

การวิเคราะห์พันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้านในภาคใต้โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์

Genetic analysis of indigenous durian (*Durio zibethinus* Merr.) in southern Thailand using microsatellite markers

ฮุดา แก้วศรีสม^{1,2*}, กรกช นาคคณอง¹ และ จรัสศรี นวลศรี¹

Huda Kaewsrissom^{1,2*}, Korakot Nakkanong¹ and Charassri Nualsri¹

บทคัดย่อ: ภาคใต้เป็นแหล่งของความหลากหลายทางพันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้าน หลายพันธุ์อาจมีศักยภาพในการพัฒนาในเชิงการค้า หรือใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์ ดังนั้นวัตถุประสงค์งานวิจัยนี้เพื่อวิเคราะห์พันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้านในภาคใต้โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ ทำการศึกษาโดยเก็บตัวอย่างใบทุเรียนพื้นบ้านในเขตจังหวัดสงขลา นครศรีธรรมราช กระบี่ พังงา และยะลาจำนวนทั้งหมด 67 ต้น สกัดดีเอ็นเอและทดสอบกับไพรเมอร์จำนวน 6 คู่ จากการศึกษาพบว่าอัลลีล 2-6 อัลลีล เฉลี่ย 3.5 อัลลีลต่อคู่ไพรเมอร์และเมื่อนำข้อมูลดังกล่าวมาวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA ในโปรแกรม NTSYS พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มทุเรียนพื้นบ้านภาคใต้ได้เป็น 6 กลุ่ม โดยมีค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.52-0.95 จากผลการศึกษาสามารถนำเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์มาใช้เป็นข้อมูลในการคัดเลือกพันธุ์เพื่อปรับปรุงพันธุ์ทุเรียนในอนาคต

คำสำคัญ: ทุเรียน, ไมโครแซทเทลไลต์, การวิเคราะห์พันธุกรรม

ABSTRACT: Southern Thailand is a source of indigenous durian diversity that can be developed for commercial or used as genetic materials for breeding program. The aims of this research were to assess the genetic diversity and relatedness of indigenous durian in southern Thailand using microsatellite markers. Leaf samples of 67 indigenous durian trees were collected from Songkhla, Nakhon Si Thammarat, Krabi, Phangnga and Yala provinces. DNA from each leaf was extracted and microsatellite was performed with 6 primer pair. It was found that the number of allele range from 2 to 6 with an average 3.5 alleles/primer pair. Genetic similarity was analyzed using UPGMA and dendrogram was constructed by NTSYS program. Based on dendrogram, six clusters could be separated with genetic similarity index ranging from 0.52-0.95. Information obtained from the present study, can be used for identification and selection in breeding program.

Keywords: durian (*Durio zibethinus* Merr.), microsatellite, genetic analysis

¹ ภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ สงขลา 90112
Department of Plants Science, Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University, Hat Yai campus, Songkhla 90112

² ศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตรสำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี
สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กรุงเทพฯ 10900

Center of Excellence on Agricultural Biotechnology: (AG-BIO/PERDO-CHE), Bangkok 10900, Thailand

* Corresponding author: dada_ps29@hotmail.com

บทนำ

ทุเรียนเป็นไม้ผลเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศไทย จากการสำรวจในปี 2556 พบว่ามีพื้นที่ปลูกทั่วประเทศ 641,248 ไร่ โดยภาคตะวันออกและภาคใต้มีการปลูกทุเรียนมากที่สุด (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2556) ทุเรียนเป็นผลไม้ที่ทำรายได้ให้กับประเทศไทยเป็นจำนวนมาก ประเทศไทยมีการส่งออกทุเรียนมากเป็นอันดับหนึ่งของโลก และมีความหลากหลายของพันธุ์ทุเรียนเป็นจำนวนมากมีรายงานว่า มีพันธุ์ทุเรียนในประเทศไทยมากกว่า 200 พันธุ์ แต่พันธุ์ที่นิยมปลูกเป็นการค้า และเป็นที่ยอมรับของผู้บริโภคคือพันธุ์หมอนทอง ก้านยาวชะนี และกระดุมทอง เป็นต้น (กรมวิชาการเกษตร, 2553) ซึ่งแต่ละพันธุ์มีลักษณะที่ดีแตกต่างกัน นอกจากนี้บางพันธุ์มีลักษณะพิเศษ เช่นพันธุ์ชะนีเป็นพันธุ์ที่มีความต้านทานโรคที่เกิดจากเชื้อ *Phytophthora* พันธุ์หมอนทองมีขนาดพูใหญ่และกลิ่นอ่อน เป็นต้น ทำให้ชาวสวนนิยมปลูกพันธุ์ดังกล่าวมากขึ้น พันธุ์ดั้งเดิมที่เคยปลูกจึงค่อยๆ หายไป และคาดว่าทุเรียนบางพันธุ์ได้สูญพันธุ์ไปแล้ว ภาคใต้เป็นอีกพื้นที่หนึ่งที่พบความหลากหลายทางพันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้านมาก โดยเฉพาะทางภาคใต้ตอนล่าง เนื่องจากอยู่ใกล้จากถิ่นกำเนิดดั้งเดิมของทุเรียน และพืชในสกุลเดียวกัน ทุเรียนเดิบโตได้ดีในแถบภูมิอากาศร้อนเกาะบอร์เนียวเป็นศูนย์กลางความหลากหลายของพืชสกุลนี้โดย Kostermans (1992) และ Zeven and Zhukovsky (1975) อ้างโดย ทรงพล (2551) ได้รายงานว่า มีพืชสกุลทุเรียนแพร่กระจายอยู่ในบริเวณเกาะบอร์เนียว 19 ชนิดในซาบารห์ 14 ชนิดในซาราวัก 16 ชนิดเกาะสุมาตรา 7 ชนิด และมาเลเซีย 11 ชนิด โดยมี 5 ชนิดที่เป็นพืชท้องถิ่นทุเรียนพื้นบ้านหลายพันธุ์มีลักษณะดีที่น่าจะใช้เป็นแหล่งพันธุกรรม ในการปรับปรุงพันธุ์ทุเรียนในอนาคตได้ เช่น หน่น้ำท่วมขัง หน่น้ำต่อโรคโคนเน่าที่เกิดจากเชื้อ *Phytophthora* ที่สามารถใช้เป็นต้นตอทุเรียนพันธุ์ดีได้เป็นอย่างดี นอกจากนี้ยังพบว่าจากการผสมข้ามในธรรมชาติทำให้ได้พันธุ์ทุเรียนใหม่ที่มีลักษณะดี มีศักยภาพที่จะนำมาผลิตในเชิงการ

ค้าได้ในอนาคต

การเก็บรวบรวมพันธุ์ และการศึกษาความหลากหลายของพันธุ์ แม้จะสามารถอาศัยลักษณะสัณฐานของผล รสชาติ หรือรูปร่างใบ เป็นเกณฑ์การจำแนกกลุ่มพันธุ์ทุเรียนได้ (หิรัญ, 2551) แต่ทุเรียนพื้นบ้าน มีลักษณะก้ำกึ่งกัน เพราะมีการผสมข้ามระหว่างต้นในธรรมชาติ ดังนั้นจึงต้องอาศัยเครื่องมืออื่นในการตรวจสอบ ปัจจุบัน มีการใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกพันธุ์พืชอย่างแพร่หลายจึงเป็นเครื่องมือที่มีประสิทธิภาพในการศึกษาพันธุกรรมของทุเรียนเช่น ไมโครแซทเทลไลท์ หรือ SSR (Simple Sequence Repeat) ซึ่งเป็นลำดับเบสที่ซ้ำกันเรียงกันอย่างต่อเนื่องที่ตำแหน่งหนึ่งๆ ในจีโนม แต่ละชุดประกอบด้วยลำดับเบสซ้ำสั้นๆ ไม่เกิน 10 คู่เบส (สุรินทร์, 2552) สำหรับในทุเรียน ปิยวัชรรัฐ และคณะ (2552) ได้ทำการพัฒนาไพรเมอร์ของเครื่องหมายชนิดไมโครแซทเทลไลท์ เพื่อการจัดจำแนกทุเรียนจำนวน 135 สายพันธุ์ พบว่าไพรเมอร์ MS1AAC-19 สามารถใช้จำแนกพันธุ์ทุเรียนได้ดีที่สุด และสรุปว่าทุเรียนมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง ดังนั้นการใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา และเครื่องหมายโมเลกุลในการคัดเลือกทุเรียนพื้นบ้านจึงเป็นแนวทางในการศึกษาข้อมูลพื้นฐานของทุเรียนพื้นบ้านภาคใต้

จุดประสงค์ของงานวิจัยนี้เพื่อศึกษาและเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์ทุเรียนพื้นบ้านในภาคใต้ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลไมโครแซทเทลไลท์เพื่อการจำแนกและคัดเลือกพันธุ์ทุเรียนพื้นบ้านที่มีศักยภาพในการพัฒนาเป็นพันธุ์การค้าทั้งระดับท้องถิ่น และระดับประเทศต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการทดลอง

การสกัดดีเอ็นเอ

เก็บตัวอย่างทุเรียนโดยสุ่มจากสวนของเกษตรกรในพื้นที่ภาคใต้ 5 จังหวัด ได้แก่ สงขลา ยะลา นครศรีธรรมราช พังงา และกระบี่ เก็บใบหรือเปลือกต้นเพื่อนำมาสกัดดีเอ็นเอ ด้วยวิธีประยุกต์จากการสกัด

ดีเอ็นเอของพืชที่มีสารประกอบจำพวกโพลีแซคคาไรด์ และโพลีฟีนอลสูง (Sue et al., 1997) โดยใช้ตัวอย่างพืชสด 200 มิลลิกรัม บดใน Extraction buffer (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, 2% CTAB) ร่วมกับ β -mercaptoethanol เข้มข้น 3% ปริมาตร 750 ไมโครลิตร และเติม PVP ลงในโกร่งบดให้ละเอียด เขย่าให้เข้ากันในหลอดไมโครเซ็นทริฟิวจ์ บ่มที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส 60 นาที เติม Chloroform : isoamyl (24:1) บั่นเหวี่ยงที่ 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที ดูดสารละลายส่วนใสใส่หลอดใหม่ ทำซ้ำขั้นตอนนี้ 2 รอบตกตะกอนดีเอ็นเอด้วย 95% ethanol ผสมกับ NaCl ให้เข้ากัน แห้งเหวี่ยงให้ตกตะกอน นำตะกอนที่ได้ละลายด้วย TE buffer ตกตะกอนซ้ำด้วย 95% ethanol ผสมกับ NaAc แห้งที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส ข้ามคั่นหลอดใสทิ้งเก็บตะกอนไว้แล้วล้างด้วย 70% ethanol 2 ครั้ง ผึ่งตะกอนให้แห้งแล้วละลายตะกอนด้วย TEbuffer เก็บไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส จนกว่าจะนำมาใช้

การตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอ

ตรวจสอบปริมาณดีเอ็นเอด้วยการเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐานโดยการทำอิเล็กโตรโฟรีซิส บนอะกาโรสเจล เข้มข้น 0.8% แรงเคลื่อนไฟฟ้า 100 โวลต์ ในสารละลาย TAE buffer เป็นเวลา 20 นาที ย้อมแถบดีเอ็นเอที่ได้ด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ แล้วนำไปตรวจสอบด้วยเครื่อง gel documentation ภายใต้แสงอัลตราไวโอเลต 260 นาโนเมตร

การวิเคราะห์พันธุกรรมด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์

ทดสอบไพรเมอร์ที่เหมาะสมสำหรับการทำไมโครแซทเทลไลท์ในทุเรียน จำนวน 6 คู่ ได้แก่ ไพรเมอร์ MS1CT-7, MS1CT-9, MS1CT-16, MS1CT-27, MS1AAC-2, MS1AAC-19 (ปิยรัชญ์และคณะ, 2552) นำมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้วิธีพีซีอาร์ แล้วนำผลผลิตพีซีอาร์มาตรวจสอบขนาดชิ้นของดีเอ็นเอ ด้วยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิสบนแผ่นวุ้น LE agarose ความเข้ม

ขึ้น 3% ใน TBE Buffer (Tris Base, Boric acid, Na_2EDTA 0.5 โมลาร์; pH 8.0) ใช้แรงเคลื่อนไฟฟ้า 75 โวลต์ 75 นาที ย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ เข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 20 นาที ล้างน้ำ 10 นาที ตรวจดูแถบดีเอ็นเอภายใต้แสงอัลตราไวโอเลต 260 นาโนเมตร ด้วยเครื่อง gel documentation คัดเลือกคู่ไพรเมอร์ที่สามารถเพิ่มปริมาณและให้แถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่าง (polymorphism) ระหว่างตัวแทนประชากรแต่ละกลุ่มหลังจากนั้นทำการวิเคราะห์ข้อมูล โดยแปลงข้อมูลแถบดีเอ็นเอให้ตำแหน่งที่มีแถบดีเอ็นเอมีค่าเท่ากับ 1 และตำแหน่งที่ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอมีค่าเท่ากับ 0 วิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรม และสร้างเดนโดรแกรมแสดงความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษา UPGMA ในโปรแกรม NTSYS version 2.1 (Rohlf, 2002)

ผลการศึกษา

ผลการสกัดดีเอ็นเอ

จากการสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธีประยุกต์จาก Sue et al. (1997) พบว่าได้ดีเอ็นเอที่มีคุณภาพค่อนข้างดี มีความสะอาดและมีการปนเปื้อนของสารประกอบโพลีแซคคาไรด์และสารโพลีฟีนอลน้อย ซึ่งสารประกอบโพลีแซคคาไรด์และสารโพลีฟีนอลนี้มีผลต่อการเกิดปฏิกิริยาออกซิเดชันในระหว่างการสกัดและมีผลต่อการยับยั้งการเกิดปฏิกิริยาพีซีอาร์ ดังนั้นวิธีดังกล่าวจึงเป็นวิธีที่เหมาะสมต่อการสกัดดีเอ็นเอจากใบและเปลือกต้นทุเรียน

ผลการวิเคราะห์พันธุกรรมด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์

จากการวิเคราะห์พันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้านในภาคใต้ของทุเรียน 67 ตัวอย่าง ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ ใช้ไพรเมอร์ จำนวน 6 คู่ (Table 1) พบว่ามีจำนวนอัลลีลตั้งแต่ 2-6 อัลลีลรวมทั้งสิ้น 21 อัลลีล และประมาณ 85.7 เปอร์เซ็นต์ เป็นอัลลีลที่มีความแตกต่างกัน (polymorphic) โดยมีค่าเฉลี่ย 3.5

อัลลีลต่อคู่ไพรเมอร์ และมีค่า PIC (Polymorphic Information Content) อยู่ระหว่าง 0.91-0.99 เมื่อนำข้อมูลมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่าสามารถจัดกลุ่มของทุเรียนพื้นบ้านในการศึกษาได้เป็น 6 กลุ่ม ซึ่งแต่ละกลุ่มตัวอย่างค่อนข้างสัมพันธ์กับแหล่ง

ที่มา (Figure 2) ส่วนตัวอย่างที่ไม่สัมพันธ์กับแหล่งที่มา นั้นอาจเป็นเพราะชาวสวนนำเมล็ดพันธุ์จากหลายแหล่งมาปลูกในสวนของตนเอง ทำให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง

Table 1 The number of alleles and alleles size of microsatellite markers in 67 indigenous Durian (*Durio zibethinus* Merr.) in southern Thailand

Primer	Sequence 5'→3'	No. of alleles	Fragments size (bp)	Primer	Sequence 5'→3'	No. of alleles	Fragments size (bp)
MS1CT-7 FR	CAT GGA CAA GAA AGC GAT GA TGG ATC AGA TGA ATC AGG TTG	4	180-235	MS1CT-27 FR	CAA TGC TTC CAG GTT TCC AT CCT GGC AGG TTA TTT AT	2	160-200
MS1CT-9 FR	CCC TAC GTT ACA TGA TGA TCC A CCA TTT TGC TCC CTT ACT CTT C	2	119-176	MS1AAC-2 FR	GAA AAA CTA AGC CCC CAA CC ATG AAC ACC ACC ACC TCC A	6	250-500
MS1CT-16 FR	TCC CCA GTT TTC GAC AGT CC GAC GTC GTT TTG GAA GGG TA	5	225-250	MS1AAC-19 FR	AGC CCA TTT GGT GCT GTA AT AGC AAC CTC AGC CAT TGT	2	219-257

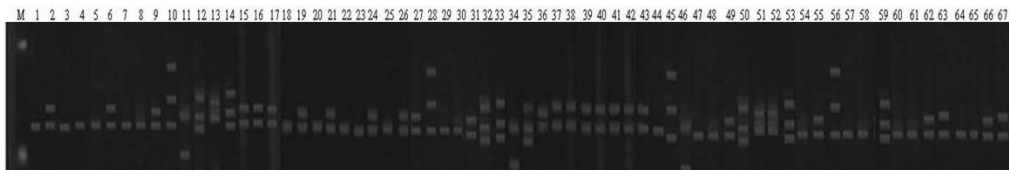


Figure 1 Microsatellite profiles of 67 Durian for primer MS1CT-9. Mis DNA Ladder size 100 bp, lane1-20 (Songkhla 1), 21-26 (Songkhla 2), 27-32 (Songkhla 3), 33-42 (Krabi-Phang-nga), 43-60 (Yala) and60-67 (Nakhonsithamarat)

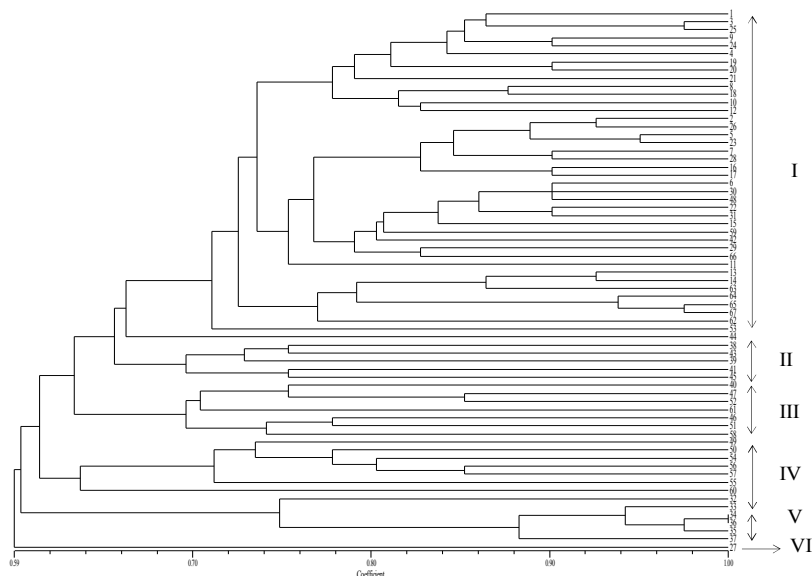


Figure2 Dendrogram showing the relationship among67Durian base on microsatellite analysis with 6 primerpair, No.1-20(Songkhla 1), 21-26 (Songkhla 2), 27-32 (Songkhla 3), 33-42 (Krabi-Phang-nga), 43-60 (Yala)and60-67 (Nakhonsithamarat)

วิจารณ์

การจำแนกพันธุ์หรือการศึกษาความหลากหลายของพันธุ์พืช นับได้ว่าเป็นองค์ประกอบสำคัญในกระบวนการรวบรวม และอนุรักษ์เชื้อพันธุ์พืช เพื่อการปรับปรุงพันธุ์ หรือการใช้ประโยชน์ในด้านอื่น จากการวิเคราะห์พันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้านในภาคใต้ ในเบื้องต้นการเก็บตัวอย่างอาศัยความแตกต่างของลักษณะสัณฐานของผล ซึ่งสามารถใช้จำแนกกลุ่มได้ในระดับหนึ่ง แต่ทุเรียนพื้นบ้านภาคใต้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง เนื่องจากมีการผสมข้ามในธรรมชาติ และขยายพันธุ์โดยการเพาะเมล็ดมาเป็นเวลานาน ดังนั้นจึงต้องอาศัยเครื่องหมายโมเลกุลช่วยในการจำแนกคือเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ จากผลการศึกษา และจัดกลุ่มความสัมพันธ์ใกล้เคียงทางพันธุกรรมพบว่าสามารถจัดกลุ่มของทุเรียนพื้นบ้านในการศึกษาได้เป็น 6 กลุ่มซึ่งแต่ละกลุ่มตัวอย่างค่อนข้างสัมพันธ์กับแหล่งที่มาของตัวอย่าง เนื่องจากมีการผสมข้ามในกลุ่มประชากรที่อยู่ใกล้เคียง อย่างไรก็ตาม มีบางตัวอย่างที่ถูกจัดอยู่ในกลุ่มพื้นที่อื่น เช่น ตัวอย่างหมายเลข 45 และ 48 ซึ่งเป็นตัวอย่างจากอำเภอเบตง แต่พบอยู่ในกลุ่มเดียวกับตัวอย่างในอำเภอหาม่อม ซึ่งเป็นไปได้ เพราะจากการสอบถาม มีการนำพันธุ์จากแหล่งอื่นมาปลูก ให้ผลทำนองเดียวกับการศึกษาของ Ruwaida และคณะ (2009) ที่ศึกษาความแปรปรวนของทุเรียนสายพันธุ์ชุกกันด้วยเทคนิคอาร์เอฟดี พบว่าทุเรียนชุกกันที่ปลูกในพื้นที่ที่มีการนำเมล็ดจากอีกแหล่งมาปลูกทำให้ค่าความใกล้เคียงกันทางพันธุกรรมสูง นอกจากนี้ ปิยรัชฎ์ และคณะ (2552) ศึกษาความหลากหลายของทุเรียนโดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ และรายงานความหลากหลายของทุเรียนแต่ละกลุ่มที่ศึกษาไม่มีความสัมพันธ์กับพื้นที่ปลูก ซึ่งอาจเป็นเพราะ ชาวสวนนำเมล็ดพันธุ์จากหลายแหล่งมาปลูกในสวนของตนเอง ทำให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงผลการศึกษาครั้งนี้ พบว่าค่าดัชนีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้านภาคใต้ที่เก็บมาจากพื้นที่ 5 จังหวัด มีค่า 0.52-0.95 แสดงว่า

มีความหลากหลายปานกลาง และพบว่าบางพันธุ์มีลักษณะดี รสชาติอร่อย มีศักยภาพที่จะสามารถผลิตได้ให้เป็นพันธุ์การค้าในอนาคต หากมีการคัดเลือก และทดสอบพันธุ์อีกสักระยะเวลาหนึ่ง

สรุป

จากการวิเคราะห์พันธุกรรมของทุเรียนพื้นบ้านที่เก็บในพื้นที่ 5 จังหวัดทางภาคใต้ของประเทศไทย จำนวน 67 ต้น ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลไมโครแซทเทลไลท์ พบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมปานกลาง โดยมีค่าดัชนีความใกล้เคียงอยู่ระหว่าง 0.52-0.95 ดังนั้นเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์จึงเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่สามารถนำไปใช้ในการจำแนกพันธุ์ทุเรียน และใช้เป็นฐานข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์ทุเรียนต่อไปได้

คำขอบคุณ

โครงการวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนจากโครงการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชอันเนื่องมาจากพระราชดำริฯ และส่วนหนึ่งจากศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตรสำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีสำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษากระทรวง ศึกษาธิการ ผู้วิจัยขอขอบคุณ มา ณ ที่นี้ด้วย

เอกสารอ้างอิง

- กรมพัฒนาที่ดิน. 2549. รายงานการสำรวจและคาดการณ์ผลผลิตทุเรียนปีการผลิต 2549 โดยการสำรวจระยะไกลและระบบสารสนเทศภูมิศาสตร์. สำนักสำรวจดินและวางแผนการใช้ที่ดิน กรมพัฒนาที่ดิน กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. กรุงเทพฯ.
- กรมวิชาการเกษตร. 2553. การผลิตทุเรียนอย่างถูกต้องและเหมาะสม. แหล่งข้อมูล://soclaimon. Wordpress.com/2010/06/14. html. ค้นเมื่อ 5 พฤษภาคม 2556.
- ทรงพล สมศรี. 2551. ทุเรียนไทยและการปรับปรุงพันธุ์ : กรณีศึกษาพันธุ์ จันทบุรี 1 จันทบุรี 2 จันทบุรี 3. สำนักผู้เชี่ยวชาญ กรมวิชาการเกษตร, กรุงเทพฯ.

- ปิยรัชฎ์ เจริญทรัพย์, สุธาภรณ์ ภูมิไชย์, อินทิรา จารุเพ็ง, อรชช ไซติญาณวงษ์, ประไพ โมจิรินทร์ และ พรชัย จุฑามาศ. 2552. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของทุเรียนโดยใช้ ดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิดไมโครแซทเทลไลต์. ใน: การประชุมวิชาการพันธุศาสตร์ แห่งชาติ ครั้งที่ 16. มหาวิทยาลัย ธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต ปทุมธานี. 25-27 มีนาคม 2552.
- หิรัญ หิรัญประดิษฐ์. 2551. ทุเรียน. สารานุกรมไทยสำหรับเยาวชน ฉบับเสริมการเรียนรู้ เล่ม 10. สำนักพิมพ์ด้านสุขภาพการพิมพ์. กรุงเทพฯ.
- สุรินทร์ ปิยะโชคคณากุล. 2552. เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2556. ข้อมูลการผลิตสินค้าเกษตร-ทุเรียน. แหล่งข้อมูล: <http://www.oae.go.th/download/prcai/farmcrop/durian.pdf>. ค้นเมื่อ 5 มีนาคม 2557.
- โครงการวนิชาชีวะ และศรีสมร วนกรกุล. 2554. การจำแนกทุเรียนสายพันธุ์ท้องถิ่นในจังหวัดนนทบุรีโดยเทคนิคอาร์เอฟดี. คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏพระนคร.
- Kostermans, A. J. G. H. 1992. *Durio macrantha* Kosterm., species *nova* (Bombacaceae) from North Sumatra. *Reinwardtia* 11: 41-51.
- Rohlf, F. J. 2002. NTSYS - pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.1. Applied Biostatistics. New York .
- Ruwaide, I. P., Supriyadi and Parjanto. 2009. Variability analysis of Sukun durian plant (*Durio zibethinus*) Base on RAPD marker. *Nusantara Bioscience* 1: 84-91.
- Sue, P., L. Grant, B. and Bernard, R.B. 1997. Modification of a CTAB DNA Extraction Protocol for Plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Molecular Biology Reporter* 15(1): 8-15.
- Zeven, A.C. and Zhukovsky, P.M. 1975. Dictionary of Cultivated Plants and Their Centres of Diversity. Wageningen, PUD.