

บทคัดย่อภาษาไทย

Project code : PDF/02/2541

Project Title : ลำดับนิวคลีโอไทด์ของพาราไทรอยด์ฮอร์โมนในไพรเมท:จากลิงโลกใหม่ถึงลิงโลกเก่า

Investigators : ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย และ Primate

Research Institute, Kyoto University, Inuyama, Aichi, 484, Japan

E-mail address : Suchinda.M@chula.ac.th

Project Period : 1 ปี

Objects : เพื่อศึกษาหาข้อมูลพื้นฐานของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนของพาราไทรอยด์ฮอร์โมนในสัตว์กลุ่มไพรเมทตั้งแต่ลิงโลกใหม่ถึงลิงโลกเก่า และหาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของสัตว์ในกลุ่มไพรเมทจากข้อมูลที่ได้

Methodology : ศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 550 คู่เบสของพาราไทรอยด์ฮอร์โมน (PTH) ในสัตว์กลุ่มไพรเมท 9 ชนิดจากดีเอ็นเอทั้งสองสายโดยวิธี direct sequencing ซึ่งดีเอ็นเอสายเดียวเตรียมโดยใช้ streptavidin magnetic beads (Dyna beads) และ biotinylated primer จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ไปอนุมานหาลำดับกรดอะมิโน และนำทั้งลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนที่ได้ไปหาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ โดยวิธี parsimony

Results : พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของ PTH gene ประกอบด้วย intron ที่มี 103 คู่เบส ที่แยก exon ออกเป็น 2 ส่วน ซึ่งเมื่อถอดและแปลรหัสจะได้เปปไทด์ prepro และ PTH เปปไทด์ prepro-PTH ที่ได้ประกอบด้วยกรดอะมิโน 25 ตัว ของ “pre-sequence” กรดอะมิโน 6 ตัว ของ “pro-sequence” และกรดอะมิโน 84 ตัว ของ “PTH” จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเชิงวิวัฒนาการโดยอาศัยลำดับนิวคลีโอไทด์พบว่าสามารถแบ่งสัตว์กลุ่มไพรเมท 9 ชนิด ออกได้เป็น 5 กลุ่ม คือ ลิงมาโมเสท-ทามารินและลิงโลกใหม่, ลิงโลกเก่า, ชะนี, อูรังอุตัง และชิมแพนซี แต่เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเชิงวิวัฒนาการโดยอาศัยลำดับกรดอะมิโนพบว่าสามารถแบ่งสัตว์กลุ่มไพรเมท 9 ชนิด ออกได้เป็น 4 กลุ่ม คือ ลิงมาโมเสท-ทามารินและลิงโลกใหม่, ลิงโลกเก่า, ชะนี (lesser apes) และ ลิงเอพใหญ่ (great apes) และเมื่อเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนที่ได้ในลิงกลุ่มต่าง ๆ กับคน พบว่ามีกรดอะมิโนจำนวน 8/6/5, 3/3/3, 1 และ 1/0 ตัวที่แตกต่างกัน ตามลำดับ

Discussion Conclusion : จากการศึกษาในครั้งนี้สามารถสรุปได้ว่าพาราไทรอยด์ฮอร์โมนเป็นฮอร์โมนนอร์มัลที่มีการเปลี่ยนแปลงน้อยมากในสัตว์อันดับไพรเมท โดยเฉพาะอย่างยิ่งระหว่างลิงชิมแพนซีและคนที่ไม่พบการเปลี่ยนแปลงเลย และในการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเชิงวิวัฒนาการของไพรเมทโดยใช้ PTH gene พบว่าสามารถใช้จัดจำแนกได้ในระดับวงศ์เท่านั้น

Suggestions/ Further Implication/ Implementation : จากข้อมูลนี้อาจกล่าวได้ว่าลิงเอพเป็นสัตว์ที่เหมาะสมที่สุดที่จะใช้เป็นสัตว์ทดลองในการศึกษาเกี่ยวกับ bone metabolism โดยเฉพาะอย่างยิ่งในกรณีที่ต้องการข้อมูลที่สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในทางการแพทย์ได้ทันที

Key words : พาราไทรอยด์ฮอร์โมน, ลำดับนิวคลีโอไทด์, ลำดับกรดอะมิโน, ไพรเมท

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ

Project code : PDF/02/2541

Project Title : The nucleotide sequence of parathyroid gene in primates: from new world to old world monkeys

Investigators : Department of Biology, Faculty of Science, Chulalongkorn University; Primate Research Institute, Kyoto University, Inuyama, Aichi, 484, Japan

E-mail address : Suchinda.M@chula.ac.th

Project Period : 1 year

Objects: To determine the nucleotide and deduced amino acid sequences of parathyroid gene in primates, from new world to old world monkeys, and to construct the phylogenetic tree of those primates based on the determined sequences

Methodology : The nucleotide sequences of the parathyroid hormone (PTH) gene in 9 species of primates were analyzed. The sequences of 550 base pairs were determined from both strands by direct sequencing method. Single-strand DNA was prepared using streptavidin magnetic beads (Dyna beads) in combination with a biotinylated primer. The nucleotide sequences were deduced to amino acid sequences. Thus, the phylogeny was estimated from those nucleotide and amino acid sequences using a parsimony method.

Results : The PTH gene contained one intron of 103 base pairs which separates two exons that code the sequence of prepro and PTH, respectively. The prepro-PTH consists of 25 amino acids of the "pre" sequence and 6 amino acids of the "pro" sequence and 84 amino acids of "PTH". Phylogenetic analysis of the nucleotide sequences revealed that these 9 species of primates were divided into 5 groups of Marmosets-tamains and new world monkeys, Old world monkeys, *Hylobates lar*, *Pongo pygmeus*, and *Pan troglodytes*. However, the phylogenetic analysis of the amino acid sequences revealed that these 9 species of primates were divided into 4 groups of Marmosets-tamains and new world monkeys, Old world monkeys, *H. lar* (lesser apes) and Great apes. In addition, it showed only 8/6/5, 3/3/3, 1 and 1/0 amino acid substitutions of those 4 groups of monkeys, respectively, when compared to the amino acid sequence of humans.

Discussion Conclusion : It may conclude that parathyroid hormone is very conserved among primates, especially between chimpanzee and human.

Suggestions/ Further Implication/ Implementation : From this study, it can suggest that Apes are the most suitable animal model for studying about the bone metabolism and applying the knowledge to clinical use in human.

Key words : parathyroid hormone, nucleotide sequence, amino acid sequence, primates