

บทที่ 5

สรุปและวิจารณ์ผลการวิจัย

จากการเก็บรวบรวมสายพันธุ์ข้าวเหนียวดำ และการบ่งชี้ลักษณะทั่วไปของข้าวเหนียวดำที่มีในเขตภาคตะวันออกเฉียงเหนือได้ทั้งสิ้น 90 สายพันธุ์ พบลักษณะที่แตกต่างกันของข้าวเหนียวดำแต่ละสายพันธุ์ เช่น สีใบ สีข้าวเปลือก สีข้าวกล้อง เป็นต้น ซึ่งความหลากหลายที่พบนี้จะเป็นประโยชน์ต่อไป ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวเหนียวดำ

จากการทดสอบค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ของเพียร์สัน จะพบได้ว่า ปริมาณแอนโทไซยานินไม่มีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญกับระดับการทนเค็มในข้าวเหนียวดำ และจากการศึกษาเปรียบเทียบแบบแผนของโปรตีนที่แสดงออกในใบข้าวเหนียวขาวใบสีเขียว คือ กข 6 และข้าวเหนียวดำใบสีม่วง หมายเลข 19 โดยใช้เทคนิค 2D-PAGE จนได้ค่ามวลโมเลกุล และค่า pI ของจุดโปรตีนที่แตกต่างกันในข้าวทั้งสองสายพันธุ์ และเมื่อนำค่ามวลโมเลกุล และค่า pI ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลโปรตีน ExPASy เพื่อระบุชนิดของโปรตีน พบโปรตีนที่พบเฉพาะในข้าวเหนียวดำอย่างน้อย 7 ชนิด ที่ไม่พบในข้าวเหนียวขาว โดยโปรตีนทั้ง 7 ชนิดคือ 1) CRS2-like protein 2) Montothiol glutaredoxin-S1 3) Putative germin-like protein 8-1 4) V-type proton ATPase 16 kDa proteolipid subunit 5) Expansin-B1 6) Ribulose biphosphate carboxylase small chain และ 7) Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim9 พบได้ว่า โปรตีน 7 ชนิดในข้าวเหนียวดำที่มีการสร้างในปริมาณที่มากกว่าในข้าวเหนียวขาวคือ 1) Nuclear transcription factor Y subunit B-3 2) Germin-like protein 8-6 3) Cysteine proteinase inhibitor 5 4) Germin-like protein 8-11, Transcription factor LAX PANICLE 5) Ribosome-recycling factor 6) chloroplastic และ 7) NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit J และ โปรตีน 5 ชนิดในข้าวเหนียวดำที่มีการสร้างในปริมาณที่น้อยกว่าในข้าวเหนียวขาวคือ 1) Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit (chloroplastic) 2) Germin-like protein 3-5 3) Putative cyclin-D7-1 4) Nicotianamine synthase 3 และ 5) Probable succinyl-CoA ligase [GDP-forming] subunit alpha, (mitochondrial)]

โดยภาพรวมถึงแม้จะสามารถระบุจุดโปรตีนที่แสดงออกแตกต่างกันในใบข้าวเหนียวขาวใบสีเขียว กข 6 และข้าวเหนียวดำใบสีม่วง หมายเลข 19 ได้ แต่การเปรียบเทียบข้อมูลโดยใช้ค่ามวลโมเลกุล และค่า pI ของโปรตีนที่ได้จากการวิจัยครั้งนี้กับข้อมูลในฐานข้อมูลโปรตีน ExPASy นั้นความถูกต้องยังน้อยมาก เพราะผลการเปรียบเทียบที่ได้ของโปรตีนแต่ละจุดยังมีความใกล้เคียงกับโปรตีนอีกหลายชนิดในฐานข้อมูล ทำให้ไม่สามารถระบุชนิดและหน้าที่ของโปรตีนแต่ละจุดได้ชัดเจน รวมทั้งหน้าที่ของโปรตีนบางตัวยังไม่ทราบหน้าที่ ส่วนโปรตีนตัวอื่นๆ ที่ระบุได้ว่ามีหน้าที่ใกล้เคียงกับโปรตีนที่ทราบหน้าที่แล้วนั้น ก็ยังไม่สามารถระบุความแตกต่างหน้าที่ของโปรตีนเหล่านั้นได้ว่าทำให้เกิดลักษณะที่แตกต่างของสีเขียวกับใบม่วงได้อย่างไร ดังนั้นการโปรตีนที่ทราบชนิดและหน้าที่ของโปรตีนแต่ละจุดได้อย่างชัดเจน จึงต้องทำการศึกษาต่อไปโดยนำจุดโปรตีนที่ได้ไปวิเคราะห์หาค่า mass/charge ต่อไปโดยใช้เทคนิค mass spectrometry ซึ่งจะได้อำเภอรีเช่นต์ความใกล้เคียงกับโปรตีนที่ทราบชนิดและหน้าที่ชัดเจนแล้วในฐานข้อมูล นอกจากนี้ยังนำจุดโปรตีนที่ได้ไปวิเคราะห์ลำดับกรดอะมิโน ซึ่งจะทำให้ระบุชนิดและหน้าที่ของโปรตีนได้อย่างชัดเจนยิ่งขึ้น และนำไปสู่การศึกษาการทำงานร่วมกันของโปรตีนเหล่านั้น รวมทั้งการค้นหาโครงสร้างหน้าที่และรูปแบบและกลไกการทำงานร่วมกันของโปรตีน

ตลอดจนการกลไกการควบคุมการแสดงผลของโปรตีน เพื่อประโยชน์ในการปรับปรุงและพัฒนาสายพันธุ์ข้าว
เหนียวต่อไป