ABSTRACT

ภาษาไทย:

ยุงก้นปล่องเป็นพาหะสำคัญของมาลาเรียในคน ในการศึกษาครั้งนี้ได้ทำการวิเคราะห์โปรตีนของต่อมน้ำลายของยุงเพศเมีย 5 ชนิด ที่เป็นสมาชิกของยุงกลุ่มซับซ้อน *Anopheles barbirostris* ได้แก่ *Anopheles campestris*-like (Chiang Mai strain), *Anopheles barbirostris* species A1, A2, A3, และ A4 โดยวิธี Sodium dodecyl sulphate polyacrylamide gel eletrophoresis (SDS-PAGE), Two-dimensional gel electrophoresis (2-DE), และ nanoLC-MS การวิเคราะห์ด้วย SDS-PAGE แสดงให้เห็นว่า มีโปรตีนหลักอย่างน้อย 8 แถบและโปรตีนย่อยอีกหลายแถบ ในต่อมน้ำลายของยุงแต่ละชนิด ซึ่งในแต่ละส่วนของต่อมน้ำลายของยุงพบว่า มีโปรตีนหลักแตกต่างกัน รูปแบบของแถบโปรตีนบนเจล SDS-PAGE สามารถแยกชนิดของยุงในกลุ่มซับซ้อนนี้ได้ ความแตกต่างของโปรตีนหลักระหว่างยุงแต่ละชนิดพบในโปรตีนที่มีน้ำหนักระหว่าง 40-48 กิโลดาลตัน 32-37 กิโลดาลตันและ 10-18 กิโลดาลตัน ไม่พบความแตกต่างของรูปแบบของแถบโปรตีนในยุงที่มีรูปแบบโครโมโซมแตกต่างกัน รูปแบบของแถบโปรตีนที่มีหลายรูปแบบพบในยุงชนิด A4 เท่านั้น แถบโปรตีนหลักที่มีน้ำหนักต่ำสุดของยุงแต่ละชนิด (แถบโปรตีนเครื่องหมาย) มีการเคลื่อนที่ที่แตกต่างกันอย่างชัดเจนในบนเจล SDS-polyacrylamide การวิเคราะห์ด้วย nanoLC-MS พบว่า แถบโปรตีนเครื่องหมายนั้นตรงกับโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการกินเลือด gSG6 ของ *Anopheles gambiae* และ *Anopheles freeborni* การวิเคราะห์ด้วย 2-DE แสดงให้เห็นว่า มีโปรตีนหลักอย่างน้อย 14 จุด และโปรตีนย่อยอีกหลายจุดในต่อมน้ำลายของยุงแต่ละชนิด อย่างไรก็ตาม จำนวนโปรตีนหลักที่สามารถบ่งชี้ได้โดยวิธี nanoLC-MS มีจำนวนน้อยกว่าครึ่งหนึ่ง แฟมิลี่ของโปรตีนหลัก 4 แฟมิลี่ที่พบในต่อมน้ำลายของยุงทั้ง 5 ชนิด ได้แก่ apyrase/5'-nucleotidase, anti-platelet (GE-rich/30 kDa), D7/D7-related, และ gSG6 โปรตีนที่พบและ/หรือบ่งชี้ได้ด้วยวิธีการเหล่านี้ สามารถนำไปศึกษาในด้านกลยุทธ์ที่พัฒนาเพื่อควบคุมเชื้อที่ทำให้เกิดโรคและการติดต่อของโรค นอกจากนี้ ข้อมูลแผนที่ 2D ของโปรตีนในต่อมน้ำลายของยุงเพศเมีย อาจจะเป็นประโยชน์ในการสร้างเครื่องมือช่วยในกาแยกชนิดของสมาชิกในยุงกลุ่มซับซ้อนนี้

ภาษาอังกฤษ:

Anopheline mosquitoes are the exclusive vectors of human malaria. In this study, the salivary gland proteins of female mosquitoes of the five sibling species in the *Anopheles barbirostris* complex, i.e., *Anopheles campestris*-like (Chiang Mai strain), *Anopheles barbirostris* species A1, A2, A3, and A4 were analyzed by Sodium dodecyl sulphate polyacrylamide gel eletrophoresis (SDS-PAGE), Two-dimensional gel electrophoresis (2-DE), and nanoLC-MS. SDS-PAGE analysis showed that at least eight major and several minor protein bands were detected in the glands of each species, of which each morphological region contained different major proteins. The protein profiles on SDS-PAGE gels distinguished the five sibling species. The variability in major proteins among species was observed in the 40-48 kilodalton (kDa), 32-37 kDa and 10-18 kDa ranges. No difference in protein profiles was found in different cytogenetic forms. Polymorphism of the protein profiles within species was only noted in species A4. The lowest major protein (marker) band of each species showed remarkably different relative mobility on SDS-polyacrylamide gels. NanoLC-MS analysis revealed that the marker protein of some species matched with a protein involving in blood feeding, gSG6, of *Anopheles gambiae* and *Anopheles freeborni*. Two-dimensional gel electrophoresis analysis revealed that at least 14 major and several minor protein spots were detected in the female salivary glands of each species. However, less than half of numbers of the major protein spots of each species were identified by nanoLC-MS. Four protein families were found in the salivary glands of the five sibling species including apyrase/5'-nucleotidase, anti-platelet (GE-rich/30 kDa), D7/D7-related, and gSG6. Proteins detected and/or identified by these approaches could be tested in strategies developed to control pathogen and disease transmission. Moreover, the information of the 2D maps of the female salivary gland proteins might be useful for construction of an additional tool to distinguish species members in the complex.