บทที่ 4

ผลการทดลอง

1. การศึกษาลักษณะทางสัณฐานของกล้วยไม้สกุลหวายชนิดเอื้องแซะ

ลักษณะทางสัณฐานที่ทำการศึกษาในการทดลองนี้มี 3 ลักษณะ คือลักษณะของลำลูกกล้วย ได้แก่ ความสูงของลำลูกกล้วย ลักษณะของใบ ได้แก่ ความกว้างและยาวของใบ จำนวนใบต่อลำลูกกล้วย ลักษณะของดอก ได้แก่ ขนาดของดอก ความกว้างและยาวของกลีบดอกชั้นในและนอก ความกว้างและยาวของส่วนปาก (ตารางที่ 3) ของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง (ภาพที่ 1) เอื้องแซะจาก อ.ปางมะผ้า (ภาพที่ 2) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว (ภาพที่ 3) และเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (ภาพที่ 4)

ลักษณะลำลูกกล้วย

ลำลูกกล้วยของเอื้องแซะจะมีกาบใบสีน้ำตาลอ่อนหุ้มตลอดทั้งลำ และตามกาบใบมีขนสีดำขึ้นปกคลุม เมื่อลำแก่ทิ้งใบและกาบใบหลุดทำให้ลำลูกกล้วยมีสีเหลืองอ่อน พร้อมกับมีร่องตามยาวของลำ นอกจากนี้ลำลูกกล้วยของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีความสูง เท่ากับ 8.44 ± 3.52 เซนติเมตร เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า 7.40 ± 2.78 เซนติเมตร เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว 7.44 ± 2.26 เซนติเมตร และ เอื้องแซะจากดอยขุนตาลมีลำลูกกล้วยสูงที่สุดคือ 8.48 ± 3.57 เซนติเมตร เมื่อนำมาวิเคราะห์ความแตกต่างของค่าเฉลี่ยความสูงของลำลูกกล้วยที่ระดับความเชื่อมั่น 95 % พบว่า ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ (ตารางที่ 3)

ลักษณะใบ

ใบของเอื้องแซะจากทุกแหล่งมีสีเขียวอ่อนปนเหลือง เป็นมัน ตามท้องใบมีขนสีดำประปราย และด้านปลายใบมีลักษณะเว้าเฉียงๆ สำหรับค่าเฉลี่ยความกว้างและความยาวของใบ พบว่า ใบของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง กว้าง 1.45 ± 0.44 เซนติเมตร ยาว 5.52 ± 1.63 เซนติเมตร จาก อ. ปางมะผ้า กว้าง 1.32 ± 0.35 เซนติเมตร ยาว 5.36 ± 1.77 เซนติเมตร จาก อ. เชียงดาว กว้าง 1.11 ± 0.53 เซนติเมตร ยาว 6.08 ± 2.18 เซนติเมตร และจากดอยขุนตาล กว้าง 1.49 ± 0.37 เซนติเมตร ยาว 5.76 ± 1.34 เซนติเมตร เมื่อนำมาวิเคราะห์ความแตกต่างของค่าเฉลี่ยความกว้างและยาวของใบที่ระดับความเชื่อมั่น 95% พบว่าเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ปางมะผ้า

และ ดอยขุนตาล มีค่าเฉลี่ยความกว้างของใบมากกว่า และแตกต่างจาก อ. เชียงดาวอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ สำหรับค่าเฉลี่ยของความยาวของใบไม่มีความแตกต่างทางสถิติ สำหรับจำนวนใบต่อลำลูกกล้วย พบว่าเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีจำนวนใบต่อลำเท่ากับ 2.68 ± 0.84 จาก อ. ปางมะผ้า 2.28 ± 0.77 จาก อ. เชียงดาว 1.91 ± 0.70 และจากดอยขุนตาล 2.27 ± 0.57 และพบว่าค่าเฉลี่ยของจำนวนใบต่อลำลูกกล้วยของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง มากกว่า และมีความแตกต่างจาก อ. เชียงดาว อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 % (ตารางที่ 3)

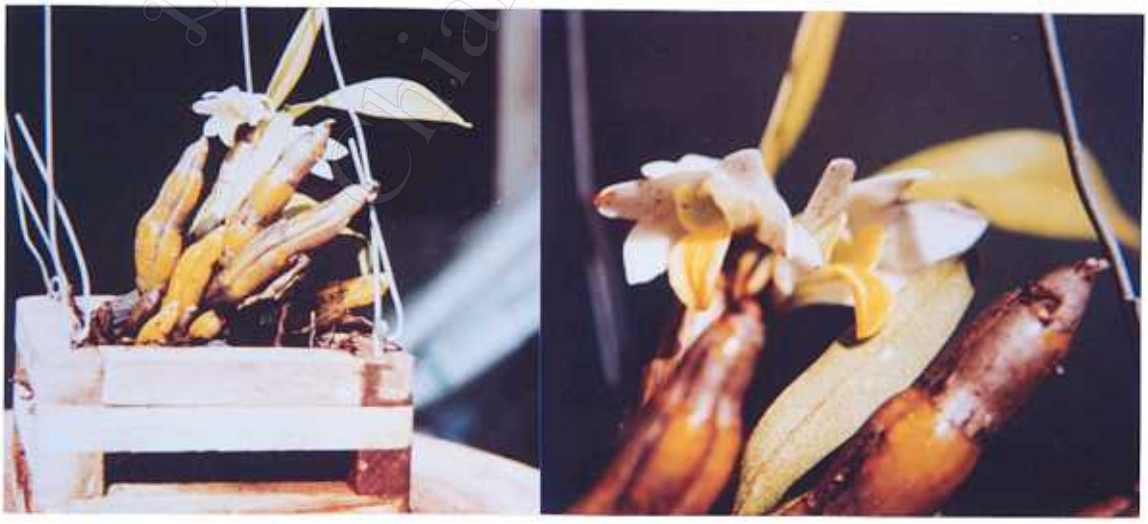
ลักษณะดอก

เอื้องแซะมีดอกที่มีกลิ่นหอม กลีบดอกสีขาวเป็นมัน ด้านหลังกลีบมีเส้นสีเขียวจางๆ ยกเว้นเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า สำหรับสีของปาก (lip) พบว่า ดอกของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีสีเหลืองอ่อน จาก อ. ปางมะผ้ามีสีส้ม จาก อ. เชียงดาวมีสีเหลืองส้ม และจากดอยขุนตาลมีส้มปนแสด และขนาดของดอก พบว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีความกว้าง ×ยาว ของดอก 2.70 ± 0.62 × 2.13 ± 0.29 เซนติเมตร ตามลำดับ จาก อ. ปางมะผ้า 2.68 ± 0.33 × 2.26 ± 0.19 เซนติเมตร จาก อ. เชียงดาว 2.40 ± 0.38 × 1.86 ± 0.29 เซนติเมตร และ จากดอยขุนตาล 2.57 ± 0.52 × 1.90 ± 0.25 เซนติเมตร เมื่อนำมาวิเคราะห์ความแตกต่างของค่าเฉลี่ยความกว้างและยาวของดอกที่ระดับความเชื่อมั่น 95% พบว่า ความกว้างของดอกเอื้องแซะทั้ง 4 แหล่งไม่มีความแตกต่างทางสถิติ ส่วนความยาวของดอกเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว และจากดอยขุนตาล มีค่าน้อยกว่า และมีความแตกต่างจาก อ. ปางมะผ้าอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ สำหรับความกว้างและยาวของกลีบดอกชั้นในและชั้นนอก พบว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีกลีบดอกชั้นในกว้าง 0.57 ± 0.01 เซนติเมตร ยาว 1.44 ± 0.04 เซนติเมตร กลีบดอกชั้นนอกกว้าง 0.57 ± 0.00 เซนติเมตร ยาว 1.61 ± 0.01 เซนติเมตร เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้ามีกลีบดอกชั้นในกว้าง 0.64 ± 0.00 เซนติเมตร ยาว 1.63 ± 0.02 เซนติเมตร กลีบดอกชั้นนอกกว้าง 0.67 ± 0.01 เซนติเมตร ยาว 1.82 ± 0.05 เซนติเมตร เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวมีกลีบดอกชั้นในกว้าง 0.59 ± 0.00 เซนติเมตร ยาว 1.47 ± 0.01 เซนติเมตร กลีบดอกชั้นนอกกว้าง 0.59 ± 0.01 เซนติเมตร ยาว 1.74 ± 0.05 เซนติเมตร และเอื้องแซะจากดอยขุนตาลมีกลีบดอกชั้นในกว้าง 0.65 ± 0.01 เซนติเมตร ยาว 1.61 ± 0.02 เซนติเมตร กลีบดอกชั้นนอกกว้าง 0.62 ± 0.04 เซนติเมตร ยาว 1.79 ± 0.01 เซนติเมตร เมื่อนำมาวิเคราะห์ความแตกต่างของค่าเฉลี่ยความกว้างและยาวของกลีบดอกชั้นในและชั้นนอกที่ระดับความเชื่อมั่น 95% พบว่า ความกว้างและยาวของกลีบดอกชั้นในและความกว้างของกลีบดอกชั้นนอกของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีค่าน้อยกว่า และมีความแตกต่างจาก อ. ปางมะผ้า และ ดอยขุนตาล อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ส่วนความยาวของกลีบดอกชั้นนอกของ

เอื้องแซะทั้ง 4 แหล่งไม่มีความแตกต่างทางสถิติ สำหรับความกว้างและยาวของส่วนปาก พบว่า ปากของดอกเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีความกว้าง 0.60 ± 0.00 เซนติเมตร ยาว 1.84 ± 0.01 เซนติเมตร จาก อ. ปางมะผ้า กว้าง 0.71 ± 0.01 เซนติเมตร ยาว 1.91 ± 0.01 เซนติเมตร จาก อ. เชียงดาว กว้าง 0.59 ± 0.02 เซนติเมตร ยาว 1.82 ± 0.01 เซนติเมตร และจากดอยขุนตาล กว้าง 0.65 ± 0.01 เซนติเมตร ยาว 1.95 ± 0.01 เซนติเมตร และพบว่าค่าเฉลี่ยของความกว้างและยาว ของส่วนปากของดอกเอื้องแซะทั้ง 4 แหล่ง ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% (ตารางที่ 3)

ก ข

ภาพที่ 1 ลักษณะต้น (ก) และ ดอก (ข) ของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง



ก ข

ภาพที่ 2 ลักษณะต้น (ก) และ ดอก (ข) ของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า

ก ข

ภาพที่ 3 ลักษณะต้น (ก) และ ดอก (ข) ของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว

ก ข

ภาพที่ 4 ลักษณะต้น (ก) และ ดอก (ข) ของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University

ตารางที่ 3 ลักษณะทางสัณฐานของเอื้องแซะจากแหล่งต่างๆ ที่ใช้ในการศึกษา

แหล่ง	ลำลูกกล้วย	ใบ			ดอก							
	ความสูง (ซม.)	ความกว้าง (ซม.)	ความยาว (ซม.)	จำนวนใบต่อลำ	ความกว้าง (ซม.)	ความยาว (ซม.)	ความกว้างของกลีบดอกชั้นใน (ซม.)	ความยาวของกลีบดอกชั้นใน (ซม.)	ความกว้างของกลีบดอกชั้นนอก (ซม.)	ความยาวของกลีบดอกชั้นนอก (ซม.)	ความกว้างของปาก (ซม.)	ความยาวของปาก (ซม.)
อ. แม่สะเรียง	8.44 ± 3.52a	1.45 ± 0.44a	5.52± 1.63a	2.68± 0.84a	2.70± 0.62a	2.13± 0.29ab	0.57± 0.01a	1.44± 0.04a	0.57± 0.00a	1.61± 0.01a	0.60± 0.00a	1.84± 0.01a
อ. ปางมะผ้า	7.40 ± 2.78a	1.32± 0.35a	5.36± 1.77a	2.28± 0.77ab	2.68± 0.33a	2.26± 0.19b	0.64± 0.00c	1.63± 0.02c	0.67± 0.01c	1.82± 0.05a	0.71± 0.01a	1.91± 0.01a
อ. เชียงดาว	7.44 ± 2.26a	1.11± 0.53b	6.08± 2.18a	1.91± 0.70b	2.40± 0.38a	1.86± 0.29a	0.59± 0.00ab	1.47± 0.01ab	0.59± 0.01ab	1.74± 0.05a	0.59± 0.02a	1.82± 0.01a
ดอยขุนตาล	8.48 ± 3.57a	1.49± 0.37a	5.76± 1.34a	2.27± 0.57ab	2.57± 0.52a	1.90± 0.25a	0.65± 0.01bc	1.61± 0.02bc	0.62± 0.04bc	1.79± 0.01a	0.65± 0.01a	1.95± 0.01a
LSD0.05	ns	0.18	ns	0.49	ns	0.26	0.05	0.14	0.04	ns	ns	ns
CV(%)	40.39	30.68	29.28	33.16	16.67	11.37	10.03	10.85	11.46	12.26	14.07	5.30

หมายเหตุ

abc อักษรที่แตกต่างกันในแนวตั้งแสดงว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% จากการวิเคราะห์ผลโดยใช้โปรแกรม SPSS

ns = non - significant

2. การศึกษารูปแบบของไอโซไซม์

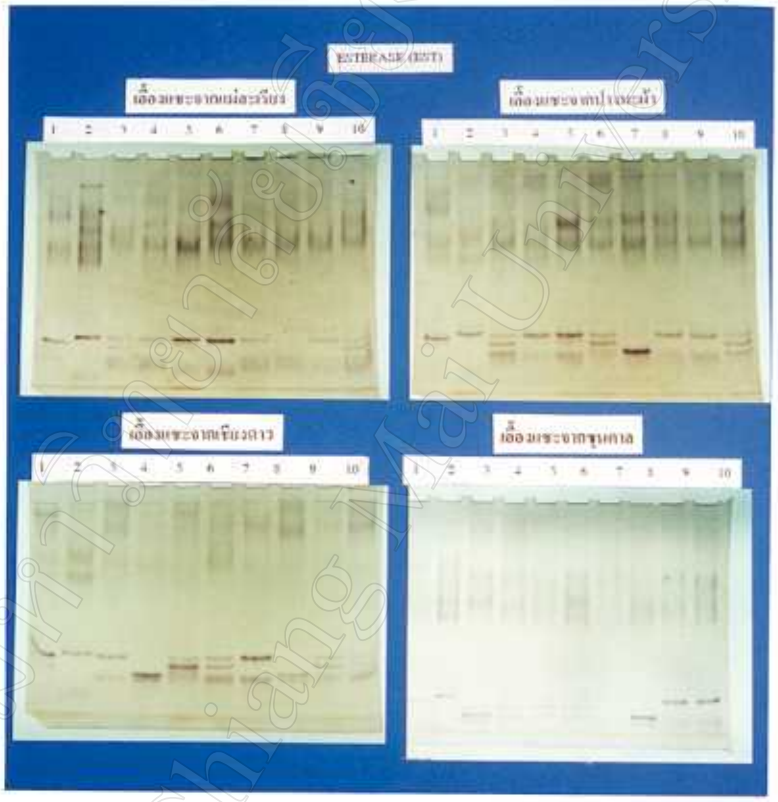
การศึกษารูปแบบของไอโซไซม์จากระบบเอนไซม์ 6 ชนิด คือ Esterase (EST) Glutamate oxaloacetate transminase (GOT) Malate dehydrogenase (MDH) Shikimic dehydrogenase (SKD) Glucose phosphate isomerase (GPI) และ Leucine aminopeptidase (LAP) ในกล้วยไม้สกุลหวายชนิดเอื้องแซะจาก 4 แหล่งๆ ละ 8 ตัวอย่าง เอื้องเงินแดง (*Den. cariniferum* Reichb.f.) และ เอื้องแซะดอยปุย (*Den. bellatulum* Rolfe) ชนิดละ 1 ตัวอย่าง ได้ผลดังนี้

2.1 Esterase (EST)

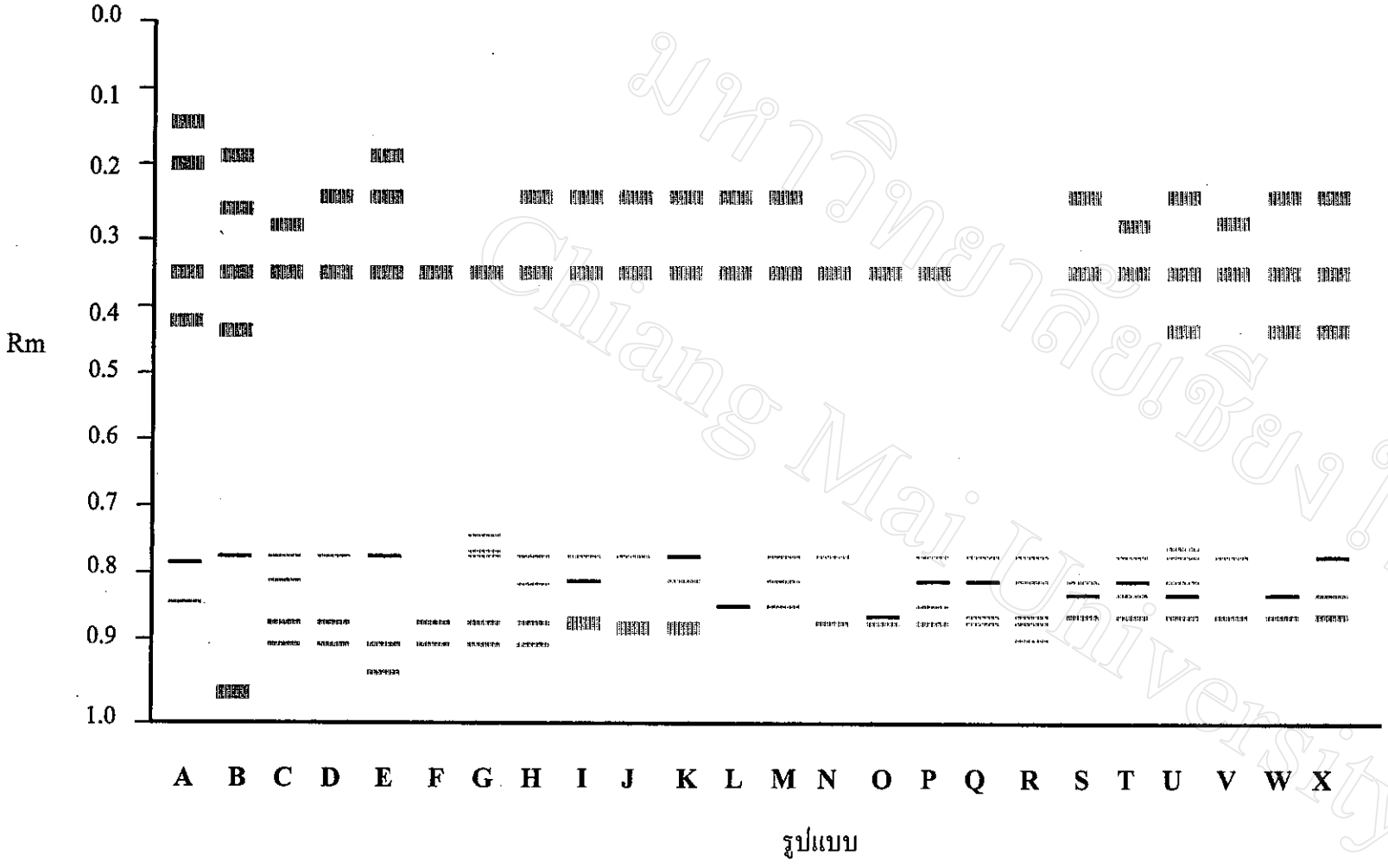
ผลการศึกษาการแสดงออกของเอนไซม์ EST โดยพิจารณาจากจำนวน ตำแหน่งและความเข้มของแถบสี (ภาพที่ 5) พบว่า สามารถจำแนกความแตกต่างได้ 24 รูปแบบ (ภาพที่ 6) โดยเกิดแถบสีทั้งหมด 25 แถบ มีค่าการเคลื่อนที่สัมพัทธ์อยู่ระหว่าง 0.16 – 0.97 เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง (MSR) พบ รูปแบบที่แตกต่างกัน 6 รูปแบบ จาก อ. ปางมะผ้า (PMP) พบรูปแบบที่แตกต่างกัน 5 รูปแบบ จาก อ. เชียงดาว (CD) พบรูปแบบที่แตกต่างกัน 5 รูปแบบ และจากดอยขุนตาล (KT) พบรูปแบบที่แตกต่างกัน 6 รูปแบบ โดยรูปแบบของเอนไซม์ EST ที่เกิดขึ้นในเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง แตกต่างจาก เอื้องเงินแดง (DC) และ เอื้องแซะดอยปุย (DB) ซึ่งค่าเฉลี่ยของความถี่การเกิดรูปแบบต่างๆ แสดงดังตารางที่ 4

การวิเคราะห์กลุ่มพืชโดยใช้ค่าการมีแถบสี และ ไม่มีแถบสีของเอนไซม์ EST เพื่อประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเอื้องแซะ 32 ตัวอย่าง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย ชนิดละ 1 ตัวอย่าง ด้วยค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันของ Jaccard (Jaccard 's coefficient similarity) แล้วแสดงผลในรูป dendrogram พบว่า สามารถจำแนกตัวอย่างทั้งหมดได้ 23 กลุ่ม โดยที่ภายในกลุ่มเดียวกันมีเปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึง 95% ซึ่งหมายความว่ามีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกันมาก ซึ่งเอื้องแซะจากดอยขุนตาล แบ่งออกเป็น 6 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 (KT7 และ KT8) กลุ่มที่ 2 (KT6) กลุ่มที่ 3 (KT4) กลุ่มที่ 4 (KT1) กลุ่มที่ 5 (KT2 และ KT3) และ กลุ่มที่ 7 (KT5) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว แบ่งออกเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 6 (CD1 และ CD5) กลุ่มที่ 8 (CD2 และ CD6) กลุ่มที่ 9 (CD4 และ CD8) กลุ่มที่ 10 (CD7) และกลุ่มที่ 20 (CD3) เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง แบ่งออกเป็น 6 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 11 (MSR3 และ MSR4) กลุ่มที่ 12 (MSR2 และ MSR5) กลุ่มที่ 13 (MSR8) กลุ่มที่ 14 (MSR6) กลุ่มที่ 15 (MSR7) และกลุ่มที่ 16 (MSR1) เอื้องแซะจากปางมะผ้าแบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 17 (PMP2 PMP6 และPMP7) กลุ่มที่ 18 (PMP1 PMP3 และ PMP4) กลุ่มที่ 19 (PMP8) และกลุ่มที่ 21 (PMP5) สำหรับเอื้องแซะดอยปุย และ เอื้องเงินแดง จัดอยู่ในกลุ่มที่ 22 และ 23 ซึ่งแยกจาก

กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะอย่างชัดเจน และพบว่ากลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจากดอยขุนตาลมีความใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว และกลุ่มตัวอย่างเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง มีความใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า (ภาพที่ 7)



ภาพที่ 5 การแสดงออกของเอนไซม์ EST ของตัวอย่างเอื้องแซะ (L 3-10) จากแหล่งต่างๆ เอื้องเงินแดง (L 1) และ เอื้องแซะดอยปุย (L 2) (L = ช่องที่)



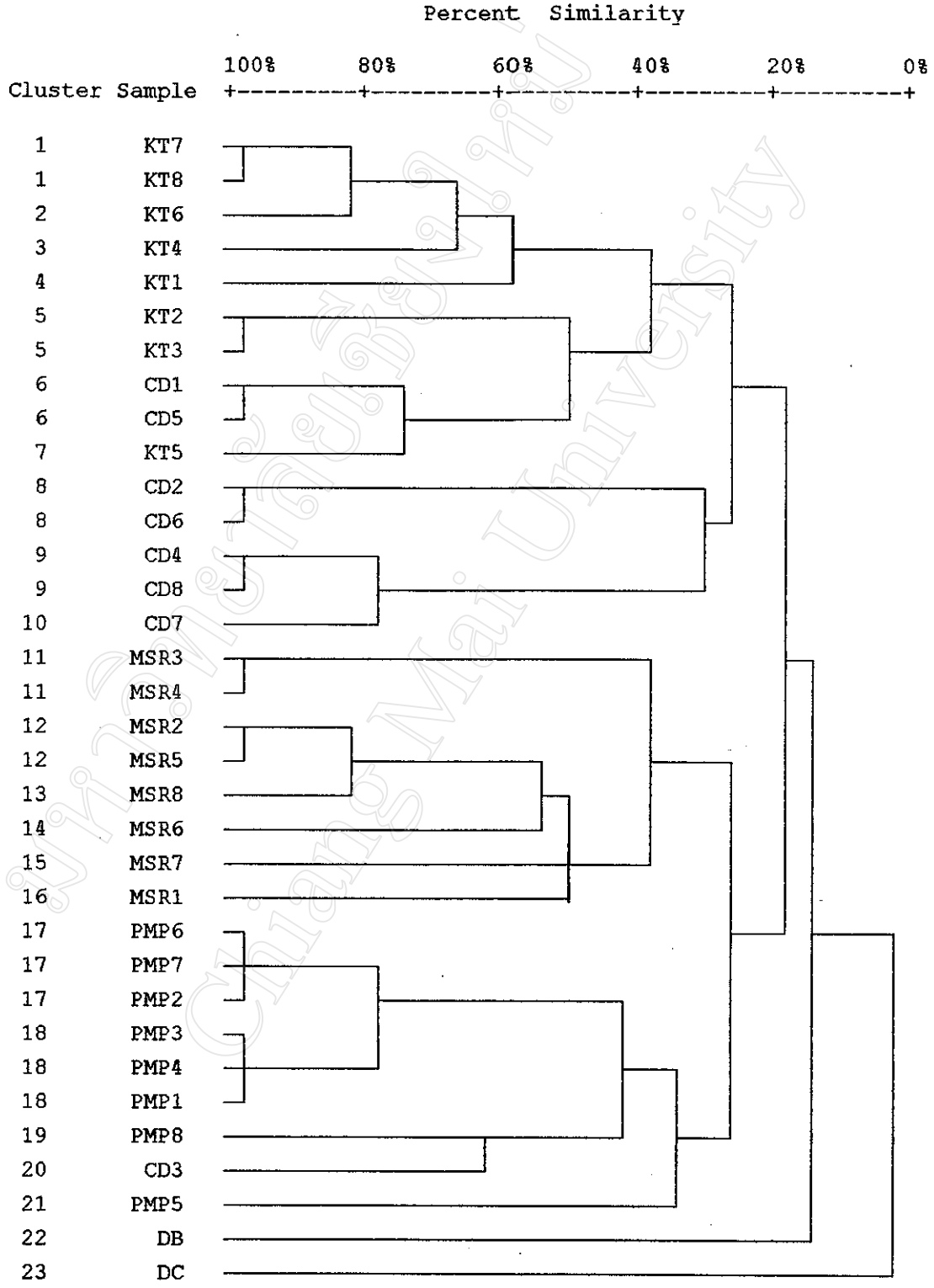
ภาพที่ 6 Schematic zymogram ของเอนไซม์ EST ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และเอื้องแซะดอยปุย

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University

ตารางที่ 4 ความถี่ของรูปแบบเอนไซม์ EST ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะคอยปุ่ย

ประชากร	รูปแบบ																						
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X
DC	1.00																							
DB		1.00																						
MSR			0.13	0.25	0.25	0.13	0.13	0.13																
PMP									0.25	0.38	0.13	0.13	0.13											
CD														0.25	0.25	0.13	0.25	0.13						
KT																			0.13	0.25	0.13	0.13	0.13	0.25

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ Chiang Mai University

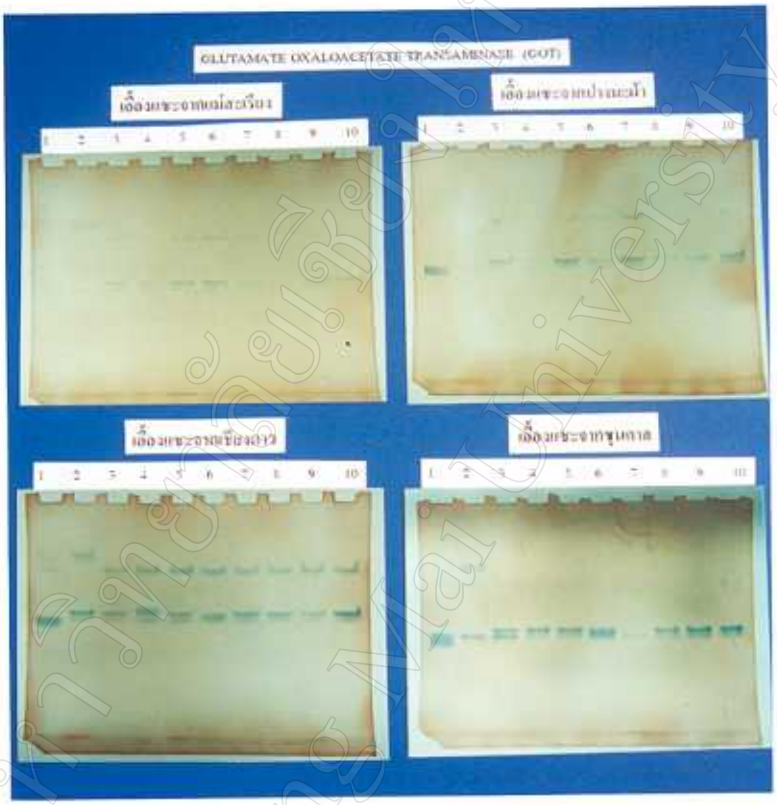


ภาพที่ 7 Dendrogram ของกลุ่มตัวอย่างเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย วิเคราะห์โดยเอนไซม์ EST ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity

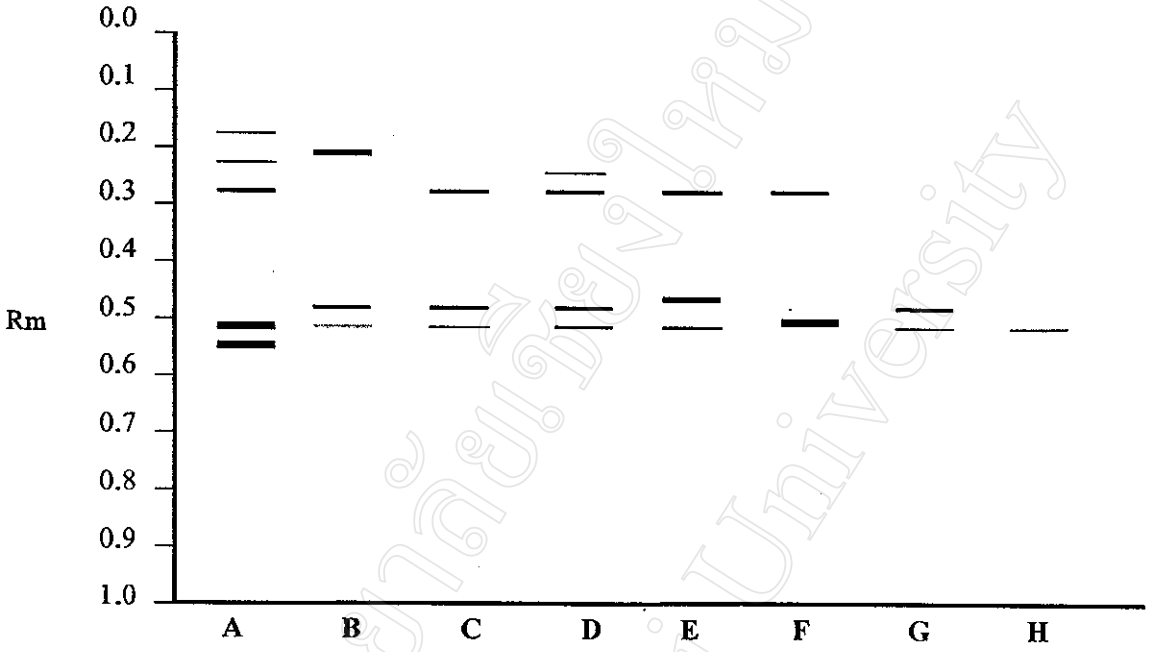
2.2 Glutamate oxaloacetate transminase (GOT)

ผลจากการศึกษาการแสดงออกของเอนไซม์ GOT (ภาพที่ 8) พบว่าเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงแสดงแถบสีที่แตกต่าง 2 รูปแบบ จาก อ. ปางมะผ้าแสดงแถบสีเพียง 1 รูปแบบ จาก อ.เชียงดาวแสดงแถบสีที่แตกต่างกัน 3 รูปแบบ และ จากดอยขุนตาล แสดงแถบสีที่แตกต่าง 3 รูปแบบ และพบว่าเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง มีรูปแบบที่ซ้ำกัน 1 รูปแบบ (รูปแบบC) และรูปแบบที่เกิดขึ้นทั้งหมดในเอื้องแซะแตกต่างจากเอื้องเงินแดงและ เอื้องแซะดอยปุย จากแถบสีที่ได้ทั้งหมด เมื่อพิจารณาตำแหน่งและความเข้มของแถบสีสามารถจำแนกได้ทั้งหมด 8 รูปแบบ โดยแต่ละรูปแบบมีแถบสีอยู่ระหว่าง 1-5 แถบ มีค่าการเคลื่อนที่สัมพัทธ์เท่ากับ 0.17-0.53 (ภาพที่ 9) และมีค่าเฉลี่ยของความถี่การเกิดรูปแบบต่างๆ ดังตารางที่ 5

เมื่อนำค่าการมีแถบสีและไม่มีแถบสีของเอนไซม์ GOT มาวิเคราะห์กลุ่มพืชเพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity แล้วแสดงผลในรูป dendrogram พบว่า สามารถจำแนกตัวอย่างทั้งหมดได้ 8 กลุ่ม กลุ่มแรกมีสมาชิกมากที่สุดคือ 23 ตัวอย่าง ประกอบด้วย เอื้องแซะจากแหล่งต่างๆ คือ จากดอยขุนตาล 2 ตัวอย่าง (KT1 และ KT8) จาก อ. เชียงดาว 6 ตัวอย่าง จาก อ. แม่สะเรียง 7 ตัวอย่าง และ อ. ปางมะผ้า 8 ตัวอย่าง กลุ่มที่ 2 มีสมาชิกเพียง 1 ตัวอย่าง คือ เอื้องแซะจาก อ . แม่สะเรียง (MSR6) กลุ่มที่ 3 มีสมาชิกทั้งหมด 5 ตัวอย่าง คือ เอื้องแซะจากดอยขุนตาล กลุ่มที่ 4 5 6 7 และ 8 มีสมาชิก 1 ตัวอย่าง คือ เอื้องแซะดอยปุย เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวตัวอย่างที่ 2 เอื้องแซะจากดอยขุนตาล ตัวอย่างที่ 5 เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวตัวอย่างที่ 4 ตามลำดับ และพบว่ากลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะทั้ง 4 แหล่งมีความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกับเอื้องแซะดอยปุยมากกว่า เอื้องเงินแดง (ภาพที่ 10)



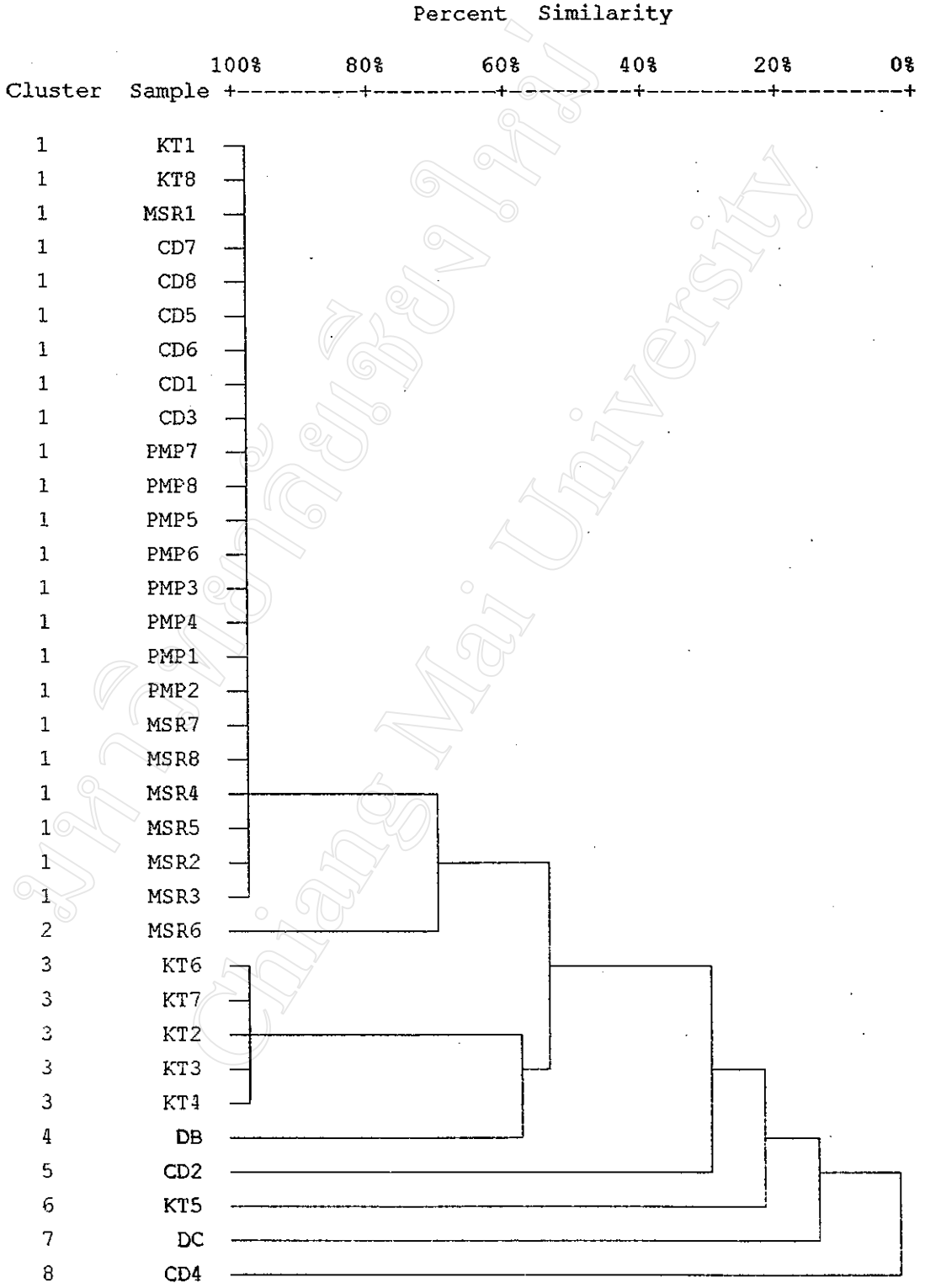
ภาพที่ 8 การแสดงออกของเอนไซม์ GOT ของตัวอย่างเอื้องแซะ (L 3-10) จากแหล่งต่างๆ เอื้องเงินแดง (L 1) และ เอื้องแซะดอยปุย (L 2) (L = ช่องที่)



ภาพที่ 9 Schematic zymogram ของเอนไซม์ GOT ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย

ตารางที่ 5 ความถี่ของรูปแบบเอนไซม์ GOT ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย

ประชากร	รูปแบบ							
	A	B	C	D	E	F	G	H
DC	1.00							
DB		1.00						
MSR			0.88	0.13				
PMP			1.00					
CD			0.75		0.13	0.13		
KT			0.25				0.63	0.13

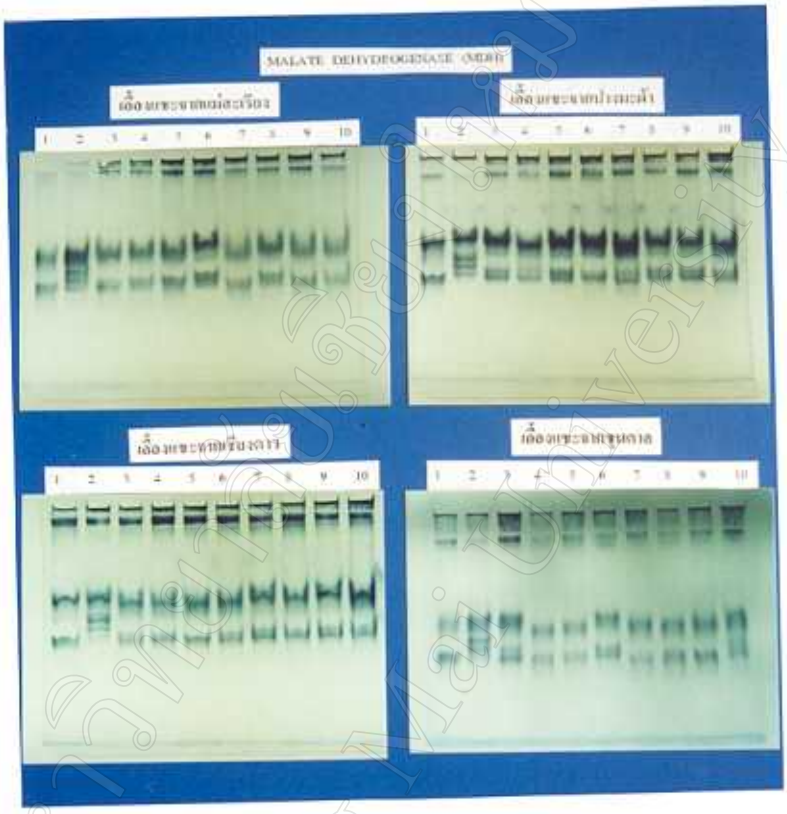


ภาพที่ 10 Dendrogram ของกลุ่มตัวอย่างเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะคอยปุย วิเคราะห์โดยเอนไซม์ GOT ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity

2.3 Malate dehydrogenase (MDH)

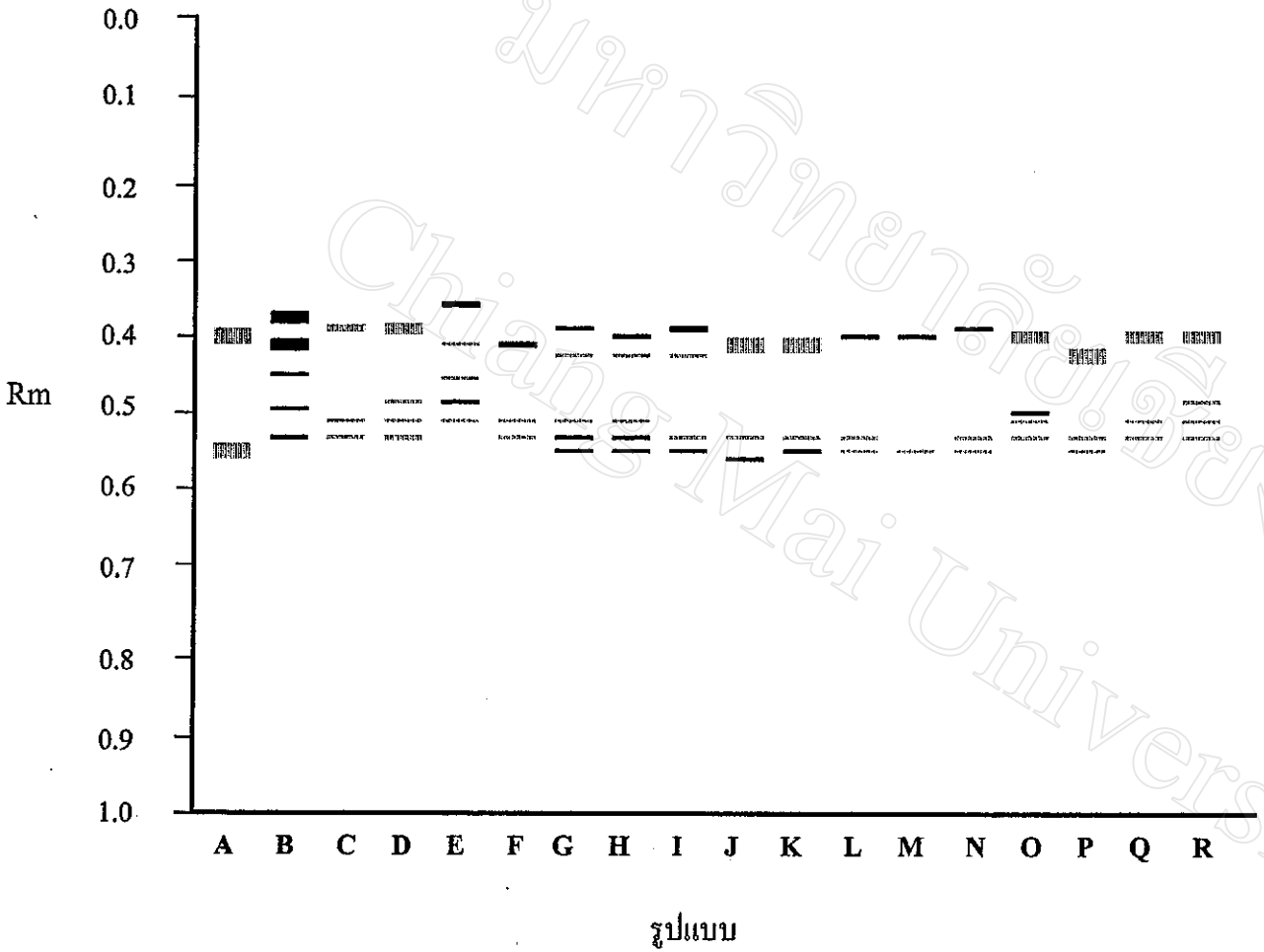
จากการศึกษาการแสดงออกของเอนไซม์ MDH โดยพิจารณาตำแหน่ง จำนวน และความเข้มของแถบสีที่ปรากฏ (ภาพที่ 11) สามารถแยกความแตกต่างได้ทั้งหมด 18 รูปแบบ (ภาพที่ 12) ซึ่งเกิดแถบสีทั้งหมด 15 แถบ และในแต่ละรูปแบบมีจำนวนแถบสีอยู่ระหว่าง 2-5 แถบ มีค่าการเคลื่อนที่สัมพัทธ์อยู่ระหว่าง 0.36- 0.56 โดยเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงพบรูปแบบที่แตกต่างกัน 4 รูปแบบ เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล พบรูปแบบที่แตกต่างกัน 5 3 และ 4 รูปแบบตามลำดับ จากรูปแบบที่เกิดขึ้นในเอื้องแซะทั้งหมดแตกต่างจากเอื้องเงินแดงและเอื้องแซะดอยปุย และมีค่าเฉลี่ยของความถี่ในแต่ละรูปแบบแสดงดังตารางที่ 6

จากการพิจารณาค่าการมีแถบสีและไม่แถบสีของเอนไซม์ MDH แล้วนำมาวิเคราะห์กลุ่มพืชเพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity แล้วแสดงผลในรูป dendrogram (ภาพที่ 13) พบว่าสามารถจำแนกตัวอย่างทั้งหมดได้ 17 กลุ่ม โดยที่เอื้องแซะจากดอยขุนตาล แบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 (KT2 KT3 KT5 KT6 และ KT7) กลุ่มที่ 13 (KT4) กลุ่มที่ 14 (KT8) และ กลุ่มที่ 15 (KT1) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า แบ่งเป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 2 (PMP1 PMP3 PMP6 และ PMP7) กลุ่มที่ 3 (PMP4) กลุ่มที่ 4 (PMP2) กลุ่มที่ 9 (PMP5) และ กลุ่มที่ 10 (PMP8) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวแบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 5 (CD5 CD6 CD7 และ CD8) กลุ่มที่ 6 (CD3) และ กลุ่มที่ 7 (CD1 CD2 และ CD4) เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง แบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 4 (MSR5 MSR7 และ MSR8) กลุ่มที่ 12 (MSR2 MSR3 และ MSR6) กลุ่มที่ 16 (MSR1) และ กลุ่มที่ 17 (MSR4) สำหรับเอื้องเงินแดงอยู่ในกลุ่มเดียวกับเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวตัวอย่างที่ 3 คือ กลุ่มที่ 6 ส่วนเอื้องแซะดอยปุยอยู่ในกลุ่มที่ 11 แยกจากกลุ่มอื่นๆ (ภาพที่ 13)



ภาพที่ 11 การแสดงออกของเอนไซม์ MDH ของตัวอย่างเอื้องแซะ (L 3-10)จากแหล่งต่างๆ เอื้องเงินแดง (L 1) และ เอื้องแซะดอยปุย (L 2) (L = ช่องที่)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University



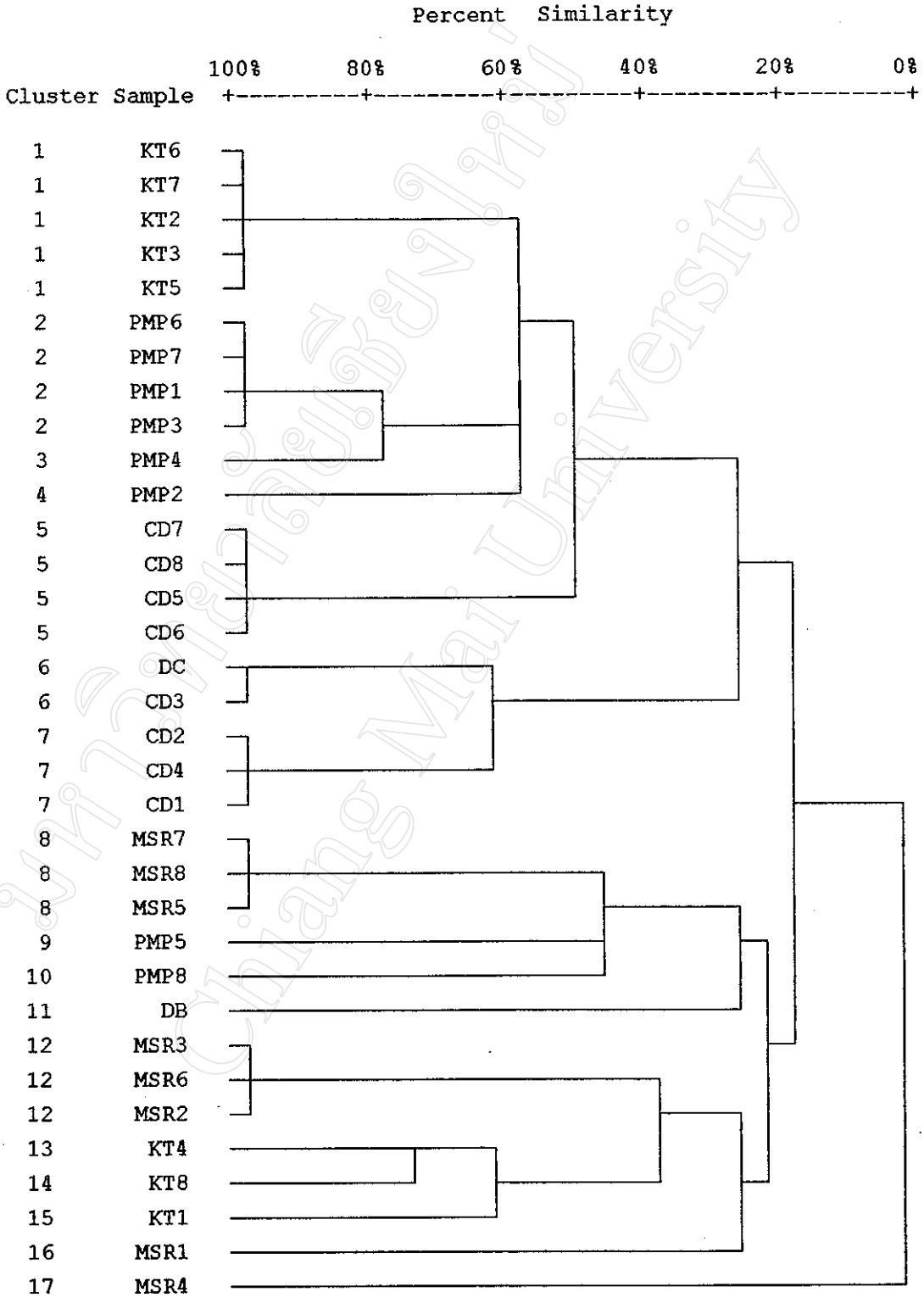
ภาพที่ 12 Schematic zymogram ของเอนไซม์ MDH ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University

ตารางที่ 6 ความถี่ของรูปแบบเอนไซม์ MDH ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และเอื้องแซะดอยปุย

ประชากร	รูปแบบ																	
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
DC	1.00																	
DB		1.00																
MSR			0.13	0.38	0.13	0.38												
PMP							0.50	0.13	0.13	0.13	0.13							
CD												0.38	0.13	0.50				
KT															0.63	0.13	0.13	0.13

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University

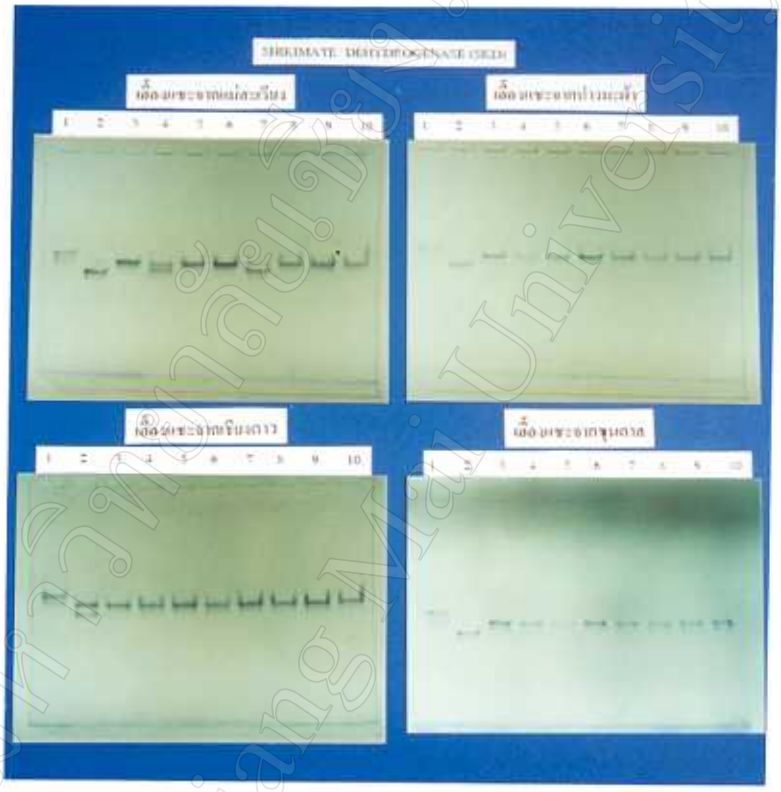


ภาพที่ 13 Dendrogram ของกลุ่มตัวอย่างเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย วิเคราะห์โดยเอนไซม์ MDH ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity

2.4 Shikimic dehydrogenase (SKD)

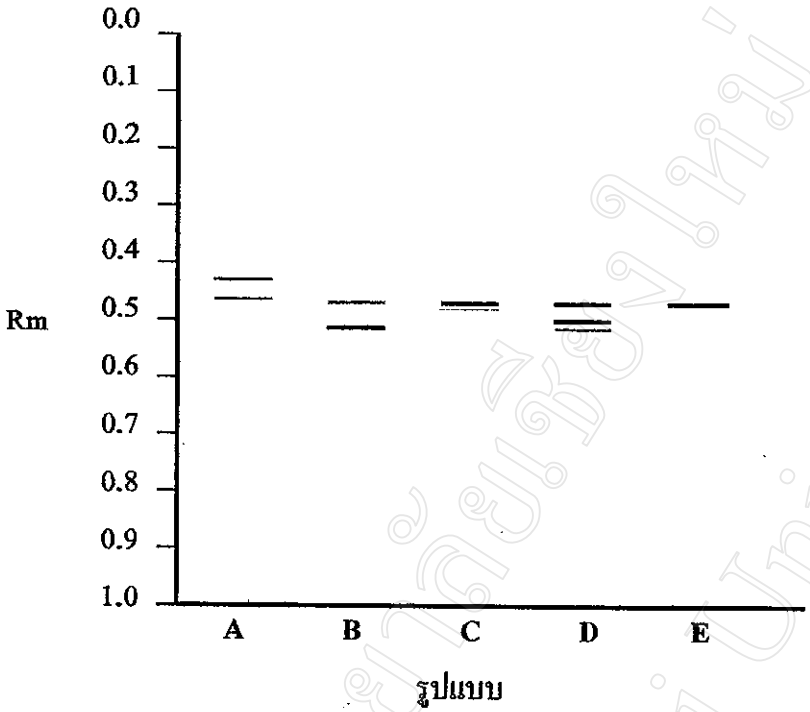
จากการศึกษาการแสดงออกของเอนไซม์ SKD (ภาพที่ 14) พบว่า เกิดแถบสีทั้งหมด 6 แถบ เมื่อพิจารณาตำแหน่งและความเข้มของแถบสีสามารถจำแนกความแตกต่างได้ 5 รูปแบบ (ภาพที่ 15) โดยมีค่าการเคลื่อนที่สัมพัทธ์อยู่ระหว่าง 0.44-0.51 ซึ่งเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีรูปแบบที่แตกต่างกัน 2 รูปแบบ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว และดอยขุนตาลเกิด 1 รูปแบบที่เหมือนกันและซ้ำกับรูปแบบของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง สำหรับเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้าเกิด 1 รูปแบบที่แตกต่างจาก อ. แม่สะเรียง อ. เชียงดาว และ ดอยขุนตาล และพบว่ารูปแบบของเอื้องแซะทั้ง 4 แหล่ง แตกต่างจาก เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย โดยมีค่าเฉลี่ยของการเกิดรูปแบบต่างๆ ดังตารางที่ 7

การวิเคราะห์กลุ่มพืชจากค่าการมีแถบสีและไม่แถบสีของเอนไซม์ SKD เพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity และเสนอในรูปของ dendrogram (ภาพที่ 16) พบว่า สามารถจำแนกตัวอย่างทั้งหมดได้ 5 กลุ่มโดยกลุ่มแรกมีสมาชิกมากที่สุดคือ 22 ตัวอย่าง ประกอบด้วยเอื้องแซะจากแหล่งต่างๆ คือ เอื้องแซะจากดอยขุนตาล 8 ตัวอย่าง จาก อ. เชียงดาว 8 ตัวอย่าง และจาก อ. แม่สะเรียง 6 ตัวอย่าง ส่วนอีก 2 ตัวอย่างของ อ. แม่สะเรียง คือ ตัวอย่างที่ 2 และ 5 จัดอยู่ในกลุ่มที่ 3 รองลงมามีสมาชิก 8 ตัวอย่าง คือ กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยสมาชิกที่เป็นเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้าทั้งหมด สำหรับเอื้องแซะดอยปุย และเอื้องเงินแดงจัดอยู่ในกลุ่มที่ 4 และ 5 ตามลำดับ โดยแยกออกจากกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะอย่างเด่นชัด และพบว่า กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล มีความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.เชียงดาว และ อ. แม่สะเรียง มากกว่ากลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.ปางมะผ้า



ภาพที่ 14 การแสดงออกของเอนไซม์ SKD ของตัวอย่างเอื้องแซะ (L 3-10)จากแหล่งต่างๆ เอื้องเงินแดง (L 1) และ เอื้องแซะคอยปุย (L 2) (L = ช่องที่)

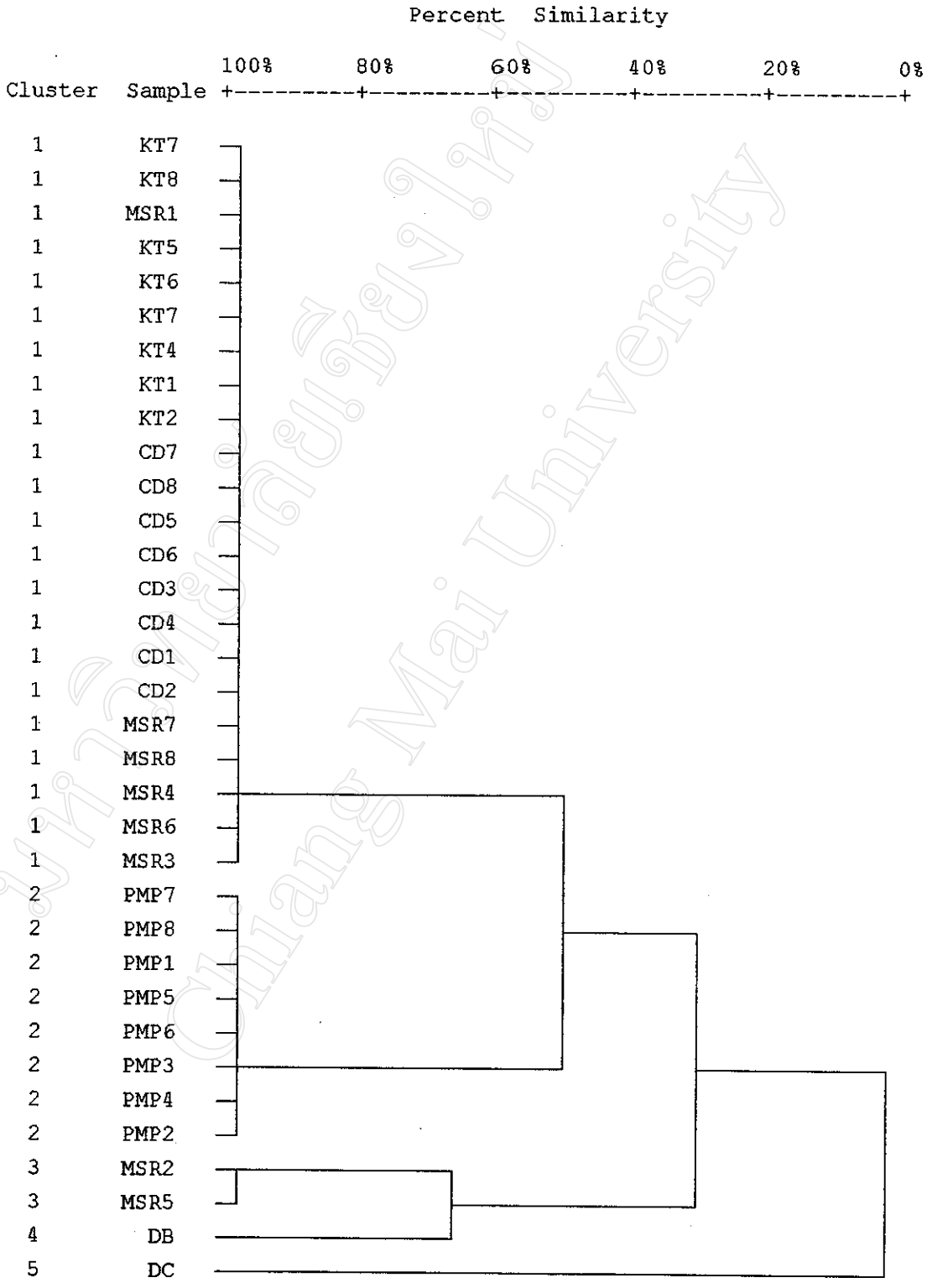
ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University



ภาพที่ 15 Schematic zymogram ของเอนไซม์ SKD ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และเอื้องแซะดอยปุย

ตารางที่ 7 ความถี่ของรูปแบบเอนไซม์ SKD ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และเอื้อง แซะดอยปุย

ประชากร	รูปแบบ				
	A	B	C	D	E
DC	1.00				
DB		1.00			
MSR			0.75	0.25	
PMP					1.00
CD			1.00		
KT			1.00		



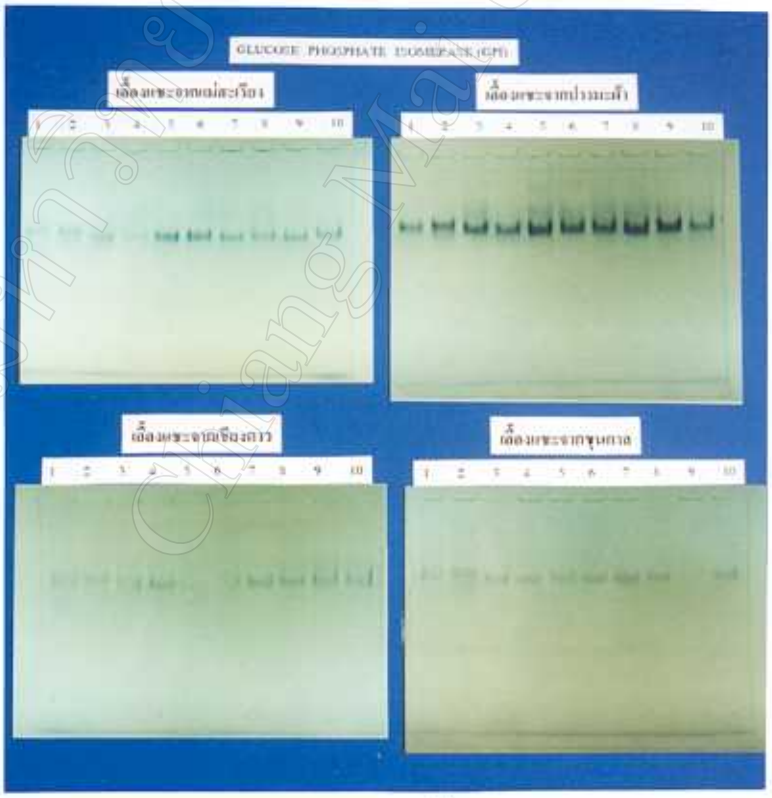
ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University

ภาพที่ 16 Dendrogram ของกลุ่มตัวอย่างเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย วิเคราะห์โดยเอนไซม์ SKD ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity

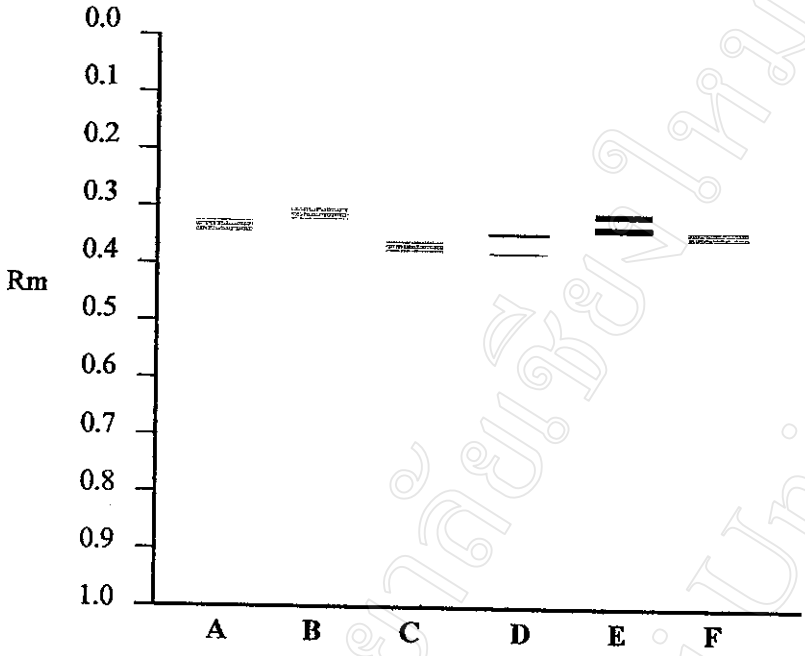
2.5 Glucose phosphate isomerase (GPI)

จากการศึกษาการแสดงออกของเอนไซม์ GPI โดยพิจารณาจำนวน ตำแหน่ง และความเข้มของแถบสี (ภาพที่ 17) พบว่า เกิดแถบสีทั้งหมด 5 แถบ ซึ่งมีค่าการเคลื่อนสัมพัทธ์อยู่ระหว่าง 0.32-0.36 ทำให้จำแนกความแตกต่างได้ 6 รูปแบบ (ภาพที่ 18) โดยที่เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงเกิด 1 รูปแบบ อ. ปางมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล เกิด 2 1 และ 1 รูปแบบตามลำดับ ซึ่งรูปแบบจาก อ. แม่สะเรียงซ้ำกับรูปแบบจาก อ. ปางมะผ้า และมีตัวอย่างที่ 3 และ 4 ของเอื้องแซะจากเชียงดาวและ ตัวอย่างที่ 7 ของเอื้องแซะจากดอยขุนตาลไม่เกิดแถบสี นอกจากนี้ยังพบว่ารูปแบบของเอนไซม์ GPI จากเอื้องแซะทั้งหมดแตกต่างจากเอื้องเงินแดงและเอื้องแซะดอยปุย โดยมีค่าเฉลี่ยของความถี่ในรูปแบบต่างๆ ดังตารางที่ 8

การวิเคราะห์กลุ่มพืชจากค่าการมีแถบสีและไม่แถบสีของเอนไซม์ GPI ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity พบว่า เกิดค่า missing distance จำนวนมาก เนื่องจากตัวอย่างที่ 3 และ 4 ของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว และ ตัวอย่างที่ 7 ของเอื้องแซะจากดอยขุนตาลไม่เกิดแถบสี ทำให้ไม่สามารถจัดกลุ่มพืชในรูปของ dendrogram ได้



ภาพที่ 17 การแสดงออกของเอนไซม์ GPI ของตัวอย่างเอื้องแซะ (L 3-10) จากแหล่งต่างๆ เอื้องเงินแดง (L 1) และ เอื้องแซะดอยปุย (L 2) (L = ช่องที่)



ภาพที่ 18 Schematic zymogram ของเอนไซม์ GPI ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะคอยปุย

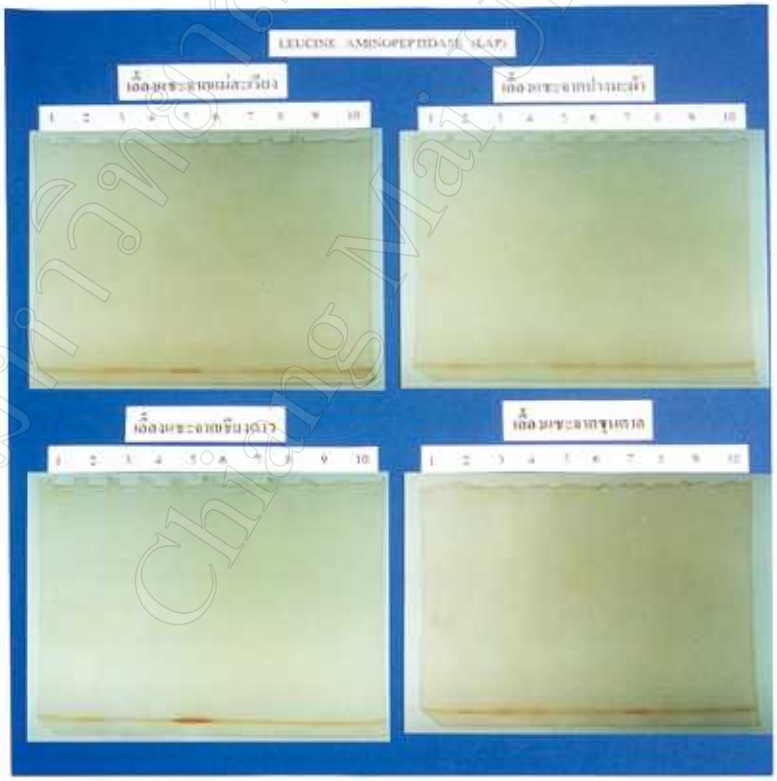
ตารางที่ 8 ความถี่ของรูปแบบเอนไซม์ GPI ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะคอยปุย

ประชากร	รูปแบบ					
	A	B	C	D	E	F
DC	1.00					
DB		1.00				
MSR			1.00			
PMP			0.25	0.75		
CD					0.75	
KT						0.88

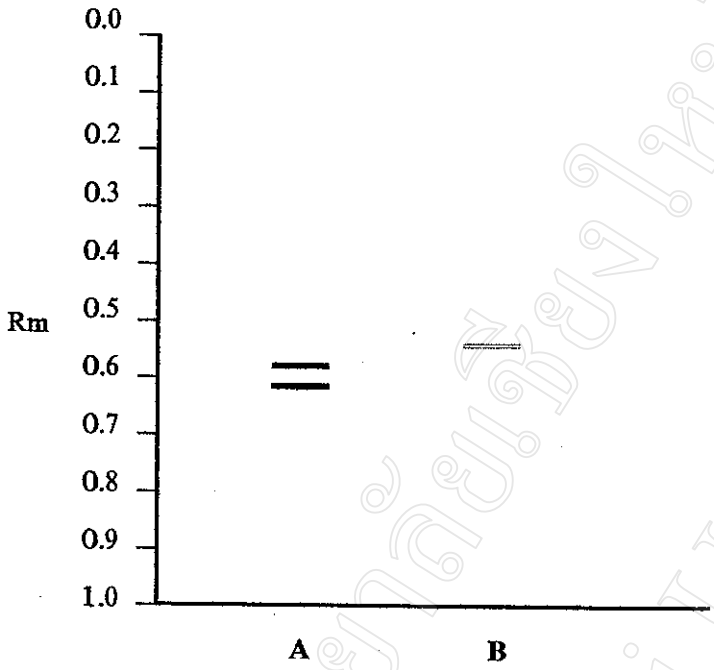
2.6 เอนไซม์ Leucine aminopeptidase (LAP)

จากการศึกษาการแสดงออกของเอนไซม์ LAP เมื่อพิจารณาจำนวน ตำแหน่ง และความเข้มของแถบสีที่ปรากฏ (ภาพที่ 19) พบว่า เกิดแถบสีทั้งหมด 3 แถบ ที่มีการเคลื่อนที่สัมพัทธ์อยู่ระหว่าง 0.53-0.61 ซึ่งสามารถจำแนกความแตกต่างได้ 2 รูปแบบ (ภาพที่ 20) โดยที่เอื้องแซะทั้ง 4 แหล่ง เกิดรูปแบบที่เหมือนกัน คือ รูปแบบ B ยกเว้น ตัวอย่างที่ 3 ของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวไม่เกิดแถบสี เช่นเดียวกับ เอื้องแซะดอยปุย และพบว่ารูปแบบจากเอื้องแซะทั้งหมดแตกต่างจากเอื้องเงินแดง (รูปแบบ A) โดยมีค่าเฉลี่ยของความถี่ในรูปแบบต่างๆ ดังตารางที่ 9

เมื่อนำค่าการมีการมีแถบสีและไม่แถบสีของเอนไซม์ LAP มาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity พบว่า เกิดค่า missing distance จำนวนมาก ทำให้ไม่สามารถจัดกลุ่มพืชในรูปของ dendrogram ได้



ภาพที่ 19 การแสดงออกของเอนไซม์ LAP ของตัวอย่างเอื้องแซะ (L 3-10)จากแหล่งต่างๆ เอื้องเงินแดง (L 1) และ เอื้องแซะดอยปุย (L 2) (L = ช่องที่)



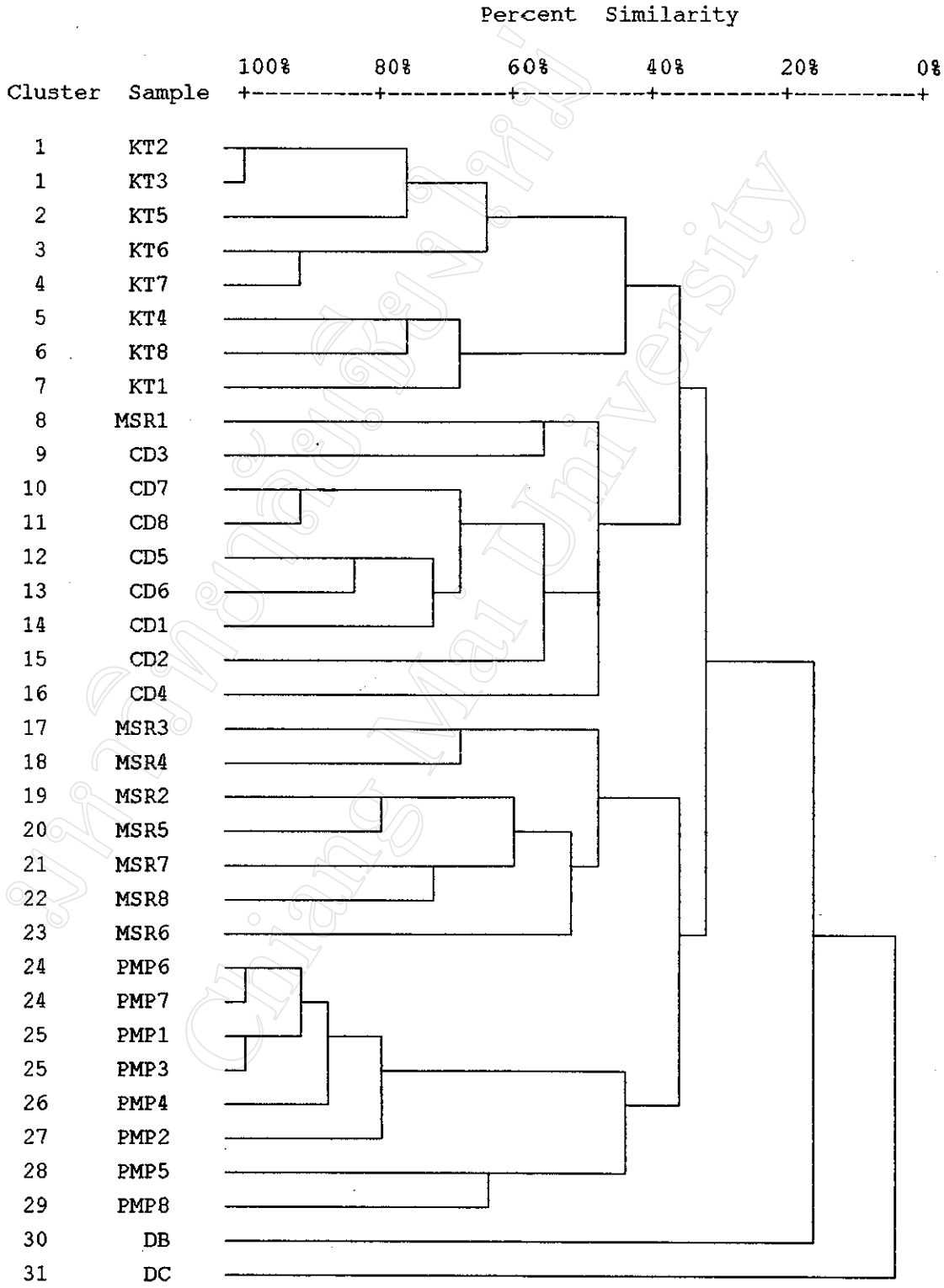
ภาพที่ 20 Schematic zymogram ของเอนไซม์ LAP ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และเอื้องแซะดอยปุย

ตารางที่ 9 ความถี่ของรูปแบบเอนไซม์ LAP ที่พบในเอื้องแซะ เอื้องเงินแดง และเอื้องแซะดอยปุย

ประชากร	รูปแบบ	
	A	B
DC	1.00	
DB		
MSR		1.00
PMP		1.00
CD		0.88
KT		1.00

2.7 การแยกกลุ่มพืชโดยใช้ความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบของเอนไซม์ EST GOT MDH และ SKD

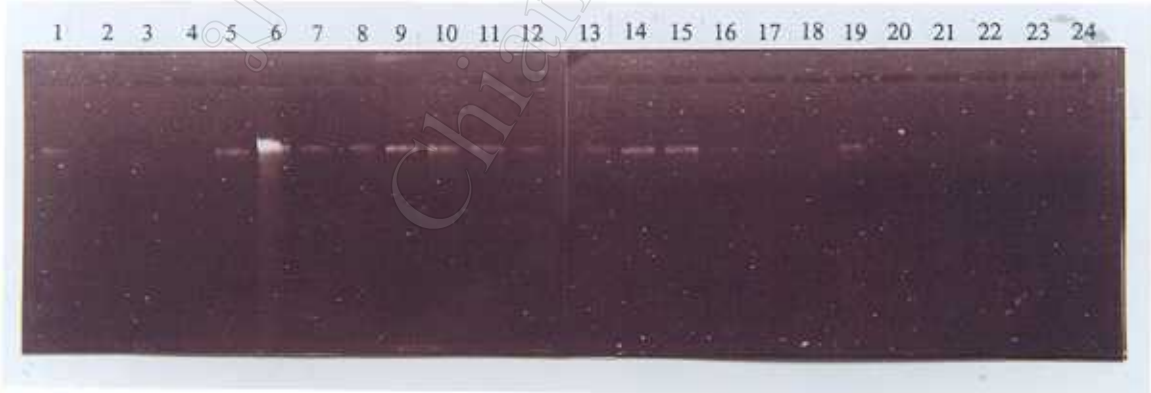
จากการวิเคราะห์กลุ่มพืชโดยการใช้ค่าการมีแถบสีและไม่มีแถบสีของเอนไซม์ทั้ง 4 ชนิด เพื่อประเมินความสัมพันธ์ทางพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างเอื้องแซะทั้ง 4 แหล่ง ร่วมกับเอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity โดยแสดงผลในรูปของ dendrogram (ภาพที่ 21) พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มได้ทั้งหมด 31 กลุ่มโดยกลุ่มที่ 1 24 และ 25 มีสมาชิกมากที่สุด คือ 2 ตัวอย่าง และที่ค่าความคล้ายคลึง 40% สามารถจำแนกตัวอย่างทั้งหมดได้ 6 กลุ่ม ตามแหล่งที่มา และ ชนิด ของกล้วยไม้ กลุ่มแรก คือ เอื้องแซะจากดอยขุนตาลทั้ง 8 ตัวอย่าง กลุ่มที่ 2 คือ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวทั้ง 8 ตัวอย่าง และ เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง 1 ตัวอย่าง กลุ่มที่ 3 คือ เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงทั้ง 7 ตัวอย่าง กลุ่มที่ 4 คือ เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้าทั้งหมด กลุ่มที่ 5 คือ เอื้องแซะดอยปุย และ กลุ่มที่ 6 คือ เอื้องเงินแดง และพบว่ากลุ่มตัวอย่างของประชากรเอื้องแซะจากดอยขุนตาล มีความใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของประชากรเอื้องแซะจาก อ.เชียงดาว และกลุ่มตัวอย่างของประชากรเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีความใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของประชากรเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า



ภาพที่ 21 Dendrogram ของกลุ่มตัวอย่างเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุ่ย วิเคราะห์โดยเอนไซม์ทั้ง 4 ชนิด ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity

3. การศึกษาวิธีการสกัดดีเอ็นเอของเอื้องแซะ

การศึกษานี้มีจุดประสงค์เพื่อที่จะหาวิธีการสกัดดีเอ็นเอที่เหมาะสม สามารถสกัดดีเอ็นเอได้อย่างมีคุณภาพ และมีปริมาณที่เพียงพอสำหรับนำมาทำ RAPD จากการเปรียบเทียบวิธีการแยกดีเอ็นเอ 3 วิธี คือ วิธี modified CTAB วิธี CTAB และวิธี SDS ในเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว 8 ตัวอย่าง พบว่า วิธี modified CTAB ได้แถบของดีเอ็นเอทั้งหมด 5 ตัวอย่าง คิดเป็น 62.5% และ พบว่า ตัวอย่างที่ 6 (ช่องที่ 6) แถบดีเอ็นเอมีความเข้มมากที่สุดแต่มีลักษณะเป็นคลื่น วิธี CTAB ได้แถบดีเอ็นเอครบทั้ง 8 ตัวอย่าง คิดเป็น 100 % และทุกตัวอย่าง ยกเว้น ตัวอย่างที่ 8 (ช่องที่ 16) แสดงแถบดีเอ็นเอที่มีความเข้มและความคมชัดใกล้เคียงกัน สำหรับวิธี SDS ได้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 2 ตัวอย่าง คือ ตัวอย่างที่ 3 และ 6 (ช่องที่ 19 และ 22) คิดเป็น 25 % และแถบดีเอ็นเอมีสีจางมาก (ภาพที่ 22) และเมื่อนำมาวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์โดยวัดค่าการดูดกลืนคลื่นแสง พบว่า ดีเอ็นเอที่สกัดได้จากวิธี CTAB มีความเข้มข้นสูงที่สุดเท่ากับ 8.1774 ± 1.5808 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร รองลงมาคือวิธี modified CTAB 5.2379 ± 3.2314 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร และวิธี SDS 1.7979 ± 2.1187 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร และพบว่า ดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธี CTAB มีความบริสุทธิ์สูงกว่าวิธี modified CTAB และวิธี SDS (ตารางที่ 10)



ภาพที่ 22 แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดด้วยวิธี modified CTAB (L 1-8) วิธี CTAB (L 9-16) และวิธี SDS (L 17-24) (L = ช่องที่)

ตารางที่ 10 คุณภาพและปริมาณของดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัด ด้วยวิธี modified CTAB วิธี CTAB และวิธี SDS

วิธีการ	Absorbance (nm)[1]			OD[1]	ความเข้มข้น[1]
	260	280	320	260/280	(µg/ml)
modified CTAB	0.162	0.119	0.052	2.021	5.2379 ± 3.2314a
CTAB	0.235	0.196	0.115	1.784	8.1774 ± 1.5808b
SDS	0.035	0.020	0.001	1.369	1.7979 ± 2.1187c
LSD0.05					1.2052
CV(%)					47.88

[1] ค่าเฉลี่ยของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว 8 ตัวอย่าง

abc อักษรที่แตกต่างกันแสดงว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

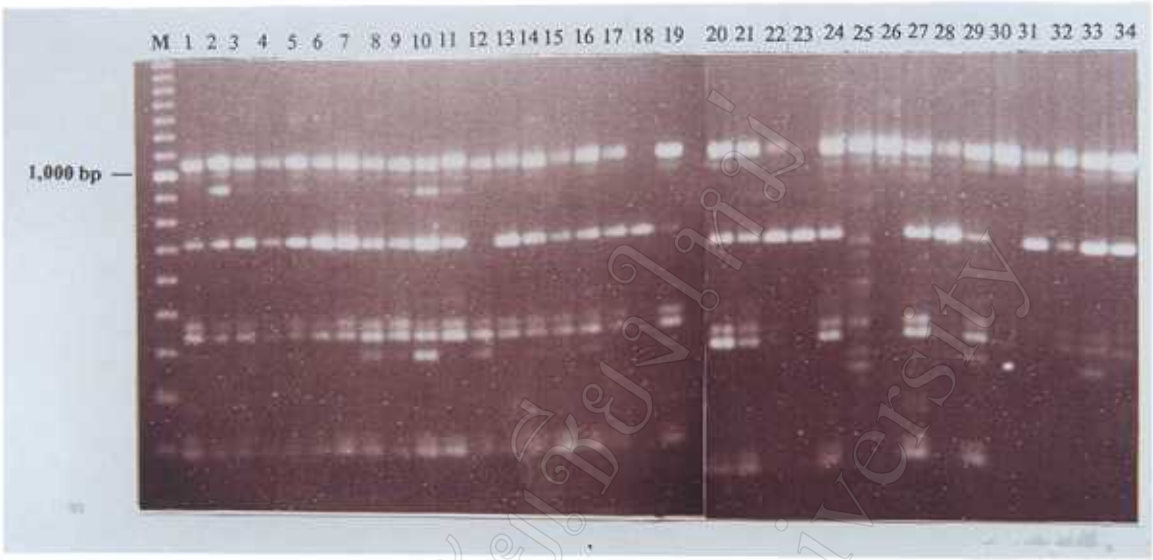
ค่า OD เท่ากับ 1.8 แสดงว่า สารละลายดีเอ็นเอมีความบริสุทธิ์ ต่ำกว่า 1.8 มีการปนเปื้อนของโปรตีน และ ฟีนอล สูงกว่า 1.8 มีการปนเปื้อนของอาร์เอ็นเอ (สุรินทร์, 2540)

4. การแยกกลุ่มของเอื้องแซะโดยวิธี RAPD

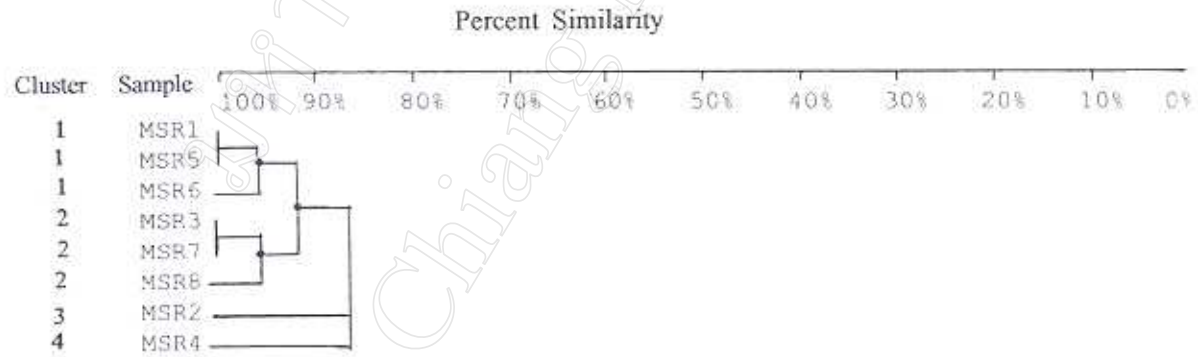
จากการนำดีเอ็นเอที่แยกได้โดยวิธี CTAB มาวิเคราะห์ด้วยวิธี RAPD โดยใช้ primers จำนวน 8 ชนิด จะพบจำนวนแถบของดีเอ็นเอแตกต่างกัน คือ

4.1 primer C07

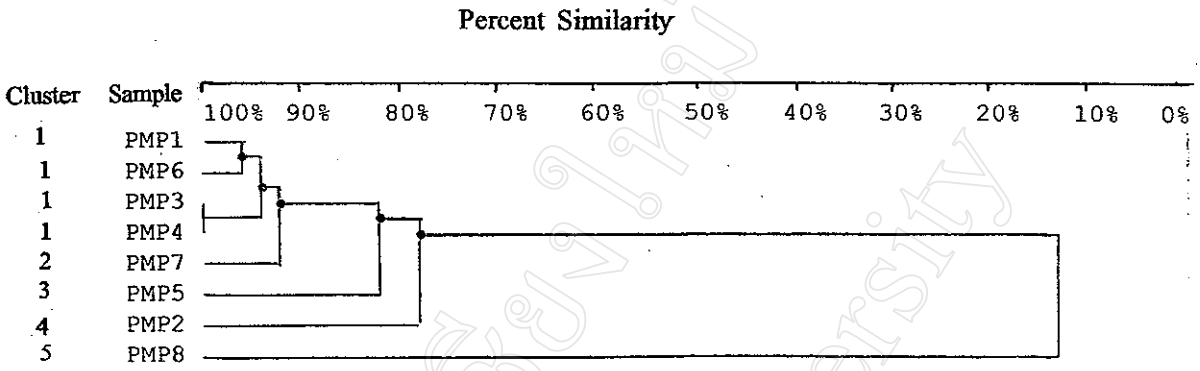
จากการทำ RAPD ด้วย primer C07 พบว่าแสดงแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 15 แถบ ดังภาพที่ 23 และเมื่อนำมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มพืชเพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% แล้วแสดงผลในรูปของ dendrogram พบว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงแบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม (ภาพที่ 24) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า แบ่งออกเป็น 5 กลุ่ม (ภาพที่ 25) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวแบ่งออกเป็น 8 กลุ่ม (ภาพที่ 26) เอื้องแซะจากดอยขุนตาลแบ่งออกเป็น 6 กลุ่ม (ภาพที่ 27) โดยภายในกลุ่มเดียวกันมีเปอร์เซ็นต์ความคล้ายคลึง 95% ซึ่งหมายความว่า มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกันมาก และเมื่อนำเอื้องแซะทั้ง 4 แหล่ง รวม 32 ตัวอย่าง เอื้องเงินแดง 1 ตัวอย่าง และเอื้องแซะดอยปุย 1 ตัวอย่าง มาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมร่วมกัน พบว่า สามารถแบ่งกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดออกเป็น 19 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 2 มีสมาชิกมากที่สุด 12 ตัวอย่าง ประกอบด้วยเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง 6 ตัวอย่าง จาก อ. ปางมะผ้า 4 ตัวอย่าง เอื้องเงินแดง 1 ตัวอย่าง และเอื้องแซะดอยปุย 1 ตัวอย่าง (ภาพที่ 28) และพบว่ากลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.แม่สะเรียงมีความใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.ปางมะผ้า เอื้องเงินแดง และเอื้องแซะดอยปุย ส่วนกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจากดอยขุนตาลมีความใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว



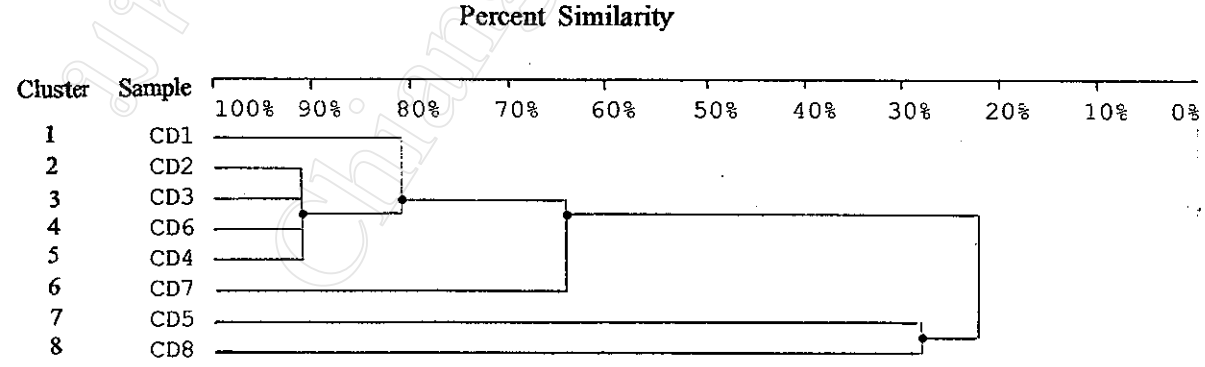
ภาพที่ 23 แถบดีเอ็นเอของเอื้องเงินแดง (L 1) เอื้องแซะดอยปุย (L 2) เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง (L 3-10) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า (L 11-18) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว (L 19-26) และเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (L27-34) ที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C07 และแถบดีเอ็นเอเครื่องหมาย (M, 100 bp) (L = ช่องที่)



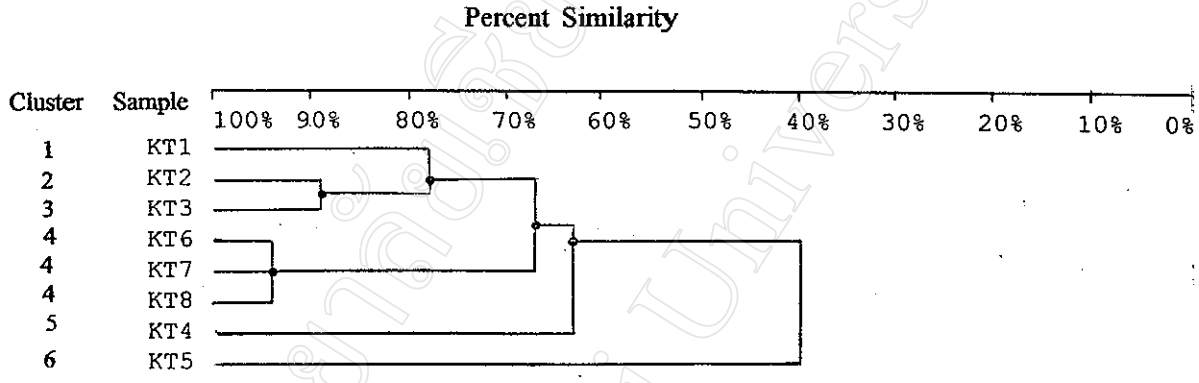
ภาพที่ 24 Dendrogram ของ เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C07 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 25 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ.ปางมะผ้า วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C07 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

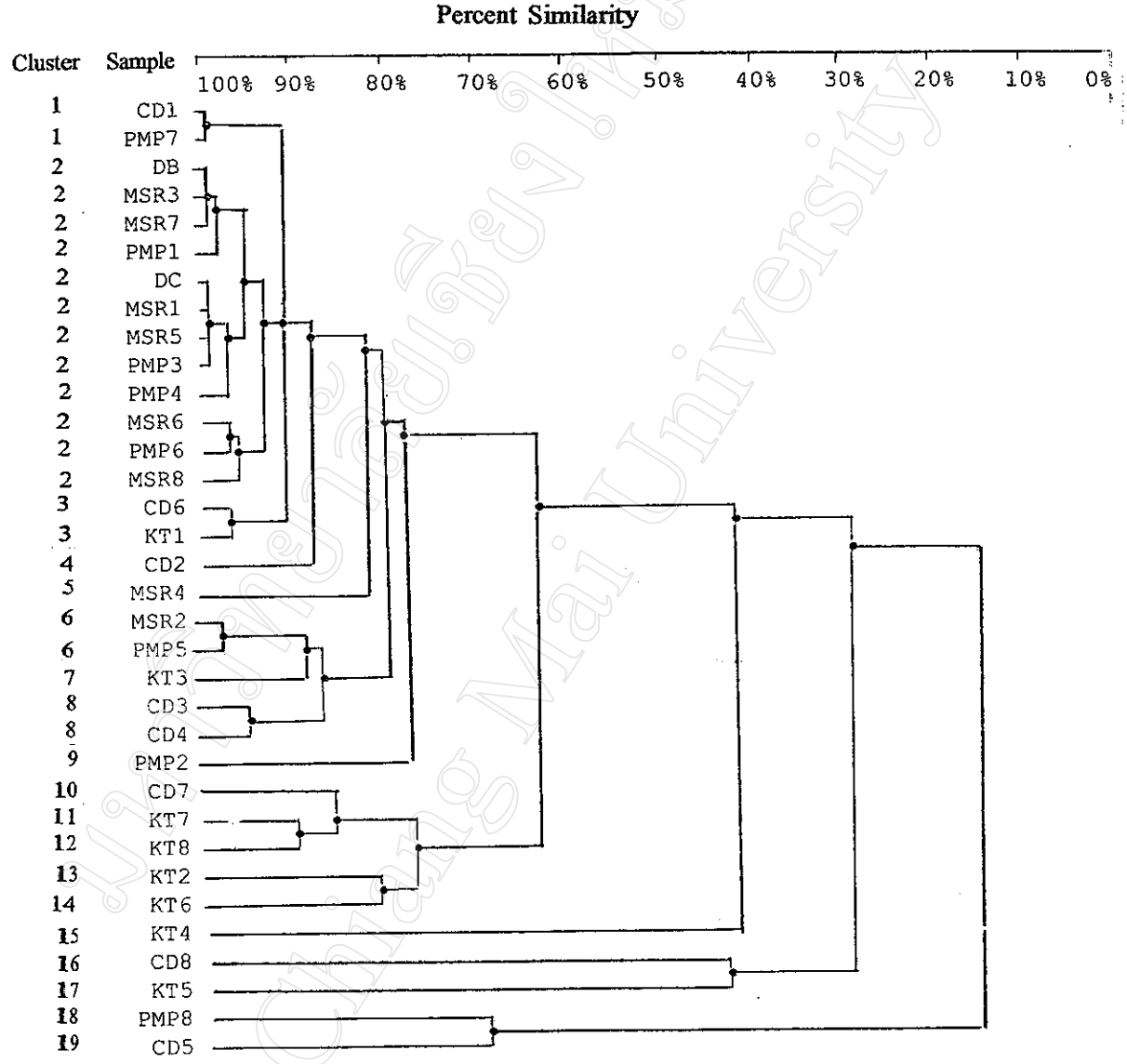


ภาพที่ 26 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำRAPD ด้วย primer C07 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 27 Dendrogram ของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C07 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ Chiang Mai University

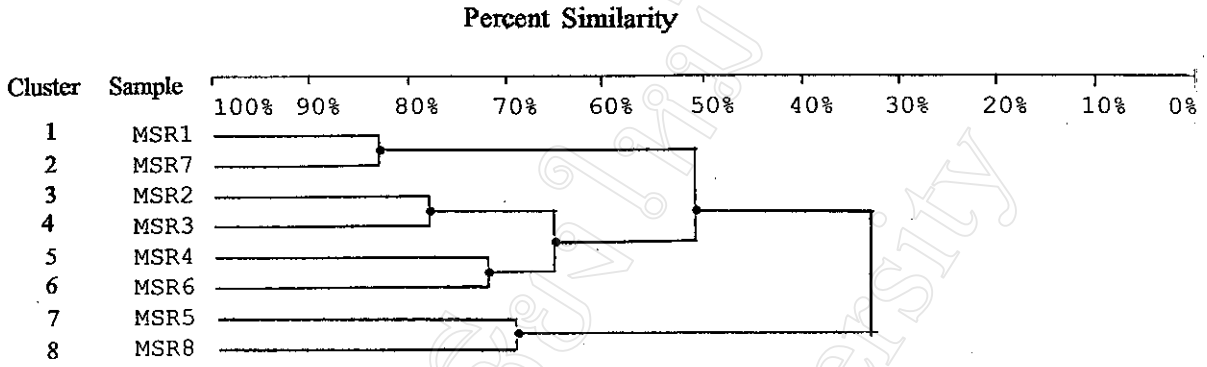


ภาพที่ 28 Dendrogram ของ เอื้องเงินแดง เอื้องแซะคอยปุย กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ป่างมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C07 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

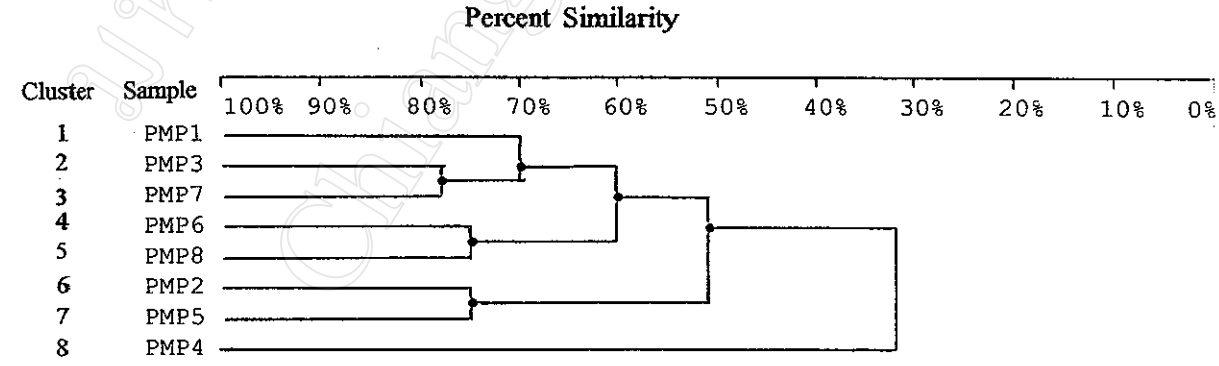
4.2 primer C08

จากการทำ RAPD ด้วย primer C08 พบว่า เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 22 แถบ (ภาพที่ 29) เมื่อนำมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มพืชเพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% แล้วแสดงผลในรูปของ dendrogram พบว่า เอื้องแซะจาก อ.แม่สะเรียง อ. ปางมะผ้า และ อ. เชียงดาว แบ่งเป็น 8 กลุ่มเท่ากัน (ภาพที่ 30, 31 และ32) ส่วนเอื้องแซะจากดอยขุนตาลแบ่งออกเป็น 7 กลุ่ม (ภาพที่ 33) และเมื่อนำเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุยมาวิเคราะห์ร่วมกัน พบว่า แบ่งออกเป็น 34 กลุ่ม ซึ่งแต่ละกลุ่มประกอบด้วยสมาชิกเพียง 1 ตัวอย่าง และพบว่า กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า และกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว มีความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกับ กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (ภาพที่ 34)

ภาพที่ 29 แถบดีเอ็นเอของเอื้องเงินแดง (L 1) เอื้องแซะดอยปุย (L 2) เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง (L 3-10) เอื้องแซะจากอ. ปางมะผ้า (L 11-18) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว (L 19-26) และเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (L 27-34) ที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C08 และแถบดีเอ็นเอเครื่องหมาย (M, 100bp) (L = ช่องที่)

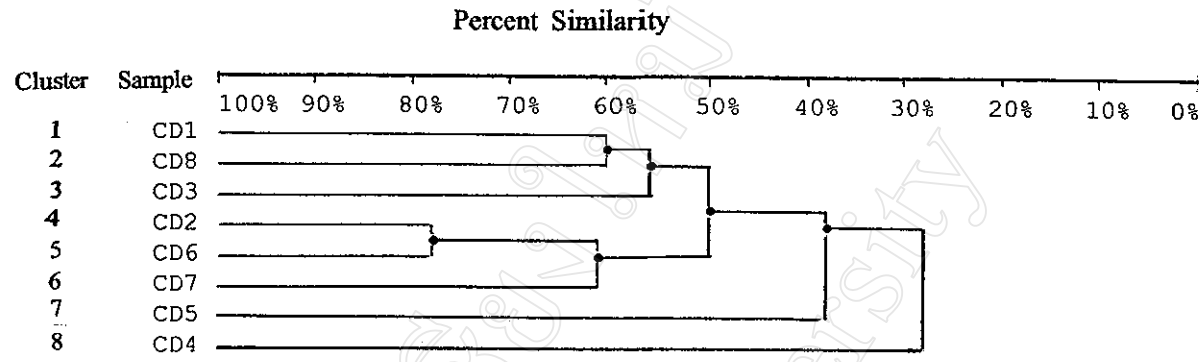


ภาพที่ 30 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงวิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C08 ด้วยค่า Jaccard's coefficient similarity at 95%

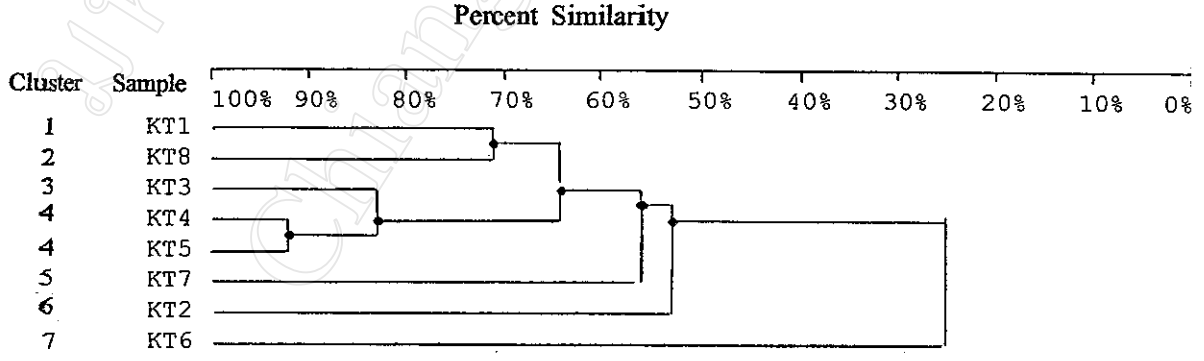


ภาพที่ 31 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C08 ด้วยค่า Jaccard's coefficient similarity at 95%

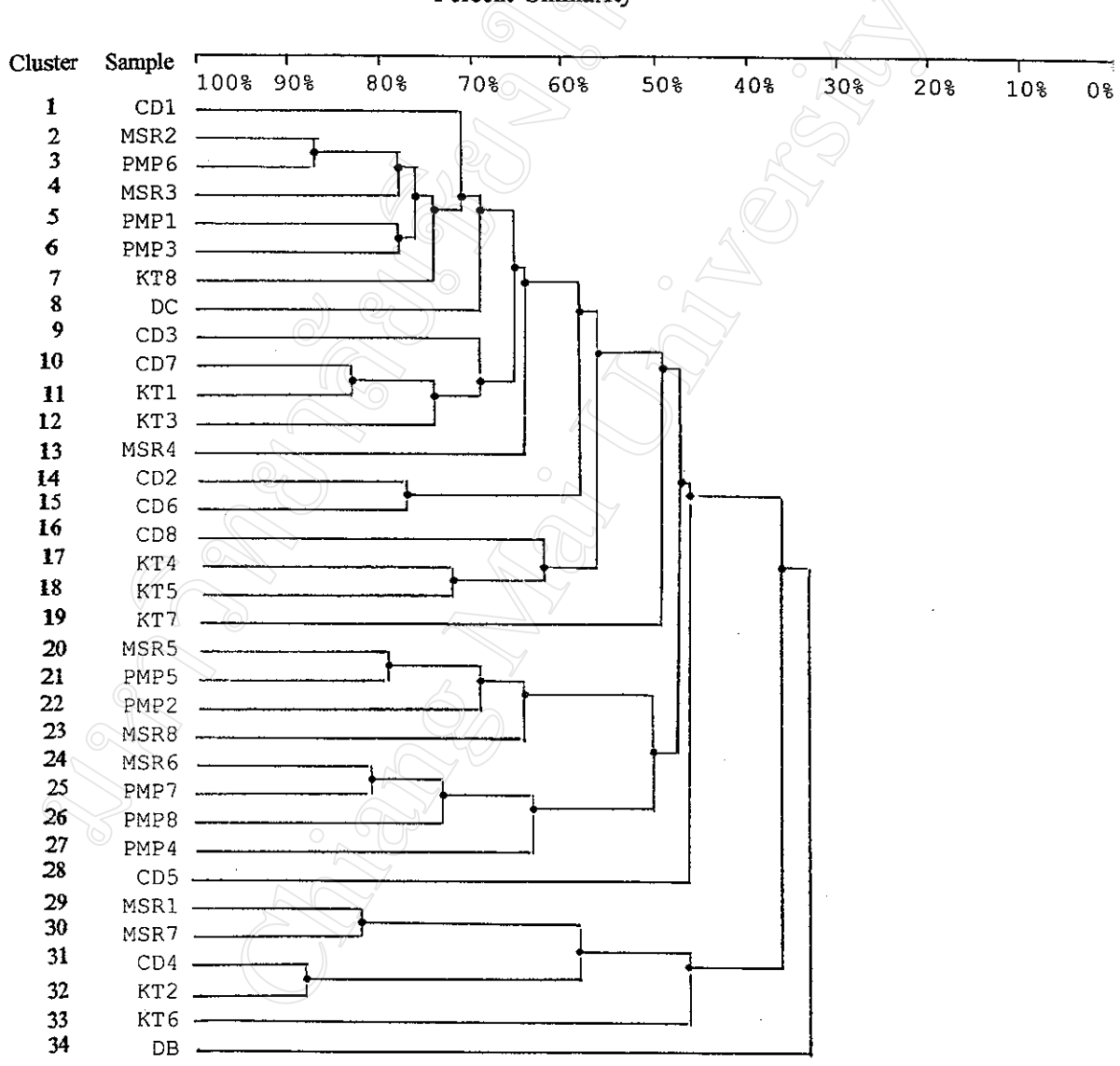
ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ Chiang Mai University



ภาพที่ 32 Dendrogram ของ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C08 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



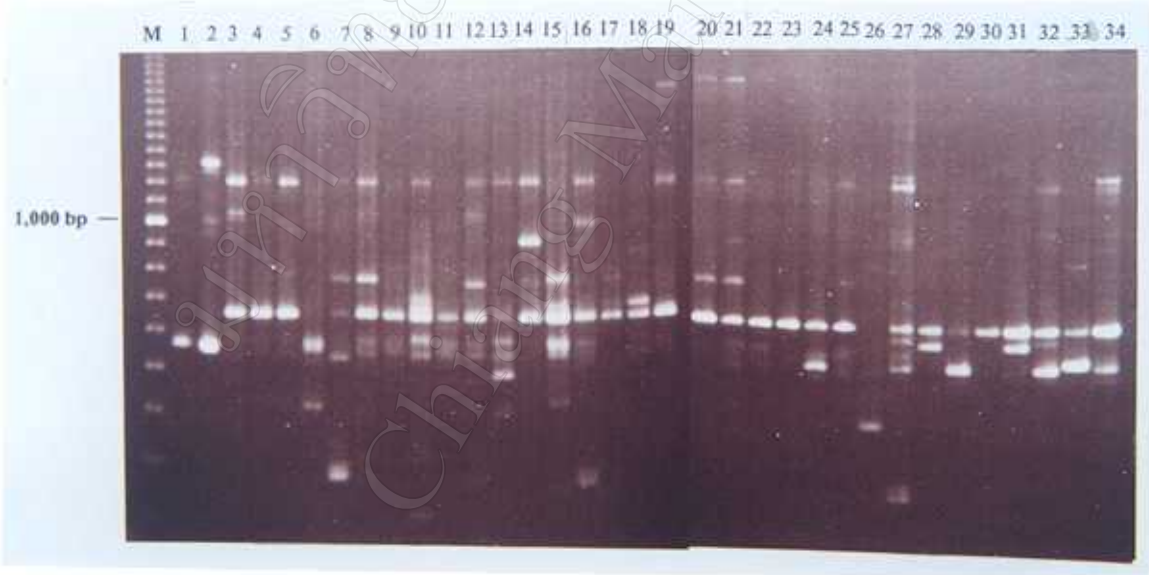
ภาพที่ 33 Dendrogram ของ เอื้องแซะจากดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C08 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



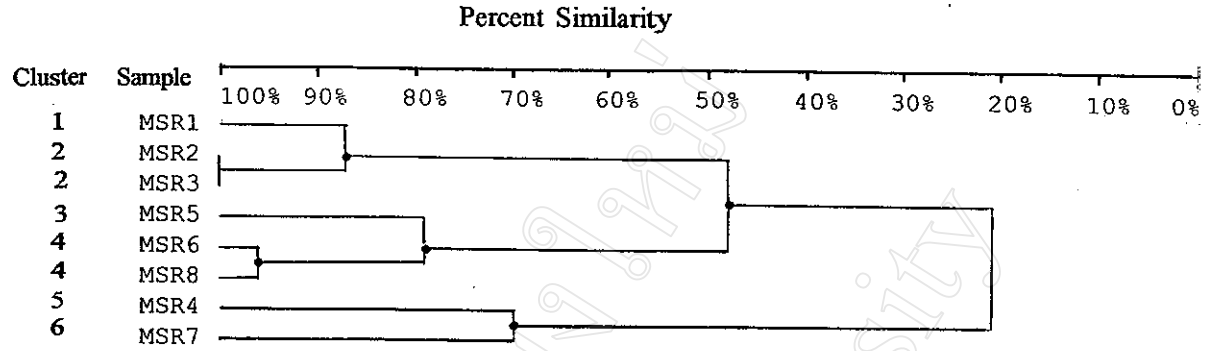
ภาพที่ 34 Dendrogram ของ เอื้องเงินแดง เอื้องแซะดอยปุย กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ป่างมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอ ที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C08 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

4.3 primer C22

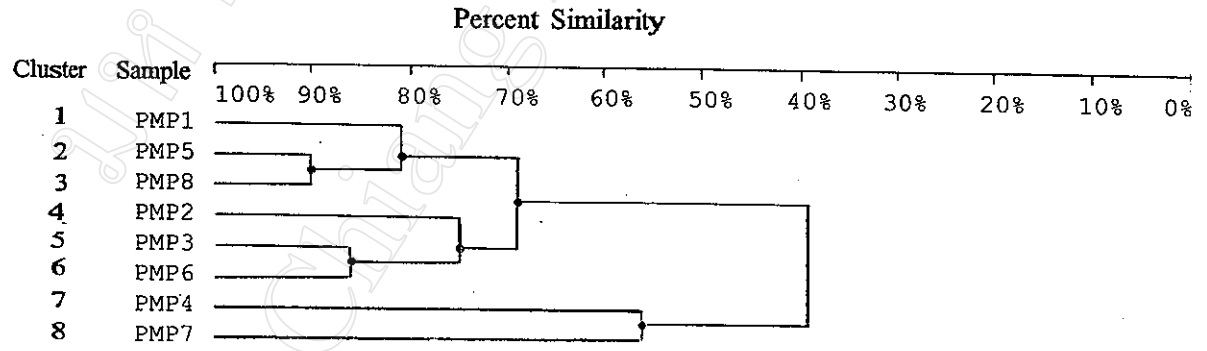
จากการทำ RAPD ด้วย primer C22 พบว่า เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 20 แถบ ดังภาพที่ 35 เมื่อนำมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มพืชเพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% แล้วแสดงผลในรูปของ dendrogram พบว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง แบ่งออกเป็น 6 กลุ่ม (ภาพที่ 36) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้าแบ่งเป็น 8 กลุ่ม (ภาพที่ 37) สำหรับเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล แบ่งออกเป็น 7 กลุ่มเท่ากัน (ภาพที่ 38 และ39) และเมื่อนำเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุยมาวิเคราะห์ร่วมกัน พบว่า แบ่งออกเป็น 27 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 22 มีสมาชิกมากที่สุด คือ 3 ตัวอย่าง ประกอบด้วย เอื้องแซะจากดอยขุนตาล 2 ตัวอย่าง อ. ปางมะผ้า 1 ตัวอย่าง รองลงมามีสมาชิก 2 ตัวอย่าง คือ กลุ่มที่ 10 (MSR7 และ PMP1) กลุ่มที่ 15 (MSR2 และ CD7) กลุ่มที่ 18 (CD2 และ 3) และ กลุ่มที่ 26 (CD5 และ KT4) ส่วนกลุ่มที่เหลือมีสมาชิกเพียง 1 ตัวอย่าง และพบว่า กลุ่มตัวอย่างเอื้องแซะจาก อ.ปางมะผ้า มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับเอื้องแซะจาก อ.แม่สะเรียง อ.เชียงดาว และดอยขุนตาล ส่วนเอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย มีความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกัน (ภาพที่ 40)



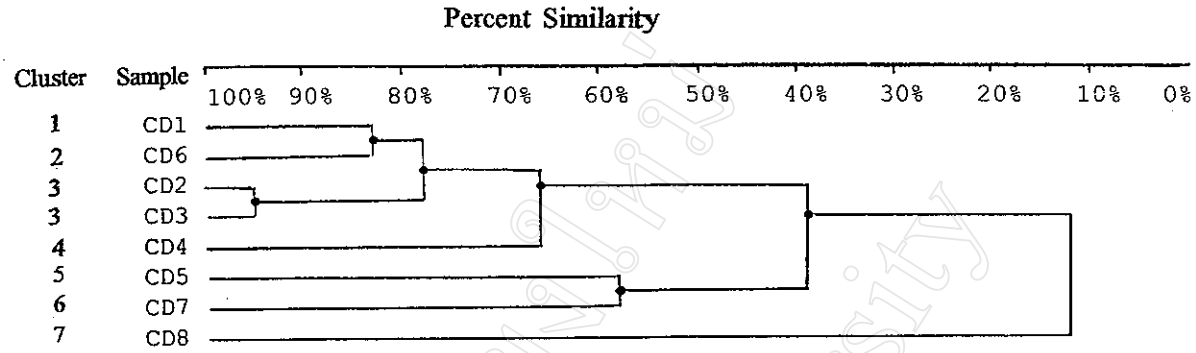
ภาพที่ 35 แถบดีเอ็นเอของเอื้องเงินแดง (L 1) เอื้องแซะดอยปุย (L 2) เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง (L 3-10) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า (L 11-18) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว (L 19-26) และเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (L 27-34) ที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C22 และแถบดีเอ็นเอเครื่องหมาย (M, 100 bp) (L = ช่องที่)



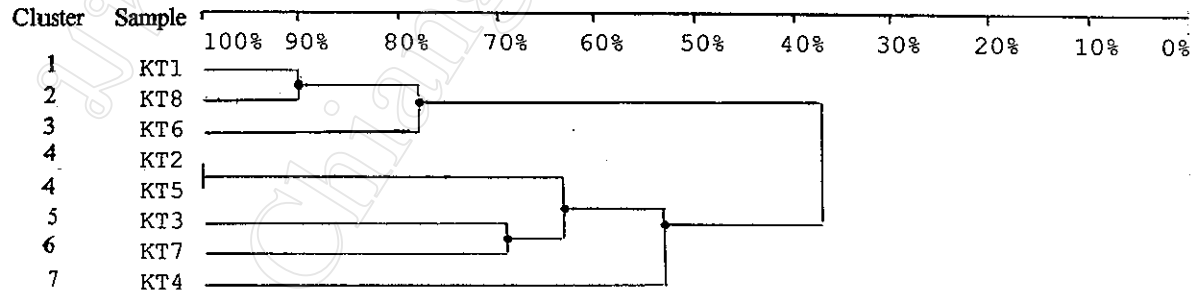
ภาพที่ 36 Dendrogram ของเชื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C22 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



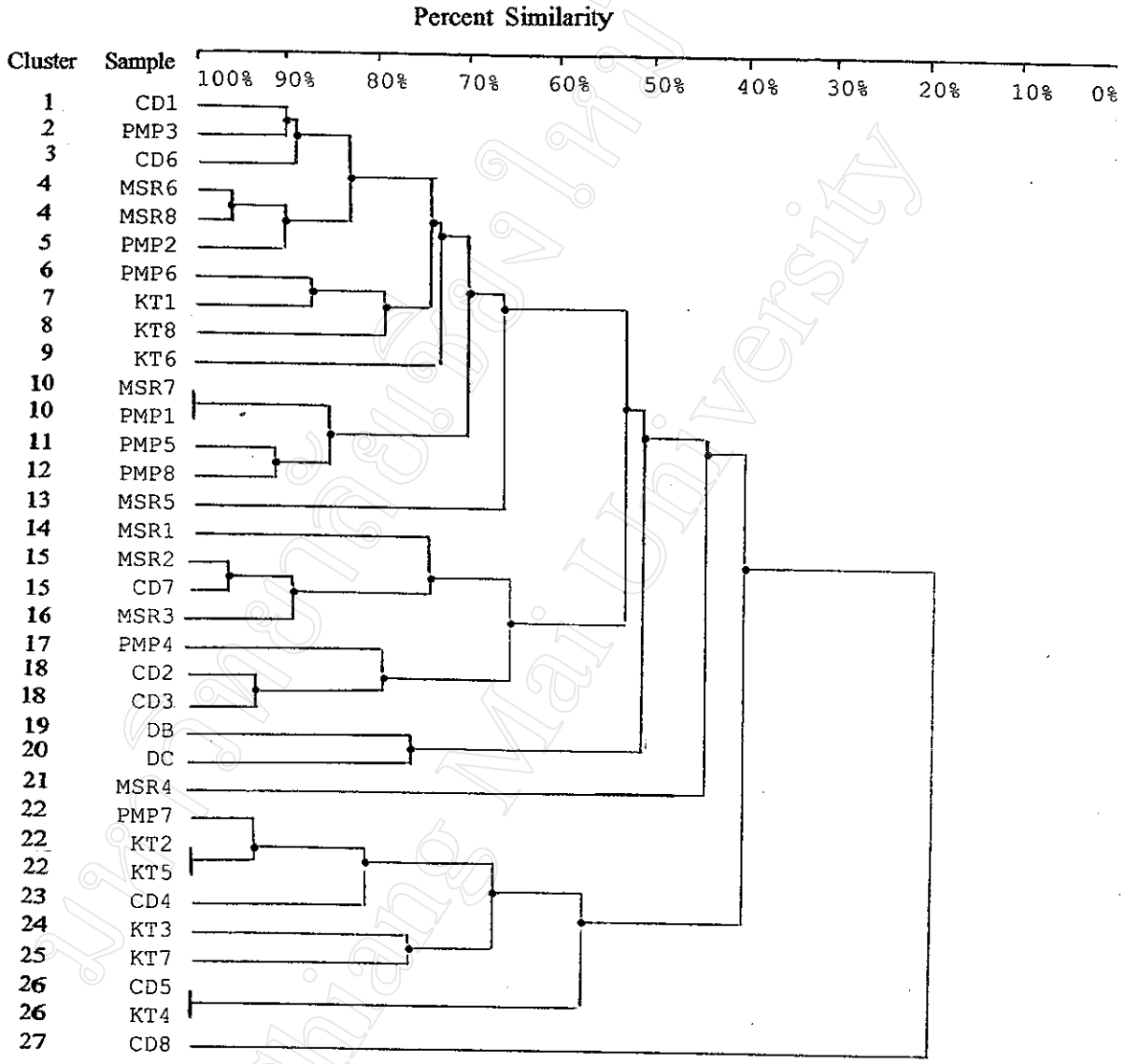
ภาพที่ 37 Dendrogram ของเชื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C22 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 38 Dendrogram ของ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C22 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



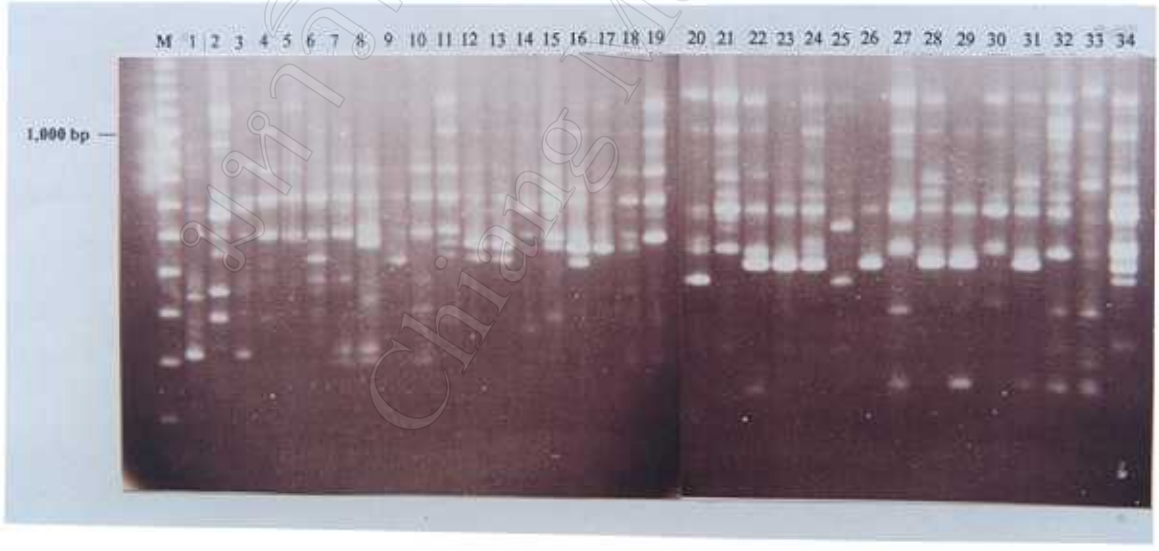
ภาพที่ 39 Dendrogram ของ เอื้องแซะจากดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C22 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



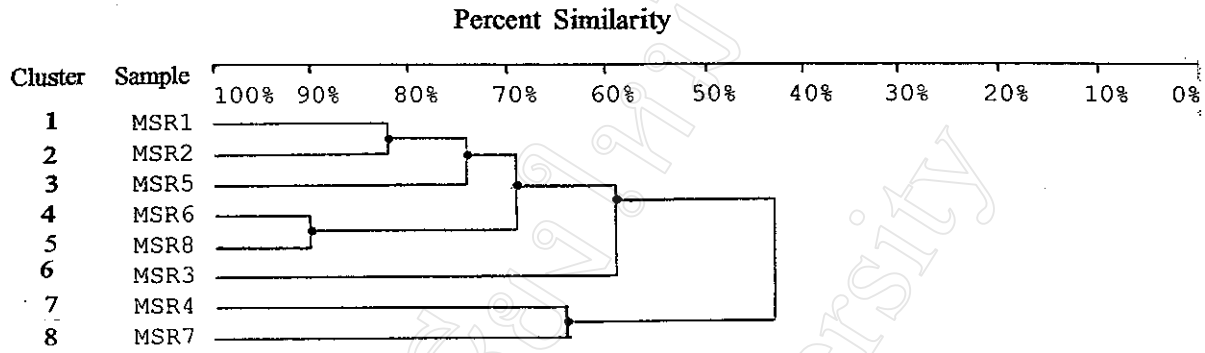
ภาพที่ 40 Dendrogram ของ เอื้องเงินแดง เอื้องแซะดอยปุย กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ปางมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C22 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

4.3 primer C43

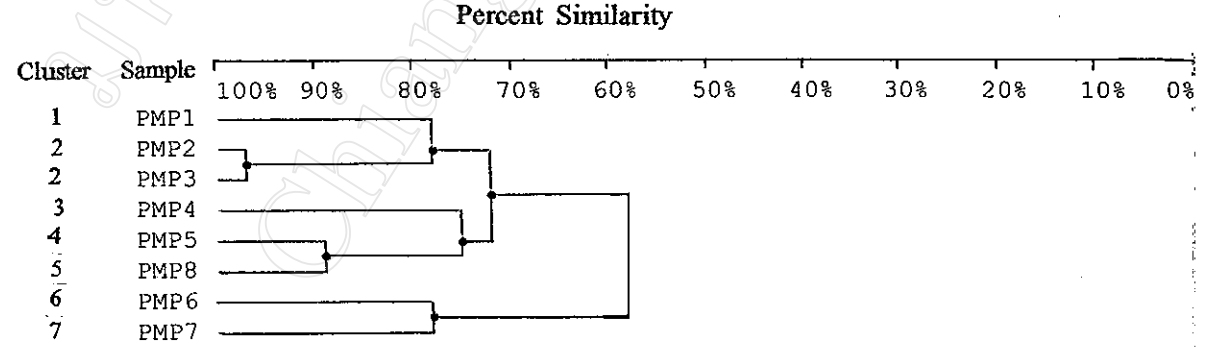
จากการทำ RAPD ด้วย primer C43 พบว่า เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 22 แถบ ดังภาพที่ 41 เมื่อนำมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มพืชเพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% แล้วแสดงผลในรูปของ dendrogram พบว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล แบ่งออกเป็น 8 กลุ่มเท่ากัน (ภาพที่ 42 , 44 และ 45) ส่วนเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้าแบ่งออกเป็น 7 กลุ่ม (ภาพที่ 43) และเมื่อนำเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุยมาวิเคราะห์ร่วมกัน พบว่า สามารถแบ่งกลุ่มได้ทั้งหมด 33 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 17 มีสมาชิกมากที่สุด คือ 2 ตัวอย่าง ประกอบด้วย เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้าทั้งสองตัวอย่าง สำหรับกลุ่มอื่นมีสมาชิกเพียงหนึ่งตัวอย่าง และพบว่า กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.แม่สะเรียง มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า และ กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาวมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล เอื้องแซะดอยปุย และ เอื้องเงินแดง ดังภาพที่ 46



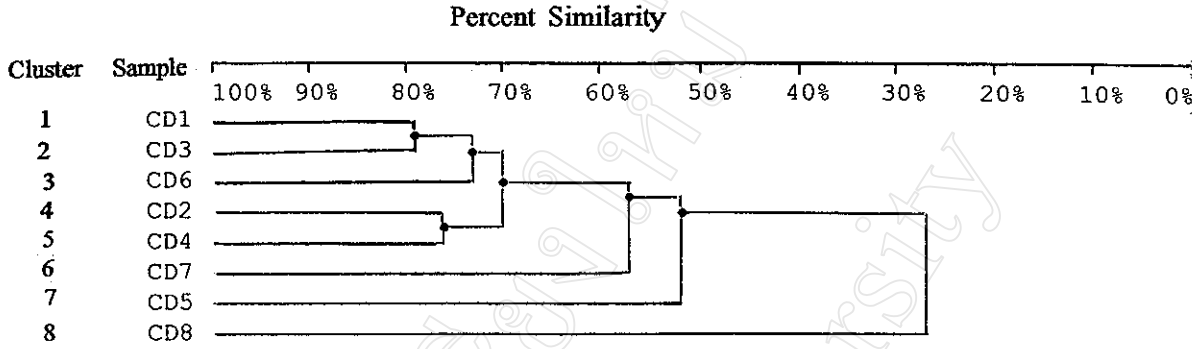
ภาพที่41 แถบดีเอ็นเอของเอื้องเงินแดง (L 1) เอื้องแซะดอยปุย (L 2) เอื้องแซะจาก อ.แม่สะเรียง (L 3-10) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า (L 11-18) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว (L 19-26) และเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (L 27-34) ที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C43 และแถบดีเอ็นเอเครื่องหมาย (M, 100 bp) (L = ช่องที่)



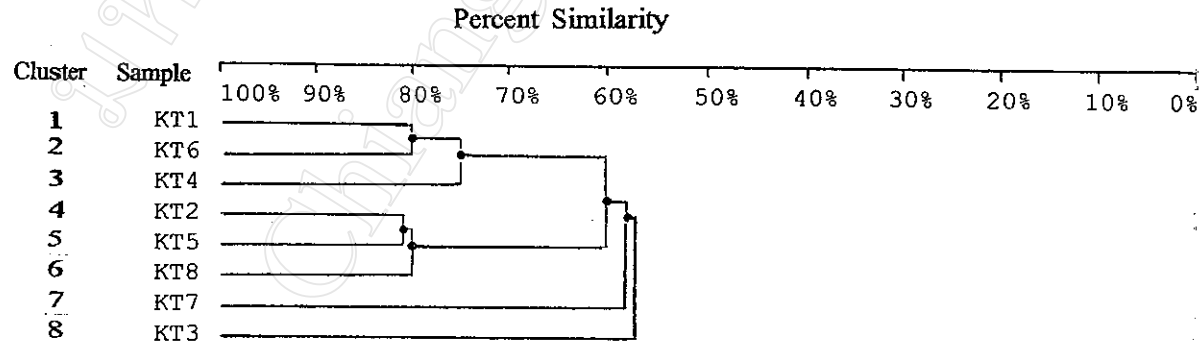
ภาพที่ 42 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C43 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



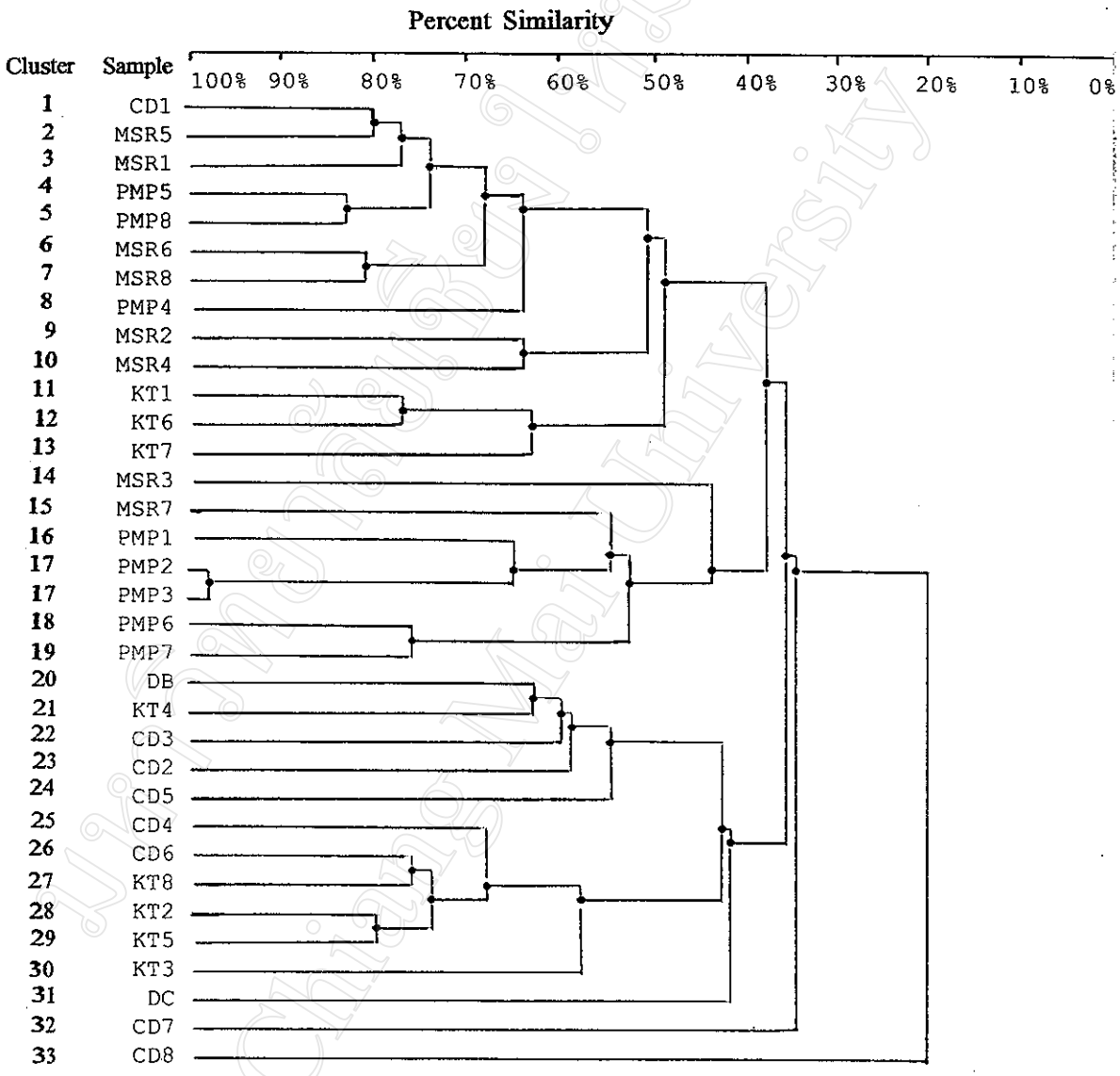
ภาพที่ 43 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C43 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 44 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C43 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



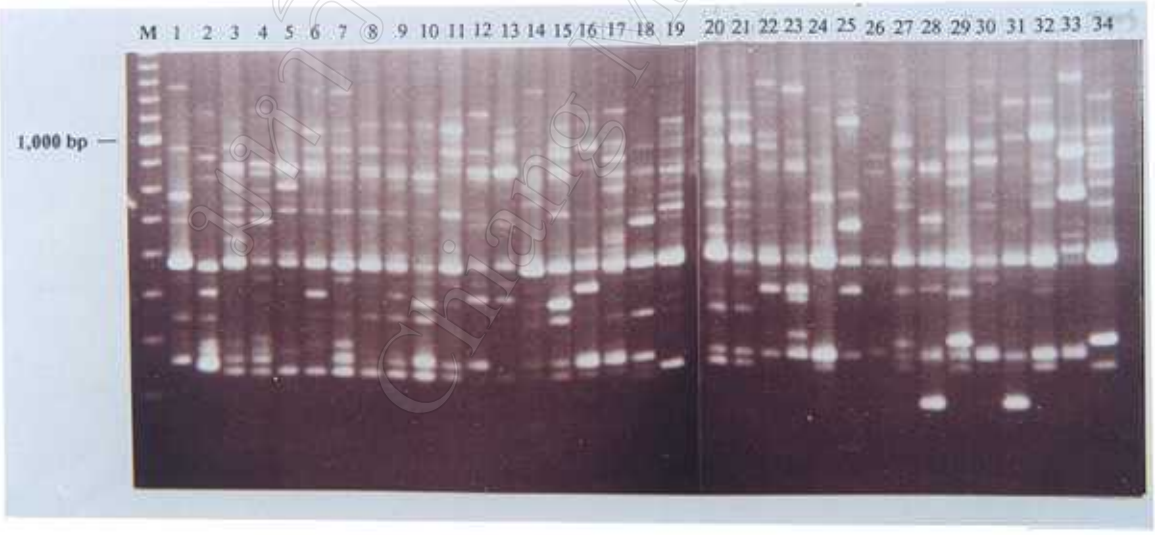
ภาพที่ 45 Dendrogram ของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C43 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



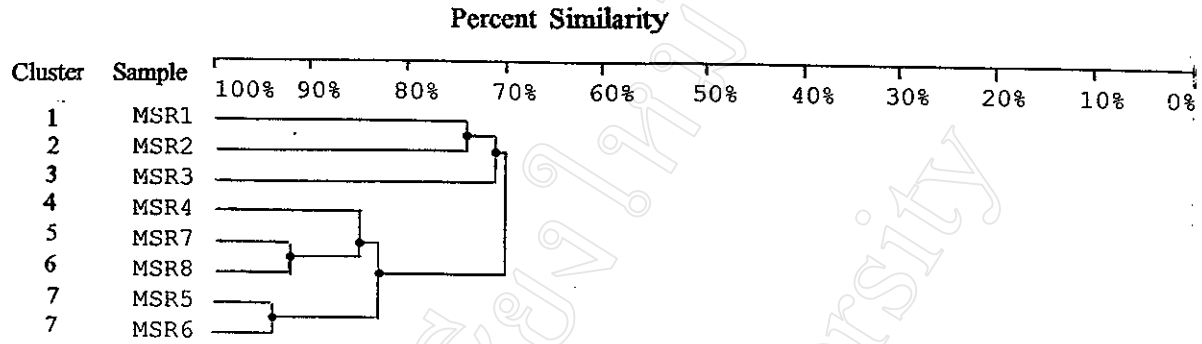
ภาพที่ 46 Dendrogram ของ เอื้องเงินแดง เอื้องแซะดอยปุย กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ปางมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C43 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

4.3 primer C44

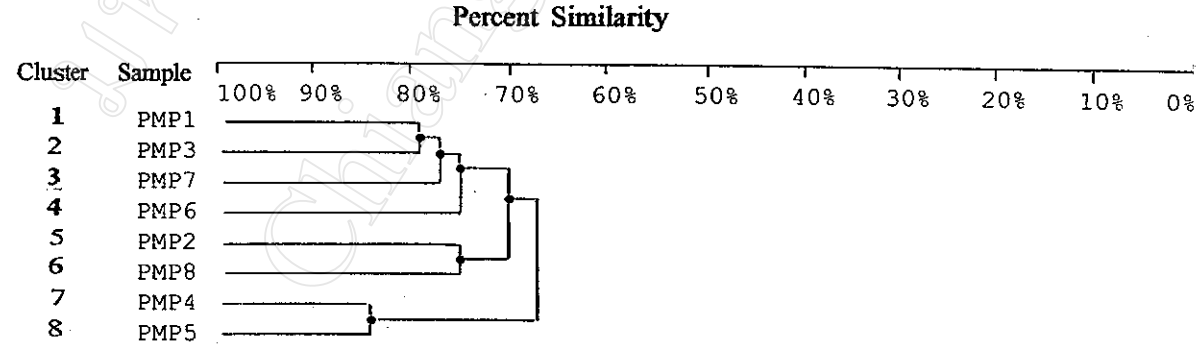
จากการทำ RAPD ด้วย primer C44 พบว่า เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 27 แถบ ดังภาพที่ 47 เมื่อนำมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มพืชเพื่อแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% แล้วแสดงผลในรูปของ dendrogram พบว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียงแบ่งออกเป็น 7 กลุ่ม (ภาพที่ 48) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล แบ่งออกเป็น 8 กลุ่มเท่ากัน (ภาพที่ 49 , 50 และ 51) และเมื่อนำเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุยมาวิเคราะห์ร่วมกัน พบว่า สามารถแบ่งกลุ่มได้ทั้งหมด 33 กลุ่ม โดยกลุ่มที่มีสมาชิกมากที่สุด คือ กลุ่มที่ 7 มีสมาชิกทั้งหมด 2 ตัวอย่าง ประกอบด้วย เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง ทั้งสองตัวอย่าง สำหรับกลุ่มอื่นมีสมาชิกเพียงหนึ่งตัวอย่าง และพบว่า กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.แม่สะเรียง มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกลับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.ปางมะผ้า และ กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.เชียงดาวมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล ดังภาพที่ 52



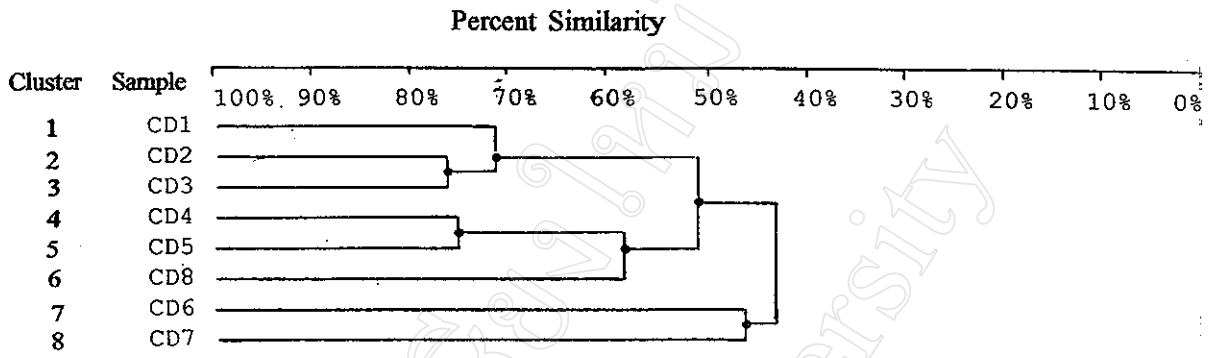
ภาพที่ 47 แถบดีเอ็นเอของเอื้องเงินแดง (L 1) เอื้องแซะดอยปุย (L 2) เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง (L 3-10) เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า (L 11-18) เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว (L 19-26) และเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (L 27-34) ที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C44 และแถบดีเอ็นเอเครื่องหมาย (M, 100 bp) (L = ช่องที่)



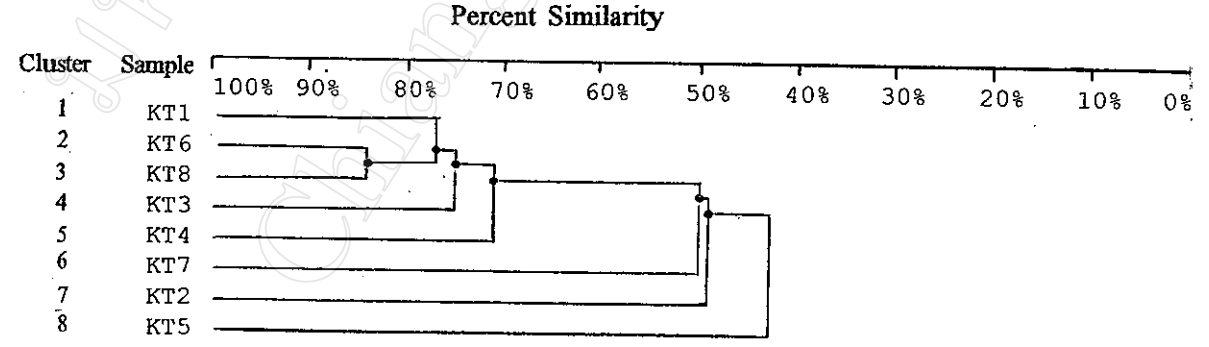
ภาพที่ 48 Dendrogram ของ เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C44 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



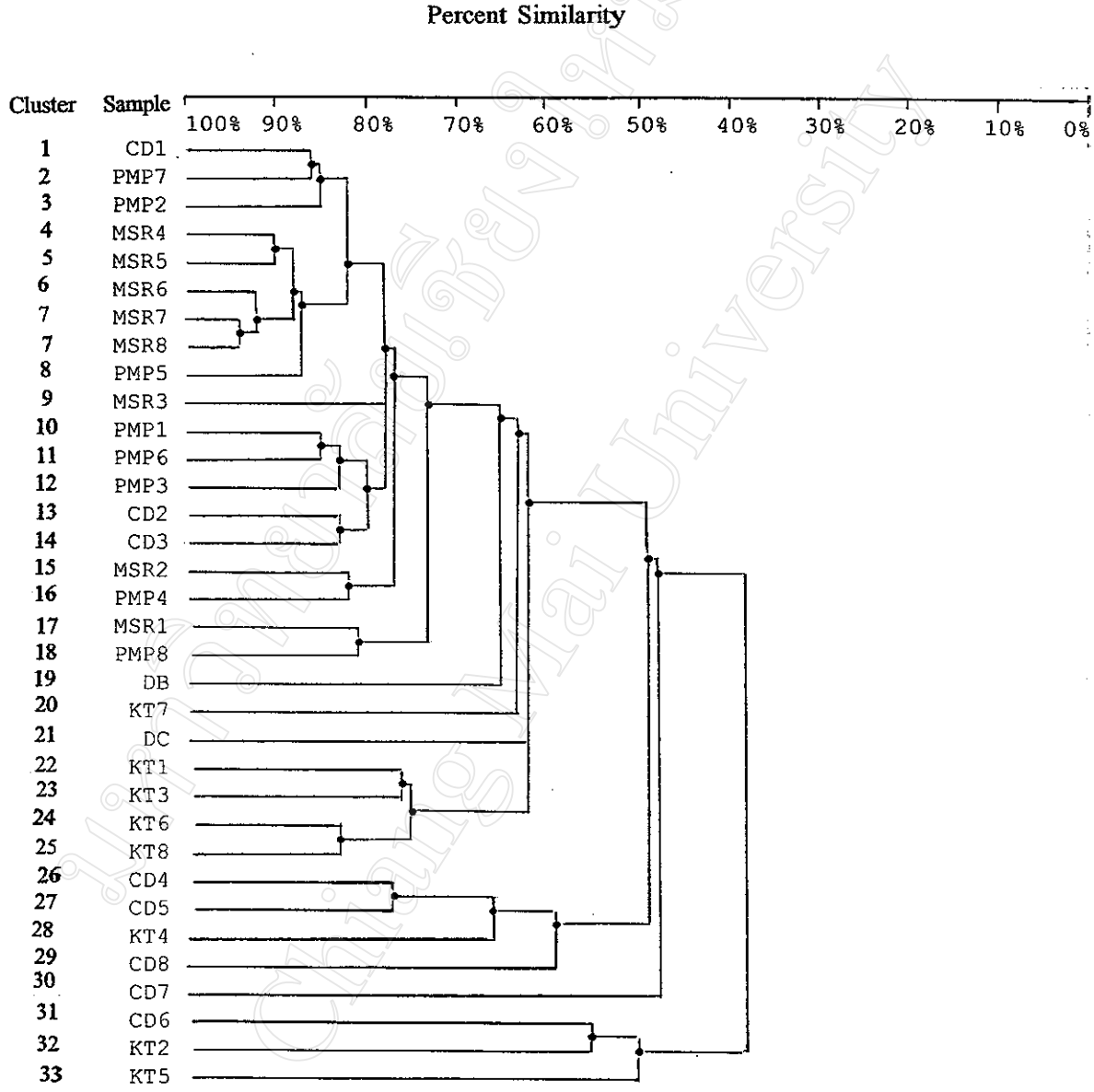
ภาพที่ 49 Dendrogram ของ เอื้องแซะจาก อ. ป่างมะผ้า วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C44 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 50 Dendrogram ของ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C44 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 51 Dendrogram ของ เอื้องแซะจากดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C44 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

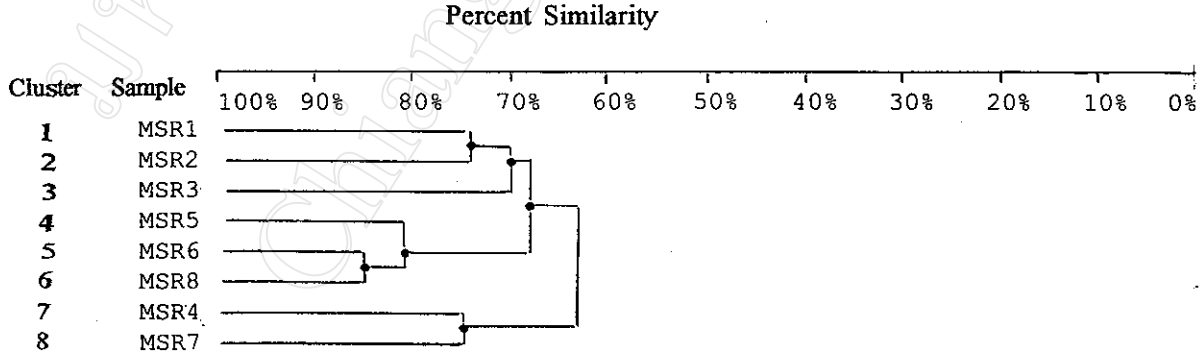


ภาพที่ 52 Dendrogram ของ เอื้องเงินแดง เอื้องแซะดอยปุย กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ป่างมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primer C44 ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

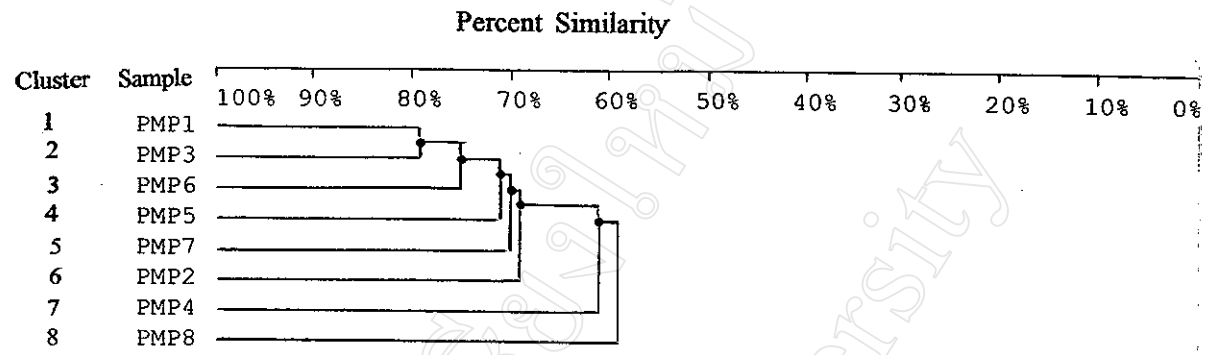
สำหรับ primer C21 แสดงแถบดีเอ็นเอแต่มีจำนวนแถบดีเอ็นเอน้อย primer C48 แสดงแถบดีเอ็นเอที่ไม่คมชัด และ primer C51 ไม่แสดงแถบดีเอ็นเอ

4.6 การแยกกลุ่มพืชโดยใช้ความสัมพันธ์ของ primer C07 C08 C22 C43 และ C44

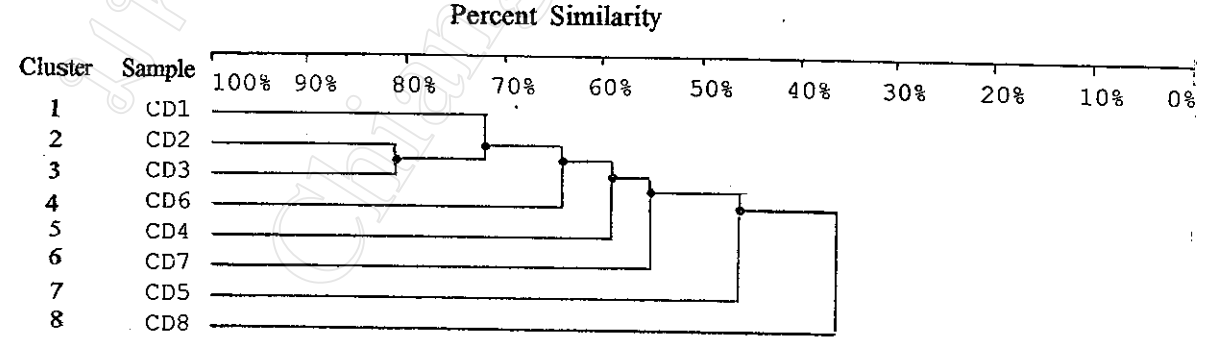
จากการวิเคราะห์กลุ่มพืชโดยการใช้ความสัมพันธ์ของ primers ทั้ง 5 ชนิด คือ primer C07 C08 C22 C43 และ C44 ที่ได้จากการทำ RAPD พบว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ปางมะผ้า อ. เชียงดาว และดอยขุนตาล แบ่งออกเป็น 8 กลุ่มเท่ากัน (ภาพที่ 53, 54, 55 และ 56) และเมื่อนำทั้ง 4 แหล่ง มาวิเคราะห์ร่วมกับเอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย พบว่า สามารถจัดกลุ่มได้ 34 กลุ่ม โดยแต่ละกลุ่มประกอบด้วยสมาชิกเพียงหนึ่งตัวอย่าง และพบว่าที่ความคล้ายคลึง 55% กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะทั้งหมดจาก อ. แม่สะเรียง และ อ. ปางมะผ้า อยู่ในกลุ่มเดียวกัน ขณะที่เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว ตัวอย่างที่ 2 3 และ 6 อยู่กลุ่มเดียวกับเอื้องแซะจากดอยขุนตาล ตัวอย่างที่ 1 3 และ 8 สำหรับตัวอย่างที่ 4 ของ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว อยู่กลุ่มเดียวกับ ตัวอย่างที่ 2 และ 5 ของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล แสดงว่า เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง มีความสัมพันธ์ที่ใกล้ชิดกับ เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า และ เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับเอื้องแซะจากดอยขุนตาล (ภาพที่ 57)



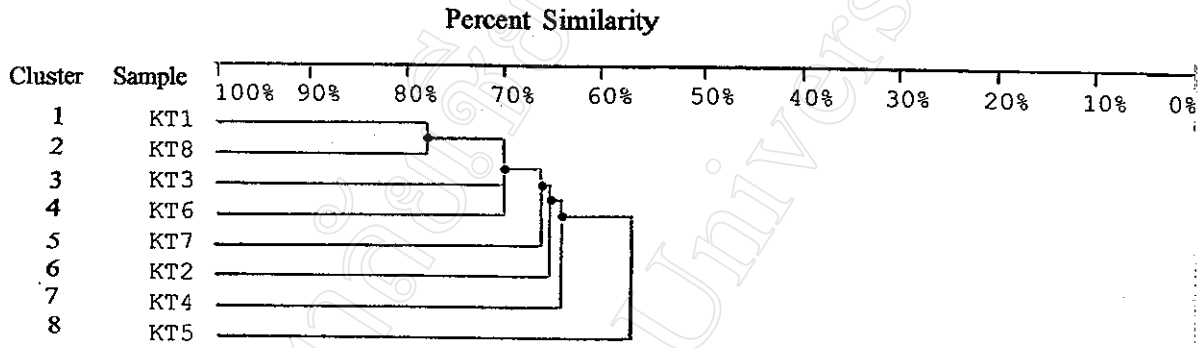
ภาพที่ 53 Dendrogram ของ เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primers 5 ชนิด ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 54 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primers 5 ชนิด ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

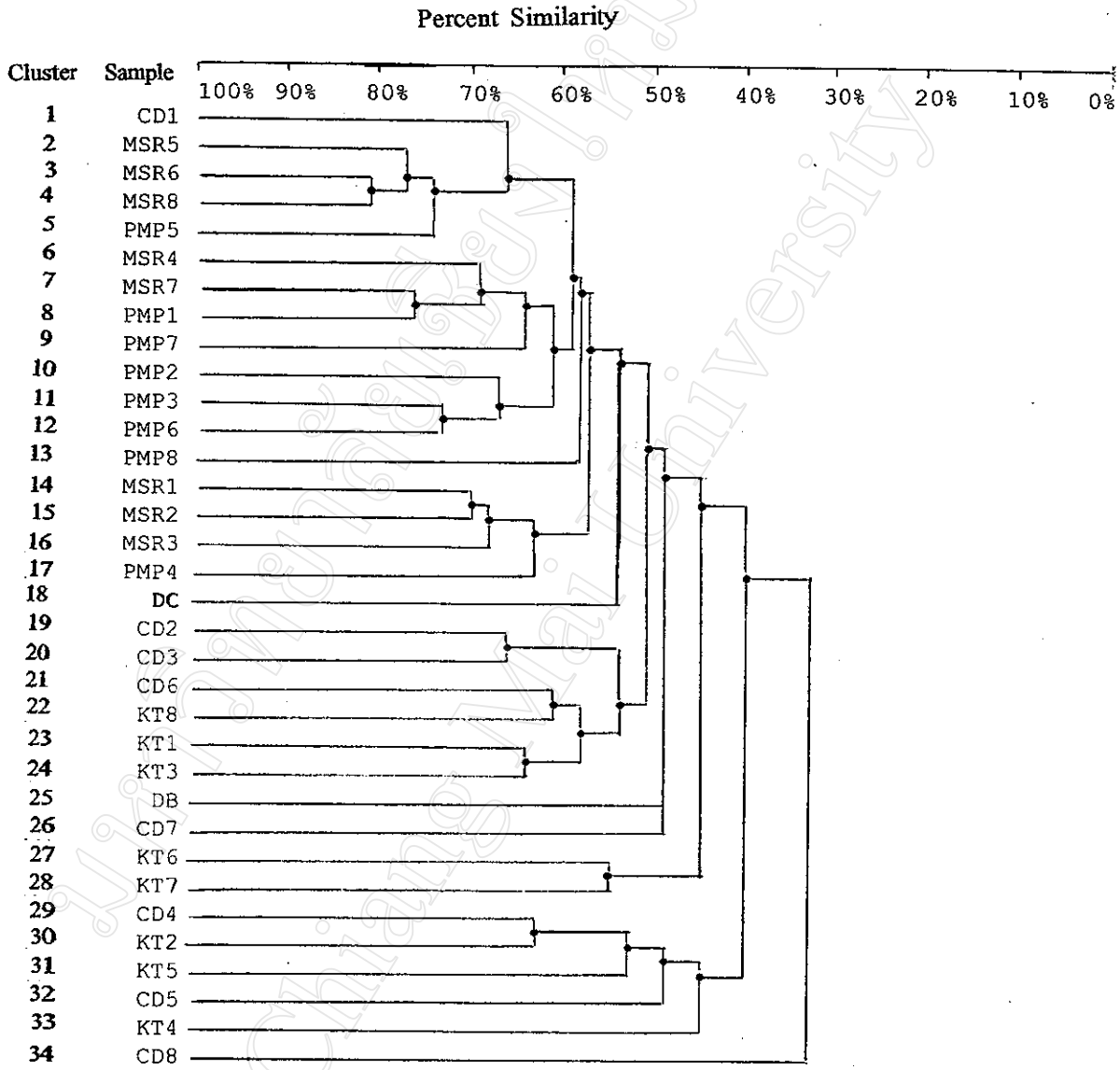


ภาพที่ 55 Dendrogram ของเอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primers 5 ชนิด ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%



ภาพที่ 56 Dendrogram ของเชื้องแซะจากดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primers 5 ชนิด ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University



ภาพที่ 57 Dendrogram ของ เอื้องเงินแดง เอื้องแซะคอยปุ่ย กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง อ. ปางมะผ้า อ. ชียงดาว และดอยขุนตาล วิเคราะห์โดยใช้แถบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ RAPD ด้วย primers 5 ชนิด ด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity at 95%

5. ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบไอโซไซม์ กับ RAPD

จากการแยกกลุ่มของเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง คือ เอื้องแซะจาก อ. แม่สะเรียง เอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า เอื้องแซะจาก อ. เชียงดาว และ เอื้องแซะจากดอยขุนตาล ประชากรละ 8 ตัวอย่าง รวม 32 ตัวอย่าง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย ชนิดละ 1 ตัวอย่าง โดยใช้รูปแบบไอโซไซม์จากระบบเอนไซม์ 6 ชนิด คือ Esterase (EST) Glutamate oxaloacetate transminase (GOT) Malate dehydrogenase (MDH) Shikimic dehydrogenase (SKD) Glucose phosphate isomerase (GPI) และ Leucine aminopeptidase (LAP) และ การทำ RAPD ด้วย Primer 8 ชนิด ขนาด 10 เบส คือ C07 C08 C21 C22 C43 C44 C48 และ C51 ผลปรากฏว่า ระบบเอนไซม์ที่สามารถนำมาใช้ในการแยกความแตกต่าง และวิเคราะห์กลุ่มพืชเพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเอื้องจาก 4 แหล่ง เอื้องเงินแดง และ เอื้องแซะดอยปุย มีทั้งหมด 4 ชนิด คือ EST GOT MDH และ SKD ส่วนการทำ RAPD primer ที่สามารถนำมาใช้แยกความแตกต่างและวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีทั้งหมด 5 ชนิด คือ C07 C08 C22 C43 และ C44 ซึ่งเอนไซม์และ primer ดังกล่าวสามารถใช้วิเคราะห์กลุ่มพืชด้วยค่า Jaccard 's coefficient similarity และพบว่าเอนไซม์แต่ละชนิดจัดกลุ่มพืชได้แตกต่างกัน เช่นเดียวกับ primer แต่ละชนิด และเมื่อนำความสัมพันธ์ของเอนไซม์ทั้ง 4 ชนิดมาวิเคราะห์เพื่อจัดกลุ่มพืชพบว่า สามารถจัดจำแนกเอื้องแซะจาก 4 แหล่ง ออกเป็น 4 กลุ่มตามแหล่งที่มา และสามารถแยกออกจากเอื้องเงินแดง และเอื้องแซะดอยปุยได้อย่างเด่นชัด แต่พบว่าไม่สามารถแยกบางตัวอย่างของเอื้องแซะออกจากกันได้ คือ ตัวอย่างที่ 2 กับ 3 ของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล ตัวอย่างที่ 1 กับ 3 และตัวอย่างที่ 6 กับ 7 ของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า (ภาพที่ 21) ส่วนการนำความสัมพันธ์ของ primer ทั้ง 5 ชนิด จากการทำ RAPD มาวิเคราะห์เพื่อจัดกลุ่มพืช พบว่า สามารถแยกแต่ละตัวอย่างออกจากกันได้ แต่ไม่สามารถแยกประชากรของเอื้องแซะออกจากเอื้องเงินแดงและเอื้องแซะดอยปุย และไม่สามารถแยกกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะออกเป็น 4 กลุ่มตามแหล่งที่มาได้ (ภาพที่ 57) เนื่องจากกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.แม่สะเรียง มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ. ปางมะผ้า และเอื้องเงินแดง ส่วนกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจากดอยขุนตาล มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ กลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะจาก อ.เชียงดาว และ เอื้องแซะดอยปุย ซึ่งความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะนี้มีความคล้ายคลึงกับการวิเคราะห์จากรูปแบบไอโซไซม์ แต่ในรูปแบบไอโซไซม์ เอื้องเงินแดงและเอื้องแซะดอยปุยมีความแตกต่างจากกลุ่มตัวอย่างของเอื้องแซะอย่างเด่นชัด