

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์

การกระจายตัวทางพันธุกรรมในลูกผสมชั่วที่ 2
ระหว่างข้าวป่าสามัญ (*Oryza rufipogon* Griff.) และ
ข้าวปลูก (*Oryza sativa* L.)

ผู้เขียน

นางสาวมีนา พรหมมินทร์

ปริญญา

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) พืชไร่

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

รศ. ดร. ศันสนีย์ จำจด

ประธานกรรมการ

ศ. ดร. เบญจวรรณ ฤกษ์เกษม

กรรมการ

บทคัดย่อ

การผสมข้ามระหว่างข้าวปลูก (*Oryza sativa* L.) กับข้าวป่าบรรพบุรุษ (*O. rufipogon* Griff.) เกิดขึ้นได้ในสภาพธรรมชาติทั่วไปที่มีข้าวทั้งสองชนิดขึ้นอยู่ร่วมกันหรือใกล้กัน และเป็นกระบวนการสำคัญที่ทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างข้าวป่าและข้าวปลูก และให้ลูกผสมที่มีการกระจายตัวเป็นหลายลักษณะในประชากร งานทดลองนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาการควบคุมทางพันธุกรรมและตำแหน่งของยีนที่ควบคุมลักษณะความแตกต่างระหว่างข้าวป่าและข้าวปลูก ทดลองที่ภาควิชาพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ระหว่างเดือนมิถุนายน พ.ศ. 2548 ถึงเดือนเมษายน พ.ศ. 2550 ศึกษาในประชากรลูกผสมชั่วที่ 2 จำนวน 3 คู่ผสมที่ได้จากการผสมข้ามระหว่างข้าวสามัญที่อยู่ในแปลงอนุรักษ์สภาพธรรมชาติภายในศูนย์วิจัยข้าวปราจีนบุรีที่เป็นพันธุ์พ่อกับข้าวปลูกจำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 สุพรรณบุรี 1 และปทุมธานี 60 ที่ใช้เป็นพันธุ์แม่ นำเมล็ดลูกผสมชั่วที่ 2 ทั้ง 3 คู่ผสมและพันธุ์พ่อแม่นำไปปลูกทดสอบในกระถางจำนวนคู่ผสมละ 200 ต้น เพื่อประเมินการกระจายตัวของลักษณะทางสัณฐานและลักษณะทางสรีระ

ลักษณะทางสัณฐานที่ศึกษา 10 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะทรงกอ ความยาวเกสรตัวผู้ การมีหาง และการปรากฏของสีบนส่วนต่างๆ ของต้นข้าว (กาบใบ ข้อ ปล้อง ยอดดอก เกสรตัวเมีย หางที่ปลายยอดดอก เยื่อหุ้มเมล็ด) พบว่าถูกควบคุมด้วยยีน 1 ถึง 3 คู่ และมีการแสดงออกของยีนเป็นแบบข่มสมบูรณ์และข่มข้ามคู่โดยมีลักษณะป่าเป็นลักษณะเด่น เมื่อจัดกลุ่มการกระจายตัวของลักษณะป่าและปลูกตามลักษณะที่ศึกษาทั้ง 8 ลักษณะประกอบด้วย สีกาบใบ สีปล้อง สียอดดอก สี

เกสรตัวเมีย ความยาวเกสรตัวเมีย การมีหาง สีหาง และสีเยื่อหุ้มเมล็ด ในลูกผสมชั่วที่ 2 สามารถจำแนกได้เป็น 43 แบบ โดยมีการกระจายตัวของต้นที่มีลักษณะเหมือนข้าวป่าทั้ง 8 ลักษณะ 14-30 เปอร์เซ็นต์ และต้นที่มีลักษณะร่วมระหว่างข้าวป่าและข้าวปลูก 70-86 เปอร์เซ็นต์ และไม่พบต้นที่มีลักษณะที่เหมือนข้าวปลูกพันธุ์แม่ทั้งหมดเลย

ลักษณะทางสรีระมีการกระจายตัวของลูกผสมชั่วที่ 2 เป็นแบบต่อเนื่อง (continuous distribution) อยู่ระหว่างพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะจำนวนระแเง่ จำนวนดอกย่อยต่อรวง เปอร์เซ็นต์เมล็ดดี พบการกระจายตัวนอกเหนือขอบเขตพันธุ์พ่อแม่ (transgressive segregation) ในลักษณะจำนวนหน่อ ความสูง จำนวนวันออกดอก ความยาวรวง ความกว้างเมล็ด ความยาวเมล็ด ยกเว้นการร่วงของเมล็ดที่พบว่าถูกควบคุมด้วยยีน 3 คู่ สำหรับลักษณะจำนวนดอกย่อยต่อรวงพบว่าลูกผสมส่วนใหญ่มีการกระจายอยู่ในช่วงของข้าวป่า นอกจากนี้ยังพบความแตกต่างทางพันธุกรรมของการกระจายตัวระหว่างกลุ่มผสมในลักษณะความสูง จำนวนวันออกดอก เปอร์เซ็นต์เมล็ดดี และรูปร่างเมล็ด

การศึกษาระดับดีเอ็นเอพบความแตกต่างทางพันธุกรรม (polymorphism) ระหว่างข้าวป่าและข้าวปลูกเมื่อใช้ microsatellite marker จำนวน 66 ตัวพบ polymorphism สูงถึง 56 ตัวคิดเป็นเปอร์เซ็นต์เท่ากับ 85 เปอร์เซ็นต์ คัดเลือก RM280 ที่ตั้งอยู่บนแขนด้านยาว (long arm) บนโครโมโซมแท่งที่ 4 และมีความสัมพันธ์กับลักษณะการร่วงของเมล็ดเมื่อทดสอบด้วยวิธีการ bulk segregant analysis (BSA) ในลูกผสมชั่วที่ 2 ระหว่างข้าวป่ากับข้าวปลูกสุพรรณบุรี 1 จากนั้นนำ RM280 และ microsatellite marker ที่อยู่ใกล้เคียง ได้แก่ RM131 และ RM303 มาศึกษาความสัมพันธ์กับลักษณะทางปริมาณ 10 ลักษณะในลูกผสมชั่วที่ 2 ทุกต้น พบตำแหน่งยีน Quantitative trait loci (QTLs) ที่ควบคุมลักษณะร่วงของเมล็ดในกลุ่มผสมนี้ อยู่ระหว่าง RM131-RM303 และอยู่ใกล้กับ QTLs ที่ควบคุมลักษณะเปอร์เซ็นต์เมล็ดดี และความสูง

ลูกผสมที่เกิดขึ้นจากการผสมข้ามระหว่างข้าวป่าและปลูกมีการกระจายตัวเป็นหลายแบบตามลักษณะทางสัณฐานและทางสรีระ ทำให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมที่จะสามารถนำไปใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมที่สำคัญสำหรับงานปรับปรุงพันธุ์ข้าวต่อไป และความเข้าใจเกี่ยวกับการควบคุมทางพันธุกรรมของลักษณะป่าและปลูกที่ทำให้เกิดการกระจายตัวในลูกผสมจะช่วยให้ทราบถึงวิวัฒนาการของข้าวปลูกและข้าววัชพืชในปัจจุบัน

Thesis Title	Segregation in F ₂ Generation of Crosses Between Common Wild Rice (<i>Oryza rufipogon</i> Griff.) and Cultivated Rice (<i>Oryza sativa</i> L.)	
Author	Miss Amena Prommin	
Degree	Master of Science (Agriculture) Agronomy	
Thesis Advisory Committee	Assoc. Prof. Dr. Sansanee Jamjod	Chairperson
	Prof. Dr. Benjavan Rerkasem	Member

ABSTRACT

Interspecific hybridization between common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) and cultivated rice (*O. sativa* L.) usually occurs where wild progenitor and cultivated rice were grown. Natural hybridization between them is an important process affecting on gene flow and provide the different characters in population. This study aimed to evaluate and identify the genetic control between wild and crop traits. Three F₂ populations were derived from crosses between common wild rice (*O. rufipogon*) from natural habitat in Prachinburi Rice Research Center as male parent and three varieties of cultivated rice (KDML105, SPR1 and PTT60) as female parent. F₂'s and their parents were grown in pot experiment and evaluated for morphological and agronomical characters.

Morphological characters of plant type, spikelet awning, length of anther and pigmentation on different plant parts (leaf sheath, node, internode, apiculus, stigma, awning and pericarp) were controlled by single to three genes with complete dominant and epistasis gene actions. F₂ populations were classified into 43 groups based on 8 wild and crop traits (spikelet awning, anther length, leaf sheath color, internode color, apiculus color, stigma color, awn color and pericarp color). The segregation of F₂'s plants in all crosses consisted of plants with all traits of wild character (14-30%) and with both wild and crop traits (70-86%), none of plant with all cultivated trait was found.

Transgressive segregation was found in number of tillers plant⁻¹, culm length, heading date, panicle length, seed width and seed length. Seed shattering was controlled by three genes.

For spikelets panicle⁻¹, most F₂s fell into the range closer to wild rice parent. The difference of segregating pattern between crosses was found in culm length, heading date, seed fertility and seed shape.

For DNA analysis, 56 polymorphisms (85%) between wild and the three cultivated rice were identified by 66 microsatellite markers. RM280, located on long arm of chromosome 4, linked to seed shattering in F₂ crosses between wild rice and SPR1 by using bulk segregant analysis. Then, RM131 and RM303 (located near RM280), and RM280 were used for QTL analysis with 10 quantitative traits for all F₂ plants. QTLs for seed shattering was located between RM131-RM303. QTLs for seed fertility and plant height were also close to QTL for seed shattering.

F₂ plant of crosses between wild and cultivated rice had different segregation in different morphological and physiological characters. These pool of genetic variation that can be used as genetic resources for breeding program. Understanding of genetic control and segregation between wild and crop traits is also useful to explain the evolution of crop and weedy rice.