

วันวิสา สิริวรรณ 2551: จีโนมเชื้อไวรัสใบด่างอ้อยสาเหตุโรคใบด่างแคะในข้าวโพด
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร) สาขาเทคโนโลยีชีวภาพ
เกษตร โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา อาจารย์ที่ปรึกษา
วิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์คณินันต์ เจริญวรการ, Ph.D. 156 หน้า

การศึกษาจีโนมไวรัสใบด่างอ้อยสายพันธุ์ MDB (SCMV-MDB) ที่ก่อให้เกิดโรคใบด่างแคะ
ข้าวโพด ในประเทศไทยจากตัวอย่างโรคในจังหวัด นครราชสีมา สระบุรี และตาก โดยทำการแยก
เชื้อและปลูกเชื้อไวรัสทั้ง 3 ไอโซเลต ลงบนข้าวฟ่างเพื่อทำการเพิ่มปริมาณของไวรัส ทำการสังเคราะห์
cDNA ของจีโนมไวรัสด้วยเทคนิค RT-PCR จากการใช้ไพรเมอร์ 11 คู่ เชื่อมต่อ cDNA เข้ากับ
พลาสมิด pGEM®-T Easy แล้วนำไปวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์
ของจีโนมไวรัสโรคใบด่างแคะข้าวโพด (SCMV-MDB) ทั้ง 3 ไอโซเลต มีขนาด 9,577 นิวคลีโอไทด์
สามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,063 กรดอะมิโน มีความเหมือนกันของลำดับ
นิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนที่ 94-97 และ 96-98 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ การจัดเรียงตัวของยีน
และส่วนที่เป็นบริเวณอนุรักษ์ต่างๆ เหมือนกับไวรัสกลุ่ม SCMV ในการเปรียบเทียบกับข้อมูล
จีโนมของไวรัสในกลุ่มโพทิไวรัสซึ่งได้แก่ JGMV, MDMV, SCMV และ SrMV ที่มีรายงานใน
GenBank พบว่ามีความเหมือนกันของกรดอะมิโนกับเชื้อไวรัสอ้อยที่ก่อโรคบนข้าวโพดของ
ประเทศจีนโดยเฉพาะไอโซเลต GD (SCMV-GD) มากที่สุดที่ 90 เปอร์เซ็นต์ วิเคราะห์ข้อมูลลำดับ
นิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนด้วย Phylogenetic tree พบว่า ไวรัส SCMV-MDB ในประเทศไทย
ทั้ง 3 ไอโซเลต ถูกจัดเป็นกลุ่มเดียวกัน และมีความแตกต่างจากไวรัส SCMV กลุ่มอื่นๆ จาก
การศึกษา SCMV-MDB จีโนมในครั้งนี้ พบว่ายีนในส่วนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของไวรัส (CP
gene) เป็นส่วนที่สามารถใช้ในการจำแนกและการจัดกลุ่มไวรัสในกลุ่ม Potyvirus นอกจากนี้จาก
การวิเคราะห์ข้อมูลต่างๆ สันนิษฐานว่าเชื้อไวรัสใบด่างแคะข้าวโพดในประเทศไทยทั้ง 3
ไอโซเลต น่าจะเป็นไวรัสสายพันธุ์ที่ใกล้ชิดกับไวรัสใบด่างอ้อยที่ก่อโรคบนอ้อยใน
ประเทศไทย

วันวิสา

ลายมือชื่อนิสิต

อ.วันวิสา สิริวรรณ

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

24 / 10.ย. 2551

Wanwisa Siriwan 2008: Genome of *Sugarcane mosaic virus* Causing Dwarf Mosaic Disease in Maize. Master of Science (Agricultural Biotechnology), Major Field : Agricultural Biotechnology, Interdisciplinary Graduate Program. Thesis Advisor: Assistant Professor Kanungnit Reanwarakorn, Ph.D. 156 pages.

Genome study of *Sugarcane mosaic virus* strain MDB (SCMV-MDB) causing maize dwarf mosaic disease on maize in Thailand, the infected samples were collected from Nakhon Ratchasima, Saraburi and Tak provinces. They were isolated and multiplied on sorghum seedlings. By reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) technique with 11 specific primer pairs, cDNA fragments of whole genome were synthesized, cloned into pGEM[®]-T Easy vector and sequenced. The whole genomes of 3 SCMV-MDB isolates consisted of 9,577 nucleotides and encode polypeptide into 3,063 amino acids. The genome organization and conserve regions were similar to SCMV group. The nucleotide and amino acids homology of those 3 isolates were 94-97% and 96-98%, respectively. By comparison to the previously reported sequences in GenBank, JGMV, MDMV, SCMV and SrMV, they were exhibited 90% nucleotide sequence similarity to SCMV-GD isolate from China. Phylogenetic tree analysis of the nucleotide and amino acid sequences, the 3 SCMV-MDB Thailand isolates were classified in the same group and different from another SCMV groups. Base on this work, CP gene can be used for taxonomy and cassification of Potyvirus. Moreover, those three virus isolates might be closely related to SCMV causing disease on sugarcane in Thailand.

Wanwisa

Student's signature

K. Reanwarakorn

Thesis Advisor's signature

April 24 / 2008