บทที่ 1

บทนำ

หอสมุดกลาง ศูนย์วิทยทรัพยากร จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

เนื่องจากลำดับเบสบริเวณยีน rRNA (ribosomal RNA) gene เป็นยีนที่ประกอบด้วย บริเวณลำดับเบสอนุรักษ์คือ 18S, 5S, 28S และ 5.8S subunit และ บริเวณที่มีความหลากหลายของลำดับเบสสูง(polymorphism) คือ ส่วน internal transcribed spacer (ITS) ซึ่ง ประกอบด้วย ITS 1 และ ITS 2 และ ส่วน intergenic spacer (IGS) ประกอบด้วย IGS-1 และ IGS-2 ซึ่งลำดับเบสบริเวณนี้ได้มีผู้วิจัยหลายคณะใช้การจัดจำแนกเชื้อต่างๆ เช่น ในเชื้อรา *Aspergillus*, *Entomophaga,* และ *Fusarium* เป็นต้น ซึ่งในบริเวณลำดับเบส IGS สามารถบ่งบอกความใกล้ชิดทางสายพันธุ์ของเชื้อต่างๆและมีศักยภาพในการแยกความแตกต่างในระดับ genus และ species ได้ดี จึงได้มีผู้วิจัยหลายคณะที่นิยมใช้ลำดับเบสบริเวณ rRNA gene ทั้งในลำดับเบสในบริเวณ ITS และ IGS-1 ในการจัดจำแนกและแบ่ง เชื้อ *Pythium insidiosum* ซึ่งเป็นสาเหตุของโรค pythiosis ออกจากเชื้อที่ก่อโรคคล้าย pythiosis และ เชื้อ *Pythium spp.* ที่ก่อโรคพืชตามธรรมชาติ อีกทั้งยังสามารถจัดแบ่งกลุ่มตามแหล่งที่มาของเชื้อจากภูมิภาคต่างๆทั่วโลกได้ แต่เนื่องจากข้อมูลลำดับเบสในส่วน IGS-1 ยังมีผู้ศึกษาไม่มากในเชื้อ *P. insidiosum* ในสายพันธุ์ประเทศไทย ซึ่งการศึกษาและวิจัยในวิทยานิพนธ์นี้ได้ทำการศึกษาและวิเคราะห์ลำดับเบสในส่วนนี้ในเชื้อ *Pythium* ในสายพันธุ์ประเทศไทยซึ่งประกอบด้วย เชื้อ *P. insidiosum* 10 สายพันธุ์จากผู้ป่วย pythiosis ทั่วทุกภาค, เชื้อ *Pythium* spp. แยกได้จากสิ่งแวดล้อม และ *P. graminicola* ซึ่งก่อโรคในพืช เพื่อจัดจำแนกแบ่งกลุ่มเชื้อ *P. insidiosum* ในสายพันธุ์ประเทศไทย

1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

เพื่อศึกษาและวิเคราะห์ลำดับเบสในส่วน Intergenic spacer I ของเชื้อ *P. insidiosum*

1.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ได้ข้อมูลลำดับเบสของเชื้อ *P. insidiosum* สายพันธุ์ที่แยกได้จากประเทศไทยในส่วน IGS-1 region
2. ข้อมูลลำดับเบสในบริเวณ IGS-1 ที่ได้ จะนำไปประยุกต์ใช้ในการทดลองเพื่อการวินิจฉัย การจัดจำแนก และการศึกษา phylogeny ต่อไป