

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: TRG5680038

ชื่อโครงการ: การวิเคราะห์เปรียบเทียบลักษณะของแบคทีเรียและโปรตีนโอมของเซลล์

แบคทีเรีย *Escherichia coli* ที่แยกได้จากปัสสาวะและก้อนเนื้อของผู้ป่วยรายเดียวกัน

ชื่อนักวิจัย: ผศ. ดร. ราตรี ทวีชากรตระกูล

กลุ่มวิชาจุลชีววิทยาคลินิก คณะเทคนิคการแพทย์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

E-mail Address: ratree.t@gmail.com or ratree.t@kku.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: พ.ศ. 2556-2558 (2 ปี)

เชื้อ *Escherichia coli* สามารถแยกได้จากก้อนเนื้อไตหลายชนิด และเป็นเชื้อแบคทีเรียหลักที่แยกได้จากก้อนเนื้อและ/หรือปัสสาวะของผู้ป่วยโรคไตในประเทศไทย ความแตกต่างของแหล่งที่พบเชื้อ *E. coli* จากปัสสาวะและก้อนเนื้ออาจมีผลต่อลักษณะทางกายภาพและโปรตีนโอมของเซลล์ที่เกี่ยวข้องกับการติดเชื้ออย่างยาวนานกับการเกิดเนื้องอก ดังนั้นคณะผู้วิจัยจึงต้องการศึกษาเปรียบเทียบความแตกต่างของลักษณะทางกายภาพ และโปรตีนโอมของเซลล์ *E. coli* ที่แยกได้จากปัสสาวะและก้อนเนื้อของผู้ป่วยโรคไตรายเดียวกัน โดยทำการศึกษาเชื้อ *E. coli* ที่แยกได้จากทั้งปัสสาวะและก้อนเนื้อของผู้ป่วยโรคไตรายเดียวกัน จำนวน 9 คู่ พบว่ามีเชื้อ *E. coli* จำนวน 5 คู่ จาก 9 คู่ ให้ผลทางจีโนมไม่แตกต่างกัน ด้วยเทคนิค ERIC-PCR จึงนำเชื้อ *E. coli* จำนวน 5 คู่ นี้ไปทำการศึกษาต่อเกี่ยวกับลักษณะทางกายภาพ และโปรตีนโอมของเซลล์ จากผลการศึกษาพบว่า ขนาดของโคโลนีแบคทีเรีย (3.00 ± 0.41 vs 2.30 ± 0.51 มิลลิเมตร) ความยาวของเซลล์แบคทีเรีย (2.26 ± 0.13 vs 2.39 ± 0.16 ไมโครเมตร) และค่าครึ่งหนึ่งของระยะแบ่งตัวทวีคูณของกราฟการเจริญเติบโต (4.60 ± 0.42 vs 5.25 ± 0.50 ชั่วโมง) ของกลุ่มเชื้อ *E. coli* ที่แยกได้จากปัสสาวะเปรียบเทียบกับกลุ่มเชื้อ *E. coli* ที่แยกได้จากก้อนเนื้อไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ และความซุกของการสร้างไบโอฟิล์มทั้งสองกลุ่มคิดเป็นร้อยละ 40 ส่วนผลการวิเคราะห์แบบแผนโปรตีนโอมของเชื้อ *E. coli* พบว่าปริมาณความเข้มของจุดโปรตีนระหว่างกลุ่มเชื้อ *E. coli* ที่แยกได้จากปัสสาวะเปรียบเทียบกับกลุ่มเชื้อที่แยกได้จากก้อนเนื้อของผู้ป่วยโรคไตรายเดียวกัน มีการแสดงออกของโปรตีนเปลี่ยนแปลงไปอย่างมีนัยสำคัญทั้งหมด 7 จุด เป็นโปรตีนที่มีการแสดงออกเพิ่มขึ้น จำนวน 2 จุด (flavoprotein wrbA และ DNA starvation/stationary phase protection protein Dps from the ECS group) และการแสดงออกลดลงจำนวน 5 จุด (pyruvate dehydrogenase subunit E1, chaperone htpG, transketolase 1, phosphoenolpyruvate carboxykinase และ endoribonuclease L-PSP) การเปลี่ยนแปลงของโปรตีนเหล่านี้อาจเกี่ยวข้องกับการตอบสนองต่อขบวนการทำงานของเซลล์ การขาดสารอาหารและพลังงาน ภาวะเครียดออกซิเจน และการตอบสนองต่อภาวะเครียดบางอย่างของกลุ่มเชื้อที่แยกได้จากก้อนเนื้อ จากการศึกษานี้อาจนำไปสู่การอธิบายถึงกลไกในระดับโมเลกุลของเชื้อที่แยกได้จากก้อนเนื้อที่เกี่ยวข้องกับการติดเชื้ออย่างยาวนานกับการเกิดเนื้องอก ซึ่งบทบาทหน้าที่ของโปรตีนเหล่านี้จำเป็นต้องศึกษาวิจัยต่อไปในอนาคต

คำหลัก: ลักษณะทางกายภาพ, โปรตีนโอมของเซลล์, *Escherichia coli*, ปัสสาวะ, ก้อนเนื้อ

Abstract

Project Code: TRG5680038

Project Title: Comparative analyses of bacterial characteristics and cellular proteome of *Escherichia coli* isolated from urine and stone matrices of the same patients

Investigator: Asst. Prof. Dr. Ratre Tavechakorntrakool
Department of Clinical Microbiology,
Faculty of Associated Medical Science, Khon Kaen University

E-mail Address: ratree.t@gmail.com or ratree.t@kku.ac.th

Project Period: 2013-2015 (2 years)

Escherichia coli was found in several types of kidney stones and the major causative bacteria found in urine and stone matrices of the stone formers in Thailand. The different sources between urine and stone matrices may have the effects on the physical characteristics and cellular proteome of *E. coli* associated with prolong infection and stone genesis. We therefore extensively compared the physical characteristics and cellular proteome of *E. coli* isolated from urine (ECU) and stone matrices (ECS) of the same patients. A total of 9 kidney stone formers with *E. coli* isolates were detected in both urine and stone matrices. A pair of *E. coli* isolates from each of the five patients (from nine patients) gave indistinguishable ERIC-PCR patterns. The five pairs of *E. coli* isolated from urine and stone were further examined for the physical characteristics including bacterial colony size, cell length, mid-log phase of bacterial growth curve, biofilm formation and cellular proteome. The results of the physical characteristics showed that the bacterial colony size (3.00 ± 0.41 vs 2.30 ± 0.51 mm), cell length (2.26 ± 0.13 vs 2.39 ± 0.16 μ m) and mid-log phase of the growth curve (4.60 ± 0.42 vs 5.25 ± 0.50 h) of the ECU group vs those of the ECS group were not significantly different. The prevalence of biofilm formation in both groups was 40 %. The results of the quantitative intensity analysis showed that two protein spots (flavoprotein wrbA and DNA starvation/stationary phase protection protein Dps from the ECS group) were up-regulated and five protein spots were down-regulated (pyruvate dehydrogenase subunit E1, chaperone htpG, transketolase 1, phosphoenolpyruvate carboxykinase and endoribonuclease L-PSP). Their protein alterations in ECS group may relate to cellular function, nutritional and energy deprivation, oxidative stress and some stress responses in ECS group. These findings may lead to an explanation for the molecular mechanism of ECS group, which might be related with prolong infection and stone genesis. Their protein functions need to be further evaluated in the future.

Keywords: physical characteristics, cellular proteome, *Escherichia coli*, urine, stone matrices