

## 5. สรุปผลการทดลอง

การศึกษาความสัมพันธ์ของพีชวงศ์จิง 19 ชนิด จากสกุลกระชาย 11 ชนิด สกุลเปราะ 6 ชนิด และสกุล *Scaphochlamys* 2 ชนิด สามารถสรุปผลได้ดังนี้

1. การศึกษาลักษณะสัณฐานภายนอกเลือก 15 ลักษณะมาใช้หาความสัมพันธ์ พบว่าพีชสกุลกระชายใกล้เคียงกับสกุล *Scaphochlamys* มากกว่าเปราะ
2. ในการสกัดเอ็นไซม์เพื่อศึกษาเอ็นไซม์จากใบของพืชตัวอย่างในระยะเดียวกันพบว่าควรทำการสกัดทุก 3 เดือนและเก็บที่  $-20^{\circ}\text{C}$  เพื่อความคงตัวของรูปแบบของไอโซไซม์
3. จากเอ็นไซม์ 9 ชนิด ที่เลือกมาศึกษา พบว่ามีเพียง 4 ชนิดที่ให้รูปแบบความหลากหลายที่เป็นประโยชน์ในการศึกษาได้แก่ เปอร์ออกซิเดส, ซูเปอร์ออกไซด์ดิสมิวเทส, กลูตาเมทดีไฮโดรจีเนส และมาเลทดีไฮโดรจีเนส โดยสองชนิดแรกให้รูปแบบเอ็นไซม์ที่หลากหลายและมีความคงตัวสามารถใช้ยืนยันการจำแนกชนิดได้ดีกว่าสองชนิดหลัง
4. จากรูปแบบของไอโซไซม์ที่เลือกมา 20 แถบ นำมาหาความคล้ายคลึงของพีชวงศ์จิงที่ศึกษา ซึ่งค่าที่ได้อยู่ในช่วง 31.6%-94.7% พบว่าความคล้ายคลึงระหว่างสกุลกระชายกับ *Scaphochlamys* จะสูงกว่าระหว่างสกุลกระชายกับเปราะ และเปราะกับ *Scaphochlamys*
5. ในการสกัดดีเอ็นเอจากใบของพืชตัวอย่าง พบว่าพืชหลายชนิดต้องสกัดด้วย CTAB บัฟเฟอร์ช้า จึงจะได้ดีเอ็นเอคุณภาพดี  $\text{O.D.}_{260}/\text{O.D.}_{280} \approx 1.7-2.0$  และปริมาณดีเอ็นเอที่ได้ประมาณ  $240 \mu\text{g/g}$  ใบพืชสด
6. สภาวะที่เหมาะสมในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยวิธี RAPD ของการศึกษาครั้งนี้คือที่  $\text{MgCl}_2$  เข้มข้น 5 mM และดีเอ็นเอแม่แบบปริมาณ 100 ng ในปฏิกิริยาและปล่อยให้เกิดปฏิกิริยา 35 รอบในการศึกษา
7. ไพรมเมอร์ 5 ชนิด OPAM-01, OPAM-03, OPAM-12, OPB-14 และ OPZ-03 จากไพรมเมอร์ 10 ชนิดที่นำมาทดลอง ให้รูปแบบดีเอ็นเอที่หลากหลาย

8. ปลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จาก RAPD ปราบกฎแถบ 53 แถบที่นำมาหาค่าความคล้ายคลึง พบว่าค่าความคล้ายคลึงที่ได้อยู่ในช่วง 36.7%-97% และค่าที่ได้ระหว่างสกุลกระชาย กับ *Scaphochlamys* จะสูงกว่าระหว่างสกุลกระชายกับเปราะ และเปราะกับ *Scaphochlamys*
9. เมื่อนำค่าความคล้ายคลึงที่ได้จากรูปแบบของไอโซไซม์และดีเอ็นเอมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ พบว่ารูปแบบของสายสัมพันธ์และกลุ่มของความสัมพันธ์จากการตรวจสอบทั้งสองรูปแบบให้ผลสอดคล้องกัน โดยพืชสกุลกระชายจะใกล้ชิดกับพืชสกุล *Scaphochlamys* มากกว่าพืชสกุลเปราะ
10. รูปแบบของไอโซไซม์และปลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิค RAPD สามารถนำมาช่วยยืนยันการจำแนกพืชในสกุลเดียวกัน และหาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของพืชในกลุ่มนี้ได้ดี พืชสกุลกระชายน่าจะมีความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการใกล้ชิดกับพืชสกุล *Scaphochlamys* มากกว่าสกุลเปราะ สอดคล้องกับการพิจารณาจากลักษณะสัณฐานภายนอกแต่ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาในระดับโมเลกุลจะให้รายละเอียดของความสัมพันธ์ของแต่ละชนิดในสกุลเดียวกัน มากกว่าข้อมูลที่ได้จากการพิจารณาจากลักษณะสัณฐานภายนอกเพียงอย่างเดียว