

อรอนงค์ พริงสุลกะ. (2549). การศึกษาสมบัติของไวรัสโอฟาจที่แยกจากตัวอย่างน้ำทะเลและอาหารทะเลดิบในประเทศไทย. กรุงเทพฯ : มหาวิทยาลัยศรีนครินทรวิโรฒ.

งานวิจัยนี้ได้ทำการคัดแยกและจัดจำแนกแบคทีเรียในจลินส์ไวรัสโอและไวรัสโอฟาจ จากตัวอย่างน้ำทะเลและอาหารทะเลดิบในประเทศไทย ทั้งหมด 102 ตัวอย่าง พบว่าสามารถคัดแยกแบคทีเรียได้ทั้งหมด 80 ไอโซเลท เมื่อตรวจสอบลักษณะเบื้องต้นของแบคทีเรียดังกล่าว พบว่ามีรูปร่างเป็นท่อนโค้ง ติดสีแกรมลบ และสร้างเอนไซม์ออกซิเดสได้ จึงจัดอยู่ในจลินส์ไวรัสโอ และเมื่อทดสอบสมบัติทางชีวเคมีอื่น พบว่าเป็น *Vibrio parahaemolyticus* 28 ไอโซเลท *V. vulnificus* 48 ไอโซเลท *V. alginolyticus* 3 ไอโซเลท และ *V. damsela* 1 ไอโซเลท จากนั้นนำ *V. parahaemolyticus* ที่คัดแยกได้มาเป็นโฮสต์สำหรับแยกไวรัสโอฟาจ โดยใช้เทคนิคการทำอาหารวุ้นสองชั้น (double agar layer method) และตรวจสอบพลาค (plaque) สามารถแยกไวรัสโอฟาจได้ 9 ตัว ได้แก่ ฟาจ Vp2, Vp4, Vp6, Vp7, Vp8, Vp9, Vp10, Vp15 และ Vp28 ซึ่งไวรัสโอฟาจ แต่ละตัวมีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางของพลาคแตกต่างกันตั้งแต่ 0.5-2 มิลลิเมตร พบทั้งพลาคใสและ พลาคขุ่น เมื่อนำไปศึกษารูปร่างภายใต้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องผ่าน พบว่าไวรัสโอฟาจทั้งหมดมีส่วนหัวเป็นรูปหกเหลี่ยม มีเส้นผ่าศูนย์กลางเฉลี่ยอยู่ในช่วง 53.33-93.33 นาโนเมตร มีส่วนหางที่มีความยาวเฉลี่ยอยู่ในช่วง 66.67-233.33 นาโนเมตร สามารถจัดอยู่ใน Family Myoviridae และ Family Siphoviridae เมื่อนำฟาจทั้ง 9 ตัวไปศึกษาโฮสต์-เรนจ์หรือความสัมพันธ์ในการติดเชื้อมีกับ *V. parahaemolyticus* ทั้ง 28 ไอโซเลทนอกเหนือจากโฮสต์ที่ใช้แยกฟาจ พบว่าฟาจทั้ง 9 ตัว สามารถทำให้เกิดการติดเชื้อมีกับ *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์อื่นได้ เมื่อนำมาทดสอบกับแบคทีเรียต่างสปีชีส์ คือ *V. vulnificus* 15 ไอโซเลท *V. alginolyticus* 2 ไอโซเลท และ *V. damsela* 1 ไอโซเลท พบว่ามีโฮสต์-เรนจ์ต่างกัน อย่างไรก็ตามไวรัสโอฟาจทั้ง 9 ตัว ไม่สามารถทำให้เกิดการติดเชื้อแบคทีเรียจลินส์อื่นที่นำมาทดสอบได้

Onanong Pringsulaka. (2006). *Characterization of vibriophages isolated from sea water and raw seafood in Thailand*. Bangkok: Srinakharinwirot University.

*Vibrio* spp. and vibriophages from sea water and raw seafood in Thailand were isolated. From a total of 102 samples, 80 isolates of suspected-bacteria were obtained. All of them were gram-negative, curve-rod shaped and oxidase positive. Thus, they are most likely belonged to the genus *Vibrio*. Twenty-eight isolates were identified as *V. parahaemolyticus*, 48 isolates as *V. vulnificus*, 3 isolates as *V. alginolyticus* and 1 isolate as *V. damsela*. The twenty-eight isolates of *V. parahaemolyticus* were employed as hosts for isolation of phages using double agar layer method. Isolated phages including Vp2, Vp4, Vp6, Vp7, Vp8, Vp9, Vp10, Vp15 and Vp28 produced clear and turbid plaques with entire edges varying from 0.5-2 mm in diameter. Electron micrographs indicated that all phage heads were of an icosahedral form, head size and length of tail varying from 53.33-93.33 nm and 66.67-233.33 nm, respectively. On the basis of the morphology, the phages belong to the families Myoviridae and Siphoviridae. Host-range determination revealed that all 9 strains were capable of infecting the 28 isolates of *V. parahaemolyticus*. Further study on host-range among different species, 15 isolates of *V. vulnificus*, 2 isolates of *V. alginolyticus* and 1 isolate of *V. damsela*, showed that all phages had different host-range patterns and unable to infect other genera used.