

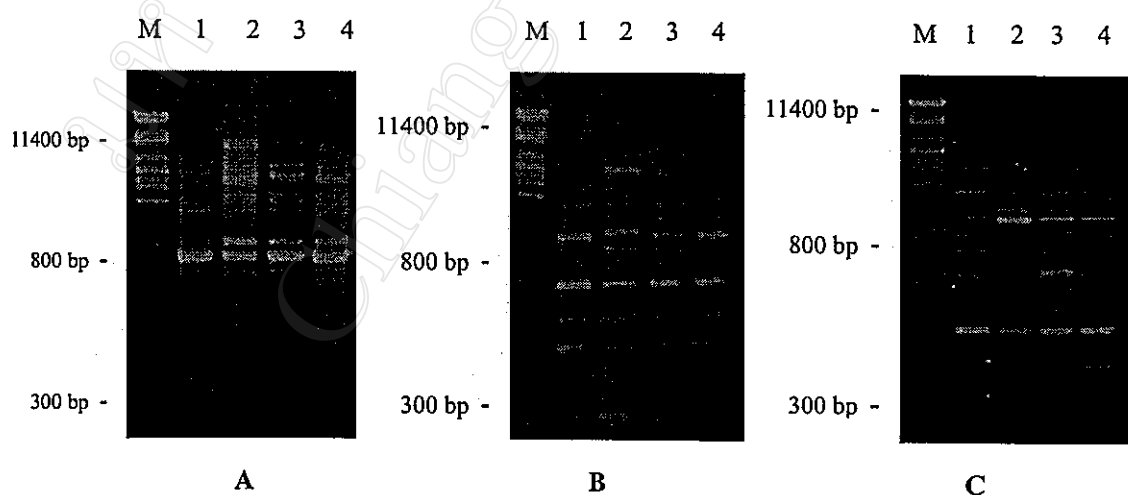
บทที่ 4

ผลการทดลอง

1. การศึกษาเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ ของลำไย

การศึกษานี้มีจุดประสงค์ที่จะศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอในแต่ละเนื้อเยื่อจากส่วนต่างๆ ของลำไย เพื่อให้ทราบถึงความแตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอระหว่างเนื้อเยื่อจากส่วนใบอ่อน เปลือกผล เนื้อ และเมล็ด และสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในอนาคตต่อไป

จากการทดลอง โดยเทคนิค HAT-RAPD ด้วยการใส่ 3 ไพรมเมอร์ ได้แก่ ไพรมเมอร์ OPAT05 OPG13 และ OPH13 (ภาพ 5) ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ คือ ใบอ่อน เนื้อ เปลือกผล และเมล็ด โดยที่ไพรมเมอร์ OPAT05 เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 15 แถบ ไพรมเมอร์ OPG13 เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 16 แถบ และไพรมเมอร์ OPH13 เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 19 แถบ ไม่พบว่ามีความแตกต่างของแถบลายพิมพ์ดีเอ็นเอระหว่างเนื้อเยื่อทั้ง 4 ชนิด ด้วยการใส่ทั้ง 3 ไพรมเมอร์ แต่จะมีความคมชัด (intensity) และความหนาแน่น (density) ของแถบดีเอ็นเอ ในแต่ละชนิดของเนื้อเยื่อมีไม่เท่ากัน

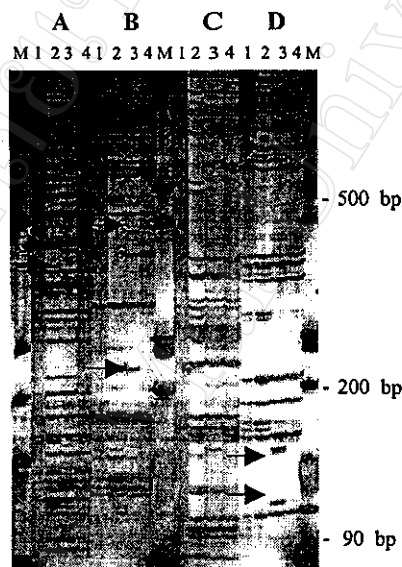


ภาพ 5 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ ของลำไย โดยเทคนิค HAT-RAPD

A = ไพรมเมอร์ OPAT05, B = ไพรมเมอร์ OPG13, C = ไพรมเมอร์ OPH13

M = λ /Pst I marker, 1 = ใบอ่อน, 2 = เนื้อ, 3 = เมล็ด, 4 = เปลือกผล

จากการทดลอง โดยเทคนิค AFLP โดยการใส่ 4 คู่ไพรเมอร์ คือ E+AAG/M+CTA E+ACT/M+CAG E+AGG/M+CTA และ E+AGG/M+CTT (ภาพ 6) พบว่า ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ คือ ใบอ่อน เนื้อ เปลือกผล และเมล็ด โดยที่ไพรเมอร์ E+AAG/M+CTA เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมดมากกว่า 100 แถบ มีแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกัน 7 แถบ ไพรเมอร์ E+ACT/M+CAG เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมดมากกว่า 100 แถบ มีแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกัน 5 แถบ ไพรเมอร์ E+AGG/M+CTA เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมดมากกว่า 100 แถบ มีแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกัน 3 แถบ ไพรเมอร์ E+AGG/M+CTT เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมดมากกว่า 100 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลที่มีความแตกต่างกัน 6 แถบ



ภาพ 6 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ ของลำไย โดยเทคนิค AFLP ด้วยการใส่ 4 คู่ไพรเมอร์

A = E+AAG/M+CTA, B = E+AGG/M+CTT, C = E+ACT/M+CAG,

D = E+AGG/M+CTA, M = λ /Pst I marker, 1 = ใบ, 2 = เนื้อ, 3 = เปลือกผล, 4 = เมล็ด

➔ ยกตัวอย่างแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลที่แตกต่างกันของเนื้อเยื่อต่างชนิด

เมื่อเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ ได้แก่ ใบ เนื้อ เปลือกผล และเมล็ด ระหว่างเทคนิค HAT-RAPD และเทคนิค AFLP พบว่า ลายพิมพ์ดีเอ็นเอในเทคนิค HAT-RAPD ด้วยการใส่ 3 ไพรเมอร์ ไม่พบความแตกต่างของแถบลายพิมพ์ดีเอ็นเอระหว่างเนื้อเยื่อทั้ง 4 ชนิด แต่จากเทคนิค AFLP โดยการใส่ 4 คู่ไพรเมอร์ พบแถบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกันระหว่างเนื้อเยื่อทั้ง 4 ชนิด มีจำนวนทั้งหมด 21 แถบ

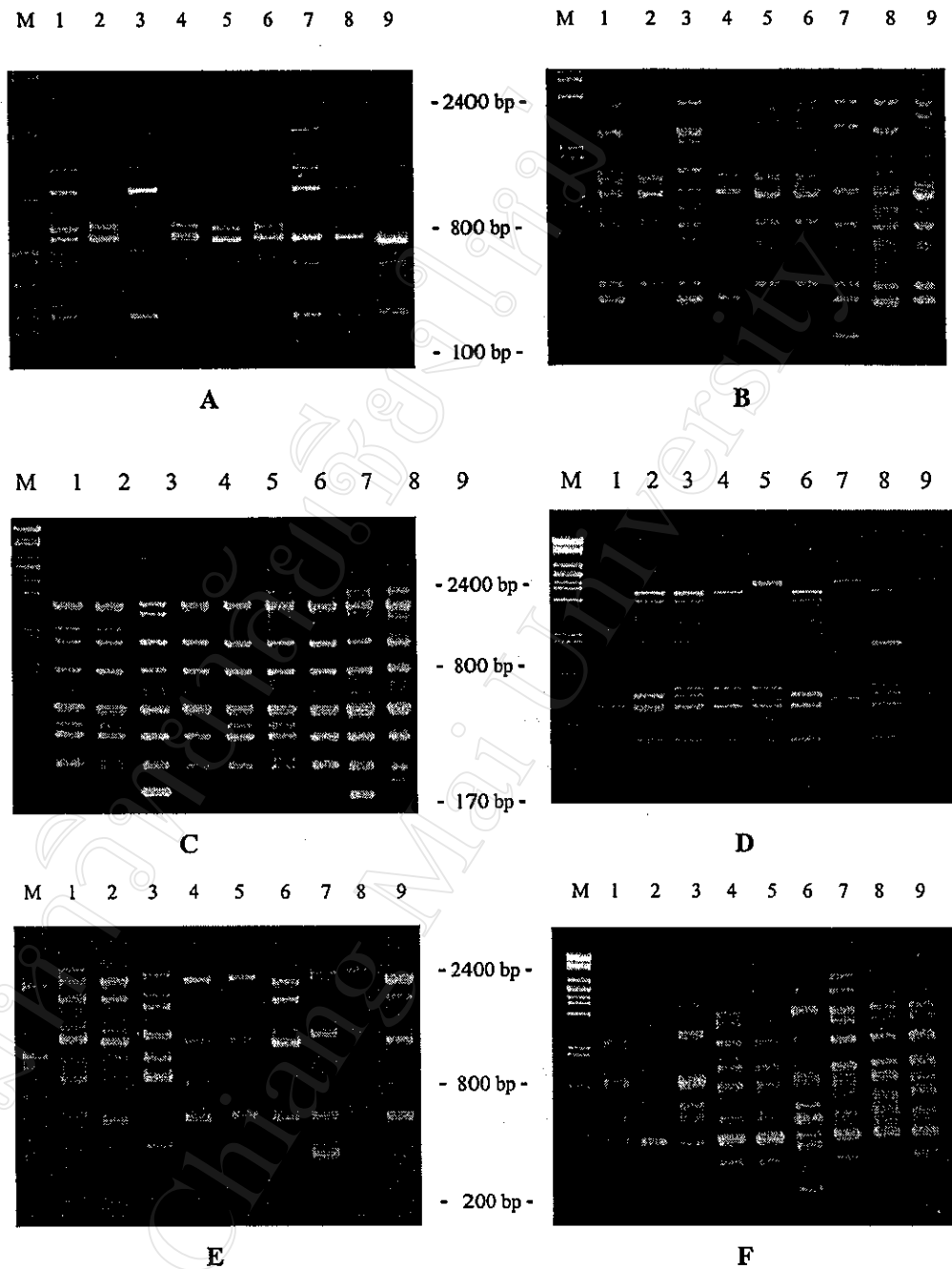
2. การเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอในลำไย 9 พันธุ์ ระหว่างเทคนิค HAT-RAPD และ AFLP

การศึกษาเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอในลำไย 9 พันธุ์ ระหว่างเทคนิค HAT-RAPD และ AFLP นี้มีจุดประสงค์ เพื่อให้ทราบถึงความแตกต่างของผลจากการวิเคราะห์ ระหว่างเทคนิค HAT-RAPD และ AFLP เป็นข้อมูลเบื้องต้น ที่จะนำไปสนับสนุนการจำแนกพันธุ์ลำไยของนักอนุกรมวิธาน และสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในอนาคตต่อไป

จากการวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เกิดจากเทคนิค HAT-RAPD โดยการใช้ 6 ไพรมอร์ ได้แก่ OPAK10 OPAK14 OPAS10 OPD20 OPG13 และ OPH13 (ภาพ 7) พบว่า เกิดแถบดีเอ็นเอ ทั้งหมด 172 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วง 150-2,700 คู่เบส และเกิดแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกันจำนวน 123 แถบ (ตาราง 7) ซึ่งใช้บ่งบอกความแตกต่างระหว่างพันธุ์ของลำไย ทั้ง 9 พันธุ์ได้

ตาราง 7 แสดงรายชื่อของไพรมอร์ และจำนวนแถบดีเอ็นเอ โดยใช้เทคนิค HAT-RAPD กับ ลำไย 9 พันธุ์

รายชื่อ primers	bands ทั้งหมด	การเก็บข้อมูล polymorphic bands	จำนวน polymorphic ต่อ primer (%)	ช่วงน้ำหนักโมเลกุล ของ bands ที่เกิด (bp)
1. OPAK 10	24	21	87.5	250 – 2,300
2. OPAK 14	36	17	47.2	150 – 2,700
3. OPAS 10	33	23	69.7	200 – 2,700
4. OPD 20	21	14	76.2	170 – 2,200
5. OPG 13	28	23	82.1	200 – 2,400
6. OPH 13	30	23	76.7	300 – 2,500
Total	172	123		



ภาพ 7 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอของลำไย 9 สายพันธุ์ โดยเทคนิค HAT-RAPD

ด้วยการใช้ 6 ไพรเมอร์

A = ไพรเมอร์ OPAK10, B = ไพรเมอร์ OPAK14, C = ไพรเมอร์ OPAS10,

D = ไพรเมอร์ OPD20, E = ไพรเมอร์ OPG13 และ F = ไพรเมอร์ OPH13

M = ladder marker, 1 = เพชรสาคร, 2 = พวงทอง, 3 = ปิงปอง, 4 = เปี้ยวเขียว,

5 = แห้ว, 6 = สีมชมพู, 7 = สกเกี้ยน, 8 = เวียดนาม และ 9 = ลิ้นจี่

จากข้อมูลที่ได้ (ตาราง 1 ภาคผนวก) ทำให้จำแนกพันธุ์ลำไยทั้ง 9 พันธุ์ ออกเป็นกลุ่มใหญ่ๆ ได้ 2 กลุ่ม (ภาพ 8) ดังนี้

กลุ่มที่ 1 ได้แก่พันธุ์เบ๊ยวเจียว ลิ่นจี พวงทอง แห้ว สีมพู และชกเกียน
ในกลุ่มที่ 1 แบ่งเป็นกลุ่มย่อย ได้ 4 กลุ่มย่อย ดังนี้

กลุ่มย่อยที่ 1.1 ได้แก่พันธุ์เบ๊ยวเจียว และสายพันธุ์ลิ่นจี

กลุ่มย่อยที่ 1.2 ได้แก่พันธุ์ พวงทอง และแห้ว

กลุ่มย่อยที่ 1.3 ได้แก่พันธุ์ สีมพู

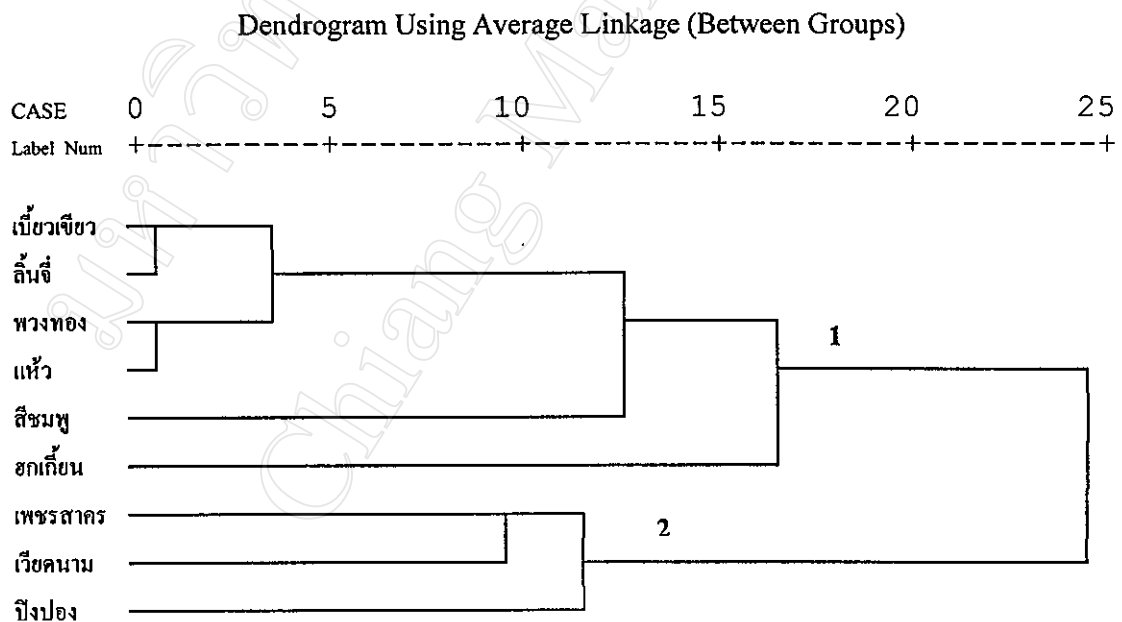
กลุ่มย่อยที่ 1.4 ได้แก่พันธุ์ ชกเกียน

กลุ่มที่ 2 ได้แก่พันธุ์ เพชรสาคร เวียดนาม และปึงปอง

ซึ่งในกลุ่มที่ 2 แบ่งเป็นกลุ่มย่อย ได้ 2 กลุ่มย่อย ดังนี้

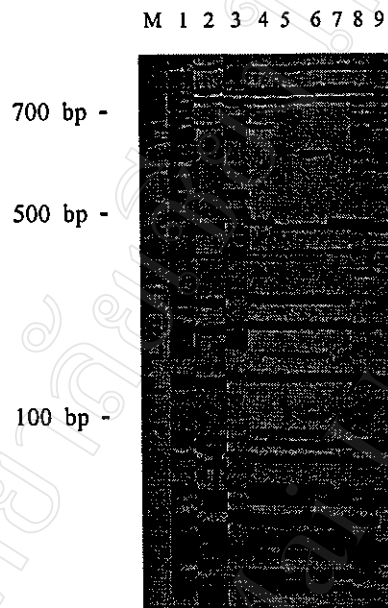
กลุ่มย่อยที่ 2.1 ได้แก่พันธุ์เพชรสาคร และพันธุ์เวียดนาม

กลุ่มย่อยที่ 2.2 ได้แก่พันธุ์ปึงปอง



ภาพ 8 dendrogram แสดงความสัมพันธ์ของลำไย 9 สายพันธุ์ โดยเทคนิค HAT-RAPD ด้วยการใช้อยู่ 6 โปรแกรม

การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เกิดจากการใช้เทคนิค AFLP โดยใช้ 1 คู่ไพรเมอร์ พบว่าเกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมดมากกว่า 200 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วง 50-800 คู่เบส และเกิดแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกันจำนวน 51 แถบ (ตาราง 5) ซึ่งใช้บ่งบอกความแตกต่างระหว่างพันธุ์ลำไยทั้ง 9 พันธุ์ได้



ภาพ 9 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอของลำไย 9 พันธุ์ โดยเทคนิค AFLP

ด้วยการใช้ 1 คู่ไพรเมอร์ คือ E+ACT/M+CAT

M = ladder marker, 1 = เพชรสาร, 2 = พวงทอง, 3 = ปิงปอง, 4 = เบี้ยวเขียว, 5 = แห้ว, 6 = สีส้มพู, 7 = สกเกี้ยน, 8 = เวียดนาม และ 9 = ลิ้นจี่

ตาราง 8 แสดงลำดับเบสของคู่ไพรเมอร์ และจำนวนแถบดีเอ็นเอ โดยใช้เทคนิค AFLP กับลำไย 9 พันธุ์

primers combinations	sequence 5' - 3'	bands ทั้งหมด	polymorphic	ช่วงน้ำหนักโมเลกุลของ bands ที่เกิด (bp.)
E+ACT/ M+CAT				
	5'- GACTGCGTACC AATTC <u>ACT</u> - 3'			
	5'- GATGAGTCCTGAG TAA <u>CAT</u> - 3'	> 200	51	50 - 800

จากข้อมูลที่ได้ (ตาราง 2 ภาคผนวก) ทำให้จำแนกพันธุ์ลำไยทั้ง 9 พันธุ์ ออกเป็นกลุ่มได้ 2 กลุ่ม (ภาพ 10) ดังนี้

กลุ่มที่ 1 ได้แก่พันธุ์ แห้ว สีส้มพู พวงทอง เบี้ยวเขียว สกเกี้ยน และลั่นจี่
ในกลุ่มที่ 1 แบ่งเป็นกลุ่มย่อย ได้ 4 กลุ่มย่อย ดังนี้

กลุ่มย่อยที่ 1.1 ได้แก่พันธุ์ แห้ว และสีชมพู

กลุ่มย่อยที่ 1.2 ได้แก่พันธุ์ พวงทอง และเบี้ยวเขียว

กลุ่มย่อยที่ 1.3 ได้แก่พันธุ์ สกเกี้ยน

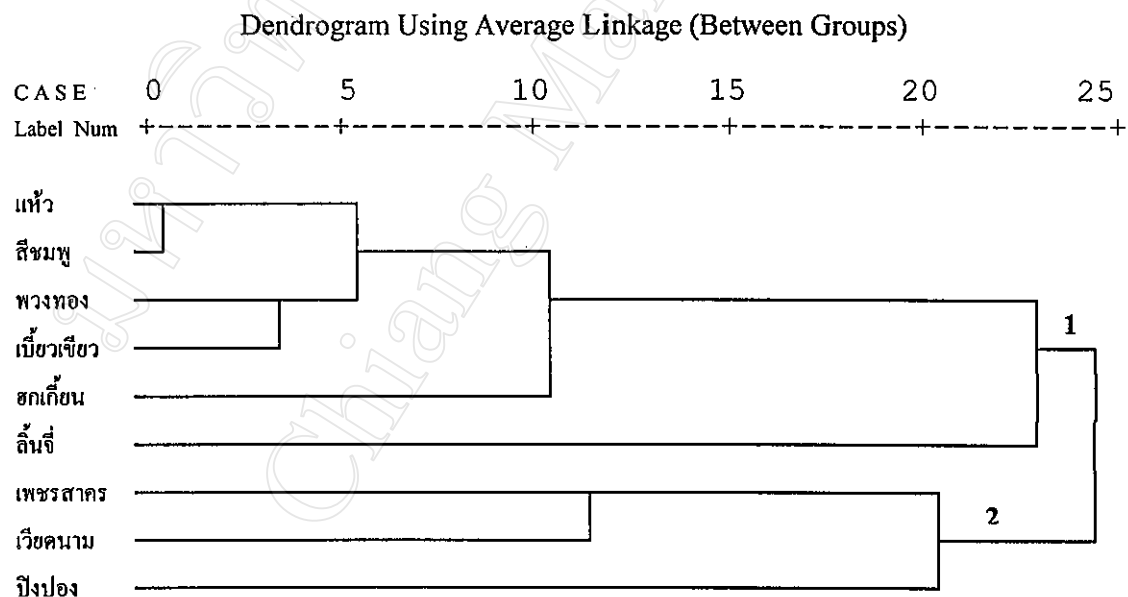
กลุ่มย่อยที่ 1.4 ได้แก่สายพันธุ์ ลั่นจี่

กลุ่มที่ 2 ได้แก่พันธุ์เพชรสาคร พันธุ์เวียงคานาม และพันธุ์ปึงปอง

ในกลุ่มที่ 2 ยังเป็นกลุ่มย่อย ได้ 2 กลุ่มย่อย ดังนี้

กลุ่มย่อยที่ 2.1 ได้แก่พันธุ์เพชรสาคร และพันธุ์เวียงคานาม

กลุ่มย่อยที่ 2.2 ได้แก่พันธุ์ปึงปอง

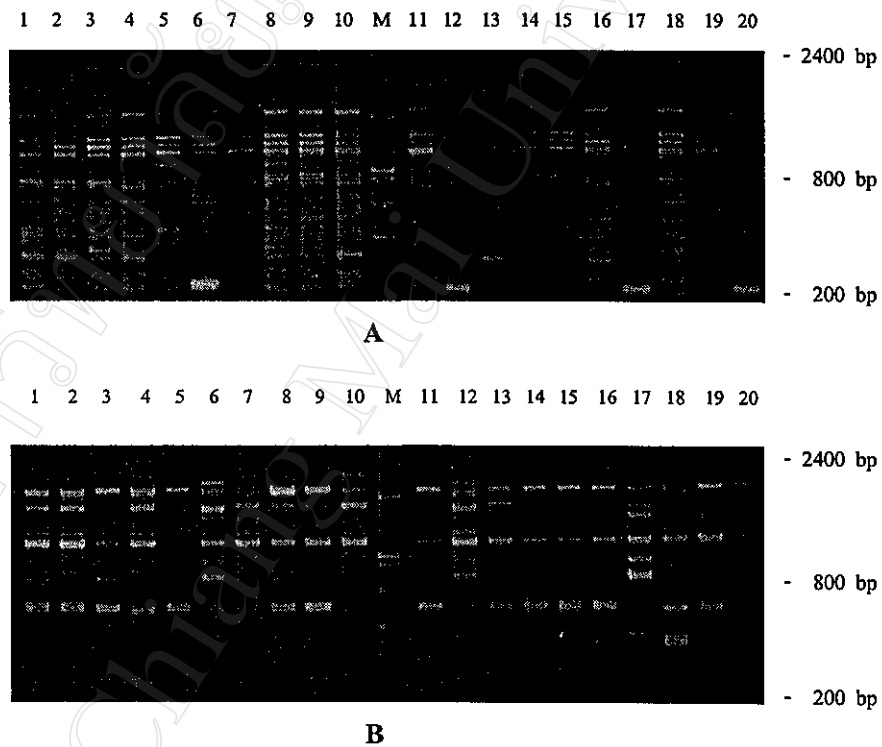


ภาพ 10 แสดงความสัมพันธ์ของลำไยทั้ง 9 พันธุ์ โดยเทคนิค AFLP ด้วยการใช้ 1 คู่ไพรเมอร์ คือ E+ACT/M+CAT

3. การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลำไย 20 พันธุ์ ด้วยเทคนิค HAT-RAPD

การศึกษาคความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลำไย 20 พันธุ์ นี้มีจุดประสงค์ เพื่อให้ทราบถึงความแตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอในแต่ละพันธุ์ และสายพันธุ์ของลำไยทั้งหมดที่ทำการทดลองเป็นข้อมูลเบื้องต้นเพื่อสนับสนุนการจัดจำแนกพันธุ์ลำไยของนักอนุกรมวิธาน และสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในอนาคตต่อไป

การวิเคราะห์พันธุกรรมของพันธุ์ลำไย ด้วยการใช้เทคนิค HAT-RAPD โดยเตรียมดีเอ็นเอจากใบอ่อนของลำไย 20 พันธุ์ พบว่า การวิเคราะห์แยกแต่ละไพรเมอร์ ทำให้จำแนกพันธุ์ลำไยทั้ง 20 พันธุ์ แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันได้ดังนี้



ภาพ 11 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอของลำไย 20 พันธุ์ โดยการใช้เทคนิค HAT-RAPD

ด้วยการใช้ไพรเมอร์ OPA13(A) และ OPG13(B)

M = ladder marker, 1 = คอ, 2 = สีชมพู, 3 = เบี้ยวเขียว, 4 = พวงทอง, 5 = คอเขียวราย 13, 6 = นราภิรมย์, 7 = คอน่าน, 8 = ลิ้นจี่, 9 = กะทิ, 10 = พวงทอง 05, 11 = แห้ว, 12 = เพชรสาคร, 13 = คอห้างฉัตร 46, 14 = คอลำพูน 01, 15 = คอนครพนม,

จากภาพ 11(A) แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยใช้ HAT-RAPD ด้วยไพรเมอร์ OPA13 ซึ่งเกิดการสังเคราะห์ดีเอ็นเอทั้งหมด 35 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วง 100-2,400 คู่เบส เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกัน 24 แถบ ทำให้จำแนกความสัมพันธ์ของลำไย 20 พันธุ์ แบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม (ภาพ 12) ดังนี้

กลุ่มที่ 1 ได้แก่พันธุ์ เพชรสาคร เวียดนาม นราภิรมย์ และปึงปอง

กลุ่มที่ 2 ได้แก่พันธุ์ พวงทอง พวงทอง 05 คอห่านดำ 46 คอหลวง เบี้ยวเขียว กะทิ และชกเกียน

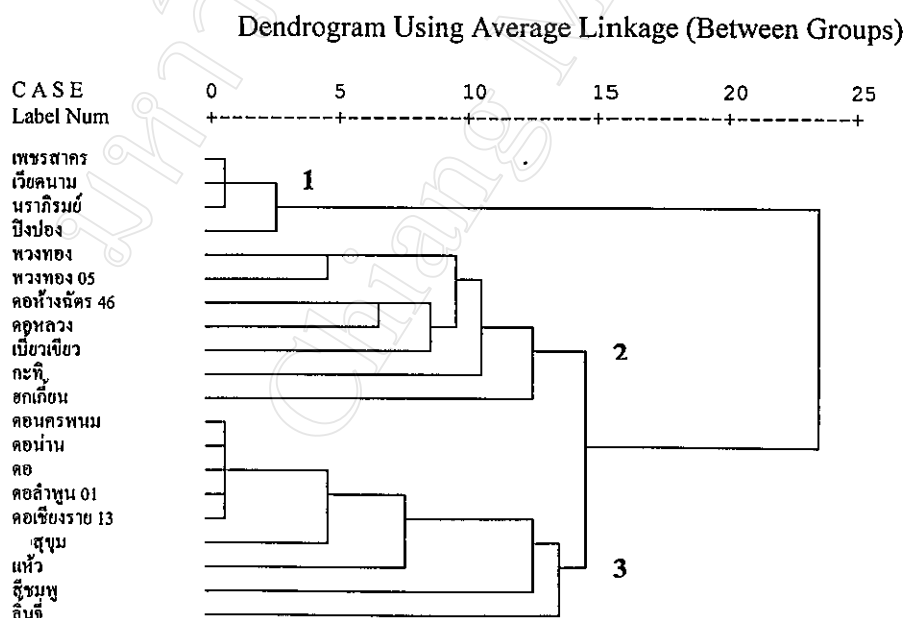
กลุ่มที่ 3 ได้แก่พันธุ์ คอนครพนม คอน่าน คอ คอลำพูน 01 คอเขียงราย 13 สุนัข และแบ่งกลุ่มย่อย ได้ 4 กลุ่มย่อย ดังนี้

กลุ่มย่อยที่ 3.1 ได้แก่พันธุ์คอนครพนม คอน่าน คอ คอลำพูน 01 คอเขียงราย 13 และคอสุนัข

กลุ่มย่อยที่ 3.2 ได้แก่พันธุ์แห้ว

กลุ่มย่อยที่ 3.3 ได้แก่พันธุ์สีชมพู

กลุ่มย่อยที่ 3.4 ได้แก่พันธุ์ลินจี่ ซึ่งมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันน้อยมาก



ภาพ 12 dendrogram แสดงความสัมพันธ์ของลำไย 20 พันธุ์ โดยเทคนิค HAT-RAPD ด้วยไพรเมอร์ OPA13

จากภาพ 11(B) แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยใช้ HAT-RAPD ด้วยไพรเมอร์ OPG13 ซึ่งทำให้เกิดการสังเคราะห์ดีเอ็นเอทั้งหมด 30 แถบ น้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วง 200-2,400 คู่เบส เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกัน 18 แถบ จำแนกความสัมพันธ์ของลำไย 20 พันธุ์ ออกเป็นกลุ่ม (ภาพ 13) ดังนี้

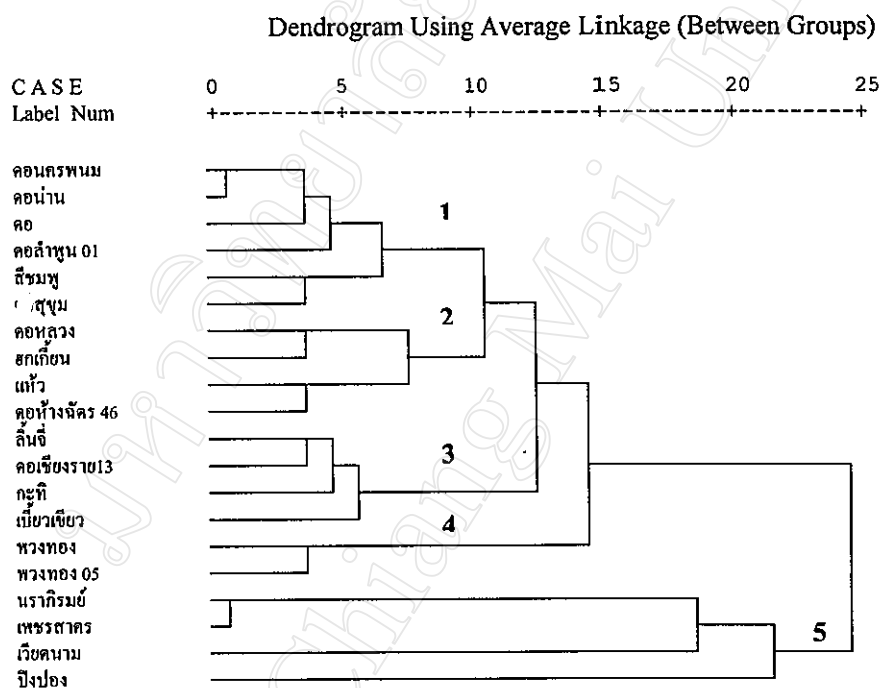
กลุ่มย่อยที่ 1 ได้แก่พันธุ์ คอนครพนม คอน่าน คอ คอลำพูน 01 สีส้มพู และ สุขุม

กลุ่มย่อยที่ 2 ได้แก่พันธุ์ คอหลวง สกเกียน แก้ว และคอห่านจักร 46

กลุ่มย่อยที่ 3 ได้แก่พันธุ์ ลิ่นจี่ คอเขียงราย 13 กะทิ และเบี้ยวเขียว

กลุ่มย่อยที่ 4 ได้แก่พันธุ์ พวงทอง และพวงทอง 05

กลุ่มย่อยที่ 5 ได้แก่พันธุ์ นราภิรมย์ เพชรสาคร เวียดนาม และปึงปอง



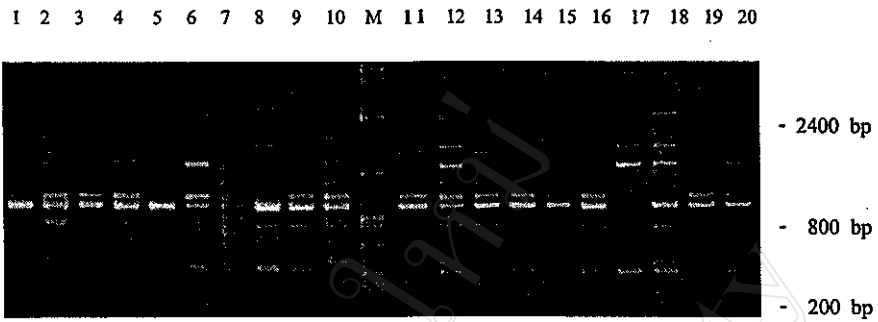
ภาพ 13 dendrogram แสดงความสัมพันธ์ของลำไย 20 พันธุ์ โดยเทคนิค HAT-RAPD ด้วยไพรเมอร์ OPG13

จากภาพ dendrogram (ภาพ 12 และภาพ 13) พบว่า จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลำไย 20 พันธุ์ โดยใช้เทคนิค HAT-RAPD ด้วยการใช้น้ำแต่ละไพรเมอร์ เนื่องจากมีแถบดีเอ็นเอจำนวนน้อย คือ ในไพรเมอร์ OPA13 มีแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลที่แตกต่างกันเพียง 24 แถบ และไพรเมอร์ OPG13 มีแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลที่แตกต่างกันเพียง 18 แถบ ทำให้การจำแนกกลุ่มของพันธุ์ลำไยไม่สอดคล้องกับประวัติพันธุ์ จึงเพิ่มปริมาณไพรเมอร์ เพื่อจะได้มีปริมาณของแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลที่แตกต่างกันมากขึ้น การวิเคราะห์ก็จะสามารถสอดคล้องไปในทิศทางเดียวกับประวัติพันธุ์ ดังผลการทดลอง ดังนี้

การวิเคราะห์พันธุกรรมของพันธุ์ลำไย ด้วยการใช้เทคนิค HAT-RAPD โดยมีการเตรียมดีเอ็นเอจากใบอ่อนของลำไย 20 พันธุ์ แล้วนำไปเพิ่มปริมาณโดยอาศัยปฏิกิริยา PCR และตรวจสอบด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิส จากการทดลองทั้ง 10 ไพรเมอร์ ได้แก่ OPA13 OPAK10 OPB18 OPG13 OPT15 OPW06 OPW09 OPX01 OPX15 และ OPZ01 (ภาพ 14-16) พบว่า เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 305 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วง 100-2,500 คู่เบส เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกันจำนวน 163 แถบ ซึ่งใช้จำแนกความแตกต่างและวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์ลำไยทั้ง 20 พันธุ์ได้

ตาราง 9 แสดงรายชื่อของไพรเมอร์ และจำนวนแถบดีเอ็นเอ โดยใช้เทคนิค HAT-RAPD กับลำไย 20 พันธุ์

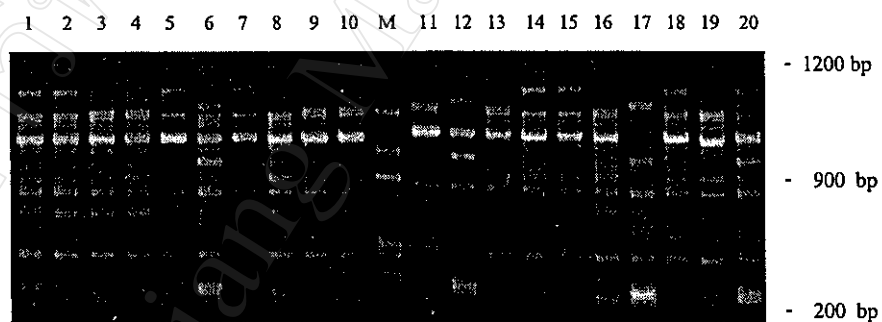
รายชื่อ primers	bands ทั้งหมด	การให้คะแนนของ polymorphic bands	จำนวน polymorphic ต่อ primer (%)	ช่วงน้ำหนักโมเลกุลของ bands ที่เกิด (bp)
1. OPA 13	35	24	68.6	100 – 2,400
2. OPAK 10	35	14	40	250 – 2,300
3. OPB 18	30	12	40	200 – 1,200
4. OPG 13	30	18	60	200 – 2,400
5. OPT 15	29	18	62.0	300 – 1,400
6. OPW 06	34	23	67.7	200 – 2,400
7. OPW 09	36	20	55.6	300 – 2,200
8. OPX 01	10	9	90	600 – 1,100
9. OPX 15	42	15	35.7	170 – 2,500
10. OPZ 01	24	10	41.7	200 – 2,500
Total	305	163		



A



B

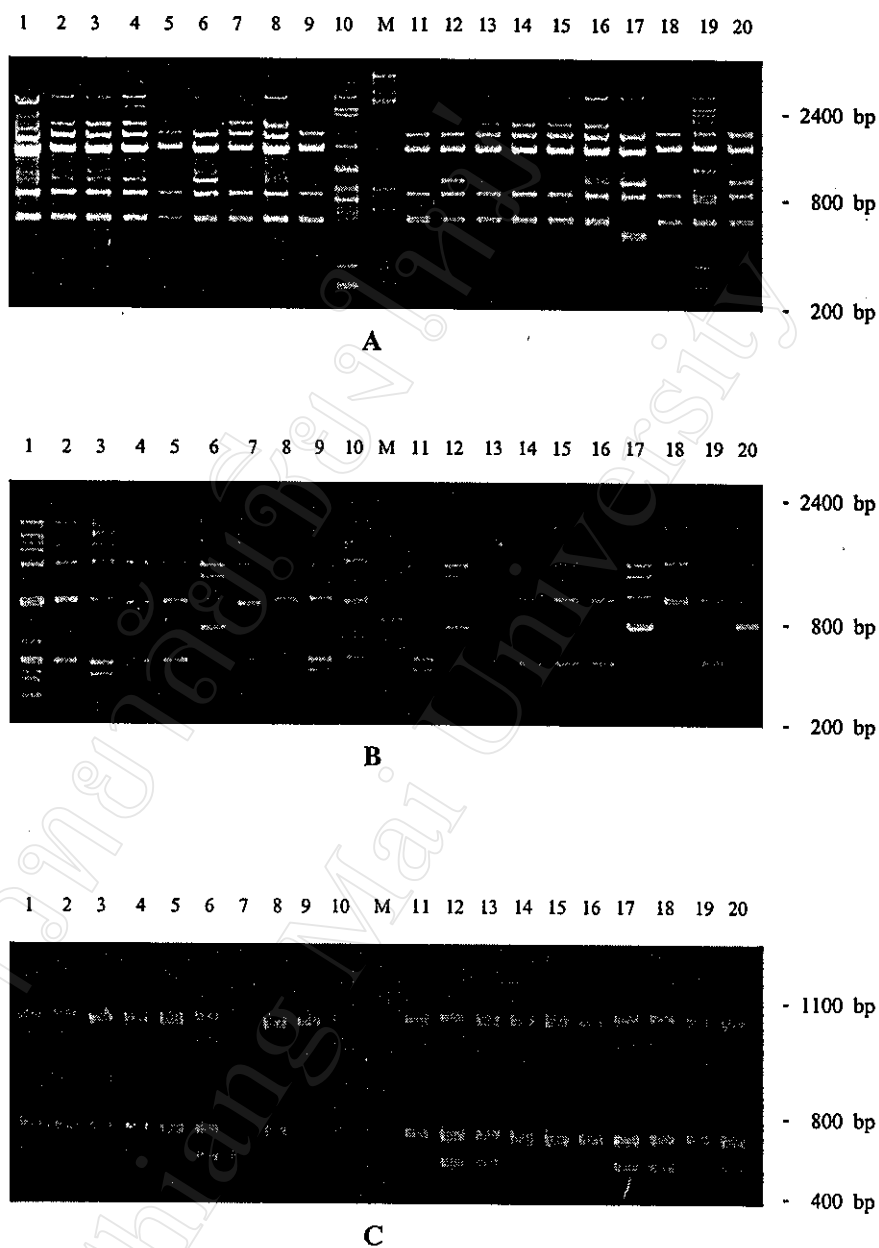


C

ภาพ 14 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอของลำไย 20 พันธุ์ โดยใช้เทคนิค HAT-RAPD

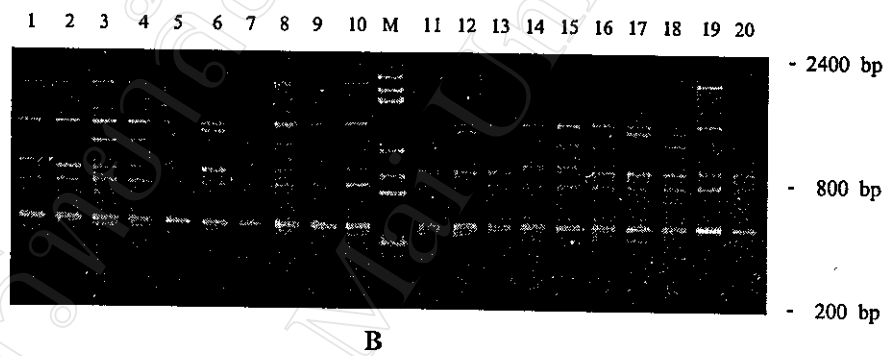
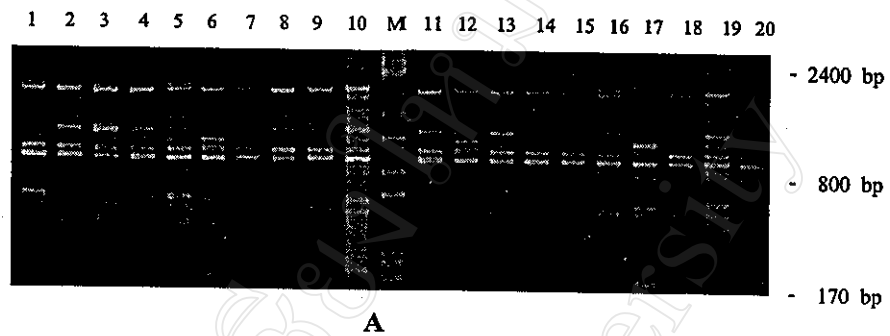
ด้วยการใช้ไพรเมอร์ OPAK10(A) OPB18(B) และ OPT15(C)

M = ladder marker, 1 = คอ, 2 = สีชมพู, 3 = เปี้ยวเขียว, 4 = พวงทอง, 5 = คอเขียวราย 13, 6 = นราภิรมย์, 7 = คอน่าน, 8 = ถิ่นจี, 9 = กะทิ, 10 = พวงทอง 05, 11 = แห้ว, 12 = เพชรสาคร, 13 = คอห่านฉัตร 46, 14 = คอลำพูน 01, 15 = คอนครพนม, 16 = คอหลวง, 17 = ปิงปอง, 18 = ชกเกียน, 19 = สุขุม และ 20 = เวียดนาม



ภาพ 15 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอของลำไย 20 พันธุ์ โดยใช้เทคนิค HAT-RAPD ด้วยการใส่ไพรเมอร์ OPW06(A) OPW09(B) และ OPX01(C)

M = ladder marker, 1 = คอ, 2 = สีชมพู, 3 = เปี้ยวเขียว, 4 = พวงทอง, 5 = คอเขียวราย 13, 6 = นราภิรมย์, 7 = คอน่าน, 8 = ถิ่นจี่, 9 = กะทิ, 10 = พวงทอง 05, 11 = แห้ว, 12 = เพชรสาคร, 13 = คอห้างฉัตร 46, 14 = คอลำพูน 01, 15 = คอนกรพนม, 16 = คอหลวง, 17 = ปิงปอง, 18 = ชกเกียน, 19 = สุ่ม และ 20 = เวียดนาม



ภาพ 16 แสดงลายพิมพ์ดีเอ็นเอของลำไย 20 พันธุ์ โดยใช้เทคนิค HAT-RAPD ด้วยการใส่ไพรเมอร์ OPX15(A) และ OPZ01(B)

M = ladder marker, 1 = คอ, 2 = สีส้มพู, 3 = เปี้ยวเปี้ยว, 4 = พวงทอง, 5 = คอเขียงราย 13, 6 = นราภิรมย์, 7 = คอน่าน, 8 = ลิ่นจี่, 9 = กะทิ, 10 = พวงทอง 05, 11 = แห้ว, 12 = เพชรสาคร, 13 = คอห้านฉัตร 46, 14 = คอลำพูน 01, 15 = คอนครพนม, 16 = คอหลวง, 17 = ปิงปอง, 18 = สกเกี้ยน, 19 = สุชุม และ 20 = เวียดนาม

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลำไย 20 พันธุ์ โดยใช้เทคนิค HAT-RAPD พบว่า ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เกิดการใช้ทั้งหมด 10 ไพรเมอร์ ได้แก่ ไพรเมอร์ OPA13 OPAK10 OPB18 OPG13 OPT15 OPW06 OPW09 OPX01 OPX15 และ OPZ01 (ภาพ 11 และภาพ 14-16) เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 305 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วง 100-2,500 คู่เบส เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกันจำนวน 163 แถบ (ตาราง 9) และเมื่อนำข้อมูลที่ได้ (ตาราง 3 ภาคผนวก) ไปวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูปทางสถิติ SPSS วิเคราะห์ด้วย cluster analysis และแสดงความสัมพันธ์โดยวิธี UPGMA เพื่อเสนอเป็น dendrogram (ภาพ 17) สามารถจำแนกความแตกต่างพันธุ์ลำไยทั้ง 20 สายพันธุ์ได้ โดยมีการแบ่งกลุ่มย่อย ออกตามลำดับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ดังนี้

กลุ่มที่ 1 ได้แก่กลุ่มพันธุ์คอทั้งหมด และแบ่งออกเป็นกลุ่มย่อย ได้ 2 กลุ่มย่อยดังนี้

กลุ่มย่อยที่ 1.1 ได้แก่พันธุ์ คอนครพนม คอน่าน คอ คอลำพูน 01

คอเชียงราย 13 และสีชมพู

กลุ่มย่อยที่ 1.2 ได้แก่พันธุ์ แห้ว คอห้างฉัตร 46 คอหลวง และ สุขุม

กลุ่มที่ 2 แบ่งออกเป็น 3 กลุ่มย่อยๆ ดังนี้

กลุ่มย่อยที่ 2.1 ได้แก่พันธุ์ ฮกเกี้ยน

กลุ่มย่อยที่ 2.2 ได้แก่สายพันธุ์ ถิ่นจี กะทิ และพันธุ์เปี้ยวเขียว

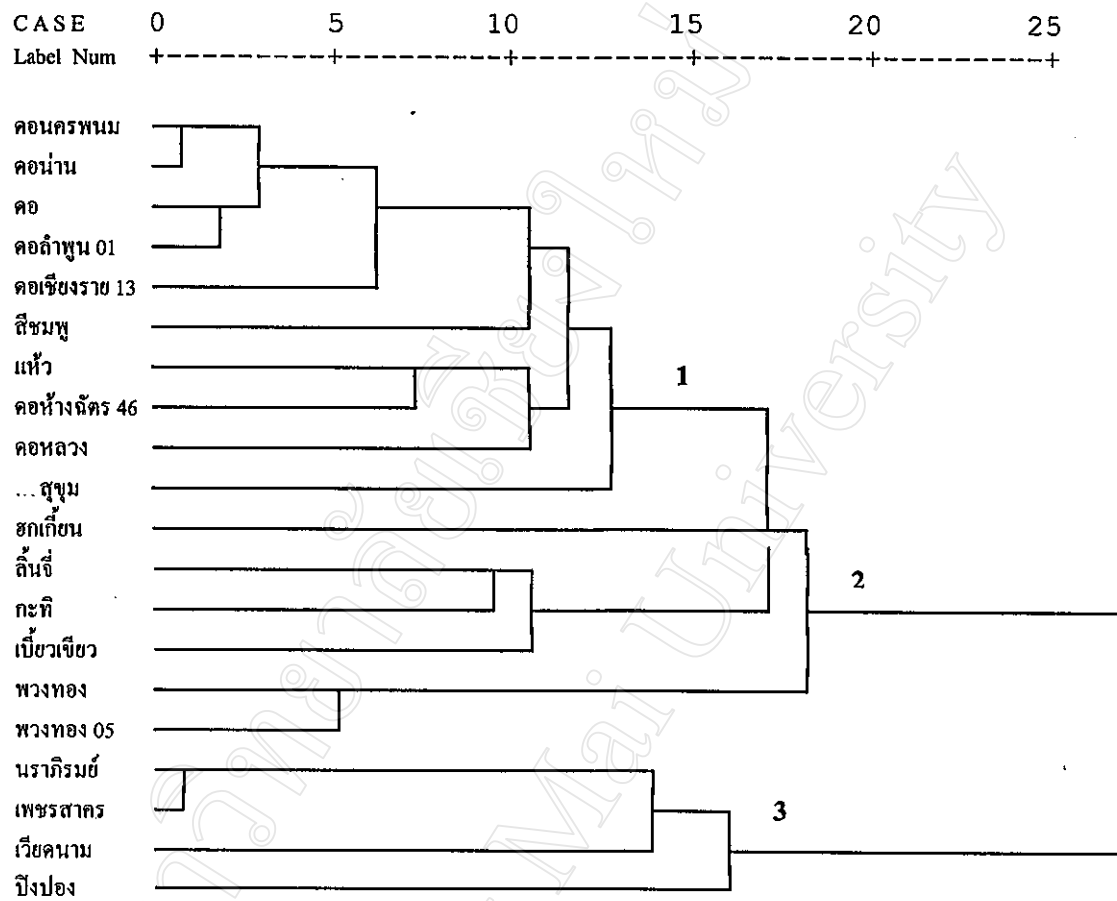
และกลุ่มย่อยที่ 2.3 ได้แก่พันธุ์ พวงทอง และพวงทอง 05

และกลุ่มสุดท้าย คือ กลุ่มที่ 3 แบ่งออกเป็นกลุ่มย่อยๆ ได้ 2 กลุ่มดังนี้

กลุ่มย่อยที่ 3.1 ได้แก่สายพันธุ์นราภิรมย์ และพันธุ์เพชรสาคร

กลุ่มย่อยที่ 3.2 ได้แก่สายพันธุ์ เวียดนาม และปึงปอง

Dendrogram Using Average Linkage (Between Groups)



ภาพ 17 dendrogram แสดงความสัมพันธ์ของลำไย 20 พันธุ์ โดยเทคนิค HAT-RAPD ด้วยการใส่ 10 ไพรมเมอร์