

สารบัญ

| | หน้า |
|--|------|
| กิตติกรรมประกาศ | ก |
| บทคัดย่อภาษาไทย | ง |
| บทคัดย่อภาษาอังกฤษ | ฉ |
| สารบัญ | ช |
| สารบัญตาราง | ฉ |
| สารบัญภาพ | ญ |
| บทที่ 1 บทนำ | 1 |
| บทที่ 2 ตรวจเอกสาร | 3 |
| บทที่ 3 อุปกรณ์และวิธีการ | 19 |
| บทที่ 4 ผลการทดลอง | |
| 4.1 ผลของโพแทสเซียมคลอไรด์ และอุณหภูมิต่อการออกดอกของลำไยพันธุ์ดอ | 42 |
| 4.2 ผลของโพแทสเซียมคลอไรด์ และอุณหภูมิต่อการเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตไคนินใน | 43 |
| ส่วนของยอด ใบ และรากลำไยพันธุ์ดอ | |
| 4.3 การจำแนกยีนที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์ไซโตไคนินชนิด <i>iZ/ZR</i> ในลำไยภายหลังการ | 49 |
| ชักนำให้ออกดอก | |
| 4.3.1 การสกัดอาร์เอ็นเอ การกำจัดจีโนมิกดีเอ็นเอที่ปนเปื้อน และการศึกษาการแสดงออก | 49 |
| ของยีน โดยวิธี RT-PCR | |
| 4.3.2 การออกแบบไพรเมอร์สำหรับยีน <i>CYP735A2</i> การทดสอบดีเจเนอร์ไพรเมอร์ การนำดีเอ็นเอ | 51 |
| สายผสมเข้าสู่เซลล์เจ้าบ้าน <i>E. coli</i> สายพันธุ์ DH5 α และการตรวจสอบยีนดีเอ็นเอที่โคลน | |
| 4.4 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน โดยเทคนิคชีวสารสนเทศศาสตร์ | 53 |
| 4.5 เนื้อเยื่อลำไยในกรรมวิธีต่างๆ และลำดับกรดอะมิโนของยีน | 62 |
| บทที่ 5 วิจารณ์ผลการทดลอง | 63 |
| บทที่ 6 สรุปผลการทดลอง | 67 |
| เอกสารอ้างอิง | 68 |
| ภาคผนวก | 74 |
| ประวัติผู้เขียน | 84 |

สารบัญตาราง

| ตาราง | หน้า |
|--|------|
| 1 ส่วนประกอบของสารผสมสำหรับกำจัดดีเอ็นเอ | 32 |
| 2 ส่วนประกอบของสารผสมสำหรับการสังเคราะห์ cDNA | 32 |
| 3 ส่วนประกอบของสารผสมในการสังเคราะห์ cDNA | 33 |
| 4 ส่วนประกอบของสารผสมสำหรับการตรวจสอบผลของ cDNA | 33 |
| 5 ส่วนประกอบของสารผสมการทดสอบดีเจอนอเรทไพรมอร์รอบที่ 1 | 35 |
| 6 ส่วนประกอบของสารผสมการทดสอบดีเจอนอเรทไพรมอร์รอบที่ 2 | 36 |
| 7 ส่วนประกอบของสารผสมของการเชื่อมต่อดีเอ็นเอที่สนใจเข้ากับดีเอ็นเอพาหะ | 37 |
| 8 ส่วนประกอบของสารผสมของการตรวจสอบชิ้นดีเอ็นเอที่โคลน | 39 |
| 9 ข้อมูลทางกายภาพการออกดอกของลำไยพันธุ์ดอ | 41 |
| 10 การเปลี่ยนแปลงตายอดของลำไยในช่วงระยะเวลาที่ทำการทดลอง | 44 |
| 11 ผลการสืบค้นความเหมือนของลำดับกรดอะมิโนที่ได้จากเนื้อเยื่อลำไยในกรรมวิธีต่างๆ กับลำดับกรดอะมิโนในฐานข้อมูลโดยโปรแกรม BLASTP 2.2.25 | 60 |
| 12 เนื้อเยื่อลำไยในกรรมวิธีต่างๆ และลำดับกรดอะมิโนที่หาได้ | 62 |
| 13 การเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตไคนินชนิด iP/iPA ในใบลำไยหลังกรรมวิธี | 76 |
| 14 การเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตไคนินชนิด iP/iPA ในยอดลำไยหลังกรรมวิธี | 76 |
| 15 การเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตไคนินชนิด iP/iPA ในรากลำไยหลังกรรมวิธี | 77 |
| 16 การเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตไคนินชนิด zZ/ZR ในใบลำไยหลังกรรมวิธี | 77 |
| 17 การเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตไคนินชนิด zZ/ZR ในยอดลำไยหลังกรรมวิธี | 78 |
| 18 การเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตไคนินชนิด zZ/ZR ในรากลำไยหลังกรรมวิธี | 78 |

สารบัญภาพ

| ภาพ | หน้า |
|--|------|
| 1 โครงสร้างทางเคมีของสารในกลุ่มไซโตโคไนน | 7 |
| 2 รูปแบบจำลองวิถีของการสังเคราะห์ไซโตโคไนน ในต้น <i>Arabidopsis</i> โดยผ่านวิถี methylerythritol phosphate (MEP) และ mevalonate (MVA) | 9 |
| 3 การศึกษาการเจริญเติบโตของ <i>Arabidopsis</i> ในเนื้อเยื่อจำเพาะและการตอบสนองไซโตโคไนนของยีน <i>CYP735A1</i> และ <i>CYP735A2</i> | 11 |
| 4 ปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส (Polymerase Chain Reaction) | 13 |
| 5 แผนภาพ Nested PCR | 16 |
| 6 แผนที่ของ pGEM [®] -T Easy Vector ขนาด 3015 bp | 23 |
| 7 ลักษณะต้นลำไยที่ปลูกเลี้ยง | 26 |
| 8 การบด และการสกัดตัวอย่างพืชเพื่อวิเคราะห์ปริมาณฮอร์โมน | 27 |
| 9 การกรองสาร การระเหยแห้ง และการปั่นเหวี่ยงตัวอย่าง | 28 |
| 10 ส่วนประกอบของคอลัมน์ที่ใช้ในการทำสารให้บริสุทธิ์ (Purification) | 29 |
| 11 ขั้นตอนการวัดปริมาณฮอร์โมนไซโตโคไนนชนิด iP/iPA โดยวิธี Competitive ELISA | 30 |
| 12 ขั้นตอนการวัดปริมาณฮอร์โมนไซโตโคไนนชนิด iZ/ZR โดยวิธี Competitive ELISA | 31 |
| 13 การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน <i>CYP735A2</i> | 35 |
| 14 ขั้นตอนการนำดีเอ็นเอสายผสมเข้าสู่เซลล์เจ้าบ้าน <i>E. coli</i> | 39 |
| 15 การเปลี่ยนแปลงตายอดลำไย | 43 |
| 16 เส้นกราฟมาตรฐานของฮอร์โมน iP/iPA | 43 |
| 17 เส้นกราฟมาตรฐานของฮอร์โมน iZ/ZR | 45 |
| 18 การเปลี่ยนแปลงปริมาณไซโตโคไนนชนิด iP/iPA และ iZ/ZR ในเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ | 48 |
| 19 การสกัด RNA การกำจัดจีโนมิก DNA ที่ปนเปื้อน และการศึกษาการแสดงออกของยีน โดยวิธี RT-PCR | 50 |
| 20 การออกแบบไพรเมอร์สำหรับยีน <i>CYP735A2</i> การทดสอบดีเจเนอเรทไพรเมอร์ การนำ DNA สายผสมที่ได้เข้าสู่เซลล์แบคทีเรีย <i>E. coli</i> สายพันธุ์ DH5 α และการตรวจสอบชิ้น DNA ที่โคลน | 52 |
| 21 ขนาดผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ประมาณ 588 คู่เบส | 53 |

สารบัญภาพ (ต่อ)

| ภาพ | หน้า |
|--|------|
| 22 (ก) การ alignment ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากยอคล่ายกรรมวิธีกรด KClO_3 อัตรา 400 ppm ด้วยโปรแกรม DNAMAN (ข) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนที่ได้จากยอคล่ายกรรมวิธีกรด KClO_3 อัตรา 400 ppm และ (ค) ลำดับกรดอะมิโนของยีนที่ได้จากยอคล่ายกรรมวิธีกรด KClO_3 อัตรา 400 ppm | 54 |
| 23 (ก) การ alignment ของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากใบล่ายกรรมวิธีปลูกเลี้ยงภายใต้ อุณหภูมิต่ำ (17/12°C) ด้วยโปรแกรม DNAMAN (ข) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนที่ได้จากใบล่ายกรรมวิธีปลูกเลี้ยงภายใต้ อุณหภูมิต่ำ (17/12°C) และ (ค) ลำดับกรดอะมิโนของยีนที่ได้จากใบล่ายกรรมวิธีปลูกเลี้ยงภายใต้ อุณหภูมิต่ำ (17/12°C) | 56 |
| 24 (ก) การ alignment ของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากรากล่ายชุดควบคุมด้วยโปรแกรม DNAMAN (ข) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนที่ได้จากรากล่ายชุดควบคุม และ (ค) ลำดับกรดอะมิโนของยีนที่ได้จากรากล่ายชุดควบคุม | 57 |
| 25 (ก) การ alignment ของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ด้วยโปรแกรม DNAMAN (ข) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนที่ได้ และ (ค) ลำดับกรดอะมิโนของยีนที่ได้จากรากล่ายกรรมวิธีกรด KClO_3 อัตรา 400 ppm | 58 |
| 26 (ก) การ alignment ของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ด้วยโปรแกรม DNAMAN (ข) ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนที่ได้จากรากล่าย และ (ค) ลำดับกรดอะมิโนของยีนที่ได้จากรากล่ายกรรมวิธีปลูกเลี้ยงภายใต้ อุณหภูมิต่ำ (17/12°C) | 59 |
| 27 ผลการทำ multiple alignment ของลำดับกรดอะมิโนจำนวน 9 ตัวอย่างที่สืบค้นจากฐานข้อมูล กับลำดับกรดอะมิโนที่หาได้ | 59 |
| 28 ข้อมูลการเปลี่ยนแปลงความขึ้นสัมพันธ์ โดยแสดงค่าความขึ้นสัมพันธ์ของกรรมวิธีควบคุม กรรมวิธีกรด KClO_3 อัตรา 400 ppm (RH of HT) และกรรมวิธีปลูกเลี้ยงภายใต้ อุณหภูมิต่ำ | 75 |
| 29 ข้อมูลการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ โดยแสดงอุณหภูมิกลางวัน-กลางคืน (Day temp. of HT-Night temp. of HT) ในกรรมวิธีควบคุม กรรมวิธีกรด KClO_3 อัตรา 400 ppm และ อุณหภูมิกลางวัน-กลางคืน (Day temp. of LT- Night temp. of LT) ของกรรมวิธีปลูกเลี้ยงภายใต้ อุณหภูมิต่ำ (17/12°C) | 75 |