

รายการอ้างอิง

ภาษาไทย

- กิตติมา คำหว่าน. 2545. ภาวะเหมาะสมในการสร้างฝักบู่ *Ipomoea aquatica* ดัดแปลงพันธุ์ โดยวิธีการใช้ *Agrobacterium tumefaciens*. วิทยานิพนธ์ ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาจุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม บัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. หน้า 1-70
- ปวิษฐดา ลิขผล. 2544. “การสร้างฝักบู่ *Ipomoea aquatica* ดัดแปลงพันธุ์ที่มียีนประมวลรหัส ซัลไฟต์รีดักเตส” วิทยานิพนธ์ ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาจุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม บัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, หน้า 36.
- สุรินทร์ ปิยะโชคคณานุกูล. 2539. พันธุ์วิศวกรรมเบื้องต้น. กรุงเทพมหานคร: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, หน้า187-199.
- อังคณา โพธิ์ไกร. 2545. “การสร้างฝักบู่ *Ipomoea aquatica* ดัดแปลงพันธุ์ที่มียีนประมวลรหัส ซิสเตอีนซินเตสจากข้าว” วิทยานิพนธ์ ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาจุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม บัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, หน้า 32.

ภาษาอังกฤษ

- Akaracharanya, A., Young-Eui, C., Kusano, T., Shinmyo, A., and Sanso, H. 2001. Efficient plant regeneration of *Ipomoea aquatica* by direct shoot formation from cotyledon segment. Plant Biotechnology. 18(1): 77-79.
- Baecker, P.A., and Wedding, R.T. 1980. Purification of serine acetyltransferase , a component of amultienzyme complex. Anal. Biochem.102:16-21.
- Bech, J., Poschenrieder, C., Barcelo, J., and Lansac, A. 2002. Plants from mine spoils in the south american area as potential sources of germplasm for phytoremediation technologies. Acta-Biotechnologica. 22(1-2): 5-11.
- Berkowitz, O., Wirtz, ., Wolf,A., Kuhlmann, J., and Hell, R. 2002. Use of biomolecular analysis to elucidate the regulatory mechanism of the cysteine synthase complex from *Arabidopsis thaliana*. J. Biol. Chem. 227(34): 30629-30634.

- Blaszczyk, A., Brodzik, R., and Sirko, Agnieszka. 1999. Increased resistance to oxidative stress in transgenic tobacco plants overexpressing bacterial serineacetyltransferase. Plant J. 20(2): 237-243.
- Bradford, M.M. 1979. A rapid sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye-binding. Anal Biochem. 72:248-254.
- Chronis, D., and Krishnan, H.B. 2004. Sulfur assimilation in soybean (*Glycine max* [L.] Merr.): molecular cloning and characterization of a cytosolic isoform of serine acetyltransferase. Planta. 218: 417-426.
- Creissen, G., John, F., Michael, F., Baldeep, K., Nicola, L., Helen, R., Gabriela, P., Florence, W., Neil, B., Alan, W., and Philip, M. 1999. Elevates glutathione biosynthetic capacity in the chloroplasts of transgenic tobacco plants paradoxically causes increased stress. The Plant Cell. 11:1277-1291.
- Droux, M., Ruffet, M., Douce, R., and Job, D. 1998. Interactions between serine acetyltransferase and O-acetylserine (thiol) lyase in higher plants. Eur.J. Biochem. 255: 235-245.
- Edwards, K., Johnstone, C., and Thompson, C. 1991. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis. Nucl.Acids Res. 19(6):1349.
- Feist, L.J., and Parker, D.R. 2001. Ecotypic variation in selenium accumulation among populations of *Stanleya pinnata*. New-Phytologist. 149(1):61-69.
- Gaitonde, M. K. 1967. A spectrophotometric method for the direct determination of cysteine in the presence of other naturally occurring amino acids. Biochem J. 104: 627-633.
- Hannink, N., Rosser, S.J., French, C.E., Basran, A., Murray, J.A.H., Nicklin, S., and Bruce, N.C. 2001. Phytodetoxification of TNT by transgenic plants expressing a bacterial nitroreductase. Nature-Biotechnology. 19(12):1168-1172
- Harms, K., Ballmoos, P., Brunold, C., Höfgen, R., and Hesse, H. 2000. Expression of a bacterial serine acetyltransferase in transgenic potato plants leads to increased levels of cysteine and glutathione. Plant J. 22(4):335-343.

- Heie, Y., Ohta, S., Lomari, K., and Kumashiro, T. 1994. Efficient transformation of rice (*Oryza sativa* L.) mediated by *Agrobacterium* and sequence analysis of bounavies of T-DNA. Plant J. 6 : 271-282.
- Inoue, K., Noji, M., and Saito, K. 1999. Determination of the sites required for the allosteric inhibition of serine acetyltransferase by L-cysteine in plants. Eur. J. Biochem. 266:220-227.
- Kawamura, Y., Fukkunaga, K,m Umehara, A, Takahashi, M., and Morikawa, H. 2002. Selection of *Rhododendron mucronatum* plants that have a high capacity for nitrogen dioxide uptake. Acta-Biotechnologica.22(1-2):113-120.
- Kawashima, C.G., Noji, M., Nakamura, M., Ogra, Y., and Saito, K. 2004. Heavy metal tolerance of transgenic tobacco plants over-expressing cysteine synthase. Biotechnol. lett. 26: 153-157.
- Kirk. J.L., Klironomos, J.N.m Lee, Hung., and Trecvors, J.T. 2002. Phytotoxicity assay to assess plant species for phytoremediation of petroleum-contaminated soil. Bioremediation-Journal-of-microbiology-Revue-Canadienne-de-Microbiologie. 47(8):773-776.
- Koprivova, A., Suter, M., Camp, R.O., Brunold,C., and Kopriva,S. 2000. Regulation of sulfate assimilation by nitrogen in *Arabidopsis* . Plant Physiol. 122:737-746.
- Kredich, N.M., and Tomkins, G.M. 1966. The enzymic synthesis of L-cysteine in *Escherichia coli* and *Salmonella typhimirium*. J. Biol. Chem. 241(21):4955-4965.
- Macek, T.,Mackova, M., Ravlikova, D., Szakova, J., and Truksa, M. 2002. Accumulation of cadmium by transgenic tobacco. Acta-Biotechnologica.22(1-2) :101-106.
- Murashige, T. and Skoog, F. 1962. A revised medium for rapid growth and bio-assay with tobacco tissue cultures. Physiol Pl. 15:473.
- Murillo, M., Foglia, R., Diller, A., Lee,D., and Leustek, T.1995. Serine acetyltransferase from *Arabidopsis thaliana* can functionaaly complement the cysteine requirement of a *cysE* mutant strain of *Escherichia coli*. Mol. Biol. Res. 41 (5):425-433.

- Nakamura, T., Yamaguchi, Y., and Sana, H. 1999. Four rice genes encoding cysteine synthase: isolation and differential responses to sulfur, nitrogen and light. Gene. 229:155-161.
- Noctor, G., and Foyer, C.H. 1998. Simultaneous measurement of foliar glutathione, γ -glutamylcysteine, and amino acids by high-performance liquid chromatography: comparison with two other assay methods for glutathione. Anal.Biochem. 264:98-110.
- Noji, M., Inoue, K., Kimura, N., Gouda, A., and Saito, K.1998. Isoform-dependent differences in feedback regulation and subcellular localization of serine acetyltransferase involved in cysteine biosynthesis from *Arabidopsis thaliana*. J. Biol. Chem. 273(49):32739-32745.
- Noji, M., Saito, M., nakamura, M., Aono, M., Saji, H., and Saito, K. 2001. Cysteine synthase overexpression in tobacco confers tolerance to sulfur-containing environmental pollutants. Plant Physiol. 126: 973-980.
- Olsen, L.R., Huang, B., Vetting, M.W., and Roderick, SL. 2004. Structure of serine acetyltransferase in complex with CoA and its cysteine feedback inhibition. Biochem. 43: 6013-6019.
- Pye, V.E., Tingey, A.P.,Robson, R.L., and Moody, P.C.E. 2004. The structure and mechanism of srine acetyltransferase (SAT) from *Escherichia coli*. J. of Bacteriol. 245: 278-289.
- Ruffet, M.L., Droux, M., and Douce, R.1994. Purification and kinetic properties of serine acetyltransferase free of O-acetylserine(thiol)lyase from *Spinach* chloroplasts. Plant Physiol.104:597-604.
- Ruffet, M.L., Lebrum, M., Droux, M., and Douce, R. 1995. Subcellular distribution of serine acetyltransferase from *Pisum sativum* and characterization of and *Arabidopsis thaliana* putative cytosolic isoform. European Journal Biochemistry. 227:500-509.
- Satofuka, H., Fukui, T., Tagaki, M., Atomi, H., and Imanaka, T. 2001. Metal-binding properties of phytochelatin-related peptides. J. Inorg.Biochem. 86: 595-602.

- Saito, K., Naoko, M., Mami, Y., Hisashi, H., and Isamu, M. 1992. Molecular cloning and bacterial expression of cDNA encoding a plant cysteine synthase. Proc Natl. Acad.Sci.USA. 89 : 8078-8082.
- Saito, K., Tatsugushi, K., Murakoshi, I., and Hirano, H. 1993. cDNA cloning and expression of cysteine synthase B localized in chloroplasts of *Spinacia oleracea*. FEBS Letter. 324(3)247-252.
- Saito, K., Tatsuguchi, K., Takagi, Y., and Murakoshi, I. 1994a. Isolation and characterization of cDNA that encodes a putative mitochondrial – localizing isoform of cysteine synthase (O-acetylserine (thiol)-lyase from *Spinacia oleracea*. J.Bio.Chem. 269(45) : 28187-28192.
- Saito, K., Makoto, K., Kazuyo, T., Yoshiko, T., and Isamu, M. 1994b. Modulation of cysteine biosynthesis in chloroplasts of transgenic tobacco overexpressing cysteine synthase [O-acetylserine (thiol)-lyase]. Plant Physiol. 106 : 887-895.
- Saito, K., Yokoyama, H., Noji, M. and Murakoshi, I. 1995. Molecular cloning and characterization of a plant serine acetyltransferase playing a regulatory role in cysteine biosynthesis from watermelon. The Journal of Biological Chemistry. 270:16321-16326.
- Saito, K., Inoue, K., Fukushima, R., and Noji, M. 1997. Genomic structure and expression analysis of serine acetyltransferase gene in *Citrullus vulgaris* (watermelon). Gene. 189: 57-63.
- Saito, K. 2000a. Regulation of sulfate transport and synthesis of sulfur-containing amino acids. Curr Opin Plant Biol. 3 (3):188-195.
- Saito, K., Takahashi, H., Noji, M., Inoue, M., and Hatzfeld, Y. 2000b. Molecular regulation of sulfur assimilation and cysteine synthesis. Sulfur Nutrition and sulfur assimilation in higher plants. 59-72.
- Takagi, H., Awano, N., Kobayashi, S., Noji, M., Saito, K., and Nakamori, S. 1999. Overproduction of L-cysteine by expression of genes for feedback inhibition-

- insensitive serine acetyltransferase from *Arabidopsis thaliana*. FEMS. Microbiol. Lett. 179: 453-459.
- Urano, Y., Tomofumi, M., Masaaki, N., and Kazuki, S. 2000. Molecular cloning and functional characterization of cDNAs encoding synthase and serine acetyltransferase that may be responsible for high cellular cysteine content in *Allium tuberosum*. Gene. 257 : 269-277.
- Writz, M., Berkowitz, O., Droux, M., and Hell R. 2001. The cysteine synthase complex from plants : mitochondrial serine acetyltransferase from *Arabidopsis thaliana* carries a bifunctional domain for catalysis and protein-protein interaction. FEBS. 286: 686-693.
- Wirtz, M., and Hell, R. 2003. Production of cysteine for bacterial and plant biotechnology: application of cyseine feedback-insensitive isoforms of serine acetyltransferase. Amino Acids. 24: 195-203.
- Yamaguchi, Y., Nakamura, T., Harada, E., Koizumi, N., and Sano, H. 1999. Differential accumulation of transcripts encoding sulfur assimilation enzymes upon sulfur and or nitrogen deprivation in *Arabidopsis thaliana*. Biosci.Biotechnol.biochem. 63(4):762-766.
- Youssefian, S., Nakamura, M., and Sano, H. 1993. Tobacco plants transformed with the O-acetylserine(thiol)lyase genes of wheat are resistant toxic levels of hydrogen sulfide gas. Plant J. 4(5):459-469.
- Youssefian, S., Michimi, N., Emin, O., and Noriaki, K. 2001. Increased cysteine biosynthesis capacity of transgenic tobacco overexpressing an O-acetylserillne(thiol)lyase modifies plant responses to oxidative stress. Plant Physiology. 126: 1001-1011.



ภาคผนวก

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาคผนวก ก

สูตรและวิธีการเตรียมอาหารเลี้ยงเชื้อ

1. อาหารเลี้ยงเชื้อ Luria-Bertani (LB)

แบคโต-ทริปโตน (Bacto Tryptone)	10	กรัม
สารสกัดจากยีสต์ (Yeast Extract)	5	กรัม
โซเดียมคลอไรด์ (Sodium Chloride)	10	กรัม
วุ้นผง(Agar)	15	กรัม

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดในน้ำกลั่น 1,000 มิลลิลิตร ปรับค่าความเป็นกรดเบสเป็น 7.5 นิ่งฆ่าเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์/ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

2. อาหาร GYT

สารละลายกลีเซอรอล (Glycerol) เข้มข้น	10 %	(น้ำหนัก/ปริมาตร)
สารสกัดจากยีสต์ (Yeast Extract)	0.125 %	(น้ำหนัก/ปริมาตร)
แบคโต-ทริปโตน (Bacto Tryptone)	0.25 %	(น้ำหนัก/ปริมาตร)

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดในน้ำกลั่น ปรับค่าความเป็นกรดเบสเป็น 7.5 นิ่งฆ่าเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์/ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

3. อาหารเลี้ยงเชื้อ YEP

แบคโต-เปปโตน (Bacto Peptone)	10	กรัม
สารสกัดจากยีสต์ (Yeast Extract)	10	กรัม
โซเดียมคลอไรด์(Sodium Chloride)	5	กรัม
วุ้นผง(Agar)	15	กรัม

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดในน้ำกลั่น 1,000 มิลลิลิตร ปรับค่าความเป็นกรดเบสเป็น 7.5 นิ่งฆ่าเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์/ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

4. อาหาร MS (Murashige and Skoog, 1962)

ธาตุอาหารหลัก :

แอมโมเนียมไนเตรท(Ammonium Nitrate)	0.825	กรัม
โปแตสเซียมไนเตรท(Potassium Nitrate)	0.950	กรัม
แมกนีเซียมซัลเฟตเฮปตะไฮเดรท(Magnesium sulfate heptahydrate)	0.185	กรัม
แคลเซียมคลอไรด์ไดไฮเดรท(Calcium chloride dihydrate)	0.220	กรัม

โปแตสเซียมฟอสเฟต(Potassium phosphate)	0.085	กรัม
ไอออน II ซัลเฟตเฮปตะไฮเดรต(Iron(II) sulfate heptahydrate)	0.0139	กรัม

ธาตุอาหารรอง :

โซเดียมอีดีทีเอ(Sodium ethylenediamine tetraacetic acid)	18.65	มิลลิกรัม
แมงกานีสซัลเฟตเพนตะไฮเดรต(Manganese sulphate pentahydrate)	11.15	มิลลิกรัม
ซิงค์ซัลเฟตเฮปตะไฮเดรต(Zinc sulphate heptahydrate)	4.3	มิลลิกรัม
โซเดียม โมลิบเดต(Sodium Molybdate)	0.125	มิลลิกรัม
กรดบอริก(Boric acid)	3.1	มิลลิกรัม
โปแตสเซียมไอโอไดด์(Potassium Iodide)	0.415	มิลลิกรัม
โคบอลต์คลอไรด์เฮกซะไฮเดรต(Cobaltchloride hexahydrate)	0.0125	มิลลิกรัม
คอปเปอร์ซัลเฟตเพนตะไฮเดรต(Coppersulphate pentahydrate)	0.0125	มิลลิกรัม

องค์ประกอบวิตามิน :

อินโนซิทอล(Inositol)	100	มิลลิกรัม
ไกลซีน(Glycin)	2.0	มิลลิกรัม
ไพริดอกซินไฮโดรคลอไรด์(Pyridoxine hydrochloride)	0.5	มิลลิกรัม
กรดนิโคตินิก(Nicotinic acid)	0.5	มิลลิกรัม
ไทอะมีนไฮโดรคลอไรด์(Thiamine hydrochloride)	0.4	มิลลิกรัม

น้ำตาลซูโครส(Sucrose)

30 กรัม

วุ้นผง (Phytigel : Sigma., USA)

3.5 กรัม

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดในน้ำกลั่น 1,000 มิลลิลิตร ปรับค่าความเป็นกรดเบสเป็น 5.8 นำมาเชื้อที่อุณหภูมิ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์/ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

5. อาหาร MMS (Murashige and Skoog, 1962)

ธาตุอาหารหลัก :

แอมโมเนียมไนเตรต(Ammonium Nitrate)	0.825	กรัม
โปแตสเซียมไนเตรต(Potassium Nitrate)	0.950	กรัม
แมกนีเซียมซัลเฟตเฮปตะไฮเดรต(Magnesium sulfate heptahydrate)	0.185	กรัม
แคลเซียมคลอไรด์ไดไฮเดรต (Calcium chloride dihydrate)	0.220	กรัม

โปแตสเซียมฟอสเฟต(Potassium phosphate)	0.085	กรัม
ไอออน II ซัลเฟตเฮปตะไฮเดรต(iron(II) sulfate heptahydrate)	0.0139	กรัม

ธาตุอาหารรอง :

โซเดียมอีดีทีเอ(Sodium ethylenediamine tetraacetic acid)	18.65	มิลลิกรัม
แมงกานีสซัลเฟตเพนตะไฮเดรต (Manganese sulphate pentahydrate)	11.15	มิลลิกรัม
ซิงค์ซัลเฟตเฮปตะไฮเดรต(Zinc sulphate heptahydrate)	4.3	มิลลิกรัม
โซเดียม โมลิบเดต(Sodium Molybdate)	0.125	มิลลิกรัม
กรดบอริก(Boric acid)	3.1	มิลลิกรัม
โปแตสเซียมไอโอไดด์(Potassium Iodide)	0.415	มิลลิกรัม
โคบอลต์คลอไรด์เฮกซะไฮเดรต(Cobaltchloride hexahydrate)	0.0125	มิลลิกรัม
คอปเปอร์ซัลเฟตเพนตะไฮเดรต(Coppersulphate pentahydrate)	0.0125	มิลลิกรัม

องค์ประกอบวิตามิน :

อินโนซิทอล(Inositol)	100	มิลลิกรัม
กรดนิโคตินิก(Nicotinic acid)	0.5	มิลลิกรัม
ไธอะมิลไฮโดรคลอไรด์(Thiamine hydrochloride)	0.4	มิลลิกรัม
กรดโฟลิก(Folic acid)	5.0	มิลลิกรัม

น้ำตาลซูโครส(Sucrose)

30 กรัม

วุ้นผง (Phytigel: Sigma., USA)

3.5 กรัม

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดในน้ำกลั่น 1,000 มิลลิลิตร ปรับค่าความเป็นกรดเบสเป็น 5.8 หนึ่ง
ฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์/ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

6. อาหารเลี้ยงเชื้อ SOC

แบคโต-ทริปโตเน(Bacto Tryptone)	20	กรัม
สารสกัดจากยีสต์ (Yeast Extract)	5	กรัม
โซเดียมคลอไรด์(Sodium Chloride)	10	มิลลิโมลาร์
โปแตสเซียมคลอไรด์ (Potassium chloride)	2.5	มิลลิโมลาร์
แมกนีเซียมคลอไรด์ (Magnesium chloride)	10	มิลลิโมลาร์
แมกนีเซียมซัลเฟต (Magnesium sulfate)	10	มิลลิโมลาร์
กลูโคส (glucose)	20	มิลลิโมลาร์

วุ้นผง(Agar)

15 กรัม

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดในน้ำกลั่น 1,000 มิลลิลิตร ปรับค่าความเป็นกรดเบสเป็น 7.5 นึ่ง
ฆ่าเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์/ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาคผนวก ข

1. สารละลายไฮโกรมัยซิน (hygromycin) ความเข้มข้น 50 มิลลิกรัม/มิลลิลิตร
ละลายไฮโกรมัยซินปี 250 มิลลิกรัมในน้ำกลั่น 5 มิลลิลิตร ทำให้ปราศจากเชื้อด้วยการกรองผ่านแผ่นกรองที่มีขนาดรูพรุน 0.45 ไมครอน เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส
2. สารละลายกานามัยซิน (Kanamycin) ความเข้มข้น 50 มิลลิกรัม/มิลลิลิตร
ละลายกานามัยซิน(ในรูปเกลือซัลเฟต) 250 มิลลิกรัม ในน้ำกลั่น 5 มิลลิลิตร ทำให้ปราศจากเชื้อด้วยการกรองผ่านแผ่นกรองที่มีขนาดรูพรุน 0.45 ไมครอน เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส
3. สารละลายแอมพิซิลลิน (Ampicillin) ความเข้มข้น 50 มิลลิกรัม/มิลลิลิตร
ละลายแอมพิซิลลิน 250 มิลลิกรัม ในน้ำกลั่น 5 มิลลิลิตร ทำให้ปราศจากเชื้อด้วยการกรองผ่านแผ่นกรองที่มีขนาดรูพรุน 0.45 ไมครอน เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส
4. สารละลายอะซิโตไซริงโอน (Acetosyringone) ความเข้มข้น 50 มิลลิกรัม/มิลลิลิตร
ละลาย 3', 5'-ไดเมทอกซี-4'-ไฮดรอกซีอะซิโตฟีโนน (3', 5'-Dimethoxy-4'-hydroxy-acetophenone) 250 มิลลิกรัมในไดเมทิลซัลฟอกไซด์(Dimethyl sulfoxid) 5 มิลลิลิตร เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส
5. สารละลายเซฟโทรแทกซิม (Cefotaxime) ความเข้มข้น 50 มิลลิกรัม/มิลลิลิตร
ละลายเซฟโทรแทกซิม (Cefotaxime Sodium Salt) 250 มิลลิกรัมในน้ำกลั่น 5 มิลลิลิตร ทำให้ปราศจากเชื้อด้วยการกรองผ่านแผ่นกรองที่มีขนาดรูพรุน 0.45 ไมครอน เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส
6. สารละลายไธเดียซูรอน (Thidiazuron) ความเข้มข้น 10 มิลลิโมลาร์
ละลายไธเดียซูรอน 22 มิลลิกรัม ในไดเมทิลฟอร์มามิด (Dimethylformamid) 200 ไมโครลิตร ปรับปริมาตรให้เป็น 10 มิลลิลิตร โดยน้ำกลั่นปลอดเชื้อโดยวิธีปราศจากเชื้อ

7. สารละลายสำหรับสกัดพลาสติก

7.1 สารละลาย I

ความเข้มข้นสุดท้าย

สารละลายกลูโคส	50	มิลลิโมลาร์
สารละลายทริส-คลอไรด์บัฟเฟอร์ ค่าความเป็นกรดเบส 8.0	5	มิลลิโมลาร์
สารละลายอีดีทีเอ ค่าความเป็นกรดเบส 8.0	10	มิลลิโมลาร์

ผสมองค์ประกอบทั้งหมดให้เข้ากัน นิ่งมาเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์ / ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

7.2 สารละลาย II

สารละลายโซเดียมไฮดรอกไซด์เข้มข้น 10 นอร์มอล	0.2	มิลลิลิตร
สารละลายโซเดียมโคเคซิลซัลเฟตเข้มข้น 10% (น้ำหนัก/ปริมาตร) น้ำกลั่น	1.0	มิลลิลิตร
	8.8	มิลลิลิตร

ผสมองค์ประกอบทั้งหมดให้เข้ากัน นิ่งมาเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์ / ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

7.3 สารละลาย III

สารละลายโปแตสเซียมอะซิเตตเข้มข้น 5 โมลาร์	50	มิลลิลิตร
กรดอะซิติกเข้มข้น	11.5	มิลลิลิตร
น้ำกลั่น	8.5	มิลลิลิตร

ผสมองค์ประกอบทั้งหมดให้เข้ากัน นิ่งมาเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์ / ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

8. สารละลายทีอีบัฟเฟอร์ (TE buffer) ค่าความเป็นกรดเบส 8.0

ความเข้มข้นสุดท้าย

สารละลายทริส-เบส	10	มิลลิโมลาร์
สารละลายอีดีทีเอ ค่าความเป็นกรดเบส 8.0	1	มิลลิโมลาร์

ผสมองค์ประกอบทั้งสองเข้าด้วยกัน ปรับค่าความเป็นกรดเบสด้วยกรดไฮโดรคลอริกเข้มข้น จนได้ค่าความเป็นกรดเบสเป็น 8.0 นิ่งมาเชื้อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์ / ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที

9. สารละลายสำหรับสกัดดีเอ็นเอจากผักบุ้ง ; สารละลายเอ็กแทรกชันบัฟเฟอร์

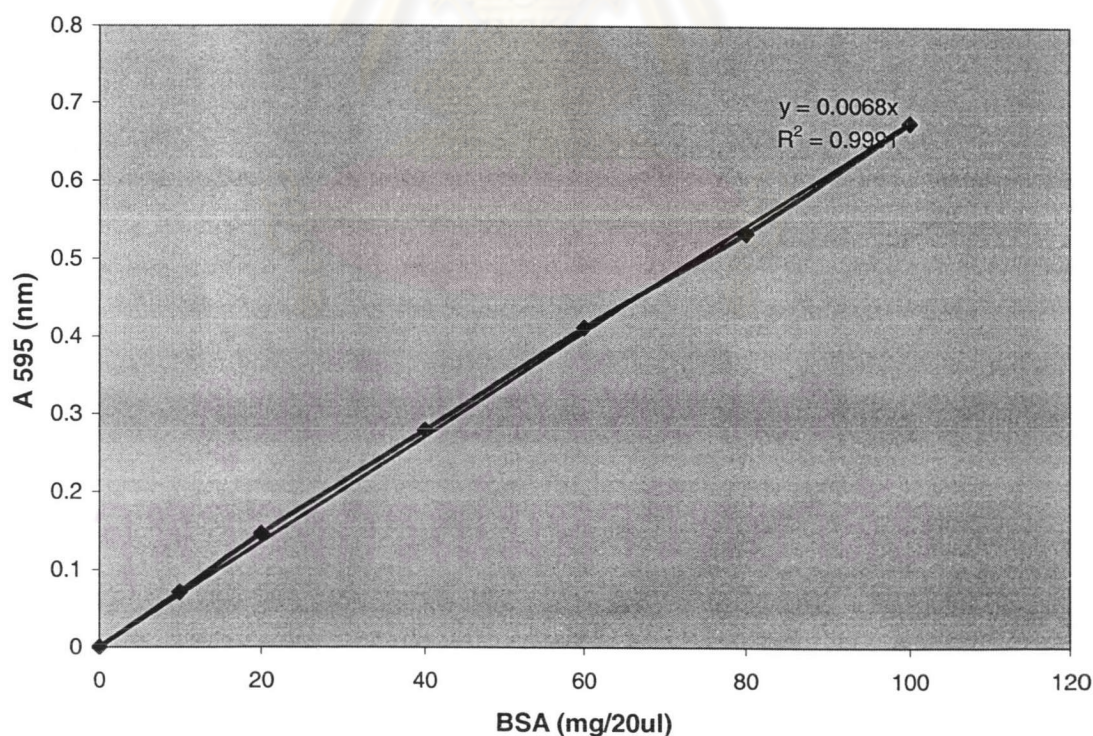
	ความเข้มข้นสุดท้าย
สารละลายทริสคลอไรด์บัฟเฟอร์ค่าความเป็นกรดเบส 7.5	200 มิลลิโมลาร์
สารละลายอีดีทีเอ ค่าความเป็นกรดเบส 8.0	25 มิลลิโมลาร์
เอดซีเอส (SDS)	0.5 เปอร์เซ็นต์ (น้ำหนัก/ปริมาตร)

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดเข้าด้วยกันโดยวิธีปราศจากเชื้อ เก็บที่อุณหภูมิห้อง

10. สารละลายเบรดฟอร์ด (Bradford reagent)

เอทานอล เข้มข้น 95% (ปริมาตร/ปริมาตร)	5	มิลลิลิตร
กรดฟอสฟอริกเข้มข้น 85% (ปริมาตร/ปริมาตร)	10	มิลลิลิตร
สีคูแมสซีบริลเลียนท์บลูจี (Coomassie Brilliant Blue G)	10	มิลลิกรัม

ผสมองค์ประกอบทั้งหมดในน้ำกลั่นปรับปริมาตรสุดท้ายเป็น 100 มิลลิลิตร กรองสารละลายผ่านกระดาษกรอง Whatman เบอร์ 1 และเก็บในขวดสีชาที่อุณหภูมิห้อง



ภาพที่ ข.1 กราฟมาตรฐานแสดงความสัมพันธ์ระหว่างความเข้มข้นของสารละลาย BSA และค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 595 นาโนเมตร

11. สารละลายทีเอบีฟเฟอร์ (TAE buffer) (ความเข้มข้น 50 เท่า)

ทริส-เบส (Tris- base)	202	กรัม
กรดอะซิติกเข้มข้น	57.1	มิลลิลิตร
สารละลายอีดีทีเอเข้มข้น 0.5 โมลาร์ ค่าความเป็นกรดเบส 8.0	100	มิลลิลิตร

ผสมองค์ประกอบทั้งหมดเข้าด้วยกันแล้วปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นให้เป็น 1 ลิตร

12. สารละลายฟีนอล คลอโรฟอร์ม ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (phenol chloroform isoamyl alcohol) นำฟีนอลที่เติมไฮดรอกซีควิโนลีน (8-Hydroxyquinoline) ความเข้มข้นสุดท้าย 0.1 เปอร์เซ็นต์ (น้ำหนัก/ปริมาตร) มาทำให้สมดุล (equilibrate) ด้วยสารละลายทริสคลอโรฟอร์ม ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ ค่าความเป็นกรดเบส 8.0 จนค่าความเป็นกรดเบส ≥ 7.5 แล้วนำมาผสมกับคลอโรฟอร์ม และไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ในอัตราส่วน 25:24:1

13. สารละลายนินไฮดริน (Ninhydrin solution)

นินไฮดริน	250	มิลลิกรัม
กรดอะซิติกเข้มข้น	6	มิลลิลิตร
กรดไฮโดรคลอริกเข้มข้น	4	มิลลิลิตร

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดเข้าด้วยกัน เก็บในขวดสีชาที่อุณหภูมิห้อง

14. สารละลาย loading buffer ความเข้มข้น 6 เท่า

สีโบรมฟีนอลบลู (bromophenol blue)	0.25	เปอร์เซ็นต์ (น้ำหนัก/ปริมาตร)
ไซลีนไซยานอล เอฟ เอฟ (xylene cyanol FF)	0.25	เปอร์เซ็นต์ (น้ำหนัก/ปริมาตร)
สารละลายกลีเซอรอลเข้มข้น	30	เปอร์เซ็นต์ (ปริมาตร/ปริมาตร)

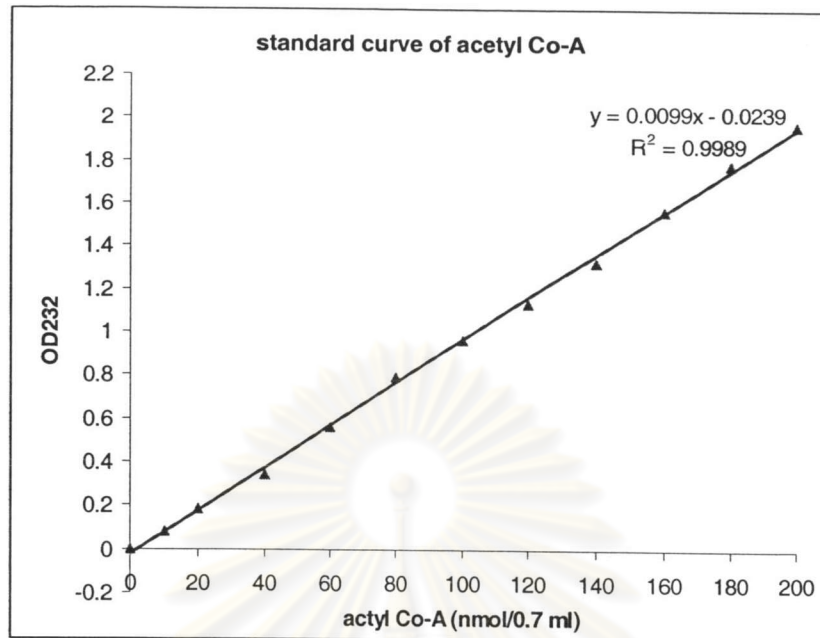
ละลายองค์ประกอบทั้งหมดเข้าด้วยกัน เก็บที่ 4 องศาเซลเซียส

15. สารละลายเอธิเดียมโบรมไนด์ (ethidium bromide) ความเข้มข้น 0.5 ไมโครกรัม/มิลลิลิตร

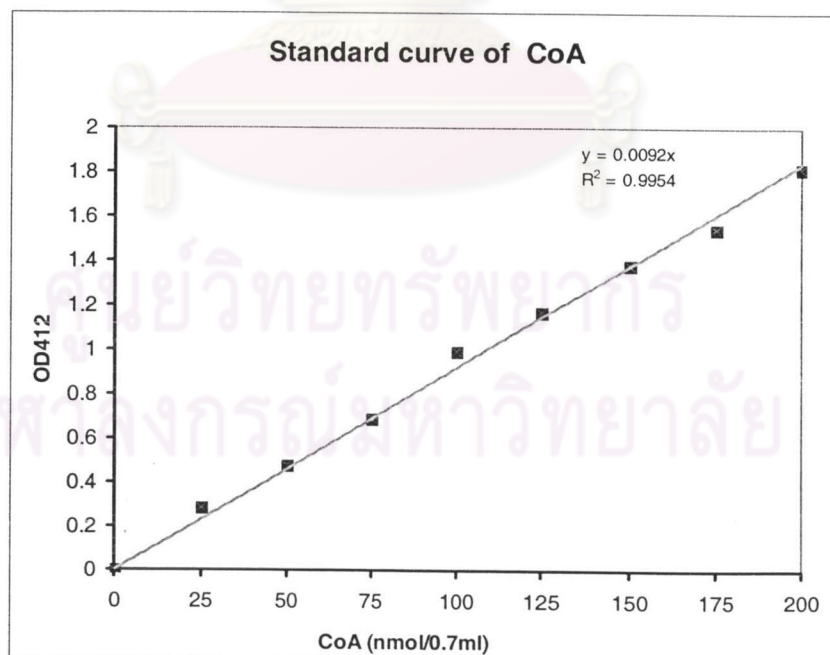
เจือจางสารละลายเอธิเดียมโบรมไนด์ เข้มข้น 500 ไมโครกรัม/มิลลิลิตร (stock solution) 1,000 เท่า ด้วยสารละลาย TAE บัฟเฟอร์ ความเข้มข้น 1 เท่า (1X TAE บัฟเฟอร์)

16. เอนไซม์อาร์เอ็นเอส (RNase) ความเข้มข้นสุดท้าย 40 ไมโครกรัม/มิลลิลิตร
ละลายอาร์เอ็นเอสในสารละลายทริส-คลอไรด์เข้มข้น 10 มิลลิโมลาร์ และสารละลายโซเดียมคลอไรด์เข้มข้น 15 มิลลิโมลาร์ จนได้ความเข้มข้น 40 ไมโครกรัม/มิลลิลิตร ให้ความร้อน 100 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 นาที ทิ้งให้เย็นที่อุณหภูมิห้อง แบ่งใส่หลอดไมโครพิวส์ หลอดละ 0.2 มิลลิลิตร เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส
17. สารละลายบัฟเฟอร์ HEPES (N-S-Hydroxyethyl-piperazine-N'-2-ethane sulfonic acid) ความเข้มข้น 1 มิลลิโมลาร์ ค่าความเป็นกรดเบสเป็น 7.0
ละลาย HEPES 0.238 กรัม ในน้ำกลั่น 800 มิลลิลิตร ปรับค่าความเป็นกรดเบสด้วยสารละลายโปแตสเซียมไฮดรอกไซด์เข้มข้น 1 นอร์มอล จนได้ค่าความเป็นกรดเบสเป็น 7.0 แล้วปรับปริมาตรให้เป็น 1,000 มิลลิลิตร ด้วยน้ำกลั่น หนึ่งมาเชื่อที่ 121 องศาเซลเซียส ความดัน 15 ปอนด์ /ตารางนิ้ว เป็นเวลา 15 นาที เก็บไว้ที่ 4 องศาเซลเซียส
18. สารละลายโปแตสเซียมไฮดรอกไซด์เข้มข้น 1 นอร์มอล
ละลายโปแตสเซียมไฮดรอกไซด์ 0.0056 กรัม ในน้ำกลั่นให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเป็น 100 มิลลิลิตร
19. สารละลายกรดไตรคลอโรอะซิติก (TCA) ความเข้มข้น 20 เปอร์เซ็นต์
เจือจางสารละลายกรดไตรคลอโรอะซิติก ด้วยน้ำกลั่น 5 เท่า ในปริมาตรสุดท้าย 100 มิลลิลิตร

20.



ภาพที่ ข.2 กราฟมาตรฐานแสดงความสัมพันธ์ระหว่างความเข้มข้นของสารละลายแอซิติล-โคเอ และค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 232 นาโนเมตร



ภาพที่ ข.3 กราฟมาตรฐานแสดงความสัมพันธ์ระหว่างความเข้มข้นของสารละลายโคเอ และค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 412 นาโนเมตร

21. สารละลายเอ็กแทกชันบัพเฟอร์สำหรับสกัดกรดอะมิโนซิสเตอีนและกลูตาไมโนที่มีอยู่ในเนื้อเยื่อพืช

ความเข้มข้นสุดท้าย

กรดไฮโดรคลอริก

0.1 นอร์มอล

สารละลายอีดีทีเอ ค่าความเป็นกรดเบส 8.0

1 มิลลิโมลาร์

ละลายองค์ประกอบทั้งหมดด้วยน้ำกลั่น เก็บที่อุณหภูมิห้อง

22. สารละลายไดโซอิทธิทอล

ละลายไดโซอิทธิทอล 3.09 กรัม ในสารละลายโซเดียมอะซิเตรดเข้มข้น 0.01 โมลาร์ ค่าความเป็นกรดเบส 5.2 ปริมาตร 20 มิลลิลิตร ทำให้ปราศจากเชื้อด้วยการกรองผ่านแผ่นกรองที่มีขนาดรูพรุน 0.45 ไมครอน แบ่งใส่หลอดไมโครพิวส์ หลอดละ 0.2 มิลลิลิตร เก็บไว้ที่ -20 องศาเซลเซียส

23. สารละลายเอ็น-ไซโคลเฮกซิล-2-อีนซัลโฟริกแอซิด (N-cyclohexyl-2-amino ethanesulfonic acid) ความเข้มข้น 0.5 โมลาร์ ค่าความเป็นกรดเบส 9.3

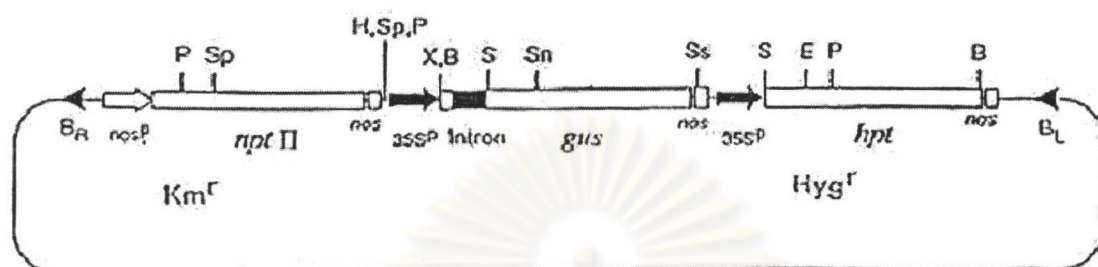
ละลายเอ็น-ไซโคลเฮกซิล-2-อีนซัลโฟริกแอซิด 10.365 กรัม ในน้ำกลั่น ปรับค่าความเป็นกรดเบสเป็น 9.3 ด้วยสารละลายโซเดียมไฮดรอกไซด์ ปรับปริมาตรเป็น 100 มิลลิลิตร เก็บที่อุณหภูมิห้อง

24. สารละลายโมนอบ्रोโมไบเมน (Monobromobimane) ความเข้มข้น 30 มิลลิโมลาร์

ละลายโมนอบ्रोโมไบเมน 0.0081 กรัม ในอะซิโตนไนด์ 1 มิลลิลิตร เก็บในที่มืดอุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส

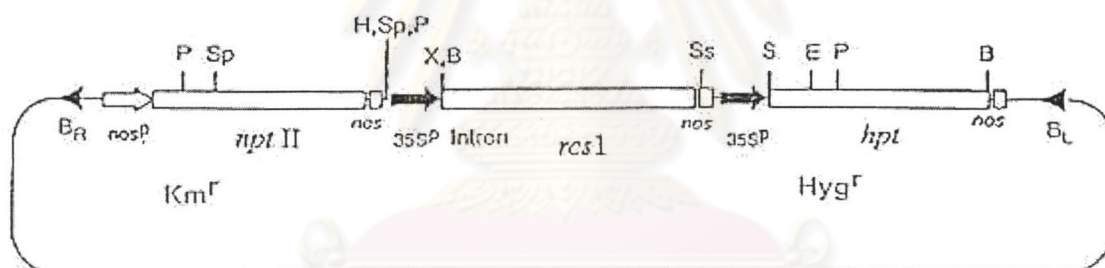
ศูนย์วิทยาศาสตร์การ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาคผนวก ค



pBIH1-IG(SX)

(ก)



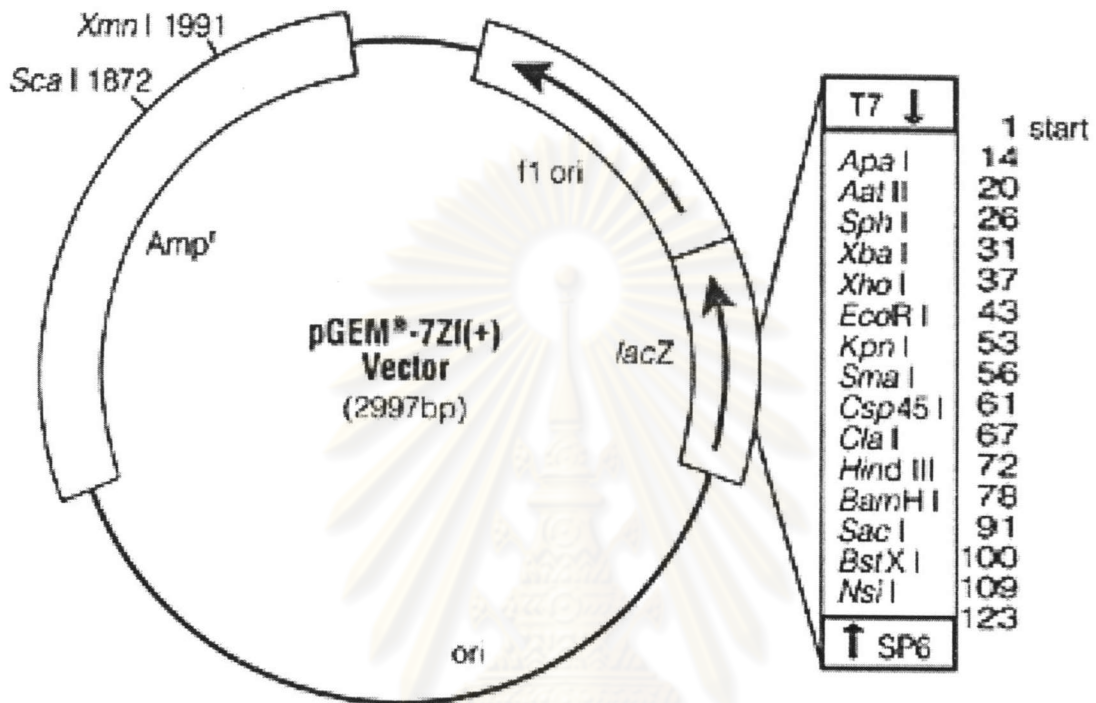
pBIH1-IG(SX)-rcs1

(ข)

ภาพที่ ค.1 (ก) แผนที่เรสทริกชันของพลาสมิด pBIH1-IG(SX) ขนาด 17 กิโลเบส (Kimura และคณะ, 1993) แสดงตำแหน่งยีน *gus* (ขนาด 2 กิโลเบส) ยีนต้านต่อสารปฏิชีวนะกานามัยซิน (*npt II*) และต้านต่อสารปฏิชีวนะไฮโกรมัยซิน (*hpt*)

(ข) แผนที่เรสทริกชันของพลาสมิด pBIH1-IG(SX)-*rcs1* ขนาด 16 กิโลเบส เป็น พลาสมิด ที่มียีนประมวลรหัสซิสเตอีนซินเตสของข้าวเจ้า (*rcs1*) ขนาด 1,290 เบส สอดแทรกอยู่ที่ ตำแหน่งเรสทริกชัน *XbaI* และ *SacI* ของพลาสมิดพาหะ pBIH1-IG(SX) ซึ่งเป็นการ สอดแทรกเข้าไปแทนที่ยีน *gus* ในพลาสมิดพาหะ pBIH1-IG(SX)

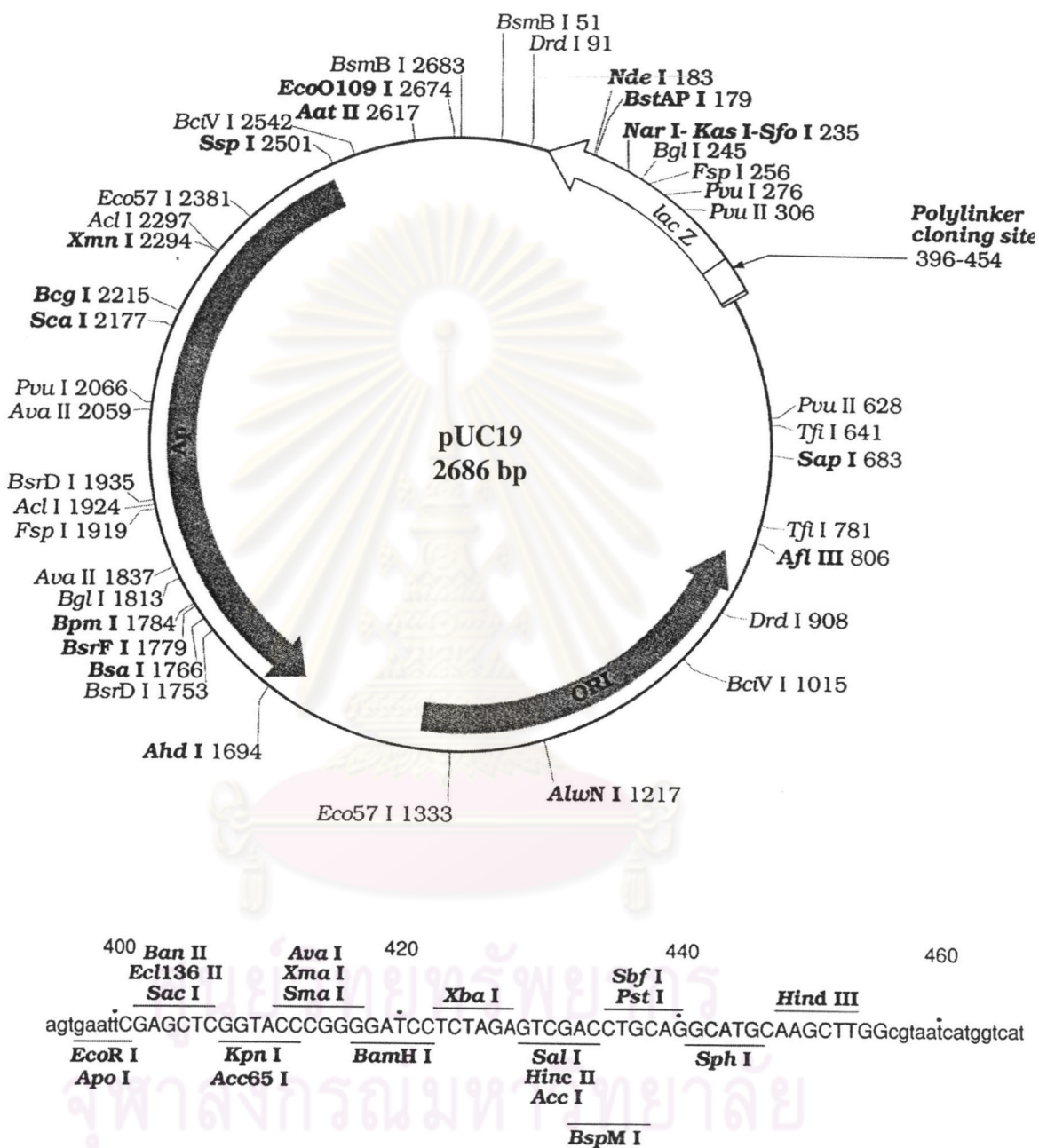
อักษรย่อของเรสทริกชันเอนไซม์ที่ใช้ : P แทน *PstI* , Sp แทน *SspI* , H แทน *Hind III* , B แทน *BamHI* , S แทน *Sal I* , Sn แทน *SnaBI* , X แทน *Xba I* , Ss แทน *Sac I* , E แทน *EcoRI*



02060402_5A

ภาพที่ ก. 2 แผนที่เรสทริกชันของพลาสมิด pGEM 7Zf(+) ขนาด 2,997 เบส

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



ภาพที่ ค. 3 แผนที่เรสทริกชันของพลาสมิด pUC19 ขนาด 2, 686 เบส

1 gcataaacca tggcaacatg catccacaca tgccgaaccg gtaataccca agacgatgat
 JSAT1 *start codon
 61 tcccggttct gttgcatcaa taaattcttc cgaccgggtt tctctgtcaa ccggaagatc
 121 caccacacc aaatcgaaga tgacgatgat gtctggatca agatgctcaa agaagccgaa
 181 tccgatgtta aacaagaacc cttttgtca aactactact acgcttcgat cacatctcat
 JSAT3
 241 cgatctttag agtctgcttt aggtcacatc ctctccgtaa agctcagcaa tttaaaccta
 301 ccaagcaaca cactcttoga actgttcata agcgttttag aagaaagccc tgagatcatc
 361 gaatccacga agcaagatct tatagcagtc aaagaaagag acccagcttg tataagctac
 421 gttcattgct tcttgggctt caaaggcttc ctgcttgtc aagctcatcg aatagctcat
 481 accctctgga aacagaacag aaaaatcgta gctttattga tccaaaacag agtatcagaa
 541 tctttogccg tcgatattca tcccggagcg aagatcggaa aagggattct tttagacat
 601 gcgacgggcy tggttatcgg agagacggcy gtggttggag acaatgtttc gattctacac
 661 ggagtgacct tgggaggaac agggaaacag agtggatgac ggcatccgaa gattggtgat
 JSAT4
 721 ggtgtgttga ttggagctgg gagttgtata ttggggaata taacaatcgg tgagggagct
 781 aagattggat cagggctcgt ggtgggtaag gatgtgccgg cgcgtacgac ggcggttggg
 841 aatccggcga ggttgattgg tgggaaagag aatccgagaa aacatgataa gattccttgt
 901 ctgactatgg accagacatc gtatttaacc gagtggctctg attatgtgat ttaacacaaa
 *stop codon
 961 tgtgtatttc tttctttctt gtaactgatg atgatgaaac aagtcttgtc ttttcttaa
 JSAT2
 1021tattttacta tgtactaatc aaacaagtct tgaatcaag ctcatcgatc tttagaag

ภาพที่ ค.4 แผนที่ตำแหน่งโอลิโกนิวคลีโอไทด์ไพรเมอร์ทั้ง 4 สาย บนลำดับเบสของยีน SAT1 (GenBank accession number L42212) ขนาด 1,079 เบส ลำดับเบสที่ 10-954 เป็นบริเวณซึ่งแปลรหัสโปรตีน

- atg (start codon) หมายถึงจุดเริ่มต้นของการถอดรหัสโปรตีน
- taa (stop codon) หมายถึงจุดสิ้นสุดของการถอดรหัสโปรตีน

1 gtcgaccac gcgtccgcaa ggaggagcaa ggattgttgt tgtttcgtg tcagatcgat
rcs1-1
 61 tcctgacggg ataatgggtg agaccatcgc caaggatgtc accgagttga ttgggaacac
 121 gccgttggtg tacctcaacc gggtgacgga tgggtgcgtc gggcgcgtcg cggccaagct
 181 cgagtccatg gagccatgct ccagcgtcaa ggataggatt ggatacagta tgatcactga
 241 tgcagaggag aaggggctga tcaactcagg caagagtgtg ctgattgagc caactagtgg
 301 caacacaggc attggactgg cttcatggc tgctgcaaag ggttacaggc ttgtactcac
 361 gatgcccggc tccatgagca tggagaggag aatcatattg aaggcttttg gtgctgaatt
 421 gatacttact gaccactct tgggaatgaa aggagctgtc caaaaggcag aagaactggc
 481 agcgaagaca aacaactcat ttatcctcca acaattcgag aacctgcta acccaaagat
 541 ccattacgag accactggac ctgaaatctg gaaaggaaca ggaggtaaag ttgatggttt
 601 agtttctggt attgggacag gtggcactat tactggaact ggacgatacc tcagagagca
 661 aaatcctgat atcaagatct atgggtgtgga gccagtcgag agcgtgtct tatctgggtg
 721 aaagcctggg ccacacaaga ttcaaggaat tggagctggt tttgttctg gggctctgga
 781 tgttgacctc atcaatgaaa ctgtacaagt ttcaagtgat gaagctatcg agatggcaaa
 841 ggctcttgca ttgaaagaag ggttgctggt tggaaatctc tcaggtgcag ctgcagcagc
 901 agctgttagg ctgctcaga ggccggaaaa tgaaggaaaa cttttgttg ttgtcttccc
 961 aagctttggt gagcgtacc tttcgtcggg gctcttcag tccatcaaga aggaagctga
rcs1-2
 1021aaacatggtg gttgaatgaa atgcacaata tccgggaatc cacaggaata aaagtttggt
 1081atctctgctt gtgtgattaa acatacattg tctgccatt ttcaagttgt tctgcttggt
 1141tagcaatggg gaacacagtg tgtagcctt gtagtgtaa acagtttaca ttttatcttc
 1201cctgtatatc agaaccctt acatgggcat ttgtcagcca gtgtgaatga aataaagcat
 1261catatgattt gtctcaaaaa aaaaaaaaaa

ภาพที่ ค.5 แผนที่ตำแหน่ง โอลิโกนิวคลีโอไทด์ไพรเมอร์ทั้ง 2 สาย บนลำดับเบสของยีน *rcs1* (GenBank accession number AF073695) ขนาด 1,290 เบส ลำดับเบสที่ 74-1,039 เป็นบริเวณซึ่งแปลรหัสโปรตีน

atg (start codon) หมายถึง จุดเริ่มต้นของการแปลรหัสโปรตีน

tga (stop codon) หมายถึง จุดสิ้นสุดของการแปลรหัสโปรตีน

CLUSTAL W (1.82) multiple sequence alignment of SAT1

```

L42212          MATCIHTCRTGNTQDDDSRFCCINKFFRPGFSVNRKIHHTQIEDDDDDVWIKMLEAKESDV 60
at1g55920      MATCIDTCRTGNTQDDDSRFCCINKFFRPGFSVNRKIHHTQIEDDDDDVWIKMLEAKESDV 60
JSAT1          MATCIHTCRTGNTQDDDSRFCCINKFFRPGFSVNRKIHHTQIEDDDDDVWIKMLEAKESDV 60
*****
L42212          KQEPILSNYYYASITSHRSLESALGHILSVKLSNINLPSNTLFELFISVLEESPEIIEST 120
at1g55920      KQEPILSNYYYASITSHRSLESALAHILSVKLSNINLPSNTLFELFISVLEESPEIIEST 120
JSAT1          KQEPILSNYYYASITSHRSLESALAHILSVKLSNINLPSNTLFELFISVLEESPEIIEST 120
*****
L42212          KQDLIAVKERDPACISYVHCFLGFKGFLACQAHRIAHTLWKQNRKIVALLIGNRVSESFA 180
at1g55920      KQDLIAVKERDPACISYVHCFLGFKGFLACQAHRIAHTLWKQNRKIVALLIGNRVSESFA 180
JSAT1          KQDLIAVKERDPACISYVHCFLGFKGFLACQAHRIAHTLWKQNRKIVALLIGNRVSESFA 180
*****
L42212          VDIHPGAKIGKGILLDHATGVVIGETAVVGDVNSILHGVTLGGTGKQSGDRHPKIGDGV 240
at1g55920      VDIHPGAKIGKGILLDHATGVVIGETAVVGDVNSILHGVTLGGTGKQSGDRHPKIGDGV 240
JSAT1          VDIHPGAKIGKGILLDHATGVVIGETAVVGDVNSILHGVTLGGTGKQSGDRHPKIGDGV 240
*****
L42212          IGAGSCILGNITIGEGAKIGSGSVVVKDVPARTTAVGNPARLIGGKENPRKHKIPCLTM 300
at1g55920      IGAGSCILGNITIGEGAKIGSGSVVVKDVPARTTAVGNPARLIGGKENPRKHKIPCLTM 300
JSAT1          IGAGSCILGNITIGEGAKIGSGSVVVKDVPARTTAVGNPARLIGGKENPRKHKIPCLTM 300
*****
L42212          DQTSYLTEWSDYVI 314
at1g55920      DQTSYLTEWSDYVI 314
JSAT1          DQTSYLTEWSDYVI 314
*****

```

ภาพที่ ค.6 ผลการเปรียบเทียบความเหมือนของโปรตีน SAT1 ที่ทำนายด้วยโปรแกรม CLUSTAL W (1.82)

L42212 หมายถึง โปรตีนที่ทำนายจากลำดับเบสของยีน SAT1 ในฐานข้อมูล NCBI (Accession number L42212)

at1g55920 หมายถึง โปรตีนที่ทำนายจากลำดับเบสของยีน SAT1 ในฐานข้อมูล AIR (Accession number at1g55920)

JMSAT1 หมายถึง โปรตีนที่ทำนายจากลำดับเบสยีน SAT1 จาก EST clone104E8T7 ซึ่งอยู่ในพลาสมิด pGEM-SAT1

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

1. การคำนวณกิจกรรมจำเพาะ (specific activity) ของซีสเตอีนซินเตส

กำหนด 1 หน่วยเอนไซม์ คือ จำนวนเอนไซม์ที่ทำให้เกิดกรดอะมิโนซีสเตอีน 1 ไมโครโมลที่ภาวะที่ทดสอบในเวลา 1 นาที

$$C = \frac{A}{EI}$$

เมื่อ C = ความเข้มข้นของกรดอะมิโนซีสเตอีน (ไมโครโมลาร์)

A = ค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 560 นาโนเมตร

E = extinction coefficient (กำหนดให้เท่ากับ $25,000 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$)

I = ระยะของช่องให้แสงผ่านของคิวเวตต์ (path length)(cm)

$$: A = \chi$$

$$I = 1 \text{ ซม.}$$

$$C = \frac{\chi}{25,000}$$

$$C = \chi / 25,000 \text{ โมล (โมล / ลิตร)}$$

เนื่องจากปริมาณแสงที่ใช้ในการวัดค่าการดูดกลืนแสงเท่ากับ 1 มิลลิลิตร

$$C = \chi / 25,000 \times 10^{-3} \text{ โมล (โมล / มิลลิลิตร)}$$

$$C = \chi / 25,000 \times 10^{-3} \times 10^6 \text{ ไมโครโมล}$$

2. การคำนวณกิจกรรมจำเพาะ (specific activity) ของเซอร์รีนแอสีทิลทรานส์เฟอเรส (Brecker และ Wedding, 1980)

กำหนด 1 หน่วยเอนไซม์ คือ จำนวนของเอนไซม์ที่ทำให้แอสีทิล-โคเอ ลดลง 1 มิลลิโมลาร์ ที่ภาวะทดสอบในเวลา 1 นาที

3. การคำนวณกิจกรรมจำเพาะ (specific activity) ของเซอร์รีนแอสีทิลทรานส์เฟอเรส (Kredich และ Tomkins, 1966)

กำหนด 1 หน่วยเอนไซม์ คือ จำนวนของเอนไซม์ที่ทำให้เกิดโคเอ 1 มิลลิโมลาร์ ที่ภาวะทดสอบในเวลา 1 นาที

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นางสาวจอมขวัญ มีรักษ์ เกิดวันที่ 14 พฤษภาคม 2523 จ.ชัยนาท สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีวิทยาศาสตร์บัณฑิต จากภาควิชาจุลชีวะวิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร เมื่อปีการศึกษา 2545 และเข้าศึกษาต่อระดับปริญญาโท ภาควิชาจุลชีวะวิทยา สาขาจุลชีวะวิทยาทาง อุตสาหกรรม คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย เมื่อปีการศึกษา 2546

การเสนอผลงานทางวิชาการ

- Sulfate phytoremediation , การประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติครั้งที่ 14 พันธุศาสตร์ : จากพื้นฐานสู่เทคโนโลยีระดับโมเลกุล (GENETIC: FROM BASICS TO MOLECULAR TECHNOLOGY) 11-13 มีนาคม 2548

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย