

245540

ห้องสมุดงานวิจัย สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ



245540



รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

เรื่อง

การศึกษาความหลากหลายของแบคทีเรียในระบบลำไส้ของไก่โดยวิธีทางชีวโมเลกุล
Study on Bacteria Diversity in Chicken Intestinal Tract by Molecular Approach

คณะผู้ดำเนินการวิจัย

รศ.วิชัย ศุภลักษณ์
รศ.เศรษฐสิทธิ์ แสงโสภณจิตร
ผศ.ดร.กัญญา จิระเจริญรัตน์

ได้รับการสนับสนุนจากงบประมาณเงินรายได้โครงการวิจัยประจำปี งบประมาณ 2552

คณะเทคโนโลยีการเกษตร
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

๖๐๐๒ ๗๐๖๔๙

ห้องสมุดงานวิจัย สำนักงานคณะกรรมการการวิจัยแห่งชาติ



245540



รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

เรื่อง

การศึกษาความหลากหลายของแบคทีเรียในระบบลำไส้ของไก่โดยวิธีทางชีวโมเลกุล
Study on Bacteria Diversity in Chicken Intestinal Tract by Molecular Approach

คณะผู้ดำเนินการวิจัย

รศ.วิชัย ศุภลักษณ์
รศ.เศรษฐสิทธิ์ แสงโสภณจิตร
ผศ.ดร.กัญญา จิระเจริญรัตน์

ได้รับการสนับสนุนจากงบประมาณเงินรายได้โครงการวิจัยประจำปี งบประมาณ 2552

คณะเทคโนโลยีการเกษตร

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

การศึกษาความหลากหลายของแบคทีเรียในระบบลำไส้ของไก่โดยวิธีทางชีวโมเลกุล
Study on Bacteria Diversity in Chicken Intestinal Tract by Molecular Approach

บทคัดย่อ

245540

การศึกษาความหลากหลาย ของประชากรแบคทีเรียในระบบลำไส้ไก่ เพื่อจำแนกชนิด และจัดกลุ่มของประชากรแบคทีเรียในระบบลำไส้ของไก่โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสของ ยีน 16S rDNA และเพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ และสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการ ของกลุ่มประชากรแบคทีเรียในระบบลำไส้ของไก่ ทั้งหมด 5 ส่วนคือ ส่วนต้น (duodenum) ส่วนกลาง (jejunum) ส่วนปลาย (ilium) ลำไส้ใหญ่ (large intestine) และไส้ติ่งหรือไส้ตัน (caecum) ด้วยการวิเคราะห์ Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) ซึ่งจากโคลนทั้งหมดที่ทำการวิเคราะห์ 212 โคลน และเปรียบเทียบความแตกต่างจากรูปแบบการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HaeIII* และ *RsaI* พบว่าจากโคลนทั้งหมด 212 โคลน มีรูปแบบการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะที่แตกต่างกันเป็น 8 แบบ จึงทำการจัดกลุ่มของโคลนที่มีรูปแบบการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะแบบเดียวกันและคาดว่าน่าจะเป็นเชื้อเดียวกัน และทำการคัดเลือกตัวแทนของทั้ง 8 แบบ เพื่อนำไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์แล้วนำข้อมูลที่ได้ไปเปรียบเทียบกับฐานข้อมูล Genbank พบว่าประชากรของแบคทีเรียที่พบในลำไส้ไก่ทั้ง 5 ส่วน มีทั้งหมด 8 กลุ่ม ดังนี้ Uncultured bacterium clone SJTU (EF403242.1) ซึ่งมีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % Uncultured bacterium clone cc_99 (GQ175432.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 95 % Uncultured bacterium clone cc_99 (GQ175432.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 95 % *Lactobacillus aviarius* strain: LAV7 (AB175732.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % *Lactobacillus aviarius* strain: LAV4 (AB175729.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 98 % Uncultured bacterium clone E1 (AM500763.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % Uncultured bacterium clone S1-25 (GQ898117.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % และ Uncultured Bacteroidetes bacterium clone M0015 (EF071148.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 98 %

Study on Bacteria Diversity in Chicken Intestinal Tract by Molecular Approach

Abstract

245540

The study on bacterial diversity in the chicken intestinal tract was identified and compared the community structure in different regions of the intestinal tracts of chickens. The 16S rDNA sequences were analyzed from the five parts of the duodenum, jejunum, ileum, large intestine and caecum. The DNA fragments (RFLP) from 212 clones were analyzed by using species specific PCR, enzyme *HaeIII* and *RsaI*. There were identified as eight different bands which were compared to the GenBank Data Base. The results indicate that there are eight groups of bacterial community from the five parts of chickens' intestines. They are Uncultured bacterium clone SJTU(EF403242.1), Uncultured bacterium clone cc_99(GQ175432.1), Uncultured bacterium clone cc_99(GQ175432.1), *Lactobacillus avarius* strain:LAV7(AB175732.1), *Lactobacillus avarius* strain:LAV4(AB175729.1), Uncultured bacterium clone E1(AM500763.1), Uncultured bacterium clone S1-25(GQ898117.1) and Uncultured bacteriodes bacterium clone M0015(EF071148.1) which are 99%, 95%, 95%, 95%, 99%, 98%, 99% and 99% identical to the GenBank Data Base, respectively.

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อ	(i)
บทนำ	1
หลักการและเหตุผลของ	1
วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย	2
ขอบเขตของโครงการวิจัย	2
ระยะเวลาดำเนินโครงการ	3
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับของโครงการวิจัย	3
การทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง (Literature review)	4
ระเบียบวิธีการวิจัย	13
ผลการวิจัย	16
สรุป	36
เอกสารอ้างอิง	37