

ส่วนที่ 2

รายงานผลการวิจัยฉบับสมบูรณ์
 โครงการวิจัยทุนอุดหนุนวิจัย มก. ประจำปีงบประมาณ 2553
 โครงการวิจัยรหัส ก-๒(ด)103.51

ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อไฟโตพลาสมาสาเหตุโรคแตกพุ่มฝอยของงา
 Study of Genetic Diversity of Phytoplasma Associated with Phyllody Diseases of Sesame

(1)สุภาพร กลิ่นคง,(2) คณิงนิตย์ เจริญวารากร

(1)Supaporn Klinkong, (2) Kanungnit Reanwarakorn

บทคัดย่อ

ต้นงาที่แสดงอาการของโรคแตกพุ่มฝอยที่เก็บมาจากแหล่งปลูกงาสำคัญ 10 จังหวัดในประเทศไทย นำมาทำการเพิ่มปริมาณยีน 16 S rRNA และ secY ด้วยเทคนิค polymerase chain reaction (PCR) โดยใช้ไพรเมอร์ R16F2/R16R2 และ AYsecYF1/AYsecYR1 ได้แถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1,200 และ 1,300 คู่เบส ตามลำดับ นำข้อมูลของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA ที่ได้จาก 15 ไอโซเลท เปรียบเทียบกับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อไฟโตพลาสมาที่เป็นตัวแทนกลุ่ม 15 กลุ่ม คือ 16Srl-16SrXV พบว่าเชื้อจัดอยู่ในกลุ่ม 16Srl (Aster yellows group) และ 16SrlI (Peanut witches'-broom group) โดยมีค่าความคล้ายคลึงของลำดับนิวคลีโอไทด์ ≥ 97.5 เปอร์เซ็นต์ และจัดกลุ่มย่อยด้วยยีน 16S rRNA โดยการวิเคราะห์จากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rRNA ด้วยเทคนิคการวิเคราะห์ *in silico* restriction fragment length polymorphism (RFLP) พบว่า เชื้อจัดอยู่ในกลุ่มย่อย 16Srl-B และ 16SrlI-A โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึง > 0.97 ส่วนการจัดกลุ่มโดยใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน secY ของเชื้อกลุ่ม 16Srl ที่นำมาศึกษา เปรียบเทียบกับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อไฟโตพลาสมาที่เป็นตัวแทนกลุ่ม 11 กลุ่ม พบว่า เชื้อทั้ง 8 ไอโซเลท จัดอยู่ในกลุ่ม SecY-I

คำสำคัญ : งา, โรคแตกพุ่มฝอย, ไฟโตพลาสมา, ยีน 16S rDNA, ยีน secY

ABSTRACT

Sesame plants (*Sesamum indicum* L.) with phyllody symptoms were collected from sesame plantations in 10 provinces of Thailand. The 16S rRNA and *secY* genes of phytoplasma were amplified by the polymerase chain reaction (PCR) using specific primers pairs of R16F2/R16R2 and AYsecYF1/AysecYR1 which the expect amplified PCR products size of 1,200 and 1,300 bp respectively. Fifteen isolates of sesame phyllody phytoplasma were identified by using nucleotide sequences of 16S rRNA gene and further analyzed for the relationship with reference phytoplasma strains (16SrI-16SrXV group). The results indicated that the phytoplasma associated with sesame phyllody grouped into the 16SrI (Aster yellows group) and 16SrII (Peanut witches'-broom group) with $\geq 97.5\%$ similarity. The subgroup of phytoplasmas were identified by *in silico* analysis of 16S rRNA restriction fragment length polymorphism (RFLP). The RFLP patterns of 16S rRNA gene sequence were classified as a 16SrI-B and 16SrII-A subgroup with a similarity coefficient > 0.97 . Result of phylogenetic tree analysis of *secY* gene sequences of 8 isolates, which grouped in the 16SrI, were classified as SecY-I group.

Keywords: Sesame, Phyllody, 16S rDNA gene, SecY gene

(1) ภาควิชาโรคพืช คณะเกษตร กำแพงแสน

(1) Faculty of Agriculture

(2) คณะเกษตร กำแพงแสน

(2) Faculty of Agriculture