บทที่ 4

อภิปรายและสรุปผลการทดลอง

4.1 อภิปรายผลการทดลอง

การศึกษาการตอบสนองต่อเกลือของแบคทีเรีย ได้มีการพัฒนาเทคนิคต่างๆสำหรับศึกษาการเปลี่ยนแปลงของกระบวนการทางชีวเคมีภายในเซลล์ของแบคทีเรียเมื่ออยู่ในสภาวะที่มีเกลือ โปรติโอมิกส์เป็นเทคนิคหนึ่งที่มีประสิทธิภาพในการศึกษาการเปลี่ยนแปลงดังกล่าว โดยสามารถตรวจวัดระดับความแตกต่างของการแสดงออกของโปรตีน เมื่อแบคทีเรียอยู่ในสภาวะที่มีเกลือทำให้สามารถเข้าใจถึงกลไกหรือกระบวนการตอบสนองต่อเกลือของแบคทีเรียได้ดี งานวิจัยนี้จึงใช้เทคนิคโปรติโอมิกส์ในการศึกษาการตอบสนองต่อเกลือของเชื้อ *D. abyssi* โดยการศึกษามีวัตถุประสงค์คือ ดูรูปแบบการแสดงออกของโปรตีนใน *D. abyssi* เมื่ออยู่ในสภาวะที่มีเกลือ

ก่อนการวิเคราะห์รูปแบบการแสดงออกของโปรตีนจาก *D. abyssi* ด้วยเทคนิคโปรติโอมิกส์ได้มีการทดสอบการตอบสนองต่อเกลือของ *D. abyssi* ด้วยการเลี้ยงเชื้อแบคทีเรียในอาหารเหลว NB โดยแบ่งการเลี้ยงออกเป็นสองกลุ่ม คือ กลุ่มที่เลี้ยงในอาหาร NB ที่ไม่มีเกลือให้เป็นชุดควบคุม และ กลุ่มที่เลี้ยงในอาหาร NB ที่เติมเกลือ 5% จากการสังเกตการตอบสนองต่อเกลือของ *D. abyssi* แล้วพบว่าในสภาวะที่มีเกลือ *D. abyssi* มีการเจริญเติบโตดีกว่าในสภาวะที่ไม่มีเกลืออย่างเห็นได้ชัด ในระยะ log phase (ช่วงชั่วโมงที่ 6-12 ของการเลี้ยงเชื้อ) ดังแสดงในตาราง 3.1 และ รูป 3.1 หลังจากการทดสอบการตอบสนองต่อเกลือของ *D. abyssi* จึงศึกษารูปแบบการแสดงออกของโปรตีนใน *D. abyssi* ด้วยวิธี 2DE เพื่อวิเคราะห์หาโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการตอบสนองต่อเกลือ สำหรับรูปแบบของโปรตีนที่นำมาศึกษานั้นได้จากการเลี้ยงเชื้อที่มีอายุ 8 ชั่วโมงจากทั้งสองภาวะ เนื่องจากเชื้อที่มีอายุ 8 ชั่วโมงนี้จะจัดอยู่ในระยะที่เรียกว่า mid log phase ซึ่งเป็นช่วงที่เชื้อแบ่งตัวรวดเร็วในอัตราที่คงที่ คือ การแบ่งเซลล์แต่ละครั้งจะใช้เวลาเท่าๆกัน ระยะนี้อัตราการเจริญมากที่สุดเซลล์ว่องไวที่สุด สารอาหารจะถูกนำไปใช้อย่างมากและรวดเร็ว การแบ่งเซลล์จะสัมพันธ์

กับการสังเคราะห์โพรโทพลาซึม และกิจกรรมทางเคมีของเชื้อแบคทีเรีย จำนวนแบคทีเรียจะเพิ่มขึ้นเป็นสองเท่า ซึ่งเป็นการบ่งบอกถึงการสังเคราะห์โปรตีนว่ามีมากที่สุด

ในส่วนของการสกัดโปรตีน *D. abyssi* เป็นเชื้อที่มีความทนทานต่อสภาพแวดล้อมที่เลวร้าย เนื่องจากเป็นเชื้อแบคทีเรียที่มีความสามารถในการทนต่อความดันถึง 40 MPa อุณหภูมิหนาวเย็น และสภาวะที่มีเกลือได้(Pathom-aree *et al.*, 2006) ในการสกัดจึงต้องใช้ grinding kit เพื่อช่วยในการสกัดเอาโปรตีนออกจากเซลล์ของแบคทีเรียโดยอาศัย ความคมของเม็ดเรซินและสากพลาสติกบด ซึ่งจะทำให้เกิดแรงเฉือนทำให้ผนังเซลล์ของ *D. abyssi* เกิดการฉีกขาด เนื่องจากเซลล์ของ *D. abyssi* มีความทนทานมากต่อความดันและอุณหภูมิต่างๆตามคุณสมบัติของเชื้อที่กล่าวไว้ข้างต้น การทดลองนี้จำเป็นต้องทำการเลี้ยงเชื้อแบคทีเรียในสภาวะที่ไม่มีเกลือมากกว่าแบคทีเรียที่อยู่ในสภาวะที่มีเกลือ โดยเลี้ยงแบคทีเรียในสภาวะที่ไม่มีเกลือจำนวน 6 flask และแบคทีเรียในสภาวะที่มีเกลือ 2 flask เนื่องจากการคำนึงถึงปริมาณโปรตีนที่ได้ ถึงอย่างไรก็ตามเชื้อที่อยู่ในสภาวะที่มีเกลือสามารถโปรตีนออกมาได้มากกว่าเชื้อที่อยู่ในสภาวะที่ไม่มีเกลือดังแสดงในตาราง 3.2

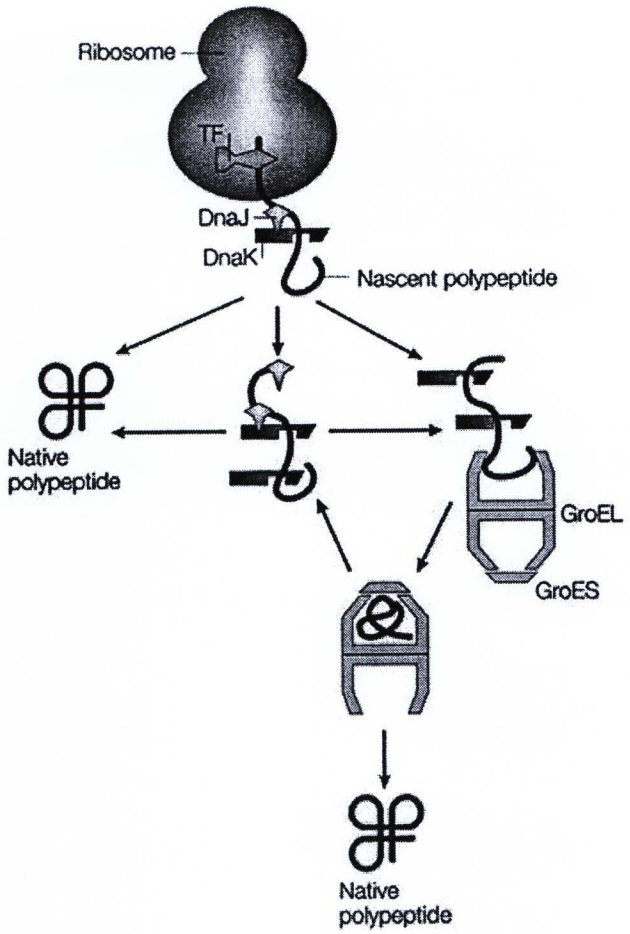
หลังการสกัดโปรตีนนำมาแยกโปรตีนในมิติที่ 1 โดยแยกตามค่า pI ของโปรตีนซึ่งโปรตีนแต่ละชนิดจะมีค่า pI ที่แตกต่างกันในการแยกครั้งแรกใช้ IPG strip 3-10 NLขนาด 7 เซนติเมตร พบว่าไม่สามารถแยกจุดของโปรตีนได้ดีเท่าที่ควรโดยจุดของโปรตีนส่วนใหญ่ไปหยุดรวมกันอยู่ในช่วง pH ที่ 4-7 แสดงในรูป 3.2 ซึ่งจะส่งผลต่อการตัดจุดโปรตีนเพื่อไปวิเคราะห์หาชนิดของโปรตีน ดังนั้นจึงจำเป็นต้องใช้ IPG strip 4-7 L ขนาด 7 เซนติเมตรพบว่าสามารถแยกโปรตีนได้ดีขึ้นอย่างชัดเจนดังรูป 3.3 หากต้องการเพิ่มประสิทธิภาพในการแยกโปรตีนให้ดีขึ้นควรใช้ IPG strip ที่มีขนาดยาวขึ้นคือ 4-7 L ขนาด 13 เซนติเมตร นอกจากนี้ยังจะส่งผลการแยกในมิติที่ 2 คือ SDS-PAGE อีกด้วยในการจะใช้ IPG strip ที่มีขนาดใหญ่ต้องคำนึงถึงปริมาณของโปรตีนที่นำมาทำการแยกด้วย ซึ่งโดยปกติ IPG strip ขนาด 7 เซนติเมตร จะให้ปริมาณโปรตีน 60 ไมโครกรัม แต่ IPG strip ขนาด 13 เซนติเมตร ต้องใช้ถึง 120 ไมโครกรัม ดังนั้นถ้าต้องการใช้ IPG strip ขนาด 13 เซนติเมตรควรเลี้ยงเชื้อแบคทีเรียให้ได้จำนวนเซลล์ของแบคทีเรียให้มากขึ้น

เมื่อวิเคราะห์รูปแบบของโปรตีนที่สกัดได้จาก *D. abyssi* ที่เลี้ยงในสภาวะที่มีเกลือ 5% และสภาวะที่ไม่มีเกลือ พบว่าโปรตีนส่วนใหญ่มีการแสดงออกอยู่ในช่วง pI 4.00-6.88 และ มีน้ำหนักโมเลกุล (MW) ระหว่าง 97-14.4 kDa จากการเปรียบเทียบรูปแบบการแสดงออกของโปรตีนที่ได้

จาก *D. abyssi* ที่เลี้ยงใน NB ที่เติมเกลือ 5% พบว่า มีการเปลี่ยนแปลงการแสดงออกของโปรตีนทั้งหมด 94 จุดโดยเพิ่มขึ้น 32 ลดลง 14 และเกิดขึ้นใหม่ 48 จุด เมื่อเปรียบเทียบกับ รูปแบบของโปรตีนที่ได้จาก *D. abyssi* ที่เลี้ยงใน NB ที่ไม่ได้เติมเกลือ ซึ่งจากผลการทดลองที่แสดงใน ตาราง 3.1 และรูป 3.1 ว่า *D. abyssi* มีความสามารถในทนอยู่ในสถาวะที่มีเกลือได้จึงมีความเป็นไปได้ที่โปรตีนเหล่านี้จะเกี่ยวข้องกับกลไกตอบสนองต่อเกลือของ *D. abyssi*

สำหรับการวิเคราะห์ชนิดของโปรตีนเลือกใช้การวิเคราะห์ด้วย MALDI-ToF MS ซึ่งได้ผลออกมาเป็นค่า peptide mass fingerprint (PMF) ที่เป็นค่าเฉพาะของโปรตีนแต่ละชนิด ค่า PMF ที่ได้จะนำมาสืบค้นหาชนิดของโปรตีนในฐานข้อมูลของ NCBI จึงได้เลือกจุดโปรตีนรวมทั้งหมด 12 จุด แสดงดังรูป 3.3 โดยพิจารณาจาก ขนาดของจุดโปรตีน ระยะห่างของจุดโปรตีนที่สนใจกับจุดโปรตีนชนิดอื่น ระดับการแสดงออกของโปรตีนที่ความแตกต่างอย่างชัดเจน และค่า student T test โดยเป็นจุดที่มีการแสดงออก เพิ่มขึ้น 7 จุด เกิดขึ้นใหม่ 4 จุด และลดลง 1 จุด

จากการวิเคราะห์ชนิดของโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการตอบสนองที่ทำให้ *D. abyssi* มีความสามารถในการทนต่อเกลือพบว่าสามารถสรุปชนิดและหน้าที่ของโปรตีนได้ 9 จุดจากการวิเคราะห์ทั้งหมด 12 จุด โดยจุดที่ 1 (spot ID 677) พบว่ามีการแสดงเพิ่มมากขึ้น 1.33 เท่าในสภาวะที่มีเกลือ ซึ่งพบว่าเป็น chaperone protein DnaK (Hsps70) ที่มีค่า pI 4.71 และ MW 67.13 kDa เป็นโปรตีนในกลุ่ม heat shock ซึ่งทำหน้าที่ในการช่วยพับงอโปรตีนให้อยู่ในลักษณะที่ทำงานได้ นอกจากนี้ยังมีหน้าที่ในการทำให้โปรตีนที่เสื่อมสภาพกลับมาอยู่ในลักษณะเดิมเพื่อทำให้โปรตีนชนิดนั้นๆทำหน้าที่ในกระบวนการทางชีวเคมีได้ตามปกติ ในสภาวะเครียดจากสภาพแวดล้อม เช่น ความร้อน ความเย็น และในสภาวะที่มีการเปลี่ยนแปลงความดันอันเกิดจากเกลือ เป็นต้น (Duché *et al.*, 2002) นอกจากนี้ยังพบว่า DnaK ยังทำงานร่วมรวมกับโปรตีนโมเลกุลอื่นในกลุ่ม heat shock โปรตีนด้วยกัน เช่น DnaJ (Hsps40) ดังแสดงในรูป 4.1

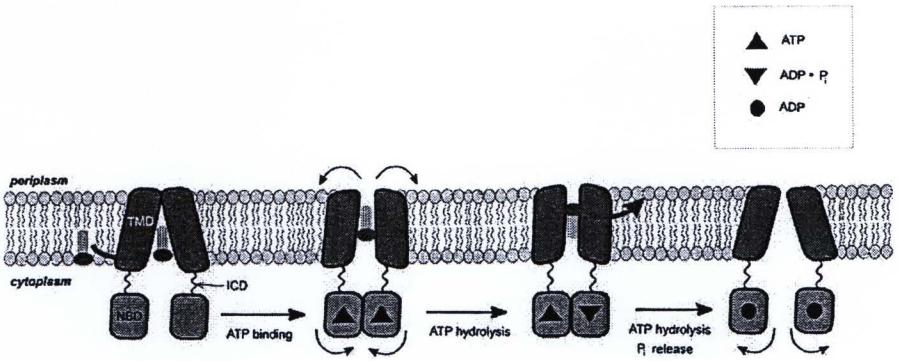


รูป 4.1 การทำงานร่วมกันระหว่าง DnaK (Hsps70) กับ DnaJ (Hsps40)

ที่มา: Jason และคณะ (2004)

ในส่วนของจุดโปรตีนที่ 2 (spot ID 699) เป็นจุดที่มีการแสดงออกมากขึ้น พบว่าเป็น urea ABC transporter, ATP-binding protein UrtE มีค่ามวลโมเลกุล 84.25 kDa และ pI 6.20 ABC transporter หรือ ATP-binding cassette transporter เป็นโปรตีนที่อยู่ตรงผนังเซลล์ของแบคทีเรียและสิ่งมีชีวิตชนิดอื่นๆซึ่งมีหน้าที่ในการขนส่งสารเข้าออกเซลล์ ได้แก่ mono และ oligosaccharides organic และ inorganic ions, amino acids, peptides, metals, polyamine cations, opines, และ vitamins โดยอาศัยพลังงานจากการ hydrolysis ของ ATP (Alaimo *et al.*, 2006) นอกจากนั้นยังมีความจำเป็นต่อการดำรงชีวิตของแบคทีเรียทั่วไป โดยมีหน้าที่ช่วยในการนำสารเข้าออกเซลล์ตลอดจนช่วยรักษาความดันภายในเซลล์อีกด้วย (Davidson *et al.*, 2008) ในการจัดจำแนกชนิดของ ABC transporter นั้นจัดแบ่งได้ตามลักษณะของ domain ของ ATP-binding cassette (รูป 4.2) ใน

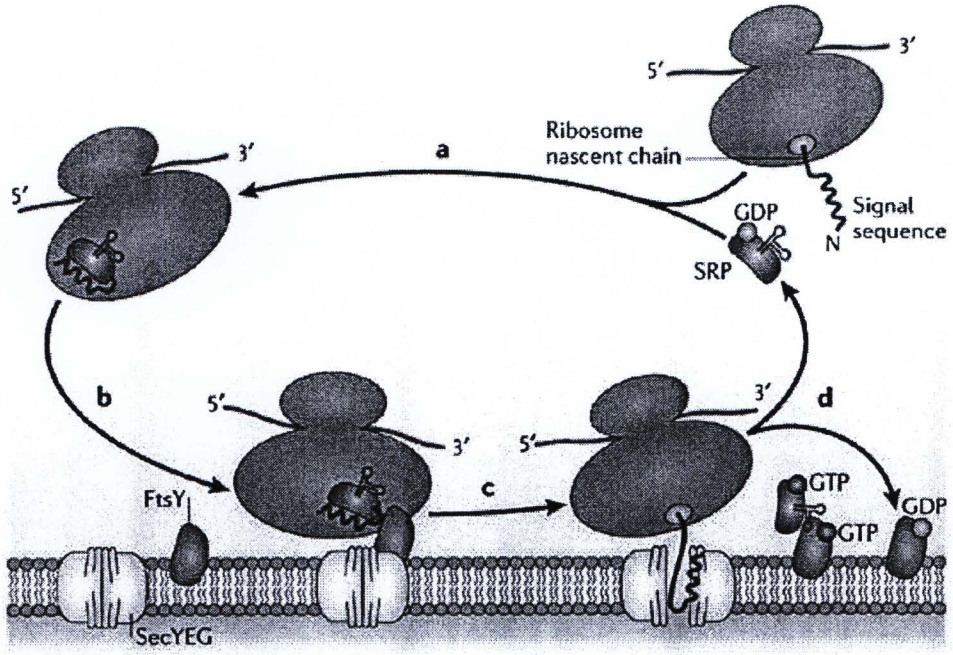
กรณีของโปรตีนจุดนี้เป็น ABC transporter ที่มี ATP-binding cassette ที่มีความจำเพาะกับสารในกลุ่ม urea เมื่ออยู่ในสภาวะที่มีเกลือทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงความเข้มข้นของเกลือภายในและนอกเซลล์จึงส่งผลทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงความดัน *D. abyssi* จึงมีการแสดงออกของ urea ABC transporter มากขึ้นเพื่อให้เกิดความสมดุลของความดันของนอกและในเซลล์ (Saier, 2000)



รูป 4.2 ตัวอย่างการทำหน้าที่นำสารออกนอกเซลล์ของ ATP-binding cassette transporter (ABC transporter)

ที่มา: Hollenstein และคณะ (2007)

โปรตีนจุดที่ 3 (ID 709) signal recognition particle protein มีค่า pI 8.97 และ MW 55.21 kDa พบว่ามีการแสดงออกเพิ่มมากขึ้น 5.03 เท่าในสภาวะที่มีเกลือของ *D. abyssi* มีหน้าที่นำโปรตีนที่ถูกสังเคราะห์จากไรโบโซมมายังผนังเซลล์ของแบคทีเรียเพื่อปล่อยโปรตีนออกสู่นอกเซลล์ (Sonja *et al.*, 2002) โดยเมื่อไรโบโซมทำการสังเคราะห์โปรตีน signal recognition particle protein จะจับสายของโปรตีนด้วยการจับกับ signal peptide ที่อยู่ในสายของโปรตีนจากนั้น signal recognition particle protein ก็จะนำเคลื่อนที่ไปยัง signal recognition particle protein receptor ที่อยู่ที่ผนังเซลล์ของแบคทีเรีย ต่อจากนั้นสายของโปรตีนก็จะถูกส่งออกสู่นอกเซลล์ดังรูป 4.3



รูป 4.3 วิถีการทำงานของ signal recognition particle protein.

ที่มา: Sonja-Verena Albers และคณะ (2004)

ในกรณีของการทดลองนี้น่าจะเป็นอีกหนึ่งจุดของโปรตีนที่ทำการช่วยเหลือในการขนส่งโปรตีนเพื่อเป็นการช่วยในการรักษาความสมดุลความดันของเซลล์ทั้งนี้ยังคงต้องมีการศึกษาต่อไปในกรณีของการทำงานของ signal recognition particle proteinในสภาวะที่มีเกลือ

โปรตีนจุดที่ 4 (ID 799) คือ oligoribonuclease มีค่าpI 5.04 และ MW 28.79 kDa เป็นโปรตีนที่ส่วนเกี่ยวข้องกับกระบวนการย่อยสลายของ mRNA (Ghosh and Deutscher, 1999) สำหรับการทดลองนี้พบว่ามีการแสดงออกของโปรตีนชนิดนี้ในสภาวะที่มีเกลือเท่านั้น ซึ่งเป็นไปได้ว่าจะทำหน้าที่ในการย่อยสลาย mRNA ที่ไม่จำเป็นต่อการดำรงชีวิตในสภาวะที่มีเกลือ

โปรตีนจุดที่ 5 (ID 892) พบว่ามีการแสดงออกของโปรตีนจุดนี้เฉพาะในสภาวะที่มีเกลือจากการวิเคราะห์มีค่า pI 5.87และ MW 9.70 kDa ใกล้เคียงกับลักษณะของ 50S ribosomal protein L29 ซึ่งเป็นหน่วยย่อยของไรโบโซม (Bruce and Robert, 2001) แต่ในความเป็นจริงโปรตีนนี้ควรจะมีการแสดงออกในทั้งสองสภาวะเนื่องเป็นโปรตีนที่มีความสำคัญในการดำรงชีวิตของเชื้อแบคทีเรียทั่วๆไป อย่างไรก็ตามจุดโปรตีนดังกล่าวมีค่า MASCOT score และขนาดของโปรตีนค่อนข้างต่ำ อาจมีความผิดพลาดในการบ่งชี้โปรตีน

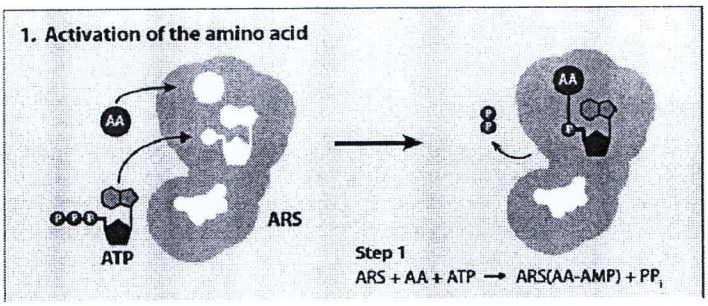
จากการวิเคราะห์ของจุดโปรตีนที่ 6 (spot ID 896) พบว่ามีการแสดงออกของโปรตีนจุดนี้ในสภาวะที่มีเกลือเท่านั้น โดยผลวิเคราะห์ได้เป็น glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.17) มีค่า pI 5.74 และ มวลโมเลกุล 47.59 kDa ซึ่งเป็นเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์โปรตีนภายในเซลล์ โดยองค์ประกอบที่สำคัญสำหรับการสังเคราะห์โปรตีนอย่างหนึ่งคือ tRNA จากการพิจารณาโครงสร้าง พบว่ากรดอะมิโนไม่สามารถจับกับโคดอนบน mRNA ได้โดยตรง ในปี ค.ศ. 1958 Francis Crick ได้เสนอว่ามี adaptor molecule เป็นตัวกลางเชื่อมระหว่างกรดอะมิโนและโคดอนบน mRNA ระหว่างกระบวนการสังเคราะห์โปรตีน ซึ่งภายหลังพบว่า adaptor molecule นี้เป็น tRNA ซึ่ง tRNA แต่ละชนิดจะจับกับกรดอะมิโนที่จำเพาะ ในการจับกับของกรดอะมิโนกับ tRNA นั้นอาศัยการเกิดปฏิกิริยาสองขั้นตอน โดยอาศัยเอนไซม์ที่จำเพาะตัวเดียวกับกรดอะมิโนคือ aminoacyl - tRNA synthetase ปฏิกิริยาแรกกรดอะมิโนจะถูกกระตุ้นด้วย aminoacyl - tRNA synthetase โดยอาศัยพลังงานจาก ATP ขั้นตอนที่สองกรดอะมิโนที่ถูกกระตุ้นแล้วและยังอยู่ในเอนไซด์จะจับกับ tRNA ที่จำเพาะกัน ความจำเพาะระหว่างกรดอะมิโนและ tRNA จะมีเอนไซม์ aminoacyl - tRNA synthetase เป็นตัวกำหนด (หัทยา กาวีวงศ์, 2546) ในกรณีของการทดลองนี้ aminoacyl - tRNA synthetase จะจำเพาะกับกรดอะมิโนที่ชื่อ กลูตามิก ปฏิกิริยาการเชื่อมต่อกรดอะมิโนเข้ากับ tRNA สรุปได้ดังนี้

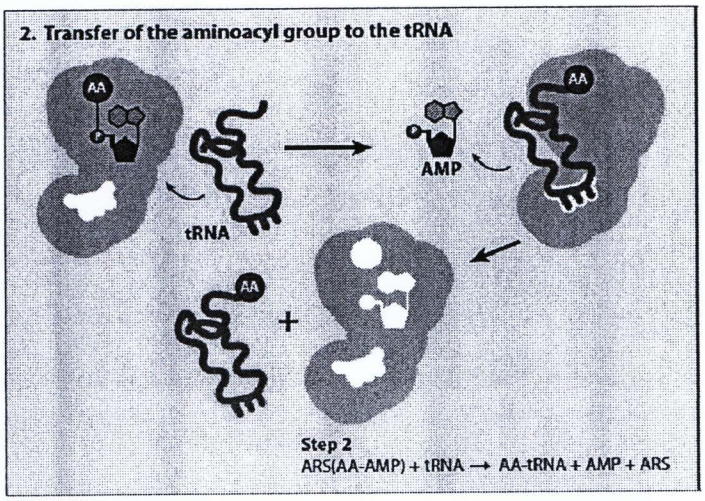
<u>ขั้นตอนที่ 1</u>:

$$\text{Amino acid} + \text{ATP} + \text{enzyme} \longrightarrow \text{enzyme-(aminoacyl-AMP)} + \text{PPi}$$

<u>ขั้นตอนที่ 2</u>:

$$\text{tRNA} + \text{enzyme-(aminoacyl-AMP)} \longrightarrow \text{aminoacyl-tRNA} + \text{AMP} + \text{enzyme}$$





รูป 4.4 กระบวนการทำงานของ aminoacyl- tRNA synthetase

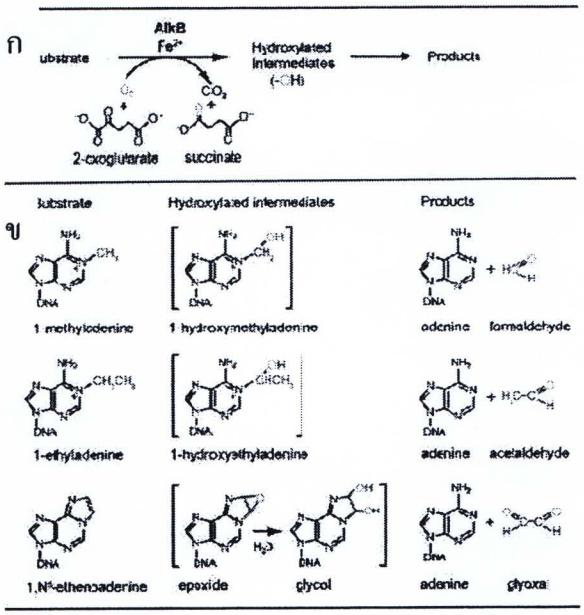
ที่มา: Antonellis และ Green (2008)

จากระดับของการแสดงออกของโปรตีน Shamseldin และ คณะ (2006) รายงานว่าใน *Rhizobium etli* ที่เจริญได้ในสภาวะที่มีเกลือมีการแสดงออกของเอนไซม์กลุ่มเดียวกันคือ aminoacyl- tRNA synthetase แต่มีความจำเพาะสำหรับอะมิโน ไอโซลิวซีน ซึ่งคิดว่า เอนไซม์กลุ่มดังกล่าวน่าจะมีประโยชน์สำหรับการสังเคราะห์โปรตีนเพื่อสร้างสารที่ใช้ควบคุมแรงดันของเซลล์หรือสารที่ใช้ในการขนส่งสารออกสู่นอกเซลล์เพื่อทำให้แบคทีเรียสามารถดำรงชีวิตอยู่ได้ในสภาวะที่มีเกลือ

โปรตีนจุดที่ 7 (ID 957) คือ monooxygenase FAD-binding protein มีค่า pI 5.42 และ MW 52.22 kDa จากการค้นคว้าพบว่าโปรตีนดังกล่าว มีหน้าที่ในการกำจัดสารที่ไม่ใช่สารอาหารหรือเป็นสารในกลุ่ม xenobiotic ซึ่งมีอันตรายของเซลล์ โดยการนำออกซิเจนอะตอม เข้าไปจับกับสารที่เป็นอันตรายต่อเซลล์ทำให้สารดังกล่าวมีความสามารถในการละลายน้ำได้สูงขึ้น(Eswaramoorthy *et al.*, 2006) ทำให้สามารถขนส่งสารออกจากเซลล์ทำให้เกิดสมดุลของแรงดันในและนอกเซลล์ของ

แบคทีเรีย ดังนั้นจึงคิดว่าโปรตีนจุดดังกล่าวทำหน้าที่ในการดึงเอาอิเล็กตรอนหรือโปรตอนจาก FAD เพื่อใช้ในการเติมประจุให้ของเสียในเซลล์ซึ่งมีความสามารถในการละลายน้ำได้ต่ำทำให้สามารถละลายน้ำได้สูงขึ้นแล้วจึงขนส่งสารออกสู่นอกเซลล์เพื่อเป็นการรักษาระดับความดันในเซลล์เพื่อดำรงชีวิตให้อยู่ในสภาวะที่มีเกลือได้

สำหรับโปรตีนจุดที่ 8 (ID 972) มีค่าpI 7.02 และ Mw 22.78 kDa ใกล้เคียงกับ alkylated DNA repair protein ซึ่งเป็นโปรตีนที่มีหน้าที่เกี่ยวข้องกับการซ่อมแซมDNA เนื่องจากสารที่มีหมู่ alkyl เติมลงในเบสบนสาย DNA สำหรับการทำงานของโปรตีนกลุ่มนี้ จะเกิดปฏิกิริยาย้อนกลับโดยการเอาหมู่ alkyl บนเบสออก ด้วยการอาศัย Fe^{2+} เป็น cofactor และ O_2 สารตั้งต้นร่วม ทำให้แบคทีเรียเกิดการกลายพันธุ์น้อยลง



รูป 4.5 การทำงานของ alkylated DNA repair protein โดยมี Fe^{2+} เป็น cofactor และ O_2 เป็น สารตั้งต้นร่วม (ก) ตัวอย่างของอะดินินที่ถูกเติมด้วยหมู่ alkyl และการซ่อมแซมด้วย alkylated DNA repair protein (ข)

ที่มา: Sedgwick และคณะ (2007)

ในส่วนของจุดโปรตีนที่เหลือคือ จุดโปรตีน ID 1084 1133 1174 และ 1204 เมื่อทำการค้นหาจากฐานข้อมูลแล้ว พบว่าเป็น hypothetical protein ซึ่งยังไม่ทราบถึงชนิดแล้วหน้าที่ ในขณะเดียวกันยังมีจุดของโปรตีนที่มีระดับการแสดงออกที่แตกต่างกันระหว่างโปรตีนที่ได้จากสภาวะที่มีเกลือกับสภาวะที่ไม่มีเกลือ ซึ่งในการทดลองควรนำจุดโปรตีนดังกล่าวมาทำการวิเคราะห์ด้วย หากไม่มีข้อจำกัดเรื่องงบประมาณ เพื่อบ่งบอกถึงกลไกมาตอบสนองต่อเกลือของเชื้อ *D. abyssi* ได้อย่างชัดเจน

4.2 สรุปผลการทดลอง

จากการทดลองการตอบสนองต่อเกลือของ *D. abyssi* พบว่าในสภาวะที่มีเกลือ 5% *D. abyssi* มีการเจริญเติบโตมากกว่าสภาวะที่ไม่มีเกลืออย่างเห็นได้ชัดจากช่วงการเจริญเติบโตที่ log phase แสดงถึงความสามารถในการทนอยู่ในสภาวะที่มีเกลือได้ของ *D. abyssi*

จากการวิเคราะห์ชนิดของโปรตีนในการตอบสนองต่อเกลือของ *D. abyssi* พบว่าในสภาวะที่มีเกลือมีรูปแบบการแสดงออกของโปรตีนเปลี่ยนแปลงจำนวนมากเมื่อเปรียบเทียบกับรูปในการแสดงออกของโปรตีนในสภาวะที่ไม่มีเกลือ ซึ่งในส่วนของโปรตีนที่นำไปวิเคราะห์จัดอยู่ในกลุ่ม stress โปรตีน ได้แก่ DnaK ซึ่งทำหน้าที่ในการช่วยรักษาสภาพของโปรตีนชนิดอื่น alkylated DNA repair protein ช่วยซ่อมแซม DNA โปรตีนเกี่ยวกับการขนส่งสารเข้าออกเซลล์ได้แก่ urea ABC transporter ATP-binding protein UrtE, signal recognition particle protein เป็นต้น และโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับขบวนการสังเคราะห์โปรตีนได้แก่ glutamyl-tRNA synthetase, 50S ribosomal protein L29

อย่างไรก็ตาม หากจะทราบถึงกลไกการตอบสนองต่อเกลือของแบคทีเรีย *D. abyssi* ที่แน่ชัดจำเป็นต้องวิเคราะห์จุดของโปรตีนที่มีการเปลี่ยนแปลงจำนวนมากกว่านี้