

บทคัดย่อ

เครือข่ายเมแทบอลิซึมระดับจีโนมของถั่วเจ้าสีทอง (iWV1170) ถูกสร้างขึ้นเป็นครั้งแรกจากการศึกษาครั้งนี้ ซึ่งประกอบไปด้วย 1,170 ยีน 894 เมแทบอลิท์ และ 1,267 ปฏิกริยาทางชีวเคมีซึ่งกระจายอยู่ใน 5 คอมพาร์ตเมนต์ ได้แก่ พลาสมาเมมเบรน ไซโทพลาสซึม ไมโทคอนเดรีย เพอรอกซิโซม และบริเวณนอกเซลล์ iWV1170 สามารถนำไปใช้เป็นโครงร่างเพื่ออธิบายลักษณะฟีโนไทป์ของเซลล์ ความสามารถในการเจริญเติบโต และการผลิตคอร์ไดชิปในภายใต้แหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกัน จากข้อมูลจีโนมของถั่วเจ้าสีทอง พบว่ามียีนจำนวนมากที่เกี่ยวข้องกับเอนไซม์นอกเซลล์สำหรับการย่อยสลายคาร์โบไฮเดรต ไขมัน และโปรตีนที่ซับซ้อน จากการวิเคราะห์เปรียบเทียบเชิงจีโนมเพื่อระบุความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของถั่วเจ้าสีทองและราแมลงชนิดอื่น ๆ พบว่าเส้นทางการเผาผลาญของอะดีนีนเกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์คอร์ไดชิป นอกจากนี้ยังพบเส้นทางที่เกี่ยวข้องกับเมแทบอลิซึมโดยรวมในการสังเคราะห์คอร์ไดชิป ซึ่งรวมทั้งเมแทบอลิซึมศูนย์กลางคาร์บอน เมแทบอลิซึมกรดแอมิโน (ไกลซีน กลูตามีน แอสพาเทต) และเมแทบอลิซึมนิวคลีโอไทด์ (อะดีโนซีน และอะดีนีน) นอกจากนี้การวิเคราะห์เชิงวิวัฒนาการของออร์โทลอกซ์ยีนที่เกี่ยวข้องกับวิธีการสังเคราะห์คอร์ไดชิป เห็นได้ว่าไม่พบลำดับกรดแอมิโนที่เกี่ยวข้องกับการเข้ารหัสของตัวยับยั้งเอนไซม์ไรโบนิวคลีโอไทด์ ไรด์กเทสในถั่วเจ้าสีทอง ซึ่งเพราะเหตุนี้อาจมีส่วนช่วยในการผลิตคอร์ไดชิปให้ได้ปริมาณสูงในถั่วเจ้าสีทอง

คำหลัก ถั่วเจ้าสีทอง, คอร์ไดชิป, ชีววิทยาเชิงระบบ, เครือข่ายเมแทบอลิซึมระดับจีโนม

Abstract

The first genome-scale metabolic network of *Cordyceps militaris* (WV1170) was constructed from this study, which consisted of 1,170 genes, 894 metabolites and 1,267 biochemical reactions across five compartments, including the plasma membrane, cytoplasm, mitochondria, peroxisome and extracellular space. The WV1170 could be exploited as scaffolds to explain its phenotypes of growth ability and cordycepin production under different carbon sources. A high number of genes encoding extracellular enzymes for degradation of complex carbohydrates, lipids and proteins were existed in *C. militaris* genome. By comparative genome-scale analysis, the adenine metabolic pathway towards putative cordycepin biosynthesis was reconstructed, indicating their evolutionary relationships between *C. militaris* and entomopathogenic fungi. The overall metabolic routes involved in the putative cordycepin biosynthesis were also identified in *C. militaris*, including central carbon metabolism, amino acid metabolism (glycine, L-glutamine and L-aspartate) and nucleotide metabolism (adenosine and adenine). In addition, phylogenetic analysis of orthologous genes involved in putative cordycepin biosynthesis showed a lack of amino acid sequence coding for ribonucleotide reductase inhibitor was observed in *C. militaris* that might contribute to its over-production of cordycepin.

Keywords: *Cordyceps militaris*, Cordycepin, Systems biology, Genome-scale metabolic network