

เทคนิค RAPD และลักษณะทางสัณฐานวิทยาถูกนำมาใช้เพื่อจำแนกชนิดของปรองในสกุล *Zamia* 30 ชนิด ซึ่งมีการกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติอยู่ในทวีปอเมริกา แต่ถูกนำมาปลูกรวบรวมไว้ที่สวนนงนุช จังหวัดชลบุรี

จากการใช้เทคนิค RAPD พบว่าไพรเมอร์ 12 ชนิด จากไพรเมอร์ 60 ชนิด คือ OPA-18, OPB-06, OPB-07, OPB-08, OPB-10, OPB-12, OPB-15, OPJ-04, OPJ-13, OPJ-15, OPJ-19 และ OPJ-20 สามารถทำให้เกิดการสังเคราะห์ดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 263 แถบ มีขนาดตั้งแต่ 0.15 ถึง 2.70 กิโลเบส เมื่อวิเคราะห์ข้อมูลและศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้โปรแกรม NTSYS สามารถแยกตัวอย่างของปรองในสกุล *Zamia* ได้ทั้งหมดโดยมีค่าดัชนีความเหมือน (similarity coefficient) ในช่วง 0.66 – 0.87 เมื่อนำลักษณะทางสัณฐานวิทยา 23 ลักษณะ และถิ่นกำเนิดของปรองมาร่วมพิจารณาเพื่อจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ทำให้สามารถจัดกลุ่มปรองที่มีความแตกต่างกันได้เป็น 6 กลุ่มใหญ่ โดยพบว่าปรองในบางกลุ่มเท่านั้นมีความสอดคล้องกันตามลักษณะสัณฐานวิทยาและสอดคล้องกับการกระจายพันธุ์ อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาเฉพาะข้อมูลจากไพรเมอร์ 8 ชนิด คือ OPA-18, OPB-06, OPB-08, OPB-10, OPB-12, OPJ-13, OPJ-15 และ OPJ-20 ซึ่งเกิดแถบดีเอ็นเอที่ชัดเจนเท่านั้นมาวิเคราะห์เช่นเดียวกับตอนแรก ทำให้เกิดการสังเคราะห์ดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 165 แถบ มีขนาดตั้งแต่ 0.15 ถึง 2.50 กิโลเบส โดยมีค่าดัชนีความเหมือนในช่วง 0.63 – 0.88 และสามารถจัดกลุ่มปรองในสกุล *Zamia* ทั้ง 30 ชนิด ตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้เป็น 6 กลุ่มใหญ่เช่นกัน ซึ่งมีความสอดคล้องกันตามลักษณะสัณฐานวิทยาของลำต้น ใบ เมล็ด โคนเพศผู้และโคนเพศเมียในแต่ละกลุ่มมากยิ่งขึ้น รวมทั้งยังสอดคล้องกับการกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติของปรองในแต่ละกลุ่มอีกด้วย

นอกจากนี้ PCA (Principal Component Analysis) เป็นวิธีที่ใช้จัดกลุ่มสิ่งมีชีวิตในรูปแบบการกระจายตัวหรือการรวมกลุ่มถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลและศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของปรองเมื่อใช้ข้อมูลจากแถบดีเอ็นเอของไพรเมอร์ทั้ง 12 ชนิดและ 8 ชนิดเปรียบเทียบกัน พบว่าสามารถจัดกลุ่มปรองออกได้เป็น 6 กลุ่มใหญ่เหมือนกัน ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA โดยใช้โปรแกรม NTSYS

RAPD and morphological characteristics were used to evaluate genetic similarity among thirty species of cycad genus *Zamia* generally distributed in the North, Central and South America. These *Zamia* are collectively grown at Nongnooch Tropical Garden, Chonburi province, Thailand.

Twelve out of sixty primers i.e., OPA-18, OPB-06, OPB-07, OPB-08, OPB-10, OPB-12, OPB-15, OPJ-04, OPJ-13, OPJ-15, OPJ-19 and OPJ-20 could produce polymorphic and specific band patterns to identify the thirty *Zamia* species. These primers generated 263 reproducible bands at the size of 0.15 - 2.70 kb. Polymorphism of the DNA profiles appraised by NTSYS program gave the similarity coefficient in the range of 0.66-0.87. Phylogenetic tree was constructed and these *Zamia* were grouped into six clusters. There are some group corresponded well to the morphological characters as well as to their geographic distribution. However, when considering only eight primers i.e., OPA-18, OPB-06, OPB-08, OPB-10, OPB-12, OPJ-13, OPJ-15 and OPJ-20 which gave distinctive bands patterns of *Zamia* species. The total of 165 bands at the size of 0.15 - 2.50 kb giving similarity coefficient in the range of 0.63 - 0.88 were obtained. The resulted phylogenetic tree also grouped these thirty *Zamia* species into six clusters and they corresponded well to the morphological characters as well as to their geographic distribution.

PCA (Principal Component Analysis) was used for cluster analysis based on specific band patterns of twelve and eight primers. PCA data of dotted distribution was constructed and all thirty *Zamia* species were grouped into six clusters which corresponded well to the NTSYS program.