บทที่ 5
วิจารณ์ผลการทดลอง

1. การสกัดสาร1´ acetoxychavicol acetate

เมื่อนำข่าทั้ง 20 ตัวอย่างมาสกัดสารด้วยตัวทำละลาย dichloromethane พบว่าสารสกัดหยาบมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 6.3% ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับ รายงานของ Matsuda *et al.*(2003) ที่สกัดข่าแห้งจากประเทศไทย ด้วยตัวทำละลาย 80% acetone ได้สารสกัดหยาบ 6.6% แต่ในการทดลองของอนุวัฒน์(2545) ได้นำข่าแห้งมาสกัดด้วยตัวทำละลาย dichloromethane ได้สารสกัดหยาบ 1.47% ซึ่งมีค่าต่ำกว่าการทดลองครั้งนี้มาก ที่เป็นเช่นนี้อาจเกิดจากปัจจัยอื่นๆ เช่น อายุของเหง้าข่า แหล่งปลูกข่า ฤดูกาลที่เก็บเกี่ยว เป็นต้น

อนุวัฒน์ (2545) ทดสอบสารต้านเชื้อรา ด้วยวิธี TLC-bioassay พบแถบ fraction ที่สามารถต้านเชื้อราได้ดี 2 fraction คือ L14 (R_f=0.47-0.8) และ L15 (R_f=0.83-1.00) จากนั้น พิทยาและคณะ (2548) ได้วิเคราะห์สารประกอบของ L14 และ L15 ด้วยวิธี Chromatography Mass Spectrometer (GC-MS) พบว่า L14 และ L15 มีสาร 1´acetoxychavicol acetate เป็นส่วนประกอบหลัก ซึ่งมีอยู่ถึง 81.01% และ 30.30% ตามลำดับ เช่นเดียวกับการทดลองของสุวคนธ์ (2540) ที่สกัดสารจากลำต้นใต้ดินของพืช 8 ชนิด คือ ขิง ข่า ขมิ้น กระชาย เผือก และ มันเทศ เมื่อนำสารสกัดหยาบที่ได้มาทำ TLC-bioassay พบว่า พืชทุกชนิดมีสารต้านเชื้อราเมื่อนำสารนั้นไปวิเคราะห์ โดยแก๊สโครมาโตกราฟีและสเปกโตรสโคปี พบว่าเป็นสาร 1´acetoxychavicol acetate และจากรายงานของ Matsuda และคณะ (2003) ซึ่งได้สกัดสาร 1´ acetoxychavicol acetate ด้วยวิธี Column Chromatography จากนั้นวิเคราะห์หาปริมาณสาร ด้วยวิธี HPLC พบสาร 1´ acetoxychavicol acetate 1.10% และในการทดลองครั้งนี้ จะเห็นได้ว่าสาร L14 และ L15 มีองค์ประกอบส่วนใหญ่เป็นสาร 1´ acetoxychavicol acetate ดังนั้นผู้วิจัยจึงใช้สาร L14 และ L15 เป็นตัวประมาณปริมาณของสาร 1´ acetoxychavicol acetate เพื่อเปรียบเทียบในข่าทั้ง 20 ตัวอย่าง พบว่าเปอร์เซ็นต์ของสาร L14 รวมกับ L15 ที่แยกได้มีค่าค่อนข้างสูงคือตั้งแต่ 41.90% ถึง 69.68% ของสารสกัดหยาบ และปริมาณ L14 รวมกับ L15 ค่อนข้างมีความสัมพันธ์กับสายพันธุ์ของข่า กล่าวคือ ข่าที่มีสีเหง้าเป็นสีแดงจะมีปริมาณ L14 รวมกับ L15 มาก ตัวอย่างเช่น ข่าแดง จาก จ.กำแพงเพชร และจาก จ.ลพบุรี ส่วนกลุ่มที่มีข่าที่มีสีเหง้าเป็นสีขาว-ชมพู จะมีปริมาณ L14 รวมกับ L15 น้อย ตัวอย่างเช่น ข่าหยวก และข่าสาคู จาก จ.นครสวรรค์ ซึ่งข้อมูลดังกล่าวจะได้นำไปวิเคราะห์ร่วมกับลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากการทำ AFLP ต่อไป

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

2. การสกัดดีเอ็นเอ

การเปรียบเทียบวิธีการสกัดดีเอ็นเอทั้ง 3 วิธี คือการสกัดด้วยวิธี SDS extraction ชุดน้ำยาสำเร็จรูป และการสกัดด้วยวิธีการดัดแปลงจากวิธีของ Doyle and Doyle พบว่าวิธีการของดัดแปลงจากวิธีการของ Doyle and Doyle ให้ปริมาณและคุณภาพดีเอ็นเอที่ดีที่สุด ส่วนวิธีการ SDS extraction ค่อนข้างจะมีแถบปื้นที่หนามาก อาจเนื่องมาจากการตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยเกลือ อาจทำให้มีเกลือตกค้างอยู่ในตะกอนดีเอ็นเอ และวิธีนี้ไม่ได้ทำการย่อยด้วย Proteinase K และ RNase I ทำให้มีพวกโปรตีนอาร์เอ็นเอปนอยู่ด้วย จึงได้ตะกอนดีเอ็นเอที่ไม่ค่อยบริสุทธิ์ และการใช้ชุดน้ำยาสำเร็จรูป พบว่าดีเอ็นเอมีแถบปื้นเช่นกัน แต่น้อยกว่า วิธีการ SDS extraction และมีส่วนของดีเอ็นเอที่แตกสลายค่อนข้างมากกว่าวิธีการของ Doyle and Doyle อาจเนื่องมาจากในขั้นตอนของการละลายตะกอนดีเอ็นเอด้วยสารละลาย Clean up ตะกอนดีเอ็นเอจะละลายยากมาก ทำให้ต้องเคาะตะกอนดีเอ็นเอแรงๆ เพื่อทำให้ตะกอนละลายจึงเป็นผลให้โมเลกุลของดีเอ็นเอเกิดการแตกหักได้ ดังนั้นจึงเลือกวิธีการดัดแปลงจากวิธีการของ Doyle and Doyle (อุไรวรรณ, 2540) เพื่อใช้ในการสกัดดีเอ็นเอของข่าในการทดลองครั้งนี้

3. การตัดดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Eco*RI และ *Mse*I

เนื่องจากเอนไซม์ตัดจำเพาะทั้ง 2 ต้องการอุณหภูมิในการทำงานที่ต่างกัน คือ *Eco*RI จะทำงานได้ดีที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส และ *Mse*I จะทำงานได้ดีที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส แต่ถ้าให้ *Mse*I ทำงานที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส จะทำงานได้ 10% ตามคำแนะนำของบริษัท Fermentas ซึ่งส่วนใหญ่แล้วมักจะตัดดีเอ็นเอด้วยเอ็นไซม์ทั้ง 2 ที่อุณหภูมิเดียวกัน คือ 37 องศาเซลเซียส ตัวอย่างเช่น สุรินทร์ (2545) แนะนำให้บ่มที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส 2 ชั่วโมง และอจลี (2546) บ่มที่ 37 องศาเซลเซียส 2 ชั่วโมงเช่นเดียวกัน จึงทำการทดสอบสภาวะที่เหมาะสมในการตัดด้วยเอนไซม์ทั้ง 2 ชนิด คือ สภาวะที่ 1 ตัดด้วย *Mse*I ที่ 65 องศาเซลเซียส 3 ชั่วโมง จากนั้นเติม *Eco*RI และบ่มต่อที่ 37 องศาเซลเซียส 3 ชั่วโมง สภาวะที่ 2 คือตัดดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ทั้ง 2 พร้อมกัน บ่มที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส สภาวะที่ 3 ตัดดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ทั้ง 2 พร้อมกัน แต่บ่มที่ 2 อุณหภูมิ คือ 37 องศาเซลเซียส 3 ชั่วโมง และต่อด้วย 65 องศาเซลเซียส 2 ชั่วโมง จากผลการทดลองพบว่าสภาวะที่ 1 ให้ความชัดเจนและมีจำนวนของแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏมากที่สุด ส่วนสภาวะที่ 2 ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏเท่ากับสภาวะที่ 1 แต่ความชัดเจนของแถบดีเอ็นเอน้อยกว่า และสภาวะที่ 3 ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอเลย ที่เป็นเช่นนี้อาจเนื่องมาจากในสภาวะที่ 1 เอนไซม์ทั้ง 2 ได้รับอุณหภูมิที่เหมาะสมในการทำงานทำให้ได้ลักษณะแถบดีเอ็นเอที่มีความชัดเจนที่สุด ส่วน สภาวะที่ 2 เอนไซม์สามารถทำงานได้เช่นกัน แต่ *Mse*I อาจทำงานได้ไม่เต็มที่ ทำให้แถบ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

ดีเอ็นเอที่ได้มีความชัดเจนน้อยลง ส่วนวิธีการที่ 3 นั้นไม่เกิดแถบดีเอ็นเอเลย อาจเนื่องมาจากเอนไซม์ *Mse*I ทำงานไม้ได้เต็มที่ถึงทำงานไม่ได้เลย ซึ่งอาจเกิดจากช่วงอุณหภูมิในการทำงานไม่เหมาะสม คือที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส ซึ่งใช้เวลา 3 ชั่วโมง จากนั้นจึงบ่มต่อที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส 2 ชั่วโมง ซึ่งในช่วงที่บ่ม 3 ชั่วโมง 37 องศาเซลเซียส คุณสมบัติต่างๆของสารละลายอาจเปลี่ยนไป เช่นคุณสมบัติของบัฟเฟอร์ หรือเอนไซม์ *Mse*I เสื่อมสภาพ ทำให้ไม่สามารถทำงานได้เมื่อนำมาเพิ่มปริมาณด้วยวิธีพีซีอาร์ตามวิธีการของเทคนิค AFLP จึงไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอดังกล่าว หรืออาจเกิดจากเอนไซม์ได้รับสภาวะที่ไม่เหมาะสม เช่น ความเข้มข้นของลดลงโซเดียมคลอไรด์ pH สูง มีกลีเซอรอลความเข้มข้นสูง หรือความเข้มข้นของเอนไซม์สูง ทำให้บริเวณจดจำของเอนไซม์เปลี่ยนไป หรือที่เรียกว่าเกิด star activity (สุรินทร์,2545) ทำให้ชิ้นส่วนของดีเอ็นเอไม่สามารถต่อกับ adapter จึงไม่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ด้วยวิธีพีซีอาร์ตามวิธีการของเทคนิค AFLP ได้

4.การคัดเลือกคู่ไพรเมอร์

ทำการทดสอบไพรเมอร์ในขั้นตอน Selective amplification ทั้งหมด 128 คู่ไพรเมอร์ พบว่ามีคู่ไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ จำนวน 105 คู่ จากนั้นคัดเลือกคู่ไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเอที่มีความชัดเจนและมีจำนวนแถบมาก เนื่องจากเมื่อนำไปทดสอบกับตัวอย่างจริง จะทำให้มีโอกาสที่จะพบแถบดีเอ็นเอที่สนใจ หรือมี polymorphic band จำนวนมาก นับจำนวนแถบดีเอ็นเอได้ง่ายขึ้น ดังนั้น จึงคัดเลือกไพรเมอร์ไว้ทั้งหมด 50 ไพรเมอร์ เมื่อทำการทดสอบกับตัวอย่างทั้ง 20 ตัวอย่าง พบว่ามีเพียง 15 คู่ไพรเมอร์เท่านั้น ที่ให้แถบดีเอ็นเอที่มีความชัดเจน และ มี polymorphic band จำนวนมาก จึงเลือกบันทึกข้อมูลเพียง 15 คู่ไพรเมอร์ โดยที่คู่ไพรเมอร์ E-ACT / M-CAG ให้ %polymorphic band มากที่สุด คือ 90.6 เปอร์เซ็นต์ และ คู่ไพรเมอร์ E-AGT / M-CAA ให้ % polymorphic band น้อยที่สุด คือ 71 เปอร์เซ็นต์ และ % polymorphic band เฉลี่ยรวมทุกไพรเมอร์ คือ 82 เปอร์เซ็นต์ จะเห็นได้ว่า % polymorphic band มีค่าค่อนข้างสูงในทุกไพรเมอร์ แสดงให้เห็นว่า ข่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงมาก เปรียบเทียบกับอจลี (2546) ศึกษาความสัมพันธ์จากพันธุกรรมของบัวชั้น โดยวิธีการ AFLP พบแถบดีเอ็นเอที่มีลักษณะเป็น polymorphic band เพียง 27.67 เปอร์เซ็นต์ ดังนั้น คู่ไพรเมอร์ทั้ง 15 คู่ จึงเหมาะสมที่จะนำมาหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข่ากับปริมาณสาร 1´ acetoxychavicol acetate เป็นอย่างมาก เพราะโอกาสที่จะพบแถบดีเอ็นเอที่เฉพาะเจาะจงกับ ปริมาณสารก็จะมีมากขึ้น เนื่องจากมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

5.แถบดีเอ็นเอที่มีความสัมพันธ์กับปริมาณสาร 1´ acetoxychavicol acetate

พบว่าไม่พบแถบดีเอ็นเอที่มีความสัมพันธ์กับปริมาณสาร 1´ acetoxychavicol acetate ตามกลุ่มที่จัดไว้ในตารางที่ 4 แต่พบแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจงกับตัวอย่างที่ 14 ซึ่งเป็นตัวอย่างที่มีปริมาณน้อยที่สุด คือ 41.9 เปอร์เซ็นต์ โดยพบในคู่ไพรเมอร์ E-ACT/M-CAG และ E-ATC/ M-CAC มีขนาดโมเลกุลประมาณ 404 คู่เบส และอยู่ในช่วง 404-489 คู่เบส ตามลำดับ ที่เป็นเช่นนี้อาจเกิดจากคู่ไพรเมอร์ที่คัดเลือกมายังไม่เหมาะสม สำหรับหาความสัมพันธ์ระหว่างตัวอย่างข่า กับปริมาณสาร หรือ อาจเกิดจากข่าทุกตัวอย่างมีความสามารถในการผลิตสาร ไม่แตกต่างกันมาก กล่าวคือ ปริมาณสารที่ตรวจสอบได้ มีค่าอยู่ระหว่าง 41.9-69.68 เปอร์เซ็นต์ ในทางสถิติแล้ว อาจมีความแตกต่างกันจริง แต่ถ้าเป็นในด้านการแสดงออกของยีนแล้ว ถือว่ายีนที่เกี่ยวข้องกับการผลิตสาร 1´ acetoxychavicol acetate ยังคงทำงานได้ใกล้เคียงกัน ไม่มีตัวอย่างใดที่ไม่มีการผลิตสารเลย หรือ มีปริมาณสารน้อยมาก ๆ แต่ความแตกต่างที่เกิดขึ้น อาจเนื่องมาจากความสามารถอื่น ๆ ของตัวอย่างข่าแต่ละพันธุ์ เช่น การมีทรงพุ่มที่ใหญ่และสูง ทำให้สามารถสังเคราะห์แสง และ สะสมอาหารได้มาก ส่งผลให้มีสารตั้งต้นในการผลิตสารมากกว่าตัวอย่างอื่น ๆ เป็นต้น ซึ่งความแตกต่างของรูปแบบดีเอ็นเอที่เกิดจากการทำ AFLP จะแสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมที่อาจเกิดจากสาเหตุ ดังนี้

1) เบสที่ตำแหน่งจดจำของเอนไซม์ตัดจำเพาะเปลี่ยนแปลง ตำแหน่งการตัดจึงหายไป หรือเบสเปลี่ยนไป ทำให้เกิดตำแหน่งตัดของเอนไซม์ตัดจำเพาะเพิ่มขึ้น

2) มีชิ้นส่วนของดีเอ็นเอเพิ่มขึ้น หรือ ขาดหายไป

3) มีการจัดเรียงตัวของโมเลกุลดีเอ็นเอใหม่ ในช่วงระหว่างตำแหน่งตัดจำเพาะเดิม ทำให้ขนาดของชิ้นส่วนดีเอ็นเอเปลี่ยนแปลงไป

4) การเติมหมู่ Methyl ที่แตกต่างกัน (Lee *et al*. 1997; Folkertsma *et a*l., 1996 อ้างโดย อจลี, 2546)

แสดงว่า ยีนที่เกี่ยวข้องกับการสร้างสารในข่าทั้ง 20 ตัวอย่าง น่าจะมีลำดับเบสที่ใกล้เคียงกัน และ ไม่เกิด mutation กับยีนที่เกี่ยวข้อง ทำให้ทุกตัวอย่างสามารถผลิตสารได้ในเปอร์เซ็นต์ที่ไม่แตกต่างกันมากนัก นอกจากนี้ ยังไม่พบแถบดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กับปริมาณสารตามกลุ่มที่ได้แบ่งไว้ข้างต้น (ตารางที่ 4) และความแตกต่างของปริมาณสารตามกลุ่มที่แบ่งได้ น่าจะเกิดจากแถบดีเอ็นเอที่ได้ไม่ได้มาจากบริเวณจีโนมที่เกี่ยวข้องกับการผลิตสาร 1´ acetoxychavicol acetate หรือมาจากบริเวณที่ใช่ แต่ตำแหน่งที่จับกับไพรเมอร์ต่างกัน หรือลำดับเบสที่แตกต่างไม่มีผลโดยรวมต่อขนาดแถบ จึงไม่สามารถตรวจสอบความแตกต่างได้ หรือ ลักษณะทางพันธุกรรมอื่นที่จะมีผลทางอ้อมกับการผลิตสาร 1´ acetoxychavicol acetate ทำให้ไม่พบความสัมพันธ์ระหว่างแถบดีเอ็นเอกับปริมาณ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

สาร ส่วนแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจงกับข่าหยวกตัวอย่างที่ 14 นั้น อาจเป็นไปได้ว่า เกิดการ กลายพันธุ์ในยีนที่เกี่ยวข้องกับการผลิตสาร ทำให้ตัวอย่างที่ 14 มีปริมาณสารน้อยที่สุด อย่างไรก็ตาม จะต้องนำแถบดีเอ็นเอดังกล่าวมาหาลำดับเบส และเปรียบเทียบลำดับเบสกับฐานข้อมูลพันธุกรรม (GenBank) ซึ่งจะเป็นแนวทางในการดำเนินการต่อไปในอนาคต

6. ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข่าทั้ง 20 ตัวอย่าง

จากการวิเคราะห์ เดนโดแกรม ของข่าทั้ง 20 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มได้เป็น 5 กลุ่ม ดังนี้

- กลุ่มที่ 1 มี 10 ตัวอย่าง คือ ข่าแดง ตัวอย่างที่ 1 (KD1) ข่าแดง ตัวอย่างที่ 3 (KD3) ข่าแดง ตัวอย่างที่ 8 (KD8) ข่าหยวก ตัวอย่างที่ 10 (KY10) ข่าหยวก ตัวอย่างที่ 11 (KY11) ข่าหยวก ตัวอย่างที่ 12 (KY12) ข่าหยวก ตัวอย่างที่ 13 (KY13) ข่าหยวก ตัวอย่างที่ 14 (KY14) ข่าลิง ตัวอย่างที่ 15 (KL15) ข่าแดง ตัวอย่างที่ 16 (KD16)
- กลุ่มที่ 2 มี 2 ตัวอย่าง คือ ข่าแดง ตัวอย่างที่ 6 (KD6) และข่าเหลือง ตัวอย่างที่ 9 (KLE9)
- กลุ่มที่ 3 มี 2 ตัวอย่าง คือ ข่าหยวก ตัวอย่างที่ 2 (KY2) และข่าหยวก ตัวอย่างที่ 5 (KY5)
- กลุ่มที่ 4 มี 5 ตัวอย่าง คือ ข่าสาคู ตัวอย่างที่ 4 (KS4) ข่าป่า ตัวอย่างที่ 7 (KP7) ข่าแดง ตัวอย่างที่ 17 (KD17) ข่าแดง ตัวอย่างที่ 18 (KD18) และข่าแดง ตัวอย่างที่ 19 (KD19) ซึ่งในกลุ่มที่ 4 นี้ สามารถแบ่งเป็นกลุ่มย่อยได้อีก 2 กลุ่มคือ 4.1) กลุ่มของข่าแดง (KD17, KD18, KD19) และ 4.2) กลุ่มของข่าพันธุ์ป่า (KS4, KP7)
- กลุ่มที่ 5 คือ ข่าลิง ตัวอย่างที่ 20 (KL20)

พบว่าแต่ละกลุ่มมีลักษณะบางประการที่คล้ายคลึงกันภายในกลุ่ม กล่าวคือ ในข่ากลุ่มที่ 1 เป็นข่าที่มีสีของเหง้าเป็นสีแดง และมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาอื่นๆใกล้เคียงกัน นอก จากนี้ส่วนใหญ่เป็นพันธุ์ที่ปลูกเพื่อการค้า ข่ากลุ่มที่ 2 พบว่ามีสีของเหง้าที่แตกต่างกันคือข่าแดง ตัวอย่างที่ 6 (KD6) มีเหง้าสีแดง และข่าเหลือง ตัวอย่างที่ 9 มีเหง้าสีเหลือง (KLE9) ข่ากลุ่มที่ 3 พบว่าข่าทั้ง 2 เหง้ามีสีขาวซีดแตกต่างจากตัวอย่างอื่นๆอย่างชัดเจนและน่าจะเป็นสายพันธุ์ข่าหยวกที่แท้จริง เพราะมีสีเหง้าขาวซีดคล้ายหยวกกล้วย ส่วนลักษณะทางสัณฐานวิทยาอื่นๆก็ใกล้เคียงกัน กลุ่มที่ 4 แบ่งได้เป็น 2 กลุ่มย่อยอย่างชัดเจน คือ กลุ่มข่าแดง และกลุ่มข่าพันธุ์ป่า กลุ่มที่ 5 ข่าลิง มีความแตกต่างทางสัณฐานวิทยาอย่างชัดเจนกับทุกๆ ตัวอย่าง คือส่วนต่างๆ ของข่าจะมีขนาดเล็กกว่าตัวอย่างอื่นๆ อย่างชัดเจน ดังนั้นข้อมูลของ dendrogram ค่อนข้างมีความสอดคล้องกับข้อมูลทางสัณฐานวิทยาและสายพันธุ์ กล่าวคือข้อมูลทางด้านพันธุกรรมของเครื่องหมายโมเลกุล AFLP สามารถจำแนกกลุ่มที่เป็นสายพันธุ์ทางการค้าที่มีเหง้าเป็นสีแดงออกจากตัวอย่างอื่นๆได้ สามารถจำแนก

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

สายพันธุ์ที่มีสีเหง้าขาวซีดออกจากตัวอยางอื่นๆที่มีสีเหง้าเป็นสีแดงได้ สามารถจำแนกสายพันธุ์ป่าออกจากสายพันธุ์ปลูกได้

ในด้านของความหลากหลายทางพันธุ์กรรมพบว่าในข่าทั้ง 20 ตัวอย่างมีความหลากหลายทางพันธุ์กรรมสูงมาก โดยดูได้จากค่า genetic distance ซึ่งมีค่าสูงสุดถึง 0.68 กล่าวคือค่าที่เข้าใกล้ 1 แสดงว่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมมาก ส่วนค่าที่เข้าใกล้ 0 แสดงว่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมน้อย ดังนั้น ข่าทั้ง 20 ตัวอย่างจึงมีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สูงมาก

7. แถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะเจาะจง (Specific band) กับตัวอย่างข่า

คู่ไพรเมอร์ทั้ง 15 คู่ สามารถให้แถบดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะเจาะจงกับตัวอย่างข่า 5 ตัวอย่าง กล่าวคือ ข่าหยวกตัวอย่างที่ 2 ข่าหยวกตัวอย่างที่ 5 ข่าแดงตัวอย่างที่ 6 ข่าแดงตัวอย่างที่ 14 ข่าลิงตัวอย่างที่ 20 โดยสามารถที่จะนำไปหาลำดับเบส และ ใช้เป็นเครื่องหมายบ่งชี้สายพันธุ์เพื่อประโยชน์ในการคุ้มครองสายพันธุ์ในอนาคตได้ ซึ่งงานในส่วนนี้จะได้ทำต่อไปในอนาคต

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

ตารางที่ 11 เปรียบเทียบลักษณะทางสัณฐานวิทยา ปริมาณสาร L14 รวมกับ L15 และ ความแตกต่างทางพันธุกรรม

ตัวอย่างข่า (ตัวอย่างที่/ชื่อ)	จำแนกข่าตามความแตกต่างของทางพันธุกรรม	%L14 +%L15 /crude extract	สีของตาเหง้า	เส้นผ่านศูนย์กลาง (เซนติเมตร)	ความสูงทรงพุ่ม (เซนติเมตร)	ขนาดใบ (เซนติเมตร)		แหล่งที่มา
						ความกว้าง	ความยาว	
1. ข่าแดง	1[2/]	59.47c[1/]	สีแดง	3.5 – 4.0	90-100	9.0	6.5	พันธุ์ปลูก จ.อุตรดิตถ์
3. ข่าแดง	1	59.04c	สีแดง	3.0-3.5	90-100	8.5	31	พันธุ์ปลูก จ.อุตรดิตถ์
8. ข่าแดง	1	59.08c	สีแดง	4.0-4.5	115-120	7.5	29	พันธุ์ปลูก จ.อุตรดิตถ์
10. ข่าหยวก	1	54.08c	สีแดง-ชมพู	4.5-5.0	90-100	7.0	28	พันธุ์ปลูก จ.กำแพงเพชร
11. ข่าหยวก	1	56.52c	สีแดง-ชมพู	4.5 - 5.0	100-110	7.0	28	พันธุ์ปลูก จ.กำแพงเพชร
12. ข่าหยวก	1	51.37d	สีแดง-ชมพู	4.5 - 5.0	100-110	6.8	26	พันธุ์ปลูก จ.นครสวรรค์
13. ข่าหยวก	1	52.21d	สีแดง-ชมพู	4.5-5.0	100-110	7.0	28	พันธุ์ปลูก จ.นครสวรรค์
14. ข่าหยวก	1	41.90d	สีแดง-ชมพู	4.5-5.0	90-100	7.0	28	พันธุ์ปลูก จ.นครสวรรค์
15. ข่าลิง	1	61.57c	สีแดง-ชมพู	2.0-2.5	120-130	5.0	36	พันธุ์ป่า จ.นครสวรรค์
16. ข่าแดง	1	58.91c	สีแดง	3.5 – 4.0	145-150	9.0	30	พันธุ์ปลูก จ.นครสวรรค์
6. ข่าแดง	2	54.59c	สีแดง	3.0-3.5	80-90	4.5	21	พันธุ์ปลูก จ.อุตรดิตถ์
9. ข่าเหลือง	2	67.34b	สีแดง-เหลือง	3.0-3.5	90-100	6.0	25	พันธุ์ป่า จ.อุตรดิตถ์
2. ข่าหยวก	3	58.03c	สีชมพู-ขาว	4.0 – 5.0	120-130	5.5	32	พันธุ์ปลูก จ.อุตรดิตถ์
5. ข่าหยวก	3	54.02c	สีชมพู-ขาว	3.0 – 3.5	90-100	4.5	30	พันธุ์ปลูก จ.อุตรดิตถ์
4 ข่าสาคู	4	51.38d	สีแดง-ชมพู	2.0-2.5	100-110	8.0	27	พันธุ์ป่า จ.อุตรดิตถ์
7. ข่าป่า	4	59.84c	สีแดง-ชมพู	2.5-3.0	90-100	6.0	27	พันธุ์ป่า จ.อุตรดิตถ์
17. ข่าแดง	4	66.76b	สีแดง	4.0-4.5	110-125	8.0	39	พันธุ์ปลูก จ.ลพบุรี
18. ข่าแดง	4	61.73c	สีแดง	4.0-4.5	110-125	8.0	39	พันธุ์ปลูก จ.ลพบุรี
19. ข่าแดง	4	69.68a	สีแดง-ชมพู	2.5 – 3.0	145-150	5.5	26.5	พันธุ์ปลูก จ.กำแพงเพชร
20. ข่าลิง	5	54.02c	สีแดง-ชมพู	1.0-1.5	50-60	2.5	15	พันธุ์ป่า จ.กาฬสินธุ์

[1/]ค่าเฉลี่ยในคอลัมน์เดียวกันที่ตามหลังด้วยภาษาอังกฤษที่เหมือนกัน ไม่มีความแตกต่างกันอย่างมี นัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ โดยวิธี LSD

[2/]ตัวเลขในคอลัมน์เดียวกันจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน จำแนกจาก dendrogram แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรม ที่ได้จากไพรเมอร์ 15 คู่ โดยเทคนิค AFLP

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved