สารบัญเรื่อง

	หน้า
บทนำ	1
ทฤษฎี สมมติฐาน และกรอบแนวความคิดของโครงการวิจัย	3
วิธีการดำเนินการวิจัย	13
ผลการวิจัยและวิจารณ์	23
สรุปผลการวิจัย	54
บรรณานุกรม	56
ประวัติและผลงานวิจัยที่สำคัญของนักวิจัย	75

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1:	ยีนที่ใช้ในการระบุสกุล, ชนิด หรือ serovar ของเชื้อแบคทีเรีย, ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ primer, สภาวะที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR และขนาดของ PCR product	15
2:	เทคนิค multiplex PCR ที่ใช้ในการระบุชนิดของ *Vibrio*	16
3:	ยีนควบคุมการก่อโรค, ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ primer และสภาวะที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR	17
4:	จำนวนเชื้อที่มีลักษณะโคโลนีบนอาหารคัดเลือกเช่นเดียวกับ *Esc. coli*, *Salmonella*, *Shigella* และ *Vibrio* ในตัวอย่างอาหารทะเล	24
5:	ผลการเปรียบเทียบ % identity ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน 16S rDNA จากเชื้อแบคทีเรียที่แยกได้	28
6:	ผลการเกิด PCR product ของยีนควบคุมการก่อโรค 8 ยีนที่พบในเชื้อ 40 สายพันธุ์	38
7:	ผลการเปรียบเทียบ % identity ของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนควบคุมการก่อโรคที่ตรวจพบในเชื้อแบคทีเรียแต่ละสกุล	40
8:	ผลการเกิด PCR product ซึ่งแสดงถึงการแสดงออกของยีนควบคุมการก่อโรค 8 ยีนใน 10 สภาวะทดสอบ	48
9:	ผลของการแสดงออกของยีน *csgD* และ *uge* ที่มีต่อการเจริญของเชื้อ, การเคลื่อนที่ และการสังเคราะห์ biofilm ของ *Enterobacter* sp. SFSS13	52
10:	ผลของการแสดงออกของยีน *kfu* ที่มีต่อการเจริญของเชื้อ *Klebsiella* sp. SFSS 17	52

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1:	รูปแบบ ERIC-PCR ของเชื้อ 40 สายพันธุ์ที่แยกได้จากอาหารทะเล	26
2:	PCR product ของยีน *phoA*, ยีน *fimC* และ Sdf I fragment	36
3:	PCR product ของยีน *cnf2*, *csgD*, *kfu*, *LTI, ssaO*, *tlh*, *uge* และ *vt2e*	39
4:	Phylogentic tree ที่สร้างจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *csgD* ที่พบในเชื้อ 3 สกุล ได้แก่ *Citrobacter*, *Enterobacter* และ *Klebsiella* และเชื้ออ้างอิง	41
5:	Phylogentic tree ที่สร้างจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *LTI* ที่พบในเชื้อ 3 สกุล ได้แก่ *Citrobacter*, *Esc. coli* และ *Hafnia* (*Obesumbacterium*) และเชื้ออ้างอิง	42
6:	Phylogentic tree ที่สร้างจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *uge* ที่พบในเชื้อ 2 สกุล ได้แก่ *Klebsiella* และ *Enterobacter* และเชื้ออ้างอิง	42
7:	PCR product ของยีน *csgD*, *kfu*, *tlh* และ *uge* ที่มีการแสดงออกในสภาวะทดสอบ	49