



ใบรับรองวิทยานิพนธ์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (โรคพืช)

ปริญญา

โรคพืช

โรคพืช

สาขา

ภาควิชา

เรื่อง ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนม การสร้างจีโนมย่อย และการทดสอบการก่อโรคของไวรัส
ใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)

Nucleotide Sequence, Sub-genomic Construction, and Pathogenicity Test of
Papaya ringspot virus Strain Samut Sakhon (PRSV-SMK)

นามผู้วิจัย นางสาววิจิตรา โชคบุญ

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(อาจารย์ศรีเมฆ ชวโงพงาง, Ph.D.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(รองศาสตราจารย์อำไพวรรณ ภราดรน์วัฒน์, วท.ค.)

หัวหน้าภาควิชา

(รองศาสตราจารย์สมศิริ แสงโชติ, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญญา ชีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ เดือน พ.ศ.

สิงสิงห์ มตาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนม การสร้างจีโนมย่อย และการทดสอบการก่อโรคของไวรัส
ใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)

Nucleotide Sequence, Sub-genomic Construction, and Pathogenicity Test of
Papaya ringspot virus Strain Samut Sakhon (PRSV-SMK)

โดย

นางสาววิจิตรา โชคบุญ

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (โรคพืช)

พ.ศ. 2554

วิจิตร ไขบุญ 2554: ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนม การสร้างจีโนมย่อ และการทดสอบการก่อโรคของไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (โรคพืช) สาขาโรคพืช ภาควิชาโรคพืช อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: อาจารย์ศรีเมธ ชาวโงพงง, Ph.D. 217 หน้า

เชื้อไวรัสสาเหตุโรคใบด่างจุดวงแหวนคือ เชื้อ Papaya ringspot virus (PRSV) เป็นเชื้อที่จัดอยู่ในกลุ่ม Potyvirus มี 2 biotype คือ PRSV-W เข้าทำลายพืชตระกูลแตงเท่านั้น และ PRSV-P เข้าทำลายได้ทั้งมะละกอ และพืชตระกูลแตง PRSV เป็นไวรัสที่มีจีโนมเป็น RNA สายเดี่ยวชนิด + ขนาด 10,323 นิวคลีโอไทด์ เป็นสาเหตุโรคที่ทำให้เกิดความเสียหายรุนแรงถึง 100% มาตรการการควบคุมโรคทำได้โดยกำจัดต้นที่เป็นโรค และกำจัดแมลงที่เป็นพาหะโรคกลุ่มเพลี้ยอ่อนนั้นไม่ได้ผล และไม่มียีนต้านทานโรคนี้นะในมะละกอที่ปลูกเป็นการค้า การใช้มะละกอดัดแปรพันธุกรรมยังไม่เป็นที่ยอมรับ การใช้เชื้อสายพันธุ์ PRSV ที่อ่อนกำลังเพื่อควบคุมโรคยังไม่มีประสิทธิภาพเนื่องจากสายพันธุ์มีความต่างกันในแต่ละพื้นที่ ดังนั้นการสร้าง infectious clone ที่รวดเร็วจะเป็นการผลิตเชื้ออ่อนกำลังที่เหมาะสมแต่ละพื้นที่ และนำไปสู่การควบคุมโรคได้อย่างมีประสิทธิภาพ จึงได้ทำการโคลนจีโนมของ PRSV-P จากสายพันธุ์สมุทรสาคร (SMK) โดยใช้ชุด RNeasy kits ของ Qiagen และสังเคราะห์ cDNA ด้วยชุด Omniscript (Qiagen) โดยใช้ reverse ไพรเมอร์ T26-3UTR2 ได้จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์จีโนมของ PRSV-P จากฮาวาย (X67673), ใต้หวัน (X97215) และไทย (AY162218) เพิ่มปริมาณผลิตภัณฑ์พีซีอาร์เต็มจีโนมโดยใช้ ไพรเมอร์ 7 คู่ จะได้ผลิตภัณฑ์ทั้งหมด 7 ชิ้น ครอบคลุมทั้งจีโนม ซึ่งจะมีขนาดตั้งแต่ 500 ถึง 2,700 คู่เบส ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์แต่ละชิ้นเชื่อมต่อเข้ากับโคลนนิ่งเวกเตอร์ แล้วนำไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าจีโนม PRSV-SMK มีขนาด 10,323 คู่เบส ที่แปลรหัสโพลีเปปไทด์ 3,343 กรดอะมิโน โดยลำดับนิวคลีโอไทด์ มีความคล้ายคลึง 83-89 เปอร์เซ็นต์ และลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึง 90-93 เปอร์เซ็นต์ เมื่อเปรียบเทียบกับข้อมูลของเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวนที่มีรายงานบนฐานข้อมูล GenBank 12 accessions การสร้าง infectious clone ของ PRSV-SMK แบ่งเป็น 3 โคลนย่อย (subgenome 1; P1, HC-Pro, subgenome 2; P3, 6K1, CI, 6K2 และ subgenome 3; VPg, NIa, NIb, CP) โดยแต่ละ โคลนจะมี T7 Promoter, 5'UTR, ยีนของไวรัสที่แบ่งเป็น 3 ชิ้น และ 3'UTR โดยที่ T7 promoter เป็นตัวจับยีนเพื่อสร้าง RNA transcript ในหลอดทดลองนำอาร์เอ็นเอที่ได้ไปรวมปลูกถ่ายกับเชื้อ PRSV-SMK ในต้นกล้ามะละกอเพื่อทดสอบความสามารถในการทิวจำนวนจีโนมย่อในต้นมะละกอ

Vijittra Chokboon 2011: Nucleotide Sequence, Sub-genomic Construction, and Pathogenicity Test of *Papaya ringspot virus* Strain Samut Sakhon (PRSV-SMK). Master of Science (Plant Pathology), Major Field: Plant Pathology, Department of Plant Pathology. Thesis Advisor: Mr. Srimek Chowpongpan, Ph.D. 217 pages.

Papaya ringspot disease caused by *Papaya ringspot virus* (PRSV) belongs to *Potyviridae* that consisted of two biotypes, PRSV-W which restricted to cucurbits and PRSV-P infected both papaya and cucurbits. PRSV genome consists of a single-stranded, positive-sense RNA of 10,326 nucleotides. The disease caused up to 100 percent yield losses. The control regimes by rouging infected plants, chemical sprayed to control aphid vectors were unsuccessful, and there was no resistant gene to PRSV in the domestic papaya. Introducing of transgenic papaya was not acceptable at the presence. Applying the mild strain cross protection was ineffective since the variation of the virus strains among the regions. The rapid generation of infectious PRSV clone was suitable for effective control diseases in different regions by means of mild strain cross protection which was compatible with specific regions. Consequently, a full-length genome cloning from PRSV-P Samut Sakhon strain (SMK) was performed by extraction total RNAs using the RNeasy kit (Qiagen) and cDNA was synthesized by Omniscript (Qiagen) primed by a reverse primer T26-3UTR2. The primers were designed from aligned full-length genome from Hawaii (X67673), Taiwan (X97251) and Thailand (AY162218) type-P. Seven subgenomic PCR fragments were generated encompassing the whole genome that ranged from 500 to 2,700 bp and cloned into cloning vector, and submitted for sequencing. The full-length genome sequences of strain Samut Sakhon was 10,323 nucleotides encode for 3,343 deduced amino acid. The comparative analysis of our PRSV isolate with 12 accessions of PRSV genome in GenBank showed the nucleotide homology at 83-89% and amino acids at 90-93%. Construction of infections clone was divide into tree subgenome (subgenome 1; P1, HC-Pro, subgenome 2; P3, 6K1, CI, 6K2 and subgenome 3; VPg, NIa, NIb, CP) that each subgenome contained T7 promoter for *in vitro* RNA transcription, 5'UTR, virus genes split into tree fragments, 3'UTR. The RNA transcript was co-infected with the PRSV in order to determine the propagation of the subgenome.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ ดร.ศรีเมฆ ชาวโพรง ประธานกรรมการที่ปรึกษาวิชาเอก และ
รองศาสตราจารย์อำไพวรรณ ภราครุ่นวัฒน กรรมการที่ปรึกษาวิชาเอก ที่กรุณาให้คำปรึกษาแนะนำ
และช่วยเหลือในการวางแผนการทำวิทยานิพนธ์ ตลอดจนตรวจสอบแก้ไขวิทยานิพนธ์เล่มนี้สมบูรณ์
ยิ่งขึ้น

ขอขอบคุณ ดร. อนงค์นุช สาสนรักกิจ ประธานในการสอบปากเปล่าขั้นสุดท้าย และ
ดร.วันเพ็ญ ศรีทองชัย ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก ที่ให้คำแนะนำและตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ให้
สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

ขอขอบคุณศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนามันฑิตศึกษาและ
วิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีสำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กระทรวงศึกษาธิการ ที่
สนับสนุนทุนอุดหนุนงานวิจัย

ขอบคุณภาควิชาโรคพืช คณะเกษตร วิทยาเขตบางเขน และกรมวิชาการเกษตร ที่
เอื้ออำนวยความสะดวก และให้ความอนุเคราะห์สถานที่ อุปกรณ์ อีกทั้งเครื่องมือในการทำงานวิจัย
และขอบคุณ พี่ ๆ เพื่อน ๆ ทุกคนที่ให้คำแนะนำ ช่วยเหลือในการทำงานวิจัย และเป็นกำลังใจใน
การทำงานตลอดมา

ประโยชน์อันใดที่เกิดจากวิทยานิพนธ์เล่มนี้ ขอมอบแด่คุณพ่อ คุณแม่ อาจารย์ทุกท่าน และ
ญาติพี่น้องทุกท่าน ที่เป็นกำลังใจที่สำคัญอย่างยิ่งในการทำวิทยานิพนธ์เล่มนี้ให้สำเร็จด้วยดี ทั้งยัง
เป็นผู้ที่สนับสนุนในการศึกษาของข้าพเจ้าตลอดมา

วิจิตรา ไชกนุญ

ธันวาคม 2554

สารบัญ

หน้า

สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(4)
คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ	(10)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	27
อุปกรณ์	27
วิธีการ	30
ผลและวิจารณ์	49
สรุปและข้อเสนอแนะ	109
สรุป	109
ข้อเสนอแนะ	111
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	112
ภาคผนวก	126
ภาคผนวก ก ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนในแต่ละส่วนของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession	127
ภาคผนวก ข ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession	157
ภาคผนวก ค ผลเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession	202
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	217

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	ข้อมูลของลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจูดวงแหวนมะละกอ จากฐานข้อมูล GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) ที่ใช้ในการออกแบบไพรเมอร์	30
2	ไพรเมอร์สำหรับการสังเคราะห์จีโนมของเชื้อ PRSV-SMK ที่ใช้ในปฏิกิริยา Reverse transcription-polymerase chain reaction	34
3	ไพรเมอร์สำหรับการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์	40
4	แสดงฐานข้อมูล GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) ที่เอามาใช้ในเปรียบเทียบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโน	41
5	แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์ที่ใช้ในการทำ Infectious clone ย่อยที่จะประกอบให้ได้เต็มจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK	43
6	ตำแหน่งยีนบนจีโนม PRSV-SMK แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของ PRSV-SMK ภายหลังเกิดกระบวนการ proteolytic	56
7	แสดงตำแหน่งการตัดของเอนไซม์โปรติเอสบนสายโพลีโปรตีนของไวรัสใบด่างจูดวงแหวน (PRSV-SMK)	58
8	เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของจีโนมไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	63
9	เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR ของจีโนมไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	66
10	เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน P1 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	69
11	เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน HC-Pro ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	71

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
12 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน P3 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	74
13 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน 6K1 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	76
14 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน CI ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	79
15 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน 6K2 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	81
16 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน VPg ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	84
17 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน NIa ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	86
18 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน NIb ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	89
19 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโน โปรตีน CP ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	91
20 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของจีโนมไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานใน GenBank	94

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
1 อนุภาคเชื้อไวรัสสาเหตุโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ (PRSV) ซึ่งจัดอยู่ในกลุ่ม โพทิวไรส (Potyvirus)	12
2 โครงสร้างโพทิวไรส (single stranded, positive-sense RNA) แสดงส่วนของยีนที่ กำหนดการสังเคราะห์โปรตีนชนิดต่างๆจากปลายด้าน 5' ไปสู่ปลายด้าน 3'	17
3 ภาพจำลอง whole genome ของเชื้อไวรัส PRSV-P รวมทั้งตำแหน่งขึ้นผลิตภัณฑ์ ของคูโพรเมอร์ที่ได้จากการออกแบบโดยครอบคลุมตลอดทั้งจีโนม	30
4 ภาพจำลองแผนที่ยีนของ subgenome ทั้ง 3 ส่วนของเชื้อไวรัส PRSV-SMK ที่ได้ แสดงส่วนของยีนที่กำหนดการสังเคราะห์โปรตีนชนิดต่าง ๆ จากปลายด้าน 5' ไปสู่ ปลายด้าน 3' ซึ่งอยู่บน subgenome แต่ละโคลน ที่อยู่ภายใต้การควบคุมของ T7 โพรโมเตอร์, 5'UTR และ 3'UTR	42
5 ลักษณะของใบมะละกอที่แสดงอาการของโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ	49
6 ต้นมะละกอพันธุ์แขกดำ อายุประมาณ 2 เดือน ที่ปลูกเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)	50
7 อนุภาคของไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) จากใบ มะละกอที่เป็นโรค ภายใต้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน มีลักษณะท่อนคดยาว ขนาดประมาณ 760-800 นาโนเมตร ที่กำลังขยาย 50,000 เท่า	51
8 ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์จากการตรวจสอบการเข้าทำลายของเชื้อ PRSV-SMK ในใบมะละกอ ในส่วนของยีน P1 และยีน HC-Pro บางส่วน ด้วยคูโพรเมอร์ VC3 และ VC2	52
9 ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์แสดงจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK	54
10 แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ 5' และ 3' noncoding regions ของอาร์เอ็นเอจาก PRSV-W แต่ละลำดับกรดอะมิโน ส่วน open reading frame ส่วนในตำแหน่ง 5'-NCR, Potybox "a", Potybox "b", 3'-NCR และ TATA box-like motif คือ ส่วนที่ ทำสีไว้ ตามลำดับ ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ซ้ำกันคือ ส่วนที่ขีดเส้นใต้ไว้	61
11 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) จากการเปรียบเทียบ ลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโน	64

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
12 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	67
13 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน P1 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	68
14 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน HC-Pro ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	72
15 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน P3 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	73
16 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน 6K1 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	77
17 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน CI ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	78
18 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน 6K2 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	82
19 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน VPg ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	83

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
20	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน NIa ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	87
21	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน NIB ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	88
22	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน CP ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	92
23	แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ 3'UTR ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank	93
24	อาร์เอ็นเอรวมจากใบมะละกอที่ปลูกเชื้อ PRSV-SMK ตรวจสอบด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5x TAE buffer	97
25	ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์สังเคราะห์บน cDNA โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะเจาะจงกับเชื้อ PRSV-SMK ในส่วน 5'UTR และยีน P1 บางส่วน และตรวจสอบด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer	98
26	ผลิตภัณฑ์ชิ้นส่วนของจีโนมเชื้อ PRSV-SMK และตรวจสอบด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer	101
27	ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์จากการนำชิ้นย่อยบางชิ้นมาเชื่อมต่อกันแบบเหลื่อมซ้อนโดยเทคนิค PCR และตรวจสอบด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer	102

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
28	การตรวจสอบชิ้นยีนให้บริสุทธิ์โดยแยกขนาดด้วย 1% อะกาโรสเจลอิลีกโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE Buffer	103
29	การสังเคราะห์อาร์เอ็นเอในหลอดทดลอง โดยการทำ <i>in vitro</i> transcription แยกขนาดด้วย 1% อะกาโรสเจลอิลีกโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE buffer	104
30	ต้นมะละกอพันธุ์แขกดำ อายุประมาณ 2 เดือนที่ปลูกเชื้อ โดยมี subgenome 1 และ subgenome 2 ผสมลงไปกับใบมะละกอที่มีเชื้อ PRSV-SMK แสดงอาการใบด่างที่ ยอดและลำต้นในวันที่ 7-21 หลังจากปลูกเชื้อ	105
31	ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ของเชื้อ PRSV-SMK ที่เพิ่มปริมาณชิ้นส่วนย่อยของ subgenome ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC13 และ PC12 แยกขนาดด้วย 1% อะกาโรสเจลอิลีกโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE buffer	107
32	ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ตรวจสอบการ co-replication ในส่วนของยีน CP ด้วยคู่ไพรเมอร์ SC501 และ SC104 แยกขนาดด้วย 1% อะกาโรสเจลอิลีกโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE buffer	108

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่	หน้า
ก1 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมในส่วน 5'UTR ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	128
ก2 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน P1 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	129
ก3 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน HC-Pro ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	133
ก4 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน P3 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	136
ก5 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน 6K1 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	139
ก6 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน CI ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	140
ก7 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน 6K2 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	144
ก8 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน VPg ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	145
ก9 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน NIa ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	147
ก10 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน NIb ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	149
ก11 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วน CP ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	153
ก12 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมในส่วน 3'UTR ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	155
ข1 ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน Genbank 12 accession	158

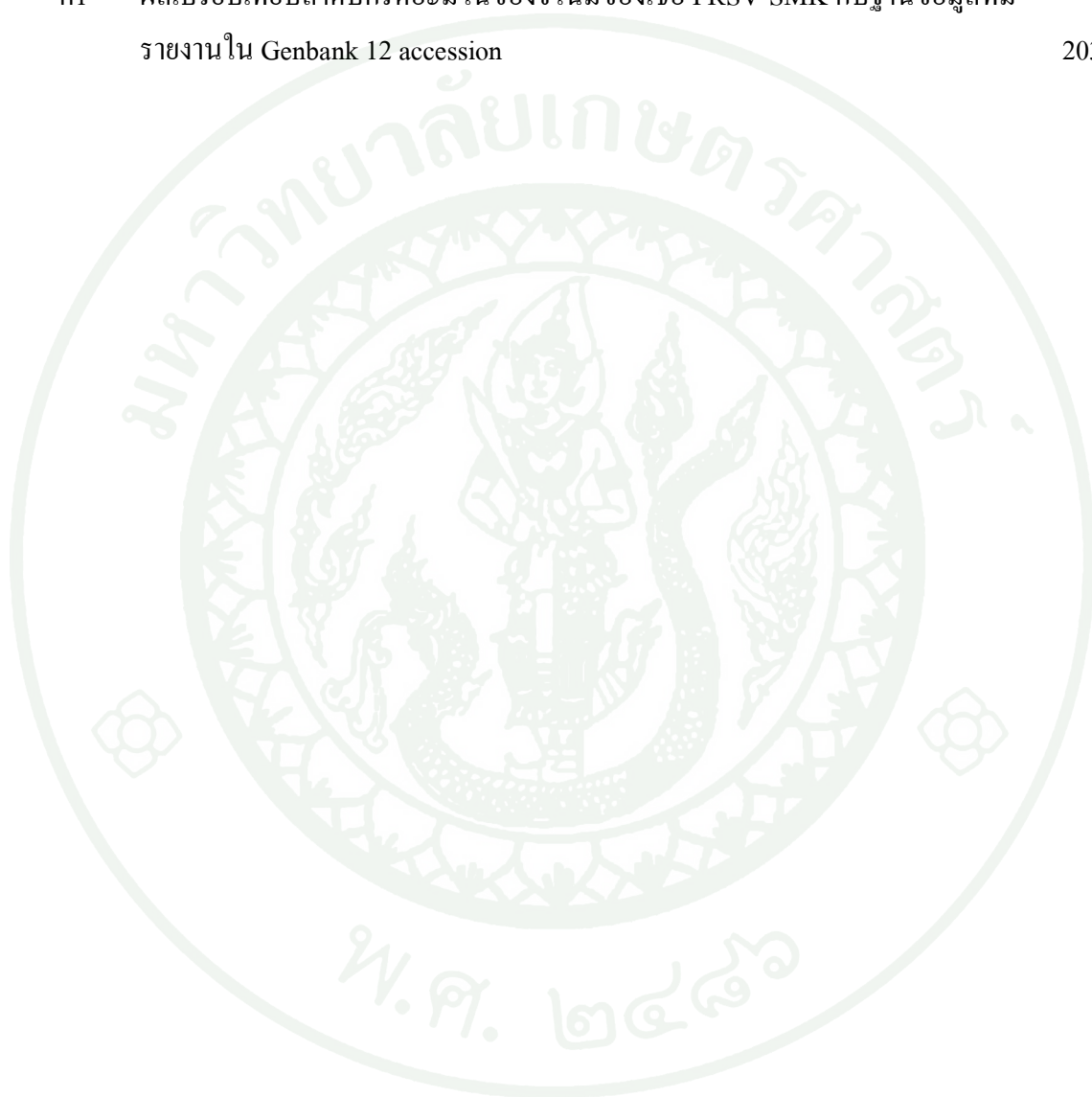
สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่

หน้า

- ค1 ผลเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มี
รายงานใน Genbank 12 accession

203



คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

DNA	=	Deoxyribonucleic acid
cDNA	=	Complementary DNA
ORF	=	Open Reading Frame
RT-PCR	=	Reverse transcription polymerase chain reaction
PCR	=	Polymerase chain reaction
dNTPs	=	Deoxyribonucleotide triphosphates
Rpm	=	Revolutions per minute
SDS	=	Sodium dodecyl sulfate
TAE	=	Tris-acetate-EDTA
TE	=	Tris-EDTA
EDTA	=	Ethylenediaminetetraacetic acid
dH ₂ O	=	Distilled water
UV	=	Ultraviolet
<i>E. coli</i>	=	<i>Escherichia coli</i>
°C	=	Degree celsius
bp	=	base pair
mg	=	milligram
ml	=	millilitre
mM	=	millimolar
ng	=	nanogram
mg/mL	=	milligram per milliliter
mg/L	=	milligrams per litre
M	=	molar
μM	=	micromolar
pmol	=	picomole

ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนม การสร้างจีโนมย่อย และการทดสอบการก่อโรคของไวรัส
ใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)

Nucleotide Sequence, Sub-genomic Construction, and Pathogenicity Test of
Papaya ringspot virus Strain Samut Sakhon (PRSV-SMK)

คำนำ

มะละกอเป็นพืชเศรษฐกิจที่ทำรายได้ให้อย่างรวดเร็วและเป็นพืชที่ให้ผลผลิตสูงต่อพื้นที่การปลูก ซึ่งทำรายได้ให้แก่ประเทศปีละหลายล้านบาท การระบาดของไวรัสใบด่างจุดวงแหวน (*Papaya ringspot virus*, PRSV) ที่เป็นเชื้อสาเหตุของโรคใบด่างจุดวงแหวนทำให้ผลผลิตของมะละกอลดลงอย่างมากจนถึงไม่ให้ผลผลิตเลย อีกทั้งมะละกอพันธุ์ต่าง ๆ ทั่วโลก (*Carica* spp.) ไม่มีถิ่นต้านทานต่อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน (Dillon *et al.*, 2005) ทำให้โรสดังกล่าวระบาดไปทั่วโลก และทวีความรุนแรงขึ้นเรื่อย ๆ ในทุกพื้นที่ปลูก ได้มีการพัฒนามะละกอตัดแต่งพันธุกรรมให้มีความต้านทานต่อโรคนี้ แต่ยังไม่สามารถปลูกในสภาพไร่นาได้ เนื่องจากยังไม่มีกฎหมายรองรับและเหตุการณ์เมืองบางประกง อีกทั้งโรคนี้ควบคุมได้ยาก มีแมลงพาหะคือ แมลงกลุ่มเพลี้ยอ่อนที่สามารถแพร่กระจายโรคได้อย่างรวดเร็วและมีประสิทธิภาพ ซึ่งใช้เวลาเพียง 30 วินาที และไวรัสสามารถอาศัยอยู่ทั้งในพืชตระกูลแตงและวัชพืชหลายชนิด พืชเหล่านั้นจึงเป็นแหล่งสะสมโรคทำให้โรคอุบัติได้เร็วขึ้นในพื้นที่ที่ปลูกซ้ำ ๆ มีรายงานว่าการใช้เชื้อไวรัสที่อ่อนกำลัง (mild strain) ของเชื้อ PRSV สามารถควบคุมโรคได้ในระดับหนึ่ง (Sheen *et al.*, 1998) แต่เนื่องจากเชื้ออ่อนกำลังหาได้ยากในธรรมชาติและเชื้อแต่ละสายพันธุ์ก็มีความจำเพาะกับแต่ละพื้นที่การปลูก รวมถึงมีเชื้อสายพันธุ์ใหม่ ๆ ที่รุนแรงเข้าทำลายได้ (Yeh *et al.*, 1988)

ปัจจุบันสามารถทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ รวมถึงทราบหน้าที่ของยีนต่าง ๆ เกือบสมบูรณ์แล้ว และมีการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างสายพันธุ์ที่อ่อนกำลังกับสายพันธุ์ที่ทำให้เกิดโรครุนแรง (Gal-On, 2000) โดยมีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสตรงส่วนของ HC-Pro ของไวรัส *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) สายพันธุ์ที่ทำให้เกิดโรครุนแรงจากส่วนอนุรักษ์ FRNK ไปเป็น FINK เป็นผลทำให้เชื้ออ่อนกำลังลงและเกิดอาการของโรคไม่รุนแรง ซึ่งปัจจุบันสามารถผลิต infectious clone ได้ในรูป DNA amplicon ซึ่งทำให้ง่ายต่อ

การเปลี่ยนแปลงลำดับเบสในการผลิตเชื้อสายพันธุ์อ่อนกำลังจากสายพันธุ์รุนแรงที่พบทั่วไป
(Freitas and Rezende, 2008)

ในงานวิจัยนี้ ทำการหาลำดับนิวคลีโอไทด์จีโนมของไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) ให้ได้ครบสมบูรณ์ เพื่อใช้ในการออกแบบไพรเมอร์ในการสร้าง infectious clone จากเชื้อสายพันธุ์รุนแรง เนื่องจากจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK มีขนาดใหญ่ จึงได้ทำการแบ่งสร้าง infectious clone ของเชื้อ PRSV-SMK เป็น 3 โคลนย่อย (subgenome) แต่ละโคลนอยู่ภายใต้การควบคุมของ T7 Promoter, 5'UTR และ 3'UTR ซึ่ง T7 promoter จะเป็นตัวขั้วยีนเพื่อสร้าง RNA transcript ในหลอดทดลอง ซึ่งถ้าทำได้สำเร็จจะนำ infectious clone จากเชื้อสายพันธุ์รุนแรงที่ได้ไปทำการผ่าเหล่า (mutate) บริเวณของ FRNK เป็น FINK ในส่วนของยีน HC-Pro ซึ่งเป็นการผ่าเหล่าของยีนจำเพาะ เพื่อให้ได้ infectious clone ของเชื้อสายพันธุ์อ่อนกำลัง นำไปสร้างอาร์เอ็นเอในหลอดทดลอง อาร์เอ็นเอที่ได้จะนำไปใช้ในการปลูกถ่ายเชื้อ PRSV สายพันธุ์อ่อนกำลังให้เพิ่มทวีจำนวนในต้นกล้ามะละกอ เป็นการเพิ่มภูมิต้านทานแก่ต้นมะละกอต่อไปในอนาคต และยังสามารถผลิตเชื้ออ่อนกำลังได้ในระยะเวลาอันสั้นอีกด้วย

วัตถุประสงค์

1. ทำการ clone หาลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)
2. ทำการสร้าง infectious clone โดยใช้ T7 Promoter เป็นตัวขับเคลื่อนในการสร้าง RNA Transcript
3. ทดสอบ infectious clone ในต้นมะละกอ

การตรวจเอกสาร

1. ถิ่นกำเนิดและการแพร่กระจาย

มะละกอ (*Carica papaya* L.) เป็นผลไม้ที่มีถิ่นกำเนิดในประเทศแถบร้อนของอเมริกากลาง ในประเทศเม็กซิโกตอนใต้และคอสตาริกา (Purseglove, 1974) มะละกอได้แพร่กระจายมายังทวีปเอเชียในปี พ.ศ. 2143 โดยการนำเมล็ดไปปลูกในหมู่เกาะมาลัคกา อินเดีย และฟิลิปปินส์ (Chandler, 1958); (Nakasone, 1975) แหล่งปลูกมะละกอในปัจจุบันอยู่ในเขต 32° เหนือ ถึง 32° ใต้ และสูงจากระดับน้ำทะเล 1,500-2,000 เมตร ในการปลูกเป็นการค้าไม่ควรปลูกในที่สูงจากระดับน้ำทะเลเกิน 1,500 เมตร และถ้าปลูกเพื่อเอายางปาเปน (papain) ไม่ควรสูงเกินจากระดับน้ำทะเล 900 เมตร (Madamba, 1977); (McGregor, 1976); (Purseglove, 1974) แหล่งปลูกมะละกอที่สำคัญของโลก ได้แก่ ศรีลังกา อินเดีย กัวบา ฮาวาย เปอร์โตริโก แอฟริกาใต้ แอฟริกากลาง แอฟริกาตะวันออก ออสเตรเลีย ฟิลิปปินส์ และแอนติลิส

2. ลักษณะทั่วไปของมะละกอ (*Carica papaya* L.)

มะละกอจัดอยู่ในวงศ์ (Family) Caricaceae มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Carica papaya* L. ชื่อสามัญคือ papaya นอกจากนี้ยังมีชื่อเรียกอีกหลายชื่อ เช่น papaw, pawpaw, papaia, papaya และ papai (Bailey, 1957); (Purseglove, 1974) ในทางอนุกรมวิธานได้มีการจำแนกมะละกอไว้ดังนี้

Class: Dicotyledonae

Order: Passiflorales

Family: Caricaceae

Genus: *Carica*

พืชในวงศ์ (Family) Caricaceae นี้มีทั้งหมด 4 สกุล (Genera) (Devi, 1952) ได้แก่

1. สกุล *Carica* มีทั้งหมด 22 ชนิด (species)
2. สกุล *Jacaratia* มีทั้งหมด 6 ชนิด
3. สกุล *Jarilla* มีทั้งหมด 1 ชนิด
4. สกุล *Cylicomorpha* มีทั้งหมด 2 ชนิด

สกุล *Carica*, *Jacaratia* และ *Jarilla* มีถิ่นกำเนิดอยู่ทางแถบอเมริกา ส่วนสกุล *Cylicomorpha* มีถิ่นกำเนิดอยู่ทางแถบเส้นศูนย์สูตรของแอฟริกา สกุลที่รับประทานได้ มีเพียงสกุลเดียว คือ *Carica* เท่านั้น เช่น *C. papaya* รับประทานได้ทั้งผลดิบและสุก นอกจากนี้ยังมี *C. chinensis*, *C. goudotiana* และ *C. monoca* รับประทาน (Storey, 1976)

3. ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

มะละกอกเป็นไม้ผลที่มีการเจริญเติบโตรวดเร็ว ลำต้นอวบน้ำ (herbaceous) ไม่แตกกิ่งก้านสาขา แต่อาจแตกกิ่งข้างได้เมื่อยอดถูกทำลาย (Chandler, 1958; Popenoe, 1974; Samson, 1980) ซึ่งถ้าได้รับการดูแลรักษาเป็นอย่างดีอาจมีอายุได้นานถึง 25 ปี ต้นอาจสูงตั้งแต่ 2-10 เมตร แต่ในการปลูกเป็นการค้าจะเก็บผลผลิตเพียง 3 ปีแรกเท่านั้น เพราะหลังจากนี้ผลผลิตจะลดลง (Purseglove, 1974)

ใบเกิดบริเวณยอดของลำต้น มีรูปร่างแบบ palmately lobe โดยทั่ว ๆ ไปจะมีแฉกใบ 7-11 แฉก ก้านใบกลาง มีสีเขียวหรือสีม่วงแล้วแต่พันธุ์ (Purseglove, 1974)

ดอกมะละกอกเกิดบริเวณข้อของลำต้น มี 3 ชนิดคือ ดอกตัวผู้ ดอกตัวเมีย และดอกสมบูรณ์เพศ (Hofmeyr, 1953); (Purseglove, 1974); (Storey, 1938, 1953, 1958) สามารถแบ่งอย่างละเอียดได้เป็น 8 ชนิดคือ

1. ดอกตัวผู้ (staminate) เป็นช่อแบบ cymose ก้านช่อดอกยาว 25-75 เซนติเมตร ดอกประกอบด้วยกลีบดอกเชื่อมติดกันตั้งแต่โคนเป็นท่อยาว ส่วนปลายแยกจากกันเป็นกลีบ 5 กลีบ เกสรตัวผู้มี 10 อัน ในจำนวนนี้ 5 อันเรียงสลับกับกลีบดอก มีก้านเกสรยาวและอีก 5 อันเรียงอยู่ตรงข้ามกับกลีบดอก มีก้านเกสรสั้น ส่วนเกสรตัวเมียลดรูปลงเหลือเป็น rudimentary pistil เท่านั้น
2. Teratological staminate เป็นดอกตัวผู้ที่มีเกสรตัวเมียเจริญขึ้นมา บางครั้งอาจเกิด stigma ที่ปลายได้ มักพบในต้นตัวผู้ที่มีการเปลี่ยนเพศได้ (sex reversal staminate tree)
3. Reduced elongate พบในต้นสมบูรณ์เพศ เป็นดอกที่มีกลีบดอกแข็ง สั้น และหนากว่าดอกตัวผู้ ไม่มีเกสรตัวเมีย จึงทำให้ไม่มีการติดผล

4. *Elongata* เป็นดอกสมบูรณ์เพศที่มีกลีบดอกเชื่อมติดกัน 3 ใน 4 ของความยาวกลีบดอก มีเกสรตัวผู้ทั้งหมด 10 อัน เรียงอยู่ในตำแหน่งเช่นเดียวกับในดอกตัวผู้ เกสรตัวเมียมี 5 carpels

5. *Carpelloid elongate* เป็นดอกสมบูรณ์เพศที่มีเกสรตัวผู้ 2-10 อัน และก้านของเกสรตัวผู้ จะเชื่อมติดกับผนังรังไข่

6. *Pentandria* เป็นดอกสมบูรณ์เพศที่เปลี่ยนมาจากดอกตัวเมีย มีเกสรตัวผู้ 5 อันเรียงสลับกับกลีบดอก เกสรตัวเมียมี 5 carpels รังไข่เป็นร่อง และเกสรตัวผู้ทั้ง 5 อันจะอยู่แนบชิดกับร่องของรังไข่พอดี

7. *Carpelloid pentandria* เป็นดอกชนิด *pentandria* ที่มีก้านเกสรตัวผู้เจริญเชื่อมติดกับผนังรังไข่

8. ดอกตัวเมีย (*pistillate*) ประกอบด้วยกลีบดอก 5 กลีบ แยกออกจากกันตั้งแต่โคนดอก ไม่มีเกสรตัวผู้หรือส่วนของเกสรตัวผู้อยู่เลย เกสรตัวเมียมี 5 carpels

ผลมะละกอมีรูปร่างต่าง ๆ กันแล้วแต่ชนิดของดอก (Hofmeyr, 1953); (Storey, 1938) ในต้นสมบูรณ์เพศนั้นจะให้ผลที่มีลักษณะเป็นทรงกระบอก (*cylindrical shape*) หรือผลแบบลูกสาละ (*pear shape*) ซึ่งขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ ส่วนผลที่เกิดจากต้นเพศเมียนั้น จะให้ผลที่มีลักษณะค่อนข้างกลม และช่องว่างในผลที่มีมากกว่าผลที่เกิดจากดอกสมบูรณ์เพศ (Samson, 1980); (Storey, 1953)

เมล็ดมะละกอมีเมือกหุ้มลักษณะคล้าย ๆ วุ้น (*gelatinous sarcotesta*) หุ้มอยู่ มี *cotyledon* และ *endosperm* เมล็ดมีขนาดเล็ก สีดำหรือสีเทา (Madamba, 1977) ในการเก็บเมล็ดจะต้องล้างเอาเยื่อหุ้มเมล็ดออกให้หมด ผึ่งให้แห้ง เก็บในภาชนะที่กันความชื้นได้ และถ้าเก็บไว้ในที่มีอุณหภูมิ 10 องศาเซลเซียส ความชื้นสัมพัทธ์ 50 เปอร์เซ็นต์ จะมีชีวิตอยู่ได้ 2-3 ปี (Purseglove, 1974)

4. การศึกษาเครื่องหมายโมเลกุลในการระบุเพศมะละกอ

ในปัจจุบันได้มีการใช้เทคนิคต่างๆ ในการหาความสัมพันธ์และความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต โดยอาศัยความแตกต่างในระดับยีนหรือดีเอ็นเอ ได้แก่ Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) (Soller and Beckman, 1983) ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprinting) (Nyborn *et al.*, 1990) และ Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) (Williams *et al.*, 1990); (Welsh and McClelland, 1990) เทคนิคเหล่านี้ทำให้เกิดความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ ซึ่งใช้ในการบ่งชี้และจัดจำแนกสิ่งมีชีวิตได้ ซึ่ดีเอ็นเอที่ถูกนำมาใช้เป็นตัวแทนหรือเครื่องหมายของลักษณะใดลักษณะหนึ่ง เรียกว่า molecular marker ซึ่งหมายถึง การใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายในการตรวจและใช้ประโยชน์จากการเกิดความแตกต่างหรือ polymorphism ของลำดับดีเอ็นเอที่แสดงให้เห็นถึงการพัฒนาทางชีววิทยาโมเลกุล

5. พันธุ์มะละกอที่ปลูกเป็นการค้า (วิชัย และคณะ, 2545)

การปลูกมะละกอในท้องถิ่นใด ควรเลือกใช้พันธุ์ที่ได้รับการคัดเลือกแล้วว่าเหมาะสมกับท้องถิ่นนั้น เนื่องจากมะละกอเป็นพืชที่ไวต่อการเปลี่ยนแปลงของสภาพแวดล้อมมาก สำหรับประเทศไทยมีพันธุ์มะละกอพื้นเมืองและพันธุ์การค้าอยู่หลายพันธุ์ แต่พันธุ์ที่ปลูกเป็นการค้ายังไม่ได้มาตรฐานที่ดีพอ เพราะพบว่ายังมีความผันแปรทางด้านขนาดของผลและรูปร่างลักษณะทั้งภายนอกและภายในอยู่เสมอ สำหรับพันธุ์ที่ปลูกเป็นการค้าหรือพันธุ์ที่เป็นที่นิยมของตลาดในปัจจุบัน ได้แก่

5.1 มะละกอพันธุ์แขกดำ

เป็นพันธุ์ที่ได้รับความนิยมปลูกกันมากและเป็นที่ต้องการของตลาด ลักษณะเป็นมะละกอต้นเตี้ย ก้านใบสีเขียว สั้น ใบหนากว่ามะละกอพันธุ์อื่น ๆ ขนาดผลมีส่วนหัวและท้ายของผลเกือบเท่ากัน เปลือกหนา สีเขียวเข้ม ผิวขรุขระเล็กน้อย ผลสุกมีรสหวาน เมล็ดน้อย ช่องว่างภายในผลแคบ เนื้อแข็งสีแดง

5.2 มะละกอพันธุ์โกโก้

เป็นมะละกอพันธุ์ที่นำมาปลูกนานแล้ว ก้านใบเป็นสีม่วง ส่วนปลายผลเล็กเรียวยาว ส่วนท้ายผลซึ่งใกล้ขั้วมีลักษณะเป็นทรงกระบอกใหญ่ ผิวผลสีเขียวค่อนข้างเรียบ ช่องว่างระหว่างผลกว้างและเป็นเหลี่ยมชัดเจน

5.3 มะละกอพันธุ์สายน้ำผึ้ง

ลักษณะประจำพันธุ์เป็นมะละกอด้านเดียว ก้านใบสีเขียวอ่อนหรือเขียวปนขาว ก้านใบกว้างและยาวกว่าแขนงแต่ใบบางกว่า จำนวนแขนงของใบมีน้อยกว่าแขนงและโกโก้ ผลค่อนข้างโตผลด้านขั้วจะเล็กแล้วขยายโตขึ้นบริเวณใกล้ปลายผล มีร่องระหว่างพูเห็นเป็นเหลี่ยมชัดเจน

5.4 มะละกอปากช่อง 1

เป็นมะละกอที่ต้นค่อนข้างเตี้ยมาก ติดผลดก ให้ผลผลิตประมาณ 30-40 กิโลกรัมต่อต้นต่อปี ผลลักษณะกลมขนาดเล็ก ซึ่งเป็นที่ต้องการของตลาดต่างประเทศ เนื้อแข็งกรอบ สีส้ม

5.5 มะละกอพันธุ์แขกดำท่าพระ

เป็นมะละกอที่มีความต้านทานโรคใบด่างจุดวงแหวนดีกว่าพันธุ์แขกดำ 79 เปอร์เซ็นต์ ให้ผลเร็ว ต้นเตี้ย เนื้อหนา ผลดิบกรอบ ผลสุกมีสีเหลืองอมส้ม

5.6 มะละกอพันธุ์แขกนวล

นิยมปลูกเพื่อส่งโรงงานแปรรูป ลักษณะต้นเตี้ย ใบมีสีเขียวเข้ม ผลมีขนาดปานกลาง เช่นเดียวกับพันธุ์แขกดำ แต่สีเปลือกผลจะมีสีอ่อนกว่าพันธุ์แขกดำและสีของผลเห็นเป็นสีนวลอย่างชัดเจน ผลมีลักษณะกลมยาว เมล็ดมีขนาดใหญ่สีดำ (สุวรรณ, 2539)

5.7 มะละกอพันธุ์ปลูกไม่ลาย

เป็นมะละกอสายพันธุ์ใหม่ มีลักษณะเด่นคือ ฐานลำต้นใหญ่คล้ายทรงเจดีย์ ใบสีเขียวเข้ม กลางใบมีใบขนาดเล็ก (กระโดงใบ) 1 ใบ ก้านใบสีเขียวอ่อน ตั้งชูไม่โน้มลงด้านล่าง ผลมีลักษณะทรงกระบอก เนื้อหนา เป็นที่นิยมทั้งตลาดในประเทศและต่างประเทศ (กลุ่มเกษตรกร, 2547)

6. โรคที่สำคัญของมะละกอ

6.1 ใบด่างจุดวงแหวน (วิชัย และคณะ, 2545)

สาเหตุของโรค เกิดจากเชื้อไวรัส *Papaya ringspot virus* (PRSV)

ลักษณะอาการของโรค เชื้อเข้าทำลายได้ทุกระยะการเจริญเติบโตของมะละกอ

ระยะต้นกล้า: เชื้อเข้าทำลายจะทำให้ต้นแคระแกร็น ใบจะด่าง บิดเบี้ยวเสียรูป ใบจะหงิกงอ เรียวเล็กเหมือนหางหนู ถ้าเป็นรุนแรงใบ จะเหลือแค่เส้นใบดูเหมือนเส้นด้าย และต้นกล้าอาจตายได้หรือไม่เจริญเติบโต ในต้นที่โตแล้ว จะแสดงอาการโดยใบยอดเหลืองซีด ใบมีขนาดเล็กลง ก้านใบสั้น ใบด่างสีเหลืองสลับเขียว ส่วนต้นหรือก้านใบจะสังเกตเห็นลักษณะจุดหรือทางยาวสีเขียวเข้ม ดูชัดตามก้านใบ ลำต้น มะละกอจะให้ผลผลิตน้อยหรือจะไม่ให้ผลผลิตเลย

ผล: มีจุดเป็นแผลวงแหวนทั่วทั้งผล บางครั้งจะเป็นสะเก็ดวงแหวน เนื้อบริเวณที่เป็นจุดวงแหวนมักจะเป็นไตแข็ง มีรสขม ถ้าเป็นรุนแรงแผลเหล่านี้จะมีลักษณะคล้ายสะเก็ดหรือหูดนูนขึ้นมา บนผิวของผลจะขรุขระ ทำให้คุณภาพของผลผลิตลดลงและไม่มีคุณภาพ เมื่อเป็นโรคแล้วช่อดอกในชุดต่อ ๆ ไปมักจะหลุดร่วง ไม่ติดผล

การแพร่ระบาดของโรค โรคนี้สามารถแพร่ระบาดไปได้โดยมีเพลี้ยอ่อนหลายชนิดเป็นพาหะ เช่น เพลี้ยอ่อนถั่ว เพลี้ยอ่อนยาสูบ โดยเฉพาะเพลี้ยอ่อนฝ้ายเป็นพาหะสำคัญที่แพร่ระบาดของโรคนี้ โดยเพลี้ยอ่อนจะดูดน้ำเลี้ยงจากต้นที่เป็นโรค เชื้อไวรัสจะติดอยู่กับส่วนปากของเพลี้ยอ่อน และใช้เวลาในการถ่ายทอดโรคนี้สั้นมาก (10-30 วินาที) สามารถเข้าทำลายพืชตระกูลแตงต่าง ๆ เช่น แตงป่า พักแพง บวบ หรือตำลึง เป็นต้น

6.2 แอนแทรคโนส (Anthracnose) (วิชัย และคณะ, 2545)

สาเหตุของโรค เกิดจากเชื้อรา *Colletotrichum gloeosporioides*

ลักษณะอาการของโรค

ใบ: เป็นจุดขอบแผลสีน้ำตาล เนื้อเยื่อส่วนกลางจะมีสีซีดจาง และมักจะขาดเป็นรูทะลุ ในเวลาต่อมา มักพบจุดดำเล็ก ๆ กระจายทั่วบริเวณแผล ซึ่งคือส่วนขยายพันธุ์ของเชื้อรา

ผล: เห็นได้เด่นชัดเมื่อเกิดกับผลแก่และสุก จะเกิดลักษณะแผลกลมกลมน้ำตาล และยุบตัว บวมลงไปบนผล ตรงกลางจุดจะมีสปอร์ของเชื้อสีส้มหรือชมพูขึ้นฟูเป็นวงชั้น ๆ บริเวณแผล และแผลจะลุกลามขยายตัวไปทำให้ผลมะละกอเน่าเสียในเวลารวดเร็ว โดยเฉพาะในสภาพอากาศ อับอ้าวและมีความชื้นสูง เชื้อสาเหตุของโรคจะเข้าทำลายตั้งแต่ระยะที่เป็นผลอ่อนและพักตัวไม่ แสดงอาการของโรค แต่จะปรากฏอาการของโรคเมื่อผลมะละกอสุก

6.3 โรครากเน่าและโคนเน่า (Root and foot rot) (วิชัย และคณะ, 2545)

สาเหตุของโรค เกิดจากเชื้อรา *Pythium aphanidermatum* (Edson) Fitz และ *Phytophthora palmivora* (E.J. Butter) E.J. Butter

ลักษณะอาการของโรค

ระยะต้นกล้า: ต้นกล้าที่เพาะในกระบะเพาะหรือถุงเพาะที่ใช้วัสดุเพาะที่ระบายน้ำไม่ดี และมีเชื้อติดมา จะพบว่าต้นกล้าหักพับบริเวณส่วนคอดินและแห้งตายเป็นหย่อม ๆ และอาจลุกลาม ทำให้ตายไปทั้งกระบะ ต้นกล้าที่อายุประมาณ 1 เดือนที่ไม่แตกใบใหม่ เจริญเติบโตช้า ต้นจะแคระแกร็น ใบจะเหลืองหรือเขียวซีด เมื่อจับลำต้นคอดิ่งเบา ๆ จะพบว่าต้นขาดหลุดขึ้นมาได้โดยง่าย บริเวณรากจะขาดเน่าเป็นสีน้ำตาล

โรคที่เกิดกับมะละกอต้นโต : มักพบในแปลงที่ดินมีการระบายน้ำไม่ดี โดยเชื้อราจะเข้าทำลายรากแขนงและลุกลามไปยังรากแก้วและระบบรากทั้งต้น ทำให้รากเน่าเปื่อยเป็นสีน้ำตาล หลุดขาดได้ง่าย ต้นแคระแกร็น ใบเหลือง ก้านใบร่วง และหลุดร่วงได้ง่าย ต้นมะละกอจะเหลืองใบ ยอดเป็นกระจุกและตายในที่สุด บริเวณโคนต้นจะเน่าชุ่มน้ำ มีสีน้ำตาลเยิ้มออกมา และต้นจะหักล้ม

พบบริเวณโคนต้นได้ง่าย โรคโคนเน่าและรากเน่าของมะละกอดันโต โดยทั่วไปจะเกิดจากเชื้อรา *Phytophthora palmivora*

การแพร่ระบาด: เชื้อรา *Pythium* และ *Phytophthora* เป็นเชื้อราที่แพร่กระจายในดินที่มีน้ำขัง หรือระบายน้ำไม่ดี โดยเชื้อราจะสร้างสปอร์ซึ่งว่ายน้ำไปตามน้ำได้และเข้าทำลายที่รากฝอยและลุกลามต่อไป

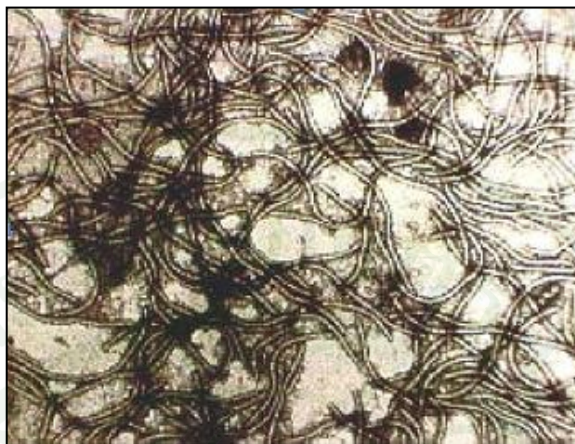
7. ปัญหาสำคัญที่มีผลกระทบต่อการผลิตมะละกอในเชิงการค้า

ปัญหาที่สำคัญในการปลูกมะละกาคือ การระบาดของโรคใบด่างจุดวงแหวน ซึ่งเป็นโรคที่พบมากทางภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดยพบการระบาดของโรคนี้ในแหล่งที่ปลูกมะละกอเกือบทุกจังหวัด โดยเฉพาะมะละกอพันธุ์แขกดำเป็นพันธุ์ที่อ่อนแอต่อโรคใบด่างจุดวงแหวนมาก โรคใบด่างจุดวงแหวน เกิดจากเชื้อ *Papaya ringspot virus* (PRSV) เชื้อจะเข้าทำลายมะละกอได้ตั้งแต่วัยต้นกล้าไปจนถึงระยะติดดอกออกผล การระบาดของโรคนี้ขึ้นกับปัจจัยหลายชนิดคือ พื้นที่ปลูก อายุของมะละกอ ช่วงเวลาในการปลูก และปริมาณของเพลี้ยอ่อนซึ่งเป็นพาหะของโรค เช่น เพลี้ยอ่อนตัว และเพลี้ยอ่อนฝ้าย ๑ มะละกอที่เป็นโรคจะให้ผลผลิตลดลงหรือไม่ให้ผลผลิตเลย PRSV เป็นไวรัสที่สามารถถ่ายทอดโรคภายในเวลาสั้น ๆ โดยเพลี้ยอ่อน ในลักษณะ non-persistent ทำให้การใช้สารเคมีกำจัดแมลงพาหะไม่ได้ผลในการควบคุมการแพร่ระบาดของโรค ในประเทศไทยยังไม่มีพบว่ามีมะละกอสายพันธุ์ใดที่ต้านทานต่อโรคนี้ ถึงแม้จะมีรายงานว่ามะละกอสายพันธุ์ที่ค่อนข้างต้านทานต่อโรค แต่ก็ไม่สามารถผสมข้ามกับ *C. papaya* L. ได้ ทำให้การปรับปรุงพันธุ์ต้านทานโรคโดยวิธีการผสมพันธุ์พืชเป็นไปได้ยาก (Tennant *et al.*, 1994)

8. เชื้อสาเหตุโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ

เชื้อไวรัสสาเหตุโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกามีชื่อเรียกว่า *Papaya ringspot virus* (PRSV) จัดอยู่ในกลุ่มโพตีไวรัส (Potyvirus) มีอนุภาคเป็นแบบท่อนคดยาว ความยาวของอนุภาคอยู่ในช่วง 760-800 นาโนเมตร มีเส้นผ่าศูนย์กลางอนุภาคประมาณ 12 นาโนเมตร (ภาพที่ 1) สามารถตรวจพบอนุภาคไวรัสได้เป็นจำนวนมากในน้ำคั้นของพืชที่เป็นโรค มีการจำแนกเชื้อ PRSV ออกเป็น 2 ชนิดคือ ชนิด P (PRSV-P) เป็นเชื้อไวรัสที่เข้าทำลายได้ทั้งมะละกอและพืช

ตระกูลแตง (Cucurbitaceae) และชนิด W (PRSV-W) เป็นเชื้อไวรัสที่เข้าทำลายได้เฉพาะพืชตระกูลแตงเท่านั้น (Purcifull *et al.*, 1984); (Yeh *et al.*, 1992)



ภาพที่ 1 อนุภาคเชื้อไวรัสสาเหตุโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ (PRSV) ซึ่งจัดอยู่ในกลุ่ม
โพทิวไรรัส (Potyvirus)

ที่มา: (นุชนาถ และคณะ, 2546)

9. การถ่ายทอดโรค

เชื้อ PRSV ในธรรมชาติจะถ่ายทอดโรคโดยอาศัยแมลงในวงศ์ Aphideae ได้แก่ เพลี้ยอ่อนชนิดต่างๆ เช่น เพลี้ยอ่อนฝ้าย (*Aphis gossypii*) เพลี้ยอ่อนยาสูบ (*Myzus persicae*) และเพลี้ยอ่อนถั่ว (*Aphis cracivora*) ในลักษณะ non-persistent คือ ใช้เวลาในการดูดกินอาหารจากต้นที่เป็นโรคเพียง 10-30 วินาทีเท่านั้น ก็สามารถถ่ายทอดโรคได้ (Riechmann *et al.*, 1989) ขบวนการถ่ายทอดโรคโดยแมลงพาหะต้องการ helper component (HC-Pro) คือ โปรตีนจากยีน HC-Pro ซึ่งสร้างขึ้นในเซลล์พืชโดยอาศัยรหัสจากสายอาร์เอ็นเอของเชื้อไวรัส เชื้อนี้สามารถถ่ายทอดได้โดยวิธีกล (mechanical transmission) และมีรายงานการถ่ายทอดโรคทางรากได้ 3-4 เปอร์เซ็นต์ (วิไล และคณะ, 2525)

เชื้อ PRSV มีพืชอาศัยในวงศ์ Caricaceae และวงศ์ Cucurbitaceae ซึ่งประกอบด้วยแตงหลายชนิด รวมทั้งตำลึง ซึ่งเป็นพืชที่พบได้ทั่วไป และเป็นแหล่งแพร่ขยายพันธุ์ที่ดีของเพลี้ยอ่อน (วิชัย และคณะ, 2533)

10. โครงสร้างยีนของไวรัสใบด่างจูดวงแหวน

เชื้อไวรัสสาเหตุโรคใบด่างจูดวงแหวนมะละกอจัดอยู่ในกลุ่มโพทิไวรัส มีจีโนมเป็นอาร์เอ็นเอสายเดี่ยวแบบเส้นบวก (single-stranded, positive sense RNA) มีความยาวประมาณ 10,326 นิวคลีโอไทด์ มี open reading frame (ORF) ขนาดยาว 1 ชุด ซึ่งมีลักษณะเป็น polycistronic คือหลังจากแปลรหัส (translate) เป็นโปรตีนแล้วจะได้โพลีโปรตีน (polyprotein) ขนาดใหญ่หนึ่งสายซึ่งเมื่อผ่านขบวนการย่อย (polyprotein processing) โดยเอนไซม์โปรตีเอส (protease) จะได้โปรตีนขนาดเล็กหลายชนิดเรียงลำดับจาก N-terminal (amino- terminal) ถึง C-terminal (carboxy-terminal) ของโปรตีน (หรือจากปลาย 5' ถึง 3' ของจีโนม) ได้แก่ viral genome linked protein (VPg), first protein (P1), helper component protein (HC-Pro), third protein (P3), cylindrical inclusion protein (CI), small nuclear inclusion protein (NIa), large nuclear inclusion protein (NIb), และ coat protein (CP) (Riechmann *et al.*, 1992) (ภาพที่ 2) VPg และ CP เป็นโปรตีนที่ตรวจพบได้จากอนุภาคไวรัส โปรตีนชนิดอื่นคือ HC-Pro, CI, NIa และ NIb เป็นโปรตีนที่แยกได้จากพืชที่ถูกไวรัสเข้าทำลาย ส่วน P1 และ P3 เป็นโปรตีนที่ยังไม่มีรายงานว่าพบในพืชที่เป็นโรค (Dougherty and Carrington, 1988) โพทิไวรัสเริ่มแปลรหัสจากนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 86-88 (AUG) และสิ้นสุดการแปลรหัสจากนิวคลีโอไทด์ตำแหน่งที่ 10118-10120 (UAG, UGA, UAA) ซึ่งประกอบด้วยกรดอะมิโน 3,344 ตัว (Yeh *et al.*, 1992) โปรตีนที่เกี่ยวข้องระหว่างไวรัสกับพืชอาศัยและโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับเพลี้ยอ่อนในการถ่ายทอดโรค ได้แก่

10.1 P1 protein (32-64 K)

เป็นโปรตีนที่คาดว่าจะเกี่ยวข้องกับปฏิกิริยาที่จำเพาะเจาะจงระหว่างไวรัสกับพืชอาศัย เนื่องจากโพทิไวรัสต่างชนิดกันจะมีลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนต่างกันมาก ทางด้าน 3' ของ P1 protein เป็นส่วนอนุรักษ์ (H₄₅₆, A₄₆₅, GSS₄₉₉G, P₅₁₉ VVAG₅₂₃) (Verchot *et al.*, 1992) ซึ่งพบได้ในโพทิไวรัสทุกชนิด และยังทำหน้าที่เป็นเอนไซม์ proteinase เนื่องจากพบว่าทางด้านปลาย 3' มีคุณสมบัติเป็น trypsin-like serine proteinase ที่เกี่ยวข้องกับการย่อยโปรตีน P1 และ helper component (HC-Pro) (Verchot *et al.*, 1991) นอกจากนี้ยังทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับการเคลื่อนที่ของไวรัสพืชในเซลล์พืชจากเซลล์หนึ่งไปอีกเซลล์หนึ่ง (cell-to-cell movement protein) และเกี่ยวกับการแสดงอาการของโรค (symptoms expression)

10.2 Helper component protein (HC-Pro) (56-58 K)

เป็นโปรตีนที่โพลีไวรัสสร้างขึ้น โดย HC-Pro ของ PRSV เป็น multifunction protein มีลักษณะลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของ HC-Pro ในโพลีไวรัสชนิดต่างๆ ประมาณ 45.1-51.8 เปอร์เซ็นต์ HC-Pro ทำหน้าที่เกี่ยวกับการถ่ายทอดโรคไวรัสด้วยเปลือกอ่อน เนื่องจากมีส่วนอนุรักษ์ PTK และ FRNK ที่อยู่บริเวณส่วนกลางของโปรตีน HC-Pro และ KITC ที่อยู่บริเวณด้านปลาย N-terminus ของ HC-Pro และทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับการเคลื่อนย้ายอนุภาคไวรัสในพืชแบบ long-distance movement และแบบ cell-to-cell นอกจากนี้ยังทำหน้าที่เป็นเอนไซม์ proteinase สำหรับ autolytic cleavage ที่ตำแหน่ง HC-Pro กับ P3 เนื่องจากมีคุณสมบัติของ papain-like cystein proteinase (Carrington *et al.*, 1989) ไปกดหรือปิดระบบป้องกันโรคของพืชในยีน RdRp ของพืช ที่เกี่ยวข้องกับการ RNA silencing ทำงานเสริมกับยีน CP

10.3 P3 protein (37 K)

เป็นโปรตีนที่อยู่ระหว่าง HC-Pro กับ 6K1 มีลักษณะลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เหมือนกับโพลีไวรัสชนิดอื่นๆ 25.7-33.0 เปอร์เซ็นต์ จากการศึกษาพบว่า โปรตีน P3 มีความสัมพันธ์กับ cylindrical inclusion protein (CI) ในยาสูบที่ถูก Tobacco vein mottling virus (TVMV) เข้าทำลาย โดยคาดว่าจะทำหน้าที่เป็น RNA helicases (Rodriguez-Cerezo and Shaw, 1991) และเกี่ยวข้องกับการแสดงอาการของโรค (symptomatology) และการทวีจำนวนของจีโนมไวรัส

10.4 6 KDa protein (6K1)

เป็นโปรตีนที่ยังไม่ทราบหน้าที่อย่างแน่ชัด แต่จากการศึกษาพบว่าโปรตีนนี้อาจทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับการเพิ่มปริมาณอาร์เอ็นเอของเชื้อภายในเซลล์พืชที่ถูกไวรัสเข้าทำลาย (Riechmann *et al.*, 1992) เป็นส่วนที่ทำให้ไวรัสจีโนมเกาะติดกับเยื่อหุ้มเซลล์

10.5 Cylindrical inclusion protein (CI) (70 K)

เป็นโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการเพิ่มปริมาณของอาร์เอ็นเอ โดยโปรตีน CI มีกิจกรรมของ helicase ในการทำให้สายอาร์เอ็นเอเกิดการคลายเกลียว เพื่อให้เป็นสายต้นแบบสำหรับการสังเคราะห์อาร์เอ็นเอกลุ่ม โดยทั่วไปจะพบโปรตีน CI อยู่ทั่วไประหว่างเยื่อหุ้มเซลล์ (cell membrane) ผนังเซลล์ (cell wall) และอยู่รอบ plasmodesmata นอกจากนี้ยังพบใน endoplasmic reticulum หรืออยู่เป็นเส้นสายเกาะกันอยู่ในไซโตพลาสซึม เรียกโครงสร้างลักษณะนี้ว่า pinwheel นอกจากนี้โปรตีน CI ยังมีหน้าที่เกี่ยวข้องกับการเคลื่อนย้ายอนุภาคโพที่ไวรัสจากเซลล์หนึ่งไปยังเซลล์ข้างเคียง โดยผ่านทาง plasmodesmata (Shukla *et al.*, 1994) ไป modified รูของ plasmodesmata ระหว่างเซลล์ทำให้ไวรัสเคลื่อนออกจากเซลล์ไปสู่ยอดได้ง่ายขึ้น

10.6 6 KDa protein (6K2)

เป็นโปรตีนที่ยังไม่ทราบหน้าที่อย่างแน่ชัด แต่จากการศึกษาพบว่าโปรตีนชนิดนี้อาจจะมีบทบาทเกี่ยวกับการเพิ่มปริมาณของไวรัส (Shukla *et al.*, 1994) และสันนิษฐานว่าโปรตีน 6K2 นี้จะมีบทบาทในการเคลื่อนย้าย NIa ภายในเซลล์ เนื่องจากพบว่า โปรตีนนี้ยับยั้งการเคลื่อนย้าย NIa ไปสู่นิวเคลียส (Restrepo-Hartwig and Carrington, 1992)

10.7 Small nuclear inclusion protein (NIa) (49 K)

โปรตีน NIa จะพบในเซลล์พืชที่ถูกไวรัสเข้าทำลาย โดยจะทำหน้าที่เป็นเอนไซม์ proteinase ในการตัดสายโพลีโปรตีนทางด้านปลาย C-terminus เข้ามา 2 ใน 3 ส่วน (Dougherty and Carrington, 1988) และ NIa proteinase มีโครงสร้างที่สัมพันธ์กับ trypsin like serine proteinase (Bazan and Fletterick, 1988) จากการศึกษาทางอิมมูโนและการเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อ TVMV และ TEV ทำให้ทราบว่า ครึ่งหนึ่งทางด้านปลาย C-terminus ของ NIa เป็นส่วนที่มีกิจกรรมของเอนไซม์ proteinase และทางด้านปลาย N -terminus จะเป็นส่วนของ viral genome-linked protein (VPg) โดยส่วนของโปรตีน VPg จะทำหน้าที่เปรียบเสมือนเป็นไพรเมอร์เริ่มต้นในการสังเคราะห์กรดนิวคลีอิกสายใหม่ของไวรัส (Shahabuddin *et al.*, 1988) เนื่องจาก VPg ต่อกับกรดนิวคลีอิกด้วยพันธะโควาเลนต์

10.8 Large nuclear inclusion protein (NIb) (58 K)

โปรตีน NIb ของโพทิวไรัสต่างชนิดกันจะมีลำดับกรดอะมิโนที่คล้ายกันมากที่สุดเมื่อเปรียบเทียบกับโปรตีนชนิดอื่นๆ ของโพทิวไรัส ซึ่งโปรตีน NIb เป็นเอนไซม์ RNA-dependent RNA-polymerase ใช้แทนของพืช ที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์กรดนิวคลีอิกของไวรัส (genome replication) มีการศึกษาลำดับกรดอะมิโนในส่วน of โปรตีน NIb ของเชื้อ PRSV สายพันธุ์ HA กับ HA 5-1 และ W พบว่ามีความเหมือนกันของลำดับเบส 98.7-99.0 เปอร์เซ็นต์ (Yeh *et al.*, 1992)

10.9 Coat protein (CP) (28-40 K)

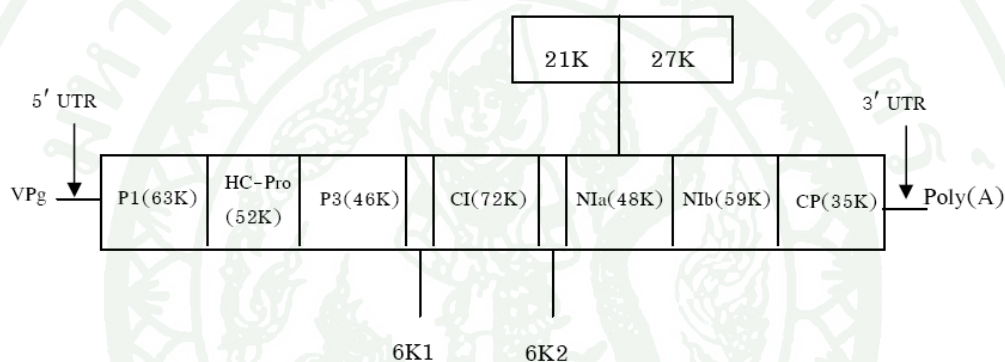
เป็นโปรตีนที่ห่อหุ้มอนุภาคไวรัสในกลุ่มโพทิวไรัส (Dougherty and Carrington, 1988) ประกอบด้วยโปรตีนชนิดเดียว ซึ่งมีจำนวนประมาณ 2,000 หน่วยย่อย (subunit) ต่ออนุภาคไวรัส CP มีความสำคัญในการแยกชนิดและ strain ของไวรัสในกลุ่มนี้ จากการศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อ PRSV มีการจัดเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกับโพทิวไรัสชนิดอื่นๆ 53.2-56.6 เปอร์เซ็นต์ ทางด้านปลาย N-terminus มีส่วนอนุรักษ์ที่เรียกว่า DAG ซึ่งส่วนนี้มีความสัมพันธ์กับเปลือกอ่อนในการถ่ายทอดโรค ในขณะที่ 2 ใน 3 ส่วนของโปรตีนทางด้าน C-terminus มีความคล้ายคลึงกันมาก (Shukla and Ward, 1988; Ward and Shukla, 1991)

10.10 5' Non-coding region หรือ untranslatable region (5' UTR)

จีโนมของโพทิวไรัสจะมีส่วน non-coding region และโพทิวไรัสต่างชนิดกันจะมี noncoding region ขนาดใกล้เคียงกันมากคือ ระหว่าง 144-205 นิวคลีโอไทด์ แต่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์อย่างชัดเจน ยกเว้นตำแหน่งที่เป็น conserved region (TCAACACAACA) ซึ่งเรียกว่า Potybox ที่ไม่แตกต่างกัน (Shukla *et al.*, 1991) โดย Potybox จะทำหน้าที่เกี่ยวกับ encapsidation และ translation (Lain *et al.*, 1989)

10.11 3' Non-coding region หรือ untranstable region (3' UTR)

ปลาย 3' ของโพทิวirus ชนิดต่างๆ มีความยาวของสายนิวคลีโอไทด์แตกต่างกัน ระหว่าง 147-499 นิวคลีโอไทด์ (Ward and Shukla, 1991) โพทิวirus ต่างชนิดกันจะมีความเหมือนกันของลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ 3' non-coding region ประมาณ 30-53 เบสคู่เบส แต่ถ้าเป็นโพทิวirus ชนิดเดียวกันแต่คนละสายพันธุ์ (strain) จะมีลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เหมือนกันมากถึง 83-98 เบสคู่เบส (Frenkel *et al.*, 1989) ส่วนของ 3' (UTR) region ของโพทิวirus แต่ละชนิดจะมีลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีส่วนซ้ำกัน (inverted repeats) ทำให้สามารถจับกันเป็น secondary structure ได้ (Turpen, 1989; Bryan *et al.*, 1992)



ภาพที่ 2 โครงสร้างโพทิวirus (single stranded, positive-sense RNA) แสดงส่วนของยีนที่กำหนดการสังเคราะห์โปรตีนชนิดต่างๆจากปลายด้าน 5' ไปสู่ปลายด้าน 3'

ที่มา: Yeh *et al.* (1992)

VPg	=	viral genome-linked protein
P1	=	P1 protein
HC-Pro	=	helper component protein
P3	=	P3 protein
6K1	=	6 kDa protein 1
CI	=	cylindrical inclusion protein
6K2	=	6 kDa protein 2
NIa-VPg	=	nuclear inclusion protein "a including the VPg"

Nla-Pro	=	nuclear inclusion protein “a” proteinase
Nlb	=	nuclear inclusion protein “b”
CP	=	coat protein
5' UTR	=	5' non-coding region
3' UTR	=	3' non-coding region
Poly (A)	=	Poly A tail

11. แนวทางการแก้ไขปัญหการเกิดโรคใบด่างจุดวงแหวน

วิธีการป้องกันและกำจัดโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สามารถทำได้หลายวิธี เช่น ตัดต้นเป็นโรคและทำลายทิ้ง ปลุกพืชอ่อนหมุนเวียนและการกำจัดวัชพืชอาศัย แต่วิธีการเหล่านี้ใช้ไม่ค่อยได้ผลนัก โดยเฉพาะในพื้นที่ ๆ มีการระบาดรุนแรง การพัฒนาพันธุ์มะละกอให้ต้านทานต่อโรคใบด่างจุดวงแหวนในปัจจุบันสามารถทำได้ดังนี้

11.1 การปรับปรุงพันธุ์ด้วยการผสมพันธุ์ (conventional breeding)

การปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีปกติเป็นการผสมข้ามพันธุ์กับมะละกอที่มีความทนทานต่อโรคไวรัสใบด่างจุดวงแหวน เช่น การผสมข้ามพันธุ์ระหว่างต้นแม่ซึ่งเป็นมะละกอไทยพันธุ์แขกดำกับต้นพ่อที่เป็นมะละกอพันธุ์ฟลอริดาที่ทนทานต่อโรค (Florida Tolerant) ได้มะละกอพันธุ์แขกดำท่าพระ 2 ซึ่งมีความทนทานโรคใบด่างจุดวงแหวนดีกว่าพันธุ์แขกดำเดิม แต่อย่างไรก็ตาม มะละกอพันธุ์แขกดำท่าพระ 2 ไม่ใช่พันธุ์ที่ต้านทานโรค ยังสามารถเป็นโรคได้เมื่อได้รับเชื้อไวรัส โดยเฉพาะอย่างยิ่ง เมื่อปลูกภายใต้สภาพแวดล้อมที่มีโรคระบาดรุนแรง (นิพนธ์ และชาลินี, 2546)

11.2 การใช้ต้นกล้ามะละกอที่สร้างภูมิคุ้มกันโดยการปลูกวัคซีน

ซึ่งเชื้อวัคซีนที่ใช้ก็คือ เชื้อไวรัสตัวเดียวกับเชื้อไวรัสที่เป็นสาเหตุของโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ แต่เป็นสายพันธุ์ที่ไม่ทำให้เกิดโรค ซึ่งเชื้อวัคซีนนี้อาจได้มาจากการคัดเลือกจากธรรมชาติ โดยการแยกเชื้อมาจากมะละกอที่เป็นโรคหรืออาจทำเชื้อวัคซีนโดยการนำเชื้อไวรัสมาทำการกลายพันธุ์ โดยใช้สารเคมีหรือการฉายรังสี แล้วคัดเลือกเชื้อที่ไม่ก่อให้เกิดโรคมานำใช้ ถึงแม้วิธีการนี้จะช่วยลดปัญหาได้ดีในระดับหนึ่ง แต่ก็ยังมีข้อจำกัดหลายประการ เช่น ต้องปลูกต้น

กล้ามละกอในโรงเรือนที่ป้องกันเชื้อได้ดีในช่วงที่รอการปลูกวัคซีน การปลูกวัคซีนต้องอาศัยความชำนาญและการสังเกตอย่างละเอียดถี่ถ้วน หลังจากการปลูกเชื้อวัคซีนแล้วต้องเพาะเลี้ยงมะละกอในโรงเรือนต่ออีกประมาณ 3-4 สัปดาห์ เพื่อให้เชื้อพักตัว เป็นต้น ซึ่งกระบวนการต่าง ๆ เหล่านี้จะต้องใช้แรงงานและค่าใช้จ่ายที่เพิ่มขึ้น ซึ่งวิธีการสร้างภูมิคุ้มกันให้แก่มะละกอนี้ถือเป็นวิธีแก้ปัญหาในระยะเร่งด่วน เพื่อช่วยลดหรือชะลอความเสียหายที่เกิดจากโรคทำให้มะละกามีผลผลิตในระดับที่น่าพอใจ แต่วิธีการนี้ไม่ใช่วิธีการที่จะทำให้มะละกอสามารถต้านทานโรคได้อย่างถาวร (วิชัย และคณะ, 2542)

11.3 การปรับปรุงพันธุ์ด้วยวิธีทางพันธุวิศวกรรม (genetic engineering)

เนื่องจากการปรับปรุงพันธุ์ด้วยวิธีปกติและการปลูกวัคซีนไม่สามารถพัฒนาให้ได้พันธุ์มะละกอที่ต้านทานโรคอย่างแท้จริง มะละกอพันธุ์แขกดำท่าพระ 2 หรือมะละกอที่ผ่านการปลูกวัคซีนจึงมีลักษณะทนทานต่อโรคเท่านั้น ในปัจจุบันเทคโนโลยีทางด้านพันธุวิศวกรรมมีความก้าวหน้ามาก สามารถประสบความสำเร็จในการพัฒนาพันธุ์มะละกอให้มีความต้านทานต่อไวรัส PRSV ได้มะละกอพันธุ์ที่ต้านทานต่อเชื้อ PRSV สายพันธุ์ฮาวาย แต่อย่างไรก็ตามมะละกอสายพันธุ์นี้ไม่มีความต้านทานต่อเชื้อ PRSV ของประเทศไทย (Tennant *et al.*, 1994) ต่อมา Chowpongpan *et al.* (2002) ได้ถ่ายยีนโปรตีนห่อหุ้มอนุภาคของเชื้อ PRSV สายพันธุ์เชียงใหม่ให้กับมะละกอโดยวิธี particle bombardment ได้มะละกอที่มีความต้านทานต่อเชื้อ PRSV สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย

12. การสร้าง Infectious clone

การศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์โมเลกุลในเรื่องโครงสร้างและหน้าที่ของจีโนมของ RNA ไวรัส รวมถึงการศึกษาถึงปฏิสัมพันธ์ระหว่างไวรัสกับพืชนั้นมีความก้าวหน้าอย่างมาก มีรายงานการโคลน full-length cDNA ของไวรัส เพื่อใช้ในการสร้าง mRNA ทั้งในระบบ *in vivo* และ *in vitro* (Gal-On, 2000) โดยได้มีการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสตรงส่วนของ HC-Pro ของ *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) สายพันธุ์ที่ทำให้เกิดโรครุนแรงจาก FRNK ไปเป็น FINK ส่งผลให้เชื้ออ่อนกำลังลงและเกิดอาการของโรคไม่รุนแรง

การสร้าง RNA ในหลอดทดลอง เป็นกระบวนการที่ต้องใช้ RNA Polymerase รวมถึงมีส่วนผสมของสารเคมีต่างๆ ที่เลียนแบบกระบวนการแปลรหัส (transcription) ในเซลล์ของสัตว์ทดลอง และตัวเร่งปฏิกิริยาการสร้างอาร์เอ็นเอจากดีเอ็นเอแม่แบบ การสังเคราะห์อาร์เอ็นเอในหลอดทดลองถูกนำมาใช้กันอย่างแพร่หลายในการศึกษาวิจัยต่าง ๆ

13. การสร้าง RNA ในหลอดทดลอง

13.1 RNA Polymerase

การออกแบบโคลนของ full length cDNA เพื่อสร้าง infectious RNA ที่สามารถทำได้ 2 วิธีคือ การสร้างในหลอดทดลอง (*in vitro*) และการผลิตในเซลล์ (*in vivo*) มีสิ่งที่ต้องคำนึงถึงคือ เรื่องของโปรโมเตอร์ของ RNA polymerase และเทอร์มินเตอร์ เนื่องจากความสามารถของโปรโมเตอร์ มีผลต่อการผลิต RNA ดังนั้นจึงมีการพัฒนาโปรโมเตอร์ขึ้นมามากมาย เช่น *E. coli* Pm ที่ได้มาจากแบคทีเรียโอฟาจแลมดาและโปรโมเตอร์จากแบคทีเรียโอฟาจอื่นๆ เช่น โปรโมเตอร์ Sp6, T3 และ T7

ในปี 1984 Ahlquist และ Janda ได้ออกแบบและสร้างเวกเตอร์สำหรับผลิต RNA (transcription vector) ขึ้นตัวแรกขึ้นคือ เวกเตอร์ pPM1 ที่เชื่อม cDNA ของไวรัสเข้าสู่เวกเตอร์โดยตรง ในตำแหน่งของ *SmaI* ให้อยู่ภายใต้การควบคุมของโปรโมเตอร์ Pm ของแบคทีเรียโอฟาจ λ แต่ต่อมาการสังเคราะห์ RNA ในหลอดทดลอง (*in vitro* transcription) โดยอาศัยการทำงานของ RNA polymerase ที่ได้จาก *E. coli* นั้นไม่จำเป็นต้องเติมลำดับนิวคลีโอไทด์อื่นใดที่นอกเหนือจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมของเชื้อไวรัสบริเวณปลาย 5' ซึ่งแตกต่างจากการใช้ RNA polymerase sp6 (Melton *et al.*, 1984) และ T7 (Dunn and Studier, 1983) เนื่องจาก RNA polymerase จาก *E. coli* จะจับได้อย่างแน่นบริเวณ upstream ซึ่งเป็นส่วนของ initiation site เพื่อเริ่มกระบวนการแปลรหัส โดยจะมีการคลายตัวของ DNA บริเวณจุดเริ่มต้นของการแปลรหัส (transcription initiation site) (Haeley and Mc Clure, 1983) แต่เมื่อเปรียบเทียบกัน พบว่า RNA polymerase ของแบคทีเรียโอฟาจนั้น มีความสามารถในการผลิต RNA ได้ปริมาณมากกว่า RNA polymerase ที่ได้จาก *E. coli* (Angenent *et al.*, 1989) โดยโปรโมเตอร์ของแบคทีเรียโอฟาจกลุ่มใหญ่ที่มีการนำมาใช้ประโยชน์ ได้แก่ โปรโมเตอร์ T7 และ Sp6

โดยทั่วไปแล้วการเชื่อมลำดับนิวคลีโอไทด์ของโปรโมเตอร์เข้ากับตำแหน่งเริ่มต้นของลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสทำได้ 3 วิธี ได้แก่

- 1) การใช้เวกเตอร์ universal transcription ที่สร้างขึ้น ซึ่งเวกเตอร์เหล่านี้จะมีการสอดแทรกตำแหน่งจุดจดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะให้อยู่ใกล้กับตำแหน่งเริ่มต้นของการแปลรหัส (transcription initiation) มากที่สุด ทำให้เราสามารถเชื่อมต่อดำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสเข้าไปในตำแหน่งต่อจากเริ่มต้นของการแปลรหัสได้ เวกเตอร์เหล่านี้ได้ถูกสร้างขึ้นมากมาย ได้แก่ เวกเตอร์ pPM 1/ λ Pm (Ahluquist and Janda, 1984) pHST 70/sp6 (Jobling *et al.*, 1988) และ pCa35J/35S (Yamaya *et al.*, 1988) ซึ่งเวกเตอร์เหล่านี้สามารถแปลรหัส RNA จาก cDNA ของไวรัส โดยไม่ต้องอาศัยลำดับเบสบนเวกเตอร์ (promoter) ในการขับเคลื่อน
- 2) การแยกลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ไม่เหมาะสมระหว่างส่วนโปรโมเตอร์และ cDNA ของไวรัส โดยการทำให้ site directed mutagenesis
- 3) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของโปรโมเตอร์จะใช้เป็นไพรเมอร์ forward ในการจับกับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสทางปลาย 5' เพื่อสังเคราะห์ cDNA สายที่สอง ซึ่งวิธีการนี้ใช้กันอย่างแพร่หลาย

13.2 ผลของการเติมนิวคลีโอไทด์เพิ่มในจีโนมของไวรัส

มีการศึกษาพบว่า การเติมเบสทางด้าน 5' ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสนั้น ทำให้ลดหรือระงับความสามารถในการเข้าทำลายของไวรัสได้ แต่กรณีนี้จะไม่เกิดขึ้นกับการเติมเบสทางด้านปลาย 3' เช่น การเติมเบสเพียง 1 หรือ 2 เบส ทางด้าน 5' ทำให้ไวรัสมีความสามารถในการเข้าทำลายลดลงและการเติมเบสเพิ่มทางปลาย 5' ของ RNA ของไวรัสพืช ความยาวประมาณ 14-33 เบส จะทำให้ไวรัสนั้นไม่สามารถเข้าทำลายพืชได้ (Dore *et al.*, Rizzo and Palukaitis, 1990; Chiang and Yeh, 1997)

ได้มีการสร้าง RNA ในหลอดทดลองจาก cDNA ของไวรัสในกลุ่ม potyvirus หลายชนิด ได้แก่ Tobacco vine motting virus (TVMV) (Domier *et al.*, 1989) Plum pox virus (PPV) (Riechmann *et al.*, 1990) Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) (Gal-on *et al.*, 1991) Peanut stripe virus (PStV) (Flasinski *et al.*, 1996) โดย cDNA ของไวรัสที่เชื่อมต่อกับเวกเตอร์ได้มีการ

เติมลำดับเบสเพิ่มเพียง 1 เบส ทางปลาย 5' พบว่า RNA ที่สร้างได้ในหลอดทดลองนั้น มีเปอร์เซ็นต์ความสามารถในการเข้าทำลายที่แตกต่างกันออกไป ตั้งแต่ 5, 11, 49 และ 100 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ในบางงานวิจัยพบว่า นิวคลีโอไทด์ที่เติมเพิ่มบริเวณปลาย 5' นั้น จะไปขัดขวางการเริ่มต้นสร้าง RNA สายลบจากดีเอ็นเอสายลบซึ่งเป็นสายแม่แบบ ที่จะเริ่มต้นกระบวนการสร้างจากทางปลาย 3' อย่างสมบูรณ์ อีกทั้งนิวคลีโอไทด์ที่เพิ่มเข้าไปนั้น จะไปขัดขวางกระบวนการแปลรหัสของไวรัสในระบบ *in vivo* เพราะทำให้ขาคodon เริ่มต้น แต่สำหรับการแปลรหัสในหลอดทดลองนั้น (*in vitro*) พบว่าผลิตภัณฑ์ที่ได้มีความคล้ายคลึง (analogous) กับ RNA ของไวรัส wild type ไม่ได้มีการเปลี่ยนแปลงมากนัก

แต่สำหรับการเติมลำดับนิวคลีโอไทด์ ขนาด 1-7 นิวคลีโอไทด์ ทางปลาย 3' ของจีโนมไวรัส พบว่าไม่ค่อยมีผลกับความสามารถในการเข้าทำลายของไวรัส มีการทดลองเติมนิวคลีโอไทด์ขนาด 2,700 นิวคลีโอไทด์ให้กับ *Brome mosaic virus* (BMV) (Anlquist *et al.*, 1984) การเติมนิวคลีโอไทด์ขนาด 945 นิวคลีโอไทด์ให้กับ TMV (Dawson *et al.*, 1986) หรือการเติมนิวคลีโอไทด์มากกว่า 82 นิวคลีโอไทด์ให้กับ BMV พบว่าสามารถยับยั้งความสามารถในการเข้าทำลายของไวรัสได้ แต่ในการสังเคราะห์ mRNA ของไวรัสหลาย ๆ ชนิดพบว่า ถึงแม้มีการเติมลำดับนิวคลีโอไทด์มากกว่า 30 นิวคลีโอไทด์ทางปลาย 3' RNA ที่ได้ก็ยังสามารถเข้าทำลายได้ (Boyer *et al.*, 1993; Sit and Abouhaidar, 1993) ดังเช่นการเติมลำดับนิวคลีโอไทด์ของ poly A โดยเอนไซม์ของเซลล์เจ้าบ้าน (host) หรือในจีโนมของไวรัสพืชมีลำดับนิวคลีโอไทด์ของ poly A tail บริเวณปลาย 3' ก็เพื่อการรักษาสภาพของ RNA (Domier *et al.*, 1989; Holy and Abouhaidar, 1993; Viry *et al.*, 1993) อีกทั้งพบว่าสร้าง RNA ในหลอดทดลองของ poliovirus นั้น ความยาวของ poly A บริเวณปลาย 3' ของจีโนม มีผลต่อการเพิ่มความสามารถในการเข้าทำลายให้สูงขึ้น (Sarnow, 1989) แต่ใน *Cowpea mosaic virus* (CPMV) พบว่าจะมีการเพิ่มนิวคลีโอไทด์ของ poly A tail ให้กับ mRNA ในกระบวนการ replication ที่ protoplast ซึ่งมีสมมุติฐานว่าน่าจะไปมีผลกับการหลุดของ RNA polymerase อาจะเกิดจากการเติม poly A โดยการทำงานของเอนไซม์ terminal nucleotidyl transferase ในเซลล์เจ้าบ้าน (Eggen *et al.*, 1989)

13.3 Cap structure ($m^7G(5') ppp(5')G$)

การมีโครงสร้าง 7-methyl guanosine 5' cap ($m^7G(5') ppp(5')G$) ทางปลาย 5' ของ mRNA น่าจะช่วยให้การเข้าทำลาย (infection) ของเชื้อสมบูรณ์ยิ่งขึ้น เนื่องจากโครงสร้างดังกล่าว

ทำให้ mRNA ของไวรัสต้านทานต่อการทำลายของเอนไซม์นิวคลีเอสภายในเซลล์ของเจ้าบ้านได้มากขึ้น (Furuichi *et al.*, 1977; Shimotohno *et al.*, 1977) หรืออาจกระตุ้นให้เกิดการเริ่มต้นกระบวนการแปลรหัสของ mRNA ไปเป็นกรดอะมิโน (Shin *et al.*, 1976; Contreras *et al.*, 1982)

การจะเชื่อมติดโครงสร้างของ Cap เข้ากับ mRNA นั้น สามารถทำได้ในหลอดทดลอง โดยการใช้ GTP เติมเข้าไปในปฏิกิริยาการสังเคราะห์ RNA แต่สารเคมี (reagent) ที่ใช้ในการสังเคราะห์โครงสร้าง Cap ก็มีราคาแพงและบางองค์ประกอบในปฏิกิริยายังเป็นตัวที่มีผลกับการลดปริมาณของผลิตภัณฑ์ที่จะได้ในปฏิกิริยาอีกด้วย

ไวรัสพืชที่มี RNA เป็นสารพันธุกรรมหลาย ๆ ชนิด มี VPg (viral protein genome-linked) อยู่ทางด้านปลาย 5' ของจีโนม ซึ่งโครงสร้างดังกล่าว ทำหน้าที่เหมือนกับโครงสร้าง Cap ($m^7G(5')ppp(5')G$) ในหลายการทดลองพบว่า RNA ของไวรัสที่สร้างในหลอดทดลองนั้น มีความสามารถในการเข้าทำลายน้อยกว่าไวรัสในธรรมชาติ ซึ่งอาจมีผลมาจากการที่ RNA ถูกทำลายโดยสารเคมีระหว่างการปลูกเชื้อ ดังนั้นการเชื่อมติดโครงสร้าง Cap ทางด้านปลาย 5' ของจีโนมไวรัสน่าจะช่วยให้สามารถรักษาสภาพของ RNA ให้คงสภาพไว้ได้ แต่ infectious RNA ก็ยังมีข้อจำกัดในเรื่องของราคาและระยะเวลาที่ใช้ในกระบวนการสังเคราะห์

มีการสร้างโคลน infectious cDNA ของจีโนมไวรัสที่มี RNA สายบวกเป็นสารพันธุกรรมขึ้นมากมาย ซึ่ง constructs ที่สร้างขึ้นใช้โปรโมเตอร์ 35S ของ *Cauliflower mosaic virus* (CaMV) เชื่อมเข้ากับ cDNA ของไวรัสทางปลาย 5' เพื่อสร้าง RNA ที่มีคุณสมบัติในการเข้าทำลายพืชได้ ซึ่งเทคนิคดังกล่าวนี้มีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่เกิดขึ้นจากการสร้าง RNA ในหลอดทดลอง (Dessens and Lomonosoff, 1993) คือ RNA ที่สร้างในหลอดทดลองสูญเสียความสามารถในการเข้าทำลายไป

14. กระบวนการแปลรหัสภายในเซลล์ (*in vivo* transcription)

14.1 โคลน infectious cDNA ที่มีความสามารถในการเข้าทำลาย (infectious cDNA clones)

กล่าวได้ว่า infectious cDNA มีข้อดีมากกว่า infectious RNA ประการแรกคือ DNA ย่อมมีความเสถียรมากกว่า RNA ทำให้ง่ายต่อการนำไปใช้ในการปลูกเชื้อ แต่อย่างไรก็ตาม

ความสามารถในการเข้าทำลายของเชื้อนั้นขึ้นอยู่กับการเสถียรภาพของ RNA ไม่มากนัก เนื่องจากการเสถียรภาพของ RNA จะเกิดขึ้นภายในเซลล์ซึ่งเป็นบริเวณที่ RNA ถูกสร้างขึ้นเท่านั้น แต่กระบวนการเพิ่มปริมาณ RNA (replication) ภายในเซลล์ ก็มีกลไกป้องกันการเสถียรภาพของ RNA อยู่ ประการที่สองคือ การสร้าง RNA ในหลอดทดลองให้ได้ RNA ครบสมบูรณ์ปริมาณมากนั้นยังทำได้ยาก และอีกประการคือ สารเคมีที่ใช้ในการสร้างโครงสร้าง Cap และเอนไซม์ RNA polymerase มีราคาแพง และเทคนิคในการสังเคราะห์ RNA ก็ยังทำได้ยาก การสร้าง RNA ในหลอดทดลองจึงไม่ได้รับความนิยมเท่าที่ควร ประการสุดท้ายคือ การใช้ infectious cDNA จะไม่ขึ้นอยู่กับปริมาณของไวรัส ดังนั้นการใช้ infectious cDNA จึงแก้ปัญหาที่เกิดจากการใช้ infectious RNA ที่มีกพบว่า RNA ไวรัสไม่สามารถเพิ่มปริมาณในเซลล์เจ้าบ้านได้ โดย Van Bakhoven *et al.*, 1993 รายงานว่า การสร้าง RNA ในระบบ *in vivo* นั้น จะสวนทางกับการสร้าง mRNA โดยเอนไซม์ RNA polymerase ภายในเซลล์เจ้าบ้าน เนื่องจาก mRNA ดังกล่าวสามารถแปลรหัสเป็นโปรตีนเดิมหรือโปรตีนที่กลายพันธุ์ไป

มีรายงานการแสดงออกของ infectious RNAs ของไวรัสพืชหลายชนิดภายในเซลล์เจ้าบ้าน โดยใช้โคลนของ infectious cDNA ไวรัส (cDNA ที่อยู่บนเวกเตอร์ ควบคุมโดยโปรโมเตอร์ CaMV35S) ปลูกเชื้อให้กับพืชโดยวิธีกล เช่น ใน *Plum pox virus* (PPV) (Maiss *et al.*, 1992), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) (Gal-on *et al.*, 1995) และ *Papaya ringspot virus* type P (PRSV-P) (Chiang and Yeh, 1997) เป็นต้น หรือการแสดงออกของ RNA ไวรัสในพืชตัดแปรพันธุกรรม (Yamaya *et al.*, 1988) และการถ่ายยีนเข้าสู่พืชโดยใช้ *Agrobacterium tumefaciens* (Leiser *et al.*, 1992) เพื่อให้มีการแสดงออกของ RNA ไวรัส อีกเทคนิคคือ Particle bombardment ที่เป็นเทคนิคหนึ่งในการนำเอา DNA เข้าสู่พืช (Sanford, 1988; Christou, 1992; Klein *et al.*, 1992) เทคนิคนี้มักใช้ในศึกษาการเข้าทำลายของไวรัสในพืช โดยการใช้โคลนของ DNA ไวรัส (Garzon-Tiznado *et al.*, 1993; Hagen *et al.*, 1994) และ RNA ไวรัส (Gal-on *et al.*, 1995; Fakhfakh *et al.*, 1996) แต่เนื่องจากเครื่องมือที่ใช้ในการทำ particle bombardment นั้นมีราคาแพง ซึ่งก็ได้แก่ gas cylinder, vacuum chamber และ vacuum pump จึงได้มีการคิดค้นเทคนิค Hand Gun เพื่อศึกษาการเข้าทำลายของสารพันธุกรรมของไวรัสที่อยู่บนพลาสมิดเมื่อเข้าสู่พืช เทคนิคนี้อาศัยหลักการเดียวกันกับ particle bombardment แต่ไม่ต้องใช้ vacuum chamber และแก๊สฮีเลียม ทำให้ราคาถูกลง เหมาะกับการถ่ายโอนพลาสมิดเข้าสู่พืชที่มีเนื้อเยื่ออบบางและต้นอ่อนของพืชได้ เนื่องจากต้นอ่อนของพืชส่วนใหญ่ไม่สามารถมีชีวิตรอดหลังได้รับการถ่ายโอนยีนโดยวิธี particle bombardment

14.2 โปรโมเตอร์ CaMV 35S

โปรโมเตอร์ 35S คือ ลำดับนิวคลีโอไทด์ขนาดประมาณ 350 bp จากไวรัสใบด่างของ กระหล่ำ อยู่มาทางด้าน upstream ของจุดเริ่มต้นแปลรหัสของ 35S (ตำแหน่งที่ -343 ถึง +8) ซึ่งนิวคลีโอไทด์ ของโปรโมเตอร์ 35S ขนาดประมาณ 250 bp จะเชื่อมช้อนกับปลายทางด้าน 3' ของยีน VI ซึ่งเป็น ยีนที่มีขนาดใหญ่ที่สุดใน 6 ยีนที่มี ORF ขนาดใหญ่ (Odell *et al.*, 1989)

จากการศึกษาของ Fang และคณะ (1989) พบว่าโปรโมเตอร์ 35S มีบริเวณที่ทำงาน 3 ตำแหน่งด้วยกันคือ บริเวณนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่งที่ -343 ถึง -208 และตำแหน่ง -208 ถึง -90 ที่มีความสามารถในการเป็นโปรโมเตอร์ได้ 50 เปอร์เซ็นต์ และ 40 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนตำแหน่ง -50 ถึง -40 ยังไม่ทราบหน้าที่ที่แน่ชัด แต่คาดว่าจะมีหน้าที่ในการกระตุ้นการทำงานในส่วนของ TATA box และเหนี่ยวนำการแปลรหัสดีเอ็นเอในบริเวณ upstream ทั้ง 2 ตำแหน่ง และควบคุม ความจำเพาะเจาะจงของเนื้อเยื่ออีกด้วย (Benfey and Chua, 1990)

15. Infectious transcripts และโคลน cDNA ของ potyvirus

สำหรับไวรัสของพืชนั้น การสร้าง RNA ในหลอดทดลองที่มีความสามารถในการเข้าทำลาย พืชได้นั้น ประสบความสำเร็จเป็นครั้งแรกใน *Brome mosaic virus* (BMV) (Ahlquist and Janda, 1984) และการสร้างโคลนของ infectious cDNA ที่มีความสามารถในการเข้าทำลายพืชได้โดยตรง นั้น (*in vivo* transcripts) มีรายงานเป็นครั้งแรกคือ การสร้าง RNA3 ของ *Alfalfa mosaic virus* (AIMV) โดยการปลูกเชื้อร่วมกัน (coinoculation) ระหว่าง RNAs 1, 2 และ 4 (Dore and Pinck, 1988) อีกทั้ง โคลนของ cDNA นั้น เราสามารถนำไปใช้ในการสร้าง RNA ที่มีความสามารถในการเข้าทำลายพืช ในหลอดทดลอง (*in vitro* infectious transcripts) หรือภายในเซลล์ (*in vivo* infectious transcripts) ซึ่งวิธีการทั้ง 2 ที่กล่าวมาข้างต้นประสบความสำเร็จในไวรัสกลุ่ม potyvirus ซึ่งเป็น family ของไวรัส พืชที่มีขนาดใหญ่ที่สุด

สามารถสังเคราะห์ infectious RNA ของไวรัส genus potyvirus ในหลอดทดลองจากโคลน full-length cDNA ได้ ซึ่งใช้โปรโมเตอร์ของฟาจควบคุมกระบวนการสังเคราะห์ RNA ที่เกิดจากการ ทำงานของเอนไซม์ RNA polymerase (DNA-dependent RNA polymerase) ที่ได้จากเชื้อ *E. coli* ซึ่ง ไวรัสที่ทำให้สำเร็จได้แก่ *Tobacco vein motting virus* (TVMV) (Domier *et al.*, 1989; Nicolas *et al.*,

1996), *Plum pox virus* (PPV) (Riechmann *et al.*, 1990), *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) (Young *et al.*, 1991), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) (Gal-On *et al.*, 1991; Lin *et al.*, 2002), *Tobacco etch virus* (TEV) (Dolja *et al.*, 1992), *Pea seed-borne mosaic virus* (PSbMV) (Johansen *et al.*, 1996), *Peanut stripe virus* (PStV) (Flasinski *et al.*, 1996), *Potato virus A* (PVA) (Puurand *et al.*, 1996), *Potato virus Y* (PVY) (Jakab *et al.*, 1997), *Papaya ringspot virus type P* (PRSV-P) (Chiang and Yeh, 1997), *Turnip mosaic virus* (TuMV) (Sanchez *et al.*, 1998) และ *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV) (Kim *et al.*, 2003) เป็นต้น RNA ที่ถูกสร้างขึ้นมาในหลอดทดลองก็จะนำไปปลูกเชื้อให้กับเซลล์เจ้าบ้าน (พืช) เพื่อให้ไวรัสมีการเพิ่มปริมาณต่อไป

สำหรับการสังเคราะห์ infectious RNA ภายในเซลล์ (*in vivo* infectious transcription) นั้นจะใช้โปรโมเตอร์ CaMV 35S และเทอร์มินเตอร์ NOS เป็นตัวควบคุม ซึ่งโปรโมเตอร์ดังกล่าวนี้จดจำได้โดย RNA polymerase ของเซลล์เจ้าบ้าน โดยมีรายงานทำในไวรัสหลายชนิดได้แก่ *Plum pox virus* (PPV) (Maiss *et al.*, 1992; Lopez-Moya and Garcia, 2000), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) (Gal-On *et al.*, 1995), *Potato virus Y* (PVY) (Fakhfakh *et al.*, 1996; Jakab *et al.*, 1997), *Pea seed-borne mosaic virus* (PSbMV) (Johansen, 1996), *Papaya ringspot virus type P* (PRSV-P) (Chiang and Yeh, 1997), *Clover yellow vein virus* (CIYVV) (Takahashi *et al.*, 1997), *Turnip mosaic virus* (TuMV) (Sanchez *et al.*, 1998) และ *Lettuce mosaic virus* (LMV) (Yang *et al.*, 1998) เป็นต้น

อุปกรณ์และวิธีการ

อุปกรณ์

1. วัสดุอุปกรณ์

- 1.1 เครื่อง Thermocycler (Biometra, Germany)
- 1.2 เครื่อง Vortex (Scientific, Thailand)
- 1.3 เครื่องปั่นเหวี่ยง ร้อน Spectrafuge 16 M (Labnet, USA)
- 1.4 เครื่องปั่นเหวี่ยง ร้อน Centrifuge 4515 (Eppendorf, Germany)
- 1.5 เครื่อง Micro centrifuge (Clover Laboratories, USA)
- 1.6 เครื่องวิเคราะห์ภาพ (Gel documentation) (Syngene, UK)
- 1.7 อ่างน้ำควบคุมอุณหภูมิ (water bath)
- 1.8 เครื่องควบคุมอุณหภูมิอัตโนมัติ 37 องศาเซลเซียส (Mettler, Germany)
- 1.9 เครื่องชั่ง 2 ตำแหน่ง (Ohaus, USA)
- 1.10 เครื่องชั่ง 3 ตำแหน่ง (Ohaus, USA)
- 1.11 เครื่อง Gel Electrophoresis (i-Myrun, Japan)
- 1.12 เครื่องไมโครเวฟ (SHARP, Japan)
- 1.13 เครื่องเขย่า (Labnet, USA)
- 1.14 เครื่อง Spectrophotometer
- 1.15 ไมโครปิเปต (Labnet, USA)
- 1.16 pipette tip ขนาด 1,000 200 และ 20 ไมโครลิตร
- 1.17 microcentrifuge tube ขนาด 1.5 มิลลิลิตร
- 1.18 single PCR tube 0.2 มิลลิลิตร
- 1.19 rack วางหลอดขนาดต่าง ๆ
- 1.20 ปีกเกอร์
- 1.21 flask
- 1.22 หลอดเลี้ยงเชื้อ
- 1.23 spreader
- 1.24 ถุงมือ

2. สารเคมี

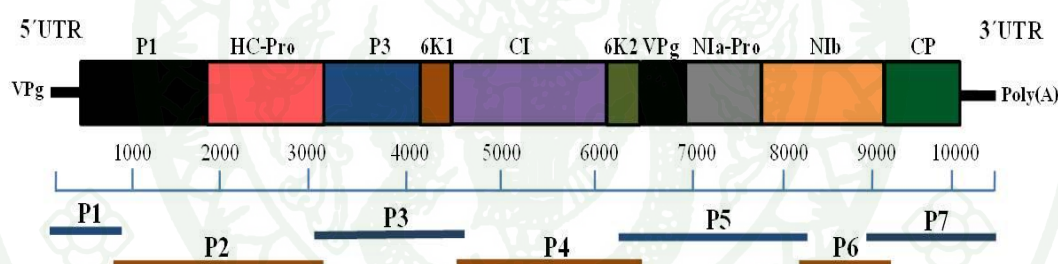
- 2.1 TB buffer
- 2.2 β -mercaptoethanol
- 2.3 Absolute ethanol; C_2H_5OH
- 2.4 RiboLock™ RNase Inhibitor (Fermentas, UK)
- 2.5 DMSO (Dimethyl sulfoxide)
- 2.6 10X PCR buffer (30 mM Tricine, 250 mM KCl, 1% Thesit, 0.1% gelatin, 20 mM $MgCl_2$ pH 8.4)
- 2.7 Deoxyribonucleotide triphosphate ; dNTPs (Fermentas, UK)
- 2.8 Oligonucleotide primers
- 2.9 *Taq* DNA polymerase
- 2.10 Sterile distilled water; dH_2O
- 2.11 Loading dye (Fermentas, UK)
- 2.12 GeneRuler™ 1 kb DNA Ladder (Fermentas, UK)
- 2.13 Agarose (Seakam)
- 2.14 0.5X TAE buffer
- 2.15 สารละลาย ethidium bromide
- 2.16 6M NaI (Sodium iodine)
- 2.17 wash buffer
- 2.18 silica column
- 2.19 *Escherichia coli* สายพันธุ์ MachI, DH5 α และ Top10
- 2.20 อาหารแข็ง 2xYT
- 2.21 อาหารเหลว 2xYT
- 2.22 RevertAid™ Reverse Transcriptase Kit (Fermentas, UK)
- 2.23 RNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, USA)
- 2.24 pGEM-T Easy vector Kit (Promega, USA)
- 2.25 Gateway cloning vector
 - 2.25.1 pCR®XL/GW/TOPO® TA Cloning® Kit (Invitrogen, USA)
 - 2.25.2 pCR®8/GW/TOPO® TA Cloning® Kit (Invitrogen, USA)

- 2.26 Ampicilin
- 2.27 Kanamycin
- 2.28 Spectinomycin
- 2.29 IPTG (isopropyl thio- β -D-galactosides)
- 2.30 X-Gal (5-bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-galactosides)
- 2.31 TE buffer (10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA)
- 2.32 Lysis buffer (0.2N NaOH, 1% SDS)
- 2.33 Precipitation (3M acetic acid, 5M KOAC pH 5.2)
- 2.34 Chloroform; CHCl_3
- 2.35 isopropanol
- 2.36 70% ethanol
- 2.37 RNase A (Fermentas, UK)
- 2.38 เอนไซม์ *EcoRI* (Fermentas, UK)

วิธีการ

1. การออกแบบไพรเมอร์สำหรับสังเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อไวรัสใบด่างจูดวงแหวนมะละกอ

สืบค้นข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจูดวงแหวนมะละกอที่มีอยู่ในฐานข้อมูล GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) และได้ใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่รายงานไว้ในฐานข้อมูลจำนวน 3 accession คือ X67673, X97251 และ AY126618 ซึ่งเป็นจีโนมไวรัสใบด่างจูดวงแหวนมะละกอจากมัลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา ประเทศไต้หวัน และประเทศไทย ตามลำดับ มาเปรียบเทียบความเหมือนและความแตกต่างกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยโปรแกรม Clustal W (<http://.ebi.ac.uk/clustalw>) จากนั้นจึงนำเอาเบสที่เหมือนกันมาวิเคราะห์ลำดับเบสและตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์ด้วยโปรแกรม FastPCR และ Oligonucleotide Properties Calculator เพื่อออกแบบและวิเคราะห์ไพรเมอร์ ดังตารางที่ 4



ภาพที่ 3 ภาพจำลอง whole genome ของเชื้อไวรัส PRSV-P รวมทั้งตำแหน่งขึ้นผลิตภัณฑ์ของคู่ไพรเมอร์ที่ได้จากการออกแบบโดยครอบคลุมตลอดทั้งจีโนม

ตารางที่ 1 ข้อมูลของลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจูดวงแหวนมะละกอ จากฐานข้อมูล GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) ที่ใช้ในการออกแบบไพรเมอร์

Virus	Sources	Accession number	Genomic region
1. PRSV-HA	Papaya (Hawaii)	X67673	Genomic RNA
2. PRSV-YK	Papaya (Taiwan)	X97251	Genomic RNA
3. PRSV-TH	Papaya (Thailand)	AY162218	Genomic RNA

2. เก็บตัวอย่างใบมะละกอที่แสดงอาการโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ

เก็บตัวอย่างใบมะละกอที่แสดงอาการของโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอในแปลงปลูก ซึ่งจะเลือกเก็บใบบริเวณยอดที่แสดงอาการของโรคอย่างชัดเจน ที่สามารถสังเกตได้ด้วยตาเปล่าคือ มีอาการใบด่างสีเขียวแก่สลับสีเหลือง บิดเบี้ยวผิดรูปร่าง เนื้อใบเป็นคลื่น เป็นต้น

3. การตรวจสอบอนุภาคเชื้อด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน แบบวิธี Decorate (Transmission electron microscopy; TEM) (Milne and Lesemann, 1978)

บดใบพืชที่แสดงอาการของโรคแต่ละตัวอย่าง จากนั้นหยดน้ำคั้นที่ได้แต่ละตัวอย่างลงบนแผ่นพาราฟิล์มที่ตรึงไว้บน plate แก้ว แล้วกริดให้ด้านเคลือบเยื่อฟอรัมวาร์และคาร์บอนที่ทำลายประจุผิวหน้าแล้ว สัมผัสกับหยดน้ำคั้นจากตัวอย่างพืชนาน 15 นาที ชะล้างแผ่นกริดด้วย 0.05 M ฟอสเฟตบัฟเฟอร์ pH 7.2 จำนวน 30 หยด ใช้กระดาษกรองซับพอหมด จากนั้นหยดแอนติซีรัม PRSV (เจือจางแอนติซีรัม : PBST เท่ากับ 1:1000) ลงบนแผ่นพาราฟิล์มจำนวนเท่ากับตัวอย่างพืชที่จะทดสอบ แล้วนำกริดด้านที่สัมผัสกับตัวอย่างของพืชเป็นโรคทับลงบนหยดแอนติซีรัม PRSV ที่เตรียมไว้ เป็นเวลา 30 นาที ล้างกริดด้วยน้ำคั้นจำนวน 30 หยด แล้วจึงย้อมสีด้วยการชะแผ่นกริดด้วยสี 2% uranyl acetate (UA) จำนวน 7 หยด ซับให้แห้ง นำไปตรวจดูด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน

4. การแยกสกัดอาร์เอ็นเอ

สกัดอาร์เอ็นเอรวมจากใบมะละกอที่แสดงอาการของโรคใบด่างจุดวงแหวน โดยใช้ชุด RNeasy Plant Mini Kit ของบริษัท Qiagen โดยชั่งใบพืชหนัก 0.1- 0.2 กรัม บดในไนโตรเจนเหลว จากนั้นนำใบพืชที่บดจนเป็นผงละเอียดใส่ลงใน microcentrifuge tube ขนาด 1.5 มิลลิลิตร เติมบัฟเฟอร์ RLT ปริมาตร 450 ไมโครลิตร ที่เติม β -mercaptoethanol 4.5 ไมโครลิตร ในหลอด microtube ผสมให้เข้ากันโดยการ vortex เป็นเวลา 10 นาที จากนั้นปั่นปดสารละลายลงใน QIAshredder spin column (สีม่วง) ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 2 นาที ดูดส่วนน้ำใสที่ผ่านการกรองด้วย QIAshredder spin column (ประมาณ 450 ไมโครลิตร) มาเติมลงใน microcentrifuge tube ขนาด 1.5 มิลลิลิตร แล้วเติม absolute ethanol 225 ไมโครลิตร (0.5 เท่าโดยปริมาตร) ผสมสารละลายให้เข้ากันโดยการพลิกกับหลอดเบา ๆ ย้ายสารละลายดังกล่าวลงใน RNeasy spin column

(สีชมพู) ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 1 นาที เทน้ำใส่ทิ้ง แล้วล้าง column ด้วยการเติมบัฟเฟอร์ RW₁ 700 ไมโครลิตร แล้วปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 1 นาที เทส่วนน้ำใส่ทิ้ง ล้าง column โดยการเติมบัฟเฟอร์ RPE 500 ไมโครลิตร จำนวน 2 ครั้ง ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 1 นาที เทส่วนน้ำใส่ทิ้งและปั่นเหวี่ยง column อีกครั้งที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เพื่อกำจัดบัฟเฟอร์ที่ติดค้างอยู่บน column ให้หมดไป จากนั้นย้ายเฉพาะส่วน column ไปวางใน microcentrifuge tube ใหม่ ขนาด 1.5 มิลลิลิตร ชะอาร์เอ็นเอ ด้วยการเติม RNase free water จำนวน 45 ไมโครลิตร และ RiboLock™ RNase Inhibitor ของบริษัท Fermentas (ผสมในอัตราส่วน 1:0.1 เท่า โดยปริมาตร) เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส

ตรวจสอบอาร์เอ็นเอที่สกัดได้ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer เป็นเวลา 25 นาที กระแสไฟฟ้า 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบอาร์เอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene[®])

5. การสังเคราะห์ Complementary DNA (cDNA) ของไวรัสใบด่างจุดวงแหวน

นำอาร์เอ็นเอรวมที่สกัดได้จากใบพืชที่เป็นโรค มาทำการสังเคราะห์ First strand cDNA โดยชุด RevertAid™ Reverse Transcriptase ของบริษัท Fermentas ด้วย reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) (Glover and Hames, 1995) โดยใช้อาร์เอ็นเอที่แยกได้ 5 ไมโครลิตร เติมไพรเมอร์ oligo-dT (เข้มข้น 20 pmol/μl) เพื่อให้จับกับ poly A tail ที่อยู่ทางด้านปลาย 3' จำนวน 1 ไมโครลิตร และเติม RNase free water ให้ได้ปริมาตรรวมเท่ากับ 12.5 ไมโครลิตร จากนั้นนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส ในเครื่อง Thermal Cycler[®] เป็นเวลา 10 นาที นำมาแช่น้ำแข็งทันที จากนั้นเติม 5X reaction buffer (250 mM Tris-HCl pH 8.3, 375 mM KCl, 15 mM MgCl₂, 50 mM DTT) 4.5 ไมโครลิตร และ 10 mM dNTPs 1 ไมโครลิตร แล้วจึงเติม RevertAid™ M-MuLV Reverse Transcriptase 1 ไมโครลิตร (200 U) รวมปริมาตรทั้งหมด 20 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากัน ทำปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 42 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 90 นาที ต่อมาใช้ปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที ในเครื่อง Thermal Cycler[®] จากนั้นนำไปเก็บไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียสจนกว่าจะใช้

6. การเพิ่มปริมาณยีนเป้าหมายโดยเทคนิค Polymerase chain reaction (PCR)

ในการเพิ่มปริมาณยีนเป้าหมาย โดยใช้ cDNA ที่ได้จากปฏิกิริยา reverse transcription จำนวน 1 ไมโครลิตร เป็นแม่แบบ (template) จะใช้ปริมาตรรวมของปฏิกิริยา 50 ไมโครลิตร ในหลอด tube PCR ซึ่งประกอบด้วย 10X PCR buffer (300 mM Tricine, 1% Triton X-100, 50 mM β -mercaptoethanol, 20 mM $MgCl_2$, pH 8.4) 5 ไมโครลิตร, 2.5 mM dNTPs 2 ไมโครลิตร primer forward (20 μ M) 1 ไมโครลิตร, primer reverse (20 μ M) 1 ไมโครลิตร, *Taq* DNA polymerase 1 ไมโครลิตร (1 unit) และ dH_2O 39 ไมโครลิตร จากนั้นนำส่วนผสมดังกล่าวไปใส่ในเครื่อง Thermal Cycler® โดยตั้งปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วยปฏิกิริยาเพื่อสังเคราะห์ดีเอ็นเอเพิ่มปริมาณมากขึ้นในแต่ละรอบดังนี้ ขั้นที่ 1 ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เพื่อแยกสายดีเอ็นเอต้นแบบให้เป็นสายเดี่ยว (denaturing) 1 นาที ขั้นที่ 2 ไพรมอร์จับคู่กับดีเอ็นเอต้นแบบ (annealing) ที่อุณหภูมิ 55-70 องศาเซลเซียส (อุณหภูมิขั้นตอนนี้จะขึ้นอยู่กับค่า T_m ของ primer แต่ละคู่) 1 นาที และขั้นที่ 3 สังเคราะห์ดีเอ็นเอต่อจากไพรมอร์ (extension) ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส 1 นาที (ระยะเวลาในขั้นตอนนี้จะขึ้นอยู่กับขนาดของชิ้นยีนเป้าหมาย) จำนวน 35 รอบ และปฏิกิริยาขั้นสุดท้ายที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ

ตรวจสอบผลจากปฏิกิริยา PCR ที่ได้ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer เป็นเวลา 25 นาที กระแสไฟฟ้า 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

ตารางที่ 2 ไพรเมอร์สำหรับการสังเคราะห์จีโนมของเชื้อ PRSV-SMK ที่ใช้ในปฏิกิริยา Reverse transcription-polymerase chain reaction

Genes	Size (bp)	Primer	Range	Sequence (5'→3')
P1	946	VC1	1-22	AAATAAAACATCTCAACACAAC
		VC8	946-963	AACTCAAGGCTAGCACTC
P2	2,237	PC11E	869-890	GAAGCAGTGCACCTGGCACTCG
		PC2	3086-3106	AAAYTCTCCRCCGACAATGTA
P3	1,569	VC7	3052-3068	CGCCAGAGAGCCGCTCG
		PC10N	4601-4621	GGTGGGCTCTATTAACAACAC
P4	1,854	VC13	4420-4440	CAACAACAACACAATTGGCCA
		PC12	6254-6274	TGCATCCTTAATCATCAATGA
P5	2,177	VC17	6219-6236	AGCGAGAGTTGGGATTGA
		VC14	8375-8396	ACTGAGACCCATCTGCATCACA
P6	1,832	VC15	8315-8337	ACAAAGTTTTATAAAGGCTGGGA
		3UTR4	10130-10147	GGATCCCAGGCCCACGAACACAC
P7	482	CRWTH1	9841-9864	TGCAACTGAGAGGTACATGCCGCG
		3UTR2	10303-10323	TTTTTTTTCTCTCATCTAAGAGGCTCGA

Degenerate bases : R=(A/G), Y=(C/T), M=(A/C), K=(G/T), S=(C/G), W=(A/T), H=(A/C/T), B=(A/C/T), V=(A/G/C), D=(A/G/T), N=(A/G/C/T)

7. การโคลนชิ้นย่อยของ Full length cDNA ของ PRSV-SMK

7.1 การเตรียม cDNA ให้บริสุทธิ์สำหรับการเชื่อมต่อกับพลาสมิดพาหะ (vector)

นำดีเอ็นเอที่ได้จากปฏิกิริยา RT-PCR มาแยกขนาดด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer เป็นเวลา 25 นาที กระแสไฟฟ้า 135 โวลต์ ตัดเจลบริเวณที่มีแถบดีเอ็นเอขนาดที่ต้องการ ซึ่งน้ำหนักเจลที่ตัดได้ใส่หลอด microtube ทำการแยกดีเอ็นเอออกจากเจลโดยการเติม NaI ปริมาตร 3 เท่าของน้ำหนักเจล บ่มที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที จนเจลหลอมละลายหมด ผสมให้เข้ากัน ย้ายสารละลายทั้งหมดใส่ column ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ที่อุณหภูมิห้อง ทิ้งของเหลวที่อยู่ด้านล่างของ column ล้าง column

ด้วยการเติม wash buffer ปริมาตร 700 ไมโครลิตร ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ที่อุณหภูมิห้อง ทำซ้ำ 2 ครั้ง ทั้งส่วนของเหลว ปั่นเหวี่ยงซ้ำอีกครั้ง ย้าย column ใส่ในหลอด microtube เพื่อชะดีเอ็นเอออกจาก column โดยการเติม dH₂O ปริมาตร 30 ไมโครลิตร บ่มทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้อง 1 นาที ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เก็บดีเอ็นเอไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส

ตรวจสอบผลการเตรียม cDNA ให้บริสุทธิ์ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟเรซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5XTAE buffer เวลา 25 นาที กระแสไฟ 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene[®])

7.2 การเชื่อมต่อ cDNA กับยีนพาหะ (vector)

7.2.1 pCR[®] 8/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit

เชื่อมต่อดีเอ็นเอเข้ากับดีเอ็นเอพาหะ Gateway cloning vector (pCR[®] 8/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit) จากบริษัท Invitrogen ซึ่งเป็นพลาสมิดที่มีขนาด 2.8 kb และมียีนต้านสารปฏิชีวนะ Spectinomycin โดยการทำงานของเอนไซม์ Topoisomerase ซึ่งองค์ประกอบของปฏิกิริยาที่มีปริมาตรรวมทั้งสิ้น 6 ไมโครลิตร ประกอบด้วย เวกเตอร์ปริมาตร 1 ไมโครลิตร, Salt solution ปริมาตร 1 ไมโครลิตร, ขึ้นดีเอ็นเอจากปฏิกิริยา PCR (~50 นาโนกรัม) ปริมาตร 2 ไมโครลิตร และน้ำปริมาตร 2 ไมโครลิตร ผสมสารเคมีทุกตัวที่กล่าวมาลงใน microcentrifuge tube ขนาด 1.5 มิลลิลิตร ผสมสารให้เข้ากันด้วยการดูดขึ้นและลงเบาๆ จากนั้นบ่มไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 10 นาที

7.2.2 pCR[®] XL/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit

เชื่อมต่อดีเอ็นเอเข้ากับดีเอ็นเอพาหะ Gateway cloning vector (pCR[®] XL/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit) จากบริษัท Invitrogen ซึ่งเป็นพลาสมิดที่มีขนาด 3.5 kb และมียีนต้านสารปฏิชีวนะ Ampicillin กับ Kanamycin โดยการทำงานของเอนไซม์ Topoisomerase ซึ่งองค์ประกอบของปฏิกิริยาที่มีปริมาตรรวมทั้งสิ้น 6 ไมโครลิตร ประกอบด้วย เวกเตอร์ปริมาตร 1 ไมโครลิตร, ขึ้นดีเอ็นเอจากปฏิกิริยา PCR (~50 นาโนกรัม) ปริมาตร 2 ไมโครลิตร, น้ำปริมาตร 2 ไมโครลิตร ผสมสารเคมีทุกตัวที่กล่าวมาลงใน microcentrifuge tube ขนาด 1.5 มิลลิลิตร ผสมสารให้เข้ากันด้วยการ

ดูดขึ้นและลงเบา ๆ บ่มไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 5 นาที จากนั้นเติม stop solution ปริมาตร 1 ไมโครลิตร บ่มไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 5 นาที

7.2.3 pGEM-T Easy vector Kit

เชื่อมต่อดีเอ็นเอเข้ากับดีเอ็นเอพาหะ pGEM[®]-T Easy vector จากบริษัท Promega[®] ซึ่งมีขั้นตอนตามสารปฏิกิริยา Ampicillin โดยการทำงานของเอนไซม์ T4 DNA ligase องค์ประกอบของปฏิกิริยาที่มีปริมาตรรวมทั้งสิ้น 10 ไมโครลิตร ประกอบด้วย pGEM-T Easy vector (50 ng/μl) 1 ไมโครลิตร, ดีเอ็นเอจากปฏิกิริยา PCR (~50 นาโนกรัม) ปริมาตร 2 ไมโครลิตร, 2X Ligation Master Mix 5 ไมโครลิตร, เอนไซม์ T4 DNA Ligase ปริมาตร 1 ไมโครลิตร และ dH₂O ปริมาตร 1 ไมโครลิตร ผสมสารเคมีทุกตัวที่กล่าวมาลงใน microcentrifuge tube ขนาด 1.5 มิลลิลิตร ผสมสารให้เข้ากันด้วยการดูดขึ้นและลงเบา ๆ บ่มที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส ข้ามคืน (16-18 ชั่วโมง)

7.3 การถ่ายพลาสมิดลูกผสมเข้าสู่เซลล์แบคทีเรีย

ถ่ายโอนพลาสมิดลูกผสมเข้าสู่เซลล์แบคทีเรีย *Escherichia coli* สายพันธุ์ Top10 และ MachI ที่มีสภาพเป็น competent cell ซึ่งเป็นชุดสำเร็จรูปที่มาพร้อมกับชุดโคลนนิ่ง ด้วยวิธี heat shock transformation (Sambrook and Russell, 2001) โดยดูดสารละลายพลาสมิดลูกผสมจากปฏิกิริยาในข้อ 7.2 ทั้งหมดใส่หลอด competent cell *E. coli* สายพันธุ์ Top10 หรือ MachI ปริมาตร 50 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันในหลอด microtube โดยดูดขึ้นและลงเบา ๆ แล้วนำไปแช่ในน้ำแข็งนาน 30 นาที จึงย้ายไปไว้ในน้ำที่มีอุณหภูมิ 42 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 90 วินาที จากนั้นแช่ในน้ำแข็งทันที นาน 3 นาที เติมหอาหาร 2xYT เหลวปริมาตร 250 ไมโครลิตร นำไปเลี้ยงที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เขย่าด้วยความเร็ว 250 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 ชั่วโมง เมื่อครบเวลานำไปปั่นเหวี่ยงที่ 8,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เพื่อตกตะกอนเซลล์ เติมหอาหารเหลวทิ้งไปบางส่วนแต่ให้คงเหลืออยู่ในหลอดประมาณ 50 ไมโครลิตร ละลายเซลล์ด้วยการคืดข้าง ๆ หลอดด้วยนิ้วเบา ๆ จากนั้นทำตามขั้นตอนของดีเอ็นเอพาหะแต่ละชนิดดังนี้

สำหรับ pCR[®]8/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit นำเซลล์ที่ละลายไว้มาเกลี่ยบนอาหาร 2xYT แข็งที่ผสมสารปฏิชีวนะ spectinomycin ความเข้มข้น 100 มิลลิกรัมต่อลิตร บ่มเชื้อไว้ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16 ชั่วโมง

สำหรับ pCR[®] XL/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit นำเซลล์ที่ละลายไว้มาเกลี่ยบนอาหาร 2xYT แข็งที่ผสมสารปฏิชีวนะ Kanamycin 50 มิลลิกรัมต่อลิตร แล้วนำไปปั่นไว้ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16 ชั่วโมง

สำหรับ pGEM[®] -T Easy Kit นำเซลล์ที่ละลายไว้มาเกลี่ยบนอาหาร 2xYT แข็งที่ผสมสารปฏิชีวนะ Ampicillin 100 มิลลิกรัมต่อลิตร ที่เติม IPTG (isopropyl thio- β -D-galactosides) 100 mM ปริมาตร 20 ไมโครลิตร และ X-Gal (5-bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-galactosides) 20 มิลลิกรัมต่อลิตร แล้วนำไปปั่นไว้ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16 ชั่วโมง นำมาคัดเลือกเซลล์ที่มีดีเอ็นเอลูกผสม โดยคัดเลือกจากโคโลนีเดี่ยวสีขาว ซึ่งคาดว่าจะมีดีเอ็นเอลูกผสมแทรกอยู่

8. การสกัดพลาสมิดของดีเอ็นเอลูกผสม (recombinant DNA)

สกัดพลาสมิดดีเอ็นเอลูกผสมด้วยวิธี alkaline lysis ดัดแปลงจาก Sambrook *et al.* (1989) โดยการใช้ไม้จิ้มฟันปลายแหลมฆ่าเชื้อและที่โคโลนี แล้วนำมาเลี้ยงในอาหาร 2xYT เหลว ปริมาตร 5 มิลลิลิตร ที่เติมสารปฏิชีวนะตามชนิดของพลาสมิดแต่ละชนิด นำไปเขย่าด้วยความเร็ว 250 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16-24 ชั่วโมง นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เพื่อเก็บตะกอนเซลล์ ดูดเอาอาหารออก จากนั้นเติม TE buffer (10 mM Tris-HCl pH 8, 1 mM EDTA) ปริมาตร 200 ไมโครลิตร ลงในหลอด microtube ผสมให้เข้ากันด้วย vortex mixer และเติม Lysis buffer (0.2 M NaOH, 1% SDS) ปริมาตร 400 ไมโครลิตร ลงในหลอดผสมให้เข้ากันโดยการพลิกหลอดกลับไปมาเบาๆ แล้วเติม precipitation (5M KOAC (73.14 g), 3M acetic acid) ปริมาตร 300 ไมโครลิตร และเติม chloroform 200 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันโดยการพลิกหลอดกลับไปกลับมา นำไปแช่น้ำแข็ง 10 นาที ปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที ดูดส่วนใสใส่หลอด microtube ขนาด 1.5 มิลลิลิตร หลอดใหม่ ตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยการเติม isopropanol ปริมาตร 1 เท่าของสารละลายในหลอด ผสมให้เข้ากัน นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลานาน 5 นาที เทส่วนใสทิ้ง ล้างตะกอนด้วย 70% ethanol ปริมาตร 500 มิลลิลิตร ปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 5 นาที ดูดส่วนใสที่เหลือทิ้ง ผึ่งตะกอนให้แห้งที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลานาน 10-15 นาที ละลายตะกอนด้วยน้ำกลั่น 50 ไมโครลิตร ที่มี RNase A ปริมาตร 20 ไมโครกรัมต่อไมโครลิตร เพื่อขจัดอาร์เอ็นเอ บ่มที่ 37° C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง

ตรวจสอบผลด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer เป็นเวลา 25 นาที กระแสไฟ 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอ ด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

9. การคัดเลือกโคลนที่ได้รับพลาสมิดลูกผสม

9.1 คัดเลือกโคลนที่ได้รับพลาสมิดลูกผสมโดยเทคนิค PCR

ปฏิกิริยา PCR ปริมาตรรวม 25 ไมโครลิตร ประกอบด้วย พลาสมิดที่สกัดจากโคลนที่สามารถเจริญเติบโตได้บนอาหารคัดเลือก ปริมาตร 1 ไมโครลิตร, 10X PCR buffer (300 mM Tricine, 1% Triton X-100, 50 mM β -mercaptoethanol, 20 mM $MgCl_2$, pH 8.4) 2.5 ไมโครลิตร, 2.5 mM dNTPs 1 ไมโครลิตร primer forward (20 μ M) 0.5 ไมโครลิตร, primer reverse (20 μ M) 0.5 ไมโครลิตร, Taq DNA polymerase 0.5 ไมโครลิตร (1 unit) และ dH_2O 19 ไมโครลิตร ผสมสารละลายข้างต้นลงในหลอดพีซีอาร์ผสมให้เข้ากันด้วยการดูดขึ้นและลง จากนั้นนำส่วนผสมดังกล่าวไปใส่ในเครื่อง Thermal Cycler[®] โดยตั้งปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วยปฏิกิริยาเพื่อสังเคราะห์ดีเอ็นเอเพิ่มปริมาณมากขึ้นในแต่ละรอบดังนี้ ขั้นที่ 1 ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เพื่อแยกสายดีเอ็นเอต้นแบบให้เป็นสายเดี่ยว (denaturing) 1 นาที ขั้นที่ 2 ไพรมอร์จับคู่กับดีเอ็นเอต้นแบบ (annealing) ที่อุณหภูมิ 55-70 องศาเซลเซียส 1 นาที (ขึ้นอยู่กับค่า T_m ของ primer แต่ละคู่) และขั้นที่ 3 สังเคราะห์ดีเอ็นเอต่อจากไพรมอร์ (extension) ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส 1 นาที (ขึ้นอยู่กับขนาดของชิ้นยีนเป้าหมาย) จำนวน 35 รอบ และปฏิกิริยาขั้นสุดท้ายที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ

ตรวจสอบผลด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer เป็นเวลา 25 นาที กระแสไฟ 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

9.2 คัดเลือกโคลนที่ได้รับพลาสมิดลูกผสมโดยการตัดย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ

นำพลาสมิดที่สกัดจากโคโลนีที่สามารถเจริญเติบโตได้บนอาหารคัดเลือก มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ FastDigest® *EcoRI* ของบริษัท Fermentas ซึ่งปฏิกิริยาประกอบด้วย พลาสมิด ปริมาตร 5 ไมโครลิตร (1 µg), 10X FastDigest® buffer 1 ไมโครลิตร, เอนไซม์ FastDigest® *EcoRI* 1 ไมโครลิตร (1 unit) แล้วเติมน้ำให้ครบ 10 ไมโครลิตร ผสมสารละลายให้เข้ากันโดยการคนขึ้นลง แล้วนำไปบ่มที่ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 12 ชั่วโมง แล้วตรวจสอบผลด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟริซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5XTAE buffer เป็นเวลา 25 นาที กระแสไฟ 135 โวลต์ จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene®)

10. การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอโดยเครื่องวิเคราะห์หัตถ์อัตโนมัติ

นำพลาสมิดที่ทำการทดสอบเบื้องต้นด้วยเทคนิค PCR และการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ แล้วได้ผลเป็นบวกลงไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ ด้วยเทคนิค dideoxy-chain termination (Sanger *et al.*, 1977) โดยใช้ชุดปฏิกิริยา BigDye® Terminator Kit ของบริษัทไบโอไดไซน์ และใช้ไพรเมอร์ 16 สายในการวิเคราะห์ (ตารางที่ 3)

11. การเปรียบเทียบข้อมูลพันธุกรรมและศึกษาความสัมพันธ์ของเชื้อไวรัสในต่างจังหวัดทางตอนใต้ของประเทศไทย (PRSV-SMK)

นำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ทั้งหมดมาวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรม CAP3 (<http://pbil.univ-lyon1.fr/cap3.php>) เพื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK ให้ได้ครบสมบูรณ์ และแปลรหัสลำดับนิวคลีโอไทด์ดังกล่าวเป็นกรดอะมิโนโดยใช้โปรแกรมของ Swiss Institute of Bioinformatics ใน ExPASy Proteomics Server เมนู Translate tool จากนั้นเปรียบเทียบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนของจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK ที่ได้กับลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนของจีโนมเชื้อ PRSV ที่มีอยู่ในฐานข้อมูล GenBank (ตารางที่ 4) โดยใช้เมนู blastn และ blastp ตามลำดับ ผ่านระบบเครือข่ายอินเทอร์เน็ต <http://www.ncbi.nlm.gov>. เพื่อตรวจสอบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์ดังกล่าว และนำข้อมูลมาวิเคราะห์ต่อด้วยโปรแกรม MEGA 4 เพื่อสร้าง phylogenetic tree

ตารางที่ 3 ไพรมเมอร์สำหรับการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

Primer	Primer sequence (5'→3')	site
Universal primer		
GW1	GTTGCAACAAATTGATGAGCAATGC	pCR [®] 8/GW/TOPO [®]
GW2	GTTGCAACAAATTGATGAGCAATTA	pCR [®] 8/GW/TOPO [®]
T7 Promoter	TAATACGACTCACTATAGGG	pCR [®] XL/GW/TOPO [®]
T7 Terminator	GCTAGTTATTGCTCAGCGG	pCR [®] XL/GW/TOPO [®]
M13F	GTAAAACGACGGCCAGT	pCR [®] 8/GW/TOPO [®]
		pCR [®] XL/GW/TOPO [®]
M13R	AACAGCTATGACCATG	pCR [®] 8/GW/TOPO [®]
		pCR [®] XL/GW/TOPO [®]
SP6	ATTTAGGTGACACTATAG	pGEM [®] -T Easy
Specific primer		
VC3N	CACACGGCTCAAGTGGTC	1569-1586
VC5	TGCGGTGAAGTAGCGGCTC	1829-1847
VC7	CGCCAGAGAGCCGCTCG	3052-3068
VC8	GACGTGGACAAGAGTGAC	4202-4219
PC4	CAT TCG TGG ATA TCC A(AG)T GGC	7347-7367
VC9	GGATATCCACGAATGAYGGYGATT	7353-7374
VC11	GTCAGTGAAGCAGTCCATTA	4952-4970
CPB1	GAA GCT GTG GAT CCT GGT CTT AAT GA	9272-9291
CPB2	CCA GGA TCC ACA GCT TCA GTT TTG GA	9257-9282

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

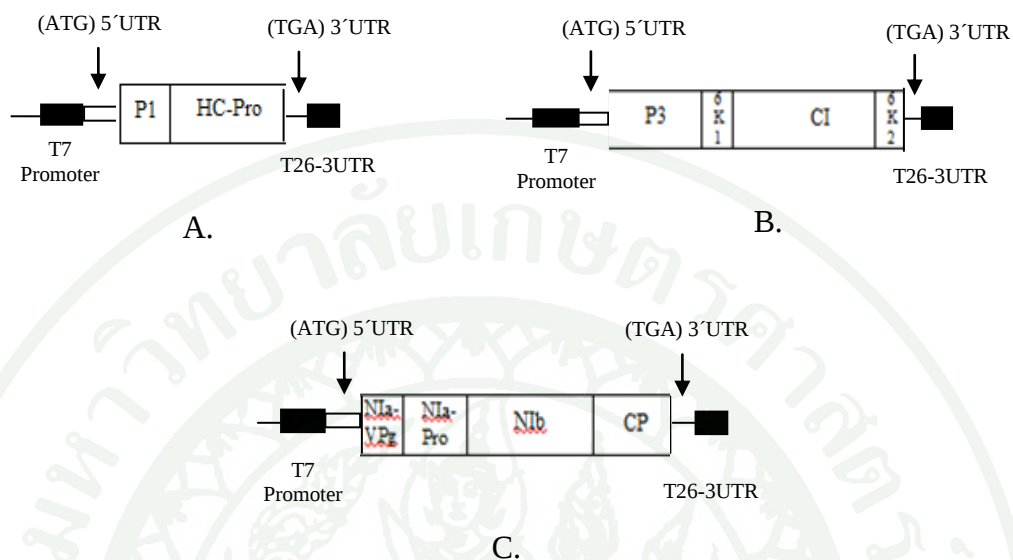
Accession number	Strain	Sources	Host	Isolate
AY010722	W	Thailand	N/A	N/A
AY231130	P	Mexico	Papaya	Mex-VrPO
EU126128	P	Hawai, USA	Papaya	PG
X67673	P	Taiwan	Papaya	HA
DQ374152	W	Brazil	Cucurbita pepo	PRSV-W-C
EF017707	P	India	Papaya	DEL
EU475877	W	India	N/A	N/A
EF183499	P	China	Papaya	N/A
AY027810	W	Taiwan	<i>Luffa cylindrical</i> (Linn.)	PRSV-W-CI
EU882728	P	Taiwan	Papaya	P-5-19
X97251	P	Taiwan	N/A	YK
AY162218	P	Thailand	Papaya	N/A

12. การทำ Infectious Clone

12.1 การออกแบบไพรเมอร์สำหรับการสังเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งจีโนมของไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ

นำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อ PRSV-SMK ที่ได้เต็มจีโนม มาทำการออกแบบไพรเมอร์เพื่อสร้าง infectious clone ย่อย ๆ ของจีโนมเชื้อ PRSV-SMK จำนวน 3 โคลนย่อยด้วยกัน ซึ่งในการทดลองนี้จะให้ชื่อว่า subgenome 1, subgenome 2 และ subgenome 3 ซึ่งยีนจะอยู่ภายใต้การควบคุมของ T7 โปรโมเตอร์, 5'UTR และ 3'UTR (ภาพที่ 4) และได้ทำการออกแบบไพรเมอร์เป็น 3 ส่วนคือ subgenome 1 (ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ A และ B) (ภาพที่ 4 A) ซึ่งจะประกอบไปด้วย ยีน P1 และ HC-Pro, subgenome 2 (ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ C, D และ E) (ภาพที่ 4 B) ประกอบด้วยยีน P3, 6K1, CI และ 6K2 และ subgenome 3 (ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ F และ G) ประกอบด้วยยีน VPg, NIa, NIB และ CP (ภาพที่ 4 C) ซึ่งไพรเมอร์ในการสร้างโคลนของ subgenome จีโนม รวมถึงส่วนของโปรโมเตอร์, 5'UTR และ 3'UTR นั้นแสดงไว้ในตารางที่ 5 โดย

ได้แสดงค่า melting temperature (Tm) ที่คำนวณจากเว็บไซต์ tm calculator
(<http://www.basic.northwestern.edu/biotools/oligocalc.html>) ไว้ด้วย



ภาพที่ 4 ภาพจำลองแผนที่ยีนของ subgenome ทั้ง 3 ส่วนของเชื้อไวรัส PRSV-SMK ที่ได้แสดง ส่วนของยีนที่กำหนดการสังเคราะห์โปรตีนชนิดต่าง ๆ จากปลายด้าน 5' ไปสู่ปลายด้าน 3' ซึ่งอยู่บน subgenome แต่ละโคลน ที่อยู่ภายใต้การควบคุมของ T7 โปรโมเตอร์, 5'UTR และ 3'UTR

- A. subgenome 1 ประกอบด้วยส่วนของ T7 โปรโมเตอร์, 5'UTR, ยีน P1, ยีน HC-Pro และ 3'UTR
- B. subgenome 2 ประกอบด้วยส่วนของ T7 โปรโมเตอร์, 5'UTR, ยีน P3, ยีน 6K1, ยีน CI, ยีน 6K2 และ 3'UTR
- C. subgenome 3 ประกอบด้วยส่วนของ T7 โปรโมเตอร์, 5'UTR, ยีน VPg, ยีน NIa, ยีน NIb, ยีน CP และ 3'UTR

ตารางที่ 5 แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์ที่ใช้ในการทำ Infectious clone ย่อย ที่จะประกอบให้ได้เต็มจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK

Fragment	Primer	Sequence (5' → 3')	Tm* (°C)	Site of gene
A	T7-VC1	GGATCCCGGGTAATACGACTCACTAT		P1+HC-Pro
		<u>AAAATAAAACATCTCAACACAAC</u>	67	
	3U_HC-R	GAACACACAAGTGCAGTATTCAGCC		
		GACAATGTAGTGTTCAT	67	
B	HC_3U-F	ATGAAACACTACATTGTCGGCTGAAT		
		ACTCGCACTTGTGTGTTTC	67	
	T26-3UTR	TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTC		
		TCATTCTAAGAGGCTCGA	58.9	
C	T7-VC1	GGATCCCGGGTAATACGACTCACTAT		P3+6K1+CI+6K2
		<u>AAAATAAAACATCTCAACACAAC</u>	67	
	P3_5U-R	CTTGTTGTTGGATCAAATTCTCC		
		CATTGTTGTGTTGAGATGTTTTATTT	64.5	
D	5U_P3-F	AAATAAAACATCTCAACACAACAATG		
		GGAGAATTTGATCCAACAACAAG	64.5	
	3U_6K2-R	GAACACACAAGTGCAGTAT		
		TCATTGGTGAAACACGTGGACATTTG	68	
E	6K_3U-F	CAAATGTCCACGTGTTTCACCAA		VPg+NIa+NIb+CP
		TGAATACTCGCACTTGTGTGTTTC	68	
	T26-3UTR	TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTC		
		TCATTCTAAGAGGCTCGA	58.9	
F	T7-VC1	GGATCCCGGGTAATACGACTCACTAT		
		<u>AAAATAAAACATCTCAACACAAC</u>	69.7	
	VPg_5U-R	CCGCTGTCGCGCGGAGAAACC		
		CATTGTTGTGTTGAGATGTTTTATTT	69.7	
G	5U_VPg-F	AAATAAAACATCTCAACACAACAATG		
		GGTTTCTCCGCGCGACAGCGG	50	
	T26-3UTR	TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTC		
		TCATTCTAAGAGGCTCGA	58.9	

* melting temperature

12.2 การแยกสกัดอาร์เอ็นเอ

สกัดอาร์เอ็นเอรวมจากใบมะละกอที่แสดงอาการโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ โดยใช้ RNeasy Plant Mini Kit ของบริษัท Qiagen (ทำตามวิธีการข้อ 4) และตรวจสอบอาร์เอ็นเอที่สกัดได้ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟเรซิส (gel electrophoresis) และตรวจดูด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

12.3 การสังเคราะห์ Complementary DNA (cDNA) ของเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ

นำอาร์เอ็นเอรวมที่สกัดได้จากใบมะละกอที่เป็นโรคมารับทำการสังเคราะห์ First strand cDNA โดย RevertAidTM Reverse Transcriptase Kit ของบริษัท Fermentas ด้วย reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) (Glover and Hames, 1995) ทำปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 42 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 90 นาที ต่อมาใช้ปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที ในเครื่อง Thermal Cycler[®] จากนั้นนำไปเก็บไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียสจนกว่าจะใช้ เพื่อจะนำไปเป็นแม่แบบ (template) ในปฏิกิริยา PCR ต่อไป

12.4 การเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนย่อยของจีโนม (subgenome) โดยเทคนิค Polymerase chain reaction (PCR)

ในการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนย่อยของจีโนม (subgenome) ไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ (PRSV-SMK) โดยใช้ cDNA ที่ได้จากปฏิกิริยา reverse transcription มาเป็นแม่แบบ (template) 1 ไมโครลิตร และในปฏิกิริยา PCR ปริมาตร 50 μ l ยังประกอบด้วย 10X PCR buffer 5 ไมโครลิตร, 2.5 mM dNTPs 2 ไมโครลิตร primer forward (20 μ M) 1 ไมโครลิตร, primer reverse (20 μ M) 1 ไมโครลิตร, Taq DNA polymerase 1 ไมโครลิตร (1 unit) และ dH₂O 39 ไมโครลิตร เมื่อชุดสารละลายทุกตัวเติมลงในหลอด PCR และทำการผสมสารละลายให้เข้ากันด้วยการดูดขึ้นและลง แล้วนำหลอดพีซีอาร์ไปใส่ในเครื่อง Thermal Cycler[®] ที่ได้ตั้งปฏิกิริยาไว้ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วยปฏิกิริยาเพื่อสังเคราะห์ดีเอ็นเอเพิ่มปริมาณมากขึ้นในแต่ละรอบดังนี้ ขั้นที่ 1 denaturing ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส 1 นาที ขั้นที่ 2 annealing ที่อุณหภูมิ 55-70 องศาเซลเซียส (ขึ้นอยู่กับค่า T_m ของ primer แต่ละคู่) 1 นาที และขั้นที่ 3 extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส 1 นาที (ซึ่งจะเปลี่ยนแปลงไปขึ้นอยู่กับขนาดของชิ้นยีนเป้าหมาย โดยความยาวของยีน 1 kb จะใช้

เวลา 1 นาที) จำนวน 35 รอบ และปฏิกิริยาขั้นสุดท้ายที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที จากนั้นจึงตรวจสอบผลิตภัณฑ์ PCR ที่ได้ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) และนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

12.5 การทำ PCR แบบเหลื่อมซ้อน (overlapping PCR) เพื่อเชื่อมต่อนิยีนแต่ละชิ้น

ขั้นตอนที่ 1 นำนิยีนแต่ละชิ้นย่อยที่ทำให้บริสุทธิ์ไว้แล้ว จำนวน 1 ไมโครลิตร มาเป็นแม่แบบ (template) ในปฏิกิริยา PCR ซึ่งปฏิกิริยาปริมาตร 50 ไมโครลิตร ประกอบด้วย 10X PCR buffer 5 ไมโครลิตร, 2.5 mM dNTPs 2 ไมโครลิตร, *Taq* DNA polymerase 1 ไมโครลิตร (1 unit) และ dH₂O 41 ไมโครลิตร ยกเว้น primer forward และ primer reverse คูณสารเคมีทุกตัวลงในหลอด PCR ผสมให้เข้ากัน จากนั้นนำไปใส่ในเครื่อง Thermal Cycler[®] ที่ตั้งปฏิกิริยาไว้ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที 1 รอบ, 94 องศาเซลเซียส 1 นาที 55-70 องศาเซลเซียส (ขึ้นอยู่กับค่า T_m ของ primer แต่ละคู่) 1 นาที 1 รอบ, 72 องศาเซลเซียส 1 นาที (ขึ้นอยู่กับขนาดของนิยีนเป้าหมาย) จำนวนทั้งหมด 10 รอบ

ขั้นตอนที่ 2 นำผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้ในขั้นตอนแรก 1 ไมโครลิตร มาเป็นแม่แบบ (template) ในปฏิกิริยาในรอบที่ 2 โดยปฏิกิริยาปริมาตร 50 ไมโครลิตร ประกอบด้วย 10X PCR buffer 5 ไมโครลิตร, 2.5 mM dNTPs 2 ไมโครลิตร primer forward (20 µM) 1 ไมโครลิตร, primer reverse (20 µM) 1 ไมโครลิตร, *Taq* DNA polymerase 1 ไมโครลิตร (1 unit) และ dH₂O 39 ไมโครลิตร คูณสารเคมีแต่ละตัวลงในหลอด PCR ผสมให้เข้ากัน จากนั้นนำไปใส่ในเครื่อง Thermal Cycler[®] ที่ได้ตั้งปฏิกิริยาไว้ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส 5 นาที 1 รอบ, 94 องศาเซลเซียส 1 นาที 1 รอบ, 55-70 องศาเซลเซียส (ขึ้นอยู่กับค่า T_m ของ primer แต่ละคู่) 1 นาที 1 รอบ, 72 องศาเซลเซียส 1 นาที (ขึ้นอยู่กับขนาดของนิยีนเป้าหมาย) จำนวนทั้งหมด 25-30 รอบ และ 72 องศาเซลเซียส 5 นาที 1 รอบ จากนั้นตรวจสอบผลิตภัณฑ์ PCR ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) และตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

12.6 การเตรียมชิ้นดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์

นำดีเอ็นเอของแต่ละยีนที่ได้จากปฏิกิริยา PCR มาแยกขนาดด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer เป็นเวลา 25 นาที กระแสไฟฟ้า 135 โวลต์ ย้อมแผ่นเจลด้วยสารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) จากนั้นตัดเจลบริเวณที่มีแถบดีเอ็นเอขนาดที่ต้องการ ชั่งน้ำหนักเจลที่ตัดได้ใส่หลอด microtube ทำการแยกดีเอ็นเอออกจากเจลโดยการเติม NaI ปริมาตร 3 เท่าของน้ำหนักเจล บ่มที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที จนเจลหลอมละลายหมด ผสมสารละลายให้เข้ากัน แล้วย้ายสารละลายทั้งหมดใส่ column ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ที่อุณหภูมิห้อง ทิ้งของเหลวที่อยู่ด้านล่างของ column ไป แล้วล้าง column ด้วยการเติม wash buffer ปริมาตร 700 ไมโครลิตร ปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที ที่อุณหภูมิห้อง ทำซ้ำ 2 ครั้ง ทิ้งส่วนของเหลวไป ปั่นเหวี่ยงซ้ำอีกครั้ง ต่อจากนั้นจึงย้าย column ใส่ในหลอด microtube หลอดใหม่เพื่อชะดีเอ็นเอออกจาก column โดยการเติม dH₂O ปริมาตร 30 ไมโครลิตร บ่มทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้อง 1 นาที นำไปปั่นเหวี่ยงที่ 14,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที เก็บดีเอ็นเอที่บริสุทธิ์ไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส จนกว่าจะใช้งาน และตรวจสอบผลการเตรียมดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) จากนั้นตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

12.7 การสังเคราะห์ subgenome ในหลอดทดลอง โดยการทำ *in vitro* transcription

การสังเคราะห์ RNA ในหลอดทดลองนั้น ปฏิบัติกรวบรวมปริมาตร 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วย 100 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตรของดีเอ็นเอต้นแบบ 10 ไมโครลิตร, 10X RNA polymerase reaction buffer 2 ไมโครลิตร, 100 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตรของ BSA (Bovine serum albumin) 0.2 ไมโครลิตร, 500 ไมโครโมลาร์ของ rNTP ประกอบด้วย 25 mM rATP, 25 mM rUTP, 25 mM rCTP และ 25 mM rGTP 2 ไมโครลิตร และ T7 RNA polymerase (BioLabs, 40 units/ μ l) 0.4 ไมโครลิตร ผสมสารเคมีทุกตัวลงในหลอด PCR ผสมสารให้เข้ากัน จากนั้นบ่มที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 ชั่วโมง

ตรวจสอบผลการสังเคราะห์ RNA ในหลอดทดลอง ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) บน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5XTAE buffer เวลา 25 นาที กระแสไฟฟ้า 135 โวลต์

จากนั้นนำไปแช่สารละลาย ethidium bromide (0.5 mg/ml) เป็นเวลา 10 นาที ล้างน้ำเปล่าก่อนนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

12.8 ตรวจสอบความสามารถในการติดเชื้อของ RNA ที่ได้จากการสังเคราะห์ในหลอดทดลอง

นำตัวอย่าง RNA ที่สังเคราะห์ได้ในหลอดทดลองรวมกับใบมะละกอที่แสดงอาการเป็นโรคที่มีเชื้อ PRSV-SMK เพื่อการ infection จากนั้นนำไปปลูกเชื้อลงบนต้นมะละกอ สายพันธุ์แขกดำ ที่มีอายุ 2 เดือน ด้วยวิธีกล (mechanical method) แล้วสังเกตอาการของโรคที่มองเห็นได้ชัดเจนด้วยตาเปล่า โดยจะสังเกตอาการตั้งแต่วันที่เริ่มปลูกเชื้อจนกระทั่งต้นมะละกอแสดงอาการของโรคดังต่อไปนี้ เริ่มแสดงอาการต่างที่ใบยอด ลักษณะอาการต่าง (mosaic) บริเวณลำต้นสีของใบจะมีสีเขียวเข้มสลับอ่อน จนกระทั่งมีสีเหลืองอ่อน ต่อมาลักษณะของอาการจะพัฒนาเกิดอาการต่างทั่วทุกใบไม่เฉพาะบริเวณใบยอด เป็นต้น

12.9 การสกัดอาร์เอ็นเอ

สกัดอาร์เอ็นเอรวมจากใบมะละกอที่ปลูกเชื้อด้วยการสังเคราะห์อาร์เอ็นเอในหลอดทดลอง โดยใช้ RNeasy Plant Mini Kit ของบริษัท Qiagen (ทำตามวิธีการข้อ 4) และตรวจสอบอาร์เอ็นเอที่สกัดได้ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) และตรวจดูด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene^R)

12.10 การสังเคราะห์ Complementary DNA (cDNA)

นำอาร์เอ็นเอรวมที่สกัดได้ มาทำการสังเคราะห์ First strand cDNA โดย RevertAidTM Reverse Transcriptase kit ของบริษัท Fermentas ด้วย reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) (Glover and Hames, 1995) ทำปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 42 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 90 นาที ต่อมาใช้ปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที ในเครื่อง Thermal Cycler[®] จากนั้นนำไปเก็บไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียสจนกว่าจะใช้ เพื่อจะนำไปเป็นแม่แบบ (template) ในปฏิกิริยา PCR ต่อไป

12.11 ตรวจสอบด้วยการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนของจีโนม (subgenome) โดยเทคนิค Polymerase chain reaction (PCR)

ในการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนของจีโนม (subgenome) ไวรัสใบด่างจูดวงแหวน มะละกอ (PRSV-SMK) โดยใช้ cDNA ที่ได้จากปฏิกิริยา reverse transcription มาเป็นแม่แบบ (template) 1 ไมโครลิตร และในปฏิกิริยา PCR ปริมาตร 50 μ l ยังประกอบด้วย 10X PCR buffer 5 ไมโครลิตร, 2.5 mM dNTPs 2 ไมโครลิตร primer forward (20 μ M) 1 ไมโครลิตร, primer reverse (20 μ M) 1 ไมโครลิตร, *Taq* DNA polymerase 1 ไมโครลิตร (1 unit) และ dH₂O 39 ไมโครลิตร เมื่อผสมสารละลายทุกตัวเติมลงในหลอด PCR และทำการผสมสารละลายให้เข้ากันด้วยการดูดขึ้นและลง แล้วนำหลอดพีซีอาร์ไปใส่ในเครื่อง Thermal Cycler[®] ที่ได้ตั้งปฏิกิริยาไว้ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วยปฏิกิริยาเพื่อสังเคราะห์ดีเอ็นเอเพิ่มปริมาณมากขึ้นในแต่ละรอบดังนี้ ขั้นที่ 1 denaturing ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส 1 นาที ขั้นที่ 2 annealing ที่อุณหภูมิ 55-70 องศาเซลเซียส (ขึ้นอยู่กับค่า T_m ของ primer แต่ละคู่) 1 นาที และขั้นที่ 3 extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส 1 นาที (ซึ่งจะเปลี่ยนแปลงไปขึ้นอยู่กับขนาดของชิ้นยีนเป้าหมาย โดยความยาวของยีน 1 kb จะใช้เวลา 1 นาที) จำนวน 35 รอบ และปฏิกิริยาขั้นสุดท้ายที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที จากนั้นจึงตรวจสอบผลิตภัณฑ์ PCR ที่ได้ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) และนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Gel Documentation (Syngene[®])

ผลและวิจารณ์

1. การออกแบบไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะเจาะจงต่อเชื้อ PRSV-SMK

จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน ที่มีอยู่ในฐานข้อมูล GenBank จำนวน 3 accession จาก PRSV-P คือ X67673, X97251 และ AY126618 โดยใช้เมนู multiple sequence alignment ClustalW2 ใน European Bioinformatics Institute (EBI) สามารถออกแบบไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะกับจีโนม PRSV-SMK ดังตารางที่ 1

2. การเตรียมเชื้อไวรัสโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)

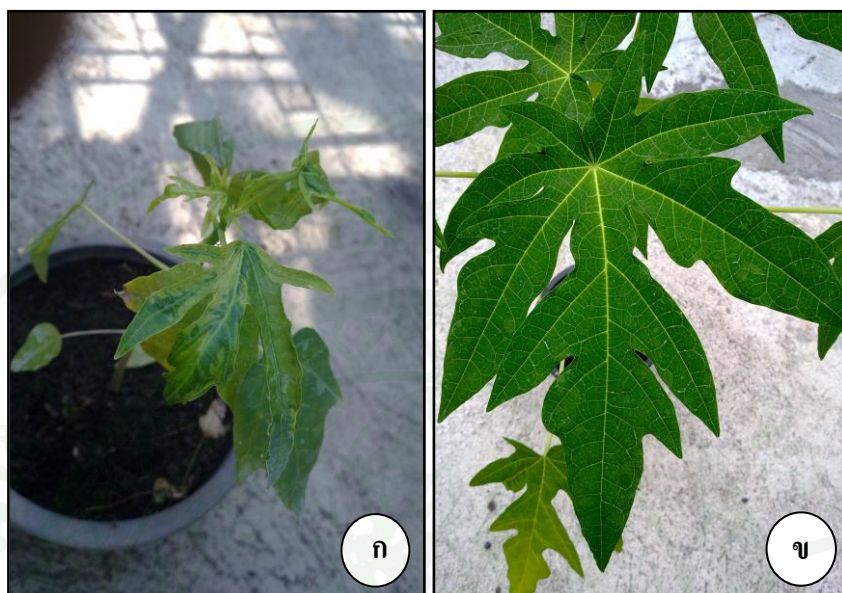
เก็บตัวอย่างใบของต้นมะละกอที่แสดงอาการของโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ จากจังหวัดสมุทรสาคร (PRSV-SMK) ซึ่งมีลักษณะใบด่าง สีเขียวเข้มสลับสีเขียวอ่อน ใบมีรูปร่างบิดเบี้ยวผิดปกติ (ภาพที่ 5)



ภาพที่ 5 ลักษณะของใบมะละกอที่แสดงอาการของโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ

นำตัวอย่างใบมะละกอที่แสดงอาการของโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) มาปลูกเชื้อให้กับต้นมะละกอสายพันธุ์แขกดำปกติ อายุประมาณ 2 เดือน ด้วยวิธีการ (mechanical method) พบว่าหลังจากการปลูกเชื้อไวรัสเป็นเวลา 7-14 วัน ต้นมะละกอเริ่มแสดง

อาการด่าง (mosaic) ที่ใบยอด สีของใบจะมีสีเขียวเข้มสลับอ่อน จนกระทั่งมีสีเหลืองอ่อน ต่อมาอาการจะพัฒนาโดยจะเกิดอาการด่างทั่วทุกใบไม่เฉพาะบริเวณใบยอด (ภาพที่ 6)



ภาพที่ 6 ต้นมะละกอพันธุ์แขกดำ อายุประมาณ 2 เดือน ที่ปลูกเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)

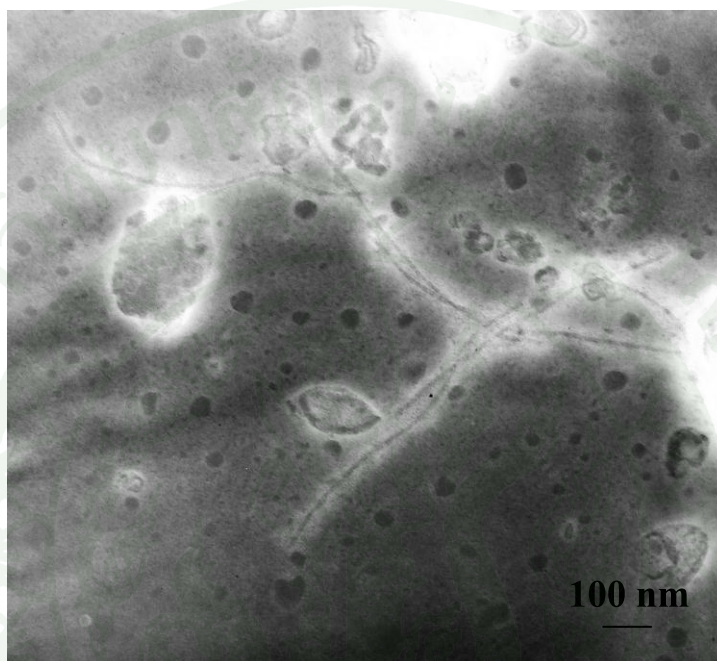
(ก) ใบมะละกอที่แสดงอาการใบด่าง ใบลดรูปบริเวณใบอ่อนและใบยอด หลังการปลูกเชื้อแล้ว 28 วัน

(ข) ใบมะละกอปกติ

3. การตรวจสอบอนุภาคเชื้อด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน แบบวิธี Decorate (Transmission electron microscopy; TEM)

การตรวจสอบใบมะละกอที่แสดงอาการเป็นโรค ด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน แบบวิธี Decorate ที่กำลังขยาย 50,000 เท่า พบว่ามีอนุภาคของไวรัสที่มีลักษณะเป็นแบบท่อนยาวคด ความยาวของอนุภาค อยู่ในช่วง 760-800 นาโนเมตร (ภาพที่ 7) ซึ่งได้ขนาดเท่ากับอนุภาคของ PRSV-W ที่ได้จากการปลูกเชื้อบนใบผักทอง มีขนาดอนุภาคไวรัสอยู่ในช่วง 750-800 นาโนเมตร (Chiampiriyakul, 2007) อนุภาคไวรัสที่ได้มีจำนวนไม่มาก เป็นเพราะน้ำคั้นมีเศษโปรตีนพืชเจือปนอยู่ ทำให้มีผลรบกวนการดูดซับการติดกับฟิล์มที่เคลือบกริดของไวรัส ดังนั้นการตรวจหาอนุภาคไวรัสจากใบมะละกอ จึงควรเตรียมน้ำคั้นที่มีความเข้มข้นพอเหมาะ จากการทดลองของสุจรรยา (2528) ได้

ทำการศึกษา Bean Yellow Mosaic Virus ของแกลดิโอลัส โดยใช้เทคนิคชีวภาพ ซึ่งเปรียบเทียบความเข้มข้นของไวรัสในตัวอย่าง พบว่าควรเตรียมในอัตราส่วน 2:1 (น้ำหนัก:ปริมาตร) มีจำนวนอนุภาคไวรัสมากกว่าในน้ำคั้นที่เตรียมในอัตราส่วน 1:1 และ 3:1 (น้ำหนัก:ปริมาตร) ส่วนที่พบว่าน้ำคั้นซึ่งเตรียมในอัตราส่วน 3:1 (น้ำหนัก:ปริมาตร) มีจำนวนอนุภาคไวรัสน้อยที่สุด

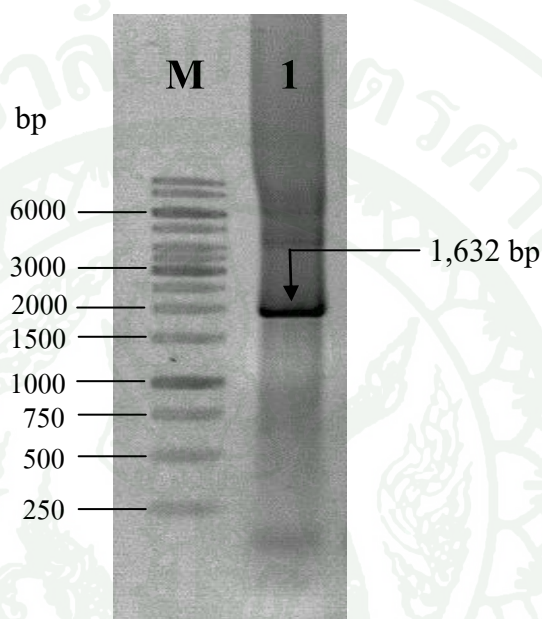


ภาพที่ 7 อนุภาคของไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) จากใบมะละกอที่เป็นโรค ภายใต้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอน มีลักษณะท่อนคดยาว ขนาดประมาณ 760-800 นาโนเมตร ที่กำลังขยาย 50,000 เท่า

4. การตรวจสอบการเข้าทำลายของเชื้อ PRSV-SMK ด้วยเทคนิคพีซีอาร์

สังเคราะห์ cDNA และเพิ่มปริมาณเชื้อ PRSV-SMK จากอาร์เอ็นเอรวมที่สกัดได้จากใบมะละกอที่ปลูกถ่ายเชื้อ PRSV-SMK ด้วยวิธีกล โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะเจาะจงกับเชื้อไวรัส PRSV-SMK ในส่วนยีน P1 และยีน HC-Pro ซึ่งในการตรวจสอบครั้งนี้จะใช้ไพรเมอร์ VC3 (forward) [5' CTGGAGTGCTAGCCTTGA 3'] และ VC2 (reverse) [5' GCGCAGTGCGATGCA CTC 3'] เพื่อเพิ่มปริมาณยีนเป้าหมาย ผลพบว่าผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 1,632 bp (ภาพที่ 8) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์ที่คำนวณได้ในขั้นตอนการออกแบบไพรเมอร์ เมื่อทำการ

ตรวจสอบบน 1% อะกาโรสเจล จึงคาดว่ามะละกอที่ผ่านการปลูกเชื้อ PRSV-SMK และแสดงอาการของโรคใบด่างจุดวงแหวน เป็นผลจากการเข้าทำลายโดยเชื้อ PRSV-SMK จริง เนื่องจากตรวจพบผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่จำเพาะเจาะจงกับเชื้อ PRSV-SMK ในส่วนยีน P1 และยีน HC-Pro บางส่วน และต้นมะละกอดังกล่าวจะเก็บไว้เพื่อเป็นแหล่งเชื้อ PRSV-SMK ในการนำไปใช้เพิ่มปริมาณจีโนมของไวรัสให้ได้ครบสมบูรณ์ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ต่อไป



ภาพที่ 8 ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์จากการตรวจสอบการเข้าทำลายของเชื้อ PRSV-SMK ในใบมะละกอ ในส่วนของยีน P1 และยีน HC-Pro บางส่วน ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC3 และ VC2

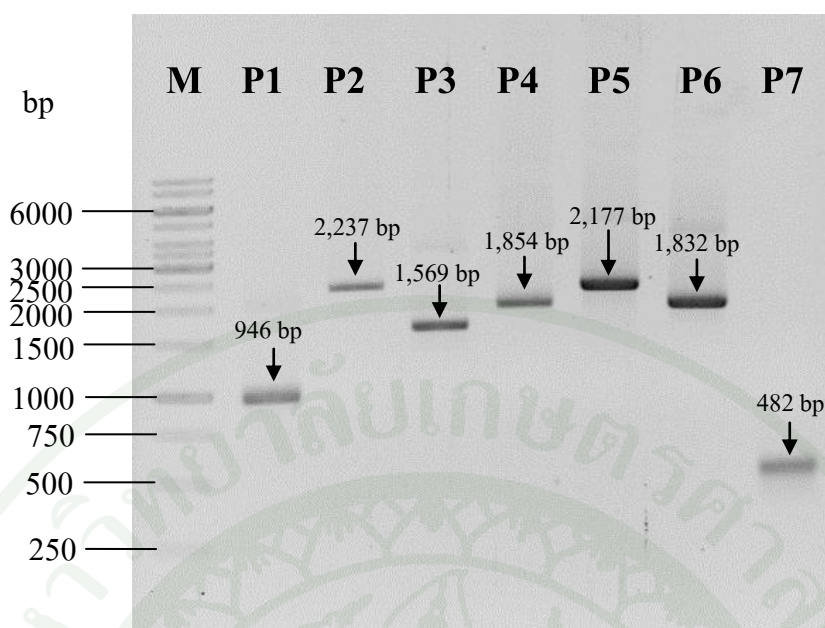
ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb

ช่องที่ 1 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ VC3 และ VC2 ที่มีขนาดประมาณ 1,632 bp

5. การสังเคราะห์จีโนมของไวรัสสาเหตุโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร

5.1 จีโนมของเชื้อไวรัส PRSV-SMK

นำอาร์เอ็นเอรวมที่แยกสกัดได้จากใบมะละกอที่แสดงอาการโรคใบด่างจุดวงแหวน ที่ผ่านการปลูกเชื้อด้วย PRSV-SMK มาสังเคราะห์ cDNA ของยีนทั้งหมดของไวรัสคือ ยีน 5'UTR, P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, NIa-VPg, NIa-Pro, NIb, CP และ 3'UTR โดยใช้ไพรเมอร์ทั้งหมด 7 คู่ (ตารางที่ 2 และภาพที่ 3) ในการสังเคราะห์ชิ้นผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ทั้งหมด 7 ชิ้น โดยทำการสังเคราะห์ชิ้น P1 ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC1 (forward) และ VC8 (reverse) (ตารางที่ 2) ประกอบด้วยส่วน 5'UTR และยีน P1 บางส่วน ซึ่งอยู่ตำแหน่ง 1-946 บนจีโนม PRSV-SMK (ตารางที่ 6) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาด 946 bp (ภาพที่ 9); ชิ้น P2 ด้วยคู่ไพรเมอร์ PC11E (forward) และ PC2 (reverse) (ตารางที่ 2) ประกอบด้วยยีน P1 บางส่วน, ยีน HC-Pro และยีน P3 บางส่วน ซึ่งอยู่ตำแหน่ง 869-3106 บนจีโนม PRSV-SMK (ตารางที่ 6) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาด 2,237 bp (ภาพที่ 9); ชิ้น P3 ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC7 (forward) และ VC10N (reverse) (ตารางที่ 2) ประกอบด้วยยีน P3 บางส่วน, ยีน 6K1 และยีน CI บางส่วน ซึ่งอยู่ตำแหน่ง 3052-4621 บนจีโนม PRSV-SMK (ตารางที่ 6) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาด 1,569 bp (ภาพที่ 9); ชิ้น P4 ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC13 (forward) และ PC12 (reverse) (ตารางที่ 2) ประกอบด้วยยีน CI บางส่วน, ยีน 6K2 และยีน VPg บางส่วน ซึ่งอยู่ตำแหน่ง 4420-6274 บนจีโนม PRSV-SMK (ตารางที่ 6) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาด 1,854 bp (ภาพที่ 9); ชิ้น P5 ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC17 (forward) และ VC14 (reverse) (ตารางที่ 2) ประกอบด้วยยีน VPg บางส่วน, ยีน NIa-Pro และยีน NIb บางส่วน ซึ่งอยู่ตำแหน่ง 6219-8396 บนจีโนม PRSV-SMK (ตารางที่ 6) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาด 2,177 bp (ภาพที่ 9); ชิ้น P6 ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC15 (forward) และ 3UTR4 (reverse) (ตารางที่ 2) ประกอบด้วยยีน NIb บางส่วน, ยีน CP และส่วน 3'UTR บางส่วน ซึ่งอยู่ตำแหน่ง 8315-10147 บนจีโนม PRSV-SMK (ตารางที่ 6) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาด 1,832 bp (ภาพที่ 9); ชิ้น P7 ด้วยคู่ไพรเมอร์ CRWTH1 (forward) และ 3UTR2 (reverse) (ตารางที่ 2) ประกอบด้วยส่วน 3'UTR บางส่วน ซึ่งอยู่ตำแหน่ง 9841-10323 บนจีโนม PRSV-SMK (ตารางที่ 6) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาด 482 bp (ภาพที่ 9) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้แต่ละชิ้นมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจลเปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน



ภาพที่ 9 ผลิตรหัสพีซีอาร์แสดงจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK

ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb

P1 คือ ผลิตรหัสพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ VC1 และ VC8 ที่มีขนาดประมาณ 946 bp

P2 คือ ผลิตรหัสพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ PC11E และ PC2 ที่มีขนาดประมาณ 2,237 bp

P3 คือ ผลิตรหัสพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ VC7 และ VC10N ที่มีขนาดประมาณ 1,569 bp

P4 คือ ผลิตรหัสพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ VC13 และ PC12 ที่มีขนาดประมาณ 1,854 bp

P5 คือ ผลิตรหัสพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ VC17 และ VC14 ที่มีขนาดประมาณ 2,177 bp

P6 คือ ผลิตรหัสพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ VC15 และ 3UTR4 ที่มีขนาดประมาณ 1,832 bp

P7 คือ ผลิตรหัสพีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ CRWTH1 และ 3UTR2 ที่มีขนาดประมาณ 482 bp

จากนั้นนำดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณในแต่ละชั้นยีนทั้งหมด 7 คู่ไพรเมอร์ มาเชื่อมต่อกับพลาสมิดพาหะ Gateway cloning vector (pCR[®]8/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit), Gateway cloning vector (pCR[®]XL/GW/TOPO[®] TA Cloning[®] Kit) และ pGEM[®]-T Easy (promega coporation) จะได้พลาสมิดสายผสมของแต่ละชั้น แล้วทำการคัดเลือกโคลนที่มีดีเอ็นเอสายผสมดังกล่าว ด้วยการเพิ่มปริมาณยีนแต่ละส่วนอีกครั้งด้วยเทคนิคพีซีอาร์ และตัดย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ FastDigest[®] *EcoRI* จากนั้นนำโคลนที่ตรวจสอบแล้วให้ผลที่เป็นบวกทั้งการตรวจสอบด้วยเทคนิคพีซีอาร์และตัดย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ ไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยเทคนิค dideoxy-chain termination ใช้ชุดปฏิกิริยา *Taq* dye primer sequencing (Applied Biosystems, ABI) ของบริษัทไบโอดีไซน์ เมื่อได้ผลลำดับนิวคลีโอไทด์แล้ว ทำการตรวจสอบและยืนยันความถูกต้องของผลด้วยโปรแกรม BLAST ของเว็บไซต์ NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) เพื่อเปรียบเทียบความถูกต้องของลำดับนิวคลีโอไทด์ แล้วนำผลที่วิเคราะห์ได้ในแต่ละชั้นมาจัดเรียงต่อกันด้วยโปรแกรม CAP3 (<http://pbil.univ-lyon1.fr/cap3.php>) โดยการหาจุดที่เหลื่อมซ้อนกันประกอบเป็นนิวคลีโอไทด์เส้นใหม่ที่ครบสมบูรณ์ทั้งจีโนม โดยจัดเรียงลำดับเบสตั้งแต่ส่วน 5'UTR จนถึงส่วน 3'UTR พบว่าจีโนมของไวรัสจากจังหวัดสมุทรสาครมีความยาว 10,323 นิวคลีโอไทด์ และสามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,343 กรดอะมิโน เมื่อเปรียบเทียบกับ PRSV จากฐานข้อมูล GenBank 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าขนาดของจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK ที่เพิ่มปริมาณมาได้นั้น มีขนาดเท่ากับจีโนมของเชื้อ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน ส่วน PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย มีขนาด 10,317 นิวคลีโอไทด์ และสามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,341 กรดอะมิโน PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก PRSV-P (EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวัน มีความยาว 10,320 นิวคลีโอไทด์ และสามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,342 กรดอะมิโน PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล PRSV-P (X67673) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน มีความยาว 10,326 นิวคลีโอไทด์ และสามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,344 กรดอะมิโน PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน มีความยาว 10,334 นิวคลีโอไทด์ และสามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,346 กรดอะมิโน PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย มีความยาว 10,335 นิวคลีโอไทด์ และสามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,347 กรดอะมิโน

ตารางที่ 6 ตำแหน่งยีนบนจีโนม PRSV-SMK แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของ PRSV-SMK ภายหลังเกิดกระบวนการ proteolytic

Putative Protein	Range of amino acid sequence	Size in amino acid residues	Range of nucleotide sequence	Size in nucleotides
5'UTR	-	-	1-85	85
P1	1-547	547	86-1726	1641
HC-Pro	548-1004	457	1727-3097	1371
P3	1005-1349	345	3098-4132	1035
6K1	1350-1401	52	4133-4288	156
CI	1402-2036	635	4289-6193	1905
6K2	2037-2093	57	6194-6364	171
VPg	2094-2282	189	6365-6931	567
NIa-Pro	2283-2520	238	6932-7645	714
NIb	2521-3057	517	7646-9196	1551
CP	3038-3343	286	9197-10114	918
3'UTR	-	-	10118-10323	206

ลำดับเบสที่เริ่มมีการแปลรหัสเป็น โพลีเปปไทด์คือ ATG ซึ่งอยู่ในตำแหน่งที่ A₈₆TG และในส่วนของ 5'UTR ตำแหน่ง G-G-C-G-G-G-T₁₄₉-A₁₅₀UG-G-C-G จะมีความแตกต่างกับลำดับนิวคลีโอไทด์สำหรับการเริ่มต้นแปลรหัสในพืช บริเวณอนุรักษ์ที่สำคัญสำหรับการเริ่มต้นการแปลรหัสในพืชมีลำดับนิวคลีโอไทด์คือ A-A-C-A-AUG-G-C พบ “potybox a” และ “potybox b” บริเวณส่วน 5'UTR โดยมีลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 12 นิวคลีโอไทด์ คือ T₁₅CAACACAACAC และ 7 นิวคลีโอไทด์ คือ C₃₉CAAGCA₄₅ ตามลำดับ (ภาพที่ 10) บริเวณดังกล่าวนี้จัดเป็นส่วนที่มีการอนุรักษ์สูงมากในกลุ่มของโพลีไวรัสที่ปรากฏในส่วน 5'UTR (Zhong *et al.*, 2005)

ในส่วนของโพลีเปปไทด์ พบว่ามีเอนไซม์โปรตีนเอส (proteinase) เข้ามาตัดโดยจะตัดย่อยโปรตีนออกเป็น 10 ชนิด คือ P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, NIa-VPg, NIa-Pro, NIb และ CP (ตารางที่ 7) ซึ่งแต่ละโปรตีนมีลำดับกรดอะมิโนบริเวณอนุรักษ์ที่มีความสำคัญต่อการถ่ายทอดไวรัส โดยแมลงและการเข้าทำลายพืชของไวรัส เป็นต้น โปรตีน P1 พบลำดับกรดอะมิโน G₁₉₄SSG₁₉₇ (อยู่ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่ 1574-1585 บนจีโนม PRSV-SMK) (G₁₉₄XSG₁₉₇) และ F₂₀₇IVRGR₂₁₂ เป็นลำดับกรดอะมิโนที่มีความสำคัญสำหรับ serine protease active site และเป็น proteolytic domain

ตามลำดับ ซึ่งทั้ง 2 บริเวณของกรดอะมิโนถือว่าเป็นลำดับอะมิโนที่อนุรักษ์สำหรับไวรัสกลุ่มโพที่ไวรัสโปรตีน HC-Pro เป็นโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการเคลื่อนที่ของไวรัส การเพิ่มปริมาณจีโนม การถ่ายทอดไวรัสโดยเพลี้ยอ่อนและมีหน้าที่ในการยับยั้งการเกิดขบวนการ gene silencing บริเวณ N-terminal ของโปรตีน HC-Pro พบลำดับกรดอะมิโน K₂₈₇-ITC₂₉₀ (อยู่ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่ 1877-1888 บนจีโนม PRSV-SMK) ส่วนบริเวณ C-terminal พบลำดับกรดอะมิโน P₅₄₅-TK₅₄₇ (อยู่ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่ 2651-2659 บนจีโนม) ทั้ง 2 บริเวณเป็นส่วนที่เหมาะสมกับการถ่ายทอดเชื้อไวรัสของเพลี้ยอ่อน โดยที่ stylet จะมีความจำเพาะกับลำดับกรดอะมิโน นอกจากนี้ พบว่าโปรตีน CP ที่มีลำดับกรดอะมิโน D₂₇₅₅-AG₂₇₅₇ (อยู่ตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ที่ 9275-9283 บนจีโนม PRSV-SMK) จะทำงานร่วมกับลำดับกรดอะมิโนดังกล่าวด้วย ลำดับกรดอะมิโน C₅₂₇-CCVT และ I₅₅₂-GN₅₅₄ จะเกี่ยวข้องกับการเคลื่อนที่แบบ systemic และการเพิ่มปริมาณจีโนมไวรัส ตามลำดับ (Cronin *et al.*, 1995) ส่วนของโปรตีน CI มีลำดับกรดอะมิโน G₁₁₉₅-AVGSGKST ที่ยังเป็นบริเวณจดจำของเอนไซม์ helicase ด้วย โปรตีน NIa-VPg มีลำดับกรดอะมิโน M₁₈₅₉-MY₁₈₆₁ ที่เกี่ยวข้องกับการเชื่อมของโปรตีน VPg กับบริเวณ 5'UTR (Chen *et al.*, 2003) โปรตีน Nib มีลำดับกรดอะมิโน G₂₅₈₁-DD₂₅₈₃ มีความสำคัญและพบในไวรัสหลายชนิด ซึ่งเกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์เอนไซม์ RNA dependent RNA polymerase (NIb) สำหรับ Coat protein (CP) พบลำดับกรดอะมิโน R₃₀₀₃-X₁₆-V₃₀₂₃-RGSX₁₇-D₃₀₅₇ เกี่ยวข้องกับกระบวนการเคลื่อนที่ของไวรัสแบบ cell-to-cell movement

ตารางที่ 7 แสดงตำแหน่งการตัดของเอนไซม์โปรติเอสบนสายโพลีโปรตีนของไวรัสใบด่าง
จูดวงแหวน (PRSV-SMK)

PRSV-SMK isolate	Amino acid sequence (N- to C-terminus) adjacent to the putative site		
	P1 Proteinase	HC-Proteinase	NIa Proteinase
	cleavage site	cleavage site	cleavage site
	P1 / HC-Pro	HC-Pro / P3	P3 / 6K1
Consensus	-MKMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
AY010722_TH-W	RMRMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
AY027810_TW-W	RMKMEQY / NDI	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
EU882728_TW-P	RMNMEQY / NDI	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
X97251_TW-P	RMNMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
EF183499_CN-P	RMHMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	YIPVIHQ / AKS
AY231130_MX-P	YARMDQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
EU126128_HA-P	YAKMDQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
X67673_TW-P	YAKMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
DQ374152_BZ-W	YAKMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
EF017707_IN-P	YAKMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
EU475877_IN-W	YAKMEQY / NDV	IEALHCG / GEF	HIPVIHQ / AKS
AY162218_TH-P	RMRMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHQ / AKS
PRSV_TH-P_SMK	CMRMEQY / NDV	MKHYIVG / GEF	HIPVIHP / AKS

ตารางที่ 7 (ต่อ)

PRSV-SMK isolate	Amino acid sequence (N- to C-terminus) adjacent to the putative site		
	Nla Proteinase	Nla Proteinase	Nla Proteinase
	cleavage site	cleavage site	cleavage site
	6K1 / CI	CI / 6K2	6K2 / VPg
Consensus	NTNVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
AY010722_TH-W	NTNVYHQ / SLD	VGAVYHQ / SVD	NTHVFHQ / GFS
AY027810_TW-W	NTNVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVYVFHQ / GFS
EU882728_TW-P	NTDVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
X97251_TW-P	NSDVYHQ / SLD	IRAVYHQ / SVD	SVHVFHQ / GFS
EF183499_CN-P	NTSVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
AY231130_MX-P	DANVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
EU126128_HA-P	NANVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
X67673_TW-P	NTNVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
DQ374152_BZ-W	NTNVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
EF017707_IN-P	DANVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
EU475877_IN-W	NTNVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
AY162218_TH-P	DTNVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS
PRSV_TH-P_SMK	NTDVYHQ / SLD	VRAVYHQ / SVD	NVHVFHQ / GFS

ตารางที่ 7 (ต่อ)

PRSV-SMK isolate	Amino acid sequence (N- to C-terminus) adjacent to the putative site		
	Nla Proteinase	Nla Proteinase	Nla Proteinase
	cleavage site	cleavage site	cleavage site
	VPg / Nla-Pro	Nla-Pro / Nlb	Nlb / CP
Consensus	TKSVHHE / GKS	QLNVFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
AY010722_TH-W	TKSVHHE / GKS	QLNVFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
AY027810_TW-W	TKSVHHE / GKS	QLNVFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
EU882728_TW-P	TKSVHHE / GKS	QLNVFEQ / SGS	ELLVYHE / SKS
X97251_TW-P	TKSVHHE / GKS	QLNVFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
EF183499_CN-P	TKSVHHE / GKS	QLNVFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
AY231130_MX-P	SRSVHHE / GKS	QLNAFEQ / SGS	ELLVYHE / SKS
EU126128_HA-P	SKSVHHE / GKS	QLNAFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
X67673_TW-P	SKSVHHE / GKS	QLNAFEQ / SGG	ELLVYHE / SRG
DQ374152_BZ-W	SKSVHHE / GKS	QLNAFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
EF017707_IN-P	SKSVHHE / GRS	QLNAFEQ / SGS	ELLVYHE / SMS
EU475877_IN-W	SKSVHHE / GKS	QLNAFEQ / SGS	ELLVYHE / SKS
AY162218_TH-P	TKSVHHE / GKS	QLNAFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS
PRSV_TH-P_SMK	TKSVHHE / GKS	QLNAFEQ / SGS	ELLVYHE / SRS

1 AAAUAAAACAUCUCAACACAACACAAAUUCAAAGCAUUCAA 40

Potybox "b" Potybox "a"

41 ACACACUCAAGCAAAUUAUUCCAAAUUCACAAUCUG 80

(86-10117)

81 CAAGC 85 Open Reading Frame 10118 AUACUC 10123

10124 GCGCUAGUGUGUUCGUCGGGCCUGGCUCGACCCUGUUUCA 10163

TATA box-like motif

10164 CCUUAUAAUACUAUAUAAGCAUUAAGAAUACAGUGUGGCUG 10203

10204 CGCCACCGCUUCUAUUUUACAGUGAGGGUAGCCCUCCGUG 10243

10244 CUUUUAGUGUUAUUCGAGUUCUCUGAGUCUCCAUACAGUG 10283

10284 UGGGUGGGCCCAGUGCUAUUCGAGCCUCUAGAAUGAGAG 10323

ภาพที่ 10 แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ 5' และ 3' noncoding regions ของอาร์เอ็นเอจาก PRSV-W แต่ละลำดับกรดอะมิโน ส่วน open reading frame ส่วนในตำแหน่ง 5'-NCR, Potybox "a", Potybox "b", 3'-NCR และ TATA box-like motif คือ ส่วนที่หาลำดับได้

ที่มา: Chiampiriyakul (2007)

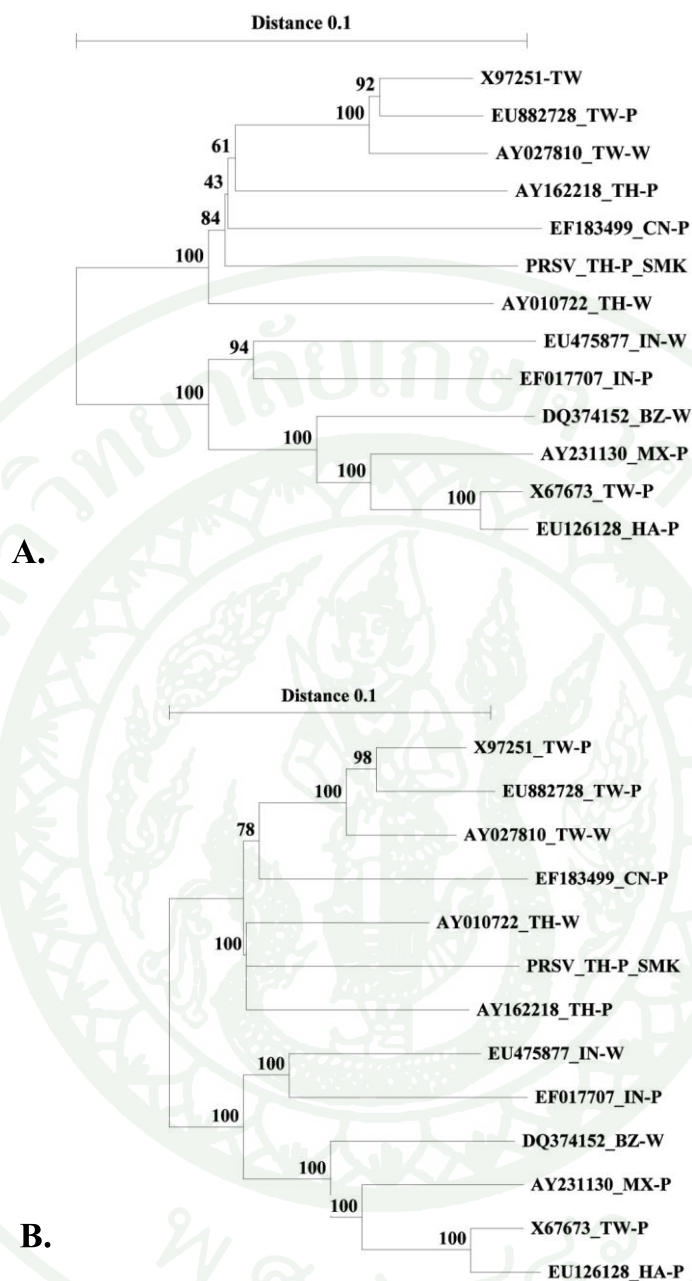
เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK มาเปรียบเทียบความคล้ายคลึงกับนิวคลีโอไทด์ที่มีรายงานอยู่ในฐานข้อมูล GenBank ด้วยโปรแกรม BLASTN (www.ncbi.nlm.nih.gov/blast) พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อ PRSV-SMK จัดอยู่ในกลุ่ม Potyvirus และเมื่อนำทั้งข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนทั้งจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK มาเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลทั้งจีโนมของเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) โดยใช้โปรแกรม Clustal W พบว่าเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนกับจีโนมของ PRSV ทั้ง 12 accession เท่ากับ 83-89 และ 90-93 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 8) โดยมีความคล้ายคลึง

กับกลุ่มเชื้อ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย และ PRSV-W (AY027810), PRSV-P (EU882728 และ X97251) จากประเทศไต้หวันมากที่สุดถึง 89 เปอร์เซ็นต์ และมีความคล้ายคลึงกับกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน ที่ระดับ 88 เปอร์เซ็นต์ ส่วนกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงกับกลุ่มเชื้อ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย PRSV-W (AY027810) และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน ที่ระดับ 93 เปอร์เซ็นต์ และคล้ายคลึงกับ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน และ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวัน ที่ระดับ 92 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 8) เช่นเดียวกับ รายงานของ Mangrauthia *et al.* (2009) ในตัวอย่างของ PRSV-P และ PRSV-W จากประเทศอินเดีย เมื่อเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลที่มีรายงานมาแล้ว 15 accession พบว่ามีความคล้ายคลึงของลำดับ นิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนที่ระดับ 82-89 และ 90-93 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

เมื่อวิเคราะห์ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession ด้วยการสร้าง Phylogenetic tree โดยใช้โปรแกรม MEGA 4 (ภาพที่ 11) สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัส PRSV ออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่ ดังนี้ โดยในกลุ่มที่ 1 เชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนกับเชื้อ PRSV-P (X97251 และ EU882728) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน ที่ระดับ 88-89 เปอร์เซ็นต์ และ 92-93 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนกลุ่มที่ 2 เป็นเชื้อ PRSV-W (EU475877) และ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก และ PRSV-P (X67673 และ EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา ที่มีความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโน ที่ระดับ 83 เปอร์เซ็นต์ และ 90 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 8)

ตารางที่ 8 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของจีโนมไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านล่างแสดง amino acid ด้านบนแสดง nucleotide)

Accession No.	nucleotide												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
AY010722_TH-W	1	100	83	83	83	83	83	88	89	89	89	88	88
AY231130_MX-P	2	91	100	93	94	91	88	86	82	83	83	83	83
EU126128_HA-P	3	91	95	100	98	91	89	86	83	83	83	83	83
X67673_TW-P	4	91	95	98	100	92	89	86	82	83	83	83	83
DQ374152_BZ-W	5	92	94	94	95	100	88	86	83	83	83	83	83
EF017707_IN-P	6	91	92	92	92	92	100	89	82	83	84	84	83
EU475877_IN-W	7	92	92	92	92	92	94	100	82	83	83	83	83
EF183499_CN-P	8	93	90	90	90	90	90	90	100	88	89	89	88
AY027810_TW-W	9	94	90	90	90	91	90	91	93	100	95	95	89
EU882728_TW-P	10	93	90	90	90	90	90	90	93	96	100	96	90
X97251-TW	11	94	90	90	90	91	90	91	93	97	97	100	90
AY162218_TH-P	12	94	91	90	90	91	90	91	93	94	93	93	100
PRSV_TH-P_SMK	13	93	90	90	90	90	90	90	92	93	92	93	93
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
	amino acid												



ภาพที่ 11 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการทำให้ Neighbor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

A. ความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank

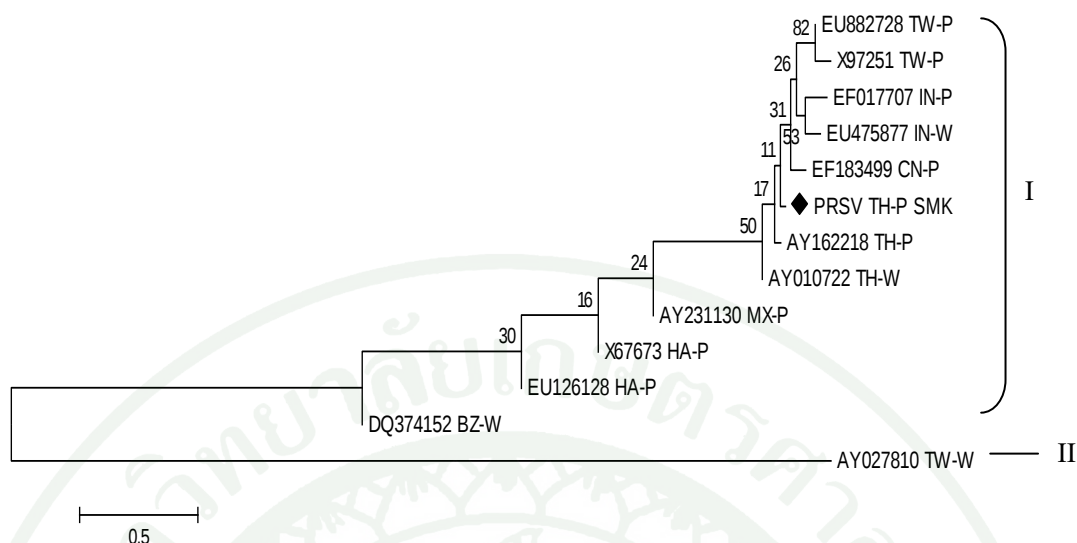
B. ความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนของจีโนมเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank

5.2 ลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 5'UTR

นำลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR ของเชื้อ PRSV-SMK และเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) มาวิเคราะห์ โดยใช้โปรแกรม Clustal W พบว่า เชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงของ ลำดับนิวคลีโอไทด์ตั้งแต่ 66-91 เบส (ตารางที่ 9) โดยมีความใกล้เคียงกับเชื้อ PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) ของประเทศไทยมากที่สุด ที่ระดับ 91 เบส และ 90 เบส ตามลำดับ เมื่อจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่ ซึ่ง ประกอบด้วย กลุ่มที่ 1 เป็นเชื้อ PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) ของประเทศไทย PRSV-P (X97251 และ EU882728) ของประเทศไต้หวัน PRSV-P (EF183499) ของสาธารณรัฐประชาชนจีน PRSV-W (EU475877) และ PRSV-P (EF017707) ของประเทศอินเดีย และประเทศที่ เหลือ (ภาพที่ 12) ส่วนกลุ่มที่ 2 เชื้อ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน พบว่าตัวอย่างของ เชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มอยู่ในสายวิวัฒนาการเดียวกับกลุ่มเชื้อ PRSV ของประเทศไทย (กลุ่มที่ 1) โดยพิจารณาจากค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 12) ที่สอดคล้องกับการ เปรียบเทียบความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์ ดังนั้นเมื่อเชื้อ PRSV-SMK มีค่าระยะห่างของ สายพันธุกรรมกับเชื้อ PRSV ของประเทศไทยน้อยที่สุด โดยมีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมกับ PRSV-P (AY162218) เท่ากับ 0.106 และ PRSV-W (AY010722) เท่ากับ 0.121 จึงถูกจัดอยู่ในกลุ่ม สายวิวัฒนาการเดียวกับเชื้อ PRSV ของประเทศไทย (ตารางที่ 9)

ตารางที่ 9 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR ของจีโนมไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		71	72	71	68	84	86	87	86	83	85	88	90
AY231130_MX-P	2	0.466		87	91	83	64	66	67	68	68	69	67	68
EU126128_HA-P	3	0.432	0.144		94	79	62	62	63	66	62	64	66	67
X67673_HA-P	4	0.45	0.102	0.061		79	66	63	64	64	63	66	67	68
DQ374152_BZ-W	5	0.582	0.208	0.26	0.26		69	69	63	66	66	67	68	66
EF017707_IN-P	6	0.198	0.621	0.648	0.575	0.539		86	83	79	80	80	82	82
EU475877_IN-W	7	0.167	0.601	0.651	0.623	0.542	0.155		82	85	84	86	84	85
EF183499_CN-P	8	0.146	0.569	0.62	0.592	0.699	0.209	0.226		84	85	85	85	87
AY027810_TW-W	9	5.348	4.438	3.937	3.932	3.906	7.22	7.018	5.362		92	94	87	87
EU882728_TW-P	10	0.215	0.585	0.693	0.662	0.705	0.252	0.203	0.179	7.22		95	83	86
X97251-TW	11	0.18	0.545	0.624	0.595	0.655	0.248	0.168	0.177	19.335	0.049		85	88
AY162218_TH-P	12	0.135	0.592	0.598	0.568	0.582	0.23	0.199	0.175	3.922	0.215	0.18		91
PRSV_TH-P_SMK	13	0.121	0.57	0.577	0.547	0.683	0.231	0.183	0.146	3.939	0.168	0.136	0.106	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

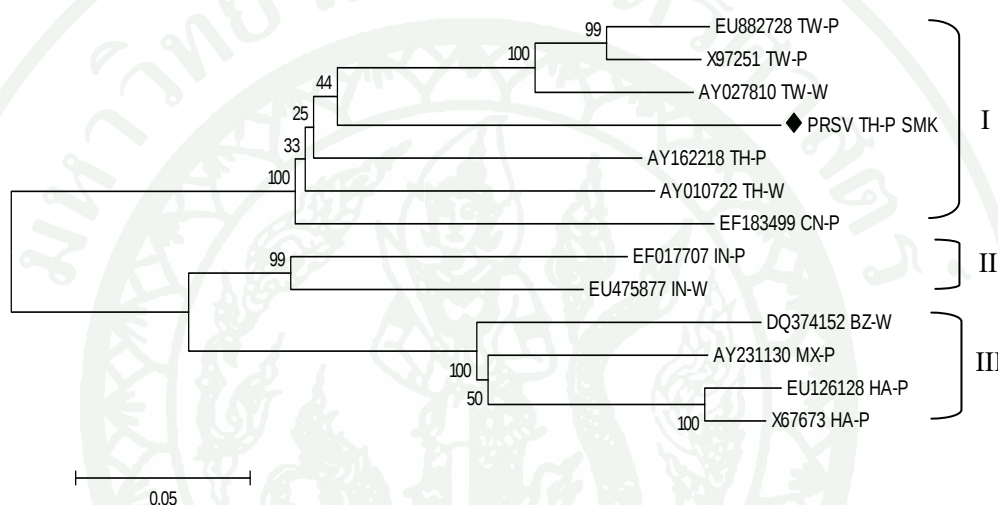


ภาพที่ 12 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 5'UTR ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการทำให้ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

5.3 โปรตีน P1

เปรียบเทียบความเหมือนของลำดับกรดอะมิโนส่วนโปรตีน P1 ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ตารางที่ 4) พบว่ามีความคล้ายคลึงของลำดับกรดอะมิโนตั้งแต่ 64-80 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 10) และมีความคล้ายคลึงกับเชื้อ PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทยมากที่สุดที่ระดับ 80 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-P (X97251 และ EU882728) จากประเทศไต้หวัน ที่มีความคล้ายคลึงของลำดับกรดอะมิโนที่ระดับ 79 เปอร์เซ็นต์ เมื่อจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสได้เป็น 3 กลุ่มคือ กลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (X97251, EU882728) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (EU475877) และ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย และกลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล และ PRSV-P (X67673 และ EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (ภาพที่ 13) ตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มทาง

สายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มเชื้อ PRSV ของประเทศไทย เนื่องจากผลของค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 13) มีความสอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายคลึงของลำดับกรดอะมิโน ดังนั้นเชื้อ PRSV-SMK มีวิวัฒนาการใกล้ชิดกับเชื้อ PRSV ของประเทศไทยและประเทศไต้หวัน เนื่องจากมีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมน้อยที่สุด โดยมีระยะห่างของสายพันธุกรรมกับเชื้อ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย เท่ากับ 0.223 รองลงมาคือ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน มีค่าเท่ากับ 0.227 (ตารางที่ 10)



ภาพที่ 13 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโน โปรตีน P1 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการนำ Neighbor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

ตารางที่ 10 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน P1 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

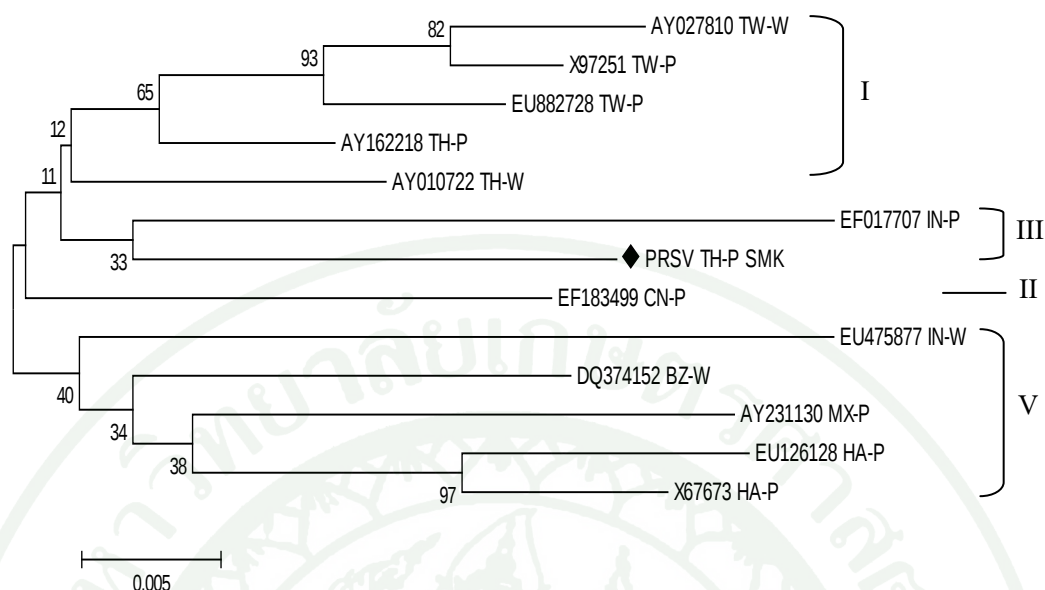
Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		68	66	66	67	69	70	80	81	80	81	82	78
AY231130_MX-P	2	0.386		86	87	86	76	77	68	67	66	67	69	67
EU126128_HA-P	3	0.414	0.15		96	84	74	74	66	66	67	66	67	64
X67673_HA-P	4	0.408	0.139	0.039		85	74	74	66	66	67	67	67	64
DQ374152_BZ-W	5	0.397	0.15	0.169	0.158		75	75	66	66	65	66	67	65
EF017707_IN-P	6	0.362	0.277	0.301	0.299	0.286		83	69	68	68	67	69	67
EU475877_IN-W	7	0.344	0.258	0.291	0.291	0.271	0.18		69	70	70	69	70	68
EF183499_CN-P	8	0.223	0.395	0.417	0.419	0.422	0.368	0.373		80	80	79	80	77
AY027810_TW-W	9	0.207	0.405	0.422	0.417	0.411	0.376	0.36	0.23		90	92	81	79
EU882728_TW-P	10	0.218	0.411	0.408	0.405	0.425	0.376	0.362	0.223	0.104		94	81	79
X97251-TW	11	0.209	0.405	0.414	0.405	0.417	0.392	0.37	0.232	0.084	0.057		80	80
AY162218_TH-P	12	0.196	0.376	0.397	0.395	0.397	0.36	0.347	0.22	0.205	0.211	0.218		80
PRSV_TH-P_SMK	13	0.241	0.405	0.442	0.439	0.431	0.389	0.378	0.265	0.232	0.232	0.227	0.223	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

5.4 โปรตีน HC-Pro

การเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนโปรตีน HC-Pro ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าความคล้ายคลึงของลำดับกรดอะมิโน มีค่าตั้งแต่ 94-97 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 11) ความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวันมากที่สุด ที่ระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-P (EU126128 และ X97251) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน และ PRSV-W (AY027810) และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน ที่ระดับ 96 เปอร์เซ็นต์ และพบอีกว่า โปรตีนส่วนนี้เป็นส่วนที่มีความอนุรักษ์สูง เมื่อทำการจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสได้ 4 กลุ่มคือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยเชื้อ PRSV-P (X97251, EU882728) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยเชื้อ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน กลุ่มที่ 3 เป็นเชื้อ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย และกลุ่มที่ 4 เป็นเชื้อ PRSV-P (X67673 และ EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก (ภาพที่ 14) และพบว่าตัวอย่างเชื้อ PRSV-SMK มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่ 3 คือกลุ่มของประเทศไทย โดยมีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 14) กับเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน น้อยที่สุดเท่ากับ 0.029 และรองลงมาคือ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย เท่ากับ 0.031 (ตารางที่ 11)

ตารางที่ 11 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน HC-Pro ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มี
รายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

Accession No.	Identity												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
AY010722_TH-W	1		96	96	96	97	96	95	97	97	97	98	97
AY231130_MX-P	2	0.043		96	96	96	95	95	96	95	96	96	95
EU126128_HA-P	3	0.04	0.038		98	96	95	94	95	95	95	96	96
X67673_HA-P	4	0.036	0.038	0.018		96	95	95	95	95	96	96	96
DQ374152_BZ-W	5	0.029	0.036	0.04	0.036		95	95	96	96	96	96	95
EF017707_IN-P	6	0.043	0.052	0.049	0.047	0.047		94	95	95	96	96	96
EU475877_IN-W	7	0.045	0.045	0.052	0.049	0.047	0.05		95	94	95	95	94
EF183499_CN-P	8	0.031	0.045	0.052	0.047	0.04	0.049	0.047		96	96	96	97
AY027810_TW-W	9	0.033	0.049	0.047	0.047	0.045	0.047	0.052	0.043		98	99	98
EU882728_TW-P	10	0.027	0.045	0.047	0.043	0.04	0.043	0.047	0.036	0.02		99	98
X97251-TW	11	0.031	0.045	0.045	0.045	0.043	0.045	0.049	0.04	0.011	0.013		98
AY162218_TH-P	12	0.02	0.04	0.043	0.038	0.027	0.038	0.043	0.029	0.022	0.02	0.02	
PRSV_TH-P_SMK	13	0.029	0.052	0.043	0.038	0.047	0.043	0.054	0.04	0.04	0.033	0.029	0.031
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
	Pairwise distance												

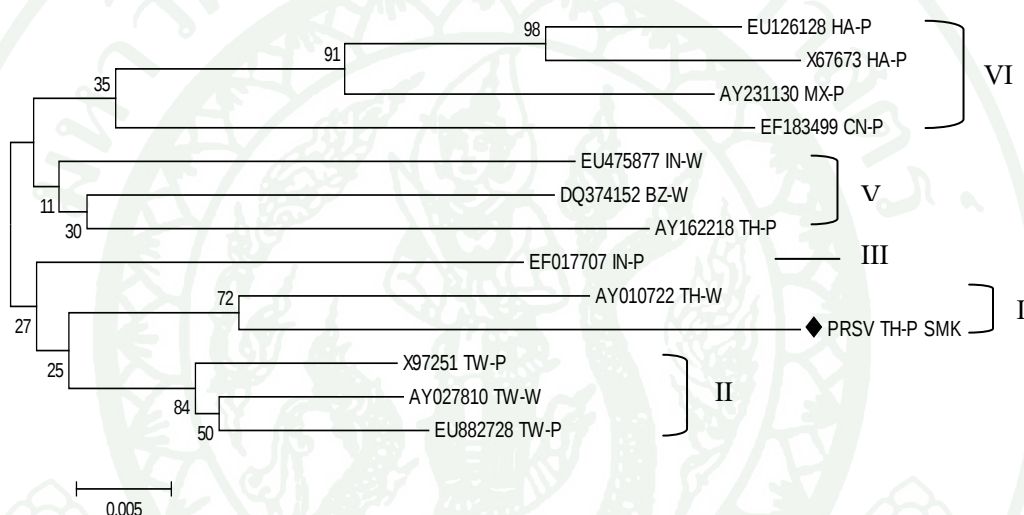


ภาพที่ 14 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน HC-Pro ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการทำให้ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

5.5 โปรตีน P3

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนโปรตีน P3 ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 91-95 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 12) และลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย PRSV-W (AY027810) และ PRSV-P (X97251) ของประเทศไต้หวันมากที่สุด ที่ระดับ 95 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-W (DQ374152) ของประเทศบราซิล PRSV-P (EF183499) ของสาธารณรัฐประชาชนจีน และ PRSV-P (EU882728) ของประเทศไต้หวัน ที่ระดับ 94 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 12) เมื่อจัดกลุ่มสายวิวัฒนาการ โดยใช้ Phylogenetic tree พบว่าสามารถแบ่งกลุ่ม ไวรัสได้ 5 กลุ่มใหญ่ ประกอบด้วย กลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย ซึ่งเชื้อ PRSV-SMK ก็ถูกจัดอยู่ในกลุ่มนี้เช่นกัน ซึ่งมีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 15) กับเชื้อ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทยน้อยที่สุด

โดยมีค่าเท่ากับ 0.048 และ 0.054 ตามลำดับ (ตารางที่ 12) กลุ่มที่ 2 เป็นเชื้อ PRSV-P (EU882728 และ X97251) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล PRSV-W (EU475877) ของประเทศอินเดีย และ PRSV-P (AY162218) ของประเทศไทย และกลุ่มที่ 5 เป็นเชื้อ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน PRSV-P (EU126128 และ X67673) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-P (AY231130) ประเทศเม็กซิโก (ภาพที่ 15)



ภาพที่ 15 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโน โปรตีน P3 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการนำ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

ตารางที่ 12 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน P3 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

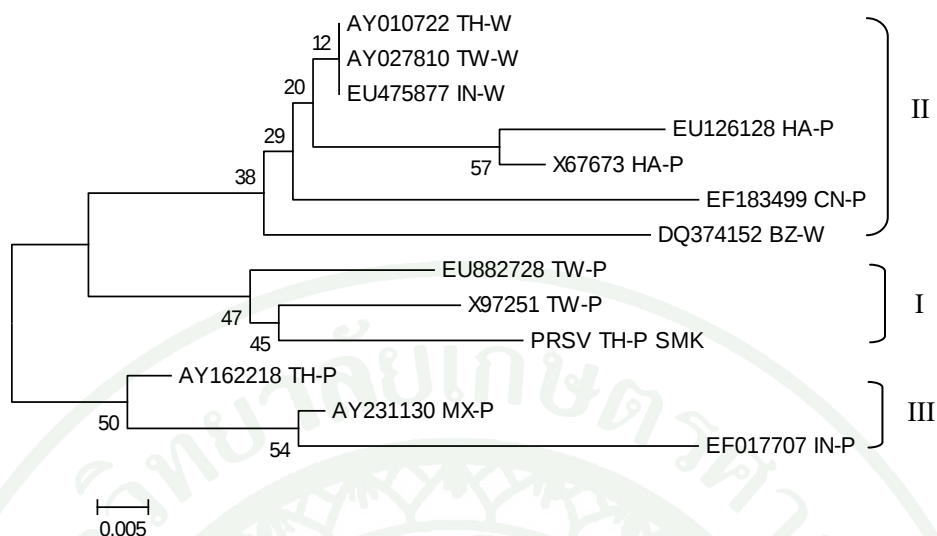
Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		93	93	93	94	94	92	94	96	95	96	94	95
AY231130_MX-P	2	0.073		96	96	94	94	92	94	94	94	94	94	92
EU126128_HA-P	3	0.076	0.039		98	94	94	91	94	94	94	94	93	91
X67673_HA-P	4	0.076	0.045	0.024		94	93	91	94	94	94	94	93	91
DQ374152_BZ-W	5	0.057	0.06	0.057	0.06		94	92	94	95	95	95	95	94
EF017707_IN-P	6	0.057	0.064	0.06	0.067	0.057		93	93	96	96	95	94	93
EU475877_IN-W	7	0.06	0.06	0.067	0.073	0.054	0.054		91	92	92	93	92	91
EF183499_CN-P	8	0.067	0.067	0.067	0.067	0.067	0.067	0.07		94	94	94	93	94
AY027810_TW-W	9	0.045	0.064	0.064	0.067	0.048	0.042	0.054	0.06		98	98	95	95
EU882728_TW-P	10	0.048	0.057	0.057	0.06	0.054	0.042	0.054	0.06	0.021		98	94	94
X97251-TW	11	0.045	0.064	0.064	0.067	0.048	0.045	0.048	0.06	0.021	0.024		95	95
AY162218_TH-P	12	0.06	0.06	0.07	0.073	0.054	0.064	0.057	0.073	0.054	0.057	0.054		92
PRSV_TH-P_SMK	13	0.048	0.089	0.092	0.092	0.073	0.067	0.07	0.067	0.054	0.06	0.054	0.079	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

5.6 โปรดิน 6K1

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรดิน 6K1 ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 84-96 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 13) และลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวันมากที่สุด ที่ระดับ 96 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน ที่ระดับ 94 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 13) ทำการจัดกลุ่มเชื้อไวรัสโดยใช้ Phylogenetic tree พบว่า สามารถแบ่งกลุ่มไวรัสได้ 3 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (EU882728 และ X97251) จากประเทศไต้หวัน กลุ่มที่ 2 เป็นเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน PRSV-P (X67673 และ EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก และ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย (ภาพที่ 16) ซึ่งเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดอยู่ในกลุ่มที่ 1 โดยมีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมกับประเทศไต้หวัน (EU882728 และ X97251) น้อยที่สุด เท่ากับ 0.042 และรองลงมาคือ PRSV-W (AY010722 และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย เท่ากับ 0.063 (ตารางที่ 13)

ตารางที่ 13 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน 6K1 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงาน
 ในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		94	96	98	96	89	89	96	100	94	94	96	94
AY231130_MX-P	2	0.063		94	93	91	94	84	91	94	93	94	98	93
EU126128_HA-P	3	0.042	0.063		98	93	89	85	93	96	91	93	93	91
X67673_HA-P	4	0.021	0.085	0.021		94	87	87	94	98	93	93	94	93
DQ374152_BZ-W	5	0.042	0.108	0.085	0.063		89	85	93	96	94	91	93	91
EF017707_IN-P	6	0.108	0.042	0.108	0.131	0.108		82	85	89	91	89	93	87
EU475877_IN-W	7	0.000	0.063	0.042	0.021	0.042	0.108		85	89	84	84	85	84
EF183499_CN-P	8	0.042	0.108	0.085	0.063	0.085	0.154	0.042		96	93	93	93	93
AY027810_TW-W	9	0.000	0.063	0.042	0.021	0.042	0.108	0.000	0.042		94	94	96	94
EU882728_TW-P	10	0.063	0.085	0.108	0.085	0.063	0.085	0.063	0.085	0.063		96	94	96
X97251-TW	11	0.063	0.063	0.085	0.085	0.108	0.108	0.063	0.085	0.063	0.042		94	96
AY162218_TH-P	12	0.042	0.021	0.085	0.063	0.085	0.063	0.042	0.085	0.042	0.063	0.063		94
PRSV_TH-P_SMK	13	0.063	0.085	0.105	0.085	0.108	0.131	0.063	0.085	0.063	0.042	0.042	0.063	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

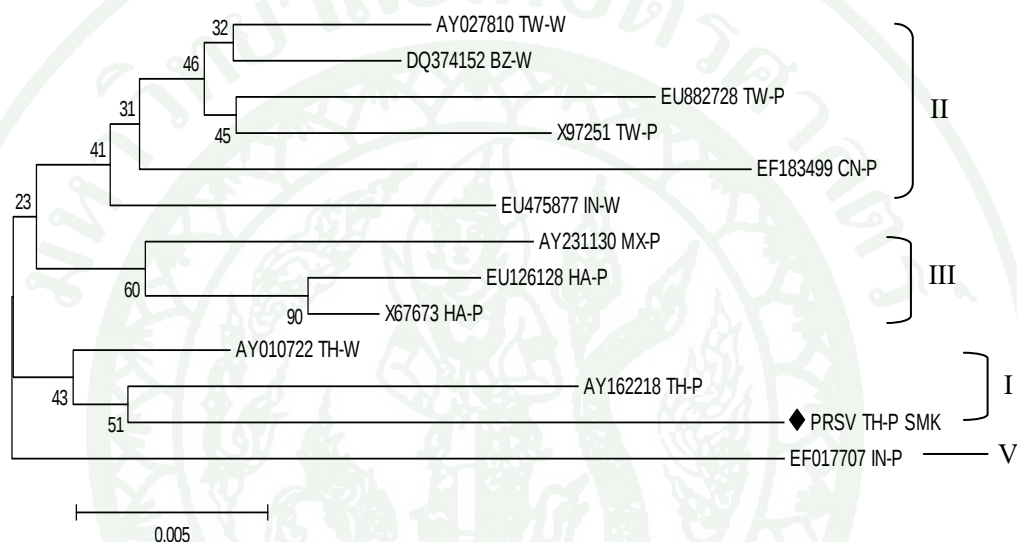


ภาพที่ 16 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโน โปรตีน 6K1 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poission correction โดยการนำ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

5.7 โปรตีน CI

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน CI ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 96-98 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 14) และลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย ที่ระดับ 98 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-P (X67673) ของมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา PRSV-W (DQ374152) ของประเทศบราซิล PRSV-W (AY027810) ของประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (AY162218) ของประเทศไทย มีความคล้ายคลึงของลำดับกรดอะมิโน ที่ระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 14) ซึ่งโปรตีนส่วนนี้เป็นส่วนที่สำคัญเพราะเป็นบริเวณที่อนุรักษสูง เมื่อจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree พบว่า สามารถแบ่งกลุ่มไวรัสได้ 4 กลุ่มใหญ่ ซึ่งกลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย PRSV-P (EU882728 และ X97251) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (X67673) และ EU126128) จากมลรัฐ

ฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มของประเทศที่เหลือคือ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย (ภาพที่ 17) โดยตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK มีการจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มของประเทศไทย ที่มีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมกับเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย น้อยที่สุดคือ 0.022 และรองลงมาคือ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล และ PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย 0.029 (ตารางที่ 14)



ภาพที่ 17 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโน โปรตีน CI ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการนำ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

ตารางที่ 14 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน CI ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

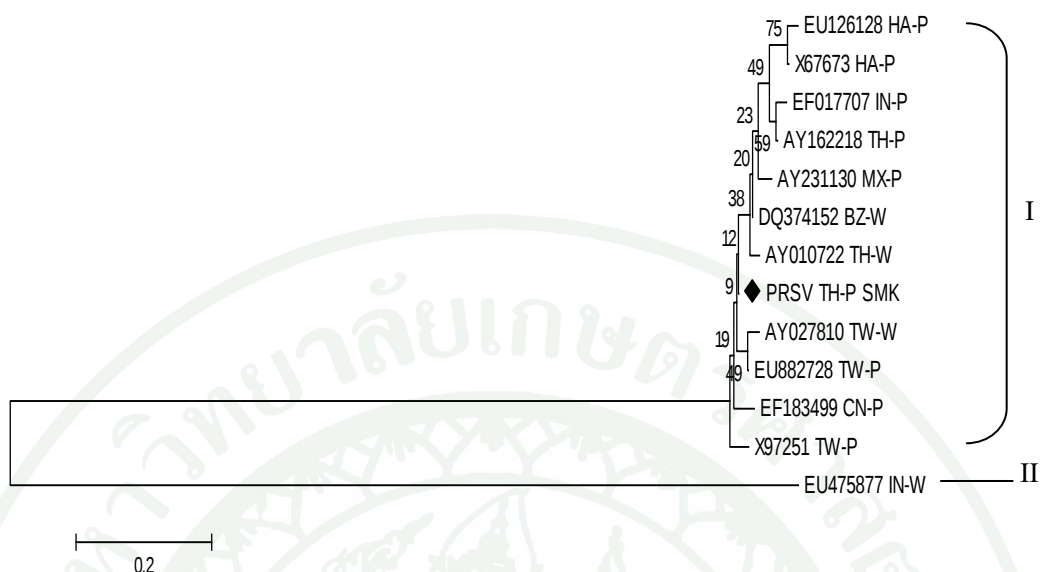
Accession No.	Identity												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
AY010722_TH-W	1		98	98	99	99	97	97	97	98	98	98	98
AY231130_MX-P	2	0.018		98	98	98	96	96	97	98	97	97	96
EU126128_HA-P	3	0.016	0.019		99	98	97	96	98	98	97	97	96
X67673_HA-P	4	0.013	0.016	0.006		98	97	97	97	98	97	98	97
DQ374152_BZ-W	5	0.013	0.019	0.019	0.016		97	97	98	99	98	98	97
EF017707_IN-P	6	0.026	0.035	0.032	0.029	0.029		96	96	97	96	96	96
EU475877_IN-W	7	0.019	0.026	0.026	0.022	0.016	0.031		96	97	97	96	96
EF183499_CN-P	8	0.027	0.032	0.024	0.027	0.024	0.039	0.027		98	97	96	96
AY027810_TW-W	9	0.016	0.022	0.022	0.019	0.01	0.032	0.019	0.024		98	98	97
EU882728_TW-P	10	0.024	0.031	0.031	0.027	0.018	0.037	0.022	0.029	0.018		98	96
X97251-TW	11	0.021	0.027	0.027	0.024	0.014	0.037	0.024	0.026	0.014	0.019		96
AY162218_TH-P	12	0.018	0.027	0.027	0.024	0.024	0.037	0.029	0.035	0.024	0.031	0.029	
PRSV_TH-P_SMK	13	0.022	0.035	0.035	0.032	0.029	0.039	0.029	0.04	0.032	0.035	0.037	0.029
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
	Pairwise distance												

5.8 โปรดิน 6K2

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรดิน 6K2 ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 87-98 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 15) ซึ่งลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล และ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวันมากที่สุด ที่ระดับ 98 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย ที่ระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 15) สามารถจัดกลุ่มเชื้อไวรัสโดยใช้ Phylogenetic tree พบว่า แบ่งกลุ่มไวรัสได้ 2 กลุ่ม ซึ่งกลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มใหญ่ ประกอบด้วยเชื้อ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล PRSV-P (EU882728 และ X97251) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย PRSV-P (EU126128 และ X67673) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก และ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย ส่วนกลุ่มที่ 2 คือเชื้อ PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย (ภาพที่ 18) และตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มเชื้อ PRSV ของประเทศไทย ที่มีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 18) กับ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล และ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวัน น้อยที่สุดคือ 0.018 และรองลงมาคือ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย PRSV-P (EU882728 และ X97251) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน 0.032 (ตารางที่ 15)

ตารางที่ 15 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน 6K2 ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงาน
ในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		95	93	95	98	95	87	93	93	95	93	97	97
AY231130_MX-P	2	0.054		95	93	97	93	85	93	95	93	92	95	95
EU126128_HA-P	3	0.073	0.073		98	95	93	85	90	90	92	90	95	93
X67673_HA-P	4	0.054	0.054	0.018		97	95	87	92	92	93	92	97	95
DQ374152_BZ-W	5	0.018	0.036	0.054	0.036		97	88	95	95	97	95	98	98
EF017707_IN-P	6	0.054	0.073	0.073	0.054	0.036		88	92	92	93	95	98	95
EU475877_IN-W	7	2.251	2.251	2.434	2.434	2.251	2.434		83	83	85	83	90	87
EF183499_CN-P	8	0.073	0.073	0.111	0.092	0.054	0.092	2.251		93	95	93	93	97
AY027810_TW-W	9	0.073	0.092	0.111	0.092	0.054	0.092	2.251	0.073		98	93	93	97
EU882728_TW-P	10	0.054	0.073	0.092	0.073	0.036	0.073	2.251	0.054	0.018		95	95	98
X97251-TW	11	0.073	0.092	0.111	0.092	0.054	0.054	2.251	0.073	0.073	0.054		93	95
AY162218_TH-P	12	0.036	0.054	0.054	0.036	0.018	0.018	2.243	0.073	0.073	0.054	0.073		97
PRSV_TH-P_SMK	13	0.036	0.054	0.073	0.054	0.018	0.054	2.251	0.036	0.036	0.018	0.036	0.036	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

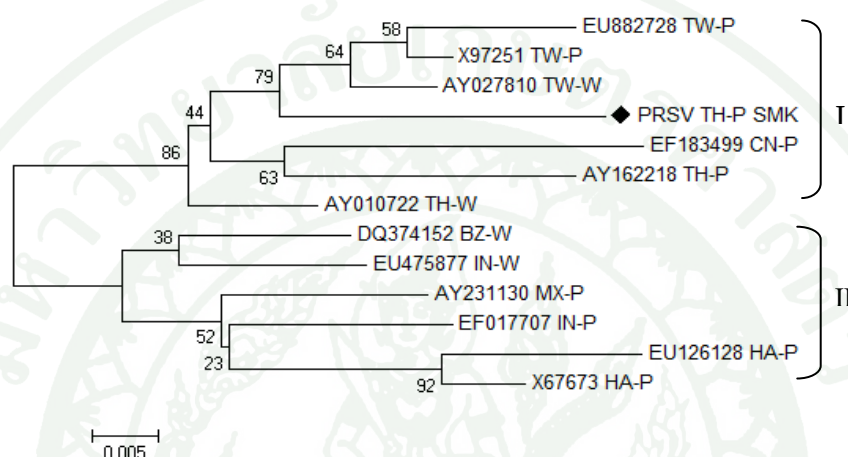


ภาพที่ 18 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน 6K2 ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการทำให้ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

5.9 โปรตีน VPg

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน VPg ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 90-97 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 16) ซึ่งลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวันมากที่สุด ที่ระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน ที่ระดับ 96 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 16) สามารถจัดกลุ่มเชื้อไวรัสโดยใช้ Phylogenetic tree พบว่า แบ่งกลุ่มไวรัสได้ 2 กลุ่ม ซึ่งกลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มใหญ่ของเชื้อ PRSV-P (X97251 และ EU882728) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน ส่วนกลุ่มที่ 2 คือเชื้อ PRSV จากประเทศอินเดีย (EF017707 และ EU475877) และ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก PRSV-P (X67673 และ EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา (ภาพที่ 19)

และพบว่าตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มเชื้อ PRSV ของประเทศไทย ที่มีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 19) กับ PRSV-P (X97251) และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน น้อยที่สุดคือ 0.033 และ 0.038 ตามลำดับ (ตารางที่ 16)



ภาพที่ 19 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโน โปรตีน VPg ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poission correction โดยการทำให้ Neighbor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

ตารางที่ 16 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน VPg ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงาน
 ในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

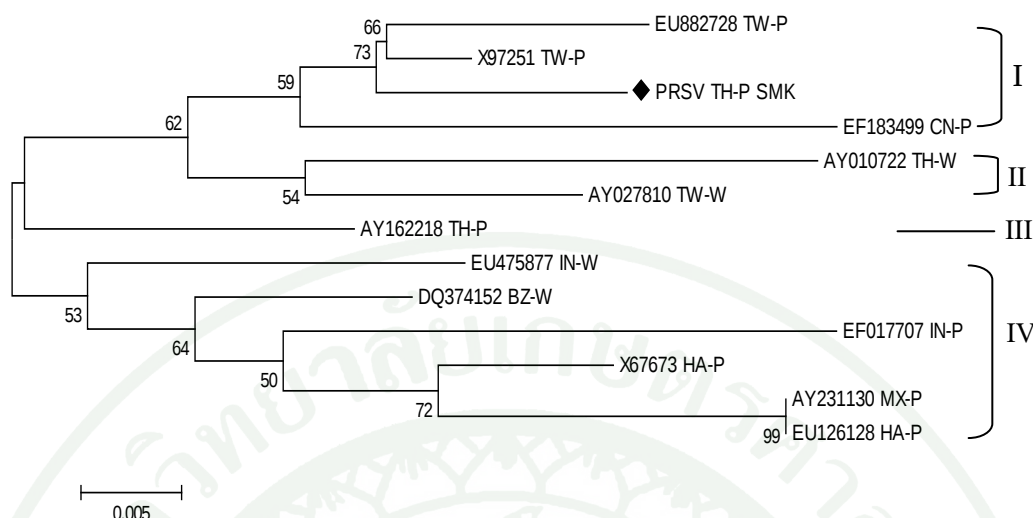
Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		95	93	94	95	94	93	96	97	96	97	96	96
AY231130_MX-P	2	0.055		95	96	96	97	92	92	94	93	94	94	93
EU126128_HA-P	3	0.072	0.050		98	95	96	91	92	92	91	93	91	92
X67673_HA-P	4	0.061	0.038	0.022		96	96	92	91	93	92	94	92	93
DQ374152_BZ-W	5	0.050	0.038	0.050	0.038		97	94	92	95	93	94	94	93
EF017707_IN-P	6	0.067	0.033	0.044	0.044	0.027		92	92	93	92	94	93	94
EU475877_IN-W	7	0.044	0.050	0.067	0.055	0.027	0.050		91	91	90	91	90	90
EF183499_CN-P	8	0.044	0.090	0.090	0.096	0.084	0.084	0.067		95	94	95	95	94
AY027810_TW-W	9	0.027	0.067	0.084	0.072	0.055	0.072	0.061	0.050		97	98	96	96
EU882728_TW-P	10	0.038	0.072	0.096	0.084	0.072	0.084	0.067	0.061	0.022		98	94	95
X97251-TW	11	0.033	0.061	0.078	0.067	0.061	0.067	0.061	0.050	0.016	0.016		95	97
AY162218_TH-P	12	0.038	0.067	0.096	0.084	0.067	0.072	0.072	0.050	0.044	0.055	0.050		94
PRSV_TH-P_SMK	13	0.044	0.072	0.090	0.078	0.072	0.067	0.072	0.061	0.038	0.050	0.033	0.061	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

5.10 โปรดีน NIa

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรดีน NIa ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 92-98 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 17) ซึ่งลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-P (X97251 และ EU882728) จากประเทศไต้หวันมากที่สุด ที่ระดับ 98 และ 97 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 17) เมื่อจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มเชื้อไวรัสได้ 4 กลุ่ม ซึ่งกลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (X97251 และ EU882728) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (EF183499) สาธารณรัฐประชาชนจีน กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย และกลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล PRSV-W (EU475877) และ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย PRSV-P (X67673 และ EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-P (AY231130) ประเทศเม็กซิโก (ภาพที่ 20) และพบว่าตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่ 1 ซึ่งอยู่ในกลุ่มของประเทศไต้หวันและสาธารณรัฐประชาชนจีน ที่มีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 20) กับเชื้อ PRSV-P (X97251 และ EU882728) จากประเทศไต้หวันน้อยที่สุดคือ 0.017 และ 0.026 ตามลำดับ (ตารางที่ 17)

ตารางที่ 17 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน NIa ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

Accession No.	Identity												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
AY010722_TH-W	1		93	93	94	95	92	92	93	96	94	95	95
AY231130_MX-P	2	0.075		100	98	97	95	92	93	93	93	95	94
EU126128_HA-P	3	0.075	0.000		98	97	95	92	93	93	93	95	94
X67673_HA-P	4	0.066	0.026	0.026		98	96	93	93	94	93	95	95
DQ374152_BZ-W	5	0.048	0.035	0.035	0.026		95	94	94	95	94	96	96
EF017707_IN-P	6	0.08	0.057	0.057	0.039	0.048		92	93	92	92	94	95
EU475877_IN-W	7	0.053	0.062	0.062	0.044	0.035	0.053		91	92	91	93	94
EF183499_CN-P	8	0.071	0.075	0.075	0.071	0.062	0.075	0.066		95	95	97	95
AY027810_TW-W	9	0.039	0.071	0.071	0.066	0.048	0.08	0.053	0.053		95	97	95
EU882728_TW-P	10	0.057	0.066	0.066	0.062	0.053	0.071	0.057	0.044	0.039		98	95
X97251-TW	11	0.048	0.057	0.057	0.053	0.044	0.062	0.048	0.035	0.03	0.017		96
AY162218_TH-P	12	0.048	0.062	0.062	0.053	0.044	0.057	0.035	0.048	0.057	0.048	0.039	
PRSV_TH-P_SMK	13	0.048	0.066	0.066	0.062	0.053	0.071	0.057	0.044	0.039	0.026	0.017	0.048
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
	Pairwise distance												

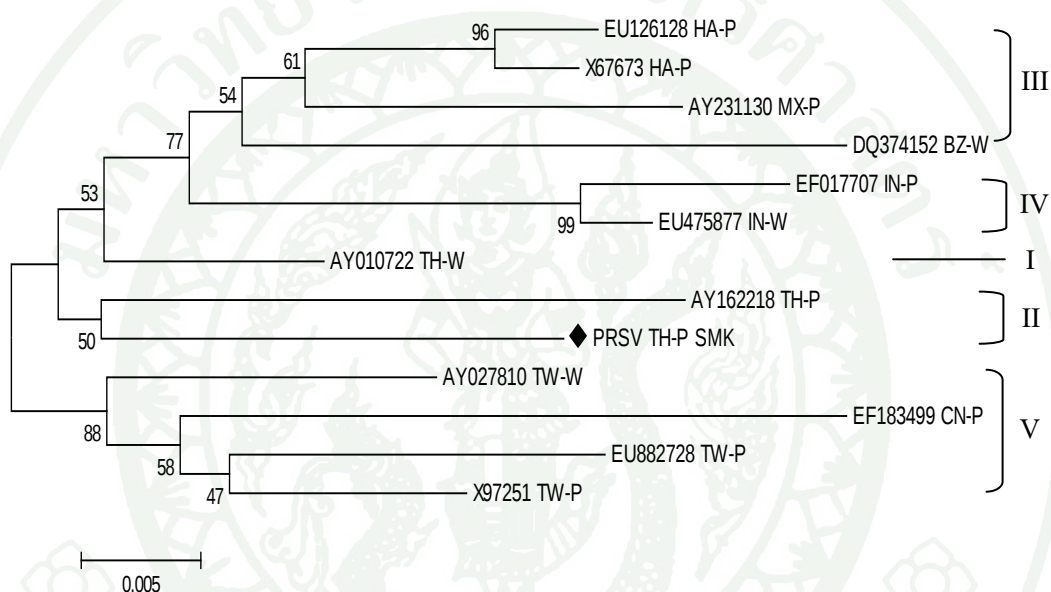


ภาพที่ 20 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโน โปรตีน NIa ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poission correction โดยการทำให้ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

5.11 โปรตีน NIb

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนโปรตีน NIb ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 91-97 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 18) ซึ่งลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-W (AY010722) ของประเทศไทยมากที่สุด ที่ระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ และรองลงมาคือ PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก PRSV-P (EU126128 และ X67673) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา PRSV-W (AY027810) และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย ที่ระดับ 96 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 18) เมื่อจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มเชื้อไวรัสได้ 5 กลุ่ม ซึ่งกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) ตามลำดับ จากประเทศไทย กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (EU126128 และ X67673) ของมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก และ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (EU475877) และ PRSV-P (EF017707) ของประเทศอินเดีย และกลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มของ

เชื้อ PRSV-W (AY027810) และ PRSV-P (X97251 และ EU882728) จากประเทศไต้หวัน และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน (ภาพที่ 21) และพบว่าตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่สอง ซึ่งอยู่ในกลุ่มของเชื้อ PRSV-P จากประเทศไทย ที่มีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 21) กับเชื้อ PRSV-W (AY010722) ของประเทศไทยน้อยที่สุดคือ 0.03 และรองลงมาคือ PRSV-P (EU126128 และ X67673) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-W (AY027810) จากประเทศไต้หวัน 0.026 (ตารางที่ 18)



ภาพที่ 21 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโน โปรตีน N1b ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการทำให้ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

ตารางที่ 18 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน Nib ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

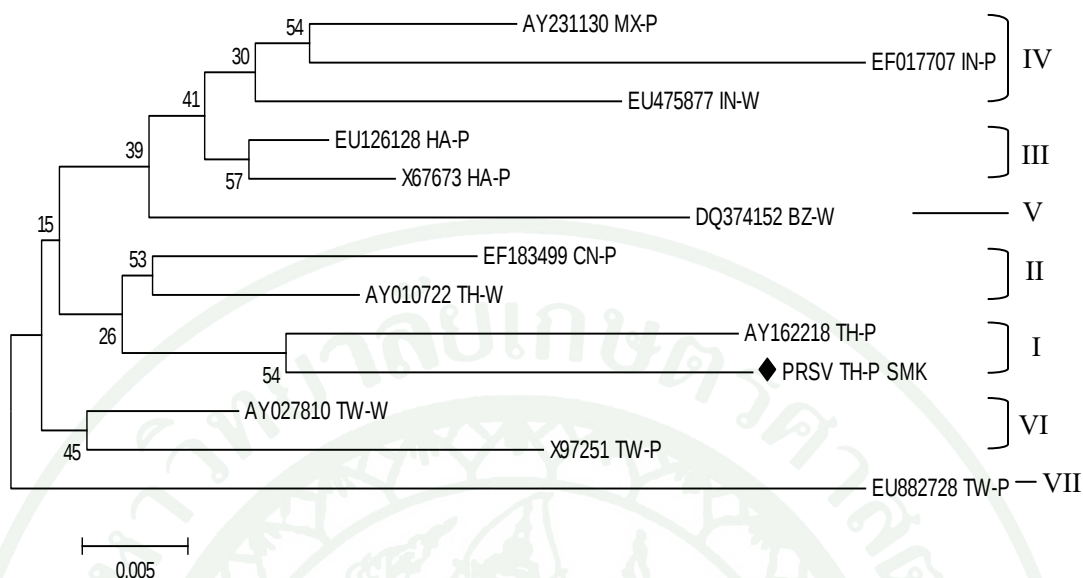
Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		97	97	97	96	93	96	96	97	96	97	96	97
AY231130_MX-P	2	0.034		97	98	96	92	96	94	96	95	96	95	96
EU126128_HA-P	3	0.028	0.03		99	96	93	96	95	96	95	96	95	96
X67673_TW-P	4	0.028	0.026	0.008		96	93	96	95	96	95	96	95	96
DQ374152_BZ-W	5	0.04	0.044	0.042	0.038		91	94	93	95	94	95	94	95
EF017707_IN-P	6	0.04	0.044	0.04	0.04	0.054		94	90	92	91	92	91	91
EU475877_IN-W	7	0.032	0.036	0.036	0.036	0.05	0.012		94	95	94	95	94	95
EF183499_CN-P	8	0.048	0.064	0.058	0.058	0.073	0.064	0.058		96	96	96	94	94
AY027810_TW-W	9	0.032	0.046	0.044	0.044	0.054	0.05	0.044	0.048		97	97	96	96
EU882728_TW-P	10	0.038	0.056	0.052	0.052	0.06	0.054	0.054	0.044	0.03		97	95	95
X97251-TW	11	0.032	0.046	0.044	0.044	0.056	0.048	0.042	0.042	0.028	0.026		96	96
AY162218_TH-P	12	0.04	0.054	0.052	0.052	0.06	0.058	0.05	0.06	0.044	0.054	0.048		96
PRSV_TH-P_SMK	13	0.03	0.048	0.042	0.042	0.05	0.054	0.046	0.06	0.042	0.05	0.046	0.044	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

5.12 โปรตีนห่อหุ้มอนุภาค (CP gene)

เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนโปรตีน CP ของเชื้อ PRSV-SMK กับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) พบว่าลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายคลึงตั้งแต่ 87-94 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 19) ซึ่งลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงกับลำดับกรดอะมิโนของเชื้อ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) ของประเทศไทยมากที่สุด ที่ระดับ 94 เปอร์เซ็นต์ และ รองลงมาคือ PRSV-P (EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน ที่ระดับ 93 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 19) เมื่อจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มเชื้อ PRSV ได้ 7 กลุ่ม ซึ่งกลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (EU126128 และ X67673) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (EU475877) และ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย และ PRSV-P (AY231130) จากประเทศเม็กซิโก กลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล กลุ่มที่ 6 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-W (AY027810) และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน กลุ่มที่ 7 เป็นกลุ่มของเชื้อ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวัน (ภาพที่ 22) และพบว่าตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มทางสายวิวัฒนาการอยู่ในกลุ่มที่ 1 ซึ่งอยู่ในกลุ่มของเชื้อ PRSV ของประเทศไทย ที่มีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 22) กับเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย น้อยที่สุดคือ 0.04 และรองลงมาคือ PRSV-P (EU126128) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย เท่ากับ 0.043 (ตารางที่ 19)

ตารางที่ 19 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับกรดอะมิโนโปรตีน CP ของไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

Accession No.	Identity												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
AY010722_TH-W	1		93	94	94	93	88	91	96	94	93	94	94
AY231130_MX-P	2	0.04		97	96	94	89	93	92	93	90	92	91
EU126128_HA-P	3	0.029	0.018		98	95	89	93	93	94	91	93	93
X67673_TW-P	4	0.032	0.022	0.011		95	89	94	93	94	91	93	92
DQ374152_BZ-W	5	0.047	0.04	0.032	0.036		88	91	92	93	90	92	91
EF017707_IN-P	6	0.055	0.036	0.04	0.043	0.062		88	87	88	85	88	86
EU475877_IN-W	7	0.043	0.032	0.029	0.025	0.051	0.043		90	91	88	90	91
EF183499_CN-P	8	0.025	0.047	0.036	0.04	0.055	0.062	0.051		94	92	94	93
AY027810_TW-W	9	0.025	0.029	0.022	0.025	0.04	0.043	0.036	0.029		93	95	93
EU882728_TW-P	10	0.058	0.07	0.058	0.062	0.07	0.085	0.074	0.062	0.051		93	92
X97251-TW	11	0.04	0.047	0.036	0.04	0.055	0.062	0.051	0.036	0.029	0.066		92
AY162218_TH-P	12	0.04	0.051	0.04	0.043	0.062	0.066	0.055	0.047	0.043	0.066	0.058	
PRSV_TH-P_SMK	13	0.04	0.051	0.043	0.047	0.058	0.058	0.043	0.047	0.047	0.081	0.062	0.043
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
	Pairwise distance												

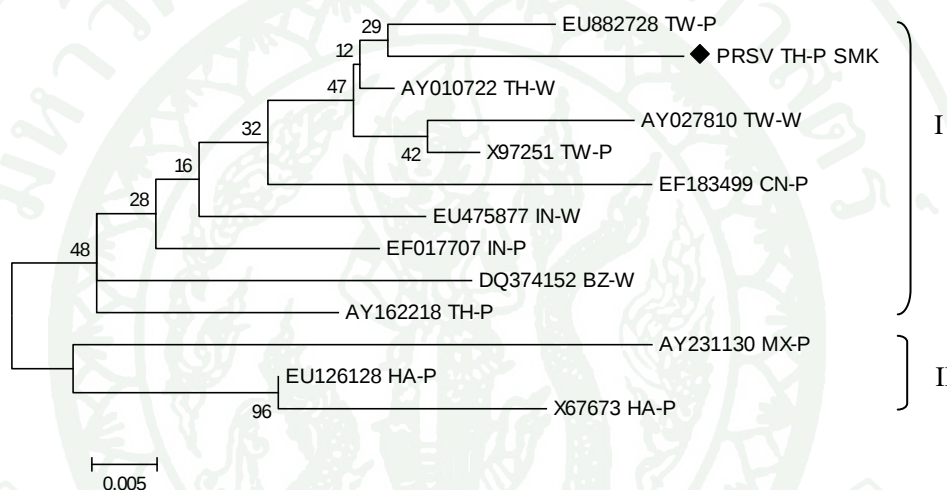


ภาพที่ 22 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับกรดอะมิโนโปรตีน CP ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poisson correction โดยการทำให้ Neibor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

5.13 ลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR

นำลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วน 3'UTR ของเชื้อ PRSV-SMK เปรียบเทียบกับเชื้อ PRSV 12 accession (ตารางที่ 4) มาวิเคราะห์ โดยใช้โปรแกรม Clustal W พบว่า เชื้อ PRSV-SMK มีความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์กับเชื้อ PRSV 12 accession ตั้งแต่ 91-97 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 20) โดยมีความใกล้เคียงกับเชื้อ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวันมากที่สุด ที่ระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ PRSV-W (EU475877) จากประเทศอินเดีย และ PRSV-P (X97251) จากประเทศไต้หวัน ที่ระดับ 96 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 20) เมื่อจัดกลุ่มโดยใช้ Phylogenetic tree สามารถแบ่งกลุ่มของไวรัสออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่ ซึ่งประกอบด้วยกลุ่มที่ 1 เป็นเชื้อ PRSV-P (AY162218) และ PRSV-W (AY010722) จากประเทศไทย PRSV-P (X97251 และ EU882728) จากประเทศไต้หวัน PRSV-W (EU475877) และ PRSV-P (EF017707) จากประเทศอินเดีย PRSV-W (DQ374152) จากประเทศบราซิล และ PRSV-P (EF183499) จากสาธารณรัฐประชาชนจีน (ภาพที่ 23) ส่วนกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยเชื้อ PRSV-P (EU126128 และ

X67673) จากมลรัฐฮาวาย ประเทศสหรัฐอเมริกา และ PRSV-P (AY231130) ประเทศเม็กซิโก และพบว่าตัวอย่างของเชื้อ PRSV-SMK ถูกจัดกลุ่มอยู่ในสายวิวัฒนาการเดียวกันกับกลุ่มเชื้อ PRSV ของประเทศไทย (กลุ่มที่ 1) โดยพิจารณาจากค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม (pairwise distance) (ภาพที่ 23) ที่สอดคล้องกับการเปรียบเทียบความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าเชื้อ PRSV-SMK มีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรมกับเชื้อ PRSV-W (AY010722) ของประเทศไทยน้อยที่สุด โดยมีค่าระยะห่างของสายพันธุกรรม เท่ากับ 0.030 และ PRSV-P (EU882728) จากประเทศไต้หวัน เท่ากับ 0.035 (ตารางที่ 20)



ภาพที่ 23 แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) แสดงความสัมพันธ์ของลำดับนิวคลีโอไทด์ 3'UTR ของเชื้อไวรัส PRSV-SMK กับเชื้อไวรัส PRSV 12 accession ที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank จากการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโน Distance calculation ด้วยวิธี Poission correction โดยการทำให้ Neighbor-Joining และค่า boot strap 100, Distance bar = 0.1

ตารางที่ 20 เปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วน 3'UTR ของจีโนมไวรัส PRSV-SMK กับข้อมูลของเชื้อไวรัส PRSV สายพันธุ์อื่น (12 accession) ที่มี
รายงานใน GenBank (ด้านบนแสดง Identity ด้านล่างแสดง Pairwise distance)

Accession No.	Identity													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
AY010722_TH-W	1		93	96	94	95	96	97	96	98	98	98	97	97
AY231130_MX-P	2	0.072		94	93	91	94	93	91	91	92	92	93	91
EU126128_HA-P	3	0.045	0.062		98	96	96	95	93	94	94	95	96	94
X67673_TW-P	4	0.067	0.079	0.020		94	94	93	91	92	92	93	94	92
DQ374152_BZ-W	5	0.051	0.095	0.040	0.062		95	95	94	93	94	94	95	94
EF017707_IN-P	6	0.040	0.067	0.045	0.061	0.051		97	96	94	95	96	95	94
EU475877_IN-W	7	0.035	0.072	0.050	0.072	0.056	0.035		95	95	95	97	96	96
EF183499_CN-P	8	0.045	0.100	0.072	0.095	0.067	0.046	0.051		95	95	97	95	94
AY027810_TW-W	9	0.020	0.094	0.067	0.089	0.072	0.061	0.056	0.056		98	98	95	95
EU882728_TW-P	10	0.015	0.088	0.061	0.083	0.067	0.056	0.050	0.051	0.025		98	96	97
X97251-TW	11	0.020	0.083	0.056	0.078	0.061	0.040	0.035	0.035	0.020	0.025		96	96
AY162218_TH-P	12	0.030	0.072	0.045	0.067	0.056	0.051	0.045	0.056	0.051	0.045	0.040		94
PRSV_TH-P_SMK	13	0.030	0.101	0.067	0.090	0.067	0.051	0.046	0.068	0.051	0.035	0.041	0.062	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
	Pairwire distance													

6. การสร้าง Infectious clone

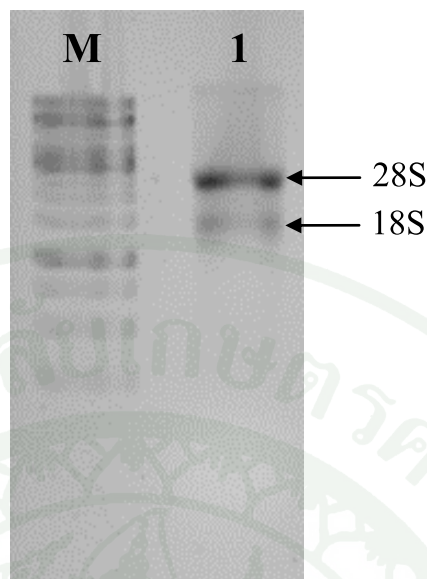
6.1 ออกแบบไพรเมอร์

นำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์จากเชื้อ PRSV-SMK ที่ได้เต็มจีโนม มาออกแบบไพรเมอร์เป็น 3 ส่วนคือ subgenome 1 (ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ A; ไพรเมอร์ T7-VC1 [5' GGATCCCGGGTAATACGACTCACTATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ 3U_HC-R [5' GAACACACAAGTGCAGTATTTCAGCCGACAA TGTAGTGTTCAT 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' และ B; ไพรเมอร์ HC_3U-F [5' GGATCCCGGGTAATACGACTCACTATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ T26-3UTR [5' TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCATTCTAAGAGGCTCGA 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' อยู่ในส่วนของยีน P1 และยีน HC-Pro (ภาพที่ 4) subgenome 2 (ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ C; ไพรเมอร์ T7-VC1 [5' GGATCCCGGGTAATACGACTCACTATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ P3_5U-R [5' CTTGTTGTTGGATCAAATTCTCCCATTGTTGTGTTGAGATGTTTATTT 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3'; D; ไพรเมอร์ 5U_P3-F [5' AAATAAAACATCTCAACACAACAATGGGAGAATTGATCCAACAACAAG 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ 3U_6K2-R [5' GAACACACAAGTGCAGTATTTCATTGGTGAAACACGTGGACATTTG 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' และ E; ไพรเมอร์ 6K_3U-F [5' CAAATGTCCACGTGTTTCACCAATGAATACTCGCACTTGTGTGT TC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ T26-3UTR [5' TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCATTCTAAGAGGCTCGA 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' อยู่ในส่วนของยีน P3, ยีน 6K1, ยีน CI และยีน 6K2 (ภาพที่ 4) และ subgenome 3 (ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ F; ไพรเมอร์ T7-VC1 [5' GGATCCCGGGTAATACGACTCACTATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ VPg_5U-R [5' CCGCTGTCGCGCGGAGAAACCCATTGTTGTGTTGAGATGTTTTATTT 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' และ G; ไพรเมอร์ 5U_VPg-F [5' AAATAAAACATCTCAACACAACAATGGGTTTCTCCGCGCGACAGCGG 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ T26-3UTR [5' TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCATTCTAAGAGGCTCGA 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' อยู่ในส่วนของยีน VPg, ยีน NIa, ยีน Nib และยีน CP (ภาพที่ 4)

ซึ่งในแต่ละ subgenome จะมีส่วนของ T7 promoter, 5'UTR และ T26-3UTR รวมอยู่ด้วย ดังตารางที่ 5

6.2 การแยกสกัดอาร์เอ็นเอ

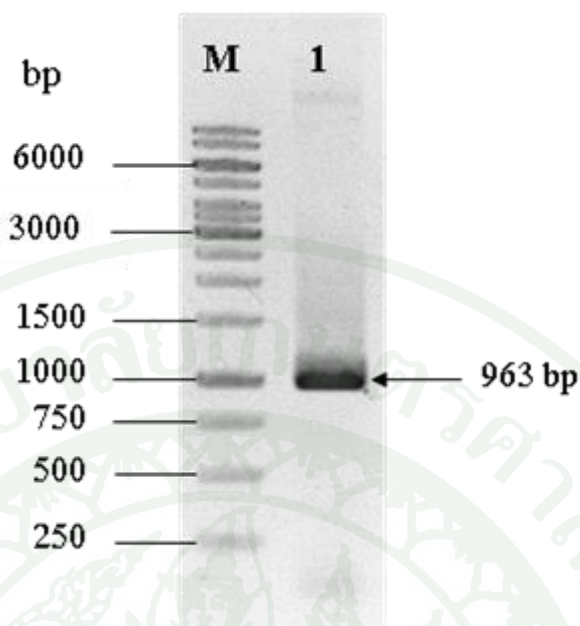
สกัดอาร์เอ็นเอรวมจากใบมะละกอที่ปลูกด้วยเชื้อ PRSV-SMK ผลพบว่าการแยกอาร์เอ็นเอจากเนื้อเยื่อใบเพสลาดได้ปริมาณอาร์เอ็นเอมากกว่าอาร์เอ็นเอจากใบแก่ ซึ่งสอดคล้องกับการทดลองของ Sharma *et al.* (2003) ที่แยกอาร์เอ็นเอจากพืชที่มีโพลีแซคคาไรด์สูง โดยใช้ส่วนต่างๆ ของพืชที่ได้จากการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ จากผลการทดลอง (ภาพที่ 24) อาร์เอ็นเอที่แยกได้มีคุณภาพดีและถ้าต้องการอาร์เอ็นเอในปริมาณมากต้องเพิ่มปริมาณพืชและเพิ่มปริมาณบัฟเฟอร์ การเพิ่มปริมาณบัฟเฟอร์จะช่วยลดความหนืดของสารละลายในขั้นตอนการแยกอาร์เอ็นเอได้ (Salzman *et al.*, 1999) และขนาดอาร์เอ็นเอที่ได้มีขนาด 28S และ 18S ตามลำดับ เมื่อทำการตรวจสอบบน 1% อะกาโรสเจล เป็นเวลา 5 นาที ทั้งนี้เพื่อป้องกันการสลายตัวของอาร์เอ็นเอ เนื่องจากการแยกอาร์เอ็นเอต้องทำด้วยความระมัดระวังไม่ว่าจะเป็นขั้นตอนระหว่างการสกัดอาร์เอ็นเอ รวมถึงอุปกรณ์ที่ใช้ในการสกัดอาร์เอ็นเอควรผ่านกระบวนการทำให้ปลอดจากเอนไซม์ RNase อีกทั้งควรสวมถุงมือทุกครั้งที่ต้องจับอุปกรณ์ที่ใช้สำหรับการสกัดอาร์เอ็นเอ เพื่อลดการปนเปื้อนของเอนไซม์ RNase จากผิวหนัง เพราะเอนไซม์ RNase มีผลทำให้อาร์เอ็นเอสลายตัว ซึ่งจะมีผลต่อปริมาณอาร์เอ็นเอที่แยกได้ เช่นเดียวกับที่ Surzycki (2000) กล่าวไว้ว่า การกำจัดโปรตีนที่ปนเปื้อนออกมาจากเซลล์ โดยใช้สารที่มีคุณสมบัติในการทำให้โปรตีนเสื่อมสภาพ เช่น guanidium hydrochloride, guanidium isothiocyanate, คลอโรฟอร์ม และฟีนอล เป็นส่วนผสมในบัฟเฟอร์



ภาพที่ 24 อาร์เอ็นเอรวมจากใบมะละกอที่ปลูกเชื้อ PRSV-SMK ตรวจสอบด้วยเทคนิค อิเล็กโตรโฟเรซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5x TAE buffer
ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb
ช่องที่ 1 คือ อาร์เอ็นเอรวมที่ได้ มี 2 ขนาดคือ 28S, 18S

6.3 การสังเคราะห์ Complementary DNA (cDNA) ของเชื้อ PRSV-SMK

นำอาร์เอ็นเอรวมที่สกัดได้จากใบมะละกอที่เป็นโรค มาทำการสังเคราะห์ cDNA ด้วยไพรเมอร์ T26-3UTR (reverse) [5' TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCATTCTAAGA GGCTCGA 3'] ซึ่งเป็นไพรเมอร์ oligo-dT ที่เติมเบสทางด้านปลาย 3'UTR ของนิวคลีโอไทด์ PRSV-SMK เพื่อให้มีความจำเพาะมากยิ่งขึ้น ตรวจสอบผลโดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะเจาะจงกับเชื้อ PRSV-SMK ในส่วน 5'UTR และยีน P1 บางส่วน ซึ่งในการตรวจสอบครั้งนี้จะใช้ไพรเมอร์ที่ได้ออกแบบใหม่คือ ไพรเมอร์ T7-VC1 (forward) [5' GGATCCCGGGTAATACGACTCACTA TAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] และ VC8 (reverse) [5' AACTCAAGGCTAGCACT C 3'] เพื่อเพิ่มปริมาณยีนเป้าหมาย พบว่าผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 963 bp (ภาพที่ 25) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์ที่คำนวณได้ในขั้นตอนการออกแบบไพรเมอร์ เมื่อทำการตรวจสอบบน 1% อะกาโรสเจล ทำให้ทราบว่าผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้เป็นเชื้อ PRSV-SMK



ภาพที่ 25 ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์สังเคราะห์บน cDNA โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะเจาะจงกับเชื้อ PRSV-SMK ในส่วน 5'UTR และยีน P1 บางส่วน และตรวจสอบด้วยเทคนิค อิเล็กโตรโฟรีซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer โดยช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb ช่องที่ 2 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยคู่ไพรเมอร์ T7-VC1 และ VC8 ที่มีขนาดประมาณ 963 bp

จากการตรวจสอบ พบการแสดงออกของยีนในส่วน 5'UTR และยีน P1 บางส่วนของ เชื้อ PRSV-SMK ในปริมาณสูง จึงนำตัวอย่างมาเป็นแม่แบบเพื่อใช้ในการตรวจสอบจีโนมของเชื้อ ไวรัสใบด่างจุดวงแหวนต่อไป

6.4 การเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนย่อยของจีโนม (subgenomic) โดยเทคนิค Polymerase chain reaction (PCR)

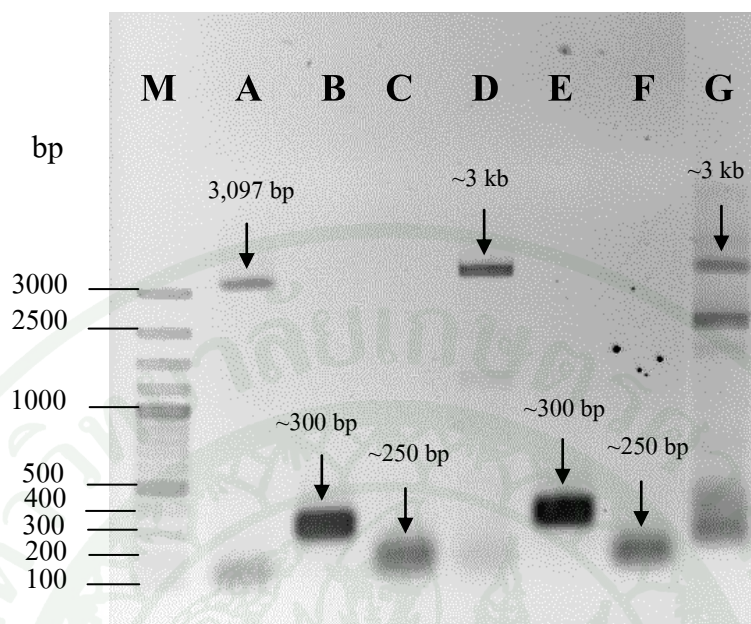
นำ cDNA ที่ได้จากปฏิกิริยา reverse transcription เป็นแม่แบบ (template) เพื่อใช้ในการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนย่อย (subgenomic) ของจีโนม PRSV-SMK ด้วยไพรเมอร์ทั้งหมด 7 คู่ไพรเมอร์ (ตารางที่ 2) ดังต่อไปนี้ คู่ที่ 1 ขึ้น A; ไพรเมอร์ T7-VC1 [5' GGATCCCGGGTAATACGACTCAC TATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์

3U_HC-R [5' GAACACACAAGTGCAGATATTCAGCCGACAATGTAGTGTTCAT 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 3,097 bp (ภาพที่ 26) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจล เปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน คู่ที่ 2 ชั้น B; ไพรเมอร์ HC_3U-F [5' GGATCCCGGGTAATACGAC TCACTATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ T26-3UTR [5' TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCTTAAGAGGCTCG A 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 300 bp (ภาพที่ 26) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจล เปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน คู่ที่ 3 ชั้น C; ไพรเมอร์ T7-VC1 [5' GGATCCCGGGTAATACGACT CACTATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ P3_5U-R [5' CTTGTTGTTGGATCAAATTCTCCATTGTTGTGTTGAGATGTTTTATTT 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ ต่ำกว่า 250 bp (ภาพที่ 26) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจล เปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน ชั้น D; ไพรเมอร์ 5U_P3-F [5' AAATAAAACATCTC AACACAACAATGGGAGAATTTGATCCAACAACAAG 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ 3U_6K2-R [5' GAACACACAAGTGCAGATATTCATTGGTGAAACACGTGG ACATTTG 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 3,000 bp (ภาพที่ 26) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจล เปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน ชั้น E; ไพรเมอร์ 6K_3U-F [5' CAAATGTCCACG TGTTTCACCAATGAATACTCGCACTTGTGTGTTT 3'] มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ T26-3UTR [5' TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCATTCTAAGAGGCTC GA 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 300 bp (ภาพที่ 26) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจล เปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน ชั้น F; ไพรเมอร์ T7-VC1 [5' GGATCCCGGGTAATACGAC TCACTATAAAATAAAACATCTCAACACAAC 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์ VPg_5U-R [5' CCGCTGTCGCGCGGAGAAACCCATTGTTGTGTTGAGATGTTTTATTT 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 300 bp (ภาพที่ 26) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจล เปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน ชั้น G; ไพรเมอร์ 5U_VPg-F [5' AAATAAAACATCTCAACACA ACAATGGGTTTCTCCGCGCGACAGCGG 3'] มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 5' และไพรเมอร์

T26-3UTR [5' TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCTCTCATTCTAAGAGGCTCGA 3'] ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลาย 3' ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 3,000 bp (ภาพที่ 26) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่คาดไว้ เมื่อตรวจสอบบน 1 % อะกาโรสเจล เปรียบเทียบกับขนาดของดีเอ็นเอมาตรฐาน

6.5 ทำ PCR แบบเหลื่อมซ้อน (overlapping PCR)

เชื่อมต่อผลิตภัณฑ์พีซีอาร์แต่ละชิ้นย่อยด้วยการทำ PCR แบบเหลื่อมซ้อน โดยมีการเติมลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เหลื่อมซ้อนกันเข้าไปในไพรเมอร์ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ของชิ้นในแต่ละชิ้นย่อย ซึ่ง subgenome 1 (ประกอบด้วยชิ้นย่อย A และ B), subgenome 2 (ประกอบด้วยชิ้นย่อย C, D และ E) และ subgenome 3 (ประกอบด้วยชิ้นย่อย F และ G) (ภาพที่ 27) พบว่าขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้ของ subgenome 1 มีขนาดประมาณ 3.2 kb ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ของ subgenome 2 มีขนาดประมาณ 3.3 kb แต่ไม่พบผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ของ subgenome 3



ภาพที่ 26 ผลิตภัณฑ์ชิ้นส่วนของจีโนมเชื้อ PRSV-SMK และตรวจสอบด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer

ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp plus

ช่องที่ 1 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ชิ้น A ด้วยไพรเมอร์ T7-VC1 และ 3U_HC-R ขนาดประมาณ 3,097 bp

ช่องที่ 2 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ชิ้น B ด้วยไพรเมอร์ HC_3U-F และ T26-3UTR ขนาดประมาณ 300 bp

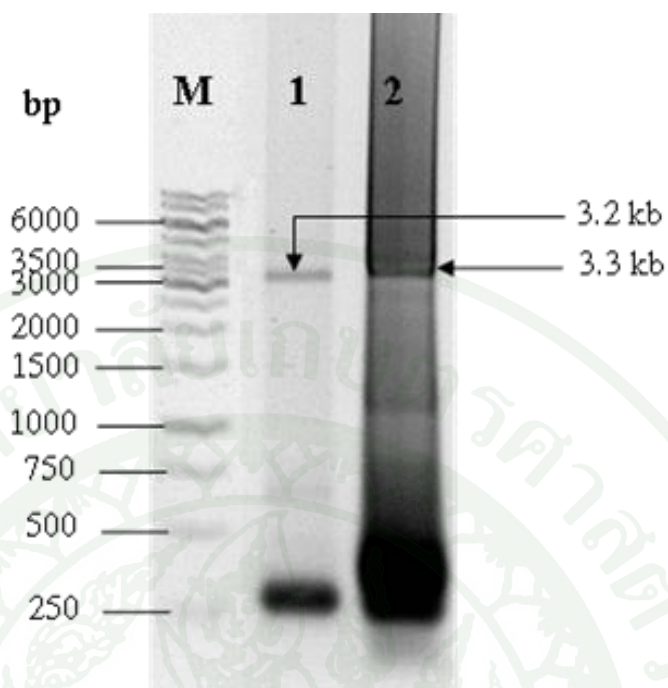
ช่องที่ 3 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ชิ้น C ด้วยไพรเมอร์ T7-VC1 และ P3_5U-R ขนาดประมาณต่ำกว่า 250 bp

ช่องที่ 4 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ชิ้น D ด้วยไพรเมอร์ 5U_P3-F และ 3U_6K2-R ขนาดประมาณ 3,000 bp

ช่องที่ 5 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ชิ้น E ด้วยไพรเมอร์ 6K_3U-F และ T26-3UTR ขนาดประมาณ 300 bp

ช่องที่ 6 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ชิ้น F ด้วยไพรเมอร์ T7-VC1 และ VPg_5U-R ขนาดประมาณต่ำกว่า 250 bp

ช่องที่ 7 คือ ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ชิ้น G ด้วยไพรเมอร์ 5U_VPg-F และ T26-3UTR ขนาดประมาณ 3,000 bp



ภาพที่ 27 ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์จากการนำชิ้นย่อยบางชิ้นมาเชื่อมต่อกันแบบเหลื่อมซ้อนโดยเทคนิค PCR และตรวจสอบด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสบน 1% อะกาโรสเจล ใน 0.5X TAE buffer

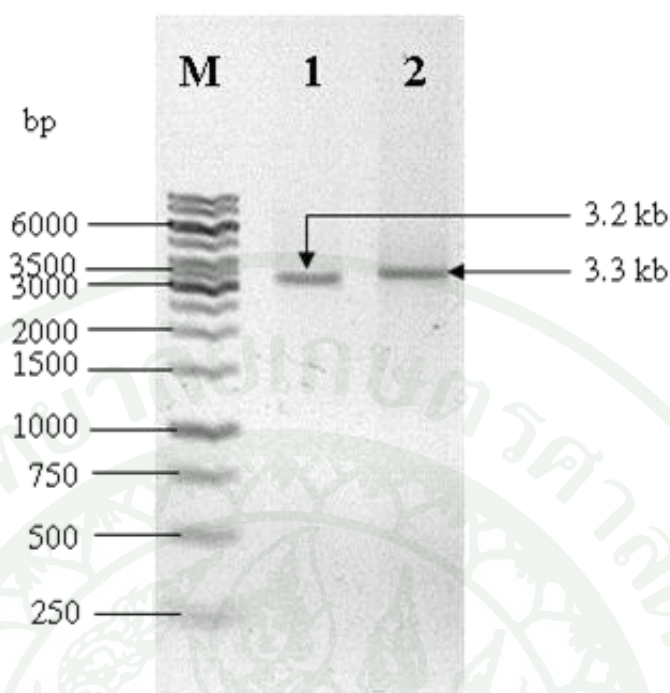
ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb

ช่องที่ 1 คือ subgenome 1 ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ A และ B ขนาดผลิตภัณฑ์ที่ได้ ประมาณ 3.2 kb

ช่องที่ 2 คือ subgenome 2 ประกอบด้วยชิ้นย่อยคือ C, D และ E ขนาดผลิตภัณฑ์ที่ได้ ประมาณ 3.3 kb

6.6 การเตรียมชิ้นดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์

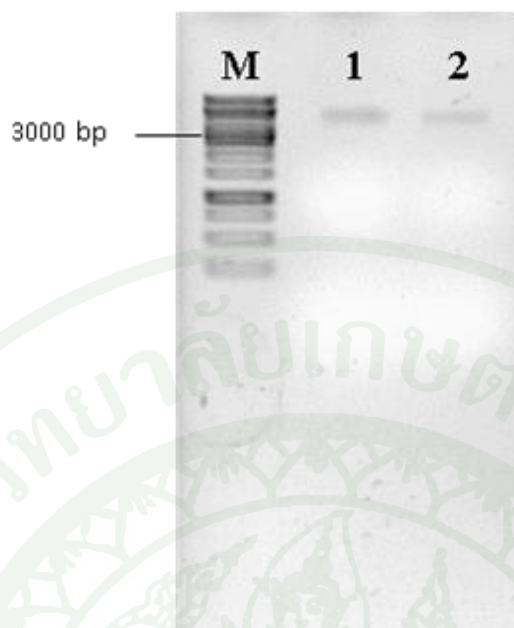
นำผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ของ subgenome 1 และ subgenome 2 มาแยกขนาดด้วยเทคนิค อิเล็กโตรโฟรีซิส (ภาพที่ 27) เนื่องจากผลิตภัณฑ์มีหลายขนาด จึงตัดเจลบริเวณที่มีพีซีอาร์ขนาดตรง ตาม subgenome ที่คาดคะเนไว้ นำมาทำให้บริสุทธิ์ (ภาพที่ 28) เพื่อใช้ในการสังเคราะห์ subgenome ในหลอดทดลองต่อไป



ภาพที่ 28 การตรวจสอบชิ้นยีนให้บริสุทธิ์โดยแยกขนาดด้วย 1% อะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE Buffer
 ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb
 ช่องที่ 1 คือ subgenome 1 ที่ตัดขนาดผลิตภัณฑ์ ประมาณ 3.2 kb
 ช่องที่ 2 คือ subgenome 2 ที่ตัดขนาดผลิตภัณฑ์ ประมาณ 3.3 kb

6.7 การสังเคราะห์ subgenome ในหลอดทดลอง โดยการทำให้ *in vitro* transcription

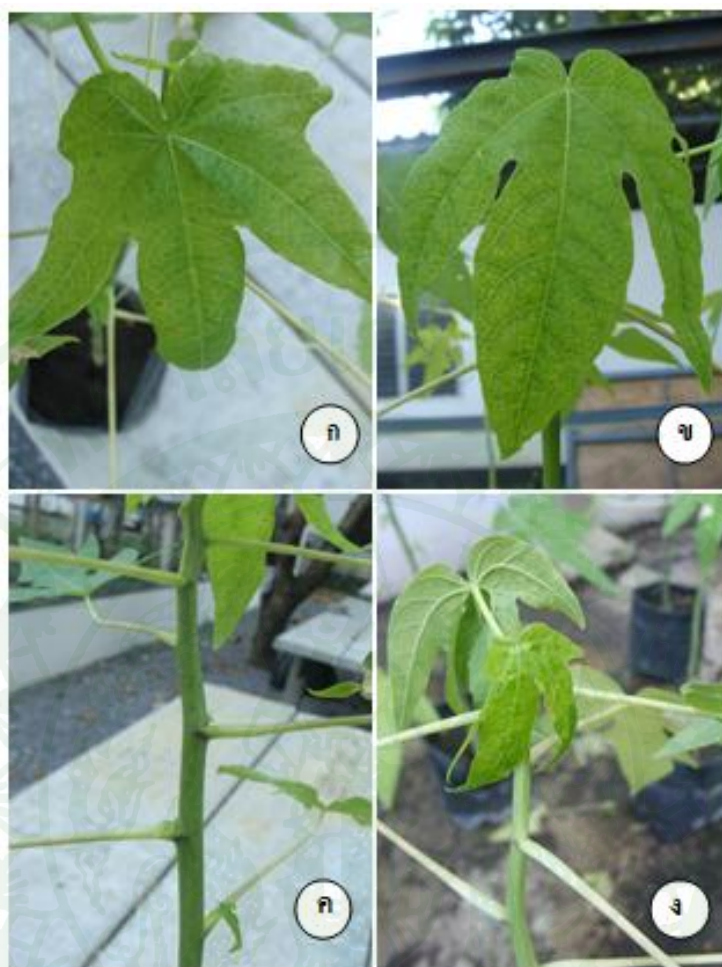
ทำการสังเคราะห์อาร์เอ็นเอในหลอดทดลอง จากภาพที่ 29 พบว่าปริมาณอาร์เอ็นเอในหลอดทดลองที่ได้มีปริมาณน้อย เนื่องจากดีเอ็นเอที่นำมาใช้เป็นแม่แบบเริ่มต้นอาจจะมีปริมาณน้อย เมื่อนำมาผลิตอาร์เอ็นเอในหลอดทดลอง จึงมีปริมาณน้อยตามไปด้วย เมื่อเปรียบเทียบกับทรานสคริปชันของ (Puurand *et al.*, 1995) ที่ใช้อาร์เอ็นเอของเชื้อ *Potato virus A* (PVA) 5 μ g หรือ 100 μ l ไปสังเคราะห์อาร์เอ็นเอในหลอดทดลอง เพื่อนำไปทดสอบโดยการปลูกเชื้อในต้นยาสูบ ดังนั้นอาร์เอ็นเอที่นำไปสังเคราะห์ในหลอดทดลองจะมีปริมาณน้อย แต่ก็สามารถนำไปทดสอบการก่อโรคนิพชีได้ เนื่องจากเป็นผลิตภัณฑ์ที่ชีอาร์ต้องมีการโคลนเข้า cloning vector จะให้ผลผลิต RNA ในหลอดทดลองดีกว่า เนื่องจากแม่แบบที่ได้มีความเข้มข้นสูง



ภาพที่ 29 การสังเคราะห์อาร์เอ็นเอในหลอดทดลอง โดยการทำให้ *in vitro* transcription แยกขนาด ด้วย 1% อะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE buffer
ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb
ช่องที่ 1 คือ การสังเคราะห์ subgenome 1 ในหลอดทดลอง
ช่องที่ 2 คือ การสังเคราะห์ subgenome 2 ในหลอดทดลอง

6.8 ตรวจสอบความสามารถในการติดเชื้อของ RNA ที่ได้จากการสังเคราะห์ในหลอดทดลอง

นำตัวอย่าง RNA ที่สังเคราะห์ได้ในหลอดทดลอง ได้แก่ subgenome 1 และ subgenome 2 ผสมลงในน้ำคั้นจากใบมะละกอที่ปลูกเชื้อ PRSV-SMK นำไปปลูกเชื้อลงบนต้นมะละกอ ที่มีอายุ 2 เดือน ด้วยวิธีกล (mechanical method) จำนวน 11 ต้น เพื่อทดสอบกระบวนการ co-replication สังเกตอาการของโรคที่มองเห็นได้ชัดเจนด้วยตา โดยจะสังเกตอาการตั้งแต่วันที่เริ่มปลูกเชื้อจนกระทั่งต้นมะละกอแสดงอาการของโรค มีระยะเวลาประมาณ 7-21 วัน (ภาพที่ 30) โดยต้นมะละกอจะเริ่มแสดงอาการต่าง (mosaic) ที่ใบยอด สีของใบจะมีสีเขียวเข้มสลับอ่อน และมีอาการบริเวณลำต้น ต่อมาลักษณะของอาการจะพัฒนาเกิดอาการต่างทั่วทุกใบไม่เฉพาะบริเวณใบยอด พบต้นที่เป็นโรคนับจำนวน 9 ต้น จากทั้งหมด 11 ต้น จึงได้นำเอาใบมะละกอจากต้นที่เป็นโรคไปตรวจหาเชื้อไวรัสใบด่างจูดวงแหวน



ภาพที่ 30 ต้นมะละกอพันธุ์แขกดำ อายุประมาณ 2 เดือนที่ปลูกเชื้อ โดยมี subgenome 1 และ subgenome 2 ผสมลงไปกับใบมะละกอที่มีเชื้อ PRSV-SMK แสดงอาการใบด่างที่ยอดและลำต้นในวันที่ 7-21 หลังจากปลูกเชื้อ

ก) และข) ใบมะละกอที่แสดงอาการใบด่างบริเวณใบอ่อน หลังจากการปลูกเชื้อ 11 วัน

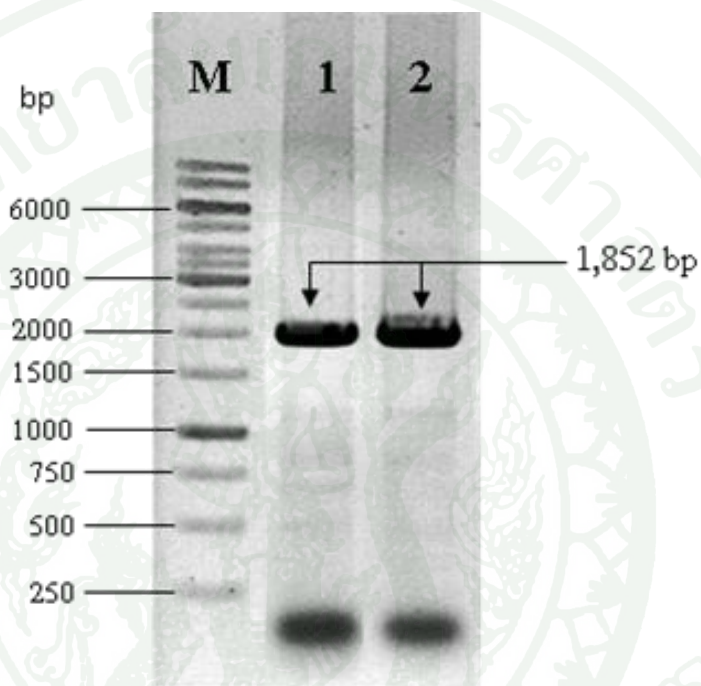
ค) และง) ใบมะละกอที่แสดงอาการใบด่างบริเวณใบยอดและลำต้น หลังจากการปลูกเชื้อ 21 วัน

6.9 ตรวจสอบการเพิ่มปริมาณจีโนมและชิ้นจีโนมย่อย (subgenome) โดยเทคนิค Polymerase chain reaction (PCR)

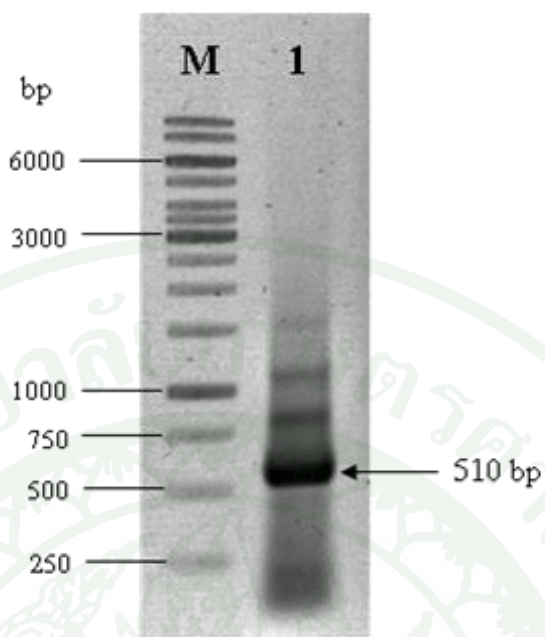
ทำการตรวจสอบ subgenome 1 และ subgenome 2 เพื่อตรวจสอบผลการเกิดโรคจากใบมะละกอที่ถูกปลูกเชื้อ จากข้อ 12.8 มาทำการสกัดอาร์เอ็นเอรวม และสังเคราะห์ cDNA เพื่อนำมาใช้ในการตรวจสอบด้วยด้วยคู่ไพรเมอร์ T7-VC1 (forward) และ T26-3UTR (reverse) พบว่าไม่พบผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ขนาด 3.2 kb และ 3.3 kb ของ subgenome 1, subgenome 2 และขนาดเต็มจีโนม 10.3 kb แสดงว่า ชิ้นผลิตภัณฑ์ 2 ชิ้นดังกล่าว ไม่สามารถเพิ่มปริมาณอาร์เอ็นเอได้ในต้นมะละกอ อาจเป็นเพราะการเพิ่มปริมาณผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ขนาดใหญ่ถึง 10.3 kb นั้นทำได้ยาก ต้องใช้ *Taq* DNA Polymerase ที่มีประสิทธิภาพสูง จึงทำการตรวจสอบอีกครั้งด้วยคู่ไพรเมอร์ VC13 (forward) [5' CAACAACAACACAATTGGCCA 3'] และ PC12 [5' TGCATCCTTAATCATCAATGA 3'] เป็นคู่ไพรเมอร์ที่มีตำแหน่งอยู่บริเวณส่วนของยีน CI และยีน 6K1 เพื่อตรวจสอบว่าชิ้น subgenome สามารถเพิ่มปริมาณเชื้อในต้นพืชที่ปลูกเชื้อได้หรือไม่ ผลพบผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ขนาดประมาณ 1,852 bp (ภาพที่ 31) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์ที่คำนวณได้ในขั้นตอนการออกแบบไพรเมอร์ เมื่อทำการตรวจสอบบน 1% อะกาโรสเจล ดังนั้นคาดว่าอาการด่างที่เกิดขึ้นกับต้นมะละกอ น่าจะเกิดจากการติดเชื้อ PRSV ทั้งยังทำการตรวจสอบในส่วนของยีน CP เพื่อยืนยันผลการ co-replication ของ subgenome 1 และ subgenome 2 กับเชื้อ PRSV-SMK ว่ามีการทำงานร่วมกันในการเพิ่มปริมาณจีโนมของเชื้อไวรัสนี้ได้หรือไม่ โดยตรวจสอบด้วยคู่ไพรเมอร์ SC501 (forward) [5' AAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAA 3'] และ SC104 (reverse) [5' ATTGCGCATACCTAGGAGAGAGTG 3'] ผลพบว่าผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้มีขนาดประมาณ 510 bp (ภาพที่ 32) ซึ่งมีขนาดใกล้เคียงกับขนาดผลิตภัณฑ์ที่คำนวณได้ในขั้นตอนการออกแบบ ไพรเมอร์ เมื่อทำการตรวจสอบบน 1% อะกาโรสเจล

ในการทดลองนี้ ต้องทำการทดสอบกระบวนการ co-replication เนื่องจากไม่สามารถเพิ่มปริมาณ subgenome 3 ที่มีองค์ประกอบของยีน VPg, ยีน NIa, ยีน NIb และยีน CP ซึ่งยีน CP มีความสำคัญกับการเคลื่อนที่ของไวรัสไปยังเซลล์อื่น ๆ และเพิ่มปริมาณจีโนมของไวรัส (Cronin *et al.*, 1995) ดังนั้น ถ้าเราใช้ subgenome 1 และ subgenome 2 ทำงานร่วมกันกับเชื้อ PRSV-SMK subgenome 1 และ 2 อาจสามารถใช้ผลิตภัณฑ์ของยีน VPg, ยีน NIa, ยีน NIb และยีน CP ของเชื้อในการเพิ่มปริมาณจำนวนและกลไกการก่อโรคได้ ซึ่งก็พบผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ของยีน CI และยีน 6K2 รวมถึงยีน CP ในตัวอย่างใบมะละกอที่ผ่านการปลูกเชื้อ แสดงให้เห็นว่าต้นมะละกอมีการติดเชื้อ

PRSV แต่ยังไม่สามารถอธิบายได้ว่า เกิดการ co-replication ได้จริงหรือไม่ ซึ่งต้องทำการทดสอบ โดยละเอียดกว่านี้ ซึ่งจะต้องใช้ไพรเมอร์ 3'UTR ร่วมกับไพรเมอร์ที่อยู่บน subgenome แต่ละตัว เพราะขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณของ subgenome กับเพิ่มจากเชื้อ PRSV ในธรรมชาตินั้นมีขนาดต่างกัน



ภาพที่ 31 ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ของเชื้อ PRSV-SMK ที่เพิ่มปริมาณขึ้นส่วนย่อยของ subgenome ด้วยคู่ไพรเมอร์ VC13 และ PC12 แยกขนาดด้วย 1% อะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE buffer
 ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb
 ช่องที่ 1 คือ subgenome 1 ตรวจสอบด้วยคู่ไพรเมอร์ VC13 และ PC12 ผลิตภัณฑ์ที่ได้มีขนาด 1,852 bp
 ช่องที่ 2 คือ subgenome 2 ตรวจสอบด้วยคู่ไพรเมอร์ VC13 และ PC12 ผลิตภัณฑ์ที่ได้มีขนาด 1,852 bp



ภาพที่ 32 ผลึกภัณฑ์พีซีอาร์ตรวจสอบการ co- replication ในส่วนของยีน CP ด้วยไพรเมอร์ SC501 และ SC104 แยกขนาดด้วย 1% อะกาโรสเจลอเล็กโตรโฟรีซิส ใน 0.5X TAE buffer
 ช่อง M คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb
 ช่องที่ 1 คือ การตรวจสอบ cDNA ด้วยไพรเมอร์ SC501 และ SC104 ผลึกภัณฑ์ที่ได้ มีขนาด 510 bp

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

ในงานวิจัยนี้ได้สืบค้นข้อมูลเต็มจีโนมของไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ จากฐานข้อมูล GenBank ซึ่งมี 3 accession คือ X67673, X97215 และ AY162218 เพื่อนำมาใช้ในการออกแบบไพรเมอร์ให้มีความจำเพาะเจาะจงต่อเชื้อ PRSV-SMK จำนวนทั้งสิ้น 7 คู่ไพรเมอร์ ดังต่อไปนี้คือ VC1/VC8, PC11E/PC2, VC7/PC10N, VC13/PC12, VC17/VC14, VC15/3UTR4 และ CRWTH1/3UTR2 แต่ละคู่ไพรเมอร์ได้ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์อยู่ในช่วง 500-2,700 คู่เบส เมื่อนำผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ที่ได้เชื่อมเข้ากับเวกเตอร์แล้วหาลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์จากผลิตภัณฑ์พีซีอาร์แต่ละชิ้นมีการเชื่อมซ้อนกัน ทำให้ทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อ PRSV-SMK ตลอดทั้งจีโนม มีขนาด 10,323 นิวคลีโอไทด์ สามารถแปลรหัสในการสร้างโพลีเปปไทด์ขนาด 3,343 กรดอะมิโน ซึ่งมีขนาดเท่ากับจีโนมของเชื้อ PRSV-W (AY010722) และ PRSV-P (AY162218) จากประเทศไทย และ PRSV-P (EF183499) จากประเทศจีน

เมื่อวิเคราะห์เปรียบเทียบความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนตลอดทั้งจีโนมตั้งแต่ส่วน 5'UTR ถึง 3'UTR เปรียบเทียบกับจีโนมที่มีการรายงานในต่างประเทศอีก 10 ตัวอย่าง และที่มีรายงานในประเทศไทย 2 ตัวอย่าง พบว่ามีความคล้ายคลึงกันของลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโน อยู่ในช่วงความเหมือน 83-89 เปอร์เซ็นต์ และ 90-93 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ โดยมีความคล้ายคลึงกับสายพันธุ์ของประเทศไทยและประเทศไต้หวัน ที่ระดับความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์ 89 เปอร์เซ็นต์ และที่ระดับความเหมือนของลำดับกรดอะมิโน 93 เปอร์เซ็นต์

สำหรับการสร้าง infectious clone สามารถสร้างได้ 2 subgenome จากทั้งหมด 3 subgenome เพื่อให้ได้จีโนมของเชื้อ PRSV ที่ครบสมบูรณ์ ทำให้ยากต่อการทดสอบความสามารถในการก่อโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ แต่สามารถนำข้อมูลดังกล่าวนี้ไปศึกษาเพิ่มเติมเพื่อสร้างให้ได้ครบจีโนม โดยดัดแปลงใช้กับวิธีการอื่น ๆ

ข้อมูลจีโนมที่ได้จากการทดลองในครั้งนี้เป็นข้อมูลที่มีประโยชน์และจำเป็นอย่างยิ่ง เพื่อนำไปประยุกต์ใช้ในการพัฒนาสร้างพืชต้านทาน เช่น พืชตัดแปรพันธุกรรมหรือพัฒนาการควบคุมโรคใบด่างจุดวงแหวนมะละกอในประเทศไทยโดยวิธีการ Cross protection ซึ่งวิธีการนี้มีประสิทธิภาพสูงในการควบคุมโรค ถ้าลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้ออ่อนกำลังที่นำมาใช้มีความ

เหมือนกับเชื้อสายพันธุ์รุนแรงที่ระบาดในพื้นที่ ดังนั้นเมื่อเราทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อ PRSV สายพันธุ์ที่รุนแรง (PRSV-SMK) ก็สามารถสร้างเชื้อสายพันธุ์อ่อนกำลัง ที่มีความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์กับเชื้อดังกล่าวได้ โดยการก่อกลายพันธุ์เฉพาะส่วนของยีนที่ก่อให้เกิดการรุนแรงของเชื้อ เช่น ยีน HC-Pro, ยีน CP โดยไม่ต้องหาเชื้ออ่อนกำลังในธรรมชาติ



ข้อเสนอแนะ

1. จีโนมเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK)

ในการศึกษาจีโนมไวรัสใบด่างจุดวงแหวน มีข้อมูลของลำดับนิวคลีโอไทด์อยู่มากมาย หลายประเทศในฐานข้อมูล GenBank จำเป็นต้องนำข้อมูลมาเปรียบเทียบผลในแต่ละชุดการทดลองมากกว่านี้ เพื่อความแม่นยำของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ โดยส่วนใหญ่การออกแบบไพรเมอร์ในแต่ละคู่ไพรเมอร์นั้น สามารถเพิ่มปริมาณเชื้อ PRSV ได้ในทุกสายพันธุ์ เพื่อเป็นข้อมูลเบื้องต้นในการตรวจสอบอาการของโรคที่แสดงอาการใบด่างจุดวงแหวน เนื่องจากการออกแบบไพรเมอร์ที่ได้ นำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์มาจากรฐานข้อมูล แต่ได้นำมาเปรียบเทียบผลน้อยเกินไปเพียง 12 accession เท่านั้น และสามารถนำผลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาทำการศึกษาความแปรปรวนของสายพันธุ์ในแต่ละท้องถิ่นของประเทศไทยต่อไป เพื่อทราบความแปรปรวนที่เกิดขึ้นในแต่ละสายพันธุ์เพื่อการควบคุมโรคในอนาคต

2. การทำ infectious clone

ในการศึกษาการสร้าง infectious clone นี้ เป็นการศึกษาหาวิธีการที่รวดเร็วในการสร้างจีโนมของเชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน ซึ่งถ้าทำได้ก็จะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งกับผู้ที่ต้องการนำไปศึกษาต่อในอนาคต เช่น การสร้างเชื้อสายพันธุ์อ่อนกำลังเพื่อการควบคุมโรค เนื่องจากการสร้าง subgenome แต่ละโคลน เป็นการจำลองจีโนมของไวรัส ที่สามารถเพิ่มปริมาณได้ในพืช สามารถย่นระยะเวลาการทำงาน อีกทั้งยังช่วยลดค่าใช้จ่ายในการสร้าง construct ที่มีขนาดใหญ่ได้

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

กลุ่มเกษตรกร. 2547. เอกสารเผยแพร่กลุ่มเกษตรกรผู้ปลูกมะละกอพันธุ์ปลักไม้ลาย. ตำบล
ปลักไม้ลาย, กำแพงแสน, นครปฐม.

นิพนธ์ เอี่ยมสุภายิต และ ชาลินี คงสวัสดิ์. 2546. การพัฒนามะละกอให้ต้านทานต่อโรคไวรัส
จุดวงแหวน. แหล่งที่มา: <http://www.Isaaa-thailand.org/article026.htm>, 25 มกราคม 2551.

นุชนาด วารินทร์, ศรีเมฆ ชาวโพพาง, อัญญา บุญชด, กนกวรรณ รมยานนท์, ราตรี รอดอารีย์,
วิชัย โฆสิตรัตน์ และ สุพัฒน์ อรรถธรรม. มะละกอพันธุ์ใหม่ต้านทานไวรัสใบด่าง
จุดวงแหวนมะละกอ, น. 539-546. ใน รายงานการประชุมวิชาการมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ครั้งที่ 41. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

วิชัย โฆสิตรัตน์, นลองชัย แบบประเสริฐ, อติศักดิ์ บัวนภียาพันธุ์, รัชนิ สงประยูร, กุลวดี ตรอง
พาณิชย์, สุจินต์ ภัทรภูวดล, สมนึก เชื้อวงศ์สกุล และ สุพัฒน์ อรรถธรรม. 2542. มะละกอ
และโรคใบด่างจุดวงแหวนเอกสารเผยแพร่ทางวิชาการ. ภาควิชาโรคพืช คณะเกษตร
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

วิชัย โฆสิตรัตน์. 2545. มะละกอและโรคใบด่างจุดวงแหวน. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์,
นครปฐม.

วิชัย โฆสิตรัตน์, นิพนธ์ ทวีชัย, อรรณพ ชัชวาลการพาณิชย์ และ ชีระ สุตะบุตร. 2533. คำถึง:
พืชอาศัยตามธรรมชาติอีกชนิดหนึ่งของไวรัสใบด่างจุดวงแหวนมะละกอ, น. 383-391.
ใน รายงานการประชุมทางวิชาการมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 28 (สาขาพืช).
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

วิไล ปราสาทศรี, อาทิตย์ ฟุ้งเกียรติไพบูลย์ และ เกษม ชมพูนุชประภา. 2525. การศึกษา
เบื้องต้นใบด่างมะละกอในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ. สำนักงานเกษตรและสหกรณ์
ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ, ขอนแก่น.

สุจรรยา ดวงขิสาร. 2528. การศึกษา **Bean Yellow Mosaic Virus** ของแกลดีโอลัสโดยใช้เทคนิค
ชีวภาพ. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

สุวรรณ อินทร์คงแก้ว. 2539. การปลูกมะละกอ. สำนักพิมพ์เกษตรสยาม, มปท.

Ahlquist, P. and M. Janda. 1984. cDNA cloning and *in vitro* transcription of the complete brome
mosaic virus genome. **Mol. and Cellular Biol.** 12: 2876-2882.

Angenent, G. C., E. Posthumus and J. F. Bol. 1989. Biological activity of transcripts synthesized
in vitro from full-length and mutated DNA copies of tobacco rattle virus RNA 2. **Virol.**
173: 68-76.

Bailey L. H. 1957. **Manual of Cultivated Plants.** The Macmillan Company, New York.

Bazan, J. E. and R. J. Fletterick. 1988. Viral cysteine proteases are homologous to the trypsin-like
family of serine proteases: structural and functional implications. **Proc. Natl. Acad. Sci.**
USA. 85: 7872-7876.

Benfey, P. N. and N. H. Chua. 1990. The cauliflower mosaic virus 35S promoter: Combinatorial
regulation of transcription in plants. **Science.** 254: 959-966.

Boyer, J. C., G. Drugeon, K. Seron, M. D. Morch-Devignes, F. Agnes and A. L. Haenni. 1993. *In*
vitro transcripts of turnip yellow mosaic virus encompassing a long 3' extension or
produced from a full-length cDNA clone harboring a 2-kb-long PCR amplified segment
are infectious. **Res. Virol.** 144: 339-348.

Bryan, G. T., R. C. Gardner and R. L. H. Forster. 1992. Nucleotide sequence of the coat protein
gene a stem-loop structure in the 3' regions of potyviruses. **Arch. Virol.** 124: 133-146.

- Carrington, J. C., S. M. Cary, T. D. Parks and W. G. Dougherty. 1989. A second proteinase encoded by a plant potyvirus genome. **EMBO J.** 8: 365-370.
- Chandler, W. H. 1958. **Evergreen Orchards**. Lea and Febiger, Philadelphia.
- Chen, H. Y., Z. F. Fan, X. M. Liang, and H. F. Li. 2003. Complete sequence for the genomic RNA of the prevalent strain of a potyvirus infecting maize in China. **Res Virol.** 148: 773-782.
- Chiampiriyakul, P. 2007. **Construction of an Infectious Full-Length cDNA Clone of a Papaya ringspot virus type W**. Ph.D. Thesis, Kasetsart University.
- Chiang, C. H. and S. D. Yeh. 1997. Infectivity assays of *in vitro* and *in vivo* transcripts of papaya ringspot potyvirus. **Bot. Bull. Acad. Sin.** 38: 153-163.
- Chowpongpan, S., N. Warin, A. Bhunchoth, K. Romayanon, R. Rodaree, W. Kositratana and S. Attathom. 2002. Thai transgenic papaya protects PRSV infection to different geographical isolates, pp. 131. *In The First International Conference on Tropical and Subtropical Plant Disease*. 5-8 November 2002, The Imperial Mae Ping Hotel Chiang Mai, Thailand.
- Christou, P. 1992. Genetic transformation of crop plants using microprojectile bombardment. **Plant J.** 2: 275-281.
- Contreras, R., H. Cheroutre, W. Degraeve and W. Fiers. 1982. Simple, efficient *in vitro* synthesis of capped RNA useful for direct expression of cloned eukaryotic genes. **Nucleic. Acids. Res.** 10: 6353-6362.

- Cronin, S. J. Verchor, C. R. Haldeman, M. C. Schaad, J. C. Carrington. 1995. Long distance movement factor : a transport function of potyvirus helper component proteinase. **Plant cell**. 7: 549-559.
- Dawson, W. O., D. L. Beck, D. A. Knorr and G. L. Grantham. 1986. cDNA cloning of the complete genome of tobacco mosaic virus and production of infectious transcripts. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**. 83: 1832-1836.
- Dessens, J. T. and G. P. Lomonosoff. 1993. Cauliflower mosaic virus 35S promoter controlled DNA copies of cowpea mosaic virus RNAs are infectious on plants. **J. Gen. Virol**. 74: 889-892.
- Devi, S. 1952. Studies in the order Parietales. III. Vascular anatomy of the flower of *Carica papaya*. L. with special reference to the structure of the gynoecium. **Indian Aca. Sci. Proc. Sect. B**. 36: 59-69.
- Dillon S., C. Ramage, R. Drew and S. Ashmore. 2005. Genetic mapping of a PRSV-P resistance gene in “highland papaya” based on inheritance of RAF markers. **Euphytica**. 145: 11-23.
- Dolja, V. V., R. Haldeman-Cahill, A. E. Montgomery, K. A. Vandenbosch and J. C. Carrington. 1995. Capsid protein determinants involved in the cell-to-cell and long distance movement of tobacco etch potyvirus. **Virol**. 206: 1007-1016.
- Domier, L. L., K. M. Franklin, A. G. Hunt, R. E. Rhoads and J. G. Shaw. 1989. Infectious *in vitro* transcripts from cloned cDNA of a potyvirus, tobacco vein mottling virus. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**. 86: 3509-3513.
- Dore, J. M. and L. Pinck. 1988. Plasmid DNA containing a copy of RNA 3 can substitute for RNA 3 in alfalfa mosaic virus RNA inocula. **J. Gen Virol**. 69: 1331-1338.

Dougherty, W. G. and J. C. Carrington. 1988. Expression and function of potyviral gene products. **Ann. Rev. of Phytopathology**. 26: 123-143.

Dunn, J. J. and F. W. Studier. 1983. Complete nucleotide sequence of bacteriophage T7 DNA and the location of T7 genetic elements. **J. Mol. Biol.** 166: 477-485.

Eggen, R., J. Verver, J. Wellink, A. De Jong, R. Goldbach and A. Van Kammen. 1989. Improvements of the infectivity of *in vitro* transcripts from cloned cowpea mosaic virus cDNA: Impact of terminal nucleotide sequences. **Virology**. 173: 447-455.

Fakhfakh, H., F. Vilaine, M. Makni and C. Robaglia. 1996. Cell-free cloning and biolistic inoculation of an infectious cDNA of *Potato virus Y*. **J. Gen. Virol.** 77: 519-523.

Fang, R. X., S. Sivasubramaniam and N. H. Chua. 1989. Multiple *cis*-regulatory elements for maximal expression of the cauliflower mosaic virus 35S promoter in transgenic plants. **Plant Cell**. 1: 141-150.

Flasinski, S., U. B. Gunasinghe, R. A. Gonzales and B.G. Cassidy. 1996. The cDNA sequence and infectious transcripts of *Peanut stripe virus*. **Gene**. 171: 299-300.

Freitas D. M. S. and J. A. M. Rezende. 2008. Protection between Strains of *Papaya ringspot virus*- Type W in Zucchini Squash Involves Competition for Viral Replication Sites. **Sci de Agr.** 65: 183-189.

Frenkel, M., C. W. Ward and D. D. Shukla. 1989. The use of 3' noncoding nucleotide sequence in the taxonomy of potyviruses : application to watermelon mosaic virus 2 and *soybean mosaic virus*-N. **J. Gen Virol**. 70: 2775-2780.

Furuichi, Y., A. Lafiandra and A. J. Shatkin. 1977. 5'-Terminal structure and mRNA stability. **Nature**. 266: 235-239.

- Gal-On, A. 2000. A point mutation in the FRNK motif of the potyvirus helper component-protease gene alters symptom expression in cucurbits and elicits protection against the severe homologous virus. **Phytopathology**. 90: 467-473.
- Gal-On, A., Y. Antignus, A. Rosner and B. Raccach. 1991. Infectious *in vitro* RNA Transcripts Derived from Cloned cDNA of the Cucurbit Potyvirus *Zucchini Yellow Mosaic Virus*. **J. Gen. Virol.** 72 (11): 2639-2644.
- Gal-On, A., E. Meiri, H. Huet, J. H. Wu, B. Raccach and V. Gaba. 1995. Particle bombardment drastically increases the infectivity of cloned DNA of zucchini yellow mosaic potyvirus. **J. Gen. Virol.** 76(12): 3223-3227.
- Garzon-Tiznado, J. A., I. Torres-Pacheco, J. T. Ascencio-Ibanez, L. Herrera-Estrella and R. F. Rivera-Bustamante. 1993. Inoculation of peppers with infectious clones of a new geminivirus by a biolistic procedure. **Phytopathol.** 83: 514-521.
- Glover, D. M. and B. D. Hames. 1995. **DNA cloning 1: Core Techniques**. 2nd. Oxford University Press, New York.
- Hagen, L. S., H. Lot, C. Godon, M. Tepfer and M. Jacquemond. 1994. Infection of *Theobroma cacao* using cloned DNA of cacao swollen shoot virus and particle bombardment. **Phytopathol.** 84: 1239-1243.
- Hawley, D. and W. McClure. 1983. Compilation and analysis of *Escherichia coli* promoter DNA sequences. **Nucleic. Acids. Res.** 11: 2237-2255.
- Hofmeyr, J. D. J. 1953. Sex reversal as a means of solving breeding problems of *Carica papaya* L. **S. Afr. J. Sci.** 49: 228-232.

- Holy, S. and M. G. Abouhaidar. 1993. Production of infectious *in vitro* transcripts from a full-length clover yellow mosaic virus cDNA clone. **J. Gen. Virol.** 74: 781-784.
- Jakab, G., E. Droz, G. Brigneti, D. Baulcombe and P. Malnoe. 1997. Infectious *in vivo* and *in vitro* transcripts from a full-length cDNA clone of PVY-N605, a Swiss necrotic isolate of *Potato virus Y*. **J. Gen. Virol.** 78: 3141-3145.
- Jobling, S. A., C. M. Cuthbert, S. G. Rogers, R. T. Fraley and L. Gehrke. 1988. *In vitro* transcription and translational efficiency of chimeric SP6 messenger RNAs devoid of 5' vector nucleotides. **Nucleic. Acids. Res.** 10: 4483-4498.
- Johansen, E. 1996. Intron insertion facilitates amplification of cloned virus cDNA in *Escherichia coli* while biological activity is reestablished after transcription *in vivo*. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 93: 12400-12405.
- Kim, K. S., H. Y. Oh, S. Suranto, E. Nurhayati, K. H. Gough, D. D. Shukla and C. K. Pallaghy. 2003. Infectivity of *in vitro* transcript of Johnsongrass mosaic potyvirus full-length cDNA clones in maize and sorghum. **Arch. Virol.** 148: 563-574.
- Klein, T. M., R. Arentzen, P. A. Lewis and S. Fitzpatrick-McElligott. 1992. Transformation of microbes, plants and animals by particle bombardment. **Bio. Technol.** 10: 286-291.
- Lain, S., J. L. Reichmann and J. A. Garcia. 1989. The complete nucleotide sequence of plum pox potyvirus RNA. **Virus Research.** 13: 157-172.
- Leiser, R. M., V. Ziegler-Graff, A. Reutenauer, E. Herrbach, O. Lemaire, H. Guilley, K. Richards and G. Jonard. 1992. Agroinfection as an alternative to insects for infecting plants with beet western yellows luteovirus. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 89: 9136-9140.

- Lin, S. S., R. F. Hou and S. D. Yeh. 2002. Construction of *in vitro* and *in vivo* infectious transcripts of a Taiwan strain of *Zucchini yellow mosaic virus*. **Bot. Bull. Acad. Sin.** 43: 261-269.
- Lopez-Moya, J. J. and J. A. Garcia. 2000. Construction of a stable and highly infectious intron-containing cDNA clone of plum pox potyvirus and its use to infect plants by particle bombardment. **Virus Res.** 68: 99-107.
- Madamba J. C. 1977. **The Philippines Recommends for Papaya**. Laguna, UPLB.
- Maiss, E., U. Timpe, A. Briske-Rode, W. Jelkmann, R. Casper, G. Hinnler, D. Mattanovich and H. W. D. Katinger. 1989. The complete nucleotide sequence of plum pox virus RNA. **J. Gen. Virol.** 70: 513-524.
- McGregor, S. E. 1976. **Insect pollination of cultivated crop plants**. USDA, Washington D.C.
- Melton, D. A., P. A. Krieg, M. R. Rebagliati, T. Maniatis, K. Zinn and M. R. Green. 1984. Efficient *in vitro* synthesis of biologically active RNA and RNA hybridization probes from plasmids containing a bacteriophage SP6 promoter. **Nucleic Acids Res.** 12: 7035-7056.
- Milne, R. G. and D. E. Lesemann. 1978. An immunoelectron microscope investigation of oat sterile dwarf and related viruses. **Virol.** 90 : 299-304.
- Nakasone, H. Y. 1975. Papaya development in Hawaii. **Hortic. Sci.** 10: 198.
- Nicolas, O., T. P. Pirone and G. M. Hellmann. 1996. Construction and analysis of infectious transcripts from a resistance-breaking strain of tobacco vein mottling potyvirus. **Arch. Virol.** 141: 1535-1552.

- Nyborn, H., S. H. Rogstad and B. A. Schaal. 1990. Genetic variation detected by use of the M13 DNA fingerprint probed in *Malus*, *Prunus* and *Rubus* (*Rosaceae*). **Theor. Appl. Genet.** 79: 153-156.
- Odell, J. T., F. Nagy and N. H. Chua. 1985. Identification of DNA sequences required for activity of the cauliflower mosaic virus 35S promoter. **Nature.** 313: 810-812.
- Popenone, W. 1974. **Manual of Tropical and Subtropical Fruits.** Hafner Press, New York.
- Purcifull, D. E., J. Edwardson, E. Hiebert and D. Gonsalves. 1984. **Papaya ringspot virus.**
Available Source: <http://www.agls.uidaho.edu/ebi/vdie/descr549.htm>, January 15, 2009.
- Purseglove, J. W. 1974. **Tropical Crops Dicotyledons. Vol. 1&2 Combined.** Longman Crop, London.
- Puurand, U., J. P. T. Valkonen, K. Makinen, F. Rabenstein and M. Saarma. 1996. Infectious *in vitro* transcripts from cloned cDNA of the potato A potyvirus. **Virus Res.** 40: 135-140.
- Restrepo-Hartwig, W. A. and J. C. Carrington. 1992. Regulation of nuclear transport of a plant potyvirus protein by autoproteolysis. **J. Virol.** 66: 5662-5666.
- Riechmann, J. L., S. Lain and J. A. Garcia. 1989. The genome-linked protein and 5' end RNA sequence of plum pox potyvirus. **J. Gen. Virol.** 70: 2785-2789.
- Riechmann, J. L., S. Lain and J. A. Garcia. 1990. Infectious *in vitro* transcripts from a plum pox potyvirus cDNA clone. **Virol.** 177: 710-716.
- Riechmann, J. L., S. Lain and J. A. Garcia. 1992. Highlight and prospects of potyvirus molecular biology. **J. Gen. Virol.** 73: 1-16.

- Rizzo, T. M. and P. Palukaitis. 1990. Construction of full-length cDNA clones of *cucumber mosaic virus* RNAs 1, 2 and 3: Generation of infectious transcripts. **Mol. Gen. Genet.** 222: 249-256.
- Rodriguez-Cerezo, E. and J. G. Shaw. 1991. Two newly detected nonstructural viral proteins in potyvirus infected cells. **Viol.** 185: 572-579.
- Sambrook, J. and D. W. Russell. 2001. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual**. 3th ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Samson, J. A. 1980. **Tropical Fruits**. Longman, New York.
- Sanger, F., S. Nicklen and A. R. Coulson. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitor. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.** 74: 5463-5467.
- Sanchez, F., D. Martinez-Herrera, I. Aguilar and F. Ponz. 1998. Infectivity of turnip mosaic potyvirus cDNA clones and transcripts on the systemic host *Arabidopsis thaliana* and local lesion hosts. **Virus Res.** 55: 207-219.
- Sanford, J. C. 1988. The biolistic process. **Trends Biotechnol.** 6: 299-302.
- Sarnow, P. 1989. Role of 3'-end sequences in infectivity of polio virus transcripts made *in vitro*. **J. Virol.** 63: 467-470.
- Shahabuddin, M., J. G. Shaw and R. E. Rhoads. 1988. Mapping of the tobacco vein mottling virus VPg cistron. **Viol.** 163: 635-637.
- Sharma, A. D., P. K. Gill and P. Singh. 2003. RNA isolation from plant tissue rich in polysaccharides. **Anal Biochem.** 314: 319-321.

Surzycki, S. 2000. **Basic Techniques in Molecular Biology**. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, Germany.

Salzman, R. A., T. Fujita, K. Zhu-Salzman, P. M. Hasegawa and R. A. Bressan. 1999. An improved RNA isolation method for plant tissues containing high levels of phenolic compounds or carbohydrates. **Plant Mol Biol Rep.** 17: 11-17.

Sheen, T. F., H. L. Wang and D. N. Wang. 1998. Control of *Papaya ringspot virus* by Cross Protection and Cultivation Techniques. **J. Jpn. Soc. Hort. Sci.** 67: 1232-1235.

Shih, D. S., R. Dasgupta and P. Kaesberg. 1976. 7-Methyl-guanosine and efficiency of RNA translation. **J. Virol.** 19: 637-642.

Shimotohno, K., Y. Kodama, J. Hashimoto and K. I. Miura. 1977. Importance of 5' - terminal blocking structure to stabilize mRNA in eukaryotic protein synthesis. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** 74: 2734-2738.

Shukla, D. D., M. J. Frenkel and C. W. Ward. 1991. Structure and function of the potyvirus genome with special reference to the coat protein coding region. **Can. J. Plant Pathol.** 13: 178-191.

Shukla, D. D. and C. W. Ward. 1988. Amino acid sequence of coat proteins as a basis of identification and classification of the potyvirus group. **J. Gen. Virol.** 69: 2703-2710.

Shukla, D. D., C. W. Ward and A. A. Brunt. 1994. **The potyviridae**. CAB international, Ilingford.

Sit, T. L. and M. G. Abouhaidar. 1993. Infectious RNA transcripts derived from cloned cDNA of papaya mosaic virus: effect of mutations to the capsid and polymerase proteins. **J. Gen. Virol.** 74: 1133-1140.

Soller, M. and J. S. Beckman. 1983. Genetic polymorphism in varietal identification and genetic improvement. **Theor. Appl. Genet.** 67:25-33.

Storey, W. B. 1938. The primary flower types of papaya and the fruit types that develop from them. **Proc. Amer. Soc. Hort. Sci.** 35 : 80-82.

_____. 1953. Genetics of the papaya. **J. Herpetol.** 44: 70-78.

_____. 1958. Modification of sex expression in papaya. **Hortic. Adv.** 2: 49-60.

_____. 1976. Papaya. pp. 339. In N.W. Simmond, ed. **Evolution of Crop Plants.** Longman, New York.

Takahashi, Y. T. Takahashi and I. Uyeda. 1997. A cDNA clone to clover yellow vein potyvirus genome is highly infectious. **Virus Genes.** 14: 235-243.

Tennant P. E., C. Gonsalves, K. S. Ling, M. M. M. Fitch, R. M. Manshardt, J. L. Slightom and D. Gonsalves. 1994. Differential protection against *papaya ringspot virus* isolates in coat protein gene transgenic papaya and classically cross-protected papaya. **The Amer. Phytopathological Soc.** 84: 1359-1366.

Turpen, T. 1989. Molecular cloning of a *potato virus Y* genome: nucleotide sequence homology in non-coding regions of potyviruses. **J. Gen. Virol.** 70: 1951-1960.

Van Bokhoven, H., J. Verver, J. Wellink and A. Van Kammen. 1993. Protoplasts transiently expressing the 200K coding sequence of cowpea mosaic virus BRNA support replication of M-RNA. **J. Gen. Virol.** 74: 2233-2241.

- Verchot, J., E. V. Koonin and J. C. Carrington. 1991. The 35 KDa protein from the N-terminus of the potyviral polyprotein function as a third virus-encoded proteinase. **Virology**. 185: 527-535.
- Viry, M., M. A. Serghini, F. Hans, C. Ritzenthaler, M. Pinck and L. Pinck. 1993. Biologically active transcripts from cloned cDNA of genomic grapevine fanleaf nepovirus RNAs. **J. Gen. Virol.** 74: 169-174.
- Ward, C. W. and D. D. Shukla. 1991. Taxonomy of potyviruses; current problems and some solution. **Intervirology**. 32: 269-296.
- Welsh, J., McClelland M. 1990. Fingerprinting genome using PCR with arbitrary primers. **Nucleic. Acids. Res.** 18: 7213-7218.
- Williams J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski and Tingey V. S. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Res.** 18: 6531-6535.
- Yamaya, Y., M. Yoshioka, T. Meshi, Y. Okada and T. Ohno. 1988. Expression of tobacco mosaic virus RNA in transgenic plants. **Mol. Gen. Genet.** 211: 520-525.
- Yang, S. J., F. Revers, S. Souche, H. Lot, O. L. Gall, T. Candresse and J. Dunez. 1998. Construction of full-length cDNA clones of lettuce mosaic virus (LMV) and the effects on their viability in *Escherichia coli* and on their infectivity to plants. **Arch. Virol.** 143: 2443-2451.
- Yeh, S. D., D. Gonsalves, H. L. Wang, R. Namba and R. J. Chui. 1988. Control of *papaya ringspot virus* by cross protection. **Plant Dis.** 72: 375-380.

- Yeh, S. D., F. J. Jan, C. H. Chiang, T. J. Doong, M. C. Chen, P. H. Chung and H. J. Bau. 1992.
Complete nucleotide sequence and genetic organization of *papaya ringspot virus* RNA.
J. Gen. Virol. 73: 2531-2541.
- Young, M. J., L. Kelly, P. J. Larkin, P. M. Waterhouse and W. L. Gerlach. 1991. Infectious *in vitro* transcripts from a cloned cDNA of *barley yellow dwarf virus*. **Virol.** 180: 372-379.
- Zhong, Y. W., A. Y. Guo, C. B. Li, B. Q. Zhuang, M. Lai, C. H. Wei, J. C. Luo and Y. Li. 2005.
Identification of a Naturally Occurring Recombinant Isolate of *Sugarcane Mosaic Virus*
Causing Maize Dwarf Mosaic Disease. **Virus Genes.** 30: 75-83.



ภาคผนวก

ภาคผนวก ก

ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนในแต่ละส่วนของจีโนมของ
เชื้อไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน
GenBank 12 accession

		1		80
AY010722_TH-W	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTAAAGCATTCAAACACACTCAGCAAATTTTATTCTCAAATTTACAATC		
AY162218_TH-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACATACTCAGCAAACCTTTATCTTCATAATTCACAATT		
PRSV_TH-P_SMK	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACACTCAGCAAACCTTTATTTTCAGATTTACATAATT		
AY027810_TW-W	(1)	AAAAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACACTCGAGCAAACCTTTAATCTTAAATCTTATAATT		
EU882728_TW-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACACTCGAGCAAACCTTAATTTTAAATCTTATCTTT		
X97251_TW-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACACTCGAGCAAACCTTTAATTTTAAATCTTCTCATT		
AY231130_MX-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACATAATCAAAGCATTTCAACAAACATCAACTTATCTCATTTTAAATCTTATACTA		
EU126128_HA-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATCAAAGTACITTCGACAAACATCAACTTATCTCGTTCTCAATTCTCATAACA		
X67673_HA-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACATAATCAAAGTACITTCGACAAACATCAATTTATCTCATTTTCAATTCTCATAACA		
DQ374152_BZ-W	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAACATAAAAGCAATTCACAAATATCAACTTACTTCACTTTAAACAATTACAGCA		
EF017707_IN-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCAATCAAACACATTCAGTACCTTCTACTTTCAAACCTTACAATT		
EU475877_IN-W	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCAATCAAACACACTCAGCACTCTTTACTTTTGAATTCACAATC		
EF183499_CN-P	(1)	--AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTTAAAGCATTCAGCACGCTCAGCAAATTTTATTTTCAGATCTTACAATT		

		81
AY010722_TH-W	(79)	TGCAATC
AY162218_TH-P	(79)	CGCAATC
PRSV_TH-P_SMK	(79)	TGCAATC
AY027810_TW-W	(81)	TGCAATC
EU882728_TW-P	(79)	TACAATC
X97251_TW-P	(79)	TGCAATC
AY231130_MX-P	(79)	AGCGACA
EU126128_HA-P	(79)	AGCAACA
X67673_HA-P	(79)	AGCAACA
DQ374152_BZ-W	(79)	AGCAACA
EF017707_IN-P	(79)	TGTAACC
EU475877_IN-W	(79)	TGCAATC
EF183499_CN-P	(79)	TATAATC

ภาพผนวกที่ ก1 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมในส่วน 5'UTR ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		1		80
AY010722_TH-W	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLSHKRGKGWIEHKLERKGERGNTRHVGEFVISEGAKILQIVQIGNAEIGRTFLEGDRRTQADIF		
AY027810_TW-W	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLSHKRGKGWIEHKLERKGERGNSRHVGEFVISEGARILQIIQIGNAEVGRFLEGNNRRTRADIF		
AY162218_TH-P	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLAHERGKGWIEHKLERKGDGRNTRHVGEFVISEGAKILQIIQIGNAEVGRFLEGDRKTRADIF		
AY231130_MX-P	(1)	MSSLYTLRAAAQYDRRLLESKKGAGWIEHKLERKGDGNTHYCSFEDISKGAKILQIVQIGSAEVGRFLEGNNRVNANIF		
DQ374152_BZ-W	(1)	MSSLYTLRPAAQHDRRLLESKKGSGWIEHKLERKGEKGNTHYCSFEDISRGAKILQIVQIGNAEVGRFLEGNNRVNANIF		
EF017707_IN-P	(1)	MSSLYQLQPIALRDRLLGHKKGRGWIEHKLERKGERGNTRHVGEFVISEGAKILQIVQIGNAEIGRTFLEGSRRVRADIF		
EF183499_CN-P	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLSHSRGKGWIEHKLERKGERGNTRHVGEFVISEGAKILQIIQIGNAEVGRFLEGDRRTIRADIF		
EU126128_HA-P	(1)	MSSLYTLRAAAQYDRRLLESKKGSGWIEHKLERKGERGNTHYCSFEDISKGAKILQIVQIGNTEVGRFLEGNNKFVRANIF		
EU475877_IN-W	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLGHKKGRGWIEHKLEMGDRGNTRHVGEFVISEGAKILQIVQIGNATIGRTFLEGDRRVRADIF		
EU882728_TW-P	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLSHERGKGWIEHKLERKGERGNTRHVGEFVISEGAKILQIVQIGNTEVGRFLEGTRRRTRADIF		
PRSV_TH-P_SMK	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLSHKRGKGWIEHKLERKGDGRNTRHVGEFVISEGAKILQIIQIGNVEVGRFLEGNNRRTRADIF		
X67673_HA-P	(1)	MSSLYTLRAAAQYDRRLLESKKGSGWIEHKLERKGERGNTHYCSFEDISKGAKILQIVQIGNTEVGRFLEGNNRVNANIF		
X97251_TW-P	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLSHERGKGWIEHKLERKGERGNTRVVGGEFVISEGAKILQIVQIGNTEVGRFLEGNNRRTRADIF		
Consensus	(1)	MSSLYQLQPIALKDRLLSHKRGKGWIEHKLERKGERGNTRHVGEFVISEGAKILQIVQIGNAEVGRFLEGNNRRVRADIF		
		81		160
AY010722_TH-W	(81)	EIIKKTMVGHLGYDFECGLWCCHSCDNTSDKYFKKDCGEEKYYYSEGNLIKSMHDLIMYQFDMTAAEIDQVGLDYLAEAVD		
AY027810_TW-W	(81)	EIVKKTVMGRLGYDFESELWCCHSCDNTSAKYFKKDCGEEKYYYSEGNLIKSMHDLIMYQFDMSTSEIEQVGYDYLAEAVN		
AY162218_TH-P	(81)	EIVKKTVMGHLGYDFECGLWCCHSCDKTSAKYFKKDCGEEKYYYSEGNLIKSMHDLIMYQFNMTASEIDQVEYNLYAEAVN		
AY231130_MX-P	(81)	EIIIRKTMVGRIGYDFESELWVCHNCRNTSEKYLKKDCGCEKYYYSEGNLMKTMNDITYQFDMTPSEINSVDFDYLAEDAVID		
DQ374152_BZ-W	(81)	EIIIRKTMVGRIGYDFESELWVCHNCSETSEKYFKKDCGCEKYYYSEGNLMQTMHDLIMYQFDMTPSEIDSVDFDYLTAAVE		
EF017707_IN-P	(81)	EIVKKTVMVGHLGYDFESELWFCHSCDNTSNKYFKKCNCGDKYYYSEGNLIKTMHDLIMHOFDMTSLEINAVGYDYLAEDAVN		
EF183499_CN-P	(81)	EIVKKTVMGGLGYDFECGLWYCHSCDNTSAKYFKKCNCGEEKYYYSEGNLIKSIHDLIMYQFDMTASEIEQVGLHYLAEAVD		
EU126128_HA-P	(81)	EIIIRKTMVGRIGYDFESELWVCRNCDKTSEKYFKKDCGCTYYYSEGNLMKTMNDIMYQFDMTPSEINSVDLEYIANALD		
EU475877_IN-W	(81)	EIVKKTVMGHLGYDFESELWFCHSCDNTSDKYFKKDCGCEKYYYSEGNLIKTMHDLIMYQFDMTPSEIDAVGYDYLAEDAVID		
EU882728_TW-P	(81)	EIVKKTVMGRLGYDFESELWFCHSCDNTSAKYFKKDCGEEKYYYSEGNLIKSMRDIMYQFDMTTSEIEQVGYGYLAEAVD		
PRSV_TH-P_SMK	(81)	EIVKKTVMGLIKYDFECGLWCCHSCDRTSEKYFKKDCGCEKYYYSEGNLIKSMHDLIMYQFDMSSASEIEQVGYDYLAEDAVID		
X67673_HA-P	(81)	EIIIRKTMVGRIGYDFESELWVCRNCDKTSEKYFKKDCGCTYYYSEGNLMRTMNDIMYQFDMTPSEINSVDLEYIANAVD		
X97251_TW-P	(81)	EIVKKTVMGRLGYDFESELWCCHSCDNTSAKYFKKDCGEEKYYYSEGNLIKSMRDIMYQFDMTTSEIEQVGYDYLAEAVD		
Consensus	(81)	EIVKKTVMGRLGYDFESELWCHSCDNTSEKYFKKDCGCEKYYYSEGNLIKSMHDLIMYQFDMTSEIEQVGYDYLAEAVD		

ภาพผนวกที่ ก2 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน P1 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161		240
AY010722_TH-W	(161)	YAEQSVKSKVPVPDEPEFVEVLAASEESHVLPVEPEVSVITRAEAEAWTIQIGEIPVPLVVIKETPVISGVNGLMISSTG		
AY027810_TW-W	(161)	FAELSVVESKTPAPEPEIIVNTGASIEGGLLVASEPEIVSIITKVEEAWTIQIGEISVPLVVIKETPVISCMSTLISSTG		
AY162218_TH-P	(161)	FAEQSVIKSKVPVSVEPDFVKPIVASEESLLVPEPEIIVPVITKVEEAWTIQIGEIPVPLVVIKETPVISGVNGLTLESTG		
AY231130_MX-P	(161)	YAEERSVOKSOVPEPEVELVVEPIAASEEGTLMVSEPEVVPATTKIEDAWTIQIGEIPVPLVVIKETPVISGVNGLTINSTG		
DQ374152_BZ-W	(161)	YAEERSVERSRRPEPEVELAMMEPVASEESIIMVPKPVITPVINKVEEAWTIQIGEIPVPLVVIKETPTISGVNGLTINSTG		
EF017707_IN-P	(161)	FAEQSAKRPOVLESVELLEALKPLKTDEELLATP-EPKVSLVITKLEDACTIQIGEITVPLVVIKETAIVVKCITSNLLISAG		
EF183499_CN-P	(161)	YAEQSVSKSKVPASVEPEGEVIAIADCEVGLLVASEPEVVPVITARVEKAWTIQIGEIPVPLVVIKETPMVSCMNCNLINSTG		
EU126128_HA-P	(161)	YAEQLVKRSOVSEPEVELAVMEPIVASGEGGLMVSEPEVMPVITKVEEAWTIQIGEIPVPLVVIKETPVISGVNGLTINSTG		
EU475877_IN-W	(161)	YAEERSAKEPOVVDPEHEVLKPEIDEETLAVP-EPEVTLVITKLENAWTIQIGDISVPLVVIKETPVIKCITGSLISSTG		
EU882728_TW-P	(161)	FAEQSGVKFKVPTPEELEIVETSTSSGGLLVASEPEIIVPIITKAEAWTIQIGEISVPLVVIKETPVISCMSTLISSTG		
PRSV_TH-P_SMK	(161)	FAEQSGTKSKVSAPVEPEFVENTVASEGGFLVTPPEVVITVAKVEEAWTIQIGEIPVPLVVIKGTPAISGVNGLIPNSTG		
X67673_HA-P	(161)	YAEQLVKRSOVSEPEVELAMMEPIVASGEGILMVSEPEVMPVITKVEEAWTIQIGEIPVPLVVIKETPVISGVNGLTINSTG		
X97251_TW-P	(161)	FAEQSGVKFKAPAPEPEIIMETSASSEGGLLVASEPEIIVPIITKAEAWTIQIGEISVPLVVIKETPVISCMSTLISSTG		
Consensus	(161)	YAEQSV KSKVP PVE EIVEPI ASEEGLLV SEPEVVPVITKVEEAWTIQIGEIPVPLVVIKETPVISGV GTL STG		
		241		320
AY010722_TH-W	(241)	FSLEAEIAKPAKSTVPQDEVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRVRKHKEHAKIEAIRVRKEKERDHR		
AY027810_TW-W	(241)	FSLEAEVAKPATSTVPQNEIKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSVSLLELHKRVRKHKEHAKIEAIRVRKEKERDQR		
AY162218_TH-P	(241)	FSLEAEITDSVKSTALQNEIKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELYKRVKHKHEHAKTEAIRVOKEKEMNKR		
AY231130_MX-P	(241)	FSLEAEITKLVEKEVSQEEVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRIRKHKHEHAKIAAIOVOKEREKNOK		
DQ374152_BZ-W	(241)	FSLEADTTQLAEKEVLOEEVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSANLELHKRIRKHKHEHAKIAAIOVRKEREKDQK		
EF017707_IN-P	(240)	FSLEAETAGPVKKEVFOEEVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRIRKHKHEHTKILAIQVQEKERNOK		
EF183499_CN-P	(241)	FSLEAEITKPEQSVSKDKVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRIRKHKHEHAKIEAIRVRKEKERDQK		
EU126128_HA-P	(241)	FSLEADITKLVEKEILOEEVKEAVHLALEVGNDIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRIRKHKHEHAKIAAIOVOKEREKDQK		
EU475877_IN-W	(240)	FYLEAETDRPVSESEISREEVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRVRKHKEHAKIAAIOVLKEKERDQK		
EU882728_TW-P	(241)	FSLGAEIAKPATNTVLOSKEEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRVRKHKEHAKIEAIRVRKEKERDQR		
PRSV_TH-P_SMK	(241)	FPPEADITKPAKDTVSQAEIEEAVHLALEVGDEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRVRKHKEHAKIEAIRVRKEKERDQK		
X67673_HA-P	(241)	FSLEADITKLVEKEILOEEVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRIRKHKHEHAKIAAIOVOKEREKDQK		
X97251_TW-P	(241)	FSLEAEIAKPATSTVPQSEIEEAYLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRVRKHKEHAKIEAIRVRKEKERDQR		
Consensus	(241)	FSLEAEITKP V QEEVKEAVHLALEVGNEIAEKKPELKLTPYWSASLELHKRVRKHKEHAKIEAIRVRKEKERDQK		

ภาพผนวกที่ ก2 (ต่อ)

		321		400
AY010722_TH-W	(321)	IFAALEAKNLKARRQGOVVCDKRGILKWKKRQQRKRNKVAOLSDSVVTKIHANTECRTPNLDVETPGIKCATSKVTR		
AY027810_TW-W	(321)	IFAALEAKNLGTRRKGQIVVCDKRGTLKWKKYQKRKSKVIAOVSDSVVTKIHSNTECETRDLDVAIPGIKCATSKKMW		
AY162218_TH-P	(321)	IFAALEGEINLKARRQGVIVCDKRGTLKWKKRQQCKRSKVIAOVSDSVVTKIHSNTECETRNIDVAIPGVKCATSKKLQ		
AY231130_MX-P	(321)	IFSILESKNLKSRRRNOTVVC DKRGTLKWKTRQGYKSRMLMQASDSVVTQIYCDFGCEPQYSEPHSSGIKIATSKKVH		
DQ374152_BZ-W	(321)	IFSFAELRLNLKVRRRNOTVVC DKRGTLKWKTRQSRKSKLMPQVSDSVVTQIYCGFGSEPQNSEPNLSGIKRATSKKVC		
EF017707_IN-P	(320)	IFSFAELKLNKARRRNOTVVC DKRGTFKWKTRQSYKKGKLMQOVSDSVVTQIHCDFGYKPYSEPHIPGIKRATSKKVC		
EF183499_CN-P	(321)	IFAALEVKNLRRARRQGOVVCDKRGTFKWKKRQQCKSKVLSOVSDTVVTKIHSDFACKTLNLNTAIPGIKRATSKRMW		
EU126128_HA-P	(321)	VFSALELRNLKSRRRDOAVVCDKRGTLKWKTRRGHKSKLMQOASDFVVTQIHCDFGCKTQYSEPNIPGIKQSTSKKIC		
EU475877_IN-W	(320)	IFSALSKNLKARRKNOTVVC DRGTLKWKTRQGHKSKLMQOVSDSVVTQIHCDDLDPYKPYSEFHFSGIKRATSKKVC		
EU882728_TW-P	(321)	IFAALEVKNLGTTRRKGQIVVCDKRGTFKWKKQQRKSKVVAOVSDFVVTKIHGNEFCGTRDLDVAIPGIKCATSKKML		
PRSV_TH-P_SMK	(321)	IFADLEAKLSLGVRRRNOVVCNERGTLRWKKRQQHKKRTVITOVSDSVVTKIHSNTECGARSPDTETPGIKCATSKKMR		
X67673_HA-P	(321)	VFSALELRNLKSRRRNOAVVCDKRGTLKWEQORGHKSKLMQOASDFVVTQIHCDFGCKTQYSEPHIPGIKQSTSKKIC		
X97251_TW-P	(321)	IFAALEAKNLGTRRKGQIVVCDKRGTLKWEKQQRKSKVVAOVSDSVVTKIHGNEFCETRDLDVAIPGIKCATSKKMW		
Consensus	(321)	IFAALE KLNKARRR QVVCDKRGTLKWKKRQ KSKLM QVSDSVVTKIH FEC T D IPGIK ATSKKM		
		401		480
AY010722_TH-W	(401)	KKQTOPKIFGSNKVNYVMKNLCDI IIDRNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVHLRHMDGNNAPRDVSSSDMEKLETRFC		
AY027810_TW-W	(401)	KKQKSSKIMGSNKINYYVMKNLCET IVDRNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVLRHMSGNAPQDVSSSPMEKLETRFC		
AY162218_TH-P	(401)	KEQKQFRLVGSNKVNYVMKNLCDI IVDRNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVQLRHMDGINAPRDVSSSPMEKLETRFC		
AY231130_MX-P	(401)	KPRKQSRIVGNKINYYVMKNLCDI ITERSIPVELITKROKRRILQKKGRSYVQLRHMDGIRAQDVSSSPDMEKLETRFC		
DQ374152_BZ-W	(401)	KPRKQSRIVGNKINYYVMKNLCDI ITERSIPVELITKROKRRILQKEGRSYVQLRHMDGIRAQDVSSSPDMEKLETRFC		
EF017707_IN-P	(400)	KPRKQSRIVGNKIHYYVMKNLCDI ITERSIPVELITKROKRRILQKKGRSYVQLRHMDGIRAQDVSSSPIMEKLETRFC		
EF183499_CN-P	(401)	KROKOPKIFGSNKVNYVMKNLCDI IIDRNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVQLRHMTGANKPKDVSSSPMEKLETRFC		
EU126128_HA-P	(401)	KPRKQSRIVGKSKINYYVMKNLCNII ITERSIPVELITKROKRRILQKEGRSYVQLRHMDGIRARQDVSSSPDMEKLETRFC		
EU475877_IN-W	(400)	KPRKOMRIVGNKINYYVMKNLSGI ITERSIPVELITKROKRRILQKKGRSYVQLRHMDGIRARQDVSSSPDMEKLETRFC		
EU882728_TW-P	(401)	KKQKSSKLMGSNKINYYVMKNLCET IVDNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVQLRHMSGNAPRDVSSSPMEKLETRFC		
PRSV_TH-P_SMK	(401)	KKQEQSRIVGSNKINYYVMKNLCDI ITERNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVQLRYMDGNNAPQDVSSSPMEKLETRFC		
X67673_HA-P	(401)	KPRKQSRIVGSKINYYVMKNLCDI ITERSIPVELITKROKRRILQKEGRSYVQLRHMDGIRARQDVSSSPDMEKLETRFC		
X97251_TW-P	(401)	KKQKSSKLRGSNKINYYVMKNLCET IVDNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVQLRHMSGNAPRDVSSSPMEKLETRFC		
Consensus	(401)	K QKQSRIVGSNKINYYVMKNLCDI IERNIPVELITKROKRRIFRKDGKNYVQLRH GINA RDVSSSPMEKLETRFC		

ภาพผนวกที่ ก2 (ต่อ)

		481		548
AY010722_TH-W	(481)	KFLIRKQ	SINAA	NLTHGSSGLIFKPKFADRTGRYFGEYF
AY027810_TW-W	(481)	KFLIRROSVKAAR	LTHGSSGLIFKPKFADRI	GRYFGEYF
AY162218_TH-P	(481)	KFLVRRQSVKASCL	THGSSGLIFKPKFADRVGRYFGEYF	FITRGRCEGK
AY231130_MX-P	(481)	KFLVGHKPKKSES	LT	FSSGLIFKPKFADNVGRYFGDYFVVRGRLE
DQ374152_BZ-W	(481)	KFLVGHKPKKSGNLT	FSSGLIFKPKFADNVGRHFGDYFVVRGR	LGKRLFDGRSKLARS
EF017707_IN-P	(480)	KFLVGHKPKKSNLT	FSSGLIFKPKFADNVGRYFGDYF	FITRGRLEGGKRLFDGRSKLARS
EF183499_CN-P	(481)	KFLIRKQPVKAAR	LTHGSSGLIFKPKFADRVGRYFGDYF	FITRGRYEGK
EU126128_HA-P	(481)	QFLVGHKPKKSKNLT	FSSGLIFKPKFADNVGRYFGDYFVVRGR	LGKRLFDGRSKLARS
EU475877_IN-W	(480)	KFLVGHKSLKSSNLT	FSSGLIFKPKFADNVGRYFGDYFVVRGR	LGKRLFDGRSKLARS
EU882728_TW-P	(481)	KFLIRROSVKAAR	LTHGSSGLIFKPKFADRVGRYFGEYF	FITRGRYAGK
PRSV_TH-P_SMK	(481)	KFLIRROSVKAACL	THGSSGLIFKPKFADRI	GRYFGEYF
X67673_HA-P	(481)	KFLVGHKPKKSKNLT	FSSGLIFKPKFADNVGRYFGDYFVVRGR	LGKRLFDGRSKLARS
X97251_TW-P	(481)	KFLIRROSVKAAR	LTHGSSGLIFKPKFADRI	GRYFGEYF
Consensus	(481)	KFLVRRQSVKAA	LTHGSSGLIFKPKFADRVGRYFGDYF	FITRGR G

ภาพผนวกที่ ก2 (ต่อ)

	1		80
AY010722_TH-W	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHVCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMNKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
AY027810_TW-W	(1)	NDVAEKFWLGFNRTFLRHRKPADHVCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMNKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
X97251_TW-P	(1)	NDIAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHVCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMNKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
EU882728_TW-P	(1)	NDIAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHACTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMNKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
AY162218_TH-P	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHVCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMNKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
AY231130_MX-P	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHTCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMSRVKGRVIDEVGEDLNSELERL	
EU126128_HA-P	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHTCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMSKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
X67673_HA-P	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHTCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMSKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
DQ374152_BZ-W	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHTCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMSKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
EU475877_IN-W	(1)	-DVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHTCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMSRVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
EF183499_CN-P	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHVCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMIRVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
EF017707_IN-P	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHTCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMSKVKGRVIDEVGEDLNCELGRL	
PRSV_TH-P_SMK	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHVCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMNKVKGRVIDEVGDDLNCELGRL	
Consensus	(1)	NDVAEKFWLGFNRAFLRHRKPTDHCTSDMDVTMCGEVAALATIILFPCHKITCNTCMKVKGRVIDEVGEDLNCELERL	
	81		160
AY010722_TH-W	(81)	RETLSSYGGSFGRVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATGYEFERASDSLRE	
AY027810_TW-W	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEVAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATCNEFGKASDSLRE	
X97251_TW-P	(81)	RETLSSYGGSFGRVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEVAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATCNEFGKASDSLRE	
EU882728_TW-P	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNKVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATCNEFEKASDSLRE	
AY162218_TH-P	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATCNEFEKASDNLRE	
AY231130_MX-P	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQMNRLNARNMNDGAFKEIAKKIDAKKESPWTHMTINNTLIKGSLATGYEFERASDSLLE	
EU126128_HA-P	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEVAKKIDKKESPWTHMTINNTLIKGSLATGYEFERASNSLRE	
X67673_HA-P	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTINNTLIKGSLATGYEFERASNSLRE	
DQ374152_BZ-W	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATGYEFERASGNLLE	
EU475877_IN-W	(80)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATGYEFERASDSLRE	
EF183499_CN-P	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATGYEFERASDNLRE	
EF017707_IN-P	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATCNEFEERASDSLRE	
PRSV_TH-P_SMK	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSIVTCHEFERASDSLRE	
Consensus	(81)	RETLSSYGGSFGHVSTLLDQLNRVLNARNMNDGAFKEIAKKIDKKESPWTHMTAINNTLIKGSLATGYEFERASDSLRE	

ภาพผนวกที่ ก3 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน HC-Pro ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161		240
AY010722_TH-W	(161)	V	IVRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
AY027810_TW-W	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
X97251_TW-P	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
EU882728_TW-P	(161)	V	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
AY162218_TH-P	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
AY231130_MX-P	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
EU126128_HA-P	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
X67673_HA-P	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
DQ374152_BZ-W	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
EU475877_IN-W	(160)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
EF183499_CN-P	(161)	V	VRWHLN	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
EF017707_IN-P	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
PRSV_TH-P_SMK	(161)	V	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN
Consensus	(161)	I	VRWHLKR	TESIKAGSVESFRNKRSGKAHFN

		241		320
AY010722_TH-W	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
AY027810_TW-W	(241)	P	NGIRKVA	IGNLI
X97251_TW-P	(241)	P	NGIRKVA	IGNLI
EU882728_TW-P	(241)	P	NGIRKVA	IGNLI
AY162218_TH-P	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
AY231130_MX-P	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
EU126128_HA-P	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
X67673_HA-P	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
DQ374152_BZ-W	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
EU475877_IN-W	(240)	P	NGIRKIA	IGNLI
EF183499_CN-P	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
EF017707_IN-P	(241)	P	NGIRRIA	IGNLI
PRSV_TH-P_SMK	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI
Consensus	(241)	P	NGIRKIA	IGNLI

ภาพผนวกที่ ก3 (ต่อ)

		321		400
AY010722_TH-W	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKRGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
AY027810_TW-W	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
X97251_TW-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
EU882728_TW-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
AY162218_TH-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKRGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
AY231130_MX-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
EU126128_HA-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
X67673_HA-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
DQ374152_BZ-W	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKRGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
EU475877_IN-W	(320)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
EF183499_CN-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
EF017707_IN-P	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
PRSV_TH-P_SMK	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
Consensus	(321)	DPKYVDLPTLES	SDSMYIAKKGYCYMNI	FLAMLINIPENEAKDFTKRVRDLVGSKLGEWPTMLDVATCANQLIIFHPDAAN
		401		458
AY010722_TH-W	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
AY027810_TW-W	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
X97251_TW-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
EU882728_TW-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
AY162218_TH-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
AY231130_MX-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
EU126128_HA-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFARDPLDSEMKHYIVG		
X67673_HA-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFARDPLDSEMKHYIVG		
DQ374152_BZ-W	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
EU475877_IN-W	(400)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
EF183499_CN-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
EF017707_IN-P	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		
PRSV_TH-P_SMK	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFARDPLDSEMKHYIVG		
Consensus	(401)	AELPRILVDHRQKTMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKHYIVG		

ภาพผนวกที่ 3 (ต่อ)

		1		80					
AY010722_TH-W	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
PRSV_TH-P_SMK	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
AY027810_TW-W	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
EU882728_TW-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
X97251_TW-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
EF017707_IN-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
AY231130_MX-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
EU126128_HA-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
X67673_HA-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
EF183499_CN-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
AY162218_TH-P	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
DQ374152_BZ-W	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
EU475877_IN-W	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
Consensus	(1)	GEFDPTT	SCLHQLIRVIYK	PHELRNLLRN	EPYLI	VIALMSPSVLLTLFNSG	AIEHALNYWIKR	QDVVEVIVLVEQL	CRK
		81							160
AY010722_TH-W	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
PRSV_TH-P_SMK	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
AY027810_TW-W	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
EU882728_TW-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
X97251_TW-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
EF017707_IN-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
AY231130_MX-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
EU126128_HA-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
X67673_HA-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
EF183499_CN-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
AY162218_TH-P	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
DQ374152_BZ-W	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
EU475877_IN-W	(80)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ
Consensus	(81)	VTLART	IILEQFNE	IRQNARD	I	HELM	DRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQ	LTDEGLLKQGFSTLDPRLREAVEKTYA	ALLQ

ภาพผนวกที่ ก4 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน P3 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161		240
AY010722_TH-W	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KALLQPIKAGAEITSRLLNGCGT	
PRSV_TH-P_SMK	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRVLDKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KALLQPIKAGAEVETSRLLNGCGT	
AY027810_TW-W	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KTLTQPIKVGAKITSRLNGCGT	
EU882728_TW-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KTLTQPIKVGAKIASRLNGCGT	
X97251_TW-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KTLTQPIKAGAKITSHLNGCGT	
EF017707_IN-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KTVLQPIKTGAETASRLNGCGT	
AY231130_MX-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KAFLOQVVRAGAKIASRVINGCGT	
EU126128_HA-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KAFLOQVVKAGAKIASRLINVCQA	
X67673_HA-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KAFLLPVKAGAKIASRLINGCCA	
EF183499_CN-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KALLQPIKAGAEVASRVVNGCGT	
AY162218_TH-P	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGCADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KALLRPIEAGAKITSRFMSGCGT	
DQ374152_BZ-W	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	-----KALLHPVKAGAAITSRMINGCCV	
EU475877_IN-W	(160)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	KAFGKALLQPVKAGAEIASRAISGCGT	
Consensus	(161)	EEWRALSLFQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRADLKIVYDFSPKYCVHEVG	KALLQPIKAGAKIASRLINGCGT	
		241		320
AY010722_TH-W	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEAEKOKDYDRLEALYAELOVKNCGDQPTT		
PRSV_TH-P_SMK	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSVQGIATEHIQLKQAKAEAEKOKDFDRLEALYAELOVKICDQPTT		
AY027810_TW-W	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTV		
EU882728_TW-P	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTF		
X97251_TW-P	(237)	FIRKSVARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKORDFDRLEALYAELOVKSSEQPTF		
EF017707_IN-P	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSVQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTA		
AY231130_MX-P	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRNAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTA		
EU126128_HA-P	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTA		
X67673_HA-P	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTT		
EF183499_CN-P	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKGGEQPTA		
AY162218_TH-P	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKGGEQPTA		
DQ374152_BZ-W	(237)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTA		
EU475877_IN-W	(240)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKORDFDRLEALYAELOVKSSEQPTA		
Consensus	(241)	FIRKSAARGCAYIFKDLFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEIKOKDFDRLEALYAELOVKSSEQPTA		

ภาพผนวกที่ 4 (ต่อ)

	321	349
AY010722_TH-W	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQAYS LIHIPVIHQ
PRSV_TH-P_SMK	(317)	EEFLDFVMDREPRIKDOVYS LIHIPVIHQ
AY027810_TW-W	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQVYS LIHIPVIHQ
EU882728_TW-P	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQVYS LIHIPVIHQ
X97251_TW-P	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQVYS LIHIPVIHQ
EF017707_IN-P	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQAYS LIHIPVIH-
AY231130_MX-P	(317)	EEFLDFVMDREPRIKDQAYN LIHIPVIHQ
EU126128_HA-P	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQAYN LYIPVIHQ
X67673_HA-P	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQAYN LYIPVIHQ
EF183499_CN-P	(317)	EEFLDFVIDREPRIKDOVYN LYIPVIHQ
AY162218_TH-P	(317)	EEFLDFVMEREPRIKDQAYS LIHIPVIHQ
DQ374152_BZ-W	(317)	EEFLDFVMEREPRIEGOAYS LIHIPVIHQ
EU475877_IN-W	(320)	EEFLDFVMEREPRIKDQAYS LIHIPV---
Consensus	(321)	EEFLDFVMEREPRIKDQAYS LIHIPVIHQ

ภาพผนวกที่ ก4 (ต่อ)

		1	55
AY010722_TH-W	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQ	
AY162218_TH-P	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVIKSCDNTNVYHQ	
AY231130_MX-P	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVIKSCDANVYHQ	
EF017707_IN-P	(1)	--QAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVIKSCDANVYHQ	
EU882728_TW-P	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVIKSCNTDVYHQ	
PRSV_TH-P_SMK	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVIKSCNTDVYHQ	
X97251_TW-P	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVIKSCNSDVYHQ	
DQ374152_BZ-W	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQ	
EF183499_CN-P	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSCNTSVYHQ	
EU126128_HA-P	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSSNANVYHQ	
X67673_HA-P	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSSNTNVYHQ	
AY027810_TW-W	(1)	---AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQ	
EU475877_IN-W	(1)	IHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSCNTNV---	
Consensus	(1)	AKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDKSDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQ	

ภาพผนวกที่ ก5 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน 6K1 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

	1		80
AY010722_TH-W	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
AY162218_TH-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRVNAATVASEIAHSP	
PRSV_TH-P_SMK	(1)	---SLDDIRDFYEDNQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGMFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
EF017707_IN-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGESQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
AY231130_MX-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSTAAATVASEIAHSP	
EU126128_HA-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRVNAATVASEIAHSP	
X67673_HA-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRVNAATVASEIAHSP	
EU475877_IN-W	(1)	YHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGETQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGMFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
EF183499_CN-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSYAATVASEIAHSP	
AY027810_TW-W	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
DQ374152_BZ-W	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
EU882728_TW-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDINGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGITFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
X97251_TW-P	(1)	---SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIVDTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
Consensus	(1)	SLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTFEKWWDNQLSNNNTIGHYRIGGTFVEFSRSNAATVASEIAHSP	
	81		160
AY010722_TH-W	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
AY162218_TH-P	(78)	DREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGNVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
PRSV_TH-P_SMK	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
EF017707_IN-P	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
AY231130_MX-P	(78)	DREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
EU126128_HA-P	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
X67673_HA-P	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
EU475877_IN-W	(81)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
EF183499_CN-P	(78)	EREYFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGNVLLIEPTRPLCENVCKQLRSEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
AY027810_TW-W	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGNVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
DQ374152_BZ-W	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
EU882728_TW-P	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSRHGNVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	
X97251_TW-P	(78)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGNVLLIEPTRPLCENVCKQLRSEPFHCNPTIRMRGLTAFDSTNITIMTSGFALHY	
Consensus	(81)	EREFLVRGAVGSGKSTNLPFLLSKHGSVLLIEPTRPLCENVCKQLRGEPFHCNPTIRMRGLTAFGSTNITIMTSGFALHY	

ภาพผนวกที่ ก6 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน CI ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161		240
AY010722_TH-W	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
AY162218_TH-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
PRSV_TH-P_SMK	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
EF017707_IN-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
AY231130_MX-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
EU126128_HA-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
X67673_HA-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
EU475877_IN-W	(161)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
EF183499_CN-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
AY027810_TW-W	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
DQ374152_BZ-W	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
EU882728_TW-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
X97251_TW-P	(158)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
Consensus	(161)	YAHNIQQIRLRFDFIIFDECHVIDSQAMAFYCIMEGNAIEKKVLKVSATPPGREVEFSTQFP	TKIVTEQ	SISFKQLVDNFG
		241		320
AY010722_TH-W	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
AY162218_TH-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
PRSV_TH-P_SMK	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
EF017707_IN-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
AY231130_MX-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
EU126128_HA-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
X67673_HA-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
EU475877_IN-W	(241)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
EF183499_CN-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
AY027810_TW-W	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
DQ374152_BZ-W	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
EU882728_TW-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
X97251_TW-P	(238)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV
Consensus	(241)	TGANSDVTAFADNILVYVASYNEVDQLSKLLSDKGYLVT	KIDGR	TMKV

ภาพผนวกที่ ก6 (ต่อ)

		321		400
AY010722_TH-W	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
AY162218_TH-P	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
PRSV_TH-P_SMK	(318)	AVIDFGMKVVPEMDL	SDNRMIRYSKQAI	SLGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
EF017707_IN-P	(318)	AVIDFGTKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
AY231130_MX-P	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
EU126128_HA-P	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
X67673_HA-P	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
EU475877_IN-W	(321)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQ	SI SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
EF183499_CN-P	(318)	AVIDFGVKKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
AY027810_TW-W	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
DQ374152_BZ-W	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
EU882728_TW-P	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
X97251_TW-P	(318)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
Consensus	(321)	AVIDFGMKVVPEMDS	SDNRMIRYSKQAI	SFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLPVM
		401		480
AY010722_TH-W	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
AY162218_TH-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
PRSV_TH-P_SMK	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
EF017707_IN-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
AY231130_MX-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
EU126128_HA-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
X67673_HA-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
EU475877_IN-W	(401)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
EF183499_CN-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
AY027810_TW-W	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
DQ374152_BZ-W	(398)	THNVGLSLLKSCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
EU882728_TW-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
X97251_TW-P	(398)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE
Consensus	(401)	THNVGLSLLKNCTVRQARTM	QQYELSPFFT	QNLVNFDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEIRLSEAAIPHGVQSIWMSAREYE

ภาพผนวกที่ 6 (ต่อ)

		481		560
AY010722_TH-W	(478)	AVGGRLCLEGDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
AY162218_TH-P	(478)	AVGGRLCLEGDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
PRSV_TH-P_SMK	(478)	AVGGRLCLEGDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
EF017707_IN-P	(478)	AVGGRLCLEGDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
AY231130_MX-P	(478)	AVGGRLCLESDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
EU126128_HA-P	(478)	AVGGRLCLEGDI	RIPFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
X67673_HA-P	(478)	AVGGRLCLEGDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
EU475877_IN-W	(481)	AVGGRLCLESDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
EF183499_CN-P	(478)	AVGGRLCLESDI	RIPFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
AY027810_TW-W	(478)	AVGGRLCLESDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
DQ374152_BZ-W	(478)	AVGGRLCLESDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
EU882728_TW-P	(478)	AVGGRLCLESDVRL	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
X97251_TW-P	(478)	AVGGRLCLESDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
Consensus	(481)	AVGGRLCLESDVRI	PFLIKDVPERLYKELWDIVQTYKRDFTFGRINSVSAGKIAYTLRTDVYSIPRTLITIDKLI	ESNM
		561		638
AY010722_TH-W	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
AY162218_TH-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
PRSV_TH-P_SMK	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
EF017707_IN-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
AY231130_MX-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
EU126128_HA-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
X67673_HA-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
EU475877_IN-W	(561)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
EF183499_CN-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
AY027810_TW-W	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
DQ374152_BZ-W	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
EU882728_TW-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
X97251_TW-P	(558)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	
Consensus	(561)	KHAHFKAMTSGTGLNSSFSLLGVINTIQSRYLVDHSDVENIRKIQ	LAKAQIQQLEAHVQENNVENLIQSLGAVRAVYHQ	

ภาพผนวกที่ ก6 (ต่อ)

		1	60
AY010722_TH-W	(1)	---SVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNIHVFHQ	
DQ374152_BZ-W	(1)	---SVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
AY162218_TH-P	(1)	---SVDGIKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
EU475877_IN-W	(1)	YHQ SVDGIKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHV---	
EF017707_IN-P	(1)	---GVDGIKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
EU126128_HA-P	(1)	---SVDGFKHIKRELGLKGIWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
X67673_HA-P	(1)	---SVDGFKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
AY231130_MX-P	(1)	---SVDGVKHIKRELGLKGIWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
EF183499_CN-P	(1)	---SVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDALVCGFTMAGGAMLLYQHFRNELTNVHVFHQ	
AY027810_TW-W	(1)	---SVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDALICGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVYVFHQ	
EU882728_TW-P	(1)	---SVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDALICGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
PRSV_TH-P_SMK	(1)	---SVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDALVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
X97251_TW-P	(1)	---GVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDALVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	
Consensus	(1)	SVDGVKHIKRELGLKGVWDGSLMIKDAIVCGFTMAGGAMLLYQHFRDKLTNVHVFHQ	

ภาพผนวกที่ ก7 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน 6K2 ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		1		80
AY010722_TH-W	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
AY027810_TW-W	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
EU882728_TW-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
X97251_TW-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
PRSV_TH-P_SMK	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSTANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
AY162218_TH-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREIYGGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
EF183499_CN-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEGDYSYVRYLD	
AY231130_MX-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
EF017707_IN-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
EU126128_HA-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
X67673_HA-P	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
DQ374152_BZ-W	(1)	---	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
EU475877_IN-W	(1)	FHQ	GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
Consensus	(1)		GFSARQRQKLRFKSAANAKLGREVYGDDGTIEHYFGEAYTKKGNKKGRMHGMGVKTRKFVATYGFKPEDYSYVRYLD	
		81		160
AY010722_TH-W	(78)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRNKYMGSDSFDROALIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
AY027810_TW-W	(78)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRNKYMESDSFDROSLIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
EU882728_TW-P	(78)		PLTGETLDENPQTDISMVQEHFGDIRNKYMESDSFDROSLIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
X97251_TW-P	(78)		PLTGETLDENPQTDISMVQEHFGDIRNKYMESDSFDROSLIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
PRSV_TH-P_SMK	(78)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRNKYMESDSFDROSLIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
AY162218_TH-P	(78)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRNKYMESDSFDROSLIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
EF183499_CN-P	(78)		PLTGETLDESPQTDISIVQEHFGDIRNKYMESDSFDROSLIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
AY231130_MX-P	(78)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRNKYMDSDSFDROALIANNTIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
EF017707_IN-P	(78)		PLTGETLDESPQTDISIVQEHFGDIRSKYMDSDSFDROALIANNTIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
EU126128_HA-P	(78)		SLTGETLDESPQTDISIVQDHFSDIRRKYMDSDSFDROALIANNTIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
X67673_HA-P	(78)		PLTGETLDESPQTDISMVQDHFSDIRRKYMDSDSFDROALIANNTIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
DQ374152_BZ-W	(78)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRSKYMDSDSFDROALIANNTIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
EU475877_IN-W	(81)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRNKYMDSDSFDROALIANNTIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	
Consensus	(81)		PLTGETLDESPQTDISMVQEHFGDIRNKYMDSDSFDROSLIANNVIKAYYVRNSAKTALEVDLTPHNPLKVCDTKLTIAG	

ภาพผนวกที่ ก8 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยื่น VPg ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161	192
AY010722_TH-W	(158)	FPDREAELRQTGPPRTILADQVPPPTKSVHHE	
AY027810_TW-W	(158)	FPDREAELRQTGPPKTIILADQVPPPTKSVHHE	
EU882728_TW-P	(158)	FPDREAELRQTGPPKTIILADRVPPPTKSVYHE	
X97251_TW-P	(158)	FPDREAELRQTGPPKTIILVDQVPPPTKSVHHE	
PRSV_TH-P_SMK	(158)	FPDREAELRQSGPPRTIILVDQVPPPTKSVHHE	
AY162218_TH-P	(158)	FPDRESELRQTGPPRTIILANQVPPPTKSVHHE	
EF183499_CN-P	(158)	FPDREAELRQTGPPRSILIDQVPPPTKSVHHE	
AY231130_MX-P	(158)	FPDREAELRQTGPPRTIQVNQVPPPSRSVHHE	
EF017707_IN-P	(158)	FPDREAELRQTGPPRTIQVNQVPPPSKSVHHE	
EU126128_HA-P	(158)	FPDREAELRQTGPPRTIQVDQVPPPSKSVHHE	
X67673_HA-P	(158)	FPDREAELRQTGPPRTIQVDQVPPPSKSVHHE	
DQ374152_BZ-W	(158)	FPDREAELRQTGPPRTIQADQVPPPSKSVHHE	
EU475877_IN-W	(161)	FPDREAELRQTGPPRTIQIDQVPPPSKSV----	
Consensus	(161)	FPDREAELRQTGPPRTIILVDQVPPPTKSVHHE	

ภาพผนวกที่ 8 (ต่อ)

		1		80
AY010722_TH-W	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGDGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTSTIRLAPVG	
AY027810_TW-W	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGDGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTATIRLAPVG	
AY162218_TH-P	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
AY231130_MX-P	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
EU126128_HA-P	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
X67673_HA-P	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
EF017707_IN-P	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
DQ374152_BZ-W	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGDGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
EU475877_IN-W	(1)	HHE	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGDGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
EF183499_CN-P	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
PRSV_TH-P_SMK	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCRLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
EU882728_TW-P	(1)	---	GKSLCQGR-NYNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
X97251_TW-P	(1)	---	GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
Consensus	(1)		GKSLCQGMRNNGIASVVCHLKNTSGKGRSLFGVGYNSFIITNRHLFKENNGELIVKSQHKGKVVKNTTIRLAPVG	
		81		160
AY010722_TH-W	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPSHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
AY027810_TW-W	(78)		KTDLLIIRMPNDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
AY162218_TH-P	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISDGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
AY231130_MX-P	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
EU126128_HA-P	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
X67673_HA-P	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
EF017707_IN-P	(78)		KTDLLIIRMPKDSPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
DQ374152_BZ-W	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
EU475877_IN-W	(81)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
EF183499_CN-P	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
PRSV_TH-P_SMK	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
EU882728_TW-P	(77)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
X97251_TW-P	(78)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	
Consensus	(81)		KTDLLIIRMPKDFPPFHSRARFRAMKAGDKVCMIGVDYQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVS	

ภาพผนวกที่ ก9 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน N1a ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

	161		240
AY010722_TH-W	(158)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRRIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEIDQLNVFE	
AY027810_TW-W	(158)	DGYIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRRIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLNVFE	
AY162218_TH-P	(158)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPALFEKKILRQIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEIDQLNVFE	
AY231130_MX-P	(158)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRKKIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEVNQLNAFE	
EU126128_HA-P	(158)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRKKIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEVNQLNAFE	
X67673_HA-P	(158)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRKIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEVNQLNVFE	
EF017707_IN-P	(158)	GGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEVSVLRKIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLNVFE	
DQ374152_BZ-W	(158)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRKIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEVNQLNVFE	
EU475877_IN-W	(161)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPALFEKKILRKIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLNV--	
EF183499_CN-P	(158)	DGYIVGLHSLSPSNGDQNFPAKIPAFEEKVLRQIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLNVFE	
PRSV_TH-P_SMK	(158)	DGYIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRRIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLNVFE	
EU882728_TW-P	(157)	DGYIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRRIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWDSRPEAIFNAQKDINQLNVFE	
X97251_TW-P	(158)	DGYIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRRIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLNVFE	
Consensus	(161)	DGFIVGLHSLSTSTGDQNFPAKIPAFEEKVLRKIDDLTSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLNVFE	
	241		
AY010722_TH-W	(238)	Q	
AY027810_TW-W	(238)	Q	
AY162218_TH-P	(238)	Q	
AY231130_MX-P	(238)	Q	
EU126128_HA-P	(238)	Q	
X67673_HA-P	(238)	Q	
EF017707_IN-P	(238)	Q	
DQ374152_BZ-W	(238)	Q	
EU475877_IN-W	(239)	-	
EF183499_CN-P	(238)	Q	
PRSV_TH-P_SMK	(238)	Q	
EU882728_TW-P	(237)	Q	
X97251_TW-P	(238)	Q	
Consensus	(241)	Q	

ภาพผนวกที่ 9 (ต่อ)

		1		80
AY010722_TH-W	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
AY231130_MX-P	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
EU126128_HA-P	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
X67673_HA-P	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
DQ374152_BZ-W	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
EF017707_IN-P	(1)	---	SGSRWLFDR	LHG
EU475877_IN-W	(1)	FEQ	SGSRWLFDR	LHG
AY027810_TW-W	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
EF183499_CN-P	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
EU882728_TW-P	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
X97251_TW-P	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
AY162218_TH-P	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
PRSV_TH-P_SMK	(1)	---	SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
Consensus	(1)		SGSRWLFDKLHG	NLKGVS
		81		160
AY010722_TH-W	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
AY231130_MX-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
EU126128_HA-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
X67673_HA-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
DQ374152_BZ-W	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
EF017707_IN-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
EU475877_IN-W	(81)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
AY027810_TW-W	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
EF183499_CN-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
EU882728_TW-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
X97251_TW-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
AY162218_TH-P	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
PRSV_TH-P_SMK	(78)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI
Consensus	(81)	DI	IVGEVDH	DFEDSVAQVI

ภาพผนวกที่ ก10 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน N1b ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161		240
AY010722_TH-W	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
AY231130_MX-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
EU126128_HA-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
X67673_HA-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
DQ374152_BZ-W	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
EF017707_IN-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
EU475877_IN-W	(161)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
AY027810_TW-W	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
EF183499_CN-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
EU882728_TW-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
X97251_TW-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
AY162218_TH-P	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
PRSV_TH-P_SMK	(158)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
Consensus	(161)	LYEGRMGVWNGSLKAELRPAEKVLAKKTRSF	TAAPLDTLLGAKVCVDDFNNWFYSKNMECPWTVGMTKFKYKGWDEF	LRKF
		241		320
AY010722_TH-W	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
AY231130_MX-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
EU126128_HA-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
X67673_HA-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
DQ374152_BZ-W	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
EF017707_IN-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
EU475877_IN-W	(241)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
AY027810_TW-W	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
EF183499_CN-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
EU882728_TW-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
X97251_TW-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
AY162218_TH-P	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
PRSV_TH-P_SMK	(238)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD
Consensus	(241)	PDGWVYCDADGSQFDSSLTPYLLNAVL	SIRLWAMEDWDIG	QMLKNLYGEITYTPILTPDGTIVKKFKGNNSGQPSTVVD

ภาพผนวกที่ 10 (ต่อ)

		321		400
AY010722_TH-W	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
AY231130_MX-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
EU126128_HA-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKTQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFA	QRHRNKQNLWFMSHR
X67673_HA-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKTQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFA	QRHRNKQNLWFMSHR
DQ374152_BZ-W	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDAKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
EF017707_IN-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTRAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
EU475877_IN-W	(321)	NTLMVLITMYALRKAGYDTRAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
AY027810_TW-W	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHENHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
EF183499_CN-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
EU882728_TW-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
X97251_TW-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDEN	QRHRNKQDLWFMSHR
AY162218_TH-P	(318)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
PRSV_TH-P_SMK	(318)	NTLMVLITVCYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
Consensus	(321)	NTLMVLITMYALRKAGYDTKAQEDMCVFYINGDDLCIAIHPDHEHVLD	SFSSSFAELGLKYDFTQ	RHRNKQDLWFMSHR
		401		480
AY010722_TH-W	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
AY231130_MX-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
EU126128_HA-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCHG	DLTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
X67673_HA-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GDLTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
DQ374152_BZ-W	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELARQGRAPYVSE
EF017707_IN-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	SDLTHQIRRFYQWVLEQAPF	SELARQGRAPYVSE
EU475877_IN-W	(401)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
AY027810_TW-W	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	ELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
EF183499_CN-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	ELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
EU882728_TW-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	EKLTNQIRRFYQWVLEQAPF	NELARQGRAPYVSE
X97251_TW-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	ELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
AY162218_TH-P	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
PRSV_TH-P_SMK	(398)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE
Consensus	(401)	GILIDDIYIPKLEPERIVAILEWDKSKLPEHRLEAITAAMIESWCY	GELTHQIRRFYQWVLEQAPF	NELAKQGRAPYVSE

ภาพผนวกที่ 10 (ต่อ)

	481	539
AY010722_TH-W (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
AY231130_MX-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
EU126128_HA-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
X67673_HA-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
DQ374152_BZ-W (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
EF017707_IN-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	SMSTNDNQIVRSSNTHVFH
EU475877_IN-W (481)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
AY027810_TW-W (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
EF183499_CN-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
EU882728_TW-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
X97251_TW-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
AY162218_TH-P (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
PRSV_TH-P_SMK (478)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----
Consensus (481)	VGLRRRLYTSEKRGSMDELEAYIDKYFERERGDSPDLLVYHE	-----

ภาพผนวกที่ 10 (ต่อ)

		1		80
AY010722_TH-W	(1)	---	SRSTDDYQLVCGESTHVFHQSKNEAVDAGLNEKLKEKEK	---QKEEKDKOKDKNDGASDGNVSTSTKTGERDRDV
EF183499_CN-P	(1)	---	SRSTDDHQLVCGSHAHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEK	---QKEGKDKOKDKNDGTSDGNVSTSTKTGERDRDV
AY162218_TH-P	(1)	---	SRSADDDHHFVCGNDTHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEK	---QREKDKOKGKDNNGASDGNVSTSTKTGERDRDV
PRSV_TH-P_SMK	(1)	---	SRSVDDYQFVGSDDTHVVFHQSKEAVDAGLNDKLDKEN	---QKEKDNOKGKENNEASDGNVSTSTKTGERDRDV
AY231130_MX-P	(1)	---	SKSTDDYQLVCNNNAHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEK	---QKEKEK---QKEKEKDDASDGNVSTSTKTGERDRDV
EU126128_HA-P	(1)	---	SRSTDDYQLVCSNDTHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEK	---QKEKEK---QKEKEKDGASDGNVSTSTKTGERDRDV
X67673_HA-P	(1)	---	SRGTDDYQLVCSNTHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEK	---QKEKEKEKQKEKEKDGASDGNVSTSTKTGERDRDV
DQ374152_BZ-W	(1)	---	SRSIDDYQPVCSNTHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEKGN	---QKEKEEKEKEKEKDNASDGNVSTSTKTGERDRDV
EF017707_IN-P	(1)	---	QSKTEAVDAGLNEKLKEKEK	---QKEKEKEKEKEK---DDASDGNVSTSTKTGERDRDV
EU475877_IN-W	(1)	YHE	SKSNDGYQLVCGGDVHVVFHQSKEAVDAGLNDKLDKEKEK	---SKEKEKEKEKEKDDASDGNVSTSTKTGERDRDV
AY027810_TW-W	(1)	---	SRSADDDHQLACGSNTHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEKEK	---QKEKEKDEOKDKNDGASDGNVSTSTKTGERDRDV
EU882728_TW-P	(1)	---	SKSTDDHQLTCGSNTHVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEK	---QKEKDKOKDKNDGASDGNVSTSTKTGERDRDV
X97251_TW-P	(1)	---	SRSTDNHQLTRGSNTHVVFHQSKEAVDTGLNEKLKEKEK	---QKEKEKDKOKDKNDGASDGNVSTSTKTGERDRDV
Consensus	(1)		SRSTDDYQLVCG THVVFHQSKEAVDAGLNEKLKEKEK	QKEKEKDKQKEKENNDGASDGNVSTSTKTGERDRDV
		81		160
AY010722_TH-W	(75)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
EF183499_CN-P	(75)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
AY162218_TH-P	(75)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
PRSV_TH-P_SMK	(75)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
AY231130_MX-P	(74)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
EU126128_HA-P	(74)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
X67673_HA-P	(76)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
DQ374152_BZ-W	(76)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
EF017707_IN-P	(55)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
EU475877_IN-W	(79)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
AY027810_TW-W	(78)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
EU882728_TW-P	(74)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
X97251_TW-P	(76)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	
Consensus	(81)		NAGTSGTFTVPRIKSFTDKMILPRIKGTVINLNHLLQYNPQQIDISNTRATQSQFEKWYEGVRNDYGLNDNEMQVMLNG	

ภาพผนวกที่ ก11 เปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมในส่วนยีน CP ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161		240
AY010722_TH-W	(155)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
EF183499_CN-P	(155)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
AY162218_TH-P	(155)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQAEYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
PRSV_TH-P_SMK	(155)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
AY231130_MX-P	(154)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
EU126128_HA-P	(154)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
X67673_HA-P	(156)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
DQ374152_BZ-W	(156)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
EF017707_IN-P	(135)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
EU475877_IN-W	(159)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
AY027810_TW-W	(158)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETNOVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
EU882728_TW-P	(154)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
X97251_TW-P	(156)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
Consensus	(161)	LMVWCIENGTS	PDISGVVMM	DGETQVDYPIKPLIEHATPSFRQIMAHFSNAAEAYIAKRNATERYMPRYGIKRNLTDIS
		241		312
AY010722_TH-W	(235)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TGRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
EF183499_CN-P	(235)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TNRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
AY162218_TH-P	(235)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	ASRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
PRSV_TH-P_SMK	(235)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TSRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
AY231130_MX-P	(234)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TSRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
EU126128_HA-P	(234)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TSRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
X67673_HA-P	(236)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TSRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
DQ374152_BZ-W	(236)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TNRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
EF017707_IN-P	(215)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TSRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
EU475877_IN-W	(239)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	QTSRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
AY027810_TW-W	(238)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TNRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
EU882728_TW-P	(234)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	ANRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
X97251_TW-P	(236)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TNRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN
Consensus	(241)	LARYAFDFYEVNSKTPDRAREAHMQMKAALRN	TSRRMFGMDGSVSNKEENTERHTVEDVNR	DMHSLLGMRN

ภาพผนวกที่ ก11 (ต่อ)

		1		80
AY010722_TH-W	(1)	ATACTCGCGCTAGTGTGTTTCTGTCGGGCGCTGGCTCGACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATATAAGCATTAGAATACAGTG		
AY027810_TW-W	(1)	ATACTCGCGCTAGTGTGTTTCTGTCGGGCGCTGGCTCGACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATGTAAGCATTAGAATACAGTG		
EU882728_TW-P	(1)	ATACTCGCATAGTGTGTTTCTGTCGGGCGCTGGCTCGACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATATAAGCATTAGAATACAGTG		
X97251_TW-P	(1)	ATACTCGCGCTAGTGTGTTTCTGTCGGGCGCTGGCTCGACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATGTAAGCATTAGAATATAGTG		
PRSV_TH-P_SMK	(1)	ATACTCGCACCTTGTGTGTTTCTGTCGGGCGCTGGATCCACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTG		
AY162218_TH-P	(1)	ATACTCGCGCTAGTGTGTTTATCTGGGCGCTGGCTCGAACCCGTGTTTCACCTTATAGTACTATATAAGCATTAGAATACAATG		
AY231130_MX-P	(1)	ATACTCGCGCTGGTGTGTTTGTCTGAGCTCGACTCGACCCGTGTTTCACCTTATAGTACTAAATAAGCATTAGAATACAGTG		
EU126128_HA-P	(1)	ATACTCGCGCTTGTGTGTTTGTCTGAGCTCGACTCGACCCGTGTTTCACCTTATGGTACTATATAAGCATTAGAATACAGTG		
X67673_HA-P	(1)	ATAGCTGCGCTTGTGTGTTTGTCTGAGCTCGACTCGACCCGTGTTTCACCTTATGGTACTATATAAGCATTAGAATACAGAG		
DQ374152_BZ-W	(1)	ATACTCGCGCTTGTGTGTTTGTCTGGGCGCTGGCTCGAACCCGTGTTTCACCTTATGTACTATATAAGCATTAGAATACAGTG		
EF017707_IN-P	(1)	ATACTCGTGCCTTGTGTGTTTGTCTGAGCCCTGGCTCGACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTG		
EF183499_CN-P	(1)	ATACTCGCGCTAGTGTGTTTCTGTCGGGCGCTGGCTCGACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTG		
EU475877_IN-W	(1)	ATACTCGCGCTTGTGTGTTTGTCTGGGCGCTAGCTCGACCCGTGTTTCGCTTATAAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTG		
Consensus	(1)	ATACTCGCGCT GTGTGTTTGTCTGGGCGCTGGCTCGACCCGTGTTTCACCTTATAAATACTATATAAGCATTAGAATACAGTG		
		81		160
AY010722_TH-W	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
AY027810_TW-W	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
EU882728_TW-P	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
X97251_TW-P	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
PRSV_TH-P_SMK	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTTATTTCGCTTCTCTGAGTCTCCAT		
AY162218_TH-P	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
AY231130_MX-P	(81)	TGGCTGTGCCACCACTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
EU126128_HA-P	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
X67673_HA-P	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
DQ374152_BZ-W	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTACTTTATAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
EF017707_IN-P	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTATAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
EF183499_CN-P	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTATAGTGAGGGTTGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
EU475877_IN-W	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		
Consensus	(81)	TGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTACAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCAT		

ภาพผนวกที่ ก12 เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมในส่วน 3'UTR ของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

		161	206
AY010722_TH-W	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
AY027810_TW-W	(161)	ACAATGTGGGTGGCCCACGCGCTATTTCGAGCCTCTTGAATGAGAG	
EU882728_TW-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTGAATGAGAG	
X97251_TW-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTGAATGAGAG	
PRSV_TH-P_SMK	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
AY162218_TH-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
AY231130_MX-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
EU126128_HA-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
X67673_HA-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGATATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
DQ374152_BZ-W	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
EF017707_IN-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
EF183499_CN-P	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGACCTCTTGAATGAGAG	
EU475877_IN-W	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	
Consensus	(161)	ACAGTGTGGGTGGCCCACGTGCTATTTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	

ภาพผนวกที่ ก12 (ต่อ)

ภาคผนวก ข

ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมของไวรัสใบด่างจุดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

```

97251-TW      --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACACTCGAGCAAACCTT 58
AY010722_TH-W --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTAAAAGCATTCAAACACACTCAAGCAAATTT 58
EU882728_TW-P --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACACTCGAGCAAACCTC 58
AY027810_TW-W AAAAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACACTCGAGCAAACCTT 60
EU475877_IN-W --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCAATCAAACACACTCAAGCACTCTT 58
PRSV_TH-P_SMK --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATAATCAAAGCATTCAAACACACTCAAGCAAATTT 58
EU126128_HA-P --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGTACTTCGACAAACATCAACTTATCT 58
X67673_TW-P   --AAATAAAACATCTCAACACAACATAATCAAAGTACTTCAACAAACATCAATTTATCT 58
EF017707_IN-P --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCAATCAAACACATTCAAGTACCTTC 58
EF183499_CN-P --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTAAAAGCATTCAAGCAGCTCAAGCAAATTT 58
AY231130_MX-P --AAATAAAACATCTCAACACAACATAATCAAAGCATTTCACAAACATCAACTTATCT 58
DQ374152_BZ-W --AAATAAAACATCTCAACACAACACAACATAAGCAATTCACAAATATCAACTTACTT 58
AY162218_TH-P --AAATAAAACATCTCAACACAACACAATTCAAAGCATTCAAACACTCAAGCAAACCTT 58
                *****
X97251-TW      TAATTTTAAATCTTGTCATTGCAATCATGTCTTCATTATACCAATTGCAACCAATAGCA 118
AY010722_TH-W TATTCTCAAATTTCAATCTGCAAGCATGTCTTCGTTGTACCAATTGCAACCAATAGCA 118
EU882728_TW-P TAATTTTAAATCTTATCTTTTACAATCATGTCTTCATTATACCAATTGCAACCAATAGCA 118
AY027810_TW-W TAATCTTAAATCTTATAATTTGCAATCATGTCTTCATTGTACCAATTGCAACCAATAGCA 120
EU475877_IN-W TACTTTTGAATTTACAATCTGCAATCATGTCTTCGCTGTACCAATTGCAACCAATAGCA 118
PRSV_TH-P_SMK TATTTTCAGATTTTCAATTTGCAATCATGTCTTCATTGTACCAACTGCAACCGATAGCG 118
EU126128_HA-P CGTTCTCAATTGTCATAAAGCAACCAATGTCTTCTTTGTACACTCTTCGAGCAGCAGCT 118
X67673_TW-P   CATTTTCAATTGTCATAAAGCAACCAATGTCTTCTTTGTACACTCTTCGAGCAGCAGCT 118
EF017707_IN-P TACTTTCAAACCTTTACAATTTGTAACCATGTCTTCGCTGTACCAATTGCAACCAATAGCA 118
EF183499_CN-P TATTTTCAGATCTTACAATTTATAATCATGTCTTCATTGTACCAATTGCAACCGATAGCA 118
AY231130_MX-P CATTTTAAATTTGTTATAGTAAAGCACAATGTCTTCTTTGTATACCTTTGCGAGCAGCAGCT 118
DQ374152_BZ-W CACTTTAAACAATTACAGCAAGCAACCAATGTCTTCTTTGTACACTTTGCGACCAGCAGCT 118
AY162218_TH-P TATCTTCATAATTCACAATTCGCAATCATGTCTTCATTGTACCAACTGCAACCGATAGCA 118
                *          *          *****          *          *          *          *          *
X97251-TW      CTAAAAGACCGTCTCTTATCTCACGAGAGAGGAAAAGGTTGGATCGAGCACAAACTCGAA 178
AY010722_TH-W CTGAAGGACCGTCTCTTGTCTCACAGAGAGGAAAAGGTTGGATTGAGCACAAAGCTCGAA 178
EU882728_TW-P CTGAAAGACCGTCTCTTGTCTCACGAGAGAGGAAAAGGTTGGATCGAGCACAAACTCGAA 178
AY027810_TW-W CTAAAAGACCGTCTCTTGTCTCACAGAGAGGAAAAGGTTGGTACGAGCACAAACTCGAA 180
EU475877_IN-W CTGAAAGACCGCTGCTAGGTCTACAAGAAAGGAAGAGGATGGATCGAGCATAAAGCTCGAA 178
PRSV_TH-P_SMK CTGAAGGACCGTCTTTTGTCTCACAGAGAGGGAAGGGTTGGATCGAGCATAAACTCGAA 178
EU126128_HA-P CAGTACGATAGGAAGTTGGAAGCAAGAAAGGTTCTGGTTGGATCGAACACAAACTCGAA 178
X67673_TW-P   CAGTACGATAGGAGTTGGAAGCAAGAAAGGTTCTGGTTGGGTCGAGCACAAACTCGAA 178
EF017707_IN-P CTGAGAGACCGTCTGTTAGGTCTAAGAAAGGAAGAGGATGGATCGAGCATAAACTCGAG 178
EF183499_CN-P CTGAAGGACCGTCTTTTGTCTCACAGTAGAGGGAAGGCTGGATCGAGCACAAAGCTCGAA 178
AY231130_MX-P CAATACGATAGGAGGTTGGAGAGTAAGAAAGGTTGCTGGCTGGATCGAGCACAAACTCGAG 178
DQ374152_BZ-W CAGCATGATAGGAGTTGGAGAGCAAGAAAGGCTCTGGCTGGATCGAGCACAAACTCGAA 178
AY162218_TH-P CTGAAGGACCGTCTCTTGGCTCACGAGAGAGGGAAGGCTGGATTGAGCACAAAGCTTGAA 178
                *          **          *          *          *          *          *          *          *          *
X97251-TW      AGAAAAGGGGAGAGAGGAAACACTCGTTATGTTGGCGAGTTTGTGATCAGTGAAGGAGCA 238
AY010722_TH-W AGGAAAGGAGAGAGAGGAAACACTCGTCATGTTGGCGAGTTTGTGATCAGTGAAGGAGCA 238
EU882728_TW-P AGAAAAGGGGAGAGAGGAAACACTCGTCATGTTGGCGAGTTTGTGGTCAGTGAAGGAGCA 238
AY027810_TW-W AGAAAAGGGGAGAGAGGAAACTCTCGTCATGTTGGCGAGTTTGTATCAGTGAAGGAGCA 240
EU475877_IN-W ATGAAAGGGGATAGAGGAAACACTCGTCATGTTGGCGAGTTTATTGTAAGTGAAGGAGCT 238
PRSV_TH-P_SMK AGAAAAGGAGATAGAGGAAACACTCGTCATGTTGGCGAGTTTGTGGTTAGTGAAGGAGCA 238
EU126128_HA-P AGGAAAGGTGAGAGAGGAAACACTCACTATTTGTAGTGAGTTTGACATTAGTAAGGGCGCC 238
X67673_TW-P   AGGAAAGGTGAGAGAGGAAACACTCACTATTTGTAGTGAGTTTGACATTAGTAAGGGTGCC 238
EF017707_IN-P AGGAAAGGAGAAAGAGGAAACACTCGCCATGTTGGTGAGTTTGTGTGAGTGAAGGAGCT 238
EF183499_CN-P AGGAAAGGTGAGAGAGGAAACACTCGTCATGTTGGTGAGTTTGTGATAGTGAAGGAGCG 238
AY231130_MX-P AGGAAAGGGGATAAAGGAAACACTCACTATTTGTAGTGAGTTTGACATTAGCAAGGGTGCC 238
DQ374152_BZ-W AGAAAAGGAGAGAAAGGAAACACTCACTACTGTAGTGAGTTTGACATTAGTAGGGGTGCC 238
AY162218_TH-P AGAAAAGGGGACAGAGGAAACACTCGTCATGTTGGCGAGTTTGTAGTTAGTGAAGGAGCT 238
                *          *****          *          *          *          *          *          *          *

```

ภาพผนวกที่ ข1 ผลเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

X97251-TW	AAGATTCTGCAGCTCGTTCAAATTGGAAACACTGAAGTTGGCAGGGCCTTCTTGGAGGGC	298
AY010722_TH-W	AAAAATTTTGCACACTCGTGCAAAATTGGAAACGCTGAAATTGGCAGGACCTTCTTGGAGGGT	298
EU882728_TW-P	AAGATTCTGCAGCTCGTTCAAATTGGAAACACTGAAGTTGGCAGGGCCTTCTTGGAGGGC	298
AY027810_TW-W	AGGATTCTGCAGCTCATTGAGATTGGAAACGCTGAAGTTGGCAGAGCCTTCTTGGAGGGC	300
EU475877_IN-W	AAAAATCCTTCAGCTTGTTCAAATTGGCAATGCTACGATCGGGAGAACCTTCTTGGAGGGT	298
PRSV_TH-P SMK	AAAAATTCAGCTTATCCAAATTGGAAATGTAGAGTTGGCAGGGCCTTCTTGGAGGGA	298
EU126128_HA-P	AAGATCCTGCAATTGGTGCAGATTGGTAACACTGAAGTTGGAAGGACCTTCTTGGAGGGT	298
X67673_TW-P	AAAAATCCTGCAATTGGTGCAGATTGGTAACACTGAAGTTGGAAGGACCTTCTTGGAGGGT	298
EF017707_IN-P	AAAAATCCTTCAGCTTGTTCAGATTGGTAATGCTGAGATTGGAAGAACCTTCTTGGAGGGT	298
EF183499_CN-P	AAAAATTCGCAACTTATCCAAATTGGAAATGCCGAGGTTGGCAGGACCTTCTTAGAAGGT	298
AY231130_MX-P	AAAAATTCGCAATTGGTGCAAATTGGTAGCGCTGAAGTTGGAAGGACCTTCTTGGAGGGT	298
DQ374152_BZ-W	AAAAATTCGCAATTGGTGCAGATTGGCAACGCTGAAGTTGGAAGGACATTCTTGGAGGGT	298
AY162218_TH-P	AAAAATTCACAACTCATCCAAATTGGGAACGCTGAAGTTGGCAGGGCATTCTTAGAAGGC	298
	* * * * *	
X97251-TW	AATAGGAGAATTCGAGCTGACATTTTTGAAATTGTTAAGAAAACAATGGTCGGCCGCTG	358
AY010722_TH-W	GATAGGAGAATTCGAGCTGACATTTTTGAAATTATCAAAAAGACGATGGTCGGCCACCTG	358
EU882728_TW-P	ACTAGGAGAATTCGAGCTGACATTTTTGAAATTGTCAAGAAAACAATGGTCGGCCGCTG	358
AY027810_TW-W	AATAGGAGAATTCGAGCTGACATTTTTGAAATTGTCAAGAAAACAATGGTTGGCCGCTG	360
EU475877_IN-W	GATCGAAGAGTTCCGCGCTGATATTTTTGAAATCGTCAAGAAAACGATGGTCGGCCACCTT	358
PRSV_TH-P SMK	AATAGAAGAACACGTGCTGACATTTTTGAAATTGTCAAGAAAACAATGGTCGGCCCTCTG	358
EU126128_HA-P	AACAAATTTGTTTCGTGCGAATATATTTGAGATTATCCGGAACCATGGTTGGTCGCTCTG	358
X67673_TW-P	AACAGATTTGTTTCGTGCGAATATATTTGAGATTATCCGGAACCATGGTTGGTCGCTCTG	358
EF017707_IN-P	AGTCGGCGAGTTCCGCGCTGATATTTTTGAAATCGTCAAGAAAGACGATGGTCGGCCATCTG	358
EF183499_CN-P	GACAGGAGGATTCGAGCTGATATTTTTGAAATTGTCAAGAAAACATATGGTCGGCCCTCTT	358
AY231130_MX-P	AACAGATTTGTTCCGTGCGAATATATTTGAGATTATCCGGAACCATGGTTGGTCGCTCTA	358
DQ374152_BZ-W	AATAGATTTGTTCCGTGCAATATATTTGAGATTATCCGGAACCATGGTTGGTCGCTCTG	358
AY162218_TH-P	GACCGGAACCTCGAGCTGACATTTTTGAAATTGTCAAGAAAACAATGGTCGGCCACCTT	358
	* * * * *	
X97251-TW	GGATACGACTTTGAAAGTGAATTATGGTGTGTCTATTCTTGTGACAATACATCTGCAAAG	418
AY010722_TH-W	GGGTACGACTTCGAATGTGGGTATGGTGTGTCTACTCTTGTGACAACACATCTGACAAG	418
EU882728_TW-P	GGATACGACTTTGAAAGTGAATTATGGTGTGTCTATTCTTGTGACAATACATCTGCAAAG	418
AY027810_TW-W	GGATACGACTTTGAAAGTGAATTATGGTGTGTCTATTCTTGTGACAATACATCTGCAAAG	420
EU475877_IN-W	GGCTACGACTTCGAAAGCGAATATGGTGTGTCTATTCTTGTGACAATACATCTGATAAG	418
PRSV_TH-P SMK	AAGTACGACTTCGAATGTGAGCTGTGGTGTGTCTATTCTTGTGACAGAATACAGAAAAG	418
EU126128_HA-P	GGATATGATTTGAAAGTGAATATGGGTCTGTGCGCAACTGTGACAAAACCTTCTGAAAAA	418
X67673_TW-P	GGATATGATTTGAAAGTGAATATGGGTCTGTGCGCAACTGTGACAAAACCTTCTGAAAAA	418
EF017707_IN-P	GGATACGACTTTGAAAGTGAATATGGTGTGTGCAATTCATGTGACAACACTTCAACAAG	418
EF183499_CN-P	GGGTATGACTTTGAATGTGAGTTATGGTACTGTCTATTCTTGTGACAATACATCAGCAAAG	418
AY231130_MX-P	GGATATGATTTGAGAGTGAATATGGGTCTGTCTAATGCAACAGAACTTCTGAAAAA	418
DQ374152_BZ-W	GGATATGATTTGAAAGTGAATATGGGTCTGTCTAATGCAACAGAACTTCTGAAAAA	418
AY162218_TH-P	GGATACGACTTTGAATGTGAGCTCTGGTGTGTCTACTCTTGTGACAAAACATCTGCAAAG	418
	* * * * *	
X97251-TW	TACTTCAAGAAATGCGACTGCGGTGAGAAGTACTATTACTCAGAGGGAATTTAATTAAG	478
AY010722_TH-W	TACTTCAAGAAATGTGATTGCGGTGAGAAGTACTATTACTCAGAGAGGAATTTGATTAAG	478
EU882728_TW-P	TACTTCAAGAAATGCGACTGTGGTGAAGTACTATTACTCAGAGGGAATTTAATTAAG	478
AY027810_TW-W	TACTTCAAGAAATGCGACTGCGGTGAGAAGTACTACTACTCAGAGGGAATTTGATTAAG	480
EU475877_IN-W	TATTTCAAGAAATGTGACTGTGGGGAAGTACTACTACTCTGAAAGGAATCTGATTAAG	478
PRSV_TH-P SMK	TACTTCAAGAAATGTGACTGTGGAGAGAAGTACTACTATTCTGGAAGGAATCTAATTAAG	478
EU126128_HA-P	TACTTCAAGAAATGTGACTGCGGGGAAACATATTATTATTCTGAAAGAAATCTGATGAAG	478
X67673_TW-P	TACTTCAAGAAATGTGACTGTGGGGAACATATTATTATTCTGAAAGAAACCTGATGAAG	478
EF017707_IN-P	TATTTCAAGAAATGTAATGTGGGATAAATATTACTACTCCGAAAGGAATCTGATAAG	478
EF183499_CN-P	TACTTCAAGAAATGCAACTGCGGTGAGAAGTATTATTATTCTGAGAGGAATTTAATTAAG	478
AY231130_MX-P	TACCTCAAGAAATGTGACTGCGGGGAAAAATATTATTACTCTGAAAGAAACCTGATGAAA	478
DQ374152_BZ-W	TATTTTAAAGAAATGTGACTGTGGAGAGAAATATTATTATTCTGAAAGAAATCTGATGCAA	478
AY162218_TH-P	TACTTCAAGAAATGTGACTGCGGTGAGAAGTACTACTACTCAGAGGAATTTAATTAAG	478
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	TCAATGCGTGATTTGATGTATCAGTTCGACATGACAACCTCTGAGATTGAACAAGTAGGA	538
AY010722_TH-W	TCAATGCGTGACTTGATGTACAGTTTGACATGACAGCCGCTGAAATTGACCAAGTAGGT	538
EU882728_TW-P	TCAATGCGTGATTTGATGTATCAGTTCGACATGACAACCTCTGAGATTGAACAAGTAGGA	538
AY027810_TW-W	TCAATGCGTGATTTGATGTATCAGTTCGACATGTCAACCTCTGAGATTGAACAAGTGGGA	540
EU475877_IN-W	ACGATGCGATGACCTGATGTATCAATTTGACATGACCCCATCTGAGATTGACGCAGTTGGA	538
PRSV_TH-P SMK	TCAATGCGATCTGATGTATCAATTCGACATGTGAGCTTCCGAGATTGAACAAGTAGGA	538
EU126128_HA-P	ACTATGAACGACCTGATGTATCAGTTTGACATGACACCATCAGAGATCAATTCTGTGCGAT	538
X67673_TW-P	ACAATGAATGACCTGATGTATCAGTTTGACATGACACCATCAGAGATCAATTCTGTGCGAT	538
EF017707_IN-P	ACGATGCGATGATTTGATGCGATCAATTTGACATGACTTCATTGGAGATTAAACGCAGTTGGA	538
EF183499_CN-P	TCAATACATGATTTAATGTATCAATTCGACATGACAGCCTCTGAGATCGAACAAGTGGGA	538
AY231130_MX-P	ACAATGAACGACCTGACGTATCAATTTGACATGACACCATCAGAGATCAACTCCGTCGAT	538
DQ374152_BZ-W	ACAATGCGATGATCTGATGTATCAGTTTGACATGACACCATCAGAAATTGACTCCGTCGAT	538
AY162218_TH-P	TCAATGCGATGACTTAATGTATCAATTCATATGACAGCCTCTGAGATTGATCAAGTAGAA	538
	* * * * *	
X97251-TW	TATGACTACTTGGCTGAGGCTGTGGATTTTGTGTAACAATCTGGGGTGAAATTCAGGCT	598
AY010722_TH-W	CTTGACTACTTGGCTGAAGCTGTGGACTATGCTGAACAGTCCGTCAGAAATCAAAGGTT	598
EU882728_TW-P	TATGGCTACTTGGCTGAGGCTGTGGATTTTGTGTAACAATCTGGAGTGAAATTCAGGTT	598
AY027810_TW-W	TACGACTACTTGGCTGAGGCTGTGAATTTTGTGTAACATCTGTGGTGGAGTCCAAGACT	600
EU475877_IN-W	TATGACTATCTAGCTGACGCGGTGGATTATGCTGAAAGATCTGCCAAAAGACCTCAAGTC	598
PRSV_TH-P SMK	TATGACTACTTAGCTGACGCTGTGGATTTTGTGTAACAGTCTGGAACGAAATCAAAGGTT	598
EU126128_HA-P	CTCGAATATCTTGCTAATGCGTGGATTATGCTGAACAGTTAGTTAAGAGATCTCAAGTT	598
X67673_TW-P	CTCGAATATCTTGCTAATGCGGTGGACTATGCTGAACAGTTAGTCAAGAGATCTCAAGTT	598
EF017707_IN-P	TATGATTATTTAGCTGATGCGGTAAATTTTGTGTAACAATCTGCCAAAAGACCTCAAGTC	598
EF183499_CN-P	CTTCACTATTTGGCTGAAGCTGTGGACTATGCTGAACAGTCTGTTAGTAAATCTAAGGTG	598
AY231130_MX-P	TTTGATTACCTTGCTGATGCGAGTGGATTATGCTGAACGCTCAGTCCAGAAATCTCAAGTT	598
DQ374152_BZ-W	TTTGATTATCTTACTGCTGCCGTGGAATATGCTGAGCGGTCAGTAGAGAGATCTCGATTT	598
AY162218_TH-P	TATACTACTTAGCCGAAGCTGTAACCTTTGCTGAGCAGTCTGTAATTAAGTCAAAGGTT	598
	* * * * *	
X97251-TW	CCAGCACCTGAGGAGCCTGAGATTATGGAGACTAGCGCGT-CTAGTGAAGGAGGTCTTCT	657
AY010722_TH-W	CCGGTACCTGATGAACCTGAGTTTGTGGAGGTCCTCGCGG-CGAGTGAGGAGAGTCATCT	657
EU882728_TW-P	CCAACACCTGAGGAGCTTGAGATTGTGGAGACTAGCACGT-CTAGTGAAGGAGGTCTTCT	657
AY027810_TW-W	CCGGCACCTGAAGAGCCCGAGATTGTGAACACTGGCGCGT-CTATTGAAGGAGGTCTTCT	659
EU475877_IN-W	GTAGATCCTGTAGAGCATGAGGTATTAACCTGTGGAA---ATTGATGAGGAACCTCT	654
PRSV_TH-P SMK	TCGGCACCTGTGGAACCCGAGTTTGTGGAGAACACCGTAG-CCAGCGAGGAGGTCTTCT	657
EU126128_HA-P	TCGGAACCTGTGGAACCTTGCACTGATGGAACCAATTGTGG-CTAGTGGGGAAGGTCTTCT	657
X67673_TW-P	CCGGAACCTGTGGAACCTTGCAATGTGGAACCAATTGTGG-CTAGTGGGGAAGGTCTTCT	657
EF017707_IN-P	TTGGAATCTGTAGAGCTTGAGG-CGTAAAGCCTTTGAAAACCTGATGAGGAA---CTTCT	654
EF183499_CN-P	CCAGCATCTGTAGAACCTGAGGGTGTGGAGGCCATCGCGGATTG-TGAGGTAGGTCTTCT	657
AY231130_MX-P	CCGGAACCTGTGGAACCTTGATGTTGTGGAACCAATTGCGG-CTAGTGGGGAAGGTACTCT	657
DQ374152_BZ-W	CCGGAACCTGTGGAACCTTGCAATGTGGAACCAAGTTGCGG-CTAGTGAGGAGAGTATCCT	657
AY162218_TH-P	CCGGTATCTGTGGAACCTGATTTTGTGAAGCCATTGTGG-CAAGTGAGGAAAGTCTTCT	657
	* * * * *	
X97251-TW	GGTGGCTTCTGAACCAGAAATCGTGCCTATAACTACCAAAGCTGAAGAAGCATGGACGAT	717
AY010722_TH-W	GGTGGTTCTGAGCCAGAAGTTGTTTCTGTAACTACAAGAGCTGAAGAAGCATGGACGAT	717
EU882728_TW-P	GGTGGCTTCTGAACCAGAAATCGTACCTATAACTATCAAAGCTGAAGAAGCATGGACGAT	717
AY027810_TW-W	GGTGGCTTCTGAACCAGAAATGTGTCTATAACTACCAAAGTTGAAGAAGCATGGACGAT	719
EU475877_IN-W	GGCGGTGCCTGAGCCAGAAGTAACATTAGTTACCACAAAGCTAGAAAATGCTTGGACTAT	714
PRSV_TH-P SMK	GGTGACCCCTGAACCAGAAGTTGTGACTGTGACTGCAAAAAGTTGAAGAAGCATGGACGAT	717
EU126128_HA-P	AATGGTTTCTGAACCAGAAGTTATGCCTGTAACTACCAAAGTTGAAGAAGCATGGACAAT	717
X67673_TW-P	AATGGTTTCTGAACCAGAAGTTATGCCGTAACACCAAAGTTGAAGAAGCATGGACAAT	717
EF017707_IN-P	GGCGACGCTGAGCCAAAAGTATCATTTAGTTACCACGAAAGTTGAGGATGCTGTACAAT	714
EF183499_CN-P	GGTGGCTTCTGAACCAGAAGTTGTGCCTGTAACTGCAAGAGTTGAAAAAGCATGGACAAT	717
AY231130_MX-P	AATGGTTTCTGAACCAGAAGTTGTACCTGCAACTACCAAATTTGAAGATGCATGGACAAT	717
DQ374152_BZ-W	AATGGTTCTTAACAGAGTGTACGCTGTAACTAATAAAGTTGAAGAAGCATGGACGAT	717
AY162218_TH-P	GGTAGTTCCTGAGCCAGAGATTGTGCCTGTAACTACCAAAGTTGAAGAGGCATGGACGAT	717
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	ACAGATTGGGGAAATTTCTGTCCCACTCGTCGTCATTAAGGAAACACCAGTGATCAGCGG	777
AY010722_TH-W	ACAAATTGGGGAAATTCCTGTCCCACTTGTGCGTCATAAGGGAGACGCCAGTAATCAGTGG	777
EU882728_TW-P	ACAGATTGGGGAAATTTCTGTCCCACTCGTCGTCATTAAGGAAACACCAGTGATCAGCGG	777
AY027810_TW-W	ACAGATTGGGGAAATTTCTGTCCCACTCGTCGTCATTAAGGAAACACCAGTGATCAGCGG	779
EU475877_IN-W	ACAAATTGGGGATATTTCTGTCCCACTTGTAGTCATCAAGGAAACGCCAGTTATCAAGGG	774
PRSV_TH-P SMK	ACAAATTGGGGAGATTCTGTCCCACTTGTGTGTTATAAAGGGAACACCAGCCATCAGTGG	777
EU126128_HA-P	ACAGATTGGGGAAATTCCTGTCCCACTTGTGTGTCATCAAGGAAACGCCAGTTATCAGTGG	777
X67673_TW-P	ACAGATTGGGGAAATTCCTGTCCCACTTGTGCGTCATCAAGGAAACGCCAGTTATCAGTGG	777
EF017707_IN-P	ACAAATTGGGAGAAATTAAGTGTCCCACTTGTGTGTCATTAAGGAAACGGCGGTGGTTAAGGG	774
EF183499_CN-P	ACAGATTGGGGAAATTCCTGTCCCACTTGTGTGTCATCGAGGAAACGCCAATGGTCAGTGG	777
AY231130_MX-P	ACAGATTGGGGAAATTCCTGTCCCACTTGTGCGTCATCAAGAGACGCCAGTTATCAGTGG	777
DQ374152_BZ-W	TCAAATTGGGGAAATTCCTGTCCCACTTGTGCGTCATCAAGGAAACACCAATTATCAGTGG	777
AY162218_TH-P	ACAGATTGGTGAAATTCCTGTCCCACTTATCGTCATAAAGAAACCTCCTGTTATCAGTGG	777
	* * * * *	
X97251-TW	TATGAGTAGAACTCTAAGCTCAACCGGTTTTTCACTTGAAGCTGAAATTGCAAAACCGGC	837
AY010722_TH-W	TGTGAATGGAATGCTGAGCTCAACTGGTTTTTCACTTGAAGCGGAAATTGCAAAACCGGC	837
EU882728_TW-P	TATGAGTGAAGCTCTAAGCTCAACCGGTTTTTCACTTGAAGCTGAGATTGCAAAACCGGC	837
AY027810_TW-W	TATGAGTAAGACTCTGAGCTCAACCGGTTTTTCCCTTGAAGCTGAGGTTGCAAAACCGGC	839
EU475877_IN-W	GATCACAGGCAGTCTGAGCTCAACTGGGTTTTTACCTGGAAGCTGAGACTGATAGGCCAGT	834
PRSV_TH-P SMK	TGTGAATGGAATTCGAATCAACTGGTTTTTCCACCCGAAGCTGATATTACTAAGCCGGC	837
EU126128_HA-P	TGTTGATGGAACCTGAACCTCAACTGGTTTTTCTCACTTGAAGCTGATATTACAAAACCTGGT	837
X67673_TW-P	TGTGGAAGGAACCTGAACCTCAACTGGTTTTTCTCACTTGAAGCTGATATTACAAAACCTGGT	837
EF017707_IN-P	AATCACAAGCAATCTGATATCCGCTGGGTTTTTCACTCGAAGCTGAAACTGCAGGGCCAGT	834
EF183499_CN-P	CATGAATGGGAATCTTAACCTCAACCGGTTTTTCACTCGAGGCTGAGATTACAAAGCCGGA	837
AY231130_MX-P	TGTGAACGGAACCTTGAACCTCAACTGGTTTTTCTCACTTGAAGCTGAGATTACAAAACCTGGT	837
DQ374152_BZ-W	TGTAAATGGAACCTTAACTCAACTGGTTTTTCTCACTTGAAGCTGATACTACACAACCTGGC	837
AY162218_TH-P	TGTTAACGGAACCTTGAATCGACTGGTTTTTCACTTGAAGCTGAGATTACAGATTCCGGT	837
	* * * * *	
X97251-TW	AACAAGTACAGTTCCTCAAAGTGAGATAGAGGAAGCAGCGTACCTGGCACTCGAAGTCGG	897
AY010722_TH-W	TAAAAGTACGGTTCCTCAAAGTGAAGTGAAGGAAGCAGTGACCTGGCACTCGAGGTCGG	897
EU882728_TW-P	AACAAATACAGTTCCTCAAAGTAAGATAGAGGAAGCAGTGACCTGGCACTCGAAGTCGG	897
AY027810_TW-W	AACAAGTACAGTTCCTCAAATGAGATAAAGGAAGCAGTGACCTGGCACTCGAGGTCGG	899
EU475877_IN-W	GGAAAGTGAAATTTTCGCGAGAGGAGGTGAAAGAAGCAGTACACTTAGCACTTGAAGTTGG	894
PRSV_TH-P SMK	AAAAGACACAGTTTTCCCAAGCGGAGATTGAGGAAGCAGTGACCTGGCACTTGAAGTTGG	897
EU126128_HA-P	AGAAAAGGAAATTCCTCAGGAAGAGGTGAAAGAAGCAGTGACCTGGCACTCGAAGTTGG	897
X67673_TW-P	GGAAAAGGAAATCCTTCAGGAAGAGGTGAAAGAAGCAGTGACCTGGCACTCGAAGTTGG	897
EF017707_IN-P	GAAAAAGAAGTTTTTCAAGAAGAGGTGAAAGAAGCAGTACATCTAGCACTTGAAGTTGG	894
EF183499_CN-P	ACAAAGCGTAGTTTTCAAAGGATAAAGTGAAGGAAGCAGTGACCTTGGCTCTTGAAGTTGG	897
AY231130_MX-P	GGAGAAGGAAGTCTCTCAAGAAGAGGTGAAAGAAGCAGTGACCTGGCACTCGAAGTTGG	897
DQ374152_BZ-W	GGAGAAGGAAGTCTTCAGGAAGAGGTGAAAGAAGCAGTGACCTGGCACTTGAAGTTGG	897
AY162218_TH-P	GAAAAGTACAGCTCTTCAAACGAGATAAAGGAAGCGGTGACCTGGCACTTGAAGTCGG	897
	* * * * *	
X97251-TW	TAATGAAATTGCTGAGAAGAAACCTGAACTCAAACCTAACACCATATTGGAGTGCTAGTCT	957
AY010722_TH-W	CAATGAAATCGCCGAAAAGAAACCTGAACTCAAATTTGGCACCATACTGGAGTGCTAGCCT	957
EU882728_TW-P	TAATGAAATAGCTGAGAAGAAACCTGAACTCAAACCTAACACCATATTGGAGTGCTAGTCT	957
AY027810_TW-W	CAATGAGATTGCTGAGAAGAAACCTGAACTCAAGCTAACACCATATTGGAGTGTTAGTCT	959
EU475877_IN-W	TAATGAAATAGCTGAACAGAAGCCTGAACTTAAGTTGACACCATACTGGAGTGCCAGCCT	954
PRSV_TH-P SMK	CGATGAAATAGCTGAGAAGAGGCCTGAACTCCAACCTAACACCATACTGGAGTGCTAGCCT	957
EU126128_HA-P	TAACGATATTGCTAAGAAGAGCCTGAACTCAAGCTAATACCATACTGGAGTGCTAGCCT	957
X67673_TW-P	TAACGAGATTGCTGAGAAGAGCCTGAACTCAAGCTAATACCATACTGGAGTGCTAGCCT	957
EF017707_IN-P	TAATGAAATTGCTGAGAAGAGGCCTGAACTTAACTGACACCATACTGGAGTGCTAGCCT	954
EF183499_CN-P	CAATGAAATCGCTGAGCGGAAACCTGAGCTCAAACCTCACGCCATACTGGAGCGCTAGTCT	957
AY231130_MX-P	TAACGAGATTGCTGAGAAGAGCCTGAACTCAAGCTAATACCATACTGGAGTGCTAGCCT	957
DQ374152_BZ-W	CAACGAAATTGCTGAAAAGAGCCTGAACTCAAGCTAACACCATACTGGAGTGCCACCT	957
AY162218_TH-P	CAATGAAATTGCTGAGAAGAGCCTGAACTCAAGCTTACACCATACTGGAGTGCTAGCCT	957
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	TGAGTTACATAAAAAGAGTTCGTAAGCACAAAGGAACATGCTAAAATTGAAGCAATTCGAGT	1017
AY010722_TH-W	TGAGTTGCACAAGAGAGTCCGCAAAACACAAGGAACACGCTAAATCTGAAGCAATTCGAGT	1017
EU882728_TW-P	TGAGTTACATAAAAAGAGTTCGTAAGCACAAAGGAACATGCAAAAATTGAAGCAATTCGAGT	1017
AY027810_TW-W	TGAATTACATAAAAAGAGTTCGTAAGCACAAAGGAACATGCTAAAATTGAAGCAATTCGAGT	1019
EU475877_IN-W	TGAATTGCACAAGAGAGTTCGTAAGCATAAGGAGCATGCTAAGATCGCAGCTACTCAAGT	1014
PRSV_TH-P SMK	TGAGTTACACAAAAGAGTCCGTAAGCACAAAGGAACACGCCAAAATTGAAGCAATGCGAGT	1017
EU126128_HA-P	TGAGTTGCACAAGAGAATTTCGTAAGCATAAGGAGCATGCTAAGATTGCAGCAATTCAGT	1017
X67673_TW-P	TGAGTTGCACAAGAGAATTTCGTAAGCATAAGGAGCATGCTAAGATTGCAGCAATTCAGT	1017
EF017707_IN-P	TGATTTCACAAGAGAATCCGTAAGCATAAGGAGCATACTAAAATTTTAGCGATTCAAGT	1014
EF183499_CN-P	CGAGTTACACAAAAGAATTTCGCAAGCACAAATGAACATTCCAAAATCGAAGCAATTCGAAT	1017
AY231130_MX-P	TGAGTTGCACAAGAGAATTTCGTAAGCATAAGGAGCATGCTAAGATTGCAGCAATTCAGT	1017
DQ374152_BZ-W	TGAGTTACACAAAAGAATTTCGCAAGCACAAAGGAGCATGTAGAATTGCAGCAATTCAGT	1017
AY162218_TH-P	TGAGTTATACAAAAGAGTCCGCAAGCACAAAGGAACATGCTAAGACTGAAGCAATTCGAGT	1017
	*** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
X97251-TW	TCGAAAGGAGAAGGAAAGGGACCAGAGGATATTTGCTGCTTTGGAAGCAAACTGAACCT	1077
AY010722_TH-W	TCGAAGAGAGAAGGAAAGAGATCATAGGATATTTGCTGCTTTAGAAGCAAGCTGAACCT	1077
EU882728_TW-P	TCGAAAGGAGAAGGAAAGGGACCAGAGGATATTTGCTGCTTTGGAAGTAAACTGAACCT	1077
AY027810_TW-W	TCGAAAGGAGAAGGAAAGGGACCAGAGGATATTTGCTGCTTTGGAAGCAAACTGAACCT	1079
EU475877_IN-W	TTTGAAGGAAAAAGAAAAGGACCGAAAAATATTCTCTGCTCTGGAGTCAAAGCTTAACCT	1074
PRSV_TH-P SMK	TCGGAAGAGAAGGAGAGGAACAATAGAATATTTGCTGACTTAGAAGCAAACTGAGCTT	1077
EU126128_HA-P	TCAGAAGGAAAAGAGAAAAGACCAAAAGGTATTCTCAGCTTTGGAAGTTAAGGCTTAACCT	1077
X67673_TW-P	TCAGAAGGAAAAGAGAAAAGACCAAAAGGTATTCTCAGCTCTGGAGTTAAGGCTTAACCT	1077
EF017707_IN-P	TCAGCAAGAAAAGAAAAGGAACCAAAAAGATATTTCTGCTCTGGAATTGAAGCTTAACCT	1074
EF183499_CN-P	CCGAAAAGAAAAGGAGATAAACAAGAATATATTTGCCGCCTTAGAAGTAAAGCTGAACCT	1077
AY231130_MX-P	CCAGAAGGAAAAGAGAAAAGAACCAAAAAGATATTCTCAATTCTAGAGTCAAGCTCAACCT	1077
DQ374152_BZ-W	TCGGAAGGAAAAGGAAAAGACCAAAAGATATTTTCAGCTTTTGAGTTAAGGCTTAACCT	1077
AY162218_TH-P	TCAAAAGAGAAGGAAATGAACAAGAGGATATTTGCTGCTTTAGAAGGAGAGCTGAACCT	1077
	*** ** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * *	
X97251-TW	GGGAACCAGAAGGAAGGGGCAAAATGTTGTTTGCACAAAGAGGGGCACTTTAAAATGGGA	1137
AY010722_TH-W	GAAAGCAAGGAGGCAAGGCCAAGTTGTTGTTTGCACAAAGAGAGGTATTTTAAAATGGGA	1137
EU882728_TW-P	GGGAAC TAGAAGGAAGGGGCAAAATGTTGTTTGCACAAAGAGGGGCACTTTTAAAATGGGA	1137
AY027810_TW-W	GGGAAC TAGAAGGAAGGGGCAAAATGTTGTTTGCACAAAGAGGGGCACTCTGAAGTGGAA	1139
EU475877_IN-W	AAAAGCCAGGAGGAAAAATCAGACTGTGGTCTGTGATAGGAGGGGCACACTCAAATGGGA	1134
PRSV_TH-P SMK	AGGAGTTAGGAGGCGAAATCAAGTCATTGCTGCAATGAGAGAGGGCACTTTGAGGTGGAA	1137
EU126128_HA-P	AAAATCCAGGAGAAGAGATCAAGCTGTAGTTTGTGACAAAAGAGGCACACTTAAATGGGA	1137
X67673_TW-P	AAAATCCAGGAGAAGAGATCAAGCTGTAGTTTGTGACAAAAGAGGCACACTTAAATGGGA	1137
EF017707_IN-P	AAAGGCCAGGAGGAGAAAACCAAACTGTTATCTGTGACAAAAGAGGCACACTTAAATGGGA	1134
EF183499_CN-P	GAGAGCTAGGAGGCAAGGACAAGTTATTGTATGTGACAAAGAGGGGCACTTTTAAAATGGGA	1137
AY231130_MX-P	AAAATCCAGGAGGAGAAATCAAACCTGTGGTCTGTGACAAAAGAGGCACACTTAAATGGGA	1137
DQ374152_BZ-W	AAAAGTCAGGAGGAGAAAATCAAACCTGTTGTTTGTGACAAAAGAGGCACACTCAAATGGGA	1137
AY162218_TH-P	GAAAGCTAGGAGGCAAGGGAAGTTATTGCTGTGACAAAGAGAGGCACCTTTGAAGTGGGA	1137
	** ** * * * * * * * * * * * * * * * * *	
X97251-TW	AAAATGTCAACAACGCAAGAAAAGCAAAGTGTTGTCACAAGTGAGTGACTCTGTTGTCAC	1197
AY010722_TH-W	AAAGCGTCAACAGCGGAAGAGGAACAAAATGGTTGCGCAATTAAGTGACTCTGTCGTCAC	1197
EU882728_TW-P	AAAATGTCAACAACGCAAGAAAAGCAAAGTGTTGCGCAAGTAAGTGACTCTGTTGTCAC	1197
AY027810_TW-W	GAAGTATCAAAAACGCAAGAAAAGCAAAGTGATCGCGCAAGTGAGTGACTCTGTTGTCAC	1199
EU475877_IN-W	GACCCGACAAGGTCACAAGAAGAGCAAGTTGATGCAACAAGTGAGTGACTCTGTTGTCAC	1194
PRSV_TH-P SMK	GAAGCGTCAGCAACATAAGAAGAGAACAGTGATCAGCAAGTAAGTGATTCTGTTGTCAC	1197
EU126128_HA-P	AACCCGAAGAGGTCACAAGAAGAGTAAATTAATGCAACAAGCAAGTGATTTGTTGTCAC	1197
X67673_TW-P	GACCCAAAGAGGTCACAAGAAGAGTAAATTAATGCAACAAGCAAGTGATTTGTTGTCAC	1197
EF017707_IN-P	GACCCGACAAGGTTACAAGAAGGAAAAATTAATGCAACAAGTGAGTGACTCTGTTGTCAC	1194
EF183499_CN-P	GAAGCGTCAACAATGTAAGAAAAGCAAAGTGCTTTGCGCAAGTGAGTGACTCTGTCGTCAC	1197
AY231130_MX-P	AACCCGGCAAGGTTACAAGAAGAGTAGACTAATGCAACAAGCGAGTGACTCTGTTGTCAC	1197
DQ374152_BZ-W	AACCCGACAAGGCCCAAGAGAAAGTAAATTAATGCCACAAGTGAGTGATTCTGTCGTCAC	1197
AY162218_TH-P	GAAGCGCCAACAATGTAAGAGAAGCAAAGTAATGTCACAAGTGAGTGACTCCGTTGTCAC	1197
	* ** * * * * * * * * * * * * * * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	AAAAATTCATGGTAATTTTGGAGTGCAGAACTCGAGATCTTGATGTGCGAATTC-CTGGCA	1256
AY010722_TH-W	GAAAATTCACGCCAATTTTGGAGTGCAGGACTCCTAATCTTGATGTTGAAATC-CTGGCA	1256
EU882728_TW-P	AAAAATTCATGGTAATTTTGGAGTGCAGAACTCGAGATCTTGACGTTGCAATTC-CTGGCA	1256
AY027810_TW-W	AAAAATTCATAGTAATTTTGGAGTGCAGAACTCGAGATCTCGATGTTGCAATCC-CTGGCA	1258
EU475877_IN-W	CCAAATTCATTGTGATCTTGACTACAAGCCTCAGTACTCTGA-ATTTCACTTTTCTGGCA	1253
PRSV_TH-P SMK	GAAAATCCACAGTAATTTTGGAGTGCAGGAGCTCGAAGTCCTGATACTGAAATC-CTGGTA	1256
EU126128_HA-P	TCAAATTCATTGTGATTTTGGTTGCAAACTCAATATTCTGA-GCCTAACATCCCTGGCA	1256
X67673_TW-P	TCAAATTCATTGTGATTTTGGTTGCAAACTCAATATTCTGA-ACCTCACATCCCTGGCA	1256
EF017707_IN-P	TCAAATCCATTGTGATTTTGGTTATAAGCCTCAATATTCTGA-GCCTCATCTTCTCTGGCA	1253
EF183499_CN-P	AAAGATTCACAGTGATTTTGCATGCAAACTTTAAATCTTAATACCGCAA-TTCCCGGTA	1256
AY231130_MX-P	TCAGATTTACTGTGATTTTGGTTGTGAACCTCAATATTCTGA-ACCTCACTCTTCTGGCA	1256
DQ374152_BZ-W	TCAGATCTATTGTGGTTTGGATCTGAGCCTCAAAATTCGA-GCCAAACCTTTCTGGTA	1256
AY162218_TH-P	AAAAATTCACAGTAATTTTGGAGTGTGAACTCGAAATATTGATGTTGCAAT-TCCTGGTG	1256
	* * * * *	
X97251-TW	TTAAATGCGCAACTTCAAAGAAAAATGTGAAAAAGCAAAAGTCATCCAAGCTTAGGGGCA	1316
AY010722_TH-W	TTAAGTGTGCAACCTCGAAGGTGACGCGGAAGAAACAAACGCAACCAAGATATTTGGCA	1316
EU882728_TW-P	TCAAATGCGCAACTTCAAAGAAAAATGTGAAAAAGCAAAAGTCATCCAAGCTTAGGGTA	1316
AY027810_TW-W	TCAAATGTGCAACTTCAAAGAAAAATGTGAAAAAGCAAAAGTCATCCAAGATTATGGGCA	1318
EU475877_IN-W	TTAAGCGAGCAACATCTAAGAAGGTCTGCAAAACCGCAAGCAAAATGAGAATTGTTGGCA	1313
PRSV_TH-P SMK	TCAAATGCGCAACTTCAAAGAAAAATGCGGAAGAAGCAGGAGCAATCCAGGTTAGTTGGCA	1316
EU126128_HA-P	TTAAGCAATCTACATCTAAGAAGATCTGCAAAACCGCGCAAGCATTCGAAATTGTCGGTA	1316
X67673_TW-P	TTAAGCAATCTACATCTAAGAAGATCTGCAAAACCGCGTAAGCATTCGAGAATTGTCGGTA	1316
EF017707_IN-P	TTAAGCGAGCTACATCTAAGAAGGTCTGCAAAACCGTAAGCAATTGAGAATTGTTGGTA	1313
EF183499_CN-P	TTAAACGTGCGACTTCAAAGAGGATGTGAAAAAGACAGAAGCAGCCCAAGATAATTGGCA	1316
AY231130_MX-P	TTAAATAGCGACATCTAAGAAGGTCCACAAACCGCGCAAGCAATCGAGGATTGTTGGTA	1316
DQ374152_BZ-W	TCAAGCGAGCTACATCCAAGAAGGTCTGCAAAACCGCGCAAGCAATCGAGAATTGTTGGTA	1316
AY162218_TH-P	TTAAATGCGCGACTTCGAAGAAATTCGAGAAAGAGCAAAAGCAATTTAGGCTAGTCGGCA	1316
	* * * * *	
X97251-TW	GCAATAAGATCAATTATGTCATGAAAAATCTGTGTGAAATAATTGTTGATAGAAACGTCC	1376
AY010722_TH-W	GCAACAAGGTCAATTATGTCATGAAAAATCTGTGTGACATAATCATCGACAGGAACATTC	1376
EU882728_TW-P	GCAATAAGATCAATTATGTCATGAAAAATCTGTGTGAAATAATTGTTGACAGCAACATCC	1376
AY027810_TW-W	GCAATAAAATCAATTATGTCATGAAAAATCTGTGTGAGATAATTGTTGACAGAAACATCC	1378
EU475877_IN-W	ACAACAAGATAAATTATGTCATGAAAAATCTGAGTGGCATAATCACCGAAAGGAGCATTC	1373
PRSV_TH-P SMK	GCAGAAAGATCAATTATGTCATGAAAAATCTGTGTGACATAATTACTGAAAGGAACATTC	1376
EU126128_HA-P	AGAGCAAAATAAATTATGTCATGAAAAATCTTGTGAACATAATTATTGAAAGAGGCATTC	1376
X67673_TW-P	ATAGCAAGATAAATTATATATGATGAAAAATCTTGTGACACAATTATTGAAAGAGGCATTC	1376
EF017707_IN-P	ATAACAAGATACATTATGTCATGAAAAATCTGTGTGATATAATTACCGAAAGAGGCATTC	1373
EF183499_CN-P	GCAATAAGGTCAATCATGTCATGAAAAATCTGTGTGACATAATCATTGACAGGAACATTC	1376
AY231130_MX-P	ATAACAAGATAAATTATGTCATGAAACATCTATGTGACACAATTATCGAAAGAAGCATTC	1376
DQ374152_BZ-W	ATAACAAGATAAATTATGTTATGGAAATCTGTGTGACATAATTATCGAAAGAAGCATTC	1376
AY162218_TH-P	GCAACAAGGTAAATTATGTCATGAAAAATCTGTGTGACATAATTGTCGACAGGAACATTC	1376
	* * * * *	
X97251-TW	CTGTGGAATTAATCACAAGCGCTGCAGAAGAAGTATTTTTCGAAAAGATGGGAAAAATT	1436
AY010722_TH-W	CTGTTGAGTTAATCACAAGCGCTGCAAAAGGAGGATTTTCCGTATGGACGGGAAAAACT	1436
EU882728_TW-P	CTGTGGAATTAATCACAAGCGCTGCAGAAGAAGTATTTTTCGAAAAGATGGGAAAAATT	1436
AY027810_TW-W	CTGTGCGAGTTAATTACAAAGCGCTGCAGAAGAAGGATTTTCCGAAAAGATGGGAAAAATT	1438
EU475877_IN-W	CTGTGGAGCTAATCACAAGCGATGCAAGAGGAGAATTCTTCAAAAGAAAGGTAAGTT	1433
PRSV_TH-P SMK	CTATCGAGTTGATCACAAGCGCTGCAAAAGAAAGATTTTCCGTAAAAACGGGAAAAATT	1436
EU126128_HA-P	CTGTGGAGCTTGTTACGAAGCGATGCAAGAGAAGATCCTTCAGAAAGAGGGCAGAGCT	1436
X67673_TW-P	CTGTGGAGCTTGTTACGAAGCGATGCAAGAGAAGATTCCTTCAGAAAGAGGGTAGAAGCT	1436
EF017707_IN-P	CTGTGGAGCTTATCACAAGCGATGCAAGAGACGATTCCTTCAGAAAGAAAGGTAAGCT	1433
EF183499_CN-P	CCATTGAATTAATCACAAGCGCTGCAGAAGAAGGATTTTCCGTAAAGACGGGAAAAATT	1436
AY231130_MX-P	CTGTAGAGCTTGTTACAAAGCGATGCAAGAGAAGGATTCCTTCAGAAAGAAAGGTAAGCT	1436
DQ374152_BZ-W	CTGTGGAGCTTGTTACGAAGCGATGTAAGAGATTAATTCACAGAGGAAGGTAAGCT	1436
AY162218_TH-P	CTATCGAGTTGATTACGAAGCGCTGCAAAAGAAGGATCTTCCGTAAAGACGGAAAGAATT	1436
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	ATGTGCAATTAAGACACATGAGCGGTGGTAAATGCACCACGGGATGTAAGTAGTTCACCAG	1496
AY010722_TH-W	ATGTGCACTTAAGACACATGGATGGCAACAATGCACCACGGGATGTAAGCAGCTCGTCAG	1496
EU882728_TW-P	ATGTGCAATTAAGACACATGAGCGGTGGTAAATGCACCACGGGATGTAAGTAGTTCACCAG	1496
AY027810_TW-W	ATGTGCGATTGAGACACATGAGTGGTGGTAAATGCACCACAGGATGTGAGTAGTTCACCAG	1498
EU475877_IN-W	ATGTGCAATTGAGGCACATGGAAGTATTCGTGCACAACGGGATGCGAGCAGCTCGCTTG	1493
PRSV_TH-P SMK	ATGTGCAATTGAGATACATGGATGGCAACAATGCACAAAAGGATGTGAGTAGTTCGCCGG	1496
EU126128_HA-P	ATGTGCAAGTTGAGGCACATGAATGGCATTTCGTGCACGACAAGATGTGAGCAGTTCGCCCTG	1496
X67673_TW-P	ATGTGCAAGTTGAGGCACATGAATGGCATTTCGTGCACGACAAGATGTGAGCAGTTCGCCCTG	1496
EF017707_IN-P	ATGTGCAAGTTGAGGCGTATGGACGGTATTCGTGCACAACGAGATGTGAGTAGTTCGCCCA	1493
EF183499_CN-P	ACGTGCAATTAAGGCACATGACCGGCGCTAACAAACCAAAGGATGTAAGTAGTTCACCAG	1496
AY231130_MX-P	ATGTGCAAGTTGAGGCACATGGATGGCATTTCGTGCACAACAAGATGTGAGCAGTTCGCCCTG	1496
DQ374152_BZ-W	ATGTGCAAGTTGAGGCACATGAATGGTATTCGTGCACAACAAGATGTGAGCAGTTCGCCCTG	1496
AY162218_TH-P	ATGTGCAAGTTGAGACATATGGACGGTATTAATGCACCACGGGATGTAAGCAGTTCACCAG	1496
	* * * * *	
X97251-TW	AAATGGAGAAGTTATTTACACGCTTTTGTAATTTCTTGATCAGGAGACAGTCGGTTAAAG	1556
AY010722_TH-W	ACATGGAGAAGTTGTTTACGCGCTTTTGCAAATTTTAAATCAGGAAGCAGTCGATCAACG	1556
EU882728_TW-P	AAATGGAGAAGTTATTTACACGCTTTTGTAATTTCTTGATCAGGAGACAGTCGGTTAAAG	1556
AY027810_TW-W	AAATGGAGAAGTTGTTTACACGCTTTTGCAAATTTCTTGATCAGGAGGCAGTCGGTTAAAG	1558
EU475877_IN-W	AGATGGAGCAGTTATTTACACAATTTCTGTAATTTTGTAGTGGACATAAACTCACTCAAGT	1553
PRSV_TH-P SMK	AAATGGAGAAGATGTTTACGCGCTTTTGCAAATTTTGTATCCGAAGGCAGTCAGTTAAGG	1556
EU126128_HA-P	ATATGGAGCTGTTATTTACGCAATTTTGCAAATTTCTAGTTGGACATAAACTCACTCAAT	1556
X67673_TW-P	ATATGGAGCTGTTATTTACGCAATTTTGCAAATTTCTGTTGGACATAAACTCACTCAAT	1556
EF017707_IN-P	TTATGGAGCAGTTATTTACGCAATTTTGCAAGTTTGTAGTTGGGCACAAACCACTCAAT	1553
EF183499_CN-P	AAATGGAGAAGTTATTTACACGCTTTTGCAAATTTCTTGATCAGGAAGCAGCCAGTTAAAG	1556
AY231130_MX-P	ATATGGAGCGGTTATTTACGCAATTTTGCAAATTTTGTAGTTGGGCACAAACCACTCAAT	1556
DQ374152_BZ-W	ATATGGAGCAGCTGTTTACGCAATTTTGCAAATTTCTAGTTGGGCACAAACCACTTAAAT	1556
AY162218_TH-P	AGATGGAGGAGTTGTTTGTGCGCTTTTGCAAATTTCTGGTCAGAAGGCAGTCGGTTAAAG	1556
	* * * * *	
X97251-TW	CTGCGCGCTTAACACACGGCTCAAGTGGTCTCATTTTTAGACCAAAATTTGCTGACAGAA	1616
AY010722_TH-W	CAGCGAATCTAACACATGGTTCAAGTGGTCTCATTTTTAAACCGAAGTTTCGCTGACCGAA	1616
EU882728_TW-P	CTGCGCGCTTAACACATGGCTCAAGTGGTCTCATTTTTAAACCAAAATTTGCTGACAGAG	1616
AY027810_TW-W	CTGCGCGCTTAACACACGGCTCAAGTGGTCTCATTTTTAAAGCCAAATTTGCTGACAGAA	1618
EU475877_IN-W	CTTCGAATCTGACGTACGGTTCTAGTGGATTGATTTTTAAGCCAAAGTTTCTGACAAATG	1613
PRSV_TH-P SMK	CTGCGTGCTTAACACACGGCTCAAGTGGTCTAATTTTTAGACCAAAATTTGCTGACAGAA	1616
EU126128_HA-P	CCAAAAATCTGACGTTTCGGTTCTAGTGGTCTAATTTTTCAAGCCGAAATTTGCCGACAACG	1616
X67673_TW-P	CCAAAAATCTGACGTTTCGGTTCTAGTGGTCTAATTTTTCAAGCCGAAATTTGCCGACAACG	1616
EF017707_IN-P	CTGCAAAATTTGACATTTGGTTCTAGTGGTTGATTTTTCAACCGAAGTTTCTGACAAATG	1613
EF183499_CN-P	CCGCGCGTTTAACGCATGGCTCAAGCGGTCTAATCTTCAACCGAATTTCTGCTGACAGAG	1616
AY231130_MX-P	CTGAAAGCTGACGTTTGGTTCTAGTGGTCTGATTTTTAAGCCAAAGTTTGCCGCCAATG	1616
DQ374152_BZ-W	CTGGAAACCTGACGTTTCGGTTCTAGTGGTCTGATTTTTCAAGCCAAAGTTTGCCGACAATG	1616
AY162218_TH-P	CTTCATGTTTAACACACGGCTCAAGTGGTCTCATATTTCAACCGAATTTCTGCTGATAGAG	1616
	* * * * *	
X97251-TW	TAGGTCGATATTTTGGTGAATATTTTATCAGCGGTGGCGTTACGCAGGGAATTTATTTG	1676
AY010722_TH-W	CAGGCGCATATTTTGGTGAATATTTTATCAGCGGTGGACGATGTGAAGGAAAGCTATTTG	1676
EU882728_TW-P	TGGGTCGATATTTTGGTGAATATTTTATCAGCGGTGGCGTTACGCAGGGAATTTATTTG	1676
AY027810_TW-W	TAGGTCGATATTTTGGTGAATATTTTATCAGCGGTGGCGTTATGCAGGGAAGTTATTTG	1678
EU475877_IN-W	TGGGGCGATATTTTGGCGACTATTTTGTGTTTCGAGGACGTCCTCGAGGAAAGCGATTG	1673
PRSV_TH-P SMK	TAGGCGCATATTTTGGAGAATATTTTATTTACGCGTGGACGCTATGGAGGAAATTTGTCTG	1676
EU126128_HA-P	TGGGGCGATATTTTGGCGACTATTTTCTGTTTTCGAGGACGCTTTGGAGGTAAGTTATTTG	1676
X67673_TW-P	TGGGGCGATATTTTGGCGACTATTTTCTGTTTTCGAGGACGCTTTGGAGGTAAGTTATTTG	1676
EF017707_IN-P	TGGGGCGATATTTTGGTGAATATTTTATTTTTCGAGGACGTCCTTGAGGTAAGCGATTG	1673
EF183499_CN-P	TAGGTCGATATTTTGGTGAATATTTTATCAGCGGAGGACGCTATGAAGGAAATTTATTTG	1676
AY231130_MX-P	TGGGGCGATATTTTGGTGAATATTTTCTGTTTTCGAGGACGCTTTGAAGGTAAGCTATTTG	1676
DQ374152_BZ-W	TAGGCGGACACTTTTGGTGAATATTTTCTGTTTTCGAGGACGTTTAGGAGGTAAGGCTATTTG	1676
AY162218_TH-P	TAGGTCGATATTTTGGTGAATATTTTACTACTCGTGGACGCTGTGAAGGAAAGTTATTTG	1676
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	ATGGAAGATCCAAGCTGGCTAGATCGGTTTCGCATGAACATGGAGCAATACAACGATATTG	1736
AY010722_TH-W	ATGGGAGATCAAAACTGGCTAAGTCGGTTTCGCATGCGTATGGAACAATACATGATGTCG	1736
EU882728_TW-P	ATGGAAGATCCAAGCTGGCTAGATCGGTTTCGCATGAACATGGAACAATACAACGATATTG	1736
AY027810_TW-W	ACGGAAGATCTAAGCTGGCTAAATCGGTTTCGCATGAAAATGGAACAATACAACGATGTTG	1738
EU475877_IN-W	ATGGTAGATCAAACTAGCGAGGTCGATCTATGCTAAGATGGAGCAATACAATGATGTGG	1733
PRSV_TH-P SMK	ATGGAAGATCAAAAGCTAGCTAGATCGGTTTCGCATGAGAATGGAGCAATACAACGATGTTG	1736
EU126128_HA-P	ATGGTAGATCAAACTAGCGAGATCGATCTATGCCAAAATGGATCAATACAATGACGTGG	1736
X67673_TW-P	ATGGTAGATCAAACTAGCGAGATCGGTTCTATGCCAAAATGGATCAATACAATGACGTGG	1736
EF017707_IN-P	ATGGTAGATCAAACTGGCAAAGTCAATCTATGCTAAGATGGAGCAGTACAATGACGTGG	1733
EF183499_CN-P	ATGGAAGATCAAAAGCTGGCTAGATCGATTTCGCATGCATATGGAGCAATACAACGATGTCG	1736
AY231130_MX-P	ATGGTAGATCAAACTAGCGAGATCGATCTATGCCAGGATGGAGCAATACAATGATGTGG	1736
DQ374152_BZ-W	ATGGTAGATCAAACTAGCGAGATCGATCTACGCCAAGATGGAGCAATACAATGATGTGG	1736
AY162218_TH-P	ATGGAAGATCAAAAGCTGGCTAAATCGGTTTCGCATGCGGATGGAGCAATATAATGATGTTG	1736
	* * * * *	
X97251-TW	CTGAAAAATCTGGCTCGGTTTCAACAGGGCTTTCTTGCGACACAGGAAACCAACGGATC	1796
AY010722_TH-W	CTGAGAAGTTCTGGCTCGGTTTCAACAGGGCTTTCTTACGGCACAGGAAGCCGACGGATC	1796
EU882728_TW-P	CTGAAAAATCTGGCTCGGTTTCAACAGGGCTTTTACGACACAGGAAACCAACGGATC	1796
AY027810_TW-W	CTGAAAAATCTGGCTCGGTTTCAACAGGACTTTCTTGCGACACAGGAAACCAACGGATC	1798
EU475877_IN-W	CTGAAAAATCTGGCTCGGTTTCAATAGGGCTTTCTTGCGACACAGAAAACCAACGGACC	1793
PRSV_TH-P SMK	CCGAAAAATCTGGCTTGGTTTCAACAGGGCTTTCTTGAGGCATAGGAAGCCAACGGATC	1796
EU126128_HA-P	CTGAAAAATCTGGCTTGGTTTAAATAGGGCTTTCTGCGTCATAGAAAGCCAACGGACC	1796
X67673_TW-P	CTGAAAAATCTGGCTTGGTTTAAATAGGGCTTTCTTGCGGCATAGAAAACCAACGGACC	1796
EF017707_IN-P	CTGAAAAATCTGGCTTGGTTTAAATAGGGCTTTCTTGCGGCACAGAAAACCAACGGACC	1793
EF183499_CN-P	CTGAGAATCTGGCTCGGTTTCAACAGGGCTTTCTTGCGGCACAGGAAGCCAACGGATC	1796
AY231130_MX-P	CCGAAAAATTTTGGCTCGGTTTAAATAGGGCTTTCTACGGCATAGAAAACCAACGGATC	1796
DQ374152_BZ-W	CTGAAAAATCTGGCTCGGCTTAAATAGGGCTTTCTACGGCATAGAAAACCAACGGACC	1796
AY162218_TH-P	CTGAAAAATCTGGCTCGGTTTCAACAGGGCTTTCTTGCGACACAGGAAACCAACGGATC	1796
	* * * * *	
X97251-TW	ATGTGTGCACATCTGATATGGATGTTACGATGTGTGGTGAAGTAGCGGCTTTGGCAACCA	1856
AY010722_TH-W	ATGTGTGCACGTCTGATATGGATGTTACCATGTGTGGTGAAGTGGCGGCTCTTGCAACCA	1856
EU882728_TW-P	ATGCGTGCACATCTGACATGGATGTTACGATGTGTGGTGAAGTAGCGGCTTTGGCAACCA	1856
AY027810_TW-W	ATGTGTGCACATCTGATATGGATGTTACGATGTGTGGTGAAGTGGCGGCTTTGGCAACCA	1858
EU475877_IN-W	ACACTTGCACGTCTGACATGGATGTCACGATGTGTGGGGAGGTGGCGGCTCTTGCAACTA	1853
PRSV_TH-P SMK	ATGTGTGCACATCTGACATGGATGTTACAATGTGCGGTGAAGTAGCGGCTCTAGCAACCA	1856
EU126128_HA-P	ACACTTGCACGTCTGACATGGACGTTACAATGTGTGGGGAGGTAGCAGCCCTTGCAACTA	1856
X67673_TW-P	ACACTTGCACGTCTGACATGGACGTTACAATGTGTGGGGAGGTAGCAGCTCTTGCAACTA	1856
EF017707_IN-P	ACACTTGCACGTCTGATATGGATGTTACAATGTGCGGGGAAGTGGCAGCTCTTGCAACTA	1853
EF183499_CN-P	ATGTGTGCACATCTGACATGGATGTTACAATGTGCGGTGAGGTGGCAGCTCTTGCAACCA	1856
AY231130_MX-P	ACACTTGCACGTCTGATATGGATGTTACAATGTGTGGGGAGGTAGCAGCTCTTGCAACTA	1856
DQ374152_BZ-W	ACACTTGCACGTCCGACATGGATGTAACAATGTGTGGGGAGGTAGCAGCTCTTGCAACTA	1856
AY162218_TH-P	ATGTGTGCACGTCTGATATGGATGTTACAATGTGCGGTGAAGTGGCGGCTCTTGCAACCA	1856
	* * * * *	
X97251-TW	TAATCTTGTTTCCGTGTCATAAGATAACTTGCAACACTTGATGAACAAGGTAAAGGGGA	1916
AY010722_TH-W	TAATCCTGTTTCCATGTCATAAGATAACTTGTAACACTTGATGAACAAGGTAAAGGGGA	1916
EU882728_TW-P	TAATCTTGTTCCCGTGTCTAAGATAACTTGCAACACTTGATGAACAAGGTAAAGGGGA	1916
AY027810_TW-W	TAATCTTGTTTCCGTGTCATAAGATAACTTGCAACACTTGATGAACAAGGTAAAGGGGA	1918
EU475877_IN-W	TAATTATTTCCGATGTCACAAGATAACTTGCAACACTTGATGAGCAGAGTAAAGGGGA	1913
PRSV_TH-P SMK	TAATCTTGTTTCCGTGTCATAAGATAACTTGCAATACATGCATGAACAAGGTCAAGGGGA	1916
EU126128_HA-P	TAATCCTGTTTCCGTGCCACAAGATAACTTGCAACACTTGATGAGCAAAGTAAAGGGGA	1916
X67673_TW-P	TAATCCTGTTTCCGTGCCACAAGATAACTTGCAACACTTGATGAGCAAAGTAAAGGGGA	1916
EF017707_IN-P	TAATTTTGTTCCCATGTCACAAGATAACTTGCAACACTTGATGAGCAAAGTAAAGGGGA	1913
EF183499_CN-P	TAATCTTGTTTCCGTGTCATAAGATAACTTGCAACACTTGATGATTAGAGTAAAGGGGA	1916
AY231130_MX-P	TAATTTTGTTTCCGTGCCACAAGATAACTTGCAACACTTGATGAGCAGAGTAAAGGGGA	1916
DQ374152_BZ-W	TAATCTATTTCCGTGTCACAAGATAACTTGCAACACTTGATGAGCAAAGTAAAGGGGA	1916
AY162218_TH-P	TAATCTTGTTTCCGTGTCACAAGATCACTTGCAACACTTGATGAACAAGGTAAAGGGGA	1916
	**** * * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GAGTAATTGACGAAGTTGGTGAGGACCTTGAATTGTGAACCTTGAACGTTTACGTGAAACTC	1976
AY010722_TH-W	GAGTCATTGACGAGGTCGGTGAGGATCTGAATTGTGAGCTCGAACGTTTGCGCGAAACCC	1976
EU882728_TW-P	GAGTAATTGACGAAGTTGGTGAGGACCTTGAATTGTGAGCTTGAACGTTTACGTGAAACTC	1976
AY027810_TW-W	GAGTAATTGACGAAGTTGGTGAGGATTTGAATTGTGAGCTTGAACGTTTACGTGAAACTC	1978
EU475877_IN-W	GAGTCATTGACGAAGTTGGTGAGGATTTGAACCTGTGAGCTCGAACGTTTACGTGAAACTC	1973
PRSV_TH-P SMK	GAGTTATTGACGAAGTTGGTGACGACTTAAATTGTGAGCTCGGACGTTTACGTGAAACTC	1976
EU126128_HA-P	GAGTAATTGACGAAGTCGGTGAGGATTTGAATTGTGAGCTTGAACGTTTACGTGAAACTC	1976
X67673_TW-P	GAGTAATTGACGAAGTTGGTGAGGATTTGAATTGTGAGCTTGAACGTTTACGTGAAACTC	1976
EF017707_IN-P	GAGTTATTGACGAAGTTGGTGAGGATCTGAATTGTGAGCTTGGACGTTTGCCTGAAACTC	1973
EF183499_CN-P	GAGTTATTGACGAAGTCGGCGAGGATTTAAATTGTGAGCTTGAACGTTTACGTGAAACTC	1976
AY231130_MX-P	GAGTAATTGACGAAGTTGGTGAGGATTTGAATTCTGAGCTTGAACGTTTACGTGAAACTC	1976
DQ374152_BZ-W	GAGTTATTGACGAAGTCGGTGAGGATTTAAATTGTGAGCTCGAACGTTTACGTGAAACTC	1976
AY162218_TH-P	GAGTCATTGATGAGGTCGGTGAGGATTTAAATTGTGAACTCGAACGTTTGCCTGAAACTC	1976
	**** * 1976	
X97251-TW	TCTCGTCATATGGAGGCTCATTCGGTCATGTTTCAACATTACTCGACCAACTGAACAGAG	2036
AY010722_TH-W	TCTCGTCATATGGAGGCTCATTTGGTCGTGTTTCAACATTGCTTGATCAATTAAACAGAG	2036
EU882728_TW-P	TCTCGTCATATGGAGGCTCATTCGGTCATGTTTCAACATTACTCGACCAACTGAACAAAG	2036
AY027810_TW-W	TCTCGTCATATGGAGGCTCATTCGGTCATGTTTCAACATTACTCGACCAACTGAACAGAG	2038
EU475877_IN-W	TTTCGTCATATGGAGGCTCTTTCCGGGCATGTCTCAACATTGCTTGATCAACTCAACAGAG	2033
PRSV_TH-P SMK	TCTCGTCATATGGAGGCTCATTTGGGCATGTTTCAACGTTGCTTGATCAATTGAAAAGAG	2036
EU126128_HA-P	TTTCAGCATATGGAGGCTCATTCGGACATGTCTCAACATTACTTGATCAATTAAACAGAG	2036
X67673_TW-P	TTTCAGCATATGGAGGCTCATTCGGACATGTCTCAACATTACTTGATCAATTAAACAGAG	2036
EF017707_IN-P	TTTTGTCTATATGGAGGATCATTCGGGCATGTTTTCAGCACTACTTGACCAACTAAACAGAG	2033
EF183499_CN-P	TTTCGTCATATGGAGGTTTCATTCGGTCATGTTTCAACATTACTTGATCAATTGAATAGAG	2036
AY231130_MX-P	TTTCTTCATATGGAGGCTCATTCGGGCATGTTTCAACATTACTTGATCAAAATGAATAGAG	2036
DQ374152_BZ-W	TTTCATCATATGGAGGATCATTTGGACATGTCTCAACATTACTTGATCAATTAAACAGAG	2036
AY162218_TH-P	TCTCATCATATGGAGGATCATTCGGTCATGTTTCAACATTACTGGATCAACTGAACAGAG	2036
	* 2036	
X97251-TW	TTTTGAATGCACGTAACATGAACGACGGAGCTTTTAAAGAGGTTGCAAAAGAAGATTGATG	2096
AY010722_TH-W	TTTTAAATGCGCGTAACATGAATGATGGAGCTTTTAAAGGAGATCGCGAAGAAGATTGATG	2096
EU882728_TW-P	TTTTGAATGCACGTAACATGAACGATGGAGCTTTTAAAGAGATTGCAAAAGAAGATTGATG	2096
AY027810_TW-W	TTTTGAATGCACGTAACATGAACGACGGAGCTTTTAAAGAGGTTGCAAAAGAAGATTGATG	2098
EU475877_IN-W	TTTTAAATGCGCGAACTTGAACGATGGAGCTTTTAAAGAAATTGCAAAAGAAGATTGATG	2093
PRSV_TH-P SMK	TTTTGAATGCGCGAAACATGAACGATGGAGCTTTTAAAGAGATTGCGAAGAAGATTGATG	2096
EU126128_HA-P	TTTTGAATGCGCGGAACACGAACGATGGAGCTTTTAAAGAGGTTGCGAAAAAGATTGATG	2096
X67673_TW-P	TTTTGAATGCGCGGAACATGAACGATGGAGCTTTTAAAGAGATTGCGAAGAAGATTGATG	2096
EF017707_IN-P	TTTTGAATGCCCGGAATATGAACGATGGAGCTTTTAAAGAAATTGCAAAAGAAGATTGATG	2093
EF183499_CN-P	TTTTGAATGCACGTAACATGAACGATGGAGCTTTTAAAGAGATCGCAAAAGAAGATTGATG	2096
AY231130_MX-P	TTTTGAATGCGCGGAACACAAACGATGGAGCTTTTAAAGAGATTGCGAAGAAGATTGATG	2096
DQ374152_BZ-W	TTTTGAATGCACGGAACATGAACGATGGAGCTTTTAAAGAGATTGCGAAGAAGATTGATG	2096
AY162218_TH-P	TTTTGAATGCACGTAACATGAACGATGGAGCTTTTAAAGAGATCGCAAAAGAAGATTGATG	2096
	**** * 2096	
X97251-TW	GAAAGAAAGAAAGTCCTTGGACCCACCTAACAGCCATCAATAACACGCTCATTTAAAGGTT	2156
AY010722_TH-W	AGAAGAAAGAAAGCCCTTGGATTACATGACGCGCCATCAACAAACACGCTTATTAAAGGTT	2156
EU882728_TW-P	AAAAGAAAGAAAGTCCTTGGACCCACCTGACAGCCATCAATAACACGCTTATTAAAGGTT	2156
AY027810_TW-W	AAAAGAAAGAAAGTCCTTGGACCCACCTGACAGCCATCAATAACACGCTTATTAAAGGTT	2158
EU475877_IN-W	AGAAGAAAGAGAGCCCTTGGACTCACATGACAGCCATCAATAACACGCTCATCAAAGGTT	2153
PRSV_TH-P SMK	AAAAGAAAGAAAGTCCTTGGACCCACATGACAGCCATCAATAACACTTATTAAAGGTT	2156
EU126128_HA-P	AAAAGAAAGAGAGTCCTTGGACTCACATGACAACCATCAACAACACGCTCATCAAAGGTT	2156
X67673_TW-P	AAAAGAAAGAGAGTCCTTGGACTCACATGACAACCATCAACAACACGCTCTACAAAGGTT	2156
EF017707_IN-P	AAAAGAAAGAGAGTCCTTGGACTCACATGACAGCTATCAACAACACGCTCATTTAAAGGTT	2153
EF183499_CN-P	AAAGGAAAGAAAGTCCTTGGACCCACATGACGTCATCAATAACACGCTTATTAAAGGTT	2156
AY231130_MX-P	AAAAGAAAGAGAGTCCTTGGACTCACATGACAACATCAACAACACGCTCATCAAAGGTT	2156
DQ374152_BZ-W	AAAAGAAAGAGAGTCCTTGGATTACATGACAGCCATCAACAACACGCTCATCAAAGGTT	2156
AY162218_TH-P	AAAAGAAAGAAAGCCCTTGGACCCACATGACAGCCATCAACAACACGCTTATTAAAGGTT	2156
	* 2156	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	CGTTGGCAACTGGCAATGAATTTGAAAAAGCATCTGATAGCCTGCGGGAGATTGTGAGGT	2216
AY010722_TH-W	CATTAGCAACTGGCTATGAATTTGAGAGAGCGTCTGATAGTTTACGAGAAGTTGTAGAT	2216
EU882728_TW-P	CGTTAGCAACTGGTAAATGAATTTGAAAAAGCATCTGATAGCCTGCGGGAGATTGTGAGGT	2216
AY027810_TW-W	CGTTGGCAACTGGCAATGAATTTGAAAAAGCATCTGATAGCCTGCGAGAATTTGTGAGGT	2218
EU475877_IN-W	CGCTAGCAACTGGCTACGAATTTGAAAGAGCGTCTGATAGCCTTCGAGAGATTGTGAGGT	2213
PRSV_TH-P SMK	CTTTGGTAACTGGCCATGAATTTGAAAGAGCGTCTGATAGTCTGCCGAGAAGTTGTGAGAT	2216
EU126128_HA-P	CGTTAGCAACTGGCTACGAATTCGAGAGAGCATCTAATAGTCTCCGAGAGATCGTTAGAT	2216
X67673_TW-P	CGTTAGCAACTGGCTACGAATTTGAGAGAGCATCTAATAGTCTCCGAGAGATCGTTAGAT	2216
EF017707_IN-P	CGCTAGCAACTGGCAACGAATTTGAAAGAGCATCCGATAGCCTTCGAGAGATCGTGAGAT	2213
EF183499_CN-P	CATTAGCAACTGGTTATGAATTTGAAAGAGCATCCGACAATCTGCGGGAAGTTGTGAGAT	2216
AY231130_MX-P	CGCTAGCAACTGGTTACGAATTTGAAAGAGCGTCTGATAGTCTCCTAGAGATTGTGAGAT	2216
DQ374152_BZ-W	CATTAGCAACTGGCTATGAATTCGAGAGAGCATCTGGTAATCTTCTAGAGATCGTGAGAT	2216
AY162218_TH-P	CGTTAGCAACTGGCAATGAATTCGAAAAAGCGTCTGATAATCTGCCGAGAAATTTGTGAGAT	2216
	* * * * *	
X97251-TW	GGCATCTCAAAAGAACAGAGTCAATAAAAGCTGGTAGTGTGAGAGCTTTAGAAAACAAGC	2276
AY010722_TH-W	GGCATCTCAAGAGAACAGAGTCAATCAAAGCTGGCAGTGTGAGAGCTTCAGAAAACAAGC	2276
EU882728_TW-P	GGCATCTCAAAAGAACAGAGTCAATAAAAGCTGGCAGTGTGAGAGCTTCAGAAAACAAGC	2276
AY027810_TW-W	GGCATCTCAAAAGAACAGAGTCAATAAAAGCTGGCAGTGTGAGAGCTTCAGAAAACAAGC	2278
EU475877_IN-W	GGCACCTCAAAAGAACTGAATCAATAAAGCTGGCAGTGTGAAAGTTTCAGAAAACAAGC	2273
PRSV_TH-P SMK	GGCATCTTAAAGGACAGAATCAATAAAAGCTGGCAGTGTGAGAGTTTGAAGAAAACAAGC	2276
EU126128_HA-P	GGCACCTCAAAAGGACAGAATCAATAAAAGCTGGCAGCGTTGAAAGTTTGAAGAAAACAAGC	2276
X67673_TW-P	GGCACCTCAAAAGGACAGAATCAATAAAAGCTGGCAGCGTTGAAAGTTTGAAGAAAACAAGC	2276
EF017707_IN-P	GGCATCTCAAAAGGACAGAATCAATAAAAGCTGGCAGCGTTGAAAGTTTTCAGAAAACAAGC	2273
EF183499_CN-P	GGCATCTCAATAGGACGGAGTCAATAAAAGCTGGCAGCGTTGAGAGCTTCAGAAAACAAGC	2276
AY231130_MX-P	GGCATCTCAAAAGGACAGAATCAATAAAAGCTGGCAGCGTTGAGAGTTTGAAGAAAACAAGC	2276
DQ374152_BZ-W	GGCATCTTAAAGAACAGAATCAATAAAAGCTGGCAGTGTGAAAGTTTGAAGAAAACAAGC	2276
AY162218_TH-P	GGCACCTCAAAAGGACAGAGTCAATAAAAGCTGGCAGTGTGAAAGCTTCAGAAAACAAGC	2276
	**** * * * * *	
X97251-TW	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACCCAGCTCTTACGTGCGACAATCAATTGGACAGAAATG	2336
AY010722_TH-W	GTTCTGGGAAAGCTCATTTCAACCCGCCCCCTCACATGTGACAATCAATTGGACAGAAATG	2336
EU882728_TW-P	GTTCTGGGAAAGCTCATTTCAATCCAGCTCTTACGTGTGACAATCAATTGGACAGAAATG	2336
AY027810_TW-W	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACCCAGCTCTTACGTGTGACAATCAATTGGACAGAAATG	2338
EU475877_IN-W	GTTCTGGGAAAGCTCATTTAATCCAGCTCTTACGTGTGATAATCAATTGGACAGAAATG	2333
PRSV_TH-P SMK	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACCCAGCTCTCACGTGTGACAATCAATTGGACAGAAATG	2336
EU126128_HA-P	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACCCAGCTCTTACGTGTGATAATCAGTTGGATAAAGATG	2336
X67673_TW-P	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACCCAGCTCTTACGTGTGATAATCAGTTGGATAAAGATG	2336
EF017707_IN-P	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACTCAGCTCTTACGTGTGATAATCAATTGGACAGGAATG	2333
EF183499_CN-P	GTTCTGGGAAAGCTCATTTTAACCTAGCTCTCACGTGTGACAATCAATTGGACAGAAATG	2336
AY231130_MX-P	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACCCAGCTCTTACGTGTGATAATCAGTTGGATAGGAATG	2336
DQ374152_BZ-W	GTTCTGGGAAAGCTCACTTCAACCCAGCCCTTACATGTGACAATCAGTTGGACAGGAATG	2336
AY162218_TH-P	GTTCTGGGAAAGCCCACTTCAACCCAGCTCTTACATGTGATAATCAATTGGACAGAAATG	2336
	***** * * * * *	
X97251-TW	GCAACTTCTTATGGGGTGAAGACAAATATCACGCCAAAAGATTCTTTGCTAACTACTTTG	2396
AY010722_TH-W	GCAATTTCTTATGGGGTGAGAGACAAATATCATGCCAAAAGATTCTTTGCTAATTACTTTG	2396
EU882728_TW-P	GCAACTTCTTATGGGGTGAAGACAAATATCACGCCAAAAGATTCTTTGCTAACTACTTTG	2396
AY027810_TW-W	GCAATTTCTTATGGGGTGAAGACAAATATCACGCCAAAAGTTCTTTGCTAATTACTTTG	2398
EU475877_IN-W	GGAATTTCTTATGGGGTGAAGGCAATATCACGCCAAAAGATTCTTCGCAATTACTTTG	2393
PRSV_TH-P SMK	GCAATTTCTTATGGGGTGAGAGACAGTATCACGCTAAAAGATTCTTTGCCAACTACTTTG	2396
EU126128_HA-P	GTAATTTCTTATGGGGTGAAGGCGTACCACGCTAAAAGATTCTTTGCCAACTACTTTG	2396
X67673_TW-P	GTAATTTCTTATGGGGTGAAGGCGTACCACGCTAAAAGATTCTTTGCCAACTACTTTG	2396
EF017707_IN-P	GTAATTTCTTATGGGGTGAGAGGCAATACCACGCCAAAAGTTCTTTGCCAACTACTTTG	2393
EF183499_CN-P	GGAATTTCTTATGGGGTGAGAGACAAATATCACGCCAAAAGATTCTTTGCTAATTACTTTG	2396
AY231130_MX-P	GTAATTTCTTATGGGGTGAAGGCAATACCACGCCAAAAGATTCTTTGCCAACTACTTTG	2396
DQ374152_BZ-W	GTAATTTCTTATGGGGTGAGAGGCAATACCACGCCAAAAGATTCTTTGCCAACTACTTTG	2396
AY162218_TH-P	GCAATTTCTTATGGGGTGAGAGACAGTATCATGCCAAAAGATTCTTTGCTAACTACTTTG	2396
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	AAAAGATTGATCACAGTAAGGGTTATGAGTACTATAGTCAACGCCAAAACCCAAATGGCA	2456
AY010722_TH-W	AGAAGATTGATCACAGTAAGGGTTATGAGTACTACAGTCAACGCCAAAACCCAAATGGAA	2456
EU882728_TW-P	AAAAGATTGATCACAGTAAGGGTTATGAATACTATAGTCAACGCCAAAACCCAAATGGCA	2456
AY027810_TW-W	AAAAGATTGATCACAGTAAGGGTTATGAATATTATAGCCAACGCCAAAACCCAAATGGCA	2458
EU475877_IN-W	AGAAAATTGATCACAGTAAGGGTTATGAGTACTACAGCCAACGCCAAAACCCAAATGGTA	2453
PRSV_TH-P SMK	AAAAGATTGATCACAGTAAGGGCTATGAGTACTACAGTCAACGCCAAAACCCAAATGGTA	2456
EU126128_HA-P	AGAAGATTGATCATAGTAAGGGTTATGAGTACTATAGTCAACGCCAAAGCCCAATGGTA	2456
X67673_TW-P	AGAAGATTGATCATAGTAAGGGTTATGAGTACTATAGTCAACGCCAAAACCCAAATGGTA	2456
EF017707_IN-P	AAAAGATTGATCACAGTAAGGGTTATGAGCACTATAGTCAACGCCAGACCCCAATGGCA	2453
EF183499_CN-P	AGAAGATTGATCACATAAGGGCTATGATTACTATAGTCAACGCCAAAATCCAAATGGCA	2456
AY231130_MX-P	AGAAGATTGATCATAGTAAGGGTTATGAGTACTATAGTCAACGCCAAAACCCAAATGGTA	2456
DQ374152_BZ-W	AGAAGATCGATCATAGTAAGGGTTATGAGTACTACAGTCAACGCCAAAACCCAAATGGTA	2456
AY162218_TH-P	AGAAGATTGATCACAGTAAGGGTTATGAGTACTATTGTGACGCCAGAACCCAAATGGCA	2456
	* * * * *	
X97251-TW	TTCGAAAGGTTGCCATTGGTAATTTAATATTCTCCACAAATTTGGAGAGGTTTCGCACAGC	2516
AY010722_TH-W	TTAGAAAGATTGCCATTGGTAATCTAATATTCTCCACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2516
EU882728_TW-P	TTCGAAAGGTTGCCATTGGTAATTTAATATTCTCCACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2516
AY027810_TW-W	TTCGAAAGGTTGCCATTGGTAATTTAATATTCTCTACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2518
EU475877_IN-W	TCAGGAAAAATTGCCATTGGCAATTTAATATTTTCGACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2513
PRSV_TH-P SMK	TTCGAAAGATCGCCATTGGTAATCTTTCCACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2516
EU126128_HA-P	TCAGGAAAAATTGCTATTGGTAATTTGGTATTTTCAACAAATTTGGAGAGATTTCGGCAGC	2516
X67673_TW-P	TCAGGAAAAATTGCCATTGGTAATTTGGTATTTTCAACAAATTTGGAGAGATTTCGGCAGC	2516
EF017707_IN-P	TTAGGAGAAATTGCCATTGGCAATTTGATATTCTCAACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2513
EF183499_CN-P	TTCGAAAGATTGCAATCGGTAACCTGATATTCTCTACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2516
AY231130_MX-P	CCAGGAAAAATTGCCATTGGTAATTTAGTATTTTCAACAAATTTGGATAGATTTCGGCAGC	2516
DQ374152_BZ-W	TCAGGAAAAATTGCCATTGGCAATTTGGTATTTTCAACAAATTTGGAACGATTTCGGCAGC	2516
AY162218_TH-P	TTCGAAAGATTGCCATTGGTAATTTAATATTTTCCACAAATTTGGAGAGGTTTCGGCAGC	2516
	* * * * *	
X97251-TW	AAATGGTTGAACATCATATTGACCAGGGACCAATCACTCGCGAGTGTATCGCACTGCGCA	2576
AY010722_TH-W	AAATGGTTGAACATCACATTGACCAGGGACCAATCACTCGTGAGTGTATCGCACTGCGCA	2576
EU882728_TW-P	AAATGGTTGAACATCATATTGACCAGGGACCAATCACTCGAGAGTGTATCGCACTGCGCA	2576
AY027810_TW-W	AAATGGTTGAACATTATATTGACCAGGGACCAATCACTCGTGAGTGTATCGCACTGCGCA	2578
EU475877_IN-W	AAATGGTTGAACACCACATTGATCAAGGGCCAATCACTCGTGAGTGCATTGCATTGCGCA	2573
PRSV_TH-P SMK	AAATGGTTGAACATCACATTGACCAGGGACCAATCACTCGTGAGTGCATCGCACTGCGCA	2576
EU126128_HA-P	AAATGGTTGAACACCATATTGATCAAGGACCAATTAATCGTGAGTGCATTGCATTGCGTA	2576
X67673_TW-P	AAATGGTTGAACACCATATTGATCAAGGACCAATTAATCGTGAGTGCATTGCATTGCGTA	2576
EF017707_IN-P	AAATGGTTGAACACCACATTGATCAAGGACCAATCACTCGTGAGTGCATTGCATTACGTA	2573
EF183499_CN-P	AATGGTCGAACATCATATTGATCAGGGACCAATCACCCGTGAGTGTATTGCTTTGCGCA	2576
AY231130_MX-P	AAATGGTTGAACACCACATTGATCAAGGACCAATCACTCGTGAGTGCATCGCACTGCGCA	2576
DQ374152_BZ-W	AAATGATTGAACATCACATTGATCAAGGACCAATCACTCGTGAGTGCATCGCACTGCGTA	2576
AY162218_TH-P	AAATGGTTGAACATCATATTGACCAGGGACCAATCACTCGTGAGTGTATCGCACTACGAA	2576
	* * * * *	
X97251-TW	ACAACAATTACGTTTCATGTATGTAGCTGCGTCACCTTAGATGATGGAACCTCAGCAACGA	2636
AY010722_TH-W	ATAACAATTATGTTTCATGTATGTAGCTGCGTGACCTTAGATGATGGAACCTCAGCGACGA	2636
EU882728_TW-P	ACAACAATTATGTTTCATGTATGTAGCTGCGTGACCTTAGATGATGGAACCTCAGCGACGA	2636
AY027810_TW-W	ACAACAATTATGTTTCATGTATGTAGCTGCGTGACCTTAGATGATGGAACCTCAGCAACGA	2638
EU475877_IN-W	ATAATAATTATGTTTCATGTATGTAGCTGTGTACTTTAGATGACGGAACCTCAGCAACAA	2633
PRSV_TH-P SMK	ATAACAATTACGTTTCATGTATGTAGTTGCGTGACCTTAGATGATGGAACCTCAGCAACGA	2636
EU126128_HA-P	ATAACAATTACGTTTCATGTATGTAGCTGCGTAACCTTTAGATGATGGAACCTCAGCGACAA	2636
X67673_TW-P	ATAACAATTACGTTTCATGTATGTAGCTGCGTAACCTTTAGATGATGGAACCTCAGCGACAA	2636
EF017707_IN-P	ATAACAATTACGTTTCATGTATGTAGCTGTGTACTTTAGATGATGGAACCCCGCAACAA	2633
EF183499_CN-P	ACAACAATTACGTTTCATGTATGTAGCTGCGTGACCTTAGATGATGGAACCTCAGCAACAA	2636
AY231130_MX-P	ATAACAATTATGTTTCATGTATGTAGCTGTGTAACTTTAGATGATGGAACCTCAGCAACAA	2636
DQ374152_BZ-W	ATAACAATTATGTTTCATGTATGTAGCTGCGTAACCTTGATGACGGAACCTCAGCAACAA	2636
AY162218_TH-P	ACAACAATTATGTTTCATGTATGTAGCTGTGTACTTTAGACGATGGAACCTCAGCGACGA	2636
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GTGAATTGAAAACCTCCACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
AY010722_TH-W	GCGAATTGAAAACCTCCACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
EU882728_TW-P	GTGAATTGAAAACCTCCACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
AY027810_TW-W	GTGAATTGAAAACCTCCACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2698
EU475877_IN-W	GTGAGTTGAAGACTCCTACCAAGAATCATATCGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2693
PRSV_TH-P SMK	GTGAATTAAAAACCTCTACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
EU126128_HA-P	GTGAGTTGCAAACTCCTACCAAGAATCACATCGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
X67673_TW-P	GTGAGTTGAAAACCTCCTACCAAGAATCACATCGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
EF017707_IN-P	GTGAAATGAAAACCTCCTACCAAGAACCAATCGTTCTGGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2693
EF183499_CN-P	GTGAATTGAAAACACCCACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGAGATCCTAAAT	2696
AY231130_MX-P	GTGAGTTGAAGACTCCTACCAAGAATCATATCGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCCAAGT	2696
DQ374152_BZ-W	GTGAGTTGAAGACTCCACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
AY162218_TH-P	GTGAATTGAAAACCTCCACCAAGAATCACATTGTTCTTGGTAATTCTGGTGATCCTAAGT	2696
	* * * * *	
X97251-TW	ATGTTGACTTGCCGACTCTTGAGTCTGATTCAATGTACATAGCTAAGAAAGGTTATTGTT	2756
AY010722_TH-W	ATGTCGATTTGCCGACTCTTGAGTCTGACTCAATGTATATAGCTAAGAGAGGCTATTGCT	2756
EU882728_TW-P	ATGTTGACTTGCCGACTCTTGAGTCTGATTCAATGTACATAGCTAAGAAAGGTTATTGCT	2756
AY027810_TW-W	ATGTTGACTTGCCGACTCTTGAGTCTGATTCAATGTACATAGCTAAGAAAGGTTATTGCT	2758
EU475877_IN-W	ACGTAGACTTGCCGACTCTGGAGTCCGATTTCGATGTACATAGCCAGAAAGGTTACTGCT	2753
PRSV_TH-P SMK	ATGTTGACTTACCGACTCTTGAGTCTGATTCAATGTACATAGCTAAGAAAGGTTACTGCT	2756
EU126128_HA-P	ACGTTGACCTGCCGACTCTTGAGTCTGATTTCGATGTACATAGCTAAGAAAGGTTATTGCT	2756
X67673_TW-P	ACGTTGACCTGCCGACTCTTGAGTCTGATTTCGATGTACATAGCTAAGAAAGGTTATTGCT	2756
EF017707_IN-P	ACGTTGACCTGCCGACTCTTGAGTCCGATTTCGATGTACATAGCCAGAAAGGTTACTGTT	2753
EF183499_CN-P	ATGTTGATTTGCCAACTCTTGAGTCTGATTCAATGTATATAGCCAGAAAGGTTATTGCT	2756
AY231130_MX-P	ACGTTGACTTGCCGACTCTTGAGTCTGATTCAATGTACATAGCCAGAAAGGTTATTGCT	2756
DQ374152_BZ-W	ATATTGACTTACCGACTCTCGAAGTTGATTTCGATGTATATAGCCAGAGGGGCTATTGCT	2756
AY162218_TH-P	ATGTTGACTTGCCAACTCTTGAGTCCGATTCAATGTACATAGCTAAGAAAGGTTATTGTT	2756
	* * * * *	
X97251-TW	ACATGAACATCTTTCTGGCGATGCTCATAAACATACCTGAGAATGAGGCAAGGACTTTA	2816
AY010722_TH-W	ACATGAACATCTTCTCGGCGATGCTCATAAACATACCTGAGAATGAGGCAAGGACTTTA	2816
EU882728_TW-P	ATATGAACATCTTTTTAGCGATGCTCATAAACATACCTGAGAATGAGGCGAAGGACTTTA	2816
AY027810_TW-W	ATATGAACATCTTTTCTGGCGATGCTCATAAACATACCTGAGAATGAGGCGAAGGACTTTA	2818
EU475877_IN-W	ACATGAACATCTTTTTAGCGATGCTCATAAAATATACCTGAGAATGAGGCGAAGGACTTTA	2813
PRSV_TH-P SMK	ACATGAACATTTTTCTGGCGATGCTCATAAACATACCTGAGAATGAGGCGAAGGACTTTA	2816
EU126128_HA-P	ACATGAACATTTTTCTAGCTATGCTCATAAACATACCTGAAAATGAGGCGAAGGACTTCA	2816
X67673_TW-P	ACATGAACATTTTTTCTAGCTATGCTCATAAACATACCTGAAAATGAGGCGAAGGACTTCA	2816
EF017707_IN-P	ACATGAACATTTTTTCTGGCGATGCTCATAAACATACCTGAAAACGAGGCGAAGGACTTTA	2813
EF183499_CN-P	ACATGAACATTTTTCTCGGCGATGCTTATAAACATACCTGAGAATGAGGCGAAGGACTTTA	2816
AY231130_MX-P	ACATGAACATATTTTTAGCGATGCTCATAAAATATACCTGAGAATGAGGCGAAGGACTTTA	2816
DQ374152_BZ-W	ACATGAACATCTTTTTAGCGATGCTCATAAACATACCTGAGAACGAGGCGAAGGACTTCA	2816
AY162218_TH-P	ACATGAACATTTTTCTGGCGATGCTCATAAACATACCTGAGAATGAGGCGAAGGACTTTA	2816
	* * * * *	
X97251-TW	CGAAGAGAGTTCGCGATCTAGTAGGTTCAAAGCTTGGGAGTGGCCAACGATGCTAGATG	2876
AY010722_TH-W	CAAAGAGAGTTCGTGATCTGTAGGTTCAAAGCTTGGTGAGTGGCCAACGATGTTAGATG	2876
EU882728_TW-P	CGAAGAGAGTTCGCGATCTGTAGGTTCAAAGCTTGGGAGTGGCCAACGATGCTAGATG	2876
AY027810_TW-W	CGAAGAGAGTTCGTGATCTGTAGGTTCAAAGCTTGGGAGTGGCCAACGATGCTAGATG	2878
EU475877_IN-W	CAAAGAGAGTTCGTGATCTGTGGGCTCAAAGCTTGGTGAATGGCCAAACATGTTAGATG	2873
PRSV_TH-P SMK	CGAAGAGAGTTCGTGATCTGTAGGTTCAAAGCTTGGAGAATGGCCGACGATGTTAGATG	2876
EU126128_HA-P	CAAAAAGGGTTCGTGACCTTGTGGGTTCAAAGCTTGGAGAGTGGCCAACGATGCTAGATG	2876
X67673_TW-P	CAAAAAGGGTTCGTGACCTTGTGGGTTCAAAGCTTGGAGAGTGGCCAACGATGCTAGATG	2876
EF017707_IN-P	CGAAGAGGGTTCGTGATCTTGTGGGTTCAAAGCTTGGAGAGTGGCCAACGATGTTAGATG	2873
EF183499_CN-P	CAAAGAGGGTTCGTGATCTTGTGGGTTCAAAGCTTGGAGAGTGGCCAACGATGTTAGATG	2876
AY231130_MX-P	CAAAGAGAGTTCGCGACCTCGTGGGTTCAAAGCTTGGAGAGTGGCCAACGATGTTGGATG	2876
DQ374152_BZ-W	CAAAGAGAGTTCGTGACCTTGTGGGCTCAAAGCTTGGAGAGTGGCCGACAAATGTTAGATG	2876
AY162218_TH-P	CAAAGAGAGTTCGTGATCTGTAGGTTCAAAGCTTGGAGAGTGGCCAACGATGCTGGATG	2876
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	TCGCGACATGCGCTAATCAATTGATTATCTTCCATCCCGATGCAGCCAATGCGGAATTGC	2936
AY010722_TH-W	TCGCAACATGCGCCAACCAACTGGTTATCTTTCATCCTGATGCAGCCAATGCGGAATTGC	2936
EU882728_TW-P	TCGCGACATGCGCCAATCAATTGATTATCTTCCATCCCGATGCAGCCAATGCAGAACTGC	2936
AY027810_TW-W	TCGCGACATGTGCTAATCAATTGATCATCTTCCATCCCGACGCAGCCAATGCGGAATTGC	2938
EU475877_IN-W	TGGCGACGTGCGCGAATCAGCTTATTATCTTCCATCCTGACGCTGCCAATGCAGAAATTGC	2933
PRSV_TH-P SMK	TCGCGACATGCGCAAATCAATTGACCATCTTTCATCCCGATGCAGCCAATGCGGAATTGC	2936
EU126128_HA-P	TCGCAACATGCGCAAATCAGCTGGTAATTTTTCATCCTGACGCAGCCAACGCAGAAATTAC	2936
X67673_TW-P	TCGCAACATGCGCAAATCAGCTGGTAGTTTTTCATCCTGACGCAGCCAACGCAGAAATTAC	2936
EF017707_IN-P	TCGCAACATGCGCAAATCAGCTGACAATCTTTCATCCTGACGCAGCTAATGCAGAAATTGC	2933
EF183499_CN-P	TCGCTACATGTGCCAATCAATTGATTATCTTTCATCCTGATGCGGCCAACGCGGAATTGC	2936
AY231130_MX-P	TCGCAACATGCGCAAATCAGCTGATAATCTTTCATCCTGACGCAGCCAATGCAGAAATTGC	2936
DQ374152_BZ-W	TCGCAACATGCGCAAATCAACTGATAATTTTCCATCCTGACGCAGCTAATGCAGAAATTGC	2936
AY162218_TH-P	TCGCGACATGCGCCAATCAATTGATTATCTTCCATCCCGATGCAGCAAATGCGGAGTTGC	2936
	* * * * *	
X97251-TW	CGCGAATTTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCACGTGATTGATTGTTTGGATCTG	2996
AY010722_TH-W	CACGAATCTTAGTGGATCATCGACAGAAAACAATGCATGTTATTGATTGTTTGGATCTG	2996
EU882728_TW-P	CGCGAATTTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCACGTGATTGATTGTTTGGATCTG	2996
AY027810_TW-W	CGCGAATTTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCACGTGATTGATTGTTTGGATCTG	2998
EU475877_IN-W	CGCGAATCTTAGTGGATCATAGCAGAAAACAATGCATGTTATTGACTCGTTTGGTCTG	2993
PRSV_TH-P SMK	CGCGAATCTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTCATTGATTGTTTGGATCTG	2996
EU126128_HA-P	CGCGAATTTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTCATTGATTGTTTGGATCTG	2996
X67673_TW-P	CGCAAATTTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTCATTGATTGTTTGGATCTG	2996
EF017707_IN-P	CGCGAATCTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTTATTGACTCTTTTGGGTCCG	2993
EF183499_CN-P	CACGAATCTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTCATTGATTGTTTGGATCTG	2996
AY231130_MX-P	CGCGAATTTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTTATTGACTCTTTTGGGTCCG	2996
DQ374152_BZ-W	CGCGAATTTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTCATTGACTCTTTTGGGTCCG	2996
AY162218_TH-P	CTCGAATCTTAGTGGATCACCGACAGAAACAATGCATGTCATTGATTGTTTGGGTCTG	2996
	* * * * *	
X97251-TW	TTGATTCTGGATATCATATACTGAAGGCTAACACAGTTAATCAGTTGATCCAGTTCGCCA	3056
AY010722_TH-W	TAGACTCTGGATATCACATACTGAATGCGAACACAGTGAATCAGTTGATTGATTGTTGCCA	3056
EU882728_TW-P	TTGATTCTGGATATCATATACTGAAGGCTAACACAGTTAATCAGTTGATCCAAATTCGCTA	3056
AY027810_TW-W	TTGACTCTGGCTATCATATACTGAAGGCTAACACAGTTAATCAGTTGATCCAAATTCGCTA	3058
EU475877_IN-W	TGGATTCCGGCTACCACATATTGAAGGCAAAACACAGTTAATCAATTGATTGATTGTTGCCA	3053
PRSV_TH-P SMK	TGGATTCTGGATACCATATACTAAAGGCAAAACACAGTTAATCAGTTGATCCAGTTCGCCA	3056
EU126128_HA-P	TGGATTCTGGATATCATATACTGAAGGCAAAATACAGTCAATCAACTGATTCAATTTGCTA	3056
X67673_TW-P	TGGATTCTGGATATCATATACTGAAGGCAAAATACAGTCAATCAACTGATTCAATTTGCTA	3056
EF017707_IN-P	TGGATTCTGGATATCACATATTAAAGGCAAAACACAGTTAATCAGCTGATCCAAATTTGCTA	3053
EF183499_CN-P	TAGATTCTGGATATCATATACTGAAGGCAAAACACAGTAAATCAGTTAATCCAAATTTGCTA	3056
AY231130_MX-P	TGGATTCTGGATATCATATGTTGAAGGCAAAACACAGTTAATCAGCTAATCCAAATTCGCTA	3056
DQ374152_BZ-W	TGGATTCTGGATACCATATATTGAAGGCAAAACACAGTTAATCAGTTAATCCAAATTCGCTA	3056
AY162218_TH-P	TAGATTCTGGATACCATATACTGAAGGCAAAACACAGTAAACAGTTGATCCAGTTCGCCA	3056
	* * * * *	
X97251-TW	GAGAACCGCTCGATAGTGAAAT-GAAACACTACATTGTGCGGTGGAGAATTTGATCCAACC	3115
AY010722_TH-W	GAGAGCCACTTGATAGTGAAAT-GAAGCACTACATTGTGTTGGTGGAGAGTTTGATCCAACC	3115
EU882728_TW-P	GAGAACCGCTCGATAGTGAAAT-GAAACACTACATTGTGCGGTGGAGAATTTGATCCAACC	3115
AY027810_TW-W	GAGAACCGCTCGATAGTGAAAT-GAAACACTACATTGTGCGGTGGAGAATTTGATCCAACC	3117
EU475877_IN-W	GAGAACCGCTCGACAGCGAAATTGAAGCACTACATTGT-GGGGGAGAGTTGATCCAACC	3112
PRSV_TH-P SMK	GGGATCCACTTGATAGTGAGAT-GAAGCACTACATTGTGCGGCGGAGAGTTTGATCCAACA	3115
EU126128_HA-P	GGGACCCACTCGATAGTGAAAT-GAAGCACTACATTGTGCGGCGGAGAGTTTGACCCGACT	3115
X67673_TW-P	GGGACCCACTCGATAGTGAAAT-GAAGCACTACATTGTGCGGCGGAGAGTTTGACCCGACT	3115
EF017707_IN-P	GGGAACCACTCGATAGTGAAAT-GAAGCACTACATTGTGCGGCGGAGAGTTTGACCCGACT	3112
EF183499_CN-P	GAGAGCCACTCGATAGTGAAAT-GAAGCACTACATTGTGTTGGTGGAGAATTCGATCCAACC	3115
AY231130_MX-P	GAGAGCCACTCGATAGTGAAAT-GAAGCACTACATTGTGTTGGTGGAGAGTTTGACCCGACT	3115
DQ374152_BZ-W	GGGAGCCACTCGATAGTGAAAT-GAAGCACTATATTGTGCGGTGGGGAATTCGATCCAACC	3115
AY162218_TH-P	GAGAACCACTCGATAGTGAAAT-GAAGCACTACATTGTTGGCGGAGAATTTGATCCAACC	3115
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW ACTAGTTGCTTGCATCAATTAATACGCGTCATTTACAAGCCTCATGAACTCCGCAATCTA 3175
 AY010722_TH-W ACTAGTTGCTTGCATCAGTTGATACGCGTCATCTATAAGCCCCATGAACTCCGCAATCTG 3175
 EU882728_TW-P ACTAGTTGCTTGCATCAGTTAATACGCGTCATTTACAAGCCTCATGAACTTCGCAATCTA 3175
 AY027810_TW-W ACTAGTTGCTTGCATCAGTTAATACGCGTCATTTACAAGCCTCATGAACTTCGCAATCTA 3177
 EU475877_IN-W ACTAGCTGCTTGCACCAACTCATTGCGTCATCTATAAACCTCATGAGCTTCGGAATTTA 3172
 PRSV_TH-P SMK ACAAGTTGCTTGCATCAGTTGATACGCGTCATTTACAAGCCTCATGAACTCCGTAACCTG 3175
 EU126128_HA-P ACTAACTGCTTGCATCAGTTGATTGTCGTCTATATAAGCCTCATGAACTCCGGAACCTG 3175
 X67673_TW-P ACTAACTGCTTGCACCAAGTTGATTGTCGTCTATATAAGCCTCATGAACTCCGGAACCTG 3175
 EF017707_IN-P ACTAGTTGCCTACATCAGCTGATTGTCGTCTATTTATAAGCCTCATGAACTTCGGAATTTG 3172
 EF183499_CN-P ACTAGTTGCTTGCACCAAGCTAATACGCGTCATTTACAAGCCTCATGAACTCCGCAATCTG 3175
 AY231130_MX-P ACTAACTGCTTGCATCAGTTGATTGTCGTCTATATAAGCCTCATGAACTCCGGAACCTG 3175
 DQ374152_BZ-W ACTAGCTGCTTGCATCAGTTGATTGCGCTCATTTACAAGCCTCATGAACTTCGGAATTTG 3175
 AY162218_TH-P ACTAGTTGTTTGCATCAATTGATACGCGTTATTTACAAGCCTCAGGAACCTCCGCAATCTG 3175

*** **

X97251-TW CTCAGGAATGAACCATATCTGATAGTGATTGATTGATGTCACCAAGCGTACTTTTAACT 3235
 AY010722_TH-W CTCAGAAATGAACCATATCTAGTAGTGATTGATTGATGTCGCCAAGTGACTTTTAACT 3235
 EU882728_TW-P CTTAGTAATGAACCGTATCTGATGGTGATTGCACTGATGTCACCAAGCGTACTTTTAACT 3235
 AY027810_TW-W CTCAGGAATGAACCATATCTGATAGTGATTGCACTGATGTCACCAAGCGTACTTTTAACT 3237
 EU475877_IN-W CTCAGAAAAGAACCATATCTTATAGTGATGCGATTGATGTCGCCAAGCGTACTCTTAACT 3232
 PRSV_TH-P SMK CTCAGAAATGAACCATATTTAATAGTAATCGCACTGATGTCGCCAAGCGTGCTTTTAACT 3235
 EU126128_HA-P CTCAGGAATGAACCGTACCTGATTGTTGATTGATTGATGTCACCAAGTGACTTTTAACT 3235
 X67673_TW-P CTCAGGAATGAACCGTACCTAATTGTTGATTGATTGATGTCACCAAGTGACTTTTAACT 3235
 EF017707_IN-P CTCAGGAATGAACCATATCTGATAGTGATTGCAATGATGTCACCAAGTGACTTTTAACT 3232
 EF183499_CN-P CTAAGAAATGAACCGTATCTAATAGTGATTGCTCTGATGTCACCAAGCGTACTCTTAACT 3235
 AY231130_MX-P CTCAGGAATGAACCGTACCTGATTGTTGATTGATTGATGTCACCAAGTGACTTTTAACT 3235
 DQ374152_BZ-W CTCAGGAATGAACCGTATCTGATAGTAATGCACTGATTGATGTCACCAAGTGACTTTTAACT 3235
 AY162218_TH-P CTCAGAAATGAACCATATCTAATAGTGATTGATTGATGTCGCCAAGCGTACTTTTAACT 3235

*** **

X97251-TW CTGTTTAATAGTGGTGCAATCGAGCATGCATTGAATTATTGGATTAAAAGGGACCAAGAT 3295
 AY010722_TH-W TTGTTTAATAGTGGCGCAATTGAGCATGCATTGAATTATTGGATCAAAAGGGACCAAGAT 3295
 EU882728_TW-P CTGTTTAATAGTGGTGCAATCGAGCATGCATTGAATTATTGGATCAAAAGGGACCAAGAT 3295
 AY027810_TW-W TTGTTCAATAGTGGTGCAATTGAGCATGCATTGAATTATTGGATCAAAAGGGACCAAGAT 3297
 EU475877_IN-W TTGTTCAACAGTGGTGCGATTGAACACGCGATTGAATTATTGGATCAAGAGGGAACAAGAC 3292
 PRSV_TH-P SMK CTATTTAATAGTGGAGCAATCGAGCATGCATTGAATTACTGGATCAAAAGGGATCAAGAT 3295
 EU126128_HA-P TTGTTCAATAGTGGTGCGATTGAGCACGCGTTGAATTATTGGATCAAAAGAGATCAAGAT 3295
 X67673_TW-P TTGTTCAATAGTGGTGCGATTGAGCACGCGTTGAATTATTGGATCAAAAGAGATCAAGAT 3295
 EF017707_IN-P TTATTCAATAGTGGTGCGATTGAGCACGCGTTGAATTATTGGATTTAAAAGGGACCAAGAT 3292
 EF183499_CN-P CTATTTAATAGTGGTGCAATTGAGCATGCCTTGAATTATTGGATCAAAAGGACCAAGAT 3295
 AY231130_MX-P TTGTTCAATAGTGGTGCGATTGAGCACGCGTTGAATTACTGGATCAAAAGAGATCAAGAT 3295
 DQ374152_BZ-W TTGTTTAATAGTGGTGCAATTGAGAACGCGTTGAGTTATTGGATCAAAAGAGATCAAGAT 3295
 AY162218_TH-P CTGTTTAATAGTGGTGCGATTGAACATGCACTGAGCTATTGGATCAAAAGGGATCAAGAT 3295

*** **

X97251-TW GTTGTGAGGTTATTGTTTTAGTAGAGCAATTATGTCGAAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 AY010722_TH-W GTTGTGAGGTTATTGTTTTGGTGGAGCAATTGTGTAGGAAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 EU882728_TW-P GTTGTGAGGTCATTGTTTTAGTAGAGCAATTATGTCGTAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 AY027810_TW-W GTTGTGAGGTTATTGTTTTGGTGGAGCAATTATGTCGTAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3357
 EU475877_IN-W GTTGTGAAAGTGATTGCTTGGTTGAACAGCTGTGCAGAAAGGTTACACTTGCTAGAACA 3352
 PRSV_TH-P SMK GTCGTTGAGGTCATTGTTCTAGTCGAGCAGTTTGTGCGTAAGGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 EU126128_HA-P GTTGTGAGGTCATTGTTTTAGTGAGCAATTATGCAGGAAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 X67673_TW-P GTTGTGAGGTCATTGTTTTAGTGAGCAATTATGCAGGAAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 EF017707_IN-P GTCGTTGAGGTCATTGTTTTAGTGAGCAATTGTGCAGAAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3352
 EF183499_CN-P GTTGTGAGGTTATTGTTTTAGTAGAGCAACTGTGTCGAAAGGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 AY231130_MX-P GTTGTGAGGTCATTGTTTTGGTGGAGCAATTATGCAGGAAAGTTACACTTGCTAGAACA 3355
 DQ374152_BZ-W GTCGTTGAGGTTATTGTTTTAGTGAGCAATTATGCAGGAAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3355
 AY162218_TH-P GTTGTGAGGTTATTGTTTTAGTAGAGCAATTATGTCGAAAGTGACGCTTGCTAGAACA 3355

*** **

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW AGTTTGTTTCAAAAATTGCACCTTAAGGTACTTTGCATTCAAATCACAACCATCTTTTTC 3655
 AY010722_TH-W AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCATTCAAATCACAACCATCTTTTTC 3655
 EU882728_TW-P AGTTTGTTTCAAAAATTGCACCTTAAGATACTTTGCATTCAAGTCACAACCATCTTTTTC 3655
 AY027810_TW-W AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCATTCAAATCACAACCATCTTTTTC 3657
 EU475877_IN-W AGTTTGTTTCAAGAAGTTGCACCTTAAGATACTTTGCATTCAAGTCACAACAGTCTTTTTC 3652
 PRSV_TH-P SMK AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCATTCAAATCACAACCATCTTTTTC 3655
 EU126128_HA-P AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCGTTCAAATCACAACCGTCTTTTTC 3655
 X67673_TW-P AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCGTTCAAATCACAACCGTCTTTTTC 3655
 EF017707_IN-P AGCTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGATACTTTGCATTCAAGTCACAACCATCTTTTTC 3652
 EF183499_CN-P AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCATTCAAATCACAACCATCTTTTTC 3655
 AY231130_MX-P AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCGTTCAAATCACAACCGTCTTTTTC 3655
 DQ374152_BZ-W AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCGTTCAAATCACAACCATCTTTTTC 3655
 AY162218_TH-P AGTTTGTTTCAAAAAGTTGCACCTTAAGGTACTTTGCATTCAAATCGCAACCATCTTTTTC 3655
 ** * * * * *

X97251-TW GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTGAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3715
 AY010722_TH-W GAGTATTTAAAGCCGAAAGGGCGCGCAGATTTGAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3715
 EU882728_TW-P GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTGAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3715
 AY027810_TW-W GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTGAAAGTTGCGTACGACTTCTCACCGAAG 3717
 EU475877_IN-W GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTAAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3712
 PRSV_TH-P SMK GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGTAGATTTGAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3715
 EU126128_HA-P GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTAAAAATTGTATACGACTTCTCACCGAAG 3715
 X67673_TW-P GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTAAAAATTGTATACGACTTCTCACCGAAG 3715
 EF017707_IN-P GAAATTTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTGAAAATTGTATACGACTTCTCACCGAAG 3712
 EF183499_CN-P GAGTGTTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTAAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3715
 AY231130_MX-P GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTAAAAATTGTATACGACTTCTCACCGAAG 3715
 DQ374152_BZ-W GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGCGCGCAGATTTGAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3715
 AY162218_TH-P GAGTATTTAAAGCCAAAAGGGTGCAGATTTGAAAATTGTGTACGACTTCTCACCGAAG 3715
 ** * * * * *

X97251-TW TACTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----ATTGCAGCCAATCAAAGCT 3763
 AY010722_TH-W TACTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----GCTCCAACCAATCAAAGCT 3763
 EU882728_TW-P TACTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----ATTGCAGCCAATCAAAGCT 3763
 AY027810_TW-W TACTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----ATTACAGCCAATCAAAGCT 3765
 EU475877_IN-W TACTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTTTCGGAAGGCGTGTACAGCCAGTCAAGGCT 3772
 PRSV_TH-P SMK TACTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----GCTACAGCCAATCAAAGCT 3763
 EU126128_HA-P TATTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----CCTACAGCCAGTCAAGGCT 3763
 X67673_TW-P TATTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----CCTACTGCCAGTCAAGGCT 3763
 EF017707_IN-P TATTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----GTTACAGCCAATCAAAGCT 3760
 EF183499_CN-P TATTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----GTTGCAGCCAATCAAAGCT 3763
 AY231130_MX-P TATTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----TCTACAACAGTCAAGGCT 3763
 DQ374152_BZ-W TATTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----GCTACATCCAGTCAAAGCT 3763
 AY162218_TH-P TACTGTGTACACGAGGTTCGGAAGACGTT-----GCTGCGACCAATCAAAGCT 3763
 ** * * * * *

X97251-TW GGAGCTAAATCACATCACATCTCATCAATGGTTGTGGAACGTTTATTCGGAAGAGTGCT 3823
 AY010722_TH-W GGAGCTGAAATCACATCACGTCTCTAAACGGTTGTGGAACGTTTATTCGGAAGAGTGCC 3823
 EU882728_TW-P GGAGCTAAGATCGCATCACGTCTCATCAATGGTTGTGGAACGTTTATTCGGAAGAGTGCC 3823
 AY027810_TW-W GGAGCTAAATCACATCACGTCTCATCAATGGTTGTGGAACATTTCATTCGGAAGAGTGCC 3825
 PRSV_TH-P SMK GGGGCTGAAATCGCATCACGGCTATCAGTGGTTGTGGAACATTTATTCGGAAGAGTGCT 3832
 EU126128_HA-P GGAGTTGAAGTCACATCGCGTCTCATAAATGGTTGTGGAACATTTCATTCGGAAGAGTGCT 3823
 X67673_TW-P GGGGCTAAATCGCATCGGAATCATTAATGTTTGTGGAGCTTTTCATTCGGAAGAGTGCC 3823
 EF017707_IN-P GGGGCTGAAATCGCATCGGAATCATTAATGTTTGTGGAGCTTTTCATTCGGAAGAGTGCC 3823
 EF183499_CN-P GGAGCTGAGATCGCGTTCGGAATCATTAATGGTTGTGGAACATTTCATTCGGAAGAGTGCC 3820
 AY231130_MX-P GGAGCTGAAGTTGCGTTCGCGTGTCTGTAACGGTTGTGGAACGTTTCATTCGGAAGAGTGCC 3823
 DQ374152_BZ-W GGGGCTAAATTCGATCGCGAGTCATTAATGGTTGTGGAACGTTTCATTCGGAAGAGTGCC 3823
 AY162218_TH-P GGGGCTGCAATCACATCGCGAATCATTAATGGTTGTGGAAGTGTTCATTCGGAAGAGTGCA 3823
 GGAGCTAAATCACATCACGTTTCATGAGTGGTTGCGGGACGTTTATTCGGAAGAGTGCT 3823
 ** * * * * *

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GCAAGAGGCTGTGCTTACATCTTTAAGGATCTTTTCAATTTGTTACGTAGTGTTAGTG	3883
AY010722_TH-W	GCAAGGGGATGTGCATACATTTTTAAGGACCTCTTCCAGTTTGTTCATGTGGTGTGGTG	3883
EU882728_TW-P	GCAAGAGGCTGTGCTTACATTTTTAAGGATCTTTTTCAGTTTGTTCACGTAGTGTTAGTG	3883
AY027810_TW-W	GCAAGAGGCTGTGCTTACATTTTTAAGGATCTTTTTCAGTTTGTTCACGTAGTGTTAGTG	3885
EU475877_IN-W	GCGAGAGGTTGTGCTTACATTTTTAAGGATCTTCCAGTTTGTACATGTAGTATTAGTT	3892
PRSV_TH-P SMK	GCAAGAGGATGTGCTTACATTTTTAAGGATCTTTTTCAGTTTGTACATGTAAATATTAGTG	3883
EU126128_HA-P	GCAAAAGGCTGTGCCTACATTTTTCAAGGATCTTTTCCAATTTGTACATGTGGTGTAGTT	3883
X67673_TW-P	GCAAAAGGCTGTGCTTACATTTTTCAAGGATCTTTTCCAATTTGTACATGTGGTGTAGTT	3883
EF017707_IN-P	GCAAGAGGCTGTGCTTACATTTTTAAGGATCTTTTCCAATTTGTACATGTAGTACTCGTT	3880
EF183499_CN-P	GCAAAAGGCTGCGCTTACATTTTTAAGGACCTTTTTCAGTTTCAGTTACGTAGTGTAGTG	3883
AY231130_MX-P	GCAAAAGGCTGTGCTTACATTTTTAAGGATCTTTTCCAGTTTGTACATGTAGTGTAGTT	3883
DQ374152_BZ-W	GCAAAAGGCTGTGCTTACATTTTTCAAGGATCTTTTCCAAGTTTGTGCACGTAGTGTGGTT	3883
AY162218_TH-P	GCAAGAGGTTGTGCCTACATTTTTAAGGATCTTTTTCAGTTTGTTCACGTAGTATTGGTA	3883
	*** **	
X97251-TW	TTAAGCATTTTACTACAGATATTTAGGAGTGCACAAGGAATAGCCACGGAGCACATACAA	3943
AY010722_TH-W	TTAAGCATTTTGTTCAGATATTCAGGAGCGCACAAAGGATTGCCATGGAGCATATACAA	3943
EU882728_TW-P	TTAAGCATTTCTACTACAAATATTTAGGAGCGCACAAAGGAATCGCCACGGAGCACATACAA	3943
AY027810_TW-W	TTAAGCATTTCTACTACAGATATTTAGGAGCGCACAAAGGAATCGCTACGGAACACATACAA	3945
EU475877_IN-W	TTAAGCATTTTATTACAAATATTTAGGAGTGCAGCAAGGAATCGCCACAGACATATACAA	3952
PRSV_TH-P SMK	TTGAGCATTTTACTACAGATATTTAGGAGTGTGCAAGGAATTGCCACAGAGCATATACAA	3943
EU126128_HA-P	TTAAGCATTTTATTACAAATCTTTAGGAGTGCAGCAAGGAATTGCCACAGAGCATATACAA	3943
X67673_TW-P	TTAAGCATTTTATTACAAATCTTTAGGAGTGCAGCAAGGAATTGCCACAGAGCATCTACAA	3943
EF017707_IN-P	TTGAGCATTTCTATTACAAATCTTTAGGAGTGTGCAAGGATTGCCACAGAGCATATACAA	3940
EF183499_CN-P	TTAAGCATTTTATTACAAATATTTAGGAGCGCACAGGGAATTGTTCAGAGCATTTACAA	3943
AY231130_MX-P	TTAAGCATTTTATTACAGATCTTTAGGAATGCGCAAGGAATTGCCACAGAGCATATACAA	3943
DQ374152_BZ-W	TTAAGCATTTTGTTCAGATATCTTTAGAGTGCAGCAAGGAATTGCCACAGAGCATATACAA	3943
AY162218_TH-P	TTAAGCATTTCTCTACAAATATTTAGGAGCGCGCAAGGATCGCCACGGAGCATATACAA	3943
	** ***** *	
X97251-TW	TTGAAGCAAGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGGTTGGAAGCTTTA	4003
AY010722_TH-W	CTAAAGCAAGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGGTTAGAAGCTTTA	4003
EU882728_TW-P	TTGAAGCAAGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGGTTGGAAGCTTTA	4003
AY027810_TW-W	TTGAAGCAAGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGATTGGAAGCTTTA	4005
EU475877_IN-W	TTGAAGCAGGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGACTGGAGGCTCTA	4012
PRSV_TH-P SMK	TTAAAGCAGGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGGTTAGAAGCTTTG	4003
EU126128_HA-P	TTGAAGCAGGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGTCTGGAGGCTCTA	4003
X67673_TW-P	TTGAAGCAGGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAGACAGAAAGGATTTCGATCGTCTGGAGGCTCTA	4003
EF017707_IN-P	TTAAAGCAGGCAAAGGCAGAAAGTGGAGATACAGAAAGGATTTCGATCGACTAGAGGCTCTA	4000
EF183499_CN-P	TTAAAGCAAGCAAAGGCAGAGGTTGAAAAGCAGAAAGATTTCGATCGGTTGGAAGCTCTA	4003
AY231130_MX-P	TTGAAGCAGGCTAAGGCAGAAATGGAAGACAGAAAGATTTCGATCGTCTGGAGGCTCTA	4003
DQ374152_BZ-W	TTAAAGCAGGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAAACAGAGAGACTTTGATCGACTGGAAGCTCTA	4003
AY162218_TH-P	TTGAAGCAAGCAAAGGCAGAAAGTGGAGAGACAGAAAGATTTCGATCGGTTGGAAGCTTTA	4003
	* ***** **	
X97251-TW	TACGCTGAAGTGTGCGTTAAGAGTGGTGAGCAGCCGACGTTGAAGAATTCCTCGATTTT	4063
AY010722_TH-W	TACGCGGAAGTGTGCGTTAAGAATGGTGATCAGCCGACGACTGAAGAATTCCTTGATTTT	4063
EU882728_TW-P	TACGCTGAAGTGTGCGTTAAGAGTGGTGAGCAGCCGACGTTGAAGAATTCCTCGATTTT	4063
AY027810_TW-W	TACGCTGAATTTGTGCGTTAAGAGTGGTGAGCAGCCGACGTCGAAGAATTCCTCGATTTT	4065
EU475877_IN-W	TACGCTGAAGTGTGCGTCAAGAGTGGTGAGCAACCAACTGCTGAAGAGTTTATTGATTTT	4072
PRSV_TH-P SMK	TACGCTGAAGTGTGCGTTAAGAGTGGTGAGCAACCAACTGCTGAAGAATTCCTTGATTTT	4063
EU126128_HA-P	TACGCTGAATTTGTGCGTTAAGAGCGGTGAGCAACCAACTGCTGAAGAATTTCTTGATTTT	4063
X67673_TW-P	TACGCTGAATTTGTGCGTTAAGAGCGGTGAGCAACCAACTGCTGAAGAATTTCTTGATTTT	4063
EF017707_IN-P	TACGCTGAGATGTGCGTAAAGAGCGGTGAGCAACCGACTGCTGAAGAATTTCTTGATTTT	4060
EF183499_CN-P	TACGCTGAGTTGTGCGTTAAGGTTGGTGAGCAGCCGACGCTGAAGAATTTCTTGATTTT	4063
AY231130_MX-P	TACGCTGAATTTGTGATTAAAGAGCGGTGAGCAACCAACTGCTGAAGAATTTATTGATTTT	4063
DQ374152_BZ-W	TACGCTGAAGTGTGCGTTAAGAGCGGTGAGCAACCGACTGCTGAAGAATTTCTTGATTTT	4063
AY162218_TH-P	TACGCGGAAGTGTGCGTTAAGGTTGGTGAGCAACCGAGCGGAAGAATTCATCGACTTT	4063
	***** **	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GTGATGGAGCGTGAACCAAGACTCAAAGATCAAGTTTATAGCTTGATTCACATACCAGTA	4123
AY010722_TH-W	GTGATGGAGCGTGAACCAAGGCTCAAGGATCAAGCTTATAGCTTGATTCACATACCAGTC	4123
EU882728_TW-P	GTAATGGAGCGTGAACCAAGGCTCAAGGATCAAGTTTATAGCTTGATTCACATACCAGTA	4123
AY027810_TW-W	GTGATGGAGCGTGAACCAAGACTCAAGGATCAAGTTTATAGCTTGATTCACATACCAGTA	4125
EU475877_IN-W	GTGATGGAACGTGAACCAAGGCTTAAGGATCAAGCTTACAGTTTAAATTCACATACCGGTG	4132
PRSV_TH-P SMK	GTGATGGATCGTGAACCAAGGCTCAAGGATCAAGTTTACAGTTTGATTCACATACCAGTA	4123
EU126128_HA-P	GTGATGGAGCGTGAGCCAAGGCTTAAGGATCAAGCTTACAATTTAGTATACATACCAGTG	4123
X67673_TW-P	GTGATGGAGCGTGAGCCAAGGCTTAAGGATCAAGCTTACATTTAATATACATACCAGTG	4123
EF017707_IN-P	GTGATGGAGCGTGAGCCAAGGCTTAAGGATCAAGCTTACAGTTTGATCCACATACCAGTG	4120
EF183499_CN-P	GTGATAGATCGTGAACCAAGGCTCAAGGATCAGGTTTACAACTTGATTTACATACCAGTA	4123
AY231130_MX-P	GTGAAGGAGCGTGAGCCAAGGCTTAAGGATCAAGCTTACAATTTAATACACATACCAGTG	4123
DQ374152_BZ-W	GTGATGGAGCGTGAACCAAGACTTGAGGGTCAAGCATACAGTTTAAATTCACATACCAGTG	4123
AY162218_TH-P	GTGATGGAGCGTGAACCAAGGCTCAAGGATCAAGCTTATAGCTTGATTCACATACCAGTG	4123
	** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	
X97251-TW	ATTCATCAAGCAAAATCAGACAATGAAAAGAACTCGAACAAGTAATTGCATTTCATCACA	4183
AY010722_TH-W	ATTCATCAAGCAAAATCAGACAATGAAAAGAACTTGAACAGGTCATTGCATTTCATAACA	4183
EU882728_TW-P	ATTCATCAAGCAAAATCAGACAATGAAAAGAACTCGAACAATCATTGCATTTCATTACA	4183
AY027810_TW-W	ATCCATCAAGCAAAATCAGATAATGAAAAGAACTCGAACAAGTCATTGCATTTCATTACA	4185
EU475877_IN-W	ATTCATCAAGCAAAATCGGACAATGAAAAGAACTCGAACAAGTCATTGCATTTCATAACA	4192
PRSV_TH-P SMK	ATTCATCCAGCGAAATCGGACAACGAAAAGAACTCGAGCAAGTCATCGCATTTCATAACA	4183
EU126128_HA-P	ATTCATCAAGCAAAATCAGACAATGAGAAAAGCTCGAGCAAGTCATTGCATTTCATCACA	4183
X67673_TW-P	ATTCATCAAGCAAAATCAGACAATGAGAAAAGCTCGAGCAAGTCATTGCATTTCATCACA	4183
EF017707_IN-P	ATTCATCAAGCAAAATCAGATAATGAAAAGAACTCGAGCAAAATCATCGCATTTCATTACA	4180
EF183499_CN-P	ATTCATCAAGCAAAATCGGACAATGAAAAGAACTCGAACAAGTCATTGCATTTCATAACA	4183
AY231130_MX-P	ATTCATCAAGCAAAATCGGACAATGAGAAAAGCTCGAGCAAGTCATTGCATTTCATTACA	4183
DQ374152_BZ-W	ATCCATCAAGCTAAATCGGACAATGAGAGAAAAGCTCGAGCAGATCATTGCATTTCATTACA	4183
AY162218_TH-P	ATTCATCAGGCAAAATCGGACAATGAAAAGAACTCGAACAAGTCATTGCATTTCATAACA	4183
	** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	
X97251-TW	TTAATTCTAATGATGATCGACGTGGACAAGAGTGACTGTGTTTATAGAATCTTGAACAAA	4243
AY010722_TH-W	TTAATTTTAAATGATGATCGACGTGGATAAGAGCGACTGTGTTTATCGAATCTTGAACAAA	4243
EU882728_TW-P	TTAATTTTAAATGATGATTGACGTGGACAAGAGCGACTGTGTTTACAGGATCTTGAACAAA	4243
AY027810_TW-W	TTAATTTTAAATGATGATCGACGTGGACAAGAGTGATTGTGTTTATAGGATCTTGAACAAA	4245
EU475877_IN-W	TTAATTTTGAATGATGATCGATGTGGACAAGAGTGACTGCGTCTATAGAATCTTAAATAAA	4252
PRSV_TH-P SMK	TTGGTTCTGATGATGATTGACGTGGACAAGAGTGACTGCGTTTATAGAATCTTGAATAAA	4243
EU126128_HA-P	TTAATTCTAATGATGATCGACGTGGATAAGAGTGATTGTGTTTATAGAATCTTAAACAAA	4243
X67673_TW-P	TTAATTCTAATGATGATCGACGTGGATAAGAGTGATTGCGTTTATAGAATCTTAAACAAAG	4243
EF017707_IN-P	TTAATTTTAAATGATGGTCGACGTGGATAAGAGTGATTGCGTTTATAGAATCTTGAATAAG	4240
EF183499_CN-P	TTAATTTTGAATGATGATTGACGTAGACAAGAGTGACTGTGTTTATAGATCTTGAACAAA	4243
AY231130_MX-P	TTAATTTTAAATGATGATCGATGTTGATAAGAGTGATTGTGCTATAGAATCTTAAATAAA	4243
DQ374152_BZ-W	TTAATTTTAAATGATGATTGACGTGGACAAGAGTGATTGTGTTTATAGAATCTTGAATAAG	4243
AY162218_TH-P	TTAATTTTAAATGATGATTGACGTGGACAAGAGTGACTGCGTTTACAGGATTTTGAACAAA	4243
	** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	
X97251-TW	TTTAAAGGCGTAATTAAATCTTGCAACTCAGATGTTTATCATCAGTCTTTAGATGACATT	4303
AY010722_TH-W	TTTAAAGGCGTGATAAACTCTTGCAACACAAATGTTTATCACCAGTCTTTAGATGATATT	4303
EU882728_TW-P	TTTAAAGGCGTGATTAAATCTTGCAACACAGATGTTTATCATCAGTCTTTAGATGACATT	4303
AY027810_TW-W	TTTAAAGGCGTGATCAACTCTTGCAACACAAACGTTTATCATCAGTCTTTAGACGACATT	4305
EU475877_IN-W	TTTAAAGGCGTGATAAACTCTTGCAATACAAATGTTTATCATCAGTCTTTGGATGACATT	4312
PRSV_TH-P SMK	TTTAAAGGTGTGATAAAATCTTGCAACACAGATGTTTATCATCAATCTTTAGATGACATT	4303
EU126128_HA-P	TTTAAAGGCGTGATAAATTCTAGCAACGCTAATGTTTATCACCAGTCTTTAGATGACATT	4303
X67673_TW-P	TTTAAAGGCGTGATAAATTCTAGCAACACAAATGTTTATCACCAGTCTTTAGATGACATT	4303
EF017707_IN-P	TTTAAAGGCGTGATAAACTCTTGCGACGCAACGTTTATCATCAGTCTTTAGATGACATT	4300
EF183499_CN-P	TTTAAAGGCGTGATAAACTCTTGCAATACAAAGTGTGTTTATCATCAATCTTTGGATGACATT	4303
AY231130_MX-P	TTTAAAGGCGTGATAAACTCTTGCGATGCAAAATGTTTATCACCAGTCTTTAGATGACATT	4303
DQ374152_BZ-W	TTTAAAGGCGTGATAAATTCTTGCAACACAAATGTTTATCACCAGTCTTTAGATGACATT	4303
AY162218_TH-P	TTTAAAGGTGTGATAAACTCTTGACACAAATGTTTATCATCAGTCTTTAGATGACATT	4303
	***** ** * ** * ** * * * * ***** ** * ** * ** * ** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

97251-TW	CGGGACTTCTATGAAGACAAGCAATTGACTATTGATTTTGATATCACTGGTGAAAAATCAG	4363
AY010722_TH-W	CGAGACTTCTATGAAGACAAGCAATTAACCATCGATTTTGACATCACTGGTGAGAAATCAG	4363
EU882728_TW-P	CGAGACTTCTATGAAGACAAGCAATTGACCATTGATTTTGACATCAATGGTGAAAAATCAG	4363
AY027810_TW-W	CGGGACTTCTATGAAGACAAGCAATTGACTATTGACTTTGACATCACTGGTGAAAAATCAG	4365
EU475877_IN-W	CGGGATTTCTATGAAGACAAGCAATTAACAATTGATTTTCGATATCACTGGGAGAAATCAG	4372
PRSV_TH-P SMK	CGGGATTTCTATGAGGATAACCAATTGACCATTGATTTTCGACATCACTGGGAGAAATCAG	4363
EU126128_HA-P	CGGGATTTCTATGAAGACAAGCAGTTGACTATTGACTTTGACATTACTGGAGAGAAATCAG	4363
X67673_TW-P	CGGGATTTCTATGAAGACAAGCAGTTGACTATTGACTTTGATATTACTGGAGAGAAATCAG	4363
EF017707_IN-P	CGGGACTTTTATGAAGACAAGCAATTGACCATTGACTTTGATATCACTGGGAGAAATCAG	4360
EF183499_CN-P	CGGGACTTCTATGAAGATAAGCAATTGACCATTGACTTTGATATCACTGGTGAAAAATCAA	4363
AY231130_MX-P	CGGGATTTCTATGAAGACAAGCAGTTGACTATTGATTTTCGATATCACTGGGAGAGAAATCAG	4363
DQ374152_BZ-W	CGGGACTTCTATGAAGACAAGCAGTTGACTATTGACTTTGATATTACTGGAGAGAAATCAG	4363
AY162218_TH-P	CGAGATTTCTATGAGGACAAGCAATTAACATTGATTTTGATATCACTGGCGAGAAATCAA	4363
	*** ** *	
X97251-TW	ATCAATCGTGGACCTGTAGATGTCACGTTTGAGAAATGGTGGGACAATCAATTGTCCAAC	4423
AY010722_TH-W	ATCAACAGAGGGCCTATAGATGTCACGTTTCGAGAAATGGTGGGACAATCAATTGTCCAAC	4423
EU882728_TW-P	ATCAATCGTGGTCCCTATAGATGTCACGTTTCGAGAAATGGTGGGACAATCAACTGTCCAAC	4423
AY027810_TW-W	ATCAATCGTGGACCTATAGATGTCACGTTTCGAGAAATGGTGGGACAATCAACTATCCAAC	4425
EU475877_IN-W	ATCAATCGAGGACCTATAGATGTTACGTTTCGAAAAATGGTGGGACAACCAACTGTCCAAC	4432
PRSV_TH-P SMK	ATCAATCGCGGGCCCAATCGATGTCACATTGAAAAATGGTGGGATAATCAACTGTCCAAC	4423
EU126128_HA-P	ATCAATCGAGGACCTATAGACGTTACGTTTGAGAAATGGTGGGATAATCAATTGTCCAAC	4423
X67673_TW-P	ATCAATCGAGGACCTATAGACGTTACGTTTGAGAAATGGTGGGATAATCAATTGTCCAAC	4423
EF017707_IN-P	ATCAATCGAGGGCCTATAGACGTCACATTTCGAGAAATGGTGGGACAACCAACTGTCCAAC	4420
EF183499_CN-P	ATTAATCGTGGACCTATAGATGTCACGTTTCGAGAAATGGTGGGACAATCAACTGTCCAAT	4423
AY231130_MX-P	ATCAATCGAGGACCTATAGACGTTACGTTTGAGAAATGGTGGGACAATCAATTGTCCAAT	4423
DQ374152_BZ-W	ATCAATCGAGGACCTATAGATGTTACGTTTCGAGAAATGGTGGGACAACCAACTGTCCAAC	4423
AY162218_TH-P	ATTAATCGTGGACCTATAGATGTCACGTTTCGAAAAATGGTGGGACAATCAACTGTCCAAC	4423
	*** ** *	
X97251-TW	AACAACACAATTGGCCATTATCGAATTGGAGGAACATTCTGTTGAATTTCTCAGGAAGCAAC	4483
AY010722_TH-W	AACAACACAATTGGCCATTATCCGAATTGGGGGAACGTTCTGTTGAATTTTCACGGAGCAAC	4483
EU882728_TW-P	AATAACACAATTGGTCATTATCGAATTGGAGGGATATTCGTTGAGTTTCTCAGGAAGCAAC	4483
AY027810_TW-W	AATAACACAATTGGCCATTATCGAATTGGAGGAACATTCTGTTGAATTTCTCAGGAAGCAAC	4485
EU475877_IN-W	AACAACACAATTGGTCATTATCGAATTGGGGGAATGTTTGTGAATTTTCACGGAGTAAT	4492
PRSV_TH-P SMK	AATAACACAATTGGCCATTATCGAATTGGAGGAATGTTTGTGAGTTTCTCAGGAAGCAAC	4483
EU126128_HA-P	AACAATACGATTGGCCATTATCGAATCGGGGGAACGTTTGTGAGTTTTCACGGGTTAAT	4483
X67673_TW-P	AACAATACGATTGGCCATTATCGAATCGGGGGAACGTTTGTGAGTTTTCACGGGTTAAT	4483
EF017707_IN-P	AACAACACAATTGGCCATTATCGAATTGGGGGAACGTTTGTGAAATTTTCACGGAGTAAT	4480
EF183499_CN-P	AACAACACAATTAGGTCATTATCCGAATTGGAGGAACATTCTGTTGAGTTTCTCAGGAAGCTAC	4483
AY231130_MX-P	AACAACACAATTGGTCATTATCGAATCGGGGGAACGTTTGTGAAATTTTCACGAAGTACT	4483
DQ374152_BZ-W	AACAACACAATTGGCCATTATCGAATTGGAGGAACATTTGTGAAATTTTCACGGAGTAAT	4483
AY162218_TH-P	AACAACACAATTGGCCATTATCCGATTGGAGGAGCGTTCTGTTGAATTTCTCGCGGTCAAC	4483
	*** ** *	
X97251-TW	GCAGCTACTGTGGCTAGCGAAATAGCTCATAGTCCCGAACGTGAATTTCTAGTTTCGCGGA	4543
AY010722_TH-W	GCAGCCACTGTGGCTAGTGAATAGCCACAGTCCCTGAACGCGAATTTCTAGTTTCGCGGA	4543
EU882728_TW-P	GCAGCTACTGTGGCTAGCGAAATAGCTCATAGTCCCGAACGTGAATTTCTAGTTTCGCGGA	4543
AY027810_TW-W	GCAGCTACTGTGGCTAGCGAAATAGCTCATAGTCCCGAACGTGAATTTCTAGTTTCGCGGA	4545
EU475877_IN-W	GCAGCTACTGTGGCTAGTGAGATAGCTCACAGTCCCTGAACGCGAGTTTCTAGTTTCGCGGG	4552
PRSV_TH-P SMK	GCAGCTACTGTGGCTAGTGAATAGCTCACAGTCCCGAACGCGAATTTCTAGTTTCGCGGA	4543
EU126128_HA-P	GCAGCCACTGTGGCTAGTGAGATAGCTCATAGTCCCTGAGCGTGAGTTTCTGTTTCGCGGA	4543
X67673_TW-P	GCAGCCACTGTGGCTAGTGAGATAGCTCATAGTCCCTGAGCGTGAGTTTCTGTTTCGCGGA	4543
EF017707_IN-P	GCAGCCACTGTGGCTAGTGAGATAGCTCATAGTCCCTGAACGCGAGTTTCTAGTTTCGCGGG	4540
EF183499_CN-P	GCAGCTACTGTGGCTAGTGAATAGCTCATAGTCCCTGAACGCGAATACCTGGTTCTGTGGA	4543
AY231130_MX-P	GCAGCAACTGTGGCTAGTGAGATAGCTCATAGTCCCTGATCGTGAGTTTCTGTTTCGCGGA	4543
DQ374152_BZ-W	GCAGCCACCGTGGCTAGTGAGATAGCTCATAGTCCCTGAACGCGAGTTTCTGTTTCGCGGG	4543
AY162218_TH-P	GCAGCTACTGTGGCTAGTGAATAGCACATAGTCCCGACCGCAATTCCTAGTTTCGCGGA	4543
	***** ** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GCCGTTGGTAGTGGTAAGTCAACGAATCTTCCGTTCTTACTCAGTAAGCATGGCAATGTG	4603
AY010722_TH-W	GCTGTTGGTAGTGGTAAATCAACAAACCTTCCCTTTCTTACTTAGTAAGCATGGTAGTGTG	4603
EU882728_TW-P	GCTGTTGGTAGTGGTAAAGTCAACGAATCTTCCGTTTTTACTCAGTAGGCATGGCAATGTG	4603
AY027810_TW-W	GCCGTTGGTAGCGGTAAGTCTACGAATCTCCCATTTTGTCTCAGTAAGCATGGCAATGTG	4605
EU475877_IN-W	GCTGTTGGTAGTGGTAAATCAACAAACCTTCCATTCCCTGCTTAGTAAGCATGGCAGTGTG	4612
PRSV_TH-P SMK	GCTGTTGGTAGTGGTAAAGTCAACAAACCTTCCGTTCTTGTCTAGTAAGCATGGCAGCGTG	4603
EU126128_HA-P	GCTGTTGGTAGTGGTAAATCAACGAACCTTCCCTTTCTTGTCTAGCAAGCATGGTAGTGTG	4603
X67673_TW-P	GCTGTTGGTAGTGGTAAATCAACGAACCTTCCCTTTCTTGTCTCAGCAAGCATGGTAGTGTG	4603
EF017707_IN-P	GCTGTTGGTAGTGGTAAATCAACAAATCTTCCGTTCTTACTTAGCAAGCATGGCAGCGTG	4600
EF183499_CN-P	GCCGTTGGTAGTGGTAAAGTCAACGAATCTTCCGTTCTTACTTAGCAAGCATGGAAATGTG	4603
AY231130_MX-P	GCTGTTGGTAGTGGTAAATCAACGAATCTTCCCTTTCTTGTCTAGTAAGCATGGTAGCGTG	4603
DQ374152_BZ-W	GCTGTTGGTAGCGGTAAGTCAACTAATCTTCCATTCTTGTCTAGTAAGCATGGTAGCGTG	4603
AY162218_TH-P	GCCGTTGGTAGTGGTAAAGTCAACGAACCTACCGTTCCCTGCTTAGTAAGCATGGCAACGTG	4603
	*** ***** ** ** ** **	
X97251-TW	TTATTAATAGAGCCCACCAGACCTCTTTCGCAAAATGTTTGCAAGCAACTGCGCAGTGAG	4663
AY010722_TH-W	TTGTTAATAGAGCCCACCAGACCCCTTTGCGAAATGTTTGCAAGCAATTGCGCGGTGAG	4663
EU882728_TW-P	TTACTAATAGAGCCCACCAGACCCCTTTGCGAAATGTTTGCAAGCAACTGCGCGGTGAA	4663
AY027810_TW-W	TTGTTAATAGAGCCCACCAGACCCCTCTGCGAAATGTTTGCAAGCAACTGCGCGGTGAA	4665
EU475877_IN-W	TTGTTAATAGAGCCCACCAGACCTCTTGTGAGAATGTTTGTAAGCAACTACGTGGTGAA	4672
PRSV_TH-P SMK	TTGCTGATAGAGCCCAGTACACCCCTTTGCGAAATGCTGCAAGCAACTGCGTGGTGAA	4663
EU126128_HA-P	TTGTTAATAGAGCCCACCAGACCTCTTGTGAGAACGTTTGTAGCAATTGCGTGGTGAA	4663
X67673_TW-P	TTGTTAATAGAGCCCACCAGACCTCTTGTGAGAACGTTTGTAGCAATTACGTGGTGAA	4663
EF017707_IN-P	TTGTTAATAGAGCCCACCAGACCTCTTGTGAGAATGTTTGTAGCAACTACGTGGTGAG	4660
EF183499_CN-P	TTGTTAATAGAGCCCACCAGGCCCCCTTTGTGAAATGTTTGCAACCAACTGCGCAGTGAA	4663
AY231130_MX-P	TTGTTAATAGAGCCCACCAGACCTCTTGTGAGAACGTTTGTAGCAATTACGTGGTGAA	4663
DQ374152_BZ-W	CTGTTAATAGAGCCCAGTACACCCCTTTGTGAAACGTTTGTAGCAACTACGTGGTGAA	4663
AY162218_TH-P	TTACTTATAGAGCCCACCAGACCTCTTGTGAGAATGTTTGCAAGCAACTGCGCGGTGAG	4663
	* * ***** ** ** ** * * * * * * * * * * * * * *	
X97251-TW	CCGTTTCACTGTAATCCAACCATTCGCATGCGTGGATTAAACGGCTTTTGATTCAACCAAT	4723
AY010722_TH-W	CCGTTTCATTGTAATCCAACCATTCGCATGCGTGGGTTAAACGGCTTTTGGTTCGACCAAT	4723
EU882728_TW-P	CCGTTTCACTGTAATCCAACCATTCGTATGCGTGGATTAAACGGCTTTTGGTTCACCAAT	4723
AY027810_TW-W	CCGTTTCACTGTAATCCAACCATTCGTATGCGTGGATTAAACGGCTTTTGGTTCACCAAT	4725
EU475877_IN-W	CCATTCCATTGCAATCCAACATTCGAATGCGTGGATTAAACGGCTTTTGGTTCACCAAC	4732
PRSV_TH-P SMK	CCATTTCATTGTAATCCAACCATTCGCATGCGTGGATTAAACGGCTTTTGGTTCACCAAT	4723
EU126128_HA-P	CCATTCCATTGTAATCCAACATTCGCATGCGCGGATTAAACGGCTTTTGGTTCACCAAC	4723
X67673_TW-P	CCATTCCATTGTAATCCAACATTCGCATGCGCGGATTAAACGGCTTTTGGTTCACCAAC	4723
EF017707_IN-P	CCATTTCATTGTAATCCAACCATTCGCATGCGAGGATTAAACGGCTTTTGGATTCCACCAAC	4720
EF183499_CN-P	CCGTTTCATTGTAATCCAACATTCGCATGCGTGGATTAAACGGCTTTTGGTTCGACCAAT	4723
AY231130_MX-P	CCGTTCCATTGTAATCCAACCATTCGCATGCGTGGATTAAACAGCTTTTGGTTCACCAAC	4723
DQ374152_BZ-W	CCATTCCATTGCAATCCAACATTCGCATGCGTGGATTAAACGGCTTTCGGTTCACCAAC	4723
AY162218_TH-P	CCATTTCATTGTAATCCAACCATTCGCATGCGTGGATTAAACGGCTTTTGGTTCGACCAAT	4723
	*** ** * * * ***** ** ** ** * * * * * * * * * * * * * *	
X97251-TW	ATCACAATCATGACGAGTGGGTTTGTCTTTACACTACTATGCACACAACATTCACAATTA	4783
AY010722_TH-W	ATCACTATCATGACGAGTGGATTGCTTTTACACTATATGCTCATAACCTTCAGCAATTA	4783
EU882728_TW-P	ATCACAATCATGACGAGTGGGTTTGTCTTTACACTACTATGCGCATAACATTCACAATTA	4783
AY027810_TW-W	ATCACAATCATGACGAGTGGGTTTGTCTTTACACTACTATGCGCATAATATCCACAATTA	4785
EU475877_IN-W	ATCACAATAATGACGAGCGGTTTCGCTTTACATTACTATGCTCACAACATTCACAATTA	4792
PRSV_TH-P SMK	ATCACAATCATGACGAGTGGATTGCTTTTACATTATATGCTCATAACCTTCACAATTA	4783
EU126128_HA-P	ATCACAATAATGACAAGCGGATTTCGCTTTACATTATATGCTCACAATATTCACAATTA	4783
X67673_TW-P	ATCACAATAATGACAAGCGGATTTCGCTTTACATTATATGCTCACAATATTCACAATTA	4783
EF017707_IN-P	ATAACAATAATGACAAGCGGATTTCGCTTTACATTATATGCTCACAACATTCACAATTA	4780
EF183499_CN-P	ATCACAATCATGACGAGCGGATTTCGCTTTGCTTGCATTATATGCTCATAATATTCACAATTA	4783
AY231130_MX-P	ATCACAATAATGACAAGCGGATTTCGCTTTACATTATATGCTCACAATGTTCAACAATTA	4783
DQ374152_BZ-W	ATCACAATAATGACAAGCGGATTTCGCTTTACATTATATGCTCACAACATTCACAATTA	4783
AY162218_TH-P	ATCACAATCATGACGAGTGGATTTCGCTTGCATTATATGCTCATAATCTTCACAATTA	4783
	*** ** * * * ***** ** ** ** * * * * * * * * * * * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	AGGCTTTTGGATTTTCATAATTTTCGATGAATGCCATGTCATAGATAGCCAAGCAATGGCC	4843
AY010722_TH-W	AGGCTCTTTGATTTTCATAATTTTCGATGAATGTCATGTTATAGATAGTCAAGCAATGGCT	4843
EU882728_TW-P	AGACTTTTGGATTTTCATAATTTTCGATGAATGTCATGTCATAGATAGCCAAGCAATGGCC	4843
AY027810_TW-W	AGGCTTTTTCGATTTTCATAATTTTCGATGAATGTCATGTCATAGATAGCCAAGCAATGGCC	4845
EU475877_IN-W	AGGCTCTTCGATTTTCATAATTTTGTGAATGTCATGTCATAGACAGTCAAGCCATGGCC	4852
PRSV_TH-P SMK	AGACTCTTTGATTTTATAATTTTGTGAATGTCATGTCATAGATAGCCAAGCAATGGCC	4843
EU126128_HA-P	AGGCTCTTTGATTTTCGTAATCTTTGTGAATGTCATGTCATAGATAGTCAAGCCATGGCC	4843
X67673_TW-P	AGGCTCTTTGATTTTCATAATCTTTGTGAATGTCATGTCATAGATAGTCAAGCCATGGCC	4843
EF017707_IN-P	AAGCTTTTGGATTTTATAATCTTTGTGAATGTCATGTCATAGATAGCCAAGCCATGGCC	4840
EF183499_CN-P	AGGCTCTTTGATTTTCATAATCTTTGTGAATGTCATGTCATAGATAGCCAAGCAATGGCC	4843
AY231130_MX-P	AGACTCTTTGATTTTCATAATCTTTGTGAATGTCATGTCATAGATAGCCAAGCCATGGCT	4843
DQ374152_BZ-W	AGGCTCTTTGATTTTATAATCTTTGTGAATGTCATGTCATAGATAGCCAAGCCATGGCC	4843
AY162218_TH-P	AGGCTCTTTGATTTTATAATCTTTGTGAATGTCATGTCATAGACAGCCAAGCAATGGCC	4843
	* * * * *	
X97251-TW	TTTTATTGTTTGTGAGGAGGAATGCGATTGAAAAGAAAATCTTAAAGTTTCTGCCACG	4903
AY010722_TH-W	TTCTACTGTCTGATGGAAGGGAACGCGATTGAGAAGAAAATCTTAAAGTTTCTGCCACG	4903
EU882728_TW-P	TTTTATTGTTTGTGAGGAGGGAATGCGATTGAAAAGAAAATCTTAAAGTTTCTGCCACG	4903
AY027810_TW-W	TTTTATTGTTTGTGAGGAGGGAATGCGATTGAAAAGAAAATCTTAAAGTTTCTGCCACG	4905
EU475877_IN-W	TTCTATTGTCTAATGGAGGGAACGCAATTGAAAAGAAAGATTCTCAAAGTTCTGCCACG	4912
PRSV_TH-P SMK	TTTTATTGCTTGTGAGGAGGGAATGCGATTGAAAAGAAAATCTTAAAGTTTCTGCCACG	4903
EU126128_HA-P	TTCTATTGTCTGATGGAGGGAACGCTATTGAAAAGAAAGATCCTTAAAGTTTCTGCTACG	4903
X67673_TW-P	TTCTATTGTCTGATGGAGGGAACGCTATTGAGAAGAAAGATCCTTAAAGTTTCTGCTACG	4903
EF017707_IN-P	TTTTATTGTCTGATGGAGGGAATGCTATCGAAAAGAAAGATTCTTAAAGTTTCTGCCACG	4900
EF183499_CN-P	TTTTATTGTTTGTGAGGAGGGAATGCGATTGAAAAGAAAATCTTAAAGTTTCTGCCACG	4903
AY231130_MX-P	TTCTATTGTCTGATGGAGGGAACGCTATTGAGAAGAAAGATCCTTAAAGTTTCTGCTACG	4903
DQ374152_BZ-W	TTCTATTGTCTGATGGAGGGAATGCTATTGAGAAGAAAGATCCTTAAAGTTTCTGCTACA	4903
AY162218_TH-P	TTTTACTGTTTAATGGAGGGAACGCGATTGAAAAGAAAATCTTAAAGTTTCTCAGCCACG	4903
	* * * * *	
X97251-TW	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAATTCTCAACGCAATTCCCAACAAAAATTTGCTACTGAGCAG	4963
AY010722_TH-W	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAATTCTCAACGCAATTCCCAACAAAAATTTGCTACTGAGCAA	4963
EU882728_TW-P	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAATTCTCAACGCAATTCCCAACAAAAATTTGCTACTGAGCAA	4963
AY027810_TW-W	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAATTCTCAACGCAATTCCCAACAAAAATTTGCTACTGAACAG	4965
EU475877_IN-W	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAGTTTTCGACGCAATTCCCAACAAAAGATTGTTGTTGAACAA	4972
PRSV_TH-P SMK	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAGTTTTCACACGCAATTCCCAATAAAAAATTTGCTACTGAGCAG	4963
EU126128_HA-P	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAGTTTTCACACCAATTCCCAACAAAAGATTGTAACGGAACAG	4963
X67673_TW-P	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAGTTTTCACACCAATTCCCAACAAAAGATTGTAACGGAACAA	4963
EF017707_IN-P	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAGTTTTCACACCAATTCCCAATAAAGATCGTAACGAACAA	4960
EF183499_CN-P	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAATTCTCAACGCAATTCCCAACAAAAATTTGCTACTGAACAG	4963
AY231130_MX-P	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAATTTCACACCAATTCCCAACAAAAGATTGTAACGGAACAG	4963
DQ374152_BZ-W	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAGTTTTCACACCAATTCCCAACAAAAGATTGTAACGAACAA	4963
AY162218_TH-P	CCACCTGGGCGTGAAGTTGAATTCTCAACGCAATTCCCAATAAAGATTGTACCAGAGCAA	4963
	* * * * *	
X97251-TW	TCCATAAGCTTTAAACAGTTGATTGACAATTTTGGTACTGGTGCGAATAGTGATGTAAC	5023
AY010722_TH-W	TCCATAAGTTTCAACAGTTGGTTGATAATTTTCGGCACTGGCGCGAATAGCGATGTGACT	5023
EU882728_TW-P	TCCATAAGCTTTAAACAGTTGATTGACAATTTTCGGTACTGGTGCGAATAGTGATGTGACT	5023
AY027810_TW-W	TCCATAAGTTTAAACAGTTGGTTGACAATTTTCGGTACTGGTGCGAATAGTGATGTGACT	5025
EU475877_IN-W	TCTATAAGCTTTAAACAGTTGGTTGATAACTTTGGCACTGGTGCGAATAGCGATGTACT	5032
PRSV_TH-P SMK	TCCATAGCTTTAAACAGTTGGTTGACAATTTTGGTACTGGTGAGAACAGTGATGTAACC	5023
EU126128_HA-P	TCCATAAGCTTTAAGCAGTTGGTTGACAATTTTGGTACTGGTGCGAACAGTGATGTGACT	5023
X67673_TW-P	TCCATAAGCTTTAAGCAGTTGGTTGACAATTTTGGTACTGGTGCGAACAGTGATGTGACT	5023
EF017707_IN-P	TCCATAAGCTTTCAACAGTTGGTTGACAATTTTCGGTACTGGTGCGAATAGTGATGTGACT	5020
EF183499_CN-P	TCTATAAGCTTTAAGCAGTTGGTCGATAGTTTGGTACTGGTGCAATAGTGACGTGACT	5023
AY231130_MX-P	TCCATAAGCTTTAAGCAGTTGGTTGATAACTTTGGTACTGGTGCGAATAGTGATGTGACC	5023
DQ374152_BZ-W	TCTATAAGCTTTAAGCAGTTGGTCGACAATTTTCGGTACTGGTGCAATAGTGATGTGACT	5023
AY162218_TH-P	TCCATAAGCTTTAAACAGTTGGTTGACAATTTTGGTACTGGTGCGAACAGTGACGTGACT	5023
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GCCTTCGCGGACAACGTACTGGTTTATGTTGCGAGTTATAATGAAGTAGATCAACTAAGT	5083
AY010722_TH-W	GCCTTCGCGGACAACATACACTGGTTTATGTTGCAAGCTATAATGAAGTGGATCAACTAAGT	5083
EU882728_TW-P	GCCTTCGCGGACAACGTACTAGTTTATGTTGCGAGTTACAATGAAGTAGATCAACTAAGT	5083
AY027810_TW-W	GCCTTCGCGGACAACATACACTGGTTTATGTTGCGAGTTACAATGAAGTAGATCAACTAAGT	5085
EU475877_IN-W	GCCTTCGCGGACAACATACACTAGTTTATGTTGCGAGCTACAATGAAGTGGATCAACTAAGT	5092
PRSV_TH-P SMK	GCTTTCGCGGACAACATATTTGTCTATGTTGCAAGCTACAATGAAGTGGATCAACTAAGT	5083
EU126128_HA-P	GCTTTTGCTGATAACATATTAGTTTATGTCGCAAGTTACAATGAAGTGGATCAACTAAGT	5083
X67673_TW-P	GCCTTTGCTGATAACATATTAGTTTATGTCGCAAGTTACAATGAAGTGGATCAACTAAGT	5083
EF017707_IN-P	GCCTCTGCTGACAACATACACTAGTTTATGTTGCAAGTTACAATGAAGTGGACCAACTAAGT	5080
EF183499_CN-P	GCCTTCGCGGATAACATACACTGGTCTATGTTGCGAGCTATAATGAAGTGGACCAACTAAGC	5083
AY231130_MX-P	GTTTTTGCTGATAACATATTAGTTTATGTTGCCAGTTACAATGAAGTAGATCAACTAAGT	5083
DQ374152_BZ-W	GCCTTTGCTGACAACATATTGGTCTATGTCGCAAGTTACAATGAAGTGGACCAACTCAGT	5083
AY162218_TH-P	ATCTTCGCGGACAACATACACTGGTTTATGTTGCGAGCTACAATGAGTGGATCAACTAAGT	5083
	* * * * *	
X97251-TW	AAGCTTTTATCTGACAAAGGCTACTTAGTCACCAAAATTCGATGGGAGGACGATGAAAGTT	5143
AY010722_TH-W	AAGCTTTTATCCGATAAAGGCTACTTAGTTACTAAAATTCGATGGGCGGACAATGAAGGTT	5143
EU882728_TW-P	AAGCTTTTATCCGACAAAGGCTACTTAGTCACCAAAATTCGATGGTAGGACAATGAAGGTT	5143
AY027810_TW-W	AAGCTTTTATCCGACAAAGGCTACTTAGTCACCAAAATTCGATGGTAGGACAATGAAGGTT	5145
EU475877_IN-W	AAGCTCTTATCCGATAAAGGTTACTTAGTCACCAAAATTCGATGGGAGAACGATGAAGGTT	5152
PRSV_TH-P SMK	AAGCTTTTGTCTGACAAAGGCTACTTAGTCACCAAAATTCGATGGGAGGACAATGAAGGTT	5143
EU126128_HA-P	AAGCTCTTATCCGATAAAGGCTACTTGGTCACTAAAATTCGATGGAAGAACGATGAAAGTT	5143
X67673_TW-P	AAGCTCTTATCCGATAAAGGCTACTTGGTCACTAAAATTCGATGGAAGAACGATGAAAGTT	5143
EF017707_IN-P	AAGCTCTTATCCGATAAAGGCTACTTAGTTACTAAAATTCGATGGAAGAACGATGAAGGTT	5140
EF183499_CN-P	AAGCTTTTGTCCGACAAAGGCTACTTAGTAACCAAAATAGATGGGAGAACAATGAAGGTT	5143
AY231130_MX-P	AAGCTCTTATCCGATAAAGGCTACTTAGTCACCTAAAATTCGATGGAAGAACGATGAAAGTT	5143
DQ374152_BZ-W	AAGCTCTTGTCTGATAAAGGCTACTTGGTCACTAAAATTCGATGGAAGGACGATGAAAGTT	5143
AY162218_TH-P	AAGCTTTTATCTGACAAAGGCTACTTAGTCACCAAAATTCGATGGGAGGACGATGAAAGTT	5143

X97251-TW	GGAAAACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAGTCCAAGAAGCATTTTATAGTTGCCACA	5203
AY010722_TH-W	GGAAAACTGAAATTTCAACTAGTGGCACAAAATCTAAGAAGCATTTCATAGTTGCCACT	5203
EU882728_TW-P	GGAAAACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAGTCAAAGAAGCATTTTATAGTTGCCACA	5203
AY027810_TW-W	GGAAAACTGAAATTTCCACTAGTGGCATGAAGTCCAAGAAGCATTTCATAGTTGCTACA	5205
EU475877_IN-W	GGAAAGACTGAAATTTCCACTAGTGGCACGAAATCCAAGAAACATTTTATAGTTGCCACA	5212
PRSV_TH-P SMK	GGAAAACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAGTCCAAGAAGCATTTCATAGTTGCCACA	5203
EU126128_HA-P	GGAAAGACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAATTCAGAAGCATTTCATAGTTGCCACA	5203
X67673_TW-P	GGAAAGACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAATTCAGAAGCATTTCATAGTTGCCACA	5203
EF017707_IN-P	GGGAAACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAATCCAAGAAGCATTTCATTGTTGCCACA	5200
EF183499_CN-P	GGAAAACTGAAATTTCCACTAGCGGAACAAAGTTCAAGAAGCATTTCATAGTTGCCACA	5203
AY231130_MX-P	GGAAAACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAATCCAAGAAGCATTTCATAGTTGCCACG	5203
DQ374152_BZ-W	GGAAAGACTGAAATTTCAACTAGTGGCACAAAATCCAAGAAGCATTTCATAGTTGCCACA	5203
AY162218_TH-P	GGAAAGACTGAAATTTCCACTAGTGGCACAAAGTCAAAGAAGCATTTTATAGTTGCCACA	5203
	** * *	
X97251-TW	AACATTATCGAGAATGGTGTACACTTGACATAGAAGCTGTCATTGATTTTGAATGAAA	5263
AY010722_TH-W	AACATTATGAAAAATGGCGTCACACTTGACATAGAAGCTGTTATTGATTTTGAATGAAA	5263
EU882728_TW-P	AACATTATCGAGAATGGTGTACACTTGACATAGAAGCTGTCATTGATTTTGAATGAAA	5263
AY027810_TW-W	AACATTATCGAGAATGGTGTACACTTGACATAGAAGCTGTCATTGATTTTGAATGAAA	5265
EU475877_IN-W	AACATTATCGAGAATGGCGTCACACTTGACATAGAAGCTGTCATAGATTTTGAATGAAA	5272
PRSV_TH-P SMK	AACATCATCGAGAATGGTGTACACTTGACATAGAAGCCGTCATTGATTTTGAATGAAA	5263
EU126128_HA-P	AATATCATCGAGAATGGCGTCACACTTGACATAGAAGCCGTTATAGATTTTGGGATGAAA	5263
X67673_TW-P	AATATCATCGAGAATGGCGTCACACTTGACATAGAAGCCGTTATAGATTTTGGGATGAA	5263
EF017707_IN-P	AATATCATCGAGAATGGCGTCACACTTGACATAGAAGCTGTCATAGATTTTGGAAACGAAA	5260
EF183499_CN-P	AACATTATAGAGAATGGCGTCACACTTGATATAGAAGCCGTTATTGACTTTGGAGTAAAA	5263
AY231130_MX-P	AATATCATTGAGAATGGCGTCACACTTGACATAGAAGCCGTTATAGATTTTGGGATGAAA	5263
DQ374152_BZ-W	AATATCATCGAGAATGGCGTCACACTTGACATAGAAGCTGTCATAGATTTTGAATGAAA	5263
AY162218_TH-P	AACATCATTGAGAATGGCGTCACACTTGATATAGAAGCTGTCATTGATTTTGAATGAAA	5263
	** * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GTAGTACCTGAGATGGATTTCGGATAATCGCATGATTAGGTACTCAAAGCAGGCAGTTAGC	5323
AY010722_TH-W	GTCTGTCCTGAAATGGACTCGGATAATCGCATGATCAGATACTCGAAGCAAGCGATCAGC	5323
EU882728_TW-P	GTAGTACCTGAGATGGATTTCGGATAATCGCATGATTAGGTACTCAAAGCAAGCAATCAGC	5323
AY027810_TW-W	GTAGTACCTGAGATGGATTTCGGATAATCGCATGATTAGGTACTCAAAGCAAGCAATCAGC	5325
EU475877_IN-W	GTGGTACCTGAGATGGATTTCAGACAATCGCATGATTCCGTACTCGAAGCAATCAATTAGC	5332
PRSV_TH-P SMK	GTGGTGCCTGAAATGGATTTCAGACAACCGCATGATTAGGTACTCGAAGCAAGCAATCAGC	5323
EU126128_HA-P	GTAGTACCTGAGATGGATTTCAGACAATCGCATGATTCCGTACTCGAAGCAAGCAATCAGT	5323
X67673_TW-P	GTAGTACCTGAGATGGATTTCAGACAATCGCATGATTCCGTACTCGAAGCAAGCAATCAGT	5323
EF017707_IN-P	GTAGTACCTGAGATGGATTTCAGACAATCGTATGATTTCGTTATTCGAAGCAAGCAATTAGT	5320
EF183499_CN-P	GTGGTGCCTGAGATGGACTCGGACAATCGCATGATTAGGTATTCGAAGCAGGCAATTAGC	5323
AY231130_MX-P	GTTGTACCTGAGATGGATTTCAGATAATCGCATGATTCCGTACTCAAAGCAAGCGATCAGT	5323
DQ374152_BZ-W	GTAGTACCTGAGATGGATTTCAGACAATCGCATGATTCCGTACTCGAAGCAAGCAATTAGT	5323
AY162218_TH-P	GTAGTGCCTGAGATGGATTTCGGACAATCGTATGATCAGGTACTCAAAGCAAGCAATCAGC	5323
	*** **	
X97251-TW	TTCCGAGAGAGAATCCAACGACTTGGTCGCGTTGGAAGACATAAAGAGGGAATTGCACTA	5383
AY010722_TH-W	TTTGGAGAGAGAATCCAACGGCTTGGCCGCGTTGGGAGACATAAAGAGGGAATTGCACTT	5383
EU882728_TW-P	TTCCGAGAGAGAATCCAACGACTTGGTCGCGTTGGAAGACATAAAGAGGGAATTGCACTA	5383
AY027810_TW-W	TTCCGAGAGAGAATCCAACGACTTGGTCGCGTTGGAAGGACATAAAGAGGGAATTGCACTA	5385
EU475877_IN-W	TTTGGAGAGAGAATCCAAGACTTGGTCGCTGTGGGACGGCACAAGAGGGAATTGCACTA	5392
PRSV_TH-P SMK	CTTGGAGAGAGAATCCAGCGACTTGGCCGCGTTGGAAGACATAAAGAGGGAATTGCACTG	5383
EU126128_HA-P	TTTGGAGAGAGAATCCAACGACTTGGCCGAGTGGGAAGACACAAGAGGGAATTGCACTT	5383
X67673_TW-P	TTTGGAGAGAGAATCCAAGACTTGGTCGAGTGGGAAGACACAAGAGGGAATTGCACTT	5383
EF017707_IN-P	TTTGGAGAGAGAATCCAAGACTTGGTCGCGTGGGAAGGCACAAGAGGGAATTGCACTA	5380
EF183499_CN-P	TTTGGAGAGAATCCAACGACTTGGCCGCTGTGGGAGACATAAAGAGGGAATTCGATTG	5383
AY231130_MX-P	TTTGGAGAGAGAATCCAAGACTTGGCCGAGTGGGAAGACATAAAGAGGGAATTGCACTT	5383
DQ374152_BZ-W	TTTGGAGAGAGAATCCAAGGCTCGGCCGAGTGGGAGACACAAGAGGGAATTGCACTA	5383
AY162218_TH-P	TTTGGAGAGAGAATCCAACGACTTGGCCGCGTTGGAAGACATAAAGAGGGAATTGCGCTA	5383
	* **	
X97251-TW	AGAATCGGTCACACTGAAAAGGGCATCCAAGAAATCCCAGAAATGGCAGCTACTGAAGCA	5443
AY010722_TH-W	AGAATCGGTCACACTGAGAAAGGCATTCAAGAAATCCCAGAAATGGCGGCTACTGAGGCG	5443
EU882728_TW-P	AGAATTTGGTCACACTGAAAAGGGCATCCAAGAAATCCCAGAAATGGCAGCTACTGAAGCA	5443
AY027810_TW-W	AGAATTTGGTCACACTGAGAAAGGGCATCCAAGAAATCCCAGAAATGGCAGCTACTGAAGCA	5445
EU475877_IN-W	AGAATTTGGGCACACAGAGAAAGGCATCCAAGAAATCCCAGAGATGGCAGCAACTGAAGCG	5452
PRSV_TH-P SMK	AGAATTTGGTCACACAGAGAAAGGCATCCAAGAAATCCCAGAAATGGCGGCTACTGAGGCG	5443
EU126128_HA-P	AGAATTTGGGCACACAGAGAAAGGTATCCAAGAAATCCCAGAGATGGCAGCTACCGAAGCG	5443
X67673_TW-P	AGAATTTGGGCACACAGAGAAAGGTATCCAAGAAATCCCAGAGATGGCAGCTACTGAAGCG	5443
EF017707_IN-P	AGAATTTGGGCACACAGAGAAAGGTATCCAAGAAATCCCAGAGATGGCAGCCACTGAAGCG	5440
EF183499_CN-P	AGAATTTGGACACACCGAGAAAGGCATTCAAGAAATCCCAGAGATGGTAGCCACTGAAGCG	5443
AY231130_MX-P	AGAATTTGGGCACACAGAGAAAGGTATCCAAGAAATCCCAGAGATGGCAGCTACTGAAGCA	5443
DQ374152_BZ-W	AGAATTTGGGCACACAGAGAAAGGCATTCAAGAAATCCCAGAGATGGCAGCTACTGAAGCG	5443
AY162218_TH-P	AGAATTTGGTCATACCGAGAAAGGCATCCAAGAAATCCCAGAAATGGCAGCTACTGAGGCG	5443
	***** **	
X97251-TW	GCTTTCCTGAGTTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCATAATGTGGGATTAAGTTTA	5503
AY010722_TH-W	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCATAATGTGGGACTGAGTTTA	5503
EU882728_TW-P	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTGGGATTAAGTTTA	5503
AY027810_TW-W	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCATAATGTGGGATTAAGCTTA	5505
EU475877_IN-W	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTAGGATTGAGTTTA	5512
PRSV_TH-P SMK	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTACCTGTGATGACTCATAATGTGGGTTGAGCTTA	5503
EU126128_HA-P	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTAGGGTTAAGCTTG	5503
X67673_TW-P	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTAGGGTTAAGCTTG	5503
EF017707_IN-P	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTAGGGTTAAGCTTA	5503
EF183499_CN-P	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTGGGACTGAGTTTA	5503
AY231130_MX-P	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTAGGGTTAAGCTTG	5503
DQ374152_BZ-W	GCTTTCCTGAGCTTCACGTATGGCTTGCCTGTGATGACTCACAATGTAGGACTAAGCTTA	5503
AY162218_TH-P	GCTTTCCTGAGCTTCACGTACGGCTTGCCTGTGATGACTCATAATGTGGGATTAAGTTTG	5503
	***** **	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	CTCAAAAACCTGCACTGTAAGGCAAGCAGCACAATGCAACAGTACGAATTGAGTCCGTTT	5563
AY010722_TH-W	CTCAAGAACTGCACCGTGAGGCAAGCAGTACAATGCAGCAGTATGAGTTAAGCCCATTT	5563
EU882728_TW-P	CTCAAAAACCTGTACTGTAAGACAAGCAGCACAATGCAACAGTATGAGTTGAGCCCGTTT	5563
AY027810_TW-W	CTCAAAAACCTGCACTGTAAGGCAAGCAGCACAATGCAACAGTATGAGTTGAGCCCGTTT	5565
EU475877_IN-W	CTCAAAAACCTGCACTGTAAGACAAGCAGCACAATGCAACAGTATGAGTTAAGCCCATTC	5572
PRSV_TH-P SMK	CTCAAAAATTTGCACTGTAAGGCAAGCGCGCACAATGCAACAGTACGAGTTAAGCCCATTT	5563
EU126128_HA-P	CTCAAAAACCTGCACTGTGAGACAAGCAGCACAATGCAACAGTATGAACTAAGCCCGTTT	5563
X67673_TW-P	CTCAAAAACCTGCACTGTGAGACAAGCAGCACAATGCAACAGTATGAACTAAGCCCGTTT	5563
EF017707_IN-P	CTCAAAAACCTGCACTGTAAGACAAGCAGTACAATGCAACAGTATGAGCTAAGCCCATTC	5560
EF183499_CN-P	CTCAAAAACCTGCACCGTAAGGCAAGCAGCACAATGCAACAATATGAGTTAAGCCCTTTT	5563
AY231130_MX-P	CTTAAAAATTTGCACTGTGAGACAAGCAGCACAATGCATCAGTATGAACTGAGCCCATTC	5563
DQ374152_BZ-W	CTCAAAAAGCTGCACTGTGAGACAAGCAGTACAATGCAACAGTATGAATTGAGCCCGTTT	5563
AY162218_TH-P	CTCAAAAACCTGCACCGTGAGGCAAGCAGCACAATGCAACAGTATGAGCTGAGCCCTTTT	5563
	** *	
X97251-TW	TTTACACAAAATTTGGTCAATTTTGTATGGCAGTACACCCCAAGATCGATGTGTCTATTA	5623
AY010722_TH-W	TTTACACAAAATTTGGTTAACTTCGATGGACAGTGCACCCCAAGATCGATGTGTGTGTTG	5623
EU882728_TW-P	TTTACACAAAATTTGGTCAATTTTCGATGGCAGTACACCCCAAGATCGATGTGTGTGTTA	5623
AY027810_TW-W	TTTACGCAAAAATTTAGTCAATTTTCGATGGCAGTACACCCCAAGATCGATGTGTGTGTTA	5625
EU475877_IN-W	TTTACACAGAATTTGGTGAACCTTCGATGGACAGTGCACCCCAAGATTGAGCTTTTGTGTTA	5632
PRSV_TH-P SMK	TTTACACAAAATTTGGTCAATTTTCGATGGCAGTGCACCCCAAGATTGACATGTTACTT	5623
EU126128_HA-P	TTTACACAAAATTTGGTGAACCTTTGATGGACAGTGCACCCCAAGATTGATGTTTTGTGTTA	5623
X67673_TW-P	TTTACACAAAATTTAGTGAACCTTTGATGGGACAGTGCACCCCAAGATTGATGTCTTGTGTTA	5623
EF017707_IN-P	TTTACACACAATTTAGTGAACCTTTGATGGGACAGTGCACCCCAAGATTGATGTCTTGTGTTA	5620
EF183499_CN-P	TTTACACAAAATTTGGTCAATTTTGTATGGTACAGTACACCCCAAGATTGATGTGTCTATTA	5623
AY231130_MX-P	TTTACACAAAATTTGGTAAATTTTGTATGGGACAGTGCACCCCAAGATTGATGTCTTGTGTTA	5623
DQ374152_BZ-W	TTTACACAAAATTTAGTAACTTTTACGGGACAGTGCACCCCAAGATTGATGTTTTGTGTTA	5623
AY162218_TH-P	TTTACACAAAATTTGGTCAACTTTTGTATGGCAGTGCACCCCAAGATTGATGTATTACTA	5623
	** *	
X97251-TW	CGTCCTTACAAGTTGAGGGATTGTGAGATCAGATTAAGTGAAGCAGCGATACCGCATGGA	5683
AY010722_TH-W	CGTCCTTACAATTTGAGGGATTGTGAAGTCAAGTAAAGCGAAGCAGCGATACCGCATGGA	5683
EU882728_TW-P	CGTCCTTACAAGTTGAGGGATTGTGAGATTAGATTAAGTGAAGCAGCAATACCGCATGGA	5683
AY027810_TW-W	CGTCCTTATAAAGTTGAGGGATTGTGAGATCAGACTAAGTGAAGCAGCAATACCGCATGGA	5685
EU475877_IN-W	CGCCCGTATAAATTTGAGAGATTGCGAAATTAGATTGAGTGAAGCAGCGATACCGCATGGA	5692
PRSV_TH-P SMK	CGTCCTTACAAGTTGAGGGATTGTGAGATCAGATTAAGTGAAGCAGCGATACCGCATGGA	5683
EU126128_HA-P	CGTCCCTATAAGCTGAGAGATTGTGAAGTCAAGTAAAGTGAAGCAGCAATACCGCATGGG	5683
X67673_TW-P	CGTCCCTATAAAGCTGAGAGATTGTGAAGTCAAGTAAAGTGAAGCAGCAATACCGCATGGG	5683
EF017707_IN-P	CGTCCCTACAAGTTGAGAGATTGTAAAGTTAGATTAAAGCGAAGCAGTGATACCGCAGGGA	5680
EF183499_CN-P	CGCCCTTACAATTTGAGGGATTGTGAGATCAGATTAAGTGAAGCAGCGATACCGCATGGT	5683
AY231130_MX-P	CGTCCCTATAAAGCTGAGAGATTGTGAAGTCAAGTAAAGTGAAGCAGCAATCCCGCATGGG	5683
DQ374152_BZ-W	CGTCCCTATAAAGCTGAGAGATTGTGAAATCAGATTAAGCGAAGCAGCTATACCGCATGGG	5683
AY162218_TH-P	CGTCCCTACAAGTTGAGGGATTGTGAGATCAGATTGAGCGAGGCAGCAATACCGCACGGA	5683
	** *	
X97251-TW	GTGCAATCTATTTGGATGTCTGCTAGGGAGTATGAAGCAGTTGGTGGTCGTCCTTTGCCTG	5743
AY010722_TH-W	GTACAATCTATTTGGATGTCTGCTAGGGAAATATGAAGCTGTTGGTGGACGCTTTTGTCTG	5743
EU882728_TW-P	GTTCAATCTATTTGGATGTCTGCTAGGGAGTATGAAGCAGTTGGTGGTCGTCCTTTGCCTG	5743
AY027810_TW-W	GTGCAATCTATTTGGATGTCTGCTAGGGAGTATGAAGCAGTCGGTGGTCGTCCTTTGCCTG	5745
EU475877_IN-W	GTACAATCTATTTGGATGTCTGCTCGGGAATATGAAGCAGTTGGGGGTCGTCCTTTGCCTA	5752
PRSV_TH-P SMK	GTGCAATCTATATGGATGTCTGCTAGGGAGTACGAAGCAGTTGGTGGTCGCTTTGCCTG	5743
EU126128_HA-P	GTACAGTCTATTTGGTTGTCTGCTCGGGATTATGAAGCAGTTGGAGGCCGTCCTTTGCCTG	5743
X67673_TW-P	GTACAGTCTATTTGGTTGTCTGCTCGGGATTATGAAGCAGTTGGAGGCCGTCCTTTGCCTG	5743
EF017707_IN-P	GTACAATCTATTTGGATGTCTGCTCGAGAGTATGAAGCAGTTGGGGGCCGCTTTGCTTA	5740
EF183499_CN-P	GTGCAATCTATTTGGATGACTGCTAGGGAAATATGAAGCAGTTGGTGGTCGTCCTTTGCCTA	5743
AY231130_MX-P	GTACAGTCTATTTGGTTGTCTGCTCGGGGATTATGAAGCAGTTGGAGGTCGTCCTTTGCTTG	5743
DQ374152_BZ-W	GTACAGTCTATTTGGATGTCTGCTCGAGAGTATGAAGCAGTTGGAGGCCGTCCTTTGCCTA	5743
AY162218_TH-P	GTGCAATCTATTTGGATGTCTGCTAGGGAGTATGAAGCGGTTGGTGGTCGCTTTGCCTG	5743
	** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GAAAGTGATGTTCCGAATACCGTTCCTCATTAAGGATGTGCCTGAGCGATTATATAGGGAA	5803
AY010722_TH-W	GAAGGTGATGTTCCGATACCATTCCTGTATCAAGGATGTGCCTGAGCGATTGTACAAGGAA	5803
EU882728_TW-P	GAGAGTGATGTTCCGATTACCGTTCCTCGTTAAGGATGTGCCTGAGCGATTATATAGGGAA	5803
AY027810_TW-W	GAGAGTGATGTTCCGAATACCGTTCCTCATTAAGGATGTGCCTGAGCGATTGTATAGGGAA	5805
EU475877_IN-W	GAGAGTGATGTCCGAATACCATTTCTCATTAAGGATGTGCCTGAGCGATTGTACAAGGAA	5812
PRSV_TH-P SMK	GAAGGTGATGTTCCGAATACCATTCCTCATTAAGGATGTGCCTGAGCGATTGTACAAGGAA	5803
EU126128_HA-P	GAGGGTGATATCCGAATACCATTCCTCATTAAGGATGTTCTTGAGCGATTATATAAAGAA	5803
X67673_TW-P	GAGGGTGATGTCCGAATACCATTCCTCATTAAGGATGTTCTTGAGCGATTATATAAAGAA	5803
EF017707_IN-P	GAGGGTGATGTTCCGAATACCATTCCTCATCAAGGACGTTCTTGAGCGATTATACAAGGA	5800
EF183499_CN-P	GAGAGCGATATTCCGAATACCGTTCCTTAATTAAGATGTGCCCGAGCGATTGTACAAGGAG	5803
AY231130_MX-P	GAGAGCGATGTTCCGAATACCATTCCTCATTAAGGATGTTCTTGAGCGGTTATACAAGAA	5803
DQ374152_BZ-W	GAAAGTGATGTCCGAATACCATTCCTCATTAAGATGTTCTTGAGCGATTGTACAGAGAA	5803
AY162218_TH-P	GAAGGTGATGTTCCGAATACCGTTCCTCATTAAGGATGTGCCTGAGCGGTTGTATAAGGAA	5803
	* * * * *	
X97251-TW	TTGTGGGATATTGTTCAAACCTATAAGCGTGATTTCACATTCGGGCGAATTAATTCGTGA	5863
AY010722_TH-W	CTGTGGGACATTGTCCAACTTACAAGCGTGACTTCACATTTGGGCGAATTAATTCGTGA	5863
EU882728_TW-P	TTGTGGGATGTTGTTCAAACCTACAAGCGTGATTTCACATTCGGGCGAATTAATTCGTGA	5863
AY027810_TW-W	TTGTGGGATATTGTTCAAACCTACAAGCGTGATTTCACATTCGGGCGAATTAATTCGTGA	5865
EU475877_IN-W	TTGTGGGATGTCTGCAGACATATAAGCGTGACTTCACGTTGGGCGAATTAGTTCGTGA	5872
PRSV_TH-P SMK	TTGTGGGATGTTGTTCAAACCTATAAGCGTGACTTCACATTTGGGCGAATTAATTCGTG	5863
EU126128_HA-P	TTGTGGGACATCGTGCAGACCTACAAGCGTGACTTCACATTTGGGCGAATTAATTCGTG	5863
X67673_TW-P	TTGTGGGACATCGTGCAGACCTACAAGCGTGACTTTACATTTGGGCGAATTAATTCGTG	5863
EF017707_IN-P	TTGTGGGATGTCTGCAGACCTACAAGCGTGACTTCACATTTGGGCGGATAAATTCGTG	5860
EF183499_CN-P	TTATGGGATGTCTGTTCAAACCTTACAAGCGTGACTTCACGTTTGGGCGAATCAATTCGTGA	5863
AY231130_MX-P	TTGTGGGATATCGTGCAGACCTACAAGCGTGACTTTACATTTGGGCGAATTAATTCGTG	5863
DQ374152_BZ-W	TTGTGGGATATCGTGCAGACTTACAAGCGTGACTTCACGTTTGGGCGAATTAATTCGTG	5863
AY162218_TH-P	TTGTGGGACATTGTTCAAACATACAAGCGTGACTACACATTTGGAGCAATTAATTCGTGA	5863
	* * * * *	
X97251-TW	TCTGCTGGAAAAATTGCATATACATTAAGAACTGATGTGTATTCAATTCCCAGAACTCTC	5923
AY010722_TH-W	TCCGCTGGAAAAATTGCATACACATTAAGAACTGATGTGTATTCAATTCCCAGAACTCTC	5923
EU882728_TW-P	TCTGCTGGAAAAATTGCATATACATTAAGAACTGATGTGTATTCAATTCCCAGAACTCTC	5923
AY027810_TW-W	TCTGCTGGAAAAATTGCATATACATTAAGAACTGATGTGTATTCAATTCCCAGAACTCTC	5925
EU475877_IN-W	TCTGCTGGAAAAATTGCGTACACATTAAGGACTGATGTGTATTCTATTCTAGAACTCTC	5932
PRSV_TH-P SMK	TCTGCTGGAAAGATTGCATATACGTTGAGAACTGATGTGTATTCCGATTCCCAGAACTCTA	5923
EU126128_HA-P	TCTGCTGGAAAAATTGCGTACACATTAAGAACCGATGTGTATTCTATTCTAGAACTCTC	5923
X67673_TW-P	TCTGCTGGAAAAATTGCGTACACATTAAGAACCGATGTGTATTCTATTCTAGAACTCTC	5923
EF017707_IN-P	TCTGCTGGAAAAATAGCGTACACATTAAGAACTGATGTGTATTCTATTCTAGAACTCTC	5920
EF183499_CN-P	TCTGCTGGAAAAATTGCATACACATTAAGGACTGATGTGTATTCAATTCCAAGAACTCTC	5923
AY231130_MX-P	TCTGCTGGAAAAATTGCGTACACATTAAGGACTGATGTGTATTCTATTCTAGAACTCTC	5923
DQ374152_BZ-W	TCCGCTGGAAAAATTGCATACACATTAAGAACTGATGTGTATTCTATTCTAGAACTCTC	5923
AY162218_TH-P	TCTGCTGGAAAAATTGCATATACATTAAGAACTGATGTCTATTCAATCCCAGAACTCTC	5923
	* * * * *	
X97251-TW	ATAACGATCGATAAACTGATTGAGAGTGAAAATATGAAACACGCTCATTTTAAAGCCATG	5983
AY010722_TH-W	ATAACGATTGATAAACTGATTGAGAGTGAAAACATGAAGCAGCTCACTTTAAAGCCATG	5983
EU882728_TW-P	ATAACGATCGATAAACTGATTGAGAGTGAAAATATGAAACACGCTCATTTTAAAGCCATG	5983
AY027810_TW-W	ATCAGATCGATAAACTGATTGAAAGTGAAAATATGAAACACGCTCATTTCAAAGCCATG	5985
EU475877_IN-W	ATAACAATTGACAACTGATTGAAAGTGAAAACATGAAGCATGCCATTTCAAAGCTATG	5992
PRSV_TH-P SMK	ATAACGATCGATAAACTGATTGAGAGTGAAAATATGAAACACGCTCATTTTAAAGCCATG	5983
EU126128_HA-P	ATAACGATTGATAAACTGATTGAAAGTGAAAACATGAAGCATGCCATTTTAAAGCTATG	5983
X67673_TW-P	ATAACGATTGACAACTGATTGAAAGTGAAAACATGAAGCATGCCATTTTAAAGCCATG	5983
EF017707_IN-P	ATAACGATTGACAACTAATTGAAAGTGAAAACATGAAGCATGCCACTTCATAGCTATG	5980
EF183499_CN-P	ATAACGATTGATAAACTGATTGAGAGTGAAAATATGAAACACGCCCATTTCAAAGCCATG	5983
AY231130_MX-P	ATAACGATTGACAAGCTGATTGAGAGTGAAAACATGAAGCATGCCATTTTAAAGCCATG	5983
DQ374152_BZ-W	ATAACGATTGACAAGCTGATTGAGAGTGAAAACATGAAGCATGCCATTTTAAAGCTATG	5983
AY162218_TH-P	ATAACGATCGATAAATTGATTGAGAGTGAGAATATGAAGCATGCTCATTTTAAAGCCATG	5983
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	ACAAGTTGCACTGGTCTTAACTCTAGTTTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACCATTCAG	6043
AY010722_TH-W	ACAAGTTGCACTGGTCTTAACTCTAGTTTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACCATTCAG	6043
EU882728_TW-P	ACAAGTTGCACTGGTCTTAACTCTAGTTTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACCATTCAG	6043
AY027810_TW-W	ACAAGTTGCACTGGTCTTAACTCTAGCTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACCATTCAG	6045
EU475877_IN-W	ACAAGTTGCACTGGCCTTAACTCTAGCTTCTCTCCTTGGCGTCATAAACACTATCCAG	6052
PRSV_TH-P SMK	ACAAGTTGCACTGGTCTCAATTCTAGCTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACCATTCAG	6043
EU126128_HA-P	ACAAGCTGCACTGGTCTAAACTCTAGCTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACTATCCAG	6043
X67673_TW-P	ACAAGTTGCACTGGCCTAAACTCTAGCTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACTATCCAG	6043
EF017707_IN-P	ACAAGTTGCACTGGCCTCAACTCTAGTTTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACTATTCAG	6040
EF183499_CN-P	ACAAGTTGCACTGGTCTTAACTCTAGTTTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACCATTCAG	6043
AY231130_MX-P	ACAAGTTGCACTGGCTTAAACTCCAGCTTTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACTATCCAG	6043
DQ374152_BZ-W	ACAAGTTGCACTGGCCTTAACTCTAGCTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACTATCCAG	6043
AY162218_TH-P	ACAAGCTGTACTGGTCTTAACTCTAGTTTTCTCTCCTTGGTGTGCATAAACACCATTCAG	6043

X97251-TW	AGCAGATACTTAGTTGACCACTCGGTTGAAAACATTAGGAACTTCAGCTGGCAAAGGCC	6103
AY010722_TH-W	AGTAGATACTTAGTTGACCACTCGGTTGAAAATATCAGAAAGCTTCAGCTGGCAAAGGCC	6103
EU882728_TW-P	AGTAGATACTTAGTTGACCACTCGGTTGAGAACATTAGGAACTTCAGCTGGCAAAGGCC	6103
AY027810_TW-W	AGTAGATACTTAGTTGACCACTCGGTTGAAAACATTAGGAACTTCAGCTGGCGAAGGCC	6105
EU475877_IN-W	AGCAGATACTTAGTTGATCATTAGTTGAAAACATTAGGAACTTCAGCTAGCGAAGGCC	6112
PRSV_TH-P SMK	AGTAGATACTTAGTTGACCACTCGGTTGAAAATATCAGGAACTTCATCTGGCAAAGGCC	6103
EU126128_HA-P	AGTAGATATCTAGTTGACCACTCAGTTGAAAATATCAGGAACTTCAGCTGGCAAAGGCC	6103
X67673_TW-P	AGTAGATATCTAGTTGACCACTCAGTTGAAAATATCAGGAACTTCAGCTGGCAAAGGCC	6103
EF017707_IN-P	AGTAGATACTTAGTTGACCACTCGGTTGAAAACATTAGGAACTTCAGCTGGCGAAGGCC	6100
EF183499_CN-P	AGTAGATACTTAGTTGACCACTCGGTTGAAAATATCAGGAACTTCAGCTAGCGAAGGCC	6103
AY231130_MX-P	AGTAGATATCTAGTTGATCATTAGTTGAAAATATCAGGAACTTCAGCTAGCGAAGGCC	6103
DQ374152_BZ-W	AGTAGATATCTAGTTGATCATTAGTTGAAAATATCAGGAACTTCAGCTGGCAAAGGCC	6103
AY162218_TH-P	AGTAGATACTTAGTTGATCATTAGTTGAAAACATTAGGAACTTCAGCTGGCAAAGGCC	6103
	** *****	
X97251-TW	CAAATTCAACAACCTGAAGCACACGTGCAGGAAAACAATGTTGAAAACCTGATTCAATCT	6163
AY010722_TH-W	CAAATTCAACAACCTGAAGCTCACGTGCAGGAAAACAATGTTGAAAATCTGATTCAATCT	6163
EU882728_TW-P	CAAATTCAACAACCTGAAGCTCACGTGCAGGAGAACAAATGTAGAAAACCTGATTCAATCT	6163
AY027810_TW-W	CAAATTCAACAACCTGAAGCTCACGTGCAGGAAAACAATGTTGAAAACCTGATTCAATCT	6165
EU475877_IN-W	CAGATTCAACAACCTGAAGCTCATGTACAGGAGAACAAATGTTGAGAACTCTATTCAATCT	6172
PRSV_TH-P SMK	CAGATTCAACAACCTGAAGCTCACGTGCAGGAAAACAATGTTGAGAACCTGATTCAATCT	6163
EU126128_HA-P	CAGATTCAACAACCTGAAGCTCATGTGCAAGAAAACAATGTTGAAAGTTTAATTCAATCT	6163
X67673_TW-P	CAGATTCAACAACCTGAAGCTCACGTGCAGGAAAACAATGTTGAAAATTTAATTCAATCT	6163
EF017707_IN-P	CAAATTCAACAACCTGAAGCTAATGTGCAAGAGAACAAATGTCGAGAACTTAATCCAATCT	6160
EF183499_CN-P	CAAATTCAACAACCTGAGGCTCACGTGCAGGAAAACAATGTTGAAAGTCTGATTCAATCT	6163
AY231130_MX-P	CAGATTCAACAACCTGAAGCTCATGTGCAAGAAAACAATGTTGAAAATTTAATTCAATCT	6163
DQ374152_BZ-W	CAGATTCAACAACCTGAAGCCATGTTCAAGAGAACAACTGTTGAAAATCTCATTCAATCT	6163
AY162218_TH-P	CAAATTCAACAACCTGAAGCTCATGTGCAAGAGAACAAATGTCGAAAACCTGATTCAATCT	6163
	** *****	
X97251-TW	CTTGGTGCTATAAGAGCCGTTTATCATCAAGGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
AY010722_TH-W	CTTGGTGCACTGGGAGCCGTTTATCATCAGAGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
EU882728_TW-P	CTTGGTGCTATAAGAGCCGTTTATCATCAAGGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
AY027810_TW-W	CTTGGTGCTATAAGAGCCGTTTACCATCAAGGTGTTGATGGGGTTAAGCACATAAAGCGA	6225
EU475877_IN-W	CTTGGTGCCGTTAGAGCCGTTTACCATCAGAGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6232
PRSV_TH-P SMK	CTTGGTGCACTGAGAGCTGTTTATCATCAAGGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
EU126128_HA-P	CTTGGTGCTGTAGAGCTGTTTACCATCAAGGTGTTGATGGATTTAAGCACATAAAGCGA	6223
X67673_TW-P	CTTGGTGCTATAAGAGCTGTTTACCATCAAGGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
EF017707_IN-P	CTTGGTGCTGTAGAGCCGTTTATCATCAAGGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6220
EF183499_CN-P	CTTGGTGCCGTTAGAGGCTGTGTATCATCAAGCGTTGATGGGGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
AY231130_MX-P	CTTGGTGCTGTAGAGCTGTTTACCATCAAGGTGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
DQ374152_BZ-W	CTTGGCGCTGTAGAGCTGTCTATCATCAAGCGTTGATGGAGTTAAGCACATAAAGCGA	6223
AY162218_TH-P	CTTGGTGCTGTAGGCGGTATATCATCAAGCGTTGATGGAATTAAGCACATTAAGCGA	6223

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GAGTTGGGTTTAAAGGAGTCTGGGATGGTTCATTGATGATTAAGGATGCACCTTGTATGC	6283
AY010722_TH-W	GAGTTGGGTTTAAAGGAGTCTGGGATGGCTCATTGATGATTAAGGATGCACCTTGTATGC	6283
EU882728_TW-P	GAGTTGGGTTTAAAGGAGTCTGGGATGGTTCATTGATGATTAAGGATGCACCTTATATGC	6283
AY027810_TW-W	GAATGGGTTTAAAGGAGTCTGGGATGGTTCATTGATGATTAAGGACGCACCTTATATGC	6285
EU475877_IN-W	GAGTTGGGCTTAAAGGAGTTTGGGATGGCTCGTTGATGATTAAGGATGCAATTGTATGC	6292
PRSV_TH-P SMK	GAGTTGGGATTGAAAGGAGTCTGGGACGGTTCATTGATGATTAAGGATGCACCTTGTATGC	6283
EU126128_HA-P	GAGTTGGGTTTAAAGGAATTTGGGATGGCTCATTGATGATTAAGGATGCGATTGTATGC	6283
X67673_TW-P	GAGTTGGGTTTAAAGGAGTTTGGGATGGCTCATTGATGATTAAGGATGCGATTGTATGC	6283
EF017707_IN-P	GAGCTGGGCTTAAAGGAGTTTGGGATGGCTCATTGATGATTAAGATGCAATTGTGTGT	6280
EF183499_CN-P	GAGTTGGGCTTGAAGGAGTCTGGGATGGTTCATTGATGATTAAGGATGCACCTTGTATGC	6283
AY231130_MX-P	GAGTTGGGCTTGAAGGAATTTGGGATGGTTCATTGATGATCAAGGATGCGATTGTATGC	6283
DQ374152_BZ-W	GAGTTGGGCTTAAAGGAGTATGGGATGGCTCATTGATGATCAAGATGCAATTGTATGC	6283
AY162218_TH-P	GAGTTGGGCTTAAAGGAGTATGGGATGGTTCACATGATGATTAAGGATGCAATTGTATGC	6283
	** *	
X97251-TW	GGTTTTACGATGGCTGGTGGCGCAATGCTATTGTATCAACACTTTTCGTGATAAGCTCACA	6343
AY010722_TH-W	GGCTTTACAATGGCTGGTGGTGGCGATGCTATTGTACCAACACTTTTCGTGATAAGCTCACC	6343
EU882728_TW-P	GGCTTCACGATGGCTGGTGGCGCAATGCTATTGTATCAACACTTTTCGTGATAAGCTTACA	6343
AY027810_TW-W	GGCTTTACGATGGCTGGTGGCGCAATGCTATTGTACCAACACTTTTCGTGATAAGCTCACA	6345
EU475877_IN-W	GGCTTCACGATGGCTGGTGGCGCGATGCTTTTGTACCAACACTTTTCGCGACAAGCTCACA	6352
PRSV_TH-P SMK	GGCTTCACGATGGCTGGTGGTGGCGATGCTATTGTATCAACACTTTTCGTGATAAGCTTACA	6343
EU126128_HA-P	GGTTTCACAATGGCTGGCGGTGCGATGCTTTTGTACCAACACTTTTCGTGATAAGTTTACA	6343
X67673_TW-P	GGTTTCACAATGGCTGGCGGTGCGATGCTTTTGTACCAACACTTTTCGTGATAAGTTTACA	6343
EF017707_IN-P	GGATTCACAATGGCTGGTGGCGCGATGCTCTTGTACCAACACTTTTCGTGATAAGCTTACA	6340
EF183499_CN-P	GGCTTTACAATGGCTGGTGGTGGCTATGCTATTGTATCAACACTTTTCGCAATGAGCTCACA	6343
AY231130_MX-P	GGTTTCACAATGGCTGGCGGTGCGATGCTTTTGTACCAACACTTTTCGTGATAAGCTTACA	6343
DQ374152_BZ-W	GGTTTCACAATGGCTGGCGCGCGATGCTTCTGTACCAACACTTTTCGTGATAAGCTCACT	6343
AY162218_TH-P	GGCTTTACAATGGCTGGTGGCGCGATGCTATTGTATCAACACTTTTCGTGATAAGCTCACA	6343
	** *	
X97251-TW	AGCGTTCACGTATTTACCAAGGTTTCTCCGCGCGACAGCGACAAAAATTAAGGTTCAAA	6403
AY010722_TH-W	AATATTCATGTGTTTCATCAAGGTTTCTCTGCGCGACAGCGACAAAAAGTTAAGATTCAAG	6403
EU882728_TW-P	AACGTTTCACGTATTTACCAAGGTTTCTCCGCGCGACAGCGACAAAAAGCTTAGATTCAAA	6403
AY027810_TW-W	AACGTTTACGTGTTTCACCAAGGTTTCTCCGCGCGCGACAGCGACAAAAAGTTAAGATTAAA	6405
EU475877_IN-W	AATGTTTCATGTGTTTCATCAAGGTTTCTCTGCGCGACAGCGACAGAAAGTTGAGGTTAAG	6412
PRSV_TH-P SMK	AATGTTTCACGTGTTTCATCAAGGTTTCTCCGCGCGACAGCGGCAAAAGCTCAGATTCAAA	6403
EU126128_HA-P	AATGTTTCATGTGTTTCACCAAGGTTTCTCTGCGCGACAGAGACAAAAAGTTAAGATTAAAG	6403
X67673_TW-P	AATGTTTCATGTGTTTCACCAAGGTTTCTCTGCGCGACAGAGACAAAAAGTTAAGATTAAAG	6403
EF017707_IN-P	AATGTTTCATGTGTTTCACCAAGGTTTCTCTGCCCCGACAGCGACAAAAAGTTAAGATTCAAG	6400
EF183499_CN-P	AATGTTTCACGTGTTTCATCAAGGTTTCTCCGCGCGACAGCGACAAAAAGCTAAGATTCAAG	6403
AY231130_MX-P	AATGTTTCATGTGTTTCACCAAGGTTTCTCTGCGCGACAGAGACAAAAAGTTAAGATTAAAG	6403
DQ374152_BZ-W	AATGTTTCATGTGTTTCACCAAGGTTTCTCTGCGCGACAGCGACAAAAAGTTAAGATTAAAG	6403
AY162218_TH-P	AACGTTTCACGTATTTTCATCAAGGTTTCTCTGCCCCGACAGCGACAAAAAGTTAAGATTCAAG	6403
	* *	
X97251-TW	TCAGCAGCAAATGCAAAGCTTGGCCGAGAAGTTTATGGAGATGATGGAACAATCGAGCAT	6463
AY010722_TH-W	TCTGCAGCAAATGCTAAAGCTTGGTCGAGAAGTTTACGGAGATGATGGAACAATCGAGCAT	6463
EU882728_TW-P	TCTGCAGCTAATGCCAAGCTTGGTCGAGAAGTTTATGGAGATGATGGAACAATCGAGCAT	6463
AY027810_TW-W	TCTGCAGCTAATGCCAAGCTTGGCCGAGAAGTTTATGGAGATGATGGAACAATCGAGCAT	6465
EU475877_IN-W	TCAGCGCGAATGCTAAGCTTGGTCGAGGTTTATGGAGATGACGCGACGATTGAACAT	6472
PRSV_TH-P SMK	TCTACAGCAAATGCTAAGCTCGGTCGAGAAGTTTATGGAGATGATGGAACAATCGAATAT	6463
EU126128_HA-P	TCAGCAGCAATGCTAAGCTTGGTCGAGAAGTCTATGGAGATGATGGGACAATTGAGCAC	6463
X67673_TW-P	TCAGCAGCAATGCTAAGCTTGGTCGAGAAGTCTATGGAGATGATGGGACAATTGAGCAC	6463
EF017707_IN-P	TCAGCAGCAAATGCTAAGCTTGGTCGAGAGGTTTATGGAGATGATGGAACAATTGAGTAC	6460
EF183499_CN-P	TCCGCGAGCAAATGCTAAGCTTGGTCGAGAAGTTTATGGTATGATGGAACAATCGAACAC	6463
AY231130_MX-P	TCAGCAGCAAATGCTAAGCTTGGTCGAGAGGTTCTATGGAGATGATGGAACAATTGAGCAC	6463
DQ374152_BZ-W	TCAGCAGCAAATGCTAAGCTTGGTCGAGAGGTTCTATGGGATGATGGAACAATTGAGCAC	6463
AY162218_TH-P	TCTGCAGCAAATGCCAAGCTTGGTCGGGAGATTTATGGAGATGATGGGACAATTGAACAT	6463
	** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	CGACAGTCATTAATCGCAAATAACGTGATTAAAGCCTACTACGTCCGGAACCTCGCCAAG	6763
AY010722_TH-W	CGGCAGGCATTGATAGCAAATAACGTGATTAAAGCCTATTACGTCCGGAACCTCGCCAAG	6763
EU882728_TW-P	CGACAGTCATTAATCGCAAATAACGTGATTAAAGCCTACTACGTCCGGAATCTGCTAAA	6763
AY027810_TW-W	CGACAGTCATTGATCGCAAATAACGTGATCAAAGCATACTACATCCGGAACCTCGCTAAG	6765
EU475877_IN-W	AAGCAGACTTTGATAGCAAATAACACGATCAAAGCCTATTATGTTTCGTAATTCAGCAAAG	6772
PRSV_TH-P SMK	CGACAGTCATTGATTGCGAATAATGTAATCAAGGCTTATTATGTCCGGAACCTCGCTAAG	6763
EU126128_HA-P	AGGCAGGCTTTAATAGCAAACAATAACAATTAAGGCTTATTATGTCCGGAACCTCCGCTAAG	6763
X67673_TW-P	AGGCAGGCTTTAATAGCAAACAATAACAATTAAGGCTTATTATGTCCGGAACCTCCGCTAAG	6763
EF017707_IN-P	AGGCAGACTTTAATAGCAAACAATAACAATTAAGGCTTATTATGTCCGGAACCTCGCTAAG	6760
EF183499_CN-P	CGACAATCACTGATTGCGAATAACGTGATTAAAGCCTATTATGTCCGGAATTCGCTAAG	6763
AY231130_MX-P	AGGCAAGCTTTGATAGCAAACAATAACAATTAAGGCTTATTATGTCCGGAACCTCCGCTAAG	6763
DQ374152_BZ-W	AAGCAGACTTTAATAGCTAACAATAACAATTAAGGCTTATTATGTCCGGAACCTCCGCTAAG	6763
AY162218_TH-P	CGACAGTCATTGATCGCAAACAACGTGATCAAGGCTTACTACGTCCGGAACCTCAGCCAAG	6763
	*** **	
X97251-TW	ACTGCATTAGAAGTTGATTTGACACCACATAACCCACTCAAGGTTTGTGATACTAAGTTG	6823
AY010722_TH-W	ACTGCATTAGAAGTTGATTTAACACCACATAACCCACTCAAGGTTTGTGATACTAAGTTG	6823
EU882728_TW-P	ACTGCATTAGAAGTTGATTTAACACCACATAACCCACTCAAGGTTTGTGATACTAAGTTG	6823
AY027810_TW-W	ACTGCATTAGAAGTTGATTTAACACCACATAATCCACTCAAGGTTTGTGATACTAAGTTG	6825
EU475877_IN-W	ACGGCATTGGAGGTTGACTTAACGCCACATAACCCCTTGAGGTTTGTGATACTAAGTTA	6832
PRSV_TH-P SMK	ACTGCATTAGAAGTTGATTTAACACCACATAACCCACTTAAGGTTTGTGATACTAAGTTG	6823
EU126128_HA-P	ACAGCATTGGAAGTCGATCTGACACCGCACAAACCCCTCTCAAAGTTTGTGACAATAAATTG	6823
X67673_TW-P	GCAGCATTGGAAGTCGATCTGACACCGCACAAACCCCTCTCAAAGTTTGTGACAATAAATTG	6823
EF017707_IN-P	ACAGCATTGGAAGTCGATCTGACACCGCACAAACCCCTCTGAAAGTTTGTGACAATAAATTG	6820
EF183499_CN-P	ACTGCACTGGAAGTTGATTTAACACCACATAACCCACTCAAGGTTTGTGATACTAAGTTG	6823
AY231130_MX-P	ACAGCATTGGAAGTTGATCTGACACCGCACAAACCCCTCTTAAAGTTTGTGACAATAAATTG	6823
DQ374152_BZ-W	ACAGCACTGGAAGTCGATTTGACACCGCACAAACCCCTCTGAAAGTTTGTGACAATAAATTG	6823
AY162218_TH-P	ACTGCACTAGAAGTTGATTTAACACCACATAACCCACTGAAAGTTTGTGATACTAAGTTG	6823
	* **	
X97251-TW	ACAATTGCAGGGTTTCCTGATAGAGAAGCTGAGTTAAGGCAAAACAGGCCACCCAAAACA	6883
AY010722_TH-W	ACGATTGCAGGGTTTCCTGATAGAGAAGCTGAATTGAGGCAAAACAGGTCCACCGAGAACA	6883
EU882728_TW-P	ACAATTGCAGGATTTTCCTGATAGAGAAGCTGAGTTAAGGCAAAACAGGCCACCCAAAACA	6883
AY027810_TW-W	ACAATTGCAGGTTTCCTGATAGAGAAGCTGAGTTAAGGCAAAACAGGCCACCCAAAACA	6885
EU475877_IN-W	ACAATCGCAGGATTTCCCTGATAGAGAAGCTGAGCTGCGACAGACTGGCCCCACCTCGAACA	6892
PRSV_TH-P SMK	ACAATCGCAGGTTTCCTGATAGAGAAGCTGAGTTAAGGCAATCAGGCCACCCAGAACA	6883
EU126128_HA-P	ACCATCGCAGGATTTTCCTGACAGGGAAGCTGAGCTGAGACAAAACAGGTCCGCCCAGAACC	6883
X67673_TW-P	ACCATTGCAGGATTTTCCTGACAGGGAAGCTGAGCTAAGACAAAACAGGCCCGCCAGAACT	6883
EF017707_IN-P	ACCATTGCAGGATTTTCCTGACAGGGAAGCTGAGCTAAGACAAAACAGGCCACCTAGGACT	6880
EF183499_CN-P	ACAATTGCAGGTTTCCTGATAGAGAAGCTGAGTTACGGCAAAACAGGCCACCTAGATCG	6883
AY231130_MX-P	ACCATTGCAGGATTTCCAGACAGGGAAGCTGAGCTGAGACAAAACAGGCCCGCCAGAACT	6883
DQ374152_BZ-W	ACCATTGCAGGATTTTCCTGACAGGGAAGCTGAGCTAAGACAAAACAGGCCCGCCAGAACT	6883
AY162218_TH-P	ACAATTGCAGGTTTCCTGATAGAGAATCTGAGCTAAGACAAAACAGGCCACCCAGAACA	6883
	** **	
X97251-TW	ATTTTGGTCGACCAAGTTCCACCACCAACAAAATCTGTTTCATCATGAGGGAAGGAGTCTT	6943
AY010722_TH-W	ATCTTAGCTGACCAAGTTCCACCACCAACAAAATCTGTTTCATCACGAAGGAAAGAGTCTC	6943
EU882728_TW-P	ATTTTGGCTGACCGAGTCCACCACCAACAAAATCTGTTTACCATGAAGGAAAGAGTCTT	6943
AY027810_TW-W	ATTTTGGCCGACCAAGTCCACCACCAACAAAATCTGTTTACCATGAAGGAAAGAGTCTT	6945
EU475877_IN-W	ATTCAGATTGATCAAGTTCCACCACCAACAAAATCCGTGCACCATGAAGGAAAGAGTCTT	6952
PRSV_TH-P SMK	ATTTTGGTTGACCAAGTTCCACCACCAACAAAATCTGTTTCATCATGAAGGAAAGAGTCTT	6943
EU126128_HA-P	ATTCAGTAGATCAAGTGCCACCACCTCGAAATCAGTTTCATCACGAAGGAAAGAGTCTT	6943
X67673_TW-P	ATTCAGTAGATCAAGTGCCACCACCTCGAAATCAGTTTCATCACGAAGGAAAGAGTCTT	6943
EF017707_IN-P	ATCCAAGTTAACCAGTGCCACCACCATCGAAATCTGTCCATCACGAAGGAAAGAGTCTT	6940
EF183499_CN-P	ATTTTGATTGACCAAGTTCCACCACCAACAAAATCTGTTTACCATGAAGGAAAGAGTCTT	6943
AY231130_MX-P	ATTCAGTCAATCAAGTGCCACCACCTTCAAGATCAGTTTCATCATGAAGGAAAGAGTCTT	6943
DQ374152_BZ-W	ATTCAGCTGATCAAGTTCCACCACCTCGAAATCAGTTTCATCACGAAGGAAAGAGTCTT	6943
AY162218_TH-P	ATTTTGGCTAATCAAGTCCACCACCAACAAAATCCGTTTCATCATGAAGGAAAGAGTCTT	6943
	** **	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	TGCCAAGGCATGAGGAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTGAAGAACACG	7003
AY010722_TH-W	TGCCAAGGTATGAGAAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTAAGAACACA	7003
EU882728_TW-P	TGCCAAGGCATGAGGAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTGAAGAACACA	7003
AY027810_TW-W	TGCCAAGGCATGAGGAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTGAAGAACACG	7005
EU475877_IN-W	TGTCAAGGAATGAGGAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATCTGAAAAATACG	7012
PRSV_TH-P SMK	TGCCAAGGCATGAGAAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCGTTTGAAGAATACA	7003
EU126128_HA-P	TGTCAAGGCATGAGAAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTGAAAAACACA	7003
X67673_TW-P	TGTCAAGGCATGAGAAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTGAAAAACACA	7003
EF017707_IN-P	TGTCAAGGTATGAGAACTACAATGGTATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTGAAAAACACA	7000
EF183499_CN-P	TGCCAAGGCATGAGAACTACAGTGGCATAGCTTCCGTGGTTTGCCATTTGAAGAACACA	7003
AY231130_MX-P	TGTCAAGGCATGCGAAATTACAATGGCATAGCTTCTGTAGTTTGCCATTTGAAAAACACA	7003
DQ374152_BZ-W	TGTCAAGGTATGAGAAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCATTTGAAAAACACA	7003
AY162218_TH-P	TGCCAGGCATGAGGAATTACAATGGCATAGCTTCTGTGGTTTGCCACTTAAAGAACACG	7003
	*** ** ** ** **	
X97251-TW	TCAGGGAAGGACGAAGCTTGTGGAGTTGGTTACAATCTTTTCATCATTACGAACCGA	7063
AY010722_TH-W	TCAGGAGATGGTCGAAGCTTATTTGGGTCGGTTACAACCTTTTCATCATTACAAACCGA	7063
EU882728_TW-P	TCAGGGAAGGACGAAGCTTATTTGGAGTTGGCTACAATCTTTTCATCATTACAAACCGA	7063
AY027810_TW-W	TCAGGGGATGGACGAAGCTTATTTGGAGTTGGCTACAATCTTTTCATCATTACAAACCGA	7065
EU475877_IN-W	TCAGGAGATGGGCGTAGTCTGTTTGGTGTGGATATAATTCATTTCATCATTACGAATCGG	7072
PRSV_TH-P SMK	TCAGGGAAGGACGAAGCTTGTGGAGTCGGTTGTAATCTTTTCATCATTACAAACCGA	7063
EU126128_HA-P	TCAGGGAAGGGAAGAGCTTGTGGAGTCGGATATAATTCATTTCATCATTACCAACCGA	7063
X67673_TW-P	TCAGGGAAGGGAAGAGCTTGTGGAGTCGGATATAATTCATTTCATCATTACCAACCGA	7063
EF017707_IN-P	TCAGGGAAGGGAAGAGCTTATTTGGAATCGGATATAATTCATTTCATCATTACCAATCGG	7060
EF183499_CN-P	TCAGGGAAGGACGAAGCTTGTGGAGTCGGGTACAATCTTTTCATCATTACCAACCGA	7063
AY231130_MX-P	TCAGGGAAGGGAAGAGCTTATTTGGAATCGGATATAATTCATTTCATCATTACCAACCGA	7063
DQ374152_BZ-W	TCAGGAGATGGGAGGAGCTTATTTGGAATCGGGTACAATTCATTTCATCATTACCAACCGA	7063
AY162218_TH-P	TCAGGGAAGGACGAAGCTTATTTGGAGTCGGTTACAATCTTTTCATCATTACGAACCGA	7063
	***** ** **	
X97251-TW	CATTTATTTAAGGAGAACAATGGTGAACCTATTGTGAAATCCCAACATGGAAGTTTGTT	7123
AY010722_TH-W	CATTTGTTCAAAGAGAATAATGGTGAACCTATTGTGAAATCCCAACATGGAAGTTTGTT	7123
EU882728_TW-P	CATTTATTTAAGGAGAACAATGGTGAACCTATTGTGAAATCCCAACATGGAAGTTTGTT	7123
AY027810_TW-W	CATTTATTTAAGGAGAACAATGGTGAACCTATTGTGAAATCCCAACATGGAAGTTTGTC	7125
EU475877_IN-W	CACCTATTCAAAGAGAACAATGGTGAACCTATTGTGAAATCCCAACATGGAAGTTTGTT	7132
PRSV_TH-P SMK	CATTTATTTCAAAGGAGAACAATGGTGAACCTATTGTGAAATCCCAACATGGAAGTTTGTT	7123
EU126128_HA-P	CATTTGTTCAAAGAGAATAATGGTGAACCTATAGTGAAATCCCAACACGGTAAAGTTTATT	7123
X67673_TW-P	CATTTGTTCAAAGGAGAATAATGGTGAACCTATAGTGAAATCCCAACACGGTAAAGTTTATT	7123
EF017707_IN-P	CATTTGTTTAAAGGAGAATAATGGTGAACCTATAGTGAAATCCCAACACGGGAAGTTTGTT	7120
EF183499_CN-P	CATTTATTTCAAAGGAGAACAATGGTGAACCTATTGTGAAATCTCAACATGGGAAGTTTGTT	7123
AY231130_MX-P	CATTTGTTCAAAGGAGAATAATGGTGAACCTATAGTGAAATCCCAACACGGTAAAGTTTGTC	7123
DQ374152_BZ-W	CATTTGTTCAAAGGAGAATAACGGTGAACCTATAGTGAAATCCCAACACGGTAAAGTTTGTT	7123
AY162218_TH-P	CATTTATTTCAAAGGAGAACAATGGTGAACCTATTGTGAAATCCCAACATGGAAGTTTGTT	7123
	*** ** ** **	
X97251-TW	GTTAAAAACACTACAACACTCCGGCTAGCCCGAGTTGGCAAGACTGATCTTCTTATCATT	7183
AY010722_TH-W	GTTAAGAACACTTCAACACTTCGGATAGCTCCGATTGGAAAGACTGATCTTCTTATCATT	7183
EU882728_TW-P	GTTAAAAACACTACAACACTCCGGCTAGCTCCGATTGGCAAGACTGATCTTCTTATCATT	7183
AY027810_TW-W	GTTAAAAACACTGCAACACTTCGGTTAGCTCCAGTTGGCAAGACTGATCTTCTCATCATT	7185
EU475877_IN-W	GTCAGGAACACCACGACACTCCAATAGCTCCAGTTGGAAAACTGACCTTTGATTATC	7192
PRSV_TH-P SMK	GTCAAAAAACACCACAACGCTCCGGTTAGCTCCAATGGAAAGACTGATCTCCTTATTATC	7183
EU126128_HA-P	GTCAAGAACACCACAACACTCCGAATTGCTCCAGTTGGAAAGACTGATCTTTAATTATT	7183
X67673_TW-P	GTCAAGAACACCACAACACTCCAATAGCTCCAGTTGGAAAGACTGATCTTTAATTATT	7183
EF017707_IN-P	GTCAAGAACACCACAACGCTTCAAAATTGCTCCAGTTGGAAAGACTGATCTTTAATTATT	7180
EF183499_CN-P	GTTAAAAACACCACGACACTCCGCTTAGCTCCAGTTGGAAAGACTGATCTTCTTATCATT	7183
AY231130_MX-P	GTCAAGAACACCACGACGCTCCGAGTTGCTCCAGTTGGTAAGACTGATCTTTAATTATT	7183
DQ374152_BZ-W	GTCAAGAACACCACAACGCTCCGAGTTGCTCCAGTTGGAAAGACTGATCTTTAATTATT	7183
AY162218_TH-P	GTTAAAAACACTACAACACTCCGGATTGCTCCTGTTGGAAAGACTGATCTCCTTATCATT	7183
	*** * *****	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	AGAATGCCGAAGGACTTTCCACCATTCCACAGCAGAGCAAGGTTTCAGGGCCATGAAGGCT	7243
AY010722_TH-W	AGGATGCCAAAGGATTTTCCACCATCCCATAGCAGAGCAAGGTTTCAGAACCATGAAAGCT	7243
EU882728_TW-P	AGGATGCCGAAGGACTTTCCACCATTCCACAGCAGAGCAAGGTTTCAGGGCCATGAAGGCT	7243
AY027810_TW-W	AGGATGCCGAACGATTTTCCACCATTCCACAGCAGAGCAAGGTTTCAGGGCCATGAAGGCT	7245
EU475877_IN-W	AGAATGCCAAAGGACTTCCCGCCTTTCCATAGCAGAGCAAGATTTCAGAGCTATGAAGGCT	7252
PRSV_TH-P SMK	AGGATGCCGAAGGATTTTCCACCATTCCACAGCAGAGCAAGGTTTTCAGGGCTATGAAGGCT	7243
EU126128_HA-P	CGGATGCCGAAAGATTTTCTCCATTCCATAGCAGAGCTAGGTTTTCAGGGCCATGAAAGCT	7243
X67673_TW-P	CGGATGCCGAAAGATTTTCTCCATTCCATAGCAGAGCTAGGTTTTCAGGGCCATGAAAGCT	7243
EF017707_IN-P	CGGATGCCGAAAGATTTCTCTCCATTCCACAGCAGAGCTAGGTTTTCAGGGCCATGAAAGCT	7240
EF183499_CN-P	AGGATGCCGAAGGACTTTCCACCATTTCACAGTAGAGCAAGGTTTCAGGGCCATGAAAGCT	7243
AY231130_MX-P	CAAATGCCGAAAGATTTTCTCCATTTCATAGCAGAGCTAGGTTTTCAGGGCCATGAAAGCT	7243
DQ374152_BZ-W	CGGATGCCGAAAGATTTTCTCCATTCCACAGCAGAGCTAGATTTCAGGGCCATGAAAGCT	7243
AY162218_TH-P	AGGATGCCGAAGGACTTTCCACCATTCCATAGCAGAGCAAGGTTTTCAGGGCCATGAAGGCT	7243

X97251-TW	GGTGATAAGGTTTGTATGATTGGCGTTGATTATCAAGAAAAATCATATTGCTAGTAAAGTG	7303
AY010722_TH-W	GGTGACAAGGTTTGTATGATTGGTGATGATTACCAAGAAAAATCATATTGCTAGTAAAGTG	7303
EU882728_TW-P	GGTGATAAGGTTTGTATGATTGGCGTCGATTATCAAGAAAAATCACATTGCTAGTAAAGTG	7303
AY027810_TW-W	GGTGATAAGGTTTGTATGATTGGCGTTGACTATCAAGAAAAATCATATTGCTAGTAAAGTG	7305
EU475877_IN-W	GGTGACAAAGTTTGTATGATTGGCGTCGATTATCAAGAAAAATCACATCGCAAGCAAGGTT	7312
PRSV_TH-P SMK	GGCGATAAGGTTCTGCATGATTGGCGTTGATTATCAAGAAAAATCATATTGCTAGTAAAGTG	7303
EU126128_HA-P	GGGGACAAAGTTTGTATGATTGGTTGACTACCAAGAAAAATCATATTGCGAGCAAGTA	7303
X67673_TW-P	GGGGACAAGGTTTGTATGATTGGTTGACTACCAAGAGAAATCATATCGCGAGCAAGTA	7303
EF017707_IN-P	GGGGACAAAGTTTGTATGATTGGTTGACTATCAAGAGAAATCACATTGCGAGTAAAGTA	7300
EF183499_CN-P	GGTGATAAGGTTTGTATGATTGGCGTTGATTATCAAGAAAAATCACATCGCTAGTAAAGTG	7303
AY231130_MX-P	GGGGACAAAGTTTGTATGATTGGTTGATTACCAAGAGAAATCATATCGCGAGCAAGTG	7303
DQ374152_BZ-W	GGGGACAAGGTTGTGCATGATTGGTTGATTACCAAGAGAAATCACATCGCTAGCAAGTA	7303
AY162218_TH-P	GGCGATAAGGTTTGTATGATTGGCGTTGATTATCAAGAAAAATCATATCGCTAGTAAAGTG	7303
	** ** *	
X97251-TW	TCTGAGACTTCAATCATCAGTGAGGGCATGGGAGAAATTTGGTAGCCATTGGATATCCACG	7363
AY010722_TH-W	TCTGAGACCTCAATCATTAGTGAGGGCACGGGGAAATTTGGTTGCCACTGGATATCCACG	7363
EU882728_TW-P	TCTGAGACTTCAATCATAGTGAGGGCATGGGAGAAATTTGGTTGCCACTGGATATCCACG	7363
AY027810_TW-W	TCTGAAACTTCAATTATCAGTGAGGGCACGGGAGAAATTTGGTTGCCATTGGATATCCACG	7365
EU475877_IN-W	TCTGAGACGTCAATCATTAGTGAGGGCACAGGAGAGTTTGGATGCCACTGGATATCAACG	7372
PRSV_TH-P SMK	TCTGAAACTTCAATCATCAGTGAGGGCATGGGAGAGTTTGGTTGTATTGGATATCTACG	7363
EU126128_HA-P	TCTGAAACCTCTATCATCAGTGAGGGCACGGGAGATTTTGGATGCCACTGGATATCCACG	7363
X67673_TW-P	TCTGAAACCTCTATCATCAGTGAGGGCACGGGAGATTTTGGATGCCACTGGATATCCACG	7363
EF017707_IN-P	TCTGAGACTTCCATCATTAGTGAAGGTTTCGGGAGAGTTTGGATGTCACTGGATATCCACA	7360
EF183499_CN-P	TCCGAAACTTCAATCATCAGTGAGGGCTCGGGAGAAATTTGGTTGTATTGGATATCCACG	7363
AY231130_MX-P	TCTGAAACTTCTATCATCAGTGAGGGCACGGGAGATTTTGGATGCCACTGGATTTCCACG	7363
DQ374152_BZ-W	TCTGAGACTTCTATCATCAGTGAAAGGCACGGGAGAGTTTGGGTGTCACTGGATATCCACG	7363
AY162218_TH-P	TCTGAGACGTCAATCATCAGTGATGGCTCGGGAGAAATTTGGTTGCCATTGGATATCCACG	7363
	** ** *	
X97251-TW	AATGATGGCGATTGTGGCAATCCACTGGTTAGTGTCTCCGATGGCTACATAGTGGGACTG	7423
AY010722_TH-W	AATGATGGTGACTGTGGTAATCCACTGGTCAGCGTCTCCGATGGCTTCATAGTGGGACTG	7423
EU882728_TW-P	AATGATGGCGACTGTGGCAATCCACTGGTTAGTGTCTCCGACGGCTACATAGTGGGACTG	7423
AY027810_TW-W	AATGATGGCGATTGTGGCAATCCACTGGTTAGTGTCTCCGACGGCTACATAGTGGGACTG	7425
EU475877_IN-W	AACGATGGTGATTGCGGGAATCCACTGGTTAGCGTCTCAGATGGCTTCATTGTTGGCTTG	7432
PRSV_TH-P SMK	AATGATGGCGATTGCGGCAATCCGTTGGTTAGTGTCTCTGATGGCTACATAGTGGGATTG	7423
EU126128_HA-P	AATGACGGTGATTGCGGTAATCCTTTAGTTAGTGTTCAGATGGTTTCATTGTCCGCTTA	7423
X67673_TW-P	AATGACGGTGATTGCGGTAATCCTTTAGTTAGTGTTCAGATGGTTTATTGTCCGCTTG	7423
EF017707_IN-P	AATGACGGTGATTGCGGCAATCCACTAGTTAGTGTTCAGATGGTTTCATTGTTGGCTTG	7420
EF183499_CN-P	AATGATGGTGATTGTGGCAATCCATTGGTCAGCGTCTCTGATGGCTACATAGTGGGACTA	7423
AY231130_MX-P	AATGACGGTGATTGCGGCAATCCATTAGTTAGTGTTCAGATGGTTTATTGTTGGCTTG	7423
DQ374152_BZ-W	AATGATGGTGATTGCGGTAATCCACTAGTTAGTGTTCAGATGGTTTATTGTTGGCTTG	7423
AY162218_TH-P	AATGATGGCGATTGTGGCAATCCATTGGTTAGTGTCTCCGATGGTTTCATAGTGGGATTG	7423
	** ** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	CACAGTCTGTCAACCTCGACCGGCGATCAGAATTTCTTTGCTAAAAATACCAGCGTTCTTT	7483
AY010722_TH-W	CACAGTCTATCGACCTCGACTGGTGATCAAAATTTCTTTGCAAAAATACCAGCATTTCTTT	7483
EU882728_TW-P	CACAGTTTGTCAACCTCAACCGGCGATCAGAATTTCTTTGCTAAGATACCAGAGTTCTTT	7483
AY027810_TW-W	CACAGTCTGTGACCTCAACCGGCGATCAGAATTTCTTTGCTAAGATACCAGCGTTCTTT	7485
EU475877_IN-W	CATAGTCTATCAACATCAACTGGTGATCAAAATTTCTTTGCTAAAAATACCCGCACATTT	7492
PRSV_TH-P SMK	CACAGTTTGTGCACTTCGACTGGTGATCAGAATTTTTCGCTAAGATACCAGCATTTCTTT	7483
EU126128_HA-P	CATAGTTTGTGCACTCAACTGGAGATCAAAATTTCTTTGCTAAAAATACCCGCACAATTT	7483
X67673_TW-P	CATAGTTTGTGCACTCAACTGGAGATCAAAATTTCTTTGCTAAAAATACCCGCACAATTT	7483
EF017707_IN-P	CATAGTCTGTCAACATCAACCGGAGATCAAAATTTCTTCGCTAAAAATACCTGCACAGTTT	7480
EF183499_CN-P	CACAGTCTGTGCCCCGCAATGGTGATCAGAATTTCTTCGCTAAAAATACCAGCATTTCTTT	7483
AY231130_MX-P	CATAGTCTGTGCACTCAACTGGAGATCAAAATTTCTTCGCTAAAAATACCCGCACAATTT	7483
DQ374152_BZ-W	CATAGTTTGTGCACTCAACCGGAGATCAAAATTTCTTTGCTAAGATACCAGGCACAATTT	7483
AY162218_TH-P	CACAGTCTGTGCACTTCGACCGGCGATCAGAATTTCTTCGCAAAAATACCAGCATCTTC	7483
	** ** *	
X97251-TW	GAAGAGAAGGTTCTTAGGCGGATTGATGATTAACTTGGAGTAAACACTGGAGCTACAAT	7543
AY010722_TH-W	GAGGAGAAGGTTCTCAGGCGGATTGATGACTTGACATGGAGCAAACACTGGAGCTACAAT	7543
EU882728_TW-P	GAAGAGAAGGTTCTCAGGCGGATTGATGATTAACTTGGAGTAAACACTGGAGCTACAAT	7543
AY027810_TW-W	GAGGAAAAGGTTCTCAGGCGGATTGATGATTAACTTGGAGCAAACACTGGAGCTACAAT	7545
EU475877_IN-W	GAGGAAAAGATTTTGAAGAAAGATAGATGAGTTAACTTGGAGTAAACACTGGAGTTATAAT	7552
PRSV_TH-P SMK	GAAGAGAAGGTTCTCAGGCGAATTGATGACTTAACTTGGAGCAAACACTGGAGCTATAAC	7543
EU126128_HA-P	GAAGAAAAGGTCCTTAGGAAGATTGATGATTAACTTGGAGCAAACACTGGAGCTATAAT	7543
X67673_TW-P	GAAGAAAAGGTCCTTAGGAAGATTGATGATTAACTTGGAGCAAACACTGGAGCTATAAT	7543
EF017707_IN-P	GAAGAAAAGTGTCTAAGGAAGATTGATAATTTGACCTGGAGCAAACACTGGAGTTATAAT	7540
EF183499_CN-P	GAGGAAAAGGTTCTCAGGCAAATTGATGACTTGACTTGGAGCAAACAGTGGAGCTACAAC	7543
AY231130_MX-P	GAAGAAAAGGTCCTGAAGAAAGATTGATGATTAACTTGGAGCAAACACTGGAGCTATAAT	7543
DQ374152_BZ-W	GAAGAAAAGGTCCTGAGAAAATTGACGATTAGCTTGGAGCAAACACTGGAGCTACAAT	7543
AY162218_TH-P	GAGGAAAAAATTCTCAGACAAATTGATGACTTAACTTGGAGTAAACACTGGAGTTATAAT	7543
	** *	
X97251-TW	ATTAATGAATTGAGCTGGGGAGCTTTGAAAGTGTGGGAGAGTCGACCAGAGGCTATATTC	7603
AY010722_TH-W	GTTAATGAATTGAGCTGGGGGGCTTTGAAAGTGTGGGAGAGCCGGCCAGAGGCTATTTT	7603
EU882728_TW-P	ATCAATGAATTGAGCTGGGGAGCTTTAAAAGTGTGGGATAGTCGACCAGAGGCTATATTC	7603
AY027810_TW-W	GTCAATGAATTGAGCTGGGGAGCTTTGAAAGTGTGGGAGAGTCGACCAGAGGCTATATTC	7605
EU475877_IN-W	ATCAATGAAGTGAAGTGGGGAGCTCTAAAAGTGTGGGAAAGTCGGCCCGAAGCAATTTT	7612
PRSV_TH-P SMK	ATTAATGAATTGAGCTGGGGAGCTTTGAAAGTGTGGGAGAGTCGGCCAGAGGCCATATTC	7603
EU126128_HA-P	ATTAATGAAGTGAAGTGGGGAGCTCTCAAAGTGTGGGACAGTCGGCCCGAAGCAATTTT	7603
X67673_TW-P	ATTAATGAAGTGAAGTGGGGAGCTCTCAAAGTGTGGGAAAGTCGGCCCGAAGCAATTTT	7603
EF017707_IN-P	ATCAATGAAGTGAAGTGGGGAGCTCTAAAAGTGTGGGAAAGTCGGCCCGAAGCAATTTT	7600
EF183499_CN-P	ATTAATGAATTGAGCTGGGGAGCTTTGAAAGTGTGGGAAAGTCGGCCAGAGGCTATATTC	7603
AY231130_MX-P	ATTAATGAAGTGAAGTGGGGGGCTCTCAAAGTGTGGGAAAGTCGACCCGAAGCAATTTT	7603
DQ374152_BZ-W	ATTAATGAAGTGAAGTGGGGAGCTCTAAAAGTGTGGGAAAGTCGGCCAGAGGCGATTTC	7603
AY162218_TH-P	ATCAATGAAGTGAAGTGGGGAGGCTTGAAGTGTGGGAAAGTCGACCGAGGCCATATTC	7603
	* *	
X97251-TW	AATGCGCAGAAAGAGATCAATCAATTGAATGTTTTTGAACAAAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
AY010722_TH-W	AACGCGCAGAAAGGAATCGATCAATTAAATGTATTTGAGCAGAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
EU882728_TW-P	AATGCGCAGAAAGATATCAATCAATTGAATGTTTTTGAACAAAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
AY027810_TW-W	AATGCGCAGAAAGAGATCAATCAATTGAACGTTTTTGAACAAAGTGGAAGTCGATGGCTC	7665
EU475877_IN-W	AACGCGCAAAAAGAAATCAATCAATTAAACGTTTTTGAACAAAGCGGTAGTCGTTGGCTC	7672
PRSV_TH-P SMK	AATGCGCAGAAAGGAGATCAATCAAGTTGAATGTTTTTGAACAAAGTGGAAGTCGATGGTTA	7663
EU126128_HA-P	AACGCGCAAAAAGGAAGTAAATCAATTGAATGTTTTTGAACAAAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
X67673_TW-P	AACGCACAAAAGGAAGTAAATCAATTGAATGTTTTTGAACAAAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
EF017707_IN-P	AACGCGCAAAAAGAAATCAATCAATTAAACGTTTTTGAACAAAGCGGTAGTCGTTGGCTC	7660
EF183499_CN-P	AATGCGCAGAAAGGAATCAATCAATTAAATGTTTTTGAGCAGAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
AY231130_MX-P	AACGCGCAAAAAGGAAGTAAATCAATTGAATGCCTTCGAGCAAAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
DQ374152_BZ-W	AATGCGCAAAAAGAGTTAAACCAATTAAACGTTTTTGAACAAAGTGGAAGTCGATGGCTC	7663
AY162218_TH-P	AATGCGCAAAAAGGAATCGATCAATTGAATGTTTTTGAACAGAGTGGGAGTCGCTGGCTC	7663
	** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	TTTGATAAGTTACACGGCAATCTTAAAGGGAGTGAGCTCAGCTTCTAGCAATTTAGTCACG	7723
AY010722_TH-W	TTTGACAAGCTGCATGGCAACCTAAAGGGAGTGAGCTCAGCTCCCAGCAATTTAGTCACG	7723
EU882728_TW-P	TTTGATAAGTTACACGATAACCTTAAAGGGAGTGAGCTCAGCTTCTAGTAATTTGGTCACG	7723
AY027810_TW-W	TTTGATAAGTTACACGGCAACCTTAAAGGGAGTGAGCTCAGCTTCTAGCAATTTAGTCACG	7725
EU475877_IN-W	TTTGATAGATTACACGGCAATTTGAAAGGTGTAGGTTCCGCTCCTAGCAATTTGGTGACA	7732
PRSV_TH-P SMK	TTTCGATAAATTGCACGGCAACCTTAAAGGGAGTGAGCTCGGCATCCAGTAATTTAGTCACA	7723
EU126128_HA-P	TTTGACAAATTACACGGCAATTTGAAAGGGAGTGAGCTCCGCTCCTAGCAATTTGGTGACA	7723
X67673_TW-P	TTTGACAAATTACACGGCAATTTGAAAGGGAGTTAGCTCCGCTCCTAGCAATTTGGTGACA	7723
EF017707_IN-P	TTTGATAGATTACACGGCAATTTGAAAGGTGTAGGTTCCGCTCCTAGCAATTTGGTGACA	7720
EF183499_CN-P	TTTGACAAGTTACACGGCAACCTTAAAGGGAGTGAGCTCGGCATCCAGCAATTTAGTCACG	7723
AY231130_MX-P	TTTGACAACTACACGGCAATTTGAAAGGGAGTAAGTTCCGCTCCTAGCAATTTGGTGACA	7723
DQ374152_BZ-W	TTTGACAAATTACACGGCAATTTGAAAGGTGTAGGTTCTGCTCCTAGCAATTTGGTAAAC	7723
AY162218_TH-P	TTTGATAAGTTACACGGCAGCCTTAAAGGGATAAGCTCAGCCTCTAGCAATTTGGTCACG	7723
	*** ** *	
X97251-TW	AAGCATGTTGTGAAAGGCATCTGTCCCCTCTTTCGTAGCTACCTTGAGTGTAATGAGGAA	7783
AY010722_TH-W	AAGCACGTTGTGAAAGGAGTCTGTCCCTCTCTTAGGAGTTACCTTGAGTGATGAAGAA	7783
EU882728_TW-P	AAGCATGTTGTGAAAGGCATCTGTCCCCTCTTCCGTAAGTTATCTTGAGTGTAATGAGGAA	7783
AY027810_TW-W	AAGCATGTTGTGAAAGGCATCTGTCCCCTCTTCCGTAATTTACCTTGAGTGTAATGAGGAA	7785
EU475877_IN-W	AAGCATGTTGTCAAAGGTATTTGTCTCTCTTCAGAACTATCTCGAAAGTGATGAAGAA	7792
PRSV_TH-P SMK	AAGCACGTTGTGAAAGGTATTTGTCTCTCTTCAGAAATTTACCTCGAATGTGATGAAGAA	7783
EU126128_HA-P	AAGCACGTTGTGAAAGGCATTTGTCTCTCTTTTCAGGAACCTATCTCGAGTGATGAAGAG	7783
X67673_TW-P	AAGCACGTTGTGAAAGGAATTTGTCTCTTTTCAGGAACCTATCTCGAGTGATGAAGAG	7783
EF017707_IN-P	AAGCATGTTGTCAAAGGTATTTGTCTCTCTTCAGAACTATCTCGAAAGTGATGAAGAA	7780
EF183499_CN-P	AAGCACGTCGTGAAAGGCATCTGTCCCTCTCTTCAGGAATTTACCTTGAGTGATGAAGAG	7783
AY231130_MX-P	AAGCACGTTGTGAAAGGTATTTGTCTCTCTTTAGAACTATCTCGAGTGATGAAGAG	7783
DQ374152_BZ-W	AAGCACGTTGTGAAAGGCATTTGTCTCTCTTCAGGAACCTATCTCGAGTGATGAAGAG	7783
AY162218_TH-P	AAGCATGTTGTGAAAGGAATATGCCTCTTTTATAGGAATTTACCTTGAGTGATGAAGAA	7783
	***** ** ** *	
X97251-TW	GCCAAGACTTTCTTTAATCCGCTAATGGGACACTACATGAAGAGTGTCTAAGCAAGGAA	7843
AY010722_TH-W	GCCAAGGCTTTCTTTAGTCCGCTGATGGGACACTACATGAAGAGCGTTCTAAGCAAGGAG	7843
EU882728_TW-P	GCCAAGACTTTCTTTAATCCGCTAATGGGGCACTATATGAAAAGCGTTCTAAGCAAGGAA	7843
AY027810_TW-W	GCCAAGACTTTCTTTAGTCCGCTAATGGGACACTATATGAAAAGCGTTCTAAGCAAGGAA	7845
EU475877_IN-W	GCTAAGGCTTTCTTTAGTCCACTTATGGGTCACTACATGAAGAGTGTCTTAGCAAGGAA	7852
PRSV_TH-P SMK	GCTAAGGCTTTCTTTAGTCCACTAATGGGGCACTACATGAAGAGCGTTTCTGAGCAAGGAA	7843
EU126128_HA-P	GCTAAGGCTTTCTTTAGTCCACTTATGGGTCACTACATGAAGAGTGTCTGAGCAAGGAA	7843
X67673_TW-P	GCTAAGGCTTTCTTTAGTCCACTTATGGGTCACTACATGAAGAGTGTCTGAGCAAGGAA	7843
EF017707_IN-P	GCTAAGGCTTTCTTTAGTCCACTTATGGGTCACTACATGAAGAGTGTCTTAGCAAGGAA	7840
EF183499_CN-P	GCTAAGACTTTTTCAATCCGCTGATGGGACACTACATGAGGAGCGTTTTAAGCAAGGAA	7843
AY231130_MX-P	GCGAAAGCTTTCTTTAGTCCACTTATGGGTCACTACATGAAGAGTGTCTGAGCAAGGAA	7843
DQ374152_BZ-W	GCTAAGGTTTTCTTTAGTCCACTTATGGGTCACTATATGAAGAGTATCTGAGCAAGGAA	7843
AY162218_TH-P	GCTAAGGCTTTCTTTAGCCGCTGATGGGACACTACATGAAGAGCGTTTTGAGCAAGAG	7843
	** ** *	
X97251-TW	GCATACGTTAAGGATTTAATGAAATATTTCAAGTGACATAATGTTGGTGAAGTTGACCAC	7903
AY010722_TH-W	GCATACGTTAAGGATTTATGAAATATTTCAAGTGACATAATGTTGGCGAAGTTGACCAC	7903
EU882728_TW-P	GCATACGTTAAGGACTTATGAAATACTCAAGCGACATAATGTTGGTGAAGTTGACCAC	7903
AY027810_TW-W	GCATACGTTAAGGACTTATGAAATACTCAAGTGACATAATGTTGGTGAAGTTGACCAC	7905
EU475877_IN-W	GCATACATCAAGGACTTAAATGAAGTATTTCAAGTGACATTATCGTAGGAGAAGTTGACCAT	7912
PRSV_TH-P SMK	GCCTATGTAAAGGACTTGTGAAATATTTCAAGTGACATAATGTTGGTGAAGTTGATCAC	7903
EU126128_HA-P	GCGTACATTAAGGATTTATGAAATATTTCAAGTGATATTGTCGTTGGAGAAGTCAACCAT	7903
X67673_TW-P	GCGTACATTAAGGATTTATGAAATATTTCAAGTGATATTGTCGTTGGAGAAGTCAACCAT	7903
EF017707_IN-P	GCATACATCAAGGACTTAAATGAAGTATTTCAAGTGACATTATCGTAGGAGAAGTTGACCAT	7900
EF183499_CN-P	GCATATGTGAAGGATTTATGAAATATTTCAAGTGAGATAATGTCGTTGAAGTTGACCAC	7903
AY231130_MX-P	GCATACATTAAGGATTTATTTAAATATTTCAAGTGACATTGTCGTTGGAGAAGTCAACCAT	7903
DQ374152_BZ-W	GCATACACAAAGGATTTATGAAATATTTCAAGTGACATCGTCATTGGAGAAGTTGACCAC	7903
AY162218_TH-P	GCATATGTTAAGGACTTATGAAATATTTCAAGTGACATAATGTTGGTGAAGTTGACCAC	7903
	** ** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GATGTGTTTGAAGAAAGTGTGCGCAAGTTGTCGAGTTGCTAAACGACCACGAGTGTCCCT	7963
AY010722_TH-W	GATGTGTTTGAAGATAGCGTGCACAAAGTTATCGAGTTGCTAAATGACCACGAGTGCCCT	7963
EU882728_TW-P	GATGTGTTTGAAGAAAGTGTACACAAAGTTGTCGAGTTGTTAAACGACCACGAGTGTCCCT	7963
AY027810_TW-W	GATGTGTTTGAAGAAAGTGTGCACAAAGTTGTCGAGTTGCTAAACGACCACGAGTGTCCCT	7965
EU475877_IN-W	GATGTGTTTGAAGATAGTGTGCGCAAGTTGTCGAACTGTTAAATGATCAGAGTGTCCCT	7972
PRSV_TH-P SMK	GATGTGTTTGAAGACAGTGTGTGCAAGTTATTGAATTGCTAAATGACCACGAGTGTCCCT	7963
EU126128_HA-P	GATGTGTTTGAAGATAGTGTGCGCAAGTTATCGAGCTGTTAAATGATCATGAGTGTCCC	7963
X67673_TW-P	GATGTGTTTGAAGATAGTGTGCGCAAGTTATCGAGCTGTTAAATGATCATGAGTGTCCC	7963
EF017707_IN-P	GATGTGTTTGAAGATAGTGTGCGCAAGTTGTCGAACTGTTAAATGATCAGAGTGTCCCT	7960
EF183499_CN-P	GAAAGTGTGTTGAGGAAAGCGTTGAACAAGTTGTTGAGTTGCTAAATGACCATGAGTGTCCCT	7963
AY231130_MX-P	GATATTTTGAAGATAGTGTGCGCAAGTTGTCGAACTGTTGAACGATCAGAGTGTCTT	7963
DQ374152_BZ-W	GATGTGTTTGAAGATAGTGTGCGCAAGTTATCGAGCTGTTGAATGATCATGAATGTCCCT	7963
AY162218_TH-P	GATGTGTTTGAAGAAAGCGTTGCACAAAGTTGTCGAGTTGCTAAATGACCACGAATGCCCT	7963
	** * ***** ** ** * ***** ** ** * ***** ** ** *	
X97251-TW	GAGCTTGAATACATCACAGATAGCGAGGTCATCATACAAGCTCTAAATATGGATGCTGCT	8023
AY010722_TH-W	GAGCTCGAATACGTCACAGACAGCGAGGTCATCATACAAGCTCTAAATATGGATGCTGCT	8023
EU882728_TW-P	GAGCTCGAATACATCACAGATAGCGAGGTCATCATACAAGCTCTAAATATGGATGCTGCT	8023
AY027810_TW-W	GAACTCGAATACATCACAGATAGCGAGGTCATCATACAAGCTCTAAATATGGATGCTGCT	8025
EU475877_IN-W	GAACTTGAATACATCACAGACAGTGAAGTGAATACTCAAGCTTTGAACATGGACGAGCT	8032
PRSV_TH-P SMK	GAACTCGAGTACATTACAGATAGCGAGGTCATCATACAAGCTCTCAATATGGATGCTGCT	8023
EU126128_HA-P	GAACTTGAATACATTACAGACAGTGAAGTGAATACTCAAGCTTTGAACATGGATGCTGCT	8023
X67673_TW-P	GAACTTGAATACATAACAGACAGTGAAGTGAATACTCAAGCTTTGAACATGGATGCTGCT	8023
EF017707_IN-P	GAACTTGAATACATCACAGACAGTGAAGTGAATACTCAAGCTTTGAACATGGACGAGCT	8020
EF183499_CN-P	GAACTCGAATACGTCACAGATAGCGAAGTTCATCGTACAAGCTTTAAATATGGATGCTGCT	8023
AY231130_MX-P	GAACTTGAATATATACAGACAGTGAAGTGAATACTCAAGCTTTGAACATGGATGCTGCT	8023
DQ374152_BZ-W	GAACTTGAATACATAACAGATAGTGAAGTGAATACTCAAGCTTTGAACATGGATGCTGCT	8023
AY162218_TH-P	GAACTCGAATACATCACAGATAGCGAGGTCATTATACAAGCTCTAAATATGGATGCTGCT	8023
	** ** * ** * * ***** ** ** * ***** ** ** * ***** ** ** *	
X97251-TW	GTTGGGGCTCTATACACAGGAAAGAAAAGAAAATATTTGGAAGGATCAACGGTTGAGCAC	8083
AY010722_TH-W	GTCGAGCTTTGTACACAGGAAAGAAAGAAAATACTTCGAAGGATCAACAGTTGAGCAC	8083
EU882728_TW-P	GTTGGGGCTTTGTACACAGGAAAGAAAAGAAAATATTTGGAAGGATCAACGGTTGAGCAC	8083
AY027810_TW-W	GTTGGGGCTTTGTACAAAGGAAAGAAAAGGAAATATTTGGAAGGATCAACGGTTGAGCAT	8085
EU475877_IN-W	GTCGGGGCTTTGTACACAGGAAAGAAAAGGAAATATTTGGAAGGTTGACAGTGGAAACAT	8092
PRSV_TH-P SMK	GTTGGAGCTTTATACACAGGAAAGAAAAGGAAATACTTCGAAGGCTCAACAGTGGAAACAA	8083
EU126128_HA-P	GTTGGAGCCTTATATACGGGAAAGAAACGGAAATATTTGAGGGATCAACAGTGGAGCAT	8083
X67673_TW-P	GTCGGAGCCTTATATACGGGAAAGAAAAGGAAATATTTGAGGGATCAACAGTGGAGCAT	8083
EF017707_IN-P	GTCGGGGCTTTGTACACAGGAAAGAAAAGGAAATATTTGGAAGGTTGACAGTGGAAACAT	8080
EF183499_CN-P	GTTGGAGCTTTGTACACAGGAAAGAAAAGGAAATATTTGGAAGGATCAACAGTTGAGCAT	8083
AY231130_MX-P	GTTGGAGCCTTTGTACACAGGAAAGAAAAGGAAATATTTGAGGGTTCAACAGTGGAGCAT	8083
DQ374152_BZ-W	GTCGGAGCCCTCTACACGGGAAAGAAAAGGAAATATTTGAGGGGTCGACAGTGGAGCAT	8083
AY162218_TH-P	GTCGGAGCTTTGTACACAGGAAAGAAAAGGAAATACTTCGAGGGATCGACAGTTGATCAC	8083
	** ** * ** * * ***** ** ** * ***** ** ** * ***** ** ** *	
X97251-TW	AGACAGGCTCTAGTGCGGAAAAGTTGTGAGCGTCTGTATGAGGGGAGATGGGTGTGTGG	8143
AY010722_TH-W	AGACAGGCCCTAGTTCGGAAAAGTTGCGAGCGTCTTTATGAAGGGCGGATGGGTGTGTGG	8143
EU882728_TW-P	AGGCATGCTCTAGTGCGGAAAAGTTGTGAGCGTCTTTATGAAGGGCGGATGGGTGTGTGG	8143
AY027810_TW-W	AGACATACCTCTAGTGCGGAAAAGTTGTGAGCGTCTTTATGAAGGGCGGATGGGTGTGTGG	8145
EU475877_IN-W	AGACAAGCCCTTGTACGAAAAGCTGTGAACGCTCTATGAAGGGCGGATGGGAGTCTGG	8152
PRSV_TH-P SMK	AGACAGGCTCTAGTGCGGAAAAGTTGTGAGCGTCTATACGAGGGGCGAATGGGTATTTGG	8143
EU126128_HA-P	AGACAAGCTCTTGTACGAAAAGCTGTGAGCGTCTCTACGAAGGGGAGAATGGGCGTCTGG	8143
X67673_TW-P	AGACAAGCTCTTGTACGAAAAGCTGTGAGCGTCTCTACGAAGGGGAGAATGGGCGTCTGG	8143
EF017707_IN-P	AGACAAGCCCTTGTACGAAAAGCTGTGAACGCTCTATGAAGGGCGGATGGGAGTCTGG	8140
EF183499_CN-P	AGACAAGCCCTAGTGCGGAAAGAGTTGTGAACGCTCTATGAAGGTCGGATGGGCGTTTGG	8143
AY231130_MX-P	AGACAAGCACTTGTGCGGAAAAGCTGTGAGCGTCTCTATGAAGGGGAGAATGGGAGTCTGG	8143
DQ374152_BZ-W	AGACAAGCTCTTGTGCGGAAAAGCTGTGAGCGTCTCTATGAAGGGCGAATGGGAATCTGG	8143
AY162218_TH-P	AGACAAGCCTTAGTGCGAAAAGAGTTGTGAGCGTCTGTATGAAGGCAATGGGCAATATGG	8143
	** ** * ** * * ***** ** ** * ***** ** ** * ***** ** ** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	AACGGATCATTAAGGCCGAGCTGCGACCTGCAGAGAAAAGTTCTAGCCAAAAAGACAAGA	8203
AY010722_TH-W	AATGGATCGTTGAAGGCCGAGCTGCGACCTGCAGAGAAAAGTTCTAGCCAAAAAGACAAGA	8203
EU882728_TW-P	AATGGATCATTAAGGCCGAGCTGCGACCCACAGAGAAAAGTTCTGGCCAAAAAGACAAGA	8203
AY027810_TW-W	AATGGATCATTAAGGCCGAGCTGCGACCCGACAGAGAAAAGTTCTGGCCAAAAAGACAAGA	8205
EU475877_IN-W	AACGGATCGTTGAAGGCTGAAGTGCAGACCTGCAGAGAAAAGTCTCGCGAAGAAAACAAGG	8212
PRSV_TH-P SMK	AACGGATCGCTAAAGGCTGAGTTGCGACCTGCAGAGAAAAGTCTTAGCTAAAAAGACAAGA	8203
EU126128_HA-P	AACGGTTTCGCTGAAGGCAGAACTGAGACCAGCTGAGAAAAGTCTCGCGAAGAAAACAAGG	8203
X67673_TW-P	AACGGTTTCGCTGAAGGCAGAACTGAGACCAGCTGAGAAAAGTCTCGCGAAGAAAACAAGG	8203
EF017707_IN-P	AACGGATCGTTGAAGGCTGAAGTGCAGACCTGCAGAGAAAAGTCTCGCGAAGAAAACAAGG	8200
EF183499_CN-P	AATGGATCACTAAAAGCTGAGTTGCGACCTGCAGAGAAAAGTCTTAGCCAAAAAGACAAGG	8203
AY231130_MX-P	AATGGGTCGCTAAAGGCTGAAGTGCAGACCAGCTGAAAAAGTCTCGCGAAGAAAACAAGG	8203
DQ374152_BZ-W	AACGGTTTCATTGAAGGCTGAATTGAGACCAGCGGAAAAAGTCTCGCGAAGAAAACAAGG	8203
AY162218_TH-P	AATGGATCGCTAAAGGCCGAGCTGCGACCTGCAGAGAAAAGTTTGGCCAAAAAGACAAGA	8203
	*** **	
X97251-TW	TCTTTCACCTGCGGCGCCTCTCGACACTTTGTGGGAGCCAAAGTTTGTGTTGATGATTTTC	8263
AY010722_TH-W	TCTTTCACAGCAGCGCCTCTCGACACTTTGTGGGAGCTAAAGTTTGCCTTGATGATTTTC	8263
EU882728_TW-P	TCTTTCACCTGCGGCGCCTCTCGACACTTTGTGGGAGCCAAAGTTTGTGTTGATGATTTTC	8263
AY027810_TW-W	TCTTTCACCTGCGGCGCCTCTCGACACTTTGTGGGAGCCAAAGTTTGTGTTGATGATTTTC	8265
EU475877_IN-W	TCATTTACAGCAGCTCCTCTTGACACACTTTGTAGGAGCCAAAGTCTGCGTTGATGACTTC	8272
PRSV_TH-P SMK	TCTTTCACCGCAGCGCCCTTGATACTTTGTCTGGGAGCCAAAGTTTGTGTTGATGATTTTC	8263
EU126128_HA-P	TCATTTACAGCAGCCCTCTTGACACACTATTAGGAGCCAAAGTCTGCGTTGATGATTTTC	8263
X67673_TW-P	TCATTTACAGCAGCCCTCTTGACACACTATTAGGAGCCAAAGTCTGCGTTGATGATTTTC	8263
EF017707_IN-P	TCATTTACAGCAGCTCCTCTTGACACACTTTGTAGGAGCCAAAGTCTGCGTTGATGACTTC	8260
EF183499_CN-P	TCTTTCACCTGCGGCGCCTCTCGACACTTTGTGGGAGCTAAAGTTTGTGTTGATGATTTTC	8263
AY231130_MX-P	TCATTTACAGCAGCTCCTCTTGACACACTTTGTAGGAGCCAAAGTCTGCGTTGATGATTTTC	8263
DQ374152_BZ-W	CCATTTACAGCAGCTCCTCTTGACACACTTTGTGGGAGCCAAAGGCTGCGTTGATGATTTTC	8263
AY162218_TH-P	TCTTTCACCTGCGGCGCCTCTCGATACTTTGTGGGAGCTAAGGTTTGTGTTGATGACTTC	8263
	* **	
X97251-TW	AATAATTGGTTCTACAGCAAAAATATGGAGTGTCTTGACTGTTGGCATGACAAAGTTT	8323
AY010722_TH-W	AACAATTGGTTCTACAGCAAAAATATGGAGTGTCTTGACTGTTGGCATGACAAAGTTT	8323
EU882728_TW-P	AATAATTGGTTCTACAGCAAAAACATGGAGTGTCTTGACTGTTGGCATGACAAAGTTT	8323
AY027810_TW-W	AATAATTGGTTTTACAGCAAAAATATGGAGTGTCTTGACTGTTGGCATGACAAAGTTT	8325
EU475877_IN-W	AATAACTGGTTCTACAGTAAGAATATGGAATGCCCGTGACCGTCGGGATGACAAAATTT	8332
PRSV_TH-P SMK	AATAATTGGTTCTACAGCAAAAATATGGAATGTCTTGACTGTTGGTATGACAAAGTTT	8323
EU126128_HA-P	AACAACCTGGTTTTACAGTAAGAATATGGAGTGCCCATGGACCGTCGGGATGACAAAATTT	8323
X67673_TW-P	AACAACCTGGTTTTACAGTAAGAATATGGAGTGCCCATGGACCGTCGGGATGACAAAATTT	8323
EF017707_IN-P	AATAACTGGTTCTACAGTAAGAATATGGAATGCCCGTGACCGTCGGGATGACAAAATTT	8320
EF183499_CN-P	AATAATTGGTTCTACAGCAAAAACATGGAATGTCTTGACTGTTGGCATGACAAAGTTT	8323
AY231130_MX-P	AACAACCTGGTTCTACAGTAAGAATATGGAATGTCCATGGACCGTTGGGATGACAAAATTT	8323
DQ374152_BZ-W	AACAACCTGGTTTTATAGTAAAAATATGGAATGCCCATGGACTGTTGGGATGACAAAATTT	8323
AY162218_TH-P	AACAATTGGTTCTACAGCAAAAACATGGAGTGTCTTGACTGTTGGCATGACAAAGTTT	8323
	*** **	
X97251-TW	TATAAAGGCTGGGACGAATTTTGTAGAAAATTTCTGATGGCTGGGTTTATGTGATGCA	8383
AY010722_TH-W	TACAAAGGCTGGGACGAATTTTGTAGAAAATTTCTGATGGTTGGGTTTACTGCGGTGCA	8383
EU882728_TW-P	TATAAAGGCTGGGATGAATTTCTGTAGAAAATTTCTGATGGCTGGGTTTATGTGATGCA	8383
AY027810_TW-W	TATAAAGGCTGGGACGAATTTCTGTAGAAAATTTCTGATGGCTGGGTTTACTGTGATGCA	8385
EU475877_IN-W	TACAAAGGCTGGGACGAGTTTCTGAGAAGATTTCCCGACGGCTGGGTGTATGTGACGCA	8392
PRSV_TH-P SMK	TATAAAGGCTGGGACGAATTTTGTAGAAAATTTCTGATGGTTGGGTTTATGTGATGCG	8383
EU126128_HA-P	TACAAAGGCTGGGATGAGTTCTGTAGAAAATTTCTGACGGCTGGGTGTACTGTGATGCA	8383
X67673_TW-P	TACAAAGGCTGGGATGAGTTCTGAAGAAAATTTCTGACGGCTGGGTGTACTGTGATGCA	8383
EF017707_IN-P	TACAAAGGCTGGGACGAGTTTCTGAGAAGATTTCCCGACGGCTGGGTGTATGTGACGCA	8380
EF183499_CN-P	TACAAAGGCTGGGATGAATTTTGAAGAAAATTTCTGACGGTTGGATTTATGTGCGATGCA	8383
AY231130_MX-P	TACAAAGGCTGGGATGAGTTTCTGAAGAAGTTTCTGAAGGCTGGGTGTATGTGATGCA	8383
DQ374152_BZ-W	TACAAAGGCTGGGACGAGTTTGTGAAGAAAATTTCTGACGGCTGGGTGTATGTGATGCA	8383
AY162218_TH-P	TATAAAGGCTGGGATGAATTTTGTAGAAAATTTCTGATGGTTGGGTTTATGTGATGCA	8383
	*** **	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GATGGATCTCAGTTTGATAGCTCTTTGACACCATAATTTGCTTAATGCTGTGTGTGCAATT	8443
AY010722_TH-W	GATGGATCTCAGTTTCGATAGCTCTTTGACACCATAATTTGCTTAATGCTGTGTGTGCTATC	8443
EU882728_TW-P	GATGGATCTCAGTTTGATAGCTCTTTAACACCATAATTTGCTTAATGCTGTGTGTATCAATT	8443
AY027810_TW-W	GATGGATCTCAGTTTCGATAGCTCTTTGACACCATAATTTGCTTAATGCTGTGTGTGCAATT	8445
EU475877_IN-W	GATGGTTCCCGATTTCGATAGCTCATTAAACACCATACTTGTGAACGCTGTGTATCAATT	8452
PRSV_TH-P SMK	GACGGGTCTCAATTTGATAGCTCTTTGACACCATACTTGTCTAATGCTGTATTGTCAATT	8443
EU126128_HA-P	GACGGTTCCCGATTTCGATAGCTCATTAAACACCATACTTGTGAATGCTGTGTATCAATT	8443
X67673_TW-P	GATGGTTCCCGATTTCGATAGCTCATTAAACACCATACTTGTGAATGCTGTGTATCAATT	8443
EF017707_IN-P	GATGGTTCCCGATTTCGATAGCTCATTAAACACCATACTTGTGAACGCTGTGTATCAATT	8440
EF183499_CN-P	GATGGATCCCGATTTCGATAGCTCTTTGACACCATACTTGTCTAATGCTGTATTATCAATT	8443
AY231130_MX-P	GATGGCTCCCGATTTCGATAGCTCATTGACACCATACTTGTAAATGCTGTGTGTGCAATC	8443
DQ374152_BZ-W	GATGGCTCCCGATTTCGATAGCTCATTAAACACCATACTTGTGAATGCTGTGTATCAATT	8443
AY162218_TH-P	GATGGGTCTCAGTTTCGATAGCTCTTTGACACCATACTTGTCTAATGCTGTATTGTCAATT	8443
	** *	
X97251-TW	CGATTGTGGGCTATGGAAGATTGGGATATTGGATCTCAGATGCTTAAGAATTTATATGGA	8503
AY010722_TH-W	CGACTGTGGGCTATGGAGGATTGGGACATTGGAGCTCAGATGCTTAAGAATTTGTATGGA	8503
EU882728_TW-P	CGACTGTGGGCTATGGAAGATTGGGATATTGGAGCTCAAATGCTTAAGAATCTATATGGA	8503
AY027810_TW-W	CGATTGTGGGCTATGGAAGATTGGGACATTGGAGCTCAGATGCTTAAGAATCTGTATGGA	8505
EU475877_IN-W	CGATTATGGGCGATGGAAGATTGGGATATTGGAGAGCAAATGCTCAAGAATTTGTATGGG	8512
PRSV_TH-P SMK	CGACTGTGGGCTATGGAGGAATGGGAGATTGGAGCGCAAATGCTTAAGAATCTATATGGA	8503
EU126128_HA-P	CGGTTATGGGCGATGGAAGATTGGGATATTGGAGAGCAAATGCTTAAGAATTTGTACGGG	8503
X67673_TW-P	CGGTTATGGGCGATGGAGGATTGGGATATTGGAGAGCAAATGCTTAAGAATTTGTACGGG	8503
EF017707_IN-P	CGATTATGGGCGATGGAAGATTGGGATATTGGAGAGCAAATGCTCAAGAATTTGTATGGG	8500
EF183499_CN-P	CGACTGTGGGCTATGGAAGATTGGGATATTGGAACCTCAAATGCTTAAGAATTTATACGGA	8503
AY231130_MX-P	CGGTTATGGGCAATGGAGGATTGGGATATTGGAGAGCAAATGCTTAAGAATTTGTATGGG	8503
DQ374152_BZ-W	CGGTTATGGGCAATGGAGGATTGGGATGTTGGAGAGCAAATGCTTAAGAACTGTATGGG	8503
AY162218_TH-P	CGACTGTGGGCTATGGAAGATTGGGATATTGGAGCTCAGATGCTCAAGAATCTGTATGGA	8503
	** *	
X97251-TW	GAAATTACATACACACCTATTTTGACACCTGATGGGACGATTGTCAAGAAATTCAAAGGA	8563
AY010722_TH-W	GAAATCACTTACACACCTATTTTGACACCTGATGGGACGATTGTCAAGAAATTTAAAGGA	8563
EU882728_TW-P	GAAATTACGTACACACCTATTTTGACACCTGATGGAACGATTGTCAAGAAATTCAAAGGG	8563
AY027810_TW-W	GAAATTACATACACACCTATTTTGACACCTGATGGAACGATTGTCAAGAAATTCAAAGGG	8565
EU475877_IN-W	GAGATCACATACACGCCAATCTTAACACCAGACGGAACAATTTGTCAAGAAATTCAAAGGA	8572
PRSV_TH-P SMK	GAAATTACATACACACCCATTTTGACACCTGATGGGACAAATGTCAAGAAATTTAAAGGG	8563
EU126128_HA-P	GAAATCACTTACACGCCAATATTGACACCAGATGGAACAATTTGTCAAGAAATTCAGGGG	8563
X67673_TW-P	GAAATCACTTACACGCCAATATTGACACCAGATGGAACAATTTGTCAAGAAATTCAGGGG	8563
EF017707_IN-P	GAGATCACATACACGCCAATCTTAACACCAGACGGAACAATTTGTCAAGAAATTCAAAGGA	8560
EF183499_CN-P	GAAATAACATATACACCTATTTTAACACCCGATGGGACAAATGTTAAGAAATTCAAAGGG	8563
AY231130_MX-P	GAAATTACTTACACGCCAATATTGACACCCGATGGGACAAATCGTCAAGAAATTCAAAGGA	8563
DQ374152_BZ-W	GAAATTACTTACACACCAATATTGACACCCGATGGAACAATTTGTTAAAAATTCAGGGA	8563
AY162218_TH-P	GAAATTACATACACCCCTATCTTGACACCTGATGGAACAATTTGTCAAGAAATTCAAAGGG	8563
	** *	
X97251-TW	AATAATAGTGGTCAACCTTCAACAGTTGTTGATAACACACTGATGGTTTTAATCACAATG	8623
AY010722_TH-W	AACAACAGTGGCCAACCTTCAACAGTTGTCGATAATACATTGATGGTTTTAATCACAATG	8623
EU882728_TW-P	AATAATAGTGGTCAACCTTCAACAGTTGTCGATAACACACTGATGGTTTTAATCACAATG	8623
AY027810_TW-W	AATAATAGTGGTCAACCTTCAACAGTTGTCGATAACACACTAATGGTTTTAATCACAATG	8625
EU475877_IN-W	AATAATAGTGGCCAACCTTCGACAGTTGTCGACAATACATTAATGGTTCTAATTACAATG	8632
PRSV_TH-P SMK	AATAATAGTGGCCAACCTTCGACAGTCGTCGACAACACTGATGGTTTTGATCACAATG	8623
EU126128_HA-P	AATAATAGTGGCCAACCTTCGACAGTTGTTGATAATACATTAATGGTTTTAATCACAATG	8623
X67673_TW-P	AATAATAGTGGCCAACCTTCGACAGTTGTTGATAATACATTGATGGTTTTAATCACAATG	8623
EF017707_IN-P	AATAATAGTGGCCAACCTTCGACAGTTGTCGACAATACATTAATGGTTCTAATTACAATG	8620
EF183499_CN-P	AATAATAGTGGTCAAGCTTCGACAGTTGTCGATAACACACTGATGGTTTTAATCACAATG	8623
AY231130_MX-P	AATAATAGTGGTCAACCTTCGACAGTTGTTGATAATACATTAATGGTTTTAATCACAATG	8623
DQ374152_BZ-W	AATAATAGTGGCCAACCTTCGACAGTTGTCGACAATACACTAATGGTTTTAATCACAATG	8623
AY162218_TH-P	AATAATAGTGGCCAACCTTCAACAGTTGTCGATAACACACTGATGGTTTTAATCACAATG	8623
	** *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTATGACACAAAGGCTCAGGAGGACATGTGTGTGTTT	8683
AY010722_TH-W	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGCTACGACACGAAGGCCAGGAAGATATGTGCGTATTT	8683
EU882728_TW-P	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGACACAAAGGCTCAGGAGGACATGTGTGTGTTT	8683
AY027810_TW-W	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGACACAAAGGCTCAGGAGGACATGTGTGTGTTT	8685
EU475877_IN-W	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGATACGAGGGCCCAAGAAGATATGTGTGTATTT	8692
PRSV_TH-P SMK	TGCTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGACACGAAGGCCAGGAAGATATGTGTGTGTTT	8683
EU126128_HA-P	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGATACGAAGACTCAAGAAGATATGTGTGTATTT	8683
X67673_TW-P	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGATACGAAGACTCAAGAAGATATGTGTGTATTT	8683
EF017707_IN-P	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGATACGAAGGCCCAAGAAGATATGTGTGTATTT	8680
EF183499_CN-P	TATTATGCGTTACGCAAGGCTGGTTACGACACGAAGGCTCAGGAGGAAATGTGTGTGTTT	8683
AY231130_MX-P	TATTACGCGCTACGCAAGATTGGTTATGATACGAAGGCTCAAGAAGACATGTGTGTATTT	8683
DQ374152_BZ-W	TATTACGCGCTACGCAAGGCTGGTTACGATGCAAGGCTCAAGAGGATATGTGTGTATTT	8683
AY162218_TH-P	TACTACGCGCTGCGTAAGGCTGGTTACGACACGAGGCCAGAAAGATTTGTGTGTGTTT	8683
	* * * * *	
X97251-TW	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATCCACCCAGATCATGAACATGTTCTTGAC	8743
AY010722_TH-W	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATCGCCATCCACCCTGATCAGGAGCATGTTCTTGAC	8743
EU882728_TW-P	TATATTAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATCCACCCAGATCATGAGCATGTTCTTGAC	8743
AY027810_TW-W	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATTACCCCAATCATGAACATGTTCTTGAC	8745
EU475877_IN-W	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATTACCCCGGATCATGAGCATGTTCTTGAC	8752
PRSV_TH-P SMK	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATCGCCATTACCCCGGATCAGCAACATGTTCTTGAC	8743
EU126128_HA-P	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATTACCCCGGATCATGAGCATGTTCTTGAC	8743
X67673_TW-P	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATTACCCCGGATCATGAGCATGTTCTTGAC	8743
EF017707_IN-P	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATTACCCCGGATCATGAGCATGTTCTTGAC	8740
EF183499_CN-P	TATATCAATGGCGATGATCTCTGTATTGCCATACCCCGGATCATGAACATGTTCTTGAC	8743
AY231130_MX-P	TATATCAATGGTGATGATCTCTGTATTGCCATTACCCCGGATCATGAGCATGTTCTTGAC	8743
DQ374152_BZ-W	TACATAAACGGTGATGATCTCTGTATCGCCATTACCCCGGATCAGGAGCAGTTCTTGAC	8743
AY162218_TH-P	TATATCAATGGCGATGATCTCTGTATCGCCATTACCCAGATCATGAACATGTTCTTGTC	8743
	* * * * *	
X97251-TW	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAAGTTGGACTTAAAGTATGATTTCAATCAAAGACACCGA	8803
AY010722_TH-W	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGACTCAAATATGATTTCACTCAAAGACACCGG	8803
EU882728_TW-P	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGACTTAAAGTACGATTTCACTCAAAGGCACCGA	8803
AY027810_TW-W	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAAGTTGGGCTTAAAGTATGATTTCACTCAAAGGCACCGA	8805
EU475877_IN-W	TCATTTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGGCTTAAAGTATGACTTCACACAAAGGCACCGA	8812
PRSV_TH-P SMK	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGACTCAAGTATGATTTCACTCAAAGGCACCGA	8803
EU126128_HA-P	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGGCTTAAAGTATGATTTCCGACAAAGGCATCGG	8803
X67673_TW-P	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGGCTTAAAGTATGATTTCCGACAAAGGCATCGG	8803
EF017707_IN-P	TCATTTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGGCTTAAAGTATGACTTCACACAAAGGCACCGA	8800
EF183499_CN-P	TCATTCTCTAAGTTCATTCGCTGAGCTTGGACTTAAATATGATTTCACTCAAAGGCACCGA	8803
AY231130_MX-P	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGGCTTAAAGTATGACTTCACACAAAGGCACCGG	8803
DQ374152_BZ-W	TCATTCTCTAGTTTCATTTCTGAGCTCGGGCTTAAAGTATGATTTCCACACAGAGGCATCGG	8803
AY162218_TH-P	TCATTCTCTAGTTTCATTTGCTGAGCTTGGACTCAAATATGATTTCACTCAAAGACACCGA	8803
	* * * * *	
X97251-TW	AATAAACAAGATTTGTGGTTTCATGTCACATCGAGGTATTCTGATCGATGACATTTATATC	8863
AY010722_TH-W	AATAAACAAGATCTGTGGTTTCATGTCGCATCGAGGTATTCTGATCGATGACATTTACATT	8863
EU882728_TW-P	AATAAACAAGATTTGTGGTTTCATGTCACATCGAGGTATTCTGATCGATGACATCTATATC	8863
AY027810_TW-W	AATAAACAAGATTTGTGGTTTCATGTCACATCGAGGTATTCTGATCGATGACATCTATATC	8865
EU475877_IN-W	AGTAAACAGGATTTGTGGTTTATGTCGCATCGAGGTATTCTGATCGACGACATTTACATT	8872
PRSV_TH-P SMK	AACAAGCAAGATTTGTGGTTTATGTCGCATCGAGGTATTCTGATCGATGACGTTTACATT	8863
EU126128_HA-P	AATAAACAGAATTTGTGGTTTCATGTCGCATCGAGGTATTCTAATTGATGACATTTACATT	8863
X67673_TW-P	AATAAACAGAATTTGTGGTTTATGTCGCATCGAGGTATTCTGATTGATGACATTTACATT	8863
EF017707_IN-P	AGTAAACAGGATTTGTGGTTTATGTCGCATCGAGGTATTCTGATCGACGACATTTACATT	8860
EF183499_CN-P	GATAAACAAAATTTGTGGTTTCATGTCACATCGAGGTATTCTGATCGATGACATTTATATT	8863
AY231130_MX-P	AATAAACAGGATTTGTGGTTTATGTCGCATCGAGGTATTCTGATCGATGACATTTACATT	8863
DQ374152_BZ-W	AATAAACAGGATTTGTGGTTTATGTCGCATCGAGGTATTCTGATCGATGACATTTACATT	8863
AY162218_TH-P	AACAACAAGATTTGTGGTTTCATGTCGCATCGAGGTATTCTGATCGGTGACACTTACATT	8863
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	AAGCGTGGGTCAATGGATGAATTGGAGGCCTACATAGATAAAATATTTTGAACGAGAGAGA	9163
AY010722_TH-W	GAGCGTGGGTCAATGGACGAATTGGAGGCCTACATAGATAAAATATTTTGAACGAGAGAGA	9163
EU882728_TW-P	AAGCGTGGGTCAATGGATGAATTGGAGGCCTACATAAATAAATATTTTGAACGAGAAAGG	9163
AY027810_TW-W	GAGCGTGGGTCAATGGATGAATTGGAGGCCTACATAGATAAAATATTTTGAACGAGAAAGG	9165
EU475877_IN-W	GAGCGTGGGACAATGGATGAACCTGGAAGCCTATATAGATAAAATATTTTGAACGAGAAAGG	9172
PRSV_TH-P SMK	GAGCGTGGGTCAATGGATGAGCTAGAAGCCTACATAGATAAAATATTTTGAACGAGAAAGG	9163
EU126128_HA-P	GAACGTGGATCAATGGACGAATTAGGAGCGTATATAGATAAAATACTTTGAACGAGAGAGA	9163
X67673_TW-P	GAACGTGGATCAATGGACGAATTAGAAGCGTATATAGATAAAATACTTTGAACGAGAGAGA	9163
EF017707_IN-P	GAACGCGGATCAATGGATGAATTGGAGGCCTATGTAGATAAAATACTTTGAACGAGAGAGA	9160
EF183499_CN-P	AAGCGTGGTTCGATGGATGAGTTAGAAGCCTACATAAATAAATATTTTGAACGAGAAAGG	9163
AY231130_MX-P	GAACGTGGATCAATGGATGAATTGGAAGCGTATATAGATAAAGTACTTTGAACGAGAGAGG	9163
DQ374152_BZ-W	GAACGTGGGTCAATGGATGAATTGGAAGCGTATATAGATAAAGTATTTTGAACGAGAGAGG	9163
AY162218_TH-P	GAGCGTGGTTCGATGGATGAGTTAGAAGCTCTACATAGATAAAATATTTTGAACGAGAAAGG	9163
	* * * * *	
X97251-TW	GGAGACTCACCCGAATTACTAGTGTACCATGAATCGAGAAGCACTGACAATCATCAATTA	9223
AY010722_TH-W	GGAGATTTCGCTGAATCTATGGTGTATCATGAATCCAGAAGTACTGATGATTATCAGCTT	9223
EU882728_TW-P	GGAGATTTCGCTGAGCTACTGGTGTATTATGAATCGAAAAGCACTGATGATCATCAGTTA	9223
AY027810_TW-W	GGAGATTTCGCTGAGCTACTGGTGTATCATGAATCGAGAAGCGCTGATGATCATCAGTTA	9225
EU475877_IN-W	GGAGACTCACCTGAGTTGCTGGTTTACCATGAATCAAAGAGTAATGATGGCTATCAGCTT	9232
PRSV_TH-P SMK	GGAGATTACCTGAGTTACTAGTGTATCATGAATCGAGAAGCGCTGACGATTATCAGTTT	9223
EU126128_HA-P	GGAGACTCGCCCGAATTACTAGTGTACCATGAATCAAGGAGCACTGATGATTATCAACTT	9223
X67673_TW-P	GGAGACTCGCCCGAATTACTAGTGTACCATGAATCAAGGGCACTGATGATTATCAACTT	9223
EF017707_IN-P	GGAGATTACCTGGAATTACTAGTGTATCAGCAATCGATGAGCACTAATGATAATCAGCTT	9220
EF183499_CN-P	GGAGACGCACCTGAGTTACTGGTATATCATGAATCAAGAAGCACAGACGATCATCAGTTT	9223
AY231130_MX-P	GGAGAATCACCCGAATTACTAGTGTATCATGAATCGAAGAGCACCGATGATTATCAACTT	9223
DQ374152_BZ-W	GGAGACTCACCCGAATTACTGGTGTACCATGAATCAAGGAGCATTTGATGATTATCAACTT	9223
AY162218_TH-P	GGAGACTCACCTGATCTACTGGTATATCATGAATCGAGAAGCGCTGATGATCACCATT	9223

X97251-TW	ACCCGCGGCAGTAATACACATGTGTTTCACCACTCTAAAAATGAAGCTGTGGATACCGGT	9283
AY010722_TH-W	GTTTGCCTGAGAGCACACACGTGTTCACCACTCTAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
EU882728_TW-P	ACTTGCCTGAGTAACACACATGTGTTTCACCACTCTAAAAATGAAGCTGTGAATGCTGGT	9283
AY027810_TW-W	GCCTGCGGCAGCAACACACATGTGTTTCACCACTCTAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9285
EU475877_IN-W	GTTTGCCTGGTGAGCTGCATGTGTACCATCAGTCTAAACCAGAAGCTGTGGACGCTGGT	9292
PRSV_TH-P SMK	GTTTGCCTGATGACACACATGTGTTTCACCACTCTAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
EU126128_HA-P	GTTTGTAGCAACGATACGCATGTGTTTCATCAGTCCAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
X67673_TW-P	GTTTGTAGCAACATACGCATGTGTTTCATCAGTCCAAAGATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
EF017707_IN-P	GTTTGTAGCAACATACGCATGTGTTTCATCAGTCCAAAAATGAAGCTGTAGATGCTGGC	9280
EF183499_CN-P	GTCTGCGGCAGTCATGCACATGTATTTTCACCACTCTAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
AY231130_MX-P	GTTTGTAAATAACAATGCACATGTGTTTCATCAGTCCAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
DQ374152_BZ-W	GTTTGTAAATAGCAATACACATGTGTTTCATCAGTCCAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
AY162218_TH-P	GTTTGCCTCAATGACACACATGTGTTTCACCACTCTAAAAATGAAGCTGTGGATGCTGGT	9283
	* * * * *	
X97251-TW	CTGAATGAGAAGCTCAAAGAAAAAG-----AAAAGCAG-----AAAGAAAAAGAAAAA	9331
AY010722_TH-W	CTGAATGAAAAGTTCAAAGAGAAAG-----AGAAACAA-----AAAGAA---GAAAAA	9328
EU882728_TW-P	CTGAATGAGAAGCTCAAAGAAAAAG-----AAAAACAG-----AAAGAA-----AAA	9325
AY027810_TW-W	CTGAATGAGAAGCTCAAAGAAAAAG-----AAAAAGAAAAACAGAAAGAAAAAGAAAAA	9339
EU475877_IN-W	CTTAATGATAAGCTCAAAGAGAAAG-----AAAAATCA-----AAAGAAAAAGAAAAA	9340
PRSV_TH-P SMK	CTTAATGATAAGCTCAAAGATAAAG-----AAAAAC-----AGAAAGAAAGAAAAA	9328
EU126128_HA-P	TTGAATGAAAAACTCAAAGAGAAGG-----AAAAACAG-----AAAGAA-----AAA	9325
X67673_TW-P	TTGAATGAAAAACTCAAAGAGAAGG-----AAAAACAG-----AAAGAA-----AAA	9325
EF017707_IN-P	TTGAATGAGAAGCTCAAAGAAAAAG-----AAAAACAG-----AAAGAA-----AAA	9322
EF183499_CN-P	CTGAATGAGAAGCTCAAAGAAAAAG-----AAAAACAA-----AAAGAAAG---GAAAA	9328
AY231130_MX-P	TTGAATGAAAAACTCAAAGAAAAAG-----AAAAACAG-----AAGAA-----AAA	9325
DQ374152_BZ-W	TTAAATGAAAAGCGTAAAGAAAAAGGGAACCAAAAAAGAAA-----AAGAA-----GAA	9331
AY162218_TH-P	CTAAATGAGAAGCTCAAAGAGAAAG-----AGAAACAGAGAA---GAAGAA-----AAA	9328
	* * * * *	

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	ACTCGGCCACTCAATCTCAATTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGAAATGATTATGGC	9625
AY010722_TH-W	ACTCGTGCCACTCAGTCTCAATTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTATGGT	9622
EU882728_TW-P	ACTCGTGCCACTCAATCTCAATTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTATGGT	9619
AY027810_TW-W	ACTCGTGCCACTCAATCTCAATTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGGATGATTATGGC	9633
EU475877_IN-W	ACTCGTGCCACTCAATCACAGTTTGAAAAGTGGTATGAGGGAGTAAGAAATGATTACGGT	9634
PRSV_TH-P SMK	ACTCGTGCCACTCAATCTCAATTCGAAAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTACGGT	9622
EU126128_HA-P	ACTCGTGCCACTCAGTCACAGTTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTATGGC	9619
X67673_TW-P	ACTCGTGCCACTCATTACAAATTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTATGGC	9625
EF017707_IN-P	ACTCGTGCCACTCAATCACAAATTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTATGGC	9616
EF183499_CN-P	ACTCGGCCACTCAATCTCAATTTGAGAAGTGGTACGAGGGAGTGAGGAATGATTACGGT	9622
AY231130_MX-P	ACTCGTGCCACTCAGTCACAAATTTGAGAAATGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTATGGT	9619
DQ374152_BZ-W	ACTCGTGCCACTCAATCACAAATTTGAGAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTATGGC	9625
AY162218_TH-P	ACTCGTGCCACTCAATCTCAATTTGAAAAGTGGTATGAGGGAGTGAGGAATGATTACGGT	9622

X97251-TW	CTTAATGATAACGAAATGCAAGTAATGTTAAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9685
AY010722_TH-W	CTTAATGACAATGAGATGCAGGTGATGTTGAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9682
EU882728_TW-P	CTTAATGATAACGAGATGCAAAATAATGTTAAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9679
AY027810_TW-W	CTTAATGATAACGAAATGCAAGTAATGTTAAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9693
EU475877_IN-W	CTCAATGATAATGAGATGCAAGTGATGTTGAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9694
PRSV_TH-P SMK	CTTAATGATAACGAAATGCAAGTGATGTTAAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9682
EU126128_HA-P	CTTAATGATAATGAAATGCAAGTGATGCTAAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAGAAT	9679
X67673_TW-P	CTTAATGATAATGAAATGCAAGTGATGCTAAATGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAGAAT	9685
EF017707_IN-P	CTTAATGATGATGAAATGCAAGTGATGTTGAATGGCTTGATGGTTTGGTGTATCGAGAAT	9676
EF183499_CN-P	CTGAGTGATAACGAAATGCAGGTAATGTTAAACGGTTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9682
AY231130_MX-P	CTGAATGATAATGAAATGCAAGTGATGCTGAATGGCTTGATGGTTTGGTGTATCGAGAAT	9679
DQ374152_BZ-W	CTTAATGATAATGAAATGCAAAATAATGCTAAATGGCTTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAC	9685
AY162218_TH-P	CTTAATGATAACGAAATGCAGTTGATGTTAAATGGTCTGATGGTTTGGTGTATCGAAAAT	9682

X97251-TW	GGTACATCTCCAGATATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAAACCCAAGTCGAT	9745
AY010722_TH-W	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAAACCCAAGTCGAT	9742
EU882728_TW-P	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTAATGATGGATGGGGAAACCCAAGTCGAC	9739
AY027810_TW-W	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTGATGATGGATGGGGAAACCCAAGTTGAT	9753
EU475877_IN-W	GGAACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTAATGATGGATGGGGAGACCCAAGTGGAT	9754
PRSV_TH-P SMK	GGTACATCCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTGATGATGGATGGGGAAACCCAAGTCGAT	9742
EU126128_HA-P	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAAACCCAAGTTGAT	9739
X67673_TW-P	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAAACCCAAGTTGAT	9745
EF017707_IN-P	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAAATCCAAGTTGAT	9736
EF183499_CN-P	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAAACCCAAGTCGAT	9742
AY231130_MX-P	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAAATCCAAGTTGAC	9739
DQ374152_BZ-W	GGTACATCTCCAGACATATCTGGTGTCTGGGTTATGATGGATGGGGAGACCCAGGTTGAT	9745
AY162218_TH-P	GGTACATCTCCGACATATCTGGTGTCTGGGTAATGATGGATGGGGAAACCCAAGTCGAA	9742

X97251-TW	TATCCCATTAACCTTTGATTGAACACGCAACTCCTTCATTAGGCAAATCATGGCTCAC	9805
AY010722_TH-W	TATCCTATCAAACCTTTGATTGAGCACGCAACTCCTTCATTAGGCAAATCATGGCTCAC	9802
EU882728_TW-P	TATCCCATCAAACCTTTGCTTGAACACGCAACTCCTTCATTAGGCAAATCATAGCTCAC	9799
AY027810_TW-W	TATCCCATTAACCTTTGATTGAACACGCAACTCCTTCATTAGGCAAATCATGGCTCAC	9813
EU475877_IN-W	TATCCAATCAAGCCTTAAATTGAGCATGCTACTCCATCATTAGGCAAATCATGGCTCAC	9814
PRSV_TH-P SMK	TATCCCATCAAGCCTTTGATCGAACATGCAACTCCTTCGTTAGGCAAATCATGGCTCAC	9802
EU126128_HA-P	TATCCAATCAAGCCTTTAATTGAGCATGCTACTCCGTCATTAGGCAAATCATGGCTCAC	9799
X67673_TW-P	TATCCAATCAAGCCTTTGATTGAGCATGCTACTCCGTCATTAGGCAAATCATGGCTCAC	9805
EF017707_IN-P	TATCCGGTCAAGCCTTTAATTGAGCATGCTACTCCGTCATTAGGCAAGATTATGGCTCAC	9796
EF183499_CN-P	TACCCCATCAAACCTTTAATTGAGCACGCAACTCCTTCGTTAGACAGATCATGGCTCAC	9802
AY231130_MX-P	TATCCAATCAAGCCTTTAATTGAGCATGCTACCCGTCATTAGGCAAGATTATGGCTCAC	9799
DQ374152_BZ-W	TATCCAATCAAGCCTTTAATTGAGCACGCTACTCCGTCATTAGGCAAATCATGGCTCAT	9805
AY162218_TH-P	TATCCCATCAAACCTTTGATTGAACATGCAACTCCTTCATTAGGCAAATCATGGCTCAC	9802

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	TTCAGTAACGCGGCAGAGGCATACATCGCGAAGAGGAATGCAACTGAGAAGTACATGCCG	9865
AY010722_TH-W	TTTAGCAACGCGGCAGAGGCATACATTCGCAAAAGGAATGCAACTGAGAGGTACATGCCG	9862
EU882728_TW-P	TTCAGCAACGCGGCAGAGGCATACATCGCAAAAGAGGAATGCAATTGAGAGGTACATGCCG	9859
AY027810_TW-W	TTCAGTAACGCGGCAGAGGCATACATCGCAAAAGAGGAATGCAACTGAGAGGTACATGCCG	9873
EU475877_IN-W	TTCAGTAACGCGGCAGAGGCATACATCGCAAAAGAGGAATGCTACTGAGAGGTATATGCCG	9874
PRSV_TH-P SMK	TTCAGCAACGCGGCAGAGGCATACATCGCGAAGAGGAATGCTACTGAGAGGTACATGCCG	9862
EU126128_HA-P	TTTAGTAACGCGGCAGAGGCATACATTGCGAAGAGGAATGCTACTGAGAGGTATATGCCG	9859
X67673_TW-P	TTTAGTAACGCGGCAGAGGCATACATTGCGAAGAGGAATGCTACTGAGAGGTACATGCCG	9865
EF017707_IN-P	TTCAGCAACGCGGCAGAGGCATACATTACAAAGAGGAATGCCACTGAGAGGTACATGCCG	9856
EF183499_CN-P	TTTAGTAACGCGGCAGAGGCATACATTGCGAAGAGGAATGCAACTGAGAGGTACATGCCG	9862
AY231130_MX-P	TTTAGTAACGCGGCAGAGGCATATATTGCAAAAGAGGAATGCCACTGAGAGGTACATGCCG	9859
DQ374152_BZ-W	TTCAGTAACGCGGCAGAGGCATACATTGCGAAGAGGAATGCTACTGAGAGGTACATGCCG	9865
AY162218_TH-P	TTCAGTAACGCGGCAGAGGCATACATCGCGAAGAGGAACGCAACCGAGAGGTACATGCCG	9862
** * *		
X97251-TW	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGTCTCGCTAGATATGCTTTCGATTTC	9925
AY010722_TH-W	CGGTATGGAATCAAGAGGAATTTGACTGACATTAGCCTCGCTAGATATGCTTTCGATTTC	9922
EU882728_TW-P	CGGTATGGAATCAAGAGGAATTTGACTGACATTAGTCTCGCTAGATATGCTTTCGATTTC	9919
AY027810_TW-W	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGTCTCGCTAGATATGCTTTCGATTTC	9933
EU475877_IN-W	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGCCTCGCTAGATACGCTTTCGATTTC	9934
PRSV_TH-P SMK	CGGTATGGAATTAAGAGAAATTTGACTGACATTAGTCTCGCTAGATATGCTTTCGACTTC	9922
EU126128_HA-P	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGCCTCGCTAGATACGCTTTCGACTTC	9919
X67673_TW-P	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGCCTCGCTAGATACGCTTTCGACTTC	9925
EF017707_IN-P	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGCCTCGCTAGATACGCTTTCGATTTC	9916
EF183499_CN-P	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGCCTCGCTAGATATGCTTTCGATTTC	9922
AY231130_MX-P	CGGTATGGAATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGCCTCGCTAGATACGCTTTCGATTTC	9919
DQ374152_BZ-W	CGGTATGGGATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGTCTCGCTAGATACGCTTTCGATTTC	9925
AY162218_TH-P	CGGTATGGGATCAAGAGAAATTTGACTGACATTAGTCTCGCTAGATACGCTTTCGATTTC	9922
***** * *		
X97251-TW	TATGAGGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGTGAAGCTCATATGCAGATGAAGGCT	9985
AY010722_TH-W	TATGAGGTGAATTCAAAAACACCTGATAGGGCTCGTGAAGCTCATATGCAGATGAAAGCT	9982
EU882728_TW-P	TATGAGGTGAATTCAAAAACACCTGATAGGGCTCGTGAAGCTCATATGCAGATGAAGGCT	9979
AY027810_TW-W	TATGAGGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGTGAAGCTCATATGCAGATGAAGGCT	9993
EU475877_IN-W	TATGAGGTAAATTCAAAAACACCTGATAGGGCTCGTGAAGCGCACATGCAGATGAAAGCT	9994
PRSV_TH-P SMK	TATGAGGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGTGAAGCTCATATGCAGATGAAGGCT	9982
EU126128_HA-P	TATGAGGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGCGAAGCTCACATGCAGATGAAGGCT	9979
X67673_TW-P	TATGAGGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGCGAAGCTCACATGCAGATGAAGGCT	9985
EF017707_IN-P	TATGAAGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGCGAAGCTCACATGCAGATGAAAGCT	9976
EF183499_CN-P	TATGAGGTGAATTCAAAACTCCTGATAGGGCTCGTGAAGCTCATATGCAGATGAAAGCT	9982
AY231130_MX-P	TATGAGGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGCGAAGCTCACATGCAGATGAAAGCT	9979
DQ374152_BZ-W	TATGAGGTGAATTCGAAAACACCTGATAGGGCTCGCGAAGCTCACATGCAGATGAAGGCT	9985
AY162218_TH-P	TATGAGGTCAATTCGAAAACGCTGATAGAGCTCGTGAAGCTCATATGCAGATGAAAGCT	9982
***** * *		
X97251-TW	GCAGCGCTACGCAATACTAATCGCAAAATGTTTGGGAATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10045
AY010722_TH-W	GCAGCACTACGCAATACTGGTCGTAGAATGTTTGGGAATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10042
EU882728_TW-P	GCAGCGCTACGCAATACTAATCGCAGAATGTTTGGGAATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10039
AY027810_TW-W	GCAGCGCTACGCAATACTAATCGCAGAATGTTTGGGAATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10053
EU475877_IN-W	GCAGCACTGCAGAACACTAGTCGCAGGTTGTTTGGTATGGATGGCAGTGTGAGTAACAAG	10054
PRSV_TH-P SMK	GCAGCGCTGCGCAACACTAGTCGCAGAATGTTTGGGAATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10042
EU126128_HA-P	GCAGCGCTGCGCAACACCTAGTCGCAGAATGTTTGGTATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10039
X67673_TW-P	GCAGCGCTGCGAAACACCTAGTCGCAGAATGTTTGGTATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10045
EF017707_IN-P	GCAGCGTTGCGAAACACTAGTCGCAGAATGTTTGGTATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10036
EF183499_CN-P	GCAGCGCTGCGCAACACTAATCGCAGAATGTTTGGGAATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10042
AY231130_MX-P	GCAGCGCTGCGAAACACTAGTCGCAGAATGTTTGGTATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10039
DQ374152_BZ-W	GCAGCGCTGCGAAACACTAATCGCAGAATGTTTGGTATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10045
AY162218_TH-P	GCAGCGCTGCGCAATGCTAGTCGCAGAATGTTTGGGAATGGACGGCAGTGTGAGTAACAAG	10042
***** * *		

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAACAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10105
AY010722_TH-W	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAACAAAGACATGCACTCTCTCCTG	10102
EU882728_TW-P	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAACAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10099
AY027810_TW-W	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAACAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10113
EU475877_IN-W	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAATAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10114
PRSV_TH-P SMK	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTAAACAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10102
EU126128_HA-P	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAATAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10099
X67673_TW-P	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAATAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10105
EF017707_IN-P	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAATAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10096
EF183499_CN-P	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAACAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10102
AY231130_MX-P	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAATAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10099
DQ374152_BZ-W	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAATAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10105
AY162218_TH-P	GAAGAAAACACGGAGAGACACACAGTGGAAAGATGTCAACAGAGACATGCACTCTCTCCTG	10102

X97251-TW	GGTATGCGCAATTGAATACTCGCGCTAGTGTGTTTGTGTCGGGCCTGGCTCGACCCTGTTTC	10165
AY010722_TH-W	GGTATGCGCAATTGAATACTCGCGCTAGTGTGTTTGTGTCGGGCCTGGCTCGACCCTGTTTC	10162
EU882728_TW-P	GGTATGCGCAATTGAATACTCGCATTAGTGTGTTTGTGTCGGGCCTGGCTCGACCCTGTTTC	10159
AY027810_TW-W	GGTATGCGCAATTGAATACTCGCGCTAGTGTGTTTGTGTCGGGCCTGGCTCGACCCTGTTTC	10173
EU475877_IN-W	GGTATGCGCAACTGAATACTCGCGCTTGTGTGTTTGTGTCGGGCCTAGCTCGACCCTGTTTC	10174
PRSV_TH-P SMK	GGTATGCGCAATTGAATACTCGCACTTGTGTGTTTGTGTCGGGCCTGGATCCACCCTGTTTC	10162
EU126128_HA-P	GGTATGCGCAACTAAATACTCGCGCTTGTGTGTTTGTGTTGAGTCTGACTCGACCCTGTTTC	10159
X67673_TW-P	GGTATGCGCAACTAAATACTCGCGCTTGTGTGTTTGTGTTGAGTCTGACTCGACCCTGTTTC	10165
EF017707_IN-P	GGTATGCGCAACTGAATACTCGTGCTTGTGTGTTTGTGTCGAGCCTGGCTCGACCCTGTTTC	10156
EF183499_CN-P	GGTATGCGTAATTGAATACTCGCGCTAGTGTGTTTGTGTCGGGCCTGGCTCGACCCTGTTTC	10162
AY231130_MX-P	GGTATGCGCAACTGAATACTCGCGCTGGTGTGTTTGTGTCGAGCTCGACTCGACCCTGTTTC	10159
DQ374152_BZ-W	GGTATGCGCAACTGAATACTCGCGCTTGTGTGTTTGTGTTGGCCTGGCTCAACCCTGTTTC	10165
AY162218_TH-P	GGTATGCGCAATTGAATACTCGCGCTAGTGTGTTTATCGGCCTGGCTCGAACCTGTTTC	10162

X97251-TW	ACCTTATAATACTATGTAAGCATTAGAATATAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10225
AY010722_TH-W	ACCTTATAATACTATATAAGCATTAGAATACAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10222
EU882728_TW-P	ACCTTATAATACTATATAAGCATTAGAATACAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10219
AY027810_TW-W	ACCTTATAATACTATGTAAGCATTAGAATACAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10233
EU475877_IN-W	GCCTTATAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10234
PRSV_TH-P SMK	ACCTTATAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10222
EU126128_HA-P	ACCTTATGGTACTATATAAGCATTAGAATACAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10219
X67673_TW-P	ACCTTATGGTACTATATAAGCATTAGAATACAGAGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10225
EF017707_IN-P	ACCTTATAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10216
EF183499_CN-P	ACCTTATAATACTATATAAGCATTAGAATATAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10222
AY231130_MX-P	ACCTTATAGTACTAAATAAGCATTAGAATACAGTGTGGCTGTGCCACCACTTCTATTTTA	10219
DQ374152_BZ-W	ACCTTATGTTACTATATAAGCATTAGAATACAGTGTGGCTGCGCCACCGCTTCTACTTTA	10225
AY162218_TH-P	ACCTTATAGTACTATATAAGCATTAGAATACAATGTGGCTGCGCCACCGCTTCTATTTTA	10222

X97251-TW	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10285
AY010722_TH-W	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10282
EU882728_TW-P	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10279
AY027810_TW-W	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACATT	10293
EU475877_IN-W	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10294
PRSV_TH-P SMK	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTGTATTTCGCGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10282
EU126128_HA-P	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10279
X67673_TW-P	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10285
EF017707_IN-P	TAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10276
EF183499_CN-P	TAGTGAGGGTTGCCCTCCGTGCTTTTAGTATATTTCGAGTTCTTTGAGTTTCCATACAGT	10282
AY231130_MX-P	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10279
DQ374152_BZ-W	TAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATCATTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10285
AY162218_TH-P	CAGTGAGGGTAGCCCTCCGTGCTTTTAGTATATTTCGAGTTCTCTGAGTCTCCATACAGT	10282

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)

X97251-TW	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTGAATGAGAG	10326
AY010722_TH-W	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10323
EU882728_TW-P	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTGAATGAGAG	10320
AY027810_TW-W	GTGGGTGGCCACGCGCTATTCGAGCCTCTTGAATGAGAG	10334
EU475877_IN-W	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10335
PRSV_TH-P SMK	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10323
EU126128_HA-P	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10320
X67673_TW-P	GTGGGTGGCCACGTGATATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10326
EF017707_IN-P	GTGGGTGGCCACGTGTTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10317
EF183499_CN-P	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAACCTCTTGAATGAGAG	10323
AY231130_MX-P	GTGGGTGGCCACGTGTTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10320
DQ374152_BZ-W	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10326
AY162218_TH-P	GTGGGTGGCCACGTGCTATTCGAGCCTCTTAGAATGAGAG	10323
***** * * * * * * * * * * * * * * * * *		

ภาพผนวกที่ ข1 (ต่อ)



ภาคผนวก ค

ผลเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมของเชื้อไวรัสใบด่างจูดวงแหวน สายพันธุ์สมุทรสาคร (PRSV-SMK) กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

ภาพผนวกที่ ๑1 ผลเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของจีโนมของเชื้อ PRSV-SMK กับฐานข้อมูลที่มีรายงานใน GenBank 12 accession

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

X97251_TW-P TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 EU882728_TW-P TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 AY027810_TW-W TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 EF183499_CN-P TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 AY162218_TH-P TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 PRSV_TH-P SMK TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFARDPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 AY010722_TH-W TMHVIDSFGSVDSGYHILNANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 EU126128_HA-P TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFARDPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 X67673_TW-P TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFARDPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 AY231130_MX-P TMHVIDSFGSVDSGYHMLKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 DQ374152_BZ-W TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1020
 EF017707_IN-P TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEMKEYIVGGFDPPTTSCHLHLIRV 1019
 EU475877_IN-W TMHVIDSFGSVDSGYHILKANTVNQLIQFAREPLDSEIEALHCGFDPPTTSCHLHLIRV 1019
 *****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

X97251_TW-P IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 EU882728_TW-P IYKPHELNRNLLRNEPYLMVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 AY027810_TW-W IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 EF183499_CN-P IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 AY162218_TH-P IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALSYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 PRSV_TH-P SMK IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 AY010722_TH-W IYKPHELNRNLLRNEPYLVVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 EU126128_HA-P IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 X67673_TW-P IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAVEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 AY231130_MX-P IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 DQ374152_BZ-W IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALSYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1080
 EF017707_IN-P IYKPHELNRNLLRNEPYLIVIAMMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1079
 EU475877_IN-W IYKPHELNRNLLRKEPYLIVIALMSPSVLLTLFNSGAIEHALNYWIKRDQDVVEVIVLVEQ 1079
 *****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

X97251_TW-P LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 EU882728_TW-P LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 AY027810_TW-W LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 EF183499_CN-P LCRKVTTLARTILEQFNGIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 AY162218_TH-P LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 PRSV_TH-P SMK FCRKVTTLARTILDQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 AY010722_TH-W LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 EU126128_HA-P LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 X67673_TW-P LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 AY231130_MX-P LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 DQ374152_BZ-W LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1140
 EF017707_IN-P LCRKVTTLARTILEQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLP 1139
 EU475877_IN-W LCRKVTTLARTILDQFNEIRQNARDIHELMDRNNKPWISYDRSLELLSVYANSQLTDEGLL 1139
 *****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

X97251_TW-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 EU882728_TW-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYATLLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 AY027810_TW-W KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 EF183499_CN-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 AY162218_TH-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYAVLLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 PRSV_TH-P SMK KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 AY010722_TH-W KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 EU126128_HA-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYATLLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 X67673_TW-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYATLLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 AY231130_MX-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYATLLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 DQ374152_BZ-W KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1200
 EF017707_IN-P KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1199
 EU475877_IN-W KQGFSTLDPRLREAVEKTYAALLQEEWRALSFLQKLHLRYFAFKSQPSFSEYLPKPKGRAD 1199
 *****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

X97251_TW-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KTLLQPIKAGAKITSHLINGCGTFIRKSAARGCAYIFKD	1256
EU882728_TW-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KTLLQPIKVGAKIASRLINGCGTFIRKSAARGCAYIFKD	1256
AY027810_TW-W	LKVAYDFSPKVCVHEVG----	KTLLQPIKVGAKITSRLINGCGTFIRKSAARGCAYIFKD	1256
EF183499_CN-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KALLQPIKAGAEVASRVNCGGTFIRKSAAGCAYIFKD	1256
AY162218_TH-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KALLRPIEAGAKITSRFMSGCGTFIRKSAARGCAYIFKD	1256
PRSV_TH-P SMK	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KALLQPIKAGVEVTSRLINGCGTFIRKSAARGCAYIFKD	1256
AY010722_TH-W	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KALLQPIKAGAEITSRLNCGGTFIRKSAARGCAYIFKD	1256
EU126128_HA-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KAFLPVKAGAKIASRIINVCAGAFIRKSAAGCAYIFKD	1256
X67673_TW-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KAFLLPVKAGAKIASRIINCGGAFIRKSAAGCAYIFKD	1256
AY231130_MX-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KAFLPVVRAGAKIASRVINGCGTFIRKSAAGCAYIFKD	1256
DQ374152_BZ-W	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KALLHPVKAGAEITSRMINGCGVFIKSAAGCAYIFKD	1256
EF017707_IN-P	LKIVYDFSPKVCVHEVG----	KTVLPKIGTGAETASRIINGCGTFIRKSAARGCAYIFKD	1255
EU475877_IN-W	LKIVYDFSPKVCVHEVGKAFGALLQPVKAGAEIASRAISGCGTFIGKSAARGCAYIFKD	1259	
	:**	*:* *:.*. :*: :. **.* :*.:*****	
X97251_TW-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
EU882728_TW-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
AY027810_TW-W	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
EF183499_CN-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
AY162218_TH-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
PRSV_TH-P SMK	PFQFVHVVLVLSILLQIFRSVQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
AY010722_TH-W	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
EU126128_HA-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
X67673_TW-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
AY231130_MX-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRNAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
DQ374152_BZ-W	LFQFVHVVLVLSILLQIFRNAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1316	
EF017707_IN-P	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSVQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1315	
EU475877_IN-W	LFQFVHVVLVLSILLQIFRSAQGIATEHIQLKQAKAEVEKQKDFDRLEALYAEKLVKSGE	1319	
	*****:*****	***.***:***** * *.:*****:*. * *	
X97251_TW-P	QPTFEFFLDFVMEREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
EU882728_TW-P	QPTFEFFLDFVMEREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
AY027810_TW-W	QPTFEFFLDFVMEREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
EF183499_CN-P	QPTAEFFLDFVIDREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
AY162218_TH-P	QPTAEFFIDFVMEREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
PRSV_TH-P SMK	QPTTEFFLDFVMDREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
AY010722_TH-W	QPTTEFFLDFVMEREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
EU126128_HA-P	QPTAEFFLDCVMEREPRKLDQAYNLVYHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
X67673_TW-P	QPTTEFFLDFVMEREPRKLDQAYNLVYHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
AY231130_MX-P	QPTAEFFIDFVKEPRKLDQAYNLVYHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
DQ374152_BZ-W	QPTAEFFLDFVMEREPRLEGQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1376	
EF017707_IN-P	QPTAEFFLDFVMEREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1375	
EU475877_IN-W	QPTAEFFIDFVMEREPRKLDQVYSLIHPVIHQAKSDNEKKLEQVIAFITLILMMIDVDK	1379	
	*** ***: * *	*****:*. * *:***** *****:*****:*****:*****:*****	
X97251_TW-P	SDCVYRILNKFKGVIKSCNSDVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
EU882728_TW-P	SDCVYRILNKFKGVIKSCNTDVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDINGENQINRGPIDVTF	1436	
AY027810_TW-W	SDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
EF183499_CN-P	SDCVYKILNKFKGVINSCNTSVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
AY162218_TH-P	SDCVYRILNKFKGVIKSCNTNVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
PRSV_TH-P SMK	SDCVYRILNKFKGVIKSCNTDVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
AY010722_TH-W	SDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
EU126128_HA-P	SDCVYRILNKFKGVINSSNANVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
X67673_TW-P	SDCVYRILNKFKGVINSSNTNVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
AY231130_MX-P	SDCVYRILNKFKGVIKSCANDVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
DQ374152_BZ-W	SDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGENQINRGPIDVTF	1436	
EF017707_IN-P	SDCVYRILNKFKGVIKSCANDVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGESQINRGPIDVTF	1435	
EU475877_IN-W	SDCVYRILNKFKGVINSCNTNVYHQSLDDIRDFYEDKQLTIDFDITGETQINRGPIDVTF	1439	
	*****:*****	*. * *****:***** ***** *	

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

X97251_TW-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 EU882728_TW-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 AY027810_TW-W TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 EF183499_CN-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 AY162218_TH-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 PRSV_TH-P SMK TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 AY010722_TH-W TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 EU126128_HA-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 X67673_TW-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 AY231130_MX-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 DQ374152_BZ-W TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1736
 EF017707_IN-P TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1735
 EU475877_IN-W TKIDGRMTKVGKTEISTSGTKSKKHFIVATNIIENGVTLDIEAVIDFGMKVVPEDSDNR 1739
 *****:***** * ***** ***** *****
 X97251_TW-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 EU882728_TW-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 AY027810_TW-W MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 EF183499_CN-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 AY162218_TH-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 PRSV_TH-P SMK MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 AY010722_TH-W MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 EU126128_HA-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 X67673_TW-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 AY231130_MX-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 DQ374152_BZ-W MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1796
 EF017707_IN-P MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1795
 EU475877_IN-W MIRYSKQAVSFGERIQRLGRVGRHKEGIALRIGHTTEKGIQEIPEMAATEAAFLSFTYGLP 1799
 *****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****
 X97251_TW-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 EU882728_TW-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 AY027810_TW-W VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 EF183499_CN-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 AY162218_TH-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 PRSV_TH-P SMK VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 AY010722_TH-W VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 EU126128_HA-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 X67673_TW-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 AY231130_MX-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 DQ374152_BZ-W VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1856
 EF017707_IN-P VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1855
 EU475877_IN-W VMTHNVGLSLLKNCTVRQARTMQQYELSPFFTQNLVNFDDGTVHPKIDVLLRPYKLRDCEI 1859
 *****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****
 X97251_TW-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 EU882728_TW-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 AY027810_TW-W RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 EF183499_CN-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 AY162218_TH-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 PRSV_TH-P SMK RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 AY010722_TH-W RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 EU126128_HA-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 X67673_TW-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 AY231130_MX-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 DQ374152_BZ-W RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1916
 EF017707_IN-P RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1915
 EU475877_IN-W RLSEAAIPHGVSQSIWMSAREYEAVGGRLCLES DVRI PFLIKDVPERLYRELWDIVQTYKR 1919
 *****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

X97251_TW-P	YQENHIASKVSETSIISEGMGEFGSHWISTNDGDCGNPLVSVSDGYIVGLHSLSTSTGDO	2456
EU882728_TW-P	YQENHIASKVSETSIISEGMGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGYIVGLHSLSTSTGDO	2456
AY027810_TW-W	YQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGYIVGLHSLSTSTGDO	2456
EF183499_CN-P	YQENHIASKVSETSIISEGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGYIVGLHSLSPSNGDO	2456
AY162218_TH-P	YQENHIASKVSETSIIISDGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGFIVGLHSLSTSTGDO	2456
PRSV_TH-P SMK	YQENHIASKVSETSIISEGMGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGYIVGLHSLSTSTGDO	2456
AY010722_TH-W	YQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGFIVGLHSLSTSTGDO	2456
EU126128_HA-P	YQENHIASKVSETSIISEGTGDFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGFIVGLHSLSTSTGDO	2456
X67673_TW-P	YQENHIASKVSETSIISEGTGDFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGFIVGLHSLSTSTGDO	2456
AY231130_MX-P	YQENHIASKVSETSIISEGTGDFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGFIVGLHSLSTSTGDO	2456
DQ374152_BZ-W	YQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGFIVGLHSLSTSTGDO	2456
EF017707_IN-P	YQENHIASKVSETSIISEGSGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSGGFIVGLHSLSTSTGDO	2455
EU475877_IN-W	YQENHIASKVSETSIISEGTGEFGCHWISTNDGDCGNPLVSVSDGFIVGLHSLSTSTGDO	2459
	*****:*.***	
X97251_TW-P	NFFAKIPAFFEEKVLRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLN	2516
EU882728_TW-P	NFFAKIPEFFEEKVLRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWDSRPEAIFNAQKIDINQLN	2516
AY027810_TW-W	NFFAKIPAFFEEKVLRRIDDLTWSKHWSYNVNELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLN	2516
EF183499_CN-P	NFFAKIPAFFEEKVLRRIDDLTWSKQWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLN	2516
AY162218_TH-P	NFFAKIPALFEEKILRQIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEIDQLN	2516
PRSV_TH-P SMK	NFFAKIPAFFEEKVLRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLN	2516
AY010722_TH-W	NFFAKIPAFFEEKVLRRIDDLTWSKHWSYNVNELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEIDQLN	2516
EU126128_HA-P	NFFAKIPAQFEKVLRRIDDLTWSQHWNYNINELSWGTLKVWDSRPEAIFNAQKEVNQLN	2516
X67673_TW-P	NFFAKIPAQFEKVLRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEVNQLN	2516
AY231130_MX-P	NFFAKIPAQFEKVLRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEVNQLN	2516
DQ374152_BZ-W	NFFAKIPAQFEKVLRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEVNQLN	2516
EF017707_IN-P	NFFAKIPAQFEESVLRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLN	2515
EU475877_IN-W	NFFAKIPALFEEKILRRIDDLTWSKHWSYNINELSWGALKVWESRPEAIFNAQKEINQLN	2519
	*****:*.***	
X97251_TW-P	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRSYLECNEEAKTFFNPLMG	2576
EU882728_TW-P	VFEQSGSRWLFDKLHDNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRSYLECNEEAKTFFNPLMG	2576
AY027810_TW-W	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECNEEAKTFFSPLMG	2576
EF183499_CN-P	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECDEEAKTFFNPLMG	2576
AY162218_TH-P	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECDEEAKAFFSPLMG	2576
PRSV_TH-P SMK	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECDEEAKAFFSPLMG	2576
AY010722_TH-W	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGVCPLFRSYLECDEEAKAFFSPLMG	2576
EU126128_HA-P	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECDEEAKAFFSPLMG	2576
X67673_TW-P	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECDEEAKAFFSPLMG	2576
AY231130_MX-P	AFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECDEEAKAFFSPLMG	2576
DQ374152_BZ-W	VFEQSGSRWLFDKLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLECDEEAKVFFSPLMG	2576
EF017707_IN-P	VFEQSGSRWLFDRHLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLESDEEAKAFFSPLMG	2575
EU475877_IN-W	VFEQSGSRWLFDRHLHGNLKGVSASSNLVTKHVVKGICPLFRNYLESDEEAKAFFSPLMG	2579
	*****:*.***	
X97251_TW-P	HYMKSVLKSKEAYVKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEESVAQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2636
EU882728_TW-P	HYMKSVLKSKEAYVKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEESVTQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2636
AY027810_TW-W	HYMKSVLKSKEAYVKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEESVAQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2636
EF183499_CN-P	HYMRSVLKSKEAYVKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEESVEQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2636
AY162218_TH-P	HYMKSVLKSKEAYVKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEESVAQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2636
PRSV_TH-P SMK	HYMKSVLKSKEAYVKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEESVQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2636
AY010722_TH-W	HYMKSVLKSKEAYVKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEDSVAQVIELLNDHECPELEYITDSEV	2636
EU126128_HA-P	HYMKSVLKSKEAYIKDLMKYSSDIVGEVNHDFEDSVAQVIELLNDHECPELEYITDSEV	2636
X67673_TW-P	HYMKSVLKSKEAYIKDLMKYSSDIVGEVNHDFEDSVAQVIELLNDHECPELEYITDSEV	2636
AY231130_MX-P	HYMKSVLKSKEAYIKDLFKYSSDIVGEVNHDFEDSVAQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2636
DQ374152_BZ-W	HYMKSILKSKEAYTKDLMKYSSDIVGEVDHDFEDSVAQVIELLNDHECPELEYITDSEV	2636
EF017707_IN-P	HYMKSVLKSKEAYIKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEDSVAQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2635
EU475877_IN-W	HYMKSVLKSKEAYIKDLMKYSSDIIVGEVDHDFEDSVAQVVELLNDHECPELEYITDSEV	2639
	*****:*.***	

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

ภาพผนวกที่ ค1 (ต่อ)

ประวัติการศึกษาและการทำงาน

ชื่อ-นามสกุล	นางสาววิจิตรา โขบุญ
เกิดวันที่	7 พฤษภาคม 2529
สถานที่เกิด	อำเภอท่าใหม่ จังหวัดจันทบุรี
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (การจัดการศัตรูพืช) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ตำแหน่งปัจจุบัน	-
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	-
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	ทุนอุดหนุนงานวิจัยจากศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กระทรวงศึกษาธิการ
ผลงานทางวิชาการ	- นำเสนอผลงานทางวิชาการแบบบรรยายไทย เรื่อง การสร้างเชื้อไวรัส ใบด่างจูดวงแหวนมะละกอสายพันธุ์อ่อนกำลัง เพื่อการควบคุมโรค ในการประชุมทางวิชาการพืชสวนแห่งชาติ ครั้งที่ 8 พ.ศ. 2552 - นำเสนอผลงานทางวิชาการแบบโปสเตอร์ เรื่อง <i>Papaya ringspot virus</i> (PRSV) genome sequences for controlling ในการประชุมทาง วิชาการระดับนานาชาติ ISSAAS International Congress 2009