

## ABSTRACT

A switch to sexual development (gametocytogenesis) is essential for the malarial parasites to be transmitted to mosquito and therefore the spread of the disease. Eventhough, there are more and more knowledge on the gene expression in this stage coming out, the molecular mechanisms of the gametocyte development are still largely unknown. With the aim to explore the change in gene expression that may govern the gametocytogenesis process, differentially display (DD) technique was used to compare the gene expression in ring stages of gametocyte producing and non-gametocyte producing lines of *Plasmodium falciparum*. Both lines of falciparum parasite, KT-3 isolate, were cultured to obtain synchronized ring stages prior to subject to DD technique. There were about 15-20 bands that appeared only in ring stage of gametocyte producing line and about 80 bands that were more intense in sample from gametocyte producing line compared to the one from non-gametocyte producing line. The selectively intense DD bands in ring stage of gametocyte producing line were cloned and sequenced. The sequences obtained were blasted into the parasite genome data base to search for the possible homologue sequences. Whilst some clones were identified as genes of known function such as Pfs16, PfEMP1, pfRingA, nucleoside/nucleobase transporter, P-type ATPase III, Ser/Thr protein kinase, MAPK, RIFIN, some appeared to be homologues of sequenced but unidentified genes. Further analysis on selected genes; Pfs16, nucleoside/nucleobase transporter, P0type ATPase III and PfRingA, using real-time PCR, showed that only the expression of Pfs16 gene could be demonstrated in the higher level in ring stage from gametocyte-producing line. The DHFR gene showed the similar level of expression in either parasite line. Other identified cDNA tags are waiting for further analysis.

## Keywords

*Plasmodium falciparum*; malaria parasites; gametocyte; gametocytogenesis; sexual stage; differential display; Real-time PCR

## บทคัดย่อ

การพัฒนาของเชื้อเข้าสู่ระบบจุลชีวิตแบบใช้เพคของเชื้อมาลาเรีย มีความสำคัญต่อการแพร่กระจายของโรค แต่การวิจัยศึกษาส่วนใหญ่มุ่งเป้าไปที่ระบบจุลชีวิตแบบไม่ใช้เพค เพราะเป็นระบบที่สัมพันธ์กับการแสดงอาการ และความรุนแรงของโรค เป็นเป้าหมายและมีผลต่อการรักษาในผู้ป่วย อย่างไรก็ตามหากมีความเข้าใจกระบวนการ หรือกลไกทางชีววิทยาที่เกิดขึ้นในระบบแกมเม่โทไชท์ หรือการพัฒนาเข้าสู่ระบบแกมเม่โทไชท์ มากขึ้นเท่าใด ก็จะยิ่งมีประโยชน์ในแง่การรักษา และควบคุมการแพร่กระจายของโรคได้มีประสิทธิภาพดียิ่งขึ้นเท่านั้น ด้วยจุดมุ่งหมายเพื่อศึกษาการแสดงออกของยีนที่จำเพาะ และอาจเป็นตัวกำหนดการเปลี่ยนแปลงเข้าสู่ระบบการใช้เพค เทคนิคที่เรียกว่า ดิฟเพอเรนเชียลติสเพลย์ (ดีดี) ได้ถูกนำมาใช้เพื่อวิเคราะห์เปรียบเทียบระดับการแสดงออกเป็น เอ็มอาร์เอ็นเอ ของยีนต่าง ๆ ระหว่างเชื้อในระบบแหวนของเชื้อมาลาเรียพลาสโนเดียม พลซีปารัมสไยพันธ์ที่สร้างแกมเม่โทไชท์ได้ และสูญเสียความสามารถนั้นไป จากการทดลองพบว่ามีจำนวนแอบดีดี ที่เข้มข้นในระบบแหวนของสไยพันธ์สร้างแกมเม่โทไชท์ได้อยู่ประมาณ 100 แกน โดยเป็นแบบที่พบเฉพาะระบบแหวนของสไยพันธ์สร้างแกมเม่โทไชท์ได้อยู่ประมาณ 20 แกน หลังจากการโคลน หาลำดับเบสของแกนที่สนใจ พบว่า โคลนที่ได้จำนวนหนึ่งมีลำดับเบสเหมือนกับยีนที่ได้มีการรายงานไว้แล้ว เช่น PfS16, PfEMP, pfRingA, nucleoside/nucleobase transporter, Ser/Thr protein kinase, mitogen-activated protein kinase, และ P-type ATPase III ในขณะที่บางโคลนยังไม่ทราบว่าเป็นยีนที่เป็นรหัสของโปรตีนใด ยีน 4 ชนิดคือ PfS16, pfRingA, nucleoside/nucleobase transporter, และ P-type ATPase III ได้ถูกนำมาศึกษาต่อเพื่อศึกษาการแสดงออกโดยอาศัยเทคนิคเรียลไทม์พีซีอาร์ พบว่ามีเพียง PfS16 เท่านั้นที่สามารถวิเคราะห์ได้ และพบว่ามีการแสดงออกเฉพาะในเชื้อวงแหวนของสไยพันธ์ที่ยังสามารถสร้างแกมเม่โทไชท์ได้ จากการใช้ยีนของได้ไอโอดิฟเพลตติคัทที่เป็นตัวศึกษาเปรียบเทียบพบว่าการแสดงออกของยีนไม่ต่างกันในทั้งสองสไยพันธ์ สำหรับยีนอื่น ๆ ที่ได้วิเคราะห์หาลำดับเบสแล้วจะถูกวิเคราะห์ศึกษาต่อไป

## คำหลัก

เชื้อมาลาเรีย; พลาสโนเดียมพลซีปารัม; ระบบการใช้เพค; แกมเม่โทไชท์; แกมเม่โทไชท์โกลเนชิส; เทคนิคดิฟเพอเรนเชียลติสเพลย์; เทคนิคเรียลไทม์พีซีอาร์