

ธัญวลี สุขสงวน : การเปรียบเทียบโครงสร้างกลุ่มประชากร แบคทีเรียดินที่ปลูกข้าวระบบ
ดั้งเดิมและระบบการเพิ่มผลผลิตข้าว: SRI (COMPARISON OF BACTERIAL
ACTIVITIES AND DIVERSITY IN SOIL BETWEEN CONVENTIONAL
AND THE NOVEL RICE CULTIVATION: SRI) อาจารย์ที่ปรึกษา :
รองศาสตราจารย์ ดร.หนึ่ง เตียอำรุง. 107 หน้า

มีการรายงานไว้ว่าการปลูกข้าวด้วยระบบการเพิ่มผลผลิตข้าว หรือเอสอาร์ไอ สามารถทำ
ให้ได้ผลผลิตของข้าวมากขึ้นจากระบบดั้งเดิมถึง 5-10 ตันต่อเฮกตาร์ การเปลี่ยนแปลงของความ
ยาวของรากข้าว, ระยะห่าง, และ แร่ธาตุอาหาร ส่งผลให้ต้นข้าวในระบบเอสอาร์ไอได้รับ
สารอาหารมากขึ้น ซึ่งนำไปสู่การเพิ่มผลผลิตของข้าว การศึกษานี้ให้ความสนใจถึงในส่วนของการ
ให้น้ำในนาเป็นระยะ คือปล่อยให้พื้นนาแห้งสลับเปียก ในช่วงที่ข้าวมีการแตกกอจนถึงระยะที่ข้าว
เริ่มสร้างรวงอ่อน และการใช้ปุ๋ยหมัก เพื่อศึกษาการเปลี่ยนแปลงของกิจกรรม และกลุ่มประชากร
ของแบคทีเรียดิน ในระบบของการปลูกข้าวที่ต่างกัน ได้ทำการปลูกข้าวที่ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิต
ทางเกษตร (ศวพก) มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย ในช่วงหน้าแล้ง ระหว่าง
เดือนกุมภาพันธ์ ถึงเดือนมิถุนายน ปี 2546 โดยนาในระบบดั้งเดิมจะมีการให้น้ำอยู่ตลอดเวลา ส่วน
นาในระบบเอสอาร์ไอจะมีการปล่อยให้พื้นนาแห้งสลับเปียกในช่วงที่ข้าวมีการแตกกอจนถึงระยะที่
ข้าวเริ่มสร้างรวงอ่อน นาทั้งสองระบบจะมีการให้ปุ๋ยหมัก (12.5 ตันต่อเฮกตาร์) และไม่ให้ปุ๋ย
หมักเพื่อเปรียบเทียบกัน พบว่าให้ผลผลิตข้าวในระบบดั้งเดิม (5.92 และ 5.47 ตันต่อเฮกตาร์)
มากกว่าในระบบเอสอาร์ไอ (3.76 และ 3.58 ตันต่อเฮกตาร์) อย่างมีนัยสำคัญ ในนาที่ให้และ
ไม่ให้ปุ๋ยหมักตามลำดับ พบปมที่รากของข้าวที่ปลูกในระบบเอสอาร์ไอ ซึ่งเกิดจากการเข้าอาศัย
ของไส้เดือนฝอย ในช่วงที่พื้นนาแห้งสลับเปียก ซึ่งอาจจะเป็นเหตุผลที่ทำให้ผลผลิตข้าวในระบบ
เอสอาร์ไอต่ำ

ในระหว่างการปลูกข้าว ได้ทำการเก็บตัวอย่างดิน 5 ครั้ง จาก 2 ระดับความลึก (0-10 และ
10-20 เซนติเมตร จากผิวดิน) ค่าของ mineralizable N ในดินทั้งสองระดับต่างกันอย่างมี
นัยสำคัญ แต่ไม่พบความแตกต่างดังกล่าวในระบบของการปลูกข้าวทั้งสอง ค่าของ nitrification
rate ในระบบเอสอาร์ไอที่ใส่และไม่ใส่ปุ๋ยหมักสูงกว่าในระบบดั้งเดิม แต่ค่าของไนเตรทที่สูงกว่า
ไม่ได้ส่งผลต่อผลผลิตข้าวหรือค่า denitrification potential นอกจากนี้ยังไม่พบความแตกต่าง
ของอัตราการตรึงไนโตรเจน ระหว่างระบบการปลูกข้าวทั้งสองจากทั้งสองระดับความลึก

การศึกษากลุ่มประชากรแบคทีเรียโดยวิธี Terminal Restriction Fragment Length
Polymorphism (T-RFLP) จาก 16S rRNA genes (16S rDNAs) แสดงให้เห็นถึงการ
เปลี่ยนแปลงของกลุ่มประชากรแบคทีเรียในระหว่างการปลูกข้าว โดยที่ในแต่ละเดือนจะรวมกลุ่ม

กัน และกลุ่มประชากรแบคทีเรียจะเปลี่ยนไปจากระยะเริ่มต้นการปลูกข้าวในเดือนกุมภาพันธ์ จนกระทั่งเดือนเมษายน นอกจากนี้ยังพบความแตกต่างของกลุ่มประชากรแบคทีเรียในนาทั้งสองระบบ จากทั้งสองระดับความลึก ทำการศึกษาแบคทีเรียในกลุ่ม ammonia-oxidizing bacteria (AOB) ด้วยเทคนิค denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) ร่วมกับการทำ PCR จาก ammonia monooxygenase gene (*amoA*) พบว่ากลุ่มของ AOB ในระบบดั้งเดิม และเอสอาร์ไอมีค่าความสัมพันธ์อยู่ในช่วง 15-100% และ 20-100% ตามลำดับ ทำการ clone และหาลำดับ DNA จาก DNA ในส่วนของ *amoA* gene ที่ได้จากดิน จาก phylogenetic tree พบลำดับของ DNA ที่คล้ายกับ *Nitrosospira* และ *Nitrosomonas* ในดินจากระบบเอสอาร์ไอ และระบบดั้งเดิมตามลำดับ ส่วนลำดับของ DNA ที่พบในทุกตัวอย่างพบว่า คล้ายกับกลุ่มของ AOB ที่ไม่สามารถเพาะเลี้ยงในห้องทดลองได้ ทั้งนี้สรุปได้ว่าระบบของการปลูกข้าวที่ต่างกันจะส่งผลกระทบต่อความเปลี่ยนแปลงของกลุ่มจุลินทรีย์ในดิน

สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

ปีการศึกษา 2549

ลายมือชื่อนักศึกษา _____

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา _____

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม _____

THANWALEE SOOKSA-NGUAN : COMPARISON OF BACTERIAL
ACTIVITIES AND DIVERSITY IN SOIL BETWEEN CONVENTIONAL
AND THE NOVEL RICE CULTIVATION: SRI. THESIS ADVISOR :
ASSOC. PROF. NEUNG TEAUMROONG, DR.RER.NAT. 107 PP.

RICE/BACTERIAL ACTIVITIES/ BACTERIAL DIVERSITY/SRI

The system of rice intensification (SRI) has been reported to increase yield up to 5-10 t ha⁻¹ when compared with practices used in conventional rice cultivation. Changes in root length, distribution, and mineral cycling leading to increased crop nutrient uptake, have been suggested as mechanisms responsible for these dramatic yield increases under SRI. This study was focused on the practices of intermittent irrigation during the vegetative growth phase and compost application to investigate the effects of rice cultivation systems on microbial processes and bacterial community structure. *Sun Patong-1* was grown in the Multiple Cropping Center (MCC) Chiang Mai University, Thailand, in 2003 during the dry season (February - June). The conventional system of constantly flooded soil management was compared to the intermittent wetting and draining during vegetative growth used in the SRI system. Soils in both systems were amended with compost (12.5 ton ha⁻¹) or left unamended. Rice yields in the conventional systems (5.92 and 5.47 t ha⁻¹) were significantly greater than those obtained from the SRI systems (3.76 and 3.58 t ha⁻¹), with and without compost, respectively. Root knot nematodes were found colonizing roots during the intermittent irrigation in the vegetative growth phase and could be a factor in the low yields obtained under SRI. Soils were sampled 5 times across the growing season at two depths (0-10 and 10-20 cm). Potentially mineralizable N differed

significantly between soil depths, but not between rice cultivation systems. Nitrification rate was significantly higher in the SRI system, with and without compost addition, but higher nitrate (NO_3^- -N) availability did not lead to increased yield or soil denitrification potential. No differences in rates of nitrogen fixation were found between either the cultivation systems or soil depths. In order to analyze the bacterial community structure, the terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) analyses of 16S rRNA genes (rDNAs) were employed. Generally, the communities shifted from February to April, then groups formed stayed together until the end of the cropping season. Moreover, the shifts also revealed in both cultivation systems on both levels. Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) of PCR amplicons of the ammonia monooxygenase gene (*amoA*) from both soil depths revealed the relationships in the range of 15-100% and 20-100% similarity in conventional rice cultivation system and SRI practice, respectively. The *amoA* amplicons generated from soil DNA were cloned and sequenced. A phylogenetic tree showed that the *Nitrospira*-like sequences were found within the SRI practice with compost application, whereas the *Nitrosomonas*-like sequence was found in the conventional rice cultivation system where compost was applied. The majority of retrieved sequences from all four treatments were closely related to uncultured ammonia oxidizing bacteria (AOB). In conclusion, the differences in microbial communities were influenced by different cultivation systems.

School of Biotechnology

Academic Year 2006

Student's Signature _____

Advisor's Signature _____

Co-advisor's Signature _____