

ชื่อวิทยานิพนธ์	การหาความสัมพันธ์ของพืชวงศ์ขิงในสกุลกระชายและสกุลที่เกี่ยวข้องโดยวิธีชีววิทยาระดับโมเลกุล
ผู้เขียน	นายโองการ วณิชชีวะ
สาขาวิชา	ชีวเคมี
ปีการศึกษา	2544

บทคัดย่อ

การศึกษานี้ได้หาความสัมพันธ์ของพืชวงศ์ขิง 19 ชนิด จากพืชสกุลกระชาย 11 ชนิด (*Boesenbergia*) สกุลเปราะ 6 ชนิด (*Kaempferia*) และสกุล *Scaphochlamys* 2 ชนิด โดยวิเคราะห์จากรูปแบบของไอโซไซม์ และลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธี random amplified polymorphic DNA (RAPD) จากใบของพืชตัวอย่างร่วมกับการศึกษาจากลักษณะสัณฐานภายนอก การศึกษารูปแบบเอนไซม์ 9 ชนิดได้แก่ เปอร์ออกซิเดส, ซูเปอร์ออกไซด์ดิสมิวเทส, กลูตาเมตดีไฮโดรจีเนส, มาเลตดีไฮโดรจีเนส, ซิติเมตดีไฮโดรจีเนส, เบต้า-เอสเทอร์ส, อัลฟา-เอสเทอร์ส, เอซิดฟอสฟาเทส และ อัลคาไลน์ฟอสฟาเทส พบว่าเอนไซม์สี่ชนิดแรกให้รูปแบบของไอโซไซม์ที่หลากหลายสามารถนำมาใช้เป็นเครื่องหมายยืนยันการจำแนกชนิดของพืชในสกุลกระชายและสกุลใกล้เคียงได้ รูปแบบของแถบที่ได้จากเอนไซม์เหล่านี้มี 20 ตำแหน่ง การศึกษาระดับดีเอ็นเอตรวจสอบจากรูปแบบที่หลากหลายของลายพิมพ์ดีเอ็นเอ โดยใช้เทคนิค RAPD พบว่าจากการทดลองใช้ไพรเมอร์แบบสุ่มที่มีดีเอ็นเอขนาด 10 เบสจำนวน 10 ชนิด พบว่าไพรเมอร์ 5 ชนิด (OPAM-01, OPAM-03, OPAM-12, OPB-14 และ OPZ-03) ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่หลากหลาย ได้รูปแบบของแถบทั้งหมด 53 แถบ ข้อมูลที่ได้จากการศึกษารูปแบบไอโซไซม์ และลายพิมพ์ดีเอ็นเอสามารถช่วยยืนยันการจำแนกชนิดของพืชได้ และเมื่อนำข้อมูลทั้งสองไปวิเคราะห์หาความสัมพันธ์โดยใช้สัมประสิทธิ์ของ Dice เปรียบเทียบกันในแต่ละชนิด และแต่ละกลุ่ม จากนั้นนำค่าที่ได้มาหาความสัมพันธ์ในรูปสายสัมพันธ์โดยวิธี UPGMA ผลที่ได้จากการวิเคราะห์ พบว่าพืชในสกุลกระชายมีความใกล้ชิดกับพืชในสกุล *Scaphochlamys* มากกว่าสกุลเปราะ สอดคล้องกับการวิเคราะห์ในรูปกลุ่มของความสัมพันธ์โดยวิธี PCA

Thesis Title Molecular phylogenetic studies in Zingiberaceae with particular reference to *Boesenbergia* Kuntz and related genera

Author Mr. Ongkarn Vanijajiva

Major Program Biochemistry

Academic year 2001

Abstract

The relationships among 19 accessions of Zingiberaceae belonging to 11 species of *Boesenbergia*, six species of *Kaempferia* and two species of *Scaphochlamys* were studied using isozyme analysis and random amplified polymorphic DNA (RAPD) profiles from leaf tissue samples in addition to the morphological classification. Initially, isozyme electrophoresis was used. Nine enzyme systems used were peroxidase, superoxide dismutase, glutamate dehydrogenase, malate dehydrogenase, shikimate dehydrogenase, β -esterase, α -esterase, acid phosphatase and alkaline phosphatase. The first four were found to be useful as molecular markers for characterization of *Boesenbergia* and related species. These enzymes were encoded by 20 loci. Further investigation by RAPD to determine DNA polymorphism was carried out using ten random decamer arbitrary primers. Amplification occurred in five out of ten tested primers (OPAM-01, OPAM-03, OPAM-12, OPB-14, OPZ-03). A total of 53 amplified bands were observed. Data obtained from the isozyme patterns and RAPD fingerprintings from the samples verified some doubts in morphological classification. The data were then analyzed for the Dice similarity coefficient for pairwise comparison between individual samples and the distance matrix. The dendrograms resulting from cluster analysis and UPGMA shows a higher degree of relationship between *Boesenbergia* and *Scaphochlamys* than between *Boesenbergia* and *Kaempferia*. These findings were supported by a principal component analysis (PCA).