

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ : MRG5980010

ชื่อโครงการ : การระบุและการศึกษาหน้าที่ของอาร์เอ็นเอขนาดเล็กที่เกี่ยวข้องกับภูมิคุ้มกันใน
กิ้งก่ามกกราบ

ชื่อนักวิจัย และสถาบัน : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อำนาจ เพชรรุ่งนภา

ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

อีเมล : amnatpht@gmail.com

ระยะเวลาโครงการ : 2 ปี 6 เดือน

บทคัดย่อ :

งานวิจัยนี้ต้องการศึกษาความสัมพันธ์ของ miRNAs กับการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันผ่าน PRR-signaling pathway ในกิ้งก่ามกกราบ (*Macrobrachium rosenbergii*) ผู้วิจัยทำการวิเคราะห์ miRNAs ในกิ้งที่ถูกฉีดด้วย NaCl (กลุ่ม C), LPS และ poly IC (กลุ่ม ic) เพื่อระบุชนิดของ miRNAs ที่ตอบสนองต่อการกระตุ้นภูมิคุ้มกัน ผลการทดลองพบว่าจากลำดับทั้งหมด 19,157,854, 13,916,666 และ 32,346,034 clean reads ที่พบใน C, LPS และ IC libraries มีลำดับที่มีขนาด 18-32 นิวคลีโอไทด์เป็นจำนวน 509,371, 451,521 และ 888,863 unique sequences ตามลำดับ หลังจากเปรียบเทียบลำดับดังกล่าวกับฐานข้อมูล miRBase พบว่าสามารถระบุชนิดของ miRNAs ได้ 1,723, 1,580 และ 1,933 ชนิดใน C, LPS และ IC libraries ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์การแสดงออกของ miRNAs พบว่ามี miRNAs 173 ชนิดที่แสดงออกมากขึ้นอย่างมีนัยยะสำคัญและ 234 ชนิดที่แสดงออกลดลงอย่างมีนัยยะสำคัญในกิ้งที่ฉีดกระตุ้นด้วย LPS และมี miRNAs 450 ชนิดที่แสดงออกมากขึ้นอย่างมีนัยยะสำคัญและ 314 ชนิดที่แสดงออกลดลงอย่างมีนัยยะสำคัญในกิ้งที่ฉีดกระตุ้นด้วย poly IC เมื่อคัดเลือก miRNAs 4 ชนิดมาตรวจยืนยันการแสดงออกด้วย stem-loop qPCR พบว่า การแสดงออกของ miRNAs ที่ตรวจสอบด้วย stem-loop qPCR นั้นสอดคล้องกับผลที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วย high-throughput sequencing และยังเป็นที่น่าสนใจว่า miRNAs ที่มีการแสดงออกเปลี่ยนแปลงไปเหล่านี้หลายชนิดมีรายงานว่ามีความเกี่ยวข้องกับระบบภูมิคุ้มกันแบบไม่จำเพาะ การระบุยีนเป้าหมายของ miRNAs เหล่านี้จะทำให้องค์ความรู้เกี่ยวกับความสัมพันธ์ของ miRNAs กับการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันผ่าน PRR-signaling pathway ในกิ้งก่ามกกราบมีความชัดเจนมากยิ่งขึ้น

คำหลัก : กิ้งก่ามกกราบ ไมโครอาร์เอ็นเอ ระบบภูมิคุ้มกันแบบไม่จำเพาะ

Abstract

Project Code : MRG5980010

Project Title : Genome-wide identification and functional characterization of the immune-related microRNAs from the giant freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii*

Investigator : Assistant Professor Dr. Amnat Phetrungnapha
Department of Biochemistry, Faculty of Medical Science, Naresuan University

E-mail Address : amnatpht@gmail.com

Project Period : 2 years 6 months

Abstract:

This study aimed to elucidate the relationship of miRNAs and immune response mediated by PRR-signaling pathway in the giant freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii*. To identify the immune-related miRNA, we conducted a miRNAs analysis on the hepatopancreas of *M. rosenbergii* injected with NaCl (C), LPS, and poly IC (IC). In total 19,157,854, 13,916,666, and 32,346,034 clean reads representing 509,371, 451,521, and 888,863 unique sequences of 18-32 nt length were obtained from the C, LPS and IC libraries, respectively. After comparing the miRNA sequences with the miRBase database, 1,723, 1,580, and 1,933 known mature miRNAs were identified from the C, LPS and IC libraries, respectively. Differential expression analysis revealed that 173 miRNAs were up-regulated significantly and 234 miRNAs were down-regulated significantly upon LPS, and 450 miRNAs were up-regulated significantly and 314 miRNAs were down-regulated significantly upon poly IC. Then, four differentially expressed miRNAs upon LPS and poly IC were selected for validation by stem-loop qPCR. The expression trend of most the miRNAs from stem-loop qPCR were consistent with the high-throughput sequencing data. Interestingly, several differentially expressed miRNAs were reported to be involved in innate immune response. Identification of the target genes of these miRNAs will provide better understanding in the relationship of miRNAs and immune response in prawn.

Keywords : miRNA, LPS, poly IC, innate immune response, giant freshwater prawn