การศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของยีนที่เกี่ยวข้องกับการทำงานของนาฬิกาชีวิตของแบคทีเรีย โดยใช้เทคนิคการสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการ

นางสาวธิดารัตน์ จันทรา
นางสาวฐูปมณี แก่นเดียว

โครงการพิเศษนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาเภสัชศาสตรบัณฑิต
คณะเภสัชศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
พ.ศ.2555

EVOLUTIONARY STUDY OF BIOLOGICAL CLOCK GENES IN BACTERIA BY USING MOLECULAR PHYLOGENETIC TECHNIQUES

MISS THIDARAT JANTRA
MISS THOOPMANEE KAENDIAO

A SPECIAL PROJECT SUBMITTED IN PARTIAL FULFILMENT
OF THE REQUIREMENTS FOR
THE BACHELOR DEGREE OF SCIENCE IN PHARMACY
FACULTY OF PHARMACY
MAHIDOL UNIVERSITY
2012

โครงการพิเศษ

เรื่อง การศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของยีนที่เกี่ยวข้องกับการทำงาน ของนาฬิกาชีวิตของแบคทีเรียโดยใช้เทคนิคการสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการ

.....

(นางสาวธิดารัตน์ จันทรา)

.....

(นางสาวฐูปมณี แก่นเดียว)

.....

(ดร.มนตรี ยะสาวงษ์)

อาจารย์ที่ปรึกษา

.....

(ผศ.ดร. วิเชษฐ์ ลีลามานิตย์)

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

บทคัดย่อ
การศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของยีนที่เกี่ยวข้องกับการทำงานของนาฬิกาชีวิตของแบคทีเรียโดยใช้เทคนิคการสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการ

ธิดารัตน์ จันทรา, ฐูปมณี แก่นเดียว
อาจารย์ที่ปรึกษา: มนตรี ยะสาวงษ์, วิเชษฐ์ ลีลามานิตย์
ภาควิชาชีวเคมี คณะเภสัชศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
คำสำคัญ : Bayesian inference, circadian clock gene, *kaiA*, *kaiB*, *kaiC*, แผนภูมิวิวัฒนาการ

โครงการพิเศษนี้จัดทำขึ้นเพื่อศึกษาวิวัฒนาการของ circadian clock genes (CCGs) โดยทำ การศึกษายีน 3 ชนิด คือ *kaiA*, *kaiB*, และ *kaiC* ของแบคทีเรีย โดยรวบรวมข้อมูลและรหัสพันธุกรรมของยีนเหล่านี้จากฐานข้อมูลจีโนม GenBank หลังจากนั้นจึงนำข้อมูลที่ผ่านการตรวจสอบความถูกต้องแล้วมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการโดยใช้เทคนิค Bayesian inference พบว่าแบคทีเรียสายพันธุ์ที่มียีน *kaiA*, *kaiB*, และ *kaiC* มีทั้งสิ้น 32, 68, และ 154 ชนิด ตามลำดับ ยีน *kaiA* พบในแบคทีเรียเพียง 2 ไฟลัมเท่านั้น คือ ไฟลัม *Cyanobacteria* และ *Euryarchaeota*, ยีน *kaiB* พบว่ามีการกระจายตัวอยู่ในหลายไฟลัมด้วยกันแต่ส่วนใหญ่พบอยู่ในไฟลัม *Cyanobacteria* และ *Proteobacteria* ยีน *kaiC* เป็นยีนที่พบมากที่สุดและส่วนใหญ่พบในไฟลัม *Proteobacteria*, *Euryarchaeota* และ *Cyanobacteria* จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการทำให้สามารถแบ่งกลุ่มของ CCGs แต่ละชนิดได้เป็นสองกลุ่มย่อย คือ CCGs สายสั้น และ CCGs สายยาว โดยใช้ความยาวของยีนเป็นเกณฑ์เมื่อวิเคราะห์ลำดับกรดอะมิโนของ CCGs พบว่าทุกกลุ่มมีลำดับของกรดอะมิโนอนุรักษ์ยกเว้นกลุ่มของยีน *kaiC* สายสั้นโดยกรดอะมิโนอนุรักษ์ที่พบมากในแต่ละกลุ่มคือ Glycine หรือ Lysine จากผลการทดลองข้างต้นสรุปว่าความยาวของยีน และชนิดของสิ่งมีชีวิตมีผลต่อการจำแนกกลุ่ม CCGs ในแบคทีเรีย นอกจากนี้ยังพบว่ายีน CCGs ของแบคทีเรียบางชนิดอยู่ผิดตำแหน่งในแผนภูมิวิวัฒนาการ ทั้งนี้อาจมีสาเหตุมาจากการเกิด Horizontal gene transfer

Abstract

Evolutionary study of biological clock genes in bacteria by using molecularphylogenetic techniques

Thidarat Jantra, Thoopmanee Kaendiao

Project advisor : Montri Yasawong, Wichet Leelamanit

Department of Biochemistry, Faculty of Pharmacy, Mahidol University

Keyword : Bayesian inference, circadian clock gene, *kaiA*, *kaiB*, *kaiC*, phylogenetic

This project was designed to illuminate the evolution of circadian clock genes (CCGs) in bacteria. The study was performed using three circadian clock genes, which were *kaiA*, *kaiB* and *kaiC*. The genes were collected from genome database of GenBank. After validating the data, the Bayesian inference method was applied to construct phylogenetic trees. There were 32 strains of bacteria contain *kaiA*, 68 strains contain *kaiB* and 154 strains contain *kaiC*. The kaiA genes were found only in two phyla, which were *Cyanobacteria* and *Euryarchaeota*. The kaiB genes were most found in phyla *Cyanobacteria* and *Proteobacteria.* The kaiC genes were the most abundance in bacteria and found in phyla *Proteobacteria*, *Euryarchaeota*, and *Cyanobacteria.* Each group of CCGs were divided in two subgroup (short length and long length) based on theirs length and phylogenetic classification. Amino acid sequences of CCGs showed the conserved region, which contained Glycine or Lysine. However, there was only one group of CCGs (short length kaiC gene) representing no conserved region. In conclusion, the length and the species of bacteria are the major factors that influence the classification of CCGs. Nevertheless, few CCGs, which might come from the horizontal gene transfer, were located in the wrong position in phylogenetic tree.