

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: TRG5680001

ชื่อโครงการ: การวิเคราะห์ฐานข้อมูล EST ของกุ้งด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศเพื่อหาการปฏิสัมพันธ์ระหว่างกุ้งและเชื้อก่อโรคและการประยุกต์ใช้เพื่อการควบคุมโรคกุ้ง

ชื่อนักวิจัย: นายอนุภาพ ประชุมวัด

ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค)

E-mail Address : anuphap.pra@biotec.or.th

ระยะเวลาโครงการ: 2556-2559

ข้อมูลทรานสคริปโตมิกส์ของกุ้งทะเลที่เพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วช่วยงานวิจัยด้านภูมิคุ้มกันของกุ้งต่อเชื้อก่อโรคต่างๆ ด้วยการพบยีนที่มีบทบาทในการตอบสนองเชื้อโรค ซึ่งเป็นประโยชน์ต่ออุตสาหกรรมเลี้ยงกุ้ง แต่การใช้ข้อมูลทรานสคริปโตมิกส์เหล่านี้ยังมีอุปสรรค เพราะจำนวนเส้นลำดับเบสที่ได้ในทรานสคริปโตมิกส์นั้น จำนวนเกือบครึ่งไม่สามารถหาความคล้ายคลึงกับยีนที่มีอยู่แล้วในฐานข้อมูลได้จึงไม่สามารถอนุมานหน้าที่ได้ ด้วยเหตุนี้ข้าพเจ้าจึงรวบรวมข้อมูลทรานสคริปโตมิกส์ของกุ้งและสัตว์สิบขา รวม 14 สายพันธุ์ ซึ่งเป็นข้อมูลจากวิธีการ cDNA libraries และ next-generation DNA sequencing (NGS) การรวบรวมและวิเคราะห์ได้ข้อมูลทั้งสิ้นกว่าสองล้านระเบียน ซึ่งรวมข้อมูลชีวโมเลกุลอื่นๆ ด้วย ข้อมูลเหล่านี้ได้ผ่านการอนุมานหน้าที่ของ protein-coding และ regulatory non-coding RNAs (ncRNAs) genes ด้วยกระบวนการทางชีวสารสนเทศ และได้เปิดเผยข้อมูลนี้บางส่วนสู่สาธารณะนำไปใช้ประโยชน์แล้วที่ฐานข้อมูล ShrimpGPAT (<http://shrimpgpat.sc.mahidol.ac.th/>) อีกทั้งข้าพเจ้าวิเคราะห์ข้อมูลทรานสคริปโตมิกส์ของกุ้งกุลาดำ (*Penaeus monodon*) และกุ้งขาวแวนนาไม (*P. vannamei*) ที่ทำให้ติดเชื้อไวรัสโรคตัวแดงดวงขาวในกุ้ง (WSSV) เพื่อหายีนและ ncRNAs ของกุ้งที่มีการตอบสนองต่อเชื้อโรคนี้ การวิเคราะห์พบว่าชุดยีนและ ncRNAs ชุดหนึ่งมีการแสดงออกในระดับสูงในกลุ่มกุ้งที่มีชีวิตรอดและไม่ตายจากเชื้อ WSSV และยังพบว่ายีนกลุ่มหนึ่งที่แสดงออกในระดับสูงในกุ้งทั้งสองสายพันธุ์ที่ได้รับเชื้อมี ซึ่งบ่งบอกว่ายีนกลุ่มนี้มีความสำคัญต่อการต้านเชื้อโรค อีกทั้ง ncRNAs ที่พบนี้น่าจะเป็น long non-coding RNAs ที่มีการรายงานเป็นครั้งแรกในกุ้งทะเลอีกด้วย ขณะนี้มีการเลือกยีนและ ncRNAs กลุ่มนี้มาทดสอบในห้องปฏิบัติการเพื่อยืนยัน ผลการยืนยันนี้จะสามารถเป็นฐานความรู้ในการพัฒนา จัดการและควบคุมการก่อโรคตัวแดงดวงขาวในฟาร์มกุ้ง อีกทั้งข้อมูลทรานสคริปโตมิกส์ที่ได้รวบรวมและข้อมูลหน้าที่ทั้งยีนและ ncRNAs ที่ได้เหล่านี้จะถูกเปิดให้สาธารณะได้ใช้ประโยชน์เพื่อการวิจัยและการค้นพบยีนในกุ้งทะเลต่อไป

คำหลัก: ทรานสคริปโตมิกส์, การปฏิสัมพันธ์ระหว่างกุ้งและเชื้อ, Regulatory non-coding RNAs (ncRNAs) genes, Protein-coding genes, การทำเหมืองข้อมูล (Data mining)

Abstract

Project Code : TRG5680001

Project Title : Bioinformatic identification of shrimp-pathogen interactions from shrimp EST database and their application for shrimp disease control

Investigator : Anuphap Prachumwat

National Center for Genetic Engineering and Biotechnology

E-mail Address : anuphap.pra@biotec.or.th

Project Period : 2014-2016

Rapid increase in the number of shrimp transcriptomic data facilitates shrimp defense (immunity) research, initially through identification of putative shrimp-pathogen interactions, which benefits shrimp aquaculture. A number of comprehensive analyses on these data for shrimp-pathogen interactions remains limited owing to a large proportion of transcriptomic sequences with no homology in current public database. To take advantage of a gigantic amount of transcript data, we compiled transcriptomic sequences of 14 decapods generated by both traditional cDNA libraries and next-generation DNA sequencing (NGS) along with other molecular sequences in the total of two million transcripts for identification, via dedicated bioinformatics pipelines, of protein-coding and regulatory non-coding RNAs (ncRNAs) genes. A set of the sequences was released for public at the ShrimpGPAT database (<http://shrimpgpat.sc.mahidol.ac.th/>) for accelerating shrimp gene discovery and research. To gain an insight on how shrimp interacts to pathogens, we focused on analyses the transcriptomes of white spot syndrome virus (WSSV) infection in *Penaeus monodon* and *P. (Litopenaeus) vannamei* and identified sets of WSSV-responsive protein-coding and ncRNAs genes. Several protein-coding genes and putative ncRNA sequences were found to be highly expressed in shrimp survivors of WSSV infection, and a set of genes was found in both *P. monodon* and *P. vannamei*, signifying putative key shrimp defense genes during pathogen infection. Notably, putative ncRNAs found here will likely be first reported long non-coding RNAs in shrimp. These genes and ncRNAs have been being experimentally validated to provide a basis for future development for a successful management of virulent control or disease prevention to overcome serious economic losses from pathogen outbreaks. Furthermore, the obtained collection of transcriptomes and associated *in-silico* annotation of protein-coding and ncRNAs genes will be released to public for further investigation.

Keywords : Transcriptomes, Shrimp-pathogen interactions, Regulatory non-coding RNAs (ncRNAs) genes, Protein-coding genes, Data mining