

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยเรื่องความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อเจมินีไวรัสที่เข้าทำลายพืชตระกูลแตงในพื้นที่ภาคกลางประเทศไทย ได้รับทุนสนับสนุนจากสำนักบริหารโครงการวิจัยในอุดมศึกษา และพัฒนามหาวิทยาลัยวิจัยแห่งชาติ สำนักคณะกรรมการการอุดมศึกษา

ขอขอบพระคุณอาจารย์ ดร.ศรีเมษ ชาวโพงพาง ผู้ร่วมวิจัยและดร.ณัฐฐิมา โภชิตเจริญ กุลที่ปรึกษาโครงการที่ให้ข้อเสนอแนะต่างๆ จนโครงการสำเร็จลุล่วงไปด้วยดี ขอบคุณสาขาวิชา เทคโนโลยีชีวภาพและสาขาวิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีที่เอื้อเพื่ออุปกรณ์ และสถานที่ในการทำงานวิจัย เกษตรกรทุกท่านที่ให้ความร่วมมือและความช่วยเหลือในการเก็บรวบรวมตัวอย่างพืชที่ใช้ในการศึกษา ตลอดจนนางสาว索ภา บุญถานอม นางสาวอรวรรณ พงพันธ์ นางสาวเกศวารี เจริญศิลป์ และนายคฑาวุฒิ เอียวผิว นักศึกษาชั้นปีที่ 4 สาขาวิชา เทคโนโลยีชีวภาพที่มีความมุ่งมั่นและตั้งใจในการทำงานวิจัยในฐานะผู้ช่วยนักวิจัยจนทำให้งานวิจัยนี้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

คุณค่าและประโยชน์ของงานวิจัยฉบับนี้ขอมอบแด่บิดา มารดาและครูบาอาจารย์ทุกท่านที่ได้อบรมสั่งสอนให้ความรู้แก่ผู้วิจัยตั้งแต่อีต่อนถึงปัจจุบัน

ดร.索พิศ สว่างจิตร
มีนาคม 2555

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	(1)
บทคัดย่อ	(2)
Abstract	(3)
สารบัญ	(4)
สารบัญตาราง	(6)
สารบัญภาพ	(7)
คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ	(8)
บทที่	
1. บทนำ	
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญ	1
1.2 วัตถุประสงค์	3
1.3 ขอบเขตงานวิจัย	4
1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	4
2. เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	5
2.1 ลักษณะทั่วไปของเจมินีไวรัส	5
2.2 การจำแนกเจมินีไวรัส	5
2.3 เจมินีไวรัสที่พบในประเทศไทย	6
2.4 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	9
3. วิธีการดำเนินการวิจัย	11
3.1 การเก็บตัวอย่างพีชตระกูลแตงที่ติดโรค	11
3.2 การสกัดดีเอ็นเอของไวรัสและการตรวจหาไวรัสในตัวอย่าง	11
3.3 การตรวจหาเจมินีไวรัสในพีชตระกูลแตงโดยเทคนิคพีซีอาร์ (PCR)	12
3.4 การสังเคราะห์ชิ้นส่วนดีเอ็นเอบริเวณ Intergenic region (IR) บนจีโนมของไวรัสโดยเทคนิค PCR	15
3.5 การวิเคราะห์และการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของเจมินีไวรัส	16
4. ผลการวิจัย	18
4.1 การเก็บตัวอย่างพีชตระกูลแตง	18
4.2 การตรวจหาเจมินีไวรัสในพีชตระกูลแตง	19
4.3 การพิมพ์ปริมาณส่วน IR ของเชื้อเจมินีไวรัส	19

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
4.4 การวิเคราะห์และการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของเจมินีไวรัส	19
5. สรุป อกิจกรรมและข้อเสนอแนะ	36
5.1 สรุปและอกิจกรรม	36
5.2 ข้อเสนอแนะ	37
บรรณานุกรม	39
ประวัติหัวหน้าโครงการวิจัย	42

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
3.1 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไฟรเมอร์ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ บนจีโนมของเจมินีไวรัสในพืชตระกูลแตง	15
3.2 เจมินีไวรัชนิดต่างๆที่ใช้ในการศึกษาเปรียบเทียบเที่ยบวิเคราะห์ ความสัมพันธ์กับเจมินีไวรัสในพืชตระกูลแตงที่ศึกษา	17
4.1 แสดงชื่อใบพืชตระกูลแตงจากจังหวัดต่างๆและรหัส	18
4.2 จำนวนนิวคลีโอไทด์และการลดลงของยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาค ของเจมินีไวรัสที่ทำการศึกษา	24
4.3 เปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดมิโน ^{ส่วนยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของ AGRB1 ที่เปรียบเทียบกับเจมินีไวรัชนิดอื่น}	29
4.4 เปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดมิโน ^{ส่วนยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของ PKRB1 ที่เปรียบเทียบกับเจมินีไวรัชนิดอื่น}	30
4.5 เปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดมิโน ^{ส่วนยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของ WGRB1 ที่เปรียบเทียบกับเจมินีไวรัชนิดอื่น}	31
4.6 เปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดมิโน ^{ส่วนยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของ CBKB2 ที่เปรียบเทียบกับเจมินีไวรัชนิดอื่น}	32
4.7 เปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดมิโน ^{ส่วนยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของ PKSB1 ที่เปรียบเทียบกับเจมินีไวรัชนิดอื่น}	33
4.8 เปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดมิโน ^{ส่วนยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของ WGSB1 ที่เปรียบเทียบกับเจมินีไวรัชนิดอื่น}	34

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
2.1 แผนภาพแสดงจีโนมของเจมินีไวรัสใน Family Geminiviridae ซึ่งประกอบด้วย 4 Genus คือ <i>Mastrevirus</i> , <i>Curtovirus</i> , <i>Topocuvirus</i> และ <i>Begomovirus</i>	7
3.1 ภาพตัวอย่างใบจากพืชตระกูลแตงที่ติดเชื้อเจมินีไวรัส	13
4.1 ผลการตรวจและเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอบริเวณ CP ด้วยเทคนิค PCR	21
4.2 ผลการตรวจหาและเพิ่มปริมาณเชื้อเจมินีไวรัสบริเวณ IR โดยใช้ไพร์เมอร์ TYTHIR-C และ GemF1802	22
4.3 ผลการตรวจหาและเพิ่มปริมาณเชื้อเจมินีไวรัสบริเวณ IR โดยใช้ไพร์เมอร์ PAV715 และ PAC1978	23
4.4 ลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนในส่วน CP ของ AGRB1	25
4.5 ลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนในส่วน CP ของ CBKB 2	26
4.6 ลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนในส่วน CP ของ WGRB 1	27
4.7 ลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนในส่วน CP ของ WGSB 1	28
4.8 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืน โปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของเจมินีไวรัสทั้ง 6 ชนิด กับเจมินีไวรัสชนิดอื่นๆ	35