บทที่ 5

สรุป อภิปรายผลและข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปและอภิปรายผล

จากการใช้เทคนิค PCR ในการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอของเชื้อเจมินีไวรัสจำนวน 6 ตัวอย่าง ได้แก่ ฟักทอง ฟักเขียวและบวบเหลี่ยม จ.ราชบุรี ฟักทองและฟักเขียว จ.สุพรรณบุรี แตงกวา จ.กาญจนบุรี ในบริเวณชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ครอบคลุมบริเวณยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาค (*CP gene*) โดยใช้ไพรเมอร์คู่ CPA5 และ CPR1137 สามารถสังเคราะห์ชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ครอบคลุมบริเวณ *CP gene* ได้ผลผลิตดีเอ็นเอขนาด 768 คู่เบส และเมื่อนำตัวอย่างที่คัดเลือกได้มาสังเคราะห์ดีเอนเอบริเวณให้ครอบคลุมบริเวณ IR โดยใช้ไพร์เมอร์คู่ TYTHIR-C และ GemF1802 พบว่าสามารถสังเคราะห์ดีเอนเอครอบคลุมบริเวณ IR ของเจมินีไวรัสจากตัวอย่างฟักทอง ราชบุรี (PKRB1) และ บวบเหลี่ยม ราชบุรี (AGRB1) เท่านั้นโดยสังเคราะห์ได้ขนาดประมาณ 1,280 คู่เบส จึงทดลองเปลี่ยนคู่ไพรเมอร์โดยใช้ไพรเมอร์อีกคู่หนึ่งคือ PAV715 และ PAC1978 ปรากฏว่าสามารถสังเคราะห์ชิ้นส่วนดีเอนเอที่ครอบคลุมบริเวณ IR ได้ขนาดประมาณ 1,500 คู่เบส จากตัวอย่างแตงกวา กาญจนบุรี (CKB2) และบวบเหลี่ยม ราชบุรี (AGRB1) ผลที่เกิดขึ้นอาจเกิดเนื่องมาจากนิวคลีโอไทด์บริเวณบนสายจีโนมของเจมินีไวรัสทั้ง 6 ตัวอย่างนั้นมีความแตกต่างกันค่อนข้างสูง ทำให้ไพรเมอร์ที่ใช้ไม่สามารถจับคู่ได้ในทุกๆตัวอย่าง การศึกษาในขั้นต่อไปควรมีการออกแบบไพรเมอร์ที่เป็น degenerate primer เพื่อให้สามารถเพิ่มโอกาสในการจับคู่สายดีเอ็นเอได้มากยิ่งขึ้น

จากการวิเคราะห์เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างเจมินีไวรัส AGRB1, WGRB1, PKRB1, CBKB2, PKSB1 และWGSB1กับเจมินีไวรัสอื่นๆจาก Genbank จำนวน 20 ชนิด โดยเปรียบเทียบในส่วนของยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาค (*CP gene*) ด้วยโปรแกรม DNASTAR Software (Wisconsin, Madison) ให้ผลที่สอดคล้องกัน โดยเจมินีไวรัสในAGRB1, WGRB1,CBKB2 และWGSB1 ที่ทำการศึกษามีความคล้ายคลึงกับเจมินีไวรัสที่ทำให้เกิดโรคในพืชตระกูล *Cucurbitaceae* คือ ToLCNDV-TH[TH.Cu] โดยมีความคล้ายคลึงกันมากที่สุดถึง 97.9, 97.8,97.9 และ 98.2 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ส่วนPKRB1 มีความคล้ายคลึงกันกับ SLCCV-[WG.NP] มากที่สุดถึง 97.9 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่PKSB1 มีความคล้ายคลึงกันกับ SLCPHV-TH[TH] สูงถึง 98.3 เปอร์เซ็นต์ ดังนั้นจึงสรุปได้ว่าเจมินีไวรัสAGRB1, WGRB1,

CBKB2 และWGSB1 ที่ทำการศึกษาถูกจัดอยู่ในกลุ่มของ ToLCNDV-TH[TH.Cu] และPKRB1 ถูกจัดอยู่ในกลุ่มของ SLCCV-[WG.NP] ส่วนPKSB1 ถูกจัดอยู่ในกลุ่มของ SLCCNV-TH[TH]

5.2 ข้อเสนอแนะ

เนื่องจากข้อจำกัดด้านเวลาและปัญหาด้านอุทกภัยที่เกิดขึ้นในปี 2554 ทำให้โครงการวิจัยมีความล่าช้าและยังได้ผลไม่สมบูรณ์นัก และเพื่อให้ได้ผลการวิจัยที่สมบูรณ์ยิ่งขึ้น ในการทำวัจัยขั้นต่อไปควรศึกษาลำดับนิวคลิโอไทด์ส่วนต่อเนื่องจากปลายของยีน *CP* อย่างละเอียด เพื่อใช้ในการออกแบบไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อจีโนมของเจมินีไวรัสแต่ละชนิดเพื่อให้สามารถสังเคราะห์ชิ้นดีเอ็นเอที่ครอบคลุมบริเวณ IR ของเจมินีไวรัสได้ครบทุกชนิดที่ศึกษา