## บทคัดย่อ

T 140352

การศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมของเห็ดตีนแรด (Tricholoma crassum) จากพื้นที่ ต่างๆของประเทศไทยจำนวน 9 ตัวอย่าง โดยทำการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาควบคู่กับการ ศึกษาในระดับอณูพันธุศาสตร์โดยใช้เทคนิค PCR-RFLP โดยใช้ไพรเมอร์ 2 คู่ คือ ITS1-4 เพิ่ม ขยายปริมาณดีเอ็นเอบริเวณ ITS (internal transcribed spacer)และ O1-LR12R ในการเพิ่ม ขยายปริมาณดีเอ็นเอบริเวณ IGS (intergenic spacer) ในไรโบโชมอลดีเอ็นเอ ผลการศึกษาพบว่า ดีเอ็นเอบริเวณ ITS และ IGS ที่ทำการเพิ่มขยายปริมาณดีเอ็นเอมีขนาดประมาณ 741 และ 933 คู่ เบสตามลำดับ หลังจากนั้นย่อยดีเอ็นเอที่ได้ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 5 ชนิด คือ Hindill, Ddel, Haell, EcoRl และ Hinfl ความหลากหลายของขึ้นส่วนดีเอ็นเอสามารถนำมาหาค่าความ คล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมและจัดกลุ่มได้โดยวิธี UPGMA (Unweigth Pair Group Method with Arithmetic mean) ในโปรแกรม WinBoot เห็ดตีนแรดทั้ง 9 ตัวอย่างถูกแบ่งออกเป็น 3 กลุ่มตามแหล่งที่มา ยกเว้นเห็ดตีนแรดจากจังหวัดบุรีรัมย์ที่ถูกจัดแยกจอกจากกลุ่มเห็ดตีนแรดที่มี แหล่งกำเนิดจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

## **ABSTRACT**

TE 140352

The genetic variations of ten samples of *Tricholoma crassum* from Northeastern in Thailand using morphology and PCR - RFLP analysis were studied. The PCR amplification of the ITS (internal transcribed spacer) and IGS (intergenic spacer) regions of the nuclear ribosomal repeat with two primers ITS1 - 4 and O1 - LR12R followed by digestion and PCR - RFLP analysis was performed. The two regions were digested separately with restriction enzymes: *Hind*III, *Ddel*, *HaelIII*, *EcoRI* and *Hinf*II. The PCR - RFLP results were correlated with groups of closely related isolates and when cluster analysis using Similarity Coefficient and UPGMA in WinBoot program, were used. The samples were grouped into three distinct groups which were related to their geographical origin Burirum isolate.