

บทคัดย่อ

T 157973

ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของพืชสกุลกลางสาด (*Lansium domesticum* Correa) ที่เก็บรวบรวมพันธุ์จากแหล่งปลูกต่างๆ ในจังหวัดทางภาคใต้ของประเทศไทย โดยพิจารณาจากลักษณะสัณฐาน และเก็บตัวอย่างใบพืชในกลุ่มลองกอง กลางสาด และทุก จำนวนทั้งสิ้น 101 ต้น นำใบมาสกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณดีเอ็นเออย่างสุ่มโดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดี ทดสอบกับไพรเมอร์จำนวน 7 ไพรเมอร์ดังต่อไปนี้ OPA10 (GTGATCGCAG) OPB04 (GGACTGGAGT) OPB07 (GGTGACGCAG) OPC04 (CCGCATCTAC) OPC05 (GATGACCGCC) OPD03 (GTCGCCGTCA) และ OPT01 (GGCCCACTCA) ผลการศึกษาพบความแตกต่างของลักษณะสัณฐาน เช่น ลักษณะใบ และผล โดยเฉพาะในกลุ่มประชากรกลางสาดและทุก เมื่อตรวจสอบด้วยเทคนิคอาร์เอพีดี พบว่าแถบดีเอ็นเอของลองกองพันธุ์การค้าที่เก็บจากจังหวัดสงขลา ปัตตานี และนราธิวาสมีรูปแบบเหมือนกัน แต่แตกต่างจากลองกองที่เก็บจากแหล่งอื่นๆ ส่วนกลุ่มประชากรทุกและกลางสาदनั้น แต่ละต้นให้แถบดีเอ็นเอต่างกัน นำข้อมูลแถบดีเอ็นเอทั้งหมดที่ได้มาสร้างแผนโดรแกรมเพื่อหาความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมโดยใช้วิธี UPGMA (Unweighted Pair-group Method Using Arithmetic Average) พบว่าค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมีค่าตั้งแต่ 0.28 ถึง 1.00 แสดงว่าพืชสกุลกลางสาดในประเทศไทยโดยเฉพาะในภาคใต้ มีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างมาก จากแผนโดรแกรมที่ได้สามารถแบ่งกลุ่มพืชสกุลกลางสาดได้เป็น 3 กลุ่มใหญ่คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยลองกอง กลางสาด และทุกจำนวน 40 ตัวอย่าง ซึ่งเกือบทั้งหมดเป็นต้นที่ปลูกในเขตจังหวัดสงขลา ปัตตานี และนราธิวาส กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยลองกอง กลางสาด และทุกจากพื้นที่จังหวัดทางภาคใต้ตอนบน กลุ่มที่ 3 มีเพียงตัวอย่างเดียวคือลองกองจากจังหวัดระนอง เมื่อพิจารณาความสัมพันธ์ของพืชแต่ละชนิดพบว่าลองกองมีความใกล้ชิดกับกลางสาดมากกว่าทุก

Abstract

TE 157973

The genetic variability of *Lansium domesticum* Correa collected from different areas in southern Thailand was investigated using RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) technique. Leaf samples of 101 plants belonging to longkong, langsat and duku were harvested for DNA extraction. Seven 10-base oligonucleotide primers including OPA10 (GTGATCGCAG), OPB04 (GGACTGGAGT), OPB07 (GGTGACGCAG), OPC04 (CCGCATCTAC), OPC05 (GATGACCGCC), OPD03 (GTCGCCGTCA) and OPT01 (GGCCCACTCA) were chosen for amplification. Differences in morphological characters such as leaf and fruit shape were observed, particularly in duku and langsat populations. Results from RAPD indicated that 12 longkong collected from the 3 provinces (Songkhla, Pattani and Narathiwat) have identical DNA pattern while longkong from other areas and each of duku and langsat populations exhibited different DNA patterns. A dendrogram showing genetic similarities among *Lansium domesticum* was constructed based on polymorphic bands using UPCMA (Unweighted Pair-group Method Using Arithmetic Average) cluster analysis. Jaccards similarity coefficients ranged from 0.28 to 1.00 indicating diverse gene pool of *Lansium domesticum* in Thailand. Results from dendrogram, the 101 accessions can be separated into three major clusters. First, comprising 40 accessions (longkong, langsat and duku mostly from Songkhla, Pattani and Narathiwat), the second comprising 60 accessions (longkong, langsat and duku from the other areas) and the third comprising only one accession (longkong from Ranong). The dendrogram also indicated that longkong is more closely related to langsat accessions than to other accessions of duku.