

รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าอบรม สัมมนา หรือประชุมวิชาการ

ข้าพเจ้า นางสาวช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์ ตำแหน่ง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สังกัด หลักสูตรพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ ขอนำเสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมการประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ ๒๐ เมื่อวันที่ ๑๕-๑๗ มิถุนายน ๒๕๖๐ โรงแรมโนโวเทล กรุงเทพฯ สุขุมวิท ๒๐ ตามหนังสือขออนุญาตเข้าร่วมประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ ๒๐ เลขที่ ศธ ๐๕๒๓.๔.๙.๑/๖๓ ลงวันที่ ๑๗ เดือน มีนาคม พ.ศ. ๒๕๖๐ ดังนั้น จึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการเข้าร่วมโครงการ ดังต่อไปนี้

การใช้ข้อมูลจีโนมิก (genomic data) เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างความผันแปรทางพันธุกรรมกับฟีโนไทป์เพื่อระบุตำแหน่งในจีโนมที่มีหน้าที่สัมพันธ์กับลักษณะที่สนใจโดยไม่ต้องทำการผสมระหว่างประชากร การใช้ genomic data เหล่านี้ จะเป็นประโยชน์ต่อการศึกษา genome-wide association study (GWAS) การศึกษาในพืชโดยใช้ข้อมูล transcriptomic data และ proteomic data ของพืชที่ปลูกปกติ แล้วนำข้อมูลเหล่านี้มาเปรียบเทียบและหักลบกับข้อมูลชุดที่ได้มาจากพืชที่ปลูกในสภาวะเครียด จะสามารถทำให้ได้ข้อมูลของยีนที่ควบคุมการตอบสนองของพืชต่อความเครียดนั้นได้ อย่างไรก็ตาม ข้อมูลที่ได้รับมาด้วยวิธีเหล่านี้มีจำนวนมาก ดังนั้น จะต้องมีการวิเคราะห์ทาง bioinformatics อย่างเหมาะสม เพื่อค้นหายีนที่เป็น candidate genes ที่ดีที่สุดสำหรับนำไปศึกษาคุณสมบัติต่อไป การเปรียบเทียบ metabolome ของต้นพืชที่ทน (tolerant) และไม่ทน (susceptible) ต่อความเครียด สามารถใช้ค้นหา metabolites ที่จำเพาะและมีความเกี่ยวข้องกับการทนต่อความเครียดทางกายภาพได้ และช่วยให้การศึกษา biosynthesis pathway ของสาร metabolites นั้นมีการตรวจสอบความเกี่ยวข้องของสารนั้นกับ pathway ได้อย่างถูกต้อง เมื่อได้ candidate genes สำหรับการทนต่อ abiotic stress การตรวจสอบความถูกต้อง (validation) ของหน้าที่ของยีนสามารถทำได้โดยใช้วิธีการศึกษา reverse genetics การวิเคราะห์ transcriptome หรือ proteome ของต้นพืชดัดแปลงพันธุกรรมเปรียบเทียบกับต้น wild type จะทำให้ทราบหน้าที่ของยีนในระดับโมเลกุล และนำไปสู่การศึกษาฟีโนไทป์อย่างเหมาะสม สำหรับการศึกษาคุณสมบัติของยีนเหล่านั้น

ความก้าวหน้าในเทคโนโลยีจีโนมและ genome-wide association study ได้ถูกนำมาประยุกต์ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืชให้ทำได้รวดเร็วยิ่งขึ้น ข้อมูลของ single nucleotide polymorphisms (SNP) ที่ระดับจีโนมเป็นประโยชน์สำหรับการศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมในประชากรและการสร้างแผนที่จีโนม การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่าง SNP กับลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจสามารถทำได้ ถ้าความผันแปรทางพันธุกรรมมีความสัมพันธ์กับลักษณะเหล่านั้น นอกจากนี้ SNP ส่วนใหญ่อยู่ในบริเวณรหัส (coding area) ของดีเอ็นเอ ดังนั้น จึงมีผลกระทบโดยตรงต่อการทำงานของโปรตีน เครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด SNP เหมาะสำหรับการวิเคราะห์ทางพันธุศาสตร์แบบ high-throughput และเหมาะสำหรับการใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอสำหรับการคัดเลือก (selection markers) เนื่องจาก SNP มีการถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกอย่างเสถียรกว่าเมื่อเทียบกับเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดอื่น ด้วยข้อดีเหล่านี้ของ SNP จึงมีการออกแบบ SNP chips จำนวนมาก และจำหน่ายทางการค้า โดยมี SNP ที่มีความเป็น polymorphic สูงในพันธุ์พืชจำนวนมาก

ข้อมูลจาก SNP ได้นำมาใช้ร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree) และข้อมูลฟีโนไทป์ของสัตว์แต่ละตัว เพื่อเพิ่มความถูกต้องในการทำนายทางพันธุกรรม การคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์ให้ได้ลักษณะเป้าหมาย สามารถทำได้ถูกต้องสูงในระยะที่สัตว์ยังอายุน้อย ข้อมูลเหล่านี้ได้แก่ pedigree ฟีโนไทป์ และ SNP จะช่วยทำให้ genome-wide association study เป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ปัจจุบันนี้ ข้อมูล genomic SNP ได้นำมาใช้ในการทำ genotyping และใช้ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ปศุสัตว์ในหลายประเทศรวมทั้งในประเทศไทย เทคนิคใหม่ เช่น proteomics และ metabolomics ได้ถูกนำมาใช้ร่วมด้วย ซึ่งจะช่วยให้เข้าใจความสัมพันธ์ระหว่างยีนและการแสดงออกของยีนได้มากขึ้น และทำให้การปรับปรุงพันธุ์ปศุสัตว์ทำได้รวดเร็ว และเพิ่มประสิทธิภาพในการเพิ่มผลผลิตและคุณภาพของผลิตภัณฑ์จากปศุสัตว์

ในการเข้าร่วมโครงการครั้งนี้ทำให้ได้รับความรู้เกี่ยวกับการใช้ข้อมูลจีโนมิก และการศึกษา genome-wide association study มาใช้ในการค้นหาและศึกษาหน้าที่ของยีน การพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด SNP ซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์พืชและสัตว์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ และจะเป็นประโยชน์ต่อการนำมาพัฒนาการเรียนการสอน และการทำงานวิจัยต่อไป

ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์)

4 / ก.ย. / 2560

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

เนติพร

ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์)

4 / ก.ย. / 2560

ความคิดเห็นของคณบดีคณะวิทยาศาสตร์หรือผู้แทน

(รองศาสตราจารย์ศิรินทร์ญา ภัคคี)