เอกสารแนบหมายเลข 2

Abstract (ภาษาอังกฤษ)

Project Code: TRG5280033

Project Title: Comparison of protein patterns between Plasmodium falciparum mutant clone

T9/94-M1-1 (b3) induced by pyrimethamine and the original parent clone T9/94.

Investigator: Dr. Kanchana Rungsihirunrat

College of Public Health Sciences, Chulalongkorn University.

E-mail Address: rskanchana@yahoo.com

Kanchana.r@chula.ac.th

Project Period: 15/03/2009-15/03/2012

This study aims to compare the protein patterns from the extracts of the mutant clone T9/94-M1-1(b3) induced by pyrimethamine, and the original parent clone T9/94 following separation of parasite extracts by two-dimensional electrophoresis (2-DE). Parasite proteins were solubilized and separated according to their charges and sizes. The separated protein spots were then detected by silver staining and analyzed for protein density by the powerful image analysis software. Plasmodium proteins were quantified from 2D-E gel and identified by mass spectrometry. The results showed differentially expressed protein patterns (up- or downregulation) were separated from the extracts from the two clones. A total of 223 and 134 protein spots were detected from the extracts of T9/94 and T9/94-M1-1(b3) clones, respectively. A total of 27 protein spots showed at least two-fold difference in density, some of which exhibited as high as sixty-fold difference. In conclusion, these proteins may be the molecular targets of resistance of *P. falciparum* to pyrimethamine.

Keywords: Plasmodium falciparum, Proteomics, Pyrimethamine, Drug resistance, Protein,

Molecular target

บทคัดย่อ (ภาษาไทย)

รหัสโครงการ: TRG5280033

ชื่อโครงการ: การเปรียบเทียบรูปแบบโปรตีนและการบ่งชี้ชนิดของโปรตีนในเชื้อมาลาเรียชนิด

ฟัลซิพารัมสายพันธุ์บริสุทธิ์ T9/94 ที่ชักนำให้เกิดการดื้อยาไพริเมทธามีน

ชื่อนักวิจัย: ดร. กาญจนา รังษีหิรัญรัตน์

วิทยาลัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

E-mail Address : rskanchana@yahoo.com

Kanchana.r@chula.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: 15 มีนาคม 2552 ถึง 15 มีนาคม 2555

วัตถุประสงค์ของการวิจัยเพื่อเปรียบเทียบรูปแบบของโปรตีนทั้งหมดที่แสดงออกของเชื้อที่สกัด จากเชื้อมาลาเรียชนิดพัลชิพารัมสายพันธุ์บริสุทธิ์ที่ชักนำให้เกิดการดื้อต่อยาไพริเมทธามีน T9/94-M1-1(b3) กับสายพันธุ์บริสุทธิ์ที่ไวต่อยา T9/94 ด้วยวิธี 2D gel electrophoresis โปรตีนของเชื้อที่สกัดได้จะ ถูกละลายและแยกตามประจุและขนาด จุดของโปรตีนที่แยกได้จาก 2DE ถูกย้อมด้วยสีซิลเวอร์และตรวจ วิเคราะห์ความเข้มของโปรตีนด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ภาพ โปรตีนที่สกัดได้ถูกวิเคราะห์จาก 2DE gel และบ่งชี้ชนิดของโปรตีนด้วย mass spectrophotometry ผลการศึกษาพบว่ามีการแสดงออกของโปรตีน หลายจุดที่แตกต่างกัน (เพิ่มขึ้นหรือลดลง) ระหว่างเชื้อมาลาเรียสายพันธุ์ T9/94 และ T9/94-M1-1(b3) โปรตีนทั้งหมดจำนวน 223 และ134 ถูกแยกได้จากการสกัดจากเชื้อ T9/94 และ T9/94-M1-1(b3) ตามลำดับ โปรตีนจำนวน 27 จุดมีการแสดงออกที่แตกต่างกันมากกว่า 2 เท่าและบางจุดมากกว่าถึง 60 เท่า โดยสรุป โปรตีนที่แสดงออกต่างกันนี้อาจเป็นโปรตีนเป้าหมายของเชื้อมาลาเรียที่ดื้อต่อยาไพริ เมทธามีน

คำหลัก : *Plasmodium falciparum,* Proteomics, Pyrimethamine, Drug resistance, Protein, Molecular target.