

บทคัดย่อ

ปาล์มน้ำมันเป็นพืชให้น้ำมันที่ผลผลิตน้ำมันมากที่สุดในบรรดาพืชน้ำมันทั้งหมดทั้งนี้ปริมาณน้ำมันที่ได้จากการเพาะปลูกปาล์มน้ำมันแต่ละต้นขึ้นอยู่กับองค์ประกอบของลักษณะทางพันธุกรรมและสภาวะแวดล้อมโดยในการศึกษาครั้งนี้ได้ทำการหาความเชื่อมโยงเกี่ยวเนื่องกันทางพันธุกรรมของพ่อแม่พันธุ์ปาล์มน้ำมัน (ดูราและพิสิเฟอรา) และลูกผสมเทเนอราซึ่งให้ผลผลิตน้ำมันสูงกว่าพ่อแม่พันธุ์ ด้วยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลซึ่งเป็นการศึกษาลำดับดีเอ็นเอได้โดยตรงโดยที่ไม่มีปัจจัยของสิ่งแวดล้อมเข้ามามีผลกระทบ ทั้งนี้ด้วยองค์ความรู้ทางเทคโนโลยีชีวภาพโมเลกุลจึงได้ทำการโคลนบริเวณโปรโมเตอร์ของยีน *EgaccD* จากปาล์มน้ำมันทั้ง 3 สายพันธุ์เพื่อศึกษาความเชื่อมโยงและความหลากหลายของพันธุ์ปาล์มน้ำมันด้วย Single nucleotide polymorphisms (SNPs) ในตำแหน่งโปรโมเตอร์ของยีน *EgaccD* ผลการวิเคราะห์ พบว่า SNPs allele ในลำดับนิวคลีโอไทด์ในโปรโมเตอร์ของยีน *EgaccD* ซึ่งเมื่อทำการตรวจสอบระยะห่างทางพันธุกรรมด้วย โปรแกรม PHYLIP พบว่าค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของลูกผสมเทเนอรานั้นมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญกับพ่อแม่พันธุ์ปาล์มน้ำมัน (ดูราและพิสิเฟอรา) และสามารถจำแนกตัวอย่างปาล์มน้ำมันลูกผสมเทเนอรา (tenera) ออกจากปาล์มน้ำมันต้นแม่ดูรา (dura) และ พ่อพิสิเฟอรา (pisifera) ได้

บริเวณตำแหน่ง SNPs allele เป้าหมายที่คัดเลือกเพื่อการออกแบบไพรเมอร์ด้วย Primer Explore จะได้ชุดไพรเมอร์ที่จำเพาะสำหรับใช้ในการตรวจสอบด้วยการเพิ่มจำนวนแบบ SNP-LAMP ซึ่งเมื่อนำชุดไพรเมอร์ที่ดังกล่าวไปตรวจสอบในกลุ่มลูกผสมเทเนอราที่ได้จากการผสมพร้อมทั้งพ่อแม่พันธุ์ พบว่าค่าที่ได้ไม่สามารถใช้ในการคัดเลือกเพื่อจำแนกแยกพ่อแม่พันธุ์และลูกผสมที่ได้จากการผสมได้อย่างมีนัยสำคัญ ดังนั้นจึงสามารถสรุปผลจากการศึกษาตำแหน่ง SNPs allele ด้วยเทคนิค SNP-LAMP ไม่สามารถจำแนกตัวอย่างปาล์มน้ำมันลูกผสมเทเนอรา (tenera) ออกจากปาล์มน้ำมันต้นแม่ดูรา (dura) และ พ่อพิสิเฟอรา (pisifera) ได้

นอกจากนี้ด้วยผลการวิจัยก่อนหน้านี้พบว่าระดับการแสดงออกของบริเวณโปรโมเตอร์ของยีน *EgaccD* มีความเกี่ยวพันสอดคล้องกับปริมาณน้ำมัน โดยในการวิจัยครั้งนี้ได้ตรวจพบว่าปริมาณจำนวนชุดของจีโนมในบริเวณ โปรโมเตอร์ของ *EgaccD* มีปริมาณสูงในปาล์มน้ำมันกลุ่มที่ปริมาณน้ำมันสูง (26.32-43.68 กิโลกรัมต่อต้นต่อปี) และมีปริมาณต่ำกว่าในปาล์มน้ำมันกลุ่มที่ให้ผลผลิตน้ำมันต่ำ (1.98-12.43 กิโลกรัมต่อต้นต่อปี) นับได้ว่าเป็นที่น่าสนใจเป็นอย่างยิ่งที่ผลจากการวิจัยพบว่าระดับปริมาณจำนวนชุดของจีโนมและระดับการแสดงออกของยีนนั้นมีความสอดคล้องกันและเชื่อมโยงกับปริมาณน้ำมันด้วยเช่นกัน ผลจากงานวิจัยทั้งหมดนี้แสดงว่าการจัดการลักษณะทางพันธุกรรมของยีน *EgaccD* นั้นนับได้ว่าเป็นวิธีการหนึ่งที่จะส่งเสริมให้มีการ เพิ่มปริมาณน้ำมันและใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลสำหรับคัดเลือกปาล์มน้ำมันสายพันธุ์ใหม่ที่ ปริมาณน้ำมันสูงในกระบวนการปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมัน

Abstract

Oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) is a greater oil yield than other oil plants. Palm oil yield is involved with different agronomic characters base on genotype and environmental. This study involves investigating the genetic relationship between the parental palms (*dura* and *pisifera*) and *tenera* hybrids that boosted the higher oil yield than parent. Molecular marker techniques are advantageous as they directly reflect variations in the DNA sequences and therefore of independence of environment. Molecular biotechnology approaches were used to cloning promoter region of *EgaccD* gene from three oil palm varieties. The association between single nucleotide polymorphisms (SNPs) in *EgaccD* promoter region and variations in among the oil palm varieties has recently been described. SNPs allele data were observed and analysed using PHYLIP software to calculate the genetic distance values. Then, the results were shown the genetic distances with *tenera* hybrid were significant different from parent (*dura* and *pisifera*) variety.

The SNPs allele target selection for primer design can be accomplished by using the Primer Explore and then the specific primer sets for performing SNP-LAMP amplification. The performance of *tenera* hybrid progenies and their parent was evaluated and showed were non-significant for screen selected parental palms and their progenies. These results indicated that SNPs allele analysis based on SNP-LAMP technique in this study may not be useful for predicting hybrid performance and necessary to improve.

Moreover, previous reported were shown the *EgaccD* mRNA expression level are correlated with palm oil yield. This research found that genomic copy number of *EgaccD* promoter region were shown higher in high oil yield plants (26.32–43.68 Kg/palm/year). And, then were shown lower genomic copy number in low oil yield plants (1.98–12.43 Kg/palm/year). Interestingly, our results were showed the co-correlation between the alteration of genomic DNA copy numbers and transcriptional expression and correlated with palm oil yield, also. Based on this research, genetic manipulation of *EgaccD* seemed to be one method to enhance to increase the oil content and uses as a marker to assist selection of possible high oil yielding cultivars in oil palm breeding programs.