

รายงานรายวิชา SC187002 Practical skills in Biology (PSB)

หัวข้อ NCBI database and BLAST

ตอนที่ 1 ศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของยีนที่นักศึกษามีความสนใจโดยใช้เครื่องมือ และข้อมูลในฐานข้อมูล NCBI เท่านั้น

1. ให้นักศึกษาเลือกยีนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่นักศึกษาสนใจ โดยอธิบายที่มาและความสำคัญของยีนที่นักศึกษาเลือกมาจากสิ่งมีชีวิตนี้
 - 1.1. อธิบายที่มาและความสำคัญของยีนในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ
 - 1.2. จำนวนลำดับเบสทั้งหมดของยีนที่สนใจ
 - 1.3. จำนวนลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจนี้
2. ให้นักศึกษาเปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของยีนที่นักศึกษาเลือกมาโดยใช้ลำดับกรดอะมิโนของยีนนั้นเปรียบเทียบกับกรดอะมิโนของสิ่งมีชีวิตชนิดอื่น เช่นใน Order เดียวกัน หรือกลุ่มเดียวกันก็ได้
 - 2.1. ใช้โปรแกรม blastp
 - 2.2. เลือก database เป็น RefSeq protein
 - 2.3. เลือก (ติ๊ก) Exclude ทั้งหมดยกเว้น Models (XM/XP)
3. สร้าง phylogenetic tree ในรูปแบบใดก็ได้โดยใช้ web-based program (Multiple alignment (COBALT)) ใน NCBI เท่านั้น

เนื้อหารายงานโดยมีหัวข้อ

1. ข้อมูลผู้ทำการทดลอง ชื่อ นามสกุล รหัสนักศึกษา
2. ที่มาและความสำคัญของยีนที่สนใจ
3. ขั้นตอนการดำเนินงาน
 - 3.1. แสดงขั้นตอนการหาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการระหว่างลำดับกรดอะมิโนของยีนในสิ่งมีชีวิตที่สนใจกับกรดอะมิโนที่ใกล้เคียงที่สุด 5-10 ชนิด ที่มาจากสิ่งมีชีวิตอื่นโดยโปรแกรม blastp และสร้าง phylogenetic tree โดยการถ่ายภาพหน้าจออธิบายในแต่ละขั้นตอนของการทำ
 - 3.1.1. การค้นหาลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจในสิ่งมีชีวิตที่สนใจ
 - 3.1.2. การใช้ blastp โดยเลือก database = RefSeq protein และ max target sequences = 50
 - 3.1.3. การสร้าง phylogenetic tree จากผลของ blastp
4. ผลการทดลอง
 - 4.1. Phylogenetic tree ของยีนที่สนใจเปรียบเทียบกับกับกรดอะมิโนใกล้เคียงจำนวน 5 กรดอะมิโนขึ้นไป โดยแต่ละกรดอะมิโนต้องมาจากสิ่งมีชีวิตที่ต่างกัน
5. ภาคผนวก
 - 5.1. NCBI accession number และลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจ