ดนยา มาศปถวี : ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไรโซเบียมที่แยกได้จากดินในระบบ นิเวศวิทยาที่แตกต่างกันของประเทศไทย (POLYGENETIC DIVERSITY OF RHIZOBIAL STRAINS ISOLATED FROM DIVERSED ECOSYSTEMS IN THAILAND) อาจารย์ที่ปรึกษา : คร. นันทกร บุญเกิด, 113 หน้า ISBN

้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไรโซเบียมที่แยกได้จากดินในระบบนิเวศวิทยาที่แตก ้ต่างกันในประเทศไทย ทำโดยส่มตัวอย่างดินจาก 3 ภากของประเทศไทย ได้แก่ ภากกลาง ภากเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ในแต่ละภาคจะเก็บตัวอย่างคินจาก 11 พื้นที่ที่มีระบบนิเวศต่าง ๆ กัน ไป โดยนำมาศึกษาประชากรประจำถิ่นของไรโซเบียม โดยใช้วิธี MPN plant infection technique ้กับพืชคัชนี (ถั่วเซอราโต) โดยจะกัคเลือกตัวอย่างเชื้อไรโซเบียมพื้นที่ละ 4 สายพันธุ์ การทดลองที่ ศึกษา ได้แก่ 1) การนับจำนวนประชากรไรโซเบียม 2) ลักษณะทางสรีรวิทยาและกายภาพ 3) การ สร้างปมและประสิทธิภาพการตรึงในโตรเจนกับพืชดัชนี (ถั่วเซอราโต) 4) การต้านทานต่อสาร ปฏิชีวนะ 8 ชนิด 6) การเกิดปมกับพืชตระกลถั่ว 3 ชนิด และ 6) การเพิ่มปริมาณ DNA โดยวิธี PCR ชนิด RAPD จากผลการทดลองพบว่า ประชากรไรโซเบียมมีความหนาแน่นค่อนข้างสงในถด ้ฝน โดยเฉพาะในพื้นที่เชิงเขาและพื้นที่ไร่สลับข้าวของทุกภาค อย่างไรก็ตามพบว่าประชากรไรโซ-เบียมส่วนใหญ่จะอยู่ในกลุ่ม *Bradyrhizobium* ซึ่งมีสายพันธุ์ไรโซเบียมที่สร้าง indole acetic acid (IAA) ได้ประมาณ 37% ของไรโซเบียมทั้งหมด ไรโซเบียมที่ศึกษาสามารถสร้างปมกับพืชดัชนีได้ ทุกสายพันฐ์และมีความสามารถในการตรึงในโตรเจนได้ในช่วงที่กว้าง รูปแบบการต้านทานสาร ปฏิชีวนะพบว่า มีความหลากหลายก่อนข้างสูง โดยสามารถแบ่งตามรูปแบบการต้านทานได้ถึง 123 ึกลุ่ม การสร้างปมกับพืชตระกูลถั่ว 3 ชนิด พบว่าส่วนใหญ่สามารถสร้างปมได้กับพืชในกลุ่ม Cowpea จากการศึกษาการเพิ่มปริมาณ DNA โดยวิธี PCR ชนิด RAPD พบว่ากลุ่มไรโซเบียมแสดง ความสัมพันธ์ภายในกลุ่มค่อนข้างสูง จากผลการทดลองทั้งหมดสามารถสรุปได้ว่าประชากรไรโซ-เบียมที่สุ่มได้จากดินในประเทศไทย ส่วนใหญ่จะอยู่ในสกุล *Bradyrhizobium*มากกว่าสกุลอื่น ๆ ใน Family Rhizobiaceae

สาขาวิชา เทค โน โลยีชีวภาพ	ลายมือชื่อนักศึกษา
ปีการศึกษา 2542	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา
	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

DONNAYA MATPATAWEE : POLYGENETIC DIVERSITY OF RHIZOBIAL STRAINS ISOLATED FROM DIVERSED ECOSYSTEMS IN THAILAND THESIS ADVISOR : PROFESSOR Dr. NANTAKORN BOONKERD, 113 PP. ISBN

To investigate the genetic diversity of rhizobia isolated from various ecosystems in Thailand, soil samples were taken from Central, North and North Eastern part of Thailand. The soil samples in each part were collected from 11 different type of ecosystems to investigate the native population of rhizobia. Enumeration of rhizobial population was conducted by MPN plant infection method using host index plant (siratro). Only 4 isolates from each type of ecosystem were randomly selected for studying as follow, 1) population number of rhizobia 2) morphological and physiological aspects 3) nodule formation and N_2 -fixing ability with host index plant (siratro) 4) antibiotic resistant profiles 5) host-dependent cross-inoculation group and 6) DNA amplification by using primer such as RAPD. The results obtained from this study indicated that a high level of rhizobial population was found in rainy season especially at the foot hill of mountain and rice in rotation with other crops areas. However, found that most of rhizobia in Thailand were belonged to slow-grower group and 37% of total isolates were able to produce indole acetic acid (IAA). Most of rhizobial isolates could nodulate plant index and performed broad range of N₂-fixing efficiency. The antibiotic resistant profies using 8 kinds of antibiotic could differentiate them into 123 groups. By using host dependent cross-inoculation group with 3 plants found that rhizobial isolates could nodulate with cowpea more than other plants. DNA characterization using PCR-RAPD products showed that there were closely related among rhizobial isolates. The results indicated that major rhizobial population in Thai soil was most likely belonged to genus *Bradyrhizobium* rather than other genera in Family Rhizobiaceae.

สาขาวิชา เทค โน โลยีชีวภาพ ปีการศึกษา 2542

ลายมือชื่อนักศึกษา
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม