สารบัญภาพ

ภาพที่ หน้า

1 กลุ่มโปรตีนที่คัดแยกโดยวิธี Gel Filtration Chromatography จากน้ำเลือดหอยตะโกรมกรามขาว (*Crassostrea belcheri*) โดยทำการวัดปริมาณโปรตีนที่ความยาวคลื่น 280 นาโนเมตร แยกกลุ่มโปรตีนได้ 4 กลุ่ม (P1-P4).....23

2 ความสามารถในการยับยั้งเชื้อ VP: *V. Parahaemolyticus*, VH: *V. harveyi*, VA: *V. alginolyticus* , VV: *V. vulnificus* , VC: *V. cholerae* ของกลุ่มโปรตีนที่แยกได้จากน้ำเลือดหอยตะโกรมกรามขาวทั้ง 4 กลุ่ม.....27

3 ผลของอุณหภูมิต่างๆ ที่เหมาะสมต่อการยับยั้งเชื้อแบคทีเรียของโปรตีนกลุ่ม P3.....28

4 ผลของ pH ต่อความคงตัวของโปรตีนกลุ่ม P3 เมื่อ dialysis ที่ pH ต่างๆ ก่อนนำมาทดสอบการยับยั้งเชื้อ *V. parahaemolyticus*.....29

5 ผลของอุณหภูมิต่อความคงตัวของโปรตีนกลุ่ม P3 หลังจากการบ่มที่อุณหภูมิต่างๆ เป็นเวลา 1 ชั่วโมง ก่อนนำมาทดสอบการยับยั้งเชื้อ *V. parahaemolyticus*.....29

6 ผลของความเข้มข้นโปรตีนกลุ่ม P3 ที่ระดับต่างๆ กับความสามารถในการยับยั้งเชื้อแบคทีเรีย *V. parahaemolyticus*.....30

7 ผลของไอออนของโลหะต่อโปรตีนกลุ่ม P3 ที่สามารถยับยั้งแบคทีเรีย *Vibrio spp.*5 ชนิด.....31

8 แถบโปรตีน P1, P2, P3 และ P4 ในการหาน้ำหนักโมเลกุลด้วยเทคนิค Native-PAGE.....32

9 แถบโปรตีน P1, P2, P3 และ P4 ในการหาน้ำหนักโมเลกุลด้วยเทคนิค SDS-PAGE.....33

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่ หน้า

10 จุดโปรตีน spot 1, spot 2, spot 3, spot 4 และ spot 5 ซึ่งมีค่า pI เท่ากับ 5.1, 5.3, 3.0, 3.6 และ 5.2 ตามลำดับ ที่ได้จากการแยกด้วยเทคนิค 2D-PAGE ในช่วง pI 3 ถึง 10 และตามน้ำหนักโมเลกุล 34

11 mass spectrum ของจุดโปรตีน spot 1 ที่ปรากฏบน Two dimension electrophoresis gel.....35

12 mass spectrum ของจุดโปรตีน spot 2 ที่ปรากฏบน Two dimension electrophoresis gel.....36

13 mass spectrum ของจุดโปรตีน spot 3 ที่ปรากฏบน Two dimension electrophoresis gel.....36

14 mass spectrum ของจุดโปรตีน spot 4 ที่ปรากฏบน Two dimension electrophoresis gel.....37

15 mass spectrum ของจุดโปรตีน spot 5 ที่ปรากฏบน Two dimension electrophoresis gel.....37

16 mass spectrum ของแถบโปรตีนน้ำหนักโมเลกุล 30.5 กิโลดาลตัน จาก SDS-PAGE ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS.....38

17 mass spectrum ของแถบโปรตีนน้ำหนักโมเลกุล 25.0 กิโลดาลตัน จาก SDS-PAGE ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS.....39

18 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 1 จุดโปรตีน spot 2 ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 5).....41

19 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 2 จุดโปรตีน spot 2 ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 6).....41

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่ หน้า

20 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 3 จุดโปรตีน spot 2 ที่ได้จาก การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 7).....42

21 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 4 จุดโปรตีน spot 2 ที่ได้จาก การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 8).....42

22 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 5 จุดโปรตีน spot 2 ที่ได้จาก การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 9).....43

23 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 1 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 10).....43

24 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 2 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 11).....44

25 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 3 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 12).....44

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่ หน้า

26 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 4 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก
การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y
ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน
(ตารางผนวกที่ 13).....45
27 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 5 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก
การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y
ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน
(ตารางผนวกที่ 14).....45
28 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 6 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก
การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y
ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน
(ตารางผนวกที่ 15).....46
29 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 7 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก
การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y
ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน
(ตารางผนวกที่ 16).....46
30 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 8 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก
การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y
ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน
(ตารางผนวกที่ 17).....47
31 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 9 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จาก
การวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y
ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน
(ตารางผนวกที่ 18).....47

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่ หน้า

32 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 10 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 19).....48
33 mass spectrum ของโปรตีนส่วนที่ 11 จุดโปรตีน spot 3 ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยเทคนิค LC-MS/MS และระบุพีคที่เป็น b ไอออน y ไอออนและน้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีน (ตารางผนวกที่ 20).....48
34 mass spectrum ของแถบโปรตีนจาก SDS-PAGE ของโปรตีน
35 ขนาด 30.5 กิโลดาลตัน และลำดับกรดอะมิโน (ตัวหนา).....49
36 mass spectrum ของแถบโปรตีนจาก SDS-PAGE ของโปรตีน
ขนาด 25.0 กิโลดาลตัน และลำดับกรดอะมิโน (ตัวหนา) 50

ภาพผนวกที่

1 กราฟโปรตีนมาตรฐานความสัมพันธ์ระหว่างความเข้มข้นโปรตีนกับค่าดูดกลืนแสงช่วง 595 นาโนเมตร.....69
2 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกด้วย Sephacryl S-200 gel filtration Chromatography.....72
3 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกเทคนิค Electrophoresis แบบ Native-PAGE โดยใช้ LMW-marker.....74
4 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกเทคนิค Electrophoresis แบบ SDS-PAGE โดยใช้ LMW-marker.....75
5 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกเทคนิค Electrophoresis แบบ 2D-PAGE โดยใช้ LMW-marker.....76
6 แสดงจุดโปรตีน spot 1, spot 2, spot 3, spot 4 และ spot 5 ที่ได้จากการแยกด้วยเทคนิค two dimension electrophoresis ตามค่า p*I* ในช่วง p*I* 3 ถึง 10 และตามน้ำหนักโมเลกุลโดยเทียบกับโปรตีนมาตรฐาน LMW-marker.....92