

ฐานข้อมูล NCBI ที่ได้รับความนิยมมากในงานวิจัยทางเทคโนโลยีชีวภาพ คือ BLAST ซึ่งพูดให้เข้าใจง่าย ๆ สำหรับนิสิตที่ไม่ได้เรียนเน้นทางด้านชีววิทยา คือ โปรแกรมสำหรับค้นคว้า ดีเอ็นเอ หรือ โปรตีน ที่เรากำลังมานั้น มีลักษณะคล้ายคลึงกับดีเอ็นเอ หรือ โปรตีนที่รู้ข้อมูลแล้วหรือไม่ ช่วยให้เราระบุชนิดของยีนหรือสิ่งมีชีวิตได้

Popular Resources

PubMed

Bookshelf

PubMed Central

BLAST



Nucleotide

Genome

SNP

Gene

Protein

PubChem

เมื่อคลิกลิงก์ BLAST (อ่านว่า บลาสต์) แล้ว จะเข้ามาหน้านี้ มีให้เลือกระหว่าง นิวคลีโอไทด์บลาสต์ กับ โปรตีนบลาสต์ ซึ่งมีหลักการทำงานคล้ายกัน สำหรับวิชานี้ ขอยกตัวอย่างการใช้งาน โปรตีนบลาสต์ เพียงอย่างเดียว พอเป็นไอดีเดียว สำหรับนิสิตที่สนใจงานทางด้านนี้โดยเฉพาะ สามารถฝึกใช้งานเชิงลึกด้วยตนเองต่อไปได้

NIH U.S. National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

COVID-19 Information
Public health information (CDC) | Research information (NIH) | SARS-CoV-2 data (NCBI) | Prevention and treatment information (HHS) | Español

BLAST® Home Recent Results Saved Strategies Help

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. [Learn more](#)

NEWS
A new feature was added to the NCBI IgBLAST webpage
IgBLAST is now able to determine Ig isotypes
Mon, 01 Nov 2021 12:00:00 EST [More BLAST news...](#)

Web BLAST

Nucleotide BLAST
nucleotide ► nucleotide

blastx
translated nucleotide ► protein

tblastn
protein ► translated nucleotide

Protein BLAST
protein ► protein

BLAST Genomes

เมื่อคลิกปุ่ม Protein BLAST แล้ว จะเข้ามาหน้านี้ นิสิตไม่ต้องตกใจกับปุ่มหรือเงื่อนไขอะไรให้เลื่อยะเยาะ การใช้งานเบื้องต้น คือ เอาลำดับกรดอะมิโนที่เป็นองค์ประกอบของโปรตีนที่เราสกัดมา ใส่เข้าไปในช่องบน ถ้ามีตัวอักษรเยาะ ๆ อาจใช้วิธี Copy มา Paste ก็ได้ ไม่ต้องพิมพ์เองทีละตัว หรือจะอัปโหลดไฟล์ text ก็ได้ จากนั้นก็กดปุ่ม BLAST สิ้นน้ำเงินด้านซ้ายล่าง เท่านั้นเองครับ

BLAST® » blastp suite

Standard Protein BLAST

blastn **blastp** blastx tblastn tblastx

BLASTP programs search protein databases using a protein query

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#) [Clear](#)

Query subrange [?](#)

From

To

Or, upload file [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Align two or more sequences [?](#)

Choose Search Set

Database [?](#)

Organism Optional exclude

Enter organism common name, binomial, or tax id Only 20 top taxa will be shown [?](#)

Exclude Optional Models (XM/XP) Non-redundant RefSeq proteins (WP) Uncultured/environmental sample sequences

Program Selection

Algorithm

Quick BLASTP (Accelerated protein-protein BLAST)

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 [?](#)

Search database nr using Blastp (protein-protein BLAST)

Show results in a new window

โปรตีน เป็นสารชีวโมเลกุล (สารเคมีที่พบในสิ่งมีชีวิต) ชนิดหนึ่ง ประกอบด้วยกรดอะมิโน 20 ชนิด มาเรียงต่อกัน จำนวนตั้งแต่หลักสิบจนถึงหลักพันกรดอะมิโน คล้ายกับนิสิตมี ลูกปัด 20 แบบ เอามาเรียงต่อกันสัก 100 ลูก โดยสุ่มเลือกแบบลูกปัดมา ก็จะมีรูปแบบ หลากหลายมาก

โปรตีนที่ทำหน้าที่อย่างเดียวกัน แม้จะเป็นสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกัน มักจะมีรูปแบบการเรียง ของกรดอะมิโนเหมือนหรือใกล้เคียงกัน เช่น โปรตีนอัลบูมินในน้ำนมของวัว กับโปรตีน อัลบูมินในน้ำนมของแพะ ก็จะมี ความคล้ายคลึงกันมาก

แต่โปรตีนในน้ำนมวัว กับโปรตีนในน้ำนมถั่วเหลือง จะแตกต่างกันมาก

และโปรตีนในน้ำนมถั่วเหลือง อาจจะคล้ายกับโปรตีนในน้ำนมข้าวโพดก็ได้ เป็นต้น

กรดอะมิโนที่เป็นองค์ประกอบของโปรตีน ทั้ง 20 ชนิด นิยมใช้รหัส 3 ตัว หรือ รหัสตัว เดียว แทนชื่อเต็ม เพื่อความสะดวกในการพิมพ์ การเขียน

สำหรับโปรแกรม BLAST ใช้ input ข้อมูลเป็นรหัสตัวเดียว ตามตารางหน้าถัดไปครับ

Amino Acid	Three Letter Code	One Letter Code
Alanine	Ala	A
Arginine	Arg	R
Aspartic Acid	Asp	D
Asparagine	Asn	N
Cysteine	Cys	C
Glutamic Acid	Glu	E
Glutamine	Gln	Q
Glycine	Gly	G
Histidine	His	H
Isoleucine	Ile	I
Leucine	Leu	L
Lysine	Lys	K
Methionine	Met	M
Phenylalanine	Phe	F
Proline	Pro	P
Serine	Ser	S
Threonine	Thr	T
Tryptophan	Trp	W
Tyrosine	Tyr	Y
Valine	Val	V

ตัวอย่างการใช้งานโปรแกรม Protein BLAST

นิสิตเก็บตัวอย่างน้ำหมักถั่วเหลืองจากถังหมักซีอิ๊ว ตราเต็กสมบูรณ์มาก มาวิเคราะห์ โดยสกัดโปรตีนชนิดหนึ่งออกมาได้ พบว่าเป็นเอนไซม์ สามารถย่อยแป้งให้เป็นน้ำตาล มีรสหวานได้

เมื่อนำโปรตีนชนิดนี้ ไปหาลำดับกรดอะมิโนบางส่วน จำนวน 25 กรดอะมิโน ได้ลำดับ ดังนี้

gamhy ccgpr lhey1 qelgr vlkey

เว้นวรรคชุดละ 5 ตัว เพื่อสะดวกในการอ่านเท่านั้น การเว้นวรรคไม่มีผลอะไรกับ โปรแกรม BLAST ครับ

gamhy ก็หมายถึงกรดอะมิโน Glycine-Alanine-Methionine-Histidine-Tyrosine เป็นต้น

เราก็พิมพ์รหัสกรดอะมิโนทั้ง 25 ตัว ลงใน BLAST แล้วกดปุ่ม BLAST

BLASTP programs search protein databases using a protein query. [more...](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#) [Clear](#)

gamhy ccgpr lheyI qelgr vlkey

Query subrange [?](#)

From

To

Or, upload file

เลือกไฟล์ [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Align two or more sequences [?](#)

Choose Search Set

Database

Non-redundant protein sequences (nr) [?](#)

Organism
Optional

Enter organism name or id--completions will be suggested exclude [Add organism](#)

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown. [?](#)

เมื่อกดปุ่ม BLAST ล่างซ้ายแล้ว จะมาที่หน้านี้ โดยขึ้นข้อความว่า

This page will be automatically updated in seconds

หน้านี้จะอัปเดตอัตโนมัติใน วินาที

อาจใช้เวลาสักพัก โดยทั่วไปไม่เกิน 1 นาที เพื่อสืบค้นข้อมูลครับ ใจเย็น ๆ รอไป

NIH U.S. National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® » blastp suite » RID-ZNB2PR0D016

Format Request Status

[Formatting options]

Job Title: Protein Sequence

i Your search parameters were adjusted to search for a short input sequence.

Request ID	ZNB2PR0D016
Status	Searching
Submitted at	Wed Feb 2 11:07:50 2022
Current time	Wed Feb 02 11:08:14 2022
Time since submission	00:00:24

This page will be automatically updated in 12 seconds

Blog

รอสักพัก ก็ได้ผลออกมาแบบนี้ โปรตีนที่นิสิตพบในถังหมักซีอิ๊วเป็นโปรตีนที่มีความเหมือนหรือคล้ายกับที่มีอยู่ในฐานข้อมูล คือ alpha-glucosidase หรือ alpha-amylase ซึ่งเป็นเอนไซม์ย่อยแป้งเป็นน้ำตาลนั่นเอง และพบว่าเหมือนหรือคล้ายคลึงกับสิ่งมีชีวิตที่ชื่อ Aspergillus นิสิตลองค้นดูเองนะคร้าว่า Aspergillus คืออะไร มีประโยชน์อย่างไร

Sequences producing significant alignments									
Download New Select columns Show 100 ?									
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment New MSA Viewer									
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	alpha-glucosidase [Aspergillus flavus AF70]	Aspergillus flavus AF70	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	611	KOC16380.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein G4B11_005843 [Aspergillus flavus]	Aspergillus flavus	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	602	QMW42519.1
<input checked="" type="checkbox"/>	alpha amylase catalytic region [Aspergillus oryzae]	Aspergillus oryzae	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	602	OOO15193.1
<input checked="" type="checkbox"/>	alpha-glucosidase [Aspergillus oryzae]	Aspergillus oryzae	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	602	BAC20338.1
<input checked="" type="checkbox"/>	unnamed protein product [Aspergillus oryzae RIB40]	Aspergillus oryzae RIB40	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	602	XP_001821536.1
<input checked="" type="checkbox"/>	uncharacterized protein G4B84_005784 [Aspergillus flavus NRRL3357]	Aspergillus flavus NRRL3357	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	602	XP_041145452.1
<input checked="" type="checkbox"/>	afYc/ glcA/ glucosidase [Aspergillus flavus]	Aspergillus flavus	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	602	RMZ43026.1
<input checked="" type="checkbox"/>	alpha-amylase [Aspergillus oryzae 3.042]	Aspergillus oryzae 3.042	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	602	EIT81352.1
<input checked="" type="checkbox"/>	alpha-glucosidase [Aspergillus flavus]	Aspergillus flavus	88.4	88.4	100%	2e-18	100.00%	589	RAQ51519.1
<input checked="" type="checkbox"/>	afYc/ glcA/ glucosidase [Aspergillus arachidicola]	Aspergillus arachidicola	83.3	83.3	100%	1e-16	96.00%	662	PIG79662.1
<input checked="" type="checkbox"/>	glycoside hydrolase superfamily [Aspergillus sergii]	Aspergillus sergii	83.3	83.3	100%	1e-16	96.00%	602	KAE8324393.1
<input checked="" type="checkbox"/>	glycoside hydrolase superfamily [Aspergillus parasiticus]	Aspergillus parasiticus	83.3	83.3	100%	1e-16	96.00%	602	KAB8203768.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein BDV24DRAFT_172784 [Aspergillus arachidicola]	Aspergillus arachidicola	83.3	83.3	100%	1e-16	96.00%	602	

Feedback