

169846

ปรีชา ภักดีวิโรจน์ : ความชุกและการจำแนกยีนโพลีเมอเรสของลิมโฟคริปโตไวรัสในชะนี (PREVALENCE AND CHARACTERIZATION OF POLYMERASE GENE OF GIBBON LYMPHOCRYPTOVIRUS) อ. ที่ปรึกษา : ศ.นพ.ยง ภู่วรวรรณ, อ. ที่ปรึกษา ร่วม รศ. นสพ. ดร. คณิศศักดิ์ อธิวิระกุล, ผศ. ดร. วนิดา นพพรพันธุ์, 149 หน้า. ISBN 974-53-1650-4.

ลิมโฟคริปโตไวรัส (Lymphocryptovirus: LCV) เป็นไวรัสในจีนัส *gammaherpesvirinae* ที่สามารถก่อให้เกิดโรคได้ทั้งในคนและสัตว์ LCV ที่ถูกค้นพบในชะนีนีมีลักษณะทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับ Epstein-Barr virus (EBV) ซึ่งเป็นไวรัสที่ก่อโรคในคน โดยไวรัสทั้งสองชนิดนี้มีลักษณะทางชีววิทยาร่วมกันและมีรูปแบบการกระจายของเชื้อใกล้เคียงกัน จากการศึกษาความชุกและการจำแนกเชื้อ LCV ในชะนีจำนวน 70 ตัว ประกอบด้วย ชะนีมือขาว 51 ตัว ชะนีมงกุฎ 18 ตัว และชะนีมือดำ 1 ตัว โดยได้ทำการตรวจหาเชื้อ LCV จาก PBMC ของชะนีด้วยวิธี semi-nested PCR ที่ใช้ primer ต่อส่วนโพลีเมอเรสยีนของ LCV พบว่าชะนีมีอัตราการติดเชื้อ LCV ทั้งสิ้น 64 ตัวจากทั้งหมด 70 ตัว คิดเป็น 91.4% และทำการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนโพลีเมอเรสยีนของ LCV จากนั้นจึงใช้โปรแกรม BLAST เพื่อเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนใน GenBank พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนโพลีเมอเรสยีนของ LCV มีความใกล้เคียงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนโพลีเมอเรสยีนของ EBV ถึง 82% และมีลำดับกรดอะมิโนใกล้เคียงกับ EBV 92% และจากการสร้าง phylogenetic tree เพื่อเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของ LCV นั้นพบว่า LCV ของชะนีนีมีการแยกกลุ่มออกจาก LCV ของ primate ชนิดอื่นอย่างชัดเจนแต่ถึงอย่างไรก็ยังมีลักษณะที่ใกล้เคียงกับกลุ่ม primate อยู่มาก ดังนั้นจากการจำแนกเชื้อ LCV ในกลุ่มของชะนีหรือ nonhuman primate จะช่วยอธิบายถึงความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการของเชื้อไวรัสในจีนัส *gammaherpesvirinae* และเป็นพื้นฐานของการศึกษาเชิงพยาธิสภาพของเชื้อไวรัสต่อไป

สาขาวิชาวิทยาศาสตร์การแพทย์..... ลายมือชื่อนิสิต..... ปรีชา ภักดีวิโรจน์
 ปีการศึกษา.....2547..... ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา..... ยง ภู่วรวรรณ
 ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม..... วนิดา นพพรพันธุ์
 ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม..... วนิดา นพพรพันธุ์

169846

4674747030 : MAJOR MEDICAL SCIENCE

KEYWORD : GIBBON / HYLOBATES / HERPESVIRUS / LYMPHOCRYPTOVIRUS / POLYMERASE GENE / PHYLOGENETIC TREE

PIRAYA PHAKDEEWIROT : PREVALENCE AND CHARACTERIZATION OF POLYMERASE GENE OF GIBBON LYMPHOCRYPTOVIRUS. THESIS ADVISOR : PROF. YONG POOVORAWAN, MD., THESIS COADVISOR : ASSOC. PROF. KANISAK ORAVERAKUL, DVM. Ph.D., ASST. PROF. VANIDA NOPPONPUNTH, Ph.D., 149 pp. ISBN 974-53-1650-4.

Lymphocryptovirus (LCV), an infectious agent of global distribution, is found in various non-human primates. As a herpesvirus inherently infecting gibbons it is closely related to human Epstein-Barr virus (EBV) with which it shares considerable genetic, biologic and epidemiologic features. In order to investigate its seroprevalence and molecular characterization we collected blood samples from 70 gibbons (51 *Hylobates lar*, 18 *Hylobates pileatus* and 1 *Hylobates agilis*) for further separation into peripheral blood mononuclear cells (PBMC). Sixty-four from seventy (91.4%) PBMCs yielded the partial LCV DNA polymerase gene by semi-nested PCR as a 416-bp product, which we subjected to direct sequencing and comparison with nucleotide sequences stored in GenBank applying the BLAST program. All sequences showed 82% nucleic acid and 92% amino acid identity to human EBV. Phylogenetic tree analysis demonstrated gibbon LCVs clustered separately from other *gammaherpesvirinae* but closely related to LCV of other species. Further characterization of nonhuman primate LCV might thus provide new insight into both evolution and pathogenicity of *gammaherpesvirinae*.

Field of study....Medical science..... Student's signature...Piraya Phakdeewirot.....
Academic year..... 2004..... Advisor's signature...Yong Poovorawan.....
Co-advisor's signature...Kanisak Oraverakul.....
Co-advisor's signature...Vanida Noppunpenth.....