(COMPARISON OF FUNTIONAL AND STRUCTURAL PROPERTIES OF AN OUTER MEMBRANE PORIN BETWEEN Burkholderia pseudomallei AND Burkholderia thailandensis)

อาจารย์ที่ปรึกษา : ดร. วิภา สุจินต์, 199 หน้า. ISBN 974-533-325-5

การศึกษาครั้งนี้ได้ทำการแยกโปรตีนพอรินสองชนิคคือ BpsOmp38 และ BthOmp38 ซึ่ง เป็นโปรตีนผิวนอกของเชื้อ B. pseudomallei และ B. thailandensis ตามลำคับ พบว่าโปรตีนใน สภาพธรรมชาติมีลักษณะเป็น 3 หน่วย ($M_{
m r}$ $110{,}000$) ซึ่งประกอบด้วยหน่วยย่อยที่เหมือนกัน $(M_{\rm r}$ 38,000) จากข้อมูลที่ได้จากการทำ peptide mass fingerprint ทำให้สามารถแยกยืน Omp38 จากโครโมโซมของเชื้อทั้งสองได้ ถำดับนิวคลีโอไทด์ของยืน BpsOmp38 และ BthOmp38 พบว่าเหมือนกัน 98% และมีลำดับของกรคอะมิโนของโปรตีนเหมือนกัน 99.7% การวิจัยครั้งนี้ยังได้ทำการผลิตโปรตีน Omp38 ในแบคทีเรีย E. coli ในรูป inclusion bodies และทำให้กลับมามีสภาพธรรมชาติโดยใช้ระบบบัพเฟอร์ที่มี 10% (w/v) Zwittergent® 3-14 จากการศึกษาโครงสร้างทุติยภูมิโคยเทคนิค FTIR และ CD spectroscopy พบว่าโปรตีน Omp38 มืองค์ประกอบหลักเป็น β-sheet จากการศึกษาหน้าที่ของพอรินด้วยวิธี liposome-swelling assays พบว่าโปรตีน Omp38 มีคุณสมบัติเป็น non-specific channel ที่มีความสามารถให้สาร ละลายน้ำตาลที่มีน้ำหนักโมเลกุล <650 Da ผ่านเข้าออกได้ จากการทำนายโครงสร้างของพอริน พบว่ามีโครงสร้างเป็น β-barrel ประกอบด้วย 16-stranded β-barrel 8 periplasmic turns และ 8 external loops การศึกษาครั้งนี้ได้ทำการเตรียมผลึกโปรตีนด้วยเทคนิค sitting drop แต่ผลการ ทคลองภายใต้สภาวะที่ทคสอบสังเกตเห็นเฉพาะผลึกโปรตีนขนาคเล็ก คังนั้นจึงต้องมีการทคสอบ การเตรียมโปรตีนใน detergent ชนิดอื่นๆ และสภาวะการเกิดผลึกโปรตีนที่เหมาะสมต่อไป เพื่อ ให้ได้ผลึกที่มีคณภาพสำหรับศึกษาโครงสร้างสามมิติของโปรตีน Omp38 ต่อไปในอนาคต

สาขาวิชาชีวเคมี ปีการศึกษา 2547

JARUWAN SIRITAPETAWEE: COMPARISON OF FUNTIONAL AND STRUCTURAL PROPERTIES OF AN OUTER MEMBRANE PORIN BETWEEN Burkholderia pseudomallei AND Burkholderia thailandensis

THESIS ADVISOR: Wipa Suginta, Ph.D. 199 PP. ISBN 974-533-325-5

In this study, two outer membrane proteins, BpsOmp38 and BthOmp38 were isolated and purified from B. pseudomallei and B. thailandensis, respectively. The native conformation of Omp38 was found to be a trimer (M_r 110,000) consisting of three identical monomeric subunits (M_r 38,000). Based on peptide mass fingerprinting information, the gene encoding Omp38 was identified and isolated from genomic DNA of both bacteria. Nucleotide sequences of BpsOmp38 and BthOmp38 were 98% identical, and their predicted amino acid sequences were 99.7% identical. Omp38 proteins were over-expressed in E. coli, recovered from inclusion bodies, and refolded into functional trimeric Omp38 using a buffer system containing 10% (w/v) Zwittergent® 3-14. FTIR and CD spectroscopy revealed that the secondary structure of Omp38 contained predominantly \beta-sheet content. Liposome-swelling assays showed that Omp38 was a non-specific channel, which allowed sugars of <650 Da to permeate. Structural topology prediction suggested that Omp38 contained a 16-stranded \(\beta\)-barrel with 8 periplasmic turns and 8 extracellular loops. The expressed Omp38 was also subjected to protein crystallization trials using the sitting drop method. However, only small crystals of Omp38 were observed under tested conditions. To obtain Omp38 crystals with high quality for 3D-structure determination, different detergents for protein refolding and crystallization conditions will still need to be optimized in the future.

School of Biochemistry
Academic Year 2004

Student's Signature....

Co-adviser's Signature....