

สรุปประโยชน์ที่ได้จากการเข้าร่วมประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 20

ข้าพเจ้า นางสาวยุพเยาว์ คบพิมาย ตำแหน่งอาจารย์ สังกัด สาขาพันธุศาสตร์ ขอนำเสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 20 เมื่อวันที่ 15-17 มิถุนายน 2560 ณ โรงแรมโนโวเทล สุขุมวิท กรุงเทพมหานคร ตามหนังสืออนุญาตเลขที่ ศธ 0523.4.9.1/125 ลงวันที่ 15 พฤษภาคม 2560 ดังนั้นจึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการประชุมวิชาการดังต่อไปนี้

การประชุมครั้งนี้มีการนำเสนองานวิจัยที่ใช้ความรู้ทางพันธุศาสตร์อย่างหลากหลายไม่ว่าจะเป็นด้านพืช สัตว์ มนุษย์ หรือแบคทีเรีย ดังนั้น ข้าพเจ้าจึงได้รับความรู้ใหม่ ๆ ในด้านต่าง ๆ ดังนี้

ในด้านพืช เนื่องจากเทคโนโลยีในปัจจุบันได้พัฒนาไปมาก ทำให้ได้ข้อมูลรวดเร็วขึ้น ปริมาณมากขึ้น และราคาถูกลง เป็นผลให้เกิดยุคที่เรียกว่า “Omic” และมีฐานข้อมูลในด้านต่าง ๆ ดังนี้

Genomics ฐานข้อมูลทางด้านจีโนม ได้แก่

- National Center for Biotechnology Information (NCBI) รวบรวมข้อมูลจีโนมของสิ่งมีชีวิตหลากหลายชนิด
- The Arabidopsis Information Resource (TAIR) รวบรวมข้อมูลของ *Arabidopsis thaliana*
- Rice Annotation Project Database (RAP-DB) รวบรวมข้อมูลการทำนายยีนในข้าว
- SoyBase รวบรวมข้อมูลพันธุกรรมของถั่วเหลือง
- Phytozome รวบรวมข้อมูลพันธุกรรมของพืชหลายชนิด รวมทั้งสาหร่ายบางชนิด

Transcriptomics ฐานข้อมูลอาร์เอ็นเอ มีดังนี้

- The Bio Analytic Resource for Plant Biology (BAR) รวบรวมข้อมูลการแสดงออกของยีน และเครื่องหมายโมเลกุลในพืชหลายชนิด

Proteomics ฐานข้อมูลโปรตีน

- Expert Protein Analysis System (ExPASy) รวบรวมข้อมูล และโปรแกรมสำหรับการวิเคราะห์โปรตีน จีโนม ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พันธุศาสตร์ประชากร

Metabolomics ฐานข้อมูลสารต่าง ๆ ในสิ่งมีชีวิต

- Madison Metabolomics Consortium Database รวบรวมคุณสมบัติของสารตามวิธี nuclear magnetic resonance (NMR) spectroscopy and mass spectrometry (MS)

ข้อมูลเหล่านี้มีประโยชน์ในการช่วยหาพื้นที่เกี่ยวข้องกับลักษณะที่สนใจ เช่น การใช้เทคนิค Genome-wide association study (GWAS) ในการหาพื้นที่เกี่ยวกับการทนเค็มของข้าว โดยไม่ต้องสร้างประชากรลูกผสมทำได้โดยการปลูกข้าวในสภาวะปกติ และในสภาวะดินเค็ม จากนั้นจึงเปรียบเทียบข้อมูลอาร์เอ็นเอ และโปรตีนระหว่างข้าวทั้งสองแบบ จะช่วยให้ทราบว่ายีนใดที่เกี่ยวข้องกับการทนเค็มของข้าวได้ แต่ต้องอาศัยการใช้โปรแกรมต่าง ๆ ในการทำนายยีนที่เกี่ยวข้องเนื่องจากข้อมูลมีขนาดใหญ่ เมื่อเปรียบเทียบสารที่ตรวจพบในข้าวทนเค็มกับข้าวปกติ ก็จะช่วยให้ทราบว่าสารใดที่เกี่ยวข้องกับการทนเค็ม และช่วยให้ทราบ pathway ในการสร้างสารที่เกี่ยวข้องกับการทนเค็มของข้าวได้ และในขณะนี้ทราบแล้วว่ายีนที่เกี่ยวข้องกับการทนเค็มในข้าวคือ ยีน *CROOK-NECKED* อย่างไรก็ตามต้องมีการยืนยันคุณสมบัติของยีนอีกครั้งหนึ่งโดยวิธีทางพันธุศาสตร์โมเลกุล (reverse genetic)

ในด้านสัตว์ เมื่อประชากรมนุษย์เพิ่มสูงขึ้น ความต้องการบริโภคน้ำมันและเนื้อโคจึงสูงขึ้นด้วย แต่การเพิ่มปริมาณประชากรโคทำให้เกิดภาวะโลกร้อน ดังนั้นจึงต้องปรับปรุงพันธุ์โคให้ประสิทธิภาพในการเปลี่ยนอาหาร (หญ้า) ให้เป็นน้ำ/เนื้อ สูงขึ้นโดยอาศัยหลักการทางพันธุศาสตร์ แต่โคในประเทศไทยเป็นพันธุ์ที่ทนต่อสภาพอากาศร้อน และเหมาะสมกับการใช้เป็นแรงงาน จึงได้มีการนำโคจากต่างประเทศเข้ามาผสมพันธุ์ ซึ่งลักษณะของโคที่ดีต้องเป็นดังนี้

- ให้ผลผลิตที่คุ้มค่ากับการลงทุน
- หากเป็นโคนม ต้องให้ผลผลิตของน้ำนมที่ดีสม่ำเสมอ ทุกรอบการคลอดลูก
- เลี้ยงดูง่าย
- ต้องมีลักษณะที่ดีโดยพันธุกรรม ไม่ใช่สิ่งแวดล้อม

ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์รุ่นลูกจะต้องมีค่าเฉลี่ยที่สูงกว่ารุ่นพ่อแม่ และมีการใช้เครื่องหมายโมเลกุล ชนิด SNP มาให้เพื่อตรวจสอบหาพื้นที่สัมพันธ์กับลักษณะที่สนใจ และช่วยในการคัดเลือก

ในด้านมนุษย์ ในการวินิจฉัยโรคบางอย่างต้องอาศัยเทคนิคทางเซลล์พันธุศาสตร์ ซึ่งแต่เดิมวินิจฉัยโดยเทคนิค G banding ซึ่งต้องมีการเพาะเลี้ยงเซลล์เพื่อให้ได้เซลล์ในระยะเมทาเฟส แล้วย้อมดูแถบดีเอ็นเอ ข้อดีของเทคนิค G banding คือสามารถตรวจดูความผิดปกติของโครโมโซมได้ในเวลาเดียวกัน แต่ข้อเสียคือต้องมีการเพาะเลี้ยงเซลล์ และไม่สามารถตรวจหาความผิดปกติของโครโมโซมที่มีขนาดเล็กกว่า 3-5 Mb ได้ ดังนั้นจึงได้มี

การพัฒนาเทคนิค FISH (Fluorescent in situ hybridization) ขึ้นมาเพื่อตรวจวินิจฉัยโรค เทคนิค FISH ต้องมี โพรบที่จำเพาะกับบริเวณที่สนใจบนโครโมโซม แต่มีข้อดีคือ สามารถตรวจความผิดปกติในนิวเคลียสระยะ อินเตอร์เฟสได้ ในบางกรณีจึงไม่จำเป็นต้องเพาะเลี้ยงเซลล์ และสามารถตรวจพบความผิดปกติของโครโมโซม ขนาดเล็กเพียง 50-100 Kb ได้

อย่างไรก็ตามหากบริเวณที่มีความผิดปกติมีขนาดเล็กมาก ซึ่งไม่สามารถตรวจพบได้โดยเทคนิค FISH ต้องใช้เทคนิค array comparative genomic hybridization (array CGH) ซึ่งโพรบที่ใช้ทำมาจาก bacterial artificial chromosome (BAC) หรือ oligonucleotide ที่สังเคราะห์ขึ้น หลักการคือ ต้องนำดีเอ็นเอของคนป่วย และคนปกติในปริมาณที่เท่ากัน มาติดฉลากด้วยสารเรืองแสงคนละสี แล้วนำไฮบริดซ์กับโพรบที่ติดอยู่บนไมโคร อาร์เรย์ ข้อมูลที่ได้จะเป็นความเข้มของสารเรืองแสงที่ติดอยู่บนดีเอ็นเอของคนป่วยและคนปกติ ดังนั้นจึงสามารถบอก ได้ว่ามีส่วนใดของดีเอ็นเอเพิ่มขึ้นมา หรือขาดหายไป จากดีเอ็นเอของผู้ป่วย ซึ่งจากการวินิจฉัยโรคด้วยเทคนิค array CGH สามารถตรวจหาความผิดปกติ โดยการขาดหายไป หรือเพิ่มขึ้นของดีเอ็นเอในผู้ป่วยโรคมะเร็งทาง โลหิต ได้ละเอียดกว่าเทคนิค FISH และไม่จำเป็นต้องมีการเลี้ยงเซลล์ จึงสามารถใช้กับตัวอย่างที่ไม่สามารถนำมา เพาะเลี้ยงเซลล์ได้ เช่น ชิ้นเนื้อในพาราฟิน หรือ ตัวอย่างที่เริ่มเน่าแล้ว แต่อย่างไรก็ตาม array CGH ไม่สามารถ ตรวจพบความผิดปกติได้ในกรณีที่เกิด translocation หรือ inversion เนื่องจากไม่ได้มีการขาดหายหรือเพิ่มขึ้น ของชิ้นส่วนโครโมโซม แต่สามารถตรวจพบได้โดยใช้เทคนิค FISH ดังนั้น ในการตรวจวินิจฉัยโรคด้วยเทคนิคพันธุ ศาสตร์ของเซลล์จึงควรใช้เทคนิค FISH ควบคู่กับ array CGH

ในการประชุมครั้งนี้ข้าพเจ้าได้นำเสนองานวิจัยเรื่อง Identification of litchi cultivars (*Litchi chinensis* Sonn.) in germplasm field of Maejo University using ISSR markers ความรู้ที่ได้จากการ ประชุมในครั้งนี้จะเป็นประโยชน์ต่อการเรียนการสอนวิชาต่าง ๆ เช่น พันธุศาสตร์ของเซลล์ รวมถึงการทำงานวิจัย อีกด้วย

ลงชื่อ ยุพยาภา คบพิมาย

(นางสาวยุพยาภา คบพิมาย)

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

..... เป็นรองศาสตราจารย์

..... ช่อทิพา สกูลสิงหาโรจน์

(ผศ.ดร.ช่อทิพา สกูลสิงหาโรจน์)

..... 5 / 1.8 / 60