# บทที่ 3

# ผล

## 1. การศึกษาความแตกต่างระหว่างพืชสกุล *Parkia* ทง และเตียน รวมทั้งภายในกลุ่มสะตอ (*Parkia speciosa* Hassk.) โดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยา

### 1.1 พืชสกุล *Parkia*

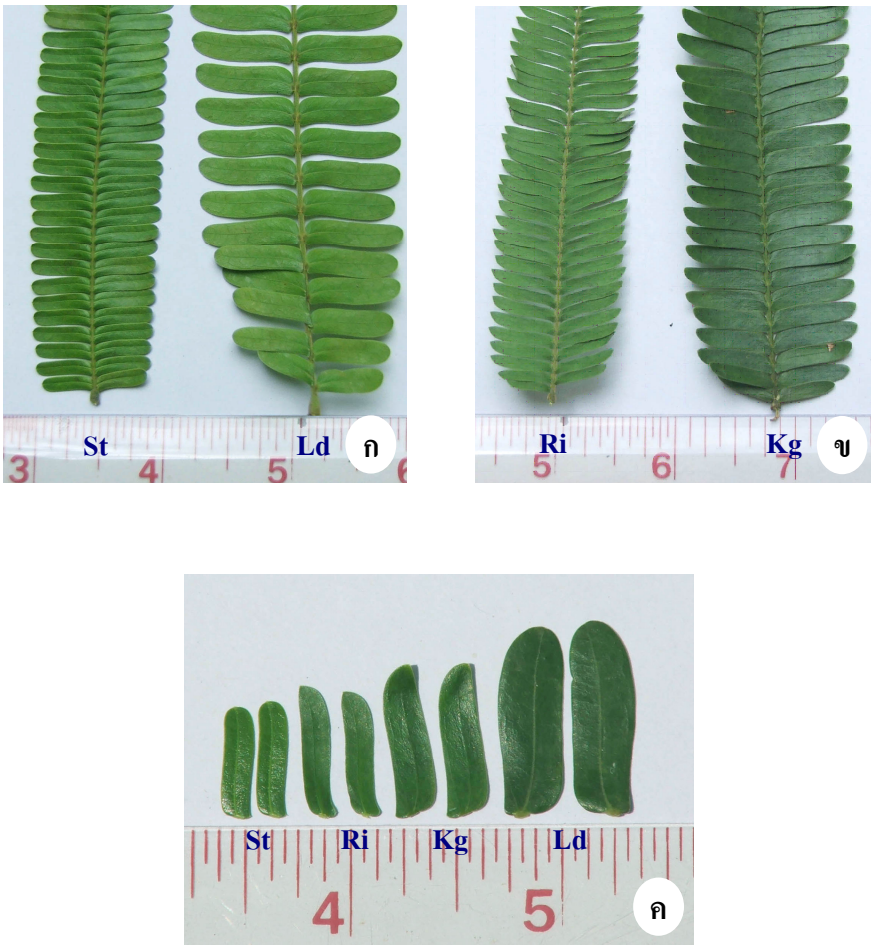
ผลจากการศึกษาข้อมูลทางสัณฐานวิทยาของพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ที่พบในประเทศไทย คือ สะตอ เหรียง ค้อนก้อง และลูกดิ่ง พบว่า

#### 1.1.1 ลักษณะต้นและใบ

ลักษณะต้นของสะตอมีขนาดเล็กกว่าพืชสกุล *Parkia* ชนิดอื่นๆ แต่ยังไม่สามารถนำมาใช้ในการแยกความแตกต่างระหว่างชนิดได้อย่างชัดเจน ส่วนลักษณะใบ สามารถแยกความแตกต่างในส่วนของใบย่อยได้ ซึ่งมีลักษณะที่แตกต่างกันในพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด โดยสามารถแบ่งแยกได้เป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่มีลักษณะปลายใบมน และกลุ่มที่มีลักษณะปลายใบแหลม (รูปที่ 3 ก-ข) ดังนี้

- กลุ่มที่ 1 มีลักษณะปลายใบมน พบในกลุ่มประชากรสะตอ และกลุ่มประชากรลูกดิ่ง
- กลุ่มที่ 2 มีลักษณะปลายใบแหลม พบในกลุ่มประชากรเหรียง และกลุ่มประชากรค้อนก้อง

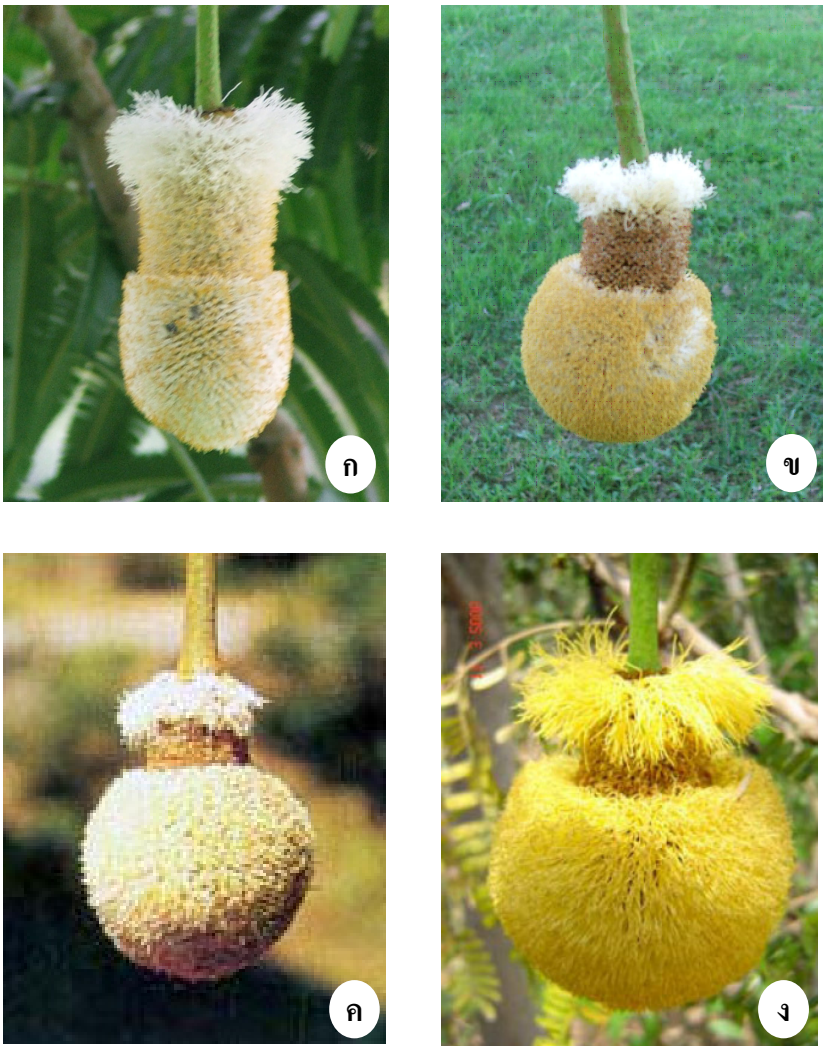
นอกจากนี้ พบว่า ใช้ขนาดใบย่อย แยกพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิดได้เช่นกัน โดยพบว่า ลูกดิ่ง มีขนาดใบย่อยใหญ่ที่สุด รองลงมาเป็นค้อนก้อง เหรียง และสะตอ ตามลำดับ (รูปที่ 3 ค)




**รูปที่ 3** ลักษณะปลายใบ และขนาดใบย่อยของพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด
(ก) ปลายใบมน พบในสะตอ (St) และลูกดิ่ง (Ld)
(ข) ปลายใบแหลม พบในเหรียง (Ri) และค้อนก้อง (Kg)
(ค) ขนาดใบย่อยของสะตอ (St) เหรียง (Ri) ค้อนก้อง (Kg) และลูกดิ่ง (Ld)

### 1.1.2 ลักษณะดอกและช่อดอก

ลักษณะดอกและช่อดอกของพืชสกุล *Parkia* มีทั้งลักษณะดอกเป็นรูปรี และรูปกระบอง โดยในกลุ่มสะตอ สามารถพบได้ทั้งสองลักษณะ ส่วนเหรียง ค้อนก้อง และลูกดิ่ง ส่วนใหญ่พบลักษณะเดียว คือรูปกระบอง สีของช่อดอกสามารถใช้แยกความแตกต่างระหว่างกลุ่มลูกดิ่งกับกลุ่ม *Parkia* ชนิดอื่นๆ ได้อย่างชัดเจน โดยพบว่ากลุ่มลูกดิ่ง มีสีของช่อดอกเป็นสีเหลืองเข้ม ในส่วนของดอกตัวผู้ และดอกสมบูรณ์เพศ ส่วน *Parkia* อีกสามชนิด ดอกตัวผู้ มีลักษณะสีขาวหรือครีม ดอกสมบูรณ์เพศมีสีเหลืองอ่อน (รูปที่ 4)




**รูปที่ 4** ลักษณะช่อดอกของพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด คือ สะตอ (ก) เหรียง (ข) ค้อนก้อง (ค) และลูกดิ่ง (ง)

### 1.2.3 ขนาดและรูปร่างฝัก

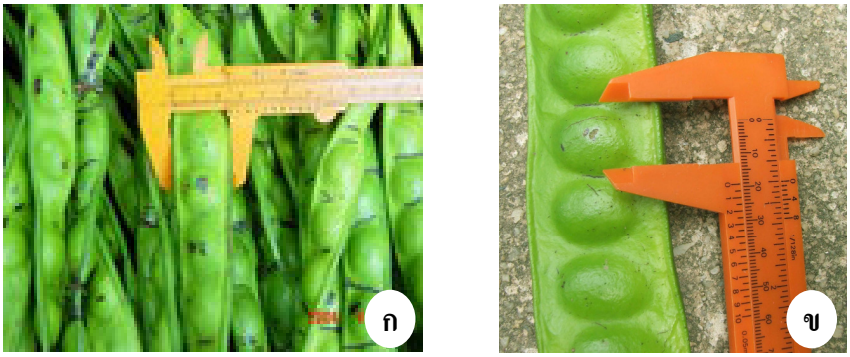
ขนาดและรูปร่างฝัก สามารถแยกความแตกต่างระหว่างประชากรกลุ่มเหรียงออกจากกลุ่ม *Parkia* ชนิดอื่นๆ ได้อย่างชัดเจน เพราะขนาดฝักของเหรียงจะมีขนาดสั้น หนา แข็ง และค่อนข้างแบน ตรง (รูปที่ 5ข)

**รูปที่ 5** ลักษณะฝักของพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด คือ สะตอ (ก) เหรียง (ข) ค้อนก้อง (ค) และลูกดิ่ง (ง)

### 1.2.4 ลักษณะเมล็ด

ลักษณะเมล็ด พบว่า เมล็ดสะตอ มีลักษณะคล้ายกับเมล็ดลูกดิ่ง คือ มีเปลือกหุ้มเมล็ดบางสีครีม ส่วนเมล็ดเหรียง มีลักษณะคล้ายกับเมล็ดค้อนก้อง คือ มีเปลือกหุ้มเมล็ดแข็งสีดำ (รูปที่ 6) นอกจากนี้ การเรียงตัวของเมล็ด สามารถนำมาใช้แยกกลุ่มลูกดิ่ง ออกจากกลุ่ม *Parkia* อีก 3 ชนิดได้ โดยกลุ่มลูกดิ่ง มีการเรียงตัวของเมล็ดอยู่ในแนวเดียวกับฝักหรือแนวดิ่ง ส่วนสะตอ เหรียง และค้อนก้อง มีการเรียงตัวของเมล็ดอยู่ในแนวขวางของฝัก (รูปที่ 7)

**รูปที่ 6** ลักษณะเปลือกหุ้มเมล็ดบาง พบในสะตอ (ก) และลูกดิ่ง (ข) เปลือกหุ้มเมล็ดแข็ง พบในเหรียง (ค) และค้อนก้อง (ง)




**รูปที่ 7** ลักษณะการเรียงตัวของเมล็ดในพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด
(ก) เมล็ดเรียงในแนวดิ่ง พบในลูกดิ่ง
(ข) เมล็ดเรียงในแนวขวาง พบใน สะตอ เหรียง และค้อนก้อง

### 1.2 สะตอ (*Parkia speciosa* Hassk.)

ผลจากการศึกษาข้อมูลทางสัณฐานวิทยาภายในกลุ่มสะตอ คือ สะตอข้าว และสะตอดาน พบว่า

#### 1.2.1 ลักษณะต้นและใบ

ลักษณะต้นและใบ ไม่สามารถใช้แยกความแตกต่างระหว่างกลุ่มได้

#### 1.2.2 ลักษณะดอกและช่อดอก

ลักษณะดอกและช่อดอก ไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างกลุ่มได้

#### 1.2.3 ลักษณะฝักและเมล็ด

ลักษณะฝักและเมล็ด เป็นลักษณะเดียวที่เคยใช้แยกความแตกต่างระหว่างกลุ่มสะตอข้าว และสะตอดาน แต่ปัจจุบันพบว่า การใช้ลักษณะดังกล่าวในการแยกกลุ่มสะตอทั้ง 2 กลุ่ม ทำได้ยากขึ้น เนื่องจากภายในกลุ่มสะตอ คือ สะตอข้าว และสะตอดาน เป็นลูกผสมแบบเปิดตามธรรมชาติ ส่งผลให้ลักษณะฝักและเมล็ดของแต่ละกลุ่ม มีความแปรปรวนและความหลากหลายสูง จากการศึกษาสะตอ จำนวน 69 ต้น พบว่า ลักษณะฝักและเมล็ด ส่วนใหญ่มีลักษณะที่ก้ำกึ่งกันของลักษณะสะตอข้าว และสะตอดาน ผลการทดลองที่ได้ยังไม่ชัดเจน จึงทำการคัดเลือกลักษณะฝักและเมล็ด ที่เห็นลักษณะภายนอกระหว่างสะตอข้าว และสะตอดานชัดเจน โดยทำการคัดเลือกจากตัวอย่างที่นำมาศึกษาในครั้งแรก จำนวน 69 ต้น คัดเลือกมา 12 ต้น และเก็บตัวอย่างเพิ่มเติมจากภายนอกอีก 19 ต้น รวมจำนวนทั้งหมด 31 ต้น (รูปที่ 8) โดยทำการบันทึกลักษณะดังนี้ คือ จำนวนฝักต่อช่อ จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความกว้างและความยาวฝัก และเมล็ด จากนั้นนำไปวิเคราะห์ข้อมูลโดยทำการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มประชากร (T-Test) โดยใช้โปรแกรม SAS (วัชรินทร์, 2545) พบว่า ลักษณะของจำนวนฝักต่อช่อ จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความยาวฝักของสะตอ จำนวน 31 ต้น ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ ส่วนลักษณะความกว้างฝักและเมล็ด ความยาวเมล็ด พบว่า มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% (ตารางที่ 4)

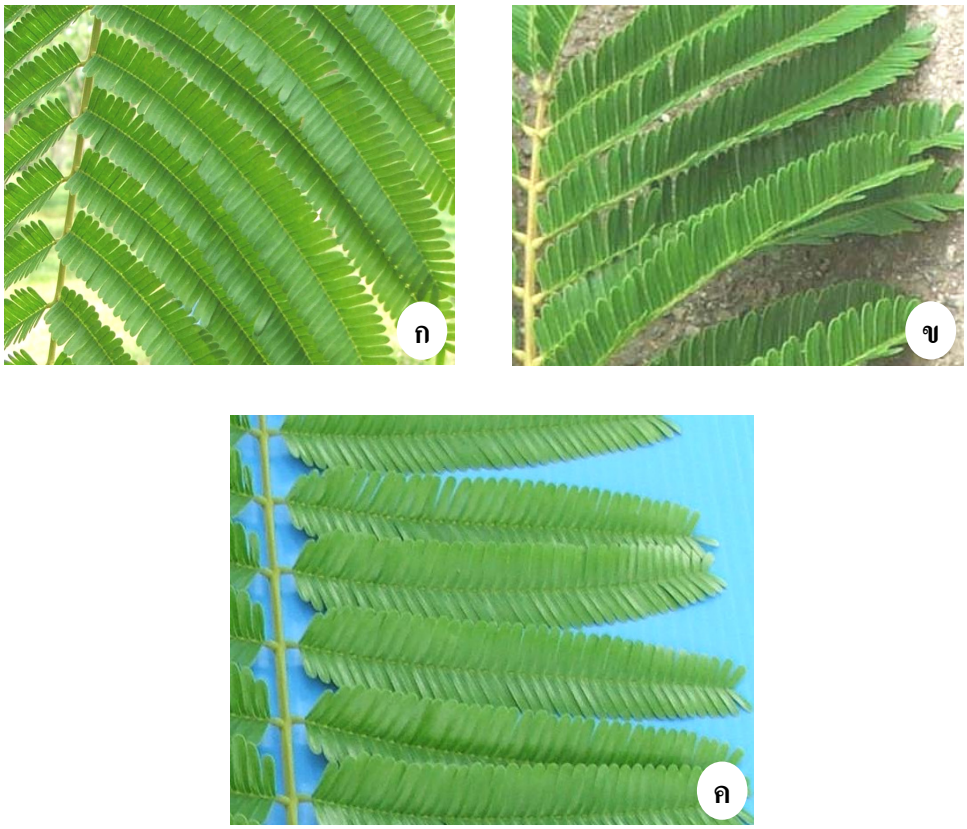
**รูปที่ 8** ลักษณะฝักของกลุ่มสะตอข้าว (ก) และกลุ่มสะตอดาน (ข) จากการคัดเลือกลักษณะฝัก ที่เห็นลักษณะภายนอกแตกต่างกันชัดเจน

**ตารางที่ 4** เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของจำนวนฝักต่อช่อ จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความกว้าง – ความยาวฝักและเมล็ด ของสะตอข้าว และสะตอดาน จำนวน 31 ต้น วิเคราะห์โดยโปรแกรม SAS

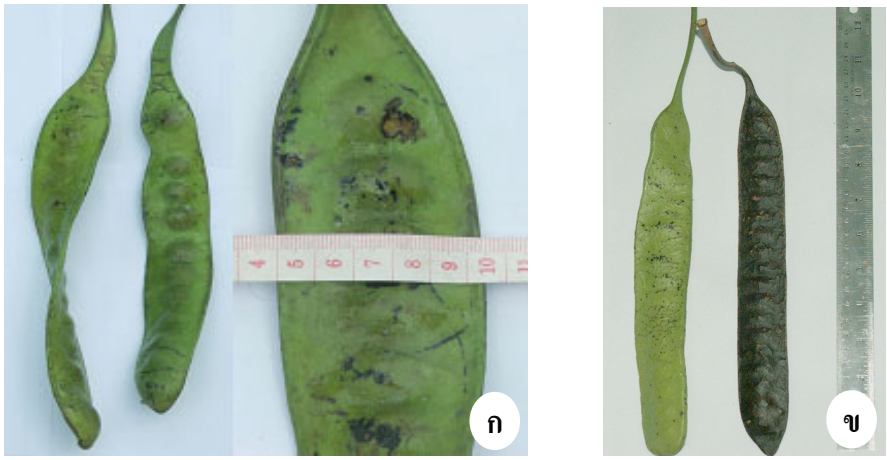
| ลักษณะ | ค่าเฉลี่ย |
|---|---|
| จำนวนฝักต่อช่อ | |
| สะตอข้าว | $7.37^{ns}$ |
| สะตอดาน | $7.00^{ns}$ |
| จำนวนเมล็ดต่อฝัก | |
| สะตอข้าว | $13.07^{ns}$ |
| สะตอดาน | $13.46^{ns}$ |
| ความกว้าง X ความยาวฝัก | |
| สะตอข้าว | 3.50** X $46.10^{ns}$ |
| สะตอดาน | 4.30** X $48.40^{ns}$ |
| ความกว้าง X ความยาวเมล็ด | |
| สะตอข้าว | 1.54** X 2.25** |
| สะตอดาน | 1.79** X 2.53** |

**หมายเหตุ** ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99%
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

สำหรับตัวอย่าง ทง และเตียน พบว่า ลักษณะลำต้นและใบ คล้ายกับพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด โดยพบว่า ลักษณะใบของทง และเตียน มีลักษณะปลายใบมน เช่นเดียวกับสะตอและลูกดิ่ง ส่วนขนาดของใบย่อยมีขนาดใกล้เคียงกับใบสะตอ (รูปที่ 9) ลักษณะช่อดอกและฝักของทง มีลักษณะคล้ายกับเหรียง คือ จะมีลักษณะฝักสั้น และแข็ง แต่มีความแตกต่างกันตรงขนาดของฝัก พบว่า ฝักทง มีขนาดความกว้างประมาณ 5.0 – 5.5 เซนติเมตร และมีการบิดเวียนของฝัก ในขณะที่ฝักเหรียงมีความกว้างประมาณ 3.5 – 4.0 เซนติเมตร ลักษณะฝักแบนตรง (รูปที่ 10) ในส่วนของเมล็ดยังไม่ได้ศึกษาให้ชัดเจน ลักษณะดอก ฝักและเมล็ด ของเตียนยังไม่ได้ศึกษาเช่นกัน




**รูปที่ 9** เปรียบเทียบลักษณะใบของทง (ก) และเตียน (ข) กับสะตอ (ค)




**รูปที่ 10** เปรียบเทียบลักษณะฝักของทง (ก) กับเหรียง (ข)

**2. การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างพืชสกุล *Parkia* ทง และเตียน รวมทั้งภายในกลุ่มสะตอ (*Parkia speciosa* Hassk.) โดยเทคนิคอาร์เอพีดี**

**2.1 การสกัดดีเอ็นเอและการตรวจสอบปริมาณดีเอ็นเอ**

จากการสกัดดีเอ็นเอจากใบพืชสกุล *Parkia* โดยบดตัวอย่างร่วมกับสารละลาย CTAB พบว่า สามารถสกัดดีเอ็นเอได้ครั้งละประมาณ 2 – 3 ไมโครกรัมต่อ 200 มิลลิกรัม ดีเอ็นเอที่ได้มีคุณภาพดีเพียงพอสำหรับการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์

**2.2 การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี**

**2.2.1 การคัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันระหว่างพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด รวมทั้งทง และเตียน โดยปฏิกิริยาพีซีอาร์**

ทำการทดสอบกับไพรเมอร์เบื้องต้น จำนวน 180 ไพรเมอร์ เพื่อหาไพรเมอร์ที่สามารถแยกความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอระหว่างพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ผลการทดลองพบว่า มีไพรเมอร์ที่ให้ความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ จำนวน 91 ไพรเมอร์ ให้แถบดีเอ็นเอเหมือนกัน เท่ากับ 26 ไพรเมอร์ ไพรเมอร์ที่ไม่ให้แถบดีเอ็นเอเลย จำนวน 16 ไพรเมอร์ และจำนวน 47 ไพรเมอร์ ที่ให้ผลไม่ชัดเจน จากจำนวนไพรเมอร์ที่ให้ความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอเบื้องต้นทั้งหมด 91 ไพรเมอร์ นำมาทดสอบรอบที่สอง เพื่อคัดเลือกหาไพรเมอร์ที่ให้ผลชัดเจนที่สุด โดยเพิ่มตัวอย่างกลุ่มสะตอข้าว และสะตอดาน อย่างละ 4 ต้น เหรียง จำนวน 2 ต้น จากแหล่งเก็บสองแหล่งคือ ศูนย์วิจัยพืชสวนตรัง จังหวัดตรัง และบริเวณเขตจังหวัดสงขลา

จากจำนวน 91 ไพรเมอร์ที่ให้ความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ คัดเลือกไพรเมอร์ที่ให้ผลชัดเจนที่สุด จำนวน 8 ไพรเมอร์ คือ OPB – 04, OPB – 17, OPB – 18, OPC – 02, OPR – 01, OPR – 02 , OPT – 01 และ OPAB – 03 นำมาทดสอบเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอภายในกลุ่มสะตอ (สะตอข้าว และสะตอดาน) จำนวน 69 ต้น เหรียง จำนวน 12 ต้น ค้อนก้อง จำนวน 5 ต้น และลูกดิ่ง จำนวน 12 ต้น รวมทั้งตัวอย่างทง จำนวน 4 ต้น เตียน จำนวน 1 ต้น รวมทั้งหมด 103 ต้น จากการทดสอบพบว่า ให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 125 แถบ เฉลี่ย 15.63 แถบต่อไพรเมอร์ 101 แถบ (80.80%) เป็นแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกัน เฉลี่ย 12.63 แถบต่อไพรเมอร์ และอีก 24 แถบ (19.20%) เป็นแถบ

ดีเอ็นเอที่ไม่มีความแตกต่างกัน ไพรเมอร์ OPT – 01 ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอสูงสุด จำนวน 21 แถบ ไพรเมอร์ OPR – 02 ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอน้อยที่สุด จำนวน 11 แถบ (ตารางที่ 5)

**ตารางที่ 5** ชนิดของไพรเมอร์ ลำดับเบส จำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมด จำนวนแถบดีเอ็นเอเหมือนกัน และจำนวนแถบดีเอ็นเอที่ต่างกัน จากการใช้เทคนิคอาร์เอพีดีในพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ทง และเตียน จำนวนทั้งหมด 103 ต้น

| **Primer** | **Sequence (5'≥3')** | **Amplified fragments** | **Monomorphic fragments** | **Polymorphic fragments** |
|---|---|---|---|---|
| OPB-04 | GGACTGGAGT | 17 | 1 | 11 |
| OPB-17 | AGGGAACGAG | 16 | 4 | 12 |
| OPB-18 | CCACAGCAGT | 13 | 5 | 8 |
| OPC-02 | GTGAGGCGTC | 13 | 4 | 9 |
| OPR-01 | TGCGGGTCCT | 17 | 2 | 15 |
| OPR-02 | CACAGCTGCC | 11 | 3 | 8 |
| OPT-01 | GGGCCACTCA | 21 | 4 | 17 |
| OPAB-03 | TGGCGCACAC | 17 | 1 | 16 |
| **Total** | | **125** | **24** | **101** |
| **Polymorphic (%)** | | **-** | **-** | **80.80** |

### 2.2.2 การศึกษาแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน ภายในกลุ่มสะตอ (*Parkia speciosa* Hassk.)

ผลการเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันภายในกลุ่มสะตอ (สะตอข้าวและสะตอดาน) จำนวน 69 ต้น จากการทดสอบด้วยไพรเมอร์ที่คัดเลือกแล้ว จำนวน 8 ไพรเมอร์ พบว่า ให้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 112 แถบ เฉลี่ย 14 แถบต่อไพรเมอร์ ในจำนวนนี้มี 77 แถบ (68.75%) เป็นแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกัน และอีก 35 แถบ (31.25%) เป็นแถบที่ไม่มีความแตกต่างกัน ไพรเมอร์ OPT – 01 มีจำนวนแถบดีเอ็นเอสูงสุด 19 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่แตกต่าง จำนวน 14

แถบหรือคิดเป็น 73.68% ไพรเมอร์ OPR – 02 มีจำนวนแถบดีเอ็นเอน้อยที่สุด เท่ากับ 9 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน 5 แถบ นอกจากนี้พบว่า ไพรเมอร์ OPB – 18 ให้แถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันน้อยสุด คิดเป็น 50.0% (ตารางที่ 6)

**ตารางที่ 6** ชนิดของไพรเมอร์ จำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมด จำนวนแถบดีเอ็นเอที่เหมือนกัน และจำนวนแถบดีเอ็นเอที่แตกต่าง จากการใช้เทคนิคอาร์เอพีดี ภายในกลุ่มสะตอ (สะตอข้าวและสะตอดาน) จำนวนทั้งหมด 69 ต้น

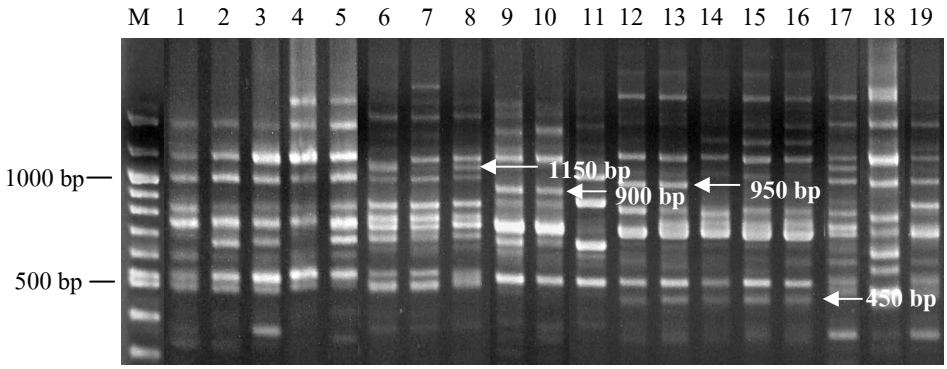
| Primer | Amplified fragments | Monomorphic fragments | Polymorphic fragments |
|---|---|---|---|
| OPB-04 | 15 | 4 | 11 |
| OPB-17 | 16 | 5 | 11 |
| OPB-18 | 12 | 6 | 6 |
| OPC-02 | 13 | 5 | 8 |
| OPR-01 | 16 | 4 | 12 |
| OPR-02 | 9 | 4 | 5 |
| OPT-01 | 19 | 5 | 14 |
| OPAB-03 | 12 | 2 | 10 |
| **Total** | **112** | **35** | **77** |
| **Polymorphic (%)** | **-** | **-** | **68.75** |

### 2.3 การวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการทำอาร์เอพีดี - พีซีอาร์

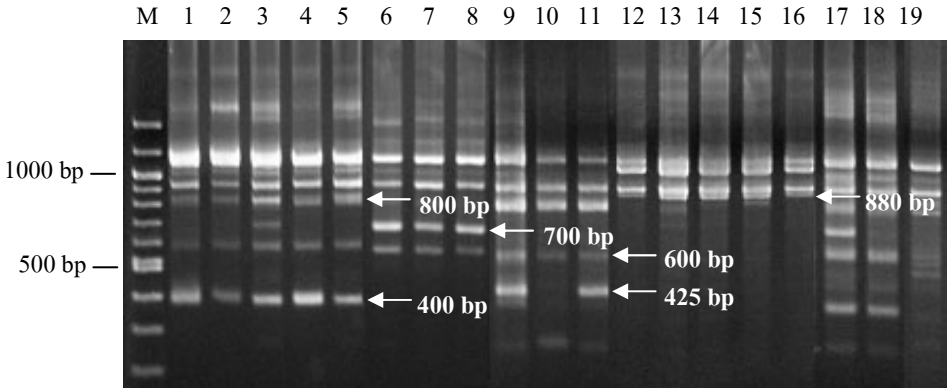
ผลการวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการทำอาร์เอพีดี - พีซีอาร์กับไพรเมอร์จำนวน 8 ไพรเมอร์ ที่ได้จากการคัดเลือกกับตัวแทนกลุ่มพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ทง และเตียน จากการวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอ พบแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะกับลูกดิ่ง และค้อนก้อง เช่น แถบดีเอ็นเอขนาด 950 คู่เบส และ 450 คู่เบส จากไพรเมอร์ OPAB – 03 (รูปที่ 11 ก) และแถบดีเอ็นเอขนาด 880 คู่เบส จากไพรเมอร์ OPR – 02 (รูปที่ 11 ข) ที่พบเฉพาะในลูกดิ่ง เช่นเดียวกับแถบดีเอ็นเอขนาด 425

คู่เบส จากไพรเมอร์ OPR – 02 (รูปที่ 11 ข) ที่พบเฉพาะในค้อนก้อง นอกจากนี้พบแถบดีเอ็นเอจากไพรเมอร์ OPR – 01 (รูปที่ 11 ค) OPT – 01 (รูปที่ 12 ก) OPC - 02 (รูปที่ 12 ข) OPB – 17 (รูปที่ 12 ค) OPB – 18 (รูปที่ 13 ก) และ OPB – 04 (รูปที่ 13 ข) ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่างระหว่างชนิดในพืชสกุล *Parkia* (ตารางที่ 7)

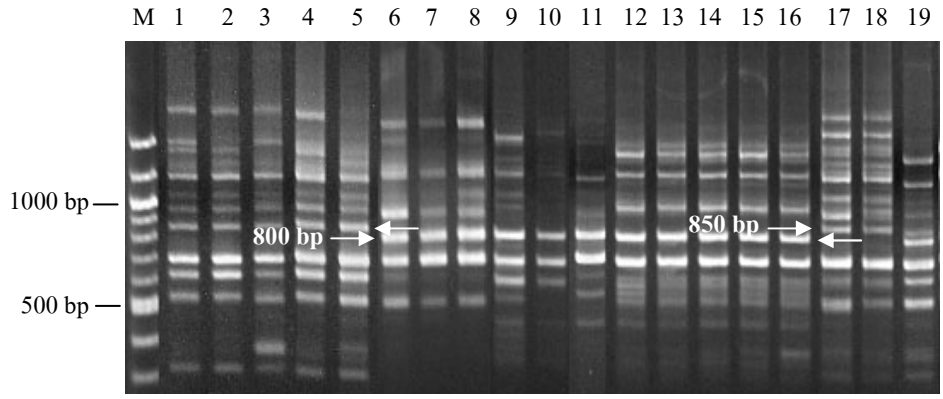
เมื่อแยกวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอเฉพาะภายในกลุ่มสะตอ (สะตอข้าว และสะตอดาน) จำนวน 69 ต้น พบว่า ไม่พบแถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะกับสะตอข้าวหรือสะตอดาน แต่เมื่อนำแหล่งที่เก็บในแต่ละจังหวัด ได้แก่ จังหวัดตรัง สงขลา และสุราษฎร์ธานี มาวิเคราะห์ร่วมด้วย พบแถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะกับแหล่งที่เก็บ ดังนี้คือ พบแถบดีเอ็นเอขนาด 2000 คู่เบส จากไพรเมอร์ OPB – 17 และ 350 คู่เบส จากไพรเมอร์ OPR – 02 ที่พบเฉพาะในสะตอข้าว และสะตอดาน จากแหล่งเก็บจังหวัดสงขลา และแถบดีเอ็นเอขนาด 2125 คู่เบส จากไพรเมอร์ OPB – 17 และ 600 คู่เบส จากไพรเมอร์ OPR – 01 ที่พบในสะตอข้าวและสะตอดาน จากแหล่งเก็บจังหวัดตรังและสุราษฎร์ธานี (รูปที่ 14) เนื่องจากสะตอข้าวและสะตอดานที่เป็นตัวอย่างในการศึกษาครั้งนี้ บางตัวอย่างมีลักษณะก้ำกึ่ง จึงแยกสะตอข้าว และสะตอดาน ที่มีความแตกต่างชัดเจน โดยอาศัยลักษณะฝักเป็นเกณฑ์ จำนวน 31 ต้น มาวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอ พบแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างกันระหว่างต้น แต่ไม่พบแถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะหรือสามารถใช้แยกสะตอทั้งสองกลุ่มออกจากกันได้ (รูปที่ 15 – 17)




ก

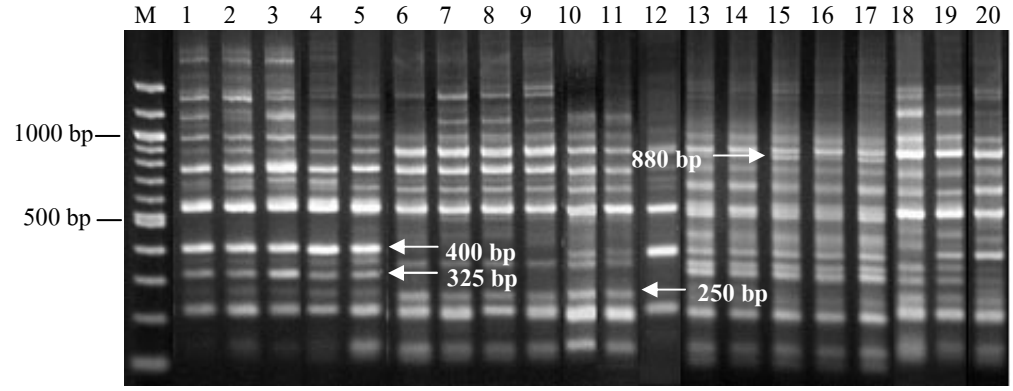



ข

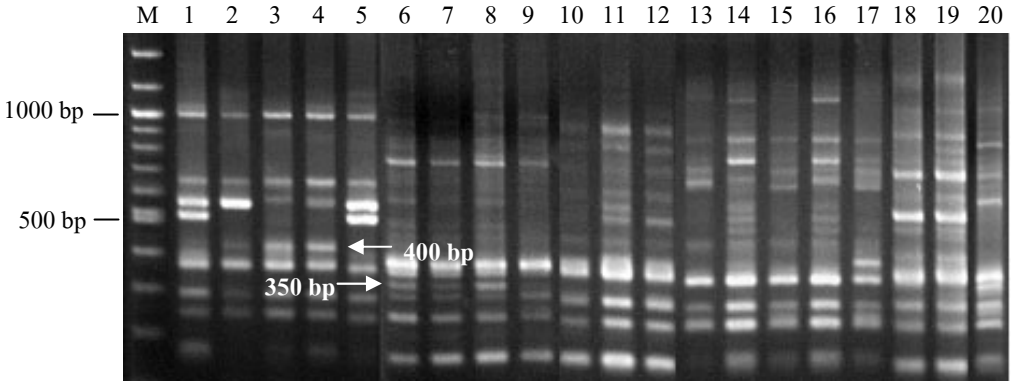



ค

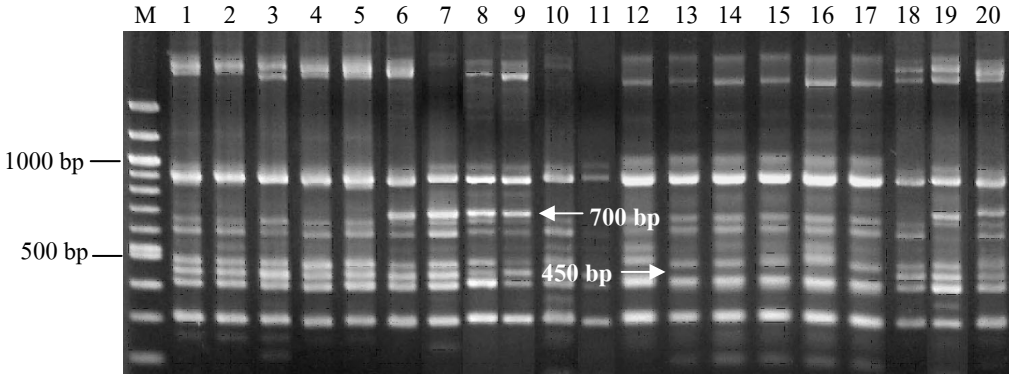
**รูปที่ 11** รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในตัวอย่างสะตอ (lane 1-5) เหรียง (lane 6-8) ค้อนก้อง (lane 9-11) ลูกดิ่ง (lane 12-16) ทง (lane 17-18) และเตียน (lane 19) จากเทคนิคอาร์เอพีดี เมื่อใช้ไพรเมอร์ OPAB-03 (ก) OPR-02 (ข) และ OPR-01 (ค) M คือ DNA Ladder ขนาด 100 คู่เบส




ก

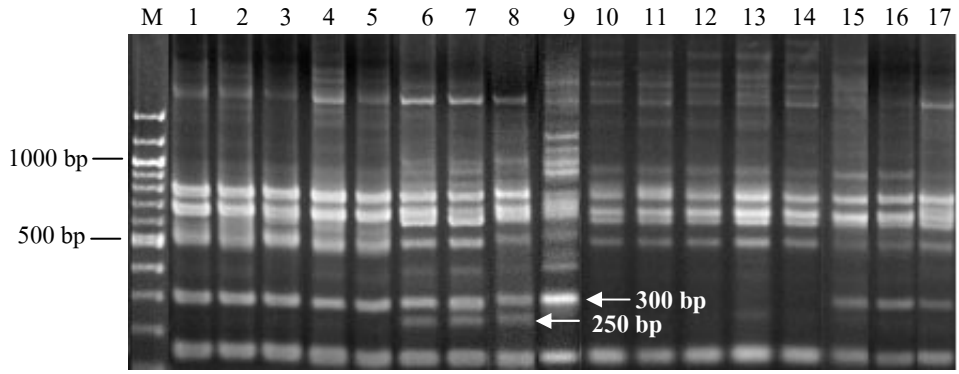



ข

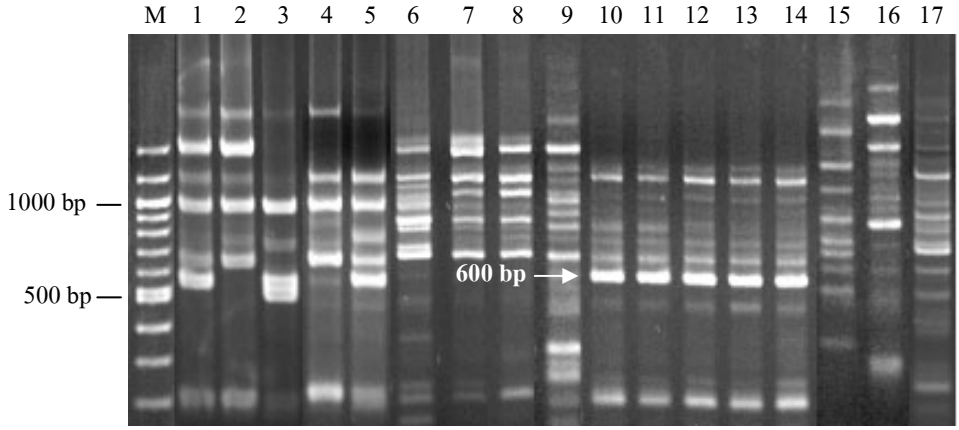



ค

**รูปที่ 12** รูปแบบของแถบดีเอ็นเอของตัวอย่างสะตอ (lane 1-5) เหรียง (lane 6-9) ค้อนก้อง (lane 10-12) ลูกดิ่ง (lane 13-17) ทง (lane 18-19) และเตียน (lane 20) จากเทคนิคอาร์เอพีดีเมื่อใช้ไพรเมอร์ OPT-01 (ก) OPC-02 (ข) และ OPB-17 (ค) M คือ DNA Ladder ขนาด 100 คู่เบส

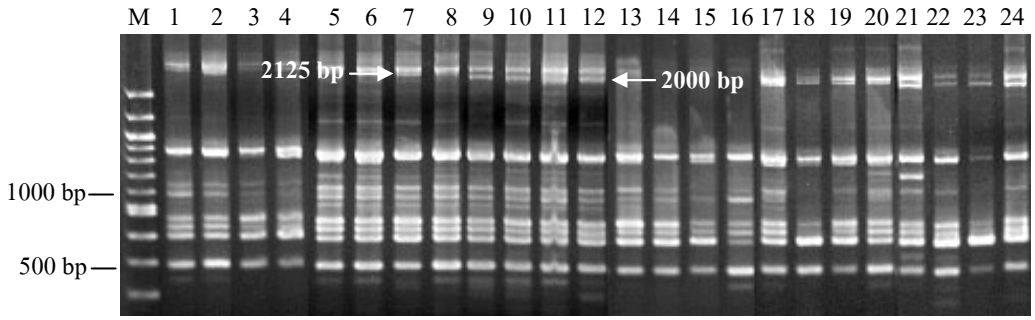



ก

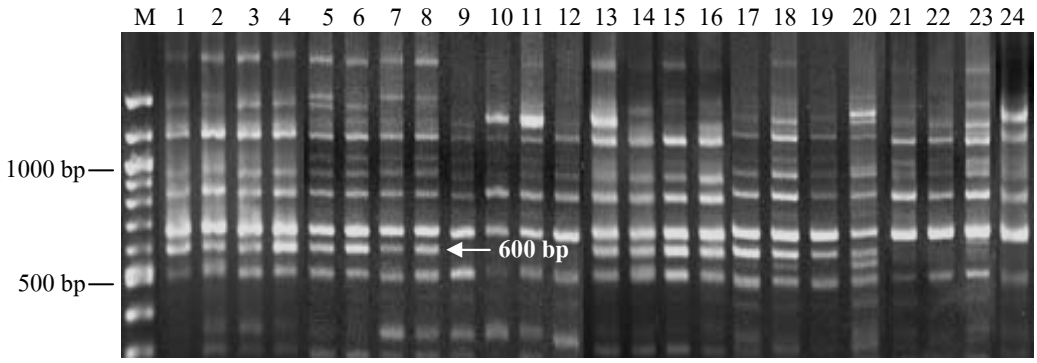



ข

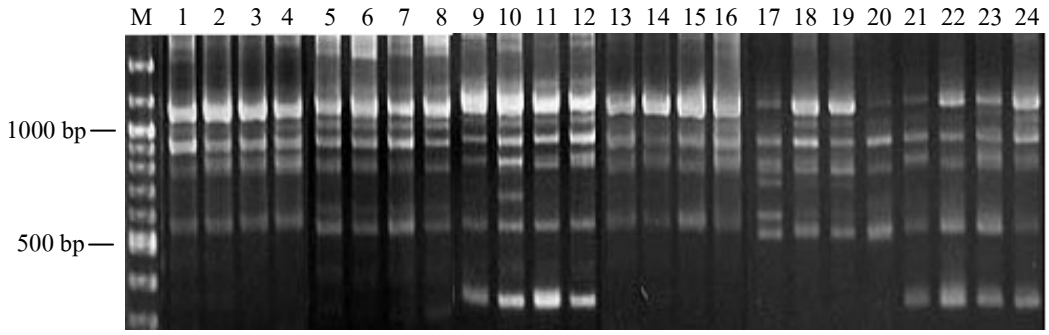
**รูปที่ 13** รูปแบบของแถบดีเอ็นเอของตัวอย่างสะตอ (lane 1-5) เหรียง (lane 6-8) ค้อนก้อง (lane 9) ลูกดิ่ง (lane 10-14) ทง (lane 15-16) และเตียน (lane 17) จากเทคนิคอาร์เอพีดี เมื่อใช้ไพรเมอร์ OPB-18 (ก) และไพรเมอร์ OPB-04 (ข) M คือ DNA Ladder ขนาด 100 คู่เบส




ก

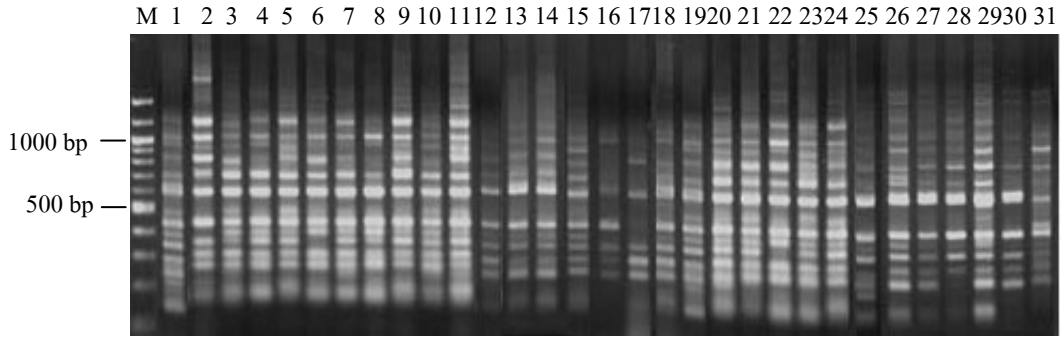



ข

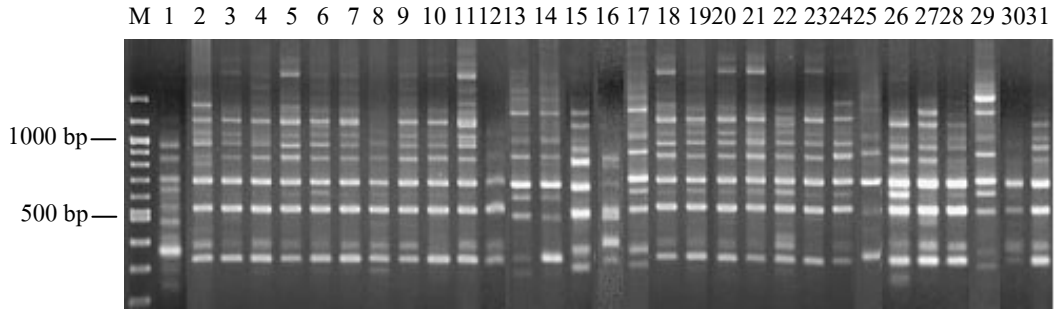



ค

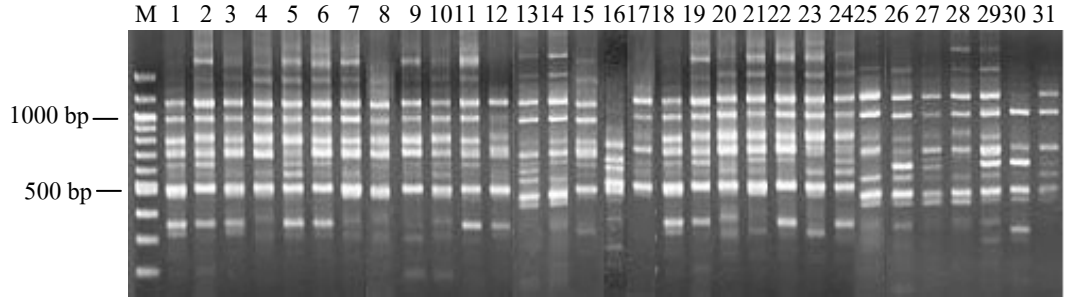
**รูปที่ 14** รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในตัวอย่างสะตอข้าว และสะตอดาน จากแหล่งเก็บในเขตจังหวัดสุราษฎร์ธานี (lane 1-4; 13-16) ตรัง (lane 5-8; 17-20) และสงขลา (lane 9-12; 21-24) จากเทคนิคอาร์เอพีดี เมื่อใช้ไพรเมอร์ OPB-17 (ก) OPR-01 (ข) และ OPR-02 (ค) M คือ DNA Ladder ขนาด 100 คู่เบส




ก

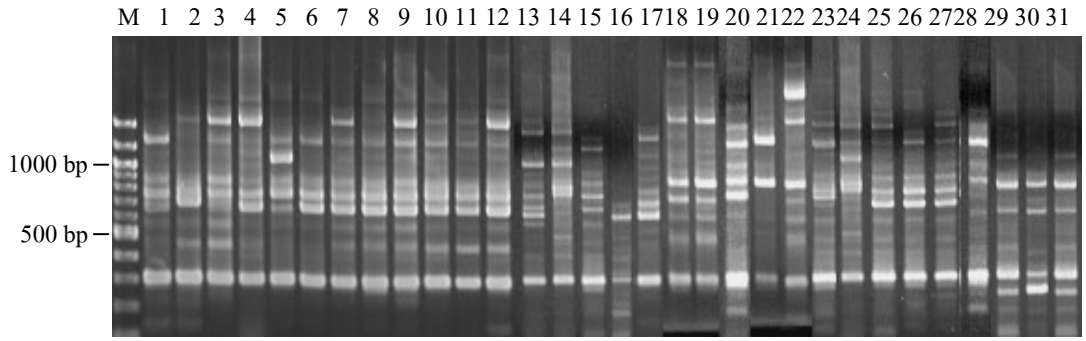



ข

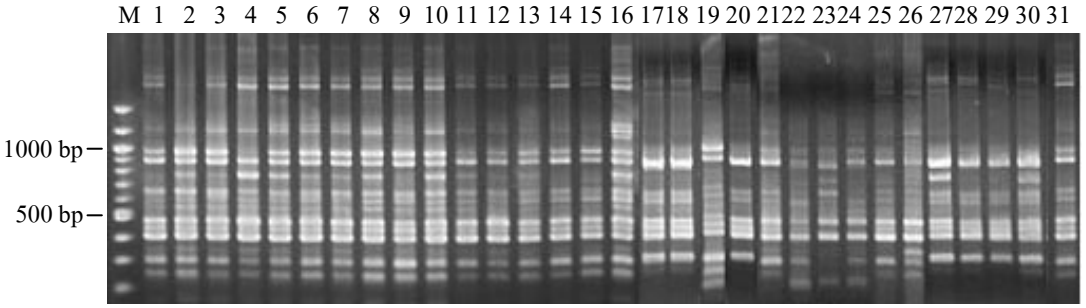



ค

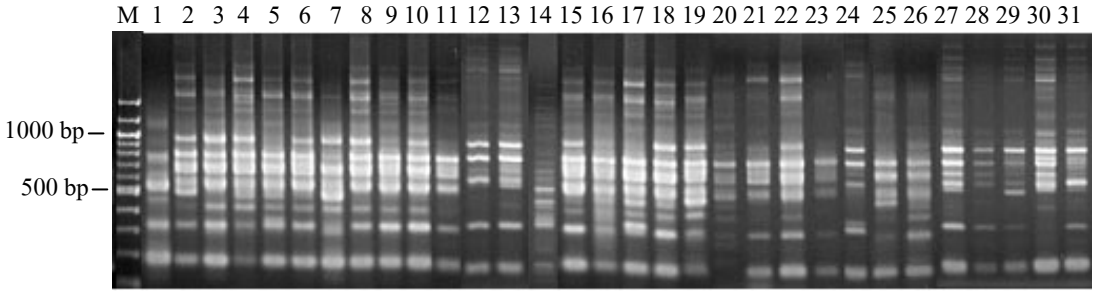
**รูปที่ 15** รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในกลุ่มสะตอข้าว (lane 1-19) และสะตอดาน (lane 20-31) ที่คัดเลือกลักษณะที่แตกต่างชัดเจนของฝัก จากเทคนิคอาร์เอพีดี เมื่อใช้ไพรเมอร์ OPT-01 (ก) OPR-01 (ข) และ OPAB-03 (ค) M คือ DNA Ladder ขนาด 100 คู่เบส




ก

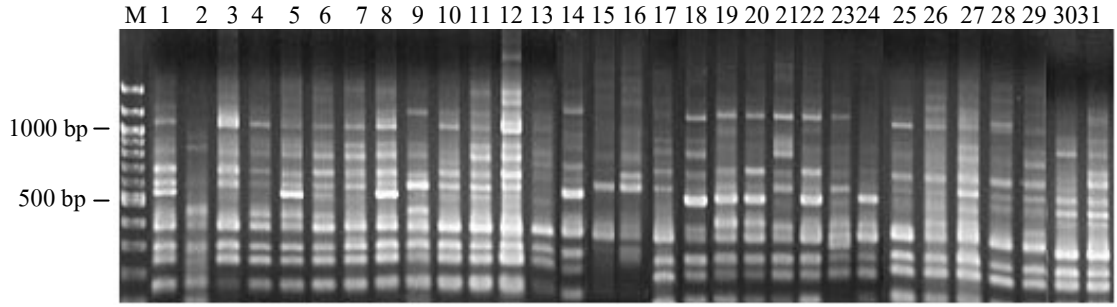



ข

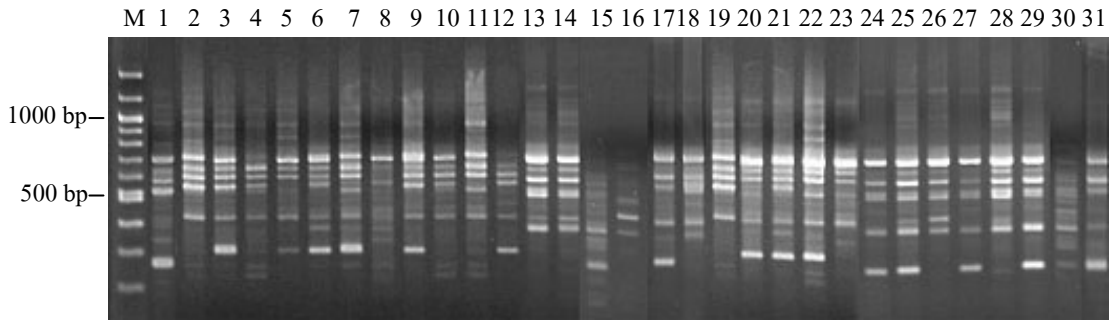



ค

**รูปที่ 16** รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในกลุ่มสะตอข้าว (lane 1-19) และสะตอดาน (lane 20-31) ที่คัดเลือกลักษณะที่แตกต่างชัดเจนของฝัก จากเทคนิคอาร์เอพีดี เมื่อใช้ไพรเมอร์ OPB-04 (ก) OPB-17 (ข) และ OPB-18 (ค) M คือ DNA Ladder ขนาด 100 คู่เบส




ก




ข

**รูปที่ 17** รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในกลุ่มสะตอข้าว (lane 1-19) และสะตอดาน (lane 20-31) ที่คัดเลือกลักษณะที่แตกต่างชัดเจนของฝัก จากเทคนิคอาร์เอพีดี เมื่อใช้ไพรเมอร์ OPC-02 (ก) และ OPR-02 (ข) M คือ DNA Ladder ขนาด 100 คู่เบส

**ตารางที่ 7** เปอร์เซ็นต์แถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่างในพืชสกุล *Parkia* ทง และเตียน จำนวน 103 ตัวอย่าง จากการใช้เทคนิคอาร์เอพีดี

| primer | Fragment size (bp) | DNA fragment (%) | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | St | Ri | Kg | Ld | Tg | Ti |
| OPB-04 | 600 | 10.14 | 0 | 0 | 41.67 | 75.00 | 0 |
| OPAB-03 | 1150 | 0 | 66.67 | 0 | 0 | 50.00 | 100.00 |
| | 950 | 0 | 0 | 0 | 33.33 | 0 | 0 |
| | 900 | 0 | 25.00 | 100.00 | 0 | 0 | 0 |
| | 600 | 57.17 | 66.67 | 100.00 | 0 | 100.00 | 0 |
| | 500 | 57.97 | 100.00 | 0 | 0 | 100.00 | 100.00 |
| | 450 | 0 | 0 | 0 | 100.00 | 0 | 0 |
| OPR-02 | 880 | 0 | 0 | 0 | 100.00 | 0 | 0 |
| | 800 | 31.88 | 0 | 0 | 0 | 0 | 100.00 |
| | 700 | 4.35 | 91.67 | 0 | 0 | 100.00 | 0 |
| | 600 | 100.00 | 100.00 | 40.00 | 0 | 100.00 | 100.00 |
| | 425 | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 |
| | 400 | 39.13 | 0 | 0 | 0 | 75.00 | 0 |
| OPT-01 | 880 | 28.99 | 0 | 0 | 100.00 | 0 | 0 |
| | 400 | 81.16 | 0 | 40.00 | 75.00 | 75.00 | 100.00 |
| | 335 | 0 | 0 | 60.00 | 100.00 | 0 | 0 |
| | 325 | 100.00 | 0 | 80.00 | 0 | 0 | 0 |
| | 250 | 100.00 | 100.00 | 100.00 | 0 | 100.00 | 100.00 |
| OPB-17 | 700 | 5.79 | 91.67 | 0 | 0 | 100.00 | 0 |
| | 450 | 95.65 | 100.00 | 100.00 | 0 | 75.00 | 100.00 |
| OPR-01 | 850 | 100.00 | 0 | 0 | 0 | 100.00 | 100.00 |
| | 800 | 5.79 | 91.67 | 100.00 | 100.00 | 50.00 | 100.00 |
| OPC-02 | 400 | 49.28 | 0 | 0 | 8.33 | 0 | 0 |
| | 350 | 8.69 | 100.00 | 0 | 0 | 0 | 100.00 |
| OPB-18 | 300 | 0 | 100.00 | 40.00 | 8.33 | 0 | 0 |
| | 250 | 0 | 91.67 | 0 | 0 | 25.00 | 0 |

**หมายเหตุ** St คือ กลุ่มประชากรสะตอ Ri คือ กลุ่มประชากรเหรียง
Kg คือ กลุ่มประชากรค้อนก้อง Ld คือ กลุ่มประชากรลูกดิ่ง
Tg คือ กลุ่มประชากรทง Ti คือ ตัวแทนกลุ่มประชากรเตียน

## 3. การศึกษาความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรม

### 3.1 การศึกษาความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ทง และเตียน

จากการศึกษาความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด คือ สะตอ เหรียง ค้อนก้อง และลูกดิ่ง รวมทั้ง ทง และเตียน โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเทคนิคอาร์เอพีดี ทั้งหมด 125 แถบ นำไปวิเคราะห์หาความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมด้วยการวิเคราะห์ UPGMA cluster analysis หาค่า Similarity coefficient ของ Jaccard (1908) กับโปรแกรม NTSYS version 2.1 (Rohlf, 2002)

ผลการวิเคราะห์หาดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพืชสกุล *Parkia* ทง และเตียน จำนวน 103 ต้น พบว่า มีค่าอยู่ในช่วง 0.437 – 1.000 และจากเดนโดรแกรมสามารถจัดกลุ่มตามความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรม แยกแต่ละชนิดของพืชสกุล *Parkia* ออกมาได้อย่างชัดเจน เป็น 5 กลุ่ม (รูปที่ 18) ดังนี้

กลุ่มที่ I คือ กลุ่มสะตอ (St) ซึ่งเป็นกลุ่มที่มีจำนวนตัวอย่างมากที่สุด คือ 69 ตัวอย่าง ทั้งหมดอยู่ในกลุ่มนี้ คิดเป็น 100% นอกจากนี้ยังพบเหรียง จำนวน 2 ตัวอย่างปะปนอยู่ด้วย คิดเป็น 16.67% ของจำนวนตัวอย่างเหรียงทั้งหมด

กลุ่มที่ II คือ กลุ่มเหรียง (Ri) จำนวน 10 ตัวอย่าง คิดเป็น 83.33% ของจำนวนตัวอย่างเหรียงทั้งหมด นอกจากนี้ยังพบเตียน อยู่ในกลุ่มนี้ด้วย

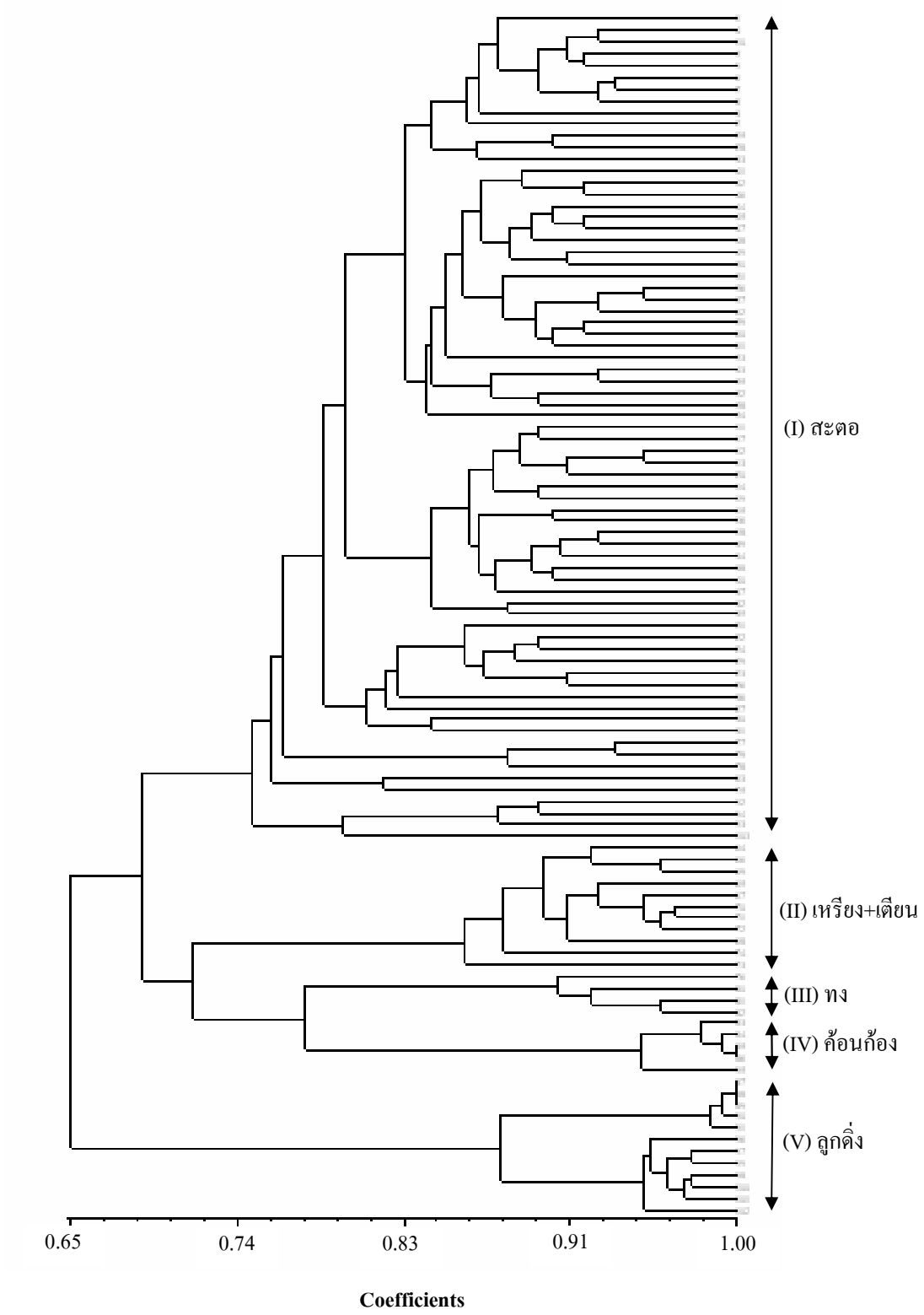
กลุ่มที่ III คือ กลุ่มทง (Tg) จำนวน 4 ตัวอย่าง ทั้งหมดอยู่ในกลุ่มนี้ คิดเป็น 100%

กลุ่มที่ IV คือ กลุ่มค้อนก้อง (Kg) ทั้งหมดจำนวน 5 ตัวอย่างอยู่ในกลุ่มนี้ คิดเป็น 100%

กลุ่มที่ V คือ กลุ่มลูกดิ่ง (Ld) ทั้งหมดจำนวน 12 ตัวอย่าง อยู่ในกลุ่มนี้ คิดเป็น 100%

จากค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสามารถวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างชนิดได้ โดยพบว่า เตียนอยู่กลุ่มเดียวกับเหรียง แสดงว่ามีความใกล้ชิดกับเหรียงมากที่สุด ส่วนทง มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับค้อนก้องมากกว่า *Parkia* ชนิดอื่น นอกจากนี้พบว่ากลุ่มสะตอมีพันธุกรรมที่ห่างจากกลุ่มลูกดิ่งมากกว่าชนิดอื่นๆ โดยมีค่าดัชนี เท่ากับ 0.645 (ตารางที่ 8) เมื่อพิจารณาค่าเฉลี่ยของดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของแต่ละชนิดในพืชสกุล *Parkia* พบว่าภายในกลุ่มสะตอ มีค่าดัชนีเฉลี่ยเท่ากับ 0.708 กลุ่มเหรียง มีค่าดัชนีเฉลี่ยเท่ากับ 0.877 กลุ่มค้อนก้อง

มีค่าดัชนีเฉลี่ยเท่ากับ 0.937 กลุ่มลูกดิ่ง มีค่าดัชนีเฉลี่ยเท่ากับ 0.921 และกลุ่มทง มีค่าดัชนีเฉลี่ยเท่ากับ 0.922 ส่วนเตียนไม่สามารถหาค่าดัชนีภายในกลุ่มได้ เนื่องจากมีเพียงตัวอย่างเดียว

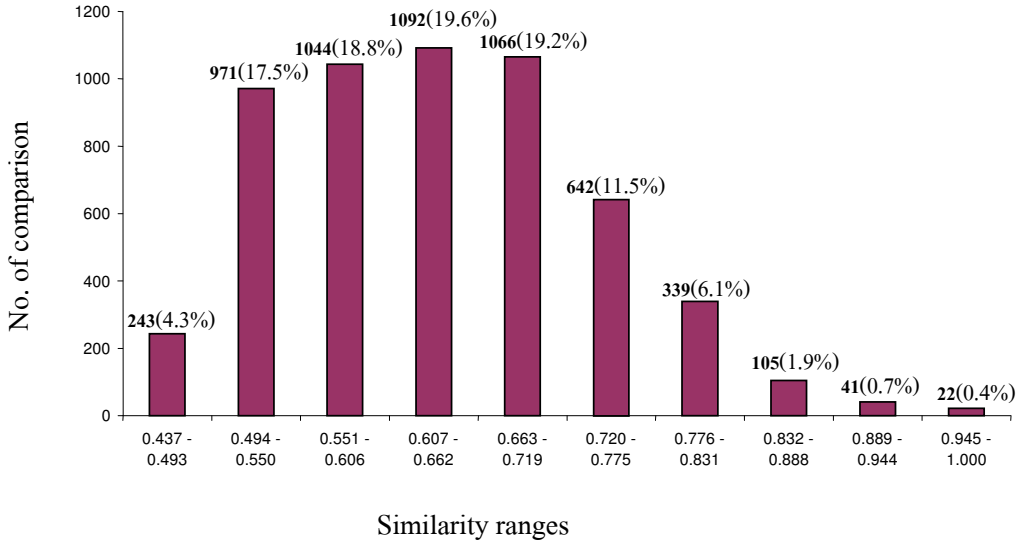



**รูปที่ 18** เดนโดรแกรมแสดงความสัมพันธ์ระหว่างพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ทง และเตียน จำนวนทั้งหมด 103 ต้น จากการสร้างด้วย UPGMA โปรแกรม NTSYS version 2.1

**ตารางที่ 8** ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพืชสกุล *Parkia* ในแต่ละชนิด

| | สะตอ | เหรียง | ค้อนก้อง | ลูกดิ่ง | ทง | เตียน |
|---|---|---|---|---|---|---|
| สะตอ | 1.000 | | | | | |
| เหรียง | 0.678 | 1.000 | | | | |
| ค้อนก้อง | 0.720 | 0.726 | 1.000 | | | |
| ลูกดิ่ง | 0.645 | 0.685 | 0.704 | 1.000 | | |
| ทง | 0.693 | 0.690 | 0.775 | 0.630 | 1.000 | |
| เตียน | 0.748 | 0.751 | 0.749 | 0.633 | 0.738 | 1.000 |

เมื่อพิจารณาความถี่ในการกระจายตัวของพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด รวมทั้งทง และเตียน พบว่า ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมส่วนใหญ่ อยู่ในช่วง 0.494 – 0.719 คิดเป็น 75.10% ส่วนที่เหลือพบว่ามีเพียง 4.3% (ค่าดัชนี 0.437 – 0.493) มีความห่างไกลทางพันธุกรรมค่อนข้างมาก และมีประชากรเพียง 20.60% ที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมค่อนข้างมาก (ค่าดัชนี> 0.719) (รูปที่ 19) และค่าดัชนีสูงสุดเท่ากับ 1.000 พบระหว่างกลุ่มค้อนก้องตัวอย่างที่ 85 และ 86 กลุ่มลูกดิ่ง ตัวอย่างที่ 87 - 89 ในขณะที่สะตอตัวอย่างที่ 28 และลูกดิ่งตัวอย่างที่ 98 ให้ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมต่ำที่สุด คือ 0.437




**รูปที่ 19** เปรียบเทียบการกระจายตัวของค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพืชสกุล *Parkia* ทั้ง 4 ชนิด ทง และเตียน จำนวน 103 ตัวอย่าง

### 3.2 ศึกษาความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายในกลุ่มสะตอ (*Parkia speciosa* Hassk.)

ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเฉพาะภายในกลุ่มสะตอ คือ สะตอข้าว และสะตอดาน จากแหล่งพันธุกรรมในเขตจังหวัดตรัง สงขลา และสุราษฎร์ธานี จำนวน 69 ตัวอย่าง จากเดนโดรแกรม พบว่า ไม่สามารถแยกกลุ่มสะตอข้าว และสะตอดาน ออกจากกันได้อย่างชัดเจน แต่สามารถแยกสะตอข้าว และสะตอดานได้ตามแหล่งที่เก็บ เป็น 6 กลุ่ม (รูปที่ 20) ดังนี้

กลุ่มที่ I มี 13 ตัวอย่าง ประกอบด้วย สะตอข้าว จำนวน 10 ตัวอย่าง คิดเป็น 90.91% สะตอดาน จำนวน 2 ตัวอย่าง คิดเป็น 16.67% ที่เก็บจากจังหวัดตรัง และพบสะตอดาน 1 ตัวอย่าง คิดเป็น 7.14% ที่เก็บจากจังหวัดสงขลา

กลุ่มที่ II มี 22 ตัวอย่าง ประกอบด้วย สะตอข้าว จำนวน 12 ตัวอย่าง และสะตอดาน จำนวน 7 ตัวอย่าง ทั้งหมดอยู่ในกลุ่มนี้ คิดเป็น 100% ที่เก็บจากจังหวัดสุราษฎร์ธานี นอกจากนี้พบสะตอข้าว จำนวน 2 ตัวอย่าง คิดเป็น 15.38% สะตอดาน จำนวน 1 ตัวอย่าง คิดเป็น 7.14% ที่เก็บจากจังหวัดสงขลา

กลุ่มที่ III มี 17 ตัวอย่าง ประกอบด้วย สะตอข้าว 10 ตัวอย่าง คิดเป็น 76.92% สะตอดาน 7 ตัวอย่าง คิดเป็น 50% ที่เก็บจากจังหวัดสงขลา

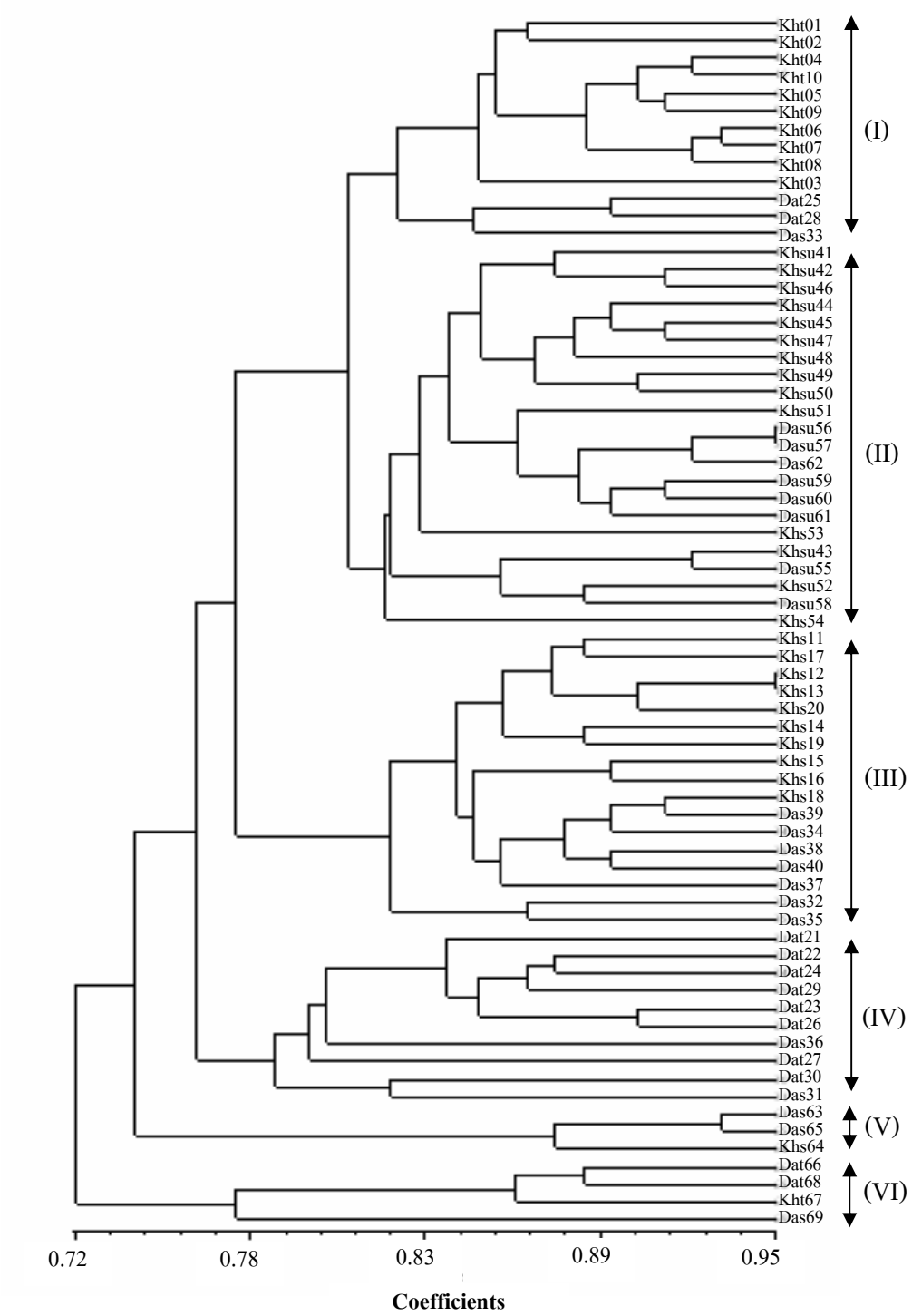
กลุ่มที่ IV มี 10 ตัวอย่าง ประกอบด้วย สะตอดาน จำนวน 8 ตัวอย่าง คิดเป็น 88.33% ที่เก็บจากจังหวัดตรัง และพบสะตอดาน จำนวน 2 ตัวอย่าง คิดเป็น 14.26% ที่เก็บจากจังหวัดสงขลา

กลุ่มที่ V มี 3 ตัวอย่าง ประกอบด้วย สะตอข้าว จำนวน 2 ตัวอย่าง คิดเป็น 15.38% สะตอดาน จำนวน 1 ตัวอย่าง คิดเป็น 7.14% ที่เก็บจากจังหวัดสงขลา

กลุ่มที่ VI มี 4 ตัวอย่าง ประกอบด้วย สะตอข้าว จำนวน 1 ตัวอย่าง คิดเป็น 9.09% สะตอดาน จำนวน 2 ตัวอย่าง คิดเป็น 16.67% ที่เก็บจากจังหวัดตรัง และพบสะตอดาน จำนวน 1 ตัวอย่าง คิดเป็น 7.14% ที่เก็บจากจังหวัดสงขลา

เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมภายในกลุ่มสะตอ (สะตอข้าว และสะตอดาน) จากแหล่งเก็บจังหวัดตรัง สงขลา และสุราษฎร์ธานี จำนวน 69 ตัวอย่าง พบว่า กลุ่มสะตอข้าวจากจังหวัดตรัง สะตอข้าวและสะตอดาน จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากกว่ากลุ่มสะตอข้าวและสะตอดาน จากจังหวัดสงขลา รวมทั้งสะตอดานจากจังหวัดตรังเอง (ตารางที่ 9) เมื่อพิจารณาค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายในกลุ่มสะตอทั้งหมด จำนวน 69 ตัวอย่าง พบว่า มีค่าอยู่ในช่วง 0.533 – 0.946 โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.708 สำหรับค่าดัชนีเฉลี่ยในแต่

ละแหล่งเก็บมีดังนี้ สะตอข้าว จากแหล่งเก็บจังหวัดตรัง สงขลา และสุราษฎร์ธานี มีค่าดัชนีเฉลี่ยเท่ากับ 0.837 0.819 และ 0.850 ตามลำดับ ส่วนสะตอดาน มีค่าดัชนีเฉลี่ยเท่ากับ 0.792 0.787 และ 0.872 จากแหล่งเก็บจังหวัดตรัง สงขลา และสุราษฎร์ธานี ตามลำดับ



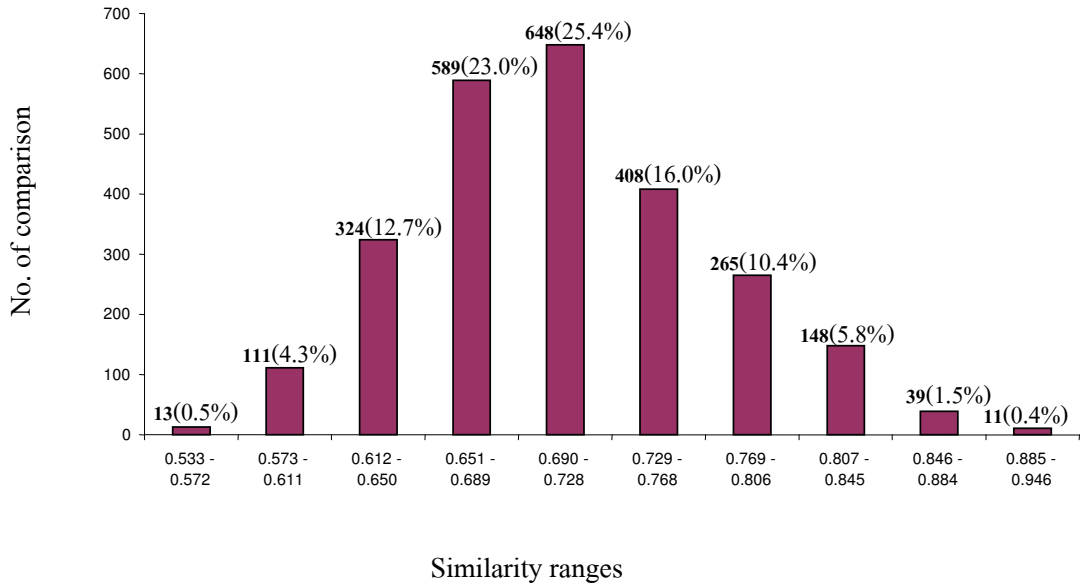

**รูปที่ 20** เดนโดรแกรมแสดงความสัมพันธ์ระหว่างสะตอข้าว และสะตอดาน จากแหล่งเก็บจังหวัดตรัง สงขลา และสุราษฎร์ธานี จำนวน 69 ต้น สร้างด้วย UPGMA โปรแกรม NTSYS version 2.1

เมื่อพิจารณาความถี่ในการกระจายตัวภายในกลุ่มสะตอ ส่วนใหญ่พบว่ามีค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรม อยู่ในช่วง 0.651 – 0.768 คิดเป็น 64.40% (รูปที่ 21) โดยมีค่าสูงสุดเท่ากับ 0.946 พบระหว่างกลุ่มสะตอดาน จากแหล่งพันธุกรรมในเขตจังหวัดตรัง ตัวอย่างที่ 12 และ 13 และกลุ่มสะตอดาน จากแหล่งพันธุกรรมในเขตจังหวัดสุราษฎร์ธานี ตัวอย่างที่ 56 และ 57 ค่าต่ำสุดมีค่าเท่ากับ 0.533 พบระหว่างกลุ่มสะตอดาน จากแหล่งพันธุกรรมในเขตจังหวัดตรัง ตัวอย่างที่ 66 และกลุ่มสะตอข้าว จากแหล่งพันธุกรรมในเขตจังหวัดสงขลา ตัวอย่างที่ 11

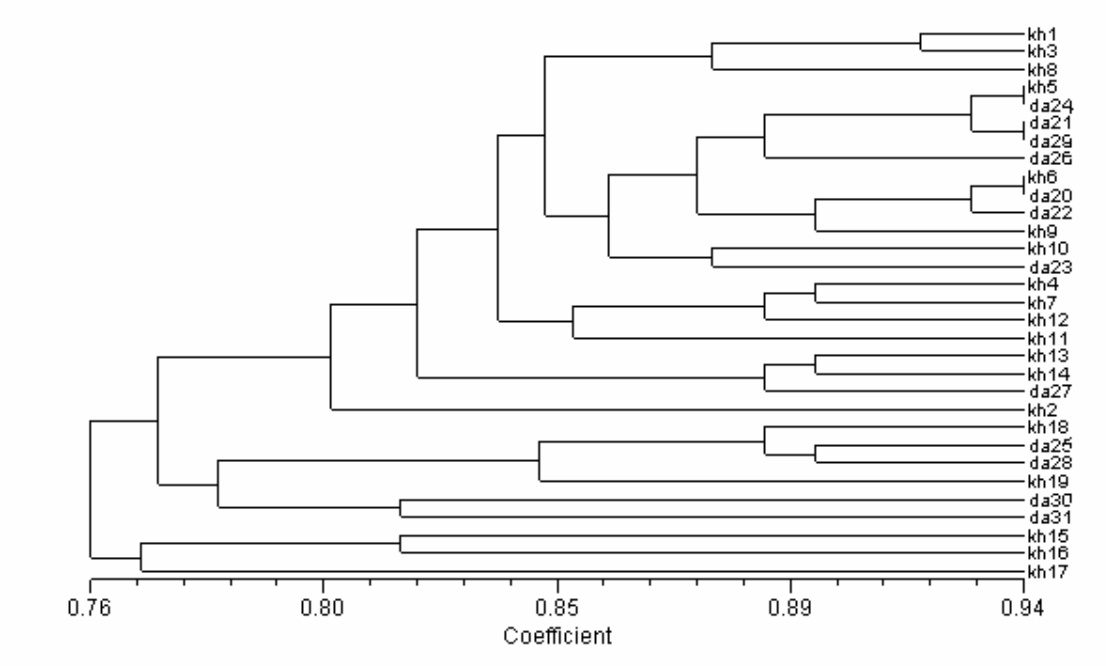
**ตารางที่ 9** ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของสะตอข้าว และสะตอดาน จำนวน 69 ต้น

| | Kht | Khs | Khsu | Dat | Das | Dasu |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Kht | 1.000 | | | | | |
| Khs | 0.776 | 1.000 | | | | |
| Khsu | 0.786 | 0.763 | 1.000 | | | |
| Dat | 0.769 | 0.735 | 0.763 | 1.000 | | |
| Das | 0.762 | 0.789 | 0.765 | 0.749 | 1.000 | |
| Dasu | 0.798 | 0.754 | 0.836 | 0.783 | 0.768 | 1.000 |

นอกจากนี้เมื่อนำสะตอข้าว และสะตอดาน จำนวน 31 ต้น ที่ได้จากการคัดเลือกลักษณะฝัก และเมล็ด ที่เห็นความแตกต่างระหว่างกลุ่มทั้งสองชัดเจน ผลจากการวิเคราะห์เดนโดรแกรม พบว่า แม้สามารถแยกสะตอข้าวและสะตอดานได้ แต่ยังพบสะตอทั้งสองกลุ่มอยู่ปะปนกัน (รูปที่ 22)




**รูปที่ 21** เปรียบเทียบการกระจายตัวของค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากรสะตอ จำนวน 69 ตัวอย่าง




**รูปที่ 22** เดนโดรแกรมแสดงความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มสะตอข้าว และสะตอดาน ที่คัดเลือกลักษณะแตกต่างชัดเจนของฝัก จำนวน 31 ตัวอย่าง สร้างด้วย UPGMA โปรแกรม NTSYS version 2.1