



เลขที่อนุสิทธิบัตร 20923

อสป/200 - ข

## อนุสิทธิบัตร

อาศัยอำนาจตามความในพระราชบัญญัติสิทธิบัตร พ.ศ. 2522  
ซึ่งแก้ไขเพิ่มเติมโดยพระราชบัญญัติสิทธิบัตร (ฉบับที่ 3) พ.ศ. 2542  
อธิบดีกรมทรัพย์สินทางปัญญาออกอนุสิทธิบัตรฉบับนี้ให้แก่

### มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

สำหรับการประดิษฐ์ตามรายละเอียดการประดิษฐ์ ชื่อสิทธิ และรูปเขียน (ถ้ามี) ดังที่ปรากฏในอนุสิทธิบัตรนี้

เลขที่คำขอ 2003002355  
วันขอรับอนุสิทธิบัตร 21 กันยายน 2563  
ผู้ประดิษฐ์ นางสาวผ่องศรี ทองทวี และคณะ  
ชื่อที่แสดงถึงการประดิษฐ์ กรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัสโอ 4 สปีชีส์

20923

ให้ผู้ทรงอนุสิทธิบัตรนี้มีสิทธิและหน้าที่ตามกฎหมายว่าด้วยสิทธิบัตรทุกประการ

ออกให้ ณ วันที่ 10 เดือน กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2566  
หมดอายุ ณ วันที่ 20 เดือน กันยายน พ.ศ. 2569



รองอธิบดีกรมทรัพย์สินทางปัญญา ปฏิบัติราชการแทน  
อธิบดีกรมทรัพย์สินทางปัญญา  
ผู้ออกอนุสิทธิบัตร

พนักงานเจ้าหน้าที่

- หมายเหตุ
- ผู้ทรงอนุสิทธิบัตรต้องชำระค่าธรรมเนียมรายปีเริ่มตั้งแต่ปีที่ 5 ของอายุอนุสิทธิบัตร มิฉะนั้น อนุสิทธิบัตรนี้จะสิ้นสุดอายุ
  - ผู้ทรงอนุสิทธิบัตรจะขอชำระค่าธรรมเนียมรายปีล่วงหน้าโดยชำระทั้งหมดในคราวเดียวได้
  - ภายใน 90 วันก่อนวันสิ้นสุดอายุอนุสิทธิบัตร ผู้ทรงอนุสิทธิบัตรมีสิทธิขอต่ออายุอนุสิทธิบัตรได้ 2 ครั้ง มีกำหนดคราวละ 2 ปี โดยยื่นคำขอต่ออายุ ต่อพนักงานเจ้าหน้าที่
  - การอนุญาตให้ใช้สิทธิตามอนุสิทธิบัตรและการโอนอนุสิทธิบัตรต้องทำเป็นหนังสือและจดทะเบียนต่อพนักงานเจ้าหน้าที่



Ref.256601010632020

รายละเอียดการประดิษฐ์

ชื่อที่แสดงถึงการประดิษฐ์

กรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัสโอ 4 สปีชีส์

ลักษณะและความมุ่งหมายของการประดิษฐ์

5 การประดิษฐ์นี้เป็นการออกแบบไพรเมอร์และพัฒนากรรมวิธีการตรวจจำแนก (identification) เชื้อแบคทีเรียจิ้นส์ไวรัสโอ จำนวน 4 สายพันธุ์ ได้แก่ (1) ไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส (2) ไวรัสโอ อัลจิโนไลติคัส (3) ไวรัสโอ ฮาวิอาย และ (4) ไวรัสโอ แคมเบลลิลอย โดยวิธีมีลติเพล็กซ์พีซีอาร์ จุดมุ่งหมายของการประดิษฐ์นี้ เพื่อใช้เป็นเครื่องมือในการจำแนกและการบ่งชี้สายพันธุ์ของเชื้อในกลุ่มไวรัสโอที่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกัน ทั้งสี่สายพันธุ์ดังกล่าวได้อย่างแม่นยำ

10 สาขาวิทยาการที่เกี่ยวข้องกับการประดิษฐ์

จุลชีววิทยา พันธุวิศวกรรม การแพทย์ ที่เกี่ยวข้องกับการกรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัสโอ 4 สปีชีส์ ภูมิหลังของศิลปะหรือวิทยาการที่เกี่ยวข้อง

ปัจจุบันอุตสาหกรรมการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำเศรษฐกิจได้ขยายตัวอย่างมากโดยเฉพาะอย่างยิ่งการทำ ฟาร์มกุ้ง ปลาและหอย เพื่อตอบสนองความต้องการของผู้บริโภคที่มีมากขึ้น อย่างไรก็ตามอุปสรรคและ 15 ปัญหาสำคัญคือการเกิดโรคระบาดในฟาร์มเพาะเลี้ยง ตัวอย่างเช่น โรคตายด่วนในกุ้ง (Shrimp Early Mortality Syndrome: EMS) หรือเรียกอีกชื่อว่ากลุ่มอาการตับและตับอ่อนเสื่อมสภาพอย่างฉับพลัน (Acute Hepatopancreatic Necrosis Syndrome: AHPNS) และโรคเรืองแสง (Luminescent vibriosis) เป็นต้น ทำให้เกิดการหยุดชะงักหรือชะลอการขยายตัวของอุตสาหกรรมอาหารทะเลและส่งผลให้ 20 เกิดการสูญเสียทางเศรษฐกิจของประเทศเป็นอย่างมาก พบว่าสาเหตุของโรคระบาดที่พบได้บ่อยที่สุดเกิดจาก เชื้อแบคทีเรียในกลุ่มเชื้อไวรัสโอ (Vibriosis) (Chatterjee & Haldar, 2012)

เชื้อแบคทีเรียจิ้นส์ไวรัสโอเป็นเชื้อแบคทีเรียชนิดกรัมลบ ลักษณะเป็นรูปแท่ง (rod) หรือเป็นแท่งโค้ง (curved rod) พบได้ทั่วโลกในบริเวณปากแม่น้ำและในทะเล เป็นกลุ่มเชื้อแบคทีเรียชนิดหนึ่งที่เป็นสาเหตุ สำคัญที่ก่อให้เกิดโรคในคนเช่นโรคกระเพาะอาหารและลำไส้อักเสบ (gastroenteritis) บาดแผลติดเชื้อ (wound infection) และการติดเชื้อในกระแสเลือด (Septicemia) (Daniels et al., 2000) และก่อโรคในสัตว์ 25 โดยเฉพาะอย่างยิ่งสัตว์จำพวกที่เป็นอาหารทะเลเช่น ปลา กุ้ง และหอย เป็นต้น ซึ่งพบได้ทั้งที่อยู่ในทะเล ธรรมชาติและแหล่งที่มีการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ (Aquaculture) เชื้อไวรัสโอ สปีชีส์ที่พบเป็นสาเหตุสำคัญที่ ก่อให้เกิดโรคระบาดในฟาร์มเพาะเลี้ยงกุ้งได้แก่ เชื้อไวรัสโอ ฮาวิอาย เชื้อไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส เชื้อไวรัสโอ อัลจิโนไลติคัส และ เชื้อไวรัสโอ สปีชีส์อื่นๆ (Chatterjee & Haldar, 2012) เชื้อไวรัสโอ ฮาวิอาย เป็นสาเหตุ 30 ของโรคในปลาทะเลเช่นโรคตา (Eye disease) โรคกระเพาะอาหารและลำไส้อักเสบ โรคแผลที่ผิวหนัง (Skin ulcer) และยังเป็นเชื้อก่อโรคเรืองแสงในลูกกุ้งทะเล (Penaeid shrimp) (ทบทวนวรรณกรรมโดย Zhang et al., 2020) ซึ่งพบได้ทั้งใน กุ้งกุลาดำ (*Penaeus monodon* หรือ Giant Tiger Prawn) และกุ้งขาว (*Litopenaeus vannamei*) นอกจากนี้มีรายงานจากประเทศจีนพบเชื้อไวรัสโอ ฮาวิอาย สายพันธุ์ไม่เรืองแสง

2023

สามารถก่อโรครุนแรงในกุ้งได้เช่นกันเรียกว่าโรคหางขาว (Bacterial white tail disease, BWTD) ทำให้มีการตายของกุ้งเป็นจำนวนมาก (Mass mortality) (Zhou et al., 2012) อย่างไรก็ตามเชื้อก่อโรคเรืองแสงไม่ได้มีสาเหตุจากเชื้อ vibrio ฮาวิอายแต่เพียงอย่างเดียว Wang และคณะ (2015) ได้รายงานการบ่งชี้เชื้อ vibrio แคมเบลลิอาย สายพันธุ์ VH1 เป็นเชื้อก่อโรคเรืองแสงในกุ้งขาวทั้งในระยะหลังตัวอ่อน (Postlarvae) ระยะวัยหนุ่มสาวหรือตัวเต็มวัย (Juveniles) สำหรับเชื้อ vibrio พาราฮีโมไลติคัส และ vibrio อัลจิโนไลติคัส ซึ่งเป็นสาเหตุของโรคกระเพาะและลำไส้อักเสบ (Gastroenteritis) ในคน (Su & Liu, 2007; Mustapha et al., 2013) พบว่าเป็นเชื้อก่อโรคที่สำคัญที่พบในกุ้งกุลาดำและกุ้งขาวได้เช่นกัน (Liu et al., 2004; Chatterjee & Haldar, 2012) เชื้อ vibrio พาราฮีโมไลติคัส เป็นสาเหตุของโรคตับและตับอ่อนเสื่อมสภาพอย่างฉับพลันหรือโรคตายด่วนในกุ้ง (Tran et al., 2013) ซึ่งเป็นโรคที่ทำให้เกิดความสูญเสียประชากรกุ้งเป็นอย่างมาก นอกจากโรคตายด่วนแล้วเชื้อชนิดนี้ยังพบเป็นสาเหตุของโรคกุ้งอื่นๆ เช่น โรคตัวแดง (Red disease) (Mastan & Begum, 2016) โรคขี้ขาว (White feces disease, WFD) (Mastan, 2015) เป็นต้น เชื้อ vibrio อัลจิโนไลติคัส แม้ว่าจะมีความรุนแรงน้อยกว่าเชื้อ vibrio พาราฮีโมไลติคัส แต่มักจะตรวจพบร่วมกับเชื้อก่อโรคอื่นๆ เช่น vibrio พาราฮีโมไลติคัส และ vibrio ฮาวิอาย ในกุ้งป่วยหรือแหล่งเลี้ยงเพาะเลี้ยงกุ้ง และจากรายงานของ Mastan (2015) พบว่าเชื้อสำคัญที่มักตรวจพบในกุ้งที่ป่วยเป็นโรคขี้ขาวได้แก่ เชื้อ vibrio พาราฮีโมไลติคัส และ vibrio อัลจิโนไลติคัส นอกจากนี้โรคที่มักพบได้บ่อยในกุ้งเลี้ยงอีกโรคหนึ่งคือโรคกุ้งตัวหลวม (loose-shell syndrome disease: LSSD) ซึ่งอาการตัวหลวมของกุ้งอาจเกิดได้จากหลายสาเหตุและพบได้ร่วมกับการเกิดโรคอื่นๆ ได้ แต่แบคทีเรียที่มีอัตราการตรวจพบในกุ้งที่เป็นโรคตัวหลวมมากที่สุดตามลำดับคือเชื้อ vibrio อัลจิโนไลติคัส และ vibrio ฮาวิอาย (Aftabuddin et al., 2018)

ในการตรวจวิเคราะห์เชื้อแบคทีเรียจากตัวอย่างอาหารทะเลพบว่าในหนึ่งตัวอย่างอาจตรวจพบเชื้อ vibrio ได้หลายสปีชีส์ และที่พบได้มากที่สุดสองอันดับได้แก่ เชื้อ vibrio พาราฮีโมไลติคัส และ vibrio อัลจิโนไลติคัส ตามลำดับ (Boonyahong, 2012) และเช่นเดียวกัน จากการสำรวจโรคที่เกิดในฟาร์มเลี้ยงกุ้งและสาเหตุของโรคกุ้งที่เกิดจากเชื้อ vibrio (Vibriosis) พบว่าเชื้อ vibrio ที่เป็นสาเหตุหลักได้แก่ เชื้อ vibrio ฮาวิอาย เชื้อ vibrio พาราฮีโมไลติคัส เชื้อ vibrio อัลจิโนไลติคัส และเชื้อ vibrio แคมเบลลิอาย (Thompson et al., 2004) ซึ่งเชื้อ vibrio ทั้งสี่สายพันธุ์นี้จัดอยู่ใน vibrio ฮาวิอายเคลด (Harveyi clade) (Sawabe et al., 2007) จึงมีคุณลักษณะที่คล้ายคลึงกันมากทั้งในระดับฟีโนไทป์และจีโนไทป์ ทำให้การบ่งชี้สปีชีส์ของเชื้อ vibrio กลุ่มนี้ทำได้ยาก ขาดความแม่นยำ เกิดความผิดพลาดได้เช่น เชื้อ vibrio ฮาวิอาย สายพันธุ์ BAA-1116 และ HY01 ถูกบ่งชี้เป็นเชื้อ vibrio แคมเบลลิอาย สายพันธุ์ BAA-1116 และ HY01 ตามลำดับ (Lin et al., 2010) และจากการศึกษาของ Hoffmann และคณะ (2012) พบว่าเชื้อ vibrio ฮาวิอาย จำนวน 10 สายพันธุ์มีการบ่งชี้สปีชีส์ที่ผิดพลาด ในจำนวนนี้ จำนวนเจ็ดสปีชีส์ควรเป็นเชื้อ vibrio แคมเบลลิอาย และจำนวนสามสปีชีส์ควรเป็นเชื้อ vibrio คอมมิวนิส (*Vibrio communis*) เนื่องจากความสำคัญของเชื้อ vibrio ทั้งสี่สายพันธุ์ดังกล่าวไว้ข้างต้นและปัญหาในการจำแนกสายพันธุ์ของเชื้อเหล่านี้ จึงนำมาสู่การออกแบบไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อเชื้อ vibrio แต่ละสายพันธุ์และการพัฒนากรรมวิธี

มัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ เพื่อการจำแนกเชื้อทั้งสี่สายพันธุ์ในหนึ่งปฏิกิริยาหรือหนึ่งหลอดทดลองเท่านั้น เรียกว่า เทคนิควิธีมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ในหลอดปฏิกิริยาเดียว (Single-tube multiplex PCR) ซึ่งข้อดีของกรรมวิธีนี้คือ มีความไวสูงกว่าวิธีการเพาะเชื้อแบบดั้งเดิม ใช้ตรวจหาเชื้อในตัวอย่างตรวจได้ 1-4 ชนิดในปฏิกิริยาเดียว มีความสะดวก รวดเร็วและประหยัดกว่าวิธีดั้งเดิม

5 คำอธิบายรูปเขียนโดยย่อ

รูปที่ 1 เจลอิเล็กโตรโฟรีซิสแสดงผลของการทำมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ ซึ่งใช้ชุดไพรเมอร์จำนวน 5 คู่ (ValgF และ ValgR, VharF และ VharR, VparF และ VparR, VcamF และ VcamR และ IAC\*-F และ IAC-R) และใช้ดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template) ที่แตกต่างกันในแต่ละปฏิกิริยา เลขที่ 1 แสดงแถบดีเอ็นเอมาตรฐาน เลขที่ 2 ตัวควบคุมภายใน ขนาด 104 คู่เบส เลขที่ 3 เชื้อไวรัสโอ อัลจิโนไลติคัส ขนาด 200 คู่เบส เลขที่ 4 เชื้อไวรัสโอ ฮาวิอายขนาด 253 คู่เบส เลขที่ 5 เชื้อไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส ขนาด 302 คู่เบส เลขที่ 6 เชื้อไวรัสโอ แคมเบลลิลอย ขนาด 421 คู่เบส และเลขที่ 7 รวมเชื้อไวรัสโอทั้ง 4 สปีชีส์ (เชื้อไวรัสโอ อัลจิโนไลติคัส, เชื้อไวรัสโอ ฮาวิอาย, เชื้อไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส และเชื้อไวรัสโอ แคมเบลลิลอย)

\*IAC: ตัวควบคุมภายใน (Internal amplification control) ใช้ไพรเมอร์ที่มีลำดับเบสดังนี้

IAC-F: 5'- AGCTTATTGGCGTTTCTGTCGGCTACACCGTCGGCAGTGTGT -3'

15 IAC-R: 5'- CGCAAGACCAAGAAAAGCCGTCCTAGTGGCGTTTCGGAAAC -3'

และใช้ดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template) ซึ่งเป็นพลาสมิดที่มีชิ้นส่วนของดีเอ็นเอ (DNA) ขนาด 104 bp ของเชื้อไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส แทรกอยู่ การเตรียมพลาสมิดทำตามวิธีของ Kim และ คณะ (2015)

รูปที่ 2 เจลอิเล็กโตรโฟรีซิสแสดงผลของการทดสอบความไวของชุดทดสอบมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ ซึ่งใช้ชุดไพรเมอร์จำนวน 5 คู่ (ValgF และ ValgR, VharF และ VharR, VparF และ VparR, VcamF และ VcamR และ IAC\*-F และ IAC-R) และใช้ดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template) จากเชื้อไวรัสโอ อัลจิโนไลติคัส, เชื้อไวรัสโอ ฮาวิอาย, เชื้อไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส และเชื้อไวรัสโอ แคมเบลลิลอย ที่ทำให้เจือจางลงครั้งละ 10 เท่า เป็นลำดับ (10-fold serial dilution) ในแต่ละปฏิกิริยา เลขที่ 1 แถบดีเอ็นเอมาตรฐาน; เลขที่ 2 ดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template) ที่ไม่เจือจาง (undiluted,  $10^0$ ); เลขที่ 3 เจือจาง 10 เท่า ( $10^{-1}$ ); เลขที่ 4 เจือจาง  $10^{-2}$ ; เลขที่ 5 เจือจาง  $10^{-3}$ ; เลขที่ 6 เจือจาง  $10^{-4}$ ; เลขที่ 7 เจือจาง  $10^{-5}$ ; และ เลขที่ 8 เจือจาง  $10^{-6}$

การเปิดเผยการประดิษฐ์โดยสมบูรณ์

1. ไพรเมอร์ที่ใช้ในการทดสอบ

ไพรเมอร์ที่ใช้ในการตรวจหาชิ้นส่วนของดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อเชื้อ (1) ไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส (2) ไวรัสโอ อัลจิโนไลติคัส (3) ไวรัสโอ ฮาวิอาย และ (4) ไวรัสโอ แคมเบลลิลอย เป็นโอโลโกนิวคลีโอไทด์ที่สังเคราะห์ให้มีลำดับเบสจำเพาะกับยีนท็อกซอาร์ (*toxR*) ซึ่งเป็นยีนเป้าหมายของแต่ละสปีชีส์ ไพรเมอร์ที่ออกแบบและคัดเลือกมามีลำดับเบสดังนี้

ลำดับเบสที่ 1 ValgF: 5' ACG CTT GAG CCC ATT TTC TA 3'

20923

ลำดับเบสที่ 2 ValgR: 5' GTA GCC AGT TAA TCG TGT TAG ATG 3'

ลำดับเบสที่ 3 VharF: 5' TAC GAA GTC GCC TGA ATT TGT A 3'

ลำดับเบสที่ 4 VharR: 5' TGT GTT CTT TTG TGC AGG TGC A 3'

ลำดับเบสที่ 5 VparF: 5' GTG GCT TCT GCT GTG AAT CCT 3'

5 ลำดับเบสที่ 6 VparR: 5' TTG CTG TCA TGA ATG TAG TTC AA 3'

ลำดับเบสที่ 7 VcamF: 5' AGA GAC CTA ACG AAG TGA TAA CA 3'

ลำดับเบสที่ 8 VcamR: 5' GGC AGC AGC AAA GCA ACG AC 3'

ไพรเมอร์ลำดับเบสที่ 1 และ 2 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซอร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัสโอ  
อัลจิโนไลติคัส มีขนาด 200 คู่เบส (base pairs)

10 ไพรเมอร์ลำดับเบสที่ 3 และ 4 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซอร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัสโอ  
ฮาวีออย มีขนาด 253 คู่เบส (base pairs)

ไพรเมอร์ลำดับเบสที่ 5 และ 6 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซอร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัสโอ  
พาราฮีโมไลติคัส มีขนาด 302 คู่เบส (base pairs)

15 ไพรเมอร์ลำดับเบสที่ 7 และ 8 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซอร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัสโอ แคมเบล  
ลิวาย มีขนาด 421 คู่เบส (base pairs)

## 2. การเตรียมดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template)

17,000 xg เป็นเวลา 10 นาที เก็บแยกส่วนใส่ใส่ลงในหลอดทดลองใหม่ เก็บไว้ที่อุณหภูมิ 4°C เพื่อใช้เป็นดี  
เอ็นเอต้นแบบ สำหรับการทดสอบพีซีอาร์

## 3. กรรมวิธีการทำมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์

### 3.1 ส่วนผสม

สารประกอบในหนึ่งหลอดทดลองของปฏิกิริยามัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ (single tube mPCR)

25 ปริมาตรทั้งหมด 25 µl ประกอบด้วย:

Taq buffer + KCl	1X
MgCl <sub>2</sub>	1.5-2.0 mM
dNTPs	0.2 mM
Taq DNA Polymerase	0.5 unit

20923

ไพรเมอร์ (Primers) จำนวน 4 คู่ (ซึ่งมีลำดับเบสตามที่แสดงไว้ในข้อที่ 1) ได้แก่

	- ValgF และ ValgR	0.20 – 0.3 $\mu$ M
	- VharF และ VharR	0.20 – 0.3 $\mu$ M
	- VparF และ VparR	0.15 -0.25 $\mu$ M
5	- VcamF และ VcamR	0.15 -0.25 $\mu$ M
	ดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template)	1 $\mu$ l x 4 (ในกรณีที่มีเชื้อที่ต้องการทดสอบ ทั้ง 4 สายพันธุ์ ใช้ 1 $\mu$ l จากแต่ละสายพันธุ์)
	น้ำกลั่น เติมให้ครบปริมาตร	25 $\mu$ l

3.2 สภาวะที่เหมาะสม (Optimal condition) สำหรับปฏิกิริยามัลติเพล็กซ์พีซีอาร์

10 ในการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ สภาวะของการทำปฏิกิริยาได้ถูกทดสอบและได้เลือกสภาวะที่เหมาะสมที่สุดสำหรับการเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอของยีน *toxR* ซึ่งเป็นยีนเป้าหมายสำหรับเชื้อทั้งสี่สายพันธุ์ให้ได้ผลที่ชัดเจน และสภาวะที่ใช้ประกอบด้วย 3 ขั้นตอนดังนี้

ขั้นตอนที่ 1 ขั้นตอนการเริ่มต้นการคลายเกลียวของดีเอ็นเอเส้นคู่ (Initial denaturation)

90 - 100°C เป็นเวลา 5 นาที

15 ขั้นตอนที่ 2 ปฏิกิริยาจำนวน 20-40 รอบ ซึ่งแต่ละรอบ ประกอบด้วย

การคลายเกลียวของดีเอ็นเอเส้นคู่ (Denaturation) 80-100°C เป็นเวลา 30-60 วินาที

การเข้าจับของไพรเมอร์บนสายดีเอ็นเอต้นแบบ (Annealing)

54-62°C เป็นเวลา 30-60 วินาที

การขยายสายดีเอ็นเอ (Extension)

68-72°C เป็นเวลา 3 -60 วินาที

20 ขั้นตอนที่ 3 การคงไว้ที่อุณหภูมิสุดท้าย (Hold)

10°C

4. การตรวจวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอโดยการทำให้เจลอเล็กโตรโฟรีซิส (Gel electrophoresis)

นำดีเอ็นเอที่สังเคราะห์ได้จากปฏิกิริยามัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ (PCR product) มาตรวจแยกขนาดของแถบดีเอ็นเอโดยการทำให้อะกาโรสเจลอเล็กโตรโฟรีซิส เตรียม 2% อะกาโรสเจล (agarose gel) ใน 0.5X ทีบีอีบัฟเฟอร์ (TBE buffer) ตั้งค่าความต่างศักย์คงที่ที่ 100 โวลต์ เป็นเวลา 90 นาที ดีเอ็นเอจะถูกแยกออกเป็นแถบตามขนาด นำเจลไปย้อมด้วยสารเอธิเดียมโบรไมด์ (Ethidium bromide) แล้วตรวจดูแถบดีเอ็นเอภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต (Ultraviolet, UV) การเห็นมีแถบดีเอ็นเอแสดงถึงการมีอยู่ของชิ้นส่วนของยีนที่ออกซ์อาร์ของเชื้อไวรัส แต่จะเป็นสปีชีส์ใดนั้นขึ้นอยู่กับว่าแถบดีเอ็นเอนั้นปรากฏที่ตำแหน่งของขนาดของดีเอ็นเอโดยดูเปรียบเทียบกับขนาดมาตรฐานกล่าวคือ หากเป็นแถบดีเอ็นเอยีนที่ออกซ์อาร์ของเชื้อไวรัส อัลจินโนไลติคัส เชื้อไวรัส ฮาวิอาย เชื้อไวรัส โพราฮิโมไลติคัสและเชื้อไวรัสแคมเบลเลีย จะมีขนาดเท่ากับ 200, 253, 302, และ 421 คู่เบสตามลำดับ ดังแสดงตัวอย่างไว้ในรูปที่ 1

5. การทดสอบความจำเพาะ (Specificity test)

20923

ตามกรรมวิธีการทำมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ที่ได้พัฒนาไว้แล้วในข้อที่ 3 นำไปทดสอบกับเชื้อแบคทีเรียที่หลากหลายสายพันธุ์ ทั้งที่เป็นแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* และ non-*Vibrio* สปีชีส์ เพื่อทดสอบความจำเพาะ หากผลการทดสอบจาก multiplex PCR ให้ผลเป็นลบหรือให้ผลไม่ตรงกับเชื้อที่ใช้ทดสอบต้องมีการทดสอบยืนยันด้วย การทำพีซีอาร์เดี่ยว (single PCR) และ/หรือวิธีอื่นๆ

5 ผลการทดสอบ: เชื้อแบคทีเรียจำนวนทั้งหมด 148 สายพันธุ์ให้ผลถูกต้องคือให้ผลเป็นบวกเฉพาะเชื้อ *Vibrio* อัลจิโนไลติกัส เชื้อ *Vibrio* ฮาวิอาย เชื้อ *Vibrio* พาราฮีโมไลติกัสและเชื้อ *Vibrio* แคมเบลเลีย เท่านั้น ซึ่งมีขนาดเท่ากับ 200, 253, 302, และ 421 คู่เบสตามลำดับ เชื้อที่นำมาทดสอบแบ่งออกเป็นกลุ่มเชื้อดังนี้

(1) เชื้อแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* สปีชีส์ จำนวน 110 สายพันธุ์

- 10 - *V. parahaemolyticus* จำนวน 49 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1) จากผู้ป่วย (16) และจากอาหารทะเล (32)
- *V. alginolyticus* จำนวน 20 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1) จากผู้ป่วย (4) และจากอาหารทะเล (15)
- *V. harveyi* จำนวน 1 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1)
- *V. cambellii* จำนวน 1 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1)
- 15 - *V. vulnificus* จำนวน 4 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1) และจากอาหารทะเล (3)
- *V. cholerae* จำนวน 9 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1) จากผู้ป่วย (4) และจากอาหารทะเล (4)
- *V. fluvialis* จำนวน 10 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1) จากผู้ป่วย (4) และจากอาหารทะเล (5)
- 20 - *V. furnissii* จำนวน 9 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1) จากผู้ป่วย (4) และจากอาหารทะเล (4)
- *V. mimicus* จำนวน 2 สายพันธุ์ ได้แก่ จากอาหารทะเล (2)
- *Photobacterium damsela* จำนวน 4 สายพันธุ์ ได้แก่ จากอาหารทะเล (4)
- 25 - *Grimontia hollisae* จำนวน 1 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์อ้างอิง (1)

(2) เชื้อแบคทีเรียที่ไม่ใช่กลุ่ม *Vibrio* (Non-*Vibrio*) สปีชีส์ จำนวน 38 สายพันธุ์ ได้แก่ *Escherichia coli* (8) *Shigella* spp. (8) *Salmonella* spp. (4) *Klebsiella* spp. (3) *Proteus* spp. (3) *Enterobacter* spp. (2) *Pseudomonas aeruginosa* (2) *Citrobacter freundii* (1) *Aeromonas hydrophila* (1) *Edwardsiella tarda* (1) *Serratia marcescens* (1)

2023

*Plesiomonas shigelloides* (1) *Hafnia alvei* (1) *Morganella* spp. (1) และ *Acinetobacter baumannii* (1)

6. การทดสอบความไว (Sensitivity test)

การทดสอบนี้เพื่อตรวจหาจำนวนเชื้อที่น้อยที่สุดที่สามารถตรวจพบได้โดยใช้ชุดทดสอบมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ ตามกรรมวิธีที่ได้บรรยายไว้ในข้อ 3 โดยใช้ส่วนผสมเหมือนกันยกเว้นในขั้นตอนการใส่ดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA templates) การทดสอบนี้มีการเจือจางต้นแบบ (template) ครั้งละ 10 เท่าเป็นลำดับ (10-fold serial dilution) จากเริ่มต้นไม่เจือจาง (undiluted หรือ  $10^0$ ), เจือจาง 10 เท่า ( $10^{-1}$ ),  $10^{-2}$ ,  $10^{-3}$ ,  $10^{-4}$ ,  $10^{-5}$ , และ  $10^{-6}$  ตามลำดับ

ผลการทดสอบ: ในกรณีที่ใช้ดีเอ็นเอต้นแบบ ที่เตรียมจากโคลน ดังแสดงในรูปที่ 2 พบว่าสามารถเจือจางไปได้จนถึงหลอดทดลองที่  $10^{-5}$  หรือ เจือจาง 100,000 เท่า และยังคงเห็นผลบวก ซึ่งเท่ากับปริมาณของเชื้อ 100 เซลล์ (CFU) นั่นคือจำนวนเซลล์ที่น้อยที่สุดที่สามารถตรวจพบได้โดยใช้ไพรเมอร์และกรรมวิธีมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ ตามที่ได้แสดงไว้ในข้อที่ 1 และข้อที่ 3 ตามลำดับ

การทดสอบความไวโดยใช้วิธีพีซีอาร์เดี่ยว (single PCR) เป็นการทดสอบประสิทธิภาพของไพรเมอร์แต่ละคู่ที่ได้ออกแบบไว้ว่าสามารถตรวจหาเชื้อไวรัสที่จำเพาะได้จำนวนน้อยที่สุดเท่าใด วิธีการทดสอบทำตามกรรมวิธีที่ได้บรรยายไว้ในข้อ 3 โดยใช้ส่วนผสมเหมือนกันยกเว้นใช้ไพรเมอร์เพียง 1 คู่ ร่วมกับการใช้ดีเอ็นเอต้นแบบที่จำเพาะต่อไพรเมอร์คู่นั้นๆ และมีการเจือจางต้นแบบ (template) ครั้งละ 10 เท่าเป็นลำดับจากไม่เจือจาง (undiluted หรือ  $10^0$ ), เจือจาง 10 เท่า ( $10^{-1}$ ), เจือจาง  $10^{-2}$ , เจือจาง  $10^{-3}$ , เจือจาง  $10^{-4}$ , เจือจาง  $10^{-5}$ , และ เจือจาง  $10^{-6}$  ตามลำดับ

ผลการทดสอบ: จำนวนเซลล์ที่น้อยที่สุดที่สามารถตรวจพบได้โดยใช้ไพรเมอร์ที่จำเพาะโดยวิธีพีซีอาร์เดี่ยว สำหรับเชื้อไวรัส อัจฉโนไลติกส์ และเชื้อไวรัส แคมเบลลียา เท่ากับ 100 เซลล์ สำหรับเชื้อไวรัส ฮาวิออย และเชื้อไวรัส พาราอีโมไลติกส์ เท่ากับ 1,000 เซลล์

วิธีการในการประดิษฐ์ที่ดีที่สุด

ได้กล่าวไว้แล้วในหัวข้อการเปิดเผยการประดิษฐ์โดยสมบูรณ์

2023



**ข้อถ้อยสัญญา**

1. กรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัส 4 สปีชีส์ได้แก่ (1) ไวรัส พาราฮีโมไลติคัส (*Vibrio parahaemolyticus*) (2) ไวรัส อัลจิโนไลติคัส (*V. alginolyticus*) (3) ไวรัส ฮาเวีย (*V. harveyi*) และ (4) ไวรัส แคมเบลเลีย (*V. campbelli*) โดยวิธีมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ (Multiplex Polymerase Chain Reaction, mPCR) ซึ่งประกอบด้วย โพรเมอร์ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัส พาราฮีโมไลติคัส เชื้อไวรัส อัลจิโนไลติคัส เชื้อไวรัส ฮาเวีย และ เชื้อไวรัส แคมเบลเลีย ตามลำดับ การเตรียมดีเอ็นเอจากโคลนนิ่งของเชื้อที่แยกได้จากสิ่งตรวจ การทำพีซีอาร์ (PCR) โดยใช้เทคนิควิธีมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ในหลอดปฏิกิริยาเดี่ยว (Single-tube multiplex PCR) และการตรวจวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอโดยเจลอิเล็กโทรโฟรีซิส (gel electrophoresis)
- 10 2. กรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัส 4 สปีชีส์ ตามข้อถ้อยสัญญาข้อที่ 1 ใช้โพรเมอร์ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัสแต่ละสปีชีส์ สังเคราะห์จากยีนที่ออกซาร์ (*toxR*) ซึ่งเป็นยีนเป้าหมาย ซึ่งมีลำดับเบสดังนี้

- ลำดับเบสที่ 1 ValgF: 5' ACG CTT GAG CCC ATT TTC TA 3'
- ลำดับเบสที่ 2 ValgR: 5' GTA GCC AGT TAA TCG TGT TAG ATG 3'
- ลำดับเบสที่ 3 VharF: 5' TAC GAA GTC GCC TGA ATT TGT A 3'
- 15 ลำดับเบสที่ 4 VharR: 5' TGT GTT CTT TTG TGC AGG TGC A 3'
- ลำดับเบสที่ 5 VparF: 5' GTG GCT TCT GCT GTG AAT CCT 3'
- ลำดับเบสที่ 6 VparR: 5' TTG CTG TCA TGA ATG TAG TTC AA 3'
- ลำดับเบสที่ 7 VcamF: 5' AGA GAC CTA ACG AAG TGA TAA CA 3'
- ลำดับเบสที่ 8 VcamR: 5' GGC AGC AGC AAA GCA ACG AC 3'

20 โพรเมอร์ลำดับเบสที่ 1 และ 2 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซาร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัส อัลจิโนไลติคัส มีขนาด 200 คู่เบส (base pairs)

โพรเมอร์ลำดับเบสที่ 3 และ 4 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซาร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัส ฮาเวีย มีขนาด 253 คู่เบส (base pairs)

25 โพรเมอร์ลำดับเบสที่ 5 และ 6 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซาร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัส พาราฮีโมไลติคัส มีขนาด 302 คู่เบส (base pairs)

โพรเมอร์ลำดับเบสที่ 7 และ 8 ใช้สำหรับการเพิ่มจำนวนยีนที่ออกซาร์ ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัส แคมเบลเลีย มีขนาด 421 คู่เบส (base pairs)

3. กรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัส 4 สปีชีส์ ตามข้อถ้อยสัญญาข้อที่ 1 มีวิธีการเตรียมดีเอ็นเอ ต้นแบบจากโคลนนิ่งที่เพาะแยกได้จากสิ่งส่งตรวจ โดยใช้ 1 โคลนึละลายในน้ำกลั่น 100 ไมโครลิตร ( $\mu\text{l}$ ) และ

2023

เติม 20% chelex-100 ปริมาตร 25 µl (ความเข้มข้นสุดท้ายเท่ากับ 5%) นำส่วนผสมไปต้มในน้ำเดือดเป็นเวลา 10 นาที ปั่นตกตะกอน เก็บส่วนใสซึ่งมีดีเอ็นเอเพื่อใช้เป็นดีเอ็นเอต้นแบบ

4. กรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัส 4 สปีชีส์ ตามข้อถ้อยสิทธิข้อที่ 1 โดยใช้เทคนิควิธีมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ในหลอดปฏิกิริยาเดียว (Single-tube multiplex PCR) ใช้ไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อเชื้อ

5. ไวรัสตามข้อถ้อยสิทธิข้อที่ 2 ซึ่งส่วนผสมในปฏิกิริยาพีซีอาร์ (PCR) ปริมาตร 25 µl ประกอบด้วย

Taq buffer + KCl	1X
MgCl <sub>2</sub>	1.5-2.0 mM
dNTPs	0.2 mM
Taq DNA Polymerase	0.5 unit

10. ไพรเมอร์ (Primers) จำนวน 4 คู่ (ซึ่งมีลำดับเบสตามที่แสดงไว้ในข้อถ้อยสิทธิข้อที่ 2) ได้แก่

- ValgF และ ValgR	0.20 – 0.3 µM
- VharF และ VharR	0.20 – 0.3 µM
- VparF และ VparR	0.15 -0.25 µM
- VcamF และ VcamR	0.15 -0.25 µM

15. 5. กรรมวิธีการจำแนกสปีชีส์ของเชื้อไวรัส 4 สปีชีส์ ตามข้อถ้อยสิทธิข้อที่ 1 โดยใช้เทคนิควิธีมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ในหลอดปฏิกิริยาเดียว (Single-tube multiplex PCR) ในปฏิกิริยามีส่วนประกอบของสารตามที่กำหนดในข้อถ้อยสิทธิข้อที่ 4 ร่วมกับการใช้โปรแกรมการเพิ่มจำนวนยีนด้วยเครื่องทำพีซีอาร์ (PCR) ซึ่งมีขั้นตอนดังต่อไปนี้

ขั้นตอนที่ 1 ขั้นตอนการเริ่มต้นการคลายเกลียวของดีเอ็นเอเส้นคู่ (Initial denaturation)

20. 90 - 100°C เป็นเวลา 5 นาที

ขั้นตอนที่ 2 ปฏิกิริยาจำนวน 20-40 รอบ ซึ่งแต่ละรอบ ประกอบด้วย

การคลายเกลียวของดีเอ็นเอเส้นคู่ (Denaturation) 80-100°C เป็นเวลา 30-60 วินาที

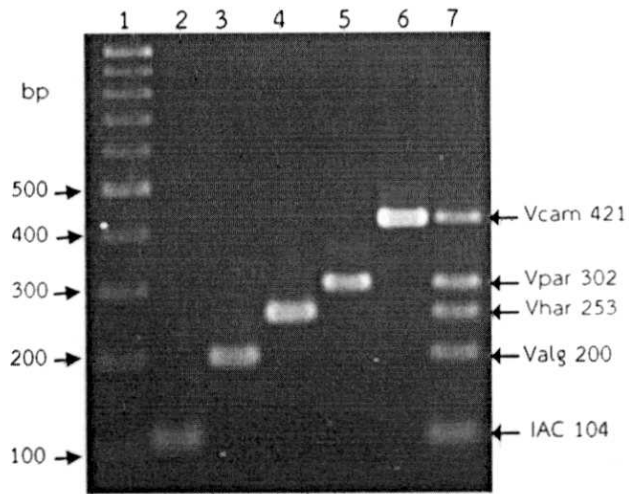
การเข้าจับของไพรเมอร์บนสายดีเอ็นเอต้นแบบ (Annealing)

54-62°C เป็นเวลา 30-60 วินาที

25. การขยายสายดีเอ็นเอ (Extension) 68-72°C เป็นเวลา 3 -60 วินาที

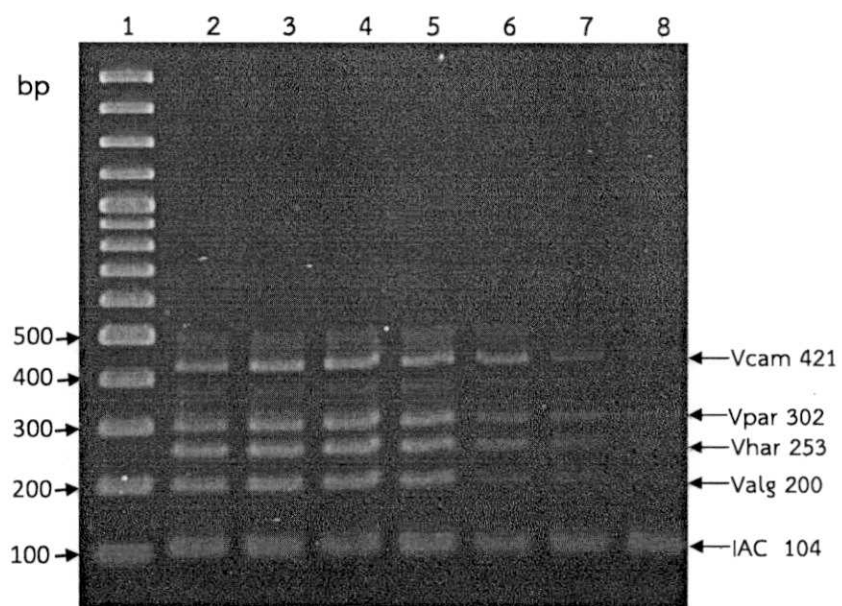
ขั้นตอนที่ 3 การคงไว้ที่อุณหภูมิสุดท้าย (Hold) 10°C

2023



รูปที่ 1

20923



รูปที่ 2

20923

Signed by DIP-CA

บทสรุปการประดิษฐ์

การประดิษฐ์นี้เป็นการออกแบบโปรแกรมที่มีความจำเพาะต่อเชื้อไวรัสโอ จำนวน 4 สปีชีส์ได้แก่ ได้แก่ (1) ไวรัสโอ พาราฮีโมไลติคัส (2) ไวรัสโอ อัลจิโนไลติคัส (3) ไวรัสโอ ฮาวิอาย และ (4) ไวรัสโอ แคมเบลเลียย และพัฒนากรรมวิธีการทำมัลติเพล็กซ์พีซีอาร์ เพื่อเพิ่มจำนวนยีนของเชื้อทั้งสี่สปีชีส์นี้ในหลอดทดลองเดียวกัน หรือภายในปฏิกิริยาเดียวกัน ความไวของกรรมวิธีนี้สามารถตรวจพบเชื้อได้จำนวนมากกว่าหรือเท่ากับ 100 เซลล์ ผลงานการประดิษฐ์นี้สามารถนำไปใช้เป็นเครื่องมือในการจำแนกและการบ่งชี้สายพันธุ์ของเชื้อในกลุ่มไวรัสโอที่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกันทั้งสี่สายพันธุ์ดังกล่าวได้อย่างแม่นยำ มีความรวดเร็วและมีต้นทุนต่ำ

20923

