**ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์** โปรติโอมิกส์การตอบสนองต่อเกลือของแบคทีเรีย *Dermacoccus abyssi* ที่แยกได้จากทะเลลึก

**ผู้เขียน** นายโกวิทย์ อ่อนนุ่ม

**ปริญญา** วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพ)

**คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์**

| | |
|---|---|
| ผศ. ดร. หทัยชนก เนียมทรัพย์ | อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก |
| อ. ดร.วสุ ปฐมอารีย์ | อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม |

## บทคัดย่อ

เชื้อแบคทีเรีย *Dermacoccus abyssi* ที่แยกได้จากตะกอนของ Mariana Trench ซึ่งจัดอยู่ในกลุ่ม แอคติโนไมซิท แสดงความสามารถในการทนเกลือ ในงานวิจัยนี้ ได้ใช้เทคนิคโปรติโอมิกส์ในการศึกษาโปรตีนที่ตอบสนองต่อเกลือในเชื้อ *D. abyssi* เพื่อความเข้าใจกลไกในการตอบสนองต่อเกลือของ *D. abyssi* โดยนำโปรตีนที่ได้จากการเลี้ยงแบคทีเรียในอาหาร Nutrient broth ที่ไม่เติมเกลือมาเปรียบเทียบกับโปรตีนที่ได้จากเชื้อที่เลี้ยงในอาหาร ที่เติมเกลือ 5% จากผลการทดลองเจลอิเล็กโทรโฟริซิส 2 ทิศทางพบว่ามีโปรตีน 94 จุดที่มีระดับการแสดงออกของโปรตีนแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญที่ค่าความเชื่อมั่นเท่ากับ 0.05 โดยมีโปรตีนที่มีการแสดงออกเพิ่มขึ้น 32 จุด ลดลง 14 จุด และเกิดขึ้นใหม่ 48 จุดในสภาวะที่เติมเกลือ 5% จึงได้เลือกโปรตีน 12 จุด (7 เพิ่มขึ้น, 1 ลดลง และ 4 เกิดขึ้นใหม่) ไปวิเคราะห์หาชนิดของโปรตีนด้วยแมสเปกโทรเมตรี MALDI-ToF/MS จากการบ่งชี้ชนิด โดยเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลพบว่าโปรตีน 8 ชนิดมีความคล้ายกับโปรตีนในกลุ่มโปรตีนในสภาวะเครียด โปรตีนขนส่ง โปรตีนที่เกี่ยวข้องกับขบวนการสังเคราะห์โปรตีน และการสลายอาร์เอ็นเอ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

**Thesis Title** Proteomic of Salt Response in Bacteria *Dermacoccus abyssi* Isolated from Deep Sea

**Author** Mr. Kowit Onnoom

**Degree** Master of Science (Biotechnology)

**Thesis Advisory Committee**

Asst. Prof. Dr. Hataichanoke Niamsup Advisor

Lect. Dr. Wasu Pathom-aree Co-advisor

## ABSTRACT

*Dermacoccus abyssi* isolated from Mariana Trench sediment that belongs to Actinomycetes, possesses the ability to tolerate salt. To a better understanding of salt response mechanisms in *D. abyssi*, proteins responding to salt in *D. abyssi* were investigated by proteomic technique. The proteome of bacteria grown in Nutrient broth medium without NaCl was compared with the proteome from NB medium supplemented with 5% NaCl. The two dimensional electrophoresis results indicated that 94 protein spots had significantly different expression at $p < 0.05$. Of these, 32 were up-regulated, 14 down-regulated and 48 expressed only in 5% NaCl condition. Selected 12 protein spots (7 up-regulated, 1 down-regulated and 4 expressed only in 5% NaCl condition) were identified by mass spectrometry (MALDI-ToF). After annotation by comparing with database, it was found that 8 proteins were similar to stress proteins, transporter proteins, proteins involving in protein synthesis and RNA degradation.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved