รายงานการวิจัย

การศึกษาพันธุ์สะตอโดยอาศัยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

Identification of *Parkia speciosa* Hassk. Based on DNA Markers

รศ. ดร.จรัสศรี นวลศรี
ภาควิชาพืชศาสตร์
คณะทรัพยากรธรรมชาติ
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

ทุนอุดหนุนการวิจัยงบประมาณแผ่นดิน ประจำปี 2549 - 2550

การศึกษาพันธุ์สะตอโดยอาศัยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

จรัสศรี นวลศรี[1]

บทคัดย่อ

ทำการศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของสะตอ (*Parkia speciosa* Hassk.) ได้แก่ สะตอข้าว และสะตอดาน โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี ทำการเก็บรวบรวมตัวอย่างพืชจากศูนย์วิจัยพืชสวนตรัง จังหวัดตรัง สวนเกษตรกร จังหวัดสงขลา และสุราษฎร์ธานี จำนวนทั้งหมด 88 ต้น โดยพิจารณาลักษณะทางสัณฐานวิทยาร่วมด้วย จากลักษณะทางสัณฐานวิทยาของฝักและเมล็ด สามารถแยกสะตอข้าว และสะตอดานได้เพียงบางตัวอย่างแต่ผลที่ได้ไม่ชัดเจนมากนัก เนื่องจากสะตอส่วนใหญ่ที่พบมีลักษณะก้ำกึ่งกัน เมื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายอาร์เอพีดี จากการทดสอบเบื้องต้นด้วยไพรเมอร์ขนาด 10 เบส จำนวน 180 ไพรเมอร์ คัดเลือกได้ 8 ไพรเมอร์ คือ OPB-04, OPB-17, OPB-18, OPC-02, OPR-01, OPR-02, OPT-01 และ OPAB-03 เพื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมในกลุ่มประชากรที่สุ่มตัวอย่าง พบว่า ให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 112 แถบ เฉลี่ย 14 แถบต่อไพรเมอร์ แถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่างกัน จำนวน 77 แถบ (68.75%) จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมโดยใช้วิธี UPGMA จากโปรแกรม NTSYS (Version 2.1) ผลการวิเคราะห์เดนโดรแกรม สามารถแบ่งกลุ่มประชากรสะตอได้ 6 กลุ่ม โดยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.533 – 0.946 และพบว่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรมขึ้นกับแหล่งที่เก็บตัวอย่าง แต่ไม่พบแถบดีเอ็นเอที่สามารถแยกสะตอข้าว และสะตอดานได้

---

[1] ภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

Identification of *Parkia speciosa* Hassk. Based on DNA Markers

Charassri Nualsri[1]

Abstract

A study on the genetic variability in *Parkia speciosa* Hassk. (Sato Kao and Sato Dan) was undertaken using an RAPD technique. Leaf samples of 88 plants were collected from Trang Horticultural Research Centre in Trang province, private plantations in Songkhla, and Surat Thani provinces. Morphological characters of all specimens were recorded. The recordings indicated no clear distinct between two groups. For RAPD analysis, DNA from the leaf samples was isolated using CTAB buffer and 180 decamer oligonucleotide primers were first screened. Of a total of 180 primers screened, only 8 primers (OPB-04, OPB-17, OPB-18, OPC-02, OPR-01, OPB-R2, OPT-01 and OPAB-03) were chosen for genetic variation analysis of 88 individual plants. A total of 112 amplified fragments were obtained from 8 primers with an average of 14 fragments per primer, of which 77 fragments (68.75%) were polymorphisms. A dendrogram showing genetic similarities among *P. speciosa* Hassk. was constructed based on polymorphic bands using UPGMA, and a cluster analysis was performed using NTSYS program (v2.1). The results from the dendrogram revealed 6 groups among them with similarity coefficients ranging from 0.533 – 0.946. The results indicated a wide genetic diversity of *P. speciosa* Hassk.. The clusterings were correlated to geographical location of collected samples and no specific fragment common to sato kao and sato dan was detected.

---

[1] Department of Plant Science, Faculty of Natural Resources, Prince of Songkhla University