



ใบรับรองวิทยานิพนธ์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (การปรับปรุงพันธุ์พืช)

ปริญญา

การปรับปรุงพันธุ์พืช

เกษตร กำแพงแสน

สาขา

คณะ

เรื่อง

การศึกษาความหลากหลายของปาล์มน้ำมันที่มีศักยภาพในประเทศไทยโดยใช้
เครื่องหมาย โมเลกุล Simple Sequence Repeat (SSR)

A Study on Diversity of Elite Oil Palms in Thailand by Using Simple Sequence
Repeat (SSR) Molecular Markers

นามผู้วิจัย

นางสาวสุจินดา เดชะพรรค

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์พัชรินทร์ ตัญญา, ปร.ค.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(ศาสตราจารย์พิเศษ ศรีนิเวศน์, Ph.D.)

ประธานสาขาวิชา

(รองศาสตราจารย์ธงชัย มาลา, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญญา ชีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่

เดือน

พ.ศ.

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

การศึกษาความหลากหลายของปาล์มน้ำมันที่มีศักยภาพในประเทศไทยโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล
Simple Sequence Repeat (SSR)

A Study on Diversity of Elite Oil Palms in Thailand by Using Simple Sequence Repeat (SSR)
Molecular Markers

โดย

นางสาวสุจินณา เศษะพรรค

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (การปรับปรุงพันธุ์พืช)

พ.ศ. 2555

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สุจินดา เดชะพรรค 2555: การศึกษาความหลากหลายของพาล์มน้ำมันที่มีศักยภาพในประเทศไทยโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Simple Sequence Repeat (SSR) ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (การปรับปรุงพันธุ์พืช) สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์พืช คณะเกษตร กำแพงแสน อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์พัชรินทร์ ตัญญา, ปร.ค. 101 หน้า

การศึกษาความหลากหลายของพันธุ์พาล์มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี จำนวน 171 ตัวอย่าง และจากประชากรศูนย์วิจัยพาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จำนวน 280 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR จำนวน 21 ตำแหน่ง พบว่า ประชากรพาล์มน้ำมันจาก จ.กาญจนบุรี มีจำนวนอัลลีลทั้งหมดเท่ากับ 121 อัลลีล และมีค่า polymorphism information content (PIC), ค่า expected heterozygosity (H_E) และ ค่า effective number of allele (n_e) เฉลี่ยเท่ากับ 0.597, 0.650 และ 2.538 ตามลำดับ ส่วนประชากร จ.สุราษฎร์ธานี มีจำนวนอัลลีลทั้งหมดเท่ากับ 117 อัลลีล และมีค่า PIC, H_E และ n_e เฉลี่ยเท่ากับ 0.645, 0.693 และ 1.681 ตามลำดับ ส่วนแบบรวมสองกลุ่มประชากร มีจำนวนอัลลีลทั้งหมดเท่ากับ 164 อัลลีล และมีค่า PIC, H_E และ n_e เฉลี่ยเท่ากับ 0.723, 0.759 และ 2.094 ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์ความแปรปรวนภายในประชากร ด้วยวิธี Analysis of Molecular Variance (AMOVA) พบว่า ประชากร จ.กาญจนบุรี มีความแปรปรวนภายในพันธุ์ 75% ซึ่งสูงกว่าความแปรปรวนระหว่างพันธุ์ (25%) ในขณะที่ประชากร จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองกลุ่มประชากร มีค่าความแปรปรวนระหว่างพันธุ์สูงเท่ากับ 82% และ 70% ตามลำดับ การวิเคราะห์การจัดกลุ่มและสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่า ประชากร จ.สุราษฎร์ธานี แบ่งออกได้เป็น 14 กลุ่ม ที่ค่าสัมประสิทธิ์เท่ากับ 0.40 ส่วนประชากร จ.กาญจนบุรี และแบบรวมสองกลุ่มประชากร สามารถจัดกลุ่มได้เป็น 2 กลุ่ม ที่ค่าสัมประสิทธิ์เท่ากับ 0.32 และ 0.15 ตามลำดับ ซึ่งให้ผลสอดคล้องเช่นเดียวกับการวิเคราะห์ PCoA และจากโปรแกรม Structure เนื่องจากประชากร จ.สุราษฎร์ธานี มีจำนวนมากและมีความแปรปรวนระหว่างพันธุ์ภายในประชากรสูง จึงได้นำมาวิเคราะห์เพื่อหาตัวแทนกลุ่มหรือ core collection โดยพบว่า มี 45 ตัวอย่างที่สามารถใช้เป็นตัวแทนของกลุ่มประชากร จ.สุราษฎร์ธานี ได้

Sujinna Dachapak 2012: A Study on Diversity of Elite Oil Palms in Thailand by Using Simple Sequence Repeat (SSR) Molecular Markers. Master of Science (Plant Breeding), Major Field: Plant Breeding, Faculty Agriculture at Kamphaeng Saen. Thesis Advisor: Assistant Professor Patcharin Tanya, Ph.D. 101 pages.

Genetic diversity was studied on two oil palm populations, viz. 171 samples from Kanchanaburi population and 280 samples from Surat Thani Oil Palm Research Center, using 21 SSR markers. The result showed that Kanchanaburi population generated a total of 121 alleles with the average values of polymorphism information content (PIC), expected heterozygosity (H_e) and effective number of allele (n_e) of 0.597, 0.650 and 2.538, respectively. Surat Thani population generated a total of 117 alleles with the average values of PIC, H_e and n_e of 0.645, 0.693 and 1.681, respectively. While the combined population generated 164 alleles with the average values of PIC, H_e and n_e of 0.723, 0.759 and 2.094, respectively. The results from Analysis of Molecular Variance (AMOVA) showed that Kanchanaburi population had 75% variation within varieties (25% between varieties). While Surat Thani and combined population showed high variation between varieties (82% and 70%, respectively). Cluster analysis and dendrogram were performed to determine genetic relationship which showed that Surat Thani population was clustered into 14 groups at 0.40 of Jaccard's coefficient. Kanchanaburi population and combined population were clustered into 2 groups at 0.32 and 0.15 of Jaccard's coefficient, respectively. The results from PCoA and Structure program also clustered the populations in the same manner as cluster analysis and dendrogram. Since the Surat Thani population is large and high in genetic variation between varieties, a core collection of 45 samples were established to represent the diversity of the entire population.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ ผศ.ดร. พิชรินทร์ ตัญญา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก และ ศ.ดร. พิระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ที่ให้คำปรึกษาในการเรียน การค้นคว้าวิจัย ตลอดจนการตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์จนกระทั่งเสร็จสมบูรณ์

วิทยานิพนธ์นี้ได้รับการสนับสนุนจากทุนโครงการสร้างขีดความสามารถด้านการวิจัยและพัฒนา และการแข่งขันของภาคอุตสาหกรรม โดยกลไกความร่วมมือระหว่างภาครัฐ เอกชน และ มหาวิทยาลัย (U-IRC) โดยกระทรวงวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี และ โครงการศูนย์ความเป็นเลิศทางวิชาการด้านปาล์มน้ำมัน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ในสังกัดคณะกรรมการการอุดมศึกษา

ขอขอบคุณ คุณอรรัตน์ วงศ์ศรี นักวิชาการเกษตรชำนาญการพิเศษ ที่ให้คำปรึกษา ข้อมูล และคำแนะนำ รวมทั้งตัวอย่างปาล์มน้ำมันเพื่อนำมาใช้ในงานวิจัย คุณพัฒนา มาเจริญรุ่งเรือง เจ้าของแปลงปาล์มน้ำมันที่ จ. กาญจนบุรี ที่เอื้อเพื่อการเก็บข้อมูลและตัวอย่างจากแปลงปลูก และขอขอบคุณศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน ที่เอื้อเพื่อห้องปฏิบัติการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อพืชและการถ่ายยีน (A207) สำหรับการวิจัยในครั้งนี้

ขอกราบขอบพระคุณ พ่อ แม่ และสมาชิกครอบครัวทุกคน ที่สนับสนุนทุนการศึกษาและคอยเป็นที่ปรึกษาและกำลังใจให้ข้าพเจ้าตลอดมา และสุดท้ายขอกราบขอบพระคุณบูรพาจารย์ ที่ได้อบรมสั่งสอนให้ความรู้ข้าพเจ้า

สุจินดา เดชะพรรค

พฤษภาคม 2555

สารบัญ

หน้า

สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(4)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	2
การตรวจเอกสาร	3
อุปกรณ์และวิธีการ	24
ผลการทดลอง	37
วิจารณ์ผลการทดลอง	74
สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ	80
สรุปผลการทดลอง	80
ข้อเสนอแนะ	82
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	83
ภาคผนวก	96
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	101

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	ตัวอย่างปาล์มน้ำมันที่ใช้ในการศึกษาจากทั้งสองแหล่งประชากร	24
2	ความเข้มข้นและปริมาณของสารที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR	26
3	ขั้นตอนปฏิกิริยา PCR ที่ใช้ในการตรวจสอบความแตกต่างของปาล์ม น้ำมันด้วยเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR	27
4	เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR ที่ใช้ในการศึกษา และอุณหภูมิที่ใช้ใน ขั้นตอน annealing ของปฏิกิริยา PCR	28
5	จำนวนอัลลีลและความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรปาล์ม น้ำมันแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี	40
6	จำนวนอัลลีลและความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรปาล์ม น้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	42
7	จำนวนอัลลีลและความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรปาล์ม น้ำมันแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมัน สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	44
8	องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปาล์ม น้ำมันในแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี	46
9	องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปาล์ม น้ำมันภายในศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี	47
10	องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันรวม สองกลุ่มประชากร	48
11	ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Nei's (1978) ของประชากรปาล์มน้ำมันใน แปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี	50
12	ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Nei's (1978) ของกลุ่มประชากรปาล์มน้ำมัน ภายในศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี	51
13	ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Nei's (1978) ของปาล์มน้ำมันแบบรวมสอง กลุ่มประชากร	52

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
14	ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (AMOVA) ของปาล์ม น้ำมันแต่ละประชากร	55
15	ตัวแทนของกลุ่มหรือพันธุ์จากการวิเคราะห์ข้อมูล core collection จาก ประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	69
16	เปรียบเทียบค่าองค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของ ประชากรจากกลุ่มประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และกลุ่มตัวอย่างที่ถูกคัดเลือกด้วยวิธี core collection	70
17	องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของตัวแทนของกลุ่ม หรือพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ข้อมูล core collection จากประชากร ศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	71
ตารางผนวกที่		
1	จำนวนต้นในแต่ละพันธุ์ของประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และ ประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	97

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	รากปาล์มน้ำมันในระดับต่างๆ	5
2	ลักษณะผลปาล์มน้ำมัน 3 ชนิด	7
3	แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรพันธุ์ปาล์มน้ำมัน แปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี	57
4	แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรพันธุ์ปาล์มน้ำมันจาก ศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	58
5	แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรที่เกิดจากการรวม ข้อมูลจากสองกลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันจากแปลง เกษตรกร จ.กาญจนบุรี และกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมัน สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	59
6	Principal coordinate analysis ของประชากรปาล์มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี	62
7	Principal coordinate analysis ของประชากรปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์ม น้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	63
8	Principal coordinate analysis ของแบบรวมสองกลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่ม ประชากรปาล์มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี (1A-1N) และกลุ่ม ประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี (2A-2O)	64
9	การวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างตัวอย่างในกลุ่มประชากรจากแปลง เกษตรกร จ. กาญจนบุรี โดยการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Structure โดยใช้ K=2	65
10	การวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างตัวอย่างในกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัย ปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี โดยการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Structure โดยใช้ K=14	66

สารบัญญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
11	การวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างประชากรที่ได้จากการรวมข้อมูลระหว่างกลุ่มประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี โดยการใช้โปรแกรม Structure โดยใช้ $K=2$	67
12	แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ 45 ตัวอย่างปาล์มน้ำมันที่ถูกคัดเลือกในประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	72
13	Principal coordinate analysis ของกลุ่มตัวอย่าง 45 ตัวอย่างที่ถูกคัดเลือกจากกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	73
ภาพผนวกที่		
1	การวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม Structure ($K=2$) ของประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี	98
2	การวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม Structure ($K=14$) ของประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี	99
3	การวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม Structure ($K=2$) ของประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี (1-171) และประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี (172-451)	100

การศึกษาความหลากหลายของปาล์มน้ำมันที่มีศักยภาพในประเทศไทยโดยใช้
เครื่องหมายโมเลกุล Simple Sequence Repeat (SSR)

A Study on Diversity of Elite Oil Palms in Thailand by Using Simple
Sequence Repeat (SSR) Molecular Markers

คำนำ

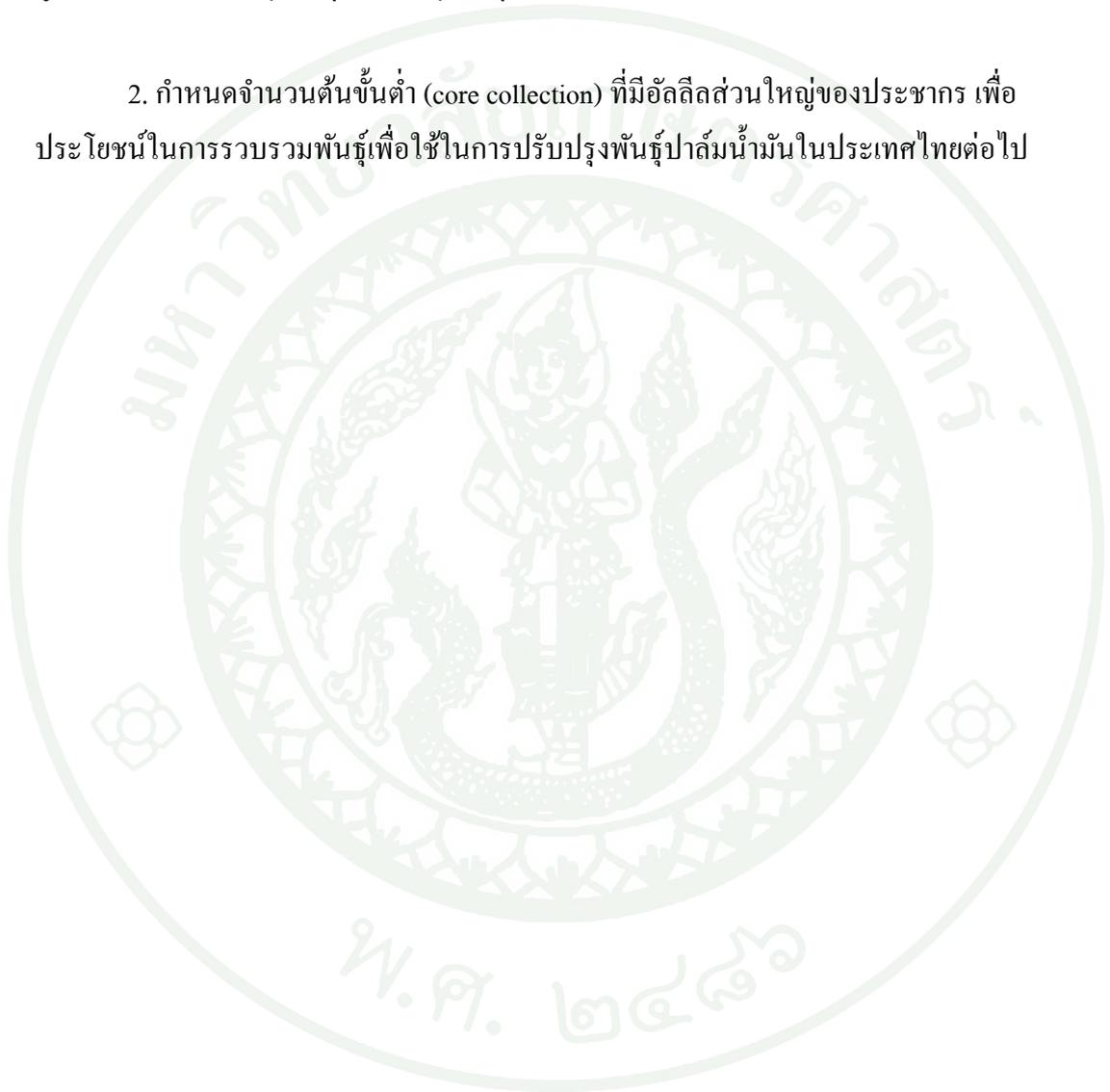
ประเทศไทยเริ่มมีการปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมันโดยกรมวิชาการเกษตรในปี พ.ศ. 2530 เป็นต้นมา ซึ่งมีการนำเข้าพันธุ์ปาล์มน้ำมันจากบริษัทต่างประเทศ เช่น พันธุ์ AVROS พันธุ์ Deli Dura พันธุ์ Dami และพันธุ์ Yangambi เป็นต้น โดยมีจุดประสงค์เพื่อพัฒนาพันธุ์ที่เหมาะสมต่อการปลูกในประเทศไทย จนทำให้ปัจจุบันพันธุ์ปาล์มน้ำมันที่ปลูกในประเทศไทยเริ่มมีความหลากหลายมากขึ้น ทั้งที่มาจาก การปรับปรุงของกรมวิชาการเกษตร เช่น พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 และ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 เป็นต้น (กรมวิชาการเกษตร, 2550) และพันธุ์ปาล์มน้ำมันที่ปรับปรุงโดยบริษัทเอกชนภายในประเทศ เช่น พันธุ์ยูนิวานิช และพันธุ์อุติ เป็นต้น

การนำเครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) มาใช้ในการหาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันเพื่อจำแนกและจัดกลุ่มพันธุ์ปาล์มน้ำมัน ช่วยลดระยะเวลาและแรงงานเริ่มแรกในการพัฒนาพันธุ์ของปาล์มน้ำมัน อีกทั้งยังเพิ่มประสิทธิภาพในการคัดเลือกอีกด้วย โดยงานวิจัยนี้ นำเครื่องหมายโมเลกุล simple sequence repeat (SSR) มาใช้ในการจัดกลุ่มพันธุ์ของปาล์มน้ำมันด้วยโปรแกรม NTSYS-pc version 2.20e เพื่อนำมาวิเคราะห์และแยกความแตกต่างระหว่างกลุ่ม และภายในกลุ่มพันธุ์ที่ได้นำมาจาก 2 แหล่ง คือ แปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี ซึ่งเป็นลูกผสมชนิดเทเนอราทั้งหมด และศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี ซึ่งประกอบไปด้วยกลุ่มแม่ชนิดดูรา (dura), กลุ่มพ่อชนิดพิลีเฟอรา (pisifera) และกลุ่มลูกผสมชนิดเทเนอรา (tenera)

วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันจาก 2 แหล่ง คือ (1) ชนิด เทเนอราจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และ (2) ชนิดคูรา ชนิดฟิลิเฟอรา และชนิดเทเนอราจาก ศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

2. กำหนดจำนวนต้นขึ้นต่ำ (core collection) ที่มีอัลลีลส่วนใหญ่ของประชากร เพื่อ ประโยชน์ในการรวบรวมพันธุ์เพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมันในประเทศไทยต่อไป



การตรวจเอกสาร

ปาล์มน้ำมันหรือ oil palm เป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยว (monocotyledon) จัดอยู่ใน Family Areaceae จำนวนโครโมโซม $2n = 32$ มีด้วยกัน 2 ชนิด ได้แก่ (1) *Elaeis guineensis* Jacq. มีถิ่นกำเนิดในแถบแอฟริกาที่ละติจูด 10°N - 10°S ได้แก่ ประเทศไอวอรีโคสต์ กาน่า ไนจีเรีย และแคเมอรูน เป็นต้น ลักษณะที่สำคัญ คือ ต้นสูงเฉลี่ยต่อปีอยู่ในช่วง 30-60 เซนติเมตร และน้ำหนักทะลายปาล์มน้ำมันอยู่ในช่วง 10-30 กิโลกรัม ผลปาล์มน้ำมันเมื่อเป็นทะลายอ่อนมีสีดำหรือสีม่วงเข้มจนถึงดำ และเปลี่ยนเป็นสีแดงส้มเมื่อผลปาล์มน้ำมันสุก (nigerescens) หรือผลอ่อนอาจเปลี่ยนจากสีเขียวเป็นสีส้มเมื่อผลสุก (virescens) (Corley and Tinker, 2003) (2) *Elaeis oleifera* พบมากในแถบอเมริกากลางและใต้ มีลักษณะต้นเตี้ย โดยจะสูงขึ้นไปเพียง 5-10 เซนติเมตรต่อปี ทะลายมีทรงกลม น้ำหนักทะลายอยู่ในช่วง 8-12 กิโลกรัม สีของผลเมื่อสุกจะกลายจากสีเขียวเหลืองเป็นสีส้ม ซึ่งการใช้ประโยชน์ส่วนใหญ่ของ *E. oleifera* คือ การสร้างลูกผสมกับ *E. guineensis* เพื่อให้ลูกผสมมีต้นเตี้ยลง และยังพบอีกชื่อว่า *E. oleifera* มีลักษณะต้านทานต่อโรคใบเหลือง (Corley and Tinker, 2003)

ปาล์มน้ำมันเป็นพืชที่มีปริมาณการผลิตน้ำมันและการบริโภคจัดเป็นอันดับสองของโลก รองมาจากถั่วเหลือง (Moretzsohn *et al.*, 2002) แต่เมื่อเปรียบเทียบกับพืชชนิดอื่นแล้วพบว่ามีความสำคัญในการผลิตปริมาณน้ำมันต่อพื้นที่สูงสุด (30 ตันต่อไร่ต่อปี) เมื่อเทียบกับเรพซิด และถั่วเหลือง ที่ให้ปริมาณน้ำมันต่อไร่เท่ากับ 6 ตันต่อไร่ และ 2 ตันต่อไร่ ตามลำดับ (Gui *et al.*, 2008) นอกจากนี้ประเทศที่สามารถปลูกได้ดี คือ ประเทศในเขตร้อนชื้นในช่วงเส้นละติจูด 10°N - 10°S โดยมีประเทศอินโดนีเซียเป็นผู้ผลิตและส่งออกน้ำมันปาล์มรายใหญ่ที่สุดของโลก รองลงมา คือ มาเลเซีย ไนจีเรีย และไทย ตามลำดับ (Barison, 2007)

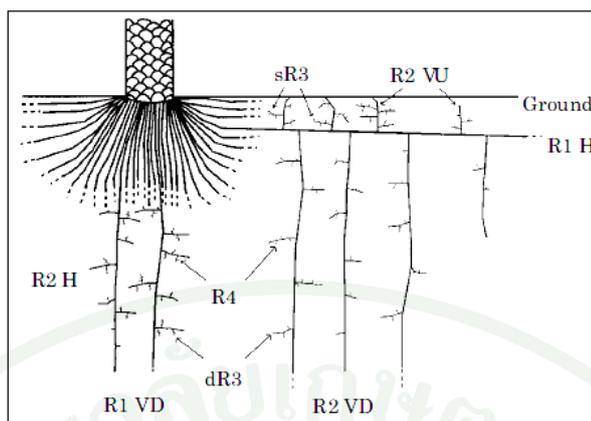
ถิ่นกำเนิดของปาล์มน้ำมันอยู่ในแถบแอฟริกาตะวันตก (Maizura *et al.*, 2006) โดยในปี พ.ศ. 2391 ชาวเนเธอร์แลนด์ได้นำปาล์มน้ำมันจากทวีปแอฟริกาตะวันตกเข้ามาปลูกในทวีปเอเชียที่สวนพฤกษศาสตร์ เมืองโบกอร์ ประเทศอินโดนีเซีย (Cochard *et al.*, 2009) จากนั้นมีการนำปาล์มน้ำมันมาปลูกที่เกาะสุมาตราในช่วงปี พ.ศ. 2396-2400 เริ่มปลูกเพื่อการค้าและปรับปรุงพันธุ์ในปี พ.ศ. 2454 และ 2484 ตามลำดับ ส่วนในประเทศไทยเริ่มปลูกปาล์มน้ำมันครั้งแรกที่สวนพฤกษศาสตร์สิงคโปร์เมื่อปี พ.ศ. 2413 (ธีระ และคณะ, 2546) ต่อมา มีการค้นคว้าและวิจัยปาล์มน้ำมันครั้งแรกในรัฐเซลังงอ และเริ่มปลูกในเชิงการค้าครั้งแรกในปี พ.ศ. 2460 (Food and Agriculture Organization and United Nations Development Program, 2001)

สำหรับประเทศไทย เริ่มมีการนำมาปลูกครั้งแรกที่สถานีทดลองยางคองหงส์ จังหวัดสงขลา และสถานีสิกรรมพลู จังหวัดจันทบุรี โดยปลูกเป็นป่าล้มประดับ และส่งเสริมให้ปลูกเป็นพื้นที่ใหญ่ในปี พ.ศ. 2511 และขยายพื้นที่ปลูกมากขึ้น (ธีระ และคณะ, 2546) จนในปัจจุบันปี พ.ศ. 2555 มีพื้นที่ปลูกป่าล้มน้ำมันทั้งหมดประมาณ 4.13 ล้านไร่ โดยจังหวัดที่ปลูกมากที่สุดคือ สุราษฎร์ธานี กระบี่ และชุมพร ตามลำดับ (สำนักเศรษฐกิจการเกษตร, 2555)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ราก ป่าล้มน้ำมันมีระบบรากเป็นแบบรากฝอย (fibrous root system) แตกประสานกันไปมาอย่างแน่นหนา และมักเจริญอยู่ตามแนวอนใกล้ผิวดินลึกไม่เกิน 40 เซนติเมตรจากพื้นดิน สามารถแบ่งรากออกเป็น 4 ระดับ ได้แก่ R1, R2, R3 และ R4 ตามลำดับ โดยการแตกแขนงแบ่งเป็น 4 แบบ คือ (1) แนวตั้ง (V; vertical) (2) แนวอน (H; Horizontal) (3) ด้านบน (U; Upward) และ (4) ด้านล่าง (D; Downward) (Jourdan *et al.*, 2000) โดยรากระดับที่ R1 และ R2 ทำหน้าที่พุงลำต้น ส่วนระดับที่ R3 และ R4 ทำหน้าที่ในการดูดซึมธาตุอาหารจากบริเวณรอบข้าง ซึ่งบางครั้งมีการเจริญของรากแตกแขนงออกจากโคนที่อยู่เหนือพื้นดินเรียกว่า รากอากาศ (aerial root) มีส่วนช่วยในการหาอาหาร หายใจ และพุงลำต้นให้แข็งแรงมากขึ้น (Arasu, 1966)

ลำต้น เป็นลำต้นเดี่ยวตั้งตรง มีลักษณะคล้ายกรวยคว่ำตรงบริเวณโคนต้น (bole) รอบนอกลำต้นปกคลุมไปด้วยโคนทางใบ ลำต้นของป่าล้มน้ำมันเจริญจากตายอด (terminal bud) มีการเจริญเติบโตทางด้านความกว้าง (primary thickening meristem) โดยใช้ระยะเวลา 3 ปีแรกหลังจากลงปลูก จากนั้นจึงเป็นการเจริญเติบโตทางด้านความสูง (elongation of internodes) (Arasu, 1966) ป่าล้มน้ำมันมีเนื้อเยื่อเจริญอยู่เพียงตำแหน่งเดียว ขนาดเส้นผ่าศูนย์กลาง 10-12 เซนติเมตร ยาว 2.5-4.0 เซนติเมตร อยู่ที่ศูนย์กลางปลายยอด (crown) โดยมีส่วนของจุดกำเนิดใบ (leaf primordia) ใบอ่อน และฐานใบหุ้มอยู่ (Corley and Tinker, 2003)



ภาพที่ 1 รากปาล์มน้ำมันในระดับต่างๆ

ที่มา: Jourdan *et al.*, 2000

ใบ เป็นใบประกอบแบบ pinnate เกิดจากการพัฒนาของเนื้อเยื่อเจริญปลายยอดของลำต้น ซึ่งเป็นจุดกำเนิดของทั้งตาใบและช่อดอก ภายในประกอบไปด้วยตาใบประมาณ 35-60 ตาใบ จำนวนทางใบที่ผลิตในแต่ละปีมีค่าเฉลี่ยอยู่ที่ 2 ทางใบต่อเดือน มีความยาวประมาณ 7 เมตร ขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อม โดยแต่ละทางใบมีจำนวนใบย่อย 250-350 ใบย่อย และแต่ละใบย่อยมีความยาวประมาณ 1.3 เมตร (Prabhakaran, 2010) ทางใบเกิดลักษณะเป็นเกลียวรอบลำต้น โดยลักษณะการเวียนของทางใบปาล์มน้ำมันมี 2 แบบ คือ การเกิดทางใบแบบเวียนทางซ้าย และการเกิดทางใบแบบเวียนขวา

ช่อดอก ปาล์มน้ำมันเป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยวที่มีช่อดอกตัวผู้และตัวเมียอยู่คนละช่อดอก แต่อยู่บนต้นเดียวกัน (monoecious plant) การเกิดช่อดอกตัวผู้และตัวเมียของปาล์มน้ำมันมักแบ่งออกเป็นรอบๆ ขึ้นอยู่กับพันธุกรรม อายุ และสภาพแวดล้อม ในขณะที่มีการพัฒนาของช่อดอก ยกตัวอย่าง เช่น การชักนำให้พัฒนาเป็นช่อดอกตัวผู้คือ ทำให้ต้นปาล์มน้ำมันมีภาวะการขาดแคลนน้ำ (water stress) เป็นต้น และบางครั้งมักปรากฏช่อดอกตัวผู้และตัวเมียภายในช่อเดียวกัน ซึ่งมักพบในช่วงที่จะมีการเปลี่ยนรอบการพัฒนาช่อดอกระหว่างตัวผู้และตัวเมีย (Corley and Tinker, 2003)

ช่อดอกตัวผู้ มีความยาวประมาณ 40 เซนติเมตร (Legros *et al.*, 2009) มีช่อดอกย่อย (spikelet) รูปร่างลักษณะคล้ายนิ้วมือ ยาวประมาณ 10-20 เซนติเมตร ประกอบด้วยช่อดอกย่อย

มากกว่า 160 ช่อดอกย่อย และดอกตัวผู้มีขนาดความกว้าง 1.5-2 มิลลิเมตร ความยาว 3-4 มิลลิเมตร (Corley and Tinker, 2003)

ช่อดอกตัวเมีย มีความยาวประมาณ 20-30 เซนติเมตร ประกอบด้วยช่อดอกย่อยมากกว่า 110 ช่อดอกย่อย และดอกตัวเมียมีมากถึง 400-1,500 ดอก (Legros *et al.*, 2009)

ผลหรือทะลาย น้ำหนักทะลายอยู่ในช่วง 10-30 กิโลกรัม ประกอบไปด้วยผลปาล์มน้ำมัน ประมาณ 1,500 ผลต่อทะลาย แต่ละผลมีความยาว 2-5 เซนติเมตรหนักประมาณ 5-20 กรัม ผลมีรูปร่างเป็นรูปไข่ ลักษณะผลเป็นแบบ drupe แบ่งออกได้ 3 ชั้น ได้แก่ เปลือกชั้นนอก (exocarp) ชั้นกลางหรือเนื้อผล (mesocarp) และชั้นในหรือกะลา (endocarp) เนื้อผลคือบริเวณที่มีการสะสมของน้ำมันซึ่งอยู่ในชั้นของเปลือกชั้นนอกและชั้นกลาง ส่วนเมล็ดประกอบด้วยกะลา (shell) และเนื้อในเมล็ด (kernel) (Jalani *et al.*, 2003) เส้นใยส่วนใหญ่อยู่บริเวณของเปลือก ส่วนกะลามีสีดำ หนาประมาณ 1-8 มิลลิเมตร ส่วนของเนื้อในเมล็ดมีอยู่เต็มภายในกะลา เปลือกชั้นนอกมีลักษณะเป็นผิวมัน และปาล์มน้ำมันสามารถแบ่งสีผลออกเป็น 3 ชนิด ได้แก่ *nigerescens*, *virescens* และ *alberescens* ผลปาล์มน้ำมันส่วนใหญ่มีสีผลแบบ *nigerescens* คือ สีม่วงเข้มจนถึงดำในขณะที่เป็นผลอ่อน เมื่อสุกแล้วจะเปลี่ยนเป็นสีแดงทั้งลูกหรือสีแดงส่วนต่างและมีสีดำตรงส่วนบนของผล ในขณะที่ผลอ่อนแบบ *virescens* จะมีสีผลเป็นสีเขียวและมีสีแดงส้มเมื่อสุกเต็มที่ ส่วนแบบ *alberescens* ผลปาล์มน้ำมันจะมีสีเขียวเมื่อยังเป็นผลอ่อนและกลายเป็นสีเหลืองสุก โดยการสุกเริ่มจากปลายทะลายลงไปหาโคน เมื่อสุกจัดผลก็จะหลุดร่วง (Hartley, 1988)

ชนิดของปาล์มน้ำมัน

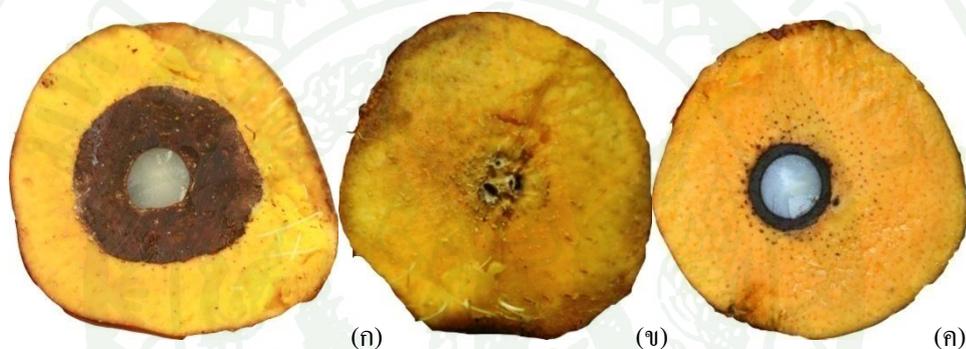
ชนิดของปาล์มน้ำมันแบ่งออกเป็น 3 ชนิด พิจารณาจากความหนาของกะลา (endocarp) ดังนี้

1. ชนิดคูรา (*dura*) มีลักษณะทางพันธุกรรมเป็น homozygous dominance (Sh^+/Sh^+) ผลมีเปลือกชั้นนอกน้อยจนถึงปานกลาง (35-55% ของผล) กะลาหนาประมาณ 2-5 มิลลิเมตร (Hartley, 1988)

2. ชนิดพิซิเฟอรา (*pisifera*) มีลักษณะทางพันธุกรรมเป็น homozygous recessive (Sh^-/Sh^-) ลักษณะผลมีเปลือกชั้นนอกหนา กะลาบางมากหรือไม่มีกะลา เมล็ดเนื้อในมีขนาดเล็กเมื่อเทียบกับ

ชนิดดูราและเทนอรา ชนิดพิติเฟอรา มีช่อดอกตัวเมียสูงแต่ไม่เป็นที่นิยม เนื่องจากมีเปอร์เซ็นต์การฝ่อของดอกตัวเมียสูง ทำให้จำนวนทะลายต่อต้นน้อย (Corley and Tinker, 2003)

3. ชนิดเทนอรา (tenera) มีลักษณะทางพันธุกรรมเป็น heterozygous (Sh^+/Sh) เป็นลูกผสมที่ได้จากการผสมระหว่างแม่ดูราและพ่อพิติเฟอรา ลักษณะของผลมีเปลือกชั้นนอกหนา (60-90% ของผล) กะลาหนาประมาณ 0.5-4 มิลลิเมตร และพบวงแหวนของเส้นใย (fiber ring) ในเปลือกชั้นนอกที่ล้อมรอบกะลาในผลปาล์มน้ำมัน ชนิดเทนอราเป็นที่นิยมปลูกในปัจจุบันมากกว่าชนิดดูรา เนื่องจากมีจำนวนทะลายต่อต้นสูงกว่า และบริเวณของเปลือกชั้นนอกหนากว่า ถึงแม้ว่ามีขนาดของทะลายจะเล็กกว่าชนิดดูรา (Sambanthamurthi *et al.*, 2009)



ภาพที่ 2 ลักษณะผลปาล์มน้ำมัน 3 ชนิด (ก) ดูรา (ข) พิติเฟอรา และ (ค) เทนอรา

เชื้อพันธุกรรมสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมัน

เนื่องจากวัตถุประสงค์การปลูกปาล์มน้ำมันในครั้งแรกสำหรับประเทศไทย คือ ปลูกเพื่อเป็นปาล์มประดับ (กรมวิชาการเกษตร, 2550) แต่ต่อมาได้เริ่มปลูกเพื่อเป็นการค้าและปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมันภายในประเทศในปี พ.ศ. 2530 เป็นต้นมา ทำให้ต้องมีการนำเข้าพันธุ์ปาล์มน้ำมันหลายพันธุ์จากต่างประเทศ เพื่อนำมาปลูกทดสอบและคัดเลือกพันธุ์ที่สามารถเจริญเติบโตและให้ผลผลิตดีภายใต้สภาพแวดล้อมของประเทศไทย โดยปาล์มน้ำมันที่นำเข้ามาปลูกในประเทศไทยสามารถแบ่งออกเป็นสองกลุ่มใหญ่ๆ ดังนี้

1. สายพันธุ์แม่ดูรา (dura)

1.1 Deli Dura เป็นดูราที่มีต้นกำเนิดมาจากปาล์มน้ำมัน 4 ต้น ที่ สวนพฤกษศาสตร์โบกอร์ ประเทศอินโดนีเซีย มีลักษณะสำคัญ คือ ให้ผลผลิตทะลายสูงและสม่ำเสมอ ผลผลิตน้ำมันสูง จึงมักนำไปใช้เป็นแม่พันธุ์ในแผนการปรับปรุงพันธุ์ตามแหล่งปรับปรุงพันธุ์ต่างๆ เช่น Serdang Deli, Elmina Deli, Ulu Remis Deli, Dumpy Deli และ Socfin Deli เป็นต้น (Rosenquist, 1985)

1.2 Dumpy Dura เกิดจากการผสมตัวเองของปาล์มน้ำมันที่ปลูกขึ้นในเมือง Serdang ประเทศมาเลเซีย ซึ่งมีลักษณะเด่น คือ ลำต้นเตี้ยกว่าลูกผสมอื่นๆ อย่างชัดเจน ลำต้นและทะลายใหญ่ การติดผลสูง อีกทั้งยังต้านทานต่อโรคเหี่ยว (fusarium wilt) (Rosenquist, 1985)

1.3 African Dura เป็นปาล์มน้ำมันชนิดดูราที่มีถิ่นกำเนิดในทวีปแอฟริกา ซึ่งศูนย์วิจัยต่างๆ ในประเทศแถบแอฟริกายอมรับใช้เป็นแม่พันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์ แต่มีข้อเสีย คือ ลำต้นสูงเร็วและขนาดทะลายเล็ก (กรมวิชาการเกษตร, 2550)

2. สายพันธุ์พ่อพิลีเฟอรา (pisifera)

2.1 Yangambi Pisifera เป็นพันธุ์ปาล์มน้ำมันที่ได้จากการผสมของ Institut National pour l'Etude Agronomique du Congo (INEAC) ประเทศแซร์ โดยนำเมล็ดปาล์มน้ำมันชนิดเทเนอรา (ผสมเปิด) จากสวนพฤกษศาสตร์ Eala ประเทศแซร์ และเมล็ดปาล์มน้ำมันชนิดเทเนอรา (ผสมเปิด) ในเมือง Yawenda, N'gazi และ Isangi ประเทศแซร์ ทั้งหมดจำนวน 9 ต้น ทำการผสมตัวเองและผสมข้าม จนได้ลูกผสมปาล์มน้ำมันชนิดเทเนอรา จำนวน 6 ต้น ที่มีลักษณะเด่น คือ กะลาบาง เปลือกชั้นนอกหนา อีกทั้งยังเป็นพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดกับพันธุ์ AVROS Pisifera เนื่องจากมีต้นกำเนิดมาจากสวนพฤกษศาสตร์ Eala เหมือนกัน (Rosenquist, 1985)

2.2 AVROS Pisifera พัฒนาโดยสถาบัน Algemeene Vereniging van Rubberplanters ter Oostkust van Sumatra (AVROS) ของประเทศอินโดนีเซีย ซึ่งนำต้นปาล์มน้ำมันมาจากสวนพฤกษศาสตร์ Eala ประเทศแซร์ มาปลูกทดสอบในปี ค.ศ. 1922 แล้วคัดเลือกได้พันธุ์ที่ดีเด่น คือ SP 540 จากนั้นทำการผสมตัวเองในปี ค.ศ. 1930 ได้ปาล์มน้ำมันชนิดเทเนอราจำนวน 3 ต้น ได้แก่ Pol 820.3468, Pol 820.3572 และ Pol 820.3601 จากนั้นผสมแบบ sib cross ระหว่าง Pol 820.3468 และ Pol 820.3572 และปลูกทดสอบที่เมือง Polonia ได้เป็นกลุ่มเบอร์ 945 ส่วน Pol 820.3601 ผสม

ข้ามกับ Pol 632.3184 (พิสิเฟอร์า) กลายเป็นกลุ่ม 1019 แล้วนำมาผสมข้ามกันระหว่างกลุ่มเบอร์ 945 และ 1019 กลายเป็นพันธุ์ KB1316 (ประเทศอินโดนีเซีย) และ BM 119 (มาเลเซีย) ลักษณะดีของพันธุ์นี้ คือ ผลผลิตสูงและเติบโตเร็ว จึงมักใช้เป็นพ่อพันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์ และผลิตเมล็ดพันธุ์ลูกผสม (Rosenquist, 1992; Yong, 1992)

2.3 La Mè Pisifera ปรับปรุงโดย Institute de Recherches pour les Huiles et Oleagineux (IRHO) ประเทศฝรั่งเศส ที่นำเมล็ดปาล์มน้ำมันพันธุ์ป่ามาปลูกที่เมือง Bingerville ประเทศไอวอรีโคสต์ ซึ่งเป็นปาล์มน้ำมันชนิดเทนอราจำนวน 21 ต้น โดยพบว่า ต้นที่ 10 มีลักษณะดี จึงทำการผสมตัวเอง แล้วนำไปปลูกทดสอบและคัดเลือกที่เมือง La Mè ประเทศไอวอรีโคสต์ จนได้ต้นปาล์มน้ำมันเบอร์ L2T ที่มีข้อดีคือ ให้ผลผลิตดีและต้นเตี้ย จากนั้นจึงได้มีการนำปาล์มน้ำมันชนิดพิสิเฟอร์าและเทนอราที่ได้จากต้น L2T มาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ในแถบแอฟริกาและอินโดนีเซีย (Rosenquist, 1985; Yong, 1992)

2.4 Ekona Pisifera พัฒนามาจากปาล์มน้ำมันพันธุ์ป่าในแถบเมือง Ekona ประเทศแคเมอรูน แล้วนำมาปรับปรุงพันธุ์โดยบริษัท Unilever ที่แปลง Cowan Estate, Ndian Estate และ Lobe Estate ได้เป็นเบอร์ 2/2311 โดยมีลักษณะดีของพันธุ์นี้ คือ มีความต้านทานต่อโรคเหี่ยว (fusarium wilt) และมีลักษณะต้นเตี้ย (Rosenquist, 1985)

2.5 Calabar Pisifera มีถิ่นกำเนิดจากหลายแปลงปรับปรุงพันธุ์เช่น Calabar, Aba, Ufama และ Benin ในประเทศไนจีเรีย ทวีปแอฟริกาใต้ โดยพบต้นที่มีลักษณะดี คือ พันธุ์ Calabar เบอร์ 256D โดยลูกที่ได้จากการผสมตัวเองของ 256D มีข้อเด่น คือ ให้ผลผลิตดีและผลปาล์มน้ำมันดิบจะมีสีเขียว (Rosenquist, 1985; Hartley, 1988)

2.6 Tanzania Pisifera พันธุ์นี้มีต้นกำเนิดมาจากเมล็ดปาล์มน้ำมันที่เก็บมาจากต้นปาล์มน้ำมัน 6 ต้น (ชนิดเทนอรา 5 ต้น และชนิดคูรา 1 ต้น) ณ เมือง Kigoma ประเทศแทนซาเนีย และพันธุ์นี้มีลักษณะเด่น คือ กะลาบาง (Alvarado and Sterling, 2005)

ประโยชน์ของปาล์มน้ำมัน

น้ำมันที่สกัดได้จากผลปาล์มน้ำมันมี 2 ชนิด คือ (1) น้ำมันปาล์มจากเนื้อผลปาล์มน้ำมัน (crude palm oil, CPO) และ (2) น้ำมันเนื้อในเมล็ดปาล์ม (palm kernel oil, PKO) โดยทั้งสองชนิดจะพบปริมาณกรดไขมันอิ่มตัวสูงกว่ากรดไขมันไม่อิ่มตัว เช่น น้ำมันปาล์มจากเนื้อผลปาล์มน้ำมัน (CPO) พบกรดไขมันอิ่มตัวชนิดปาล์มเมตริก (palmitic) เท่ากับ 43.5% ในขณะที่พบกรดไขมันไม่อิ่มตัวชนิดโอเลอิก (oleic) ในปริมาณที่น้อยกว่า เท่ากับ 39.8% (Corley and Tinker, 2003) นอกจากนี้ ในน้ำมันปาล์มยังมีสารประกอบอื่นๆ ที่มีความสำคัญเช่นกัน คือ วิตามินอี และสารแคโรทีนอยด์ (carotenoid) โดยสารแคโรทีนอยด์ประกอบไปด้วย อัลฟาและเบต้าแคโรทีน ซึ่งเป็นสารตั้งต้นของวิตามิน A (Manorama and Rukmini, 1991) และเป็นสารต้านอนุมูลอิสระ ป้องกันการก่อให้เกิดมะเร็ง (Lietz and Henry, 1997) โดยแหล่งของเบต้าแคโรทีนที่พบมากที่สุด คือ น้ำมันปาล์ม (30,000 ppm) รองลงมาคือ แครอทและผักกึ๋นใบชนิดต่างๆ ซึ่งพบในปาล์มน้ำมันในปริมาณที่สูงกว่าพบในพืชผักทั่วไปถึง 15-300 เท่า (Zeb and Mehmood, 2004)

น้ำมันปาล์มดิบที่ผ่านกระบวนการกลั่นสามารถสร้างมูลค่าเพิ่มเป็นผลิตภัณฑ์อุปโภคและบริโภคต่างๆ เช่น น้ำมันปรุงอาหาร เนย สบู่ ผงซักฟอก เชื้อเพลิงสำหรับเครื่องยนต์ สารหล่อลื่น สำหรับเครื่องจักร และเครื่องสำอาง เป็นต้น (ธีระ และคณะ, 2554) และส่วนเหลือของปาล์มน้ำมันจากกระบวนการสกัดน้ำมัน เช่น ทะลายเปล่าปาล์มน้ำมัน เส้นใย หรือกะลาปาล์ม มักนำมาใช้เป็นเชื้อเพลิงในโรงงานอุตสาหกรรม ใช้เป็นวัสดุเพาะกล้าปาล์ม หรือนำไปวางตามโคนต้นปาล์มหรือระหว่างแถวเพื่อเป็นปุ๋ยให้กับต้นปาล์มภายในแปลง (Corley and Tinker, 2003)

SSR (Simple Sequence Repeat)

Simple Sequence Repeat (SSR) หรือ ไมโครแซทเทลไลท์ เป็นดีเอ็นเอเครื่องหมายที่อาศัยหลักการซ้ำกันของชุดเบส (repetitive sequence) ที่เรียงต่อกันในทิศทางเดียวกันตลอด (tandemly repeat) ส่วนมากประกอบด้วยดีเอ็นเอที่มีขนาดของชุดซ้ำสั้นมากประมาณ 1-6 คู่เบส หรือไม่เกิน 10 คู่เบส จะเป็นชุดเบสซ้ำ แบบ di-, tri-, tetra-, หรือ penta- (Powell *et al.*, 1996; Chen *et al.*, 2002) เทคนิค SSR นั้นมีประโยชน์หลายประการ เช่น การศึกษาด้านจีโนม การสร้างแผนที่จีโนม เป็นต้น เนื่องจาก SSR มีอยู่เป็นจำนวนมากและกระจายทั่วไปในจีโนม มีความแปรปรวนมาก ซึ่งอาจเกิดจากการขาดหายไป (deletion) หรือการสอดแทรก (insertion) ของเบสขณะที่มีการจำลองตัวเองของดีเอ็นเอ (DNA replication) หรือเกิดการ crossing over ขณะแลกเปลี่ยนโครโมโซม ทำให้ตำแหน่ง

ของไมโครแซทเทลไลท์ที่มีความหลากหลาย และเกิดเขตเทอโรไซโกซิดี้ในระดับสูง (Wright, 1993) อีกทั้งจำนวนซ้ำของ SSR มีความแตกต่างกันในพืชหรือสัตว์ต่างพันธุ์ในชนิด (species) เดียวกัน จึงสามารถนำมาใช้เป็นโมเลกุลเครื่องหมายได้เป็นอย่างดีในการแยกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต และยังเป็น co-dominant marker หรือเป็นเครื่องหมายที่สามารถแยก heterozygous และ homozygous ออกจากกันได้ และยังสามารถทำซ้ำ (reproducibility) ได้ดีอีกด้วย (อรรรัตน์, 2548) แต่ข้อเสียของวิธีการนี้ คือ ต้องใช้เครื่องหมายโมเลกุลที่ทราบข้อมูลเกี่ยวกับลำดับเบสของดีเอ็นเอเป้าหมาย (Ponsuksili *et al.*, 1999)

ตัวอย่างรายงานการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR

Zhao *et al.* (2012) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวฟ่างจำนวน 40 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR 19 เครื่องหมาย ที่ถูกพัฒนาจากฐานข้อมูลข้าวฟ่างในประเทศอิตาลี พบว่า เกิดจำนวนอัลลีลทั้งหมด 85 อัลลีล มีอัลลีลเฉลี่ยเท่ากับ 4.5 โดยค่า h และค่า PIC อยู่ในช่วง 0.02-0.88 และ 0.02-0.87 ตามลำดับ และมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.412 และ 0.376 ตามลำดับ อีกทั้งยังสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างได้ถึง 6 กลุ่ม โดยสามารถแยกกลุ่มตัวอย่างข้าวฟ่างจากเกาหลีออกเป็น 1 กลุ่ม ได้อย่างชัดเจน

Song *et al.* (2010) พัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล (Express Sequence Tag-SSR, EST-SSR) เพื่อนำมาใช้ใน marker assisted selection (MAS) จากฐานข้อมูล EST ของถั่วลิสง จำนวน 12,000 ESTs พบว่า สามารถสร้างเครื่องหมายโมเลกุลได้จำนวน 610 เครื่องหมาย โดยมีจำนวนเบสที่ซ้ำมากที่สุด คือ trinucleotide (66.3 %) และ dinucleotide (28.8%) และมีการซ้ำกันของ AG/TC (10.7 %) มากที่สุด ตามด้วย CT/GA (9.0%), CTT/GAA (7.4 %), และ AAG/TTC (7.3%) และเมื่อนำมาทดสอบกับถั่วพันธุ์ป่า 98 ตัวอย่าง และพันธุ์การค้า 73 ตัวอย่าง พบว่า มีเครื่องหมายจำนวน 33 เครื่องหมาย ที่สามารถแสดงความหลากหลายทางพันธุกรรมของถั่วทั้ง 2 พันธุ์ได้

Ting *et al.* (2010) พัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล SSR จากฐานข้อมูล EST ของปาล์มน้ำมัน ได้จำนวนทั้งหมด 722 เครื่องหมาย พบกลุ่มที่มีการซ้ำกันของเบสสองตำแหน่ง (dinucleotide) มากที่สุด คิดเป็น 45.6% และเมื่อนำมาทดสอบกับกลุ่มประชากรของ *E. guineensis* และ *E. oleifera* จำนวน 135 ตัวอย่าง พบว่า มีเครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 14 เครื่องหมาย ที่สามารถจำแนกความแตกต่างระหว่างสองกลุ่มประชากรได้ โดยมีจำนวนอัลลีลที่เกิดขึ้นทั้งหมด 101 อัลลีล

Federico *et al.* (2008) พัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 580 เครื่องหมาย จากข้อมูลลำดับเบสของพืชตระกูลกะหล่ำ โดยจำนวนเบสที่มีการซ้ำกันมากที่สุด คือ di-, tri-, penta- และ tetra- เรียงตามลำดับ คิดเป็น 38%, 33%, 16% และ 13% ตามลำดับ อีกทั้งพบว่า 420 เครื่องหมายสามารถเพิ่มปริมาณได้ใน *B. rapa* และ 523 เครื่องหมาย ที่สามารถเพิ่มปริมาณได้ใน *B. oleracea*

Billotte *et al.* (2001) ได้พัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 21 เครื่องหมาย โดยอาศัยบริเวณที่มีการซ้ำกันของ (GA)_n, (GT)_n และ (CCG)_n จากฐานข้อมูลพันธุกรรมของปลาล์มน้ำมัน และได้นำมาทดสอบเพื่อหาความหลากหลายของประชากรปลาล์มน้ำมัน ได้แก่ *E. guineensis*, *E. oleifera* และปลาล์มนชนิดอื่นๆ อีก 16 ชนิด พบว่า สามารถแยก *E. guineensis* ออกจาก *E. oleifera* และปลาล์มนชนิดอื่นๆ ได้อย่างชัดเจน

เทคนิคทางชีวโมเลกุลที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม

1. เทคนิคอิเล็กโตรโฟเรซิส (electrophoresis)

เทคนิคที่อาศัยหลักการที่โมเลกุลดีเอ็นเอมีประจุลบ และสามารถเคลื่อนที่ได้ในสนามไฟฟ้าซึ่งการเคลื่อนที่ของดีเอ็นเอจะเคลื่อนที่เข้าหาประจุบวกในสนามไฟฟ้า อัตราการเคลื่อนที่ของดีเอ็นเอขึ้นอยู่กับขนาด รูปร่าง โมเลกุล แรงเคลื่อนไฟฟ้า และตัวกลางที่ใช้ เช่น โมเลกุลขนาดใหญ่จะเคลื่อนที่ช้ากว่าโมเลกุลขนาดเล็ก การเพิ่มแรงเคลื่อนไฟฟ้าดีเอ็นเอจะเคลื่อนที่ได้เร็วขึ้น เป็นต้น (สุรินทร์, 2545) โดยเจลที่ใช้ในการวิเคราะห์ดีเอ็นเอ ได้แก่

1.1. อะกาโรสเจล (agarose gel) เป็นวิธีที่ง่ายและมีประสิทธิภาพในการแยกขนาดดีเอ็นเอที่มีขนาดอยู่ในช่วง 0.5-25 kb เหมาะสำหรับใช้แยกโมเลกุลดีเอ็นเอ เนื่องจากมีช่วงที่ใช้ได้มาก (Southern, 1975)

1.2. โพลีอะคริลาไมด์ (polyacrylamide gel) เหมาะสำหรับเป็นตัวกลางในการแยกโมเลกุลของโปรตีนและดีเอ็นเอที่มีขนาดเล็ก แต่มีข้อเสีย คือ ค่าใช้จ่ายสูงและสารเคมีที่ใช้ค่อนข้างอันตราย (Wang *et al.*, 2003)

2. เทคนิคพีซีอาร์ (Polymerase Chain Reaction, PCR)

เทคนิคที่ใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอชิ้นสั้นๆ หลักการทำพีซีอาร์ คือ ต้องทราบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนหรือชิ้นดีเอ็นเอที่สนใจก่อน แล้วจึงสังเคราะห์นิวคลีโอไทด์สายสั้นๆ 2 ชนิด (forward และ reverse primer) ส่วนมากมีความยาวประมาณ 18-22 bp และแต่ละชนิดต่างมีเบสคู่สมกับส่วนปลาย 3' ของเส้นดีเอ็นเอที่ต้องการสังเคราะห์ จากนั้นนำเครื่องหมายโมเลกุลทั้งสองชนิดไปร่วมกับดีเอ็นเอตัวอย่าง (genomic DNA) โดยหลักการสังเคราะห์ดีเอ็นเอ คือ ทำให้ดีเอ็นเอต้นแบบที่อยู่ในสภาพเกลียวคู่แยกออกจากกันกลายเป็นสายเดี่ยว (denaturation) โดยใช้ความร้อน แล้วจึงลดอุณหภูมิลงอย่างรวดเร็วเพื่อให้เครื่องหมายโมเลกุลที่มีเบสคู่สมกันเข้ามาจับคู่กับบริเวณที่การอย่างถูกต้อง (annealing) แล้วเพิ่มอุณหภูมิเพื่อให้เหมาะกับการทำงานของเอนไซม์โพลีเมอร์เรส และเครื่องหมายโมเลกุล ทำให้เกิดการสังเคราะห์ดีเอ็นเอขึ้น (extension) ทำซ้ำจำนวน 30-40 รอบ ปริมาณดีเอ็นเอที่ต้องการจะเพิ่มขึ้นหลายล้านเท่า (2^n เมื่อ n คือ จำนวนรอบ) (Saiki *et al.*, 1998)

ปฏิกิริยาพีซีอาร์ ประกอบด้วยสารตั้งต้นที่สำคัญ ดังนี้

1. DNA template เป็นดีเอ็นเอที่สกัดจากเซลล์ที่มีนิวเคลียสของสิ่งมีชีวิต
2. Forward และ Reverse Primer เป็นดีเอ็นเอสายเริ่มต้นขนาดสั้นๆ ที่มีเบสคู่สมกับบริเวณที่สนใจ
3. dNTPs ประกอบไปด้วยเบส 4 ชนิด ได้แก่ อะดีนีน (adenine; A) กัวนีน (guanine; G) ไสโตซีน (cytosine; C) และไทมีน (thymine; T) ซึ่งเป็นส่วนประกอบสำคัญของโครงสร้างดีเอ็นเอ
4. Taq DNA polymerase ทำหน้าที่ในการสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่ มีคุณสมบัติทนต่ออุณหภูมิสูงถึง 95 องศาเซลเซียส และอุณหภูมิที่เหมาะสมในการทำงานของเอนไซม์ชนิดนี้คือประมาณ 72 องศาเซลเซียส
5. แมกนีเซียมคลอไรด์ ($MgCl_2$) เป็นสารเร่งปฏิกิริยาของเอนไซม์ดีเอ็นเอโพลีเมอร์เรส
6. บัฟเฟอร์ (Buffer) เป็นสารที่ทำให้สภาพของสารในหลอดทดลองมีสภาวะความเป็นกรด-ด่างที่เหมาะสมต่อการเกิดปฏิกิริยา

7. น้ำที่ผ่านการฆ่าเชื้อแล้ว ซึ่งผสมกับสารตั้งต้นดังกล่าวทั้งหมด

ปฏิบัติการสังเคราะห์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ ประกอบด้วย 3 ขั้นตอน (Sambrook and Russell, 2001) คือ

1. Denaturation เป็นขั้นตอนที่ทำให้ดีเอ็นเอสายคู่แยกออกจากกันเป็นสายเดี่ยว โดยใช้ความร้อน ประมาณ 94-97 องศาเซลเซียส นานประมาณ 3-4 นาที

2. Annealing เครื่องหมายโมเลกุลเข้าไปจับกับส่วนของดีเอ็นเอบริเวณที่สนใจ ใช้เวลาประมาณ 30-60 วินาที อุณหภูมิที่ใช้ในขั้นตอนนี้จะมีความแตกต่างกันในแต่ละเครื่องหมาย โดยควรเลือกใช้อุณหภูมิที่มีความจำเพาะต่อเครื่องหมายนั้นๆ ซึ่งถ้าอุณหภูมิสูงเกินไปเครื่องหมายจะเข้าไปจับกับดีเอ็นเอแม่พิมพ์ได้ไม่ดี ทำให้ได้ผลผลิตน้อยมาก และถ้าอุณหภูมิต่ำเกินไป เครื่องหมายจะเข้าไปจับกับดีเอ็นเอแม่พิมพ์อย่างไม่จำเพาะ ทำให้มีการเพิ่มจำนวนของชิ้นส่วนดีเอ็นเอในบริเวณที่ไม่ต้องการ

3. Extension เป็นการสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่ ใช้อุณหภูมิประมาณ 70-75 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 30-120 วินาที ขึ้นอยู่กับความยาวของดีเอ็นเอที่ต้องการเพิ่มจำนวน ขั้นตอนนี้เอนไซม์ดีเอ็นเอโพลีเมอเรสจะทำหน้าที่นำเบส (A, T, C, G) ที่เข้ากับดีเอ็นเอแม่แบบมาต่อเข้ากับปลายของสายไพรเมอร์ทั้งสองเพื่อให้ได้ดีเอ็นเอสายใหม่

ความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity)

ความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) หมายถึง ความหลากหลายหรือความแปรผันของยีนและพันธุกรรมในสิ่งมีชีวิตชนิดหนึ่งๆ โดยในสิ่งมีชีวิตชนิดเดียวกันอาจมียีนแตกต่างกันไป ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมก็สามารถพิจารณาได้จากประชากรเดียวกัน (intra-population) หรือระหว่างประชากร (inter population) โดย สมชัย และ พิระศักดิ์ (2546) กล่าวถึงสาเหตุของความหลากหลายที่อาจเกิดมาจาก

1. การกลายพันธุ์ (mutation) ซึ่งอาจเกิดขึ้นในระดับยีนหรือโครโมโซม ในขั้นตอน crossing over ของการสืบพันธุ์แบบมีเพศ ทำให้ยีนเกิดการสลับที่หรือรวมตัวกันใหม่แล้วถูก

ถ่ายทอดไปสู่รุ่นต่อไปในประชากร แต่อัตราการกลายตำมากและใช้ระยะเวลาเวลานาน จึงอาจส่งผลน้อยมากต่อการเกิดความหลากหลายในประชากร

2. การคัดเลือก (selection) ขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมที่ประชากรอยู่และการปรับตัวของประชากรต่อสภาพนั้นๆ เช่น บริเวณที่เกิดโรคระบาด ทำให้สิ่งมีชีวิตมีการตอบสนองต่อโรคที่แตกต่างกันออกไป หรืออาจมีการคัดเลือกลักษณะดีออกจากในสิ่งมีชีวิตนั้นๆ ออกไปจากประชากร

3. การอพยพ (migration) เกิดได้จากการอพยพของสิ่งมีชีวิตจากพื้นที่บริเวณอื่นมายังอีกพื้นที่หนึ่ง ทำให้ความถี่ของประชากรมีการเปลี่ยนแปลงไปก่อให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรต่างๆ ของสิ่งมีชีวิตนั้นๆ

4. การขาดช่วงทางพันธุกรรม (genetic drift) เป็นการเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีนที่เกิดจากการผสมกันของพ่อแม่ที่อยู่ในประชากรขนาดเล็ก ส่งผลให้มีโอกาสที่พี่น้องภายในประชากรจะผสมกันเอง หรือการผสมแบบเลือดชิดสูง ทำให้ความถี่ของยีนเปลี่ยนแปลงและขาดความแปรปรวนภายในกลุ่มประชากร

ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม

1. Average number of alleles per locus (n_a) หรือ จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตำแหน่ง คำนวณจากผลรวมของจำนวนอัลลีลทั้งหมดทุกตำแหน่งหารด้วยจำนวนตำแหน่งยีนหรือเครื่องหมายทั้งหมดที่ทำการศึกษา โดย Kalinowski (2002) กล่าวว่า การจำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรจะให้ผลดียิ่งขึ้น เมื่อใช้จำนวนเครื่องหมายโมเลกุลจำนวนมากขึ้น เนื่องจากจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตำแหน่งเพิ่มมากขึ้น

2. Effective number of allele (n_e) เป็นค่าที่แสดงถึงจำนวนอัลลีลของพ่อแม่ที่สามารถผสมพันธุ์กันและถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกได้ โดยค่านี้ใช้เปรียบเทียบกับประชากรที่มีจำนวนและการกระจายตัวของอัลลีลแตกต่างกัน โดยปกติจะมีค่าน้อยกว่าจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตำแหน่ง (n_a) (Kimura and Crow, 1964)

3. Heterozygosity หรือ ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี เป็นค่าความถี่ของเฮตเทอโรไซโกตต่อยีน 1 ตำแหน่ง คำนวณจากค่าสังเกต (H_o) และจากค่าคาดหวัง (H_e) โดยค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีมักมี

ความสัมพันธ์กับประชากร โดยถ้ามีค่าต่ำแสดงว่าประชากรมีขนาดเล็ก และเป็นตัววัดโอกาสที่จะเกิดการสูญหายของยีนไปจากประชากรได้สูง (Allendorf, 1986)

ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร

ในการประเมินค่าจากข้อมูลของเครื่องหมายพันธุกรรมที่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างโฮโมไซโกตและเฮเทอโรไซโกต เช่น อัลโลไซม์และไมโครแซทเทลไลท์ เป็นต้น สามารถคำนวณความถี่ของยีนได้ดังนี้

$$p = \frac{2N_{AA} / N_{Aa}}{N}$$

$$q = \frac{2N_{aa} / N_{Aa}}{N}$$

โดย p เป็นความถี่ของอัลลีล A , q เป็นความถี่ของอัลลีล a , N เป็นจำนวนตัวอย่างที่ทำการศึกษา และ N_{AA} , N_{Aa} และ N_{aa} เป็นจำนวนตัวอย่างที่มีจีโนไทป์แบบ AA , Aa และ aa ตามลำดับ

ค่าสังเกตเฮเทอโรไซโกตที่เป็นสัดส่วนของ Aa เกี่ยวข้องเครื่องหมาย 1 ตำแหน่ง ต่อ 1 ตัวอย่าง คำนวณได้จากสูตร

$$H_o = \frac{\sum N_{Aa} / N}{n}$$

เมื่อ n คือ จำนวนของเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ศึกษา

เมื่อมีสมมติฐานว่า ประชากรที่ทำการศึกษาอยู่ในสมดุลฮาร์ดีไวน์เบิร์ก สามารถคำนวณค่าคาดหวังของเฮเทอโรไซโกต (H_E) ได้จากสูตร

$$H_E = 1 - \sum p_i^2$$

โดย p_i คือ ความถี่ของอัลลีล i และ H_E คือ ค่าคาดหมายเฮตเทอโรไซโกซิตีของเครื่องหมายแต่ละตำแหน่งที่คำนวณจากเครื่องหมายแต่ละตำแหน่งมารวมกัน และหารด้วยจำนวนเครื่องหมายดีเอ็นเอ ถ้าประชากรอยู่สมดุลฮาร์ดีไวน์เบิร์ก ค่าคาดหมายเฮตเทอโรไซโกซิตี (H_E) และค่าคาดหมายเฮตเทอโรไซโกซิตี (H_O) ของแต่ละตำแหน่งในแต่ละประชากร จะไม่แตกต่างกันทางสถิติเมื่อตรวจสอบด้วยวิธี Chi-square, log likelihood ratio หรือ exact test ก็ได้ แต่ถ้าประชากรทั้งสองไม่ได้้อยู่ในสมดุล จะทำให้ค่าทั้งสองมีการเปลี่ยนแปลง เช่น หากค่า H_E สูงกว่าค่า H_O แสดงว่าประชากรที่ศึกษาเป็นประชากรที่เกิดจากการผสมแบบ inbreeding แต่ถ้าค่า H_O สูงกว่าค่า H_E แสดงว่า มีการผสมกันของสองกลุ่มตัวอย่างภายในประชากรเดียวกัน

ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร

1. ค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F-coefficient) ของ Wright (1951) เป็นวิธีการประเมินปริมาณความแตกต่างพันธุกรรมภายในกลุ่มประชากร โดยใช้ความถี่ทางสถิติช่วยในการตรวจหาความแตกต่างภายในประชากร ทำให้สามารถแบ่งประชากรออกเป็นกลุ่มย่อยแบบต่างๆ ซึ่งค่าสัมประสิทธิ์เอฟประกอบไปด้วย 3 แบบ ได้แก่ (1) ค่าแสดงความขาดหรือเกินของความถี่ของเฮตเทอโรไซโกตในประชากรทั้งหมด (F_{IT}), (2) ค่าแสดงความขาดหรือเกินของความถี่ของเฮตเทอโรไซโกตในแต่ละประชากร (F_{IS}) และ (3) ค่าสัมประสิทธิ์ของความแตกต่างในความถี่ของอัลลีลระหว่างประชากร (F_{ST})

ค่า F_{ST} เป็นตัววัดความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร มักมีค่าเป็นบวก ซึ่ง F_{ST} เท่ากับ 0 เมื่อประชากรในกลุ่มมีความความถี่อัลลีลเหมือนกัน และเท่ากับ 1 เมื่อมีความความถี่อัลลีลที่แตกต่างกัน โดยที่ F_{IS} และ F_{IT} เป็นการวัดความเบี่ยงเบนในความถี่ของเฮตเทอโรไซโกตไปจากสมดุลฮาร์ดีไวน์เบิร์กในประชากรเดียวกัน และระหว่างประชากรตามลำดับ ค่าทั้งสองนี้มีโอกาสเป็นได้ทั้งบวกและลบ โดยค่าบวกบอถึงการเบี่ยงเบนไปทางที่มีโฮโมไซโกตมากกว่าที่คาดหมาย และค่าลบแสดงถึงเฮตเทอโรไซโกตที่มีมากกว่าที่คาดหมาย

2. ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) เป็นค่าแสดงถึงจำนวนอัลลีลที่มีการเปลี่ยนแปลงไปในแต่ละตำแหน่งของประชากร โดยจะบอถึงความถี่และปริมาณการถ่ายเทยีนระหว่างประชากร หากความถี่อัลลีลของสองประชากรมีค่าใกล้เคียงกัน จะมีความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมเข้าใกล้ 1 และค่าระยะห่างทางพันธุกรรมเข้าใกล้ 0 (Frankham *et al.*, 2002)

การประเมินค่าดัชนีความเหมือน (Similarity index)

การจัดกลุ่มแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเพื่อศึกษาความใกล้ชิดทางพันธุกรรม โดยใช้ค่าสัมประสิทธิ์ (coefficient) ที่แตกต่างกันออกไปขึ้นอยู่กับชนิดของเครื่องหมายดีเอ็นเอที่นำมาใช้ในงานทดลอง ซึ่งข้อมูลที่นำมาใช้วิเคราะห์ต้องอยู่ในรูปไบนารี เช่น 0 กับ 1 ซึ่งพิจารณาจากการปรากฏของแถบดีเอ็นเอ หากปรากฏแถบดีเอ็นเอให้ค่าเป็น 1 ถ้าไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอให้ค่าเป็น 0 (Dalirsefat *et al.*, 2009) และกำหนดให้จำนวนของการปรากฏของดีเอ็นเอมีค่าดังต่อไปนี้ โดย a หมายถึง จำนวนครั้งที่พบการปรากฏของดีเอ็นเอทั้งสองตัวอย่าง (+,+) b และ c เป็นจำนวนครั้งที่พบการปรากฏแถบดีเอ็นเอเพียงตัวอย่างเดียว คือ (-,+) และ (+,-) ตามลำดับ และ d เป็นจำนวนครั้งที่ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอทั้งสองตัวอย่าง (-,-) (Grower, 1971) โดย a+b+c+d เท่ากับ จำนวนคู่ที่นำมาเปรียบเทียบทั้งหมด จากนั้นนำจำนวนกรณีที่เกิดขึ้นทั้ง 4 กรณีมาวิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์เพื่อหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยค่าสัมประสิทธิ์แต่ละชนิดจะมีวิธีการคำนวณที่แตกต่างกันออกไป เช่น

1. Simple matching coefficient (SM) นิยมใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลที่ได้จากเครื่องหมายโมเลกุลชนิด dominant เช่น RAPD และ AFLP เนื่องจากประเมินการปรากฏของแถบดีเอ็นเอที่เป็นแบบ homologous recessive (Sokal and Michener, 1958)

$$\text{Simple matching coefficient (SM)} = \frac{(a+d)}{a+b+c+d}$$

2. Jaccard coefficient ใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิด codominant เช่น allozyme RFLP และ ไมโครแซทเทลไลท์ เป็นต้น เนื่องจากสามารถแยกความแตกต่างระหว่าง homozygous และ heterozygous ได้ (Jaccard, 1908)

$$\text{Jaccard coefficient (J)} = \frac{a}{a+b+c}$$

3. Nie-Li หรือ Dice coefficient พิจารณาของแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏมากกว่าแถบดีเอ็นเอที่ไม่ปรากฏ สามารถใช้กับข้อมูลดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิด dominant และ codominant เช่น RAPD, RFLP, AFLP และ ไมโครแซทเทลไลท์ เป็นต้น (Dice, 1945; Nei and Li, 1979)

$$\text{Nei-Li หรือ Dice coefficient} = \frac{2a}{2a+b+c}$$

การวิเคราะห์และการจัดกลุ่มข้อมูล (cluster analysis)

คือ การจัดหรือแบ่งกลุ่มข้อมูลที่มีลักษณะบางประการเหมือนกันให้อยู่ภายในกลุ่มเดียวกัน (Hair *et al.*, 1995) ทำให้ในกลุ่มนั้นๆ มีความเหมือนกันมากที่สุด และมีความแตกต่างกันเมื่อเปรียบเทียบกับระหว่างกลุ่ม วิธีการจัดกลุ่มที่นิยมมี 2 วิธี (Mohammadi and Prasanna, 2003) คือ

1. Cladistic เน้นความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ มีการอ้างอิงบรรพบุรุษร่วม (ancestor) และมีลักษณะจำเพาะที่เป็นเอกลักษณ์เหมือนกัน ซึ่งการแสดงความสัมพันธ์นี้เรียกว่า cladogram ที่เป็น tree ที่แตกออก 2-3 ง่าม แสดงถึงความสัมพันธ์ที่มีการวิวัฒนาการร่วมกัน หรือการกลายพันธุ์ของลักษณะนั้นน้อยที่สุด วิธีการจัดกลุ่มที่ใช้ในการวิเคราะห์แบบนี้ คือ maximum parsimony และ maximum likelihood (Lipscomb, 1998)

2. Similarity/Distance เป็นการประเมินความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิตโดยอาศัยค่าสหสัมพันธ์ (correlation) และความน่าจะเป็นในการจัดกลุ่ม (probability) โดยใช้วิธีการจัดกลุ่มแบบ distance function ที่คำนวณความเหมือน (similarity) หรือความต่าง (distance) แล้วนำค่าที่ได้ นั้นมาจัดกลุ่ม โดยตัวอย่างที่คล้ายกันมากที่สุดจะจัดอยู่กลุ่มเดียวกัน ส่วนตัวอย่างที่มีความต่างกันมากจะถูกจัดแยกกลุ่มออกไป โดยไม่สามารถอ้างอิงถึงบรรพบุรุษได้เลย ลักษณะที่ใช้ในการจัดกลุ่ม มักใช้ลักษณะปริมาณ (quantitative traits) ได้แก่ ลักษณะทางสัณฐานวิทยา ผลผลิตต่อพื้นที่ หรือ ข้อมูลลักษณะการปรากฏหรือไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคลายพิมพ์ดีเอ็นเอ เป็นต้น (Eisen *et al.*, 1998)

Cophenetic correlation เป็นค่าที่นิยมใช้บอกระดับของการจัดกลุ่มที่ได้ว่าอยู่ในเกณฑ์ใด โดยการคำนวณหาค่า cophenetic correlation (r) ซึ่งค่า r ที่ได้จะแบ่งออกเป็นช่วงต่างๆ เพื่อแสดงถึงระดับของการจัดกลุ่มในงานทดลอง (Farris, 1969) โดย

r มีค่ามากกว่า 0.9	ถือว่าจัดกลุ่มได้ดีมาก
r มีค่าอยู่ระหว่าง 0.8-0.9	ถือว่าจัดกลุ่มได้ดี
r มีค่าอยู่ระหว่าง 0.7-0.8	ถือว่าจัดกลุ่มได้ปานกลาง
r มีค่าน้อยกว่า 0.7	ถือว่าจัดกลุ่มได้ไม่ดี

ตัวอย่างงานวิจัยเรื่องความหลากหลายทางพันธุกรรมในพืชชนิดต่างๆ

Zulherman *et al.* (2010) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันจำนวน 87 ตัวอย่าง ที่ได้จากการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อจากปาล์มน้ำมันชนิดพิติเฟอร่าจำนวน 6 ต้น โดยหาความหลากหลายทางพันธุกรรมในกลุ่มตัวอย่างที่มาจากต้นพิติเฟอร่าต้นเดียวกัน (intra-population) และเปรียบเทียบความหลากหลายระหว่างกลุ่มตัวอย่างที่ได้จากพิติเฟอร่าคนละต้น (inter-population) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 12 เครื่องหมาย พบว่ามี 11 เครื่องหมาย ที่สามารถแสดงความหลากหลายได้ โดยมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยเท่ากับ 3.3 เมื่อทดสอบภายในประชากรกลุ่มเดียวกัน (#22, #24 และ #32) ไม่พบความแตกต่างภายในกลุ่มประชากร และเมื่อทดสอบความแตกต่างระหว่างประชากร พบว่ากลุ่มของ #22 มีความใกล้เคียงกับกลุ่มของ #24 ที่ระดับความเหมือน 0.85 และกลุ่มของ #33 มีความใกล้เคียงกับกลุ่มของ #14 ที่ระดับความเหมือน 0.95

Singh *et al.* (2008) สร้างเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ SSR จากฐานข้อมูล EST ของปาล์มน้ำมัน จากลำดับเบสของปาล์มน้ำมันจำนวน 5,521 ตัวอย่าง สามารถสร้างเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอชนิด SSR ได้จำนวน 94 เครื่องหมาย จากนั้นนำมาตรวจสอบหาความหลากหลายของพันธุ์ปาล์มน้ำมันในประเทศแถบทวีปแอฟริกา และประชากรปาล์มน้ำมันพันธุ์ Deli Dura ปรากฏว่ามีค่า average number of alleles per locus (n_a) และค่า effective number of alleles (n_e) เท่ากับ 2.56 และ 1.84 ตามลำดับ มีค่า PIC เท่ากับ 0.53 และค่า F_{ST} เท่ากับ 0.249 แสดงว่าปาล์มน้ำมันจากประเทศทวีปแอฟริกามีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง

Noël *et al.* (2007) ศึกษาความหลากหลายของมะพร้าว 3 กลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่ม Vanuatu, กลุ่ม Sri-lanka และกลุ่ม West African Tall เพื่อหาขั้นตอนทางพันธุกรรมเพื่อคัดเลือกเป็นพ่อแม่พันธุ์ในแผนการปรับปรุงพันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR 12 เครื่องหมาย พบอัลลีลทั้งหมด 58 อัลลีล เฉลี่ยเท่ากับ 4.83 อัลลีล และเมื่อวิเคราะห์การจัดกลุ่มสามารถแบ่งกลุ่มของ West African Tall ออกจากอีก 2 กลุ่มอย่างชัดเจน ซึ่งกลุ่ม West African Tall เป็นกลุ่มที่อ่อนแอต่อโรคใบเหลือง และเมื่อเทียบความถี่ของอัลลีลภายในและระหว่างกลุ่มประชากร พบว่ากลุ่มตัวอย่างของ West African Tall มีความถี่ของอัลลีลต่ำที่สุดจากทั้ง 3 กลุ่มประชากร

Chakravarthi and Naravaneni (2006) ใช้เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ SSR จำนวน 30 เครื่องหมาย ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวจำนวน 15 พันธุ์ พบว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอทุกตัวแสดงความหลากหลายในประชากรได้ดี และเมื่อทำการจัดกลุ่ม สามารถ

แบ่งออกเป็น 10 กลุ่ม โดยที่พันธุ์ข้าว japonica ชนิด DH-1 และ Moroborekan ถูกจัดแยกออกมา
กลุ่มของพันธุ์ indica อย่างชัดเจน

Li *et al.* (2006) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวสาลี *Triticum turgidum* L.
จำนวน 48 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 16 เครื่องหมาย พบว่า ให้จำนวน
อัลลีลอยู่ในช่วง 2-14 อัลลีล โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 6.1 อัลลีล และมีค่าดัชนีความเหมือน (genetic
similarity) อยู่ในช่วง 0.20-0.92 ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.59 จากนั้นเมื่อนำไปจัดกลุ่ม สามารถจัดกลุ่ม
ตัวอย่างได้ 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย *T. turgidum* L. ssp. *turgidum* 39 ตัวอย่าง กลุ่มที่ 2
ประกอบด้วย *T. turgidum* L. ssp. *carthlicum* 2 ตัวอย่าง และ *T. turgidum* L. ssp. *paleocolchicum* 3
ตัวอย่าง กลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย *T. turgidum* L. ssp. *turgidum* 3 ตัวอย่าง และ *T. turgidum* L. ssp.
durum 1 ตัวอย่าง

Maizura *et al.* (2006) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันทั้งหมด 359
ตัวอย่าง จากประเทศในทวีปแอฟริกาทั้งหมด 11 ประเทศโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล RFLP และใช้
Deli Dura จากประเทศมาเลเซียเป็นพันธุ์ควบคุม พบว่า มีอัลลีลของประชากรทั้งสองอยู่ในช่วง
41.4-67.2 และอัลลีลเฉลี่ยอยู่ในช่วง 1.5-1.9 ในขณะที่พันธุ์ควบคุม Deli Dura มีอัลลีลเท่ากับ 17.2
และอัลลีลเฉลี่ย เท่ากับ 1.3 โดยจากตัวอย่างทั้งหมด พบว่า ตัวอย่างจากประเทศไนจีเรียมีค่าเฉลี่ย
อัลลีลสูงที่สุด (1.9) และมีอัลลีลที่เกิดขึ้นเท่ากับ 67.2 หมายความว่า ประเทศไนจีเรียเป็นแหล่งของ
ความหลากหลายพันธุ์ปาล์มน้ำมัน และสามารถนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมันต่อไปได้

Edson *et al.* (2002) ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างปาล์มน้ำมันในทวีปอเมริกาและแอฟริกา
โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอชนิด RFLP ในกลุ่มประชากรของ *E. oleifera* 241 ตัวอย่าง และ
E. guineensis 38 ตัวอย่าง และ AFLP ในกลุ่มประชากรของ *E. oleifera* 40 ตัวอย่าง และ
E. guineensis 22 ตัวอย่าง โดยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด RFLP 37 เครื่องหมาย พบความ
แตกต่างทั้งหมดในทั้งสองกลุ่มตัวอย่างเท่ากับ 278 อัลลีล ความแตกต่างภายในกลุ่มปาล์มน้ำมันจาก
ทวีปอเมริกาอยู่ในช่วง 0.114-0.425 และค่าความแตกต่างภายในกลุ่มปาล์มน้ำมันจากทวีปแอฟริกา
อยู่ในช่วง 0.276 - 0.321 ส่วนการใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด AFLP พบว่า 40.7% ของ 172 แถบ
ดีเอ็นเอที่พบเหมือนกันทั้งสองกลุ่ม และ 55.8% ปรากฏแถบดีเอ็นเอเฉพาะ *E. oleifera* and และ
1.7% ที่ปรากฏแถบดีเอ็นเอจำเพาะต่อ *E. guineensis* ทำให้สามารถแบ่งออกเป็น 4 กลุ่มตาม
แหล่งที่มาได้แก่ (1) Brazil (2) French, Guyana และ Surinam (3) Peru และ (4) north Columbia
และ central America

Core collection

ประชากรที่มีจำนวนซ้ำต่อกลุ่มหรือพันธุ์เป็นจำนวนมาก เช่น แหล่งเชื้อพันธุกรรม มักมี ปัญหาในการจัดเก็บและจัดการ เพื่อแก้ไขปัญหาดังกล่าวจึงได้มีการคัดเลือกตัวอย่างที่สามารถเป็น ตัวแทนของกลุ่มหรือพันธุ์ที่ยังคงประสิทธิภาพใกล้เคียงกับประชากรเดิม อีกทั้งยังคงรักษาความ หลากหลายและความแปรปรวนทางพันธุกรรมในพันธุ์นั้นๆ ได้ เรียกกลุ่มเชื้อพันธุกรรมที่คัดเลือก เอาไว้นี้ว่า core collection (Schoen and Brown, 1993) โดยมีวิธีการในการคัดเลือกทั้งหมด 5 ขั้นตอน คือ (1) รวบรวมข้อมูลจากทุกๆ ตัวอย่าง (2) กำหนดขนาดประชากรของ core collection (3) จัดข้อมูลออกเป็นกลุ่ม (4) กำหนดขนาดของตัวอย่างที่เป็นตัวแทนจากแต่ละกลุ่ม (5) เลือกตัวอย่าง จากแต่ละกลุ่มเพื่อเข้าร่วมเป็น core collection (van Hodgkin *et al.*, 1995) ซึ่งปัจจุบันพบว่า มีหลาย รายงานที่ได้นำวิธี core collection เข้ามาประยุกต์ใช้กับงานปรับปรุงพันธุ์พืช

Sangiri *et al.* (2007) ใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR จำนวน 19 เครื่องหมาย ในการจัด กลุ่มตัวอย่างถั่วเขียวพันธุ์การค้า 415 ตัวอย่าง พันธุ์ป่า 189 ตัวอย่าง และสายพันธุ์ที่กำลังปรับปรุง อีก 11 ตัวอย่าง พบจำนวนอัลลีลทั้งหมด 309 อัลลีล โดยเป็นอัลลีลที่มาจากพันธุ์ป่าถึง 257 อัลลีล และสามารถสรุปจากงานนี้ได้ว่า ประเทศออสเตรเลียและปาปัวนิวกินีถือเป็นแหล่งของเชื้อพันธุ์ที่ หายาก ส่วนพันธุ์การค้าจากทวีปเอเชียพบความหลากหลายสูงสุด

Haouane *et al.* (2011) จำแนกแหล่งเชื้อพันธุกรรมของมะกอกในเขตเมดิเตอร์เรเนียน จำนวน 561 ตัวอย่าง โดยเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR จำนวน 12 เครื่องหมาย พบว่า สามารถจัด กลุ่มตัวอย่างออกเป็น 3 กลุ่ม และเมื่อจัดกลุ่มด้วย core collection พบว่า สามารถเลือกตัวอย่างที่มี ประสิทธิภาพเพื่อเป็นตัวแทนกลุ่มประชากรเหลือเพียง 58 ตัวอย่าง

Zhang *et al.* (2011) จัดกลุ่ม core collection จำนวน 150 ตัวอย่าง ของประชากรข้าว จำนวน 2260 ตัวอย่าง จากการศึกษาเพื่อหาความหลากหลายด้วยเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR จำนวน 274 เครื่องหมาย ที่สามารถแบ่งออกได้เป็น 2 กลุ่ม อย่างชัดเจนระหว่างกลุ่มข้าว indica และ กลุ่มข้าว japonica

Sousa *et al.* (2011) พบจำนวนอัลลีลทั้งหมด 93 อัลลีล จากการใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR 17 เครื่องหมาย ในประชากรของถั่วคาโลโปโกเนียม (*Calopogonium mucunoides* Desv.) ทั้งหมด 195 ตัวอย่าง เมื่อนำมาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมทั้งภายในและระหว่างกลุ่ม

พบว่า มีความแปรปรวนระหว่างกลุ่มสูงถึง 64.38% และสามารถคัดเลือกกลุ่มตัวอย่างที่เป็นตัวแทน
จากประชากรทั้งหมดเหลือเพียง 15 ตัวอย่าง



อุปกรณ์และวิธีการ

การเก็บตัวอย่างพืช

เก็บตัวอย่างใบปาล์มน้ำมันจาก 2 แหล่ง คือ (1) แปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี ซึ่งเป็นพันธุ์ปลูกชนิดเทเนอรา รวม 171 ตัวอย่าง และ (2) ศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันชนิดดูรา ชนิดฟิลิเฟอรา และชนิดเทเนอรา รวม 280 ตัวอย่าง รวมตัวอย่างปาล์มที่ใช้ศึกษาครั้งนี้ทั้งสิ้น 451 ตัวอย่าง

ตารางที่ 1 ตัวอย่างปาล์มน้ำมันที่ใช้ในการศึกษาจากทั้งสองแหล่งประชากร

ลำดับที่	รหัสพันธุ์	พันธุ์ปาล์มน้ำมันใน ประชากร จ.กาญจนบุรี	ลำดับที่	รหัสพันธุ์	พันธุ์ปาล์มน้ำมันใน ประชากร จ.สุราษฎร์ธานี
1	1A	Costa Rica	1	2A	Calabar
2	1B	Costa Rica	2	2B	Ekona
3	1C	Dami	3	2C	La Mé
4	1D	IOI	4	2D	Deli Dura
5	1E	อูติ	5	2E	สุราษฎร์ธานี 2
6	1F	Costa Rica	6	2F	สุราษฎร์ธานี 7
7	1G	Dami	7	2G	สุราษฎร์ธานี 5
8	1H	สุราษฎร์ธานี 1	8	2H	Yangambi
9	1I	สุราษฎร์ธานี 2	9	2I	Ghana
10	1J	ยูนิวานิช	10	2J	สุราษฎร์ธานี 1
11	1K	ยูนิวานิช	11	2K	สุราษฎร์ธานี 3
12	1L	Papau	12	2L	สุราษฎร์ธานี 6
13	1M	AVROS	13	2M	AVROS
14	1N	Papau	14	2N	Tanzania
			15	2O	Dami

การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดดีเอ็นเอด้วยวิธีดัดแปลงจาก Doyle and Doyle (1990) เริ่มจากนำตัวอย่างใบปาล์ม น้ำมันมาตัดเป็นชิ้นเล็กๆ แล้วบดละเอียดด้วยไนโตรเจนเหลว จากนั้นตัดตัวอย่างที่บดแล้วใส่ในหลอด 1.5 มิลลิลิตร ประมาณสองส่วนสามของหลอด เติม extraction buffer (2 g 2% CTAB, 2 g PVP, 10 ml 100 mM Tris-HCl (pH 8.0), 28 ml 1.4 M NaCl, 4 ml 20 mM EDTA (pH 8.0), 2 ml 2% mercaptoethanol ปริมาตร 600 ไมโครลิตร ที่ผ่านการบ่มใน water bath อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส นาน 30 นาที เมื่อผสมเข้ากันแล้วนำไปแช่ใน water bath ที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 45 นาที เขย่าหลอดเป็นระยะๆ จากนั้นเติม chloroform : isoamyl alcohol (CIA) อัตรา 24 : 1 ไมโครลิตร ในปริมาณเท่ากับ extraction buffer (600 ไมโครลิตร) นำตัวอย่างมาปั่นเหวี่ยงตกตะกอนด้วยความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที นาน 30 นาที ด้วยเครื่อง microcentrifuge แล้วดูดสารละลายส่วนใสสีเหลืองที่อยู่ด้านบนปริมาณ 500 ไมโครลิตร ใส่ในหลอดใหม่แล้วเติม chloroform : isoamyl alcohol (CIA) อัตรา 24 : 1 ไมโครลิตร ในปริมาณเท่ากับที่ดูดสารละลายใสสีเหลือง คือ 500 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันเบาๆ นำมาปั่นเหวี่ยงตกตะกอนด้วยความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที นาน 30 นาที ดูดสารละลายส่วนใสสีเหลืองด้านบน 400 ไมโครลิตร ย้ายใส่ในหลอดใหม่ แล้วเติม absolute ethanol ที่เย็นและ 0.5 NaCl ในปริมาณ 1 และ 0.5 เท่าของตัวอย่างตามลำดับ เพื่อตกตะกอนดีเอ็นเอ ผสมให้เข้ากันเบาๆ แล้วนำไปแช่เย็นที่ -20 องศาเซลเซียส นาน 3-4 ชั่วโมง เพื่อให้ดีเอ็นเอตกตะกอนมากขึ้น จากนั้นทำการปั่นเหวี่ยงเพื่อตกตะกอนด้วยความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที นาน 20 นาที เทสารละลายด้านบนทิ้ง ล้างตะกอนดีเอ็นเอด้วย 70% ethanol 400 ไมโครลิตร แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงตกตะกอนด้วยความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที นาน 10 นาที ทั้งหมด 2 ครั้ง จากนั้นล้างตะกอนดีเอ็นเอให้แห้งที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 24 ชั่วโมง และละลายตะกอนด้วย TE buffer 50 ไมโครลิตร เก็บไว้ที่อุณหภูมิห้องจนดีเอ็นเอละลายหมด แล้วเก็บดีเอ็นเอที่สกัดไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เพื่อนำไปใช้งานต่อไป

การตรวจสอบและปรับความเข้มข้นของดีเอ็นเอ

ตรวจสอบความเข้มข้นของดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิส (gel electrophoresis) โดยใช้อะกาโรสเจลที่มีความเข้มข้นเท่ากับ 0.8% ใน 0.5x TBE buffer ที่ความต่างศักย์ 100 โวลต์ นาน 20 นาที โดยเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอ (λ DNA) ที่มีความเข้มข้นมาตรฐานเท่ากับ 100 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร จากนั้นแช่อะกาโรสเจลลงในสารละลายเอธิเดียมโบรไมด์ (ethidium bromide) นาน 10 นาที แล้วแช่ในน้ำสะอาดนาน 10 นาที นำมาส่องดูความเข้มข้นของดีเอ็นเอด้วยเครื่อง UV

transilluminator จากนั้นปรับความเข้มข้นของดีเอ็นเอโดยการเจือจางด้วยน้ำ (dH₂O) ให้ทุกตัวอย่างมีความเข้มข้นสุดท้ายเท่ากับ 5 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร แล้วเก็บไว้ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส เพื่อรักษาสภาพของดีเอ็นเอ

การทำปฏิกิริยา SSR-PCR

ดัดแปลงวิธีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่สกัดด้วยปฏิกิริยา PCR และใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จาก Billotte *et al.* (2001) ซึ่งมีส่วนประกอบของปฏิกิริยาดังตารางที่ 2 ทำปฏิกิริยาด้วยเครื่อง PTC-100 โดยใช้อุณหภูมิของขั้นตอน annealing ที่จำเพาะต่อไพรเมอร์ชนิดนั้นๆ โดยมีจำนวนรอบของปฏิกิริยาและอุณหภูมิในขั้นตอนต่างๆ ดังตารางที่ 3 แล้วทำการตรวจสอบ PCR product ที่ได้ด้วยวิธีการอิเล็กโตรโฟเรซิสใน 5% polyacrylamide gel ด้วยบัฟเฟอร์ 0.5x TBE ใช้กระแสไฟฟ้า 70 โวลต์ ควบคุมอุณหภูมิให้คงที่ประมาณ 50 องศาเซลเซียส นาน 2 ชั่วโมง

ตารางที่ 2 ความเข้มข้นและปริมาณของสารที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR

PCR reaction	Final conc.	1X (μl)
DNA template (10 ng/μl)	10 ng/μl	2.0
10x <i>Taq</i> buffer	1x	1.0
25 mM MgCl ₂	2 mM	0.8
1 mM dNTPs	200 mM	2.0
Forward primer	10 μM	0.5
Reverse primer	10 μM	0.2
<i>Taq</i> DNA Polymerase 5 U/μl	1 U/μl	0.5
dH ₂ O	-	3.0
Total		10

ตารางที่ 3 ขั้นตอนปฏิกิริยา PCR ที่ใช้ในการตรวจสอบความแตกต่างของปลาล์มน้ำมันด้วย
เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR

ขั้นตอน	อุณหภูมิ (°C)	เวลา
Pre-denature	94	5 นาที
Denature	94	30 วินาที
Annealing	ขึ้นอยู่กับ SSR primer	30 วินาที
Extension	72	1 นาที
Final extension	72	5 นาที
Holding	16	20 นาที

จากนั้นทำการย้อมแผ่นกระจกเจลด้วยวิธี silver staining เพื่อให้แถบดีเอ็นเอปรากฏ โดยการนำแผ่นกระจกเจลมาแช่ใน 10% กรดอะซิติก นาน 30 นาที แล้วล้างด้วยน้ำกลั่น 2 ครั้ง ครั้งละ 3 นาที นำมาย้อมด้วยสารละลาย silver stain นาน 20 นาที จากนั้นล้างด้วยน้ำเปล่าอย่างรวดเร็ว เพื่อล้าง silver stain ส่วนเกินออก แล้วนำมาแช่ในสารละลาย developer เพื่อให้แถบดีเอ็นเอปรากฏชัดเจน หยุดปฏิกิริยาด้วยการแช่ใน 10% กรดอะซิติก นาน 2 นาที แล้วแช่ในน้ำกลั่นนาน 10 นาที จากนั้นจึงนำกระจกไปส่งให้แห้ง เพื่อนำไปอ่านผลต่อไป

ตารางที่ 4 เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR ที่ใช้ในการศึกษา และอุณหภูมิที่ใช้ในขั้นตอน annealing ของปฏิกิริยา PCR (Billotte *et al.*, 2005)

เครื่องหมาย โมเลกุลชนิด SSR	จำนวนซ้ำ ของลำดับเบส	5'-3' Forward	5'-3' Reverse	อุณหภูมิขั้น Annealing (°C)	ตำแหน่งบน Linkage group
mEgCIR0037	(GA) ₁₇	CCAGTCTGCTAACCATCCTATAC	TCTCACTTCCTCCCCACATC	52	15
mEgCIR0425	(CCG) ₉	AGCAAGAGCAAGAGCAGAACT	CTTGGGGGCTTCGCTATC	58	3
mEgCIR0521	(GA) ₁₉	GTGACTTTGGGCTGAAT	ACAGCATCTCCAACCTATC	52	15
mEgCIR0580	(GA) ₁₀	GCACCAGCACTTTCACAA	CAAACCAATACCCAAGCT	52	unmapped
mEgCIR0772	(CA) ₇ aa(GA) ₁₅	TATAATCCACCCAGCACAAC	CCAATTATACAATCCCACAAAG	52	14
mEgCIR0774	(GA) ₂₀	TGGCCGAGGCAGAAGAAAAT	GCTTGGTGGGTAAGCTGGATTATT	52	8
mEgCIR0778	(CA) ₆ (GA) ₁₄	TTCGTTATCCAAACCATATCTTAT	CCTCAAAGAGTATTGGATGATCTAT	52	8
mEgCIR0782	(GA) ₂₀	CGTTCATCCCACCACCTTTC	GCTGCGAGGCCACTGATAC	56	16
mEgCIR0800	(GA) ₁₈	GTGGGACAATTGAAAGGGAAGT	CCAGCTGCCAAATGCTGTAG	56	2
mEgCIR0801	(GA) ₂₂	TGGTTGGCAGGTATTATTAG	TTAGAGGCTGTGATGAGTTG	52	unmapped
mEgCIR0802	(GA) ₁₂	CTCCTTTGGCGTATCCTTTA	TACGTGCAGTGGGTTCTTTC	52	1
mEgCIR0844	(GA) ₁₉	GCCGTTCAAGTCAATTAGAC	TTTGGGAGCAAGCATTATCA	52	9
mEgCIR3275	(GA) ₁₇	GAAGCCTGAGACCGCATAGA	TTCGGTGATGAAGATTGAAG	52	4

ตารางที่ 4 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุลชนิด SSR	จำนวนซ้ำ ของลำดับเบส	5'-3' Forward	5'-3' Reverse	อุณหภูมิขึ้น Annealing (°C)	ตำแหน่งบน Linkage group
mEgCIR3295	(GT) ₇ (GA) ₂₃	TGCCTCCAGACAATCAC	GTAAGGCTTAACCAGATAAC	52	15
mEgCIR3300	(GA) ₁₉	CATGCACGTAAAGAAAGTGT	CCAAATGCACCCTAAGA	52	7
mEgCIR3311	(GA) ₁₅	AATCCAAGTGGCCTACAG	CATGGCTTTGCTCAGTCA	52	12
mEgCIR3382	(GA) ₂₄	TGTAGGTGGTGGTTAGG	TGTCAGACCCACCATTA	52	11
mEgCIR3400	(GA) ₁₆	CAATTCCAGCGTCACTATAG	AGTGGCAGTGGAAAAACAGT	52	11
mEgCIR3519	(GA) ₁₅ (GT) ₈	CCACTGCTTCAAATTTACTAG	GCGTCCAAAACATAAATCAC	52	10
mEgCIR3555	(GA) ₁₈	CATCAGAGCCTTCAAACACTAC	AGCCTGAATTGCCTCTC	52	13
mEgCIR3574	(GA) ₁₉	AGAGACCCTATTTGCTTGAT	GACAAAGAGCTTGTCACAC	52	5

การวิเคราะห์ข้อมูล

ให้คะแนนแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการแยกขนาดของดีเอ็นเอด้วยโพลีอะครีลาไมด์เจล พิจารณาจากการปรากฏของดีเอ็นเอ ซึ่งการปรากฏของแถบดีเอ็นเอคือ 1 การไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอคือ 0 และข้อมูลที่ เป็น missing แทนด้วย 999 หรือ -999 จากนั้นนำมาหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม NTSYS-pc version 2.20e ใช้ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของ Jaccard (Jaccard's coefficient) ในการวิเคราะห์ข้อมูล เพื่อจัดกลุ่มของตัวอย่างที่เหมือนกัน ซึ่งจะแสดงผลออกมาในรูปของ dendrogram โดยใช้ค่า SHAN (Sneath and Sokal, 1973) แล้วตรวจสอบ dendrogram ที่ได้ว่าจัดกลุ่มได้ดีเพียงใด โดยการวิเคราะห์ค่า coephenetic correlation (Rohlf and Sokal, 1981) และนำมาวัดค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของเครื่องหมายดีเอ็นเอแต่ละตำแหน่ง โดยใช้สูตรต่างๆ ได้แก่

1. ความถี่ของอัลลีล (allele frequency) ในแต่ละตำแหน่งของประชากร คำนวณได้จาก

$$p_i = \frac{2N_{AA} + \sum N_{Aa}}{2N}$$

เมื่อ	p_i	คือ	ความถี่ของอัลลีล A ในประชากรที่ศึกษา
	N_{AA}	คือ	จำนวนตัวอย่างที่มีจีโนไทป์แบบโฮโมไซโกต AA
	N_{Aa}	คือ	จำนวนตัวอย่างที่มีจีโนไทป์แบบเฮเทอโรไซโกต Aa
	N	คือ	จำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่ใช้ในการศึกษา

2. จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตำแหน่ง (average number of alleles per locus, n_a) (Kalinowski, 2002) คำนวณได้จาก

$$n_a = \frac{\text{จำนวนอัลลีลทั้งหมดทุกตำแหน่ง}}{\text{จำนวนเครื่องหมายโมเลกุลทั้งหมดที่ศึกษา}}$$

3. Effective number of allele (n_e) (Kimura and Crow, 1964) เพื่อแสดงถึงจำนวนอัลลีลของพ่อแม่ที่สามารถผสมพันธุ์กันและถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูก คำนวณได้จาก

$$n_e = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

เมื่อ p_i คือ ความถี่ของอัลลีล A ในประชากรที่ศึกษา

4. ค่าจำนวนเครื่องหมายที่ polymorphic (number of polymorphic loci, NPL) คือ ค่าที่บ่งบอกถึงจำนวนของเครื่องหมายที่สามารถบอกความแตกต่างระหว่างตัวอย่างภายในกลุ่มเดียวกัน คำนวณจากสูตร

NPL คือ จำนวนเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างของตัวอย่างภายในกลุ่มเดียวกัน

5. ค่าเปอร์เซ็นต์ polymorphic (percentage of polymorphic loci, PPL) คำนวณจากสูตร

$$PPL = \frac{\text{จำนวนเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความหลากหลายของตัวอย่างในประชากรเดียวกัน} \times 100}{\text{จำนวนเครื่องหมายโมเลกุลทั้งหมดที่ศึกษา}}$$

6. ศึกษาการกระจายตัวของจีโนไทป์ว่าเป็นไปตามกฎสมคูลฮาร์ดีไวน์เบอร์กหรือไม่ โดยคำนวณจากค่าเฮเทอโรไซโกส โรโซ โทซิดี้สังเกต (observed heterozygosity, H_o) เพื่อหาจำนวนของเฮเทอโรไซโกสที่เกิดขึ้นจริงภายในประชากรที่ศึกษา และค่าเฮเทอโรไซโกส โรโซ โทซิดี้คาดหมาย (expected heterozygosity, H_e) คำนวณเพื่อหาสัดส่วนของเฮเทอโรไซโกสที่ควรเกิดขึ้นในประชากร

$$H_o = \frac{\text{จำนวนตัวอย่างที่มีจีโนไทป์แบบเฮเทอโรไซโกส}}{\text{จำนวนตัวอย่างทั้งหมด}}$$

$$h_k = \frac{2n(1 - \sum p_i^2)}{2n - 1}$$

$$H_e = \sum h_k / r$$

เมื่อ n คือ จำนวนตัวอย่างทั้งหมดในพันธุ์ที่ i

h_k คือ ค่าเฮเทอโรไซโกส โรโซ โทซิดี้ที่ตำแหน่ง k

p_i คือ ความถี่ของอัลลีล A ในประชากรที่ศึกษา

r คือ จำนวนตำแหน่งที่ทำการศึกษา

H_e คือ ค่าเฮเทอโรไซโกส โรโซ โทซิดี้คาดหมาย

7. ค่า polymorphic information content (PIC) (Bostein *et al.*, 1980) เพื่อที่จะแสดงความหลากหลายของข้อมูลในประชากรที่ศึกษาด้วยโปรแกรม PowerMarker 3.25 (Liu and Muse, 2005) โดยใช้สูตร

$$PIC_i = 1 - \sum p_i^2$$

เมื่อ p_i คือ ความถี่ของอัลลีล A ในประชากรที่ศึกษา

8. ค่า Shannon-Wiener diversity index (I) คือ ค่าที่บอกถึงความหลากหลายของประชากรที่ศึกษา ซึ่งคำนวณได้จากสูตร

$$I = -\sum_{i=1}^n (n_i/N) \ln(n_i/N)$$

เมื่อ n_i คือ จำนวนตัวอย่างทั้งหมดในพันธุ์ที่ i

N คือ จำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่ใช้ในการศึกษา

9. ค่า genetic diversity ของ Nei (1973) คือ ค่าที่บอกถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรที่ศึกษา และบอกถึงความใกล้เคียงหรือระยะห่าง เมื่อเปรียบเทียบระหว่างสองกลุ่มตัวอย่าง โดยใช้สมการในการคำนวณดังนี้

$$h = 1 - \sum_{i=1}^n \left(\frac{n_i}{N}\right)^2$$

เมื่อ n_i คือ จำนวนตัวอย่างทั้งหมดในพันธุ์ที่ i

N คือ จำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่ใช้ในการศึกษา

10. ค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F-coefficient) ของ Wright (1951) เพื่อหาค่าความขาดหรือเกินของความถี่ของเฮเทอโรไซโกตในแต่ละประชากร (F_{IS}), ค่าแสดงความขาดหรือเกินของความถี่ของเฮเทอโรไซโกตในประชากรทั้งหมด (F_{IT}), และค่าสัมประสิทธิ์ของความแตกต่างในความถี่ของอัลลีลระหว่างประชากร (F_{ST}) โดยใช้โปรแกรม POPGENE Version 1.31 (Yeh *et al.*, 1999) คำนวณค่าต่างๆ ดังนี้

$$F_{IT} = (H_S - H_O) / H_S$$

$$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$$

$$F_{IT} = (H_T - H_O) / H_T$$

เมื่อ H_O คือ ค่าเสตเทอโรไซโกซีตี้สังเกตภายในประชากร
 H_S คือ ค่าเสตเทอโรไซโกซีตี้คาดหมายภายในกลุ่มประชากรย่อย
 H_T คือ ค่าเสตเทอโรไซโกซีตี้คาดหมายภายในประชากรทั้งหมด

โดย

$$H_O = \frac{\sum N_{Aa} / N}{r}$$

เมื่อ N_{Aa} คือ จำนวนตัวอย่างที่มีจีโนไทป์แบบเสตเทอโรไซโกต
 N คือ จำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่ใช้ในการศึกษา
 r คือ จำนวนของเครื่องหมายโมเลกุลทั้งหมดที่ทำการศึกษา

$$H_S = H_{IS} / n_i$$

$$\text{เมื่อ } H_{IS} = 1 - \sum p_{ik}^2$$

$$H_T = 1 - \sum p_k^2$$

$$\text{เมื่อ } p_k = \sum p_{ik} / n_i$$

โดย

H_{IS} คือ ค่าเสตเทอโรไซโกซีตี้จากค่าคาดหมายในแต่ละตัวอย่าง

p_k คือ ค่าความถี่อัลลีลที่ A ในประชากรทั้งหมด

p_{ik} คือ ค่าความถี่อัลลีลที่ A ในประชากรย่อย k

n_i คือ จำนวนตัวอย่างในประชากร i

11. ค่า average gene flow (N_m) เพื่อตรวจสอบการเปลี่ยนแปลงของอัลลีล หรือการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างกลุ่มประชากรต่างๆ (McDermott และ McDonald, 1993) คำนวณจากสมการ

$$N_m = 0.25(1-F_{ST})/F_{ST}$$

12. ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) ของ Nei (1978) เพื่อเปรียบเทียบความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์ คำนวณโดยใช้โปรแกรม POPGENE Version 1.31 (Yeh *et al.*, 1999) ซึ่งมีสูตรดังนี้

$$\bar{D}_{ST} = -\ln \frac{J_{XY}}{\sqrt{J_X J_Y}}$$

$$\text{เมื่อ } \hat{J}_x = \frac{1}{r} \sum_j (n_{xj} \sum_i^{m_j} x_{ij}^2 - 1) / (n_{xj} - 1)$$

$$\hat{J}_y = \frac{1}{r} \sum_j (n_{yj} \sum_i^{m_j} y_{ij}^2 - 1) / (n_{yj} - 1)$$

โดย \hat{J}_{xy} คือ ค่าเฉลี่ยของเฮตเทอโรไซโกซิตีในประชากร X และ Y

\hat{J}_x คือ ค่าเฉลี่ยของโฮโมไซโกซิตีในประชากร X

\hat{J}_y คือ ค่าเฉลี่ยของโฮโมไซโกซิตีในประชากร Y

n_{xj} คือ จำนวนของอัลลีลที่พบตำแหน่งที่ j ในประชากร X

n_{yj} คือ จำนวนของอัลลีลที่พบตำแหน่งที่ j ในประชากร Y

X_{ij} คือ ความถี่ของอัลลีล i ที่ตำแหน่ง j ในประชากร X

Y_{ij} คือ ความถี่ของอัลลีล i ที่ตำแหน่ง j ในประชากร Y

n_j คือ จำนวนอัลลีลที่ตำแหน่ง j

r คือ จำนวนเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้ในการศึกษา

13. AMOVA (Analysis of molecular variance) วิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากร ตามวิธีการของ Excoffier *et al.* (1992) ด้วยโปรแกรม GenAlEx 6.41 (Peakall and Smouse, 2006) โดยนำองค์ประกอบของความแปรปรวนมาคำนวณ F-test เพื่อหาความแตกต่าง และสัดส่วนภายในและระหว่างกลุ่มประชากร โดยค่าที่นำมาใช้ในการคำนวณมีดังนี้

F_{IT}	=	ค่าแสดงความขาดหรือเกินของความถี่ของเฮเทอโรไซโกตในประชากรทั้งหมด
F_{IS}	=	ค่าแสดงความขาดหรือเกินของความถี่ของเฮเทอโรไซโกตในแต่ละประชากร
F_{ST}	=	ค่าสัมประสิทธิ์ของความแตกต่างในความถี่ของอัลลีลระหว่างประชากร

14. สร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม วิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA (Unweighted pair-group method with arithmetic average) ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc version 2.2 (Rohlf, 1998) โดยใช้ค่า cophenetic correlation เป็นค่าที่บอกความน่าเชื่อถือของการจัดกลุ่ม (Rohlf, 1998)

15. วิเคราะห์ Principal coordinate analysis (PCoA) ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc version 2.2 (Rohlf, 1998) เพื่อจัดกลุ่มแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างจีโนไทป์ในรูป 2 มิติ

16. วิเคราะห์การจัดกลุ่ม (Cluster analysis) โดยใช้โปรแกรม Structure version 2.3.3 (Pritchard *et al.*, 2000) ซึ่งผลที่ได้จะเป็นการจัดกลุ่มตามจีโนไทป์จริงที่มีอยู่ในแต่ละตัวอย่าง โดยกำหนดค่าต่างๆ ดังนี้ ค่า burn-in period เท่ากับ 10,000 ค่า number of MCMC reps after burn-in เท่ากับ 100,000 และค่า K (ระดับการจัดกลุ่ม) ตั้งแต่ 2-20 เช่นเดียวกับรายงานของ Cochard *et al.* (2009) จากนั้นหา K ที่เหมาะสมที่สุด (ΔK) ด้วยสูตรคำนวณ

$$L'(K) = L(K) - L(K-1)$$

$$L''(K) = L'(K+1) - L'(K)$$

$$\Delta K = L''(K) / SD$$

โดย

K	คือ	ระดับของจำนวนในการจัดกลุ่ม
L(K)	คือ	ค่า ln เฉลี่ยในแต่ละ K
SD	คือ	ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของแต่ละ K
ΔK	คือ	จำนวนกลุ่มที่เหมาะสมที่สุดในการจัดกลุ่ม

17. Core collection ทำการวิเคราะห์เลือกตัวแทนกลุ่มหรือพันธุ์ด้วยโปรแกรม PowerCore 1.0 (Kim *et al.*, 2007) ด้วยวิธี M strategy (marker allele richness) (Moe *et al.*, 2012)

สถานที่ทำการทดลอง

1. ห้องปฏิบัติการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อและถ่ายยีน (A207) อาคารเทคโนโลยีชีวภาพ ณ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน จ.นครปฐม
2. แปลงปาล์มน้ำมันของเกษตรกร จ.กาญจนบุรี
3. ศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

ระยะเวลาทำการวิจัย

ตั้งแต่เดือน ตุลาคม พ.ศ. 2553 - กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2555

ผลการทดลอง

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเครื่องหมายโมเลกุล SSR ในปาล์มน้ำมัน

พบจำนวนอัลลีลทั้งหมด 121 อัลลีล ในประชากรปาล์มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี โดยอัลลีลที่เกิดขึ้นทั้งหมดอยู่ในช่วง 3-12 อัลลีล และมีค่าจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อเครื่องหมาย เท่ากับ 5.762 มีจำนวนอัลลีลที่เกิดจากทุกตัวอย่างเฉลี่ย เท่ากับ 3.435 ± 0.079 โดยเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยสูงสุด คือ mEgCIR3311 มีค่าเท่ากับ 5.425 ± 0.374 และเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยที่ต่ำที่สุด เท่ากับ 1.786 ± 0.180 คือ mEgCIR3300 ส่วนค่า PIC เฉลี่ยสูงสุด พบใน mEgCIR3311 เท่ากับ 0.810 และมีค่าต่ำสุดจาก mEgCIR3300 เท่ากับ 0.285 โดยมีค่า PIC เฉลี่ยจากทุกเครื่องหมายเท่ากับ 0.597 ส่วนค่าสเตเทอโรไซโกซิติ์สังเกต (H_o) มีค่าอยู่ในช่วง 0.263-0.883 ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.639 และค่าสเตเทอโรไซโกซิติ์คาดหมาย (H_e) อยู่ในช่วง 0.335-0.834 มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.650 ดังแสดงในตารางที่ 5

จากตารางที่ 6 พบว่า กลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี มีจำนวนอัลลีลทั้งหมด 117 อัลลีล โดยอัลลีลที่เกิดขึ้นทั้งหมดอยู่ในช่วง 3-10 อัลลีล มีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อเครื่องหมาย เท่ากับ 5.571 มีจำนวนอัลลีลที่เกิดจากทุกตัวอย่างเฉลี่ย เท่ากับ 1.968 ± 0.053 โดยเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยสูงสุด คือ mEgCIR3275 เท่ากับ 2.467 ± 0.247 และเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยที่ต่ำที่สุด เท่ากับ 1.133 ± 0.088 คือ mEgCIR3300 ส่วนเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้ค่า PIC สูงที่สุด คือ mEgCIR0521 เท่ากับ 0.823 และเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้ค่า PIC ต่ำที่สุด คือ mEgCIR0778 เท่ากับ 0.324 และมีค่า PIC เฉลี่ยจากทุกเครื่องหมายเท่ากับ 0.645 ส่วนค่าสเตเทอโรไซโกซิติ์สังเกต (H_o) มีค่าอยู่ในช่วง 0.054-0.771 ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.422 และค่าสเตเทอโรไซโกซิติ์คาดหมาย (H_e) อยู่ในช่วง 0.386-0.845 มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.693

และเมื่อรวมข้อมูลจากทั้งสองกลุ่มประชากรมาวิเคราะห์ดังแสดงในตารางที่ 7 พบว่า มีอัลลีลทั้งหมด 164 อัลลีล จำนวนอัลลีลที่เกิดขึ้นทั้งหมดอยู่ในช่วง 4-15 อัลลีล จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อเครื่องหมาย เท่ากับ 7.810 มีจำนวนอัลลีลที่เกิดจากทุกตัวอย่างเฉลี่ย เท่ากับ 2.683 ± 0.056 ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้จำนวนอัลลีลในทุกตัวอย่างเฉลี่ยที่สูงที่สุด คือ mEgCIR0521 มีค่าเท่ากับ 3.759 ± 0.361 และเครื่องหมายที่ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยที่ต่ำที่สุด คือ mEgCIR3300 มีค่าเท่ากับ 1.517 ± 0.125 และพบว่า เครื่องหมายโมเลกุลที่ให้ค่า PIC สูงที่สุด คือ mEgCIR0774 เท่ากับ 0.875

และต่ำที่สุดเท่ากับ 0.466 จากเครื่องหมาย $mEgCIR0844$ และมีค่า PIC เฉลี่ยเท่ากับ 0.723 โดยส่วน
ค่าเฮตเทอโรไซโกซิดีสังเกด (H_o) มีค่าอยู่ในช่วง 0.195-0.716 ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.503 และค่า
เฮตเทอโรไซโกซิดีคาดหมาย (H_e) อยู่ในช่วง 0.522-0.898 มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.759

องค์ประกอบของค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม

จากข้อมูลความหลากหลายของดีเอ็นเอประชากรปาล์มน้ำมันในแปลงเกษตรกรที่
จ.กาญจนบุรี เมื่อคำนวณแบบแยกแต่ละพันธุ์ พบว่า มีค่า na อยู่ในช่วง 2.810 (พันธุ์ยูนิวานิช, 1K)
ถึง 3.952 (พันธุ์ Calabar, 1A) และมีค่าเฉลี่ยของ na เท่ากับ 3.439 ส่วนพันธุ์ที่มีค่า ne สูงที่สุดและต่ำ
ที่สุด คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (1H) และพันธุ์ Papau (1N) มีค่าเท่ากับ 2.837 และ 2.151 ตามลำดับ
และค่าเฉลี่ยของ ne เท่ากับ 2.538 โดยค่าเฉลี่ยของค่า h , I , F_{IT} , F_{IS} , F_{ST} และ N_m จากปาล์มน้ำมัน 14
พันธุ์ ได้แก่ 0.548, 0.989, 0.009, -0.174, 0.156 และ 1.356 ตามลำดับ ดังแสดงในตารางที่ 8

ส่วนข้อมูลจากตารางที่ 9 ในประชากรปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี
จ.สุราษฎร์ธานี เมื่อคำนวณแบบแยกแต่ละพันธุ์ พบว่า พันธุ์ Ghana (2I) และพันธุ์สุราษฎร์ธานี 2
(2E) ให้ค่า na และ ne ต่ำที่สุดและสูงที่สุด โดยมีค่าอยู่ในช่วง 1.191-3.000 และ 1.188-2.506
ตามลำดับ โดยค่าเฉลี่ยของ na เท่ากับ 1.968 ส่วนค่าเฉลี่ยของ ne เท่ากับ 1.681 โดยค่าเฉลี่ยของค่า
 h , I , F_{IT} , F_{IS} , F_{ST} และ N_m จากปาล์มน้ำมัน 15 พันธุ์ ได้แก่ 0.313, 0.482, 0.370, -0.404, 0.551 และ
0.204 ตามลำดับ

จากตารางที่ 10 ที่ได้จากการนำข้อมูลทั้งสองกลุ่มประชากรมาวิเคราะห์ร่วมกัน พบว่า เมื่อ
คำนวณแบบแยกแต่ละพันธุ์ มีค่า na และ ne อยู่ในช่วง 1.191 (พันธุ์ Ghana, 2I) ถึง 3.952 (พันธุ์
Costa Rica, 1A) และ 1.079 (พันธุ์ Ekona, 2B) ถึง 2.837 (พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1, 1H) ตามลำดับ โดย
ค่าเฉลี่ยของ na เท่ากับ 2.683 ส่วนค่าเฉลี่ยของ ne เท่ากับ 2.094 โดยค่าเฉลี่ยของค่า h , I , F_{IT} , F_{IS} , F_{ST}
และ N_m จากทั้งหมด 29 พันธุ์ปาล์มน้ำมัน ได้แก่ 0.428, 0.715, 0.293, -0.256, 0.437 และ 0.322
ตามลำดับ

การทดสอบระยะห่างทางพันธุกรรม

จากการใช้โปรแกรม POPGENE 1.31 ในการวิเคราะห์ระยะห่างทางพันธุกรรมในแต่ละกลุ่มประชากรโดยใช้วิธีการประเมินแบบ Nei's (1978) พบว่า ในกลุ่มประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุดระหว่างพันธุ์ Dami (1C) กับ พันธุ์ IOI (1D) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.054 และค่าระยะห่างทางพันธุกรรมสูงที่สุดระหว่างพันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I) กับ พันธุ์ Papau (1N) ซึ่งห่างเท่ากับ 0.547 ดังแสดงในตารางที่ 11 และระยะห่างทางพันธุกรรมในตารางที่ 12 ของกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี พบว่า มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุดเท่ากับ 0.170 ระหว่างพันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) กับ พันธุ์ Dami (2O) และค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่สูงเท่ากับ 1.708 ระหว่างพันธุ์ Deli Dura (2D) กับ พันธุ์ Tanzania (2N) เมื่อรวมข้อมูลจากสองกลุ่มประชากรมาวิเคราะห์ดังในตารางที่ 13 พบว่า มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุดระหว่างพันธุ์ Costa Rica (1A) กับ พันธุ์ Dami (1C) (0.050) และค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่สูงที่สุดระหว่างพันธุ์ Papau (1N) กับ พันธุ์ Ekona (2B) (1.974)

AMOVA (Analysis of molecular variance)

ผลจากการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งภายในและระหว่างพันธุ์ปาล์มน้ำมัน จากข้อมูลแถบดีเอ็นเอโดยใช้โปรแกรม GanAIEx 6.41 ดังแสดงในตารางที่ 14 พบว่า มีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่งระหว่างความแปรปรวนภายในพันธุ์และระหว่างพันธุ์ที่ระดับความเป็นไปได้ 0.01 ในการวิเคราะห์จากสองประชากรและแบบรวมสองกลุ่มประชากร โดย (1) กลุ่มประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี พบความแปรปรวนภายในพันธุ์สูงเท่ากับ 75% และความแปรปรวนระหว่างพันธุ์มีค่าเท่ากับ 25% (2) กลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี พบว่า มีความแปรปรวนภายในพันธุ์เดียวกันเท่ากับ 18% ส่วนความแปรปรวนระหว่างพันธุ์มีค่าสูงเท่ากับ 82% และ (3) ผลจากการวิเคราะห์โดยรวมสองกลุ่มประชากร พบว่า มีความแปรปรวนภายในพันธุ์เท่ากับ 30% และความแปรปรวนระหว่างพันธุ์มีค่าสูงเท่ากับ 70%

ตารางที่ 5 จำนวนอัลลีลและความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรป่าส้มน้ำมันแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี

เครื่องหมายโมเลกุล	จำนวนซ้ำของลำดับเบส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฉลี่ย±S.E.	PIC	ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตี	
					H _o	H _E
mEgCIR0037	(GA) ₁₇	4	2.929±0.188	0.556	0.550	0.632
mEgCIR0425	(CCG) ₉	5	3.571±0.219	0.683	0.626	0.728
mEgCIR0521	(GA) ₁₉	12	5.214±0.338	0.802	0.883	0.822
mEgCIR0580	(GA) ₁₀	4	2.429±0.166	0.424	0.602	0.499
mEgCIR0772	(CA) ₇ aa(GA) ₁₅	3	2.571±0.132	0.524	0.263	0.591
mEgCIR0774	(GA) ₂₀	9	4.786±0.271	0.771	0.871	0.800
mEgCIR0778	(CA) ₆ (GA) ₁₄	4	3.357±0.163	0.615	0.743	0.684
mEgCIR0782	(GA) ₂₀	3	2.714±0.157	0.483	0.462	0.550
mEgCIR0800	(GA) ₁₈	4	2.643±0.163	0.457	0.538	0.507
mEgCIR0801	(GA) ₂₂	6	4.357±0.344	0.737	0.807	0.773
mEgCIR0802	(GA) ₁₂	8	4.571±0.400	0.736	0.778	0.770
mEgCIR0844	(GA) ₁₉	5	2.500±0.168	0.417	0.550	0.490

ตารางที่ 5 (ต่อ)

เครื่องหมายโมเลกุล	จำนวนซ้ำของลำดับเบส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฉลี่ย±S.E.	PIC	ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตี	
					H _o	H _E
mEgCIR3275	(GA) ₁₇	9	3.857±0.265	0.766	0.661	0.795
mEgCIR3295	(GT) ₇ (GA) ₂₃	4	3.357±0.192	0.657	0.801	0.714
mEgCIR3300	(GA) ₁₉	3	1.786±0.180	0.285	0.404	0.335
mEgCIR3311	(GA) ₁₅	10	5.429±0.374	0.810	0.719	0.834
mEgCIR3382	(GA) ₂₄	8	4.429±0.346	0.684	0.597	0.719
mEgCIR3400	(GA) ₁₆	5	3.286±0.213	0.676	0.719	0.724
mEgCIR3519	(GA) ₁₅ (GT) ₈	7	2.500±0.168	0.413	0.474	0.505
mEgCIR3555	(GA) ₁₈	4	2.286±0.157	0.402	0.491	0.472
mEgCIR3574	(GA) ₁₉	4	3.571±0.166	0.646	0.877	0.702
ผลรวมทั้งหมด		121				
ค่าเฉลี่ย		5.762	3.435±0.079	0.597	0.639	0.650

ตารางที่ 6 จำนวนอัลลีลและความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรป่าส้มน้ำมันจากศูนย์วิจัยป่าส้มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

เครื่องหมายโมเลกุล	จำนวนซ้ำของลำดับเบส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฉลี่ย±S.E.	PIC	ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตี	
					H _o	H _E
mEgCIR0037	(GA) ₁₇	7	2.200±0.253	0.762	0.454	0.793
mEgCIR0425	(CCG) ₉	6	2.133±0.185	0.527	0.771	0.571
mEgCIR0521	(GA) ₁₉	9	2.333±0.293	0.823	0.532	0.845
mEgCIR0580	(GA) ₁₀	4	1.600±0.184	0.625	0.336	0.673
mEgCIR0772	(CA) ₇ aa(GA) ₁₅	5	1.867±0.208	0.682	0.368	0.731
mEgCIR0774	(GA) ₂₀	10	2.333±0.308	0.816	0.486	0.837
mEgCIR0778	(CA) ₆ (GA) ₁₄	4	1.467±0.160	0.324	0.161	0.386
mEgCIR0782	(GA) ₂₀	6	2.267±0.220	0.699	0.521	0.744
mEgCIR0800	(GA) ₁₈	4	1.600±0.158	0.531	0.304	0.584
mEgCIR0801	(GA) ₂₂	7	2.400±0.324	0.718	0.568	0.750
mEgCIR0802	(GA) ₁₂	4	1.933±0.220	0.539	0.329	0.612
mEgCIR0844	(GA) ₁₉	3	1.800±0.193	0.469	0.379	0.527

ตารางที่ 6 (ต่อ)

เครื่องหมายโมเลกุล	จำนวนซ้ำของลำดับเบส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฉลี่ย±S.E.	PIC	ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตี	
					H _o	H _E
mEgCIR3275	(GA) ₁₇	6	2.467±0.247	0.745	0.650	0.781
mEgCIR3295	(GT) ₇ (GA) ₂₃	4	2.067±0.199	0.606	0.504	0.672
mEgCIR3300	(GA) ₁₉	3	1.133±0.088	0.413	0.054	0.519
mEgCIR3311	(GA) ₁₅	5	2.200±0.253	0.674	0.368	0.726
mEgCIR3382	(GA) ₂₄	7	2.267±0.274	0.756	0.500	0.788
mEgCIR3400	(GA) ₁₆	6	1.467±0.129	0.670	0.282	0.719
mEgCIR3519	(GA) ₁₅ (GT) ₈	4	1.467±0.129	0.640	0.300	0.701
mEgCIR3555	(GA) ₁₈	6	2.133±0.264	0.738	0.518	0.773
mEgCIR3574	(GA) ₁₉	7	2.200±0.234	0.797	0.482	0.823
ผลรวมทั้งหมด		117				
ค่าเฉลี่ย		5.571	1.968±0.053	0.645	0.422	0.693

ตารางที่ 7 จำนวนอัลลีลและความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรป่าส้มน้ำมันแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และจากศูนย์วิจัยป่าส้มน้ำมัน
สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

เครื่องหมายโมเลกุล	จำนวนซ้ำของลำดับเบส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฉลี่ย±S.E.	PIC	ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตี	
					H _O	H _E
mEgCIR0037	(GA) ₁₇	7	2.552±0.173	0.777	0.479	0.803
mEgCIR0425	(CCG) ₉	6	2.828±0.195	0.665	0.716	0.700
mEgCIR0521	(GA) ₁₉	14	3.759±0.361	0.846	0.653	0.862
mEgCIR0580	(GA) ₁₀	6	2.000±0.146	0.747	0.439	0.782
mEgCIR0772	(CA) ₇ aa(GA) ₁₅	6	2.207±0.141	0.737	0.333	0.771
mEgCIR0774	(GA) ₂₀	15	3.517±0.307	0.875	0.630	0.898
mEgCIR0778	(CA) ₆ (GA) ₁₄	8	2.345±0.208	0.685	0.379	0.718
mEgCIR0782	(GA) ₂₀	6	2.483±0.143	0.678	0.499	0.719
mEgCIR0800	(GA) ₁₈	7	2.103±0.149	0.724	0.393	0.758
mEgCIR0801	(GA) ₂₂	9	3.345±0.298	0.795	0.656	0.819
mEgCIR0802	(GA) ₁₂	9	3.207±0.332	0.755	0.499	0.785
mEgCIR0844	(GA) ₁₉	5	2.172±0.155	0.466	0.441	0.522

ตารางที่ 7 (ต่อ)

เครื่องหมายโมเลกุล	จำนวนซ้ำของลำดับเบส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฉลี่ย±S.E.	PIC	ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตี	
					H _o	H _E
mEgCIR3275	(GA) ₁₇	10	3.138±0.227	0.816	0.659	0.837
mEgCIR3295	(GT) ₇ (GA) ₂₃	4	2.690±0.183	0.676	0.614	0.729
mEgCIR3300	(GA) ₁₉	4	1.517±0.125	0.605	0.195	0.669
mEgCIR3311	(GA) ₁₅	10	3.759±0.373	0.772	0.499	0.801
mEgCIR3382	(GA) ₂₄	11	3.345±0.309	0.817	0.528	0.837
mEgCIR3400	(GA) ₁₆	6	2.345±0.208	0.691	0.448	0.733
mEgCIR3519	(GA) ₁₅ (GT) ₈	7	1.966±0.142	0.600	0.366	0.661
mEgCIR3555	(GA) ₁₈	7	2.207±0.157	0.661	0.508	0.708
mEgCIR3574	(GA) ₁₉	7	2.862±0.193	0.797	0.632	0.821
ผลรวมทั้งหมด		164				
ค่าเฉลี่ย		7.810	2.683±0.056	0.723	0.503	0.759

ตารางที่ 8 องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมประชากรปลาดม้น้ำมันในแปลง
เกษตรกร จ.กาญจนบุรี

พันธุ์ปลาดม้น้ำมัน	จำนวนตัวอย่าง					จำนวนเครื่องหมายที่ polymorphic (NPL)	เปอร์เซ็นต์ของ polymorphic (PPL)
		na	ne	<i>h</i>	<i>I</i>		
แยกแต่ละพันธุ์							
1A	14	3.952	2.600	0.564	1.029	21	100
1B	13	3.524	2.559	0.557	0.990	21	100
1C	14	3.714	2.451	0.551	0.975	20	95.24
1D	13	3.714	2.639	0.576	1.025	21	100
1E	14	3.524	2.486	0.550	0.970	21	100
1F	12	3.667	2.714	0.542	0.983	20	95.24
1G	12	3.619	2.762	0.578	1.038	20	95.24
1H	12	3.905	2.837	0.597	1.079	20	95.24
1I	11	2.952	2.614	0.500	0.827	20	95.24
1J	12	3.571	2.632	0.576	1.021	21	100
1K	11	2.810	2.247	0.500	0.832	19	90.48
1L	11	3.429	2.582	0.562	0.994	21	100
1M	11	2.905	2.255	0.522	0.868	21	100
1N	11	2.857	2.151	0.495	1.215	20	95.24
ค่าเฉลี่ย		3.439	2.538	0.548	0.989		97.28

ตารางที่ 9 องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลาล้มน้ำมันภายใน ศูนย์วิจัยปลาล้มน้ำมันสุราษฎร์ธานี

พันธุ์ปลาล้ม น้ำมัน	จำนวน ตัวอย่าง	na	ne	h	I	จำนวน	เปอร์เซ็นต์ของ polymorphic (PPL)
						เครื่องหมายที่ polymorphic (NPL)	
แยกแต่ละพันธุ์							
2A	20	1.524	1.374	0.207	0.304	10	47.62
2B	20	1.571	1.504	0.242	0.350	10	47.62
2C	20	1.667	1.532	0.262	0.385	11	52.38
2D	19	1.286	1.220	0.118	0.170	6	28.57
2E	7	3.000	2.506	0.540	0.924	19	90.48
2F	16	2.571	2.162	0.485	0.775	19	90.48
2G	19	2.000	1.786	0.363	0.552	15	71.43
2H	20	1.286	1.253	0.132	0.187	6	28.57
2I	20	1.191	1.188	0.095	0.132	4	19.05
2J	20	2.810	2.208	0.492	0.802	19	90.48
2K	20	2.476	1.801	0.384	0.613	19	90.48
2L	20	1.810	1.610	0.317	0.466	15	71.43
2M	20	2.048	1.874	0.440	0.633	19	90.48
2N	20	1.810	1.583	0.292	0.430	13	61.90
2O	19	2.476	1.630	0.323	0.512	17	80.95
ค่าเฉลี่ย		1.968	1.681	0.313	0.482		64.13

ตารางที่ 10 องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันรวมสองกลุ่ม
ประชากร

พันธุ์ปาล์ม น้ำมัน	จำนวน ตัวอย่าง	na	ne	h	I	จำนวน	เปอร์เซ็นต์ของ
						เครื่องหมายที่ polymorphic (NPL)	polymorphic (PPL)
แยกแต่ละพันธุ์							
1A	14	3.952	2.594	0.562	1.025	21	100
1B	13	3.524	2.559	0.557	0.990	21	100
1C	14	3.714	2.451	0.551	0.975	20	95.24
1D	13	3.762	2.681	0.580	1.034	21	100
1E	14	3.524	2.473	0.547	0.968	21	100
1F	12	3.619	2.714	0.541	0.978	20	95.24
1G	12	3.619	2.769	0.579	1.040	20	95.24
1H	12	3.905	2.837	0.597	1.079	20	95.24
1I	11	2.952	2.161	0.499	0.825	20	95.24
1J	12	3.619	2.665	0.581	1.035	21	100
1K	11	2.810	2.245	0.499	0.831	19	90.48
1L	11	3.429	2.582	0.562	0.994	21	100
1M	11	2.857	2.245	0.521	0.861	21	100
1N	11	2.857	2.151	0.495	0.808	20	95.24
2A	20	1.524	1.375	0.207	0.304	10	47.62
2B	20	1.571	1.079	0.243	0.351	10	47.62
2C	20	1.667	1.532	0.261	0.385	11	52.38
2D	19	1.286	1.220	0.118	0.170	6	28.57
2E	7	3.095	2.569	0.567	0.970	20	95.24
2F	16	2.571	2.169	0.485	0.777	19	90.48
2G	19	2.000	1.786	0.363	0.552	15	71.43
2H	20	1.286	1.253	0.132	0.187	6	28.57

ตารางที่ 10 (ต่อ)

พันธุ์ปาล์ม น้ำมัน	จำนวน ตัวอย่าง	na	ne	<i>h</i>	<i>I</i>	จำนวน เครื่องหมายที่ polymorphic (NPL)	เปอร์เซ็นต์ของ polymorphic (PPL)
2I	20	1.191	1.884	0.095	0.132	4	19.05
2J	20	2.810	2.207	0.492	0.803	19	90.48
2K	20	2.476	1.804	0.385	0.615	19	90.48
2L	20	1.810	1.610	0.317	0.466	15	71.43
2M	20	2.048	1.879	0.442	0.635	19	90.48
2N	20	1.810	1.588	0.294	0.432	13	61.90
2O	19	2.524	1.642	0.326	0.521	17	80.95
ค่าเฉลี่ย		2.683	2.094	0.428	0.715		80.30

ตารางที่ 11 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Nei's (1978) ของประชากรปลาดำน้ำในแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี

พันธุ์ปลาดำน้ำ	พันธุ์ปลาดำน้ำ													
	1A	1B	1C	1D	1E	1F	1G	1H	1I	1J	1K	1L	1M	
1B	0.099													
1C	0.052	0.114												
1D	0.106	0.109	0.054											
1E	0.156	0.141	0.130	0.134										
1F	0.203	0.225	0.190	0.197	0.199									
1G	0.117	0.214	0.167	0.199	0.248	0.227								
1H	0.179	0.234	0.210	0.294	0.299	0.304	0.150							
1I	0.307	0.354	0.236	0.326	0.412	0.377	0.357	0.223						
1J	0.244	0.260	0.185	0.228	0.306	0.372	0.326	0.241	0.207					
1K	0.239	0.333	0.249	0.332	0.354	0.368	0.308	0.215	0.289	0.189				
1L	0.194	0.200	0.176	0.166	0.147	0.080	0.268	0.319	0.386	0.240	0.341			
1M	0.275	0.275	0.270	0.220	0.280	0.187	0.350	0.425	0.404	0.299	0.357	0.120		
1N	0.323	0.274	0.299	0.259	0.297	0.126	0.377	0.507	0.547	0.383	0.515	0.082	0.131	

ตารางที่ 12 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Nei's (1978) ของกลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันภายในศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี

พันธุ์ปาล์มน้ำมัน	พันธุ์ปาล์มน้ำมัน													
	2A	2B	2C	2D	2E	2F	2G	2H	2I	2J	2K	2L	2M	2N
2B	0.653													
2C	1.307	1.556												
2D	1.486	0.992	1.875											
2E	1.304	0.906	0.677	0.314										
2F	0.916	0.996	1.008	0.740	0.503									
2G	0.878	0.918	1.527	0.892	0.599	0.577								
2H	1.183	0.866	1.230	0.939	0.967	1.047	0.713							
2I	1.275	1.193	1.080	1.348	0.962	0.848	1.198	0.998						
2J	0.751	0.535	0.955	0.851	0.662	0.424	0.583	0.780	0.988					
2K	1.124	0.830	1.016	0.898	0.668	0.510	0.739	0.635	1.319	0.325				
2L	1.017	0.939	1.140	0.894	0.632	0.568	0.925	0.983	1.092	0.591	0.558			
2M	0.723	0.718	0.728	1.178	0.663	0.872	0.821	0.693	0.893	0.647	0.865	0.733		
2N	0.579	0.925	0.976	1.708	1.111	0.721	1.091	1.172	1.266	0.795	0.764	0.892	0.721	
2O	0.914	0.793	1.150	1.319	0.828	0.755	1.148	1.075	1.243	0.722	0.575	0.170	0.893	0.874

ตารางที่ 13 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม Nei's (1978) ของปลาล์มน้ำมันแบบรวมสองกลุ่มประชากร

พันธุ์ปลาล์มน้ำมัน	พันธุ์ปลาล์มน้ำมัน													
	1A	1B	1C	1D	1E	1F	1G	1H	1I	1J	1K	1L	1M	1N
1B	0.101													
1C	0.050	0.113												
1D	0.109	0.104	0.056											
1E	0.163	0.143	0.131	0.130										
1F	0.205	0.230	0.194	0.197	0.211									
1G	0.118	0.216	0.171	0.200	0.257	0.229								
1H	0.177	0.234	0.207	0.296	0.306	0.307	0.152							
1I	0.310	0.358	0.240	0.330	0.425	0.384	0.366	0.221						
1J	0.240	0.256	0.183	0.221	0.301	0.368	0.323	0.236	0.209					
1K	0.238	0.334	0.249	0.338	0.360	0.366	0.310	0.218	0.296	0.190				
1L	0.192	0.200	0.175	0.162	0.151	0.081	0.270	0.318	0.388	0.234	0.341			
1M	0.266	0.267	0.269	0.220	0.283	0.188	0.347	0.420	0.415	0.295	0.354	0.116		
1N	0.322	0.276	0.300	0.255	0.306	0.128	0.377	0.507	0.549	0.379	0.516	0.079	0.129	
2A	1.006	1.288	1.117	1.439	1.227	1.012	0.920	0.916	0.942	1.161	1.281	1.307	1.377	1.511

ตารางที่ 13 (ต่อ)

พื้นที่ป่าลุ่มน้ำมัน	พื้นที่ป่าลุ่มน้ำมัน													
	1A	1B	1C	1D	1E	1F	1G	1H	1I	1J	1K	1L	1M	1N
2B	1.534	1.900	1.481	1.706	1.733	1.612	1.455	1.368	1.372	1.519	1.641	1.664	1.599	1.974
2C	1.867	1.819	1.877	1.924	1.815	1.680	1.969	1.854	2.023	1.547	1.703	1.813	1.656	1.828
2D	1.481	1.296	1.419	1.364	1.446	1.201	1.464	1.303	1.420	1.262	1.482	1.192	1.192	1.344
2E	1.353	1.053	1.255	1.184	1.104	1.024	1.261	1.191	1.544	1.091	1.389	0.983	1.001	1.063
2F	1.057	1.026	1.057	1.056	1.025	1.000	1.129	1.073	1.247	0.951	1.059	0.965	1.008	1.064
2G	1.278	1.342	1.191	1.135	1.198	0.891	1.260	1.234	1.143	1.231	1.311	1.116	1.039	1.171
2H	1.298	1.381	1.323	1.394	1.284	1.059	1.292	1.238	1.213	1.291	1.187	1.119	1.098	1.167
2I	1.412	1.500	1.325	1.361	1.558	1.456	1.294	1.209	1.571	1.133	1.426	1.281	1.412	1.368
2J	1.136	1.149	1.111	1.120	1.100	0.994	1.250	1.073	1.106	0.988	1.220	1.097	1.213	1.103
2K	1.131	1.192	1.142	1.149	1.052	0.887	1.267	1.128	1.289	1.114	1.123	0.971	1.018	1.052
2L	1.146	0.993	1.143	1.119	1.139	0.877	1.189	1.109	1.297	0.912	1.049	0.925	0.986	1.038
2M	1.163	1.375	1.136	1.255	1.222	1.214	1.196	1.196	1.223	1.322	1.220	1.307	1.248	1.309
2N	1.194	1.246	1.228	1.402	1.335	1.301	1.310	1.180	1.469	1.474	1.380	1.511	1.513	1.613
2O	1.259	1.184	1.370	1.377	1.312	1.018	1.175	1.190	1.378	1.119	1.275	1.160	1.138	1.305

ตารางที่ 13 (ต่อ)

พื้นที่ป่าลุ่มน้ำมัน	พื้นที่ป่าลุ่มน้ำมัน													
	2A	2B	2C	2D	2E	2F	2G	2H	2I	2J	2K	2L	2M	2N
2B	0.629													
2C	1.309	1.555												
2D	1.486	0.991	1.875											
2E	1.229	0.848	0.661	0.327										
2F	0.910	0.991	1.008	0.744	0.545									
2G	0.874	0.896	1.527	0.892	0.639	0.576								
2H	1.178	0.844	1.230	0.939	1.025	1.046	0.713							
2I	1.278	1.174	1.080	1.348	1.017	0.842	1.198	0.998						
2J	0.748	0.530	0.952	0.848	0.717	0.421	0.585	0.779	0.985					
2K	1.118	0.835	1.015	0.897	0.714	0.508	0.737	0.634	1.318	0.319				
2L	1.019	0.952	1.140	0.894	0.575	0.567	0.925	0.983	1.092	0.585	0.557			
2M	0.729	0.711	0.722	1.167	0.629	0.856	0.810	0.681	0.892	0.636	0.847	0.741		
2N	0.567	0.941	0.973	1.707	1.038	0.717	1.085	1.171	1.262	0.789	0.765	0.878	0.718	
2O	0.913	0.815	1.147	1.317	0.767	0.755	1.145	1.072	1.240	0.717	0.575	0.170	0.900	0.857

ตารางที่ 14 ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (AMOVA) ของปลาล้มน้ำมันแต่ละประชากร

แหล่งความแปรปรวน	df	SS	MS	F test	Est. Var.	เปอร์เซ็นต์ความแปรปรวน
(1) ระหว่างประชากร	13	707.479	54.421	5.175**	3.597	25%
ภายในประชากร	157	1651.053	10.516		10.516	75%
รวม	170	2358.532			14.113	100%
(2) ระหว่างประชากร	14	4606.182	329.013	83.189**	17.452	82%
ภายในประชากร	265	1048.143	3.955		3.955	18%
รวม	279	5654.325			21.408	100%
(3) ระหว่างประชากร	28	6859.722	244.990	37.877**	15.375	70%
ภายในประชากร	422	2729.542	6.468		6.468	30%
รวม	450	9589.264			21.843	100%

หมายเหตุ ** แสดงต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ที่ระดับความเป็นไปได้ 0.01

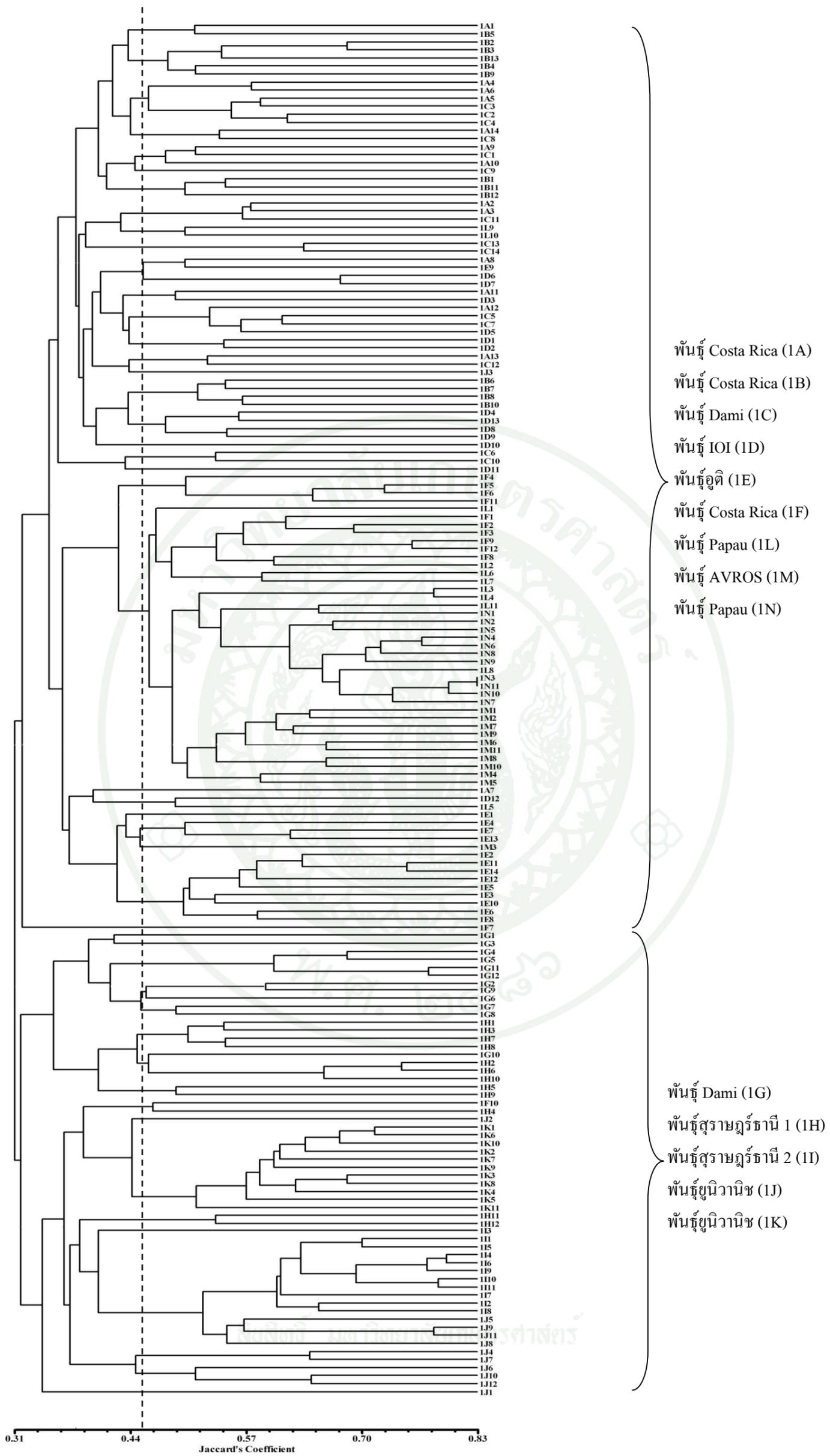
- (1) การวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรปลาล้มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี
- (2) การวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรปลาล้มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปลาล้มน้ำมัน สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี
- (3) การวิเคราะห์ความแปรปรวนจากการรวมประชากรปลาล้มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และจากศูนย์วิจัยปลาล้มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

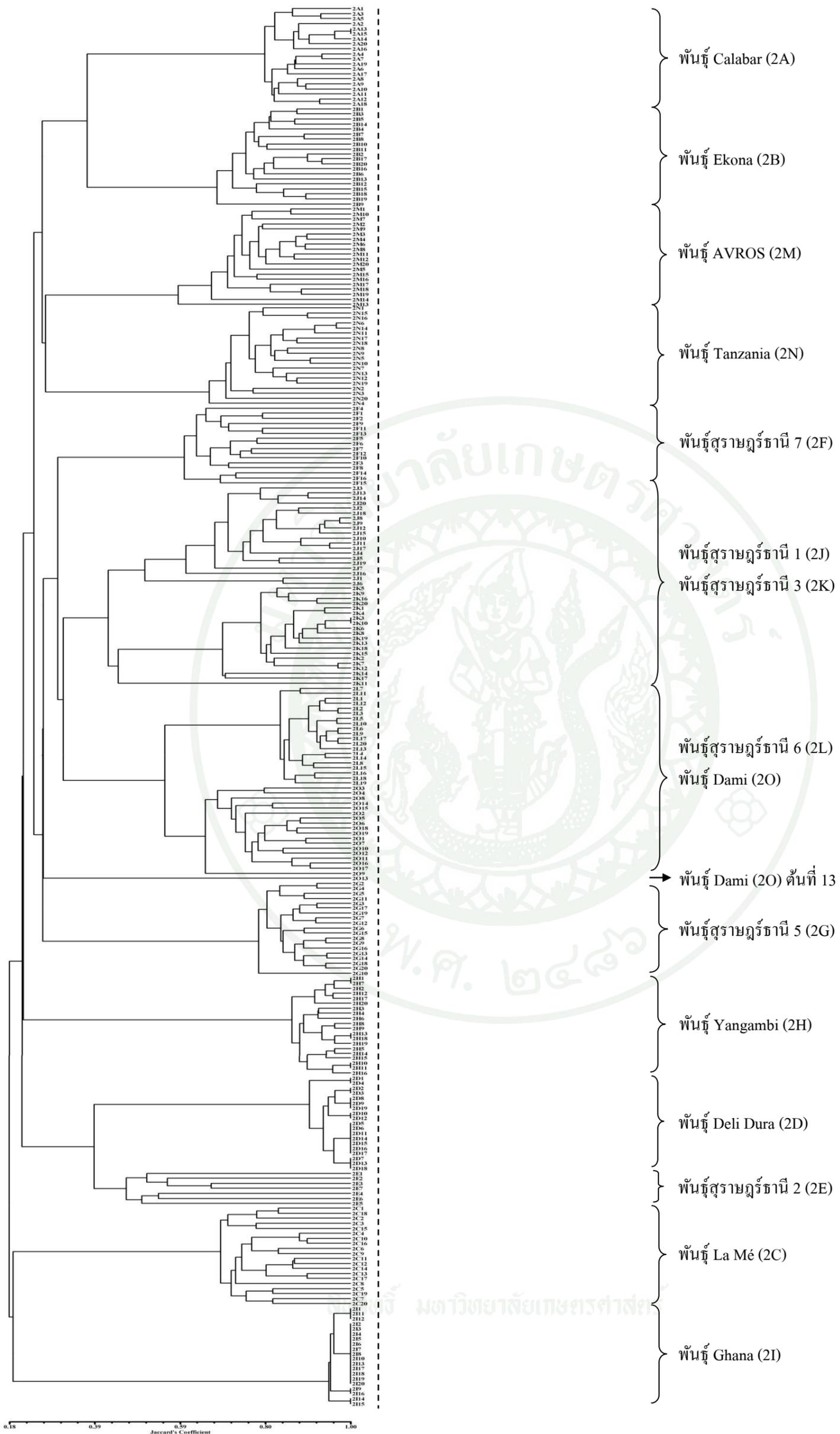
จากการใช้โปรแกรม NTSYS-pc version 2.20 เพื่อหาความสัมพันธ์ของประชากรและจัดแบ่งออกเป็นกลุ่มต่างๆ โดยใช้ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของ Jaccard พบว่า ในกลุ่มประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์การค้าทั้งหมด 14 พันธุ์ (1A-1N) สามารถสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยมีค่าสัมประสิทธิ์อยู่ในช่วง 0.31-0.83 และสามารถแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่ๆ ที่ค่าสัมประสิทธิ์เท่ากับ 0.32 โดยในกลุ่มที่ (1) ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Costa Rica (1A), พันธุ์ Costa Rica (1B), พันธุ์ Dami (1C), พันธุ์ IOI (1D), พันธุ์อุติ (1E), พันธุ์ Costa Rica (1F), พันธุ์ Papau (1L), พันธุ์ AVROS (1M) และพันธุ์ Papau (1N) ส่วนกลุ่มที่ 2 ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Dami (1G), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (1H), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I), พันธุ์ยูนิวานิช (1J) และพันธุ์ยูนิวานิช (1K) และมีค่า cophenetic correlation เท่ากับ 0.70 (ภาพที่ 3)

ภาพที่ 4 แสดงถึงการจัดกลุ่มประชากร โดยใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมของพันธุ์ปาล์มน้ำมัน 15 พันธุ์ จากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี มีค่าสัมประสิทธิ์อยู่ในช่วง 0.18-1.00 พบว่า สามารถแบ่งออกเป็น 14 กลุ่ม ที่ค่าสัมประสิทธิ์เท่ากับ 0.40 โดยกลุ่มที่ 1 ถึง 11 สามารถแบ่งเป็นแต่ละพันธุ์ปาล์มน้ำมันต่อกลุ่ม ได้แก่ พันธุ์ Calabar (2A), พันธุ์ Ekona (2B), พันธุ์ La Mé (2C), พันธุ์ Deli Dura (2D), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (2E), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 7 (2F), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 5 (2G), พันธุ์ Yangambi (2H), พันธุ์ Ghana (2I), พันธุ์ AVROS (2M) และพันธุ์ Tanzania (2N) ส่วนพันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (2J) และพันธุ์สุราษฎร์ธานี 3 (2K) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 12 ส่วนพันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) กับ พันธุ์ Dami (2O) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 13 และกลุ่มที่ 14 คือ ตัวอย่างจากปาล์มน้ำมันพันธุ์ Dami ต้นที่ 13 เพียงตัวอย่างเดียวต่อกลุ่ม โดยแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่สร้างขึ้นมีค่า cophenetic correlation เท่ากับ 0.95

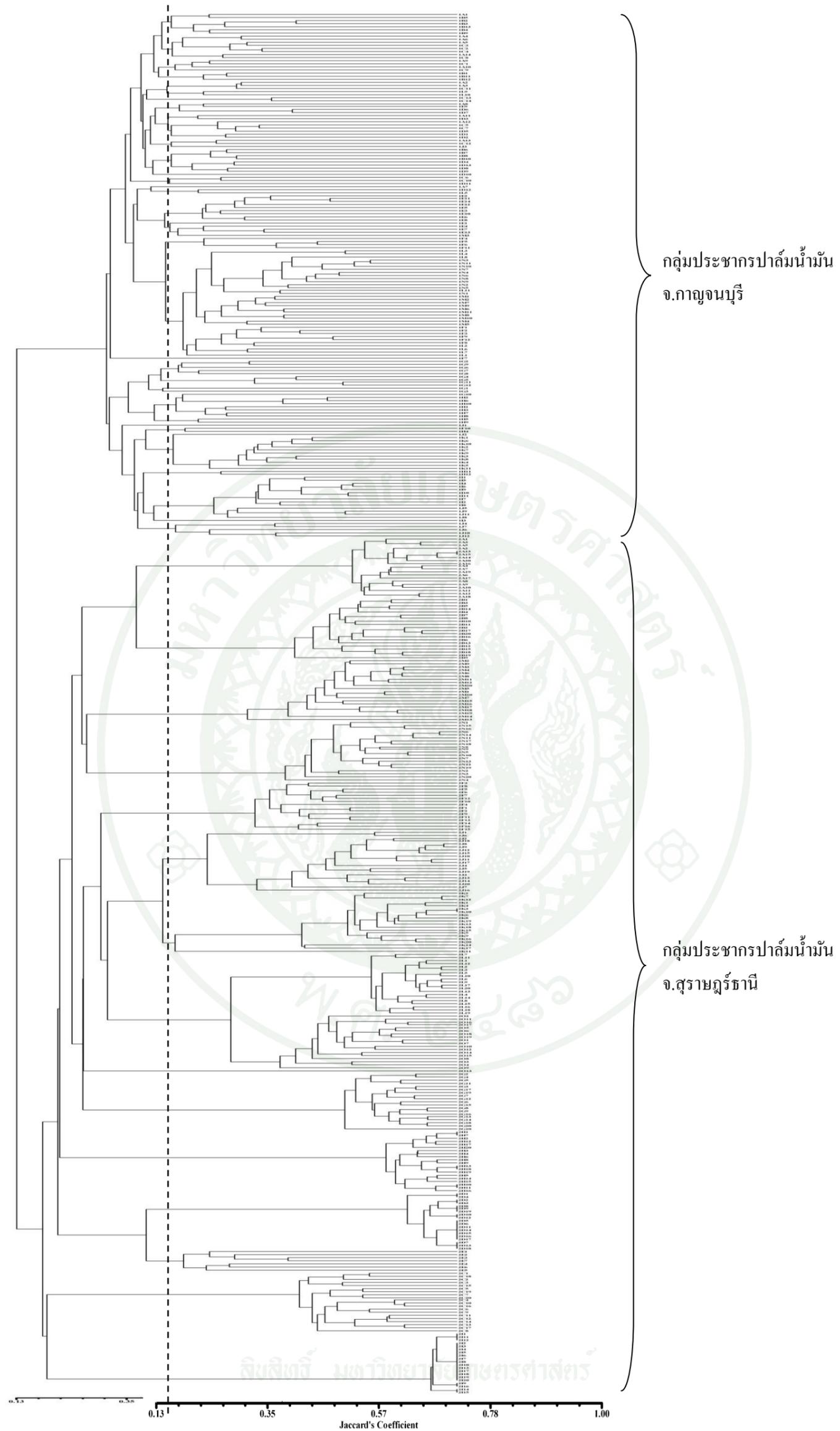
และเมื่อนำข้อมูลจากทั้งสองกลุ่มประชากรมาวิเคราะห์พร้อมกัน พบว่า มีค่าสัมประสิทธิ์อยู่ในช่วง 0.13-1.00 และสามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มได้อย่างชัดเจนที่ค่าสัมประสิทธิ์เท่ากับ 0.15 (ภาพที่ 5) โดย กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มพันธุ์การค้าของปาล์มน้ำมันที่ได้มาจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และกลุ่มที่ 2 คือ กลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี โดยแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่สร้างขึ้นมีค่า cophenetic correlation เท่ากับ 0.93



ภาพที่ 3 แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรพันธุ์ปาล์มน้ำมันแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี



ภาพที่ 4 แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรพันธุ์ปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี



ภาพที่ 5 แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรที่เกิดจากการรวมข้อมูลจากสองกลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

PCoA (Principal coordinate analysis)

จากแผนผังความสัมพันธ์ principal coordinate พบว่า กลุ่มประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม (ภาพที่ 6) และกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมัน สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี พบว่า สามารถแบ่งออกอย่างชัดเจนได้เป็น 14 กลุ่ม (ภาพที่ 7) ส่วนผลจากการวิเคราะห์ข้อมูลรวมกันของสองกลุ่มประชากร พบว่า แบ่งออกเป็นกลุ่มย่อยได้ 2 กลุ่มย่อยอย่างชัดเจนระหว่างประชากรปาล์มน้ำมันจาก จ.กาญจนบุรี และประชากรปาล์มน้ำมันจาก จ.สุราษฎร์ธานี (ภาพที่ 8)

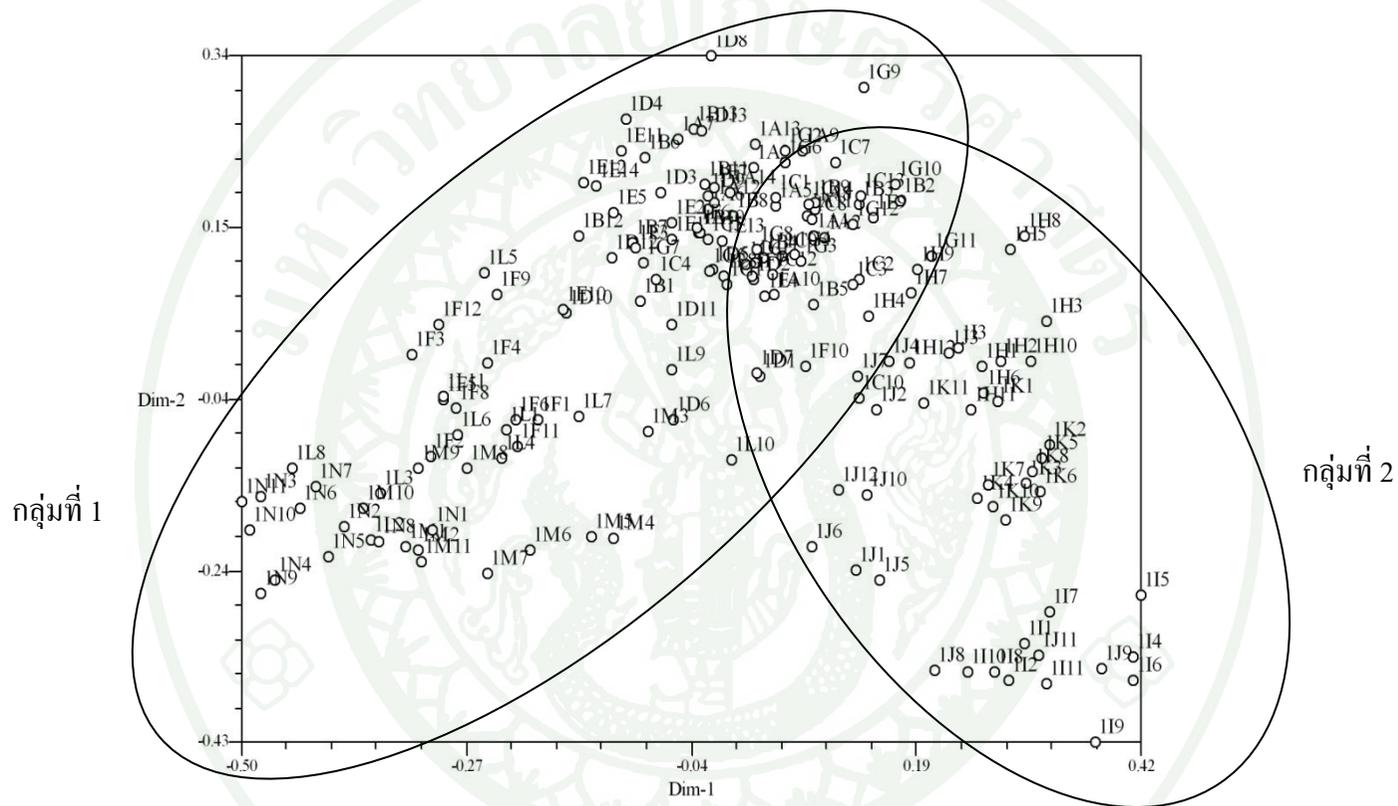
การจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม Structure

ผลของการจัดกลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันพันธุ์การค้าจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี ทั้งหมด 14 พันธุ์ ให้เส้นกราฟสูงที่สุด คือ $K=2$ (ภาพที่ 9) สามารถนำค่าที่ได้มาใช้ในการแบ่งกลุ่มตัวอย่างได้เป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Costa Rica (1A), พันธุ์ Costa Rica (1B), พันธุ์ Dami (1C), พันธุ์ IOI (1D), พันธุ์อุติ (1E), พันธุ์ Costa Rica (1F), พันธุ์ Papau (1L), พันธุ์ AVROS (1M) และพันธุ์ Papau (1N) ส่วนกลุ่มที่ 2 ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Dami (1G), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (1H), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I), พันธุ์ยูนิวานิช (1J) และพันธุ์ ยูนิวานิช (1K)

การจัดกลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี ทั้งหมด 15 พันธุ์ ให้เส้นกราฟสูงที่สุด คือ $K=14$ (ภาพที่ 10) สามารถนำค่าที่ได้มาใช้ในการแบ่งกลุ่มตัวอย่างได้เป็น 14 กลุ่ม โดยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Calabar (2A) และพันธุ์ Ekona (2B) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 1 ปาล์มน้ำมันพันธุ์ La Mé (2C) และพันธุ์ Ghana (2I) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 2 และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) และพันธุ์ Dami (2O) ส่วนปาล์มน้ำมันพันธุ์ Deli Dura (2D), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (2E), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 7 (2F), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 5 (2G), พันธุ์ Yangambi (2H), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (2J), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 3 (2K), พันธุ์ AVROS (2M) และพันธุ์ Tanzania (2N) ถูกจัดอยู่ในกลุ่มที่ 4-12 ตามลำดับ และตัวอย่างปาล์มน้ำมันจากพันธุ์ Dami (2O) ต้นที่ 13 จัดอยู่ในกลุ่มที่ 13 ส่วนตัวอย่างปาล์มน้ำมันจากพันธุ์สุราษฎร์ธานี 3 ต้นที่ 11 และพันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 ต้นที่ 6 ถูกจัดอยู่ในกลุ่มที่ 14

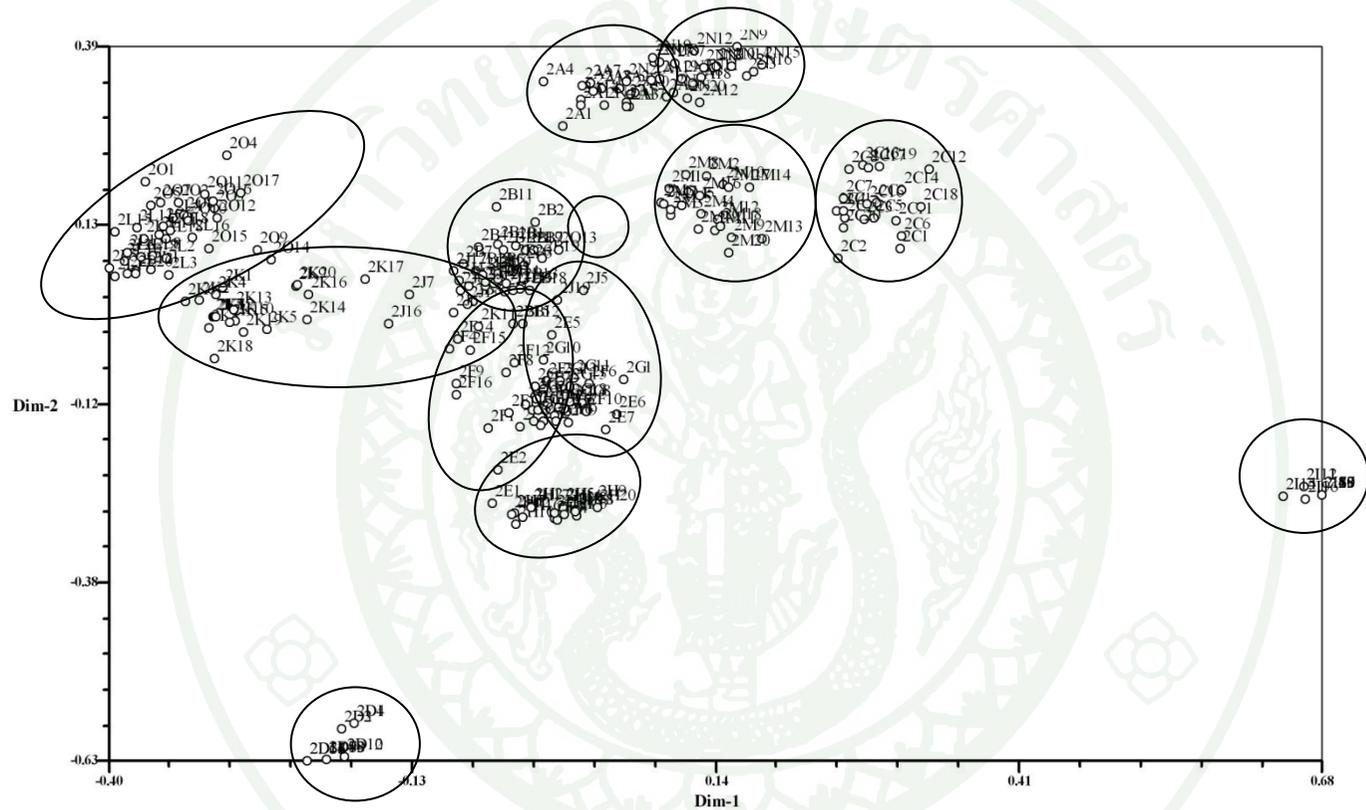
ภาพที่ 11 แสดงการจัดกลุ่มแบบรวมสองประชากรปาล์มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร และจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี พบว่า ระดับของ K ที่ให้เส้นกราฟสูงสุด คือ $K=2$ ซึ่งสามารถแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 2 กลุ่มย่อย เช่นเดียวกัน ซึ่งกลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่เป็นปาล์มน้ำมันพันธุ์การค้าจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และกลุ่มที่ 2 คือ กลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี





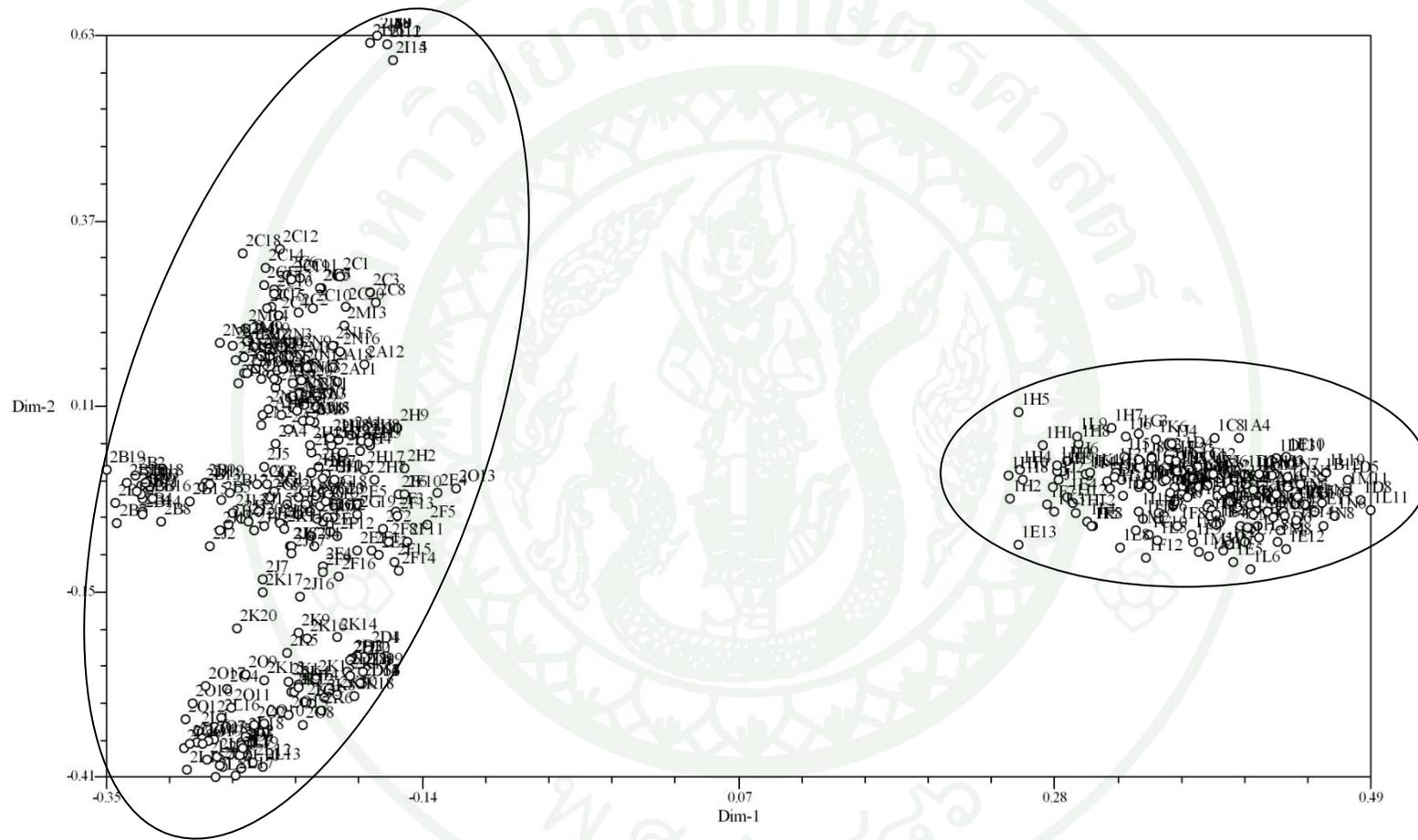
ภาพที่ 6 Principal coordinate analysis ของประชากรปลาดำน้ำจืดจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี

หมายเหตุ กลุ่มที่ 1 ประกอบไปด้วยพันธุ์ Costa Rica (1A), พันธุ์ Costa Rica (1B), พันธุ์ Dami (1C), พันธุ์ IOI (1D), พันธุ์อูติ (1E), พันธุ์ Costa Rica (1F), พันธุ์ Papau (1L), พันธุ์ AVROS (1M) และพันธุ์ Papau (1N) กลุ่มที่ 2 ประกอบไปด้วยพันธุ์ Dami (1G), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (1H), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I), พันธุ์ยูนีวานิช (1J) และพันธุ์ยูนีวานิช (1K)

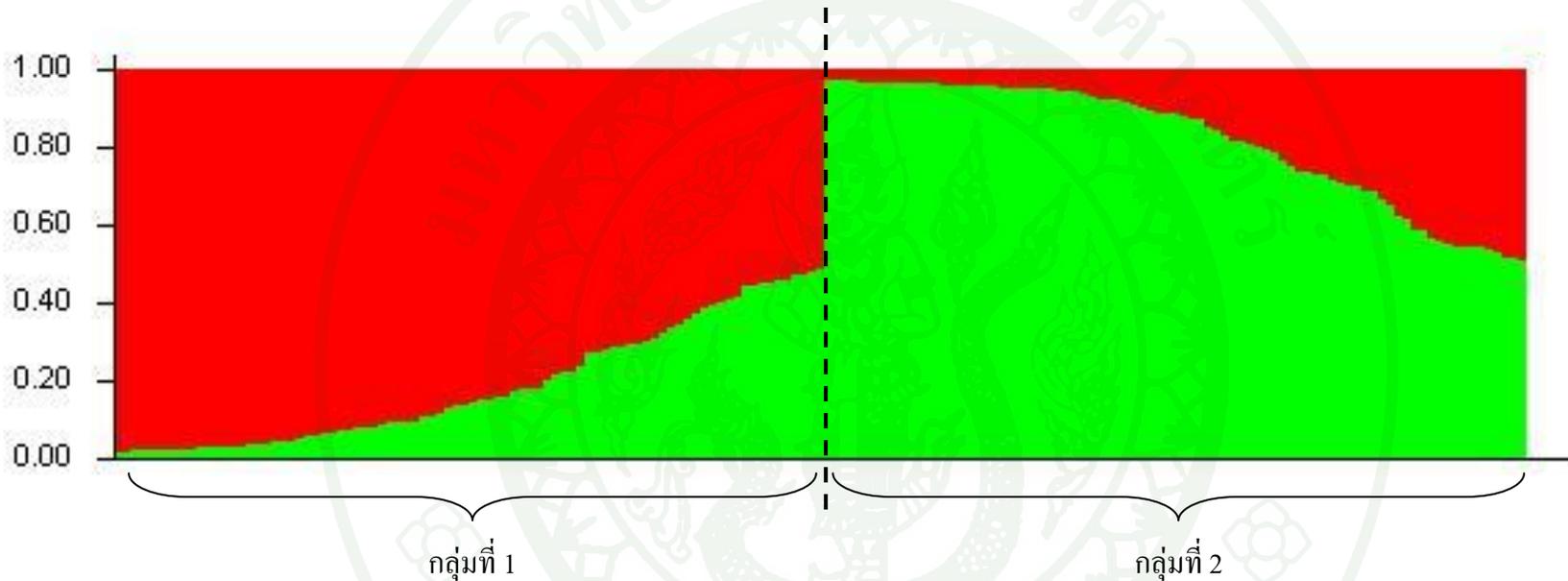


ภาพที่ 7 Principal coordinate analysis ของประชากรปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

หมายเหตุ 2A คือ พันธุ์ Calabar, 2B คือ พันธุ์ Ekona, 2C คือ พันธุ์ La Mé, 2D คือ พันธุ์ Deli Dura, 2E คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2, 2F คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 7, 2G คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 5, 2H คือ พันธุ์ Yangambi, 2I คือ พันธุ์ Ghana, 2J คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1, 2K คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 3, 2L คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 6, 2M คือ พันธุ์ AVROS, 2N คือ พันธุ์ Tanzania และ 2O คือ พันธุ์ Dami

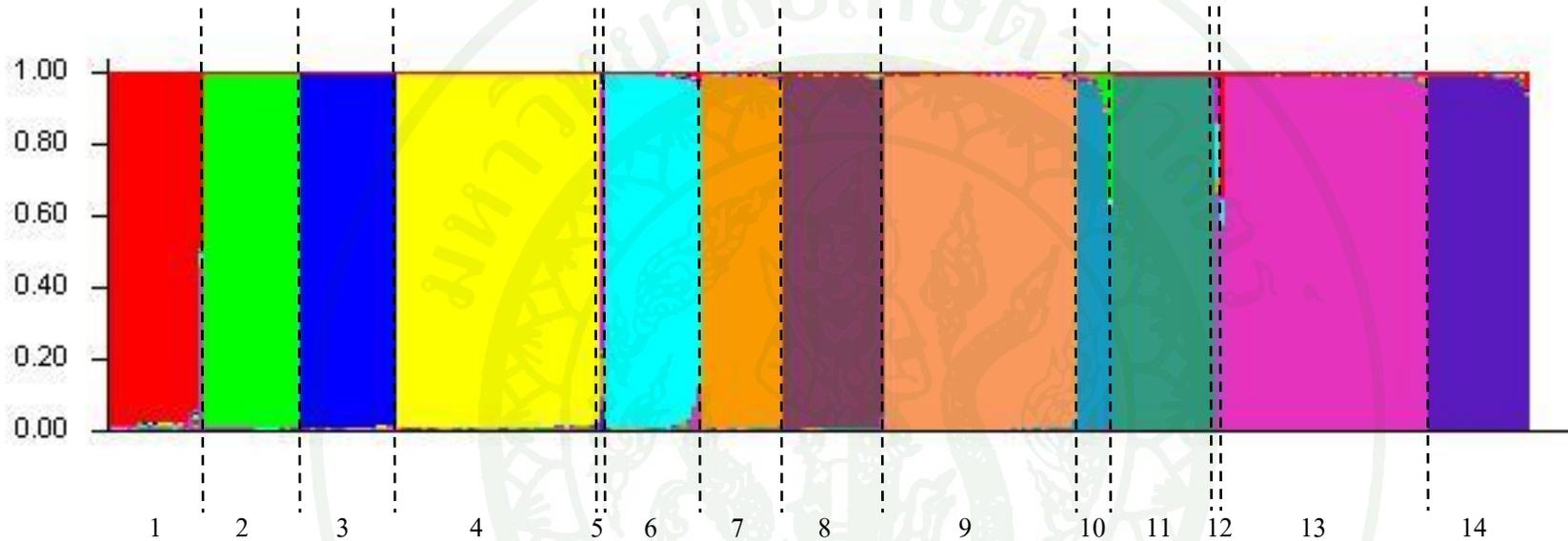


ภาพที่ 8 Principal coordinate analysis ของแบบรวมสองกลุ่มประชากร ได้แก่ กลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันจากแปลงเกษตรกร จ. กาญจนบุรี (1A-1N) และกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี (2A-2O)



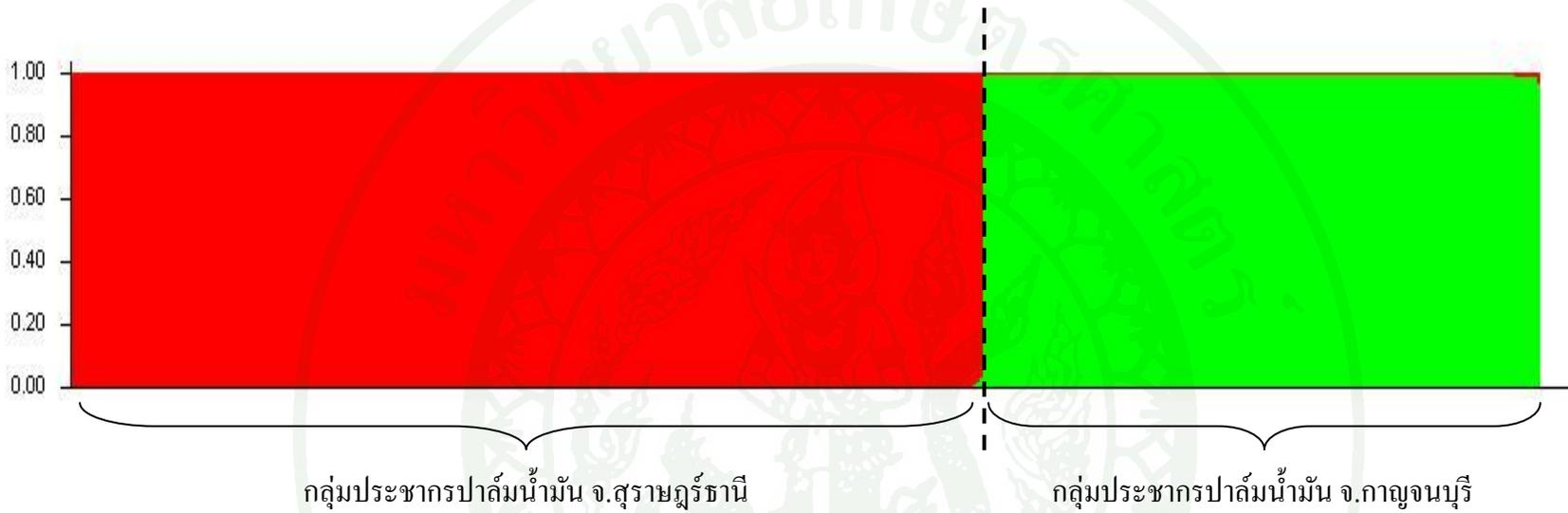
ภาพที่ 9 การวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างตัวอย่างในกลุ่มประชากรจากแปลงเกษตรกร จ. กาญจนบุรี โดยการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Structure โดยใช้ $K=2$

หมายเหตุ กลุ่มที่ 1 ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Costa Rica (1A), พันธุ์ Costa Rica (1B), พันธุ์ Dami (1C), พันธุ์ IOI (1D), พันธุ์อุติ (1E), พันธุ์ Costa Rica (1F), พันธุ์ Papau (1L), พันธุ์ AVROS (1M) และพันธุ์ Papau (1N) ส่วนกลุ่มที่ 2 ประกอบไปด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Dami (1G), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (1H), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I), พันธุ์ยูนิวานิช (1J) และพันธุ์ยูนิวานิช (1K)



ภาพที่ 10 การวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างตัวอย่างในกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี โดยการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Structure โดยใช้ K=14

หมายเหตุ 1 คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (2J), 2 คือ พันธุ์ Deli Dura (2D), 3 คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 5 (2G), 4 คือ พันธุ์ Calabar (2A) และพันธุ์ Ekona (2B), 5 คือ พันธุ์ Dami (2O) ต้นที่ 13, 6 คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 3 (2K), 7 คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 7 (2F), 8 คือ พันธุ์ AVROS (2M), 9 คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) และพันธุ์ Dami (2O), 10 คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (2E), 11 คือ พันธุ์ Yangambi (2H), 12 คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 3 ต้นที่ 11 และพันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 ต้นที่ 6, 13 คือ พันธุ์ La Mé (2C) และพันธุ์ Ghana (2I), 14 คือ พันธุ์ Tanzania (2N)



ภาพที่ 11 การวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างประชากรที่ได้จากการรวมข้อมูลระหว่างกลุ่มประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี โดยการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Structure โดยใช้ K=2

Core collection

จากแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมัน สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี สามารถแยกแต่ละพันธุ์ออกเป็นกลุ่มๆ ได้ชัดเจน อีกทั้งยังมีความแปรปรวนภายในพันธุ์ต่ำ จึงนำมาวิเคราะห์ core collection โดยการใช้โปรแกรม PowerCore 1.0 ในการคัดเลือกหาตัวแทนของแต่ละกลุ่มหรือพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพ พบว่า มีตัวอย่างที่นำมาใช้เป็นตัวแทนกลุ่มได้ 45 ตัวอย่าง (ตารางที่ 15) จากทั้งหมด 280 ตัวอย่าง คิดเป็น 16.07% จากนั้นนำข้อมูลของ 45 ตัวอย่างมาวิเคราะห์องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรม ดังแสดงในตารางที่ 16 โดยมีค่า na และ ne อยู่ในช่วง 1.143-2.857 และ 1.143-2.857 และมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 1.714 และ 1.666 ตามลำดับ และมีค่าเฉลี่ยจาก 45 ตัวอย่างของค่า h , I , F_{IT} , F_{IS} , F_{ST} และ N_m เท่ากับ 0.298, 0.458, 0.369, -0.472, 0.571 และ 0.188 ตามลำดับ (ตารางที่ 17)

จากนั้นหาแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมดังแสดงในภาพที่ 12 โดยใช้ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของ Jaccard พบว่า มีค่าสัมประสิทธิ์อยู่ในช่วง 0.20-0.89 และแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 14 กลุ่ม ที่ค่าสัมประสิทธิ์เท่ากับ 0.38 โดยกลุ่มที่ 1-11 จะแบ่งเป็นแต่ละพันธุ์ปาล์มน้ำมันต่อกลุ่ม ได้แก่ พันธุ์ Calabar (2A), พันธุ์ Ekona (2B), พันธุ์ La Mé (2C), พันธุ์ Deli Dura (2D), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (2E), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 7 (2F), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 5 (2G), พันธุ์ Yangambi (2H), พันธุ์ Ghana (2I), พันธุ์ AVROS (2M) และพันธุ์ Tanzania (2N) ส่วนพันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) และพันธุ์ Dami (2O) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 12 และกลุ่มที่ 13 ประกอบด้วยพันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (2J) และพันธุ์สุราษฎร์ธานี 3 (2K) ส่วนตัวอย่างจากพันธุ์ Dami (2O) ต้นที่ 13 จัดอยู่ในกลุ่มที่ 14 ซึ่งจำนวนกลุ่มและพันธุ์ที่แบ่งได้มีค่าเท่ากับผลจากกลุ่มประชากรทั้งหมดจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และภาพที่ 13 แสดงถึงแผนผังความสัมพันธ์ principal coordinate ของกลุ่มตัวอย่าง 45 ตัวอย่างที่ถูกคัดเลือก สามารถแบ่งออกได้ 14 กลุ่ม

ตารางที่ 15 ตัวแทนของกลุ่มหรือพันธุ์จากการวิเคราะห์ข้อมูล core collection จากประชากร
ศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

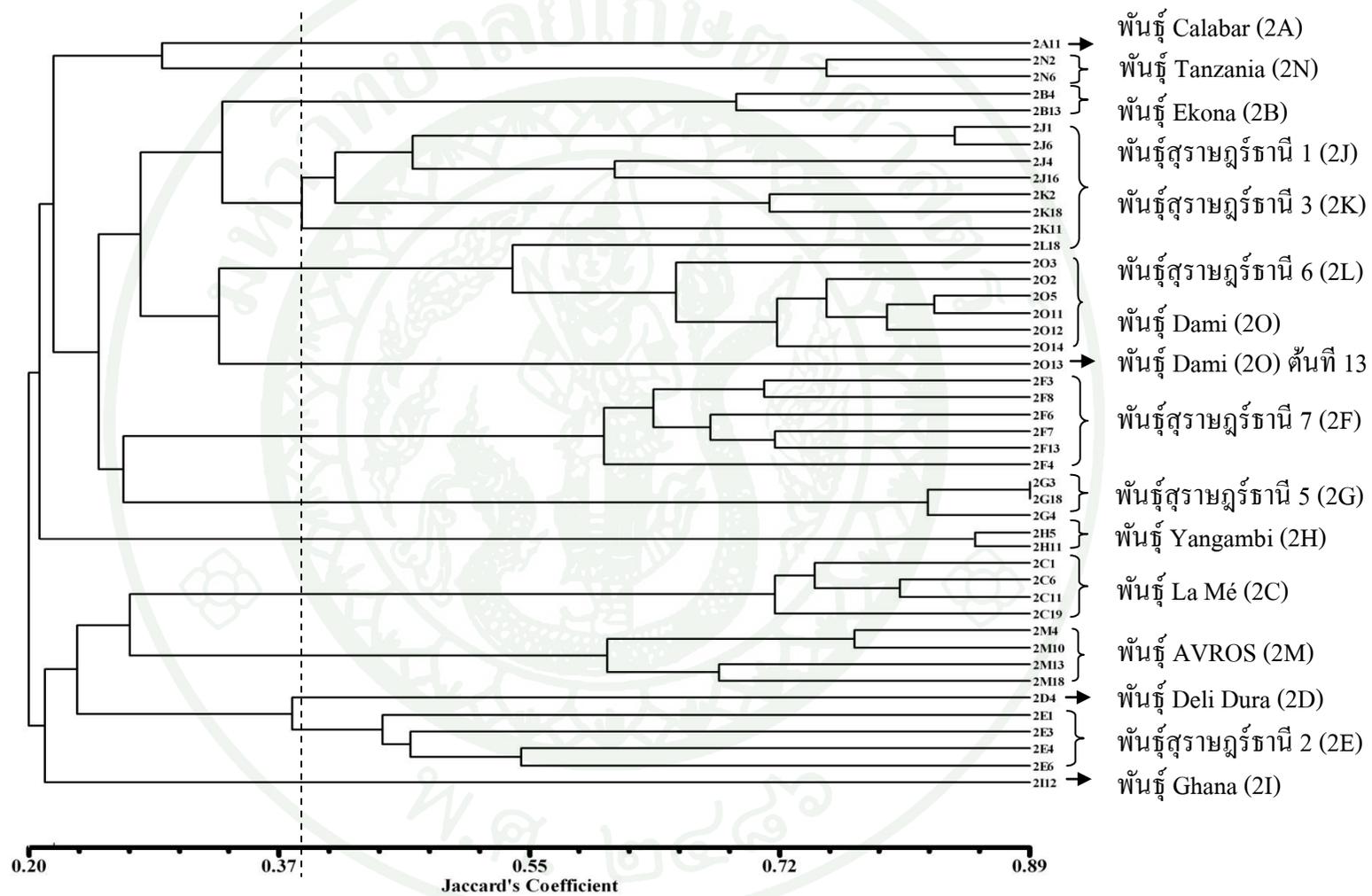
ตัวแทนของกลุ่มหรือพันธุ์ที่ถูกคัดเลือก		ตัวแทนของกลุ่มหรือพันธุ์ที่ถูกคัดเลือก	
1	Calabar ต้นที่ 11 (2A)	24	Ghana ต้นที่ 2 (2I)
2	Ekona ต้นที่ 4 (2B)	25	สุราษฎร์ธานี 1 ต้นที่ 1 (2J)
3	Ekona ต้นที่ 13 (2B)	26	สุราษฎร์ธานี 1 ต้นที่ 4 (2J)
4	La Mè ต้นที่ 1 (2C)	27	สุราษฎร์ธานี 1 ต้นที่ 6 (2J)
5	La Mè ต้นที่ 6 (2C)	28	สุราษฎร์ธานี 1 ต้นที่ 16 (2J)
6	La Mè ต้นที่ 11 (2C)	29	สุราษฎร์ธานี 3 ต้นที่ 2 (2K)
7	La Mè ต้นที่ 19 (2C)	30	สุราษฎร์ธานี 3 ต้นที่ 11 (2K)
8	Deli Dura ต้นที่ 4 (2D)	31	สุราษฎร์ธานี 3 ต้นที่ 18 (2K)
9	สุราษฎร์ธานี 2 ต้นที่ 1 (2E)	32	สุราษฎร์ธานี 6 ต้นที่ 18 (2L)
10	สุราษฎร์ธานี 2 ต้นที่ 3 (2E)	33	AVROS ต้นที่ 4 (2M)
11	สุราษฎร์ธานี 2 ต้นที่ 4 (2E)	34	AVROS ต้นที่ 10 (2M)
12	สุราษฎร์ธานี 2 ต้นที่ 6 (2E)	35	AVROS ต้นที่ 13 (2M)
13	สุราษฎร์ธานี 7 ต้นที่ 3 (2F)	36	AVROS ต้นที่ 18 (2M)
14	สุราษฎร์ธานี 7 ต้นที่ 4 (2F)	37	Tanzania ต้นที่ 16 (2N)
15	สุราษฎร์ธานี 7 ต้นที่ 6 (2F)	38	Tanzania ต้นที่ 3 (2N)
16	สุราษฎร์ธานี 7 ต้นที่ 7 (2F)	39	Dami ต้นที่ 3 (2O)
17	สุราษฎร์ธานี 7 ต้นที่ 8 (2F)	40	Dami ต้นที่ 3 (2O)
18	สุราษฎร์ธานี 7 ต้นที่ 13 (2F)	41	Dami ต้นที่ 5 (2O)
19	สุราษฎร์ธานี 5 ต้นที่ 3 (2G)	42	Dami ต้นที่ 11 (2O)
20	สุราษฎร์ธานี 5 ต้นที่ 4 (2G)	43	Dami ต้นที่ 12 (2O)
21	สุราษฎร์ธานี 5 ต้นที่ 18 (2G)	44	Dami ต้นที่ 13 (2O)
22	Yangambi ต้นที่ 5 (2H)	45	Dami ต้นที่ 14 (2O)
23	Yangambi ต้นที่ 11 (2H)		

ตารางที่ 16 เปรียบเทียบค่าองค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรจาก
กลุ่มประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และกลุ่มตัวอย่างที่ถูก
คัดเลือกด้วยวิธี core collection

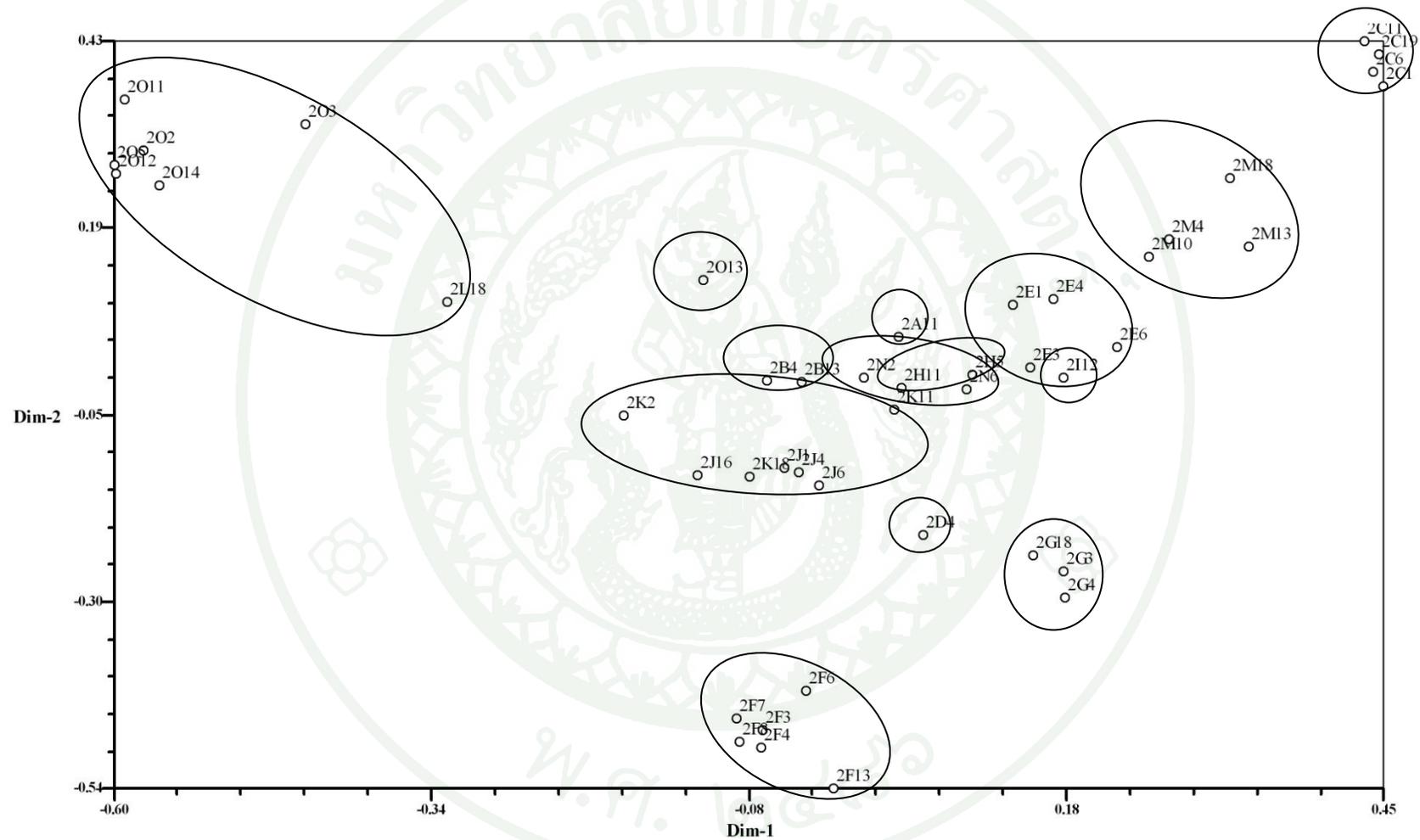
องค์ประกอบความหลากหลายทางพันธุกรรม	ตัวอย่างทั้งหมด	45 ตัวอย่างที่ถูกคัดเลือก
na สูงสุด	3.000	2.857
na ต่ำสุด	1.191	1.143
na เฉลี่ย	1.968	1.714
ne สูงสุด	2.506	2.430
ne ต่ำสุด	1.188	1.143
ne เฉลี่ย	1.681	1.666
<i>h</i>	0.313	0.298
<i>I</i>	0.482	0.458
F_{IT}	0.370	0.369
F_{IS}	-0.404	-0.472
F_{ST}	0.551	0.571
N_m	0.204	0.188

ตารางที่ 17 องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรมของตัวแทนของกลุ่มหรือพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ข้อมูล core collection จากประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

พันธุ์ปาล์ม น้ำมัน	จำนวน ตัวอย่าง	na	ne	<i>h</i>	<i>I</i>	จำนวน	เปอร์เซ็นต์ของ polymorphic (PPL)
						เครื่องหมายที่ polymorphic (NPL)	
แยกแต่ละพันธุ์							
2A	1	1.286	1.286	0.143	0.198	6	28.57
2B	2	1.524	1.473	0.220	0.324	9	42.86
2C	4	1.524	1.443	0.226	0.327	10	47.62
2D	1	1.191	1.191	0.095	0.132	4	19.05
2E	4	2.857	2.430	0.528	0.891	19	90.48
2F	6	2.476	2.134	0.462	0.742	19	90.48
2G	3	1.857	1.748	0.357	0.524	15	71.43
2H	2	1.286	1.210	0.119	0.173	6	28.57
2I	1	1.143	1.143	0.071	0.099	3	14.29
2J	4	2.571	2.210	0.469	0.769	18	85.71
2K	3	2.381	2.062	0.437	0.706	18	85.71
2L	1	1.619	1.619	0.310	0.429	13	61.90
2M	4	2.000	1.865	0.436	0.627	19	90.48
2N	2	1.524	1.410	0.226	0.326	11	52.38
2O	7	2.476	1.777	0.370	0.611	17	80.95
ค่าเฉลี่ย		1.714	1.666	0.298	0.458		64.13



ภาพที่ 12 แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ 45 ตัวอย่างปาล์มน้ำมันที่ถูกคัดเลือกในประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี



ภาพที่ 13 Principal coordinate analysis ของกลุ่มตัวอย่าง 45 ตัวอย่างที่ถูกคัดเลือกจากกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

วิจารณ์ผลการทดลอง

การปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมันในประเทศไทยมีเริ่มตั้งแต่ปี พ.ศ. 2530 ที่ ศูนย์วิจัยปาล์ม น้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี โดยกรมวิชาการเกษตรได้ทำการรวบรวมเชื้อพันธุกรรมจาก บริษัท ASD (Agriculture Service and Development) ประเทศออสเตรเลีย (กรมวิชาการเกษตร, 2547) เข้ามาปลูกทดสอบและสร้างพันธุ์ปาล์มน้ำมันที่เหมาะสมต่อการปลูกในประเทศไทย ทำให้ ศูนย์วิจัยปาล์ม น้ำมันสุราษฎร์ธานีเป็นแหล่งรวบรวมเชื้อพันธุกรรมที่สำคัญและมีความหลากหลาย สูงที่สุดในประเทศไทย โดยพันธุ์ปาล์มน้ำมันที่เกษตรกรนำมาปลูกปัจจุบันมีความหลากหลาย เช่นกัน เช่น พันธุ์ปาล์มน้ำมันที่เป็นพันธุ์แนะนำของกรมวิชาการเกษตรแล้ว ยังมีพันธุ์ที่นำเข้ามา จากต่างประเทศ เช่น พันธุ์ AVROS พันธุ์ Costa Rica พันธุ์ Yangambi และพันธุ์ La Mé เป็นต้น หรือพันธุ์ที่ได้รับการปรับปรุงจากบริษัทภายในประเทศ เช่น พันธุ์ยูนิวานิช และพันธุ์อุติ เป็นต้น ดังนั้น ในการศึกษาครั้งนี้จึงต้องการที่จะทราบถึงความหลากหลายของพันธุ์ปาล์มน้ำมันที่มีอยู่ใน ประเทศไทย โดยเลือกใช้สองประชากรในการทดลอง ได้แก่ ศูนย์วิจัยปาล์ม น้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี โดยอาศัยเครื่องหมายโมเลกุล SSR ในการจำแนก ความหลากหลายของพันธุ์ปาล์มน้ำมัน เนื่องจากเครื่องหมายโมเลกุล SSR อาศัยหลักของการที่มี จำนวนซ้ำกันของเบสในแต่ละสิ่งมีชีวิต อีกทั้งยังสามารถแยกความแตกต่างของ heterozygous ออก จาก homozygous ได้ และทำซ้ำได้ง่ายอีกด้วย

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของเครื่องหมายโมเลกุล SSR ในปาล์มน้ำมัน

เมื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 21 เครื่องหมาย พบค่า PIC สูงที่สุด จากกลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี กลุ่มประชากรศูนย์วิจัยปาล์ม น้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมประชากรจากสองกลุ่มประชากร ที่เกิดจากเครื่องหมาย mEgCIR0521 ซึ่งมีการซ้ำกันของนิวคลีโอไทด์เท่ากับ $(GA)_{19}$ โดยให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยสูงในทุกประชากร คือ 9-14 อัลลีล แต่จำนวนซ้ำของไมโครแซทเทลไลท์ ความยาวของไมโครแซทเทลไลท์ และจำนวน นิวคลีโอไทด์ที่ซ้ำ ไม่มีผลต่อการสร้างอัลลีลจำนวนสูงได้ (Federico *et al.*, 2008) เห็นได้จาก เครื่องหมาย mEgCIR0844 และ mEgCIR3300 ที่มีจำนวนของนิวคลีโอไทด์และจำนวนชุดที่ซ้ำ เหมือนกับ mEgCIR0521 คือ $(GA)_{19}$ แต่ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยและค่า PIC ที่ต่ำในทุกประชากร อาจ เนื่องมาจากความหลากหลายทางพันธุกรรมตรงบริเวณไมโครแซทเทลไลท์ที่แตกต่างกัน สังเกตได้จากลำดับเบสของเครื่องหมายโมเลกุลทั้ง 3 เครื่องหมาย ดังแสดงในตารางที่ 1

และ ค่า PIC เฉลี่ยที่ได้จากกลุ่มประชากรแปลงเกษตร จ.กาญจนบุรี กลุ่มประชากรศูนย์วิจัย ปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมกลุ่มประชากร มีค่าเท่ากับ 0.597, 0.645 และ 0.723 ตามลำดับ ซึ่งถือว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง เมื่อเปรียบเทียบกับค่า PIC = 0.670 ในรายงานของ Putri *et al.* (2010) ที่กล่าวว่า พบความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงในประชากร ปาล์มน้ำมันชนิดฟิลิปปินา ที่เมืองสุมาตรา ประเทศอินโดนีเซีย และใกล้เคียงกับรายงานของ Arabnezhad *et al.* (2012) (PIC = 0.668) และ ของ Soumaya *et al.* (2011) (PIC = 0.700) ที่พบความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงในอินทผลัม

ค่าที่นิยมนำมาใช้ในการหาความหลากหลายอีกค่าหนึ่ง คือ ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีคาดหวัง (H_E) ที่แสดงถึงความแปรปรวนและความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร โดยพบว่า ค่าเฉลี่ยของกลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี กลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมัน สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองประชากร มีค่าเท่ากับ 0.597, 0.693 และ 0.759 ตามลำดับ และค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีสังเกต (H_O) มีค่าเท่ากับ 0.650, 0.422 และ 0.503 ตามลำดับ โดยยังมีค่า H_E สูงหมายถึงมีความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรสูง ซึ่งจะเห็นได้ว่า ในประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองประชากร มีค่า H_E สูงกว่า H_O หมายถึง ตัวอย่างภายในกลุ่มประชากรมาจากการผสมแบบเลือดชิดที่มาจากต้นพ่อแม่ที่เป็นพี่น้องเดียวกัน ทำให้ความหลากหลายภายในกลุ่มตัวอย่างมีค่าต่ำ เช่นเดียวกับรายงานของ Rajesh *et al.*, (2008) ที่พบว่า การผสมแบบเลือดชิดเป็นสาเหตุให้มีค่า H_E สูงกว่า H_O ในประชากร มะพร้าว อีกทั้งค่า H_E ที่ได้จากทั้งสามประชากรยังมีค่าสูงกว่ารายงานอื่นๆ ในพืชตระกูลปาล์ม เช่น ปาล์มน้ำมัน ($H_E = 0.109-0.261$, Hayati *et al.*, 2004) มะพร้าว ($H_E = 0.37-0.58$, Rajesh *et al.*, 2008) *Euterpe edulis* Mart. ($H_E = 0.259-0.284$, Conte *et al.*, 2003) เป็นต้น แต่ในประชากรแปลง เกษตรกร จ.กาญจนบุรี กลับมีค่า H_O สูงกว่า H_E คาดว่าเกิดจากการผสมข้ามพันธุ์ (outcrossing) หรือ ผสมภายในพันธุ์เดียวกัน แต่ต้นที่เป็นพ่อแม่ไม่มีเลือดชิด (inbreeding)

องค์ประกอบของความหลากหลายทางพันธุกรรม

ความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ศึกษาจากกลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี กลุ่มประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองกลุ่มประชากร ต่างมีค่าเฉลี่ยของ h เท่ากับ 0.548, 0.692 และ 0.428 ตามลำดับ และค่า I เท่ากับ 0.989, 1.377 และ 0.715 ตามลำดับ โดยงานวิจัยอื่นๆ มักใช้ 2 ค่านี้ร่วมกับค่า PIC ในการกำหนดความหลากหลายของ ประชากร เช่น การศึกษาในชา โดย Fang *et al.* (2012) และ Yao *et al.* (2012) ในข้าว โดย

Zhang *et al.* (2012) ซึ่งค่าทั้งสองที่วิเคราะห์ได้ในงานวิจัยนี้จัดอยู่ในเกณฑ์สูง แสดงว่า ประชากรทั้งสามกลุ่มมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง

สำหรับค่าสัมประสิทธิ์ความถี่ของเฮเทอโรไซโกตภายในพันธุ์ (F_{IS}) หากมีค่าเป็นลบ หมายถึง ประชากรในงานทดลองนั้นมีสัดส่วนของ heterozygous ในตำแหน่งของยีนหรือเครื่องหมายโมเลกุลที่ศึกษาสูงกว่าสัดส่วนของ homozygous แต่ถ้ามีค่าเป็นบวก แสดงว่าประชากรที่ทดลองมีความเป็น homozygous สูงกว่า heterozygous ซึ่งในงานวิจัยนี้ พบว่า มีค่าเป็นลบในทุกประชากร แสดงว่า ประชากรที่ใช้ในงานทดลองมีความเป็น heterozygous สูง ส่งผลให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง ส่วนค่าสัมประสิทธิ์ความถี่ของเฮเทอโรไซโกตระหว่างพันธุ์ (F_{ST}) พบว่า กลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองกลุ่มประชากร มีค่าค่อนข้างสูง เท่ากับ 0.551 และ 0.437 ตามลำดับ แสดงว่า พันธุ์ปาล์มน้ำมันในสองประชากรนี้ มีความหลากหลายระหว่างกลุ่มตัวอย่างสูง ในขณะที่ประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี มีค่าเพียง 0.156 แสดงว่า พันธุ์ปาล์มน้ำมันในประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี มีความหลากหลายระหว่างพันธุ์ต่ำ ทำให้ค่าการถ่ายเทเคลื่อนย้ายยีน (N_m) มีค่าสูงถึง 1.356 ซึ่งอาจเกิดการแลกเปลี่ยนของดีเอ็นเอระหว่างพันธุ์สูง (Fang *et al.*, 2012) หรือหมายถึง อาจมีการใช้ต้นพ่อและต้นแม่มาจากพันธุ์เดียวกัน แต่อาจไม่ใช่ต้นเดียวกันหรือพี่น้องกัน ซึ่งสอดคล้องกับค่าเปอร์เซ็นต์ความหลากหลาย (PPL) ของประชากรนี้ (ตารางที่ 8) ซึ่งอยู่ในช่วง 90.48%-100% ที่พบว่า ทุกพันธุ์มีความหลากหลายในพันธุ์สูงมาก

การทดสอบระยะห่างทางพันธุกรรม

ผลของการวิเคราะห์ระยะห่างทางพันธุกรรมเพื่อหาความสัมพันธ์ของพันธุ์ปาล์มน้ำมันว่ามี ความใกล้เคียงหรือเหมือนกับพันธุ์ใดในประชากรมากที่สุด จากกลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี พบว่า พันธุ์ Dami (1C) มีระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด คือ 0.054 กับพันธุ์ IOI (1D) แสดงว่า สองพันธุ์นี้มีพันธุกรรมที่เหมือนหรือใกล้เคียงกัน แต่พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I) กับพันธุ์ Papau (1N) มีระยะห่างทางพันธุกรรมหรือมีความแตกต่างทางพันธุกรรมภายในกลุ่มประชากรนี้มากที่สุด (0.547) ในกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี พบว่า พันธุ์ที่มีระยะห่างมากที่สุด (1.708) คือ พันธุ์ Deli Dura (2D) และพันธุ์ Tanzania (2N) อาจเนื่องมาจากแหล่งกำเนิดของทั้งสองพันธุ์มีความแตกต่างกัน นั่นคือ พันธุ์ Deli Dura มาจากการปรับปรุงพันธุ์ในประเทศอินโดนีเซีย ส่วนพันธุ์ Tanzania มาจากการปรับปรุงพันธุ์ที่ประเทศแทนซาเนีย ในทวีปแอฟริกา (ธีระ, 2554) ส่วนพันธุ์ที่มีความใกล้เคียงกันมากที่สุด คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) และพันธุ์ Dami (2O) ซึ่งตรงกับข้อมูลของทางศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมัน

สุราษฎร์ธานี (2555) เนื่องจากพันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 เกิดจากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ Deli Dura และพันธุ์ Dami ส่วนผลของระยะห่างทางพันธุกรรมในกลุ่มประชากรแบบรวมสองกลุ่มประชากร พบว่า พันธุ์ที่เหมือนกันมากที่สุด (0.050) คือ พันธุ์ Costa Rica (1A) และพันธุ์ Dami (1C) อาจเนื่องมาจาก ทั้งสองพันธุ์ได้รับการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ที่ประเทศคอซตาริกา จึงอาจมีการใช้คู่ผสมที่มาจากแหล่งเดียวกันในการสร้างพันธุ์การค้า (Sterling and Alvarado, 2002) ส่วนพันธุ์ Papau (1N) พบว่า มีความต่างจากพันธุ์ Ekona (2B) มากที่สุด (1.974) อาจเป็นเพราะแหล่งกำเนิดของ ปาล์มน้ำมันทั้งสองนี้อยู่ห่างกันมาก ซึ่งพันธุ์ Papau มีแหล่งกำเนิดอยู่ในประเทศปาปัวนิวกินี ทวีปออสเตรเลีย ส่วนพันธุ์ Ekona มีถิ่นกำเนิดอยู่ในประเทศแควเมอรูน ทวีปแอฟริกา (Alvarado *et al.*, 2010)

AMOVA (Analysis of molecular variance)

การวิเคราะห์ด้วย AMOVA เป็นการนำเอาข้อมูลของตำแหน่งการเกิดของอัลลีลมา คำนวณหาความแตกต่างภายในและระหว่างพันธุ์ในกลุ่มประชากร โดยผลของ AMOVA ทั้งสอง กลุ่มประชากรและแบบรวมสองกลุ่มประชากรต่างให้ผลสอดคล้องกับค่าองค์ประกอบทาง พันธุกรรม เช่น กลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี พบความแปรปรวนภายในพันธุ์สูงถึง 75% แต่มีความแปรปรวนระหว่างพันธุ์เท่ากับ 25% ซึ่งให้ผลเช่นเดียวกับ Perera *et al.* (2001) ที่พบ ความแปรปรวนภายในพันธุ์เดียวกันสูงถึง 98.5% ในประชากรมะพร้าว เนื่องจากอาจได้รับการผสม มาจากพ่อแม่พันธุ์เดียวกันแต่ไม่ได้เป็นพี่น้องกัน และรายงานอื่นๆ ที่พบว่าความแปรปรวนในกลุ่ม มากกว่าระหว่างกลุ่มเช่น ทานตะวัน (Garayalde *et al.*, 2011) ข้าวสาลี (Mir *et al.*, 2011) ถั่วลูกไก่ (chickpea) (Saeed *et al.*, 2011) และ *Elaeagnus mollis* (Wang *et al.*, 2011) เป็นต้น แต่ AMOVA ของกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี กลับพบความแปรปรวน ระหว่างพันธุ์สูงกว่าความแปรปรวนภายในพันธุ์ (82% และ 18% ตามลำดับ) เนื่องจากศูนย์วิจัย ปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี เป็นแหล่งรวบรวมเชื้อพันธุกรรมที่มีความแตกต่างกันสูง นำเข้ามาจากบริษัทต่างประเทศในปีพ.ศ. 2533 (กรมวิชาการเกษตร, 2550) ทำให้มีความแปรปรวน ระหว่างพันธุ์สูง เช่นเดียวกับผลของการรวมสองกลุ่มประชากรที่ให้ค่าความแปรปรวนระหว่าง พันธุ์สูงเท่ากับ 70% และความแปรปรวนภายในพันธุ์เท่ากับ 30% ที่ให้ผลเหมือนกับรายงานของ เซอร์รี่ (Abedian *et al.*, 2012) และ *Sinocalycanthus chinensis* (Li *et al.*, 2012) ที่พบความ แปรปรวนระหว่างพันธุ์มากกว่าภายในพันธุ์

แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม การวิเคราะห์ PCoA และการใช้โปรแกรม Structure

การจัดกลุ่ม โดยการสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (UPGMA) ที่อาศัยค่าของความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมในการจัดกลุ่มประชากร และการวิเคราะห์ principal coordinate ที่ช่วยลดการซ้ำซ้อนของข้อมูลที่มีจำนวนมาก เพื่อให้เข้าใจความสัมพันธ์ได้ดียิ่งขึ้น โดยรายงานของ Sousa *et al.* (2011) และ Naghavi *et al.* (2011) กล่าวว่า แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม การวิเคราะห์ PCoA และการใช้โปรแกรม Structure มักให้ผลสอดคล้องกัน ซึ่งจากงานวิจัยนี้ก็แสดงผลที่สอดคล้องกันจากการจัดกลุ่มทั้งสองกลุ่มประชากร และแบบรวมสองกลุ่มประชากร

ในกลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี แบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม จะเห็นได้จากภาพ แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในประชากรนี้ (ภาพที่ 3) ทั้งๆ ที่เป็นพันธุกรรมค่าพันธุกรรมเดียวกัน แต่บางตัวอย่างกลับมีความคล้ายคลึงสูงกับอีกตัวอย่างที่เป็นคนละพันธุ์ ซึ่งให้ผลตรงข้ามกับสมมติฐานที่ว่า ตัวอย่างจากพันธุ์เดียวกันควรจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน จึงอาจเป็นไปได้ที่พันธุกรรมค่าที่ อยู่ภายในแปลงมีการสลับสับเปลี่ยนต้นในขั้นตอนการย้ายปลูก เนื่องจากนำมาลงปลูกภายในแปลง พร้อมๆ กันทุกพันธุ์ หรือเป็นต้นปาล์มน้ำมันที่เก็บมาจากใต้ต้นปาล์มน้ำมันที่เป็นพันธุกรรมค่า เนื่องจากมีค่าความหลากหลายภายในพันธุ์สูง และสังเกตจากค่า F_{ST} จากตารางที่ 8 ที่มีค่าต่ำ เพราะส่วนใหญ่พันธุกรรมค่าของพืชชนิดต่างๆ มักจะมีความหลากหลายภายในพันธุ์ต่ำหรือมีความแปรปรวนภายในต่ำ อันเนื่องมาจากการคัดเลือกและการปรับปรุงพันธุ์ (Emadpour *et al.*, 2009; McGrath *et al.*, 1999) เพื่อให้สามารถแสดงออกในลักษณะต่างๆ ได้สม่ำเสมอเหมือนกันทุกต้น ที่มาจากพันธุ์เดียวกัน

ส่วนในกลุ่มประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี แบ่งได้เป็น 14 กลุ่ม (ภาพที่ 4) พบว่า มีตัวอย่างจากพันธุ์ Dami ต้นที่ 13 แยกออกมาจากกลุ่มพันธุ์ Dami เดียวกัน และถูกจัดอยู่คนละกลุ่ม อาจเป็นลูกผสมจากคนละต้นในพันธุ์เดียวกัน จึงทำให้ดีเอ็นเอมีความแตกต่างไปจากตัวอย่างที่อยู่ในพันธุ์เดียวกัน และแบบรวมสองกลุ่มประชากร สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม (ภาพที่ 5) แยกระหว่างกลุ่มประชากรพันธุกรรมค่าจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี กับกลุ่มประชากรเชื้อพันธุกรรมจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี อย่างชัดเจน

Core collection

เป็นการคัดเลือกตัวแทนของกลุ่มที่มีประสิทธิภาพ ทำให้ขนาดของตัวอย่างของประชากร เล็กลง และมีอัตราที่ครอบคลุมหรือใกล้เคียงกับประชากรทั้งหมด ซึ่งเป็นประโยชน์ต่อการคำนวณ และการเก็บข้อมูล เพราะการเก็บข้อมูลทุกตัวอย่างภายในพื้นที่ ทำให้เสียเวลาและต้องจัดการกับ ข้อมูลจำนวนมาก โดยจะลดข้อมูลที่เหลือเพียง 5-20% จากตัวอย่างทั้งหมด (van Hintum *et al.*, 2000) อีกทั้ง Langarica *et al.* (2011) ยังกล่าวว่า หากมีความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในพื้นที่ สูง จะทำให้การคัดเลือกตัวอย่างเพื่อเป็นตัวแทนของแต่ละพื้นที่เป็นไปได้ยาก ซึ่งในงานวิจัยนี้ พบว่า ประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี มีความเหมาะสมมากที่สุด เนื่องจากมีความแปรปรวนภายในพื้นที่ต่ำ และมีความแตกต่างระหว่างพื้นที่สูง จึงได้นำมาคำนวณ เพื่อคัดเลือกตัวแทนของกลุ่มที่มีประสิทธิภาพได้ 45 ตัวอย่าง จาก 280 ตัวอย่าง คิดเป็น 16.07% อีกทั้งค่าองค์ประกอบทางพันธุกรรมต่างๆ ของกลุ่มคัดเลือกมีค่าใกล้เคียงกับกลุ่มตัวอย่างทั้งหมด ในกลุ่มประชากร แสดงว่า ตัวอย่างที่คัดเลือกจากแต่ละพื้นที่มีประสิทธิภาพที่จะเป็นตัวแทนกลุ่ม ในการคำนวณหรือการเก็บข้อมูลค่าอื่นๆ และเมื่อนำมาสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม สามารถแบ่งกลุ่มได้เหมือนกับผลจากกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดในประชากรของศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมัน สุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และค่าองค์ประกอบทางพันธุกรรมของกลุ่มตัวอย่างที่คัดเลือกจาก ประชากร จ.สุราษฎร์ธานี มีค่าใกล้เคียงหรือสูงกว่าค่าองค์ประกอบทางพันธุกรรมของประชากร ทั้งหมด ซึ่งผลที่ได้สอดคล้องกับรายงานของ Zhang *et al.* (2011) Moe *et al.* (2012) และ Haouane *et al.* (2011)

สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

สรุปผลการทดลอง

ผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมพันธุ์ปาล์มน้ำมันจากกลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี กลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองกลุ่มประชากร ด้วยเครื่องหมายโมเลกุล SSR สามารถสรุปได้ดังนี้

1. พันธุกรรมของพันธุ์ปาล์มน้ำมันในทั้งสองประชากร และแบบรวมสองกลุ่มประชากร มีความหลากหลายสูง เพราะมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อเครื่องหมายเท่ากับ 3.435, 1.968 และ 2.683 ตามลำดับ ค่า PIC เท่ากับ 0.597, 0.645 และ 0.723 ตามลำดับ และค่า H_e เท่ากับ 0.650, 0.693 และ 0.759 ตามลำดับ

2. ค่าเฉลี่ยของ h (0.548, 0.313 และ 0.428 ตามลำดับ) และ I (0.989, 0.482 และ 0.715 ตามลำดับ) จากแต่ละกลุ่มประชากรและแบบรวมสองกลุ่มประชากร จัดอยู่ในเกณฑ์สูง หมายถึง มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง และค่าสัมประสิทธิ์ความถี่ของเฮเทอโรไซโกตในพันธุ์ (F_{IS}) มีค่าเป็นลบ แสดงว่า ความหลากหลายทางพันธุกรรมมีส่วนของ heterozygous มากกว่าสัดส่วนของ homozygous ส่วนค่าสัมประสิทธิ์ความถี่ของเฮเทอโรไซโกตระหว่างพันธุ์ (F_{ST}) พบว่า ประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี มีความหลากหลายระหว่างพันธุ์ต่ำ (0.156) ตรงข้ามกับ ประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองกลุ่มประชากร ที่มีความหลากหลายระหว่างพันธุ์สูงเท่ากับ 0.551 และ 0.437 ตามลำดับ สอดคล้องกับร้อยละของความหลากหลายภายในพันธุ์ที่จากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมสองกลุ่มประชากรที่มีโอกาสที่จะเกิดความหลากหลายเท่ากับ 19.05%-90.48% และ 19.05%-100% ตามลำดับ ในขณะที่ประชากรจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี มีโอกาสเกิดความหลากหลายสูงเท่ากับ 90.48%-100%

3. พันธุ์ Dami (1C) มีระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด คือ 0.054 กับพันธุ์ IOI (1D) ส่วนพันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I) กับพันธุ์ Papau (1N) มีระยะห่างทางพันธุกรรมมากที่สุด (0.547) ในกลุ่มประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี ส่วนกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี พบว่า พันธุ์ที่มีระยะห่างมากที่สุด (1.708) คือ พันธุ์ Deli Dura (2D) กับพันธุ์ Tanzania (2N) และพันธุ์ที่มีความใกล้เคียงกันมากที่สุด คือ พันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) กับพันธุ์ Dami

(20) ส่วนผลของระยะห่างทางพันธุกรรมในกลุ่มประชากรแบบรวมสองกลุ่มประชากร พบว่า พันธุ์ที่เหมือนกันมากที่สุด (0.050) คือ พันธุ์ Costa Rica (1A) กับพันธุ์ Dami (1C) และพันธุ์ Papau (1N) มีความต่างจากพันธุ์ Ekona (2B) มากที่สุด (1.974)

4. ผลจากวิเคราะห์ความแปรปรวนทั้งสองประชากร และการวิเคราะห์รวมสองกลุ่มประชากร พบว่า แปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี มีความหลากหลายภายในพันธุ์สูงถึง 75% แต่ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี และแบบรวมกลุ่มสองประชากร กลับพบความแปรปรวนระหว่างพันธุ์สูงกว่าความแปรปรวนภายในพันธุ์ (82% และ 70% ตามลำดับ)

5. แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการวิเคราะห์ PCoA ให้ผลสอดคล้องกัน คือ ประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี สามารถแบ่งได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ๆ คือ ในกลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์การค้า พันธุ์ Costa Rica (1A), พันธุ์ Costa Rica (1B), พันธุ์ Dami (1C), พันธุ์ IOI (1D), พันธุ์อุติ (1E), พันธุ์ Costa Rica (1F), พันธุ์ Papau (1L), พันธุ์ AVROS (1M) และพันธุ์ Papau (1N) และกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยปาล์มน้ำมันพันธุ์ Dami (1G), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (1H), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (1I), พันธุ์ยูนิวานิช (1J) และพันธุ์ยูนิวานิช (1K) ส่วนประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี สามารถแบ่งเป็น 14 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 ถึง 11 แบ่งเป็นแต่ละพันธุ์ปาล์มน้ำมันต่อกลุ่ม ได้แก่ พันธุ์ Calabar (2A), พันธุ์ Ekona (2B), พันธุ์ La Mé (2C), พันธุ์ Deli Dura (2D), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 2 (2E), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 7 (2F), พันธุ์สุราษฎร์ธานี 5 (2G), พันธุ์ Yangambi (2H), พันธุ์ Ghana (2I), พันธุ์ AVROS (2M) และพันธุ์ Tanzania (2N) ส่วนพันธุ์สุราษฎร์ธานี 1 (2J) และพันธุ์สุราษฎร์ธานี 3 (2K) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 12 ส่วนพันธุ์สุราษฎร์ธานี 6 (2L) กับ พันธุ์ Dami (2O) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 13 และกลุ่มที่ 14 คือ ตัวอย่างจากปาล์มน้ำมันพันธุ์ Dami ต้นที่ 13 เพียงตัวอย่างเดียวต่อกลุ่ม และเมื่อนำข้อมูล SSR ของประชากรทั้งสองกลุ่มมาวิเคราะห์พร้อมกัน พบว่า สามารถแบ่งแยกออกได้อย่างชัดเจน ประกอบด้วย กลุ่มที่ 1 กลุ่มพันธุ์การค้าของปาล์มน้ำมันที่ได้มาจากแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และกลุ่มที่ 2 คือกลุ่มประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

6. การคำนวณเพื่อหา core collection โดยใช้พันธุ์ปาล์มน้ำมันจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี สามารถเลือกตัวอย่างเพื่อไปเป็นตัวแทนกลุ่มที่มีประสิทธิภาพ เท่ากับ 45 ตัวอย่าง จากทั้งหมด 280 ตัวอย่าง คิดเป็น 16.07% และยังให้ค่าองค์ประกอบของพันธุกรรมใกล้เคียงกับประชากรเดิมก่อนคัดเลือก เช่น ค่าเฉลี่ยของ na , ne , h และ I เป็นต้น

ข้อเสนอแนะ

ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมจากทั้งสองประชากร และแบบรวมสองกลุ่ม ประชากร พบว่า เมื่อเทียบกับรายงานการศึกษาที่คล้ายกัน ในต่างประเทศ แสดงว่า ประชากรปาล์ม น้ำมันที่มีอยู่ในศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานีมีความแปรปรวนพอที่ใช้ใน โครงการปรับปรุง พันธุ์ของทางราชการต่อไปได้ ส่วนในภาคเอกชน ตัวอย่างแปลงทดลองของเกษตรกรใน จ.กาญจนบุรี แสดงให้เห็นว่า มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูงเช่นกัน แต่ถ้านักปรับปรุงพันธุ์ ต้องการที่จะให้มีความหลากหลายในประชากรเพิ่มขึ้นอีก ก็ควรรวบรวมตัวอย่างพันธุ์ปาล์ม น้ำมัน จากแหล่งอื่นๆ มาศึกษาความแปรปรวน โดยใช้จำนวนเครื่องหมายโมเลกุลเพิ่มขึ้นอีก และควรมี การเก็บข้อมูลลักษณะทางพีชไรซ์ของปาล์ม น้ำมัน โดยเฉพาะผลผลิต องค์กรประกอบผลผลิตของ ทะลายปาล์ม น้ำมัน และลักษณะเด่นกับลักษณะด้อยที่เห็นได้อย่างชัดเจน เช่น ความต้านทานโรค จำนวนทะลาย น้ำหนักทะลาย เปอร์เซ็นต์เนื้อผลต่อทะลาย และเปอร์เซ็นต์น้ำมันต่อทะลาย เป็นต้น เพื่อช่วยในการจัดกลุ่มพันธุกรรมได้ดียิ่งขึ้น

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

ศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี. 2555. สายพันธุ์ปาล์มน้ำมัน. แหล่งที่มา: <http://it.doa.go.th/palm/breed.html>, 15 มีนาคม 2555.

กรมวิชาการเกษตร. 2550. เทคนิคการปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมัน. โรงพิมพ์ดอกเบี๋ย, กรุงเทพฯ.

_____. 2547. ปาล์มน้ำมัน. โรงพิมพ์ดอกเบี๋ย, กรุงเทพฯ.

ธีระ เอกสมทราเมษฐ์. 2554. การปรับปรุงพันธุ์ปาล์มน้ำมัน. โอ เอส พรินติ้ง เฮาส์, กรุงเทพฯ

_____, ชัยรัตน์ นิลนนท์, ธีระพงศ์ จันทนิยม, ประกิจ ทองคำ และ วรณา เลี้ยววาริณ.

2546. คู่มือปาล์มน้ำมันและการจัดการสวน. คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์, สงขลา.

สมชัย จันท์สว่าง และ พิระศักดิ์ ศรีนิเวศน์. 2546. พันธุศาสตร์ประชากร. สำนักพิมพ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ

สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2545. จีโนมและเครื่องหมายดีเอ็นเอ. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

สำนักงานเศรษฐกิจ. 2555. การผลิตสินค้า การเกษตรที่สำคัญ. แหล่งที่มา: <http://www.oae.go.th/download/Palm11.xls>, 15 มีนาคม 2555.

อรรถัน มงคลพร. 2548. เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช. ภาควิชาพืชสวน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน, นครปฐม.

Abedian, M., M. Talaebi, H.R. Golmohammdi and B.E. Sayed-Tabatabaei. 2011. Genetic diversity and population structure of mahaleb cherry (*Prunus mahaleb* L.) and sweet cherry (*Prunus avium* L.) using SRAP markers. **Biochem. Sys. Ecol.** 40: 112-117.

- Allendorf, F.W. 1986. Genetic drift and the loss of alleles versus heterozygosity. **Zoo Biol.** 5: 181-190.
- Alvarado, A. and F. Sterling. 2005. Stress tolerant oil palm varieties. **ASD Oil Palm Papers** 28: 5-20.
- _____, R. Escobar and F. Peralta. 2010. ASD's oil palm breeding program and its contribution to the oil palm industry. **ASD Oil Palm Papers** 34: 1-32.
- Arabnezhad, H., M. Bahar, H.R. Mohammadi and M. Latifian. 2012. Development, characterization and use of microsatellite markers for germplasm analysis in date palm (*Phoenix dactylifera* L.). **Sci. Horti.** 134: 150-156.
- Arasu, N.T. 1966. Botanical description of the oil palm, pp. 10-20. *In* M.B. Jamil, ed. **The Oil Palm in Malaya.** Ministry of Agriculture and Co-operatives, Malaysia.
- Barison, Y. 2007. Palm oil production through sustainable plantations. **Eur. J. Lipid Sci. Technol.** 109: 289-295.
- Billotte, N., A.M. Risterucci, E. Barcelos, J.L. Noyer, P. Amblard and F.C. Baurens. 2001. Development, characterization, and across-taxa utility of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) microsatellite markers. **Genome** 44: 413-425.
- _____, N. Marseillac, A.M. Risterucci, B. Adon, P. Brottier, F.C. Baurens, R. Sigh, A. Herrán, H. Asmady, C. Billot, P. Amblard, T. Durand-Gasselín, B. Courtis, D. Asmono, S.C. Cheah, W. Rohde, E. Ritter and A. Charrier. 2005. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). **Theor. Appl. Genet.** 110: 754-765.

- Bostein, D., R.L. White, M. Scholnick and R.W. David. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **Am. J. Hum. Genet.** 32: 314-331.
- Chakravarthi, B.K. and R. Naravaneni. 2006. SSR marker based DNA fingerprinting and diversity study in rice (*Oryza sativa*, L.). **Afr. J. Biotechnol.** 5(9): 684-688.
- Chen, X., Y.G. Cho and S.R. McCouch. 2002. Sequence divergence of rice microsatellite in *Oryza* and other plant species. **Mol. Genet. Genomics** 268: 331-343.
- Cochard, B., B. Adon, S. Rekima, N. Billote, R.D. de Chenon, A. Koutou, B. Nouy, A. Omoré, A.R. Purba, J.C. Glazsmann and J.L. Noyer. 2009. Geographic and genetic structure of African oil palm diversity suggests new approaches to breeding. **Tree Genet. Genomes** 5(3): 493-504.
- Conte, R., R.O. Nodari, R. Vencovsky and M.S. Reis. 2003. Genetic diversity and recruitment of the tropical palm, *Euterpe edulis* Mart., in a natural population from the Brazilian Atlantic Forest. **Heredity** 91: 401-406.
- Corley, R.H.V. and P.B. Tinker. 2003. **The Oil Palm**. 4th ed. Blackwell Publisher, Iowa.
- Dalirsefat, S.B., A.S. Meyer and S.Z. Mirhoseini. 2009. Comparison of similarity coefficients used for cluster analysis with amplified fragment length polymorphism markers in the silkworm. **J. Insect Sci.** 9(71): 1-8.
- Dice, L.R. 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. **Ecology** 26: 297-302.
- Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus** 12:13-15.

- Edson, B., P. Amblard, J. Berthaud and M. Seguin. 2002. Genetic diversity and relationship in American and African oil palm as revealed by RFLP and AFLP molecular marker. **Pesq. Agropec. Bras.** 37(8): 1105-1114.
- Eisen, M.B., P.T. Spellman, P.O. Brown and D. Botstein. 1998. Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns. **Proc. Natl. Acad. Sci.** 95: 14863-14868.
- Emadpour, M., R. Hosseini and E. Beiramizadeh. 2009. A high genetic diversity revealed between commercial rose cultivars by RAPD-PCR technique. **Int. J. Plant Prod.** 3(4): 61-66.
- Excoffier, L., P.E. Smouse and J.M. Quattro. 1992. Analysis of molecular variance interfered from metric distance among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics** 131: 479-491.
- Fang, W., H. Cheng, Y. Duan, X. Jiang and X. Li. 2012. Genetic diversity and relationship of clonal tea (*Camellia sinensis*) cultivars in China as revealed by SSR markers. **Plant Syst. Evol.** 298: 469-483.
- Farris, J.S. 1969. On the cophenetic correlation coefficient. **Syst. Biol.** 18(3): 279-285.
- Federico, L.I.L., A.V. Voort and T.C. Osborn. 2008. Development of a set of public SSR marker derived from genomic sequence of a rapid cycling *Brassica oleracea* L. genotype. **Theor. Appl. Genet.** 117: 977-985.
- Frankham, R., J.D. Ballou and D.A. Briscoe. 2002. **Introduction to Conservation Genetics.** Cambridge University.

- Food and Agriculture Organization and United Nations Development Program. 2001. Oil palm R&D: Malaysia, pp. 88-97. In J. Ohiorhenuan, ed. **Sharing Innovative Experience 5: Example of Successful Initiatives in Agriculture and Rural Development in the South**. Rome, Italy.
- Garayalde, A.F., M. Poverene, M. Cantamutto and A.D. Carrera. 2011. Wild sunflower diversity in Argentina revealed by ISSR and SSR markers: an approach for conservation and breeding programmes. **Ann. Appl. Biol.** 158: 305-317.
- Grower, J.C. 1971. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics** 27(4): 857-871.
- Gui, M.M., K.T. Lee and S. Bhatia. 2008. Feasibility of edible oil vs. non-edible oil vs. waste edible oil as biodiesel feedstock. **Energy** 33(11): 1646-1653.
- Hair, J.R., R.E. Anderson, R.L. Tatham, and W.C. Black. 1995. **Multivariate Data Analysis with Readings**. 4th ed. Prentice Hall College, New Jersey.
- Haouane, H., A.E. Bakkali, A. Moukhli, C. Tollon, S. Santoni, A. Oukabli, C.E. Modafar and B. Khadari. 2011. Genetic structure and core collection of the World Olive Germplasm Bank of Marrakech: towards the optimized management and use of Mediterranean olive genetic resource. **Genetica** 139: 1083-1094.
- Hartley, C.W.S. 1988. **The Oil Palm**. 3rd ed. Longman, London.
- Hayati, A., R. Wickneswari, I. Maizura and N. Rajanaidu. 2004. Genetic diversity of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) germplasm collections from Africa: implications for improvement and conservation of genetic resources. **Theor. Appl. Genet.** 108: 1274-1284.

- Jaccard, P. 1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bull. Soc. Vaudoise. Sci. Nat.** 44: 223-270.
- Jalani, B.S., A. Kushairi and S.C. Cheah. 2003. Oil Palm and Coconut, pp. 960-969. *In* B. Thomas, D.J. Murphy and B.G. Murray, eds. **Encyclopedia of Applied Plant Sciences.** Elsevier Academic Press, United Kingdom.
- Jourdan, C., N. Michaux-Ferrière and G. Perbal. 2000. Root system architecture and gravitropism in the oil palm. **Ann. Bot.** 85: 861-868.
- Johnson, R.W. 2001. An introduction to the bootstrap. **Teaching Statistics** 23(2): 49-54.
- Kalinowski, S.T. 2002. How many alleles per locus should be used to estimate genetic distance?. **Heredity** 88: 62-65.
- Kim, K.W., H.K. Chung, G.T. Cho, K.H. Ma, D. Chandrabalan, J.G. Gwag, T.S. Kim, E.G. Cho and Y.J. Park. 2007. PowerCore: a program applying the advanced M strategy with a heuristic search for establishing allele mining sets. **Bioinformatics** 23: 2155-2162.
- Kimura, M. and J.F. Crow. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. **Genetics** 49: 725-738.
- Langarica, H.R.G., J.S.M. Martinez, M.L.P.V. Vázquez, R.R. Serna and N.M. Pérez. 2011. Genetic diversity analysis of common beans based on molecular markers. **Genet. Mol. Biol.** 34(4): 595-605.
- Legros, S., I. Mialet-Serra, J.P. Caliman, F.A. Siregar, A. Clement-Vidal, D. Fabre and M. Dingkuhn. 2009. Phenology, growth and physiological adjustments of oil palm (*Elaeis guineensis*) to sink limitation induced by fruit pruning. **Ann. Bot.** 104: 1183-1194.

- Li, J., Z. Jin and T. Tan. 2012. Genetic diversity and differentiation of *Sinocalycanthus chinensis* populations revealed by chloroplast microsatellite (cpSSRs) markers. **Biochem. Sys. Ecol.** 41: 48-54.
- Li, W., D.F. Zhang, Y.M. Wei, Z.H. Yan and Y.L. Zheng. 2006. Genetic diversity of *Triticum turgidum* L. based on microsatellite markers. **Russian J. Genet.** 42(3): 311-316.
- Lietz, G. and C.J.K. Henry. 1997. A modified method to minimize losses of carotenoids and tocopherols during HPLC. **Food Chem.** 60(1): 109-117.
- Lipscomb, D. 1998. **Basic of Cladistics Analysis.** George Washington University, Washington D.C.
- Liu, K. and S.V. Muse. 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. **Bioinformatics** 21: 2128-2129.
- Maizura, I., N. Rajanaidu, A.H. Zakri and S.C. Cheah. 2006. Assessment of genetic diversity in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) using restriction fragment length polymorphism (RFLP). **Genet. Resour. Crop. Evol.** 53(1): 187-195.
- Manorama, R. and C. Rukmini. 1991. Nutrition evaluation of crude palm oil in rats. **Am. J. Clin. Nutr.** 53(4): 1031-1033.
- McDermott, J.M. and B.A. McDonald. 1993. Gene flow in plant pathosystem. **Annu. Rev. Phytopathol.** 31: 353-373.
- McGrath, J.M., C.A. Derrico and Y. Yu. 1999. Genetic diversity in selected, historical US sugarbeet germplasm and *Beta vulgaris* ssp. *maritime*. **Theor. Appl. Genet.** 98: 968-976.

- Mir, R.R., J. Kumar, H.S. Balyan and P.K. Gupta. 2011. A study of genetic diversity among Indian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars released during last 100 years. **Genet. Resour. Crop Evol.** 59(5): 717-726.
- Moe, K.T., J.G. Gwag and Y.J. Park. 2012. Efficiency of POWERCORE in core set development using amplified fragment length polymorphic markers in mungbean. **Plant Breed.** 131: 110-117.
- Mohammadi, S.A. and B.M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. **Crop Sci. Soc. Am. J.** 43: 1235-1248.
- Moretzsohn, M.C., M.A. Ferreira, Z.P.S. Amaral, P.J.A. Coelho, D. Grattapaglia and M.E. Ferreira. 2002. Genetic diversity of Brazilian oil palm (*Elaeis oleifera* H.B.K.) germplasm collected in the Amazon Forest. **Euphytica** 124: 35-45.
- Naghavi, M.R., A. Ebrahim, M. Sabokdast and M. Mardi. 2011. Assessment of genetic variation among five *Hordeum* species from Iran. **Cereal Res. Comm.** 39(4): 487-496.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proc. Natl. Acad. Sci.** 70(12): 3321-3323.
- _____. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics** 89: 583-590.
- _____. and W. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proc. Natl. Acad. Sci.** 76(10): 5269-5273.
- Noël, K.K.J., K.K.J. Louïs, K.K. Edmond, P. Lebrun and S. Abdourahamane. 2007. Coconut microsatellite gene diversity analysis technology transfer to Côte D'ivoire. **Biotechnol.** 6(3): 383-388.

- Peakall, R. and P.E. Smouse. 2006. GenAlEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Mol. Ecol. Notes** 6: 288-295.
- Perera, L., J.R. Russell, J. Provan and W. Powell. 2001. Levels and distribution of genetic diversity of coconut (*Cocos nucifera* L., var *Typica* form *typica*) from Sri Lanka assessed by microsatellite markers. **Euphytica** 122: 381-389.
- Ponsuksili, S., K. Wimmers, P. Horst and K. Schellander. 1999. Comparison of multilocus DNA fingerprints and microsatellite in an estimate of genetic distance in chicken. **J. Hered.** 90(6): 656-695.
- Powell, W., G.C. Machray and J. Provan. 1996. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. **Trends Plant Sci.** 1(7): 215-222.
- Prabhakaran, N.K.P. 2010. **The Agronomy and Economy of Important Tree Crops of the Developing World.** Elsevier, London.
- Pritchard, J.K., M. Stephen and P. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics** 155: 9197-9201.
- Putri, L.A.P., R. Rivallan, Z. Zullhermana, Y. Puspitanigrum, S. Sudarsono, X. Perrier, D. Asmono and N. Billotte. 2010. Allelic diversity of 22 Sampoerna agro's oil palm pisifera based on microsatellite markers, pp. 1-9. *In* **International Oil Palm Conference (IOPC)**. 1-3 June 2010. Jogyakarta, Indonesia.
- Rajesh, M.K., V. Arunachalam, P. Nagarajan, P. Lebrun, K. Samsudeen and C. Thamban. 2008. Genetic survey of 10 Indian coconut landraces by simple sequence repeats (SSRs). **Sci. Hort.** 118: 282-287.
- Rohlf, F.J. 1998. On applications of geometric morphometrics to studies of ontology and phylogeny. **Syst. Biol.** 47: 147-158.

- _____. and R.R. Sokal. 1981. Comparing numerical taxonomic studies. **Syst. Zool.** 30: 459-490.
- Rosenquist, E.A. 1985. The genetic base of oil palm breeding populations, pp. 27-56. *In* S.A. Chin, N. Rajanaidu and M.N.H. Basri, eds. **Proceeding of International Workshop on Oil Palm Germplasm and Utilization.** Palm Oil Research Institute of Malaysia, Malaysia.
- _____. 1992. Some ancestral palms and their descendants, pp. 8-36. *In* N. Rajanaidu and B.S. Jalani, eds. **Proceeding of the Symposium on the Science of Oil Palm Breeding.** Palm Oil Research Institute of Malaysia, Malaysia.
- Saeed, A., H. Hovsepyan, R. Darvishzadeh, M. Imtiaz, S.K. Panguluri and R. Nazaryan. 2011. Genetic diversity of Iranian accessions, improved lines of chickpea (*Cicer arietinum L.*) and their wild relatives by using simple sequence repeats. **Plant Mol. Biol. Rep.** 29: 848-858.
- Saiki, R.K., D.H. Gelfand, S. Stoffel, S.J. Scharf, R. Higuchi, G.T. Horn, K.B. Mullis and H.A. Erlich. 1998. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. **Science** 239: 487-491.
- Sambanthamurthi, S., R. Singh, A.P.G. Kadir, M.O. Abdullah and A. Kushairi. 2009. Opportunity for the oil palm via breeding and biotechnology, pp. 377-421. *In* S.M. Jain and P.M. Priyadarshan, eds. **Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species.** Springer Science+Business Media, New York.
- Sambrook, J. and D.W. Russell. 2001. **Molecular Cloning a Laboratory Manual.** 3rd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.

- Sangiri C, A. Kaga, N. Tomooka, D. Vaughan and P. Srinives. 2007. Genetic diversity of the mungbean (*Vigna radiata*, Leguminosae) gene pool on the basis of microsatellite analysis. **Aust. J. Bot.** 55(8): 837-847.
- Schoen, D.J. and A.H.D. Brown. 1993. Conservation of allelic richness in wild crop relatives is aided by assessment of genetic markers. **Proc. Natl. Acad. Sci.** 90: 10623-10627.
- Singh, R., N.M. Zaki, N.C. Ting, R. Rosil, S.G. Tan, E.T.L. Low, M. Ithnin and S.C. Cheah. 2008. Exploiting an oil palm EST database for the development of gene-derived SSR marker and their exploitation for assessment of gene diversity. **Biologia** 63(2): 227-235.
- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. **The Principles and Practice of Numerical Classification.** Freeman, San Francisco.
- Sokal, R.R. and C.D. Michener. 1958. A statistic method for evaluating systematic relationship. **Univ. of Kansas Sci. Bul.** 28: 1409-1438.
- Song, G.Q., M.J. Li, H. Xiao, X.J. Wang, R.H. Tang, H. Xia, C.Z. Zhao and Y.P. Bi. 2010. EST sequencing and SSR marker development from cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Electron. J. Biotechnol.** 13(3): 1-9.
- Soumaya, R.C., B. Ghada, D.D. Sonia, Z.A. Salwa and T. Mokhtar. 2011. Molecular research on the genetic diversity of Tunisian date palm (*Phoenix dactylifera* L.) using the random amplified microsatellite polymorphism (RAMPO) and amplified fragment length polymorphism (AFLP) methods. **J. Biotechnol.** 10(51): 10352-10365.
- Sousa, A.C.B., M.A. Carvalho, T. Campos, D.A. Sforça, M.I. Zucchi, L. Jank and A.P. Souza. 2011. Molecular diversity, genetic structure and mating system of *Calopogonium nucunoides* Desv. **Genet. Resour. Crop Evol.** DOI 10.1007/s10722-011-9773-7.

- Southern, E.M. 1975. Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. **J. Mol. Biol.** 98: 503-517.
- Sterling, F. and A. Alvarado. 2002. Historical of ASD's oil palm germplasm collections. **ASD Oil Palm Papers** 24: 1-16.
- Ting, N.C., N.M. Zaki, R. Rosli, E.T. Low, M. Ithnin, S.C. Cheah, S.G. Tan and R. Singh. 2010. SSR mining in oil palm EST database: application in oil palm germplasm diversity studies. **J. Genet.** 89(2): 135-145.
- van Hintum, Th.J.L., A.H.D. Brown, C. Spillane and T. Hodgkin. 2000. **Core Collection of Plant Genetic Resources**. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Rome, Italy.
- van Hodgkin, T., A.H.D. Brown, Th.J.L. van Hintum and E.A.V. Morales. 1995. **Core Collections of Plant Genetics Resources**. Wiley and Sons, United Kingdom.
- Wang, D., J. Shi, S.R. Carlson, P.B. Cregan, R.W. Ward and B.W. Diers. 2003. A low-cost, high throughput polyacrylamide gel electrophoresis system for genotyping with microsatellite DNA markers. **Crop Sci.** 43: 1828-1832.
- Wang, Y., Y. Qin, Z. Du and G. Yan. 2011. Genetic diversity and differentiation of the endangered tree *Elaeagnus mollis* Diels (*Elaeagnus* L.) as revealed by simple sequence repeat (SSR) markers. **Biochem. Sys. Ecol.** 40: 25-33.
- Wright, S. 1951. The genetical structure of populations. **Ann. Eugen.** 15: 323-354.
- Wright, J.M. 1993. DNA fingerprinting of fishes, pp. 57-91. *In* R.P.W. Hochachka and T. Mommsen, eds. **Biochemistry and Molecular Biology of Fishes**, Vol. 2. Elsevier, New York.

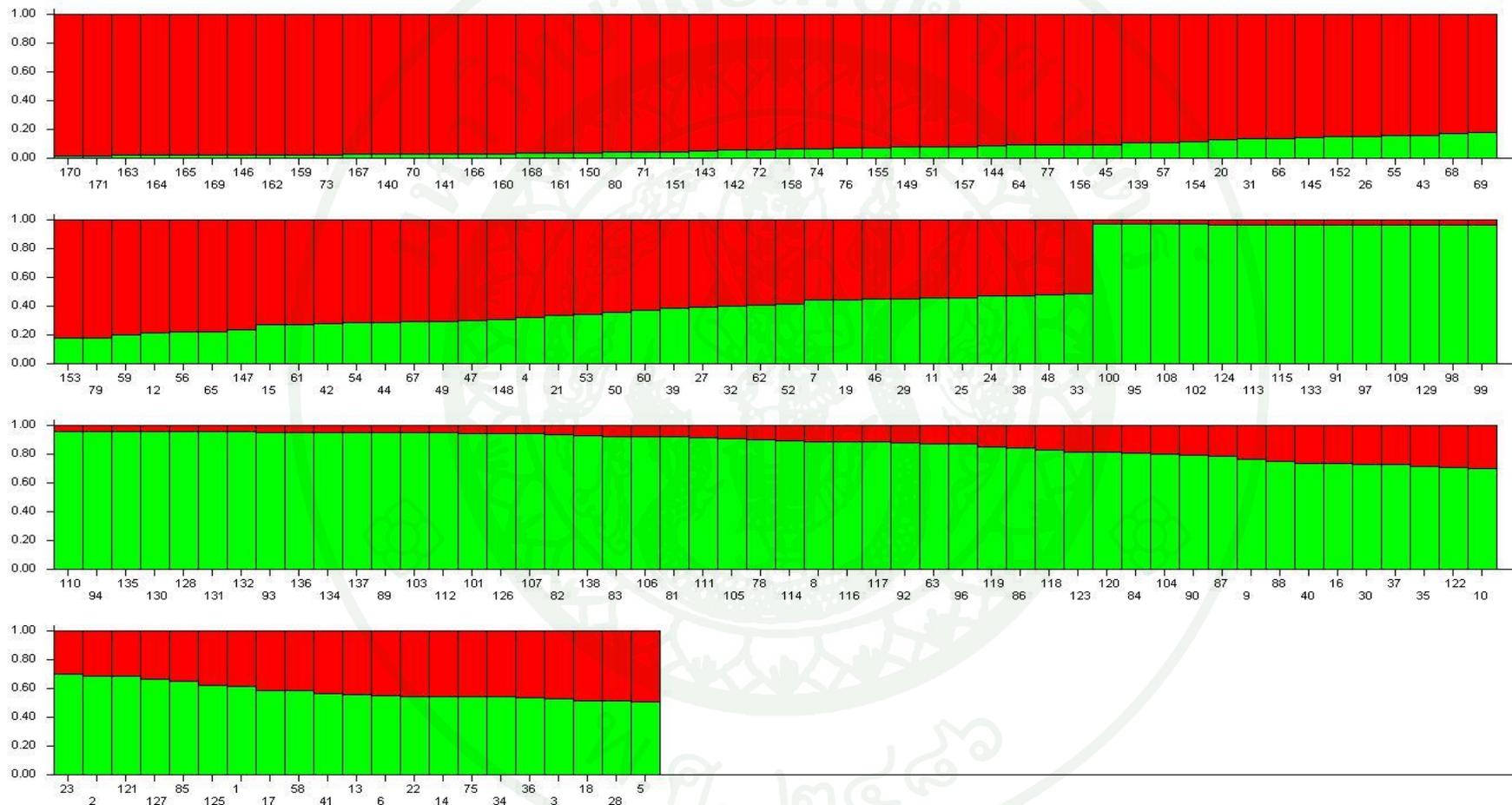
- Yao, M.Z., C.L. Ma, T.T. Qiao, J.Q. Jin and L. Chen. 2012. Diversity distribution and population structure of tea germplasm in China revealed by EST-SSR markers. **Tree Genet. Genomes** 8: 205-220.
- Yeh, F.C., R.C. Yang and T. Boyle. 1999. **POPGENE Version 1.31, Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis**. University of Alberta and Centre for International Forestry Research.
- Yong, Y.Y. 1992. The oil palm breeding program in Malaysia, pp. 141-164. *In* N. Rajanaidu and B.S. Jalani, eds. **Proceeding of the symposium on the science of oil palm breeding**. Palm Oil Research Institute of Malaysia, Malaysia.
- Zeb, A. and S. Mehmood. 2004. Carotenoids content from various sources and their potential health applications. **Pakistan J. Nutr.** 3(3): 199-204.
- Zhang, L., W. Dai, C. Wu, X. Song and S. Qiang. 2012. Genetic diversity and origin of Japonica-and Indica-like rice biotypes of weedy rice in the Guangdong and Liaoning provinces of China. **Genet. Resour. Crop Evol.** 59: 399-410.
- Zhang, P., J. Li, X. Li, X. Liu, X. Zhao and Y. Lu. 2011. Population structure and genetic diversity in a rice core collection (*Oryza sativa* L.) investigated with SSR markers. **PLoS ONE** 6(12): 1-13.
- Zhao, W., G.A. Lee, S.W. Kwon, K.H. Ma, M.C. Lee and Y.J. Park. 2012. Development and use of novel SSR marker for molecular genetic diversity in Italian millet (*Setaria italic* L.). **Genes & Genomics** 34:51-57.
- Zulherman, Z., S. Sundarsono, D. Asmono and Y. Yulismawati. 2010. Intra- and inter-population genetic diversity of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) pisifera clones originated from Nigeria based on SSR markers analysis, pp. 1-8. *In* **International Oil Palm Conference (IOPC)**. 1-3 June 2010. Jogyakarta, Indonesia.



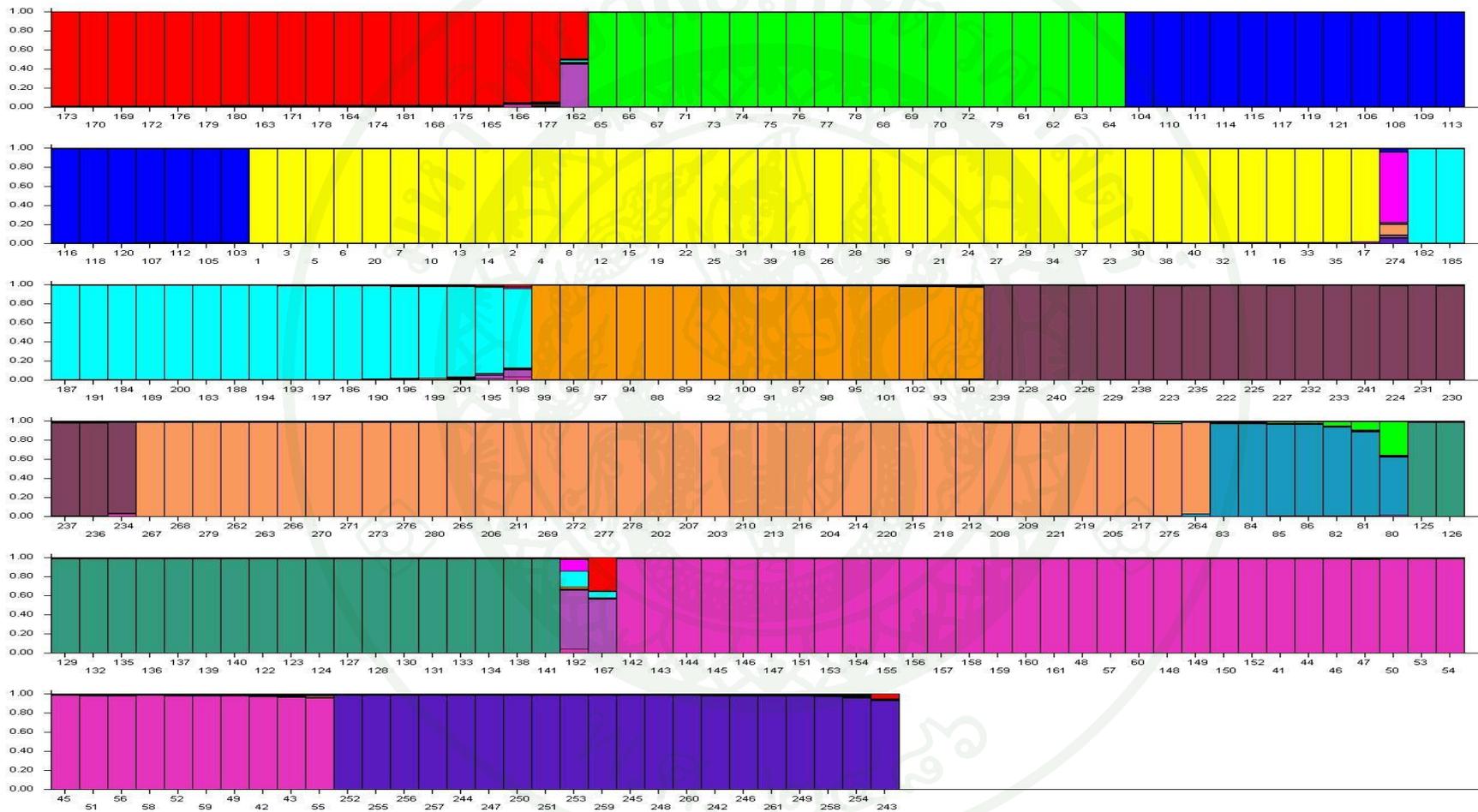
ภาคผนวก

ตารางผนวกที่ 1 จำนวนต้นในแต่ละพันธุ์ของประชากรแปลงเกษตรกร จ.กาญจนบุรี และ
ประชากรศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี

ประชากร จ.กาญจนบุรี				ประชากร จ.สุราษฎร์ธานี			
		จำนวน				จำนวน	
พันธุ์ปาล์มน้ำมัน		ต้น	ลำดับเลข	พันธุ์ปาล์มน้ำมัน		ต้น	ลำดับเลข
1A	Costa Rica	14	1-14	2A	Calabar	20	1-20
1B	Costa Rica	13	15-27	2B	Ekona	20	21-40
1C	Dami	14	28-41	2C	La Mè	20	41-60
1D	IOI	13	42-54	2D	Deli Dura	19	61-79
1E	อุติ	14	55-68	2E	สุราษฎร์ธานี 2	7	80-86
1F	Costa Rica	12	69-80	2F	สุราษฎร์ธานี 7	16	87-102
1G	Dami	12	81-92	2G	สุราษฎร์ธานี 5	19	103-121
1H	สุราษฎร์ธานี 1	12	93-104	2H	Yangambi	20	122-141
1I	สุราษฎร์ธานี 2	11	105-115	2I	Ghana	20	142-161
1J	ยูนิวานิช	12	116-127	2J	สุราษฎร์ธานี 1	20	162-181
1K	ยูนิวานิช	11	128-138	2K	สุราษฎร์ธานี 3	20	182-201
1L	Papau	11	139-149	2L	สุราษฎร์ธานี 6	20	202-221
1M	AVROS	11	150-160	2M	AVROS	20	222-241
1N	Papau	11	161-171	2N	Tanzania	20	242-261
				2O	Dami	19	262-280
	ทั้งหมด	171			ทั้งหมด	280	



ภาพผนวกที่ 1 การวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม Structure (K=2) ของประชากรจากแปลงเกษตรกร จ. กาญจนบุรี



ภาพผนวกที่ 2 การวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม Structure (K=14) ของประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์ธานี จ.สุราษฎร์ธานี



ภาพผนวกที่ 3 การวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยใช้โปรแกรม Structure (K=2) ของประชากรจากแปลง
 เกษตรกร จ. กาญจนบุรี (1-171) และประชากรจากศูนย์วิจัยปาล์มน้ำมันสุราษฎร์
 ธานี จ.สุราษฎร์ธานี (172-451)

ประวัติการศึกษาและการทำงาน

ชื่อ-นามสกุล	นางสาวสุจินดา เดชะพรรค
เกิดวันที่	22 มีนาคม พ.ศ. 2529
สถานที่เกิด	อำเภอเมือง จังหวัดพัทลุง
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (สาขาเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน
ตำแหน่งหน้าที่การงานปัจจุบัน	-
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	-
ผลงานดีเด่นและรางวัลทางวิชาการ	เกียรติคุณอันดับ 1
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	โครงการสร้างขีดความสามารถด้านการวิจัยและพัฒนา และการแข่งขันของภาคอุตสาหกรรม โดยกลไกความ ร่วมมือระหว่างภาครัฐ เอกชน และมหาวิทยาลัย (U-IRC)