

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	การจำแนกกลุ่มพันธุ์ปทุมมาจากแบบแผนของไอโซไซม์	
ชื่อผู้เขียน	นางสาวกัญญา แซ่เตียว	
วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต	เกษตรศาสตร์ (สาขาวิชาพืชสวน)	
คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์	ศศ.ดร.พิมพ์ใจ อากาวัชรุตม์	ประธานกรรมการ
	อ.ดร.นันทนา สุวรรณธาดา	กรรมการ
	รศ.ดร.สมบุรณ์ อนันตลาโภชัย	กรรมการ
	รศ. เกศินี ระมิงค์วงศ์	กรรมการ

บทคัดย่อ

การวิเคราะห์แบบแผนของไอโซไซม์จากเนื้อเยื่อชิ้นส่วนต่างๆของปทุมมา (*Curcuma alismatifolia* Gagnep.) กลีบกว้างพันธุ์คัดเลือก (Siam Tulip หรือ Chiang mai Pink) และปทุมมา กลุ่มกลีบแคบ โดยศึกษากับไอโซไซม์ 7 ชนิด ได้แก่ esterase (EST), glutamate oxaloacetate transaminase (GOT), leucine amino peptidase (LAP), shikimate dehydrogenase (SKD), malic enzyme (ME), malate dehydrogenase (MDH) และ glutamate dehydrogenase (GLD) พบว่าเนื้อเยื่อของยอดให้แบบแผนของไอโซไซม์ชัดเจนมากกว่าเนื้อเยื่อจากหัว ราก และดอก ปทุมมา กลีบกว้างพันธุ์คัดเลือกให้แบบแผนของแต่ละไอโซไซม์ที่เหมือนกันทั้งหมด กับทุกชิ้นส่วนพืชที่ทดสอบ สรุปได้ว่าปทุมมากลีบกว้างพันธุ์คัดเลือกทั้งหมดมาจากสายต้นเดียวกัน ส่วนปทุมมา กลีบแคบให้แบบแผนของไอโซไซม์ที่แตกต่างกัน หมายถึงแต่ละสายต้น เมื่อทำการศึกษาเพิ่มเติมโดยใช้เทคนิคที่ได้จากการทดลองกับเนื้อเยื่อของยอดปทุมมาที่รวบรวมได้จากแหล่งต่างๆอื่น ได้แก่ ปทุมมาจากจังหวัด ชัยภูมิ จันทบุรี ปราจีนบุรีแหล่งที่ 1 และปราจีนบุรีแหล่งที่ 2 เพื่อการจำแนกกลุ่มพันธุ์ปทุมมาดังกล่าว โดยศึกษากับเอนไซม์ 7 ชนิดข้างต้น พบว่าปทุมมาซึ่งเก็บรวบรวมจากแหล่งกระจายพันธุ์ตามธรรมชาติ มีความแตกต่างในแบบแผนของไอโซไซม์อยู่มาก เมื่อศึกษาความแปรปรวนระหว่างต้น (clonal variation) จะเห็นได้ว่า EST สามารถแยกความแตกต่างของปทุมมา

ได้ถึง 35 รูปแบบ เมื่อนำมาพิจารณาร่วมกับไอโซไซม์ LAP, GOT และ SKD สามารถแยกความแตกต่างได้ 46 รูปแบบ เมื่อพิจารณาค่าการเคลื่อนที่สัมพันธ์ของไอโซไซม์ พบว่าการเคลื่อนที่สัมพันธ์ดังกล่าวไม่สามารถแยกแหล่งที่มาของปทุมมาได้

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University

Thesis Title Identification of *Curcuma alismatifolia* Gagnep. Ecotypes by Isozyme Patterns

Author Miss Kanjana Saetiew

M.S. Agriculture (Horticulture)

Examining Committee :

Assist. Prof. Dr. Pimchai Apavatjirut	Chairman
Lecturer Dr. Chuntana Suwanthada	Member
Assoc. Prof. Dr. Somboon Anuntalabhochai	Member
Assoc. Prof. Kesinee Ramingwong	Member

Abstract

Isozyme pattern analysis of the tissue form different parts of the broad-bract selected clone of patumma (*Curcuma alismatifolia* Gagnep.) i.e. Siam Tulip or Chiang Mai Pink and narrow-bract patumma showed that all the 7 isozymes tested i.e. esterase (EST), glutamate oxaloacetate transaminase (GOT), leucine amino peptidase (LAP), shikimate dehydrogenase (SKD), malic enzyme (ME), malate dehydrogenase (MDH), and glutamate dehydrogenase (GLD) yielded better enzymatic activities from the young shoot than those of root, bulb, and flower tissues. The isozyme patterns from each isozyme studied yielded the same pattern from all parts of the tissue tested. It can be concluded that all the plants of the broad-bract selected clone came from one clone. The individual narrow-bract patumma gave the isozyme pattern differently indicating each plant came from a different clone.

When the young shoot tissue of patumma from different locations i.e. from Chaiyapoom Province, Chantaburi Province, Prachinburi Province Location I and Prachinburi Province Location II were classified for their unique patterns, it revealed that the patumma from the different natural habitats had diverse isozyme patterns.

When their clonal variations from 80 plants were compared 35 isozyme patterns were obtained from EST; when the patterns from GOT, LAP and SKD were added, 46 patterns were found. The R_f values of the isozyme tested can not distinguish the locations of patumma.