



ใบรับรองวิทยานิพนธ์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (โรคพืช)

ปริญญา

โรคพืช

สาขา

โรคพืช

ภาควิชา

เรื่อง จีโนมเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในประเทศไทยและการตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในวัชพืช
โดยใช้เทคนิค RT-PCR และ Dot Blot Hybridization

Genome of *Citrus tristeza virus* (CTV) in Thailand and Detection of CTV
by RT-PCR and Dot Blot Hybridization Techniques in Weeds

นามผู้วิจัย นายกิริติ สีนธวชีวะ

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(รองศาสตราจารย์อำไพวรรณ ภราดรน์วัฒน์, วท.ด.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(รองศาสตราจารย์วิจารณ์ วิชชุกิจ, Dr.sc.agr)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(อาจารย์ศรีเมฆ ขาวโพธิ์พวง, Ph.D.)

หัวหน้าภาควิชา

(รองศาสตราจารย์สมศิริ แสงโชติ, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญญา ธีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ _____ เดือน _____ พ.ศ. _____

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

จีโนมเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในประเทศไทยและการตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในวัชพืช
โดยใช้เทคนิค RT-PCR และ Dot Blot Hybridization

Genome of *Citrus tristeza virus* (CTV) in Thailand and Detection of CTV
by RT-PCR and Dot Blot Hybridization Techniques in Weeds

โดย

นายกิริติ สิ้นรวชีวะ

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (โรคพืช)

พ.ศ. 2554

กิตติ ลินทวาชะ 2554: จีโนมเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในประเทศไทยและการตรวจสอบ
เชื้อไวรัสทริสเตซ่าในพืชโดยใช้เทคนิค RT-PCR และ Dot Blot Hybridization
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (โรคพืช) สาขาโรคพืช ภาควิชาโรคพืช อาจารย์ที่
ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รองศาสตราจารย์อำไพวรรณ ภราดรนิววัฒน์, วท.ด. 232 หน้า

ศึกษาจีโนมไวรัสทริสเตซ่า (*Citrus tristeza virus*, CTV) สายพันธุ์ที่แสดงอาการลำต้นนูน (CTV-A18) จากเนื้อเยื่อสัมผัสก่อนที่เป็นโรคในประเทศไทยด้วยการใช้เทคนิค RT-PCR สามารถออกแบบไพรเมอร์ที่เหมาะสมได้ 2 คู่สำหรับสังเคราะห์ cDNA ของจีโนมไวรัส CTV-A18 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับเบสของจีโนมไวรัส CTV-A18 โดยการเชื่อมต่อชิ้นผลิตภัณฑ์เข้ากับพลาสมิด pCR[®] 8/GW/TOPO vector และวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Clustal W และ MEGA 4 พบว่านิวคลีโอไทด์และลำดับเบสของจีโนมไวรัส CTV-A18 มีขนาด 19,302 นิวคลีโอไทด์ ประกอบด้วย 2 Untranslated Region (UTRs) และ 12 Open Reading Frame (ORFs) ที่สามารถผลิตโปรตีนได้อย่างน้อย 17 ชนิด เมื่อวิเคราะห์เปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมด้วยค่า Identity, Pairwise Distance และ Phylogenetic Tree กับจีโนมของ CTV ที่ได้มีรายงานใน GenBank พบว่า CTV-A18 มีลำดับเบสและสายวิวัฒนาการใกล้เคียงกับ CTV NUagA ซึ่งรายงานจากประเทศญี่ปุ่นมากที่สุด และจากการวิเคราะห์เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนแต่ละส่วนของ CTV-A18 กับ CTV ที่มีรายงาน 24 สายพันธุ์ พบว่าส่วนที่มีความผันแปรน้อยที่สุดคือส่วนของยีน *cp* (Coat protein, p25) และ 3'UTR โดยมีความใกล้เคียงกันสูงมากคือระหว่าง 96-99 % และ 98-99 % ตามลำดับ ในขณะที่พบว่าส่วนของยีนที่มีความผันแปรสูงคือส่วนของยีน 5'UTR p349 และ RdRp (p54) โดยมีความใกล้เคียงกันระหว่าง 66-97% 49-91% และ 71-97% ตามลำดับ ดังนั้นความต่างของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนแต่ละส่วนในบริเวณนี้จึงอาจใช้เป็นข้อมูลหนึ่งที่สามารถบ่งชี้ CTV แต่ละสายพันธุ์ได้ สำหรับการทดสอบใช้เทคนิค RT-PCR โดยใช้ไพรเมอร์ CPF/CPR [coat protein gene (*cp*) 672 bp] และยืนยันผลด้วยเทคนิค Dot Blot Hybridization (DBH) โดยใช้ Biotin-*cp*-probe เพื่อการตรวจสอบการเป็นพืชอาศัยของ CTV กับพืชจำนวน 45 ตัวอย่าง 11 สกุล 8 ตระกูล ซึ่งพบในส่วนสัมผัสที่เป็นโรคทริสเตซ่า พบว่าวิธีการดังกล่าวสามารถตรวจสอบพบ CTV ในตัวอย่างส้มเขียวหวานและมะนาวที่เป็นโรคทริสเตซ่า และตรวจไม่พบ CTV จากพืชทั้ง 45 ตัวอย่างที่นำมาศึกษา

Keerati Sindhavajiva 2011: Genome of *Citrus tristeza virus* (CTV) in Thailand and Detection of CTV by RT-PCR and Dot Blot Hybridization Techniques in Weeds. Master of Science (Plant Pathology), Major Field: Plant Pathology, Department of Plant Pathology. Thesis Advisor: Associate Professor Ampaiwan Paradornuwat, Ph.D. 232 pages.

Genome of *Citrus tristeza virus* (CTV) causing stem pitting symptom on mandarin grown in Thailand (CTV-A18) was investigated. By reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) technique with 22 specific primer pairs, cDNA fragment of CTV-A18 whole genome was synthesized and cloned into pCR[®] 8/GW/TOPO vector. The research result revealed that whole genome of CTV-A18 isolate consisted of 19,302 nucleotides with 2 Untranslated Regions (UTRs) and 12 Open Reading Frames (ORFs) which at least 17 proteins could be produced. The whole genome of CTV-A18 was then analytical compared with other 24 CTV isolates from previous data in GenBank by Clustal W and MEGA 4 programs. Identity, Pairwise Distance and Phylogenetic tree analysis of CTV-A18 nucleotide sequence was the most similar to CTV NUagA isolate from Japan. From comparative amino acid sequences, the most conservative regions of CTV-A18 genome were *cp* gene (Coat protein, p25) and 3'UTR which exhibited 96-99% and 98-99%, respectively. On the other hand, the less conservative regions of CTV-A18 genome were 5'UTR, p349 and RdRp (p54) which exhibited 66-97%, 49-91% and 71-97%, orderly. Based on this work, the different of amino acid sequences of mentioned regions might be one important data used for classification or identification of CTV strains. RT-PCR technique with specific primer CPF/CPR [coat protein gene (*cp*) 672 bp] and result confirmation by Dot blot hybridization (DBH) with specific Biotin-CP-probe was demonstrated for CTV detection and lateral host study. Many kinds of plants including weeds, 45 samples in 11 Genera, 8 Families, established in CTV infected orchards were collected for research trials. The positive CTV-detection was recorded from infected mandarin and lime samples, but negative results were observed on all of those 45 plant samples.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์อำไพพรรณ ภราดรนิววัฒน์ ประธานกรรมการ ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ รองศาสตราจารย์วิจารณ์ วิชชุกิจ และอาจารย์ศรีเมฆ ชาวโพรงพวงกรรมการที่ปรึกษา ร่วม ที่ได้ช่วยเหลือในการวางแผนการทำวิทยานิพนธ์ ตลอดจนให้คำปรึกษา แนะนำ และตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ให้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

ขอขอบคุณ รองศาสตราจารย์ณรงค์ สิงห์บุระอุดม ประธานในการสอบปากเปล่าขั้นสุดท้าย และอาจารย์ ดร.วันเพ็ญ ศรีทองชัย ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก ที่ให้คำแนะนำและตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ให้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

วิทยานิพนธ์นี้ได้รับการสนับสนุนส่วนหนึ่ง จากศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพ เกษตร สำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีสำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กระทรวงศึกษาธิการ และจากบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์และสถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ขอบคุณภาควิชาโรคพืช คณะเกษตร บางเขน และห้องปฏิบัติการชีวโมเลกุล ชั้นห้า ภาควิชาโรคพืช ที่เอื้ออำนวยความสะดวก ให้ความอนุเคราะห์สถานที่ อุปกรณ์ และเครื่องมือในการทำงานวิจัย และขอบคุณ พี่ๆ และน้องๆ ทุกคนที่ให้คำแนะนำ ช่วยเหลือในการทำงานวิจัย และเป็นกำลังใจในการทำงานตลอดมา

สุดท้ายขอกราบขอบพระคุณ คุณพ่อ คุณแม่ และญาติพี่น้องทุกท่าน ที่เป็นกำลังใจที่สำคัญอย่างยิ่งในการทำวิทยานิพนธ์เล่มนี้ให้สำเร็จด้วยดี ประโยชน์อันใดที่เกิดจากวิทยานิพนธ์เล่มนี้ ขอมอบแต่ คุณพ่อ คุณแม่ และอาจารย์ทุกท่าน ซึ่งเป็นผู้ที่สนับสนุนในการศึกษาของข้าพเจ้าตลอดมา

กิริติ สินธวชีวะ

เมษายน 2554

สารบัญ

หน้า

สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(3)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	4
การตรวจเอกสาร	5
อุปกรณ์และวิธีการ	20
ผลและวิจารณ์	34
สรุปและข้อเสนอแนะ	123
สรุป	123
ข้อเสนอแนะ	126
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	127
ภาคผนวก	134
ภาคผนวก ก ฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์จาก GENBANK ที่ใช้ในการออกแบบ ไพรเมอร์ CPF/CPR ในส่วนของยีน <i>cp</i> (Coat protein)	135
ภาคผนวก ข ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของเชื้อ CTV สายพันธุ์ A18 กับฐานข้อมูลใน GENBANK	141
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	233

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1 คุณสมบัติและหน้าที่ของโปรตีนในกลุ่ม Closterovirus	10
2 ฐานข้อมูล GENBANK (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) ที่เอามาใช้ในการ ออกแบบไพรเมอร์ในการสังเคราะห์จีโนม	23
3 ไพรเมอร์สำหรับการสังเคราะห์จีโนมของเชื้อ CTV A18 ที่ใช้ในปฏิกิริยา Reverse Transcription – Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)	24
4 ฐานข้อมูล GENBANK (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) ที่เอามาใช้ในเปรียบเทียบ ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโน	30
5 ตัวอย่างของวัชพืชที่เก็บ เพื่อนำมาตรวจสอบโรคไวรัสทริสเตซ่าจากสวนส้มและ ส้มโอที่มีการระบาดของโรคไวรัสทริสเตซ่า	117
6 สรุปผลเปรียบเทียบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของ CTV A18 เทียบกับรายงานที่เคยมีการตีพิมพ์ใน GenBank	124
 ตารางผนวกที่	
ก1 แสดงฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์จาก GENBANK ที่ใช้ในการออกแบบ ไพรเมอร์ CPF/CPR ในส่วนของยีน <i>cp</i> (Coat protein)	136

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	ภาพโครงสร้างจีโนมของเชื้อไวรัส CTV	10
2	ภาพจำลองตำแหน่ง genome ของเชื้อไวรัส CTV A18 รวมทั้งตำแหน่งขึ้น ผลิตภัณฑ์ของคู่ไพรเมอร์ที่ได้จากการออกแบบโดยครอบคลุมตลอดทั้งจีโนม	22
3	แสดงลักษณะอาการลำต้นบวมจากต้นส้มฟริมองต์ที่ใช้ในการตรวจสอบจีโนม เชื้อ <i>Citrus tristeza virus</i> สายพันธุ์ A18 (ภาพ A), แสดงลักษณะอาการลำต้นบวม ภายในเปลือกลำต้น (ภาพ B)	35
4	แสดง CTV- <i>cp</i> gene ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยไพรเมอร์ CPF/CPR	36
5	ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นบวม จังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย	37
6	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของ จีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัสที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของ ลำดับนิวคลีโอไทด์)	66
7	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ตลอดจีโนมของ ไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับ นิวคลีโอไทด์ตลอดจีโนมของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	67
8	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 5'UTR ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อ ไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่าง แสดง ค่า Identity ของลำดับนิวคลีโอไทด์)	69
9	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับ นิวคลีโอไทด์ ส่วน 5'UTR ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	70

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า	
10	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p349 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	72
11	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p349 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p349 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	73
12	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p54 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	75
13	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p54 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p54 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	76
14	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p33 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	78
15	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p33 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p33 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	79
16	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p6 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	81

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
17	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p6 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p6 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	82
18	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p65 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	84
19	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p65 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p65 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	85
20	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p61 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	87
21	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p61 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p61 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	88
22	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p27 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	90
23	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p27 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p27 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	91

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
24	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwire distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p25 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwire distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	93
25	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p25 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p25 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	94
26	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwire distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p18 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwire distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	96
27	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p18 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p18 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	97
28	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwire distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p13 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwire distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	99
29	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p13 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p13 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	100
30	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwire distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p20 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwire distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	102

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
31	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p20 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p20 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	103
32	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p23 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)	105
33	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p23 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p23 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	106
34	เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับนิวคลีโอไทด์)	108
35	Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 3'UTR ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK	109
36	ลักษณะสวนส้มโอโดยทั่วไปในสวนภาคกลางในประเทศไทย	113
37	ลักษณะของวัชพืชที่ขึ้นทั่วไปในสวนส้มและส้มโอในประเทศไทย	114
38	ภาพถ่ายอย่างวัชพืชที่พบส่วนมากในสวนส้มและส้มโอในเขตภาคกลางในประเทศไทย	115
39	แสดงการตรวจสอบโรคไวรัสทริสเตซ่า Citrus Tristeza Virus (CTV), ด้วยเทคนิค RT-PCR ด้วยการเพิ่มปริมาณชิ้นยืน coat protein gene (<i>cp</i>) ขนาด 672 bp จาก RNA ตัวอย่างของวัชพืชทั้ง 45 ตัวอย่างด้วยคู่ไพรเมอร์ CPF/CPR	119
40	แสดง CTV- <i>cp</i> -Probe เทียบกับขนาดของ coat protein gene ปกติ	120
41	ภาพแสดงผลการตรวจสอบโรคทริสเตซ่าด้วยเทคนิค Dot blot hybridization	121

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่

หน้า

- | | | |
|----|---|-----|
| ข1 | เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมในส่วน 5'UTR ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 5'UTR ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 142 |
| ข2 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p349 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p349 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 144 |
| ข3 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p54 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p54 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 184 |
| ข4 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p33 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p33 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 191 |
| ข5 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p6 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p6 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 195 |
| ข6 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p65 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p65 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 196 |

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่

หน้า

- | | | |
|-----|---|-----|
| ข7 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p61 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p61 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 204 |
| ข8 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p27 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p27 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 211 |
| ข9 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p25 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p25 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 215 |
| ข10 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p18 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p18 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 218 |
| ข11 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p13 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p13 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 221 |
| ข12 | เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p20 ของเชื้อ <i>Citrus Tristeza Virus</i> (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p20 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK | 223 |

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่

หน้า

- ข13 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p23 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p23 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK 226
- ข14 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมในส่วน 3'UTR ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK 229

จีโนมเชื้อไวรัสทริสเทซ่าในประเทศไทยและการตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเทซ่าในวัชพืช โดยใช้เทคนิค RT-PCR และ Dot Blot Hybridization

Genome of *Citrus tristeza virus* (CTV) in Thailand and Detection of CTV by RT-PCR and Dot Blot Hybridization Techniques in Weeds

คำนำ

การบริโภคส้มของไทยและในต่างประเทศนั้น ได้รับความนิยมกันมาตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน รวมถึงการส่งออกและการนำเข้าส้มสายพันธุ์ต่าง ๆ มากมาย เกษตรกรจึงสามารถทำได้จำนวนมากจากปริมาณการผลิตส้ม การผลิตส้มให้ได้ปริมาณและคุณภาพที่เพียงพอต่อการนำเข้าสู่ตลาดนั้นทำได้ยาก ปัญหาและอุปสรรคในการผลิต มีปัจจัยอื่นเกี่ยวข้อง เช่น สภาพแวดล้อม ทุน ปุ๋ย หรือสารเคมี เป็นต้น แต่ปัจจัยที่สำคัญหนึ่งคือ เรื่องของโรคของส้ม (อำไพวรรณ, 2527)

โรคของส้มที่สำคัญ เกิดจากเชื้อสาเหตุได้ทุกเชื้อ ไม่ว่าจะเป็นเชื้อแบคทีเรีย เชื้อรา ไวรัส ไวรอยด์ ไฟโตพลาสมา และไส้เดือนฝอย เป็นต้น (อำไพวรรณ, 2527) แต่โรคที่ในประเทศไทยและต่างประเทศกำลังให้ความสำคัญในขณะนี้คือเรื่องของโรคไวรัสทริสเทซ่าที่มีเชื้อสาเหตุเกิดจากเชื้อไวรัส *Citrus tristeza virus* (CTV)

อาการที่เกิดจากการเข้าทำลายของเชื้อไวรัส CTV จะแตกต่างกันขึ้นอยู่กับชนิดของพืชอาศัยที่อยู่ในพื้นที่ปลูก เช่น อาการต้นโทรม การตายเริ่มจากปลายยอดเข้ามา (decline) ลำต้นนูน (stem pitting) เส้นใบใส (vein clearing) เส้นใบแตก (vein corking) ใบเป็นรูปถ้วย (leaf cupping) ต้นกล้าเหลืองซีด (yellowing) เป็นต้น ลักษณะอาการจะขึ้นอยู่กับความรุนแรงของไวรัสและสภาพแวดล้อม โดยทั่วไปอาการที่สำคัญเมื่อเชื้อ CTV เข้าทำลายคืออาการต้นโทรม และต้นโทรมอย่างรวดเร็ว ซึ่งถ้าเกิดพร้อมกันจะทำให้เกิดการตายอย่างรวดเร็ว และอาการลำต้นนูน จะทำให้ความสมบูรณ์ของต้นพืชลดลง (Albiach-Marti *et al.*, 2000)

ในประเทศไทยมีการแพร่กระจายตัวอยู่ในสวนส่วนใหญ่ในทุกพื้นที่ หากทำการตรวจสอบแล้วอาการจะแสดงไม่ชัดเจน เนื่องจากสายพันธุ์ไม่รุนแรง และสภาพของพืชอาศัยยังคงสมบูรณ์ดี

พบว่าไวรัส CTV ถ่ายทอดโดยเพลี้ยอ่อน (aphid) ได้หลายชนิด เช่น *Aphis spiraeicola* Patch, *A. gossypii* Glover และ *Toxoptera aurantii* แต่เพลี้ยอ่อน *Toxoptera citricidus* (Kirkaldy) มีประสิทธิภาพในการเป็นพาหะที่ถ่ายทอดโรคได้ดีที่สุด (Powell *et al.*, 1997; Niblett *et al.*, 2000) การถ่ายทอดโรคเป็นแบบ semi-persistent (Roy, 2005) โดยแมลงพาหะจะอาศัยระยะเวลาในการถ่ายทอดเชื้อให้กับพืช เพียง 30 นาที ถึง 1 ชั่วโมง และหลังจากที่ดูดกินน้ำเลี้ยงจากพืชแมลงพาหะยังคงความสามารถในการถ่ายทอดเชื้อไวรัสได้ 1-3 วัน นอกจากนี้เชื้อสามารถถ่ายทอดไปโดยแมลงพาหะแล้ว ยังสามารถถ่ายทอดได้โดยวิธีกล หรือโดยการติดตา การทาบกิ่ง และทางกิ่งพันธุ์ ซึ่งเป็นสาเหตุที่ทำให้เกิดการแพร่ระบาดของโรคอย่างรวดเร็ว แต่โรคนี้ไม่สามารถถ่ายทอดผ่านทางเมล็ด (Dolja *et al.*, 1994)

ในเรื่องของพืชอาศัย CTV จะอาศัยอยู่ในระบบท่ออาหาร (phloem) จำกัดเฉพาะในพืชที่เป็นไม้ยืนต้นในสกุลส้ม เช่น *Aeglopsis chevalieri*, *Alfraelle paniculata* และ *Pampurus missiones* (Yoshida, 1996)

สมมติฐานข้างต้นยังไม่ได้รับการพิสูจน์ในพืชล้มลุก หรือพืชอื่นที่น่าจะมีความเกี่ยวข้องกับการเกิดโรคไวรัสทริสเตซ่า จากการสำรวจพืชล้มลุกหรือวัชพืชในสวนผลไม้ตามแหล่งปลูกต่างๆ พบว่า ชนิดของวัชพืชที่ขึ้นในสวนผลไม้มีแตกต่างกันไป เช่นทางจังหวัดนครราชสีมาและสระบุรี พบว่า หญ้าจรจบดอกเล็กและดอกใหญ่ เป็นวัชพืชร้ายแรงอันดับหนึ่งทั้งยังแพร่กระจายไปในท้องที่ภาคตะวันออกเฉียงใต้ตั้งแต่จังหวัดปราจีนบุรี นครนายก ฉะเชิงเทรา ระยอง ชลบุรี จันทบุรี และตราด สำหรับวัชพืชที่สำคัญอีกชนิดหนึ่งคือ หญ้าคา มีขึ้นอยู่ทุกแห่งและปริมาณมากทางภาคใต้นับตั้งแต่จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ลงไปจะพบว่ามีสาบเสือและหญ้าคา เป็นวัชพืชสำคัญ สำหรับวัชพืชอื่นๆเช่น ผักปราบ หญ้าตีนนก และกะเม็ง แต่สำหรับสวนส้มส่วนใหญ่ในประเทศไทยในเกือบทุกท้องที่ วัชพืชที่พบมักมีความคล้ายคลึงกัน อาทิเช่น ผักปราบใบแคบ และผักปราบใบกว้าง หญ้าแห้วหมู กะเม็ง เป็นต้น (สมชาติ, 2548)

จากข้อมูลประเทศไทย และประเทศแถบเอเชียอาคเนย์ ยังไม่มีผู้ใดรายงานข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของเชื้อไวรัสทริสเตซ่า เพื่อใช้ในการพิจารณาข้อมูลพื้นฐานที่ใช้ในการศึกษาเชื้อไวรัสในการศึกษาในครั้งนี้ ได้แบ่งการศึกษาเป็นสองส่วน ส่วนที่หนึ่งได้มุ่งเน้นการศึกษาในระดับโมเลกุลของเชื้อสาเหตุ จะช่วยทำให้การตรวจสอบรวมทั้งการวินิจฉัยโรคได้อย่างถูกต้องแม่นยำถึงระดับสายพันธุ์ของเชื้อ และยังใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการปรับปรุงพันธุ์ส้มให้ต้านทานต่อเชื้อ

ไวรัสทริสเตซ่า และส่วนที่สองเป็นการตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในพืชอาศัยชนิดอื่นนอกจาก พืชอาศัยตระกูลส้ม (lateral host) โดยเฉพาะวัชพืชในสวนส้ม เป็นต้นเพื่อตรวจสอบสมมติฐานว่า เชื้อไวรัส CTV สามารถเข้าทำลายวัชพืชในสวนส้ม ในการเป็นพืชอาศัยให้กับเชื้อไวรัสทริสเตซ่า



วัตถุประสงค์

1. ศึกษาความผันแปรและความหลากหลายของจีโนมเชื้อไวรัสทริสเตซ่าสาเหตุโรคทริสเตซ่าอาการลำต้นปุ่มในส้มพริ้มองด์จากสวนจังหวัดเชียงใหม่ เพื่อใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการจำแนกชนิดของเชื้อไวรัส การควบคุม และการป้องกันรวมทั้งเป็นประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์หรือสร้างพันธุ์ส้มให้มีความต้านทานต่อเชื้อไวรัสดังกล่าว

2. ตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในพืชอาศัยชนิดอื่นนอกจากพืชอาศัยตระกูลส้ม (lateral host) โดยเฉพาะวัชพืชในสวนส้ม เป็นต้นเพื่อตรวจสอบสมมติฐานว่าเชื้อไวรัส CTV สามารถเข้าทำลายวัชพืชในสวนส้ม ในการเป็นพืชอาศัยให้กับเชื้อไวรัสทริสเตซ่า

การตรวจเอกสาร

1. ประวัติความเป็นมาของพืชตระกูลส้ม

สายพันธุ์ต่างๆของพืชในสกุล Rutaceae เป็นพืชท้องถิ่นที่มีถิ่นกำเนิดดั้งเดิมอยู่ในเขตร้อนและเขตกึ่งร้อนของเอเชีย ไปจนถึงทางทิศตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศอินเดียและประเทศพม่า ลงมาจนหมู่เกาะในคาบสมุทรมาเลย์ ซึ่งครอบคลุมถึงประเทศไทยทั้งหมด เห็นได้ว่าประเทศไทยมีพืชสกุลนี้และสกุลอื่นที่อยู่ในกลุ่มส้มอีกหลายชนิดกระจายอยู่ทั่วประเทศ ซึ่งภายหลังส้มจึงได้มีการแพร่กระจายออกไปยังส่วนอื่นๆของโลกในเวลาต่อมา

จากถิ่นกำเนิดต่างๆเหล่านี้ส้มได้แพร่กระจายออกไปยังบริเวณที่เหมาะสมต่อการเจริญเติบโต ดังปรากฏในประวัติศาสตร์ของจีน ระหว่างปี พ.ศ. 2197-2205 ซึ่งเป็นรัชสมัยของจักรพรรดิชื่อ Ta Yu มีการส่งพวกแมนดารินและส้มห่อผ้าไหมเป็นเครื่องราชบรรณาการ

ต่อมาในปี พ.ศ. 330 นายพล Alexander นำเอาซิตรอนจากประเทศที่รบได้ชัยชนะ เช่น อิหร่าน ไปปลูกในยุโรป และแพร่กระจายไปแถบเมดิเตอร์เรเนียน มีส้มชนิดต่างๆ ได้แก่ sour orange, lemon, lime, sweet orange และ mandarin ตามลำดับ การแพร่กระจายพันธุ์นี้เข้าใจว่าอยู่ในช่วงของสงครามครูเสด โดยแพร่กระจายไปยังประเทศ อิตาลี สเปน โปรตุเกส และแอฟริกาตอนเหนือ

โคลัมบัสได้นำพันธุ์ส้มมาปลูกทางแถบตะวันตก ในปี ค.ศ. 1493 ได้มีการรวบรวมเมล็ดของ orange group, lemon และ citron จากหมู่เกาะคาริเบียน ไปปลูกที่เมืองฮิสปานิโอลา ต่อมาได้แพร่กระจายพันธุ์ไปยังแถบทะเลคาริเบียน และส่วนอื่นๆของทวีปยุโรป (เปรมปรี, 2544)

ในศตวรรษที่ 16-17 โคลัมบัสได้นำส้มไปปลูกชายฝั่งอเมริกาใต้ แอฟริกา กับออสเตรเลีย เป็นแหล่งสุดท้าย ในสมัยก่อนนักเดินทางและมิชชันนารีเป็นผู้ช่วยแพร่กระจายส้มได้ดี โดยเฉพาะอย่างยิ่งมักเป็นที่รู้จักกันดีในรูปของเครื่องดื่มแก้กระหายในกองทัพเรืออังกฤษ ส้มชนิดแรกที่แพร่กระจายเข้าไปในยุโรป คือ citron ต่อมา mandarin, orange แพร่กระจายตามมาเป็นระยะ (เปรมปรี, 2544)

การแพร่กระจายพันธุ์ส้มเข้าไปในประเทศสหรัฐอเมริกาเป็นครั้งแรก เกิดขึ้นในปี ค.ศ. 1769 ที่รัฐแคลิฟอร์เนีย เมืองซานดิเอโกทางตอนใต้ โดยพวกมิชชันนารี และได้ปลูกเป็นการค้าขึ้นครั้งแรกในปี ค.ศ. 1841 ประมาณ 70 เอเคอร์ ต่อมาในปี ค.ศ. 1967 ได้เพิ่มพื้นที่ปลูกถึง 281,360 เอเคอร์และมีแนวโน้มว่าจะเพิ่มขึ้นทุกปี (เปรมปรี, 2544)

สำหรับการแพร่กระจายของพันธุ์ส้มเข้ามาในประเทศไทยนั้นยังไม่ปรากฏหลักฐานแน่ชัดว่าได้เริ่มปลูกเป็นการค้ามาตั้งแต่สมัยไหน อย่างไรก็ตามจากเอกสารเรื่อง A New Historical Relation With The King of Siam ที่เขียนรายงานโดย Monsieur De La Loubere ซึ่งเป็นผู้แทนจากกษัตริย์ฝรั่งเศสส่งเข้ามาเจริญสัมพันธไมตรีกับประเทศไทยนานประมาณ 3 เดือน โดยเข้ามาถึงประเทศไทยเมื่อวันที่ 3 มกราคม พ.ศ. 2231 (ค.ศ. 1688) ซึ่งต้นฉบับเขียนเป็นภาษาฝรั่งเศส แปลและจัดพิมพ์เป็นภาษาอังกฤษในปี พ.ศ. 2236 (ค.ศ. 1693) ในเอกสารนี้กล่าวถึงส้มชนิดต่างๆอยู่ 3 ชนิดด้วยกันคือ ส้มโอ (Soum-O หรือ Pampelmouses) ส้มแก้ว (Soum-Keou หรือ Crystal Oranges) ซึ่งยังได้ระบุว่าเป็นส้มที่มีราคาแพงจึงมีชื่อว่า “แก้ว” และสุดท้าย มะกรูด (Ma-Croust) ซึ่งมีการอธิบายเพิ่มเติมว่า ผลมีน้ำมาก แต่เปรี้ยวจัด สำหรับส้มเขียวหวานประวัติความเป็นมาไม่แน่ชัด แต่เชื่อกันว่าจะนำเข้ามาพร้อมกับชาวจีนอพยพเมื่อประมาณร้อยกว่าปีมาแล้ว และได้มีการปลูกกระจายไปยังภูมิภาคอื่นๆในระยะต่อมา จนถึงปัจจุบันมีการปลูกพืชสกุลส้มกันทั่วไปในทุกภูมิภาคของประเทศโดยเฉพาะภาคกลาง ภาคตะวันออกและภาคเหนือของประเทศ (เปรมปรี, 2544)

พืชตระกูลส้ม มีสมาชิกจำนวน 130 สกุล และ 1,500 ชนิด พบได้ในแถบหนาวและแถบกึ่งร้อนของซีกโลกเหนือและใต้ ส่วนใหญ่มีการกระจายตัวอยู่ในอัฟริกาตอนใต้และออสเตรเลีย พืชในตระกูลนี้มีทั้งที่เป็นไม้ยืนต้น ไม้ล้มลุกและไม้พุ่ม ใบมีทั้งชนิดใบเดี่ยวและใบประกอบ ซึ่งมีลักษณะแบบนิ้วมือและแบบขนนก ส่วนของใบอาจมีการดัดรูปเป็นหนามด้วย ใบมีการเรียงตัวแบบตรงกันข้ามหรือสลับ ไม่มีหูใบ ต่อม้ำมันที่ส่วนของใบนี้มีลักษณะโปร่งแสง ดอกเป็นชนิดสมบูรณ์เพศ และได้สมมาตรกัน มักเกิดเป็นช่อดอก ในแต่ละดอก ส่วนของกลีบดอกและกลีบเลี้ยงแยกจากกันอย่างเด่นชัด จำนวนกลีบเลี้ยงและกลีบดอกมี 3-5 กลีบ เท่านั้น กลีบดอกมีลักษณะแยกกันบริเวณฐานมีเกสรตัวผู้แทรกอยู่ มีจำนวนเท่ากลีบดอก หรือเป็นสองเท่าของจำนวนกลีบดอก มักเรียงตัวเป็น 2 ชั้น ชั้นนอกเรียงตัวในลักษณะตรงกันข้ามกับกลีบดอก บางครั้งอาจพบเกสรตัวผู้ลดรูป ซึ่งไม่สามารถทำงานได้ รังไข่ส่วนฐานของเกสรตัวเมียเป็นแบบ superior ovary คือรังไข่จะอยู่เหนือส่วนอื่นของดอก ลักษณะของรังไข่มีสีชมพูเด่นชัด จำนวน 4-5 ช่อง แต่ละช่องมีไข่ 1-2 อัน (เปรมปรี, 2544)

การจัดจำแนกพืชตระกูลนี้สามารถแบ่งออกได้เป็น 7 ตระกูลย่อย ซึ่งตระกูลย่อยที่สำคัญที่สุดได้แก่ ตระกูลย่อยของส้ม (Orange Subfamily : Aurantioideae) ประกอบด้วยสมาชิกที่เป็นไม้ผลเศรษฐกิจมากมาย เช่น ส้มต่างๆ (*Citrus* spp.) เป็นต้น สำหรับการแบ่งกลุ่มของพืชตระกูลส้มแบ่งได้ดังนี้ กลุ่มแรก กลุ่มของส้มเกลี้ยงและส้มตรา (Oranges group) กลุ่มที่สอง กลุ่มของส้มจีนและส้มเขียวหวาน (Mandarins group) กลุ่มที่สาม กลุ่มของส้มโอและเกรฟฟรุต (Pomelo and Grapefruits group) และสุดท้ายกลุ่มของมะนาว (Common acid members group) (เปรมปรี, 2544)

ส้มเขียวหวานมีชื่อสามัญว่า Tangerine หรือ Mandarin (*Citrus reticulata* Blanco) จัดเป็นไม้ยืนต้นขนาดเล็กมีทรงต้นสูงประมาณ 2-8 เมตร ทรงพุ่มมีลักษณะแน่นทึบ ลำต้นมีหนามขนาดเล็กและมีน้อยมากหรืออาจไม่มีเลย มีดอกเป็นดอกเดี่ยวหรือดอกช่อขนาดเล็ก ขนาดผลเล็กถึงปานกลาง ผลค่อนข้างกลมออกเป็น มีรอยบุ๋มที่ก้นผล เปลือกบางผิวเปลือกสีเขียวอมเหลือง มีต่อมน้ำมันฝังอยู่ทั่วไป ปอกเปลือกง่ายได้กลวงกลีบแยกออกจากกันได้ง่ายมีประมาณ 10-15 กลีบ รสชาติและกลิ่นดีเนื้อมีน้ำมาก สีส้ม รสหวานอมเปรี้ยว ส้มเขียวหวานเป็นไม้ผลกึ่งร้อน ไม่ชอบสภาพอากาศหนาวจัดหรือร้อนจัดเกินไป ปลูกได้ทุกลักษณะดินที่ไม่มีน้ำขังมี pH ประมาณ 5.7-6.9 ช่วงอุณหภูมิจะมีผลต่อคุณภาพของผลส้ม เช่นการปลูกภาคเหนือของไทยมีอากาศเย็นผิวส้มจะมีสีเหลืองเข้ม (เปรมปรี, 2544)

พืชตระกูลส้มเขียวหวานมีถิ่นกำเนิดดั้งเดิมอยู่ในประเทศจีนหรือตอนเหนือของคาบสมุทรอินโดจีน ปลูกกันมานานในประเทศจีนและญี่ปุ่น ได้มีการแพร่กระจายไปยังสหรัฐอเมริกาและยุโรป จนขณะนี้ปลูกกันทั่วไปทั้งในเขตร้อน และเขตกึ่งร้อน สำหรับประเทศไทยมีการปลูกส้มกันมานาน 100 กว่าปีแล้ว โดยเป็นพันธุ์ที่ชาวจีนอพยพนำเข้ามาด้วย แต่ได้ทำการปลูกเป็นการค้าอย่างจริงจังเมื่อประมาณ 70 ปีที่ผ่านมาในตำบลบางมด เขตราชบุรีบูรณะ และเขตบางขุนเทียน เรียกกันว่าส้มบางมด ต่อมามีปัญหาด้านน้ำเค็มและน้ำเสีย พื้นที่ปลูกจึงกระจายออกไปยังจังหวัดปทุมธานี สระบุรี นครนายก โดยเฉพาะจังหวัดปทุมธานี มีระบบชลประทานที่สมบูรณ์แบบที่สุจริตจึงมีการปลูกส้มเขียวหวานมากที่สุด และยังแพร่ไปปลูกในแหล่งอื่นๆ เช่น น่าน แพร่ จันทบุรี ตราด

2. ลักษณะทั่วไปของโรค *Citrus tristeza virus* (CTV)

โรคทริสเตซ่าเป็นโรคไวรัสของส้มที่สำคัญที่สุด โรคนี้มีชื่อเรียกแตกต่างกันไปตามท้องถิ่นที่มีการระบาดของโรค เช่น ในบราซิลเรียก tristeza ในอาร์เจนตินา และอูรุกวัย เรียก

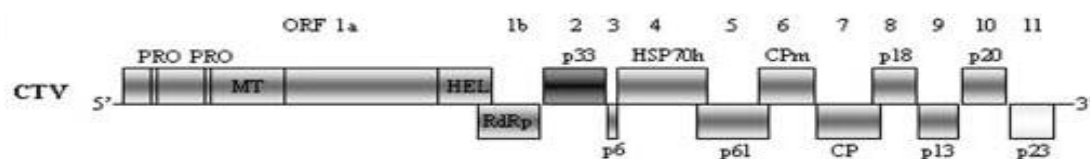
Podredembre de las raicillas, Citrus quick decline virus, Lime die-back virus, Grapefruit stem pitting virus ในประเทศญี่ปุ่นเรียก Hassaku dwarf virus โรคนี้มีรายงานครั้งแรกในปี 1904 โดย Bioletti *et al.* ต่อมาได้มีรายงานเกี่ยวกับอาการต้นโทรมของต้นพันธุ์และต้นต่อของส้มในบางพื้นที่ของประเทศแอฟริกาใต้ ในปี 1910 (Lee, 2001) มีรายงานว่าโรคนี้ ระบาดทำความเสียหายทางเศรษฐกิจแก่ท้องที่ปลูกส้มในแถบเมดิเตอร์เรเนียน และประเทศในทวีปอเมริกาเหนือและได้มาตั้ง แต่ปี ค.ศ. 1928 (Ampaiwan, 2003) และมีการรายงานเรื่อยมาว่ามีการพบโรคนี้เพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ในทุกภูมิภาคที่มีการปลูกพืชสกุลส้มของโลกจนเป็นปัญหาต่อการปลูกพืชสกุลส้มจนถึงปัจจุบัน (ศิริวรรณ, 2525) เชื้อสาเหตุของโรคนี้คือ *Citrus tristeza virus* (CTV) เป็นไวรัสในกลุ่ม Closterovirus ซึ่งเป็นไวรัสในกลุ่มของไวรัสพืช (species *Citrus tristeza virus*; genus *Closterovirus*; family Closteroviridae) มีรูปร่างของอนุภาคเป็นแบบท่อนคดยาว (flexuous threadlike particle) มีขนาดประมาณ 2,000 นาโนเมตร เส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 11-13 นาโนเมตร เป็นไวรัสพืชที่มีขนาดยาวที่สุด และภายในอนุภาคบรรจุอาร์เอ็นเอสายเดี่ยวชนิดสายบวก (single-stranded ribonucleic acid; ssRNA) โดย ssRNA มีขนาดประมาณ 20 กิโลเบส และอนุภาคมีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ $5.4-6.5 \times 10^6$ ดาลตัน (Mathews *et al.*, 1997) อนุภาคของ CTV ถูกห่อหุ้มด้วย โปรตีนห่อหุ้มอนุภาคไวรัส (coat protein) ที่แตกต่างกันอยู่สองชนิดที่ใช้ในการประกอบเป็น อนุภาค ได้แก่ โปรตีนห่อหุ้มที่มีขนาด 25 กิโลดาลตัน ซึ่งเป็นส่วนประกอบถึง 95 เปอร์เซ็นต์ และ โปรตีนห่อหุ้มที่มีขนาด 27 กิโลดาลตัน ซึ่งมี 5 เปอร์เซ็นต์ของโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคไวรัส และ โปรตีนส่วนนี้จะประกอบที่ส่วนปลายด้านหนึ่งของอนุภาคทำให้อนุภาคมีรูปร่างที่เรียกว่า “rattlesnake” หรือ morphological polar structure (Alexey *et al.*, 1995)

3. ชีวิตวิทยาของเชื้อสาเหตุโรคทริสเตซ่า

3.1 จีโนม

Citrus tristeza virus (CTV) จัดอยู่ในกลุ่ม complex Closteroviridae family ซึ่ง ประกอบด้วยไวรัสพวก mono-, bi- และ tri-partite genome สามารถถ่ายทอดได้ด้วยพาหะจำพวก แมลงหลายชนิดเช่นเพลี้ยอ่อน แมลงหวี่ขาว และเพลี้ยแป้ง อนุภาคของ CTV เป็นแบบ flexuous filaments ขนาดประมาณ $2,000 \times 11$ nm จีโนมเป็นสาย RNA แบบ single stranded positive-sense ขนาดประมาณ 20 กิโลเบส (Fagoaga *et al.*, 2005)

จากขนาดของนิวคลีโอไทด์ประมาณ 20 กิโลเบส ของ CTV ประกอบด้วย 12 open reading frame (ORFs) และสามารถผลิตโปรตีนได้อย่างน้อย 17 ชนิด ได้แก่โปรตีนที่มีส่วนเกี่ยวข้องกับการเพิ่มจำนวนของจีโนม (replication-associated complex; RNA dependent RNA polymerase, RdRp) ที่ได้จากส่วนของ ORF 1 ซึ่งส่วนนี้ประกอบด้วย ORF 1a ที่ทำหน้าที่ในการผลิตเอนไซม์ methyl transferase (MTR) และเอนไซม์ helicase และ ORF 1b ซึ่งจะทำหน้าที่ผลิตเอนไซม์ RNA-dependent RNA polymerase และนอกจากนี้ในส่วนของด้าน ORF 1a ยังทำหน้าที่ในการผลิต papain-like proteinase (Pap-Pro) ซึ่งจะช่วยในการปล่อย helper component proteinase (HC-Pro) คล้ายกลุ่ม potyviruses ซึ่งเมื่อเกิดการรวมกันของโปรตีนใน ORF 1a แล้วจะมีขนาดประมาณ 400 กิโลดาลตัน ส่วนของ ORF 2 เป็นบริเวณที่ทำหน้าที่ในผลิตโปรตีนขนาดเล็กและ (small hydrophobic protein) ใน triple gene block ซึ่ง 3 ยีนนี้จะผลิตโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการเคลื่อนที่แบบจากเซลล์หนึ่งไปยังอีกเซลล์หนึ่งของไวรัสและยังผลิตโปรตีนขนาด 6.4 กิโลดาลตัน ที่เกี่ยวข้องกับคุณสมบัติกับการจับกับเยื่อหุ้มเซลล์ (membrane binding properties) และนอกจากนี้ในลำดับเบสส่วนท้าย (termination codon) ของ ORF 2 มีส่วนของโคดอน UGA ที่ซ้อนเหลื่อมกับของโคดอน AUG ที่เป็นส่วนเริ่มต้น (start codon) ของ ORF 3 อยู่หนึ่งนิวคลีโอไทด์ เกิดการเลื่อนของเฟรมเพื่อผลิตโปรตีนชนิดใหม่และในส่วนของ ORF 4 ทำหน้าที่ผลิตโปรตีนขนาด 65 กิโลดาลตัน ที่เป็น heat shock proteins ซึ่งเป็นโปรตีนที่ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับ protein-protein interactions และส่วน ORF 4 เป็น ORF ที่มีส่วนของนิวคลีโอไทด์ซ้อนเหลื่อมกับ ORF 5 อยู่ 92 นิวคลีโอไทด์ และจากการศึกษาพบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์นี้ผลิตโปรตีนขนาด 64 กิโลดาลตัน และลำดับนิวคลีโอไทด์ดังกล่าวยังคล้ายกับลำดับของนิวคลีโอไทด์ที่เป็นส่วนของ HSP90 ซึ่งเป็นโปรตีนที่อยู่ในกลุ่มของ heat shock proteins และยังมีการสร้างโปรตีนขนาด 61 และ 20 กิโลดาลตัน นอกจากนี้ยังมีการผลิตโปรตีนขนาด 33, 13, 18 และ 23 กิโลดาลตัน แต่ยังไม่ทราบหน้าที่ของโปรตีนดังกล่าว (Pappu *et al.*, 1994; Karasev *et al.*, 1995)



ภาพที่ 1 ภาพโครงสร้างจีโนมของเชื้อไวรัส CTV แต่ละช่องแทนโปรตีนที่ผลิตจากแต่ละ ORFs (PRO, protease-like domain; MT, methyltransferase-like domain; HEL, helicase-like domain; RdRp, RNAdependent RNA polymerase-like domain; HSP70h, homologue of HSP70; CPm, minor coat protein; CP, major coat protein)

ที่มา: Ayllon et al. (2005)

ตารางที่ 1 คุณสมบัติและหน้าที่ของโปรตีนในกลุ่ม Closterovirus

โปรตีน	หน้าที่
P349 (ORF1a)	- สังเคราะห์โปรตีน methyl transferase (MTR), helicase และ papain-like proteinase (Pap-Pro) - เกี่ยวข้องกับ Genome replication (RNA helicase)
P54 (ORF1b)	- เป็นเอ็นไซม์ RNA-dependent RNA-polymerase (RdRp) ที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์กรดนิวคลีอิกของไวรัส (genome replication)
P33 (ORF2)	- ยังไม่ทราบบทบาทและหน้าที่ที่ชัดเจนแต่สันนิษฐานว่าเกี่ยวข้องกับการเคลื่อนที่ของอนุภาคไวรัส
P6 (ORF3)	- สังเคราะห์โปรตีนในกลุ่ม hydrophobic protein ซึ่งน่าจะมีบทบาทหน้าที่ในกลุ่มของ membrane anchor
P65 (ORF4)	- สังเคราะห์โปรตีนกลุ่ม heat shock protein 70 homologue (HSP70h) มีคุณสมบัติคล้าย chaperone protein ซึ่งทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับ protein folding, assembly และ disassembly โครงสร้างของอนุภาคไวรัส
P61 (ORF5)	- ทำงานร่วมกับ P65 มีบทบาทในเรื่องของ virion formation ของอนุภาคไวรัส

ตารางที่ 1 (ต่อ)

โปรตีน	หน้าที่
P27 (ORF6)	- สังเคราะห์โปรตีนห่อหุ้มอนุภาครอง (minor coat protein) ทำงานร่วมกับ P25 ในการรักษาโครงสร้างของอนุภาคไวรัสซึ่งส่วนใหญ่จะพบในบริเวณปลาย 3' ของภายนอกอนุภาคไวรัส
P25 (ORF7)	- มีหน้าที่ในการสังเคราะห์โปรตีนห่อหุ้มอนุภาคหลัก (major coat protein) ช่วยในการรักษาโครงสร้างของสายนิวคลีโอไทด์ภายในอนุภาคไวรัส
P18 (ORF8)	- ยังไม่ทราบหน้าที่ชัดเจน
P13 (ORF9)	- ยังไม่ทราบหน้าที่ชัดเจน
P20 (ORF10)	- สังเคราะห์โปรตีนประเภท suppressor มีคุณสมบัติในการยับยั้งการแสดงออกของกระบวนการ silencing ในพืชโดยทำงานร่วมกับ P23
P23 (ORF11)	- เกี่ยวข้องกับเรื่องการเกิด inclusion body ของไวรัส - ทำงานร่วมกับ P20 ในการรบกวนกระบวนการ silencing ในพืช - RNA binding protein ควบคุมการทำงานของ asymmetrical accumulation ของสาย plus และ minus ของ RNA ของไวรัสระหว่างการ replication

3.2 ลักษณะอาการของพืชที่เป็นโรคซึ่งเกิดจากเชื้อไวรัส

ลักษณะอาการโดยทั่วไปของต้นส้มที่เป็นโรค ต้นจะโทรม เหี่ยว และตายอย่างรวดเร็ว อาการต้นโทรมนี้เกิดเนื่องจากการตายของเซลล์ sieve tubes ในเกรฟฟรุ๊ต (*Citrus paradisi* Macf.) มักพบต้นมีอาการลำต้นบุ๋ม (stem pitting) รุนแรงและอาจพบต้นกล้าแสดงอาการเหลือง (seedling yellows) ต้นแคระแกร็นเกิดจุดเซลล์ตายในส้มแปร์ริว (*C. aurantium* L.) grapefruit (*C. paradise* Macf.), Eureka lemon (*C. limon* (L.) Burn.f.) และ citron (*C. medica* L.) อาการที่พบในมะนาว (*C. aurantifolia* (Christm) Swingle (West Indian limes, Key limes, Galego limes หรือ Mexican lime) คือเส้นใบเป็นจุดประปรังแสง เส้นใบใส ใบไม่เรียบ ขอบใบบิดเบี้ยวผิดปกติไป ใบม้วนงอขึ้นเป็นรูปถ้วย ใบหนาแน่น ใบตั้งขึ้น ใบร่วง ก็จะแสดงอาการไหม้ลามจากปลายยอดลงมาทำให้

กิ่งแห้งตาย ผลมีขนาดเล็ก แคระแกร็น ต้นมะนาวทรุดโทรมลงอย่างรวดเร็วและตายในที่สุดพืชอาศัยของเชื้อที่ไม่ใช่พืชสกุลส้ม มีเพียงชนิดเดียวคือ *Passiflora gracilis* Jacq. ต้นที่เป็นโรคจะแสดงอาการเซลล์ตายที่ใบ ขนาดของใบเล็กกว่าปกติ ต้นแคระแกร็น (ICTV, 2002)

อาการที่เกิดจากการเข้าทำลายของเชื้อไวรัส CTV จะแตกต่างกันขึ้นอยู่กับชนิดของพืชอาศัยที่อยู่ในพื้นที่ปลูก เช่น อาการต้นโทรม การตายตามจากปลายยอดเข้ามา ลำต้นบวม เส้นใบสี เส้นใบแตก ใบเป็นรูปถ้วย ต้นกล้าเหลืองซีด เป็นต้น ลักษณะอาการจะขึ้นอยู่กับความรุนแรงของไวรัสและสภาพแวดล้อม โดยทั่วไปอาการที่สำคัญเมื่อเชื้อ CTV เข้าทำลายคืออาการต้นโทรม และต้นโทรมอย่างรวดเร็ว ซึ่งถ้าเกิดพร้อมกันจะทำให้เกิดการตายอย่างรวดเร็ว และอาการลำต้นบวม จะทำให้ความแข็งแรงของต้นพืชอาศัยลดลง (Albiach-Marti *et al.*, 2000)

อาการต้นโทรมอย่างรวดเร็วหรือต้นโทรมทำให้ท่อทางเดินอาหารเฉา มีผลต่อการพัฒนาของ bud union (Rocha-Pena *et al.*, 1995) เมื่อท่อทางเดินอาหารทำหน้าที่ไม่ได้ จะมีผลต่อการเจริญเติบโตของกิ่งตอนทำให้ใบเหลือง ใบร่วง ขนาดของผลลดลง การตายจากยอดเหี่ยวและตายในที่สุด ถ้าเป็นอาการต้นโทรมจะเกิดขึ้นอย่างช้าใช้เวลานาน ถ้าเป็นอาการต้นโทรมอย่างรวดเร็วจะใช้เวลาน้อยกว่า 1 สัปดาห์ ก็จะทำให้พืชอาศัยตายอย่างรวดเร็ว (Lee, 2001)

อาการลำต้นบวมจะทำให้ใบลดขนาด ใบอ่อนหรือใบที่แตกใหม่จะหลุดร่วงง่าย กิ่งแห้งตายขนาดของผลลดลง อาการลำต้นบวมจะปรากฏที่บริเวณเนื้อไม้ ได้เปลือกเกิดเป็นรู กิ่งตอนที่มียาอาการอาการลำต้นบวมที่เกิดจากไวรัส CTV จะทำให้ต้นโทรม แต่ไม่ได้เป็นสาเหตุที่ทำให้ต้นล้มตายอาการนี้มีความสำคัญมากในมะนาวและเกรฟฟรุต (Rocha-Perna *et al.*, 1995)

เชื้อ CTV มีหลายสายพันธุ์ สามารถจำแนกได้โดยแบ่งตามลักษณะทางชีววิทยา (biological activity) ของเชื้อ และการทำให้เกิดอาการต่างๆ บนพืช ในการจัดจำแนกกลุ่มของ *Citrus spp.* จะใช้พืชทดสอบ สามารถจัดกลุ่มตามลักษณะการก่อให้เกิดอาการของโรคที่แตกต่างกันตามสายพันธุ์ (strain) ของเชื้อได้สามสายพันธุ์ คือ กลุ่มแรกเป็นสายพันธุ์ก่อให้เกิดอาการของโรคไม่รุนแรง (mild strain) กล่าวคือ สามารถก่อให้เกิดอาการ เส้นใบสี (clearing) หรือเส้นใบด่างเกิดเป็นบริเวณโปร่งแสง (flecking) บนเส้นกลางใบของมะนาวแม็กซิกัน (mexican lime) ส่วนกลุ่มที่สองคือสายพันธุ์ที่เมื่อเข้าทำลายพืชแล้วจะก่อให้เกิดอาการต้นโทรมและการยืนต้นตาย

(decline-inducing strains) ของพืชสกุลส้มที่ติดตาบนต้นต่อส้มเปรี้ยวและสายพันธุ์สุดท้ายคือสายพันธุ์ที่ก่อให้เกิดอาการลำต้นบวมเป็นร่องลึกลงไปใต้อกใบในกรฟรุ๊ตและส้ม เชื้อ CTV สายพันธุ์นี้พบว่าเกี่ยวข้องกับการทำให้เกิดการลดลงของผลผลิตและขนาดของผลอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ และนอกจากสามสายพันธุ์ที่กล่าวมาแล้วยังมีบางสายพันธุ์ที่ก่อให้เกิดอาการต้นกล้าเหลืองแต่ไม่ได้เป็นลักษณะอาการที่สำคัญในแปลงปลูก (Niblett *et al.*, 2000)

3.3 พืชอาศัยของเชื้อ CTV

CTV จะอาศัยอยู่ในระบบท่ออาหาร (phloem) จำกัดเฉพาะในพืชที่เป็นไม้ยืนต้นในสกุลส้ม เช่น *Aeglopsis chevalieri*, *Alfraele paniculata* และ *Pampurus missions* (Yoshida, 1996) อาการของโรคจะมีความแตกต่างกันแล้วแต่ชนิดของพืชอาศัย โดยส้มเกลี้ยง (sweet orange; *C. sinensis* Osb.) ส้มเขียวหวาน (mandarin; tangerine; *Citrus reticulata* Blanco) และส้มเปรี้ยว (sour orange; bitter orange; Seville orange; bigarate; *C. aurantium* L.) มะกรูด (leech lime; *Mauritius papeda*; *C. hystrix* DC.) มีความทนทานต่อเชื้อไวรัส CTV ที่ทำให้เกิดอาการ decline induced ส่วน rough lemon, Rangpur lime, Volkamer lemon ส้มจี๊ด (kumquat; *C. japonica* Thunb.) มะนาวเทศ (lemon; *C. limon* Burm. f.) มะนาวควาย (citron; *C. medica* L.) ส้มโอผลเล็ก (grapefruit; *C. paradisi* Macf.) จะมีความทนทานต่อเชื้อไวรัส CTV ส่วนมะนาวไทย (lime, West Indian lime, Key lime, Mexican lime, Galego lime, Kagzi lime; *Citrus aurantifolia* Swing.) ส้มโอ (pummelo; shaddock; *C. grandis* Osb.; *C. decumanus* L.; *C. maxima* Merr.) จัดเป็นพืชอาศัยที่มีความอ่อนแอมากที่สุด โดยเมื่อได้รับเชื้อจะทำให้เกิดอาการเซลล์ตายบริเวณเส้นใบ ใบเป็นรูปถ้วย และอาการ ลำต้นบวม ส่วนกาฝากพบว่ามีอยู่ 2 ชนิด ที่สามารถถ่ายทอดเชื้อไวรัสได้คือ *Cuscuta subinclusa* และ *Cuscuta americana* (Lee, 2001; Navas-Castillo *et al.*, 1997)

3.4 การกระจายตัวทางภูมิศาสตร์ของโรคทริสเตซ่า

โรคทริสเตซ่าเชื่อว่าเกิดขึ้นในแถบตะวันออกและมีการแพร่กระจายไปทั่วโลก (Rocha-Pena *et al.*, 1995) โดยพื้นที่ที่มีการแพร่ระบาดของโรคนี้ได้แก่ ทวีปเอเชีย ยุโรป อเมริกาเหนือ อเมริกาใต้ ออสเตรเลีย และแอฟริกา (ICTV, 2002)

3.5 การแพร่ระบาดโดยแมลงพาหะ

ในประเทศสเปนพบว่าโรคนี้นำให้ต้นส้มตายประมาณ 30 ล้านต้น จากการทาบกิ่งบนต้นต่อส้มเปรี้ยว (Albiach-Marti *et al.*, 1999) ในปี 1930 ประเทศบราซิลและประเทศอาร์เจนตินามีการสำรวจพบว่าเพลี้ยอ่อนสีดำ order Hemiptera, family Aphididae; *Toxoptera citricidus* (Kirkaldy) เป็นพาหะในการถ่าย ทอดเชื้อไวรัส CTV ในประเทศสเปนและประเทศเวเนซุเอลาพบว่าไวรัส CTV ถ่ายทอดโดยเพลี้ยอ่อน (Aphid) ได้อีกหลายชนิด เช่น *Aphis spiraeicola* Patch, *A. gossypii* Glover และ *Toxoptera aurantii* แต่เพลี้ยอ่อน *Toxoptera citricidus* (Kirkaldy) มีประสิทธิภาพในการเป็นพาหะที่ถ่ายทอดโรคได้ดีที่สุด (Powell *et al.*, 1997; Niblett *et al.*, 2000) การถ่ายทอดโรคเป็นแบบ semi-persistent (Roy, 2005) โดยแมลงพาหะอาศัยระยะเวลารับเชื้อจากพืชเป็นโรคอย่างน้อย 30 นาทีและใช้เวลาในการถ่ายทอดเชื้อให้กับพืชปกติ เพียง 30 นาที ถึง 1 ชั่วโมง (Albiach-Marti *et al.*, 1999) ซึ่งความสามารถในการถ่ายทอดจะเพิ่มขึ้นตามระยะเวลาในการถ่ายทอดโรคได้สูงสุด 24 ชั่วโมง และหลังจากที่ดูดกินน้ำเลี้ยงจากพืชแมลงพาหะยังคงความสามารถในการถ่ายทอดเชื้อไวรัสได้ 1-3 วัน (Komazaki, 1979) นอกจากนี้เชื้อสามารถถ่ายทอดไปโดยแมลงพาหะแล้ว ยังสามารถถ่ายทอดได้โดยวิธีกล หรือโดยการติดตา การทาบกิ่ง และทางท่อนพันธุ์ ซึ่งเป็นสาเหตุที่ทำให้เกิดการแพร่ระบาดของโรคอย่างรวดเร็ว แต่โรคนี้นิไม่ถ่ายทอดผ่านทางเมล็ด (Dolja *et al.*, 1994)

4. การตรวจวินิจฉัยโรคทริสเตซ่า

4.1 การตรวจวินิจฉัยเชื้อ CTV โดยใช้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน (Electron Microscope)

การตรวจหาอนุภาคไวรัสทำได้ โดยการตรวจดูด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน เนื่องจากไวรัสเป็นเชื้อก่อโรคที่มีขนาดเล็กมาก จึงมีความจำเป็นต้องส่องดูด้วยกำลังขยายที่มีกำลังขยายสูง ซึ่งเป็นวิธีนี้เป็นวิธีที่ได้ผลรวดเร็วแต่มีความไวค่อนข้างจำกัด การตรวจด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนจะใช้วิธีการ Dip preparation แล้วย้อมด้วย uranyl acetate หรือจะใช้ในการศึกษาทางด้านสรีระของเซลล์ท่อลำเลียง (phloem) กับการเข้าทำลายของเชื้อ CTV จะใช้การตัดชิ้นพืชตามขวาง (ultrathin section) ให้บางด้วยเครื่องultramicrotome (Price, 1966)

4.2 การตรวจวินิจฉัยเชื้อ CTV โดยใช้วิธี Enzyme-Linked Immunosorbent Assay (ELISA)

การตรวจวินิจฉัยโดยใช้วิธี Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) นั้นอาศัยหลักการการจับกันของแอนติเจนกับแอนติบอดี โดยใช้ polyclonal หรือ monoclonal antibodies ในการตรวจสอบ CTV โดยใช้ polyclonal antibody ที่ได้จากการสร้างในกระต่ายโดยใช้โปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของไวรัส CTV ที่ได้จากการผลิตในระบบเซลล์ *E. coli* มาใช้เป็นแอนติเจนในการฉีดกระตุ้นให้มีการสร้างแอนติบอดี โดยนำมาตรวจสอบอีกครั้งด้วยวิธี indirect ELISA และใช้วิธี Northern blot hybridization ในการตรวจสอบควบคู่ไปด้วยพบว่าให้ผลดีในการตรวจสอบ โดยทั้งสองวิธีให้ผลการตรวจสอบที่ตรงกัน (Bar-Joseph *et al.*, 1979)

4.3 การตรวจวินิจฉัยเชื้อ CTV โดยใช้วิธี Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)

ปัจจุบันนิยมใช้เทคนิคทางพันธุศาสตร์โมเลกุลของสิ่งมีชีวิตมาตรวจสอบ วินิจฉัย และจัดจำแนกโรคพืชที่เกิดจากไวรัสได้แก่วิธี Reverse Transcriptase-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) ซึ่งได้ผลดีกว่า ELISA ถึง 1,000 เท่า เนื่องจากวิธี RT-PCR เป็นการตรวจสอบในระดับกรดนิวคลีอิกไม่ใช่ในระดับโปรตีน (นฤา, 2544) การวินิจฉัยโดยใช้วิธี RT-PCR เป็นเทคนิคการสังเคราะห์ DNA จาก genomic RNA ได้มีการพัฒนาขึ้นมาสำหรับตรวจสอบ CTV เป็นเทคนิคที่มีศักยภาพสูง มีวิธีการโดยสกัด RNA รวมจากเนื้อเยื่อพืชที่แสดงอาการของโรค เชื้อไวรัสสาเหตุโรคพืชที่พบส่วนใหญ่ 90% เป็นแบบ Single-Stranded RNA (ssRNA) (Lee, 2001) ในระหว่างการจำลองตัวในเซลล์พืชอาศัย dsRNA จะถูกผลิต Intermediat product ซึ่ง dsRNA นี้ถูกเรียกว่า replicative form (RF) และมักจะพบเมื่อพืชอาศัยถูกทำลายด้วย ssRNA ของไวรัส CTV (Valverdy *et al.*, 1990) ซึ่งปริมาณของ dsRNA จะพบในส่วนของเปลือกและเส้นกลางใบ มากกว่าในส่วนอื่นๆ (Lee, 2001) จากนั้น เมื่อได้ dsRNA หรือ ssRNA ของเชื้อ CTV จะมีการสร้าง cDNA ขึ้นจากการใช้ RNA เป็นต้นแบบโดยใช้เอนไซม์ Reverse transcriptase ในการจำลอง cDNA ขึ้นมาก่อน จากนั้นจะมีการเพิ่มปริมาณ DNA โดยใช้เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase โดยใช้วิธี PCR ในการสังเคราะห์ DNA เพิ่มขึ้นเป็นจำนวนมากทำให้ง่ายต่อการวิเคราะห์ วิธีการนี้จะช่วยลดปัญหาการตรวจสอบ RNA ที่เคยเป็นปัญหาในเรื่องการสกัด RNA ได้ปริมาณน้อยและการสลายตัวได้ง่าย

ทำให้สามารถตรวจสอบ RNA ของไวรัสได้สะดวกขึ้น เนื่องจากไวรัสพืชส่วนใหญ่เป็น RNA ดังนั้น การเลือกใช้วิธีการสังเคราะห์ชิ้นของไวรัสบางส่วนในบริเวณโปรตีนห่อหุ้มอนุภาค (coat protein) โดยการออกแบบไพรเมอร์ให้มีความเฉพาะเจาะจงเพื่อสร้าง DNA ในปฏิกิริยา RT-PCR เมื่อนำผลการสังเคราะห์ DNA ไปวิเคราะห์ด้วย gel electrophoresis จะทำให้ทราบขนาดของยีนที่ได้ (จิรวรรณ, 2548) การตรวจสอบโดยเทคนิค RT-PCR นี้เป็นวิธีการที่พัฒนาขึ้นสำหรับตรวจสอบไวรัส CTV ทั้งในเนื้อเยื่อพืชที่เป็นโรคและตัวของเพลี้ยอ่อนที่เป็นพาหะ (Mathews *et al.*, 1997; Rowhani *et al.*, 1998)

4.4 การตรวจวินิจฉัยเชื้อ CTV โดยใช้วิธี Northern dot blot hybridization

ในการตรวจสอบเชื้อสาเหตุโรคนอกจากจะใช้วิธี RT-PCR ซึ่งเป็นวิธีที่ถึงแม้จะไม่รวดเร็วนักแต่ก็มีความแม่นยำ และยังมีวิธีที่สามารถวิเคราะห์ผลให้ละเอียดถูกต้องมากขึ้นด้วยวิธี Northern dot blot hybridization หรือใช้วิธี Northern blot hybridization ซึ่งทั้งสองวิธีใช้หลักการเดียวกันในการ ตรวจสอบ โดยใช้ตัวตรวจสอบ (probe) ที่เป็นคู่สม มาตรวจสอบ เป็นวิธีที่มีความไว (sensitive) ความแม่นยำในการตรวจสอบสูงกว่าวิธี RT-PCR (Hilf *et al.*, 1995)

4.5 การวิเคราะห์ลำดับเบสบนสายดีเอ็นเอ (DNA Sequence Analysis)

การวิเคราะห์ลำดับเบสบนสายดีเอ็นเอ เป็นสิ่งสำคัญอย่างหนึ่งสำหรับงานวิจัยทางอนุชีววิทยา โดยเฉพาะกับดีเอ็นเอสายใหม่ที่เพิ่งทราบลำดับเบส การวิเคราะห์ลำดับเบสบนสายดีเอ็นเอ จะทำให้ทราบถึงบริเวณที่มีรหัสสำหรับการสร้าง โปรตีน (coding region) บริเวณที่เกี่ยวข้องกับการควบคุมการแสดงออกของยีน นอกจากนี้เมื่อทำการวิเคราะห์ลำดับเบสบนสายดีเอ็นเอ โดยเปรียบเทียบลำดับเบสบนสายดีเอ็นเอใหม่กับลำดับเบสของสายดีเอ็นเออื่น จะทำให้ทราบถึงบริเวณที่เป็น homologous sequence ซึ่งเป็น sequence ที่มีความคล้ายคลึงกัน

4.5.1 Multiple Sequence Alignment

วิธีการหนึ่งที่ได้รับคามนิยมในการทำ multiple sequence alignment คือ progressive alignment หลักการของวิธีการนี้คือทำการ align ดีเอ็นเอ แต่ละคู่เพื่อเปรียบเทียบหาดีเอ็นเอคู่ที่มีความคล้ายคลึงกันมากที่สุดมาทำการ alignment กันก่อน จากนั้นนำดีเอ็นเอที่มีความ

คล้ายคลึงกันมากในลำดับถัดมา align เรียงต่อไปตามลำดับ ผลที่ได้จากวิธีนี้อาจไม่ใช่ best alignment เนื่องจากการค่อยคิดเป็นคู่ๆ อาจให้ผลผู้การคิดรวบยอดหมดในครั้งเดียวไม่ได้ แต่ส่วนใหญ่มักจะให้ผลที่เป็นประโยชน์และมีความหมายทางชีววิทยาได้ (จีน, 2545)

โปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่ใช้สำหรับการทำ multiple sequence alignment มีหลายโปรแกรม โดยโปรแกรมชุดหนึ่งซึ่งเป็นที่รู้จักกันดีคือ Clustal ซึ่งคิดค้นและพัฒนาโดยนักวิจัยจาก European Molecular Biology Laboratory ประเทศเยอรมัน โดย ClustalV จะทำงานบนระบบปฏิบัติการ DOS ส่วน ClustalX จะทำงานบนระบบปฏิบัติการ Windows นอกจากนี้ยังมี ClustalW ซึ่งสามารถใช้งานได้ผ่านทางอินเทอร์เน็ต โดยใช้อินเทอร์เน็ตเบราว์เซอร์เชื่อมต่อไปยังเว็บไซต์ที่ให้บริการคือ The European Bioinformatics Institute (<http://www.ebi.ac.uk/clustalw/>) เริ่มแรก ClustalV สามารถ align ได้สูงสุด 30 sequences และในบางกรณีก็ให้ผลที่ไม่แม่นยำ โดยเฉพาะในกรณีที่เปรียบเทียบดีเอ็นเอสายสั้นกับดีเอ็นเอสายยาวซึ่งมี homology ทางด้านปลาย 3' ของดีเอ็นเอสายยาว ต่อมาปัญหานี้ได้รับการแก้ไขเมื่อมีการพัฒนา ClustalW ซึ่งสามารถใช้ align ได้สูงสุด 100 sequence (จีน, 2545)

5. นัยสำคัญทางสถิติของการเปรียบเทียบลำดับเบส (Statistical significance of the alignment)

การวิเคราะห์หาความสำคัญทางสถิติเพื่อดูความน่าเชื่อถือของผลการเปรียบเทียบลำดับเบสในกรณีของ BLAST นั้น ความน่าจะเป็นของผลการวิเคราะห์และคะแนนที่ได้สามารถคำนวณได้จากคะแนนและความยาวของลำดับเบสที่เหมือนกัน สำหรับโปรแกรม BLAST จะบอกค่าความน่าจะเป็นของผลการเปรียบเทียบด้วย ค่านี้สามารถใช้ประเมินความน่าเชื่อถือของผลการเปรียบเทียบได้ (จีน, 2545)

6. ลักษณะทั่วไปของวัชพืช

วัชพืช จัดเป็นศัตรูที่สำคัญของการเพาะปลูกพืชทั่วไป ซึ่งในทุกสภาพการเพาะปลูกพืชไม่ว่าจะปลูกพืชชนิดใด หรือฤดูปลูกใด สิ่งที่ต้องปรากฏเสมอคือการขึ้นแ่งแย่งแข่งขันของวัชพืชในแปลงปลูกพืช ซึ่งถ้าหากมีวัชพืชแ่งแย่งแข่งขันแล้วจะทำให้พืชปลูกได้รับความเสียหายทั้งทางตรงและทางอ้อมมากมาย

ลักษณะทางชีววิทยาของวัชพืช เป็นเรื่องที่มีความจำเป็นต้องศึกษาอย่างละเอียด โดยเฉพาะในเรื่องของชีวจักร หรือวงจรชีวิตของวัชพืช ตั้งแต่การงอก การเจริญเติบโต การขยายพันธุ์ และการแพร่กระจาย สิ่งต่างๆเหล่านี้มีผลต่อความยากง่ายของการควบคุมกำจัดตลอดจนการแพร่ระบาดของวัชพืชนั้น ซึ่งวัชพืชแต่ละชนิดมีลักษณะดังกล่าวที่แตกต่างกัน

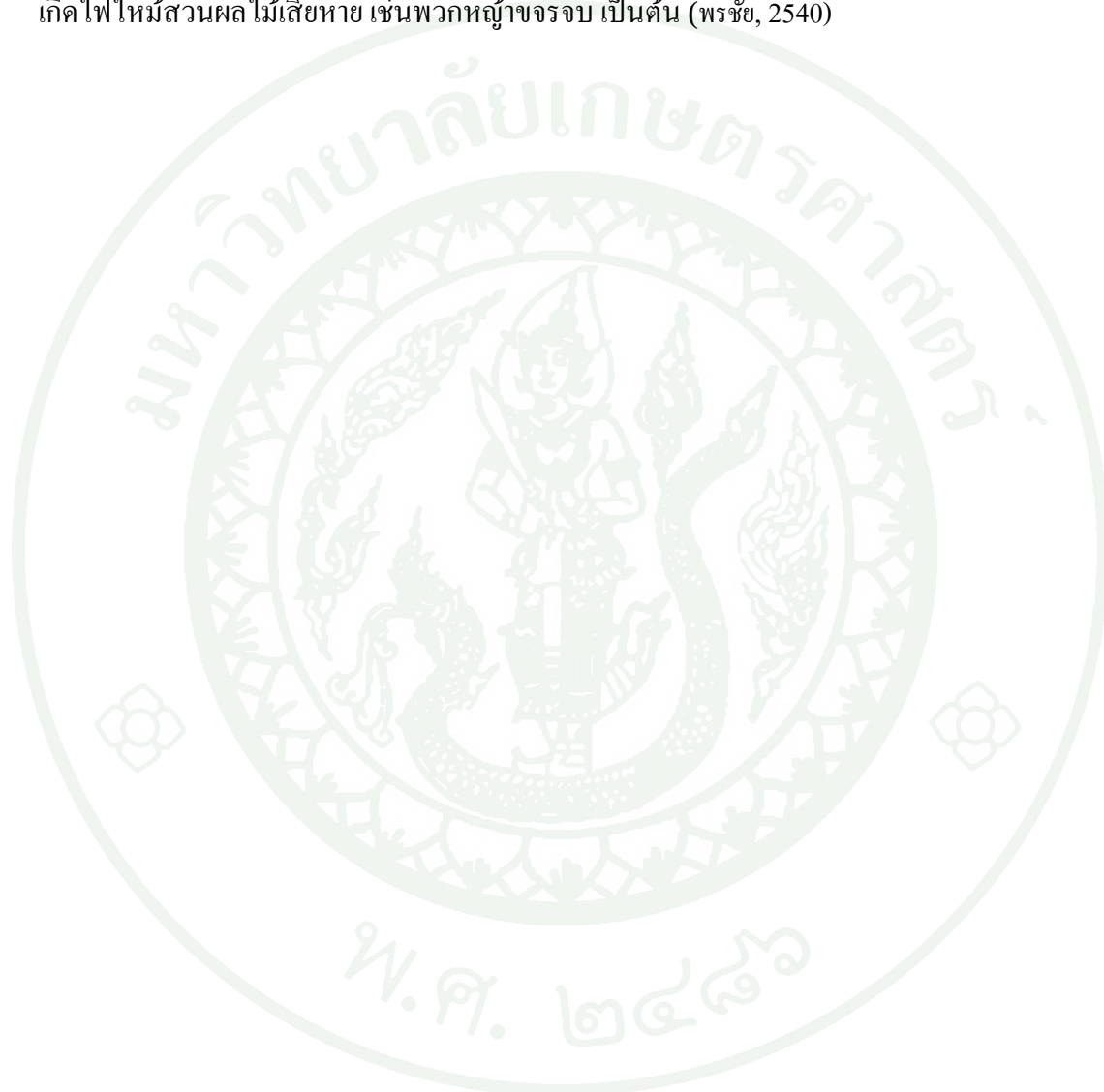
ความเสียหายของวัชพืชที่เกิดขึ้นนั้น ถ้าพิจารณาแล้วจะเห็นได้ว่าวัชพืชจะทำความเสียหายไม่เฉพาะในพื้นที่ทำการเพาะปลูกพืชเท่านั้น ยังอาจทำให้เกิดผลกระทบต่อการเกษตรอื่นๆ เช่น การที่วัชพืชมีผลกระทบต่อการชลประทาน การคมนาคม สาธารณสุข ซึ่งเป็นส่วนหนึ่งของชีวิตประจำวันของมนุษย์ สำหรับผลกระทบที่วัชพืชมีต่อพืชที่ปลูกนั้น นอกจากจะมีการแย่งแย่งแข่งขันโดยตรงแล้ว ยังมีผลทางอ้อม เช่น การที่วัชพืชปลดปล่อยสารเคมีบางชนิดออกมาแล้วมีผลกระทบต่อการเจริญเติบโตของพืชปลูกในฤดูนั้นหรือฤดูถัดไป สิ่งที่เกี่ยวข้องจะต้องให้ความสำคัญเป็นพิเศษคือ การที่วัชพืชมีผลกระทบต่อการปลูกมากน้อยเพียงใด จนถึงจุดวิกฤติซึ่งถือว่าสำคัญที่ทำให้ได้รับผลเสียหายอย่างมากโดยที่จะต้องพิจารณาว่าจะต้องจัดการอย่างไรกับวัชพืชนั้น ซึ่งหมายถึงความจำเป็นที่ต้องกำจัด

7. การกระจายของวัชพืชและปัญหาด้านวัชพืชที่พบในสวนส้ม

จากการสำรวจปัญหาวัชพืชในสวนผลไม้และสวนส้มตามแหล่งปลูกต่างๆ พบว่า ชนิดของวัชพืชที่ขึ้นในสวนผลไม้มีแตกต่างกันไป เช่นทางจังหวัดนครราชสีมาและสระบุรี พบว่า หญ้า ขจรจบดอกเล็กและดอกใหญ่ เป็นวัชพืชร้ายแรงอันดับหนึ่งทั้งยังแพร่กระจายไปในท้องที่ภาคตะวันออกเฉียงใต้ตั้งแต่จังหวัดปราจีนบุรี นครนายก ฉะเชิงเทรา ระยอง ชลบุรี จันทบุรี และตราด สำหรับวัชพืชที่สำคัญอีกชนิดหนึ่งคือ หญ้าคา มีขึ้นอยู่ทุกแห่งและปริมาณมากทางภาคใต้ นับตั้งแต่จังหวัดประจวบคีรีขันธ์ลงไปจะพบว่ามีสาบเสือและหญ้าคา เป็นวัชพืชสำคัญ สำหรับวัชพืชอื่นๆเช่น ผักปราบ หญ้าตีนนก และกะเม็ง (พรชัย, 2540)

วัชพืชที่พบในสวนผลไม้ดังกล่าว ก่อให้เกิดปัญหาหลายประการ เช่น แย่งแย่งอาหาร แร่ธาตุ ความชื้นหรือน้ำในดิน ทั้งยังแย่งแย่งเนื้อที่การขยายตัวของระบบราก หรือพุ่มต้นไม้ผลในขณะที่ยังเล็กอยู่ วัชพืชบางอย่างยังมีคุณสมบัติในการขับสารพิษบางอย่างออกมา มีผลทำให้ไม้ผลชะงักการเจริญเติบโต หรือวัชพืชบางอย่างเป็นพืชอาศัยของแมลงและศัตรูพืช เช่น ผักโขม หัวหมู กะเม็ง และบานไม่รู้โรยป่า ก็เป็นพืชอาศัยของไส้เดือนฝอย นอกจากนี้วัชพืชยังทำให้การเข้าไป

ปฏิบัติงานในสวนผลไม้ไม่สะดวก เช่น ลำบากต่อการเข้าไปฉีดสารกำจัดแมลงและโรค การใส่ปุ๋ย และการเก็บเกี่ยว วัชพืชบางชนิดยังเป็นอันตรายกับคนและสัตว์เลี้ยง เช่น มีขนแข็งเป็นพิษ หรือมีสารพิษเมื่อสัตว์เลี้ยงกินเข้าไป หรือหากปล่อยไว้ให้วัชพืชขึ้นหนาแน่นในสวนผลไม้ ก็จะเป็นที่หลบซ่อนของสัตว์ร้าย เช่น งูมีพิษ ตะขาบ เป็นต้น และเมื่อวัชพืชแห้งลง อาจเป็นเชื้อเพลิงซึ่งทำให้เกิดไฟไหม้สวนผลไม้เสียหาย เช่น พวกหญ้าจรจบ เป็นต้น (พรชัย, 2540)



อุปกรณ์และวิธีการ

ส่วนที่ 1 จีโนมเชื้อไวรัสทริสเตซ่า อาการลำต้นเหี่ยวในประเทศไทย

1. การศึกษาและค้นหาข้อมูลของจีโนมเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า

ศึกษายีนและจีโนมของไวรัสทริสเตซ่าจากแหล่งที่เคยมีการทดลองมาแล้วจากประเทศต่างๆ ซึ่งแสดงไว้ดังตารางที่ 2 โดยนำมาศึกษาลำดับเบสและหน้าที่ของยีนแต่ละยีน เพื่อนำไปออกแบบไพรเมอร์ต่อไป โดยการ alignment เพื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนที่อนุรักษ์

2. การออกแบบไพรเมอร์สำหรับการสังเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า

ไพรเมอร์สำหรับการสังเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสทริสเตซ่า โดยออกแบบลำดับนิวคลีโอไทด์จากข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสทริสเตซ่าที่มีเคยมีรายงานค้นพบจากประเทศต่างๆ โดยใช้ฐานข้อมูลจาก GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) (เข้าถึงข้อมูลเมื่อวันที่ 27 ตุลาคม 2551) และเปรียบเทียบความเหมือนและความแตกต่างกันของลำดับนิวคลีโอไทด์จากโปรแกรม Multiple Sequence Alignment Clustal W2 จากเว็บไซต์ EMBL-EBI (<http://www.ebi.ac.uk/tools/msa/clustalw2/>) จากนั้นจึงนำเอาลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนอนุรักษ์และออกแบบไพรเมอร์และคำนวณค่า melting temperature (tm) จากเว็บไซต์ tm calculator (<http://www.basic.northern.edu/biotools/oligocalc.html>) เพื่อออกแบบและวิเคราะห์ความเหมาะสมของไพรเมอร์

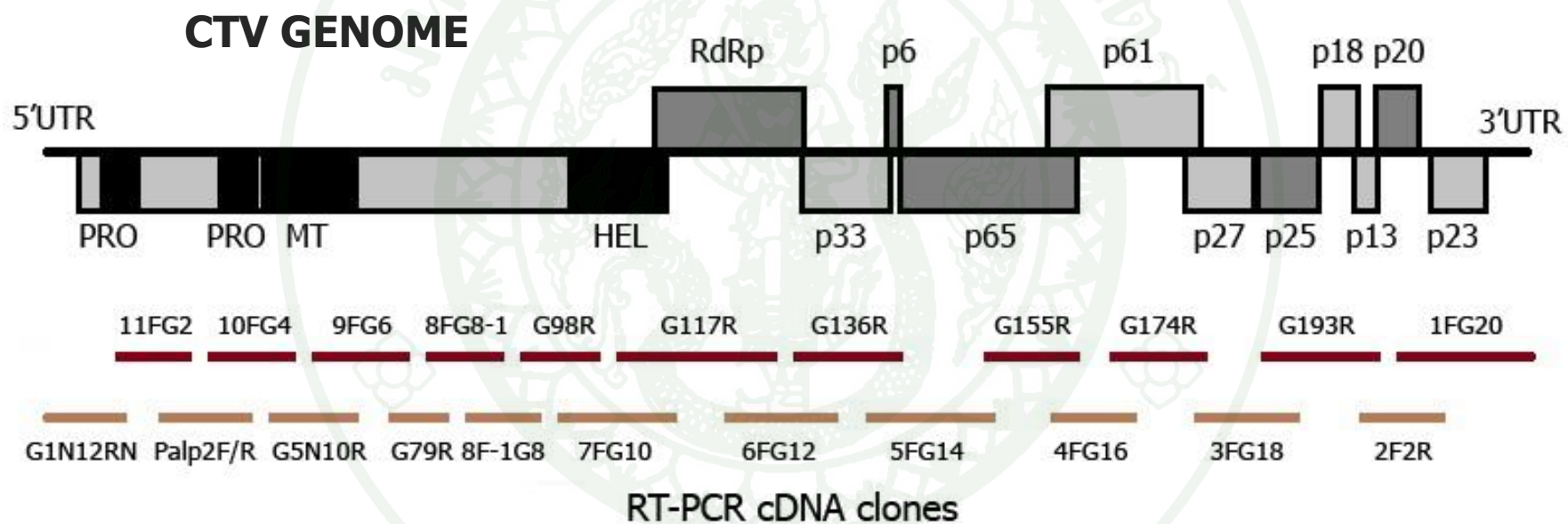
3. การเก็บตัวอย่างเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า

เก็บตัวอย่างโดยใช้วิธีการสุ่มตัวอย่างแบบเป็นระบบ (systematic random sampling) (ศิริชัย, 2537) โดยเก็บจากพื้นที่ปลูกส้มในพื้นที่ปลูกที่มีความสำคัญด้านเศรษฐกิจ โดยในการทดลองครั้งนี้มีการสุ่มเก็บตัวอย่างจากต้นส้มสายพันธุ์อูร่าที่แสดงอาการลำต้นเหี่ยว จากแปลงในพื้นที่จังหวัดเชียงใหม่จากสวนส้มทรายทอง คัดเลือกลักษณะอาการที่ปรากฏจากภายนอก โดยสังเกตและบันทึกอาการที่เกิดขึ้นของโรคคือ อาการลำต้นเหี่ยวบริเวณกิ่งและลำต้น ใบที่เก็บอยู่ใน

ระยะเพศลาดโดยเก็บเมื่อใบโตเต็มที่จำนวนต้นละ 20 ใบ รวมทั้งเก็บส่วนของก้านใบมาด้วย แล้วนำตัวอย่างดังกล่าวมาตรวจหาการเข้าทำลายของเชื้อไวรัสทริสเตซ่า

4. การสกัดแยก RNA รวม

ใช้ชุดสกัด RNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN®) ตามคำแนะนำของบริษัทผู้ผลิต โดยบดเส้นกลางใบ ของตัวอย่างด้วยไนโตรเจนเหลวจนละเอียดเป็นผง (0.1 กรัม) ย้ายตัวอย่างลงในหลอดขนาด 1.5 มิลลิลิตร เติม RLT Solution (Rnase Lysis Buffuer) 450 ไมโครลิตร ลงในหลอด เทสารละลายลงใน shredder column หมุนเหวี่ยงด้วยความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เก็บส่วนน้ำใสไว้ จากนั้นเติมแอลกอฮอล์บริสุทธิ์ $\frac{1}{2}$ เท่าของปริมาตรเริ่มต้น ผสมให้เข้ากันดี แล้วเทสารละลายลงใน Rneasy mini spin column หมุนเหวี่ยงด้วยความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เทของเหลวทิ้ง ล้างคอลัมน์ด้วยการเท RW1 (Rnase-free Buffer) 700 ไมโครลิตร ลงในคอลัมน์ หมุนเหวี่ยงด้วยความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เทของเหลวทิ้ง ล้างคอลัมน์อีกครั้งด้วย RPE (Rnase-free Buffer) 450 ไมโครลิตร หมุนเหวี่ยงด้วยความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ย้ายคอลัมน์ใส่ collection tube หลอดใหม่ แล้วหมุนเหวี่ยงด้วยความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 2 นาที เพื่อกำจัดสารละลายตกค้างในคอลัมน์ ย้ายคอลัมน์ลงซ้อนในหลอดขนาด 1.5 มิลลิลิตร หลอดใหม่ เติมน้ำกลั่นที่ทรีท DEPC หรือน้ำที่ปราศจากการปนเปื้อนของ RNase 50 ไมโครลิตร ลงในคอลัมน์ วางไว้ประมาณ 1-2 นาที นำมาหมุนเหวี่ยงด้วยความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เก็บส่วนที่ชะลงมาไว้เป็นอาร์เอ็นเอแม่แบบ (ส่วนที่ชะลงมาคือ อาร์เอ็นเอรวม)



ภาพที่ 2 ภาพจำลองตำแหน่ง genome ของเชื้อไวรัส CTV A18 รวมทั้งตำแหน่งขึ้นผลิตภัณฑ์ของคู่ไพรเมอร์ที่ได้จากการออกแบบโดยครอบคลุมตลอดทั้งจีโนม

ตารางที่ 2 แสดงฐานข้อมูล GENBANK (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) ที่เอามาใช้ในการ
ออกแบบไพรเมอร์ในการสังเคราะห์จีโนม

Virus Strain	Source	Accession No.	Genome region
Citrus tristeza virus NUagA	Citrus tristeza virus (Japan)	AB046398	Genomic RNA
Citrus tristeza virus T30	Citrus tristeza virus (Florida,USA)	AF260651	Genomic RNA
Citrus tristeza virus T36	Citrus tristeza virus (Florida,USA)	AY170468	Genomic RNA
Citrus tristeza virus Qaha	Citrus tristeza virus (Egypt)	AY340974	Genomic RNA
Citrus tristeza virus SY568	Citrus tristeza virus (California,USA)	CTAF001623	Genomic RNA
Citrus tristeza virus T36	Citrus tristeza virus (Florida,USA)	CTU16304	Genomic RNA
Citrus tristeza virus T318A	Citrus tristeza virus (Spain)	DQ151548	Genomic RNA
Citrus tristeza virus Mexico	Citrus tristeza virus (Mexico)	DQ272579	Genomic RNA
Citrus tristeza virus B165	Citrus tristeza virus (India)	EU076703	Genomic RNA
Citrus tristeza virus	Citrus tristeza virus (Florida,USA)	NC001661	Genomic RNA
Citrus tristeza virus T385	Citrus tristeza virus (Spain)	Y18420	Genomic RNA

5. การสังเคราะห์ Complementary DNA (cDNA) ของไวรัส CTV

ในการเพิ่มปริมาณของยีนแต่ละส่วนของ CTV จะใช้ชุด M-MuLV Reverse Transcription RT-PCR (INVITROGEN®) โดยใช้เทคนิค reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) ในการสังเคราะห์สาย complementary DNA (cDNA) โดยใช้ reverse primer ที่ได้จากการออกแบบ การเตรียมปฏิกิริยา RT-PCR จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณ cDNA ด้วยเทคนิค PCR โดยใช้ cDNA ที่ได้จากขั้นตอนแรกเป็น template ซึ่งการเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิค PCR ในแต่ละส่วนนั้นขึ้นอยู่กับไพรเมอร์ที่ใช้ นำไปใส่เครื่อง Gene Amp PCR System 2400 (PERKIN-ELMER) โดยตั้งโปรแกรมที่อุณหภูมิ 94 °C 5 นาที 1 รอบ 94 °C 1 นาที 54-70 °C (ขึ้นอยู่กับค่า Tm ของ primer แต่ละคู่) 1 นาที 72 °C 1 นาที 30 วินาที 35 รอบ และ 72 °C 10 นาที 1 รอบ วิเคราะห์ผลการสังเคราะห์ โดยนำส่วนผสมหลังทำปฏิกิริยา RT-PCR 5 ไมโครลิตร ผสมกับ loading dye 3 ไมโครลิตร มาแยกขนาดของดีเอ็นเอด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยใช้ 1% agarose gel ใน 1x TAE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 135 โวลต์ 25-30 นาที จากนั้นนำเจลไปย้อมสารละลายเอธิเดียมโบรไมด์ 5 นาที แล้วล้างเจลด้วยน้ำก่อนนำไปตรวจแถบดีเอ็นเอด้วยการใช้ UV-transilluminator

ตารางที่ 3 ไพรเมอร์สำหรับการสังเคราะห์จีโนมของเชื้อ CTV A18 ที่ใช้ในปฏิกิริยา Reverse Transcription – Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)

No.	Name	Primer Sequence from 5' to 3'	Nucleotide Positions	Product Size	TM* (°C)
1	G1N +	AATTTWCWCAAATTCAMCCGTACCC	1	1051	62
2	12RN -	TTGCGGGAAGAAACCGTACG	1051		63
3	11F +	CGTCCYCGTACGGTTTCDYCCCG	933	1068	66
4	G2 -	CGCCGCWAAACCAAGTAGTCCCTTC	2000		62
5	PalP2F +	TTGGTGGKRMNYCTGCYCA	1570	1474	44
6	PalP2R -	TCTTCRCCRCCCATCYTATGRT	3043		53
7	10F +	GGTCTHGTAMRGTRCAYTTYCGHTCHG	2637	1251	57
8	G4 -	CGATAGTRAACARAAAMCCRTCCACYACCA	3887		59
9	G5N +	ACRCCYGGYGARYTGYTGGAYGC	3699	978	62
10	10R -	CHTCRTCHYCACA VRRACGATYTCBG	4677		56
11	9F +	GAYGTTCTATYRAYTTTRCCRGGT	4509	1185	51
12	G6 -	CAAAATCTTCTTAGCAGAGTCAACA	5693		54
13	G7 +	TGGTTTGWGSSCAAAGCGTTTGACAA	5434	567	62
14	9R -	CRTTWCCACGAAGACCRGGYGHKTCAC	6000		63
15	8F +	GTYGWCWRCWGTTAARGCDGYSGGGAG	5826	976	60
16	G8-1 -	CACCGTAHGTHGGTGGRAAYRAAGGA	6801		60
17	8F-1 +	CGCTTCRAGTRATCACBGAAGCHGA	6659	775	63
18	G8 -	TCCTTYGGTCCAATCACGGGAACC	7433		61
19	G9 +	TATGGTGGAGCATTTGTTTAGCGTTTCCCG	7381	755	64
20	8R -	GGCAARGMACCAAHCCRTCRTYRCARAA	8135		57
21	7F +	ACGCCATGCGYGARTTYTATTAYTCGCA	7884	1497	61
22	G10 -	GCACGACAGAAGAASCAACGACGACCTCA	9380		66

* Melting temperature

ตารางที่ 3 (ต่อ)

No.	Name	Primer Sequence from 5' to 3'	Nucleotide Positions	Product Size	TM* (°C)
23	G11 +	CGTCGAATCACTCGTACGGTTCGTCATCG	9139	1562	65
24	7R -	CRCAATGWATAGCRCAYARWGCKGGCATAG	10700		62
25	6F +	GGATGGAAGGYGARTAYCGCGCYAGRG	10082	1057	65
26	G12 -	GGTGGGCTTACCWCAATTGAGGCTG	11138		61
27	G13 +	ATAACGTGGACGACCTCGGACAAGCGG	10811	1,145	66
28	6R -	CCGGCAAARGCMSAAAACACAGCTATACCA	11955		65
29	5F +	TTGYGAYTGATGATGTRGAAGACGTTAAGT	11459	1,352	60
30	G14 -	GCGGCACAAAATCAGCCATTTSGTATATTT	12810		61
31	G15 +	GCGTACTCCACTTTACCTAAGTTGAATTCG	12601	1,209	60
32	5R -	GCTTCCCCGTAAACTTTGAAACAACG	13809		65
33	4F +	GCTTAGCGATTACAATGTAAACTCCGCCGC	13581	1,020	68
34	G16 -	CCCTTTCATCCAYTGGGTCATCAGG	14600		60
35	G17 +	GAAWCATGCCGACAATCCGCTACTGACCG	14419	882	65
36	4R -	AATTAAAMCCGGAWGTYGCCACGTCTCTGC	15300		70
37	3F +	TCCGTGGACGTTATGTGTAAGGACA	15176	1,243	59
38	G18 -	TGCTAAACGATACAACATCATAGCT	16418		55
39	G19 +	AAGAAGGCGACGATGTTGTTGCTGCCG	16201	1,472	66
40	3R -	AAGAGCGAAGGAATTTGGATCCGCTTATTA	17672		64
41	2F +	GAAGGTTACAATGCTCTCATGAATG	17407	1,038	59
42	2R -	TTCGTCAGAAAGGTTACAGAAA	18444		57
43	1F +	CGTCGGTTYACTCGCGAMAARCTGC	18031	1,271	64
44	G20 -	TGGACCTATGTTGGCCCCCATAGG	19302		64

* Melting temperature

6. การโคลนชิ้นส่วนจีโนมของไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า

6.1 การเตรียมชิ้นผลิตภัณฑ์ให้บริสุทธิ์สำหรับการเชื่อมต่อกับพลาสมิดพาหะ (vector)

นำดีเอ็นเอที่ได้จากปฏิกิริยา RT-PCR มาแยกขนาดด้วยการใช้เทคนิค

อิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5 TAE buffer เป็นเวลา 25 นาที ความต่างศักย์ไฟฟ้า 135 โวลต์ ตัดเจลบริเวณที่มีแถบดีเอ็นเอขนาดที่ต้องการ ซึ่งน้ำหนักเจลที่ตัดได้ใส่หลอด microtube ทำการแยกดีเอ็นเอออกจากเจลโดยใช้ QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN®) โดยการเติม Solubilization solution buffer ปริมาตร 3 เท่าของน้ำหนักเจล ต้มที่อุณหภูมิ 65 °C เป็นเวลา 5 นาที จนเจลหลอมละลายหมด ผสมให้เข้ากัน ย้ายสารละลายทั้งหมดใส่ column ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ทิ้งของเหลวที่อยู่ในด้านล่างของ column ล้าง column ด้วยการเติม Washing buffer ปริมาตร 500 ไมโครลิตร ตั้งทิ้งไว้ 1 นาที ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ล้าง 2 ครั้ง ปั่นเหวี่ยงซ้ำอีกครั้งเพื่อกำจัดสารละลายที่ตกค้าง ออกให้หมด ย้าย column ใส่ในหลอด microtube อันใหม่ เพื่อแยกดีเอ็นเอออกจาก column โดยการเติมน้ำกลั่นบริสุทธิ์ปริมาตร 30 ไมโครลิตร ตั้งทิ้งไว้ 1 นาที ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เก็บดีเอ็นเอไว้ที่อุณหภูมิ -20 °C

ตรวจสอบผลการเตรียม cDNA ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer เวลา 25 นาที ความต่างศักย์ไฟฟ้า 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (10 ug/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอ ด้วยเครื่อง Gel Documentation (UVP®)

6.2 การเตรียม competent cell

เลี้ยงเชื้อแบคทีเรีย *Escherichia coli* Top10 ในอาหาร 2XYT เหลวที่อุณหภูมิ 37 °C เขย่าด้วยความเร็ว 250 รอบต่อนาที ข้ามคืน นำเชื้อแบคทีเรียปริมาตร 1 ไมโครลิตร เลี้ยงในอาหาร 2XYT เหลว ปริมาตร 100 ไมโครลิตร ใน flask เขย่าด้วยความเร็ว 250 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิ 37 °C เป็นเวลา 2-3 ชั่วโมง นำ flask ไปแช่ในน้ำแข็งทันที เป็นเวลา 20 นาที นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 4,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ที่อุณหภูมิ 4 °C ละลายตะกอนเซลล์ด้วย TB buffer (cold) ในอัตราส่วน 32 ml/2XYT 100 ml แช่ในน้ำแข็งเป็นเวลา 10 นาที นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 4,000 รอบต่อ

นาที่ เป็นเวลา 10 นาที ที่อุณหภูมิ 4 °C จากนั้นละลายตะกอนที่ได้ด้วย TB buffer ปริมาตร 4-8 ml อีกครั้ง เขย่าในน้ำแข็งจนตะกอนละลายและเติม 7% DMSO (dimethyl sulfoxide) จากนั้นจึงแบ่งใส่หลอด microtube หลอดละ 50-100 ไมโครลิตร (เวลาแบ่งให้แช่ในไนโตรเจนเหลวทันที) และเก็บไว้ที่อุณหภูมิ 4 °C เป็นเวลา 3 ชั่วโมงก่อนนำมาใช้

6.3 การเชื่อมต่อชิ้นผลิตภัณฑ์ PCR กับ Cloning vector

เชื่อมต่อชิ้นผลิตภัณฑ์ CTV ที่ได้จากปฏิกิริยา RT-PCR กับ พลาสมิดพาหะ pCR[®] 8/GW/TOPO vector[®] (Invitrogen[®]) ด้วยชุด pCR[®] 8/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit ด้วยการทำงานของเอนไซม์ Topoisomerase ที่ติดมากับปลายของเวกเตอร์ ตามวิธีของบริษัทผู้ผลิตโดยใช้ชิ้นผลิตภัณฑ์ของ CTV 1-3 ไมโครลิตร (200 นาโนกรัม หรือขึ้นอยู่กับปริมาณความเข้มข้นของ DNA) Topo vector 1 ไมโครลิตร (50 นาโนกรัม) สารละลายเกลือ 1 ไมโครลิตร และปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นบริสุทธิ์ ให้ได้ปริมาตรสุทธิ 6 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากัน บ่มที่อุณหภูมิห้อง 10 นาที

6.4 การถ่ายพลาสมิดสายผสม เข้าสู่เซลล์แบคทีเรีย *Escherichia coli* สายพันธุ์ Top10

ย้ายพลาสมิดสายผสมเข้าสู่เซลล์แบคทีเรีย *Escherichia coli* สายพันธุ์ Top10 โดยวิธี CaCl₂ (Sambrook *et al.*, 1989) โดยดูดสารละลายพลาสมิดสายผสมจากปฏิกิริยาใน ข้อ 6.3 ทั้งหมดใส่หลอดที่มีเซลล์แบคทีเรียเจ้าบ้านที่พร้อมรับพลาสมิด (*E. coli* Top10 competent cell) ปริมาตร 50 ไมโครลิตร พลิกหลอดกลับไปมาเบาๆหรือใช้ปลายนิ้วดีดเบาๆ แล้วแช่หลอดไว้ในน้ำแข็ง 30 นาที จากนั้นย้ายหลอดลงในน้ำอุ่นที่อุณหภูมิ 42 °C เป็นเวลา 90 วินาที แล้วรีบแช่หลอดในน้ำแข็งเป็นเวลา 2 นาที เติมหาอาหารเหลว 2XYT สำหรับเลี้ยงเชื้อ *E. coli* ปริมาตร 200 ไมโครลิตร แล้วนำไปเขย่าที่ 150 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิ 37 °C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง หมุนเหวี่ยงตกตะกอนเซลล์แบคทีเรียที่ 8,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 30 วินาที ดูดส่วนที่เป็นของเหลวออก เติมหาอาหารเหลว 2XYT ปริมาตร 200 ไมโครลิตร ผสมกันเบาๆ ให้เข้ากัน จากนั้นแบ่งเซลล์ของเชื้อแบคทีเรียในหลอดมาเกลี่ยบนจานอาหารเลี้ยงเชื้อ 2XYT ชนิดแข็งที่เติม Spectinomycin 100 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร บ่มเชื้อไว้ที่อุณหภูมิ 37 °C เป็นเวลา 16 ชั่วโมง แล้วคัดเลือกโคโลนีสีขาวขุ่นมาเลี้ยงเชื้อในอาหาร 2XYT ที่เติม Spectinomycin 100 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร เพื่อเก็บเชื้อหรือสกัดพลาสมิดต่อไป

6.5 การสกัดพลาสมิดของดีเอ็นเอสายผสม (recombinant DNA)

สกัดพลาสมิดสายผสมออกจากเซลล์แบคทีเรียด้วยวิธี alkaline lysis คัดแปลงจาก Sambrook *et al.* (1989) โดยเชื้อแบคทีเรียที่มีโคโลนีมาเลี้ยงในอาหารเหลว 2XYT ปริมาตร 5 มิลลิลิตร ที่เติม Spectinomycin 100 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร บนเครื่องเขย่า 150 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิ 37° C เป็นเวลา 16-24 ชั่วโมง จากนั้นปั่นตกตะกอนเซลล์แบคทีเรียที่ 10,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ดูดเอาอาหารออก เติม TE buffer (10 mM Tris-HCl pH 7.5, 1 mM EDTA) ปริมาตร 200 ไมโครลิตร ลงในหลอด ผสมให้เข้ากันด้วย vortex mixer เติม Lysis buffer (0.2 M NaOH, 1% SDS) ที่เตรียมใหม่ก่อนใช้งาน ปริมาตร 400 ไมโครลิตร ลงในหลอด ผสมให้เข้ากันโดยการพลิกหลอดกลับไปมาเบาๆ จนสารละลายเริ่มหนืด แล้วเติม solution III (3M potassium acetate) ปริมาตร 300 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันโดยการพลิกหลอดกลับไปกลับมา หมุนเติม CH₂Cl₂ 200 ไมโครลิตร แช่น้ำแข็ง 10 นาที เหยี่ยงที่ความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดน้ำใส ส่วนบนที่มีพลาสมิดใสหลอดใหม่ เติม Isopropanol 600 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากัน แล้วหมุน เหยี่ยงอีกครั้ง เทส่วนใสทิ้ง ล้างตะกอนด้วยแอลกอฮอล์ 70% หมุนเหยี่ยงที่ความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 5 นาที ดูดน้ำใสส่วนบนทิ้ง ละลายด้วยน้ำกลั่น 45 ไมโครลิตร เติมเอนไซม์ RNase A เพื่อขจัดอาร์เอ็นเอปนที่ 37° C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง

ตรวจสอบผลด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรส เจลใน 0.5X TAE buffer เวลา 25 นาที กระแสไฟ 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอ ด้วยเครื่อง Gel Documentation (UVP®)

7. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอโดยเครื่องวิเคราะห์อัตโนมัติ

นำพลาสมิดที่ได้จากการสกัดไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่สถาบันจีโนม ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีแห่งชาติ อุทยานวิทยาศาสตร์ประเทศไทย จังหวัดปทุมธานี ด้วยเทคนิค dideoxy-chain termination โดยใช้ชุดปฏิกิริยา Big dye sequencing Kit

8. นำผลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาพหุกันโดยใช้โปรแกรม CAP3 Sequence Assembly

จากผลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการส่งวิเคราะห์ลำดับเบส เมื่อทำการตรวจสอบและยืนยันความถูกต้องของผลโดยการนำผลที่ได้ ไปเข้าโปรแกรม BLAST ในฐานข้อมูลของเว็บไซต์ NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) เพื่อเปรียบเทียบความถูกต้องของลำดับเบส จากผลที่ได้ นำแต่ละส่วนมาจัดเรียงต่อกันด้วยโปรแกรม CAP3 ในส่วนของการ Assembly ลำดับเบส โดยเริ่มทำการจัดเรียงลำดับเบสตั้งแต่ส่วน 5'UTR จนถึง 3'UTR (full genome) ซึ่งลำดับเบสแต่ละส่วน จะมีส่วนที่ซ้อนทับกันเพื่อใช้ในการยืนยันตำแหน่งของจีโนม จนได้สายสมบูรณ์ของจีโนมของเชื้อไวรัสทริสเตซ่า

9. การเปรียบเทียบข้อมูลพันธุกรรมและศึกษาความสัมพันธ์ของเชื้อไวรัส CTV

เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนทั้งจีโนมของไวรัส CTV ที่เคยมีรายงานในทุกประเทศ วิเคราะห์และเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลแหล่งต่างๆ และข้อมูลจาก GENBANK ผ่านระบบเครือข่ายอินเทอร์เน็ต (<http://www.ncbi.nlm.gov/>) โดยใช้โปรแกรม Clustal W2 จากเว็บไซต์ EMBL-EBI (<http://www.ebi.ac.uk/tools/msa/clustalw2/>) โดยแยกการวิเคราะห์เป็นยีน ดังนี้ 5'UTR, p349, p54, p33, p6, p65, p61, p27, p25, p18, p13, p20, p23, 3'UTR ว่าใกล้เคียงหรือจัดอยู่ในกลุ่มใด เพื่อใช้เป็นข้อมูลในการศึกษาการจัดกลุ่มของ CTV ในประเทศไทยโดยเปรียบเทียบกับงานที่ตีพิมพ์แล้ว (ตารางที่ 4)

ตารางที่ 4 แสดงฐานข้อมูล GENBANK (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) ที่เอามาใช้ในเปรียบเทียบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโน

Accession No.	Strain	Source	Host	Note
AB046398	NUagA	Japan	N/A	seedling yellows
AF260651	T30	Florida,USA	N/A	N/A
AY170468	T36	Florida,USA	N/A	infectious clone
AY340974	Qaha	Egypt	N/A	N/A
CTAF001623	SY568	California,USA	Sweet orange	severe stem pitting
CTU16304	T36	Florida,USA	<i>Citrus</i> sp.	quick decline
DQ151548	T318A	Spain	<i>Citrus</i> sp.	severe stem pitting
DQ272579	Mexico	Mexico	<i>Citrus</i> sp.	stem pitting
EU076703	B165	India	<i>Citrus reticulata</i> cv. ellendale	N/A
EU857538	NZ-M16	New Zealand	<i>Citrus aurantifolia</i>	severe stem pitting
EU937519	VT	Florida,USA	<i>Citrus sinensis</i> cv. hamlin	N/A
EU937520	T30	Florida,USA	<i>Citrus sinensis</i> cv. hamlin	N/A
EU937521	T36	Florida,USA	<i>Citrus sinensis</i> cv. hamlin	N/A
FJ525431	NZRB-M12	New Zealand	<i>Poncirus trifoliata</i>	resistance-breaking
FJ525432	NZRB-G90	New Zealand	<i>Poncirus trifoliata</i>	resistance-breaking
FJ525433	NZRB-TH28	New Zealand	<i>Poncirus trifoliata</i>	resistance-breaking
FJ525434	NZRB-TH30	New Zealand	<i>Poncirus trifoliata</i>	resistance-breaking
FJ525435	NZRB-M17	New Zealand	<i>Poncirus trifoliata</i>	resistance-breaking
FJ525436	NZ-B18	New Zealand	<i>Citrus sinensis</i>	severe stem pitting
GQ454869	HA18-9	Hawaii,USA	<i>Citrus latifolia</i>	N/A
GQ454870	HA18-9	Hawaii,USA	<i>Citrus latifolia</i>	N/A
HM573451	Kpg3	India	<i>Citrus reticulata</i> Blanco.	N/A
NC001661	CTV	Florida,USA	N/A	N/A
Y18420	CTV T385	Spain	<i>Citrus</i> sp.	N/A

ส่วนที่ 2 การตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในวัชพืชด้วยเทคนิค RT-PCR และ Dot Blot

Hybridization

1. ตัวอย่างวัชพืช

ทำการสำรวจและเก็บตัวอย่างวัชพืชในแปลงปลูกส้มที่มีความเป็นไปได้ในการเกิดโรคไวรัสทริสเตซ่า และมีการตรวจสอบแล้วว่าสวนนั้นมีการเกิดโรคไวรัสทริสเตซ่าระบาดอยู่จริง รวมทั้งเก็บตัวอย่างวัชพืชในสวนส้มทั่วไปด้วย รวมทั้งสิ้น 45 ตัวอย่างจากแปลงปลูกส้มทั้งหมดใน 5 จังหวัด อันได้แก่ จังหวัดชัยนาท นครปฐม สมุทรสาคร เพชรบุรี และกำแพงเพชร

2. การสกัด RNA

ทำการสกัด RNA รวม จากตัวอย่างด้วยชุดสกัด RNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN®) ทำตามขั้นตอนของผู้ผลิต และหลังจากได้ RNA รวม แล้วจึงนำ RNA ที่ได้มาทำการสังเคราะห์สาย complementary DNA (cDNA)

3. การสังเคราะห์สาย complementary DNA (cDNA) และ PCR

ใช้ชุด M-MuLV Reverse Transcription RT-PCR (INVITROGEN®) โดยใช้เทคนิค reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) ในการสังเคราะห์สาย complementary DNA (cDNA) โดยใช้ reverse primer ที่มีความจำเพาะ ใช้ในการตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าได้ทุกสายพันธุ์ จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณ cDNA ด้วยเทคนิค PCR โดยใช้ cDNA ที่ได้จากขั้นตอนแรกเป็น template ซึ่งการเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิค PCR โดยใช้คู่ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อยีน *cp* (coat protein)

คู่ไพรเมอร์ที่ใช้คือ CPF (forward) 5'-ATGGACGACGAAACAAAGAAAYTG-3' และ CPR (reverse) 5'-TCAACGTGTGTTTAAATTTCCCAA-3' นำไปใส่เครื่อง Gene Amp PCR System 2400 (PERKIN-ELMER®) โดยตั้งโปรแกรมที่อุณหภูมิ 94 °C 5 นาที 1 รอบ 94 °C 1 นาที 54 °C 1 นาที 72 °C 1 นาที 30 วินาที 35 รอบ และ 72 °C 10 นาที 1 รอบ วิเคราะห์ผลการสังเคราะห์ โดยนำส่วนผสมหลังทำปฏิกิริยา RT-PCR 5 ไมโครลิตร ผสมกับ loading dye 3 ไมโครลิตร มาแยก

ขนาดของดีเอ็นเอด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยใช้ 1% agarose gel ใน 1x TAE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 135 โวลต์ 25-30 นาที จากนั้นนำเจลไปย้อมสารละลายเอธิเดียมโบรไมด์ 5 นาที แล้วล้างเจลด้วยน้ำก่อนนำไปตรวจแถบดีเอ็นเอด้วยการใช้ UV-transilluminator (GENE FLASH SYNGENE BIO IMAGING®)

ยืนยันผลการตรวจสอบด้วยเทคนิค DNA Dot blot hybridization โดยเลือกตัวอย่างผักปราบใบแคบและใบกว้าง เนื่องด้วยพบในจำนวนมากในสวนส้มทุกแหล่งปลูก จำนวน 13 ตัวอย่างจากสวนส้มในทั้ง 5 จังหวัด

4. การตรวจสอบเชื้อไวรัสทรินเทซ่าด้วยเทคนิค Dot blot hybridization (DBH)

4.1 Probe ที่ใช้ในการตรวจสอบ

การติดฉลาก probe ปฏิกริยา PCR โดยการใช้พลาสมิดสายผสมที่มี *cp gene* เป็นดีเอ็นเอต้นแบบ และใช้ dNTPs ที่มี Biotin-11-dUTP (Biotin-11-dUTP labeling kit (Fermentus®)) ปริมาตร 4 ไมโครลิตร จากนั้นปรับปริมาตรด้วยน้ำให้ได้ 25 ไมโครลิตร โดยตั้งค่าเครื่อง PCR โปรแกรมที่อุณหภูมิ 94 °C 5 นาที 1 รอบ 94 °C 1 นาที 54 °C 1 นาที 72 °C 1 นาที 30 วินาที 35 รอบ และ 72 °C 10 นาที 1 รอบ

วิเคราะห์ผลการสังเคราะห์ โดยนำส่วนผสมหลังทำปฏิกริยา RT-PCR 5 ไมโครลิตร ผสมกับ loading dye 3 ไมโครลิตร มาแยกขนาดของดีเอ็นเอด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยใช้ 1% agarose gel ใน 1x TAE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 135 โวลต์ 25-30 นาที จากนั้นนำเจลไปย้อมสารละลายเอธิเดียมโบรไมด์ 5 นาที แล้วล้างเจลด้วยน้ำก่อนนำไปตรวจแถบดีเอ็นเอด้วยการใช้ UV-transilluminator เช่นเดียวกับการทดลองข้างต้น

4.2 การตรวจสอบเชื้อด้วยวิธี Dot blot hybridization (DBH)

ดัดแปลงตามวิธีการของ วิมล (2553) โดยนำ cDNA ของตัวอย่างที่สกัดได้ แต่ละตัวอย่างมาหยดลงบนแผ่นเมมเบรน (High Bond N+, Roche®) และเติม denature buffer (0.125x SSC, 0.125N NaOH) และตรึง cDNA ให้ติดกับแผ่นเมมเบรนภายใต้แสง UV เป็นเวลา 2 นาที

จากนั้น pre-hybridization ด้วย 5xSSC, 0.1% SDS, 0.02% laurylsacrosine, 1% blocking reagent, (Roche®) ที่อุณหภูมิ 65 °C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง และทำ hybridization ที่อุณหภูมิ 65 °C เป็นเวลา 18-24 ชั่วโมง ใน hybridization solution ที่เติม Biotin-*cp*-probe ล้างแผ่นเมมเบรนด้วย wash solution I (2x SSC, 0.1% SDS) ที่อุณหภูมิห้อง 2 ครั้งๆละ 5 นาที และล้างด้วย wash solution II (0.1xSSC, 0.1% SDS) ที่อุณหภูมิ 65 °C 2 ครั้งๆละ 5 นาที และล้างด้วย washing buffer (100mM malic acid, Tween 20) ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 5 นาที เติม blocking solution ที่มี peroxidase labeled streptavidine อัตราส่วน 500:1 (v/v) ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 1 ชั่วโมง ล้างแผ่นเมมเบรนด้วย washing buffer และ detection buffer (100mM Tris-HCl, 100mM NaCl; pH 9.5) ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 5 นาที ตรวจสอบปฏิกิริยาโดยใช้ Chemiluminescent ตรวจสอบผลของปฏิกิริยาโดยนำไปประกบฟิล์มเอกซเรย์ แล้วดูการเกิดจุดดำบนฟิล์มเอกซเรย์

ผลและวิจารณ์

ส่วนที่ 1 จีโนมเชื้อไวรัสทริสเทซ่า อาการลำต้นเหี่ยวในประเทศไทย

1. การออกแบบไพรเมอร์ที่มีความเฉพาะเจาะจงต่อเชื้อ CTV

ทำการค้นหาข้อมูลลำดับเบสบริเวณยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาค (coat protein gene) จากฐานข้อมูลใน GENBANK ได้ทั้งสิ้นจำนวน 112 ชุดข้อมูล (ตารางผนวกที่ ก1) มาทำการเปรียบเทียบตำแหน่ง (alignment) ด้วยโปรแกรม Clustal W2 จากเว็บไซต์ EMBL-EBI (<http://www.ebi.ac.uk/tools/msa/clustalw2/>) เพื่อค้นหาตำแหน่งที่มีความเหมือนกัน (conserve) โดยเปรียบเทียบทั้งสิ้น 112 ชุดข้อมูล

จากชุดข้อมูลดังกล่าว สามารถออกแบบไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะกับยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาค ได้ลำดับเบส 2 ชุด คือ CPF (forward) 5'-ATGGACGACGAAACAAAGAAAYTG-3' และ CPR (reverse) 5'-TCAACGTGTGTTTRAATTTCCCAA-3'

2. ลักษณะอาการของต้นพืชที่แสดงอาการลำต้นเหี่ยว (stem pitting)

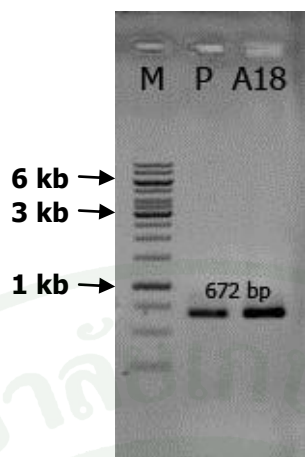
ในการศึกษาครั้งนี้ได้ทำการสุ่มเก็บตัวอย่างจากต้นส้มสายพันธุ์พริ้มองค์ที่แสดงอาการลำต้นเหี่ยว จากแปลงในพื้นที่จังหวัดเชียงใหม่จากสวนส้มทรายทอง โดยการคัดเลือกจากลักษณะอาการที่ปรากฏจากภายนอก (ภาพที่ 3) คืออาการลำต้นเหี่ยวบริเวณกิ่งและลำต้น หลังจากนั้นทำการเก็บตัวอย่างใบเพสลาด เพื่อทำการสกัด RNA ใช้ในการสังเคราะห์ cDNA ในการตรวจสอบหาเชื้อไวรัส CTV



ภาพที่ 3 แสดงลักษณะอาการลำต้นบวมจากต้นส้มพริมน้องที่ใช้ในการตรวจสอบจีโนมเชื้อ *Citrus tristeza virus* สายพันธุ์ A18 (ภาพ A), แสดงลักษณะอาการลำต้นบวมภายในเปลือกลำต้น (ภาพ B)

3. การตรวจสอบยืนยันการเข้าทำลายของเชื้อด้วยไพรเมอร์จับจำเพาะ

เมื่อเก็บตัวอย่างใบพืชผลที่ได้ ภายหลังจากการนำไปสกัด RNA และสังเคราะห์สาย cDNA จึงนำ cDNA ที่ได้มาเป็น Template เพื่อใช้ในการตรวจสอบเชื้อ CTV ด้วยไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะเจาะจงสูงกับเชื้อไวรัส CTV ในการตรวจสอบในครั้งนี้ใช้คู่ไพรเมอร์ ที่เพิ่มปริมาณขึ้นผลิตภัณฑ์ในส่วนของยีนห่อหุ้มอนุภาค (*cp* gene (coat protein)) ของไวรัส CTV โดยใช้ไพรเมอร์สองสายคือ CPF (forward) 5'-ATGGACGACGAAACAAAGAAAYTG-3' และ CPR (reverse) 5'-TCAACGTGTGTTTAAATTTCCCA-3' จากผลการทดสอบไพรเมอร์ข้างต้น ซึ่งไพรเมอร์นี้สามารถสังเคราะห์ขึ้นผลิตภัณฑ์ได้ขนาดประมาณ 672 bp



ภาพที่ 4 แสดง CTV-*cp* gene ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยไพรเมอร์ CPF/CPR จากภาพ Lane M: 1 kb DNA ladder (Fermentus[®]), Lane P: CP-Positive control (CTV infected lime), Lane A18: coat protein gene ของตัวอย่าง CTV A18 ขนาด 672 bp

จากการตรวจสอบ พบการแสดงออกของยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคไวรัส CTV ในปริมาณสูง จึงดำเนินการเก็บตัวอย่างจากต้นส้มสายพันธุ์พริมองต์ต้นนี้เพิ่ม เพื่อใช้ในการตรวจสอบจีโนมเชื้อไวรัสต่อไป

4. การสังเคราะห์จีโนมของไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า

นำอาร์เอ็นเอที่สกัดแยกได้จากเชื้อไวรัส CTV ที่ได้จากตัวอย่างส้มสายพันธุ์พริมองต์มาสังเคราะห์ cDNA โดยแยกส่วนการสังเคราะห์ดังภาพที่ 1 ตลอดทั้งจีโนมโดยทำการสังเคราะห์โดยใช้ไพรเมอร์ 22 คู่ที่ได้ทำการออกแบบจากข้อมูลจีโนม CTV (ตารางที่ 3) จากฐานข้อมูลใน GENBANK ทั้ง 11 ชุด (ตารางที่ 2) ด้วยวิธีการเช่นเดียวกับการออกแบบไพรเมอร์ข้างต้น

จากผลการสังเคราะห์ด้วยเทคนิค RT-PCR จะได้ส่วนของการสังเคราะห์ทั้งสิ้น 22 ส่วน ดังตารางที่ 3 นำชิ้นผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณในแต่ละส่วนมาเชื่อมต่อกับพลาสมิดพาหะ pCR8/GW/TOPO Vector (INVITROGEN[®]) ได้พลาสมิดสายผสมของแต่ละชิ้น แล้วทำการคัดเลือกโคลนที่มีดีเอ็นเอสายผสมดังกล่าวด้วยการเพิ่มปริมาณแต่ละส่วนอีกครั้งและการตัดเอนไซม์ EcoRI จากนั้นนำโคลนที่ได้ไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ ด้วยเทคนิค dideoxy-chain termination จากบริการวิเคราะห์ลำดับเบสของบริษัท Biodesign เมื่อได้ผลลำดับเบสแล้ว ทำการตรวจสอบและ

Primer G1N+							5'UTR
1	AATTTACACAA	ATTCAACCGT	ACCCTCCGGA	AATCACGTCC	GGACGCTGCG	GGAATCGGTG	
	TTAAAGTGTT	TAAGTTGGCA	TGGGAGGCCT	TTAGTGCAGG	CCTGCGACGC	CCTTAGCCAC	
61	TAAATCCGGC	AAATTGCCTC	ACTACGCCCA	TACAAACAAT	CATAACATGT	CGAAACTCGG	
	ATTTAGGCCG	TTTAACGGAG	TGATGCGGGT	ATGTTTGTTA	GTATTGTACA	GCTTTGAGCC	
121	AGCTCGCTTC	AAGTCCTCGA	CTTTCGCTGT	ACGCAGCGAT	TACATCATCT	CGCGCATCTG	
	TCGAGCGAAG	TTCAGGAGCT	GAAAGCGACA	TGCGTCGCTA	ATGTAGTAGA	GCGCGTAGAC	
181	GCGCGCCTTT	AACACCGTTG	GAGTCCTGCA	CTTCTTCGGT	ACTGAAACAA	CCACCAAGGT	
	CGCGCGGAAA	TTGTGGCAAC	CTCAGGACGT	GAAGAAGCCA	TGACTTTGTT	GGTGGTTCCA	
241	GGTTAAGGAG	TTTTCGGCTC	CTATGCCGAT	AGTCCCTTTA	CGGAAATCCT	GTTTTCCGTT	
	CCAATTCCCTC	AAAAGCCGAG	GATACGGCTA	TCAGGGAAAT	GCCTTTAGGA	CAAAAGGCAA	
301	TTCTGTTTCGC	GCTGCTGTTC	GCGCGATTAA	AGTGCCGGA	CGTCCTATTG	ACGCTCCGCG	
	AAGACAAGCG	CGACGACAAG	CGCGCTAATT	TCGACGGCCT	GCAGGATAAC	TGCGAGGCGC	
361	CTCCGGATGC	CTCTGTGGCC	TCCCTGTTAT	CGACACATCT	GGTGTCTGAC	GTCCCCGCTC	
	GAGGCCTACG	GAGACACCGG	AGGGACAATA	GCTGTGTAGA	CCACAGCATG	CAGGGGCGAG	
421	TGTCGCGGGC	ATTTGGAGGT	ATTCTCTGTG	TAAACCTCCC	CTCTCCGCCG	CCGCCAAGAA	
	ACAGCGCCCCG	TAAACCTCCA	TAAGAGACAC	ATTTGGAGGG	GAGAGGCGGC	GGCGGTTCTT	
481	GTCCATTTCGC	AAGGCGAAGA	AAGATTCTGC	TTTCTTTCTT	AGTCGGGCTT	CTTCTCTCTT	
	CAGGTAAGCG	TTCCGCTTCT	TTCTAAGACG	AAAGAAAGAA	TCAGCCCGAA	GAAGAGAGAA	
541	TTACACGGGAG	GTCCCTTGCG	GCACGCGTCA	CAGACTTCGC	AGGCGCGTTA	TGAAACGAGT	
	AAGTGCCCTC	CAGGGAACGC	CGTGCGCAGT	GTCTGAAGCG	TCCGCGCAAT	ACTTTGCTCA	
601	AGACCCACAC	ATGCATGAGA	GTCCCCAAGA	CGAGATCAAA	TGTAAGGGGC	GCCGACATGG	
	TCTGGGGTGG	TACGTAATCT	CAGGGGTTCT	GCTCTAGTTT	ACATTCCCCG	CGGCTGTACC	
661	CAAAACTTCT	GACCTCCCGT	ATATGGGGGA	AGCAGCGTTG	GATGATATCC	TTCGCTGGAT	
	GTTTTGAAGA	CTGGAGGGCA	TATACCCCT	TCGTCGCAAC	CTACTATAGG	AAGCGACCTA	

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยว จังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย

721 TGAGGGGGTA AATCCCCCGC CGTCGATGGT CGCCATTCCG GTGCCCATCT GTTTCGGCAC
 ACTCCCCCAT TTAGGGGGCG GCAGCTACCA GCGGTAAGGC CACGGGTAGA CAAAGCCGTG
 781 CGTGCCACG ACGGCATGGT GCTCCCAAGC TGACGCGGT GTTTTGCGGT GTCGATTGGA
 GCACGGGTGC TGCCGTACCA CGAGGGTTCG ACTGCGCCGA CAAAACGCCA CAGCTAACCT
 841 CTACCATGCA GCGGAGACTT CTTTTCGTAA CGAAGGGAAG CATGTGAAGT ACGTCTACAA
 GATGGTACGT CGCCTCTGAA GAAAAGCATT GCTTCCCTTC GTACACTTCA TGCAGATGTT
 Primer 11F +
 901 TGACGTGTCT TCTGCTGCCG TCGTCCTCG TACGGTTTCT TCCCGCAAAG GCGGGTCCGT
 ACTGCACAGA AGACGACGGC AGGCAGGAGC ATGCCAAAGA AGGGCGTTTC CGCCAGGCA
 Primer 12RN -
 961 TTTTCCCAGA AAATCTAAAC GGGGCGTTGA GGCCCCCTCT GGAAGGGACC ATCACACTGC
 AAAAGGGTCT TTTAGATTTG CCCCAGCACT CCGGGGGAGA CCTTCCCTGG TAGTGTGACG
 1021 GTTCGGGAAA TCTTCCCGCG CCAGCGCTTT CTTCTCTGAG GCGGTTCCCC GCGTTCGTCT
 CAAGCCCTTT AGAAGGGCGC GGTCGCGAAA GAAGAGACTC CGCCAAGGGG CGCAAGCAGA
 1081 GTTCCCCCCA GCGCGAAACA TTTTTTTCAC TTCCGTCGTC AGCGAACGAC GCGTTTGCTA
 CAAGGGGGGT CGCGCTTTGT AAAAAAGTG AAGGCAGCAG TCGCTTGCTG CGCAAACGAT
 1141 CTACAAACCC GGCCCGGGG GTAGGGGGT TGTTTTAAGG TCGGACGGTG TTAATACAGC
 GATGTTTGGG CCGGGCCCC CATCCCCCAG ACAAATTC AGCCTGCCAC AATTATGTCG
 1201 ACGTCTCGAC GTTGTTGCTC CGGCGTACTA TGCGTACGCT AAATCTTTGG GCGCCAAAGG
 TGCAGAGCTG CAACAACGAG GCCGCATGAT ACGCATGCGA TTTAGAAACC CGCGGTTTCC
 1261 GCGTTTTTTG GGGGAGTCGT CCAATTTGGA CAACGCTAAA GTTCGGGACG GCCAATGTTA
 CGCAAAAAAC CCCCTCAGCA GGTTAAACCT GTTGCGATTT CAAGCCCTGC CGGTTACAAT
 1321 TGTCCGTCAT GTGTTCAACG GGCTCTCTA TTTTGAAAA CGCGCCAACC TTTCCGGGCG
 ACAGGCAGTA CACAAGTTGC CCGGAGAGAT AAAACCTTTT GCGCGGTTGG AAAGGCCCGC
 1381 AAAAGCACGG GGCATGTCCC CCACAGGGGG GCGGTAAAG GTTTATCTTG TTCGCGAGTA
 TTTTCGTGCC CCGTACAGGG GGTGTCCCC CCGCAATTTT CAAATAGAAC AAGCGTCAT

p349
(ORF1a)

1441 CGGCCGCGAT TCTCTTAAGG TTCCTATGCG GGGGACCTAC ACTTTTGGCA GCGTGTTTCA
 GCCGGCGCTA AGAGAATTCC AAGGATACGC CCCCTGGATG TGAAAACCGT CGCACAAAGT
 1501 CTGCCTGTCA ACTAAATCTT CAGTCGACTT GCGATCTATT CCTAACCATC ATTTAGTTGG
 GACGGACAGT TGATTTAGAA GTCAGCTGAA CGCTAGATAA GGATTGGTAG TAAATCAACC
Primer PalP2F +
 1561 TGGGGCGTCT GCTCATGTGT TAATTGGGCA GATTCGTGTT GGTGTTCCCTG GTGGAGTTTC
 ACCCCGCAGA CGAGTACACA ATTAACCCGT CTAAGCACAA CCACAAGGAC CACCTCAAAG
 1621 TAAACCTTCA CGTTCAGCTG TTCGCAGGCG TAATAGGCGC ATGCGTGAAG ACGGTTTTCT
 ATTTGGAAGT GCAAGTCGAC AAGCGTCCGC ATTATCCGCG TACGCACTTC TGCCAAAAGA
 1681 AGGTAGTTCC GGTTCGTCTT CTTCGGGAGG GTCGAGATAC TGTTCCGATT GTTCAACTCC
 TCCATCAAGG CCAAGCAGAA GAAGCCCTCC CAGCTCTATG ACAAGCCTAA CAAGTTGAGG
 1741 TCGCAGTTTA CCCTCTCCGT CGGTTTTTGG ACCTACTCTT GGTCGGATAC CAAGTATAAA
 AGCGTCAAAAT GGGAGAGGCA GCCAAAAACC TGGATGAGAA CCAGCCTATG GTTCATATTT
 1801 CCGGAAGTTC CGGTTTCCAG CAGGCACTCA GTTGAGTGTT TCTATCCCTA AACGCGACGA
 GGCCTTCAAG GCCAAAGGTC GTCCGTGAGT CAACTCACAA AGATAGGGAT TTGCGCTGCT
 1861 TGATCGCGTG TACGTGTCGG TCGGTCAAGA CTTTGATGAG TTGTGCCATG CCGTGTGCAC
 ACTAGCGCAC ATGCACAGCC AGCCAGTTCT GAACTACTC AACACGGTAC GGCACACGTG
 1921 GTACGTTAAG AGGTACAAC TCGAGAAAACC ATTTTACACG CGGTTTGAAA ACGGTGAGGA
 CATGCAATTC TCCATGTTGA GCTCTTTTGG TAAAATGTGC GCCAAACTTT TGCCTACTCCT
 1981 TTTTGCCGTT ATGCGGCGTG CTTCCGTTGG TGGTCTTCTA CCGTATTTTCG TGAAACGCGG
 AAAACGGCAA TACGCCGAC GAAGGCAACC ACCAGAAGAT GGCATAAAGC ACTTTGCGCC
Primer G2 -
 2041 GGTCGTTTTA CGGCTCGTTT CCCTGTGTCG GGCATCGAGG TATGAGCATC ATTATGATGC
 CCAGCAAAAT GCCGAGCAAA GGGACACAGC CCGTAGCTCC ATACTCGTAG TAATACTACG
 2101 AAGTATTGAA AAGCCCGGCT TGTCGTGGGT GCAGAAGACC AGTTTCCGAA TGGTTGAAGT
 TTCATAACTT TTCGGGCCGA ACAGCACCCA CGTCTTCTGG TCAAAGGCTT ACCAACTTCA

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

2161 TAATACGTCC GTCGGAAGGA GTCGGACGAG TCGGTTTCTT CCGTTAGCCT TCCGGACCGA
 ATTATGCAGG CAGCCTTCCT CAGCCTGCTC AGCCAAAGAA GGCAATCGGA AGGCCTGGCT
 2221 ATTTACAGGT TTAACCTCTGA CCAATCCGTC CGGAGTTCCTG TTCAAACCTGC TTCCGGTGTT
 TAAATGTCCA AATTGAGACT GGTTAGGCAG GCCTCAAGAC AAGTTTGACG AAGGCCACAA
 2281 GAATGAAAGT TCTTCAACCC GTCTCCGCGG AGCGTCTTCA CCTCGAACGC TGATCTCTTG
 CTTACTTTCA AGAAGTTGGG CAGAGGCGCC TCGCAGAAGT GGAGCTTGCG ACTAGAGAAC
 2341 GTTGAAGGGG TCCGGGCTTG GTGTAAAGGG TGGTTCTCCT AGTCGGCTCC TCGAGTATGC
 CAACTTCCCC AGGCCCGAAC CACATTTCCC ACCAAGAGGA TCAGCCGAGG AGCTCATACG
 2401 CGCTCGTGGG CAACGATCCA CCTGGAACGT GGGAAAGATT TGGGGGATTT CAGTTTTCCC
 GCGAGCACCC GTTGCTAGGT GGACCTTGCA CCCTTTCTAA ACCCCCTAAA GTCAAAAGGG
 2461 GAGAGGCACC GTGTACAACG CACGTGTAGA CGAGCGGTGC TTAAACAAAC GTGTTTTGAA
 CTCTCCGTGG CACATGTTGC GTGCACATCT GCTCGCCACG AATTTGTTTG CACAAAACCTT
 2521 GCTGCGGGAC ACGTCGGCGT CCTCCTTTCT CCGTATAGTT CTTTTGGCTC GTTTGTGCGAG
 CGACGCCCTG TGCAGCCGCA GGAGGAAAGA GGCATATCAA GAAACCGAG CAAACAGCTC
 2581 TTATCGGCCC TCTTTAAGTG ACGGGGAGTT TTTCAACAAG TGCGTTACTT CTCGGTTCGT
 AATAGCCGGG AGAAATTAC TGCCCCTCAA AAAGTTGTTT ACGCAATGAA GAGCCAAGCA
 Primer 10F +
 2641 TGCTTGTATT GAGGCGGTTG AATCGGGTCT CGTTACAGTA CACTTTCGTT CCGACGTGTT
 ACGAACATAA CTCCGCCAAC TTAGCCCAGA GCAATGTCAT GTGAAAGCAA GGCTGCACAA
 2701 TCGCGCTTCT TTCCCGTTTG GTGTCTATCT GTACACTCGT CACGCTTTTG ACATTTACAG
 AGCGCGAAGA AAGGGCAAAC CACAGATAGA CATGTGAGCA GTGCGAAAAC TGTAAATGTC
 2761 TGGTAAGCTC CTGGAATTAG ATAGCTACGG GTTTTCGGAA GACCTGAGGG ACGGCTACTG
 ACCATTGCGAG GACCTTAATC TATCGATGCC CAAAAGCCTT CTGGACTCCC TGCCGATGAC
 2821 TTATATTCGT CACATTGCTG AGGTCTGTTT GAGTATGGGA AAAATTTTCT TTAGGAGGGA
 AATATAAGCA GTGTAACGAC TCCAGACAAA CTCATACCCT TTTTAAAAGA AATCCTCCCT
 2881 CGTTAACTTA GGGGCGTTTC CTTATGTTTT CGAGGTGCAG CACCGTCTTG AGAGGTTGTA
 GCAATTGAAT CCCCACAAAG GAATACAAA GCTCCACGTC GTGGCAGAAC TCTCCAACAT

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

2941 TGGTAAGCTG GCCGTTGAAT ACGGCGTTAG AGGTTATTTT TCAGCGCCGC GTCTCTACCA
 ACCATTTCGAC CGGCAACTTA TGCCGCAATC TCCAATAAAA AGTCGCGGCG CAGAGATGGT
 3001 TTGTTGCTAT ACCGACTCAC CGAGACCCTT GAGATCCTTA AATAAGTACC ATAGGATGGG
 AACAACGATA TGGCTGAGTG GCTCTGGGAA CTCTAGGAAT TTATTCA**TGG TATCCTACCC**
Primer
 3061 CGGTGAAGAC GGACCGCTGT TGATCACGGA TACGGACAGA CTGCGAGCCG TGGGTAGCGC
GCCACTTCTG CCTGGCGACA ACTAGTGCCT ATGCCTGTCT GACGCTCGGC ACCCATCGCG
PalP2R -
 3121 CTATGAAAAG GTGAAAGGGC GTTTGCCCGA TTCATTGCTT GTTCGATCGG TAGAAAAGGA
 GATACTTTTC CACTTTCCCG CAAACGGGCT AAGTAACGAA CAAGCTAGCC ATCTTTTCCT
 3181 TTTGATAGAG TTCAACCAAA CTCTAGTCGA TGCGCAGCGA GCTAGACCGG GCGTTGTTGT
 AAATATCTC AAGTTGGTTT GAGATCAGCT ACGCGTCGCT CGATCTGGCC CGCAACAACA
 3241 TCCTTTTCAA ATGAGTGAGA GCCAACAGGT GATGCTCACT AGGGCTTACC CCGAGTTTAA
 AGGAAAAGTT TACTCACTCT CGGTTGTCCA CTACGAGTGA TCCCGAATGG GGCTCAAATT
 3301 CATAAACTTT ACTCATTCCG TGCACTCCGA TCATCCAGTG GCTGCGGGTT CTAGAGCGTT
 GTATTTGAAA TGAGTAAGGC ACGTGAGGCT AGTAGGTCAC CGACGCCCAA GATCTCGCAA
 3361 GGAAAACCAC CTCGTTGTA AATACGCCG CAGTGATTAC TCGGACGTGG GAGGTTGCCC
 CCTTTTGGTG GAGCAAGCAT TTATGCGGCC GTCATAATG AGCCTGCACC CTCCAACGGG
 3421 ATTATTTTAC TTGCGTGCGG GTCATTCTGG TGTGCATGTG TGTAGACCAG TGTACGATAT
 TAATAAAGTG AACGCACGCC CAGTAAGACC ACACGTACAC ACATCTGGTC ACATGCTATA
 3481 TAAGGACGCT CACCGTAGGG TGGTTCGCCA CCACCAACTC GGTAGAGTCG CGTTGGACCA
 ATTCCTGCGA GTGGCATCCC ACCAAGCGGT GGTGGTTGAG CCATCTCAGC GCAACCTGGT
 3541 TACTGACGGT TCGAAACAGG TTGGCGCGGT TAACACGAAC TCCGTATGTG GTAACGTTTT
 ATGACTGCCA AGCTTTGTCC AACC GCGCCA ATTGTGCTTG AGGCATACAC CATTGCAAAA
 3601 AGGGGAATGT TTTCATGCGT CTGACGCGAT TGTCATGGTG CAAGTTTACG ATGTACCGCT
 TCCCCTTACA AAAGTACGCA GACTGCGCTA ACAGTACCAC GTTCAAATGC TACATGGCGA

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

3661 ACGTGA ACTA TGCAGAGCTA TGATAAACAA GAAAGCCTCG GTATGTTACA TGACCGTGGT
 TGCACCTTGAT ACGTCTCGAT ACTATTTGTT CTTTCGGAGC CATAACAATGT ACTGGCACCA

Primer G5N +

3721 TACACCTGGT GAGTTGTTGG ACGCCCGTGA GTCCTTCTTC ATCAAAGAGT TAGACTGTTC
 ATGTGGACCA CTCAACAACC TGCGGGCACT CAGGAAGAAG TAGTTTCTCA ATCTGACAAG

3781 GGTGGAGTTG GACGCCGTCG CCGATAGGGT TGTTTACTGC TTTAACAATT CAGCGTATAC
 CCACCTCAAC CTGCGGCAGC GGCTATCCCA ACAAATGACG AAATTGTTAA GTCGCATATG

3841 GCATACCTAT TCTACGATAT GCGAGTACAT GCGTACTCCT TGTGTGGTGG TGGACGGTTT
 CGTATGGATA AGATGCTATA CGCTCATGTA CGCATGAGGA ACACACCACC ACCTGCCAAA

3901 TCTGTTCACT ATCGAGATGG TTTCACCTCAG ATGTAGCGTT AATTATTATT GTATCACCAA
 AGACAAGTGA TAGCTCTACC AAAGTGAGTC TACATCGCAA TTAATAATAA CATAGTGGTT

Primer G4 -

3961 ATCGCGGGTT TGTCCGAGAA TCAGTGAGAT TAAACGGTTA CGCTATCGTC GGTGTGACAG
 TAGCGCCCAA ACAGGCTCTT AGTCACTCTA ATTTGCCAAT GCGATAGCAG CCACACTGTC

4021 TGACTTGATT AGAATTAAGA TTCCTCGGTA CTCTAGTAAG ACTCGTAGTT GTTTACCAGG
 ACTGAACATA TCTTAATTCT AAGGAGCCAT GAGATCATTC TGAGCATCAA CAAATGGTCC

4081 GTGCTATTAC TTGTATTTGG ACGCTAAGTT TGTGAGTCGT GTGTACGAAT ACGTGGTTAA
 CACGATAATG AACATAAACC TGCATTCAA AACTCAGCA CACATGCTTA TGCACCAATT

4141 TAATTGTGTT GTGGTGAACG CTAAGACTTT TGAATGGACT TGGAACCTACA TCAAGTCCTG
 ATTAACACAA CACCACTTGC GATTCTGAAA ACTTACCTGA ACCTTGATGT AGTTCAGGAC

4201 TAAGTCGAGA GTGGTCATCA GTGGGAAGAT CATCCATAGG GACGTTCCCTA TCGCGTTGGA
 ATTCTAGCTCT CACCAGTAGT CACCCTTCTA GTAGGTATCC CTGCAAGGAT AGCGCAACCT

4261 GTACTTGGAT GGGTTTTCCG CAGTTATGCT GTCCGCGGGC GTGAAAGGTA GGCAGAACGC
 CATGAACCTA CCCAAAAGGC GTCAATACGA CAGGCGCCCG CACTTTCCAT CCGTCTTGCG

4321 AGAAGCGTTT TCTAGGCGTC TAGCGGCCTT TTCAGGAGAC ACTTCTCTTT TCGAATTGGT
 TCTTCGCAAA AGATCCGCAG ATCGCCGGAA AAGTCTCTG TGAAGAGAAA AGCTTAACCA

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

4381 GAGGTTTCGCC ATTTTCAGAGA AGTGTCGCGA TTTATTTGTG GGCATTCAGG AGGCTGTGGA
 CTCCAAGCGG TAAAGTCTCT TCACAGCGCT AAATAAACAC CCGTAAGTCC TCCGACACCT
 4441 GAGATGCGTG AAGTCATACC TCAGAACTC GTTTAATATG AGTTTCGTGG ACTTGTCTGA
 CTCTACGCAC TTCAGTATGG AGTCTTTGAG CAAATTATAC TCAAAGCACC TGAACAGACT
 Primer 9F +
 4501 TCCTCTGCTC ACAATCAGTG AGTACTCGGA GTTAGATGTT CCTATCGATT TACCGGGTTT
 AGGAGACGAG TGTTAGTCAC TCATGAGCCT CAATCTACAA GGATAGCTAA ATGGCCCAAA
 4561 CGGCTGCATA GCGGAGGAGG ACGAGGCTAA ACTCATAGAA GATGGTGTTA AGTCGGCTTT
 GCCGACGTAT CGCCTCCTCC TGCTCCGATT TGAGTATCTT CTACCACAAT TCAGCCGAAA
 4621 ACTGCGAAAA GCAGTTCGTG ACGAGGCGCA ACTCATTCTT GAAAGGGGCG GCACGTCCGA
 TGACGCTTTT CGTCAAGCAC TGCTCCGCGT TGAGTAAGAA CTTTCCCCGC CGTGCAAGCT
 4681 GATCGTTCCG TGTGGGGATG AAGACACTTG AAGCGGCGAT GATTCTACGT GTTTCCTCGA
 CTAGCAAGGC ACACCCCTAC TTCTGTGAAC TTCGCCGCTA CTAAGATGCA CAAAGGAGCT
 Primer 10R -
 4741 TTCGGATGGT GTTTCGCCTT CAGGCGGTAG TTCTGGTGGT TTGCGAGCTG GAGCTGCCCC
 AAGCCTACCA CAAAGCGGAA GTCCGCCATC AAGACCACCA AACGCTCGAC CTCGACGGGG
 4801 TTCACTGTTT AGATGTTTGT TGAAGAACTT GGGTGGGGT TTTTGTATGG CGAAAAGGTT
 AAGTGACAAA TCTACAAACA ACTTCTTGAA CCCACCCCCA AAAACATACC GCTTTTCCAA
 4861 GTTGGAAGTGT TTGTGCAAGC GGGTAGTTGA CTCGTTTTCT CGCTTGAAGC TCGGCACAAC
 CAACCTTGAC AACACGTTTC CCCATCAACT GAGCAAAAGA GCGAACTTCG AGCCGTGTTG
 4921 TCGTTTAACC TCATTGCTA ACCTGTTACT TGTGAGCGTT TCGCGGAATT TCTTCGATGA
 AGCAAATTGG AGTAAGCGAT TGGACAATGA AACTCGCAA AGCGCCTTAA AGAAGCTACT
 4981 CACTGTTTTT GCTGCTGTTT GGGAAATAGC GATCAACCTG ACCAGGATCG TCGATGGAGT
 GTGACAAAAA CGACGACAAA CCCTTTATCG CTAGTTGGAC TGGTCCTAGC AGCTACCTCA
 5041 GAGCAAGACA AAATTGGAGT GCTTTCGCAA TTTATTTCTGA TTAATCCCA AGTTATACGC
 CTCGTTCTGT TTTAACCTCA CGAAAGCGTT AAATAAGCT AATTAAGGGT TCAATATGCG

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

5101 TGGTTGTAAG GACGTTGTGA AGGACGTTAG TAACGCTTAC AGGTCGGTTG TTCTGTTTTTC
 ACCAACATTCT CTGCAACACT TCCTGCAATC ATTGCGAATG TCCAGCCAAC AAGACAAAAG
 5161 CGCTGAGTTT TTTGGTAAGA GTTACTCTAA ACTTTGTCAG TTTTGCTTGG AAATATTTGA
 GCGACTCAAA AAACCATTCT CAATGAGATT TGAAACAGTC AAAACGAACC TTTATAAACT
 5221 CATCGGGCTT ATTGAGATTT CGGCCCCGTAA TTTGGGACTA GAAACTTGCG TTTCAATGGC
 GTAGCCCGAA TAACTCTAAA GCCGGGCATT AAACCCTGAT CTTTGAACGC AAAGTTACCG
 5281 ACCGGCTATT TTTGATGTGT TGATTACTTT TCCTTTGGGG AGCGTTAGCT TTCCCGTCGT
 TGGCCGATAA AAATAACACA ACTAATGAAA AGGAAACCCC TCGCAATCGA AAGGGCAGCA
 5341 TTGCGCTAGG GTTTTCGGTG CTCTCGCTAT GGAAGTGGGA TCGAACTTTT GTTTTAAGAA
 AACGCGATCC CAAAAGCCAC GAGAGCGATA CCTTCACCCT AGCTTGAAAA CAAAATTCTT
 5401 AGTTTTTCGGT AAACCCGAAA CTCTAGGTGA AGATGCTTTC CGTAGGACGT GTAAGTATGG
 TCAAAAGCCA TTTGGGCTTT GAGATCCACT TCTACGAAAG GCATCCTGCA CATTCATACC
Primer G7 +
 5461 TTTTGAGGCC AAAGCGTTTG ACAAGCTTTC CGTAGATGCG AAAGGTTTAG TTAGGTGCTC
 AAAACTCCGG TTTCGCAAAC TGTTCGAAAG GCATCTACGC TTTCCAAATC AATCCACGAG
 5521 TGGTGTTATT CCTGGAGTGT TAAGGATAAT ACTATCTTCC TTGTTTTCCG AGGCAGACGC
 ACCACAATAA GGACCTCACA ATTCCTATTA TGATAGAAGG AACAAAAGGC TCCGTCTGCG
 5581 TTGGGTGGGT TATAGTAAAC ATGAAGTTTC TTCCCTTCCC ATAGTTACCT TTTGCGTGAA
 AACCCACCCA ATATCATTTG TACTTCAAAG AAGGGAAGGG TATCAATGGA AAACGCACTT
 5641 GAAATTGTCT TTTCTGTTGG AGCGGTGTAA GGAAGCGTGT ATCGCTTTCA TTGTCGATTC
 CTTTAACAGA AAAGACAACC TCGCCACATT CCTTCGCACA TAGCGAAAGT A**ACAGCTAAG**
 5701 TGCTAAGAAG ATTTTGAAAT CTTTAACCTC TGAGATTCAC GAGTCTTTCC AAAACTCGGA
ACGATTCTTC TAAACTTTA GAAATTGAAG ACTCTAAGTG CTCAGAAAGG TTTTGAGCCT
Primer G6 -
 5761 ATTAAGTAGC GGTGCTAAAT CCTTGTATGG ACATGTGAGT TCTATACTCT CAGCGTCCAA
 TAATTGATCG CCACGATTTA GGAACATACC TGTACACTCA AGATATGAGA GTCGCAGGTT

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

Primer 8F +

5821 TGGTCTAGTT AACAAAGGCAG **GGAACGCCGT TGCAGCGGTT AAAGCGGCGG GGAG**TGGTCT
 ACCAGATCAA TTGTTCCGTC CCTTGCGGCA ACGTCGCCAA TTTCGCCGCC CCTCACCAGA

5881 TAGCAAACGT ATGAGGCGCA TTCGGCCTTC CTTTCGCCTT GCTCGGTGTG TTAATGAACA
 ATCGTTTGCA TACTCCGCGT AAGCCGGAAG GAAAGCGGAA CGAGCCACAC AATTACTTGT

5941 GACCAGCGAA TACTACTCTG CTAGTGACGA GTCTGAGTTG GATGAGTCGT TGCTTAGTGA
 CTGGTCGCTT ATGATGAGAC GATCACTGCT CAGACTCAAC CTACTCAGCA ACGAAT**CACT**

6001 CACACCCGGT CTTTCGTGGTA ACGGGAAGTG TAGCGATTTG TTTCGTGTCTG TTTCTGGACG
GTGTGGGCCA GAAGCACCAT TGCCCCTTCAC ATCGCTAAAC AAAGCACAGC AAAGACCTGC

Primer 9R -

6061 TGTCTCAGTA TGTGTAGGC ACGCTGTGGA AGCCTTGAGG CGTTTAGCCC TACACGTCGG
 ACAGAGTCAT ACAACATCCG TCGGACACCT TCGGAACTCC GCAAAATCGGG ATGTGCAGCC

6121 TGACTIONTTG TACTCGTGCA TTATGGACTC TTTTGTGAGG TTGTTCTGTA GAGCCAACAC
 ACTGATGAAC ATGAGCACGT AATACCTGAG AAAACACTCC AACAAGCATT CTCGGTTGTG

6181 TGCAGTCGGG AAGTGTGAAT CCTTCGCTGT CGATTGTGCC ACTAAGATTT CTGATTTGGT
 ACGTCAGCCC TTCACACTTA GGAAGCGACA GCTAACACGG TGATTCTAAA GACTAAACCA

6241 AGTCGGATAT ATTGCTTGGC GCAATCTTCA TTCCGGTGCG TATTCGACAA CTCCAGGATT
 TCAGCCTATA TAACGAACCG CGTTAGAAGT AAGGCCACGC ATAAGCTGTT GAGGTCCTAA

6301 ATCCGGCGGC AGTAGAAATT CTCTTTCCAG GTTCTTGAC GCGGGTCTCA TGGTGTGTAA
 TAGGCCGCCG TCATCTTTAA GAGAAAGGTC CAAGAACCTG CCGCCAGAGT ACCACACATT

6361 TTCAAAATTT TGGTACCGCG TGGCAGACCG GTTTTCAATG AGACTTTTAT CGAGCTTGGC
 AAGTTTTTAAA ACCATGGCGC ACCGTCTGGC CAAAAGTTAC TCTGAAAATA GCTCGAACCG

6421 TCATCGGATG AGGACTGCTT CGATAAATGT GTTGTTAGAG TTCCTGAAGA ACCTCCCGGT
 AGTAGCCTAC TCCTGACGAA GCTATTTACA CAACAATCTC AAGGACTTCT TGGAGGGCCA

6481 TTGTTTAGTT TCGATATACA CTTTCATAGA GTGTAGATCT AGGATTTTTC CTTTGAAGGA
 AACAAATCAA AGCTATATGT GAAAGTATCT CACATCTAGA TCCTAAAAAG GAAACTTCCT

p349
(ORF1a)

6541 GTTCCTTTGG GGCTTTTGCG TTTTGTGTTG GAACATTGTT AAGGATCTTT CCATATGCAT
 CAAGGAAACC CCGAAAACGC AAAAACAAAC CTTGTAACAA TTCCTAGAAA GGTATACGTA
 6601 CTACGGAAGT CTCCCCGTTT GCGTTACGAG GTTGTGTAAT AGGGCGTTCC GTCGTAGTTC
 GATGCCTTCA GAGGGGCAAA CGCAATGCTC CAACACATTA TCCCGCAAGG CAGCATCAAG
Primer 8F.1 +
 6661 CAACGAAGGT GACGTCGGTA CGCTTCAAGT GATCACCGAA GCCGAAAACC GAATCGAGTT
 GTTGCTTCCA CTGCAGCCAT GCGAAGTTCA CTAGTGGCTT CGGCTTTTGG CTTAGCTCAA
 6721 TTTGCGAGAA GTTCTCGCCG AAATGGCACG GTATCGTGCT TCTCTCGAGA TACCCGTACC
 AAACGCTCTT CAAGAGCGGC TTTACCGTGC CATAGCACGA AGAGAGCTCT ATGGGCATGG
 6781 GGGGTCGCCT GATAGTCCTT CATTCCCACC TACGTACGGT GAGATTGAGG AGTTAGGTAA
 CCCCAGCGGA CTATCAGGAA GTAAGGGTGG ATGCATGCCA CTCTAACTCC TCAATCCATT
Primer G8.1 -
 6841 CGATTCTCT GACAGTGCCC GATTGATAGG TGTGGACAAT GGTTTCAGATT CAGTGTCCAC
 GCTAAGGAGA CTGTACAGGG CTAACCTATCC ACACCTGTTA CCAAGTCTAA GTCACAGGTG
 6901 TGAAGGCGAA ACGGAAGTAG ATTCGGATGG TGATAGCGAT GATTCAATAC CTTTAGATCG
 ACTTCCGCTT TGCCTTGATC TAAGCCTACC ACTATCGCTA CTAAGTTATG GAAATCTAGC
 6961 CGACTTTGAG CAAATCGGAG GTCTTGGCGG GAGCGGTAAC ATTGACGTCT TTCGTTTAGG
 GCTGAAACTC GTTTAGCCTC CAGAACCGCC CTCGCCATTG TAACTGCAGA AAGCAAATCC
 7021 GCTGAGGTTT GTGTGGAGAG TGTTGCGTAA TTTGTTTAA TTAAGAGCCG TTAAATTTTC
 CGACTCCAAG CACACCTCTC ACAACGCATT AAACAAATTG AATTCTCGGC AATTTAAAAG
 7081 CTATGGGTTA GCTCTTCAGT GCATATTTAA CGGCGGTTCC AATGGCCAGT TTACGTCGCG
 GATACCCAAT CGAGAAGTCA CGTATAAATT GCCGCCAAGG TTACCGGTCA AATGCAGCGC
 7141 ACTGTTATTC AGTTTCCGGC AAACCTGCTT CCCGTTTGAG TTCTTTAGAC ACGTTTGTAG
 TGACAATAAG TCAAAGGCCG TTTGACGAAT GGGCAAATCT AAGAAATCTG TGCAAACATC
 7201 TGTGAGGTGG CTGTCAAAGA GCTTAGCACT ACGTGTTCGT AACAGGCTAA TTTGTGACGA
 ACACTCCACC GACAGTTTCT CGAATCGTGA TGCACAAGCA TTGTCCGATT AAACACTGCT

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

7261 GGAAATGGTT GAACGTTTCT TCAGTTTTTC GCGATTTTTG TACGATTTCG GTTACTTATC
 CCTTTACCAA CTTGCAAAGA AGTCAAAAAG CGCTAAAAAC ATGCTAAGCG CAATGAATAG
 7321 GGACGTGTTT TCGGTGTTGG AGAGGGTCGA TTTTATTTA AGTTATCTAT TCTCGTTGCC
 CCTGCACAAA AGCCACAACC TCTCCCAGCT AAAAATAAAT TCAATAGATA AGAGCAACGG
 Primer G9 +
 7381 GAAGAGGTGT CTTACGCGTA ACCGTAGTGT CCGAGTTTGC GCTAGAGCTC CGGTTCCCGT
 CTTCTCCACA GAATGCGCAT TGGCATCACA GGCTCAAACG CGATCTCGAG GCCAAGGGCA
 7441 GATTAGGACC GAAGGACTTG TAGAAGACGG CAAGAAGTCT TTAACCGAAG TGTTGAACTC
 CTAATCCTGG CTTCTTGAAC ATCTTCTGCC GTTCTTCAGA AATTGGCTTC ACAACTTGAG
 Primer G8 -
 7501 TTTGGACTCA TTGAAAGTGT CCGACCGTAA AGGGAAGTCA GCACTTATTG AAAGTGATAA
 AAACCTGAGT AACTTTTACA GGCTGGCATT TCCCTTCAGT CGTGAATAAC TTTCACATT
 7561 TTCCGACTCC GAAAGTGGTC ATTCGTTCCG TTCCCGCTCA TTCGGATCCG TCAAGGAGGA
 AAGGCTGAGG CTTTCACCAG TAAGCAAGCC AAGGGCGAGT AAGCCTAGGC AGTTCCTCCT
 7621 AGTTTTTAAAC GCGGTAAACG GTGATGGCGT TTGCGAAAAA GCTCCGTTGA TGAAACACGC
 TCAAAATTTG CGCCATTTGC CACTACCGCA AACGCTTTTT CGAGGCAACT ACTTTGTGCG
 7681 TACCGCGCTT AGCAAGTTGG AACCCGACCC TAGTGGTCGT AAAGATATTC CTGTTTCCAA
 ATGGCGCGAA TCGTTCAACC TTGGGCTGGG ATCACCAGCA TTTCTATAAG GACAAAGGTT
 7741 GAAAACTTTT ACGCGCGGTG AGTGTTCCGG CGTGAAGTCG AAGGTGAGCA TGTGCGATTA
 CTTTTGAAAA TGCGCGCCAC TCACAAGCCC GCACTTCAGC TTCCACTCGT ACACGCTAAT
 7801 CTTGGTGACC TTGAATTCTT CGTTTGGTAC AGTACCTGAC ATGTACCCTG TTGCGCGTGA
 GAACCACTGG AACTTAAGAA GCAAACCATG TCATGGACTG TACATGGGAC AACGCGCACT
 Primer 7F +
 7861 CATAACGTAT AAGAACTGA CTAACGCCAT GCGCGAGTTT TATTACTCGC AAAAGGTAAC
 GTATTGCATA TTCTTTGACT GATTGCGGTA CGCGCTCAAA ATAATGAGCG TTTTCCATTG

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

7921 GTTGTACGAA CTTTCATGGAA AGTTGAGCTC GTACTGGGAT GAGTTAAAGG CGGTAGGTTT
 CAACATGCTT GAAGTACCTT TCAACTCGAG CATGACCCTA CTCAATTTCC GCCATCCAAA
 7981 TGATAGGAAG TTGGCGAAGA TGGATTTGGA CGATGACGTT AGTGTCGTCTG ATTTTAACTT
 ACTATCCTTC AACCGCTTCT ACCTAAACCT GCTACTGCAA TCACAGCAGC TAAAATTGAA
 8041 GAAGGTAATA GTGGGGAGGC ATGGTACCCG TCCTTTTCAGA AATACTGTGA ACTCTCACGA
 CTTCCATTAT CACCCCTCCG TACCATGGGC AGGAAAGTCT TTATGACACT TGAGAGTGCT
 8101 GTTCATGTTT TGTGACGATG GATTGGTGCT TTGCCCCGGT CCGAAAAAAC GTGATTTTCGC
 CAAGTACAAA ACACTGCTAC CTAACCACGA AACGGGCCCA GGCTTTTTTTG CACTAAAGCG
 Primer 8R -
 8161 TTTGATCTCT AGTCAAACGC AATTTGTTGC TGCGAACCTCA TTCCTGCGTG CCGTGGACGG
 AAACCTAGAGA TCAGTTTGCG TTAAACAACG ACGCTTGAGT AAGGACGCAC GGCACCTGCC
 8221 TAAAGATTTA ACGTTCACCTA ATTCGGAGCA TAGTCTCATA GTTTATGAGG CTCCTCCCGG
 ATTTCTAAAT TGCAAGTGAT TAAGCCTCGT ATCAGAGTAT CAAATACTCC GAGGAGGGCC
 8281 TGGTGGAAAG ACGCATTCTT TGGTAACGTA TTTGCGCGAC TATTGTACCA AAGTGTCTTG
 ACCACCTTTC TGCCTAAGAA ACCATTGCAT AAAGCGGCTG ATAACATGGT TTCACAGAAC
 8341 CTTGGTGGTG ACCGCTAACA AAAATTTCGCA AGCGGAGATT TCTCAAAGAA TCTCTAGAGA
 GAACCACCAC TGGCGATTGT TTTTAAGCGT TCGCCTCTAA AGAGTTTCTT AGAGATCTCT
 8401 GTTAATGGAT AGAAAGATGC TTGCTAAACA CGTTGTAAA ACCGCTGGTA GAGTGTTTAC
 CAATTACCTA TCTTTCTACG AACGATTTGT GCAACAATTT TGGCGACCAT CTCACAAATG
 8461 TGTGGACTCT TATCTGATGA ACCATATTCTG ACTCAAGACC GATTTGTTGT TTATCGATGA
 ACACCTGAGA ATAGACTACT TGGTATAAGC TGAGTTCTGG CTAAACAACA AATAGCTACT
 8521 GTGTTTTATG GTTCACGCTG GAGCAATCGG AGCGGTGTT GAGTTCACCTT CATGTAAGGC
 CACAAAATAC CAAGTGCGAC CTCGTTAGCC TCGCCAACAA CTCAAGTGAA GTACATTCCG
 8581 TGTGGTTTTT TTCGGTGATA GTAGACAAAT TCATTATATT CACCGGAACG ATTTTCGGTGT
 ACACCAAAAG AAGCCACTAT CATCTGTTTA AGTAATATAA GTGGCCTTGC TAAAGCCACA
 8641 TTCGTTGTTG CATGACATAG ACGCATTTAT AGAACCGCAG CACCGCATTT ACGGTGAGGT
 AAGCAACAAC GTACTGTATC TGCCTAAATA TCTTGCGCTC GTGGCGTAAA TGCCACTCCA

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

8701 GTCCTACAGG TGCCTTGGG ACATCTGTGA GTGGTTGTCT AAATTTTATC CGAGACATGT
 CAGGATGTCC ACAGGAACCC TGTAGACACT CACCAACAGA TTTAAAATAG GCTCTGTACA
 8761 AGCCACTGCC TACACTGGTA GTATCGGGAA ATCGAGTGTG TCTATAGAGA TAATTAATGG
 TCGGTGACGG ATGTGACCAT CATAGCCCTT TAGCTCACAC AGATATCTCT ATTAATTACC
 8821 GTGTGACGAC GTTCCTTACG ATAGTAGCGC GAAGTACATC GTTTACACAC AAGCAGAAAA
 CACACTGCTG CAAGGAATGC TATCATCGCG CTTTCATGTAG CAAATGTGTG TTCGTCTTTT
 8881 GAACGAACTG CAAAAGCACC TTGGTCGTTT AACCGTAGGC CGAACTAAAG CGGTGCCTAT
 CTTGCTTGAC GTTTTCGTGG AACCAGCAAA TTGGCATCCG GCTTGATTTC GCCACGGATA
 8941 TGTGAACACA GTGCATGAAG TTCAAGGTGA AACCTATAAG AAGGTTTCGTT TGGTAAGGTG
 AACTTTGTGT CACGTACTTC AAGTTCCACT TTGGATATTC TTCCAAGCAA ACCATTCCAC
 9001 CAAATACCAA GAGGACACTC CTTTCTGTTC AGATAATCAT GTTGTGTGG CTTTAACCAG
 GTTTATGGTT CTCCTGTGAG GAAAGACAAG TCTATTAGTA CAACAACACC GAAATTGGTC
 9061 GCACGTCGAT TCCTTAACCT ACTCCGTCTT GAATAGTAGG AGATACGACA AGACCGCTTC
 CGTGCAGCTA AGGAATTGAA TGAGGCAGAA CTTATCATCC TCTATGCTGT TCTGGCGAAG

Primer G11 +

9121 TAGTATAGAT GAAGCAAGGG AGATTTTCGA CAAGTTTCGT TCGACGAACC ATTCTCATGG
 ATCATATCTA CTTTCGTTCCC TCTAAAAGCT GTTCAAAGCA AGCTGCTTGG TAAGAGTACC
 9181 TTCTTCGACG TTGGAATGGT ACCTTGAGAA ATACCCTACT GAATATAAGG GTAGTAAGGC
 AAGAAGCTGC AACCTTACCA TGGAATCTT TATGGGATGA CTTATATTCC CATCATTCGG
 9241 GTCTTCGGCG CCGTTAAGTT GTATTAACGA GTTTCTTAAT GAGGTCGTCG TTGCTTCTTC
 CAGAAGCCGC GGCAATTCAA CATAATTGCT CAAAGAATT CTCCAGCAGC AACGAAGAAG

Primer G10 -

9301 TGTCTGTCAG TTGGGTGATG TGTCTGAAGA ACTGAGTTCA CGTCCCTTTG AATCGGGGTG
 ACAGCAGCTC AACCCACTAC ACAGACTTCT TGAAGCAAGT GCAGGGAAAC TTAGCCCCAC
 9361 TGATAACGTT ACCGTAGGAG AACTGCCCC TCCTGATTCC GGTAACCTAC ATGAACCGGC
 ACTATTGCAA TGGCATCCTC TGTGACGGGG AGGACTAAGG CCATTGGATG TACTTGGCCG

p349
(ORF1a)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

9421	TCGTGTTTCGG	CGTGGTAAGG	TCGCAGGCAA	TTCCTCCAAG	AAAAGCATCG	CTGCAAGAAA	p349 (ORF1a)
	AGCACAAGCC	GCACCATTC	AGCGTCCGTT	AAGGAGGTTC	TTTTCGTAGC	GACGTTCTTT	
9481	ACCTTCTGTC	GTACGAAAGT	CGTAATTACA	ACTTTATCAA	GACGGAACGG	CTTGTCGGAC	
	TGGAAGACAG	CATGCTTTCA	GCATTAATGT	TGAAATAGTT	CTGCCTTGCC	GAACAGCCTG	
9541	CAAGCGAATT	TGGTAGGGCG	ATGGCTGCTG	CTGTTATCGA	ACGTTGTTTC	AAAATGGAAG	
	GTTTCGCTTAA	ACCATCCCGC	TACCGACGAC	GACAATAGCT	TGCAACAAAG	TTTTACCTTC	
9601	AGATGGCTAA	GATAAGGTGT	GATATTATAT	CCCTTACCGA	GGCTAATATT	TTGAAATGGC	
	TCTACCGATT	CTATTCCACA	CTATAATATA	GGGAATGGCT	CCGATTATAA	AACTTTACCG	
9661	TCGACAAACG	CACTCCCTGT	CAAATAAAGG	CCGTGCAGGC	GGAGTTGAAG	CTCCCCTTTT	
	AGCTGTTTGC	GTGAGGGACA	GTTTATTTCC	GGCACGTCCG	CCTCAACTTC	GAGGGGAAAA	
9721	CGGTGGAGGA	GCAGATTACC	AACTTTAAAC	TAATGGTTAA	ACGTGATGCT	AAGGTAAAAC	p54 (ORF1b)
	GCCACCTCCT	CGTCTAATGG	TTGAAATTTG	ATTACCAATT	TGCACTACGA	TTCCATTTTG	
9781	TTGATGATTC	GAGTCTGTCT	AAACATCCCG	CCGCTCAGAA	TATTATGTTT	CATAAGAAGT	
	AACTACTAAG	CTCAGACAGA	TTTGTAGGGC	GGCGAGTCTT	ATAATACAAA	GTATTCTTCA	
9841	TTATTAATGC	TATATTTTCC	CCATGTTTCG	ATGAGTTTAA	AAATAGAGTG	TTATCCTCGC	
	AATAATTACG	ATATAAAAGG	GGTACAAAGC	TACTCAAATT	TTTATCTCAC	AATAGGAGCG	
9901	TTAATGATAA	TATCGTGTTT	TTTACAGAAA	TGACGAACGC	TGGGTTAGCG	GAAATCGTCA	
	AATTACTATT	ATAGCACAAG	AAATGTCTTT	ACTGCTTGCG	ACCCAATCGC	CTTTAGCAGT	
9961	GAAGAATCAT	TGGTGACGAC	GATAACTTGT	TCGTGCGGGA	AGTGGACTTC	AGCAAGTTTCG	
	CTTCTTAGTA	ACCACTGCTG	CTATTGAACA	AGCAGCCCCT	TCACCTGAAG	TCGTTCAAGC	
10021	ATAAATCTCA	AGATTTGTTC	ATTAAGGAGT	ACGAACGTAC	GTTGTATTCC	GAGTTTGGGT	
	TATTTAGAGT	TCTAAACAAG	TAATTCCTCA	TGCTTGCATG	CAACATAAGG	CTCAAACCCA	
			Primer 6F +				
10081	TTGATACTGA	ACTTCTCGAT	GTTTGGATGG	AAGGTGAATA	TCGCGCTAGG	GCAACCACAC	
	AACTATGACT	TGAAGAGCTA	CAAACCTACC	TTCCACTTAT	AGCGCGATCC	CGTTGGTGTG	

ภาพที่ 5 (ต่อ)

10141 TGGATGGTCA GCTGAGTTTT TCAGTTGATG GTCAGCGTGC TTCCGGAGGT TCAAACACTT
 ACCTACCAGT CGACTCAAAA AGTCAACTAC CAGTCGCAGC AAGGCCTCCA AGTTTGTGAA
 10201 GGATCGGGAA TTCCTTGGTT ACTCTAGGCA TTCTTTCGTT ATATTACGAC GTTTCAAAGT
 CCTAGCCCTT AAGGAACCAA TGAGATCCGT AAGAAAGCAA TATAATGCTG CAAAGTTTCA
 10261 TTGAGTTACT TCTCGTTTTCC GGTGACGATT CTCTGATCTA TTCAAGTGAA AAGATAAGCA
 AACTCAATGA AGAGCAAAGG CCACTGCTAA GAGACTAGAT AAGTTCACCT TTCTATTCGT
 10321 ACTTTTCTTC CGAAATTTGT CTAGAAACAG GTTTTGAGAC TAAGTTTATG TCTCCTAGTG
 TGAAAAGAAG GCTTTAAACA GATCTTTGTC CAAAACTCTG ATTCAAATAC AGAGGATCAC
 10381 TGCCATACTT TTGTTCAAAG TTTGTGGTTC AAAGTGGTAA CAAAACATGT TTTGTGCCTG
 ACGGTATGAA AACAAAGTTC AAACACCAAG TTTGACCATT GTTTTGTACA AAACACGGAC
 10441 ACCCTTATAA ATTATTGGTA AAGTTGGGGG CTCCGCAAAA CAAGTTGACT GACGATGAGT
 TGGGAATATT TAATAACCAT TTCAACCCCC GAGGCGTTTT GTTCAACTGA CTGCTACTCA
 10501 TATTCGAGTT GTTCACTTCT TTTAAGGACA TAACTCAGGA CTTTGGTGAT CAAGTGGTTT
 ATAAGCTCAA CAAGTGAAGA AAATTCCTGT ATTGAGTCCT GAAACCACTA GTTCACCAAA
 10561 TGGAGAAGCT GAAGTTGCTA GTCGAAGCTA AGTACGGTTT CACTAGTGGG ACCACTATGC
 ACCTCTTCGA CTTCAACGAT CAGCTTCGAT TCATGCCAAA GTGATCACCC TGGT**GATACG**
 10621 CCGCTCTGTG TGCTATACAT TGTGTACGGT CTAATTATTT GTCTCTTGAA AGATTGTTTC
GGCGAGACAC ACGATATGTA ACACATGCCA GATTAATAAA CAGAGAACTT TCTAACAAAG
Primer 7R -
 10681 CCTTTATTAG AGGTTGGTAT GTTGTGCGACG CTTTGAAGCT TAGACAACCTG AGGAAATTTCG
 GGAAATAATC TCCAACCATA CAACAGCTGC GAAACTTCGA ATCTGTTGAC TCCTTTAAGC
 10741 CCAATTTGAT CTGTGAACGT GTGGTTTACG ATAATCGCGT GGGTTATTTT TCGTACTTCG
 GGTAAACTA GACACTTGCA CACCAAATGC TATTAGCGCA CCCAATAAAA AGCATGAAGC
Primer G13 +
 10801 ACAATCCGTT TGCTA**AACCC GACGCTAGCG ATGGTCAAGC** GGATGACATA GCGACAGGCT
 TGTTAGGCAA ACGATTGTTGG CTGCGATCGC TACCAGTTTCG CCTACTGTAT CGCTGTCCGA

p54
(ORF1b)

10861	GATAGTTTGT	TCAGTTCTCG	CTGAGAGTTA	ACACAGGTAG	TTGAGTCGAG	ATGTTTGCCT	p54 (ORF1b)
	CTATCAAACA	AGTCAAGAGC	GACTCTCAAT	TGTGTCCATC	AACTCAGCTC	TACAAACGGA	
10921	TCGCGAGCGA	AAACCAAGAC	ATATTAGAAG	AAAAGATTTT	CCGCCGTAGA	ACCTGCCATC	
	AGCGCTCGCT	TTTGGTTCTG	TATAATCTTC	TTTTCTAAAA	GGCGGCATCT	TGGACGGTAG	
10981	GTAAGTATTT	GGATGATGTG	GTTAGGGATT	TTACCATTTGA	TGTTGGTTAT	AATACTGCCG	
	CATTCATAAA	CCTACTACAC	CAATCCCTAA	AATGGTAACT	ACAACCAATA	TTATGACGGC	
11041	ATCGTGATCC	TACGGTACTG	GCTGATTATT	TCTCGTTGTA	TTTCTTTTTT	CTTAACAATG	
	TAGCACTAGG	ATGCCATGAC	CGACTAATAA	AGAGCAACAT	AAAGAAAAAC	GAATTGTTAC	
11101	ATAACATTGG	GCCTTTTAGCA	GCTTCGATTA	TAGTAAGCCC	ACCCGTGAGT	GGGACTCACA	
	TATTGTAACC	CGGAAATCGT	CGAAGCTAAT	ATCATTCGGG	TGGGCACTCA	CCCTGAGTGT	
	Primer G12 -						
11161	AAATTCGAGC	GCACGTCGAT	AATCAACCGA	ATCGTGAAGG	AAACGTAACT	TACGTTAAGA	
	TTTAAGCTCG	CGTGCAGCTA	TTAGTTGGCT	TAGCACTTCC	TTTGCATTGA	ATGCAATTCT	
11221	CTATGGACAA	GAGTCGGTTT	GTGATTTCGC	TAAAAGCGAT	GCCAGCTTCT	ATGAGAGGTT	
	GATACCTGTT	CTCAGCCAAA	CACTAAGCGC	ATTTTTCGCTA	CGGTCGAAGA	TACTCTCCAA	
11281	ACTACTCTTT	TCGGGCGTTT	CTTAGTGGCG	ACGTCGCTAG	CGAACGTAGT	GAGTTCATAT	
	TGATGAGAAA	AGCCCGCAAA	GAATCACCGC	TGCAGCGATC	GCTTGCATCA	CTCAAGTATA	
11341	GCAGTTTTGT	TGGTAGTAGG	TTTCTTTGTT	GTTGTACACA	AACGATATCC	GAAAATTTGA	
	CGTCAAAACA	ACCATCATCC	AAAGAAACAA	CAACATGTGT	TTGCTATAGG	CTTTTAAACT	
11401	GTAAAGTTTG	TTCATCTTCC	TTCTTCTTTA	GAGCTGTTTC	GGAAACCGCT	ACTAATGAGT	
	CATTTCAAAC	AAGTAGAAGG	AAGAAGAAAT	CTCGACAAAG	CCTTTGGCGA	TGATTACTCA	
	Primer 5F +						
11461	TTTCTGTTGT	GACTGATGAT	GTAGAAGACG	TTAAGTACGT	AAGGAAACGA	GTCGAGGGGT	
	AAAGACAACA	CTGACTACTA	CATCTTCTGC	AATTCATGCA	TTCCTTTGCT	CAGCTCCCCA	

ภาพที่ 5 (ต่อ)

11521 TTTACATTG CGCTGACCCG TATCCTCCTA GGTGTTATCG TAACGCTAAC TTAGGCGATT
 AAAGTGTAAC GCGACTGGGC ATAGGAGGAT CCACAATAGC ATTGCGATTG AATCCGCTAA
 11581 CTTCAGGGGT TCAAAGTCGC ACGATTGAAG AAGAAGGTTA TAGGATGGAT ACCGCAGGTA
 GAAGTCCCCA AGTTTCAGCG TGCTAACTTC TTCTTCCAAT ATCCTACCTA TGGCGTCCAT

11641 ACGTCGCGGT CACCATCCCG AACACTCCAC TTGTTAACGC CGTCTCTCCG TATGTCGCAG
 TGCAGCGCCA GTGGTAGGGC TTGTGAGGTG AACAATTGCG GCAGAGAGGC ATACAGCGTC
 11701 AGTACAACGA AAATGCGCGT TCGCGTATTT CATTAAATACG GCGAGTTTGC TGTTATGCCG
 TCATGTTGCT TTTACGCGCA AGCGCATAAA GTAATTATGC CGCTCAAACG ACAATACGGC
 11761 TTTGCGTTTT AGTGGTGTCT CTTCTTATAA TGAGCGGTTT GTTAGCCGTT ATATTCATAT
 AAACGCAAAA TCACCACAGA GAAGAATATT ACTCGCCAAA CAATCGGCAA TATAAGTATA

11821 GACTTGGTGT AGTAACTTAT GAGGTGTAAT TAGCTAAAAC TCGCCGTTTG ACTCTGTTTA
 CTGAACCACA TCATTGAATA CTCCACATTA ATCGATTTTG AGCGGCAAAC TGAGACAAAT

11881 AACGGGGTTC AATGGACTGT GTGATTCAAG GATTTTTGAC TTTTCTGGTT GGTATAGCTG
 TTGCCCCAAG TTACCTGACA CACTAAGTTC CTAAAACTG AAAAGACCAA CCATATCGAC
 11941 TGTTTTCGGC TTTTGCCGGA CTGATTATCA TTGTTATAAC GATTTATCGG TGCACGACTA
 ACAAAGCCG AAAACGGCCT GACTAATAGT AACAATATTG CTAAATAGCC ACGTGCTGAT

Primer 6R -

12001 AGCCCGTTAG AAACGCCTCT CTTACGGCA CTCACGTCAC TGTCTAAGCG GTATGGTGCT
 TCGGGCAATC TTTGCGGAGA GGAATGCCGT GAGTGCAGTG ACAGATTCGC CATAACACGA
 12061 TCTGGGTTTA GACTTTGGTA CCACGTTTTT GACGGTGGCT ATGGCTACAT CTTCTGAGTT
 AGACCCAAAT CTGAAACCAT GGTGCAAAAG CTGCCACCGA TACCGATGTA GAAGACTCAA
 12121 AGTTATACTT AAACAATCCA ATTCGTCGTA CATACTACG TGTTTGGTTC TGCATGCGGA
 TCAATATGAA TTTGTTAGGT TAAGCAGCAT GTATGGATGC ACAAACCAAG ACGTACGCCT

p33
(ORF2)

p6
(ORF3)

p65
(ORF4)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

12181 ACCTAACAGC GTATCTTATG GTTACGATGC GGAGTATTTA GCGGCTTCAG GGGAACCTGG
 TGGATTGTCG CATAGAATAC CAATGCTACG CCTCATAAAT CGCCGAAGTC CCCTTGGACC
 12241 CTCGTTTTAC AAAGATTTGA AACGGTGGGT CGGTTGCACT GAGAAGAACT ACCAAAGCTA
 GAGCAAAATG TTTCTAAACT TTGCCACCCA GCCAACGTGA CTCTTCTTGA TGGTTTCGAT
 12301 CTTGCACAAG TTATCACCTT CCTATAAGGT GATAGTGAAA GAGTTTGGAA CTAAGAGTAT
 GAACGTGTTT AATAGTGGA GGATATTCCA CTATCACTTT CTCAAACCTT GATTCTCATA
 12361 GCCGGTTCCA TATTTGTCAC CTCTGAATAA CGATCTTGGG CTCAGCGTCG CTTTGCCTTC
 CGGCCAAGGT ATAAACAGTG GAGACTTATT GCTAGAACCC GAGTCGCAGC GAAACGGAAG
 12421 ATTGATCGCT TTATATGCCA AATCCATTTT ATCGGATGCG GAAAGAGTGT TCAATGTGAG
 TAACTAGCGA AATATACGGT TTAGGTAAAA TAGCCTACGC CTTTCTCACA AGTTACACTC
 12481 TTGCACTGGA GTTATATGTT CGGTACCTGC TGGTTATAAC ACGTTACAAC GAGCTTTTAC
 AACGTGACCT CAATATACAA GCCATGGACG ACCAATATTG TGCAATGTTG CTCGAAAATG
 12541 ACAACAAAGT GTGTCCTTGT CGGGTTACTC TTGCGTGTAC ATTATTAATG AACCTTCTGC
 TGTTGTTTCA CACAGGAACA GCCCAATGAG AACGCACATG TAATAATTAC TTGGAAGACG
 Primer G15 +
 12601 CGCCGCTTAC TCCACTTTAC CTAAGTTGAG TTCGGCGGAT AAGTACTTGG CCGTTTACGA
 GCGGCGAATG AGGTGAAATG GATTCAACTC AAGCCGCCTA TTCATGAACC GGCAAATGCT
 12661 CTTTGGTGGT GGGACCTTTG ATGTTTCTAT AGTTAGTGTT AGGTTGCCCA CGTTCGCCGT
 GAAACCACCA CCCTGGAAAC TACAAAGATA TCAATCACAA TCCAACGGGT GCAAGCGGCA
 12721 TAGAAGTTCA GGTGGTGATA TGAAGTTAGG CGGTAGAGAC ATCGATAGAA AATTATCTGA
 ATCTTCAAGT CCACCACTAT ACTTGAATCC GCCATCTCTG TAGCTATCTT TTAATAGACT
 12781 TAAAATATAT GAGTTGGCTG ATTTTGTACC GCAAAAAGAA CTGAACGTTT CTAGTTTAAA
 ATTTTATATA CTCAACCGAC TAAAACATGG CGTTTTTCTT GACTTGCAAA GATCAAATTT
 Primer G14 -
 12841 GGAAGCTTTA TCTCTTCAAA CHGATCCAGT CAAGTATACT GTAACCTATT ACGGAATGAG
 CCTTCGAAAT AGAGAAGTTT GDCTAGGTCA GTTCATATGA CATTGAGTAA TGCCTTACTC

p65
(ORF4)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

12901 TGAAACCGTA TCAATTGATC AAACGACGTT GAGGGAGATA GCTTCGGTGT TTATAACTCG
 ACTTTGGCAT AGTTAACTAG TTTGCTGCAA CTCCCTCTAT CGAAGCCACA AATATTGAGC
 12961 AACGATAGAC ATACTTACGC AAGTTAAGGC TAAGTCTAGT ATGCCCAGAGT CGCAAAGTTT
 TTGCTATCTG TATGAATGCG TTCAATTCCG ATTCAGATCA TACGGGCTCA GCGTTTCAAA
 13021 GAAGCTAGTG GTAGTCGGTG GAAGCTCGTA CCTACCAGGG TTGTTGGACA CTTTGGGAAC
 CTTTCGATCAC CATCAGCCAC CTTTCGAGCAT GGATGGTCCC AACAACCTGT GAAACCCTTG
 13081 CGTACCTTTT GTGTCTGGGA TAGTACCAGT GGAAGACGCA AGAACCCTG TTGCTAGGGG
 GCATGGAAAA CACAGACCCT ATCATGGTCA CCTTCTGCGT TCTTGGCGAC AACGATCCCC
 13141 ATGCGCTTTA TATAGCGAGT GCTTGGATGG TAGGTCCAAG GCCTTACTAA TAGATTGTAT
 TACGCGAAAT ATATCGCTCA CGAACCTACC ATCCAGGTTC CGGAATGATT ATCTAACATA
 13201 TACGCATCAT TTGTCGGTTA CGACTTTTAG TGCAGACTCG GTTGTGTTG CTGCGGCCGG
 ATGCGTAGTA AACAGCCAAT GCTGAAAATC ACGTCTGAGC CAACAACAAC GACGCCGGCC
 13261 AAGTCCAATT CCTTTTGAAG GAGAACGAAA ACTCACGTTA CGCAAATGTG TTAGTACGTC
 TTCAGGTAA GGAAACTTC CTCTTGCTTT TGAGTGCAAT GCGTTTACAC AATCATGCAG
 13321 AAATTATCAA GCAAGAATGT TCGAAGGAGA TTACGAAAAA GTTTTCCGAA ACGAACGTAT
 TTTAATAGTT CGTTCCTTACA AGCTTCCTCT AATGCTTTTT CAAAAGGCTT TGCTTGCATA
 13381 ATACGCAGCT TCGGTATCAT TGTTTACTTT AGGAGTTAAC TGGCGCGTGC CTAACGACGT
 TATGCGTCGA AGCCATAGTA ACAAATGAAA TCCTCAATTG ACCGCGCACG GATTGCTGCA
 13441 TGAGATGACT CTCGTGACCA AAGTGGACTC GATGGGTAAA GTGGAATTCT ACCTTAAAGG
 ACTCTACTGA GAGCACTGGT TTCACCTGAG CTACCCATTT CACCTTAAGA TGGAATTTCC
 13501 TCCATCCGGT GAATTAGTTA ACGTGCAAGG TACTTCACAT TACGATTATG TTGGTATGCC
 AGGTAGGCCA CTTAATCAAT TGCACGTTCC ATGAAGTGTA ATGCTAATAC AACCATACGG

 Primer 4F +
 13561 TCATCCCGCT AGAAAGTTGT TGAGGCTTAG CGATTACAAT GTAAACTCCG CCGCTTTAGT
 AGTAGGGCGA TCTTTCAACA ACTCCGAATC GCTAATGTTA CATTTGAGGC GCGGAAATCA

p65
(ORF4)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

13621 TTTAGCTTTG ACGTTGACTC GCGAAAAACG AGAAAAATTT CTTTTGCGAA CATTGTTTGA
 AAATCGAAAC TGCAACTGAG CGCTTTTTTGC TCTTTTTTAA GAAACGCTT GTAACAACT
 13681 TGCTTTATTA GCAGACTTGC GAAAGACCGC GAGTTTAAGC GAATATTCTA AGAAATATCC
 ACGAAATAAT CGTCTGAACG CTTTCTGGCG CTCAAATTCG CTTATAAGAT TCTTTATAGG
 13741 GATTACTCGA AACGACGTCG ATGTCGTCTC ATCACGTATG GGGATCGTTG TTTTCGAAAGT
 CTAATGAGCT TTGCTGCAGC TACAGCAGAG TAGTGCATAC CCCTAGCAAC AAAGCTTTCA
 13801 TTTACGGGGA AGCGATTTGG AAAGAGTACC TCTCTGAATC GACTCGAAAT TTCGATGAGA
 AAATGCCCCCT TCGCTAAACC TTTCTCATGG AGAGACTTAG CTGAGCTTTA AAGCTACTCT
 13861 GAAACGTATC GTTGGACCAC ACTTTGAGTT CAGGTGTGGT CGTCCGTAGG CAGAGTCTTT
 CTTTGCATAG CAACCTGGTG TGAAACTCAA GTCCACACCA GCAGGCATCC GTCTCAGAAA
 13921 TGAACGCGCC TCAAGGAACT TTCGAGAACG AGTTAGCGCT ATTGTACAAT TCGGTAGTGA
 ACTTGCGCGG AGTTCCTTGA AAGCTCTTGC TCAATCGCGA TAACATGTTA AGCCATCACT
 13981 TTAACGATTT TGTTGAGTTG ACTGGTATGC CATTGAAGTC TTTGATGACA GGTATTGAGG
 AATTGCTAAA ACAACTCAAC TGACCATACG GTAACCTCAG AAACACTGT CCATAACTCC
 14041 ACCGTAAGGT ACCTGACGAA TTAATATCCG TTGACCCGCA TGAAGTCGGA TGTAGATTCA
 TGGCATTCCA TGGACTGCTT AATTATAGGC AACTGGGCGT ACTTCAGCCT ACATCTAAGT
 14101 CGTTGAATGA CGTGAATCA TATCTAATGA GCAGGGGTGA AGATTCCGCT GATGTAACGG
 GCAACTTACT GCACCTTAGT ATAGATTACT CGTCCCCACT TCTAAGGCGA CTACATTGCC
 14161 CGGTGGAGCA CTCGTGGTGT TTGAGCAATT CTTGTGGTAG ATTATTAAGT TCGACTGAAA
 GCCACCTCGT GAGCACCACA AACTCGTTAA GAACACCATC TAATAATTCA AGCTGACTTT
 14221 TAGATGCTTA CAAAACCATG GTGTTTACTA AGACTTTTGA TAGTAATGTA TCTGGAGTGA
 ATCTACGAAT GTTTTGGTAC CACAAATGAT TCTGAAAAC ATCATTACAT AGACCTCACT

p61
(ORF5)

p65
(ORF4)

Primer 5R -

ภาพที่ 5 (ต่อ)

14281 CCACTAAATT AGAGACGTAT CTATCGTACT GCATATCATT GTACAAGAAA CATTGTATGA
 GGTGATTAA TCTCTGCATA GATAGCATGA CGTATAGTAA CATGTTCTTT GTAACATACT
 14341 AAGACGATGA TTATTTTAAAC CTTATCTTAC CTATGTTTAA TTGTTTGATG AAAGTGCTGG
 TTCTGCTACT AATAAAATTG GAATAGAATG GATACAAATT AACAACTAC TTTCACGACC
Primer G17 +
 14401 CGTCGCTTGG TTTGTTTTAC GAGAAACATA CTGACAATCC GCTGCTGACC GGCATGCTCA
 GCAGCGAACC AAACAAAATG CTCTTTGTAT GACTGTTAGG CGACGACTGG CCGTACGAGT
 14461 TAGAGTTTTG CCTAGAAAAT AAGGTGTATT ACTCTACTTT TAAAGTAAAT TTGGACAACG
 ATCTCAAAAC GGATCTTTTA TTCCACATAA TGAGATGAAA ATTTCATTTA AACCTGTTGC
 14521 TTAGGCTGTT TAAGTCTAAA GTGTTGCCTG TGGTGTAAAC GGTTTGGGAT ATATCTGAGC
 AATCCGACAA ATTCAGATTT CACAACGGAC ACCACAATTG CCAAACCCTA TATAGACTCG
 14581 CTGATGACCC AGTGGATGAG AGGGTACTAG TTCCTTTCGA TCCTACGGAT TTCGTGCTGG
 GACTACTGGG TCACCTACTC TCCCATGATC AAGGAAAGCT AGGATGCCTA AAGCACGACC
Primer G16 -
 14641 ATTTACCTAA ATTGAATATA CACGACACGA TGGTGGTGGT GGGTAATCAA ATCAGACAGT
 TAAATGGATT TAACTTATAT GTGCTGTGCT ACCACCACCA CCCATTAGTT TAGTCTGTCA
 14701 TAGAACACGT AGTTGAGAGC GATGCTTTAG ACGATTTATC TCAACACGTT GATTTACGTT
 ATCTTGTGCA TCAACTCTCG CTACGAAATC TGCTAAATAG AGTTGTGCAA CTAAATGCAA
 14761 TAGCAGCGGA CAATCCCGAT CTACGCGTTG ATCTGCGTTG GGCAGGGATG TTTGTGTATT
 ATCGTCGCCT GTTAGGGCTA GATGCGCAAC TAGACGCAAC CCGTCCCTAC AAACACATAA
 14821 ACGGTATTTA TCGGTGTGCT GTTGATAGAG AGGTAGAACG ACCGGCGTTA TTTAGATTGC
 TGCCATAAAT AGCCACACGA CAACTATCTC TCCATCTTGC TGGCCGCAAT AAATCTAACG
 14881 CGCAGAAGTT ATTGAATCAG GACGATGGTG AGTCGTGCTC ATTACGCATG AGTTCCGTCG
 GCGTCTTCAA TAACTTAGTC CTGCTACCAC TCAGCACGAG TAATGCGTAC TCAAGGCAGC
 14941 AAGCTTTATT TAATCTGGTG CAGAAGGTGA ACAAGGACAT AAACATTAGG CGTCAGTTCA
 TTCGAAATAA ATTAGACCAC GTCTTCCACT TGTTCCCTGTA TTTGTAATCC GCAGTCAAGT

p61
(ORF5)

15001 TGGGACGTCA TAGTAAAGTG GCTTTGCGGC TGTATCGCAA CTTAGGTTTG AGGTTTCCAC
 ACCCTGCAGT ATCATTTTAC CGAAACGCCG ACATAGCGTT GAATCCAAAC TCCAAAGGTG
 15061 CGATCTCTTC AGTTAGGTTA CCGGCTCATC ACGGTTATTT ATACGTCGAT TTTTACAAAA
 GCTAGAGAAG TCAATCCAAT GGCCGAGTAG TGCCAATAAA TATGCAGCTA AAAATGTTTT
 15121 GAGTACCTGA TGATGCTGTT ACCGCCGACG AACTCGAAAG TTTACGTCAA TTACGTTCA
 CTCATGGACT ACTACGACAA TGGCGGCTGC TTGAGCTTTC AAATGCAGTT AATGCAAGTA

Primer 3F +

15181 CCGTGGACGT TATGTGTAAG GACAGGGTGT CAATCACACC TCCACCATTT AATCGACATA
 GGCACCTGCA ATACACATTC CTGTCCCACA GTTAGTGTGG AGGTGGTAAA TTAGCTGTAT
 15241 GAAGAGGTTT TTCTAGAATA CTTAGAGGTC GAGGCGCACG CCGTGCGAGC TCGCGTCATA
 CTTCTCCAAG AAGATCTTAT GAATCTCCAG CTCCGCGTGC GCCACGCTCG AGCGCAGTAT

15301 TGAGCAGAGA CGTGGCAACT TCCGGTTTTA ATTTAGCCTT TCATCATGGC AGGTTATACG
 ACTCGTCTCT GCACCGTTGA AGGCCAAAAT TAAATCGGAA AGTAGTACCG TCCAATATGC

Primer 4R -

15361 ATACTTCCTA AACTGATGA TAAAGAAATG GATCCAGTGA GTGCTGCTGT GCCCGGTAAA
 TATGAAGGAT TTTGACTACT ATTTCTTTAC CTAGGTCACT CACGACGACA CGGGCCATTT
 15421 TACCCGGACG TCATTGAAAA GTTTGTGACC AATAGGTCGG TAGATGCGTT AATAGAAGGC
 ATGGGCCTGC AGTAACTTTT CAAACACTGG TTATCCAGCC ATCTACGCAA TTATCTTCCG
 15481 GTTATAAGTA AGTTGGATAC CAATTCAATA TACGAAGATT CCACTGAAAA ATTTACTGGT
 CAATATTCAT TCAACCTATG GTTAAGTTAT ATGCTTCTAA GGTGACTTTT TAAATGACCA
 15541 GAGCAATTGA AGTACGTTAT GGTTACTATG GACACTTTCT TATTAGAAAA TTACAAAACG
 CTCGTAACT TCATGCAATA CCAATGATAC CTGTGAAAGA ATAATCTTTT AATGTTTTGC
 15601 AAAACGGAAG ATCTGCTGGT TCACTTGGCT ATGATTCAAA AGAGGTTGTG CACTATATCC
 TTTTGCCTTC TAGACGACCA AGTGAACCGA TACTAAGTTT TCTCCAACAC GTGATATAGG

p27
(ORF6)

p61
(ORF5)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

15661 ACGAGTACTA AAACCAAATT TCGCGATAAA GGTTGTATTA GTTACGTGCA AGGGGGTTTA
 TGCTCATGAT TTTGGTTTAA AGCGCTATTT CCAACATAAT CAATGCACGT TCCCCCAAAT
 15721 CGATATAAGT TAATGGATAA AGTAGTTTTT CCTTTTATTA TATCCAAGTT TACCGACAGG
 GCTATATTCA ATTACCTATT TCATCAAAAA GGAAAATAAT ATAGGTTCAA ATGGCTGTCC
 15781 GAGACTCCAA ACGCTCTACG TAAGTATGCT TGCACCTTTTG AGGAGTTACA CTTGTGGATG
 CTCTGAGGTT TGCGAGATGC ATTCATACGA ACGTGAAAAC TCCTCAATGT GAACACCTAC
 15841 GCTAGGCTGA GACCCGACTT ATACGAAAAC AAAAGGACGA CCAAAGCTGG GACTCCGCAT
 CGATCCGACT CTGGGCTGAA TATGCTTTTG TTTTCCTGCT GGTTTCGACC CTGAGGCGTA
 15901 TTAAAAGGCT ACCTATCAGC TGACTTTCTT ACGGGTTCAC TCCCGGGATA CTCCGAACAT
 AATTTTCCGA TGGATAGTCG ACTGAAAGAA TGCCCAAGTG AGGGCCCTAT GAGGCTTGTA
 15961 GAACGAGGTA TCATTCTTCG AGCGTCTGAA TCTATGTTAG CTAGACGTCA AGGTTACGAG
 CTTGCTCCAT AGTAAGAAGC TGCAGACTT AGATACAATC GATCTGCAGT TCCAATGCTC
 16021 GAGGCGACCG AGCTTCTTAA CTTACGCGAT TTGGGAAAGT ATTTGTAGTT AGTTTGCGGA
 CTCCGCTGGC TCGAAGAATT GAATGCGCTA AACCCTTTCA TAAACATCAA TCAAACGCCT
 16081 CGGTGGCATT ACGCCATCCC ATGAGCACTG CTTTAAGGGT CGTTAATTGA CGACTCTTGA
 GCCACCGTAA TGCGGTAGGG TACTCGTGAC GAAATTCCCA GCAATTAACT GCTGAGAACT
 16141 TATTTACTAA GTTTGAGTTA TGGACGACGA GACAAAGAAA TTGAAGAACA AAAACAAGGA
 ATAAATGATT CAAACTCAAT ACCTGCTGCT CTGTTTCTTT AACTTCTTGT TTTTGTTCCT
 16201 AACGAAGAA GGCGACGATG TTGTTGCAGC CGAGTCTTCT TTCGGTTCCG TAAACTTACA
 TTGCTTTCTT CCGCTGCTAC AACAACGTCG GCTCAGAAGA AAGCCAAGGC ATTTGAATGT

p27
(ORF6)

p25
(ORF7)

Primer G19 +

ภาพที่ 5 (ต่อ)

16261 CATCGATCCG ACTCTGATAG CGATGAACGA TGTGCGTCAG TTGGGTACCC AACAGAACGC
 GTAGCTAGGC TGAGACTATC GCTACTTGCT ACACGCAGTC AACCCATGGG TTGTCTTGCG
 16321 CGCTTTGAAC AGAGATTTGT TTCTTACTCT GAAAGGGAAG TATCCTAACT TGTCTGACAA
 GCGAAACTTG TCTCTAAACA AAGAATGAGA CTTTCCCTTC ATAGGATTGA ACAGACTGTT
 16381 GGATAAGGAC TTCCACATAG CTATGATGTT GTATCGTTTA GCGGTTAAGA GTTCATCATT
 CCTATTCCCTG AAGGTGTA **TC GATACTACAA CATAGCAAAT CGC**CAATTCT CAAGTAGTAA
Primer G18 -
 16441 GCAAAGTGAT GACGACACCA CGGGCATAAC GTACACTCGG GAGGGTGTTG AAGTGGATTT
 CGTTTCACTA CTGCTGTGGT GCCCGTATTG CATGTGAGCC CTCCCACAAC TTCACCTAAA
 16501 GTCTGACAAA CTTTGGACTG ACGTCGTGTT TAACTCTAAG GGTATTGGTA ACCGTACTAA
 CAGACTGTTT GAAACCTGAC TGCAGACAA ATTGAGATTC CCATAACCAT TGGCATGATT
 16561 CGCCCTTCGA GTCTGGGGTA GAACTAACGA TGCCCTTTAT TTAGCTTTTT GTAGACAGAA
 GCGGGAAGCT CAGACCCCAT CTTGATTGCT ACGGGAAATA AATCGAAAAA CATCTGTCTT

 16621 TCGCAATTTG AGTTATGGTG GACGTCCGCT AGATGCAGGG ATTCCGGCCG GGTATCATTA
 AGCGTTAAAC TCAATACCAC CTGCAGGCGA TCTACGTCCC TAAGGCCGGC CCATAGTAAT
 16681 CCTGTGTGCA GATTTCTTGA CCGGAGCTGG CTTGACTGAT TTAGAATGTG CTGTGTACAT
 GGACACACGT CTAAAGAAGT GGCCTCGACC GAACTGACTA AATCTTACAC GACACATGTA

 16741 ACAAGCTAAA GAACAATTGT TGAAGAAGCG AGGGGCTGAT GAAGTCGTAG TTACTAATGT
 TGTTTCGATT CTTGTTAACA ACTTCTTCGC TCCCCGACTA CTTCAGCATC AATGATTACA

 16801 CAGGCAGCTT GGGAAATTTA ACACACGTTG ATCTATTGCG TTCTGATTCC CGGTTTCTAT
 GTCCGTCGAA CCCTTTTAAAT TGTGTGCAAC TAGATAACGC AAGACTAAGG GCCAAAGATA
 16861 CGGGATGGTG GAGTTTCATC GTGAACGTGG GTGATATAAT CGTCCGGTTT GCGTTACATG
 GCCCTACCAC CTCAAAGTAG CACTTGCACC CACTATATTA GCAGGCCAAA CGCAATGTAC

p25
(ORF7)

p18
(ORF8)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

16921 TTCCTAGTGA AGATATGCTG AATAGTTTTT CAGCTATATC GAATTGTACG ATCATAGCAG
 AAGGATCACT TCTATACGAC TTATCAAAAA GTCGATATAG CTTAACATGC TAGTATCGTC
 16981 ACGGTAGTGC TTTACTAAAA GACAACACTG TGGTTGACCG TTTAGAAGGC ATGAATCCTT
 TGCCATCACG AAATGATTTT CTGTTGTGAC ACCAACTGGC AAATCTTCCG TACTTAGGAA
 17041 TGGCTTATTT GTTAAAATTA GCGAAAACGA CTACTACTAT TTGTTTTACT ATGTCTAATA
 ACCGAATAAA CAATTTTAAT CGCTTTTGCT GATGATGATA AACAAAATGA TACAGATTAT
 17101 AGGTTCTTTT TGGTACTACT AAATCCGAAC CACTTAGTTG TTTAGCTATC ACGTCGGATC
 TCCAAGAAAA ACCATGATGA TTTAGGCTTG GTGAATCAAC AAATCGATAG TGCAGCCTAG
 17161 GAGTTTTATT CAAAGTTATT ATGGGTACTA ACGTTGATGA TTCTCGATGC GGCTGCAGTA
 CTCAAAATAA GTTTCATAA TACCCATGAT TGCAACTACT AAGAGCTACG CCGACGTCAT
 17221 TTTGGTTTTA CAACAATGGG ACGTTTCAA ACGGGTGAC CCGTTGTAAC AATCTCGTCG
 AAACCAAAAT GTTGTTACCC TGCAAAGTTT TGCCCAACTG GGCAACATTG TTAGAGCAGC

17281 CTTTGTTTAG CGCGACTTAG ACACGAAGTG ACHGTTTCGGG TTTAATTGCT GCAATGAGTA
 GAAACAAATC GCGCTGAATC TGTGCTTCAC TGDCAAGCCC AAATTAACGA CGTTACTCAT
 17341 TTCGACGCGT GTGGTTAAAG GTTATGGCTG TAATTACTGT ATTGTGGTAC GGTAAAGAGC
 AAGCTGCGCA CACCAATTTT CAATACCGAC ATTAATGACA TAACACCATG CCATTTCTCG

Primer 2F +

17401 CTTTCGATTAG TGAAGGTTAC AATGCTCTCA TGAATGATGA CTTTAAGTTT ATCGATACGC
 GAAGCTAATC ACTTCCAATG TTACGAGAGT ACTTACTACT GAAATTCAA TAGCTATGCG
 17461 ATTTTTCAAA CGTTTCTTAT GCTAAGAAAT GTTACGATTT GGCTAATTTT GATTTAGACT
 TAAAAAGTTT GCAAAGAATA CGATTCTTTA CAATGCTAAA CCGATTAAAG CTAAATCTGA
 17521 TTCTACGCAT CGTTGTCATT CCTTTGAGTG GTGGTACGGC GAATGAATCG CGTGCTGATC
 AAGATGCGTA GCAACAGTAA GGAAACTCAC CACCATGCCG CTTACTTAGC GCACGACTAG

p18
(ORF8)

p13
(ORF9)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

17581 GCGCTAACAT TTCAGAGATT GTCGAATCGC ATGTAAGCGA CCGAGACAGA ATGAACATCT
CGCGATTGTA AAGTCTCTAA CAGCTTAGCG TACATTCGCT GGCTCTGTCT TACTTGTAGA

17641 TGTTGCGTAA TAAGCGGATC CAAATTCCTT CGCTCTTACC TTGCGATAAC TAGAGTCTAC
ACAACGCATT ATTCGCCTAG GTTTAAGGAA GCGAGAA TGG AACGCTATTG ATCTCAGATG

Primer 3R -

17701 TCAGTAGTAC GTCTACTAGT ATAACGTATT AAACACTTTA GTAAAGGGTT TTGTTTAAAC
AGTCATCATG CAGATGATCA TATTGCATAA TTTGTGAAAT CATTTCCCAA AACAAATTTG

17761 CAAACAATAT GCGAGCTTAC TTTAGTGTTA ACGATTACAT AAGCCTTTTG GCTAAGGTCG
GTTTGTATA CGCTCGAATG AAATCACAAAT TGCTAATGTA TTCGGAAAAC CGATTCCAGC

17821 GCGCAGTTGT GGAACGTTTG TGCGATCCCA GCGTAACTCT TACGGAAGTG ATGGACGAAA
CGCGTCAACA CCTTGCAAAC ACGCTAGGGT CGCATTGAGA ATGCCTTCAC TACCTGCTTT

17881 TTAATGACTT TAACTCGTTT CTCGCTTTGG TGCCTCTAT GAAGTCAGAC ATGAACGGAG
AATTACTGAA ATTGAGCAAA GAGCGAAACC ACGTGAGATA CTTCAGTCTG TACTTGCCTC

17941 ACCATCAGGA TGGCCACCAT GAGATGGGTG AACACAAGTC TCGATTGTTA TGCAATATAG
TGGTAGTCCT ACCGGTGGA CTCTACCCAC TTGTGTTTCAG AGCTAACAAT ACGTTATATC

Primer 1F +

18001 AGGCGAAATT GCGAGTACTT CTCGACATCA TAAGACGTCTG GTTCACTCGC GAAAAGCTGC
TCCGCTTTAA CGCTCATGAA GAGCTGTAGT ATTCTGCAGC CAAGTGAGCG CTTTTTCGACG

18061 TTTGTACCAG CGCGGTAGAT GTCATGGGCT TTTTCGTTAT GAGGTACATG AGCTCCAGCC
AAACATGGTC GCGCCATCTA CAGTACCCGA AAAAGCAATA CTCCATGTAC TCGAGGTCGG

18121 AACTAGCTT CGAGTCTGTA ATGAGAACGG AGTTGAAGTT AGTAGTTAAG GTGGTACTGT
TGTGATCGAA GCTCAGACAT TACTCTTGCC TCAACTCAA TCATCAATTC CACCATGACA

18181 CGGATCTGTC CCGTACGCAT AAGTTGGATT TTAGCGAGCG AGCTTTTGCT GCTTACGGTA
GCCTAGACAG GGCATGCGTA TTCAACCTAA AATCGCTCGC TCGAAAACGA CGAATGCCAT

p13
(ORF9)

p20
(ORF10)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

18241 TCCTTTTGCA AAAGGGTACT GTGTCGACCG TTTGCGGTCA GTTTGACATT AATTTAGTCT
 AGGAAAACGT TTTCCCATGA CACAGCTGGC AAACGCCAGT CAAACTGTAA TTAAATCAGA

18301 CTCCGTCTTG CGTGTAGGTT AATACATTTT TCAGAACGCG TGGTTGTATT AACTAACTTT
 GAGGCAGAAC GCACATCCAA TTATGTAAAG AGTCTTGCGC ACCAACATAA TTGATTGAAA

18361 AATTGGAACA AGTTTATTGT TAAAAGTCTG CGAGTTACAA TGGATAGTAC TAGCGGACAA
 TTAACCTTGT TCAAATAACA ATTTTCAGAC GCTCAATGTT ACCTATCATG ATCGCCTGTT

18421 ACTTTCGTTT CTGTGAACCT TTCTGACGAA AGCAACACAG CGAGTACTGA AGTCAAAACC
 TGAAAGC AAA GACACTTGGA AAGACTGCTT TC GTTGTGTC GCTCATGACT TCAGTTTTGG

Primer 2R -

18481 GTAAGTTCAG AAGCGGATCG CTTGGAATTT TTACGGAAAA TGAATCCCTT TATTATCGAC
 CATTCAAGTC TTCGCCTAGC GAACCTTAAA AATGCCTTTT ACTTAGGGAA ATAATAGCTG

18541 GCTTTGATAC GGAAAAATAG TTATCAGGGC GCTCGCTTTC GCGCGAGAAT AATAGGAGTG
 CGAAACTATG CCTTTTTTATC AATAGTCCCG CGAGCGAAAG CGCGCTCTTA TTATCCTCAC

18601 TCGGTGGATT GTGGTAGAAA ACACGATAAG GGGTTGAAGA CTGAACGTAA GTGTAAGGTC
 ACGCACCTAA CACCATCTTT TGTGCTATTC CCCAACTTCT GACTTGCATT CACATTCCAG

18661 AACAAATACGC AGTCTCAGAA CGAGGTGGCG CATATGTAA TGCACGATCC CGTTAAGTAT
 TTGTTATGCG TCAGAGTCTT GCTCCACCGC GTATACAATT ACGTGCTAGG GCAATTCATA

18721 TTAAATAAAA GAAAAGCTAG AGCCTTTTCT AACGCAGAGA TGTTTGCGAT CGATTTGGTT
 AATTTATTTT CTTTTTCGAT TCGGAAAAGA TTGCGTCTCT ACAAACGCTA GCTAAACCAA

18781 ATGTACACCA AGGAAAGGCA ATTGGCGGTT GATTTGGCCG CTGAAAGGGA GAAGACGAGA
 TACATGTGGT TCCTTTCCGT TAACCGCCAA CTAAACCGGC GACTTTCCTT CTTCTGCTCT

18841 CTGGCTCGTA GACACCCGAT GCGTTCTCCG GAAGAACTC CGGAACATTA TAAATTCGGT
 GACCGAGCAT CTGTGGGCTA CGCAAGAGGC CTTCTTTGAG GCCTTGTAAT ATTTAAGCCA

p20
(ORF10)

p23
(ORF11)

ภาพที่ 5 (ต่อ)

18901 ATGACTGCTA AAGCAATGTT ACCGGACATC AACGCTGTAG ACGTTGGTGA TAACGAGGAC
 TACTGACGAT TTCGTTACAA TGGCCTGTAG TTGCGACATC TGCAACCACT ATTGCTCCTG
 18961 ACTTCGTCGG AGTACCCAGT GAGTCTGAGT GTTTCTGGCG GAGTTCTCCG TGAACACCAC
 TGAAGCAGCC TCATGGGTCA CTCAGACTCA CAAAGACCGC CTCAAGAGGC ACTTGTGGTG
 19021 TTCATCTGAT TGAAGTGGAC GGAATAAGTT CCTCGCGGAA CTTTATGTCTG GGTTGGTAAA
 AAGTAGACTA ACTTCACCTG CCTTATTCAA GGAGCGCCTT GAAATACAGC CCAACCATTT
 19081 AACCCTTATG ATGGTGATAT ATCACTAGAC AATAACCGGA TGGGTAAAGT CTTTAAAATG
 TTGGGAATAC TACCACTATA TAGTGATCTG TTATTGGCCT ACCCATTTCA GAAATTTTAC
 19141 ATCGAGGGGA AAATTAACCG TATCCTCTCG TTGGTCTAAG CTCCCACAGA GTGGTAGTGG
 TAGCTCCCCCT TTTAATTGGC ATAGGAGAGC AACCAGATTC GAGGGTGTCT CACCATCACC
 19201 TCTCAAGTGA GGCTTAACGT ATGCGTGAAC CAAAGAAGTT CTCCTTAGAG TGTGTGTTGT
 AGAGTTCACCT CCGAATTGCA TACGCACTTG GTTTCTTCAA GAGGAATCTC ACACACAACA
 19261 TTACCCAACA CACTGTCCCT ATGGGGGGCC AACATAGGTC CA
 AATGGGTTGT GTGACAGGGA TACCCCCCGG TTGTATCCAG GT

p23
(ORF11)

3'UTR

Primer G20 -

ภาพที่ 5 (ต่อ)

ยืนยันความถูกต้องของผลโดยการนำผลที่ได้ ไปเข้าโปรแกรม BLAST ในฐานข้อมูลของเว็บไซต์ NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) เพื่อเปรียบเทียบความถูกต้องของลำดับเบส

จากผลที่ได้ นำแต่ละส่วนมาจัดเรียงต่อกันด้วยโปรแกรม CAP3 Sequence Assembly โดยเริ่มทำการจัดเรียงลำดับเบสตั้งแต่ส่วน 5'UTR จนถึง 3'UTR (full genome) พบว่ามีส่วนของ จีโนมไวรัส CTV จากตัวอย่างนี้มีความยาว 19,302 นิวคลีโอไทด์ ดังภาพที่ 5

5. การเปรียบเทียบผลจีโนมและลำดับสายวิวัฒนาการ

เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนทั้งจีโนมของไวรัสวิเคราะห์และ เปรียบเทียบกับฐานข้อมูลแหล่งต่างๆ โดยใช้โปรแกรม Clustal W2 จากเว็บไซต์ EMBL-EBI (<http://www.ebi.ac.uk/tools/msa/clustalw2/>) โดยแยกการวิเคราะห์เป็นยีน ดังนี้

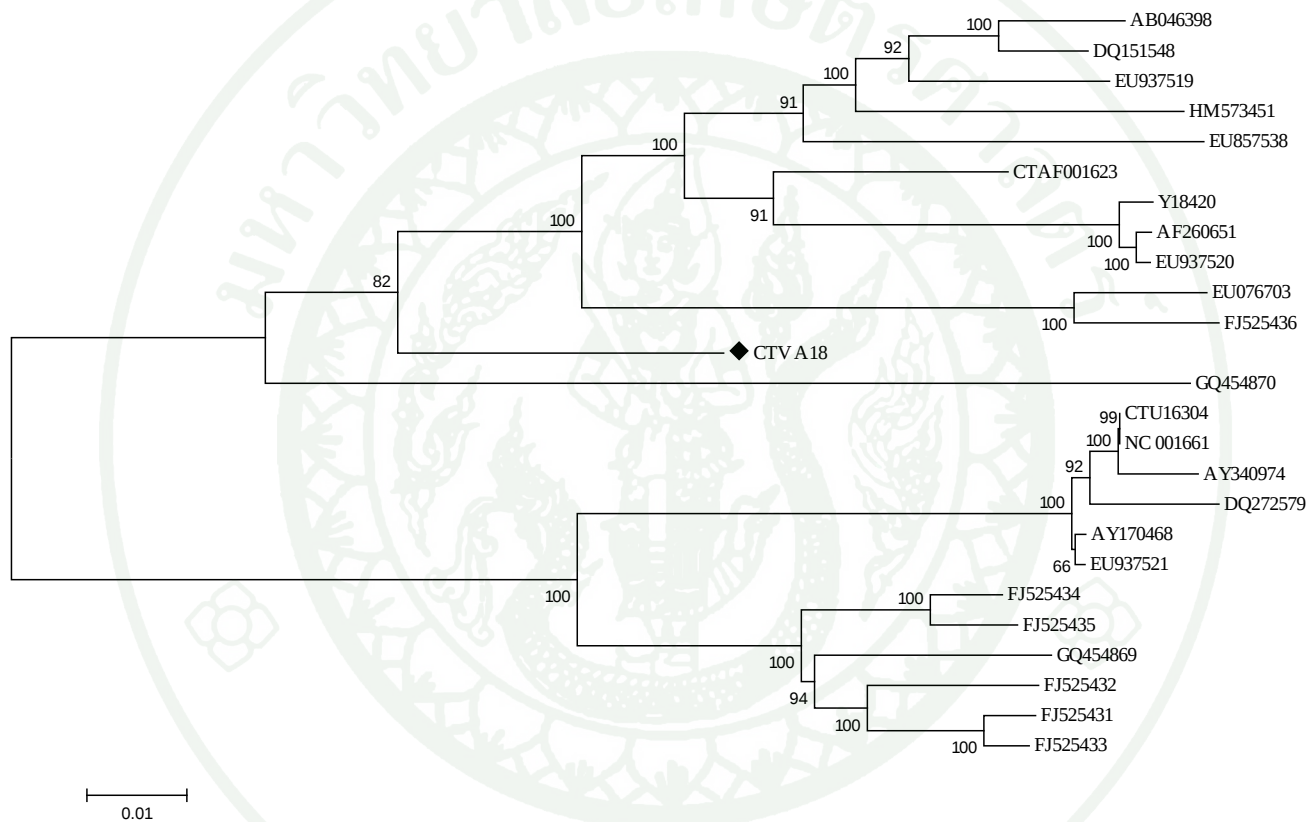
5.1 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ตลอดจีโนม CTV (5'UTR-3'UTR)

จากภาพที่ 6 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ตลอดทั้งจีโนมตั้งแต่ส่วน 5'UTR ถึง 3'UTR เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ของผลจีโนมที่ได้ (CTV A18) กับจีโนมที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำ ดันนูนที่พบในประเทศไทย มีความคล้ายกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ตั้งแต่ 84-92 เปอร์เซ็นต์ (ตาราง ที่ 5) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) และประเทศสเปน (DQ151548) 92 เปอร์เซ็นต์ และรองลงมาคือ ตัวอย่างจากรัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) และประเทศอินเดีย (HM573451) ซึ่งความใกล้เคียงเท่ากันที่ 91 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำดันนูนที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 6) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่ ดังภาพที่ 7 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุ โรคทริสเตซ่า อาการลำดันนูนที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสาย วิวัฒนาการไม่จัดไปในกลุ่มใดอย่างชัดเจน แต่ผลของของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 6) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับ

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18		0.081	0.122	0.173	0.183	0.094	0.176	0.085	0.183	0.127	0.110	0.095	0.121	0.173	0.175	0.174	0.175	0.175	0.175	0.127	0.171	0.174	0.098	0.176	0.122
[2] #AB046398	92		0.097	0.225	0.237	0.050	0.229	0.022	0.236	0.099	0.074	0.043	0.096	0.224	0.218	0.216	0.217	0.217	0.218	0.097	0.219	0.182	0.066	0.229	0.097
[3] #AF260651	88	90		0.212	0.222	0.062	0.215	0.093	0.223	0.145	0.102	0.095	0.003	0.212	0.209	0.209	0.208	0.209	0.210	0.144	0.217	0.187	0.103	0.215	0.007
[4] #AY170468	85	81	82		0.012	0.208	0.004	0.222	0.020	0.228	0.229	0.225	0.212	0.002	0.099	0.100	0.099	0.088	0.089	0.231	0.100	0.234	0.229	0.004	0.212
[5] #AY340974	84	80	81	99		0.219	0.008	0.233	0.023	0.239	0.240	0.237	0.223	0.013	0.110	0.111	0.110	0.100	0.100	0.243	0.112	0.245	0.240	0.008	0.223
[6] #CTAF001623	91	95	94	82	82		0.211	0.042	0.219	0.120	0.091	0.059	0.061	0.207	0.206	0.205	0.206	0.205	0.206	0.120	0.212	0.185	0.072	0.211	0.062
[7] #CTU16304	84	80	82	100	99	82		0.226	0.016	0.231	0.232	0.229	0.216	0.005	0.102	0.103	0.102	0.091	0.092	0.235	0.104	0.237	0.233	0.000	0.215
[8] #DQ151548	92	98	90	81	80	96	81		0.233	0.093	0.069	0.037	0.092	0.221	0.215	0.213	0.214	0.214	0.215	0.093	0.216	0.180	0.058	0.226	0.093
[9] #DQ272579	84	80	81	98	98	82	98	80		0.242	0.241	0.236	0.224	0.021	0.115	0.115	0.115	0.104	0.105	0.246	0.114	0.245	0.241	0.016	0.223
[10] #EU076703	88	91	86	81	80	89	80	91	80		0.119	0.093	0.144	0.227	0.222	0.220	0.221	0.222	0.223	0.028	0.225	0.156	0.109	0.231	0.144
[11] #EU857538	90	93	90	80	80	91	80	93	88	89		0.062	0.102	0.229	0.221	0.220	0.220	0.221	0.221	0.118	0.222	0.178	0.085	0.232	0.102
[12] #EU937519	91	96	90	81	80	94	80	96	80	91	94		0.094	0.225	0.217	0.216	0.216	0.216	0.217	0.090	0.218	0.180	0.050	0.229	0.094
[13] #EU937520	88	90	100	82	81	94	81	90	81	86	90	90		0.212	0.209	0.209	0.208	0.209	0.210	0.144	0.217	0.187	0.102	0.216	0.006
[14] #EU937521	85	81	82	100	99	82	100	81	98	81	80	81	82		0.099	0.099	0.099	0.088	0.088	0.231	0.100	0.234	0.229	0.005	0.212
[15] #FJ525431	84	81	82	91	90	82	90	81	89	81	81	81	82	91		0.034	0.010	0.035	0.043	0.225	0.045	0.217	0.224	0.102	0.209
[16] #FJ525432	84	81	82	90	90	83	90	82	89	81	81	81	82	91	97		0.034	0.045	0.046	0.222	0.048	0.219	0.221	0.103	0.210
[17] #FJ525433	84	81	82	91	90	82	90	82	89	81	81	81	82	91	99	97		0.031	0.043	0.223	0.045	0.216	0.223	0.102	0.209
[18] #FJ525434	84	81	82	92	91	82	91	81	90	81	81	81	82	92	97	96	97		0.016	0.224	0.057	0.218	0.223	0.091	0.210
[19] #FJ525435	84	81	82	92	91	82	91	81	90	81	81	81	82	92	96	95	96	98		0.225	0.057	0.219	0.223	0.092	0.211
[20] #FJ525436	88	91	86	80	80	89	80	91	80	97	89	91	86	80	81	81	81	81	81		0.226	0.157	0.110	0.235	0.144
[21] #GQ454869	85	81	81	90	90	82	90	81	89	81	81	81	81	90	96	95	96	94	94	81		0.183	0.213	0.104	0.217
[22] #GQ454870	84	84	83	80	80	84	80	84	80	86	84	84	83	80	82	81	82	81	81	86	84		0.174	0.237	0.187
[23] #HM573451	91	94	90	80	80	93	80	94	80	90	92	95	90	80	81	81	81	81	81	90	82	84		0.233	0.103
[24] #NC_001661	84	80	82	100	99	82	100	81	98	80	80	80	81	100	90	90	90	91	91	80	90	80	80		0.215
[25] #Y18420	88	90	99	82	81	94	81	90	81	86	90	90	99	82	82	82	92	82	82	86	81	83	90	81	

ภาพที่ 6 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัสที่มี
 รายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับนิวคลีโอไทด์)



ภาพที่ 7 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ตลอดจีโนมของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ตลอดจีโนมของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

นิวคลีโอไทด์ คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) 0.081 และรองลงมาคือ ตัวอย่างจากประเทศสเปน (DQ151548) 0.085

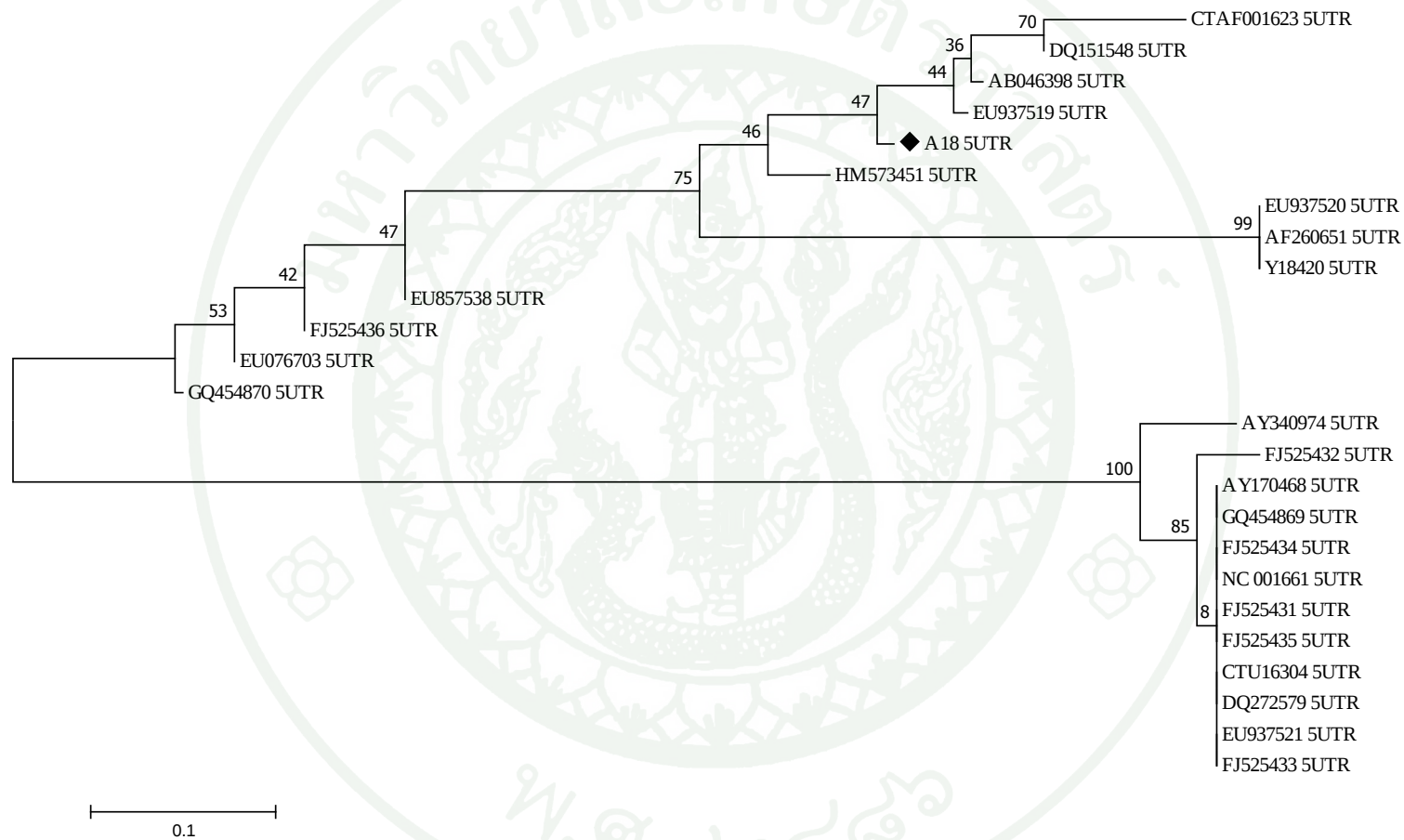
5.2 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR

จากภาพที่ 8 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 5'UTR เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ของผลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ (CTV A18-5'UTR) กับลำดับเบสในส่วนของ 5'UTR ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ตั้งแต่ 66-97 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 8) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) 97 เปอร์เซ็นต์ และรองลงมาคือ ตัวอย่างจาก รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) อยู่ที่ 95 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 9) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 3 กลุ่มใหญ่ คือกลุ่มแรกเป็น รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) ประเทศสเปน (DQ151548) และประเทศอินเดีย (HM573451) และกลุ่มที่สอง คือกลุ่มของ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651 และ EU937520) และประเทศสเปน (Y18420) ส่วนกลุ่มที่สามเป็นกลุ่มของ ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525435) และกลุ่มของประเทศที่เหลือ (ภาพที่ 9) พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มแรกในกลุ่มของประเทศญี่ปุ่น ผลของของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 8) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) 0.021 และรองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) 0.053

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_5UTR		0.021	0.306	0.450	0.483	0.077	0.450	0.066	0.450	0.218	0.218	0.054	0.292	0.450	0.450	0.432	0.450	0.453	0.453	0.204	0.450	0.232	0.089	0.450	0.307
[2] #AB046398_5UTR	97		0.291	0.493	0.501	0.054	0.493	0.043	0.493	0.189	0.189	0.032	0.278	0.493	0.493	0.474	0.493	0.496	0.496	0.176	0.493	0.219	0.065	0.493	0.292
[3] #AF260651_5UTR	69	72		0.636	0.623	0.294	0.636	0.278	0.636	0.341	0.310	0.260	0.032	0.636	0.636	0.614	0.636	0.663	0.663	0.326	0.636	0.288	0.307	0.636	0.021
[4] #AY170468_5UTR	67	64	58		0.054	0.499	0.000	0.477	0.000	0.338	0.358	0.477	0.620	0.000	0.000	0.010	0.000	0.011	0.011	0.322	0.000	0.355	0.495	0.000	0.641
[5] #AY340974_5UTR	65	63	57	95		0.508	0.054	0.485	0.054	0.347	0.367	0.485	0.606	0.054	0.054	0.065	0.054	0.066	0.066	0.332	0.054	0.349	0.504	0.054	0.627
[6] #CTAF001623_5UTR	92	95	72	63	62		0.499	0.011	0.499	0.218	0.151	0.043	0.281	0.499	0.499	0.480	0.499	0.522	0.522	0.204	0.499	0.249	0.066	0.499	0.295
[7] #CTU16304_5UTR	67	64	58	100	95	63		0.477	0.000	0.338	0.358	0.477	0.620	0.000	0.000	0.010	0.000	0.011	0.011	0.322	0.000	0.355	0.495	0.000	0.641
[8] #DQ151548_5UTR	93	96	73	64	63	99	64		0.477	0.203	0.137	0.032	0.265	0.477	0.477	0.458	0.477	0.499	0.499	0.190	0.477	0.234	0.054	0.477	0.279
[9] #DQ272579_5UTR	67	64	58	100	95	63	100	64		0.338	0.358	0.477	0.620	0.000	0.000	0.010	0.000	0.011	0.011	0.322	0.000	0.355	0.495	0.000	0.641
[10] #EU076703_5UTR	76	79	68	73	74	77	73	78	73		0.054	0.177	0.327	0.338	0.338	0.353	0.338	0.339	0.339	0.010	0.338	0.089	0.216	0.338	0.343
[11] #EU857538_5UTR	78	79	71	73	74	80	73	82	73	95		0.177	0.297	0.358	0.358	0.374	0.358	0.376	0.376	0.043	0.358	0.078	0.177	0.358	0.312
[12] #EU937519_5UTR	95	96	74	67	66	95	67	96	67	78	81		0.248	0.477	0.477	0.458	0.477	0.480	0.480	0.164	0.477	0.204	0.054	0.477	0.262
[13] #EU937520_5UTR	72	73	95	57	56	73	57	74	57	68	73	76		0.620	0.620	0.598	0.620	0.646	0.646	0.312	0.620	0.275	0.294	0.620	0.010
[14] #EU937521_5UTR	67	64	58	100	95	63	100	64	100	73	73	67	57		0.000	0.010	0.000	0.011	0.011	0.322	0.000	0.355	0.495	0.000	0.641
[15] #FJ525431_5UTR	67	64	58	100	95	63	100	64	100	73	73	67	57	100		0.010	0.000	0.011	0.011	0.322	0.000	0.355	0.495	0.000	0.641
[16] #FJ525432_5UTR	68	65	57	99	94	64	99	65	99	72	72	68	56	99	99		0.010	0.021	0.021	0.338	0.010	0.371	0.476	0.010	0.618
[17] #FJ525433_5UTR	67	64	58	100	95	63	100	64	100	73	73	67	57	100	100	99		0.011	0.011	0.322	0.000	0.355	0.495	0.000	0.641
[18] #FJ525434_5UTR	66	64	58	99	94	63	99	64	99	73	72	66	56	99	99	98	99		0.000	0.324	0.011	0.357	0.518	0.011	0.668
[19] #FJ525435_5UTR	66	64	58	99	94	63	99	64	99	73	72	66	56	99	99	98	99	100		0.324	0.011	0.357	0.518	0.011	0.668
[20] #FJ525436_5UTR	77	80	69	74	75	79	74	80	74	99	96	79	69	74	74	73	74	74	74		0.322	0.078	0.203	0.322	0.327
[21] #GQ454869_5UTR	67	64	58	100	95	63	100	64	100	73	73	67	57	100	100	99	100	99	99	74		0.355	0.495	0.000	0.641
[22] #GQ454870_5UTR	76	79	74	74	74	76	74	77	74	90	92	79	72	74	74	72	74	74	74	92	74		0.218	0.355	0.289
[23] #HM573451_5UTR	92	93	71	65	64	93	65	94	65	65	71	95	74	65	65	66	65	64	64	78	65	77		0.495	0.309
[24] #NC_001661_5UTR	67	64	58	100	95	63	100	64	100	73	73	67	57	100	100	99	100	99	99	74	100	74	65		0.641
[25] #Y18420_5UTR	71	72	96	56	55	72	56	73	56	67	72	75	99	56	56	55	56	55	55	68	56	71	73	56	

ภาพที่ 8 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 5'UTR ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับนิวคลีโอไทด์)



ภาพที่ 9 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 5'UTR ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

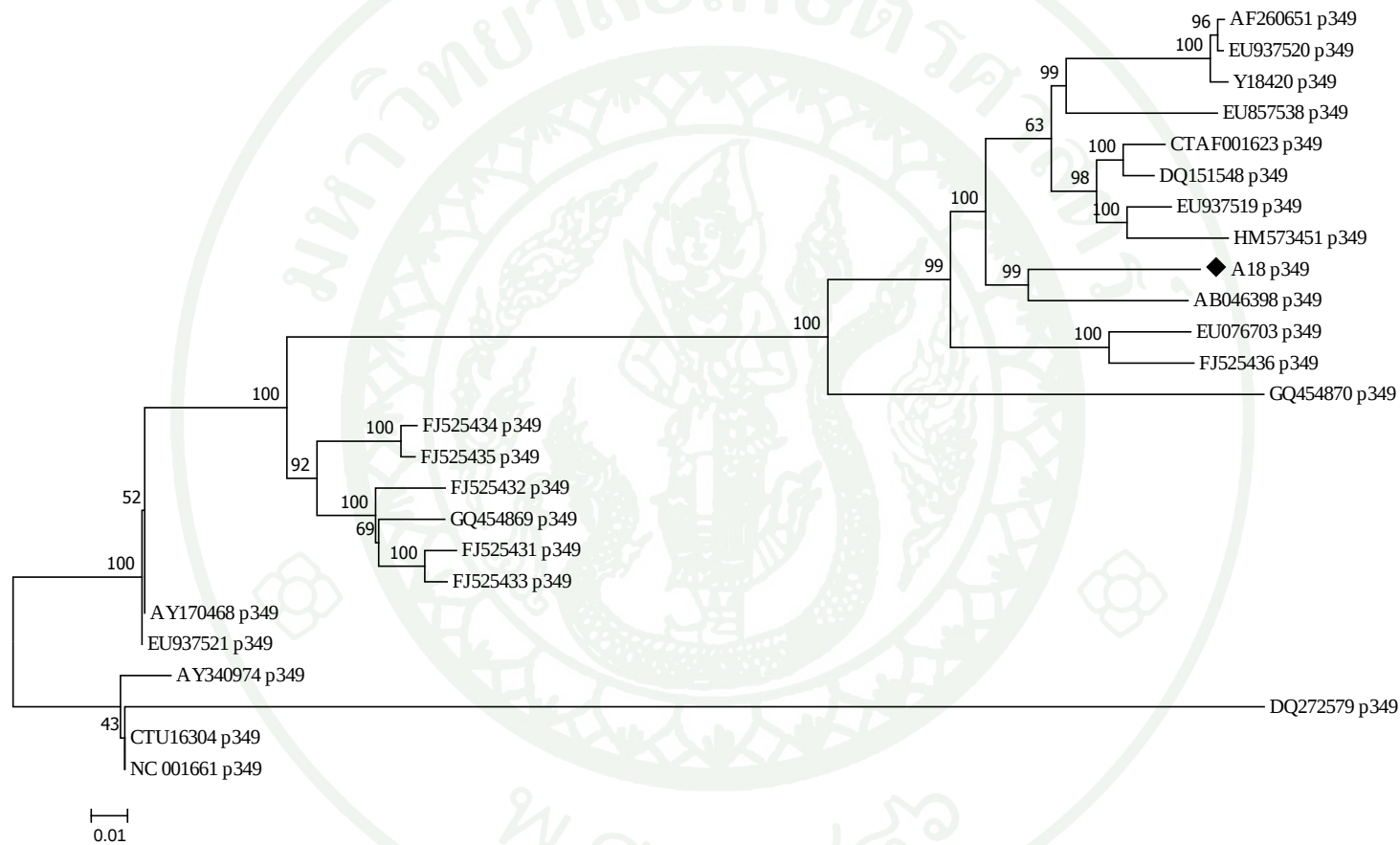
5.3 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p349 (ORF1a)

จากภาพที่ 10 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p349 เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-p349) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p349 ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 49-91 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 10) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) 91 เปอร์เซ็นต์ และรองลงมาคือ ตัวอย่างจาก รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) อยู่ที่ 87 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 11) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 3 กลุ่มใหญ่ ดังภาพที่ 11 คือกลุ่มแรกเป็น กลุ่มของ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937519, EU937520) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548, Y18420) ประเทศอินเดีย (HM573451, EU076703) และรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454870) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของ ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525435) และกลุ่มของประเทศที่เหลือ เป็นกลุ่มของ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTU16304, NC001661) และ ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มแรก และจัดกลุ่มย่อยอยู่ในกลุ่มเดียวกับกลุ่มของประเทศญี่ปุ่น ผลของของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 10) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) 0.091 และรองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) 0.130

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p349		0.091	0.158	0.260	0.338	0.121	0.326	0.116	0.668	0.171	0.153	0.130	0.156	0.260	0.270	0.264	0.269	0.266	0.266	0.176	0.267	0.257	0.146	0.326	0.159
[2] #AB046398_p349	91		0.111	0.296	0.376	0.060	0.364	0.054	0.676	0.148	0.113	0.074	0.110	0.297	0.306	0.300	0.303	0.301	0.302	0.142	0.303	0.241	0.092	0.364	0.113
[3] #AF260651_p349	84	89		0.293	0.376	0.078	0.364	0.076	0.677	0.143	0.085	0.077	0.003	0.295	0.303	0.298	0.300	0.293	0.293	0.136	0.298	0.224	0.094	0.364	0.009
[4] #AY170468_p349	76	73	74		0.078	0.280	0.064	0.277	0.376	0.283	0.290	0.285	0.293	0.004	0.090	0.090	0.089	0.069	0.067	0.290	0.086	0.306	0.300	0.064	0.293
[5] #AY340974_p349	70	68	68	92		0.363	0.016	0.359	0.326	0.366	0.373	0.369	0.377	0.079	0.167	0.168	0.165	0.147	0.147	0.376	0.163	0.390	0.378	0.016	0.377
[6] #CTAF001623_p349	86	92	91	74	68		0.350	0.020	0.659	0.125	0.081	0.039	0.077	0.281	0.289	0.282	0.286	0.284	0.284	0.119	0.287	0.220	0.055	0.350	0.080
[7] #CTU16304_p349	71	69	69	94	98	69		0.347	0.313	0.354	0.360	0.356	0.364	0.066	0.153	0.154	0.152	0.133	0.132	0.363	0.150	0.376	0.365	0.000	0.364
[8] #DQ151548_p349	88	94	92	75	70	97	70		0.657	0.122	0.079	0.036	0.075	0.279	0.286	0.280	0.283	0.281	0.281	0.116	0.284	0.217	0.053	0.347	0.077
[9] #DQ272579_p349	49	49	49	68	71	49	72	50		0.668	0.673	0.664	0.676	0.376	0.468	0.473	0.466	0.441	0.440	0.674	0.464	0.687	0.680	0.313	0.677
[10] #EU076703_p349	83	85	86	75	69	87	70	88	50		0.141	0.113	0.142	0.285	0.295	0.290	0.291	0.288	0.288	0.046	0.294	0.179	0.128	0.354	0.145
[11] #EU857538_p349	85	88	92	74	68	91	69	92	50	86		0.083	0.084	0.292	0.296	0.292	0.293	0.293	0.293	0.135	0.295	0.220	0.095	0.360	0.086
[12] #EU937519_p349	87	92	92	75	69	95	70	96	50	89	92		0.077	0.287	0.290	0.285	0.286	0.287	0.286	0.098	0.288	0.226	0.040	0.356	0.079
[13] #EU937520_p349	85	89	100	74	68	91	69	93	50	86	92	92		0.295	0.304	0.299	0.300	0.294	0.294	0.136	0.298	0.222	0.093	0.364	0.008
[14] #EU937521_p349	76	73	74	100	92	74	94	75	68	75	74	74	74		0.090	0.089	0.089	0.070	0.069	0.292	0.087	0.306	0.302	0.066	0.295
[15] #FJ525431_p349	76	73	74	91	84	74	86	75	62	74	74	74	74	91		0.041	0.015	0.066	0.065	0.300	0.039	0.312	0.308	0.153	0.303
[16] #FJ525432_p349	76	73	74	91	84	74	86	75	62	74	74	75	74	91	96		0.039	0.064	0.064	0.296	0.038	0.307	0.301	0.154	0.299
[17] #FJ525433_p349	76	73	74	91	85	74	86	75	62	74	74	75	74	91	98	96		0.064	0.063	0.297	0.037	0.309	0.304	0.152	0.300
[18] #FJ525434_p349	76	73	74	93	86	74	87	75	63	75	74	75	74	93	93	94	94		0.008	0.293	0.061	0.308	0.303	0.133	0.294
[19] #FJ525435_p349	76	73	74	93	86	74	88	75	64	75	74	75	74	93	94	94	94	99		0.292	0.060	0.308	0.302	0.132	0.294
[20] #FJ525436_p349	83	86	87	74	68	88	69	89	50	95	87	90	87	74	74	74	74	74		0.299	0.183	0.123	0.363	0.139	
[21] #GQ454869_p349	76	73	74	91	85	74	86	75	62	74	74	75	74	91	96	96	96	94	94	74		0.309	0.304	0.150	0.299
[22] #GQ454870_p349	76	78	80	73	67	79	68	80	49	84	80	80	80	73	73	73	73	73	73	83	73		0.243	0.376	0.226
[23] #HM573451_p349	85	90	91	74	68	93	69	95	49	88	91	96	91	73	73	74	74	74	74	88	79	78		0.365	0.096
[24] #NC_001661_p349	71	69	69	94	95	69	100	70	72	70	69	70	69	94	86	86	86	87	88	69	86	68	69		0.364
[25] #Y18420_p349	84	88	99	74	68	91	69	92	49	86	92	92	99	74	74	74	74	74	74	87	74	80	91	69	

ภาพที่ 10 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p349 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ
เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 11 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p349 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p349 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

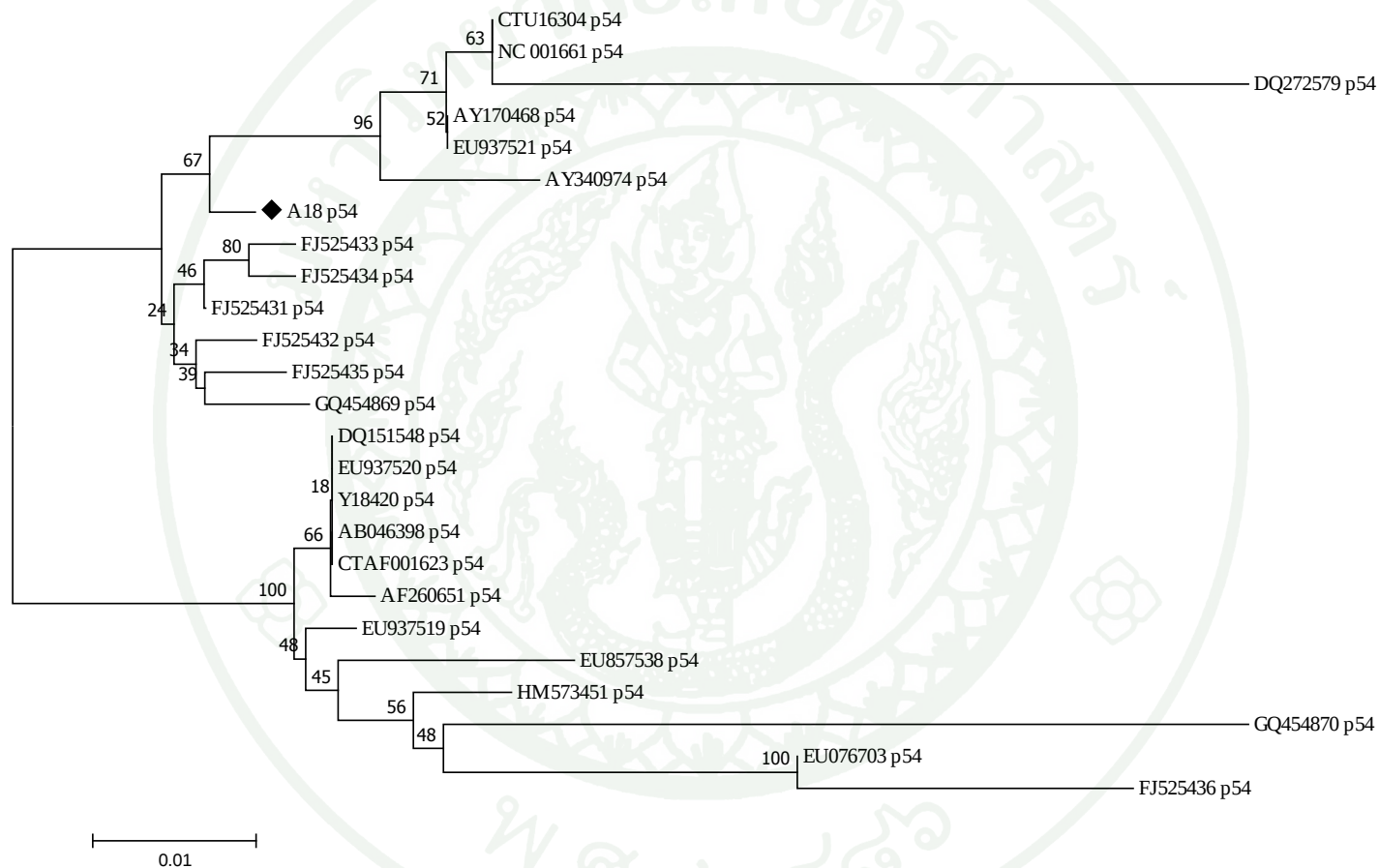
5.4 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p54* (ORF1b)

จากภาพที่ 12 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p54* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p54*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p54* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 71-97 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 12) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434, FJ525435) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869) เท่ากันที่ 97 เปอร์เซ็นต์ และรองลงมาคือ ตัวอย่างจาก ประเทศอียิปต์ (AY340974) อยู่ที่ 96 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 13) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 3 กลุ่มใหญ่ คือกลุ่มแรกเป็นกลุ่มของ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTU16304, NC001661) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) และประเทศอียิปต์ (AY340974) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525435) และกลุ่มที่สามเป็นกลุ่มของรัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548, Y18420) ประเทศอินเดีย (HM573451) และกลุ่มของประเทศที่เหลือ ดังภาพที่ 13 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการคาบเกี่ยวอยู่ระหว่างกลุ่มแรกและกลุ่มที่สอง ผลของของค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 12) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434, FJ525435) 0.009, 0.011, 0.014, 0.014, 0.014 ตามลำดับ รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869) 0.014

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p54		0.034	0.037	0.017	0.023	0.034	0.020	0.034	0.067	0.058	0.052	0.037	0.034	0.017	0.009	0.011	0.014	0.014	0.014	0.079	0.014	0.092	0.046	0.020	0.034
[2] #AB046398_p54	94		0.003	0.046	0.052	0.000	0.049	0.000	0.095	0.034	0.017	0.003	0.000	0.046	0.032	0.034	0.037	0.037	0.034	0.055	0.037	0.064	0.014	0.049	0.000
[3] #AF260651_p54	93	96		0.049	0.055	0.003	0.052	0.003	0.092	0.037	0.020	0.006	0.003	0.049	0.034	0.037	0.040	0.040	0.037	0.058	0.040	0.067	0.017	0.052	0.003
[4] #AY170468_p54	97	92	92		0.017	0.046	0.003	0.046	0.049	0.073	0.064	0.049	0.046	0.000	0.020	0.023	0.026	0.026	0.026	0.095	0.026	0.095	0.058	0.003	0.046
[5] #AY340974_p54	96	90	90	98		0.052	0.014	0.052	0.061	0.079	0.067	0.055	0.052	0.017	0.023	0.029	0.029	0.029	0.032	0.101	0.032	0.110	0.064	0.014	0.052
[6] #CTAF001623_p54	71	73	73	69	68		0.049	0.000	0.095	0.034	0.017	0.003	0.000	0.046	0.032	0.034	0.037	0.037	0.034	0.055	0.037	0.064	0.014	0.049	0.000
[7] #CTU16304_p54	95	91	91	99	98	69		0.049	0.046	0.076	0.067	0.052	0.049	0.003	0.023	0.026	0.029	0.029	0.029	0.098	0.029	0.098	0.061	0.000	0.049
[8] #DQ151548_p54	94	100	97	92	91	73	91		0.095	0.034	0.017	0.003	0.000	0.046	0.032	0.034	0.037	0.037	0.034	0.055	0.037	0.064	0.014	0.049	0.000
[9] #DQ272579_p54	92	89	89	95	94	67	96	89		0.123	0.114	0.098	0.095	0.049	0.070	0.073	0.076	0.076	0.076	0.146	0.076	0.146	0.107	0.046	0.095
[10] #EU076703_p54	93	95	95	90	88	70	89	96	86		0.043	0.037	0.034	0.073	0.058	0.061	0.064	0.064	0.061	0.020	0.064	0.070	0.026	0.076	0.034
[11] #EU857538_p54	93	97	96	91	90	72	90	97	88	95		0.014	0.017	0.064	0.043	0.052	0.049	0.049	0.052	0.064	0.055	0.067	0.026	0.067	0.017
[12] #EU937519_p54	94	99	97	91	89	72	90	99	88	94	97		0.003	0.049	0.034	0.037	0.040	0.040	0.037	0.058	0.040	0.061	0.011	0.052	0.003
[13] #EU937520_p54	94	97	100	92	89	73	90	97	88	94	96	96		0.046	0.032	0.034	0.037	0.037	0.034	0.055	0.037	0.064	0.014	0.049	0.000
[14] #EU937521_p54	96	92	92	100	98	69	99	92	95	90	91	91	91		0.020	0.023	0.026	0.026	0.026	0.095	0.026	0.095	0.058	0.003	0.046
[15] #FJ525431_p54	97	94	94	96	94	71	95	94	92	93	94	94	94	96		0.009	0.006	0.006	0.011	0.079	0.011	0.085	0.043	0.023	0.032
[16] #FJ525432_p54	97	94	94	96	94	71	95	95	92	94	94	94	94	96	98		0.009	0.009	0.009	0.082	0.011	0.095	0.046	0.026	0.034
[17] #FJ525433_p54	97	94	94	95	94	70	95	94	92	93	94	94	94	95	99	98		0.006	0.017	0.085	0.014	0.092	0.049	0.029	0.037
[18] #FJ525434_p54	97	94	94	95	94	70	95	94	92	93	94	94	94	95	99	98	100		0.017	0.085	0.014	0.092	0.049	0.029	0.037
[19] #FJ525435_p54	97	94	94	96	94	71	95	94	92	93	94	94	95	96	98	99	98	98		0.082	0.011	0.095	0.046	0.029	0.034
[20] #FJ525436_p54	91	93	93	89	88	69	88	94	86	98	93	93	93	89	91	91	91	91	91		0.085	0.092	0.046	0.098	0.055
[21] #GQ454869_p54	97	93	94	95	94	70	94	94	91	92	93	92	93	95	98	98	98	98	98	91		0.098	0.049	0.029	0.037
[22] #GQ454870_p54	89	91	91	89	87	69	88	92	85	92	92	90	91	89	90	90	90	90	90	90	89		0.064	0.098	0.064
[23] #HMS73451_p54	93	98	95	90	89	71	90	98	87	95	96	98	94	90	93	94	93	93	94	94	92	91		0.061	0.014
[24] #NC_001661_p54	95	91	91	99	98	70	100	91	96	90	90	91	91	99	95	95	95	95	95	88	95	89	91		0.049
[25] #Y18420_p54	94	97	100	92	91	73	91	97	89	95	96	97	100	92	94	94	94	94	95	93	94	91	96	91	

ภาพที่ 12 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwire distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p54 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwire distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 13 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p54 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p54 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

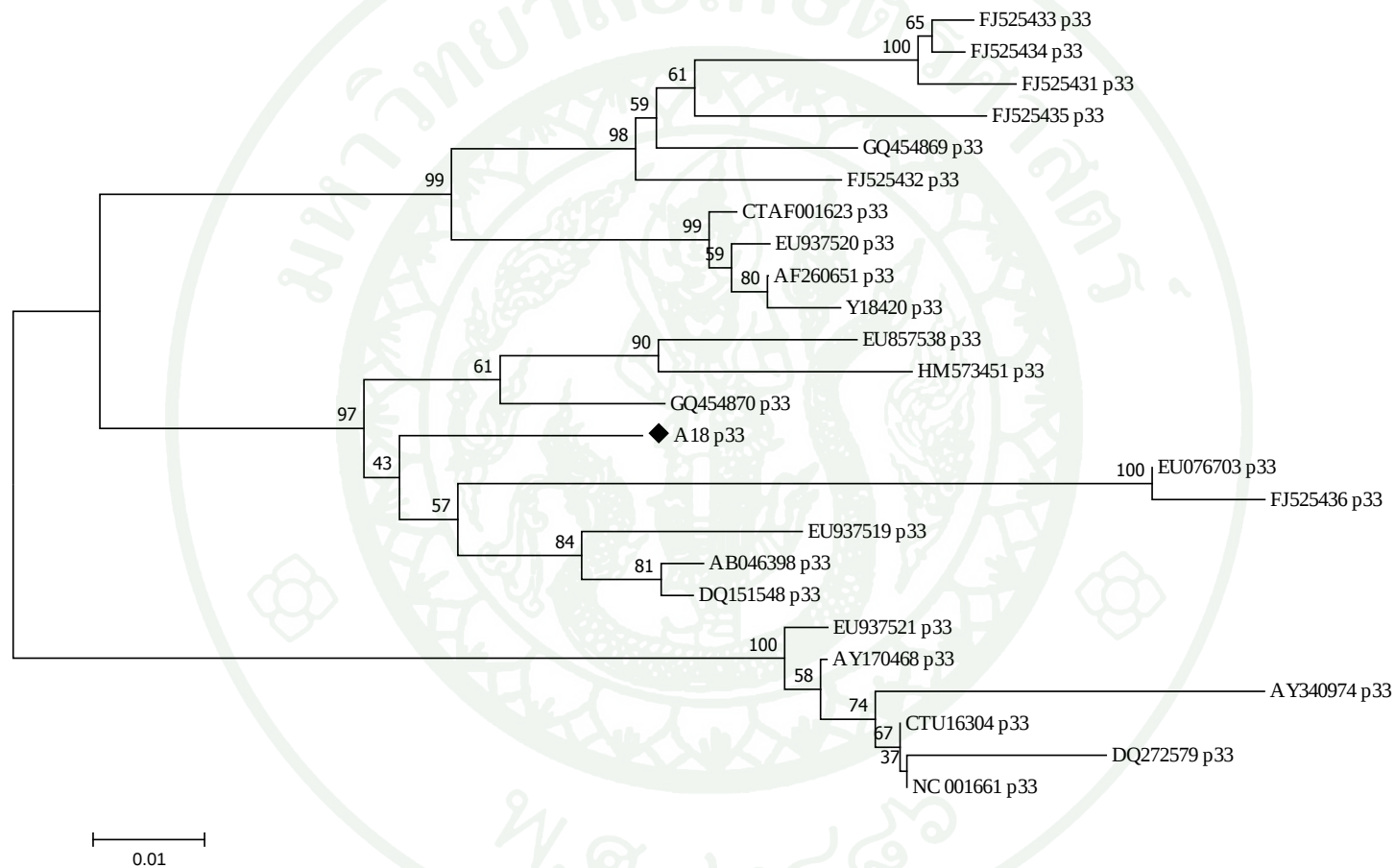
5.5 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p33* (ORF2)

จากภาพที่ 14 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p33* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p33*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p33* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 85-95 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 14) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) และประเทศสเปน (DQ151548) เท่ากันที่ 95 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) และรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454870) เท่ากันที่ 94 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 15) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 4 กลุ่ม คือกลุ่มแรกเป็นกลุ่มของ กลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525435) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของรัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937520, AF260651) ประเทศสเปน (Y18420) กลุ่มที่สามเป็นกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) ประเทศอินเดีย (HM573451, EU076703) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454870) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) และประเทศสเปน (DQ151548) และกลุ่มสุดท้ายเป็นกลุ่มของประเทศเม็กซิโก (DQ272579) และประเทศอียิปต์ (AY340974) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ดังภาพที่ 15 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการคาบเกี่ยวอยู่ระหว่างกลุ่มที่สาม ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 14) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศสเปน (DQ151548) 0.047 และรองลงมาคือประเทศประเทศอินเดีย (HM573451) 0.051

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p33		0.054	0.116	0.131	0.165	0.112	0.134	0.047	0.154	0.086	0.054	0.061	0.116	0.131	0.131	0.112	0.127	0.127	0.127	0.094	0.119	0.065	0.051	0.134	0.123
[2] #AB046398_p33	95		0.112	0.138	0.181	0.105	0.142	0.007	0.161	0.079	0.072	0.030	0.112	0.138	0.131	0.127	0.131	0.131	0.142	0.090	0.123	0.054	0.076	0.142	0.119
[3] #AF260651_p33	89	89		0.142	0.181	0.007	0.150	0.112	0.169	0.154	0.116	0.127	0.007	0.142	0.079	0.065	0.076	0.072	0.079	0.165	0.061	0.108	0.127	0.150	0.007
[4] #AY170468_p33	88	87	87		0.044	0.138	0.007	0.138	0.023	0.169	0.157	0.138	0.142	0.007	0.165	0.138	0.161	0.161	0.150	0.177	0.146	0.134	0.161	0.007	0.150
[5] #AY340974_p33	84	83	83	95		0.177	0.037	0.181	0.054	0.209	0.193	0.181	0.181	0.051	0.205	0.177	0.201	0.201	0.189	0.217	0.181	0.169	0.197	0.037	0.189
[6] #CTAF001623_p33	89	90	99	87	84		0.146	0.105	0.165	0.146	0.119	0.119	0.010	0.138	0.079	0.069	0.076	0.072	0.079	0.157	0.061	0.101	0.131	0.146	0.013
[7] #CTU16304_p33	87	86	86	99	96	86		0.142	0.017	0.173	0.161	0.142	0.150	0.013	0.173	0.146	0.169	0.169	0.157	0.181	0.154	0.138	0.165	0.000	0.157
[8] #DQ151548_p33	95	99	89	87	83	90	86		0.161	0.079	0.065	0.030	0.112	0.138	0.131	0.127	0.131	0.131	0.142	0.090	0.123	0.054	0.069	0.142	0.119
[9] #DQ272579_p33	85	85	84	97	95	85	98	85		0.193	0.181	0.161	0.169	0.030	0.193	0.165	0.189	0.189	0.177	0.201	0.173	0.157	0.185	0.017	0.177
[10] #EU076703_p33	92	92	86	84	81	86	84	92	82		0.119	0.101	0.154	0.169	0.177	0.169	0.173	0.173	0.181	0.010	0.173	0.108	0.123	0.173	0.161
[11] #EU857538_p33	95	93	89	85	82	89	85	94	83	89		0.086	0.116	0.157	0.154	0.138	0.146	0.142	0.150	0.131	0.138	0.047	0.041	0.161	0.123
[12] #EU937519_p33	94	97	88	87	83	89	86	97	85	90	92		0.127	0.138	0.134	0.134	0.134	0.134	0.150	0.112	0.131	0.076	0.090	0.142	0.134
[13] #EU937520_p33	89	89	99	87	83	99	86	89	84	86	89	88		0.142	0.079	0.065	0.076	0.072	0.079	0.165	0.061	0.108	0.127	0.150	0.013
[14] #EU937521_p33	88	87	87	99	95	87	98	87	97	84	85	87	87		0.165	0.138	0.161	0.161	0.150	0.177	0.146	0.134	0.161	0.013	0.150
[15] #FJ525431_p33	88	88	92	85	81	92	84	88	82	84	86	87	92	85		0.051	0.013	0.013	0.054	0.189	0.051	0.127	0.157	0.173	0.079
[16] #FJ525432_p33	89	88	94	87	84	93	86	88	85	84	87	87	94	87	95		0.047	0.047	0.051	0.177	0.041	0.116	0.142	0.146	0.072
[17] #FJ525433_p33	88	88	93	85	82	93	84	88	83	84	86	87	93	85	99	95		0.007	0.051	0.185	0.047	0.119	0.150	0.169	0.076
[18] #FJ525434_p33	88	88	93	85	82	93	84	88	83	84	87	87	93	85	99	95	99		0.051	0.185	0.047	0.119	0.150	0.169	0.072
[19] #FJ525435_p33	88	87	92	86	83	92	85	87	84	83	86	86	92	86	95	95	95	95		0.193	0.044	0.131	0.154	0.157	0.086
[20] #FJ525436_p33	91	91	85	84	80	85	83	91	81	99	88	89	85	84	83	84	83	83	82		0.185	0.119	0.134	0.181	0.173
[21] #GQ454869_p33	89	88	94	86	83	94	86	88	84	84	87	88	94	86	95	96	95	95	96	83		0.108	0.142	0.154	0.069
[22] #GQ454870_p33	94	95	90	87	84	90	87	95	85	90	95	93	90	87	88	89	89	89	88	89	90		0.051	0.138	0.116
[23] #HM573451_p33	95	93	88	85	82	88	84	93	83	88	96	91	88	85	85	87	86	86	86	87	87	95		0.165	0.134
[24] #NC_001661_p33	87	86	86	99	96	86	100	86	98	84	85	86	86	98	84	86	84	84	85	83	86	87	84		0.157
[25] #Y18420_p33	88	89	99	86	83	99	85	89	84	85	88	87	99	86	92	93	93	93	92	84	93	89	87	85	

ภาพที่ 14 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p33 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 15 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p33 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p33 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

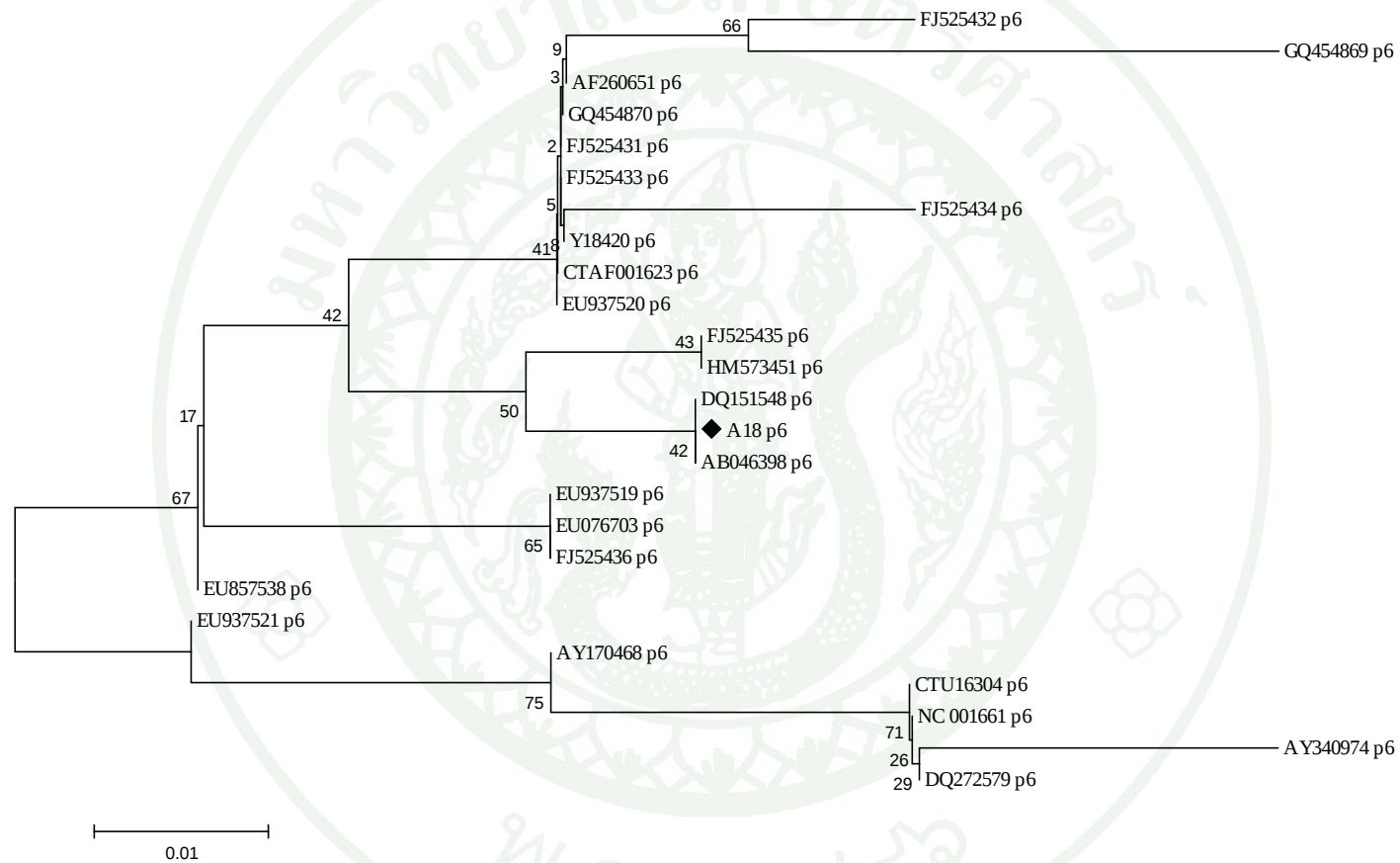
5.6 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p6* (ORF3)

จากภาพที่ 16 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p6* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p6*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p6* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่าเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 90-100 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 16) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) และ ประเทศสเปน (DQ151548) มีค่าเท่ากับ 100 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525435) และประเทศอินเดีย (HM573451) เท่ากันที่ 98 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 17) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 4 กลุ่ม คือกลุ่มแรกเป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525434) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) และประเทศสเปน (Y18420) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525435) และประเทศอินเดีย (HM573451) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) และประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, NC001661) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) และประเทศอียิปต์ (AY340974) ดังภาพที่ 17 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่สอง ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 16) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) และ ประเทศสเปน (DQ151548) มีค่าเท่ากับ 0.000 รองลงมาคือ ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525435) และประเทศอินเดีย (HM573451) เท่ากันที่ 0.020

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p6		0.000	0.040	0.061	0.103	0.040	0.082	0.000	0.082	0.040	0.020	0.040	0.040	0.040	0.040	0.061	0.040	0.061	0.020	0.040	0.082	0.040	0.020	0.082	0.040
[2] #AB046398_p6	100		0.040	0.061	0.103	0.040	0.082	0.000	0.082	0.040	0.020	0.040	0.040	0.040	0.040	0.061	0.040	0.061	0.020	0.040	0.082	0.040	0.020	0.082	0.040
[3] #AF260651_p6	96	96		0.061	0.103	0.000	0.082	0.040	0.082	0.040	0.020	0.040	0.000	0.040	0.000	0.020	0.000	0.020	0.020	0.040	0.040	0.000	0.020	0.082	0.000
[4] #AY170468_p6	94	94	94		0.040	0.061	0.020	0.061	0.020	0.061	0.040	0.061	0.061	0.020	0.061	0.082	0.061	0.082	0.082	0.061	0.103	0.061	0.082	0.020	0.061
[5] #AY340974_p6	90	90	90	96		0.103	0.020	0.103	0.020	0.103	0.082	0.103	0.103	0.061	0.103	0.125	0.103	0.125	0.125	0.103	0.148	0.103	0.125	0.020	0.103
[6] #CTAF001623_p6	96	96	100	94	90		0.082	0.040	0.082	0.040	0.020	0.040	0.000	0.040	0.000	0.020	0.000	0.020	0.020	0.040	0.040	0.000	0.020	0.082	0.000
[7] #CTU16304_p6	92	92	92	98	98	92		0.082	0.000	0.082	0.061	0.082	0.082	0.040	0.082	0.103	0.082	0.103	0.103	0.082	0.125	0.082	0.103	0.000	0.082
[8] #DQ151548_p6	100	100	96	94	90	96	92		0.082	0.040	0.020	0.040	0.040	0.040	0.040	0.061	0.040	0.061	0.020	0.040	0.082	0.040	0.020	0.082	0.040
[9] #DQ272579_p6	92	92	92	98	98	92	100	92		0.082	0.061	0.082	0.082	0.040	0.082	0.103	0.082	0.103	0.103	0.082	0.125	0.082	0.103	0.000	0.082
[10] #EU076703_p6	96	96	96	94	90	96	92	96	92		0.020	0.000	0.040	0.040	0.040	0.061	0.040	0.061	0.061	0.000	0.082	0.040	0.061	0.082	0.040
[11] #EU857538_p6	98	98	98	96	92	98	94	98	94	98		0.020	0.020	0.020	0.020	0.040	0.020	0.040	0.040	0.020	0.061	0.020	0.040	0.061	0.020
[12] #EU937519_p6	96	96	96	94	90	96	92	96	92	100	98		0.040	0.040	0.040	0.061	0.040	0.061	0.061	0.000	0.082	0.040	0.061	0.082	0.040
[13] #EU937520_p6	96	96	100	94	90	100	92	96	92	96	98	96		0.040	0.000	0.020	0.000	0.020	0.020	0.040	0.040	0.000	0.020	0.082	0.000
[14] #EU937521_p6	96	96	96	98	94	96	96	96	96	96	98	96	96		0.040	0.061	0.040	0.061	0.061	0.040	0.082	0.040	0.061	0.040	0.040
[15] #FJ525431_p6	96	96	100	94	90	100	92	96	92	96	98	96	100	96		0.020	0.000	0.020	0.020	0.040	0.040	0.000	0.020	0.082	0.000
[16] #FJ525432_p6	94	94	98	92	88	98	90	94	90	94	96	94	98	94	98		0.020	0.040	0.040	0.061	0.040	0.020	0.040	0.103	0.020
[17] #FJ525433_p6	96	96	100	94	90	100	92	96	92	96	98	96	100	96	100	98		0.020	0.020	0.040	0.040	0.000	0.020	0.082	0.000
[18] #FJ525434_p6	94	94	98	92	88	98	90	94	90	94	96	94	98	94	98	96	98		0.040	0.061	0.061	0.020	0.040	0.103	0.020
[19] #FJ525435_p6	98	98	98	92	88	98	90	98	90	94	96	94	98	94	98	96	98	96		0.061	0.061	0.020	0.000	0.103	0.020
[20] #FJ525436_p6	96	96	96	94	90	96	92	96	92	100	98	100	96	96	96	94	96	94	94		0.082	0.040	0.061	0.082	0.040
[21] #GQ454869_p6	92	92	96	90	86	96	88	92	88	92	94	92	96	92	96	96	96	94	94	92		0.040	0.061	0.125	0.040
[22] #GQ454870_p6	96	96	100	94	90	100	92	96	92	96	98	96	100	96	100	98	100	98	98	96	96		0.020	0.082	0.000
[23] #HMS73451_p6	98	98	98	92	88	98	90	98	90	94	96	94	98	94	98	96	98	96	100	94	94	98		0.103	0.020
[24] #NC_001661_p6	92	92	92	98	98	92	100	92	100	92	94	92	92	96	92	90	92	90	90	92	88	92	90		0.082
[25] #Y18420_p6	96	96	100	94	90	100	92	96	92	96	98	96	100	96	100	98	100	98	98	96	96	100	98	92	

ภาพที่ 16 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p6 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 17 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p6 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p6 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

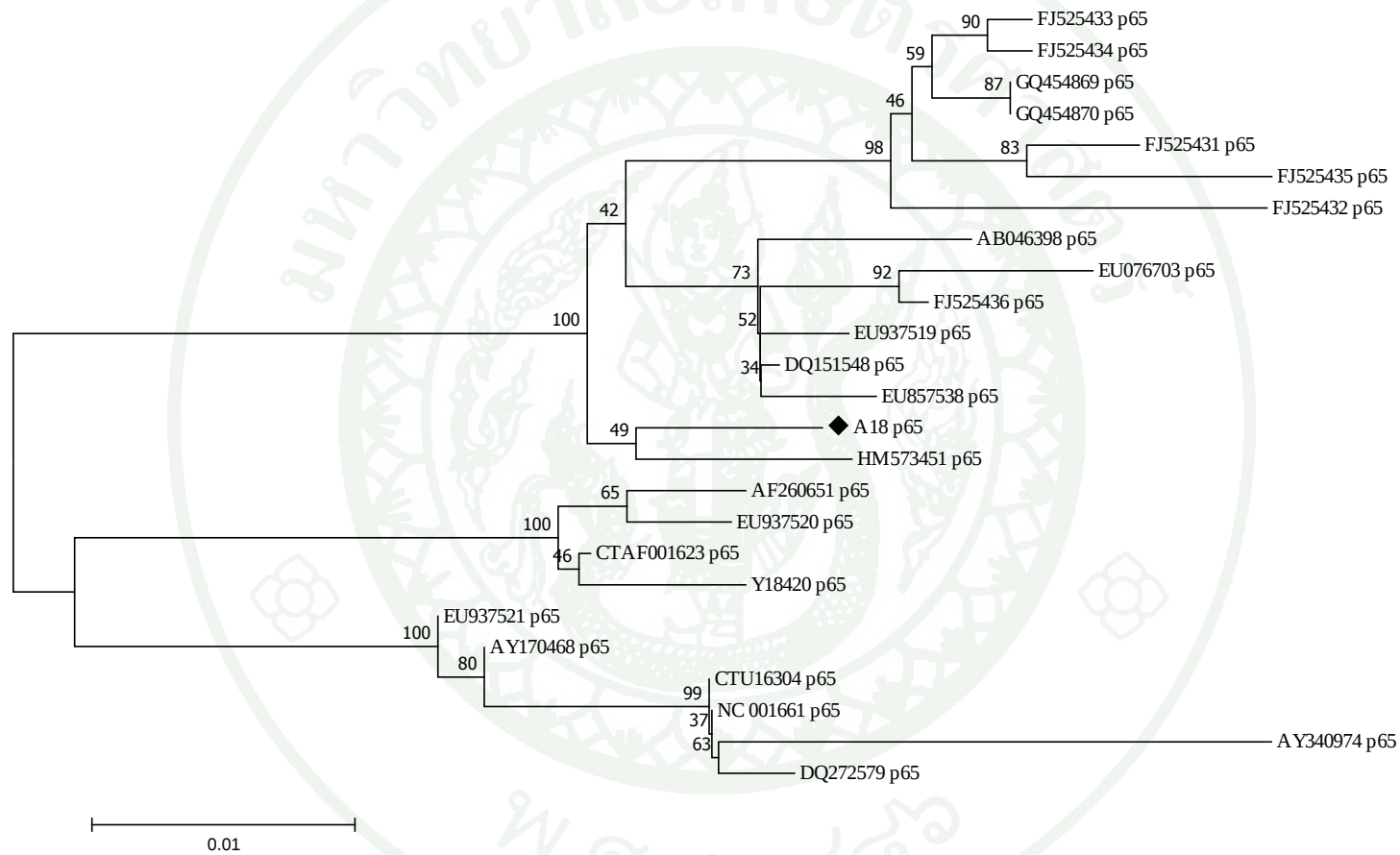
5.7 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p65* (ORF4)

จากภาพที่ 18 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p65* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p65*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p65* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 94-98 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 18) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือ ประเทศอินเดีย (HM573451) ประเทศสเปน (DQ151548) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) และประเทศญี่ปุ่น (AB046398) มีค่าเท่ากับ 98 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525433, FJ525434, FJ525435) และรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) เท่ากันที่ 97 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 19) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525434) กลุ่มที่สอง คือ กลุ่มของประเทศญี่ปุ่น (AB046398) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) ประเทศสเปน (DQ151548) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525436) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของตัวอย่างที่พบในประเทศไทย A18 และประเทศอินเดีย (HM573451) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศสเปน (Y18420) กลุ่มที่ห้า เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) และประเทศเม็กซิโก (DQ272579) ดังภาพที่ 19 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่สามคู่กับประเทศอินเดีย (HM573451) ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 18) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศอินเดีย (HM573451) มีค่า 0.015 รองลงมาคือ ประเทศสเปน (DQ151548) 0.017

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p65		0.022	0.061	0.045	0.073	0.054	0.052	0.017	0.055	0.029	0.022	0.019	0.059	0.043	0.031	0.036	0.031	0.031	0.034	0.024	0.027	0.027	0.015	0.052	0.061
[2] #AB046398_p65	98		0.066	0.055	0.086	0.059	0.064	0.008	0.068	0.019	0.014	0.012	0.064	0.054	0.031	0.036	0.027	0.027	0.038	0.015	0.027	0.027	0.017	0.064	0.066
[3] #AF260651_p65	94	94		0.043	0.070	0.008	0.048	0.057	0.050	0.070	0.059	0.059	0.008	0.041	0.072	0.073	0.066	0.066	0.075	0.064	0.066	0.066	0.059	0.048	0.012
[4] #AY170468_p65	96	95	96		0.029	0.036	0.008	0.047	0.012	0.059	0.048	0.048	0.041	0.002	0.061	0.066	0.055	0.055	0.064	0.054	0.055	0.055	0.052	0.008	0.041
[5] #AY340974_p65	93	92	93	97		0.066	0.020	0.077	0.024	0.090	0.079	0.079	0.072	0.031	0.092	0.097	0.086	0.086	0.095	0.084	0.086	0.086	0.083	0.020	0.068
[6] #CTAF001623_p65	95	94	99	96	94		0.045	0.050	0.048	0.063	0.052	0.052	0.008	0.034	0.064	0.070	0.059	0.059	0.068	0.057	0.059	0.059	0.055	0.045	0.007
[7] #CTU16304_p65	95	94	95	99	98	96		0.055	0.003	0.068	0.057	0.057	0.050	0.010	0.070	0.075	0.064	0.064	0.073	0.063	0.064	0.064	0.061	0.000	0.047
[8] #DQ151548_p65	98	99	94	95	92	95	95		0.059	0.012	0.005	0.003	0.055	0.045	0.026	0.031	0.020	0.020	0.033	0.007	0.020	0.020	0.015	0.055	0.057
[9] #DQ272579_p65	95	93	99	99	98	95	100	94		0.072	0.061	0.061	0.052	0.014	0.073	0.079	0.068	0.068	0.077	0.066	0.068	0.068	0.064	0.003	0.050
[10] #EU076703_p65	97	98	93	94	91	94	93	99	93		0.017	0.015	0.068	0.057	0.038	0.040	0.033	0.033	0.045	0.008	0.033	0.033	0.027	0.068	0.070
[11] #EU857538_p65	98	99	94	95	92	95	94	99	94	98		0.008	0.057	0.047	0.031	0.036	0.026	0.026	0.038	0.012	0.026	0.026	0.020	0.057	0.059
[12] #EU937519_p65	98	99	94	95	92	95	94	100	94	98	99		0.057	0.047	0.029	0.034	0.024	0.024	0.036	0.010	0.024	0.024	0.019	0.057	0.059
[13] #EU937520_p65	94	94	99	96	93	99	95	95	95	93	94	94		0.040	0.070	0.075	0.064	0.064	0.073	0.063	0.064	0.064	0.061	0.050	0.015
[14] #EU937521_p65	96	95	96	100	97	97	99	96	99	94	95	95	96		0.059	0.064	0.054	0.054	0.063	0.052	0.054	0.054	0.050	0.010	0.040
[15] #FJ525431_p65	97	97	93	94	91	94	93	97	93	96	97	97	93	94		0.022	0.014	0.014	0.014	0.029	0.010	0.010	0.029	0.070	0.072
[16] #FJ525432_p65	96	96	93	94	91	93	93	97	92	96	96	97	93	94	98		0.022	0.022	0.026	0.031	0.019	0.019	0.031	0.075	0.077
[17] #FJ525433_p65	97	97	94	95	92	94	94	98	93	97	97	98	94	95	99	98		0.003	0.020	0.024	0.007	0.007	0.029	0.064	0.066
[18] #FJ525434_p65	97	97	94	95	92	94	94	98	93	97	97	98	94	95	99	98	100		0.020	0.024	0.007	0.007	0.029	0.064	0.066
[19] #FJ525435_p65	97	96	93	94	91	93	93	97	92	96	96	96	93	94	99	97	98	98		0.036	0.017	0.017	0.033	0.073	0.075
[20] #FJ525436_p65	98	98	94	95	92	94	94	99	94	99	99	99	94	95	97	97	98	98	96		0.024	0.024	0.022	0.063	0.064
[21] #GQ454869_p65	97	97	94	95	92	94	94	98	93	97	97	98	94	95	99	98	99	99	98	98		0.000	0.026	0.064	0.066
[22] #GQ454870_p65	97	97	94	95	92	94	94	98	93	97	97	98	94	95	99	98	99	99	98	98	100		0.026	0.064	0.066
[23] #HM573451_p65	98	98	94	95	92	95	94	98	94	97	98	98	94	95	97	97	97	97	97	98	97	97		0.061	0.063
[24] #NC_001661_p65	95	94	95	99	98	96	100	95	100	93	94	94	95	99	93	93	94	94	93	94	94	94	94		0.047
[25] #Y18420_p65	94	94	99	96	93	99	95	94	95	93	94	94	98	96	93	92	94	94	93	94	94	94	94	95	

ภาพที่ 18 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p65 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 19 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p65 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p65 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

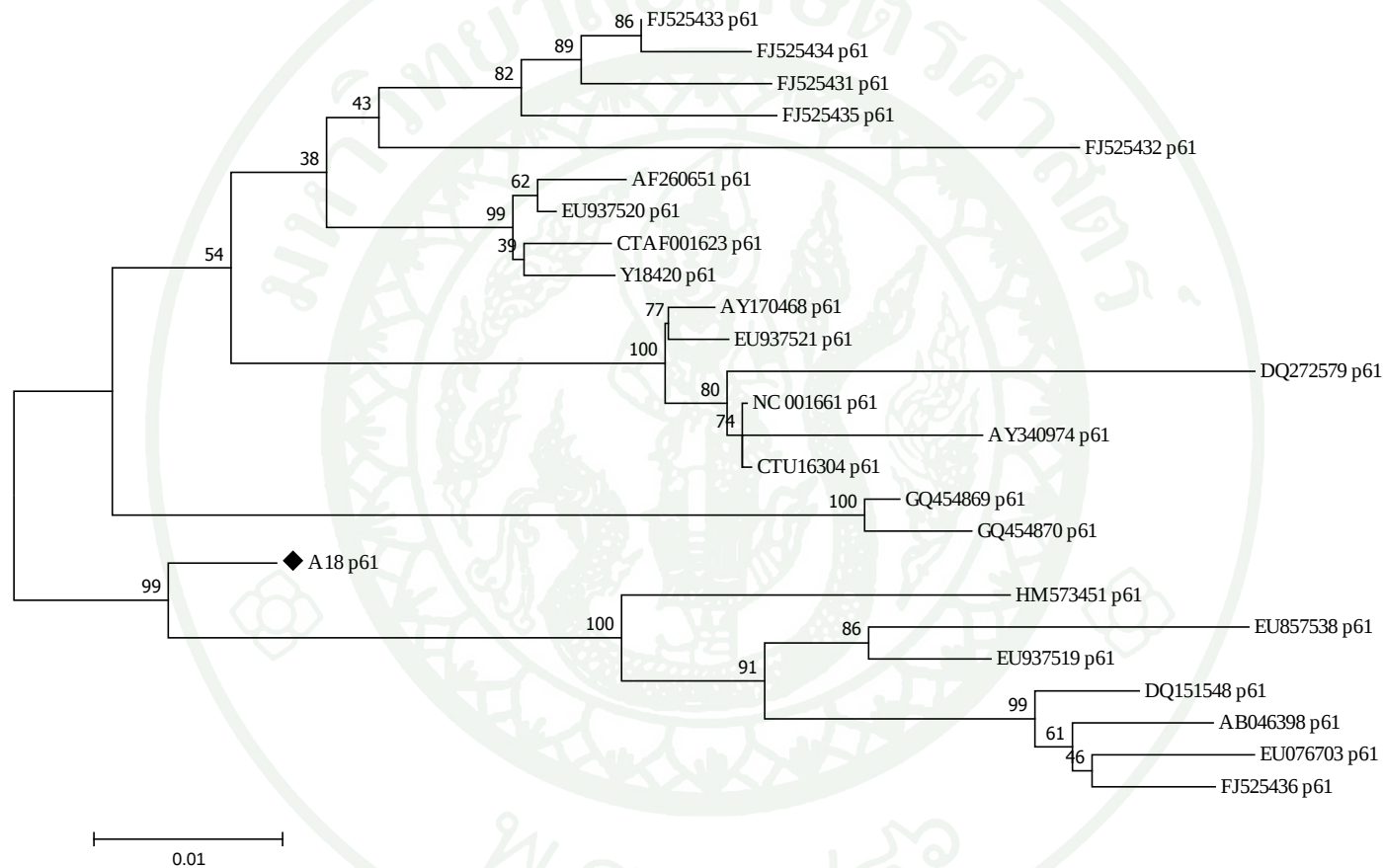
5.8 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p61* (ORF5)

จากภาพที่ 20 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p61* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p61*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p61* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 92-96 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 20) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุด คือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937520) มีค่า 96 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ประเทศสเปน (DQ151548, Y18420) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525433) และประเทศอินเดีย (HM573451) เท่ากันที่ 95 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 21) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525435) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศสเปน (Y18420) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) และประเทศเม็กซิโก (DQ272579) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) กลุ่มที่ห้า เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศอินเดีย (HM573451) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525436) และประเทศสเปน (DQ151548) ดังภาพที่ 21 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่ห้า ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 20) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรมน้อยที่สุดคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937520) มีค่า 0.044 รองลงมาคือ ประเทศสเปน (Y18420) 0.046

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p61		0.058	0.048	0.048	0.060	0.050	0.050	0.054	0.076	0.066	0.066	0.054	0.044	0.050	0.056	0.072	0.050	0.056	0.054	0.058	0.062	0.066	0.050	0.050	0.046
[2] #AB046398_p61	94		0.096	0.101	0.111	0.099	0.103	0.013	0.130	0.017	0.050	0.034	0.092	0.099	0.109	0.111	0.103	0.109	0.107	0.015	0.111	0.113	0.050	0.103	0.094
[3] #AF260651_p61	95	91		0.046	0.062	0.011	0.048	0.092	0.076	0.096	0.096	0.082	0.006	0.048	0.040	0.058	0.030	0.036	0.040	0.096	0.070	0.074	0.082	0.048	0.013
[4] #AY170468_p61	95	90	96		0.019	0.040	0.006	0.096	0.034	0.101	0.103	0.088	0.042	0.006	0.052	0.080	0.046	0.052	0.056	0.101	0.080	0.084	0.088	0.006	0.044
[5] #AY340974_p61	94	89	94	98		0.056	0.013	0.107	0.042	0.109	0.115	0.101	0.058	0.021	0.068	0.092	0.062	0.068	0.072	0.111	0.096	0.101	0.101	0.013	0.060
[6] #CTAF001623_p61	95	90	99	96	94		0.042	0.094	0.072	0.099	0.099	0.084	0.006	0.042	0.038	0.058	0.029	0.034	0.040	0.099	0.074	0.078	0.086	0.042	0.009
[7] #CTU16304_p61	95	90	95	99	99	96		0.099	0.029	0.101	0.105	0.090	0.044	0.008	0.054	0.078	0.048	0.054	0.058	0.103	0.082	0.086	0.090	0.000	0.046
[8] #DQ151548_p61	95	99	91	91	90	91	90		0.126	0.021	0.046	0.030	0.088	0.094	0.105	0.107	0.099	0.105	0.103	0.013	0.107	0.111	0.046	0.099	0.090
[9] #DQ272579_p61	92	88	93	97	96	93	97	88		0.130	0.132	0.119	0.072	0.036	0.080	0.103	0.074	0.080	0.080	0.130	0.107	0.111	0.117	0.029	0.072
[10] #EU076703_p61	94	98	91	90	90	90	90	98	88		0.054	0.038	0.092	0.099	0.109	0.113	0.103	0.109	0.111	0.015	0.119	0.119	0.058	0.101	0.096
[11] #EU857538_p61	93	95	91	90	89	90	90	95	87	95		0.027	0.094	0.101	0.107	0.122	0.101	0.107	0.109	0.050	0.105	0.109	0.054	0.105	0.099
[12] #EU937519_p61	94	96	92	91	90	92	91	97	88	96	97		0.078	0.086	0.094	0.103	0.088	0.094	0.096	0.034	0.099	0.103	0.042	0.090	0.082
[13] #EU937520_p61	96	91	99	96	94	99	96	91	93	91	91	92		0.044	0.036	0.056	0.027	0.032	0.036	0.092	0.068	0.072	0.080	0.044	0.008
[14] #EU937521_p61	95	90	95	99	98	96	99	91	96	90	90	92	96		0.054	0.082	0.048	0.054	0.058	0.099	0.082	0.086	0.086	0.008	0.046
[15] #FJ525431_p61	94	90	96	95	93	96	95	90	92	90	90	91	96	95		0.060	0.013	0.019	0.029	0.109	0.064	0.068	0.099	0.054	0.040
[16] #FJ525432_p61	93	89	94	92	91	94	92	90	90	89	88	90	94	92	94		0.050	0.056	0.058	0.111	0.088	0.092	0.105	0.078	0.058
[17] #FJ525433_p61	95	90	97	96	94	97	95	90	93	90	90	91	97	95	99	95		0.006	0.019	0.103	0.058	0.062	0.092	0.048	0.030
[18] #FJ525434_p61	94	90	96	95	93	97	95	90	92	90	90	91	97	95	98	94	99		0.025	0.109	0.064	0.068	0.099	0.054	0.036
[19] #FJ525435_p61	94	90	96	94	93	96	94	90	92	90	90	91	96	94	97	94	98	98		0.107	0.060	0.064	0.096	0.058	0.040
[20] #FJ525436_p61	94	98	91	90	89	90	90	98	88	98	95	97	91	90	90	89	90	90	90		0.111	0.115	0.050	0.103	0.094
[21] #GQ454869_p61	94	89	93	92	91	93	92	90	90	89	90	90	93	92	94	92	94	94	94	89		0.008	0.101	0.082	0.074
[22] #GQ454870_p61	93	89	93	92	90	92	92	89	90	89	90	90	93	92	93	91	94	93	94	89	99		0.105	0.086	0.078
[23] #HM573451_p61	95	95	92	91	90	92	91	95	89	95	94	96	92	92	90	90	91	90	91	95	90	90		0.090	0.082
[24] #NC_001661_p61	95	90	95	99	99	96	100	90	97	90	90	91	96	99	95	92	95	95	94	90	92	92	91		0.046
[25] #Y18420_p61	95	91	99	96	94	99	96	91	93	91	90	92	99	96	96	94	97	96	96	91	93	92	92	96	

ภาพที่ 20 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p61 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 21 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p61 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p61 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

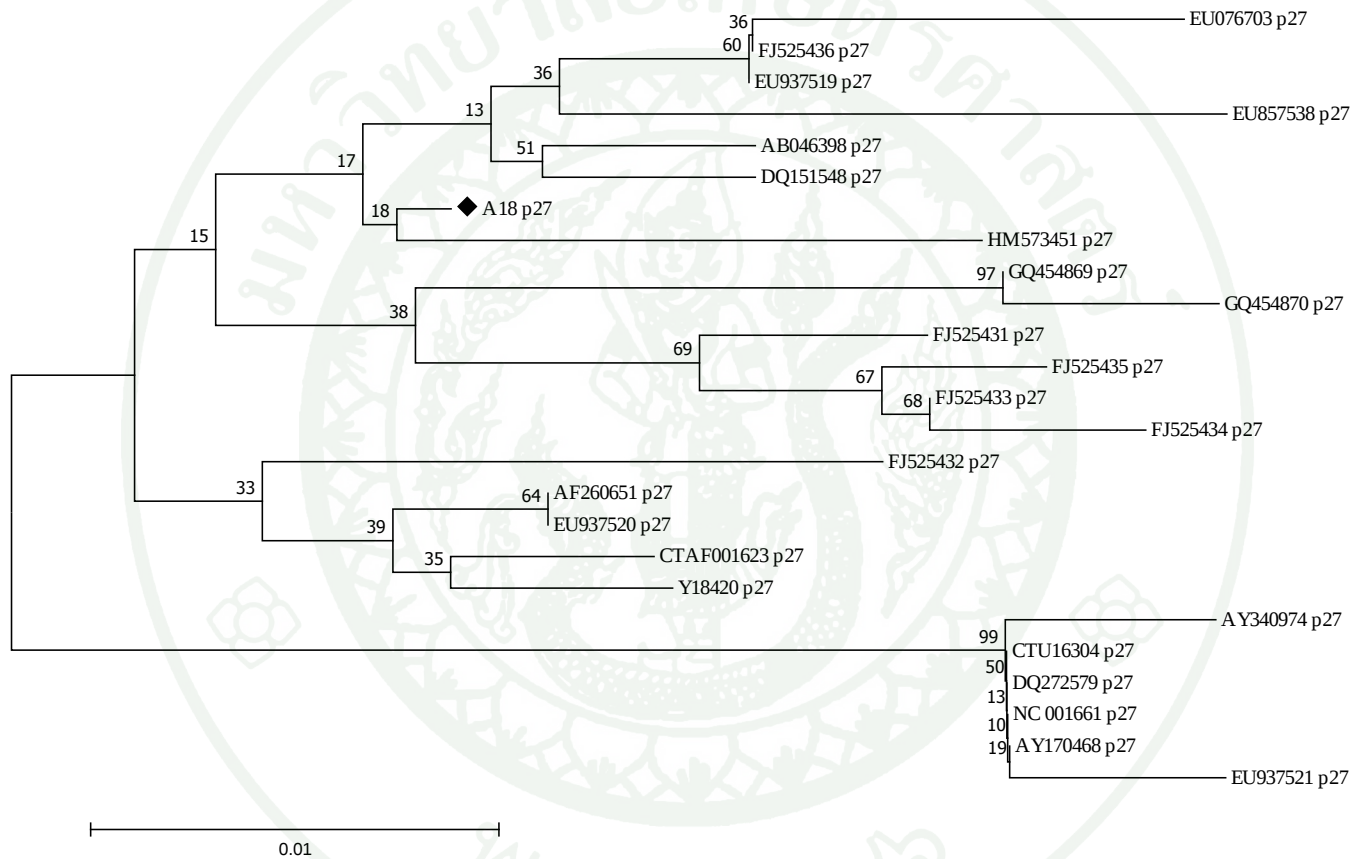
5.9 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p27* (ORF6)

จากภาพที่ 22 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p27* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p27*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน *p27* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 74-99 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 22) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุด คือประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) เท่ากันที่ 99 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) และประเทศอินเดีย (HM573451) ค่าเท่ากันที่ 98 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 23) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) และประเทศอินเดีย (HM573451) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525433, FJ525434, FJ525435) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศสเปน (Y18420) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของประเทศอียิปต์ (AY340974) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ดังภาพที่ 23 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มแรก ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 22) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) มีค่าเท่ากันที่ 0.010 รองลงมาคือประเทศอินเดีย (HM573451) มีค่าที่ 0.016

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p27		0.010	0.021	0.037	0.042	0.021	0.037	0.010	0.037	0.021	0.021	0.010	0.021	0.042	0.021	0.021	0.021	0.026	0.026	0.010	0.026	0.032	0.016	0.037	0.021
[2] #AB046398_p27	99		0.026	0.042	0.048	0.026	0.042	0.010	0.042	0.021	0.032	0.010	0.026	0.048	0.032	0.021	0.032	0.037	0.037	0.010	0.037	0.042	0.026	0.042	0.026
[3] #AF260651_p27	96	96		0.032	0.037	0.010	0.032	0.026	0.032	0.037	0.042	0.026	0.000	0.037	0.032	0.026	0.032	0.037	0.026	0.026	0.037	0.042	0.037	0.032	0.010
[4] #AY170468_p27	96	96	96		0.005	0.042	0.000	0.042	0.000	0.053	0.059	0.042	0.032	0.005	0.048	0.053	0.048	0.053	0.053	0.042	0.042	0.048	0.048	0.000	0.042
[5] #AY340974_p27	95	95	96	100		0.048	0.005	0.048	0.005	0.059	0.064	0.048	0.037	0.010	0.048	0.059	0.053	0.059	0.059	0.048	0.048	0.053	0.053	0.005	0.048
[6] #CTAF001623_p27	74	73	75	72	72		0.042	0.026	0.042	0.037	0.042	0.026	0.010	0.048	0.032	0.016	0.032	0.037	0.026	0.026	0.037	0.042	0.037	0.042	0.010
[7] #CTU16304_p27	96	96	96	100	100	72		0.042	0.000	0.053	0.059	0.042	0.032	0.005	0.048	0.053	0.048	0.053	0.053	0.042	0.042	0.048	0.048	0.000	0.042
[8] #DQ151548_p27	99	99	96	96	95	74	96		0.042	0.021	0.032	0.010	0.026	0.048	0.032	0.021	0.032	0.037	0.037	0.010	0.037	0.042	0.026	0.042	0.026
[9] #DQ272579_p27	96	96	96	100	100	72	100	96		0.053	0.059	0.042	0.032	0.005	0.048	0.053	0.048	0.053	0.053	0.042	0.042	0.048	0.048	0.000	0.042
[10] #EU076703_p27	98	98	94	94	94	72	94	98	94		0.032	0.010	0.037	0.059	0.042	0.032	0.042	0.048	0.048	0.010	0.048	0.053	0.037	0.053	0.037
[11] #EU857538_p27	98	97	94	94	94	72	94	97	94	97		0.021	0.042	0.064	0.032	0.042	0.032	0.037	0.037	0.021	0.037	0.042	0.037	0.059	0.042
[12] #EU937519_p27	98	99	95	95	95	74	95	99	95	98	98		0.026	0.048	0.032	0.021	0.032	0.037	0.037	0.000	0.037	0.042	0.026	0.042	0.026
[13] #EU937520_p27	96	96	100	96	96	75	96	96	96	94	94	95		0.037	0.032	0.026	0.032	0.037	0.026	0.026	0.037	0.042	0.037	0.032	0.010
[14] #EU937521_p27	95	95	96	100	99	72	100	95	100	94	94	95	96		0.053	0.059	0.053	0.059	0.059	0.048	0.048	0.053	0.053	0.005	0.048
[15] #FJ525431_p27	97	96	96	95	95	73	95	96	95	95	96	96	96	95		0.042	0.010	0.016	0.016	0.032	0.026	0.032	0.037	0.048	0.032
[16] #FJ525432_p27	97	97	97	95	94	75	95	97	95	96	95	97	97	94	97		0.042	0.048	0.037	0.021	0.048	0.053	0.037	0.053	0.026
[17] #FJ525433_p27	97	96	96	95	95	73	95	96	95	95	96	96	96	95	99	97		0.005	0.005	0.032	0.026	0.032	0.032	0.048	0.032
[18] #FJ525434_p27	96	96	96	95	94	73	95	96	95	94	95	95	96	94	99	96	100		0.010	0.037	0.032	0.037	0.037	0.053	0.037
[19] #FJ525435_p27	96	95	97	9	94	74	94	95	94	94	95	95	97	94	98	97	99	99		0.037	0.032	0.037	0.037	0.053	0.026
[20] #FJ525436_p27	99	99	96	96	95	74	96	99	96	99	98	100	96	95	96	97	96	96	95		0.037	0.042	0.026	0.042	0.026
[21] #GQ454869_p27	96	95	96	96	95	72	96	95	96	94	95	95	96	95	97	95	97	97	96	95		0.005	0.032	0.042	0.037
[22] #GQ454870_p27	95	94	95	95	94	72	95	94	95	93	94	94	95	94	96	94	96	96	95	94	99		0.037	0.048	0.042
[23] #HM573451_p27	98	98	95	95	95	72	95	98	95	97	97	98	95	95	96	96	96	96	95	98	96	95		0.048	0.037
[24] #NC_001661_p27	96	96	96	100	100	72	100	96	100	94	94	95	96	100	95	95	95	95	94	96	96	95	95		0.042
[25] #Y18420_p27	96	96	99	95	95	75	95	96	95	94	94	95	99	95	96	97	96	96	97	96	96	95	95	95	

ภาพที่ 22 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p27 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 23 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p27 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p27 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

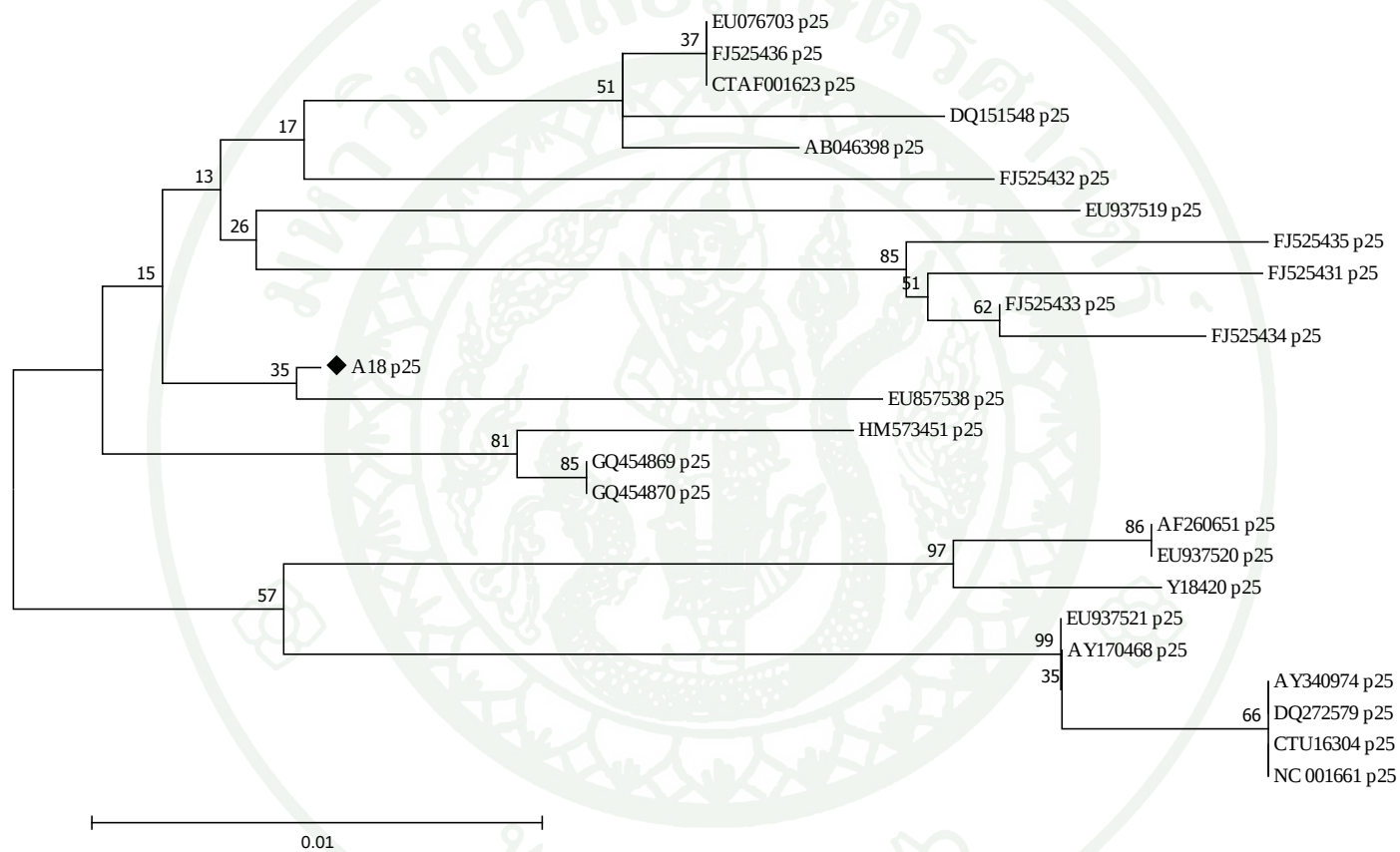
5.10 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p25 (ORF7)

จากภาพที่ 24 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p25 เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-p25) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p25 ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 96-99 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 24) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุด คือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศญี่ปุ่น (EU076703) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) เท่ากันที่ 99 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ประเทศอินเดีย (HM573451) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) ประเทศสเปน (DQ151548) และ ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) ค่าเท่ากันที่ 98 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 25) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525432, FJ525436) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) กลุ่มที่สองคือกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525433, FJ525434, FJ525435) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศอินเดีย (HM573451) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) กลุ่มที่สี่เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, AY170468, CTU16304, EU937520, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) ประเทศสเปน (Y18420) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) ดังภาพที่ 25 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่สาม ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 24) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุด คือ ประเทศอินเดีย (EU076703) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) มีค่าเท่ากันที่

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p25		0.014	0.032	0.032	0.037	0.009	0.037	0.018	0.037	0.009	0.014	0.018	0.032	0.032	0.037	0.023	0.027	0.032	0.032	0.009	0.014	0.014	0.023	0.037	0.032
[2] #AB046398_p25	99		0.046	0.046	0.051	0.004	0.051	0.014	0.051	0.004	0.027	0.023	0.046	0.046	0.032	0.027	0.023	0.027	0.032	0.004	0.027	0.027	0.027	0.051	0.046
[3] #AF260651_p25	97	96		0.037	0.041	0.041	0.041	0.041	0.041	0.041	0.037	0.046	0.000	0.037	0.055	0.046	0.051	0.055	0.055	0.041	0.037	0.037	0.046	0.041	0.009
[4] #AY170468_p25	97	96	96		0.004	0.041	0.004	0.041	0.004	0.041	0.046	0.051	0.037	0.000	0.041	0.046	0.041	0.046	0.046	0.041	0.037	0.037	0.041	0.004	0.037
[5] #AY340974_p25	96	95	96	100		0.046	0.000	0.046	0.000	0.046	0.051	0.055	0.041	0.004	0.046	0.051	0.046	0.051	0.051	0.046	0.041	0.041	0.046	0.000	0.041
[6] #CTAF001623_p25	99	100	96	96	96		0.046	0.009	0.046	0.000	0.023	0.027	0.041	0.041	0.037	0.023	0.027	0.032	0.037	0.000	0.023	0.023	0.023	0.046	0.041
[7] #CTU16304_p25	96	95	96	100	100	96		0.046	0.000	0.046	0.051	0.055	0.041	0.004	0.046	0.051	0.046	0.051	0.051	0.046	0.041	0.041	0.046	0.000	0.041
[8] #DQ151548_p25	98	99	96	96	96	99	96		0.046	0.009	0.032	0.037	0.041	0.041	0.046	0.032	0.037	0.041	0.046	0.009	0.032	0.032	0.032	0.046	0.041
[9] #DQ272579_p25	96	95	96	100	100	96	100	96		0.046	0.051	0.055	0.041	0.004	0.046	0.051	0.046	0.051	0.051	0.046	0.041	0.041	0.046	0.000	0.041
[10] #EU076703_p25	99	100	96	96	96	96	96	99	96		0.023	0.027	0.041	0.041	0.037	0.023	0.027	0.032	0.037	0.000	0.023	0.023	0.023	0.046	0.041
[11] #EU857538_p25	99	97	96	96	95	98	95	97	95	98		0.032	0.037	0.046	0.051	0.037	0.041	0.046	0.046	0.023	0.027	0.027	0.037	0.051	0.032
[12] #EU937519_p25	98	98	96	95	95	97	95	96	95	97	97		0.046	0.051	0.037	0.041	0.037	0.041	0.041	0.027	0.032	0.032	0.041	0.055	0.051
[13] #EU937520_p25	97	96	100	96	96	96	96	96	96	96	96	96		0.037	0.055	0.046	0.051	0.055	0.055	0.041	0.037	0.037	0.046	0.041	0.009
[14] #EU937521_p25	97	96	96	100	100	96	100	96	100	96	96	95	96		0.041	0.046	0.041	0.046	0.046	0.041	0.037	0.037	0.041	0.004	0.037
[15] #FJ525431_p25	96	97	95	96	96	96	96	96	96	96	95	96	95	96		0.041	0.009	0.014	0.018	0.037	0.041	0.041	0.051	0.046	0.060
[16] #FJ525432_p25	98	97	96	96	95	98	95	97	95	98	96	96	96	96	96		0.032	0.037	0.041	0.023	0.027	0.027	0.037	0.051	0.046
[17] #FJ525433_p25	97	98	95	96	96	97	96	96	96	97	96	96	95	96	99	97		0.004	0.009	0.027	0.032	0.032	0.041	0.046	0.051
[18] #FJ525434_p25	97	97	95	96	95	97	95	96	95	97	96	96	95	96	99	96	100		0.014	0.032	0.037	0.037	0.046	0.051	0.055
[19] #FJ525435_p25	97	97	95	96	95	96	95	96	95	96	96	96	95	96	98	96	99	99		0.037	0.037	0.037	0.046	0.051	0.055
[20] #FJ525436_p25	99	100	96	96	96	96	96	99	96	100	98	97	96	96	96	98	97	97	96		0.023	0.023	0.023	0.046	0.041
[21] #GQ454869_p25	99	97	96	96	96	98	96	97	96	98	97	97	96	96	96	97	97	96	96	98		0.000	0.009	0.041	0.037
[22] #GQ454870_p25	99	97	96	96	96	98	96	97	96	98	97	97	96	96	96	97	97	96	96	98	100		0.009	0.041	0.037
[23] #HM573451_p25	98	97	96	96	96	98	96	97	96	98	96	96	96	96	95	96	96	96	96	98	99	99		0.046	0.046
[24] #NC_001661_p25	96	95	96	96	100	96	100	96	100	96	95	95	96	100	96	95	96	95	95	96	96	96	96		0.041
[25] #Y18420_p25	97	96	99	96	96	96	96	96	96	96	97	95	99	96	94	96	95	95	95	96	96	96	96	96	

ภาพที่ 24 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p25 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 25 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p25 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p25 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

0.009 รองลงมาคือประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) มีค่าเท่ากับที่ 0.014

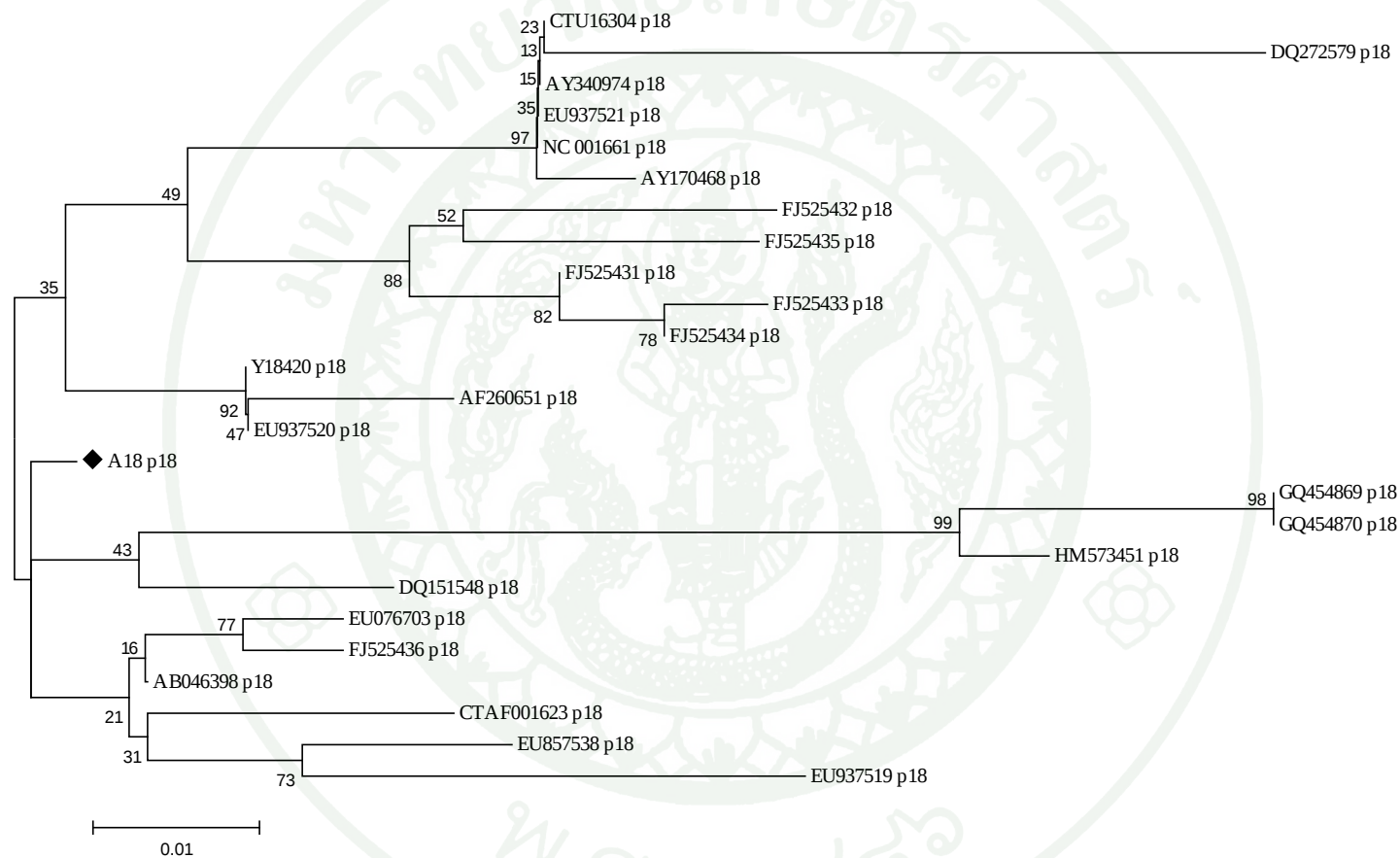
5.11 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p18* (ORF8)

จากภาพที่ 26 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p18* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p18*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p18* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 92-99 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 26) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ที่ 99 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ประเทศสเปน (DQ151548) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937520) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) ประเทศสเปน (Y18420) ค่าเท่ากับที่ 98 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 27) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) ประเทศอียิปต์ (AY340974) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434, FJ525435) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) ประเทศสเปน (Y18420) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศอินเดีย (HM573451) ประเทศสเปน (DQ151548) กลุ่มที่ห้า เป็นกลุ่มของรัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525436) ดังภาพที่ 27 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มระหว่างกลุ่มที่สามและกลุ่มที่สี่ แต่ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 26) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398)

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p18		0.006	0.037	0.043	0.037	0.024	0.037	0.024	0.081	0.018	0.030	0.049	0.024	0.037	0.030	0.043	0.043	0.037	0.043	0.018	0.081	0.081	0.068	0.037	0.024
[2] #AB046398_p18	99		0.030	0.049	0.043	0.018	0.043	0.018	0.088	0.012	0.024	0.043	0.018	0.043	0.037	0.049	0.049	0.043	0.049	0.012	0.088	0.088	0.075	0.043	0.018
[3] #AF260651_p18	96	97		0.055	0.049	0.049	0.049	0.049	0.094	0.037	0.055	0.075	0.012	0.049	0.055	0.068	0.068	0.062	0.068	0.037	0.107	0.107	0.094	0.049	0.012
[4] #AY170468_p18	96	95	95		0.006	0.068	0.006	0.068	0.049	0.062	0.075	0.088	0.043	0.006	0.049	0.062	0.062	0.055	0.062	0.062	0.101	0.101	0.088	0.006	0.043
[5] #AY340974_p18	96	96	95	99		0.062	0.000	0.062	0.043	0.055	0.068	0.088	0.037	0.000	0.043	0.055	0.055	0.049	0.055	0.055	0.094	0.094	0.081	0.000	0.037
[6] #CTAF001623_p18	98	98	95	93	94		0.062	0.037	0.101	0.030	0.043	0.055	0.037	0.062	0.055	0.068	0.068	0.062	0.068	0.030	0.107	0.107	0.094	0.062	0.037
[7] #CTU16304_p18	96	96	95	99	100	94		0.062	0.043	0.055	0.068	0.088	0.037	0.000	0.043	0.055	0.055	0.049	0.055	0.055	0.094	0.094	0.081	0.000	0.037
[8] #DQ151548_p18	98	98	95	93	94	96	94		0.107	0.030	0.043	0.062	0.037	0.062	0.055	0.068	0.068	0.062	0.068	0.030	0.088	0.088	0.062	0.062	0.037
[9] #DQ272579_p18	92	92	91	95	96	90	96	90		0.101	0.114	0.128	0.081	0.043	0.088	0.101	0.101	0.094	0.101	0.101	0.134	0.134	0.128	0.043	0.081
[10] #EU076703_p18	98	99	96	94	95	97	95	97	90		0.037	0.055	0.024	0.055	0.049	0.062	0.062	0.055	0.062	0.012	0.101	0.101	0.088	0.055	0.024
[11] #EU857538_p18	97	98	95	93	93	96	93	96	89	96		0.043	0.043	0.068	0.062	0.062	0.075	0.068	0.075	0.037	0.094	0.094	0.081	0.068	0.043
[12] #EU937519_p18	95	96	93	92	92	95	92	94	88	95	96		0.062	0.088	0.068	0.088	0.081	0.075	0.088	0.055	0.121	0.121	0.107	0.088	0.062
[13] #EU937520_p18	98	98	99	96	96	96	96	96	92	98	96	94		0.037	0.043	0.055	0.055	0.049	0.055	0.024	0.094	0.094	0.081	0.037	0.000
[14] #EU937521_p18	96	96	95	99	100	94	100	94	96	95	93	92	96		0.043	0.055	0.055	0.049	0.055	0.055	0.094	0.094	0.081	0.000	0.037
[15] #FJ525431_p18	97	96	95	95	96	95	96	95	92	95	94	93	96	96		0.037	0.012	0.006	0.024	0.049	0.114	0.114	0.101	0.043	0.043
[16] #FJ525432_p18	96	95	93	94	95	93	95	93	90	94	94	92	95	95	96		0.049	0.043	0.037	0.062	0.128	0.128	0.114	0.055	0.055
[17] #FJ525433_p18	96	95	93	94	95	93	95	93	90	94	93	92	95	95	99	95		0.006	0.037	0.062	0.128	0.128	0.114	0.055	0.055
[18] #FJ525434_p18	96	96	94	95	95	94	95	94	91	95	93	93	95	95	99	96	99		0.030	0.055	0.121	0.121	0.107	0.049	0.049
[19] #FJ525435_p18	96	95	93	94	95	93	95	93	90	94	93	92	95	95	98	96	96	97		0.062	0.128	0.128	0.114	0.055	0.055
[20] #FJ525436_p18	98	99	96	94	95	97	95	97	90	99	96	99	98	95	95	94	94	95	94		0.101	0.101	0.088	0.055	0.024
[21] #GQ454869_p18	92	92	90	90	91	90	91	92	87	90	91	89	91	91	89	88	88	89	88	90		0.000	0.024	0.094	0.094
[22] #GQ454870_p18	92	92	90	90	91	90	91	92	87	90	91	89	91	91	89	88	88	89	88	90	100		0.024	0.094	0.094
[23] #HMS73451_p18	93	93	91	92	92	91	92	94	88	92	92	90	92	92	90	89	89	90	89	92	98	98		0.081	0.081
[24] #NC_001661_p18	96	96	95	99	100	94	100	94	96	95	93	92	96	100	96	95	95	95	95	95	91	91	92		0.037
[25] #Y18420_p18	98	98	99	96	96	96	96	96	92	98	96	94	100	96	96	95	95	95	95	98	91	91	92	96	

ภาพที่ 26 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p18 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 27 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p18 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p18 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

ที่ 0.006 รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) ค่าเท่ากับที่ 0.018

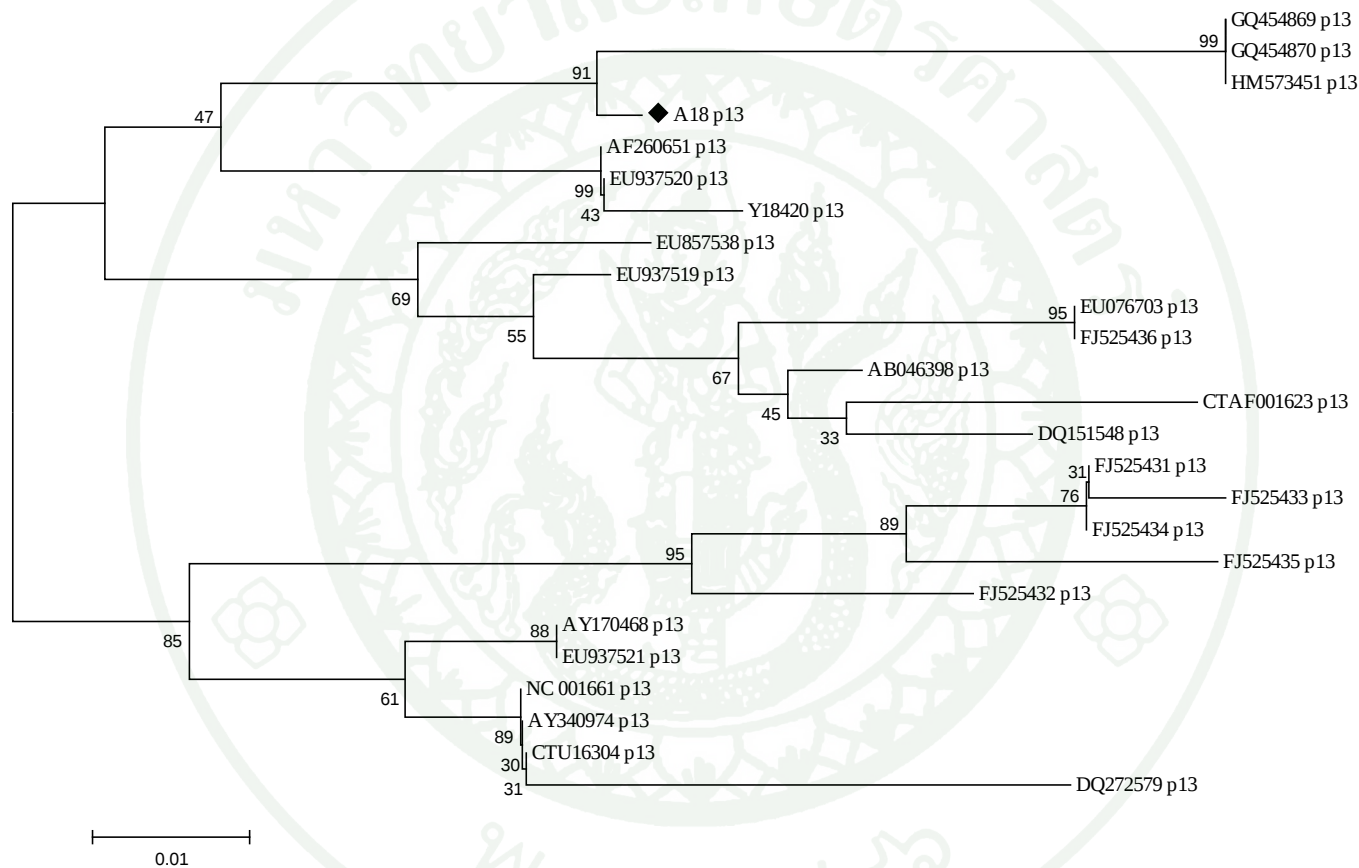
5.12 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p13 (ORF9)

จากภาพที่ 28 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p13 เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-p13) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนของยีน p13 ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 87-96 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 28) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศอินเดีย (HM573451) เท่ากันที่ 96 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937519, EU937520) ค่าเท่ากับที่ 95 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 29) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศอินเดีย (HM573451) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) ประเทศสเปน (Y18420) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525436) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศสเปน (DQ151548) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434, FJ525435) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) ดังภาพที่ 29 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำต้นปุ่มที่พบในประเทศไทย จากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มแรก ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 28) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรมน้อยที่สุดคือ รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศอินเดีย (HM573451) มีค่าเท่ากับที่ 0.043 รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937519, EU937520) ค่าเท่ากับที่ 0.052

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p13		0.070	0.052	0.079	0.070	0.106	0.070	0.088	0.088	0.088	0.061	0.052	0.052	0.079	0.116	0.116	0.125	0.116	0.135	0.088	0.043	0.043	0.043	0.070	0.061
[2] #AB046398_p13	93		0.079	0.088	0.079	0.034	0.079	0.017	0.017	0.034	0.052	0.034	0.079	0.088	0.125	0.125	0.135	0.125	0.144	0.034	0.116	0.116	0.116	0.079	0.088
[3] #AF260651_p13	95	92		0.070	0.061	0.097	0.061	0.097	0.097	0.097	0.088	0.070	0.000	0.070	0.106	0.106	0.116	0.106	0.106	0.097	0.088	0.088	0.088	0.061	0.008
[4] #AY170468_p13	92	92	93		0.017	0.106	0.017	0.106	0.106	0.106	0.088	0.079	0.070	0.000	0.070	0.061	0.079	0.070	0.070	0.106	0.125	0.125	0.125	0.017	0.079
[5] #AY340974_p13	93	92	94	98		0.097	0.000	0.097	0.097	0.097	0.079	0.070	0.061	0.017	0.088	0.070	0.097	0.088	0.088	0.097	0.116	0.116	0.116	0.000	0.070
[6] #CTAF001623_p13	90	97	91	90	91		0.097	0.034	0.034	0.052	0.070	0.052	0.097	0.106	0.154	0.125	0.164	0.154	0.135	0.052	0.154	0.154	0.154	0.097	0.106
[7] #CTU16304_p13	93	92	94	98	100	91		0.097	0.097	0.097	0.079	0.070	0.061	0.017	0.088	0.070	0.097	0.088	0.088	0.097	0.116	0.116	0.116	0.000	0.070
[8] #DQ151548_p13	92	98	91	90	91	97	91			0.034	0.052	0.034	0.097	0.106	0.135	0.125	0.144	0.135	0.154	0.034	0.125	0.125	0.125	0.097	0.106
[9] #DQ272579_p13	90	89	91	95	97	87	97	88		0.135	0.116	0.106	0.097	0.052	0.125	0.106	0.135	0.125	0.125	0.135	0.144	0.144	0.144	0.034	0.106
[10] #EU076703_p13	92	97	91	90	91	95	91	97	87		0.052	0.034	0.097	0.106	0.135	0.125	0.144	0.135	0.154	0.000	0.135	0.135	0.135	0.097	0.106
[11] #EU857538_p13	94	95	92	92	92	93	92	95	89	95		0.026	0.088	0.088	0.097	0.088	0.106	0.097	0.116	0.052	0.088	0.088	0.088	0.079	0.097
[12] #EU937519_p13	95	97	93	92	93	95	93	97	90	97	97		0.070	0.079	0.106	0.097	0.116	0.106	0.125	0.034	0.097	0.097	0.097	0.070	0.079
[13] #EU937520_p13	95	92	100	93	94	91	94	91	91	91	92	93		0.070	0.106	0.106	0.116	0.106	0.106	0.097	0.088	0.088	0.088	0.061	0.008
[14] #EU937521_p13	92	92	93	100	98	90	98	90	95	90	92	92	93		0.070	0.061	0.079	0.070	0.070	0.106	0.125	0.125	0.125	0.017	0.079
[15] #FJ525431_p13	89	88	90	93	92	86	92	87	88	87	91	90	90	93		0.043	0.008	0.000	0.034	0.135	0.135	0.135	0.135	0.088	0.116
[16] #FJ525432_p13	89	88	90	94	93	88	93	88	90	88	92	91	90	94	96		0.052	0.043	0.052	0.125	0.144	0.144	0.144	0.070	0.116
[17] #FJ525433_p13	88	87	89	92	91	85	91	86	87	86	90	89	89	92	99	95		0.008	0.034	0.144	0.144	0.144	0.144	0.097	0.125
[18] #FJ525434_p13	89	88	90	93	92	86	92	87	88	87	91	90	90	93	100	96	99		0.034	0.135	0.135	0.135	0.135	0.088	0.116
[19] #FJ525435_p13	87	86	90	93	92	87	92	86	88	86	89	88	90	93	97	95	97	97		0.154	0.154	0.154	0.154	0.088	0.116
[20] #FJ525436_p13	92	97	91	90	91	95	91	97	87	100	95	97	91	90	87	88	86	87	86		0.135	0.135	0.135	0.097	0.106
[21] #GQ454869_p13	96	89	92	88	89	86	89	88	86	87	92	91	92	88	87	86	86	87	86	87		0.000	0.000	0.116	0.097
[22] #GQ454870_p13	96	89	92	88	89	86	89	88	86	87	92	91	92	88	87	86	86	87	86	87	100		0.000	0.116	0.097
[23] #HM573451_p13	96	89	92	88	89	86	89	88	86	87	92	91	92	88	87	86	86	87	86	87	100	100		0.116	0.097
[24] #NC_001661_p13	93	92	94	98	100	91	100	91	97	91	92	93	94	98	92	93	91	92	92	91	89	89	89		0.070
[25] #Y18420_p13	94	92	99	92	93	90	93	90	90	90	91	92	99	92	89	89	88	89	89	90	91	91	91	93	

ภาพที่ 28 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwire distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p13 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwire distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 29 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p13 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p13 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

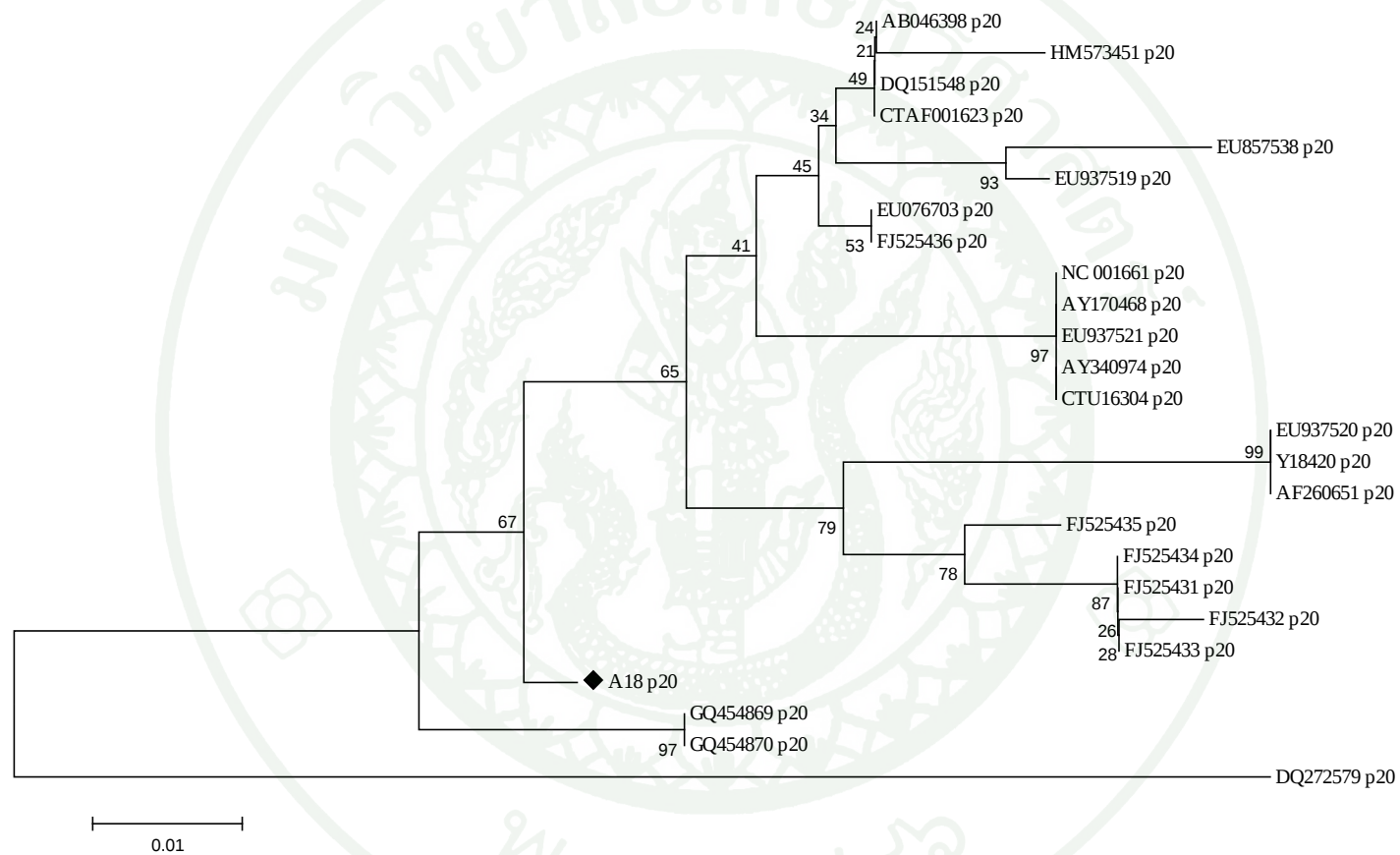
5.13 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน p20 (ORF10)

จากภาพที่ 10 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน p20 เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-p20) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน p20 ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเดซ่า อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 88-97 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 10) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุด คือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) และประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525435, FJ525436) ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) เท่ากันที่ 97 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937519, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434) และประเทศอินเดีย (HM573451) ค่าเท่ากันที่ 96 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเดซ่า อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 31) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525436) และประเทศอินเดีย (HM573451) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) ประเทศสเปน (Y18420) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434, FJ525435) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) ดังภาพที่ 31 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเดซ่า อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในประเทศไทยจาก จังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่สี่ ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 10) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุ์กรรมน้อยที่สุดคือ ประเทศญี่ปุ่น (EU076703) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) และประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) เท่ากันที่ 0.028 รองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304,

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p20		0.034	0.051	0.039	0.039	0.034	0.039	0.034	0.123	0.028	0.051	0.039	0.051	0.039	0.039	0.045	0.039	0.039	0.034	0.028	0.028	0.028	0.045	0.039	0.051
[2] #AB046398_p20	97		0.051	0.028	0.028	0.000	0.028	0.000	0.148	0.006	0.028	0.017	0.051	0.028	0.039	0.045	0.039	0.039	0.034	0.006	0.051	0.051	0.011	0.028	0.051
[3] #AF260651_p20	95	95		0.068	0.068	0.051	0.068	0.051	0.174	0.057	0.062	0.057	0.000	0.068	0.045	0.051	0.045	0.045	0.051	0.057	0.068	0.068	0.062	0.068	0.000
[4] #AY170468_p20	96	97	93		0.000	0.028	0.000	0.028	0.135	0.022	0.057	0.045	0.068	0.000	0.057	0.062	0.057	0.057	0.051	0.022	0.057	0.057	0.039	0.000	0.068
[5] #AY340974_p20	96	97	93	100		0.028	0.000	0.028	0.135	0.022	0.057	0.045	0.068	0.000	0.057	0.062	0.057	0.057	0.051	0.022	0.057	0.057	0.039	0.000	0.068
[6] #CTAF001623_p20	97	100	95	97	97		0.028	0.000	0.148	0.006	0.028	0.017	0.051	0.028	0.039	0.045	0.039	0.039	0.034	0.006	0.051	0.051	0.011	0.028	0.051
[7] #CTU16304_p20	96	97	93	100	100	97		0.028	0.135	0.022	0.057	0.045	0.068	0.000	0.057	0.062	0.057	0.057	0.051	0.022	0.057	0.057	0.039	0.000	0.068
[8] #DQ151548_p20	97	100	95	97	97	100	97		0.148	0.006	0.028	0.017	0.051	0.028	0.039	0.045	0.039	0.039	0.034	0.006	0.051	0.051	0.011	0.028	0.051
[9] #DQ272579_p20	88	86	84	87	87	86	87	86		0.141	0.180	0.167	0.174	0.135	0.161	0.167	0.161	0.161	0.161	0.141	0.129	0.129	0.161	0.135	0.174
[10] #EU076703_p20	97	99	94	98	98	99	98	99	87		0.034	0.022	0.057	0.022	0.045	0.051	0.045	0.045	0.039	0.000	0.045	0.045	0.017	0.022	0.057
[11] #EU857538_p20	95	97	94	94	94	97	94	97	84	97		0.017	0.062	0.057	0.057	0.062	0.057	0.057	0.051	0.034	0.080	0.080	0.039	0.057	0.062
[12] #EU937519_p20	96	98	94	96	96	98	96	98	85	98	98		0.057	0.045	0.045	0.051	0.045	0.045	0.039	0.022	0.068	0.068	0.028	0.045	0.057
[13] #EU937520_p20	95	95	100	93	93	95	93	95	84	94	94	94		0.068	0.045	0.051	0.045	0.045	0.051	0.057	0.068	0.068	0.062	0.068	0.000
[14] #EU937521_p20	96	97	93	100	100	97	100	97	87	98	94	96	93		0.057	0.062	0.057	0.057	0.051	0.022	0.057	0.057	0.039	0.000	0.068
[15] #FJ525431_p20	96	96	96	94	94	96	94	96	85	96	94	96	96	94		0.006	0.000	0.000	0.017	0.045	0.068	0.068	0.051	0.057	0.045
[16] #FJ525432_p20	96	96	95	94	94	96	94	96	85	95	94	95	95	94	99		0.006	0.006	0.022	0.051	0.074	0.074	0.057	0.062	0.051
[17] #FJ525433_p20	96	96	96	94	94	96	94	96	85	96	94	96	96	94	100	99		0.000	0.017	0.045	0.068	0.068	0.051	0.057	0.045
[18] #FJ525434_p20	96	96	96	94	94	96	94	96	85	96	94	96	96	94	100	99	100		0.017	0.045	0.068	0.068	0.051	0.057	0.045
[19] #FJ525435_p20	97	97	95	95	95	97	95	97	85	96	95	96	95	95	98	98	98	98		0.039	0.062	0.062	0.045	0.051	0.051
[20] #FJ525436_p20	97	99	94	98	98	99	98	99	87	100	97	98	94	98	96	95	96	96	96		0.045	0.045	0.017	0.022	0.057
[21] #GQ454869_p20	97	95	93	94	94	95	94	95	88	96	92	93	93	94	93	93	93	93	94	96		0.000	0.062	0.057	0.068
[22] #GQ454870_p20	97	95	93	94	94	95	94	95	88	96	92	93	93	94	93	93	93	93	94	96	100		0.062	0.057	0.068
[23] #HM573451_p20	96	99	94	96	96	99	96	99	85	98	96	97	94	96	95	94	95	95	96	98	94	94		0.039	0.062
[24] #NC_001661_p20	96	97	93	100	100	97	100	97	87	98	94	96	93	100	94	94	94	94	95	98	94	94	96		0.068
[25] #Y18420_p20	95	95	100	93	93	95	93	95	84	94	94	94	100	93	96	95	96	96	95	94	93	93	94	93	

ภาพที่ 30 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p20 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของ
เชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 31 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p20 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p20 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

EU937519, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434) และประเทศอินเดีย (HM573451) ค่าเท่ากับ 0.034

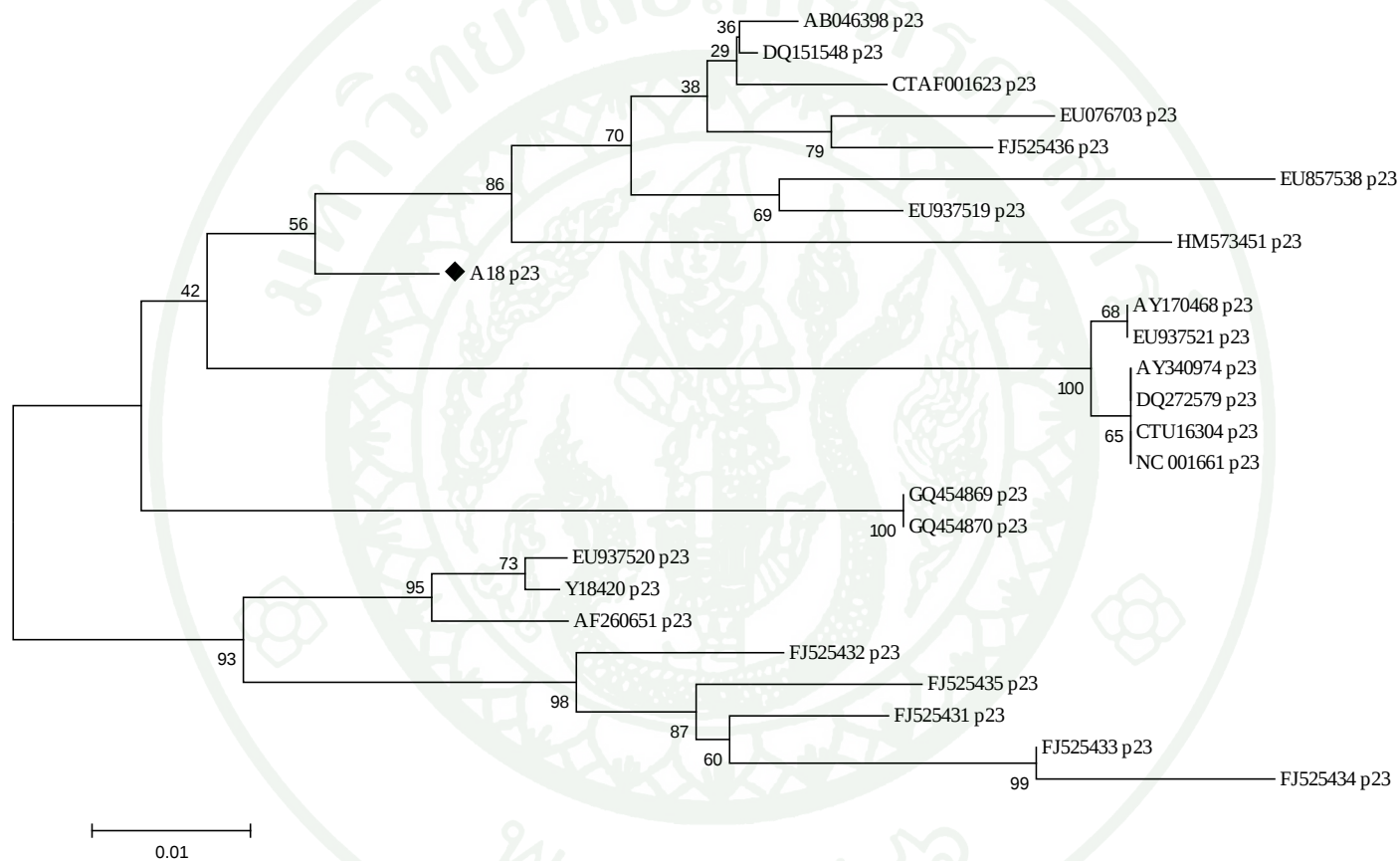
5.14 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p23* (ORF11)

จากภาพที่ 32 ข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p23* เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับกรดอะมิโนของผลลำดับกรดอะมิโนที่ได้ (CTV A18-*p23*) กับลำดับกรดอะมิโนในส่วนที่ยีน *p23* ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเดซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 89-97 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 32) โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุดคือประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) เท่ากันที่ 97 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) ค่าเท่ากับ 95 เปอร์เซ็นต์

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเดซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 33) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มของประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศสเปน (DQ151548) รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525436) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU076703, EU937519) และประเทศอินเดีย (HM573451) กลุ่มที่สอง คือกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, EU937521, NC001661) ประเทศอียิปต์ (AY340974) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) กลุ่มที่สาม เป็นกลุ่มของรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) กลุ่มที่สี่ เป็นกลุ่มของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) ประเทศสเปน (Y18420) และกลุ่มของประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431, FJ525432, FJ525433, FJ525434, FJ525435) ดังภาพที่ 33 พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเดซ่า อาการลำต้นเห็บที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มแรก ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 32) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับกรดอะมิโน คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือประเทศสเปน (DQ151548) 0.029 รองลงมาคือ ประเทศญี่ปุ่น (AB046398) 0.034

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_p23		0.034	0.069	0.059	0.064	0.044	0.064	0.029	0.064	0.054	0.069	0.049	0.069	0.059	0.095	0.085	0.101	0.117	0.095	0.054	0.059	0.059	0.064	0.064	0.069
[2] #AB046398_p23	97		0.090	0.090	0.095	0.010	0.095	0.005	0.095	0.024	0.054	0.024	0.085	0.090	0.101	0.101	0.117	0.133	0.111	0.019	0.095	0.095	0.059	0.095	0.085
[3] #AF260651_p23	93	91		0.095	0.090	0.090	0.090	0.085	0.090	0.106	0.111	0.095	0.014	0.095	0.069	0.059	0.074	0.090	0.059	0.106	0.101	0.101	0.122	0.090	0.019
[4] #AY170468_p23	94	91	91		0.005	0.101	0.005	0.085	0.005	0.106	0.127	0.106	0.106	0.000	0.138	0.127	0.144	0.161	0.133	0.106	0.106	0.106	0.117	0.005	0.106
[5] #AY340974_p23	94	91	91	100		0.106	0.000	0.090	0.000	0.111	0.133	0.111	0.101	0.005	0.133	0.122	0.138	0.155	0.127	0.111	0.106	0.106	0.122	0.000	0.101
[6] #CTAF001623_p23	96	99	91	90	90		0.106	0.014	0.106	0.034	0.049	0.024	0.085	0.101	0.101	0.101	0.117	0.133	0.111	0.029	0.106	0.106	0.069	0.106	0.085
[7] #CTU16304_p23	94	91	91	100	100	90		0.090	0.000	0.111	0.133	0.111	0.101	0.005	0.133	0.122	0.138	0.155	0.127	0.111	0.106	0.106	0.122	0.000	0.101
[8] #DQ151548_p23	97	100	92	92	91	98	91		0.090	0.029	0.059	0.029	0.080	0.085	0.106	0.095	0.111	0.127	0.106	0.024	0.090	0.090	0.054	0.090	0.080
[9] #DQ272579_p23	94	91	91	100	100	90	100	91		0.111	0.133	0.111	0.101	0.005	0.133	0.122	0.138	0.155	0.127	0.111	0.106	0.106	0.122	0.000	0.101
[10] #EU076703_p23	95	98	90	90	89	97	89	97	89		0.074	0.034	0.101	0.106	0.111	0.111	0.127	0.144	0.122	0.024	0.117	0.117	0.080	0.111	0.101
[11] #EU857538_p23	93	95	89	88	88	95	88	94	88	93		0.039	0.106	0.127	0.122	0.122	0.133	0.149	0.133	0.074	0.122	0.122	0.090	0.133	0.106
[12] #EU937519_p23	95	98	91	90	89	98	89	97	89	97	96		0.090	0.106	0.101	0.101	0.111	0.127	0.111	0.034	0.101	0.101	0.064	0.111	0.090
[13] #EU937520_p23	93	92	98	90	90	92	90	92	90	90	90	91		0.106	0.064	0.054	0.069	0.085	0.059	0.101	0.101	0.101	0.117	0.101	0.005
[14] #EU937521_p23	94	91	91	100	100	90	100	92	100	90	88	90	90		0.138	0.127	0.144	0.161	0.133	0.106	0.106	0.106	0.117	0.005	0.106
[15] #FJ525431_p23	91	90	93	87	88	90	88	90	88	89	88	90	94	87		0.034	0.029	0.044	0.029	0.101	0.101	0.101	0.127	0.133	0.059
[16] #FJ525432_p23	92	90	94	88	88	90	88	91	88	89	88	90	95	88	97		0.039	0.054	0.039	0.111	0.101	0.101	0.106	0.122	0.049
[17] #FJ525433_p23	90	89	93	87	87	89	87	89	87	88	88	89	93	87	97	96		0.014	0.034	0.117	0.117	0.117	0.133	0.138	0.064
[18] #FJ525434_p23	89	88	91	85	86	88	86	88	86	87	86	88	92	85	96	95	98		0.049	0.133	0.127	0.127	0.149	0.155	0.080
[19] #FJ525435_p23	91	89	94	88	88	89	88	90	88	88	88	89	94	88	97	96	97	95		0.111	0.111	0.111	0.127	0.127	0.064
[20] #FJ525436_p23	95	98	90	90	89	97	89	98	89	98	93	97	90	90	90	89	89	88	89		0.106	0.106	0.069	0.111	0.101
[21] #GQ454869_p23	94	91	90	90	90	90	90	91	90	89	88	90	90	90	90	90	89	88	89	90		0.000	0.106	0.106	0.101
[22] #GQ454870_p23	94	91	90	90	90	90	90	91	90	89	88	90	90	90	90	90	89	88	89	90	100		0.106	0.106	0.101
[23] #HM573451_p23	94	94	88	89	88	93	88	95	88	92	91	94	89	89	88	90	88	86	88	93	90	90		0.122	0.117
[24] #NC_001661_p23	94	91	91	100	100	90	100	91	100	89	88	89	90	100	88	88	87	86	88	89	90	90	88		0.101
[25] #Y18420_p23	93	92	98	90	90	92	90	92	90	90	90	91	100	90	94	95	94	92	94	90	90	90	89	90	

ภาพที่ 32 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน p23 ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับกรดอะมิโน)



ภาพที่ 33 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p23 ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน p23 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

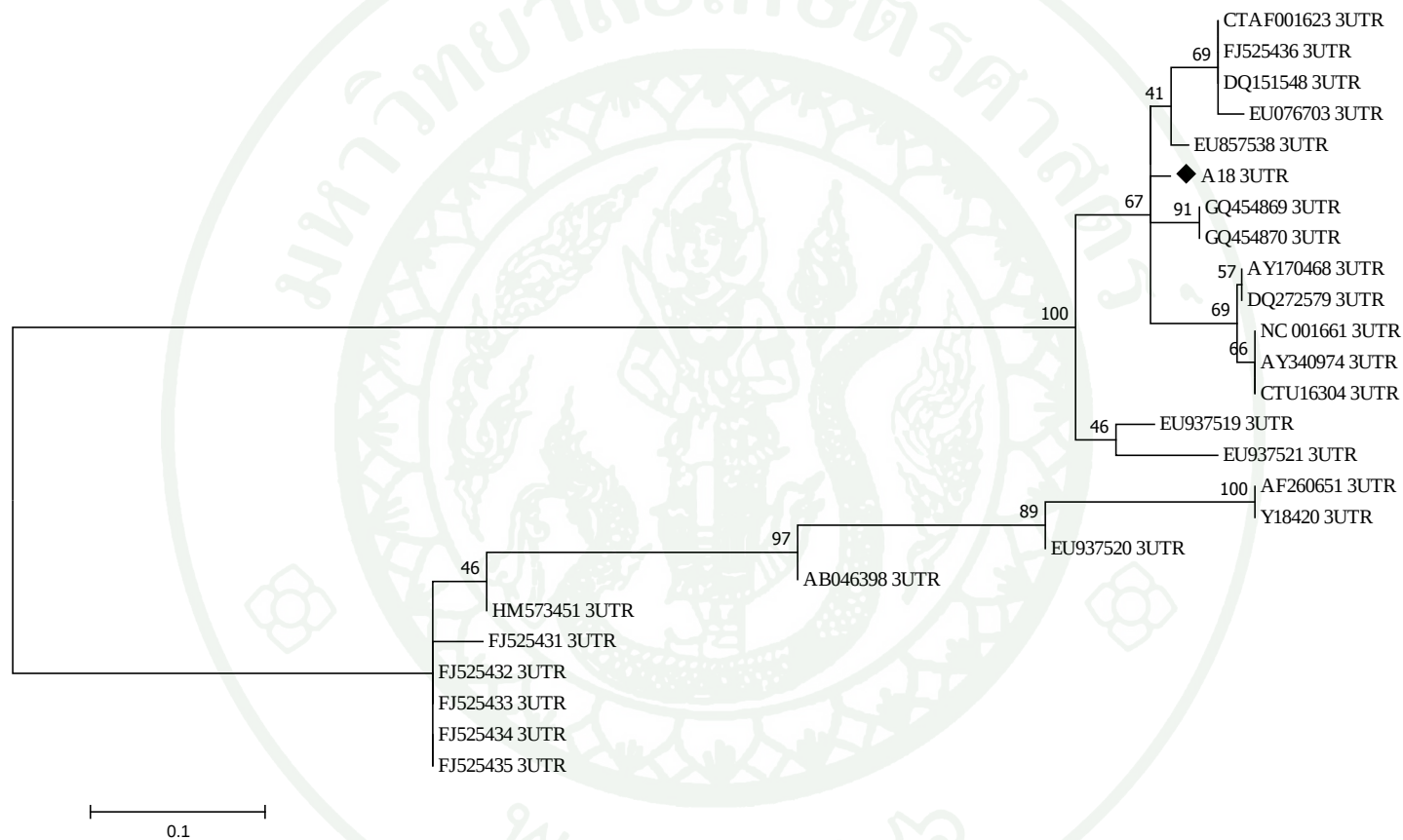
5.15 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนของ 3'UTR

จากภาพที่ 34 ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR เมื่อเปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ของผลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ (CTV A18-3'UTR) กับลำดับเบสในส่วนของ 3'UTR ที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง พบว่า เชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความคล้ายกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ตั้งแต่ 98-99 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งมีค่าความแตกต่างกันน้อยมาก โดยความใกล้เคียงกันมากที่สุด อยู่ที่ 99 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งเป็นอัตราส่วนที่ไม่แตกต่างกันกับ ความใกล้เคียงกันในระดับ 98 เปอร์เซ็นต์ ดังภาพที่ 34

จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยด้วย Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 3 กลุ่ม คือกลุ่มแรกเป็น รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศสเปน (DQ151548) ประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538, FJ525436) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, CTU16304, NC001661) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) และกลุ่มที่สอง คือกลุ่มของ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (EU937519, EU937521) ส่วนกลุ่มที่สามเป็นกลุ่มของประเทศญี่ปุ่น (AB046398) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525431- FJ525435) และประเทศอินเดีย (HM573451) รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AF260651, EU937520) ประเทศสเปน (Y18420) (ภาพที่ 35) พบว่า ตัวอย่างของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า อาการลำคั่นบวมที่พบในประเทศไทยจากจังหวัดเชียงใหม่ มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มแรก ผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 34) ผลมีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ คือค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ รัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา (CTAF001623) ประเทศนิวซีแลนด์ (FJ525436) 0.005 และรองลงมาคือ รัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา (AY170468, EU076703) รัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (GQ454869, GQ454870) ประเทศเม็กซิโก (DQ272579) ประเทศสเปน (DQ151548) และประเทศนิวซีแลนด์ (EU857538) มีค่าเท่ากันที่ 0.008

Accession No.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]	[16]	[17]	[18]	[19]	[20]	[21]	[22]	[23]	[24]	[25]
[1] #A18_3UTR		0.514	0.660	0.008	0.011	0.005	0.011	0.008	0.008	0.008	0.008	0.050	0.576	0.053	0.429	0.429	0.430	0.425	0.425	0.005	0.008	0.008	0.430	0.011	0.655
[2] #AB046398_3UTR	99		0.100	0.527	0.527	0.508	0.527	0.513	0.527	0.514	0.523	0.506	0.153	0.516	0.084	0.084	0.081	0.078	0.078	0.508	0.515	0.515	0.081	0.527	0.097
[3] #AF260651_3UTR	98	98		0.673	0.673	0.665	0.673	0.670	0.673	0.660	0.655	0.638	0.047	0.662	0.177	0.177	0.173	0.169	0.169	0.665	0.652	0.652	0.174	0.673	0.003
[4] #AY170468_3UTR	99	98	97		0.003	0.014	0.003	0.017	0.000	0.017	0.017	0.059	0.589	0.044	0.442	0.442	0.443	0.438	0.438	0.014	0.017	0.017	0.443	0.003	0.668
[5] #AY340974_3UTR	98	98	97	100		0.017	0.000	0.019	0.003	0.020	0.019	0.059	0.593	0.044	0.442	0.442	0.443	0.438	0.438	0.017	0.019	0.019	0.443	0.000	0.668
[6] #CTAF001623_3UTR	99	99	98	98	98		0.017	0.003	0.014	0.003	0.008	0.050	0.581	0.059	0.435	0.435	0.435	0.430	0.430	0.000	0.014	0.014	0.436	0.017	0.661
[7] #CTU16304_3UTR	98	98	97	100	100	98		0.019	0.003	0.020	0.019	0.059	0.593	0.044	0.442	0.442	0.443	0.438	0.438	0.017	0.019	0.019	0.443	0.000	0.668
[8] #DQ151548_3UTR	99	99	97	98	97	100	97		0.017	0.006	0.011	0.053	0.586	0.062	0.439	0.439	0.439	0.435	0.435	0.003	0.017	0.017	0.440	0.019	0.665
[9] #DQ272579_3UTR	99	98	97	100	100	98	100	98		0.017	0.017	0.059	0.589	0.044	0.442	0.442	0.443	0.438	0.438	0.014	0.017	0.017	0.443	0.003	0.668
[10] #EU076703_3UTR	99	99	98	98	97	99	97	99	98		0.008	0.050	0.576	0.063	0.440	0.440	0.440	0.435	0.435	0.003	0.017	0.017	0.441	0.020	0.655
[11] #EU857538_3UTR	99	98	99	98	97	99	97	98	98	99		0.041	0.571	0.062	0.429	0.429	0.429	0.425	0.425	0.008	0.011	0.011	0.430	0.019	0.650
[12] #EU937519_3UTR	98	98	98	97	97	98	97	98	97	98	100		0.645	0.019	0.414	0.414	0.414	0.409	0.409	0.050	0.053	0.053	0.415	0.059	0.634
[13] #EU937520_3UTR	99	98	100	98	97	98	97	98	98	98	99	99		0.668	0.236	0.236	0.232	0.228	0.228	0.581	0.568	0.568	0.232	0.593	0.044
[14] #EU937521_3UTR	99	98	97	100	100	98	100	98	100	98	98	98	97		0.432	0.432	0.432	0.428	0.428	0.059	0.062	0.062	0.433	0.044	0.657
[15] #FJ525431_3UTR	98	97	97	97	97	97	97	97	97	97	98	97	98	97		0.011	0.008	0.005	0.005	0.435	0.426	0.426	0.019	0.442	0.173
[16] #FJ525432_3UTR	98	97	97	97	97	97	97	97	97	97	98	97	98	97	98		0.008	0.005	0.005	0.435	0.426	0.426	0.019	0.442	0.173
[17] #FJ525433_3UTR	98	98	98	97	97	98	97	97	97	97	98	98	98	97	99	99		0.003	0.003	0.435	0.426	0.426	0.017	0.443	0.169
[18] #FJ525434_3UTR	99	98	98	98	97	98	97	98	98	98	98	98	98	98	99	99	100		0.000	0.430	0.422	0.422	0.014	0.438	0.166
[19] #FJ525435_3UTR	99	98	98	98	97	98	97	98	98	98	98	98	98	98	99	99	100	100		0.430	0.422	0.422	0.014	0.438	0.166
[20] #FJ525436_3UTR	99	99	98	98	98	100	98	98	98	100	99	98	98	98	97	97	98	98	98		0.014	0.014	0.436	0.017	0.661
[21] #GQ454869_3UTR	99	98	98	98	97	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98		0.000	0.427	0.019	0.647
[22] #GQ454870_3UTR	99	98	98	98	97	98	97	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	100		0.427	0.019	0.647
[23] #HM573451_3UTR	98	98	98	97	97	98	97	98	97	98	99	98	98	97	97	97	98	98	98	98	98	98		0.443	0.170
[24] #NC_001661_3UTR	98	98	97	100	100	98	100	97	100	97	97	97	98	100	97	97	97	97	97	98	97	97	97		0.668
[25] #Y18420_3UTR	99	98	100	98	97	98	97	98	98	98	99	99	100	98	98	98	98	98	98	98	98	98	98	97	

ภาพที่ 34 เปรียบเทียบค่า Identity และ Pairwise distance ของลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของจีโนมไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย กับข้อมูลของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK (ด้านบนแสดง ค่า Pairwise distance ด้านล่างแสดง ค่า Identity ของลำดับนิวคลีโอไทด์)



ภาพที่ 35 Phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 3'UTR ของไวรัส CTV ที่พบในประเทศไทย เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

6. การวิเคราะห์ชุดข้อมูล

ผลยืนยันในแต่ละส่วนเมื่อนำมาเปรียบเทียบผลความใกล้เคียงกัน พบว่า ในแต่ละส่วนยืนยัน ค่าความใกล้เคียงกันของ CTV A18 มีค่าความใกล้เคียงกับประเทศต่างกัน ดังตัวอย่างเช่น ในยีนส่วน *p35* (Coat protein gene) CTV A18 ใกล้เคียงกับตัวอย่าง CTV NUagA ของประเทศญี่ปุ่น (AB046398) มากที่สุดถึง 99 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่ ยีน *p20* CTV A18 ใกล้เคียงกับตัวอย่าง CTV B125 ของประเทศอินเดีย (EU076703) มากที่สุดถึง 97 เปอร์เซ็นต์ เป็นผลเนื่องมาจากการกระจายตัวของ Gene recombination อย่างชัดเจน ดังรายงานของ (Albiach-Marti, 1999; Mawassi, 1995) ที่พบว่า Consensus sequence ของ CTV T30 จากรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา มีค่า Identity ใกล้เคียงกับตัวอย่างของ CTV T385 จากประเทศสเปน ซึ่งตัวอย่างทั้งสองสายพันธุ์ (T30 และ T385) มีความแตกต่างกันทั้งในลักษณะสภาพแวดล้อม และระยะเวลาเริ่มกระจายตัวของเชื้อ อย่างน้อย 24 ปีและ 100 ปีตามลำดับ (Albiach-Marti, 2000) เช่นเดียวกับรายงานของ Vive *et al.* (1999) ในตัวอย่างของ CTV SY568 จากรัฐแคลิฟอร์เนีย ประเทศสหรัฐอเมริกา ที่พบว่า ยีนในส่วน *p54* (RdRp domain) ใน ORF1b และในส่วนของ *p27* มีค่าความใกล้เคียงกันถึง 99.1-100 เปอร์เซ็นต์ กับตัวอย่าง CTV T30 ของรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา จากผลการศึกษาเหล่านี้สนับสนุนสมมติฐานของ Vive *et al.* (1999) ที่ว่า CTV SY568 อาจเป็นผลระหว่างการ Gene recombination ระหว่างสองสายพันธุ์ (genotype) ที่แตกต่างกัน

จากผลการทดลองการสังเคราะห์จีโนมของเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในสัณฐานที่แสดงอาการลำต้นปุ่มโดยใช้การเปรียบเทียบผลจีโนมและยืนยันแต่ละยีนด้วยโปรแกรม Clustal W2 จากเว็บไซต์ EMBL-EBI (<http://www.ebi.ac.uk/tools/msa/clustalw2/>) พบว่า ลักษณะทางพันธุกรรมที่มีความแตกต่างในเปอร์เซ็นต์ที่สูง มักจะอยู่ในช่วงทางด้านปลาย 5' terminal โดยเฉพาะ ORF1 (p349) โดยมีค่าเฉลี่ยประมาณ 68-100 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 7) ซึ่งน่าจะเป็นผลมาจากยีนในส่วนนี้พบส่วนที่เป็น deletion จำนวนมาก (Mawassi, 1996) และอาจเป็นเพราะว่าลักษณะทางโครงสร้างของจีโนมในบริเวณนี้มีลักษณะที่ซับซ้อนและไม่เสถียรสูง (Vive *et al.*, 1999) ซึ่งจากข้อมูลของ (Drake, 1999) พบว่า Viral RNA Polymerase ของ CTV ไม่มีคุณสมบัติของ Proof reading จึงน่าจะเป็นผลทำให้เกิดการ Mutation ของจีโนมของเชื้อได้ง่าย (Domingo, 1995) จึงทำให้ไวรัสชนิด RNA มีคุณสมบัติของการวิวัฒนาการได้รวดเร็ว (Domingo, 1994)

และจากข้อมูลของ Hedges (1999); Karasev (1995); Kruse (1994) ในเรื่องความเสถียรภาพของยีนของไวรัสชนิด RNA ในส่วน Consensus sequence ที่มีคุณสมบัติการรักษาความเสถียรภาพ ได้อธิบายไว้ในตัวอย่างของ เชื้อ *H1N1 Influenza A Orthomyxovirus* ที่สามารถลักษณะทางพันธุกรรมไว้ได้เช่นเดิม หลังจากเวลาผ่านไป 27 ปี และตัวอย่างอื่นของเชื้อไวรัสโรคพืชได้แก่ ตัวอย่างของ Tobacco Mild Green Mosaic Tobamovirus (Fraile, 1997) และ Turnip Yellow Mosaic Tymovirus (Blok, 1987; Skotnicki, 1993) ซึ่งรายงานว่าลักษณะทางพันธุกรรมของไวรัสทั้งสองถึงแม้ว่าเวลาจะผ่านไป 100 ปี จะสามารถรักษาลักษณะทางพันธุกรรมในส่วน Consensus sequence ไว้ได้ดังเดิม จากข้อมูลรายงานเหล่านี้จึงสามารถอธิบายถึงความเสถียรภาพในลักษณะทางพันธุกรรมบริเวณ Consensus sequence ที่มีอยู่สูงได้เมื่อเกิดการ Mutation ไปในแต่ละรุ่น ซึ่งจากการทดลองพบว่า ส่วนของยีนที่มี Consensus sequence สูงที่สุดคือในบริเวณ ในส่วนของ 3'UTR และ ยีน *p25* (Coat protein) ซึ่งมีค่าความต่างอยู่ที่ 98-99 เปอร์เซ็นต์และ 96-99 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ดังภาพที่ 34 และภาพที่ 24 ตามลำดับ

จากข้อมูลของ Roistacher (1991) รายงานว่า ลักษณะทางพันธุกรรม (Genotype) ของ CTV ได้ถูกแพร่กระจายไปยังสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันทั่วโลกเนื่องมาจากกิ่งพันธุ์ ยิ่งไปกว่านั้นลักษณะสายพันธุ์ของเชื้อที่ต่างกัน เกิดขึ้นจากแมลงพาหะ เพลี้ยอ่อน (Aphid transmission) หรือการตอนกิ่งแพร่กระจายในแต่ละท้องถิ่นๆ (Albiach-Marti, 1999; Moreno, 1993) ซึ่งเป็นผลทำให้เกิดเป็นสายพันธุ์ต่างๆกันทั้ง Mild strain และ Virulence strain ซึ่งการเปลี่ยนแปลงเหล่านี้ส่งผลต่อเนื่องด้วยการคัดเลือกโดยธรรมชาติในเวลาต่อมา จนทำให้เกิดสายพันธุ์อื่นๆของ CTV ขึ้น

พืชอาศัยดั้งเดิมของเชื้อไวรัสทริสเตซ่าคือพืชตระกูลส้ม ซึ่งจากรายงานการศึกษาของ Ayllon (1999); Moreno (1991) ในเรื่อง ความแตกต่างของพืชอาศัยและลักษณะอาการมีผลต่อความใกล้เคียงกัน (Identity) ของสายพันธุ์ของเชื้อ CTV หรือไม่ พบว่า ตัวอย่างของ CTV T30 และ CTV T36 จากรัฐฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา ทั้งสองสายพันธุ์มีลักษณะทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันปลูกในบริเวณพื้นที่เดียวกันแต่แตกต่างกันพืชอาศัยและลักษณะอาการ (*Citrus reticulata* : Tangerine และ *Citrus aurantifolia* : Lime) ซึ่งในความเป็นจริงควรจะแตกต่างกันอย่างมาก (Ayllon, 1999; Moreno, 1991) ดังนั้นจึงเชื่อว่าสายพันธุ์ดั้งเดิมของเชื้อไวรัสทริสเตซ่า น่าจะมีจุดเริ่มต้นมาจากแหล่งเดียวกันและวิวัฒนาการโดยการแพร่กระจายไปทั่วโลกต่อมาภายหลัง จากข้อมูลเหล่านี้สนับสนุนผลการทดลองในครั้งนี้ที่ว่า จีโนมของ CTV A18 มีความใกล้เคียงกันมากที่สุดกับ CTV NUagA ประเทศญี่ปุ่น (AB046398 อาการ seedling yellows) และ CTV T318A

ประเทศสเปน (DQ151548 อาการ severe stem pitting) ถึง 92 เปอร์เซ็นต์ ถึงแม้ว่าพืชอาศัยและอาการที่เกิดจะเป็นพืชตระกูลส้มคนละสายพันธุ์และคนละอาการ ซึ่งลำดับเบสและกรดอะมิโนมีการเปลี่ยนแปลงในบางตำแหน่ง

จากข้อมูลเหล่านี้หากเราทราบตำแหน่งของเบสที่เป็น Consensus sequence ของเชื้อไวรัส CTV ถึงแม้ว่าเวลาจะผ่านไปหลายปี ข้อมูลเหล่านี้สามารถนำไปใช้ทางด้านการควบคุมโรคด้วยวิธี Sequence-base control เช่น Transgenic plants หรือ Cross protection based on mild strains โดยใช้ severe strains ที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์ใกล้เคียงกันมาปรับปรุง ซึ่งมีโอกาสความเป็นไปได้สูงที่จะประสบความสำเร็จ

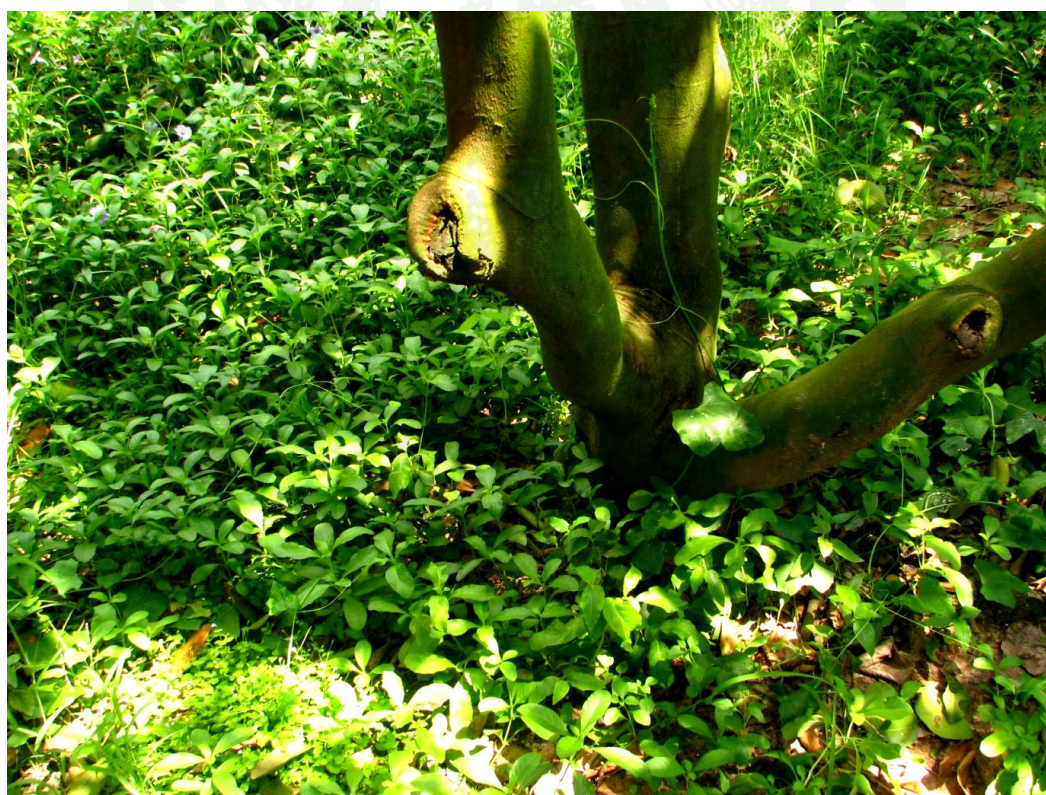
ส่วนที่ 2 การตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในวัชพืชด้วยเทคนิค RT-PCR และ Dot Blot Hybridization

1. ตัวอย่างวัชพืชที่เก็บจากสวนส้ม

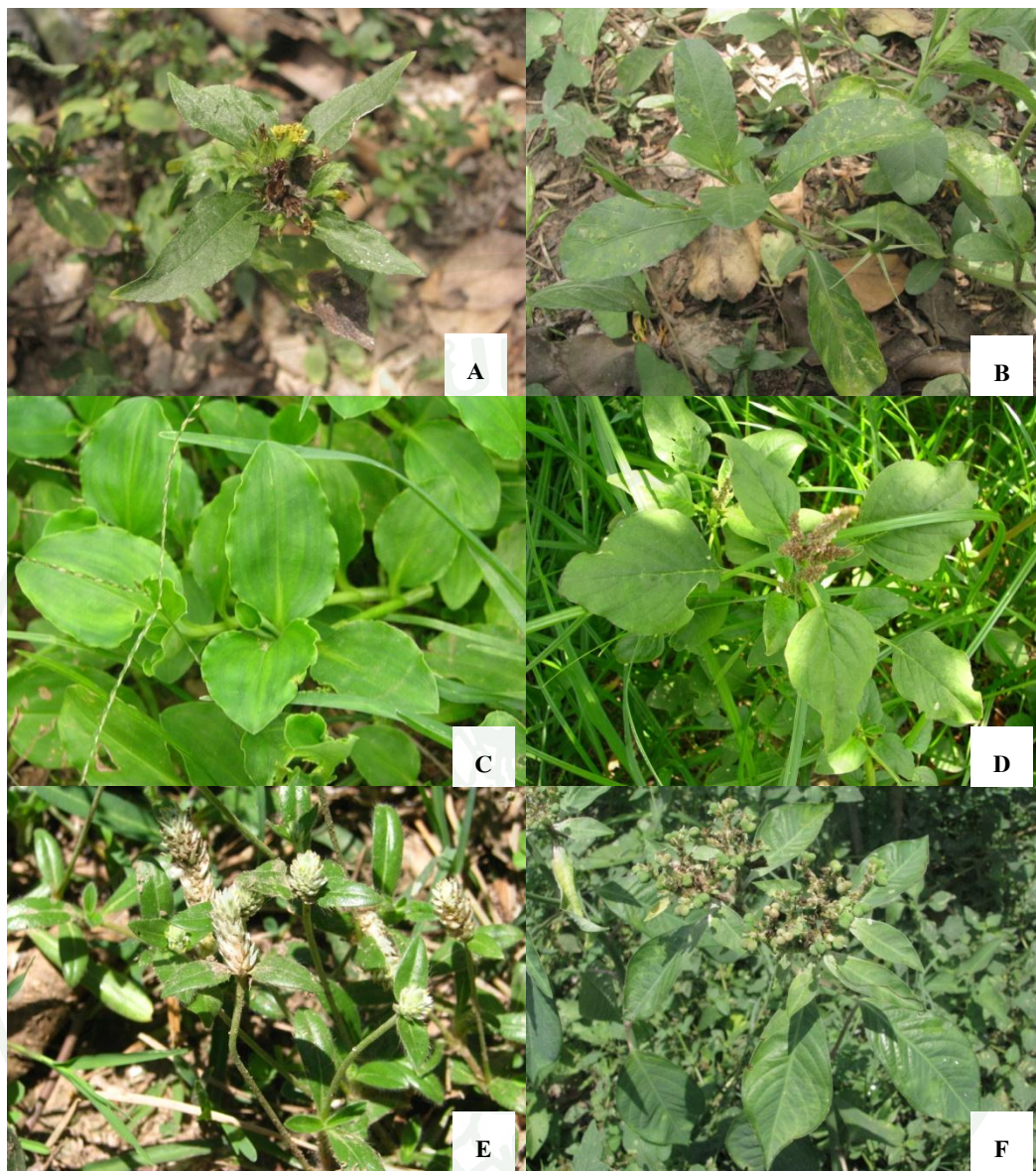
จากภาพที่ 36 จะเห็นสภาพสวนส้มและส้มโอโดยมากแล้วจะมีลักษณะสองแบบคือเป็นพื้นที่ราบ และสวนยกร่อง วัชพืชมักขึ้นรกในบริเวณทรงพุ่มหากขาดการดูแล ซึ่งมีความเป็นไปได้ในการเป็นที่อยู่อาศัยของแมลงพาหะของเชื้อไวรัสทริสเตซ่า ซึ่งวัชพืชที่มักขึ้นในสวนส้มและส้มโอส่วนใหญ่มักเป็นวัชพืชคล้ายๆกันในทุกสวน ดังภาพที่ 37



ภาพที่ 36 ลักษณะสวนส้มโอโดยทั่วไปในสวนภาคกลางในประเทศไทย



ภาพที่ 37 ลักษณะของวัชพืชที่ขึ้นทั่วไปในสวนส้มและส้มโอในประเทศไทย



ภาพที่ 38 ภาพตัวอย่างวัชพืชที่พบส่วนมากในสวนส้มและส้มโอในเขตภาคกลางในประเทศไทย

- A : ผักแกระด (*Synedrella nodiflora* (L.) Gaerth.)
 B : ต้อยติ่ง (*Ruellia tuberosa*.)
 C : ผักปราบใบกว้าง (*Commelina bengalensis* L.)
 D : ผักโขม (*Amaranthus lividus* Linn.)
 E : บานไม่รู้รุ่ยโรยป่า (*Gomphrena celosioides* Mart.)
 F : หญ้าหาง (*Euphorbia heterophylla* L.)



ภาพที่ 38 (ต่อ)

G : หญ้าละออง (*Vernonia cinerea* Less.) (ดอก)

H : หญ้าละออง (*Vernonia cinerea* Less.) (ใบ)

I : ผักปราบใบแคบ (*Commelina diffusa* Burm.f.)

J : กระเม็ง (*Eclipta alba* (L.) Hassk.)

ตารางที่ 5 ตัวอย่างของวัชพืชที่เก็บ เพื่อนำมาตรวจสอบโรคไวรัสทริสเตซ่าจากสวนส้มและส้มโอ
ที่มีการระบาดของโรคไวรัสทริสเตซ่า

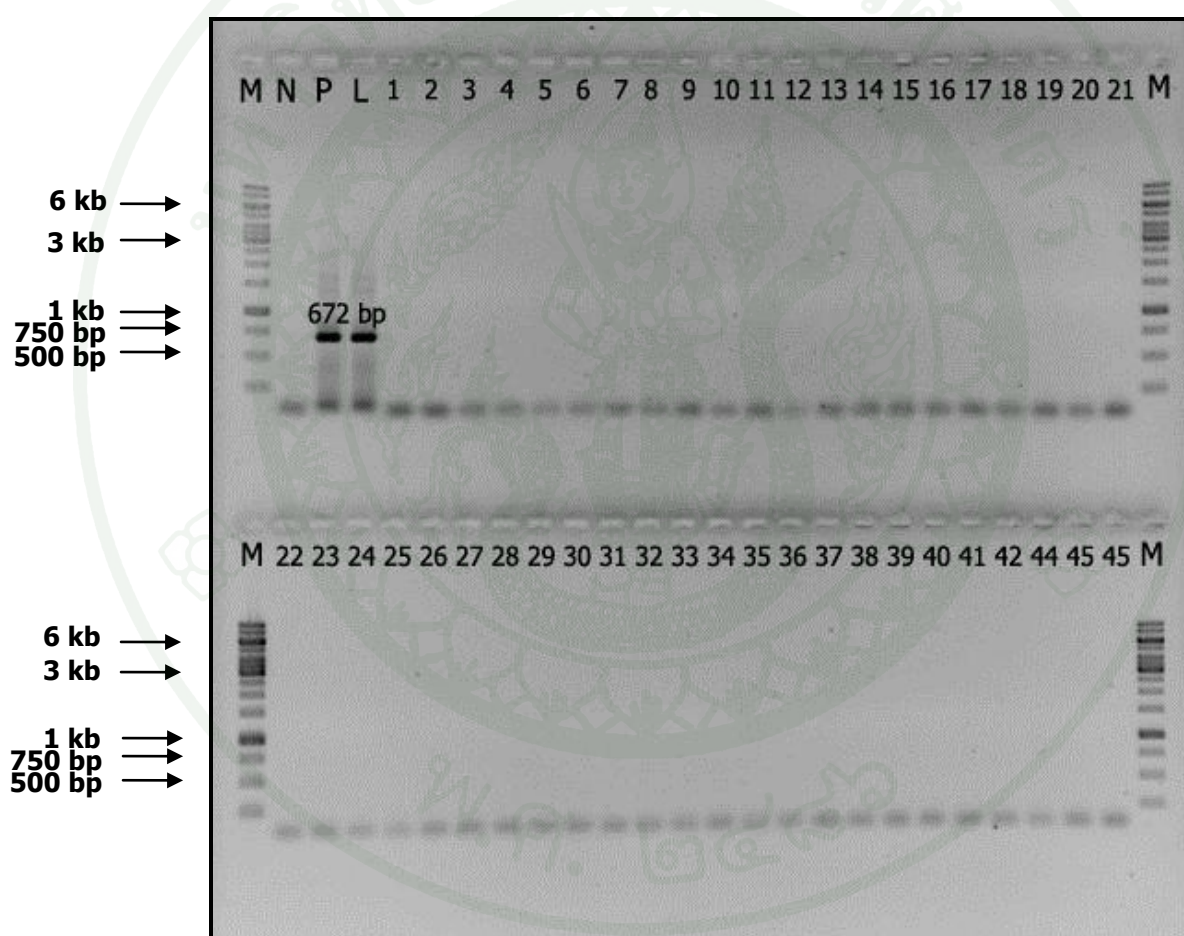
ตัวอย่าง	รหัสตัวอย่าง	ชื่อวัชพืช	สถานที่เก็บ	สวน
1	CN 1-1	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	ชัยนาท	ส้มโอ
2	CN 1-2	หญ้ามะออง (<i>Vernonia cinerea</i> Less.)	ชัยนาท	ส้มโอ
3	CN 1-3	บานไม่รู้โรยป่า (<i>Gomphrena celosioides</i> Mart.)	ชัยนาท	ส้มโอ
4	CN 1-4	ต้อยติ่ง (<i>Ruellia tuberosa</i> .)	ชัยนาท	ส้มโอ
5	CN 2-1	ผักโขม (<i>Amaranthus lividus</i> Linn.)	ชัยนาท	ส้มโอ
6	CN 2-2	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	ชัยนาท	ส้มโอ
7	CN 2-3	กระเม็ง (<i>Eclipta alba</i> (L.) Hassk.)	ชัยนาท	ส้มโอ
8	CN 3-1	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	ชัยนาท	ส้มโอ
9	CN 3-2	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	ชัยนาท	ส้มโอ
10	CN 3-3	ผักโขมหนาม (<i>Amaranthus spinosus</i> L.)	ชัยนาท	ส้มโอ
11	CN 4-1	ผักโขม (<i>Amaranthus lividus</i> Linn.)	ชัยนาท	ส้มโอ
12	CN 4-2	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	ชัยนาท	ส้มโอ
13	CN 5-1	ผักโขม (<i>Amaranthus lividus</i> Linn.)	ชัยนาท	ส้มโอ
14	CN 5-2	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	ชัยนาท	ส้มโอ
15	NPT 1-1	หญ้ามะออง (<i>Vernonia cinerea</i> Less.)	นครปฐม	มะนาว
16	NPT 1-2	ผักโขม (<i>Amaranthus lividus</i> Linn.)	นครปฐม	มะนาว
17	NPT 1-3	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	นครปฐม	มะนาว
18	NPT 1-4	ต้อยติ่ง (<i>Ruellia tuberosa</i> .)	นครปฐม	มะนาว
19	NPT 1-5	ผักแครด (<i>Synedrella nodiflora</i> (L.) Gaerth.)	นครปฐม	มะนาว
20	NPT 2-1	หญ้ารังนก (<i>Chloris barbata</i> (L.) Sw.)	นครปฐม	มะนาว
21	NPT 2-2	หญ้ายาง (<i>Euphorbia heterophylla</i> L.)	นครปฐม	มะนาว
22	NPT 2-3	กระทกรก (<i>Passiflora foetida</i>)	นครปฐม	มะนาว
23	SMSK 1-1	หญ้าแห้วหมู (<i>Cyperus rotundus</i>)	สมุทรสาคร	มะนาว
24	SMSK 1-2	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	สมุทรสาคร	มะนาว
25	PB 1-1	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	เพชรบุรี	มะนาว

ตารางที่ 5 (ต่อ)

ตัวอย่าง	รหัสตัวอย่าง	ชื่อวัชพืช	สถานที่เก็บ	สวน
26	PB 1-2	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	เพชรบุรี	มะนาว
27	PB 1-3	ผักเป็ดดำ (<i>Alternanthera sessilis</i> DC.)	เพชรบุรี	มะนาว
28	PB 2-1	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	เพชรบุรี	มะนาว
29	PB 2-2	ผักโขม (<i>Amaranthus lividus</i> Linn.)	เพชรบุรี	มะนาว
30	PB 2-3	กระทกรก (<i>Passiflora foetida</i>)	เพชรบุรี	มะนาว
31	KPP 1-1	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
32	KPP 2-1	หญ้าละออง (<i>Vernonia cinerea</i> Less.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
33	KPP 2-2	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
34	KPP 3-1	ผักโขมหนาม (<i>Amaranthus spinosus</i> L.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
35	KPP 4-1	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
36	KPP 4-2	หญ้าแห้วหมู (<i>Cyperus rotundus</i>)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
37	KPP 5-1	ผักโขม (<i>Amaranthus lividus</i> Linn.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
38	KPP 5-2	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
39	KPP 6-1	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
40	KPP 6-2	หญ้าแห้วหมู (<i>Cyperus rotundus</i>)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
41	KPP 7-1	ผักปราบใบแคบ (<i>Commelina diffusa</i> Burm.f.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
42	KPP 7-2	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
43	KPP 8-1	หญ้าละออง (<i>Vernonia cinerea</i> Less.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
44	KPP 8-2	ผักโขม (<i>Amaranthus lividus</i> Linn.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ
45	KPP 8-3	ผักปราบใบกว้าง (<i>Commelina bengalensis</i> L.)	กำแพงเพชร	ส้มโอ

2. การตรวจสอบด้วยเทคนิค RT-PCR ด้วยไพรเมอร์ CPF-CPR

จากภาพ agarose gel หลังจากนำไปย้อมด้วย สารละลายเอธิเดียมโบรไมด์ 5 นาที แล้วล้างเจลด้วยน้ำก่อนนำไปตรวจแถบดีเอ็นเอด้วยการใช้ UV-transilluminator (ภาพที่ 39) ที่ได้มีการตรวจสอบจากขั้นตอนแรก ด้วยเทคนิค RT-PCR พบว่าเมื่อทำการตรวจสอบด้วยไพรเมอร์จำเพาะเจาะจง CPF-CPR แล้วไม่พบการปรากฏขึ้นของแบนขนาด 672 bp จากตัวอย่างใดเลยทั้ง 45 ตัวอย่าง เมื่อเปรียบเทียบกับตัวอย่าง positive และตัวอย่างอื่นจากพืชตระกูลส้มเช่นกัน (มะนาว)

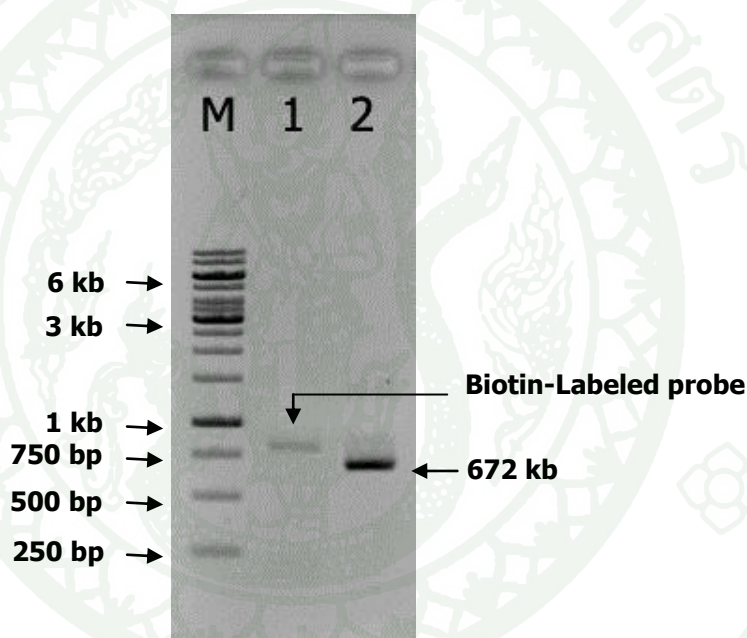


ภาพที่ 39 แสดงการตรวจสอบโรคไวรัสทริสเตซ่า Citrus Tristeza Virus (CTV), ด้วยเทคนิค RT-PCR ด้วยการเพิ่มปริมาณชิ้นยีน coat protein gene (*cp*) ขนาด 672 bp จาก RNA ตัวอย่างของพืชทั้ง 45 ตัวอย่างด้วยคู่ไพรเมอร์ CPF/CPR จากภาพ Lane M : 1 kb DNA ladder (Fermentus®), N : negative – dH₂O, P : positive – CTV infected mandarin, L : CTV infected lime, Lane 1 – 45 : ตัวอย่างพืชทั้ง 45 ตัวอย่างดังแสดงในตารางที่ 5

3. การตรวจสอบด้วยเทคนิค Dot blot hybridization ด้วย probe

3.1 การเตรียม Probe

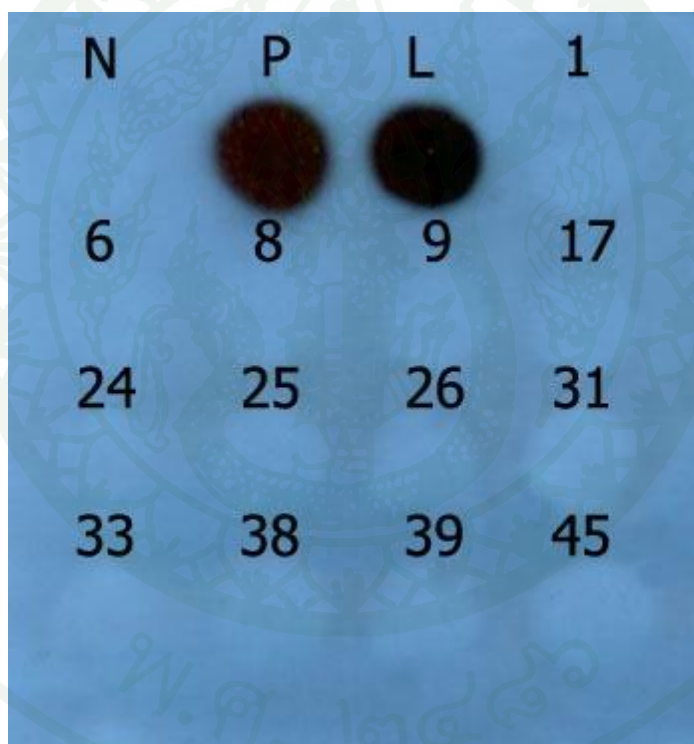
จากภาพที่ 40 แสดง Biotin CTV-probe ที่ label ด้วย Biotin-11-dUTP จะเห็นขนาดของแบนที่เพิ่มขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับตัวอย่าง *cp* gene ปกติ



ภาพที่ 40 แสดง CTV-*cp*-Probe เทียบกับขนาดของ coat protein gene ปกติ จากภาพ Lane M : 1 kb DNA ladder (Fermentus®), Lane 1 : Probe แสดงให้เห็นขนาดของแบนที่เพิ่มขึ้นเนื่องจากการ label ด้วย Biotin-11-dUTP , Lane 2: ยีน coat protein gene ปกติ 672 bp

3.2 การตรวจสอบเชื้อด้วยวิธี Dot blot hybridization (DBH)

นำผลที่ได้จากการตรวจสอบจากขั้นตอนแรกมาเลือกตัวอย่างของผักปราบใบแคบ และผักปราบใบกว้างซึ่งพบมากที่สุดในทุกสวน จำนวน 13 ตัวอย่าง จากผลการทดลองภาพฟิล์มที่ได้จากการตรวจสอบการทำงานของ probe แสดงให้เห็นว่า ไม่มีรอยวงที่เกิดจากความเข้ากันได้ของตัวอย่างกับสารตรวจสอบ ในทุกตัวอย่างเมื่อเทียบกับตัวอย่าง positive จากส้มเปลือกอ่อนและมะนาว ที่มีการแสดงอาการ โดยขนาดและความเข้มของวงจะแสดงถึงปริมาณของเชื้อ CTV ในตัวอย่าง



ภาพที่ 41 ภาพแสดงผลการตรวจสอบโรคทรินตราด้วยเทคนิค Dot blot hybridization ,

N : negative = dH_2O , P : positive = CTV infected citrus, L : CTV infected lemon,

Lane 1 : CN 1-1, 6 : CN 2-2, 8 : CN 3-1, 9 : CN 3-2, 17 : NPT 1-3, 24 : SMSK 1-2,

25 : PB 1-1, 26 : PB 1-2, 31 : KPP 1-1, 33 : KPP 2-2, 38 : KPP 5-2, 39 : KPP 6-1,

45 : KPP 8-3

4. การวิเคราะห์ผลการทดลอง

จากผลการทดลองทั้งสองการทดลอง พบว่า ไม่พบการแสดงออกของเชื้อไวรัสทริสเตซ่าสาเหตุโรคทริสเตซ่าในพืชตระกูลส้ม ในพืชอาศัยกลุ่มวัชพืชในพืชจำนวน 45 ตัวอย่าง 11 สกุล 8 ตระกูล ซึ่งอาจเป็นเพราะพืชอาศัยกลุ่มนี้ไม่ใช่พืชอาศัยหลักของแมลงพาหะของเชื้อไวรัสทริสเตซ่า การถ่ายทอดโรคจึงไม่เกิดขึ้นซึ่งแตกต่างกับรายงานของ Yokomi and Garnsey (1987)

Powell *et al.* (1997) พบว่า เชื้อไวรัสทริสเตซ่า สามารถถ่ายทอดโรคทางธรรมชาติ ผ่านทางแมลงพาหะในกลุ่มของเพลี้ยอ่อน (Aphids) และจากการทดลองศึกษาการถ่ายทอดโรคทริสเตซ่าผ่านทางเพลี้ยอ่อน (Aphid transmission) ในพืชอาศัยกลุ่มส้ม 12 สายพันธุ์ ของ Yokomi and Garnsey (1987) หลังจากผ่านไป 10 ปี เมื่อตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าอีกครั้ง พบว่า สามารถแบ่งกลุ่มของพืชอาศัยตามลักษณะความอ่อนแอต่อเชื้อได้ 3 กลุ่ม กลุ่มแรกเป็นกลุ่มที่มีความอ่อนแอต่อโรคสูงที่สุด (89-100%) ได้แก่ Alemow, Volkamer lemon, Ridge pineapple, Orlando tangelo, and rough lemon และในกลุ่มที่สองอ่อนแอต่อโรคปานกลาง (27-53%) ได้แก่ Rangpur lime, Cleopatra mandarin, sour orange และ Palestine sweet lime กลุ่มสุดท้ายเป็นกลุ่มที่มีความต้านทานต่อเชื้อไวรัสทริสเตซ่าหรืออ่อนแอน้อยที่สุด (0%) ได้แก่ Swingle citrumelo, Trifoliate orange และ Carrizo citrange ซึ่งจากการทดลองเมื่อ เมื่อเปรียบเทียบระหว่าง Mexican lime และ Alemow เป็นพืชอาศัยที่อ่อนแอเช่นเดียวกัน ในขณะที่ Alemow เป็นพืชอาศัยชนิด non host ซึ่ง Swingle citrumelo และ Carrizo citrange ก็เป็นพืชอาศัยชนิด non host เช่นเดียวกันแต่มีลักษณะต้านทานโรค ดังนั้นการถ่ายทอดโรคผ่านทางแมลงพาหะจึงสามารถเกิดขึ้นได้หากพืชอาศัยนั้นๆมีความเหมาะสมกับแมลงพาหะ

ยังไม่มีรายงานการตรวจสอบพืชอาศัยในกลุ่มวัชพืชในสวนส้มเพิ่มเติม จึงยังไม่สามารถสรุปผลได้อย่างชัดเจนว่า พืชอาศัยกลุ่มนี้สามารถเป็นพืชอาศัยของเชื้อไวรัสทริสเตซ่าได้หรือไม่

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

ผลการทดลองส่วนการวิเคราะห์จีโนมเชื้อไวรัสทริสเตซ่า โดยใช้คู่ไพรเมอร์ CPF/CPR ในการเพิ่มปริมาณยีนในส่วนของโปรตีนห่อหุ้มอนุภาค (Coat protein gene, *cp*) ขนาด 672 คู่เบส จากผลการทดลองพบว่า คู่ไพรเมอร์ CPF/CPR สามารถนำไปใช้ตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าได้จริงในทุกลักษณะอาการและทุกพืชอาศัยของโรคทริสเตซ่า

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของไวรัสทริสเตซ่า อาการลำต้นเหี่ยว (A18) จากจังหวัดเชียงใหม่ พบว่า เมื่อวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ตลอดทั้งจีโนมตั้งแต่ส่วน 5'UTR ถึง 3'UTR เปรียบเทียบความใกล้เคียงกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ กับจีโนมที่ได้มีการรายงานแล้วในต่างประเทศ อีก 24 ตัวอย่าง มีความใกล้เคียงกันของลำดับเบสและสายวิวัฒนาการ ใกล้เคียงกับสายพันธุ์จากประเทศญี่ปุ่น และประเทศสเปนมากที่สุด และเมื่อทำการวิเคราะห์ลำดับกรดอะมิโนในโปรตีนแต่ละส่วน ตลอดทั้งจีโนม พบว่า บริเวณอนุรักษ์ในส่วนที่มีความผันแปร น้อยที่สุดคือส่วนของยีน *cp* (Coat protein) และส่วนของ 3'UTR ช่วงความต่างมีเพียงแค่ 96-99 เปอร์เซ็นต์ และ 98-99 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ (ภาพที่ 32 และ 34) ดังนั้นยีนในส่วนนี้จึงสามารถยืนยันความเสถียรของลำดับเบสได้ดีที่สุด ซึ่งแตกต่างจากส่วนปลาย 5' terminal นั้นตั้งแต่ 5'UTR ตลอดจนส่วนชิ้น Polyprotein (p349) ได้แก่ Protease-like domain, Methyltransferase-like domain, Helicase-like domain รวมถึงส่วนของ RdRp (p54) มีความแตกต่างของยีนในบริเวณดังกล่าว ตั้งแต่ 49-91 เปอร์เซ็นต์และ 71-97 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งความแตกต่างในส่วนนี้อาจขึ้นกับลักษณะของเชื้อในแต่ละพื้นที่ ซึ่งจากผลการทดลอง คู่ไพรเมอร์ที่ใช้ในการสังเคราะห์ชิ้นจีโนมในส่วน 5'UTR และ โปรตีน P349 (ปลาย 5' terminal) สามารถใช้ในการตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าสายพันธุ์ A18 ได้เท่านั้น เนื่องจากไพรเมอร์ที่ใช้มีการออกแบบโดยเฉพาะเจาะจงจากสายพันธุ์ CTV A18 โดยเฉพาะ และเมื่อวิเคราะห์ลักษณะนิวคลีโอไทด์ของจีโนมไวรัสทริสเตซ่าสายพันธุ์ A18 จะพบลักษณะเบสที่แตกต่างจากกลุ่มอื่นส่วนมากจะอยู่ในบริเวณ 5'UTR และยีน *p349* ซึ่งเราจะใช้ไพรเมอร์ในส่วนนี้ในการจำแนกความแตกต่างจากสายพันธุ์อื่นได้ในเบื้องต้น

ตารางที่ 6 สรุปผลเปรียบเทียบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของ CTV A18 เทียบกับรายงานที่เคยมีการตีพิมพ์ใน GenBank

Region		Strain/Country/Genbank Accession No.	% Identity (Total Range)	Pairwise distance
Genome CTV	nucleotide	NUagA/Japan/AB046398	92 (84-92)	0.081
5'UTR	nucleotide	NUagA/Japan/AB046398	97 (66-97)	0.021
P349	amino acid	NUagA/Japan/AB046398	91 (49-91)	0.091
P54	amino acid	NZRB-M12/Newzealand/FJ525431	97 (71-97)	0.009
P33	amino acid	T318A/Spain/DQ151548	95 (85-95)	0.047
P6	amino acid	NUagA/Japan/AB046398	100 (90-100)	0.000
P65	amino acid	Kpg3/India/HM573451	98 (94-98)	0.015
P61	amino acid	T30/Florida USA/EU937520	96 (92-96)	0.044
P27	amino acid	NUagA/Japan/AB046398	99 (74-99)	0.010
P25	amino acid	B165/India/EU076703	99 (96-99)	0.009
P18	amino acid	NUagA/Japan/AB046398	99 (92-99)	0.006
P13	amino acid	HA18-9/Hawaii USA/GQ454869, GQ454870	96 (87-96)	0.043
P20	amino acid	NUagA/Japan/AB046398	97 (88-97)	0.028
P23	amino acid	T318A/Spain/DQ151548	97 (89-97)	0.029
3'UTR	nucleotide	SY568/California/CTAF001623	99 (98-99)	0.005

ผลจากการวิเคราะห์ Phylogenic tree พบว่า ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (Pairwise distance) สอดคล้องกับผลจากการเปรียบเทียบความใกล้เคียงกัน (Identity) และผลจากการคำนวณเปรียบเทียบโดยใช้ Multiple alignment ทั้งนี้จึงสามารถยืนยันความถูกต้องของผลการทดลองได้เป็นอย่างดี

ฐานข้อมูลจีโนมในการทดลองในครั้งนี้จะเป็นข้อมูลที่มีประโยชน์ ในการนำเป็น ฐานข้อมูลที่ใช้เป็น เพื่อประยุกต์ใช้ในการพัฒนาการควบคุมโรคไวรัสทริสเตซ่าในประเทศไทย ต่อไป เช่น การพัฒนาพืชต้านทานโรค การใช้เทคนิค Sequence-base control เช่น Transgenic plants หรือ Cross protection โดยใช้ severe strains เป็นต้น

จากการทดลองตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในวัชพืช พบว่า ผลการทดลองทั้งสองการ ทดลองจะเห็นผลที่สอดคล้องกันว่า ไม่พบไวรัสในวัชพืชดังกล่าว ดังภาพผลการทดลองที่ 1 และ 2 (ภาพที่ 39 และ 41) แต่ผลการตรวจสอบในครั้งนี้ยังไม่เพียงพอที่จะสรุปชัดเจนได้ว่า วัชพืชดังกล่าว ไม่มีคุณสมบัติในการเป็นพืชอาศัยให้กับเชื้อไวรัสทริสเตซ่า

การตรวจสอบในเบื้องต้นด้วยเทคนิค RT-PCR มีความสะดวก รวดเร็วและแม่นยำกว่า เมื่อ เปรียบเทียบกับเทคนิค ELISA ซึ่งมีความแม่นยำปานกลาง และยืนยันผลด้วยเทคนิคที่มีความ แม่นยำสูงกว่าด้วย Dot blot hybridization (DBH) แต่เนื่องด้วยค่าใช้จ่ายในทั้งสองวิธี จึงไม่เหมาะ แก่การตรวจสอบในตัวอย่างจำนวนมาก การศึกษาขั้นต่อไป ต้องมีการเก็บจำนวนตัวอย่างให้มากใน พื้นที่อื่นๆให้ครอบคลุมทุกพื้นที่ปลูกส้ม หรืออาจเก็บตัวอย่างจากพืชส้มลูกอื่นๆเพิ่มเติมมาทำการ ตรวจสอบ และนำเทคนิคการตรวจสอบอื่นๆมาประยุกต์ใช้ กับจำนวนตัวอย่างที่มากขึ้น

งานวิจัยครั้งนี้สามารถยืนยันในเบื้องต้นได้ว่า วัชพืชในแปลงปลูกส้มที่นำมาศึกษา ไม่ได้ เป็นพืชอาศัยของเชื้อไวรัสสาเหตุโรคทริสเตซ่า และไม่พบคุณสมบัติการเป็นพืชอาศัยให้กับเชื้อ ไวรัสทริสเตซ่า ถึงแม้ว่าจะพบแมลงพาหะอาศัยในบริเวณที่มีการเกิดของวัชพืชในพื้นที่เหล่านี้

ข้อเสนอแนะ

ส่วนที่ 1 จีโนมเชื้อไวรัสทริสเตซ่า อาการลำต้นเหี่ยวในประเทศไทย

ในการศึกษาจีโนมที่ได้ผลที่ชัดเจนมากยิ่งขึ้น จำเป็นต้องทำข้อมูลนำมาเปรียบเทียบผลในแต่ละชุดการทดลองมากกว่านี้ แต่เนื่องด้วยข้อจำกัดในการศึกษาที่ใช้ค่าใช้จ่ายที่สูงมาก จึงจำกัดผลได้เพียงแค่หนึ่งชุดข้อมูลจีโนม เนื่องจากลำดับเบสของเชื้อไวรัสในกลุ่ม Closterovirus มีจีโนมที่ยาว โดยเฉพาะ *Citrus tristeza virus* (CTV) มีลำดับเบสจีโนมยาวถึงประมาณ 20,000 คู่เบส ซึ่งโดยปกติแล้วการสังเคราะห์จีโนมที่มีความยาวขนาดนี้ทำได้ยาก หากขาดเทคโนโลยีที่ทันสมัยและเหมาะสมเข้ามาช่วยในการทดลอง การศึกษาต่อไปอาจมีการทดลองศึกษาจากตัวอย่างเชื้อไวรัส CTV ที่พบในอาการลักษณะอื่นของโรคทริสเตซ่า หรือในพื้นที่จังหวัดอื่น เพื่อเปรียบเทียบและยืนยันความชัดเจนของลำดับเบสจีโนมของไวรัสทริสเตซ่าสายพันธุ์ที่พบในประเทศไทยต่อไป

ส่วนที่ 2 การตรวจสอบเชื้อไวรัสทริสเตซ่าในวัชพืชด้วยเทคนิค RT-PCR และ Dot Blot Hybridization

การตรวจสอบโรคไวรัสทริสเตซ่าในทางโรคพืชนั้น เพื่อที่จะยืนยันผลความชัดเจน จำเป็นต้องมีการตรวจสอบผลมากกว่าหนึ่งวิธีเป็นต้นไป ดังนั้นในการศึกษาในครั้งนี้จึงเลือกใช้การตรวจสอบที่มีความชัดเจน สะดวก รวดเร็ว และวิธีที่มีความแม่นยำ มาใช้ในการตรวจสอบผล หากมีการนำเทคนิคอื่นเข้ามาช่วยในการศึกษาในปริมาณที่มากขึ้น เราอาจประยุกต์ใช้เทคนิค ELISA (Enzyme-linked immunosorbent assay) มาใช้ในงานทดลองเพราะจะมีความสะดวกและรวดเร็วกว่าเมื่อตรวจสอบในปริมาณมากๆ แต่ความแม่นยำของผลอาจไม่สูงนัก และต้องใช้เวลาในการเตรียม antibody ที่ใช้ในการทดลอง

การศึกษาในขั้นต่อไปสำหรับการศึกษาเรื่องพืชอาศัย ต้องมีการขยายขอบเขตการตรวจสอบโรคให้กว้างขึ้นครอบคลุมในพื้นที่ทุกจังหวัดที่มีการปลูกส้ม หรือขยายการตรวจสอบพืชอาศัยชนิดอื่นๆนอกเหนือจากวัชพืช ที่น่าจะมีความเกี่ยวข้องกับโรคทริสเตซ่าและส้ม ทั้งนี้เพื่อยืนยันความชัดเจนของผลการทดลองในการพิสูจน์ว่า CTV สามารถอยู่ในพืชอาศัยที่เป็น non host ในพืชสายพันธุ์อื่นได้หรือไม่

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

- จิรวรรณ แสงสว่าง. 2548. การวิเคราะห์ยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคไวรัสใบด่างกล้วยไม้ในกล้วยไม้ป่า และการแสดงออกของยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคในแบคทีเรีย *Escherichia coli*. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- ชินะ ชำรงศีธรรม และประสิทธิ์ ผลิตผลการพิมพ์. 2545. การวิเคราะห์ลำดับเบสบนสายดีเอ็นเอ (DNA Sequence Analysis). **ชีวสารสนเทศศาสตร์ (Bioinformatics)**. สถาบันบัณฑิตวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีไทย สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ, กรุงเทพฯ.
- นฤ อาชะสกุลวงศ์. 2544. การวินิจฉัยไวรัสในกลุ่ม Potexvirus Potyvirus Tobamovirus และ Rhabdovirus ในกล้วยไม้ไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- เปรมปรี ฌ สงขลา. 2544. ทำสวนส้มอย่างมืออาชีพ. ฐานการพิมพ์, กรุงเทพฯ.
- วิมล ปิ่นประดับ. 2553. การตรวจสอบเชื้อ *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* สาเหตุของโรคใบจุดของมะเขือเทศภายในประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- ศิริชัย กาญจนวาสี. 2537. การเลือกใช้สถิติที่เหมาะสมสำหรับการวิจัย. โรงพิมพ์จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- สมชาติ หาญวงษา, 2548. **วัชพืชที่สำคัญในประเทศไทย**. มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนา, พิษณุโลก.
- อำไพวรรณ ภราดรนิววัฒน์, วิชัย ก่อประดิษฐ์สกุล, วิเชียร กำจายภัย, สุพัฒน์ อรรถธรรม และ นิพนธ์ ทวีชัย. 2527. **โรคส้มในประเทศไทย**. โรงพิมพ์ห้างหุ้นส่วนจำกัดพันธ์พิบลีขึง, กรุงเทพฯ.

- Albiach-Marti, R. M., J. Guerri, A. Hermoso de Mendoza, F. Laigret, J. F. Ballester Olmos and P. Moreno. 1999. Aphid transmission alters the genomic and defective RNA populations of citrus tristeza virus isolates. **Phytopathology** 90: 134–138.
- Albiach-Marti, R. M., Munir Mawassi, Siddarama Gowda, Tatineni Satyanarayana, Mark E. Hilf, S. Shanker, E. C. Almira and William O. Dawson. 2000. Sequences of *Citrus Tristeza Virus* separated in time and space are essentially identical. **Virology** 74: 6856–6865.
- Alexey, A. A., D. E. Lesemann, E. Mai, R. Hull and J. G. Atabekov. 1995. "Rattlesnake" structure of a filamentous plant RNA virus built of two capsid proteins. **Biochemistry Science** 92: 2470-2473.
- Ampaiwan Paradornuwat. 2003. **Diversity of Citrus Tristeza Closterovirus Isolates from Thailand**. Thesis Doctor of Philosophy Kasetsart University, Bangkok.
- Ayllon, M. A., L. Rubio, A. Moya, J. Guerri and P. Moreno. 1999. The haplotype distribution of two genes of *citrus tristeza virus* is altered after host change or aphid transmission. **Virology** 255:32–39.
- Ayllon, M. A., C. Lopez, J. Navas-Castillo, S. M. Garnsey, J. Guerri, R. Flores and P. Moreno. 2001. Polymorphism of 5' terminal region of *Citrus tristeza virus* (CTV) RNA : Incidence of three sequence type in isolates of different origin and pathogenicity. **Archive of Virology**. 146: 27-40.
- Bar-Joseph, G. L., D. G. Garnsey, M. Moscovitz, D. E. Purcifull, M. F. Clark and G. Loebestein. 1979. The use enzyme linked immunosorbent assay for detection of *citrus triteza virus*. **Phytopathology** 69: 190-194.
- Bar-Joseph, M., R. Marcus and R. F. Lee. 1989. The continuous challenge of citrus tristeza virus control. **Phytopathology** 79: 291–316.

- Bioletti, F. T., W. Gowie and P. Collie. 1904. Citrus culture in Cape Colony. Report on Commission of inquiry into the causes of the failure of citrus trees in Cape Colony. **Cape of Good Hope** 21: 1-20.
- Blok, J., A. Mackenzie, P. Guy and A. Gibbs. 1987. Nucleotide sequence comparisons of turnip yellow mosaic virus from Australia and Europe. **Virology** 97: 283–295.
- Clarke, D. K., E. A. Duarte, D. K. Clarke, A. Moya, S. F. Elena, E. Domingo and J. J. Holland. 1993. Genetic bottlenecks and population passages cause profound fitness differences in RNA viruses. **Virology** 67: 222–228.
- Dolja, V. V., A. V. Karasev, E. V. Koonin. 1994. Molecular biology and evolution of Closteroviruses: Sophisticated build-up of large RNA genomes. **Phytopathology** 32: 261-285.
- Domingo, E. and J. J. Holland. 1994. Mutation rates and rapid evolution of RNA viruses, pp. 161–184. In S. S. Morse, eds. **The evolutionary biology of viruses**. Raven Press Ltd., New York.
- Domingo, E., J. J. Holland, C. Biebricher and M. Eigen. 1995. Quasispecies: the concept and the word, pp. 181–191. In A. J. Gibbs, C. H. Calisher and F. Garcia-Arenal, eds. **Molecular basis of virus evolution**. Cambridge University Press, Cambridge, England.
- Drake, J. W. and J. J. Holland. 1999. Mutation rates among RNA viruses. **Academic Science** 96: 13910–13913.
- Fagoaga, C., C. Lopez and P. Moreno. 2005. Viral-Like Symptoms Induced by the Ectopic Expression of the *p23* Gene of *Citrus tristeza virus* Are Citrus Specific and Do Not Correlate with the Pathogenicity of the Virus Strain. **MPMI** 18: 435-445.

- Hedges, J. F., U. B. R. Balasuriya, P. J. Timoney, W. H. McCollum and N. J. MacLachlan. 1999. Genetic divergence with emergence of novel phenotypic variants of equine arteritis virus during persistent infection of stallions. **Virology** 73: 3672–3681.
- Hilf, M. E., A. V. Karasev, H. R. Pappu, D. J. Gumpf, C. L. Niblett and S. M. Garnsey. 1995. Characterization of citrus tristeza virus subgenomic RNAs in infected tissue. **Virology** 208: 576–582.
- International Committee on the Taxonomy of Viruses (ICTV). 2002. **The Universal Virus Database (version November 2002)**.
- Karasev, A. V., V. P. Boyko, S. Gowda, O. V. Nikolaeva, M. E. Hilf, E. V. Koonin, C. L. Niblett, K. Cline, D. J. Gumpf, R. F. Lee. 1995. Complete sequence of the citrus tristeza virus RNA genome. **Virology** 20: 511–520.
- Komazaki, S., Y. Sakagami and R. Korenaga. 1979. Overwintering of aphids on citrus trees. **Japanese Journal of Applied Entomology and Zoology** 23: 246–250.
- Kruse, M., R. Koenig, A. Hoffmann, A. Kaufmann, U. Commandeur, A. G. Solov'yev, I. Savenkov and W. Burgermeister. 1994. Restriction fragment length polymorphism analysis of reverse transcription-PCR products reveals the existence of two major strain groups of beet necrotic yellow vein virus. **Virology** 75: 1835–1842.
- Lee, R. F. 2001. *Citrus tristeza virus*. In O. C. Maloy and T. D. Murray. **Encyclopedia of Plant Pathology Volume 1**. John Wiley and Son, Inc. New York, USA. 598: 244–246.
- Mathews, D. M., K. Riley and J. A. Dodds. 1997. Comparison of detection methods for citrus tristeza virus in field trees during months of nonoptimal titer. **Plant Disease** 81: 525–529.

Mawassi, M., A. V. Karasev, E. Mietkiewska, R. Gafny, R. F. Lee, W. O. Dawson and M. Bar-Joseph. 1995. Defective RNA molecules associated with citrus tristeza virus.

Virology 208: 383–387.

Mawassi, M., E. Mietkiewska, R. Gofman, G. Yang and M. Bar-Joseph. 1996. Unusual sequence relationships between two isolates of citrus tristeza virus. **Virology** 77: 2359–2364.

Moreno, P., J. Guerri, J. F. Ballester-Olmos and M. E. Martinez. 1991. Segregation of citrus tristeza virus strains evidenced by double stranded RNA (dsRNA) analysis, pp. 20–24.

In R. H. Bransky, R. F. Lee and L. W. Timmer, eds. **Proceedings of the 11th Conference of the International Organization of Citrus Virologists**. Department of Plant Pathology, University of California, Riverside.

Moreno, P., J. Guerri, J. F. Ballester-Olmos, C. Fuertes-Polo, R. Albiach and M. E. Martinez.

1993. Variations in pathogenicity and double stranded RNA (dsRNA) patterns of citrus tristeza virus isolate induced by host passage, pp. 8–15. *In* R. H. Bransky, R. F. Lee and L. W. Timmer, eds. **Proceedings of the 12th Conference of the International Organization of Citrus Virologists**. Department of Plant Pathology, University of California, Riverside.

Nakajima, K., U. Desselberger and P. Palese. 1978. Recent human influenza A (H1N1) viruses are closely related genetically to strains isolated in 1950. **Nature** 247: 334–339.

Navas-Castillo, J., M. R. Albiach-Marti, S. Gowda, M. E. Hilf, S. M. Garnsey and W. O.

Dawson. 1997. Kinetics of accumulation of *Citrus tristeza virus* RNAs. **Virology** 228: 92–97.

- Niblett, C. L., H. Genc, B. Cevik, S. Halbert, L. Brown, G. Nolasco, B. Bonacalza, K. L. Manjunath, V. J. Febres, H. R. Pappu and R. F. Lee. 2000. Progress on strain differentiation of *Citrus tristeza virus* and its application to the epidemiology of citrus tristeza disease. **Virus Research** 71: 97-106.
- Pappu, H. R., A. V. Karasev, E. J. Aderson, S. S. Pappu, M. E. Hilf, V. J. Febres, R. M. G. Eckloff, S. M. McCaffery, S. V. Boyko and C. L. Niblett. 1994. Nucleotide sequence and organization of eight 3' open reading frames of citrus tristeza closterovirus genome. **Virology** 199: 35-46.
- Powell, C. A., R. R. Pelosi and R. C. Bullock. 1997. Natural field of mild and severe isolates of *Citrus tristeza virus* in Florida. **Plant Disease** 81: 18-20.
- Price, W. C. 1966. Flexuous rods in phloem cell of lime plants infected with *Citrus tristeza virus*. **Virology** 29: 285-294.
- Rocha-Pena, M. A., R. F. Lee, R. Lastra, C. L. Niblett and F. M. Ochoa-Corona. 1995. *Citrus tristeza virus* and its aphid vector *Toxoptera citricida*. **Plant Disease** 79: 437-445.
- Rowhani, A., L. Biardai, G. Routh, S. D. Daubert and D. A. Golino. 1998. Development of a sensitive colorimetric –PCR assay for detection of viruses in woody plants. **Plant Disease** 82: 880-884.
- Roy, A., K. L. Manjunath and R. H. Balansky. 2005. Assessment of Sequence diversity in the 5' terminal region of *Citrus tristeza virus* from India. **Virus Research** 113: 132-142.
- Sambrook, J., E. F. Fritsch and T. Maniatis. 1989. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual**. Cold Spring Harbor Laboratory Press New York, USA.

Skotnicki, M. L., A. M. Mackenzie, S. W. Ding, J. Q. Mo and A. J. Gibbs. 1993. RNA hybrid mismatch polymorphisms in Australian populations of turnip yellow mosaic tymovirus.

Virology 132: 83–99.

Valverde, R. A. and R. L. Jordan. 1990. Analysis of double-stranded RNA for plant virus diagnosis. **Plant Disease** 74: 225-264.

Vives, M. C., L. Rubio, C. Lopez, J. Navas-Castillo, M. R. Albiach-Martí, W. O. Dawson, J. Guerri, R. Flores and P. Moreno. 1999. The complete genome sequence of the major component of a mild citrus tristeza virus isolate. **Virology** 80: 811–816.

Yokomi, R. K. and S. M. Garnsey. 1987. Transmission of citrus tristeza virus by *Aphis gossypii* and *Aphis citricola* in Florida. **Phytophylactica** 19: 169-172.

Yoshida, T. 1996. Graft compatibility of Citrus with plants in the Aurantioideae and their susceptibility to *Citrus tristeza virus*. **Plant Disease** 80: 414-417.



ภาคผนวก ก
ฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์จาก GENBANK ที่ใช้ในการออกแบบไพรเมอร์ CPF/CPR
ในส่วนของยีน *cp* (Coat protein)

ตารางผนวกที่ ก1 แสดงฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์จาก GENBANK ที่ใช้ในการออกแบบ
ไพรเมอร์ CPF/CPR ในส่วนของยีน *cp* (Coat protein)

No.	Virus Strain	Source	Accession No.	Genome region
1	CTV cp gene for coat protein, CTV-0001	Italy	AJ518840	genomic RNA
2	CTV coat protein gene	Korea	AF339088	genomic RNA
3	CTV CP gene for coat protein	Italy	FN661496	genomic RNA
4	CTV cp gene for coat protein, CTV-0002	Italy	AJ518841	genomic RNA
5	CTV CP gene for coat protein, isolate 4B	Italy	FN661497	genomic RNA
6	CTV clone 6.5 capsid protein gene	Portugal	DQ660340	partial cds.
7	CTV clone 6.7 capsid protein gene	Portugal	DQ660341	partial cds.
8	CTV clone 15.8 capsid protein gene	Portugal	DQ660342	partial cds.
9	CTV clone 15.10 capsid protein gene	Portugal	DQ660343	partial cds.
10	CTV clone 15.11 capsid protein gene	Portugal	DQ660344	partial cds.
11	CTV clone 15.14 capsid protein gene	Portugal	DQ660345	partial cds.
12	CTV isolate 15-118 coat protein	Portugal	AY660009	genomic RNA
13	CTV cp gene for coat protein	Italy	AJ518842	genomic RNA
14	CTV mRNA for coat protein, CTV-0036.	Italy	AM407894	genomic RNA
15	CTV mRNA for coat protein, CTV-0038.	Italy	AM407895	genomic RNA
16	CTV mRNA for coat protein, A211	Italy	FN661499	genomic RNA
17	CTV isolate Ak1 coat protein gene	India	GQ475563	complete cds.
18	CTV isolate Akt1 coat protein gene	India	GQ475571	complete cds.
19	CTV isolate CTV-B1 coat protein	India	EU869296	complete cds.
20	CTV isolate CTV-B2 coat protein	India	EU869297	complete cds.
21	CTV isolate CTV-B3 coat protein	India	EU869298	complete cds.
22	CTV isolate CTV-B4 coat protein	India	EU869299	complete cds.
23	CTV isolate CTV-B5 coat protein	India	EU869300	complete cds.
24	CTV isolate Bhan2 coat protein gene	India	GQ475572	complete cds.
25	CTV isolate CY89-60-36 coat protein	Portugal	EF491673	partial cds.

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Virus Strain	Source	Accession No.	Genome region
26	CTV isolate CY89-60-38 coat protein gene	Portugal	EF491674	partial cds.
27	CTV isolate CY89-197 coat protein gene	Portugal	EF491672	partial cds.
28	CTV isolate CY89-507 coat protein gene	Portugal	EF491675	partial cds
29	CTV isolate CY92-67-52 coat protein gene	Portugal	EF491669	partial cds.
30	CTV isolate CY92-67-53 coat protein gene	Portugal	EF491670	partial cds.
31	CTV isolate CY92-365 coat protein gene	Portugal	EF491678	partial cds
32	CTV isolate CY93-10 coat protein gene	Portugal	EF491676	partial cds
33	CTV isolate CY94-39 coat protein gene	Portugal	EF491680	partial cds.
34	CTV isolate CY95-14-46 coat protein gene	Portugal	EF491667	partial cds.
35	CTV isolate CY95-14-48 coat protein gene	Portugal	EF491668	partial cds
36	CTV isolate CY96-18 coat protein gene	Portugal	EF491677	partial cds
37	CTV isolate CY98-30 coat protein gene	Portugal	EF491679	partial cds
38	CTV isolate CY98-33-61 coat protein gene	Portugal	EF491671	partial cds
39	CTV isolate CY98-37 coat protein gene	Portugal	EF491681	partial cds.
40	CTV isolate CTV-D5 coat protein gene	India	GQ475538	genomic RNA
41	CTV isolate CTV-D8 coat protein gene	India	GQ475539	genomic RNA
42	CTV isolate D10 coat protein gene	China	FJ667602	complete cds.
43	CTV clone DKG1 coat protein gene	India	EF460127	genomic RNA
44	CTV clone F5 capsid protein gene	Portugal	DQ660346	partial cds.
45	CTV clone F12 capsid protein gene	Portugal	DQ660347	partial cds.
46	CTV CP gene, isolate F361	Portugal	FN661495	genomic RNA
47	CTV clone G5 coat protein gene	China	FJ446484	complete cds.
48	CTV mRNA for coat protein CTV-G9	Italy	AM406803	genomic RNA
49	CTV mRNA for coat protein CTV-G17	Italy	AM406802	genomic RNA
50	CTV mRNA for coat protein CTV-G73	Italy	AM746968	genomic RNA

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Virus Strain	Source	Accession No.	Genome region
51	CTV mRNA for coat protein CTV-G74	Italy	AM746969	genomic RNA
52	CTV isolate K2 coat protein gene	India	GQ475540	complete cds.
53	CTV isolate K4 coat protein gene	India	GQ475541	complete cds.
54	CTV isolate K6 coat protein gene	India	GQ475542	complete cds.
55	CTV isolate K7 coat protein gene	India	GQ475543	complete cds.
56	CTV isolate K8 coat protein gene	India	GQ475544	complete cds.
57	CTV isolate K11 coat protein gene	India	GQ475545	complete cds.
58	CTV isolate K15 coat protein gene	India	GQ475546	complete cds.
59	CTV isolate K16 coat protein gene	India	GQ475547	complete cds.
60	CTV isolate K17 coat protein gene	India	GQ475548	complete cds.
61	CTV isolate K18 coat protein gene	India	GQ475549	complete cds.
62	CTV isolate K20 coat protein gene	India	GQ475550	complete cds.
63	CTV isolate K22 coat protein gene	India	GQ475551	complete cds.
64	CTV isolate K23 coat protein gene	India	GQ475552	complete cds.
65	CTV isolate K24 coat protein gene	India	GQ475553	complete cds.
66	CTV isolate K27 coat protein gene	India	GQ475554	complete cds.
67	CTV isolate K31 coat protein gene	India	GQ475555	complete cds.
68	CTV isolate K33 coat protein gene	India	GQ475556	complete cds.
69	CTV CP gene for coat protein, K51	Italy	FN661494	genomic RNA
70	CTV isolate Kat1 coat protein gene,	India	GQ475557	genomic RNA
71	CTV isolate Kat2 coat protein gene,	India	GQ475558	genomic RNA
72	CTV isolate Kat3 coat protein gene,	India	GQ475559	genomic RNA
73	CTV isolate Kat4 coat protein gene,	India	GQ475560	genomic RNA
74	CTV isolate Kat5 coat protein gene,	India	GQ475561	genomic RNA
75	CTV isolate Kat6 coat protein gene,	India	GQ475562	genomic RNA

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Virus Strain	Source	Accession No.	Genome region
76	CTV Keaowhan Mandarin 45 coat protein	Thailand	FJ440568	partial cds.
77	CTV Keaowhan Mandarin 49 coat protein	Thailand	FJ429962	partial cds.
78	CTV Keaowhan Mandarin 50 coat protein	Thailand	FJ440565	partial cds.
79	CTV Keaowhan Mandarin 69 coat protein	Thailand	FJ429963	partial cds.
80	CTV isolate CTV-L5 major coat protein	China	EF016126	complete cds.
81	CTV clone O2 capsid protein gene	Portugal	DQ660348	partial cds.
82	CTV clone O6 capsid protein gene	Portugal	DQ660349	partial cds.
83	CTV clone O7 capsid protein gene	Portugal	DQ660350	partial cds.
84	CTV CP gene for coat protein, O262.	Italy	FN661498	genomic RNA
85	CTV isolate P2 coat protein gene	India	GQ475564	complete cds.
86	CTV clone P2 capsid protein gene	Portugal	DQ660351	partial cds.
87	CTV isolate P3 coat protein gene	India	GQ475565	complete cds.
88	CTV isolate P4 coat protein gene	India	GQ475566	complete cds
89	CTV isolate P7 coat protein gene	India	GQ475567	complete cds
90	CTV clone P9 capsid protein gene	Portugal	DQ660352	partial cds.
91	CTV isolate P10 coat protein gene	India	GQ475568	complete cds.
92	CTV isolate P13 coat protein gene	India	GQ475569	complete cds
93	CTV isolate P14 coat protein gene	India	GQ475570	complete cds
94	CTV clone Q4 capsid protein gene	Portugal	DQ660353	partial cds.
95	CTV clone Q8 capsid protein gene	Portugal	DQ660354	partial cds.
96	CTV clone Q14 capsid protein gene	Portugal	DQ660355	partial cds.
97	CTV p25 gene for coat protein, QS2	Italy	FN552118	genomic RNA
98	CTV p25 gene for coat protein, QS4	Italy	FN552119	genomic RNA
99	CTV isolate S12 coat protein gene	China	FJ667600	complete cds.
100	CTV isolate S16 coat protein gene	China	FJ667601	complete cds.

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Virus Strain	Source	Accession No.	Genome region
101	CTV Shokun Mandarin 139 coat protein	Thailand	FJ440566	partial cds.
102	CTV Shokun Mandarin 141 coat protein	Thailand	FJ440567	partial cds.
103	CTV haplotype T6-31 coat protein	Portugal	AY764154	partial cds.
104	CTV isolate Tr11-a coat protein	Portugal	AY660010	complete cds.
105	CTV from India coat protein gene	India	EF647587	partial cds.
106	CTV isolate X21 coat protein gene	China	FJ667597	complete cds.
107	CTV isolate X24 coat protein gene	China	FJ667598	complete cds.
108	CTV isolate Y5 coat protein gene	China	FJ446483	complete cds.
109	CTV isolate Y8 coat protein gene	China	FJ446482	complete cds.
110	CTV isolate Y25 coat protein gene	China	FJ667599	complete cds.
111	CTV isolate Z14 coat protein gene	China	FJ622884	complete cds.
112	CTV isolate Z24 coat protein gene	China	FJ622885	complete cds.



ภาคผนวก ข

ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนในแต่ละส่วนของจีโนมของเชื้อ
Citrus Tristeza Virus (CTV) สายพันธุ์ A18 ประเทศไทย กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GENBANK

		81	116
A18 5'UTR	(74)	TTGCCTCACTACGCCCATACAAACAATCAATAAC----	
AB046398 5'UTR	(74)	TTGCCTCACTACGCCCATACAAACAATCAATAAT----	
CTAF001623 5'UTR	(75)	TTGCCCCACTACGGCCATACAAACAACAACAAT----	
DQ151548 5'UTR	(75)	TTGCCCCACTACGCCCATACAAACAACAACAAT----	
EU937519 5'UTR	(76)	TTGCCC-ACTACGCCCATACAAACAATAATAAC----	
HM573451 5'UTR	(75)	TTCCCCCACTACGCCCATACAAACAACACCGAC----	
AF260651 5'UTR	(77)	CGGTGTGTCTACGCCCATAAATATCA-ATACAAT----	
EU937520 5'UTR	(78)	CGGTGTGTCTACGCCCATAAATATCA-ATACAAC----	
Y18420 5'UTR	(77)	CGGTGTGTCTACGCCCATAAATATCA-ATACAAC----	
EU076703 5'UTR	(74)	AGGCTCAGCTACCCCATGCAA-ACCTAATTATAC-	
FJ525436 5'UTR	(74)	AGGCTCAGCTACCCCATACAA-AC-TAATTATAC-	
EU857538 5'UTR	(74)	AGGCTCAGCTACCCCATACAA-AC--ACAACAAT	
GQ454870 5'UTR	(77)	AGGCTCAGCTACCCCATCAAAACCTAACAATAAT----	
AY340974 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CGGAAATTACACT	
FJ525434 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTAACT	
FJ525435 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTAACT	
FJ525432 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
AY170468 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
CTU16304 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
DQ272579 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
EU937521 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
FJ525431 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
FJ525433 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
GQ454869 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
NC_001661 5'UTR	(75)	AAGCTCTAATAATTCCCA--CAA-CAAAAATTACACT	
Consensus	(81)	A GCTCTACTAC CCCA CAA CAAAAATTACACT	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

		1		80
A18 p349	(1)	MSKLGARFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTETTTKVVKKEFSAPMPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
AB046398 p349	(1)	MSKLGARFKSSTFAVRSDYIIISRIWRVENVGVLFHFFGTETTTKVVKKEFSAPMPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
AY170468 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNSDYTIISRIWRKLNITIVVLHYFGSVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
EU937521 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNSDYTIISRIWRKLNITIVVLHYFGSVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
AY340974 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNIDYTIISRIWRKLNITIVVLHYFGFVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVTSIVLLC		VL
CTU16304 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNSDYTIISRIWRKLNITIVVLHYFGFVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVTSFVLLC		VL
NC_001661 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNSDYTIISRIWRKLNITIVVLHYFGFVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVTSFVLLC		VL
DQ272579 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNSDYTIISRIWRKLNITIECTTTLVLES PRWFVTNR LICRSSLYGNLYFRFLFARLSRNSCCWASS		
FJ525431 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAFAASDYSYTIISRIWRENTIIVLHYFGSVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
FJ525433 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAFAASDYSYTIISRIWRRLNTIIVLHYFGSVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
GQ454869 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAFAASSEYTIISRIWRKLNITIVVLHYFGSVRITKVIIRDESADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
FJ525432 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAFAASDYSYTIISRIWRKLNITIVVLHYFGSVRITKVIIRDESADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
FJ525434 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNSDYTIISRIWRKLNITIVLHYFGSVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
FJ525435 p349	(1)	MSKLRGSFWSSAIAVNSDYTIISRIWRKLNITIVLHYFGSVRITKVIIRDKSADMPIVPLRKSVFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
GQ454870 p349	(1)	MSKLGASEFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENAIIGVLHFFGDKITTKVIKEFSAAGPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
EU076703 p349	(1)	MSRLGASEFGSSAFVRSDYTIISRIWRAENAIIGVLHFFGDKITTKVIKEFSAAGPIVPLRKSCFFFTVRAAVRAIKAAGRP		
FJ525436 p349	(1)	MSKLGASERSSAFVRSDYTIISRIWRAENAIIGVLHFFGDKITTKVIKEFSAAGPIVPLRKSCFFFTVRAAVRAIKAAGRP		
AF260651 p349	(1)	MSKLGASEFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTDTTTITTVKKEFSAAGPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
EU937520 p349	(1)	MSKLGASEFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTDTTTITTVKKEFSAAGPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
Y18420 p349	(1)	MSKLGASEFKSLTEAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTDTTTITTVKKEFSAAGPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
EU857538 p349	(1)	MSKLGARFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTETTTITTVKKEFSAPKPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
CTAF001623 p349	(1)	MSKLGARFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTETTTKVVKKEFSAPMPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
DQ151548 p349	(1)	MSKLGARFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTETTTKVVKKEFSAPMPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
EU937519 p349	(1)	MSKLGARFKSLTEAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTETTTKVVKKEFSAPQPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
HM573451 p349	(1)	MSKLRGRFKSSTFAVRSDYIIISRIWRAENTVGVLFHFFGTETTTITTVKKEFSAPKPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		
Consensus	(1)	MSKLRGSFSSAFVRSDYTIISRIWR FNTIGVLHFFGT RITKVIKEFSA MPIVPLRKSCFFFSVRAAVRAIKAAGRP		

ภาพผนวกที่ ข2 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p349 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยว ที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p349 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มี รายงานใน GENBANK

		81		160
A18 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVIDTSGVVRPRSVAGIWRYSLCKPPLSAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
AB046398 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVIDTSGVVRPRSVAGIWRYSLCKPPLSAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
AY170468 p349	(81)	LDAPHSGCLCGLPVINASGVVRPRSVAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSLSSRASSRFSREVERGTRSRHLRR		
EU937521 p349	(81)	LDAPHSGCLCGLPVINASGVVRPRSVAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSLSSRASSRFSREVERGTRSRHLRR		
AY340974 p349	(81)	LTLRIQGASVAFPLSTHLALFVPALFAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSESSRASSRFSREVERGTRSRHLRR		
CTU16304 p349	(81)	LTLRIQGASVAFPLSTHLALFVPALFAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSLSSRASSRFSREVERGTRSRHLRR		
NC_001661 p349	(81)	LTLRIQGASVAFPLSTHLALFVPALFAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSLSSRASSRFSREVERGTRSRHLRR		
DQ272579 p349	(81)	CRSAFRVPWPSPRYQRIWRCSSPLCFAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSLSSRASSRFSREVERGTRSRHLRR		
FJ525431 p349	(81)	LDAPHSGCLCGNPVINASGVVSPRSVAGFSRFSLCKPPLSAAAKKSIRQAKRESVSPFSRASSLFSREVERGTRSKLRR		
FJ525433 p349	(81)	LDAPHSGCLCGNPVINASGVVSPRSVAGFSRFSLCKPPLSAAAKKSIRQAKRESVSPFSRASSLFSREVERGTRSKLRR		
GQ454869 p349	(81)	LDAPHSGCLCGNPVINASGVVRPRSVAGFSRFSLCKPPLSAAAKKSIRQAKRESVSPFSRASSLFSREVERGTRSKLRR		
FJ525432 p349	(81)	LDAPHSGCLCGNPVINASGVVRPRSVAGFSRFSLCKPPLSAAAKKSIRQAKRESVSPFSRASSLFSREVERGTRSKLRR		
FJ525434 p349	(81)	LDAPHSGCLCGLPVFNASGVVSPRSVAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSLSSRASSRFSREVP CGTRSRHLRR		
FJ525435 p349	(81)	LDAPHSGCLCGLPVFNASGVVSPRSVAGFSRFSLCKPPLTSAAKRSLQAKRESVSLSSRASSRFSREVP CGTRSRHLRR		
GQ454870 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVFDASGVVRPRSVAGVWRFSLCKPPLTSAAKKSIRKAKKESASELSRASSLFSREVP CGTRHKLRR		
EU076703 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVFDASGVVRPRSVAGVWRFSLCKPPLTSAAKKSIRKAKKDSVSEPSRASSLFSREVP CGTRHKLRR		
FJ525436 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVFDASGVVRPRSVAGVWRFSLCKPPLTSAAKKSIRKAKKDSVSEPSRASSLFSREVP CGTRHKLRR		
AF260651 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVFDTSGVVRPRSVAGAWRYALCKPPLTAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
EU937520 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVFDTSGVVRPRSVAGAWRYALCKPPLTAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
Y18420 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVFDTSGVVRPRSVAGAWRYALCKPPLTAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
EU857538 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVVDTSGVVRPRSVAGLWRFSLSKPPLSAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
CTAF001623 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVIDTSGVVRPRSVAGIWRYSLCKPPLTAAAKK-SRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
DQ151548 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVIDTSGVVRPRSVAGIWRYSLCKPPLTAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
EU937519 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVIDTSGVVRPRSVAGIWRYSLCKPPLTAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
HM573451 p349	(81)	IDAPRSGCLCGLPVIDTSGVVRPRSVAGIWRYSLCKPPLTAAAKKSIRKAKKDSAFELSRASSLFSREVP CGTRHRLRR		
Consensus	(81)	IDAPRSGCLCGLPVID SGVVRPRSVAG WRFSLCKPPLTSAAKKSIRKAKKESVSF SRASSLFSREVP CGTR RLRR		

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		161		240
A18 p349	(161)	VMKRVDPTMHESPQDEIKCKGRRHGKTS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	CFGIVPTT-AWCSQADAAV
AB046398 p349	(161)	VMKRVDTTMHESPQDEIKCKGRRHGKNS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	TFGALPTT-AWCSPDAAV
AY170468 p349	(161)	VVRRADTAPVESPDQKPTRRNSRLGKTS	HLPYMGEAALDDILRWIEEVNPHPSMVAIPVPT	TFGTMEAT-AWCSRSEAAV
EU937521 p349	(161)	VVRRADTAPVESPDQKPTRRNSRLGKTS	HLPYMGEAALDDILRWIEEVNPHPSMVAIPVPT	TFGTMEAT-AWCSRSEAAV
AY340974 p349	(161)	VVRRADTAPV-SPQDKPTRRNSRLGKTS	HLPYVGEAALDDILRWIEEVNPHPSMVDIPVPT	TFGTMEAT-AWCSHSEAAV
CTU16304 p349	(161)	VVRRADTAPVESPDQKPTRRNSRLGKTS	HLPYVGEAALDDILRWIEEVNPHPSMVAIPVPT	TFGTMEAT-AWCSHSEAAV
NC_001661 p349	(161)	VVRRADTAPVESPDQKPTRRNSRLGKTS	HLPYVGEAALDDILRWIEEVNPHPSMVAIPVPT	TFGTMEAT-AWCSHSEAAV
DQ272579 p349	(161)	VVRRADTAPVESPDQKPTRRNSRLGKTS	HLPYVGEAALDDILRWIEEVNPHPSMVAIPVPT	TFGTMEAT-AWCSHSEAAV
FJ525431 p349	(161)	VVRRIDTTLPESPQDKPIRQNRRLGKTS	SOLPYMGEAALDDILRWIEGVNPHPSMVAIPVPT	AFGTMSAT-AWCSKSDAAV
FJ525433 p349	(161)	VVRRVDTTLPESPQDKPIRQNRRLGKTS	SOLPYMGEAALDDILRWIEGVNPHPSMVAIPVPT	AFGTMSAT-AWCSKSDAAV
GQ454869 p349	(161)	VVRRIDTTLPESPQDEPNRKNRRFGQTS	HLPYMGEAALDDILRWIEGVNPHPSMVAIPVPT	AFGTMSAT-AWCSNSDAAV
FJ525432 p349	(161)	VVRKTDTTLPESPQDKPIRQNRRLGKTS	HLPYMGEAALDDILRWIEGVNPHPSMVAIPVPT	AFGTMSAT-AWCSKSEAAV
FJ525434 p349	(161)	VVGRADTAPAESPDQKPTRRNSRLGKTS	HLPYMGEAALDDILRWIEGVNPHPSMVAIPVPT	NFGTMTTT-AWCSRSEAAV
FJ525435 p349	(161)	VVRRADTAPAESPDQKPTRRNSRLGKTS	HLPYMGEAALDDILRWIEEVNPHPSMVAIPVPT	NFGTMTTT-AWCSRSEAAV
GQ454870 p349	(161)	VVRRGKTTVHESPDQKIRNQGRRHGKTS	DLPYMGEAALDDILRWIEEVNPPASMVAIPVPT	IFGALPAT-AWCSPSDAAM
EU076703 p349	(161)	VMNRVNPTVHESPQDKNRNKGROHGKAS	ALPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	SFGAMPTT-AWCSPADAAV
FJ525436 p349	(161)	VMNRVNPTVHESPQDKNRNKGROHGKAS	ALPYMGEAALDDILRWIEEVNPPASMVAIPVPT	IFGALPTT-AWCSPSDAAV
AF260651 p349	(161)	VAKLVDPTVRESPQDKTKLKGRRYGKNS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	SFGTLPTT-AWCSEADAAV
EU937520 p349	(161)	VAKLVDPTVRESPQDKTKLKGRRYGKNS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	SFGTLPTT-AWCSEADAAV
Y18420 p349	(161)	VAKLVDPTVRESPQDKTKLKGRRYGKNS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVTPPPSMVAIPVPT	SFGTLPTT-AWCSEADAAV
EU857538 p349	(161)	VEKRVDPTLHESPQDEIKLKGRRRGKGS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	SFGTLPTT-AWCSEADAKV
CTAF001623 p349	(160)	VMKRVDPTMHESPQDEIKHKGRRHGKTS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	SFGIVPTT-AWCSPAEAAV
DQ151548 p349	(161)	VMERVDPTMHESPQDEIRHKGRRHGKTS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	TFGAVPTT-AWCSPADAAV
EU937519 p349	(161)	VMKRVDPTMHESPQDEIKLKGRRHGKNS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	SFGAVPTT-AWCSPADAAV
HM573451 p349	(161)	VMKRVDPTMHESPQDEIKHKGRRHGKTS	DLPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	SFGAVPTTGMVALLLTRLF
Consensus	(161)	VVRRVDTTM ESPQDK K KGRR GKTS	LPYMGEAALDDILRWIEGVNPPPSMVAIPVPT	ISFGTMPTT AWCS SDAAV

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		241		320
A18	p349	(240)	LRCLDYHAAETSE	RNEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
AB046398	p349	(240)	LRCLDYHAAETSE	RNEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
AY170468	p349	(240)	LRCLDYHAAETD	STQEKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
EU937521	p349	(240)	LRCLDYHAAETD	STQEKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
AY340974	p349	(239)	LRAALTITRLKLISPLSHSTYGT	SIMTYLLPLTVVRFLP-ASASIFPSKSKLGV
CTU16304	p349	(240)	LRAALTITRLKLISPLRRNTYGT	SIMTYLLPLTVVRFLP-ASASIFPSKSKLGV
NC_001661	p349	(240)	LRAALTITRLKLISPLRRNTYGT	SIMTYLLPLTVVRFLP-ASASIFPSKSKLGV
DQ272579	p349	(240)	LRAALTITRLKLISPLRRNTYGT	SIMTYLLPLTVVRFLP-ASASIFPSKSKLGV
FJ525431	p349	(240)	LRCLINYHAAETD	STQEKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
FJ525433	p349	(240)	LRCLINYHAAETD	STQEKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
GQ454869	p349	(240)	LRCLINYHAAETD	STQEKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
FJ525432	p349	(240)	LRCLINYHAAETD	STQEKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
FJ525434	p349	(240)	LRCLDYHAAETD	STQEKHIRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
FJ525435	p349	(240)	LRCLDYHAAETD	STQEKHIRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
GQ454870	p349	(240)	LRCLDYHAAETSE	HSEGHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
EU076703	p349	(240)	LRCLDYHAAETSE	HSEGHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
FJ525436	p349	(240)	LRCLDYHAAETSE	HSEGHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV
AF260651	p349	(240)	LRCLDYHAAATSE	RNEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
EU937520	p349	(240)	LRCLDYHAAATSE	RNEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
Y18420	p349	(240)	LRCLDYHAAATSE	RNEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
EU857538	p349	(240)	LRCLDYHAAETSE	RNEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
CTAF001623	p349	(239)	LRCLIDYHAAETSE	RNEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
DQ151548	p349	(240)	LRCLIDYHAAETSE	RDEGKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
EU937519	p349	(240)	LRCLDYHAAETSE	RDERKHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
HM573451	p349	(241)	LRCLDYHAAETSE	RNDGAREIRPIMTLSSAANRPRTVSPRKCGRIEPPSGSALGVEVPST
Consensus		(241)	LRCLDYHAAETSE	E KHVRYVYNDVSSAANRPRTVSPRKCGSVFPPSKSKLGV

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		321		400
A18 p349	(320)	VPRVRLFRPARNNFFTSVVSERRVCY	YKPGPGGRGSVLRS	SDGVNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKGRFLGESSNLDNAKV
AB046398 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	FRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGARVHCLWESSDIDDAKV
AY170468 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGARVREFWESSDIDDAKV
EU937521 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGARVREFWESSDIDDAKV
AY340974 p349	(318)	VRASFVPSSAEQFFQFRQRTHVLAITD	PVLCGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAESLGARVREFWESSADVDDAKV
CTU16304 p349	(319)	VRASFVPSSAEQFFHFRRQRTHVLAITD	PVLCGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAESLGARVREFWESSDIDDAKV
NC_001661 p349	(319)	VRASFVPSSAEQFFHFRRQRTHVLAITD	PVLCGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAESLGARVREFWESSDIDDAKV
DQ272579 p349	(319)	VRASFVPSSAEQFFHFRRQRTHVLAITD	PVLCGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAESLGARVREFWESSDIDDAKV
FJ525431 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKAREFWESSDIDDTKI
FJ525433 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKAREFWESSDIDDTKI
GQ454869 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKVREFWESSDIDDAKI
FJ525432 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKAREFWESSDIDDAKI
FJ525434 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKVREFWESSDIDDAKV
FJ525435 p349	(320)	VRRVRLFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGCTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKVREFWESSDIDDAKV
GQ454870 p349	(320)	VRRVRMFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKARCLWESSDIDDAKV
EU076703 p349	(320)	VRRVRMFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKARCLWESSDIDDAKV
FJ525436 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKARCLWESSDIDDAKV
AF260651 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKTLGARVRCLWESSDIDDAKV
EU937520 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKTLGARVRCLWESSDIDDAKV
Y18420 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKTLGARVRCLWESSDIDDAKI
EU857538 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKVRCLWESSDIDDAKV
CTAF001623 p349	(318)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKVRCLWESSDIDDAKI
DQ151548 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKVRCLWESSDIDDAKI
EU937519 p349	(320)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKVRCLWESSDIDDAKI
HM573451 p349	(321)	VRRVRMFRPGRNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPNGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKALGAKVRCLWESSDIDDAKI
Consensus	(321)	VRRVRMFRPARNNFFTSVVSGRRCVY	YRPGPGTVSVLMSDGV	NNTARLDVVAPAYYAYAKSLGAKVREFWESSDIDDAKV

ภาพผนวกที่ ๒ (ต่อ)

		401		480
A18	p349	(400)	RDGQCYVRHVFENGPLYFGKRANISGRKARGMSPTGGALKVYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSIP	
AB046398	p349	(400)	RDGQCYIRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGMYPITVGALKAYLIVREYGRESLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSFVDIRSIP	
AY170468	p349	(400)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRRALGMYPITVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSIP	
EU937521	p349	(400)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRRALGMYPITVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSIP	
AY340974	p349	(398)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRRALGMYPITGGALPAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSLNFQVEMIRSIP	
CTU16304	p349	(399)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRRALGMYPITVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSLNLQVDIRSIP	
NC_001661	p349	(399)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRRALGMYPITVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSLNLQVDIRSIP	
DQ272579	p349	(399)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRRALGMYPITVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSLNLQVDIRSIP	
FJ525431	p349	(400)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADFSVRRALGLYPTVGAFKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTESSVDIRSIP	
FJ525433	p349	(400)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADFSVRRALGLYPTVGAFKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTESSVDIRSIP	
GQ454869	p349	(400)	RDGQCYIRHVFDVALYFGRRADFSVRRALGLYPTVGAFKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTESSVDIRSIP	
FJ525432	p349	(400)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADFSVRRVILGLYPTVGAFKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTESSVDIRSIP	
FJ525434	p349	(400)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRRALGMYPITVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSIP	
GQ454870	p349	(400)	RDGQCYVRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGMYPITVGAFKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKHVSVDIRSIP	
EU076703	p349	(400)	RDGQCYVRHVYDVALYFGRRVDLSMCRITLGMYPITVGALKVILLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKQWVDIRTIP	
FJ525436	p349	(400)	RDGQCYVRHVYDVALYFGRRVDLSMCRITLGMYPITVGALKVILLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKQWVDIRTIP	
AF260651	p349	(400)	RDGQCYIRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGLFPTVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSVP	
EU937520	p349	(400)	RDGQCYIRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGLFPTVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSVP	
Y18420	p349	(400)	RDGQCYIRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGLFPTVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSVP	
EU857538	p349	(400)	RDGQCYVRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGMFPTVGALKTYLIVREYGRESLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSFVDIRSIP	
CTAF001623	p349	(398)	RDGHICYVRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGLFPTVGALKAYLIVREYGRESLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSCVDIRSIP	
DQ151548	p349	(400)	RDGQCYVRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGLFPTVGALKAYLIVREYGRESLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSCVDIRSIP	
EU937519	p349	(400)	RDGQCYVRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGLFPTVGALKAYLIVREYGRESLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSFVDIRSIP	
HM573451	p349	(401)	RDGQCYVRHVYDVALYFGRRVDLSVRRITLGLFPTVGALKAYLIVREYGRESLKVPMRGTYTFGSVFHSLSTKSFVDIRSIP	
Consensus		(401)	RDGQCYVRHVFDDVALYFGRRADLSVRR LGMYPTVGALKAYLIVREYGRDSLKVPMRGTYTFGSVFHCLSTKSSVDIRSIP	

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		481	560
A18 p349	(480)	NHHLVGGASAHVLI	QIRVGVPGGVSKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSS-GSSSSGGSRYCSDCSTPRSLPSPSVFGPTL
AB046398 p349	(480)	NHHLVGGASAHVFI	GOIRVDVPGGVSKPSRAAVRRRNRRRLREDGFLGST-DSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSIVGPTL
AY170468 p349	(480)	NHHLVGGTSAHVLI	GOVRVSIPIGSIVKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSSGSSSSAGESTRCSDCSSPRGLPSPSVLKPSL
EU937521 p349	(480)	NHHLVGGTSAHVLI	GOVQVSVPGSIVKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSSGSSSSAGESTRCSDCSSPRGLPSPSVLKPSL
AY340974 p349	(478)	NHHLVGGTSAHVLI	GOVRVSVPGSIVKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSSGSSSSAGESTRCSDCSSPRGLPGPSVLKPSL
CTU16304 p349	(479)	NHHLVGGTSAHVLI	GOVRVSVPGSIVKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSSGSSSSAGESTRCSDCSSPRGLPSPSVLKPSL
NC_001661 p349	(479)	NHHLVGGTSAHVLI	GOVRVSVPGSIVKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSSGSSSSAGESTRCSDCSSPRGLPSPSVLKPSL
DQ272579 p349	(479)	NHHLVGGTSAHVLI	GOVRVSVPGSIVKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSSGSSSSAGESTRCSDCSSPRGLPSPSVLKPSL
FJ525431 p349	(480)	NHHLVGGTSAHVLI	GOIRINVPGSTTKPSRSAVRRRNRRMRREDGYLGSSGSSSTGESNYCSDCSSPRSMPSPTILKPSL
FJ525433 p349	(480)	NHHLVGGTSAHVLI	GOIRINVPGSTTKPSRSAVRRRNRRMRREDGYLGSSGSSSTGESNYCSDCSSPRSMPSPTILKPSL
GQ454869 p349	(480)	NHHLVGGTSAHVLI	GOIRINVPGSTTKPSRSAVRRRNRRMRREDGYLGSSGSSSARESNYCSDCSSPRSTPSPSTILKPSL
FJ525432 p349	(480)	NHHLVGGTSAHVLI	GOIRNVPGSTSKPSRSAVRRRNRRMRREDGYLGSSGSSSVIGESNYCSDCSSPRSTPSPSTILKPSL
FJ525434 p349	(480)	NHHLVGGTPAHVLI	GOVRVSIPIGSIVKPSRSVRRRNRRMRREDGFLGSSSSSSAGESTYCSDCSSPRSLPSPSVLKPSL
FJ525435 p349	(480)	NHHLVGGTPAHVLI	GOVRVSIPIGSIVKPSRSVRRRNRRMRREDGFLGSSSSSSAGESTYCSDCSSPRSLPSPSVLKPSL
GQ454870 p349	(480)	NHHLVGGNSAQVLI	GOIRVDVPGSVVKPSRSAIRRRNRRRLRKGNFIGSS-ESSSSGWSKHCSDCSSPRAPPSPSVLKPSL
EU076703 p349	(480)	NHHLVGGNSAQILI	GOIRVDVAGSVAKPSRSAIRRRNRRRLRKDGEIGSS-ESSSSGWSRHCSDCSTPRAPPSPSVLKPNL
FJ525436 p349	(480)	NHHLVGGNSAQILI	GOIRVDVAGSVAKPSRSAIRRRNRRRLRKDGEIGSS-ESSSSGWSRHCSDCSTPRAPPSPSVLKPNL
AF260651 p349	(480)	NHHLVGGESAHLFV	GOIRLDVGGVSKPSRSAVRRRNRRRLREDGFLGST-DSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSVVGPTL
EU937520 p349	(480)	NHHLVGGESAHLFV	GOIRLDVGGVSKPSRSAVRRRNRRRLREDGFLGST-DSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSVVGPTL
Y18420 p349	(480)	NHHLVGGESAHLFV	GOIRLDVGGVSKPSRSAVRRRNRRRLRKDGFLGST-DSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSVVGPTL
EU857538 p349	(480)	NHHLVGGVSAHV	FVGOIRLDVAGSVSKPSRSAVRRRNRRRLRKDGFLGSS-DSSSSGESRYCSGCSTPRSSPSPSVIGPTL
CTAF001623 p349	(478)	NHHLVGGASAHVFI	GOIRVDVPGGVTKPSRAAIRRRNRRRLREDGFLSNT-GSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSIVGPTL
DQ151548 p349	(480)	NHHLVGGASAHVFI	GOIRVDVPGGVSKPSRAAVRRRNRRRLREDGFLGST-DSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSIVGPTL
EU937519 p349	(480)	NHHLVGGASAHVFI	GOIRVDVPGGVSKPSRAAVRRRNRRRLREDGFLGST-DSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSIVGPTL
HM573451 p349	(481)	NHHLVGGASAHVFI	GOIRVGVPGGVSKPSRAAVRRRNRRRLREDGFLGST-DSSSSGGSRYCSDCSTPRSPFPSIVGPTL
Consensus	(481)	NHHLVGG SAHVLI	QIRV VPGSVSKPSRSAVRRRNRRMRREDGFLGSS SSSSGESRYCSDCSSPRSLPSPSVLKPSL

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		561		640
A18 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-PFYTRFENCEDFAVLRASVGGL	
AB046398 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYTRFENGDDFAVLRAPPVCSF	
AY170468 p349	(560)	GRIPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCTYVKRYNSRK-SFYTRFESGR-DYLVLRASVGGL	
EU937521 p349	(560)	GRIPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCTYVKRYNSRK-SFYTRFESGR-DYLVLRASVGGL	
AY340974 p349	(558)	GRIPSI	DRKFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVLTGANFDELCHAVLIRMSKGTTLLEILLHSIRERKGLLGFAACFRWCF	S
CTU16304 p349	(559)	GRIPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVLIRMSKGTTLLEILLHSIRERKGLLGFAACFRWCS	S
NC_001661 p349	(559)	GRIPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVLIRMSKGTTLLEILLHSIRERKGLLGFAACFRWCS	S
DQ272579 p349	(559)	GRIPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVLIRMSKGTTLLEIHLHSIREGKGLLGFAACFRWCS	S
FJ525431 p349	(560)	GRVPSI	DQRFREFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCTYVKRYNSRK-SFYTRFESCGDYVVLRRASVGGL	
FJ525433 p349	(560)	GRVPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCTYVKRYNSRK-SFYTRFESCGDYVVLRRASVGGL	
GQ454869 p349	(560)	GRVPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCTYVKRYNSRK-SFYTRFESCGDYVVLRRASVGGL	
FJ525432 p349	(560)	GRVPSI	DQRFREFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCTYVKRYNSRK-SFYTRFESCGDYVVLRRASVGGL	
FJ525434 p349	(560)	GRIPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCSYVKRYNSRK-SFYTRFESGRDYVVLRRASVGGL	
FJ525435 p349	(560)	GRIPSI	DRRFRFPAGTQLRVSVPRRVDDHVYVSTGQNFDELCHAVCSYVKRYNSRK-SFYTRFESGRDYVVLRRASVGGL	
GQ454870 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRYPANTQLNVSTPKRSDDRVYVSGQNFDMCRSVCTYVTRYNSRK-SFYTRFENCEDEIVLRRASVRL	G
EU076703 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRYPVGTQLNVSTPKRADDRVYVSGQDFDDLCHSVCTYVKRYDSRK-SFYTRFENCEDEIVLRRASVGGL	
FJ525436 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRYPVGTQLSVSIPKRADDRVYVSGQDFDDLCHSVCTYVKRYNSRK-SFYTRFENCEDEIVLRRASVGGL	
AF260651 p349	(559)	GRIPSV	NRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYTRFENGDDFAVLRASVGGL	
EU937520 p349	(559)	GRIPSV	NRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYTRFENGDDFAVLRASVGGL	
Y18420 p349	(559)	GRIPSV	NRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRMYVSDGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYTRFENGDDFAVLRASVGGL	
EU857538 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRFPADTQLSVSIPKRDDDRVYVSHGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-VFYTRFENCEDFAVLRASVGGL	
CTAF001623 p349	(557)	GRIPSI	INRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYT-FENGDDFAVLRASAGGL	
DQ151548 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYTRFENGDDFAVLRASVGGL	
EU937519 p349	(559)	GRIPSI	INRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYTRFENGDDFAVLRASVGGL	
HM573451 p349	(560)	GRIPSI	INRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQDFDELCHAVCTYVKRYNSRK-AFYTRFENGDDFAVLRASVGGL	
Consensus	(561)	GRIPSI	INRKFRFPAGTQLSVSIPKRDDDRVYVSGQNFDELCHAVCTYVKRYNSRK-SFYTRFENGDDFAVLRASVGGL	

ภาพผนวกที่ ๒ (ต่อ)

		641		720
A18 p349	(638)	LPYFVKRGVVI	RLVSLCRASRYEH	HHYDASIEKPGLSWVOKTSFRMVEVNTSVGRS
AB046398 p349	(638)	LPCFVKRGV	IRLGLSLCRASRYEH	HHYDASIERRGLSWVRKSGFRMVEVNTPVERS
AY170468 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENQYAAVMDVGT	SWVPKGYVPDVDVVKRR---RSRNRFPPLSHRAVDQSVPALQSS-
EU937521 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENQYAAVMDVGT	SWVPKGYVPDVDVVKRR---RSRNRFPPLSHRAVDQSVPALQSS-
AY340974 p349	(638)	HVFVKRGNFTARFP	--KSAVRYENQYAAVMDVGT	SCLPKGYVQDQDQVVKRR---RSRNRFPPLSHRAVDQSVPALQSS-
CTU16304 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENQYAAVMDVGT	SWVPKGYVPDVDVVKRR---RSRNRFPPLSHRAVDQSVPALQSS-
NC_001661 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENQYAAVMDVGT	SWVPKGYVPDVDVVKRR---RSRNRFPPLSHRAVDQSVPALQSS-
DQ272579 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--NSAVRYENQYAAVMDVGT	SWVPKGYVPDVIIVKRR---GSRNRFPPLSHRAVDQSVPALQSS-
FJ525431 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYESRYAATMTDVGT	SWVPKGYVPDAIIVKRR---RSRNRFPPLSRRVVDQSVPALPSS-
FJ525433 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYESRYAATMTDVGT	SWVPKGYVPGVEIVKRR---RSRNRFPPLSRRVVDQSVPALPSS-
GQ454869 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENHYAATMTDVGT	SWVPKGYVPDVEIVKRR---RSRNRLLL SRRVVDQSVPALPSS-
FJ525432 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENHYAATMTDNGISW	VPKGYVPDVEIVKRR---RSRNRLLPPRRVVDQSVPALPSS-
FJ525434 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENHYAAVMDVGT	TRWVPKDCVPDVEIVKLR---RSRNRFPPLSHHVDQSVPALQPS-
FJ525435 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--ISAVRYENHYAAVMDVGT	TRWVPKDCVPDVEIVKRR---RSRNRFPPLSHHVDQSVPALQPS-
GQ454870 p349	(638)	HVFVKRGSC	TARFP--LTASRYESKYDECMKDSNLT	WVVKGHCPIEVVRR---RSCVGRSSVNSSSALVQVSSDQSG
EU076703 p349	(638)	HVFVKRGSC	TARFP--LTASRYEAKYDEYMKDYDL	SWVKKDRHLDVEVIRRR---RSGVSRRSAGPPSVGTRVSSDQOSE
FJ525436 p349	(638)	HVFVKRGSC	TARFP--LTASRYEAKYDEYMKDYDL	SWVKKDRHLDVEVIRRR---RSGVSRRSAGPPSVGTRVSSDQOSE
AF260651 p349	(638)	HVFVKRGS	SFTARFP--MSASRYEH	HHYDASMKGAGLSWVRKSQFENVEVIRRR---RSRASGSSASFPDANLQVSSDRPSE
EU937520 p349	(638)	HVFVKRGS	SFTARFP--MSASRYEH	HHYDASMKGAGLSWVRKSQFENVEVIRRR---RSRASGSSASFPDANLQVSSDRPSE
Y18420 p349	(638)	HVFVKRGS	SFTARFP--MSASRYEH	HHYDASMKGAGLSWVRKSQFENVEVIRRR---RSRASGSSASFPDANLQVSSDRPSE
EU857538 p349	(638)	HVFVKRGNFTARFP	--MSASRYEH	HHYDASMKGTGLSWVRKSRFENVEVIRRR---RSRASNSSANLPDANLRVNSDQPS
CTAF001623 p349	(635)	HVFVKRGNFTARFP	--MSASRYEH	HHYDASMKGAGLSWVRKSRFENVEVIRRR---RSRTGGSLASFPDANLRINSDQPSD
DQ151548 p349	(638)	HVFVKRGNFTARFP	--MSASRYEH	HHYDASMKGAGLSWVRKSRFENVEVIRRR---RSRTGGSLASFPDANLRINSDQPSD
EU937519 p349	(638)	HVFVKRGNFTARFP	--MSASRYEH	HHYDASMKGAGLSWVRKSRFENVEVIRRR---RSRTGGSLASFPDANLRINSDQPSD
HM573451 p349	(639)	HVFVKRGNFTARFP	--MSASRYEH	HHYDASMKGAGLSWVRKSRFENVEVIRRR---RSRTGGSLASFPDANLRINSDQPSD
Consensus	(641)	HVFVKRGNFTARFP	ISASRYE	HYDASMDGLSWVKPDVEVVKRRRSR R S VD V A Q S

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		721	800
A18 p349	(718)	LFKLLPV	LNESSTRLRGASSPR---TLISWLKGSGLGVKGGSPSLLEYAARGQRSTWNVGKIWCISVFPRGTVYNARV
AB046398 p349	(718)	LFKQLPV	SGENSPIRLRGASSPRTLIS---WLKGSGLGIKVGSPSHHLECAARGQRSTWNGKIWCISVFPSSTTVYNARV
AY170468 p349	(713)	PVEVASVSSDKP-	SSSQKASSPSTSSSSSFNSTRSSDWNVGFSHRTTNKVR-EPRISAGHRR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
EU937521 p349	(713)	PVEVASVSSDKP-	SSSQKASSPSTSSSSSFNSTRSSDWNVGLSHRTTNKVR-EPRISAGHRR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
AY340974 p349	(712)	PVEVASVSSDKP-	SSSQKASSPSTSSSSSFNSTRSSDWNVGLSHRTTNKVR-EPRYAGHFR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
CTU16304 p349	(713)	PVEVASVSSDKP-	SSSQKASSPSTSSSSSFNSTRSSDWNVGFSHRTTNKVR-EPRYAGHRR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
NC_001661 p349	(713)	PVEVASVSSDKP-	SSSQKASSPSTSSSSSFNSTRSSDWNVGFSHRTTNKVR-EPRYAGHRR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
DQ272579 p349	(713)	PVEVVCVSSDKP-	SSSQKASSPSTSSSSSFNSTRSSDWNVGLSHRTTNKVR-EPRYAGHFR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
FJ525431 p349	(713)	PVEVTSASSDRS-	SSSEKASTAS-----FDSVKSSDWNVVGSSRRTTTDVR-ESCLTGRGK--IGNEPFFPRGTVYNTS-
FJ525433 p349	(713)	PVEVTSASSDRS-	SSSEKASTPS-----FDSVKSSDWNVVGSSRRTTTGVR-ESRFTGRGK--IGNETFFPRGTVYNTS-
GQ454869 p349	(713)	PVEVTSASSDRS-	SSSEKASTPS-----LDSVRSSDWNVGFSSRRTTTKVR-ESRFTGRGK--IGNETFFPRGTVYNAS-
FJ525432 p349	(713)	SVEVTSASSDRS-	SSSEKASTPS-----CDSVRSSDWNVVGYSRRTTTKVR-ESRFTGRGK--IGNEPFFPRGTVYNTTP-
FJ525434 p349	(713)	PVEVASVSSDKP-	SSSQKASSPSSSSSS-FNSIKSSDWNVGFSHRTTNKVR-EPRISAGHCR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
FJ525435 p349	(713)	PVEVASVSSDKP-	SSSQKASSPSSSSSSFNSTRSSDWNVGFSHRTTNKVR-EPRISAGHCR--IGNETFFPRGTVYNTTP-
GQ454870 p349	(713)	PTEAVSVPSDDS-	SPRRNASLPR-----PGVESSWIKVNSQDRCTRTVR-GRPSTNHGK--IGDEVEFPKGTVYNNAH-
EU076703 p349	(713)	PTEAVPTLVEDYSPCRDALSS	-----QPGVGSAWFKVNSPNCARTVR-EHRSTNKGK--IGDEDFPRGTVYNNAH-
FJ525436 p349	(713)	PTEAVPTLVEDYSPCRDALSS	-----QPGVGSAWFKVNSPNCARTVR-EHRSTNKGK--IGDEDFPRGTVYNNAH-
AF260651 p349	(713)	SVQVVPMLDEGS-	SPPRGVPSPRRNPV---EGSG---WYSVGSPSRRSSTTR-GQRSAERGK--IGDESFPSCGTVYNAR-
EU937520 p349	(713)	SVQVVPMLDEGS-	SPPRGVPSPRRNPV---EGSG---WYSVGSPSRRSSTTR-GQRSAERGK--IGDESFPSCGTVYNAR-
Y18420 p349	(713)	SVQVVPMLDEGS-	SPPRGVPSPRRDPV---EGSG---WYSVGSPSRRSSTTR-GQRSAERGK--IGDESFPSCGTVYNAR-
EU857538 p349	(713)	SIQTVPV	LNENS-SPFRGVSSPQRDPA---EGSG---WYKVGSPSRRSNTAR-GQSFTERRK--IGDESFPSCGTKYNVR-
CTAF001623 p349	(710)	SVQAVPV	SGENS-PSSRGASSPRRDPV---EGSG---WYKVGSPSHHSSAAR-GQRSTERRK--IGDESFPSSNTVYNAR--
DQ151548 p349	(713)	SVQAVPV	SGENS-PSSRGASSPRRDTV---EGSG---WYKVGSPSHHSSAAR-GQRSIERGK--IGDESFPSSSTTVYNAR-
EU937519 p349	(713)	SVQAVPV	SGENS-PSSRGASSPRRDPV---EGSG---WYKVGSPSHHSSAAR-GQRSTERGK--IGDESFPSSSTTVYNNAH-
HM573451 p349	(714)	SVQAVPV	SGENS-PSSRGASSPRRDPV---EGSG---WYKVDSPSHHSSAAR-GQRSTERGK--IGDESFPSSSTTVYNAR-
Consensus	(721)	PVEVV VSSD S SSS ASSP	S SS WV VGS R T VR E RST RGK IG FTFFPRGTVYNA

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		801																													880								
A18	p349	(795)	DERCLN	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	SL	SD	GE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
AB046398	p349	(795)	DERCLN	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	FLAR	LSS	YRP	SL	SD	GE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
AY170468	p349	(788)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V		
EU937521	p349	(788)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V		
AY340974	p349	(787)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	S	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	D	G	Q		
CTU16304	p349	(788)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	D	G	Q		
NC_001661	p349	(788)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	D	G	Q		
DQ272579	p349	(788)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	S	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	D	G	Q		
FJ525431	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	CT	VC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DD	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
FJ525433	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DD	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V		
GQ454869	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DD	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V		
FJ525432	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DD	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	ES	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V		
FJ525434	p349	(787)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	QT	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V		
FJ525435	p349	(788)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	TAC	SF	LR	ILLAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	PV	QT	GL	VK	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V		
GQ454870	p349	(780)	VDES	YK	RV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V
EU076703	p349	(780)	VDES	YK	RV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V
FJ525436	p349	(780)	VDES	YK	RV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V
AF260651	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
EU937520	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
Y18420	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
EU857538	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
CTAF001623	p349	(778)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
DQ151548	p349	(782)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	
EU937519	p349	(782)	VDE	HAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V
HM573451	p349	(783)	VDE	CAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V
Consensus		(801)	VDERAY	KRV	LK	LR	DT	SAS	SF	LR	IV	LAR	LSS	YRP	--	LS	DE	FF	NK	CV	TS	RF	VAC	IE	AV	ES	GL	VT	VH	FR	SD	VF	RA	SF	PF	G	-	V	

ภาพผนวกที่ ๒ (ต่อ)

	881	960
A18 p349	(874)	YLYTRHAFDI YSGKLL ELDSYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKLA VEY
AB046398 p349	(874)	YLYTRHAFDI YSGKLL QLD SYGFSEDLKDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPHVFEVQHRLERLYGKRA VEY
AY170468 p349	(864)	NLYTRHAFDIGSGGLI GLDGYGFSESLKDGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPPYVFEVQHRLERLYGKAALRYG
EU937521 p349	(864)	NLYTRHAFDIGSGGLI GLD SYGFSESLKDGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPPYVFEVQHRLERLYGKAALRYG
AY340974 p349	(863)	PIHPATALTVEVVVSWDWMVTA FQNPLKDGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPPYVFEVQHRLERLYGKADVRYG
CTU16304 p349	(865)	PIHPATALTLEV VVSWDWMVTA FQNPLKDGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPPYVFEVQHRLERLYGKAALRYG
NC_001661 p349	(865)	PIHPATALTLEV VVSWDWMVTA FQNPLKDGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPPYVFEVQHRLERLYGKAALRYG
DQ272579 p349	(865)	PIHPATALTLEV VVSWDWMVTA FQNPLKDGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPPYVFEVQHRLERLYGKATLRYG
FJ525431 p349	(858)	NLYTRHAFDIGSGSLI GLDAYGFSESLKEGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPHIFEVQHRLERLYGKAASRYG
FJ525433 p349	(858)	NLYTRHAFDIGSGSLI GLDAYGFSESLKEGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPHIFEVQHRLERLYGKAASRYG
GQ454869 p349	(858)	NLYTRHAFDIGSGSLI GLD TYGFSESLKEGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPRIFEVQHRLERLYGKAASRYG
FJ525432 p349	(858)	NLYTRHAFDIGSGSLI KLD TYGFSESLKEGYCYIRHIAEVSLSMGRIVFFRRDVLGPFPPYIFEVQHRLERLYGKAASRYG
FJ525434 p349	(863)	KLYTHHAFDIGSGGLI GLDNYGLSESLKDGYCYIRHIAEISLSMGRIVFFRRDVLGPFPHVFEVQHRLERLYGKAALCYG
FJ525435 p349	(864)	KLYTRHAFDIGSGGLI GLDNYGLSESLKDGYCYIRHIAEISLSMGRIVFFRRDVLGPFPHVFEVQHRLERLYGKAALCYG
GQ454870 p349	(856)	HLYTRHAFDI YSGKLL VLD TYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGRIVFFRRDVNLGAYPYVFEVQHRLERLYGKQALKYG
EU076703 p349	(856)	HLYTRHAFDI YSGKLL ALD TYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGRIVFFRRDVNLGAYPYVFEVQHRLERLYGKLALKYG
FJ525436 p349	(856)	HLYTRHAFDI YSGKLL ALD TYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGRIVFFRRDVNLGAYPYVFEVQHRLERLYGKLALKYG
AF260651 p349	(858)	YLYTRHAFDI YSGRLI QLD SYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYS
EU937520 p349	(858)	YLYTRHAFDI YSGKLL QLD SYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYS
Y18420 p349	(858)	YLYTRHAFDI YSGRLI QLD SYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYS
EU857538 p349	(858)	YLYTRHAFDI DSGKLL QLD TYGFSEDLRDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYS
CTAF001623 p349	(854)	YLYTRHAFDI YSGKLL QLD SYGFSEDLKDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYG
DQ151548 p349	(858)	YLYTRHAFDI YSGKLL NLD RYGFSEDLKDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYG
EU937519 p349	(858)	YLYTRHAFDI YSGKLL QLD SYGFSEDLKDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYG
HM573451 p349	(859)	YLYTRHAFDI YSGKLL QLD SYGFSEDLKDGYCYIRHIAEVCLSMGKIVFFRRDVNLGAFPYVFEVQHRLERLYGKRAVEYG
Consensus	(881)	YLYTRHAFDI SGKLL LDSYGFSEDLKDGYCYIRHIAEVCLSMGRIVFFRRDV LGAFPYVFEVQHRLERLYGK AVRYG

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		961		1040
A18 p349	(954)	VRGYFSAPRLYHCCYTDSRPRLRSLNKYHRMGGEDGPLLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
AB046398 p349	(954)	VRGYFSATRLFHCCFTDSRPFPKSLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
AY170468 p349	(944)	VRGOYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
EU937521 p349	(944)	VRGOYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
AY340974 p349	(943)	VRGOYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
CTU16304 p349	(945)	VRGOYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
NC_001661 p349	(945)	VRGOYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
DQ272579 p349	(945)	VRGOYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFIGYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
FJ525431 p349	(938)	VRGYYSAPRLYHCCYHDSPKPLTSFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
FJ525433 p349	(938)	VRGHYSAPRCFHCCYDSDPKPLTSFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
GQ454869 p349	(938)	VRGYYSAPRCFHCCYDSDPKPLTSFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
FJ525432 p349	(938)	VRGHYSASRLYHCCYDSDPKPLTSFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
FJ525434 p349	(943)	VRGHYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
FJ525435 p349	(944)	VRGHYSAPRCFHCCYNDSRPPMASFNKYHKMGGEDNSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRNIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
GQ454870 p349	(936)	VRGYYSASRLYHCCYNDSPKPLRLNMYHKMGGEDGSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
EU076703 p349	(936)	VRGYYSASRLYHCCYNDSRPMPKLLNKYHKMGGEDGSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
FJ525436 p349	(936)	VRGYYSASRLYHCCYNDSRPMPKLLNKYHKMGGEDGSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
AF260651 p349	(938)	VRGYFSAPRLYHCCFTDSRPFPFRFLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
EU937520 p349	(938)	VRGYFSAPRLYHCCFTDSRPFPFRFLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
Y18420 p349	(938)	VRGYFSAPRLYHCCFTDSRPFPFRFLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
EU857538 p349	(938)	VRGYFSAPRLYHCCFTDSPKPFERSLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
CTAF001623 p349	(934)	VRGYFSATRLYHCCFTDSRPFPKSLNMYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
DQ151548 p349	(938)	VRGYFSATRLYHCCFTDSRPFPKSLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
EU937519 p349	(938)	VRGYFSATRLYHCCFTDSRPFPKSLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
HM573451 p349	(939)	VRGYFSATRLYHCCFTDSRPFPKSLNKYHKMGGEEGALLITDTRDLRAVGSAYEKVKGRIPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		
Consensus	(961)	VRGYYSAPRLFHCCYDSRPMPKSLNKYHKMGGEDGSLIITDTRDLRAVGSAYEKVKRLPDSSLVRSVEKDLIEFNQTL		

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1041		1120
A18	p349	(1034)	VDAQRARPGVVVPFQMS	EQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
AB046398	p349	(1034)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
AY170468	p349	(1024)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
EU937521	p349	(1024)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
AY340974	p349	(1023)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
CTU16304	p349	(1025)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
NC_001661	p349	(1025)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
DQ272579	p349	(1025)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
FJ525431	p349	(1018)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	GNQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
FJ525433	p349	(1018)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
GQ454869	p349	(1018)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
FJ525432	p349	(1018)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
FJ525434	p349	(1023)	VDMHRSRPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
FJ525435	p349	(1024)	VDMHRSRPGVITVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGTDYSDVGGCPLFHLRAGH
GQ454870	p349	(1016)	VDAQRARPGVVVPFQMS	EQQVMLTRAYPEFNINFTHSAHSDHPVAAGSRALENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
EU076703	p349	(1016)	VDAQRARPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKYAGRDYSDVGGCPLFHLRAGH
FJ525436	p349	(1016)	VDAQRARPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
AF260651	p349	(1018)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
EU937520	p349	(1018)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
Y18420	p349	(1018)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
EU857538	p349	(1018)	VDMQRARPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
CTAF001623	p349	(1014)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
DQ151548	p349	(1018)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKSAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
EU937519	p349	(1018)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
HM573451	p349	(1019)	VDTORARPGVAVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRMLENHLVRKYAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH
Consensus		(1041)	VDMQRARPGVVVPFQMS	ENQQVMLTRAYPEFNINFTHSVHSDHPVAAGSRALENHLVRKHAGSDYSDVGGCPLFHLRAGH

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1121	1200
A18 p349	(1114)	SGVHVCRPVYDIKDAHRRVVRHHQLGRVALDHTDGSKQVG	AVNTNSVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
AB046398 p349	(1114)	TGVHVCRPVYDIKDAHRRVVRHHQLSKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
AY170468 p349	(1104)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAMVMQVYDVPLRELGRAM
EU937521 p349	(1104)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAMVMQVYDVPLRELGRAM
AY340974 p349	(1103)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAMVMQVYDVPLRELGRAM
CTU16304 p349	(1105)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAMVMQVYDVPLRELGRAM
NC_001661 p349	(1105)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAMVMQVYDVPLRELGRAM
DQ272579 p349	(1105)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAMVMQVYDVPLRELGRAM
FJ525431 p349	(1098)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLNKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAIVMVQVYDVPLHELGRAM
FJ525433 p349	(1098)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLNKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAIVMVQVYDVPLHELGRAM
GQ454869 p349	(1098)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLNKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAIVMVQVYDVPLHELGRAM
FJ525432 p349	(1098)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLNKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAIVMVQVYDVPLHELGRAM
FJ525434 p349	(1103)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLNKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAIVMVQVYDVPLHELGRAM
FJ525435 p349	(1104)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLNKVSLDQSDGVKQVG	AVNTNSVCGNVLGECYHASEAIVMVQVYDVPLHELGRAM
GQ454870 p349	(1096)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSRVELNHTDGSKQVG	AVNTNSVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
EU076703 p349	(1096)	SGVHVCRPVYDIEDAHRRVVRHHQLRRVELDHTDGSKQVG	AVNTNSVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
FJ525436 p349	(1096)	SGVHVCRPVYDIKDAHRRVVRHHQLGRVELNHTDGSKQVG	AVNTNSVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
AF260651 p349	(1098)	TGTHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLGKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASEAIVMVQVYDVPLRELGRAM
EU937520 p349	(1098)	TGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLGKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASEAIVMVQVYDVPLRELGRAM
Y18420 p349	(1098)	TGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLGKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASEAIVMVQVYDVPLRELGRAM
EU857538 p349	(1098)	TGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVALDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASEAIVMVQVYDVPLRELGRAM
CTAF001623 p349	(1094)	TGVHVCRPVYDIKDAHRRVVRHHQLSKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
DQ151548 p349	(1098)	TGVHVCRPVYDIKDAHRRVVRHHQLSKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
EU937519 p349	(1098)	TGVHVCRPVYDIKDAHRRVVRHHQLSKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
HM573451 p349	(1099)	TGVHVCRPVYDIKDAHRRVVRHHQLSKVAFDHTDGSKQVG	AVNTNTVCGNVLGECFHASDAIVMVQVYDVPLRELGRAM
Consensus	(1121)	SGVHVCRPVYDVKDAHRRVVRHHQLSKVSLDHTDGSKQVG	AVNTNSVCGNVLGECFHASEAIVMVQVYDVPLRELGRAM

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1201		1280
A18	p349	(1193)	INKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDAVADRVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
AB046398	p349	(1193)	VNKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDAVADRVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
AY170468	p349	(1183)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPIDRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
EU937521	p349	(1183)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPIDRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
AY340974	p349	(1183)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPIDRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
CTU16304	p349	(1185)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPIDRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
NC_001661	p349	(1185)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPIDRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
DQ272579	p349	(1183)	WSTRELRCVICPSSR--LVSCWTPVPSPSSSKSSTVRWSSTLSPIGLEFASITQIRIRTLTLRYANTCVLLVWWWVFCSLS	
FJ525431	p349	(1177)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPVADQVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
FJ525433	p349	(1177)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPVADQVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
GQ454869	p349	(1177)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPVADQVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
FJ525432	p349	(1177)	INKKASVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPVADQVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
FJ525434	p349	(1182)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPVADQVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
FJ525435	p349	(1183)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDPVADQVVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
GQ454870	p349	(1175)	INKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDTVADRVIYCFNNSAYHTYSTIREYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
EU076703	p349	(1175)	INKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDTVADKVVYCFNNSAYHTYSTIREYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
FJ525436	p349	(1175)	INKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDTVADKVVYCFNNSAYHTYSTIREYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	
AF260651	p349	(1177)	VNKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDVVADRVRVYCFNNSAYTHAYSTIREYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
EU937520	p349	(1177)	VNKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDVVADRVRVYCFNNSAYTHAYSTIREYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
Y18420	p349	(1177)	VNKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDVVADRVRVYCFNNSAYTHAYSTIREYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
EU857538	p349	(1177)	VNKKASVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELDVIADRVRVYCFNNSAYHTYSTIREYMRTPCAVVDGFLFTIEMV	
CTAF001623	p349	(1172)	VNKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDTVADRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
DQ151548	p349	(1177)	VNKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDAVADRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
EU937519	p349	(1177)	VNKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDAVADRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
HM573451	p349	(1178)	VNKKASVCYMTVVTPGELLDARESFFIKELDCSVELDAVADRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCVVVDGFLFTIEMV	
Consensus		(1201)	INKKTSVCYMTMVTPGELLDARESFFIKDLDCSVELD VADRVRVYCFNNSAYHTYSTICEYMRTPCLVVDGFLFTIEMV	

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1281			1360
A18	p349	(1273)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEIKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
AB046398	p349	(1273)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEIKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
AY170468	p349	(1263)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
EU937521	p349	(1263)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
AY340974	p349	(1263)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
CTU16304	p349	(1265)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
NC_001661	p349	(1265)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
DQ272579	p349	(1261)	RWFRSDVALIITIASLNRGFVRESARLNGYAIVGVIVTSLGLREF	----	GTPVRLVVVYLGVTICTWTPSLYVACTSTWSITALW
FJ525431	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
FJ525433	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
GQ454869	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
FJ525432	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
FJ525434	p349	(1262)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISEAKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
FJ525435	p349	(1263)	SLRCSVNYYCITKSSVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
GQ454870	p349	(1255)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
EU076703	p349	(1255)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
FJ525436	p349	(1255)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
AF260651	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEVKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
EU937520	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEVKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
Y18420	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEVKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
EU857538	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
CTAF001623	p349	(1252)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEIKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
DQ151548	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEIKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
EU937519	p349	(1257)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEIKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
HM573451	p349	(1258)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISEIKRLRYRRCDSDLIR	----	IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV
Consensus		(1281)	SLRCSVNYYCITKSRVCPRISETKRLRYRRCDSDLIR		IKIPRYSSKTRSCLPGCYYLYLDAKFVSRVYEYVNNCVV

ภาพผนวกที่ ๒ (ต่อ)

			1361	1440					
A18	p349	(1350)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
AB046398	p349	(1350)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
AY170468	p349	(1340)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGE	TS	I FELVRF	
EU937521	p349	(1340)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGE	TS	I FELVRF	
AY340974	p349	(1340)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDEL	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQ-NADV	SRR	L AAFSGE	TS IYELVGF	
CTU16304	p349	(1342)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDE	P I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQ-NADV	SRR	L AAFSGE	TS I FELVGF	
NC_001661	p349	(1342)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDE	P I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQ-NADV	SRR	L AAFSGE	TS I FELVGF	
DQ272579	p349	(1341)	CTRKL	LSGLGITSN	LASREWCSAGRLYTETNQSLYSTYMGF	VRLCCPLASRVGK-TRT	ELDAYPLERLKLRFSSYWGLLY		
FJ525431	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGE	TS	I FELVRF	
FJ525433	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAL	SRR	L AAFSGE	TS I FELVRF	
GQ454869	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	I FELVRF	AI	
FJ525432	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGE	TS	I FELVRF	
FJ525434	p349	(1339)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	I FELVRF	TI	
FJ525435	p349	(1340)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	I FELVRF	AI	
GQ454870	p349	(1332)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVRGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
EU076703	p349	(1332)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
FJ525436	p349	(1332)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
AF260651	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AV	
EU937520	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AV	
Y18420	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AV	
EU857538	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
CTAF001623	p349	(1329)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSG--D	SLFELVRF	AI	
DQ151548	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
EU937519	p349	(1334)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAE	S	FSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF
HM573451	p349	(1335)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	
Consensus		(1361)	VNAKTFEWTWNYIKSCKSRVVISGKIIHRDVP	I ALEYLDGFS	SAVMLSAGVKGRQNAEAFSRR	L AAFSGDTS	LFELVRF	AI	

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1441	1520
A18 p349	(1430)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCITAEDEAKLI	EDGVKSALLRKA
AB046398 p349	(1430)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCITAEDEAKLI	EDGVKSALLRKA
AY170468 p349	(1420)	SEKCRDLFLGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCITVDGNETRIM	EDGVKSALLRKA
EU937521 p349	(1420)	SEKCRDLFLGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCITVDGNETRIM	EDGVKSALLRKA
AY340974 p349	(1419)	SEKCRDLFLGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCITVDGNETRIM	EDGVKSALLRKA
CTU16304 p349	(1421)	SEKCRDLFLGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCITVDGNETRIM	EDGVKSALLRKA
NC_001661 p349	(1421)	SEKCRDLFLGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCITVDGNETRIM	EDGVKSALLRKA
DQ272579 p349	(1420)	PRSAATCSWVLRITLWKDASSRTSGIRLICVSWTCPTPYRLANIQNWTFLLSTYRVSVESWTVTKLDLWKT	TVLNRLYYVVR
FJ525431 p349	(1414)	SEKCRDLFMGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPINLPGFGRITADGDETRIM	EDGIKSALLRKA
FJ525433 p349	(1414)	SEKCRDLFMGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPINLPGFGRITADGDETRIM	EDGIKSALLRKA
GQ454869 p349	(1414)	SEKCRDLFMGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPINLPGFGRITVDGDETRIM	EDGVKSALLRKA
FJ525432 p349	(1414)	SEKCRDLFMGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPINLPGFGRITVDGDETRIM	EDGIKSALLRKA
FJ525434 p349	(1419)	SEKCRDLFMGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPINLPGFGRITVDGDETRIM	EDGVKSALLRKA
FJ525435 p349	(1420)	SEKCRDLFMGIQDAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPINLPGFGRITVDGDETRIM	EDGVKSALLRKA
GQ454870 p349	(1412)	SEKCRDLFVGVQEVVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTFISEYSELDVPIDLPGFGMTMEGDEAKLI	EDGVKSALLRKA
EU076703 p349	(1412)	SEKCRDLFVGIQEAVERYVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFCSMT	EGDEAKLI
FJ525436 p349	(1412)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVKSYLRNSFNISEADLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCIT	EGDEAKLI
AF260651 p349	(1414)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVRSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCIT	EGDEAKLI
EU937520 p349	(1414)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCIT	EEDEAKLI
Y18420 p349	(1414)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCIT	EEDEAKLI
EU857538 p349	(1414)	SEKCRDLFVGIQEAVEKCVKSYLRNSFNMFVDLSDPLLTISEYSELDVPINLPGFCCIT	EEDEAKLI
CTAF001623 p349	(1407)	SEKCRDLFLGIQEAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLIS--EYELDVPIDLPGFGCIT	EEDEAKLI
DQ151548 p349	(1414)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCIT	AEDEAKLI
EU937519 p349	(1414)	SEKCRDLFVGVQEAVERYVKSYLRNSFNISEADLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFGCIT	EGDEAKLI
HM573451 p349	(1415)	SEKCRDLFVGIQEAVERYVKSYLRNSFNMSFVDLSHPLLTISEYSELDVPINLPGFCCIT	EEDEAKLI
Consensus	(1441)	SEKCRDLFVGIQEAVERCVKSYLRNSFNMSFVDLSDPLLTISEYSELDVPIDLPGFG	I EGDEAKLI

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

			1521		1600
A18	p349	(1510)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDEDT-SGDDSTCFLDSDGVSPSSGG-SSGGLRAGAAPSLFRCLIKNLGGGFCMAKRLIDL		
AB046398	p349	(1510)	VRDEAQLIILERGGTSEIVSCGDEE-SLGGDGSDSLGSGSDSPSNASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCMAKRLIDL		
AY170468	p349	(1500)	VQAEAQSLIKRGNTSEIVPCDDDDDSNGDDSRVSHDSDGSSSS-GGSSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
EU937521	p349	(1500)	VQAEAQSLIKRGNTSEIVPCDDDDDSNGDDSRVSHDSDGSSSSGG-SSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
AY340974	p349	(1499)	VQAEAQSLIKRGNTSEIVPCDDDDDSNGDVSRLDLDWWFVLRGGISGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
CTU16304	p349	(1501)	VQAEAQSLIKRGNTSEIVPCDDDDDSNGDDSRVSLDLDWWFVLRGGSSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
NC_001661	p349	(1501)	VQAEAQSLIKRGNTSEIVPCDDDDDSNGDDSRVSLDLDWWFVLRGGSSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
DQ272579	p349	(1500)	FKPRLSCVIREAILPKSFRVMTMTTRTVMIRVFRSLRTGSSFGVVVLAGECELEPPLLCLGVYSGNWWGVYVWQRCWCNC		
FJ525431	p349	(1494)	VRDEAQLNIKRGNTSEIVPCEDDDNSNGDDSRVSHDSDGSSSSGG-SSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
FJ525433	p349	(1494)	VRDEAQLNIKRGNTSEIVPCEDDDNSNGDDSRVSHDSDGSSSSGG-SSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
GQ454869	p349	(1494)	VRDEAQLNIKRGNTSEIVPCEDDDNSNGDDSLVSRDSDGSSSSGG-SSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
FJ525432	p349	(1494)	VRDEAQLNIKRGNTSEIVPCEDDEDSTGDDSRVSRDSDGSSSSGG-SSGGLRAGAAPSLFRCLIRKLGGGLCLAKKVIDL		
FJ525434	p349	(1499)	VRDEAQLNIKRGNTSEIVPCEDDDSNDDSRVSRDSDGSSPSGG-SSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGLCLAKKVIDL		
FJ525435	p349	(1500)	VRDEAQLNIKRGNTSEIVPCEDDDSNDDSRVSRDSDGSSSSGG-SSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGLCLAKKVIDL		
GQ454870	p349	(1492)	VRDEARLIILERGGTSEIVPCGDDE-KSSGDDSDRSYKAGSDSPSNTSSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCIAKRVIDL		
EU076703	p349	(1492)	VQDEARLIIGQGGTSEIVPCGDDE-ESGGDSDRSYKAGSDSTSSSTSSGGLRAGAAPSLFRCLIKKLGGGFCIAKRVIDL		
FJ525436	p349	(1492)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDDD-GLGSDGSDSLGSGSDSSSKASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCMAKRLIDL		
AF260651	p349	(1494)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDDD-GLGSDGSDSLGSGSDSSSKASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCVARRLIDL		
EU937520	p349	(1494)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDDD-GLGSDGSDSLGSGSDSSSKASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCVARRLIDL		
Y18420	p349	(1494)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDDD-GLGSDGSDSLGSGSDSSSKASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCVARRLIDL		
EU857538	p349	(1494)	VRDEAQLIILDRGSTSEIVPCGDDD-GSDGDGSDDLGSGSDSSSKASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCVARRLIDL		
CTAF001623	p349	(1485)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDEE-SLGGDGSDSLG-SGSDSPSNASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCMAKRLIDL		
DQ151548	p349	(1494)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDEE-SLGGDGSDSLGSGSDSPSNASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCMAKRLIDL		
EU937519	p349	(1494)	VRDEAQLIILERGGTSEIVPCGDDD-GLGSDGSDSLGSGSDSSSKASSGGLRAGAAPSLFRSLIKKLGGGFCMAKRLIDL		
HM573451	p349	(1495)	VRDEAQLILEGGGTSEIVPCGDDD-GLSGDGSDSLGSGSDSSSKASSGGLRAGAAPSLFRNLLIKKLGGGFCVARRLIDL		
Consensus		(1521)	VRDEAQLIL RG TSEIVPCGDDD S G DSS S GS SS ASSGGLRAGAAPSLFR LLKKLGGGFCIAKKVLDL		

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1601		1680
A18	p349	(1588)	LCKRVVDSFSRLKLGTTTLTSEANLLVSVSRNFFDDTVFAAVWEIAINLTRIVDGVSKTKLECFRNLFRLIPKLYAGCK	
AB046398	p349	(1589)	LCERLVASLSRLKFGTTHLTSEFSVLRVNVSRNFFDDSIFAAVWDTVMNLIRIVNGVTKTKLECFRNVLRLIPKLYCSGCK	
AY170468	p349	(1579)	LVKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDTVFSAVWEIAINLTRIVDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYAGCK	
EU937521	p349	(1579)	LVKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDTVFSAVWEIAINLTRIVDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYAGCK	
AY340974	p349	(1579)	LVKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDTVFSAVWEIAINLTRIVDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYAGCK	
CTU16304	p349	(1581)	LVKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDTVFSAVWEIAINLTRIVDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYAGCK	
NC_001661	p349	(1581)	LVKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDTVFSAVWEIAINLTRIVDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYAGCK	
DQ272579	p349	(1580)	YSSGWLNRF LVCSGKPLVYRPSLICCRGSLAGEFMTLFLRSGKYRSTCPGSSMELSRQNWGAIVYFDCFPSTYTLVVR	
FJ525431	p349	(1573)	LLKQVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCRFSDDSVFSAVWEIAVNLTRIVNGVVKTKLECFRNLFRLIPKLYVGCR	
FJ525433	p349	(1573)	LLKQVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCRFSDDSVFSAVWEIAVNLTRIVNGVVKTKLECFRNLFRLIPKLYVGCR	
GQ454869	p349	(1573)	LLKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDSVFSAVREIAVNLTRIVDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYVGCR	
FJ525432	p349	(1573)	LLKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDSVFSAVWEIAVNLTRIVDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYVGCR	
FJ525434	p349	(1578)	LLKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDSVFSAVWEIAVNLTRIIDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYVGCR	
FJ525435	p349	(1579)	LLKRVVESFSRLKRRKTARLTSEANLLARLSCGFFDDSVFSAVWEIAVNLTRIIDGVVKTCLGCFRNLFRLIPKLYVGCR	
GQ454870	p349	(1571)	LCEKVIRSFSLKYSTVHLTSEFNLTRAKFSCHFFDDSIFFVTIWEVNLIRIVSGATKTKLECFRNLFRLIPKLYSGCK	
EU076703	p349	(1571)	LCEKVIRSFSLKCGTFRLTSEFNLTRAKFSCHFFDDSIFFVTIWEVNLIRIVSGATKTKLECFRNLFRLIPKLYSGCK	
FJ525436	p349	(1571)	LCERLVGSLSRKFGTTHLTSEFSMTRAKLSRNFFDDSIFFAVWDVVMNLIRIVNGVTRTKLECFRNVLRLIPTLCSGCK	
AF260651	p349	(1573)	LCERLVGSLSRKFGTTHLTSEFSMTRAKLSRNFFDDSIFFAVWDTVMNLIRIVNGVTKTKLECFRNVLRLIPKLYCSGCK	
EU937520	p349	(1573)	LCERLVGSLSRKFGTTHLTSEFSMTRAKLSRNFFDDSIFFAVWDTVMNLIRIVNGVTKTKLECFRNVLRLIPKLYCSGCK	
Y18420	p349	(1573)	LCERLVGSLSRKFGTTHLTSEFSMTRAKLSRNFFDDSIFFAVWDTVMNLIRIVNGVTKTKLECFRNVLRLIPKLYCSGCK	
EU857538	p349	(1573)	LCERLVGSLSRKFGTTHLTSEFSMTRIKLSRNFFDDSIFFAVWDVVMNLIRIVNGVTKTKLESFRNVRLRLIPKLYCFGCK	
CTAF001623	p349	(1563)	LCERLVASLSRLKFGTTHLTSEFSMTRIKLSRNFFDDSIFFAVWDTVMNLIRIVNGVTKTKLECFRNVLRLIPKLYCSGCK	
DQ151548	p349	(1573)	LCERLVASLSRLKFGTTHLTSEFSMTRIKLSRNFFDDSIFFAVWDTVMNLIRIVNGVTKTKLECFRNVLRLIPKLYCSGCK	
EU937519	p349	(1573)	LCERLVGSLSRKFGTTHLTSEFSMTRAKLSRNFFDDSIFFAVWDVVMNLIRIVNGVTRTKLECFRNVLRLIPTLCSGCK	
HM573451	p349	(1574)	LCERLAGSLSRKFGTAHLTSEFSMTRIKLSRNFFDDSIFFAVWDTVMNLIRIVNGVTKTKLECFRNVLRLIPKLYCSGCK	
Consensus		(1601)	LC RVV SFSRLK TTRLTSEF NLLAKLSC FFDDSI FSAVWEI MNLTRIVNGVTKTKLECFRNLFRLIPKLYSGCK	

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1681	1760
A18	p349	(1668)	DVVKDVSNA YRSVVLFSAEFFG KSYSKLC FCLIEFDI GLIEISARNL GLETCVSMAP AIFDVLITFPIGSVSFPVVCAR
AB046398	p349	(1669)	DLAKDFADMCR LVLSTEFFS KSYAKLRFSLIEFDI GLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
AY170468	p349	(1659)	DVVKDVSNA YRSVVSFSAEVLG KSYSKLC FCLIEFDI GLIEVSARNL GLETCVSI ALAIFDVLITFPIGSVSFPVVCAR
EU937521	p349	(1659)	DVVKDVSNA YRSVVSFSAEVLG KSYSKLC FCLIEFDI GLIEVSARNL GLETCVSI ALAIFDVLITFPIGSVSFPVVCAR
AY340974	p349	(1659)	DVVKDVSNA YRSVVSFSAEVLG KSYSKLC FCLIEFDI GLIEVSARNL GLETCVSI ALAIFDVLITFPIGSVSFPVVCAR
CTU16304	p349	(1661)	DVVKDVSNA YRSVVSFSAEVLG KSYSKLC FCLIEFDI GLIEVSARNL GLETCVSI ALAIFDVLITFPIGSVSFPVVCAR
NC_001661	p349	(1661)	DVVKDVSNA YRSVVSFSAEVLG KSYSKLC FCLIEFDI GLIEVSARNL GLETCVSI ALAIFDVLITFPIGSVSFPVVCAR
DQ272579	p349	(1660)	TLSR TLVTL SGR LSR PLR FVWRVT LNFVS EAWNYL TSGL LRFL LVIWEWKHAFQYHYLFLMCLL LFLW GALVTFPSFALG
FJ525431	p349	(1653)	DVVKDVSNA YRS AVLFS AEIFG KSYSKLC FCLIEFDVGLIEISARNL GLETCVSMQAIFDVIVAFPIGSVSFPVVCAR
FJ525433	p349	(1653)	DVVKDVSNA YRS AVLFS AEIFG KSYSKLC FCLIEFDVGLIEISARNL GLETCVSMQAIFDVIVAFPIGSVSFPVVCAR
GQ454869	p349	(1653)	DVVKDVSNA YRS AVLFS AEIFG KSYSKLC FCLIEFDVGLIEISARNL GLETCVSMQAIFDVIVAFPIGSVSFPVVCAR
FJ525432	p349	(1653)	DVVKDVSNA YRS AVLFS AEIFG KSYSKLC FCLIEFDVGLIEISARNL GLETCVSMQAIFDVIVAFPIGSVSFPVVCAR
FJ525434	p349	(1658)	DVVKDVSNA YRS AVLFS AEIFG KSYSKLC FCLIEFDVGLIEISARNL GLETCVSMQAIFDVIVTFPIGSVSFPVVCAR
FJ525435	p349	(1659)	DVVKDVSNA YRS AVLFS AEIFG KSYSKLC FCLIEFDVGLIEISARNL GLETCVSMQAIFDVIVTFPIGSVSFPVVCAR
GQ454870	p349	(1651)	DFVKT VGD TYKDV VLLSTEFFS KSYTKLRFGLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDILTYPIGSVSFPVVCAR
EU076703	p349	(1651)	DFVKT VGD MYKDIA LFSAEFFS KSYTKLRFSLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
FJ525436	p349	(1651)	EFAKDFANMCR LVLSTEFFS KSYTKLRFSLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
AF260651	p349	(1653)	DFAKDFADMCKSV LFLSTEFFS KSYTKLRFSLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
EU937520	p349	(1653)	DFAKDFADMCKSV LFLSTEFFS KSYTKLRFSLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
Y18420	p349	(1653)	DFAKDFADMCKSV LFLSTEFFS KSYTKLRFSLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSIAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
EU857538	p349	(1653)	TFAKDFADMCR SVM LFLSTEFFS KSYTKLRFGLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSIAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
CTAF001623	p349	(1643)	DLAKDFADMCR LVLSTEFFS KSYAKLRFSLIEFDI GLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
DQ151548	p349	(1653)	DLAKDFADMCR LVLSTEFFS KSYAKLRFSLIEFDI GLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
EU937519	p349	(1653)	DFAKDFANMCR LVLSTEFFS KSYAKLRFSLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
HM573451	p349	(1654)	NFAKDFADMCR SV LFLSTEFFS KSF TKLRFCLIEFDVGLIEISARNM GLETCVSMAS AIFDVILTYPIGSVSFPVVCAR
Consensus		(1681)	DVVKDVSNA YRSVVLFSAEFFG KSYSKLC FCLIEFDVGLIEISARNL GLETCVSMAS AIFDVILLTFPIGSVSFPVVCAR

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

			1761											1840																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																													
A18	p349	(1748)	VFGALAMEVGSNFCFKKVF	FGKPEITLGEDAFRRRTCKYGF	EAKAFDKLSVDAKGLVRC	SGVIPGVLRIIIS	SSLFSEADAWVG																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				</

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1841		1920
A18	p349	(1828)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSFTL	ERCKEACIAFIVDSAKKIILKSLTSEIHESFONSELTS
AB046398	p349	(1829)	YSKHEVSSSLPIITITSAKRLSFVLE	RTKEACIAFIVDSKKIILASLTSEIHESFONSELTS
AY170468	p349	(1819)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEACVAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
EU937521	p349	(1819)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEACVAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
AY340974	p349	(1819)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEACVAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
CTU16304	p349	(1821)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEACVAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
NC_001661	p349	(1821)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEACVAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
DQ272579	p349	(1820)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVNRLSYS	LERCKEACVAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
FJ525431	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEECTITFVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
FJ525433	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEECTITFVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
GQ454869	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LEOCKEACIAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
FJ525432	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LERCKEACIAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
FJ525434	p349	(1818)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LEOCKEACIAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
FJ525435	p349	(1819)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LEOCKEACIAFIVDSAKKIILKSLTSEEFNESTIONS
GQ454870	p349	(1811)	YSKHEVSSSLPTVTFVCVKRLSML	LEOVKEACVAFIVDSKKRIILASLTSEFHGSLHNS
EU076703	p349	(1811)	YSKHEVSSSLPIITITSAKRLSFA	LEOTKEACIAFIVDSKKRIILASLTSEIHESFONSEL
FJ525436	p349	(1811)	YSKHEVSSSLPMITITSAKRLSFA	LEOTKEACIAFIVDSKKRIILASLTSEIHESFONSEL
AF260651	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPMITITSAKRLSFV	LEOTKEACIAFIVDSKKRIILASLTSEIHESLONSEL
EU937520	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPMITITSAKRLSFV	LEOTKEACIAFIVDSKKRIILASLTSEIHESLONSEL
Y18420	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPTITITSAKRLSFV	LEOTKEACIAFIVDSKKRIILASLTSEIHESLONSEL
EU857538	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPIITITSAKRLSFV	LEOTKEACVAFIVDSKKRIILASLTSEIHESFRNSEL
CTAF001623	p349	(1803)	YSKHEVSSSLPMITITY-AKRLSFV	LEOAKEACIAFIVDSKKIILASLTSEIHESFONSEL
DQ151548	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPIVITYSTKRLSFV	LEOTKEACVAFIVDSKKIILASLTSEIHESFONSEL
EU937519	p349	(1813)	YSKHEVSSSLPIITITSAKRLSFA	LEOTKEACIAFIVDSKKRIILASLTSEIHESFONL
HM573451	p349	(1814)	YSKHEIPSLPMIHYSKRLSFA	LEOTKEACIAFIVDSKKRIILASLTSEIHESFONSEL
Consensus		(1841)	YSKHEVSSSLPIVTFVCVKRLSYS	LEQ KEACIAFIVDSAKKIILKSLTSEFHESIQNSEL

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		1921	2000
A18 p349	(1908)	NKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRMRRIRPSERLARC
AB046398 p349	(1909)	NKAGSAVA	AVKAAGSGLSKRVRRIRPSERLARC
AY170468 p349	(1899)	NKAGSAVATV	KAVGSDISGRVKRMRRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
EU937521 p349	(1899)	NKAGSAVATV	KAVGSDISGRVKRMRRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
AY340974 p349	(1899)	NKAGSAVATV	KAVGSDISGRVKRMRRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
CTU16304 p349	(1901)	NKAGSAVATV	KAVGSDISGRVKRMRRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
NC_001661 p349	(1901)	NKAGSAVATV	KAVGSDISGRVKRMRRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
DQ272579 p349	(1900)	NKAGSAVATV	KAVGSDISGRVKRMRRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
FJ525431 p349	(1893)	NKAGNAVA	TVKAVGSDIGGRVKRLRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGKCRDLERIISRR
FJ525433 p349	(1893)	NKAGNAVA	TVKAVGSDIGGRVKRLRPHFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGKCRDLERIISRR
GQ454869 p349	(1893)	NKAGNAVA	TVNAVGS
FJ525432 p349	(1893)	NKAGNAVA	TVKAVGSDIGGRVKRLRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
FJ525434 p349	(1898)	SKAGNAVA	TVKAVGSDIGGRVKRLRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
FJ525435 p349	(1899)	SKAGNAVA	TVKAVGSDIGGRVKRLRPRFSLSRHFDEQTSEYYSASDCSELDESILFSETPGLRGNGRCRDLERIVS
GQ454870 p349	(1891)	NRASDAVAS	VKAAGSNF
EU076703 p349	(1891)	SKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVRRIRPSERLARC
FJ525436 p349	(1891)	SKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVRRIRPSERLARC
AF260651 p349	(1893)	NKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVKRI
EU937520 p349	(1893)	NKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVKRI
Y18420 p349	(1893)	NKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVKRI
EU857538 p349	(1893)	NKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVKRI
CTAF001623 p349	(1882)	NKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVRRIRPSERLARC
DQ151548 p349	(1893)	NKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVRRIRPSERLARC
EU937519 p349	(1893)	SKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVRRIRPSERLARC
HM573451 p349	(1894)	SKAGNAVA	AVKAAGSGLSKRVRRIRPSERLARC
Consensus	(1921)	NKAGNAVA	TVKAAGS ISKRVKRI

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2001	2080
A18	p349	(1988)	CCRHAVEALRRRLAHVGDYLYSCIMDSFVRLFVRANTAVGKCESEAVDCATKISDLVVGYIAWRNLHSGAYSTTPGLSGG
AB046398	p349	(1989)	CCRHAVEALRRRLAHVGDYLYSCIMDSFVRLFVRINTAVGKCESEAVDCATKISDLVVGCIAWRNLHSGAYSTTPGLSGG
AY170468	p349	(1979)	CCEYVTIILKRLASRAGEYSYSYVMDTLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDKASNFVTGFLSWRSLRSGAYSATPGLGGG
EU937521	p349	(1979)	CCEYVTIILKRLASRAGEYSYSYVMDTLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDKASNFVTGFLSWRSLRSGAYSATPGLGGG
AY340974	p349	(1979)	CCEYVTIILKRLASRAGEYSYSYVMDTLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDKASNFVTGFLSWRSLRSGAYSATPGLGGG
CTU16304	p349	(1981)	CCEYVTIILKRLASRAGEYSYSYVMDTLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDKASNFVTGFLSWRSLRSGAYSATPGLGGG
NC_001661	p349	(1981)	CCEYVTIILKRLASRAGEYSYSYVMDTLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDKASNFVTGFLSWRSLRSGAYSATPGLGGG
DQ272579	p349	(1980)	CCEYVTIILNRLASRAGEYSYSYVMDTLVRLYVPTDDVVRRCRSETFDCTDKASNFVTGFLSWRSLRSGAYSAPPGLGGG
FJ525431	p349	(1973)	CSEYLINILKRLTSRATSEYSYSYVMDLLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDRASNFIIVGCLSWYNLRSGAYSATPGLGGG
FJ525433	p349	(1973)	CSEYLINILKRLTSRATSEYSYSYVMDLLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDRASNFIIVGCLSWYNLRSGAYSATPGLGGG
GQ454869	p349	(1973)	CSEYLINILKQLTSRASEYSYSYAMDLLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDKASNFIIVGCLSWYNLRSGAYSATPGLGGG
FJ525432	p349	(1973)	CSEYLINILKQLTSRASEYSYSYVMDLLVRLYVATDDVVRRCRSETFDCTDKASNFIIVGCLSWYNLRSGAYSATPGLGGG
FJ525434	p349	(1978)	CSEYLINILKQLTSRASEYSYSYVMDLLVRLCVATDDVVRRCRSETFDCAKASDFIIVGCLSWYNLRSGAYSATPGLGGG
FJ525435	p349	(1979)	CSEYLINILKQLTSRASEYSYSYVMDLLVRLCVATDDVVRRCRSETFDCAKASDFIIVGCLSWYNLRSGAYSATPGLGGG
GQ454870	p349	(1971)	HYGRSVDSLRLHVLRTGDIYSYQVRMDLFMRLEFVRLNVAIGKCKAFAADVITKSSEIIVGCLSWCSSRSGASSLVPGLRGG
EU076703	p349	(1971)	CCRRAVEALKRIVLHVGDCLYSRIMDSFVRLFVEINVAVRRCSESEAVDCTRKISDLVIGYITWRNLHSGAYSTTPGLSGG
FJ525436	p349	(1971)	CCRRAVEALKRIVLHVGDCLYSRIMDSFVRLFVEINVAVRRCSESEAVDCTRKISDLVIGYITWRNLHSGAYSTTPGLSGG
AF260651	p349	(1973)	YRRRAVEALKRIVLHVGECLYSRIADSFVRLFVRINTAVGKCESLAVDCATKITDLVVGYITWRNLHFGAYSTTPGLSGG
EU937520	p349	(1973)	YRRRAVEALKRIVLHVGECLYSRIADSFVRLFVRINTAVGKCESLAVDCATKITDLVVGYITWRNLHFGAYSTTPGLSGG
Y18420	p349	(1973)	YRRRAVEALKRILHVGECLYSRIADSFVRLFVRINTAVGKCESLAVDCATKITDLVVGYITWRNLHFGAYSTTPGLSGG
EU857538	p349	(1973)	CCRRVVEALRRFVLHVGDRLYSRIMDSLVRFLFVRISTAAGKCESEAINCITKISDLVVGYVTWRNLHSGAYSTTPGLSGG
CTAF001623	p349	(1962)	CCRHAVEALRRRLAHVGDYLYSCIMDSFVRLFVRINTAVGKCESEAVDCATKISDLVVGYIAWRNLHSGAYSTTPGLSGG
DQ151548	p349	(1973)	CCRHAVEALRRRLAHVGDYLYSCIMDSFVRLFVRINTAVGKCESEAVDCATKISDLVVGYIAWRNLHSGAYSTTPGLSGG
EU937519	p349	(1973)	CCRRAVEALKRIVLHVGDCLYSRIMDSFVRLFVEINVAVRRCSESEAVDCTRKISDLVIGYITWRNLHSGAYSTTPGLSGG
HM573451	p349	(1974)	CCRRAVEALKRIVLHVGDCLYSRIMDSFVRLFVEINVAVRRCSESEAVDCTRKISDLVIGYITWRNLHSGAYSTTPGLSGG
Consensus		(2001)	CC YVVEALKRL LR GEYSYS IMDSLVRFLV T AVRRCSRSE VDCT KASDLVVGYLSWRNLRS GAYS TPGL GG

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

				2081													2160	
A18	p349	(2068)	SRNSLSRFLDGGLMVCNSKFWYRVADRF	SMRLLSS	LAHRMRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIECRSRI	FPLKEFLW										
AB046398	p349	(2069)	SRNSLSRFLDGGLMVCNSKFWYRVADRF	SMRPLLS	LAHRMRTASINVLL	EFLKNLPVCLI	SIYTFIECRSRI	FPLKEFLW										
AY170468	p349	(2059)	SRGLTSFSHTGGFTRVIGALGNTLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVCLF	SIYTFIECRGRI	FPLREFLW										
EU937521	p349	(2059)	SRGLTSFSHTGGFMRVIGALGNTLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVSLF	SIYTFIECRGRI	FPLREFLW										
AY340974	p349	(2059)	SRGLTSFSHTGGFTRVIGALGNTLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRADVVLL	EFLKNLPVCLF	SIYTFIECRGRI	FPLREFLW										
CTU16304	p349	(2061)	SRGLTSFSHTGGFTRVIGALGNTLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRADVVLL	EFLKNLPVCLF	SIYTFIECRGRI	FPLREFLW										
NC_001661	p349	(2061)	SRGLTSFSHTGGFTRVIGALGNTLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRADVVLL	EFLKNLPVCLF	SIYTFIECRGRI	FPLREFLW										
DQ272579	p349	(2060)	SRGLTSFSHTGGFTRVIGALGNTLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRADVVLL	EFLKNLPVCLF	SIYTFNECRGRI	FPLREFLW										
FJ525431	p349	(2053)	SRSLTTVPTGGFVRVIEALGNVLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVCLF	SVYTFFE	ECRGRV	FPLREFLW									
FJ525433	p349	(2053)	SRSLTTVPTGGFVRVIEALGNVLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVCLF	SVYTFFE	ECRGRV	FPLREFLW									
GQ454869	p349	(2053)	SRSLTTVPTGGFVRVIGALGNVLSVVFDEE	FLRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVCLF	SIYTFFE	ECRGRV	FPLREFLW									
FJ525432	p349	(2053)	SRSLTRVPTGGFVRVGGVLWNVLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVSLF	SVYTFE	IGRGRV	FPLREFLW									
FJ525434	p349	(2058)	SRSLTTVPTGGFVRVIGALGNVLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVCLF	SVYTFFE	ECRGRV	FPLREFLW									
FJ525435	p349	(2059)	SRSLTTVPTGGFVRVIGALGNVLSVVFDEE	FFRTL	LHRLRTDVVLL	EFLKNLPVCLF	SVYTFFE	ECRGRV	FPLREFLW									
GQ454870	p349	(2051)	SGSSFSSLENGLRCVIDHFISVWLT	VFDE	NFNSSLVHRLRTTSVNVLL	EFLKNLPVCLV	WLYTFIE	CRSRV	FPLKEFLW									
EU076703	p349	(2051)	SRNSLSRFLDGGLTCVIRNIVTAWLT	VFDE	TFYSSLVHRLRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
FJ525436	p349	(2051)	SRNSLSRFLDGGLTCVIRNIVTAWLT	VFDE	TFYSSLVHRLRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
AF260651	p349	(2053)	SRVLSRRLDDGLTCVIQNFVTAWLTI	FN	ETTFYSSLAHRMRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
EU937520	p349	(2053)	SRVLSRRLDGLTCVIQNFVTAWLTI	FN	ETTFYSSLAHRMRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
Y18420	p349	(2053)	SRVLSRRLDGLTCVIQNFVTAWLTI	FN	ETTFYSSLAHRMRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
EU857538	p349	(2053)	SRNSLSRFLDDGLARVIQNFVTAWLT	VF	NETTFYSSLAHRMRTTSINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
CTAF001623	p349	(2042)	SRNSLSRFLDGGVMCVIQNLGTAWQT	VF	NETTFYS-LAHRMRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYT	-IECRSRI	FPLKEFLW									
DQ151548	p349	(2053)	SRNSLSRFLDGGLMCVIQNFVTAWQT	VF	NETTFYSSLAHRMRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
EU937519	p349	(2053)	SRSSLSRFLDGGGLTCVIRSIVTAWLT	VFDE	TFYSSLVHRLRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
HM573451	p349	(2054)	SRNSLSRFLDGGLTCVIRNIVTAWLT	VFDE	TFYSSLVHRLRTASINVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIE	CRSRI	FPLKEFLW									
Consensus		(2081)	SR S S FL GGL RVI L	LS VFDE FF SLLHRLRT	SVNVLL	EFLKNLPVCLV	SIYTFIECRSRI	FPLKEFLW										

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2161		2240
A18	p349	(2148)	GFCVFVWNIVKDL	SICIIYGS
AB046398	p349	(2149)	GFCVFVWNIVKEL	SICIIYGS
AY170468	p349	(2139)	GFCRFVWDVIEGL	SINTYQYL
EU937521	p349	(2139)	GFCRFVWDVIEGL	SINTYQYL
AY340974	p349	(2139)	GFCRFVWDVIEGL	SINTYQYL
CTU16304	p349	(2141)	GFCRFVWDVIEGL	SINTYQYL
NC_001661	p349	(2141)	GFCRFVWDVIEGL	SINTYQYL
DQ272579	p349	(2140)	GFCRFVWDVIEGL	SINTYQYL
FJ525431	p349	(2133)	GFCRFVWEI	VEGLSIN
FJ525433	p349	(2133)	GFCRFVWEI	VEGLSIN
GQ454869	p349	(2133)	GFCRFVWEI	VEGLSIN
FJ525432	p349	(2133)	GFCRSVWEI	VEGLSIN
FJ525434	p349	(2138)	GFCRLVWEI	VEGLSIN
FJ525435	p349	(2139)	GFCRFVWEI	VEGLSIN
GQ454870	p349	(2131)	GFRVFEVRNI	IKELSS
EU076703	p349	(2131)	GFCVFVWNIVKEL	SICIIYGS
FJ525436	p349	(2131)	GFCVFVWNIVKEL	SICIIYGS
AF260651	p349	(2133)	GFCIFVWNI	IKELSVCI
EU937520	p349	(2133)	GFCIFVWNI	IKELSVCI
Y18420	p349	(2133)	GFCIFVWNI	IKELSVCI
EU857538	p349	(2133)	GFCVFVWNIVMGL	SSCIYEN
CTAF001623	p349	(2120)	GFCVFVWNIVKLS	-ICIIYGS
DQ151548	p349	(2133)	GFCVFVWNIVKEL	SICIIYGN
EU937519	p349	(2133)	GFCVFVWNIVKEL	SICIIYGS
HM573451	p349	(2134)	GFCVFVWNIVKEL	SICIIYGS
Consensus		(2161)	GFCVFVWNIV	GLSINIY

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2241		2320
A18	p349	(2228)	-DSPSFPPTYGEIEELGNDSSDSARLIGVDNGSDSVSTEGETELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNIDVERLGLR
AB046398	p349	(2229)	-DSPLFPPTYGEIEELGNDSSDSARLIGVDNGSDSVPTEGDRELD	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLR
AY170468	p349	(2219)	SDSPSFPPTYGEIEELNDDSSDSALVIGVDNGTGRITIVDGETDSAS	SGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVVRGLK
EU937521	p349	(2219)	SDSPSFPPTYGEIEELNDDSSDSALVIGVDNGTGRITIVDGETDSAS	SGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVVRGLK
AY340974	p349	(2218)	SDSPSFPPTYGEIEELADDSSDSALVIGVDNGTGRITIVDGETDSAS	SGSDSDVSIPLDRDFEQIGRIGGNGNVDVVRGLK
CTU16304	p349	(2221)	SDSPSFPPTYGEIEELNDDSSDSALVIGVDNGTGRITIVDGETDSAS	SGSDSDVSIPLDRDFEQIGRIGGNGNVDVVRGLK
NC_001661	p349	(2221)	SDSPSFPPTYGEIEELNDDSSDSALVIGVDNGTGRITIVDGETDSAS	SGSDSDVSIPLDRDFEQIGRIGGNGNVDVVRGLK
DQ272579	p349	(2220)	SDSPSFPPTYGEIEELNDDSSDSALVIGVDNGTGRITIVDGETDSAS	SGSDSDVSIPLDRDFEQIGRIGGNGNVDVVRGLK
FJ525431	p349	(2213)	SDSPSFPPTYGEIIVELNDDSSDSALVIGVDDGTGRAIVDSE	TDSASGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVERLGLR
FJ525433	p349	(2213)	SDSPSFPPTYGEIIVELNDDSSDSALVIGVDDGTGRAIVDSE	ADSASGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVERLGLK
GQ454869	p349	(2213)	SDSPSFPPTYGEIIVELNDDSSDSALVIGVDNGTGRAIVDSE	TDSASGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVERLGLR
FJ525432	p349	(2213)	SDSPSFPPTYGEIIVELNDDSSDSALVIGVDNGTGRAIVDSE	TDSASGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVERLGLR
FJ525434	p349	(2218)	SDSPSFPPTYGEIIVELNDDSSDSALVIGVDNGTGRAIVDSE	TDSASGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVERLGLR
FJ525435	p349	(2219)	SDSPSFPPTYGEIIVELNDDSSDSALVIGVDNGTGRAIVDSE	TDSASGSDSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVERLGLR
GQ454870	p349	(2211)	-DSPLFPPTYGEIEELGTGSSDSARVIGVDNGSDSATTEADSVSE	GGSDVSIPLDRDFEQIGGIGGNGNVDVVRGLR
EU076703	p349	(2211)	-DSPLFPPTYGEIEELGNDSSDSARLIGVDNGSGSVPTEGAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLK
FJ525436	p349	(2211)	-DSPLFPPTYGEIEELGNDSSDSARLIGVDNGSGSVPTEGAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLK
AF260651	p349	(2213)	-NSPLFPPTYGEIEELGDGSSDSARVIGVDNGSDSMSTEGEAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLR
EU937520	p349	(2213)	-NSPLFPPTYGEIEELGDGSSDSARVIGVDNGSDSMSTEGEAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLR
Y18420	p349	(2213)	-NSPLFPPTYGEIEELGDGSSDSARVIGVDNGSDSMSTEGEAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLR
EU857538	p349	(2213)	-NSPLFPPTYGEIEELGSDSSDSARVIGVDNGSDSMPTEGETEPD	SDGSDSGSMPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLR
CTAF001623	p349	(2198)	-PDPLFPPTYGEIEELGNDSSDSARVIGVDNGSDSVPTEGAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLR
DQ151548	p349	(2213)	-DSPLFPPTYGEIEELGNDSSDSARLIGVDNGSDSVSTEGEAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLR
EU937519	p349	(2213)	-DSPLFPPTYGEIEELGNDSSDSARLIGVDNGSDSVPTEGAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQIGGIGGSGNVDVERLGLK
HM573451	p349	(2214)	-DSPLFPPTYGEIIDEELGNDSSDSARLIGVDNGSDSVPTEGAELDS	SDGSDSDSIPLDRDFEQMEGFGGSGNENVERLGVK
Consensus		(2241)	DSPSFPPTYGEIEELGDDSSDSARVIGVDNGSGS	TEGETDS SDGSDSDVSIPLDRDFEQIGGLGGNGNVDVVRGLR

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2321		2400
A18	p349	(2307)	FVWRVLRNLFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGGSSNGQFTSRLLFSRQTAYPFEFTRHVC
AB046398	p349	(2308)	FVWRMLRNLFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGGSSNGQFTSRLLFSRQTVYPFEFTRHVC
AY170468	p349	(2299)	FVLKLLRNLFDAVSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVCRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLLKSLASFVYQTNLFSEVM
EU937521	p349	(2299)	FVLKLLRNLFDAVSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVCRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLLKSLASFVYQTNLFSEVM
AY340974	p349	(2298)	FVLKLLRNLFDAVSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVCRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLLKSLASFVYQTNLFSEVM
CTU16304	p349	(2301)	FVLKLLRNLFDAVSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVCRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLLKSLASFVYQTNLFSEVM
NC_001661	p349	(2301)	FVLKLLRNLFDAVSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVCRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLLKSLASFVYQTNLFSEVM
DQ272579	p349	(2300)	FVLKLLRNLFDAVSFKVLYGLLIQTL	FVNGGSSVNGKFVCRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLLKSLASFVYQTNLFSEVM
FJ525431	p349	(2293)	FTLKLRLNLFNARSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVSRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRSFKSLASFVYQTNLFSEAT
FJ525433	p349	(2293)	FTLKLRLNLFNARSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVSRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRSFKSLASFVYQTNLFSEAT
GQ454869	p349	(2293)	FTLRLRLNLFNARGFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVSRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLFKSLASFVYQTNLFSEAT
FJ525432	p349	(2293)	FTLKLRLNLFNARSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVSRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLFKSLASFVYQTNLFSEAT
FJ525434	p349	(2298)	FTLKLRLNLFNARSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVSRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLFKSLASFVYQTNLFSEAT
FJ525435	p349	(2299)	FTLKLRLNLFNARSFKVLYGLLIQTL	FYGGSVNKFVSRIVFSLGT-CIPFELLRFACSARRLFKSLASFVYQTNLFSEAT
GQ454870	p349	(2290)	FLYRVSRNALSVKTVRSYGLVLSI	FNGRSMVSHFLSRVLSFSGG-CIPFEFTRIMCAARRLSKTLAIVRSANVCDEET
EU076703	p349	(2290)	FVWRMLRNLFNLRRAVKLSYGLAQCI	FNGGSSMGQFTSRLLFSFGN-CIPFELLRFHVC
FJ525436	p349	(2290)	FVWRMLRNLFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGGSSMGQFTSRLLFSFGN-CIPFELLRFHVC
AF260651	p349	(2292)	FVWRMSRNIIFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGRSTGQFISRLIFSFGG-CIPFEFTRHVC
EU937520	p349	(2292)	FVWRMSRNIIFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGRSTGQFISRLIFSFGG-CIPFEFTRHVC
Y18420	p349	(2292)	FVWRMSRNLNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGRSTGQFISRLIFSFGG-CIPFEFTRHVC
EU857538	p349	(2292)	FVWRVSRSLFNLRGVKFSYGLAQCI	FNGGSSMGQFMSRLIFSFGN-CIPFEFTRHVC
CTAF001623	p349	(2277)	FVWKMLRNSFNLRRAVKFFYGLAQCFN	-GCSMGQFTSRLLIFSFGN-CIPFEFTRHVC
DQ151548	p349	(2292)	FVWRMLRNLFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGGSSMGQFTSRLLIFSFGN-CIPFEFTRHVC
EU937519	p349	(2292)	FVWRMLRNLFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGGSSMGQFTSRLLIFSFGN-CIPFEFTRHVC
HM573451	p349	(2293)	FVWRMLPNLFNLRRAVKFSYGLAQCI	FNGGSSMGQFTSRLLIFSFGN-CIPFELLRFQVC
Consensus		(2321)	FVWRLLRNLFNLRRAVKVLYGLLIQTI	FNGGSSV FVSRLLFSFG CLPFELLRFVCSAR LSKSLAL VRNANLCDEET

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2401	2480
A18	p349	(2387)	VERFFSFSRFLYDSRYLSDVFSVLERVDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVPVIRTEGLVEDGKKSITEVINSLD
AB046398	p349	(2388)	VERFFSFSRFLYDSRYLSDVFSVLERVDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVPVIRGAGLVEDGKKSITEVINSLD
AY170468	p349	(2378)	VEHLFSVSRLLYDSRYFATVFESELERLNFYLDYFISLPKRYLFPNSRARS CARVPVPVIRTKGVAPVRERSINDIIDSLD
EU937521	p349	(2378)	VEPLFSVSRLLYDSRYFATVFESELERLNFYLDYFISLPKRYLFPNSRARS CARVPVPVIRTEGVAPVRERSINDIIDSLD
AY340974	p349	(2377)	VEHLFSVSRLLYDSRYFATVFESELERLNFYFDYFISLPKRYLFPNSRARS CARVPVPVIRTEGVAPVRERSINDIIDSLD
CTU16304	p349	(2380)	VEHLFSVSRLLYDSRYFATVFESELERLNFYLDYFISLPKRYLFPNSRARS CARVPVPVIRTEGVAPVRERSINDIIDSLD
NC_001661	p349	(2380)	VEHLFSVSRLLYDSRYFATVFESELERLNFYLDYFISLPKRYLFPNSRARS CARVPVPVIRTEGVAPVRERSINDIIDSLD
DQ272579	p349	(2379)	VEHLFSVSRLLYDSRYFATVFESELERLNFYLDYFISLPKRYLFPNSRARS CARVSG--SRDSCPKEWHQSVRDHLMTYWT
FJ525431	p349	(2372)	VEHLFSFSRLLYDSRYFSSVFSEVERFDYLDHFIISLPKRYLFPNSKVRGRARAPVLVTRTEQVTPVRRERSINDIIDSLD
FJ525433	p349	(2372)	VEHLFSFSRLLYDSRYFSSVFSEVERFDYLDHFIISLPKRYLFPNSKVRGHARAPVLVTRTEQVTPVRRERSINNIIIDSLD
GQ454869	p349	(2372)	VEHLFSFSRLLYDSRYFSSVFSEIERFDYLDHFIISLPKRYLFLNSRVRCRARAPVLVTRTEEVTPVCKRSINDIIDSLD
FJ525432	p349	(2372)	VEPLFSFSRLLYDSRYFSSVFSEIERFDYLDHFIISLPKRYLFPNFRVRGCARAPVLVTRTEEVTPVCKRSINDIIDSLD
FJ525434	p349	(2377)	VEHLFSFSRLLYDSRYFSSVFSEIERFDYLDHFIISLPKRYLFPNSRVRGCTRAPVLVTRTEEVTPDCKRSINDIIDSLD
FJ525435	p349	(2378)	VEHLFSFSRLLYDSRYFSSVFSEIERFDYLDHFIISLPKRYLFPNSRVRGCTRAPVLVTRTEEVTPDCKRSINDIIDSLD
GQ454870	p349	(2369)	VEYLFSLSRLLYDSRYFSSVFSLEKVEFYLSYIFSLPKRYLTNNTIQLCVRAPVRVRIAEPVRESGKSI AEVIDSLD
EU076703	p349	(2369)	VEHLFSFSRFLYDSRYLSDVFSVLERVDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVRVIRNVGLVEDGKKSITEVINSLD
FJ525436	p349	(2369)	VERFFSFSRFLYDSRYLSDVFSVLERVDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVRVIRDVGLVEDGKKSITEVINSLD
AF260651	p349	(2371)	VEWLFNFSRFLYDSRYLSLVFESELERVEFYLSYIFSLPKRCFTHNRSVQVCVRAPVRVVRDVGLVEDGKKSI SEVINSLD
EU937520	p349	(2371)	VEWLFNFSRFLYDSRYLSLVFESELERVEFYLSYIFSLPKRCFTHNRSVQVCVRAPVRVVRDVGLVEDGKKSI SEVINSLD
Y18420	p349	(2371)	VEWLFNFSRFLYDSRYLSLVFESELERVEFYLSYIFSLPKRCFTHNRSVQVCVRAPVRVVRNVGLVEDGKKSI SEVINSLD
EU857538	p349	(2371)	VERFFGFSRFLYESRYISDVLSVLERFDYLSYIFSLPKRCLTHNRSVQVCVRAPVRVIRDVGLVKDGNKSITEVINSLD
CTAF001623	p349	(2355)	VERFFSFSRFLYDSRYLSDVFSVLE-VDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVRVIRDVGLVEDGKKSITEVINSLD
DQ151548	p349	(2371)	VEYFFSFSRFLYDSRYLSDVFSVLERVDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVRVIRDVGVVEDGKKSITEVINSLD
EU937519	p349	(2371)	VERFFSFSRFLYDSRYLSDVFSVLERVDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVRVIRDMGLVEDGKKSITEVINSLD
HM573451	p349	(2372)	VERFFSFSQFLYDSRYLSDVFSVLERVDFYLSYIFSLPKRCLTRNRSVRVCARAPVRVIRDVGLVEDGKKSITEVINSLD
Consensus		(2401)	VEHLFSFSRLLYDSRYFS VFSELERVDFYLSYLLSLPKRYLT NRSVRVCARAPV VIR GVV D KKSL EVL SLD

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

			2481		2560
A18	p349	(2467)	SLKVSDRK	KGKS	---
AB046398	p349	(2468)	SLKVSDRK	KGKS	---
AY170468	p349	(2458)	SLKVSDLK	KGKS	---
EU937521	p349	(2458)	SLKVSDLK	KGKS	---
AY340974	p349	(2457)	SLKVSDLK	KGKA	---
CTU16304	p349	(2460)	SLKVSDLK	KGKS	---
NC_001661	p349	(2460)	SLKVSDLK	KGKS	---
DQ272579	p349	(2457)	SLTL	SRCRTSMGSRRLMMGSRIPVNVIRVLRFRSRVPSTKKFYMRVMVTAFAKKPR	CSMLPHLAGWNATLVVVKTFLFQ
FJ525431	p349	(2452)	SLKVSDLK	KGKS	---
FJ525433	p349	(2452)	SLKVSDLK	KGKS	---
GQ454869	p349	(2452)	SLKVSDLK	KGKS	---
FJ525432	p349	(2452)	SLKVSDLK	KGKS	---
FJ525434	p349	(2457)	SLKVSDLK	KGKS	---
FJ525435	p349	(2458)	SLKVSDLK	KGKS	---
GQ454870	p349	(2449)	SLKTL	DKGKS	---
EU076703	p349	(2449)	SLKVSDRK	KGKS	---
FJ525436	p349	(2449)	SLKVSDRK	KGKS	---
AF260651	p349	(2451)	SLKVS	NRKGKS	---
EU937520	p349	(2451)	SLKVS	NRKGKS	---
Y18420	p349	(2451)	SLKVS	NRKGKS	---
EU857538	p349	(2451)	SLKVSDC	KGKS	---
CTAF001623	p349	(2434)	SLKVSDRK	KGKS	---
DQ151548	p349	(2451)	SLKVSDRK	KGKS	---
EU937519	p349	(2451)	SLKVSDRK	KGKS	---
HM573451	p349	(2452)	SLKVSDRK	KGKS	---
Consensus		(2481)	SLKVSD	KGKS	

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2561	2640
A18	p349	(2544)	KKTFTRGEC SGVKS KVS MCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKAVG
AB046398	p349	(2545)	RRSFTRGESSGT KPAESLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
AY170468	p349	(2535)	RKTFVRGESSGVKSKVSMCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
EU937521	p349	(2535)	RKTFVRGESSGVKSKVSMCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
AY340974	p349	(2534)	RKTFVRGESSGVKSKVSMCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
CTU16304	p349	(2537)	RKTFVRGESSGVKSKVSMCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
NC_001661	p349	(2537)	RKTFVRGESSGVKSKVSMCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
DQ272579	p349	(2537)	GKLLCVVNLRVNRRRLVCAITWLP CILRLAQC LTCTLLRV TYRIRNSLTPCANSITRKKYPCTNFTGSCVPIGTSCRSQV
FJ525431	p349	(2529)	KKTFTRGEC SGVKS KAGMCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
FJ525433	p349	(2529)	KKTFTRGEC SGVKS KAGMCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
GQ454869	p349	(2529)	KKTFTRGEC SGVKS KVG MCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
FJ525432	p349	(2529)	KKTFTRGEC SGVKS KVG MCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
FJ525434	p349	(2534)	KKTFTRGEC SGVKS KVG MCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
FJ525435	p349	(2535)	KKTFTRGEC SGVKS KVG LCDYLV TLNSSFGT VPDMPVARDITYKKLTNAMREFYYSQKITLYELHGKLSSYWDELKVAG
GQ454870	p349	(2526)	RRSITRGE SSGTKSTGSMCTYIM TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKAVG
EU076703	p349	(2526)	RRSFTRGESSGT KPPGSLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
FJ525436	p349	(2526)	RRSFTRGESSGT KPAGSLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
AF260651	p349	(2528)	RRNFTRGESSGT KSVGSLCEYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTAG
EU937520	p349	(2528)	RRNFTRGESSGT KSVGSLCEYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
Y18420	p349	(2528)	RRNFTRGESSGT KSVGSLCEYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
EU857538	p349	(2528)	RRNFTRGEC SGT KSVGSLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
CTAF001623	p349	(2511)	RRSFTRGESSGT KPAGSLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
DQ151548	p349	(2528)	RRSFTRGESSGT KPAGSLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
EU937519	p349	(2528)	RRSFTRGESSGT KPAGSLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
HM573451	p349	(2529)	RRSFTRGESSGT KPAGSLCVYLT TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELKTVG
Consensus		(2561)	RKTFTRGESSG KSKGSLCDYLV TLNSSFGS VPDLYPWARDITYKKLTNAMREFYYSQKVTLYELHGKLSSYWDELK G

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

			2641																	2720
A18	p349	(2624)	FDRKLA	KMDLDDDDVS	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
AB046398	p349	(2625)	FDRKLA	KMDLDDDDVS	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
AY170468	p349	(2615)	FDRKL	TRMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRNTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
EU937521	p349	(2615)	FDRKL	TRMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRNTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
AY340974	p349	(2614)	FDRKL	TRMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPCNTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPRSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
CTU16304	p349	(2617)	FDRKL	TRMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRNTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPRSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
NC_001661	p349	(2617)	FDRKL	TRMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRNTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPRSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
DQ272579	p349	(2617)	SIESYREW	IWTMMSMLLD	FN	RKLLVGRNGSH	PFPRNTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPRSQKYDYAFIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
FJ525431	p349	(2609)	FDRKL	TRMDLDDDDY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRSTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
FJ525433	p349	(2609)	FDRKL	TRMDLDDDIY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRSTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQRYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
GQ454869	p349	(2609)	FDRKL	TRMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRNTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
FJ525432	p349	(2609)	FDRKL	TRMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRSTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
FJ525434	p349	(2614)	FDRKL	TKMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRGTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
FJ525435	p349	(2615)	FDRKL	TKMDLDDDDVY	VVDFN	RKLLVGRNGSH	PFPRGTLKS	SYCFMFCNDGLV	PCPGSQKYDYALIS	NQTSFVAANSFLRAVD										
GQ454870	p349	(2606)	FDRKL	TKMDLDDDDVNI	VD	FHSKVLIGRNGSR	PFPRNTVNS	HEFMFCDDGLV	PCPGSKNRDFALISSQT	LFVAANSFLRAVD										
EU076703	p349	(2606)	FDRKLA	KMDLDDDDVS	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
FJ525436	p349	(2606)	FDRKLA	KMDLDDDDVD	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQT	SFVAANSFLRAVD										
AF260651	p349	(2608)	FDRKLA	KMDLDDDDVG	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
EU937520	p349	(2608)	FDRKLA	KMDLDDDDVG	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
Y18420	p349	(2608)	FDRKLA	KMDLDDDDVG	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
EU857538	p349	(2608)	FDRKLA	KMDSDDDDVS	VVDFN	MKVIVGRH	GTRPFKN	TVNSHEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
CTAF001623	p349	(2591)	FDRKL	A	KMDLDDDDVS	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD									
DQ151548	p349	(2608)	FDRKL	A	KMDLDDDDVS	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD									
EU937519	p349	(2608)	FN	RKLA	KMDLDDDDVD	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD									
HM573451	p349	(2609)	FDRKL	TKMDLDDDDVNI	VVDFN	LKVIVGRH	GTRPFRNTVNS	HEFMFCDDGLVL	CPGPKKRDFALISSQTQ	FVAANSFLRAVD										
Consensus			(2641)	FDRKL	TKMDLDDDDV	VVDFN	KVLVGRNGSR	PFPRNTVNS	HEFMFCDDGLV	PCPGSKKRDFALISSQT	SFVAANSFLRAVD									

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2721		2800
A18	p349	(2704)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	YFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
AB046398	p349	(2705)	GRDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	KYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
AY170468	p349	(2695)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCVKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
EU937521	p349	(2695)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCVKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
AY340974	p349	(2694)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPNGGGKTHSLV	NSYADYCVKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
CTU16304	p349	(2697)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NSYADYCVKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
NC_001661	p349	(2697)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NSYADYCVKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
DQ272579	p349	(2697)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NSYADYCVKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
FJ525431	p349	(2689)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCNKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
FJ525433	p349	(2689)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCDKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
GQ454869	p349	(2689)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCDKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
FJ525432	p349	(2689)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCDKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
FJ525434	p349	(2694)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCDKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
FJ525435	p349	(2695)	GKDLTFTNEEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	NCYADYCDKVSCLVVTANKNSQTEISQRI
GQ454870	p349	(2686)	GKDLTFTNSGHSILIVYEAPPGGGKTHSLA	KYFSDYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
EU076703	p349	(2686)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	YFTDYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
FJ525436	p349	(2686)	GKDLTFTNSGHSILIVYEAPPGGGKTHSLV	KYFSDYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
AF260651	p349	(2688)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	TYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
EU937520	p349	(2688)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	TYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
Y18420	p349	(2688)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	TYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
EU857538	p349	(2688)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	TYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
CTAF001623	p349	(2671)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	KYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
DQ151548	p349	(2688)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	KYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
EU937519	p349	(2688)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	TYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
HM573451	p349	(2689)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	TYFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI
Consensus		(2721)	GKDLTFTNSEHSLIVYEAPPGGGKTHSLV	YFADYCTKVSCLVVTANKNSQAEISQRI

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2801		2880
A18	p349	(2784)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
AB046398	p349	(2785)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
AY170468	p349	(2775)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
EU937521	p349	(2775)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
AY340974	p349	(2774)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSEVADIDDAFIQPEHRIYGE	
CTU16304	p349	(2777)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSEVADIDDAFIQPEHRIYGE	
NC_001661	p349	(2777)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSEVADIDDAFIQPEHRIYGE	
DQ272579	p349	(2777)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSEVADIDDAFIQPEHRIYGE	
FJ525431	p349	(2769)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
FJ525433	p349	(2769)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
GQ454869	p349	(2769)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
FJ525432	p349	(2769)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
FJ525434	p349	(2774)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
FJ525435	p349	(2775)	TVDSYLMNHLRLRLTTQLLFTIDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSKQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
GQ454870	p349	(2766)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDSFIQPEHRIYGE	
EU076703	p349	(2766)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
FJ525436	p349	(2766)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
AF260651	p349	(2768)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
EU937520	p349	(2768)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
Y18420	p349	(2768)	TVDSYLMNHLRLRLTTDLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
EU857538	p349	(2768)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
CTAF001623	p349	(2751)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
DQ151548	p349	(2768)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
EU937519	p349	(2768)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
HM573451	p349	(2769)	TVDSYLMNHLRLKTDLLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDFGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	
Consensus		(2801)	TVDSYLMNHLRLRLTTDLFVDECFMVHAGAIGAVVEFTSCKAVVFFGDSRQIHYIHRNDLGVSLLDIDDAFIQPEHRIYGE	

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

		2881		2960
A18	p349	(2864)	VS	YRC
AB046398	p349	(2865)	VS	YRC
AY170468	p349	(2855)	VS	YRC
EU937521	p349	(2855)	VS	YRC
AY340974	p349	(2854)	VS	YRC
CTU16304	p349	(2857)	VS	YRC
NC_001661	p349	(2857)	VS	YRC
DQ272579	p349	(2857)	VS	YRC
FJ525431	p349	(2849)	VS	YRC
FJ525433	p349	(2849)	VS	YRC
GQ454869	p349	(2849)	VS	YRC
FJ525432	p349	(2849)	VS	YRC
FJ525434	p349	(2854)	VS	YRC
FJ525435	p349	(2855)	VS	YRC
GQ454870	p349	(2846)	VS	YRC
EU076703	p349	(2846)	VS	YRC
FJ525436	p349	(2846)	VS	YRC
AF260651	p349	(2848)	VS	YRC
EU937520	p349	(2848)	VS	YRC
Y18420	p349	(2848)	VS	YRC
EU857538	p349	(2848)	VS	YRC
CTAF001623	p349	(2831)	VS	YRC
DQ151548	p349	(2848)	VS	YRC
EU937519	p349	(2848)	VS	YRC
HM573451	p349	(2849)	VS	YRC
Consensus		(2881)	VS	YRC

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

			3041		3120						
A18	p349	(3024)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVA	SSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VG	DTAPPD	SGNLHEP
AB046398	p349	(3025)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DI	SEELS	SRPFESGCDNI	TVRDTAPPD	SGNLHEP
AY170468	p349	(3015)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
EU937521	p349	(3015)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
AY340974	p349	(3014)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
CTU16304	p349	(3017)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
NC_001661	p349	(3017)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
DQ272579	p349	(3017)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVA	SSVVQLG	DVSEELS	SRPF	QSGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP
FJ525431	p349	(3009)	GSSSLEWYLEKEF	PTEYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
FJ525433	p349	(3009)	GSSSLEWYLEKEF	PTEYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
GQ454869	p349	(3009)	GSSSLEWYLEKEF	PTEYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
FJ525432	p349	(3009)	GSSSLEWYLEKEF	PTEYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
FJ525434	p349	(3014)	GSSSLEWYLEKEF	PTEYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
FJ525435	p349	(3015)	GSSSLEWYLEKEF	PTEYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	
GQ454870	p349	(3006)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPI	GCINDFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELGS	SPFESGCDNVT	IRDTAPPD	TGNLHEP
EU076703	p349	(3006)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSVPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SQPFESGCDNVT	IRDTAPPD	SGNLHEP
FJ525436	p349	(3006)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SQPFESGCDNVT	ITDTAPPD	SGNLHEP
AF260651	p349	(3008)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SRPFESGCDNVT	IRDTAPPD	SGNLHEP
EU937520	p349	(3008)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SRPFESGCDNVT	IRDTAPPD	SGNLHEP
Y18420	p349	(3008)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SRPFESGCDNVT	IRDTAPPD	SGNLHEP
EU857538	p349	(3008)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP
CTAF001623	p349	(2991)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	TEESSPE	S-----	CDNTRD	TPGNHEP	
DQ151548	p349	(3008)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SRPFESGCDNI	TVRDTAPPD	SGNLHEP
EU937519	p349	(3008)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SRPFESGCDNI	TVRDTAPPD	SGNLHEP
HM573451	p349	(3009)	GSSTLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPL	SCINDFLNEVVVG	GSSVVQLG	DT	SEELS	SRPFESGCDNI	TVRDTAPPD	SGNLHEP
Consensus		(3041)	GSSSLEWYLEKYPT	EYKGSKASSAPIS	CINEFLNEVVVG	GSSVVQLG	DVSEELS	SRPFESGCDNVT	VRDTAPPD	SGNLHEP	

ภาพผนวกที่ ข2 (ต่อ)

			3121	3149
A18	p349	(3104)	ARVRRGK	VAGNSSKKSI
AB046398	p349	(3105)	ARVRRGK	VASNSAKKSV
AY170468	p349	(3095)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
EU937521	p349	(3095)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
AY340974	p349	(3094)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
CTU16304	p349	(3097)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
NC_001661	p349	(3097)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
DQ272579	p349	(3097)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
FJ525431	p349	(3089)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
FJ525433	p349	(3089)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
GQ454869	p349	(3089)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
FJ525432	p349	(3089)	ARVRRSK	VASNSAKKSV
FJ525434	p349	(3094)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
FJ525435	p349	(3095)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV
GQ454870	p349	(3086)	ARVRRGK	VASNSAKKSV
EU076703	p349	(3086)	ARVRRGK	VTSNSSKKSV
FJ525436	p349	(3086)	ARVRRGK	VTSNSSKKSV
AF260651	p349	(3088)	ARVRRSK	VAGNSAKKSV
EU937520	p349	(3088)	ARVRRSK	VAGNSAKKSV
Y18420	p349	(3088)	ARVRRSK	VAGNSAKKSV
EU857538	p349	(3088)	ARVRRSK	VAGDSTKKSI
CTAF001623	p349	(3058)	AVRR---	KVANSAKKSV
DQ151548	p349	(3088)	ARVRRGK	VASNSAKKSV
EU937519	p349	(3088)	ARVRRGK	VASNSAKKSV
HM573451	p349	(3089)	ARVRRGK	VASNSAKKSV
Consensus		(3121)	ARVRRSK	VTSNSSKKSV

ภาพผนวกที่ ๒ (ต่อ)

A18 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
AY170468 p54	(1)	-----ETPPLLTRVTYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
EU937521 p54	(1)	-----ETPPLLTRVTYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
AY340974 p54	(1)	-----ETPPLLTRVTYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
CTU16304 p54	(1)	-----ETPPLLTRVTYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
NC_001661 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
DQ272579 p54	(1)	-----ETPPLLTRVTYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
AB046398 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
DQ151548 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
EU937519 p54	(1)	-----GTLHPLIRVIYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
HM573451 p54	(1)	-----GTLHPLIQVTYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
EU857538 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
EU076703 p54	(1)	ALNPLSLVVTSSLGTLPLQILVTYTNRLVF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
FJ525436 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
GQ454870 p54	(1)	ALVPLSLVVTSSLGTLPLQTLVTYTNRLVF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
AF260651 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
EU937520 p54	(1)	-----GTLPLQTLVIYTNRLVF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
Y18420 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
CTAF001623 p54	(1)	-----GTLPVYTNRLFG--VR-SAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIK--EFVG----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
FJ525432 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
FJ525431 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
FJ525433 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
FJ525434 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
GQ454869 p54	(1)	-----ETLPLPTPVYTNRLAF	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
FJ525435 p54	(1)	-----	GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV
Consensus	(1)		GVVRSQAIPPRKASLQENLLSYESRNYNFIKTERFVGPSEFGRAMAAAV

ภาพผนวกที่ 3 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p54 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นเหี่ยวที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p54 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18 p54	(50)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNFKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
AY170468 p54	(67)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQISNFKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
EU937521 p54	(67)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQISNFKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
AY340974 p54	(67)	IERCFKMEEMAKIRCDIISV	TEANILKWLDKRTPCQIKAVH	GELKLPEFVVEEQISNFKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
CTU16304 p54	(67)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVH	GELKLPEFVVEEQISNFKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
NC_001661 p54	(50)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVH	GELKLPEFVVEEQISNFKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
DQ272579 p54	(67)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIMAVH	GELKLPEFVVEEQISNFKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
AB046398 p54	(50)	IERCFRMDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKS	VQAEKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
DQ151548 p54	(50)	IERCFRMDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKS	VQAEKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
EU937519 p54	(67)	IERCFRMDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKS	VQAEKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
HM573451 p54	(67)	IERCFRMDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKS	VQAEKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
EU857538 p54	(50)	IERCFKMEDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKS	VQAEKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
EU076703 p54	(81)	LDRCFKMEEVAKIRSDIIALT	EANIAKWLDKRTPCQVKS	VQAEKLPEFAAEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
FJ525436 p54	(50)	LDRCFKMEEVAKIRSDIIALT	EANIAKWLDKRTPCQVKS	VQAEKLPEFAAEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
GQ454870 p54	(81)	LDRCFKMEEVAKIRSDIIALT	EANISKWLDKRTPCQIKS	VQAEKLPEFAVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
AF260651 p54	(50)	IERCFKMEDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKA	VQAEKLPEFAVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
EU937520 p54	(67)	IERCFKMEDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKA	VQAEKLPEFAVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
Y18420 p54	(50)	IERCFKMEDEVAKIRSDIIALT	EANIOKWLDKRTPCQVKA	VQAEKLPEFAVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
CTAF001623 p54	(53)	IERCF--MEVAKIRS--IIALT	EANIOKWLDKRTPCQK-----	VQEKLPVEEQITN-YKLMVKR-AKVKLDDSS-S-----P
FJ525432 p54	(50)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
FJ525431 p54	(50)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
FJ525433 p54	(50)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
FJ525434 p54	(50)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
GQ454869 p54	(67)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TGANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
FJ525435 p54	(50)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA
Consensus	(81)	IERCFKMEEMAKIRCDIISL	TEANILKWLDKRTPCQIKAVQ	AELKLPEFVVEEQITNYKLMVKRDAKVKLDDSSISKHPAA

ภาพผนวกที่ ๓3 (ต่อ)

		161		240
A18	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
AY170468	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
EU937521	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
AY340974	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
CTU16304	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
NC_001661	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
DQ272579	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
AB046398	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
DQ151548	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
EU937519	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
HM573451	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
EU857538	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
EU076703	p54	(161)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
FJ525436	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
GQ454870	p54	(161)	QNIMFHKKFINAMYSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
AF260651	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
EU937520	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
Y18420	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
CTAF001623	p54	(115)	ACIMFHKK--F--AIFSPCFEFKN--VLSSLNGNIFTEM TNAG-----LAELI--DD--L--VGEVDFS	SKQDLKEELYEFFD
FJ525432	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
FJ525431	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
FJ525433	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
FJ525434	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
GQ454869	p54	(147)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
FJ525435	p54	(130)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE
Consensus		(161)	QNIMFHKKFINAIFSPCFDEFKNRVLSSLNDNIVFFTEM TNAGLAELVIRRIIGDDDNLFVGEVDFS	SKFDKSQDLFIKEYE

ภาพผนวกที่ ข3 (ต่อ)

		241			320
A18	p54	(210)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
AY170468	p54	(227)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
EU937521	p54	(227)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
AY340974	p54	(227)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
CTU16304	p54	(227)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
NC_001661	p54	(210)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
DQ272579	p54	(227)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
AB046398	p54	(210)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
DQ151548	p54	(210)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
EU937519	p54	(227)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
HM573451	p54	(227)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
EU857538	p54	(210)	RTLYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
EU076703	p54	(241)	RSLYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
FJ525436	p54	(210)	RSLYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
GQ454870	p54	(241)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
AF260651	p54	(210)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
EU937520	p54	(227)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
Y18420	p54	(210)	RALYSEFGFDDEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
CTAF001623	p54	(180)	-----D--ELDVWMEGEYRARAT--LDGQLSFSVDGQR--SGGS--NWIGNSLVG-----ILLDVSKFELS-----DDSL		
FJ525432	p54	(210)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
FJ525431	p54	(210)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
FJ525433	p54	(210)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
FJ525434	p54	(210)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
GQ454869	p54	(227)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
FJ525435	p54	(210)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		
Consensus		(241)	RTLYSEFGFDTEILDVWMEGEYRARATTLDGQLSFSVDGQRRSGGSNTWIGNSLVTLGILSLYYDVSKFELLIVSGDDSL		

ภาพผนวกที่ 3 (ต่อ)

		321		400
A18	p54	(290)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
AY170468	p54	(307)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DMT
EU937521	p54	(307)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DMT
AY340974	p54	(307)	IYSSEKISNFSSEISLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DMT
CTU16304	p54	(307)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DMT
NC_001661	p54	(290)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DMT
DQ272579	p54	(307)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DMT
AB046398	p54	(290)	IYSKEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
DQ151548	p54	(290)	IYSKEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
EU937519	p54	(307)	IYSKEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
HM573451	p54	(307)	IYSRAPISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
EU857538	p54	(290)	IYSKEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
EU076703	p54	(321)	IYSRAPISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
FJ525436	p54	(290)	IYSRAPISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
GQ454870	p54	(321)	IYSKAEIRNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
AF260651	p54	(290)	IYSKEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
EU937520	p54	(307)	IYSKEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
Y18420	p54	(290)	IYSKEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQYKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
CTAF001623	p54	(237)	IYSKE-KSNFSSEICLEG-FETKFMSPSV-YFCSKVGKNC-----FPDPYKLLVKLG---AYKEF--L-----FTFKT	
FJ525432	p54	(290)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
FJ525431	p54	(290)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
FJ525433	p54	(290)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
FJ525434	p54	(290)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
GQ454869	p54	(307)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
FJ525435	p54	(290)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQNKLTDDDELFELEFTSEK	DIT
Consensus		(321)	IYSSEKISNFSSEICLETGFETKFMSPSPVYFCSKFVVQTNKTCFVPDPYKLLVKLGAPQ	KLTDDELFELEFTSEK

ภาพผนวกที่ ข3 (ต่อ)

		401		480
A18	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
AY170468	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNFLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKLTNLICERVVYDN	
EU937521	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNFLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKLTNLICERVVYDN	
AY340974	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKLTNLICERVVSDN	
CTU16304	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNFLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKLTNLICERVVYDN	
NC_001661	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNFLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKLTNLICERVVYDN	
DQ272579	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEPKYGFASGTTPAICAIHCVRSNFLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKLTNLICERVVYDN	
AB046398	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVETKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
DQ151548	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVETKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
EU937519	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVETKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
HM573451	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
EU857538	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVETKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVHDN	
EU076703	p54	(401)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
FJ525436	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
GQ454870	p54	(401)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYNTSGATLPAICAIHCVRSNFLSFERMFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVHDN	
AF260651	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEIKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
EU937520	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEIKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
Y18420	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEIKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
CTAF001623	p54	(296)	QDFGDQVVLEKLKLLVEIKYFSGT---MA---CAIHCVRN-----YRLFPPG---WYVVDALKLRQR---FANLICE---VVYDN	
FJ525432	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
FJ525431	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVHDN	
FJ525433	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVHDN	
FJ525434	p54	(370)	QDFGNQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVHDN	
GQ454869	p54	(387)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
FJ525435	p54	(370)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	
Consensus		(401)	QDFGDQVVLEKLKLLVEAKYGFTSGTTMPAICAIHCVRSNYLSFERLFPPFIRGWYVVDALKLRQLRKFFANLICERVVYDN	

ภาพผนวกที่ ข3 (ต่อ)

			481	515
A18	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	AKPDASDGGADDIATG-----
AY170468	p54	(467)	RVSYFSYFDNPF	TKPDANDDNVDDI GQAGELATG--
EU937521	p54	(467)	RVSYFSYFDNPF	TKPDANDDNVDDI GQAGELATG--
AY340974	p54	(467)	RVGY--SYFDNPF	TKPDANDDNVDDI GQAGELATG--
CTU16304	p54	(467)	RVSYFSYFDNPF	TKPDANDDNVDDI GQAGELATG--
NC_001661	p54	(450)	RVSYFSYFDNPF	TKPDANDDNVDDI GQAGELATG--
DQ272579	p54	(467)	RVSYFSVLR-----	
AB046398	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	AKPDASDGGADGLATG-----
DQ151548	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	AKPDASDGGADDIATG-----
EU937519	p54	(467)	RVGYFSYFDNPF	AKPDASDGGADDIATG-----
HM573451	p54	(467)	RVGYFSYFDNPF	AKPDASDDQADDITTG-----
EU857538	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGADDIATG-----
EU076703	p54	(481)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGADDIATG-----
FJ525436	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	TRPDASDGGADDIATG-----
GQ454870	p54	(481)	RVSYTAIFDNPF	NKPDANDDVAG-----
AF260651	p54	(450)	RVGYFSYFDNT	FTKPDASDGGMDDIMTG-----
EU937520	p54	(467)	RVGYFSYFDNT	FTKPDASDGGMDDIMTG-----
Y18420	p54	(450)	RVGYFSYFDNT	FTKPDASDGGMDDIMTG-----
CTAF001623	p54	(358)	RVGYFSYFDN	FKPSDGGQD-----
FJ525432	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGTDDIVTS-----
FJ525431	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGMDDIMTN-----
FJ525433	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGMDDIMTN-----
FJ525434	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGMDDIMTN-----
GQ454869	p54	(467)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGMDDIMTS-----
FJ525435	p54	(450)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGMDDIMTS-----
Consensus		(481)	RVGYFSYFDNPF	TKPDASDGGMDDL TG

ภาพผนวกที่ ข3 (ต่อ)

		1		80
A18 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLDDVVRDFTIDVGYNTADRDPVLADYFSLYFFLLNNDNIGPLAASITVSPPPVS		
AB046398 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLDDVVRDFTIDIGYDTVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVN		
DQ151548 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLDDVVRDFTIDIGYDTVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNIGPLAASITVSPPPVN		
EU937519 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLDDVVRDFTIDIGYDTVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNIGPLAASITVSPPPVS		
EU076703 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLGDVVGDFITIDVGYNAADRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNIGPLAASITVSPPPVN		
FJ525436 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLGDVVGDFITIDVGYNAADCDPTVLADYFSLYFFLLNNDNIGPLAASITVSPPPVN		
EU857538 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLDDVVRDFTIDVGYDTVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNIGPLAASITVSPPPVN		
HM573451 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYLDDVVRDFTIDVGYDTVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNIGPLAASITVSPPPVN		
GQ454870 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTCHRYSDVVRDFTIDVGYDTVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVN		
AY170468 p33	(1)	MFAFASESQDILEEKIFRRRTYHRKYFGDVVRDFTIDIGYDTTDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
EU937521 p33	(1)	MFAFASESQDILEEKIFRRRTYHRKYFGDVVRDFTIDIGYDTTDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
AY340974 p33	(1)	MFAFASESQDILEEKIFRRRTYHRKYFGDVVRDFTIGVGYDTTDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
CTU16304 p33	(1)	MFAFASESQDILEEKIFRRRTYHRKYFGDVVRDFTIDIGYDTTDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
DQ272579 p33	(1)	MFAFASESQDILEEIVFRRRTYHRKYFGDVVRDFTIDIGYDTTDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
NC_001661 p33	(1)	MFAFASESQDILEEKIFRRRTYHRKYFGDVVRDFTIDIGYDTTDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
AF260651 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYDIVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVN		
Y18420 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYDIVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVN		
CTAF001623 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYDIVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVN		
EU937520 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYDLVDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVN		
FJ525432 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYDVIDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
FJ525431 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYNVDDRDPVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
FJ525433 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYNVDDRDPVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
FJ525434 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYNVDDRDPVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		
FJ525435 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYSVDDRDPVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPTIS		
GQ454869 p33	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYDVIDRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAATITVSPPPVS		
Consensus	(1)	MFAFASENQDILEEKIFRRRTYHRKYFDDVVRDFTIDVGYDT DRDPTVLADYFSLYFFLLNNDNVGPIAASITVSPPPVS		

ภาพผนวกที่ ๔4 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p33 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นบวมที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p33 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNREGNVTYVKTMDKSRFVIRVKAMPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
AB046398 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNREGNVTYVKTVDKSRFVIRIKAMPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
DQ151548 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNREGNVTYVKTVDKSRFVIRIKAMPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
EU937519 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNREGNVTYVKTVDKSRFVIRIKAMPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
EU076703 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNREGNVTYVKTVDKSRFVIRIKAMPASTRGYYSFRTFVSGDIASERSEFMCSEVGSRYLCCCTQTIS		
FJ525436 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNREGNVTYVKTVDKSRFVIRIKAMPASTRGYYSFRTFVSGDIASERSEFMCSEVGSRYLCCCTQTIS		
EU857538 p33	(81)	GTYSKIRAHVDNQPNREGNVTYIKTMDKSRFVIRIKALPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSKFLCCCTQTIS		
HM573451 p33	(81)	GTYSKIRAHVDNQPNREGNVTYIKTMDKSRFVIRIKALPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSKFLCCCTQTIS		
GQ454870 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNHEGNVTYVKTVDKSRFVIRIKTIPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSKFLCCCTQTIS		
AY170468 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSRFVIRVKAPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFVCSFVGSRFLCCCTQTIS		
EU937521 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSRFVIRVKAPASMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFVCSFVGSRFLCCCTQTIS		
AY340974 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSRFVIRVKASPSMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFVCSFVGSRFLCCWKQTIS		
CTU16304 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSRFVIRVKASPSMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFVCSFVGSRFLCCCTQTIS		
DQ272579 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSRFVIRVKASPSMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFVCSFVGSRFLCCCTQTIS		
NC_001661 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSRFVIRVKASPSMRGYYSFRAFLSGDVASERSEFVCSFVGSRFLCCCTQTIS		
AF260651 p33	(81)	GTYSKIRAHVDNQPNCEGNVTYIKTIDKSREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLAADVTSERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
Y18420 p33	(81)	GTYSKIRAHVDNQPNCEGNVTYIKTIDKNREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLAADVTSERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
CTAF001623 p33	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYIKTVDKSREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLAADVTSERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
EU937520 p33	(81)	GTYSKIRAHVDNQPNCEGNVTYIKTIDKSREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLAADVTSERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
FJ525432 p33	(81)	GTYSKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTANKSREFAILLVKAHPAPMRGYYSFRAFLTDNVTSESEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
FJ525431 p33	(81)	GTYSKIRAHVDKQPNCEGNVTYVKTVDKNREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLTDNVTSESEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
FJ525433 p33	(81)	GTYSKIRAHVDKQPNCEGNVTYVKTVDKNREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLTDNVTSESEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
FJ525434 p33	(81)	GTYSKIRAHVDKQPNCEGNVTYAKTVDKNREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLTDNVTSESEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
FJ525435 p33	(81)	GTYSKIRAHVDSQPNCEGNVTYVKTVDKSREFAILLIKAVPAPMRGYYSFRAFLTDNVTSESEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
GQ454869 p33	(81)	GTYSKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSREFAILLIKSVAPMRGYYSFRAFLTDNVTSESEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		
Consensus	(81)	GTHKIRAHVDNQPNCEGNVTYVKTVDKSRFVIRIKAVPA MRGYYSFRAFLSGDVASERSEFICSFVGSRFLCCCTQTIS		

ภาพผนวกที่ ๔ (ต่อ)

		161		240
A18	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPYPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRMD	
AB046398	p33	(161)	ENLNNVCSSSSFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPYPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
DQ151548	p33	(161)	ENLNNVCSSSSFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPYPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
EU937519	p33	(161)	ENLNKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
EU076703	p33	(161)	ENLSNVCSSSSFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPHPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
FJ525436	p33	(161)	ENLSNVCSSSSFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPHPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
EU857538	p33	(161)	ENLGKVCSSCFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPYPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
HM573451	p33	(161)	ENLGKVCSSCFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPYPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRMD	
GQ454870	p33	(161)	ENLGKVCSSCFFFRVSETATNEFSVITDDVEDVKYVRKRVEGFSCADPYPPRCYRNANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
AY170468	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYIRKQAEGFSCADPYPPRCYRSTNLGDSSGVQSRITIEEEGYMTG	
EU937521	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYIRKQAEGFSCADPYPPRCYRSTNLGDSSGVQSRITIEEEGYMTG	
AY340974	p33	(160)	ENLSKVCSSSSFFFRVSEATATNEFSVATDDVEDVKYIRKQAEGFSCADPYPPRCYRSTNLGDSSGVQSRITIEEEGYMTG	
CTU16304	p33	(160)	ENLSKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYIRKQAEGFSCADPYPPRCYRSTNLGDSSGVQSRITIEEEGYMTG	
DQ272579	p33	(160)	ENLSKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYIRKQAEGFSCADPYPPRCYRSTNLGDSTGVQSRITIEEEGYMTG	
NC_001661	p33	(160)	ENLSKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYIRKQAEGFSCADPYPPRCYRSTNLGDSSGVQSRITIEEEGYMTG	
AF260651	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFSFRVSKTATNEFSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGTNLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
Y18420	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFSFRVSKTATNEFSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGTNLGDFSQSRITIEEEGYRTD	
CTAF001623	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFSFRVSKTATNEFSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGTNLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
EU937520	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFSFRVSKTATNEFSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGTNLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
FJ525432	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFSFRVSETATNEFPVATDDVEDIKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
FJ525431	p33	(161)	ENLNKVCSSSSFSFRVSETATNELSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
FJ525433	p33	(161)	ENLGKVCSSSSFSFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
FJ525434	p33	(161)	ENLGKVCSSSSFSFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYRGANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
FJ525435	p33	(161)	EDLSKVCSSSSFSFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYVRKQAEGFSCADPYPPRCYRGANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTG	
GQ454869	p33	(161)	ENLSKVCSSSSFSFRVSKTATNEFSVATDDVEDVKYVRKQAEGFSCADPYPPRCYRGANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	
Consensus		(161)	ENLSKVCSSSSFFFRVSETATNEFSVATDDVEDVKYVRKRAEGFSCADPYPPRCYR ANLGDSSGVQSRITIEEEGYRTD	

ภาพผนวกที่ ๓4 (ต่อ)

		241		304
A18	p33	(241)	TAGNVAVTIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAVIFI	
AB046398	p33	(241)	TVGNVAVTVPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLSTIFI	
DQ151548	p33	(241)	TAGNVAVTVPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLSTIFI	
EU937519	p33	(241)	TVGNVAVTVPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLTIFI	
EU076703	p33	(241)	TVSNVTVTIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLTIFI	
FJ525436	p33	(241)	TVSNVTVTIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLTIFI	
EU857538	p33	(241)	TAGNVAVTIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAVIFI	
HM573451	p33	(241)	TAGNVAVTIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAVIFI	
GQ454870	p33	(241)	TAGNVAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
AY170468	p33	(241)	TAGNVAVTVPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
EU937521	p33	(241)	TAGNVAVTVPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
AY340974	p33	(240)	TAGNVAVTVPNTPLVSAVPPYIAGYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSVHIMSGLLAIFI	
CTU16304	p33	(240)	TAGNVAVTVPNTPLVSAVSPYIAGYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSVHIMSGLLAIFI	
DQ272579	p33	(240)	TAGNVAVTVPNTPLVSAVSPYIAGYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSVHIMSGLLAIFYI	
NC_001661	p33	(240)	TAGNVAVTVPNTPLVSAVSPYIAGYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSVHIMSGLLAIFI	
AF260651	p33	(241)	TAGNVAVSIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
Y18420	p33	(241)	TAGNVAVSIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
CTAF001623	p33	(241)	TAGNVAVSIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
EU937520	p33	(241)	TAGNVAVSIPNTPLVNAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
FJ525432	p33	(241)	TAGNVAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
FJ525431	p33	(241)	TAGDIAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLTIFI	
FJ525433	p33	(241)	TAGDVAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLTIFI	
FJ525434	p33	(241)	TAGDVAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLTIFI	
FJ525435	p33	(241)	TAGNVAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAVIFI	
GQ454869	p33	(241)	TAGNVAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	
Consensus		(241)	TAGNVAVTIPNTPLVSAVSPYVAEYNENARSRISLIRRVCCYAVCVLVVSLIMSGLLAIFI	

ภาพผนวกที่ ๗4 (ต่อ)

		1	52
A18	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHVTV-
AB046398	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHVTV-
DQ151548	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHVTV-
FJ525435	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHVTV-
HM573451	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHVTV-
AY170468	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV-
AY340974	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV-
CTU16304	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV-
DQ272579	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV-
NC_001661	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV-
EU937521	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV-
EU076703	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATI-
EU937519	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATI-
FJ525436	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATI-
EU857538	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV-
AF260651	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
CTAF001623	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
EU937520	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
FJ525431	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
FJ525432	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
GQ454869	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYDTHATV-
FJ525433	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
FJ525434	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
GQ454870	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
Y18420	p6	(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNTSPYGTHATV-
Consensus		(1)	MDCVIQGFLLTFLVGIASFAGLIIVVITYRCTTKPVRNASPYGTHATV

ภาพผนวกที่ ข5 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p6 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นบวมที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p6 ของเชื้อไวรัส CTV
ที่มีรายงานใน GENBANK

		1		80
A18	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
HM573451	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
AF260651	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
EU937520	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
CTAF001623	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
Y18420	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
AY170468	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
AY340974	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
CTU16304	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
NC_001661	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
DQ272579	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
EU937521	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTAKNY	
FJ525431	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
FJ525435	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
FJ525433	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
FJ525434	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
GQ454869	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
GQ454870	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
FJ525432	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
AB046398	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
EU076703	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
FJ525436	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
EU857538	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
DQ151548	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
EU937519	p65	(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	
Consensus		(1)	MVLLGLDFGTTTSTVAMATSSSELVILKQSNSSYIPTCLFLHADPNSVSYGYDAEYLAASGEPGSFYKDLKRWVGCTEKNY	

ภาพผนวกที่ ข6 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p65 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นเน่าที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p65 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
HM573451	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
AF260651	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLNVALPLLIASYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
EU937520	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLNVALPLLIASYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
CTAF001623	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLNVALPLLIASYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
Y18420	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLNVALPLLIASYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
AY170468	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
AY340974	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
CTU16304	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
NC_001661	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
DQ272579	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
EU937521	p65	(81)	QTYLHKLSPSYKVIIVKEFGTKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
FJ525431	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGAKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
FJ525435	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGAKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
FJ525433	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGAKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
FJ525434	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGAKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
GQ454869	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGAKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
GQ454870	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGAKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
FJ525432	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGAKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
AB046398	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGIKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
EU076703	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGIKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
FJ525436	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGIKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
EU857538	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGIKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
DQ151548	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGIKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
EU937519	p65	(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFGIKSMPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR
Consensus		(81)	QSYLHKLSPSYKVIIVKEFG KSMPPVPYLSPLNNDLGLSVALPSLIAIYAKSILSDAERFNVNSTGVICSV	PAGYNTLQR

ภาพผนวกที่ ข6 (ต่อ)

		161		240
A18	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
HM573451	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
AF260651	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
EU937520	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
CTAF001623	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
Y18420	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
AY170468	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
AY340974	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
CTU16304	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
NC_001661	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
DQ272579	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
EU937521	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
FJ525431	p65	(161)	AFTQQSVSLMSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
FJ525435	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
FJ525433	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
FJ525434	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
GQ454869	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
GQ454870	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
FJ525432	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
AB046398	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYTCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
EU076703	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYTCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
FJ525436	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYTCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
EU857538	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYTCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
DQ151548	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYTCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
EU937519	p65	(161)	AFTQQSVSLSGYTCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	
Consensus		(161)	AFTQQSVSLSGYSCVYIINEPSAAAYSTLPKLSSADKYLAVYDFGGGTFDVSIIVSVRLPTFAVRSSGGDMNLGGRDIDRK	

ภาพผนวกที่ ๖6 (ต่อ)

		241		320	
A18	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
HM573451	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
AF260651	p65	(241)	LSDKIYEMADFIIPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHHGMSETI	SIDQTALREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
EU937520	p65	(241)	LSDKIYEMADFIIPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHHGMSETI	SIDQTALREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
CTAF001623	p65	(241)	LSDKIYEMADFIIPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHHGMSETI	SIDQTALREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
Y18420	p65	(241)	LSDKIYEMADFIIPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHHGMSETI	SIDQTALREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
AY170468	p65	(241)	LSDKIYEMADFVPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGMSETV	SIDQTVLREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
AY340974	p65	(241)	LSDKIYQMAFVPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGMSETV	SIDLSVLREIASVFINRTIDILTKVKK	KSSMPES
CTU16304	p65	(241)	LSDKIYEMADFVPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGMSETV	SIDQTVLREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
NC_001661	p65	(241)	LSDKIYEMADFVPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGMSETV	SIDQTVLREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
DQ272579	p65	(241)	LSDKIYEMADFVPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGMSETV	SIDQTVLREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
EU937521	p65	(241)	LSDKIYEMADFVPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGMSETV	SIDQTVLREIASVFINRTIDILTQVKK	KSSMPES
FJ525431	p65	(241)	LSDKIYELAEFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGISETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSMPES
FJ525435	p65	(241)	LSDKIYELAEFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGISETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSV PES
FJ525433	p65	(241)	LSDKIYELAEFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGISETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSMPES
FJ525434	p65	(241)	LSDKIYELAEFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGISETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSMPES
GQ454869	p65	(241)	LSDKIYELAEFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGISETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSMPES
GQ454870	p65	(241)	LSDKIYELAEFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGISETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSMPES
FJ525432	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVNHYGISETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSV PES
AB046398	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
EU076703	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
FJ525436	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
EU857538	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
DQ151548	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
EU937519	p65	(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKA	KSSMPES
Consensus		(241)	LSDKIYELADFLPQKELNVSSLKEALSLQTDVPKYTVTHYGMSETV	SIDQTTTLREIASVFITRTIDILTQVKK	KSSMPES

ภาพผนวกที่ ๓6 (ต่อ)

		321		400
A18	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
HM573451	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
AF260651	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
EU937520	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
CTAF001623	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
Y18420	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
AY170468	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
AY340974	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
CTU16304	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
NC_001661	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
DQ272579	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
EU937521	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
FJ525431	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
FJ525435	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
FJ525433	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
FJ525434	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
GQ454869	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
GQ454870	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
FJ525432	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
AB046398	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
EU076703	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
FJ525436	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
EU857538	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
DQ151548	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
EU937519	p65	(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA
Consensus		(321)	QSLKLVVVGSSYLPGLLDILETVPFVSGI	VPVEDARTAVARGCALYSECLDGRSKALLIDCITHHLSVTTFSADSVVVA

ภาพผนวกที่ ๓6 (ต่อ)

		401		480
A18	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
HM573451	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
AF260651	p65	(401)	AAGSPIPFEGEOKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
EU937520	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
CTAF001623	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
Y18420	p65	(401)	AAGSPIPFEGEOKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
AY170468	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
AY340974	p65	(401)	AAGSPIPFEGEOKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
CTU16304	p65	(401)	AAGSPIPFEGEOKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
NC_001661	p65	(401)	AAGSPIPFEGEOKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
DQ272579	p65	(401)	AAGSPIPFEGEOKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
EU937521	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
FJ525431	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
FJ525435	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
FJ525433	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
FJ525434	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
GQ454869	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
GQ454870	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
FJ525432	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
AB046398	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
EU076703	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
FJ525436	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
EU857538	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
DQ151548	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
EU937519	p65	(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	
Consensus		(401)	AAGSPIPFEGERKLTLRKCVSTSNYQARMFEGDYEKVFRNERIYAASVSLFTLGVNWRVPNDVEMTLVTKVDSMGKVEFY	

ภาพผนวกที่ ๖6 (ต่อ)

		481		560
A18	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
HM573451	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPRPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
AF260651	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYTGMPRPTRNLVKLSYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
EU937520	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYTGMPHPTRNLVKLSYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
CTAF001623	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYTGMPHPTRNLVKLSYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
Y18420	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYTGMPHPTRNLVKLSYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
AY170468	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYAGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
AY340974	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYAGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
CTU16304	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYAGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
NC_001661	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYAGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
DQ272579	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYAGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
EU937521	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYAGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
FJ525431	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
FJ525435	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
FJ525433	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
FJ525434	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
GQ454869	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
GQ454870	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
FJ525432	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPRPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
AB046398	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
EU076703	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
FJ525436	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
EU857538	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
DQ151548	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
EU937519	p65	(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	
Consensus		(481)	LKGPSGELVNVQGTSHYDYVGMPHPTRKLLRLSDYVNSAALVLALTTLTREKREKFLLRRTLEDALLADLRKTASLSEYSK	

ภาพผนวกที่ ๖6 (ต่อ)

		561	595
A18	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
HM573451	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
AF260651	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
EU937520	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
CTAF001623	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
Y18420	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
AY170468	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
AY340974	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
CTU16304	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
NC_001661	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
DQ272579	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
EU937521	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
FJ525431	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
FJ525435	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
FJ525433	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
FJ525434	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
GQ454869	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
GQ454870	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
FJ525432	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL
AB046398	p65	(561)	KYPITRNDIDVPSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
EU076703	p65	(561)	KYPITRNDIDVLSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
FJ525436	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
EU857538	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
DQ151548	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
EU937519	p65	(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERVPL
Consensus		(561)	KYPITRNDIDVVSSRMGIVVSKVLRGSDLERIPL

ภาพผนวกที่ ข6 (ต่อ)

		1		80
A18	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
AB046398	p61	(1)	MCLHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRSONLLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
EU076703	p61	(1)	MCFHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNISLDHTLSSGVVVRQONLLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
DQ151548	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQONLLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
FJ525436	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNISLDHTLSSGVVVRQONLLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
EU857538	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
EU937519	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
HM573451	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
GQ454869	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPRGTFENELALLYNSVVINDFVEL
GQ454870	p61	(1)	MSEHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPRGTFENELALLYNSVVINDFVEL
AY170468	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
EU937521	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
AY340974	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDQALSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
CTU16304	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
NC_001661	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
DQ272579	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
FJ525431	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
FJ525433	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
FJ525434	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
FJ525435	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
FJ525432	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
AF260651	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
EU937520	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
CTAF001623	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
Y18420	p61	(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL
Consensus		(1)	MSSHHVWGS	LFRKFYGEAIWKEYLSESTRNFDERNVSLDHTLSSGVVVRQSLNAPQGTFFENELALLYNSVVINDFVEL

ภาพผนวกที่ ข7 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p61 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นเน่าที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p61 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	
AB046398	p61	(81)	TGMPLKSLMTGVEDRKIPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDTYKTM	
EU076703	p61	(81)	TGMPLKSLMTGVEDRKIPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDTYKTM	
DQ151548	p61	(81)	TGMPLKSLMTGVEDRKIPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDTYKTM	
FJ525436	p61	(81)	TGMPLKSLMTGVEDRKIPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDTYKTM	
EU857538	p61	(81)	TGMPLISLMTGVEDREVDELISVDPHEVGCRFTLDDVESYILSRGEDSDVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	
EU937519	p61	(81)	TGMPLKSLMTGVEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSDVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	
HM573451	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSDVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	
GQ454869	p61	(81)	TGMPLDSLMTGIEDREVDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	
GQ454870	p61	(81)	TGMPLDSLMTGIEDREVDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	
AY170468	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDFADLAAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
EU937521	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDFADLAAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
AY340974	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKIPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDFADLAAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
CTU16304	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDFADLAAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
NC_001661	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDFADLAAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
DQ272579	p61	(81)	TGMPLKS-MTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDFADLAAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
FJ525431	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTI	
FJ525433	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTI	
FJ525434	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTI	
FJ525435	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTI	
FJ525432	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	
AF260651	p61	(81)	TGMPLNSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
EU937520	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
CTAF001623	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
Y18420	p61	(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTL	
Consensus		(81)	TGMPLKSLMTGIEDRKVPDELISVDPHEVGCRFTLNDVESYILSRGEDSADVTAVEHSWCLSNSCGRLISSTEIDAYKTM	

ภาพผนวกที่ ข7 (ต่อ)

		161		240
A18	p61	(161)	VFTKTFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
AB046398	p61	(161)	VFTKTFDSGVFGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKYTDNPLLTGMLIEFCLEN	
EU076703	p61	(161)	VFTKTFDSGVFGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKYTDNPLLTGMLIEFCLEN	
DQ151548	p61	(161)	VFTKTFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKCTDNPLLTGMLIEFCLEN	
FJ525436	p61	(161)	VFTKTFDSGVFGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKYTDNPLLTGMLIEFCLEN	
EU857538	p61	(161)	VFTKTFDSGVFGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
EU937519	p61	(161)	VFTKTFDSGVFGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
HM573451	p61	(161)	VFTKTFDSNVSGVATKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
GQ454869	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
GQ454870	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
AY170468	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHADNPLLTGMLIEFCLEN	
EU937521	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHADNPLLTGMLIEFCLEN	
AY340974	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHADNPLLTGMLIEFCLEN	
CTU16304	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHADNPLLTGMLIEFCLEN	
NC_001661	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHADNPLLTGMLIEFCLEN	
DQ272579	p61	(160)	VFTKNFDSNVSRVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYENHADNPLLTGMLIEFCLEN	
FJ525431	p61	(161)	VFTKNFDSISGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
FJ525433	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
FJ525434	p61	(161)	VFTENFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
FJ525435	p61	(161)	VFTKNFDSNVSKVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
FJ525432	p61	(161)	MFTKSFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEDKLTDHALLTGMLIEFCLEN	
AF260651	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
EU937520	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
CTAF001623	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
Y18420	p61	(161)	VFTKNFDSNVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	
Consensus		(161)	VFTKNFDS NVSGVITTKLETYLSYCSISLYKKHCKMDDDYFNLIIPMFNCIMKVLASLGLFYEKHTDNPLLTGMLIEFCLEN	

ภาพผนวกที่ ๗ (ต่อ)

		241	320
A18	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
AB046398	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
EU076703	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWNISEPDPADERTLIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
DQ151548	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
FJ525436	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
EU857538	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
EU937519	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
HM573451	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
GQ454869	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDEGVLIIPFDPMDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
GQ454870	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDEGVLIIPFDPMDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
AY170468	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
EU937521	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
AY340974	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
CTU16304	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
NC_001661	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
DQ272579	p61	(240)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
FJ525431	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
FJ525433	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
FJ525434	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
FJ525435	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
FJ525432	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
AF260651	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
EU937520	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
CTAF001623	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
Y18420	p61	(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES
Consensus		(241)	KVYYSTFKVNLDNVRLEFKSKVLPVVLTVWDISEPDDPVDERVLIIPFDPTDFVLDLPKLNHDTMVVGNQIQIRLEHYVVES

ภาพผนวกที่ ๗ (ต่อ)

		321		400
A18	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGIYRCAVDREVERPALFRLPQKLLNQDDGESCSLRMSSVEALFNLV	
AB046398	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGIYRCAVDRVVERPALFNLPRKLLNQDDGESCLLRMSSVETLFNLV	
EU076703	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAVDRVVERPALFNLPRKLLSQDDGESCLLRMSSVETLFNLV	
DQ151548	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGIYRCAVHRVVERPALFNLPRKLLNQDDGESCLLRMSSVETLFNLV	
FJ525436	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGIYRCAVDRVVERPALFNLPRKLLNQDDGESCLLRMSSVETLFNLV	
EU857538	p61	(321)	EALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVNLRWAGMFVYYGIYRCAARDRVVERPALFNLQKLLSQDDGESCLLRMSSVETLFNLV	
EU937519	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGIYRCAARDRVVERPALFNLQKLLSQDDGESCLLRMSSVETLFNLV	
HM573451	p61	(320)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGIYRCAVDRVVERPALFNLPRKLLNQDDGESCLLRMSSVETLFNLV	
GQ454869	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRIDLRWAGMFVYYGIYRCAADREVERPALFRLPQKLLNQDDGESCSLRMSSVEALFSLV	
GQ454870	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRIDLRWAGMFVYYGIYRCAADREVERPALFRLPQKLLNQDDGESCSLRMSSVEALFSLV	
AY170468	p61	(321)	DALGDL SQHVDLRLAADNPDLRVGLRWAGMFVYYGVYRCAVDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRHMGVVEALFNLV	
EU937521	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVGLRWAGMFVYYGVYRCAVDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRHMGVVEALFNLV	
AY340974	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVGLRWAGMFVYYGVYRCVVDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRHMGVVEALFNLV	
CTU16304	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVGLRWAGMFVYYGVYRCVVDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRHMGVVEALFNLV	
NC_001661	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVGLRWAGMFVYYGVYRCVVDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRHMGVVEALFNLV	
DQ272579	p61	(320)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVCLRWAGMFVYYAVYRCVVDRAVERPTLFRLPQKLLTQDDGESCSLRHMGVVEALFNLV	
FJ525431	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
FJ525433	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
FJ525434	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRAVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
FJ525435	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRAVERPSLFRLPQKLLNQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
FJ525432	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRVVERPTLFRLPQKLLNQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
AF260651	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRVVERPALFRLPQKLLSQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
EU937520	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRVVERPALFRLPQKLLSQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
CTAF001623	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVGLRWAGMFVYYGVYRCAIDRVVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
Y18420	p61	(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAIDRVVERPTLFRLPQKLLRQDDGESCSLRMSAVEALFNLV	
Consensus		(321)	DALDDLSQHVDLRLAADNPDLRVDLRWAGMFVYYGVYRCAVDRVVERPTLFRLPQKLLSQDDGESCSLRMSSVEALFNLV	

ภาพผนวกที่ ๗ (ต่อ)

			401													480	
A18	p61	(401)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK					
AB046398	p61	(401)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	NAVD	DADELES	SLRQLRSSVDMCK					
EU076703	p61	(401)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	NAVD	DADELES	SLRQLRSSVDMCK					
DQ151548	p61	(401)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	NAVD	DADELES	SLRQLRSSVDMCK					
FJ525436	p61	(401)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	NAVD	DADELES	SLRQLRSSVDMCK					
EU857538	p61	(401)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	NAVD	DADELES	SLRQLRSSVDMCK					
EU937519	p61	(401)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	NAVD	DADELES	SLRQLRSSVDMCK					
HM573451	p61	(400)	QKVNKDINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	NAVD	DADELE	GLRQLRSSVDMCK					
GQ454869	p61	(401)	QKVN	R	DINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRS	I	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGHLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
GQ454870	p61	(401)	QKVN	R	DINIR	RRQFMGRHSK	VALRLYRS	I	GLKFPPI	ISSVRLPA	HHGHLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
AY170468	p61	(401)	QKVNKDIN	V	RRQFMGRHSE	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRV	PD	GAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK				
EU937521	p61	(401)	QKVNKDIN	V	RRQFMGRHSE	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRI	PD	GAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK				
AY340974	p61	(401)	QKVNKDIN	V	RRQFMGRHSE	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRV	PD	GAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK				
CTU16304	p61	(401)	QKVNKDIN	V	RRQFMGRHSE	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRV	PD	GAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK				
NC_001661	p61	(401)	QKVNKDIN	V	RRQFMGRHSE	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRV	PD	GAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK				
DQ272579	p61	(400)	QKVNKD	I	Y	RRQFMGRHSE	V	A	FRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRV	PD	GAVTA	VELES	SLRQLRSSVDMCK	
FJ525431	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGSYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
FJ525433	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGSYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
FJ525434	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGSYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
FJ525435	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNS	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
FJ525432	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
AF260651	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
EU937520	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
CTAF001623	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
Y18420	p61	(401)	QKVN	R	DIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLP	VHHGYLYVDFYKRV	PD	DAVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK		
Consensus	(401)		QKVNKDIN	V	RRQFMGRHSK	VALRLYRNI	GLRFPPI	ISSVRLPA	HHGYLYVDFYKRV	PD	AVTA	DELES	SLRQLRSSVDMCK				

ภาพผนวกที่ ๗ (ต่อ)

		481	539
A18	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L A F H G R L Y D T S ---
AB046398	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A G A S S R Y M S R D V A T S G F N L P F H G G I H D A S ---
EU076703	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A R G A S S R Y M S R D V A T S G F N L P F H G G I H D A S ---
DQ151548	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A R G A S S R Y M S R D V A T S G F N L P F H G G I H D A S Q N -
FJ525436	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A R G A S S R Y M S R D V A T S G F N L P F H Y G G I H D A S Q N -
EU857538	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A R G A S S R Y M S R D V A T T G F N L P F R Y G R S H D T S ---
EU937519	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A R G A S S R Y M S R D V A T T G F N L P F H Y G R I H D A S ---
HM573451	p61	(480)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I L R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P F R H G R I H D T S Q S -
GQ454869	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H L S R D V A T S G F N L P Y H G - R S Y N T S ---
GQ454870	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R S A R G A S S R H L S R D V A T S G F N L P Y H G - R S Y N T S ---
AY170468	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y S T S ---
EU937521	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y S T S ---
AY340974	p61	(481)	DSL SI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P F H G - R L Y S T S ---
CTU16304	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y S T S ---
NC_001661	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y S T S ---
DQ272579	p61	(480)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S G H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y S T S ---
FJ525431	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M G R D V A T S G F N L P Y H G - R S Y N T S ---
FJ525433	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R S Y N T S ---
FJ525434	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R S Y N T S ---
FJ525435	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R S Y N T S ---
FJ525432	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R I T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R I H N A S ---
AF260651	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y N T S ---
EU937520	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y N T S ---
CTAF001623	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y N T S ---
Y18420	p61	(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G - R L Y D T S ---
Consensus		(481)	DRVSI T P P P F N R L R R G S S R T F R G R G A R G A S S R H M S R D V A T S G F N L P Y H G R L Y T S

ภาพผนวกที่ ๗ (ต่อ)

		1		80										
A18 p27	(1)	MAGYTI	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
HM573451 p27	(1)	MAGYTI	LPKADD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
AF260651 p27	(1)	MAGYTT	LPNTDD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	AFL	
EU937520 p27	(1)	MAGYTT	LPNTDD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	AFL	
Y18420 p27	(1)	MAGYTT	LPNTDD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	AFL	
CTAF001623 p27	(1)	MAGYTT	LPNTDD	DKEMNPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	SKLD----	NSIYED	STEKFT	GLY	MTMFLEY	-----	
FJ525432 p27	(1)	MAGYTML	PNTE	DKEMNPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEY	LKYVMVTMD	TFLL	
AY170468 p27	(1)	MAGYTV	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	TFLL	
CTU16304 p27	(1)	MAGYTV	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	TFLL	
DQ272579 p27	(1)	MAGYTV	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	TFLL	
NC_001661 p27	(1)	MAGYTV	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	TFLL	
AY340974 p27	(1)	MAGYTV	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TPSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	TFLL	
EU937521 p27	(1)	MAGYTV	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	TFLL	
FJ525431 p27	(1)	MAGHTI	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TSIYED	STEKFT	GEY	LKYVMVTMD	TFLL	
FJ525433 p27	(1)	MAGHTI	LPKID	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEY	LKYVMVTMD	TFLL	
FJ525434 p27	(1)	MAGHTI	LPKID	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEY	LKYVMVTMD	TFLL	
FJ525435 p27	(1)	MAGHTI	LPNI	DDKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEY	LKYVMVTMD	TFLL	
GQ454869 p27	(1)	MAGHTI	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	I	FLL
GQ454870 p27	(1)	MAGHTI	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	I	FLL
AB046398 p27	(1)	MAGYTML	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRQVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
DQ151548 p27	(1)	MAGYTML	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
EU076703 p27	(1)	MAGYTML	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFA	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
FJ525436 p27	(1)	MAGYTML	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
EU857538 p27	(1)	MAGHTI	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEEFV	TNRSVDALIE	SVISKL	TNSIYED	STEKFT	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
EU937519 p27	(1)	MAGYTML	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	TNRSVDALIE	SVISKL	TNSIYED	STEKFT	GEQ	LKYVMVTMD	TFLL	
Consensus	(1)	MAGYTI	LPKTD	DKEMDPVSA	AVPGKYPDV	IEKFV	ANRSVDALIE	GVISKLD	TNSIYED	STEKFT	GEH	LKYVMVTMD	TFLL	

ภาพผนวกที่ ข8 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p27 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นนูนที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p27 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
HM573451 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
AF260651 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
EU937520 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
Y18420 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
CTAF001623 p27	(72)	----TKTEDLVH---AMQKRLCTTTKTDKG-----CSYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
FJ525432 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
AY170468 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
CTU16304 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
DQ272579 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
NC_001661 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
AY340974 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
EU937521 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
FJ525431 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
FJ525433 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
FJ525434 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
FJ525435 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
GQ454869 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
GQ454870 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
AB046398 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
DQ151548 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
EU076703 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
FJ525436 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
EU857538 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
EU937519 p27	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	
Consensus	(81)	ENYKTKTEDLLVHLAMIQKRLCTISTSTKTKFRDKGCISYVQGG	RYKLMDKVVPFIISKFTDRETPNALRKYACTFEE	

ภาพผนวกที่ ข8 (ต่อ)

		161		240
A18	p27	(161)	LHLWMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
HM573451	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
AF260651	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
EU937520	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
Y18420	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
CTAF001623	p27	(130)	LHLMAR--RPDLYEKR-----TKGTHLGLSFLG---LPYSEHER---ILRAS	
FJ525432	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
AY170468	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTRAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
CTU16304	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTRAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
DQ272579	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTRAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
NC_001661	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTRAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
AY340974	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTRAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
EU937521	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTRAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
FJ525431	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
FJ525433	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
FJ525434	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
FJ525435	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
GQ454869	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYV	
GQ454870	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYV	
AB046398	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
DQ151548	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
EU076703	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
FJ525436	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
EU857538	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
EU937519	p27	(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLTGSPLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	
Consensus		(161)	LHLCMARLRPDLYENKRTTKAGTPHLKGYLSADFLSGSLPGYSEHERGIIIRASESMLARRQGYEEATELLNLRDLGKYL	

ภาพผนวกที่ ข8 (ต่อ)

		241
A18	p27	(241) -
HM573451	p27	(241) -
AF260651	p27	(241) -
EU937520	p27	(241) -
Y18420	p27	(241) -
CTAF001623	p27	(194) -
FJ525432	p27	(241) -
AY170468	p27	(241) -
CTU16304	p27	(241) -
DQ272579	p27	(241) -
NC_001661	p27	(241) -
AY340974	p27	(241) -
EU937521	p27	(241) -
FJ525431	p27	(241) -
FJ525433	p27	(241) -
FJ525434	p27	(241) -
FJ525435	p27	(241) -
GQ454869	p27	(241) -
GQ454870	p27	(241) -
AB046398	p27	(241) -
DQ151548	p27	(241) -
EU076703	p27	(241) -
FJ525436	p27	(241) -
EU857538	p27	(241) -
EU937519	p27	(241) -
Consensus		(241)

ภาพผนวกที่ ข8 (ต่อ)

		1		80
A18	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
EU857538	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
EU937519	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
AF260651	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
EU937520	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
Y18420	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
AY170468	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
AY340974	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
CTU16304	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
DQ272579	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
NC_001661	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
EU937521	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
FJ525431	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
FJ525433	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
FJ525434	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
FJ525435	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
GQ454869	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
GQ454870	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
HM573451	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
FJ525432	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
AB046398	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
DQ151548	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
CTAF001623	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
EU076703	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
FJ525436	p25	(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI
Consensus		(1)	MDEETKKLKNKNKETKEGDDVVAAESSEFGSVNLHIDPTLIAMNDVROLGTQQNAALNRDLFLTLKGKYPNLS	SDKDKDFHI

ภาพผนวกที่ ข9 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p25 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นเน่าที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p25 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
EU857538	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
EU937519	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
AF260651	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
EU937520	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
Y18420	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
AY170468	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
AY340974	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
CTU16304	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
DQ272579	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
NC_001661	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
EU937521	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
FJ525431	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLPDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
FJ525433	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLPDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
FJ525434	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLPDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
FJ525435	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLPDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
GQ454869	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
GQ454870	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
HM573451	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
FJ525432	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
AB046398	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
DQ151548	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
CTAF001623	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
EU076703	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
FJ525436	p25	(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG
Consensus		(81)	AMMLYRLAVKSSSLQSDDDTTGITYTREGVEVDLSDKLWTDVFN	SKGIGNRTNALRVWGRINDALYLAFCRQNRNLSYG

ภาพผนวกที่ ๗ (ต่อ)

		161		224
A18	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
EU857538	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
EU937519	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
AF260651	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
EU937520	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
Y18420	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
AY170468	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
AY340974	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
CTU16304	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
DQ272579	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
NC_001661	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
EU937521	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
FJ525431	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFSTR	
FJ525433	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFSTR	
FJ525434	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFSTR	
FJ525435	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFSAR	
GQ454869	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
GQ454870	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
HM573451	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
FJ525432	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
AB046398	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
DQ151548	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
CTAF001623	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
EU076703	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
FJ525436	p25	(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	
Consensus		(161)	GRPLDAGIPAGYHYLCADFLTGAGLTDLECAVYIQAKEQLLKKRGADVVVVTNVRQLGKFNTR	

ภาพผนวกที่ ๗ (ต่อ)

		1		80
A18 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSEDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN	
AF260651 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	SMN
EU937520 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	SMN
Y18420 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	SMN
AY170468 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
AY340974 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
CTU16304 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
EU937521 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
NC_001661 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
DQ272579 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
FJ525431 p18	(1)	MSGSLGNLAHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
FJ525433 p18	(1)	MSGSLGNLAHVDLLRSDSRFLPGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
FJ525434 p18	(1)	MSGSLGNLAHVDLLRSDSRFLPGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
FJ525435 p18	(1)	MSGSLGNLAHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
FJ525432 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGTN
DQ151548 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSESRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
GQ454869 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
GQ454870 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
HM573451 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSESRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN
CTAF001623 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRCDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGSMN
EU857538 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGSMN
EU937519 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGSMN
AB046398 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGSMN
EU076703 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGSMN
FJ525436 p18	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPSE	EDMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGSMN
Consensus	(1)	MSGSLGNLTHVDLLRSDSRFLSGWWSFIVNVGDIIVRFALHVPNE	DMLNFSFSAISNCTIIADGSALLKDNTVVDRL	EGMN

ภาพผนวกที่ ข10 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p18 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นนูนที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p18 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

81

160

A18 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
AF260651 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
EU937520 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
Y18420 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
AY170468 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
AY340974 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
CTU16304 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
EU937521 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
NC_001661 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
DQ272579 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
FJ525431 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
FJ525433 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
FJ525434 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
FJ525435 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
FJ525432 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
DQ151548 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
GQ454869 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
GQ454870 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
HM573451 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
CTAF001623 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
EU857538 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
EU937519 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
AB046398 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
EU076703 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
FJ525436 p18	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL
Consensus	(81)	PLAYLLKLAKTTTTTICFTMSNKVLFGTTKSEPLSCLAITS	SDRVLFKVMGTNVDDSRCGCSIW	FYNNGTFQ	NGLTRC	NNL

ภาพผนวกที่ ข10 (ต่อ)

161

A18	p18	(161)	VALFSAT
AF260651	p18	(161)	VTLFSAT
EU937520	p18	(161)	VTLFSAT
Y18420	p18	(161)	VTLFSAT
AY170468	p18	(161)	VTLFSVT
AY340974	p18	(161)	VTLFSVT
CTU16304	p18	(161)	VTLFSVT
EU937521	p18	(161)	VTLFSVT
NC_001661	p18	(161)	VTLFSVT
DQ272579	p18	(161)	VTLFSVT
FJ525431	p18	(161)	VALFSAT
FJ525433	p18	(161)	VALFSAT
FJ525434	p18	(161)	VALFSAT
FJ525435	p18	(161)	VALFSAT
FJ525432	p18	(161)	VALFSAT
DQ151548	p18	(161)	VALFSAT
GQ454869	p18	(161)	VTLFSAT
GQ454870	p18	(161)	VTLFSAT
HM573451	p18	(161)	VTLFSAT
CTAF001623	p18	(161)	VALFSAT
EU857538	p18	(161)	VALFSAT
EU937519	p18	(161)	VALFSAT
AB046398	p18	(161)	VALFSAT
EU076703	p18	(161)	VALFSAT
FJ525436	p18	(161)	VALFSAT
Consensus		(161)	VALFSAT

ภาพผนวกที่ ข10 (ต่อ)

		1		80						
A18	p13	(1)	MSIRRVWLKVM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTANESR
GQ454869	p13	(1)	MSIRRVWLKVV	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	VVVIPLSGGTANESR
GQ454870	p13	(1)	MSIRRVWLKVV	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	VVVIPLSGGTANESR
HM573451	p13	(1)	MSIRRVWLKVV	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	VVVIPLSGGTANESR
AB046398	p13	(1)	MGIRRVWLKIM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYELAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGAVNESR
CTAF001623	p13	(1)	MGIRRVWLKIM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYELAK	FDLDFLR	IVVIPLSGGAVNESH
DQ151548	p13	(1)	MGIRRVWLKIM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNA	SYAKKCYELAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGAVNESR
EU076703	p13	(1)	MGIRRVWLKVM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	DAHFSNV	SYAKKCYELAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGAVNESR
FJ525436	p13	(1)	MGIRRVWLKVM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	DAHFSNV	SYAKKCYELAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGAVNESR
EU937519	p13	(1)	MSIRRVWLKVM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYELAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGAVNESR
EU857538	p13	(1)	MSIRRVWLKVM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYELAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGAVNESR
AF260651	p13	(1)	MSIRRVWLKVI	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTANESR
EU937520	p13	(1)	MSIRRVWLKVI	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTANESR
Y18420	p13	(1)	MSIRRVWLKVI	AVITVLWY	CKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTANESR
FJ525431	p13	(1)	MSFRRLWLKVI	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
FJ525434	p13	(1)	MSFRRLWLKVI	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
FJ525433	p13	(1)	MSFRRLWLKVI	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSCGTVNESR
FJ525435	p13	(1)	MSFRRLWLKVI	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSSGTVNESH
FJ525432	p13	(1)	MSFRRMWLKVM	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
AY170468	p13	(1)	MSFRRLWLKVM	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFTNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
EU937521	p13	(1)	MSFRRLWLKVM	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFTNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
DQ272579	p13	(1)	MSIRRSWLKVM	AVVITVLWY	GNEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFTNG	SYAKKCYDFAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
AY340974	p13	(1)	MSIRRSWLKVM	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFTNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
CTU16304	p13	(1)	MSIRRSWLKVM	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFTNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
NC_001661	p13	(1)	MSIRRSWLKVM	AVVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFTNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR
Consensus		(1)	MSIRRVWLKVM	AVITVLWY	GKEPSISEGYNALMND	DFKFID	THFSNV	SYAKKCYDIAN	FDLDFLR	IVVIPLSGGTVNESR

ภาพผนวกที่ ข11 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p13 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นนูนที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p13 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		120
A18 p13	(81)	ADRANI	SEIVESHVSDRDRM	ILLRNKRIQIPSLPCDN
GQ454869 p13	(81)	ADRANI	SEIVESHVSDRDRM	ILLRNKRIQIPSLPCGN
GQ454870 p13	(81)	ADRANI	SEIVESHVSDRDRM	ILLRNKRIQIPSLPCGN
HM573451 p13	(81)	ADRANI	SEIVESHVSDRDRM	ILLRNKRIQIPSLPCGN
AB046398 p13	(81)	ADRANV	SEIVESHVSDRDRM	KILLRNKRIQIPSLPCDN
CTAF001623 p13	(81)	ADRINV	SEIVESHVSDRDRM	KILLRNKRIQIPSLPCDN
DQ151548 p13	(81)	ADRANV	SEIVESHVSDRDRM	KILLRNKRIQIPSLPCDN
EU076703 p13	(81)	ADRANV	SEIVESHVSDRDRM	KVILLRNKRIQIPSLPCDN
FJ525436 p13	(81)	ADRANV	SEIVESHVSDRDRM	KVILLRNKRIQIPSLPCDN
EU937519 p13	(81)	ADRANV	SEIVESHVSDRDRM	NILLRNKRIQIPSLPCDN
EU857538 p13	(81)	ADRANV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCGN
AF260651 p13	(81)	SDRTNV	SEIVESHVSDRDRM	HILLRNKRIQIPSLPCDN
EU937520 p13	(81)	SDRTNV	SEIVESHVSDRDRM	HILLRNKRIQIPSLPCDN
Y18420 p13	(81)	SDRTNV	SEIVESHVSDRDRM	HILLRNKRIQIPSLPCDN
FJ525431 p13	(81)	ANHANV	SEIVESHISDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCGD
FJ525434 p13	(81)	ANHANV	SEIVESHISDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCGD
FJ525433 p13	(81)	ANHANV	SEIVESHISDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCGD
FJ525435 p13	(81)	ANRTNV	SEIVESHISDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCGD
FJ525432 p13	(81)	ANPTNV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCGD
AY170468 p13	(81)	ADRTNV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCDN
EU937521 p13	(81)	ADRTNV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCDN
DQ272579 p13	(81)	ADRTNV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCDN
AY340974 p13	(81)	ADRTNV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCDN
CTU16304 p13	(81)	ADRTNV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCDN
NC_001661 p13	(81)	ADRTNV	SEIVESHVSDRDRM	SILLRNKRIQIPSLPCDN
Consensus	(81)	ADRANV	SEIVESHVSDRDRM	ILLRNKRIQIPSLPCDN

ภาพผนวกที่ ข11 (ต่อ)

		1		80
A18 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
DQ272579 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVSAVVERLCDPSVTLLTEVIDEIDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
GQ454869 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLANVGAAVERLCDPSVTLLTEVIDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
GQ454870 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLANVGAAVERLCDPSVTLLTEVIDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
AF260651 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGSVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
EU937520 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGSVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
Y18420 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGSVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
FJ525431 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
FJ525432 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
FJ525433 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
FJ525434 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
FJ525435 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
AY170468 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVSAVVERLCDPSVTLLAEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
AY340974 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVSAVVERLCDPSVTLLAEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
CTU16304 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVSAVVERLCDPSVTLLAEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
EU937521 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVSAVVERLCDPSVTLLAEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
NC_001661 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVSAVVERLCDPSVTLLAEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
EU076703 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
FJ525436 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
EU857538 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
EU937519 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
AB046398 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
CTAF001623 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
DQ151548 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
HM573451 p20	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLYDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		
Consensus	(1)	MRAYFSVNDYISLLAKVGAVVERLCDPSVTLLTEVMDEINDFNSFLALVHSMKSDMNGDHQDGHHEMGEHKSRLLCNIEAK		

ภาพผนวกที่ ข12 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p20 ของเชื้อ Citrus Tristeza Virus (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นนูนที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p20 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAVDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
DQ272579 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAVDVMGFFVMRYMSSSHTKLRVCNENGVEVSSI	KV	LSRAHKLD
GQ454869 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAVDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
GQ454870 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAVDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
AF260651 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFETVMRT-ELKLIVKAVLSEL	SR	THKLD
EU937520 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFETVMRT-ELKLIVKAVLSEL	SR	THKLD
Y18420 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFETVMRT-ELKLIVKAVLSEL	SR	THKLD
FJ525431 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMHT-ELKLIVKAVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
FJ525432 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMHT-ELKLIVKAVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
FJ525433 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMHT-ELKLIVKAVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
FJ525434 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMHT-ELKLIVKAVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
FJ525435 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
AY170468 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
AY340974 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
CTU16304 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
EU937521 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
NC_001661 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
EU076703 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
FJ525436 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
EU857538 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDTIGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
EU937519 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDTIGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRTHKLD	FSE	RAFAAYGIL
AB046398 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
CTAF001623 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
DQ151548 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
HM573451 p20	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL
Consensus	(81)	LRVLLDIIRRRFTREKLLCTSAIDVMGFFVMRYMSSSHTSFESVMRT-ELKLIVKAVLSDLSRAHKLD	FSE	RAFAAYGIL

ภาพผนวกที่ ข12 (ต่อ)

		161	184
A18	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
DQ272579	p20	(161)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
GQ454869	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
GQ454870	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
AF260651	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV
EU937520	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV
Y18420	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV
FJ525431	p20	(160)	LQKGAVATVCSQFDINLVSPSCV
FJ525432	p20	(160)	LQKGAVATVCSQFDINLVSPSCV
FJ525433	p20	(160)	LQKGAVATVCSQFDINLVSPSCV
FJ525434	p20	(160)	LQKGAVATVCSQFDINLVSPSCV
FJ525435	p20	(160)	LQKGAVATVCSQFDINLVSPSCV
AY170468	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
AY340974	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
CTU16304	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
EU937521	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
NC_001661	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
EU076703	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
FJ525436	p20	(160)	LQKGTVS TVCGQFDINLVSPSCV
EU857538	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDIKLVSPSCV
EU937519	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDISLVSPSCV
AB046398	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV
CTAF001623	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV
DQ151548	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV
HM573451	p20	(160)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV
Consensus		(161)	LQKGTVATVCGQFDINLVSPSCV

ภาพผนวกที่ ข12 (ต่อ)

		1		80
A18 p23	(1)	MDSTSGQTFVSVNLSDESNTASTEVKTVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGL	
AF260651 p23	(1)	MDYTSGQTFVSVNLSDESNTASTKVENVKSEADRLEFLRKMN	PFIIVDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAL	
EU937520 p23	(1)	MDDTSGQTFVSVNLSDESNTASTKVENVKSEADRLEFLRKMN	PFIIVDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAL	
Y18420 p23	(1)	MDDTSGQTFVSVNLSDESNTASTKVENVKSEADRLEFLRKMN	PFIIVDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAL	
FJ525431 p23	(1)	MNDTSGQTFVSVNLSDESNTASTRVENVKSEADRLEFLRKMN	PVIIDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAL	
FJ525433 p23	(1)	MNDTSGQTFVSVNLSDESNTASTRVENVKPEADRLEFLRKMN	PLTIIDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDRA	
FJ525434 p23	(1)	MNDTSGQTFVSVNLSDESNTASTRVENVKPEADRLEFLRKMN	PLTIIDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDRA	
FJ525435 p23	(1)	MNDTSGQTFVSVNLSDESNTASTRVENVKSEADRLEFLRKMN	PSIIIDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAL	
FJ525432 p23	(1)	MDDTSGQTFVSVNLSDESNTASTRVENVKSEADRLEFLRKMN	PFIIDALVRKINYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAL	
GQ454869 p23	(1)	MDSTSGQTFVSVNLSDESNTASTAVRTVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALVRKTSYQGARFRAKIIGVCVDCGRKHDKGL	
GQ454870 p23	(1)	MDSTSGQTFVSVNLSDESNTASTAVRTVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALVRKTSYQGARFRAKIIGVCVDCGRKHDKGL	
AY170468 p23	(1)	MDNTSGQTFVSVNLSDESNTATTDVKPVSSEADRLEFLRKMN	PIIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGL	
EU937521 p23	(1)	MDNTSGQTFVSVNLSDESNTATTDVKPVSSEADRLEFLRKMN	PIIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGL	
AY340974 p23	(1)	MDNTSGQTFVSVNLSDESNTATTDVEPVSSEADRLEFLRKMN	PIIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGL	
CTU16304 p23	(1)	MDNTSGQTFVSVNLSDESNTATTDVEPVSSEADRLEFLRKMN	PIIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGL	
DQ272579 p23	(1)	MDNTSGQTFVSVNLSDESNTATTDVEPVSSEADRLEFLRKMN	PIIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGL	
NC_001661 p23	(1)	MDNTSGQTFVSVNLSDESNTATTDVEPVSSEADRLEFLRKMN	PIIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGL	
HM573451 p23	(1)	MNDTSGQTFISVNLSDESNTASTEVKTVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKTSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKGS	
EU857538 p23	(1)	MDDTSGQTFISVNLSDESNTASTEVKTVSLEAGRLEFLRKMN	PFIIDALIRKTSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAS	
EU937519 p23	(1)	MDDTSGQTFISVNLSDESNTASTEVKTVSLEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKTSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAS	
EU076703 p23	(1)	MDDTSGQTFISVNLSDESNTASTETKAVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAS	
FJ525436 p23	(1)	MNDTSGQTFISVNLSDESNTASTETKAVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAS	
CTAF001623 p23	(1)	MDDTSGQTFISVNLSDESNTASTETKTVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAS	
AB046398 p23	(1)	MDDTSGQTFISVNLSDESNTASTETKTVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAS	
DQ151548 p23	(1)	MDDTSGQTFISVNLSDESNTASTETKTVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKNSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAS	
Consensus	(1)	MDDTSGQTFVSVNLSDESNTASTEVK TVSSEADRLEFLRKMN	PFIIDALIRKTSYQGARFRARIIGVCVDCGRKHDKAL	

ภาพผนวกที่ ข13 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p23 ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18

อาการลำต้นนูนที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนโปรตีน p23 ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
AF260651	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVSYTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
EU937520	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVSYTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
Y18420	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVLTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
FJ525431	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVLHTKEKQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
FJ525433	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVLTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
FJ525434	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNGVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVLTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
FJ525435	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVSYTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
FJ525432	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVLTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
GQ454869	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
GQ454870	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
AY170468	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
EU937521	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
AY340974	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
CTU16304	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
DQ272579	p23	(81)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
NC_001661	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAIDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
HM573451	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
EU857538	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMHTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
EU937519	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMHTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
EU076703	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMHTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
FJ525436	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMHTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
CTAF001623	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMHTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
AB046398	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMHTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
DQ151548	p23	(80)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	
Consensus		(81)	KTERKCKVNNTQSQNEVAHMLMHDVPVKYLNKRKARAFSNAEMFAIDLVMYTKERQLAVDLAAEREKTRLARRHPMRSPEE	

ภาพผนวกที่ ข13 (ต่อ)

		161	211
A18	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
AF260651	p23	(160)	TPEYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
EU937520	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
Y18420	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
FJ525431	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVGVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
FJ525433	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVGVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
FJ525434	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVGVGDNGDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
FJ525435	p23	(160)	TPEFYKFGMTAKAMLPDINAVGVDDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
FJ525432	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVGVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
GQ454869	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
GQ454870	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
AY170468	p23	(160)	TPEYKFGRTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
EU937521	p23	(160)	TPEYKFGRTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
AY340974	p23	(160)	TPEYKFGRTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
CTU16304	p23	(160)	TPEYKFGRTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
DQ272579	p23	(161)	TPEYKFGRTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
NC_001661	p23	(160)	TPEYKFGRTAKAMLPDINAVDVGDNEETTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
HM573451	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
EU857538	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKATLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
EU937519	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
EU076703	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
FJ525436	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
CTAF001623	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
AB046398	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
DQ151548	p23	(160)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI
Consensus		(161)	TPEHYKFGMTAKAMLPDINAVDVGDNEDTSSEYPVSLSVSGGVLREHHFI

ภาพผนวกที่ ข13 (ต่อ)

		1		80
A18 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
AY170468 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTGTCGTGGGTGGTAAAGACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
EU937521 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTGTCGTGGGTGGTAAAGACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
AY340974 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTGTCGTGGGTGGTAAAGACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
CTU16304 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTGTCGTGGGTGGTAAAGACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
NC_001661 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTGTCGTGGGTGGTAAAGACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
DQ272579 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTGTCGTGGGTGGTAAAGACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
AF260651 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAAGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
EU937520 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAAGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
Y18420 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAAGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
EU857538 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAAGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
EU937519 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAAGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
FJ525431 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAATCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
FJ525432 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAATCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
FJ525433 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAATCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
FJ525434 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAATCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
FJ525435 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAATCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
GQ454869 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAATCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
GQ454870 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTAATCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
HM573451 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTTTGGAACT	TTATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
AB046398 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TATATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
EU076703 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TATATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
CTAF001623 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TATATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
DQ151548 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TATATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
FJ525436 3'UTR	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TATATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG
Consensus	(1)	TTGAAGTGGACGGAATAAGTTCCTTCGCGGAAC	TTATGTCGGGTGGTAAAAACCCCTT	ATGATGGTGATATATCACTAG

ภาพผนวกที่ ข14 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมในส่วน 3'UTR ของเชื้อ *Citrus Tristeza Virus* (CTV) สายพันธุ์ A18 อาการลำต้นเหี่ยว ที่พบในจังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย กับตัวอย่างข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของเชื้อไวรัส CTV ที่มีรายงานใน GENBANK

		81		160
A18	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
AY170468	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
EU937521	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
AY340974	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
CTU16304	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
NC_001661	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
DQ272579	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
AF260651	3'UTR	(81)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
EU937520	3'UTR	(81)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
Y18420	3'UTR	(81)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
EU857538	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
EU937519	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
FJ525431	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
FJ525432	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
FJ525433	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
FJ525434	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
FJ525435	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
GQ454869	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGTGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
GQ454870	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGTGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
HM573451	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
AB046398	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
EU076703	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
CTAF001623	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
DQ151548	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
FJ525436	3'UTR	(80)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA
Consensus		(81)	ACAATAACC	GGATGGGTAAAGTCTTTAAATGATCGAGGGGAAA-ATTAACCGTATCCTCTCGTTGGTCTAAGCTCCCA

ภาพผนวกที่ ข14 (ต่อ)

		161	240
A18	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
AY170468	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
EU937521	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC-
AY340974	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
CTU16304	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
NC_001661	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
DQ272579	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
AF260651	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
EU937520	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC-
Y18420	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
EU857538	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
EU937519	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC-
FJ525431	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
FJ525432	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
FJ525433	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
FJ525434	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
FJ525435	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
GQ454869	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAATGTGTGTTGTTTACCC
GQ454870	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAATGTGTGTTGTTTACCC
HM573451	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
AB046398	3'UTR	(159)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
EU076703	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
CTAF001623	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
DQ151548	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
FJ525436	3'UTR	(158)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC
Consensus		(161)	CAGAGTGGTAGTGGTCTCAAGTGAGGCTTAACGTATGCGTGAACCAAAGAAGTTCTCCTTAGAGTGTGTGTTGTTTACCC

ภาพผนวกที่ ข14 (ต่อ)

			241	277
A18	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
AY170468	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
EU937521	3'UTR	(237)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
AY340974	3'UTR	(238)	AACGCACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
CTU16304	3'UTR	(238)	AACGCACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
NC_001661	3'UTR	(238)	AACGCACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
DQ272579	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
AF260651	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
EU937520	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
Y18420	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
EU857538	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
EU937519	3'UTR	(237)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
FJ525431	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
FJ525432	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
FJ525433	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
FJ525434	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
FJ525435	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
GQ454869	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATA-----
GQ454870	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATA-----
HM573451	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
AB046398	3'UTR	(239)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCC-
EU076703	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
CTAF001623	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
DQ151548	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
FJ525436	3'UTR	(238)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA
Consensus		(241)	AACACACTGTCCCTATGGGGGGGC	AACATAGGTCCA

ภาพผนวกที่ ข14 (ต่อ)

ประวัติการศึกษา และการทำงาน

ชื่อ –นามสกุล	นายกิริติ สิ้นธวาชีวะ
วัน เดือน ปี ที่เกิด	วันที่ 18 สิงหาคม 2528
สถานที่เกิด	กรุงเทพมหานคร
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (วิทยาศาสตร์บัณฑิต, เคมีการเกษตร) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	1. ศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน 2. ทุนสนับสนุนคุณภาพงานวิจัย ระดับบัณฑิตศึกษา มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ปีการศึกษา 2551