

บทคัดย่อ

เชื้อมาลาเรียอาศัยอยู่ในต่อมน้ำลายของยุงพาหะก่อนการถ่ายทอดไปสู่โฮสต์ใหม่ การศึกษาเกี่ยวกับโปรตีนในต่อมน้ำลายของยุงจะช่วยให้เข้าใจถึง ความสัมพันธ์ที่จำเพาะระหว่างสไปโรซอท์ของมาลาเรียกับยุงพาหะได้ การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาโปรตีนในต่อมน้ำลายของ *Anopheles dirus* B ซึ่งเป็นพาหะหลักของมาลาเรียในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และเพื่อแยกและหาลำดับเบสที่เป็นรหัสสำหรับการสังเคราะห์โปรตีนเหล่านั้น จากการศึกษาโดยวิธี SDS-PAGE พบว่ามีโปรตีนหลักอย่างน้อย 7 ชนิด ที่จำเพาะสำหรับต่อมน้ำลายยุงตัวเมีย (63, 44, 43, 37, 33, 30 และ 18 kDa) และในแต่ละส่วนของต่อมน้ำลาย ประกอบไปด้วยโปรตีนหลักที่แตกต่างกัน เมื่อเปรียบเทียบรูปแบบของโปรตีนในต่อมน้ำลายของยุงที่กินเลือดกับไม่กินเลือดพบว่า มีความคล้ายคลึงกัน เราได้ทำการแยกลำดับของเปปไทด์ส่วน N-terminal ของโปรตีน 4 ชนิด และเซ็ทของลำดับเปปไทด์ภายในของโปรตีน 37 kDa ออกมาจาก two-dimensional polyacrylamide gel นอกจากนี้ได้สร้าง cDNA library ของต่อมน้ำลายยุงตัวเมีย *An. dirus* B และ แยกสาย cDNA 5 สาย จาก library นั้น ซึ่งพบว่าสาย cDNA ที่ได้ 2 สาย มีลำดับเบสที่ครบสมบูรณ์สำหรับการสังเคราะห์โปรตีน ส่วนอีก 3 สาย มีลำดับเบสสำหรับการสังเคราะห์โปรตีนเพียงบางส่วน จากการศึกษาลำดับเบสที่ครบสมบูรณ์ทั้ง 2 สาย พบว่า คล้ายกับโปรตีนที่มีอยู่ในแฟมิลี ต่อมน้ำลาย 1 (salivary gland 1 protein family, SG1) คือ SG1B-like หนึ่งสาย และอีกสายมีความคล้ายกับโปรตีนต่อมน้ำลาย GE-rich สำหรับสายที่ไม่ครบสมบูรณ์ พบว่ามีสองสายคล้ายกับโปรตีนที่มีอยู่ในแฟมิลี SG1 คือ SG1-like และ SG1D-like และอีกสายมีความคล้ายกับโปรตีนที่อยู่ในแฟมิลี antigen 5 คือ antigen 5-related 2

Abstract

Malarial parasites reside in the salivary glands of vectors prior to transmission. Analysis of mosquito salivary gland proteins will improve understanding of the specific interaction between malarial sporozoites and their mosquito vectors. The objectives of this study were to analyze salivary gland proteins of the Southeast Asia malaria vector, *Anopheles dirus* B and, isolate and sequence complementary DNAs (cDNAs) encoding the salivary gland proteins. SDS-PAGE analysis revealed that at least 7 major female-specific salivary gland protein bands (63, 44, 43, 37, 33, 30 and 18 kDa) were identified, each morphological region of the salivary glands containing different major protein bands. Similar electrophoretic protein profiles were detected comparing unfed and blood-fed mosquitoes. Four N-terminal peptide sequences of the major proteins were obtained and, a set of internal peptide sequences of the 37 kDa was extracted from two-dimensional polyacrylamide gels. Also, a female *An. dirus* B salivary gland cDNA library was constructed. Five unique cDNA fragments encoding 2 mature-protein and 3 partial-protein sequences were isolated from the cDNA library. Sequence analysis revealed that both mature-protein sequences were predicted to be a novel member of the salivary gland 1 (SG1) protein family, SG1B-like salivary protein and a GE-rich salivary gland protein. The partial proteins were related to two members of SG1 protein family, SG1-like and SG1D-like salivary proteins; and a member of the antigen 5 family, antigen 5-related 2 salivary protein.