บทที่ 2

ตรวจเอกสาร

พืชกลุ่มกระเจียวอยู่ในวงศ์ Zingiberaceae สกุลขมิ้น (*Curcuma*) ลักษณะทางสัณฐานของพืชสกุลนี้มีความหลากหลายทั้ง รูปทรงของช่อดอก ขนาดช่อดอก และสีสันที่แตกต่างกัน (พิมพ์ใจ และคณะ, 2539) ความหลากหลายของลักษณะต่างๆ ดังกล่าว สามารถแบ่งพืชสกุลขมิ้นออกเป็น 2 สกุลย่อย ตามลักษณะของกลีบประดับ ช่อดอก อับเรณู และลักษณะสีของปาก (สุรวิช, 2539) ดังนี้คือ

Paracurcuma ได้แก่ ปทุมมา (*Curcuma alismatifolia* Gagnep.) บัวโกเมน (*C. rhabdota*) เป็นต้น ลักษณะเด่นคือ ปากของ กลีบดอกมีสีกลุ่มม่วงแดงที่เกิดจากสารกลุ่มแอนโทไซยานิน ลักษณะช่อดอกของปทุมมา พัฒนามาจากตายอดของลำต้นเทียม (สุรวิช, 2539) ช่อดอกประกอบด้วย กลีบประดับส่วนล่างมีสีเขียวประมาณ 8-10 กลีบ กลีบประดับส่วนบนมีขนาดใหญ่สีม่วงอมชมพู หรือสีขาวมีประมาณ 12-15 กลีบ เรียงซ้อนกันคล้ายดอกบัว ส่วนมากพบบริเวณทุ่งหญ้าและบริเวณชายป่าเบญจพรรณหรือป่าเต็งรังในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ พันธุ์ที่กำลังได้รับความนิยมในตลาดปัจจุบัน เช่น Chiangmai Pink, Tropic Snow, Siam Pearl White, Cambodian Scarlet, Snow White, Phudin Princess และ Lady of the Dawn (เกรียงศักดิ์ และคณะ, 2552)

Eucurcuma ได้แก่ กลุ่มกระเจียว (*Curcuma* spp.) ลักษณะเด่นคือ ที่ปากกลีบดอก ไม่มีสีกลุ่มม่วงแดง กลีบปากมีสีขาวหรือสีเหลือง ความหลากหลายของกลุ่มนี้มีทั้งรูปแบบการออกดอก รูปร่างและขนาดของใบ รูปทรงของช่อดอก และสีของใบประดับ (สุรวิช, 2539) ใบคล้ายกับปทุมมา แต่ช่อดอกมีการพัฒนาแตกต่างจากปทุมมาคือ ช่อดอกพัฒนาจากเหง้าที่อยู่ใต้ดินก่อนการเจริญของลำต้นเทียมหรือช่อดอกมีการพัฒนาพร้อมกับการเจริญของลำต้นเทียม ช่อดอกกลุ่มกระเจียวเป็นทรงกระบอกเรียงซ้อนกันเป็นแถว 5-7 แถว พบตามพื้นที่โล่งแจ้งและป่าชื้นทั่วทุกภาคของประเทศไทย พืชในกลุ่มนี้ที่นิยมผลิตเป็นไม้ตัดดอกและไม้กระถางเช่น กระเจียวส้ม (*C. roscoeana*) กระเจียวขาว (*C. parviflora*) บัวโกเมน (*C. rhabdota*) และบัวชั้น (*C. petiolata*) (เกรียงศักดิ์ และคณะ, 2552)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

1. ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ราก ระบบรากเป็นรากฝอยอวบน้ำ มีรากแขนงเล็กๆ รากแบ่งได้เป็น 2 ประเภทคือ รากค้ำจุนลำต้นกับรากสะสมอาหาร ส่วนปลายของรากสะสมอาหารมีลักษณะเป็นตุ้มอวบน้ำ ทำหน้าที่เก็บสะสมน้ำและอาหารไว้ใช้ในช่วงการพักตัว (สุรวิช, 2539) จำนวน รูปร่าง และขนาดของตุ้มสะสมอาหารจะแตกต่างกันคือ ปทุมมามีตุ้มสะสมอาหารค่อนข้างกลม จำนวน 3-7 ราก แต่กระเจียวส้มมีรากสะสมอาหารน้อยมาก และกระเจียวปราจีนบุรีมีตุ้มสะสมอาหารเรียวยาว (พิพัฒน์ และคณะ,

2538) ถ้าหากต้นมีความสมบูรณ์เต็มที่ ปริมาณตุ้มรากจะมีจำนวนมาก หัวพันธุ์ที่มีตุ้มรากจำนวนมากสามารถเก็บรักษาไว้ได้นานและตุ้มรากไม่สามารถใช้ขยายพันธุ์ได้ (สุรวิช, 2539)

หัว เป็นลำต้นใต้ดินแบบ tuberous rhizome มีการแตกแขนงคล้ายเหง้าขิงหรือข่า มีลักษณะโป่งออกทางด้านข้างมากกว่าเรียวยาว (ฉันทนา, 2534) แต่ละหัวมีตาเรียงตัวในแนวเดียวกันเป็นข้อปล้องที่หดสั้น จำนวนตาขึ้นอยู่กับขนาดของหัว (พิพัฒน์ และคณะ, 2538) เมื่อหัวพ้นระยะพักตัวตาจะเริ่มปริออกมาประมาณเดือนมีนาคมและเมษายน (สุรวิช, 2539)

ลำต้น ลำต้นอยู่ใต้ดินทำหน้าที่สะสมน้ำและอาหาร ส่วนของโคนลำต้นใต้ดินจะโป่งออกด้านข้าง เมื่อลำต้นแก่เต็มที่จะเปลี่ยนไปเป็นหัว ลำต้นที่เห็นอยู่เหนือพื้นดินเป็นลำต้นเทียม (pseudostem) เกิดจากกาบใบ (leaf sheath) ที่ห่อตัวกันแน่นหุ้มก้านช่อดอก เจริญมาจากตาข้างของเหง้า (สุรวิช, 2539)

ใบ ใบประกอบด้วยกาบใบห่อรวมกันแน่น เป็นใบเดียวมีแผ่นใบใหญ่ ขอบใบเรียบ ปลายใบมีลักษณะมนไปจนถึงปลายใบแหลม สีเขียวเป็นมัน มีรูปร่างป้อมๆ ไปจนถึงค่อนข้างยาว เส้นใบขนานทแยงขึ้น (อดิศร, 2541) สีของเส้นกลางใบแบ่งเป็น 2 กลุ่มคือ เส้นกลางใบสีเขียวและเส้นกลางใบสีน้ำตาลแดงเรื่อๆ (พิพัฒน์ และคณะ, 2538)

ช่อดอก ช่อดอกมีลักษณะเป็นช่อแน่น (compact spike) ใบประดับ (bract) โอบรอบโคนช่อดอกย่อย เรียงซ้อนกันเป็นเกลียว ทำให้ช่อดอกมีลักษณะเป็นทรงกระบอก ส่วนโคนของใบประดับเชื่อมติดกันทำให้มีลักษณะคล้ายถ้วยซ้อนกัน ภายในมีช่อดอกย่อย มีดอกอยู่ประมาณ 2-7 ดอก ใบประดับที่อยู่ส่วนบน (coma bract) ไม่มีช่อดอกย่อย โคนใบประดับส่วนบนมักจะไม่เชื่อมติดกัน มีสีและรูปร่างแตกต่างจากใบประดับที่อยู่ข้างล่าง (อดิศร, 2541)

ดอก ในส่วนของดอกไม่มีก้านดอก มีสีแตกต่างจากกลีบประดับ ดอกจะทยอยบานทีละดอก มีอายุการบานประมาณ 1 วัน ดอกประกอบด้วยกลีบเลี้ยง 3 กลีบ เชื่อมติดกันหุ้มโคนของกลีบดอก ลักษณะเป็นหลอด ส่วนบริเวณโคนกลีบดอกเชื่อติดกันเช่นกัน แต่ตรงปลายของกลีบดอกจะแยกออกเป็น 3 กลีบ เป็นดอกสมบูรณ์เพศ มีทั้งเกสรเพศผู้และเกสรเพศเมีย เกสรเพศผู้วงนอกเป็นหมัน 3 อัน ซึ่งจะเปลี่ยนรูปเป็นกลีบ 3 กลีบ เรียกสเตมิโนด (staminode) มี 1 กลีบเปลี่ยนรูปไป เรียกว่าปาก เกสรเพศผู้วงใน 3 อัน มีก้านชูเกสรเชื่อมติดกันหุ้มก้านชูเกสรเพศเมีย เกสรเพศผู้วงในมีอับละอองเรณู 2 อันเท่านั้นที่สามารถทำหน้าที่ได้ตามปกติ เกสรเพศเมียจะอยู่ระหว่างอับละอองเรณูทั้งสอง (อดิศร, 2541) เกสรเพศเมียจะพร้อมรับการถ่ายละอองเรณูในช่วง 2 ชั่วโมงแรกนับจากดอกบาน (สุรวิช, 2539)

ผลและเมล็ด หลังการปฏิสนธิ เมื่อผลพัฒนาเต็มที่จะมีลักษณะเป็น 3 พู เนื่องจากรังไข่มีผนัง 3 ด้านเชื่อมติดกัน ภายในแต่ละพูมีเมล็ดอยู่ เมล็ดมีลักษณะรูปร่างคล้ายหยดน้ำ ตรงปลายแหลมของ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

เมล็ดมีเยื่อบางๆ รูปหลายแฉกติดอยู่ ทำให้เมล็ดลอยน้ำ ช่วยในการกระจายพันธุ์ ผลมีอายุประมาณ 1-2 เดือน เมื่อผลแก่เต็มที่ผนังจะบางขึ้นและใส จนเห็นเมล็ดสีน้ำตาลที่อยู่ข้างใน (สุรวิช, 2539)

2. การปลูกและการดูแลรักษา (ชูชาติ, 2545; พรรณนีย์, 2545; สุรวิช, 2539)

วิธีการเตรียมดิน ในการปลูกเป็นแปลง ดินที่ใช้ปลูกต้องมีอินทรียวัตถุสูง ระบายน้ำได้ดี ควรเป็นดินร่วนปนทราย ค่าความเป็นกรดด่างของดิน ควรอยู่ระหว่าง 6.5-7 ขนาดของแปลงปลูกควรกว้างประมาณ 1.2-1.4 เมตร ก่อนการปลูกจะตากดินนาน 10-14 วัน และโรยปูนขาวก่อนปลูกเพื่อลดโอกาสการเกิดโรค ใช้ปุ๋ยรองพื้นสูตร 15-15-15 หรือ 16-16-16 ประมาณ 1 ช้อนชาต่อหลุม สำหรับการปลูกลงกระถาง ใช้ดินผสมธรรมดา ถ้าหากต้องการให้มีการระบายน้ำได้ดี จะผสมทรายหยาบในอัตรา 1:1

วิธีการปลูก ปลูกให้ยอดของเหง้าชี้ลงดินกลบลึกประมาณ 5 เซนติเมตร การปลูกให้เหง้าชี้ลงดินช่วยลดอิทธิพลการข่มของตายอด ทำให้มีการแตกกอดีที่สุด หากหัวพันธุ์ขาดแคลนสามารถผ่าหัวพันธุ์ตามยาว แต่ต้องมีตาข้างติดอยู่ประมาณ 1-2 ตา ใช้ปูนแดงป้ายตรงรอยตัด เมื่อนำไปปลูกให้รอยแผลหันขึ้นเพื่อให้เกิดยอดมากที่สุด

การให้น้ำ ค่าความเป็นกรดด่างของน้ำที่ใช้ควรอยู่ระหว่าง 5.5-6.5 รดน้ำวันละครั้งในช่วงเช้า ปริมาณน้ำที่ให้ต้องเพียงพอที่จะทำให้ดินชื้นตลอดทั้งวัน การให้น้ำขึ้นอยู่กับสภาพความชื้นในอากาศ หากน้ำถูกช่อดอกอาจทำให้ช่อดอกหักได้

การพรางแสง ไม้ดอกในกลุ่มกระเจียวที่มีใบบาง ต้องพรางแสงลง 50-70 เปอร์เซ็นต์ ส่วนกระเจียวที่มีลักษณะใบหนาจะพรางแสงลงประมาณ 30-50 เปอร์เซ็นต์ หากแสงมากเกินไปทำให้ขอบใบไหม้ สีของใบประดับซีดเร็ว และก้านช่อดอกสั้น ถ้าหากได้รับแสงน้อยเกินไป ลำต้นเทียมจะอ้วน สูง อ่อนแอต่อโรค และใบประดับเหี่ยวได้ง่าย

การให้ปุ๋ย ใช้ปุ๋ยสูตรเสมอเช่น 15-15-15 หรือ 16-16-16 ในอัตรา 0.5-1 ช้อนชา โรยรอบโคนต้นทุกเดือน ธาตุอาหารรองให้โดยการฉีดพ่นทางใบเมื่อพืชแสดงอาการขาดธาตุอาหาร

โรคและศัตรูพืช โรคหัวเน่าหรือโรคเหี่ยวที่เกิดจากเชื้อแบคทีเรีย *Ralstonia solanacearum* ลักษณะอาการที่เกิดขึ้นจะทำให้ใบแก่ที่อยู่ด้านล่างห่อม้วนเป็นหลอดคล้ายกับอาการขาดน้ำ ต่อมาจะต้นจะเน่าและหักยุบตัวบริเวณโคนต้น หัวพันธุ์และรากสะสมอาหารมีลักษณะฉ่ำน้ำและเน่า มีกลิ่นเหม็น นอกจากนี้ยังมีโรคอื่นๆ อีก ได้แก่ โรคจุดอาคริโมเนียม โรคจุดโฟมา โรคจุดสนิม ระบาดในช่วงฤดูฝน แมลงศัตรูพืชที่สำคัญ ได้แก่ เพลี้ยแป้ง ทำลายหัวพันธุ์ และหนอนด้วงสีน้ำเงินกัดแทะบริเวณผิวหน้าและหลังใบ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

การเก็บหัวพันธุ์ หลังจากที่กระเจียวออกดอกและเก็บผลผลิตเสร็จแล้ว จะใส่ปุ๋ยครั้งสุดท้าย เพื่อช่วยสร้างหัว จากนั้นปล่อยให้ใบ และต้นที่เหลือแห้ง จากนั้นจึงเก็บหัวพันธุ์ที่แก่เต็มที่ นำหัวพันธุ์ที่ได้ชุบน้ำยากันเชื้อรา ผึ่งให้แห้ง เก็บรักษาหัวพันธุ์ไว้ในที่อากาศถ่ายเทได้สะดวก

3. การขยายพันธุ์ (ชูชาติ, 2545; สุรวิช, 2539)

การเพาะเมล็ด หลังจากถ่ายละอองเกสรได้ 1-2 เดือน นำเมล็ดมาเพาะในกระบะที่มีส่วนผสมของทรายและถ่านแกลบในอัตราส่วน 1:1 ฝังเมล็ดลงในวัสดุปลูกลึกประมาณ 0.5-1 เซนติเมตร ประมาณ 10-15 วัน เมล็ดจะเริ่มงอก เมื่อต้นกล้ามีใบจริง 3-4 ใบ จึงแยกต้นกล้าไปปลูกในแปลงที่ระยะปลูกประมาณ 10×10 เซนติเมตรต่อต้น ต้นกล้าที่ได้จากการเพาะเมล็ดอายุประมาณ 2 ปีจึงจะให้ช่อดอกและผลิตเป็นหัวพันธุ์ได้

การแยกเหง้า เป็นวิธีที่นิยมมากที่สุด ต้นที่ได้จะมีลักษณะเหมือนเดิม โดยขุดหัวพันธุ์เมื่อสิ้นฤดูปลูก แต่ละกอจะมีหลายเหง้าเชื่อมต่อกัน ดังนั้นจึงต้องแยกเหง้าออกจากกัน ก่อนนำไปเก็บรักษา ปริมาณของเหง้าที่ได้ขึ้นอยู่กับขนาดของกอ

การผ่าเหง้า นำเหง้าที่ได้มาผ่าระหว่างตาทั้งสองข้างแยกออกเป็น 2 ชิ้นเท่าๆ กัน และมีรากสะสมอาหารติดมาด้วยอย่างน้อย 1 ราก เมื่อผ่าเหง้าแล้วนำน้ำยากันเชื้อราทาปิดบริเวณบาดแผล เหง้าที่ได้จากการผ่าจะเก็บรักษาไว้ได้ไม่นาน

การเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ ชิ้นส่วนที่นำมาเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ ได้แก่ ตาข้างของเหง้า และช่อดอกอ่อนในระยะที่เริ่มโผล่ออกมาจากลำต้นเทียม ตัดเป็นท่อนยาวประมาณ 1 เซนติเมตร เลี้ยงในอาหารสังเคราะห์ เมื่อต้นกล้าโตเต็มขวด นำออกมาปลูกในเรือนเพาะชำต่อไป ต้นกล้าใช้เวลา 2 ปีจึงจะให้ช่อดอกหรือนำไปผลิตเป็นหัวพันธุ์

4. การปรับปรุงพันธุ์

ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย สถาบันวิจัยพืชสวน กรมวิชาการเกษตร ได้พัฒนาพันธุ์พืชในกลุ่มปทุมมาและกระเจียว มีการรวบรวมพืชในกลุ่มนี้ในสภาพธรรมชาติทั่วประเทศมากกว่า 22 จังหวัด สามารถรวบรวมพืชสกุลกระเจียวได้ 22 ชนิด และนำมาใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ โดยใช้พ่อแม่พันธุ์ในกลุ่มปทุมมาและกระเจียว ลูกผสมที่ได้มีมากกว่า 60 คู่ผสม ลูกผสมที่ได้จำนวนมากมีลักษณะเด่นเหมาะสมสำหรับการพัฒนาเป็นไม้กระถางและไม้ตัดดอก (พรรณนีย์, 2545) การผสมข้ามชนิดของ พืชในกลุ่มปทุมมาและกระเจียว มีปัญหาในการงอกของละอองเกสรบน stigma suface คือ บางคู่ผสมมีการงอกของละอองเกสรที่ผิดปรกติ (หยกทิพย์, 2549)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

นอกจากการผสมพันธุ์แล้วยังมีการชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ โดยนำหัวพันธุ์ปทุมมาและกระเจียวที่พ้นระยะการพักตัว ไปฉายรังสีแกมม่า อัตรา 20-50 เกรย์ อย่างเฉียบพลัน พบว่ามีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น โดยลักษณะที่ปรากฏคือ ใบหยาบหนา หรือหยักเป็นคลื่น ต้นเตี้ย กลีบประดับมีลักษณะที่หลากหลาย เช่น มีสีเข้ม สีอ่อน ด่าง ปากดอกจริงมีสีเข้ม หรือมีสีอ่อนลง เป็นต้น สามารถคัดต้นกลายพันธุ์ที่มีลักษณะเด่นๆ นำไปใช้เป็นพันธุ์การค้าได้ เช่น กระเจียวสีขาวครีม กระเจียวสีส้มแดง (พรรณนีย์, 2545)

เครื่องหมายโมเลกุล (molecular marker)

เครื่องหมายโมเลกุลใช้เพื่อจัดจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตไม่ว่าจะเป็นการจัดจำแนกความแตกต่างระหว่างสปีชีส์ หรือระหว่างประชากร เครื่องหมายโมเลกุลมี 2 ระดับ ดังนี้คือ

ระดับโปรตีน (protein marker) เช่นการตรวจสอบรูปแบบของโปรตีนในเลือด โปรตีนสะสมในเมล็ดพืช เป็นต้น ข้อดีของการตรวจสอบโปรตีน คือสามารถตรวจได้หลายตำแหน่ง ค่าใช้จ่ายไม่สูง ข้อจำกัดคือจำนวนยีนที่ตรวจสอบได้มีไม่มาก ไม่ครอบคลุมทั้งจีโนม ผลที่ได้ขึ้นอยู่กับชนิดของเนื้อเยื่อที่ใช้ ระยะการเจริญเติบโตและสิ่งแวดล้อม

ระดับดีเอ็นเอ (DNA marker) ใช้บ่งบอกความจำเพาะของสิ่งมีชีวิต เป็นการตรวจสอบดีเอ็นเอที่อยู่บนตำแหน่งต่างๆ ของโครโมโซม เนื่องจากดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดมีความแปรปรวนของนิวคลีโอไทด์ภายในโมเลกุลของดีเอ็นเอ จึงสามารถใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายโมเลกุลได้ (สุรินทร์, 2545)

วิธีการตรวจสอบ DNA marker ที่ใช้กันมากในปัจจุบันคือ การใช้เทคนิค PCR (polymerase chain reaction) ซึ่งมีข้อดีคือ ตรวจสอบ polymorphism ได้ในระดับสูง ใช้ได้ดีในกรณีที่มีตัวอย่างมากๆ ทำได้ง่ายและรวดเร็ว (สุรินทร์, 2552) เป็นเทคนิคที่ใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยเลียนแบบกระบวนการ DNA replication อาศัยเอนไซม์ DNA polymerase ในการเพิ่มจำนวนของดีเอ็นเอเป้าหมายเป็น 2 เท่าในทุกๆ รอบของปฏิกิริยา ในแต่ละรอบของปฏิกิริยาประกอบด้วย 3 ขั้นตอนคือ

1. denaturation ใช้อุณหภูมิสูงประมาณ 90-95 ^{O}C ทำให้ดีเอ็นเอต้นแบบที่เป็นเกลียวคู่ แยกออกจากกันเป็นสายเดี่ยว เพื่อทำหน้าที่เป็นต้นแบบในการสร้างดีเอ็นเอเส้นใหม่

2. annealing ไพรเมอร์ที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์เป็นคู่สมกับดีเอ็นเอต้นแบบ จะเข้าไปจับกับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอต้นแบบ เมื่อมีอุณหภูมิที่เหมาะสมในช่วง 40-60 ^{O}C

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

3. extension เป็นขั้นตอนการเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอโดยอาศัยเอนไซม์ DNA polymerase ซึ่งทำหน้าที่ต่อลำดับนิวคลีโอไทด์ อุณหภูมิที่เหมาะสมในช่วงนี้ขึ้นอยู่กับชนิดของเอนไซม์ที่ใช้ เช่น เมื่อใช้เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase ต้องการอุณหภูมิที่เหมาะสมที่ 72 ^{O}C (วัชรี และมนตรี, 2536)

การนำเทคนิค PCR มาประยุกต์ใช้ในการตรวจสอบเครื่องหมายดีเอ็นเอ (PCR-based markers) อาจตรวจสอบได้หลายตำแหน่งพร้อมกัน (multi-locus) เป็นการตรวจแบบสุ่ม หรือตรวจสอบได้ครั้งละหนึ่งตำแหน่ง (single-locus) ในบริเวณที่จำเพาะ เครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนาโดยเทคนิค PCR มีหลายชนิดดังนี้

RAPD (random amplified polymorphic DNA) ใช้ไพรเมอร์ขนาดสั้น 10-12 นิวคลีโอไทด์สุ่มเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในหลายๆ ตำแหน่งพร้อมกัน จึงตรวจสอบดีเอ็นเอได้หลายตำแหน่ง ความแตกต่างที่ตรวจสอบเป็นการเกิดและไม่เกิดแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งหนึ่งๆ สามารถทำได้ง่ายและค่าใช้จ่ายไม่สูง แต่มีปัญหาเรื่องการทำซ้ำ มีการใช้เทคนิคนี้ในการคัดเลือกพันธุ์ข้าวที่ได้รับการฉายรังสี ให้ต้านทานต่อสภาพความเค็ม (salt-tolerant) โดยใช้ไพรเมอร์ทั้งหมด 30 ไพรเมอร์ในการตรวจสอบความแตกต่างของข้าวที่ต้านทานและไม่ต้านทานต่อความเค็ม พบว่ามีเพียง 2 ไพรเมอร์ คือ OPE15 และ OPF08 ที่สามารถจำแนกความแตกต่างที่เกิดขึ้น ให้ลักษณะแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะในข้าวกลุ่มที่ต้านทานต่อความเค็ม แต่ไม่ปรากฏแถบในกลุ่มที่ไม่ต้านทานต่อความเค็ม จากผลการทดลองที่ได้ทำให้เห็นว่าแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจำเพาะต่อข้าวที่ต้านทานต่อความเค็มเท่านั้น (Lee *et al*., 2003)

AFLP (amplified fragment length polymorphism) โดยนำเอนไซม์ตัดจำเพาะตัดดีเอ็นเอที่ต้องการ แล้วต่อด้วย adapter ที่ปลายของชิ้นดีเอ็นเอที่ตัดไว้ เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบางชิ้นด้วยเทคนิค PCR ซึ่งเทคนิคนี้นำมาใช้ศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมของสายพันธุ์ข่า 20 สายพันธุ์ โดยทดสอบคู่ไพรเมอร์ 128 คู่ คัดเลือกได้ 15 คู่ไพรเมอร์ที่ให้แถบชัดเจน สามารถจำแนกข่าออกเป็น ข่าพันธุ์ปลูกที่มีเหง้าสีแดง ข่าพันธุ์ปลูกที่มีเหง้าสีขาว และข่าที่เป็นสายพันธุ์ป่า เมื่อนำข่าทั้ง 20 ตัวอย่าง มาวัดค่าระยะห่างทางพันธุกรรม พบว่ามีค่าสูงมากคือ 0.68 แสดงให้เห็นว่าข่าทั้ง 20 ตัวอย่าง มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง (กฤษณา, 2548)

ISSR (inter simple sequence repeat) ใช้ไพรเมอร์ชนิดเดียวในการตรวจสอบ เป็นการตรวจสอบดีเอ็นเอหลายตำแหน่งพร้อมกัน ส่วนของดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้อยู่ระหว่างลำดับเบสของไมโครแซทเทลไลท์ มีการนำไปใช้ในการหาความหลากหลายทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ของ *Curcuma* sp. ทั้งหมด 15 ชนิด ร่วมกับการใช้เทคนิค RAPD โดยใช้ไพรเมอร์ RAPD 39 ไพรเมอร์ พบแถบของดีเอ็นเอทั้งหมด 376 แถบ ซึ่งมีเพียง 352 แถบที่ต่างกัน และนำไพรเมอร์ ISSR จำนวน 8 ไพรเมอร์ พบแถบของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้น 91 แถบ แต่มีเพียง 87 แถบที่ให้ความแตกต่างกัน เมื่อนำมาจัด

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

กลุ่มสามารถแยกออกได้เป็น 7 กลุ่ม ที่สอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐาน (Syamkumar and Sasikumar, 2007)

SSR (simple sequence repeat หรือ microsatellite) สามารถตรวจสอบดีเอ็นเอได้ครั้งละ 1 ตำแหน่ง เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบจำเพาะ สามารถแยกความแตกต่างระหว่างโฮโมไซโกตและเฮเทอโรไซโกตได้ แต่ต้องทราบลำดับเบสที่อยู่ขนาบตำแหน่ง microsatellite ใช้ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม การปรับปรุงพันธุ์ และการทำแผนที่ยีน (Gupta *et al*., 2000) ดังจะเห็นได้จาก การใช้ microsatellite marker ที่ต่างกัน 17 ตำแหน่ง เพื่อศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของ *Curcuma longa* L. จาก 3 พื้นที่คือ บราซิล อินเดีย และเปอร์โตริโก้ พบว่า microsatellite เพียง 3 ตำแหน่งคือ $(GT)_{10}$ $(CT)_{20}$ และ $(CTT)_7$ ให้ลักษณะรูปแบบของแถบที่ต่างกัน 2-11 band/locus ซึ่งสามารถนำไปคัดเลือกลักษณะจีโนไทป์ที่ต้องการ เพื่อประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์ (Sigrist *et al*., 2010)

SCAR (sequence characterized amplified region) เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบจำเพาะ โดยนำแถบดีเอ็นเอที่สามารถใช้เป็นเครื่องหมายจากการทำ AFLP หรือ RAPD มาหาลำดับเบส และออกแบบไพรเมอร์ใหม่ จะได้ไพรเมอร์ที่จำเพาะ และใช้ในการเพิ่มปริมาณโดยเทคนิค PCR จากการทดลองของ Anuntalabhochai *et al*. (2007) ในการจัดจำแนก *Curcuma alismatifolia* ที่มีความหลากหลายในส่วนของสีดอก ความยาวของช่อดอก เมื่อใช้พันธุ์ป่าเป็นพ่อแม่พันธุ์ทำให้ลูกผสมที่เกิดขึ้นมีลักษณะทางสัณฐานที่หลากหลาย ยากต่อการจัดจำแนกและการแบ่งกลุ่มให้สัมพันธ์กับ *Curcuma* spp. แต่ละสายพันธุ์จึงมีการนำเครื่องหมายดีเอ็นเอมาช่วยในการคัดเลือก *Curcuma* spp. ทั้งหมด 20 สายพันธุ์ ในขั้นแรกใช้เทคนิค HAT-RAPD ใช้ไพรเมอร์ที่มีความยาว 10 นิวคลีโอไทด์ จำนวน 11 ไพรเมอร์ พบแถบของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นมีขนาดอยู่ในช่วง 100-2,500 bp คัดเลือกแถบดีเอ็นเอที่น่าสนใจนำไปหาลำดับเบส เพื่อออกแบบไพรเมอร์ SCAR สำหรับแยกความต่างของ *Curcuma* spp. พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่มีความยาว 600 bp ในตำแหน่งที่เหมือนกันใน *Curcuma* spp. ที่ได้จากลูกผสมและไม่ใช่ลูกผสม

การแสดงออกของยีน

การศึกษาการแสดงออกของยีนโดยตรวจสอบ mRNA ทำได้หลายวิธีดังนี้ Northern blot analysis โดยแยกขนาด mRNA ด้วยเจลอิเล็กโทรโฟรีซีส ย้าย mRNA ในเจลลงไปบนแผ่นเมมเบรน จากนั้นทำปฏิกิริยากับโพรบ หาก mRNA บนแผ่นเมมเบรนมีความจำเพาะกับโพรบที่ใช้ จะปรากฏแถบ สามารถใช้วิเคราะห์การแสดงออกของยีนต่อไป

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Reverse transcription PCR (RT-PCR) โดยเปลี่ยน mRNA ให้เป็น cDNA โดยใช้เอนไซม์ reverse transcriptase เพิ่มปริมาณ cDNA ที่ได้โดยใช้ไพรเมอร์ที่จำเพาะกับยีนที่สนใจ ดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณนำไปแยกขนาดด้วยวิธีเจลอิเล็กโทรโฟรีซีส และวิเคราะห์รูปแบบการแสดงออกของยีน

In situ hybridization ใช้ตรวจสอบชนิดของเซลล์ที่มีการแสดงออกของยีน หลักการคือนำเนื้อเยื่อที่สนใจฝังในเรซิน ตัดเนื้อเยื่อที่ได้ให้เป็นแผ่นบางๆ ประมาณ 1-5 ไมครอน วางบนสไลด์ แช่สไลด์ที่ได้ร่วมกับโพรบที่มีลำดับเบสจำเพาะกับยีนที่ต้องการและติดสารกัมมันตรังสี โพรบจะทำปฏิกิริยากับ mRNA ในเซลล์ ประกบแผ่นสไลด์กับแผ่นฟิล์ม ทำให้ทราบชนิดของเซลล์ที่มีการแสดงออกของยีน

Gene microarrays นำ cDNA ไปติดฉลากแล้วทำปฏิกิริยากับโพรบบนแผ่นสไลด์ ตรวจสอบการเรืองแสง และความเข้มแสงที่สัมพันธ์กับการแสดงออกของยีน (ศิริลักษณ์, 2552)

Differential display reverse transcription-PCR (DDRT-PCR) เป็นเทคนิคที่นิยมใช้ในการตรวจสอบการแสดงออกและจำแนกยีนที่มีลักษณะการแสดงออกเพิ่มขึ้นหรือลดลง (Sompayrac *et al*., 1995) มีการรายงานครั้งแรกโดย Liang and Pardee (1992) DDRT-PCR เป็นวิธีการที่ใช้จำแนกและวิเคราะห์การแสดงออกของยีนในระดับ mRNA ในเซลล์พวกยูคาริโอต ใช้ในการตรวจสอบและเปรียบเทียบรูปแบบการแสดงออกของยีนระหว่าง 2 ตัวอย่างขึ้นไป ข้อดีของเทคนิคนี้คือ สามารถจำแนกความแตกต่างได้โดยใช้ RNA ปริมาณน้อย และไม่จำเป็นต้องทราบลำดับเบสของยีน (Rymerson *et al*., 1995) ขั้นตอนหลักประกอบไปด้วยการสกัด RNA ที่มีการแสดงออกในแต่ละส่วนของพืช ซึ่งต้องไม่มีการปนเปื้อนของดีเอ็นเอ (Dunican, 1997) ทำ reverse transcription ให้เป็น cDNA โดยใช้เอนไซม์ reverse transcriptase จากลักษณะ mRNA ของยูคาริโอตที่มีปลาย 3’ polyadenylation (poly-A) ดังนั้นจึงใช้ anchored primer ที่ออกแบบให้จับกับปลาย 3’ ของ mRNA ไพรเมอร์ที่ใช้คือ oligo d(T) หลังจากนั้นจึงนำ cDNA ที่ได้เป็นต้นแบบในปฏิกิริยา PCR โดยใช้ anchored primer ชนิดเดียวกับที่ใช้ในการทำ reverse transcription ร่วมกับ arbitrary primer มีนิวคลีโอไทด์ 10-13 bp การที่ใช้ไพรเมอร์ที่มีนิวคลีโอไทด์สายสั้นๆ ทำให้การทำปฏิกิริยากับ cDNA ต้นแบบเป็นไปอย่างสุ่ม (nonspecific) เมื่อนำ cDNA ที่ได้ไปแยกขนาด ถ้าหากแถบที่ปรากฏในแต่ละตัวอย่างมีขนาดใกล้เคียงกัน สามารถเปรียบเทียบความแตกต่างของการแสดงออกของยีนได้ง่ายและเลือกแถบ cDNA ที่แตกต่างกันไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ แถบของ cDNA ที่ได้จากการสกัดออกมาจากเจลเมื่อนำไปเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยา PCR อีกครั้งหนึ่ง ผลผลิตของ PCR ที่ได้สามารถนำไปใช้เป็นโพรบ ในการทำ Northern hybridization เพื่อยืนยันความถูกต้องของยีนที่มีการแสดงออกที่แตกต่างกันอีกครั้งหนึ่ง (Zhang *et al*., 1998) อย่างไรก็ตาม มักพบว่าผลการยืนยันตรงกันเพียง

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

70 เปอร์เซ็นต์ และ cDNA ทางด้านปลาย 3’ สามารถเพิ่มปริมาณได้เพียง 300 bp ซึ่งบริเวณนี้มีความแปรปรวนสูงในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด การจำแนก cDNA ที่มีขนาดเล็กนี้มักจะไม่สามารถจับคู่กับยีนที่ทราบลักษณะการทำงานที่มีอยู่แล้วในฐานข้อมูลต่างๆ (Sompayrac *et al*., 1995)

การใช้เทคนิค DDRT-PCR วิเคราะห์การแสดงออกของยีนต่อลักษณะทางสรีรวิทยาของพืช เช่น รูปแบบการแสดงออกของยีนที่ตอบสนองต่อการสร้างฮอร์โมนพืช การพักตัว วงจรชีวิตของพืช การแสดงออกของเพศดอก ยีนที่ตอบสนองเมื่อพืชเกิดโรค และตรวจสอบความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยดูจากลักษณะของยีนที่มีการแสดงออกแตกต่างกัน เป็นต้น ตัวอย่างงานทดลองที่นำเทคนิค DDRT-PCR มาใช้เพื่อวัตถุประสงค์ที่แตกต่างกัน เช่น

การตรวจสอบการแสดงออกของยีนในพืชเมื่อได้รับเชื้อสาเหตุโรค ในใบของ *Prunus armeniaca* ที่ได้รับเชื้อไฟโตพลาสมา European stone fruit yellows (ESFY) พบว่ามียีน 2 กลุ่มที่มีแสดงออกหลังจากที่ได้รับเชื้อไฟโตพลาสมา ยีนกลุ่มแรกมีการแสดงออกมากขึ้นโดยเฉพาะยีนที่เป็นรหัสของ heat-shock protein HSP-70 metallothionein ส่วนอีกกลุ่มหนึ่งมีการแสดงออกลดลงเมื่อได้รับเชื้อไฟโตพลาสมา ยีนนี้มีลักษณะคล้ายกับยีนที่ไม่ทราบหน้าที่ใน *Arabidopsis thaliana* (Carginale *et al*., 2004) ในกิ่งตอนของส้มเมื่อได้รับเชื้อ *Citrus viroid III* (CVd-III) จะแสดงอาการแคระแกรน จึงใช้เทคนิค DDRT-PCR ในการจำแนกยีนที่เกิดกระบวนการ transcription ในใบของส้ม (*Citrus medica*) ที่ถูกเชื้อ CVd-III (variant b) เข้าทำลาย สามารถจำแนกยีนได้ทั้งหมด 18 ชนิด มี 13 ยีนที่มีการแสดงออกเพิ่มขึ้น และอีก 5 ยีนมีการแสดงออกลดลงเมื่อได้รับเชื้อไวรอยด์ ซึ่งยีนทั้งหมดที่มีการแสดงออกนี้ ส่วนใหญ่จะเกี่ยวข้องกับกระบวนการตอบสนองต่อสภาพเครียด โครงสร้างของผนังเซลล์ signal transduction และ amino acid transport มีเพียง 2 ยีนเป็นรหัสของโปรตีนที่ไม่ทราบหน้าที่การทำงาน ยีนที่มีการแสดงออกเพิ่มขึ้นเมื่อได้รับเชื้อไวรอยด์และเชื้อไวรัสอาจจะเกี่ยวข้องกับ RNA silencing (Tessitori *et al*., 2007)

การตรวจสอบความหลากหลายของพันธุ์ โดยวิเคราะห์ความแตกต่างการแสดงออกของยีนในใบของต้นกล้าข้าวสาลีที่เป็น heterotic hybrid non-heterotic hybrid และ parental inbreds โดยใช้ไพรเมอร์ 12 คู่ พบว่าการแสดงออกของยีนในลูกผสมกับของพ่อแม่พันธุ์มีการแสดงออกที่แตกต่างกัน 2 แบบคือ ลักษณะ over-expression ยีนที่ได้รับจากพ่อแม่พันธุ์ แสดงออกในลูกผสมที่มีลักษณะเด่นกว่าพ่อแม่พันธุ์ ส่วนลักษณะ under-expression ยีนที่ได้รับจากพ่อแม่พันธุ์มีการแสดงออกในลูกผสมที่แสดงลักษณะด้อยกว่าพ่อแม่พันธุ์ และการแสดงออกของยีนแบบ dominant-expression ในลูกผสมที่มีลักษณะเหมือนกับพ่อแม่พันธุ์จนถึงลูกผสมที่มีลักษณะเด่นกว่าพ่อแม่พันธุ์ (Sun *et al*., 1999)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร *Dactylis glomerata* โดยพิจารณาการแสดงออกของยีนที่ตอบสนองต่อสภาพแห้งแล้ง จาก 2 แหล่งคือ ตอนเหนือ และตอนใต้ของอิสราเอล โดยนำเทคนิค DDRT-PCR เมื่อใช้ 26 คู่ไพรเมอร์ พบว่ามียีนที่แสดงออกแตกต่างกัน 46 แถบ เมื่อนำ cDNA 13 โคลน ไปหาลำดับเบส พบว่า cDNA 6 โคลนมีการแสดงออกเพิ่มขึ้นเมื่อได้รับสภาพแห้งแล้งคือ Ds29 Ds13 Ds30 Dns1 2s10 เป็นรหัสบางส่วนของยีน leucine aminopeptidase และ 5s1 เป็นรหัสบางส่วนของยีน lysine ketoglutarate สำหรับ cDNA อีก 4 โคลนมีการแสดงออกลดลงเมื่อได้รับสภาพแห้งแล้ง คือ Dns9 Ds14 Dns2 และ Dac10 ส่วนโคลน Ds5 Dns8 และ Dns12 เป็นยีนที่ไม่มีการเปลี่ยนแปลงเมื่อได้รับสภาพแห้งแล้ง ซึ่ง cDNA ที่ได้นี้ถูกคัดเลือกเพื่อใช้เป็นโพรบในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม ด้วยเทคนิค RFLP ต่อไป (Trejo-Calzada *et al*, 2005)

การใช้เทคนิค DDRT-PCR เพื่อตรวจสอบการแสดงออกของยีนที่ตอบสนองต่อสภาพแวดล้อมต่างๆ เช่น การแสดงออกของยีนที่เกี่ยวข้องกับการเกิดเพศดอกของแตงกวา ที่ได้รับสภาพวันสั้น (8 h light/ 16 h dark) ชักนำให้เกิด เพศผู้ และสภาพวันยาว (16 h light/ 8 h dark) ชักนำให้เกิดเพศเมีย จากนั้นจึงแยกยีนที่แสดงออกในเพศผู้และเพศเมียทั้ง 2 สภาวะ พบ 2 ยีน คือยีน *CsM1* มีความคล้ายคลึงกับ cyclin-related (CYR) protein gene มีหน้าที่ในการควบคุมการแบ่งเซลล์ในนิวเคลียส ซึ่ง CYR protein อาจเกี่ยวข้องกับการแบ่งเซลล์สืบพันธุ์ และยีน *CsM2* เป็นยีน cytosoli cyclophilin (CYP) แสดงออกบริเวณเนื้อเยื่อลำเลียง เนื้อเยื่อเจริญ ดอก และเซลล์สืบพันธุ์เพศผู้ ซึ่งยีนนี้อาจเกี่ยวข้องกับการแบ่งเซลล์และการแสดงออกของเซลล์สืบพันธุ์เพศผู้ ทั้ง 2 ยีนนี้จะแสดงออกเฉพาะในเพศผู้ภายใต้สภาพวันสั้นเท่านั้นไม่พบการแสดงออกในแตงกวาภายใต้สภาพวันยาว (Cho *et al*., 2005)

Torres *et al*. (2006) ใช้เทคนิค DDRT-PCR เพื่อตรวจสอบการแสดงออกของยีน เมื่อเกิดภาวะขาดน้ำในถั่ว (*Phaseolus vulgaris* L.) โดยนำส่วนของรากที่ได้รับสภาพขาดน้ำ กับรากที่ได้รับน้ำปรกติ ในการวิเคราะห์ พบว่าเกิดแถบของดีเอ็นเอทั้งหมด 1200 แถบ ขนาด 50-700 bp มีเพียง 8.7 เปอร์เซ็นต์ ที่แสดงออกในสภาวะขาดน้ำอย่างชัดเจน หลังจากนั้นจึงคัดเลือก 42 แถบ (PvD1-Pvd42) ที่ตอบสนองต่อสภาวะขาดน้ำอย่างรวดเร็ว วิเคราะห์การแสดงออกของยีน *PvD* ที่ตอบสนองต่อการขาดน้ำอีกครั้งหนึ่งโดยการทำ reverse northern โดยเจาะจงไปที่ยีนที่ตอบสนองต่อฮอร์โมน ABA ในราก พบว่ามี 20 โคลนที่ถูกชักนำก่อนที่สภาวะของน้ำจะมีการเปลี่ยนแปลง และถูกควบคุมด้วยยีนที่เกี่ยวกับการสร้างฮอร์โมน ABA

สภาพแวดล้อมที่ทำให้ไม้ดอกเกิดสภาพเครียดสามารถชักนำให้ยีนมีการแสดงออกที่แตกต่างกัน อีกทั้งยังพบว่าคลื่นเสียงมีผลต่อการเจริญเติบโตและการพัฒนาของไม้ดอก Hongbo *et al*. (2008)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

จึงตรวจสอบการแสดงออกของยีนที่ตอบสนองต่อสภาวะเครียดเมื่อได้รับคลื่นเสียงในต้นเบญจมาศ พบแถบ cDNA แสดงออกที่แตกต่างกันทั้งหมด 6 แถบ มีขนาดระหว่าง 200-600 bp เมื่อนำแถบที่ได้มาตรวจสอบด้วย northern dot hybridization มีแถบที่น่าสนใจเพียง 3 แถบคือ SA3 SG-1 และ CA2 ที่มีขนาด 270 bp 580 bp และ 370 bp ตามลำดับ ซึ่ง CA2 ถูกยับยั้งโดยคลื่นเสียง จากผลที่ได้แสดงให้เห็นว่าเมื่อเบญจมาศ ได้รับสภาพเครียดจากคลื่นเสียงทำให้ยีนมีการแสดงออกแตกต่างกัน

Citrus unshiu สามารถทนความเย็นได้ถึง -10 ^{O}C Lang *et al*. (2005) จึงใช้เทคนิค DDRT-PCR ในการศึกษากระบวนการที่พืชทนทานต่อสภาพหนาวเย็น พบว่ามี 6 ยีนที่มีการแสดงออกมากขึ้น เป็นยีนที่เป็นรหัสของโปรตีน 14-3-3 protein, 40S ribosomal protein S23, putative 60S ribosomal protein L15, nucleoside diphosphate kinase III protein, regulator of chromosome condensation-like protein และamino acid permease 6 อีกทั้งยังพบว่ามียีนที่แสดงออกลดลง 2 ยีน เป็นยีนที่เกี่ยวข้องกับ miraculin-like protein และ beta-galactosidase

Ahmadi *et al*. (2009) ใช้เทคนิค DDRT-PCR ตรวจสอบการแสดงออกของยีนที่ตอบสนองต่อเอทิลีน ซึ่งเป็นฮอร์โมนที่ทำให้เกิดการเสื่อมสภาพของดอกไม้ ใน *Rosa hybrid* L. cv. Lavender ที่ไม่ได้รับเอทิลีน และได้รับเอทิลีน 72 ชั่วโมง นำส่วนของ pedicels และ petioles มาวิเคราะห์พบ cDNA 88 แถบ ที่มีการแสดงออกเพิ่มขึ้น และ 72 แถบ ที่มีการแสดงออกลดลงเมื่อได้รับเอทิลีน

Jasmonate (JA) เป็นสารประกอบที่ส่งสัญญาณกระตุ้นให้เกสรเพศผู้มีการพัฒนา และเกิดกระบวนการปฏิสนธิ ใน *Arabidopsis* การยับยั้งกระบวนการสร้าง JA ส่งผลให้เพศผู้เป็นหมัน เมื่อวิเคราะห์ด้วยเทคนิค microarray และเทคนิค DDRT-PCR ในการเปรียบเทียบรูปแบบการแสดงออกของยีนในเกสรเพศผู้ของ *Arabidopsis* ที่เป็น wild-type และ male-sterile mutant (*opr3*) พบว่ายีนกลุ่ม wild-type มีการแสดงออกเพิ่มมากขึ้น เมื่อเทียบกับ *opr3* ทั้ง 2 เทคนิคเมื่อได้รับ JA (Mandaokar *et al*., 2003)

การใช้เทคนิค DDRT-PCR ในการจำแนกยีนที่ตอบสนองต่อสารกำจัดวัชพืช glyphosate ในต้นกล้าถั่วเหลือง โดยใช้ไพรเมอร์ทั้งหมด 40 คู่ พบยีนที่แสดงออกต่างกัน 24 ยีน จากการวิเคราะห์ลำดับเบสของยีนที่มีการแสดงออกมากขึ้น เมื่อได้รับสาร glyphosate พบว่า ยีนที่ได้มีความคล้ายคลึงกับยีนที่มีการแสดงออกเมื่อพืชได้รับสภาวะเครียด (Yu *et al*., 2006)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved