

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: MRG4880076
ชื่อโครงการ: โครงการการศึกษาวิวัฒนาการความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองไทยในกลุ่มแม่น้ำโขง
ชื่อนักวิจัย: ผศ.ดร. สุรีพร เกตุงาม
คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
E-mail Address : sureeporn.k@ubu.ac.th
ระยะเวลาโครงการ: มิถุนายน 2548 – ตุลาคม 2552

ประเทศไทยตั้งอยู่ในบริเวณความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวป่าและข้าวปลูก งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองไทยในกลุ่มแม่น้ำโขงโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่เฉพาะเจาะจงของยีนในกระบวนการสังเคราะห์แป้ง และคุณสมบัติทางกายภาพและเคมีของแป้งข้าว โดยวิเคราะห์ polymorphism ของยีน waxy , starch branching enzyme และ soluble starch synthase (SSIIa) ในข้าวพื้นเมืองไทย จำนวน 45 พันธุ์ โดยใช้ 23 *Glu F/R* and *waxy microsatellite markers*, *Sbe1* and *Sbe3 CAP markers* และ *SSIIa-Bi-PASA markers* ตามลำดับ *Sbe1* and *Sbe3 CAP markers* สามารถแยกความแตกต่างระหว่างข้าวจาปอนิกา (นิปปอนบาระ) และข้าวพื้นเมืองไทยอินดิกาได้แต่ไม่สามารถแยกความแตกต่างภายในข้าวพื้นเมืองไทยอินดิกาได้ จากการจัดกลุ่มของ 3'UTR ของ *Sbe1* sequences โดยใช้ Neighbor-joining ในข้าวพื้นเมืองที่ศึกษา จำนวน 38 พันธุ์ พบว่ายีนนี้มีความหลากหลายค่อนข้างต่ำ จากการประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมในข้าวพื้นเมืองโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอของยีนในกระบวนการสังเคราะห์แป้งทั้งสาม จำนวน 17 เครื่องหมาย โดยใช้ Simple matching coefficient ผลจากการจัดกลุ่ม (UPGMA clustering) พบว่าพันธุ์นิปปอนบาระซึ่งเป็นข้าวจาปอนิกายกกลุ่มจากข้าวพื้นเมืองอินดิกาอย่างชัดเจนภายในกลุ่มข้าวพื้นเมืองอินดิกาสามารถแบ่งกลุ่มย่อยได้ 2 กลุ่ม ผลจากการวิเคราะห์คุณสมบัติทางกายภาพและเคมีของแป้งข้าว พบว่า ในข้าวพื้นเมืองไทยที่นำมาศึกษานี้มีความหลากหลายของปริมาณอะไมโลส และคุณสมบัติความหนืดของแป้งข้าว ความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองไทยนับว่าเป็นแหล่งพันธุกรรมที่สำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีลักษณะการหุงต้มที่ต้องการเพื่อนำไปพัฒนาเป็นผลิตภัณฑ์ใหม่ๆได้ในอนาคต

คำหลัก : ข้าว, ความหลากหลายทางพันธุกรรม, ยีนในกระบวนการสังเคราะห์แป้ง, ปริมาณอะไมโลส, คุณสมบัติความหนืดของแป้ง

ABSTRACT

Project Code : MRG4880076
Project Title : **Study on evolution of genetic diversity of landrace Thai rice along Mekong river basin**
Investigator : Assist. Prof. Dr. Sureeporn Kate-ngam
Faculty of Agriculture, Ubon Ratchathani University
E-mail Address : sureeporn.k@ubu.ac.th
Project Period : June, 2005 – Oct 2009

Thailand is situated in the diversity center of both wild and cultivated rice. In the present research, we aimed to investigate phylogenetic relationship among landrace Thai rice in the Northeast of Thailand allele-specific markers underlying starch-synthesizing genes. Furthermore, the genetic diversity in physiochemical properties of starches from those landrace germplasm was also explored. Polymorphism analysis of gene-specific markers for waxy (*23 Glu F/R and waxy microsatellite markers*), starch branching enzyme (*Sbe1 and Sbe3 CAP markers*) and soluble starch synthase (*SSIa-bi-PASA markers*) genes were performed across 45 landrace Thai rice. *Sbe1* and *Sbe3* CAP markers, they can only separate the japonica rice from indica rice but can not distinguish variation among indica landrace Thai rice varieties. Neighbor-joining tree based on 3'UTR of *Sbe1* gene sequences of 38 landrace Thai rice varieties indicated that this gene is less diverse among the germplasm study. The genetic diversity among these landrace rice varieties was evaluated based on 17 DNA markers underlying the three starch synthesizing genes using Simple matching coefficient. The UPGMA cluster analysis clearly distinguished japonica rice (Nipponbare) from landrace indica rice and landrace indica rice varieties were grouped into 2 clusters. Our results showed that broad diversity in starch RVA pasting properties existed in these landrace indica rice varieties. Therefore, this genetic diversity of landrace Thai rice would be valuable genetic resources for breeding rice varieties with specific starch type for starch industry in the future.

Keywords : Rice, genetic diversity, starch-synthesizing genes, amylose content, pasting viscosity,