ธนาวดี ค้ำชู 2551: การสำรวจพันธุกรรมข้าว โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์และเครื่องหมายที่ระบุความจำเพาะกับหน้าที่ เพื่อการแยกกลุ่มพันธุกรรมข้าว ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พันธุศาสตร์) สาขาพันธุศาสตร์ ภาควิชาพันธุศาสตร์ ประธานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์นิตย์ศรี แสงเดือน, Ph.D. 172 หน้า

การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอของข้าว (*Oryza sativa* L.) ที่ถูกรวบรวมจากทั้งในประเทศและต่างประเทศจำนวน 415 พันธุ์/สายพันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 9 ตำแหน่ง (RM72, RM190, RM264, RM276, RM287, RM307, RM333, RM334 และ RM335) และเครื่องหมายที่ระบุความจำเพาะกับหน้าที่ 4 ตำแหน่ง (*xa5*-RM122, *xa5*-RM390, *Xa21*-pTA248 และ *Wx*-X65183) จากการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ 13 ตำแหน่ง ให้จำนวนแอลลีลทั้งหมด 55 แอลลีล เฉลี่ย 4.23 แอลลีลต่อตำแหน่ง ค่า Observed heterozygosity (H_o) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.0072-0.0410 ค่า H_o เฉลี่ย 0.0182 ค่า Polymorphic Information Contents (PICs) หรือค่า Expected heterozygosity (H_e) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.3665-0.7628 ค่า PIC เฉลี่ย 0.6244 ค่าความเหมือนทางพันธุกรรมคำนวณตามวิธี Simple matching ของ Sneath และ Sokal (1973) อยู่ระหว่าง 0.66-1.0 เมื่อสร้างแผนภูมิทางพันธุกรรม สามารถแบ่งกลุ่มข้าวได้เป็น 13 กลุ่มย่อย ที่ความเหมือนทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างประมาณ 0.73 โดยแต่ละกลุ่ม (กลุ่มที่ 1-13) ประกอบด้วยข้าว 19, 126, 7, 13, 19, 35, 4, 2, 3, 122, 2, 1 และ 62 ตัวอย่าง ตามลำดับ โดยข้าว Tropical japonica และข้าว Japonica (14 ตัวอย่าง) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 13 ข้าว TGMS (16 ตัวอย่าง) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 2, 5, 6 และ 10 ข้าวพื้นเมือง (110 ตัวอย่าง) กระจายอยู่ในกลุ่มที่ 1, 2, 4, 10 และ 13 อย่างไรก็ตามยังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมของสายพันธุ์ข้าวในแต่ละกลุ่มอยู่มาก จำเป็นต้องใช้เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อให้ครอบคลุมจีโนมข้าวให้มากขึ้น โดยเฉพาะเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง และเกี่ยวข้องกับลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจ เพื่อประโยชน์ในการแยกกลุ่มพันธุกรรมข้าวพันธุ์พ่อแม่ สำหรับการผลิตข้าวลูกผสมในอนาคต

ธนาวดี ค้ำชู
ลายมือชื่อนิสิต

ลายมือชื่อประธานกรรมการ

28 / 5 / 2551

Tanavadee Kumchoo 2008: Genomic Screening of Rice Using Microsatellite and Specific Functional Markers for the Differentiation of Rice Germplasm.
Master of Science (Genetics), Major Field: Genetics, Department of Genetics.
Thesis Advisor: Associate Professor Nitsri Sangduen, Ph.D. 172 pages.

DNA fingerprint of 415 rice (*Oryza sativa* L.) samples collected from Thailand and foreign countries were studied using nine microsatellite markers (RM72, RM190, RM264, RM276, RM287, RM307, RM333, RM334 and RM335) and four specific functional marker (*xa5*-RM122, *xa5*-RM390, *Xa21*-pTA248 and *Wx*-X65183). A total of 55 alleles was detected with an average of 4.23 alleles per locus. Observed heterozygosity (H_o) ranged from 0.0072-0.0410 with an average H_o of 0.0182. Polymorphic Information Contents (PICs) or Expected heterozygosity (H_e) ranged from 0.3665-0.7628 with an average PIC score of 0.6244. Genetic similarity based on simple matching coefficient (Sneath and Sokal, 1973) ranged from 0.66-1.0. At genetic similarity of about 0.73, the dendrogram could separate all 415 rice samples into 13 distinct groups. Each group (group I-XIII) contained 19, 126, 7, 13, 19, 35, 4, 2, 3, 122, 2, 1 and 62 rice samples, respectively. Tropical japonica and japonica rice (14 samples) were in group XIII. The TGMS lines (16 samples) were in group II, V, VI and X. Landraces (110 samples) were scattered in group I, II, IV, X and XIII. However, rice samples in each group is still varied. More markers with high polymorphic detection and involving economically important traits are still needed in order to scan and cover most genome of rice. This background information will be useful for differentiation of parental lines for hybrid seed production breeding project in the future.

Tanavadee Kumchoo Nitsri Sangduen 28, 5, 2008

Student's signature Thesis Advisor's signature