

T 167779

ศักดิ์ชัย กรรมารางกูร : สมบัติทางชีวภาพและลำดับนิวคลีโอไทด์ของบีโกโมไวรัสจาก *Malvastrum coromandelianum* (L.) Garcke ในประเทศไทย (BIOLOGICAL PROPERTIES AND NUCLEOTIDE SEQUENCE OF A BEGOMOVIRUS FROM *Malvastrum coromandelianum* (L.) Garcke IN THAILAND) อาจารย์ที่ปรึกษา : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พงศ์ธาริน โล่ห์ตระกูล, อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม : ดร.วันเพ็ญ ศรีทองชัย
66 หน้า : ISBN 974-17-5782-4

Malvastrum coromandelianum เป็นพืชพืชนวงศ์ Malvaceae ที่พบได้ทั่วไปทั้งในแปลงปลูกพืชและตามธรรมชาติในประเทศไทย ไวรัสที่ใช้ในการทดลองเก็บจาก *M. coromandelianum* ที่แสดงอาการเส้นใบเหลืองในเขตตอนเมือง กรุงเทพฯ ในปีพ.ศ. 2545 ผลจากการศึกษาเบื้องต้นพบว่าอาการเส้นใบเหลืองสามารถถ่ายทอดจาก *M. coromandelianum* ต้นหนึ่งไปยังอีกต้นหนึ่งได้โดยวิธีการเสียบยอด และโดยแมลงหริ่งขาวยาสูบ (*Bemisia tabaci* Genn.) เป็นพาหะแบบ persistent แต่ไม่สามารถถ่ายทอดโดยวิธีกลและทางเมล็ด เมื่อทำการทดสอบด้วยวิธี Southern blot hybridization โดยใช้ DNA-A และ DNA-B ของ *Dicliptera yellow mottle virus* เป็น probe ผลปรากฏว่า begomovirus-like DNA สามารถจับกับ probe ได้ใน DNA ที่สกัดจากตัวอย่าง *M. coromandelianum* ที่แสดงอาการเส้นใบเหลือง ซึ่งแสดงให้เห็นว่าไวรัสชนิดนี้เป็น bipartite virus ในสกุล *Begomovirus* จากการศึกษาการถ่ายทอดไวรัสชนิดนี้โดยแมลงหริ่งขาวพบว่าแมลงหริ่งขาวเพียง 1 ตัวต่อต้น สามารถถ่ายทอดไวรัสได้ถึง 30 เปอร์เซนต์บนพืชทดลอง และถ้าใช้แมลงหริ่งขาว 40 ตัวต่อต้น ประสิทธิภาพของการถ่ายทอดเพิ่มขึ้นเป็น 90 เปอร์เซนต์ และเมื่อแมลงหริ่งขาวได้รับไวรัสเข้าไปแล้วสามารถถ่ายทอดไวรัสได้นาน 12 วัน หรือมากกว่า การศึกษาพืชอาศัยของไวรัสชนิดนี้นับพืชเศรษฐกิจชนิดอื่นๆ จำนวน 21 ชนิด ผลไม่พบว่าไวรัสสามารถเพิ่มจำนวนได้ในพืช 18 ชนิด ยกเว้น ยาสูบ (*Nicotiana benthamiana*) และ มะเขือเทศ (*Lycopersicon esculentum*) ซึ่งแสดงอาการใบม้วน สำหรับยาสูบใบใหญ่ (*Nicotiana tabacum* cv. White Burley) ไม่แสดงอาการผิดปกติ แต่ให้ผลเป็นบวกเมื่อทำการตรวจสอบด้วยวิธี Southern blot hybridization จากนั้นทำการเพิ่มจำนวน DNA ของไวรัสโดยวิธี PCR ทำการโคลนและศึกษาลำดับเบสของ DNA ที่ได้ ผลจากการเปรียบเทียบลำดับเบสบริเวณ common region (336 เบส) พบว่าไวรัสชนิดนี้ มีความคล้ายคลึงกับ *Cotton leaf curl Rajasthan virus* จากประเทศปากีสถาน โดยมี nucleotide sequence identity ประมาณ 79.63% ผลจาก Phylogenetic analysis แสดงให้เห็นว่าไวรัสเส้นใบเหลืองจาก *M. coromandelianum* มีความใกล้ชิดทางวิวัฒนาการกับไวรัสจากโลกเก่าโดยเฉพาะกลุ่มไวรัสที่ก่อให้เกิดโรคในฝ้ายและกระเจี๊ยบเขียวจากประเทศปากีสถาน

ภาควิชา...พฤกษศาสตร์.....
สาขาวิชา.....พันธุศาสตร์.....
ปีการศึกษา.....2546.....

ลายมือชื่อผู้ผลิต.....
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

4372424723 : MAJOR GENETICS

T167779KEYWORD: BEGOMOVIRUS / *Malvastrum coromandelianum* / PHYLOGENETIC TREESAKCHAI KANMARANGKOOL : BIOLOGICAL PROPERTIES AND NUCLEOTIDE
SEQUENCE OF A BEGOMOVIRUS FROM *Malvastrum coromandelianum* (L.)

Garcke IN THAILAND. THESIS ADVISOR : ASSISTANT PROFESSOR DR.

PONGTHARIN LOTRAKUL, THESIS COADVISOR : DR. WANPHEN

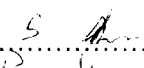
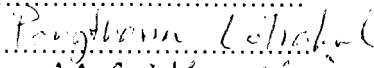
SRITHONGCHAI, 66 pp ISBN : 974-17-5782-4

Malvastrum coromandelianum is a weed species in the family Malvaceae commonly found in agricultural fields and in nature in Thailand. In 2002, *M. coromandelianum* showing yellow vein symptom was collected from Don Muang District, Bangkok. The results from transmission studies showed that the disease symptoms could be transmitted to healthy *M. coromandelianum* plants by grafting and by whitefly (*Bemisia tabaci* Genn.) in persistent manner but not by mechanical inoculation or seed. Southern blot hybridization using DNA-A and DNA-B of *Dicliptera yellow mottle virus* as probes showed begomovirus-like DNA in DNA extracted from infected *M. coromandelianum*. The result indicated that this putative virus was possibly a bipartite virus in the genus *Begomovirus*. When the insect transmission tests were conducted, it was found that individual whitefly could transmit the virus to 30% of tested *M. coromandelianum* plants, and when a group of 40 whiteflies per plant were used, the transmission efficiency increased up to 90%. Once the insects acquired the virus, they could transmit as long as 12 days or more. The host range study on 21 economically-important plant species showed that the virus could not multiply in 18 species tested, except *Nicotiana benthamiana* and tomato (*Lycopersicon esculentum*) that showed leaf curl symptom. However, tobacco (*Nicotiana tabacum* cv. White Burley) did not show any visible symptom but the result of Southern blot hybridization was positive with DYMoV probe. The partial viral DNA was further amplified by PCR technique, cloned and sequenced. The result from nucleotide sequence comparison of the common region (336 bases) showed that the virus was slightly similar to *Cotton leaf curl Rajasthan virus* from Pakistan with approximately 79.63% nucleotide sequence identity. Phylogenetic analyses revealed that the virus from yellow-veined *M. coromandelianum* was closely related to the Old World viruses, especially viruses causing diseases in cotton and okra from *M. coromandelianum*.

Department.....Botany.....

Field of study....Genetics.....

Academic year....2003.....

Student's signature.....Advisor's signature.....Co-advisor's signature.....