

ภาษาไทย:

ริ้นดำ *Simulium nodosum* เป็นหนึ่งในพาหะที่คาดว่าจะเป็นโรคราฟิลาเรียในสัตว์ที่พบในประเทศไทย การกัดของริ้นดำยังเป็นสาเหตุของการสูญเสียเลือดในบริเวณที่ถูกกัด และยังก่อให้เกิดอาการแพ้เฉพาะที่ได้ นอกจากนี้ความรู้ความเข้าใจในแง่ของชีววิทยาของริ้นดำยังมีอยู่น้อย ในการศึกษาครั้งนี้ จึงทำการวิเคราะห์ทรานสคริปโตมและโปรตีโอมของผลผลิตจากต่อมน้ำลายของริ้นดำ *S. nodosum* เพศเมีย โดยได้สุ่มเลือกโคโลนีที่มาจากต่อมน้ำลายจำนวน 128 โคโลนี ไปทำการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ และจัดกลุ่มตามค่าความเหมือนของแต่ละสายนิวคลีโอไทด์ ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 36 กลุ่ม ทั้งนี้ยังจัดกลุ่มตามประเภทของโปรตีนที่คาดว่าได้จากการแปลรหัสของสายนิวคลีโอไทด์ดังกล่าว เป็น 4 ประเภทได้แก่ โปรตีนที่ถูกหลั่งออกมา โปรตีนที่เกี่ยวกับเซลล์ โปรตีนที่ไม่ทราบชื่อแต่พบในฐานข้อมูลทางด้านพันธุกรรม และโปรตีนที่ไม่พบในฐานข้อมูลทางด้านพันธุกรรม โดยมีสายนิวคลีโอไทด์จำนวน 7 กลุ่ม ที่เมื่อถอดรหัสแล้วได้โปรตีนที่จัดอยู่ในประเภทโปรตีนที่ถูกหลั่งออกมา ซึ่งมีบทบาทเกี่ยวกับกระบวนการแข็งตัวของเลือด ปฏิกริยาระหว่างโฮสต์กับโปรตีน การหลั่งและการกินอาหาร มีสายนิวคลีโอไทด์จำนวน 9 กลุ่ม ที่เมื่อถอดรหัสแล้วได้โปรตีนที่จัดอยู่ในประเภทโปรตีนที่เกี่ยวกับเซลล์ ซึ่งทำหน้าที่เกี่ยวกับการสังเคราะห์โปรตีน การเจริญเติบโต และหน้าที่อื่นที่เกี่ยวกับเซลล์ นอกจากนี้ยังมีสายนิวคลีโอไทด์อีก 15 กลุ่ม และ 5 กลุ่ม ซึ่งเมื่อถอดรหัสแล้วพบว่าเป็นโปรตีนที่ไม่ทราบชื่อแต่พบในฐานข้อมูลทางพันธุกรรม และโปรตีนที่ไม่พบในฐานข้อมูลทางพันธุกรรม ตามลำดับ จากการวิเคราะห์ด้วย SDS-PAGE พบว่าในต่อมน้ำลายริ้นดำเพศเมียนีมีแถบโปรตีนหลัก 7 แถบ และยังมีแถบโปรตีนย่อยอีกหลายแถบ แต่อย่างไรก็ตามการหาลำดับกรดอะมิโนส่วนปลายด้านอะมิโนของแถบโปรตีนหลักนั้น ไม่ได้ลำดับกรดอะมิโนที่เป็นประโยชน์ ผลที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ ทำให้ได้ข้อมูลพื้นฐานทางด้านอนุชีววิทยา สำหรับการนำไปใช้ศึกษาบทบาทที่เป็นไปได้ของผลผลิตจากต่อมน้ำลายของ *S. nodosum*

ภาษาอังกฤษ:

Simulium nodosum black fly is one of suspected vectors of veterinary filariasis in Thailand. Their bites cause bleeding at the sites and local hypersensitivity reactions. Little is known about molecular aspects of its biology. In this study, transcriptomic and proteomic analyses were performed on the salivary gland products of female *S. nodosum*. A total of 128 randomly selected, salivary gland-derived cDNAs were sequenced and assembled based on their identity into 36 clusters. The putative translated proteins were classified into four categories: secreted proteins, cellular proteins, conserved unknown proteins, and unknown proteins. Seven clusters encoded probably secreted proteins involving homeostasis, host interaction, lubricating and feeding. Nine clusters encoded cellular proteins associated with protein synthesis, signal transduction and other cellular function. Fifteen and five clusters encoded conserved unknown proteins and unknown proteins, respectively. SDS-PAGE analysis revealed that at least 7 major and several minor protein bands were found in the female salivary glands. However, amino-terminal sequencing of some major protein bands did not yield useful amino acid sequences. These results obtained in this study provide basic information of molecular biology for further study of possible role of these salivary gland products in *S. nodosum*.