

รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

การวิเคราะห์ Single nucleotide polymorphisms (SNPs) เพื่อหาความแตกต่างทางพันธุกรรมในปาล์มน้ำมัน

Single nucleotide polymorphisms analysis for genetic variation of oil palm

นักวิจัย

ผศ.ดร.อุณิตษา สังข์เกตุ

ศ.ดร. อมรรัตน์ พงศ์ดารา

ดร. อลิษา หนักแก้ว

โครงการวิจัยนี้ได้รับทุนสนับสนุนจากเงินงบประมาณแผ่นดิน

มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

ประจำปีงบประมาณ 2559-2560 รหัสโครงการ SCI590179S

บทคัดย่อ

ปาล์มน้ำมัน (*Elaeis guineensis* Jacq.) เป็นพืชน้ำมันที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของโลกและของประเทศไทย การเพิ่มผลผลิตปาล์มน้ำมันและการขยายพื้นที่การเพาะปลูกประชากรของปาล์มน้ำมันจึงเป็นสิ่งที่สำคัญ ดังนั้นจึงจำเป็นที่จะต้องคัดเลือกสายพันธุ์ปาล์มคุณภาพดีที่ให้ผลผลิตสูง การวิจัยนี้ได้ใช้เครื่องมือทางด้านชีวสารสนเทศมาวิเคราะห์เปรียบเทียบปาล์มน้ำมันสายพันธุ์เทเนอราที่ให้ผลผลิตสูงและต่ำ เพื่อค้นหาเครื่องหมาย SNPs (single nucleotide polymorphisms) ที่สามารถคัดแยกปาล์มน้ำมันที่ให้ผลผลิตสูงและต่ำได้ ในการศึกษานี้ได้ใช้ข้อมูลทรานสคริปโตมของปาล์มน้ำมัน ที่ประกอบด้วยชุดข้อมูล 3 library คือ ปาล์มที่ให้ผลผลิตสูง (high-yield) ปาล์มที่ให้ผลผลิตต่ำ (low-yield) และปาล์มที่ให้ผลผลิตสูงและต่ำรวมกัน (mixed-yield) ข้อมูลแต่ละ library ได้ถูก assemble เข้ากับยีนที่เกี่ยวข้องกับการผลิตน้ำมันที่อยู่ในวิถีการสังเคราะห์กรดไขมันและไตรเอซิลกลีเซอรอลทั้งหมดจำนวน 31 ยีน จากนั้นนำมาระบุและค้นหาตำแหน่งของ SNPs โดยใช้ซอฟต์แวร์ Geneious, SAMtools และ IGV เมื่อนำข้อมูลดังกล่าวมาเปรียบเทียบพบว่าจาก 2,684 SNPs มี 3 SNPs ที่สามารถใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลในการคัดแยกปาล์มน้ำมันที่ให้ผลผลิตสูงและต่ำได้ โดยเป็น SNPs จากยีน *ACCase* จำนวน 1 SNP ซึ่งเป็น non-synonymous SNP อยู่ในตำแหน่งที่ 6,993 ของ high-yield และจากยีน *PDCT* จำนวน 2 SNPs อยู่ในตำแหน่งที่ 1409 และ 1548 ของ low-yield และ high-yield ตามลำดับ โดยทั้ง 3 SNPs มีค่า read depth มากกว่าหรือเท่ากับ 20 และค่า variant frequency มากกว่า 60% โดยที่ค่า variant frequency ของอีก yield น้อยกว่า 10% ทำให้ผลที่ได้มีความน่าเชื่อถือ

Abstract

Oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) is a crop used for producing oil that is of economic importance to the world. Increasing productivity and the area needed for cultivation of oil palm is necessary. It is essential to select young oil palm trees that are from high-yielding varieties. SNPs (single nucleotide polymorphisms) is a molecular marker that can reveal variations at the DNA molecular levels and can be used to enable selection of a desired trait, and thus could perhaps help in identifying high-yielding oil palms. This research compares SNPs of high and low-yield individuals of tenera variety oil palms using bioinformatics tools to find markers that can screen high and low-yield oil palms. Three oil palm libraries of transcriptomes including high, low and mixed-yield (high and low-yield combined) oil palms were analyzed. Each library was assembled with 31 genes involved in fatty acid and triacylglycerol biosynthesis. Then SNPs were identified and compared using Geneious, SAMtools, and IGV programs. From 2,684 SNPs, only 3 SNPs could be used as molecular markers for high and low-yield oil palms screening. The first SNP (non-synonymous SNP) was located at the position 6,993 in *Acetyl-CoA carboxylase (ACCase)* gene of high-yield, and the second and the third SNPs were located at the position 1,409 and 1,548 of low- and high-yield in *Phosphatidylcholine DAG cholinephosphotransferase (PDCT)* gene position, respectively. These SNPs are reliable for screening high- and low- yields oil palms because they contained read depth ≥ 20 , variant frequency $> 60\%$ and variant frequency of inverse yield $< 10\%$.