

บทที่ 4

ผลการทดลอง

1. การศึกษาลักษณะอาการของโรคสวงลงบึง (HLB)

จากการศึกษาอาการของโรค HLB ในจังหวัดเชียงใหม่ เชียงราย และแพร่ พบว่าอาการเริ่มแรกแสดงที่ใบยอดหรือใบอ่อน โดยใบมีสีเหลืองซีด เส้นกลางใบและเส้นแขนงอาจมีสีเขียว (ภาพ 1ก) หรืออาจมีสีเขียวเฉพาะเส้นกลางใบ (ภาพ 1ข) และอาจพบอาการใบด่างเหลืองเป็นจ้ำ ๆ (ภาพ 1ค) นอกจากนี้พบว่าใบที่แตกใหม่มีลักษณะหนากว่าปกติ ใบมีขนาดเล็ก เรียวยาว ปลายใบจะมีลักษณะตั้งขึ้น และอาจโค้งงอ (ภาพ 2) อาจพบอาการดังกล่าวเพียงบางกิ่งหรือเป็นทั้งต้นขึ้นอยู่กับความรุนแรงของโรค บางอาการที่พบคล้ายกับการขาดธาตุสังกะสี ถ้ามีอาการรุนแรงจะพบว่ามีอาการลุกลามทั่วต้น ทำให้ต้นโทรมและยืนต้นตายในที่สุด (ภาพ 3)

นอกจากนี้พบว่าสวนส้มใน อ.สันทราย จ.เชียงใหม่ พบอาการของโรครุนแรง โดยมีอาการต้นโทรมและยืนต้นตาย (ภาพ 3) นอกจากนี้ยังพบแมลงพาหะของโรคจำนวนมาก ส่วนสวนส้มใน อ.เวียงป่าเป้า จ.เชียงราย อ.วังชิ้น จ.แพร่ และ อ.ฝาง อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่ พบอาการเพียงบางต้น และแสดงอาการเพียงบางกิ่ง ไม่มีการแพร่ระบาดไปทั้งสวน นอกจากนี้สวนใน อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่ พบว่ามีการแพร่ระบาดของโรคเกือบทั่วทั้งสวนแต่ยังไม่รุนแรง ขณะเดียวกันพบลักษณะอาการเหลือง และอาการที่คาดว่าเกิดจากการขาดธาตุร่วมด้วย

2. การศึกษาทาง ultrastructure ของใบส้มที่เป็นโรค

จากการศึกษาทาง ultrastructure ของใบส้มที่เป็นโรคและเชื้อสาเหตุโรครายได้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องผ่าน โดยตรวจดูภายในเซลล์ของใบส้มปกติปลอดโรคเปรียบเทียบกับใบส้มที่แสดงอาการของโรค ไม่พบลักษณะของเชื้อแบคทีเรียในใบส้มปกติ (ภาพ 4ก) แต่พบเชื้อ fastidious bacteria ที่เป็นสาเหตุโรค มีลักษณะกลม รี โดยจะพบภายในบริเวณเซลล์ที่อาหารและบริเวณเซลล์ข้างเคียง ของใบที่แสดงอาการของโรค (ภาพ 4ข และ 4ค)



ภาพ 1 อาการใบมีสีเหลืองซีด เส้นกลางใบและเส้นแขนงมีสีเขียว (ก)

อาการใบมีสีเหลืองซีด และมีสีเขียวเฉพาะเส้นกลางใบ (ข)

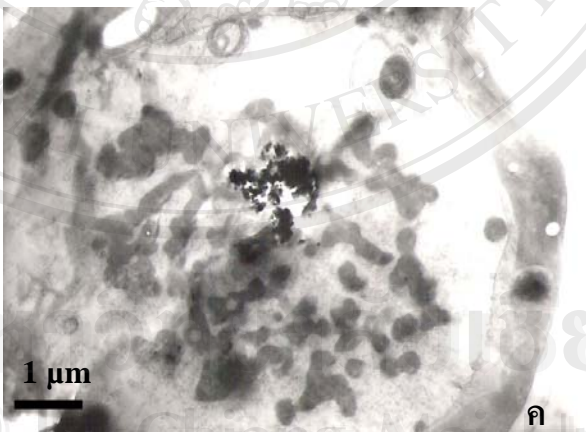
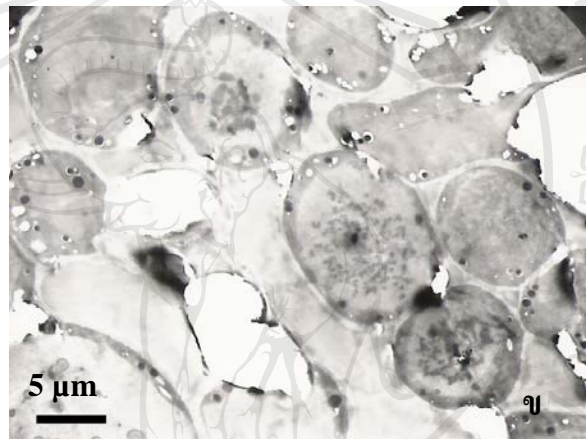
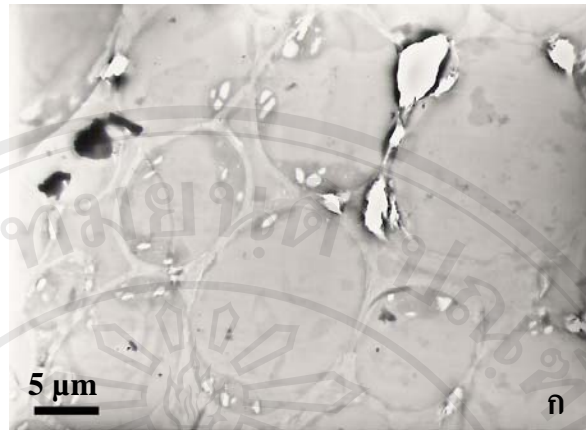
และอาการใบด่างเหลืองเป็นจ้ำ ๆ (ค) ของใบส้มพันธุ์โชกุน



ภาพ 2 อาการใบมีลักษณะหนากว่าปกติ มีขนาดเล็ก เรียวยาว
ปลายใบมีลักษณะตั้งขึ้น และอาจโค้งงอของใบส้มโชกุน



ภาพ 3 ลักษณะต้นโทรมและยืนต้นตายของต้นที่เป็นโรค HLB
ที่พบในสวนส้ม อ.สันทราย จ.เชียงใหม่



ภาพ 4 ลักษณะเชื้อ fastidious bacteria สาเหตุโรค HLB
 ก. บริเวณเซลล์ท่อลำเลียงอาหารและเซลล์ข้างเคียงจากใบส้มปกติ
 ข. fastidious bacteria สาเหตุโรค HLB ในเซลล์ท่อลำเลียง
 อาหารและเซลล์ข้างเคียงจากใบส้มที่เป็นโรค
 ค. ลักษณะของ fastidious bacteria ในเซลล์ท่ออาหาร

3. การเก็บรักษาตัวอย่างใบส้มที่แสดงอาการของโรคด้วยวิธีต่าง ๆ

จากการนำใบส้มที่แสดงอาการของโรคมาทดลองเก็บรักษา โดยเปรียบเทียบ 4 วิธี และทำการตรวจสอบโรคด้วยวิธีPCRทุก ๆ เดือนหลังการเก็บรักษา (ตาราง 1) เมื่อเก็บตัวอย่างใบไว้ที่อุณหภูมิ -80 องศาเซลเซียส และนำมาตรวจสอบด้วยวิธีPCR พบว่ายังสามารถตรวจพบเชื้อได้ในระยะเวลา 12 เดือนของการเก็บรักษา และเมื่อตรวจสอบสีของใบพบว่าใบยังคงมีสีเขียวอยู่และเริ่มมีสีน้ำตาลบ้าง การเก็บตัวอย่างไว้ที่ 4 องศาเซลเซียส เมื่อนำมาตรวจด้วยPCRหลังจากเก็บรักษาเป็นเวลา 3 เดือน ยังสามารถตรวจพบเชื้อสาเหตุ ส่วนสีของใบพบว่าใบจะเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาลมากขึ้นตามระยะเวลาการเก็บรักษา แต่หลังจาก 3 เดือนไปแล้วใบจะมีสีน้ำตาลทั้งใบและมีอาการเน่าเกิดขึ้น และไม่สามารถตรวจพบเชื้อสาเหตุ ส่วนการเก็บรักษาไว้ที่อุณหภูมิห้อง พบว่าหลังจากวันที่ 20 ของการเก็บรักษาไม่สามารถตรวจหาเชื้อสาเหตุได้ ใบเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาลและเน่า และการเก็บรักษาตัวอย่างไว้โดยการทำให้แห้งด้วยการเก็บในกล่องพลาสติกที่มี silica gel โดยวางไว้ที่อุณหภูมิห้องนั้นพบว่าสามารถตรวจพบเชื้อสาเหตุได้ทุกๆ เดือนเป็นระยะเวลา 12 เดือนของการเก็บรักษา ส่วนสีของใบพบว่าไม่มีการเปลี่ยนแปลงมากนัก โดยพบว่าใบมีสีเขียวจางลง

ตาราง 1 ระยะเวลาการเก็บรักษาตัวอย่างใบส้มที่เป็นโรค HLB

เดือน วิธีทดลอง	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
การเก็บรักษา ที่อุณหภูมิ - 80 °C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
การเก็บรักษา ที่อุณหภูมิ 4 °C	+	+	+	-								
การเก็บรักษา ที่อุณหภูมิห้อง	*	-										
การทำให้แห้ง ด้วย silica gel	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

+ : ตรวจพบเชื้อสาเหตุ

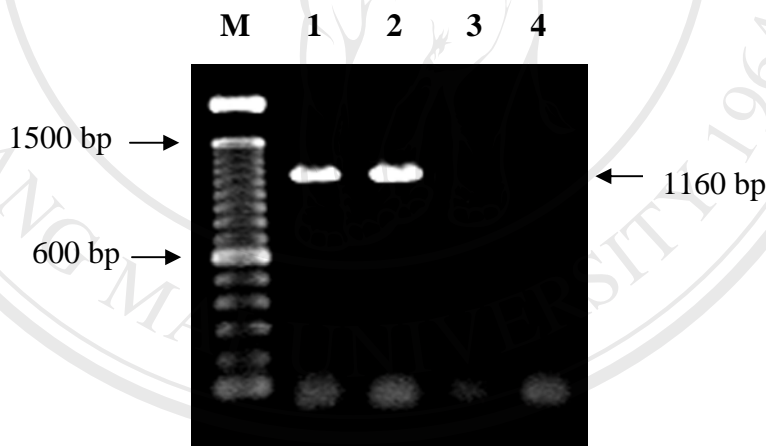
- : ตรวจไม่พบเชื้อสาเหตุ

* : ตรวจพบเชื้อสาเหตุได้หลังจากเก็บไว้ไม่เกิน 20 วัน

4. การตรวจสอบเชื้อสาเหตุโดยวิธี PCR

เมื่อทำการตรวจสอบโรค โดยนำส่วนของใบที่แสดงอาการมาตรวจสอบด้วยวิธี PCR ด้วย คู่ primer OI1/OI2c และ A2/J5 พบแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดประมาณ 1160 bp และ 703 bp ตามลำดับ จากตัวอย่างที่แสดงอาการของโรค แต่จะไม่พบแถบดีเอ็นเอดังกล่าวในตัวอย่างที่ได้จาก ใบปกติ (ปลอดโรค) และจากน้ำกลั่นฆ่าเชื้อ (ภาพ 5 และ 6)

จากการเก็บตัวอย่างใบที่แสดงอาการของโรคจากสวนส้มใน 3 จังหวัด เมื่อนำมาตรวจสอบ ด้วยวิธี PCR พบว่าตัวอย่างใบส้มที่ได้จากสวน อ.สันทราย จ.เชียงใหม่ สามารถตรวจพบเชื้อสาเหตุ ในทุกตัวอย่าง ตัวอย่างจากสวนส้ม อ.ฝาง จ.เชียงใหม่ พบเชื้อสาเหตุ 9 ตัวอย่าง ไม่พบเชื้อสาเหตุ 6 ตัวอย่าง ตัวอย่างจากสวนส้ม อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่ ตรวจพบเชื้อสาเหตุ 8 ตัวอย่าง ไม่พบเชื้อสาเหตุ 2 ตัวอย่าง ตัวอย่างจากสวนส้ม อ.เวียงป่าเป้า จ.เชียงราย พบเชื้อสาเหตุโรค 2 ตัวอย่าง ไม่พบเชื้อ สาเหตุโรค 1 ตัวอย่าง ตัวอย่างจากสวนส้ม อ.วังจั่น จ.แพร่ พบเชื้อสาเหตุทั้ง 2 ตัวอย่าง และตัวอย่าง จากสวนส้ม อ.ลอง จ.แพร่ ตรวจไม่พบเชื้อสาเหตุทั้ง 2 ตัวอย่าง (ตาราง 2)



ภาพ 5 Gel electrophoresis บน 1% agarose gel ของดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณด้วย

specific primer OI1/OI2c จากตัวอย่างใบส้ม โชกุน

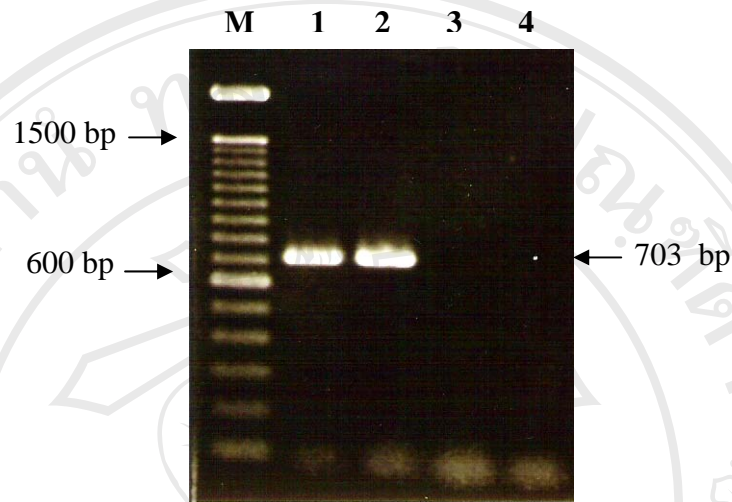
แถวล M = ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp DNA ladder

แถวลที่ 1 = positive control

แถวลที่ 2 = ตัวอย่างจาก อ. เวียงป่าเป้า จ.เชียงราย

แถวลที่ 3 = พืชปกติ (ปลอดโรค)

แถวลที่ 4 = น้ำกลั่น



ภาพ 6 Gel electrophoresis บน 1% agarose gel ของดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณด้วย primer A2/J5 จากตัวอย่างใบส้มโงกน
 แถว M = ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp DNA ladder
 แถวที่ 1 = positive control
 แถวที่ 2 = ตัวอย่างจาก อ. สันทราย จ. เชียงใหม่
 แถวที่ 3 = พิษปกติ (ปลอดโรค)
 แถวที่ 4 = น้ำกลั่น

ตาราง 2 ผลการตรวจสอบโรค HLB ด้วยวิธี PCR โดยการใช้ specific primer OI1/OI2c จาก ตัวอย่างส้มใน 3 จังหวัด

แหล่งที่มา	จำนวนตัวอย่าง	ผลการตรวจด้วยวิธี PCR
1. สวนส้ม อ.สันทราย จ.เชียงใหม่	10 ตัวอย่าง	+
2. สวนส้ม อ.ฝาง จ.เชียงใหม่	9 ตัวอย่าง	+
	6 ตัวอย่าง	-
3. สวนส้ม อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่	8 ตัวอย่าง	+
	2 ตัวอย่าง	-
4. สวนส้ม อ.เวียงป่าเป้า จ.เชียงราย	2 ตัวอย่าง	+
	1 ตัวอย่าง	-
5. สวนส้ม อ.วังจั่น จ.แพร่	2 ตัวอย่าง	+
6. สวนส้ม อ.ลอง จ.แพร่	2 ตัวอย่าง	-

+ : ตรวจพบเชื้อสาเหตุ

- : ตรวจไม่พบเชื้อสาเหตุ

5. การพัฒนาการตรวจสอบเชื้อสาเหตุด้วยวิธี PCR

5.1 การตรวจสอบคุณภาพของดีเอ็นเอ

นำดีเอ็นเอ (total DNA) ที่สกัดแยกได้จากทั้ง 5 วิธีมาตรวจสอบคุณภาพของดีเอ็นเอและวัดปริมาณโดยใช้เครื่อง spectrophotometer ซึ่งวัดค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 260 พบว่าดีเอ็นเอที่สกัดได้ตามวิธีที่ 1 2 3 4 และ 5 มีค่า Optical density 260 (OD 260) อยู่ระหว่าง 0.151-0.272 และมีค่าอัตราส่วนของ 260/280 อยู่ระหว่าง 0.95-1.4 (ตาราง 3)

การตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอด้วยอิเล็กโตรโฟรีซิส บน 1% agarose gel พบแถบของดีเอ็นเอ ดังภาพ 7 โดยได้แถบดีเอ็นเอที่มีความชัดเจนจากการสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธีที่ 4 และ 5 ส่วนวิธีที่ 1 ได้แถบของดีเอ็นเอที่ไม่ค่อยคมชัด มีลักษณะเป็นแถบจางกว่า ส่วนวิธีที่ 2 และ 3 พบแถบของดีเอ็นเอที่มีลักษณะเป็นปื้น อย่างไรก็ตามทั้ง 5 วิธีพบลักษณะ smear band ที่เป็นแถบยาว แต่วิธีที่ 4 ไม่มีลักษณะดังกล่าวมากนัก

การสกัดดีเอ็นเอทั้ง 5 วิธีได้ใช้จำนวนตัวอย่างของเส้นกลางไบเริ่มต้น 0.5 กรัม เท่ากันทุกการทดลอง เมื่อทำการสกัดในแต่ละวิธีพบว่า วิธีที่ 1 และวิธีที่ 5 ใช้เวลาในการสกัดน้อยที่สุดประมาณ 30 นาที ส่วนวิธีที่ 2 ใช้เวลาประมาณ 1.5 – 2 ชั่วโมง วิธีที่ 3 ใช้เวลาประมาณ 2 ชั่วโมง วิธีที่ 4 ใช้เวลาประมาณ 3 ชั่วโมง

ตาราง 3 ค่า Optical density 260 (OD) ค่าอัตราส่วนของ OD260/OD280 และปริมาณความเข้มข้นของดีเอ็นเอที่สกัดได้ทั้ง 5 วิธี

วิธีสกัด	ค่า OD 260 (nm)	ค่า OD 280 (nm)	ค่าอัตราส่วนของ OD 260/ OD 280	ปริมาณความเข้มข้นของดีเอ็นเอ (ng/μl)
วิธีที่ 1	0.248	0.179	1.385	1240
วิธีที่ 2	0.173	0.136	1.272	865
วิธีที่ 3	0.272	0.270	1.007	1360
วิธีที่ 4	0.151	0.107	1.411	755
วิธีที่ 5	0.206	0.218	0.945	1030



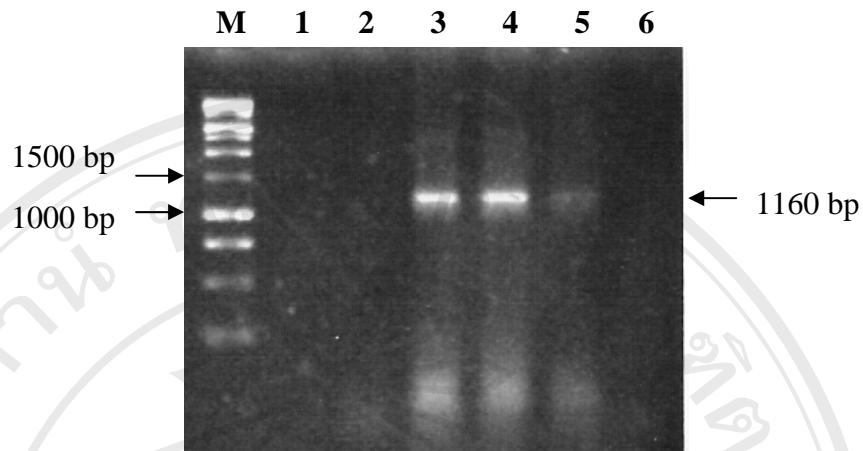
ภาพ 7 ลักษณะของ total DNA จากใบส้มที่เป็นโรคที่สกัดได้จาก 5 วิธี
 แถว M = ดีเอ็นเอมาตรฐาน Lamda *Hind* III DNA ladder
 แถว S = ดีเอ็นเอเปรียบเทียบกับที่มีปริมาณ 100 นาโนกรัม
 แถวที่ 1 = total DNA ที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 1
 แถวที่ 2 = total DNA ที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 2
 แถวที่ 3 = total DNA ที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 3
 แถวที่ 4 = total DNA ที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 4
 แถวที่ 5 = total DNA ที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 5

5.2 การทำปฏิกิริยา PCR

เมื่อนำดีเอ็นเอที่สกัดได้ทั้ง 5 วิธีมาทำปฏิกิริยา PCR ด้วย specific primer OI1/OI2c ที่มีความจำเพาะกับดีเอ็นเอของเชื้อสาเหตุในบริเวณ 16S rDNA พบแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 1160 bp ในตัวอย่างของส้มโชกุนที่สกัดได้จากวิธีที่ 3 4 และ 5 แต่จะไม่พบแถบดีเอ็นเอลักษณะดังกล่าวจากตัวอย่างที่สกัดด้วยวิธีที่ 1 และ 2 (ภาพ 8) อย่างไรก็ตามแถบดีเอ็นเอที่พบนั้นพบว่าความเข้มของแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 5 ไม่เข้มข้นเมื่อเทียบกับการสกัดด้วยวิธีที่ 3 และ 4

และเมื่อนำดีเอ็นเอจาก 5 วิธีดังกล่าวมาทำปฏิกิริยา PCR ด้วย primer A2/J5 ที่มีความจำเพาะกับบริเวณยีน ribosomal protein (*rplA*J) ของเชื้อสาเหตุ และสามารถจำแนกชนิด (species) ของเชื้อสาเหตุได้ พบแถบขนาด 703 bp จากตัวอย่างของส้มโชกุนที่สกัดจากวิธีที่ 3 4 และ 5 แต่ไม่พบแถบของดีเอ็นเอลักษณะดังกล่าวในตัวอย่างที่สกัดด้วยวิธีที่ 1 และ 2 (ภาพ 9) และพบว่าความเข้มของแถบดีเอ็นเอที่พบในตัวอย่างที่สกัดด้วยวิธีที่ 5 มีความเข้มน้อยกว่าเมื่อสกัดด้วยวิธีที่ 3 และ 4

เมื่อนำตัวอย่างใบที่แสดงอาการของโรคจากทั้ง 3 จังหวัดที่ทำการศึกษามาตรวจสอบโรคด้วยการใช้ specific primer OI1/OI2c แล้ว จากนั้นนำทุกตัวอย่างมาตรวจสอบอีกครั้งด้วย primer A2/J5 เพื่อจำแนกชนิดของเชื้อสาเหตุที่ทำให้เกิดโรค HLB ในแหล่งปลูกส้มที่นำมาศึกษา พบว่าแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการทำปฏิกิริยา PCR มีขนาด 703 bp (ภาพ 10)



ภาพ 8 Gel electrophoresis บน 1% agarose gel ของดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณด้วย specific primer OI1/OI2c จากการสกัดทั้ง 5 วิธี จากตัวอย่างใบส้มที่เป็นโรค อ.สันทราย จ.เชียงใหม่

แถว M = ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb DNA Ladder

แถวที่ 1 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 1

แถวที่ 2 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 2

แถวที่ 3 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 3

แถวที่ 4 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 4

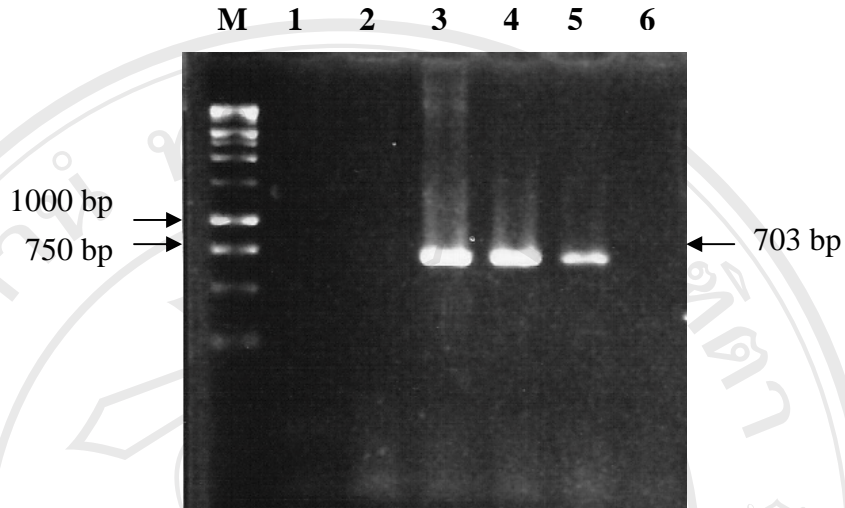
แถวที่ 5 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 5

แถวที่ 6 = น้ำ

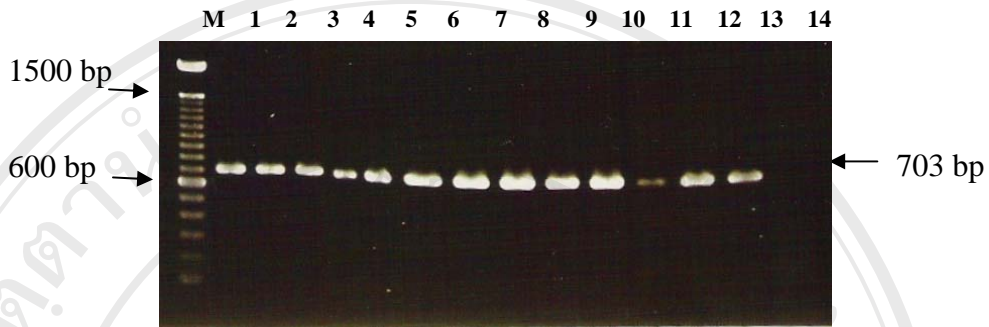
ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright © by Chiang Mai University

All rights reserved



ภาพ 9 Gel electrophoresis บน 1% agarose gel ของดีเอ็นเอที่เพิ่ม
 ปริมาณด้วย primer A2/J5 จากการสกัดทั้ง 5 วิธี จากตัวอย่างใบส้ม
 ที่เป็นโรค อ.สันทราย จ.เชียงใหม่
 แถว M = ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb DNA Ladder
 แถวที่ 1 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 1
 แถวที่ 2 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 2
 แถวที่ 3 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 3
 แถวที่ 4 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 4
 แถวที่ 5 = ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธีที่ 5
 แถวที่ 6 = น้ำ



ภาพ 10 Gel electrophoresis บน 1% agarose gel ของดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณ

ด้วย primer A2/J5 จากตัวอย่างจากแหล่งต่าง ๆ

แถวลำดับ M = ดีเอ็นเอมาตรฐาน 100 bp DNA Ladder

แถวลำดับที่ 1 = ตัวอย่างจาก อ.สันทราย จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 2 = ตัวอย่างจาก อ.สันทราย จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 3 = ตัวอย่างจาก อ.สันทราย จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 4 = ตัวอย่างจาก อ.ฝาง จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 5 = ตัวอย่างจาก อ.ฝาง จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 6 = ตัวอย่างจาก อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 7 = ตัวอย่างจาก อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 8 = ตัวอย่างจาก อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่

แถวลำดับที่ 9 = ตัวอย่างจาก อ.เวียงป่าเป้า จ.เชียงราย

แถวลำดับที่ 10 = ตัวอย่างจาก อ.เวียงป่าเป้า จ.เชียงราย

แถวลำดับที่ 11 = ตัวอย่างจาก อ.เวียงป่าเป้า จ.เชียงราย

แถวลำดับที่ 12 = ตัวอย่างจาก อ.วังชิ้น จ.แพร่

แถวลำดับที่ 13 = ตัวอย่างจาก อ.วังชิ้น จ.แพร่

แถวลำดับที่ 14 = พืชปกติ

5.3 การวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ (Sequencing)

จากการวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนในบริเวณยีน ribosomal protein (*rplA*) ของเชื้อสาเหตุจาก 3 ตัวอย่างที่เป็นตัวแทนของแหล่งปลูกส้มทั้ง 3 จังหวัดโดยใช้ผลผลิตที่ได้จากการทำปฏิกิริยา PCR คือ HLB-CM (เชียงใหม่) HLB-CR (เชียงราย) และ HLB-P (แพร่) โดยได้เปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ขนาด 608 bp ดังภาพ 11

5.4 การศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์

เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้ง 3 ตัวอย่างมาเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับดีเอ็นเอที่ได้ พบว่าทั้ง 3 ตัวอย่างมีความเหมือนกันถึง 100% (ภาพ 11)

เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาเปรียบเทียบความเหมือนกับลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีรายงานไว้ในฐานข้อมูล GenBank ของ NCBI จากการทำ sequence alignment ด้วยโปรแกรม BLAST หรือด้วยโปรแกรม ClustalW พบว่ามีความเหมือนกับเชื้อ *Candidatus Liberobacter* spp. ที่มีรายงานไว้ (ภาพ 12) ดังนี้

มีความเหมือนกับเชื้อ *Candidatus Liberobacter asiaticus* โดยพบว่ามีความเหมือนถึง 100 % กับ *Candidatus Liberobacter ribosomal protein gene* (Accession number AY266352) ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศอินเดีย

มีความเหมือนถึง 100 % กับ *Candidatus Liberobacter asiaticus tufB-secE-nusG-rplKAJL-rpoB gene cluster* (Accession number AY342001) ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศญี่ปุ่น

และมีความเหมือนถึง 100 % กับ *Liberobacter asiaticus ribosomal protein and RNA polymerase (rplKAJL-rpoB) gene cluster* (Accession number M94319) ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส

นอกจากนี้พบว่ามีเหมือนกับเชื้อ *Candidatus Liberobacter africanus* ถึง 75% กับ *Liberobacter africanus Nelspruit ribosomal protein L10 (rplJ) and ribosomal protein L12 (rplL) genes, complete cds, and RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene* (Accession number U09675) ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส และมีความเหมือนถึง 70% กับ *Liberobacter africanus subsp. capensis RplA (rplA) gene, partial cds; RplJ (rplJ) and RplL (rplL) genes, complete cds; and RpoB (rpoB) gene, partial cds* (Accession number AF248498) ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส

ขณะเดียวกันพบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้เป็นส่วนหนึ่งของ gene *rplJ* ซึ่งมีลำดับกรดอะมิโนที่จะแปลเป็นโปรตีน 50S ribosomal protein L10

HLB-CM	CTCTTGTTTAGTTGTTTTTTGTGTGGATTCCTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTG	60
HLB-P	CTCTTGTTTAGTTGTTTTTTGTGTGGATTCCTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTG	60
HLB-CR	CTCTTGTTTAGTTGTTTTTTGTGTGGATTCCTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTG	60

HLB-CM	TAAGGGATGCGTTAGGATTTTTGTTCCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTG	120
HLB-P	TAAGGGATGCGTTAGGATTTTTGTTCCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTG	120
HLB-CR	TAAGGGATGCGTTAGGATTTTTGTTCCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTG	120

HLB-CM	GTATAGATATAGGAAAAGGAATGGGTATATTTGTTCATCTGGAGATGAAAGTTGAATAGAC	180
HLB-P	GTATAGATATAGGAAAAGGAATGGGTATATTTGTTCATCTGGAGATGAAAGTTGAATAGAC	180
HLB-CR	GTATAGATATAGGAAAAGGAATGGGTATATTTGTTCATCTGGAGATGAAAGTTGAATAGAC	180

HLB-CM	AAGGAAAGAGCGTAGAAATTTCTGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTG	240
HLB-P	AAGGAAAGAGCGTAGAAATTTCTGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTG	240
HLB-CR	AAGGAAAGAGCGTAGAAATTTCTGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTG	240

HLB-CM	TTGTTGCACATTATAAGGGAATTAGTGTTCGCGCAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGC	300
HLB-P	TTGTTGCACATTATAAGGGAATTAGTGTTCGCGCAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGC	300
HLB-CR	TTGTTGCACATTATAAGGGAATTAGTGTTCGCGCAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGC	300

HLB-CM	GGGAAGCTGGTGGAGGTGTAAAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTG	360
HLB-P	GGGAAGCTGGTGGAGGTGTAAAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTG	360
HLB-CR	GGGAAGCTGGTGGAGGTGTAAAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTG	360

HLB-CM	ATACTAGTATTAGAGGAATATCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAATTGTCTATTCCG	420
HLB-P	ATACTAGTATTAGAGGAATATCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAATTGTCTATTCCG	420
HLB-CR	ATACTAGTATTAGAGGAATATCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAATTGTCTATTCCG	420

HLB-CM	ATAGTCCTGTTATTGCTCCTAAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTA	480
HLB-P	ATAGTCCTGTTATTGCTCCTAAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTA	480
HLB-CR	ATAGTCCTGTTATTGCTCCTAAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTA	480

HLB-CM	GAGTTCCTGGTGGGGTTGTAGAGAAGGGCGTCCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTG	540
HLB-P	GAGTTCCTGGTGGGGTTGTAGAGAAGGGCGTCCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTG	540
HLB-CR	GAGTTCCTGGTGGGGTTGTAGAGAAGGGCGTCCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTG	540

HLB-CM	CTTCTTTACCCGATCTTGAGGGTATTTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATG	600
HLB-P	CTTCTTTACCCGATCTTGAGGGTATTTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATG	600
HLB-CR	CTTCTTTACCCGATCTTGAGGGTATTTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATG	600

HLB-CM	CAACTAGA	608
HLB-P	CAACTAGA	608
HLB-CR	CAACTAGA	608

ภาพ 11 การเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน ribosomal protein (*rplJ*) ระหว่างเชื้อ *Candidatus Liberobacter* spp. สาเหตุโรคจาก HLB-CM (เชียงใหม่) HLB-CR (เชียงราย) และ HLB-P (แพร่)

* คือ ตำแหน่งที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน

HLB-CM	-----C-TCTTGTTAGTTGTTTTTTGTG	23
HLB-CR	-----C-TCTTGTTAGTTGTTTTTTGTG	23
HLB-P	-----C-TCTTGTTAGTTGTTTTTTGTG	23
AY266352	TATAAAGGTTGACCTTTTCGAGTTTCTCTGTTAATAC-TCTTGTTAGTTGTTTTTTGTG	59
M94319	TATAAAGGTTGACCTTTTCGAGTTTCTCTGTTAATAC-TCTTGTTAGTTGTTTTTTGTG	1457
AY342001	TATAAAGGTTGACCTTTTCGAGTTTCTCTGTTAATAC-TCTTGTTAGTTGTTTTTTGTG	3359
U09675	TATAAAGGTTGACCTTTTCGAGTTTCTCTGTTAATAA-TCTTATTGGGTTATTGTTTATG	73
AF248498	TATAAAGGTTGACCTTTTCGAGTTTCTCTGTTAGTAAATCCTTTTGGATGTTATTGTG	60
	* * * * *	
HLB-CM	TGGATTCCTTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTGTAAAGGGATGCGTTAGGATTTTTG	83
HLB-CR	TGGATTCCTTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTGTAAAGGGATGCGTTAGGATTTTTG	83
HLB-P	TGGATTCCTTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTGTAAAGGGATGCGTTAGGATTTTTG	83
AY266352	TGGATTCCTTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTGTAAAGGGATGCGTTAGGATTTTTG	119
M94319	TGGATTCCTTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTGTAAAGGGATGCGTTAGGATTTTTG	1517
AY342001	TGGATTCCTTTTTTCGCTATCGGATCGCTTCTTTTTTGTAAAGGGATGCGTTAGGATTTTTG	3419
U09675	A--ATTTCTTAGC-GATGCTCTATGATTTT-----TGTTT-	106
AF248498	T--ATTTCTTGCCGCTATCGTTTTGTTTTCTTGTA-AAGGGATTCGTAGAGGTGTTT-	116
	* * * * *	
HLB-CM	TTCTTCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTGGTATAGATATAGGAAAA-GGAAT	142
HLB-CR	TTCTTCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTGGTATAGATATAGGAAAA-GGAAT	142
HLB-P	TTCTTCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTGGTATAGATATAGGAAAA-GGAAT	142
AY266352	TTCTTCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTGGTATAGATATAGGAAAA-GGAAT	178
M94319	TTCTTCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTGGTATAGATATAGGAAAA-GGAAT	1576
AY342001	TTCTTCTTCGAAATCAAGATATGAAAATATTTTCTTGGTATAGATATAGGAAAA-GGAAT	3478
U09675	-----TTAGAGGTATTTCGTAGAAATGTTTTTT-TTG-TGTAGATGTAGAAAGACGGTTT	158
AF248498	-----TTTGAGGTCAAGATATAGATATATTTT-TTGATATAAATATAGGAAGATGTTT	169
	* * * * *	
HLB-CM	GGGTATATTTGTCACTGGAGATGAAAGTTGAATAGACAAGGAAAGAGCGTAGAAATTTT	202
HLB-CR	GGGTATATTTGTCACTGGAGATGAAAGTTGAATAGACAAGGAAAGAGCGTAGAAATTTT	202
HLB-P	GGGTATATTTGTCACTGGAGATGAAAGTTGAATAGACAAGGAAAGAGCGTAGAAATTTT	202
AY266352	GGGTATATTTGTCACTGGAGATGAAAGTTGAATAGACAAGGAAAGAGCGTAGAAATTTT	238
M94319	GGGTATATTTGTCACTGGAGATGAAAGTTGAATAGACAAGGAAAGAGCGTAGAAATTTT	1636
AY342001	GGGTATATTTGTCACTGGAGATGAAAGTTGAATAGACAAGGAAAGAGCGTAGAAATTTT	3538
U09675	AATTGTATTTATCATCGGGAGATGAAAGTTGAATAGGCAAGAAAGAGTGTGGAAATTTT	218
AF248498	AATTGTATTTATCATCGGGAGNTAGAAGTTGAATAGACAAGAAAAAGTGTAGAGATTTT	229
	* * * * *	
HLB-CM	TGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTGTTGTTGCACATTATAAGGGAAT	262
HLB-CR	TGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTGTTGTTGCACATTATAAGGGAAT	262
HLB-P	TGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTGTTGTTGCACATTATAAGGGAAT	262
AY266352	TGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTGTTGTTGCACATTATAAGGGAAT	298
M94319	TGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTGTTGTTGCACATTATAAGGGAAT	1696
AY342001	TGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAATTGTTGTTGCACATTATAAGGGAAT	3598
U09675	TGAATTAAGTAAGATTTTTTCTTCTCTGGATCAGTTGTTGTTGCGCACATAAGGGAAT	278
AF248498	TGAGTTGAGTAAGATTTTGTCTTCTCTGGTTCAGTTGTTGTTGCGCACATAAAGGAAT	289
	* * * * *	
HLB-CM	TAGTGTTCGCAAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGCG--GGAAGCTGGTGGAGGTGTA	320
HLB-CR	TAGTGTTCGCAAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGCG--GGAAGCTGGTGGAGGTGTA	320
HLB-P	TAGTGTTCGCAAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGCG--GGAAGCTGGTGGAGGTGTA	320
AY266352	TAGTGTTCGCAAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGCG--GGAAGCTGGTGGAGGTGTA	356
M94319	TAGTGTTCGCAAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGCG--GGAAGCTGGTGGAGGTGTA	1754
AY342001	TAGTGTTCGCAAAATTAAGATCTTCGAAAAAGATGCG--GGAAGCTGGTGGAGGTGTA	3656
U09675	TAGTGTAGCGCAGATAAAGATCTTCGAAAGAAAGTGC--AGAAGCTGGTGGAGGTGTA	336
AF248498	TAGTGTTCACAGATC--AGGACTTCGAAAGAAGGTNNNCGAGAAGCTGGTGGAGGTGTA	347
	* * * * *	
HLB-CM	AAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTGATACTAGTATTAGAGGAATA	380
HLB-CR	AAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTGATACTAGTATTAGAGGAATA	380
HLB-P	AAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTGATACTAGTATTAGAGGAATA	380
AY266352	AAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTGATACTAGTATTAGAGGAATA	416
M94319	AAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTGATACTAGTATTAGAGGAATA	1814
AY342001	AAAGTTGCCAAAAATCGTCTCGTCAAGATTGCTATCCGTGATACTAGTATTAGAGGAATA	3716
U09675	AAGGTTGCCAAAAATCGTCTTGTAAAGATTGCCGTCAGCGATACTAGTATTAGAGGTGTT	396
AF248498	AAGTNNNNAAAAATCGCTTGTAAAGATTGCCGTTCCGTGATACTAGCGTTAAGGAAGTT	407
	* * * * *	

```

HLB-CM      TCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAAATGTCTATTCCGGATAGTCCTGTTATTGCTCCT 440
HLB-CR      TCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAAATGTCTATTCCGGATAGTCCTGTTATTGCTCCT 440
HLB-P       TCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAAATGTCTATTCCGGATAGTCCTGTTATTGCTCCT 440
AY266352   TCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAAATGTCTATTCCGGATAGTCCTGTTATTGCTCCT 476
M94319     TCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAAATGTCTATTCCGGATAGTCCTGTTATTGCTCCT 1874
AY342001   TCTGATCTTTTCGTTGGGCAGTCTCTAAATGTCTATTCCGGATAGTCCTGTTATTGCTCCT 3776
U09675     TCAGATCTTTTGTGGGCAATCATTGATGTTTATTCCGGTTGACCCTATTGTTGCTCCT 456
AF248498   TCTGACCTTTTGTGGGCAATCATTGATGTTTATTCCAGTTGATCCTATTGTTGCTCCT 467
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *

HLB-CM      AAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTAGAGTTCTTGGTGGGGTTGTA 500
HLB-CR      AAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTAGAGTTCTTGGTGGGGTTGTA 500
HLB-P       AAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTAGAGTTCTTGGTGGGGTTGTA 500
AY266352   AAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTAGAGTTCTTGGTGGGGTTGTA 536
M94319     AAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTAGAGTTCTTGGTGGGGTTGTA 1934
AY342001   AAAATTTTCGGTTAGCTTTTCAAATGACAATAATGAATTTAGAGTTCTTGGTGGGGTTGTA 3836
U09675     AAGATTTCTGTGAGCTTTGCGAATGATAATAAACAGTTTGTGGTCTTGGCGGTATTTTG 516
AF248498   AAGATTTCTGTAACTTTCGAAATGATAACAAGCAATTTGTAGTTCTTGGTGGAGTTTGA 527
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *

HLB-CM      GAGAAGGGCGTCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTGCTTCTTTACCCGATCTTGAG 560
HLB-CR      GAGAAGGGCGTCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTGCTTCTTTACCCGATCTTGAG 560
HLB-P       GAGAAGGGCGTCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTGCTTCTTTACCCGATCTTGAG 560
AY266352   GAGAAGGGCGTCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTGCTTCTTTACCCGATCTTGAG 596
M94319     GAGAAGGGCGTCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTGCTTCTTTACCCGATCTTGAG 1994
AY342001   GAGAAGGGCGTCTTAATCAAGATTCTATCAAGCAAATTGCTTCTTTACCCGATCTTGAG 3896
U09675     GAGAAGATATTCTTGACCAAGATTCTATCAAACGGATTGCTTCGTTGCCTAATATTGAT 576
AF248498   GAAAATGATGTTCTTGATCAATGTCTATAAAACAAATTGCTTCTTTGCCAAATATTGAT 587
** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *

HLB-CM      GGTATTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATGCAACTAGA----- 608
HLB-CR      GGTATTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATGCAACTAGA----- 608
HLB-P       GGTATTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATGCAACTAGA----- 608
AY266352   GGTATTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATGCAACTAGATTGGTTAGACTT 656
M94319     GGTATTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATGCAACTAGATTGGTTAGACTT 2054
AY342001   GGTATTCGAGCTGGTATCATAAGTGCTATCCAATCTAATGCAACTAGATTGGTTAGACTT 3956
U09675     GGTATTCGTTCTATGATCATTAGTGCTATTCAATTTAATTCGACTAGATTGGTAAATCTT 636
AF248498   GGTATCCGTCTATTATCATAAGTGCTATTTCAATTTAATGCGACTAAATGCTCAGGCTT 647
***** ** * * * * * ***** ** * * * * *

```

ภาพ 12 การเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนของยีน ribosomal protein (*rpI*) ระหว่างเชื้อ *Candidatus Liberobacter* spp. สาเหตุโรคจาก HLB-CM (เชียงใหม่) HLB-CR (เชียงราย) และ HLB-P (แพร่) กับที่มีรายงานไว้ใน GenBank

Accession No. AY266352 คือ *Candidatus Liberobacter asiaticus* ribosomal protein gene
 ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศอินเดีย
 มีความเหมือนถึง 100 %

Accession No. AY342001 คือ *Candidatus Liberobacter asiaticus tufB-secE-nusG-rpIKAJL-rpoB* gene cluster
 ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศญี่ปุ่น
 มีความเหมือน 100 %

Accession No. M94319 คือ *Liberobacter asiaticus* ribosomal protein and RNA polymerase (*rplKAJL-rpoB*) gene Cluster ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส มีความเหมือน 100 %

Accession No. U09675 คือ *Liberobacter africanus* Nelspruit ribosomal Protein L10 (*rplJ*) and ribosomal protein L12 (*rplL*) gene complete cds, and RNA polymerase beta subunit (*rpoB*) gene ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส มีความเหมือน 75%

Accession No. AF248498 คือ *Liberobacter africanus* subsp. *capensis* RplA (*rplA*) gene, partial cds; RplJ (*rplJ*) and RplL (*rplL*) genes, complete cds; and RpoB (*rpoB*) gene, partial cds ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส มีความเหมือน 70%

* คือ ตำแหน่งที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน

นอกจากนี้ได้นำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาแปลเป็นลำดับของกรดอะมิโน พบว่าลำดับ นิวคลีโอไทด์ที่ได้สามารถแปลออกมาเป็นลำดับของกรดอะมิโนจำนวน 146 amino acids (ภาพ 13) และเมื่อนำลำดับของกรดอะมิโนที่ได้ไปทำการเปรียบเทียบความเหมือนกับลำดับกรดอะมิโนที่มีรายงานใน NCBI หรือด้วยโปรแกรม ClustalW พบว่ามีความเหมือนกับลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อ *Candidatus Liberobacter* spp. ที่มีรายงานจากแหล่งต่างๆ (ภาพ 14) ดังนี้ มีความเหมือนกับลำดับของกรดอะมิโนของเชื้อ *Candidatus Liberobacter asiaticus* โดยมีความเหมือนถึง 100% กับ ribosomal protein L10 [*Candidatus Liberobacter asiaticus*] ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส และเหมือนกับ ribosomal protein [*Candidatus Liberobacter asiaticus*] ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศอินเดีย

มีความเหมือนถึง 80% กับ ribosomal protein L10 [*Candidatus Liberobacter africanus*] ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส

```

1 ctcttgtttagttggtttttgtgtggattcctttttcgctatcg
- - - - -
45 gatcgcttctttttgtaagggatgcgtaggatttttgttcttc
- - - - -
90 ttcgaaatcaagatatgaaaatattttcttggtatagatatagga
- - - - -
135 aaaggaatgggtatatttgtcatctggagatgaaagttgaataga
- - - - - M N R
180 caaggaaagagcgtagaaaatttctgaattaagtaagattttttct
Q G K S V E I S E L S K I F S
225 tcttctggatcaattggtggtgcacattataaggggaattagtgtt
S S G S I V V A H Y K G I S V
270 gcgcaaataaagatcttcggaaaaagatgcgggaagctggtgga
A Q I K D L R K K M R E A G G
315 ggtgtaaaagttgccaataatcgtctcgtcaagattgctatccgt
G V K V A K N R L V K I A I R
360 gatactagtattagaggaatatctgatcttttcgtgggcagtctc
D T S I R G I S D L F V G Q S
405 taattgtctattcggatagtcctggtattgctccttaaaatttcg
L I V Y S D S P V I A P K I S
450 gttagcttttcaaagacaataatgaatttagagttccttggtggg
V S F S N D N N E F R V L G G
495 gttgtagagaagggcgtccttaatacaagattctatcaagcaaatt
V V E K G V L N Q D S I K Q I
540 gcttctttaccgatcttgagggtattcgagctggtatcataagt
A S L P D L E G I R A G I I S
585 gctatccaatctaataactaga
A I Q S N A T R

```

ภาพ 13 ลำดับนิวคลีโอไทด์ (ตัวอักษรปกติ) และการแปลเป็นลำดับกรดอะมิโน (ตัวอักษรหนา) บางส่วนของยีน ribosomal protein (*rplJ*) ของ HLB-CM (เชียงใหม่) HLB-CR (เชียงราย) และ HLB-P (แพร่)

AAR13469	-----MREAGGGVVKVAKNRLVKI	18
AAA23107	MNRQGKSVEISELSKIFSSSGSIVVAHYKGISVAQIKDLRKKMREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
2002224D	LNRRQGKSVEISELSKIFSSSGSIVVAHYKGISVAQIKDLRKKMREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
HLB-CM	MNRQGKSVEISELSKIFSSSGSIVVAHYKGISVAQIKDLRKKMREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
HLB-CR	MNRQGKSVEISELSKIFSSSGSIVVAHYKGISVAQIKDLRKKMREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
HLB-P	MNRQGKSVEISELSKIFSSSGSIVVAHYKGISVAQIKDLRKKMREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
AAP22421	MNRQGKSVEISELSKIFSSSGSIVVAHYKGISVAQIKDLRKKMREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
AAA19555	MNRQEKSVSEISELSKIFSSSGSVVVAHYKGISVAQIKDLRKKVREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
AAF68452	MNRQEKSVSEISELSKILSSSGSVVVAHYKGISVAQIRTSKEGXREAGGGVVKVAKNRLVKI	60
	*****	*****
AAR13469	AIRDTSIRGISDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFSNDNNEFRVLGGVVEKGVLNQDSI	78
AAA23107	AIRDTSIRGISDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFSNDNNEFRVLGGVVEKGVLNQDSI	120
2002224D	AIRDTSIRGISDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFSNDNNEFRVLGGVVEKGVLNQDSI	120
HLB-CM	AIRDTSIRGISDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFSNDNNEFRVLGGVVEKGVLNQDSI	120
HLB-CR	AIRDTSIRGISDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFSNDNNEFRVLGGVVEKGVLNQDSI	120
HLB-P	AIRDTSIRGISDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFSNDNNEFRVLGGVVEKGVLNQDSI	120
AAP22421	AIRDTSIRGISDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFSNDNNEFRVLGGVVEKGVLNQDSI	120
AAA19555	AVSDTSLKGVSDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVSFANDNKQFVVLGGILEKDILDQDSI	120
AAF68452	AVRDTSVKEVSDLFVGQSLIVYSDSPVIAPKISVNFANDNKQFVVLGGVLENDVLDQCSI	120
	*:***:*****.*::*****.*::***:* *****::::.*:* **	
AAR13469	KQIASLPDLEGIRAGIISAIQSNATR-----	146
AAA23107	KQIASLPDLEGIRAGIISAIQSNATR-----	146
2002224D	KQIASLPDLEGIRAGIISAIQSNATR-----	146
HLB-CM	KQIASLPDLEGIRAGIISAIQSNATR-----	146
HLB-CR	KQIASLPDLEGIRAGIISAIQSNATR-----	146
HLB-P	KQIASLPDLEGIRAGIISAIQSNATR-----	146
AAP22421	KQIASLPDLEGIRAGIISAIQSNATR-----	146
AAA19555	KRIASLPNIDGIRSMIISAIQFNSTR-----	146
AAF68452	KQIASLPNIDGIRAITIISAIQFNATK-----	146
	*:*****:.*::*****.*::***:* **	

ภาพ 14 การเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนบางส่วนของยีน ribosomal protein (*rplJ*) ของ HLB-CM (เชียงใหม่) HLB-CR (เชียงราย) และ HLB-P (แพร่) กับลำดับกรดอะมิโนที่มีความคล้ายกัน

Accession No. AAA23107 คือ ribosomal protein L10 [*Candidatus Liberobacter asiaticus*]

ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส
มีความเหมือน 100%

Accession No. AAP22421 คือ ribosomal protein [*Candidatus Liberobacter asiaticus*]

ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศอินเดีย
มีความเหมือน 100%

Accession No. 2002224D คือ ribosomal protein L10

ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส
มีความเหมือน 99%

Accession No. AAR13469 คือ 50S ribosomal subunit protein L10 [*Candidatus Liberobacter asiaticus*]

ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศญี่ปุ่น

มีความเหมือน 80%

Accession No. AAA19555 คือ ribosomal protein L10 [*Candidatus*
Liberobacter africanus]

ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส

มีความเหมือน 80%

Accession No. AAF68452 คือ RplJ [*Candidatus* *Liberobacter*
africanus subsp. *capensis*]

ที่มีการศึกษาในห้องทดลองประเทศฝรั่งเศส

มีความเหมือนถึง 74%

* คือ ตำแหน่งที่มีลำดับกรดอะมิโนเหมือนกัน

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved