



การประชุมวิชาการ ที่ประชุมประธานสภาอาจารย์มหาวิทยาลัยแห่งประเทศไทย (ปอมท.) ประจำปี พ.ศ. 2560 “การวิจัยสหวิทยาการ”

การจำแนกพันธุ์และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ

ข้าวพื้นเมืองด้วยเทคนิคอาร์เอฟดี

Identification and Genetic Relationship Analysis of Local Rice Varieties

Using RAPD Technique

สุรเชษฐ์ เอี่ยมสำอาง^{1*} เบญจพร ศรีสุรมาศ¹ และกาญจน์ คุ่มทรัพย์¹

¹หลักสูตรสาขาวิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏเพชรบูรณ์

*E-mail : tophesun1978@gmail.com

บทคัดย่อ

การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ของพันธุ์ข้าวโดยใช้เทคนิค RAPD เพื่อใช้จำแนกพันธุ์ข้าว 10 สายพันธุ์ โดยพันธุ์ข้าวจะสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี CTAB และศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยเทคนิคอาร์เอฟดีโดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม เมื่อวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยโปรแกรม PhotocapMW และ SPSS จากการทดลองพบว่า ข้าวถูกจัดกลุ่มออกเป็น 3 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ได้แก่ ข้าวมันปู ข้าวไรซ์เบอร์รี่ ข้าวเก่า ข้าวพญาสีมแกง ข้าวหอมมะลิแดง ข้าวสันป่าตอง และข้าวเขี้ยววู กลุ่มที่ 2 ได้แก่ ข้าวลิ้มผิว และข้าวหอมนิล และกลุ่มที่ 3 ได้แก่ ข้าวหอมแดงสุโขทัย โดยมีดัชนีความเหมือนเมื่อเทียบกับกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 อยู่ที่ 0.472 และ 0.525 เมื่อเทียบกับกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 อยู่ 0.632 และเมื่อเทียบกับกลุ่มที่ 3 กับกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 อยู่ที่ 0.472 และ 0.525 ตามลำดับ

คำสำคัญ : ข้าวพันธุ์พื้นเมือง, พันธุกรรม, เทคนิค RAPD

Abstract

The objective of this research was to investigate the relationship of 10 rice varieties using RAPD technique. The rice DNAs were extracted by CTAB method. Genetic relationship of rice breeds were analysed by RAPD technique using random primers. The DNA Fingerprinting were analyzed by the PhotocapMW and SPSS. In our study, the rice samples were grouped into 3 groups, group 1 was MunPu rice, Rice berry, Purple rice, PayaLeumGaeng rice, Red jasmine rice 105, Sanpatong Rice add KnewNgu rice. Group 2 was Luempua rice and Hom Nin rice, and group 3 was Hom Dang Sukhothai rice. The similarity index of group 1 and group 2 was 0.632, group 3 compared to group 1 and group 3 compared to group 2 were 0.472 and 0.525, respectively.

Keywords : Local rice, Genetic, RAPD Technique.

บทนำ

ประเทศไทยเป็นแหล่งปลูกข้าวมานานกว่า 5,500 ปี บรรพบุรุษของไทยได้สะสมภูมิปัญญาเกี่ยวกับพันธุ์ข้าวมา ยาวนาน ทำให้เกิดพันธุ์ข้าวที่เหมาะสมกับพื้นที่และคุณภาพการบริโภคที่หลากหลาย (กรมวิชาการเกษตร, 2543) การพัฒนาพันธุ์ข้าวที่ผ่านมานั้น เน้นการส่งเสริมการปลูกข้าวเชิงเดี่ยวโดยใช้สายพันธุ์ข้าวหลักๆ เพียงไม่กี่สายพันธุ์ ทำให้พันธุ์ข้าวพื้นเมืองเป็นจำนวนมากหายไปจากผืนนา ทั้งๆ ที่พันธุ์ข้าวพื้นเมืองบางสายพันธุ์อาจมีคุณค่าทางโภชนาการสูงกว่าพันธุ์ข้าวทั่วไปที่เรารู้จักหลายเท่า ตัวอย่างเช่น ข้าวสีซึ่งในประเทศไทยมีหลายชนิด ได้แก่ ข้าว



หอมแดงสุโขทัย 1 ข้าวหอมดําสุโขทัย 2 ข้าวสังข์หยด ข้าวไรซ์เบอร์รี่ จากลักษณะข้าวดังกล่าว บางชนิดมีเมล็ดคล้ายคลึงกันมากและจำแนกได้ยากด้วยการใช้ลักษณะสัณฐานวิทยาเพียงอย่างเดียว ดังนั้นจึงควรมีการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของด้วยวิธีการอื่น ได้แก่ การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprinting) ของข้าวสำหรับการใช้จำแนกพันธุ์ข้าว ซึ่งสามารถประยุกต์ใช้ในการอนุรักษ์พันธุ์ข้าวและปรับปรุงพันธุ์ข้าวในอนาคต

เทคนิคอาร์เอฟดี (RAPD, randomly amplified polymorphic DNA) เป็นเทคนิคการสร้างลายพิมพ์ ดีเอ็นเอชนิดหนึ่งที่ใช้ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสหรือพีซีอาร์ (PCR, polymerase chain reaction) โดยการใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม (random primer) ขนาด 8-12 นิวคลีโอไทด์ จับกับดีเอ็นเอแม่แบบ (DNA template) เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ซึ่งทำได้สะดวก รวดเร็ว ใช้ดีเอ็นเอปริมาณน้อยและประหยัด โดยทั่วไปเทคนิคอาร์เอฟดีใช้อุณหภูมิขั้นตอนการเข้าจับของไพรเมอร์ (annealing) 35-42 องศาเซลเซียส (Anantala-bhochai *et al.*, 2000) จากการศึกษาดังกล่าว ผู้วิจัยจึงมีความมุ่งหวังที่จะใช้เทคนิคเดียวกันในการจำแนกข้าวพันธุ์พื้นเมืองเพื่อให้ทราบถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวพันธุ์ต่างๆ สามารถใช้เป็นข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีคุณสมบัติโดดเด่นในด้านต่างๆ อีกทั้งยังสามารถให้ผลผลิตได้ดียิ่งขึ้นและเป็นแนวทางในการอนุรักษ์พันธุ์กรรมข้าวพื้นเมืองอย่างยั่งยืนต่อไป

วิธีการวิจัย

พันธุ์ข้าว

พันธุ์ข้าวที่ใช้ในการทดลองได้แก่ ข้าวเก่า ข้าวสันป่าตอง ข้าวเขี้ยวขู ข้าวพญาลิ้มแกง ข้าวลิ้มผัว ข้าวหอมแดงสุโขทัย ข้าวหอมมะลิแดง ข้าวหอมนิล ข้าวมันปู และข้าวไรซ์เบอร์รี่

การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดดีเอ็นเอโดยวิธีของ Doyle and Doyle (1987) ทำได้โดยนำตัวอย่างใบอ่อนของพืชมาหั่นเป็นชิ้นเล็กๆ และชั่งให้ได้น้ำหนักประมาณ 0.2 กรัม นำใส่โกรงและเติมไนโตรเจนเหลวให้ท่วมตัวอย่างบดตัวอย่างให้เป็นผงจนละเอียด เติมนสารละลาย Extraction buffer 500 ไมโครลิตร (ประกอบด้วย 0.1 M Tris – HCl, 0.05 M EDTA, 0.1 M NaCl และ 0.5% SDS) ปิเปตสารละลายดีเอ็นเอใส่ลงในหลอด microcentrifuge ขนาด 1.5 มิลลิลิตร เติมน Proteinase K 10 ไมโครลิตร นำไปบ่มในอ่างควบคุมอุณหภูมิ 65 °C เป็นเวลา 1 ชั่วโมงในระหว่างที่บ่มให้พลิกกลับหลอดไปกลับมาเบาๆเป็นครั้งคราว เติมนสารละลาย Phenol: Chloroform: Isoamyl alcohol (25: 24: 1) 500 ไมโครลิตร กลับหลอดไปกลับมาเบาๆ นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที แยกสารละลายส่วนบนใส่หลอด microcentrifuge ใหม่ เติมน Phenol: Chloroform: Isoamyl alcohol (25: 24: 1) 500 ไมโครลิตร อีกครั้ง กลับหลอดไปกลับมาเบาๆ นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที แยกสารละลายส่วนบนใส่หลอด microcentrifuge ใหม่ เติมน Isopropanol ที่แช่เย็นจัด 500 ไมโครลิตร กลับหลอดไปกลับมาเบาๆ นำไปตกตะกอนดีเอ็นเอที่อุณหภูมิ -20 °C เป็นเวลา 20 นาที จากนั้นนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เทส่วนใสที่ล้างตะกอนด้วย 100% ethanol และเติมนสารละลาย 70% Ethanol: 10 mM Ammonium Acetate 500 ไมโครลิตร กลับหลอดไปกลับมาเบาๆ เทสารที่เหลือทิ้งให้เหลือเฉพาะตะกอนดีเอ็นเอ ตกตะกอนดีเอ็นเอให้แห้ง โดยทิ้งไว้ประมาณ 2 - 3 ชั่วโมง เติมนสารละลาย TE buffer 40 ไมโครลิตร และเติมน RNase A 2 ไมโครลิตร บ่มที่อุณหภูมิ 37 °C เป็นเวลา 40 นาที และเก็บไว้ที่ -20 °C



การประชุมวิชาการ ที่ประชุมประธานสภาอาจารย์มหาวิทยาลัยแห่งประเทศไทย (ปอมท.) ประจำปี พ.ศ. 2560 “การวิจัยสหวิทยาการ”

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ

เพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้สารละลายดีเอ็นเอความเข้มข้น 100 ng ของข้าวแต่ละสายพันธุ์เป็นดีเอ็นเอแม่แบบ ในบัฟเฟอร์ 2X Taq Master Mix ของบริษัท Vivantis ประกอบด้วย Taq DNA Polymerase, 50 µl 1X Buffer, 2.5 mM MgCl₂, 50 mM KCl, 0.2 mM dNTP, และไพรเมอร์ สำหรับ เครื่องหมายโมเลกุล RAPD ได้แก่ OPD05 5' TGAGCGGACA 3' OPD06 5' ACCTGAACGG 3' และ OPD07 5' TTGGCACGGG 3' ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสมี่ขั้นตอน คือ เริ่มต้นที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 นาที แล้วกำหนดให้เริ่มต้นปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที ลดอุณหภูมิเป็น 50 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 40 วินาที และเพิ่มอุณหภูมิเป็น 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 40 วินาที โดยให้ทำปฏิกิริยาจนครบ 35 รอบ และสิ้นสุดปฏิกิริยาที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นเก็บตัวอย่างไว้ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส ก่อนนำไปตรวจสอบขนาดชิ้นดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้ด้วยเทคนิคการทำ อิเล็กโทรโฟรีซิส ในเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.0 % เทียบขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคพีซีอาร์กับดีเอ็นเอมาตรฐาน หลังจากนั้นนำผลผลิตพีซีอาร์ไปตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์โดยบริษัท First Base ประเทศมาเลเซีย

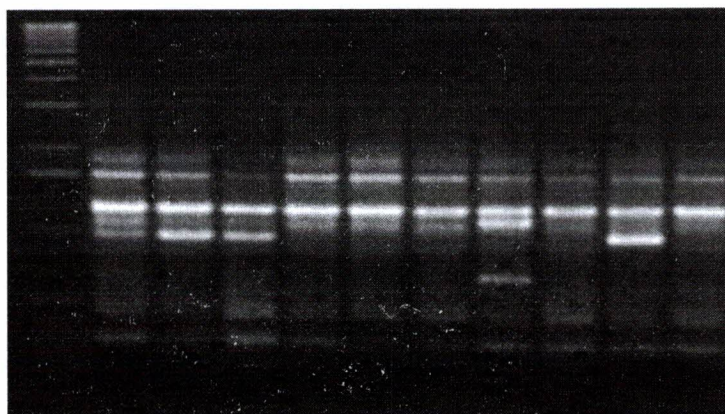
การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

นำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาจัดเรียงและเปรียบเทียบกันโดยใช้โปรแกรม ClustalW2 เพื่อตรวจหา ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์ที่มีความแตกต่างกัน วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงโดยการสร้างแผนภูมิ ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) ด้วยโปรแกรม โปรแกรม BioEdit Version 7.0.9.0 และเลือก การจัดกลุ่มแบบ neighbor-joining

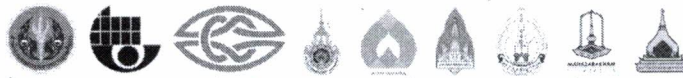
ผลการวิจัย

จากการสกัดดีเอ็นเอจากใบของข้าว 10 พันธุ์ ตรวจสอบผลบน agarose gel 1.0 เปอร์เซ็นต์ เมื่อเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน พบว่าดีเอ็นเอที่สกัดได้มีปริมาณมากเพียงพอ ผลการใช้ไพรเมอร์เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของ ข้าว ในปฏิกิริยาพีซีอาร์ เมื่อตรวจสอบด้วย agarose gel 1.0 เปอร์เซ็นต์ พบไพรเมอร์ทุกเส้นที่ใช้ทดสอบเพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอของข้าวได้ ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของข้าวจากไพรเมอร์แต่ละเส้นมีจำนวนชิ้นดีเอ็นเอที่ต่างกั้แสดงในรูปที่ 1

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



ภาพที่ 1 ผลปฏิกิริยาพีซีอาร์จากดีเอ็นเอข้าว บน agarose gel 1.5 เปอร์เซ็นต์



การประชุมวิชาการ ที่ประชุมประธานสภาอาจารย์มหาวิทยาลัยแห่งประเทศไทย (ปอมท.) ประจำปี พ.ศ. 2560 “การวิจัยสหวิทยาการ”

Lane M คือ 100 bp DNA Maker

Lane ที่ 1 คือ ข้าวกำ

Lane ที่ 6 คือ ข้าวหอมแดงสุโขทัย

Lane ที่ 2 คือ ข้าวสันป่าตอง

Lane ที่ 7 คือ ข้าวหอมมะลิแดง

Lane ที่ 3 คือ ข้าวเขี้ยววง

Lane ที่ 8 คือ ข้าวหอมนิล

Lane ที่ 4 คือ ข้าวพญาลิ้มแกง

Lane ที่ 9 คือ ข้าวมันปู

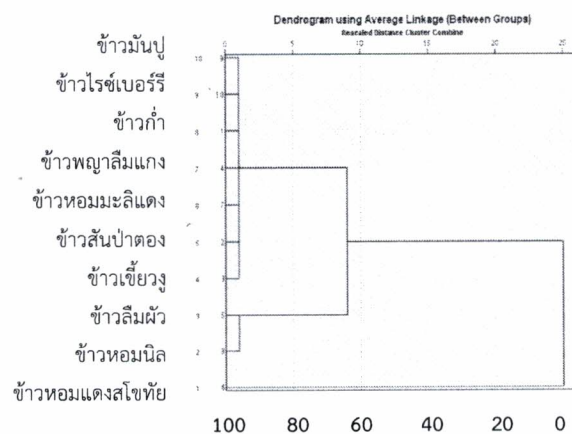
Lane ที่ 5 คือ ข้าวลิ้มผัว

Lane ที่ 10 คือ ข้าวไรซ์เบอร์รี่

การวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ร่วมกันทางวิวัฒนาการด้วยเทคนิค RAPD

จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยเทคนิค RAPD มีจำนวนแถบดีเอ็นเอที่นำมาคำนวณทั้งสิ้น 45 แถบ เมื่อวิเคราะห์ Dendrogram แล้วพบว่าสามารถแบ่งกลุ่มข้าวออกเป็น 3 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยตัวอย่างข้าวมันปู ข้าวไรซ์เบอร์รี่ ข้าวกำ ข้าวพญาลิ้มแกง ข้าวหอมมะลิแดง ข้าวสันป่าตอง และข้าวเขี้ยววงภายในกลุ่มตัวอย่างนี้มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันและมีค่าดัชนีความเหมือน 0.945 กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยตัวอย่างข้าวลิ้มผัว และข้าวหอมนิล ภายในกลุ่มตัวอย่างนี้มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันและมีค่าดัชนีความเหมือน 0.962 และกลุ่มที่ 3 มีตัวอย่างข้าว 1 ตัวอย่าง คือ ข้าวหอมแดงสุโขทัย โดยมีดัชนีความเหมือนเมื่อเทียบกับกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 อยู่ที่ 0.472 และ 0.525 เมื่อเทียบกับกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 อยู่ 0.632 เมื่อพิจารณาดัชนีความเหมือนที่ค่อนข้างสูง แสดงถึงความแตกต่างของข้าวแต่ละชนิดเกิดขึ้นเพียงเล็กน้อยเท่านั้น

เมื่อพิจารณา Dendrogram แล้วจะพบว่าข้าวลิ้มผัว และข้าวหอมนิล มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันมากกว่ากลุ่มอื่น โดยมีดัชนีความเหมือน 0.962 ส่วนชันนาจะมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกับข้าวกลุ่มอื่น มากที่สุด เมื่อเปรียบเทียบดัชนีความเหมือนทั้ง 2 กลุ่มจะมีดัชนีความเหมือนระหว่าง 0.632 ซึ่งความแตกต่างนี้อาจเกิดจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในประชากรและมีการกระจายตัวไปในที่ต่างๆ ซึ่งสภาพภูมิประเทศไม่เหมือนกัน ดังนั้นพืชจึงต้องปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อม ดังรายงานของ Miyashita et al. (1998) ศึกษาใน *Arabidopsis thaliana* ด้วยเทคนิค AFLP อธิบายว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่เกิดขึ้นในประชากรอาจเกิดการกระจายตัวไปในที่ต่างๆ ที่ห่างไกลกัน ต่อมา มีการปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมและถูกจำกัดอยู่ในภาชนะนั้น การเคลื่อนย้ายยีนไปสู่อีกประชากรจึงลดลงและมีการผสมกันภายในประชากร จึงทำให้ประชากรแต่ละประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรม



ภาพที่ 2 แผนภูมิความสัมพันธ์ของข้าวทั้ง 10 ตัวอย่าง ที่ได้จากเทคนิค RAPD



อภิปรายและสรุปผลการวิจัย

จากผลการทดลอง พบว่า ในการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของข้าวจำนวน 10 พันธุ์ ได้แก่ ข้าวมันปู ข้าวไรซ์เบอร์รี่ ข้าวเก่า ข้าวพญาลิมาแก ข้าวหอมมะลิแดง ข้าวสันป่าตอง ข้าวเขี้ยวขลุ่ย ข้าวลิ้มผัว ข้าวหอมนิล และข้าวหอมแดงสุโขทัย และทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR โดยการใช้ไพรเมอร์รหัส OPD05 OPD06 และ OPD07 (Rahman et al., 2006) วิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิค RAPD ด้วยโปรแกรม PhotoCaptMw จากนั้นนำไปวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ และเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอสร้างเป็น dendrogram และตาราง metrix จากโปรแกรม SPSS ซึ่งจากการวิเคราะห์จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยเทคนิค RAPD มีจำนวนแถบดีเอ็นเอที่นำมาคำนวณทั้งสิ้น 45 แถบ เมื่อวิเคราะห์ dendrogram แล้วพบว่าสามารถแบ่งกลุ่มข้าวออกเป็น 3 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยตัวอย่างข้าวมันปู ข้าวไรซ์เบอร์รี่ ข้าวเก่า ข้าวพญาลิมาแก ข้าวหอมมะลิแดง ข้าวสันป่าตอง และข้าวเขี้ยวขลุ่ยในกลุ่มตัวอย่างนี้มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันและมีค่าดัชนีความเหมือน 0.945 กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยตัวอย่างข้าวลิ้มผัว และข้าวหอมนิล โดยเฉพาะข้าวลิ้มผัว ซึ่งเป็นพันธุ์ข้าวโบราณที่ปลูกโดยชาวเขาต่อเนื่องกันมาเป็นเวลายาวนาน ไม่มีการผสมข้ามพันธุ์หรือปรับปรุงพันธุ์ จึงถูกแยกออกจากพันธุ์อื่นอย่างชัดเจน (จาตุรงค์ และคณะ, 2557) ภายในกลุ่มตัวอย่างนี้มีค่าดัชนีความเหมือน 0.962 และกลุ่มที่ 3 มีตัวอย่างข้าว 1 ตัวอย่าง คือ ข้าวหอมแดงสุโขทัย โดยมีดัชนีความเหมือนเมื่อเทียบกับกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 อยู่ที่ 0.472 และเมื่อเทียบกับกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 อยู่ระหว่าง 0.632

สำหรับในกลุ่มพืช ยังไม่สามารถระบุบริเวณที่เหมาะสมสำหรับใช้เป็น DNA barcode ได้แน่นอน ตัวอย่างการศึกษาเพื่อหาข้อสรุปเกี่ยวกับดีเอ็นเอที่ควรใช้เป็น DNA barcode ได้แก่ ในปี ค.ศ 1999 Hilu and Alice ได้ศึกษาสายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของพืชวงศ์ Poaceae โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสของยีน matK พบว่ายีนนี้ถอดรหัสให้กรดอะมิโนจำนวนไม่เท่ากันใน และพบการเพิ่มหรือการขาดหายไปของลำดับเบสในบริเวณอนุรักษ์ นอกจากนี้ยังได้มีการศึกษาบริเวณอื่น เช่น ยีน rbcL และ บริเวณ ITS โดย Chase et al., (2005) จากการศึกษารังนี้ทำให้ทราบว่าถึงแม้ว่าข้อมูลจากแผนที่ยีนที่เกิดจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค RAPD จะเป็นข้อมูลที่ดี แต่ก็ไม่สามารถนำมาใช้เป็น DNA barcode ได้ เนื่องจากการเพิ่มปริมาณเพียงบางบริเวณแบบสุ่ม ซึ่งหากใช้ไพรเมอร์จำนวนคู่ที่เพิ่มขึ้น ก็มักให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่มีลักษณะหลากหลายมากขึ้น อย่างไรก็ตาม เครื่องหมายดีเอ็นเอยังใช้เป็นข้อมูลสำหรับวิเคราะห์ตำแหน่งยีนและการสร้างแผนที่ยีน (gene mapping) ซึ่งเป็นข้อมูลสำคัญที่ช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์ทราบถึงจำนวน ตำแหน่ง และอิทธิพลของยีนที่มีความสำคัญ เพื่อใช้เป็นแนวทางในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ได้สายพันธุ์ใหม่ที่ดีขึ้น

กิตติกรรมประกาศ

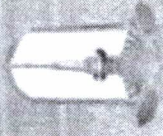
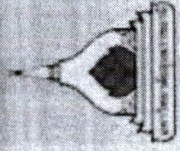
งานวิจัยนี้สำเร็จได้ด้วยความช่วยเหลือ ความกรุณา และคำปรึกษาจากบุคคลหลายฝ่ายดังต่อไปนี้คือ ขอขอบพระคุณ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏเพชรบูรณ์ ที่เอื้อเฟื้อวัสดุ อุปกรณ์ เครื่องมือ วิทยาศาสตร์ ตลอดจนอำนวยความสะดวกในการดำเนินงานวิจัยในครั้งนี้ให้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี ขอขอบพระคุณสถาบันวิจัยและพัฒนา และมหาวิทยาลัยราชภัฏเพชรบูรณ์ และสำนักงานคณะกรรมการการวิจัยแห่งชาติที่ได้ให้การสนับสนุนทุนวิจัยในครั้งนี้ให้สำเร็จลงได้ด้วยดี



การประชุมวิชาการ ที่ประชุมประธานสภาอาจารย์มหาวิทยาลัยแห่งประเทศไทย (ปอมท.) ประจำปี พ.ศ. 2560 “การวิจัยสหวิทยาการ”

เอกสารอ้างอิง

- กรมวิชาการเกษตร. (2543). มาตรฐานการผลิตพืชอินทรีย์ของประเทศไทย. กรุงเทพฯ.
- จาตุรงค์ สัมฤทธิ์ ชีระชัย ธนानันต์ และณฤมล ธนานันต์. (2557). การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวมีสีด้วยเทคนิคแอสอาร์เอฟพีดีและไอเอสเอสอาร์. Thai Journal of Science and Technology. 3: 113-122.
- Anuntalabhochai, S., R. Chandet, J. Chiangda and P. Apavatjirut. (2000). Genetic diversity within Lychee (*Litchi chinensis* Sonn.) based on RAPD analysis. Acta Horticulturae 575: 253-259.
- Chase, W. M., Salamin, N., Wilkinson, M., Dunwell, M.J, Kesanakurthi, P. R., Haidar, N. And Savolainen, V. (2005). Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals. Philosophical Transactions of the Royal Society B 360: 1889-1895.
- Doyle, J.J.; Doyle, J.L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin. v.19, p.11-15.
- Hilu, K. W. and L. A. Alice. (1999). Evolutionary implications of *matk* indels in Poaceae. Amer. J. Bot. 86: 1735-1741.
- Miyashita N. T., A. Kawabe, H. Innan, 1998 Intra- and interspecific DNA variation and codon bias of the alcohol deshydrogenase (Adh) locus region in Arabis and Arabidopsis species Mol. Biol. Evol 13:433-436.
- Rahman MS, Han JC, Park J, Lee JH, Eo SK, Chae JS (2006). Prevalence of brucellosis and its association with reproductive problems in cows in Bangladesh. Vet. Rec., 159: 180-182.



ที่ประชุมประธานสภาอาจารย์มหาวิทยาลัยแห่งประเทศไทย (ปอมท.)

ขอขอบใจเกียรติบัตรฉบับนี้ไว้เพื่อแสดงว่า

สุรเชษฐ์ เวย์มสำออง

เจ้าของผลงาน “การจำแนกพันธุ์และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม
ของข้าวพื้นเมืองด้วยเทคนิคอาร์เอฟพีดี”

ได้เข้าร่วมนำเสนอผลงานในการประชุมวิชาการ ปอมท. ประจำปี พ.ศ.2560

ณ โรงแรมเจริญธานี จังหวัดขอนแก่น

วันที่ 24 – 25 พฤศจิกายน พ.ศ.2560

(ดร.ไผ่จิรา สัมปิตติกร)

ประธานสภาคณาจารย์และบริหารการ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี
ประธานดำเนินการประชุมวิชาการ ปอมท. ประจำปี พ.ศ. 2560

(รองศาสตราจารย์ ดร.ชัยวุฒิ สัตยรักษ์)

ประธานสภาคณาจารย์และพนักงานมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ประธานที่ประชุมประธานสภาอาจารย์มหาวิทยาลัยแห่งประเทศไทย (ปอมท.)