1. ชื่อโครงการ (ไทย) เทคโนโลยีก่อกลายพันธุ์ทั้งจีโนมเพื่อเพิ่มศักยภาพการปรับปรุงพันธุ์ข้าวที่เป็นมิตรกับสิ่งแวดล้อม

(อังกฤษ) .....

2. งบประมาณรวม ..... **19,930,000**..... **บาท / ระยะเวลาโครงการ** .....5..... **ปี**

3. คณะผู้วิจัย

3.1 หัวหน้าโครงการ รศ.ดร.อภิชาติ วรรณวิจิตร

สังกัด ภาควิชาพืชไร่-นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

3.2 ผู้ร่วมโครงการ ดร. ธีรยุทธ ตู้จินดา

สังกัด ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ

3.3 ผู้ร่วมโครงการ ผศ.ดร.ชเนษฎ์ ม้าลำพอง

สังกัด ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จ.นครปฐม

3.4 ผู้ร่วมโครงการ ดร.สมวงษ์ ตระกูลรุ่ง

สังกัด สถาบันจีโนม ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ

3.5 ผู้ร่วมโครงการ ดร. วินิตชาญ รื่นใจชน

สังกัด ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ

3.6 ผู้ร่วมโครงการ ดร. วัชรีวรรณ แจ่มบุญศรี

สังกัด สังกัด ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ

3.7 ผู้ร่วมโครงการ Dr. Jonaliza Lanceras-Siangliw

สังกัด ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ

3.8 ผู้ร่วมโครงการ นายมีชัย เซี่ยงหลิว

สังกัด ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ

3.9 ผู้ร่วมโครงการ นาย วินธัย กมลสุขยืนยง

สังกัด ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ

3.10 ผู้ร่วมโครงการ ผศ.ดร.เกียรติทวี ชูวงศ์โกมล

สังกัด ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

3.11 ผู้ร่วมโครงการ นาย สุนิยม ตาปราบ

สังกัด สำนักวิจัยและพัฒนาข้าว กรมการข้าว เขตจตุจักร กทม 10900

3.12 ผู้ร่วมโครงการ ดร. ไวพจน์ กันจู

สังกัด คณะเกษตรศาสตร์และทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยพะเยา อำเภอเมือง จังหวัดพะเยา

เอกสารโครงการวิจัยแก่หน่วยงาน สวทช.

3.13 ผู้ร่วมโครงการ นายศิริพัฒน์ เรืองพยัคฆ์

สังกัด หน่วยปฏิบัติการค้นหาและใช้ประโยชน์ยีนข้าว และศูนย์วิทยาศาสตร์ข้าว มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กำแพงแสน จ.นครปฐม

3.14 ผู้ร่วมโครงการ นายเอกวัฒน์ ไชยชุมภู

สังกัด หน่วยปฏิบัติการค้นหาและใช้ประโยชน์ยีนข้าว และศูนย์วิทยาศาสตร์ข้าว มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กำแพงแสน จ.นครปฐม

3.15 ผู้ร่วมโครงการ นางสาวสุภาพร พรหมพันธุ์

สังกัด หน่วยปฏิบัติการค้นหาและใช้ประโยชน์ยีนข้าว และศูนย์วิทยาศาสตร์ข้าว มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กำแพงแสน จ.นครปฐม

4. บทคัดย่อ (รายละเอียดโครงการในภาพรวม 5 ปี)

บทคัดย่อ

การก่อการกลายพันธุ์ (TILLING) ได้รับการยอมรับว่ามีประสิทธิภาพในการค้นหาการกลายพันธุ์ในยีนได้ดี โครงการของประเทศไทยก็ประสบความสำเร็จในการแยกข้าวพันธุ์กลายที่ดีเด่นด้าน คุณภาพหุงต้ม, คุณค่าทางโภชนาการ, ความทนน้ำท่วม, ธาตุเหล็กในเมล็ด, ความทนทานสภาพเหล็กเป็นพิษ การพัฒนาข้าวพันธุ์ใหม่ให้ปรับตัวได้อย่างเหมาะสมในสภาวะโลกร้อนเป็นความท้าทายที่ย่อมต้องการความหลากหลายทางชีวภาพที่อาจไม่พบได้ง่ายในธรรมชาติ ข้าวที่เป็นมิตรกับสิ่งแวดล้อม ต้องมีความสามารถในการต้านทานโรคและแมลงศัตรูพืชในระดับสูง พอที่เกษตรกรไม่จำเป็นต้องใช้สารควบคุมศัตรูพืชอีกต่อไป ข้าวเป็นมิตรกับสิ่งแวดล้อมยังต้อง สามารถอยู่รอดให้ผลผลิตได้แม้เกิดมหาอุทกภัย ต้องผจญกับอุณหภูมิสูง/ต่ำกว่าปกติ สภาวะแห้งแล้งและดินเค็มทั้งหมดนี้จะต้องทำให้เสร็จภายใน 5 ปีนี้ นอกจากนี้ข้าวพันธุ์กลายทั้งที่ถูกค้นพบแล้วและกำลังถูกค้นพบใหม่ จะเป็นแหล่งความรู้ที่ทำให้เกิดความเข้าใจเรื่องหน้าที่ของยีนใหม่ๆ ได้อย่างชัดเจน จนสามารถพัฒนาเป็นสิทธิบัตรหรือตีพิมพ์ในวารสารต่างประเทศได้อย่างสม่ำเสมอ นอกจากนั้นยังต้องพัฒนา functional markers ให้สำเร็จเพื่อลดทอนวงจรการปรับปรุงพันธุ์ให้สั้นลงและมีประสิทธิภาพสูง

Abstract

Tilling has been proven as an effective strategy in identifying mutations in a specific gene. It has been used to identify mutant genes involved with rice grain qualities like aroma, amylose content, gelatinization temperature and oil quality and stress tolerance such as iron toxicity and submergence tolerance in a mutant population of Jao Hom Nin generated through chemical mutagen. The successful identification of mutant genes in those traits inspired the identification of new mutant genes at flowering

เอกสารโครงการวิจัยแก่นนำ สวทช.

stage in new traits namely drought, salinity and cold resistance. Mass screening of mutant lines for abiotic traits will be implemented in a greenhouse with temperature and humidity control in order to facilitate the identification of desired mutant lines out of the 20000 lines comprising the population.

In the functional characterization of genes, desired mutant lines for each trait will be selected and will be subjected into SNP typing. SNP falling in the gene associated with the phenotype will be identified. Likewise, informative SNPs will be used in association mapping to determine the possible combinations of SNPs which is best suited for the gene to be expressed efficiently. Mutations in the gene other than SNP will be determined by using the new generation sequencing technique which will give more precise method in identifying genes involved with stress traits.

At the end, characterized genes in mutant lines for traits that had been identified in the first phase will be used and applied in breeding. Functional markers will be developed out of the characterized genes and mutant lines will be crossed to Pinkaset in order to validate the functionality of the genes in new germplasm. Molecular breeding method will be used to identify lines containing the target genes in single and in pyramided fashion. Through TILLING, gene identification may be hastened and with the help of the new technologies, the application for breeding may also take advantage.

เอกสารโครงการวิจัยแก่กลุ่ม สวพ.