ภริตา ต้นสายเพ็ชร 2556: การตรวจหาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ไพล โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดีและสการ์ ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พืชสวน) สาขาพืชสวน ภาควิชาพืชสวน อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: อาจารย์เฌอมาลย์ วงศ์ชาวจันท์, Ph.D. 64 หน้า

ตรวจหาเครื่องหมายโมเลกุลที่จำเพาะเจาะจงต่อไพล 2 กลุ่ม กลุ่มแรกเป็นไพลที่มีสาร terpinen-4-olสูง ได้แก่ ไพลเหลือง (*Zingiber montanum* 'Lueng') และไพลปลุกเสก (*Zingiber montanum* 'Plooksake') และกลุ่มที่สองเป็นไพลที่มีสาร terpinen-4-ol ต่ำ ได้แก่ไพลดำ (*Zingiber ottensii*) โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี จากการทดลองหาความแตกต่างโดยเทคนิคอาร์เอพีดี พบว่าไพรเมอร์ 16 ไพรเมอร์ ได้แก่ ไพรเมอร์ OPC01, OPC18, OPQ02, OPQ05, OPR01, OPR02, OPR06, OPS02, OPX06, OPY07, OPY11, OPY14, OPZ11, OPZ15, OPZ16 และ OPZ18 จากไพรเมอร์ 46 ชนิด ให้แถบดีเอ็นเอจำนวน 21 แถบ ที่มีความแตกต่างของรูปแบบแถบดีเอ็นเอในไพลทั้ง 2 กลุ่ม และสามารถนำมาพัฒนาเป็น SCAR ไพรเมอร์ได้ 6 ไพรเมอร์ซึ่งให้ผลของรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะเจาะจงกับไพลแต่ละชนิด ได้แก่ ไพรเมอร์ Y07_PY_{1125} ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 992 คู่เบส ที่จำเพาะเจาะจงกับไพลเหลือง ไพรเมอร์ R06_PY_{875}, Y11_PPS_{626}, และ Z16_PPS_{730} ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 721, 595 และ 654 คู่เบส ที่จำเพาะเจาะจงกับไพลเหลืองและไพลปลุกเสก และไพรเมอร์ S02_PB_{550}และ X06_PB_{800} ทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอขนาด 465 และ756 คู่เบส ตามลำดับ ที่จำเพาะเจาะจงกับไพลดำ เมื่อทดสอบประสิทธิภาพกับประชากรไพลทั้งหมด 20 ตัวอย่างจากแหล่งต่างๆในประเทศไทยพบว่ามีเพียง 2 ไพรเมอร์ที่ได้แก่ ไพรเมอร์ R06_PY_{875} และ X06_PB_{800} ให้แถบดีเอ็นเอขนาด 721 คู่เบสที่จำเพาะกับไพล (*Zingiber montanum*) และ756 คู่เบสที่จำเพาะเจาะจงกับไพลดำ (*Zingiber ottensii*) เท่านั้น อย่างไรก็ตามลำดับเบสที่ได้อาจสอดคล้องกับตำแหน่งในจีโนมหรือยีนควบคุมกระบวนการสร้างสารสำคัญในไพล

_____ _____ ___/___/___

ลายมือชื่อนิสิต ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์