การโคลนและลักษณะสมบัติของยีนกลุ่ม *rhl* ที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์แรมโนลิพิดของ *Pseudomonas aeruginosa* A41

นางสาวขนิษฐา วงษ์นิกร

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาจุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม ภาควิชาจุลชีววิทยา
คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ปีการศึกษา 2547

ISBN 974-17-6094-9

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

CLONING AND CHARACTERIZATION OF *rhl* GENES INVOLVING IN RHAMNOLIPID BIOSYNTHESIS OF *Pseudomonas aeruginosa* A41

Miss Kanitta Wongnikorn

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements

for the Degree of Master of Science in Industrial Microbiology

Department of Microbiology

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2004

ISBN 974-17-6094-9

2551

หัวข้อวิทยานิพนธ์	**การโคลนและลักษณะสมบัติของยีนกลุ่ม *rhl* ที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์แรมโนลิพิดของ *Pseudomonas aeruginosa* A41**
โดย	**นางสาวขนิษฐา วงษ์นิกร**
สาขาวิชา	**จุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม**
อาจารย์ที่ปรึกษา	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ จิราภรณ์ ธนียวัน
อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม	**ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กอบชัย ภัทรกุลวณิชย์**

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้นับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญามหาบัณฑิต

..... **คณบดีคณะวิทยาศาสตร์**

(ศาสตราจารย์ ดร. เปี่ยมศักดิ์ เมนะเศวต)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

..... ประธานกรรมการ

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุเทพ ธนียวัน)

..... อาจารย์ที่ปรึกษา

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ จิราภรณ์ ธนียวัน)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กอบชัย ภัทรกุลวณิชย์)

..... กรรมการ

(รองศาสตราจารย์ ดร. ไพเราะ ปิ่นพานิชการ)

..... กรรมการ

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุพัฒน์ เจริญพรวัฒนา)

ขนิษฐา วงษ์นิกร : การโคลนและลักษณะสมบัติของยีนกลุ่ม *rhl* ที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์แรมโนลิพิดของ *Pseudomonas aeruginosa* A41 (CLONING AND CHARACTERIZATION OF *rhl* GENES INVOLVING IN RHAMNOLIPID BIOSYNTHESIS OF *Pseudomonas aeruginosa* A41) อ.ที่ปรึกษา: ผศ. จิราภรณ์ ธนียวัน อ.ที่ปรึกษาร่วม: ผศ.ดร. กอบชัย ภัทรกุลวณิชย์ 150 หน้า. ISBN: 974-17-6094-9

Pseudomonas sp. A41 ที่แยกจากอ่าวไทย มีความสามารถในการผลิตแรมโนลิพิด จากลักษณะทางสัณฐานวิทยาและสมบัติทางชีวเคมีร่วมกับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16S rDNA สามารถจำแนกสายพันธุ์ A41 เป็น *Pseudomonas aeruginosa* แยกยีนที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์แรมโนลิพิดจาก *Pseudomonas aeruginosa* A41 โดยเทคนิคเซาท์เธอร์นไฮบริไดเซชันจีโนมิกดีเอ็นเอกับดีเอ็นเอติดตาม *rhlR* หรือ *rhlA* โคลนชิ้นดีเอ็นเอที่ให้ผลบวกเข้าในพลาสมิดเวกเตอร์และหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอแทรกสอด จากลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งสิ้น 4,965 bp พบกรอบอ่านรหัสเปิด (ORF) ที่สมบูรณ์จำนวน 4 แห่ง และไม่สมบูรณ์ 1 แห่ง กรอบอ่านรหัสเปิดทั้งหมดมีทิศทางในการถอดรหัสไปในทางเดียวกันตามลำดับดังต่อไปนี้ ORF1 (*dcd*) เป็นกรอบอ่านรหัสเปิดที่ไม่สมบูรณ์ ลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายกับ deoxycytidine triphosphate deaminase ของ *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 เท่ากับ 100% ORF2 (*rhlA*) ลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายกับ rhamnosyltransferase 1 chain A ของ *Pseudomonas aeruginosa* PG201 เท่ากับ 100% ORF3 (*rhlB*) ลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายกับ rhamnosyltransferase 1 chain B ของ *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 เท่ากับ 100% ORF4 (*rhlR*) ลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายกับ transcriptional regulator RhlR ของ *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 และ *Pseudomonas aeruginosa* PG201 เท่ากับ 100% ORF5 (*rhlI*) ลำดับกรดอะมิโนมีความคล้ายกับ autoinducer synthetase protein RhlI ของ *Pseudomonas aeruginosa* PG201 เท่ากับ 94% นอกจากนี้ยังพบบริเวณโปรโมเตอร์ บริเวณจับเกาะของไรโบโซม และบริเวณอนุรักษ์ *las* box ซึ่งเป็นบริเวณจับเกาะของ regulatory protein เหนือกรอบอ่านรหัสเปิด ORF2 ORF4 และ ORF5

ภาควิชา จุลชีววิทยา ลายมือชื่อนิสิต.....

สาขาวิชา จุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม ลายมืออาจารย์ที่ปรึกษา.....

ปีการศึกษา 2547 ลายมืออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

4472223023 : **MAJOR** INDUSTRIAL MICROBIOLOGY

KEY WORD: Rhamnolipid biosynthesis / *Pseudomonas aeruginosa* / *rhl* genes

KANITTA WONGNIKORN : CLONING AND CHARACTERIZATION OF *rhl* GENES INVOLVING IN RHAMNOLIPID BIOSYNTHESIS OF *Pseudomonas aeruginosa* A41. THESIS ADVISOR: ASSIST. PROF. JIRAPORN THANIYAVARN, THESIS COADVISOR: ASSIST. PROF. KOBCHAI PATTARAGULWANIT, Dr.rer.nat. 150 pp. ISBN:974-17-6094-9

Pseudomonas sp. A41, isolated from Gulf of Thailand is capable of producing rhamnolipid. Morphological and biochemical characteristics together with 16S rDNA nucleotide sequence enable to classify strain A41 as *Pseudomonas aeruginosa*. Genes involving rhamnolipid biosynthesis were isolated from *Pseudomonas aeruginosa* A41 by southern hybridization of genomic DNA with *rhlR*- or *rhlA*-probe. Positive DNA fragments were cloned into plasmid vectors and nucleotide sequences of insert DNA were determined. From total nucleotide sequence of 4,965 bp, four complete and one incomplete open reading frames (ORFs) were revealed. All ORFs are in the same orientation as following; ORF1 is an incomplete ORF with 100% homology to deoxycytidine triphosphate deaminase of *Pseudomonas aeruginosa* PAO1; ORF2 (*rhlA*) shows 100% homology to rhamnosyltransferase 1 chain A of *Pseudomonas aeruginosa* PG201; ORF3 (*rhlB*) shows 100% homology to rhamnosyltransferase 1 chain B of *Pseudomonas aeruginosa* PAO1; ORF4 (*rhlR*) shows 100% homology to transcriptional regulator RhlR of *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 and PG201 and ORF5 (*rhlI*) shows 94% homology to autoinducer synthetase protein RhlI of *Pseudomonas aeruginosa* PG201. Moreover, the putative promoters, Shine-Dalgarno (SD) sequences and conserve regions of *las* box were found upstream of ORF2 ORF4 and ORF5.

Department Microbiology Student's signature .....

Field of study Industrial Microbiology Advisor's signature Jiraporn Thaniyavarn

Academic year 2004 Co-advisor's signature K. Pattaragulwanit

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จไปด้วยดีด้วยความช่วยเหลืออย่างยิ่งของ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ จิราภรณ์ ธนียวัน อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.กอบชัย ภัทรกุลวณิชย์ อาจารย์ที่ปรึกษาร่วมวิทยานิพนธ์ที่ได้ให้ความรู้ คำแนะนำและข้อคิดเห็นต่างๆ ตลอดจนตรวจแก้ไขต้นฉบับวิทยานิพนธ์ ซึ่งผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณอย่างสูงไว้ ณ ที่นี้ด้วย

กราบขอบพระคุณผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุเทพ ธนียวัน ที่กรุณารับเป็นประธานกรรมการในการสอบ ตลอดจนให้ความรู้ คำแนะนำต่างๆ แก่ผู้วิจัยตลอดระยะเวลาการศึกษา

ขอกราบขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร. ไพเราะ ปิ่นพานิชการ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุพัฒน์ เจริญพรวัฒนา ที่กรุณารับเป็นกรรมการในการสอบตลอดจนให้ความรู้ คำแนะนำต่างๆ และช่วยตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์ให้มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น

กราบขอบพระคุณอาจารย์ทุกท่านในภาควิชาจุลชีววิทยาที่กรุณาให้ความรู้ และคำแนะนำต่างๆ แก่ผู้วิจัย

กราบขอบพระคุณพี่ห้องวิจัย 403 ที่กรุณาเอื้อเฟื้อสารเคมีและเรสทริกชันเอนไซม์บางชนิดที่ใช้ในงานวิจัย ขอบคุณคุณวิชุตา เหล่าเรืองธนา คุณศิริเพ็ญ สังข์ชัย คุณเวฬุรีย์ ทองคำ คุณปัทมาพร ประชุมรัตน์ คุณสิริภัทร พฤกษ์ไพบูลย์ คุณวัชรี ชุณห์กุล และคุณจันทรนาถ พลชำนิ ที่อยู่เคียงข้าง ให้ความช่วยเหลือ และเป็นกำลังในเสมอมา

ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ในภาควิชาจุลชีววิทยาทุกท่าน ตลอดจนพี่ๆ เพื่อนๆ และน้องๆ ทุกคนที่มีส่วนในการช่วยเหลือและให้กำลังใจตลอดมา

สุดท้ายขอกราบขอบพระคุณบิดา มารดา ที่ให้การสนับสนุนและความช่วยเหลือ ตลอดจนให้กำลังใจแก่ผู้วิจัยตลอดมา

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย ..... ง

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ ..... จ

กิตติกรรมประกาศ ..... ฉ

สารบัญ .... ช

สารบัญตาราง .... ซ

สารบัญรูป .... ฌ

คำย่อ .... ฎ

บทที่

1. บทนำ 1
2. ปริทรรศน์วรรณกรรม 4
3. อุปกรณ์และวิธีดำเนินการทดลอง 31
4. ผลการทดลอง 62
5. สรุปและวิจารณ์ผลการทดลอง 97

รายการอ้างอิง 105

ภาคผนวก 122

ภาคผนวก ก 123

ภาคผนวก ข 124

ภาคผนวก ค 134

ภาคผนวก ง 143

ภาคผนวก จ 144

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์ 150

สารบัญตาราง

ตารางที่ หน้า

2.1 สารลดแรงตึงผิวชีวภาพที่ผลิตจากจุลินทรีย์ชนิดต่างๆ 13
3.1 แบคทีเรีย 34
3.2 พลาสมิด 35
3.3 โอลิโกนิวคลีโอไทด์ไพร์เมอร์..... 37
3.4 สารละลายที่ใช้เป็นส่วนผสมในปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสสำหรับการเพิ่มจำนวน 16S ribosomal DNA ของ *Pseudomonas* sp. A41 41
3.5 สารละลายที่ใช้เป็นส่วนผสมในปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสสำหรับการเพิ่มจำนวน *rhlA* .44
3.6 สารละลายที่ใช้เป็นส่วนผสมในปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสสำหรับการเพิ่มจำนวน *rhlR* . 45
3.7 วิธีเจือจางสารละลายดีเอ็นเอสำหรับหาปริมาณดีเอ็นเอที่ติดฉลากแล้ว 47
3.8 ขั้นตอนการหาปริมาณดีเอ็นเอติดตามที่ถูกติดฉลาก 48
4.1 สายพันธุ์จุลินทรีย์ที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16S ribosomal RNA คล้ายกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16S ribosomal DNA ของ *Pseudomonas* sp. A41..... 63
4.2 ข้อมูลของแต่ละกรอบอ่านรหัสเปิดและเปอร์เซ็นต์ความคล้ายกับยีนอ้างอิง..... 95

สารบัญรูป

รูปที่ หน้า

2.1 ลักษณะโครงสร้างโดยทั่วไปของสารลดแรงตึงผิว 6
2.2 การเกิดโครงสร้างไมเซลล์ของสารลดแรงตึงผิวชีวภาพในน้ำเมื่อเพิ่มความเข้มข้นของสารลดแรงตึงผิวชีวภาพจนถึงจุด Critical Micelle concentration (CMC) 7
2.3 โครงสร้างและการจัดเรียงตัวของสารลดแรงตึงผิวชีวภาพ 8
2.4 การรวมตัวของโครงสร้างเมื่อสารลดแรงตึงผิวโมโนเมอร์มีโครงสร้างต่างๆ 9
2.5 โครงสร้างของแรมโนลิพิด ชนิด R1, R2, R3, R4, A และ B จาก *Pseudomonas aeruginosa* 15
2.6 กระบวนการสังเคราะห์แรมโนลิพิดชนิด R1 และ R2 ซึ่งผลิตจาก *Pseudomonas aeruginosa* 16
2.7 กลไกการควบคุมและการผลิตแรมโนลิพิดใน *P. aeruginosa* 19
2.8 กลไกการควบคุมของ quorum sensing ใน *Pseudomonas aeruginosa* 20
2.9 ลักษณะการปนเปื้อนของสารอินทรีย์ในดิน 24
2.10 กลไกการเกิดโครงสร้างไมเซลล์ emulsion droplet hemimicelle และ admicelle 25
2.11 ความสัมพันธ์ระหว่างจุลินทรีย์ ดิน และสารปนเปื้อน และสารลดแรงตึงผิว 26
3.1 แผนภาพแสดงการจัดวางชั้นต่างๆ ของการย้ายดีเอ็นเอจากอะกาโรสเจลไปยังไนลอนเมมเบรน โดยวิธี Capillary transfer 50
3.2 ลักษณะการผนึกถุงพลาสติกสำหรับทำไฮบริไดเซชัน 51
4.1 อะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟเรซิสของผลิตภัณฑ์ PCR ที่จะนำไปสร้างเป็นดีเอ็นเอติดตาม (probe) 64
4.2 ก) อะกาโรสเจลที่มีดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดต่างๆ ข) สัญญาณจากเซาท์เธอร์นไฮบริไดเซชันด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR* 66
4.3 ก) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดที่มีชิ้นดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ขนาด1.5 กิโลเบสอยู่ ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR*
ข) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดของโคลนจากตัวอย่างกลุ่ม E2 ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR* 67

สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่ หน้า

4.4 ก) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดที่มีชิ้นดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ขนาด 0.5 กิโลเบสอยู่ ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR* ข) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดของโคลนจากตัวอย่างกลุ่ม A9 ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR* 68

4.5 ภาพอะกาโรสที่มีดีเอ็นเอของพลาสมิด pBR123 ที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดต่างๆ เพื่อหาตำแหน่งการจัดเรียงตัวของชิ้นดีเอ็นเอสอดแทรก 69

4.6 ก) แผนที่เรสทริกชัน (Restriction map) ของพลาสมิด pBR530 ข) รีคอมบิแนนท์พลาสมิดของ pBR123 ค) รีคอมบิแนนท์พลาสมิด pBBG8 ง) พลาสมิด pBP1 ได้มาจากการสับโคลนชิ้นดีเอ็นเอสอดแทรกของพลาสมิด pBR123 จ) แผนที่เรสทริกชันเอนไซม์ของพลาสมิด pBR157 70

4.7 ก) อะกาโรสเจลที่มีดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดต่างๆ ข) สัญญาณจากเซาท์เธอร์นไฮบริไดเซชันด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR*..73

4.8 ก) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดที่มีชิ้นดีเอ็นเอ *Xho*I-*Bgl*II ของ *Pseudomonas* sp. A41 ขนาด1.0 กิโลเบส ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR* ข) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดของโคลนจากตัวอย่างกลุ่ม B2 ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlR* 74

4.9 ก) อะกาโรสเจลที่มีดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดต่างๆ ข) สัญญาณจากเซาท์เธอร์นไฮบริไดเซชันด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlA* .76

4.10 ก) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดที่มีชิ้นดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ขนาด1.5 กิโลเบสอยู่ ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlA* ข) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดของโคลนจากตัวอย่างกลุ่ม D7 ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlA* 77

4.11 ภาพอะกาโรสที่มีดีเอ็นเอของพลาสมิด pGA396 ที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดต่างๆ เพื่อหาตำแหน่งการจัดเรียงตัวของชิ้นดีเอ็นเอสอดแทรก 78

4.12 ก) แผนที่เรสทริกชัน (Restriction map) ของพลาสมิด pGA396 ข) แสดงรีคอมบิแนนท์พลาสมิด pN9 ที่ได้จากการสับโคลนชิ้นดีเอ็นเอสอดแทรกของพลาสมิด pGA396 เพื่อนำไปใช้ในการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ 79

สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่ หน้า

4.13 ก) อะกาโรสเจลที่มีดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์บางชนิด ข) สัญญาณจากเซาท์เธอร์นไฮบริไดเซชันด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlA* ...81

4.14 ก) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดที่มีชิ้นดีเอ็นเอของ *Pseudomonas* sp. A41 ขนาด 2.0 กิโลเบสอยู่ ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlA* ข) Dot blot hybridization ของรีคอมบิแนนท์พลาสมิดของโคลนจากตัวอย่างกลุ่ม A11 ด้วยดีเอ็นเอติดตาม *rhlA* 82

4.15 ภาพอะกาโรสที่มีดีเอ็นเอของพลาสมิด pKB261 ที่ตัดด้วยเรสทริกชันเอนไซม์ชนิดต่างๆ เพื่อหาตำแหน่งการจัดเรียงตัวของชิ้นดีเอ็นเอสอดแทรก 83

4.16 แผนที่เรสทริกชัน (Restriction map) ของพลาสมิด pKB261 84

4.17 ลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนที่ถอดรหัสจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นดีเอ็นเอสอดแทรกในพลาสมิด pGA396 pKB261 pBR530 และ pBR123 รวมกันมีขนาด 4965 bp ลูกศรแสดงทิศทางการถอดรหัสเป็นกรดอะมิโนของยีน ตัวอักษร M แสดงกรดอะมิโนเมธิโอนีนซึ่งเป็นจุดเริ่มต้นการถอดรหัส (start codon) เครื่องหมาย * แสดงรหัสสิ้นสุดการถอดรหัส(stop codon) ของบริเวณที่เป็นกรอบอ่านรหัสเปิด บริเวณโปรโมเตอร์แสดงด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ขีดเส้นใต้หนึ่งเส้น และบริเวณ Shine-Dalgarno (S/D) sequence แสดงด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ขีดเส้นใต้สองเส้น กรดอะมิโนที่อยู่ในกรอบอ่านรหัสเปิดเดียวกันแสดงด้วยอักษรสีเดียวกัน (ตัวอักษาสีน้ำเงินและแดง) กรดอะมิโนในบริเวณอนุรักษ์ของโปรตีนแสดงไว้ในกรอบสี่เหลี่ยม บริเวณ *las* box แสดงเป็นตัวอักษรสีม่วงอยู่หน้าโปรโมเตอร์.....90

4.18 Consensus sequence ของโปรโมเตอร์.....93

4.19 แผนที่เรสทริกชันของชิ้นดีเอ็นเอสอดแทรกจากพลาสมิด pGA396 pKB261 pBR530 และ pBR123 ขนาด 4,965 bp 96

5.1 การทำงานของเอนไซม์ dCTP deaminase และ dUTP diphosphatase ในแบคทีเรียและเอนไซม์ *Methanococcus jannaschii* dCTP deaminas (MjDCD-DUT)ใน *Methanococcus jannaschii* 99

5.2 การจัดเรียงตัวของยีนที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์แรมโนลิพิดภายใน *rhl* operon 103

คำย่อ

^{o}ซ	=	องศาเซลเซียส
%	=	เปอร์เซ็นต์
µg	=	ไมโครกรัม
µM	=	ไมโครโมลาร์
µl	=	ไมโครลิตร
bp	=	คู่เบส
CMC	=	ค่าความเข้มข้นของการเกิดไมเซลล์
mN/m	=	มิลลินิวตันต่อเมตร
mM	=	มิลลิโมลาร์
pg	=	พิโครกรัม
U	=	ยูนิต (หน่วยของเอนไซม์)