

ความแปรผันทางพันธุกรรมกระเจียวขาว *Curcuma gracillima* Gagnep. และ *C. parviflora* Wall. ในเขตพรรณพฤกษชาติภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

Genetic Differentiation of *Curcuma gracillima* Gagnep. and *C. parviflora* Wall. by Using ITS and *matK* Sequences in the Northeastern Thailand Floristic Region.

สุทธิธา ขุมกระโทก^{1*}, เกรียงศักดิ์ บุญเที่ยง², ประสิทธิ์ ชุติชูเดช², และ ไพโรจน์ ประมวล³
Sutthira Khumkratok^{1*}, Kriangsuk Boongtiang², Prasit Chutichudet² and Pairot Pramual³

¹สถาบันวิจัยวลัยรุกขเวช; ²ภาควิชาเทคโนโลยีเกษตร คณะเทคโนโลยี; ³ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม จังหวัดมหาสารคาม 44150

¹Walai Rukhavej Botanical Research Institute; ²Department of Agriculture, Faculty of Technology; ³Department of Biology, Faculty of Science, Mahasarakham University, Maha Sarakham, 44150

*Corresponding author: vitexth@gmail.com

บทคัดย่อ

การจำแนกกระเจียวขาว *Curcuma gracillima* Gagnep. และ *C. parviflora* Wall. ด้วยการใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยานั้นยังไม่สามารถระบุชนิดได้อย่างชัดเจน งานวิจัยนี้จึงศึกษาโดยใช้ความผันแปรทางพันธุกรรมบริเวณ Internal transcribed spacer (ITS) และยีน *matK* ในกระเจียวขาว *Curcuma gracillima* Gagnep. และ *C. parviflora* Wall. เพื่อใช้จำแนกกระเจียวขาวทั้งสองชนิดที่พบในเขตพรรณพฤกษชาติภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยด้วยเทคนิคพีซีอาร์และข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณ ITS และยีน *matK* ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ให้ผลผลิตที่มีขนาด 650-700 และ 750-800 คู่เบส ตามลำดับ พบความแตกต่างภายในสปีชีส์และความแตกต่างระหว่างสปีชีส์ในกระเจียวขาวทั้งสองชนิดบริเวณ ITS แตกต่างถึง 11 ตำแหน่ง และบริเวณยีน *matK* 9 ตำแหน่ง พบความผันแปรภายในสปีชีส์ของ *C. gracillima* จากจังหวัดชัยภูมิ แต่ไม่พบในตัวอย่างจากจังหวัดอุบลราชธานี ในขณะที่ความผันแปรระหว่างสปีชีส์ พบความแตกต่างบริเวณ ITS 0.42% และ ยีน *matK* 0.32% เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ ITS และยีน *matK* มาสร้างเดนโดแกรม สามารถจัดได้ 3 และ 2 กลุ่มตามลำดับ ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความผันแปรทางพันธุกรรมกระเจียวขาวทั้งสองชนิดจากแหล่งต่างๆ ในธรรมชาติ ดังนั้นข้อมูลที่ได้จากการศึกษานี้จึงสามารถใช้เป็นข้อมูลในการนำเสนอเพื่อการจัดจำแนกทางอนุกรมวิธานพืชได้

ABSTRACT

The taxonomic status of two species, *Curcuma gracillima* Gagnep and *C. parviflora* Wall is confused because their morphology are very similar. Internal transcribed spacer (ITS) sequences and *matK* gene have proven to be the potential markers to differentiate morphospecies *Curcuma*. Then this study aims to use these markers for differentiating these two morphospecies. A total of 650 – 700 bp and 750 – 800 bp of ITS and *matK* were sequenced, respectively. The intra- and interspecific variation was found at 11 and 9 nucleotide positions of ITS and *matK* sequences, respectively. Intraspecific variation was observed in the *C. gracillima* population in Chaiyaphum but not in Ubon Ratchathani Province. Nucleotide difference was observed interspecies at 0.42% and 0.32% of ITS and *matK* sequence, respectively. Dendrogram shows that *C. parviflora* and *C. gracillima* was distinguished into 3 and 2 clades based on ITS and *matK* sequence, respectively. Our results indicate that high level of genetic diversity was existed within the natural populations of *Curcuma* spp, and the further comprehensive analysis of their morphology and genetics is needed for clarify taxonomical status of these two morphospecies.

คำสำคัญ: ความแปรผันทางพันธุกรรม, ลำดับนิวคลีโอไทด์, ITS, *matK*, *Curcuma gracillima*, *Curcuma parviflora*
Keywords: genetic differentiation, nucleotide sequence, ITS, *matK* gene, *Curcuma gracillima*, *Curcuma parviflora*