ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	ความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำไย (*Dimocarpus longan* Lour.) ในเขตภาคเหนือตอนบนของประเทศไทยโดยการใช้เครื่องหมายโมเลกุล
ชื่อผู้เขียน	นางสาวเจนจิรา มาหา
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต	สาขาวิชาชีววิทยา

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์	รศ.ดร.สมบูรณ์	อนันตลาโภชัย	ประธานกรรมการ
	นายบุญแถม	ถาคำฟู	กรรมการ
	ดร. นาตยา	ดำอำไพ	กรรมการ

บทคัดย่อ

การศึกษาครั้งนี้แบ่งออกเป็น 3 ตอน โดย การทดลองที่ 1 และการทดลองที่ 2 เป็นการเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอระหว่างเทคนิค HAT-RAPD และ AFLP ในเนื้อเยื่อต่างชนิดกัน ได้แก่ ใบ เนื้อ เปลือกผล และเมล็ด และระหว่างลำไย 9 พันธุ์ ในการทดลองที่ 1 สำหรับเทคนิค HAT-RAPD เลือกใช้ 3 ไพรเมอร์ คือ OPAT05 OPG13 และ OPH13 ส่วนเทคนิค AFLP เลือกใช้ 4 คู่ไพรเมอร์ ได้แก่ E+AAG/M+CTA E+ACT/M+CAG E+AGG/M+CTA และ E+AGG/M+CTT พบว่า เทคนิค HAT-RAPD มีแถบลายพิมพ์ดีเอ็นเอไม่แตกต่างกัน แต่เทคนิค AFLP มีแถบลายพิมพ์ดีเอ็นเอในเนื้อเยื่อแต่ละชนิดมีความแตกต่างกัน สำหรับการทดลองที่ 2 เทคนิค HAT-RAPD เลือกใช้ 6 ไพรเมอร์ ได้แก่ OPAK10 OPAK14 OPAS10 OPD20 OPG13 และ OPH13 สามารถสังเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน 123 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วงตั้งแต่ 150-2,700 คู่เบส และจากเทคนิค AFLP เลือกใช้ 1 คู่ไพรเมอร์ คือ E+ACT/M+CAT มีแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน 51 แถบ มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วงตั้งแต่ 50-800 คู่เบส พบว่า จากเทคนิค HAT-RAPD และเทคนิค AFLP แสดงเป็น dendrogram ที่มีการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ของลำไยทั้ง 9 พันธุ์ แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่เหมือนกัน แต่ของเทคนิค AFLP พบว่า พันธุ์แห้ว สีชมพู พวงทอง เบี้ยวเขียว และสายพันธุ์ลิ้นจี่ มีการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ใกล้ชิดไม่สอดคล้องกับประวัติพันธุ์

การทดลองที่ 3 ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลำไย 20 พันธุ์ โดยเทคนิค HAT-RAPD ด้วยการเลือกใช้ 10 ไพรเมอร์ ได้แก่ OPA13 OPAK10 OPB18 OPG13 OPT15 OPW06 OPW09 OPX01 OPX15 และ OPZ01 พบว่า สามารถสังเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน 163 แถบ คิดเป็น 53.44 เปอร์เซ็นต์ของแถบดีเอ็นเอทั้งหมด มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่ในช่วง 100-2,500 คู่เบส การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ใกล้ชิดของลำไย 20 พันธุ์ มีการแบ่งกลุ่มเป็น 3 กลุ่มใหญ่ และมีการจัดกลุ่มความสัมพันธ์สอดคล้องตามประวัติพันธุ์

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University

Thesis Title	Genetic Variation of Longan (*Dimocarpus longan* Lour.) in the Upper Part of Northern Thailand by Using Molecular Markers
Author	Miss Jenjira Marha
M.S.	Biology

Examining Committee	Assoc. Prof. Dr. Somboon	Anuntalabhochai	Chairpersol
	Mr. Boontham	Thakumfu	Member
	Dr. Nataya	Dum Ampai	Member

Abstract

In this study, our experiment was divided into 3 parts. The first and the second were to compare DNA fingerprint pattern between HAT-RAPD and AFLP techniques in different longan tissues including leaf, aril, fruit-peel, and seeds and among nine varieties of longan respectively. To amplify polymorphic DNA, three arbitrary primers named OPAT05, OPG13 and OPH13 were chosen for HAT-RAPD as well as four primer combinations named E+AAG/M+CTA, E+ACT/M+CAG, E+AGG/M+CTA and E+AGG/M+CTT for AFLP in the first experiment. The DNA fingerprint pattern in different tissues generated by HAT-RAPD was identical whereas the pattern generated by AFLP was not. In the second experiment, using six arbitrary primers named OPAK10, OPAK14, OPAS10, OPD20, OPG13 and OPH13 for HAT-RAPD provided 123 polymorphic bands with molecular weight 150-2700 bp in range. While a primer combination named E+ACT/M+CAT for AFLP generated 51 polymorphic bands with molecular weight 50-800 bp in range. Regarding HAT-RAPD dendrogram, all 9 varieties was classified into 2 majors groups as well as in AFLP dendrogram. However, the AFLP dendrogram, Biewkhew, Lintchi, Heaw, Seechompoo and Puangthong were not classified correspondingly to their historical data.

The third experiment was to evaluate genetic variation among 20 varieties of longan using HAT-RAPD. Ten arbitrary primers named OPA13, OPAK10, OPB18, OPG13, OPT15, OPW06, OPW09, OPX01, OPX15 and OPZ01 provided 163 polymorphic bands (50.44%) with molecular weight 100-2500 bp in rang. All 20 varieties was classified into 3 major groups and matched to their histological background.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University