แบบ มคอ. ๗ รายงานผลการดำเนินการของหลักสูตร

รายงานผลการดำเนินการของหลักสูตรปรัชญาดุษฎีบัณฑิต

สาขาวิชาพันธุศาสตร์

ประจำปีการศึกษา 2555

แบบ มคอ.๗

แบบ มคอ. ๗ รายงานผลการดำเนินการของหลักสูตร

รายงานผลการดำเนินการของหลักสูตรปรัชญาดุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาพันธุศาสตร์

ประจำปีการศึกษา 2555

มหาวิทยาลัยแม่โจ้
คณะวิทยาศาสตร์

หมวดที่ ๑ ข้อมูลทั่วไป

๑. หลักสูตรปรัชญาดุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาพันธุศาสตร์
๒. ระดับคุณวุฒิ ปริญญาเอก
๓. อาจารย์ผู้รับผิดชอบหลักสูตร ผศ. ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต ผศ. ดร. ช่อทิพา สกูลสิงหาโรจน์ ผศ. ดร. วราภรณ์ แสงทอง
๕. ปีการศึกษาที่รายงาน 2555
๖. สถานที่ตั้ง มหาวิทยาลัยแม่โจ้ เชียงใหม่

หมวดที่ ๒ ข้อมูลเชิงสถิติ

๑. จำนวนนักศึกษาชั้นปีที่ ๑ ที่รับเข้าในปีการศึกษาที่รายงาน 1 คน

๒. จำนวนนักศึกษาที่สำเร็จการศึกษาในปีที่รายงาน

๒.๑. จำนวนนักศึกษาที่สำเร็จการศึกษาก่อนกำหนดเวลาของหลักสูตร 0 คน

๒.๒. จำนวนนักศึกษาที่สำเร็จการศึกษาตามกำหนดเวลาของหลักสูตร 0 คน

๒.๓. จำนวนนักศึกษาที่สำเร็จการศึกษาหลังกำหนดเวลาของหลักสูตร 0 คน

๓. รายละเอียดเกี่ยวกับอัตราการสำเร็จการศึกษา

๓.๑ ร้อยละของนักศึกษาที่สำเร็จการศึกษาตามหลักสูตร

-

๔. จำนวนและร้อยละนักศึกษาที่สอบผ่านตามแผนการศึกษาของหลักสูตรในแต่ละปี

	จำนวนนักศึกษาในแต่ละชั้นปี	จำนวนนักศึกษาที่สอบผ่านตามแผนกำหนดการศึกษา	ร้อยละนักศึกษาที่สอบผ่านตามแผนกำหนดการศึกษา
ชั้นปีที่ ๑	1	1	100
ชั้นปีที่ ๒	0	0	-
ชั้นปีที่ ๓	1	1	100
ชั้นปีที่ ๔	-	-	-
ชั้นปีที่ ๕	-	-	-

๕. อัตราการเปลี่ยนแปลงจำนวนนักศึกษาในแต่ละปีการศึกษา

นักศึกษาชั้นปีที่ ๑ ที่เรียนต่อชั้นปีที่ 3 0 %

๖. ปัจจัย/สาเหตุที่มีผลกระทบต่อจำนวนนักศึกษาตามแผนการศึกษา

-

๗. ภาวะการได้งานทำของบัณฑิตภายในระยะ ๑ ปี หลังสำเร็จการศึกษา

-

การกระจายภาวะการได้งานทำเทียบกับจำนวนผู้ตอบแบบสอบถาม

การได้งานทำ	ได้งานทำแล้ว		ไม่ประสงค์จะทำงาน		ยังไม่ได้งานทำ
	ตรงสาขาที่เรียน	ไม่ตรงสาขาที่เรียน	ศึกษาต่อ	สาเหตุอื่น	
จำนวน	-	-	-	-	-
ร้อยละ	-	-	-	-	-

๘. การวิเคราะห์ผลที่ได้

-

หมวดที่ ๓ การเปลี่ยนแปลงที่มีผลกระทบต่อหลักสูตร

๑. การเปลี่ยนแปลงภายในสถาบัน (ถ้ามี) ที่มีผลกระทบต่อหลักสูตรในช่วง ๒ ปีที่ผ่านมา

-

๒. การเปลี่ยนแปลงภายนอกสถาบัน (ถ้ามี) ที่มีผลกระทบต่อหลักสูตรในช่วง ๒ ปีที่ผ่านมา

-

หมวดที่ ๔ ข้อมูลสรุปรายวิชาของหลักสูตร

๑. สรุปผลรายวิชาที่เปิดสอนในภาคการศึกษา/ปีการศึกษา

เอกสารแนบ ก

๒. การวิเคราะห์รายวิชาที่มีผลการเรียนไม่ปกติ -	
๒.๑ รหัสและชื่อรายวิชา -	ความไม่ปกติที่พบ -
การดำเนินการตรวจสอบ - เหตุผลที่ทำให้เกิดความไม่ปกติจากข้อกำหนด หรือ เกณฑ์ที่ตั้งไว้ - มาตรการแก้ไขที่ได้ดำเนินการแล้ว (หากจำเป็น) -	
๒.๒. รหัสและชื่อรายวิชา -	ความไม่ปกติที่พบ
การดำเนินการตรวจสอบ - เหตุผลที่ทำให้เกิดความผิดปกติจากข้อกำหนด หรือ เกณฑ์ที่ตั้งไว้ - มาตรการแก้ไขที่ได้ดำเนินการแล้ว (หากจำเป็น) -	
๒.๓. รหัสและชื่อรายวิชา -	ความไม่ปกติที่พบ
การดำเนินการตรวจสอบ - เหตุผลที่ทำให้เกิดความไม่ปกติจากข้อกำหนด หรือ เกณฑ์ที่ตั้งไว้ - มาตรการแก้ไขที่ได้ดำเนินการแล้ว (หากจำเป็น) -	

๓. การเปิดรายวิชาในภาคหรือปีการศึกษา

๓.๑ รายวิชาที่ไม่ได้เปิดตามแผนการศึกษา และเหตุผลที่ไม่ได้เปิด ไม่มีรายวิชาที่ไม่ได้เปิดตามแผน		
รหัสและชื่อรายวิชา	**คำอธิบาย**	**มาตรการทดแทนที่ได้ดำเนินการ (ถ้ามี)**
-	-	-

๓.๒ วิธีแก้ไขกรณีที่มีการสอนเนื้อหาในรายวิชาไม่ครบถ้วน ไม่มีรายวิชาที่สอนไม่ครบถ้วน		
รหัสและชื่อรายวิชา -	**สาระหรือหัวข้อที่ขาด**	**สาเหตุที่ไม่ได้สอน**
วิธีแก้ไข -		

หมวดที่ ๕ การบริหารหลักสูตร

ปัญหาในการบริหารหลักสูตร	ผลกระทบของปัญหาต่อสัมฤทธิผลตามวัตถุประสงค์ของหลักสูตร	แนวทางการป้องกันและแก้ไขปัญหาในอนาคต
- จำนวนอาจารย์ประจำหลักสูตรที่ไม่ครบ 5 คน	- การรับนักศึกษาจะไม่เป็นไปตามแผน เนื่องจากไม่มีอาจารย์ที่จะสามารถรับเป็นอาจารย์ที่ปรึกษาดุษฎีนิพนธ์	- การขอกรอบอัตรากำลังเพิ่มเติม
- จำนวนนักศึกษาที่เข้าศึกษาจำนวนไม่เป็นไปตามแผน	- รายรับไม่เป็นไปตามแผน	- การประชาสัมพันธ์หลักสูตร - การพัฒนาอาจารย์ประจำหลักสูตรให้มีชื่อเสียงเพื่อเป็นแรงดึงดูดนักศึกษา

หมวดที่ ๖ สรุปการประเมินหลักสูตร

๑. การประเมินจากผู้ที่กำลังจะสำเร็จการศึกษา (รายงานตามปีที่สำรวจ) **วันที่สำรวจ -** ยังไม่มีการสำรวจ

๑.๑. ข้อวิพากษ์ที่สำคัญจากผลการประเมิน -	ข้อคิดเห็นของคณาจารย์ต่อผลการประเมิน
๑.๒. ข้อเสนอการเปลี่ยนแปลงในหลักสูตรจากผลการประเมินข้อ ๑.๑ -	

๒. การประเมินจากผู้มีส่วนเกี่ยวข้อง -	
๒.๑. ข้อวิพากษ์ที่สำคัญจากผลการประเมิน -	ข้อคิดเห็นของคณาจารย์ต่อผลการประเมิน
๒.๒. ข้อเสนอการเปลี่ยนแปลงในหลักสูตรจากผลการประเมินข้อ ๒.๑ (ถ้ามี) -	
3.การประเมินคุณภาพหลักสูตรตามกรอบมาตรฐานคุณวุฒิฯ	
๓.๑ ตัวบ่งชี้ผลการดำเนินงาน	๓.๒ เกณฑ์คะแนน
๑.. อาจารย์ประจำหลักสูตรอย่างน้อยร้อยละ ๘๐ มีส่วนร่วมในการประชุมเพื่อวางแผน ติดตาม และทบทวนการดำเนินงานของหลักสูตร	อาจารย์ร้อยละ 100 มีส่วนร่วม
๒.. มีรายละเอียดของหลักสูตรตามแบบ มคอ.๒ ที่สอดคล้องกับกรอบมาตรฐานคุณวุฒิแห่งชาติ หรือมาตรฐานคุณวุฒิสาขา/สาขาวิชา(ถ้ามี)	มี มคอ. 2 ที่เป็นไปตามกรอบมาตรฐานคุณวุฒิแห่งชาติ
๓. มีรายละเอียดของรายวิชา และรายละเอียดของประสบการณ์ภาคสนาม(ถ้ามี) ตามแบบ มคอ. ๓ และมคอ.๔ อย่างน้อยก่อนการเปิดสอนในแต่ละภาคการศึกษาให้ครบทุกรายวิชา	มี การจัดทำ มคอ. 3 ไม่ครบทุกรายวิชา
๔. จัดทำรายงานผลการดำเนินการของรายวิชา และรายงานผลการดำเนินการของประสบการณ์ภาคสนาม(ถ้ามี) ตามแบบ มคอ.๕ และ มคอ.๖ ภายใน ๓๐ วัน หลังสิ้นสุดภาคการศึกษาที่เปิดสอนให้ครบทุกรายวิชา	มี การจัดทำ มคอ.5 ไม่ครบทุกรายวิชา
๕. จัดทำรายงานผลการดำเนินการของหลักสูตร ตามแบบ มคอ.๗ ภายใน ๖๐ วัน หลังสิ้นสุดปีการศึกษา	มีการจัดทำรายงาน มคอ. 7
๖. มีการทวนสอบผลสัมฤทธิ์ของนักศึกษาตามมาตรฐานผลการเรียนรู้ที่กำหนดใน มคอ.๓ และ มคอ. ๔ (ถ้ามี) อย่างน้อยร้อยละ 25 ของรายวิชาที่เปิดสอนในแต่ละปีการศึกษา	ไม่มีการทวนสอบผลสัมฤทธิ์

๗. มีการพัฒนา/ปรับปรุงการจัดการเรียนการสอน กลยุทธ์การสอน หรือ การประเมินผลการเรียนรู้ จากผลการประเมินการดำเนินงานที่รายงานใน มคอ.๗ ปีที่แล้ว	ปีการศึกษา 1 เป็นปีที่ 2555 ของหลักสูตร ฉบับปรับปรุง ปีจึงไม่ต้องดำเนินการตัว 2555 บ่งชี้ข้อนี้
๘. อาจารย์ใหม่(ถ้ามี) ทุกคน ได้รับการปฐมนิเทศหรือคำแนะนำด้านการจัดการเรียนการสอน	อาจารย์ใหม่ 1 คนได้รับการปฐมนิเทศ
๙. อาจารย์ประจำทุกคนได้รับการพัฒนาทางวิชาการ และ/หรือวิชาชีพอย่างน้อยปีละหนึ่งครั้ง	อาจารย์ทุกคนได้รับการพัฒนาทางวิชาชีพ
10. จำนวนบุคลากรสนับสนุนการเรียนการสอน (ถ้ามี) ได้รับการพัฒนาวิชาการ และ/หรือวิชาชีพ ไม่น้อยกว่าร้อยละ 50 ต่อปี	บุคลากรสนับสนุนการเรียนการสอนทุกคนได้รับการพัฒนาทางวิชาชีพ
๑๑. ระดับความพึงพอใจของนักศึกษาปีสุดท้าย/บัณฑิตใหม่ที่มีต่อคุณภาพหลักสูตรเฉลี่ยไม่น้อยกว่า 3.5 จากคะแนนเต็ม 5.0	ปีการศึกษา 1 เป็นปีที่ 2555 ของหลักสูตร ฉบับปรับปรุง ปีจึงไม่ต้องดำเนินการตัว 2555 บ่งชี้ข้อนี้
๑๒. ระดับความพึงพอใจของผู้ใช้บัณฑิตที่มีต่อบัณฑิตใหม่ เฉลี่ยไม่น้อยกว่า 3.5 จากคะแนนเต็ม5.0	ปีการศึกษา 1 เป็นปีที่ 2555 ของหลักสูตร ฉบับปรับปรุง ปีจึงไม่ต้องดำเนินการตัว 2555 บ่งชี้ข้อนี้
๑๓. มีการประเมินความรู้ทางเทคโนโลยีสารสนเทศและภาษาต่างประเทศ	ในปีการศึกษา หลักสูตร 2555 ไม่ได้ดำเนินการประเมินความรู้เรื่องดังกล่าว

หมวดที่ ๗ คุณภาพของการสอน

๑. การประเมินรายวิชาที่เปิดสอนในปีที่รายงาน

๑.๑ รายวิชาที่มีการประเมินคุณภาพการสอน และแผนการปรับปรุงจากผลการประเมิน

รหัสและชื่อรายวิชา	การประเมินจากนักศึกษา		การประเมินคุณภาพการสอนวิธีอื่น (ระบุ)	แผนปฏิบัติที่ได้ดำเนินการแล้ว	
	มี	ไม่มี		มี	ไม่มี
พธ พันธุศาสตร์ข้าวขั้นสูง 703	√				
พธ 1 สัมมนา 880	√				
พธ 4 ดุษฎีนิพนธ์ 893	√				
พธ 3 สัมมนา 883	√				
พธ ชีวสารสนเทศ 706	√				
พธ 1 ดุษฎีนิพนธ์ 890	√				
พธ ดุษฎีนิพนธ์ 8945	√				

๑.๒ ผลการประเมินคุณภาพการสอนโดยรวม

คะแนนการประเมินมากกว่า 4.00 จากคะแนน 5

๒. ประสิทธิผลของกลยุทธ์การสอน

-

สรุปข้อคิดเห็นของผู้สอน และข้อมูลป้อนกลับจากแหล่งต่างๆ	**แนวทางแก้ไข/ปรับปรุง**
-	-
๒.๑ คุณธรรม จริยธรรม -	
๒.๒ ความรู้ -	
๒.๓ ทักษะทางปัญญา -	
๒.๔ ทักษะด้านความสัมพันธ์ระหว่างบุคคลและความรับผิดชอบ -	

๒.๕ ทักษะทางการวิเคราะห์ การสื่อสาร และการใช้เทคโนโลยีสารสนเทศ -	
๓. การปฐมนิเทศอาจารย์ใหม่ การปฐมนิเทศเพื่อชี้แจงหลักสูตร มี การปฐมนิเทศให้ระบุจำนวนอาจารย์ใหม่	
๓.๑. สรุปสาระสำคัญในการดำเนินการ กฎ ระเบียบ ต่างๆ ที่เกี่ยวข้องกับการทำงาน	
๓.๒. สรุปการประเมินจากอาจารย์ที่เข้าร่วมกิจกรรมปฐมนิเทศ -	

๔. กิจกรรมการพัฒนาวิชาชีพของอาจารย์และบุคลากรสายสนับสนุน ๔.๑. กิจกรรมที่จัดหรือเข้าร่วม	จำนวนผู้เข้าร่วม	
	อาจารย์	บุคลากรสายสนับสนุน
Rice : Molecular Breeding Course2012	1	0
10th International Symposium in Rice Functional Genomics	4	0
การประชุมวิชาการข้าวแห่งชาติ ครั้งที่ ภายใต้หัวข้อ 2"มิติใหม่วิจัยข้าวไทย"	1	0
งานประชุมวิชาการวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งประเทศไทย 38 ครั้งที่ (.วทท)	1	0
การอบรมเชิงปฏิบัติการWorld-Wide-Web Bioinformatics	1	0
การอบรมเชิงปฏิบัติการ เรื่อง 2-D Electrophoresis Principles	0	1
งานสัมมนา เรื่อง How to Work Safety	0	1
โครงการพัฒนาศักยภาพบุคลากรด้านเทคนิคการดูแลรักษาเครื่องมือวิทยาศาสตร์	0	2
๔.๒. สรุปข้อคิดเห็น และประโยชน์ที่ผู้เข้าร่วมกิจกรรมได้รับ (สรุปจากผลการประเมินของผู้เข้าร่วมกิจกรรม) สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการจัดการเรียนการสอน ดังเอกสารแนบ ข		

หมวดที่ ๘ ข้อคิดเห็น และข้อเสนอแนะเกี่ยวกับคุณภาพหลักสูตรจากผู้ประเมินอิสระ

๑. ข้อคิดเห็นหรือสาระที่ได้รับการเสนอแนะจากผู้ประเมิน	ความเห็นของหลักสูตร/ผู้รับผิดชอบหลักสูตรต่อข้อคิดเห็นหรือสาระที่ได้รับการเสนอแนะ
-	-
๒. การนำไปดำเนินการเพื่อการวางแผนหรือปรับปรุงหลักสูตร -	

หมวดที่ ๙ แผนการดำเนินการเพื่อพัฒนาหลักสูตร

ยังไม่มีการดำเนินการเพื่อพัฒนาหลักสูตร

๑. ผลการดำเนินการต่อเนื่องจากรายงานปีที่แล้ว			
แผนการดำเนินการ	**กำหนดเวลาที่แล้วเสร็จ**	**ผู้รับผิดชอบ**	**ความสำเร็จของแผน**
๑.๑. -			
เหตุผลที่ไม่สามารถดำเนินการให้สำเร็จ			
๒. ข้อเสนอในการพัฒนาหลักสูตร ๒.๑. ข้อเสนอในการปรับโครงสร้างหลักสูตร (จำนวนหน่วยกิต รายวิชาแกน รายวิชาเลือก ฯ)			
๒.๒. ข้อเสนอในการเปลี่ยนแปลงรายวิชา (การเปลี่ยนแปลง เพิ่มหรือลดเนื้อหาในรายวิชา การเปลี่ยนแปลงวิธีการสอนและการประเมินสัมฤทธิผลรายวิชา ฯ)			
๒.๓. กิจกรรมการพัฒนาคณาจารย์และบุคลากรสายสนับสนุน			

๓. แผนปฏิบัติการใหม่สำหรับปี 2556		
แผนปฏิบัติการ	**วันที่คาดว่าจะสิ้นสุดแผน**	**ผู้รับผิดชอบ**
โครงการพัฒนาภาษาอังกฤษ ของนักศึกษาระดับบัณฑิตศึกษา สาขาวิชาพันธุศาสตร์	31 ก.ค. 56	ผศ.ดร. แสงทอง
โครงการบรรยายพิเศษเรื่องพันธุศาสตร์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช	31 ก.ค. 56	ผศ. ทุเรียน
โครงการเขียนวิทยานิพนธ์	31 ก.ค. 56	ผศ. ทุเรียน
โครงการชาวพันธุศาสตร์ปันน้ำใจแด่ผู้สูงอายุในบ้านพักคนชรา	31 ก.ค. 56	ดร. สุภารัตน์

ประธานหลักสูตร : ผศ.ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต

ลายเซ็น :_____ วันที่รายงาน:_____

เห็นชอบโดย ผศ. พึ่งพร เนียมทรัพย์ (คณบดี)

ลายเซ็น : _____ วันที่ :_____

เอกสารประกอบรายงาน

เอกสารแนบ ก สำเนารายงานรายวิชาทุกวิชา
เอกสารแนบ ข รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าอบรม สัมมนา หรือประชุมวิชาการ

เอกสารแนบ ก

สรุปผลรายวิชาที่เปิดสอนในภาคการศึกษา/ปีการศึกษา

เทอม 1/55	จำนวนนักศึกษา			จำนวนนักศึกษา										
รายชื่อวิชา	ลงทะเบียน	สอบผ่าน	ไม่ผ่าน (F)	A	B+	B	C+	C	D+	D	F	W	S	รวม
ชว 240 พันธุศาสตร์	143	138	5	2	7	11	33	24	39	22	5	0	0	143
ชว 340 พันธุศาสตร์เบื้องต้น	346	323	23	9	15	25	54	58	91	67	23	4	0	346
ชว 440 พันธุศาสตร์โมเลกุล	75	75	0	3	4	6	10	24	19	9	0	0	1	75
พธ 501 พันธุศาสตร์ขั้นกลาง	3	3	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	3
พธ 502 ระเบียบวิธีวิจัยทางพันธุศาสตร์	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3
พธ 503 พันธุศาสตร์ของเซลล์	3	3	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	3
พธ 514 พันธุศาสตร์ข้าว	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
พธ 680 สัมมนา 1	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
พธ 690 วิทยานิพนธ์ 1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
พธ 694 วิทยานิพนธ์	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
พธ 703 พันธุศาสตร์ข้าวขั้นสูง	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
พธ 880 สัมมนา 1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
พธ 893 ดุษฎีนิพนธ์ 4	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1

เทอม 2/55	จำนวนนักศึกษา			จำนวนนักศึกษา										
รายชื่อวิชา	ลงทะเบียน	สอบผ่าน	ไม่ผ่าน (F)	A	B+	B	C+	C	D+	D	F	W	S	รวม
ชว 240 พันธุศาสตร์	51	48	3	3	4	8	14	9	4	6	3	0	0	51
ชว 241 ปฏิบัติการพันธุศาสตร์	49	48	1	4	5	17	16	4	1	1	1	0	0	49
ชว 340 พันธุศาสตร์เบื้องต้น	438	405	33	7	17	54	50	100	109	65	33	3	0	438
ชว 443 พันธุวิศวกรรมของพืช	3	3	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	3
พธ 504 พันธุศาสตร์ประชากรและเชิงปริมาณ	3	3	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3
พธ 505 พันธุศาสตร์โมเลกุลขั้นสูง	4	4	0	1	0	2	1	0	0	0	0	0	0	4
พธ 681 สัมมนา 2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
พธ 883 สัมมนา 3	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
พธ 690 วิทยานิพนธ์ 1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
พธ 691 วิทยานิพนธ์ 2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
พธ 694 วิทยานิพนธ์	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
พธ 706 ชีวสารสนเทศ	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
พธ 890 ดุษฎีนิพนธ์ 1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
พธ 894 ดุษฎีนิพนธ์	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1

เอกสารแนบ ข

รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าอบรม สัมมนา หรือประชุมวิชาการ

ข้าพเจ้า นางสาววราภรณ์ แสงทอง ตำแหน่ง อาจารย์ สังกัด หลักสูตรพันธุศาสตร์ ขอนำเสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมอบรม เรื่อง ปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุล เมื่อวันที่ 12-23 มกราคม 2555 ณ สถาบันวิจัยข้าวนานาชาติ (IRRI) ประเทศฟิลิปปินส์ ตามหนังสือขออนุญาตเดินทางไปราชการ เลขที่ศธ.0523.4.9.1/007 ลงวันที่ 16 มกราคม 2556 ซึ่งการเข้าร่วมอบรมดังกล่าวข้าพเจ้าได้เลือกใช้งบประมาณใช้งบประมาณจากแหล่งอื่น คือ ทุนฝึกอบรม ณ ต่างประเทศ สำนักงานพัฒนาการวิจัยการเกษตร ดังนั้นจึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการอบรมเชิงปฏิบัติการดังต่อไปนี้

รายงานการอบรมเรื่อง ปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุล
วันที่ 12-23 มกราคม 2555 ณ สถาบันวิจัยข้าวนานาชาติ (IRRI) ประเทศฟิลิปปินส์

****

การเรียนภาคบรรยายเกี่ยวกับ

1. QTL mapping และการปรับปรุงพันธุ์ด้วยเครื่องหมายโมเลกุล
2. การปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลให้ทนกับน้ำท่วมขัง
3. QTL mapping และการปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลให้ทนเค็ม
4. Genotyping SNP สำหรับการประยุกต์ใช้การปรับปรุงพันธุ์
5. การปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลให้ต้านทานต่อโรค และแมลงศัตรูพืช
6. การปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลให้ทนแล้ง
7. การค้นหา QTL หลักและ candidate gene ที่ควบคุมลักษณะ P-uptake ในข้าว
8. การปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลให้ทนร้อน
9. การปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลให้มีผลผลิตสูง
10. การประยุกต์ใช้การปรับปรุงพันธุ์ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลในโปรแกรมปรับปรุงพันธุ์ข้าวที่ใช้ในนาชลประทาน

ภาคปฏิบัติการ

1. การบรรยายสรุปความปลอดภัยในห้องปฏิบัติการ
2. ปฏิบัติการการสกัดดีเอ็นเอโดยใช้ miniprep
3. ดูการสาธิตการสกัดดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องอัตโนมัติ
4. ตรวจสอบความเข้มข้นของดีเอ็นเอด้วย NanoDrop และ agarose gels
5. การเตรียมความเข้มข้นที่ระดับความเข้มข้นต่างๆ
6. การทำ SNP genotyping โดยใช้เครื่อง Fluidigm
7. บทปฏิบัติการทดลองวิเคราะห์ diversity ด้วยโปรแกรม Powermarker software
8. ทดลองใช้ Bioinformatics สำหรับการปรับปรุงพันธุ์พืชด้วยเครื่องหมายโมเลกุล
9. การให้คะแนน SSR genotyping
10. การทำ PCR
11. การเตรียม PAGE gels

12. การ run PAGE gels
13. การย้อมเจล และการถ่ายรูปเจล
14. การเขียนโครงร่างเพื่อขอทุน และการนำเสนอ

ประโยชน์ที่ได้รับ

1. ต่อตนเองทำให้เพิ่มความเข้าใจถึงขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลมากขึ้น รวมทั้งทำให้ทราบว่าลักษณะใดบ้างที่สำคัญสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุล รวมทั้งได้รู้จักนักวิจัยของ IRRI ว่าเขาศึกษาลักษณะอะไร และทำการศึกษาอย่างไร

2 เทคนิคการปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยวิธี Molecular Breeding ที่เรียนรู้จากการฝึกอบรมในครั้งนี้นำมาใช้ในแผนวิจัยเรื่องการปรับปรุงพันธุ์ข้าว กข15 ขาวดอกมะลิ 105 สังข์หยดพัทลุงให้ปลูกได้ทุกฤดูเพื่อเตรียมรับการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ ซึ่งได้รับทุนสนับสนุนจาก สวก รวมทั้งโครงการปรับปรุงพันธุ์ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลโครงการอื่นๆ ที่มหาวิทยาลัยแม่โจ้กำลังดำเนินงานอยู่อีกหลายโครงการ

เช่น เปลี่ยนจากการย้อมเจลด้วย Ethedium bromide (EtBr) เป็นการย้อมสีเจลด้วย SYBR Green ซึ่งปลอดภัยกว่า

3. ความรู้ที่ได้จากการฝึกอบรมในครั้งนี้จะนำไปใช้ในการเรียนวิชา พธ 515 การปรับปรุงพันธุ์ข้าวระดับโมเลกุล เป็นวิชาที่เปิดสอนให้แก่นักศึกษาระดับปริญญาโทของสาขาพันธุศาสตร์ และนักศึกษาอื่นๆ ที่สนใจ ของมหาวิทยาลัยแม่โจ้

4. ในแต่ละปีมีนักศึกษาทั้งระดับปริญญาตรี โท และเอก รวม 5-10 คนมาทำวิจัยเรื่องการปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลในหน่วยวิจัยการปรับปรุงพันธุ์ข้าวด้วยเครื่องหมายโมเลกุลของมหาวิทยาลัยแม่โจ้ ดังนั้นความรู้ที่ข้าพเจ้าไปฝึกอบรมมานี้ถูกถ่ายทอดให้แก่นักศึกษาเหล่านี้

.....
(นางสาววราภรณ์ แสงทอง)
...../...../.....

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

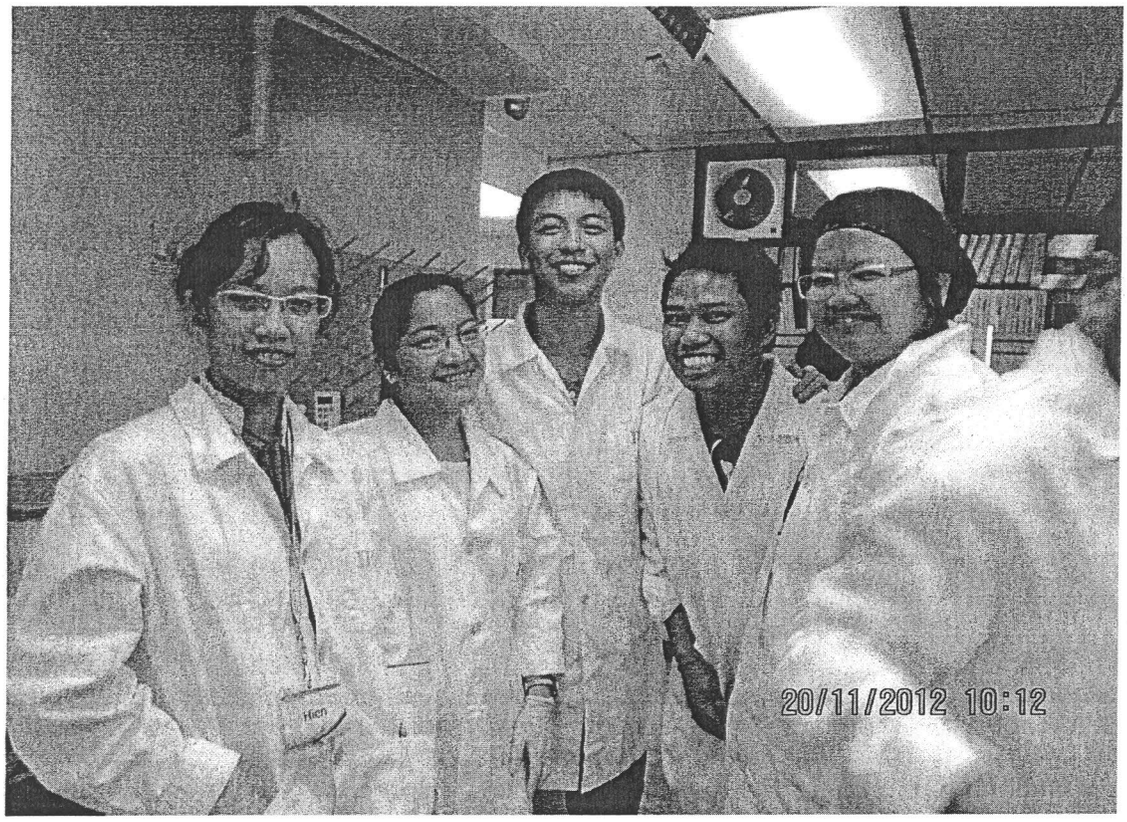
.....
.....

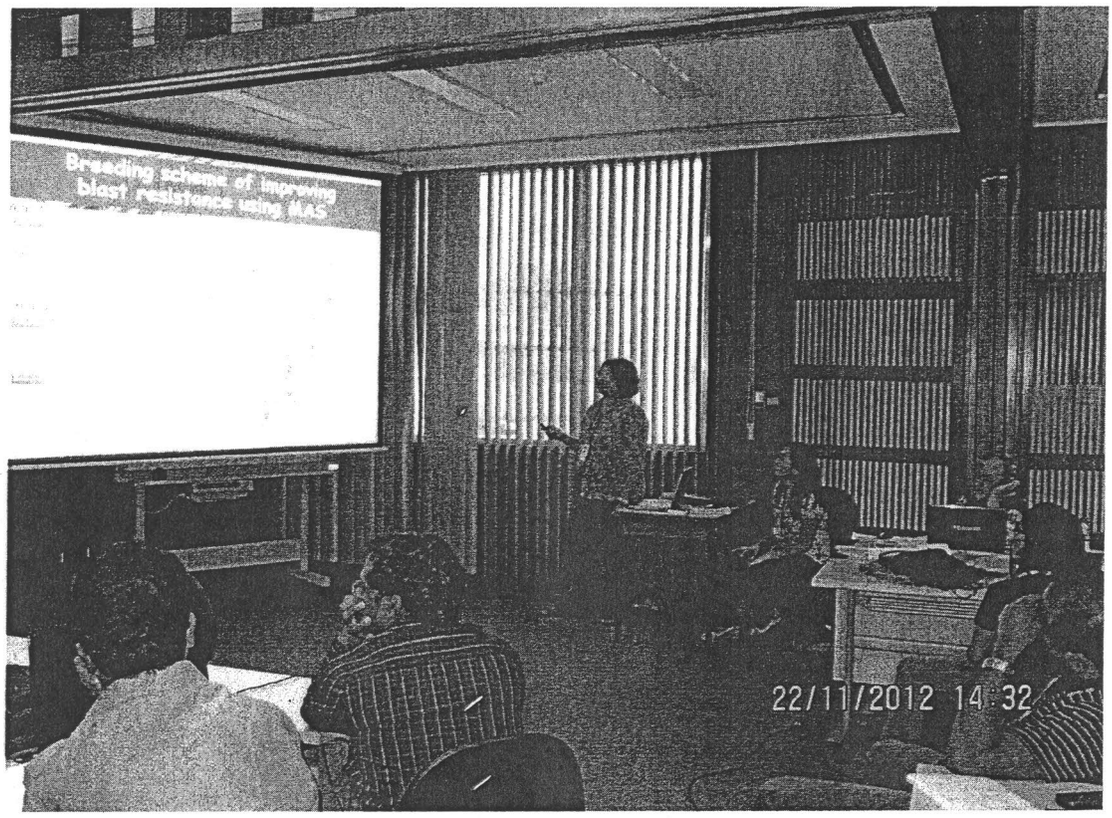
.....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต)
...../...../.....

ความคิดเห็นของคณบดีคณะวิทยาศาสตร์หรือผู้แทน

.....
.....

.....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ พึ่งพร เนียมทรัพย์)
...../...../.....


20/11/2012 10:12


Breeding scheme of improving
blast resistance using MAS
22/11/2012 14:32

รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าอบรม สัมมนา หรือประชุมวิชาการ

ข้าพเจ้า นางสาวแสงทอง พงษ์เจริญกิต ตำแหน่ง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สังกัดสาขาวิชาพันธุศาสตร์ ขอนำ เสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมการประชุม 10th International Symposium on Rice Functional Genomics เมื่อวันที่ 26-29 พฤศจิกายน 2555 ณ โรงแรมโลตัสปางสวนแก้ว เชียงใหม่ ตามหนังสือขออนุญาตเดินทางไปราชการ เลขที่ ศธ.0523.4.9.1/007 ลงวันที่ 16 มกราคม 2556 ซึ่งการเข้าร่วมอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังกล่าวข้าพเจ้าได้เลือกใช้งบประมาณการพัฒนาบุคลากรตามกรณีที่ 2 ดังนั้นจึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังต่อไปนี้

รายงานการเข้าร่วมการประชุมสัมมนาวิชาการ เรื่อง ฐานข้อมูลดีเอ็นเอและการแสดงออกของยีนข้าว

เมื่อวันที่ 26-29 พฤศจิกายน 2555 ณ โรงแรมโลตัสปางสวนแก้ว เชียงใหม่

****

ดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตส่วนใหญ่ในโลกนี้ ซึ่งนักวิทยาศาสตร์ได้พัฒนาเทคนิคการอ่านลำดับดีเอ็นเอทำให้สามารถอ่านลำดับดีเอ็นเอของดีเอ็นเอทั้งหมดภายในเซลล์ที่เป็นข้อมูลพันธุกรรมทั้งหมด ที่เรียกว่าดีเอ็นเอของจีโนมได้ โดยในข้าวนั้นมีดีเอ็นเอของจีโนม (Genome) ยาวประมาณ 5×10^8 คู่เบส จากโครโมโซมจำนวน 12 แท่ง ซึ่งข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตต่างๆ ได้รายงานไว้ในฐานข้อมูลชีวภาพ ที่นักวิทยาศาสตร์ทั่วโลกสามารถรายงานและสืบค้นข้อมูลจากฐานข้อมูลดังกล่าวไปใช้ประโยชน์ได้ทำให้เกิดการศึกษาจีโนมของสิ่งมีชีวิตต่าง (Genomics) โดยฐานข้อมูลทางชีวภาพที่สำคัญ เช่น GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank) เป็นฐานข้อมูลที่มีทั้งข้อมูลดีเอ็นเอ อาร์เอ็นเอและโปรตีน ของสิ่งมีชีวิตทุกชนิด และมีโปรแกรมที่ใช้ในการวิเคราะห์ ที่นิยมใช้อย่างแพร่หลาย คือ BLAST (Basic Local Alignment Tools) ซึ่งยังเป็นแหล่งข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของดีเอ็นเอของจีโนมข้าวทั้ง 12 แท่งเช่นกัน นอกจากนี้ยังมีฐานข้อมูลจำเพาะเช่น Gramene (http://www.gramene.org/) ที่เป็นฐานข้อมูลดีเอ็นเอของพืชตระกูลหญ้า มีข้อมูลทั้งดีเอ็นเอ อารณเอ็นเอ โปรตีน ดีเอ็นเอเครื่องหมายที่สัมพันธ์กับลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญ ที่เป็นประโยชน์ในการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์พืชได้

จากข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของดีเอ็นเอของจีโนมข้าวที่มีรายงานนั้น มีการศึกษาจีโนมของข้าวนั้นจะมีมีดีเอ็นเอที่ทำหน้าที่เป็นยีน ที่เรียกว่า Functional Genomics ผลการศึกษาคาดว่าจีโนมของข้าวมียีนประมาณ 25,000 ยีน โดยการจะศึกษาบริเวณเป็นยีนนั้น สามารถทำได้ด้วยการทำให้ข้าวเกิดการกลายพันธุ์ จากนั้นพิจารณาลักษณะพันธุกรรมที่เปลี่ยนแปลง จะทำให้สามารถติดตามได้ว่าบริเวณ์ดีเอ็นเอของข้าวที่กลายพันธุ์เป็นยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะพันธุกรรมที่เปลี่ยนแปลงไป จากนั้นไปแยกยีนนั้นๆ จากข้าวปกติที่ไม่ได้ชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ ซึ่งนักวิทยาศาสตร์ก็ได้รายงานไว้ในรูปแบบของฐานข้อมูล เช่นฐานข้อมูล TRIM: Taiwan Rice Insertion Mutants Database (http://trim.sinica.edu.tw/) ที่เป็นฐานข้อมูลลักษณะฟีโนไทป์ของกลุ่มประชากรของข้าวที่ทำให้กลายพันธุ์ด้วยวิธีการ knock out ในตำแหน่งต่างๆ บนโครโมโซม

เมื่อยีนมีการแสดงออกเป็นโปรตีนจะทำให้เกิดเป็นลักษณะพันธุกรรมต่างๆ แต่อย่างไรก็ตามยีนต่างๆ เหล่านั้นจะมีการควบคุมการแสดงออก และทำงานร่วมกับยีนอื่นๆ ดังนั้นนักวิทยาศาสตร์ยังคงต้องศึกษาการแสดงออกของยีนต่างๆ ในข้าวและการทำงานร่วมกัน ซึ่งข้อมูลเหล่านี้ก็ได้จัดทำเป็นฐานข้อมูลเพื่อให้นักวิทยาศาสตร์สามารถนำไปใช้ประโยชน์ต่อไป เช่น

ฐานข้อมูล RiceXPro: Rice Expression Profile Database (http://ricexpro.dna.affrc.go.jp/) เป็นฐานข้อมูลที่รวบรวมการแสดงออกของยีนต่างๆ ของข้าวในสภาวะต่างๆ เช่น ระยะการเจริญเติบโต ฮอร์โมน การใช้สารต่างๆ ในช่วงเวลา 24 ชั่วโมง ซึ่งข้อมูลระดับการแสดงออกของยีนจะเป็นข้อมูลที่ได้มาจากเทคนิค Microarray ซึ่งสามารถค้นหายีนที่สนใจได้ และแสดงผลเป็นกราฟแท่ง

ฐานข้อมูล RiceFREND: Rice Functionally Relate Gene Expression Network Database

(http://ricefrend.dna.affrc.go.jp/) เป็นฐานข้อมูลของการแสดงออกร่วมกันของยีนต่างๆ ของข้าวสภาวะต่างๆ เช่น ในระยะการเจริญเติบโต ชนิดของเนื้อเยื่อ ฮอร์โมน โดยเป็นข้อมูลที่ได้เทคนิค Microarray โดยข้อมูลเหล่านี้ใช้เพื่อศึกษายีนที่ทำงานร่วมกันในกระบวนการต่างๆ หรือวิถีต่างๆในกระบวนการเมตาบอลิซึม ซึ่งสามารถค้นหาการทำงานร่วมกันของยีนที่สนใจกับยีนอื่นๆ ได้ และแสดงผลเป็นเส้นแสดงความเชื่อมโยง

โดยเนื้อหา ในเรื่องดังกล่าวนี้ ได้จากการเข้าฟังการบรรยายและการค้นคว้าเพิ่มเติม และได้นำไปใช้ประโยชน์ในการเรียนการสอนรายวิชา พธ 706 ชีวสารสนเทศศาสตร์ ในหัวข้อการศึกษา Functional genomics

.....

(นางสาวแสงทอง พงษ์เจริญกิต)

...../...../.....

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต)

...../...../.....

ความคิดเห็นของคณบดีคณะวิทยาศาสตร์หรือผู้แทน

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ พึ่งพร เนียมทรัพย์)

...../...../.....

รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าอบรม สัมมนา หรือประชุมวิชาการ

ข้าพเจ้า นางสาวแสงทอง พงษ์เจริญกิต ตำแหน่ง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สังกัดสาขาวิชาพันธุศาสตร์ ขอนำ เสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมการประชุม 10th International Symposium on Rice Functional Genomics เมื่อวันที่ 26-29 พฤศจิกายน 2555 ณ โรงแรมโลตัสปางสวนแก้ว เชียงใหม่ ตามหนังสือขออนุญาตเดินทางไปราชการ เลขที่ ศธ.0523.4.9.1/007 ลงวันที่ 16 มกราคม 2556 ซึ่งการเข้าร่วมอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังกล่าวข้าพเจ้าได้เลือกใช้งบประมาณการพัฒนาบุคลากรตามกรณีที่ 2 ดังนั้นจึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังต่อไปนี้

รายงานการเข้าร่วมการประชุมสัมมนาวิชาการ เรื่อง ฐานข้อมูลดีเอ็นเอและการแสดงออกของยีนข้าว

เมื่อวันที่ 26-29 พฤศจิกายน 2555 ณ โรงแรมโลตัสปางสวนแก้ว เชียงใหม่

****

ดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตส่วนใหญ่ในโลกนี้ ซึ่งนักวิทยาศาสตร์ได้พัฒนาเทคนิคการอ่านลำดับดีเอ็นเอทำให้สามารถอ่านลำดับดีเอ็นเอของดีเอ็นเอทั้งหมดภายในเซลล์ที่เป็นข้อมูลพันธุกรรมทั้งหมด ที่เรียกว่าดีเอ็นเอของจีโนมได้ โดยในข้าวนั้นมีดีเอ็นเอของจีโนม (Genome) ยาวประมาณ 5×10^8 คู่เบส จากโครโมโซมจำนวน 12 แท่ง ซึ่งข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตต่างๆ ได้รายงานไว้ในฐานข้อมูลชีวภาพ ที่นักวิทยาศาสตร์ทั่วโลกสามารถรายงานและสืบค้นข้อมูลจากฐานข้อมูลดังกล่าวไปใช้ประโยชน์ได้ทำให้เกิดการศึกษาจีโนมของสิ่งมีชีวิตต่าง (Genomics) โดยฐานข้อมูลทางชีวภาพที่สำคัญ เช่น GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank) เป็นฐานข้อมูลที่มีทั้งข้อมูลดีเอ็นเอ อาร์เอ็นเอและโปรตีน ของสิ่งมีชีวิตทุกชนิด และมีโปรแกรมที่ใช้ในการวิเคราะห์ ที่นิยมใช้อย่างแพร่หลาย คือ BLAST (Basic Local Alignment Tools) ซึ่งยังเป็นแหล่งข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของดีเอ็นเอของจีโนมข้าวทั้ง 12 แท่งเช่นกัน นอกจากนี้ยังมีฐานข้อมูลจำเพาะเช่น Gramene (http://www.gramene.org/) ที่เป็นฐานข้อมูลดีเอ็นเอของพืชตระกูลหญ้า มีข้อมูลทั้งดีเอ็นเอ อารณเอ็นเอ โปรตีน ดีเอ็นเอเครื่องหมายที่สัมพันธ์กับลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญ ที่เป็นประโยชน์ในการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์พืชได้

จากข้อมูลลำดับดีเอ็นเอของดีเอ็นเอของจีโนมข้าวที่มีรายงานนั้น มีการศึกษาจีโนมของข้าวนั้นจะมีมีดีเอ็นเอที่ทำหน้าที่เป็นยีน ที่เรียกว่า Functional Genomics ผลการศึกษาคาดว่าจีโนมของข้าวมียีนประมาณ 25,000 ยีน โดยการจะศึกษาบริเวณเป็นยีนนั้น สามารถทำได้ด้วยการทำให้ข้าวเกิดการกลายพันธุ์ จากนั้นพิจารณาลักษณะพันธุกรรมที่เปลี่ยนแปลง จะทำให้สามารถติดตามได้ว่าบริเวณ์ดีเอ็นเอของข้าวที่กลายพันธุ์เป็นยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะพันธุกรรมที่เปลี่ยนแปลงไป จากนั้นไปแยกยีนนั้นๆ จากข้าวปกติที่ไม่ได้ชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ ซึ่งนักวิทยาศาสตร์ก็ได้รายงานไว้ในรูปแบบของฐานข้อมูล เช่นฐานข้อมูล TRIM: Taiwan Rice Insertion Mutants Database (http://trim.sinica.edu.tw/) ที่เป็นฐานข้อมูลลักษณะฟีโนไทป์ของกลุ่มประชากรของข้าวที่ทำให้กลายพันธุ์ด้วยวิธีการ knock out ในตำแหน่งต่างๆ บนโครโมโซม

เมื่อยีนมีการแสดงออกเป็นโปรตีนจะทำให้เกิดเป็นลักษณะพันธุกรรมต่างๆ แต่อย่างไรก็ตามยีนต่างๆ เหล่านั้นจะมีการควบคุมการแสดงออก และทำงานร่วมกับยีนอื่นๆ ดังนั้นนักวิทยาศาสตร์ยังคงต้องศึกษาการแสดงออกของยีนต่างๆ ในข้าวและการทำงานร่วมกัน ซึ่งข้อมูลเหล่านี้ก็ได้จัดทำเป็นฐานข้อมูลเพื่อให้นักวิทยาศาสตร์สามารถนำไปใช้ประโยชน์ต่อไป เช่น

ฐานข้อมูล RiceXPro: Rice Expression Profile Database (http://ricexpro.dna.affrc.go.jp/) เป็นฐานข้อมูลที่รวบรวมการแสดงออกของยีนต่างๆ ของข้าวในสภาวะต่างๆ เช่น ระยะการเจริญเติบโต ฮอร์โมน การใช้สารต่างๆ ในช่วงเวลา 24 ชั่วโมง ซึ่งข้อมูลระดับการแสดงออกของยีนจะเป็นข้อมูลที่ได้มาจากเทคนิค Microarray ซึ่งสามารถค้นหายีนที่สนใจได้ และแสดงผลเป็นกราฟแท่ง

ฐานข้อมูล RiceFREND: Rice Functionally Relate Gene Expression Network Database

(http://ricefrend.dna.affrc.go.jp/) เป็นฐานข้อมูลของการแสดงออกร่วมกันของยีนต่างๆ ของข้าวสภาวะต่างๆ เช่น ในระยะการเจริญเติบโต ชนิดของเนื้อเยื่อ ฮอร์โมน โดยเป็นข้อมูลที่ได้เทคนิค Microarray โดยข้อมูลเหล่านี้ใช้เพื่อศึกษายีนที่ทำงานร่วมกันในกระบวนการต่างๆ หรือวิถีต่างๆในกระบวนการเมตาบอลิซึม ซึ่งสามารถค้นหาการทำงานร่วมกันของยีนที่สนใจกับยีนอื่นๆ ได้ และแสดงผลเป็นเส้นแสดงความเชื่อมโยง

โดยเนื้อหา ในเรื่องดังกล่าวนี้ ได้จากการเข้าฟังการบรรยายและการค้นคว้าเพิ่มเติม และได้นำไปใช้ประโยชน์ในการเรียนการสอนรายวิชา พธ 706 ชีวสารสนเทศศาสตร์ ในหัวข้อการศึกษา Functional genomics

.....

(นางสาวแสงทอง พงษ์เจริญกิต)

...../...../.....

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต)

...../...../.....

ความคิดเห็นของคณบดีคณะวิทยาศาสตร์หรือผู้แทน

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ พึ่งพร เนียมทรัพย์)

...../...../.....

รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการประชุมวิชาการ

ข้าพเจ้า นางทุเรียน ทาเจริญ ตำแหน่ง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สังกัด หลักสูตรพันธุศาสตร์ ขอนำเสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมประชุมวิชาการ เรื่อง International Symposium on Rice Functional Genomics ครั้งที่ 10 ตามหนังสือขออนุญาตเดินทางไปราชการ เลขที่ศธ.๐๕๒๓.๔.๙.๑/๑๘๔ ลงวันที่ ๒๗ กันยายน ๒๕๕๕ ซึ่งการเข้า ร่วมประชุมวิชาการ ดังกล่าวข้าพเจ้าได้เลือกใช้งบประมาณการพัฒนาบุคลากรตามกรณีที่ ๒ ดังนั้นจึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการประชุมวิชาการ ดังต่อไปนี้

รายงานการเรื่อง ประชุมวิชาการ

วันที่ ๒๖-๒๙ พฤศจิกายน ๒๕๕๕ ณ โรงแรมโลตัส ปางสวนแก้ว จ.เชียงใหม่

****

1.1 ด้าน crop improvement

เกี่ยวกับหลักและความก้าวหน้าในการปรับปรุงพัฒนาพืชโดยฟังการบรรยายในหัวข้อต่าง ๆ เช่น Rice 2020 และ Photoprotection as a target for crop improvement เป็นต้น

๑.๒ด้าน mapping of quantitative trait loci improving

เกี่ยวกับหลักและความก้าวหน้าในการทำแผนที่ยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะปริมาณโดยฟังการบรรยายในหัวข้อต่าง ๆ เช่น Comprehensive detection and mapping of quantitative trait loci improving photosynthetic capacity in high-yielding rice เป็นต้น

๑.๓ด้าน phylogenomics and evolution

เกี่ยวกับหลักและความก้าวหน้าในการทำที่เกี่ยวข้องกับ_phylogenomics และ วิวัฒนาการของพืชโดยฟังการบรรยายในหัวข้อต่าง ๆ เช่น Evolution and phylogenomics of iron regulated genes in plants และ Application of phylogenomics and evolution: New perennial wild rice in Australiaof Oryza provides insights into the plant speciation เป็นต้น

๑.๔ ด้าน Proteomics

เกี่ยวกับหลักและความก้าวหน้าในด้านโปรติโอมิกโดยฟังการบรรยายในหัวข้อต่าง ๆ เช่น Proteomics approach for deciphering the intricate mechanisms conferring tolerance และMapping quantitative trait loci conferring palatability and viscosity of rice KDML105 chromosome segment substitution lines may pave way in understanding QTL เป็นต้น

๑.๕ ด้านBreeding

การปรับปรุงพันธุ์ข้าวเพื่อรองรับการเปลี่ยนแปลงของสภาพแวดล้อมในอนาคตโดยฟังการบรรยายในหัวข้อต่าง ๆ เช่น Molecular breeding of resilient green super rice (GSR) varieties for changing climatic conditions เป็นต้น

๑.๖ ด้าน genome sequencing

หลักในการทำศึกษาการทำลำดับของจีโนมข้าวโดยฟังการบรรยายในหัวข้อ

Next-generation sequencing และ Mutant resources for the functional analysis of the rice genome,Rice diversity project IOMAP: Oryza genome sequencing updateเป็นต้น

.....

(นางทุเรียน ทาเจริญ)

...../...../.....

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต)

...../...../.....

ความคิดเห็นของคณบดีคณะวิทยาศาสตร์หรือผู้แทน

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ พึ่งพร เนียมทรัพย์)

...../...../.....

รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าอบรม สัมมนา หรือประชุมวิชาการ

ข้าพเจ้า นางวริศรา สุวรรณ ตำแหน่ง นักวิทยาศาสตร์ สังกัด หลักสูตรพันธุศาสตร์ ขอนำเสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมอบรมเชิงปฏิบัติการ เรื่อง ๒-D Electrophoresis Principles เมื่อวันที่ ๑๖-๑๗ มกราคม ๒๕๕๖ ณ ห้องประชุมสุขุม อัศเวศน์ ชั้น ๓ และห้องปฏิบัติการศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
ตามหนังสือขออนุญาตเดินทางไปราชการ เลขที่ศธ.๐๕๒๓.๔.๙.๑/๐๐๗ ลงวันที่ ๑๖ มกราคม ๒๕๕๖ ซึ่งการเข้าร่วมอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังกล่าวข้าพเจ้าได้เลือกใช้งบประมาณการพัฒนาบุคลากรตามกรณีที่ ๒ ดังนั้นจึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังต่อไปนี้

รายงานการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง ๒-D Electrophoresis Principles
วันที่ ๑๗-๑๘ มกราคม ๒๕๕๖ ณ ห้องประชุมสุขุม อัศเวศน์ และห้องปฏิบัติการศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร
คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

****

ปัจจุบันเทคนิคทางอณูพันธุศาสตร์ได้เข้ามามีบทบาทในงานวิจัยจำนวนมาก โดยใช้ในงานด้าน DNA การจัดเรียงลำดับของเบสต่างๆที่แตกต่างกัน การโคลนนิ่ง การแสดงออกของยีน การศึกษารูปร่างลักษณะของโมเลกุล กลไกการทำงานต่างๆของโปรตีนที่มีในสิ่งมีชีวิต กลไกการทำงานของโปรตีนกับโรค ฯลฯ และเทคนิคที่เป็นที่นิยมในนักวิจัยที่สนใจงานด้านโปรตีน หรือ Proteomics เพื่อตรวจสอบ จำแนก โปรตีนชนิดต่าง ได้แก่ เทคนิคเจลอิเลคโทรโฟริซีส (Gel electrophoresis)

เทคนิคอิเลคโทรโฟริซีสมี ๒ แบบ คือ แบบ one-dimension และ two -dimension

1) แบบ one-dimension เป็นการแยกโปรตีนใน ๑ มิติ โดยแยกโปรตีนภายใต้สนามไฟฟ้าด้วยวิธี SDS-PAGE มี polyacylamide gel เป็นตัวกลาง สามารถแยกโปรตีนได้ตามขนาดโมเลกุล
๒) แบบ two-dimension เป็นการแยกโปรตีนใน ๒ มิติ โดยมิติแรกโปรตีนจะถูกแยกด้วยวิธี Isoelectric focusing (IEF) โดยอาศัยความต่างของ pI จากนั้นจึงแยกโปรตีนอีกครั้งในมิติที่สองด้วยวิธี SDS-PAGE ซึ่งอาศัยความแตกต่างของน้ำหนักโมเลกุล

การทำอิเลคโทรโฟริซีสแบบ ๒ มิติ (๒-D gel electrophoresis)

มิติที่ ๑ การแยกโปรตีนด้วยวิธี Isoelectric focusing (IEF)

เป็นวิธีการแยกโปรตีนที่มีประจุแตกต่างกันออกจากกัน ภายใต้สนามไฟฟ้า โดยมีตัวกลางเป็น gel ที่เทบนแผ่นพลาสติกสำเร็จรูป (strip) มี pH เป็นแบบ gradient คือบริเวณขั้วบวกจะมี pH ต่ำกว่าขั้วลบ เมื่อเปิดกระแสไฟฟ้าโปรตีนจะเกิดการเคลื่อนที่บนแผ่นเจล โดยโปรตีนที่มีค่า pH ต่ำกว่าค่า pI จะมีประจุเป็นบวกและ

เคลื่อนที่เข้าหาขั้วลบ เมื่อโปรตีนเคลื่อนที่ไปจะทำให้ค่า pH ลดลงจนกระทั่งค่า pH เท่ากับค่า pI ทำให้ประจุสุทธิเป็นศูนย์ โปรตีนจะหยุดเคลื่อนที่ ในทางกลับกันเมื่อโปรตีนมีค่า pH สูงกว่าค่า pI โปรตีนจะมีประจุเป็นลบและเคลื่อนที่เข้าหาขั้วบวก ดังนั้นโปรตีนแต่ละชนิดจะเคลื่อนที่เป็นแถบ (band)บนแผ่นเจลเข้าขั้วไฟฟ้าและไปหยุดที่ค่า pH เท่ากับค่า pI

มิติที่ ๒ การแยกโปรตีนด้วยวิธี SDS-PAGE

เป็นวิธีการแยกโปรตีนโดยอาศัยความแตกต่างกันของขนาดโมเลกุล ภายใต้กระแสไฟฟ้า โดยมี polyacrylamide gel เป็นตัวกลาง เมื่อนำแผ่นเจล (strip) ที่ทำการแยกโปรตีนด้วยวิธี IEF มา equilibrate ด้วย SDS buffer เพื่อทำให้โปรตีนทั้งหมดมีประจุเป็นลบแล้ว นำแผ่นเจลดังกล่าววางบน polyacrylamide gel เปิดกระแสไฟฟ้า โปรตีนจะเคลื่อนที่จากขั้วบวกเข้าสู่ขั้วลบ โดยโปรตีนที่มีขนาดโมเลกุลใหญ่จะเคลื่อนที่ได้ช้ากว่าโปรตีนที่มีขนาดโมเลกุลเล็ก

ขั้นตอนการทำอิเลคโทรโฟริซีสแบบ ๒ มิติ

1. เตรียมเจล (strip) ที่เทบนแผ่นพลาสติกสำเร็จรูป และมี pH เป็นแบบ gradient ขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ ๑-๓ มิลลิเมตร
2. ใส่โปรตีนตัวอย่างลงในหลุมบนแผ่นเจล (strip) เปิดกระแสไฟฟ้า โปรตีนจะเคลื่อนที่ตามประจุและจะหยุดเคลื่อนที่เมื่อ pH ของโปรตีน เท่ากับค่า pI
3. นำแผ่นเจล (Strip) มา equilibrate ด้วย SDS buffer เพื่อทำให้โปตีนทั้งหมดมีประจุเป็นลบ
4. วางแผ่นเจล (Strip) บน polyacrylamide gel เปิดกระแสไฟฟ้า โปรตีนจะเคลื่อนที่จากขั้วลบไปขั้วบวกตามแนวตั้ง
5. ย้อมสี polyacrylamide gel ซึ่งทำได้หลายวิธี เช่น การย้อมด้วย coomassie blue staining, colloidal coomassie staining, silver staining, fluorescent staining, fluorescent labeling ควรเลือกวิธีที่เหมาะกับตัวอย่าง เนื่องจากแต่ละวิธีมี sensitivity limit ที่แตกต่างกัน
6. ถ่ายรูป และ scan รูปเจลซึ่งจะมีลักษณะโปรตีนเป็นจุดๆ หรือ spot บนแผ่นเจล ทำการวิเคราะห์จุดของโปรตีนที่ได้โดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์
7. ตัดโปรตีนที่สนใจบนแผ่นเจลโดยใช้ปลาย tip จิ้มบนแผ่นเจลใส่หลอด เพื่อนำไปวิเคราะห์โดยใช้ Mass spectrophotometry (MS)
8. ทำการย่อยตัวอย่างโปรตีนให้เป็น peptide ก่อน แล้วจึงนำเข้าเครื่อง MS เพื่อวิเคราะห์ peptide mass spectrum
9. เปรียบเทียบ peptide mass spectrum กับ database เพื่อดูว่าเป็นโปรตีนชนิดใด

.....

(นางวริศรา สุวรรณ)

...../...../.....

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต)

...../...../.....

ความคิดเห็นของคณบดีคณะวิทยาศาสตร์หรือผู้แทน

.....

.....

.....

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ พึ่งพร เนียมทรัพย์)

...../...../.....