วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มรย.
YRU Journal of Science and Technology
ISSN : 2539-5688

วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันที่ปลูกในพื้นที่ชายแดนใต้ ประเทศไทย ด้วยเครื่องหมาย Simple Sequence Repeat (SSR) Markers

Genetic Diversity Analysis of Oil Palm at Southern Border, Thailand with Simple Sequence Repeat (SSR) Markers

จารุ นิคม[1]* นาดี มอลอ[2] ซูไรดา ปูตะ[2] สุไฮรา สาแระ[2] ซารีฮะห์ บาโง[2] โอมาร์ ยูโซะ[3] และวารุณี หะยีมะสาและ[2]

Jaru Nikom[1]*, Nadi Molo[2], Suraida Puta[2], Suhaira Saraeh[2], Sareehah Bango[2] Omar Yusoh[3] and Warunee Hajimasalaeh[2]

[1] สถาบันวิจัยและพัฒนาชายแดนภาคใต้ มหาวิทยาลัยราชภัฏยะลา อำเภอเมือง จังหวัดยะลา 95000

[2]หลักสูตรชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์เทคโนโลยีและการเกษตร มหาวิทยาลัยราชภัฏยะลา อำเภอเมือง จังหวัดยะลา 95000

[3]โรงเรียนพัฒนาวิทยา อำเภอเมือง จังหวัดยะลา 95000

[1]Southern Border Research and Development Institute, Yala Rajabhat University, Muang, Yala 95000. Thailand

[2]Biology Program Faculty of Technology Science and Agriculture, Yala Rajabhat University, Muang, Yala 95000. Thailand

[3]Phatanawitaya School, Muang, Yala 95000. Thailand

*Corresponding Author, E-mail: jaruni1984@gmail.com

(Recieived: Sep 18, 2017; Revised: Nov 4, 2018; Accepted: Nov 26, 2018)

บทคัดย่อ

ปาล์มน้ำมัน (*Elaeis guineensis* Jacq) เป็นหนึ่งในพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศไทย เพราะปัจจุบันอุตสาหกรรมปาล์มน้ำมันในประเทศไทยมีกำลังผลิตค่อนข้างสูง การศึกษาเกี่ยวกับสายพันธุ์จึงมีความสำคัญอย่างมาก เพื่อเป็นการศึกษาความแปรปรวนของสายพันธุ์ปาล์มน้ำมันที่ปลูกในพื้นที่จังหวัดยะลา และนราธิวาส การศึกษาวิจัยในครั้งนี้จะใช้เทคนิคเครื่องหมาย SSR (Simple Sequence Repeats) ในการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมปาล์มน้ำมันของตัวอย่างประชากรปาล์มในจังหวัดยะลา และนราธิวาส ทำการเก็บตัวอย่างใบปาล์มอ่อน 20 ตัวอย่าง จากสวนปาล์มน้ำมัน 2 จังหวัด นำมาสกัด Genomic DNA จากนั้นทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ โดยมีการใช้ไพรเมอร์ 10 คู่ เพื่อเพิ่มจำนวนส่วน SSR ที่ต้องการ จากนั้นทำการตรวจสอบผลด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis แล้วนำมาวิเคราะห์ผลด้วยโปรแกรม MEGA X ด้วยการใช้วิธีคำนวณแบบ UPGMA เพื่อให้ได้แผนผัง Dendogram จากนั้นใช้โปรแกรม Arlequin เพื่อคำนวณหาความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในประชากรและระหว่างกลุ่มประชากร จากผลการคำนวณด้วยโปรแกรม Arlequin แสดงค่า Haplotype Diversity และค่า Nucleotide Diversity เท่ากับ 0.8222 และ 0.1780055 ตามลำดับ พบว่า มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่างประชากรปาล์มน้ำมันทั้งในพื้นที่จังหวัดยะลา และนราธิวาสค่อนข้างสูง ส่วนความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่างประชากรแสดงด้วยค่า Pairwise F_{ST} Value และ F_{ST} p-Values พบว่า ความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่างประชากรในทั้งสองพื้นที่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ จากผลการศึกษาดังกล่าวแสดงให้เห็นว่าเทคนิค Microsatellite สามารถที่จะนำไปพัฒนาเป็นเครื่องหมายทางชีวโมเลกุลในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปาล์มได้

คำสำคัญ : ความหลากหลายทางพันธุกรรม ปาล์มน้ำมัน เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์

Abstract

Oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq) is one of the most important economic crops in Thailand due to continuously increment in palm oil production, thus genetic diversity study of oil palm is crucial. In this study, we used Simple Sequence Repeats (SSR) markers technique to analyze genetic variation of oil palm population located in Yala and Narathiwat province. Genomic DNA of twenty young leaves sampled from the locations were extracted and amplified with 10 primers for specific SSR. Afterward, UPGMA dendrogram were constructed from SSR fragments by MEGA X program. Genetic variation within and between population was computed by Arlequin program. Calculated haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.822 and 0.178, respectively. The results revealed a high genetic variation within oil palm samples collected from the same province. Genetic variation between oil palm groups (Yala and Narathiwat) was statistically significant as indicated by pairwise F_{ST} value and F_{ST} p-values. Out research suggested that microsatellite technique has good potential as a marker for genetic variation analysis in oil palm population.

Keywords: Genetic diversity, Oil palm, Microsatellite marker

บทนำ

ปาล์มน้ำมันเป็นพืชใบเลี้ยงเดี่ยวยืนต้นและเป็นพืชผสมข้ามที่สามารถให้ผลผลิตได้ตลอดทั้งปี เริ่มให้ผลผลิตเมื่อปาล์มมีอายุได้ประมาณ 2 ปีครึ่งหลังจากการปลูก โดยเฉลี่ยแต่ละต้นควรให้ทะลายได้อย่างน้อยหนึ่งทะลายต่อต้นต่อเดือน และสามารถเก็บเกี่ยวผลผลิตได้นานกว่า 20 ปี สายพันธุ์ที่นิยมปลูกเป็นการค้าคือ ชนิด *Elaeis guineensis* Jacq มีถิ่นกำเนิดอยู่ทางด้านตะวันตกทวีปแอฟริกา (Ting *et al.,* 2014) ซึ่งต่อมานิยมปลูกบริเวณเอเชียใต้ ปาล์มน้ำมันสายพันธุ์ดังกล่าวมีลักษณะบางประการที่แสดงออกถึงความแตกต่างซึ่งถูกควบคุมด้วยยีนแบบ Co-Dominant นั้นคือ การแสดงออกของกะลาภายในผล คือสายพันธุ์ดูรา มียีนควบคุมลักษณะเด่น (Homozygous Dominance, Sh+Sh+) ลักษณะผลมีกะลาหนา นิยมใช้เป็นต้นแม่พันธุ์ คือ Deli dura ส่วนสายพันธุ์พิสิเฟอรา มียีนควบคุมลักษณะผลเป็นลักษณะด้อย (Homozygous Recessive, Sh-Sh-) ผลไม่มีกะลา ไม่ปลูกเป็นการค้าแต่ใช้เป็นต้นพ่อพันธุ์ และสายพันธุ์เทเนอรา เป็นพันธุ์ทาง (Heterozygous, Sh+Sh-) เกิดจากการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ดูราและสายพันธุ์พิสิเฟอรา ลักษณะผลมีกะลาบาง เป็นปาล์มน้ำมันที่ใช้ปลูกเป็นการค้าเนื่องจากให้เปอร์เซ็นต์น้ำมันสูงกว่าชนิดอื่น (หทัยรัตน์ อุไรรงค์ และคณะ, 2560)

ผลจากการเป็นเมืองต้นแบบอุตสาหกรรมเกษตรเป็นหนึ่งในโมเดล “สามเหลี่ยมการพัฒนาอย่างยั่งยืน” ที่มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาให้เป็นเมืองต้นแบบการพัฒนาอย่างยั่งยืน ซึ่งเป็นส่วนหนึ่งของการพัฒนาเชิงพื้นที่ (Area Based Approach) ที่รัฐบาลใช้เป็นทิศทางที่สำคัญในการปฏิรูปประเทศไทยไปสู่การพัฒนาที่ยั่งยืน ปัจจุบันทางรัฐบาลได้เล็งเห็นความสำคัญของจังหวัดชายแดนภาคใต้ว่าเป็นพื้นที่ที่มีศักยภาพอย่างสูงต่อการลงทุนเพื่อการพัฒนาเศรษฐกิจของประเทศไทย เพราะมีความอุดมสมบูรณ์เอื้อยต่อปัจจัยในการผลิตในด้านต่าง ๆ ได้แก่ ทรัพยากรทางธรรมชาติ ทรัพยากรมนุษย์ ลักษณะภูมิประเทศ และสถาบันการศึกษา หน่วยงานการวิจัย ทำให้พืชตระกูลปาล์มน้ำมันเป็นพืชที่รัฐบาลได้สนับสนุนให้เกษตรกรนำมาเพาะปลูกเพื่อสร้างรายได้ให้กับตัวเอง สภาพพื้นที่ที่เหมาะสมกับการปลูกพืชปาล์มน้ำมัน คือ ภาคใต้ของประเทศไทย โดยเฉพาะอย่างยิ่งสามจังหวัดชายแดนใต้ของประเทศไทย ซึ่งเกษตรกรได้หันมาปลูกพืชตระกูลปาล์มน้ำมันกันมากขึ้น เนื่องจากมีการนำกล้าปาล์มน้ำมันที่เกิดจากเมล็ดที่ไม่ได้มาตรฐาน หรือเมล็ดเก็บจากโคนต้นไปจำหน่ายให้เกษตรกร ซึ่งเมล็ดเหล่านั้นอาจจะเป็นของต้นปาล์มชนิดดูรา หรือพิสิเฟอรา ซึ่งเป็นพันธุ์ที่ให้ผลผลิตต่ำ ซึ่งเกษตรกรจะทราบว่าพันธุ์ปาล์มที่

ตนเองปลูกนั้นไม่ได้มาตรฐานต้องใช้เวลานานประมาณ 3 ปี ทำให้เกษตรกรต้องเสียเวลาปลูกทดแทนใหม่ ดังนั้นการพัฒนาเทคนิคตรวจสอบความตรงตามพันธุ์ และชนิดของปาล์มน้ำมัน จึงเป็นเรื่องที่จำเป็นอย่างยิ่ง เพื่อช่วยในการควบคุมคุณภาพของต้นกล้าปาล์มน้ำมันตามพระราชบัญญัติพันธุ์พืช พ.ศ. 2518 (ฉบับที่ 2 พ.ศ. 2541) (หทัยรัตน์ อุไรรงค์ และคณะ, 2560)

ในปัจจุบันมีการศึกษาเกี่ยวกับเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อศึกษาความแปรผันทางพันธุ์กรรม ด้วยเทคนิค Microsatellite ซึ่งเป็นเทคนิคที่สามารถใช้เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม (Genetic Marker) เพื่อช่วยในการจัดจำแนกพืชให้มีประสิทธิภาพในด้านความถูกต้อง และมีความแม่นยำ (จุฑาพร แสงประจักษ์, 2555; นภาพร แก้วดวงดี และอนุชิรา แซ่ตั้ง, 2555; เศรษฐา ศิริพินทุ์ และมัลลิกา จินดาชิงห์, 2555 และฮูดา แก้วศรีสม, 2557) เทคนิคนี้ได้รับการปรับปรุงและพัฒนาในหลาย ๆ ด้าน จนกระทั่งได้รับการยอมรับว่าเป็นเทคโนโลยีที่สำคัญมากต่องานด้านชีววิทยา พันธุศาสตร์ และสามารถนำไปใช้ประโยชน์ได้กับงานวิจัยทางด้านต่าง ๆ รวมทั้งได้รับการยอมรับว่าเป็นเทคนิคที่มีประสิทธิภาพที่สามารถประเมินถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปาล์มน้ำมันได้ (Zhou *et al.,* 2015) มีรายงานวิจัยของจารุ นิคม และคณะ (2561) ศึกษาการใช้เทคนิคเครื่องหมายดีเอ็นเอในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันที่ปลูกในพื้นที่ อำเภอโคกโพธิ์ จังหวัดปัตตานีพบว่า ประชากรจากตัวอย่างที่นำมาทดสอบด้วยวิธีการ Microsatellite จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน นอกจากนี้ยังมีรายงานของรอกีเยาะ เจ๊ะหลง และคณะ (2560) เปรียบเทียบความใกล้ชิดทางพันธุกรรมและการคัดแยกสายพันธุ์โดยการสกัดดีเอ็นเอจากกลุ่มประชากรปาล์มน้ำมัน จากอำเภอหนองจิกจังหวัดปัตตานีพบว่า สามารถแบ่งกลุ่มประชากรเป็น 2 กลุ่มที่แตกต่างกัน ดังนั้นงานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรปาล์มน้ำมันพื้นที่จังหวัดยะลา และนราธิวาส โดยการใช้เทคนิคเครื่องหมาย Microsatellite เพื่อเป็นข้อมูลในการส่งเสริมการเพาะปลูกขยายพันธุ์ปาล์มน้ำมันในพื้นที่เขตสามจังหวัดชายแดนใต้ให้เป็นพืชเศรษฐกิจก่อให้เกิดรายได้แก่คนในพื้นที่ต่อไป

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

เพื่อใช้เทคนิคเครื่องหมาย SSR วิเคราะห์ความหลากหลายของประชากรปาล์มน้ำมันที่ปลูกในพื้นที่จังหวัดยะลาและนราธิวาส

วิธีดำเนินการวิจัย

เก็บตัวอย่างใบปาล์มน้ำมันอ่อนจากประชากรปาล์มน้ำมันจากสวนพื้นที่อำเภอเมือง จังหวัดยะลา และสวนในพื้นที่อำเภอรือเสาะ จังหวัดนราธิวาส จำนวนสวนละ 10 ตัวอย่าง ทำความสะอาดใบปาล์มน้ำมันอ่อนด้วย 70% แอลกอฮอลล์ แล้วทำการตัดใบปาล์มน้ำมันอ่อนเป็นชิ้นเล็ก ๆ และเก็บที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส 1 คืน จากนั้นบดใบปาล์มน้ำมันให้ละเอียดด้วยโกร่งบดยา แล้วสกัด genomic DNA ด้วยชุดสกัด Plant Genomic DNA Extraction Mini Kit (Favorgen, Taiwan) ไพรเมอร์ที่ใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในการศึกษาครั้งนี้ดัดแปลงมาจากงานวิจัยของ Zhou และคณะ (2015) ทั้งหมด 10 คู่ ดังแสดงในตารางที่ 1 โดยที่ไพรเมอร์ที่นำไปเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในหลอดทดลองมีส่วนผสมและ Taq DNA Polymerase (Apsalagen, Thailand) ดังแสดงในตารางที่ 2 ในการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ จากนั้นนำเข้าใส่เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมที่สภาวะดังตารางที่ 3 จากนั้นนำ PCR Product ที่ได้มาตรวจสอบด้วย Agarose Gel Electrophoresis นำแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการวิเคราะห์ผลด้วย Gel Electrophoresis มาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้วยวิธี UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmatic Mean) ด้วยโปรแกรม MEGA X ver.10.1 (Kumar *et al.,* 2018) และวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้โปรแกรม Arlequin ver 3.5.2.2 (Excoffier & Lischer, 2010)

ตารางที่ 1 ไพรเมอร์ที่ใช้ในการทำปฏิกิริยา PCR (Zhou *et al.*, 2015)

Primer sequences	Motif	Tm (°C)	Size (bp)
F: CGCCCTCTGCTAAGTGCTAT R: TGAAAGAAAACCTTATGTGTCCA	tct(6)	58.4	180
F: GACGGCAGCTCCCTTCTT R: TGTGTCGATTGGTCCTCTTG	gcc(7)	58.4	238
F: ATTTGCAGTTGCAGGGTTCT R: GCAGCAGCAACAGATTCAAA	tgt(5)	58.4	202
F: ACTCCAAAACCAAACCACCA R: CATAAAATCCGGATGCTGCT	cac(5)	58.4	199
F: GGCTGGCTTCCCTAATTTTT R: CCTGCCCTGTCCATTCTTTA	tctt(5)	58.4	236
F: TCCCTCTCACGCTCTCTGTT R: CTGGTGTGCCAACCTAAACC	cct(5)	58.4	202
F: CCGGCTCAAGATCCAAAG R: ACTAGCGAGCCACTGAGAGC	cag(6)	58.4	213
F: TAGAAGATGGCTTCCGACGA R: TTCCTCTCCTCCTCCTCCTC	atg(5)	58.4	233
F: ACCTGTTTGCATGGAACCTT R: TTTCAACCGCCAAAGTCTTC	ctc(5)	58.4	202
F: TTCGGTTTGATTGCCGTTAT R: ATCTGTCCTCCCCGGTAACT	a(14)	58.4	205

ตารางที่ 2 ส่วนผสมในการทำปฏิกิริยา PCR

Component	Concentration
Reaction Buffer	1X
$MgCl_2$	2 mM
dNTP	200 µM
Primers (each)	1 µM
Template DNA	1 µg
Taq DNA Polymerase	2.5 U

ตารางที่ 3 สภาวะในการทำปฏิกิริยาด้วยเทคนิค PCR

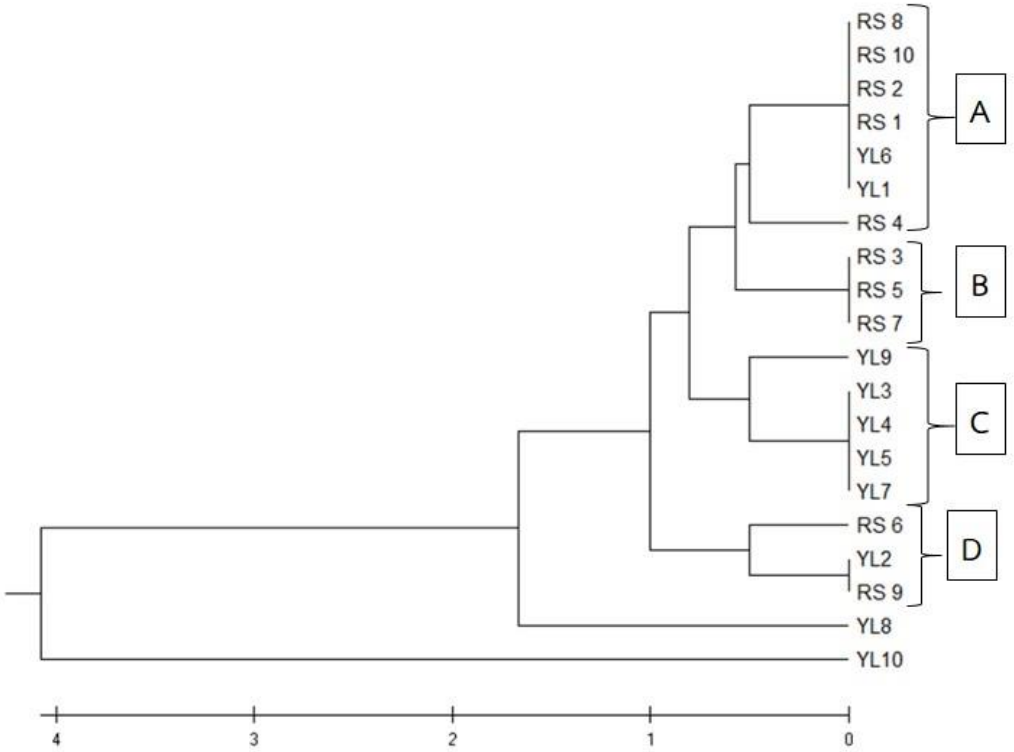
	Temperature (°C)	Time (second)	Cycles
Intitial denaturation	94	120	1
Denaturation	94	30	35
Annealing	58.4	30	
Extension	72	60	
Intitial denaturation	72	300	1

ผลและอภิปรายผล

ผลจากการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปาล์มน้ำมันในพื้นที่อำเภอเมือง จังหวัดยะลา (YL) และอำเภอรือเสาะ จังหวัดนราธิวาส (RS) ด้วยโปรแกรม MEGA X ทำการประมวลผลด้วยวิธีคำนวณแบบ UPGMA เพื่อให้ได้แผนผัง Dendogram ดังแสดงในภาพที่ 1 แสดงให้เห็นว่ากลุ่มประชากรปาล์มน้ำมันที่นำมาศึกษาแบ่งกลุ่มออกเป็น 4 กลุ่ม คือกลุ่ม A ประกอบไปด้วย YL1, YL6, RS1, RS2, RS4, RS8 และ RS10 กลุ่ม B ประกอบไปด้วย RS3, RS5 และ RS7 กลุ่ม C ประกอบไปด้วย YL3, YL4, YL5, YL7 และ YL9 กลุ่มสุดท้ายคือ กลุ่ม D ประกอบไปด้วย YL2, RS6 และ RS9 จากการพิจารณาในแผนผัง Dendogram พบว่า ตัวอย่างของพันธุกรรมทั้งสองพื้นที่มีการรวมกลุ่มกันของตัวอย่างทั้งสองพื้นที่ แสดงถึงความหลากหลายของสายพันธุ์ปาล์มน้ำมันของทั้งสองพื้นที่มีความคล้ายคลึงกันอยู่บางส่วน (กลุ่ม A และกลุ่ม D) แต่มีบางส่วนที่กลุ่มตัวอย่างแยกออกมาจับกลุ่มกันเองในพื้นที่ของตัวเอง (กลุ่ม B และกลุ่ม C)

จากการคำนวณหาความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่าง และระหว่างกลุ่มตัวอย่างของแต่ละพื้นที่โดยใช้โปรแกรม Arlequin จากตารางที่ 4 แสดงให้เห็นว่ากลุ่มตัวอย่างจากจังหวัดยะลามีค่า Haplotype Diversity เท่ากับ 0.8444 ± 0.1029 และค่า Nucleotide Diversity เท่ากับ 0.225641 ± 0.145866 และกลุ่มตัวอย่างจากจังหวัดนราธิวาสมีค่า Haplotype Diversity เท่ากับ 0.8000 ± 0.1001 และค่า Nucleotide Diversity เท่ากับ 0.130370 ± 0.091012 และมีค่าเฉลี่ย Haplotype Diversity เท่ากับ 0.8000 ± 0.1001 และค่าเฉลี่ย Nucleotide Diversity เท่ากับ 0.1780055 ± 0.118439 ซึ่งแสดงให้เห็นว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่างทั้งสองพื้นที่นั้นมีลักษณะคล้ายกันคือมีค่า Haplotype Diversity สูง แต่มีค่า Nucleotide Diversity ต่ำ มีรายงานการศึกษาก่อนหน้าเกี่ยวกับการใช้เทคนิค SSR Marker ในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมประชากรของปาล์มน้ำมันในพื้นที่จังหวัดปัตตานีซึ่งพบว่ามีค่า Haplotype Diversity สูง แต่มีค่า Nucleotide Diversity ต่ำ เช่นเดียวกัน (จารุ นิคม และคณะ, 2561; รอกีเยาะ เจะหลง และคณะ, 2561) ซึ่งอาจจะบ่งชี้ได้ว่าพันธุกรรมของตัวอย่างประชากรกำลังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากขึ้น (Avise *et al.,* 1984; Rogers,1995; จุฑามาศ ศุภพันธ์, 2558; วีระเกียรติ ทรัพย์มี, 2558) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างที่นำมาศึกษาครั้งนี้มีอาจจะความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในกลุ่มประชากรภายในสวนปาล์มน้ำมันทั้งสองพื้นที่ เมื่อเปรียบเทียบกับผลของการสร้าง Dendrogram ในรูปภาพที่ 1 พบว่าตัวอย่างในกลุ่ม A และกลุ่ม D มีการรวมกลุ่มของตัวอย่างที่ต่างพื้นที่กัน แสดงให้เห็นถึงการเกิดความแปรปวนทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่างประชากรในแต่ละพื้นที่ ส่วนผลการวิเคราะห์ค่า Pairwise F_{ST} (ตารางที่ 5) พบว่ากลุ่มตัวอย่างประชากรของปาล์มน้ำมันจากจังหวัดยะลา และนราธิวาส มีค่าเท่ากับ 0.13928 มีค่า F_{ST} p-Values เท่ากับ 0.00901 ± 0.0091 บ่งชี้ว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มประชากรทั้งสองพื้นที่นี้มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ($p< 0.05$) เมื่อนำไปเปรียบเทียบกับ Dendrogram ในรูปภาพที่ 3 พบว่า ตัวอย่างในกลุ่ม B และกลุ่ม C มีการแยกกลุ่มของตัวอย่างในต่างพื้นที่ (กลุ่ม B: พื้นที่ในจังหวัดยะลา และกลุ่ม C: พื้นที่ในจังหวัดนราธิวาส) แสดงให้เห็นถึงการเกิดความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่างประชากรที่ต่างพื้นที่

นอกจากนี้ยังมีงานวิจัยที่นำเทคนิคทางด้านชีวโมเลกุลมาการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมและการจำแนกชนิดพันธุ์ปาล์มน้ำมันโดยหทัยรัตน์ อุไรรงค์ และคณะ (2560) ได้นำตัวอย่างของตัวอย่างปาล์มน้ำมันจำนวน 10 สายพันธุ์มาศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ SSR Markers จำนวน 32 ตำแหน่ง สามารถจำแนกกลุ่มพันธุ์ทั้งหมดออกจากกันได้ ต่อมางานวิจัยของ Zhou และคณะ (2015) ที่ทำการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปาล์มน้ำมันที่ปลูกในประเทศจีนและประเทศมาเลเซียด้วยเทคนิค SSR ผลจากการศึกษาด้วยการสร้าง dendrogram ด้วยวิธี UPGMA จากโปรแกรม MEGA 4 และการวิเคราะห์ Principal Component Analysis (PCA) ด้วยโปรแกรม NTsys 2.1 พบว่า ตัวอย่างจากปาล์มน้ำมันทั้ง 2 ประเทศนั้นมาจากแหล่งเดียวกัน การศึกษาในครั้งนี้ได้นำชุด primer จากงานวิจัยของ Zhou และคณะ (2015) จำนวน 10 คู่ จาก 21 คู่ จากผลการศึกษาพบว่า สามารถบ่งชี้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของ 2 พื้นที่ที่ศึกษาได้



ภาพที่ 1 แผนผัง Dendogram จากโปรแกรม MEGA X

ตารางที่ 4 ผลลัพธ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ได้จากโปรแกรม Arlequin

Local	Code	No.	No. Haplotypes	No. Polymorphic Sites	Haplotype Diversity (h)	Nucleotide Diversity (π)
Yala	YL	10	6	10	0.8444 (0.1029)	0.225641 (0.145866)
Narathiwas	RS	10	5	6	0.8000 (0.1001)	0.130370 (0.091012)
		20	11	16	0.8222 (0.1015)	0.1780055 (0.118439)

หมายเหตุ : ค่าในวงเล็บคือค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

ตารางที่ 5 ผลลัพธ์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากรที่ได้จากโปรแกรม Arlequin

	YALA	NARATHIWAS
YALA	*	
NARATHIWAS	0.13928 (0.00901±0.0091)	*

หมายเหตุ : ค่าในวงเล็บคือ F_{ST} p-Values มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$)

สรุป

จากการศึกษาการใช้เทคนิค SSR Markersวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของตัวอย่างประชากรปาล์มน้ำมันพื้นที่จังหวัดยะลา และนราธิวาส จังหวัดละ 10 ตัวอย่าง พบว่ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่างประชากรในทั้งสองพื้นที่ และเมื่อเปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มตัวอย่างประชากรพบว่ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากรสูง ซึ่งจากการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าสามารถทดสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งภายในกลุ่มประชากร และระหว่างกลุ่มประชากรได้ ดังนั้นการใช้เทคนิคเครื่องหมาย SSR Markers อาจจะเป็นเครื่องมืออีกชนิดหนึ่งสามารถวัดความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในประชากร และระหว่างประชากรได้

เอกสารอ้างอิง

จารุ นิคม ซัมซูรี ดอฮา และรอวีย๊ะ อาบูเล็ง. (2561). ความหลากหลายทางพันธุกรรมประชากรของปาล์มน้ำมันในพื้นที่อำเภอโคกโพธิ์ จังหวัดปัตตานี ด้วยเทคนิค Microsatellite. *วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มรย.*, 3(2), 115 – 120.

จุฑาพร แสงประจักษ์. (2555). การใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอสำหรับศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและการปรับปรุงพันธุ์ข้าว. *แก่นเกษตร* 40, 299 – 308.

จุฑามาศ ศุภพันธ์. (2558). โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรของปลากระบอก (*Liza subviridis*) ในอ่าวไทย และแนวทางในการอนุรักษ์. *วารสารวิจัยราชภัฏพระนคร สาขาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี,* 10(1), 157 - 175.

นภาพร แก้วดวงดี และอนุชิรา แซ่ตั้ง. (2555). *ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสายพันธุ์มะพร้าว.* กรุงเทพฯ : สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏบ้านสมเด็จเจ้าพระยา.

รอกีเยาะห์ เจ๊ะหลง ปรียา แก้วอ่อน และจารุ นิคม. (2561). ศึกษาการประยุกต์ใช้เทคนิคเครื่องหมายดีเอ็นเอในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปาล์มน้ำมัน ปลูกในพื้นที่ อำเภอหนองจิก จังหวัดปัตตานี ใน *การประชุมวิชาการระดับชาติด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีเครือข่ายภาคใต้ ครั้งที่ 3 ประจำปี 2561.* วันที่ 13 พ.ค. 2561. ยะลา : มหาวิทยาลัยราชภัฏยะลา.

ฤทธิ์ วัฒนชัยยิ่งเจริญ. (2553). *การวิเคราะห์ความหลากหลายของพืชโดยวิธีอณูชีววิทยา.* (พิมพ์ครั้งที่ 1). กรุงเทพฯ : ศูนย์การพิมพ์สำนักสื่อและเทคโนโลยีการศึกษา มหาวิทยาลัยศรีนครินทรวิโรฒ.

วีระเกียรติ ทรัพย์มี. (2558). โครงสร้างพันธุศาสตร์ประชากรและประวัติประชากรของปลาตะกรับ (*Scatophagus argus*) ในภาคใต้ของประเทศไทย. *วารสารวิจัยราชภัฏพระนคร*, *10*(2), 38–56.

เศรษฐา ศิริพินทุ์ และมัลลิกา จินดาชิงห์. (2555). ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพันธ์ถั่วเหลืองฝักสดโดยเทคนิคโมเลกุลเครื่องหมายเอสเอสอาร์.*วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร*, 43(2)(พิเศษ), 525-528.

หทัยรัตน์ อุไรรงค์ อรรัตน์ วงศ์ศรี และนัยเนตร เจริญสันติ ทานากะ. (2560). การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมและการจำแนกชนิดพันธุ์ปาล์มน้ำมันด้วยเครื่องหมายโมเลกุล. *วารสารวิชาการเกษตร*, *35*(2), 117 – 136.

ฮูดา แก้วศรีสม. (2557). *การศึกษาพันธุกรรมของเรียนพื้นบ้าน (Durio zibethinus Murr.) ในภาคใต้โดยใช้เครื่องหมายอาร์พีดี และไมโครแซทแทลไลท์.* สงขลา : สาขาพืชศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์.

Avise, J. C., Neigel, J. E. & Arnold, J. (1984). Demographic influenceson mitochondrial DNA lineage survivorship inanimal populations. *Journal of Molecular Evolution*, *20*, 99 – 105.

Excoffier, L., & Lischer, H. E. (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources, 10*, 564-567.

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution, 35*, 1547-1549.

Rogers, A. R. (1995). Genetic evidence for a Pleistocene population explosion. *Evolution*, 49, 608 - 615.

Ting, N. C., Jansen, J., Mayes, S., Massawe, F., Sambanthamurthi, R., Ooi, L. C. L., Chin, C. W. Arulandoo, X., Seng, T. Y., Alwee, S. S. R. S., Ithnin, M. & Singh, R. (2014). High density SNP and SSR-based genetic maps of two independent oil palm hybrids. *BMC Genomics, 15*, 309 - 319.

Zhou, L. X., Xiao, Y., Xia, W. & Yang, Y. D. (2015). Analysis of genetic diversity and populationstructure of oil palm (*Elaeis guineesis*) From China and Malaysia based on species-specific simpie sequence reprat markers. *Genetics and Molecular Research*, *14*(4), 16247 - 16254.