

ณัฐราพิชามณษ์ อุคม โภชน์ 2551: ความสัมพันธ์ของปรังในสกุล *Cycas* โดยใช้ดีเอ็นเอใน
คลอโรพลาสต์เปรียบเทียบกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาและการกระจายพันธุ์ ปรังญาวิทยาศาสตร์
มหาบัณฑิต (ชีววิทยาของเซลล์และโมเลกุล) สาขาวิชาชีววิทยาของเซลล์และโมเลกุล
ภาควิชาวิทยาศาสตร์พื้นพิภพ ปรังธานกรรมการที่ปรังษา: รองศาสตราจารย์มิ่งขวัญ มิ่งเมือง, Ph.D.
120 หน้า

การจัดจำแนกและหาความสัมพันธ์ของปรังในสกุล *Cycas* 22 ชนิด จากทวีปเอเชียและออสเตรเลียซึ่ง
ปลูกอยู่ที่สวนนงนุช จังหวัดชลบุรี โดยดูจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาและความแตกต่างของดีเอ็นเอในคลอ
โรพลาสต์ ทั้งนี้เมื่อทดลองใช้ไพรเมอร์ 5 ชนิด เพื่อตรวจสอบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ พบว่ามี
เพียงไพรเมอร์ psbM^F-trnD^{GUCR} ชนิดเดียวเท่านั้นที่สามารถใช้จำแนก *Cycas* ทั้ง 22 ชนิดนี้ได้ โดยให้ขนาด
ความยาวของนิวคลีโอไทด์ตั้งแต่ 969 ถึง 984 คู่เบส นอกจากนี้บริเวณ psbM^F-trnD^{GUCR} intergenic spacer ของ
ปรังในสกุล *Cycas* มีค่าเฉลี่ยของเบสคั้งนี้ อะดีนีน 0.341 ไธมีน 0.286 กัวนีน 0.205 และไซโตซีน 0.168 มีค่า
กัวนีน/ไซโตซีน อยู่ในช่วง 34.9-38.6% และมีการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ในรูปของ transition/ transversion
และ insertion/deletion ในสัดส่วนที่แตกต่างกัน โดยมีค่าอัตราการเกิด transition ต่อ transversion (Ts/Tv ratio)
เท่ากับ 1.406 นอกจากนี้ยังพบว่ากลุ่มปรังที่มีถิ่นกำเนิดในทวีปออสเตรเลียได้แก่ *C. xipholepis*, *C. cairnsiana*,
C. angulata และ *C. campestris* มีการเพิ่มของเบสกวีนีนในตำแหน่งที่ 633 และมีการลดลงของเบสกวีนีน
และไธมีนในตำแหน่งที่ 450 และ 481 ตามลำดับ ส่วนกลุ่มปรังที่มีถิ่นกำเนิดในเวียตนาม ได้แก่ *C. balansae*,
C. collina, *C. branchycantha* และ *C. dolichophylla* มีการเพิ่มของเบสกวีนีนในตำแหน่งที่ 721-752 เมื่อนำข้อ
แตกต่างเหล่านี้มาประมวลผลเป็นความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ โดยใช้โปรแกรม Mega version 4.0 ด้วยวิธี
maximum parsimony จัดกลุ่ม *Cycas* ได้ 2 กลุ่มใหญ่ 6 กลุ่มย่อย วิธี neighbour-joining จัดกลุ่มได้ 2 กลุ่มใหญ่ 4
กลุ่มย่อย เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาทั้งหมด 37 ลักษณะ พบว่ามีความสอดคล้องกัน
ตามลักษณะของลำต้น ใบ เมล็ด โคนเพศผู้และโคนเพศเมียทั้งหมด 24 ลักษณะ นอกจากนี้ยังสอดคล้องกับการ
กระจายพันธุ์ตามธรรมชาติของปรังแต่ละกลุ่มอีกด้วย