รหัสโครงการ SUT3-304-43-24-33

รายงานการวิจัย

การหาแผนที่ทางพันธุกรรมของไผ่ตง

The study of *Dendrocalamus asper* Genetic map

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. มารินา เกตุทัต - คาร์นส์

สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ปี งบประมาณ พ.ศ. 2543

และ พ.ศ. 2544

ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว

บทคัดย่อ

(Abstract)

ไผ่ตงเขียว,ไผ่ตงดำ และไผ่รวก จากฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารีถูกนำมาทดสอบเพื่อหาลายพิมพ์ดีเอ็นเอ โมเลกุลบ่งชี้ และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ด้วยเทคนิคอาร์เอพีดี (RAPD; Random Amplification Polymorphic DNA) และเทคนิคเอเอฟแอลพี (AFLP; Amplified Fragment Length Polymorphism) จากการทดลองพบว่ามีชิ้นดีเอ็นเอที่ถูกเพิ่มจำนวน 161 ชิ้นด้วยเทคนิค อาร์เอพีดี มีจำนวน 121 ที่แสดงความแตกต่าง จากนั้นนำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์โปรแกรมทางคอมพิวเตอร์ NTSYS V2.1 เพื่อจัดกลุ่มหาความสัมพันธ์โดยโปรแกรม UPGMA พบว่า ไผ่ถูกจัดเป็น 17 กลุ่มที่ต่างกันจาก 18 ตัวอย่าง และมีสายพันธ์ที่เหมือนกันอยู่หนึ่งตัวอย่าง

จากนั้น ได้ทดสอบการใช้เทคนิคดังกล่าวกับไผ่ที่มีลักษณะดีทางเศรษฐกิจ (รสหวาน หน่อใหญ่ และหน่อดก) พบว่าเทคนิคอาร์เอพีดีสามารถใช้บอกความสัมพันธ์ของพันธ์ต่างๆได้เช่นเดียวกัน นอกจากนี้ยังมีการใช้เทคนิคเอเอฟแอลพีทดสอบกับไผ่ชนิดเดียวกันที่ทดสอบด้วยอาร์เอพีดี และมีการเก็บตัวอย่างเพิ่มเป็น 25 กลุ่มตัวอย่าง และอีก 2 ตัวอย่างที่ไม่ใช่ไผ่ตงเขียวนั่นคือ ไผ่ตงดำ (*D. asper* Tong Daum)และไผ่รวก (*Thyrosostachys siamensis*) โดยทดสอบด้วยไพร์เมอร์ 64 คู่ พบว่า 12 คู่ ที่ให้ผลดีที่สุดและนำผลดังกล่าวไปวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมชนิดเดียวกันกับอาร์เอพีดี พบว่าหลังจากรวมข้อมูลจากการทำพีซีอาร์แล้ว สามารถแยกความสัมพันธ์ของไผ่ได้ทุกสายพันธ์ แต่ไผ่แต่ละสายพันธ์ค่อนข้างมีความใกล้เคียงกันทางพันธุกรรม และท้ายสุดไผ่ที่ไม่รู้สายพันธ์มาก่อนถูกนำมาทดสอบด้วยเทคนิคเอเอฟแอลพีด้วย

จุดประสงค์ดังที่กล่าวมาแล้วข้างต้น พบว่าเทคนิคเอเอฟแอลพีสามารถบ่งชี้ความสัมพันธ์ของไผ่ที่ไม่ทราบสายพันธ์มาก่อนเมื่อเทียบกับสายพันธุ์ที่เคยอ้างอิงมาแล้ว ดังนั้นเทคนิคอาร์เอพีดีและเอเอฟแอลพี จึงสามารถประยุกต์ใช้ในการหาลายพิมพ์ดีเอ็นเอ โมเลกุลบ่งชี้และหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตอื่นๆต่อไปได้

Abstract

Dendrocalamus asper were tested using Random Amplification Polymorphic DNA (RAPD) by short arbitary oligonucleotide primer and Amplification Fragment Length Plolymorphism (AFLP) method with the objective of fingerprinting, identifying and grouping.Twenty-three of the fifty primers from Operon kit AE, L and Swere tested in initial screening experiment with eighteen genotypes of *D. asper*. Of the 161 amplified bands, 121 were polymorphic. Cluster analysis base on NTSYS V.2.1 program using UPCMA grouped shows 17 distinct groups and similar in 1 group. Five specimen with good character (good taste, large shoots, and high of shoot) of *D. asper* were also tested by the RAPD method separately from the 18 samples. The five lines are significantly distinct from each other. Due to the limitation of the RAPD technique the AFLP method was also use for identify and group these plants. All of the *D. asper* specimen from SUT farm were tested (A11, A13, A15, A22, A25, A27, A37, A32, A34, A41, A42, A51, SUT7, SUT23, SUT25, SUT28, SUT33, SUT35, BC. KN, SA, 5AS1 and S85 along with 2 out groups (*D. asper* Tong Daum and *Thyrosostachys siamensis)*. Out of 64 primers screened and 12 primers pairs were used in the analysis. The AFLP data were also analyzed by NTSYS program similar to RAPD. The AFLP information shows that all the specimen were in 23 distinct groups and 2 out groups were also separated from the other. Therefore, RAPD and AFLP can be used together in marker identification and genetic relationship of *D. asper*.