



## รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างไซยาโนแบคทีเรียกับแพนเดงเพื่อใช้ใน  
การปรับปรุงประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนในนาข้าวอินทรีย์  
(Interaction Between the Cyanobionts and *Azolla* spp. for  
Improving the Effective of Nitrogen Fixation in Organic Rice Field)

ได้รับอนุญาตหนุนการวิจัยจาก  
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว



## รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างไซยาโนแบคทีเรียกับแพนเดงเพื่อใช้ใน  
การปรับปรุงประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนในนาข้าวอินทรีย์

(Interaction Between the Cyanobionts and *Azolla* spp. for  
Improving the Effective of Nitrogen Fixation in  
Organic Rice Field)

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ  
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. โชคชัย วนถุ  
สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ  
สำนักวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ  
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ปีงบประมาณ พ.ศ. 2549  
ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว

มีนาคม 2553

## กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ในการทำวิจัย เพื่อเป็นทุนสนับสนุนค่าใช้จ่ายของนักศึกษาบัณฑิตศึกษาระดับปริญญาโท รวมถึงได้ให้การสนับสนุนด้านอุปกรณ์ เครื่องมือ บุคลากรและสถานที่ในการดำเนินการวิจัย กระผมขอขอบคุณ พ. ดร. (เกียรติคุณ) นันทกร บุญเกิด และ รศ. ดร. หนึ่ง เตียอารุ ที่ได้ช่วยเหลือเป็นที่ปรึกษาและให้ข้อเสนอแนะที่มีประโยชน์อย่างยิ่ง

พ.ศ. ๒๕๖๔ โฉกชัย วนภู

## บทคัดย่อ

การจำแนกสายพันธุ์และการวิเคราะห์หาประสิทธิภาพการตั้งไข่ในโตรเจนของเหنمแดงในนาข้าว

การจำแนก/ การตั้งไข่ในโตรเจน/ เหنمแดง/ ข้าว

การจัดจำแนกสายพันธุ์ของเหنمแดงมีมาอย่างยาวนานและก่อนข้างมีความซับซ้อนโดยส่วนมากจะเน้นการศึกษาลักษณะโครงสร้างของสปอร์ซึ่งหาได้ยากในธรรมชาติ วัตถุประสงค์ของ การศึกษาในครั้งนี้เพื่อจำแนกสายพันธุ์โดยศึกษาทั้งลักษณะทางสัณฐานวิทยาและการวิเคราะห์ดีเอ็นเอ โดยคัดเลือกเหنمแดงได้จากบ่อภายนอกในฟาร์มและสวนเกษตรอินทรีย์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ทั้งหมด 3 สายพันธุ์ (AZO1 AZO2 และ AZO3) โดยศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและการวิเคราะห์ดีเอ็นเอ ในส่วนของสปอร์เพสเมีย (megaspore) จะพบทุ่นลอย (float) ซึ่งเป็นโครงสร้างที่มีความสำคัญที่ใช้ในการจำแนก ร่วมกับการศึกษาขนาดของใบและลักษณะของขนใบ (trichome) ผลของการจำแนกโดยศึกษาจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาพบว่าเหنمแดงทั้ง 3 สายพันธุ์อยู่ใน section *Azolla* AZO1 คือสายพันธุ์ *A. microphylla*, AZO2 คือสายพันธุ์ *A. cristata* และ AZO3 คือสายพันธุ์ *A. filiculoides* สำหรับการวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอ ใช้ดีเอ็นเอที่สกัดจากการของเหنمแดง เป็นดีเอ็นเอต้นแบบในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอร่วมกับ 18S rDNA และ ITS region จากนั้นนำชิ้นส่วนของดีเอ็นเอที่ได้ไปวิเคราะห์หาลำดับเบส โดยนำมาเปรียบเทียบข้อมูลลำดับเบสของเหنمแดงใน GenBank พบว่าการใช้ 18S rDNA ให้ผลลำดับเบสของ AZO1 มีความใกล้เคียงกับ *Azolla* sp. Qiu 02051 99.2% AZO2 มีความใกล้เคียงกับ *A. filiculoides* 99.6% และ AZO3 มีความใกล้เคียง กับ *A. filiculoides* 99.4% ผลจากการใช้ 18S rDNA ไม่สามารถจำแนก AZO2 ในระดับสปีชีส์ได้ดังนั้น จึงนำ ITS region มาใช้เพื่อให้ได้ผลการจำแนกที่จำเพาะเจาะจงขึ้น จากการใช้ ITS ให้ผล ลำดับเบสของ AZO1 มีความใกล้เคียงกับ *A. microphylla* 99.3% AZO2 ใกล้เคียงกับ *A. mexicana* 99.0% และ AZO3 มีความใกล้เคียงกับ *A. filiculoides* 99.2% ดังนั้นการใช้วิธีวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดย การใช้ ITS region เป็นวิธีที่สามารถจำแนกสายพันธุ์ของเหنمแดงได้อย่างชัดเจน สำหรับการใช้เหنمแดงเพื่อเป็นปุ๋ยชีวภาพในนาข้าว เปรียบเทียบผลของการใช้เหنمแดงแต่ละสายพันธุ์กับการใช้ปุ๋ยเคมี (12-8-8 กก. N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O /ไร่) ผลผลิตของเมล็ดสูงที่สุดคือ 4.97 ตัน/เฮกเตอร์ ซึ่งพบในแปลงข้าวที่ปลูกร่วมกับการไถกลบเหنمแดงสายพันธุ์ AZO1 (*A. microphylla*) พบว่าไม่มีความแตกต่างกับการใช้ปุ๋ยเคมี โดยผลผลิตที่ได้จากการใช้เหنمแดงสายพันธุ์นี้มีผลผลิตที่เพิ่มสูงขึ้นกว่า การใช้ปุ๋ยเคมีอย่างมีนัยสำคัญ จากการทดลองนี้สรุปได้ว่าเหنمแดงสายพันธุ์ *A. microphylla* เป็นเหنمแดงสายพันธุ์ที่ดีที่สุดที่จะใช้เป็นปุ๋ยในนาข้าว โดยเพิ่มผลผลิตได้เทียบเท่ากับการใช้ปุ๋ยเคมี

## ABSTRACT

### FIXATION EFFICIENCY ANALYSIS OF AZOLLA SPECIES IN RICE FIELDS

### CLASSIFICATION/ NITROGEN FIXATION/ AZOLLA/ RICE

The classification of *Azolla* (Azollaceae) has been quite complicated and continued for a long time. Because most taxonomies of *Azolla* (Azollaceae) focus primarily on reproductive structures which are rarely present in nature and unclear in some species, this study aimed to classify *Azolla* species by observing their morphology through stereo microscope, SEM and DNA analysis. Three isolated *Azolla* (AZO1, AZO2 and AZO3) were collected from the two ponds: one in the farm and the other in the organic garden, Suranaree University of Technology. The morphological study which was based on diameters of vegetative, epidermal trichomes and float number in megasporocarp found that the three species of *Azolla* were further classified as follows: AZO1 as *A. microphylla*, AZO2 as *A. cristata* and AZO3 as *A. filiculoides*. Moreover, DNA sequences (18S rDNA and ITS region) were investigated. The alignment sequencing (18S rDNA) indicated that AZO1 had 99.2% homology with *Azolla* sp. Qiu 02051, AZO2 had 99.6% homology with *A. filiculoides* and AZO3 had 99.4% homology with *A. filiculoides*. However, 18S rDNA could not be used to classify deep down to species level for AZO2, so the ITS region was used for more specific results. From the sequencing of ITS region, it was indicated that AZO1 had 99.3% homology with *A. microphylla*, AZO2 had 99.0% homology with *A. mexicana* and AZO3 had 99.2% homology with *A. filiculoides*. In addition, these results were in accordance with the morphological study, so the molecular method

using ITS region was needed. Furthermore, the application of *Azolla* species as biofertilizer in the rice field has been evaluated by comparing with the chemical fertilizer (12-8-8 kg / rai). The highest grain yield (4.97 t/ha) obtained from the rice field incorporated with AZO1 (*A. microphylla*), did not significantly differ from the chemical fertilizer. Nevertheless, the grain yield (16.72%) obtained from AZO1 was higher than that from chemical fertilizer (12.28%). Therefore, *A. microphylla* could be used as biofertilizer with the same result as chemical fertilizer.

## สารบัญ

หน้า

กิตติกรรมประกาศ.....	ก
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ข
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ค
สารบัญ.....	จ
สารบัญตาราง.....	ฉ
สารบัญภาพ.....	ช
บทที่ 1 บทนำ.....	1
ความสำคัญและที่มาของปัญหาการวิจัย.....	1
วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย.....	10
ขอบเขตของโครงการวิจัย .....	10
บทที่ 2 วัสดุอุปกรณ์และวิธีการทดลอง.....	12
2.1 สภาพที่ใช้ในการเพาะเลี้ยงเหنمแตงสาบพันธุ์ต่างๆ.....	12
2.2 การจำแนกโดยลักษณะทางสรีรวิทยา.....	13
2.3 การจำแนกโดยการวิเคราะห์ลำดับคีเอ็นเอ.....	14
2.4 การทดสอบประสิทธิภาพของการใช้เหنمแตงในนาข้าว.....	15
2.5 การวิเคราะห์หาประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนของ เหنمแตงในแต่ละสายพันธุ์.....	16
2.6 การวิเคราะห์ในโตรเจนทั้งหมด.....	16
2.7 การวิเคราะห์คิน.....	17
บทที่ 3 ผลและวิจารณ์ผลการทดลอง.....	18
3.1 การศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยาของเหنمแตง.....	18
3.2 การจำแนกสายพันธุ์เหنمแตงโดยการวิเคราะห์ลำดับคีเอ็นเอ.....	29
3.3 ผลการวิเคราะห์คิน.....	39
3.4 การใช้เหنمแตงแต่ละสายพันธุ์เพื่อเป็นปุ๋ยชีวภาพในนาข้าว.....	40
3.5 การศึกษาการเริญเดินโดยองเหนมแตง.....	42
บทที่ 4 สรุปผลการทดลอง.....	45
เอกสารอ้างอิง.....	46

## สารบัญตาราง

ตาราง	หน้า
2.1 สายพันธุ์เห็นแดงที่คัดเลือกมาใช้ในการศึกษา.....	12
2.2 การเตรียม stock ของอาหารเหลว N-free medium .....	12
2.3 ไพรเมอร์ (primer) ที่ใช้ในเทคนิค PCR และการหาลำดับเบส (sequencing).....	15
3.1 ผลวิเคราะห์ความใกล้เคียงกันของลำดับเบสในแทนแดงแต่ละสายพันธุ์โดยใช้ 18SrRNA และ Internal transcribe spacer of nuclear ribosomal RNA (rRNA).....	38
3.2 สรุปวิธีการจำแนกลำดับตีอีนของแทนแดงและวิธีการศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยาของแทนแดงแต่ละสายพันธุ์.....	39
3.3 ผลการวิเคราะห์คินในนาข้าวเมื่อใช้แทนแดงและปุ๋ยเคมีต่อปริมาณอินทรีย์ตดในโตรเจน พอสฟอรัส และ โพแทสเซียม ในดินทั้งก่อนและหลังการใช้.....	39
3.4 ผลของการใช้แทนแดงและปุ๋ยเคมีที่มีต่อการเจริญเติบโตของข้าวพันธุ์ขาวคอกมะลิ 105 .....	40
3.5 ผลของการใช้แทนแดงต่อผลผลิตข้าวพันธุ์ขาวคอกมะลิ 105.....	41
3.6 น้ำหนักสด, น้ำหนักแห้ง, ประสิทธิภาพการตรึงในโตรเจน อัตราการเจริญเติบโต และปริมาณในโตรเจนทั้งหมดของแทนแดงแต่ละสายพันธุ์ในนาข้าว.....	44

## สารบัญรูปภาพ

รูป	หน้า
3.1 ลักษณะทางสรีรวิทยาของโครงสร้าง vegetative ภายใต้กล้อง stereo ที่กำลังขยาย 0.67 เท่า A) AZO1, B) AZO2 and C) AZO3.....	18
3.2 รูปจากกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนของขนใบ (epidermal trichomes) (A-B) รูปผิวใบและขนใบของ AZO1; (C-D) รูปผิวใบและขนใบของ AZO2; (E-F) รูปผิวใบและขนใบของ AZO3 T คือ ปลายหรือยอดของขนใบ (apical trichome cell) P คือ ก้านชลต์ (pedicel cell) และ S คือ ปากใบ (stomata) รูป A, C และ E กำลังขยาย = x200 รูป B, D และ F กำลังขยาย = x800.....	20
3.3 ลักษณะของสปอร์ภัยใต้กล้อง stereo ของเห็นเดงสายพันธุ์ AZO1 ที่กำลังขยาย 4.5 เท่า (A) สปอร์เพศผู้และสปอร์เพศเมียที่จับคู่อยู่กับต้นเห็นเดง (B) สปอร์เพศผู้ที่แยกออกจากต้น (C) สปอร์ขนาดเล็กที่อยู่ภายนอกสปอร์เพศผู้ (D) สปอร์เพศเมีย .....	21
3.4 ลักษณะของสปอร์ภัยใต้กล้อง stereo ของเห็นเดงสายพันธุ์ AZO2 ที่กำลังขยาย 4.5 เท่า (A) สปอร์เพศผู้และสปอร์เพศเมียที่จับคู่อยู่กับต้นเห็นเดง (B) สปอร์เพศผู้ที่แยกออกจากต้น (C) สปอร์ขนาดเล็กที่อยู่ภายนอกสปอร์เพศผู้ (D) สปอร์เพศเมีย .....	22
3.5 ลักษณะของสปอร์ภัยใต้กล้อง stereo ของเห็นเดงสายพันธุ์ AZO3 ที่กำลังขยาย 4.5 เท่า (A) สปอร์เพศผู้ที่จับคู่อยู่กับต้นเห็นเดง (B-C) สปอร์เพศผู้ที่แยกออกจากต้น (D) สปอร์ขนาดเล็กที่อยู่ภายนอกสปอร์เพศผู้ .....	23
3.6 สปอร์เพศเมียของเห็นเดงสายพันธุ์ AZO1 ที่แสดง perispor หรือ purine (P) ที่ห่อหุ้มสปอร์เพศเมีย โดยลักษณะทั่วไปของสปอร์เพศเมียที่พับคือ grindle (G) และ float (F) กำลังขยาย = 120 เท่า scale bar = 100 ไมโครเมตร .....	24
3.7 สปอร์เพศเมียของเห็นเดงสายพันธุ์ AZO2 ที่แสดง perispor หรือ purine (P) ที่ห่อหุ้มสปอร์เพศเมีย โดยลักษณะทั่วไปของสปอร์เพศเมียที่พับคือ grindle (G) และ float (F) กำลังขยาย = 120 เท่า scale bar = 100 ไมโครเมตร .....	24

## สารบัญภาพ (ต่อ)

รูป	หน้า
3.8 รูปด้านข้างของสปอร์เพคที่เจริญเติบโต (A) สายพันธุ์ AZO1 (กำลังขยาย 100 เท่า) (B) สายพันธุ์ AZO2 (กำลังขยาย 85 เท่า) และ (C) สายพันธุ์ AZO3 (กำลังขยาย 100เท่า) scale bar = 100 ไมโครเมตร .....	25
3.9 ภาพผ่าตามยาวของส่วนท้องใน莖แคนแต่ละสายพันธุ์ที่เจริญ <sup>c</sup> เติบโตได้ก่อตั้งจุดทรรศน์ AZO1 (A) AZO2 (B) AZO3 (C) สาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน <i>Anabaena azollae</i> อาศัยติดอยู่ภายในโพรงใบ c = โพรงใบ (cavity) ac = เซลล์สาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน ( <i>Anabaena</i> cell) กำลังขยาย = 400 เท่า .....	27
3.10 ภาพภายใต้กล้องจุดทรรศน์ของสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงินที่อยู่รวม กับ莖แคนสายพันธุ์ AZO1 AZO2 และ AZO3 ในรูป A B และ C ตามลำดับ V = เซลล์หัวไป (vegetative cell) H = เซลล์ที่ทำหน้าที่ตรึงในโตรเจน (heterocyst cell) ศักขราที่กำลังขยาย 1000 เท่า.....	28
3.11 แบบดีเอ็นเอบนօกาโนสเจลที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย <sup>c</sup> เทคนิคพีซีอาร์ของ莖แคนแต่ละสายพันธุ์โดยใช้ไพรเมอร์ NS เลน M= ดีเอ็นเอเครื่องหมาย (HyperLadder marker) เลน1 = แบบดีเอ็นเอกสารสายพันธุ์ AZO3 เลน2 = แบบดีเอ็นเอกสารสายพันธุ์ AZO1 และ เลน3 = แบบดีเอ็นเอกสารสายพันธุ์ AZO2.....	29
3.12 แบบดีเอ็นเอบนօกาโนสเจลที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย <sup>c</sup> เทคนิคพีซีอาร์ของ莖แคนแต่ละสายพันธุ์ A= สายพันธุ์ AZO1 B=สายพันธุ์ AZO3 C=สายพันธุ์ AZO2.....	30
3.13 ลำดับเบสของสายพันธุ์ AZO1 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) ( <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a> ).....	31
3.14 ลำดับเบสของสายพันธุ์ AZO2 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) ( <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a> ).....	32
3.15 ลำดับเบสของสายพันธุ์ AZO3 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) ( <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a> ).....	33

## สารบัญภาพ (ต่อ)

ญี่ปุ่น	หน้า
3.16 ลำดับเบนของสายพันธุ์ AZO1 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) ( <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a> ).....	34
3.17 ลำดับเบนของสายพันธุ์ AZO2 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) ( <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a> ).....	35
3.18 ลำดับเบนของสายพันธุ์ AZO3 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) ( <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a> ).....	36
3.19 ความสัมพันธ์ในระดับโมเลกุล (phylogenetic relationship) ของแทนเดงแต่ละสายพันธุ์.....	37
3.20 การเจริญเติบโตของแทนเดงสายพันธุ์ AZO1 (a), AZO2 (b) และ AZO3 (c) ที่เพาะเติบโตบนอาหาร N-free medium โดยทำการเติบโตในสภาพให้แสงและอุณหภูมิในสภาพสั่งแวดล้อมหัวไป.....	43

## บทที่1

### บทนำ

#### ความสำคัญและที่มาของปัญหาการวิจัย

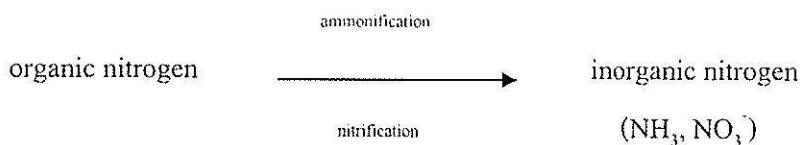
ประเทศไทยเป็นประเทศสิ่งที่มีการปลูกข้าวมากกว่า 60 เผอร์เซ็นต์ บนพื้นที่ 57 ล้านไร่ ในปี พ.ศ. 2550 โดยให้ผลผลิตเฉลี่ย 433 กิโลกรัมต่อไร่ สามารถผลิตข้าวเปลือกได้ปีละประมาณ 23 ล้านตัน (ข้อมูลจากการส่งเสริมการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์) คาดว่าในปี พ.ศ. 2552 ไทยจะสามารถส่งออกข้าวสารได้ประมาณ 8.6 ล้านตัน หรือมีมูลค่ากว่า 172,207 ล้านบาท (ข้อมูลจากสำนักงานเศรษฐกิจ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์) โดยประเทศไทยมีรายใหญ่อาทิ จีน เวียดนาม อินเดีย ต่างประทับปัญหาด้านการเพาะปลูก จึงทำให้ไทยเป็นผู้ส่งออกข้าวอันดับหนึ่งของโลกและมีรายได้ให้กับประเทศไทยเป็นจำนวนมากต่อเนื่องมาทุกปีจนถึงปัจจุบัน ปัจจัยหลักของ การเพาะปลูกได้แก่ ความอุดมสมบูรณ์ของดิน น้ำ ปุ๋ย และยาปราบศัตรูพืช แต่ในปัจจุบันปุ๋ยและยาปราบศัตรูพืชมีราคาสูงมากขึ้น และการใช้สารเคมีในนาข้าวส่วนใหญ่ยังเป็นไปอย่างไม่มีประสิทธิภาพเท่าที่ควร ส่งผลให้ความอุดมสมบูรณ์และองค์ประกอบของดินต่ำลง ประสิทธิภาพ การผลิตข้าวจึงต่ำลงตามไปด้วย

เกษตรอินทรีย์ คือ ระบบการผลิตที่คำนึงถึงสภาพแวดล้อม สมดุลย์ธรรมชาติ และความหลากหลายทางชีวภาพ โดยระบบการผลิต และการจัดการต้องคล้ายคลึงกับนิเวศวิทยาของ สิ่งมีชีวิตนั้น ๆ และที่สำคัญที่สุด คือหลีกเลี่ยงการใช้สารสังเคราะห์ ได้แก่ ปุ๋ยเคมี สารเคมีปราบศัตรูพืช และสารเคมีในนาข้าวส่วนใหญ่ยังเป็นไปอย่างไม่มีประสิทธิภาพเท่าที่ควร ส่งผลให้ความอุดมสมบูรณ์และองค์ประกอบของดินต่ำลง รวมถึงการนำเอาภูมิปัญญาท้องถิ่นมาใช้ประโยชน์ร่วมด้วย แต่จากการงานขององค์การอาหาร และเกษตรแห่งสหประชาชาติ เมื่อปี พ.ศ. 2543 พบว่าประเทศไทยมีเนื้อที่ทำการเกษตรเป็นอันดับที่ 48 ของโลก แต่ใช้ยาฆ่าแมลงเป็นอันดับ 5 ของโลก ใช้ยาฆ่าแมลงและสารเคมีในนาเป็นอันดับ 4 ของโลก รวมทั้งนำเข้าสารเคมีสังเคราะห์ทางการเกษตร เป็นเงินกว่า 30,000 ล้านบาทต่อปี

ข้าวหรือพืชอื่นๆ จะเจริญเติบโตสมบูรณ์ดีจำเป็นจะต้องได้รับธาตุอาหารพืชครบถ้วน 16 ธาตุ ได้แก่ คาร์บอน ไฮโดรเจน ออกซิเจน ในไตรเจน ฟอสฟอรัส โพแทสเซียม แคลเซียม แมgnีเซียม กำมะถัน แมงกานีส เหล็ก สังกะสี ทองแดง ไบรอน โมลิบดินัม และคลอริน แต่ที่เราต้องจัดหาให้มีเพียง 13 ธาตุ เพราะ คาร์บอน ไฮโดรเจน และออกซิเจน พืชได้จากธรรมชาติองจากกระบวนการสังเคราะห์แสง เกษตรกรส่วนใหญ่นักไม่ทราบความจำเป็นของธาตุอาหารเหล่านี้

แต่จะทราบเพียงปุ๋ยที่ให้ธาตุในโตรเจน (N) พอสฟอรัส (P) และ โพแทสเซียม (K) เท่านั้น และในระบบเกษตรอินทรีย์จะไม่อนุญาตให้ใส่ปุ๋ยสังเคราะห์หรือปุ๋ยเคมีที่ให้ธาตุอาหารดังกล่าว

ธาตุไนโตรเจนเป็นธาตุอาหารหลักที่มีความสำคัญต่อพืชมากที่สุด เนื่องจากเป็นธาตุอาหารที่มักสูญเสียได้ง่าย โดยธรรมชาติ ทั้งจากการกระทำของจุลินทรีย์บางชนิดในกระบวนการดีไนตริฟิเคชัน (denitrification) ทำให้ไนโตรเจนในดินแปรรูปและสูญเสียไปในสภาพก๊าซสู่บรรยากาศ โดยเฉพาะระบบการหมุนเวียนการใช้ธาตุนี้ในนาข้าวซึ่งมีน้ำขัง และออกซิเจนผ่านลงสู่ดินชั้นล่าง ได้น้อย จึงมีความจำเป็นอย่างยิ่งในการเพิ่มปริมาณธาตุไนโตรเจนให้แก่พืชนา ปุ๋ยในระบบเกษตรอินทรีย์ได้จากการใช้เศษวัสดุอินทรีย์ พืชตระกูลตัวและเชื้อจุลินทรีย์ พืชขังไม่สามารถทนนำไปในโตรเจนแบบอินทรีย์ (organic nitrogen) มาใช้ได้โดยตรง ต้องผ่านกระบวนการย่อยสลาย (decomposition) เพื่อแปรสภาพในโตรเจนแบบอินทรีย์เหล่านี้ไปเป็นในโตรเจนแบบอนินทรีย์ (inorganic nitrogen) ที่พืชสามารถนำไปใช้ได้เสียก่อน



ปัจจุบันมีการนำจุลินทรีย์ที่มีกิจกรรมของเอนไซม์ nitrogenase มาช่วยเพิ่มประสิทธิภาพการตringeในโตรเจนในนาข้าว ซึ่งสามารถจำแนกจุลินทรีย์เหล่านี้ได้เป็นสองกลุ่มตามลักษณะการค้ำรชีพ ได้แก่ กลุ่มที่ค้ำรชีพแบบอิสระ (free living nitrogen fixing microorganisms) และกลุ่มที่ต้องอาศัยร่วมกับพืช (symbiosis nitrogen fixing microorganisms) จากการนำใช้ยาโนเบกที่เรียก (cyanobacteria) หรือสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน (blue green algae) ทั้งกลุ่มที่ค้ำรชีพแบบอิสระและกลุ่มที่ต้องอาศัยร่วมกับพืชมาปรับให้เป็นปุ๋ยชีวภาพในนาข้าว พนว่าใช้ยาโนเบกที่เรียกที่อาศัยอยู่กับเหنمแดง (*Azolla* sp.) นั้น มีศักยภาพในการตringeในโตรเจนสูงกว่ากลุ่มแรก จึงได้มีการนำเหنمแดงมาทดลองใช้ในนาข้าวครั้งแรกในปี 2520 โดยกรมวิชาการเกษตร ซึ่งสรุปผลได้ว่าเมื่อเพาะเกียงเหنمแดงแล้วไอกลับก่อนปักดำ จะได้ผลผลิตข้าวใกล้เคียงหรือสูงกว่าการใช้ปุ๋ยเคมีในอัตรา 6 กก. N/ ไร่ นอกจากนี้ยังมีการเลี้ยงเหنمแดงในระบบปักดำซึ่งได้ผลผลิตข้าวทัดเทียมกับการเดี้ยงเหنمแดงแล้วไอกลับก่อนปักดำ และเมื่อทดลองเดี้ยงเหنمแดงหลังปักดำประมาณ 3 สัปดาห์ ก็ขังได้ผลผลิตข้าวเท่าเทียมกับการเดี้ยงเหنمแดงในช่วงปักดำ (ประเสริฐ, 2543)

การนำเหنمแดงซึ่งมีใช้ยาโนเบกที่เรียกอาศัยอยู่ร่วมด้วยจึงสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการตringeในโตรเจนในนาข้าวได้ดีเท่ากับการใช้ปุ๋ยในโตรเจนจากyuเรีย เหنمแดงจึงเป็นพืชที่มีความหนาแน่นในการนำมาใช้ประโยชน์ในนาข้าว อีกทั้งยังมีลักษณะการเจริญเติบโตทดสอบนานกับพืชนำ ปักกลุ่มพื้นที่น้ำขังได้ในระยะเวลาสั้น มีอัตราส่วน C:N ในระดับ 8-13 เท่าทำให้เหنمแดงมีวง

ชีพสั้นและสามารถเน่าเปื่อยได้ไว ไม่ต้องทิ้งจากการตรึงก้าช ในไตรเงนจึงถูกปลดปล่อยของมาให้ต้นข้าวคุดซับ ไปใช้ประโยชน์ได้โดยตรง

หนานแดง (*Azolla sp.*) เป็นเฟิร์นน้ำ (true ferns) เป็นกลุ่มเฟิร์นที่มีขนาดเล็ก ลอยอยู่ที่ผิวน้ำ รูปร่างเหมือนกับเฟิร์นทั่วๆ ไป ซึ่งมีอุป 2 สกุลคือ *Salvinia* (จอกหูหนู) *Azolla* (หนานแดง) ในขนาดเล็กมาก ไม่มีการม้วนตัวของใบอ่อน (crozier, monkey tail, fiddle head) แต่ละ sporocarp จะมีเพียงเมกะสปอร์ (megaspore) หรือไมโครสปอร์ (microspore) โดยที่แต่ละ sporocarp จะสร้างเพียง 1 กลุ่มอับสปอร์ (sorus) ตัวผนังของ sporocarp เปลี่ยนแปลงมาจากอินดูเซียม (indusium)

หนานแดงพบกระจายอยู่ทั่วไป ยกเว้นบริเวณที่มีสภาพเป็นน้ำแข็งตลอดปี ส่วนใหญ่พบในเขตอุ่น มักพบ *A. pinnata* และ *A. nilotica* ในเขตร้อนแทนอีซียและอัฟริกาใต้ สำหรับประเทศไทย ไทยพบทั่วไปทุกภาค โดยปกติมักเจริญเติบโตในแหล่งน้ำนิ่ง เช่น ในหนองน้ำ คลอง คู ตลอดจนนาข้าว แหล่งน้ำใดที่มีกระแสน้ำไหลมีคลื่นและลมมักไม่พูดหนานแดงเนื่องจากกระแสน้ำ คลื่นและลม เป็นจุลสัրคต่อการเจริญเติบโต

หนานแดงมีชื่อสามัญว่า azolla, water fern, mosquito fern และ water velvet ชื่อสกุลของหนานแดงมาจากภาษากรีก 2 คำคือ *azo* + *ollo* หมายถึง killed by dryness ปัจจุบันพบหนานแดงกระจายอยู่ 7 ชนิดและพบเป็นชาติโภราณ 48 ชนิด ในประเทศไทยพบเพียงชนิดเดียว คือ *A. pinnata* หนานแดงขนาดเล็กที่สุดมีเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1-2.5 ซม เช่น *A. pinnata* ส่วนขนาดใหญ่มีเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 15 ซม เช่น *A. nilotica* เฟิร์นน้ำอื่นๆ ที่จัดอยู่ในอันดับเดียวกับหนานแดง ได้แก่ สกุล *Lemna*, *Pistia*, *Salvinia*, *Trapa* และ *Wolffia* และไม่น้ำที่มีรากยึดคืน ได้แก่ *Ceratophyllum*, *Ludwigia*, *Neptunia* และ *Polygonum*

หากจัดลำดับตามลักษณะทางอนุกรมวิธาน สามารถจำแนกหนานแดงได้ ดังนี้

Division Pteridophyta

Subdivision Filicopsida

Order Salviniales

Family Azollaceae

Genus *Azolla*

Subgenera	<i>Azolla</i>		<i>Tetrasporocarpia</i>
Sections	<i>Azolla</i>	<i>Rhizosperma</i> (Meg.) Strasb.	
Species	<i>A. caroliniana</i> Willd. <i>A. filiculoides</i> Lam. <i>A. mexicana</i> Presl	<i>A. pinnata</i> R.Br.	<i>A. nilotica</i> Decne.ex Mett.

	<i>A. microphylla</i> Kaulf <i>A. ruba</i> R.Br.		
Subspecies		<i>A. pinnata</i> subsp. <i>africana</i> (Desv.) R.M.K. Saunder and K. Fowler <i>A. pinnata</i> subsp. <i>asiatica</i> (Desv.) R.M.K. Saunder and K. Fowler <i>A. pinnata</i> subsp. <i>pinnata</i>	

แทนเดงสามารถจัดแบ่งได้เป็น 2 กลุ่มตามจำนวนทุ่นลอห์ (floats) ใน megasporocarp และรูปร่างของ glochidia โดยมีรายละเอียดดังนี้

1. *Azolla* ประกอบด้วย 5 species มีทุ่นลอห์ 3 สูกและ glochidia รูปร่างเป็นสูกศร (arrow-shaped glochidia) ได้แก่ *A. caroliniana*, *A. filiculoides*, *A. mexicana*, *A. microphylla* และ *A. ruba*
2. *Rhizosperma* (Meg.) Strasb. ประกอบด้วยทุ่นลอห์ 9 สูกและไม่มี glochidia เดิมมี 2 species คือ *A. pinnata* R.Br. และ *A. nilotica* Decne.ex Mett. ซึ่ง *A. pinnata* R.Br. ยังแบ่งออกเป็น 3 subspecies คือ *A. pinnata* subsp. *asiatica* (Desv.), R.M.K. Saunder และ K.Fowler และเนื่องจาก *A. nilotica* Decne.ex Mett. มี sporocarps (heterosporocarp) อยู่เป็นกลุ่มที่มี 4 sporocarps เป็นจุดที่มีการจำแนก *A. nilotica* Decne.ex Mett. ออกจาก section *Azolla* และจัดให้เป็น subgenus ในสกุล *Tetrasporocarpia* (Carrapico, Teixeira and Diniz, 2002)

แทนเดงมีความสำคัญในทางเกษตรกรรม เนื่องจากมีไชยาโนแบคทีเรีย (cyanobacteria) ชนิด *Anabaena azollae* ที่อาศัยอยู่ร่วมกับแทนเดงแบบพึ่งพาอาศัย (mutualism) สามารถดึงไนโตรเจนจากบรรยากาศ (nitrogen fixation) ได้ซึ่งเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการนำมาใช้เป็นปุ๋ยในนาข้าว นอกจากนี้ ยังมีการใช้แทนเดงในการเลี้ยงสัตว์ โดยการผสมลงในอาหารไก่ นก เป็ดและปลา เป็นต้น

แทนเดงเป็นพืชที่ถือตัวอยู่ตามผิวน้ำ ส่วนใหญ่จะถูกดูดซึมน้ำแล้วเปลี่ยนเป็นแพ แผ่นเป็นแผ่นคลุมผิวน้ำ มีลำต้น รากและใบที่แท้จริง มีโครงสร้างเป็นแบบง่ายๆ ไม่ซับซ้อน มีท่อสำหรับลำเลียงน้ำ (xylem) และท่อสำหรับลำเลียงอาหาร (phloem) ลำต้นสามารถแตกกิ่งทอดขนาดไปกับผิวน้ำ เรียกว่าไร่ชุมหรือเหง้า

(rhizome) โดยที่ส่วนปลายของไหรโขมสามารถทำให้เกิดต้นใหม่ได้ ไหรโขมของเห็นเด肯มีลักษณะ 似 สั้น และเประ หักง่าย บนกิ่งมีใบขนาดเล็กเรียกว่า พรอนด์ (frond) เป็นใบประกอบแบบขนนก (pinnately compound leaf) กือประกอบด้วยใบย่อยหลายๆ ในแต่ละออกต้องข้างของแกนกลาง โดยในย่อยชุดแรกที่แตกออกมารียกว่า pinna เป็นใบย่อยที่เกิดอยู่บนก้านใบที่เรียกว่า rachis ในย่อยมีขนาดเล็ก แบบ บาง ไม่มีก้านใบ (sessile) เรียงตัวซ้อนกันแบบสลับ (alternate) บนกิ่ง แต่ละใบย่อยประกอบด้วย 2 พู ขนาดเกือบเท่ากัน พูล่าง (ventral lobe) มีขนาดใหญ่กว่าพูบน (dorsal lobe) เดือนบอย พูล่างจะมอญ์ได้ผ่านน้ำ ไม่มีสี โปรด়ร่างแสง มีลักษณะเป็นเยื่องๆ เป็นเซลล์ชั้นเดียว ส่วนใหญ่ทำหน้าที่ช่วยในการลอกตัว ส่วนพูบนมีลักษณะหนา มักลอกตัวอยู่เหนือผิวน้ำ มีสีเขียว ทำหน้าที่สร้างอาหารจากการสังเคราะห์แสง (photosynthesis)

การเจริญเติบโตในระบบเรกของพูบน พบร่วมผิวผ้านบนไกล์โคนในจะมีช่องว่าง (cavity) ที่มีช่องเวิคขนาดใหญ่เกิดขึ้นมา ซึ่งช่องเวิคนี้เป็นทางให้ไชยาโนเบคที่เรียกว่า ไปอาศัยอยู่และเจริญเติบโตภายในช่องว่างนี้ ขนาดที่ใบของเห็นเด肯จะเริ่มเติบโต เซลล์ผิวในผ้านบนริเวณไกล์ ช่องว่างจะแบ่งตัวเจริญไปเชื่อมกัน ซึ่งในช่องใบอาจมีไชยาโนเบคที่เรียกอยู่ถึง 50,000-80,000 เซลล์ต่อ 1 ช่อง (Khan, 1987) ผ้านล่างของกิ่งคือรากซึ่งแตกแขนงจากลำต้นโดยตรง จึงจัดเป็นรากวิสามัญ (adventitious root) รากเหล่านี้มีขนาดเล็กเป็นฝอยละเอียดและไม่แตกแขนง รากที่มีอายุน้อยจะมีหัวราก เมื่อรากเจริญเติบโตหัวรากจะหลุดไปและมีขันรากมาแทนที่ซึ่งเป็นลักษณะที่ต่างจากพืชน้ำโดยทั่วไป รากของเห็นเด肯ทำหน้าที่คล้ายกับรากพืชทั่วไปคือคุณน้ำและเกลือแร่

เห็นเด肯สีบพันธุ์ได้ทั้งแบบอาศัยเพศและไม่อารศัยเพศ โดยการหักเป็นห่อน (fragmentation) ของไหรโขม แต่ละห่อนที่หักจะเจริญแตกกิ่งก้านสาขาตามนาย เห็นเด肯บางชนิดที่มีการสีบพันธุ์แบบนี้ ทำให้มีน้ำหนักเพิ่มขึ้น 3-5 เท่า ภายใน 7 วัน นอกจากการสีบพันธุ์แบบไม่อารศัยเพศโดยการหักเป็นห่อนแล้ว ยังสามารถสีบพันธุ์แบบไม่อารศัยเพศได้อีกวิธีการหนึ่งคือการสร้างสปอร์ ซึ่งสร้างอยู่ภายใต้ ยังสามารถสีบพันธุ์แบบไม่อารศัยเพศได้อีก กระบวนการที่มีความเข้มของแสงมากในช่วงกลางวัน และในช่วงกลางคืน มีอุณหภูมิค่อนข้างต่ำ เห็นเด肯มีการสีบพันธุ์แบบอาศัยเพศโดยการสร้างไข่บนต้นแกมีโทไฟต์ เพศเมีย (female gametophyte, megagametophyte) และสร้างสเปร์มบนต้นแกมีโทไฟต์เพศผู้ (male gametophyte, microgametophyte)

Sporocarp มีรูปร่างกลม ผนังบาง สร้างเป็นครุ่อยู่ที่พูล่างของใบแรก อยู่ทางด้านหลังใบ (abaxial) ของกิ่ง แต่ละ sporocarp มีเพียง 1 อับสปอร์ (sorus) อับสปอร์ของเห็นเด肯มีรูปร่างกลม (circular) และมีเยื่อบางๆ ที่เจริญออกมายาวๆ เรียกว่า อินดูเซียม (indusiate sorus) คลุมอยู่ เมื่อ sporocarp เจริญเติบโต อินดูเซียมจะเปลี่ยนแปลงโดยแข็งตัวขึ้นกลายเป็นผนังของ sporocarp ขณะที่ sporocarp ยังเจริญไม่เต็มที่ ภายใน sporocarp จะสร้างเมกะสปอร์แรนเจียม (megasporangium) 1

อันและไมโครสปอร์แренเจียม (microsporangium) หลาຍอันอยู่ที่บริเวณฐานของชอรัส (receptacle) ต่อมากลับสปอร์เพียงอันเดียวเท่านั้นที่จะเจริญต่อไป ส่วนกลับสปอร์ที่ไม่เจริญจะฟ้อไป ดังนั้น sporocarp ที่ภายในมีเฉพาะเมกะสปอร์แ-renเจียม จึงเรียกว่า megasporocarp หรือ macrosporocarp ซึ่งจะมีขนาดเด็กกว่าไมโครสปอร์แ-renเจียม และภายในมีเพียง 1 เมกะสปอร์แ-renเจียมเท่านั้น เช่น กรณีที่ megasporocarp ฟ้อ microsporocarp จะเจริญแทนที่ ซึ่งภายใน 1 microsporocarp อาจมีจำนวนมากกว่า 120 ในไมโครสปอร์แ-renเจียม และภาวะอยู่ที่ฐานของชอรัส รวมกันเป็น 1 ชอรัส แต่ละในไมโครสปอร์แ-renเจียมอาจเจริญอย่างไม่พร้อมกัน ทำให้การเจริญของไมโครสปอร์ระยะต่างๆ ภายในแมสซูลี (massulae) แตกต่างกัน

Microsporocarp ประกอบด้วยกลับสปอร์หรือไมโครสปอร์แ-renเจียมประมาณ 7-10 อัน และมีอินคูเซียมคลุมอยู่ด้านนอก แต่ละในไมโครสปอร์แ-renเจียมมีไมโครสปอร์ (microspore) ประมาณ 32-64 สปอร์ แต่ละในไมโครสปอร์แ-renเจียมจะมีแมสซูลี 3-10 อัน แมสซูลีเหล่านี้เกิดจากการแข็งตัวของไซโทพลาสตซึม (cytoplasm) ภายในแมสซูลีจะมีไมโครสปอร์ บริเวณผิวของแมสซูลีจะมีขนาดที่เรียกว่า glochidia ซึ่งปลายสุดมีลักษณะเป็นตะขอ ทำหน้าที่เพื่อการเกาะติดกับ labyrinthine filaments บนชั้น exoperine ของเมกะสปอร์

Megasporocarp มีขนาดเด็กกว่า microsporocarp มาก ประกอบด้วยเมกะสปอร์แ-renเจียม หนึ่งอันและภายในเมกะสปอร์แ-renเจียมมีเพียง 1 เมกะสปอร์ ผิวด้านนอกสุดของ megasporocarp ก็คืออินคูเซียม ถัดเข้ามาคือ perispose (perine) ซึ่งประกอบด้วย 3 ชั้น ได้แก่ ชั้น exoperine เป็นชั้นนอกสุดของ perispose ที่มีช่องเล็กๆ อยู่โดยรอบและมี labyrinthine filaments ซึ่งเป็นเส้นสายให้ glochidia มากกว่า ชั้น mesoperine และชั้น endoperine บริเวณปลายด้านเปิดของอินคูเซียมมี cap ติดอยู่ และ cap จะถูกเชื่อมเข้ากับ floats (ทำหน้าที่เป็นหุ้นลออย) และ perispose ด้วย gula (columella)

เมื่อ microsporocarp และ megasporocarp เจริญเติบโตเต็มที่จะแตกและจนสุดท้องน้ำ เมกะสปอร์จะอกและเจริญเติบโตไปเป็นต้นตัวเมีย เรียกว่า เมกะแคมีโทไฟฟ์ (megagametophyte) หรือ โปรทัลลัสตัวเมีย (female prothallus) แต่ละโปรทัลลัสจะสร้างอาร์คิโภเนียม (archegonium) หนึ่งอันหรือมากกว่า ภายในอาร์คิโภเนียมมีเซลล์ไข่ (egg cell) ขณะที่ในไมโครสปอร์ (microspore) จะประกอบไปด้วย spermatozoid, antherozoid ออกจากแมสซูลีผ่าน cap, floats, 3 neck cells, neck canal cell และ ventral canal cell เข้าไปผสมกับเซลล์ไข่ (egg cell, ovum) หลังจากเกิดการปฏิสนธิ (fertilization) เป็นไกต (zygote) ไกตแบ่งตัวแบบไมโทซิส (mitosis division) หลาຍครั้ง จนกระทั่งได้อ่อนนริโอ (embryo)

เอนบาริโอเริ่มจากไกตยึดขาวแล้วแบ่งตัวตามทางหรือแนวเดียว (obligate division) ต่อมากลับในแนวตัวจากกับการแบ่งครึ่งแรก (anticlinal division) ได้อ่อนบาริโอ 4 เซลล์ (proembryo) ซึ่งแต่ละเซลล์จะเป็นเซลล์เริ่มต้นที่จะเจริญเป็นอวัยวะต่างๆ ของต้นอ่อน (young

sporophyte) กือ ใบ (เกิดจาก epibasal cells ของ proembryo) ลำต้น ราก (เกิดจาก hypobasal cells ของ proembryo) และฟูก (foot) โดยเซลล์ที่อยู่ด้านนอกใกล้กับส่วนคอ (neck) ของอาร์คีโกรเนียมจะเจริญไปเป็นใบและลำต้น ส่วนสองเซลล์ที่อยู่ด้านในจะเจริญไปเป็นรากและฟูก

วัฏจักรชีวิตของเหنمแคนจะมีความสัมพันธ์กับ *Anabaena* ทั้งในระยะแกมิโทไฟต์ (gametophyte generation) และระยะสปอร์โทไฟต์ (sporophyte generation) ซึ่งมีระยะเวลาของการดำเนินการชีพนานกว่าระยะแกมิโทไฟต์ แต่ถ้าเป็นระยะแกมิโทไฟต์จะพบว่ามีความสัมพันธ์กันเฉพาะในเมกะสปอร์เรนเจียมเท่านั้น โดยอโซไคนีต (akinete) จะผงตัวอยู่ในอินดูเชียบ และหลังจากการปฏิสนธิระหว่างไข่และสเปร์มแล้วจะเจริญต่อจนกระทั่งเป็นสปอร์โทไฟต์ใหม่ และจะมีความสัมพันธ์กับ *Anabaena* ต่อไปอีก (Carrapico, 2002)

### ไซยาโนแบคทีเรีย (cyanobacteria) ในเหنمแคน

ไซยาโนแบคทีเรีย จัดอยู่ใน Division Cyanophyta มีรูปปั่นงะและการเรียงตัวแตกต่างกันมาก อาจเป็นเซลล์เดี่ยวหรือเป็นสาข (filament) ในพวงที่เป็นเซลล์เดี่ยมมากไม่เคลื่อนที่ ต่างจากพวงที่เป็นสาขมักเคลื่อนที่แบบคลีบคลาน (gliding) และไม่มีฟลาเจลล่า (flagella) *Anabaena azollae* อยู่ในวงศ์ Nostocaceae มีลักษณะเป็นสาข ภายในสาขมีเซลล์ 3 ชนิด ได้แก่

1. akinete เป็นเซลล์ที่มีผนังเซลล์หนา ถูกสร้างขึ้นในสภาพแวดล้อมเพื่อปรับตัวให้ดำเนินชีวิตอยู่ได้
2. vegetative cell เป็นเซลล์ที่มีความสำคัญในการสังเคราะห์แสง เนื่องจากภายในมี carboxysome และยังมีความสำคัญในการแบ่งตัวของเซลล์
3. heterocyst มักพบระหว่าง vegetative cells (intercalary heterocyst) หากเกิดที่ปลายสาข เรียกว่า terminal heterocyst ลักษณะเป็นเซลล์ผนังหนา มีเอนไซม์ nitrogenase อยู่ภายใน ทำให้สามารถดึงไนโตรเจน (nitrogen fixation) จากบรรยากาศได้ เอนไซม์ nitrogenase มีความไวต่อออกซิเจน ดังนั้นการทำงานของเอนไซม์นี้จะเกิดขึ้นได้ก็ต่อเมื่อสภาวะใน heterocyst ต้องไร้ออกซิเจน (anaerobe)

เนื่องจากไซยาโนแบคทีเรียเป็นสิ่งมีชีวิตประเภทโปรคาร์บอต จึงมีโครงสร้างต่างจากยูคาร์บอต (eukaryote) ดังนี้

- ไม่มีเยื่อหุ้มล้อมรอบสารพันธุกรรม เรียกว่า nucleoid
- มีRNA โบนิชนาค 70s
- จัดเป็นแบคทีเรียแกรมลบ (negative gram) มีสาร peptidoglycan น้อย แต่มีไขมันมาก จึงติดสีจากเมือย้อมด้วยสี crystal violet

- มี gelatinous layer (sheath) หุ้มด้านนอกของผนังเซลล์ และที่ผนังเซลล์มี N-acetylglucosamine (NAG) และ N-acetylmuramic acid (NAM) ซึ่ง NAM เชื่อมกันได้ด้วย peptidoglycan (mucopeptide) ที่เยื่อหุ้มเซลล์ชั้นนอกมี lipopolysaccharide (LPS) ซึ่งประกอบด้วย lipid A, core polysaccharide และ O antigen
- มี cytoplasmic membrane ทำหน้าที่ควบคุมการผ่านเข้าออกของสาร
- ใน cytoplasm มีลักษณะของเยื่อหุ้มที่เรียบเป็นชั้น เรียกว่า photosynthetic lamellae
- Cytoplasmic inclusions เป็นสารที่สะสมในเซลล์ เมื่อเซลล์มีการเจริญเติบโตขึ้นเรื่อยๆ สารเหล่านี้มีทั้งประเภทที่คล้ายและไม่คล้ายน้ำ ในไซยาโนแบคทีเรีย สารเหล่านี้จะอยู่ภายในถุงเยื่อหุ้มอักขัณหนึ่ง ได้แก่ cyanosome ภายในมีเอนไซม์สำหรับต้องการนอนไดออกไซด์จากบรรยากาศเพื่อใช้ในการสังเคราะห์แสง พน cytosome ใน vegetative cells ถุงเยื่อหุ้มอักขัณหนึ่งคือ gas vacuole ภายในนี้ประกอบด้วย vesicle เรียกว่าเป็นระบะเบียน gas vacuole สามารถทนต่อแรงกดดันภายในเซลล์ได้และยอมให้ก้าวผ่านเยื่อหุ้ม ทำหน้าที่ช่วยให้เซลล์ตอบตัว
- เมื่อเซลล์อักขระในสภาวะที่หนาแน่นต่อการเจริญเติบโต อาหารจะถูกนำไปเข้าสู่เซลล์และเอนไซม์ภายในเซลล์จะเปลี่ยนแปลงอาหารเหล่านี้เป็นสารประกอบของเซลล์ ทำให้เซลล์ยึดยาวอกและมีการสร้างสารพันธุกรรมของเซลล์เพิ่มขึ้น ผนังเซลล์เริ่มมีการพับในบริเวณที่จะมีการแบ่งเซลล์ ชั้น peptidoglycan และเยื่อหุ้มเซลล์จะคงเดิมถึงกลางเซลล์ และเกิดการแบ่งเซลล์ที่สมบูรณ์เมื่อผนังเซลล์ก่อตัวขึ้นแล้ว เซลล์ซึ่งเป็นลักษณะการแบ่งเซลล์จาก 1 เป็น 2 (binary fission)

ไซยาโนแบคทีเรียเป็นสิ่งมีชีวิตจำพวกโปรkaroyote (prokaryote) เช่นเดียวกับแบคทีเรีย แต่มีคุณสมบัติแตกต่างไป คือไซยาโนแบคทีเรียมีรังควัตุ chlorophyll a จึงสามารถสังเคราะห์แสงได้ และได้ออกซิเจนเป็นผลิตภัณฑ์ ซึ่งคุณสมบัตินี้เป็นคุณสมบัติหนึ่งที่ไม่พบในแบคทีเรีย ไซยาโนแบคทีเรียได้พลังงานจากแสงสว่าง มีการดำรงชีวิตแบบ photolithotroph โดยใช้สารอนินทรีย์เป็นแหล่งอิเล็กตรอน และก้าวcarนอน ไดออกไซด์เป็นแหล่งcarนอน

การสังเคราะห์แสงของไซยาโนแบคทีเรียเป็นแบบที่สังเคราะห์แสงแล้วให้ออกซิเจนเป็นผลิตภัณฑ์ (oxygenic photosynthesis) โดยใช้น้ำในการรีดิวัต์carนอน ไดออกไซด์เพื่อให้ได้เป็นออกซิเจนและ ATP ในแบคทีเรียที่สังเคราะห์แสงได้ (photosynthetic bacterias) และไซยาโนแบคทีเรียมี photosensitive pigments และ light-absorbing carotenoid pigments ที่แตกต่างกัน ดังนี้

- แบคทีเรียที่สังเคราะห์แสงได้ มักสังเคราะห์แสงแล้วไม่ให้ออกซิเจนเป็นผลิตภัณฑ์ (anoxygenic photosynthesis) มีรังควัตุเรียกว่า bacteriochlorophyll a, b, c (หรือ d) มี carotenoid pigments ที่เป็น aliphatic และ aryl type ไม่คล้ายน้ำ มี chromatophores

(เกียบเพ่า chloroplasts) ใช้  $H_2S$  หรือสารประกอบอนทริย์อื่นๆ เป็นตัวให้อิเล็กตรอนในการตรึงคาร์บอน dioxide (CO<sub>2</sub> fixation)

- ไซยาโนแบคทีเรีย มีรูปคล้ายคลื่นชั้นในพืชตีเขียวและสาหร่าย ดูดแสงได้ตั้งแต่ 680-683 นาโนเมตร (แสงสีแดง) มี carotenoid pigment ที่ไม่คล้ายน้ำ กือ B-carotene และมี phycobilin (phycocyanin และ allophycocyanin) ที่คล้ายน้ำ และดูดแสงได้ตั้งแต่ 500-650 นาโนเมตร (ตั้งแต่สีส้มที่ 625-630 นาโนเมตร) เมื่อ phycobilin รวมกับ chlorophyll a จึงเห็นเป็นสีน้ำเงินแกมน้ำเงิน ทั้ง carotenoid และ phycobilin มีหน้าที่ช่วยดูดพลังงานแสงแล้วส่งต่อให้กับ chlorophyll a ปฏิกิริยาสูญญากาศของแสง สังเคราะห์แสง (Photosynthetic Unit : PS) และการขนส่งอิเล็กตรอนอยู่ที่ photosynthetic lamellae หรือ thylakoid ซึ่งมีลักษณะเป็นถุงแบบที่มีเยื่อหุ้ม ด้านนอกของเยื่อหุ้มนี้มีแกรนูล (granules) เล็กๆ เรียกว่า phycobilisome เท่าอยู่

ไซยาโนแบคทีเรียที่อาศัยในโพรงใบของเหنمแดงนี้ มีศักยภาพสูงในการตรึงกําชีวินในโครงสร้างให้อยู่ในรูปแอนโนเนียซึ่งเป็นประ予以ชนิดต่อการนำไปใช้ประ予以ชนิดในนาข้าว ซึ่งมีนาขังมีการสูญเสียชาตุในโครงสร้างได้ง่ายโดยธรรมชาติ ซึ่งการเข้าสู่โพรงใบและ megasporocarp ของเหنمแดงนี้เป็นไปในรูปแบบที่มีความจำเพาะ โดยอาศัยการส่งสัญญาณ hormogonia-inducing factor, hormogonia-recessing factor และมี chemoattractants ระหว่างไซยาโนแบคทีเรียกับเหنمแดง (Rai, Soderback and Bergman, 2000) มีการสันนิษฐานว่าเมื่อไซยาโนแบคทีเรียเข้าสู่เซลล์พืชแล้ว metabolism ต่างๆ ของไซยาโนแบคทีเรียจะถูกเซลล์พืชควบคุมทั้งหมด ในโพรงใบของเหنمแดงมีโครงสร้างพิเศษที่ถูกสร้างไว้เรียกว่า transfer cell ultrastructure (TCU) มีลักษณะเป็นเซลล์ชนิดนี้ออกมากจากผนังของโพรงใบ และจากภายนอกกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องประจุแสดงว่าสายของไซยาโนแบคทีเรียมีการพันรอบ TCU และข้อมูลในส่วนที่เกิดปฏิกิริยามัพนธ์ระหว่างสายของไซยาโนแบคทีเรียและ TCU ยังมีการศึกษา กันน้อยมาก (Cartapico, Teixeira and Diniz, 2002)

#### ระบบการอยู่ร่วมกันระหว่างไซยาโนแบคทีเรียและเหنمแดง

การอาศัยอยู่ร่วมกันของไซยาโนแบคทีเรียและเหنمแดงเป็นแบบ symbiosis เกิดขึ้นตลอดชีพของเหنمแดง และปัจจัยสำคัญที่ทำให้เกิดการเคลื่อนที่คือความชื้นและระบบการพักรถว่างของไซยาโนแบคทีเรีย แต่ทั้งเหنمแดงและไซยาโนแบคทีเรียสามารถถ่ายสารต่ออยู่ในรูปอิสระได้จากการศึกษาของ Gebhardt และ Nierzwicky-Bauer (1991) พบร่วมเหنمแดง *Azolla mexicana* และ *A. pinnata* สามารถรับเอาไซยาโนแบคทีเรียชนิด *Anabaena* ที่ในรูปอิสระอื่นๆ เช่นไปอยู่ร่วมกันได้ และมีการพบร่วมกับไซยาโนแบคทีเรียชนิดใหม่ ซึ่งมีลักษณะทางพันธุกรรมอยู่ระหว่าง *Anabaena* และ *Nostoc* สามารถเข้าไปอาศัยอยู่กับเหنمแดง *A. filiculoides* ได้ (Baker et al., 2003) จึงอาจเป็นไปได้ที่เหنمแดงของไทย

อาจมีความล้มพังของการอยู่ร่วมกับไซยาโนแบคทีเรียชนิดอื่นๆ ໄດ້ ซึ่งจะทำให้สามารถเพิ่มประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนได้ดีกว่าเห็นเด้งตามธรรมชาติ

ปริมาณของไนโตรเจนในรูปของไนเตรตมีผลต่อการอยู่รอดของเห็นเด้งและไซยาโนแบคทีเรียเป็นอย่างมาก ปริมาณ  $\text{KNO}_3$  เพียง  $5\text{mM}$  จะเพียงพอต่อการรักษาสภาพการอยู่ร่วมกัน แต่ถ้าหากมีปริมาณมากกว่านี้จะทำให้ไซยาโนแบคทีเรียตาย นอกจากนี้ยังมีพบว่าเกลือ  $\text{NaCl}$  ความเข้มข้น  $50\text{mM}$  จะสามารถช่วย balance การ uptake ของไนโตรเจนໄດ້ (Rai et. al., 2001; Rai and Rai, 2003) สำหรับไนโตรเจนในรูปของแอมโมเนียมเพียง  $0.2\text{mM}$  ขึ้นไปจะสามารถยับยั้งการทำงานของเอนไซม์ nitrogenase ໄດ້ แต่จะช่วยให้เห็นเด้งมีการเจริญเติบโตที่ดีขึ้น (Maejima et al., 2002) ซึ่งแสดงให้เห็นว่าระบบการตรึงไนโตรเจนของไซยาโนแบคทีเรียจะถูกขับขึ้นจากการทำงานเมื่อมีไนโตรเจนในแหล่งน้ำ นั่นคือเห็นเด้งและไซยาโนแบคทีเรียจะเป็นตัวควบคุมการตรึงไนโตรเจนให้เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของพืช

เนื่องจากเห็นเด้งเป็นทรัพยากรธรรมชาติที่มีต้นทุนการผลิตต่ำมากแต่สามารถเพิ่มผลผลิตข้าวได้สูง ในที่นาทั่วไปจะสังเกตได้ว่าเห็นเด้งไม่มีเห็นเด้งหลงเหลืออยู่เลย เหตุเนื่องจากเห็นเด้งเป็นพืชที่วงศ์พสัตวน หากไม่มีการเก็บรักษาสายพันธุ์ที่ดีไว้ก็อาจทำให้สูญพันธุ์ได้ ดังนั้นการจัดเก็บรักษาสายพันธุ์เห็นเด้งจึงเป็นประโยชน์ต่อการนำไปใช้ในด้านการผลิต ไป สามารถนำมาปรับปรุงพันธุ์พืชใหม่พันธุ์เพื่อให้ได้พันธุ์ใหม่เหมาะสมต่อการนำไปใช้ในนาข้าวที่มีสภาพแวดล้อมแตกต่างกันได้ การนำเห็นเด้งมาใช้ในนาข้าวจึงนับว่าช่วยลดปัญหาจากการใช้ปุ๋ยซึ่งมีต้นทุนสูงกว่า ช่วยปรับสภาพแวดล้อมให้อยู่ในสมดุลกับการผลิตข้าว ลดความเสื่อมของดินที่ได้ทำการปลูกข้าว ต่อเนื่องกันนานาและยังเป็นการส่งเสริมการทำงานข้าวอย่างมีประสิทธิภาพในระบบเกษตรยั่งยืนได้อีกด้วย

### วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย

- 1) เพื่อศึกษาความหลากหลายของลักษณะทางพันธุกรรมของไซยาโนแบคทีเรียในเห็นเด้งและเห็นเด้งในประเทศไทย
- 2) เพื่อพัฒนา ปรับปรุงประสิทธิภาพการทำปุ๋ยชีวภาพในนาข้าวอินทรีย์ด้วยเห็นเด้ง
- 3) เพื่อทำการเพาะเดี่ยงและจัดเก็บรักษาเห็นเด้งสายพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนสูง

### ขอบเขตของโครงการวิจัย

- 1) ทำการศึกษาหาความหลากหลายของลักษณะทางพันธุกรรมของไซยาโนแบคทีเรียในแหล่งแวดล้อมต่างๆ ได้จากแหล่งน้ำพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคเหนือและภาคกลางด้วยเทคนิคทางพันธุวิเคราะห์ร่วมกับลักษณะสัณฐานวิทยา
- 2) ปรับปรุงระบบการอยู่ร่วมกันระหว่างสายพันธุ์แพลงและสายพันธุ์ไซยาโนแบคทีเรีย แล้วคัดเลือกถูกต้องให้ประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนสูงๆ ด้วยการตรวจสอบกิจกรรมการทำงานของเอนไซม์ nitrogenase และความสามารถการเจริญเติบโตในสภาพต่างๆ
- 3) ทำการเพาะเลี้ยงและจัดเก็บรักษาแพลงสายพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนสูง เพื่อแจกจ่ายให้เกษตรกรได้ไม่น้อยกว่า 2 สายพันธุ์ที่สามารถเจริญเติบโตในสภาพแวดล้อมต่างๆ

## บทที่ 2

### วัสดุอุปกรณ์และวิธีการทดลอง

#### 2.1 สภาพที่ใช้ในการเพาะเลี้ยงเห็นเด็กต่างๆ

คัดเลือกเห็นเด็กที่มีลักษณะแตกต่างกันจากเหล่่น้ำในพื้นที่บริเวณฟาร์มและสวนเกษตรอินทรีย์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ซึ่งมีการรวมมาจากแหล่งน้ำต่างๆทั้งในและต่างประเทศ ซึ่งพบว่ามีการปะปนกัน (ตารางที่ 2.1) นำเห็นเด็กที่ได้มาถึงเบาๆในน้ำสะอาด 2-3 ครั้งเพื่อกำจัดสิ่งเจือปนต่างๆ สำหรับการจำแนกสายพันธุ์เพื่อใช้ในการศึกษาลักษณะทางสรีระวิทยาและการวิเคราะห์หาลำดับของตีเร็นเอ นำเห็นเด็กมาเลี้ยงเพื่อเพิ่มจำนวนในกระถางสูง 15 ซม. เส้นผ่าศูนย์ 17 ซม. ที่มีอาหารเหลว N-free medium (ตารางที่ 2.2) 1 ลิตร ควบคุมสภาพแวดล้อมโดยการเลี้ยงในห้องเรือนกระจกเปลี่ยนอาหารทุกๆสัปดาห์ สำหรับการเพิ่มจำนวนของเห็นเด็กเพื่อใช้ในแปลงทดสอบจำเป็นต้องใช้เห็นเด็กปริมาณมากจึงทำการเพาะเลี้ยงเห็นเด็กในท่อซีเมนต์ขนาด 2 ตร.ม. ประกอบไปด้วยดิน 2 กก. ควบคุมระดับน้ำให้สูงประมาณ 5-10 ซม. ทำการเพาะเลี้ยงภายใต้สภาพแวดล้อมปกติ โดยใช้ปริมาณเห็นเด็กเริ่มต้น 0.2 ก./ตร.ม. และใส่ปุ๋ยฟอสฟे�ตทุกๆ 7 วัน

ตารางที่ 2.1 สายพันธุ์เห็นเด็กที่คัดเลือกมาใช้ในการศึกษา

สายพันธุ์	แหล่ง
AZO1	สวนเกษตรอินทรีย์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ประเทศไทย
AZO2	ฟาร์มมหาวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ประเทศไทย
AZO3	ฟาร์มมหาวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ประเทศไทย

ตารางที่ 2.2 การเตรียม stock ของอาหารเหลว N-free medium

Stock solution	สารเคมี	ความเข้มข้น (กรัม/ลิตร)
1	CaCl <sub>2</sub>	55.50
2	MgSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	49.50
3	KCl	37.50
4	KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	13.60
5	FeEDTA.Na	30.00

## ตารางที่ 2.2 (ต่อ)

Stock solution	สารเคมี	ความเข้มข้น (กรัม/ลิตร)
6	Micro nutrient ประกอบด้วย	
	H <sub>3</sub> BO <sub>3</sub>	2.86
	MnCl <sub>2</sub> .4H <sub>2</sub> O	1.81
	ZnSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	0.22
	CoCl <sub>2</sub> .6H <sub>2</sub> O	0.10
	CuSO <sub>4</sub> .5H <sub>2</sub> O	0.08
	MoO <sub>3</sub>	0.02

## 2.2 การจำแนกโดยสักยณาทางสรีระวิทยา

### 2.2.1 การศึกษาลักษณะโครงสร้างของ vegetative และ reproductive โดยการใช้กล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องกล้อง (SEM)

ขั้นตอนการเตรียมตัวอย่างขึ้นแรกนำตัวอย่างของใบและ sporocarp ของเหنمแองเกที่คัดเลือกได้มาแช่ใน glutaraldehyde 2.0% ใน 0.1M phosphate buffer pH 6.8 เป็นเวลาอย่างต่ำ 1 ชม.หรือ มากที่สุด 48 ชม.เพื่อทำการตรึงตัวอย่างให้คงอยู่ในสภาพเดิม ต่อจากนั้นนำมารังด้วย phosphate buffer 3 ครั้งๆละ 10-15 นาที หลังจากนั้นนำไปปั๊มแช่ใน osmium tetroxide 1% เป็นเวลา 30 นาที หลังจากนั้นนำมารังด้วยน้ำกัลลัน 3 ครั้ง ต่อจากนั้นนำตัวอย่างมาตึงน้ำออกอย่างช้าๆด้วยการถางตัวอย่างเอทานอลเป็นลำดับตั้งแต่ 30, 50, 70, 90, 95 และ 100% เป็นเวลา 10-15 นาที ชุดละ 2 ครั้ง ตัวอย่างที่ได้จะนำไปทำแห้งโดยการใช้เครื่อง critical point dryer หลังจากนั้นนำตัวอย่างไปหุ้มด้วยทองด้วยเครื่อง ion sputter นำตัวอย่างที่ได้ไปส่องดูด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องกล้องที่กำลังขยาย 85, 100, 120, 200 และ 800 เท่าเพื่อศึกษาลักษณะทางสรีระวิทยาที่เหมือนหรือแตกต่างกันของเหنمแองเกทสายพันธุ์ต่างๆ

### 2.2.2 การศึกษาลักษณะการอยู่ร่วมกันของเหنمแองเกและไชยาโนแบคทีเรีย (*Azolla-Anabaena symbiosis*)

ในการศึกษาไชยาโนแบคทีเรีย *Anabaena azollae* ในโพรงใบของเหنمแองเก ขั้นแรกนำใบของเหنمแองเกมาผ่าตามยาวและตามห่วงไปปั๊มแช่ใน glutaraldehyde 2.5% ใน 0.1M phosphate buffer pH 6.8 หลังจากนั้นนำไปปั๊มแช่ใน OsO<sub>4</sub> นำตัวอย่างมาตึงน้ำออกอย่างช้าๆด้วยการถางตัวอย่างเอทานอลเป็นลำดับ นำตัวอย่างที่ได้ไปฝังลงใน Spurr's resin ตัดตัวอย่างที่ได้ด้วยเครื่อง ultramicrotome ข้อมูลตัวอย่างที่ได้ด้วย toluidine blue 1 นาที สังเคราะห์เปล่า ต่อจากนั้นซ้อมด้วย basic fuchsin เป็นเวลา

30 วินาที ล้างด้วยน้ำเปล่าอีกครั้ง ส่องคุณภาพการอุดร่วมกันของเห็นเดงและไชยาโนเบคทีเรีย ตัวยกล้องจุลทรรศน์ที่กำลังขยาย 100 เท่า

### 2.3 การจำแนกโดยการวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอ

#### 2.3.1 การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดดีเอ็นเอจากรากของเห็นเดงตามวิธีของ Dellaporta และคณะ(1983) ขั้นแรกนำรากไปแช่แข็งที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส บดด้วยในโตรเจนเหลวจนละเอียดเป็นผง เติมน้ำฟเฟอร์ที่ใช้ในการสกัด(ประกอบด้วย 1M Tris-HCl pH 8.0, 0.5M EDTA, 5M NaCl and 10% SDS) 720 ไมโครลิตร นำส่วนใส่ที่ได้เปลี่ยนใส่หลอดใหม่นำไปปั่นที่ 65°ซ. เท่ายทุกๆ 5 นาทีเป็นเวลา 15-20 นาที ต่อจากนั้นเติม 5M NaOAC ผสมเบาๆ ให้เข้ากันนำไปปั่นบนน้ำแข็งพร้อมเท่ายเป็นเวลา 20 นาที ต่อจากนั้นนำไปปั่นให้วิ่งที่ความเร็ว 14000 rpm เป็นเวลา 15 นาที ดูดส่วนใส่ที่ได้ใส่หลอดใหม่ เติมฟีโนอล (phenol) ในปริมาณเท่ากัน ตกตะกอนดีเอ็นเอด้วย isopropanol เมื่อ ล้างส่วนที่ตกตะกอนด้วยเอทานอลเย็น ปล่อยดีเอ็นเอให้แห้งและเติมน้ำฟเฟอร์ TE เพื่อกีบรักษาดีเอ็นเอต่อจากนั้นเติมอีนไซม์ RNase บ่มที่ 55°ซ. เป็นเวลา 10 นาที กีบรักษาดีเอ็นเอที่ -20°ซ.

#### 2.3.2 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR

เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยการใช้ไพรเมอร์ NS1, NS2 และ ITS1, ITS4 (White และคณะ, 1990) ใช้ปริมาตรสุดท้าย 50 ไมโครลิตร สำหรับไพรเมอร์ NS ใช้ปฏิกิริยาในแต่ละขั้นตอนดังนี้ ขั้นแรกให้ความร้อน 95°ซ. เป็นเวลา 5 นาที ในขั้นตอนที่สองลดอุณหภูมิลง 95°ซ. เป็นเวลา 30 วินาที 45°ซ. เป็นเวลา 30 วินาที และ 72°ซ. เป็นเวลา 1 นาทีทำทั้งหมดจำนวน 40 รอบ และในขั้นตอนสุดท้ายทำปฏิกิริยาที่ 72°ซ. เป็นเวลา 10 นาที สำหรับไพรเมอร์ ITS ใช้ปฏิกิริยาในแต่ละขั้นตอนดังนี้ ขั้นแรกให้ความร้อน 95°ซ. เป็นเวลา 2 นาที ในขั้นตอนที่สองลดอุณหภูมิลง 95°ซ. เป็นเวลา 30 วินาที 50-60°ซ. (ขึ้นอยู่กับดีเอ็นเอแบบของแต่ละสายพันธุ์) เป็นเวลา 30 วินาที และ 72°ซ. เป็นเวลา 45 วินาทีทำทั้งหมดจำนวน 35 รอบ และในขั้นตอนสุดท้ายทำปฏิกิริยาที่ 72°ซ. เป็นเวลา 10 นาที หลังจากนั้นทำการตรวจสอบผลของ PCR product ที่ได้โดยการใช้ 1% agarose gel electrophoresis

#### 2.3.3 การวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอ

นำ PCR product ที่ได้จากเห็นเดงแต่ละสายพันธุ์ไปทำให้รีสุทธิ์โดยการใช้ PCR purification Kit นำไปวิเคราะห์หาลำดับเบส นำลำดับเบสที่ได้เบริกเทียบกับลำดับเบสของเห็นเดงสายพันธุ์ต่างๆ จากในฐานข้อมูลของ Genebank ด้วยโปรแกรม BLAST

### ตารางที่ 2.3 ไพรเมอร์ (primer) ที่ใช้ในเทคนิค PCR และการหาลำดับนิส (sequencing)

Primer	5'-sequence-3'
NS1 (F)	GTA GTC ATA TGC TTG TCT C
NS2 (R)	GGC TGC TGG CAC CAG ACT TGC
ITS1 (F)	TCC GTA GGT GAA CCT GCG G
ITS4 (R)	TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC

(F) และ (R) แทน forward and reverse primers ตามลำดับ

### 2.4 การทดสอบประสิทธิภาพของการใช้แทนเดงในนาข้าว

การทดสอบประสิทธิภาพการใช้แทนเดงในนาข้าว โดยทำการเตรียมแปลงปลูกที่สวนเกษตรอินทรีย์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ใช้พื้นที่นาทดลอง 105 ทำกราฟลองในช่วงเดือนสิงหาคม 2549 - เดือนธันวาคม 2549 เตรียมก้าวข้าวเป็นเวลา 30 วัน โดยแปลงที่ใช้ในการทดลองจะทำการไดกดะ ไถแปร ทำเทือกสูงประมาณ 30 ซม. ก้นทุกแปลง โดยแบ่งทำเป็นแปลงย่อยขนาด  $2 \times 4$  เมตร ระยะห่างระหว่างกัน  $25 \times 25$  ซม. โดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized complete block ทำการทดลองทั้งหมด 5 treatments อย่างละ 3 ชุด ประกอบไปด้วย

- Treatment ที่ 1 ใช้แทนเดง AZO1
- Treatment ที่ 2 ใช้แทนเดง AZO2
- Treatment ที่ 3 ใช้แทนเดง AZO3
- Treatment ที่ 4 ใช้ปุ๋ยเคมี N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O อัตราต่อวัน 12-8-8 กก./ไร่ (0.075-0.05-0.05 ตัน/เฮกเดตร์)
- Treatment ที่ 5 ไม่มีทึ้งแทนเดงและปุ๋ยเคมี

ใช้แทนเดงอัตรา 250 กรัม /ตร.ม. รักษาระยะห่างให้คงที่ทำการเพาะเลี้ยงแทนเดงก่อนเป็นเวลา 4 สัปดาห์แล้ว โภคภัณฑ์ก็จะบวบบานปักดำข้าว ทำการใส่แทนเดงและปุ๋ยอีกครั้งเมื่อผ่านไป 45 วันหลังจากนั้นทำการสังเกตน้ำหนักสด น้ำหนักแห้งของแทนเดงโดยการหา doubling time การเจริญเติบโตของข้าว (ความสูง จำนวนต้น/กอ จำนวนเมล็ด/รวง และน้ำหนักเมล็ดแห้ง) และบันทึกผลการทดลอง โดย

ในการเก็บเกี่ยวจะเริ่มนับลงทุกด้านเพื่อหลีกเดียง border effect สูตรที่ใช้ในการหา doubling time คือ

$$\text{Doubling time} = \ln 2 / \text{RGR},$$

$$\text{RGR (Relative growth rate)} = (\ln W_2 - \ln W_1) (t^{-1})$$

$W_1$  = น้ำหนักเริ่มต้น  $W_2$  = น้ำหนักสุดท้าย และ  $t$  = จำนวนวันที่ใช้ในการเลี้ยง (Mitchell, 1974)

## 2.5 การวิเคราะห์หาประสิทธิภาพการครึ่งในโตรเจนของแทนเดงในแต่ละสายพันธุ์

การวิเคราะห์หาประสิทธิภาพการครึ่งในโตรเจนในบันแรกระหว่างการทำการเลี้ยงแทนเดงในอาหารเหลว N-free เมื่อผ่านไป 21 วันนำแทนเดง 2-3 กรัม มาใส่ในขวดรูปทรงพู่ขอนขนาด 125 มล. ที่มีอาหารเหลว N-free ไปป่นกับอะซิทิลีน (acetylene) ที่อุณหภูมิ  $28 \pm 2^\circ\text{C}$  เป็นเวลา 2 ชม. เพื่อหาขั้ตราชาระเบิญเดิน โดยและนำไปวิเคราะห์หาประสิทธิภาพการครึ่งในโตรเจนโดยการใช้วิธี Acetylene Reduction Assay ซึ่งเป็นวิธีที่ใช้ตรวจสอบความสามารถในการครึ่งในโตรเจนโดยอ่อนไหวในโตรเจนส์ (nitrogenase) ในการเปลี่ยนอะซิทิลีน ไปเป็นเอทิลีน (ethylene) ซึ่งจะวิเคราะห์หาปริมาณอะซิทิลีนที่เหลือและปริมาณเอทิลีนที่เกิดขึ้นด้วยเครื่อง Gas Chromatography โดยทำการบ่มแทนเดงด้วยอะซิทิลีนเป็นเวลา 2 ชม. ก่อนนำมาวิเคราะห์ด้วยเทคนิค gas chromatography (AutoSystem XL, PerkinElmer, U.S.A.) โดยใช้ PE-Alumina column

## 2.6 การวิเคราะห์ในโตรเจนทั้งหมด

นำตัวอย่างแทนเดงไปอบที่  $70^\circ\text{C}$  เป็นเวลา 24 ชม. บดตัวอย่างให้ละเอียด ชั่งตัวอย่างประมาณ 1 กรัม บันทึกน้ำหนักที่แน่นอน (ทวนนิยม 4 ตำแหน่ง) ลงในหลอด Kjeldahl และใช้หลอดเปล่า 1 หลอดเป็น sample blank เติม mixed catalyst (ผสม  $\text{K}_2\text{SO}_4$ ;  $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$  อัตราส่วน 100:10) ลงไปประมาณ 5 กรัม เติมกรด  $\text{H}_2\text{SO}_4$  เข้มข้นลงไป 20 มล. เขย่าให้ส่วนผสมทั้งหมดคลุกเคล้ากันนำไปย่อยใน digestion block ในตู้ความร้อนที่อุณหภูมิ  $400^\circ\text{C}$  ประมาณ 2 ชม. จนกระทั่งสีของสารละลายที่ย่อยใส่หรือสีขาวซุ่น ทึบไว้ให้เข้ม เติมสารละลายกรดอริก 50 มล. ลงในขวดรูปทรงพู่ขอนขนาด 125 มล. นำตัวอย่างที่ย่อยได้ไปกลั่นด้วยเครื่องกลั่น ก่อนเริ่นกลั่นเดินน้ำกลั่นลงไป 50 มล. เติมสารละลาย 35%  $\text{NaOH}$  ลงไป 25 มล. ใช้กรดอริกจากข้อ 5 จับแก๊สแอมโมเนียที่เกิดขึ้น สีของอินดิเคเตอร์เปลี่ยนจากสีชมพูเป็นสีเขียว ได้สารละลายที่กลั่นแล้ว นำกรดอริกที่ได้ไปไถเตรทด้วยสารละลาย 0.1 M HCl จนสีของอินดิเคเตอร์เปลี่ยนจากสีเขียวไปเป็นสีชมพูเทียบกับ blank

ความเข้มข้นของ ไนโตรเจนทั้งหมด คำนวณได้จาก

$$\% \text{ ในไนโตรเจน (Total N)} = \frac{N \times (V-B) \times 14}{W} \times 100$$

- เมื่อ      N      =      ความเข้มข้นของกรด HCl (M)  
V      =      ปริมาตรของกรด HCl ที่ใช้ไตเตอร์ทกับตัวอย่าง (มล.)  
B      =      ปริมาตรของกรด HCl ที่ใช้ไตเตอร์ทกับ blank (มล.)  
W      =      น้ำหนักของตัวอย่าง (ทศนิยม 4 ตำแหน่ง)

## 2.7 การวิเคราะห์คิน

เก็บตัวอย่างคินจากแปลงทดสอบทั้งก่อนและหลังทำการทดสอบ    นำคินที่ได้ไปผึ่งลมให้แห้ง    นำไปร่อนผ่านตะแกรง ขนาด 0.2 มม.    นำตัวอย่างคินส่งวิเคราะห์หาปริมาณไนโตรเจน ฟอสฟอรัส    โพแทสเซียม    และอินทรีย์ตอๆ    ที่ภาควิชาทรัพยากรที่ดินและสิ่งแวดล้อม    คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

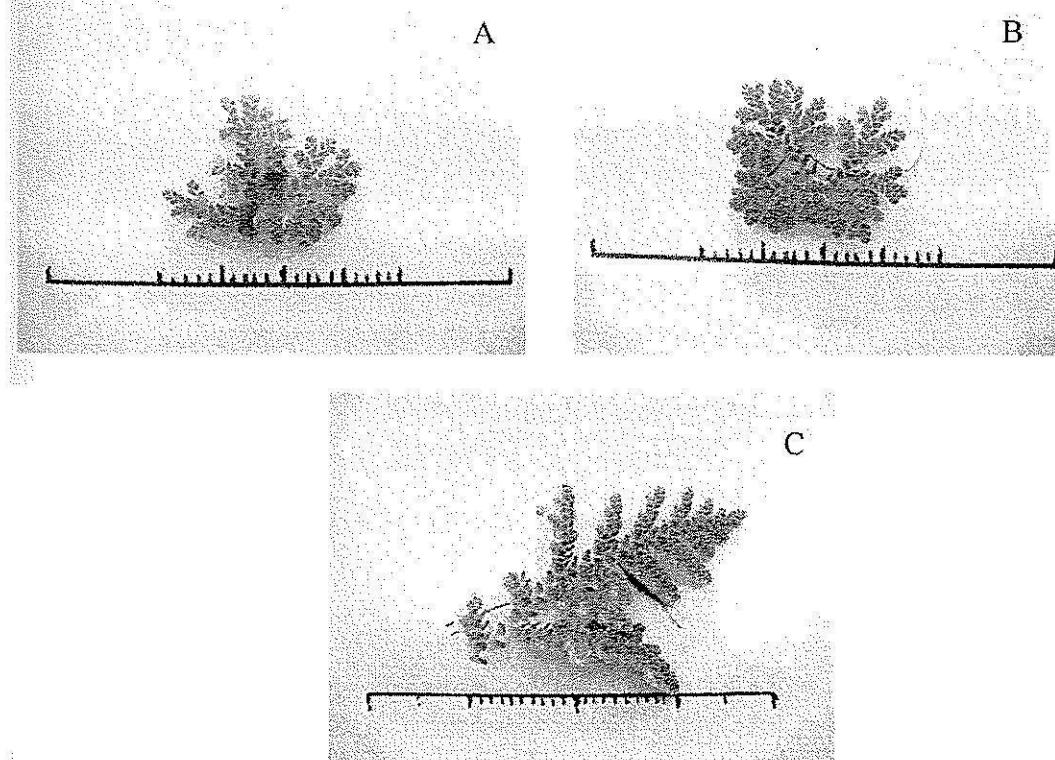
## บทที่ 3

### ผลการทดลอง

#### 3.1 การศึกษาลักษณะทางสิริวิทยาของเหنمแดง

##### 3.1.1 ลักษณะทางโครงสร้างของเหنمแดง

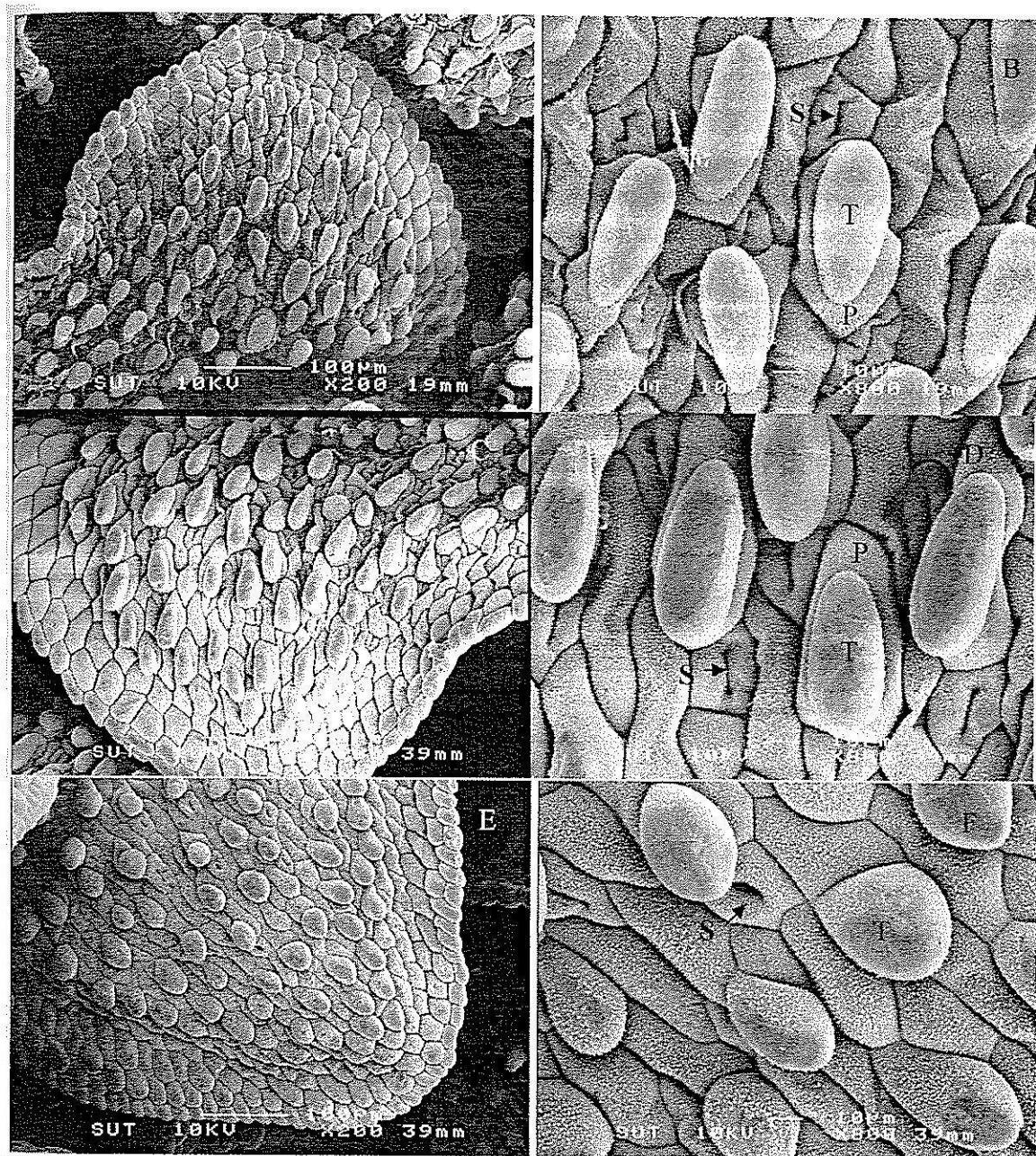
เหنمแดงทุกสายพันธุ์คัดเลือกมาจากแหล่งน้ำภายในฟาร์มและสวนเกษตรอินทรีย์ มหาวิทยาลัยสุรนารีที่ทำการรวบรวมมาจากแหล่งน้ำในประเทศไทยและต่างประเทศซึ่งปะปนกันอยู่ ในการจำแนกสายพันธุ์ด้วยวิธีนี้ จะทำการเลือกเหنمแดงในสารละลายอาหาร N-free ภายใต้สภาพโรงเรือนในการศึกษาขั้นแรกจะทำเมื่อเหنمแดงมีอายุได้ 14 วัน โดยจะนำมาศึกษาลักษณะโครงสร้างทาง vegetative ภายใต้กล้อง stereo ดังรูปที่ 3.1 โดยสายพันธุ์ AZO1 และ AZO2 ต้นเหنمแดงจะมีเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1.5 ซม ส่วน AZO3 มีความกว้างประมาณ 2.5 ซม ซึ่งการสังเกตลักษณะโครงสร้างเบื้องต้นนี้จำแนกได้ว่าเหنمแดงทั้ง 3 สายพันธุ์จัดอยู่ใน section *Azolla* (ประกอบไปด้วยสายพันธุ์ *A. caroliniana* *A. filiculoides* *A. mexicana* *A. microphylla* และ *A. ruba*) ตาม tentative identification key (Lumpkin and Plucknett, 1982) ซึ่งเหنمแดงใน section นี้ใบที่กำลังเจริญจะมีเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1-3 ซม เจริญเติบโตในแนวอนุ



รูปที่ 3.1 ลักษณะทางสิริวิทยาของโครงสร้าง vegetative ภายใต้กล้อง stereo ที่กำลังขยาย 0.67 เท่า  
A) AZO1, B) AZO2 and C) AZO3

ในปีค.ศ. 1976 Martin ได้แนะนำว่าลักษณะบางอย่างเช่น ชนิดของขนใบ (trichome หรือ epidermal leaf hair) เป็นลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกสายพันธุ์เห็นได้ จึงมีความจำเป็นที่จะต้องศึกษาลักษณะนี้เป็นส่วนหนึ่งของโครงสร้าง vegetative โดยสังเกตความแตกต่างของขนใบในแต่ละสายพันธุ์ด้วยกล้องอิเล็กทรอนแบบส่องผ่าน ดังผลที่แสดงในรูปที่ 3.2 โดยลักษณะนี้เป็นของสายพันธุ์ AZO3 จะมีรูปร่างค่อนข้างกลม เส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 30-40 ไมโครเมตร ในขณะที่สายพันธุ์ AZO1 และ AZO2 มีรูปร่างเป็นวงรี กว้างประมาณ 20 ไมโครเมตร ยาว 50 ไมโครเมตร โดยในทุกสายพันธุ์พบว่าขนใบและปากใบ (stomata) มีลักษณะเรียงตัวกันเป็นแนวๆ ในแนวตั้ง บนใบใน 1 เชลล์หรือมากกว่า

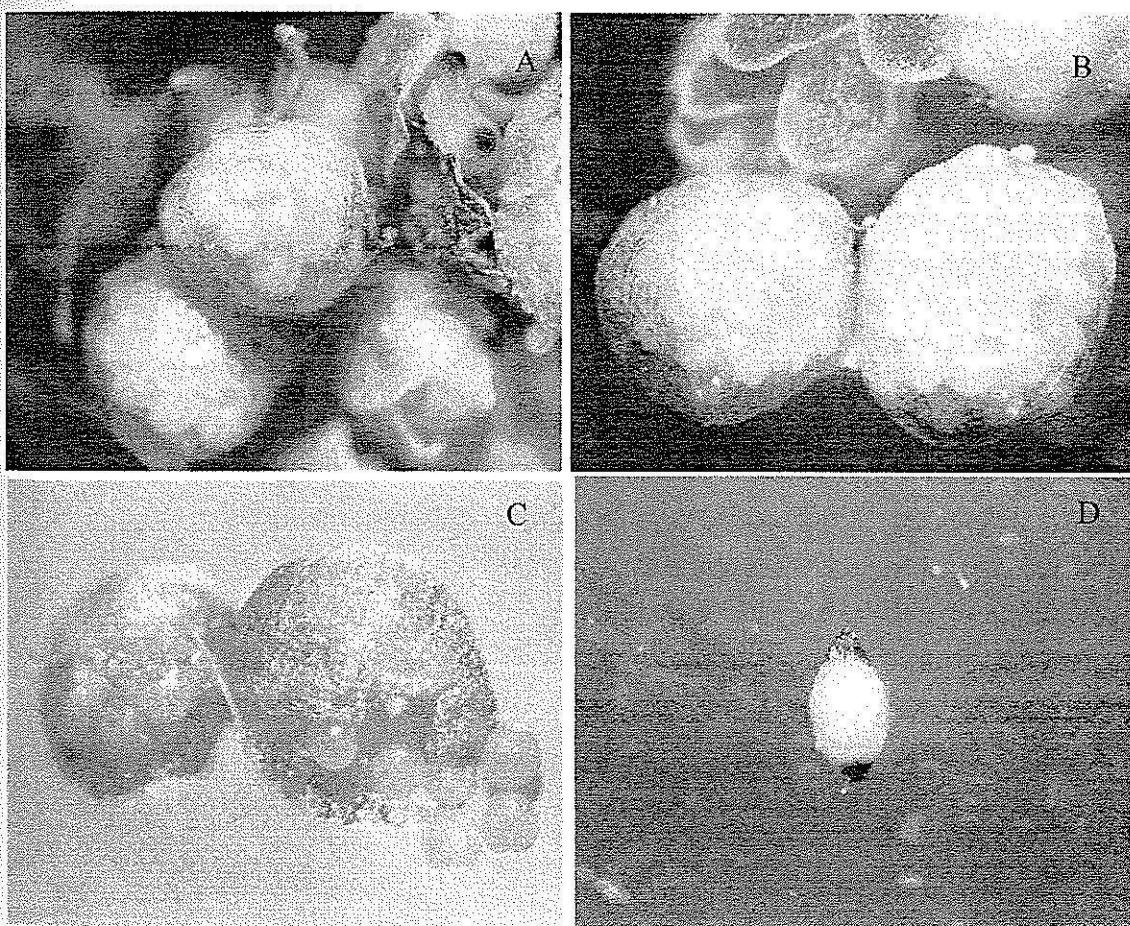
ตามการจำแนกของ Lumpkin และ Plucknett (1980) เชลล์บนใบเป็นส่วนหนึ่งที่ใช้สำหรับจำแนกสายพันธุ์ของเห็นได้ โครงสร้างของเชลล์บนใบประกอบด้วย 2 เชลล์ คือ ก้านเชลล์ (pedicel cell) และส่วนปลายหรือยอดของขนใบ (apical trichome cell) จากรูป 3.2 A และ B พบร้า AZO1 มียอดเชลล์ 1 เชลล์ และก้านเชลล์ 1 เชลล์ สายพันธุ์ AZO2 (รูป 3.2 C และ D) แสดงให้เห็นฐานหรือก้านเชลล์ที่กว้างกว่ายอดของขนใบซึ่งห่อมาหากว่าและพบว่าเชลล์บนใบตั้งจากกับก้านเชลล์ ส่วนสายพันธุ์ AZO3 (รูป 3.2 E และ F) พบน้ำเชลล์บนใบเดียวซึ่งแยกออกจากบ่าหัวชุดเจนจากผิวใบอย่างไรก็ตามจากการทดลองนี้สามารถจำแนกได้ว่าสายพันธุ์เห็นได้ที่คัดเลือกมาได้จัดจำแนกอยู่ใน section Azolla (*A. caroliniana*, *A. filiculoides*, *A. mexicana*, *A. microphylla* และ *A. rubra*) แต่เมื่อจากลักษณะโครงสร้างของ vegetative บางส่วนในแต่ละสายพันธุ์ยังมีความคล้ายคลึงกัน การทดลองต่อไปจึงได้ศึกษาลักษณะโครงสร้างของเชลล์สืบพันธุ์แบบอาศัยเพศของเห็นได้ (sporocarp)



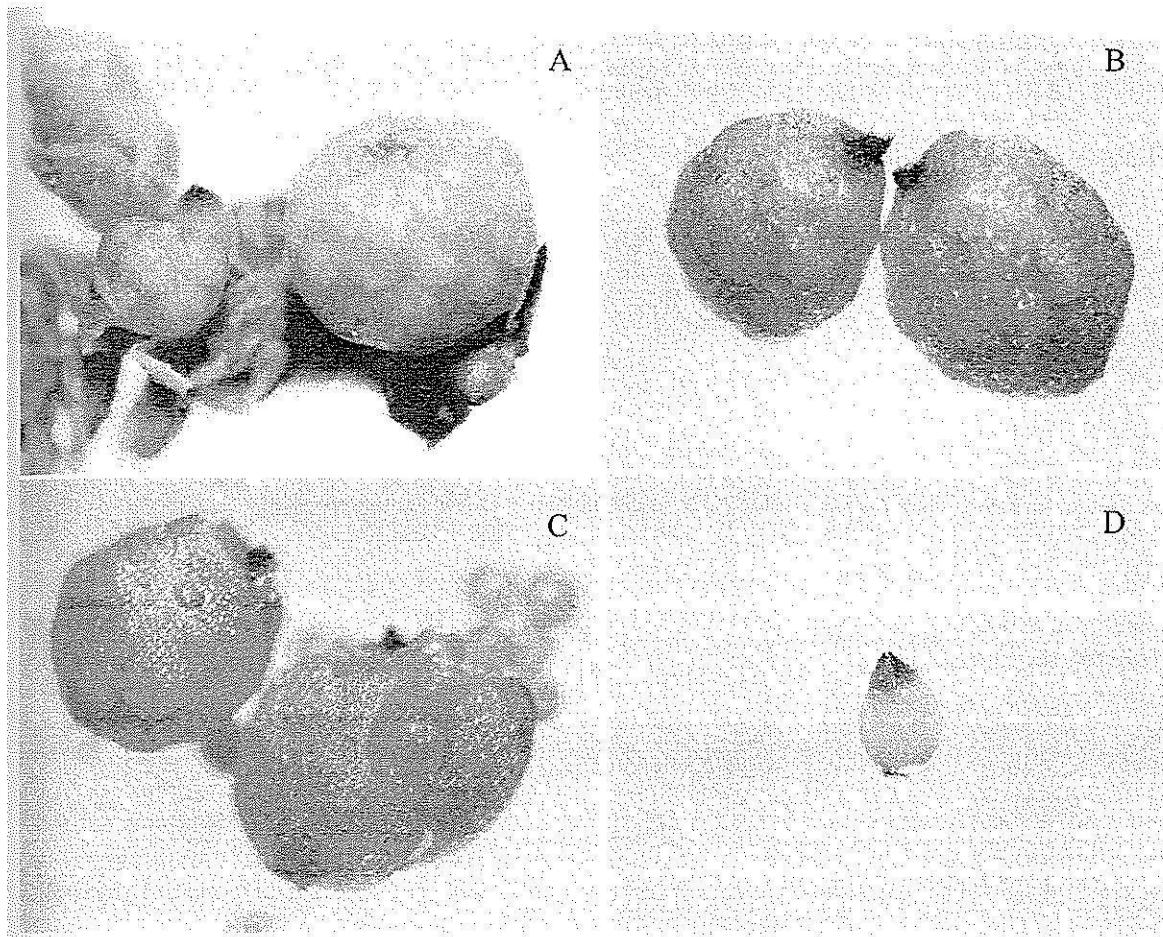
รูปที่ 3.2 รูปจักษุกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนของขนใบ (epidermal trichomes); (A-B) รูปผิวใบและขนใบของ AZO1; (C-D) รูปผิวใบและขนใบของ AZO2; (E-F) รูปผิวใบและขนใบของ AZO3 T คือ ปลายหรือยอดของขนใบ (apical trichome cell) P คือ ถั่นเซลล์ (pedicel cell) และ S คือ ปากใบ (stomata) รูป A, C และ E กำลังขยาย =  $\times 200$  รูป B, D และ F กำลังขยาย =  $\times 800$

### 3.1.2 อัคณะทางโครงสร้างของเซลล์สืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ

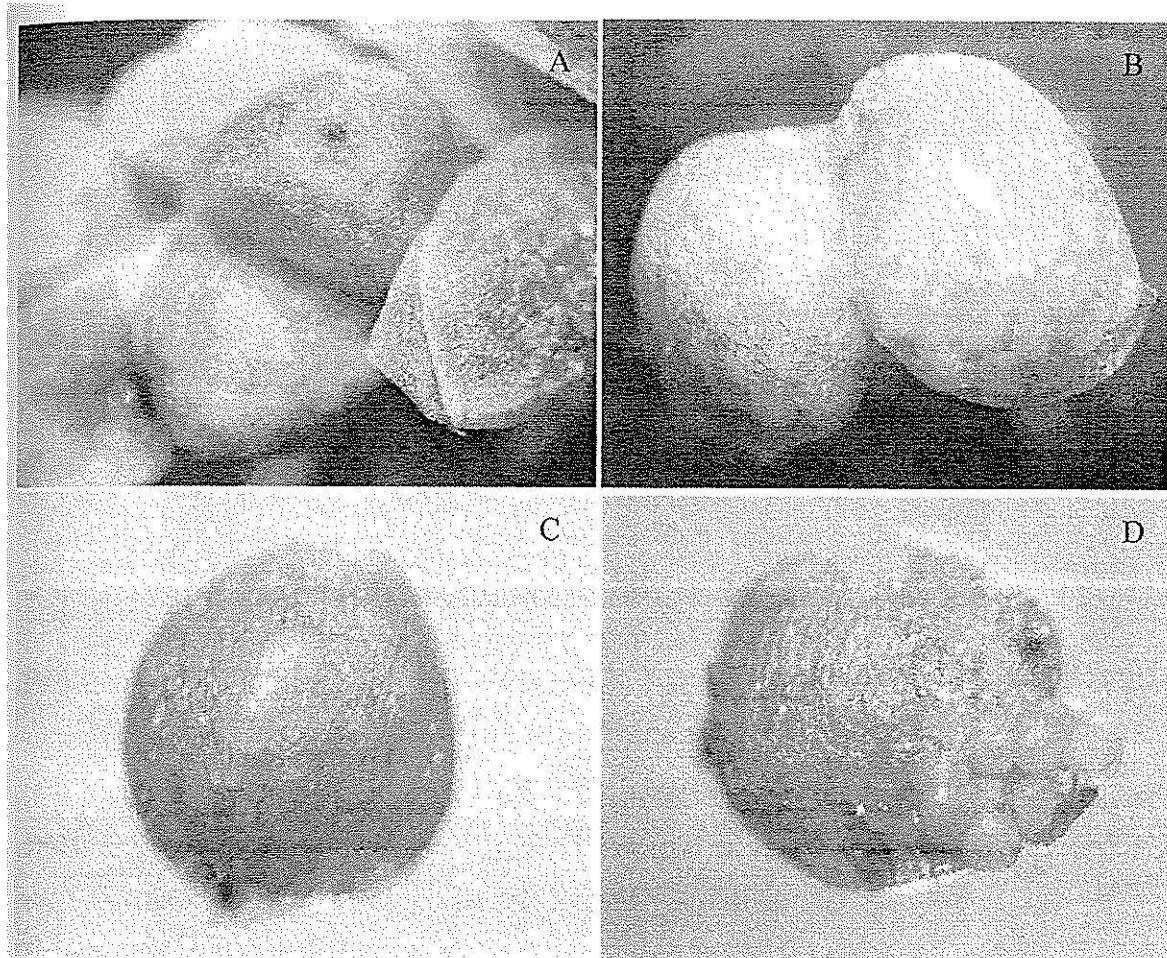
ทำการศึกษาลักษณะทางโครงสร้างของเซลล์สืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ (sporocarp) โดยใช้กล้อง stereo และกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องผ่าน (SEM) sporocarp ของเหنمแดงแต่ละสายพันธุ์จะพบอยู่เป็นคู่ตระผ่องห้องในชีดอยู่ริเวณก้านใบ การจับคู่สปอร์น์อาจขึ้นคู่ระหว่างสปอร์เพศเมีย (megasporocarp) ซึ่งภายในสปอร์จะมีสปอร์เล็กๆอยู่หนึ่งตัว (megasporangium) และสปอร์เพศผู้ (microsporocarp) ซึ่งภายในประกอบไปด้วยสปอร์เล็กๆมาก many (microsporangia) (รูปที่ 3.3C, 3.4C และ 3.5D) หรืออาจจับคู่สปอร์ระหว่างเพศเดียวกันก็ได้ สปอร์เพศผู้ (รูปที่ 3.3B, 3.4B และ 3.5B) มีขนาดใหญ่กว่าสปอร์เพศเมีย (รูปที่ 3.3D และ 3.4D) ในการศึกษานี้ จะพนสปอร์เพศผู้มากกว่าสปอร์เพศเมีย และจะพนการจับคู่สปอร์เพศเดียวกันมากกว่าการจับคู่ระหว่างสปอร์ (รูปที่ 3.3-3.6)



รูปที่ 3.3 ลักษณะของสปอร์ภายใต้กล้อง stereo ของเหنمแดงสายพันธุ์ AZO1 ที่กำลังขยาย 4.5 เท่า (A) สปอร์เพศผู้และสปอร์เพศเมียที่จับคู่อยู่กับต้นเหنمแดง (B) สปอร์เพศผู้ที่แยกออกจากต้น (C) สปอร์ขนาดเล็กที่อยู่ภายในสปอร์เพศผู้ (D) สปอร์เพศเมีย

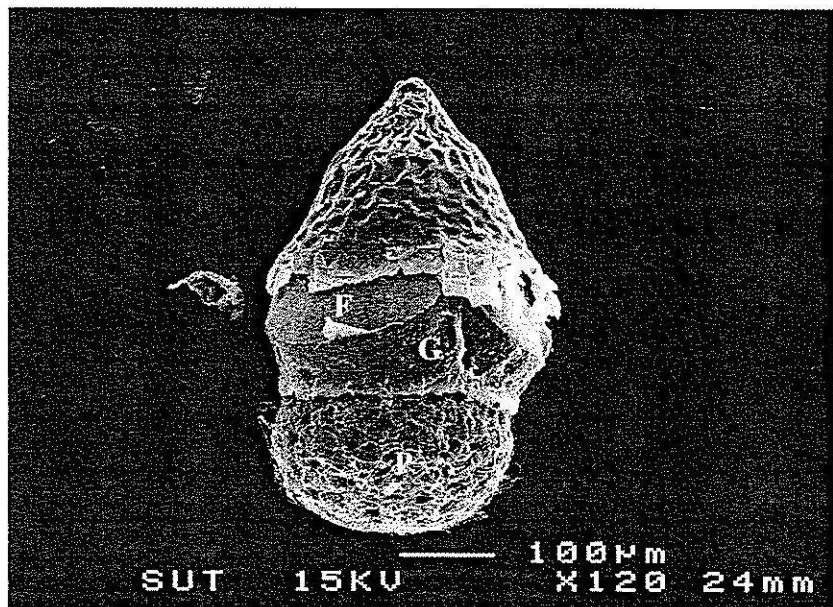


รูปที่ 3.4 ลักษณะของสปอร์กายได้ก้อน stereo ของเนนแองสายพันธุ์ AZO2 ที่กำลังขยาย 4.5 เท่า (A) สปอร์เพคผู้และสปอร์เพคเมียที่จับคู่อยู่กับต้นเนนแอง (B) สปอร์เพคผู้ที่แยกออกจากต้น (C) สปอร์ขนาดเล็กที่อยู่ภายในสปอร์เพคผู้ (D) สปอร์เพคเมีย

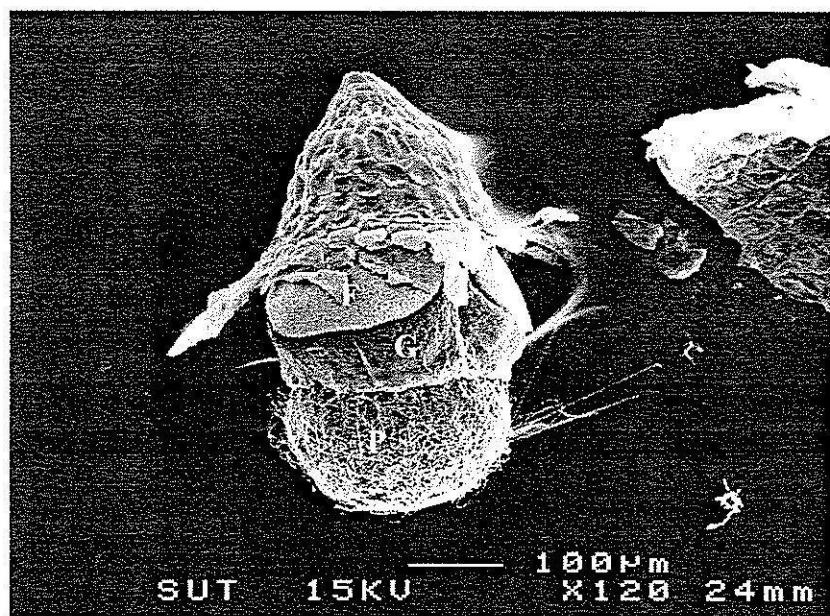


รูปที่ 3.5 ลักษณะของสปอร์ภายในได้กัลลิ่ง stereo ของแทนเดสไยพันธุ์ AZO3 ที่กำลังขยาย 4.5 เท่า (A) สปอร์เพคผู้ที่จับคู่อยู่กับด้านหนาแนง (B-C) สปอร์เพคผู้ที่แยกออกจากด้าน (D) สปอร์ขนาดเล็กที่อยู่ภายในสปอร์เพคผู้

สปอร์เพคเมีย (megasporocarp) เจริญมาจาก megasporangium เมื่อสปอร์เพคเมียเจริญสมบูรณ์เต็มที่ เชลล์ periplasmodium จะแบ่งเป็น 4 ส่วน หนึ่งในสี่ส่วนนั้นเป็นเชลล์ทั่วไปที่ห่อหุ้มสปอร์ไว้เรียกว่า perisporic ซึ่งส่วนนี้จะเจริญขยายตัวมากขึ้นห่อหุ้มสปอร์ไว้เป็นส่วนที่เรียกว่า perine รวมถึงส่วนที่เรียกว่า grindle (รูปที่ 3.6 และ 3.7) นอกจากนี้ทุ่นลอย (float) ยังเป็นส่วนหนึ่งของสปอร์ที่ใช้ในการจำแนกสายพันธุ์ของแทนเดสไยด้วยการนับจำนวนของทุ่นลอยที่พบ โดยทั้งสายพันธุ์ AZO1 และ AZO2 พนว่ามีทุ่นลอย 3 อัน (ส่วนในสปอร์เพคเมียของสายพันธุ์ AZO3 ไม่พนทุ่นลอย)

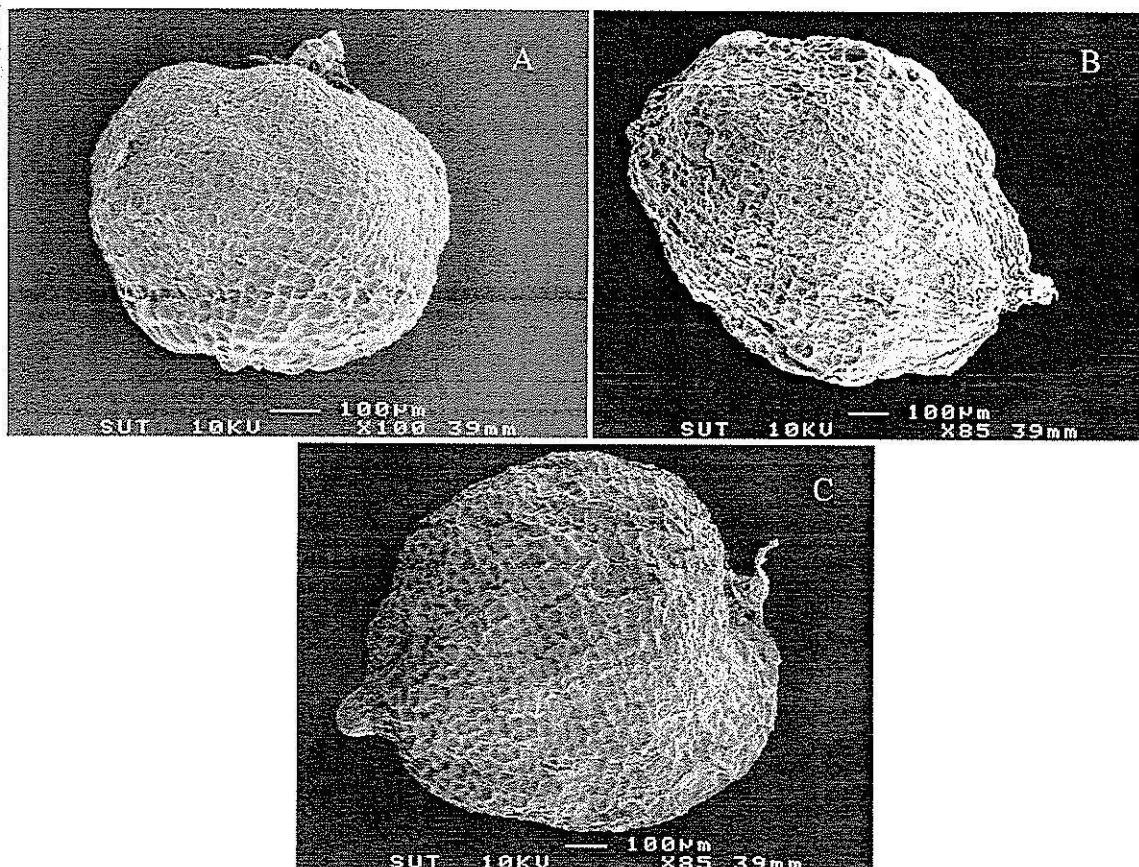


รูปที่ 3.6 สถาพร์เพคเมียของแทนเดงสายพันธุ์ AZO1 ที่แสดง perisporal หรือ purine (P) ที่ห่อหุ้มสถาพร์เพคเมีย โดยลักษณะทั่วไปของสถาพร์เพคเมียที่พบคือ grindle (G) และ float (F) กำลังขยาย = 120 เท่า scale bar = 100 ไมโครเมตร



รูปที่ 3.7 สถาพร์เพคเมียของแทนเดงสายพันธุ์ AZO2 ที่แสดง perisporal หรือ purine (P) ที่ห่อหุ้มสถาพร์เพคเมีย โดยลักษณะทั่วไปของสถาพร์เพคเมียที่พบคือ grindle (G) และ float (F) กำลังขยาย = 120 เท่า scale bar = 100 ไมโครเมตร

สปอร์เพคผู้จะซักนำให้เกิดการเจริญของต้นอ่อน (gametophyte) สปอร์เพคผู้ที่พ่นใน การศึกษานี้มีลักษณะกลมค่อนข้างแบน ในสายพันธุ์ AZO1 และ AZO3 สปอร์เพคผู้มีขนาด เส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1 มิลลิเมตร ส่วนสปอร์เพคผู้ของสายพันธุ์ AZO2 มีลักษณะรูปไข่ ยาว ประมาณ 1.1 มม. เส้นผ่าศูนย์กลางวัดจากจุดที่กว้างที่สุดไปหาปลายที่เรียวที่สุดได้ประมาณ 0.9 มม. (รูปที่ 3.8)



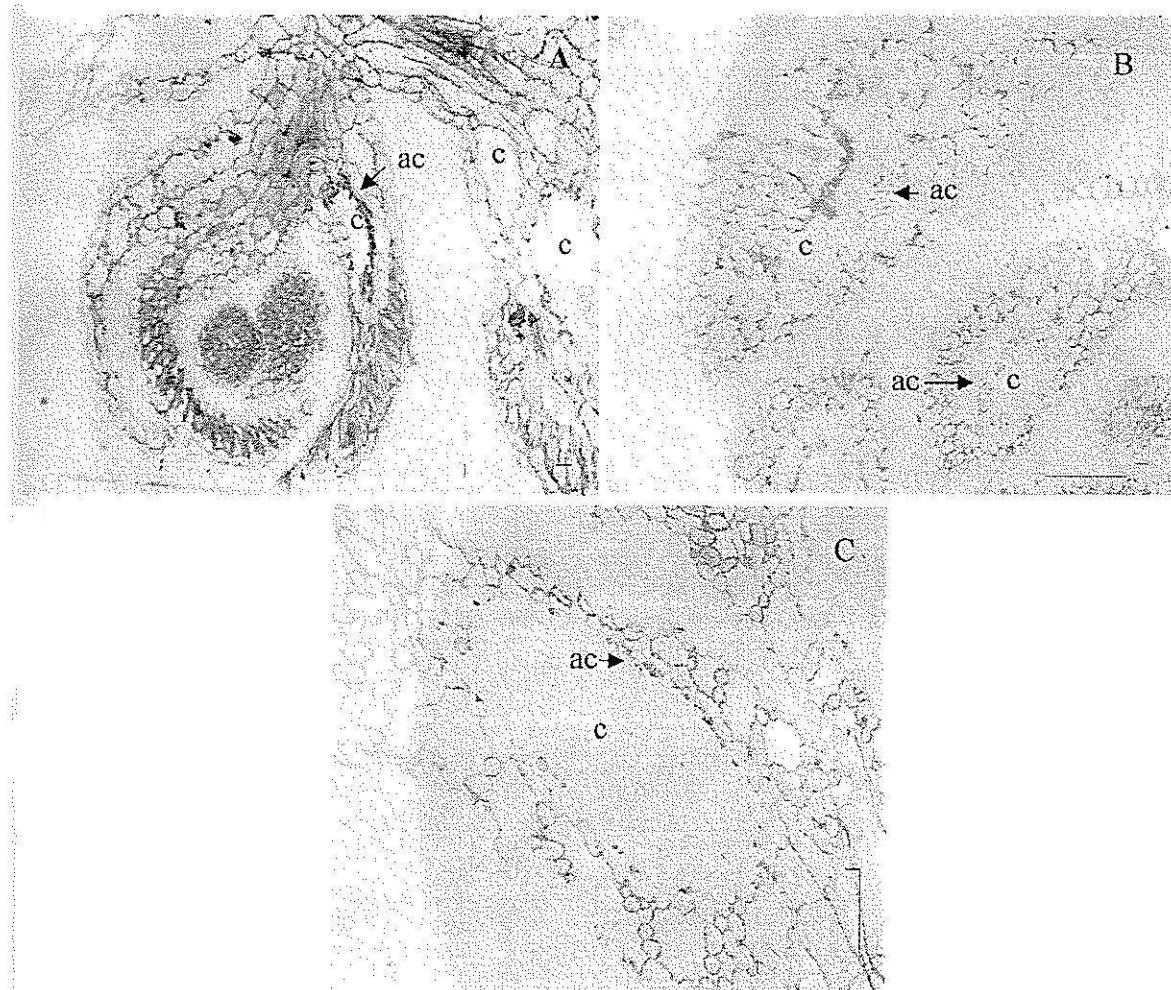
รูปที่ 3.8 รูปด้านข้างของสปอร์เพคผู้ที่เจริญเต็มที่ (A) สายพันธุ์ AZO1 (กำลังขยาย 100 เท่า) (B) สายพันธุ์ AZO2 (กำลังขยาย 85 เท่า) และ (C) สายพันธุ์ AZO3 (กำลังขยาย 100เท่า) scale bar = 100 ไมโครเมตร

จากผลการศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยาของเหنمแดง (โครงสร้างทาง vegetative และโครงสร้างการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ) สามารถสรุปได้ว่าเหنمแดงทั้ง 3 สายพันธุ์อยู่ใน section *Azolla* สายพันธุ์ AZO1 ในต้นที่เจริญเต็มที่ในมีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลาง 1.5 ซม พนก้านและปลายยอด ขนในอย่างละ 1 เชลล์ พบทุ่นโดย 3 อัน ซึ่งจากการศึกษานี้สรุปได้ว่าเหنمแดงสายพันธุ์ AZO1 คือ สายพันธุ์ *A. microphylla* ในสายพันธุ์ AZO2 ในต้นที่เจริญเต็มที่ในมีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลาง 1.5 ซม ฐานหรือก้านเชลล์กว้างกว่ายอดขนในครั้งหนึ่งหรือมากกว่าและพบว่าเชลล์นั้นใบตั้งหากก้าน

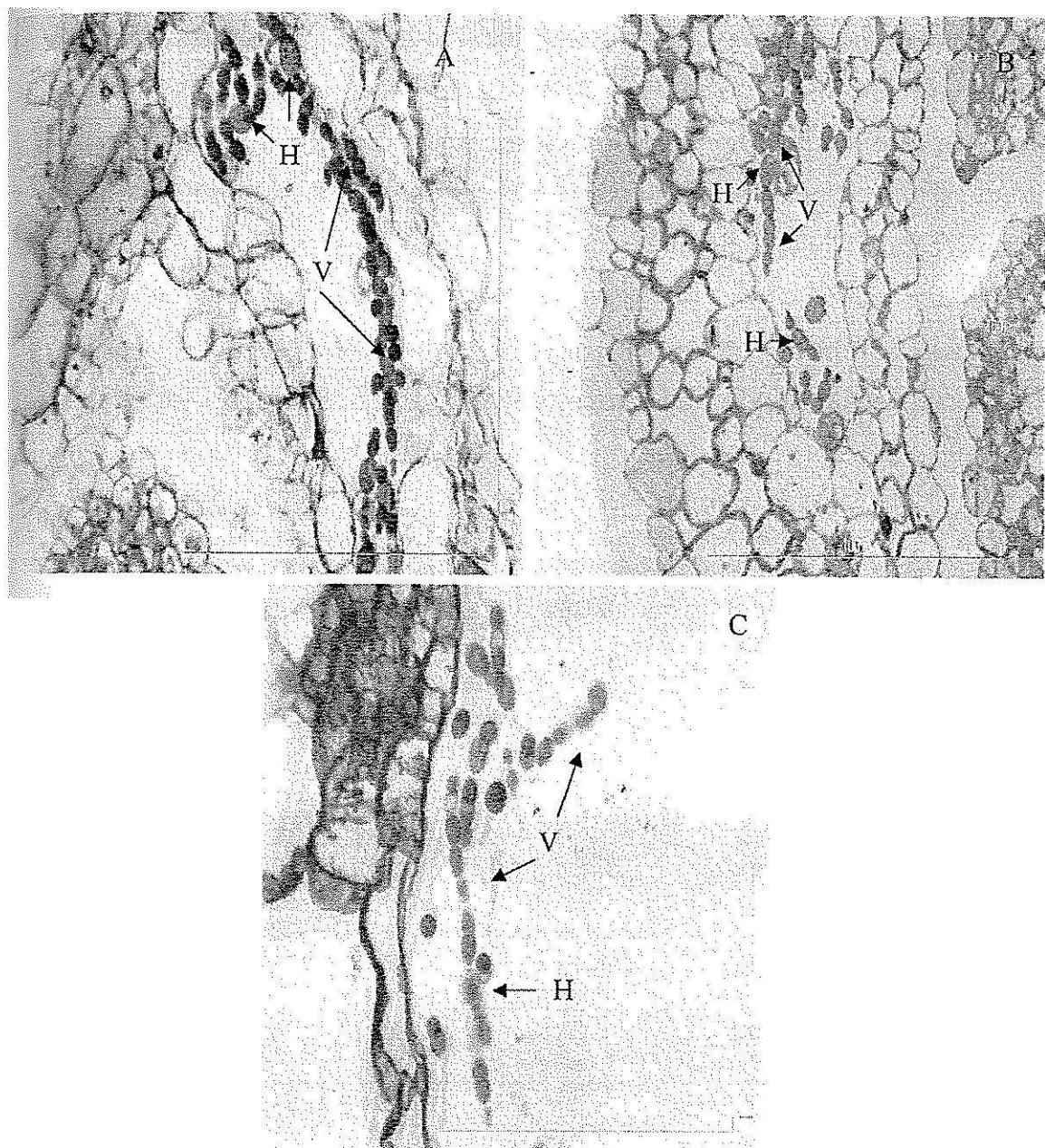
เซลล์ มีทุ่นคลอย 3 อัน ลักษณะที่ใช้ในการจำแนกด้วยขนาดของก้านเซลล์ที่กว้างนี้ เป็นเพียงบางส่วน ที่ใช้ในการจำแนกเท่านั้นเนื่องจากมีหลายสายพันธุ์ที่มีลักษณะโครงสร้างดังกล่าวมานี้ ซึ่งจะเรียก รวมกันว่าสายพันธุ์ *A. cristata* (Dunham and Fowler, 1987) (เรียกรวมทั้ง *A. mexicana* *A. caroliniana* และ *A. microphylla*) ส่วนสายพันธุ์ AZO3 ในต้นที่เจริญตื้นที่ในมีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลาง 2.5 ชน พับเซลล์ขึ้นไปเซลล์เดียวแยกออกจากชุด根จากผิวใบจำแนกได้ว่าคือ สายพันธุ์ *A. filiculoides* ซึ่งสายพันธุ์นี้มีลักษณะโครงสร้างของ vegetative ที่แตกต่างกับสายพันธุ์อื่นๆอย่างชัดเจน

### 3.1.3 ลักษณะการอยู่ร่วมกันของเหنمแดงและสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน (*Azolla-Anabaena endosymbiont*)

ในการศึกษา *Anabaena azollae* สาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงินที่อยู่ในโพรงใบของเหنمแดง ทำโดยการนำใบเหنمแดงมาตัดตามยาวและนำมาศึกษาด้วยกล้องจุลทรรศน์ ในระบบห้องสมุดร้อนเต็มที่ โพรงใบจะมีรูปทรงกลมรีคล้ายไข่ กายในโพรงใบบริเวณช่องแคบที่อยู่ร่องเส้นรอบวงจะพบ *A. azollae* ขึ้ดอยู่กับกายในโพรงใบตั้งรูปที่ 3.9 จากการศึกษาพบลักษณะเซลล์สองแบบคือเซลล์ vegetative และเซลล์ heterocyst ในทั้งสายพันธุ์ AZO1 AZO2 และ AZO3 (รูปที่ 4.10) สายของสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงินนี้ส่วนมากจะเป็นเซลล์ vegetative โดยลักษณะของเซลล์นี้จะเป็นเซลล์เดียวมีขนาดและรูปร่างใกล้เคียงกัน โดยลักษณะนี้ก็จะแตกต่างกันไปในแต่ละสายพันธุ์ ส่วนเซลล์ heterocyst จะมีลักษณะและรูปร่างแตกต่างจากเซลล์ vegetative เพราะเซลล์มีขนาดใหญ่ ผนังเซลล์หนา รูปร่างค่อนข้างกลม



รูปที่ 3.9 ภาพผ่าตามยาวของส่วนท้องใบแทนແองแต่ละสายพันธุ์ที่เจริญเติบโตภายในตัว Azolla (A) AZO1 (B) AZO2 (C) สาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน *Anabaena azollae* ยึดติดอยู่ภายในโพรงใบ c = โพรงใบ (cavity) ac = เซลล์สาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน (*Anabaena cell*)  
กำลังขยาย = 400 เท่า



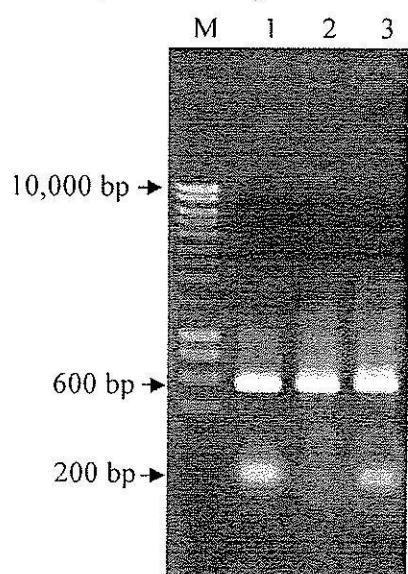
รูปที่ 3.10 ภาพภายใต้กล้องจุลทรรศน์ของสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงินที่อยู่ร่วมกับแบนเดงสาบพันธุ์ AZO1 AZO2 และ AZO3 ในรูป A B และ C ตามลำดับ V = เซลล์ทั่วไป (vegetative cell) H = เซลล์ที่ทำหน้าที่ตรึงไนโตรเจน (heterocyst cell) ศึกษาที่กำลังขยาย 1000 เท่า

ในปี 1987 Dunham และ Fowler เสนอการจำแนกสายพันธุ์เห็นด้วยสังเกตจากลักษณะของ vegetative และ reproductive ด้วยกล้องจุลทรรศน์ การคัดตามขวางศึกษาด้วยกล้องจุลทรรศน์ อิเล็กตรอนแบบต่อเนื่องผ่าน พบร่องบางส่วนของขนใบ ลักษณะบางอย่างของโครงสร้าง vegetative สามารถนำมาใช้ในการจำแนกเห็นด้วยเพียงเดือนน้อยเท่านั้นดังเช่นการทดลองนี้ โดยวิธีจำแนกที่ได้ผลแม่นยำที่สุดคือการจำแนกโดยใช้ลักษณะของสปอร์เพลเมีย (megasporangium) ในการจำแนกสายพันธุ์ *A. filiculoides* *A. mexicana* *A. microphylla* ใน section *Azolla* ซึ่งทั้งสามสายพันธุ์นี้มีลักษณะโครงสร้างของ vegetative คล้ายคลึงกัน แต่ใน section *Rhizosperma* ลักษณะทาง vegetative จะแตกต่างจากสายพันธุ์อื่นๆอย่างชัดเจนซึ่งง่ายในการจำแนกสายพันธุ์ แต่สปอร์เพลเมียมีขนาดเล็กมาก ยากต่อการสังเกตจำนวนท่อนดอย (float) ให้ด้วยตาเปล่า ซึ่งการแกะปั๊มหายากกับการจำแนกด้วยวิธีทำให้มีการศึกษาการจำแนกโดยการวิเคราะห์ดีเอ็นเอซึ่งทำการศึกษาในการทดลองต่อไป

### 3.2 การจำแนกสายพันธุ์เห็นด้วยการวิเคราะห์ดีเอ็นเอ

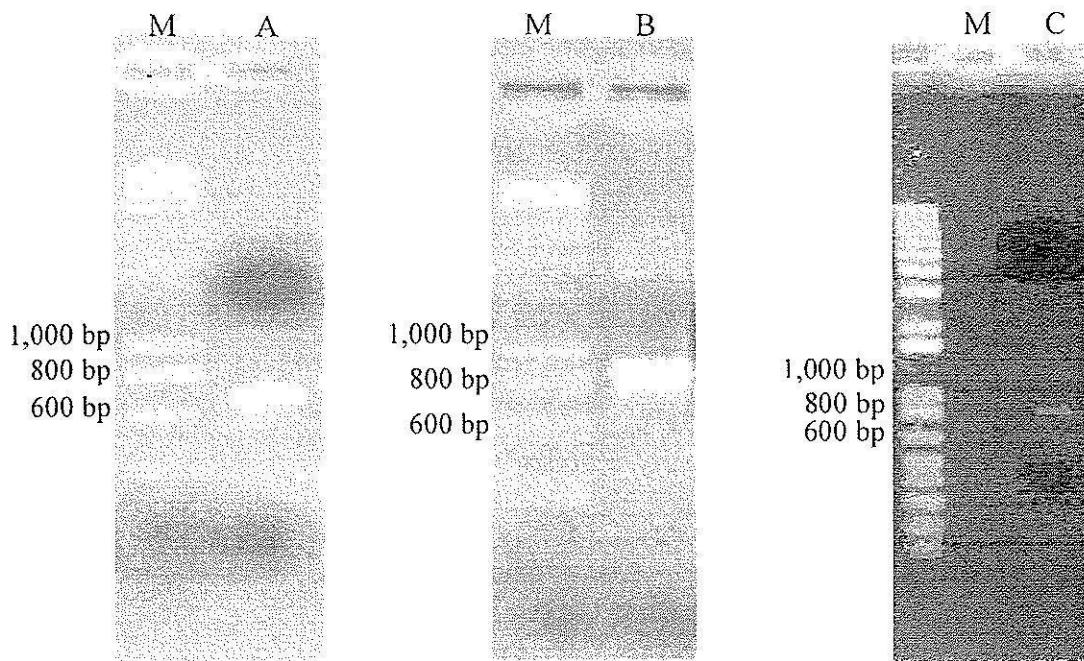
#### 3.2.1 วิเคราะห์พันธุกรรม

ทำการสกัดดีเอ็นเอจากกราฟองเห็นด้วย Dellaporta และคณะ (1983) โดยดีเอ็นเอที่สกัดได้จะนำมาใช้เป็นแม่แบบในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้เทคนิคพีซีอาร์ โดยทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ลำดับเบสช่วง NS1-NS2 region ซึ่งเป็น conserve region และใช้ลำดับเบสช่วง ITS1-ITS4 region ซึ่งเป็น variable region เป็นไพรเมอร์ (primer) ผลของการใช้ไพรเมอร์ NS1-NS2 (เป็นส่วนหนึ่งใน 18S rDNA) พบร่วม PCR product ที่ได้มีขนาดประมาณ 600 bp (รูปที่ 3.11)



รูปที่ 3.11 แบบดีเอ็นเอบนอะกาโรเจลที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ของเห็นด้วยแต่ละสายพันธุ์โดยใช้ไพรเมอร์ NS เลน M = ดีเอ็นเอเครื่องหมาย (HyperLadder marker) เลน 1 = แบบดีเอ็นเอสายพันธุ์ AZO3 เลน 2 = แบบดีเอ็นเอสายพันธุ์ AZO1 และ เลน 3 = แบบดีเอ็นเอสายพันธุ์ AZO2

สำหรับสายพันธุ์เห็นเดงที่จำแนกโดยใช้ ITS region โดย Genomic DNA ที่สกัดได้จากการก าเห็นเดงเมื่อนำมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์ ITS1-ITS4 ซึ่งเป็น universal primer (White และคณะ 1990) ซึ่งเป็นไพรเมอร์ที่ได้มาจากการบางชนิดซึ่งสามารถนำไปใช้ประโยชน์ได้กับยุงคาวิโอลตันนิดอ่อนๆ PCR product ที่ได้มีขนาดลำดับเบสประมาณ 700, 900 และ 800 bp สำหรับสายพันธุ์ AZO1, AZO3 และ AZO2 (รูปที่ 3.12)



รูปที่ 3.12 แบบตีเร็นออบนอะกาโลสเจลที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ของเห็นเดงแต่ละสายพันธุ์ A= สายพันธุ์ AZO1 B=สายพันธุ์ AZO3 C=สายพันธุ์ AZO2

### 3.2.2 วิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอ

นำลำดับเบสบางส่วนที่ได้จากการใช้ 18S rDNA region ของเห็นเดงแต่ละสายพันธุ์มาวิเคราะห์หาลำดับเบสของดีเอ็นเอแล้วนำไปเปรียบเทียบกับข้อมูลลำดับเบสของเห็นเดงแต่ละสายพันธุ์ใน Genbank เมื่อใช้วิเคราะห์ความใกล้เคียงกันของลำดับเบสโดยใช้ BLAST พบร่วงลำดับเบสของ AZO1 AZO2 และ AZO3 มีความใกล้เคียงกับเห็นเดงสายพันธุ์ *Azolla* sp. Qui 02051 (Accession no. DQ629421) สายพันธุ์ *A. filiculoides* (Accession no. AY612717) และสายพันธุ์ *A. filiculoides* (Accession no. AY612717) ตามลำดับ (รูปที่ 3.13-3.15)

**DQ629421:** *Azolla* sp. Qiu 02051 18S ribosomal RNA gene, partial sequence  
Length=1582  
Score = 893 bits (990), Expect = 0.0  
Identities = 507/511 (99.2%), Gaps = 3/511 (0%)  
Strand=Plus/Plus

AZ01	16	AACACTTTGTCCTGTGAACTGCGAATGGCTCATTAATCAGTTAGTTCTTGATG 	73
Sbjct	1	AACTCTTGTACTGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAATCAGTTAGTTCTTGATG 	60
AZ01	74	GTACCTTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAACGTGCACCAACTCCGA 	133
Sbjct	51	GTACCTTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAACGTGCACCAACTCCGA 	120
AZ01	134	CTTCTGGAAGGGACGCATTATTAGATAAAAAGGCCATGGGCTTGCCCCGTATTGGG 	193
Sbjct	121	CTTCTGGAAGGGACGCATTATTAGATAAAAAGGCCATGGGCTTGCCCCGTATTGGG 	180
AZ01	194	TGAATCATGATAACTTCCCGAATCGCACGGCCTTGCACGGCGATGCTTCATTCAAATT 	253
Sbjct	181	TGAATCATGATAACTTCCCGAATCGCACGGCCTTGCACGGCGATGCTTCATTCAAATT 	240
AZ01	254	TCTGCCCTATCAACTTGCATGGTAGGATAGAGGCCCTACCATGGTGGTACGGGTGACGG 	313
Sbjct	241	TCTGCCCTATCAACTTGCATGGTAGGATAGAGGCCCTACCATGGTGGTACGGGTGACGG 	300
AZ01	314	AGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGGCCCTGAGAACGGCTACCATCCAAGGAAGG 	373
Sbjct	301	AGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGGCCCTGAGAACGGCTACCATCCAAGGAAGG 	360
AZ01	374	CAGCAGGCGCACAATTACCAATCCGACACGGGAGGTAGTACAATCTAAATCCCTAACGAGGATC 	433
Sbjct	351	CAGCAGGCGCACAATTACCAATCCGACACGGGAGGTAGTACAATCTAAATCCCTAACGAGGATC 	420
AZ01	434	CTGGGCTTTACAAGTCCGGTAATTGGAAATGAGTACAATCTAAATCCCTAACGAGGATC 	493
Sbjct	421	CTGGGCTTTACAAGTCCGGTAATTGGAAATGAGTACAATCTAAATCCCTAACGAGGATC 	480
AZ01	494	CATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCNCAGCAGCC 524 	
Sbjct	481	CATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC-CAGCAGCC 510 	

รูปที่ 3.13 ลำดับเบสของสายพันธุ์ AZO1 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

**AY612717**: *Azolla filiculoides* 18S ribosomal RNA gene, partial sequence  
Length=1713  
Score = 915 bits (1014), Expect = 0.0  
Identities = 512/514 (99.6%), Gaps = 1/514 (0%)  
Strand=Plus/Plus

AZ02	14	ATAACCTACTTTGTACTGTGAAACTCGGAATGGCTCATTAATCAGTTAGTTCTTT	73
Sbjct	25	ATAAACT-CTTTGTACTGTGAAACTCGGAATGGCTCATTAATCAGTTAGTTCTTT	83
AZ02	74	GATGGTACCTTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACGTGCACCAACTC	133
Sbjct	84	GATGGTACCTTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAATACGTGCACCAACTC	143
AZ02	134	CCGACTTCTGGAAGGGACGCATTATTAGATAAAAAGGCCATGCCGGCTGCCGGTATT	193
Sbjct	144	CCGACTTCTGGAAGGGACGCATTATTAGATAAAAAGGCCATGCCGGCTGCCGGTATT	203
AZ02	194	GCGGTGAATCATGATAACTTCCGAATCGCACGCCCTTGCGCCGGCATGCTTCATTCA	253
Sbjct	204	GCGGTGAATCATGATAACTTCCGAATCGCACGCCCTTGCGCCGGCATGCTTCATTCA	263
AZ02	254	AATTCTGCCCTATCAACTTCGATGGTAGGATAGAGGCCTACCATGGTGGTGACGGGTG	313
Sbjct	264	AATTCTGCCCTATCAACTTCGATGGTAGGATAGAGGCCTACCATGGTGGTGACGGGTG	323
AZ02	314	ACGGAGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGG	373
Sbjct	324	ACGGAGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGG	383
AZ02	374	AAGGCAGCAGGCCGCAAATTACCCATCCGACACGGGAGGTAGTGACAATAATAAC	433
Sbjct	384	AAGGCAGCAGGCCGCAAATTACCCATCCGACACGGGAGGTAGTGACAATAATAAC	443
AZ02	434	AATACTGGGCTTTACAAGTCCGGTAATTGGAATGAGTACAATCTAAATCCCTAACGAG	493
Sbjct	444	AATACTGGGCTTTACAAGTCCGGTAATTGGAATGAGTACAATCTAAATCCCTAACGAG	503
AZ02	494	GATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCC	527
Sbjct	504	GATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCAGCAGCC	537

รูปที่ 3.14 ลำดับเบนของสายพันธุ์ AZO2 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

**AY612717; Azolla filiculoides 18S ribosomal RNA gene, partial sequence**  
**Length=1713**  
**Score = 904 bits (1002), Expect = 0.0**  
**Identities = 509/512 (99.4%), Gaps = 3/512 (0%)**  
**Strand=Plus/Plus**

AZ03	16	AACTCTTTGTACTGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATAGTTCTTGATG	75
Sbjct	28	AACTCTTTGTACTGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATAGTTCTTGATG	87
AZ03	76	GTACCTTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAACGTGCACCAACTCCGA	135
Sbjct	88	GTACCTTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCTAGAGCTAACGTGCACCAACTCCGA	147
AZ03	136	CTTCTGGAAGGGACGCATTATTAGATAAAAGGCCATGCCGGCTTGCCCGGTATTGCGG	195
Sbjct	148	CTTCTGGAAGGGACGCATTATTAGATAAAAGGCCATGCCGGCTTGCCCGGTATTGCGG	207
AZ03	196	TGAATCATGATAACTTCCGAATCGCACGGCCTTGCACGGCGATGCTTCATTCAAATT	255
Sbjct	208	TGAATCATGATAACTTCCGAATCGCACGGCCTTGCACGGCGATGCTTCATTCAAATT	267
AZ03	256	TCTGCCCTATCAACTTCGATGGTAGGATAGAGGCCTACCATGGTGGTACGGGTGACGG	315
Sbjct	268	TCTGCCCTATCAACTTCGATGGTAGGATAGAGGCCTACCATGGTGGTACGGGTGACGG	327
AZ03	316	AGAATTAGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAACGGCTACCATCCAAGGAAGG	375
Sbjct	328	AGAATTAGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAACGGCTACCATCCAAGGAAGG	387
AZ03	376	CAGCAGGCGCGCAAATTACCAATCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATA	435
Sbjct	388	CAGCAGGCGCGCAAATTACCAATCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAAACAATA	447
AZ03	436	CTGGGCTTTACAAGTCCGTAATTGGAATGAGTACAATCTAAATCCCTTAACGAGGATC	495
Sbjct	448	CTGGGCTTTACAAGTCCGTAATTGGAATGAGTACAATCTAAATCCCTTAACGAGGATC	507
AZ03	496	CATTGGAGGGCAAGTCTGG-GCCAAAGCAGCC	526
Sbjct	508	CATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC--AGCAGCC	537

รูปที่ 3.15 ลำดับเบสของสายพันธุ์ AZO3 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)  
[\(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>\)](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST)

นำลำดับเบสบางส่วนที่ได้จากการใช้โปรแกรม ITS region ของเห็นเดงต่อสายพันธุ์มา  
 วิเคราะห์หาลำดับเบสของดีเอ็นเอแล้วนำไปเปรียบเทียบกับข้อมูลลำดับเบสของเห็นเดงต่อสาย  
 พันธุ์ใน Genbank โดยใช้ โปรแกรม BLAST พบร่วมกับลำดับเบสของ AZO1 AZO2 และ AZO3 มีความ  
 ใกล้เคียงกับเห็นเดงสายพันธุ์ *A. microphylla* (Accession no. DQ066481) สายพันธุ์ *A. mexicana*  
 (Accession no. DQ066479) และสายพันธุ์ *A. filiculoides* (Accession no. DQ066494) โดยจากผลการ  
 วิเคราะห์พบว่ามีใกล้เคียงถึง 99.3%, 99.0% และ 99.2% ตามลำดับ (รูปที่ 3.16-3.19)

**DQ066481**; *Azolla microphylla* voucher Reid & Peters 77 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence Length=827 Score = 1598 bits (806), Expect = 0.0 Identities = 819/824 (99.3%), Gaps = 0/824 (0%) Strand=Plus/Minus

AZ01	11	CGCCTGATCTGAGGTCCGTTGATAGTTGGTCTAGGCAACACCTAGAACGATTAGCCC	70
Sbjct	824	CGCCTGATCTGAGGTCCGTTGATAGTTGGTCTAGGCAACACCTAGAACGATTAGCCC	765
AZ01	71	GACTCGATAGAACGATCCTAAACGGGAAACACGTCGAAACAGTTGCAATCTGGAGCCT	130
Sbjct	764	GACTCGATAGATGCATCCTAAACGGGAAACACGTCGAAACAGTTGCAATCTGGAGCCT	705
AZ01	131	TGATGGGCTACGGAAGCAAACCACCCCTGCGACGCATGCCACACGGAGCAATCGATGCA	190
Sbjct	704	TGATGGGCTACGGAAGCAAACCACCCCTGCGACGCATGCCACACGGAGCAATCGATGCA	645
AZ01	191	TTTCAGCCGACCGCTAGTGCAAATACTCACATCATGTGCAAGAAAGGCTCCAACGGACA	250
Sbjct	644	TTTCAGCCGACCGCTAGTGCAAATACTCACATCATGTGCAAGAAAGGCTCCAACGGACA	585
AZ01	251	ACCATCTCCGCCACTCCATCACACCAAATGGTGGGGAGTGGCGTGGGGGCGTGAAGGAC	310
Sbjct	584	ACCATCTCCGCCACTCCATCACACCAAATGGTGGGGAGTGGCGTGGGGGCGTGAAGGAC	525
AZ01	311	GCTCAGGCAGACGTGCCCTGGACAAGCCTCGGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATG	370
Sbjct	524	GCTCAGGCAGACGTGCCCTGGACAAGCCTCGGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATG	465
AZ01	371	ATTCGCGGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTGCGTGCCTCTTCATCGTTGC	430
Sbjct	464	ATTCGCGGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTGCGTGCCTCTTCATCGTTGC	405
AZ01	431	AAGAGCCAAGATACTCGTTGCTGAGAGTCGTTGTGATTGTATATCCTCCATAAGGAGG	490
Sbjct	404	AAGAGCCAAGATACTCGTTGCTGAGAGTCGTTGTGATTGTATATCCTCCATAAGGAGG	345
AZ01	491	GCGTCTCAGTCATAAGTTTATGGGTTGCCTCCGTACCCACGAGGGGG	550
Sbjct	344	GCGTCTCAGTCATAAGTTTATGGGTTGCCTCCGTACCCACGAGGGGG	285
AZ01	551	GTTAGGAGGGCAAGAGATGGTTGACATAGCGGCCCGTGCCTACGACACGGAGGAG	610
Sbjct	284	GTTAGGAGGGCAAGAGATGGTTGACATAGCGGCCCGTGCCTACGACACGGAGGAG	225
AZ01	611	GGGGGTCGACCGCACGATCCGCACAATGAGAAGCGTCCCTCATCGCATATCGCACT	670
Sbjct	224	GGGGGTCGACCGCACGATCCGCACAATGAGAAGCGTCCCTCATCGCATATCGCACT	165
AZ01	671	CTCGGTGGACAACCCCTACAACCCACACAAGACCCACAACGTGCCCGCATCTGGCACA	730
Sbjct	164	CTCGGTGGACAACCCCTACAACCCACACAAGACCCACAACGTGCCCGCATCTGGCACA	105
AZ01	731	GGAGTCGAGCGGGCGGACACGCCCTCCGAGCGCGTCGCCTCAAAATACAAGCACGTTG	790
Sbjct	104	GGAGTCGAGCGGGCGGACACGCCCTCCGAGCGCGTCGCCTCAAAATACAAGCACGTTG	45
AZ01	791	CGTGGTTGGTTGGATGTGTGCAATGATCCTCCGCAGGTTCA	834
Sbjct	44	CGTGGTTGGTTGGATGTGTGCAATGATCCTCCGCAGGTTCA	1

รูปที่ 3.16 ลำดับเบสของสาขพันธุ์ AZ01 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดย

ใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>)

**DQ066479:** *Azolla mexicana* voucher Reid & Peters 69 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence Length=827 Score = 1418 bits (1572), Expect = 0.0 Identities = 801/809 (99.0%), Gaps = 3/809 (0%) Strand=Plus/Minus

AZ02	19	AGGTC-GTTGAA-AGTTTGGTCTAGGAAACACCTAGAACGATTAGCCCGACTCGATAGA	76
Sbjct	813	AGGTCCGGTTGATAGTTGGTCTAGGAAACACCTAGAACGATTAGCCCGACTCGATAGA	754
AZ02	77	AGCATCCTTAAACGGGAAACACGTCGCAACAGTTGCAATCTGGAGCCTTGATGGGCTAC	136
Sbjct	753	AGCATCCTTAAACGGGAAACACGTCGCAACAGTTGCAATCTGGAGCCTTGATGGGCTAC	694
AZ02	137	GGAAGCAAACCACCCCTTGCAGCGCATGCCACACGGAGCAATCGATGCATTCAGCCGAC	196
Sbjct	693	GGAAGCAAACCACCCCTTGCAGCGCATGCCACACGGAGCAATCGATGCATTCAGCCGAC	634
AZ02	197	CGCTAGTGCCTAAACTCACATCATGTGCAAGAAAAGGCTCCAACGGACAACCATCTCCGC	256
Sbjct	633	CGCTAGTGCCTAAACTCWATCATGTGCAAGAAAAGGCTCCAACGGACAACCATCTCCGC	574
AZ02	257	CACTCCATCACACCAAATGGTGGGGAGTGGCGTGGGGGTCGTGAGGACGCTCAGGCAGA	316
Sbjct	573	CACTCCATCACACCAAATGGTGGGGAGTGGCGTGGGGGTCGTGAGGACGCTCAGGCAGA	514
AZ02	317	CGTGCCTTGGACAAGCCTCGGGCGCAAGTTGCCTCAAAGACTCGATGATTGCGGAAT	376
Sbjct	513	CGTGCCTTGGACAAGCCTCGGGCGCAAGTTGCCTCAAAGACTCGATGATTGCGGAAT	454
AZ02	377	TCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTGCGTTCTTCATCGTTGCAAGAGCCAAGA	436
Sbjct	453	TCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTGCGTTCTTCATCGTTGCAAGAGCCAAGA	394
AZ02	437	TATCCGTTGCTGAGAGTCGTTGTGATTGTATATCCTCCATAAGAGGGCGTCAGTC	496
Sbjct	393	TATCCGTTGCTGAGAGTCGTTGTGATTGTATATCCTCCATAAGGAGGGCGTCAGTC	334
AZ02	497	AATAAGTTTATGGTTGCCTCCGCTCCCTCCGTACCCCACCAGGGGGTAGGAGGG	556
Sbjct	333	AATAAGTTTATGGTTGCCTCCGCTCCCTCCGTACCCCACGAGGGGGTAGGAGGG	274
AZ02	557	CAAGAGATGGTTGACATAGCGGCCCGTGCCTAACGACACGGAGGGGGTCGACC	616
Sbjct	273	CAAGAGATGGTTGACATAGCGGCCCGTGCCTAACGACACGGAGGGGGTCGACC	214
AZ02	617	GCACGATCCGCACAATGAGAAGCGTCCCTCTCATCGTGCATATCGCACTCTCGTGGAC	676
Sbjct	213	GCACGATCCGCACAATGASAAGCGTCCCTCTCATCGTGCATATCGCACTCTCGTGGAC	154
AZ02	677	AACCCCTACAACCCACACAAGACCCACAACGTGCCCCGATCTGGCACAGGAGTCAGCG	736
Sbjct	153	AACCCCTACAACCCACACAAGACCCACAACGTGCCCCGATCTGGCACAGGAGTCAGCG	94
AZ02	737	GGGCGGACACGCCCTCCAGCGCGTCGCCTCAAAATACAAGCACAGTTCGCGTGGTTGGTT	796
Sbjct	93	GGGCGGACACGCCCTCCAGCGCGTCGCCTCAAAATACAAGCACGGTTCGCGTGGTTGGTT	34
AZ02	797	TGGATGTGTCAATGATCCTTCCCGCAG	825
Sbjct	33	TGGATGTGTCAATGATCCTT-CCGCAG	6

รูปที่ 3.17 ลำดับเบสของสายพันธุ์ AZ02 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดย

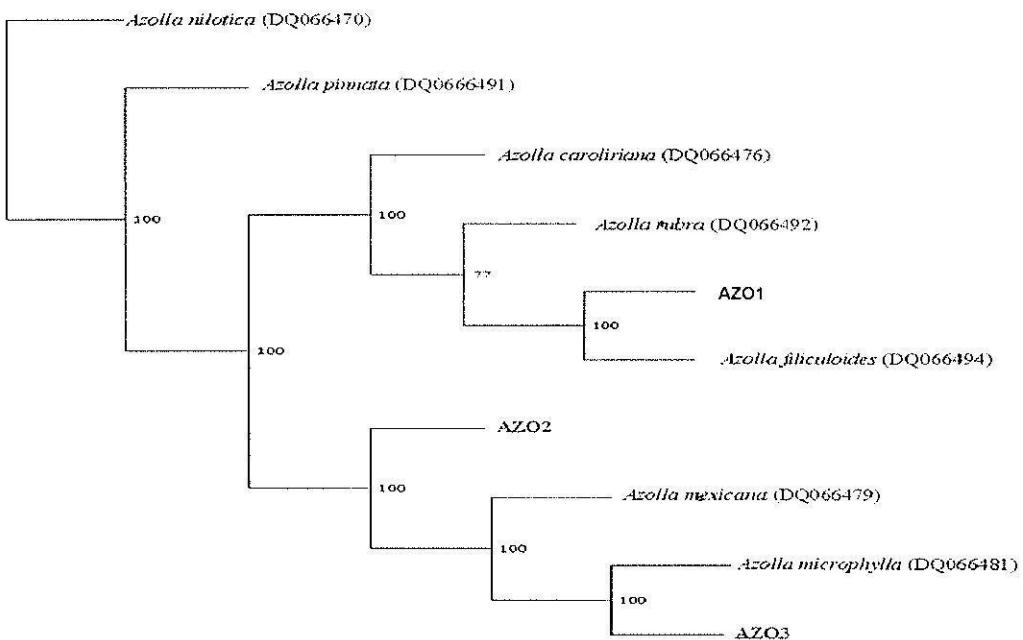
ใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>)

**DQ066494; Azolla filiculoides** voucher Reid & Peters 68 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence Length=841, Score= 1542 bits(778), Expect= 0.01 identities 794/800 (99.2%), Gaps= 0/800 (0%), Strand= Plus/Plus

AZ03	23	ACCGAACCTTGCTTGTATTTGAGGCAGCGCTCGGAGGCAGTCGGCCCCGCTTGAC	82
Sbjct	42	ACCGAACCTTGCTTGTATTTGAGGCAGCGCTCGGAGGCAGTCGGCCCCGCTTGAC	101
AZ03	83	TCCGTGCTAGATCCGGGGCACGTCTGGTCATGTGTGGGTGTAGGGTTGTCCCACC	142
Sbjct	102	TCCGTGCTAGATCCGGGGCACGTCTGGTCATGTGTGGGTGTAGGGTTGTCCCACC	161
AZ03	143	GAGAGTGCATATGTATGATGACAGGGACGCCGTCTTGCGCATCGTCGGTCGACC	202
Sbjct	162	GAGAGTGCATATGTATGATGACAGGGACGCCGTCTTGCGCATCGTCGGTCGACC	221
AZ03	203	CCCCCTCCTCCGTGCTATCGGACCGGGCGCTATGTCAAACCATCTCTGCCCCCTC	262
Sbjct	222	CCCCCTCCTCCGTGCTATCGGACCGGGCGMTATGTCAAACCATCTCTGCCCCCTC	281
AZ03	263	AACCCCCCTCGTGGGTAAGGAGGGAGCGGGAGGCAACCCATAAACGATTGAGAC	322
Sbjct	282	AACCCCCCTCGTGGGTAAGGAGGGAGCGGGAGGCAACCCATAAACGATTGAGAC	341
AZ03	323	GCCCTCCCTATGGGAGGATACATATTAACAAACGACTCTCACCAACGGATATCTGGCTC	382
Sbjct	342	GCCCTCCCTATGGGAGGATACATATTAACAAACGACTCTCACCAACGGATATCTGGCTC	401
AZ03	383	TTGCAACGATGAAGAACGCAAGCGAAATGCGATACTGAAATTGCAATTCCCGA	442
Sbjct	402	TTGCAACGATGAAGAACGCAAGCGAAATGCGATACTGAAATTGCAATTCCCGA	461
AZ03	443	ATCATCTAGTCTTGAACGCAACTTGCGCCGAGGCTTGTCCAAGGGCACGTCTGCC	502
Sbjct	462	ATCATCGAGTCTTGAACGCAACTTGCGCCGAGGCTTGTCCAAGGGCACGTCTGCC	521
AZ03	503	GCGCCTCACGACCCCCACGCCGCTCCCCCTCCACTCGTGGGATGGAGTCGGAGATG	562
Sbjct	522	GCGCCTCACGACCCCCACGCCGCTCCCCCTCCACTCGTGGGATGGAGTCGGAGATG	581
AZ03	563	GTTGCGTTGGAGCCCTCTAGCGGCTTAGCGGTCGGCTGAAATGCATCGATTGCTC	622
Sbjct	582	GTTGCGTTGGAGCCCTCTAGCGGCTTAGCGGTCGGCTGAAATGCATCGATTGCTC	641
AZ03	623	GTGTGGCGATGCGTCGCAAGGGTGGTTGCTTCCTCGGCCCGCAAGGGATCCAGATCG	682
Sbjct	642	GTGTGGCGATGCGTCGCAAGGGTGGTTGCTTCCTCGGCCCGCAAGGGATCCAGATCG	701
AZ03	683	AACTGTTGCCGTGTTACCGATCAAGGATGCTTATATCGAGTCGGCTAACGATCTG	742
Sbjct	702	AACTGTTGCCGTGTTACCGATCAAGGATGCTTATATCGAGTCGGCTAACGATCTG	761
AZ03	743	GGCATTACGTCCATTGCTTCGTGCAGTTGGCTTATGCGTAGACCGAAACCATCGAAC	802
Sbjct	762	GGCATTACGTCCATTGCTTCGTGCAGTTGGCTTATGCGTAGACCGAAACCATCGAAC	821
AZ03	803	GGACCTCACATCAGGCGAGA	822
Sbjct	822	GGACCTCACATCAGGCGAGA	841

รูปที่ 3.18 ลำดับเบสของสายพันธุ์ AZ03 ที่ได้จากการเปรียบเทียบกับข้อมูลใน GenBank library โดยใช้โปรแกรม Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>)



รูปที่ 3.19 ความสัมพันธ์ในระดับโมเลกุล (phylogenetic relationship) ของเห็นแดงแต่ละสายพันธุ์

จากการหาลำดับเบสของเห็นแดงทั้ง 3 สายพันธุ์ (AZO1 AZO2 และ AZO3) โดยใช้ไฟเมอร์ NS1-NS2 ซึ่งสังเคราะห์มาจากบางส่วนของ 18S rDNA พบร่องลำดับเบสที่ได้มีความสอดคล้องกับเห็นแดงสายพันธุ์เดียวกัน อีกต่อ *A. filiculoides* ซึ่งเก็บอยู่ทุกสายพันธุ์ให้ค่าความคล้ายคลึงกันกับฐานข้อมูลใน GenBank 99 เปอร์เซนต์ ในขณะที่เมื่อใช้ไฟเมอร์ ITS ผลจากการเปรียบเทียบกับลำดับเบสในฐานข้อมูลสอดคล้องกับเห็นแดง 3 สายพันธุ์คือ *A. microphylla*, *A. mexicana* และ *A. filiculoides*. ให้ค่าความคล้ายคลึงกันกับฐานข้อมูลใน GenBank 99.3, 99.0 และ 99.2% ตามลำดับ (ตารางที่ 3.1) ซึ่งจากการทดลองนี้กล่าวไว้ว่าการหาลำดับเบสโดยใช้ ITS region มีประสิทธิภาพในการจำแนกสายพันธุ์ของเห็นแดง ให้จำเพาะเจาะจงกว่าการใช้ 18S rDNA เนื่องจากในปัจจุบันมักมีการนำ ITS region มาใช้ประโยชน์ในการระบบโมเลกุลซึ่งนำมาใช้ในการจำแนกสิ่งมีชีวิตในระดับสปีชีส์ เพราะ ITS region มีค่าความแปรปรวน (degree of variation) สูงกว่า rDNA region

**ตารางที่ 3.1 ผลวิเคราะห์ความใกล้เคียงกันของลำดับในแหน่งแต่ละสายพันธุ์โดยใช้ 18SrRNA และ Internal transcribe spacer of nuclear ribosomal RNA (rRNA)**

สายพันธุ์	Primer	% homology	Closest organism	Accession no.
AZO1	18SrRNA	99.2	<i>Azolla</i> sp. Qiu 02051	DQ629421
AZO2		99.6	<i>Azolla filiculoides</i>	AY612717
AZO3		99.4	<i>Azolla filiculoides</i>	AY612717
AZO1	ITS	99.3	<i>Azolla microphylla</i>	DQ066481
AZO2		99.0	<i>Azolla mexicana</i>	DQ066479
AZO3		99.2	<i>Azolla filiculoides</i>	DQ066494

**3.2.3 การเปรียบเทียบวิธีการจำแนกสายพันธุ์แหน่งโดยใช้วิเคราะห์หาลำดับดีเอ็นเอกับวิธีการศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยา**

ในการจำแนกแหน่งเมื่อใช้ดีเอ็นเอที่สักด้วยจารกแหน่ง เพิ่มปริมาณและหาลำดับเมษองดีเอ็นเอโดยใช้ universal primer (NS1-NS2) พบว่าสายพันธุ์ AZO1 (คล้ายคลึงกับ *Azolla* sp. Qiu 02051 99.2%) AZO2 (คล้ายคลึงกับ *A. filiculoides* 99.6%) และ AZO3 (คล้ายคลึงกับ *A. filiculoides* 99.4%) ในขณะที่ผลจากการเพิ่มปริมาณและหาลำดับเมสเมื่อใช้ ITS region ชี้ให้เห็นว่า AZO1 (คล้ายคลึงกับ *A. microphylla* 99.3%) AZO2 (คล้ายคลึงกับ *A. mexicana* 99.0%) และ AZO3 (คล้ายคลึงกับ *A. filiculoides* 99.2%) ซึ่งในส่วนของการจำแนกสายพันธุ์แหน่งโดยการศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยาจำแนกได้ว่า AZO1 คือสายพันธุ์ *A. microphylla* AZO2 คือสายพันธุ์ *A. cristata* (เริ่กรวนกันระหว่าง 3 สายพันธุ์ *A. caroliniana* *A. microphylla* และ *A. mexicana* เพราะมีลักษณะคล้ายกันจึงไม่สามารถจำแนกกันอย่างชัดเจนได้) และ AZO3 คือสายพันธุ์ *A. filiculoides*

ผลจากการเปรียบเทียบวิธีที่ใช้ในการจำแนกทั้ง 2 วิธีสรุปในตารางที่ 3.2 โดยผลจากการจำแนกด้วยวิธีการวิเคราะห์หาลำดับดีเอ็นเอโดยใช้ ITS region พบว่าในสายพันธุ์ AZO2 ให้ผลความแม่นยำในการจำแนกได้ดีกว่าการจำแนกโดยการศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยานี้จาก ITS มีค่าความแปรปรวน (degree of variation) สูงกว่า rDNA region (SSU) ผลของการจำแนกสายพันธุ์ของแหน่งโดยใช้ลักษณะทางโมเลกุลสามารถใช้จำแนกสายพันธุ์ได้อย่างชัดเจน โดยสายพันธุ์ที่จำแนกได้จากการศึกษานี้คือ *A. microphylla* *A. mexicana* และ *A. filiculoides*

**ตารางที่ 3.2 สรุปวิธีการจำแนกจำพวกอีนเอชของเห็นแตงและวิธีการศึกษาลักษณะทางสีรีวิวฯ**  
**ของเห็นแตงต่ำยพันธุ์**

สายพันธุ์	ลักษณะทางสีรีวิวฯ	การวิเคราะห์จำพวกอีนเอช	
		18S rDNA	ITS region
AZ01	<i>A. microphylla</i>	<i>Azolla</i> sp. Qiu 02051	<i>A. microphylla</i>
AZ02	<i>A. cristata</i>	<i>A. microphylla</i>	<i>A. mexicana</i>
AZ03	<i>A. filiculoides</i>	<i>A. filiculoides</i>	<i>A. filiculoides</i>

### 3.3 ผลการวิเคราะห์ดิน

จากการวิเคราะห์ดินทั้งก่อนและหลังการใช้เห็นแตงพบว่า หลังจากการใช้เห็นแตงแล้ว พบรากค่าอินทรีย์ต่ำ ในโตรเจนทั้งหมด และค่าโพแทสเซียมในดินเพิ่มขึ้นเล็กน้อยในตัวรับการทดลองส่วนใหญ่ โดยพบว่าในตัวรับการทดลองที่ 2 ให้ค่าอินทรีย์ต่ำสุดที่สูดคือ 1.39% เมื่อเปรียบเทียบค่าไว้ก่อนและหลังการใช้เห็นแตงพบว่าในแต่ละตัวรับการทดลองให้ค่าที่ใกล้เคียงกัน ซึ่งค่าอินทรีย์ต่ำและค่าในโตรเจนที่ลดลงหลังจากการใช้เห็นแตงไปนั้น เนื่องจากว่าข้าวน้ำชาตุอาหารเหล่านี้นำไปใช้ในการเจริญเติบโต ในทางกลับกันฟอสฟอรัสกลับมีค่าสูงขึ้นซึ่งคาดว่าจะมาจากชาตุฟอสฟอรัสที่จับตัวอยู่กับดินและปุ๋ยฟอสฟอรัสมงส่วนที่ตกค้างหลังจากการใส่เพื่อเดิยมเห็นแตง

**ตารางที่ 3.3 ผลการวิเคราะห์ดินในนาข้าวเมื่อใช้เห็นแตงและปุ๋ยเคมีต่อปริมาณอินทรีย์ต่ำ**  
**ในโตรเจน ฟอสฟอรัส และโพแทสเซียมในดินทั้งก่อนและหลังการใช้**

Treatment	pH		OM (%)		Total N (%)		Extr.P (ppm)		Exch.K (ppm)	
	initial	post	initial	post	initial	post	initial	post	initial	post
T1 (AZ01)	7.85	7.32	1.26	1.15	0.06	0.05	14	17	149	88
T2 (AZ02)		7.15		1.39		0.05		31		113
T3 (AZ03)		7.32		1.20		0.05		20		84
T4 (fertilizer)		6.90		1.09		0.04		17		79
T5 (No Azolla)		6.50		1.17		0.04		11		94

### 3.4 การใช้หนาแนงแต่ละสายพันธุ์เพื่อเป็นปุ๋ยชีวภาพในนาข้าว

การทดลองนี้ทำในช่วงเดือนสิงหาคม 2549 ถึงเดือนธันวาคม 2549 โดยใช้การทดลองแบบ RCBD โดยทำการทดลองแปลงละ 3 ชั้น ใช้หนาแนงเริ่มต้น 250 กรัม/ตร.ม. ในพื้นที่แปลงละ 2 ม. X 4 ม. ใช้ข้าวสายพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 โดยรักษาระดับน้ำในแต่ละแปลงให้เท่าๆกัน โดยประกอบไปด้วยตัวรับการทดลองต่างๆดังนี้ 1) ปลูกข้าวร่วมกับหนาแนงสายพันธุ์ AZO1 2) ปลูกข้าวร่วมกับหนาแนงแตงสายพันธุ์ AZO2 3) ปลูกข้าวร่วมกับหนาแนงสายพันธุ์ AZO3 4) ปลูกข้าวร่วมกับปุ๋ยเคมีสูตร 12-8-8 กก./ไร่ 5) ปลูกข้าวโดยไม่ใส่ทึ่งหนาแนงและปุ๋ยเคมี โดยผลจากการลังเกตการเจริญเติบโต (ความสูง จำนวนต้นต่อกร一 จำนวนเมล็ดเต็มต่อรวง และน้ำหนัก 100 เมล็ด) และผลผลิตหัวงムดสรุปอยู่ในตารางที่ 3.4 และ 3.5 ตามลำดับ

ตารางที่ 3.4 ผลของการใช้หนาแนงแตงและปุ๋ยเคมีที่มีต่อการเจริญเติบโตของข้าวพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105

ตัวรับการทดลอง	ความสูง (ซม.)	จำนวนต้น/กร.	จำนวนเมล็ดเต็ม/รวง	น้ำหนัก 100 เมล็ด
T1 (AZO1)	106b	11.1a	239a	2.46b
T2 (AZO2)	101b	10.9a	240a	2.40a
T3 (AZO3)	96ab	11.2a	237a	2.34a
T4 (ปุ๋ยเคมี)	103b	11.1a	252a	2.46b
T5 (ไม่ใส่ปุ๋ยและหนาแนง)	81a	9.3a	217a	2.36a

ในตัวรับการทดลองที่ 1 เมื่อใช้หนาแนงสายพันธุ์ AZO1 แสดงความสูงของต้นข้าวสูงที่สุด คือ 106 ซม. โดยในระหว่างตัวรับการทดลองที่ใช้หนาแนงและที่ใช้ปุ๋ยเคมีพบว่าไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติกเว้นในตัวรับการทดลองที่ไม่ใส่ปุ๋ยและหนาแนงซึ่งให้ความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ สำหรับผลของจำนวนต้นต่อกร一 และจำนวนเมล็ดเต็มต่อรวง ไม่พบค่าความแตกต่างในทุกๆ ตัวรับการทดลอง โดยผลของน้ำหนัก 100 เมล็ดสูงสุดคือ ตัวรับการที่ใช้หนาแนงสายพันธุ์ AZO1 และตัวรับการทดลองที่ใช้ปุ๋ยเคมีซึ่งให้ผลคือ 2.46 กรัม/100 เมล็ด

### ตารางที่ 3.5 ผลของการใช้แทนแดงต่อผลผลิตข้าวพันธุ์ขาวคอกมะลิ 105

ตัวรับการทดลอง	ผลผลิตข้าว (ตัน/เฮกเตอร์)	ผลผลิต (กก./ไร่)	% ผลผลิตที่เพิ่มขึ้น
T1 (AZO1)	4.97c	795.2c	16.72
T2 (AZO2)	4.49ab	718.4ab	7.92
T3 (AZO3)	4.15a	664.0a	0.29
T4 (ปุ๋ยเคมี)	4.72bc	755.2bc	12.28
T5 (ไม่ใส่ปุ๋ยและแทนแดง)	4.14a	662.4a	-

Number between common letter in each column showed no significance different at 95% DMRT.

ผลผลิตของข้าวขาวคอกมะลิ 105 พนว่ามีความแตกต่างกันในแต่ละตัวรับการทดลอง (ตารางที่ 3.5) ผลผลิตจะอยู่ในช่วง 4.14 – 4.97 ตัน/เฮกเตอร์ ผลผลิตที่พบสูงที่สุดคือตัวรับการทดลองที่ 1 (แทนแดงสายพันธุ์ AZO1) ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับตัวรับการทดลองที่ 4 (ปุ๋ยเคมี) ซึ่งให้ค่าผลผลิตที่สูงกว่า แปลงความคุณอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ แต่การใช้แทนแดงในตัวรับการทดลองที่ 3 (แทนแดงสายพันธุ์ AZO3) กลับพบว่าผลผลิตไม่มีความแตกต่างกับแปลงความคุณ

เบอร์เซ็นต์ผลผลิตที่เพิ่มขึ้นในแต่ละตัวรับการทดลองทำโดยการเปรียบเทียบกับผลผลิตในตัวรับการทดลองที่ไม่ใส่ทั้งปุ๋ยเคมีและแทนแดง โดยเบอร์เซ็นต์ผลผลิตที่เพิ่มขึ้นน้อยในช่วงระหว่าง 16.72-0.29 % โดยในตัวรับการทดลองเมื่อใช้แทนแดงสายพันธุ์ *A. microphylla* (ผลที่ได้จากการคัดแยกสายพันธุ์ AZO1ในการทดลองที่แล้ว) ให้เบอร์เซ็นต์ผลผลิตที่เพิ่มขึ้น 16.72 % สูงกว่าในตัวรับการทดลองที่ใช้ปุ๋ยเคมี (12.28%) จากการทดลองนี้พบว่าแทนแดง (โดยเฉพาะสายพันธุ์ *A. microphylla*) เป็นปุ๋ยธรรมชาติที่ดีที่สุดในนาข้าว โดยให้ผลผลิตข้าวเทียบเท่ากับการใช้ปุ๋ยเคมี ดังการทดลองในจังหวัด Kwangtong ของ Lui Xi lian และคณะ (1981) ที่ทำการทดลองใช้แทนแดง 25,000 – 37,000 กก./ เฮกเตอร์ ซึ่งได้ผลผลิตข้าวอยู่ที่ 587-795 กก. หากกว่าการทดลองที่ไม่ใช้แทนแดงรวมด้วยซึ่งคิดเป็นเบอร์เซ็นต์ผลผลิตที่เพิ่มขึ้น 9.6-13.0%

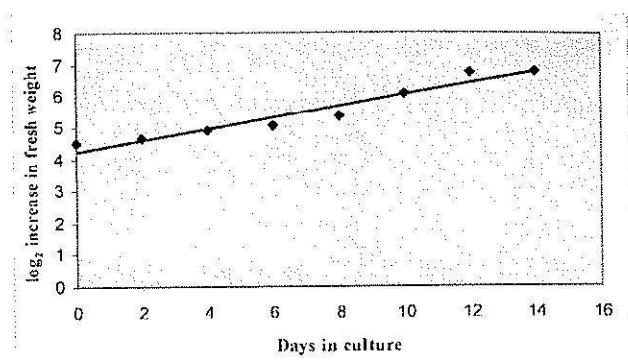
ในพื้นที่อื่นๆที่มีการใช้แทนแดง เช่น อียิปต์ โดยตั้งแต่ปีคศ. 1977 – 1980 นักจุลชีววิทยาทางคืนของ Agricultural Research Centre ได้แนะนำให้ใช้แทนแดง 3 สายพันธุ์ คือ *A. pinnata*, *A. caroliniana* และ *A. filiculoides* เพื่อเป็นปุ๋ยพืชสดในนาข้าว (Yanni et al., 1994) โดยใช้วิธีใส่แทนแดง 2 วิธีคือ วิธีแรกทำการเพาะเลี้ยงแทนแดงในนาข้าวประมาณ 2-3 สัปดาห์แล้วทำการไถกลบก่อนทำการปลูกข้าวประมาณ 2 สัปดาห์ หรืออีกวิธีคือทำการเลี้ยงแทนแดงในระหว่างทำการปลูกข้าวโดยเลี้ยงแทนแดงในสัปดาห์แรกหลังจากเริ่มปลูกข้าว ปล่อยให้แทนแดงเจริญเติบโตในแปลง ทำการไถกลบหลังจากน้ำทำการระบายน้ำออก จากสภาพแวดล้อมและภูมิอากาศในอียิปต์พบว่าการใช้วิธีที่ 2 หมายความกับการใช้มากกว่าวิธีแรก (Yanni et al., 1994) จากผลการทดลองเมื่อทำการไถกลบแทน

แดงลงแปลงในต่ออดีตและการเจริญเติบโตของปลูกข้าว นักวิจัยพบว่าการใช้วิธีนี้ช่วยลดปริมาณการใช้ปุ๋ยเคมีในโตรเจน (ญี่รี) และช่วยลดผลของไนเตรทไฮอนในแหล่งน้ำด้วย (Yanni et al., 1994)

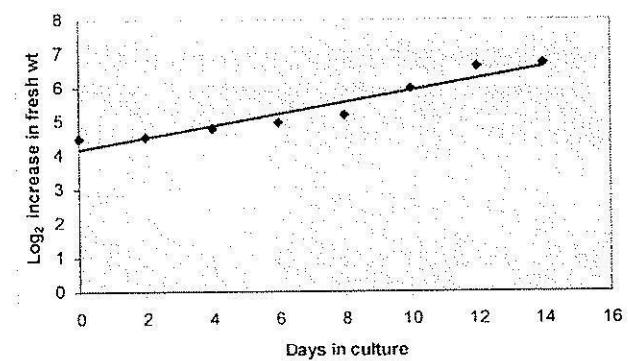
จากผลการทดลองของ Gevrek (2000) แสดงผลของแทนแดงสายพันธุ์ *A. mexicana* ร่วมกับการใช้ปุ๋ยเคมี (inorganic fertilizer) ในนาข้าวพื้นที่เดินอิจิเยียน (Aegean) พบร่วมผลผลิตข้าวสายพันธุ์ Toag92 ให้ผลผลิตสูงที่สุดคือ 4.4 ตัน/ เฮกเตอร์ ซึ่งสรุปได้ว่าการใช้แทนแดงน้ำหนักสด 200 กรัม/ ตร.ม ในนาข้าวช่วยประหยัดการใช้ปุ๋ยไป 1/3 เท่า จากการทดลองของ Hossain และคณะ (2001) เปรียบเทียบผลของการใช้ปุ๋ยในโตรเจน (80 กก./ ไร่โตรเจน/ เฮกเตอร์) ร่วมกับการไถกลบแทนแดง ร่วมกับปุ๋ยในโตรเจน 40 กก./ ไร่โตรเจน/ เฮกเตอร์ในข้าว BR 26 พบร่วมผลผลิตเมล็ดข้าวสูงสุดคือ 3.95 ตัน/ เฮกเตอร์ รวมถึงค่าน้ำหนักแห้ง (เมล็ด + ฝางข้าว) สูงที่สุดในชุดการทดลองที่ทำการไถกลบแทนแดง (เพาะเลี้ยงโดยใช้แทนแดงเริ่มต้น 0.2 กก/ ตร.ม)

### 3.5 การศึกษาการเจริญเติบโตของแทนแดง

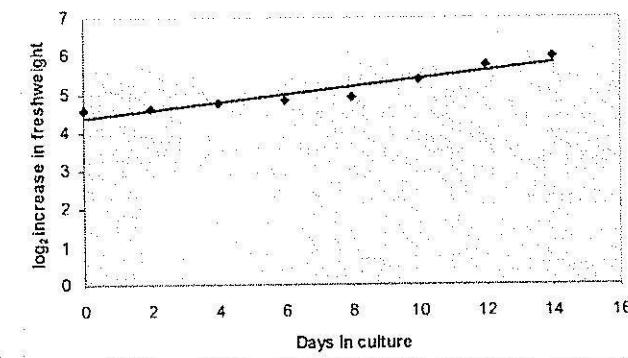
ทำการทดสอบนาน้ำหนักสด น้ำหนักแห้ง ประสิทธิภาพการตีร่องในโตรเจนของแทนแดง (Acetylene Reduction Activity : ARA) เวลาที่ใช้ในการขยายจำนวนเป็นเท่าตัว (doubling time) และผลผลิตในโตรเจน โดยจะทำการทดสอบโดยใช้แทนแดงที่อายุ 21 วัน ผลการทดสอบสรุปในตารางที่ 4.6 จากผลการทดลองพบว่าในน้ำหนักสดมีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญในสายพันธุ์ AZO1 และ AZO2 ในขณะที่ไม่พบความแตกต่างในสายพันธุ์ AZO3 โดยน้ำหนักที่พบสูงที่สุดคือ สายพันธุ์ AZO 1,174 กรัม/ ตร.ม สำหรับผลของน้ำหนักแห้งที่มีค่าสูงที่สุดคือ สายพันธุ์ AZO1 พบร่วมมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญกับสายพันธุ์อื่นๆ สรุนค่า doubling time ไม่พบความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ AZO1 และ AZO2 ในขณะที่สายพันธุ์ AZO3 พบร่วมมีช่วงเวลาต่อที่สุดและใช้เวลาในการเจริญเติบโตนานที่สุด (รูปที่ 3.20) โดยในสายพันธุ์ AZO1 มีค่า doubling time 3.8 วันในสภาพแปลง จากการทดลองของ Gopalaswamy และ Kannaiyan (1998) รายงานว่าแทนแดงสายพันธุ์ *A. microphylla* ที่เพาะเลี้ยงในอาหาร IRRI ใช้เวลาในการเจริญเติบโตเป็นครึ่งหนึ่ง (doubling time) 5.8 วันจากที่ทำการเลี้ยงเป็นเวลาทั้งหมด 14 วัน



(a)



(b)



(c)

รูปที่ 3.20 การเจริญเติบโตของเหنمแดงสายพันธุ์ AZO1 (a), AZO2 (b) และ AZO3 (c) ที่เพาะเลี้ยงบนอาหาร N-free medium โดยทำการลีบงในสภาพให้แสงและอุณหภูมิในสภาพสิ่งแวดล้อมทั่วไป

ผลจากตารางที่ 3.6 แสดงให้เห็นว่าไม่พบความแตกต่างของค่าประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจน (ARA) ของเห็นแองในแต่ละสายพันธุ์ โดยค่า ARA ที่พบสูงที่สุดคือ  $13.58 \mu\text{mole C}_2\text{H}_4/\text{n}\text{ม}\text{ก}\text{ก}\text{แห}\text{ง} (\text{กรัม})/\text{ช}\text{ม}$ . ในสายพันธุ์ AZO2 ส่วนสายพันธุ์ที่ค่า ARA ต่ำที่สุดคือ AZO3 ส่วนการวิเคราะห์ค่าในไนโตรเจนทั้งหมดของเห็นแองมีค่าอยู่ในช่วง  $2.94 - 3.62\%$  จากผลการวิเคราะห์พบว่า ในสายพันธุ์ AZO1 มีค่าในไนโตรเจนทั้งหมดสูงที่สุด ตามด้วยสายพันธุ์ AZO3 และ AZO2 ตามลำดับ ซึ่งในไนโตรเจนเป็นปัจจัยหลักที่ช่วยเพิ่มผลผลิตในนาข้าว (Lui Chung-chu, 1979) ปริมาณไนโตรเจนในเห็นแองโดยปกติจะมีค่าประมาณ  $0.25\%$  (ขึ้นอยู่กับชนิดสายพันธุ์ สภาพภูมิอากาศ และเทคนิควิธีการเพาะเลี้ยง)

ตารางที่ 3.6 น้ำหนักสด, น้ำหนักแห้ง, ประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจน, อัตราการเจริญเติบโต และปริมาณไนโตรเจนทั้งหมดของเห็นแองแต่ละสายพันธุ์ในนาข้าว

สายพันธุ์	น้ำหนักสด (กรัม/ ตร.ม)	น้ำหนักแห้ง (กรัม/ ตร.ม)	ค่า doubling time (วัน)	ARA $\mu\text{mole C}_2\text{H}_4/\text{g dw/h}$	% ในไนโตรเจนทั้งหมด
AZO1	1774b	98.66b	3.8a	13.12a	3.62b
AZO2	1568b	89.74a	3.9a	13.58a	2.94a
AZO3	633a	80.80a	6.6b	11.26a	3.26ab

Same letter in the same column showed no significance different at 95% DMRT

ความร้อนและแมลงศัตรูพืชเป็นปัจจัยที่ทำให้ชีวมวลของเห็นแองสายพันธุ์ AZO3 ต่ำและมีค่า doubling time สูง ซึ่งเห็นแองแต่ละสายพันธุ์มีระดับความทนทานต่ออุณหภูมิแตกต่างกันดังจะเห็นได้จากการที่เห็นแองมีชีวตรอตในช่วงอุณหภูมิที่ค่อนข้างกว้าง โดยสายพันธุ์ *A. filiculoides* ค่อนข้างทนต่ออุณหภูมิต่ำ ในขณะที่สายพันธุ์ *A. mexicana*, *A. microphylla* และ *A. caroliniana* เจริญได้ดีในอุณหภูมิที่สูงกว่า (Lumpkin and Plucknett, 1982) แมลงศัตรูพืช, หอย, ปูนา และหนอนผีเสื้อ กลางคืน เป็นปัจจัยหลักที่พบในการเลี้ยงเห็นแอง ในการควบคุมกำจัดปests ทางแมลงศัตรูพืชในการทดลองนี้จะใช้ฟูราน (carbofuran) ซึ่งเป็นสารปรบวนศัตรูพืชที่มีความเป็นพิษต่อการเจริญเติบโตของเห็นแองน้อยที่สุด ส่วนหนอนผีเสื้อกลางคืนทำการกำจัดด้วย monocrotophos 56% W.P. สเปรย์ลงบนแปลงเห็นแองทุกๆ สัปดาห์

ผลจากการทดลองโดยใช้เห็นแองทั้ง 3 สายพันธุ์พบว่า สายพันธุ์ AZO1 และ AZO2 เหมาะสมกับการนำมาปรับใช้กับพื้นที่ประเทศไทย จากการทดลองของ Boonkerd และคณะ (1986) แสดงผลของการคัดเลือกเห็นแองจากสภาพพื้นที่ต่างๆ ภายในประเทศไทย พบรากการทดลองที่สถานีทดลองของอนกฤษพบว่า ไม่มีความแตกต่างของเวลาที่ใช้ในการเจริญเติบโต (doubling time) และประสิทธิภาพการตรึงไนโตรเจนของเห็นแอง (ARA) แต่พบว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทั้งใน

มวลชีวภาพและค่า doubling time ในสถานีทดลองที่เชียงใหม่ นอกจากนี้จากการวิจัยของ Choonlunchanon และคณะในปี 1988 พบว่าการใช้เห็นด้วยสายพันธุ์ *A. caroliniana* and *A. microphylla* มีความต้านทานต่อการเข้าทำลายของเชื้อร้ายและแมลงศัตรูพืชมากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับสายพันธุ์ *A. pinnata* นอกจากนี้งานวิจัยของ Lumpkin และ Bartholomew (1986) ยังกล่าวว่าเห็นด้วยสายพันธุ์ *A. microphylla* ต้านทานต่อการเข้าทำลายของแมลงและความร้อนสูงได้

## บทที่ 4

### สรุปผลการทดลอง

การจำแนกสายพันธุ์แทนเดง (*Azolla*) จีนส์ Azollaceae มีความซับซ้อนและมีการทดลองมาเป็นเวลานาน เนื่องจากการจำแนกโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของแทนเดงส่วนใหญ่จะเน้นการจำแนกโดยใช้โครงสร้างทางการสืบพันธุ์ (reproductive structure) ซึ่งเป็นส่วนที่พบได้ยากในธรรมชาติและในบางสายพันธุ์ยังมีการศึกษาไม่ชัดเจน การทดลองนี้ศึกษาการจำแนกสายพันธุ์ของแทนเดงโดยศึกษาภายใต้กล้อง stereo microscope กล้องชุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบสแกน และการวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอ ทำการคัดเลือกแทนเดงเบื้องต้นจากแหล่งน้ำ 2 แหล่งคือ ฟาร์มและสวนเกษตรอินทรีย์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี โดยทำการคัดเลือกแทนเดงเบื้องต้นได้ทั้งหมด 3 สายพันธุ์ (AZO1, AZO2 และ AZO3) ใน การศึกษาถักยนต์ทางสัณฐานวิทยาในการทดลองนี้จะทำการศึกษาขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางในลักษณะขนใบ (epidermal trichome) และจำนวนทุ่นลอย (float) ในสปอร์เพสเมีย (megaspore) โดยสามารถจำแนกสายพันธุ์ได้ดังนี้ AZO1 คือสายพันธุ์ *A. microphylla* AZO2 คือสายพันธุ์ *A. cristata* (เรียกรวมกันระหว่าง 3 สายพันธุ์ *A. caroliniana* *A. microphylla* และ *A. mexicana* เพราะมีลักษณะคล้ายกันจึงไม่สามารถจำแนกกันอย่างชัดเจนได้) และ AZO3 คือสายพันธุ์ *A. filiculoides* นอกจากนี้ยังทำการศึกษาการวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอ (ใช้ห้อง laboratorium 18S rDNA and ITS region) ผลจากการวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอ (18S rDNA) พบว่าลำดับเบสของ AZO1 AZO2 และ AZO3 มีความใกล้เคียงกับแทนเดงสายพันธุ์ *Azolla* sp. Qui 02051 (Accession no. DQ629421) สายพันธุ์ *A. filiculoides* (Accession no. AY612717) และสายพันธุ์ *A. filiculoides* (Accession no. AY612717) ตามลำดับ ซึ่งไฟรเมอร์ 18S rDNA ไม่สามารถใช้ในการจำแนกในระดับสปีชีส์ได้ ในขณะที่เมื่อใช้ไฟรเมอร์ ITS ผลจากการเปรียบเทียบกับลำดับเบสในฐานข้อมูล stomachion กับแทนเดง 3 สายพันธุ์ดังนี้ AZO1 คือ *A. microphylla*, AZO2 คือ *A. mexicana* และ AZO3 คือ *A. filiculoides*. ให้ค่าความคล้ายคลึงกันกับฐานข้อมูลใน GenBank 99.3, 99.0 และ 99.2% ตามลำดับ จากผลการจำแนกสายพันธุ์แทนเดงทางสรีรวิทยาพบว่ามีความจำเป็นที่ต้องใช้วิธีการคัดแยกทางโมเลกุลซึ่งเป็นวิธีที่ใช้จำแนกสายพันธุ์ในระดับสปีชีส์ได้อย่างถูกต้องแม่นยำ นอกจากนี้ในผลการทดลองที่ใช้แทนเดงเพื่อเป็นปุ๋ยในนาข้าวโดยเปรียบเทียบกับการใช้ปุ๋ยเคมี (12-8-8 กก./ไร่) ผลผลิตเม็ดดีดีข้าวสูงที่สุดที่ได้คือ การใช้แทนเดงสายพันธุ์ AZO1 (*A. microphylla*) ซึ่งพบว่าไม่แตกต่างจากการใช้ปุ๋ยเคมี ผลผลิตที่ได้จาก AZO1 มีค่าผลผลิตที่เพิ่มสูงขึ้น 16.72% สูงกว่าการใช้ปุ๋ยเคมีที่ 12.28% ดังนั้นจากการทดลองนี้สรุปได้ว่าสายพันธุ์ *A. microphylla* สามารถนำมาใช้เพื่อเป็นปุ๋ยชีวภาพที่ให้ผลใกล้เคียงกับการใช้ปุ๋ยเคมี

## ເອກສາරົ້າງອີງ

ປະເທດລຸ້າ ສອງເມືອງ. 2543. ກາຣໃຫ້ປູ່ຍືນທີ່ໃນນາໜ້າວ. ກໍ່ມັງຈານວິຈິຍຄວາມອຸດນົມສົມບູ້ຮົມຂອງດິນ ກອງ  
ປະຫວີທາ. ກຣມວິຊາການເກີຍຕຣ. ກຽງເທພາ.

Available: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>

Baker, J.A., Entsch, B. and McKay, D.B. (2003) The cyanobiont in an *Azolla* fern is neither *Anabaena* nor *Nostoc*. FEMS Micro. Letters 229: 43-47.

Boonkerd, N., Swatdee, P. and Choonluchanon, S. (1986). Vegetative propagation; selection of *Azolla*. In: Method to culture, maintain and propagate *Azolla* under tropical conditions. 49 pp.

Carrapico, F. 2002. The *Azolla-Anabaena*-bacteria system as a natural microcosm. Proceeding of SPIE. 4495: 261-265.

Carrapico, F., Teixeira, G. and Diniz, M. A. 2002. *Azolla* as a biofertilizer in Africa: a challenge for the future. In Biotechnology of Biofertilizer. Kannalyan, S. Ed.Narosa Publishing House. New Delhi. pp. 277-292.

Choonluchanon, S., Boonkerd, N. and Swatdee, P. (1988). Adaptation of exotic *Azolla* to tropical environment of Thailand. Plant and Soil. 108: 67-70.

Dellporta, SL., Wood, J. and Hicks, JB. (1983). A plant DNA minipreparation: Version II. Plant Molecular Biology. 1: 19-21

Dunham, D.G. and Fowler, K. (1987). Taxonomy and species recognition in *Azolla* Lam. In: *Azolla* utilization. International Rice Research Institute. Philippines. pp. 7-16.

Felstein, J. (1993). PHYLIP, Version 3.5. Department of Genetic, University of Washington, Seattle.

Gebhardt, J.S. and Nierwicki-Bauer, S.A. (1991) Identification of a common cyanobacterial symbiont associated with *Azolla* spp. Through molecular and morphological characterization of free-living and symbiotic cyanobacteria. App. Environ. Micro. 57: 2141-2146.

Gevrek, M.N. (2000). A study on *Azolla* as a nitrogen source in rice farming. Turkish Journal of Agriculture and Forestry 24: 165-172.

Hossain, M.B., Mian, M.H., Hashem, M.A., Islam, M.Z. and Shamsuddoha, A.T.M. (2001). Use of *Azolla* as biofertilizer for cultivation of BR 26 rice in aus season. Journal of Biological Sciences. 1(12): 1120-1123.

- Kannaiyan, S. (1979). Utilization of *Azolla* for rice crop. Farmer and Parliament. 8: 33-37.
- Khan, M. M. 1987. Is *Azolla* & viable supplement and /or substitute for chemical fertilizers. SEARCA Technical Bulletin 3.
- Konar, R.N. and Kapoor, R.K. (1974). Embryology of *Azolla pinnata*. Phytomorphology. 22: 211.
- Liu Chung-chu. (1979). Use of *Azolla* in Rice Production in China. Nitrogen and Rice. 3: 375-394.
- Liu Xi-lian, Zhang Zhuang-ta, Ke Yu-si, Ling De-quan and Duan Bing-yuan. (1981). Utilization of *Azolla* in agricultural production in Kwangtong province. Kwangtong Agricultural Science. pp. 1-11.
- Lumpkin, T.A. and Plucknett, D.L. (1980). *Azolla*: botany, physiology and use as green manure. Economic Botany. 34(2): 111- 153.
- Lumpkin, T.A. and Plucknett, D.L. (1982). *Azolla* as a Green Manure: Use and Management in Crop Production. Boulder: West View Press.
- Lumpkin, T.A. and Bartholomew, D.W. (1986). Predictive models for the growth response of eight *Azolla* accessions to climatic variables. Crop Science. 26: 107-111.
- Martin, A.R.H. (1976). Some structures in *Azolla* megasporangia and an anomalous form. Review of Paleobotany and Palynology. 12: 141.
- Maejima K., Uheda, E., Kitoh, S and Shiomi, N. (2002) Differences in growth rate, nitrogen fixation and numbers of cyanobionts and heterocysts among three *Azolla pinnata* var *pinnata* strains. Environ. Experiment. Bot. 47:143-147.
- Mitchell, D.S. (1974). The development of excessive populations of aquatic plants. In: Aquatic Vegetation and Its Use and Control. UNESCO, Paris. pp. 37-38.
- Mitchell, D.S. (1974). The development of excessive populations of aquatic plants. In: Aquatic Vegetation and Its Use and Control. UNESCO, Paris. pp. 37-38.
- Page, R.D.M. (1996). Treeview: an application to display phylogenetic trees on personal computers. Computer Applications in Biosciences. 12:357-358.
- Rai, A. N., Soderback, E. and Bergman, B. 2000. Transley review no.116: Cyanobacterium-plant symbioses. Review New Phytology. 147: 449-481.
- Rai, A.K. and Rai, V. (2003) Effect of NaCl on growth, nitrate uptake and reduction and nitrogenase activity of *Azolla pinnata* - *Anabaena azollae*. Plant Science 164:61-69.

- Rai, V., Tiwari, S.P. and Rai, A.K. (2001) Effect of NaCl on nitrogen fixation of unadapted and NaCl-adapted *Azolla pinnata* – *Anabaena azollae*. Aquatic Botany 71: 109-117.
- Singh, P.K. (1979). Effect of *Azolla* on the yield of paddy with and without application on N fertilizer. Current Science. 46(18): 642-644.
- van Hove, C. (1989). *Azolla* and its multiple uses with emphasis on Africa. Rome. Food and Agriculture Organisation of the United Nations. 53 pp.
- Walsby, A. E. and Nichols, B. W. (1969). Lipid composition of heterocysts. Nature (London). 221: 673.
- Watanabe, I. (1978). *Azolla* and its use in lowland rice culture. Tsuchi Bisebutsu. 20: 1-10.
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S. and Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA gene for phylogenetics. In PCR protocol: a guide to methods and application, M.A Innis, D. H. Gelfand and J.J. Sninsky. Academic Press, San Diego. pp. 315-322.
- Yanni, Y.G, Shalaan, S.N. and El-Haddad, M. (1994). Potential role of *Azolla* as green manure for rice in Nile Delta under different levels of inorganic fertilization. In: Nitrogen Fixation with non-legumes (eds.) N.A. Hegazi, M. Fayez and M. Monib. The American University in Cairo Press. pp 127-132.
- Zimmerman, W.J., Watanabe, I. and Lumpkin, TA. (1991). The *Anabaena-Azolla* symbiosis: Diversity and relatedness of neotropical host taxa. Plant Soil. 137: 167-170.

## Curriculum vitae

**Name:** Chokchai Wanapu (ຜ. ຕ. ໂົກສ້າ ວະນຸພູ)  
[ຊື່ນາມສຸກລາເດີມ: ອິນທພຸກຸກໍ (Intapruk)]

**Sex:** Male

**Nationality:** Thai

**Religion:** Buddhism

**Date of Birth:** September 15, 1959

**Present Status:** Assistant Professor in Institute of Agricultural Technology, Suranaree University of Technology, Nakonratchasima 30000, Thailand.

***Education Background and Experience:***

From 1978 - 1982: B.Sc. (Chemistry) from Department of Chemistry, Faculty of Science, Chiangmai University, Chiangmai, Thailand.

From 1982 - 1984: M.Sc. (Biochemistry) from Department of Biochemistry, Faculty of Science, Mahidol University, Bangkok, Thailand.

From 1991 - 1994: Ph.D. (Engineering in Biotechnology) from Department of Biotechnology, Faculty of Engineering, Osaka University, Osaka, Japan.

From 1996 – 1997: Head of Department of Biochemistry, Faculty of Science, Prince of Songkla University, Hatyai, Songkla 90110, Thailand.

From 1997 – 1999: Director of Center of Scientific and Equipment, Walailak University, Nakonsritummarat 80000, Thailand.

From 1999 – 2001: Director of Technopolis, Suranaree University of Technology, Nakonratchasima 30000, Thailand.

***Scientific Experiments:***

Plant and microbial molecular genetics.

Fermentation Techniques.

Alcohol Beverage Production.

**Scientific Publication:**

**Intapruk, C.**, Tirawanchai, N., Wilairat, P. and Panyim, S. (1984) Application of cloned malaria parasite DNA in strain identification. Mahidol University Annual Research Abstracts 11, 297.

**Intapruk, C.** (1984) in Manual for international laboratory workshop "Genetic engineering techniques in tropical diseases research" to be published by WHO special programme for research and training in tropical diseases, 195-204.

Wilairat, P., Tirawanchai, N., **Intapruk, C.**, Tungpradubkul, S. and Panyim, S. (1984) Strain characterization of human malaria parasite, *Plasmodium falciparum*, by the use of a cloned parasite DNA probe. Microbial utilization of renewable resources. 4, 210-213.

Tirawanchai, N., **Intapruk, C.**, Wilairat, P., Yuthavong, Y. and Panyim, S. (1985) Cloning of repetitive DNA from *Plasmodium falciparum* and its use in strain and species identification. Mahidol University Annual Research Abstracts, 12, 250.

**Intapruk, C.** (1985) in Manual for national laboratory workshop "DNA cloning techniques" (in Thai) to be published by the National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, the Ministry of Science and Technology, 172-188.

Wilairat, P., Tirawanchai, N., **Intapruk, C.**, Tungpradabkul, S., Sertsrivanich, R., Panyim, S., Yuthavong, Y. (1985) Recombinant DNA techniques as potential diagnostic means. Ann. Ist. Super. Sanita. 21, 299-305.

Sriroongrueng, W. and **Intapruk, C.** (1989) The prenatal diagnosis of thalassemias (in Thai). Songkla Med J. 6, 428-435.

**Intapruk C**, Higashimura N, Yamamoto K, Okada N, Shinmyo A and Takano M (1991) Nucleotide sequences of two genomic DNAs encoding peroxidase of *Arabidopsis thaliana*. Gene 98: 237-241.

**Intapruk C**, Yamamoto K, Fujiyama K, Shinmyo A and Takano M (1993) Cloning of cDNAs encoding two peroxidases of *Arabidopsis thaliana*. J Ferment Bioeng 75: 166-172.

Shinmyo A, Fujiyama K, Kawaoka A and **Intapruk C** (1993) Structure and expression of peroxidase isozyme genes in horseradish and *Arabidopsis*. In: KG Welinder, SK Rasmussen, C Penel and H Greppin, eds, Plant Peroxidases Biochemistry and Physiology. Univ Geneva, Switzerland, pp 222-228.

**Intapruk C**, Yamamoto K, Sekine M, Shinmyo A and Takano M (1994) Regulatory sequences involved in the peroxidase gene expression in *Arabidopsis thaliana*. Plant Cell Reports 13: 123-129.

**Intapruk C**, Takano M and Shinmyo A (1994) Nucleotide sequence of a new cDNA for peroxidase from *Arabidopsis thaliana*. Plant Physiol. 104: 285-286.

**Wanapu C** and Shinmyo A (1996) *cis*-Regulatory of the peroxidase gene in *Arabidopsis thaliana* involved in root specific expression and responsiveness to high-salt stress. Ann New York Acad Sci. 782 (12): 107-114.

Rodtong, S.; **Wanapu, C.** and Ishizaki, A. (2000) Starch-utilizing bacteria for L-lactic acid production. The 12<sup>th</sup> Annual Meeting of the Thai Society for Biotechnology. 52.

Cheunkum, O. and **Wanapu, C.** (2002) Production of Lactic acid from cassava solid waste. The 3<sup>rd</sup> National Symposium on Graduate Research.633-634.

Sripi, T., Phongdara, A., **Wanapu, C.** and Caplan, A.B. (2002) Screening and characterization of aldehyde dehydrogenase gene from *Halomonas salina* strain AS11. J. Biotech. 95, 171-179.

Kuapunyakoon, T. and **Wanapu, C.** (2003) Effects of diammonium phosphate (DAP) supplementation on growth rate and ethanol production of *Saccharomyces cerevisiae* K1-V1116 in tamarind wine. Suranaree J. Sci. Technol. 10: 147-151.

Sripunya, P., **Wanapu, C.** and Boonkerd, N. (2004) Effect of  $\beta$ -glucosidase enzyme in *Saccharomyces cerevisiae* strains on aroma production mango (Chok-anan) wine fermentation. Thai J. Biotech. (accepted).