

Thesis Title	Isolation and Expression of a SG1-like Gene of <i>Anopheles cracens</i>	
Author	Mr. Sittiporn Suwannamit	
Degree	Master of Science (Parasitology)	
Thesis Advisory Committee	Assist. Prof. Dr. Narissara Jariyapan	Chairperson
	Assoc. Prof. Wej Choochote	Member
	Assoc. Prof. Dr. Atchariya Jitpakdi	Member

ABSTRACT

Anopheles cracens (formerly *An. dirus* species B) is an important vector of human malaria in Southeast Asia. A complete cDNA encoding a SG1-like was isolated by screening an adult female salivary gland cDNA library of *An. cracens* using the DIG hybridization system. The primary nucleic acid sequence of the *An. cracens* SG1-like cDNA contains a deduced coding region of 1,141 nucleotides and 5'- and 3'-end non-transcribed regions. A signal peptide of 20 amino acids and a mature protein of 360 amino acids with a calculated molecular mass of 41.6 kilodaltons (pI 9.4) are evident in the conceptual translation product. The structural organization gDNA of the SG1-like has no intron. RT-PCR analysis revealed that the *An. cracens* SG1-like transcript was highly expressed both in adult female salivary glands and other tissues. Additionally, mRNA transcription was detected in all stage and in adult male. Dot blot analysis indicated that SG1-like was conserved among

two anopheline mosquito species. These results provide an initial step for further study on the functional role of the SG1-like gene in feeding and malaria transmission.



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	การแยกและการแสดงออกของยีนคล้าย SG1 ของ	
	ยุงก้นปล่องชนิด <i>Anopheles cracens</i>	
ผู้เขียน	นาย สิทธิพร สุวรรณมิตร	
ปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (ปรสตีวิทยา)	
คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	ผศ. ดร. นริศรา จริยะพันธุ์	ประธานกรรมการ
	รศ. เวช ชูโชติ	กรรมการ
	รศ. ดร. อัจฉริยา จิตต์ภักดี	กรรมการ
	บทคัดย่อ	

ยุงก้นปล่องชนิด *Anopheles cracens* (ชื่อเดิม *An. dirus* สปีชีส์ B) เป็นพาหะสำคัญของ มาลาเรียของคนในแถบภาคพื้นเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ในการศึกษาครั้งนี้ได้แยกลำดับนิวคลีโอไทด์สายสมบูรณ์ของยีนคล้าย SG1 จาก cDNA library ที่ได้จากต่อมน้ำลายยุงเพศเมียด้วยวิธี DIG hybridization ลำดับนิวคลีโอไทด์สายสมบูรณ์ของยีนคล้าย SG1 ประกอบด้วยบริเวณที่สามารถถอดรหัสได้จำนวน 1,141 คู่เบส และมีบริเวณปลาย 5' และปลาย 3' ซึ่งเป็นบริเวณที่ไม่มีการถอดรหัสอยู่ที่ส่วนหัวและท้ายของยีน โดยส่วนนี้ประกอบด้วยกรดอะมิโนบริเวณ signal peptide จำนวน 20 ตัวและโปรตีนสมบูรณ์ 360 ตัว ซึ่งมีมวลโมเลกุลที่ทำนายได้ 41.6 กิโลดาลตัน (ค่า pI เท่ากับ 9.4) การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยวิธี RT-PCR พบว่ายีนคล้าย SG1 ถูกถอดรหัสทั้งที่ต่อมน้ำลายในยุงเพศเมีย รวมทั้งในเนื้อเยื่อบริเวณอื่นๆ นอกจากนี้ยังพบการถอดรหัสในยุงทุกระยะ

ของการเจริญเติบโต และในยูงเพศผู้ จากการทำ dot blot analysis ซึ่งให้เห็นว่ายีนคล้าย SG1 พบเฉพาะในยูงก้นปล่องเท่านั้น ข้อมูลเหล่านี้เป็นการศึกษาเบื้องต้นเพื่อนำไปสู่การศึกษาเกี่ยวกับบทบาทหน้าที่ของยีนคล้าย SG1 ในการกินอาหารและการแพร่กระจายเชื้อมาลาเรียต่อไป



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved