

ณิชาวรรณ เรียงแสน 2549: การหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของปรงสกุล *Zamia* โดยใช้เทคนิค RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (ชีววิทยาของเซลล์และโมเลกุล) สาขาชีววิทยาของเซลล์และโมเลกุล ภาควิชาวิทยาศาสตร์ทั่วไป ภาควิชาวิทยาศาสตร์ที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์มิ่งขวัญ มิ่งเมือง, Ph.D. 148 หน้า ISBN 974-16-1729-1

เทคนิค RAPD และลักษณะทางสัณฐานวิทยาถูกนำมาใช้เพื่อจำแนกชนิดของปรงในสกุล *Zamia* 30 ชนิด ซึ่งมีการกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติอยู่ในทวีปอเมริกา แต่ถูกนำมาปลูกรวบรวมไว้ที่สวนงนุช 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 สามารถแยกตัวอย่างของปรงในสกุล *Zamia* ได้ทั้งหมดโดยมีค่าดัชนีความเหมือน (similarity coefficient) ในช่วง 0.66 – 0.87 เมื่อนำลักษณะทางสัณฐานวิทยา 23 ลักษณะ และถิ่นกำเนิดของปรงมาร่วมพิจารณาเพื่อจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ทำให้สามารถจัดกลุ่มปรงที่มีความแตกต่างกันได้เป็น 6 กลุ่มใหญ่ โดยพบว่าปรงในบางกลุ่มเท่านั้นที่มีความสอดคล้องกันตามลักษณะสัณฐานวิทยาและสอดคล้องกับการกระจายพันธุ์ 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 และสามารถจัดกลุ่มปรงในสกุล *Zamia* ทั้ง 30 ชนิด ตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้เป็น 6 กลุ่มใหญ่เช่นกัน ซึ่งมีความสอดคล้องกันตามลักษณะสัณฐานวิทยาของลำต้น ใบ เมล็ด โคนเพศผู้และโคนเพศเมียในแต่ละกลุ่มมากยิ่งขึ้น รวมทั้งยังสอดคล้องกับการกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติของปรงในแต่ละกลุ่มอีกด้วย

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