



การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกหม้อข้าวหม้อแกงลิงและลูกผสมด้วยเทคนิคสก็อต Genetic Relationships Assessment and Identification of *Nepenthes* and Their Hybrids Using SCoT Technique

กนิณ ตรังตราชู¹, ธีระชัย ธนานันต์¹, นฤมล ธนานันต์^{2*}

¹สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ปทุมธานี 12120

²คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์ ในพระบรมราชูปถัมภ์ ปทุมธานี 13180

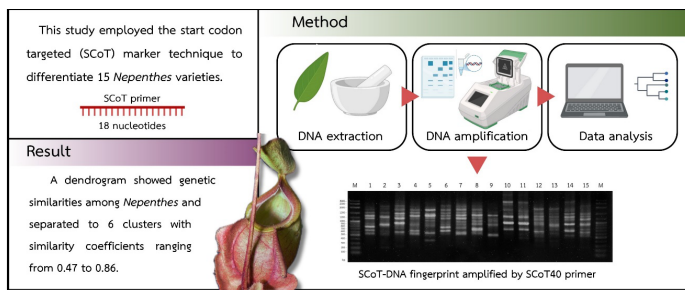
Ganin Trangtrachoo¹, Theerachai Thanananta¹, Narumol Thanananta^{2*}

¹Department of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, Thammasat University, Pathum Thani 12120

²Faculty of Science and Technology, Valaya Alongkorn Rajabhat University under Royal Patronage, Pathum Thani 13180

Received 19 March 2025; Received in revised 26 June 2025; Accepted 3 July 2025

GRAPHICAL ABSTRACT



ABSTRACT

The pitcher plant (*Nepenthes*) is a carnivorous species with high ornamental value due to the aesthetic appeal of its pitchers. This makes it a popular choice for decorative purposes and plant collections. However, identifying *Nepenthes* based solely on morphological characteristics can be challenging because many hybrids closely resemble one another. This study employed the Start Codon Targeted (SCoT) marker technique to differentiate 15 *Nepenthes* varieties, including eight species and seven hybrids. Of the 80 SCoT primers tested, 19 produced clear and

highly polymorphic amplification profiles. Polymorphic primers were selected based on band clarity and the degree of polymorphism observed. Genetic relationships were analyzed using the Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA), revealing similarity coefficients ranging from 0.47 to 0.86. The samples were grouped into six distinct clusters.

คำสำคัญ

หม้อข้าวหม้อแกงลิง;
การจำแนก;
ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม;
สก็อต

Keywords

Nepenthes; Identification;
Genetic relationship; SCoT

บทคัดย่อ

หม้อข้าวหม้อแกงลิงเป็นพืชกินแมลงที่มีมูลค่าสูงในตลาดไม้ประดับเนื่องจากความสวยงาม โดยนิยมนำมาเป็นไม้ประดับและสะสม ปัจจุบันการจำแนกหม้อข้าวหม้อแกงลิงจากลักษณะสัณฐานเพียงอย่างเดียวอาจทำให้เกิดความสับสนเนื่องจากความคล้ายคลึงของลูกผสมที่มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม งานวิจัยนี้จึงใช้เทคนิคสก็อตในการจำแนกหม้อข้าวหม้อแกงลิงและลูกผสม 15 พันธุ์ ประกอบด้วยพันธุ์แท้ 8 พันธุ์ และลูกผสม 7 พันธุ์ การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของหม้อข้าวหม้อแกงลิงด้วยเทคนิคพีซีอาร์โดยใช้ไพรเมอร์สก็อต 80 ชนิด พบว่าไพรเมอร์ 19 ชนิด ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่มีความคมชัดและมีความหลากหลายสูง เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยเลือกการจัดกลุ่มแบบ Unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) พบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน 0.47 ถึง 0.86 และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์โดยจัดกลุ่มหม้อข้าวหม้อแกงลิงเป็น 6 กลุ่ม

*ผู้รับผิดชอบบทความ: narumol@vru.ac.th

DOI: 10.14456/tstj.2025.47

1. บทนำ

หม้อข้าวหม้อแกงลิง (*Nepenthes*) เป็นพืชกินแมลงที่พบมากในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ มีถิ่นอาศัยหลักอยู่ในบริเวณที่มีความอุดมสมบูรณ์ของธาตุอาหารต่ำ เป็นไม้เลื้อยที่สามารถเจริญเติบโตบนพื้นดินหรือยึดเกาะกับพืชพรรณอื่น หม้อข้าวหม้อแกงลิงจัดเป็นพืชใบเลี้ยงคู่ มีใบเดี่ยวรูปร่างขอบใบขนานจนถึงรูปไข่ โดยมีเส้นกลางใบที่ยึดออกเป็นสายสำหรับเกาะเกี่ยวเมื่อเจริญเติบโตเต็มที่ยื่นปลายของสายจะพัฒนาเป็นกระเปาะดักแมลงและสิ่งมีชีวิตขนาดเล็ก ซึ่งช่วยเสริมการได้รับสารอาหารเพิ่มเติมจากสิ่งแวดล้อม กระเปาะมักมีสีส้มและลวดลายที่โดดเด่นเพื่อดึงดูดเหยื่อ [1] ทำให้ได้รับความนิยมเพิ่มขึ้นในตลาดไม้ประดับและมีการพัฒนาลูกผสมเพื่อเพิ่มความหลากหลายของรูปร่างและสีส้ม ทำให้ตลาดขยายตัวมากขึ้นอย่างมาก [2]

การจำแนกของหม้อข้าวหม้อแกงลิงโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพียงอย่างเดียวนั้น อาจทำให้เกิดความสับสนในชนิดที่มีความคล้ายคลึงกัน หรือแม้กระทั่งลูกผสมมีลักษณะคล้ายคลึงกัน [3] ซึ่งการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอในการคัดเลือก (Marker-assisted selection, MAS) ในการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุชนิดของพืชมีบทบาทสำคัญในการวางแผนการคัดเลือกพันธุ์เพื่อการอนุรักษ์และการปรับปรุงพันธุ์ ซึ่งเป็นวิธีที่ใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการคัดเลือกพันธุ์ที่มีลักษณะตามที่ต้องการ [4] ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์ คือ ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกหม้อข้าวหม้อแกงลิงและลูกผสมด้วยเทคนิคสก็อตเพื่อเป็นข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์และอนุรักษ์

เทคนิคสก็อต เป็นเทคนิคที่ใช้ในการศึกษาทางพันธุศาสตร์และจีโนมของพืช โดยเน้นบริเวณรอบๆ โคดอนเริ่มต้น (Start codon) คือ ATG ซึ่งเป็นบริเวณที่มีความอนุรักษ์สูงในยีนของพืช นอกจากนี้การออกแบบไพรเมอร์สำหรับเครื่องหมายสก็อตนั้นไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอเป้าหมาย

ทำให้สามารถใช้เครื่องหมายนี้ได้ทั้งในพืชหลายชนิด คล้ายกับเทคนิคอาร์เอพีดี (RAPD, Random amplification of polymorphic DNA หรือเทคนิคไอเอสเอสอาร์ (ISSR, Inter simple sequence repeats) โดยเทคนิคสก็อตเป็นเทคนิคที่ไม่ยุ่งยาก ประหยัดค่าใช้จ่าย และใช้ไพรเมอร์เพียงสายเดียวในการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์ [5] อีกทั้งยังพบว่าเครื่องหมายสก็อตมีประสิทธิภาพในการจำแนกสูงกว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบเด่น (Dominant marker) ชนิดอื่น ดังนั้นเครื่องหมายสก็อตจึงสามารถใช้ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของพืชได้อย่างมีประสิทธิภาพ [6]

2. วิธีการ

2.1 ตัวอย่างหม้อข้าวหม้อแกงลิง

ตัวอย่างหม้อข้าวหม้อแกงลิง 15 พันธุ์ ประกอบด้วยพ่อแม่ 8 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa* M.Catal., *N. ampullaria* Jack, *N. northiana* Hook.f., *N. mirabilis* (Lour.) Druce, *N. rafflesiana* Jack, *N. bicalcarata* Hook.f., *N. suratensis* M.Catal. และ *N. × hookeriana* H.Low และลูกผสม 7 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. ampullaria*, *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. northiana*, *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. mirabilis*, *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. rafflesiana*, *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. bicalcarata*, *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. suratensis* และ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. × hookeriana*

2.2 การสกัดดีเอ็นเอ

ดีเอ็นเอของหม้อข้าวหม้อแกงลิงแต่ละตัวอย่างสกัดจากใบอ่อนด้วยวิธี CTAB โดยบดใบอ่อน 2 กรัมในไซฟเฟอร์สกัด (Extraction buffer; 4% (w/v) CTAB, 2.5 M NaCl, 0.6% (w/v) SDS, 20 mM EDTA pH 8.0, 100 mM Tris-HCl pH 8.0 และ 0.1% (w/v) Sodium metabisulfite) ซึ่งดัดแปลงจากวิธีการของ

Doyle, J.J. and Doyle, J.L. [7] แล้วตรวจสอบคุณภาพด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสบนเจลอะกาโรส (Agarose gel electrophoresis) ความเข้มข้น 0.8% และวัดปริมาณของดีเอ็นเอที่สกัดได้ด้วยวิธียูวีสเปกโตรโฟโตเมทรี (UV Spectrophotometry) โดยวัดค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 nm หลังจากนั้นปรับความเข้มข้นของดีเอ็นเอเป็น 100 ng/ μ L และเก็บตัวอย่างดีเอ็นเอไว้ที่อุณหภูมิ -20°C [8]

2.3 การตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคสก็อต

2.3.1 การคัดเลือกไพรเมอร์

ผสมตัวอย่างดีเอ็นเอของหม้อข้าวหม้อแกงลิงทั้ง 15 พันธุ์ ในปริมาณที่เท่ากัน นำไปทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสด้วยไพรเมอร์สก็อต 80 ชนิด โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ (100 ng) ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสในบัฟเฟอร์ (ประกอบด้วย 50 mM KCL, 20 mM Tris-HCL pH 8.4 และ 2.5 mM MgCl₂) ที่มีนิวคลีโอไทด์ 4 ชนิด (dATP, dCTP, dGTP และ dTTP) ชนิดละ 200 μ M ไพรเมอร์สก็อตความเข้มข้น 250 nM และเอนไซม์ *Taq* DNA polymerase (Vivantis, Vivantis Technologies Sdn. Bhd., Malaysia) ปริมาณ 1 Unit โดยขั้นตอนของปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสประกอบด้วย (1) บ่มที่อุณหภูมิ 94°C เป็นเวลา 3 นาที (2) บ่มที่อุณหภูมิ 94°C นาน 30 วินาที อุณหภูมิ 46°C นาน 30 วินาที อุณหภูมิ 72°C นาน 1 นาที (35 รอบ) และ (3) บ่มที่อุณหภูมิ 72°C นาน 5 นาที แล้วตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสบนเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.5% (w/v) [9]

2.3.2 การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ

คัดเลือกไพรเมอร์สก็อตที่ให้ลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่มีความคมชัดและมีความหลากหลายสูงไปใช้เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของหม้อข้าวหม้อแกงลิงแต่ละตัวอย่างด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส แล้วตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิสบนเจลอะกาโรสความเข้มข้น 1.5% (w/v)

2.4 การวิเคราะห์ผล

วิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของหม้อข้าวหม้อแกงลิงที่ได้จากเทคนิคสก็อต โดยเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอที่ให้ความเหมือนและความแตกต่างระหว่างตัวอย่างคำนวณค่าดัชนีความเหมือน (Similarity index) ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.0 เพื่อวัดระดับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของตัวอย่างทั้งหมด และสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ (Dendrogram) โดยเลือกการจัดกลุ่มแบบ UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic mean) เพื่อจัดกลุ่มตัวอย่างตามระดับความคล้ายคลึงทางพันธุกรรม [10]

3. ผลการทดลองและวิจารณ์

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของหม้อข้าวหม้อแกงลิงด้วยไพรเมอร์สก็อต 80 ชนิด พบว่าไพรเมอร์สก็อต 19 ชนิด (Table 1) ที่เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้อย่างมีประสิทธิภาพเมื่อพิจารณาจากค่าเปอร์เซ็นต์ความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอ ซึ่งเป็นตัวชี้วัดความสามารถของไพรเมอร์ในการตรวจจับความผันแปรทางพันธุกรรม ยิ่งค่าสูง ไพรเมอร์ยิ่งมีประสิทธิภาพสูง จึงเหมาะแก่การใช้จำแนกตัวอย่างที่มีความใกล้เคียงกันทางพันธุกรรม [11] เมื่อนำไพรเมอร์สก็อตทั้ง 19 ชนิด มาใช้สร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของหม้อข้าวหม้อแกงลิง จำนวน 15 ตัวอย่าง พบว่าให้แถบดีเอ็นเอที่มีความหลากหลายรูป 261 แถบ โดยมีขนาด 150-3,000 คู่เบส และพบว่าไพรเมอร์สก็อต 10 ชนิด สามารถจำแนกความแตกต่างลายพิมพ์ดีเอ็นเอแต่ละตัวอย่างของหม้อข้าวหม้อแกงลิงออกจากกันได้แก่ SCoT3 (CAACAATGGCTACCACCG), SCoT6 (CAACAATGGCTACCACGC), SCoT13 (ACGACATGGCGACCATCG), SCoT18 (GCAACAATGGCTACCACC), SCoT32 (CCATGGCTACCACCGCAC), SCoT34 (ACCATGGCTACCACCGCA), SCoT40 (ACGACATGGCGACCACGT), SCoT46 (CCATGGCTACCACCGGCA), SCoT66

Table 1 List of selected SCoT primers used in the study

Primers	Nucleotide sequences (5'→3')	No. of amplified bands	No. of polymorphic bands	Percentages of polymorphic bands (%)
SCoT3	CAACAATGGCTACCACCG	17	13	76.47
SCoT6	CAACAATGGCTACCACGC	11	11	100
SCoT12	ACGACATGGCGACCAACG	13	13	100
SCoT13	ACGACATGGCGACCATCG	14	14	100
SCoT18	GCAACAATGGCTACCACC	13	13	100
SCoT32	CCATGGCTACCACCGCAC	13	12	92.30
SCoT34	ACCATGGCTACCACCGCA	17	17	100
SCoT40	ACGACATGGCGACCACGT	16	15	93.75
SCoT46	CCATGGCTACCACCGGCA	13	12	92.30
SCoT51	ACAATGGCTACCACTGTC	10	10	100
SCoT59	ACAATGGCTACCACCATC	15	12	80.00
SCoT63	ACCATGGCTACCACGGGC	17	17	100
SCoT65	ACCATGGCTACCACGGCA	16	14	87.50
SCoT66	ACCATGGCTACCAGCGAG	13	13	100
SCoT67	ACCATGGCTACCAGCGGC	11	10	90.90
SCoT68	ACCATGGCTACCAGCGTC	14	14	100
SCoT69	ACCATGGCTACCAGCGCA	16	15	93.75
SCoT71	CCATGGCTACCACCGCCG	11	9	81.81
SCoT77	CCATGGCTACCACTACCC	11	8	72.72

(ACCATGGCTACCAGCGAG) และ SCoT69 (ACCATGGCTACCAGCGCA)

การวิเคราะห์หลายพหุพดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิค สก๊อตด้วยโปรแกรม NTSYS-pc รุ่น 2.0 โดยเลือกการ จัดกลุ่มแบบ UPGMA พบว่าได้ค่าสัมประสิทธิ์ความ เหมือนอยู่ระหว่าง 0.47 ถึง 0.86 (Figure 1) ซึ่งเห็นว่า บางคู่มีความใกล้ชิดกันสูง ในขณะที่บางคู่มีความแตกต่างกันมาก ซึ่งอาจเป็นผลจากการคัดเลือกพันธุ์โดยมนุษย์ และการผสมข้ามระหว่างชนิดที่เกิดขึ้นเองในธรรมชาติ โดยหม้อข้าวหม้อแกงลิงที่มีความใกล้ชิดกันทาง พันธุกรรมมากที่สุด คือ *N. bicalcarata* กับ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. bicalcarata* และหม้อ ข้าวหม้อแกงลิงที่มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมน้อย ที่สุด คือ *N. bicalcarata* กับ *N. mirabilis* โดยแผนภูมิ ความสัมพันธ์ที่ได้เมื่อพิจารณาค่าดัชนีความเหมือนที่

0.64 สามารถจัดกลุ่มหม้อข้าวหม้อแกงลิงเป็น 6 กลุ่ม (Figure 2) โดยกลุ่มแรกมีสมาชิก 5 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa*, *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. northiana*, *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. mirabilis*, *N. mirabilis* และ *N. northiana* กลุ่ม สองมีสมาชิก 2 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. rafflesiana* และ *N. rafflesiana* กลุ่มสามมี สมาชิก 2 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. ampullaria* และ *N. ampullaria* กลุ่มสี่มีสมาชิก 2 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. bicalcarata* และ *N. bicalcarata* กลุ่มห้ามีสมาชิก 2 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. × hookeriana* และ *N. × hookeriana* กลุ่มหกมีสมาชิก 2 พันธุ์ ได้แก่ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. suratensis* และ *N. suratensis* หม้อข้าวหม้อแกง

<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i>	1.00																		
<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i> × <i>N. ampullaria</i>	0.62	1.00																	
<i>N. ampullaria</i>	0.68	0.70	1.00																
<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i> × <i>N. northiana</i>	0.75	0.57	0.67	1.00															
<i>N. northiana</i>	0.65	0.59	0.65	0.74	1.00														
<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i> × <i>N. mirabilis</i>	0.71	0.61	0.66	0.70	0.66	1.00													
<i>N. mirabilis</i>	0.74	0.59	0.65	0.69	0.65	0.81	1.00												
<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i> × <i>N. rafflesiana</i>	0.63	0.56	0.59	0.62	0.60	0.63	0.65	1.00											
<i>N. rafflesiana</i>	0.61	0.58	0.60	0.61	0.65	0.66	0.62	0.69	1.00										
<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i> × <i>N. bicalcarata</i>	0.53	0.54	0.58	0.56	0.57	0.62	0.56	0.54	0.63	1.00									
<i>N. bicalcarata</i>	0.54	0.51	0.55	0.54	0.52	0.52	0.47	0.51	0.53	0.86	1.00								
<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i> × <i>N. suratensis</i>	0.58	0.59	0.58	0.59	0.57	0.60	0.60	0.50	0.60	0.51	0.50	1.00							
<i>N. suratensis</i>	0.57	0.55	0.57	0.56	0.58	0.57	0.58	0.51	0.59	0.50	0.50	0.79	1.00						
<i>N. mirabilis</i> var. <i>globosa</i> × <i>N. × hookeriana</i>	0.60	0.57	0.61	0.62	0.55	0.66	0.61	0.62	0.65	0.71	0.62	0.59	0.58	1.00					
<i>N. × hookeriana</i>	0.63	0.58	0.62	0.63	0.58	0.66	0.63	0.60	0.66	0.63	0.58	0.60	0.62	0.80	1.00				

Figure 1 Genetic similarity coefficients between samples obtained from 19 SCoT primers

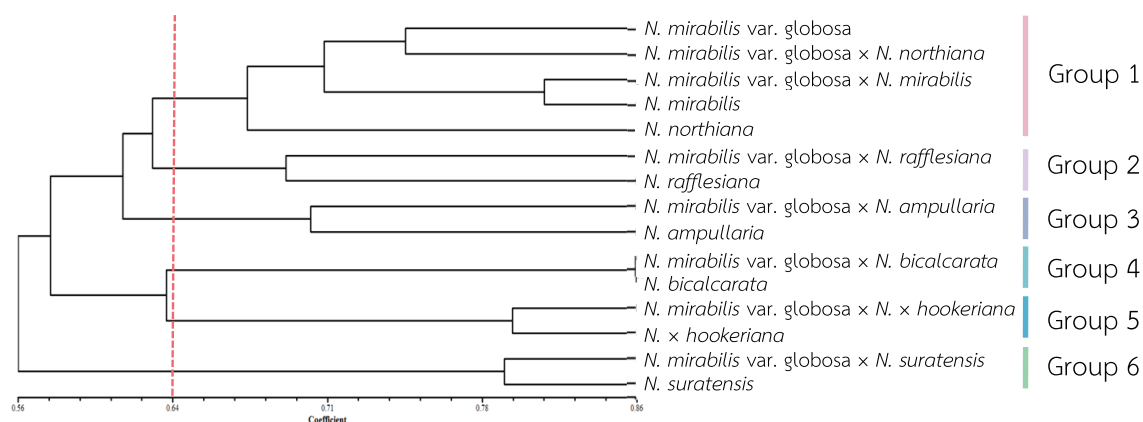


Figure 2 A UPGMA-based dendrogram illustrating the genetic similarity among *Nepenthes* samples

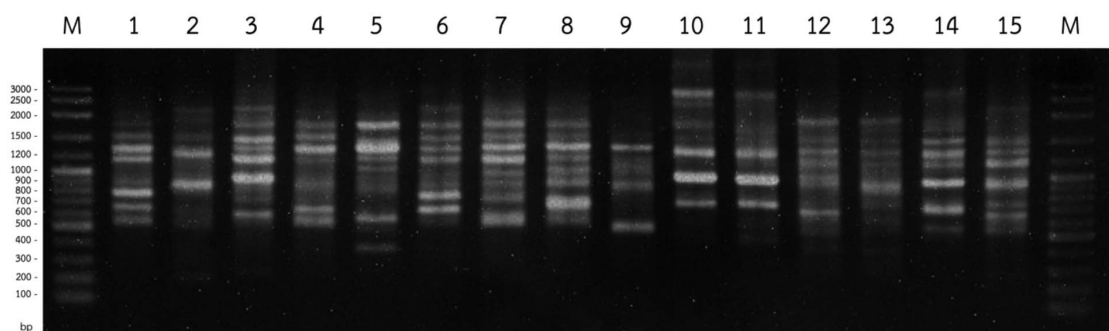


Figure 3 Example of SCoT patterns amplified SCoT40 primer of the *Nepenthes* 15 samples. [Lane M is molecular weight marker 100 bp plus DNA Ladder (Vivantis, Vivantis technologies Sdn. Bhd., Malaysia), Lanes 1-15, (1) *N. mirabilis* var. *globosa* (2) *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. ampullaria* (3) *N. ampullaria* (4) *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. northiana* (5) *N. northiana* (6) *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. mirabilis* (7) *N. mirabilis* (8) *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. rafflesiana* (9) *N. rafflesiana* (10) *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. bicalcarata* (11) *N. bicalcarata* (12) *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. suratensis* (13) *N. suratensis* (14) *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. × hookeriana* and (15) *N. × hookeriana*]

ลิงที่มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันมากที่สุดคือ *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. bicalcarata* และ *N. bicalcarata* โดยมีค่าดัชนีความเหมือน 0.86 และหม้อข้าวหม้อแกงลิงที่มีความใกล้ชิดกันน้อยที่สุดคือ *N. mirabilis* และ *N. bicalcarata* โดยมีค่าดัชนีความเหมือน 0.47

แผนภูมิความสัมพันธ์แสดงถึงความใกล้ชิดของพ่อและลูกผสมที่มากกว่าแม่ ยกเว้น *N. mirabilis* var. *globosa* × *N. northiana* ที่มีความใกล้ชิดกับ *N. mirabilis* var. *globosa* (แม่) มากกว่า *N. northiana* (พ่อ) เมื่อพิจารณาจากลักษณะสัณฐานของกระเปาะพบว่าความคล้ายคลึงของกระเปาะสอดคล้องกับผลการวิจัย โดยความคล้ายคลึงนี้อาจเกิดจากการคัดเลือกพันธุ์โดยมนุษย์เพื่อให้ได้ลักษณะตามต้องการ

การวิจัยครั้งนี้พบว่าแผนภูมิความสัมพันธ์ของหม้อข้าวหม้อแกงลิงทั้ง 15 ตัวอย่าง ที่สร้างจากเทคนิคสก็อตนั้น มีการจัดแบ่งกลุ่มสอดคล้องกับพ่อแม่และลูกผสมที่มีความเกี่ยวข้องทางพันธุกรรม แสดงถึงประสิทธิภาพของเทคนิคสก็อตในการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม การจำแนก และการตรวจพบความผันแปรทางพันธุกรรมในหม้อข้าวหม้อแกงลิงและลูกผสมที่ให้ผลดีกว่าเครื่องหมายอื่น เช่น ไอเอสเอสอาร์ ในการศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมที่เกิดจากใช้สาร 2-iP (2-isopentenyladenine) เพื่อเหนี่ยวนำการเกิดกระเปาะใหม่ของหม้อข้าวหม้อแกงลิง [12] เช่นเดียวกับงานวิจัยในพืชชนิดอื่นที่เคยรายงานมาแล้ว ได้แก่ การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุชนิดของกล้วยไม้รองเท้านารีสกุล *Paphiopedilum* สกุลย่อย *Brachypetalum* หมู่ *Brachypetalum* [13] การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการระบุชนิดของกล้วยไม้สกุลรองเท้านารีกลุ่มใบเขียว [14] การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกข้าวปลุกบางพันธุ์ด้วยเครื่องหมายสก็อต [15] การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกพริกด้วยเครื่องหมายสก็อต [16] การประเมินความสัมพันธ์ทาง

พันธุกรรมและการจำแนกกล้วยด้วยเครื่องหมายสก็อต [17] การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกระต้อนด้วยเครื่องหมายสก็อต [18] การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการจำแนกทุเรียนด้วยเครื่องหมายสก็อต [19] การประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพืชครามสกุล *Indigofera* โดยใช้เทคนิคสก็อต [20] เป็นต้น

4. สรุป

การวิจัยนี้ใช้เครื่องหมายสก็อตเพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของหม้อข้าวหม้อแกงลิงและลูกผสม โดยคัดเลือกไพรเมอร์สก็อต 80 ชนิด และพบว่าไพรเมอร์สก็อต 19 ชนิด สามารถสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่มีความคมชัดและมีความหลากหลายสูง เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์พบว่าได้ค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมระหว่างหม้อข้าวหม้อแกงลิง 15 พันธุ์ พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 0.47 ถึง 0.86 และแผนภูมิความสัมพันธ์ที่ได้สามารถแบ่งหม้อข้าวหม้อแกงลิงเป็น 6 กลุ่ม โดยผลการวิจัยนี้ยืนยันว่าเทคนิค SCoT มีประสิทธิภาพในการจำแนกพันธุ์และประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของหม้อข้าวหม้อแกงลิงและลูกผสม อย่างไรก็ตามเพื่อเพิ่มความแม่นยำและความครอบคลุมในการวิเคราะห์อาจผสมผสานเครื่องหมายโมเลกุลชนิดอื่นร่วมกับการจำแนกโดยใช้ลักษณะทางสัณฐาน เพื่อช่วยให้เข้าใจโครงสร้างทางพันธุกรรมของหม้อข้าวหม้อแกงลิงและเป็นที่ปัจจัยสำคัญสำหรับการอนุรักษ์และการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต

5. กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ ดร.สัญญา นวลละออง ที่ให้ความอนุเคราะห์ตัวอย่างหม้อข้าวหม้อแกงลิงสำหรับใช้ในการวิจัยนี้ ผลงานนี้ได้รับทุนสนับสนุนจากทุนบัณฑิตเรียนดี เพื่อศึกษาต่อระดับบัณฑิตศึกษา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (ตามสัญญาเลขที่ ทบ 11/2566)

6. เอกสารอ้างอิง

- [1] Ellison, A.M. and Gotelli, N.J., 2009, Energetics and the evolution of carnivorous plants-Darwin's most wonderful plants in the world, *J. Exp. Bot.* 60(1): 19-42.
- [2] Sunshine Horticulture 2025, Winged beauty: Exploring the Fascinating World of *Nepenthes Alata* as an Ornamental Marvel, Available Source: <https://www.sunshinehorticulture.com/blogs/news/winged-beauty-exploring-the-fascinating-world-of-nepenthes-alata-as-an-ornamental-marvel>, February 14, 2025.
- [3] Gorji, A., Poczai, P., Polgár, Z. and Taller, J., 2011, Efficiency of arbitrarily amplified dominant markers (SCOT, ISSR and RAPD) for diagnostic fingerprinting in tetraploid potato, *Am. J. Potato Res.* 88: 226-237.
- [4] Saidon, N.A., Wagiran, A., Samad, A.F.A., Mohd Salleh, F., Mohamed, F., Jani, J. and Linatoc, A.C., 2023, DNA barcoding, phylogenetic analysis and secondary structure predictions of *Nepenthes ampullaria*, *Nepenthes gracilis* and *Nepenthes rafflesiana*, *Genes* 14(3): 697.
- [5] Saengprajak, J., 2012, Application of DNA markers for assessment of genetic diversity and rice improvement, *Khon Kaen Agr. J.* 40(3): 299-308.
- [6] Rai, M.K., 2023, Start codon targeted (SCoT) polymorphism marker in plant genome analysis: Current status and prospects, *Planta* 257(2): 34.
- [7] Doyle, J.J. and Doyle, J.L., 1987, A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue, *Phytochem. Bull.* 19: 11-15.
- [8] Sambrook, J., Fritsch, E.F. and Maniatis, T., 1989, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- [9] Thanananta, N., Jiemjuejun, J. and Thanananta, T., 2017, Genetic relationship assessment and identification of orchids in the genus *Eria* using SCoT markers, *Thai J. Sci. Technol.* 6(2): 152-160. (in Thai)
- [10] Rohlf, F.J., 2002, NTSYSpc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Applied Biostatistics, Inc., New York.
- [11] Collard, B.C.Y. and Mackill, D. J., 2008, Start Codon Targeted (SCoT) polymorphism: A simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants, *Plant Mol. Biol. Report.* 27(1): 86-93.
- [12] Bhattacharjee, S., Washmin, N., Borah, T., Sarkar, A., Mudoi, K.D., Saikia, S.P., Verma, J.S. and Banik, D., 2024, Conspectus on endangered carnivorous pitcher plant *Nepenthes khasiana* Hook.f. emphasizing *in vitro* regeneration, pitcher development, and stability in genetic makeup, *S. Afr. J. Bot.* 167: 270-284.
- [13] Thanananta, N., Meesangiem, T. and Thanananta, T., 2017, Genetic relationship assessment and identification of

- Paphiopedilum* subgenus *Brachypetalum* section *Brachypetalum* using SCoT markers, Thai J. Sci. Technol. 6(2): 161-170.
- [14] Thanananta, N., Siritheptawee, P., Khumphai, P. and Thanananta, T., 2017, Genetic relationship assessment and identification of strap-leaf *Paphiopedilum* using SCoT markers, Thai J. Sci. Technol. 6(2): 171-178.
- [15] Singhsilarak, T., Jiemjuejun, J., Kunpuksri, P., Thanananta, T. and Thanananta, N., 2017, Genetic relationship assessment and identification of some grown rice cultivars using SCoT markers, Thai J. Sci. Technol. 6(3): 252-261.
- [16] Meesangiem, T., Kunpuksri, P., Thanananta, T. and Thanananta, N., 2017, Genetic relationship assessment and identification of pepper using SCoT markers, Thai J. Sci. Technol. 6(3): 262-270.
- [17] Siritheptawee, P., Maneenet, T., Kunpuksri, P., Thanananta, T. and Thanananta, N., 2017, Genetic relationship assessment and identification of banana using SCoT markers, Thai J. Sci. Technol. 6(3): 271-278.
- [18] Thanananta, T., Meesangiem, T. and Poeaim, S., 2017, Genetic relationship assessment of santol using SCoT Markers, Thai Sci. Technol. J. 25(6): 1015-1024.
- [19] Singhsilarak, T., Thanananta, T. and Thanananta, N., 2018, Assessment of genetic relationship and identification of durian (*Durio zibethinus* Murr.) using SCoT markers, Thai J. Sci. Technol. 7: 213-222.
- [20] Thanananta, N., Buaban, S. and Thanananta, T., 2020, Genetic relationship assessment of indigo plant (*Indigofera* Linn.) using SCoT technique, Thai J. Sci. Technol. 9(2): 333-341.