

**การศึกษาสูตรอาหารในการเลี้ยงต่อการเจริญเติบโตและการเพิ่มรงควัตถุ
ของแบคทีเรียสังเคราะห์แสง**

**Study on Culture Media for Growth and Pigment Enhancement
of Photosynthetic Bacteria**

ณัฐศิริ สุตดวง บุปผา จงพัฒน์ และอัจฉรี เรืองเดช*

Nattasiri Suddoung, Buppha Jongput and Uscharee Ruangdej*

เทคโนโลยีการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำและการจัดการทรัพยากรทางน้ำ คณะเทคโนโลยีการเกษตร

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง กรุงเทพฯ 10520

Aquacultural Technology and Aquatic Resource Management, School of Agricultural Technology

King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Bangkok, Thailand 10520

*Corresponding author: uscharee.ru@kmitl.ac.th

Abstract

Photosynthetic bacteria (PSB) as a beneficial microbial community, can not only rely on light as energy source, but also rely on organic matter as food to grow. The intracellular structure is high in carotenoids and can be used by small animals as food due to its high nutritional value. It is an interesting new source of naturally synthesized carotenoid. This research aims to select the appropriate media for PSB culture, divided into the use of inorganic substances in culture 1) chemical medium compared with organic medium consisted of 2) fish sauce medium and 3) shrimp paste medium for 15 days. It was found that at the end of the experiment period, PSB fed with inorganic medium showed better growth than organic medium. PSB fed chemical medium showed the highest growth at 0.2435 ± 0.01 g/L (on day 11th) and the most pigment production was 5.59 ± 0.09 mg/L (on the 12th), then gradually decreased the next day.

Keywords: culture media, photosynthetic bacteria, pigment, carotenoid, Bacteriochlorophylls

บทคัดย่อ

แบคทีเรียสังเคราะห์แสง (photosynthetic bacteria; PSB) เป็นกลุ่มจุลินทรีย์ที่สามารถเจริญเติบโตได้ทั้งแบบใช้แสงเป็นแหล่งพลังงานและอาศัยสารอินทรีย์เป็นอาหารเพื่อใช้ในการเจริญเติบโต โครงสร้างภายในเซลล์มีปริมาณแคโรทีนอยด์สูงและสัตว์ขนาดเล็กก็สามารถนำมาใช้เป็นอาหารได้เพราะมีคุณค่าทางโภชนาการสูง PSB นับเป็นแหล่งแคโรทีนอยด์สังเคราะห์ใหม่จากธรรมชาติที่น่าสนใจ วัตถุประสงค์ของงานวิจัยนี้คือ การเลือกสูตรอาหารที่เหมาะสมสำหรับการเพาะเลี้ยงแบคทีเรียสังเคราะห์แสง ชุดการทดลอง ประกอบด้วย 1) สูตรเคมี 2) สูตรน้ำปลา และ 3) สูตรกะปิ เป็นระยะเวลา 15 วัน พบว่าเมื่อครบกำหนดระยะเวลาการทดลอง PSB ที่เลี้ยงด้วยอาหารอินทรีย์มีการเจริญเติบโตดีกว่าสูตรอินทรีย์ โดย PSB ที่เลี้ยงสูตรเคมีมีการเจริญเติบโตสูงที่สุด 0.2435 ± 0.01 กรัม/ลิตร ในวันที่ 11 และมีการผลิตรงควัตถุที่สูงสุด 5.59 ± 0.09 มก./ลิตร ในวันที่ 12 จากนั้นค่อย ๆ ลดลงในวันถัดไป

คำสำคัญ: อาหารเลี้ยงจุลินทรีย์ แบคทีเรียสังเคราะห์แสง รงควัตถุ แคโรทีนอยด์ แบคทีเรียโอคโลโรฟิลล์

**กิจกรรมด้านจุลินทรีย์ก่อโรคข้าวของ *Bacillus velezensis* และการสร้างสาร
ลดแรงตึงผิวทางชีวภาพ**
**Antimicrobial Activities against Rice Pathogens of *Bacillus velezensis*
and their Biosurfactant Production**

ธัญชนก เอื้ออาจีน¹ วราภรณ์ แสงทอง² วิรุณธชา เครือฟู³ ปิยะนุช เนียมทรัพย์¹ และศรีกาญจนา คล้ายเรือง^{1*}
Thanchanok Auearchin¹, Varaporn Saengtong², Viruntachar Kruefu³ Piyanuch Niamsup¹
and Srikanjana Klayraung^{1*}

¹สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

²สาขาวิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

³สาขาวิชาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีนาโน คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

¹Division of Biotechnology, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

²Division of Genetics, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

³Nanoscience and Nanotechnology Program, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

*Corresponding author: s.klayraung@gmail.com

Abstract

The aims of this study were to investigate antimicrobial activities against *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* and *Pyricularia oryzae*, major rice pathogens, and biosurfactant production of *Bacillus velezensis*. *B. velezensis* isolated from lichen were used in this study. All isolates of *B. velezensis* showed antimicrobial activities against *Xoo* and *P. oryzae* according to spot on lawn assay, agar well assay and dual cultures method. The biosurfactant production of *B. velezensis* was screened by cell hydrophobicity, emulsification activity (E24) and specific genes for cyclic lipopeptides (cLPs). The results of bacterial cell adherence with hexadecane and emulsion by olive oil confirmed that the seven isolates of *B. velezensis* were able to produce biosurfactant. Furthermore, the PCR products of six cLPs synthesis-related genes comprising of *SUR3*, *srfa*, *ituD*, *ituC*, *fenD* and *bmyB* that regulated antibiotic biosurfactants production including surfactin, iturin, fengycin and bacillomycin, were detected. The safety of *B. velezensis* isolates were evaluated using antibiotic susceptibility test. It was found that all *B. velezensis* isolates were susceptible to penicillin, ciprofloxacin, tetracyclin, Tigecyclin and vancomycin.

B. velezensis are also not be listed in Pathogens and Animal Toxins Act 2015. These results can potentially make *B. velezensis* useful and safe as agricultural biocontrol agents.

Keywords: rice pathogen, *Bacillus velezensis*, antimicrobial activity, biosurfactant

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาฤทธิ์ต้าน *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* และ *Pyricularia oryzae* ซึ่งเป็นเชื้อโรคที่สำคัญในข้าว และการผลิตสารลดแรงตึงผิวทางชีวภาพของ *Bacillus velezensis* โดย *B. velezensis* ทั้ง 7 ไอโซเลต ที่ทดสอบแสดงฤทธิ์ต้าน *X. oryzae* pv. *oryzae* และ *P. oryzae* เมื่อทดสอบโดยวิธี spot on lawn assay, agar well assay และ dual cultures การตรวจสอบความสามารถในการผลิตสารลดแรงตึงผิวชีวภาพ โดยใช้ความไม่ชอบน้ำของเซลล์ กิจกรรมการเกิดอิมัลชัน และยีนที่เกี่ยวข้องกับการสร้างสาร cyclic lipopeptides (cLPs) ผลการยัดเกาะของเซลล์แบคทีเรียกับเฮกซาเดเคน และการเกิดอิมัลชันของน้ำมันมะกอกยืนยันว่าแบคทีเรีย *B. velezensis* ทั้ง 7 สายพันธุ์ สามารถผลิตสารลดแรงตึงผิวทางชีวภาพได้ นอกจากนี้ยังตรวจพบ PCR products ของยีนที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์ cLPs หกชนิดซึ่งประกอบด้วย *SUR3*, *srfA*, *ituD*, *ituC*, *fenD* และ *bmyB* ที่ควบคุมการผลิตสารลดแรงตึงผิวทางชีวภาพที่ยับยั้งจุลินทรีย์ ได้แก่ surfactin, iturin, fengycin และ bacillomycin ในการทดสอบความปลอดภัยของ *B. velezensis* ใช้การทดสอบความไวต่อยาปฏิชีวนะ พบว่า *B. velezensis* ที่ใช้ในการศึกษาไวต่อยาปฏิชีวนะ penicillin, ciprofloxacin, tetracyclin, tigecyclin และ vancomycin อีกทั้ง *B. velezensis* ยังไม่อยู่ในทะเบียนรายชื่อเชื้อก่อโรคในคนและสัตว์ พระราชบัญญัติเชื้อโรคและพิษจากสัตว์ พ.ศ. 2558 ผลการทดลองนี้สามารถบ่งชี้ว่า *B. velezensis* มีประโยชน์และปลอดภัยสำหรับเป็นสารควบคุมชีวภาพทางการเกษตร

คำสำคัญ: จุลินทรีย์ก่อโรคข้าว *Bacillus velezensis* ฤทธิ์ต้านจุลินทรีย์ สารลดแรงตึงผิวทางชีวภาพ

ความหลากหลายของเชื้อราที่แยกได้จากเห็ดสมุนไพรจีน *Ophiocordyceps sinensis*
จากประเทศจีนและศักยภาพในการออกฤทธิ์ทางชีวภาพ

Fungal Diversity Isolates of the Chinese Medicinal Mushroom
Ophiocordyceps sinensis from China and Potential Bioactivities

สุวรรณโณม ชาทินรินทร์¹ วิจิตรา แดงปรก² ภาวิณี อารีศรีสม³ และมงคล ธิราบูญยานนท์^{1*}
Suwannachom Chatnarin¹, Wichitra Daengprok², Pawinee Areesrisom³
and Mongkol Thirabunyanon^{1*}

¹สาขาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

²สาขาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีการอาหาร คณะวิศวกรรมและอุตสาหกรรมเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

³สาขาวิทยาการสมุนไพร คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

¹Program in Biotechnology, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

²Program in Food Science and Technology, Faculty of Engineering and Agro-industry, Maejo University
Chiang Mai, Thailand 50290

³Program in Medicinal Plant Science, Faculty of Agricultural Production, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

*Corresponding author: mthirabun@yahoo.co.th

Abstract

Exploring natural sites for new bioactive compounds: Mushrooms have been valued as the original source of natural bioactive compounds for centuries and have been targeted as promising therapeutic agents. A number of novel bioactive compounds have been reported as a result of research on medicinal mushrooms. The purpose of this research was to study the diversity of fungal communities isolated from the fruit of *Ophiocordyceps sinensis* in nature and review their bioactivity potential. Molecular fungal species identification revealed fungal species other than *Ophiocordyceps sinensis*, including five species: *Nigrospora oryzae*, *Penicillium roqueforti*, *Penicillium soppii*, *Truncatella angustata*, and *Megasporoporia minor*. In this review, we collect data on bioactive secondary metabolites from fungi and highlight their unique chemical diversity and the potential benefits of new drug discovery. Its main significance is its anti-Alzheimer's, antimicrobial, antioxidant, anti-tumor, anti-

cancer, antiviral, and lipid-lowering abilities. anti-inflammatory effect, antimalarial effect, and as an anti-fouling agent, which is an important pharmaceutical target in terms of current drug discovery.

Keywords: identification, classification, *Ophiocordyceps sinensis*, fungal diversity, bioactivities

บทคัดย่อ

การสำรวจแหล่งธรรมชาติสำหรับสารออกฤทธิ์ทางชีวภาพชนิดใหม่ เพื่อมีคุณค่าในฐานะแหล่งดั้งเดิมของสารออกฤทธิ์ทางชีวภาพตามธรรมชาติมาเป็นเวลาหลายศตวรรษ และมีเป้าหมายเป็นสารรักษาโรคที่มีแนวโน้มดี มีรายงานสารประกอบที่ออกฤทธิ์ทางชีวภาพที่แปลกใหม่จำนวนมากอันเป็นผลมาจากการวิจัยเกี่ยวกับเห็ดสมุนไพร งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายของชุมชนเชื้อราที่คัดแยกได้จากผลเห็ดถึงเชื้อราที่เบตในธรรมชาติและทบทวนถึงศักยภาพในการออกฤทธิ์ทางชีวภาพ การระบุสายพันธุ์เชื้อราในระดับโมเลกุลพบสายพันธุ์เชื้อราที่นอกเหนือจากเชื้อราเห็ดถึงเชื้อราที่เบต (*Ophiocordyceps sinensis*) จำนวน 5 สายพันธุ์ ได้แก่ *Nigrospora oryzae* *Penicillium roqueforti* *Penicillium soppii* *Truncatella angustata* และ *Megasporoporia minor* ในการทบทวนนี้เรารวบรวมข้อมูลเกี่ยวกับสารทุติยภูมิที่ออกฤทธิ์ทางชีวภาพจากเชื้อราและเน้นย้ำถึงความหลากหลายทางเคมีที่เป็นเอกลักษณ์และประโยชน์ที่เป็นไปได้ของการค้นพบยาใหม่ๆ ความสำคัญหลักอยู่ที่ฤทธิ์ต้านอัลไซเมอร์ ต้านจุลชีพ ต้านอนุมูลอิสระ ต้านเนื้องอก ต้านมะเร็ง ต้านไวรัส ความสามารถในการลดไขมัน ฤทธิ์ต้านการอักเสบ และฤทธิ์ต้านมาเลเรีย ซึ่งเป็นเป้าหมายทางยาที่สำคัญในแง่ของการค้นพบยาในปัจจุบัน

คำสำคัญ: การระบุสายพันธุ์ การจำแนก เห็ดถึงเชื้อราที่เบต ความหลากหลายของเชื้อรา ฤทธิ์ทางชีวภาพ

การคัดเลือกสายพันธุ์เห็ดถั่งเช่าทิเบตและคุณลักษณะของเชื้อราที่มีประโยชน์
ที่คัดแยกจากดอกเห็ดถั่งเช่าทิเบตในธรรมชาติ

Strain Selection of *Ophiocordyceps sinensis* and Characterization
of the Beneficial Fungus Isolated from Natural Medicinal
Caterpillar Fungal Fruiting Body

สุวรรณโณม ชาทินรินทร์¹ วิจิตรา แดงปรก² ภาวิณี อารีศรีสม³ และมงคล ธิรบุญยานนท์^{1*}
Suwannachom Chatnarin¹, Wichittra Daengprok², Pawinee Areesrisom³
and Mongkol Thirabunyanon^{1*}

¹สาขาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

²สาขาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีการอาหาร คณะวิศวกรรมและอุตสาหกรรมเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

³สาขาวิทยาการสมุนไพร คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

¹Program in Biotechnology, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

²Program in Food Science and Technology, Faculty of Engineering and Agro-industry, Maejo University
Chiang Mai, Thailand 50290

³Program in Medicinal Plant Science, Faculty of Agricultural Production, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

*Corresponding author: mthirabun@yahoo.co.th

Abstract

Ophiocordyceps sinensis is a medicinal mushroom that has been used in traditional Chinese medicine for a long time. Its main bioactive constituents are polysaccharides, cordycepin, and adenosine, which contribute to body nourishment and outstanding pharmacological effects. That is, it can fight cancer and stimulate the immune system by reducing antioxidants and hypoglycemia. The aforementioned mushrooms are in demand and have a high market value, causing a crisis of insufficient natural raw materials. The cultivation of mycelium to replace mushrooms was used to supply market demand. This study was conducted in order to obtain accurate and representative species of natural *O. sinensis* mushrooms by using molecular biology and phylogenetic sequencing techniques. When naturally dried cordyceps were grown in a solid medium with 10.0 g of peptone, 40.0 g of dextrose, 2.0 g of yeast extract, 15.0 g of agar powder, and 1000.0 ml of distilled water for 14 days, it was found that the colony characteristics were that the middle was white to light cream, round in shape, and the mycelium were white feathers densely piled, branched, fluffy aerial mycelium, and rod-shaped spores 5–10 micrometers long, which are unique to those of natural cordyceps mushrooms. The results of

these fungi were sequenced using molecular biology techniques and phylogenetic comparisons. From the phylogenetic tree, it was found that the aforementioned fungi were cordyceps with the scientific name *Ophiocordyceps sinensis*, so this fungus can be further applied to the production of bioactive compounds for the supplement and pharmaceutical industries.

Keywords: isolation, identification, morphology, *Ophiocordyceps sinensis*, medicinal mushroom

บทคัดย่อ

เห็ดถั่งเช่าทิเบต (*Ophiocordyceps sinensis*) เป็นเห็ดทางการแพทย์ที่มีการใช้ในยาแผนโบราณของจีนมายาวนาน ด้วยองค์ประกอบสารออกฤทธิ์ทางชีวภาพหลัก คือ โพลีแซ็กคาไรด์ คอร์โดเซปิน และอะดีโนซีน ซึ่งมีส่วนช่วยในการบำรุงร่างกายและมีฤทธิ์ทางเภสัชวิทยาที่โดดเด่น กล่าวคือสามารถต้านมะเร็ง กระตุ้นภูมิคุ้มกัน ต้านอนุมูลอิสระ และลดน้ำตาลในเลือด ซึ่งดอกเห็ดดังกล่าวเป็นที่ต้องการและมีมูลค่าทางการตลาดสูง ทำให้เกิดวิกฤตวัตถุดิบจากธรรมชาติไม่เพียงพอ การเพาะเลี้ยงเส้นใยเพื่อทดแทนดอกเห็ดจึงถูกนำมาใช้ตอบสนองความต้องการของตลาด การศึกษานี้เพื่อให้ได้รับสายพันธุ์ที่ถูกต้องและเป็นตัวแทนของเห็ดถั่งเช่าทิเบตธรรมชาติ โดยการใช้เทคนิคทางชีววิทยาโมเลกุลและการลำดับสายวิวัฒนาการ โดยเมื่อนำดอกเห็ดถั่งเช่าทิเบตแห้งในธรรมชาติมาเลี้ยงในอาหารแข็งสูตร เพปโตน 10.0 กรัม เด็กซ์โทรส 40.0 กรัม ยีสต์สกัด 2.0 กรัม ผงวุ้น 15.0 กรัม น้ำกลั่น 1000.0 มิลลิลิตร เป็นเวลา 14 วัน พบว่ามีลักษณะโคโลนีที่ตรงกลางมีสีขาวถึงสีครีมอ่อน รูปร่างกลม นอกจากนั้นเส้นใยมีสีขาวขนนกซ้อนกันอย่างหนาแน่น เส้นใยแตกเป็นข้อแขนง มีเส้นใยอากาศฟูฟู และมีสปอร์รูปแท่งยาว 5-10 ไมโครเมตร ซึ่งมีลักษณะเฉพาะตรงกับเห็ดถั่งเช่าทิเบตธรรมชาติ ผลจากการนำาราดังกล่าวไปจัดลำดับหมวดหมู่ด้วยเทคนิคชีววิทยาโมเลกุลและเทียบสายวิวัฒนาการ (phylogenetic tree) พบว่าาราดังกล่าวเป็นเห็ดถั่งเช่าทิเบตที่มีชื่อทางวิทยาศาสตร์ว่า *Ophiocordyceps sinensis* ดังนั้นเราเห็ดถั่งเช่าทิเบตธรรมชาติดังกล่าว สามารถนำไปประยุกต์ใช้เพื่อการผลิตสารออกฤทธิ์ทางชีวภาพสำหรับอุตสาหกรรมอาหารเสริมและยารักษาโรคในเชิงพาณิชย์ได้ในลำดับต่อไป

คำสำคัญ: การคัดแยกสายพันธุ์ การระบุสายพันธุ์ ลักษณะสัณฐานวิทยา เห็ดถั่งเช่าทิเบต
เห็ดที่มีประโยชน์ทางการแพทย์

ความหลากหลายทางพันธุกรรมและปริมาณสารแคปไซซินในพริกพื้นเมือง ที่มีศักยภาพของประเทศไทย

Genetic and Capsaicin Content Diversity of Potentially Local Native Peppers in Thailand

มณฑิยา แซนดามูเอน^{1*} สอนิชชัย จันทระเปรม² และบุบผา คงสมัย²

Monthian Saendamuend^{1*}, Sontichai Chanprame², and Buppa Kongsamai²

¹ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรแม่ฮ่องสอน สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตรเขตที่ 1 แม่ฮ่องสอน 58000

²ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตรกำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน นครปฐม 731402

¹Mae Hong Son Agricultural Research and Development Center, Office of Agricultural Research and Development Region 1
Mae Hong Son Province, Thailand 58000

²Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Kamphaeng Saen Campus
Nakhon Pathom, Thailand 73140

*Corresponding author: saendamuend_m@yahoo.com

Abstract

Potentially local Thai chili peppers are a potential crop. There is an important ingredient in the traditional cuisine of Thailand. Currently, one of the potential crops chili extracts they are the main ingredients are used cosmetic and medicinal products. Therefore, it is needed to conduct the field survey and phytochemical study of this plant to establish the necessary data for effective use. The objective of this study was to characterize the diversity of local-chili varieties to use for further development of new chili varieties. Conducted a survey and collected among 42 accessions of small-fruit landraces collected from 16 sources of the country. Study morphology following IBPGR descriptor. Analysis of DNA molecular by using by AFLP technique and quantitative analysis of collected indigenous peppers phytochemicals. Morphological characterization results showed that the mean values of each variable of morphology were subjected to principal component analysis (PCA) and group analysis. Both analyzes were able to separate the small-scale accession into four main groups independent of the pepper type and the source from which it was collected. Analysis of genetic diversity by molecular markers and identification the data were analyzed on the basis of PCA and group analysis it was found that using 10 primer pairs, 153 DNA bands appeared, with similarity coefficients in the range of 0.19-0.85. Grouping can be divided into 4 large groups. Considering the yield and content of capsaicin, it was found that 10 varieties of chili peppers with potential for further cultivar production and

development were, the results showed that the highest yielding strain was KRIC004, KRIC002, LEIC003, TAKC001 and NSTC001 while the chili with high capsaicin content was MHSC077, MHSC073, PBIC001, MHSC038, PREC001 and MHSC033.

Keywords: morphological traits, DNA fingerprint, principle component analysis, capsaicin

บทคัดย่อ

พริกขี้หนูพื้นเมืองผลเล็กเป็นพืชท้องถิ่นที่มีศักยภาพเป็นส่วนประกอบที่สำคัญในอาหารพื้นบ้านของไทยปัจจุบันมีการใช้สารสกัดจากพริกเพื่อทำผลิตภัณฑ์เครื่องสำอางและยามากขึ้นจำเป็นต้องทำการสำรวจและศึกษาปริมาณสารแคปไซซินที่สำคัญของพริกพื้นเมืองเพื่อเป็นข้อมูลสำหรับการนำไปใช้อย่างมีประสิทธิภาพการวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาลักษณะความหลากหลายของพันธุ์พริกท้องถิ่นและเป็นข้อมูลในการพัฒนาพันธุ์พริกต่อไปดำเนินการสำรวจและรวบรวมพริกพื้นเมืองผลเล็กจำนวน 42 สายพันธุ์จาก 16 แหล่งปลูกของประเทศไทยโดยทำการศึกษาสัณฐานวิทยาตามเอกสารอธิบายของ IBPGR วิเคราะห์โมเลกุลดีเอ็นเอโดยใช้เทคนิค AFLP และการวิเคราะห์ปริมาณของสารแคปไซซินพริกพื้นเมืองที่เก็บรวบรวมนำไปทำการวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก (PCA) และการวิเคราะห์จัดกลุ่มซึ่งสามารถจำแนกพริกพื้นเมืองออกเป็นสี่กลุ่มหลักโดยไม่ขึ้นกับชนิดของพริกและแหล่งที่มาของการรวบรวมการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมระดับชีวโมเลกุลโดยใช้โปรแกรม 10 คู่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ 153 แถบวิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน Dice Similarity coefficient และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic average) โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันในช่วง 0.19-0.85 แบ่งออกได้เป็น 4 กลุ่มใหญ่ ๆ ทำการปลูกเปรียบเทียบผลผลิตและปริมาณแคปไซซิน โดยพบว่าพริกพื้นเมืองที่ศึกษาที่มีศักยภาพในการผลิตและพัฒนาพันธุ์ต่อไปจำนวน 10 สายพันธุ์โดยสายพันธุ์พริกพื้นเมืองที่ใหญ่ผลผลิตสูง 5 สายพันธุ์ได้แก่ KRIC004, KRIC002, LEIC003, TAKC001 และ NSTC001 และพริกพื้นเมืองที่มีปริมาณสารแคปไซซินสูงจำนวน 5 สายพันธุ์ได้แก่ MHSC077, MHSC073, PBIC001, MHSC038, PREC001 และ MHSC033

คำสำคัญ: ลักษณะสัณฐานวิทยา ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ วิเคราะห์องค์ประกอบหลัก แคปไซซิน

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีนที่เกี่ยวข้องกับการออกดอกในลำไยพันธุ์ต่าง ๆ
จากการกระตุ้นด้วยสารโพแทสเซียมคลอเรต
Genetic Diversity of Gene(s) Associated with Artificial Flower Induction
upon Potassium Chlorate Treatment in Longan.

ญาณินท์ แสงพันธ์¹ ธนัชชา พงษ์บ้านไร่¹ ภาณุพล มงคลกาวิล¹ ภัทรพล ลิธนะชุตม¹ และสุภารัตน์ ลิธนะชุตม^{2*}
Yanin Sangpan¹, Thanatcha Pongbanrai¹, Panupon Mongkolkarvin¹,
Pathrapol Lithanatudom¹ and Suparat Lithanatudom^{2*}

¹ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ เชียงใหม่ 50200

²คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

¹Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University, Chiang Mai, Thailand 50200

²Program in Genetics, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

*Corresponding author: suparat.lit@gmail.com

Abstract

Longan (*Dimocarpus longan*) is an important economic fruit tree in Thailand, boasting several varieties. Studying the genetic diversity of longan can prove instrumental in its conservation and breeding programs. The aim of this study was to investigate the genetic diversity among 32 Thai longan cultivars by PCR amplification using total 7 primers designed from nucleotide sequence of cDNA fragments that exhibit differential expression between potassium chlorate (KClO₃) - treated and untreated samples. The optimization of PCR amplification with these 7 specific primers revealed an annealing temperature range between 56 - 60 °C. Among these primers, “LcAF9” yield the best results, showing specific PCR products and polymorphic bands in 3 longan cultivars: Biaokhiao, Haeo, and Thao. Consequently, “LcAF9” can be developed as a molecular marker to identifying these three longan cultivars. Furthermore, the different DNA fragments will undergo nucleotide sequencing to explore their putative gene function. This will be searching databases that might associate with the molecular mechanism of longan flowering induction.

Keywords: Longan, genetic diversity, potassium chlorate, molecular marker, flowering induction

บทคัดย่อ

ลำไยเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญ โดยประเทศไทยมีลำไยอยู่หลายพันธุ์ การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำไยจึงเป็นข้อมูลที่สำคัญ ซึ่งสามารถนำมาใช้เพื่อการอนุรักษ์และปรับปรุงพันธุ์ลำไยต่อไปในอนาคต ในการศึกษาครั้งนี้เป็นการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำไยทั้งหมด 32 พันธุ์ โดยวิเคราะห์รูปแบบของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ถูกเพิ่มจำนวนด้วยวิธีพีซีอาร์ โดยใช้คู่ไพรเมอร์ทั้งหมด 7 คู่ไพรเมอร์ที่ออกแบบมาจากลำดับนิวคลีโอไทด์ของชิ้นส่วนยีนที่แสดงออกแตกต่างกันระหว่างตัวอย่างลำไยที่ไม่ได้รับและได้รับสารโพแทสเซียมคลอเรต ซึ่งมีความสามารถในการกระตุ้นการออกดอกของลำไย ผลการทดลองพบว่าไพรเมอร์จำนวน 7 คู่ไพรเมอร์ มีอุณหภูมิในขั้นตอน Annealing อยู่ระหว่าง 56–60 องศาเซลเซียส ซึ่งไพรเมอร์ชนิด “LcAF9” เป็นไพรเมอร์ที่ให้ผลการทดลองที่ดีที่สุด สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้อย่างจำเพาะ ปรากฏแถบดีเอ็นเอที่เห็นได้ชัดเจนและแสดงความแตกต่างทางพันธุกรรม ซึ่งมีลำไย 3 พันธุ์ ได้แก่ เปี้ยมเขียว หัว และเถา ปรากฏแถบของดีเอ็นเอมากกว่า 1 แถบ แตกต่างจากลำไยพันธุ์อื่น ๆ ที่ปรากฏแถบเพียงแถบเดียวเท่านั้น ซึ่งผลที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้สามารถนำไปใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อระบุพันธุ์ลำไยเหล่านี้ได้นอกจากนี้ชิ้นส่วนของแถบดีเอ็นเอที่มีแตกต่างกันสามารถนำไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ (sequencing) เพิ่มเติม เพื่อนำไปใช้ตรวจสอบหาความเป็นไปได้ของหน้าที่ของยีนที่ถูกเพิ่มจำนวนด้วยไพรเมอร์ดังกล่าวเปรียบเทียบกับฐานข้อมูล ซึ่งข้อมูลที่ได้จะสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาการออกดอกของลำไยต่อไปในอนาคต

คำสำคัญ: ลำไย ความหลากหลายทางพันธุกรรม โพแทสเซียมคลอเรต เครื่องหมายโมเลกุล การออกดอกของลำไย

สมรรถนะการรวมตัวในลักษณะคุณภาพผลของแตงเทศ (*Cucumis melo* L.) สายพันธุ์แท้ Combining Ability for Fruit Quality in Muskmelon (*Cucumis melo* L.) Inbred lines

นัทธา นิตยวัฒนกุล¹ และอารักษ์ อีรอำพน^{1,2*}

Nattha Nitwatthanakul¹ and Arak Tira-umphon^{1,2*}

¹สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี นครราชสีมา 30000

²ศูนย์วิจัยนวัตกรรมยกระดับคุณภาพผลิตผลทางการเกษตรเพื่ออุตสาหกรรมเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี นครราชสีมา 30000

¹School of Crop Production Technology, Institute of Agricultural Technology, Suranaree University of Technology
Nakhon Ratchasima, Thailand 30000

²Innovation of Quality Enhancement of Agricultural Products for Agro-industry-Research Center
Suranaree University of Technology, Nakhon Ratchasima, Thailand 30000

*Corresponding author: arak@sut.ac.th

Abstract

In the development of hybrid melon varieties, it is essential to consider the combining ability of inbred lines. The study aims to evaluate the General Combining Ability (GCA) of inbred line and the Specific Combining Ability (SCA) of hybrids from 7 different melon lines, focusing on fruit quality traits. Seven inbred lines were crossed in a complete diallel and 42 hybrids were evaluated in a complete randomized design with three replications in the summer season 2022 at Suranaree University of Technology's farm Suranaree University of Technology, Nakhon Ratchasima. Variations due to GCA effects of inbred lines and variations due to SCA effects of the hybrids were significant for fruit weight (kg), percentage of fruit pulp (%), Total soluble solid (%brix) and firmness (N). Among the inbred lines, P4 and P7 have high potential for creating hybrid lines, with the highest GCA values in fruit weight (0.265** and 0.107** respectively). The fruit weight of these lines is 1.58 and 1.14 kg, respectively. Moreover, inbred lines P7 has the highest GCA value (2.843**) in percentage of fruit pulp, which is 41.77%. Regarding total soluble solid, the inbred lines P6 and P5 show high potential for producing hybrid lines with sweet taste, having the highest GCA values (1.823** and 1.049** respectively). The sweetness levels of these lines are 15.27 and 14.77 °Brix, respectively. The hybrids P2xP3 are expected to have great potential for producing excellent quality muskmelon hybrids. These hybrids have high SCA values, indicating a tendency to produce large fruits, crispy fruit pulp and a sweet taste.

Keywords: muskmelon, combining ability test, diallel cross

บทคัดย่อ

การพัฒนาพันธุ์แตงเทศลูกผสมต้องพิจารณาสมรรถนะการรวมตัวของสายพันธุ์แท้ การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินสมรรถนะการรวมตัวทั่วไป (GCA) ของแตงเทศสายพันธุ์แท้ และประเมินสมรรถนะการรวมตัวเฉพาะ (SCA) ของลูกผสมแตงเทศ 7 สายพันธุ์ในลักษณะคุณภาพผล โดยใช้แผนการผสมพันธุ์แบบพบกกันหมดและปลูกทดสอบลูกผสม 42 คู่ผสม โดยใช้แผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ภายในซ้ำ จำนวน 3 ซ้ำ ในฤดูร้อน ปี พ.ศ. 2565 ณ ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี พบความแปรปรวนอันเนื่องมาจากอิทธิพลของ GCA ของสายพันธุ์แท่นับสำคัญทางสถิติในลักษณะน้ำหนักผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความหวาน และความแน่นเนื้อ และ SCA ของลูกผสมมีนัยสำคัญทางสถิติในลักษณะน้ำหนักผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ และความแน่นเนื้อ โดยสายพันธุ์แท้ P4 และ P7 มีศักยภาพสูงในการใช้สร้างสายพันธุ์ลูกผสม โดยมีค่า GCA สูงสุดในลักษณะน้ำหนักผล (0.265^{**} และ 0.107^{**} ตามลำดับ) โดยมีน้ำหนักผลเท่ากับ 1.58, 1.14 กก. ตามลำดับ และสายพันธุ์แท้ P7 มี GCA สูงสุด (2.843^{**}) ในลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อเท่ากับ 41.77% และสายพันธุ์ P6 และ P5 มีค่ามีศักยภาพสูงในการใช้สร้างสายพันธุ์ลูกผสมที่มีความหวาน มีค่า GCA สูงสุด (1.823^{**} และ 1.049^{**} ตามลำดับ) โดยมีความหวาน 15.27 และ 14.77 °Brix ตามลำดับ โดยพันธุ์ที่คาดว่าจะมีศักยภาพในการใช้เป็นพันธุ์ลูกผสมที่มีลักษณะคุณภาพผลดี ได้แก่ พันธุ์ลูกผสม P2xP3 เป็นพันธุ์ที่มีค่า SCA สูง ซึ่งมีแนวโน้มให้ลักษณะผลใหญ่ เนื้อกรอบ และรสชาติหวาน

คำสำคัญ: แตงเทศ การทดสอบสมรรถนะการรวมตัว การผสมแบบพบกกันหมด

การจัดกลุ่มพันธุ์ข้าวไทยด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างของยีนซึ่งเกี่ยวข้องกับความทนแล้ง

Classification of Thai Rice Varieties using DNA Variation in Drought Tolerance-related Genes

กนกวรรณ จันทรเพ็ญ, ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์, ยุกยาเยาว์ คบพิมาย และแสงทอง พงษ์เจริญกิจ*

Kanokwan Janphen, Chotipa Sakulsingharoj, Yuppayao Kophimai and Saengtong Pongjaroenkit*

สาขาวิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่ ประเทศไทย 50290

Program of Genetics, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand, 50290

*Corresponding author: saengton@mju.ac.th

Abstract

The study aims to classify Thai rice varieties with the reported drought tolerant rice varieties that obtained from the 3,000 Rice Genomes Project by variation of drought tolerance-related gene nucleotide sequences. The comparison of four drought tolerant genes which were soil surface rooting 1 (*OsSor1*) deeper rooting 1 (*OsDro1*) NAC domain-containing protein 5 (*OsNAC5*) and NAC domain-containing protein 6 (*OsNAC6*) genes showed 145 nucleotide sequence variations. This comparison of fifteen Thai rice varieties were classified into 4 groups. The first group was Jow Haw and Khao Pong Krai which were in the same group with deep roots and drought tolerant upland rice. The second group was Nam Roo which was the same group with drought sensitive lowland rice. The third group was Khao Dawk Mali 105 that was shallow root and lowland rice. The last group were *indica* Thai rice varieties which were 7 varieties of lowland rice, 3 varieties of landrace rice and 1 variety of upland rice. These nucleotide sequence variations of drought tolerance-related genes and drought tolerant Thai rice varieties will be used to develop the drought tolerant DNA markers in rice breeding program.

Keywords: Thai rice varieties, classification, nucleotide sequence variation, drought tolerance-related genes, root.

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อจัดกลุ่มพันธุ์ข้าวไทย ร่วมกับพันธุ์ข้าวที่มีรายงานความทนแล้งจากโครงการ 3,000 Rice Genomes Project ด้วยการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างของยีนที่เกี่ยวข้องกับความทนแล้งจำนวน 4 ยีน ได้แก่ ยีน soil surface rooting 1 (*OsSor1*) ยีน deeper rooting 1 (*OsDro1*) ยีน NAC domain-containing protein 5 (*OsNAC5*) และยีน NAC domain-containing protein 6 (*OsNAC6*) พบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 145 ตำแหน่ง เมื่อนำมาจัดกลุ่มข้าวไทยจำนวน 15 พันธุ์ แบ่งเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่ 1 คือ พันธุ์เจ้าหอและขาวโป่งไคร้ เป็นกลุ่มเดียวกับข้าวไร่จาโปนิกาที่มีลักษณะรากลึกและทนแล้ง กลุ่มที่ 2 คือ พันธุ์น้ำรู่ เป็นกลุ่มเดียวกับข้าวนาสวนจาโปนิกาที่ไวต่อความแล้ง กลุ่มที่ 3 คือ พันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 เป็นข้าวนาสวนที่มีลักษณะรากตื้น และกลุ่มสุดท้ายคือ ข้าวไทยอินдикаประกอบด้วย ข้าวนาสวน 7 พันธุ์ ข้าวพื้นเมือง 3 พันธุ์ และข้าวไร่ 1 พันธุ์ ซึ่งผลการศึกษานี้สามารถนำบริเวณลำดับนิวคลีโอไทด์ที่แตกต่างออกเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอ และนำพันธุ์ข้าวไทยกลุ่มทนแล้งไปใช้ในการพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กับความทนแล้งต่อไป

คำสำคัญ: ข้าวไทย การจัดกลุ่ม ความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ ยีนที่เกี่ยวข้องกับความทนแล้ง ราก

การแก้ไขยีน *Pi21* โดยระบบ CRISPR/Cas9 เพื่อให้ข้าวต้านทานโรคไหม้ Editing *Pi21* Gene by CRISPR/Cas9 System for Rice Resistance to Blast Disease

ณัฐพงษ์ มลทาทอง¹ ศุภชัย วุฒิพงศ์ชัยกิจ² ศรีกาญจนา คล้ายเรือง³ แสงทอง พงษ์เจริญกิต¹

วรารณณ์ แสงทอง¹ ทูเรียน ทาเจริญ¹ และช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์^{1*}

Nuttapong Monthatong¹, Supachai Vuttipongchaikij², Srikanjana Klayraung³

Saengtong Pongjaroenkit¹, Varaporn Sangtong¹, Turean Thacharoen¹

and Chotipa Sakulsingharoj^{1*}

¹สาขาวิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

²ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 10900

³สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

¹Program in Genetics, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand, 50290

²Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University, Bangkok, Thailand, 10900

³Program in Biotechnology, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand, 50290

*Corresponding author: chotipa.cs@gmail.com

Abstract

Blast disease, a fungal disease, has caused severe crop yield losses annually. *Pi21* gene encodes a negative regulator of blast resistance in rice. This research aims to analyze *Pi21/pi21* sequences and edit *Pi21* in rice for enhanced blast resistance using CRISPR/Cas9 technique. *Pi21/pi21* gene of three rice cultivars including, Hahng Yi 71, Khao Dawk Mali 105 and Kasalath, were classified as Haplotype C found in susceptible rice cultivars. Therefore, the sgRNA of the CRISPR/Cas9 system was designed at exon 1 for editing *Pi21* gene to affect functional regions of gene. Transformation of the construct into Kasalath showed high transformation efficiency. Sequencing analysis of the transformed plants containing CRISPR/Cas9 system showed mutation in *Pi21* which may be biallelic or heterozygous. The T₁ plants will be further analyzed for mutation type of *Pi21* and tested for resistance to blast disease.

Keywords: rice, *Pi21/pi21* gene, blast disease, CRISPR/Cas9

บทคัดย่อ

โรคไหม้เป็นโรคสำคัญที่เกิดจากเชื้อราทำให้เกิดการสูญเสียผลผลิตของข้าวอย่างรุนแรงในทุกปี ยีน *Pi21* มีผลควบคุมเชิงลบต่อความต้านทานโรคไหม้ งานวิจัยนี้จึงศึกษาลำดับเบสของยีน *Pi21/pi21* ที่เกี่ยวข้องกับความต้านทานโรคไหม้ และแก้ไขยีน *Pi21* ด้วยระบบ CRISPR/Cas9 เพื่อให้ข้าวมีความต้านทานต่อโรคไหม้เพิ่มมากขึ้น โดยค้นหายีน *Pi21/pi21* ด้วยเทคนิคพีซีอาร์แล้ววิเคราะห์ลำดับเบส พบว่า ยีน *Pi21* ในข้าว 3 พันธุ์ ได้แก่ หางยี 71, ขาวดอกมะลิ 105 และ Kasalath เป็น Haplotype C ที่จะพบในพันธุ์ข้าวอ่อนแอต่อโรคไหม้ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงได้ออกแบบ sgRNA ของระบบ CRISPR/Cas9 มีตำแหน่งอยู่ที่เอกซอน 1 เพื่อให้เกิดการแก้ไขยีน *Pi21* ที่จะกระทบต่อบริเวณสำคัญของยีน ทำให้ยีนไม่ทำงาน การถ่าย construct เข้าสู่ข้าวพันธุ์ Kasalath พบว่า มีประสิทธิภาพการถ่ายยีนสูง และเมื่อนำต้นที่มีการแทรกของยีนระบบ CRISPR/Cas9 มาวิเคราะห์ลำดับเบสพบว่า มีการแก้ไขยีนแบบ biallelic หรือ heterozygous จึงจะนำเมล็ดข้าวรุ่น T_1 ไปปลูกเพื่อวิเคราะห์รูปแบบการแก้ไขยีน *Pi21* และทดสอบความต้านทานโรคไหม้ต่อไป

คำสำคัญ: ข้าว ยีน *Pi21/pi21* โรคไหม้ CRISPR/Cas9

เครื่องหมายไมโครแซตเทลไลท์ที่แยกความแตกต่างระหว่างข้าวโฟเลตสูงและต่ำ Microsatellite Markers that Differentiate between High and Low Folate Rice

ยุพเยาว์ คบพิมาย^{1*} กัญญารัตน์ สายยิ้ม¹ ศิริรัตน์ ไพศาลสุทธิชล² กฤษณะ ลาน้ำเที่ยง³
ภัสสร วรณพินิจ⁴ และศรัณย์ จินะเจริญ^{5,6}

Yuppayao Kophimai^{1*}, Kanyarat Saiyim¹, Sirirat Phaisansuthichol², Krisana Lanumteang³
Passorn Wannapinij⁴, and Saran Cheenacharoen^{5,6}

¹สาขาวิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

²สาขาวิชาเคมี คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

³สาขาวิชาสถิติ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่ 50290

⁴ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 10900

⁵ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏเชียงใหม่ เชียงใหม่ 50180

⁶ศูนย์ความเป็นเลิศด้านความหลากหลายทางชีวภาพในท้องถิ่น มหาวิทยาลัยราชภัฏเชียงใหม่ เชียงใหม่ 50180

¹Program in Genetics, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

²Program in Chemistry, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

³Program in Statistics, Faculty of Science, Maejo University, Chiang Mai, Thailand 50290

⁴Department of Genetics, Faculty of Science, Kasetsart University, Bangkok, Thailand 10900

⁵Department of Biology, Faculty of Science and Technology, Chiang Mai Rajabhat University, Chiang Mai, Thailand 50180

⁶Centre of Excellence on Biodiversity Research and Implementation for Community, Chiang Mai Rajabhat University
Chiang Mai, Thailand 50180

*Corresponding author: kophimai@yahoo.com

Abstract

The human body needs folate or vitamin B9 to help with various metabolic processes such as DNA synthesis, helping to prevent many types of cancer, congenital abnormalities in babies, etc. Rice breeding for high folate content is therefore very beneficial to rice consumers. The purpose of this research was to find microsatellite DNA markers that could detect the differences between two high folate rice varieties, namely Khi Thom Daeng and Jao Lueang, and four varieties of rice with low folate but good cooking quality and are commonly consumed, namely RD43, Riceberry, Pathum Thani 1 and Jao Kam Hom Maejo 1A. A total of 27 DNA markers were tested. Five markers, namely RM3042, RM13473, RM18828, RM6082 and RM2482, showed differences in DNA band size between high and low folate rice

varieties. These DNA markers will be used to investigate the association between DNA markers and folate content in F_2 population. If a link is found, the DNA markers will be used in rice breeding for high folate content in the future.

Keywords: rice, DNA marker, microsatellite, folate, rice breeding

บทคัดย่อ

ร่างกายของมนุษย์ต้องการโฟเลตหรือวิตามินบี 9 เพื่อช่วยในกระบวนการเมแทบอลิซึมต่างๆ เช่น การสังเคราะห์ดีเอ็นเอ ช่วยป้องกันโรคมะเร็งหลายชนิด ช่วยป้องกันความผิดปกติแต่กำเนิดของทารก ฯลฯ การปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีปริมาณโฟเลตสูงจึงเป็นประโยชน์อย่างมากต่อผู้บริโภคข้าว งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดไมโครแซตเทลไลต์ที่สามารถตรวจสอบความแตกต่างระหว่างข้าวที่มีปริมาณโฟเลตสูงจำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ชีตมแดง และเจ้าเหลือง และข้าวที่มีโฟเลตต่ำแต่คุณภาพการหุงต้มดีเป็นที่นิยมบริโภคจำนวน 4 พันธุ์ ได้แก่ กข43 ไรซ์เบอร์รี่ ปทุมธานี 1 และเจ้าท่าหอมแม่โจ้ 1 เอ จากการทดลองใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอจำนวน 27 เครื่องหมาย พบว่า 5 เครื่องหมาย ได้แก่ RM3042 RM13473 RM18828 RM6082 และ RM2482 แสดงความแตกต่างของขนาดแถบดีเอ็นเอระหว่างพันธุ์ข้าวที่มีปริมาณโฟเลตสูงและต่ำ เครื่องหมายดีเอ็นเอเหล่านี้จะนำไปใช้ในการตรวจสอบความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมายดีเอ็นเอกับปริมาณโฟเลตในประชากร F_2 ต่อไป หากพบความสัมพันธ์จะนำเครื่องหมายดีเอ็นเอไปใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีปริมาณโฟเลตสูงในอนาคต

คำสำคัญ: ข้าว เครื่องหมายดีเอ็นเอ ไมโครแซตเทลไลต์ โฟเลต การปรับปรุงพันธุ์ข้าว