการกระตุ้นการแบ่งตัวของเซลล์อย่างไม่สามารถควบคุมได้ (Prior et al., 2020) การศึกษาเกี่ยวกับ KRAS มีความสำคัญต่อการพัฒนา การรักษามะเร็งแบบ targeted therapy ตัวอย่างเช่นยา Sotorasib (Lumakras) ซึ่งได้รับอนุมัติจาก FDA สหรัฐอเมริกาในปี 2021 สำหรับใช้รักษาผู้ป่วยที่มีการกลัยพันธุ์ KRAS G12C (Hong et al., 2020)

2.2. จำนวนลำดับเบสทั้งหมดของยีน KRAS

ยีน KRAS มีจำนวนลำดับเบสทั้งหมด 45684 bp

2.3. จำนวนลำดับกรดอะมิโนของยีน KRAS

ยีน KRAS มีจำนวนลำดับกรดอะมิโนทั้งหมด 189 aa

>NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]

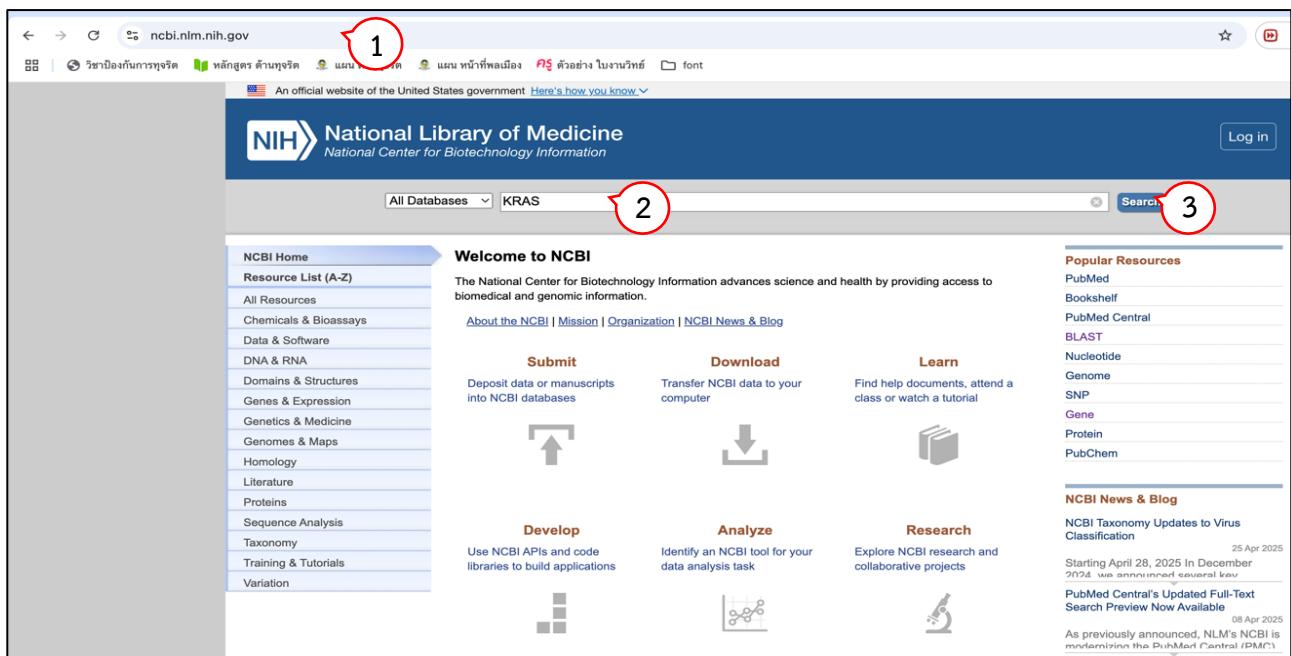
MTEYKLVVVGAGGVGKSALTIQLIQNHFVDEYDPTIEDSYRKQVVIDGETCLLDILDTAGQEEYSAMR
DQYMRTGEGFLCVFAINNTKSFEDIHHYREQIKRVKDSEDVPMVLVGNKCDLPSRTVDTKQAQDLA
RSYGIPFIETSAKTRQRVEDAFYTLVREIRQYRLKKISKEEKTPGCVKIKKCIIM

3. ขั้นตอนการดำเนินงาน

3.1. ขั้นตอนการหาความสัมพันธ์เชิงวิทยาการระหว่างลำดับกรดอะมิโนของยีนในสิ่งมีชีวิตที่สนใจกับกรดอะมิโนที่ใกล้เคียงที่สุด 5-10 ชนิด ที่มาจากการถ่ายทอดผ่านโปรแกรม blastp และสร้าง phylogenetic tree โดยการถ่ายภาพหน้าจอธิบายในแต่ละขั้นตอนของการทำ

3.1.1. การค้นหาลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ

ภาพที่ 1

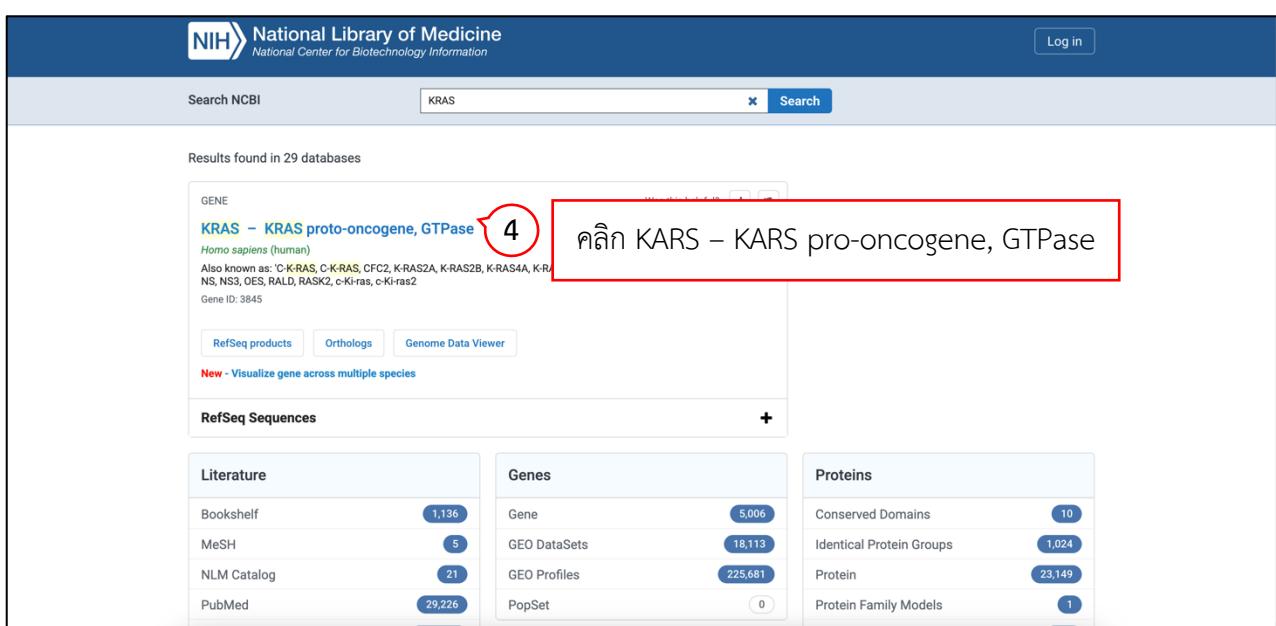


ภาพที่ 1 การค้นหา yeinที่สนใจในเว็บไซต์ของ NCBI

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

- 1 เข้าเว็บไซต์ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- 2 พิมพ์ชื่อยีน KRAS ในช่องค้นหา
- 3 กด Search จะได้ผลลัพธ์ ดังภาพที่ 2

ภาพที่ 2



ภาพที่ 2 การค้นหา yeinที่สนใจในเว็บไซต์ของ NCBI

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

ภาพที่ 3

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Gene Gene Advanced

Full Report ▾ Send to: ▾ Hide sidebar >>

KRAS KRAS proto-oncogene, GTPase [*Homo sapiens* (human)]

Gene ID: 3845, updated on 28-Apr-2025

Summary

Official Symbol KRAS provided by HGNC
Official Full Name KRAS proto-oncogene, GTPase provided by HGNC
Primary source HGNC;HGNC:8407
Se related Ensembl:ENSG00000133703 MIM:190970; AllianceGene:HGNC:6407
Gene type protein coding
RefSeq status REVIEWED
Organism *Homo sapiens*
Lineage Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo
Also known as NS; NS3; QES; CFC2; RALD; K-Ras; KRAS1; RASK2; K-RAS; C-K-RAS; K-RAS2A; K-RAS2B; K-RAS4A; K-RAS4B; K-Ras 2; C-K-RAS; c-K-ras; c-K-ras2
Summary This gene, a Kristen ras oncogene homolog from the mammalian ras gene family, encodes a protein that is a member of the small GTPase superfamily. A single amino acid substitution is responsible for activating mutation. The transforming protein that results is implicated in various malignancies, including lung adenocarcinoma, mucinous adenoma, ductal carcinoma of the pancreas and colorectal carcinoma. Alternative splicing leads to variants encoding two isoforms that differ in the C-terminal region. [provided by RefSeq, Jul 2008]
Expression Ubiquitous expression in colon (RPKM 7.8), brain (RPKM 7.5) and 25 other tissues See more
Orthologs mouse all Try the new Gene table
Try the new Transcript table

Genomic context

Location: 12p12.1 See KRAS in Genome Data Viewer
Exon count: 7

Pathways from PubChem
Interactions
General gene information
Markers, Related pseudogene(s), Homology, Gene Ontology
General protein information
NCBI Reference Sequences (RefSeq)
Related sequences
Additional links
Locus-specific Databases

Genome Browsers
Genome Data Viewer

ภาพที่ 3 การค้นหารายที่สนใจที่เว็บไซต์ของ NCBI

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

ภาพที่ 4

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_007524.2 RefSeqGene

Range 5075..50758
Download GenBank, FASTA, Sequence Viewer (Graphics), LRG_344

mRNA and Protein(s) 5

1. NM_001369786.1 → NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a

Status: REVIEWED

Source sequence(s) AC087239, AC092794, KF459678
Consensus CDS CCDS8703.1
UniProtKB/Swiss-Prot A8K8Z5, B0LPF9, P01116, P01118, Q96D10
UniProtKB/TremBL L7RS18
Conserved Domains (1) [summary](#)

cd04138 H_N_K_Ras_like; Ras GTPase family containing H-Ras,N-Ras and K-Ras4A/4B
Location:3 → 164

2. NM_001369787.1 → NP_001356716.1 GTPase KRas isoform b

Status: REVIEWED

Source sequence(s) AC087239, AC092794
Consensus CDS CCDS8702.1
UniProtKB/TremBL A0A3G1LBH1
Related ENSP00000508921.1, ENST00000685328.1
Conserved Domains (1) [summary](#)

cd04138 H_N_K_Ras_like; Ras GTPase family containing H-Ras,N-Ras and K-Ras4A/4B
Location:3 → 164

3. NM_004985.5 → NP_004976.2 GTPase KRas isoform b

ภาพที่ 4 การค้นหารายที่สนใจที่เว็บไซต์ของ NCBI

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

5 คลิก NP_0013567.1 ซึ่งเป็น Protein

ภาพที่ 5

National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Protein Protein Search Advanced

GenPept ▾ Send to: ▾ Change region shown

GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]

NCBI Reference Sequence: NP_001356715.1

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

Go to: ▾

Locus NP_001356715 189 aa linear PRI 27-APR-2025

Definition GTPase KRas isoform a [Homo sapiens].

Accession NP_001356715 XP_006719132

Version NP_001356715.1

DBSOURCE REFSEQ: accession [NM_001369786.1](#)

Keywords RefSeq.

Source Homo sapiens (human)

Organism Homo sapiens

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Eucarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominoidea; Homo.

Reference 1 (residues 1 to 189)

Authors Gomes-Fernandes,B., Trindade,L.M., de Castro Bastos Rodrigues,M., Cardoso,J.P.D., Lima,F.T., Rogerio,L., de Vasconcelos Generoso,S., Carneiro,J.G., da Silva,R.G., de Souza,R.P., De Marco,L. and Bastos-Rodrigues,L.

Title Association between KRAS mutation and alcohol consumption in Brazilian patients with colorectal cancer

Journal Sci Rep 14 (1), 26445 (2024)

Pubmed [39488539](#)

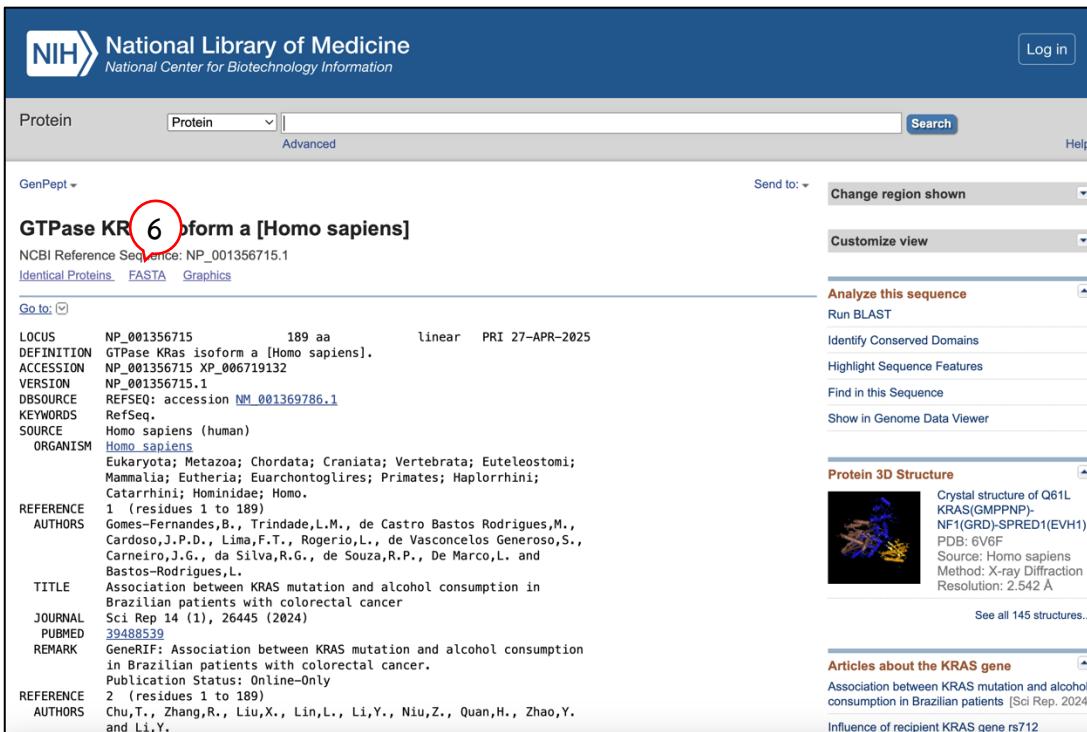
Remark GenoRF: Association between KRAS mutation and alcohol consumption in Brazilian patients with colorectal cancer.
Publication Status: Online-Only

2 (residues 1 to 189)

Authors Chu,T., Zhang,R., Liu,X., Lin,L., Li,Y., Niu,Z., Quan,H., Zhao,Y. and Li,Y.

Protein 3D Structure Crystal structure of Q61L KRAS(GMPPNP)-NF1(GRD)-SPRED1(EVH1) PDB: 6V6F Source: Homo sapiens Method: X-ray Diffraction Resolution: 2.542 Å See all 145 structures...

Articles about the KRAS gene Association between KRAS mutation and alcohol consumption in Brazilian patients [Sci Rep. 2024] Influence of recipient KRAS gene rs712



ภาพที่ 5 การค้นหาข้อมูลที่สนใจที่เว็บไซต์ของ NCBI

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

6

คลิก FASTA จะได้ผลลัพธ์ ดังภาพที่ 6

ภาพที่ 6

National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Protein Protein Search Advanced

FASTA ▾ Send to: ▾ Change region shown

GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]

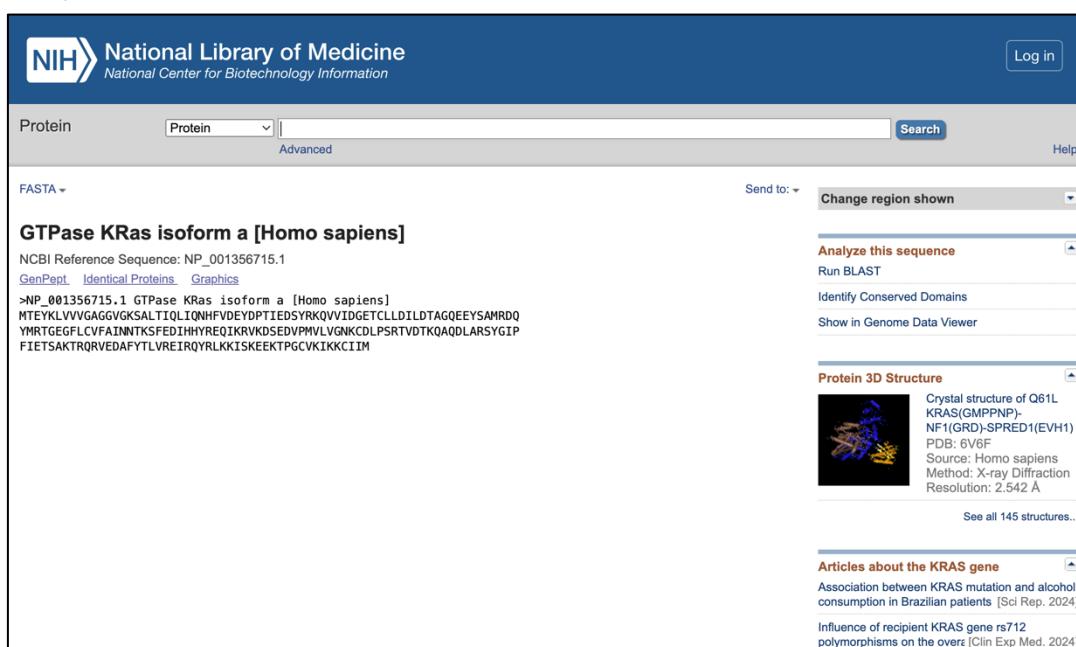
NCBI Reference Sequence: NP_001356715.1

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

>NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]
MTEYKLVVGAGGVGKSLTQLIQNHFVDEYDPTIEDSYRKQVVIDGETCLLDILDTAGQEYESAMRDQ
YMTGEGLCVAIINTKSFEDIHYREQIKRKVKDSEDVPMVLVGNKCDLPSRTVDTKQAQDLARSYGIP
FIETSAKTRQRVEDAFYTTLVREIQYRLKKISKEEKTPGCVKIKKCIIM

Protein 3D Structure Crystal structure of Q61L KRAS(GMPPNP)-NF1(GRD)-SPRED1(EVH1) PDB: 6V6F Source: Homo sapiens Method: X-ray Diffraction Resolution: 2.542 Å See all 145 structures...

Articles about the KRAS gene Association between KRAS mutation and alcohol consumption in Brazilian patients [Sci Rep. 2024] Influence of recipient KRAS gene rs712 polymorphisms on the over [Clin Exp Med. 2024]



ภาพที่ 6 ลำดับรหัสอัมโมนิของยีน KRAS

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

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

ภาพที่ 7

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Protein Protein Search Advanced Help

FASTA ▾

GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]

NCBI Reference Sequence: NP_001356715.1

GenPept Identical Proteins Graphics

>NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]
MTEYKLVVGAGGGVGSALTIQLQHNFVDEYDPTIEDSYRKQVVIDGETCLLDILDTAGQEESAMRDQ
YMRTEGEGFLCVAIINTKSFEDIHYREQIKRVDSEDPVMVLGNKCDLPSRTVDTKQAJQDLARSYGIP
FIETSAKTRQRVEDAFYTLVREIRQYRLKKISKEEKTPGCVKIKKCIM

คลิก Run BLAST

8

Change region shown

Analyze this sequence Run BLAST

Identify Conserved Domains

Show in Genome Data Viewer

Protein 3D Structure

Crystal structure of Q61L KRAS(GMPPNP)-NF1(GRD)-SPRED1(EVH1) PDB: 6V6F Source: Homo sapiens Method: X-ray Diffraction Resolution: 2.542 Å

See all 145 structures...

Articles about the KRAS gene

Association between KRAS mutation and alcohol consumption in Brazilian patients [Sci Rep. 2024]

Influence of recipient KRAS gene rs712 polymorphisms on the ovary [Clin Exp Med. 2024]

Conformations of KRAS4B Affected by Its Partner Binding and G1 [J Chem Inf Model. 2024]

See all...

ภาพที่ 7 การ Run BLAST

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

ภาพที่ 8

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® > blastp suite Home Recent Results Saved Strategies

blastn blastp blastx tblastn tblast

Standard Protein BLAST

Enter Query Sequence Paste ลำดับกรดอะมิโน

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

Query subrange From To

Or, upload file เลือกไฟล์ นำไฟล์มา粘贴

Job Title NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a [Homo...]

Enter a descriptive title for your BLAST search

Align two or more sequences

Choose Search Set Database Standard databases (nr etc.): Experiment Reference proteins (refseq_protein)

Organism Enter organism name or id—completions will be suggested

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

Models (XM/XP) Non-redundant RefSeq proteins (WP) Uncultured/environmental/unknown/multiple sequences

Program Selection Algorithm blastp (protein-protein BLAST)
PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)
PHI-BLAST (Pattern Hit Initiated BLAST)
DELTA-BLAST (Domain Enhanced Lookup Time Accelerated BLAST)

Choose a BLAST algorithm

9

10

11

ภาพที่ 8 การ Run BLAST

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

ภาพที่ 9

The screenshot shows the NCBI BLAST search interface. At the top, there are sections for 'Database', 'Organism', and 'Exclude'. Under 'Program Selection', 'blastp (protein-protein BLAST)' is selected. Below this, a red circle labeled '12' highlights the '+ Algorithm parameters' button. A red box labeled 'คลิก Algorithm parameters' (Click Algorithm parameters) surrounds the algorithm parameters section. The section contains fields for 'Max target sequences' (set to 50), 'Short queries', 'Expect threshold', 'Word size', and 'Max matches in a query range'. At the bottom of this section, a red circle labeled '13' highlights the 'BLAST' button, which is also surrounded by a red box labeled 'คลิก BLAST' (Click BLAST). The URL <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> is visible at the bottom.

ภาพที่ 9 การตั้งค่า Algorithm parameters

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

ภาพที่ 10

This screenshot shows the 'Algorithm parameters' section of the NCBI BLAST search interface. A red circle labeled '13' highlights the 'Max target sequences' field, which is set to 50. A red box labeled 'เลือก Max target sequences = 50' (Select Max target sequences = 50) surrounds this field. Below this section, another red circle labeled '14' highlights the 'BLAST' button, which is also surrounded by a red box labeled 'คลิก BLAST' (Click BLAST). The URL <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> is visible at the bottom.

ภาพที่ 10 การเลือก Max target sequences ให้เท่ากับ 50

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

ภาพที่ 11

Job Title NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a [Homo...]
 RID 1BMZ6M35013 Search expires on 05-04 16:29 pm Download All
 Program BLASTP Citation
 Database refseq_protein See details
 Query ID lclQuery_10136798
 Description NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]
 Molecule type amino acid
 Query Length 189
 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 E value Query Coverage
 [] to [] [] to [] [] to []
 Filter Reset

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Select columns Show 50

Description	GenPept	Graphics	Distance tree of results	Multiple alignment	MSA Viewer			
<input checked="" type="checkbox"/> select all 50 sequences selected								
	Scientific Name	Max Score	Total Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession	
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]	Homo sapiens	390	390	100%	3e-137	100.00%	189	NP_001356715.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Cavia porcellus]	Cavia porcellus	392	392	100%	4e-137	100.00%	227	XP_003470499.2
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Gorilla gorilla gorilla]	Gorilla gorilla gorilla	391	391	100%	4e-137	100.00%	207	XP_063550180.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Chlorocebus sabaeus]	Chlorocebus sabaeus	392	392	100%	5e-137	100.00%	227	XP_007966155.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: GTPase KRas isoform X1 [Bison bison bison]	Bison bison bison	390	390	100%	6e-137	99.47%	189	XP_010854295.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Desmodus rotundus]	Desmodus rotundus	391	391	100%	6e-137	99.47%	227	XP_053777690.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis]	Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis	391	391	100%	6e-137	99.47%	227	XP_024588800.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Marmota marmota marmota]	Marmota marmota marmota	390	390	100%	7e-137	99.47%	189	XP_015353728.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X4 [Gorilla gorilla gorilla]	Gorilla gorilla gorilla	392	392	100%	8e-137	100.00%	245	XP_063550183.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Echinops telfairi]	Echinops telfairi	391	391	100%	8e-137	99.47%	227	XP_004700038.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Psammomys obesus]	Psammomys obesus	391	391	100%	9e-137	99.47%	227	XP_055461548.1

ภาพที่ 11 ผลลัพธ์ของการ Run BLAST

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

3.1.3. การสร้าง phylogenetic tree จากผลของ blastp

ภาพที่ 12

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

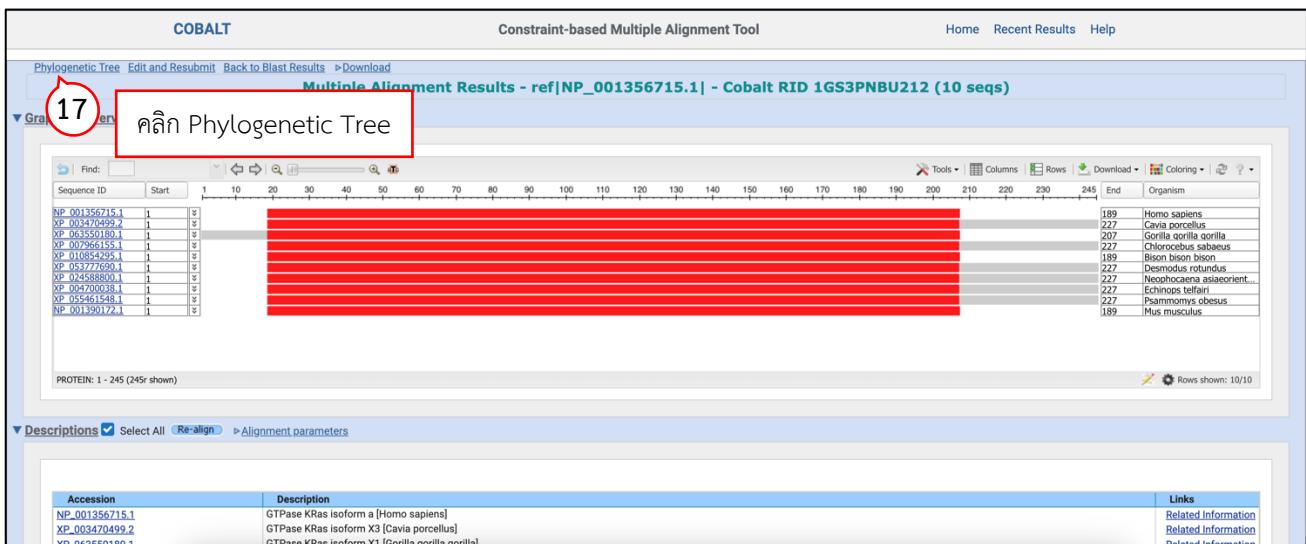
Sequences producing significant alignments Download Select columns 16

Description	Graphics	Distance tree of results	Multiple alignment	MSA Viewer
<input type="checkbox"/> select all				
<input checked="" type="checkbox"/> เลือก (ติ๊ก) สิ่งมีชีวิตที่ต้องการเปรียบเทียบ				
15				
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]	Homo sapiens	390	390	
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Cavia porcellus]	Cavia porcellus	392	392	100% 4e-137 100.00% 227 XP_003470499.2
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Gorilla gorilla gorilla]	Gorilla gorilla gorilla	391	391	100% 4e-137 100.00% 207 XP_063550180.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Chlorocebus sabaeus]	Chlorocebus sabaeus	392	392	100% 5e-137 100.00% 227 XP_007966155.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: GTPase KRas isoform X1 [Bison bison bison]	Bison bison bison	390	390	100% 6e-137 99.47% 189 XP_010854295.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Desmodus rotundus]	Desmodus rotundus	391	391	100% 6e-137 99.47% 227 XP_053777690.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis]	Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis	391	391	100% 6e-137 99.47% 227 XP_024588800.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Marmota marmota marmota]	Marmota marmota marmota	390	390	100% 7e-137 99.47% 189 XP_015353728.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X4 [Gorilla gorilla gorilla]	Gorilla gorilla gorilla	392	392	100% 8e-137 100.00% 245 XP_063550183.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Echinops telfairi]	Echinops telfairi	391	391	100% 8e-137 99.47% 227 XP_004700038.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Psammomys obesus]	Psammomys obesus	391	391	100% 9e-137 99.47% 227 XP_055461548.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Marmota marmota marmota]	Marmota marmota marmota	391	391	100% 1e-136 99.47% 227 XP_015353730.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Ranitomeya imitator]	Ranitomeya imitator	389	389	100% 1e-136 98.94% 189 XP_069618925.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X3 [Dendrobates tinctorius]	Dendrobates tinctorius	390	390	100% 1e-136 98.94% 227 XP_073400122.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Monodelphis domestica]	Monodelphis domestica	389	389	100% 1e-136 98.94% 189 XP_007503062.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Panthera pardus]	Panthera pardus	389	389	100% 2e-136 98.94% 189 XP_019307790.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Canis lupus dingo]	Canis lupus dingo	390	390	100% 2e-136 98.94% 236 XP_048958751.1
<input type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X1 [Dendropsophus ebraccatus]	Dendropsophus ebraccatus	389	389	100% 2e-136 98.94% 189 XP_069820065.1
<input checked="" type="checkbox"/> GTPase KRas isoform X2 [Mus musculus]	Mus musculus	389	389	100% 2e-136 98.94% 189 NP_001390172.1
<input type="checkbox"/> PREDICTED: GTPase KRas isoform X1 [Gavialis gangeticus]	Gavialis gangeticus	389	389	100% 2e-136 98.41% 189 XP_019371235.1

ภาพที่ 12 การสร้าง phylogenetic tree จากผลของ blastp

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

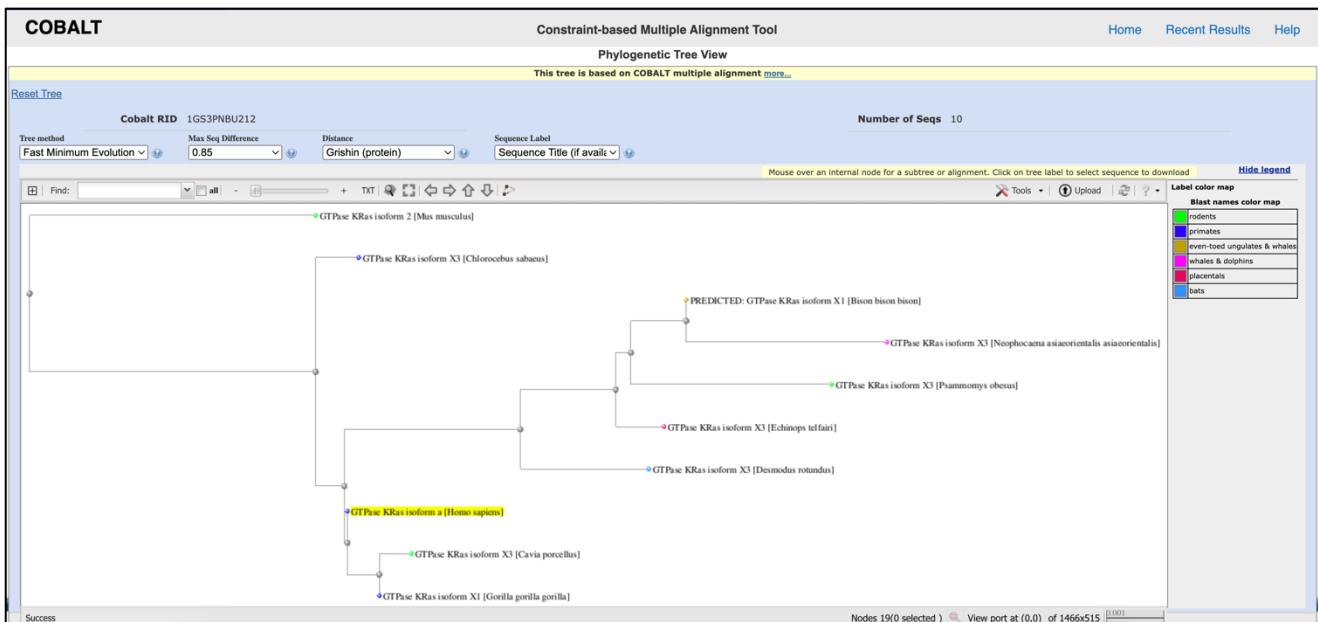
ภาพที่ 13



ภาพที่ 13 การสร้าง phylogenetic tree จากผลของ blastp

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

ภาพที่ 14

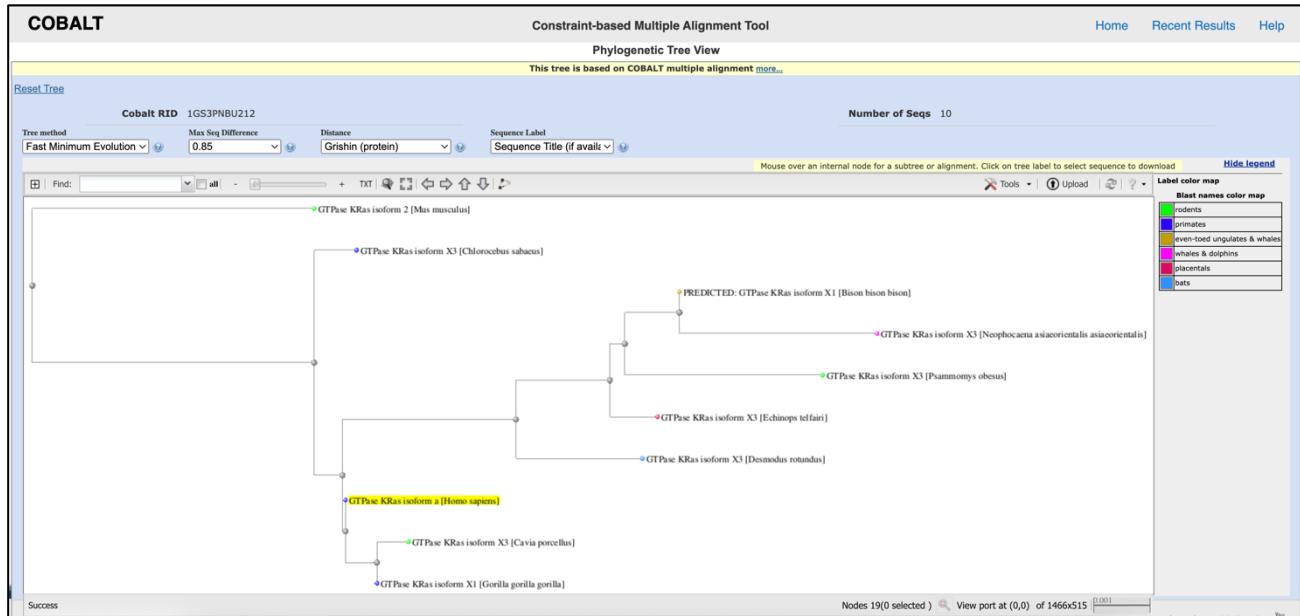


ภาพที่ 14 การสร้าง phylogenetic tree จากผลของ blastp

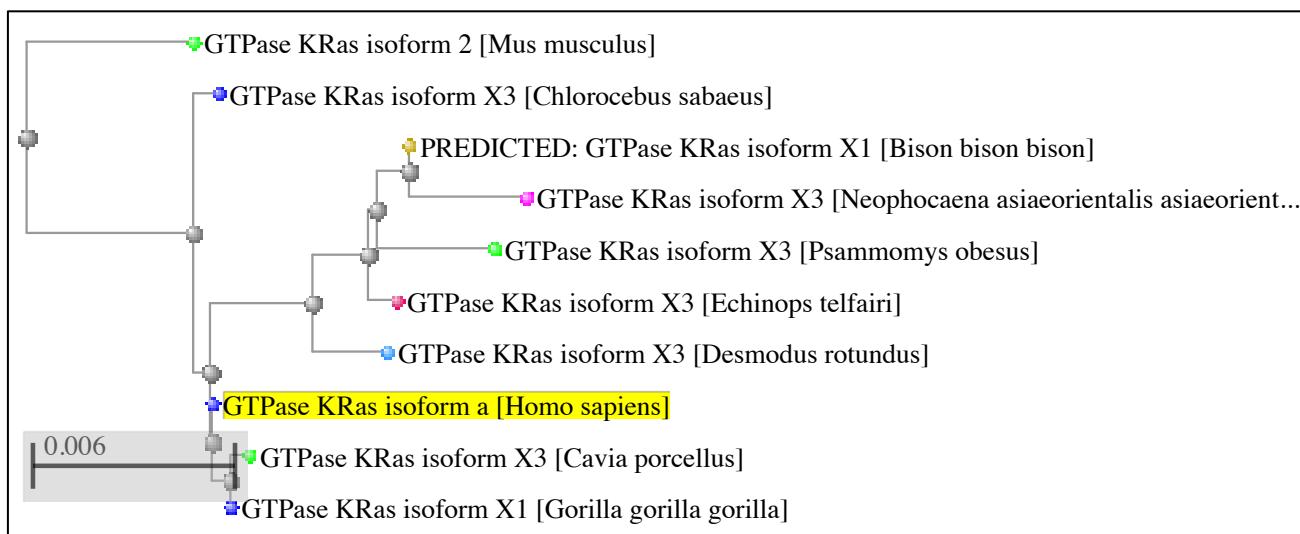
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

4. ผลการทดลอง

4.1. Phylogenetic tree ของยีน KRAS เปรียบเทียบกับกรดอะมิโนไกล์เคียงจำนวน 10 กรดอะมิโน โดยแต่ละกรดอะมิโนมาจากการสิงมีชีวิตที่แตกต่างกัน



ภาพที่ 15 Phylogenetic Tree
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)



ภาพที่ 16 Phylogenetic Tree
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

จากการวิเคราะห์สายวิวัฒนาการ (Phylogenetic Tree) ของโปรตีน KRAS โดยใช้ข้อมูลจาก NCBI พบว่าโปรตีน KRAS มีการอนุรักษ์ในสิ่งมีชีวิตหลายชนิด โดยเฉพาะในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม เช่น มนุษย์ ลิง กอริลลา หมู และหนูตะเภา โปรตีนในสัตว์แต่ละชนิดมีลำดับกรดอะมิโนที่คล้ายคลึงกัน ซึ่งแสดงถึงหน้าที่ที่สำคัญและสืบทอดมาอย่างนานในวิวัฒนาการ การศึกษาความคล้ายคลึงนี้มีความสำคัญในการเลือกสัตว์ทดลอง เพื่อศึกษาลักษณะการทำงานที่เกี่ยวข้องกับ KRAS ได้อย่างเหมาะสม และช่วยอธิบายความคล้ายคลึงเชิงโครงสร้างและหน้าที่ของยีนระหว่างชนิดได้

5. ภาคผนวก

5.1. NCBI accession number และลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจ

NCBI accession number : NP_001356715.1

ลำดับกรดอะมิโนของยีน KRAS

```
>NP_001356715.1 GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]
MTEYKLVVGAGGVGKSALTIQLIQNHFVDEYDPTIEDSYRKQVVIDGETCLLDILDTAGQE
EYSAMRDQYMRTGEGFLCVFAINNTKSFEDIHHYREQIKRVDKSEDVPMVLVGNKCDLPSR
TVDTKQAQDLARSYGIPFIETSAKTRQRVEDAFYTLVREIRQYRLKKISKEEKTPGCVKIKCIM
```

เอกสารอ้างอิง

- Barbacid, M. (1987). Ras genes. *Annual review of biochemistry*, 56(1), 779-827.
- Hong, D. S., Fakih, M. G., Strickler, J. H., Desai, J., Durm, G. A., Shapiro, G. I., ... & Li, B. T. (2020). KRASG12C inhibition with sotorasib in advanced solid tumors. *New England Journal of Medicine*, 383(13), 1207-1217.
- Huang, L., Guo, Z., Wang, F., & Fu, L. (2021). KRAS mutation: from undruggable to druggable in cancer. *Signal transduction and targeted therapy*, 6(1), 386.
- National Center for Biotechnology Information. (n.d.). *NCBI homepage*. National Library of Medicine (US). Retrieved May 4, 2025, from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- Prior, I. A., Hood, F. E., & Hartley, J. L. (2020). The frequency of Ras mutations in cancer. *Cancer research*, 80(14), 2969-2974.