

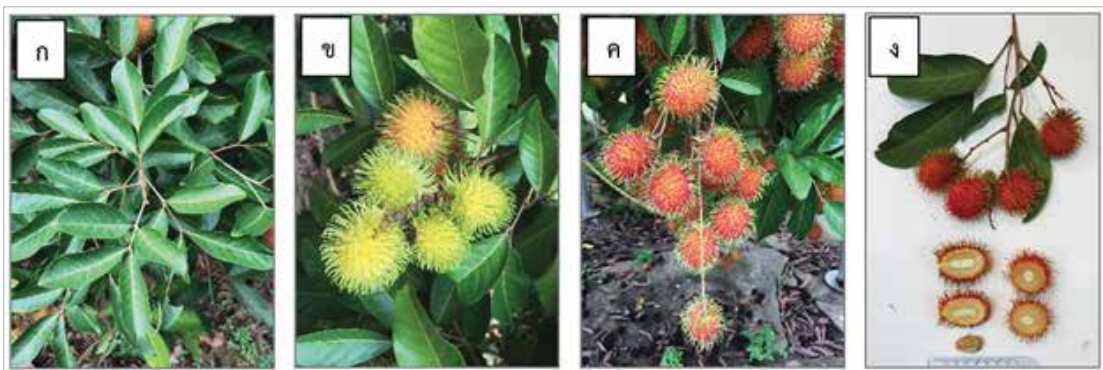
สิ่งวิเคราะห์ งานวิจัย

ฉบับเดือนมีนาคม
ประจำปี 2562

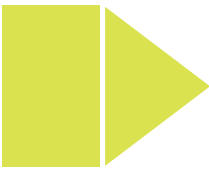
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ชวัลรัตน์ สมนึก
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี



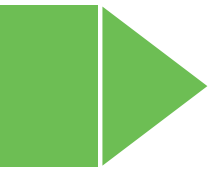
สิ่งพิมพ์วิจัยและพัฒนา มีบทสังเคราะห์งานวิจัยที่น่าสนใจ มาฝากผู้อ่านทุกท่าน..... ฉบับนี้เป็นงานวิจัย เรื่อง “การตรวจสอบสายพันธุ์งาในพืชรังผึ้งบ้านแก้ว มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี โดยใช้เทคนิคทางชีวโมเลกุล ” เป็นผลงานวิจัยของผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ชวัลรัตน์ สมนึก และคณะผู้ร่วมวิจัย โดยได้รับงบประมาณสนับสนุนจากงบประมาณแผ่นดิน ปีงบประมาณ 2560 ซึ่งงานวิจัยดังกล่าวมีแนวคิดมาจากความสงสัยในความคล้ายคลึงกันของต้นงา ซึ่งเป็นพืชที่มีปลูกในพื้นที่ภาคตะวันออก โดยเฉพาะในจังหวัดจันทบุรีที่มีลักษณะทางพฤกษศาสตร์หรือลักษณะภายนอกที่แยกออกจากกันได้ยากหากยังไม่ออกดอกและติดผล รวมไปถึงในพื้นที่รังผึ้งบ้านแก้วมีต้นงาที่สมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์ พระบรมราชินีนาถในรัชกาลที่ 9 ทรงปลูกไว้เมื่อครั้งเสด็จพระราชดำเนินมาที่จังหวัดจันทบุรี เมื่อวันที่ 17 พฤศจิกายน พ.ศ.2499 ซึ่งกล่าวกันว่าเป็นพันธุ์งาสีชมพู แต่บางคนก็ว่าเป็นงาพันธุ์บางยี่ขัน เนื่องจากมีลักษณะผลเป็นสีแดง ลักษณะคล้ายงาสีชมพู แต่ลูกเล็กและเนื้อน้อย เนื้อติดเมล็ด รสหวานอมเปรี้ยว (ภาพที่ 1) ซึ่งเป็นลักษณะที่แตกต่างจากสายพันธุ์ของงาที่ปลูกในปัจจุบัน จึงยังไม่มีผู้ใดสามารถยืนยันสายพันธุ์ของงาที่แน่นอนได้ ดังนั้นผู้วิจัยจึงมีความประสงค์จะดำเนินการวิจัยโดยมีวัตถุประสงค์หลักเพื่อ ศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของงาที่ปลูกในรังผึ้งบ้านแก้ว และได้นำเทคนิคทางชีวโมเลกุลมาใช้โดยเลือกบริเวณ Internal Transcribed Spacer (ITS) ซึ่งเป็นบริเวณที่แทรกอยู่ภายในชุดยีน ribosomal rRNA (18S rRNA - 5.8S rRNA - 26S rRNA) ที่อยู่ในนิวเคลียสจีโนม โดยออกแบบไพรเมอร์ในบริเวณระหว่าง 5.8S rRNA กับ ITS2 มาใช้ในการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม เพื่อใช้ลักษณะทางพันธุกรรมในการบ่งชี้สายพันธุ์ของงาที่ปลูกในรังผึ้งบ้านแก้วได้ชัดเจนยิ่งขึ้น



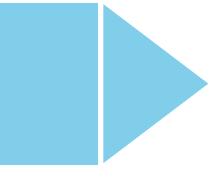
ภาพที่ 1 ลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของของต้นงาที่สมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์ พระบรมราชินีนาถทรงปลูกในพื้นที่รังผึ้งบ้านแก้ว (ก) ใบ (ข) ผลอ่อน (ค) ผลสุก และ (ง) เมล็ด



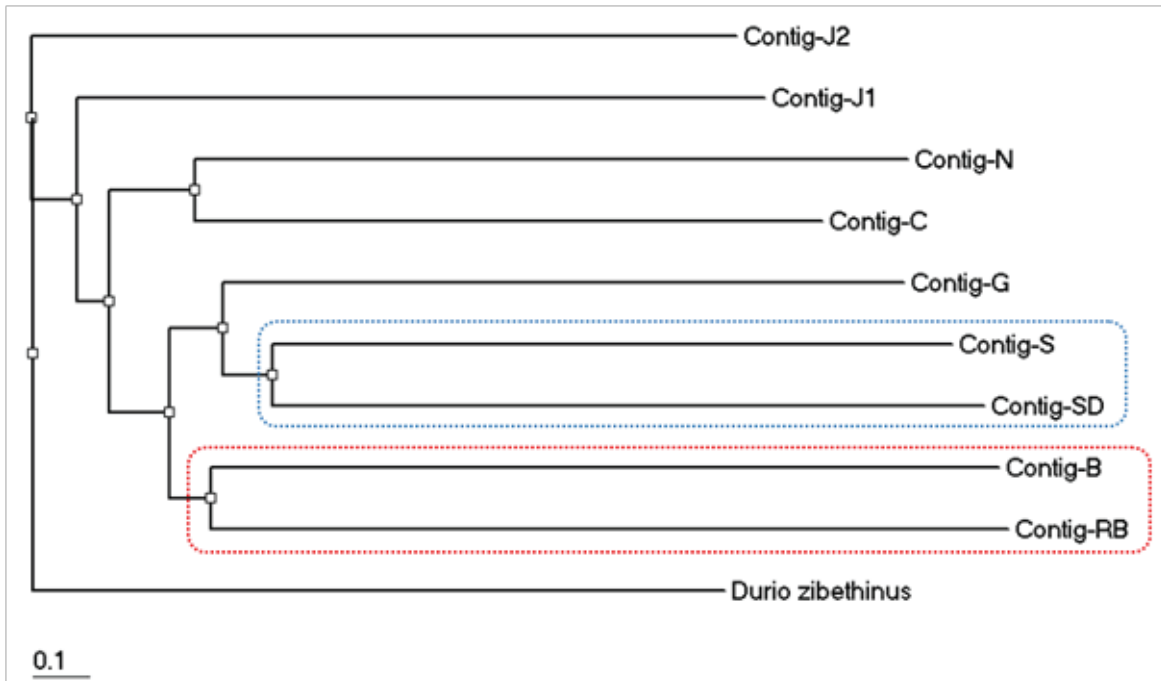
วิธีดำเนินการวิจัยในครั้งนี้ ผู้วิจัยเริ่มตั้งแต่การเก็บตัวอย่างใบอ่อนของต้นเงาะมาสกัดดีเอ็นเอ เพื่อปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอและหาลำดับเบสบริเวณ ITS จากนั้นนำมาเปรียบเทียบกับความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) กับลำดับเบสของเงาะพันธุ์พื้นเมืองที่นำมาจากศูนย์วิจัยพืชสวนจังหวัดบุรีรัมย์ จำนวน 6 สายพันธุ์ ได้แก่ พันธุ์น้ำตาลกรวด (N) พันธุ์บางยี่ขัน (B) พันธุ์เงาะสีทอง (G) พันธุ์เงาะสีชมพู (C) พันธุ์เงาะมัง (J) และพันธุ์เงาะโรงเรือน (S)



ผลการวิจัยพบว่า ผลการเพิ่มจำนวนชิ้นส่วนดีเอ็นเอบริเวณ ITS2 ได้ขนาดชิ้นส่วนของดีเอ็นเอแบบแผนอะกาโรสเจลเพียงแถบเดียว มีขนาด 425 คู่เบสซึ่งชิ้นส่วนที่ได้ถูกตัดออกมาจากเจล (Gel Extraction) และทำให้บริสุทธิ์ (PCR Purification) จากนั้นส่งหาลำดับเบสที่บริษัท FirstBase (ประเทศไทย) เพื่อนำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์และความใกล้เคียงทางพันธุกรรมจากบริเวณ ITS ของเงาะที่ปลูกบริเวณตำหนักเทา (RB) พบว่าอยู่ในกลุ่มเดียวกับเงาะพันธุ์บางยี่ขัน (B) (ภาพที่ 2) แสดงให้เห็นว่าเทคนิคทางชีวโมเลกุลสามารถบ่งชี้สายพันธุ์เงาะที่มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเปลี่ยนแปลงไป เนื่องจากปัจจัยแวดล้อมภายนอกที่ส่งผลต่อลักษณะการเจริญเติบโตของต้นเงาะได้ชัดเจนกว่าการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพียงอย่างเดียว



นอกจากนี้จากผลการวิจัยดังกล่าวแล้ว ผู้วิจัยมีแนวคิดหรือข้อเสนอแนะ เพื่อการขยายผล หรือต่อยอดงานวิจัยที่คาดว่าจะเป็นอย่างต่อไป คือ การพัฒนาโปรแกรมสำหรับใช้ในเทคนิค RAPD ที่มีความจำเพาะเพื่อจำแนกสายพันธุ์และชนิดของเงาะได้ชัดเจนขึ้น



ภาพที่ 2 การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมบริเวณ ITS ของเงาะที่ปลูกในพื้นที่วังสวนป่าแก้ว (RB) และเงาะที่ปลูกในสวนหลวงพระองค์หน้าพระตำหนักเทา (SD) เปรียบเทียบกับเงาะพันธุ์พื้นเมือง ได้แก่ พันธุ์น้ำตาลกรวด (N) พันธุ์บางยี่ขัน (B) พันธุ์เงาะสีทอง (G) พันธุ์เงาะสี (C) พันธุ์เงาะมัง (J1 และ J2) และพันธุ์เงาะโรงเรือน (S)



ข้อมูลจาก

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ชวัลรัตน์ สมนึก หัวหน้าโครงการวิจัย

คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี หมายเลขติดต่อ 086-829-9550

ผู้ช่วยศาสตราจารย์พิสุทธิ์ การบุญ (คณะวิจัย) คณะมนุษยศาสตร์และสังคมศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี

นางสาวอรวิษัณี ชุศรี (คณะวิจัย) ภาควิชาการเกษตรจําานการ ศูนย์วิจัยพืชสวนจันทบุรี จังหวัดจันทบุรี