

การศึกษาการถ่ายยืนและการแสดงออกของยืนโปรดีนนมผึ้ง
ในข้าวัญปุ่นพันธุ์ Kitaake และข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6

ณิชมน พรมรักษ์

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ
สำนักงานบัณฑิตศึกษา มหาวิทยาลัยแม่โจ้

พ.ศ. 2551

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยแม่โจ้



ใบรับรองวิทยานิพนธ์
สำนักงานบัณฑิตศึกษา มหาวิทยาลัยแม่โจ้
ปริญญาวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

ชื่อเรื่อง

การศึกษาการถ่ายยืนและการแสดงออกของยืนโปรดีนนมผึ้ง
ในข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake และข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6

โดย

ณิชมน พรมรักษ์

พิจารณาเห็นชอบโดย

ประธานกรรมการที่ปรึกษา บุญเรือง ลูกชิม่อน

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ชุติพา สกุลสิงหาโรจน์)

วันที่ ๒ เดือน ๑๐ พ.ศ. ๒๕๕๑

กรรมการที่ปรึกษา ไอลดา แมทธิว

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิจ)

วันที่ ๒ เดือน ๑๐ พ.ศ. ๒๕๕๑

กรรมการที่ปรึกษา รุ่งอรุณ พันธุ์

(อาจารย์ ดร. รัฐพร จันทร์เดช)

วันที่ ๒ เดือน ๑๐ พ.ศ. ๒๕๕๑

กรรมการที่ปรึกษา อุบลศรี เกิดสาครพันธุ์

(อาจารย์ ดร. อุบลศรี เลิศสกุลพานิช)

วันที่ ๒ เดือน ๑๐ พ.ศ. ๒๕๕๑

ประธานกรรมการประจำหลักสูตร ท.

(อาจารย์ ดร. พิรakanit บรรจิดกิจ)

วันที่ ๓ เดือน ๑๐ พ.ศ. ๒๕๕๑

สำนักงานบัณฑิตศึกษารับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์ ดร. เทพ พงษ์พาณิช)

ประธานกรรมการบัณฑิตศึกษา

วันที่ ๔ เดือน ๑๑ พ.ศ. ๒๕๕๑

ชื่อเรื่อง	การศึกษาการถ่ายยีนและการแสดงออกของยีนโปรตีนนมผึ้งในข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake และข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6
ชื่อผู้เขียน	นางสาวณิชมน พรมรักษ์
ชื่อบริษัทฯ	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ
ประธานกรรมการที่ปรึกษา	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ช่อทิพา ศกุลสิงหาราจัน

บทคัดย่อ

การทดลองนี้ได้ศึกษาการถ่ายยีนและการแสดงออกของยีนโปรตีนนมผึ้ง (*mrjp2*) จากผึ้งโพรง (*Apis cerana indica*) ของไทย ในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 มีวัตถุประสงค์เพื่อโคลนยีนและศึกษาการแสดงออกของยีนโปรตีนนมผึ้งในข้าว เพื่อพัฒนาข้าวดัดแปลงพันธุกรรมให้เป็นต้นแบบในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวใหม่ปริมาณโปรตีนในเมล็ดเพิ่มขึ้น ซึ่งเป็นแนวทางหนึ่งในการปรับปรุงคุณภาพของผลผลิต โดยได้สร้างพลาสมิด *pNT5* ขนาด 14,633 คู่บส ซึ่งมีชุดยีน *mrjp2* ที่ควบคุมการทำงานโดย 35S dual enhancer promoter, TEV leader และ 35S terminator (E35S:: TEV leader:: *mrjp2*:: T35S) แทรกอยู่บริเวณตำแหน่งจุดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะ *PsII* ของพลาสมิด *pCAMBIA1305.2* สำหรับใช้ถ่ายยีนโปรตีนนมผึ้งเข้าสู่ข้าว

การฉักนำให้เกิดแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake พบร่วมกับ สามารถฉักนำให้เกิดแคลลัสจากการเพาะเลี้ยงบนอาหารสูตร N6 ดัดแปลง ซึ่งมีออร์โนน 2, 4 - D (2, 4 - Dichlorophenoxyacetic acid) เข้มข้น 4 และ 2 มิลลิกรัมต่อลิตร ในสภาวะที่มีแสง 16 ชั่วโมงต่อวัน และที่มีด ตามลำดับ และสามารถฉักนำไปให้เกิดต้นด้วยอาหารสูตร MS ดัดแปลง ที่เติมออร์โนน NAA และไคเนติน เข้มข้น 1 และ 2.5 มิลลิกรัมต่อลิตร ตามลำดับ ส่วนการถ่ายยีนโปรตีนนมผึ้งได้ดัดแปลงระบบการถ่ายยีนด้วยเชื้ออะโกรแบคทีเรียมของข้าวพันธุ์ Kitaake ซึ่งมีการศึกษาและใช้กันอย่างกว้างขวาง โดยใช้เชื้ออะโกรแบคทีเรียม สายพันธุ์ AGL1 (*pNT5*) พบร่วมกับ สามารถถ่ายยีนเข้าสู่แคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 ได้แต่แคลลัสที่ได้รับยีนไม่สามารถพัฒนาเป็นต้นข้าวที่สมบูรณ์ได้ ส่วนแคลลัสของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ที่ได้รับยีนสามารถพัฒนาเป็นต้นข้าวที่สมบูรณ์ โดยเกิดต้นข้าวร้อยละ 43.33 ซึ่งมียีนโปรตีนนมผึ้งแทรกอยู่ในจีโนม และได้ต้นข้าวที่มีการแสดงออกของยีนโปรตีนนมผึ้งในระดับ mRNA ร้อยละ 36.67 แต่ไม่สามารถตรวจการแสดงออกในระดับโปรตีนด้วยเทคนิค Western blot ได้ ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบสัมฐานวิทยาของข้าวพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม รุ่น T_0 กับข้าวปกติ พบร่วมกับ

ไม่มีความแตกต่างกัน แต่ต้นข้าวคัดแปลงพันธุกรรมส่วนใหญ่มีปริมาณโปรตีนในเมล็ดสูงกว่าข้าวปกติ แสดงว่า ระบบการถ่ายยืนของ Toki (1997) เป็นระบบที่มีประสิทธิภาพต่อการถ่ายยืนเข้าสู่ข้าวพันธุ์ Kitaake สามารถนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวชนิดจาปอนิกาได้ด้วยเทคนิคพันธุวิศวกรรมต่อไปได้ แต่ไม่เหมาะสมกับการปรับปรุงพันธุ์ข้าวเหนียว กข 6 ซึ่งเป็นข้าวชนิดอินดิกา



Title	A study on transformation and expression of Major Royal Jelly Protein gene in <i>japonica</i> rice cv. Kitaake and <i>indica</i> rice cv. RD 6
Author	Miss Nitchamon Thamaragsa
Degree of	Master of Science in Biotechnology
Advisory Committee Chairperson	Assistant Professor Dr.Chotipa Sakulsingharoj

ABSTRACT

Transformation and expression of major royal jelly protein (*mrjp2*) gene in glutinous rice (*Oryza sativa* sp.) cv. RD 6 were studied. The aim of this study was to transform a major royal jelly protein gene (*mrjp2*) into rice and to express this gene in transgenic rice for increased seed protein content and quality improvement. The plasmid using for plant transformation, pNT5 (14,633 bp), was constructed. The *mrjp2* gene cassette driven by 35S CaMV dual enhancer promoter was inserted into *PstI* recognition site of a binary vector, pCAMBIA 1305.2.

Callus induction of *indica* Thai glutinous rice cv. RD 6 and *japonica* rice cv. Kitaake were studied using N6 medium supplemented with 4 and 2 mg/L 2, 4 – D, respectively. The calli of two varieties were induced under 16 h – light and dark conditions, respectively. Both of calli were regenerated on MS media supplemented with 1.0 mg/L NAA and 2.5 mg/L kinetin. Transformation of a major royal jelly protein (*mrjp2*) gene was modified from *Agrobacterium* – mediated transformation system of *japonica* rice (Kitaake) that has been established and widely used in several laboratories. The calli of two rice varieties were transformed with *Agrobacterium tumefaciens* AGL1 harboring the binary vector, pNT5. The results showed that the genes were successfully transformed into the calli of both rice varieties. However, the transformed RD 6 calli were unable to produce plantlets. The regeneration efficiency of the transformed Kitaake calli was 43.33 percentage of plants with stable integration of *mrjp2* gene in the plant genome. The 36.67 percent of transgenic rice plants showed the *mrjp2* expression at mRNA level. Expression of MRJP2 protein in selected transgenic lines, however, was not detected by Western blot technique using anti –

(6)

His antibody. Comparison of transgenic (T_0) and untransformed Kitaake rice plants was studied. The results indicated that all Kitaake rice plants showed no significant differences in morphology and growth while seed protein content of most transgenic rice was significantly higher than that of untransformed rice. Overall results indicated that the transformation system of Toki (1997) was effective for Kitaake rice transformation and suitable for *japonica* rice improvement using genetic engineering. But, this system was not suitable for RD 6 rice, *indica* rice.



กิตติกรรมประกาศ

การทำวิทยานิพนธ์ เรื่อง “การศึกษาการถ่ายยีนและการแสดงออกของยีนโปรตีนนมผึ้งในข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake และข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6” เพื่อประกอบการศึกษาในหลักสูตร วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ สามารถลุล่วงไปได้ด้วยดี ทั้งนี้ข้าพเจ้าขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์ ประธานกรรมการที่ปรึกษา ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.แสงทอง พงษ์เจริญกิติ อาจารย์ ดร.รัฐพร จันทร์เดช และอาจารย์ ดร.อุบลศรี เลิศสกุลพาณิช กรรมการที่ปรึกษาที่กรุณาให้คำปรึกษา คำแนะนำ ข้อคิดเห็น และช่วยแก้ไขปัญหาที่เกิดขึ้นในระหว่างการดำเนินงานวิจัย ตลอดจนการตรวจทานและแก้ไขวิทยานิพนธ์จนกระทั่งเสร็จสมบูรณ์ และขอขอบคุณอย่างยิ่งกับการคุ้มครอง เอาใจใส่เป็นอย่างดี อีกทั้งขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.หทัยชนก เนียมทรัพย์ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ที่กรุณาให้ข้อคิดเห็นในการแก้ไขวิทยานิพนธ์เล่มนี้ให้มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น

ขอขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.นลินี รุ่งเรืองศรี ที่ให้ความอนุเคราะห์ดูแลควบคุม อุณหภูมิสำหรับเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ รองศาสตราจารย์ ดร.นพณี โทปุณณานนท์ รองศาสตราจารย์ ประวิตร พุทธานนท์ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วรภรณ์ แสงทอง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ปวีณา ภูมิสุทธาผล ที่ให้คำแนะนำเพิ่มเติม ตลอดจนความอนุเคราะห์อุปกรณ์และสารเคมี ทำให้งานทดลองสำเร็จได้ด้วยดี

นอกจากนี้ขอขอบคุณสำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติที่สนับสนุนงบประมาณในการวิจัย ขอขอบคุณศูนย์วิจัยข้าวเชียงใหม่ที่ให้ความอนุเคราะห์เมล็ดพันธุ์ ขอขอบพระคุณ Professor Dr. Thomas W. Okita จาก Institute of Biological Chemistry, Washington State University ประเทศ สหรัฐอเมริกา ที่ให้ความอนุเคราะห์พลาสมิด pRTL 2 และเชื้ออะโกรเบคทีเรียม สายพันธุ์ AGL1 ขอขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.ศิริพร สิทธิประณีต ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่ให้ความอนุเคราะห์ยีน โปรตีนนมผึ้ง (*mrjp2*) และขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.เฉลิมศรี นนทสวัสดิ์ศรี ที่ให้ความอนุเคราะห์พลาสมิด pCAMBIA 1305.2

ขอขอบคุณมหาวิทยาลัยแม่โจ้ ที่ให้ทุนอุดหนุนวิจัยระดับปริญญาโท ในงบประมาณปี 2550 และให้ความอนุเคราะห์สถานที่ในการปฏิบัติงาน ขอขอบคุณคณะวิทยาศาสตร์ และภาควิชา ชีววิทยา มหาวิทยาลัยแม่โจ้ ที่เอื้อเพื่อสถานที่และเครื่องมือในการปฏิบัติงาน

ขอขอบพระคุณคณาจารย์ทุกท่าน ที่กรุณาประสิทธิ์ประสาทวิชาการต่าง ๆ อีกทั้งเจ้าหน้าที่ ทุกท่านที่ให้ความสำคัญในการทำงาน ตลอดจนนักศึกษาปริญญาโทและปริญญาตรีสาขา

เทคโนโลยีชีวภาพทุกคนที่ได้ให้ความช่วยเหลือในการปฏิบัติงาน และเป็นกำลังใจจนสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

เห็นอสังหาริมทรัพย์ของพระคุณ บิดา มารดา น้องชาย และญาติพี่น้องทุกคนที่ให้การสนับสนุนทั้งทางด้านกำลังใจ และสนับสนุนค่าใช้จ่ายระหว่างการศึกษา ตลอดจนความรักความห่วงใยที่มีให้ตลอดมา ทำให้วิทยานิพนธ์นี้สามารถสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี คุณความดีและผลของสิ่งดีดีที่เกิดขึ้นจากวิทยานิพนธ์เล่มนี้ขออนุให้แก่ บิดา มารดา ครูบาอาจารย์ และผู้มีพระคุณทุกท่าน สุดท้ายนี้ข้าพเจ้าหวังเป็นอย่างยิ่งว่าวิทยานิพนธ์เล่มนี้จะเป็นประโยชน์ต่อผู้สนใจไม่นักก์น้อย

ณิชมน ธรรมรักษ์

12 พฤษภาคม 2551

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ	(3)
ABSTRACT	(5)
กิตติกรรมประกาศ	(7)
สารบัญ	(9)
สารบัญตาราง	(12)
สารบัญภาพ	(14)
บทที่ 1 บทนำ	1
ความสำคัญของปัณฑา	1
วัตถุประสงค์ของการวิจัย	2
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
บทที่ 2 การตรวจเอกสาร	3
ความสำคัญของข้าว	3
ชีววิทยาของข้าว	3
การเจริญเติบโตของข้าว	4
องค์ประกอบของเม็ดข้าว	7
ปัณฑาการขาดโปรตีนในประเทศไทย	9
โปรตีนนมผึ้ง (Major Royal Jelly Protein: MRJP)	9
ยีนโปรตีนนมผึ้ง (major royal jelly protein gene: <i>mrjp2</i>)	10
การปรับปรุงพันธุ์โดยใช้เทคนิคทางพันธุวิศวกรรม	11
การถ่ายยีนโดยใช้เชื้ออะโกรเบคทีเรียน	13
การศึกษาการถ่ายยีนในพืชโดยใช้เชื้ออะโกรเบคทีเรียน	14
ปัจจัยที่มีผลต่อการถ่ายยีนโดยใช้เชื้ออะโกรเบคทีเรียน	18
กรอบแนวความคิด	22
บทที่ 3 วิธีการวิจัย	23
พันธุ์ข้าวที่ใช้ในการทดลอง	23
เชื้อที่ใช้ในการทดลอง	23

พลาสมิดที่ใช้ในการทดลอง	23
วัสดุและอุปกรณ์	24
เครื่องมือ	24
สารเคมีและน้ำยาทดสอบ	25
ชุดทดลองสำเร็จรูป (Kit)	28
ดีเอ็นเอและโปรตีนมาตรฐาน (DNA and Protein Marker)	28
เอนไซม์	29
ไพร์เมอร์ (Primer)	29
อาหารที่ใช้ในการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อและเซลล์แบบที่เรียกวิธีการทดลอง	30
วิธีการทดลอง	30
การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ	32
วิธีการดำเนินงาน	32
สถานที่ดำเนินการวิจัย	36
ระยะเวลาดำเนินการวิจัย	36
บทที่ 4 ผลการทดลองและวิจารณ์	37
การสร้างชุดปืน <i>mrjp2</i> สำหรับใช้ในการถ่ายยืนในข้าว	38
การเพาะเลี้ยงเคลลัสต์และซักนำให้เกิดต้น	68
การถ่ายยืนโปรตีนนมผงเข้าสู่เคลลัสต์ของข้าว	72
การตรวจสอบการแสดงออกของยืนสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase	83
การวิเคราะห์ยืนโปรตีนนมผงในข้าวคัดแปลงพันธุกรรมโดยเทคนิคชีวโมเลกุล	87
การเปรียบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาของข้าวญี่ปุ่น พันธุ์ Kitaake คัดแปลงพันธุกรรมกับข้าวปกติ	112
บทที่ 5 สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ	128
สรุปผลการทดลอง	128
ข้อเสนอแนะ	129
เอกสารอ้างอิง	130

หน้า

ภาคผนวก	139
ภาคผนวก ก สูตรอาหารเลี้ยงเชื้อและเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ	141
ภาคผนวก ข ผลการวิเคราะห์	145
ภาคผนวก ค ประวัติผู้วิจัย	151

สารบัญตาราง

ตาราง

หน้า

1	ร้อยละของการเกิดแคลลัสที่ลังการเพาะเลี้ยงบนอาหารแข็งสูตร N6 ดัดแปลงซึ่งมีการเติมชอร์โอม 2, 4 – D	69
2	ร้อยละของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน หลังการคัดเลือกครั้งที่ 1	73
3	ร้อยละของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน หลังการคัดเลือกครั้งที่ 2	74
4	ผลการพัฒนาเป็นต้นของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน หลังการเพาะเลี้ยงบนอาหารซักนำให้เกิดต้น ครั้งที่ 1	77
5	ผลการพัฒนาเป็นต้นของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน หลังการเพาะเลี้ยงบนอาหารซักนำให้เกิดต้น ครั้งที่ 2	78
6	ผลการทดสอบการสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase ของต้นข้าว ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิค GUS assay	85
7	สรุปผลการตรวจสอบยืนยันโปรตีนนมผึ้งในจีโนมข้าวพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิคพีซีอาร์	92
8	สรุปผลการตรวจสอบการแสดงออกของยืนยันโปรตีนนมผึ้ง (<i>mrjp2</i>) ใน ข้าว Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มียืนยัน <i>mrjp2</i> แทรกอยู่ในจีโนม ด้วยเทคนิคชีวโมเลกุล	107
9	สรุปผลการตรวจสอบการแสดงออกของยืนยันสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase (<i>gusA</i>) ในข้าว Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มียืนยัน <i>mrjp2</i> แทรกอยู่ในจีโนมด้วยเทคนิค Western blot	108
10	สรุปผลการตรวจสอบข้าวดัดแปลงพันธุกรรม โดยเทคนิคชีวโมเลกุล	109
11	การเบริชบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาของข้าว Kitaake ดัดแปลง พันธุกรรมกับข้าวปกติ	114

12	การเปรียบเทียบผลผลิตและปริมาณโปรตีนของข้าว Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมกับข้าวปกติ	122
13	ปริมาณและคุณภาพของดีเย็นเอที่สกัดได้จากใบข้าวพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม	146
14	ค่าการดูดกลืนแสงของโปรตีนมาตรฐาน BSA ที่ความยาวคลื่น 595 นาโนเมตร	149

สารบัญภาพ

	หน้า
ภาพ	หน้า
1 ข้าวที่งอกจากเมล็ด	5
2 ข้าวที่แตกกอ	6
3 โครงสร้างของเมล็ดข้าว	8
4 โครงสร้างของยีน <i>mrjp2</i> จากผึ้งพวงของไทย (<i>Apis cerana</i>)	11
5 แผนที่พลาสมิด pET_mrjp2	37
6 แผนที่พลาสมิดเวคเตอร์ pRTL2	38
7 การประมาณความเข้มข้นของพลาสมิด pET_mrjp2 เทียบกับดีเย็นเอ มาตรฐาน MassRuler™ DNA Ladder, High Range	39
8 การหาปริมาณความเข้มข้นของ $MgSO_4$ ที่เหมาะสมในการเพิ่มปริมาณ ยีน <i>mrjp2</i> จากพลาสมิด pET_mrjp2 โดยวิธีพีซีอาร์	40
9 ปริมาณดีเย็นเอของยีน <i>mrjp2</i> ที่แยกบริสุทธิ์ด้วย QIAquick PCR purification kit	41
10 ผลการตัดดีเย็น <i>mrjp2</i> ด้วยเอนไซม์ตัดจำกัด <i>NcoI</i> และ <i>Sac I</i>	42
11 ผลการแยกบริสุทธิ์ดีเย็นเอของยีน <i>mrjp2</i> ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำกัด <i>NcoI</i> และ <i>Sac I</i> โดยใช้ QIAquick gel extraction kit	42
12 แผนที่พลาสมิด pNT1	43
13 การคัดเลือกโคโลนีแบคทีเรีย <i>E. coli</i> สายพันธุ์ DH5 α ที่คาดว่า ได้รับพลาสมิด pNT1 ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการ เปรียบเทียบขนาดกับพลาสมิดจากโคโลนแบคทีเรีย <i>E. coli</i> สาย พันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิดเวคเตอร์ pRTL2	44
14 การตรวจสอบพลาสมิด pNT1 ที่สกัดได้จากห้อง 6 โคโลนโดยการตัด ด้วยเอนไซม์ตัดจำกัด <i>NcoI</i> และ <i>Sac I</i> เปรียบเทียบกับพลาสมิด pRTL2	45
15 การตรวจสอบพลาสมิด pNT1 ที่สกัดได้จากห้อง 6 โคโลนโดยการตัด ด้วยเอนไซม์ตัดจำกัด <i>BamHI</i>	46

ภาค

หน้า

16	การตรวจสอบพลาสมิด pNT1 ที่สกัดได้จากห้อง 6 โคลนโดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ EcoRI และ SacI	47
17	การตรวจสอบพลาสมิด pNT1 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI แล้วคึ่งหมู่ฟอสเฟตออกด้วยเอนไซม์ Calf Intestinal Alkaline Phosphatase และผ่านการทำให้บริสุทธิ์โดยใช้ PCR purification kit	48
18	แผนที่พลาสมิด pNT2	49
19	การคัดเลือกโโคโนนีแบคทีเรีย E. coli สายพันธุ์ DH5α ที่คาดว่าได้รับพลาสมิด pNT2 ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการเปรียบเทียบขนาดกับพลาสมิดจากโคลนแบคทีเรีย E. coli สายพันธุ์ DH5α ที่มีพลาสมิด pNT1	50
20	การเข้าเชื่อมกันของยีน mrjp2 ขนาด 528 คู่เบสในพลาสมิด pNT2	51
21	การตรวจสอบพลาสมิด pNT2 ที่สกัดได้จากห้อง 23 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI	53
22	การตรวจสอบพลาสมิด pNT2 ที่สกัดได้จากห้อง 23 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ Clal และ SacI	54
23	Contig ของยีน mrjp2	56
24	ผลการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน mrjp2 (Accession no. AF525777) ในฐานข้อมูลของ GeneBank กับ Contig ของยีน mrjp2 ในพลาสมิด pNT2	57
25	ผลการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนซึ่งแปลงรหัสมาจากยีน mrjp2 (Accession no. AF525777) ในฐานข้อมูลของ GeneBank กับ Contig ของยีน mrjp2 ในพลาสมิด pNT2 ด้วยโปรแกรม ClustalX	58
26	แผนที่พลาสมิด pNT5	59
27	การคัดเลือกโโคโนนีแบคทีเรีย E. coli สายพันธุ์ DH5α ที่คาดว่าได้รับพลาสมิด pNT5 ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการเปรียบเทียบขนาดกับพลาสมิดโคลนแบคทีเรีย E. coli สายพันธุ์ DH5α ที่มีพลาสมิดเวกเตอร์ pCAMBIA 1305.2	60

กานพ	หน้า
28 แผนที่พลาสมิด pNT5 หั้ง 2 แบบ	61
29 การตรวจสอบพลาสมิด pNT5 ที่สกัดได้จากหั้ง 8 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>PstI</i> เปรียบเทียบกับพลาสมิด pCAMBIA 1305.2	62
30 การตรวจสอบพลาสมิด pNT5 ที่สกัดได้จากหั้ง 8 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>NcoI</i> และ <i>SacI</i> เปรียบเทียบกับพลาสมิด pCAMBIA 1305.2	63
31 การตรวจสอบพลาสมิด pNT5 โคลนที่ 11 และ 20 โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>NcoI</i> เปรียบเทียบกับพลาสมิด pCAMBIA 1305.2	64
32 การตรวจสอบพลาสมิด pNT5 โคลนที่ 11 และ 20 โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>NcoI</i> กับ <i>SacI</i> , <i>NcoI</i> และ <i>Ncol</i> กับ <i>PstI</i> เปรียบเทียบกับพลาสมิด pCAMBIA 1305.2	65
33 พลาสมิดที่สกัดได้จากเซลล์อะโกรแแบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ที่ไม่ได้ถ่ายผ่านพลาสมิด และได้รับพลาสมิด pNT5	67
34 การตรวจสอบพลาสมิด pNT5 ในเซลล์อะโกรแแบคทีเรียม โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>NcoI</i> และ <i>SacI</i> เปรียบเทียบกับพลาสมิดที่สกัดได้จากเซลล์อะโกรแแบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ที่ไม่ได้ถ่ายผ่านพลาสมิด	68
35 ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) หลังการเพาะเลี้ยงบนอาหารแข็งสูตร N6 ซึ่งเติมฮอร์โมน 2, 4 – D เข้มข้น 4 และ 2 มิลลิกรัมต่อลิตร ตามลำดับ เป็นเวลา 4 สัปดาห์	70
36 ตั้งข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) หลังการเพาะเลี้ยงบนอาหารแข็งสูตร MS ซึ่งเติมฮอร์โมน NAA และ Kinetin เข้มข้น 1 และ 2.5 มิลลิกรัมต่อลิตร ตามลำดับ	71
37 ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) หลังการเพาะเลี้ยงร่วมกับเชื้ออะโกรแแบคทีเรียม เป็นเวลา 3 วัน	72

39	ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) ที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือก ครั้งที่ 2 ซึ่งมียาปฏิชีวนะไอกรมัยชิน	75
40	ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) ที่เจริญได้บนอาหารซักนำไปให้เกิดต้น ครั้งที่ 1 ซึ่งมียาปฏิชีวนะไอกรมัยชิน	79
41	ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) ที่เจริญได้บนอาหารซักนำไปให้เกิดต้น ครั้งที่ 2 ซึ่งมียาปฏิชีวนะไอกรมัยชิน	80
42	ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม หลังถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 (ก) และ pNTS (ข) ที่กระตุ้นให้เกิดراكในอาหารซึ่งมียาปฏิชีวนะไอกรมัยชิน	81
43	ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่นำออกปลูกลงในดิน หลังการกระตุ้นให้เกิดراكในอาหารซึ่งมียาปฏิชีวนะไอกรมัยชิน	82
44	ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่ปลูกในโรงเรือน	82
45	การแสดงออกของยีนสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase เมื่อทดสอบด้วยเทคนิค GUS assay ในต้นข้าวดัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pCAMBIA1305.2 และ pNTS	84
46	การตรวจสอบแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้ไฟร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีนด้านทานต่อยาปฏิชีวนะไอกรมัยชิน (<i>hpII</i>)	88
47	การตรวจสอบแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้ไฟร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีน โปรตีนنمผึ้ง (<i>mrjp2</i>)	89
48	การตรวจสอบต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิค พีซีอาร์ โดยใช้ไฟร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีน โปรตีนنمผึ้ง (<i>mrjp2</i>)	91
49	การตรวจสอบการแสดงออกของยีน โปรตีนنمผึ้ง (<i>mrjp2</i>) ในระดับ mRNA ในใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิค RT - PCR	95

ภาค	หน้า
50 การตรวจสอบการแสดงออกของยีน โปรตีนนัมพิง (<i>mrjp2</i>) ในระดับ mRNA ในเมล็ดอ่อนของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค RT - PCR	96
51 การตรวจสอบโปรตีนในใบของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค SDS – PAGE	98
52 การตรวจสอบโปรตีนในใบของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค Western blot	99
53 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดอ่อนของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค SDS – PAGE	101
54 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดอ่อนของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค Western blot	102
55 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดแก่ของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค SDS – PAGE	105
56 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดแก่ของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค Western blot	106
57 การปลูกต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมพันธุ์ Kitaake รุ่น T_0 เปรียบเทียบกับต้นข้าวปกติ	113
58 การเปรียบเทียบความสูงของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	117
59 การเปรียบเทียบจำนวนกอของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	118
60 การเปรียบเทียบวันออกดอกของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	119
61 การเปรียบเทียบจำนวนช่อดอกของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	120
62 การเปรียบเทียบจำนวนวงของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	121
63 การเปรียบเทียบจำนวนเมล็ดของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	125
64 การเปรียบเทียบน้ำหนักเมล็ดของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	126
65 การเปรียบเทียบปริมาณ โปรตีน ในเมล็ดของต้นข้าวด้วยเทคนิคพันธุกรรมกับข้าวปกติ	127
66 ตักษณะดีเอ็นเอที่สกัดได้จากใบข้าวพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิคพันธุกรรม	148

บทที่ 1

บทนำ

ความสำคัญของปัจจัย

การปรับปรุงพันธุ์พืชโดยใช้เทคนิคพันธุ์วิศวกรรมเป็นเทคนิคที่มีประสิทธิภาพสูง และสามารถควบคุมลักษณะที่ต้องการได้ โดยใช้ระยะเวลาที่รวดเร็วกว่าการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิม ข้าวเป็นพืชเศรษฐกิจและเป็นอาหารหลักของประชากรโลก ซึ่งจัดเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศไทย และประเทศต่าง ๆ ในแคนเนอร์เชีย ประเทศไทยเป็นผู้ส่งออกข้าวซึ่งมีการผลิตข้าวโดยรวมคิดเป็น 25.763 ล้านตันข้าวเปลือก โดยเฉพาะข้าวซึ่งมีการส่งออกในรูปของข้าวสาร คิดเป็นมูลค่าประมาณ 6 – 8 หมื่นล้านบาท (อรอนงค์, 2547) โดยข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 เป็นพันธุ์ข้าวที่ได้รับการรับรองจากกรมวิชาการเกษตรว่า มีคุณสมบัติทนแล้ง มีคุณภาพการหุงดี มีกลิ่นหอม และด้านทานโรคในจุดสีน้ำตาล โรคใหม่แต่ไม่ด้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล และแมลงบ้า โดยได้มีการส่งเสริมให้เกษตรกรมีการเพาะปลูกในทั่วทุกภาคของประเทศไทย ซึ่งมีพื้นที่โดยรวมจำนวน 14,862,082 ไร่ และมีการเก็บเกี่ยวผลผลิตได้ประมาณ 348 กิโลกรัมต่อไร่ (สมาคมผู้ส่งออกข้าวต่างประเทศ, 2551)

เมื่อพิจารณาองค์ประกอบของเมล็ดข้าวแล้ว พบว่า มีองค์ประกอบส่วนใหญ่เป็นแป้งประมาณร้อยละ 80 – 90 และโปรตีน ประมาณร้อยละ 6 – 7 โดยพบว่าไอลเซ็น และทรีโอนีน ซึ่งเป็นกรดอะมิโนจำเป็นของร่างกายมีปริมาณต่ำ ดังนั้นการเพิ่มคุณค่าของข้าว โดยการเพิ่มปริมาณโปรตีนในข้าวจึงเป็นทางเลือกหนึ่งที่ช่วยเพิ่มมูลค่าทางเศรษฐกิจและส่งเสริมสุขภาพประชาชน

จากการศึกษาปริมาณโปรตีนในนมผึ้ง ซึ่งสร้างขึ้นโดยผึ้งพยาบาล (nurse bee) พบว่า โปรตีนส่วนใหญ่อยู่ในกลุ่มของ MRJP หรือ Major Royal Jelly Protein และจากการศึกษาวิจัยของ Imjongirak et al. (2005) ซึ่งทำการแสดงออกของยีน *mrjp1* และ *mrjp2* จากผึ้งโพรงของไทย (*Apis cerana*) ในแบบที่เรียก *Escherichia coli* พบว่า โปรตีนที่แสดงออกโดยยีนทั้ง 2 มีกรดอะมิโนจำเป็นทั้ง 10 ชนิดในปริมาณที่สูงมากประมาณร้อยละ 48.5 และ 45.4 ตามลำดับ ดังนั้น การสร้างโปรตีนดังกล่าวในข้าวจะเป็นการเพิ่มคุณค่าทางหนึ่ง แต่การถ่ายโอนยีนจากสิ่งมีชีวิตอื่นเข้าไปสู่ข้าว จำเป็นต้องมีวิธีการและสภาวะที่เหมาะสม จึงจะประสบความสำเร็จได้

ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงได้ทำการศึกษาการถ่ายยีน *mrjp2* เข้าไปในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 โดยมีการทำงานภายใต้การควบคุมของ 35S double promoter ซึ่งต่อ กับ TEV leader sequence ซึ่งจะทำ

ให้มีการแสดงออกอย่างมากตลอดเวลา และไม่จำเพาะต่อชนิดของเนื้อเยื่อพิเศษ โดยคาดว่าจะเพิ่มปริมาณ และคุณภาพของโปรตีนในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 ได้

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. เพื่อสร้างชุดยีน โปรตีนนมผึ้ง (*mrjp2*) สำหรับใช้ในการถ่ายยีนในข้าว
2. เพื่อศึกษาการถ่ายยีน *mrjp2* จากผึ้งโพรงในข้าว
3. เพื่อศึกษาการแสดงออกของยีน *mrjp2* จากผึ้งโพรงในข้าว

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. สามารถสร้างองค์ความรู้ในงานที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์ข้าว โดยใช้เทคนิคทางพันธุ์วิศวกรรม ให้ได้พันธุ์ข้าวที่มีคุณค่าทางโภชนาการสูงขึ้น
2. สามารถถ่ายยีน *mrjp2* จากผึ้งโพรงของไทยเข้าสู่ข้าวซึ่งสามารถมีการแสดงออกของยีนให้มีปริมาณกรดอะมิโนในเม็ดสูงขึ้น
3. เพื่อพัฒนาพันธุ์ข้าวดัดแปลงพันธุ์กรรมที่จะสามารถเป็นต้นแบบในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีกรดอะมิโนเพิ่มขึ้น

บทที่ 2

การตรวจเอกสาร

ความสำคัญของข้าว

ข้าวนับเป็นอาหารหลักของประชากรส่วนใหญ่ในโลก และมีปริมาณการบริโภคเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ และยังเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศไทย โดยข้าวนับเป็นสินค้าออกที่สำคัญของประเทศไทย และอีกหลายประเทศในเอเชีย ทั้งนี้ยังได้มีพื้นที่การเพาะปลูกในปี 2002 – 2004 ร้อยละ 6.3 – 6.9 ของพื้นที่เพาะปลูกทั้งหมดของโลก (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2549)

การศึกษาวิจัยเกี่ยวกับข้าวในต่างประเทศได้รับความสนใจเป็นอย่างมาก เหตุผลหนึ่งที่ทำให้นักวิจัยทั่วโลกให้ความสำคัญกับข้าวในการที่จะคัดเลือกพันธุ์ และปรับปรุงพันธุ์ เพื่อให้ได้ข้าวที่ให้ผลผลิตมากที่สุด อุดมด้วยวิตามิน นุ่มหอม ด้านทาน โรคพืช (พิเชียร, 2546) ในขณะเดียวกัน การศึกษาและวิจัยเกี่ยวกับข้าวภายในประเทศไทย ก็กำลังได้รับความสนใจมากขึ้น เนื่องจากข้าวมีจีโนมขนาดเล็ก มีความแตกต่างทางพันธุกรรมสูง และมีระบบการถ่ายยืนที่ได้รับการพัฒนาแล้ว (อภิชาติ, 2540) ซึ่งในปัจจุบันหน่วยปฏิบัติการค้นหาและใช้ประโยชน์จากยืนข้าว สามารถค้นพบยืนในข้าวที่เป็นประโยชน์ เช่น ยืนที่เกี่ยวข้องกับคุณสมบัติต้านทานต่าง ๆ ยืนที่เกี่ยวข้องกับคุณสมบัติการทนต่อน้ำท่วม และคุณสมบัติความหอม เป็นต้น โดยความรู้เหล่านี้สามารถนำไปใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวที่สำคัญได้ นอกจากนี้ยังสามารถนำความรู้ที่ได้ไปใช้ในการพัฒนาและศึกษาในระดับโมเลกุลของข้อมูลพืชอื่น ๆ ได้ (มรกต และศิริพร, 2547)

ชีววิทยาของข้าว

ข้าว เป็นพืชล้มลุกใบเลี้ยงเดี่ยว อยู่ในกลุ่มของพืชตระกูลหญ้า (Family Gramineae) สรุกล օอิราชา (*Oryza*) ซึ่งข้าวที่ปลูกเพื่อบริโภค มี 2 ชนิด คือ ข้าวເອເຊີຍ ອຣີ່ອ (*Oryza sativa L.*) และข้าวອາພຣິກາ (*Oryza glaberrima* Steud.) ขัดเป็นพืชที่มีจีโนมขนาดเล็ก โดยมีขนาดเล็กกว่าข้าวโพด และข้าวสาลี 16 และ 40 เท่า ตามลำดับ ข้าวประกอบด้วยสารพันธุกรรมประมาณ 4.3 ล้านคู่เบส มีโครโมโซม 12 คู่ ($2n = 24$) (อภิชาติ, 2540; Shimamoto, 1995) การเกิดวิวัฒนาการของข้าวทำให้เกิดการพัฒนาพันธุ์ใหม่ เพื่อปรับตัวให้เข้ากับระบบภูมิเวชวิทยาที่เข้มข้น และมีผลทำให้มีการ

ปรับเปลี่ยนของรูปพรรณสัณฐานและสรีริวิทยา โดยสามารถจัดแบ่งข้าวออกได้เป็น 3 subspecies ด้วยกัน ได้แก่ ข้าวอินดิค้า japonica และ javanica (สุรังค์ศรี, 2537)

การเจริญเติบโตของข้าว

การเจริญเติบโตของข้าวสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 ระยะ ได้แก่ ระยะการเจริญเติบโตทางลำต้นและใบ ระยะการเจริญทางการสืบพันธุ์ และระยะการเจริญทางด้านเมล็ด ซึ่งจะมีกระบวนการและลำดับขั้นตอนในการเจริญเติบโตที่แน่นอน (จำรัส, 2534)

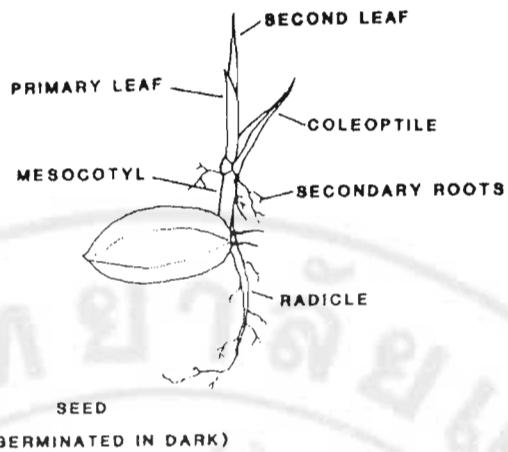
1. ระยะการเจริญทางลำต้นและใบ

ในระยะนี้เป็นการเจริญเติบโต โดยเริ่มตั้งแต่การงอกของเมล็ดจนกระทั่งระบบก่อเกิดช่อดอก โดยสามารถแบ่งออกเป็น 2 ระยะย่อย ได้แก่

1.1. ระยะกล้า

ระยะนี้เริ่มตั้งแต่ต้นข้าวงอกออกจากเมล็ดจนเริ่มแตกกอ โดยรากรุนแรกจะงอกออกจากเมล็ดทางชمعกข้าว หรือเอมบราโิ (embryo) หลังจากนั้นจะเกิดยอดอ่อนในด้านตรงกันข้าม และเมื่ออายุได้ประมาณ 14 วัน จะมีรากใหม่งอกออกมาจากโคนต้น จนอายุได้ประมาณ 25 – 30 วัน รากแรกที่เกิดจะหลุดออกไป

ส่วนของลำต้นที่งอกออกจากเอมบราโิจะมีส่วนที่เรียกว่า ปลอกหุ้มยอดอ่อน (coleoptile) หุ้มไว้ โดยจะเห็นใบแรก (primary leaf) โผล่ออกมาหลังจากเกิดยอดอ่อนได้ประมาณ 3 วัน (ภาพ 1) และหลังจากนั้น 5 – 10 วัน จะเกิดใบที่ 2 และ 3 ตามมา และเมื่อเกิดใบที่ 4 อาหารสะสมในเมล็ดจะหมดลง ทำให้ต้องใช้รากในการดูดสารอาหารจากในดิน เมื่อต้นอ่อนมีความสูงประมาณ 20 – 30 เซนติเมตร จะเรียกว่าต้นกล้า หรือกล้าข้าว ซึ่งจะเข้าระบบการแตกกอ จึงนิยมนำไปปักชำต่อไป

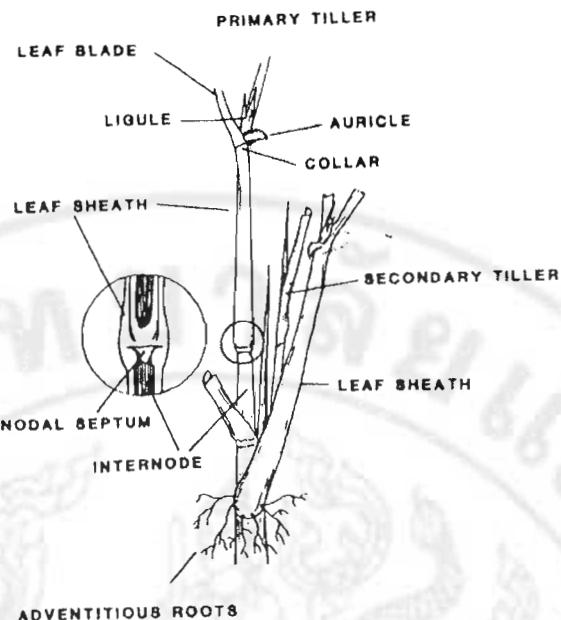


ภาพ 1 ข้าวที่งอกจากเมล็ด

ที่มา: Webster and Gunnell, 1992

1.2. ระยะแตกกอ

ระยะนี้เริ่มตั้งแต่ต้นข้าวเริ่มแตกกอจนเริ่มสร้างดอกอ่อน โดยทั่วไปแล้วข้าวจะเริ่มแตกกอหลังจากการปักชำได้ 7 – 10 วัน หรืออายุประมาณ 30 – 40 วัน โดยจะสังเกตเห็นแขนงของต้นข้าวที่งอกออกจากต้นเดิม (ภาพ 2) ซึ่งจะขึ้นอยู่กับพันธุ์ข้าว และสภาพแวดล้อม โดยปกติข้าวที่ให้ผลผลิตในปริมาณมากจะเป็นข้าวที่แตกกอได้มาก และเร็ว ซึ่งปกติใช้ระยะเวลาประมาณ 30 – 50 วัน หลังระยะก้าวแล้วจึงเริ่มออกดอก แต่ถ้าเป็นข้าวไวแสงจะต้องรอให้ได้รับช่วงแสงที่เหมาะสมเสียก่อน



ภาพ 2 ข้าวที่แตกกอ

ที่มา: Webster and Gunnell, 1992

2. ระยะการเจริญทางการสืบพันธุ์

ในระยะนี้เริ่มตั้งแต่ต้นข้าวเริ่มสร้างช่อดอกอ่อน ตั้งท้อง ออกดอก และผสมพันธุ์ ใช้เวลาโดยประมาณ 30 – 35 วัน โดยสามารถแบ่งออกได้ดังนี้

2.1. ระยะเริ่มสร้างช่อดอกอ่อน

เมื่อต้นข้าวอยู่ในสภาพที่พร้อมจะสร้างวงอ่อน ได้รับปัจจัยที่เหมาะสมในการกระตุ้น จะทำให้สร้างวงอ่อน โดยต้นข้าวจะเปลี่ยนจากต้นแบบเป็นต้นกลม และภายในส่วนปลายยอดสุดของต้นข้าวจะเกิดช่อดอก มีลักษณะเป็นปุ่มเล็ก ๆ ซึ่งจะพัฒนาเป็นช่อดอกใหญ่ต่อไป

2.2. ระยะตั้งท้อง

ระยะนี้คือก่ออ่อนจะเกิดการพัฒนาจนเป็นช่อดอกที่สมบูรณ์ ซึ่งจะเห็นก้านใบของใบสุดท้ายที่เรียกว่าใบธง จะเกิดการพองกลมใหญ่กว่าส่วนล่างของลำต้น เรียกว่าข้าวตั้งท้อง โดยในช่วงนี้จะต้องการสารอาหารมากเป็นพิเศษ

2.3. ระยะออกดอกและผสมพันธุ์

เมื่อข้าวตั้งท้องเติบโตแล้วช่อดอกจะเริ่มผลิตพันก้านใบธงออกมา จากนั้นดอกข้าวจะเริ่มนิ่งนานจากปลายช่อลงมาจนถึงโคนร่วง ใช้เวลาประมาณ 6 – 7 วัน ซึ่งการบานของดอกข้าวจะขึ้นอยู่กับอุณหภูมิ ความชื้น และลักษณะประจำพันธุ์อีกด้วย โดยดอกข้าวจัดเป็นดอกสมบูรณ์เพศ

คือมีเกสรตัวผู้และตัวเมียอยู่ภายในดอกเดียวกัน จึงมักเกิดการผสมเกสรภายในตัวเดียวกัน (self – pollination)

3. ระยะการเจริญทางด้านเมล็ด

หลังเกิดการปฏิสนธิของข้าวแล้วประมาณ 7 – 10 วัน ข้าวจะอยู่ในระยะน้ำนม (milky stage) ภายในจะมีลักษณะเป็นน้ำ เป็นสีขาวเมื่อปล่อยไว้ 7 – 10 วันจะเกิดการเกาะตัวเป็นก้อนนิ่ม ๆ แล้วจะแข็งตัวในที่สุด ซึ่งใช้ระยะเวลาทั้งหมดประมาณ 30 – 35 วัน ข้าวจะสุกพร้อมเก็บเกี่ยวได้

องค์ประกอบของเมล็ดข้าว

ข้าวัดเป็นชั้นพืชที่มีคุณค่าทางอาหารด้านพลังงานสูง เนื่องจากมีองค์ประกอบทางเคมี ส่วนใหญ่เป็นคาร์บอไฮเดรต นอกจากนี้ยังมีโปรตีน และไขมันมากกว่าชั้นพืชอื่น เมล็ดมีความคงทนในการเก็บรักษา ขนส่งได้สะดวก ราคาถูก และปลูกได้ง่าย จึงทำให้ประชากรโลกนิยมน้ำม่า บริโภค หรือแปรรูป เพื่อใช้ประกอบเป็นอาหารหลักต่าง ๆ (จิตราฯ และอรอนงค์, 2546)

โครงสร้างของเมล็ดข้าวประกอบด้วยส่วนต่าง ๆ ดังภาพ 3 โดยมีโครงสร้างที่สำคัญคือ

1. เปลือกหุ้มผล (pericarp)

ข้าวมีเปลือกหุ้มผลซึ่งประกอบด้วยเปลือกชั้นนอก (palea) และชั้นใน (lemma) (ศิริพร, 2527) โดยเป็นชั้นที่มีเซลล์แคลเดียว หรือแคลคูล์ โดยเซลล์แคลในจะมีสารให้สีอยู่ด้วยทำให้เปลือกมีสีต่างกัน

2. เยื่อหุ้มเนื้อเมล็ด (aleurone layer)

ประกอบด้วยเซลล์แคลเดียว 2 – 3 แคล เป็นแหล่งสะสมของโปรตีน ไขมัน และแร่ธาตุ รวมทั้งกรดไฟฟิก

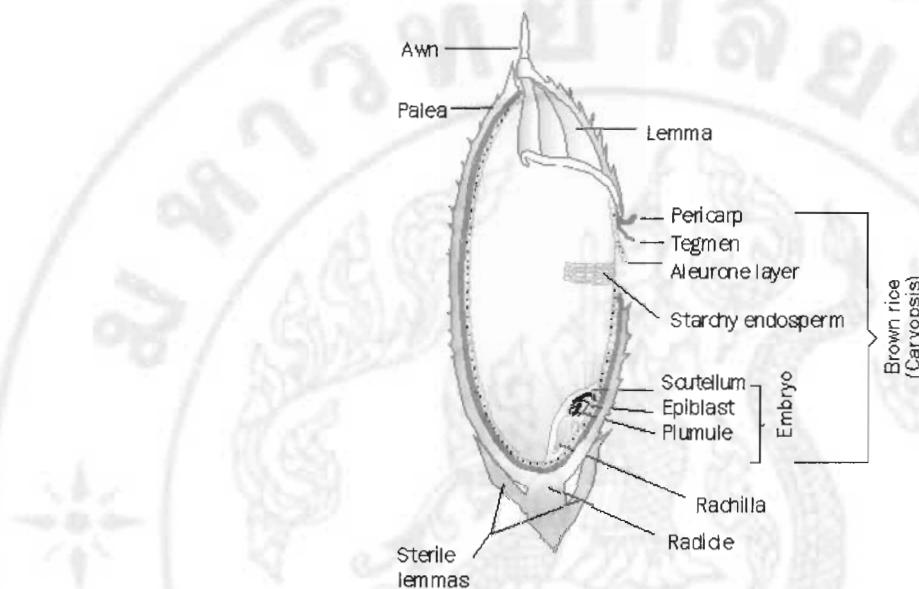
3. เนื้อเมล็ด (endosperm)

เป็นเซลล์ที่มีพนังบางหุ้มเม็ดแป้ง และสารอาหารอื่น ๆ ได้แก่ โปรตีน และไขมันอยู่ภายใน มีรูปร่างต่าง ๆ กันขึ้นอยู่กับบริเวณของเมล็ด ถ้าอยู่ใกล้ชั้นเยื่อหุ้มเมล็ดจะมีรูปร่างยาวรี ถัดเข้ามายัง ใกล้ใจกลางเมล็ด จะยิ่งกลมมนขึ้น

4. เออมบริโอ (embryo)

เป็นส่วนที่จะเจริญไปเป็นต้นอ่อน อยู่ส่วนล่าง มีส่วนของใบเลี้ยง (scutellum) เพียง 1 ใบคัน ระหว่างเนื้อเมล็ดกับส่วนของเออมบริโอ ทำหน้าที่สะสมสารอาหาร โปรตีน วิตามิน และแร่ธาตุ รวมทั้งสารเคมีต่างๆ แสดงขณะเจริญอยู่หนึ่งเดือน ในระยะแรก และคุ้มกันเออมบริโอในระหว่างการออก

เอนบิโอมีส่วนของอีพิบลัส (epiblast) ที่อยู่เหนือตำแหน่งของใบเลี้ยงขึ้นไป เป็นส่วนที่จะเติบโตเป็นลำต้น ใบ และดอก ซึ่งจะมีเยื่อหุ้มอยู่ด้านบน เรียกว่า เเยื่อหุ้มยอดอ่อนแรกรเกิด (coleoptile) และตอนปลายสุดจะเป็นยอดอ่อน (plumule) ในขณะที่อีกด้านจะเป็นส่วนที่เจริญเป็นราก (radicle)



ภาพ 3 โครงสร้างของเมล็ดข้าว

ที่มา: Ikisan (2005)

เมล็ดข้าวมีอุปกรณ์ที่แล้ว 100 กรัม จะประกอบด้วยสารอาหารหลัก คือ โปรตีโนไซเดรต ประมาณ 80 กรัม โปรตีน 7 กรัม ไขมัน 0.8 กรัม แคดเซี่ยน 24 มิลลิกรัม เหล็ก 1.4 มิลลิกรัม และ วิตามินบี 1 และ บี 2 รวม 0.15 มิลลิกรัม เมื่อพิจารณาองค์ประกอบทางเคมีของสารอาหารภายในของเมล็ดข้าวแล้ว จะพบว่า ข้าวมีคาร์โบไฮเดรตมาก แต่มีปริมาณโปรตีนค่อนข้างต่ำ โปรตีนที่เป็นองค์ประกอบภายในเมล็ดข้าวจะมีปริมาณกรดอะมิโนที่เป็นองค์ประกอบไม่สมดุลกัน โดยจะมีปริมาณของไอลเซน (lysine) และทริปโตเฟน (tryptophan) ต่ำ นอกจากนี้ยังพบว่า ข้าวมีปริมาณไขมันต่ำ แต่ไขมันที่ได้เป็นไขมันที่มีคุณภาพดี (อัมมาร แฉะวีโรจน์, 2533)

เมื่อพิจารณาปริมาณกรดอะมิโนที่จำเป็นต่อร่างกายในเมล็ดข้าวพันธุ์ต่าง ๆ จะพบว่าข้าวเจ้าบางสายพันธุ์ ได้แก่ นางพญา นางมล หอมแดงน้อย หอมกระดูกช้าง ข้าวราขาว รวมทั้งข้าวเหนียวดำ และข้าวเหนียวสันป่าตอง จะมีคุณภาพของโปรตีนในเมล็ดค่อนข้างสูง ในขณะที่ข้าว

เห็นยิ่งส่วนใหญ่มีโปรดตินในเมืองมากกว่าข้าวเจ้า แต่คุณภาพของโปรดตินค่อนข้างดี (อัมมาร และ วิโรจน์, 2533)

ปัญหาการขาดโปรตีนในประเทศไทย

ปัญหาทางโภชนาการของประเทศไทยมีอยู่มาก many แต่ปัญหาที่สำคัญ คือ การขาดโปรตีน และพลังงาน (protein – calorie malnutrition) ซึ่งพบในทุกกลุ่มอายุ แต่พบมากในเด็ก และสตรีมีครรภ์ โดยเฉพาะในชนบท และเหล่าเสื่อมโstrom ปัญหาเหล่านี้มักเกิดขึ้นในประเทศที่มีการบริโภค ข้าวเป็นอาหารหลัก ซึ่งอาจจะเกิดจากการบริโภคข้าวอย่าง ไม่เพียงพอ การกินอาหารที่มีสัดส่วนไม่ เหมาะสม รวมทั้งพฤติกรรมในการบริโภคของคนไทย ซึ่งเมื่อพิจารณาองค์ประกอบของข้าวแล้ว การรับประทานข้าวเพื่อให้ได้พลังงาน และโปรตีนเพียงพอจึงต้องรับประทานในปริมาณมาก ซึ่ง หากรับประทานจนอิมแล้ว ก็ยังได้รับพลังงาน และโปรตีน ไม่เพียงพอ (อัมมาร และวิโรจน์, 2533)

การปรับปรุงพันธุ์ข้าวเพื่อให้มีปริมาณ โปรตีนสูงขึ้นเป็นแนวทางหนึ่ง ซึ่งช่วยให้ข้าวมีคุณภาพของเมล็ดที่ดีขึ้น ในอดีตสถาบันวิจัยข้าวนานาชาติ (International Rice Research Institute : IRRI) และสถาบันวิจัยข้าวของไทยมีโครงการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีโปรตีนเพิ่มมากขึ้น แต่ไม่ประสบความสำเร็จ และล้มเลิกไปในที่สุด เนื่องจากข้าวที่ให้โปรตีนสูงมักให้ผลผลิตต่ำ ไม่คุ้นค่ากับการลงทุน นอกเสียจากจะสามารถขายได้ราคาสูงกว่าข้าวทั่วไปมาก และเมล็ดข้าวหลังการหุงต้มจะมีสีคล้ำ และได้ข้าวที่ค่อนข้างแข็ง เช่น ข้าวกล้อง เป็นต้น อีกทั้งการหาพันธุ์ข้าวที่จะให้มีโปรตีนที่มีคุณภาพเทียบเท่ากับโปรตีนจากสัตว์จึงเป็นเรื่องยาก เพราะโปรตีนจากชั้นปีชจะมีไอลเซ็น และทริปโตเฟนต่ำ การบริโภคโปรตีนจากเนื้อสัตว์จึงเป็นแนวทางที่เป็นไปได้มากกว่าในการแก้ปัญหาการขาดโปรตีน (อัมมาร แฉะวีโรจน์. 2533)

โปรตีนนมผึ้ง (Major Royal Jelly Protein: MRJP)

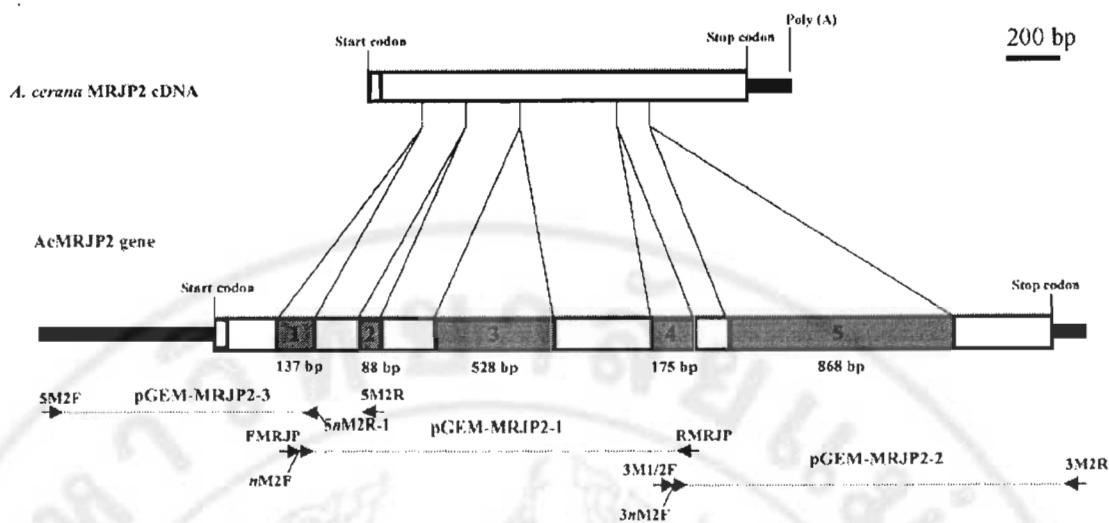
นมผึ้ง (royal jelly) เป็นผลิตภัณฑ์ที่สร้างขึ้นโดยต่อมไฮโปฟารินเจียล (hypopharyngeal gland: HG) ของผึ้งนางพญาบمال ใช้เป็นอาหารเลี้ยงตัวอ่อนที่จะเจริญไปเป็นผึ้งนางพญา (Malecová et al., 2003; Albert and Klaudiny, 2004) โดยนมผึ้งมีองค์ประกอบที่สำคัญ คือ โปรตีน ร้อยละ 12 – 15 น้ำตาล ร้อยละ 10 – 16 และไขมัน ร้อยละ 3 – 6 โดยจะพบวิตามิน และกรดอะมิโนอิสระซึ่งมีบทบาทสามารถใช้เป็นยา และเพิ่มคุณค่าทางโภชนาการได้ (Howe et al., 1985)

จากการศึกษา DNA และการหาลำดับเบส พบว่า โปรตีนในกลุ่มของ MRJP ซึ่งสามารถแบ่งออกได้เป็น 5 กลุ่ม (family) ได้แก่ MRJP1, MRJP2, MRJP3, MRJP4 และ MRJP5 และเป็นองค์ประกอบหลักในนมผึ้งมากกว่า ร้อยละ 90 (Albert et al., 1999; Klaudiny et al., 1994; Schmitzova et al., 1998; Okamoto et al., 2003) โดย MRJP ซึ่ง มีความคล้ายคลึงกับโปรตีนสีเหลืองที่พบในแมลงหิว (*Drosophila melanogaster*) และ โปรตีนที่พบในแบคทีเรียบางชนิด ซึ่งสันนิษฐานว่า MRJP ในนมผึ้งมีการวิวัฒนาการมาจากการมาจากการของโปรตีนสีเหลืองของแมลงหิว (Albert and Klaudiny, 2004) โดยเมื่อทำการศึกษาการแสดงออกของกลุ่มยีน *mrjp* พบว่า mRNA ของ MRJP1 จะพบปริมาณมากที่สุดในต่อมไฮโปฟารินเจิลของหิ้งผึ้งนางพญาบาล และ ผึ้งหน้าหวาน ในขณะที่ MRJP2, MRJP3 และ MRJP4 จะพบในต่อมไฮโปฟารินเจิลของผึ้งนางพญาบาลเท่านั้น (Malecová et al., 2003)

ยีนโปรตีนนมผึ้ง (major royal jelly protein gene: *mrjp2*)

จากการศึกษา cDNA ของโปรตีนในกลุ่ม Major Royal Jelly Protein จากผึ้งโพรงของไทย (*Apis cerana*) โดย Imjongirak et al. (2005) ได้ทำการแยก cDNA ของยีน *mrjp1* (GenBank accession no. AF525776) และ *mrjp2* (GenBank accession no. AF525777) ด้วยเทคนิค RT – PCR โดยใช้ไพรเมอร์ที่มีความจำเพาะต่อยีนหิ้ง 2 ชนิด โดยออกแบบจาก cDNA ของผึ้งพันธุ์ (*Apis mellifera*) พบว่า ยีน AcMRJP2 มีขนาดประมาณ 1,392 นิวคลีโอไทด์ โดยประกอบด้วยกรดอะมิโนหิ้งหมวด 463 ตัว เมื่อเปรียบเทียบกับยีน *mrjp2* จากผึ้งพันธุ์ (AmMRJP2) พบว่า มีความคล้ายคลึงกันของลำดับนิวคลีโอไทด์ และ โปรตีน เท่ากับ ร้อยละ 92 และ 86 ตามลำดับ โดยยีน AcMRJP2 มีขนาด 3,963 คู่เบส ประกอบด้วย 6 เอกซอน และ 5 อินทรอน (ภาพ 4)

เมื่อทำการศึกษาการแสดงออกของยีน *mrjp2* เป็นโปรตีน Imjongirak et al. (2005) ได้ทำการควบคุมให้มีการแสดงออกของยีนดังกล่าวภายใน *Escherichia coli* สายพันธุ์ Rosetta (DE3) pLysS พบว่า มีขนาดประมาณ 51.7 กิโลดาลตัน และเมื่อทำการแยกบริสุทธิ์แล้วได้ปริมาณโปรตีนประมาณ 8 มิลลิกรัมต่อถั่ว ซึ่งทำการวิเคราะห์โปรตีน MRJP2 แล้วพบว่า มีปริมาณกรดอะมิโนจำเป็นหิ้ง 10 ชนิดสูงถึงร้อยละ 44.8



ภาพ 4 โครงสร้างของยีน *mrjp2* จากผึ้งโพรงของไทย (*Apis cerana*)
ที่มา: Imjongirak et al. (2005)

สำหรับการศึกษาการแสดงออกของยีน *mrjp* ในพืชนั้นได้มีรายงานการถ่ายยีน *mrjp1* เข้าไปในยาสูบ (*Nicotiana tabacum* L.) สายพันธุ์ Wi38 โดยใช้เชือดโกรแบบคิริเรียม ซึ่งมีการแสดงออกของยีนภายใต้การควบคุมของ CaMV 35S RNA promoter และ nos 3' terminator พบว่า มีการแสดงออกของยีนในรุ่นลูกชั่วที่ 1 และ 2 (T_1 และ T_2) เมื่อทำการวิเคราะห์โปรตีนจากใบด้วยเทคนิค Immunoblotting (Júdová et al., 2004) ส่วนการถ่ายยีน *mrjp* ในข้าว เพื่อให้เกิดการแสดงออกของยีนในเนื้อเยื่อข้าว และสามารถเพิ่มปริมาณ และคุณภาพของโปรตีนนั้น ยังไม่พบรายงานที่เกี่ยวข้องทั้งในประเทศไทย และต่างประเทศ

การปรับปรุงพันธุ์โดยใช้เทคนิคทางพันธุ์วิศวกรรม

เทคนิคทางพันธุ์วิศวกรรมเป็นเทคนิคที่ได้รับความสนใจ และมีการศึกษาวิจัยกันอย่างแพร่หลายมากขึ้น จนกระตุ้นมาประยุกต์ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืชต่าง ๆ ในปัจจุบันพันธุ์วิศวกรรมเป็นกระบวนการดัดแปลงยีน หรือดีเอ็นเอของพืช โดยมีการนำยีนจากสิ่งมีชีวิตอื่น ๆ ไปสู่พืช โดยยีนที่นำเข้าไปสามารถแสดงออกได้ในเซลล์ที่ต้องการ ทำให้ได้พืชพันธุ์ใหม่ที่มีลักษณะต่างไปจากพันธุ์เดิม (นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548)

การถ่ายยีนเป็นการนำยีนที่ควบคุมลักษณะที่ต้องการใส่เข้าไปในพืช เพื่อให้ได้พันธุ์พืชที่ดีตามต้องการ แต่ยังคงลักษณะที่ดีของพันธุ์เดิมไว้ ในระยะเวลาที่รวดเร็วกว่าการปรับปรุงพันธุ์แบบ

อื่น การถ่ายยีนเข้าสู่พืช จะทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมซึ่งยืนนั้นจะเข้าไปแทรกในจีโนมแบบสุ่ม การปรับปรุงพันธุ์ด้วยวิธีนี้มีลักษณะคล้ายกับการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิม คือเกิดการเปลี่ยนแปลงโครโนไซม และเกิดการถ่ายยีนในพืชเช่นเดียวกัน แต่จะแตกต่างกันตรงที่ไม่มีข้อจำกัดในการถ่ายยีนซึ่งสามารถมาจากสิ่งมีชีวิตใดก็ได้

การถ่ายยีนเข้าสู่พืช (plant transformation) มีรายงานความสำเร็จมาตั้งแต่ปี ค.ศ. 1980 ซึ่งเริ่มจากการนำยีนจากสิ่งมีชีวิตหลายชนิดมาแทรกในโครโนไซมของพืช และพบว่า yin สามารถเกิดการแสดงออกตามหน้าที่ของยีนได้ในพืช ซึ่งเกิดจากคุณสมบัติของเซลล์พืชที่สามารถเจริญเป็นต้นพืชได้ (totipotent) และสามารถถ่ายพันธุ์ได้ตามปกติ โดยมีวัตถุประสงค์หลักในการถ่ายยีน 2 ประการ (น้ำทิพย์, 2544) ได้แก่

1. ต้องการปรับปรุงพันธุ์พืชให้มีลักษณะที่ดีตามความต้องการของเกษตรกร และผู้บริโภค ไม่ว่าจะเป็นพืชสวน พืชไร่ และไม้ดอก ไม้ประดับ

2. เพื่อศึกษาถูกต้องการทำงานของยีน (gene function) หรือกระบวนการต่าง ๆ ทางชีววิทยา (biological process) ของพืชซึ่งเมื่อได้รับยีนแล้ว มีการแสดงออกของยีนในพืช จึงสามารถอธิบายบทบาทของยีนนั้นได้ ซึ่งอาจทำให้สามารถศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างพืช และจุลทรรศ์ก่อโรคในดินอีกด้วย

เทคนิคทางพันธุวิศวกรรมที่นิยมศึกษาวิจัย และนำมาใช้ในการถ่ายยีนจากแหล่งต่าง ๆ เข้าสู่พืชซึ่งมีวิธีการที่มีประสิทธิภาพ และนิยมใช้กันอย่างแพร่หลายในปัจจุบันสามารถแบ่งได้เป็น 4 วิธีการ (อารีย์, 2542) ได้แก่

1. การถ่ายยีนโดยใช้เชื้ออะโกรแบคทีเรียม (*Agrobacterium* – mediated transformation)

เป็นการคัดแปลงกลไกทางธรรมชาติของแบคทีเรียมแกรนูลในดิน คือ *Agrobacterium tumefaciens* ซึ่งจะบุกรุกเข้าสู่เซลล์พืช เมื่อพืชเกิดบาดแผล และถ่ายส่วนของ T – DNA เข้าแทรกในโครโนไซมของพืช แล้วก่อให้เกิดปุ่มปูน ทำให้พืชผิดปกติ จึงได้มีการพัฒนาโดยนักวิทยาศาสตร์ใช้พลาสมิด Ti ซึ่งเป็นดีเอ็นเอพาระสำหรับการถ่ายยีนในพืช โดยแทนที่ยีนที่เกี่ยวข้องกับการสร้างชอร์โนนพืช ด้วยยีนที่ต้องการบนส่วน T – DNA แล้วให้เชื้ออะโกรแบคทีเรียมเกิดกลไกเลียนแบบธรรมชาติ นำยีนที่ต้องการไปแทรกในโครโนไซม เพื่อให้เกิดการแสดงออกในลักษณะที่ต้องการ (สุรินทร์, 2545; Hooykass, 1995)

2. การใช้เครื่องยิงอนุภาค (particle bombardment)

การถ่ายยีนวิธีนี้จะนำยีนที่ต้องการมาเคลือบบนอนุภาคทองคำ หรือหังสetenซึ่งมีขนาดประมาณ 1 - 4 ไมครอน (สุรินทร์, 2545) แล้วใช้เครื่องยิงอนุภาคเข้าไปในเนื้อเยื่อพืช โดยอาศัยแรงดันจากก้าชที่เหมาะสม ด้วยความเร็วสูงเข้าไปในเซลล์พืช และเกิดการซึมต่อของยีนกับดีเอ็นเอภายในจีโนมของพืช แล้วจึงทำการคัดเลือกเซลล์พืชที่ได้รับยีนต่อไป (Christou, 1997)

3. การใช้กระแสไฟฟ้า (electroporation)

สำหรับการถ่ายยีนวิธีนี้จะต้องใช้เซลล์ไร้ผนัง หรือprotoplast ผสมรวมกับพลาสมิดที่มียีนที่ต้องการ แล้วใช้กระแสไฟฟ้าทำให้เยื่อหุ้มเซลล์เป็นรูชั่วคราวซึ่งเมื่อกระแสไฟฟ้าผ่านเข้าไปในสารละลาย ก็จะนำยีนที่ต้องการผ่านเข้าไปในเซลล์ได้ ซึ่งวิธีการนี้มีความยากในการซักนำให้protoplastกลับมาเป็นต้นพืชปกติ

4. การใช้สารเคมี polyethylene glycol (PEG)

วิธีการนี้เป็นการใช้สารเคมีบางชนิด โดยเฉพาะ polyethylene glycol (PEG) เพื่อช่วยให้เยื่อหุ้มเซลล์ของ protoplast อ่อนตัวลง (สุรินทร์, 2545) แล้วทำให้ยีนสามารถเข้าไปภายในเซลล์ของ protoplast ได้ วิธีการนี้จะได้ผลดีกับพืชที่สามารถเลี้ยง protoplast ให้เป็นต้นได้

การถ่ายยีนโดยใช้เชื้ออะโกรแบคทีเรียม

เชื้ออะโกรแบคทีเรียม (*Agrobacterium tumefaciens*) เป็นแบคทีเรียแกรมลบ อาศัยอยู่ในดินอย่างอิสระ โดยจะก่อให้เกิดโรค โดยการเข้าทำลายทางบาดแผลของพืช และทำให้เกิดเป็นปุ่ม瘤 โดยเชื้ออะโกรแบคทีเรียมสามารถเข้าทำลายพืชใบเลี้ยงคู่ได้หลายชนิด โดยเฉพาะในพืชตระกูล Solanaceous แต่ไม่สามารถก่อให้เกิดโรคกับพืชใบเลี้ยงเดียวได้ (Hughes, 1996; สุรินทร์, 2545) เนื่องจากไม่ได้เป็นพืชอาศัย และเชื้ออะโกรแบคทีเรียมไม่ตอบสนองต่อการเกิดบาดแผลในพืชใบเลี้ยงเดียว (Vasil, 1996; Christou, 1997)

การส่งถ่ายคือเอ็นเอจากเชื้ออะโกรแบคทีเรียมเข้าสู่โครงโภชนาณพืช เป็นอีกรูปแบบหนึ่งที่ใช้ในการสร้างพืชดัดแปลงพันธุกรรม โดยเกิดจากพลาสมิด Ti (Tumour inducing plasmid หรือ Ti – plasmid) ซึ่งเป็นพลาสมิดขนาดใหญ่ประมาณ 140 – 325 กิโลเบต เนื้อเยื่อปุ่มปูมที่เกิดขึ้นจะมีดีเอ็นเอบางส่วนแทรกอยู่ในโครงโภชนาณของพืชอย่างถาวร เรียกว่า เอ็นเอส่วนนี้ว่า T – DNA ซึ่งมีอุปกรุงส่งถ่ายเข้าไปในพืชแล้วจะทำให้ยีนเกิดการแสดงออก เพื่อให้พืชผลิตสารที่สำคัญสำหรับใช้ในกระบวนการabolish (metabolism) ของเชื้ออะโกรแบคทีเรียมได้ (Van Larebeke et al., 1974)

การใช้ Ti – plasmid ในการถ่ายยีนในพืช จะทำการแทนที่ยีนที่เกี่ยวข้องกับการเกิดปุ่มปมด้วยยีนที่ต้องการ ซึ่งจะถูกส่งถ่าย และเข้าไปแทรกในจีโนมของพืชแบบสุ่ม (Linda and Morris, 1994) โดยส่วนสำคัญที่จะทำให้เกิดการส่งถ่ายยีนที่ต้องการ คือ vir gene ที่อยู่ในเชลล์ของเชื้ออะโกรเบคทีเรียมซึ่งจะถูกกระตุ้นการทำงานด้วยสารประกอบฟีโนลิก (phenolic compound) จำพวก acetosyringone และ α – hydroxyl – acetosyringone โดยพืชปล่อยออกมาเมื่อเกิดบาดแผลและเกิดการตัดส่วนของ T – DNA โดยอาศัยการควบคุมโดยยีน chv ซึ่งอยู่บนโครโนโซม แล้วจึงส่งถ่ายดีเอ็นเอแบบสายเดียวเข้าสู่โครโนโซมพืช (Chan et al., 1993; Smith and Hood, 1995; Firoozabady and Adelheid, 1996)

การถ่ายยีนโดยใช้เชื้ออะโกรเบคทีเรียม เป็นวิธีการถ่ายยีนที่มีประสิทธิภาพสูง ส่งผลให้เกิดการแทรกตัวของยีนเพียง 1 ชุด (single copy) และ 1 ตำแหน่งบนจีโนม ทำให้การถ่ายทอดยีนไปสู่รุ่นลูกหลานเป็นไปตามกฎเมนเดล ส่งผลให้เกิดกระบวนการขัดขวางการแสดงออกของยีนที่ถ่ายทอดเข้าไป เช่น gene methylation และ gene silencing น้อย และสามารถส่งถ่ายชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่มีขนาดใหญ่ได้ แต่บังคับมีปัญหาที่จะนำมาใช้ในพืชใบเลี้ยงเดียว (Vasil, 1994) ซึ่งบังต้องได้รับการพัฒนาระบวนการต่อไป

การศึกษาการถ่ายยีนในพืชโดยใช้เชื้ออะโกรเบคทีเรียม

การถ่ายยีนโดยใช้เชื้ออะโกรเบคทีเรียม ได้รับความสนใจจากนักวิจัยในการประยุกต์ใช้เพื่อปรับปรุงพันธุ์พืชเศรษฐกิจต่าง ๆ เช่น ยาสูบ ข้าว ข้าวโพด มะเขือเทศ กล้วยไม้ เป็นต้น และได้มีการศึกษาวิจัยกันมาอย่างต่อเนื่องในปัจจุบัน โดยในประเทศไทยการศึกษาส่วนใหญ่เป็นเพียงเพื่อทำการพัฒนาระบวนการถ่ายยีน เพื่อนำไปประยุกต์ใช้ในการถ่ายยีนต่าง ๆ ที่สนใจต่อไป ในขณะที่ในต่างประเทศได้เริ่มนักวิจัย เพื่อเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมพืชต่าง ๆ โดยมีจุดประสงค์ที่สำคัญ 5 ประการ (อรีย์, 2542; นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548) คือ

1. การเพิ่มคุณภาพของผลผลิต

การเพิ่มคุณภาพ และผลผลิตเป็นวัตถุประสงค์หนึ่งที่สำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ เพื่อจากสามารถช่วยแก้ไขปัญหาต่าง ๆ ทั้งทางด้านเศรษฐกิจ สังคม และสภาพแวดล้อม รวมทั้งสามารถช่วยยกระดับความเป็นอยู่ และคุณภาพชีวิตของประชากร ได้ การปรับปรุงองค์ประกอบให้มีคุณค่าทางโภชนาการเป็นทางหนึ่ง ซึ่งเป็นประโยชน์ต่อประชากรส่วนใหญ่ ของโลก เช่น ข้าวที่มีวิตามินอีสูง หรือข้าวสีทอง ซึ่งได้มีการถ่ายยีนจากต้นแพร์ฟอดิต และ

แบคทีเรีย *Erwinia uredovora* เข้าไปให้เกิดการสร้างสารเบต้าแครอทินซึ่งเป็นสารเริ่มต้นของวิตามินเอ (นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548)

การเพิ่มปริมาณโปรตีนในข้าวโดยการถ่ายยีน *lecA* จากถั่วลันเตาเข้าสู่ข้าวญี่ปุ่นสายพันธุ์นิพพอนบาร์ เพื่อให้มีปริมาณโปรตีนในเนื้อเยื่อ endosperm มากขึ้น (Sindhu et al., 1997) การเพิ่มปริมาณกรดอะมิโน ไลซีน (lysine) ในถั่วเหลือง และคาโนลา (*Brassica napus*) โดยการถ่ายยีนที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการผลิตกรดอะมิโน โดยใช้ยีน *dapA* จากแบคทีเรีย ทำให้พืชทั้ง 2 ชนิดมีปริมาณไลซีนสูงขึ้น (Falco et al., 1995)

นอกจากนี้ยังได้มีการปรับปรุงคุณภาพของผลผลิตให้ดีขึ้น เช่น การปรับปรุงพันธุ์ข้าวเชือเทศให้มีอายุการเก็บรักษาไว้ได้นาน โดยการลดความสุกแก่ (นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548) การเพิ่มปริมาณของโปรตีน gluten ในข้าวสาลีด้วยยีนที่ผลิต HMW – GS (High Molecular – weight gluten subunit) ซึ่งทำให้แป้งข้าวสาลีมีคุณภาพในการทำงานปัง ได้ดีขึ้น (Altpeter et al., 1996) รวมทั้งการถ่ายยีน *waxy* จากข้าวญี่ปุ่นเข้าสู่ข้าวที่มีปริมาณแป้งอะมิโนสูงมาก ทำให้ข้าวมีปริมาณแป้งอะมิโนเพิ่มมากขึ้น เป็นการเปลี่ยนแปลงคุณภาพของข้าวได้เป็นต้น (อารีย์, 2542)

2. ความต้านทานสารปราบวัชพืช

กลไกการทำลายพืชของสารเคมีสังเคราะห์ปราบวัชพืช มีหลายกระบวนการที่เกี่ยวข้องกับปฏิกิริยาทางชีวเคมีในพืชซึ่งส่วนใหญ่เกี่ยวกับกระบวนการสังเคราะห์กรดอะมิโน และการสังเคราะห์แสงของพืชที่เรารู้จักกันดี คือ สารปราบวัชพืชพาก glyphosate ที่ทำลายโดยการไปยับยั้งการสร้างกรดอะมิโน ได้แก่ ทริปโตเฟน ไทโรซีน และฟีนิโลลานีน โดยยีน *epsps* ที่ถูกถ่ายเข้าพืชจะทำให้พืชสามารถผลิตเอนไซม์ EPSPS (5 – enol – pyruvylshikimate – 3 – phosphate synthase) ได้มากจึงยังคงผลิตกรดอะมิโนได้ตามปกติ พืชจึงไม่ตาย สารปราบวัชพืชพาก glufosinate จะยับยั้งไม่ให้ผลิต glutamine แต่ยีน *bar* หรือ *pat* จะไปเปลี่ยนองค์ประกอบของสารเคมีไม่ให้มีฤทธิ์ทำลายพืชได้ ทำให้พืชที่มียีนนี้สามารถต้านทานสารปราบวัชพืช นอกจากนี้ยังมีการถ่ายยีน *SURB – Hra* ที่ได้จากยาสูบเข้าไปในพืช เช่น มะเขือเทศ ชูการ์บีท อัลฟิลฟ้า ผักกาดหอม และแตง เพื่อให้ต้านทานสารปราบวัชพืชพาก sulfonylurea ซึ่งมีกลไกทำลายพืชโดยยับยั้งการผลิตกรดอะมิโน ได้แก่ ลิวิชีน ไอโซลิวิชีน และวาลีน

3. ความต้านทานโรคและแมลงศัตรูพืช

การถ่ายยีนเพื่อให้พืชมีความต้านทานโรค และแมลงเป็นสิ่งที่ได้รับความนิยมเป็นอย่างมาก โดยเฉพาะการถ่ายยีนในกลุ่มของยีน *cry* จาก *Bacillus thuringiensis* เข้าสู่ข้าว เพื่อให้ต้านหนอง gele จำต้นชนิดต่าง ๆ เช่น ยีน *cryIAB* และ *cryIAC* (Cheng et al., 1998; Ahmad et al., 2002; Ramesh et al., 2004) นอกจากนี้ยังสามารถพับการถ่ายยีนได้ในพืชเศรษฐกิจต่าง ๆ ได้แก่ ข้าวโพด

ฝ้าย (นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548) แต่เมลงบางกลุ่มไม่สามารถควบคุมได้ด้วย Bt toxin genes ซึ่งผลิตโปรตีนพิษที่สามารถฟ่าเมลงได้ เรียกว่า insecticidal proteins โปรตีนที่มีคุณสมบัติฟ่าเมลงอย่างอ่อนนุ่ม ได้รับความสนใจจะนำมาใช้ประโยชน์เพื่อควบคุมแมลงชนิดอื่น คือ cholesterol oxidase ที่มีประสิทธิภาพฟ่าตัวหนอนของแมลงพวงค้าง (weevils) ซึ่ง Cho et al. (1995) ได้ถ่ายยืน choA ที่ได้จาก *Streptomyces* เข้ายาสูบ ทำให้ยาสูบด้านทานหนอนกินใน การถ่ายยืนที่ผลิตโปรตีนที่เป็นตัวขับยั้งเอนไซม์ย่อยโปรตีนที่เรียกว่า protease inhibitor เช่น ยืน CptII ที่ได้จากถั่ว cowpea เข้าไปในยาสูบ ทำให้ยาสูบด้านทานแมลง (Hilder et al., 1987) สารประกอบพวาก lectins ซึ่งมีฤทธิ์ขับยั้งการเจริญเติบโตของแมลง รา และแบคทีเรีย เช่น lectin ที่ได้จากข้าวสาลี และกะหล่ำ ทุ่ง มีพิษต่อแมลงศัตรูข้าวโพด (*Ostrinia nubilalis* และ *Diabrotica undecimpunctata howardi*) (Czapla and Lang, 1990)

กลไกอีกอย่างหนึ่งที่สำคัญที่พืชป้องกันตนเอง คือ การผลิตสารประกอบออกมาทำลายเชื้อโรค เช่น phytoalexins และ PR (pathogenesis – related) proteins การผลิตเอนไซม์ไคทินase และ glucanase ของพืชที่ตอบสนองต่อการบุกรุกของเชื้อรา หรือแบคทีเรีย จะไปยับยั้งสลายผนังเซลล์ของเชื้อโรค ทำให้เชื้อโรคไม่ขยายปริมาณ ดังนั้นจึงมีการถ่ายยืนที่ผลิตเอนไซม์ดังกล่าวเข้าไปในพืช เช่น การส่งถ่ายยืนไคทินase เข้าสู่ข้าวญี่ปุ่น เพื่อให้ด้านทานต่อเชื้อรา *Magnaporthe grisea* บางชนิดที่เป็นสาเหตุของการเกิดโรคไข่มี้ (Nishizawa et al., 1999) และเข้าสู่ข้าวพันธุ์สุพรรณบุรี 1 (เกศสุคนธ์ และคณะ, 2548) การถ่ายยืน RIP (ribosome – inactivating protein) ที่ได้จากข้าวบาร์เล็บสามารถขับยั้งการเพิ่มปริมาณของโรค ซึ่ง Logemann et al. (1992) ถ่ายเข้าไปในยาสูบเพื่อต้านทานต่อ *Rhizoctonia solani* เมื่อพืชมียืนนี้ร่วมกับ CHI (chitinase) จึงสามารถด้านทานต่อ *Rhizoctonia solani* ได้ดีกว่ามี RIP เพียงอย่างเดียว

รวมทั้งการสร้างภูมิคุ้มกันให้พืช โดยการถ่ายยืนที่ผลิต coat protein ของไวรัส ทำให้พืชด้านทานต่อโรคที่เกิดจากไวรัสได้ เช่น มะเขือเทศ และมันฝรั่งด้านทานต่อไวรัสสายพันธุ์ PVX และ PVY (นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548) โดย Truve et al. (1994) ได้ถ่ายยืนจากหนูซึ่งผลิตเอนไซม์ oligoadenylyate synthetase ที่ทำลาย RNA ของไวรัส ทำให้มันฝรั่งที่ได้รับยืนนี้ด้านทานต่อไวรัส PVX นอกเหนือนี้ยังมีการใช้เทคนิค antisense เข้ามาร่วมในการถ่ายยืน เพื่อให้เกิดการด้านทานต่อโรคในพืช เช่น การถ่ายยืน PDR ซึ่งเป็น RRSV segment 5 antisense เข้าสู่ข้าวไร้พันธุ์กดอยอม และน้ำรู เพื่อให้ด้านทานต่อไวรัสโรคญี่ปุ่น (น้ำทิพย์, 2544)

4. ความต้านทานต่อสภาพแวดล้อม

การเพิ่มความต้านทานต่อสภาพแวดล้อม จะส่งผลให้มีการเพิ่มผลผลิตของพืชได้ในสภาวะที่ไม่เอื้ออำนวยต่อการเจริญ เช่น ในพื้นที่ที่มีความเค็มสูง พื้นที่แห้งแล้ง เป็นต้น โดยการแก้ปัญหาเหล่านี้ทำได้โดยการถ่ายยืน adc (Arginine decarboxylase) จากข้าวโอ๊ต (*Avena sativa L.*) เข้าสู่ข้าว

ญี่ปุ่น TNG (Roy and Wu, 2001) เพื่อให้เพิ่มการสังเคราะห์ polyamine ให้ต้านทานความเค็ม และเพิ่ม biomass รวมทั้งเติบโตได้ในสภาพที่ไม่เหมาะสม

นอกจากนี้ยังได้มีการถ่ายยืนเพื่อให้ข้าวสามารถเติบโตได้ในสภาพแห้งแล้ง เช่น การถ่ายยืน MnSOD (Manganese superoxide dismutase) จากถัวลันเตา ภายใต้การควบคุมของ oxidative stress – inducible promoter เข้าสู่ข้าวพันธุ์ Zhonghua 11 (Wang et al., 2005) รวมทั้งการถ่ายยืน DREB1A เข้าไปใน *Arabidopsis* (Kasuga et al., 2004) ทำให้พืชที่ได้รับยืนอยู่ในสภาพแห้งแล้งได้ดีกว่าพืชที่ไม่ได้รับการถ่ายยืน

5. การใช้ประโยชน์อื่น ๆ และทางการค้า

ปัจจุบันได้มีการพัฒนาพืชให้สามารถใช้ประโยชน์ในการค้ามากขึ้น โดยจะใช้ในการผลิตยา หรือสารต่าง ๆ ในการวินิจฉัย และรักษาโรค โดยการถ่ายยืนที่ผลิตสารที่ต้องการเข้าไปสู่พืช ซึ่งเริ่มนิยมการศึกษาในกลุ่มของข้าวโพด อัลฟิลฟ้า มันฝรั่ง ถั่วเหลือง และมะเขือเทศ ซึ่งมีความสามารถในการสร้างโปรตีนได้สูง เพื่อลดต้นทุนในการผลิตให้ต่ำลง ปัจจุบันพนยาที่สร้างได้จากพืช ได้แก่ galactosidase เป็นต้น รวมทั้งในอนาคตยังได้มีการขยายการวิจัย เพื่อใช้ในการผลิตวัสดุ และแอนติบอดีต่าง ๆ อีกด้วย

นอกจากนี้ การถ่ายยืนเพื่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงกระบวนการทางชีวเคมี เช่น การถ่ายยืนสร้างกรดลอริก (lauric acid) จาก California bay tree เข้าสู่คานาลาซึ่งเป็นพืชนำมัน ทำให้สามารถผลิตกรดไขมันชนิดนี้ในนำมัน เพื่อใช้ในอุตสาหกรรมสนับ ผงซักฟอก และเครื่องสำอางได้ (อารีย์, 2542; นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548) การผลิตพืชเรืองแสงโดยใช้ยืนจากหิงห้อย (ยืน *luc*) และแมงกะพรุน (ยืน *gfp*) ทำให้พืชสามารถเรืองแสงได้ในที่มีดี ซึ่งจัดเป็นไม้ดอกที่มีความแปลกตา เช่น งานวิจัยของศาสตราจารย์ Chia Tet Fatt และคณะ จากสถาบันการศึกษาแห่งชาติ ประเทศไทยสิงคโปร์ ที่ได้ทำการศึกษาในกลุ่มไม้สกุลหวาย (นิตย์ศรี และสัมพันธ์, 2548)

การใช้พืชเพื่อช่วยในการปรับปรุงและพื้นฟูสภาพแวดล้อม โดยอาศัยความสามารถในการผลิตเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องกับการย่อยสลายสารพิษ หรือลดความเป็นพิษ เช่น การถ่ายยืน *grn* (glutathione S – transferase I) จากข้าวโพด เข้าสู่ยาสูบ เพื่อให้ลดความเป็นพิษของยาปราบวัวพืชในกลุ่มของ chloroacetanilide (Karavangeli et al., 2005)

ปัจจัยที่มีผลต่อการถ่ายยืนโดยใช้เชื้ออะโกรแบคทีเรียม

ปัจจัยต่าง ๆ หลายอย่างมีผลต่อประสิทธิภาพในการถ่ายยืน Chyi and Phillips (1987) พบว่า ความสำเร็จของการถ่ายยืนโดยใช้เชื้ออะโกรแบคทีเรียมขึ้นอยู่กับขั้นตอนที่สำคัญ ได้แก่ การถ่ายยืนเข้าสู่เซลล์ และการพัฒนาระบบการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อพืชที่มีประสิทธิภาพ รวมทั้งการเลือกใช้ชิ้นส่วนพืชเพื่อการพัฒนาไปเป็นต้นที่สมบูรณ์ โดยสามารถแบ่งได้เป็นปัจจัยที่สำคัญได้ดังนี้

1. ลักษณะชิ้นส่วนพืช และการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ

ชิ้นส่วนพืชที่นำมาใช้เป็นเนื้อเยื่อเป้าหมายในการถ่ายยืนเป็นสิ่งสำคัญ การเลือกใช้เนื้อเยื่อเป้าหมายที่มีความสามารถในการเจริญเติบโต และพัฒนาเป็นต้นได้ค่อนข้างสูง เป็นแนวทางหนึ่งที่เดียวข้องกับการเพิ่มประสิทธิภาพในการถ่ายยืน (Smith and Hood, 1995) จากการศึกษาพบว่า แคลลัสเป็นเนื้อเยื่อที่มีประสิทธิภาพในการใช้เป็นเนื้อเยื่อเป้าหมายในการถ่ายยืน ซึ่งควรเป็นแคลลัสชนิดเอมบริโอเจนิก ซึ่งมีการทดลองชักนำให้เกิดแคลลัสจากหลายส่วนของข้าว เช่น ลำต้น ราก (Wu and Li, 1970) อับลงทะเบกสร (Chu et al., 1975) และบริเวณสคิวเทลล่า (scutella) ของเมล็ดแก่ (Hiei et al., 1994; Toki, 1997; Rashid et al., 1996; Pipatpanukul et al., 2004; ประภา, 2532; อนุรักษ์ และสุพัตรา, 2543) โดยเมล็ดแก่เป็นส่วนที่นิยมนำมาใช้เพาะเลี้ยงมากที่สุด เพราะทนทานต่อการฟอกผ่า เชื้อที่ผิวได้ดี

นอกจากนี้องค์ประกอบของอาหารเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ ก็เป็นสิ่งสำคัญในการกระตุ้นให้เกิดแคลลัส Casein hydrolysate และ L – proline เป็นสารประกอบอินทรีย์จำพวกกรดอะมิโน ซึ่งนิยมเติมลงในอาหารสำหรับเพาะเลี้ยงแคลลัสจากเมล็ดข้าว โดยจะสามารถช่วยในการกระตุ้นการเจริญและพัฒนาของแคลลัสได้ดี และเพิ่มประสิทธิภาพในการเกิดแคลลัส และแคลลัสชนิดเอมบริโอเจนิกได้เห็นได้จากการชักนำให้เกิดแคลลัสของข้าวไร้พันธุ์คงพยอม และนำรู เพื่อใช้ในการถ่ายยืน ไวรัสสาเหตุของโรคถุงของข้าว (น้ำทิพย์, 2544) สอดคล้องกับงานของ Pocaim et al. (1995) ว่า การใช้ L – proline และ Casein hydrolysate ในอาหาร N6 ซึ่งดัดแปลงเพื่อใช้ในการชักนำแคลลัสของข้าวพันธุ์ขาวคอมมอน 105 สามารถชักนำให้เกิดแคลลัสได้ดี และ L – proline สามารถช่วยในการเจริญของแคลลัสได้ โดยพบว่า เซลล์ใหม่ที่เกิดขึ้นจะสามารถหลุดออกจากแคลลัสได้ง่าย และมีประสิทธิภาพในการเกิดเอมบริโอเจนิกแคลลัสได้ในอัตราสูง

แม้ว่าอร์โมน 2, 4 – D เพียงอย่างเดียวจะสามารถชักนำให้เกิดแคลลัสได้ (Raina et al., 1987) แต่การเพิ่มสารอินทรีย์บางชนิด เช่น casein hydrolysate และ tryptophan ลงในอาหารสำหรับเพาะเลี้ยงแคลลัสที่มี 2, 4 – D จะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการเกิดแคลลัสของข้าวได้ (Vajrabhaya et al., 1986; ประภา และพรทิพย์, 2537)

การเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่ออของข้าวไทยได้มีการศึกษา กันเพิ่มมากขึ้น เนื่องจากข้าวไทยเป็นข้าวชนิดอินดิกา ซึ่งมีรายงานว่ามีการตอบสนองต่อการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ และการถ่ายยีนต่ำกว่าข้าวชนิดเจปอนิกา จำเป็นต้องทำการซักนำไปให้เกิดต้นจากเคลลัส และมีความพยาบานเพิ่มเปอร์เซ็นต์การเกิดต้นให้สูงขึ้นลดลงมา (พรทิพย์, 2537) Pipatpanukul et al. (2004) พบว่า การเพาะเลี้ยงเมล็ดแก่ของข้าวพันธุ์ กข 6 บนอาหารสูตร N6 คัดแปลงที่เติมน้ำตาลชูโครส ร้อยละ 3 และซอร์โมน 2,4 – D เพิ่มขึ้น 22.5 ในโครโนมาร์ ภายใต้สภาพที่มีแสง มีประสิทธิภาพสูงสุดในการซักนำไปให้เกิดเคลลัส และอาหารสูตร N6 คัดแปลงที่เติมน้ำตาลชูโครส ร้อยละ 3 ซอร์โมน IAA และ BA เพิ่มขึ้น 2.5 และ 2.5 ในโครโนมาร์ ตามลำดับ เป็นสูตรอาหารที่เหมาะสมต่อการเพาะเลี้ยงเคลลัสข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 ให้เจริญเป็นต้นได้

2. วิธีการถ่ายยีน และสภาพการเพาะเลี้ยงร่วม

เนื่องจากการตอบสนองต่อบาคแพลงของพืชใบเลี้ยงเดี่ยวจำพวกข้าวนั้นจะแตกต่างจากพืชใบเลี้ยงคู่ โดยเซลล์ของพืชใบเลี้ยงเดี่ยวที่อยู่ที่นาคแพลงจะมีการสร้างสารพวยลิกนิน เพื่อปิดปากแพลงโดยไม่เกิดการแบ่งเซลล์ (Kahl et.al., 1982) และพืชใบเลี้ยงเดี่ยว ผลิตสารประกอบ phenolic ได้น้อย จึงมีการเติม acetosyringone ให้เหมาะสมต่อการทำงานของ *vir* gene ในพลาสมิด Ti ที่อยู่ในเชื้ออazole โกรแบคทีเรียม เพื่อกระตุ้นการทำงานของ *vir* gene ในขั้นตอนการเพาะเลี้ยงร่วมกับเชื้ออazole โกรแบคทีเรียม และในองค์ประกอบของอาหารที่ใช้ในการเพาะเลี้ยงร่วม (Smith and Hood, 1995) ซึ่งความเข้มข้นของ acetosyringone ที่เติมจะขึ้นอยู่กับปัจจัยอื่น ๆ เช่น สายพันธุ์ของข้าว โดย Hiei et al. (1994) รายงานว่าการเติม acetosyringone ที่ 100 ในโครโนมาร์ เป็นปัจจัยที่ช่วยให้การถ่ายยีนในข้าวประสบความสำเร็จ และได้รับพืชคัดแปลงพันธุกรรม (transgenic plants) จำนวนมาก และพืชเหล่านี้สามารถถ่ายทอดยีนให้กับรุ่นลูกหลานได้ ในขณะที่ Saharan et al. (2004) ได้มีการศึกษาปริมาณความเข้มข้นของ acetosyringone ที่มีผลต่อการถ่ายยีน ในข้าวพันธุ์ HKR – 46 และ HKR – 126 พบว่า acetosyringone ที่ความเข้มข้น 400 ในโครโนมาร์จะทำให้ประสิทธิภาพในการถ่ายยีนสูงสุด

การถ่ายยีนเข้าไปในเซลล์พืช ไม่สามารถยืนยันผลได้โดยดูจากลักษณะทางกายภาพ เพียงอย่างเดียว จำเป็นต้องใช้ยีนเครื่องหมายเข้ามาช่วย เพราะอัตราการถ่ายยีนค่อนข้างต่ำ การใช้ยีนเครื่องหมายจึงสามารถช่วยในการคัดเลือกเนื้อเยื่อพืชที่ได้รับยีนในช่วงแรกจากเนื้อเยื่อจำนวนมากที่ได้รับการถ่ายยีน (Angenon et al., 1994) โดยยีนเครื่องหมายจะแทรกอยู่ในส่วนของเวคเตอร์ และจะแทรกเข้าไปในโครโนไซมพืช หลังการถ่ายยีนเซลล์ที่ได้รับยีนจะแสดงลักษณะการต้านทาน และสามารถเจริญได้ในสารเคมีที่ใช้ในการคัดเลือก โดยเนื้อเยื่อส่วนใหญ่

ที่ไม่ได้รับยืนจะไม่สามารถเจริญได้ และตายในที่สุด (Komari et al., 1996) โดยการคัดเลือก จ้าเป็นต้องมีปริมาณ หรือความเข้มข้นของสารที่ใช้ในการคัดเลือกที่เหมาะสม เพื่อไม่ให้เกิดการ บันยั่งการพัฒนาเป็นต้นของเชลล์ที่ได้รับยืนต่อไป โดยจะขึ้นอยู่กับชนิดของสารที่ใช้ในการ คัดเลือกด้วย เช่น cefotaxime มีผลต่อการเจริญเติบโตของเนื้อเยื่อ หากใช้ในปริมาณมากเกินไป จะทำให้เนื้อเยื่อบางส่วนค่อย ๆ เปลี่ยนจากสีขาวเป็นเหลืองซีด และตายในที่สุด ในขณะที่ timentin มีผลส่งเสริมการเจริญเติบโต และพัฒนาไปเป็นต้น เนื่องจากมีโครงสร้างทางเคมีคล้ายกับ ออกซิน (เกศณี, 2546)

Hamid et al. (1996) พบว่า แคลลัสที่ผ่านการเพาะเลี้ยงร่วมกับเชื้ออะโกรเบคทีเรียม ใน อาหารที่มี acetosyringone จะมีการแสดงออกของยืน gus ซึ่งจะแสดงผล GUS activity สูงสุด เมื่อ ทำการเพาะเลี้ยงร่วมเป็นเวลานาน 2 – 3 วัน สอดคล้องกับการทดลองของ Rashid et al. (1996) ซึ่ง ได้ศึกษาการถ่ายยืน โดยใช้เชื้ออะโกรเบคทีเรียม เข้าสู่ข้าวอินดิกา 3 สายพันธุ์ คือ Basmati 370, Basmati 385 และ Basmati 6129 พบว่า แคลลัสที่ผ่านการเพาะเลี้ยงร่วมกับอะโกรเบคทีเรียม ใน อาหารเพาะเลี้ยงร่วมที่เติม acetosyringone จะมีการแสดงออกของยืน gus แต่การแสดงออกของยืน gus จะไม่พบในแคลลัสที่ทำการเพาะเลี้ยงร่วมในอาหารที่ไม่เติม acetosyringone โดยจะแสดงผล GUS activity มากรที่สุด หลังการเพาะเลี้ยงร่วมนาน 2 – 3 วัน และหลังจากนั้น การแสดงออกจะลดลง

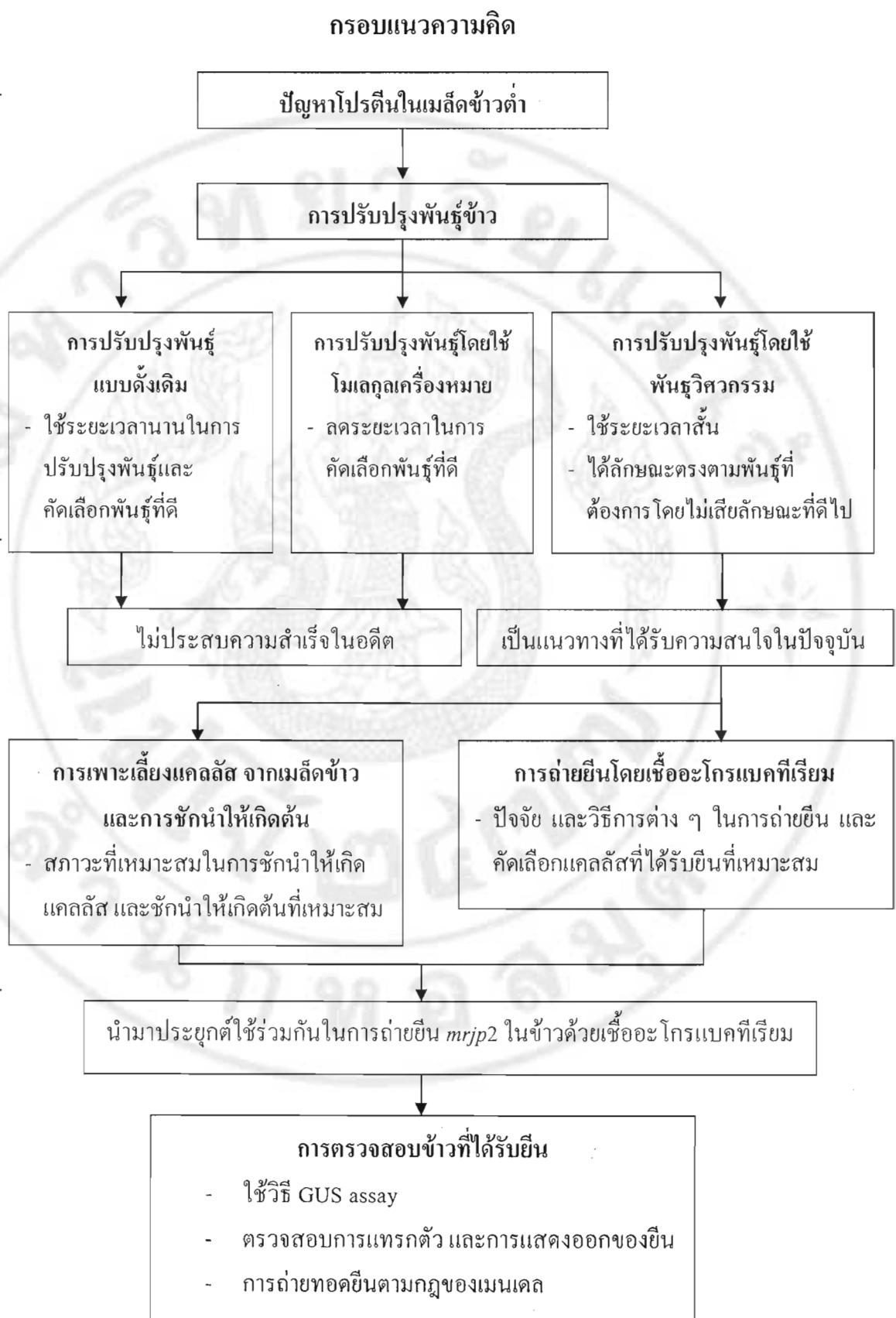
3. สายพันธุ์ของเชื้ออะโกรเบคทีเรียม และเวคเตอร์

เชื้ออะโกรเบคทีเรียมแต่ละสายพันธุ์ (strain) มีความสามารถในการเข้าบุกรุกพืช แตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับยืน vir โดยเฉพาะอย่างยิ่ง virA และ virG ซึ่งมีหน้าที่รับตู้นการทำงาน ของ vir ตำแหน่งอื่น ๆ การเพิ่มการแสดงออกของยืน virG ทำให้ประสิทธิภาพการเข้าทำลาย หรือถ่ายยืนของเชื้ออะโกรเบคทีเรียมเพิ่มขึ้น ดังนั้นการเพิ่มจำนวนชุดของยืน virG ในเชื้ออะ โกรเบคทีเรียมจึงสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการเข้าทำลาย ตลอดจนเพิ่มชนิดพืชที่เป็นเจ้าบ้าน (host range) ของเชื้ออะโกรเบคทีเรียมได้ (กษิดิฐ, 2544)

การเลือกใช้ชนิดของเวคเตอร์ที่นำมาใช้ในการถ่ายยืนมีความสำคัญ เนื่องจากเวคเตอร์เป็น ส่วนสำคัญที่จะส่งถ่ายยืนเข้าไปในพืช โดยจะมีการคัดแปลงพลาสมิด Ti โดยการตัดส่วนที่จะ ทำให้เกิดปุ่มปมในพืชออก และแทนที่ด้วยยืนที่สนใจ ซึ่งสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 ชนิด ได้แก่ co – integrate vector (Hood et al., 1986) และ binary vector (Komari et al., 1996) ซึ่งแต่ ละระบบจะมีปัจจัยที่เกี่ยวข้องแตกต่างกัน และส่งผลให้เกิดประสิทธิภาพในการถ่ายยืนที่ แตกต่างกันในพืชแต่ละชนิด

เชื้ออะโกรเบคทีเรียมมีผลต่อชั้นส่วนพืชแต่ละชนิดต่างกัน ทำให้ประสิทธิภาพในการ ถ่ายยืนแตกต่างกันด้วย โดยเชื้อแต่ละสายพันธุ์มีความสามารถในการตอบสนองต่อปัจจัยต่าง ๆ

กัน ความสามารถในการส่งถ่ายยีนจะขึ้นอยู่กับการแสดงออกของ *vir* gene สายพันธุ์ของ เชื้ออะโกรแบคทีเรียมที่นิยมใช้ในการถ่ายยีนในข้าวไทย ได้แก่ EHA101 (อนุรักษ์ และนิตย์ศรี, 2544) EHA105 (ลาวัลย์ และคณะ, 2543; จันทร์ประภา, 2543; อนุรักษ์ และสุพัตรา, 2543; อนุรักษ์ และนิตย์ศรี, 2544; Pipatpanukul et al., 2004) LBA4404 (อนุรักษ์ และนิตย์ศรี, 2544; Pipatpanukul et al., 2004) และ AGL1 (อนุรักษ์ และนิตย์ศรี, 2544; ช่อทิพา และคณะ, 2547)



บทที่ 3

วิธีการวิจัย

พันธุ์ข้าวที่ใช้ในการทดลอง

1. ข้าวเหนียว (*indica rice*) พันธุ์ กบ 6 ได้รับความอนุเคราะห์จากศูนย์วิจัยข้าวเชียงใหม่ อำเภอสันป่าตอง จังหวัดเชียงใหม่ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วรารณ์ แสงทอง ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่
2. ข้าวญี่ปุ่น (*japonica rice*) พันธุ์ Kitaake ได้รับความอนุเคราะห์จาก Professor Dr. Thomas W. Okita, Institute of Biological Chemistry, Washington State University ประเทศสหรัฐอเมริกา

เชื้อที่ใช้ในการทดลอง

1. *Agrobacterium tumefaciens* สายพันธุ์ AGL1 ได้รับความอนุเคราะห์จาก Professor Dr. Thomas W. Okita, Institute of Biological Chemistry, Washington State University ประเทศสหรัฐอเมริกา
2. *Escherichia coli* สายพันธุ์ DH5α ได้รับความอนุเคราะห์จากผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.แสงทอง พงษ์เจริญกิติ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่

พลาสมิดที่ใช้ในการทดลอง

1. พลาสมิด pET_mrjp2 ได้รับความอนุเคราะห์จากการองค์การวิจัยคิริพร สิทธิประณีต ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยแม่โจ้
2. พลาสมิด pCAMBIA1305.2 ได้รับความอนุเคราะห์จากผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.เฉลิมครี นนทสวัสดิคุรี ภาควิชาพืชสวน คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่
3. พลาสมิด pRTL2 ได้รับความอนุเคราะห์จาก Professor Dr. Thomas W. Okita, Institute of Biological Chemistry, Washington State University ประเทศสหรัฐอเมริกา
4. พลาสมิด pBluescript KSII+ ได้รับความอนุเคราะห์จากผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.แสงทอง พงษ์เจริญกิติ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่

วัสดุและอุปกรณ์

1. จานเพาะเชื้อ (petri dish)
2. กระบอกตัว (cylinder)
3. บีกเกอร์ (beaker)
4. หลอดไนโตรทิวบ์ (microtube)
5. ขวดรูปชามพู่ (flask)
6. ขวด Duran
7. ไนโตรปีเพ็ตเตอร์ (micropipette)
8. ขวดแก้วขนาด 80 ออนซ์
9. ปากถีบ
10. มีดผ่าตัด
11. ตะแกรง
12. ลูกปืน
13. ตะเกียงแอลกอฮอล์

เครื่องมือ

1. เครื่องสเปกโทรโฟโตเมตรีเดอร์ (spectrophotometer: Perkin Elmer, model Lambda 25, Germany)
2. หม้อนึ่งความดันไอ (autoclave: Astell Scientific, model ASB260, England)
3. เครื่องเขย่าแบบควบคุมอุณหภูมิ (incubator shaker: STUART Scientific, model SI 50, UK)
4. เครื่องเขย่าแบบควบคุมอุณหภูมิ (incubator shaker: SANYO GALLENKAMP PLC, model IOX400.XX2.C, UK)
5. เครื่องเขย่า (platform shaker: New Brunswick Scientific, model innova 2100, USA)
6. เครื่องวัดค่าความเป็นกรด – ด่าง (pH meter: Satorius, model PP – 50, Germany)
7. ตู้ยาียนีโอเยื่อ (laminar air flow cabinet: Forma Scientific, model 1285, USA)
8. ตู้เพาะเลี้ยงต้นไม้แบบควบคุมอุณหภูมิ (growth chamber: GIANT STAR, model GS – 1000 CL, Korea)
9. ตู้อบลมร้อน (hot air oven: BINDER, model ED115(E2), Norway)

10. ตู้บ่มเพาะเชื้อ (incubator: BINDER, model ED240(E2), Norway)
11. อ่างน้ำควบคุมอุณหภูมิ (water bath: Julabo, model TW 20, U.S.A)
12. เครื่องชั่ง 2 ตำแหน่ง (balance: METTLER – TOLEDO, model PG802 – S, Switzerland)
13. เครื่องชั่ง 4 ตำแหน่ง (analytical balance: METTLER – TOLEDO, model AG285, Switzerland)
14. เครื่องปั่นเหวี่ยง (centrifuge: Kando Laboratories, model SOVALL® Biofuge pico, Germany)
15. เครื่องปั่นเหวี่ยงแบบควบคุมอุณหภูมิ (centrifuge: ANDREAS HETTICH, model UNIVERSAL 32, Germany)
16. เครื่องปั่นเหวี่ยงแบบควบคุมอุณหภูมิ (centrifuge: MSE, model HARRIER18/80, UK)
17. เครื่องกวนผสมแบบแม่เหล็กและเตาให้ความร้อน (magnetic stirrer and hot plate: JENWAY, model 1000, UK)
18. เครื่องวิเคราะห์สารพันธุกรรม (gel electrophoresis: Gel mate 2000, model GEP – 103, Japan)
19. เครื่องเขย่าผสม (vortex: Scientific Industries, model G – 560E, USA)
20. เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (PCR machine: MJ research, model PTC 1196 HB, USA)
21. เครื่องวิเคราะห์สารพันธุกรรม (gel electrophoresis: BIO – RAD, model Mini PROTEAN® 3Cell, USA)
22. เครื่องข่ายสารพันธุกรรมจากแผ่นเจลไปยังแผ่นเมมเบรน (mini – Protein blot: BIO – RAD, model Mini Trans – Blot® Cell, USA)
23. เครื่องวัดปริมาณโปรตีน (microplate reader: BIO – RAD, model 680XR, USA)
24. กล้องจุลทรรศน์ชนิดสเตอโรไโอล (stereo microscope: Olympus, model SD 3045,)

สารเคมีและน้ำยาทดสอบ

1. Acetic acid (Merck, Germany)
2. Ammonium Chloride (Merck, Germany)
3. Agar powder (Himedia Laboratories, India)
4. Agarose (Nippon Gene, Japan)
5. Ammonium nitrate (Merck, Germany)
6. Ammonium persulfate (BIO – RAD, USA)
7. Ammonium sulphate (Ajax, Australia)

8. Ampicillin trihydrate (Fluka, Switzerland)
9. α - Naphthaleneacetic acids (NAA: PhytoTechnology, USA)
10. Acetosyringone (AS; 3, 5 - Dimethoxy - 4 - hydroxy acetophenone: Fluka, Switzerland)
11. Boric acids (Fisher, UK)
12. Bromophenol blue (Fisher, UK)
13. Bromothymol blue (Fisher, UK)
14. Calcium chloride dehydrate (Merck, Germany)
15. Casamino acids (Casein hydrolysate: Fluka, Switzerland)
16. Casein Enzyme Hydrolysate (Tryptone Type I: Himedia Laboratories, India)
17. Cetyltrimethyl ammonium bromide (CTAB: Bio basic, Canada)
18. Chloroform (Lab Scan, Thailand)
19. Cobalt (II) chloride (Ajax, Australia)
20. Coomassie® Brilliant Blue R – 250 (BIO – RAD, USA)
21. Copper (II) sulphate (Ajax, Australia)
22. 2, 4 – Dichlorophenoxyacetic acids (2, 4 – D: PhytoTechnology, USA)
23. D – glucose anhydrous (Fisher, UK)
24. Diaminoethanetetra – acetic acid disodium salt (Na₂ EDTA: Fisher, UK)
25. Dimethyl sulfoxide (DMSO: Merck, Germany)
26. Dithiothreitol (DTT: BDH, England)
27. di – Potassium hydrogen orthophosphate (Fisher, UK)
28. di – Sodium hydrogen orthophosphate (Fisher, UK)
29. D – Sorbitol (Merck, Germany)
30. Ethanol (Merck, Germany)
31. Gelrite gellan gum (Sigma, Germany)
32. Glycerol (Merck, Germany)
33. Glycine (Fisher, UK)
34. Hydrochloric acid (Merck, Germany)
35. Hygromycin B (A.G. Scientific, USA)
36. Indole-3-Acetic acid (IAA: PhytoTechnology, USA)
37. Iron (II) sulphate (Fisher, UK)

38. Isobutanol (Iso – butyl alcohol: Fisher, UK)
39. Kanamycin sulphate (Bio basic, Canada)
40. Kinetin (6 – furthrylaminopurine: PhytoTechnology, USA)
41. L – Aspartic acids (Sigma, Germany)
42. L – Glutamine (Fluka, Switzerland)
43. L – Proline (PhytoTechnology, USA)
44. Magnesium sulfate heptahydrate (Fisher, UK)
45. Manganese (II) sulphate monohydrate (Ajax, Australia)
46. Methanol (Merck, Germany)
47. 2 – Mercaptoethanol (BIO – RAD, USA)
48. Myo – Inositol (Fluka, Switzerland)
49. Nicotinic acids (Fluka, Switzerland)
50. Polyvinylpyrrolidone (PVP – 40: PhytoTechnology, USA)
51. Potassium chloride (Merck, Germany)
52. Potassium dihydrogen orthophosphate (Fisher, UK)
53. Potassium hexacyanoferrate (II) (Fisher, UK)
54. Potassium hexacyanoferrate (III) (Fisher, UK)
55. Potassium hydroxide (Merck, Germany)
56. Potassium iodide (Ajax, Australia)
57. Potassium nitrate (Merck, Germany)
58. Pyridoxine hydrolysate (Fluka, Switzerland)
59. Rifampicin (ສາມເກສັ້ນ, ຖະປາ)
60. Sodium acetate trihydrate (Merck, Germany)
61. Sodium chloride (Merck, Germany)
62. Sodium dihydrogenphosphate (Fisher, UK)
63. Sodium dodecyl sulphate (SDS: BIO – RAD, USA)
64. Sodium hydroxide (Merck, Germany)
65. Sodium metabisulphite (Sigma, Germany)
66. Sucrose (BDH, England)
67. N,N,N',N' – Tetra – methyl – ethylenediamine (TEMED: BIO – RAD, USA)

68. Thidiazuron (TDZ: Sigma, Germany)
69. Timentin (GlaxoSmithKline, USA)
70. Tris(hydroxymethyl)aminomethane (Tris base: National diagnostics, USA)
71. Thiamine (Vitamin B1 hydraolysate: Fluka, UK)
72. 5 - bromo - 4 - chloro - 3 - indolyl glucuronide(X – gluc: Amesco, Philippines)
73. Yeast extract (Bio basic, Canada)
74. Zinc sulphate (Ajax, Australia)
75. 30%Acrylamide/Bis solution (29: 1) (3.3%C) (Bio – Rad, USA)
76. Lysozyme (Amesco, Philippines)

ชุดทดสอบสำหรับ (Kit)

1. Gene JET plasmid miniprep kit (Fermentas, USA)
2. QIAquick gel extraction kit (QIAGEN, USA)
3. QIAquick PCR purification kit (QIAGEN, USA)
4. Nucleospin RNA/Protein (MN, Germany)
5. Penta HisTM HRP conjugate kit (QIAGEN, USA)
6. Super signal West His ProbeTM kit (PIERCE, USA)
7. BioRad Protein Assay (BIO – RAD, USA)
8. MasterPureTM RNA Purification kit (EPICENTRE, USA)
9. GeneJETTM Plasmid Miniprep kit (Fermentas, USA)
10. MasterAmpTM RT – PCR kit(EPICENTRE, USA)

ดีเอ็นเอและโปรตีนมาตรฐาน (DNA and Protein Markers)

1. λ /HindIII + EcoRI, ready to use (Fermentas, USA)
2. GeneRulerTM 1 kb DNA Ladder Plus, ready to use (Fermentas, USA)
3. GeneRulerTM 100 bp DNA Ladder Plus, ready to use (Fermentas, USA)
4. MassRulerTM DNA Ladder, High Range, ready to use (Fermentas, USA)
5. PageRulerTM unstained Protein Ladder (Fermentas, USA)

6. PageRulerTM prestained Protein Ladder (Fermentas, USA)
7. 6xHis Protein Ladder (QIAGEN, USA)

ເອນໄຈ້ນ

1. *Nco*I (New England Biolab, USA)
2. *Pst*I (New England Biolab, USA)
3. *Sac*I (New England Biolab, USA)
4. *Bam*HI (New England Biolab, USA)
5. *Eco*RI (New England Biolab, USA)
6. *Clal* (New England Biolab, USA)
7. *Hind*III (New England Biolab, USA)
8. T4 Ligase (New England Biolab, USA)
9. *Taq* DNA polymerase (Fermentas, USA)
10. *Pfu* DNA polymerase (Fermentas, USA)
11. 2X Bluemix DNA polymerase (RBC bioscience, USA)

ໄຟຣີມອ່ານື (Primer)

1. F1_mrjp2 (5' – TGT GCT CCA AAG TTG CAT GT – 3')
2. R1_mrjp2 (5' – ACG CCA TCT TTC GAT ACT GC – 3')
3. F_hptII – 1 (5' – CTT GAC ATT GGG GAG TTT AGC GAG A – 3')
4. R_hptII – 1 (5' – ATC GGC GAG TAC TTC TAC ACA GCC A – 3')
5. F_NcoImrjp2 (5' – CAT ACC ATG GCT AGC CAT CAT CAT CAT – 3')
6. R_SacImrjp2 (5' – CCC GAG CTC ATT ATC ATT CTA ATT GTT AG – 3')
7. MRJP2Seq3' (5' – GAA GAG CTT CCA CAT TTC GTA GG – 3')
8. MRJP2Seq5' (5' – GTC CAC CCT TAC CGA TTT TGT TAG – 3')

อาหารที่ใช้ในการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อและเซลล์แบคทีเรีย

1. อาหารสูตร N6 (Chu, 1978)
2. อาหารสูตร MS (Murashige and Skoog, 1962)
3. อาหารสูตร AB (Toki, 1997)
4. อาหารสูตร AAM (Toki, 1997)
5. อาหารสูตร AS (Toki, 1997)
6. อาหารสูตร Luria Bertoni (LB)

วิธีการทดลอง

ในการทดลองแบ่งออกเป็น 4 การทดลอง ได้แก่

1. การสร้างพลาสมิดเวกเตอร์สำหรับการถ่ายยีนในข้าว
2. การศึกษาเปรียบเทียบสภาวะที่เหมาะสมในการเพาะเลี้ยงแคลลัสและการซักนำให้เกิดต้นของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake
3. การถ่ายยีนโปรตีนนมผึ้งเข้าสู่แคลลัสของข้าว
4. การเปรียบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาของข้าวดัดแปลงพันธุกรรมกับข้าวปกติ โดยแต่ละการทดลองมีรายละเอียด ดังนี้

การทดลองที่ 1 การสร้างพลาสมิดเวกเตอร์สำหรับการถ่ายยีนในข้าว

วิธีการทดลอง

ในการสร้างพลาสมิดเวกเตอร์สำหรับการถ่ายยีนในข้าว โดยให้มีชุดยีน โปรตีนนมผึ้ง หรือ major royal jelly protein gene: *mrjp2* (Accession no. AF525777) ซึ่งควบคุมการทำงานโดย 35S double promoter, TEV Leader และ 35S terminator แล้วทำการแทรกเข้าไปยังพลาสมิด pCAMBIA1305.2 เพื่อใช้สำหรับการถ่ายยีนในข้าว

การเก็บข้อมูลและบันทึกผล

ในการสร้างพลาสมิดเวกเตอร์ที่มียีน โปรตีนนมผึ้งสำหรับใช้ในการถ่ายยีนในข้าว ทำการบันทึกผลและนำเสนอข้อมูลในรูปแบบของภาพถ่ายจากการทำอะไโรสเจลอิเล็ก tro โพลีเมริส และภาพรากแ朋ท์พลาสมิดเวกเตอร์ที่ได้

การทดลองที่ 2 การศึกษาเปรียบเทียบสภาวะที่เหมาะสมในการเพาะเลี้ยงแคลลัสและการซักนำไปใช้เกิดต้นของข้าวเหนียวพันธุ์กุก 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake

วิธีการทดลอง

เปรียบเทียบสภาวะที่เหมาะสมในการเพาะเลี้ยงแคลลัสและการซักนำไปใช้เกิดต้นของข้าวเหนียวพันธุ์กุก 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ซึ่งได้มีรายงานไว้ตามวิธีการของ ณิชมน (2547) และ Toki (1997) ตามลำดับ แบบสุ่มสมบูรณ์ (completely randomized design: CRD)

การเก็บข้อมูลและบันทึกผล

ในการซักนำไปใช้เกิดแคลลัส ทำการเก็บผลขนาดของแคลลัสที่เกิดขึ้น และจำนวนเม็ดข้าวที่เกิดแคลลัส แล้วนำเสนอด้วยรูปแบบของตารางบันทึกผล โดยแสดงร้อยละของเม็ดข้าวที่เกิดแคลลัส และขนาดของกลุ่มแคลลัส พร้อมทั้งภาพประกอบ ส่วนการซักนำไปใช้เกิดต้น แสดงผลในรูปแบบของรูปภาพ

การทดลองที่ 3 การถ่ายยืน โปรตีนนมผึ้งเข้าสู่แคลลัสของข้าว

วิธีการทดลอง

เปรียบเทียบการถ่ายยืน โปรตีนนมผึ้งเข้าสู่แคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กุ 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake โดยใช้วิธีการที่คัดแปลงจาก Toki (1997) โดยทำการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ และตรวจสอบการถ่ายยืน โดยอาศัยการแสดงออกของยีนคัดเลือกและยีนรายงานผล และใช้เทคนิค PCR, RT – PCR, SDS - PAGE และ Western blot ในการตรวจสอบยืน โปรตีนนมผึ้งในจีโนมของข้าวในระดับต่าง ๆ

การเก็บข้อมูลและบันทึกผล

ทำการเก็บผลกระทบต่อแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือก แคลลัสที่สามารถเจริญเป็นต้นข้าวคัดแปลงพันธุกรรม และทำการนำเสนอข้อมูลในรูปแบบตารางบันทึกผล พร้อมทั้งรูปภาพประกอบ ส่วนการตรวจสอบการแสดงออกของยีนแสดงผลในรูปแบบของรูปภาพ

การทดลองที่ 4 การเปรียบเทียบลักษณะสัมฐานวิทยาของข้าวคัดแปลงพันธุกรรมกับข้าวปกติ

วิธีการทดลอง

ทำการปลูกข้าวคัดแปลงพันธุกรรมรุ่น T_0 ในโรงเรือน เปรียบเทียบกับข้าวปกติ แบบสุ่มสมบูรณ์ โดยเปรียบเทียบลักษณะทางสัมฐานวิทยาต่าง ๆ ได้แก่ ความสูงของต้น จำนวนวันออกดอก จำนวนกอ จำนวนรวง จำนวนเม็ด และปริมาณโปรตีนในเม็ด

การเก็บข้อมูลและบันทึกผล

ทำการเก็บผลกระทบความสูงของต้น จำนวนวันออกดอก จำนวนกอ จำนวนรวง จำนวนเมล็ด และปริมาณโปรตีนในเมล็ด และทำการนำเสนอข้อมูลในรูปแบบตารางบันทึกผล พร้อมทั้งรูปภาพประกอบ

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

ทำการเปรียบเทียบผลการทดลองทางสถิติ ด้วยวิธี Analysis of Variances (ANOVA) และจัดกลุ่มของข้อมูล ด้วยวิธี Duncan's Multiple Range Test (DMRT) โดยใช้โปรแกรม STATGRAPHIC Plus 3.0

วิธีการดำเนินงาน

1. การสร้างพลาสมิดเวกเตอร์ที่มียีน *mrjp2* สำหรับถ่ายยีนในข้าว

ทำการเตรียมยีน *mrjp2* (Accession no. AF525777) ซึ่งอยู่ในพลาสมิดเวกเตอร์ pET_*mrjp2* โดยการเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิคพีซีอาร์ (PCR) ให้มีบริเวณจุดจำของเอนไซม์ตัดจำพวก *NcoI* และ *SacI* บริเวณปลาย 5' และ 3' พร้อมทั้งให้มีบริเวณ 6xHis – tag ที่ปลาย 5' เพื่อช่วยในการแยก บริสุทธิ์ และตรวจวิเคราะห์ ด้วยไพร์เมอร์ F_NcoI_m*mrjp2* และ R_SacI_m*mrjp2*

ทำการโคลนยีน *mrjp2* เข้ากับพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2 ซึ่งมี 35S double promoter (ได้จาก Cauliflower Mosaic Virus) ต่อ กับ TEV leader sequence (ได้จาก Tobacco Etch Virus) ที่ตำแหน่งจุดจำของเอนไซม์ตัดจำพวก *NcoI* และ *SacI* จากนั้นจึงตัดชุดยีนด้วยเอนไซม์ตัดจำพวก *PstI* และโคลนเข้าพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ที่ตำแหน่งจุดจำของเอนไซม์ตัดจำพวก *PstI* เพื่อใช้ในการถ่ายยีนในข้าว

2. การเพาะเลี้ยงแคลลัสและการซักนำให้เกิดต้น

2.1. การซักนำให้เกิดแคลลัส

นำเมล็ดแก่นมาแกะเปลือกหุ้มเมล็ดออกแล้วฟอกผ่าเชื้อด้วยสารละลายโซเดียมไฮโดรคลอไรต์ หรือ Clorox เป็นขั้น ร้อยละ 10 นาที จากนั้นล้างด้วยน้ำกลั่นที่ผ่านการฆ่าเชื้อ 3 – 4 ครั้ง แล้วเพาะเลี้ยงให้เกิดแคลลัส บนอาหารสูตร N6 ดัดแปลงซึ่งมีการเติมชอร์โนน 2, 4 – D ภายใต้สภาพแวดล้อมที่อุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 4 สัปดาห์

2.2. การซักนำให้เกิดต้น

นำแคลล์สนาเพาะเลี้ยงบนอาหารสูตร MS ดัดแปลงซึ่งมีอร์โนน NAA และไคเนติน เข้มข้น 1 และ 2.5 มิลลิกรัมต่อลิตร ในสภาวะที่มีแสง 16 ชั่วโมงต่อวัน ที่อุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส (พิชญกาน, 2547)

2.3. การซักนำให้เกิดราก

นำยอดอ่อนมาเพาะเลี้ยงบนอาหารสูตร $\frac{1}{2}$ MS ในสภาวะที่มีแสง 16 ชั่วโมงต่อวัน ที่ อุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส (พิชญกาน, 2547)

3. การถ่ายยืนโปรดีนนมผึ้งเข้าสู่แคลล์สของข้าว

ทำการถ่ายยืนโดยใช้เชื้ออazole แบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ที่มีพลาสมิดเจกเตอร์ซึ่งมี ชุดยืนโปรดีนนมผึ้ง จากข้อ 1. โดยใช้วิธีการดัดแปลงจาก Toki (1997) ดังนี้

3.1. ทำการเพาะเลี้ยงเชื้ออazole แบคทีเรียมที่ใช้ในการถ่ายยืนบนอาหารแข็งสูตร AB (ภาชนะกว้าง) เป็นเวลา 3 วัน ในที่มีดี อุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส

3.2. ละลายเชื้ออazole แบคทีเรียมลงในอาหารเหลวสูตร AAM ซึ่งมี acetosyringone เข้มข้น 100 ไมโครโมลาร์

3.3. ทำการปลูกเชื้อ (Infection) โดยการแซะแคลล์สลงในสารละลายเชื้ออazole แบคทีเรียม นาน 1 นาที 30 วินาที จากนั้นซับเชื้อส่วนเกินออกด้วยกระดาษซับที่ม่าเชื้อแล้ว

3.4. ทำการเพาะเลี้ยงร่วมกันระหว่างเชื้ออazole แบคทีเรียมและแคลล์ส บนอาหารแข็งสูตร AS (ภาชนะกว้าง) เป็นเวลา 3 วัน ในที่มีดี อุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส

3.5. ทำการล้างเชื้ออazole แบคทีเรียมออกด้วยน้ำกลั่น และอาหารเหลวสูตร N6 ซึ่งมี สารละลายไทเมนทิน (Timentin) เข้มข้น 150 มิลลิกรัมต่อลิตร

3.6. ดัดเลือกแคลล์สที่ได้รับยืนบนอาหารซักนำไปเกิดแคลล์สซึ่งมีปริมาณยาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซินที่เหมาะสม เป็นเวลานาน 2 สัปดาห์ จำนวน 2 ครั้ง แล้วจึงทำการซักนำไปเกิดต้น ต่อไป

4. การตรวจสอบการถ่ายยืนในแคลล์ส

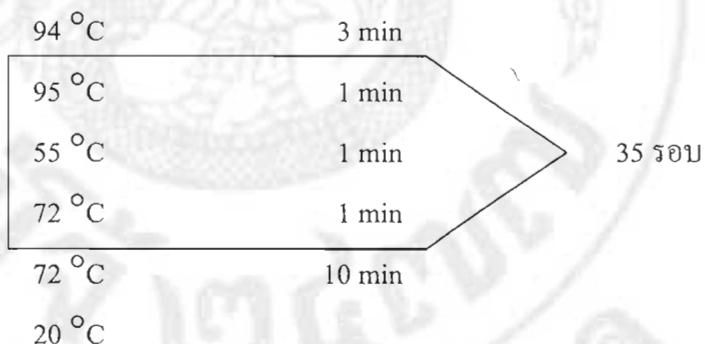
4.1. ทำการตรวจสอบการได้รับยืน โดยอาศัยการแสดงออกของยืนต้านทานต่อยาปฏิชีวนะไฮโกรมัยซิน (ยืน *hpII*) โดยสังเกตความสามารถในการเจริญบนอาหารที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน

4.2. จากนั้นคัดเลือกแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกรังที่ 2 มาสักดีอี็นเอคัวยกิจกรรมที่คัดแปลงจาก Huang et al. (2000) และตรวจสอบการแทรกตัวของยีนในจีโนมด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้ไพร์เมอร์ 2 คู่ ได้แก่ F_hptII-1 และ R_hptII-1 ซึ่งจำเพาะกับยีนต้านทานต่อยาปฏิชีวนะไฮโกรามบิซิน และไพร์เมอร์ F1_mrjp2 และ R1_mrjp2 ซึ่งจำเพาะกับยีนโปรตีนนมผง โดยมีปฏิกิริยาพีซีอาร์ ดังนี้

4.2.1. การทำพีซีอาร์โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีนต้านยาปฏิชีวนะไฮโกรามบิซิน

<u>องค์ประกอบ</u>	<u>ความเข้มข้น</u>
10X PCR Buffer - MgCl ₂ (Fermentas, USA)	1X
25 mM MgCl ₂ (Fermentas, USA)	2.0 mM
2.5 mM dNTPs mix (Fermentas, USA)	200 μM
10 μM F_hptII – 1 primer	0.25 μM
10 μM R_hptII – 1 primer	0.25 μM
50U/μl Taq DNA Polymerase (Fermentas, USA)	2.5 U
DNA Template	200 ng

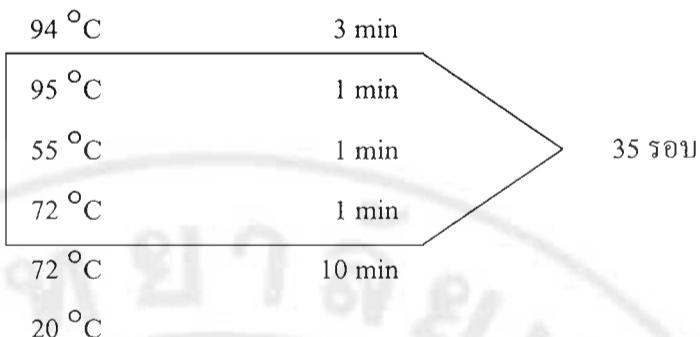
สภาวะในการทำพีซีอาร์



4.2.2. การทำพีซีอาร์โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีนโปรตีนนมผง (mrjp2)

<u>องค์ประกอบ</u>	<u>ความเข้มข้น</u>
10X PCR Buffer - MgCl ₂ (Fermentas, USA)	1X
25 mM MgCl ₂ (Fermentas, USA)	2.0 mM
2.5 mM dNTPs mix (Fermentas, USA)	200 μM
10 μM F1_mrjp2 primer	0.25 μM
10 μM R1_mrjp2 primer	0.25 μM
50U/μl Taq DNA Polymerase (Fermentas, USA)	2.5 U
DNA Template	200 ng

สภาวะในการทำพีซีอาร์



5. การตรวจสอบการได้รับยีน และการแสดงออกของยีน *mrjp2* ในต้นข้าว

5.1. การแสดงออกของยีนสร้างเอนไซม์ β – glucuronidase (*gus*)

ใช้เทคนิค GUS assay (Jefferson, 1987) โดยการตัดใบข้าวมาบ่มในสารละลาย X – gluc (5 – bromo – 4 – chloro – 3 – indolyl glucuronide) ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส นาน 24 ชั่วโมง แล้วสังเกตการเกิดสารสีฟ้า

5.2. การแทรกตัวของยีนในจีโนม

ทำการสกัดดีเอ็นเอด้วยสารละลาย mCTAB (Huang et al., 2000) จากใบข้าวแล้ว ตรวจสอบด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้ไพร์เมอร์ F1_mrjp2 และ R1_mrjp2 ซึ่งจำเพาะกับยีนโปรตีนนมผง

5.3. การแสดงออกของยีนในระดับ mRNA

ทำการสกัดอาร์เอ็นเอห้องหมุด ด้วย Master Pure™ RNA Purification kit (EPICENTRE, USA) จากใบข้าวและเมล็ดอ่อน แล้วตรวจสอบด้วยเทคนิค Reverse transcriptase PCR (RT – PCR) โดยใช้ไพร์เมอร์ F1_mrjp2 และ R1_mrjp2 ซึ่งจำเพาะกับยีนโปรตีนนมผง

5.4. การแสดงออกของยีนระดับโปรตีน โดยใช้เทคนิค SDS - PAGE และ Western blot

ทำการสกัดโปรตีนห้องหมุด ด้วย Protein Extraction Buffer (25 mM Tris – HCl, pH 7.5, 0.1 mM EDTA, 100 mM NaCl) จากใบข้าว เมล็ดอ่อน และเมล็ดแก่ แล้วตรวจสอบลักษณะโปรตีนด้วยเทคนิค SDS – PAGE โดยใช้โพลีอะคริลามีเดจอล เบื้มขัน ร้อยละ 10 (Sambrook et al., 2000) และตรวจสอบโปรตีนนมผงด้วยเทคนิค Western blot โดยใช้ Penta His™ HRP conjugate kit (QIAGEN, USA) และ Super Signal West His Probe™ kit (PIERCE, USA)

6. การเปรียบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมกับข้าวปกติ

ทำการปลูกข้าวดัดแปลงพันธุกรรม รุ่น T₀ ที่ได้ในโรงเรือน แล้วทำการเปรียบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาดังนี้

- 6.1. ความสูงต้น โดยการวัดในหน่วยเซนติเมตร
- 6.2. จำนวนกอต่อต้น โดยการนับจำนวนกอ
- 6.3. วันออกดอก โดยการตั้งเกตด้วยตาเปล่า
- 6.4. จำนวนช่อดอก โดยการนับจำนวนช่อดอก
- 6.5. จำนวนรวง โดยการนับจำนวนรวง
- 6.6. จำนวนเมล็ดต่อรวง โดยการนับจำนวนเมล็ดในแต่ละรวง
- 6.7. น้ำหนักเมล็ด โดยการซั่งน้ำหนักเมล็ดด้วยเครื่องซั่ง 4 ตำแหน่ง หลังการอบที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส นาน 7 วัน
- 6.8. ปริมาณโปรตีนในเมล็ดทั้งหมด โดยวิธีการของ Bradford (1976)
- 6.9. ร้อยละของโปรตีนในเมล็ด โดยการคำนวณจากค่าน้ำหนักเมล็ดและปริมาณโปรตีนในเมล็ด (ภาคผนวก)

สถานที่ดำเนินการวิจัย

1. ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์ ไมเดกุล ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้
2. โรงเรือนกระจาด ศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพ มหาวิทยาลัยแม่โจ้

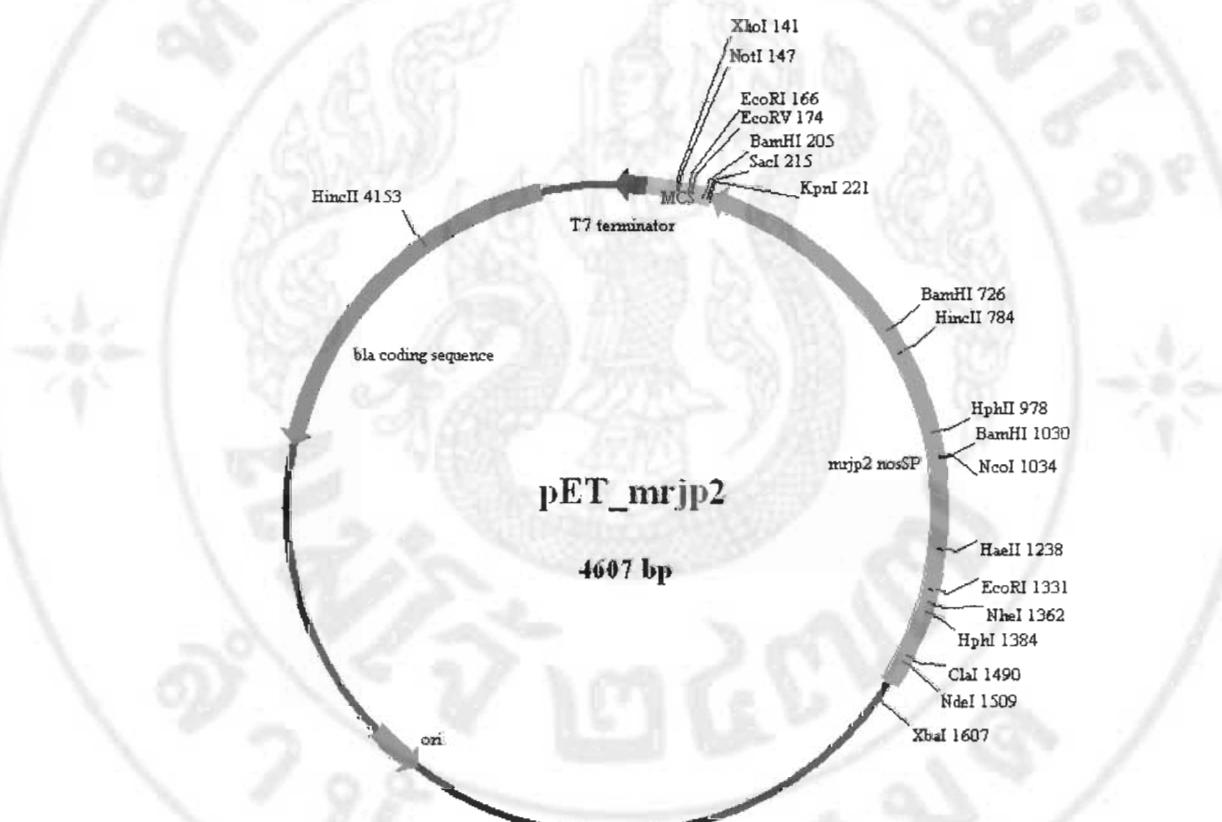
ระยะเวลาดำเนินการวิจัย

11 ตุลาคม 2549 – 31 มีนาคม 2551

บทที่ 4

ผลการทดลองและวิจารณ์ผล

การถ่ายยีนโปรตีนนมผึ้ง (major royal jelly protein 2 gene: *mrjp2*; Accession no. AF525777) ซึ่งแยกได้จากผึ้งพวงของไทย (*Apis cerana*) โดยถูกโคลนไว้ที่ตำแหน่ง *KpnI* และ *NheI* ของพลาสมิด pET17b อุปในพลาสมิด pET_mrjp2 (ภาพ 5)



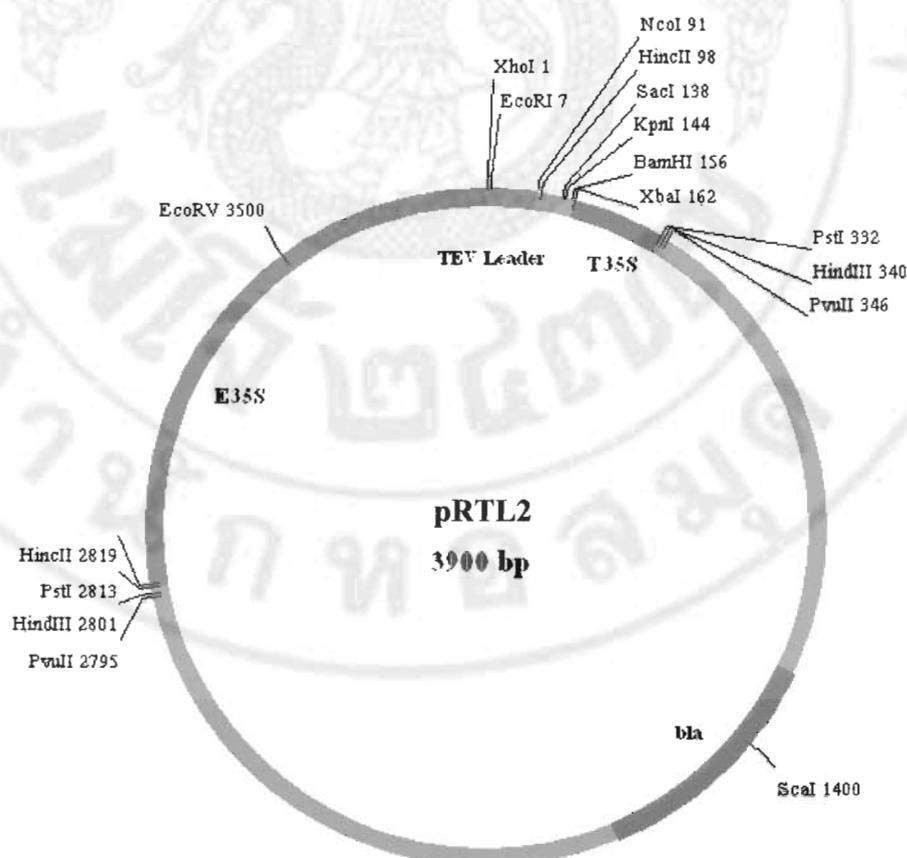
ภาพ 5 แผนที่พลาสมิด pET_mrjp2

ในการทดลองต้องการให้ยีน *mrjp2* มีการแสดงออกภายในกระบวนการควบคุมของโปรตีนเดอร์ 35S dual enhancer และรหัสร์มีเนเดอร์ 35S เพื่อให้มีการแสดงออกอย่างมากตลอดเวลาภายใต้ชุดนี้เยื่อพิชทุกชนิด จึงได้ทำการโคลนเข้าไปยังพลาสมิด pRTL2 เพื่อสร้างชุดของยีน *mrjp2* (cassette of *mrjp2* gene) และโคลนชุดนี้เข้าไปยังพลาสมิดซึ่งใช้สำหรับการถ่ายยีนในข้าวต่อไป

การสร้างชุดปืน *mrjp2* สำหรับใช้ในการถ่ายยีนในข้าว

1. การเตรียมพลาสมิคเวกเตอร์ pRTL2

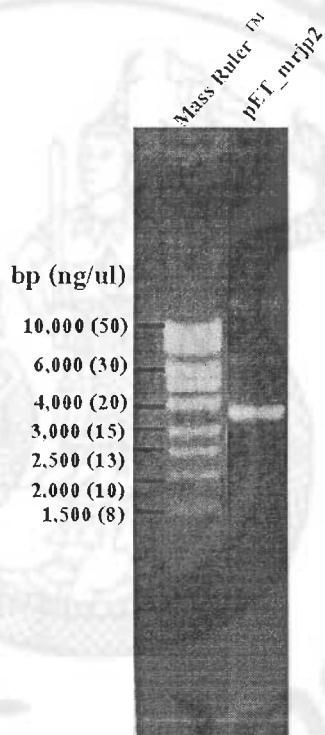
พลาสมิคเวกเตอร์ pRTL2 (ภาพ 6) ซึ่งมี 35S dual enhancer promoter (ได้จาก Cauliflower Mosaic Virus) ทำให้เกิดการแสดงออกอย่างสูงตลอดเวลาในเนื้อเยื่อพืช ซึ่งต่อ กับ TEV leader sequence (ได้จาก Tobacco Etch Virus) ช่วยส่งเสริมการแสดงออกของยีนในระดับสูง (Ofoghi et al., 2005) โดยทำการถ่ายพลาสมิคเวกเตอร์ pRTL2 เข้าไปในเซลล์คอมพ์เทนต์ (competent cell) ของแบคทีเรีย *E. coli*สายพันธุ์ DH5 α ด้วยวิธีการ Chemical Transformation แล้วคัดเลือกโภณที่ได้มาทำการสักด้วยวิธี CTAB จากนั้นทำการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ เพื่อตรวจสอบความถูกต้องของพลาสมิคตามแผนที่พลาสมิค โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ แล้วจึงตัดพลาสมิคเวกเตอร์ pRTL2 ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Nco*I และ *Sac*I เพื่อเตรียมเป็นเวกเตอร์ และทำการแยกบริสุทธิ์ด้วยวิธีการตกตะกอนด้วยเอทานอล (Ethanol precipitation)



ภาพ 6 แผนที่พลาสมิคเวกเตอร์ pRTL2

2. การเตรียมยีน *mrjp2* จากพลาสมิດ pET_mrjp2

การเตรียมยีน *mrjp2* ซึ่งอยู่ในพลาสมิດ pET_mrjp2 โดยทำการถ่ายพลาสมิດ pET_mrjp2 เข้าไปในเซลล์ของแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ด้วยวิธีการ Chemical Transformation และวัดเลือกโภคินที่ได้มาทำการสกัดพลาสมิດด้วยวิธี CTAB และประมาณความเข้มข้นของพลาสมิດด้วยวิธีของการเจลอะลีกโตร โพร์เชส (agarose gel electrophoresis) โดยใช้รูนอะการาส (agarose) เข้มข้นร้อยละ 1 เทียบกับคีเอ็นเอม่าตราชาน MassRuler™ DNA Ladder, High Range (Fermentas, USA) ได้พลาสมิດเข้มข้น 40 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร (ภาพ 7)

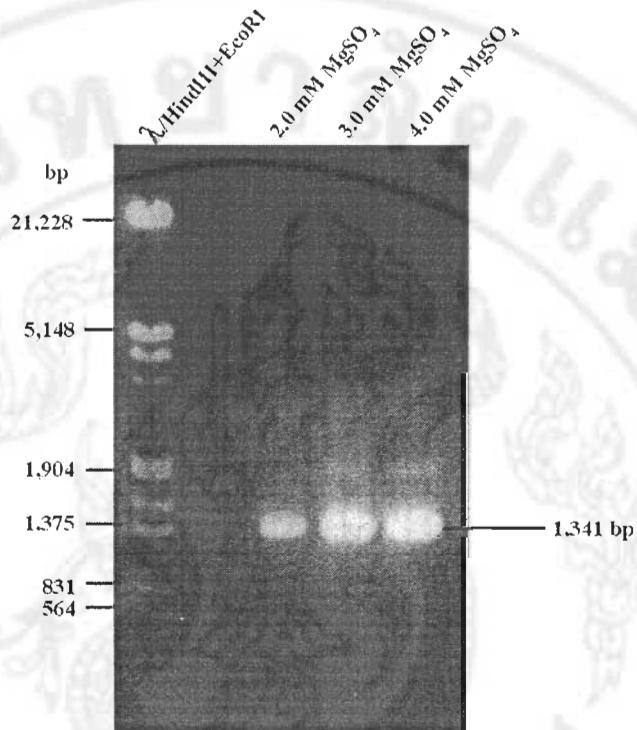


หมายเหตุ: Mass Ruler™ คือ คีเอ็นเอม่าตราชาน MassRuler™ DNA Ladder, High Range
pET_mrjp2 คือ พลาสมิດ pET_mrjp2

ภาพ 7 การประมาณความเข้มข้นของพลาสมิດ pET_mrjp2 เทียบกับคีเอ็นเอม่าตราชาน MassRuler™ DNA Ladder, High Range

ในการเตรียมยีน *mrjp2* ใช้เทคนิคพีซีอาร์ (Polymerase Chain Reaction: PCR) เพื่อเพิ่มปริมาณยีน *mrjp2* โดยใช้ไพร์เมอร์ (primers) F_NcoImrjp2 และ R_SacImrjp2 ซึ่งมีการเพิ่มตำแหน่งของ.en ไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI* บริเวณปลาย 5' และ 3' ของคีเอ็นเอ ตามลำดับ และใช้สารละลายแมกนีเซียมซัลเฟต ($MgSO_4$) เข้มข้น 2, 3 และ 4 มิลลิโมลาร์ ในการเพิ่มปริมาณ

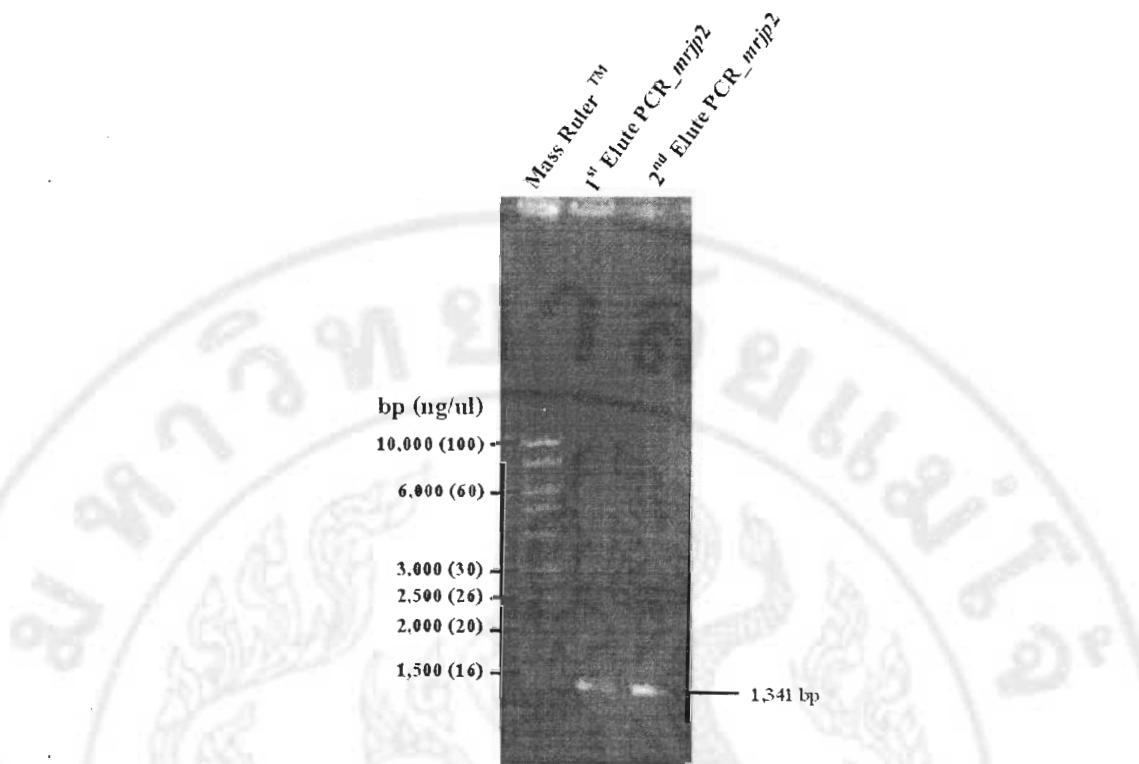
ชิ้นยืน *mrjp2* พ布ว่า ความเข้มข้นของสารละลายแมกนีเซียมซัลเฟตทั้ง 3 ระดับ สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นยืน *mrjp2* ได้ โดยให้ผลผลิตพีซีอาร์ ขนาดประมาณ 1,341 คู่เบส โดยที่ความเข้มข้นของสารละลายแมกนีเซียมซัลเฟต เท่ากับ 2 มิลลิโนมลาร์ มีปริมาณดีเอ็นเอเพิ่มขึ้นมากที่สุด โดยไม่เกิด non-specific product (ภาพ 8)



หมายเหตุ:	λ /HindIII + EcoRI	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
	2.0 mM MgSO ₄	คือ ผลผลิตพีซีอาร์ที่เกิดขึ้นจากการทำพีซีอาร์โดยใช้ MgSO ₄ เข้มข้น 2.0 มิลลิโนมลาร์
	3.0 mM MgSO ₄	คือ ผลผลิตพีซีอาร์ที่เกิดขึ้นจากการทำพีซีอาร์โดยใช้ MgSO ₄ เข้มข้น 3.0 มิลลิโนมลาร์
	4.0 mM MgSO ₄	คือ ผลผลิตพีซีอาร์ที่เกิดขึ้นจากการทำพีซีอาร์โดยใช้ MgSO ₄ เข้มข้น 4.0 มิลลิโนมลาร์

ภาพ 8 การหาปริมาณความเข้มข้นของ MgSO₄ ที่เหมาะสมในการเพิ่มปริมาณยืน *mrjp2* จากพลาสมิค pET_mrjp2 โดยวิธีพีซีอาร์

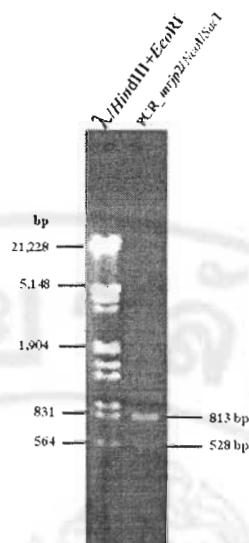
เมื่อทำการเพิ่มปริมาณยืน *mrjp2* ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ และทำการแยกบริสุทธิ์ยืน *mrjp2* โดยใช้ QIAquick PCR purification kit (QIAGEN, USA) ได้ปริมาณดีเอ็นเอเพิ่มขึ้น 350 นาโนกรัมต่อ ไมโครลิตร (ภาพ 9)



หมายเหตุ: Mass RulerTM คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน MassRulerTM DNA Ladder, High Range
 1st Elute PCR_mrjp2 คือ ชิ้นดีเอ็นเอของยีน mrjp2 ซึ่งผ่านการแยกบริสุทธิ์ ครั้งที่ 1
 2nd Elute PCR_mrjp2 คือ ชิ้นดีเอ็นเอของยีน mrjp2 ซึ่งผ่านการแยกบริสุทธิ์ ครั้งที่ 2

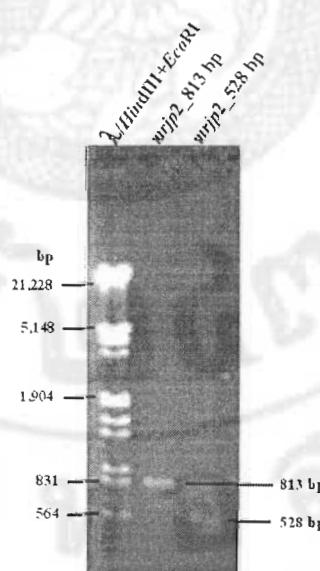
ภาพ 9 ปริมาณดีเอ็นเอของยีน mrjp2 ที่แยกบริสุทธิ์ด้วย QIAquick PCR purification kit

เมื่อตัดผลผลิตพีซีอาร์ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Nco*I และ *Sac*I จะได้ชิ้นยีน *mrjp2* ขนาด 528 และ 813 บีบีเอช (ภาพ 10) เนื่องจากยีน *mrjp2* มีบริเวณตัดจำเพาะของเอนไซม์ *Nco*I ภายในยีน (ภาพ 5) จักนั้นทำการแยกบริสุทธิ์ชิ้นยีน *mrjp2* ทั้ง 2 ชิ้น โดยใช้เทคนิคของการโภสเจลอะลีก์โตร ไฟรีซิส แล้วทำการแยกบริสุทธิ์ด้วย QIAquick gel extraction kit (QIAGEN, USA) เพื่อใช้ในการโคลนเข้าสู่พลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2 (ภาพ 11)



หมายเหตุ: λ /HindIII + EcoRI กีอิ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
 PCR_mrjp2/NcoI/SacI กีอิ ยีน *mrjp2* (ได้จากการทำพีซีอาร์) ที่ตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI*

ภาพ 10 ผลการตัดยีน *mrjp2* ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI*



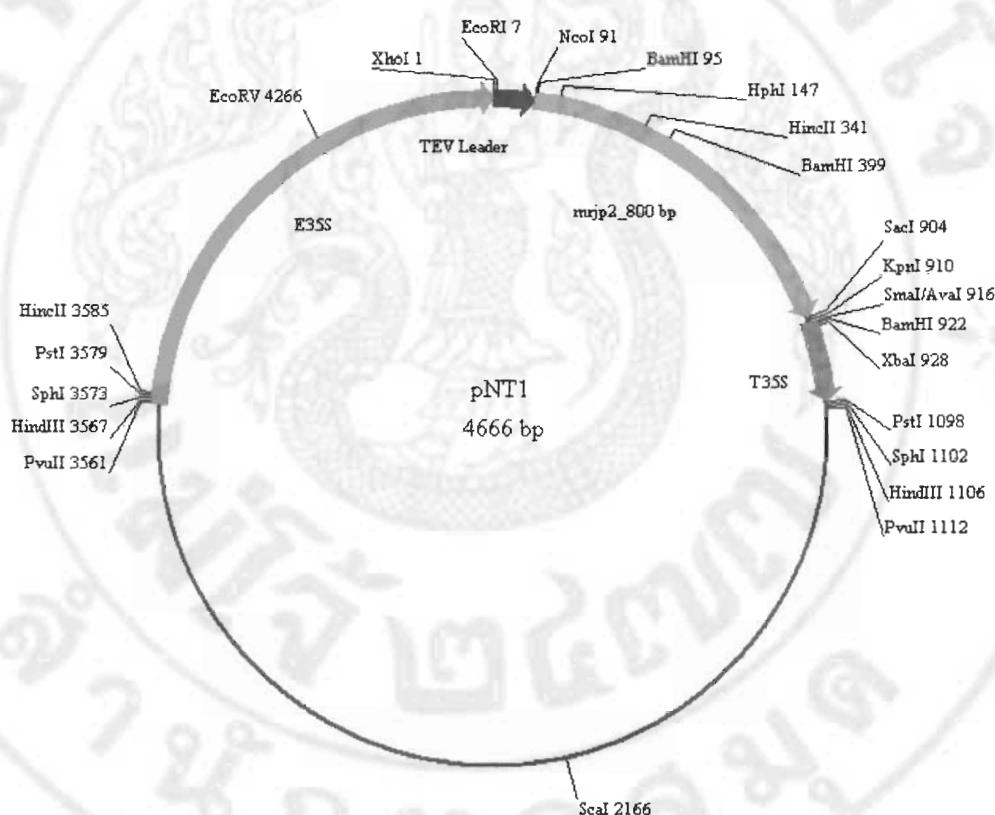
หมายเหตุ: λ /HindIII + EcoRI กีอิ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
*mrjp2*_813 bp กีอิ ชิ้นยีน *mrjp2* ขนาด 813 คู่เบส (ชิ้นที่ 1)
*mrjp2*_528 bp กีอิ ชิ้นยีน *mrjp2* ขนาด 528 คู่เบส (ชิ้นที่ 2)

ภาพ 11 ผลการแยกบริสุทธิ์ดีเอ็นเอของยีน *mrjp2* ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI*
 โดยใช้ QIAquick gel extraction kit

3. การสร้างชุดขึ้น mrjp2

3.1. การสร้างและคัดเลือกพลาสมิด pNT1

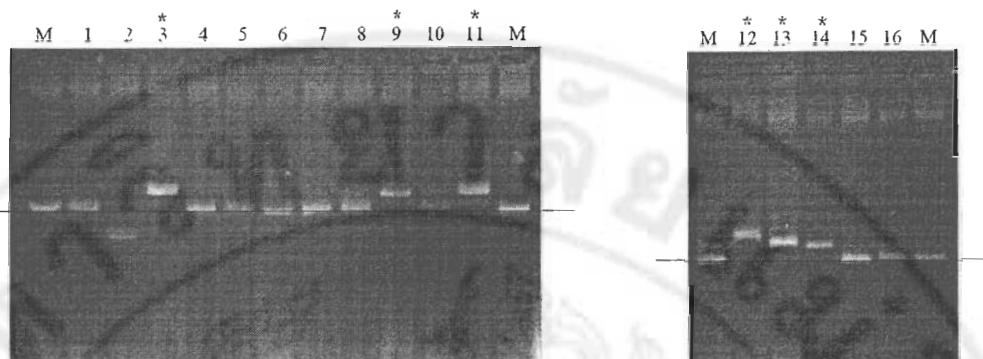
ทำการเชื่อมขั้นขึ้น mrjp2 ขนาด 813 คู่เบส ซึ่งมีปลายที่ตัดด้วยendonuclease *Nco*I และ *Sac*I เข้ากับพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2 ซึ่งตัดด้วยendonuclease *Nco*I และ *Sac*I เช่นเดียวกัน โดยใช้endonuclease T4 Ligase (NEB, USA) ที่อุณหภูมิ 16 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16 ชั่วโมง ซึ่งจะได้เป็นพลาสมิด pNT1 (ภาพ 12) แล้วทำการถ่ายเข้าสู่เชลล์แบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α และเพาะเลี้ยงบนอาหารแข็งสูตร LB ที่มียาปฏิชีวนะแอมพิชิลิน ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16 - 20 ชั่วโมง



ภาพ 12 แผนที่พลาสมิด pNT1

หลังการถ่ายฝากรพลาสมิด pNT1 พบร่วมกับโภคินีของแบคทีเรีย *E. coli* ซึ่งคาดว่าได้รับพลาสมิด pNT1 จำนวน 16 โภคินี จึงทำการคัดเลือกโภคินีหรือโคลนที่ได้รับพลาสมิดด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการเปรียบเทียบขนาดกับพลาสมิดจากโคลนแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ซึ่งมีพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2 พบร่วมกับโภคินีของแบคทีเรีย *E. coli* ที่คาดว่า

ได้รับพลาสมิด pNT1 ซึ่งมีขนาดใหญ่กว่าพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2 เดิม จำนวน 6 โคลน ได้แก่ โคลนที่ 3, 9, 11, 12, 13 และ 14 (ภาพ 13)



หมายเหตุ: M คือ โคลนของแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2
1 – 16 คือ โคลนของแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2
โคลนที่ 1 – 16

ภาพ 13 การคัดเลือกโคลนเนื้อแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่คาดว่าได้รับพลาสมิด pNT1 ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการเปรียบเทียบขนาดกับพลาสมิดจากโคลนแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2

ทำการตรวจสอบโคลนของแบคทีเรีย *E. coli* ที่คัดเลือกได้ โดยการสกัดพลาสมิดแล้วตรวจสอบโดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ โดยเลือกชนิดของเอนไซม์ตัดจำเพาะตามแผนที่พลาสมิด pNT1 (ภาพ 12) ในการทดลองได้เลือกตรวจสอบโดยการตัดด้วยเอนไซม์จำนวน 3 ปฏิกิริยา ได้แก่

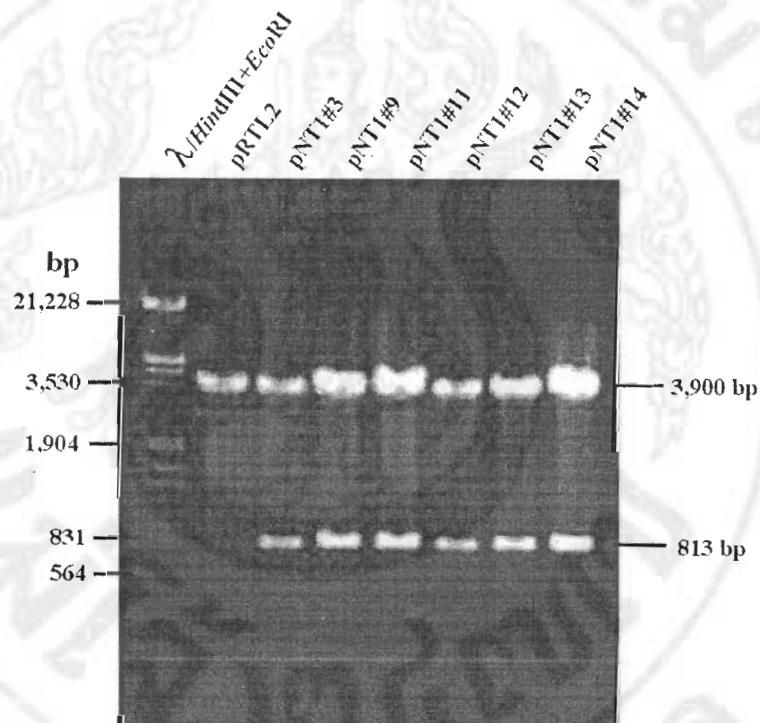
3.1.1. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Nco*I และ *Sac*I คาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 813 คู่เบส (ยืน *mrjp2* ขนาด 813 คู่เบส) และดีเอ็นเอขนาด 3,900 คู่เบส (พลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2)

3.1.2. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bam*H I คาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 304, 518 และ 3,744 คู่เบส

3.1.3. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Eco*RI และ *Sac*I คาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 891 คู่เบส (ส่วนของยืน *mrjp2*) และดีเอ็นเอขนาด 3,769 คู่เบส (ส่วนของพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2)

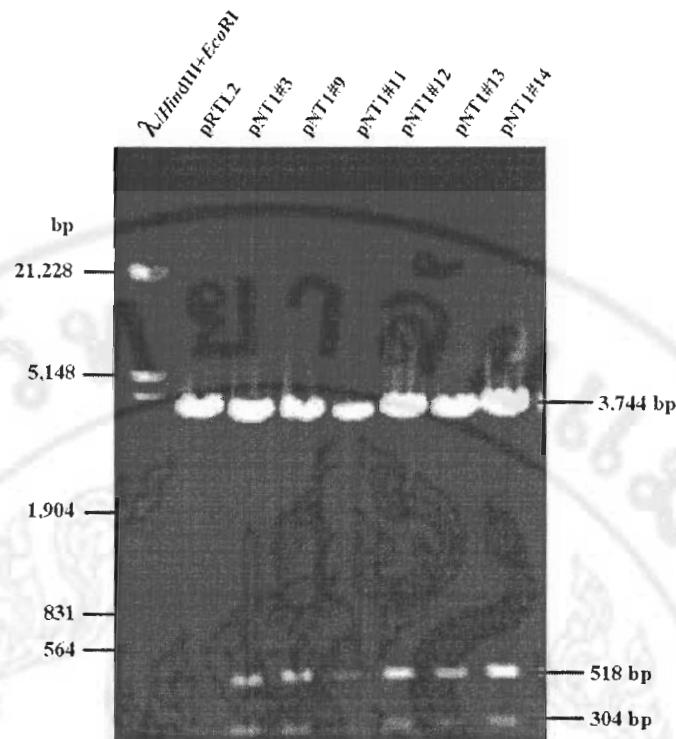
จากการตรวจสอบพลาสมิดจากโคลนของแบคทีเรีย *E. coli* จำนวน 6 โคลนที่ได้แล้วแยกขนาดดีเอ็นเอด้วยเทคนิคของการโรสเจลオリエ็กตรโฟเรซิส โดยใช้วัสดุของการโรส เข้มข้นร้อยละ 1

พบว่า พลาสมิค pNT1 ทั้ง 6 โคลน เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI* ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 813 และ 3,900 คู่เบส (ภาพ 14) เมื่อตัดพลาสมิคด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BamHI* พบชิ้นดีเอ็นเอขนาด 304, 518 และ 3,744 คู่เบส (ภาพ 15) และเมื่อตัดพลาสมิคด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *EcoRI* และ *SacI* ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 891 และ 3,769 คู่เบส (ภาพ 16) แสดงว่า พลาสมิค pNT1 ที่สกัดได้จากทั้ง 6 โคลน มีขนาดของชิ้น DNA ตามที่คาดไว้ ในขณะที่พลาสมิคเวกเตอร์ pRTL2 ไม่พบชิ้นดีเอ็นเอดังกล่าว แสดงว่า โคลนทั้ง 6 โคลน ได้แก่ โคลนที่ 3, 9, 11, 12, 13 และ 14 ได้รับชิ้นยืน *mrjp2* ขนาด 813 คู่เบส ดังนั้นจึงสามารถใช้พลาสมิคลูกผสม pNT1 ในการทดลองต่อไป



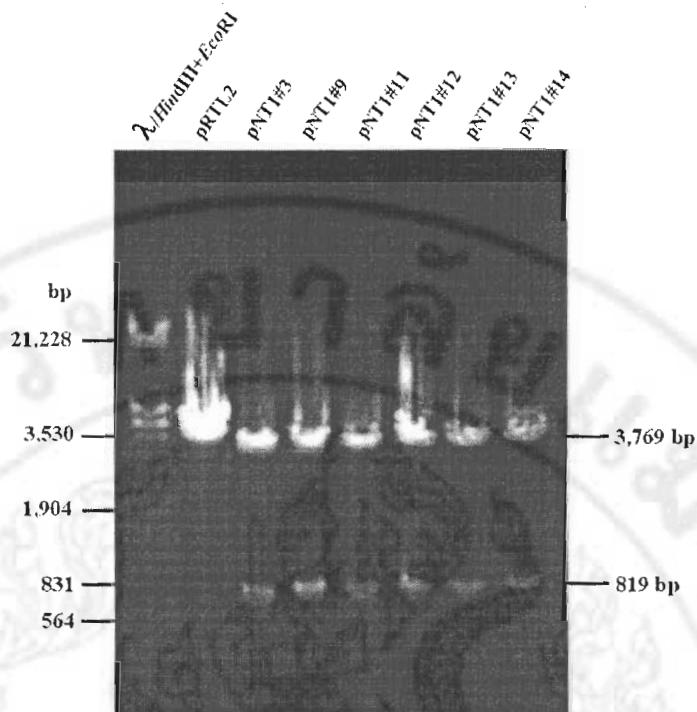
หมายเหตุ:	λ /HindIII + EcoRI	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
	pRTL2	คือ พลาสมิค pRTL2
	pNT1#3 - 14	คือ พลาสมิค pNT1 ที่ได้จากโคลนที่ 3 - 14

ภาพ 14 การตรวจสอบพลาสมิค pNT1 ที่สกัดได้จากทั้ง 6 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI* เปรียบเทียบกับพลาสมิค pRTL2



หมายเหตุ:	λ /HindIII + EcoRI	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
	pRTL2	คือ พลasmid pRTL2
	pNT1#3 - 14	คือ พลasmid pNT1 ที่ได้จากโคลนที่ 3 - 14

ภาพ 15 การตรวจสอบพลาสมิด pNT1 ที่สกัดได้จากทั้ง 6 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bam*HI

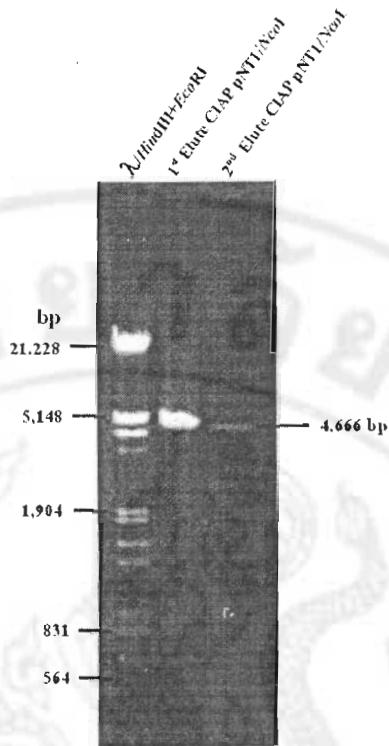


หมายเหตุ:	λ /HindIII + EcoRI	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
	pRTL2	คือ พลasmid pRTL2
	pNT1#3 - 14	คือ พลasmid pNT1 ที่ได้จากโคลนที่ 3 – 14

ภาพ 16 การตรวจสอบพลาสมิด pNT1 ที่สกัดได้จากทั้ง 6 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ EcoRI และ SacI

3.2. การสร้างและคัดเลือกพลาสมิด pNT2

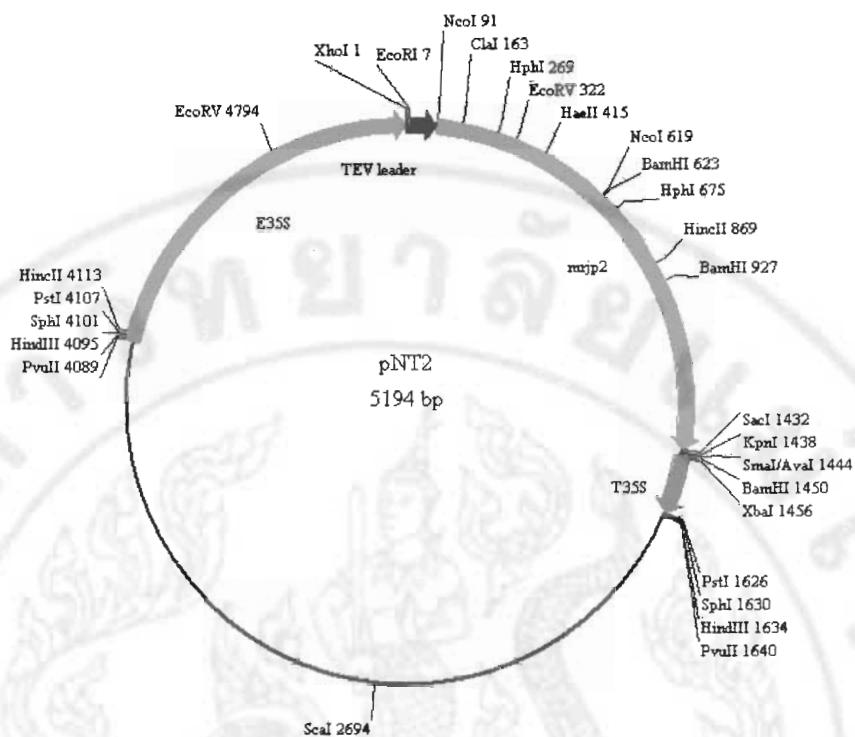
เพื่อสร้างพลาสมิดที่มีชิ้นยืน *mrjp2* ที่สมบูรณ์ จะต้องทำการเชื่อมชิ้นส่วนของยืน *mrjp2* ขนาด 528 กะเบสเข้ากับพลาสมิดเวกเตอร์ pNT1 ซึ่งมีชิ้นส่วนยืน *mrjp2* ส่วนแรกขนาด 813 กะเบส จึงได้ทำการตัดพลาสมิดเวกเตอร์ pNT1 ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และวิธีดึงหนู่ฟอสเฟตที่ปลาย 5' ของชิ้นดีเอ็นเอออกด้วยเอนไซม์ Calf Intestinal Alkaline Phosphatase (CIAP; NEB, USA) ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส นาน 90 นาที เพื่อลดปัญหาซึ่งอาจเกิดจากพลาสมิดเวกเตอร์สามารถกลับมาเชื่อมกันเป็นพลาสมิด pNT1 ได้อย่างเดิม แล้วทำการแยกบริสุทธิ์ด้วย PCR purification kit (QIAGEN, USA) ได้ปริมาณเอ็นเอ เก็บขั้น 220.56 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร (ภาพ 17)



- หมายเหตุ: λ /HindIII + EcoRI คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยendonuclease HindIII และ EcoRI
 1^{st} Elute CIAP pNT1/NcoI คือ พลาสมิค pNT1 ที่ตัดด้วยendonuclease ทั้ง HindIII และ NcoI แล้วดึงหนู่ฟอสเฟตที่ปลายออกซึ่งผ่านการแยกบริสุทธิ์แล้วจะออกจากคลัมน์ ครั้งที่ 1
 2^{nd} Elute CIAP pNT1/NcoI คือ พลาสมิค pNT1 ที่ตัดด้วยendonuclease ทั้ง HindIII และ NcoI แล้วดึงหนู่ฟอสเฟตที่ปลายออกซึ่งผ่านการแยกบริสุทธิ์แล้วจะออกจากคลัมน์ ครั้งที่ 2

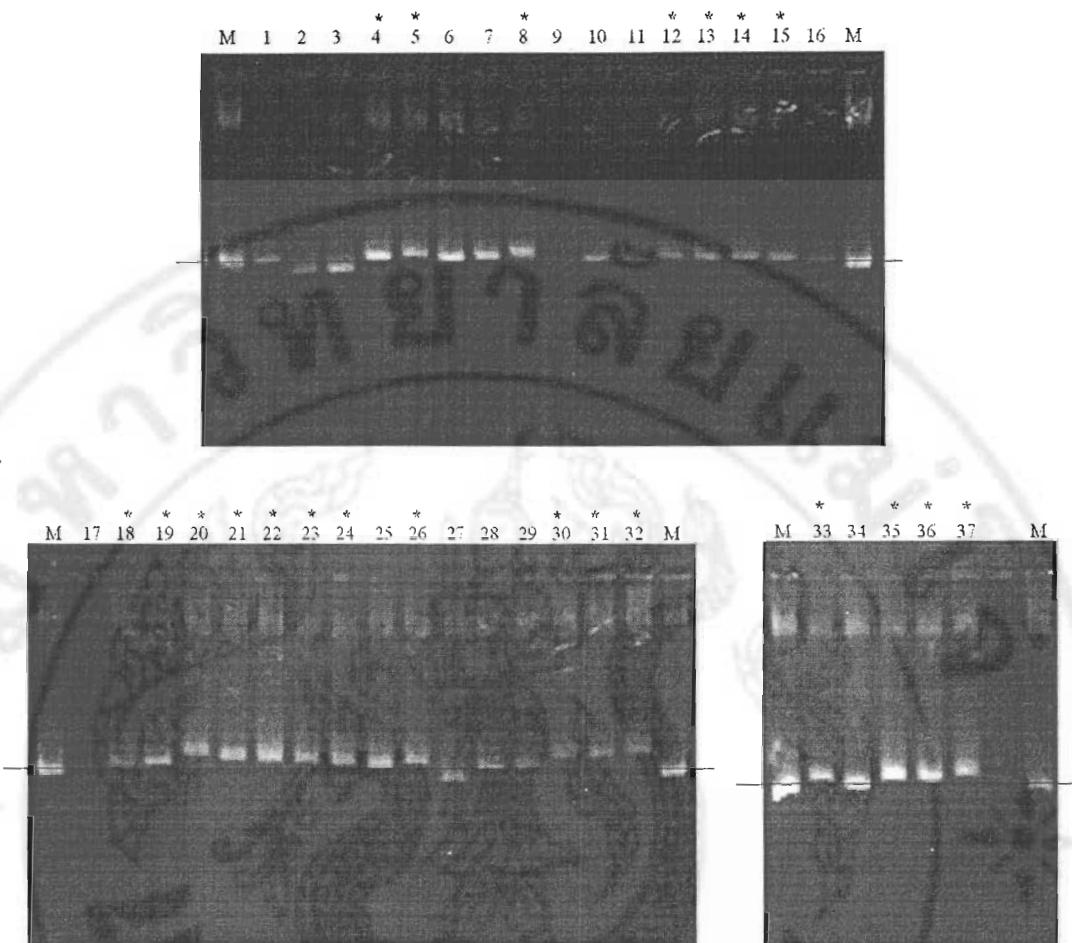
ภาพ 17 การตรวจสอบพลาสมิค pNT1 ซึ่งตัดด้วยendonuclease ทั้ง HindIII และ NcoI แล้วดึงหนู่ฟอสเฟตออกด้วยendonuclease Calf Intestinal Alkaline Phosphatase และผ่านการทำให้บริสุทธิ์โดยใช้ PCR purification kit

จากนั้นทำการเชื่อมชิ้นยืน *mijp2* ขนาด 528 คูเบต (ภาพ 11) ซึ่งมีปลายที่ตัดด้วยendonuclease NcoI เข้ากับพลาสมิคเวกเตอร์ pNT1 ที่เตรียมไว้ด้วยendonuclease T4 Ligase (NEB, USA) ที่อุณหภูมิ 16 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16 ชั่วโมง ซึ่งจะได้เป็นพลาสมิค pNT2 (ภาพ 18) แล้วทำการถ่ายเข้าสู่เซลล์แบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α และเพาะเลี้ยงบนอาหารเจ็งสูตร LB ที่มียาปฎิชีวนะแอมพิซิลิน ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 16 - 20 ชั่วโมง



ภาพ 18 แผนที่พลาสติก pNT2

หลังการถ่ายฝากรพลาสติก pNT2 พบร่วมกับโภคภัยในช่องแบคทีเรีย *E. coli* ซึ่งคาดว่าได้รับพลาสติก pNT2 จำนวน 45 โภคภัย ซึ่งทำการคัดเลือกโภคภัยหรือโภคณที่ได้รับพลาสติก ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการเปรียบเทียบขนาดพลาสติกจากโภคณแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ซึ่งมีพลาสติกเดอร์ pNT1 พบร่วมกับโภคณของแบคทีเรีย *E. coli* ที่คาดว่าได้รับพลาสติก pNT2 จำนวน 23 โภคณ ได้แก่ โภคณที่ 5, 8, 10, 12, 13, 14, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 30, 31, 33, 35, 36 และ 37 (ภาพ 19)



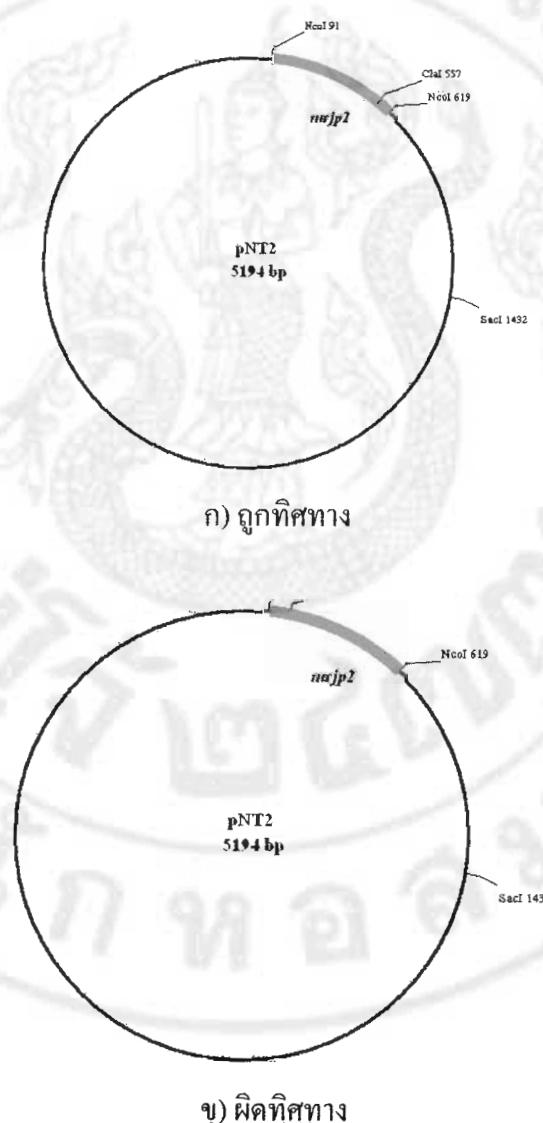
หมายเหตุ: M กือ โคลนของแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิด pNT1
1 – 37 กือ โคลนของแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิด pNT2 โคลนที่ 1 – 37

ภาพ 19 การคัดเลือกโคลนีแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่คาดว่าได้รับพลาสมิด pNT2 ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการเปรียบเทียบขนาดกับพลาสมิดจากโคลนแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิด pNT1

ทำการตรวจสอบความถูกต้องของพลาสมิด pNT2 ที่ได้เนื่องจากการใช้อ่อนไชม์ตัดจำเพาะเพียงอ่อนไชม์เดียว ในการเชื่อมชิ้นดีเอ็นเอ ทำให้มีโอกาสที่ยังจะเข้าเชื่อมกับพลาสมิดเวกเตอร์ได้ 2 แบบ (ภาพ 20) โดยการสกัดพลาสมิดแล้วตรวจสอบโดยการตัดด้วยอ่อนไชม์ตัดจำเพาะ โดยเลือกชนิดของอ่อนไชม์ตัดจำเพาะตามแผนที่ของพลาสมิด pNT2 (ภาพ 18) จากการทดลองได้เลือกตรวจสอบด้วยการตัดด้วยอ่อนไชม์จำนวน 2 ปฏิกิริยา ได้แก่

3.2.1. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดขาเพาะ *NcoI* เพื่อตรวจสอบการได้รับยีน โดยคาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 528 คู่เบส (ยีน *mrjp2* ขนาด 528 คู่เบส) และชิ้นดีเอ็นเอขนาด 4,666 คู่เบส (พลาสมิค *pNT1*)

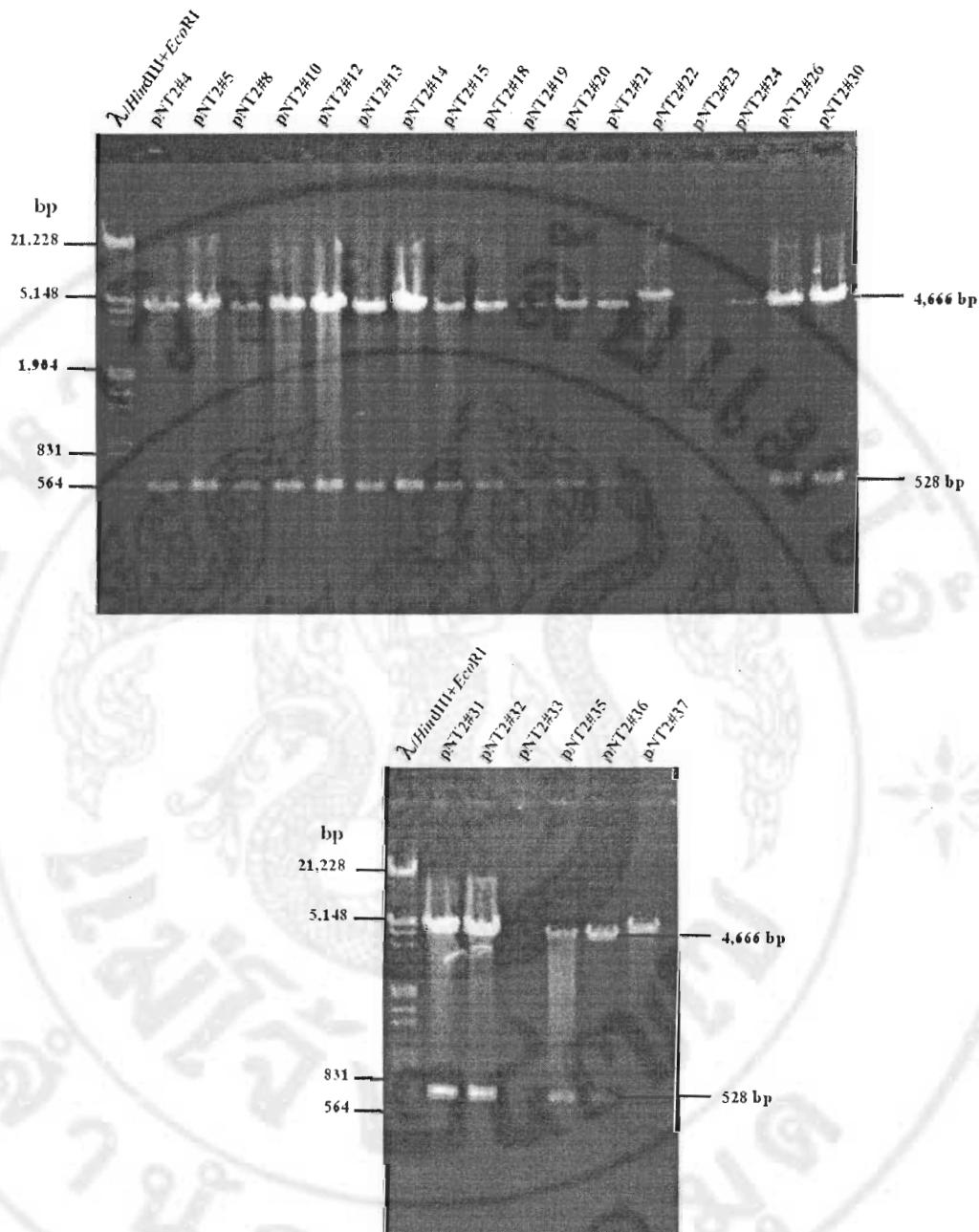
3.2.2. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดขาเพาะ *ClaI* และ *SacI* เพื่อตรวจสอบทิศทางการเข้าเชื่อมกันของยีน ซึ่งหากได้รับยีนถูกทิศทางจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 1,269 และ 3,925 คู่เบส แต่หากได้รับยีนผิดทิศทาง จะได้ดีเอ็นเอขนาด 885 และ 4,309 คู่เบส (ภาพ 20)



ภาพ 20 การเข้าเชื่อมกันของยีน *mrjp2* ขนาด 528 คู่เบส ในพลาสมิค *pNT2*

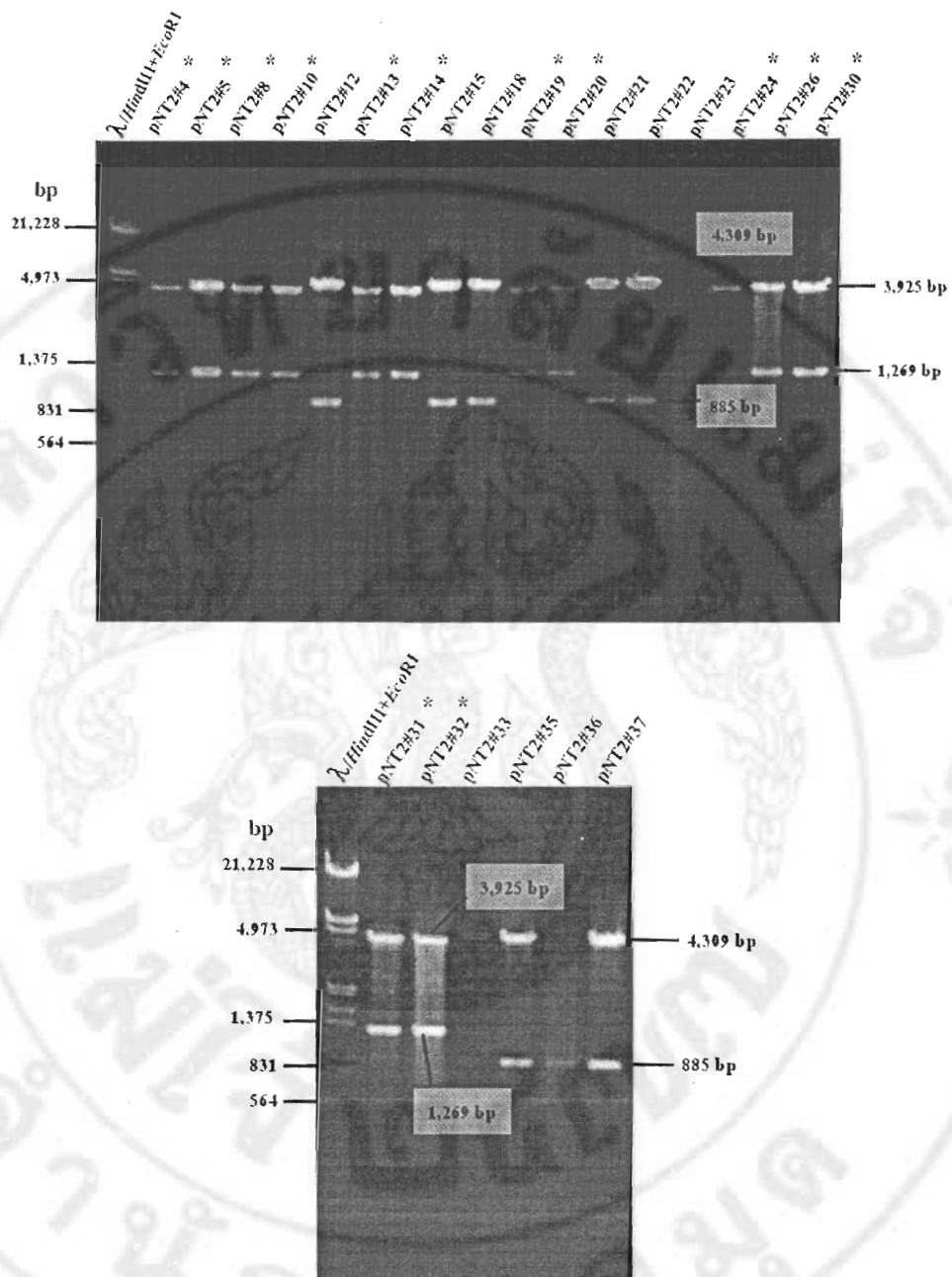
- ก) พลาสมิค *pNT2* ซึ่งมียีน *mrjp2* เข้าแทรกถูกทิศทาง
- ข) พลาสมิค *pNT2* ซึ่งมียีน *mrjp2* เข้าแทรกผิดทิศทาง

จากการตรวจสอบพลาสมิด pNT2 จำนวน 23 โคลน ที่คัดเลือกได้ด้วยเทคนิคของการอสเจลวิเล็กโตร โพร์ซิส โดยใช้วัสดุของกาโรส เข้มข้นร้อยละ 1 พบร์ว่า พลาสมิด pNT2 โคลนที่ 4, 5, 8, 10, 12, 13, 14, 18, 19, 20, 21, 23, 24, 26, 30, 31, 35 และ 36 หลังตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 528 คู่เบส ดังที่คาดไว้ (ภาพ 21) จากนั้นตรวจสอบความถูกต้องในการเชื่อมชิ้นดีเอ็นด้วยการตัดพลาสมิด pNT2 ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *ClaI* และ *SacI* พบว่า มีพลาสมิดจำนวน 13 โคลน ได้แก่ โคลนที่ 4, 5, 8, 10, 13, 14, 19, 20, 24, 26, 30, 31 และ 32 ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 1,269 และ 3,925 คู่เบส ซึ่งตรงตามที่คาดไว้เมื่อชิ้นยืน *mrjp2* ขนาด 528 คู่เบส เข้าเชื่อมกับพลาสมิดเวกเตอร์ pNT1 ได้อย่างถูกต้อง ในขณะที่พลาสมิดจำนวน 7 โคลน ได้แก่ โคลนที่ 12, 15, 18, 21, 23, 35 และ 36 ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 885 และ 4,309 คู่เบส ซึ่งไม่ถูกต้องตามที่คาดไว้ (ภาพ 22)



หมายเหตุ: λ /HindIII + EcoRI คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
 pRTL2 คือ พลasmid pRTL2
 pNT1#3 - 14 คือ พลasmid pNT1 ที่ได้จากโคลนที่ 3 – 14

ภาพ 21 การตรวจสอบพลาสมิด pNT2 ที่สกัดได้จากทั้ง 23 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัด
จิ้งเพาะ *Nco*I



หมายเหตุ: $\lambda/HindIII + EcoRI$ คือ คีอีเนอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ $HindIII$ และ $EcoRI$
 pRTL2 คือ พลasmid pRTL2
 pNT1#3 - 14 คือ พลasmid pNT1 ที่ได้จากโคลนที่ 3 – 14

ภาพ 22 การตรวจสอบพลาสมิด pNT2 ที่สกัดได้จากห้อง 23 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัด
จำเพาะ $Clal$ และ $SacI$

4. การตรวจสอบยืนยัน *mrjp2* ในพลาสมิด pNT2

การโคลนยืนยัน *mrjp2* เข้าไปในพลาสมิดเวกเตอร์ pRTL2 โดยจะได้ชุดยืนยันประกอบด้วย 35S dual enhancer promoter, TEV leader, ยีน *mrjp2* และ 35S terminator ได้มีการเพิ่มปริมาณยืนยัน *mrjp2* ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยให้มีบริเวณของ.enon ไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI* ที่ปลาย 5' และ 3' ตามลำดับ นอกจากนี้ด้านปลาย 5' ของยีน *mrjp2* ยังมีลำดับเบสของ Histidine tag (6X His – tag) ซึ่งใช้ในการตรวจสอบทางชีวโมเลกุลและการทำให้บริสุทธิ์ เพื่อให้ยีน *mrjp2* มีลำดับเบส และเกิดการแสดงออกอย่างถูกต้อง จึงต้องทำการตรวจสอบความถูกต้องของลำดับดีเอ็นเอ (sequence) ด้วยวิธีการหาลำดับเบส (DNA sequencing) โดยใช้ไฟร์เมอร์ F1_mrjp2, F_mrjp2, R_mrjp2, mrjp2Seq5' และ mrjp2Seq3' โดยหน่วยบริการชีวภาพ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) และสร้าง contig ของยีน *mrjp2* ในพลาสมิด pNT2 ที่หาลำดับเบสได้ด้วยโปรแกรม BioEdit เพื่อทำการวิเคราะห์ลำดับเบส และแปลงรหัสเป็นลำดับกรดอะมิโน เปรียบเทียบกับยีน *mrjp2* ซึ่งมีฐานข้อมูลใน GeneBank ด้วยโปรแกรม ClustalX

จากการวิเคราะห์ลำดับเบสแล้ว พบร่วมกันว่า Contig ของยีน *mrjp2* (ภาพ 23) มีบริเวณจุดจำข่อง enon ไซม์ตัดจำเพาะ (Restriction site) *NcoI* และ *SacI* อยู่ที่ปลายด้าน 5' และ 3' ที่ตำแหน่ง 339 และ 1,732 ตามลำดับ นอกจากนี้ยังมีบริเวณ Histidine tag (6X His – tag) ที่ตำแหน่ง 351 โดยที่มีบริเวณในการเริ่มแปลงรหัส (Start codon: ATG) และบริเวณหยุดการแปลงรหัส (Stop codon: TAG) ที่ตำแหน่ง 342 และ 1,708 ตามลำดับ เมื่อทำการเปรียบเทียบลำดับเบสกับยีน *mrjp2* ซึ่งอยู่ในฐานข้อมูล GeneBank พบร่วมกันว่า Contig ของยีน *mrjp2* มีลำดับเบสแตกต่างกับยีน *mrjp2* ในฐานข้อมูล ที่ตำแหน่ง 438 และ 492 (ภาพ 24) ซึ่งมีความเหมือนกับยีน *mrjp2* ที่อยู่ในพลาสมิด pET_mrjp2 เมื่อแปลงรหัส Contig ของยีน *mrjp2* เป็นกรดอะมิโนแล้ว ทำการเปรียบเทียบกับกรดอะมิโนของยีน *mrjp2* ในฐานข้อมูล GeneBank พบร่วมกันว่า มีลำดับกรดอะมิโนตรงกันทั้งหมด (ภาพ 25)

1 ATGCCTCTGC CGCAGTGGTC CCAAAGATGG ACCCCCACCC ACGAGGAGCA
 51 TCGTGGAAAA AGAAGACGTT CCAACCACGT CTTCAAAGCA AGTGGATTGA
 101 TGTGATATCT CCACTGACGT AAGGGATGAC GCACAATCCC ACTATCCTTC
 151 GCAAGACCCCT TCCTCTATAT AAGGGAAGTT CATTTCATTT GGAGAGGACC
 201 TCGAGAATTTC TCAACACAAAC ATATAACAAA CAAACGAATC TCAAGCAATC
 251 AAGCATCTA CTTCTATTGC AGCAATTAA ATCATTCTT TTAAAGCAAA
 301 AGCAATTTC TGAAAATTTC CACCATTAC GAACGATAG **CATGG** CTAGC
 351 **CATCATCATC** **ATCATCATC** CATTATTGCA CAAAATTCTG CAAAAAAACTT
 401 GGAAAATTGCG TTGAAACGTA TTCACGAATG GAAATATATC GATTATGATT
 451 TCGGTAGCGA AGAAAAGAAGA CAAGCTGCGA TTCAATCTGG CGAATACGAT
 501 CATACGAAAA ATTATCCCTT CGATGTCGAT CAATGGCATG ATAAGTACTT
 551 TTGTCCACAT **ACTAAAGTAC** GATGGTGTGC **CTTCACTTT** GAACATGATA
 601 TCTAACAAAA TCGGTAAGGG TGGACGCCCT CTACAACCAT ATCCTGATG
 651 GTCGTGGCGA GAGAATAAAAG ATTGCTCTGG ATTCGTGAGC GCTTCAAAA
 701 TTGCGATTGA CAAATTGAC AGATTGTTGG TTTTGGATTG AGGTCTTATC
 751 AATAGAACTG AACCTATATG TGCTCCAAA TTGCGATGTCT TTGATCTGAA
 801 AAACACAAAG CACCTTAAGC AAATCGAAAT ACCACATGAT ATTGCCGTAA
 851 ATGCCACAC AGGAAAGGGG GGGCTAGTCT CTCTAGTTGT TCAAG **GAGCTC**
 901 **CATCCTATGA** ATACTTTAGT ATACATAGCA GACCATAAGG GTGATGCTTT
 951 GATCGTCTAT CAAAATTCCG ATGATTCTT CCATCGAATG ACTTCCAACA
 1001 CTTTCGATTA CGATCCCAGA TATGCCAAA TGACGATCAA TGGAGAAAGT
 1051 TTCACATTGA AAAATGGAAT TTGTGGAATG GCTCTTAGTC CCGTGACGAA
 1101 CAATCTTAT TACAGTCCTC TCGCTCTCA CGGTTGTAT TATGTCAACA
 1151 CGGAACCAATT TATGAAATCA CAATTGAG ACAATAATAA CGTGCAATAT
 1201 GAAGGATCCC AAGATACTTT GAACACGCAA TCATTGGCTA AAGCAGTATC
 1251 GAAAGATGGC GTCCTCTTCG TCGGACTTGT GGGTAATTCA GCTCTGGAT
 1301 GCTTGAACGA GCATCAACCA CTTCAGAGAG AAAATTAGA ACTGGTCGCC
 1351 CAAAATGAAA AAACACTTCA AATGATCGCA GGTATGAAAA TTAAGGAAGA
 1401 GCTTCCACAT TTCGTAGGAA GTAACAAACC TGAAAGGAC GAATATATGT
 1451 TAGTTTAAG TAACAAAATG CAGAAAATAG TAAATAATGA TTTTAATTTC
 1501 AACGACGTA ACTTCCGAAT TTTGGTGC AATGTAAGG AATTAATGAG
 1551 AAATACTCAT TGCACAAATT TTAACAATAA AAATAATCAG AAGAATAACA
 1601 ATCAGAAGAA TAAACAATCAG AACAATAACA ATCAGAAGAA TAAACAATCAG
 1651 AAAAATAACA ATCAGAAGAA TAACAATCAG AAGAATAACA ATCAGAATAC
 1701 TAACAATTAG AATGATAATC AATCCGGTAC **GAGCTC** GGT ACCGGGGAT
 1751 CCTCTAGAGT CCGCAAAAT CACCACTCTC TCTCTACAAA TCTATCTCTC
 1801 TCTATTCTT TCCAGAATAA TGTGTGAGTA GTTCCCAGAT AAGGGAAATTA
 1851 GGGTTCTTAT AGGGTTTCGC TCATGTGTTG AGCATATAAG AAACCCCTAG
 1901 TATGTATTG TATTTGTAAA ATACTCTAT CAATAAAATT TCTAATTCT
 1951 AAAACCAAAA TCCAGTGACC TGCAGGTCGA CTCTAGAGGA TCCCCGGGTA
 2001 CCGAGCTCGG NTCGGNNNTC NTGNCNTNGC TGTTCCCTGN GNGAAATTGT
 2051 TNTCCGCTCN C

หมายเหตุ: **CATGG** กือ บริเวณจดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และลำดับที่ปั๊ดเส้นให้ กือ

บริเวณ start codon

CATCATCATCATCATCAT กือ บริเวณ Histidine tag (6x – His tag)

TAG กือ บริเวณ stop codon

GAGCTC กือ บริเวณจดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะ *SacI*

ภาพ 24 ผลการเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน *mrjp2* (Accession no. AF525777) ในฐานข้อมูลของ

GeneBank กับ Contig ของยีน *mrjp2* ในพลาสมิด pNT2

```

MRJP2_amin : * 20 * 40 * 60 * 80
contig_pNT : -----AIIRQNSAKNLESLNVVIHEWKYIDYDFGSEERRQAAIQSGEYDHTKNYPFDVDQWHDKTFVTILKYDGVPSTL : 74
contig_pNT : MASHHHHHHAIIRQNSAKNLESLNVVIHEWKYIDYDFGSEERRQAAIQSGEYDHTKNYPFDVDQWHDKTFVTILKYDGVPSTL : 83
contig_pNT : AIIRQNSAKNLESLNVVIHEWKYIDYDFGSEERRQAAIQSGEYDHTKNYPFDVDQWHDKTFVTILKYDGVPSTL

MRJP2_amin : * 100 * 120 * 140 * 160
contig_pNT : UNMISNKIGKGGRLLQPYFDMSWAENKDCSGIVSAFKIAIDKFDRLLWLDGLINRTEPICAPKLHVFDLKNTHKLQIEIPHD : 157
contig_pNT : UNMISNKIGKGGRLLQPYFDMSWAENKDCSGIVSAFKIAIDKFDRLLWLDGLINRTEPICAPKLHVFDLKNTHKLQIEIPHD : 166
contig_pNT : NMISNKIGKGGRLLQPYFDMSWAENKDCSGIVSAFKIAIDKFDRLLWLDGLINRTEPICAPKLHVFDLKNTHKLQIEIPHD

MRJP2_amin : * 180 * 200 * 220 * 240
contig_pNT : IAVNATTGKGGLVLVQAMDPMTLVYIADHKGDALIVYQNSDDSFHRMTSNTFDYDPRYAKMTINGESFTLKGNGICGHALS : 240
contig_pNT : IAVNATTGKGGLVLVQAMDPMTLVYIADHKGDALIVYQNSDDSFHRMTSNTFDYDPRYAKMTINGESFTLKGNGICGHALS : 249
contig_pNT : IAVNATTGKGGLVLVQAMDPMTLVYIADHKGDALIVYQNSDDSFHRMTSNTFDYDPRYAKMTINGESFTLKGNGICGHALS

MRJP2_amin : * 260 * 280 * 300 * 320 *
contig_pNT : PVTNNNLYYSPFLASHGLYYVNTPEPMKSFQGDNNNVQYESQDTLNTQS LAKAVSKDGVLFVG LVGN SALGCLNEHQPLQRENL : 323
contig_pNT : PVTNNNLYYSPFLASHGLYYVNTPEPMKSFQGDNNNVQYESQDTLNTQS LAKAVSKDGVLFVG LVGN SALGCLNEHQPLQRENL : 332
contig_pNT : PVTNNNLYYSPFLASHGLYYVNTPEPMKSFQGDNNNVQYESQDTLNTQS LAKAVSKDGVLFVG LVGN SALGCLNEHQPLQRENL

MRJP2_amin : * 340 * 360 * 380 * 400 *
contig_pNT : ELVAQNEKTLOMIAGMKIKEELPHFVGSNKPVKDEYMLVLSNMKMQKIVNNDEFNFNDVNFRILGANVKELMRNTHCANFNKNN : 406
contig_pNT : ELVAQNEKTLOMIAGMKIKEELPHFVGSNKPVRDYEYLVLSNMKMQKIVNNDEFNFNDVNFRILGANVKELMRNTHCANFNKNN : 415
contig_pNT : ELVAQNEKTLOMIAGMKIKEELPHFVGSNKPVKDEYMLVLSNMKMQKIVNNDEFNFNDVNFRILGANVKELMRNTHCANFNKNN

MRJP2_amin : * 420 * 440 *
contig_pNT : QKNNNQKNNNQNQQNNQKNNNQKNNNQKNNNQKNNNQKNNNQNTNNNC : 448
contig_pNT : QKNNNQKNNNQNQQNNQKNNNQKNNNQKNNNQKNNNQNTNNNC : 457
contig_pNT : QKNNNQKNNNQNQQNNQKNNNQKNNNQKNNNQKNNNQNTNNNC

```

ກາພ 25 ພລກເປົ້າຢັບເຖິງລຳດັບກຣຄອນໂນໃຈ່ງແປລ່ອຮ້ສມາຈາກເບີນ *mrjp2* (Accession no. AF525777) ໃນສ້າງຂໍ້ມູນຂອງ GeneBank ກັບ Contig ຂອງເບີນ *mrjp2* ໃນພລາສມືດ pNT2 ດ້ວຍ ໂປຣແກຣມ ClustalX

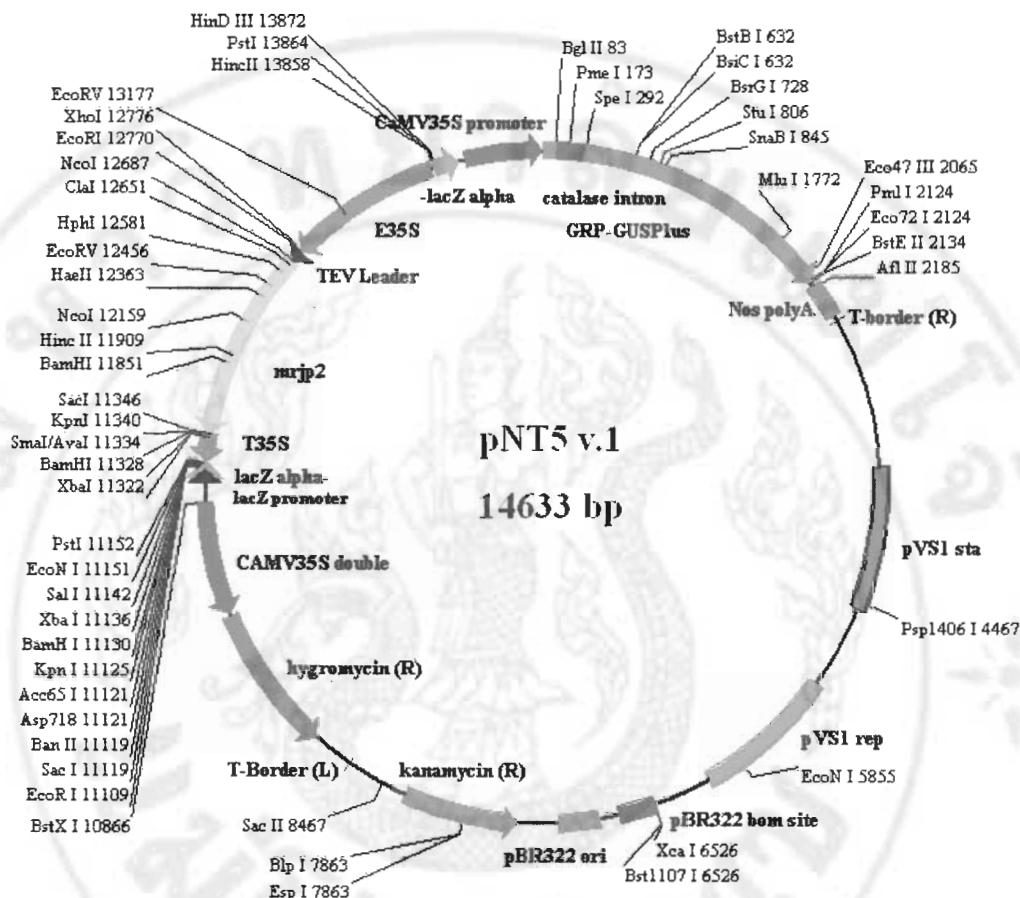
5. การสร้างพลาสมิดเจกเตอร์ที่มีชุดยีน *mrjp2* สำหรับถ่ายยีนในข้าว

หลังจากได้พลาสมิค pNT2 แล้ว จึงได้ทำการแยกเอาชุดยีน *mrjp2* ซึ่งประกอบด้วย 35S double enhancer promoter (ได้จาก Cauliflower Mosaic Virus) ซึ่งต่อ กับ TEV leader sequence ซึ่งมียีน *mrjp2* และ 35S terminator เข้ากับพลาสมิค pBluescript KS II+ ที่ดำเน้นงเอนไซม์ตัดเจ้าเพาะ *PstI* ได้เป็นพลาสมิค pNT4 เพื่อใช้ในการเพิ่มปริมาณชุดยีน เนื่องจากการเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิคพีซีอาร์ทำได้ยาก เพราะผลผลิตพีซีอาร์ที่ต้องการมีขนาดใหญ่ (ประมาณ 2.7 กิโลเบส) และอาจเกิดความผิดพลาดได้ง่าย เมื่อเปรียบเทียบกับการใช้ Cloning vector ที่มีอัตราการเพิ่มจำนวนสูง

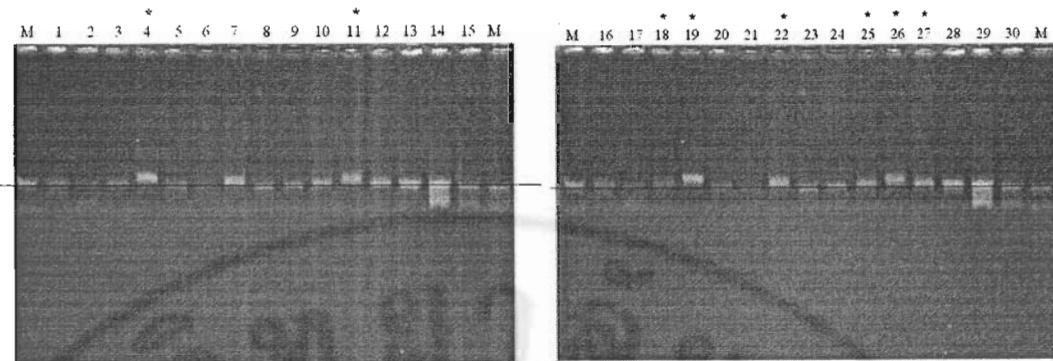
เมื่อทำการสร้างพลาสมิด pNT4 แล้ว จึงทำการเพิ่มปริมาณชุดยีน *mrjp2* โดยการเพิ่มปริมาณพลาสมิดในเซลล์แบคทีเรีย *E. coli* จากนั้นจึงสกัดพลาสมิดแล้วจึงทำการแยกชุดยีน *mrjp2* ด้วยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *PstI* แล้วทำการดึงหมู่ฟอสเฟตออกจากปลาย 5' (phosphorylation) โดยใช้เอนไซม์ Calf intestinal alkaline phosphatase (CIAP; NEB, USA) เพื่อใช้ในการเชื่อมต่อเข้ากับพลาสมิดเวกเตอร์ pCAMBIA 1305.2 (CAMBIA, Australia)

หลังจากนั้นทำการเชื่อมต่อชุดยีน *mrjp2* เข้ากับพลาสมิคเวกเตอร์ *pCAMBIA 1305.2* ที่ตัดคิวเยนไซม์ *PstI* เป็นพลาสมิค *pNT5* (ภาค 26) แล้วถ่ายฝากรเข้าสู่เซลล์แบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ *DH5α* พบว่าได้โคโลนีเกิดขึ้นทั้งหมด 32 โคโลนี จากนั้นทำการคัดเลือกโดยใช้วิธีการคัดเลือก

ตามขนาดของพลาสมิด (Rapid size screening) (ภาพ 27) ซึ่งพบว่ามีโคลนที่ได้รับชุดบิน จำนวน 8 โคลน คือ โคลนที่ 4, 11, 18, 19, 22, 25, 26 และ 27



ภาพ 26 แผนที่พลาสมิด pNT5



หมายเหตุ: M กีอ โคลนของแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิค pCAMBIA 1305.2

1 – 30 กีอ โคลนของแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิค pNTS โคลนที่ 1 – 30

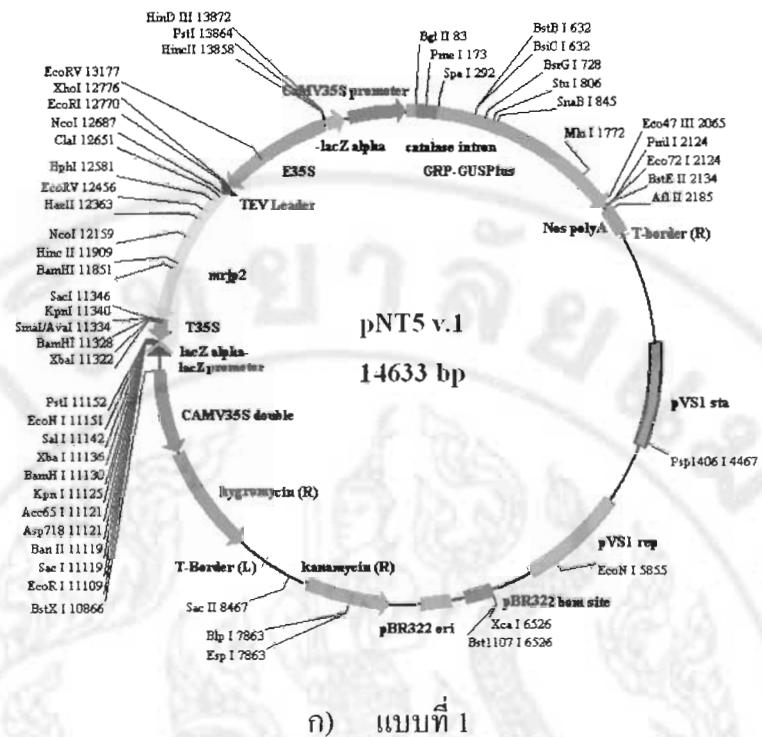
ภาพ 27 การคัดเลือกโคลนีแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่คาดว่าได้รับพลาสมิค pNTS ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการเปรียบเทียบขนาดกับพลาสมิคโคลนแบคทีเรีย *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α ที่มีพลาสมิคเวกเตอร์ pCAMBIA 1305.2

5.1. การคัดเลือกโคลนที่ได้รับชุดยีน

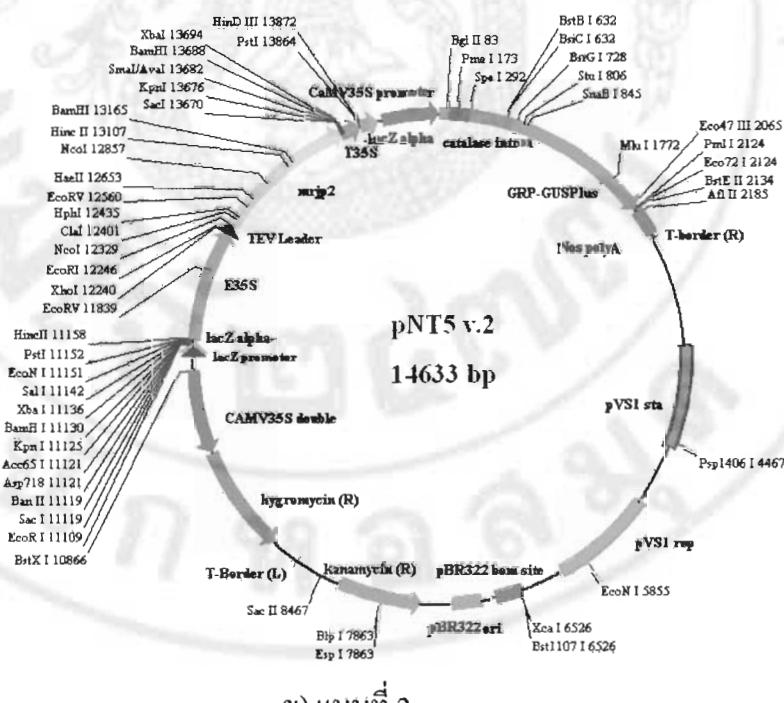
ทำการคัดเลือกโคลนที่ได้รับชุดยีนมาสักพลาสมิคจากทั้ง 8 โคลนที่ได้เพื่อใช้ในการตรวจสอบการเข้าแทรกของชุดยีน *mrjp2* ในพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 โดยทำการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะจำนวน 2 ปฎิกริยา ได้แก่

5.1.1. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Pst*I เพื่อตรวจสอบการได้รับยีน โดยจะได้ชิ้นดีเอ็นเอของชุดยีน *mrjp2* และพลาสมิคเวกเตอร์ pCAMBIA 1305.2 ขนาดประมาณ 2,712 และ 11,921 คู่เบส ตามลำดับ (ภาพ 26)

5.1.2. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Nco*I และ *Sac*I เพื่อตรวจสอบการได้รับยีน และทิศทางการเข้าแทรกของชุดยีน โดยจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาดประมาณ 227, 528, 813 และ 1,946 คู่เบส (ชุดยีน *mrjp2*) และ 11,119 คู่เบส (พลาสมิคเวกเตอร์ pCAMBIA 1305.2) ตามลำดับ เมื่อชุดยีนเข้าแทรกแบบที่ 1 แต่ถ้าชุดยีนเข้าแทรกในแบบที่ 2 จะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด ประมาณ 528, 813, 963 และ 1,210 คู่เบส (ชุดยีน *mrjp2*) และ 11,119 คู่เบส (พลาสมิคเวกเตอร์ pCAMBIA 1305.2) ตามลำดับ (ภาพ 28)



(ii) แบบที่ 1

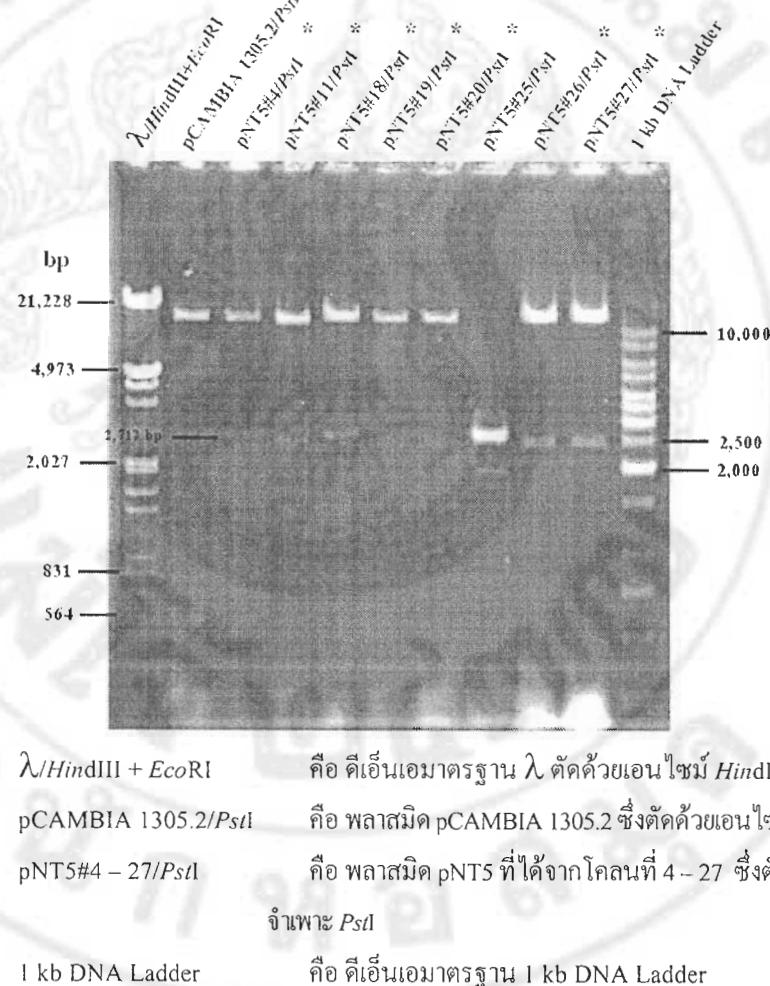


(iii) แบบที่ 2

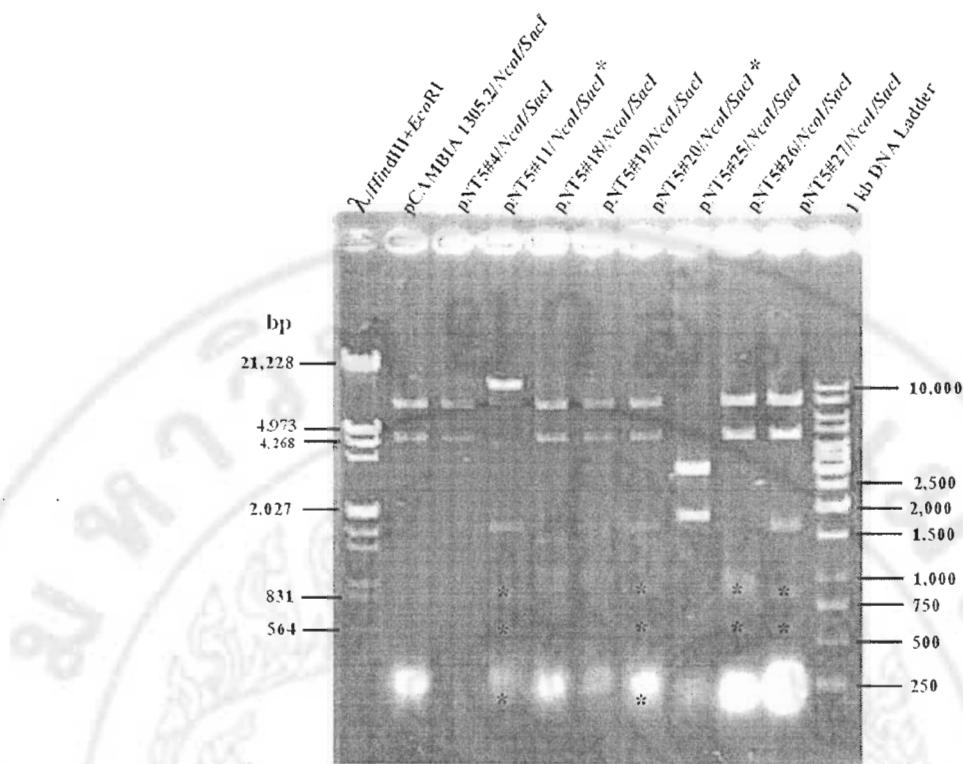
ภาพ 28 แผนที่พลาสติก pNT5 ทั้ง 2 แบบ

- พลาสติก pNT5 แบบที่ 1 (pNT5 V.1) ชุดคีบ *mrjp2* มีทิศทางทวนเข็มนาฬิกา
- พลาสติก pNT5 แบบที่ 2 (pNT5 V.2) ชุดคีบ *mrjp2* มีทิศทางตามเข็มนาฬิกา

จากการตรวจส่วนพลาสมิด pNT5 จากจำนวน 8 โคลน ที่คัดเลือกได้ด้วยเทคนิค Rapid size screening โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *PstI* พบว่า พลาสมิด pNT5 โคลนที่ 4, 11, 18, 19, 20, 26, และ 27 ได้ชิ้นดีເเงินເອົານັດ 2,712 ຜູ້ບັສ ດັ່ງທີ່ຄາດໄວ້ ສ່ວນໂຄລນທີ່ 25 ໄມ່ໄດ້ເອົານັດການທີ່ຄາດໄວ້ (ກາພ 29) ຈາກນັ້ນตรวจສອບຄວາມຄຸກຕ້ອງແລະທິສທາງໃນການເຊື່ອນັ້ນດີເເງື່ອດ້ວຍການຕັດພລາສມິດ pNT5 ດ້ວຍເອນໄໝ່ມີຕັດຈຳພາະ *NcoI* ແລະ *SacI* ພົບວ່າ ມີພລາສມິດຈຳນັນ 2 ໂຄລນ ໄດ້ແກ່ ໂຄລນທີ່ 11 ແລະ 20 ໄດ້ຮັບຜົນທີ່ເອົານັດກັບພລາສມິດ pNT5 ແບບທີ່ 1 ໃນຂະໜາດທີ່ໂຄລນອື່ນ ທ່າ ໄມ່ໄດ້ເອົານັດການທີ່ຄາດໄວ້ໃນແບບທີ່ 1 ຢ່ອ 2 (ກາພ 30)



ກາພ 29 ການตรวจສອບພລາສມິດ pNT5 ທີ່ສັກດີໄດ້ຈາກທັງ 8 ໂຄລນ ໂດຍການຕັດດ້ວຍເອນໄໝ່ມີຕັດຈຳພາະ *PstI* ເປົ້າຢືນເຖິງບັນກົບພລາສມິດ pCAMBIA 1305.2



หมายเหตุ: $\lambda/HindIII + EcoRI$ กือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
 pCAMBIA 1305.2/NcoI/SacI กือ พลasmid pCAMBIA 1305.2 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ SacI
 pNTS#4 – 27/ NcoI/SacI กือ พลasmid pNTS ที่ได้จากโคลนที่ 4 – 27 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ SacI
 1 kb DNA Ladder กือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb DNA Ladder

ภาพ 30 การตรวจสอบพลาสมิด pNTS ที่สกัดได้จากทั้ง 8 โคลน โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ SacI เปรียบเทียบกับพลาสมิด pCAMBIA 1305.2

5.2. การตรวจสอบทิศทางการเข้าแทรกของชุดยีนในพลาสมิดวงแหวน pCAMBIA 1305.2

จากการตัดพลาสมิดสายพสมด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะทั้ง 2 ปฏิกิริยา จึงเลือกพลาสมิด pNTS โคลนที่ 11 และ 20 ซึ่งคาดว่าเป็นพลาสมิด pNTS แบบที่ 1 มาทำการขีนยั้นผลโดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 4 ปฏิกิริยา ได้แก่

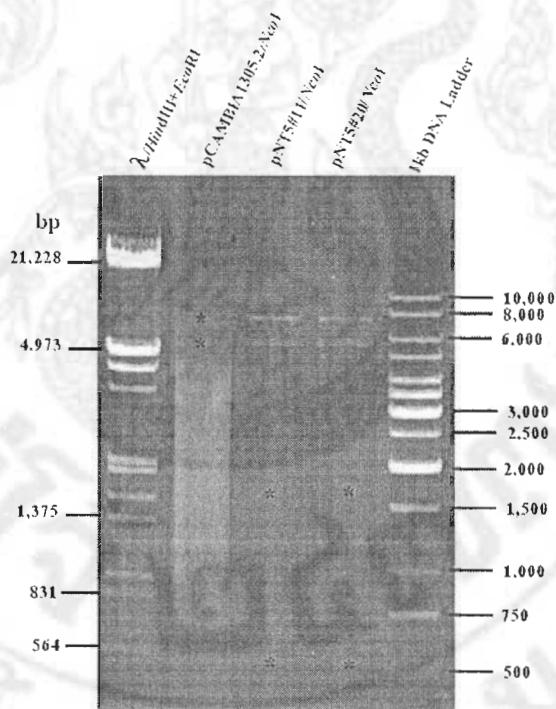
5.2.1. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ $PstI$ คาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอ ขนาดประมาณ 2,712 และ 11,921 คูปเบส

5.2.2. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ SacI คาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอ ขนาดประมาณ 227, 528, 813, 1,946 และ 11,119 คูปเบส

5.2.3. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *PstI* คาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาดประมาณ 528, 769, 1,007, 1,177 และ 11,152 กูเบส

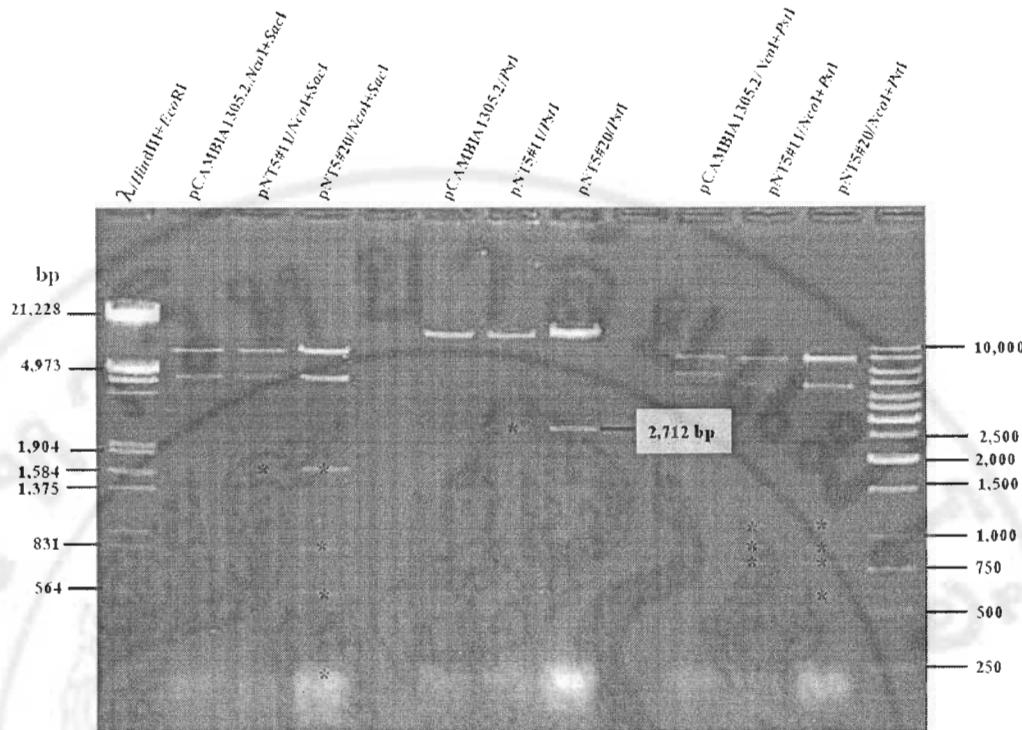
5.2.4. การตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* คาดว่าจะได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาดประมาณ 528, 1,946 และ 12,159 กูเบส

จากการตรวจสอบพลาสมิด pNT5 โคลนที่ 11 และ 20 พบว่า เมื่อตัดพลาสมิดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะทั้ง 4 ปฏิกิริยา พลาสมิด pNT5 โคลนที่ 20 ได้ชิ้นดีเอ็นเอตามขนาดที่คาดหวังไว้ครบถ้วน 4 ปฏิกิริยา ในขณะที่พลาสมิด pNT5 โคลนที่ 11 ไม่พบชิ้นดีเอ็นเอขนาด 227, 528 และ 813 กูเบส เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *SacI* และไม่พบชิ้นดีเอ็นเอขนาด 528 กูเบส เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* และ *PstI* ดังที่คาดไว้ (ภาพ 31 และ 32)



หมายเหตุ:	$\lambda/HindIII + EcoRI$	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ <i>HindIII</i> และ <i>EcoRI</i>
	pCAMBIA 1305.2/ <i>NcoI</i>	คือ พลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>NcoI</i>
	pNT5#11/ <i>NcoI</i>	คือ พลาสมิด pNT5 โคลนที่ 11 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>NcoI</i>
	pNT5#20/ <i>NcoI</i>	คือ พลาสมิด pNT5 โคลนที่ 20 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>NcoI</i>
	1 kb DNA Ladder	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb DNA Ladder

ภาพ 31 การตรวจสอบพลาสมิด pNT5 โคลนที่ 11 และ 20 โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *NcoI* เปรียบเทียบกับพลาสมิด pCAMBIA 1305.2



หมายเหตุ:

- λ/HindIII + EcoRI** กีอ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI
pCAMBIA 1305.2/NcoI/SacI กีอ พลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ SacI
pNTS#11/ NcoI/SacI กีอ พลาสมิด pNTS โคลนที่ 11 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ SacI
pNTS#20/ NcoI/SacI กีอ พลาสมิด pNTS โคลนที่ 20 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ SacI
pCAMBIA 1305.2/NcoI กีอ พลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI
pNTS#11/ NcoI กีอ พลาสมิด pNTS โคลนที่ 11 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI
pNTS#20/ NcoI กีอ พลาสมิด pNTS โคลนที่ 20 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI
pCAMBIA 1305.2/NcoI/PstI กีอ พลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ PstI
pNTS#11/ NcoI/PstI กีอ พลาสมิด pNTS โคลนที่ 11 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ PstI
pNTS#20/ NcoI/PstI กีอ พลาสมิด pNTS โคลนที่ 20 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI และ PstI
1 kb DNA Ladder กีอ ดีเอ็นเอมาตรฐาน 1 kb DNA Ladder

ภาพ 32 การตรวจสอบพลาสมิด pNTS โคลนที่ 11 และ 20 โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ NcoI กับ SacI, NcoI และ NcoI กับ PstI เปรียบเทียบกับพลาสมิด pCAMBIA 1305.2

6. การถ่ายฝากรพลาสมิด pNT5 เข้าสู่เชลล์อะโกรเบคทีเริยม เพื่อใช้สำหรับถ่ายยีนในข้าว เมื่อทำการสร้างพลาสมิด pNT5 โดยการแทรกชุดยีน *mrjp2* เข้าที่บริเวณจุดจำของเอนไซม์ ตัดจำพวก *PstI* ของพลาสมิดเดกเตอร์ pCAMBIA 1305.2 ซึ่งบริเวณ T – DNA ประกอบด้วยยีน 3 ชนิด ได้แก่

6.1. ยีนโปรตีนนัมเพ็ง (*mrjp2*)

เมื่อมีการแสดงออกจะผลิตโปรตีนนัมเพ็ง (MRJP2) โดยการควบคุมของ 35S dual enhancer promoter ต่อกับ TEV leader sequence เพื่อให้เกิดการแสดงออกของยีนในระดับสูง ตลอดเวลาในทุกเนื้อเยื่อพืช

6.2. ยีนต้านทานต่อยาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน (hygromycin phosphotransferase: *hptII*)

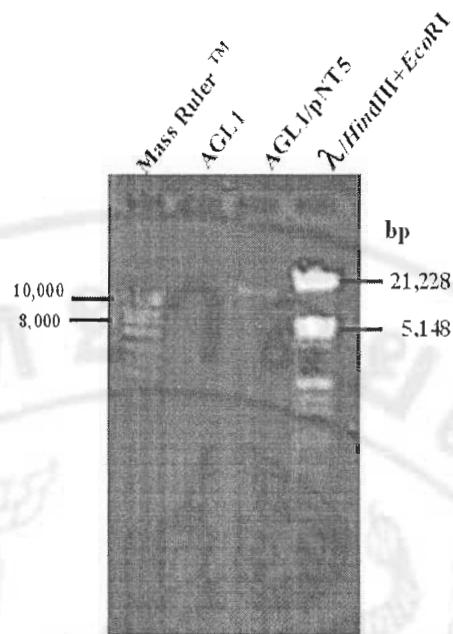
ใช้เป็นยีนคัดเลือก (selectable marker gene) เมื่อมีการแสดงออกจะผลิตเอนไซม์ hygromycin phosphotransferase โดยการควบคุมของ 35S promoter เพื่อให้เกิดการแสดงออกของ ยีนในทุกเนื้อเยื่อพืช ทำให้พืชที่ได้รับยีนสามารถเจริญได้บนอาหารที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน

6.3. ยีนสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase (*gusA*)

ใช้เป็นยีนรายงานผล (reporter gene) เมื่อมีการแสดงออกจะผลิตเอนไซม์ β - glucuronidase โดยการควบคุมของ 35S promoter เพื่อให้เกิดการแสดงออกของยีนในทุกเนื้อเยื่อพืช ทำให้พืชที่ได้รับยีนสามารถเปลี่ยนสาร X – gluc (5 – bromo – 4 – chloro – 3 – indolyl glucuronide) เป็นสารที่มีสีฟ้าได้

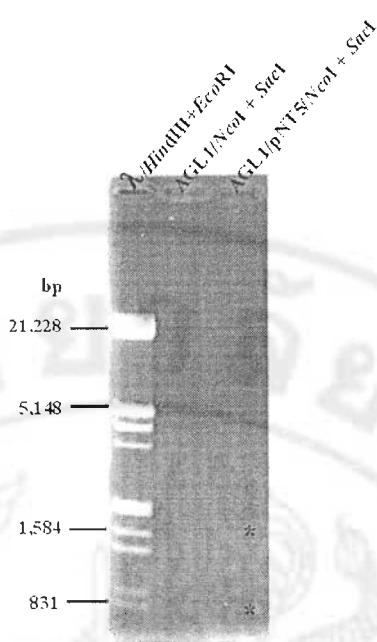
หลังจากทำการถ่ายฝากรพลาสมิดเดกเตอร์ pNT5 เข้าสู่เชลล์คอมพิเทนต์ของเชื้ออะโกรเบคทีเริยม (*Agrobacterium tumefaciens*) สายพันธุ์ AGL1 และเพาะเลี้ยงบนอาหารแข็งสูตร LB ที่มียาปฏิชีวนะกานามัยซิน ที่อุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 3 วัน พบว่า โคโลนีเกิดขึ้นทั้งหมด 1 โคโลนี จากนั้นเปรียบเทียบกับเชื้ออะโกรเบคทีเริยมสายพันธุ์ AGL1 ที่ไม่ได้ถ่ายฝากรพลาสมิด (ภาพ 33) โดยการสกัดพลาสมิดด้วยวิธี CTAB และตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำพวก *NcoI* และ *SacI* เพื่อตรวจสอบความถูกต้องของพลาสมิด พบว่า เชื้ออะโกรเบคทีเริยมสายพันธุ์ AGL1 ที่ได้รับพลาสมิด pNT5 มีจำนวนชิ้นดีเย็นเอ ตรงกับพลาสมิด pNT5 ที่สกัดได้จากเชลล์ *E. coli* สายพันธุ์ DH5 α (ภาพ 34)

ดังนั้นสามารถใช้เชื้ออะโกรเบคทีเริยมสายพันธุ์ AGL1 ที่มีพลาสมิด pNT5 ในการถ่ายยีน โปรตีนนัมเพ็งเข้าสู่ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ต่อไป



หมายเหตุ:	Mass Ruler™	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน MassRuler™ DNA Ladder, High Range
	AGL1	คือ พลasmidที่ได้จากเซลล์ของโกรแบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1
	AGL1/pNTS	คือ พลasmidที่ได้จากเซลล์ของโกรแบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ที่ถ่ายฟากพลasmid pNTS
	λ/HindIII + EcoRI	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI

ภาพ 33 พลasmidที่สกัดได้จากเซลล์ของโกรแบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ที่ไม่ได้ถ่ายฟากพลasmid และได้รับพลasmid pNTS



หมายเหตุ:	Mass Ruler™	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน MassRuler™ DNA Ladder, High Range
	AGL1/NcoI + SacI	คือ พลาสมิดที่ได้จากเซลล์ของ โกรเบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำพวก NcoI และ SacI
	AGL1/pNTS/NcoI + SacI	คือ พลาสมิดที่ได้จากเซลล์ของ โกรเบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ที่ถ่ายฝากราสมิด pNTS ซึ่งตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำพวก NcoI และ SacI
	λ/HindIII + EcoRI	คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน λ ตัดด้วยเอนไซม์ HindIII และ EcoRI

ภาพ 34 การตรวจสอบพลาสมิด pNTS ในเซลล์ของ โกรเบคทีเรียม โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำพวก NcoI และ SacI เปรียบเทียบกับพลาสมิดที่สกัดได้จากเซลล์ของ โกรเบคทีเรียมสายพันธุ์ AGL1 ที่ไม่ได้ถ่ายฝากราสมิด

การเพาะเลี้ยงแคลลัสและการซักนำไปเกิดต้น

การซักนำไปเกิดแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 โดยการนำเมล็ดแก่มาลอกเปลือกออกแล้วฟอกผ่านเชื้อด้วยสารละลายน้ำเดิมไชโปคลอไรต์ เช้มขัน 10 เปอร์เซ็นต์ นาน 20 นาที จากนั้นเพาะเลี้ยงให้เกิดแคลลัสบนอาหารแข็งสูตร N6 ดัดแปลงซึ่งเดิมอยู่ใน 2, 4 – D เช้มขัน 4 มิลลิกรัมต่อลิตร ในสภาพที่มีแสง 16 ชั่วโมงต่อวัน ที่อุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 4 สัปดาห์ (พิชญญา, 2547) พบร่วมกับการเกิดแคลลัสจากเนื้อเยื่อใบเลี้ยง (scutellum) บริเวณรอบเมมบริโอ ร้อย

ละ 80.82 โดยแคลลัสมีลักษณะกลมแน่น สีเหลืองอ่อน (ภาพ 35ก) ซึ่งเป็นลักษณะของแคลลัสชนิดเอมบริโอเจนิกที่มีความสามารถในการพัฒนาไปเป็นต้นสูง และกลุ่มแคลลัส มีขนาด 11.1 มิลลิเมตร (ตาราง 1)

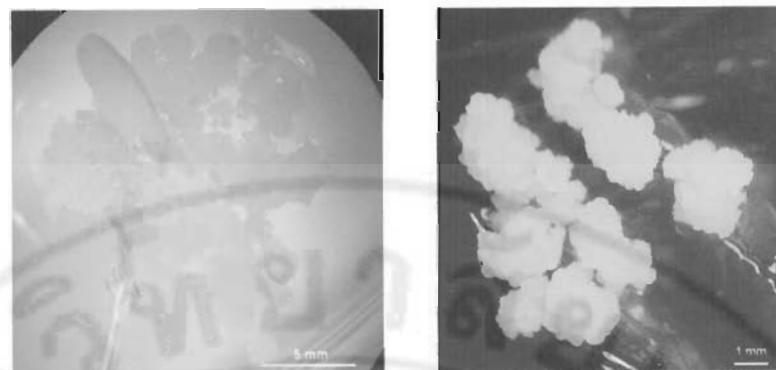
ส่วนข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake เมื่อนำมาต้มแล้วพบว่า เผาเดียงให้เกิดแคลลัสบนอาหารแข็งสูตร N6 ดัดแปลงซึ่งเติมชอร์โไมน 2, 4 – D เข้มข้น 2 มิลลิกรัมต่อลิตร ในสภาวะที่มีค่าอุณหภูมิ 28 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 4 สัปดาห์ พบร่วมกับการเกิดแคลลัสจากเนื้อเยื่อบนเดียง (scutellum) บริเวณรอบเอมбрิโอ ร้อยละ 84.29 โดยแคลลัสมีลักษณะกลมแน่น สีเหลืองอ่อน (ภาพ 35ข) ซึ่งเป็นลักษณะของแคลลัสชนิดเอมбрิโอเจนิกที่มีความสามารถในการพัฒนาไปเป็นต้นสูง และกลุ่มแคลลัสมีขนาด 10.7 มิลลิเมตร (ตาราง 1)

จากการศึกษาการซักนำไปให้เกิดแคลลัส พบร่วมกับข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 มีสภาวะในการเกิดแคลลัสแตกต่างจากข้าวไทยหลาย ๆ ชนิด เช่น อาหารซักนำไปให้เกิดแคลลัส ระยะเวลาในการเกิดแคลลัส ชนิดและความเข้มข้นของชอร์โไมน เป็นต้น โดยข้าวขาวคอกมะลิ 105 สามารถซักนำไปให้เกิดแคลลัสได้โดยการเผาเดียงบนอาหารแข็งสูตร MS ซึ่งมี 2, 4 – D เข้มข้น 2 มิลลิกรัมต่อลิตร ในสภาวะมีค่า เป็นเวลานาน 6 สัปดาห์ (จันทร์ประภา, 2543) ในขณะที่ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ใช้เวลาเพียง 4 สัปดาห์ (กิตติกร, 2546; พิชญภา, 2547)

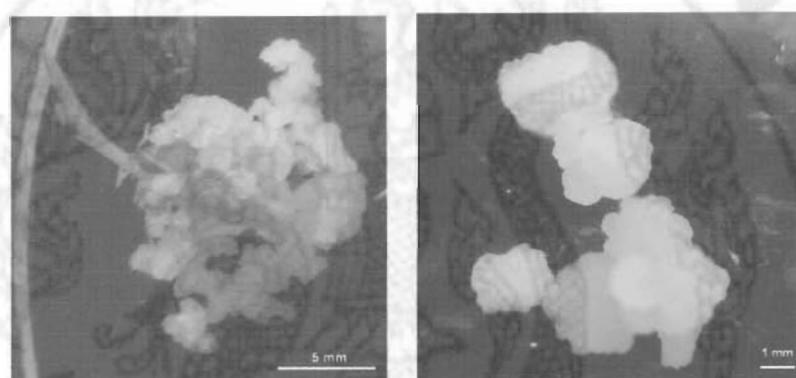
ในส่วนของระดับชอร์โไมน พบร่วมกับข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 เกิดแคลลัสเมื่อให้ระดับชอร์โไมน 2, 4 – D ที่สูง คล้ายกับการเผาเดียงแคลลัสของข้าวพันธุ์หอมคล่องหลวง 1 หอมสุพรรณบุรี (สุพรรณภูมิ, 2548) ในขณะที่ข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ถูกซักนำไปให้เกิดแคลลัส โดยใช้ 2, 4 – D เข้มข้น 2 มิลลิกรัมต่อลิตร เช่นเดียวกับข้าวพันธุ์เจ้าช่อ และ R258 ซึ่งเผาเดียงบนอาหารพื้นฐานสูตร N6 ในขณะที่ข้าวไร่พันธุ์น้ำรู และดอกพะยอมเผาเดียงบนอาหารพื้นฐานสูตร MS ที่ระดับความเข้มข้น 2, 4 – D เท่ากัน (น้ำทิพย์, 2544)

ตาราง 1 ร้อยละของการเกิดแคลลัสหลังการเผาเดียงบนอาหารแข็งสูตร N6 ดัดแปลงซึ่งมีการเติมชอร์โไมน 2, 4 – D

พันธุ์ข้าว	Subspecies	2, 4 – D (มิลลิกรัมต่อลิตร)	สภาวะในการซักนำไปให้เกิดแคลลัส	ร้อยละของ การเกิดแคลลัส	ขนาดของ แคลลัส (มิลลิเมตร)
กข 6	<i>Indica</i>	4.0	แสง 16 ชั่วโมงต่อวัน	80.82	11.1
Kitaake	<i>Japonica</i>	2.0	ที่มีค่า	84.29	10.7



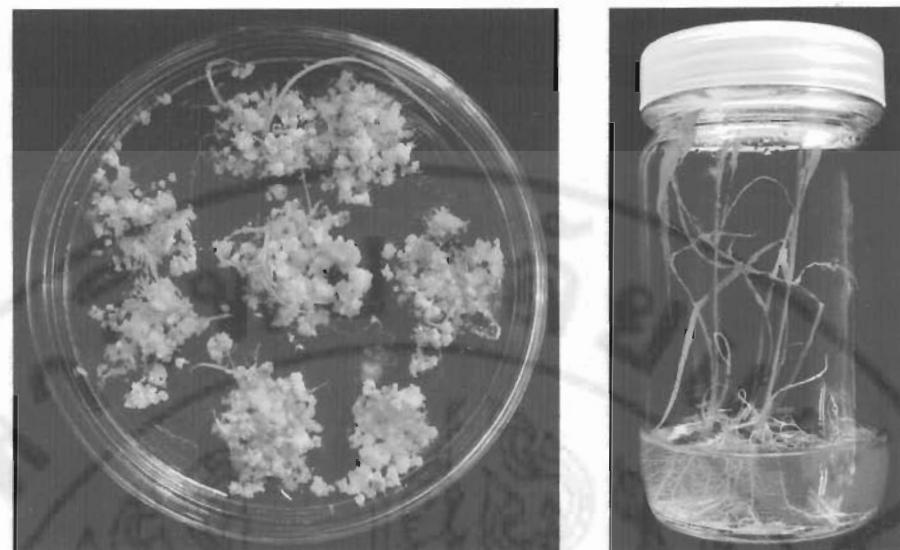
ก) ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6



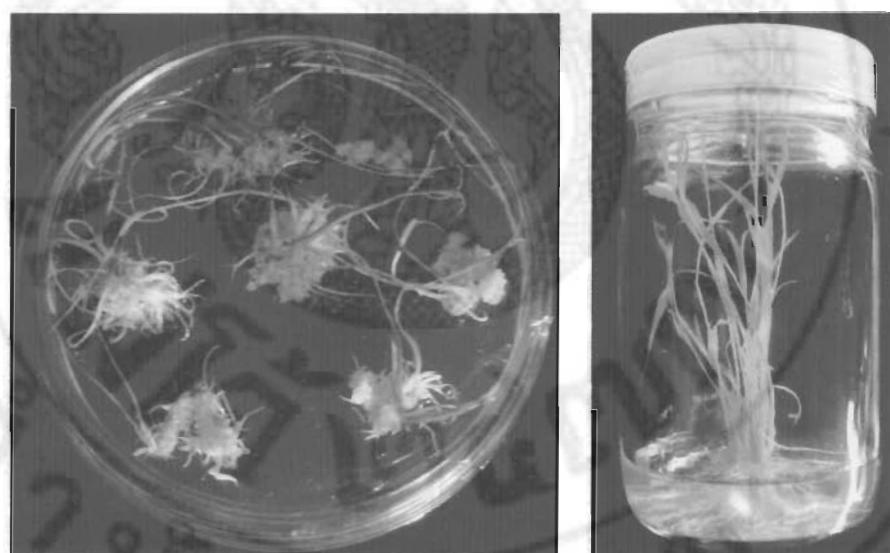
ข) ข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake

ภาพ 35 ลักษณะเกล็ดสหงษ์ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) หลังการเพาะเดี้ยงบนอาหารเบี้ยงสูตร N6 ซึ่งเติมฮอร์โมน 2, 4 – D เที่ยวน 4 และ 2 มิลลิกรัมต่อลิตร ตามลำดับ เป็นเวลา 4 สัปดาห์

ส่วนการซักน้ำให้เกิดต้นน้ำแคลลัสทั้ง 2 สายพันธุ์ มาเพาะเดี้ยงบนอาหารสูตร MS คัดแปลง ซึ่งเติมฮอร์โมน NAA เที่ยวน 1 มิลลิกรัมต่อลิตร และ Kinetin เที่ยวน 2.5 มิลลิกรัมต่อลิตร เมื่อมีต้นอ่อนเกิดขึ้น จึงข้ายไปกระดูนให้ออกรากในขวดซึ่งมีอาหารสูตร $\frac{1}{2}$ MS ที่ไม่มีการเติมฮอร์โมน พนว่า แคลลัสของข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์ สามารถเกิดต้นและราก และเจริญเติบโตได้มากกว่าร้อยละ 80 (ภาพ 36)



ก) ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6

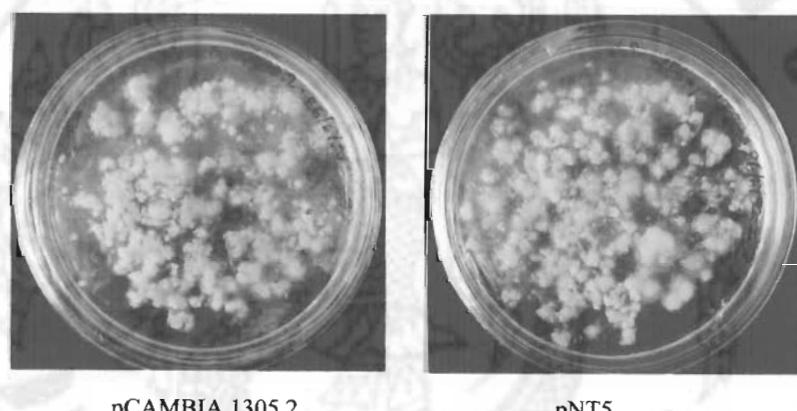


ข) ข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake

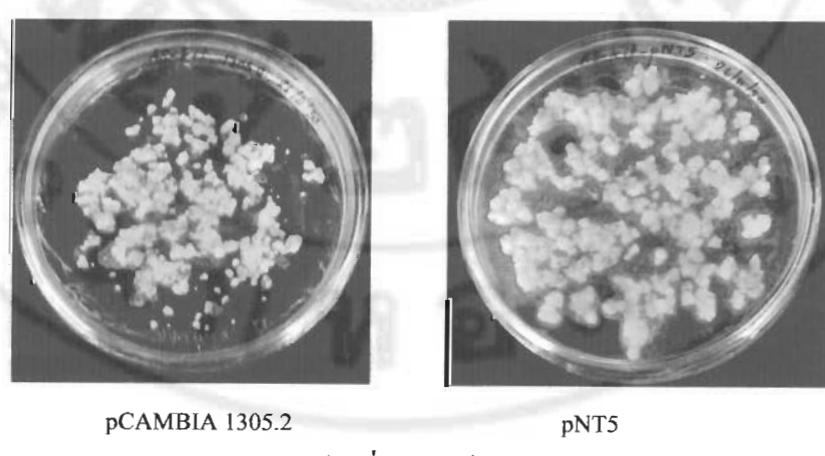
ภาพ 36 ต้นข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) หลังการเพาะเดี่ยงบนอาหารแข็งสูตร MS ซึ่งเติมฮอร์โมน NAA และ Kinetin เข้มข้น 1 และ 2.5 มิลลิกรัมต่อติตร ตามลำดับ

การถ่ายยีนโปรตีนนมคิ่งเข้าสู่แคลลัสของข้าว

เมื่อหักนำให้เกิดแคลลัสของข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์แล้ว ทำการถ่ายยีนโปรตีนนมคิ่ง (*mrjp2*) ด้วยวิธีการที่ดัดแปลงจาก Toki (1997) โดยใช้เชื้ออะ โกรแบคทีเรียม สายพันธุ์ AGL1 ซึ่งมีพลาสมิด pNT5 โดยให้มีปริมาณสารละลายน้ำซึ่งใช้ริงโภนเข้มข้น 100 ไมโครโมลาร์ พบว่า หลังการเพาะเลี้ยงร่วมกันระหว่างแคลลัสและเชื้ออะ โกรแบคทีเรียม เป็นเวลานาน 3 วัน เชื้ออะ โกรแบคทีเรียมมีการเจริญเป็นชั้นบาง ๆ รอบแคลลัส ในขณะที่แคลลัสข้างคงมีการแบ่งตัวเด่นชัด และมีลักษณะเป็นก้อนกลม ศี๊เหลือง (ภาพ 37)



ก) ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6



ข) ข้าวอู่ปุ่นพันธุ์ Kitaake

หมายเหตุ:	pCAMBIA 1305.2 pNT5	คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนเข้ามาทางพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNT5
-----------	------------------------	---

ภาพ 37 ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวอู่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) หลังการเพาะเลี้ยงร่วมกับเชื้ออะ โกรแบคทีเรียม เป็นเวลา 3 วัน

หลังจากทำการถ่ายแคลลัสศั่วอาหารเหลวที่ใช้ในการซักนำให้เกิดแคลลัสซึ่งมียาปฏิชีวนะไทเม็นทินเข้มข้น 150 มิลลิกรัมต่อลิตรแล้ว ทำการคัดเลือกแคลลัสที่ได้รับยืนโดยการเพาะเลี้ยงบนอาหารคัดเลือกซึ่งมียาปฏิชีวนะไทโกรามัยซิน 15 มิลลิกรัมต่อลิตร เป็นเวลา 14 วัน พบว่า แคลลัสของข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 และ pNT5 เจริญได้บนอาหารคัดเลือกร้อยละ 55.40 และ 54.58 ตามลำดับ ในขณะที่ แคลลัสของข้าวพันธุ์ Kitaake เจริญได้บนอาหารคัดเลือกร้อยละ 75.89 และ 84.51 ตามลำดับ (ตาราง 2; ภาพ 38)

เมื่อทำการคัดเลือกแคลลัสที่ได้รับยืน ครั้งที่ 2 โดยการเพาะเลี้ยงบนอาหารคัดเลือกซึ่งมียาปฏิชีวนะไทโกรามัยซิน 30 มิลลิกรัมต่อลิตร เป็นเวลา 10 วัน พบว่า แคลลัสของข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 และ pNT5 เจริญได้บนอาหารคัดเลือกร้อยละ 73.32 และ 65.48 ตามลำดับ ในขณะที่ แคลลัสของข้าวพันธุ์ Kitaake เจริญได้บนอาหารคัดเลือกร้อยละ 68.04 และ 83.02 ตามลำดับ (ตาราง 3; ภาพ 39)

ตาราง 2 ร้อยละของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกที่มียาปฏิชีวนะไทโกรามัยซิน หลังการคัดเลือกครั้งที่ 1

สายพันธุ์	Subspecies	พลาสมิค	จำนวนแคลลัสทั้งหมด	ร้อยละของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือก ¹
กข 6	<i>Indica</i>	pCAMBIA 1305.2	600	55.40 ^b
กข 6	<i>Indica</i>	pNT5	570	54.58 ^b
Kitaake	<i>Japonica</i>	pCAMBIA 1305.2	630	75.89 ^a
Kitaake	<i>Japonica</i>	pNT5	600	84.51 ^a

หมายเหตุ:

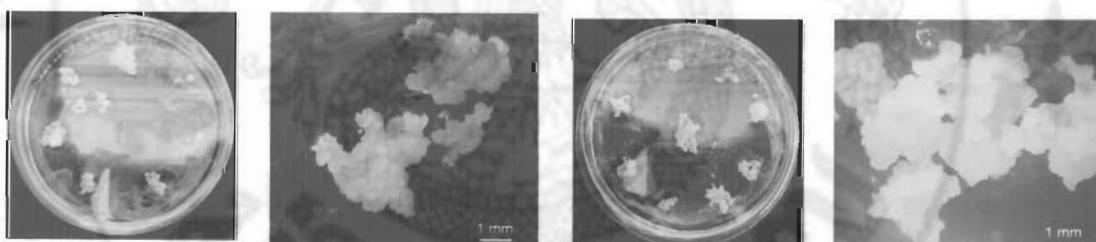
- 1 หมายถึง ค่าเฉลี่ยภายในกลุ่มน้ำหนักตัวอักษรเหมือนกัน หมายถึง ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 95 โดยวิธี Duncan's Multiple Range Test (DMRT)
- 2 แคลลัสเริ่มต้นเป็นแคลลัสที่ได้จากการเพาะเลี้ยงร่วมกัน

ตาราง 3 ร้อยละของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกที่มียาปฏิชีวนะ ไอโกร์มบีซิน หลังการคัดเลือกครั้งที่ 2

สายพันธุ์	Subspecies	พลาสมิด	จำนวนแคลลัสทั้งหมด	ร้อยละของแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือก ¹
กข 6	<i>Indica</i>	pCAMBIA 1305.2	460	73.32 ^{ab}
กข 6	<i>Indica</i>	pNT5	440	65.48 ^b
Kitaake	<i>Japonica</i>	pCAMBIA 1305.2	380	68.04 ^b
Kitaake	<i>Japonica</i>	pNT5	420	83.02 ^a

หมายเหตุ:

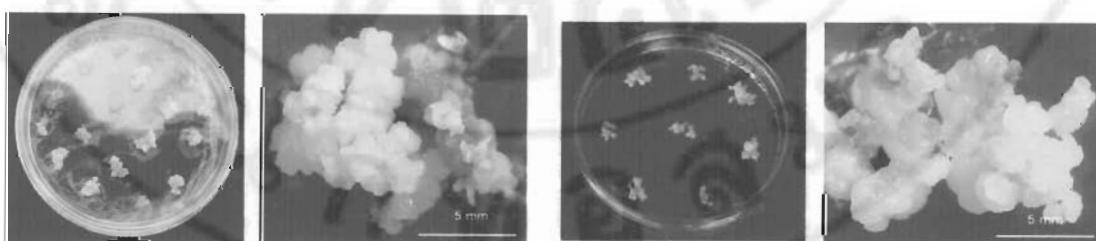
- 1 หมายถึง ค่าเฉลี่ยภายในกลุ่มนี้ที่มีตัวอักษรเหมือนกัน หมายถึง ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 95 โดยวิธี Duncan's Multiple Range Test (DMRT)
- 2 แคลลัสเริ่มต้นเป็นแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกครั้งที่ 1



pCAMBIA 1305.2

pNT5

ก) ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6



pCAMBIA 1305.2

pNT5

ข) ข้าว粢ปุ่นพันธุ์ Kitaake

หมายเหตุ:

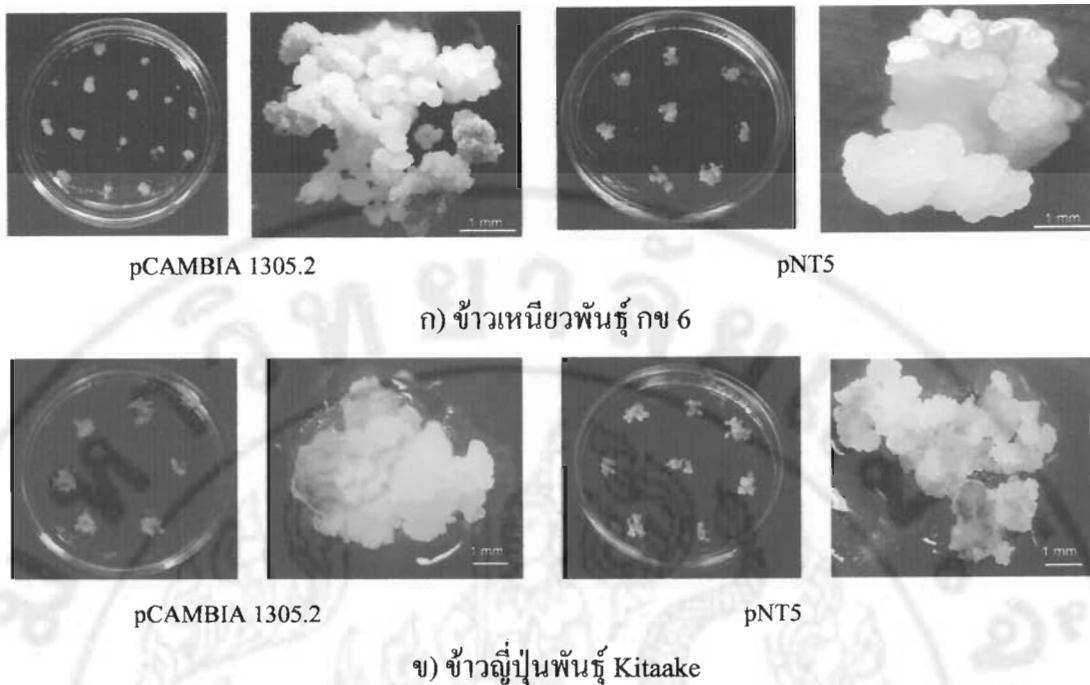
pCAMBIA 1305.2

คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2

pNT5

คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNT5

ภาพ 38 ถักขณาแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าว粢ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) ที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกครั้งที่ 1 ซึ่งมียาปฏิชีวนะ ไอโกร์มบีซิน



หมายเหตุ:	pCAMBIA 1305.2	คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2
	pNTS	คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pNTS

ภาพ 39 ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) ที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือก ครั้งที่ 2 ซึ่งมียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน

หลังจากการคัดเลือกแคลลัสบนอาหารแข็งที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซินแล้ว แคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกถูกนำมาซักนำไปให้เกิดต้น โดยการเพาะเดี่ยงบนอาหารซักนำไปให้เกิดต้นที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน ครั้งที่ 1 เป็นเวลา 14 วัน พบว่า แคลลัสของข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 และ pNTS เจริญได้บนอาหารซักนำไปให้เกิดต้น ร้อยละ 91.30 และ 91.25 ตามลำดับ ในขณะที่แคลลัสของข้าวพันธุ์ Kitaake เจริญได้ ร้อยละ 100.00 และ 81.48 ตามลำดับ โดยแคลลัสของข้าวพันธุ์ กข 6 และ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 เกิดจุดสีเขียว ร้อยละ 37.68 และ 9.88 ตามลำดับ และสามารถเกิดยอดอ่อน ได้ทั้งหมด 0 และ 63 ยอด ตามลำดับ และแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pNTS ไม่เกิดยอดอ่อนเลย (ตาราง 4; ภาพ 40)

เมื่อทำการซักนำไปให้เกิดต้น ครั้งที่ 2 โดยการเพาะเดี่ยงบนอาหารซักนำไปให้เกิดต้นที่มียาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน เป็นเวลา 14 วัน พบว่า แคลลัสของข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 และ pNTS เจริญได้บนอาหารซักนำไปให้เกิดต้น ร้อยละ 91.38 และ 96.51

ตามลำดับ ในขณะที่แคลลัสของข้าวพันธุ์ Kitaake เจริญได้ ร้อยละ 100.00 และ 92.25 ตามลำดับ โดยแคลลัสของข้าวพันธุ์ กข 6 และ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 และ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNT5 เกิดจุดสีเขียว ร้อยละ 68.97, 6.19 และ 9.30 ตามลำดับ โดยข้าวพันธุ์ Kitaake สามารถเกิดยอดอ่อนได้ 94 และ 26 เมื่อถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 และ pNT5 ตามลำดับ ในขณะที่แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิดทั้งสองชนิดไม่เกิดต้น (ตาราง 5; ภาพ 41)

จากการศึกษาการถ่ายยีน เมื่อทำการซักนำให้เกิดต้นด้วยอาหารสูตร MS ซึ่งมีชอร์โมน NAA เข้มข้น 1.0 มิลลิกรัมต่อลิตร และ ไคเนติน เข้มข้น 2.5 มิลลิกรัมต่อลิตร ข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake สามารถเกิดต้นจากแคลลัสได้ แต่ต้นข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 พบรสึ่งแคลลัสที่เกิดจุดเขียวท่านี้ คาดว่าจะเกิดจากการเข้าแทรกของยีนในจีโนมแบบสุ่ม หรือระบบในการซักนำให้เกิดต้นหลังการถ่ายยีนไม่เหมาะสม ทำให้ไม่สามารถเกิดเป็นต้นได้ ในขณะที่ Pipatpanukul et al. (2004) ประสบความสำเร็จในการถ่ายยีนเข้าสู่แคลลัสข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 แต่จากการทดลองของลัดดาวลัย (2548) ไม่สามารถใช้ระบบเดียวกันในการถ่ายยีนในเข้าสู่แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ได้ และ ไม่พบรายงานการถ่ายยีนในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 อีกด้วย คาดว่า การซักนำให้เกิดต้นของข้าวพันธุ์ กข 6 หลังการถ่ายยีนยังไม่คงที่ อาจเกิดจากระดับชอร์โมน 2,4-D ที่สูงในการเพาะเลี้ยงแคลลัส ทำให้เกิดการสะสมของชอร์โมน และ ไม่เกิดการพัฒนาเป็นต้น โดยจะเห็นได้ว่า ข้าวพันธุ์ Kitaake ใช้ระดับชอร์โมน 2,4-D ในการเพาะเลี้ยงแคลลัสเท่ากับข้าวไทยหลาภพนธุ์ เช่น ข้าวพันธุ์ข้าวคอกมะลิ 105 (ปราจ加 และ พรพิพัย, 2537; จันทร์ปราจ加, 2543) ข้าวพันธุ์เจ้าช่อ ข้าวไร่พันธุ์น้ำรู ดอกพะยอม และ R258 (น้ำพิพัย, 2544) กข 15 (ขวัญเดือน, 2544) ซึ่งประสบความสำเร็จในการถ่ายยีนและซักนำให้เกิดต้นหลังการถ่ายยีน

ตาราง 4 ผลการพัฒนาปรีนต์ชั้นของเม็ดถั่วเขียว ดูบนำอาหารที่มียาปฏิชีวะและไนโกรามบีซิน หลังการเพาะเติบโตบนภาชนะทางการฟัก培ะ ให้เกิดต้นครั้งที่ 1

สายพันธุ์	Subspecies	พลาสติก	จำานวนเม็ดถั่ว		ร้อยละของเม็ดถั่ว ที่เจริญได้บนอาหาร ที่เก็บจุดเดียว ¹	ร้อยละของเม็ดถั่ว ที่เก็บราก ¹	จำนวน ยอดอ่อนเพียงหนึ่ง
			หูหumped	คิดเลือก ¹			
กษ 6	<i>Indica</i>	pCAMBIA 1305.2	138	91.30 ^{a,b}	37.68 ^a	0.00 ^b	0 ^b
กษ 6	<i>Indica</i>	pNT5	112	81.25 ^b	0.00 ^b	0.00 ^b	0 ^b
Kitaake	<i>Japonica</i>	pCAMBIA 1305.2	81	100.00 ^a	9.88 ^a	27.16 ^a	63 ^a
Kitaake	<i>Japonica</i>	pNT5	108	81.48 ^b	0.00 ^b	2.78 ^b	0 ^b

หมายเหตุ:

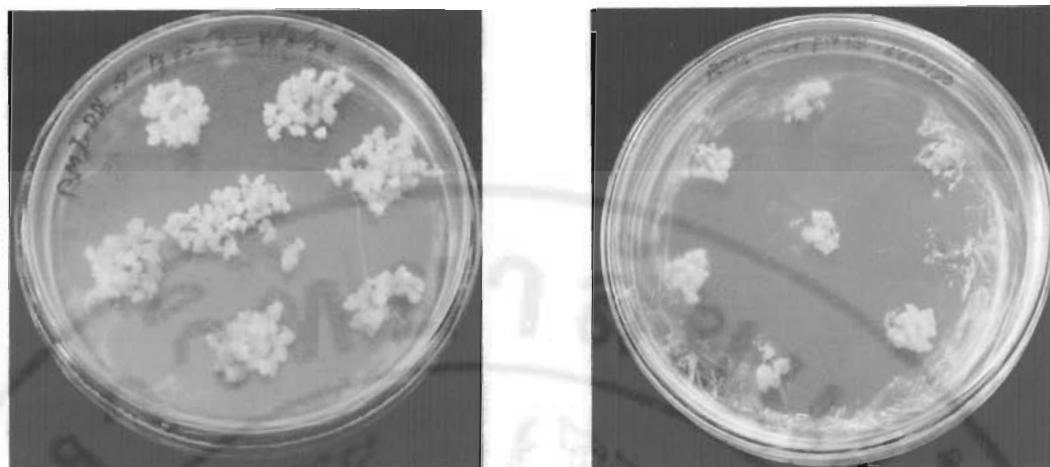
1. หมายถึง ค่าผลต่างภายในกลุ่มน้ำหนักตัวอยู่ระหว่างหน่วยน้ำหนักต่างๆ ไม่มีความแตกต่างของรากตามความเร็วในการเจริญของเม็ดถั่ว จดย.วิธี Duncan's Multiple Range Test (DMRT)
2. เม็ดถั่วเริ่มต้นเม่นเม็ดถั่วเขียว ดูบนำอาหารคัดเลือกครั้งที่ 2

ตาราง 5 ผลการพัฒนาปั้นตันของยาสูบเกรดญี่ปุ่นอหารที่มียาปฏิชีวะต้านการเพาะเลี้ยงบนဓนหายาที่ปรุงสำเร็จในห้องทดลอง ศูนย์วิจัยและพัฒนาฯ โฉกร่มบึงซัน หลังการเพาะเลี้ยงสำเร็จ นำไปใช้กินดูต้น ครั้งที่ 2

สายพันธุ์	Subspecies	พลาสมิด	จำานวนแคดเดลต์ ห้องหมก	ร้อยละของยาสูบ		ร้อยละของยาสูบ ที่เกิดขุด้วย ¹	ร้อยละของยาสูบ ที่เกิดราก ¹	จำานวน ยอดอ่อนห่วงหด ¹
				ร้อยละของยาสูบ ที่เจริญได้บนอาหาร คัดเสือภักดี	ร้อยละของยาสูบ ที่เจริญได้บนอาหาร คัดเสือภักดี			
กษ 6	<i>Indica</i>	pCAMBIA 1305.2	58	91.38 ^a	68.97 ^a	0.00 ^b	0.00 ^b	0 ^b
กษ 6	<i>Indica</i>	pNT5	86	96.51 ^a	17.44 ^b	34.88 ^a	0 ^b	0 ^b
Kitaake	<i>Japonica</i>	pCAMBIA 1305.2	113	100.00 ^a	6.19 ^b	23.01 ^{ab}	94 ^a	
Kitaake	<i>Japonica</i>	pNT5	129	92.25 ^a	9.30 ^b	42.64 ^a	26 ^b	

หมายเหตุ:

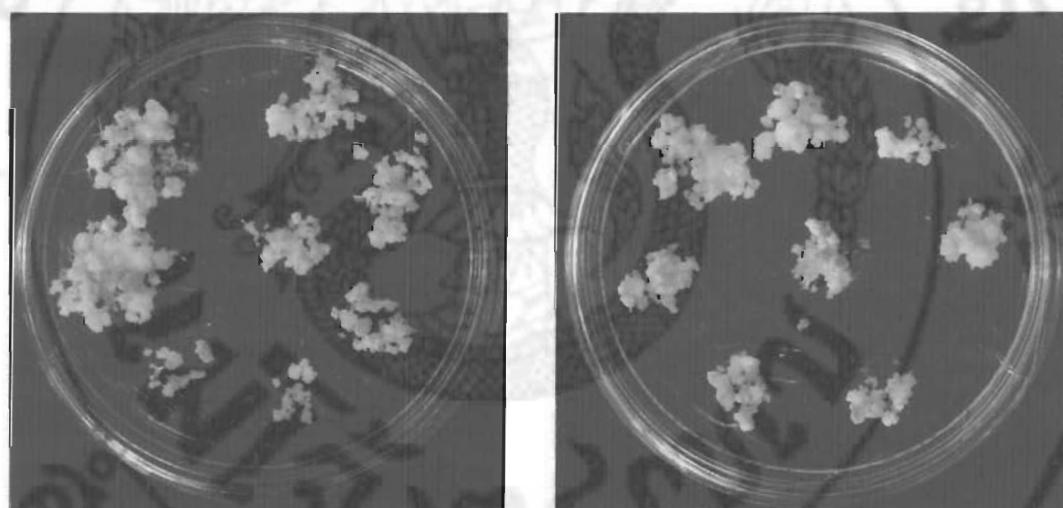
1. หมายถึง ค่าเฉลี่ยภายในกลุ่มน้ำทึบตัวอย่างหรือแม่นยำมาก หมายถึง ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเสี่ยง 95% โดยวิธี Duncan's Multiple Range Test (DMRT)
2. แคดเดลต์รีบบิ่นเป็นแคดเดลต์ที่เจริญได้บนอาหารหักน้ำให้กินดูต้น ครั้งที่ 1



pCAMBIA 1305.2

pNT5

ก) ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6



pCAMBIA 1305.2

pNT5

ข) ข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake

หมายเหตุ:

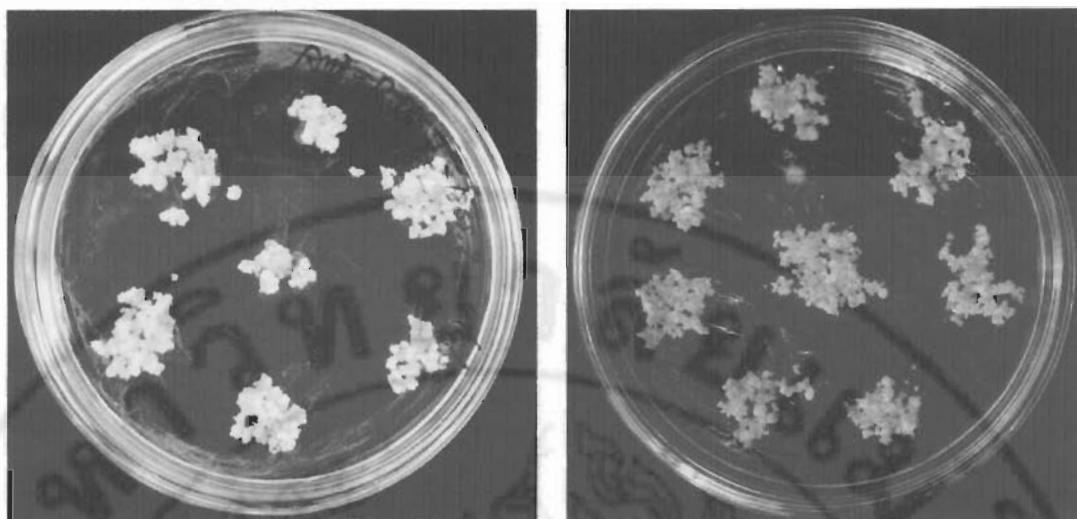
pCAMBIA 1305.2

คือ แคลลัสที่ถ่ายเข้าเครื่องเพลาสมิค pCAMBIA 1305.2

pNT5

คือ แคลลัสที่ถ่ายเข้าเครื่องเพลาสมิค pNT5

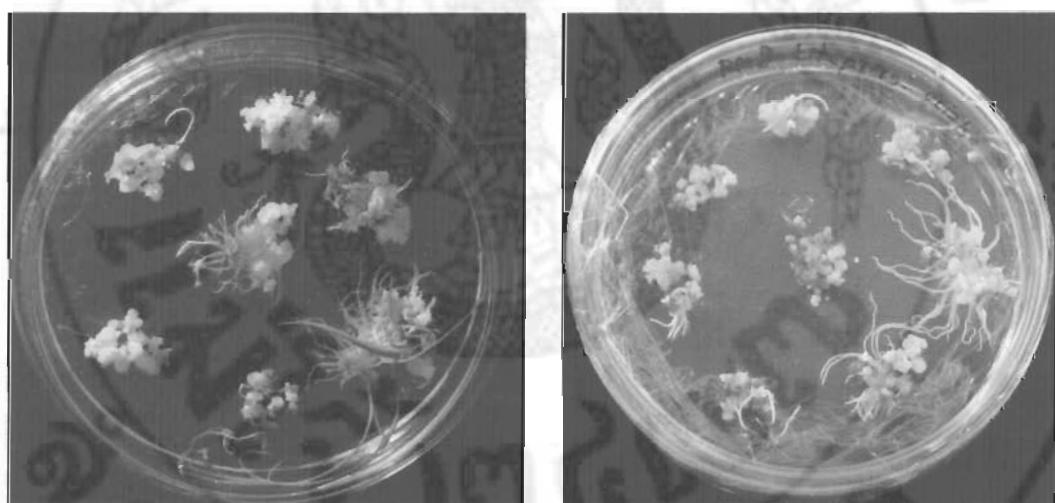
ภาพ 40 ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) ที่เจริญได้บนอาหารซักนำให้เกิดต้น ครั้งที่ 1 ซึ่งมีอายุชีวนะ ໄส โกรนัชชิน



pCAMBIA 1305.2

pNT5

ก) ข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6



pCAMBIA 1305.2

pNT5

ข) ข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake

หมายเหตุ:

pCAMBIA 1305.2

คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนคั่วyleplasmid pCAMBIA 1305.2

pNT5

คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนคั่วyleplasmid pNT5

ภาพ 41 ลักษณะแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 (ก) และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake (ข) ที่เจริญให้บนอาหารซักนำไปเกิดเด่น ครั้งที่ 2 ซึ่งมี ya-pvii ชีวนะไอยโกรนัยชิน

เมื่อข่ายต้นข้าวที่เกิดจากการซักน้ำให้เกิดต้นจากแคลลัสไปกระตุ้นให้ออกรากในอาหารแข็งสูตร ½ MS พบว่า ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิคทั้ง 2 ชนิด สามารถเจริญได้และมีการเกิดรากเป็นปกติ (ภาพ 42) จากนั้นจึงนำออกปลูกลงดิน (ภาพ 43) และปลูกลงกระถางในโรงเรือน (ภาพ 44) โดยได้ต้นข้าวคัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 (Kitaake – 1305.2) และพลาสมิค pNT5 (Kitaake – pNT5) จำนวน 7 และ 30 ต้น ตามลำดับ (ภาพ 45 และ 46) ซึ่งต้องทำการตรวจสอบการได้รับยีนด้วยเทคนิค GUS assay ต่อไป



pCAMBIA 1305.2



pNT5

หมายเหตุ:	pCAMBIA 1305.2	คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2
	pNT5	คือ แคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pNT5

ภาพ 42 ต้นข้าวถ่ายพันธุ์ Kitaake คัดแปลงพันธุกรรม หลังถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 (ก) และ pNT5 (ข) ที่กระตุ้นให้เกิดรากในอาหารซึ่งมียาปฏิชีวนะไอกอร์นัยซิน



ภาพ 43 ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake คัดแปลงพันธุกรรมที่นำออกปลูกลงในดินหลังการกระตุ้นให้เกิดรากในอาหารซึ่งมียาปฏิชีวนะไฮโกรนัยซิน

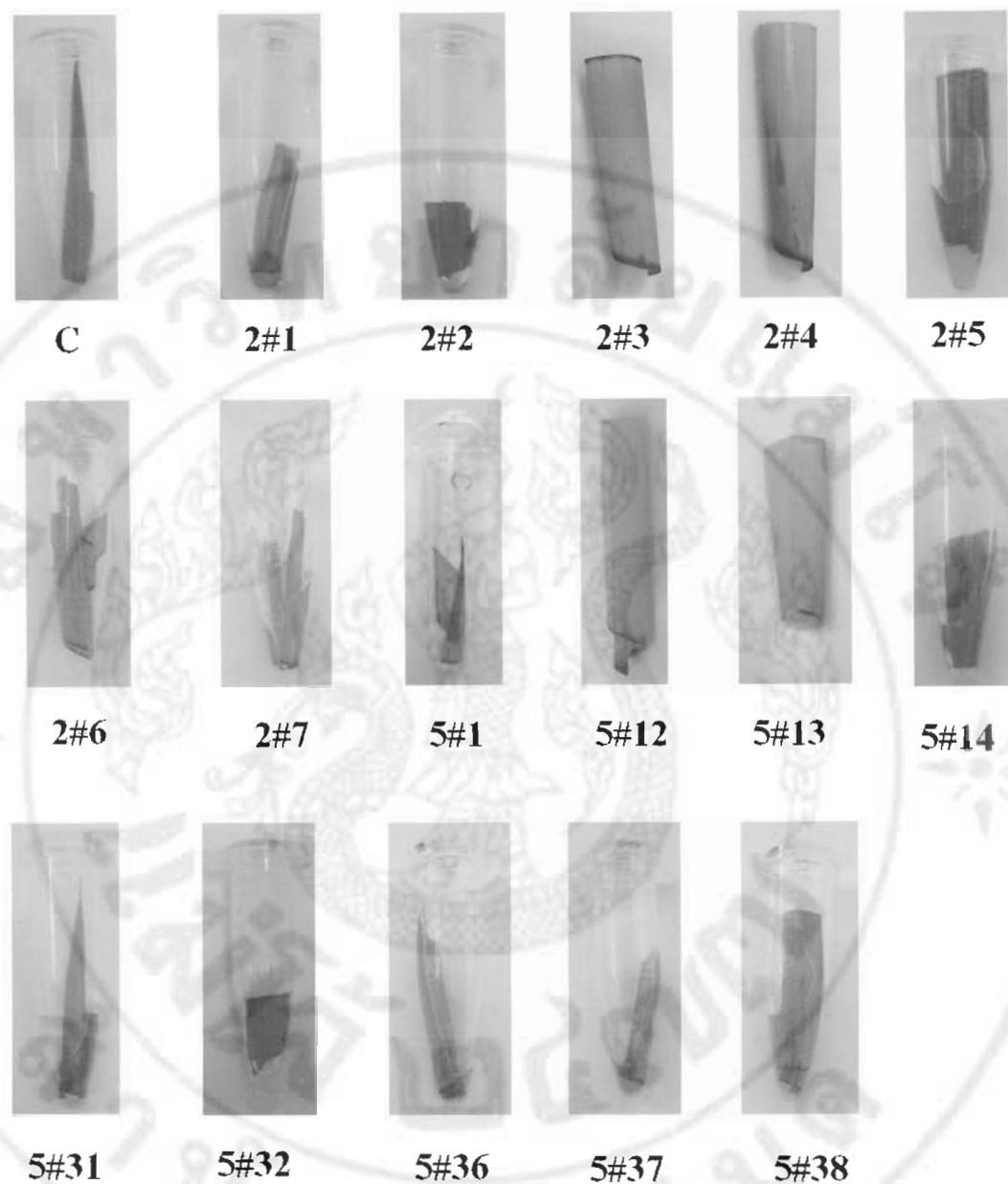


ภาพ 44 ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake คัดแปลงพันธุกรรมที่ปลูกในโรงเรือน

การตรวจสอบการแสดงออกของยีนสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase

เมื่อนำต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมซึ่งได้รับการถ่ายยีนโปรตีนนัมผึ้งด้วยพลาสมิด pNTS ที่สามารถเจริญได้ในอาหารกระตุนให้ออกกราฟซึ่งมียาปฏิชีวนะไฮโกรามัยซินเป็นเวลา 14 วัน ปลูกลงดิน และเจริญเติบโตในโรงเรือนเป็นเวลา 1 เดือนแล้ว จึงทำการตรวจสอบการแสดงออกของยีนสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase หรือ *gusA* โดยใช้เทคนิค GUS assay ด้วยการบ่มชืนส่วนใบร่วมกับสารละลาย X-Gluc พบร้าใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ปกติ ไม่เกิดสารสีฟ้า ในขณะที่ใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ทั้ง 7 ต้น และใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนโปรตีนนัมผึ้งจำนวน 9 ต้น จากทั้งหมด 38 ต้น (ร้อยละ 12.22) ได้แก่ ต้นที่ 1, 12, 13, 14, 31, 32, 36, 37 และ 38 เกิดสารสีฟ้า (ตาราง 6; ภาพ 45)

จากการตรวจสอบการแสดงออกของยีนสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase หรือ *GUSPlus* โดยใช้เทคนิค GUS assay จะเห็นได้ว่าใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมเกิดสารสีฟ้าบริเวณรอยตัด ยกเว้นใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1, 2 และ 5 รวมทั้งใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNTS ต้นที่ 36, 37 และ 38 สังเกตเห็นว่า บริเวณรอยตัดมีสีฟ้าเข้มมาก และทำให้สารละลาย X-Gluc เปลี่ยนเป็นสีฟ้าด้วย คาดว่า ยีน *GUSPlus* มีระดับการแสดงออกของยีนสูง อีกทั้งยีน *GUSPlus* ซึ่งอยู่บนพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 นั้น มีบริเวณของ glycine – rich protein signal ซึ่งเป็น signal peptide ที่จะทำการเคลื่อนย้ายเอนไซม์นี้ไปยังช่องว่างของเซลล์ (apoplastic space) (cambia, 2005) อาจจะเป็นสาเหตุให้สารละลายมีสีฟ้า สอดคล้องกับรายงานการตรวจสอบเอนไซม์ β – glucuronidase ซึ่งสร้างจากยีน *GUSPlus* ในข้าวและพืชอื่นอีกหลายชนิดซึ่งถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 เช่น ข้าวพันธุ์ Ishikari – shiroge (Liu et al., 2007) *Triphysaria versicolor* (Tomilov et al., 2007) หญ้า Tall fescue (Wang and Ge, 2005) เก้ากี (Du et al., 2005) เป็นต้น



หมายเหตุ: C คือ ใบข้าว Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน
 2#1 – 2#5 คือ ใบข้าว Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1 – 5
 5#1 – 5#38 คือ ใบข้าว Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pNT5 ต้นที่ 1 – 38

ภาพ 45 การแสดงออกของยืนสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase เมื่อทดสอบด้วยเทคนิค GUS assay
 ในต้นข้าวคัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pCAMBIA1305.2 และ pNT5

**ตาราง 6 ผลการทดสอบการสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase ของต้นข้าวคัดแปลงพันธุกรรมด้วย
เทคนิค GUS assay**

ต้นข้าว	การสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase
Kitaake#1	-
Kitaake#2	-
Kitaake#3	-
Kitaake - 1305.2#1	+++
Kitaake - 1305.2#2	+++
Kitaake - 1305.2#3	+
Kitaake - 1305.2#4	+
Kitaake - 1305.2#5	+
Kitaake - 1305.2#6	+
Kitaake - 1305.2#7	+
Kitaake - pNT5#1	+
Kitaake - pNT5#3	-
Kitaake - pNT5#4	-
Kitaake - pNT5#12	+
Kitaake - pNT5#13	+
Kitaake - pNT5#14	+
Kitaake - pNT5#15	-
Kitaake - pNT5#16	-
Kitaake - pNT5#17	-
Kitaake - pNT5#18	-
Kitaake - pNT5#19	-
Kitaake - pNT5#20	-
Kitaake - pNT5#21	-
Kitaake - pNT5#22	-
Kitaake - pNT5#23	-

ตาราง 6 (ต่อ)

ต้นข้าว	การสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase
Kitaake - pNT5#24	-
Kitaake - pNT5#25	-
Kitaake - pNT5#26	-
Kitaake - pNT5#27	-
Kitaake - pNT5#28	-
Kitaake - pNT5#29	+
Kitaake - pNT5#30	+
Kitaake - pNT5#31	+
Kitaake - pNT5#32	+
Kitaake - pNT5#33	-
Kitaake - pNT5#34	-
Kitaake - pNT5#35	-
Kitaake - pNT5#36	++
Kitaake - pNT5#37	++
Kitaake - pNT5#38	++

- หมายเหตุ:
- คือ ไม่มีการสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase
 - + คือ มีการสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase โดยมีสีฟ้าเกิดขึ้นบริเวณรอยตัด
 - ++ คือ มีการสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase โดยมีสีฟ้าเกิดขึ้นบริเวณรอยตัด
และสารละลายมีสีฟ้า
 - +++ คือ มีการสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase โดยมีสีฟ้าเกิดขึ้นบริเวณรอยตัด
และสารละลายมีสีฟ้าเข้ม

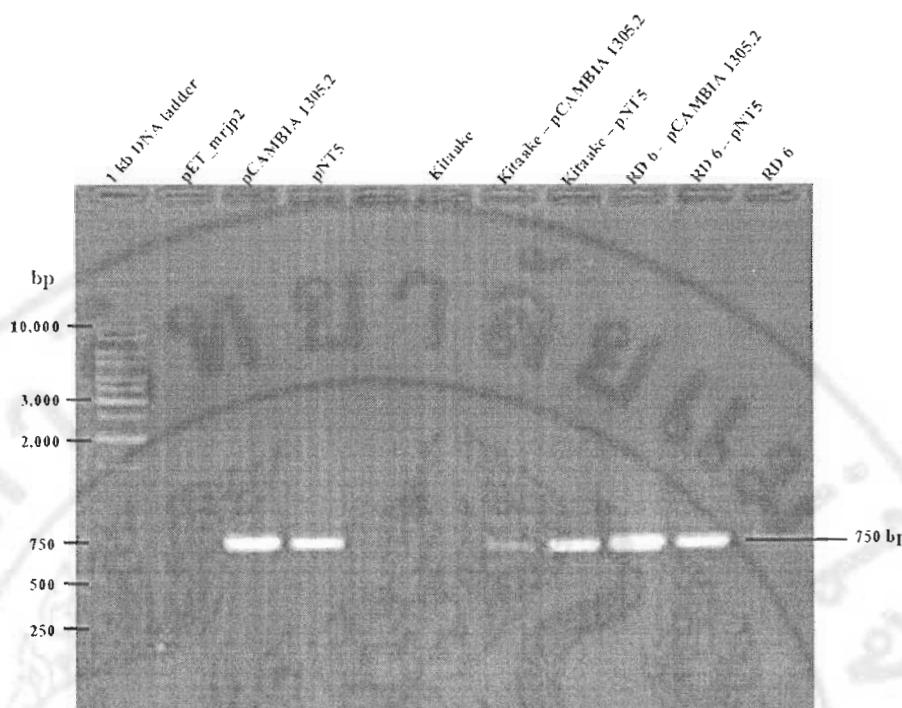
การวิเคราะห์ยีนโปรตีนนมผึ้งในข้าวคัดเปล่งพันธุกรรม โดยเทคนิคชีวโมเลกุล

1. การตรวจสอบยีนโปรตีนนมผึ้งในข้าวคัดเปล่งพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR

1.1. การตรวจสอบยีนโปรตีนนมผึ้งในแคลลัสข้าวคัดเปล่งพันธุกรรม

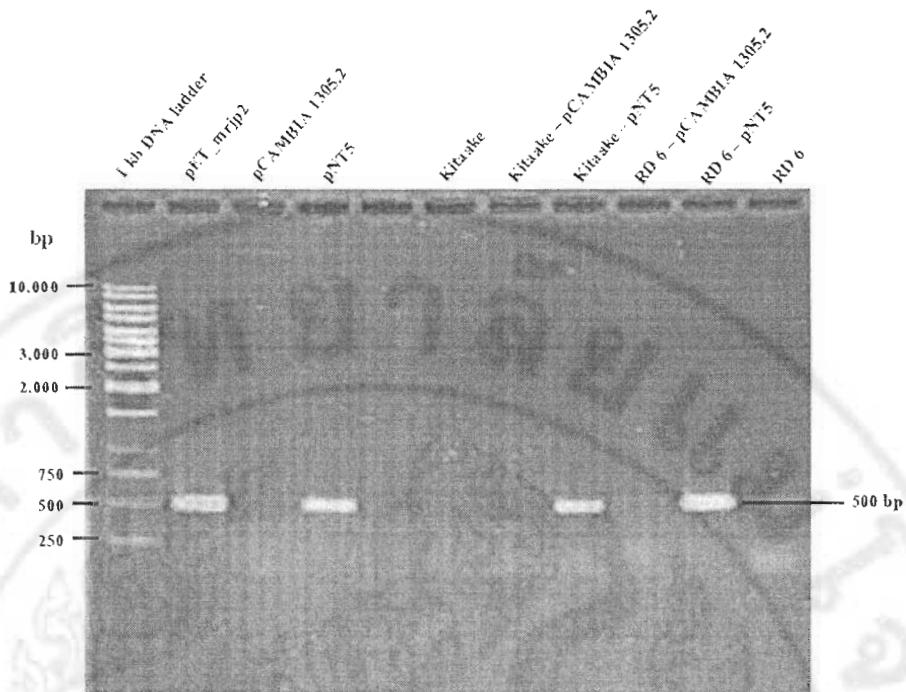
ในการถ่ายยีนโปรตีนนมผึ้งเข้าสู่แคลลัสข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์ ได้ทำการคัดเลือกแคลลัสที่สามารถเจริญได้บนอาหารคัดเลือกที่มียาปฏิชีวนะไฮโกรมัยซิน ครั้งที่ 2 เป็นเวลานาน 10 วัน มาตรวจสอบยีนโปรตีนนมผึ้งด้วยเทคนิค PCR โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีนโปรตีนนมผึ้ง และยีนต้านยาปฏิชีวนะไฮโกรมัยซิน และตรวจสอบโดยเทคนิคของการสเกลอเล็ก tro PCR พบว่า ได้แอบดีเอ็นเอของยีนต้านยาปฏิชีวนะไฮโกรมัยซิน ขนาด 750 คูณส เป็นผลผลิตพีซีอาร์ของตัวอย่างดีเอ็นเอ (genomic DNA) ของแคลลัสของข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์ ซึ่งถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 และ pNTS (ภาพ 46) และแสดงว่า การถ่ายยีนในข้าวทั้งสองสายพันธุ์ประสบความสำเร็จ โดยแคลลัสของข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์มียีนต้านทานต่อยาปฏิชีวนะไฮโกรมัยซินแทรกอยู่ในจีโนม

นอกจากนี้ยังพบแอบดีเอ็นเอของยีนโปรตีนนมผึ้ง ขนาด 500 คูณส เป็นผลผลิตพีซีอาร์ของตัวอย่างดีเอ็นเอของแคลลัสของข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์ ซึ่งถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNTS แต่ไม่พบในตัวอย่างจีโนมิกดีเอ็นเอที่ได้จากแคลลัสที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 (ภาพ 47) และแสดงว่า การถ่ายยีนในแคลลัสของข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์ ประสบความสำเร็จ โดยมียีนโปรตีนนมผึ้งแทรกอยู่ในจีโนม



หมายเหตุ:	1 kb DNA Ladder	คือ DNA marker
	pET_mrjp2	คือ พลasmid pET_mrjp2 ซึ่งมีein mrjp2
	pCAMBIA 1305.2	คือ พลasmid pCAMBIA 1305.2 ซึ่งมีein hptII
	pNT5	คือ พลasmid pNT5 ซึ่งมีein mrjp2 และ hptII
	Kitaake	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน
	Kitaake – 1305.2	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลasmid pCAMBIA 1305.2
	Kitaake – pNT5	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลasmid pNT5
	RD 6	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ไม่ได้ถ่ายยืน
	RD 6 – 1305.2	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายยืนด้วยพลasmid pCAMBIA 1305.2
	RD 6 – pNT5	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายยืนด้วยพลasmid pNT5

ภาพ 46 การตรวจสอบแคลลัสที่เจริญได้บนอาหารคัดเลือกด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อeinต้านทานต่อยาปฏิชีวนะไฮโกรมัยซิน (*hptII*)



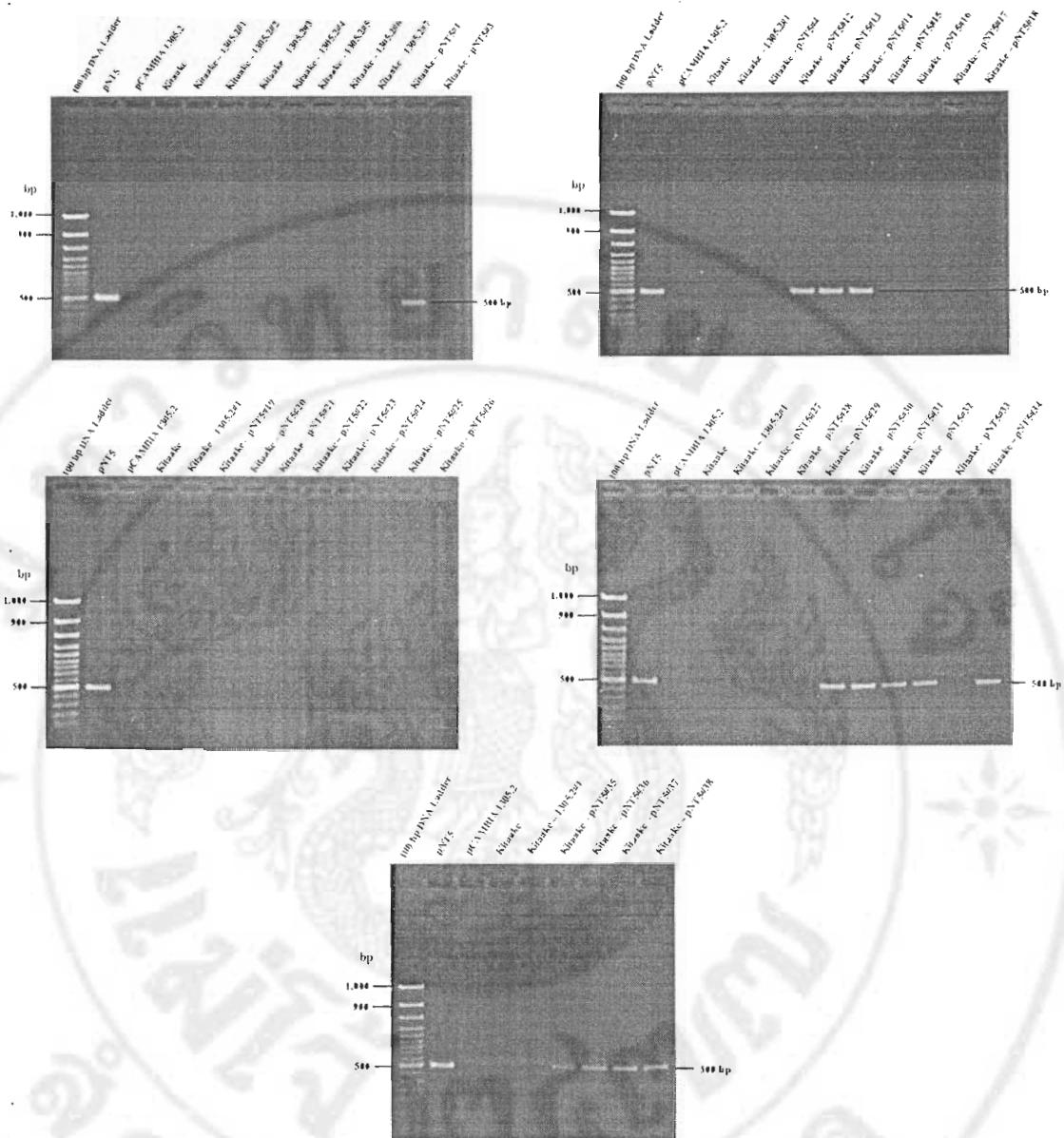
หมายเหตุ:	1 kb DNA Ladder	คือ DNA marker
	pET_mrjp2	คือ พลasmid pET_mrjp2 ซึ่งมีสิน <i>mrjp2</i>
	pCAMBIA 1305.2	คือ พลasmid pCAMBIA 1305.2 ซึ่งมีสิน <i>hptII</i>
	pNT5	คือ พลasmid pNT5 ซึ่งมีสิน <i>mrjp2</i> และ <i>hptII</i>
	Kitaake	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายสิน
	Kitaake – 1305.2	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายสินด้วยพลasmid pCAMBIA 1305.2
	Kitaake – pNT5	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายสินด้วยพลasmid pNT5
	RD 6	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ไม่ได้ถ่ายสิน
	RD 6 – 1305.2	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายสินด้วยพลasmid pCAMBIA 1305.2
	RD 6 – pNT5	คือ แคลลัสข้าวพันธุ์ กข 6 ที่ถ่ายสินด้วยพลasmid pNT5

ภาพ 47 การตรวจสอบแคลลัสที่เจริญ ให้บนอาหารคัดเลือกตัวบทนิคพีซิอาร์ โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อสิน โปรตีนนมผง (*mrjp2*)

1.2. การตรวจสอบยืนยันโปรตีนนมผึ้งในต้นข้าวคัดแปลงพันธุกรรม

เมื่อทำการปลูกต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake คัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยืนยันโปรตีนนมผึ้งในโรงเรือน และทำการตรวจสอบการสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase แล้ว จึงตรวจสอบการแทรกตัวของยืนยันโปรตีนนมผึ้งในจีโนมของข้าวคัดแปลงพันธุกรรม โดยการสกัดดีเอ็นเอจากใบข้าวที่ถ่ายยืนทั้ง 30 ต้น แล้วตรวจสอบด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำแนกพะต่อยืนยันโปรตีนนมผึ้งพบว่า ได้แอบดีเอ็นเอของยืนยันโปรตีนนมผึ้งขนาด 500 คูณบีต เป็นผลผลิตพีซีอาร์ของตัวอย่างดีเอ็นเอของใบข้าวจากต้นข้าว Kitaake – pNT5 จำนวน 13 ต้น ได้แก่ ต้นที่ 1, 12, 13, 14, 29, 30, 31, 32, 34, 35, 36, 37 และ 38 ในขณะที่ไม่พบดีเอ็นเอดังกล่าวในผลผลิตพีซีอาร์จากต้นข้าว Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน และต้น Kitaake – 1305.2 ทั้ง 7 ต้น (ตาราง 7; ภาพ 48) แสดงว่า การถ่ายยืนประสบความสำเร็จ และมียืนยันโปรตีนนมผึ้งแทรกอยู่ในจีโนมของต้นข้าวคัดแปลงพันธุกรรมทั้ง 13 ต้น

จากการตรวจสอบการแสดงออกของยืนยันโปรตีนนมผึ้งด้วยเทคนิคพีซีอาร์ จะเห็นได้ว่า ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake คัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pNT5 ทั้ง 9 ต้น (ต้นที่ 1, 12, 13, 14, 31, 32, 36, 37 และ 38) ได้แอบดีเอ็นเอของโปรตีนนมผึ้ง สอดคล้องกับผลการตรวจสอบเอนไซม์ β -glucuronidase ด้วยเทคนิค GUS assay แสดงว่า มีการแทรกตัวของ T – DNA ซึ่งประกอบด้วยยืนยันต้านทานต่อยาปฏิชีวนะไฮโกรนัยซิน (*hptII*) ยืนยันโปรตีนนมผึ้ง (*mrjp2*) และยืนสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase (*GUSPlus*) จากพลาสมิด pNT5 เข้าไปทั้งหมด ซึ่งสามารถตรวจสอบได้ด้วยเทคนิคดังกล่าวที่ผ่านมา ในขณะที่ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake คัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pNT5 อีก 4 ต้น (ต้นที่ 29, 30, 34 และ 35) ได้แอบดีเอ็นเอของโปรตีนนมผึ้งแต่ไม่พบการแสดงออกของยืนยัน *GUSPlus* เมื่อตรวจสอบด้วยเทคนิค GUS assay แสดงว่า ส่วนของ T – DNA จากพลาสมิด pNT5 แทรกเข้าไปบางส่วน ซึ่งจะต้องทำการตรวจสอบการแสดงออกของยืนในระดับ mRNA ต่อไป



หมายเหตุ:	1 kb DNA Ladder	คือ DNA marker
pNT5		คือ พลasmid pNT5 ซึ่งมียีน <i>mrjp2</i> และ <i>hptII</i>
pCAMBIA 1305.2		คือ พลasmid pCAMBIA 1305.2 ซึ่งมียีน <i>hptII</i>
Kitaake		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยีน
Kitaake - 1305.2 #1 - 7		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลasmid pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1 - 7
Kitaake - pNT5#1 - 38		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลasmid pNT5 ต้นที่ 1 - 38

ภาพ 48 การตรวจสอบต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิคพีเอช อาร์ โดยใช้ ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีน โปรตีนนมผง (*mrjp2*)

ตาราง 7 สรุปผลการตรวจสอบขึ้นโปรแกรมผึ้งในจีโนมข้าวพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิคพีซีอาร์

ต้นข้าว	ขีนโปรแกรมผึ้งในจีโนม
Kitaake#1	-
Kitaake#2	-
Kitaake#3	-
Kitaake - 1305.2#1	-
Kitaake - 1305.2#2	-
Kitaake - 1305.2#3	-
Kitaake - 1305.2#4	-
Kitaake - 1305.2#5	-
Kitaake - 1305.2#6	-
Kitaake - 1305.2#7	-
Kitaake - pNT5#1	+
Kitaake - pNT5#3	-
Kitaake - pNT5#4	+
Kitaake - pNT5#12	+
Kitaake - pNT5#13	+
Kitaake - pNT5#14	+
Kitaake - pNT5#15	-
Kitaake - pNT5#16	-
Kitaake - pNT5#17	-
Kitaake - pNT5#18	-
Kitaake - pNT5#19	-
Kitaake - pNT5#20	-
Kitaake - pNT5#21	-
Kitaake - pNT5#22	-
Kitaake - pNT5#23	-
Kitaake - pNT5#24	-

ตาราง 7 (ต่อ)

ต้นข้าว	มีน้ำโปรดีนน้ำผึ้งในอีโภน
Kitaake - pNT5#25	-
Kitaake - pNT5#26	-
Kitaake - pNT5#27	-
Kitaake - pNT5#28	-
Kitaake - pNT5#29	+
Kitaake - pNT5#30	+
Kitaake - pNT5#31	+
Kitaake - pNT5#32	+
Kitaake - pNT5#33	-
Kitaake - pNT5#34	+
Kitaake - pNT5#35	+
Kitaake - pNT5#36	+
Kitaake - pNT5#37	+
Kitaake - pNT5#38	+

หมายเหตุ: - กือ ไม่มีน้ำ *mjp2* ในอีโภน
 + กือ มีน้ำ *mjp2* ในอีโภน
 Kitaake #1 – 3 กือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน ต้นที่ 1 – 3
 Kitaake – 1305.2 #1 – 7 กือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค *pCAMBIA 1305.2* ต้นที่ 1 – 7
 Kitaake – pNT5 #1 – 38 กือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค *pNT5* ต้นที่ 1 – 38

2. การตรวจสอบการแสดงออกของยีน โปรตีนนัมผึ้งในระดับ mRNA

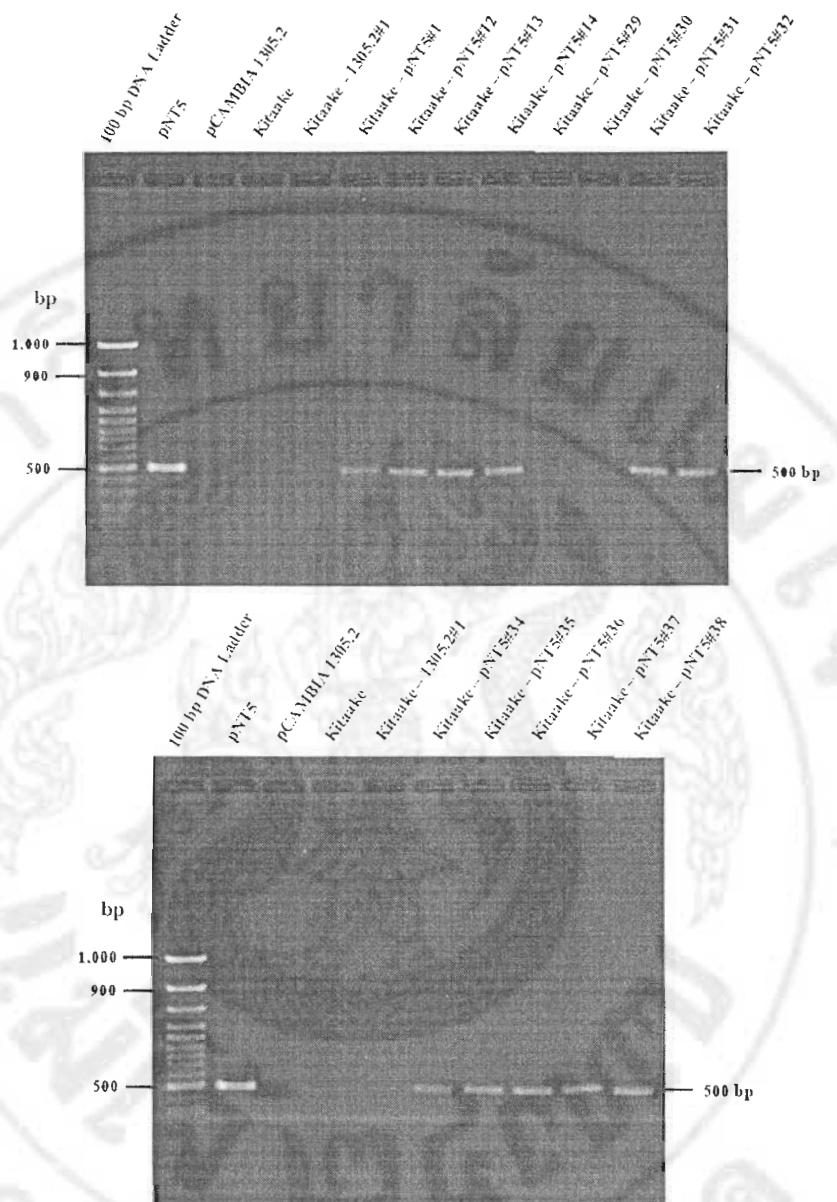
2.1. การแสดงออกของยืน โปรดีนัมพึ่งในใบข้าวดัดแปลงพันธุกรรม

ทำการสกัดอาร์เอ็นเอทั้งหมดจากใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มียืน
โปรตีนนั้นผึ้งแทรกอยู่ในจีโนม (ตรวจสอบแล้วด้วยเทคนิคพีซีอาร์) จากนั้นนำมารวบรวมการ
แสดงออกของยีนในระดับ mRNA ด้วยเทคนิค RT – PCR โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อยีนโปรตีน
นั้นผึ้ง พนบว่า ได้แคนดี้อีนเอของยีน โปรตีนนั้นผึ้ง ขนาด 500 คูเบส เป็นผลผลิตพีซีอาร์ของตัวอย่าง
อาร์เอ็นเอของใบข้าวจากข้าว Kitaake – pNT5 ต้นที่ 1, 12, 13, 14, 31, 32, 34, 35, 36, 37 และ 38 แต่
ไม่พบในตัวอย่างอาร์เอ็นเอจากต้นข้าว Kitaake ปกติ ต้น Kitaake – 1305.2 (ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด
pCAMBIA 1305.2) และต้นข้าว Kitaake – pNT5 ต้นที่ 29 และ 30 (ภาพ 49) แสดงว่า เนื้อเยื่อใน
ข้าว Kitaake – pNT5 ต้นที่ 1, 12, 13, 14, 31, 32, 34, 35, 36, 37 และ 38 มีการแสดงออกของยีน
โปรตีนนั้นผึ้งในระดับ mRNA

2.2. การแสดงออกของยีน โปรตีนนั้นผึ้งในเมล็ดอ่อนข้าวคัดแปลงพันธุกรรม

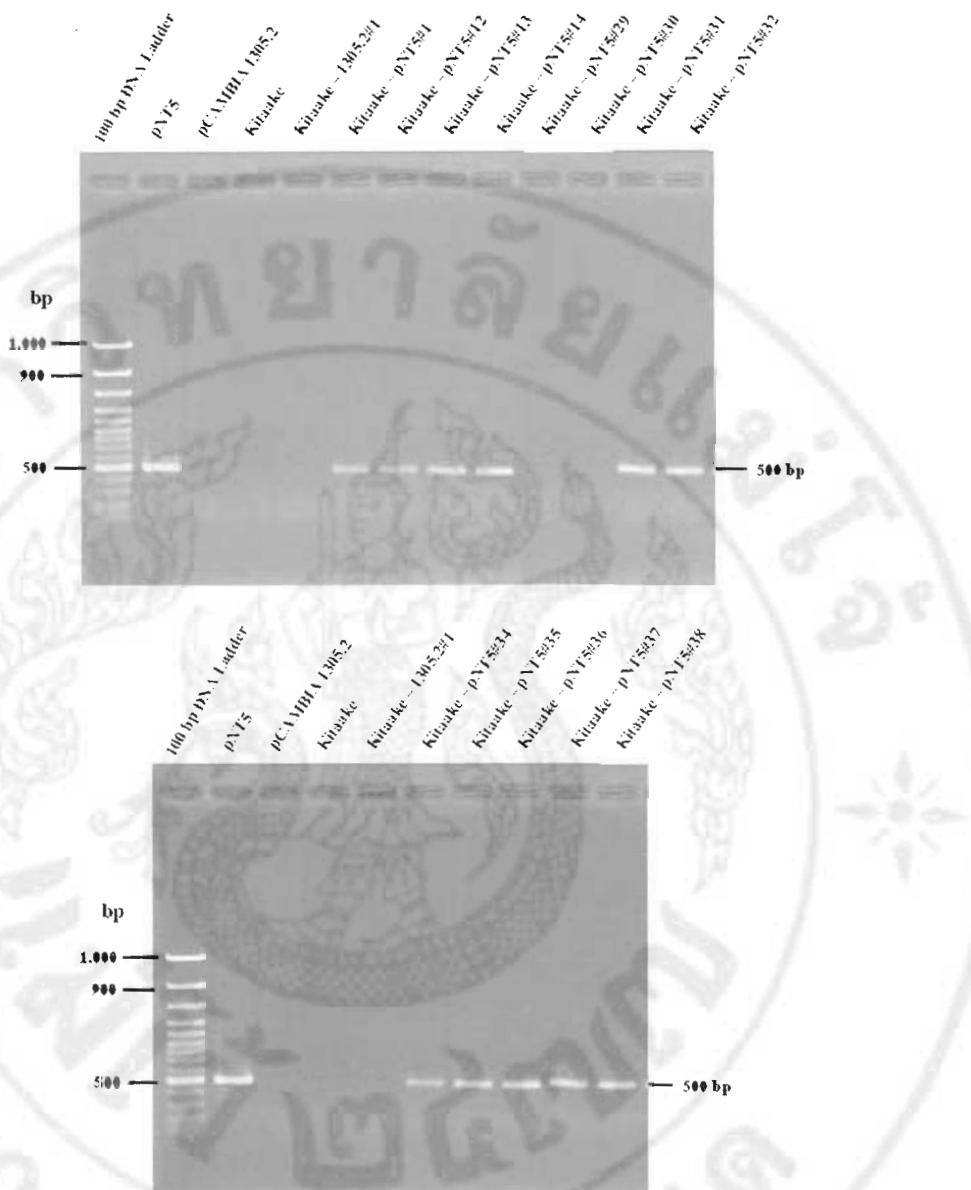
เมื่อต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มีเย็น โปรตีนนมผึ้ง อัญในระยะน้ำนม (milky stage) จึงทำการสกัดอาร์เอ็นเอทั้งหมดจากเมล็ดอ่อน อายุประมาณ 14 – 21 วัน จากนั้นตรวจสอบการแสดงออกของเย็นในระดับ mRNA ด้วยเทคนิค RT – PCR โดยใช้ไพร์เมอร์ที่จำเพาะต่อเย็น โปรตีนนมผึ้ง พนว่า ได้แอบดีเย็นเของเย็น โปรตีนนมผึ้ง ขนาด 500 คูเบส เป็นผลผลิตพืชาร์ของตัวอย่างอาร์เอ็นเอของเมล็ดอ่อนจากต้นที่ 1, 12, 13, 14, 31, 32, 34, 35, 36, 37 และ 38 แต่ไม่พบในตัวอย่างอาร์เอ็นเอจากต้นข้าว Kitaake ปกติ และต้น Kitaake – 1305.2 (ถ่ายเย็น ด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2) (ภาพ 50) แสดงว่า มีการแสดงออกของเย็น โปรตีนนมผึ้งระดับ mRNA ในเมล็ดอ่อนของข้าว ซึ่งอยู่ในระยะสืบพันธุ์ (reproductive stage)

จากการตรวจสอบการแสดงออกของยีน โปรตีนนมผึ้ง ด้วยเทคนิค RT – PCR จะเห็นได้ว่าต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pNTS ทั้ง 11 ต้น (ต้นที่ 1, 12, 13, 14, 31, 32, 34, 35, 36, 37 และ 38) ได้ແเบกเดอีนของโปรตีนนมผึ้ง สอดคล้องกับผลการตรวจสอบด้วยเทคนิคพีซีอาร์ แสดงว่า มียีน โปรตีนนมผึ้งซึ่งสามารถแสดงออกในระดับ mRNA ได้ทั้งในส่วนของใบและเมล็ดอ่อน ในขณะที่ต้นข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pNTS อีก 2 ต้น (ต้นที่ 29 และ 30) ไม่ได้ແเบกเดอีนของโปรตีนนมผึ้งทั้งในใบและเมล็ดอ่อน แสดงว่า ยีน โปรตีนนมผึ้งที่แทรกอยู่ในจีโนม ไม่มีการแสดงออกในระดับ mRNA จึงไม่ทำการตรวจสอบในระดับโปรตีน



หมายเหตุ:	1 kb DNA Ladder	คือ DNA marker
pNT5		คือ พลasmid pNT5 ซึ่งมียีน <i>mrjp2</i> และ <i>hptII</i>
pCAMBIA 1305.2		คือ พลasmid pCAMBIA 1305.2 ซึ่งมียีน <i>hptII</i>
Kitaake		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยีน
Kitaake – 1305.2 #1		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลasmid pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1
Kitaake – pNT5 #1 – 38		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลasmid pNT5 ต้นที่ 1 – 38

ภาพ 49 การตรวจสอบการแสดงออกของยีนโปรตีนนัมพิง (*mrjp2*) ในระดับ mRNA ในใบข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิค RT - PCR



หมายเหตุ:	1 kb DNA Ladder	คือ DNA marker
	pNT5	คือ พลasmid pNT5 ซึ่งมียีน <i>mrjp2</i> และ <i>hptII</i>
	pCAMBIA 1305.2	คือ พลasmid pCAMBIA 1305.2 ซึ่งมียีน <i>hptII</i>
	Kitaake	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยีน
	Kitaake - 1305.2 #1	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1
	Kitaake - pNT5 #1 – 38	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNT5 ต้นที่ 1 – 38

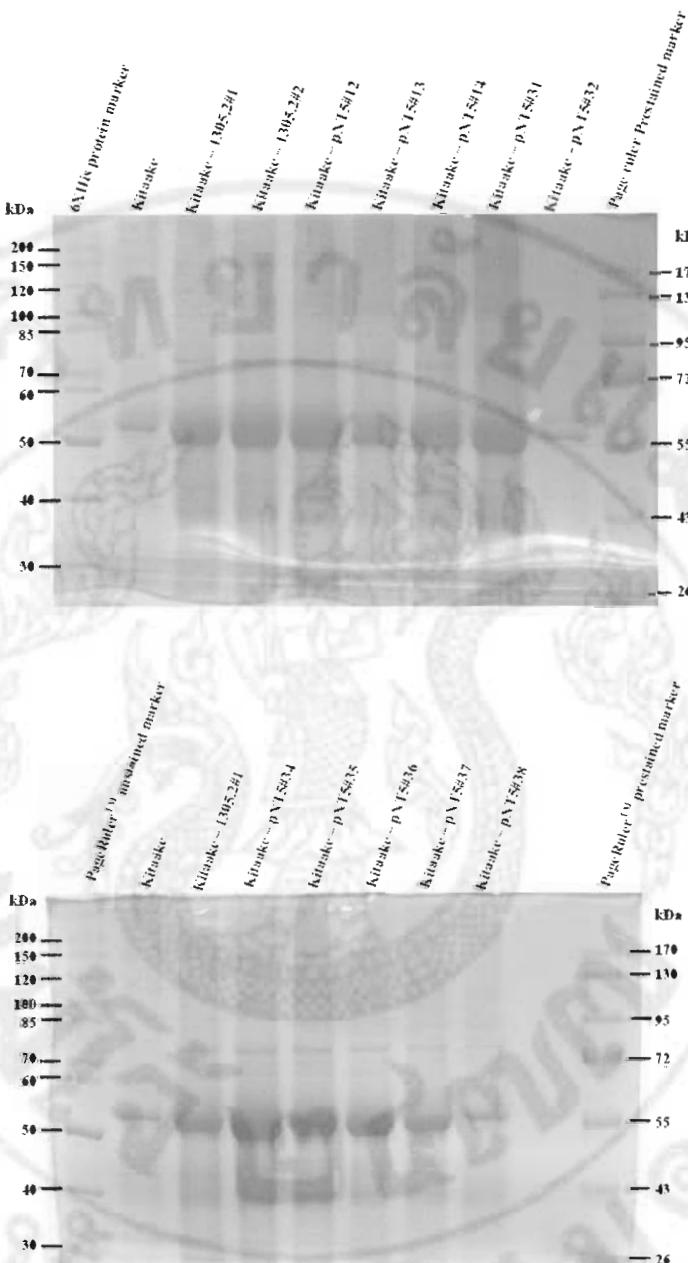
ภาพ 50 การตรวจสอบการแสวงของข่ายนิรภัย (*mrjp2*) ในระดับ mRNA ในเมล็ดช่อนของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค RT - PCR

3. การตรวจสอบการแสดงออกของยีนโปรตีนนมผึ้งในระดับโปรตีน

3.1. การตรวจสอบโปรตีนนมผึ้งในไข่ขาวดัดแปลงพันธุกรรม

เนื่องจากยีนโปรตีนนมผึ้งที่ถ่ายเข้าไปในไข่ขาวมีการควบคุมการทำงานด้วยโพรโมเตอร์ชนิด 35S dual enhancer ทำให้ยีนมีการแสดงออกอย่างสูงตลอดเวลาในทุกเนื้อเยื่อ การตรวจสอบโปรตีนนมผึ้งในไข่ขาวจึงเป็นวิธีการที่สามารถตรวจสอบได้ทุกระบบทรีเซริญเติบโต ดังนั้นจึงทำการสกัดโปรตีนจากไข่ขาวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มียีนโปรตีนนมผึ้ง แล้วตรวจสอบการแสดงออกของยีนในระดับโปรตีนด้วยเทคนิค SDS – PAGE พบว่า ในไข่ขาวมีโปรตีนขนาดประมาณ 55 กิโลดาตตัน (kDa) อยู่เป็นส่วนใหญ่ซึ่งสามารถเห็นได้ชัดเจน คาดว่า เป็น catalytic large subunit ของเอนไซม์ Rubisco (Andersson and Backlund, 2008) ส่วนโปรตีนขนาดอื่น ๆ มีปริมาณเล็กน้อย (ภาพ 51)

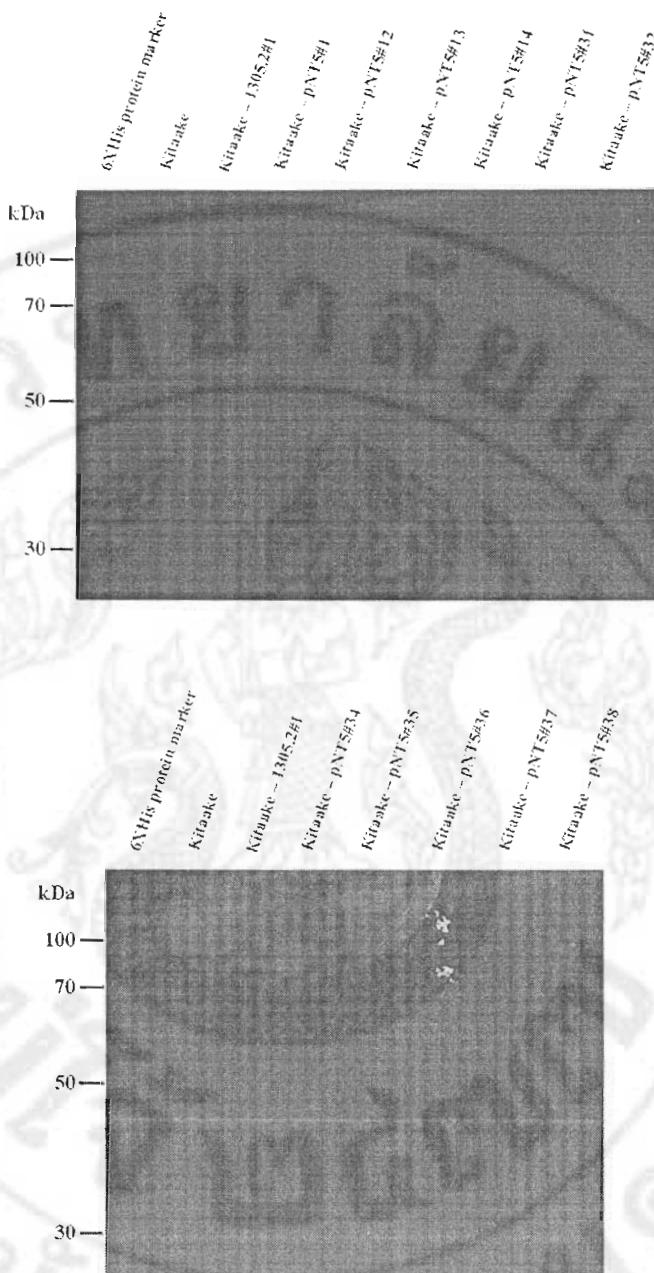
เมื่อทำการตรวจสอบด้วยเทคนิค Western blot โดยใช้แอนติบอดีที่จำเพาะต่อโปรตีนซึ่งมีลำดับเป็นกรดอะมิโน Histidine (6xHis – tag) พบว่า ได้แอบโปรตีนขนาดประมาณ 70 กิโลดาตตัน ในตัวอย่างโปรตีนที่ได้จากไข่ขาว Kitaake – 1305.2#1 ในขณะที่ไม่พบในตัวอย่างโปรตีนจากไข่ขาวปกติ และในไข่ที่มียีนโปรตีนนมผึ้ง (ภาพ 52) คาดว่า โปรตีนที่ตรวจพบเป็นเอนไซม์ β -glucuronidase ซึ่งมีขนาดประมาณ 70 กิโลดาตตัน และเป็นผลผลิตของยีน GUSPlus ที่มีบริเวณ 6x His – tag อยู่ที่ปลายด้านคาร์บอฟิกซิล (C – terminal) ของโปรตีน ทำให้สามารถตรวจพบได้ด้วย แอนติบอดีชนิด Anti – His HRP conjugate (QIAGEN, USA) และสอดคล้องกับการทดลองของ Nguyen (2002) ซึ่งได้ทำการทดลองในไข่ขาว และสามารถตรวจสอบโปรตีน GUSPlus ด้วย แอนติบอดีชนิด Anti – His HRP conjugate (QIAGEN, USA) และได้ขนาดประมาณ 70 กิโลดาตตัน เช่นเดียวกัน



หมายเหตุ: PageRuler™ unstained protein ladder และ PageRuler™ prestained Ladder คือ โปรตีนมาตรฐาน
 Kitaake คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายเป็น
 Kitaake - 1305.2#1 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายเป็นด้วยพลาสติก pCAMBIA
 1305.2 ต้นที่ 1
 Kitaake - pNT5 #1 - 38 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายเป็นด้วยพลาสติก pNT5 ต้นที่ 1 - 38

ภาพ 51. การตรวจสอบโปรตีนในใบของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเผลงทำครรภ์ตัวแทนนิวเคลียส

SDS - PAGE



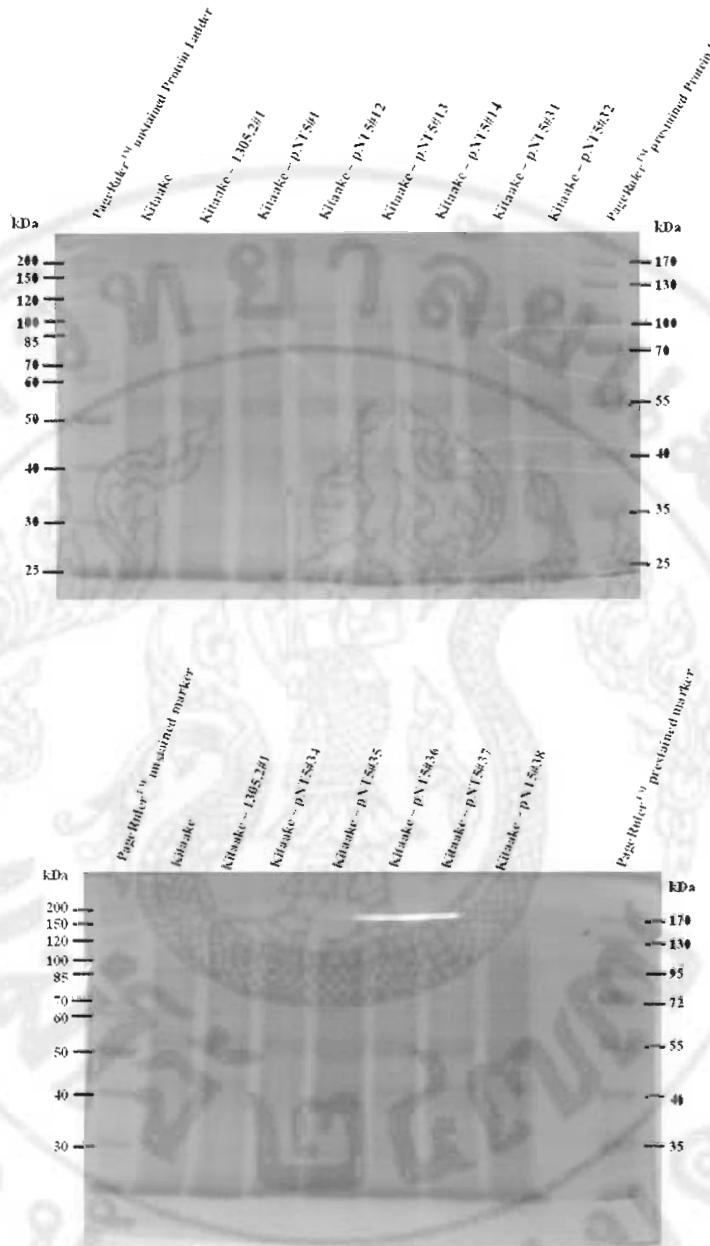
หมายเหตุ:	6XHis protein marker	คือ โปรตีนมาตรฐานที่มี 6x Histidine
	Kitaake	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน
	Kitaake - 1305.2 #1	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1
	Kitaake - pNTS #1 - 38	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pNTS ต้นที่ 1 - 38

ภาพ 52 การตรวจสอบ โปรตีนในใบของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคโนโลยี Western blot

3.2. การตรวจสอบโปรตีนนมผึ้งในเมล็ดอ่อนของข้าวดัดแปลงพันธุกรรม

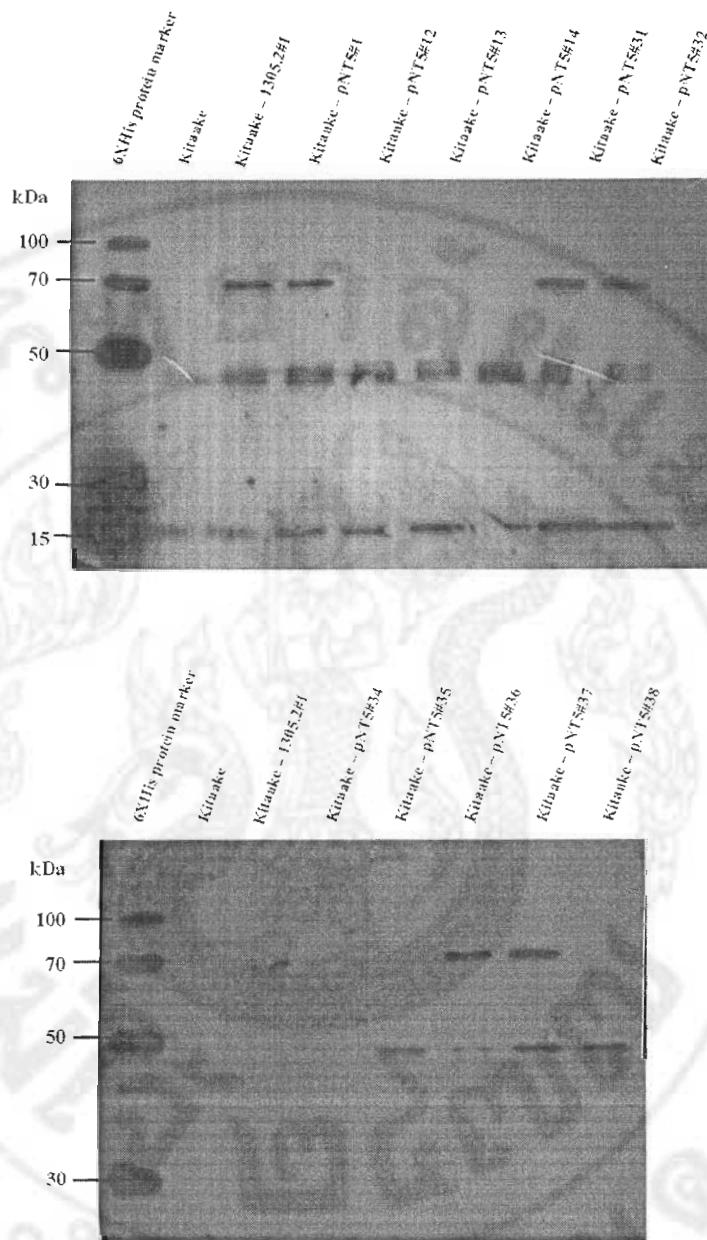
ในการยืนยันโปรตีนนมผึ้ง เพื่อปรับปรุงคุณภาพของเมล็ดข้าว โดยมีการควบคุมการทำงานด้วยโพรโนเมเตอร์ 35S dual enhancer จึงต้องมีการตรวจสอบการสร้างโปรตีนในเมล็ด ดังนั้น จึงทำการสกัดโปรตีนจากเมล็ดอ่อนของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มียืนยันโปรตีนนมผึ้ง แล้วตรวจสอบโปรตีนด้วยเทคนิค SDS – PAGE พบว่า ในเมล็ดอ่อนของข้าวพันธุ์ Kitaake มีโปรตีนขนาดประมาณ 40 กิโลคาลตัน คาดว่า เป็น large subunits ของโปรตีน glutelin และแอบโปรตีนขนาดประมาณ 55 – 60 กิโลคาลตัน (Yamagata et al., 1982; Wen and Luthe, 1985) ซึ่งพบได้ในเมล็ดอ่อนที่กำลังพัฒนาส่วนโปรตีนขนาดอื่น ๆ มีปริมาณเล็กน้อย (ภาพ 53)

เมื่อทำการตรวจสอบด้วยเทคนิค Western blot โดยใช้แอนติบอดีที่จำเพาะต่อโปรตีนซึ่งมีลำดับเป็นกรดอะมิโน Histidine (6xHis – tag) พบว่า พบรูปแบบโปรตีนขนาด 70 กิโลคาลตัน ในตัวอย่างโปรตีนที่ได้จากเมล็ดอ่อนข้าว Kitaake – pNT5 ต้นที่ 1, 31, 32, 36 และ 37 เช่นเดียวกับที่พบรูปในตัวอย่างโปรตีนที่ได้จากเมล็ดอ่อนของข้าว Kitaake – 1305.2#1 แต่ไม่พบรูปในตัวอย่างโปรตีนจากเมล็ดอ่อนของข้าวปกติ (ภาพ 54) จึงคาดว่า โปรตีนที่ตรวจพบในเมล็ดอ่อนของข้าว Kitaake – pNT5 ต้นที่ 1, 31, 32, 36 และ 37 เป็นเอนไซม์ β -glucuronidase ซึ่งได้จากยืนยัน GUSPlus เนื่องจากมีขนาดใกล้เคียงกัน นอกเหนือไปยังพบรูป non – specific protein ขนาดประมาณ 15 และ 50 กิโลคาลตัน ในตัวอย่างโปรตีนจากต้นข้าว Kitaake ทุกต้นทั้งที่เป็นต้นข้าวปกติและข้าวดัดแปลงพันธุกรรม (ภาพ 54) คาดว่า เป็นโปรตีน prolamin ซึ่งมีขนาดประมาณ 13 – 17 กิโลคาลตัน (Wu et al., 1998; Huang, 2004) รวมทั้ง precursor และ large subunits ของโปรตีน glutelin ขนาดประมาณ 45 – 50 กิโลคาลตัน ซึ่งพบได้ในเมล็ดอ่อนที่กำลังพัฒนา (Yamagata et al., 1982; Wen and Luthe, 1985; Liu et al., 1995; Wu et al., 1998; Huang, 2004)



หมายเหตุ: PageRulerTM unstained protein ladder และ PageRulerTM prestained Ladder คือ protein marker
 Kitaake คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน
 Kitaake – 1305.2#1 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pCAMBIA
 1305.2 ต้นที่ 1
 Kitaake – pNTS #1 – 38 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pNTS ต้นที่ 1 – 38

ภาพ 53 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดอ่อนของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค SDS – PAGE



หมายเหตุ:	6XHis protein marker	คือ โปรตีนมาตรฐาน
	Kitaake	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน
	Kitaake – 1305.2#1	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1
	Kitaake – pNT5 #1 - 38	คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pNT5 ต้นที่ 1 - 38

ภาพ 54 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดอ่อนของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วยเทคนิค Western blot

3.3. การตรวจสอบโปรตีนนมผึ้งในเมล็ดแก่ข้าวดัดแปลงพันธุกรรม

เมื่อทำการสกัดโปรตีนจากเมล็ดแก่ข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มียืนโปรตีนนมผึ้ง แล้วตรวจสอบการแสดงออกของยืนในระดับโปรตีนด้วยเทคนิค SDS – PAGE พบว่า ในเมล็ดแก่ของข้าวมีโปรตีนขนาดประมาณ 55 กิโลคาลตัน (kDa) อยู่เป็นส่วนใหญ่ซึ่งสามารถเห็นได้ชัดเจน แต่น้อยกว่าในใบข้าว ส่วนโปรตีนขนาดอื่น ๆ มีปริมาณเล็กน้อย (ภาพ 55)

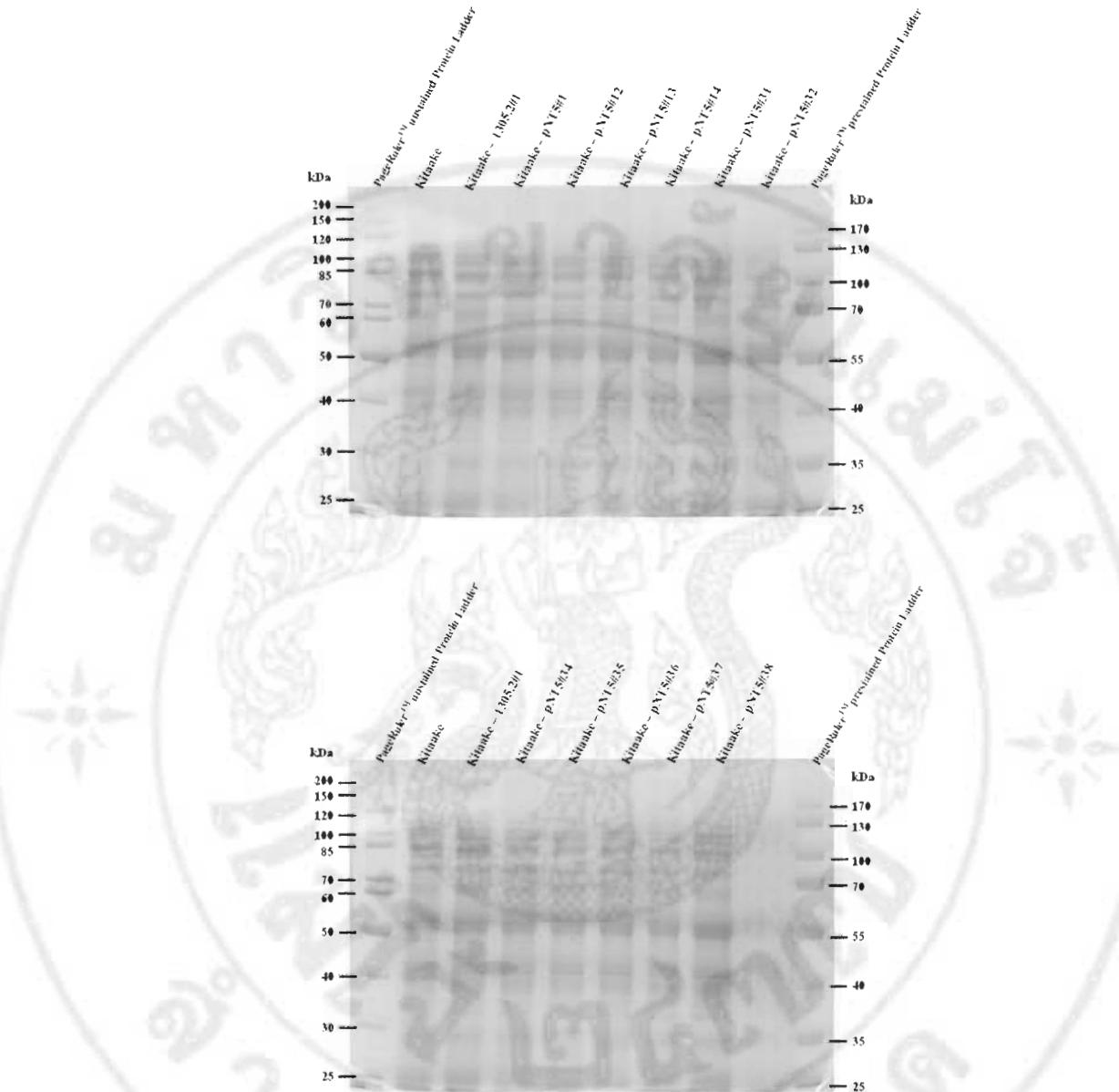
เมื่อทำการตรวจสอบด้วยเทคนิค Western blot โดยใช้แอนติบอดีที่จำเพาะต่อโปรตีนซึ่งมีลำดับเป็นกรดอะมิโน Histidine (6xHis – tag) พบว่า ได้โปรตีนขนาดประมาณ 70 กิโลคาลตัน ในตัวอย่างโปรตีนที่ได้จากเมล็ดแก่ข้าว Kitaake – 1305.2#1 ในขณะที่ไม่พบในตัวอย่างโปรตีนจากเมล็ดแก่ข้าวปกติ และข้าวที่มียืน โปรตีนนมผึ้ง (ภาพ 56) จึงคาดว่า โปรตีนที่ตรวจพบในเมล็ดแก่ของข้าว Kitaake – pNTS ตันที่ 31 เป็นเอนไซม์ β -glucuronidase ซึ่งได้จากยืน *GUSPlus* เนื่องจากมีขนาดใกล้เคียงกัน นอกจากนี้ยังได้พบโปรตีนขนาดประมาณ 30 และ 50 กิโลคาลตันในโปรตีนจากทุกตัวอย่าง เป็น non – specific protein ที่มีบริเวณ 6xHis หรือมี Histidine หลายตัวเรียงติดกันซึ่งอาจพบได้ในเมล็ดข้าวพันธุ์ Kitaake ทั่วไป คาดว่าเป็น precursor รวมทั้ง small และ large subunits ของโปรตีน glutelin ซึ่งมีขนาดอยู่ในช่วงประมาณ 28 – 50 กิโลคาลตัน ซึ่งเป็นโปรตีนที่พบได้ในเมล็ดของข้าวหลาภูสายพันธุ์ (Yamagata et al., 1982; Wen and Luthe, 1985; Liu et al., 1995; Wu et al., 1998; Huang, 2004)

จากการตรวจสอบการแสดงออกของยืนในระดับโปรตีนในใบ เมล็ดอ่อน และเมล็ดแก่ของข้าวดัดแปลงพันธุกรรมโดยใช้แอนติบอดีชนิด Anti – His HRP conjugate (QIAGEN, USA) ที่จำเพาะต่อ Histidine tag protein ซึ่งสามารถตรวจสอบโปรตีนที่มีลำดับกรดอะมิโนเป็น Histidine เรียงต่อกัน จำนวน 3 – 6 กรดอะมิโน ทำให้เกิดการจับกับโปรตีนได้หลากหลาย แต่ถ้าหากมีการใช้แอนติบอดีที่จำเพาะต่อโปรตีน MRJP2 อาจจะตรวจได้ดีกว่า เนื่องจากมีความไว (sensitivity) ต่อโปรตีน MRJP2 สูงกว่าการใช้แอนติบอดีต่อ Histidine tag protein เช่นเดียวกับการทดลองของ Júdová และคณะ (2004) ซึ่งได้ทำการถ่ายยืน โปรตีนนมผึ้งชนิด MRJP1 เนื้อสุกyaสูน และใช้แอนติบอดีต่อ โปรตีน MRJP1 ในการตรวจสอบ ทำให้สามารถตรวจสอบโปรตีน MRJP1 ได้

นอกจากนี้การตรวจไม่พบ โปรตีนนมผึ้ง (MRJP2) ในต้นข้าวซึ่งมีการแสดงออกของยืนในระดับ mRNA อาจเกิดจากความเสถียรของ mRNA (mRNA stability) จากยืน *mrjp2* ต่ำ ทำให้เกิดการถ่ายตัวในเซลล์ได้ ทำให้เกิดการแปลรหัสเป็นโปรตีนได้น้อย หรืออาจเกิดจากการเลือกใช้โคดอน (codon usage) ของเซลล์ข้าวแตกต่างจากโคดอนของผึ้ง ทำให้โปรตีนที่สร้างได้ไม่สมบูรณ์

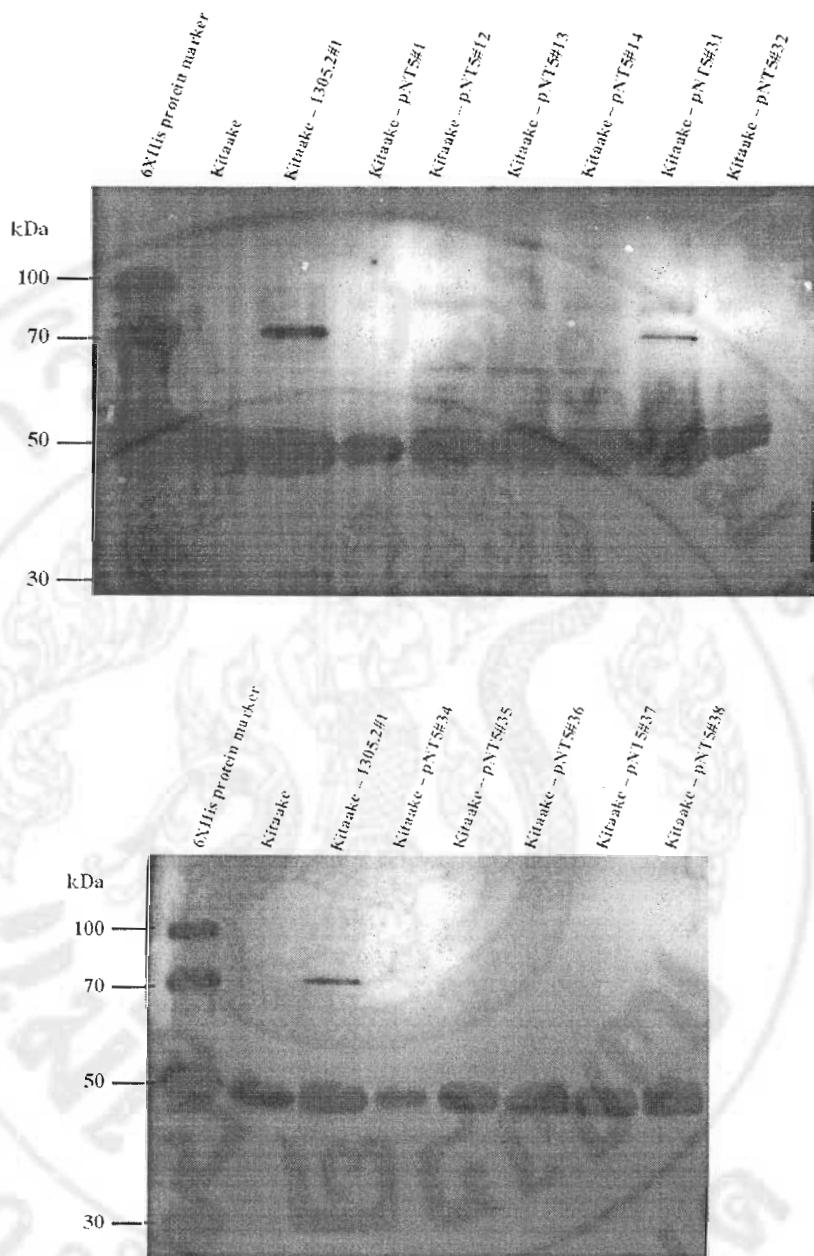
จึงถูกทำลายโดยกระบวนการภายในเซลล์ ทำให้ไม่สามารถตรวจพบได้ด้วยแอนติบอดีชนิด Anti-His HRP conjugate ได้

จากการวิเคราะห์ต้นข้าวดัดแปลงพันธุกรรมซึ่งถ่ายยืน โปรตีนนมผึ้ง ด้วยเทคนิคทางชีวเคมี พบว่า มีต้นข้าวดัดแปลงพันธุกรรมจำนวน 5 ต้น ได้แก่ ต้นข้าว Kitaake – pNT5 ต้นที่ 1; 31, 32, 36 และ 37 ซึ่งมียืน *mrjp2* แทรกอยู่ในจีโนม และมีการแสดงออกในระดับ mRNA อีกทั้งยังมีการแสดงออกของยืน *GUSplus* ระดับ โปรตีนในใบและเมล็ดอ่อน เมื่อตรวจสอบด้วยเทคนิค GUS assay และ Western blot ตามลำดับ (ตาราง 10) ซึ่งเป็นต้นที่ควรนำไปทำการวิเคราะห์ด้านสัณฐานวิทยาและการถ่ายทอดยืนในรุ่น T₁ ต่อไป



หมายเหตุ: PageRuler™ unstained protein ladder และ PageRuler™ prestained Ladder คือ protein marker Kitaake คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยีน Kitaake - 1305.2#1 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1 Kitaake - pNTS #1 – 38 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิค pNTS ต้นที่ 1 – 38

ภาพ 55 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดเก็บของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมด้วยเทคนิค SDS – PAGE



หมายเหตุ:	6XHis protein marker	คือ protein marker
Kitaake		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน
Kitaake - 1305.2#1		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1
Kitaake - pNTS #1 - 38		คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิค pNTS ต้นที่ 1 - 38

ภาพ 56 การตรวจสอบโปรตีนในเมล็ดแก่ของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ด้วย Western blot

ตาราง 8 สรุปผลการตรวจสอบการแสดงออกของยีน โปรตีนนัมผึ้ง (*mrjp2*) ในข้าว Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมที่มียีน *mrjp2* แทรกอยู่ในจีโนม ด้วยเทคนิคชีวโมเลกุล

ต้นข้าว	การแสดงออกของยีน			การแสดงออกของยีน		
	ใน	เมล็ดอ่อน	ใน	เมล็ดอ่อน	เมล็ดแก่	
	mRNA		โปรตีน			
Kitaake	-	-	-	-	-	-
Kitaake – 1305.2#1	-	-	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#1	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#12	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#13	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#14	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#29	-	-	ND	ND	ND	ND
Kitaake – pNT5#30	-	-	ND	ND	ND	ND
Kitaake – pNT5#31	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#32	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#34	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#35	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#36	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#37	+	+	-	-	-	-
Kitaake – pNT5#38	+	+	-	-	-	-

หมายเหตุ: - คือ ตรวจไม่พบการแสดงออกของยีน
+ คือ ตรวจพบการแสดงออกของยีน
ND คือ ไม่ได้ทำการตรวจสอบ
Kitaake คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยีน
Kitaake – 1305.2 #1 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1

Kitaake – pNT5 #1 – 38 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNT5 ต้นที่ 1 – 38

ตาราง 9 สรุปผลการตรวจสอบการแสดงออกของยีนสร้างเอนไซม์ β - glucuronidase (*gusA*) ในข้าว Kitaake ตัดแปลงพันธุกรรมที่มีบีน *mrjp2* แทรกอยู่ในจีโนมด้วยเทคนิค Western blot

การแสดงออกของยีน

ต้นข้าว	ในระดับโปรตีน		
	ใบ	เมล็ดอ่อน	เมล็ดแก่
Kitaake	-	-	-
Kitaake – 1305.2#1	+++	+++	+++
Kitaake – pNT5#1	-	+++	-
Kitaake – pNT5#12	-	-	-
Kitaake – pNT5#13	-	-	-
Kitaake – pNT5#14	-	-	-
Kitaake – pNT5#31	-	+++	++
Kitaake – pNT5#32	-	-	-
Kitaake – pNT5#34	-	-	-
Kitaake – pNT5#35	-	-	-
Kitaake – pNT5#36	-	+	-
Kitaake – pNT5#37	-	+	-
Kitaake – pNT5#38	-	-	-

หมายเหตุ:

- คือ ตรวจไม่พบการแสดงออกของยีน

+ คือ ตรวจพบการแสดงออกของยีนในระดับต่ำ

++ คือ ตรวจพบการแสดงออกของยีนในระดับปานกลาง

+++ คือ ตรวจพบการแสดงออกของยีนในระดับสูง

Kitaake คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยีน

Kitaake – 1305.2 #1 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด

pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1

Kitaake – pNT5 #1 – 38 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pNT5 ต้น

ที่ 1 – 38

ตาราง 10 สรุปผลการตรวจสอบข่าวดีเดลเพลิงพัฒนาระบบ โดยเทคนิคชี้วิเคราะห์

ตัวอย่าง	พลาสติก ขยะ	GUSPlus ¹	การ แสดงออกของ GUSPlus ใน แมตจ์เจล ของยีน		การแสดงออกของยีน mrjp2 ในราก ²		การแสดงออกของยีน mrjp2 ในราก ² ของปรับแต่ง ³	
			ระดับปรับแต่ง ¹	กิมจิหมู ³	กิมจิหมู ³	mRNA ²	กิมจิหมู	เมล็ดอ่อน
Kitaake#1	-	-	-	-	-	-	-	-
Kitaake#2	-	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake#3	-	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - 1305.2#1	pCAMBIA 1305.2	+++	+++	+++	-	-	-	-
Kitaake - 1305.2#2	pCAMBIA 1305.2	+++	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - 1305.2#3	pCAMBIA 1305.2	+	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - 1305.2#4	pCAMBIA 1305.2	+	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - 1305.2#5	pCAMBIA 1305.2	+	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - 1305.2#6	pCAMBIA 1305.2	+	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - 1305.2#7	pCAMBIA 1305.2	+	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNTS#1	pNTS	+	-	+++	-	+	+	-
Kitaake - pNTS#3	pNTS	-	ND	ND	-	ND	ND	ND
Kitaake - pNTS#4	pNTS	-	ND	ND	-	ND	ND	ND
Kitaake - pNTS#12	pNTS	+	-	-	+	+	+	-

ตาราง 10 (ต่อ)

ต้นข้าว	พลางมิว	GUSPlus ¹	การทดสอบของ GUSPlus ใน				การทดสอบของ mRNA			
			แสดงออก ของยีน	ระดับปริมาณ ²	ไข่ ³ mRNA	mRNA ²	ไข่	ไข่ติดอยู่	ไข่	เม็ดเดือน
Kitaake - pNT5#13	pNT5	+	-	-	-	+	+	+	-	-
Kitaake - pNT5#14	pNT5	+	-	-	-	+	+	+	-	-
Kitaake - pNT5#15	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#16	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#17	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#18	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#19	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#20	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#21	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#22	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#23	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#24	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#25	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
Kitaake - pNT5#26	pNT5	-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND

፩፻፲፭

การเปรียบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาของข้าวญี่ปุ่น

พันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมกับข้าวปกติ

การศึกษาการเปรียบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาของข้าว Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม กับข้าวปกติ โดยได้ทำการปลูกข้าว Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรมซึ่งผ่านการถ่ายยีนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 และ pNTS รุ่น T₀ ได้แก่ ต้นข้าว Kitaake – 1305.2 และ Kitaake – pNTS ตามลำดับ ซึ่งได้จากการซักน้ำให้เกิดต้นด้วยเทคนิคการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ เปรียบเทียบกับข้าว Kitaake ปกติที่ไม่ได้ถ่ายยีน ทำการปลูกโดยการเพาะเมล็ด และปลูกลงดินพร้อมกัน แล้วจึงทำการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาต่าง ๆ ได้แก่ ความสูงต้น จำนวนกอต่อต้น วันออกดอก จำนวนช่อดอกต่อต้น จำนวนรวงต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อรวง และน้ำหนักเมล็ด

จากการศึกษาพบว่า ต้นข้าว Kitaake ปกติมีความสูงเฉลี่ยมากกว่าต้นข้าวดัดแปลง พันธุกรรม Kitaake – 1305.2 และ Kitaake – pNTS (ตาราง 11, ภาพ 58) ส่วนการศึกษาจำนวนกอ ของต้นข้าว Kitaake พบว่า ต้นข้าว Kitaake ปกติมีจำนวนกomo กกว่าต้นข้าว Kitaake – 1305.2 และ Kitaake – pNTS ทำให้ต้นข้าวปกติมีจำนวนช่อดอกและจำนวนรวงมากกว่าต้นข้าวดัดแปลง พันธุกรรม (ตาราง 11, ภาพ 59, 61 และ 62) แต่ต้นข้าวปกติและต้นข้าวดัดแปลงพันธุกรรมมีวัน ออกดอกที่ใกล้เดียงกัน ประมาณ 42 – 58 วัน (ตาราง 11, ภาพ 60) อาจเนื่องมาจากการต้นข้าว Kitaake ปกติเติบโตมาจาก การเพาะเมล็ด ในขณะที่ต้นข้าว Kitaake – 1305.2 และ Kitaake – pNTS ได้มา จากการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ จึงมีความสามารถในการเจริญเติบโตในสภาพแวดล้อมปกติที่แตกต่างกัน

เมื่อทำการศึกษาผลผลิตพบว่า ต้นข้าวดัดแปลงพันธุกรรมบางต้นมีจำนวนเมล็ดต่อรวง มากกว่าต้นข้าวปกติ (ตาราง 12, ภาพ 63) โดยต้นข้าวดัดแปลงพันธุกรรมบางต้นมีน้ำหนักเมล็ด มากกว่าต้นข้าวปกติอย่างมีนัยสำคัญ โดยต้นข้าว Kitaake – pNTS ต้นที่ 4 มีน้ำหนักเมล็ดมากที่สุด เท่ากับ 43.0 มิลลิกรัมต่อมel็ด รองลงมา คือ ต้นข้าว Kitaake – pNTS ต้นที่ 1 เท่ากับ 41.0 มิลลิกรัม ต่อมel็ด (ตาราง 12, ภาพ 64) นอกจากนี้ยังพบว่า โปรตีนในเมล็ดแก่ทั้งหมดของต้นข้าวดัดแปลง พันธุกรรมบางต้นมีปริมาณมากกว่า โปรตีนในเมล็ดต้องบ่มที่สุด เท่ากับ 2.53 และ 2.78 มิลลิกรัม ต่อก粒 ตามลำดับ ในขณะที่ต้นข้าว Kitaake ต้นที่ 3 มีปริมาณโปรตีนทั้งหมดน้อยที่สุด เท่ากับ 1.67 มิลลิกรัมต่อก粒 โดยคิดเป็นปริมาณโปรตีนเท่ากับ ร้อยละ 0.25, .28 และ 0.17 ตามลำดับ (ตาราง 12, ภาพ 65)

จากการศึกษาน้ำหนักเมล็ดและปริมาณโปรตีนทั้งหมดในเมล็ด คาดว่า水หนักเมล็ดที่เพิ่มขึ้นอาจเนื่องมาจากการผลิตโปรตีนที่เป็นผลจาก การแสดงออกของยีนที่ทำการถ่ายยีนเข้าไปในข้าวทำให้น้ำหนักเมล็ดของต้นข้าว Kitaake – 1305.2 และ Kitaake – pNT5 บางต้นเพิ่มขึ้นมากกว่าต้นข้าวปกติ ทั้งนี้ซึ่งต้องทำการศึกษาการถ่ายทอดยีนและเปรียบเทียบในต้นข้าวรุ่น T_1 ต่อไป



ภาพ 57 การปลูกต้นข้าวดัดแปลงพันธุกรรมพันธุ์ Kitaake รุ่น T_1 เมื่อเทียบกับต้นข้าวปกติ

ตาราง 11 การประยุกต์ใช้บล็อกชั้นต่ำในวิธีการของ Kitaake ตัดแปลงพืชกรรมช้าๆ ไปquick

ต้นข้าว	พลาสติก	ปืนทรายขี้ม	ความถูกต้อง (มาตรฐาน)	จำนวนครั้ง (กต)	ร้อยละลดลง (%)	จำนวนห่อตอก (กต)	จำนวนรวม (ร้อย)
Kitaake#1	-	-	40.1	23	55	28	26
Kitaake#2	-	-	55.7	12	55	11	4
Kitaake#3	-	-	45.2	5	52	3	5
Kitaake - 1305.2#1	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	40.1	20	57	32	28
Kitaake - 1305.2#2	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	28.5	12	54	13	10
Kitaake - 1305.2#3	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	25.7	9	49	8	9
Kitaake - 1305.2#4	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	30.7	11	53	5	2
Kitaake - 1305.2#5	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	32.4	10	50	4	2
Kitaake - 1305.2#6	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	24.5	11	47	5	3
Kitaake - 1305.2#7	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	23.4	8	42	4	3
Kitaake - pNT5#1	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	30.5	45	53	33	27
Kitaake - pNT5#3	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	32.9	17	56	9	8
Kitaake - pNT5#4	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	51.3	11	54	11	8
Kitaake - pNT5#12	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	45.9	11	52	13	11

ตาราง 11 (ต่อ)

ตัวชี้วัด	พัฒนาการ	ร้อยละที่เพิ่มขึ้น (% ต่อเดือน)	ความถี่ที่พบบุคคล (ต่อเดือน)	จำนวนบุคคล (ราย)	จำนวนครั้งของ กิจกรรมครั้ง	จำนวนครั้งของ กิจกรรมครั้ง
Kitaake - pNT5#13	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	47.5	12	52	13
Kitaake - pNT5#14	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	48	8	52	8
Kitaake - pNT5#15	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	48.5	7	52	12
Kitaake - pNT5#16	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	43.4	6	52	8
Kitaake - pNT5#17	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	40.3	19	52	4
Kitaake - pNT5#18	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	42.5	13	52	22
Kitaake - pNT5#19	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	32.1	18	49	11
Kitaake - pNT5#20	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	34.2	4	52	9
Kitaake - pNT5#21	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	30.9	11	49	8
Kitaake - pNT5#22	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	32.7	17	49	3
Kitaake - pNT5#23	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	31.5	14	51	7
Kitaake - pNT5#24	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	35.2	8	49	5
Kitaake - pNT5#25	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	31.7	21	54	4
Kitaake - pNT5#26	pNT5	<i>hptII, gusA, mrijp2</i>	28.3	23	50	5

ກາງຕັກ

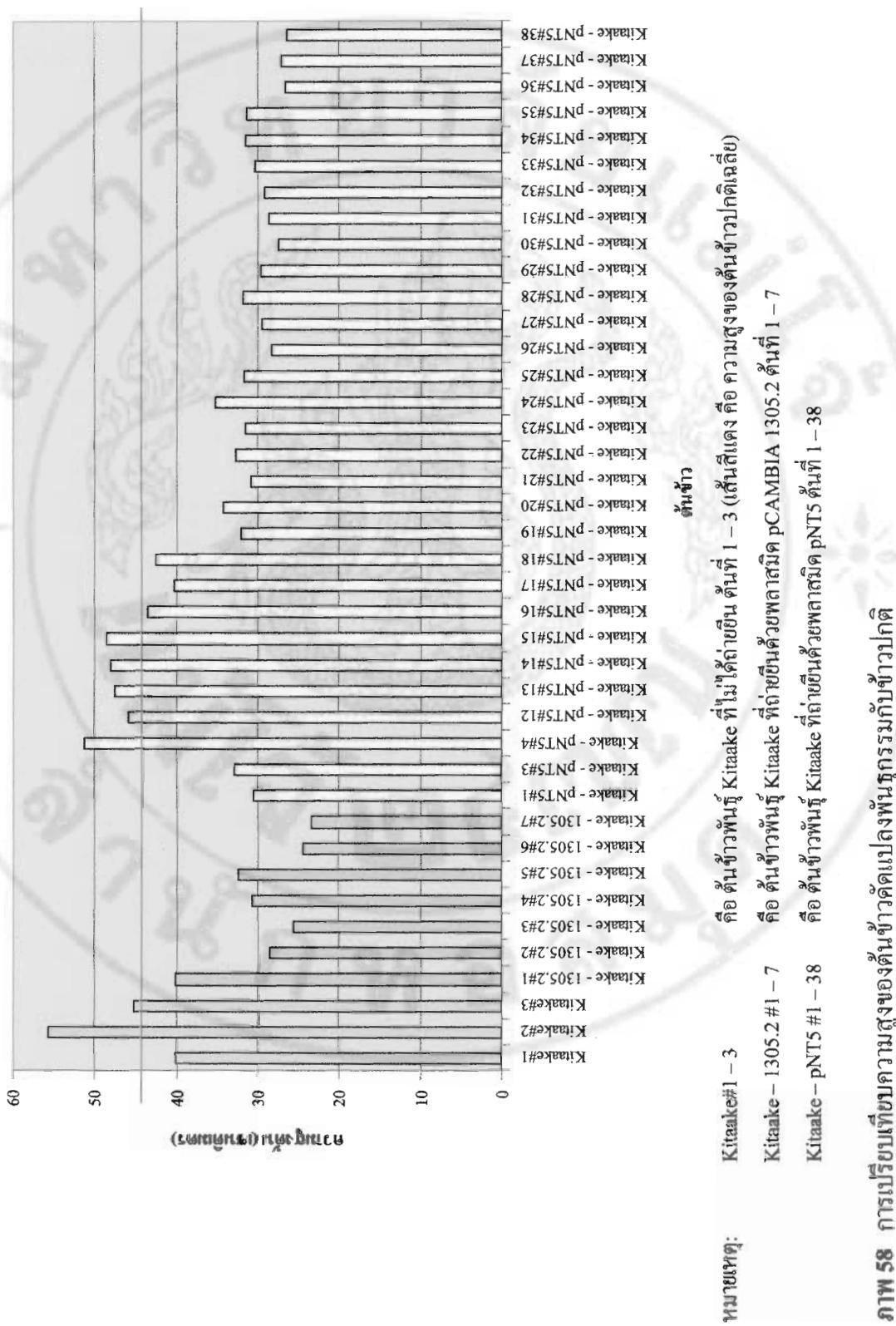
ตุ๊กๆ	พลาสมิด	ยีนที่เพิ่มขึ้น	ความถูกต้อง (เข้นตื้อหรือ)	จำนวนครั้ง (กต.)	รักษาต่อครั้ง (วัน)	จำนวนชุดทดลอง	จำนวนรวม (ราก)
Kitaake - pNT5#27	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	29.5	18	49	19	6
Kitaake - pNT5#28	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	31.8	3	58	4	4
Kitaake - pNT5#29	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	29.7	6	50	3	2
Kitaake - pNT5#30	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	27.5	6	52	6	4
Kitaake - pNT5#31	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	28.7	4	51	2	2
Kitaake - pNT5#32	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	29.1	3	52	2	2
Kitaake - pNT5#33	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	30.3	9	53	5	4
Kitaake - pNT5#34	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	31.6	6	55	2	2
Kitaake - pNT5#35	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	31.4	10	53	4	3
Kitaake - pNT5#36	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	26.7	14	48	5	3
Kitaake - pNT5#37	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	27.1	11	46	4	4
Kitaake - pNT5#38	pNT5	<i>hpIII, gusA, mrjp2</i>	26.4	9	48	6	6

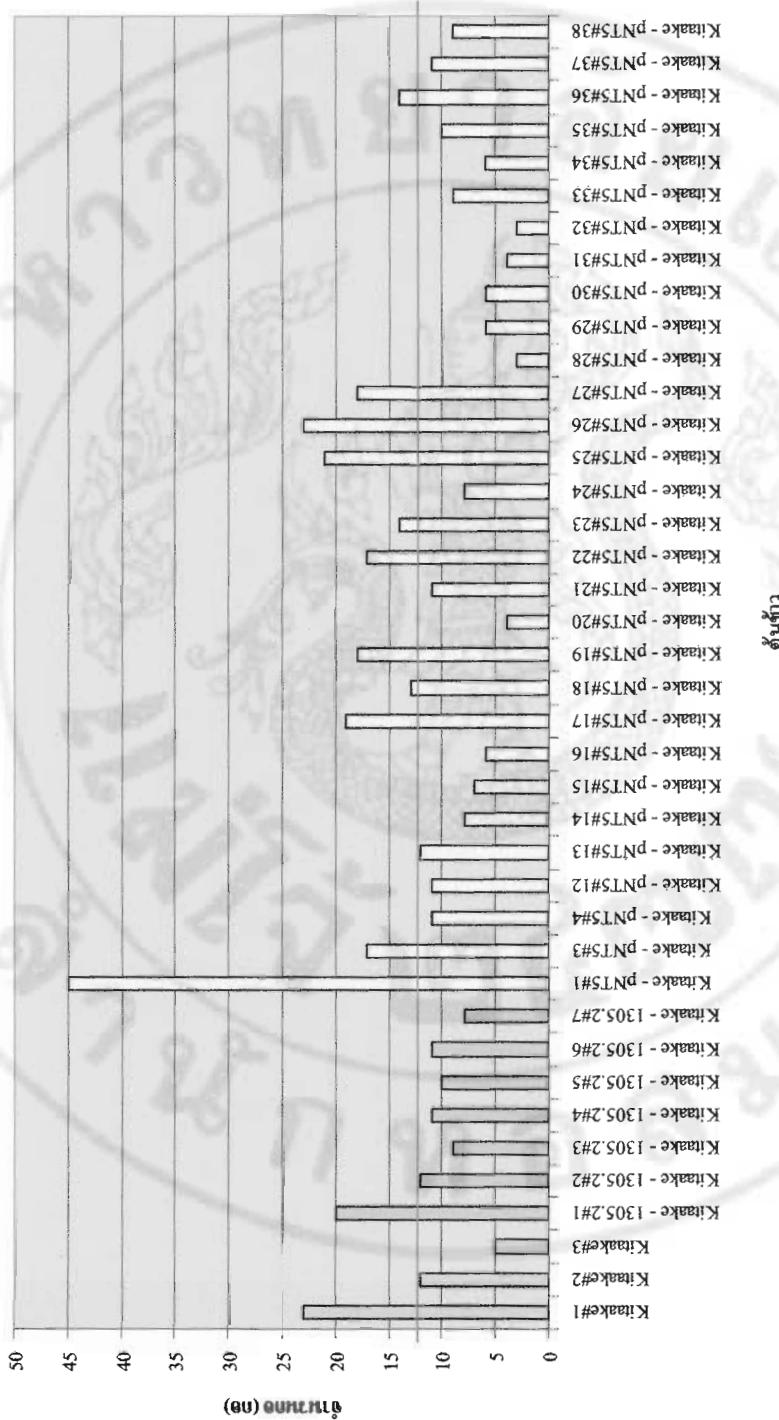
ମୁଦ୍ରଣ

គិត ត្រូវបានអនុវត្ត Kitaake កំពុងទីមួយជាយើង ចុងក្រ 1 – 3

គុណភាពនៃ Kitaake ក្នុងមីនីតិវឌ្ឍនភាសា pCAMBIA 1305.2 ពីរដូច 1 - 7

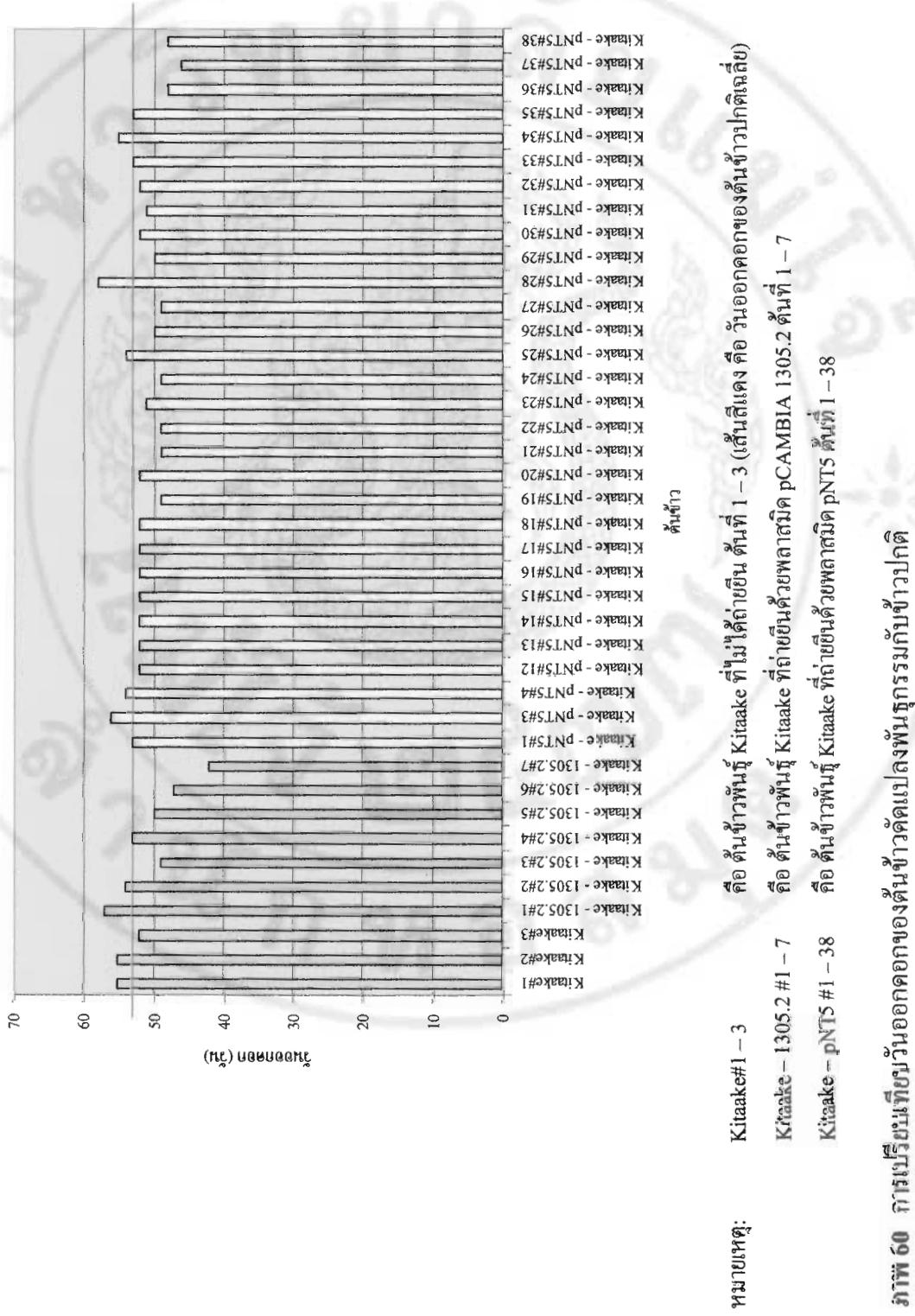
Kitaake - pNT5 #1 - 38



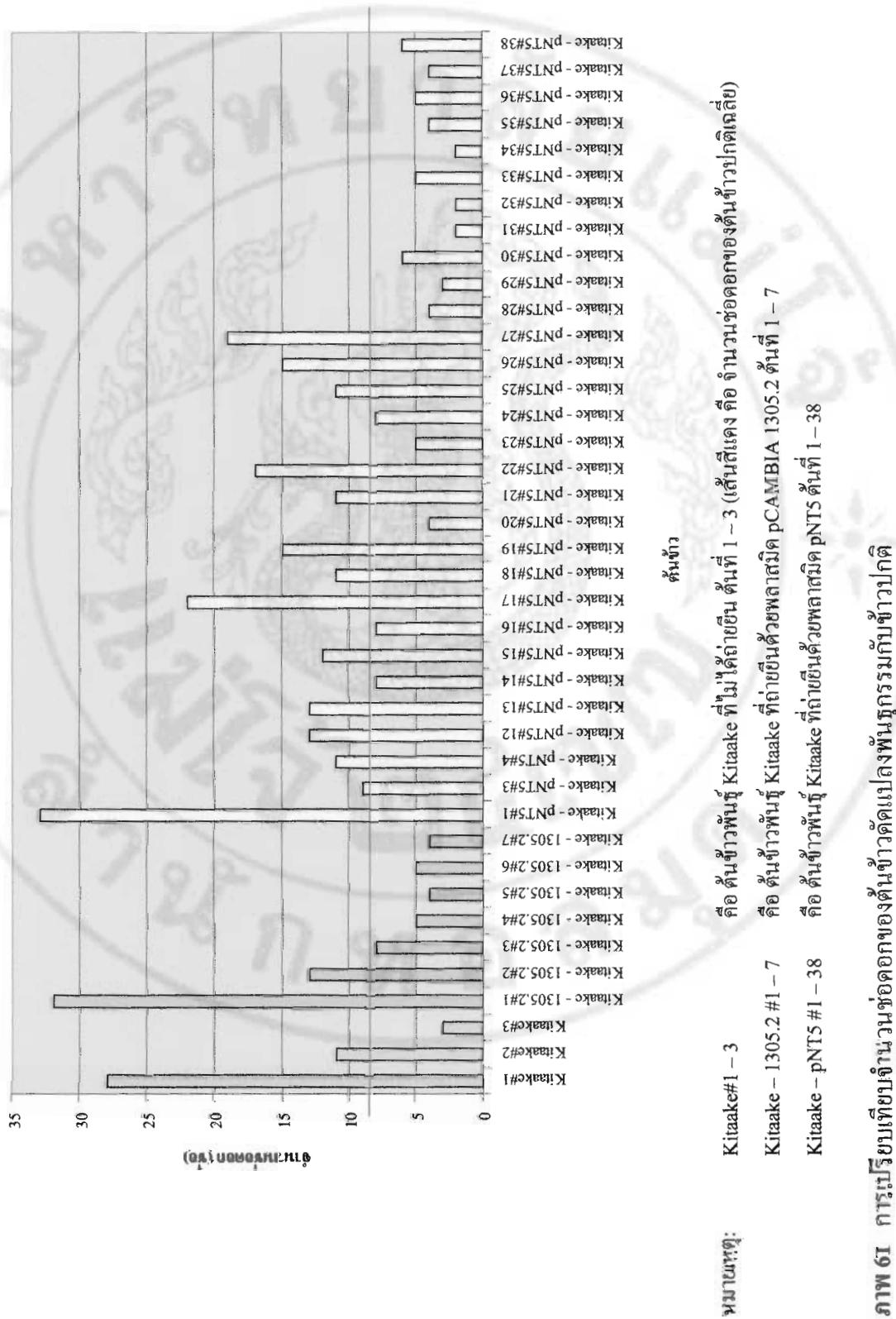


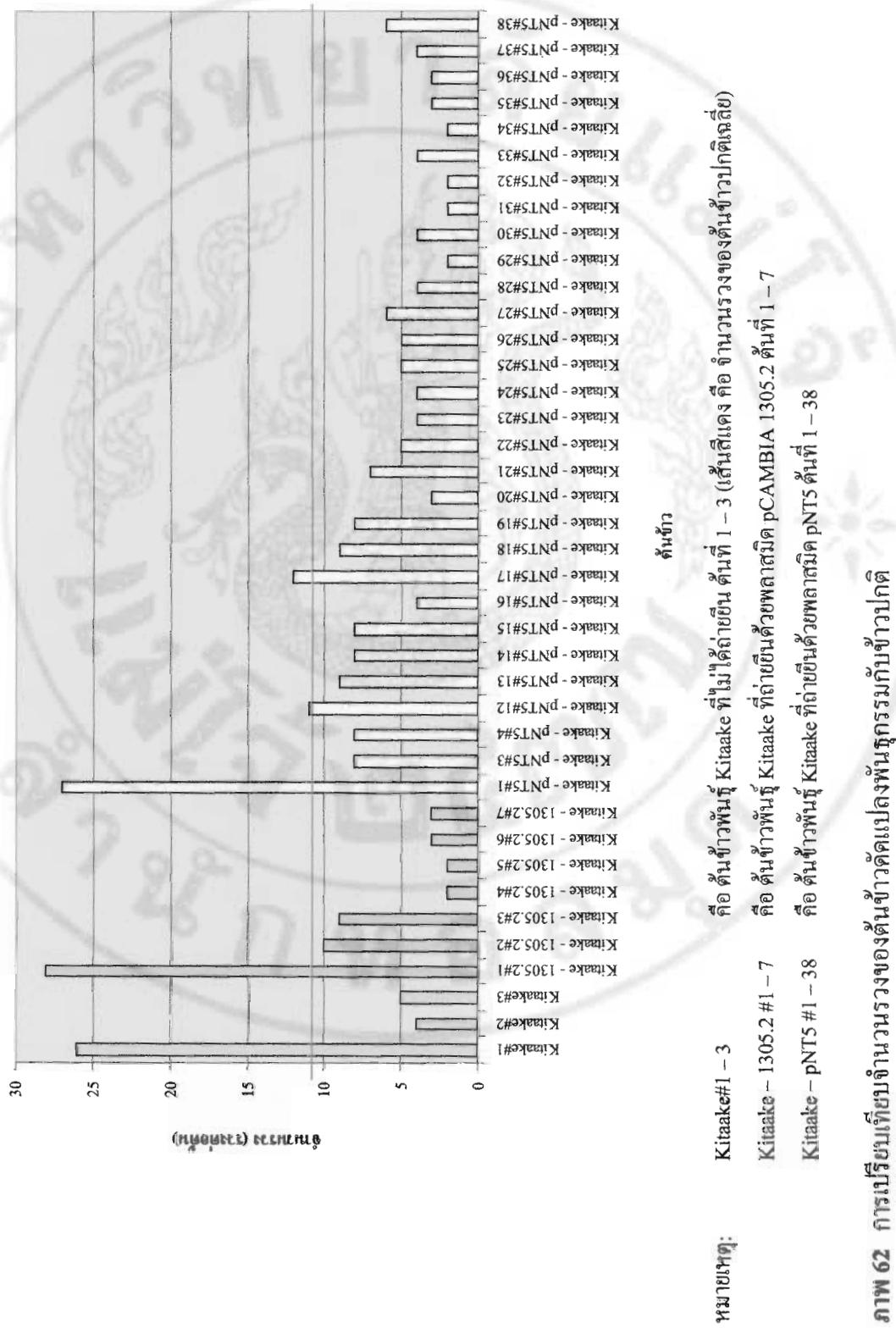
หมายเหตุ:
คือ ต้นชื้นช้าพัฒนา Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืนต่อที่ 1 - 3 (ได้รับสีเมดจ์ คือ จำนำงานของของต้นชื้นช้าพัฒนาต่อไป)

Kitaake#1 – 3
Kitaake – 1305.2 #1 – 7
Kitaake – pNTS #1 – 38
คือ ต้นชื้นช้าพัฒนา Kitaake ที่ถ่ายยืนต่อสายพันธุ์พัฒนาต่อไปของต้นชื้นช้าพัฒนาต่อไป



กิตาอาคี 60 กิตาอาคีเป็นสายพันธุ์ข้าวพันธุ์ที่ถูกพัฒนาโดยศูนย์วิจัยและพัฒนาข้าวแห่งประเทศไทย





ตาราง 12 การประเมินพืชทดลองติดตามปริมาณไบร์ตันของเข้าว Kitaake ด้วยพัฒนาชีวะในภาคตื้น

ตัวชี้วัด	พัฒนา	ปัจจัยพืชชีวะ	จำนวนเม็ด (เม็ดต่อกรัม)	หน้างานเม็ด (นิลิติรัมต่อ เม็ด)	ปริมาณไบร์ตันในเม็ดต้องห้าม (มิลลิกรัมต่อกรัมนานาชนิด)	ร้อยละของ ไบร์ตันในเม็ด
Kitaake#1	-	-	22.2	33.0	2.16 ^{cde}	0.22
Kitaake#2	-	-	18.3	32.0	2.37 ^b	0.24
Kitaake#3	-	-	31.0	33.0	1.67 ^{mn}	0.17 ^{kl}
Kitaake - 1305.2#1	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	14.4	37.0	2.14 ^{cdefg}	0.21 ^{cde}
Kitaake - 1305.2#2	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	12.7	34.0	2.08 ^{defgh}	0.21 ^{defg}
Kitaake - 1305.2#3	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	14.6	36.0	2.00 ^{efghi}	0.20 ^{cdfhi}
Kitaake - 1305.2#4	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	22.5	40.0	1.75 ^{mno}	0.17 ^{hijk}
Kitaake - 1305.2#5	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	14.0	36.0	1.78 ^{klmn}	0.18 ^{ghijk}
Kitaake - 1305.2#6	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	24.3	33.0	0.91 ^s	0.09 ^o
Kitaake - 1305.2#7	pCAMBIA 1305.2	<i>hptII, gusA</i>	18.7	35.0	2.15 ^{cdefg}	0.22 ^{cde}
Kitaake - pNTS#1	pNTS	<i>hptII, gusA, nrjp2</i>	17.4	41.0	1.91 ^{jkm}	0.19 ^{cdfghi}
Kitaake - pNTS#3	pNTS	<i>hptII, gusA, nrjp2</i>	13.8	33.0	2.22 ^{cdef}	0.22 ^{cde}
Kitaake - pNTS#4	pNTS	<i>hptII, gusA, nrjp2</i>	26.9	43.0	1.61 ^{mo}	0.16 ^{kl}
Kitaake - pNTS#12	pNTS	<i>hptII, gusA, nrjp2</i>	26.6	38.0	1.94 ^{ghijkl}	0.19 ^{cdfghi}

ตาราง 12 (ต่อ)

ตัวชี้วัด	พัฒนา	ขั้นที่เพิ่งเข้ามา	จําบogn หมายถึง (เม็ดต่อรอง)	น้ำหนักภูมิสืด (ผิวคลีรัมต่อ เม็ดต)	ปริมาณโปรตีนในภูมิสืดทั้งหมด (มิลลิกรัมต่อหอนกغمือเล็ก)	ร้อยละของ โปรตีนในภูมิสืด
Kitaake - pNT5#13	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	29.8	39.0	2.47 ^b	0.25 ^b
Kitaake - pNT5#14	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	29.0	39.0	2.06 ^{defg}	0.21 ^{defg}
Kitaake - pNT5#15	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	16.6	33.0	1.52 ^{op}	0.15 ^m
Kitaake - pNT5#16	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	28.5	38.0	1.10 ^{qs}	0.11 ^{no}
Kitaake - pNT5#17	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	18.0	34.0	1.16 ^{qr}	0.12 ^o
Kitaake - pNT5#18	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	29.0	32.0	1.71 ^{lmmn}	0.17 ^{ijk}
Kitaake - pNT5#19	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	15.9	30.0	1.13 ^{qs}	0.11 ^{no}
Kitaake - pNT5#20	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	20.3	29.0	2.13 ^{cdefghi}	0.21 ^{cdef}
Kitaake - pNT5#21	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	18.1	31.0	1.74 ^{lmmn}	0.17 ^{hijkl}
Kitaake - pNT5#22	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	29.0	33.0	1.92 ^{hijkl}	0.19 ^{cghij}
Kitaake - pNT5#23	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	24.5	35.0	2.08 ^{defghi}	0.21 ^{defg}
Kitaake - pNT5#24	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	19.8	33.0	2.18 ^{cdef}	0.22 ^{cde}
Kitaake - pNT5#25	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	29.0	36.0	2.18 ^{cdef}	0.22 ^{cde}
Kitaake - pNT5#26	pNT5	<i>hptII, gusA, mrjp2</i>	12.6	29.0	2.17 ^{cdef}	0.22 ^{cde}

ตาราง 12 (ต่อ)

ต้นข้าว	พลาสติก	ขั้นตอนปัจจัย	จำนวนแมลงศีด	นำทางแมลงศีด	ปริมาณโปรตีนในแมลงศีดทั้งหมด	ร้อยละของปริมาณน้ำหนักแมลงศีด
ต้นข้าว	พลาสติก	ขั้นตอนปัจจัย	(แมลงศีดต่อหวง)	(นิยมศีดต่อแมลงศีด)	(นิยมศีดต่อแมลงศีด)	ปริมาณน้ำหนักแมลงศีด
Kitaake - pNTS#27	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	14.2	31.0	2.53 ^b	0.25 ^{ab}
Kitaake - pNTS#28	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	22.3	33.0	2.78 ^a	0.28 ^a
Kitaake - pNTS#29	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	28.0	30.0	2.16 ^{cdefg}	0.22 ^{cde}
Kitaake - pNTS#30	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	23.8	33.0	1.90 ^{[f]ijm}	0.19 ^{[f]ijj}
Kitaake - pNTS#31	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	25.0	36.0	2.15 ^{cdefgh}	0.21 ^{cde}
Kitaake - pNTS#32	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	23.0	34.0	2.30 ^{bcd}	0.23 ^{bcd}
Kitaake - pNTS#33	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	15.0	30.0	2.06 ^{[ghij}	0.21 ^{efgh}
Kitaake - pNTS#34	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	21.5	30.0	1.77 ^{kimm}	0.18 ^{ghijk}
Kitaake - pNTS#35	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	24.7	29.0	1.75 ^{lmno}	0.18 ^{hijkl}
Kitaake - pNTS#36	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	17.0	33.0	1.73 ^{lmno}	0.17 ^{ijkl}
Kitaake - pNTS#37	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	19.0	35.0	1.31 ^{pq}	0.13 ^{mn}
Kitaake - pNTS#38	pNTS	<i>hptII, gusA, mrip2</i>	22.3	33.0	1.05 ^s	0.11 ^{no}

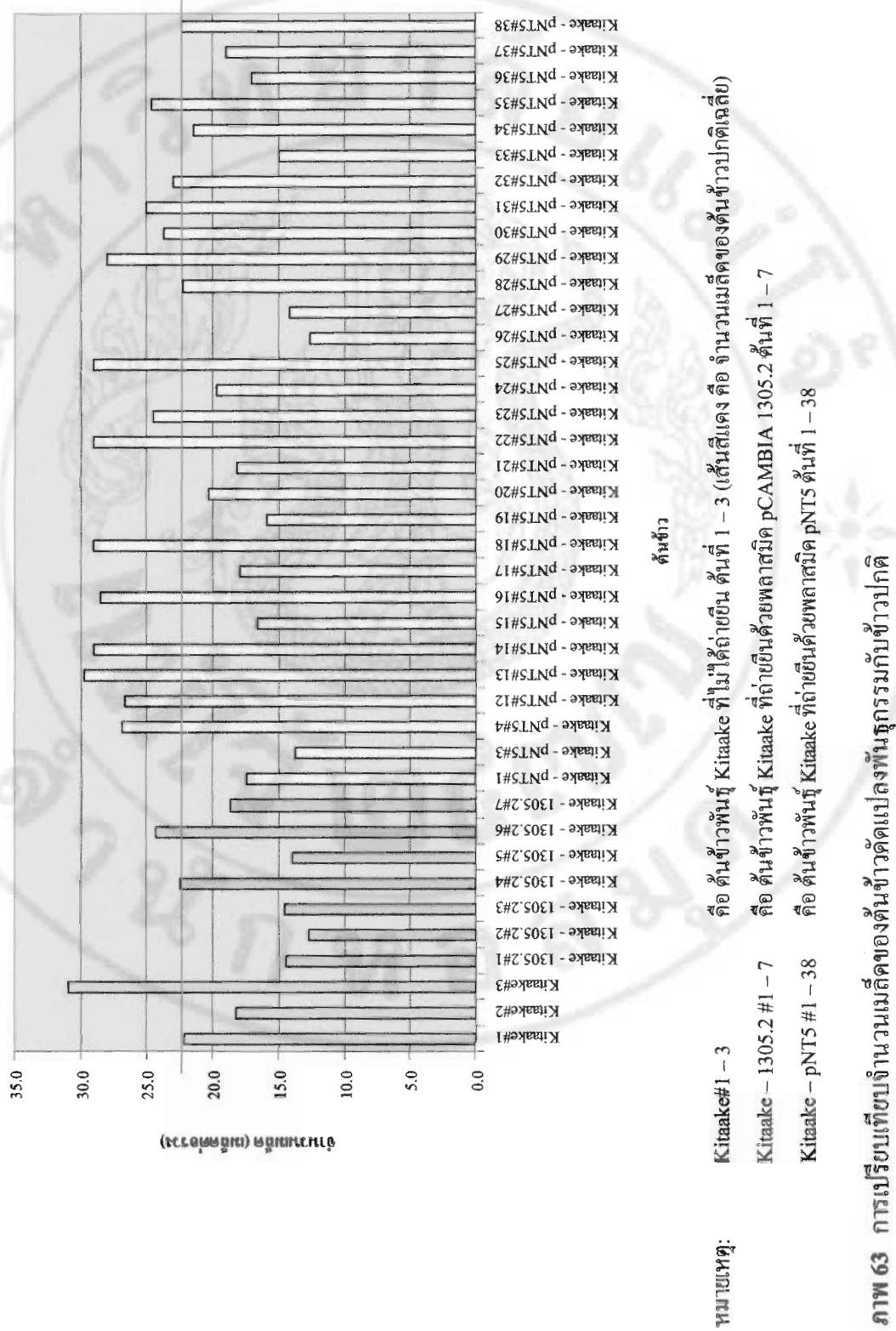
หมายเหตุ: ค่าเฉลี่ยภายใต้กรอบแสดงค่าเฉลี่ยของตัวอย่างเรือนอนุบาล หมายเหตุ: ไม่รวมแมลงศีดที่รบกวนความชื้นในต้นข้าวแต่ถูกตัดออก ค่าเฉลี่ยของตัวอย่างเรือนอนุบาล 95% โดยวิธี Least Significant Difference

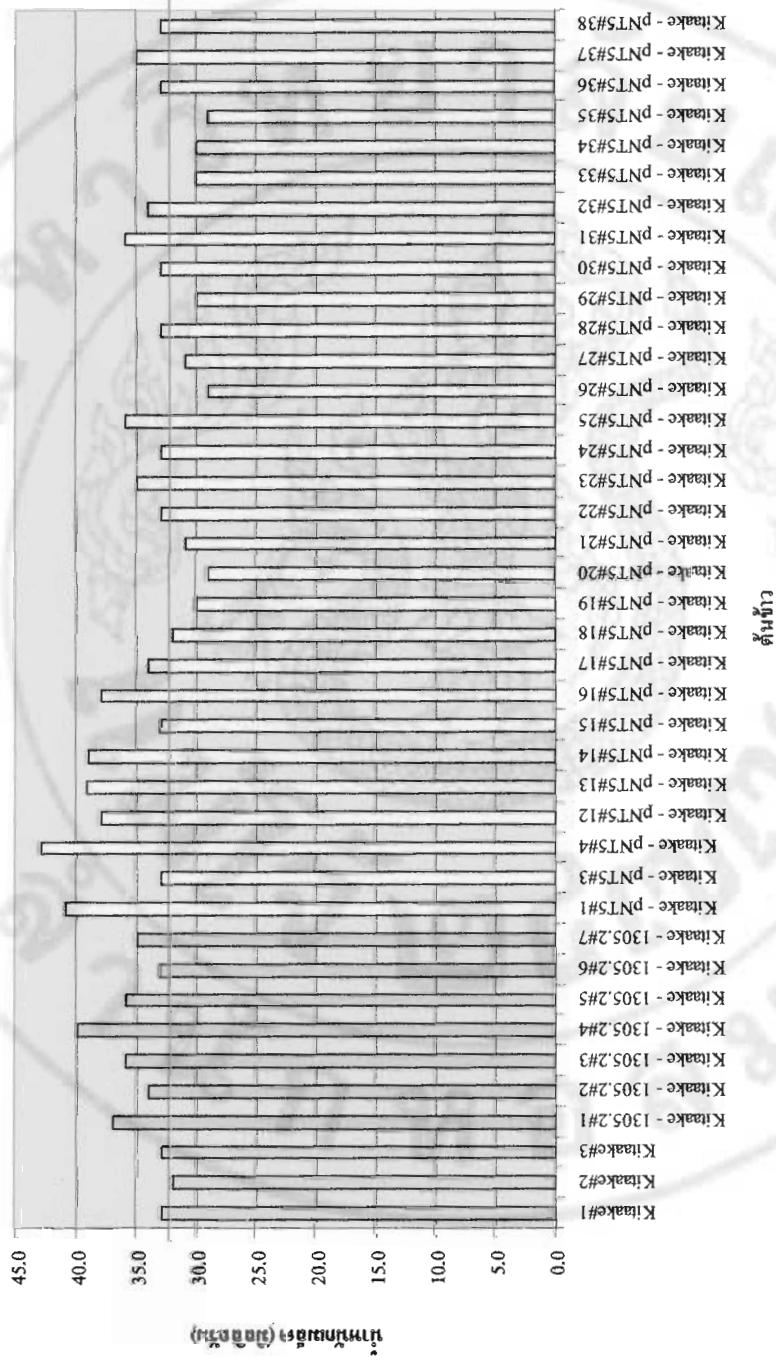
Kitaake#1 - 3

คู่อ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้รับยีน ต้นที่ 1 - 3 (เด่นสีแดง คือ ปริมาณโปรตีนในแมลงศีดของต้นข้าวปกติมาก)

Kitaake - 1305.2 #1 - 7 คู่อ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่รับยีนค่าวาผาสามสิบ pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1 - 7

Kitaake - pNTS #1 - 38 คู่อ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่รับยีนตัวอย่างพันธุ์ NNTS ต้นที่ 1 - 38

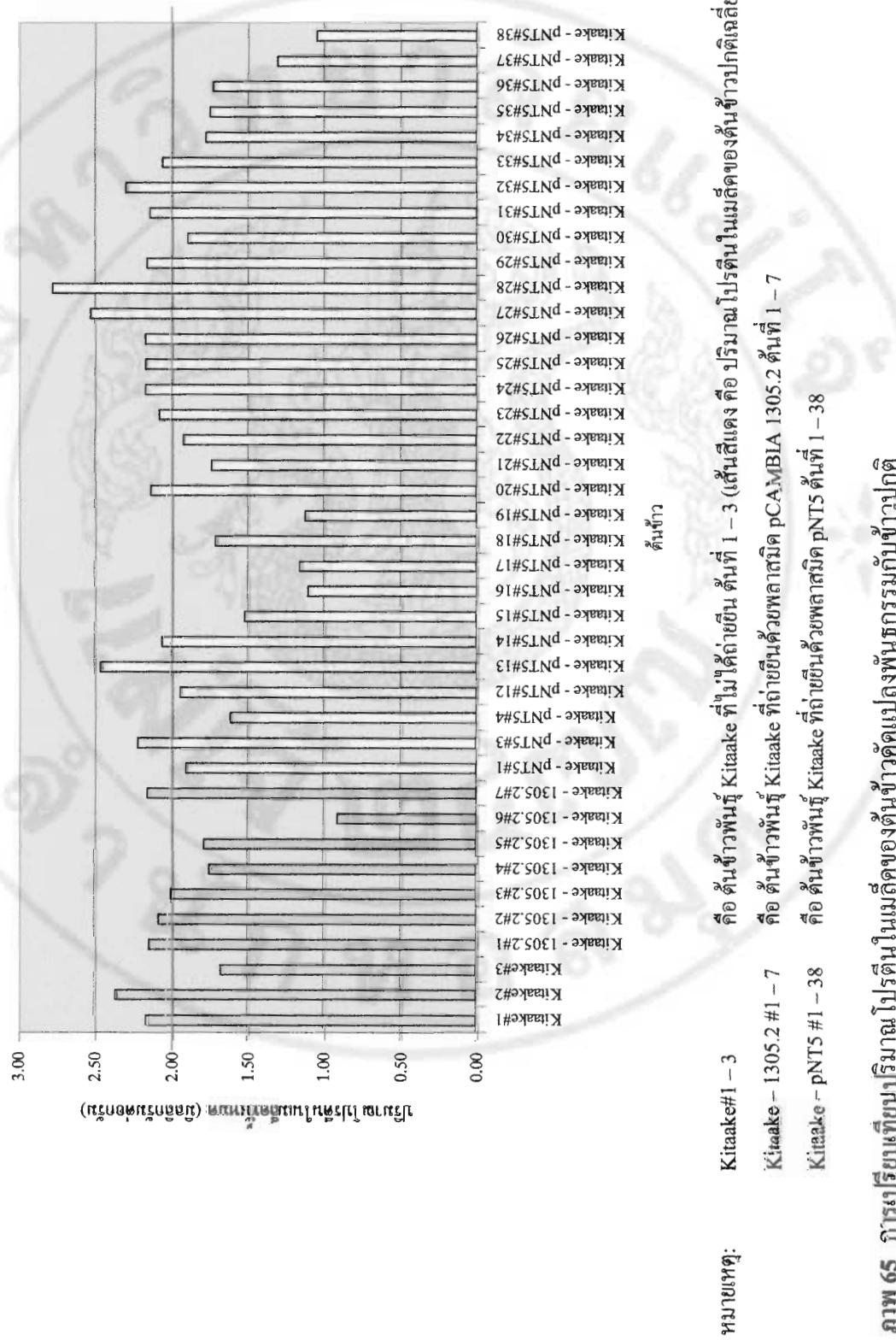




คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้รับอนุญาตที่ 1 – 3 (เรียกว่าเมือง คือ นำเข้าประเทศของตนเข้ามาปลูกโดยไม่ได้)

Kitaake = 1305.2 #1 – 7 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ได้รับอนุญาตให้ผลิตและส่งออก pCAMBIA 1305.2 ที่เมือง 1 – 7

Kitaake - pNTS #1 – 38 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ได้รับอนุญาตให้ผลิตและส่งออก pNTS ที่เมือง 1 – 38



บทที่ 5

สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

สรุปผลการทดลอง

1. จากการทดลองสามารถสร้างพลาสมิคเวคเตอร์ pNTS ขนาด 14,633 คู่เบส สำหรับใช้ถ่ายยีนในข้าว โดยพลาสมิค pNTS ประกอบด้วยชุดยีนโปรตีนนัมผึ้ง (*mrjp2*) ซึ่งควบคุมการทำงานโดย 35S dual enhancer promoter, TEV leader และ 35S terminator (E35S::TEV leader::*mrjp2*::T35S) แทรกอยู่บริเวณตำแหน่งจุดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะ *PsII* ของพลาสมิค pCAMBIA1305.2 มีอินคัดเลือก และรายงานผล คือ ยืนด้านทานต่อยาปฏิชีวนะ ไฮโกรมัยซิน และยืนสร้างเอนไซม์ β -glucuronidase ตามลำดับ

2. ในการฉักนำให้เกิดแคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 และข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake สามารถฉักนำให้เกิดแคลลัสจากการเพาะเลี้ยงบนอาหารสูตร N6 ดัดแปลง ซึ่งมีฮอร์โมน 2, 4 – D เข้มข้น 4 และ 2 มิลลิกรัมต่อลิตร ในสภาพะที่มีแสง 16 ชั่วโมงต่อวัน และที่มีด ตามลำดับ โดยแคลลัสของข้าวทั้ง 2 สายพันธุ์ สามารถฉักนำไปให้เกิดต้นข้าวที่สมบูรณ์ด้วยอาหารสูตร MS ดัดแปลง ซึ่งมีฮอร์โมน NAA และไคโนเดติน เข้มข้น 1 และ 2.5 มิลลิกรัมต่อลิตร ตามลำดับ

3. การศึกษาการถ่ายยีน โปรตีนนัมผึ้งเข้าสู่แคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 พบว่า สามารถถ่ายยีนเข้าสู่แคลลัสของข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 ได้ แต่แคลลัสที่ได้รับยีนไม่สามารถพัฒนาเป็นต้นข้าวที่สมบูรณ์ได้

4. การศึกษาการถ่ายยีน โปรตีนนัมผึ้งเข้าสู่แคลลัสของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake พบว่า สามารถถ่ายยีนเข้าสู่แคลลัสของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ได้ โดยแคลลัสที่ได้รับยีนสามารถพัฒนาเป็นต้นข้าวที่สมบูรณ์ จำนวน 30 ต้น โดยต้นข้าวจำนวน 13 ต้น (คิดเป็นร้อยละ 43.33) ซึ่งมียีน โปรตีนนัมผึ้งแทรกอยู่ในจีโนม มีการแสดงออกในระดับ mRNA จำนวน 11 ต้น (คิดเป็นร้อยละ 36.67) แต่ไม่สามารถตรวจการแสดงออกในระดับ โปรตีนด้วยเทคนิค Western blot ได้

5. การศึกษาการเปรียบเทียบสัมฐานวิทยาของข้าวญี่ปุ่นพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม รุ่น T₀ พบว่า ความสูง จำนวนวันออกดอก จำนวนกอ จำนวนรวง และจำนวนเมล็ด ของข้าว ดัดแปลงพันธุกรรม ไม่มีความแตกต่างกับข้าวปกติ แต่พบว่า ข้าวดัดแปลงพันธุกรรมส่วนใหญ่มีปริมาณ โปรตีนในเมล็ดสูงกว่าข้าวปกติ อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น ร้อยละ 95

6. งานวิจัยนี้เป็นรายงานแรกซึ่งประสบความสำเร็จในการถ่ายยีน *mrjp2* จากผึ้งเข้าสู่ข้าว และเกิดการแสดงออกได้ในข้าวซึ่งจัดเป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยว

ข้อเสนอแนะ

1. การตรวจสอบการแสดงออกของยีน *โปรตีนนมผึ้ง* ในระดับโปรดีน ควรมีการใช้แอนติบอดีที่จำเพาะต่อ *โปรตีนนมผึ้ง* เนื่องจากจะทำให้สามารถตรวจสอบโปรดีนได้โดยตรง และมีความแม่นยำกว่าการใช้แอนติบอดีที่จำเพาะต่อ Histidine (6xHis – tag)

2. หลังการถ่ายยีนเข้าสู่เคลลัสข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 มีผลต่อการพัฒนาเป็นต้นของเคลลัสทำให้ไม่สามารถได้ต้นข้าวพันธุ์ กข 6 ดัดแปลงพันธุกรรม ดังนั้นควรมีการพัฒนาระบบการถ่ายยีนในยอดอ่อนของข้าว เพื่อใช้ในการถ่ายยีนในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 เนื่องจากหลังการถ่ายยีนเคลลัสที่เจริญได้ไม่สามารถพัฒนาเป็นต้นที่สมบูรณ์ได้

เอกสารอ้างอิง

- กษิติชัย ดิษฐบูรณ์. 2544. การสร้างสิ่งมีชีวิต (พีช) ที่มีการดัดแปลงพันธุกรรม. น. 56 – 60. กรมวิชาการเกษตร. ใน. เทคโนโลยีชีวภาพกับงานวิจัยด้านการเกษตร. กรุงเทพฯ : สำนักวิจัยและพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพและนิวเคลียร์เทคนิค กรมวิชาการเกษตร.
- กิตติกร พงษ์พาณิช. 2546. การเพาะเลี้ยงแคลลัสของข้าวเหนียวและการถ่ายยืนโดยใช้เชื้ออโกรแบบที่เรียบ. เชียงใหม่: ปัญหาพิเศษปริญญาตรี, มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 68 น.
- เกศลี มณีกาศ. 2546. การศึกษาปัจจัยที่มีผลต่อการถ่ายยืนเข้าสู่ระบบข้อมูลโดยการใช้ mini – binary vector. กรุงเทพฯ: วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 93 น.
- เกศสุคนธ์ มณีวรรณ, สุมนันพิพิญ บุนนาค, ปีระดา ธีระกุลพิศุทธิ์, นานิตย์ ไอมิตตระกูล และอนันต์ สุวรรณกุล. 2548. การส่งถ่ายยืนไคทินส์เข้าสู่ข้าวพันธุ์สุพรรณบุรี 1. น. 375 - 381. ใน. เอกสารการประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 14 สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย. กรุงเทพฯ: สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย.
- ขวัญเดือน รัตน. 2544. การเพิ่มประสิทธิภาพการซักนำไปหัดดันใหม่และการส่งถ่ายยืนเข้าสู่ข้าว (*Oryza sativa L.*). ขอนแก่น: วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยขอนแก่น. 101 น.
- ขันทร์ประภา อิ่มจงใจรักษ์. 2543. การทราบสั่ฟอร์มรีพอร์เทอร์ยืนที่สร้างโปรดีนกรีนฟลูออเรสเซนต์เข้าสู่ข้าวพันธุ์ข้าวดอกมะดิ 105 *Oryza sativa* cv. KDM1 โดยเลี้ยงร่วมกับเชื้อโกรแบบที่เรียบ. กรุงเทพฯ: วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. 117 น.
- จำรัส โปร่งศรีวัฒนา. 2534. ความรู้เรื่องข้าว. กรุงเทพฯ: โรงพิมพ์ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย. 230 น.
- จิตชนนา แจ่มเมฆ และอรอนงค์ นัยวิกฤต. 2546. ข้อมูลและผลิตภัณฑ์. น. 400 – 414. ใน. คณาจารย์ ภาควิชาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีการอาหาร คณะอุตสาหกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีการอาหาร. พิมพ์ครั้งที่ 4. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- ช่อพิพา สกุลสิงหาโรจน์, กิตติกร พงษ์พาณิช, บูรณศักดิ์ เชื้อทอง และนลินี รุ่งเรืองศรี. 2547. การเพาะเลี้ยงแคลลัสและการถ่ายยืนของข้าวเหนียวไทย. น. 286 – 293. ใน. รายงานประชุมทางวิชาการ ครั้งที่ 5. เชียงใหม่: มหาวิทยาลัยแม่โจ้.
- ณิชมน ธรรมรักษ์. 2547. การเพาะเลี้ยงแคลลัสและการถ่ายยืนในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 โดยใช้เชื้อโกรแบบที่เรียบ. เชียงใหม่: ปัญหาพิเศษปริญญาตรี, มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 86 น.

- น้ำทิพย์ พิรอนฤทธิ์. 2544. การถ่ายยืนไว้สสารเหตุโรคชั่วข้าวให้กับข้าวไร่. กรุงเทพฯ: วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 96 น.
- นิตย์ศรี แสงเดือน และ สัมพันธ์ สัมพันธารักษ์. 2548. เทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร. กรุงเทพฯ: ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 266 น.
- ประภา ศรีพิจิตต์. 2532. การซักนำไปใช้เกิดยอดจำนำวนมากจากการเพาะเมล็ดข้าวหอมในสภาพปลดปล่อย. วารสารเกษตรศาสตร์ (วิทย.) 23 : 324 - 330.
- ประภา ศรีพิจิตต์ และ พฤทธิพย์ ชีวเศรษฐธรรม. 2537. การพัฒนาไปเป็นต้นของแคลลัสที่เจริญมาจากคัพกะของข้าวหอม (*Oryza sativa L.*) พันธุ์ข้าวคอกมะติ 105. วารสารเกษตรศาสตร์ (วิทย.) 28 : 27 – 37.
- พรพิพย์ ชีวเศรษฐธรรม. 2537. ความผันแปรทางพันธุกรรมที่เกิดจากการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ. กรุงเทพฯ: วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 176 น.
- พิชญา มหาสุข. 2547. การศึกษาสภาวะที่เหมาะสมสำหรับการถ่ายยืนในข้าวเหนียวไทย และการวิเคราะห์ข้าวดัดแปลงพันธุกรรม. เชียงใหม่: ปัญหาพิเศษปริญญาตรี, มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 78 น.
- พิเชียร คุระทอง. 2546. ผ้าพืชแปลงพันธุ์. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์ดิชัน. 232 น.
- มนกต ตันติเจริญ และ ศิริพร เลิศจำรัสลักษณ์. ม.ป.ป. เทคโนโลยีชีวภาพกับการพัฒนาสายพันธุ์ข้าว. กรุงเทพฯ: ศูนย์พันธุ์วิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ.
- ลัดดาวลักษณ์ เด็มแก้ว. 2548. การศึกษาการถ่ายยืนในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 และการวิเคราะห์ข้าวดัดแปลงพันธุกรรม. เชียงใหม่: ปัญหาพิเศษปริญญาตรี, มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 76 น.
- ล่าวลักษณ์ ชัยวิรัตน์นุกูล, สุรินทร์ ปียะโชคณากุล, ประดิษฐ์ พงษ์ทองคำ, พัฒนา ศรีฟ้า และอมรรัทองปาน. 2543. การแสดงออกของยีน Chymotrypsin inhibitor ของถั่วพูในข้าวพันธุ์ข้าวคอกมะติ 105. น.252 – 256. ใน รายงานการสัมมนาวิชาการพันธุศาสตร์แห่ง ครั้งที่ 11.
- กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- สมาคมผู้ส่งออกข้าวต่างประเทศ. 2551. ผลผลิตข้าว. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา <http://www.rice-exporters.or.th/production.htm> (12 พฤษภาคม 2551).
- สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2549. สถิติการเกษตรของประเทศไทย ปี 2547. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา <http://www.oae.go.th/statistic/yearbook47/Section1/sec1table1.pdf> (18 มีนาคม 2549).

- สุวรรณัญกิรา เสียงสาย และประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ. 2548. การเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อข้าวหอม 3 พันธุ์. น. 337 – 342. ใน เอกสารประกอบการประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 14. กรุงเทพฯ: สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย.
- สุรangsค์ศรี วาเพชร. 2537. การถ่ายทอดลักษณะพันธุ์เบ้า ผลผลิต และองค์ประกอบผลผลิตจากการผสมพันธุ์ข้าวระหว่างจำปีนก้า และอินดิก้า. เชียงใหม่: วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเชียงใหม่. 87 น.
- สุรินทร์ ปิยะ โภคนาคุณ. 2545. พันธุวิเคราะห์เมืองต้น. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 282 น.
- อนุรักษ์ โพธิ์อุ่น และนิตย์ศรี แสงเดือน. 2544. การถ่ายยืนในไมโครแคลสของข้าวสายพันธุ์สุวรรณบุรี 60. น. 150 – 154. ใน เอกสารประกอบการสัมมนาวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 12. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- อนุรักษ์ โพธิ์อุ่น และสุพัตรา โพธิ์อุ่น. 2543. การข้าวและการแสดงออกของยืนในข้าวสายพันธุ์ข้าวตาแห้ง 17 โดยอิโกรแบบที่เรียน. น. 210 – 214. ใน เอกสารประกอบการสัมมนาวิชาการพันธุศาสตร์แห่ง ครั้งที่ 11. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- อภิชาดิ วรรณวิจิตร. 2540. ข้าว: พืชต้นแบบทางวิทยาศาสตร์. น. 33 – 35. ใน เอกสารประกอบการสัมมนาวิชาการพันธุศาสตร์ ครั้งที่ 10. กรุงเทพฯ: จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- อรอนงค์ นัยวิคุล. 2547. ข้าว: วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 336 น.
- อัมมาร สยามวลาและวิโรจน์ สยามวลา. 2533. ประมวลความรู้เรื่องข้าว. กรุงเทพฯ: สถาบันวิจัยเพื่อการพัฒนาประเทศไทย. 436 น.
- อารีย์ วรัญญวัฒน์. 2542. การปรับปรุงพันธุ์พืชตัวบุปผาดีทางเทคโนโลยีชีวภาพ. น. 157 – 164. ใน เอกสารประกอบการสัมมนาวิชาการพันธุศาสตร์ ครั้งที่ 11. นครราชสีมา: มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.
- Ahmad, A., S. B. Maqbool, S. Riazuddin and M. B. Sticklen. 2002. Expression of synthetic *cry1AB* and *cry1AC* genes in basmati rice (*Oryza sativa* L.) variety 370 via agrobacterium – mediated transformation for the control of European corn borer (*Ostrinia nubilalis*). **In Vitro Cell Developed Biology – Plant** 38: 213 – 220.
- Albert, S. and J. Klaudiny. 2004. The MRJP/YELLOW protein family of *Apis mellifera*: Identification of new members in the EST library. **Journal of Insect Physiology** 50: 51 – 59.

- Albert, S., J. Klaudiny and J. Šimúth. 1999. Molecular characterization of MRJP3, highly polymorphic protein of honeybee (*Apis mellifera*) royal jelly. **Insect Biochemical and Molecular Biology** 29: 427 - 434.
- Altpeter, F., V. Vasil, V. Srivastava and I. K. Vasil. 1996. Integration and expression of the high-molecular-weight glutenin subunit 1Ax1 gene into wheat. **Nature Biotechnology** 14: 1155 – 1159.
- Andersson, I. and A. Backlund. 2008. Structure and function of rubisco. **Plant Physiology and Biochemistry** 46: 275 – 291.
- Angenon, G., W. Dillen and M. Van Montagu. 1994. Antibiotic resistance markers for plant transformation. Pp. 1 – 13. In S.B. Gelvin, R. A., Schilperoort (eds.). **Plant Molecular Biology Manual**. Second edition. Dordrecht: Kluwer.
- Bradford, MM. 1976. A rapid and sensitive for the quantitation of microgram quantitites of protein utilizing the principle of protein - dye binding. **Analytical Biochemistry** 72: 248-254.
- Center for the Application of Molecular Biology to International Agriculture (CAMBIA). 2005. **GUSPlus overview**. [online]. Available <http://www.bioforge.net/forge/entry.jspa?externalID=41&categoryID=3> (15 May 2005).
- Chan, M.T., H.H. Chang, S. L.Ho, W.F. Tong and S.M. Yu. 1993. *Agrobacterium* - mediated production of transgenic rice plants expressing a chimeric α - amylase promoter/ β - glucuronidase gene. **Plant Mollecular Biology** 22: 491 – 509.
- Cheng, M., J.E. Fry, S.Z. Pang, H. P. Zon, C. M. Hironaka, D. R. Duncan, T. W. Conner and Y. C. Yang. 1998. Genetic transformation of wheat mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. **Plant Physiology** 115: 971 – 980.
- Cho, H. J., K. P. Choi, M. Yamashita, H. Morikawa and Y. Murooka. 1995. Introduction and expression of the *Streptomyces* cholesterol oxidase gene (*ChoA*), a potent insecticidal protein active against boll weevil larvae, into tobacco cells. **Applied Microbial Biotechnology** 44(1 - 2): 133 - 138.
- Christou, P. 1997. Rice transformation: bombardment, p. 197 – 203. In T. Sasaki and Moore (eds.). **Oryza: From Molecule to Plant**. Dodrecht, The Netherlands: Kluwer Academic Publishers.

- Chu, C.C. 1978. The N6 medium and its applications to anther culture of cereal crops. pp. 43 - 50. In. **Proceeding Symposium on Plant Tissue Culture.** Bejimg: Science Press.
- Chu, C.C., C.C. Wang,C.S. Sun, C. Hsu, K.C. Yin and C.Y. Chu. 1975. Establihment of an efficient medium for anther culture in rice through comparative experiments on the nitrogen sourses. **Science Sinica.** 18 : 659 – 668.
- Chyi, Y. and G.C. Phillips. 1987. High efficiency *Agrobacterium* – mediated transformation of *Lycopersicon* based on conditions favorable for regeneration. **Plant Cell Reports** 6: 105 – 108.
- Czapla, T.H. and B.A. Lang. 1990. Effect of plant lectins on the larval development of European corn borer (Lepidoptera: *Pyralidae*) and southern corn rootworm (Coleoptera: *Chrysomelidae*). **Journal of Economic Entomology** 83(6): 2480 – 2485.
- Du, G., C. Song, G. Zhang, X. Sun and D. Liu. 2005. Transgenic *Lycium barbarum* L. established as HIV capsid protein expression system. **Plant Molecular Biology Reports** 23: 411 – 416.
- Falco, S.C., T. Guida, M. Locke, J. Mauvais, C. Sanders, R.T. Ward and P. Webber. 1995. Transgenic Canola and Soybean Seeds with Increased Lysine. **Bio/Technology.** 13: 577 – 582.
- Firoozabady, E. and K. R. Adelheid. 1996. *Agrobacterium* – mediated transformation. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture** 358: 181 – 195.
- Hamid, R., S. Yokoi, K. Toriyama and K. Himta. 1996. Transgenic plant production mediated by *Agrobacterium* in *indica* rice. **Plant Cell Reports** 15: 727 – 730.
- Hiei, Y., S .Ohta, T. Komari and T. Kumashiro, 1994. Efficient transformation of rice (*Oryza sativa* L.) mediated by *Agrobacterium* and sequence analysis of the boundaries of the T-DNA. **Plant Journal.** 6: 271 – 282.
- Hilder, V.A., A.M.R. Gatehouse, S.E. Sheerman, R.F. Barker and D. Boulter. 1987. A novel mechanism of insect resistance engineered into tobacco. **Nature** 330: 160 - 163.
- Hood, E.E., Hemer, GL., Fraley, RT., Chilton, M-D. 1986. The hyper virulence of *Agrobacterium tumefaciens* A281 is encoded in a region of pTiBo542 outside of T – DNA. **Journal of Bacteriology** 168: 1291 – 1301.

- Hooykaas, P.J. 1995. *Agrobacterium tumefaciens* : a natural vector system. pp. 3 - 4. In I. Potrykus and G. Spangenberg (eds.). **Gene Transfer to Plants**. Berlin: Springer – Verlag.
- Howe, S.R., P.S. Dimick and A.W. Benton. 1985. Composition of freshly harvested and commercial royal jelly. **Journal of Agricultural Research** 24: 52 – 61.
- Huang, J., X. Ge and M. Sun. 2000. Modified CTAB protocol using a silica matrix for isolation of plant genomic DNA. **Biotechniques** 28(3): 432 – 434.
- Huang, N. 2004. High - level protein expression system uses self - pollinating crops as hosts. **BioProcess International** 4: 54 – 59.
- Hughes, M.A. 1996. **Plant Molecular Genetic**. Dorset, England: Longman Dorchester. 236 p.
- Ikisan. 2005. **Rice morphology**. [Online]. Available on http://www.ikisan.com/links/ap_ricemorp.shtml (15 May 2005).
- Imjongjirak, C., S. Klinbunga and S. Sittipraneed. 2005. Cloning, Expression and Genomic Organization of Genes Encoding Major Royal Jelly Protein 1 and 2 of the Honey Bee (*Apis cerana*). **Journal of Biochemistry and Molecular Biology** 38(1): 49 – 57.
- Jefferson, R.A. 1987. Assaying chimeric genes in plants: the GUS gene fusion system. **Plant Molecular Biology Reports** 5: 387 – 405.
- Júdová, J., R. Šutka, J. Klaudiny, D. Liškova, D. W. Ow and J. Šimuth. 2004. Transformation of tobacco plants with cDNA encoding honeybee royal jelly MRJP1. **Biologia Plantarum** 48(2): 185 – 191.
- Kahl, g., K. Oba , M Furuta and L. Uritani. 1982. Wounding - induced enhancement of the activity of chromatin and DNA - dependent RNA polymerases in sweet potato root. **Agricultural and Biological Chemistry** 46: 2457 – 2463.
- Karavangeli, M., N. E. Labrou, Y. D. Clonis and A. Tsafaris. 2005. Development of transgenic tobacco plants overexpressing maize glutathione S – transferase I for chloroacetanilide herbicide phytoremediation. **Biomolecular Engineering** 22: 121 – 128.
- Kasuga M., S. Miura, K. Shinozaki and K. Yamaguchi - Shinozaki. 2004. A combination of the arabidopsis DREB1A gene and stress-inducible rd29A promoter improved drought- and low-temperature stress tolerance in tobacco by gene transfer. **Plant Cell Physiology** 45(3): 346 – 350.

- Klaudiny, J., J. Hanes, J. Kulifajova, S. Albert and J. Simuth. 1994. Molecular cloning of two cDNA from the head of the nurse honey bee (*Apis mellifera* L.) coding for related proteins of royal jelly. **Journal of Apicultural Research** 33: 105 – 111.
- Komari, T., Y. Hiei, Y. Saito, N. Murai and T. Kumashiro. 1996. Vector carrying two separate T – DNA of co – transformation of higher plants mediated by *Agrobacterium tumefaciens* and segregation of transformants free from selection markers. **The Plant Journal** 10: 165 – 174.
- Linda, M. A. and M. Morris. 1994. Transssient expression assay using GUS construct and fluorometric detection for analysis of T – DNA transfer. **Plant Molecular Biology Manual B5**: 1 – 16.
- Liu, J., C. Hara, M. Umeda, Y. Zhao, T. W. Okita and H. Uchimiya. 1995. Analysis of randomly isolated cDNAs from developing endosperm of rice (*Oryza sativa* L.): evaluation of expressed sequence tags, and expression levels of mRNAs. **Plant Molecular Biology** 29: 685 - 689.
- Liu, M., J. Zhu, Z. Sun and T. Xu. 2007. Possible suppression of exogenous β - 1, 3 - glucanase gene gluc78 on rice transformation and growth. **Plant Science** 172: 888 – 889.
- Logemann, J., G. Jach, H. Tommerup, J. Mundy and J. Schell. 1992. Expression of a barley ribosome - inactivating protein leads to increased fungal protection in transgenic tobacco plants. **Bio/Technology** 10: 305 – 308.
- Malecová, B., J. Ramser, J. K. O'Brien, M. Janitz, J. Júdová, H. Lehrach and J. Šimúth. 2003. Honeybee (*Apis mellifera* L.) *mrjp* gene family: computational analysis of putative promoters and genomic structure of *mrjp1*, the gene coding for the most abundant protein of larval food. **Gene**. 303: 165 – 175.
- Murashige, T. and F. Skoog. 1962. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. **Plant Physiology** 15: 431 - 497.
- Nishizawa, Y., Z. Nishio, K. Nakazono, M. Soma, E. Nakajima, M. Ugaki and T. Hibi. 1999. Enhanced resistance to blast (*Magnaporthe grisea*) in transgenic *Japonica* rice by constitutive expression of rice chitinase. **Theoretical and Applied Genetics** 99: 3 – 4.

- Nguyen Tuan Anh. 2002. **An improved reporter system based on a novel β - glucuronidase (GUS) from *Staphylococcus* sp.**. Thesis submitted for the degree of Doctor of Philosophy. Australian National University. 135 p.
- Ofoghi, H., N. Moazami and I. Ivanon. 2005. Comparison of Tobacco Etch Virus and Tobacco Mosaic Virus enhancers for expression of human calcitonin gene in transgenic potato plant. **Key Engineering Materials** 227 – 279: 7 – 11.
- Okamoto, I., Y. Taniguchi, T. Kunikata, K. Kohno, K. Iwaki, M. Ikeda and M. Kurimoto . 2003. Major royal jelly protein 3 modulates immune responses in vitro and in vivo. **Life Sciences.** 73(16): 2029 – 2045.
- Pipatpanukul, T., S. Bunnag, P. Theerakulpisut and M. Kositrakul. 2004. Transformation of indica rice (*Oryza sativa* L.) cv. RD 6 mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. **Songklanakarin Journal of Science and Technology** 26(1): 1 - 13.
- Poeaim, A., N. Sangduen, W. Kaewunsong, W. Boonmae and S. Pongchareankit. 1995. Growth curve of Kao – Dawk – Mali 105 rice (*Oryza sativa* L.) suspension culture, pp. 204 In **International Conference on Biotechnology Research and Applications for Sustainable Development**. Bangkok: Chulabhorn Research Institute. (Poster).
- Raina, S. K., P. Sathish and K. S. Shorrma. 1987. Plant regeneration from in vitro culture of anther and mature seeds of rice (*Oryza sativa* L.) cv. Basmati 370. **Plant Cell Reports** 6: 43 – 45.
- Ramesh, S., D. Nagadhara, V.D. Reddy and K.V. Rao. 2004. Production of transgenic *indica* rice resistant to yellow stem borer and sap – sucking insects, using super – binary vectors of *Agrobacterium tumefaciens*. **Plant Science** 166: 1077 – 1085.
- Rashid, H., S. Yokoi, K. Toriyama and K. Hinata. 1996. Transgenic plant production mediated by *Agrobacterium* in *indica* rice. **Plant Cell Reports** 15: 727 – 730.
- Roy, M. and R. Wu. 2001. Arginine decarboxylase transgene expression and analysis of environmental stress tolerance in transgenic rice. **Plant Science** 160: 1077 – 1085.
- Saharan V., C.R. Yadav, R.N. Yadav and P.B. Chapagain. 2004. High frequency plant regeneration from desiccated calli of *indica* rice (*Oryza sativa* L.). **African Journal of Biotechnology** 3(5): 256 – 259.
- Sambrook, J., P. MacCallum and D. Russell. 2000. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual**. Third Edition. New York: CSHL Press. 2385 p.

- Schmitzova, J., J. Klaudiny, S. Albert, W. Schroder, W. Schreckengost, J. Hanes, J. Judova and J. Simuth. 1998. A family of major royal jelly proteins of the honeybee *Apis mellifera* L. Cellular and Molecular. **Life Sciences** 54: 1020 – 1030.
- Shimamoto K. 1995 . The Molecular Biology of Rice. **Science** 270: 1772 - 1773.
- Sindhu, A. S., Z. Zheng and N. Murai. 1997. The pea seed storage protein legumin was synthesized, processed and accumulated stably in transgenic rice endosperm. **Plant Science** 130: 189 – 196.
- Smith, R.H. and E.E. Hood. 1995. *Agrobacterium tumefaciens* transformation of monocotyledons. **Crop Science** 35: 301 - 309.
- Toki, S. 1997. Rapid and efficient *Agrobacterium* – mediated transformation in rice. **Plant Molecular Biology**. 15 (1): 16-21.
- Tomilov, A., N. Tomilova and J. I. Yoder. 2007. *Agrobacterium tumefaciens* and *Agrobacterium rhizogenes* transformed roots of the parasitic plant *Triphysaria versicolor* retain parasitic competence. **Planta** 225: 1059 – 1071.
- Truve, E., M. Kelve, A. Aaspöllu, A. Kuusksalu, P. Seppänen and M. Saarma. 1994. Principles and background for the construction of transgenic plants displaying multiple virus resistance. **Archives of virology Supplementum** 9: 41 - 50.
- Vajrabhaya, M., O. Tunmvachkul and T. Vajrabhaya. 1986. Effect of auxin and cytokinin on plant regeneration from rice callus. **Journal of Science Research Chulalongkorn University** 11: 113 – 115.
- Van Larebeke, N., G. Engler., M. Holsters, S. Van den Elsacker, I. Zaenen, R. A. Schilperoort and *Agrobacterium tumefaciens* essential for crown gall – inducing ability. **Nature**. 252: 9 – 170.
- Vasil, I.K. 1994. Cellular and molecular genetic improved of cereal, pp.5-19. In M. Terzi, R. Cella and A. Falauigna (eds.). **Current Issues in Plant Molecular and Cellular Biology**. Boston: Kluwer Academic Publishers.
- Vasil, I. K. 1996. Molecular improvement of cereal. **Plant Molecular Biology** 25: 925 – 937.
- Wang, F., Q. Wang, S. Kwon, S. Kwak and W. Su. 2005. Enhanced drought tolerance of transgenic rice plants expressing a pea manganese superoxide dismutase. **Journal of Plant Physiology** 162: 465 – 472.

- Wang, Z. and Y. Ge. 2005. *Agrobacterium* - mediated high efficiency transformation of tall fescue (*Festuca arundinacea*). **Journal of Plant Physiology** 162: 103 – 113.
- Webster R. K. and P. S. Gunnell. 1992. **Compendium of Rice Diseases**. England: APS Press. 236 p.
- Wen, T. and D. S. Luthe. 1985. Biochemical characterization of rice glutelin. **Plant Physiology** 78: 172 - 177.
- Wu, C., T. Adachi, T. Hatano, H. Washida, A. Suzuki and F. Takaiwa. 1998. Promoters of rice seed storage protein genes direct endosperm - specific gene expression in transgenic rice. **Plant Cell Physiology** 39(8): 885 – 889.
- Wu, L. and H.W. Li. 1970. Introduction of callus tissues initiation from different somatic organs of plant by various concentration of 2, 4 - dichlorophenoxy acetic acid. **Cytologia** 36: 411 – 416.
- Yamagata H., T. Sugimoto, K. Tanaka and Z. Kasai. 1982. Biosynthesis of storage proteins in developing rice seeds. **Plant Physiology** 70: 1094 - 1100.





ภาครพนวก ก

สูตรอาหารเลี้ยงเชื้อและเพาะเลี้ยงเนื้อยื่อ

สูตรอาหารเลี้ยงเชื้อและเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ

อาหารเลี้ยงเชื้อแบคทีเรีย

1. อาหารสูตร LB (Luria – Bertani medium)

Tryptone	10	กรัม
Yeast extract	5	กรัม
NaCl	10	กรัม

ละลายน้ำในน้ำกลั่นประมาณ 500 มิลลิลิตร แล้วปรับปริมาณให้ได้ 1 ลิตร จากนั้นปรับค่า pH ให้เท่ากับ 7.0 ด้วย สารละลายนี้ควรเก็บไว้ใน 5 องศาเซลเซียส ความดัน 15 บอนด์ต่อตารางนิวตัน 15 นาที

หมายเหตุ หากต้องการทำให้เป็นอาหารแข็งให้เติม Bacto – Agar 15 กรัม

อาหารเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ

1. อาหารสูตร MS (Murashige and Skoog, 1962) ประกอบด้วย

1.1. ชาตุอาหารหลัก ประกอบด้วย

NH_4NO_3	1,650	มิลลิกรัมต่อลิตร
KNO_3	1,900	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$	440	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	370	มิลลิกรัมต่อลิตร
KH_2PO_4	170	มิลลิกรัมต่อลิตร

1.2. ชาตุอาหารรอง ประกอบด้วย

KI	0.83	มิลลิกรัมต่อลิตร
H_3BO_3	6.2	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{MnSO}_4 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$	22.3	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	8.6	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$	0.25	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$	0.025	มิลลิกรัมต่อลิตร

$\text{C}_0\text{Cl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$	0.025	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}^*$	37.3	มิลลิกรัมต่อลิตร
Na_2EDTA^*	27.8	มิลลิกรัมต่อลิตร

1.3. วิตามิน และสารอินทรีย์ ประกอบด้วย

nicotinic acid	0.5	มิลลิกรัมต่อลิตร
pyridoxine – Hcl	0.5	มิลลิกรัมต่อลิตร
thiamine – HCl	0.5	มิลลิกรัมต่อลิตร
glycine	2.0	มิลลิกรัมต่อลิตร
myo – inositol	100	มิลลิกรัมต่อลิตร

หมายเหตุ

* คือ สามารถใช้รวมในรูป NaFeEDTA แทนได้

2. อาหารสูตร N6 (Chu, 1978) ประกอบด้วย

2.1. ชาตุอาหารหลัก ประกอบด้วย

KNO_3	2,830	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$	166	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	185	มิลลิกรัมต่อลิตร
KH_2PO_4	400	มิลลิกรัมต่อลิตร
$(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$	463	มิลลิกรัมต่อลิตร

2.2. ชาตุอาหารรอง ประกอบด้วย

KI	0.8	มิลลิกรัมต่อลิตร
H_3BO_3	1.6	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{MnSO}_4 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$	3.3	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	1.5	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$	0.25	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$	0.025	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{CoCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$	0.025	มิลลิกรัมต่อลิตร
$\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}^*$	37.3	มิลลิกรัมต่อลิตร
Na_2EDTA^*	27.8	มิลลิกรัมต่อลิตร

2.3. วิตามิน และสารอินทรีย์ ประกอบด้วย

nicotinic acid	0.5	มิลลิกรัมต่อเดซิลิตร
pyridoxine – Hcl	0.5	มิลลิกรัมต่อเดซิลิตร
thiamine – HCl	0.5	มิลลิกรัมต่อเดซิลิตร
glycine	40	มิลลิกรัมต่อเดซิลิตร

หมายเหตุ

* คือ สามารถใช้รวมในรูป NaFeEDTA แทนได้



ภารกิจด้านวิทยาศาสตร์
ผลการวิเคราะห์

ผลการวิเคราะห์

1. ปริมาณและคุณภาพของดีเย็นแอที่สกัดได้จากใบข้าวพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม

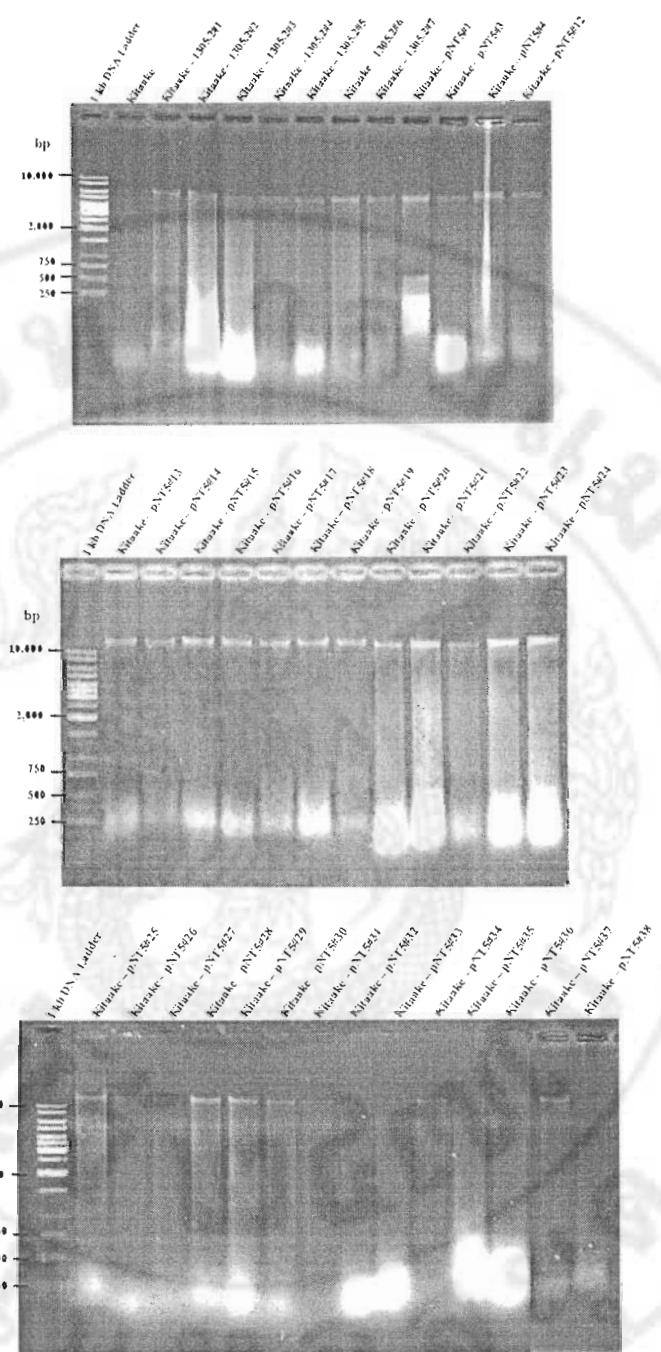
ตาราง 13 ปริมาณและคุณภาพของดีเย็นแอที่สกัดได้จากใบข้าวพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม

ตัวอย่าง	A_{260}	A_{280}	อัตราส่วน $A_{260}: A_{280}$	ความเข้มข้นของดีเย็นแอ
				(นาโนกรัมต่อไมโครลิตร)
Kitaake	0.2998	0.1850	1.62	599.6
Kitaake - 1305.2#1	0.2359	0.1262	1.87	471.8
Kitaake - 1305.2#2	1.1286	0.6719	1.68	2257.2
Kitaake - 1305.2#3	1.4158	0.9485	1.49	2831.6
Kitaake - 1305.2#4	0.1303	0.0673	1.94	260.6
Kitaake - 1305.2#5	0.1980	0.1213	1.63	792.0
Kitaake - 1305.2#6	0.1387	0.0714	1.94	277.4
Kitaake - 1305.2#7	0.1027	0.0534	1.92	205.4
Kitaake - pNT5#1	0.2354	0.1235	1.91	470.8
Kitaake - pNT5#3	0.3653	0.1965	1.86	730.6
Kitaake - pNT5#4	0.2596	0.1325	1.96	519.2
Kitaake - pNT5#12	0.2935	0.1621	1.81	587.0
Kitaake - pNT5#13	0.1963	0.1156	1.70	392.6
Kitaake - pNT5#14	0.2394	0.1389	1.72	478.8
Kitaake - pNT5#15	0.2174	0.1253	1.74	434.8
Kitaake - pNT5#16	0.2379	0.1489	1.60	475.8
Kitaake - pNT5#17	0.2198	0.1289	1.71	439.6
Kitaake - pNT5#18	0.2733	0.1696	1.61	546.6
Kitaake - pNT5#19	0.3139	0.1306	2.40	627.8
Kitaake - pNT5#20	0.4093	0.2081	1.97	818.6

ตาราง 13 (ต่อ)

ตัวอย่าง	A_{260}	A_{280}	อัตราส่วน	ความเข้มข้นของดีเอ็นเอ (นาโนกรัมต่อลิตร)
			$A_{260}: A_{280}$	
Kitaake - pNT5#21	0.1151	0.0594	1.94	230.2
Kitaake - pNT5#22	0.2825	0.1424	1.98	565.0
Kitaake - pNT5#23	0.4638	0.2367	1.96	927.6
Kitaake - pNT5#24	0.4910	0.2605	1.88	982.0
Kitaake - pNT5#25	0.3996	0.2273	1.76	799.2
Kitaake - pNT5#26	0.3165	0.1705	1.86	633.0
Kitaake - pNT5#27	0.4194	0.2226	1.88	838.8
Kitaake - pNT5#28	0.4503	0.2343	1.92	900.6
Kitaake - pNT5#29	0.3389	0.1808	1.87	677.8
Kitaake - pNT5#30	0.1940	0.1083	1.79	388.0
Kitaake - pNT5#31	0.2900	0.1693	1.71	1160.0
Kitaake - pNT5#32	0.6287	0.3990	1.58	2514.8
Kitaake - pNT5#33	0.2462	0.1333	1.85	492.4
Kitaake - pNT5#34	0.4954	0.2896	1.71	1981.6
Kitaake - pNT5#35	0.6262	0.3810	1.64	2504.8
Kitaake - pNT5#36	0.2516	0.5502	0.46	503.2
Kitaake - pNT5#37	0.1371	0.0787	1.74	274.2
Kitaake - pNT5#38	0.2238	0.1619	1.38	447.6

หมายเหตุ: Kitaake คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน Kitaake - 1305.2 #1 - 7 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1 - 7
 Kitaake - pNT5 #1 - 38 คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pNT5 ต้นที่ 1 - 38



หมายเหตุ:

1 kb DNA Ladder

คือ DNA marker

Kitaake

คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ไม่ได้ถ่ายยืน

Kitaake - 1305.2 #1 - 7

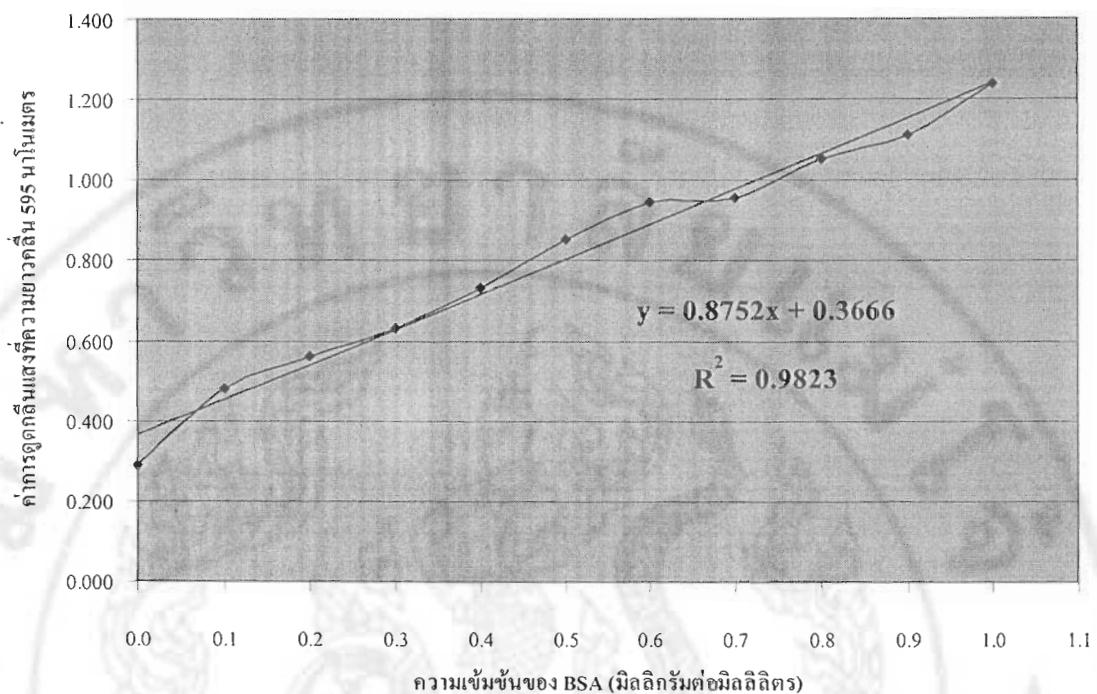
คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pCAMBIA 1305.2 ต้นที่ 1 - 7

Kitaake - pNTS #1 - 38

คือ ต้นข้าวพันธุ์ Kitaake ที่ถ่ายยืนด้วยพลาสมิด pNTS ต้นที่ 1 - 38

ภาพ 66 ลักษณะดีเอ็นเอที่สกัดได้จากใบข้าวพันธุ์ Kitaake ดัดแปลงพันธุกรรม

2. กราฟมาตราฐานของโปรตีนมาตรฐาน BSA



ตาราง 14 ค่าการดูดกลืนแสงของโปรตีนมาตรฐาน BSA ที่ความยาวคลื่น 595 นาโนเมตร

ความเข้มข้นของโปรตีนมาตรฐาน BSA (มิลลิกรัมต่ommilitr)	ค่าการดูดกลืนที่ความยาวคลื่น 595 นาโนเมตร (A_{595})
0.0	0.286
0.1	0.480
0.2	0.561
0.3	0.632
0.4	0.730
0.5	0.852
0.6	0.944
0.7	0.958
0.8	1.053
0.9	1.112
1.0	1.238

การคำนวณปริมาณโปรตีน

1. ความเข้มข้น โปรตีนที่สกัดได้

$$\text{ความเข้มข้น โปรตีนที่สกัดได้ (มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร)} = \frac{A_{595} - 0.3666}{0.8752}$$

2. ปริมาณ โปรตีนทั้งหมด

$$\text{ปริมาณ โปรตีนทั้งหมด} = \frac{\text{ความเข้มข้น โปรตีนที่สกัดได้} \times \text{ปริมาตรที่สกัดได้}}{(\text{มิลลิกรัม})} \quad (\text{มิลลิลิตร})$$

3. ร้อยละของ โปรตีนในเม็ด

$$\text{ร้อยละของ โปรตีนในเม็ด} = \frac{\text{ปริมาณ โปรตีนทั้งหมด (g)} \times 100}{\text{น้ำหนักเม็ด (g)}}$$



ภาคผนวก ค

ประวัติผู้วิจัย

ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ – สกุล	นางสาวณิชนน ธรรมรักษ์	
เกิดเมื่อ	28 สิงหาคม 2526	
ประวัติการศึกษา	พ.ศ. 2544	มัธยมศึกษาตอนปลาย โรงเรียนдарาวิทยาลัย จังหวัดเชียงใหม่
	พ.ศ. 2548	วท. บ. (เทคโนโลยีชีวภาพ) มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่
รางวัล/ทุนวิจัย	<p>รองชนะเลิศ อันดับ 1 การแข่งขันทักษะทางวิทยาศาสตร์ ระดับมัธยมศึกษาตอนปลาย ในงานสัปดาห์วิทยาศาสตร์แห่งชาติ ประจำปี 2543 โดยคณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่</p> <p>รางวัลการนำเสนอผลงานทางวิชาการ ในรูปแบบบรรยาย ในระดับเดียวๆ ในงานประชุมวิชาการวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี ครั้งที่ 3 ประจำปี 2547 “บัณฑิตวิทยาศาสตร์รุ่นใหม่ที่ชาติต้องการ” โดยคณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่</p> <p>ทุนอุดหนุนวิจัยระดับปริญญาโท โดยสำนักงานบัณฑิตศึกษา มหาวิทยาลัยแม่โจ้</p>	
งานวิจัยเผยแพร่	<p>การนำเสนอผลงานวิจัยในงานประชุมวิชาการวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี ครั้งที่ 3 ประจำปี 2547 (ภาควิชาบรรยายและโปสเทอร์) เรื่อง “การเพาะเลี้ยงแคลลัสและการถ่ายยืนในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 โดยใช้เชื้อโกรแบคทีเรียม” วันที่ 7 มีนาคม 2548 ณ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่</p> <p>การนำเสนอผลงานวิจัยในงานประชุมวิชาการมหาวิทยาลัยแม่โจ้ ครั้งที่ 6 ประจำปี 2548 (ภาควิชาบรรยาย) เรื่อง “การถ่ายยืนในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 โดยใช้เชื้อโกรแบคทีเรียม”</p>	

งานวิจัยเผยแพร่

ระหว่างวันที่ 19 -20 พฤษภาคม 2548 ณ ศูนย์การศึกษา
นานาชาติ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่

การนำเสนอผลงานวิจัยในงานประชุมวิชาการวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี
แห่งประเทศไทย ครั้งที่ 31 (ภาคปีสเตอร์) เรื่อง “การ
พัฒนาระบบการถ่ายทอดในข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 โดยใช้
เชื้อโกรแบคทีเรียม” ระหว่างวันที่ 18 – 20 ตุลาคม
2548 ณ เทคโนธานี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี
จังหวัดนครราชสีมา

การนำเสนอผลงานวิจัยในงานประชุมวิชาการนานาชาติประจำปีของ
สมาคมเทคโนโลยีชีวภาพแห่งประเทศไทย ครั้งที่ 19
(ภาคบรรยาย) เรื่อง “Transformation of Indica Rice
(*Oryza sativa L.*) using *Agrobacterium tumefaciens*”
ระหว่างวันที่ 9 – 12 ตุลาคม 2550 ณ คณะวิทยาศาสตร์
และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต
จังหวัดปทุมธานี

การนำเสนอผลงานวิจัยในงานประชุมวิชาการ Bioasia 2007 (ภาค
ปีสเตอร์) เรื่อง “Improvement of Transformation
System of Indica Rice (*Oryza sativa L.*) Variety RD 6
using *Agrobacterium tumefaciens*” ระหว่างวันที่ 5 – 9
พฤษจิกายน 2550 ณ ศูนย์ประชุมแห่งชาติสิริกิติ์
กรุงเทพมหานคร

การนำเสนอผลงานวิจัยในงานประชุมวิชาการวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี
ครั้งที่ 6 ประจำปี 2547 (ภาคบรรยายและปีสเตอร์)
เรื่อง “การถ่ายทอดปริศนนมผึ้งเข้าสู่เคลลัสข้าวเหนียว
พันธุ์ กข 6 โดยใช้เชื้อโกรแบคทีเรียม” วันที่ 29
กุมภาพันธ์ 2551 ณ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้
จังหวัดเชียงใหม่