

สรุป

1. จากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาของปรองในสกุล *Zamia* ทั้งหมด 34 ลักษณะ พิจารณาเลือกมา 23 ลักษณะ อันได้แก่ ลักษณะลำต้น สีใบ รูปร่างของใบย่อย ลักษณะปลายใบ และฐานใบ ลักษณะขอบใบย่อยทั้งด้านบนและด้านล่าง ใบย่อยมีหรือไม่มีขนปกคลุม การโค้งตัวของใบย่อย ลักษณะระนาบของใบ การเรียงตัวของใบย่อย ลักษณะการติดของใบย่อยกับแกนกลางใบ สีและการโค้งตัวของแกนกลางใบ ก้านใบมีหรือไม่มีหนาม รูปร่างและสีของโคนเพศผู้ โคนเพศเมีย และเมล็ด การมีขนหรือไม่มีขนปกคลุมโคนทั้งสองชนิด เพื่อนำมาใช้ในการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของปรองสกุล *Zamia* ทั้ง 30 ชนิด

2. จากการคัดเลือกไพรเมอร์จำนวน 60 ชนิด (OPA 1-20, OPB 1-20, OPJ 1-20) เพื่อใช้สังเคราะห์ดีเอ็นเอของปรองสกุล *Zamia* พบว่าไพรเมอร์ 13 ชนิด (ตารางที่ 3) สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของปรองทั้ง 30 ชนิดนี้ได้ แต่มีเพียง 12 ชนิดเท่านั้น คือ ไพรเมอร์ 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 ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอและทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีรูปแบบแตกต่างกันขึ้น และเมื่อนำมาวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ NTSYS version 2.0 สามารถสร้างแผนภูมิและจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้

3. จากการวิเคราะห์ข้อมูลแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยใช้ไพรเมอร์ 12 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 (แบบที่ 1) พบว่าสามารถจัดกลุ่มปรองในสกุล *Zamia* ทั้งหมด 30 ชนิด ออกเป็น 6 กลุ่ม และแบ่งได้อีกเป็น 8 กลุ่มย่อย ซึ่งมีความสอดคล้องกันตามลักษณะสัณฐานวิทยาของลำต้น ใบ เมล็ด โคนเพศผู้และเพศเมียและสอดคล้องกับการกระจายพันธุ์ของปรองในบางกลุ่มเท่านั้น แต่เมื่อพิจารณาข้อมูลจากไพรเมอร์ 8 ชนิด คือ OPA-18, OPB-06, OPB-08, OPB-10, OPB-12, OPJ-13, OPJ-15 และ OPJ-20 (แบบที่ 2) สามารถจัดกลุ่มปรองในสกุล *Zamia* ทั้งหมด 30 ชนิด ออกเป็น 6 กลุ่ม แบ่งได้อีกเป็น 10 กลุ่มย่อย ซึ่งมีความสอดคล้องกันตามลักษณะสัณฐานวิทยาของ ลำต้น ใบ เมล็ด โคนเพศผู้และเพศเมียในแต่ละกลุ่ม รวมทั้งยังสอดคล้องกับการกระจายพันธุ์ของปรองในแต่ละกลุ่มอีกด้วย ถ้าเปรียบเทียบการวิเคราะห์ข้อมูลจากการใช้ไพรเมอร์ 12 ชนิด และ 8 ชนิด พบว่าการใช้ข้อมูลแถบดีเอ็นเอจากไพรเมอร์ 8 ชนิด

ค่อนข้างมีความจำเพาะและให้แถบดีเอ็นเอที่ชัดเจน มีผลทำให้การจัดกลุ่มของปรองสอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้ดียิ่งขึ้น รวมทั้งนี้ทำให้สมาชิกในแต่ละกลุ่มมีความสอดคล้องกับการกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติของปรองมากยิ่งขึ้นอีกด้วย

4. PCA (Principal Component Analysis) เป็นวิธีที่ใช้จัดกลุ่มสิ่งมีชีวิตในรูปแบบการกระจายตัวหรือการรวมกลุ่มถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลและศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของปรอง เมื่อใช้ข้อมูลจากแถบดีเอ็นเอของไพรเมอร์ทั้ง 12 ชนิดและ 8 ชนิดเปรียบเทียบกัน พบว่าสามารถจัดกลุ่มปรองออกได้เป็น 6 กลุ่มใหญ่เหมือนกัน ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA โดยใช้โปรแกรม NTSYS version 2.0