การทบทวนวรรณกรรม/สารสนเทศ (Information) ที่เกี่ยวข้อง

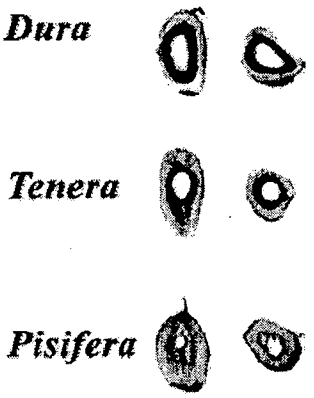
ปาล์มน้ำมัน

ปาล์มน้ำมัน เป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของโลก เนื่องจากเป็นพืชที่ให้ผลผลิตของน้ำมันสูงเมื่อเทียบกับพืชน้ำมันชนิดอื่นๆ การสกัดน้ำมันปาล์มทำได้โดยการสกัดจากเปลือกและสกัดจากเมล็ดใน ผลผลิตที่ได้จากการสกัดเปลือก เรียกว่า น้ำมันปาล์มดิบ (Crude palm oil) ส่วนผลผลิตที่ได้จากการสกัดเมล็ดใน เรียกว่า kernel oil น้ำมันทั้งสองชนิดนี้มีความสำคัญทางด้านโภชนาการและอุตสาหกรรมมาก ทั้งนี้เพราะใช้กันอย่างแพร่หลายในกระบวนการผลิตน้ำมันพืช เนยเทียม ไขมันพืช สบู่ เครื่องสำอาง เทียน ขนมหวาน น้ำมันโอดีเซล น้ำมันหล่อลื่นจารบี ที่ใช้ในอุตสาหกรรมสิ่งทอ และเครื่องยนต์เจ็ท

ในประเทศไทยรัฐบาลได้ส่งเสริมให้มีการปลูกปาล์มน้ำมันในเชิงการค้าตั้งแต่ปี พ.ศ. 2511 โดยปลูกที่ภาคใต้เนื่องจากสภาพภูมิอากาศและพื้นที่เหมาะแก่การปลูกปาล์มน้ำมัน พื้นที่ปลูกปาล์มน้ำมันในปี พ.ศ. 2512 จำนวน 4,797 ไร่ ปัจจุบันพื้นที่ปลูกปาล์มน้ำมันได้เพิ่มอย่างรวดเร็วโดยมีการปลูกแทบทุกจังหวัดในภาคใต้ รวมพื้นที่ปลูกปาล์มน้ำมันในปี 2545 ประมาณ 1,629,589 ไร่ ประเทศไทยมีผลผลิตเฉลี่ยของน้ำมันปาล์มดิบประมาณ 2.7 ตันต่อไร่ ต่ำกว่าผลผลิตเฉลี่ยของน้ำมันปาล์มดิบของมาเลเซีย ซึ่งมีค่าเฉลี่ยประมาณ 3.0 ตันต่อไร่ (ที่มา: กรมการค้าภายในกระทรวงพาณิชย์) ต่อมาในปี 2547 รัฐบาลไทยมีนโยบายขยายพื้นที่ปลูกปาล์มน้ำมันเป็น 10 ล้านไร่ภายใน 25 ปี (2547-2572) โดยเพิ่มพื้นที่ปลูกในภาคอื่นๆ ของประเทศไทยด้วย การขยายพื้นที่เพาะปลูกปาล์มน้ำมันอย่างรวดเร็วนี้ก่อให้เกิดปัญหาต่างๆ มากมาย ปัญหาที่สำคัญที่สุดคือ การขาดแคลนต้นกล้าปาล์มน้ำมัน พันธุ์ปาล์มที่ปลูกจึงนับเป็นปัจจัยที่สำคัญที่สุดอย่างหนึ่ง พันธุ์ปาล์มที่นิยมปลูกในปัจจุบันคือ พันธุ์ลูกผสม (F1) ซึ่งได้มาจากพ่อแม่พันธุ์แท้ เรียกพันธุ์ปาล์มลูกผสมว่า เทเนอรา (tenera) ซึ่งได้จากการผสมของพันธุ์ดูรา (dura) และ พิสิเฟอรา (pisifera) (ดังรูปที่ 1) ซึ่งพันธุ์เทเนอรา จะให้ผลผลิตสูง และผลปาล์มจะมีลักษณะเปลือกหนากะลาบาง และไม่สามารถแยกออกได้ว่าเป็นพันธุ์ดีหรือไม่ จนกว่าต้นปาล์มน้ำมันจะให้ผลผลิตหรือประมาณ 3 ปีหลังจากปลูก ดังนั้นจึงได้พยายามหาแนวทางในการตรวจสอบคัดเลือกพันธุ์ปาล์มน้ำมันด้วยเครื่องหมายโมเลกุล เพื่อที่จะใช้เป็นเครื่องมือที่มีประสิทธิภาพในการตรวจสอบความแตกต่างของปาล์มน้ำมันแต่ละพันธุ์

Acetyl CoA Carboxylase

การศึกษาที่ผ่านมามีความพยายามค้นหาเครื่องหมายโมเลกุลสำหรับจำแนกปาล์มน้ำมันพันธุ์ เทเนอรา ดูรา และพิสิเฟอรา ได้แก่ การศึกษา Linkage map ด้วยเครื่องหมาย RFLPs, RAPD, AFLP, microsatellite DNA เพื่อใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลสำหรับใช้จำแนกปาล์มน้ำมัน แต่ในทางปฏิบัติก็พบว่ายังไม่สามารถนำเครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าวมาใช้ได้จริง (Mayes *et al.*, 1997; Moretzsohn *et al.*, 2005, Billotte *et al.*, 2001)



รูปที่ 1. แสดงภาพลักษณะภายในผลปาล์มทั้งสามสายพันธุ์ปาล์มน้ำมันจากปาล์มน้ำมันพันธุ์ลูกผสมเทเนอรา (tenera) ที่ได้จากการผสมของปาล์มน้ำมันพ่อแม่พันธุ์แท้ คือพันธุ์ดูรา (dura) และพิสิเฟอรา (pisifera) ตาม ลำดับ (Mayes *et al.*, 2008)

คณะผู้วิจัยได้ศึกษาและพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลจากยีนที่มีความเกี่ยวเนื่องกับการสังเคราะห์กรดไขมันและไขมันเพื่อจะใช้ในการคัดเลือกและตรวจสอบปาล์มน้ำมันพันธุ์ดี กลไกในการสังเคราะห์น้ำมัน ประกอบด้วยขั้นตอนสำคัญสองขั้นตอน คือ ขั้นตอนแรกเป็นการเปลี่ยน อะซิติล -โคเอ เป็น มาโลนิล-โคเอ ด้วยเอนไซม์ อะซิติล-โคเอ คาร์บอกซิเลส (Acetyl CoA carboxylase ; ACCase) เป็นการเปลี่ยนแปลงอะซิติล -โคเอและมาโลนิล-โคเอ ก่อนที่จะถูกเร่งปฏิกิริยาต่อไปในแต่ละขั้นตอนจนได้เป็นกรดปาล์มิติคซึ่งถูกเร่งปฏิกิริยาโดยกลุ่มเอนไซม์แฟตตี แอซิด ซินธีเทส (Fatty Acid Synthase; FAS) (รูปที่ 2) คณะวิจัยจึงเลือกศึกษาหน่วยย่อยของเอนไซม์อะซิติล – โคเอ คาร์บอกซิเลสซึ่งเป็นเอนไซม์ควบคุมตัวแรกในขั้นตอนกระบวนการสังเคราะห์กรดไขมันและไขมัน (rate limiting step) (Cronan and Waldrop, 2002)

$$\underset{\text{Acetyl-CoA}}{CH_3COS\text{-}CoA} + HCO_3^- + ATP \xrightarrow{ACCase} \underset{\text{Malonyl-CoA}}{HOOCCH_2COS\text{-}CoA} + ADP + Pi \quad (1)$$

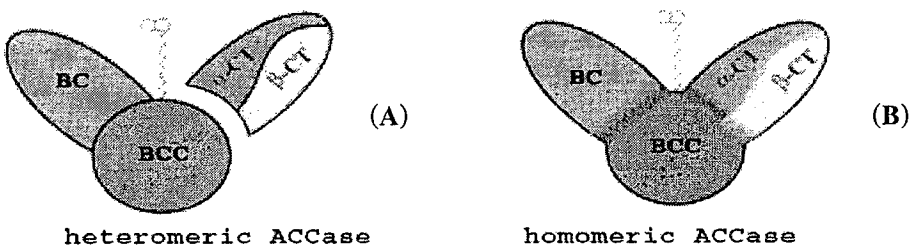
$$CH_3COS\text{-}CoA + 7HOOCCH_2COS\text{-}CoA + 14NADPH + 14H^+ \xrightarrow{FAS}$$

$$\underset{\text{Palmitic acid}}{CH_3CH_2(CH_2CH_2)_3CH_2COOH} + 8CoA\text{-}SH + 14NADP^+ + 6H_2O \quad (2)$$

รูปที่ 2. แสดงขั้นตอนการสร้างกรดปาล์มิติคด้วย ACCase (Acetyl CoA carboxylase) และ FAS (Fatty Acid Synthetase)

ACCase ที่พบในพืชนั้นมีโครงสร้างของเอนไซม์ที่ต่างกัน (structurally distinct) 2 รูปแบบคือ Homomeric หรือ multifunctional ACCase (ดังรูปที่ 3B) พบในไซโตพลาสซึมของพืช มีรูปแบบ

เดียวกับที่พบในยีสต์และสัตว์ (Gornicki and Haselkorn, 1993 ; Schulte *et al.*, 1997) มีขนาดประมาณ 500 กิโลดาลตัน ส่วน heteromeric หรือ multisubunit ACCase (ดังรูปที่ 3A) พบได้ในพลาสติดของพืชเป็นเอนไซม์ที่ประกอบด้วยโปรตีนหลายหน่วยย่อยที่มีการรวมตัวกัน (Dissociable protein) เป็นเอนไซม์ที่สามารถเกิดปฏิกิริยาได้ (active) คล้ายกับที่พบใน *E. coli* คือแยกเป็นหน่วยย่อยก็ยังคงเร่งปฏิกิริยาได้ (Kannangara and Stumpt, 1972) เอนไซม์ Multisubunit ACCase ที่พบในพลาสติดของพืชประกอบด้วย 4 หน่วยย่อย (subunits) คือ Biotin Carboxylase (BC; *accC*), Biotin Carboxyl Carrier Protein (BCCP; *accB*), Carboxyl Transferase alpha subunit (β–CT; *accA*) และ Carboxyl Transferase beta subunit (β–CT หรือ *accD*) โดยยีน *accD* เป็นยีนในจีโนมของ พลาสติด ในขณะที่ยีนอื่นๆ พบอยู่ในจีโนมของนิวเคลียสของเซลล์ (Ke *et al.*, 2000; Cronan and Waldrop, 2002; Madoka *et al.*, 2002; Nikolau *et al.*, 2003)



รูปที่ 3. แสดงแผนผังรูปแบบโครงสร้างของเอนไซม์ ACCase ที่พบได้ในสิ่งมีชีวิต มี 2 แบบคือ heteromeric ACCase (**A**) และ homomeric ACCase (**B**) โดย BCC คือ Biotin Carboxyl Carrier Protein (*accB*), BC คือ เอนไซม์ไบโอตินคาร์บอกซิเลส (*accC*) และ α–CT และ β–CT คือเอนไซม์คาร์บอกซิล ทรานซ์เฟอเรส หน่วยย่อย α (*accA*) และ β (*accD*) ตามลำดับ (Nikolau *et al.*, 2003)

Davis และคณะ (2000) พบว่าเมื่อมีการเพิ่มปริมาณการแสดงออกของยีน *accD* มากขึ้นกว่าระดับปกติใน *E. coli* จะส่งผลให้ระดับการแสดงออกของหน่วยย่อยอื่นๆ ของเอนไซม์ ACCase (*accA accB* และ *accC*) ในเซลล์เพิ่มขึ้น ทำให้ให้มีการเพิ่มปริมาณการสังเคราะห์กรดไขมันมากขึ้น

Madoka และคณะ (2002) ศึกษาในใบยาสูบ พบว่าการเพิ่มปริมาณการแสดงออกของยีน *accD* ในระดับการ transcription จะมีผลให้มีระดับการแสดงออกของยีนอื่นๆ ที่อยู่ในจีโนมของนิวเคลียสของเซลล์เพิ่มขึ้นและเพิ่มการเร่งปฏิกิริยาของ heteromeric ACCase ในพลาสติด นั่นคือ

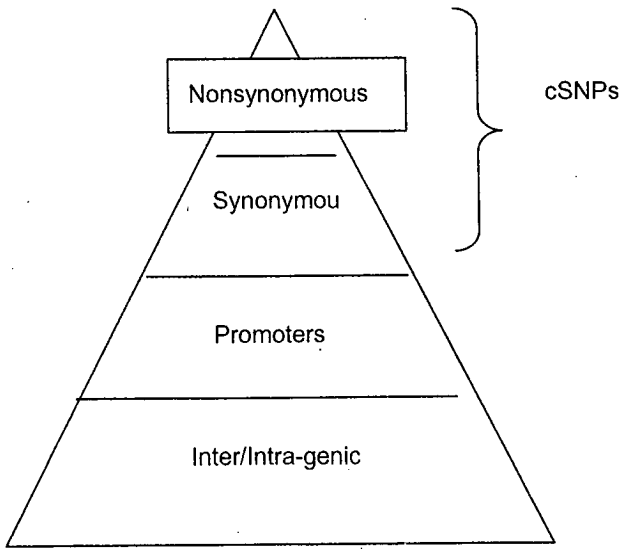
เมื่อระดับของ multi-subunit ACCase เพิ่มขึ้นทำให้มีปริมาณ Malonyl-CoA มากขึ้นและส่งผลเพิ่มปริมาณการสังเคราะห์กรดไขมันมากขึ้น และส่งผลให้ต้นใบยาสูบมีการปริมาณเมล็ดเพิ่มขึ้นเป็น 2 เท่าเมื่อเทียบกับต้นยาสูบปกติ ส่งผลให้พืชมีเมล็ดมากขึ้นทำให้ปริมาณผลผลิตน้ำมันที่ได้ต่อต้นของพืชให้น้ำมันก็จะมีมากขึ้นด้วยเช่นกัน นอกจากนี้ยังส่งผลทำพืชที่มีการเพิ่มปริมาณการแสดงออกของยีน *accD* ในระดับการ transcription มีลำต้นแข็งแรงและใบใหญ่กว่าพืชต้นที่มีการแสดงออกของยีน *accD* ในระดับปกติ

ผลการศึกษาเพื่อพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลจากยีน *accD* ในปาล์มน้ำมันของทางคณะผู้วิจัยพบว่าต้นปาล์มที่มีการแสดงออกของเครื่องหมายโมเลกุล *accD* สูง จะเป็นกลุ่มต้นปาล์มน้ำมันที่ให้ปริมาณผลผลิตน้ำมันปาล์มสูง เมื่อเปรียบเทียบกับกลุ่มต้นปาล์มน้ำมันที่ให้ปริมาณผลผลิตน้ำมันปาล์มต่ำ คาดว่าการควบคุมการแสดงออกของยีน *accD* จะถูกควบคุมในระดับ transcriptional และมีความสำคัญในการไปกระตุ้นหรือเร่งให้มีการแสดงออกของยีนของหน่วยย่อยอื่นๆ มีการแสดงออกมากขึ้น

Single nucleotide polymorphisms (SNPs)

SNPs เป็นเทคนิคที่ใช้ศึกษาพิจารณาบริเวณหรือตำแหน่งในจีโนมที่ทำให้เกิดความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตหนึ่งๆ เป็นการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นโดยการแทนที่นิวคลีโอไทด์ซึ่งสามารถเกิดขึ้นทั้งภายนอกและภายในยีน โดยอย่างน้อยต้องเกิดความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์ 2 ตัว ณ ตำแหน่งเดียวกัน (Syvanen, 2001) SNPs ที่พบจะส่งผลให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมทั้งในมนุษย์ สัตว์ และพืช เป็นการเปลี่ยนแปลงรหัสทางพันธุกรรมที่ส่งผลให้มีการเปลี่ยนแปลงไปจากเดิม หรือจากความหลากหลายของดีเอ็นเอที่พบในประชากรปกติ SNPs เป็นความแปรผันทางพันธุกรรมที่เกิดได้โดยทั่วไปในแต่ละอัลลีล ซึ่งจะพบได้ทั้งพืชชนิดเดียวกันหรือต่างชนิด ปกติของในสิ่งมีชีวิตประเภทหนึ่งๆ SNPs ที่พบได้บ่อยจะเป็นความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์เพียง 1 ตำแหน่ง SNPs จะพบในทุกๆ 100-300 bp และ SNPs เป็นโพลิมอร์ฟิซึม (polymorphism) ในระดับ 1 คู่นิว- คลีโอไทด์ที่สามารถพบในประชากรได้มากกว่า 1% หากน้อยกว่า 1% ถือว่าเป็นการกลายพันธุ์เฉพาะจุด (point mutation) โดยการเปลี่ยนแปลงดังกล่าวอาจส่งผลต่อการทำงานของเอนไซม์หรือโปรตีนนั้นๆ โดยจากการศึกษาของ Montoya เรื่องโครงการ SNPs ของปาล์มน้ำมันโดยได้ทำการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ปาล์มน้ำมันสองชนิดคือ *E. guineensis* และ *E. olifera* และเปรียบเทียบปาล์มน้ำมันชนิด *E. guineensis* ทั้งสามสายพันธุ์คือ ดูรา เทเนอราและ พิสิเฟอรา จากการใช้ข้อมูลทั้งหมด 380,000 ลำดับเส้นดีเอ็นเอ ผลจากการศึกษาเบื้องต้นสามารถจำแนก SNPs ได้มากกว่า 20,000 SNPs และพัฒนาต่อมาจนได้เครื่องหมาย SNPs จำนวน 28 SNPs ที่คาดว่าจะเกี่ยวข้องกับการเจริญของเมล็ดและการปรับปรุงพันธุ์ แต่ผลสรุปจากการทดสอบ พบว่า เครื่องหมาย SNPs ที่ได้ สามารถแยกปาล์มน้ำมันสองชนิดคือ *E. guineensis* และ *E. olifera* ออกจากกันได้ (Montoya *et al.*, 2013)

เมื่อพิจารณาตำแหน่งในการเกิด SNPs ในยีน สามารถแบ่ง SNPs ได้เป็น 2 ประเภท คือ SNPs ที่เกิดขึ้นในส่วนที่ไม่มีการถอดรหัส และเกิดขึ้นในส่วนที่มีการถอดรหัส แบบแรก SNPs ที่เกิดขึ้นในส่วนที่ไม่มีการถอดรหัส (non-coding SNP) มี 3 แบบ กล่าวคือ Regulatory SNP (rSNP) เป็น SNPs ที่มีผลในการควบคุมการแสดงออกของยีน ซึ่งเกิดขึ้นในบริเวณโปรโมเตอร์ (promoter region), SNPs ที่เกิดบริเวณรอยต่อระหว่าง แอกซอน (exon) และอินทรอน (intron) เรียกว่า สไปลซิงไซต์ (splicing site) ทำให้การตัดต่ออาร์เอนเอ (RNA) ผิดไปจากเดิม ส่งผลให้จำนวนกรดอะมิโนในสายพอลิเพปไทด์ผิดไป และ Intronic SNP (iSNP) เป็น SNPs ที่เกิดบริเวณส่วนของอินทรอน จึงมักไม่ทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงอย่างมีนัยสำคัญ และแบบที่สอง คือ SNPs ที่เกิดในส่วนที่มีการถอดรหัส (coding SNP) สามารถแบ่งออกเป็น 2 ประเภท กล่าวคือ Nonsynonymous mutation คือ การเปลี่ยนแปลงโดยเกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์ แล้วส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนด้วย Synonymous mutation คือ การเปลี่ยนแปลงโดยเกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์ แล้วไม่ส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโน และ Nonsense mutation คือ การเปลี่ยนแปลงโดยเกิดการแทนที่นิวคลีโอไทด์ แล้วส่งผลให้เกิด stop codon ดังรูปที่ 4



รูปที่ 4. รูปแบบต่างๆ ของเกิด SNPs (Howell, 2003)

ปัจจุบันมีการศึกษารูปแบบต่างๆ รวมทั้งการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่าง SNPs กับการเกิดโรคและความผิดปกติต่างๆ ทั้งในมนุษย์ พืช และสัตว์ อย่างกว้างขวาง ตลอดจนการประยุกต์ใช้ SNPs เพื่อประโยชน์ทางการแพทย์ ปัจจุบันมีการนำ SNPs มาประยุกต์ใช้ในงานด้านต่างๆ อย่าง

กว้างขวาง ไม่ว่าจะเป็นด้านการแพทย์ ด้านเภสัชพันธุศาสตร์ ด้านนิติวิทยาศาสตร์ และด้านเกษตรกรรม เป็นต้น

ส่วนควบคุมการแสดงออก หรือ โปรโมเตอร์ (Promoter genes)

โปรโมเตอร์ คือ ส่วนที่ทำหน้าที่ควบคุมการแสดงออกของยีน ยีนที่มีการแสดงออกแตกต่างกัน จะมีปริมาณของโปรตีนที่แตกต่างกัน ทั้งนี้เนื่องจากการแสดงออกของยีนมีความจำเพาะหลายระดับ แตกต่างกันไปในระดับอวัยวะ เนื้อเยื่อ และเซลล์ การควบคุมการแสดงออกของยีนนี้เกิดขึ้นหลายขั้นตอน ได้แก่ การถอดรหัส และ การตกแต่งโมเลกุลอาร์เอ็นเอ ซึ่งลำดับนิวคลีโอไทด์ทางปลาย 5' ของยีน (upstream) นั่นเอง ที่เป็นส่วนประกอบสำคัญของยีนที่กำหนดการแสดงออกของยีนโดยควบคุมให้เกิดการถอดรหัสที่ถูกต้องซึ่งบริเวณนี้เป็นตำแหน่งที่เรียกว่า โปรโมเตอร์ ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับการเริ่มต้นการ ถอดรหัสของยีน (Brown, 2002) โดยเป็นตำแหน่งที่ถูกจดจำโดยโปรตีนที่จะนำเอนไซม์ RNA polymerase เข้ามาเริ่มทำการถอดรหัส (Lewin, 1990) สิ่งมีชีวิตยูคาริโอตมีเอนไซม์ RNA polymerase 3 ชนิด ได้แก่ RNA polymerase I ทำหน้าที่ ถอดรหัสของยีนที่กำหนดการสร้าง rRNA RNA polymerase II ทำหน้าที่ถอดรหัสของยีนที่กำหนดการสร้าง mRNA และ RNA polymerase III ทำหน้าที่ถอดรหัสของยีนที่กำหนดการสร้าง tRNA และ small RNA จากความแตกต่างของชนิดของอาร์เอ็นเอที่ถูกสร้างโดยเอนไซม์ต่างกันนี้ จึงมีโปรโมเตอร์ของยีนที่มีความแตกต่างกันไปด้วย (Brown, 2002) โปรโมเตอร์ของยีนที่ถูกถอดรหัสโดยเอนไซม์ RNA polymerase II มีความผันแปรสูง ทั้งความยาวและลำดับนิวคลีโอไทด์ ภายในโปรโมเตอร์จะมีลำดับ นิวคลีโอไทด์สั้นๆ ที่มีความคล้ายคลึงกันระหว่างยีนต่างๆ เรียกลำดับนิวคลีโอไทด์นี้ว่า ลำดับ consensus ซึ่งมีหลายชนิด และชนิดที่มีความสำคัญ ได้แก่ TATA box หรือ Goldberg-Hogness box ซึ่งมีตำแหน่งอยู่เหนือตำแหน่งแรกที่เกิดการถอดรหัสไปทางปลาย 5' ประมาณ 25 คู่เบส (-25) TATA box นี้พบในโปรโมเตอร์ของยีนเกือบทุกยีนในสิ่งมีชีวิตชั้นสูงทุกชนิด (Fosket, 1994; Lewin, 1990) รูปแบบที่พบมากคือ TATAA อย่างไรก็ตามลำดับดังกล่าว อาจมีความแตกต่างของนิวคลีโอไทด์ในบางตำแหน่งได้ TATA box เป็นตำแหน่งจับของ TATA binding protein ซึ่งเป็นองค์ประกอบของ transcription factor IID (TFIID) ที่เป็นโปรตีนเริ่มต้นในการเกิด initiation complex และถ้าเกิดการกลายที่ TATA box ตำแหน่งเริ่มต้นของการถอดรหัสจะผิดไป แต่มีผลต่อการถอดรหัสไม่มากนัก นอกจากนี้ ความคงที่ของตำแหน่งของ TATA box ยังช่วยยืนยันหน้าที่ในการกำหนดตำแหน่งเริ่มต้นการถอดรหัสของ TATA box อีกด้วย นอกจาก TATA box แล้ว ในยีนหลายๆ ยีนสามารถพบลำดับ consensus อื่นๆ ได้ เช่น CATT box มักพบที่ตำแหน่งประมาณ -80 โดยลำดับนี้มีผลต่อประสิทธิภาพการทำงานของโปรโมเตอร์ และ GC box มีลำดับนิวคลีโอไทด์เป็น GGGCGG ลำดับทั้งสองชนิดนี้สามารถพบได้หลายซ้ำในโปรโมเตอร์ 1 ตัว นอกจากนี้ GC box ยังพบในโปรโมเตอร์ของ housekeeping gene (Fosket, 1994; Slater, 1993) หน้าที่ของ GC box และ CAAT box คือช่วยให้เอนไซม์ RNA polymerase เข้ามาจับกับโปรโมเตอร์ โดยการเรียงตัวของ GC box และ CAAT box นี้

สามารถมีได้ทั้ง 2 ทิศทาง และตำแหน่งมีความผันแปรมาก ซึ่ง แตกต่างจาก TATA box ที่จะมีตำแหน่งที่ค่อนข้างแน่นอน และการเรียงตัวมีทิศทางเข้าหาตำแหน่งเริ่มต้นการถอดรหัส อย่างไรก็ดี โปรโมเตอร์ของยีนหนึ่งๆ ไม่จำเป็นต้องมี TATA box , CAAT box และ GC box ครบทั้ง 3 อย่าง (Lewin, 1990) ยีนของสิ่งมีชีวิตยูคาริโอตยังมีลำดับนิวคลีโอไทด์อื่นซึ่งสามารถควบคุมการแสดงออกของยีนนั้นๆ อีก ได้แก่ enhancer ซึ่งเป็นตำแหน่งเกาะจับของโปรตีนที่จำเพาะเจาะจงซึ่งทำหน้าที่ส่งเสริม และกระตุ้นให้เกิดการถอดรหัสมากขึ้น enhancer อาจมีหลายชนิดในโปรโมเตอร์หนึ่งๆ ได้ และช่วยให้มีการแสดงออกของยีนในเนื้อเยื่อและสภาวะที่จำเพาะ ทำให้เกิดการสร้างโปรตีนที่มีความจำเป็นแตกต่างกันในเนื้อเยื่อหรือเซลล์แต่ละชนิด (Fosket, 1994) โปรตีนที่จับตำแหน่ง enhancer อาจมีผลต่อยีนเพียงยีนเดียวหรือหลายๆ ยีนพร้อมกันก็ได้ และตำแหน่งของ enhancer อาจอยู่ห่างจากตำแหน่งเริ่มต้นการถอดรหัสได้ถึงหลายกิโลเบสก็ได้ ดังนั้นการถอดรหัสของยีนต่างๆ ในยูคาริโอตจึงเกี่ยวข้องกับโปรตีนหลายชนิดและมีความสัมพันธ์ที่ค่อนข้างซับซ้อน (Brown, 2002)

จากตัวอย่างการศึกษาในการควบคุมการทำงานในการแสดงออกของยีนจากโปรโมเตอร์และสมบัติเบื้องของโปรโมเตอร์ในงานวิจัยต่างๆ ที่ผ่านมา และจากการทำงานวิจัยในการแสดงออกของยีน *accD* ซึ่งได้พัฒนาเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่สามารถแยกปาล์มต้นที่ให้ผลผลิตสูงและต่ำ ได้จากการทดลองที่ผ่านมาของทางคณะผู้วิจัยซึ่งเป็นการวัดผลจากการ transcriptional ของยีน *accD* (Nakkaew *et al.*, 2008) ในการทดลองครั้งนี้จึงสนใจถึงกลไกในการควบคุมการแสดงออกของยีน *accD* โดยเลือกศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของโปรโมเตอร์ยีน *accD* ซึ่งเป็นตำแหน่งที่ควบคุมการแสดงออกในระดับ transcriptional ด้วยการศึกษาความหลากหลายของ SNPs ในตำแหน่งโปรโมเตอร์ยีน *accD* และพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล SNPs ในปาล์มน้ำมันจากบริเวณโปรโมเตอร์ของยีน *accD* เพื่อศึกษาความหลากหลายของพันธุ์ปาล์มน้ำมันทั้ง 3 พันธุ์ และเพิ่มข้อมูลในระดับกลไกในการควบคุมการแสดงออกยีน *accD* ด้วยการศึกษาในบริเวณตำแหน่งอนุรักษ์โปรโมเตอร์ของยีน *accD* เพื่อใช้ในการศึกษาปรับปรุงพันธุ์ให้ได้ปาล์มน้ำมันพันธุ์ดี ที่ให้ผลผลิตปาล์มทะลายสดที่มีคุณภาพและปริมาณผลผลิตน้ำมันสูงต่อไป