

ความหลากหลายของเห็ดที่บริโภคได้ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

(Diversity of Edible Mushrooms in North-Eastern Thailand)

รองศาสตราจารย์ ดร. หนึ่ง เตียอำรุง

สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

บทคัดย่อ

จากการเก็บตัวอย่างเห็ดป่าที่บริโภคได้ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือทั้งหมด พบว่าสามารถจำแนกได้ทั้งสิ้น 9 จินัส ได้แก่ *Russula*, *Boletus*, *Suillus*, *Lactarius*, *Thermitomyces*, *Amanita*, *Cantharellus*, *Tricholoma* และ *Astraeus* อย่างไรก็ตามพบว่าในกลุ่มจินัส *Russula* และ *Boletus* มีความหลากหลายในระดับ species สูงที่สุด จึงได้นำเห็ดทั้งสองกลุ่มนี้มาศึกษาหาความหลากหลายและความเกี่ยวเนื่องทางพันธุกรรมในระดับ DNA โดยวิเคราะห์ยีนในบริเวณที่เรียกว่า Internal Transcribed Spacer (ITS) โดยใช้ primer ITS 4-5 ในการเพิ่มจำนวนชุดของยีนดังกล่าวแล้วทำการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค PCR - RFLP โดยใช้เรสทริกชันเอนไซม์ 4 ชนิด ได้แก่ Alu I, Hinf I, Mbo I และ Taq I จากนั้นนำมาสร้าง phylogenetic tree โดยพบว่าเห็ดในกลุ่มจินัส *Russula* ทั้งหมดมีความแตกต่างกันในระดับ DNA ทั้งสิ้น 23 แบบ จากตัวอย่างที่เก็บมาศึกษาทั้งหมด 24 ตัวอย่าง ในขณะที่เห็ดในกลุ่มจินัส *Boletus* มีความแตกต่างในระดับ DNA ทั้งสิ้น 16 แบบ จากตัวอย่างที่เก็บมาศึกษา 17 ตัวอย่าง ความเกี่ยวเนื่องทางพันธุกรรมในระดับ DNA ของเห็ดในกลุ่มจินัส *Russula* สามารถแบ่งได้เป็น 3 กลุ่มใหญ่ซึ่งในแต่ละกลุ่มไม่แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ ของสีดอกเห็ดกับลักษณะของ ITS-RFLP และพบว่าบางกลุ่มมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับเห็ดในกลุ่ม *Lactarius* มากกว่ากลุ่ม *Russula* ด้วยกันเอง ในขณะที่เห็ดในกลุ่มจินัส *Boletus* พบว่าสามารถแบ่งจำนวนกลุ่มได้เช่นเดียวกับ *Russula* และไม่พบความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะสีดอกของเห็ดกับลักษณะของ ITS-RFLP ด้วยเช่นเดียวกัน จากการศึกษาครั้งนี้อาจกล่าวได้ว่าการใช้ประโยชน์ในการเก็บเห็ดป่ามาเพื่อการบริโภค ยังคงมีความเสี่ยงที่จะมีโอกาสนำเอาเห็ดพิษซึ่งมีลักษณะปรากฏภายนอกที่คล้ายคลึงกันมาจำหน่าย และเป็นอันตรายต่อผู้บริโภค จึงควรมีการสนับสนุนผลักคณงานวิจัยในลักษณะนี้ เพื่อสร้างหลักการทางวิชาการในการยืนยันต่อไป

Abstract

The fresh specimens of wild edible mushrooms were collected throughout the North-eastern part of Thailand. They could be classified into 9 genera ; *Russula*, *Boletus*, *Suillus*, *Lactarius*, *Thermitomyces*, *Amanita*, *Cantharellus*, *Tricholoma* and *Astraeus*. However, both of the genera *Russula* and *Boletus* were found the greater divergent in species level than others. Thus both of them were analyzed in DNA level such in the region so called Internal Transcribed Spacer (ITS) variation by using ITS 4-5 as DNA primer. The ITS 4-5 PCR products were generate and analysed with RFLP technique by using the restriction enzymes Alu I, Hnif I, Mbo I and Taq I. The phylogenetic trees were constructed by combination of PCR-RFLP products from each enzyme. In case of *Russula*, it was found 23 different PCR-RFLP patterns form 24 collected specimens while 16 out of 17 from *Boletus*. To determine the gentic relatedness in *Rusula* group, the results suggested that no correlation between ITS sequences and phynotypic character such as on fruiting body colour. Moreover, some specimens were more closely related to *Lactarius* than *Russula*. For the *Boletus* group was also found the same relation as in *Russula*. The implication from this study would strongly suggested that to collect the wild edible mushroom, based upon local expertices, somehow might lead to the poisonous specimen collection. Thus the data base related with DNA analysis should be the special additional information for whom interested in this field.