กรองทอง ใจแก้วแดง 2557: การวิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมของต้นรักแกนมอในประเทศไทย โดยใช้เครื่องหมาย Start Codon Targeted (SCoT) ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาศาสตร์ชีวภาพป่าไม้) สาขาวิทยาศาสตร์ชีวภาพป่าไม้ ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์วิชาญ เอียดทอง, Dr.Agr. 78 หน้า

การวิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมของต้นรักแกนมอจำนวน 96 ตัวอย่าง ด้วยเครื่องหมาย SCoT โดยใช้ไพรเมอร์ที่เหมาะสมจำนวน 5 ไพรเมอร์ ที่ให้แถบดีเอ็นเอชัดเจนและสามารถใช้แยกความแตกต่างของตัวอย่างทั้งหมด โดยให้จำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 36 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่ให้โพลีมอร์ฟิก 34 แถบ (94.44 เปอร์เซ็นต์) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างต้นรักแกนมอที่ทำการศึกษามีความผันแปรทางพันธุกรรมสูง ผลการจัดกลุ่มด้วยวิธี unweighted pair group method with arithmetic average (UPGMA) ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc version 2.10m พบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมที่คำนวณด้วยสูตรของ Jaccard อยู่ในช่วง 0.130-0.923 สร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของตัวอย่างต้นรักแกนมอออกเป็น 8 กลุ่ม ที่ระดับความคล้ายคลึงเท่ากับ 0.43 นอกจากนี้ยังศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมของประชากรต้นรักแกนมอ 5 แหล่งประชากร พบว่าค่าเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกเฉลี่ยเท่ากับ 68.89 ค่าเฮเตอโรไซโกซิตี (H) เฉลี่ยเท่ากับ 0.213 ค่าดัชนีความหลากหลายของยีน (H') เฉลี่ยเท่ากับ 0.326 เมื่อสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA ด้วยโปรแกรม POPGENE version 1.31 พบว่าสามารถแบ่งประชากรออกเป็น 2 กลุ่ม ค่าสัมประสิทธิ์ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (*G*st) เฉลี่ยเท่ากับ 0.191 แสดงให้เห็นว่าประชากรต้นรักแกนมอ 5 แหล่งประชากร มีความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างแหล่งประชากรมาก การศึกษาครั้งนี้สามารถใช้เครื่องหมาย SCoT ในการระบุความแตกต่างทางพันธุกรรมของต้นรักแกนมอได้ และยังเป็นข้อมูลพื้นฐานในการปรับปรุงพันธุ์และอนุรักษ์แหล่งพันธุกรรมในประเทศไทยต่อไป

_____ _____ ___ / ___ / ___

ลายมือชื่อนิสิต ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์