

## สารบัญเรื่อง

บทคัดย่อภาษาไทย	iii
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	v
บทสรุปสำหรับผู้บริหาร	vii
สารบัญเรื่อง	viii
สารบัญตาราง	ix
สารบัญภาพ	x
บทนำ	1
วัตถุประสงค์	3
วิธีดำเนินการวิจัย	3
ผลการวิจัย	9
งานที่จะทำต่อในอนาคต	54
ผลงานวิจัยที่ตีพิมพ์ในวารสารวิชาการระดับนานาชาติ	55

## สารบัญตาราง

<b>Table 1</b>	Quantitative data and the statistical analysis of the intensity volume of the spots between the three different groups of study.	17
<b>Table 2</b>	Identification of altered proteins observed in the study.	21
<b>Table 3</b>	Identification of altered proteins between the affected and the control groups.	23
<b>Table 4</b>	Functional categories and sub-cellular localizations of all the proteins identified in the study.	24
<b>Table 5</b>	Identification of altered proteins between the unaffected and the control groups.	28
<b>Table 6</b>	Identification of altered proteins between the affected and the unaffected groups.	30

## สารบัญภาพ

<b>Figure 1</b>	Assessment of the purity of fibroblasts from the cultured skin biopsy.	10
<b>Figure 2</b>	Western blot analyses for assessment of mitochondrial enrichment and purity.	12
<b>Figure 3</b>	Mitochondrial proteomic profile of seven different affected LHON fibroblasts.	13
<b>Figure 4</b>	Mitochondrial Proteomics profile of three different unaffected LHON fibroblasts.	14
<b>Figure 5</b>	Mitochondrial Proteomics profiles of five different control fibroblasts.	15
<b>Figure 6</b>	Representative proteome map of differentially expressed Protein.	16
<b>Figure 7</b>	List of proteins identified in each comparison.	31
<b>Figure 8</b>	Validation of proteomic data by western blot analysis.	32
<b>Figure 9</b>	Validation of proteomic data by western blot analysis.	33
<b>Figure 10</b>	Protein-protein interaction network of identified proteins which were significantly different between the affected and the control groups based on STRING 9.0 database.	36
<b>Figure 11</b>	Summary of possible major metabolic pathway derangement observed in affected and unaffected LHON fibroblasts comparing the control based on the 2DE proteomic result.	40