รายการอ้างอิง

1. นายแพทย์สิริฤกษ์ ทรงศิวิไล. 2543. ตับอักเสบจากไวรัส. กรุงเทพ: สำนักพิมพ์บางกอกบล๊อกกรุงเทพ,
2. Srivatanakul P, Parkin DM, Khlat M, Chenvidhya D, Chotiwan P, Insiripong S, L'Abbe KA, Wild CP. Liver cancer in Thailand. II. A case-control study of hepatocellular carcinoma.Int J Cancer 1991;48:329-32.
3. ยง ภู่วรวรรณ.2539.ไวรัสตับอักเสบและการป้องกัน. กรุงเทพ: สำนักพิมพ์ ซัยเจริญ,
4. Alter MJ, Hadler SC, Margolis HS, Alexander WJ, Hu PY, Judson FN, Mares A, Miller JK, Moyer LA.The changing epidemiology of hepatitis B in the United States. Need for alternative vaccination strategies. JAMA 1990 ;263:1218-22
5. Rosenblum L, Darrow W, Witte J, Cohen J, French J, Gill PS, Potterat J, Sikes K, Reich R, Hadler S . Sexual practices in the transmission of hepatitis B virus and prevalence of hepatitis delta virus infection in female prostitutes in the United States.JAMA 1992 ;267:2477-81.
6. พิไลพันธ์ พุธวัฒนะ.ไวรัสวิทยา. กรุงเทพ สำนักพิมพ์ อักษรสมัยกรุงเทพ, 2540: 2.8-2.9.
7. Jean-Jean O, Levrero M, Will H, Perricaudet M, Rossignol JM. Expression mechanism of the hepatitis B virus (HBV) C gene and biosynthesis of HBe antigen.Virology 1989 ;170:99-106.
8. Wang GH, Seeger C.The reverse trancriptase of hapatitis B virus acts as a protien primer for viral DNA synthesis. Cell 1992; 71: 663-70.
9. Truant R, Antunovic J, Greenblatt J, Prives C, Cromlish JA.Direct interaction of the hepatitis B virus HBx protein with p53 leads to inhibition by HBx of p53 response element-directed transactivation.J Virol 1995;69:1851-9.
10. Lindh M, Gonzalez JE, Norkrans G, Horal P. Genotyping of hepatitis B virus by restriction pattern analysis of a pre-S amplicon.J Virol Methods 1998;72:163-74.
11. Kurtz JB, Alder MJ, Mayon-White RT, Juel-Jensen BE, Rodgers TM, Babic GM. Plasma-derived versus recombinant hepatitis B vaccines.Lancet 1989;25:451.
12. Valenzuela P, Medina A, Rutter WJ, Ammerer G, Hall BD. Synthesis and assembly of hepatitis B virus surface antigen particles in yeast. Nature 1982;298:347-50.

13. Machida A, Kishimoto S, Ohnuma H, Baba K, Ito Y, Miyamoto H, Funatsu G,et al. A polypeptide containing 55 amino acid residues coded by the pre-S region of hepatitis B virus deoxyribonucleic acid bears the receptor for polymerized human as well as chimpanzee albumins.Gastroenterology 1984;86:910-8.

14. Willam H.R.Edible Vaccines.Scienctific American:Feature Article :September 2000.

15. Hugh S.Mason,Charles J. Arntzen.Edible vaccines-the future for paeditric vaccines delivery.Vaccines:childen practice1:13-15.

16. Blumberg BS.Australia antigen and the biology of hepatitis B. Science 1977 ;197:17-25.

17. William C, Haward T,Esteban D.Viral genetic variation:hepatitis B virus as a clinical example.LANCET 1993;341:349-353.

18. Yan-Hwa Wu Lee,Yao-Tsung Tung,Szecheng J. Lo.Expression and secretion of Hepatitis B viral surface antigen in *E.coli*.Biochemical and Biophysical Research Communication 1986;135:1042-1049.

19. McAleer WJ, Buynak EB, Maigetter RZ, Wampler DE, Miller WJ, Hilleman MR. Human hepatitis B vaccine from recombinant yeast. Nature 1984;307:178-80.

20. Stanley N Cohen,Annie C.Y. Chang,Leslie HSU.Nonchromosomal antibiotic resistance in bacteria:genetic transformation of *Escheriachai coli* by R-factor DNA.Proc Nat.Acad.Sci.USA1972;69:2110-14.

21. รศ.นพ.ดร.สมชาย จงวุฒิเวศย์. อณูชีววิทยาทางการแพทย์. กรุงเทพมหานคร. สำนักพิมพ์เท็กซ์ แอนด์ เจอร์นัล พับลิเคชั่น, 2541: 82-100.

22. Johson K.S,Harrison G.B.L,Lihttowler M.W,O'Hoy,Cougle W.G,Vaccination againt ovine cysticercosis using a defined recombinantantigen.Nature1989;338:585-87.

23. Charnay P, Gervais M, Louise A, Galibert F, Tiollais P. Biosynthesis of hepatitis B virus surface antigen in Escherichia coli.Nature 1980;28:893-5.

24. Fujisawa Y,Ito Y, Sasada R,Ono Y,Igarashi K, Marumoto R,Kikuchi M, Sugino Y.Direct expression of hepatitis B surface antigen gene in E. coli. Nucleic Acids Res 1983;11:3581-91.

25. Cheol-Young Maeng,Mee Sook oh,Hyo Hong.Purification and structural analysis of the hepatitis B virus PreS1 Expression from *Escherichai coli*.Biochemical and Biophysical research communication 2001;787-792.

26. Maeda F, Nagatsuka Y, Ihara S, Aotsuka S, Ono Y, Inoko H, Takekoshi M. Bacterial expression of a human recombinant monoclonal antibody fab fragment against hepatitis B surface antigen.J Med Virol 1999;58:338-45.

27. Haq TA, Mason HS, Clements JD, Arntzen CJ. Oral immunization with a recombinant bacterial antigen produced in transgenic plants. : Science 1995 ;268:714-6.

28. Mason HS, Lam DM, Arntzen CJ.Expression of hepatitis B surface antigen in transgenic plants. Proc Natl Acad Sci U S A 1992 Dec 15;89(24):11745-9.

29. Thanavala Y, Yang YF, Lyons P, Mason HS, Arntzen C. Immunogenicity of transgenic plant-derived hepatitis B surface antigen. Proc Natl Acad Sci U S A 1995 ;92:3358-61.

30. Ehsani P, Khabiri A, Domansky NN.Polypeptides of hepatitis B surface antigen produced in transgenic potato. Gene 1997 Apr 29;190(1):107-11.

31. ดร.สรวิศ เผ่าทองศุข.สาหร่าย.กรุงเทพ:โรงพิมพ์จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย,2543:7-8.

32. Tsukahara K, Sawayama S, Yagishita T, Ogi T. Effect of Ca^{2+} channel block on glycerol levels in *Dunaliella tertiolecta* under hypoosmotic stress. J Biotechnol 1999;70:223-25.

33. Chalfie M,Tu Y, Euskirchen G, Waed WW, Prasher DC. Green Fluorescent Protien as a marker for gene expression.Science 1994,263:802-805.

34. Hallmann A, Sumper M.Reporter genes and highly regulated promoter as tools for transformation experimemt in *Volvox certeri.* Proc. Natl.Acad. Sci.USA 1994;91:11562-11566.

35. Theamboonlers A, Jantaradsamee P, Kaew-In N, Tangkijvanich P, Hirsch P, Poovorawan Y. The predominant genotypes of hepatitis B virus in Thailand. Ann Trop Med Parasitol 1999 ;93:737-

36. H.C.Brinboim,J.Doly.A rapid alkaline extraction procedure for screening recombinant plasmid DNA.Nucleic Acids Research 1979; 7:1513-1523.

37. Baginski I, Chemin I, Turin F, Pichoud C, Trepo C, Hantz O. Direct cloning and expression of PCR amplified DNA and RNA sequences:application to the hepadnaviruses nucleocapsid proteins. J Virol Methods 1993 May;42(2-3):337-44.

38. สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล,จุรีรัตน์ ผลจันทร์,ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ,เผดิม ระติสุนทร, เสาวนีย์ สุพุทธิธาดา และ เลิศลักษณ์ เงินศิริ. การถ่ายยีนในถั่วเขียว.สถานบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

39. Sambrook J,Fritsch E.F. Manitis T.Molecular Cloning a Laboratory Manual 2nd USA. 1987:18.47-18.48.

40. Edman JC, Hallewell RA, Valenzuela P, Goodman HM, Rutter WJ. Synthesis of hepatitis B surface and core antigens in E. coli. 1981. Biotechnology 1992;24:487-90.

41. Offensperger W,Wahl S, Neurath AR, Price P, StrickN, Kent SB, Christman JK, AcsG.Expression in Escherichia coli of a cloned DNA sequence encoding the pre-S2 region of hepatitis B virus.Proc Natl Acad Sci USA 1985 ;82:7540-4.

42. Lin Y., Liu YX., Cislo T., Mason Bl., Yu MYW. Expression and Characterixation of th PreS1 Peptide of Hepatitis B Surface Antigen in *Escherichia coli.* J Med Virol 1991;33:181-187.

43. Rhyum SB, Jin BR, Park HR, Hong HJ.High level expression of hepatitis B virus preS1 peptide in Escherichia coli. J Biotechnol 1994 ;36:221-30.

44. Prasher DC, Eckenrode VK, Ward WW, Prendergast FG, Cormier MJ. Primary structure of the Aequorea victoria green-fluorescent protein.Gene 1992 ;111:229-33.

45. Anderson J M, Cormier M J.Lumisomes,the Cellular Site of Bioluminescence in Coelenterates.J Biol Chem 1973;248:2937-2943.

ภาคผนวก

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

เทคนิค Molecular

สกัดดีเอ็นเอ(DNA Extraction)

สกัด ดีเอนเอ โดยวิธีphenol-chlorofom ซีรัม 100 ไมโครลิตร ใส่ lysis buffer 400 ul และ proteinase K 10 ul incubate ที่ 50 องศาเซลเซียส 1 ชั่วโมง สกัดด้วย phenol 250 ul และ chlorofom: isoamyl อัตราส่วน 25:24:1 ปริมาตร 250 ul ตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยethanol absolute 2.5 เท่าของปริมาตรที่ incubate ที่ –70 องศาเซลเซียสเป็นเวลา ครึ่งชั่วโมง ปั่น 14000 รอบต่อนาทีอีก 30 นาที ล้าง ด้วย ethanol 70% แล้ว dry โดยใช้ vaccum เป็นเวลา 5 นาทีละลายด้วย 20 ul ของน้ำที่ปราศจากเชื้อ

ตัดผลิตภัณฑ์เพื่อเตรียมเชื่อมเข้ากับเวคเตอร์

1. ด้วย restriction enzyme ประกอบด้วย 1xbuffer ,1xBSA, ,10U Enzyme restriction enzyme ,ดีเอนเอ 10 ไมโครกรัม ปริมาณทั้งหมด 100 ไมโครลิตร

2.incubateที่37 องศาเซลเซียส 4 ชั่วโมง

3.ทำให้บริสุทธิ์ ด้วย phenol-chloroform ตกตะกอนด้วย Isopropanol,10 เท่าของ ammonium acitate ละลายตะกอนด้วย 10 ไมโครลิตรของน้ำปราศจากเชื้อ

การฝากถ่ายดีเอ็นเอเข้าสู่เวคเตอร์

1.เซลล์ *E.coli* โดยแช่เซลล์ที่อยู่ในระยะล็อกเฟส คือเซลล์เจริญเป็นเวลา16ชั่วโมงกับสารละลายแมกนีเซียมคลอไรด์และแคลเซียมคลอไรด์เพื่อให้เซลล์พร้อมที่จะรับดีเอ็นเอ ทำการทดสอบประสิทธิภาพของ competent เซลล์โดยหาค่า โคโลนีที่ขึ้นต่อปริมาณของเวคเตอร์ที่ใช้ (CFU/ug) การฝากถ่ายพลาสมิดเข้าสู่ *E.coli* โดยวิธีของ Cohen และคณะ วิธีการคือดีเอ็นเอที่ต้องการจะถูกนำเข้าสู่เซลล์ระหว่างที่ทีให้อุณหภมิของเชื้อสูงเป็น 42 องศาเซลเซียส 45วินาที แล้วแช่น้ำแข็งทันทีincubateในน้ำแข็งประมาณ 10 นาที

3.ใส่ SOC ปริมาณ 250 ไมโครลิตรแล้ว incubate ที่อุณหภมิ 37 องศาเซลเซียส 2ชั่วโมง

4.กระจายเชื้อบน LB agar (Tryptone 10 g/l,Yeast Extract 5 g/l,NaCl 5 g/l,1.2-1.5% agar) ที่มี Amplicilin ปริมาณ 50 ug/ml[24] โดยใช้ปริมาณ 50,100,200 ไมโครลิตรincubate

5.แยกโคโลนีเดี่ยว นำมาเลี้ยงต่อใน LB broth 50 มิลลิลิตร เลี้ยงที่ 37 องศาเซลเซียสข้ามคืน

สกัดพลาสมิดโดยใช้วิธี Alkaline Extractoin

1.นำเซลล์ที่เลี้ยงข้ามคืนมาปั่น 14000 ที่ 4 องศาเซลเซียส 30 วินาที ดูดส่วนใสทิ้ง ละลายตะกอนด้วย 200 ไมโครลิตร lysozyme (50mM glucose,25mM Tris-HCl,pH8.0,10Mmedta,5 mg/ml lysozyme) 200 ไมโครมิตร alkaline solution (1% SDS,0.2N NaOH)

2.แช่น้ำแข็ง 5 นาที แล้วใส่ 200 ไมโครลิตร Potassium acitate แช่น้ำแข็ง 3นาที

3.ปั่นที่ 14000 รอบต่อนาที ที่4 องศาเซลเซียส 5 นาที

4.ดูดส่วนใสเปลี่ยนใส่หลอดใหม่ ทำให้บริสุทธิ์โดยวิธี phenol-cloroform แล้วตกตะกอนโดยใช้ ethanol และ 3M sodium acitate ละลายตะกอนโดย TE ผสม RNase นำพลาสมิดที่สกัดได้มา run gel

การป้องกันการเชื่อมกันเองของเวคเตอร์

1.การป้องกันการเชื่อมกันเองของเวคเตอร์ โดยการทำ Calf Intestinal Alkaline Phosphatase โดยการดึงหมู่ฟอสเฟตที่ด้าน 5'ออกโดยเตรียมส่วนผสมดังนี้ 1x buffer,Enzyme 10 u,ดีเอ็นเอ,น้ำปราศจากเชื้อ ปริมาณทั้งหมด 100 ไมโครลิตร

2.นำไปincubateที่37 องศาเซลเซียส 1 ชั่วโมง

3.นำไป incubate ต่อที่ 55 องศาเซลเซียส 30 นาที

4.นำไป incubate ที่ 37 องศาเซลเซียส 30 นาที

5.หยุดปฏิกิริยาโดย 10 ไมโครลิตรของ 10% SDS incubateที่ 68 องศาเซลเซียส 15 นาที

6.ทำให้บริสุทธิ์โดยวิธี phenol-chloroform หลังจากนั้นให้นำมาเช็คโดยการ run gel เพื่อดูปริมาณของดีเอ็นเอที่เรามีโดยเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน

การเชื่อมดีเอ็นเอเข้ากับเวคเตอร์

การโคลนยีนโดยพลาสมิด โดยนำ product ที่ได้จาก PCR มาเชื่อมต่อเข้ากับ เวคเตอร์โดยอัตราส่วนต่อ insert DNA เท่ากับ 1ใน 3 ในสารละลาย 10 ไมโครลิตร ที่ประกอบด้วย 6 mMTris-HCl pH 7.5, 6mM $MgCl_2$, 0.1 mg/ml BSA,T4 DNA ligase 4 u incubateที่ 16 องศาเซลเซียส ข้ามคืน

การเตรียมสาร	ส่วนประกอบ
LB broth	piptone 10 g/l Yeast extract 5 g/l NaCl 10 g/l
LB agar	piptone 10 g/l Yeast extract 5 g/l NaCl 10 g/l Agar 1.2%
2% agarose	agarose 2 กรัม ละลายใน 1x TBE ปริมาตร 100 มิลลิลิตร
5XTBE	Tris base 27 g, Boric acid 13.75 g, EDTA 10 ml, เติมน้ำกลั่นจนมีปริมาตร 500 ml

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

CLUSTAL X (1.64b) alignment NUCLEOTIDE CLON-sample

```
CLONE           AGAGGTGCCTCTCCAAAATCGGATCTGGTTCCGCGTGGATCCATGGAGAACATCACATCA
sririwan        ----------------------------------------ATGGAGAACATCGCATCA
                                                         ************ *****

CLONE           GGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCAGGGTTTTTCTCGTTGACAAAAATCCTC
sririwan        GGATCCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCGGGGTTTTTCTTGTTGACAAAAATCCTC
                **** *************************** ********** ****************

CLONE           ACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGAAACACCC
sririwan        ACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGAAACACCC
                ************************************************************

CLONE           GTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCACTCACCAACCTGTTGTCCT
sririwan        GTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCACTCACCAACCTGTTGTCCT
                ************************************************************

CLONE           CCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCATCTTCCTCTGCATC
sririwan        CCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCATCTTCCTCTGCATC
                ************************************************************

CLONE           CTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGGGGGTTCTTCTGGACTATCAAGGTATGTTGCCCGTT
sririwan        CTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTGGACTATCAAGGTATGTTGCCCGTT
                ************************  ********************************

CLONE           TGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCATGCAAAACCTGCACGATT
sririwan        TGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCATGCAAAACCTGCACGATT
                ************************************************************

CLONE           CCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACAAAACCTACGGACGGAAAC
sririwan        CCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACAAAACCTACGGACGGAAAC
                ************************************************************

CLONE           TGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAATACCTATGGGAGTGGGCC
sririwan        TGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAATACCTATGGGAGTGGGCC
                ************************************************************

CLONE           TCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTTCAGTGGTTCGTAGGGCTT
sririwan        TCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTTCAGTGGTTCGTAGGGCTT
                ************************************************************

CLONE           TCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTTTGGGGGCCAAGTCTGTAC
sririwan        TCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTTTGGGGGCCAAGTCTGTAC
                ************************************************************

CLONE           AACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTTTGTCTTTGGGTATACATT
sririwan        AACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTTTGTCTTTGGGTATACATT
                ************************************************************

CLONE           TAA
sririwan        TAA
                ***
```

```
CLUSTAL X (1.64b) adr and clon

adr             ----------------------------------------ATGGAGAACACAACATCA
CLONE           AGAGGTGCCTCTCCAAAATCGGATCTGGTTCCGCGTGGATCCATGGAGAACATCACATCA
                                                         **********  ******

adr             GGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCGGGGTTTTTCTTGTTGACAAGAATCCTC
CLONE           GGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCAGGGTTTTTCTCGTTGACAAAAATCCTC
                ********************************* ********** ******** *******

adr             ACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGGAGCACCC
CLONE           ACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGAAACACCC
                ****************************************************** * *****

adr             ACGTGTCCTGGCCCAAATTCGCAGTCCCCAACCTCCAATCACTCACCAACCTCTTGTCCT
CLONE           GTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCACTCACCAACCTGTTGTCCT
                  ***** ***** ************** ** ***** ************** *******

adr             CCAATTTGTCCTGGCTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCATATTCCTCTTCATC
CLONE           CCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCATCTTCCTCTGCATC
                *****  ******* ********************************** ******* ****

adr             CTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTGGACTACCAAGGTATGTTGCCCGTT
CLONE           CTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGGGGGTTCTTCTGGACTATCAAGGTATGTTGCCCGTT
                ************************  *************** ******************

adr             TGTCCTCTACTTCCAGGAACATCAACTACCAGCACGGGACCATGCAAGACCTGCACGATT
CLONE           TGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCATGCAAAACCTGCACGATT
                ********* ******** ** **** ******** ********** ************

adr             CCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCCTGTTGCTGTACAAAACCTTCGGACGGAAAC
CLONE           CCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACAAAACCTACGGACGGAAAC
                ****************************** ****************** ***********

adr             TGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCCTGGGCTTTCGCAAGATTCCTATGGGAGTGGGCC
CLONE           TGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAATACCTATGGGAGTGGGCC
                ************************** ************* ** ****************

adr             TCAGTCCGTTTCTCCTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTTCAGTGGTTCGTAGGGCTT
CLONE           TCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTTCAGTGGTTCGTAGGGCTT
                ************** ********************************************

adr             TCCCCCACTGTTTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTATTGGGGGCCAAGTCTGTAC
CLONE           TCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTTTGGGGGCCAAGTCTGTAC
                *********** ************************** ******************

adr             AACATCTTGAGTCCCTTTTTACCTCTATTACCAATTTTCTTTTGTCTTTGGGTATACATT
CLONE           AACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTTTGTCTTTGGGTATACATT
                ****************** **** ** ********************************

adr             TGA
CLONE           TAA
                * *
```

```
CLUSTAL X (1.64b)  sequence alignment do00630-sample

sample          ATGGAGAACATCGCATCAGGATCCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCGGGGTTTTTC
adr             ATGGAGAACACAACATCAGGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCGGGGTTTTTC
                **********   ********* ************************************

sample          TTGTTGACAAAAATCCTCACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAAT
adr             TTGTTGACAAGAATCCTCACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAAT
                ********** ************************************************

sample          TTTCTAGGGGAAACACCCGTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCAC
adr             TTTCTAGGGGGAGCACCCACGTGTCCTGGCCCAAATTCGCAGTCCCCAACCTCCAATCAC
                ********** * *****  ***** ***** ************** ** ***** ****

sample          TCACCAACCTGTTGTCCTCCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTT
adr             TCACCAACCTCTTGTCCTCCAATTTGTCCTGGCTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTT
                ********** ************  ******* ****************************

sample          ATCATCTTCCTCTGCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTGGACTAT
adr             ATCATATTCCTCTTCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTGGACTAC
                ***** ******* ********************************************

sample          CAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCA
adr             CAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCTCTACTTCCAGGAACATCAACTACCAGCACGGGACCA
                **************************** ******** ** **** ******** ******

sample          TGCAAAACCTGCACGATTCCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACA
adr             TGCAAGACCTGCACGATTCCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCCTGTTGCTGTACA
                ***** ****************************************** ************

sample          AAACCTACGGACGGAAACTGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAA
adr             AAACCTTCGGACGGAAACTGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCCTGGGCTTTCGCAAGA
                ****** ************************************ ************** *

sample          TACCTATGGGAGTGGGCCTCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTT
adr             TTCCTATGGGAGTGGGCCTCAGTCCGTTTCTCCTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTT
                * ********************************** ****************************

sample          CAGTGGTTCGTAGGGCTTTCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTT
adr             CAGTGGTTCGTAGGGCTTTCCCCCACTGTTTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTAT
                ***************************** ***************************** *

sample          TGGGGGCCAAGTCTGTACAACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTT
adr             TGGGGGCCAAGTCTGTACAACATCTTGAGTCCCTTTTTACCTCTATTACCAATTTTCTTT
                ************************************ **** ** ***************

sample          TGTCTTTGGGTATACATTTAA
adr             TGTCTTTGGGTATACATTTGA
                ******************* *
```

CLUSTAL X (1.64b) amino acid CLON9-DOOO630

```
protein             --------------METENTASGFLGPLLVLQAGFFLLTRILTIPQSLDSWWTSLNFLGG
PROTIEN             RGASPKSDLVPRGSMETENITSGFLGPLLVLQAGFFSLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
                           ***** :*************** **:******************

protein             APTCPGQNSQSPTSNHSPTSCPPIC--PGYRWMETCLRRFIIFLFILLLCLIFLLVLLDY
PROTIEN             TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLGVLLDY
                    :*.* ******  *.****.***:   ********************* ********* *****

protein             HGMETLPVCPLLPGTSTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPSDGNCTCIPIPSSW
PROTIEN             QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
                    :**********:**::*********************************:************

protein             AFARFLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWSVGLSPTVWLSVIWMETMETWYWGPSLYNILSPF
PROTIEN             AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
                    ***::********************* ********************:************

protein             LPLLPIFFCLWVYISTPTLIKPND
PROTIEN             IPLLPIFFCLWVYISTP-------
                    :*****************
```

CLUSTAL X (1.64b) alignment PROTIEN CLONE and Sample

```
PROTIENSIRIWAN      --------------METENIASGSLGPLLVLQAGFFLLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
PROTIEN             RGASPKSDLVPRGSMETENITSGFLGPLLVLQAGFFSLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
                           ******:** ************ ************************

PROTIENSIRIWAN      TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLLVLLDY
PROTIEN             TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLGVLLDY
                    ********************************************************* *****

PROTIENSIRIWAN      QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
PROTIEN             QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
                    ************************************************************

PROTIENSIRIWAN      AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
PROTIEN             AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
                    ************************************************************

PROTIENSIRIWAN      IPLLPIFFCLWVYISTP
PROTIEN             [illegible]
```

```
CLUSTAL X (1.64b)   amino acid ADR and SIRIWAN

protein             METENTASGFLGPLLVLQAGFFLLTRILTIPQSLDSWWTSLNFLGGAPTCPGQNSQSPTS
PROTIENSIRIWAN      METENIASGSLGPLLVLQAGFFLLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGETPVCLGQNSQSQIS
                    ***** *** ***************:******************** :*.* ******  *

protein             NHSPTSCPPIC--PGYRWMETCLRRFIIFLFILLLCLIFLLVLLDYHGMETLPVCPLLPG
PROTIENSIRIWAN      SHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLLVLLDYQGMETLPVCPLIPG
                    .****.***:   ***************** ***************:***********:**

protein             TSTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPSDGNCTCIPIPSSWAFARFLWEWASVRF
PROTIENSIRIWAN      STTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSWAFAKYLWEWASVRF
                    ::*******************************:****************::*********

protein             SWLSLLVPFVQWSVGLSPTVWLSVIWMETMETWYWGPSLYNILSPFLPLLPIFFCLWVYI
PROTIENSIRIWAN      SWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPFIPLLPIFFCLWVYI
                    ************ ********************:************:*************

protein             STPTLIKPND
PROTIENSIRIWAN      STP-------
                    ***
```

```
CLUSTAL X (1.64b) alignment PROTIEN CLONE and Sample

PROTIENSIRIWAN      --------------METENIASGSLGPLLVLQAGFFLLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
PROTIEN             RGASPKSDLVPRGSMETENITSGFLGPLLVLQAGFFSLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
                           ******:** ************ ************************

PROTIENSIRIWAN      TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLLVLLDY
PROTIEN             TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLGVLLDY
                    ************************************************** *****

PROTIENSIRIWAN      QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
PROTIEN             QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
                    ************************************************************

PROTIENSIRIWAN      AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
PROTIEN             AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
                    ************************************************************

PROTIENSIRIWAN      IPLLPIFFCLWVYISTP
PROTIEN             IPLLPIFFCLWVYISTP
                    ****************
```

CLUSTAL X (1.64b) alignmentCLONE pBIS and sample

```
PBIS            ----------------------------------------ATGGAGAACACAACATCA
CLONE           AGAGGTGCCTCTCCAAAATCGGATCTGGTTCCGCGTGGATCCATGGAGAACATCACATCA
                                                         **********  ******

PBIS            GGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCAGGGTTTTTCTCGTTGACAAAAATCCTC
CLONE           GGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCAGGGTTTTTCTCGTTGACAAAAATCCTC
                ************************************************************

PBIS            ACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGAAACACCC
CLONE           ACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGAAACACCC
                ************************************************************

PBIS            GTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCACTCACCAACCTGTTGTCCT
CLONE           GTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCACTCACCAACCTGTTGTCCT
                ************************************************************

PBIS            CCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCATCTTCCTCTGCATC
CLONE           CCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCATCTTCCTCTGCATC
                ************************************************************

PBIS            CTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGGGGGTTCTTCTGGACTATCAAGGTATGTTGCCCGTT
CLON            CTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGGGGGTTCTTCTGGACTATCAAGGTATGTTGCCCGTT
                ************************************************************

PBIS            TGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCATGCAAAACCTGCACGATT
CLNE            TGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCATGCAAAACCTGCACGATT
                ************************************************************

PBIS            CCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACAAAACCTACGGACGGAAAC
CLONE           CCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTCCTGTACAAAACCTACGGACGGAAAC
                ************************************************************

PBIS            TGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAATACCTATGGGAGTGGGCC
CLONE           TGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAATACCTATGGGAGTGGGCC
                ************************************************************

PBIS            TCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTTCAGTGGTTCGTAGGGCTT
CLONE           TCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTG TTCAGTGGTTCGTAGGGCTT
                ************************************************************

PBIS            TCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTTTGGGGGCCAAGTCTGTAC
CLONE           TCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTTTGGGGGCCAAGTCTGTAC
                ************************************************************

PBIS            AACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTTTGTCTTTGGGTATACATT
CLONE           AACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTTTGTCTTTGGGTATACATT
                ************************************************************

PBIS            TAA
CLON            TAA
```

CLUSTAL X (1.64b) alignment PBIS and adr

```
PBIS        ATGGAGAACACAACATCAGGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCAGGGTTTTTC
adr         ATGGAGAACACAACATCAGGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCGGGGTTTTTC
            ************************************************* *********

PBIS        TCGTTGACAAAAATCCTCACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAAT
adr         TTGTTGACAAGAATCCTCACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAAT
            * ******** ************************************************

PBIS        TTTCTAGGGGAAACACCCGTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCAC
adr         TTTCTAGGGGGAGCACCCACGTGTCCTGGCCCAAATTCGCAGTCCCCAACCTCCAATCAC
            ********** * *****  ***** ***** ************** ** ***** ****

PBIS        TCACCAACCTGTTGTCCTCCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTT
adr         TCACCAACCTCTTGTCCTCCAATTTGTCCTGGCTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTT
            ********** ************  ******* ****************************

PBIS        ATCATCTTCCTCTGCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGGGGGTTCTTCTGGACTAT
adr         ATCATATTCCTCTTCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTGGACTAC
            ***** ******* ****************************  ***************

PBIS        CAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCA
adr         CAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCTCTACTTCCAGGAACATCAACTACCAGCACGGGACCA
            **************************** ******** ** **** ******** ******

PBIS        TGCAAAACCTGCACGATTCCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACA
adr         TGCAAGACCTGCACGATTCCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCCTGTTGCTGTACA
            ***** ****************************************** ************

PBIS        AAACCTACGGACGGAAACTGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAA
adr         AAACCTTCGGACGGAAACTGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCCTGGGCTTTCGCAAGA
            ****** ************************************ ************* *

PBIS        TACCTATGGGAGTGGGCCTCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTT
adr         TTCCTATGGGAGTGGGCCTCAGTCCGTTTCTCCTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTT
            * ****************************** ****************************

PBIS        CAGTGGTTCGTAGGGCTTTCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTT
adr         CAGTGGTTCGTAGGGCTTTCCCCCACTGTTTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTAT
            ****************************** ***************************** *

PBIS        TGGGGGCCAAGTCTGTACAACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTT
adr         TGGGGGCCAAGTCTGTACAACATCTTGAGTCCCTTTTTACCTCTATTACCAATTTTCTTT
            ************************************ **** ** ***************

PBIS        TGTCTTTGGGTATACATTTAA
adr         TGTCTTTGGGTATACATTTGA
            ******************* *
```

```
CLUSTAL X (1.64b) multiple sequence alignment

PBIS            ATGGAGAACACAACATCAGGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCAGGGTTTTTC
sample          ATGGAGAACATCGCATCAGGATCCCTAGGACCCCTGCTCGTGTTACAGGCGGGGTTTTTC
                **********   ********* *************************** *********

PBIS            TCGTTGACAAAAATCCTCACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAAT
sample          TTGTTGACAAAAATCCTCACAATACCACAGAGTCTAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAAT
                * ************************************************************

PBIS            TTTCTAGGGGAAACACCCGTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCAC
sample          TTTCTAGGGGAAACACCCGTGTGTCTTGGCCAAAATTCGCAGTCCCAAATCTCCAGTCAC
                ************************************************************

PBIS            TCACCAACCTGTTGTCCTCCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTT
sample          TCACCAACCTGTTGTCCTCCAATGGGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTT
                ************************************************************

PBIS            ATCATCTTCCTCTGCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGGGGGTTCTTCTGGACTAT
sample          ATCATCTTCCTCTGCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTGGACTAT
                ****************************************** ***************

PBIS            CAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCA
sampl           CAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCTCTAATTCCAGGATCAACAACAACCAGCACCGGACCA
                ************************************************************

PBIS            TGCAAAACCTGCACGATTCCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACA
samle           TGCAAAACCTGCACGATTCCTGCTCAAGGAACCTCTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACA
                ************************************************************

PBIS            AAACCTACGGACGGAAACTGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAA
sample          AAACCTACGGACGGAAACTGCACTTGTATTCCCATCCCATCATCTTGGGCTTTCGCAAAA
                ************************************************************

PBIS            TACCTATGGGAGTGGGCCTCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTT
sampl           TACCTATGGGAGTGGGCCTCAGTCCGTTTCTCTTGGCTCAGTTTACTAGTGCCATTTGTT
                ************************************************************

PBIS            CAGTGGTTCGTAGGGCTTTCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTT
samle           CAGTGGTTCGTAGGGCTTTCCCCCACTGTCTGGCTTTCAGTTATATGGATGATGTGGTTT
                ************************************************************

PBIS            TGGGGGCCAAGTCTGTACAACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTT
sample          TGGGGGCCAAGTCTGTACAACATCTTGAGTCCCTTTATACCGCTGTTACCAATTTTCTTT
                ************************************************************

PBIS            TGTCTTTGGGTATACATTTAA
sample          TGTCTTTGGGTATACATTTAA
                **********************
```

CLUSTAL X sequence alignment protein pBIS-sample

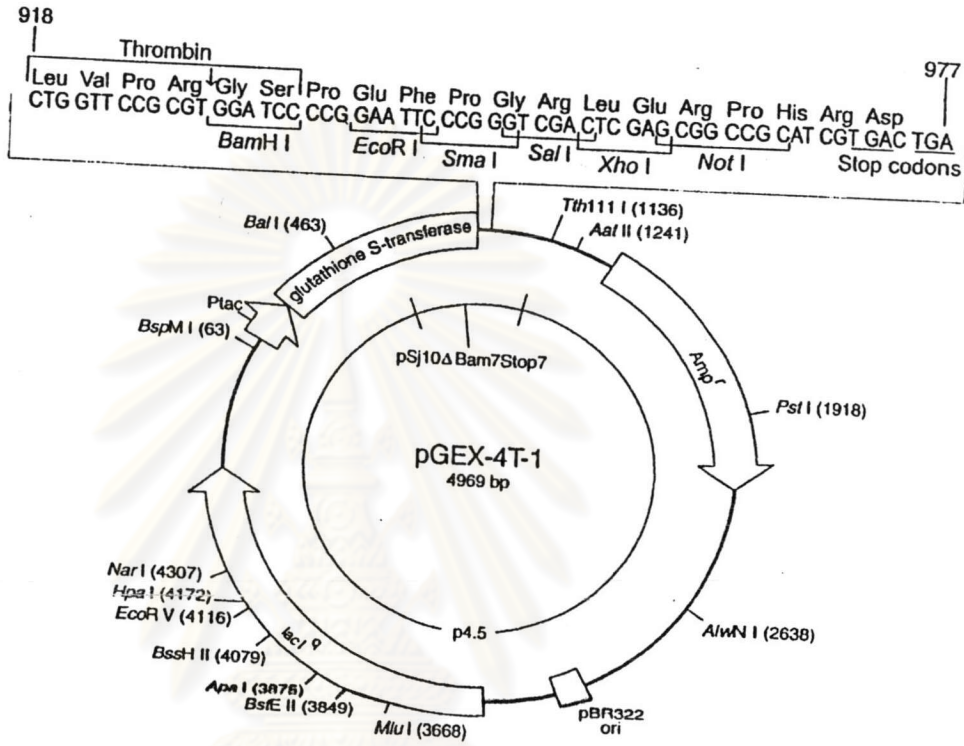
```
PBISPRO             --------------METENTTSGFLGPLLVLQAGFFSLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
PROTIENSIRIWAN      --------------METENIASGSLGPLLVLQAGFFLLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
                                 ***** :** ************ ************************

PBISPRO             TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLGVLLDY
PROTIENSIRIWAN      TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLLVLLDY
                    ************************************************** *****

PBISPRO             QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
PROTIENSIRIWAN      QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
                    ************************************************************

PBISPRO             AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
PROTIENSIRIWAN      AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
                    ************************************************************

PBISPRO             IPLLPIFFCLWVYISTP
PROTIENSIRIWAN      IPLLPIFFCLWVYISTP
                    *****************
```

CLUSTAL X (1.64b) sequence alignment protien pBIS-clone *E.coli*

```
PBISPRO         --------------METENTTSGFLGPLLVLQAGFFSLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
PROTIEN         RGASPKSDLVPRGSMETENITSGFLGPLLVLQAGFFSLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
                          ***** ****************************************

PBISPRO         TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLGVLLDY
PROTIEN         TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLGVLLDY
                ************************************************************

PBISPRO         QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
PROTIEN         QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
                ************************************************************

PBISPRO         AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
PROTIEN         AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
                ************************************************************

PBISPRO         IPLLPIFFCLWVYISTP
PROTIEN         IPLLPIFFCLWVYISTP
                *****************
```

```
CLUSTAL X (1.64b)  sequence alignment protein pBIS-D000630

PBISPRO         --------------METENTTSGFLGPLLVLQAGFFSLTKILTIPQSLDSWWTSLNFLGE
protien         --------------METENTTSGFLGPLLVLQAGFFLLTRILTIPQSLDSWWTSLNFLGG
                              ********************** **:******************

PBISPRO         TPVCLGQNSQSQISSHSPTCCPPMETGPGYRWMETCLRRFIIFLCILLLCLIFLGVLLDY
protien         APTCPGPNSQSPTSNHSPTSCPPIC--PGYRWMETCLRRFIIFLFILLLCLIFLLVLLDY
                :*.* * ****  *.****.***:   ********************* ********* *****

PBISPRO         QGMETLPVCPLIPGSTTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPTDGNCTCIPIPSSW
protien         QGMETLPVCPLLPGTSTTSTGPCKTCTIPAQGTSMETFPSCCCTKPSDGNCTCIPIPSSW
                ***********:**::*******************************:************

PBISPRO         AFAKYLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWFWGPSLYNILSPF
protien         AFARFLWEWASVRFSWLSLLVPFVQWFVGLSPTVWLSVIWMETMETWYWGPSLYNILSPF
                ***::*****************************************:************

PBISPRO         IPLLPIFFCLWVYISTP
protien         LPLLPIFFCLWVYISTP
                :*****************
```

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



พลาสมิด pGEX

- ยีนต้านแอมพิซิลิน
- มีส่วนเริ่มในการจำลองตัวเอง
- โปรตีนเชื่อมซึ่งสามารถแยกออกได้โดยนำ trombin trotease

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นางสาวพจชนาถ จันทรัศมี เกิดวันที่ 25 กันยายน พ.ศ. 2517 ที่อำเภอเมือง จังหวัดสงขลา สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีชีววิทยา จากคณะวิทยาศาสตร์มหาวิทยาลัยรามคำแหง ในปีการศึกษา 2539 และเข้าศึกษาต่อระดับวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต หลักสูตรวิทยาศาสตร์การแพทย์ คณะแพทย์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย เมื่อ พ.ศ. 2545

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย