

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์

การจำแนกสายพันธุ์ข้าวโดยเทคนิคเอฟแอลพี

ผู้เขียน

นางสาว กฤษณา วงศ์ปัญญา

ปริญญา

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) พืชสวน

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

ผศ.ดร.พิทยา สรวมศิริ

ประธานกรรมการ

อ. ดร.วิวัฒน์ บันฑิตย์

กรรมการ

บทคัดย่อ

ได้ทำการศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมของสายพันธุ์ข้าวที่มีความสัมพันธ์กับการผลิตสาร 1' acetoxychavicol acetate โดยใช้เทคนิค Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) เก็บรวบรวมข้าวจากแหล่งปลูกต่าง ๆ ของประเทศไทย จำนวน 20 ตัวอย่าง และนำมาปลูกในสภาพแวดล้อมเดียวกันเป็นเวลา 1 ปีจากนั้นนำข้าวมาวิเคราะห์หาปริมาณสาร 1' acetoxychavicol acetate ด้วยการนำสารสกัดหยาบจากเหง้าแห้ง มาแยกด้วยวิธี Column Chromatography ได้ 2 fraction ที่มีสาร 1' acetoxychavicol acetate คือ L14 และ L15 พบว่า ข้าวแดงจาก จ.กำแพงเพชร ให้ปริมาณ L14 รวมกับ L15 มากที่สุด คือ 69.68% ของปริมาณสารสกัดหยาบ รองลงมา คือ ข้าวเหลือง จ.อุดรธานี และ ข้าวแดง จ.ลพบุรี ให้ปริมาณสาร L14 รวมกับ L15 เท่ากับ 67.34% และ 66.76% ของสารสกัดหยาบตามลำดับ กลุ่มที่มีน้อยที่สุด คือ กลุ่มของข้าวยาว จาก จ.นครสวรรค์ และข้าวดำ จาก จ.อุดรธานี ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง 41.9% - 52.21% ของสารสกัดหยาบ จากนั้น ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าว โดยเครื่องหมายโมเลกุล AFLP โดยใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *EcoRI* และ *MseI* ในการตัดโมเลกุลดีเอ็นเอ ในการทดสอบคู่ไพรเมอร์ทั้งหมด 128 คู่ ได้คัดเลือกคู่ไพรเมอร์ที่ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอมากและชัดเจน จำนวน 15 คู่ไพรเมอร์ พบว่าไม่พบแถบดีเอ็นเอที่มีความสัมพันธ์กับกลุ่มของตัวอย่างข้าวที่แบ่งตามปริมาณสาร และเมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์จาก Dendrogram ของทั้ง 15 คู่ไพรเมอร์ ก็ไม่พบความสัมพันธ์ที่ชัดเจนกับปริมาณสารเช่นกัน แต่สามารถจัดจำแนกตัวอย่างข้าวออกเป็น ข้าวพันธุ์ปลูกที่มีเหง้าสีแดง ข้าวพันธุ์ปลูกที่มีเหง้าสีขาว และข้าวที่เป็นสายพันธุ์ป่า สำหรับความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวทั้ง 20 ตัวอย่างพบว่า มีค่าระยะ

ห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) สูงมาก คือ 0.68 ซึ่งแสดงให้เห็นว่า ข้าทั้ง 20 ตัวอย่างมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง

นอกจากนี้ ยังพบแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจงกับข้าหยวก ข้าแดง และ ข้าลิ้ง ซึ่งจะสามารถนำไปหาลำดับเบสและใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอในการบ่งชี้สายพันธุ์ต่อไปในอนาคตได้



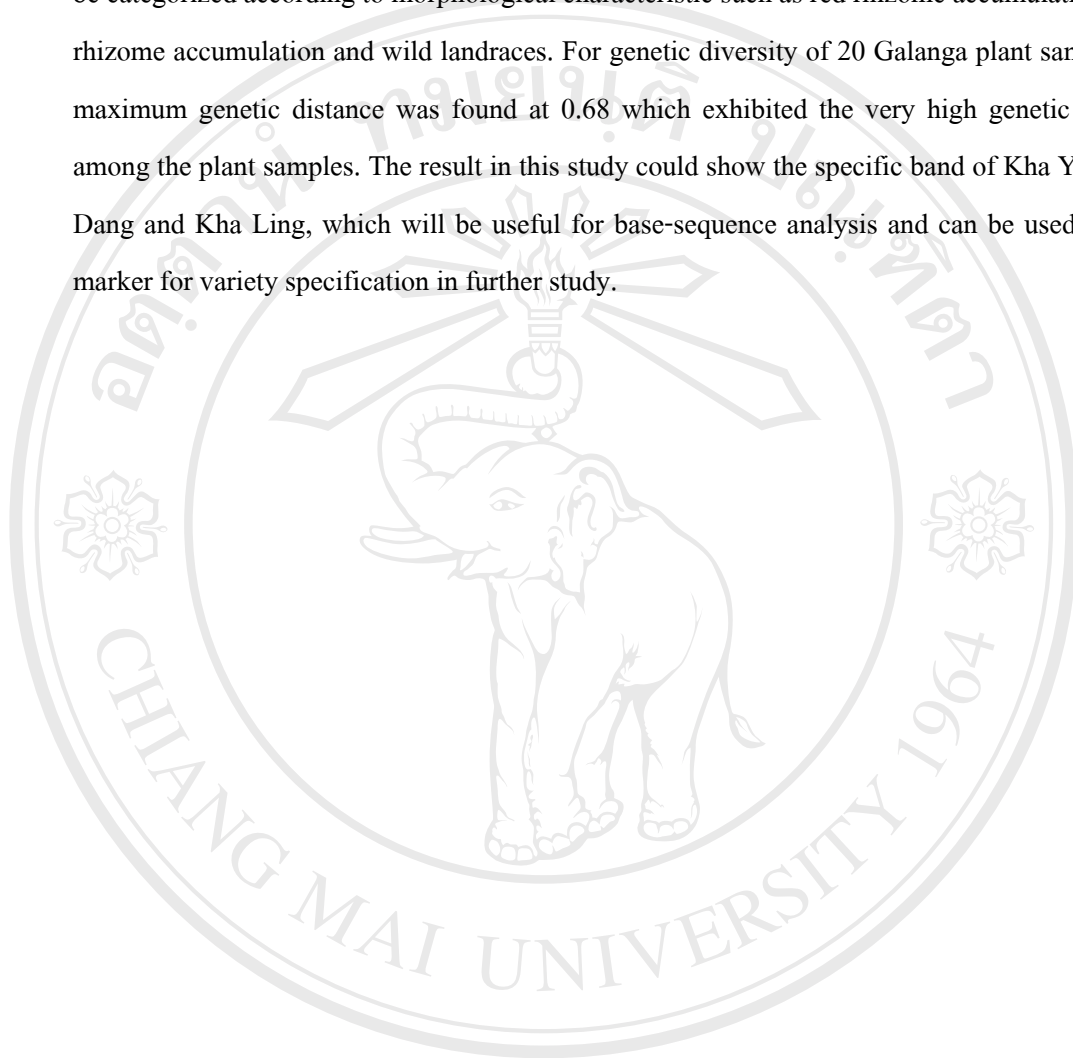
ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

| | | |
|----------------------------------|--|-------------|
| Thesis Title | Identification of Galanga by AFLP Technique | |
| Author | Ms. Kridsana Wongpunya | |
| Degree | Master of Science (Agriculture) Horticulture | |
| Thesis Advisory Committee | Assist. Prof. Dr. Pittaya Sruamsiri | Chairperson |
| | Lecturer Dr. Weenun Bundit | Member |

ABSTRACT

The genetic characteristic of Galanga related to 1'acetoxychavicol acetate synthesis and accumulation was studied by Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) technique. For the study, twenty samples of Galanga (*Alpinia galanga* (L.) Willd.) rhizome were collected from major growing area in many provinces of Thailand, and then cultivated for one year under the same environmental and management conditions. Firstly, the quantitative analysis of 1'acetoxychavicol acetate was performed by crude extraction followed by column chromatography method. The result showed two distinct fractions containing 1'acetoxychavicol acetate named L14 and L15. Comparing among Galanga plant samples, the maximum quantity of L14 and L15 were found in Kha Dang from Kamphangphet at 69.68% of crude extract. The next were Kha Luang from Uttradit and Kha Dang from Lopburi which revealed the L14 and L15 quantity of 67.34% and 66.76% of crude extract, respectively. The minimum quantity of L14 and L15 were found in Kha Yuak from Nakornsawan and Kha Saku from Uttradit at the range of 41.9% - 52.21% of crude extract. The genetic relationship of Galanga was studied by AFLP marker using *EcoRI* and *MseI* as restriction enzyme to cut genomic DNA. Fifteen primer combinations, yielding the high number of sharp and clear DNA fragment, were selected from the total 128 testing primer combination. None of the DNA fragment relating to Galanga sample group was found. Moreover, the dendogram of these 15 primer combinations showed unclear relationship with 1'acetoxychavicol acetate accumulation. However, the Galanga samples could

be categorized according to morphological characteristic such as red rhizome accumulation, white rhizome accumulation and wild landraces. For genetic diversity of 20 Galanga plant samples, the maximum genetic distance was found at 0.68 which exhibited the very high genetic diversity among the plant samples. The result in this study could show the specific band of Kha Yuak, Kha Dang and Kha Ling, which will be useful for base-sequence analysis and can be used as DNA marker for variety specification in further study.



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved