

เมทินี กลัดมูข 2552: การจัดกลุ่มพันธุ์กรรมข้าวโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ เพื่อการผลิตข้าวลูกผสม  
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พันธุศาสตร์) สาขาพันธุศาสตร์ ภาควิชาพันธุศาสตร์ อาจารย์ที่ปรึกษา  
วิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์ภา หงษ์ตระกูล, Ph.D. 102 หน้า

การตรวจสอบความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวปลูก 415 พันธุ์/สายพันธุ์ ที่รวบรวมจากทั้งในประเทศและต่างประเทศ โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ 4 ชนิด คือ อินเดล ไอเอสเอสอาร์ ไมโครแซทเทลไลต์ และเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน พบว่าการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดอินเดล 12 ตำแหน่ง ให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 34 แถบ เฉลี่ย 2.83 แถบต่อตำแหน่ง มีค่า Polymorphic Information Contents (PICs) หรือ Expected heterozygosity ( $H_e$ ) อยู่ในช่วง 0.2110-0.5663 และมีค่า PICs เฉลี่ยเท่ากับ 0.3707 เมื่อวิเคราะห์จัดกลุ่มด้วยโปรแกรม NTSYS สร้างแผนภูมิพันธุกรรม สามารถแบ่งกลุ่มข้าวได้เป็นสองกลุ่มคือข้าว *indica* และ *japonica* ได้อย่างชัดเจน โดยค่าความเหมือนทางพันธุกรรมระหว่างข้าวทั้งสองกลุ่มเท่ากับ 0.28 และผลการวิเคราะห์จัดกลุ่มด้วยวิธี Principal Component Analysis (PCA) ให้ผลสอดคล้องกับการจัดกลุ่มโดยสร้างแผนภูมิทางพันธุกรรม การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดไอเอสเอสอาร์ 4 ชนิดไพรเมอร์ ให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 34 แถบ เฉลี่ย 8.5 แถบต่อไพรเมอร์ เป็นแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างระหว่างตัวอย่าง 27 แถบ ค่า PICs อยู่ในช่วง 0.0000-0.4998 ค่า PICs เฉลี่ยเท่ากับ 0.1953 และเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดไมโครแซทเทลไลต์ 8 ตำแหน่ง ให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 55 แถบ เฉลี่ย 6.88 แถบหรือแอลลิลต่อตำแหน่ง ค่า PICs อยู่ในช่วง 0.3821-0.7972 เฉลี่ย 0.6219 เมื่อรวมข้อมูลจากเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดอินเดล ไอเอสเอสอาร์ และ ไมโครแซทเทลไลต์ มาวิเคราะห์จัดกลุ่มโดยสร้างแผนภูมิพันธุกรรม ที่ความเหมือนทางพันธุกรรมประมาณ 0.76 สามารถแบ่งข้าวได้เป็น 14 กลุ่มย่อย ข้าว *tropical japonica* จัดอยู่ในกลุ่มที่ 12 และ 13 ข้าว *japonica* อยู่ในกลุ่มที่ 13 ข้าวพื้นเมือง (110 ตัวอย่าง) กระจายอยู่ในกลุ่มที่ 1, 2, 7 และ 12 ข้าว TGMS (10 ตัวอย่าง) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 2, 5 และ 6 ข้าว TGMS (1 ตัวอย่าง) ที่จัดอยู่ในกลุ่มที่ 2 มีพันธุกรรมห่างจากข้าวในกลุ่ม *tropical japonica* และ *japonica* มาก อาจนำไปใช้เป็นแม่พันธุ์ในการผลิตข้าวลูกผสมข้ามชนิดย่อยได้ดี ส่วนข้าว TGMS ในกลุ่มที่ 5 และ 6 มีพันธุกรรมใกล้เคียงกับข้าว *tropical japonica* และ *japonica* มากกว่าข้าว TGMS ในกลุ่มที่ 2 น่าจะนำมาใช้เป็นแม่พันธุ์ในการผลิตข้าวลูกผสมภายในชนิดย่อย *indica* ได้ การพิจารณาระยะห่างทางพันธุกรรมร่วมกับข้อมูลที่ได้จากเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน 4 ชนิด คือ ยีน *Pi-ta* และ *Pi-2t* ที่ให้ลักษณะต้านทานต่อโรคไหม้ ยีน *fgr* ที่ให้ลักษณะความหอม และยีน *S-5* ที่ควบคุมลักษณะความเป็นหมันในลูกผสมข้ามชนิดย่อยระหว่างข้าว *indica* และ *japonica* จะเป็นประโยชน์อย่างมากต่อการคัดเลือกข้าวเพื่อใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ในการผลิตข้าวลูกผสมต่อไป

Maytinee Kladmook 2009: Classification of Rice Germplasms Using DNA Markers for Hybrid Rice Production. Master of Science (Genetics), Major Field: Genetics, Department of Genetics. Thesis Advisor: Assistant Professor Vipra Hongtrakul, Ph.D. 102 pages.

Genetic diversity among 415 rice cultivars collected from Thailand and foreign countries was determined using 4 marker systems, Insertion/Deletion (InDel), Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR), microsatellite and gene specific marker. A total of 34 alleles from InDel marker were generated with an average of 2.83 alleles per locus. Polymorphic Information Contents (PICs) or Expected heterozygosity ( $H_e$ ) ranged from 0.2110-0.5563 with an average score of 0.3707. Phylogenetic tree was performed using NTSYS-pc version 2.20k program which could clearly identify rice samples into 2 groups, *indica* and *japonica*. Genetic similarity between two groups was 0.28. Principal Component Analysis (PCA) was also performed and the result was consistent with phylogenetic tree. Genetic diversity of rice germplasms was assessed by 4 ISSR primers and a total of 34 DNA bands were generated with an average of 8.5 bands per locus. Twenty seven out of 34 DNA bands were found to be polymorphic. PICs ranged from 0.0000-0.4998 with an average score of 0.1953. Eight microsatellite markers were also performed and 55 alleles were produced with an average of 6.88 alleles per locus. PICs ranged from 0.3821-0.7972 with an average score of 0.6219. Phylogenetic tree resulted from combining InDel, ISSR and microsatellite data could classify rice samples into 14 groups at genetic similarity of about 0.76. Tropical *japonica* samples were in group 12 and 13 while *japonica* samples were in group 13. Thai landraces were scattered in group 1, 2, 7 and 12. The TGMS lines (10 samples) were dispersed in group 2, 5 and 6. The TGMS line (1 sample) in group 2 has shown to carry high genetic distance as compare to the tropical *japonica* and *japonica* rice. This TGMS line in group 2 might be used as female parent in order to produce intersubspecific hybrid; whereas the TGMS lines in group 5 and 6, carried more genetic similarity to tropical *japonica* and *japonica*, could be used to produce *indica* intrasubspecific hybrid. Consideration of genetic distance and data from 4 functional markers, which specific to *Pi-ta* and *Pi-2t* gene conferring resistance to rice blast disease, *fragrance* gene (*fgr*), and *S-5* locus controlling spikelet fertility in hybrids between *indica* and *japonica*, will be very useful for selection of parental lines in hybrid rice breeding program.