ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ การวิเคราะห์พันธุกรรมของพืชกลุ่มกระเจียวโดยเทคนิค Random Amplified Polymorphic DNA

ชื่อผู้เขียน นางสาวอุไรวรรณ อรัญวาสน์

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาชีววิทยา

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์:

รศ.ดร.สมบูรณ์	อนันตลาโภชัย	ประธานกรรมการ
ผศ.ดร.พิมพ์ใจ	อาภาวัชรุตม์	กรรมการ
อ.ดร. กอบเกียรติ	แสงนิล	กรรมการ

บทคัดย่อ

จากการวิเคราะห์พันธุกรรมของพืชกลุ่มกระเจียวในระดับชนิด (species) และระดับโคลน (clone) โดยอาศัยเทคนิค Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) เพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมของกระเจียวจำนวน 10 ชนิด โดยใช้ไพรเมอร์ (primer) ขนาด 10 นิวคลีโอไทด์ จำนวน 48 ไพรเมอร์ เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแบบสุ่ม พบว่ามี 3 ไพรเมอร์ คือ PA20 , PD11 และ PAB04 ที่สามารถสังเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกัน ทั้งหมด 37 แถบ โดยมีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 200 - 1700 คู่เบส เมื่อวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างแถบดีเอ็นเอที่ได้จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอ สามารถแบ่งกระเจียวที่ใช้ตรวจสอบ ออกเป็น 2 กลุ่ม โดยมีลักษณะสอดคล้องกับการจำแนกกลุ่มตามพฤติกรรมการออกดอกเร็วหรือช้า และสอดคล้องกับการจำแนกกลุ่มด้วยเทคนิคไอโซไซม์ที่เคยมีรายงานมาแล้ว

นอกจากนี้พบว่าในการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมระดับโคลน (clonal variation) ของกระเจียว 3 ชนิด ได้แก่ MH (*Curcuma sp.*) ,CMUP (*Curcuma petiolata* Wall.) และ BC (*Curcuma sp.*) โดยใช้ไพรเมอร์ PAB04 และ PAX17 พบว่า PAB04 สามารถแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมระดับโคลนในกระเจียวทั้ง 3 ชนิดได้ ในขณะที่ PAX17 แยกได้เพียง 2 ชนิด คือ MH และ BC