

ชื่อวิทยานิพนธ์	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของสะตอ (<i>Parkia speciosa</i> Hassk.) และความสัมพันธ์ของพืชสกุล <i>Parkia</i> โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี (Random Amplified Polymorphic DNA, RAPD)
ผู้เขียน	นางสาวกุลยา สุวรรณรัตน์
สาขาวิชา	พืชศาสตร์
ปีการศึกษา	2549

บทคัดย่อ

ทำการศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ได้แก่ สะตอ (*Parkia speciosa* Hassk.) เหียง (*Parkia timoriana* Merr.) ค้อนก๊อง (*Parkia leiophylla* Kurz) และลูกคิง (*Parkia sumatrana* Miq.) รวมทั้งพืชอีก 2 ชนิดในสกุล *Parkia* คือ ทง และเตียน โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี ทำการเก็บรวบรวมตัวอย่างพืชจากศูนย์วิจัยพืชสวนตรัง จังหวัดตรัง สวนเกษตรกร จังหวัดสงขลา สุราษฎร์ธานี พัทลุง และเลย สถานีวิจัยสิ่งแวดล้อมสะแกราช จังหวัดนครราชสีมา จำนวนทั้งหมด 103 ต้น โดยพิจารณาลักษณะทางสัณฐานวิทยาาร่วมด้วย จากลักษณะทางสัณฐานวิทยาของใบย่อย สามารถแยกความแตกต่างระหว่างพืชสกุล *Parkia* ออกเป็น 2 กลุ่ม คือ ปลายใบย่อยมน และปลายใบย่อยแหลม ส่วนขนาดใบย่อย พบว่า ลูกคิงมีขนาดใบย่อยใหญ่ที่สุด รองลงมา คือ ค้อนก๊อง เหียง และสะตอ ตามลำดับ ลักษณะสีของช่อดอก และการเรียงตัวของเมล็ด สามารถแยกลูกคิงออกจากชนิดอื่นได้ ลักษณะฝักของเหียง และ ทง มีความแตกต่างจากชนิดอื่นค่อนข้างชัดเจน เมื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายอาร์เอพีดี จากการทดสอบเบื้องต้นด้วยไพรมอร์ขนาด 10 เบส จำนวน 180 ไพรมอร์ คัดเลือกได้ 8 ไพรมอร์ คือ OPB-04, OPB-17, OPB-18, OPC-02, OPR-01, OPR-02, OPT-01 และ OPAB-03 เพื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมในประชากรทั้งหมด 103 ต้น พบว่า ให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 125 แถบ เฉลี่ย 15.63 แถบต่อไพรมอร์ เป็นแถบที่ให้ความแตกต่างกัน จำนวน 101 แถบ (80.80%) และพบแถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะกับค้อนก๊อง และลูกคิง เมื่อแยกเปรียบเทียบภายในกลุ่มสะตอ จำนวน 69 ต้น ปรากฏแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 112 แถบ เฉลี่ย 14 แถบต่อไพรมอร์ แถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่างกัน จำนวน 77 แถบ (68.75%) แต่ไม่พบแถบดีเอ็นเอที่สามารถแยกสะตอขาว และสะตอดานได้ จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมโดยใช้วิธี UPGMA จากโปรแกรม NTSYS (Version 2.1) ผลการวิเคราะห์เดนโดรแกรม สามารถแบ่งกลุ่มประชากรพืช

สกุล *Parkia* ได้ 5 กลุ่ม โดยมีค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่าง 0.437 – 1.000 ซึ่งชี้ให้เห็นว่าพืชสกุล *Parkia* เป็นพืชที่มีฐานพันธุกรรมกว้าง ส่วนค่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายใน *Parkia speciosa* Hassk. มีค่าอยู่ระหว่าง 0.533 – 0.946 ในกลุ่มนี้พบว่า ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมขึ้นกับแหล่งที่เก็บตัวอย่างด้วย นอกจากนี้ พบว่า เตียนถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับเหรียญ ส่วนทงมีความใกล้ชิดกับค้อนก้องมากกว่าชนิดอื่น

Thesis Title	Genetic Variation of <i>Parkia speciosa</i> Hassk. and Relatedness of <i>Parkia</i> spp. Based on Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Technique
Author	Miss Kunlaya Suwannarat
Major Program	Plant Science
Academic Year	2006

ABSTRACT

A study on the genetic variability in genus *Parkia* was undertaken using an RAPD technique to investigate relatedness among the following 4 species: sator (*Parkia speciosa* Hassk.), riang (*P. timoriana* Merr.), khonkhong (*P. leiophylla* Kurz) and lukding (*P. sumatrana* Miq.). Two other types of *Parkia*, tong and tien, were also included in the study. Leaf samples of 103 plants were collected from Trang Horticultural Research Centre in Trang province, private plantations in Songkhla, Surat Thani, Patthalung and Loei provinces, and Sakaerat Environmental Research Station, Nakhonratchasima province. Morphological characters of all specimens were recorded. The recordings indicated that *Parkia* has 2 different forms of leaf apex: rounded and acute – bent forward. The leaflet size of lukding was larger than khonkhong, riang and sator. The inflorescence and seed arrangement of lukding were different from other *Parkia* while the pod shapes of riang and tong were different. 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 103 individual plants. A total of 125 amplified fragments were obtained from 8 primers with an average of 15.63 fragments per primer, of which 101 fragments (80.80%) were polymorphisms. Some specific fragments of DNA were found for khonkhong and lukding. For *P. speciosa* Hassk., 77 polymorphic fragments (68.75%) were obtained with an average of 14 fragments per primer. A dendrogram showing genetic similarities among *Parkia* species 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 5 groups of *Parkia* with similarity coefficients ranging from 0.437 – 1.000. The results indicated a wide genetic diversity of four species in genus *Parkia*. Similarity coefficients among *P. speciosa* Hassk. varied from 0.533 to 0.946. The clusterings among *P. speciosa* Hassk. were correlated to geographical location of collected samples and no specific fragment common to sator khao and sator dan was detected. Based on the dendrogram constructed from RAPD in this study, tien is in the same group as riang and tong is closed to khonkhong.