

บทที่ 6

สรุปผลและข้อเสนอแนะ

1. สรุปผลการทดลอง

จากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของพันธุกรรมที่มีอยู่ในต้นฟันและปลายฟันทั้ง 34 พันธุ์/สายพันธุ์ โดยลักษณะทางสัณฐานวิทยาทั้งหมด 22 ลักษณะ พบร่วมกับลักษณะที่สามารถนำมาใช้แยกความแตกต่างของงานได้มีจำนวน 18 ลักษณะ สรุปได้ว่าสามารถแยกพันธุ์ป้าออกจากพันธุ์ปู่ลูกได้อย่างชัดเจน พันธุ์ปู่ลูกสามารถจัดกลุ่มด้วยวิธี cluster analysis ได้ทั้งหมด 2 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มค่อนข้างใหญ่ประกอบด้วย งานเดงพื้นเมือง IS-1-21 BL5 S-25 มข.3 อุบลราชธานี 1 บุรีรัมย์ MR36 MR4 MR13 NS4 המק.18 NS6 NS15 BL1 มข.2 นครสวรรค์ MKSI83042 WL9 NS14 ร้อยเอ็ด และ เลย กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย MKSI84001 GMUB1 GMUB4 GMUB7 GMUB5 GMUB8 GMUB3 LH214 LH220 มหาสารคาม 60 และ มข.1

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของ 34 พันธุ์ จากการใช้เทคนิค PCR based marker โดยใช้ primer แบบสุ่มจำนวน 33 ชนิด มีเพียง 10 ชนิดที่สามารถเกิดการสังเคราะห์และเพิ่มปริมาณ DNA ได้โดยให้แอบ DNA ที่มีขนาดแตกต่างกัน (polymorphic bands) เมื่อศึกษาลายพิมพ์ DNA ที่เกิดขึ้นจาก primer ทั้ง 10 ชนิดพบว่าทำให้เกิดแอบของ DNA ที่มีความแตกต่างกัน 87 แอบ คิดเป็น 75.85 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งลายพิมพ์ DNA ที่เกิดขึ้นนั้น สามารถใช้บ่งบอกความแตกต่างของงานได้ 34 พันธุ์/สายพันธุ์ และสามารถจัดกลุ่มทางพันธุกรรมของงานได้เป็น 2 กลุ่มที่โดยที่พันธุ์ป้าแยกออกจากพันธุ์ปู่ลูกอย่างชัดเจน กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย BL5 BL1 MKSI84001 S-25 IS-1-21 และ เลย กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย มข.2 GMUB1 งานเดงพื้นเมือง นครสวรรค์ บุรีรัมย์ WL9 המק.18 MR13 MR4 GMUB8 ร้อยเอ็ด MKSI83042 GMUB4 มข.1 GMUB3 NS15 NS6 NS14 มหาสารคาม 60 GMUB5 NS4 LH220 มข.3 GMUB7 LH214 อุบลราชธานี 1 และ MR36

จากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลทางสัณฐานวิทยากับเทคนิค PCR based maker นั้น ควรใช้ข้อมูลทั้งสองประกอบกันในการพิจารณาพันธุ์งาน นอกจากนั้น เทคนิค PCR based maker โดยใช้ primer แบบสุ่มเป็นเทคนิคหนึ่งที่มีความเหมาะสมในการวิเคราะห์จีโนมและการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของงานในระดับหนึ่ง โดยไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลของจีโนมของงาน ซึ่งจะเป็นประโยชน์ในการคัดเลือกพันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์งานต่อไป

2. ข้อเสนอแนะ

1. ในการศึกษาจากการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมจากข้อมูลทางสัณฐานวิทยากับ PCR based marker ในบางกลุ่มยังไม่ไปด้วยกัน อาจเนื่องจากจำนวน primer ที่ยังน้อยไป ควรใช้ primer มากขึ้นกว่านี้

2. การใช้ เทคนิค PCR based maker โดยใช้ primer แบบสุ่ม นั้นยังมีความเฉพาะเจาะจง กับตัวแทนงบุน DNA ได้น้อย อาจทำให้ผลที่ได้มีความแม่นยำน้อยกว่าเทคนิคอื่น เช่น AFLP SSR เป็นต้น ซึ่งเทคนิคเหล่านี้เป็นเครื่องหมาย DNA ที่มีความเฉพาะเจาะจงมากและมีการใช้อุปกรณ์และต้นทุนมากขึ้นด้วย

3. ในการให้คะแนนของแบบ DNA ทั้ง 10 primer จะมีความผิดพลาดได้เนื่องจากว่า ในบางแบบ DNA ที่สังเคราะห์ได้นั้นในบาง primer มีปริมาณของ DNA ที่มากเกินไป อาจทำให้ แบบนั้นไปช้อนทับกับแบบ DNA ที่มีขนาดใกล้เคียงกันได้