



ใบรับรองวิทยานิพนธ์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์)

ปริญญา

พืชสวน

พืชสวน

สาขา

ภาควิชา

เรื่อง การศึกษาความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกโดยใช้ไมโครแซทเทลไลต์

Genetic Diversity of Chilli Germplasm as Revealed by Microsatellite Analysis

นามผู้วิจัย นางสาวสุนทรี หาญยงค์

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(รองศาสตราจารย์อรรรัตน์ มงคลพร, Ph.D.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(รองศาสตราจารย์จุลภาค คูนวงศ์, Ph.D.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(อาจารย์สิริกุล วะสี, Ph.D.)

หัวหน้าภาควิชา

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ธรรมศักดิ์ ทองเกตุ, Ph. D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญญา ชีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ เดือน พ.ศ.

สิงสิงห์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

การศึกษาความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกโดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์

Genetic Diversity of Chilli Germplasm as Revealed by Microsatellite Analysis

โดย

นางสาวสุนทรี หาญยงค์

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์)
พ.ศ. 2555

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สุนทรี หาญยงค์ 2555: การศึกษาความหลากหลายของเชื้อพันธุ์กรรมพริกโดยใช้
ไมโครแซทเทลไลท์ ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) สาขาพืชสวน
ภาควิชาพืชสวน อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รองศาสตราจารย์อรรรัตน์ มงคลพร,
Ph.D. 119 หน้า

พริก (*Capsicum* spp.) เป็นพืชผักและเครื่องเทศที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของโลก
ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน รวบรวมเชื้อ
พันธุ์กรรมพริกไว้มากกว่า 2,000 accession จึงมีความประสงค์ที่จะศึกษาความหลากหลายของเชื้อ
พันธุ์กรรมเพื่อนำไปสู่การจัดเชื้อพันธุ์กรรมหลัก (core collection) ซึ่งจะช่วยให้การบริหารจัดการ
เชื้อพันธุ์กรรมพริกมีประสิทธิภาพและลดค่าใช้จ่ายในการดำเนินงาน จึงเป็นที่มาของการนำเทคนิค
ไมโครแซทเทลไลท์มาช่วยจัดแบ่งกลุ่มเชื้อพันธุ์กรรมพริก โดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์ที่ได้รับการ
วางตำแหน่งบนแผนที่โครโมโซมของพริกแล้ว จำนวน 10 ตำแหน่ง เพื่อประเมินความหลากหลาย
ทางพันธุ์กรรมของเชื้อพันธุ์กรรมพริกจำนวน 230 accession ผลการศึกษาพบว่ามีจำนวนอัลลีล
ทั้งหมด 42 อัลลีล ขนาดอัลลีลอยู่ในช่วง 87-323 คู่เบส มีค่า Expected Heterozygosity (He) อยู่
ระหว่าง 0.473-0.714 เฉลี่ย 0.62 ค่า Polymorphism Information Content (PIC) อยู่ระหว่าง 0.414-
0.681 เฉลี่ย 0.57 ค่า Probability of Identity (PI) อยู่ระหว่าง 0.17-0.49 ค่า PI รวมของเครื่องหมาย
ไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง เท่ากับ 2.30×10^{-6} จากการวิเคราะห์ค่า Similarity Index (SI) พบว่า
มีค่า SI อยู่ในช่วง 0.18-1.00 สามารถจัดกลุ่มเชื้อพันธุ์กรรมพริกได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ดังนี้ กลุ่ม I
ส่วนใหญ่เป็นพริกกลุ่ม *C. annum* และกลุ่ม II เป็นพริก species อื่นๆ ได้แก่ *C. frutescens*,
C. chinense และ *C. baccatum* ค่า cophenetic correlation มีค่าเท่ากับ 0.81 ถือว่าเป็นการจัดกลุ่มที่ดี
ใช้โปรแกรม PowerCore ช่วยเลือกตัวแทนเชื้อพันธุ์กรรมมาจัดเป็นเชื้อพันธุ์กรรมหลักได้จำนวน
28 accession ซึ่งยังคงระดับความหลากหลายเดียวกันกับเชื้อพันธุ์กรรมพริกทั้ง 230 accession

Soontree Hanyong 2012: Genetic Diversity of Chilli Germplasm as Revealed by Microsatellite Analysis. Master of Science (Agriculture), Major Field: Horticulture, Department of Horticulture. Thesis Advisor: Associate Professor Orarat Mongkolporn, Ph.D. 119 pages.

Chilli is the world economically important vegetable and spice. The Tropical Vegetable Research Center, Kasetsart University, Kamphaeng Saen Campus has collected chilli germplasm greater than 2,000 accessions. To have an efficient germplasm management and to reduce cost of germplasm maintenance, a core collection should be established. Therefore, the study was aimed to investigate the genetic diversity of the chilli germplasm using microsatellites. Ten anchored microsatellites were used to evaluate 230 chilli germplasm accessions. Fourty two alleles were generated with size ranging from 87 to 323 basepair. The average Expected Heterozygosity (He) value was 0.62 ranging from 0.473-0.714, average Polymorphism Information Content (PIC) value was 0.57 ranging from 0.414-0.681 and Probability of Identity (PI) from 0.17-0.49. The combined PI of the ten microsatellite loci was 2.30×10^{-6} . Similarity Index (SI) ranged from 0.18 to 1.00. The 230 chilli accessions were divided into two major groups. Group I comprised mainly *C. annuum*, and group II comprised other *Capsicum* species including *C. frutescens*, *C. chinense* and *C. baccatum*. Matrix comparison showed that the cophenetic correlation of 0.81 indicating the best fit of the obtained dendrogram. PowerCore program was used to select representative chilli accession to form a core collection. Twenty eight chilli accessions were selected, which maintained similar level of diversity as of the total 230 accessions.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณศูนย์พันธวิศวรรและเทคโนโลยชีวภาพแห่งชาติ ที่ให้การสนับสนุนทุนวิจัยในครั้งนี้ ขอขอบคุณศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน นครปฐม สำหรับข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาและความร่วมมือในการจัดเตรียมต้นกล้าพริกที่ใช้ในการศึกษา และขอขอบคุณศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กระทรวงศึกษาธิการ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน นครปฐม สำหรับอุปกรณ์และสถานที่ในการปฏิบัติงาน

ขอกราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร. อรรจน์ มงคลพร กรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก รองศาสตราจารย์ ดร. จุลภาค คุณวงศ์ อาจารย์ ดร. สิริกุล ะสี กรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์รอง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. เกรียงศักดิ์ ไทยพงษ์ ประธานการสอบปากเปล่าขั้นสุดท้าย และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. บุญราภรณ์ งามปัญญา ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก ที่ให้การสนับสนุนในการศึกษาวิจัย ให้คำปรึกษาแนะนำ ตลอดจนการตรวจแก้วิทยานิพนธ์นี้จนสำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

ขอขอบคุณสำหรับความรู้ เทคนิคในห้องปฏิบัติการ คำปรึกษาแนะนำ และความช่วยเหลือตลอดเวลาที่ผ่านมาจากพี่ๆ เพื่อนๆ และน้องๆ ทุกคนจากห้องปฏิบัติการ A413

สุนทรี หาญยงค์

ตุลาคม 2555

สารบัญ

หน้า

สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(4)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	18
ผลและวิจารณ์	27
ผล	27
วิจารณ์	42
สรุปและข้อเสนอแนะ	50
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	53
ภาคผนวก ก ตารางและภาพประกอบผลการศึกษา	62
ภาคผนวก ข หลักในการบันทึกข้อมูลลักษณะทางพืชสวน	115
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	119

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1 Microsatellite 10 ตำแหน่งที่ใช้ในการศึกษาและตำแหน่งของเครื่องหมายบนโครโมโซม	22
2 จำนวนและขนาดอัลลีล ค่าเฉลี่ย He และ PIC ของไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง ที่ ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions	27
3 ค่า Probability of Identity (PI) ในแต่ละตำแหน่งและค่า PI รวมกัน โดยเพิ่มจำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ที่ละตำแหน่ง จากค่า PI ต่ำสุดไปสูงสุด	33
4 เปรียบเทียบความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมหลักกับเชื้อพันธุกรรมทั้งหมด	36
5 เชื้อพันธุกรรมพริกที่มีค่า SI= 1.00 จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง	46
6 การระบุชนิดของพริก unknown ตามการจัดกลุ่มด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ ร่วมกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา	47
7 เชื้อพันธุกรรมพริกที่คาดว่าระบุชนิดคลาดเคลื่อนใน passport data และการระบุชนิด ใหม่โดยดูจากการจัดกลุ่มที่ได้ร่วมกับข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยา	49
8 เชื้อพันธุกรรมพริกที่ควรนำมาจัดเป็นเชื้อพันธุกรรมหลัก	50
ตารางผนวกที่	
ก1 เชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 230 accession ที่ใช้ในการศึกษา	63
ก2 กลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง และลักษณะการเจริญเติบโตของทรงพุ่ม จำนวนดอกต่อข้อ สีกลีบดอก จุดสีเหลืองที่กลีบดอก ลักษณะของกลีบเลี้ยงบริเวณฐานของผลพริก และลักษณะวงแหวนบริเวณฐานของผลพริก	85

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางผนวกที่	หน้า
ก3 กลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions ด้วย เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง และลักษณะการจัดวางตำแหน่งของ ผล สีผลเมื่อโตเต็มที่ สีผลแก่ และรูปทรงผล	100
ก4 กลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลักแสดงให้เห็นรูปแบบอัลลีลที่ปรากฏเมื่อตรวจสอบด้วย เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง	108
ก5 Allelic Ladder ที่ใช้ในการเปรียบเทียบขนาดอัลลีล ได้รับจาก รศ.ดร. จุลภาค คุ้ม- วงศ์	111
ก6 จำนวนและความถี่อัลลีลของเครื่องหมายชนิดไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่งใน เชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions	113

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
1	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ GPMS171 28
2	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ CA519548 28
3	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ BM067271 29
4	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ CA515275 29
5	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ CA516439 30
6	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ CA524065 30
7	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ CA516334 31
8	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ GPMS159 31
9	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ Hpms1-148 32
10	ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ Hpms1-143 32
11	เดนโดรแกรมแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession ด้วยเครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง มีค่า cophenetic correlation (r) เท่ากับ 0.81 37
12	ภาพขยายจากภาพที่ 11 เป็นพริกกลุ่ม II ดอกสีขาวอมเขียว ได้แก่ <i>C. baccatum</i> (N), <i>C. chinense</i> (O) และ <i>C. frutescens</i> (P-Q) และพริกกลุ่ม I ดอกสีขาว เป็นพริก <i>C. annuum</i> (A-B) 38

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
13 ภาพขยายจากภาพที่ 11 พริกกลุ่ม I ดอกสีขาว ส่วนใหญ่เป็นพริก <i>C. annuum</i> (C-G) ส่วนที่ 2 จากภาพที่ 11	39
14 ภาพขยายจากภาพที่ 11 พริกกลุ่ม I ดอกสีขาว ส่วนใหญ่เป็นพริก <i>C. annuum</i> (H-K)	40
15 ภาพขยายจากภาพที่ 11 พริกกลุ่ม I ดอกสีขาว ส่วนใหญ่เป็นพริก <i>C. annuum</i> (M-L)	41
ภาพผนวกที่	
ก1 ค่า bootstrap ของการจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง จากการสุ่ม 100 ครั้ง	73

การศึกษาความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกโดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์

Genetic Diversity of Chilli Germplasm as Revealed by Microsatellite Analysis

คำนำ

พริก (*Capsicum* spp.) เป็นพืชผักและเครื่องเทศที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทยและของโลก FAOSTAT (2012) รายงานว่าในปี 2010 ทั่วโลกมีปริมาณการผลิตพริกสดประมาณ 26.8 ล้านตัน และพริกแห้งประมาณ 2.8 ล้านตัน ประเทศไทยมีการปลูกพริกอย่างแพร่หลาย สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร (2555) รายงานว่าในปี 2550 ประเทศไทยมีพื้นที่เก็บเกี่ยวพริก 841,416 ไร่ ผลผลิต 667,828 ตัน มูลค่าผลผลิต 45,734 ล้านบาท ซึ่งมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นทุกปี มีการใช้ประโยชน์ทั้งบริโภคสดและแปรรูปหลากหลายชนิด นอกจากประโยชน์ในการปรุงแต่งรสชาติทางอาหารแล้ว พริกยังมีคุณค่าทางโภชนาการ โดยเป็นแหล่งให้วิตามินและเกลือแร่ที่สำคัญหลายชนิด ได้แก่ วิตามินซี วิตามินเอ แคโรทีน และฟอสฟอรัส (มณีจันทร์, 2541) และมีประโยชน์ทางยา เช่น ขับเสมหะ ช่วยย่อย รักษาแผลในกระเพาะอาหารและลำไส้ ลดการเกิดก๊าซที่เกิดจากการย่อยอาหารและการเกร็งตัวของกล้ามเนื้อท้องที่เกิดจากท้องอืดท้องเฟ้อ ป้องกันหวัด แก้อาการเบื่ออาหาร ใช้บรรเทาอาการปวดเนื่องจากโรคข้ออักเสบ เป็นต้น (Allison, 2002)

การอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมของพืชเป็นสิ่งจำเป็นสำหรับมนุษยชาติ ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน นครปฐม ได้รวบรวมเชื้อพันธุกรรมพริกตั้งแต่ปี พ.ศ. 2532 เป็นต้นมา ซึ่งมีเชื้อพันธุกรรมพริกจากประเทศไทยและต่างประเทศจำนวนมากกว่า 2,000 accession เพื่อให้เกิดการนำเชื้อพันธุกรรมพริกมาใช้ประโยชน์ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในการปรับปรุงพันธุ์ จำเป็นต้องมีการประเมินเชื้อพันธุกรรมในด้านต่างๆ ได้แก่ ลักษณะการเจริญเติบโต การปรับตัวให้เข้ากับสภาพภูมิอากาศ ความต้านทานต่อโรคและแมลง รวมถึงลักษณะดีเด่นเฉพาะพันธุ์ เพื่อให้มีการนำเชื้อพันธุกรรมพริกไปใช้ประโยชน์ตรงตามวัตถุประสงค์ แต่ปัญหาที่สำคัญคือเชื้อพันธุกรรมพริกที่รวบรวมไว้มีจำนวนมาก การดูแลรักษาและประเมินลักษณะต่างๆจึงต้องใช้งบประมาณสูง (สิริกุล, 2551) จึงมีแนวความคิดที่จะเลือกตัวแทนของเชื้อพันธุกรรม ทำเป็นกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก (core collection) (Frankel and Brown, 1984) เพื่อลดจำนวน accessions ลง โดยที่กลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลักยังคงความหลากหลายทางพันธุกรรม

ในระดับเดิม ซึ่งจะช่วยให้การบริหารจัดการเชื้อพันธุกรรมพริกมีประสิทธิภาพและลดค่าใช้จ่ายในการดำเนินงานอย่างมาก

แนวทางการจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก โดยศึกษาความสัมพันธ์ของเชื้อพันธุกรรมเพื่อนำข้อมูลความสัมพันธ์มาจัดกลุ่มแล้วเลือกตัวแทนในแต่ละกลุ่มมาจัดเป็นกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก ข้อมูลความสัมพันธ์ที่นำมาใช้ในการจัดกลุ่มอาจใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา ลักษณะทางปริมาณ อย่างเช่น สีดอก สีผล ผลผลิต ความต้านทานต่อโรค ความต้านทานต่อแมลง หรือข้อมูลลักษณะการปรากฏของแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคต่างๆ เช่น RAPD, RFLP, AFLP หรือ ไมโครแซทเทลไลต์ เป็นต้น

การใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพียงอย่างเดียวให้ข้อมูลไม่เพียงพอต่อการจัดกลุ่มและจำแนกพริก เนื่องจากมีจำนวนจำกัดและการแสดงออกของลักษณะบางลักษณะผันแปรไปตามอิทธิพลของสภาพแวดล้อม ดังนั้นจึงเป็นที่มาของการนำเทคนิคทางเครื่องหมายโมเลกุลมาช่วยในการศึกษาความหลากหลายและจัดแบ่งกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริกเพื่อใช้เป็นข้อมูลเบื้องต้นในการจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลักต่อไป

ไมโครแซทเทลไลต์ เป็นดีเอ็นเอที่มีลำดับเบสซ้ำๆ (repeat sequences) พบครอบคลุมทั้งจีโนมทั้งพืชและสัตว์ มีความแปรปรวนสูง (Weber, 1990) สำหรับพริก ได้มีผู้พัฒนาเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ไว้แล้วเป็นจำนวนมาก (Huang *et al.*, 2000; Lee *et al.*, 2004; Portis *et al.*, 2007; Nagy *et al.*, 2007; Huang *et al.*, 2011) และพร้อมนำไปใช้ในการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพริก การศึกษาครั้งนี้ได้สุ่มเลือกไมโครแซทเทลไลต์ที่ได้รับการจัดวางตำแหน่งบนโครโมโซมแล้วโดยอ้างอิงจากแผนที่จีโนม Pepper FAO3 (Bombarely *et al.*, 2011) จำนวน 10 ตำแหน่ง มาศึกษาความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกที่เก็บรวบรวมโดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน โดยคาดว่าจะทำให้ทราบระดับความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกที่เลือกมาเป็นตัวแทนของพริกทั้งหมดและสามารถจัดกลุ่มตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมได้

วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 230 accession ที่เก็บรวบรวมโดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน จังหวัดนครปฐม
2. เพื่อจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 230 accession ตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม แล้วเลือกเชื้อพันธุกรรมหลักเพื่อเป็นตัวแทนความหลากหลายทางพันธุกรรม



การตรวจเอกสาร

1. พริก

1.1 ถิ่นกำเนิดและการกระจายพันธุ์ของพริก

พริก (*Capsicum* spp.) มีถิ่นกำเนิดอยู่ในเขตร้อนของทวีปอเมริกาใต้ โดยประเทศเม็กซิโก เป็นศูนย์กลางกำเนิดหลัก (primary center) ของพริก *C. annuum* มีประเทศกัวเตมาลาเป็นศูนย์กลางกำเนิดรอง (secondary center) อมาโซเนียเป็นศูนย์กลางกำเนิดหลักของพริก *C. frutescens* และ *C. chinense* ส่วนเปรูและโบลิเวียเป็นศูนย์กลางกำเนิดหลักของพริก *C. baccatum* และ *C. pubescens* (กฤษณา, 2547) พริกถูกค้นพบในหลุมศพของชาวเปรู โดยนักโบราณคดีเมื่อยุคก่อนประวัติศาสตร์ชนเผ่าอินเดียนเป็นพวกแรกที่รู้จักใช้ประโยชน์จากพริก โดยนำมาปรุงแต่งรสชาติอาหารตั้งแต่ประมาณ 7,000 ปีก่อนคริสตกาล (Pickersgill, 1969) และเริ่มรู้จักเพาะปลูกพริกเมื่อประมาณ 3,400-5,200 ปี ก่อนคริสตกาล พริกได้แพร่กระจายไปยังหมู่เกาะอินเดียตะวันตก เม็กซิโก และประเทศในกลุ่มอเมริกากลาง เนื่องจากเมล็ดพริกสามารถคงความงอกไว้ได้นาน ดังนั้นการแพร่กระจายจึงเป็นไปได้ง่ายและรวดเร็ว เชื่อกันอาจเป็นพาหะสำคัญในการแพร่พันธุ์พริกด้วย เนื่องจากพริกเป็นพืชที่มีความสามารถในการปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมต่างๆ ได้เร็ว จึงทำให้พริกกระจายพันธุ์ได้กว้างขวางและรวดเร็วมากยิ่งขึ้น ประมาณ ค.ศ. 1493 โคลัมบัสได้นำพันธุ์พริกไปปลูกในประเทศสเปน โดยตั้งชื่อ peppers เพราะเขาค้นพบพริกในระหว่างการเดินทางสำรวจหาพริกไทยจากประเทศในยุโรป พริกได้แพร่กระจายอย่างรวดเร็วไปยังประเทศในทวีปแอฟริกาและเอเชีย ในปี ค.ศ. 1542 มีรายงานว่ามีการพบพริกในประเทศอินเดียถึง 3 ชนิด ต่อมาปี ค.ศ. 1548 พริกได้แพร่ไปสู่อังกฤษ และปี ค.ศ. 1585 ชาวโปรตุเกสได้นำพริกเข้าสู่ประเทศอินเดีย หลังจากนั้นได้แพร่ไปยังบริเวณต่างๆ ของเอเชียในตอนกลางศตวรรษที่ 16 และแพร่เข้าสู่ยุโรปในปี ค.ศ. 1650 นอกจากนี้มีรายงานว่ามิใช่พบพริกในประเทศจีนตั้งแต่ปลายปี ค.ศ. 1700 เป็นต้นมา สำหรับในประเทศไทยไม่มีหลักฐานยืนยันแน่ชัดว่ามีการนำพริกเข้ามาปลูกเป็นครั้งแรกเมื่อใด แต่พริกมีความสัมพันธ์ต่อความเป็นอยู่ของคนไทยมาเป็นเวลาช้านานแล้ว (มณีฉัตร, 2541)

1.2 อนุกรมวิธานของพริก

พริกเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญมีการปลูกอย่างแพร่หลายทั่วโลก เป็นพืชในวงศ์โซลานาซี (Solanaceae) เช่นเดียวกับมะเขือเทศ มะเขือ มันฝรั่ง ยาสูบ และพริกเนย พริกมีจำนวนโครโมโซม $2n=24$ ประกอบด้วยพันธุ์ป่าอย่างน้อย 25 ชนิด (species) และพันธุ์ปลูกอีก 5 ชนิด ได้แก่ *C. annuum* L., *C. frutescens* L., *C. chinense* Jacquin., *C. baccatum* L. และ *C. pubescens* Ruiz and Pavon. (Moscone *et al.*, 2007) ชื่อที่ใช้เรียกพริกมีกันอยู่หลายชื่อ ได้แก่ pepper, chili, chilli, chile และ *Capsicum*

DeWitt and Bosland (1996) กล่าวถึงการจัดอนุกรมวิธานของพริกไว้ดังนี้

Kingdom: Plantae

Division: Magnoliophyta

Class: Magnoliopsida

Order: Solanales

Family: Solanaceae

Genus: *Capsicum*

1.3 การจำแนกชนิดของพริก

ปัจจุบันการจำแนกชนิดของพริกยังมีความสับสนอยู่มาก เนื่องจากพริกมีความแตกต่างทางลักษณะสัณฐานวิทยาก่อนข้างมากทั้งภายในชนิดและระหว่างชนิด มีความแตกต่างทั้งลักษณะทรงต้น ใบ ดอก และผลโดยเฉพาะผลมีความแตกต่างกันมาก ตั้งแต่ขนาดของผล รูปร่าง สี ความเผ็ดและการใช้ประโยชน์ ยิ่งไปกว่านั้นยังมีการผสมข้ามชนิดตามธรรมชาติทำให้เกิดลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่อาจทำให้เพิ่มความยุ่งยากในการจำแนกชนิดมากขึ้น

ลักษณะเด่นทางพฤกษศาสตร์ของพริก 5 ชนิด ที่นิยมปลูกมีดังนี้ (Rylski, 1987; Smith *et al.*, 1987; Pickersgill, 1997)

C. annuum L. เป็นพันธุ์ที่นิยมปลูกไปทั่วโลก สามารถผสมข้ามพันธุ์ได้ง่าย ทำให้มีหลากหลายสายพันธุ์ จัดเป็นไม้ล้มลุกหรือไม้พุ่ม สูงประมาณ 0.5-1.5 เมตร กลีบดอกสีขาว อับละอองเรณู (anther) มีสีม่วง ขอบกลีบเลี้ยงเป็นหยัก มี 1-2 ดอกต่อข้อ พันธุ์ป่ามีก้านดอกตั้งขึ้น ส่วนพันธุ์ปลูกก้านดอกห้อยลง ผลมีรูปร่างหลายแบบ ความยาวผลอยู่ในช่วงน้อยกว่า 1 ถึงมากกว่า 25 เซนติเมตร เมื่อผ่าผลตามขวางขอบผลจะมีทั้งขอบเรียบและย่น ผลอ่อนมีสีเขียว ผลแก่มีสีแดง ส้มอมแดง หรือน้ำตาล เมล็ดมีสีเหลืองอ่อนเส้นผ่านศูนย์กลาง 3-5 เซนติเมตร พริกในกลุ่มนี้มีทั้งรสเผ็ดและไม่เผ็ด

C. baccatum L. มีถิ่นกำเนิดในเปรูและโบลิเวีย ปัจจุบันแพร่กระจายอยู่ทั่วทวีปอเมริกาใต้ ดอกมีสีขาวหรือขาวอมเขียว โคนกลีบดอกมีจุดสีเหลือง อับละอองเรณูมีสีขาว ขอบกลีบเลี้ยงมีรอยหยักเด่นชัด มี 1 ดอกต่อข้อ แต่พันธุ์ป่า โคนกลีบมีสีเขียวอ่อน มี 2 ดอกต่อข้อ ผลมีรูปร่างหลายแบบ ส่วนมากมีรูปร่างผอมยาว ความยาวอาจยาวได้ถึง 20 เซนติเมตร ผลอ่อนมีสีเขียวและเหลือง ผลแก่มีสีแดง ส้มอมเหลือง หรือน้ำตาล เมล็ดมีสีน้ำตาลอ่อน

C. chinense Jacq. มีถิ่นกำเนิดแถบกลุ่มน้ำอะเมซอน จากนั้นแพร่เข้าสู่แถบแคริบเบียน แล้วแพร่กระจายไปยังอเมริกาตอนกลางและตอนใต้ มีความคล้ายคลึงกันมากกับพริกกลุ่ม *C. frutescens* L. แต่มีความแตกต่างกันที่พริกกลุ่มนี้มีก้านดอกสั้นและหนากว่า ก้านดอกโน้มลง กลีบดอกมีสีขาวหรือขาวอมเขียว อับละอองเรณูมีสีม่วง ขอบกลีบเลี้ยงเป็นรอยหยักเล็กน้อย รอยต่อระหว่างก้านผลและกลีบเลี้ยงเห็นเป็นร่องชัดเจน มี 2-5 ดอกต่อข้อ ส่วนมากมี 3 ดอกต่อข้อ ผลมีรูปร่างหลายแบบ พันธุ์ป่าผลมีรูปร่างกลม พันธุ์ปลูกมีรูปร่างหลายแบบ ความยาวผลอาจยาวได้ถึง 20 เซนติเมตร ผลอ่อนมีสีเขียวหรือเหลือง ผลแก่มีสีส้มอมแดง เหลืองอมแดง และน้ำตาล เมล็ดมีสีน้ำตาล

C. frutescens L. มีการปลูกกันอย่างแพร่หลายในเขตร้อนพริกกลุ่มนี้อาจเป็นไม้ยืนต้นมีอายุหลายปี ต้นมีความสูงประมาณ 45 เซนติเมตร บางพันธุ์สูงถึง 1.5-2.5 เมตร ดอกเรียวยาว กลีบดอกมีสีเขียวหรือเขียวอมเหลือง เป็นมันสะท้อนแสง อับละอองเรณูมีสีม่วง กลีบเลี้ยงกุดสั้นมีลักษณะคล้ายรูปถ้วย ขอบเรียบ มี 2-3 ดอกต่อข้อ ส่วนมากมี 2 ดอกต่อข้อ ก้านดอกอาจตั้งขึ้นหรือชี้ลง ผลมีทั้งทรงกลมและรูปกรวย พันธุ์ป่าผลเรียวยาวเล็ก ยาว 1.5-2.0 เซนติเมตร พันธุ์ปลูกผลยาวกว่า อาจยาวได้ถึง 15 เซนติเมตร ผลอ่อนสีเขียวหรือเหลือง ผลแก่สีแดง เหลือง หรือน้ำตาล มีรสเผ็ดจัด

C. pubescens R. & P. มีถิ่นกำเนิดในโบลิเวีย แต่ปัจจุบันปลูกกันทั่วทวีปอเมริกา จนถึงอเมริกากลาง กลีบดอกมีสีม่วง โคนกลีบดอกมีจุดสีขาวหรือเหลือง อับละอองเรณูมีสีม่วง เป็นชนิดที่มีขนมากโดยเฉพาะในส่วนต้นและใบ ผลแก่มีสีส้ม หรือแดง เมล็ดมีสีดำ มีรสเผ็ด ต้องการอากาศหนาวเย็นในการเจริญเติบโต

1.4 การเก็บรวบรวมและการใช้ประโยชน์เชื้อพันธุกรรมพริก

องค์กรระดับนานาชาติที่เก็บรวบรวมเชื้อพันธุกรรมพริก เพื่อนำไปใช้ในงานวิจัย และการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมมีหลายองค์กรซึ่งแต่ละองค์กรใช้ระบบการจัดการฐานข้อมูลที่แตกต่างกันไป องค์กรที่เป็นที่รู้จัก ได้แก่

ศูนย์พืชผักโลก (The World Vegetable Center) หรือชื่อเดิมคือ The Asian Vegetable Research and Development Center (AVRDC) เป็นองค์กรระหว่างประเทศที่ไม่แสวงผลกำไร ตั้งอยู่ที่ประเทศไต้หวัน มีการเก็บรวบรวม ส่งเสริม และ การแลกเปลี่ยนเชื้อพันธุกรรมพริกอย่างอิสระ กับนานาชาติทั้งภาครัฐและเอกชน งานด้านการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมพริกและการประเมินลักษณะต่างๆ ดำเนินการโดย Genetic Resources and Seed Unit (GRSU) และ Pepper Breeding Unit เชื้อพันธุกรรมพริกที่เก็บรวบรวมโดย AVRDC มีจำนวน 7,569 accession (Umaharan *et al.*, n.d.) มีแหล่งที่มาจาก 95 ประเทศ เชื้อพันธุกรรมพริก 2,722 accession ได้รับการประเมินลักษณะที่ AVRDC ตามคู่มือของ IPGRI และอีก 800 accession ได้รับการประเมินลักษณะที่ National Plant Genetic Resources Laboratory (NPGRL) ในฟิลิปปินส์และมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (Berke and Engle, n.d.) สามารถสืบค้นข้อมูลเกี่ยวกับเชื้อพันธุกรรมพริกของ AVRDC ได้ที่: <http://www.avrdc.org>

กระทรวงเกษตรของประเทศสหรัฐอเมริกา (United States Department of Agriculture Research Service: USDA) เป็นหน่วยงานที่เก็บรวบรวมเชื้อพันธุกรรมพริกจากทั่วโลกเพื่อใช้ในงานวิจัย เชื้อพันธุกรรมพริกที่เก็บรวบรวมมีกว่า 5,000 accession มีการบันทึกลักษณะประจำพันธุ์ และข้อมูลการเก็บรวบรวมอื่นๆ (passport data) มีการประเมินลักษณะต่างๆ ของเชื้อพันธุกรรม เช่น ทรงพุ่ม ขนาด และรูปร่างของผล ลักษณะดอก เป็นต้น มีการจัดทำฐานข้อมูลเชื้อพันธุกรรมพริกเพื่อความสะดวกในการค้นหาและแลกเปลี่ยนเชื้อพันธุกรรมจะกำหนดโดยเชื้อพันธุกรรมพริก

ใช้รหัสพันธุ์เป็น PI หรือ GRIF สามารถสืบค้นข้อมูลเกี่ยวกับเชื้อพันธุกรรมพริกของ USDA ได้
ที่: http://www.ars-grin.gov/npgs/acc/acc_queries.html

ศูนย์วิจัยและฝึกอบรมการเกษตรเขตร้อน (The Tropical Agricultural Research and Training Centre: CATIE) เป็นองค์กรที่ไม่แสวงผลกำไร ส่งเสริมการวิจัย การศึกษาในศาสตร์ที่เกี่ยวข้องกับการเกษตร การพัฒนา การอนุรักษ์และการใช้ทรัพยากรธรรมชาติอย่างยั่งยืนในเขตร้อนของอเมริกาเพื่อปรับปรุงความเป็นอยู่ที่ดีของมวลมนุษยชาติ สามารถสืบค้นข้อมูลเกี่ยวกับเชื้อพันธุกรรมพริกของ CATIE ได้ที่: http://www.catie.ac.cr/magazin_ENG.asp?CodIdioma=ENG

ศูนย์เชื้อพันธุกรรมของประเทศเนเธอร์แลนด์ (Centre for Genetic Resources, the Netherlands: CGN) เป็นหน่วยงานวิจัยอิสระ ตั้งอยู่ใน Wageningen ประเทศเนเธอร์แลนด์ ดำเนินการในนามของรัฐบาล เกี่ยวข้องกับความหลากหลายทางชีวภาพและเอกลักษณ์ของสายพันธุ์ที่มีความสำคัญสำหรับการเกษตรและการป่าไม้ เชื้อพันธุกรรมพริกที่เก็บรวบรวมโดย CGN มีจำนวน 1,008 accession ส่วนมากเป็นพริก *Capsicum annum* (780 accession) กำหนดโดยใช้รหัสพันธุ์เป็น CGN มีบริการเมล็ดพันธุ์พริกโดยไม่คิดค่าบริการ สามารถสืบค้นข้อมูลเกี่ยวกับเชื้อพันธุกรรมพริกของ CGN ได้ที่: <http://www.cgn.wageningen-ur.nl/pgr>

ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน (Tropical Vegetable Research Center: TVRC) มีการจัดเก็บเชื้อพันธุกรรมพืชผักหลายชนิด พริกเป็นพืชผักหนึ่งที่มีการเก็บรวบรวมพันธุ์ไว้เป็นจำนวนมากกว่า 2,000 accession และมีการนำเชื้อพันธุกรรมพริกจากแหล่งพันธุกรรมต่างประเทศเข้ามาทดสอบด้วย TVRC มีการศึกษาลักษณะทางด้านคุณภาพ การเจริญเติบโต ความต้านทานต่อโรคและแมลง รวมถึงลักษณะดีเด่นเฉพาะพันธุ์ เพื่อให้มีการนำเชื้อพันธุกรรมพริกไปใช้ตรงตามวัตถุประสงค์ต่อไป (สิริกุล, 2551) สามารถสืบค้นข้อมูลเกี่ยวกับเชื้อพันธุกรรมพริกของ TVRC ได้ที่: <http://www.biotech.or.th/germplasm>

1.5 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพริก

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของพริกด้วยเครื่องหมายโมเลกุลต่างๆ มีมาตั้งแต่ปี 1995 โดยใช้เทคนิค Restriction fragment length polymorphism จำแนกพริกได้ตามลักษณะทางสัณฐานวิทยา (Prince *et al.*, 1995) แต่เป็นเทคนิคที่มีข้อจำกัดเนื่องจากมีขั้นตอนยุ่งยากและ

ราคาแพง (Nahm *et al.*, 1997; Kim *et al.*, 2004) ต่อมาได้มีการศึกษาด้วยเทคนิค Random amplified polymorphism DNAs (Paran *et al.*, 1998; Rodrigues *et al.*, 1999; Fan *et al.*, 2004; Jang *et al.*, 2004; Sitthiwong *et al.*, 2005; Adetula, 2006; Sanatombi *et al.*, 2010) และเทคนิค Amplified fragment length polymorphism (Kang *et al.*, 1997; Lanteri *et al.*, 2003; Toquica *et al.*, 2003; Geleta *et al.*, 2005; Guzman *et al.*, 2005) สามารถจำแนกพริกได้ตามชนิดและลักษณะทางสัณฐานวิทยา แต่เทคนิคทั้งสองแบบนี้มักจะเป็นเครื่องหมายโมเลกุลแบบ dominant และมีความสามารถในการทำซ้ำต่ำ

เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ ได้รับการพัฒนาเมื่อปี 1983 โดย Litt และ Luty (Litt and Luty, 1989) เป็นเครื่องหมายโมเลกุลแบบ co-dominant มีความจำเพาะเจาะจง และความแม่นยำสูง จึงนิยมนำมาใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม สำหรับเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ในพริกมีการพัฒนาไว้แล้วจำนวนมาก (Huang *et al.*, 2000; Lee *et al.*, 2004; Portis *et al.*, 2007; Nagy *et al.*, 2007; Huang *et al.*, 2011) และได้รับการวางตำแหน่งบนโครโมโซมในแผนที่จีโนมต่างๆ เช่น FA03, AC99 และ COS II โดยเป็นข้อมูลสาธารณะเผยแพร่ในเว็บไซต์ <http://solgenomics.net/> ซึ่งเป็นประโยชน์ในการเลือกเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ให้ครอบคลุมทั้งจีโนมของพริก

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมพริกด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ที่ผ่านมาพบจำนวนอัลลีลระหว่าง 1-8 อัลลีลต่อตำแหน่ง เฉลี่ย 2-4 อัลลีลต่อตำแหน่ง (Kwon *et al.*, 2005; Tam *et al.*, 2005; Minamiyama *et al.*, 2006; Yudi *et al.*, 2006; Hanacek *et al.*, 2009; Patel *et al.*, 2011) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์มีประสิทธิภาพในการนำมาใช้ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ดี สามารถจัดกลุ่มพริกได้ตามชนิด (Yudi *et al.*, 2006; Ibiza *et al.*, 2011) โดยความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพริกขึ้นอยู่กับชนิดและจำนวนพริก (Ince *et al.*, 2010) ชนิดและจำนวนเครื่องหมายโมเลกุล (Tam *et al.*, 2005; Patel *et al.*, 2011) ที่นำมาใช้ในการศึกษา

2. การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม

2.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity)

ความหลากหลายทางพันธุกรรม หมายถึงความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตภายในประชากร หรือต่างประชากร การกลายพันธุ์ (mutation) และการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนทางพันธุกรรมในการ สืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ (crossing over) ทำให้ลำดับเบสเกิดการสลับที่หรือรวมตัวกันใหม่แล้วถูก ถ่ายทอดไปสู่รุ่นต่อไปในประชากร

แนวคิดในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม แบ่งออกเป็น 2 มิติ (ปรีชา, 2551) คือ

2.1.1 Richness ความหลากหลายในแนวความคิดนี้หมายถึง จำนวนหน่วยของจีโน-ไทป์ (genotype) ที่แตกต่างกัน ที่มีอยู่ในประชากรใดๆ หรือที่มีอยู่ในตัวอย่างที่สุ่มมาจากประชากร ตัวอย่างเช่น ในประชากรของพืชชนิดหนึ่ง มีสีดอกแตกต่างกัน 3 สี มีความหลากหลายมากกว่า ประชากรที่มีสีดอกที่แตกต่างกัน 2 สี (โดยไม่คำนึงถึงความถี่ของสีดอกในประชากร)

2.1.2 Evenness ความหลากหลายในแนวความคิดนี้หมายถึง คุณภาพของความถี่ของ จีโนไทป์ที่ต่างนั้ที่มีอยู่ในประชากรใดๆ หรือตัวอย่างที่สุ่มจากประชากรตัวอย่างเช่น ใน ประชากรของพืชชนิดหนึ่ง มีสีดอกแตกต่างกัน 2 สี ที่มีความถี่ของสีดอกเท่ากัน (0.5: 0.5) จะมีความหลากหลายมากกว่าประชากรที่มีสีดอก 3 สี ที่มีความถี่ของสีดอกแต่ละสีแตกต่างกันหรือไม่ สม่าเสมอ อาทิเช่น 0.90, 0.05 และ 0.05 เป็นต้น

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม เป็นการวิเคราะห์การจัดกลุ่มข้อมูลและ ตัวอย่าง (cluster analysis) โดยใช้วิธีการทางคณิตศาสตร์ที่ใช้ในการจำแนก หรือแบ่งข้อมูล หรือ ตัวอย่างที่ศึกษาออกเป็นกลุ่มย่อย ตั้งแต่ 2 กลุ่มขึ้นไป โดยประเมินความสัมพันธ์ของตัวอย่างที่ ศึกษา ซึ่งอาศัยค่าความสัมพันธ์ (correlation) และค่าความน่าจะเป็น (probability) ในการจัดกลุ่ม ด้วยวิธีการจัดกลุ่มแบบ distance function ที่จะคำนวณความเหมือน (similarity) หรือความต่าง (distance) ของตัวอย่างที่ศึกษา แล้วนำค่าที่ได้มาจัดกลุ่มตัวอย่างที่มีค่าความคล้ายกันมากที่สุด หรือ มีค่าความต่างน้อยที่สุดจะถูกจัดให้อยู่ในกลุ่มเดียวกัน ส่วนตัวอย่างที่มีค่าความคล้ายกันน้อย หรือมี

ความต่างกันมากจะจัดให้อยู่ต่างกลุ่มกัน ซึ่งวิธีการนี้จะสามารถบอกได้ว่าตัวอย่างที่ศึกษามีความคล้ายคลึง หรือแตกต่างกันมากน้อยอย่างไร การแสดงผลความสัมพันธ์ของตัวอย่างที่จัดกลุ่มสามารถแสดงโดยแผนภูมิต้นไม้ที่จะแสดงค่าความเหมือน (similarity) หรือความต่าง (distance) บอกถึงระดับความสัมพันธ์ของแต่ละตัวอย่างได้ (สุรินทร์, 2552)

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ ในกรณีของอัลลีล (allele) ที่มีในยีน 1 ตำแหน่งนั้น ตามแนวคิดทั้งสองที่ได้กล่าวมาแบ่งได้เป็น allelic richness วัดได้จากจำนวนอัลลีลที่แตกต่างกันทั้งหมดที่ยีนตำแหน่งนั้นๆ ของประชากรหรือตัวอย่างที่สุ่มมาจากประชากร และ allelic evenness ตัวชี้วัดต่างๆ ไปคือ ค่าสัมประสิทธิ์ความหลากหลายของยีน (coefficient of gene diversity) ค่าสัมประสิทธิ์แต่ละชนิดมีวิธีการคำนวณที่แตกต่างกัน ดังนี้

1. Simple matching coefficient (Sokal and Michener, 1958)

นับแถบดีเอ็นเอที่ไม่ปรากฏในตำแหน่งที่เป็น โฮโม โลกัส ซึ่งสามารถใช้กับดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิด dominant (RAPD และ AFLP) เพราะลักษณะการไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ ณ ตำแหน่งดีเอ็นเอเครื่องหมายนั้นๆ เป็นลักษณะจีโนไทป์แบบ homologous recessive

$$\text{Simple matching coefficient (SM)} = \frac{(a+d)}{(a+b+c+d)}$$

- เมื่อ
- a คือ จำนวนแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏทั้งพันธุ์ i และพันธุ์ j
 - b คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ i
 - c คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ j
 - d คือ จำนวนแถบดีเอ็นเอที่ไม่ปรากฏทั้งพันธุ์ i และพันธุ์ j

2. Jaccard coefficient (Jaccard, 1908)

นับเฉพาะแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏ ส่วนที่ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอไม่นับ ให้เป็นข้อมูลสูญหาย

เพราะถ้าข้อมูลของแถบดีเอ็นเอเกิด false-positive หรือ false-negative จะทำให้ประเมินค่าดัชนีความเหมือนคลาดเคลื่อนจากความเป็นจริง สามารถนำไปใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลของดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิด codominant (allozyme, RFLP และ ไมโครแซทเทลไลต์)

$$\text{Jaccard coefficient (J)} = \frac{a}{a+b+c}$$

เมื่อ a คือ จำนวนแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏทั้งพันธุ์ i และพันธุ์ j
b คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ i
c คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ j

3. Nei-Li หรือ Dice coefficient (Nei and Li, 1979)

นับแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏ โดยให้น้ำหนักของแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏมากกว่าแถบดีเอ็นเอที่ไม่ปรากฏ สามารถใช้กับข้อมูลดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิด codominant เช่น RFLP และ ไมโครแซทเทลไลต์

$$\text{Nei-Li หรือ Dice coefficient} = \frac{ab}{2a+b+c}$$

เมื่อ a คือ จำนวนแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏทั้งพันธุ์ i และพันธุ์ j
b คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ i
c คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ j

2.2 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมาจากการประเมินค่าดัชนีความเหมือน (similarity index) จากการแปลงข้อมูลแบบ binary โดยตำแหน่งที่ปรากฏแถบดีเอ็นเอให้ค่าเป็น 1 ถ้าไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอให้ค่าเป็น 0 หลังจากนั้นนำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของแถบดีเอ็นเอในรูปของค่าดัชนีความเหมือน ค่าสัมประสิทธิ์ Dice สามารถใช้ได้ทั้งข้อมูลที่วิเคราะห์ด้วยดีเอ็นเอ

เครื่องหมายชนิด dominant เช่น RAPD, AFLP และ ISSR และ codominant เช่น allozyme, RFLP และ ไมโครแซทเทลไลต์ ในสิ่งมีชีวิตชนิดแฮพลอยด์ ดิพลอยด์ หรือ โพลีพลอยด์ ส่วนค่าสัมประสิทธิ์ Jaccard สามารถใช้กับข้อมูลดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิดไมโครแซทเทลไลต์ ในสิ่งมีชีวิตชนิดโพลีพลอยด์ และค่าสัมประสิทธิ์ simple matching ใช้กับข้อมูลการวิเคราะห์หลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ในสิ่งมีชีวิตชนิดแฮพลอยด์ เมื่อข้อมูลที่นำมาใช้ในการประเมินผลมีความสมบูรณ์ แม้ว่าจะใช้ค่าสัมประสิทธิ์ต่างชนิดกัน ก็จะได้รูปแบบแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสิ่งมีชีวิตออกมาเหมือนกัน แต่ถ้าใช้ค่าสัมประสิทธิ์ต่างชนิดกัน ได้รูปแบบแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมออกมาต่างกันนั้น อาจเกิดขึ้นมาจากสาเหตุอื่นซึ่งไม่ค่อยมีปรากฏ (Kosman and Leonard, 2005)

2.3 การประเมินค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม

การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสิ่งมีชีวิตโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ สามารถจำแนกพันธุ์และตรวจสอบความแตกต่างระหว่างจีโนไทป์ของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดได้ ภายใต้สมมติฐานการกระจายตัวอย่างอิสระของดีเอ็นเอเครื่องหมายแต่ละตำแหน่ง ในสภาพสมดุลประชากรของ Hardy-Weinberg (Kosman and Leonard, 2005) โดยประเมินจากค่าความถี่ของอัลลีล ในแต่ละตำแหน่ง จากนั้นนำค่าความถี่มาคำนวณค่าต่างๆ ดังต่อไปนี้

2.3.1 ค่า Expected Heterozygosity (H_e) (Nei and Li, 1978) เป็นค่าที่คำนวณจากความถี่ของอัลลีลแต่ละตำแหน่ง ภายใต้สมมติฐานของ Hardy-Weinberg เพื่อประเมินค่าสัดส่วนของจีโนไทป์ที่อยู่ในสถานะเฮเทอโรไซกัส แสดงถึงความแปรปรวนทางพันธุกรรมและความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชกรนั้น (Harth and Clark, 1997)

2.3.2 ค่า Polymorphism Information Content (PIC) (Botstein *et al.*, 1980) เป็นค่าที่ใช้แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอเครื่องหมายแต่ละตำแหน่ง (Shete *et al.*, 2000) เพื่อใช้แสดงความแตกต่างระหว่างจีโนไทป์ เมื่อตรวจสอบโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอแต่ละตำแหน่ง

2.3.3 Probability of Identity (PI) (Kaul *et al.*, 2001) เป็นค่าความน่าจะเป็นที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างจีโนไทป์โดยสุ่ม เพื่อให้ทราบโอกาสที่จะพบสิ่งมีชีวิต 2 ชนิด ที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน ณ เครื่องหมายดีเอ็นเอตำแหน่งนั้นๆ

2.4 แผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

2.4.1 แผนภูมิต้นไม้ (tree)

ในธรรมชาติสิ่งมีชีวิตมีความแตกต่างหรือคล้ายคลึงระหว่างกัน นำไปสู่การศึกษาการจัดหมวดหมู่ของสิ่งมีชีวิต ทำให้เกิดศาสตร์ที่เรียกว่า ซิสเต็มมาติกส์ (systematics) โดยการแสดงความแตกต่างหรือคล้ายคลึงของสิ่งมีชีวิตในรูปของแผนภูมิหรือเดนโดรแกรม (dendrogram) ไฟโลจีนetik (phylogenetic tree) หรืออีโวลูชันนารีทรี (evolutionary tree) โดยเดนโดรแกรมใช้เรียกแผนภูมิที่แสดงถึงความสัมพันธ์ในเชิงพันธุกรรม สะท้อนให้เห็นภาพรวมของสิ่งมีชีวิตที่ศึกษาว่ามีความสัมพันธ์ระหว่างกันและกันมากน้อยเท่าใด

2.4.2 การสร้างแผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมหรือความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้หลักฐานทางโมเลกุลนั้น เมื่อได้ข้อมูลดิบ เช่น การจัดเรียงลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน รูปแบบของแถบโปรตีน ไอโซไซม์ ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนหรือส่วนของดีเอ็นเอที่นำมาตรวจสอบ หรือแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบต่างๆ จากนั้นต้องนำข้อมูลที่ได้จากแต่ละตัวอย่างมาเปรียบเทียบกัน ถ้ามีข้อมูลหรือตัวอย่างจำนวนน้อยการก็สามารถประเมินผลได้อย่างง่ายดาย แต่ถ้ามีข้อมูลหรือตัวอย่างจำนวนมาก การระบุว่าตัวอย่างใดมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับตัวอย่างใดมากกว่ากันเป็นเรื่องยาก มีโอกาสสรุปผลผิดพลาดค่อนข้างสูง จึงต้องนำข้อมูลดิบเหล่านั้นมาแปลงเป็นแผนภูมิในรูปของแผนภูมิต้นไม้ เพื่อให้สามารถสรุปผลได้ถูกต้อง หรือใกล้เคียงกับความเป็นจริงมากที่สุด สุรินทร์ (2552) กล่าวถึงการแปลงข้อมูลทางโมเลกุลเป็นแผนภูมิต้นไม้ มี 2 วิธีหลัก ดังนี้

ก. Character-based method ใช้กับข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ โดยเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์เป็นคู่ๆ นับจำนวนการกลายพันธุ์ที่เกิดขึ้นมี 2 วิธี คือ

1) Maximum parsimony วิธีนี้ยึดถือหลักว่าแผนภูมิต้นไม้ที่เหมาะสม คือ แผนภูมิต้นไม้ที่มีการกลายพันธุ์หรือการเปลี่ยนแปลงน้อยที่สุด ดังนั้น จะนับจำนวนการกลายพันธุ์

ที่น้อยที่สุดในแต่ละแผนภูมิต้นไม้ เรียกเป็นคะแนนพาสีโมนี (parsimony score) แล้วเลือกแผนภูมิ-ต้นไม้ที่ค่าคะแนนน้อยสุดเป็นคำตอบ

2) Maximum likelihood วิธีนี้เป็นการหาค่าความน่าจะเป็น (likelihood) ของพารามิเตอร์ โมเดลที่เป็นพื้นฐานของข้อมูล คือการนำเอาข้อมูลที่มีอยู่มาใช้ประมาณค่าพารามิเตอร์ โดยใช้วิธีการแทนค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ลงในโมเดลความน่าจะเป็น แล้วพิจารณาคุณค่าพารามิเตอร์ที่มีค่าใกล้เคียงสูงสุดหรือทำให้ข้อมูลนั้นน่าจะเป็นไปได้ที่สุด

ข. Distance-base method สรุปความแตกต่างระหว่างลำดับ โดยการคำนวณระยะห่างเป็นคู่ๆ ระหว่างลำดับที่มาจัดเรียงกันทั้งหมด อาจเรียกว่าวิธีการจัดรวมกลุ่ม หรือวิธีเลขคณิต (clustering or algorithmic method) วิธีนี้จะมีการสร้างตารางเมทริกซ์ (matrix) ซึ่งบอกความแตกต่างเป็นระยะห่าง (distance) หรือค่าตัวเลขระหว่างลำดับเบสหรือโปรตีนต่างๆ ที่เปรียบเทียบ โดยเปรียบเทียบลำดับแต่ละคู่และหาความแตกต่างระหว่างลำดับ จากนั้นจับกลุ่มด้วยวิธีต่างๆ ดังนี้

1) UPGMA (unweighed pair-group method with arithmetic average) การสร้างแผนภูมิต้นไม้จะดูจากเมทริกซ์แล้วจับคู่ตัวอย่างที่มีค่าระยะห่างน้อยที่สุดก่อน โดยกิ่งที่แยกออกคือจุดกึ่งกลางระหว่างระยะห่างของ 2 ตัวอย่าง ลดขนาดของเมทริกซ์ลง โดยให้กลุ่มที่จัดแล้วเป็นตัวอย่างเดียวกัน คำนวณค่าระยะห่างระหว่างตัวอย่างใหม่กับตัวอย่างที่เหลือ สร้างเมทริกซ์ใหม่ที่ลดจำนวนตัวอย่างลง จับคู่กลุ่มใหม่ที่มีค่าระยะห่างน้อยที่สุด ทำซ้ำไปเรื่อยๆ จนตัวอย่างสุดท้ายคือ outgroup แผนภูมิต้นไม้ที่ได้จะวางตัวอย่างทั้งหมดอยู่ในระยะห่างจากรากเท่ากัน ดังนั้นปริมาณการกลายพันธุ์จากต้นกำเนิด (ราก) จนถึงแต่ละตัวอย่างจะเท่ากัน ข้อดีของวิธีนี้คือทำได้รวดเร็ว

2) NJ (Neighbor-joining) คล้ายกับวิธี UPGMA คือค่อยๆ ลดขนาดของเมทริกซ์ลงแต่ไม่ได้คิดว่าทุกตัวอย่างมีอัตราการวิวัฒนาการที่คงที่เหมือนวิธี UPGMA ดังนั้นทุกตัวอย่างอาจอยู่ห่างจากรากไม่เท่ากัน วิธีนี้จะสร้างแผนภูมิต้นไม้ได้เพียง 1 แบบ

3) FM (Fitch-Margoliash) ใช้วิธีสุ่มจับคู่ตัวอย่าง สร้างเมทริกซ์ใหม่ที่มีขนาดเล็กลง ทำไปเรื่อยๆ จนได้ แผนภูมิต้นไม้ที่สมบูรณ์ สร้างแผนภูมิต้นไม้ทุกแบบที่เป็นไปได้

เลือกแผนภูมิต้นไม้ที่มีความแตกต่างระหว่างระยะห่างที่คำนวณได้ในทุกกิ่งของแผนภูมิต้นไม้กับระยะห่างในข้อมูลเริ่มต้นน้อยที่สุด

4) ME (Minimum evolution) สร้างแผนภูมิต้นไม้หลายๆ แบบด้วยวิธีคล้ายกับ FM แต่ใช้เกณฑ์ในการเลือกแผนภูมิต้นไม้ที่ต่างกัน คือเลือกแผนภูมิต้นไม้ที่มีความยาวกิ่งรวมน้อยที่สุด

การสร้างแผนภูมิต้นไม้จากค่าระยะห่างจากวิธี UPGMA และ NJ นิยมใช้มากกว่า ทำได้รวดเร็ว และทำได้กับชุดข้อมูลที่มีจำนวนมาก แต่อาจมีความคลาดเคลื่อนบ้าง วิธี FM และ ME มีผลที่ดีกว่าแต่ทำได้ช้า ไม่เหมาะกับตัวอย่างจำนวนมาก (มากกว่า 12 ตัวอย่าง)

2.4.3 ค่าที่ใช้ในการทดสอบความน่าเชื่อถือของการจัดกลุ่มแผนภูมิต้นไม้

1) Cophenetic correlation เป็นค่าที่บ่งบอกว่าการจัดกลุ่มที่ได้ดีเพียงใด ซึ่งดูได้จากค่า goodness of fit โดยแผนภาพการกระจายและสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ มีหลักการวิเคราะห์ดังต่อไปนี้ คือ ค่า r จะมีค่าอยู่ในช่วง $-1 \leq r \leq 1$ ไม่มีหน่วย เกณฑ์ที่ใช้ตาม Rohlf (1997) โดยค่า cophenetic correlation ถ้าน้อยกว่าหรือเท่ากับ 0.7 ถือว่าเป็น การจัดกลุ่มที่ไม่ดี ค่าอยู่ระหว่าง 0.7-0.8 ถือว่าเป็นการจัดกลุ่มได้ปานกลางค่าอยู่ระหว่าง 0.8-0.9 ถือว่าเป็นการจัดกลุ่มที่ดีและค่าอยู่ระหว่าง 0.9-1.0 เป็นการจัดกลุ่มที่ดีมากมีความสัมพันธ์แบบผกผันกันอย่างสมบูรณ์

2) Bootstrap เป็นการทดสอบความน่าเชื่อถือของการจัดกลุ่ม โดยคิดเป็นเปอร์เซ็นต์ของโอกาสที่จะมีการจัดกลุ่มเหมือนเดิม เมื่อมีการสุ่มตัวแปร หรือข้อมูลใดๆ ที่ใช้ในการจัดกลุ่มออกตามจำนวนครั้งที่ต้องการ กลุ่มตัวอย่างที่มีค่า bootstrap มาก แสดงให้เห็นว่ากลุ่มที่จัดได้มีความน่าเชื่อถือ โอกาสที่การจัดกลุ่มจะเปลี่ยนไปมีน้อย เมื่อเปรียบเทียบกับกลุ่มที่มีค่า bootstrap น้อย ตัวอย่างที่แยกออกเป็นกลุ่มเดียวไม่สามารถคำนวณค่า bootstrap ได้

2.5 การจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก (core collection)

แนวคิดในการจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก เสนอโดย Frankel and Brown (1984) เพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการบริหารจัดการเชื้อพันธุกรรมที่รวบรวมไว้เป็นจำนวนมาก เป็นการลด

จำนวน accessions ใน collection ลงแต่ยังคงความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับเดิม ซึ่งจะช่วยให้การบริหารจัดการเชื้อพันธุกรรมพริกมีประสิทธิภาพและลดค่าใช้จ่ายในการดำเนินงานด้านการศึกษาและประเมินเชื้อพันธุกรรมในด้านต่างๆ แนวทางการจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก ทำได้โดยการศึกษาความสัมพันธ์ของเชื้อพันธุกรรมเพื่อจัดกลุ่มแล้วเลือกตัวแทนในแต่ละกลุ่มมาจัดเป็นกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก ข้อมูลความสัมพันธ์ที่นำมาใช้ในการจัดกลุ่มอาจใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา ลักษณะทางปริมาณอย่างเช่น สีดอก สีผล ผลผลิต ความต้านทานต่อโรค ความต้านทานต่อแมลง หรือข้อมูลลักษณะการปรากฏของแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคต่าง ๆ เช่น RAPD, RFLP, AFLP หรือ ไมโครแซทเทลไลต์ เป็นต้น

อุปกรณ์และวิธีการ

1. เชื้อพันธุกรรมพริก

เชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 230 accession (acc.) ประกอบด้วยพริกชนิด *Capsicum annuum* L. จำนวน 154 acc. *C. frutescens* L. จำนวน 22 acc. *C. chinense* Jacquin. จำนวน 10 acc. *C. baccatum* L. จำนวน 7 acc. และ unknown จำนวน 37 acc. ซึ่งเก็บรวบรวมโดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน (TVRC) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน จังหวัดนครปฐม (ตารางผนวกที่ 1) โดยเป็นเชื้อพันธุกรรมพริกที่ได้จากการวิเคราะห์ cluster analysis จากเชื้อพันธุกรรมพริกที่รวบรวมไว้ทั้งหมด 2,827 acc. โดยใช้ข้อมูลลักษณะพื้นฐานวิทยาต่างๆ (สิริกุล และคณะ, 2548) พริกเหล่านี้ได้รับการประเมินและบันทึกข้อมูลลักษณะทางด้านพืชสวน เช่น ความสูงต้น ความกว้างทรงพุ่ม สีกลีบดอก สีอับละอองเรณู จำนวนดอกต่อข้อ รูปร่างผล ขนาดผล สีผล และความหนาเนื้อ พริกเหล่านี้ได้รับการจัดจำแนกประเภท (type) ตามการใช้ประโยชน์ โดยผู้เข้าร่วมเสวนาพริก จากภาครัฐ บริษัทเมล็ดพันธุ์ และผู้แทนจากสำนักงานมาตรฐานสินค้าเกษตรและอาหารแห่งชาติ ออกเป็น 5 กลุ่ม ดังนี้ 1) กลุ่มพริกชี้ฟ้า พริกมัน พริกเหลือง พริกหนุ่ม 2) กลุ่มพริกหยวก 3) กลุ่มพริกหวาน 4) กลุ่มพริกขี้หนู 5) กลุ่มพริกอื่นๆ เช่น พริกประดับ พริกจากต่างประเทศ ที่ยังไม่สามารถจัดกลุ่มได้ เป็นต้น (สิริกุล, 2551)

2. การสกัดดีเอ็นเอ

เพาะกล้าพริก 5 ต้น/ acc. เมื่อเดือนมกราคม พ.ศ. 2551 ณ โรงเรือนเพาะกล้าของ TVRC

2.1 สกัดดีเอ็นเอทั้งหมด (total genomic DNA) ของเชื้อพันธุกรรมพริกทั้ง 230 acc. แบบแยกต้น (5 ต้น/acc.) โดยวิธี CTAB ดัดแปลง (Mongkolporn *et al.*, 2004) ซึ่งมีขั้นตอนดังนี้

2.1.1 เก็บใบอ่อนจากต้นกล้าพริกอายุประมาณ 3-4 สัปดาห์ ต้นละ 200-250 มิลลิกรัม ใส่ในหลอดไมโครเซ็นทริฟิวก์ ขนาด 1.5 มิลลิลิตร แล้วเก็บในกระติกน้ำแข็งอย่างรวดเร็ว

2.1.2 บคใบพริกที่เก็บมาในโถงบดชา เดิมในโตรเจนเหลวเพื่อช่วยทำให้เนื้อเยื่อและน้ำที่อยู่ในเนื้อเยื่อแข็งตัวอย่างรวดเร็วทำให้สามารถบดให้ละเอียดได้ง่ายและความเย็นจัดยังสามารถป้องกันการย่อยสลายของดีเอ็นเอได้ดี บคใบพริกจนละเอียดเป็นผง ขณะบดโถงต้องเย็นจัดอยู่ตลอดเวลา

2.1.3 เดิม CTAB บัฟเฟอร์ (ซิทิลไตรเมทิลแอมโมเนียมโบรไมด์ 2%, ทริส (ไฮดรอกซีเมทิล) อะมิโนมีเทน 1 โมลาร์, เอทิลีนไดเอมีนเตตระอะซิติกแอซิด 0.5 โมลาร์, โซเดียมคลอไรด์ 5 โมลาร์ pH 5.5) ปริมาตร 1 มิลลิลิตร เพื่อย่อยสลายเนื้อเยื่อเซลล์และโครงสร้างต่างๆ ในเซลล์ เป็นการปลดปล่อยดีเอ็นเอออกมาภายนอกเซลล์ จากนั้นผสมให้เข้ากัน ผสมสารผสมลงในหลอดไมโครเซ็นทริฟิวส์ ขนาด 1.5 มิลลิลิตร นำไปปั่นในอ่างควบคุมอุณหภูมิ ที่อุณหภูมิ 55 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที

2.1.4 นำไปปั่นเหวี่ยงโดยใช้เครื่องปั่นเหวี่ยงหนีศูนย์กลาง ที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที เพื่อให้ส่วนต่างๆ ของเซลล์รวมทั้งสารต่างๆ ของเซลล์ส่วนใหญ่ตกตะกอน ในขณะที่ดีเอ็นเอจะยังคงละลายอยู่ใน CTAB ไม่ได้ตกตะกอนไปด้วย ขั้นตอนนี้จึงสามารถแยกดีเอ็นเอออกจากชิ้นส่วนของเซลล์ได้

2.1.5 ผสมสารละลายส่วนใสด้านบนใส่หลอดใหม่ เดิม คอลโรฟอร์ม: ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (24:1) ปริมาตร 1 เท่าของสารละลายส่วนใสที่ดูดได้เพื่อกำจัดโปรตีน ผสมให้เข้ากัน โดยพลิกหลอดกลับไปกลับมาเบาๆ ประมาณ 10 นาที

2.1.6 นำไปปั่นเหวี่ยงโดยใช้เครื่องปั่นเหวี่ยงหนีศูนย์กลาง ที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เพื่อแยกชั้นของสารละลายดีเอ็นเอ และชั้นของคอลโรฟอร์มออกจากกัน

2.1.7 ผสมสารละลายส่วนใสด้านบนใส่หลอดใหม่ เดิมคอลโรฟอร์ม: ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (24:1) ปริมาตร 1 เท่าของสารละลายส่วนใสที่ดูดได้เพื่อกำจัดโปรตีน ผสมให้เข้ากัน โดยกลับหลอดไปมาเบาๆ ประมาณ 10 นาที

2.1.8 ผสมสารละลายส่วนใสด้านบนใส่หลอดใหม่ เดิมเอทานอล 100% ที่เย็นจัด ปริมาตร 2 เท่าของสารละลาย เพื่อดักตะกอนดีเอ็นเอโดยหลักการที่แอลกอฮอล์ละลายในน้ำได้

ดีกว่าดีเอ็นเอมาก จึง ไปแย่งโมเลกุลน้ำที่จับกับดีเอ็นเออยู่ทำให้ดีเอ็นเอจับตัวกันเองแล้วตกตะกอนออกมา

2.1.9 นำไปปั่นที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที

2.1.10 นำไปปั่นเหวี่ยงโดยใช้เครื่องปั่นเหวี่ยงหนีศูนย์กลางที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาทีเพื่อให้ดีเอ็นเอตกตะกอนอยู่ที่ก้นหลอด

2.1.11 เทสารละลายทิ้งให้เหลือแต่ตะกอนดีเอ็นเอที่ก้นหลอด เดิมเอทานอล 70% ปริมาตร 250 ไมโครลิตร เพื่อล้างตะกอนดีเอ็นเอ

2.1.12 นำไปปั่นเหวี่ยงโดยใช้เครื่องปั่นเหวี่ยงหนีศูนย์กลางที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เพื่อให้ดีเอ็นเอตกตะกอนที่ก้นหลอด เทสารละลายทิ้งให้เหลือแต่ตะกอนดีเอ็นเอ ผึ่งตะกอนดีเอ็นเอให้แห้ง จากนั้นละลายตะกอนดีเอ็นเอด้วย TE บัฟเฟอร์ (ทริสไฮโดรคลอไรด์ 10 มิลลิโมลาร์ pH 8.0, เอทิลีนไดเอมีนเตตระอะซิติกแอซิด 1 มิลลิโมลาร์ pH 8.0) ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ตั้งทิ้งไว้ให้ตะกอนดีเอ็นเอละลาย จากนั้นเก็บสารละลายดีเอ็นเอไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส

2.2 การวัดปริมาณและตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอ

2.2.1 ตรวจสอบความเข้มข้นของดีเอ็นเอด้วยวิธีอะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟรีซิส (Sambrook and Russell, 2001)

ตรวจสอบความเข้มข้นของดีเอ็นเอในอะกาโรสเจล 1% ความเข้มข้นดีเอ็นเอ สามารถตรวจสอบได้ด้วยการย้อมดีเอ็นเอในเอธิเดียมโบรไมด์ (1 ไมโครกรัม/มิลลิลิตร) และตรวจดูความเข้มของแถบดีเอ็นเอภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต เปรียบเทียบกับความเข้มแสงของแถบดีเอ็นเอมาตรฐาน (100 คู่เบส บวก) ที่ทราบความเข้มข้น ถ้าดีเอ็นเอ ตัวอย่างมีอาร์เอ็นเอปนเปื้อนจะเห็นแถบอาร์เอ็นเอแยกออกมาอยู่ด้านล่างของเจล

2.2.2 ตรวจสอบความเข้มข้นของดีเอ็นเอด้วยวิธีการดูดกลืนแสง (Ingle and Crouch, 1988)

วัดค่าการดูดกลืนแสงอัลตราไวโอเลต (UV) โดยอาศัยคุณสมบัติการดูดกลืนแสงของกรดนิวคลีอิกได้ดีที่สุดที่ความยาวคลื่น 260 นาโนเมตร (A_{260}) ในขณะที่โปรตีนสามารถดูดกลืนแสงได้ดีที่สุดที่ความยาวคลื่น 280 นาโนเมตร (A_{280}) วัดค่าการดูดกลืนแสงอัลตราไวโอเลตด้วยเครื่องสเปกโตรโฟโตมิเตอร์ รุ่น GeneQuantPro® (Amersham Bioscience, UK) โดยนำสารละลายดีเอ็นเอ 1 ไมโครลิตร เจือจางด้วยน้ำกลั่นหนึ่งมาเชื่อ 99 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากัน วัดค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 260 นาโนเมตร และ 280 นาโนเมตร ตามลำดับ ค่าความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอสามารถหาได้จากอัตราส่วนระหว่างค่าการดูดกลืนแสง A_{260} / A_{280} ดีเอ็นเอที่บริสุทธิ์ควรมีค่าไม่ต่ำกว่า 1.8-2.0 ซึ่งถ้าต่ำกว่านี้แสดงว่ามีการปนเปื้อนของโปรตีนสูง

3. การวิเคราะห์ดีเอ็นเอด้วยไมโครแซทเทลไลต์

3.1 เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลิเมอเรส (พีซีอาร์)

นำดีเอ็นเอที่สกัดได้มาทดสอบด้วยไมโครแซทเทลไลต์ จำนวน 10 ตำแหน่ง (ตารางที่ 1) เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใน 1 ปฏิกริยา ประกอบด้วย

ดีเอ็นเอต้นแบบ	50 นาโนกรัม
บัฟเฟอร์สำหรับเอ็นไซม์ดีเอ็นเอ โพลิเมอเรส	1 เท่า
เอ็นไซม์ดีเอ็นเอ โพลิเมอร์เรส	0.45 ยูนิต
นิวคลีโอไทด์ทั้ง 4 ชนิด	0.24 มิลลิโมลาร์
ฟอร์เวิร์ดไพรเมอร์	0.2 ไมโครโมลาร์
รีเวิร์สไพรเมอร์	0.2 ไมโครโมลาร์
แมกนีเซียมคลอไรด์	2.5 มิลลิโมลาร์

ปรับให้ได้ปริมาตร 15 ไมโครลิตร ด้วยน้ำกลั่น

ทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ ในเครื่องควบคุมอุณหภูมิอัตโนมัติ (Whatman Biometra, Germany) รุ่น TPersonal โดยใช้อุณหภูมิและเวลาสำหรับแต่ละปฏิกิริยา ดังนี้

เตรียมการทำให้ดีเอ็นเอเสียสภาพ	ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส	เป็นเวลา 3 นาที
ทำให้ดีเอ็นเอเสียสภาพ	ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส	เป็นเวลา 30 วินาที
ไพรเมอร์เข้าจับกับดีเอ็นเอต้นแบบ	ที่อุณหภูมิ 50-65 องศาเซลเซียส	เป็นเวลา 30 วินาที
สังเคราะห์ดีเอ็นเอต่อจากไพรเมอร์	ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส	เป็นเวลา 1 นาที
สังเคราะห์ดีเอ็นเอรอบสุดท้าย	ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส	เป็นเวลา 7 นาที

ตารางที่ 1 ไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่งที่ใช้ในการศึกษาและตำแหน่งบนโครโมโซม¹

Marker name	Chromosome ²	Position ³ (cM)	Institute ⁴	Repeat motif	Primer sequence (5'-3') ⁵
Hpms1-148	1	45.711	SNU	(GA)14	F-ggcggagaagaactagacgattagc R-ccaccaatccacatagacg
Hpms1-143	2	126.42	SNU	(AG)12	F-aatgctgagctggcaaggaaag R-tgaaggcagtaggtggggagtg
CA524065	5	72.211	ABCH	(CTT)12	F-tctctctcatctctccgttg R-tgtcgttcgtcagctactc
CA516334	6	48.311	ABCH	(CAA)6	F-accacacctcatcaacaacc R-atttgggcttttcgaaacg
BM067271	8	49.662	ABCH	(CTG)6	F-gtatgctgcaaccatcggtg R-attggttgggagacacagc
GPMS 171	9	69.16	ABCH	(TC)6...(TC)5... (TC)6	F-tccaccacaatatttcgaagg R-tggctgtccaacactgtgag
GPMS 159	10	60.698	ABCH	(TAA)20	F-aagaacatgaggaaactttaaccatg R-ttcacccttctccgactcc
CA516439	10	94.076	ABCH	(AG)11	F-gacagtctttcaagaactagagagag R-tggagcaaacacagcagaac

ตารางที่ 1 (ต่อ)

Marker name	Chromosome ²	Position ³ (cM)	Institute ⁴	Repeat motif	Primer sequence (5'-3') ⁵
CA519548	11	49.435	ABCH	(AT)9	F-tttcttctctggcccttttg R-acgcctattgcgaatttcag
CA515275	12	28.968	ABCH	(TC)4(CT)13	F-ctctgccctcctcaacc R-aaaatatggctcggagatccg

¹ ที่มาของไพรเมอร์: Sol genomics network (<http://solgenomics.net/>)

² โครโมโซมของพริกแห้งที่มีเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์นั้นปรากฏอยู่

³ ตำแหน่งของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์บนโครโมโซมซึ่งตัวเลขที่ปรากฏในตารางเป็นระยะทางที่วัดจากโมเลกุล เครื่องหมายตำแหน่งแรกบนโครโมโซมนั้น

⁴ ผู้พัฒนาไมโครแซทเทลไลต์ตำแหน่งนั้นๆ

ABCH: Istvan Nagy, Agricultural Biotechnology Center, Hungary

SNU: Byung-Dong Kim, Seoul National University, Korea

⁵ F คือ ฟอว์เวิร์ดไพรเมอร์

R คือ รีเวิร์ส ไพรเมอร์

3.2 การแยกขนาดของดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิสในโพลีอะครีลาไมด์เจล

ตรวจสอบดีเอ็นเอที่ได้จากปฏิกิริยา PCR ใน อะกาโรสเจล 1% แล้วจึงนำผลิตภัณฑ์ PCR ที่ได้ไปวิเคราะห์ด้วยโพลีอะครีลาไมด์เจล ซึ่งมีรายละเอียดวิธีการดังนี้ นำผลิตภัณฑ์ PCR มาผสม ฟอว์มาไมด์ บัฟเฟอร์ (ฟอว์มาไมด์ 80% , EDTA 10 มิลลิโมลาร์, โซเดียมไซยานอล 10%, โบรโมไฟ-นอลบลู 10%) ปริมาตร 1 เท่า ของผลิตภัณฑ์ PCR จากนั้นแยกขนาดผลิตภัณฑ์ PCR ด้วยโพลีอะครีลาไมด์เจล 4.5% (อะครีลาไมด์ 40% 19:1, ยูเรีย, 5x TBE บัฟเฟอร์ (ทริส-เบส 54 กรัม, กรดบอริก 27.5 กรัม, EDTA pH 8.0 20 มิลลิลิตร) ใน 1x TBE บัฟเฟอร์ (ทริส-บอเรต 90 มิลลิโมลาร์, EDTA pH 8.0 0.2 มิลลิโมลาร์) โดยผ่านกระแสไฟฟ้า 60 วัตต์ เป็นเวลาประมาณ 1 ชั่วโมง 30 นาที จากนั้นนำแผ่นเจลมาแช่และเขย่าเบาๆ ในกรดอะซิติก 20% ปริมาตร 1 ลิตร เป็นเวลา 30 นาที ล้างเจลด้วยน้ำสะอาด 3 ครั้ง ครั้งละ 2 นาที แล้วย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยซิลเวอร์ไนเตรท (ซิลเวอร์ไนเตรท 0.1%,

ฟอร์มาลดีไฮด์ 0.15%) ปริมาตร 1 ลิตร เป็นเวลา 30 นาที นำแผ่นเจลผ่านน้ำสะอาดอย่างรวดเร็ว แล้วทำให้แถบดีเอ็นเอปรากฏด้วย สารละลายดีเวลลอปเปอร์ (โซเดียมคาร์บอเนตแอนไฮดรัส 3%, โซเดียมไทโอซัลเฟต 0.2%, ฟอร์มาลดีไฮด์ 0.15%) จนเห็นแถบดีเอ็นเอจึงหยุดปฏิกิริยาด้วยกรด อะซิติก 10% ล้างเจลด้วยน้ำเปล่า 2 นาที นำเจลไปฝังให้แห้งเพื่อใช้ในการอ่านผลการทดลองต่อไป

4. การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity)

ประเมินขนาดอัลลีลของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ในแต่ละตำแหน่ง โดยทำการ เปรียบเทียบกับขนาดโมเลกุลของดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I (Fermentas, Canada) และเปรียบเทียบกับขนาดโมเลกุลไมโครแซทเทลไลต์ดีเอ็นเอของฟริก (Allelic ladder) ที่ พัฒนาโดย รศ.ดร. จุลภาศ คูนวงศ์ (ตารางผนวกที่ ก5) โดยใช้โปรแกรม PhotoCaptMw รุ่น 99.03 (บริษัท ETS VILBER-LOURMAT ประเทศฝรั่งเศส) แล้วประเมินความถูกต้องของขนาดอัลลีลแต่ละตำแหน่งด้วยโปรแกรม AlleloBin (Idury and Cardon, 1997)

ให้คะแนนแถบดีเอ็นเอของแต่ละตัวอย่างที่ปรากฏแบบ binary matrix ดังนี้

คะแนน 1 = ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

คะแนน 0 = ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

แล้วคำนวณค่า

4.1 ประเมินค่าดัชนีความเหมือน (similarity index, SI) ของเชื้อพันธุกรรมฟริกจำนวน 230 acc. ที่ได้จากการวิเคราะห์ดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง โดยใช้ค่าสัมประสิทธิ์ของ Jaccard (Nei and Li, 1979) ใช้สูตร ดังนี้

$$SI_{ij} = \frac{a}{(a+b+c)}$$

เมื่อ a คือ จำนวนแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏทั้งพันธุ์ i และพันธุ์ j

b คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ i

c คือ จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ ที่ปรากฏเฉพาะพันธุ์ j

4.2 ประเมินค่าความถี่ของอัลลีลในแต่ละตำแหน่งโดยใช้สูตร ดังนี้

$$\text{ความถี่ของอัลลีล } i \text{ ตำแหน่งที่ } A (p_i) = \frac{\text{จำนวนอัลลีล } i \text{ ตำแหน่งที่ } A}{\text{จำนวนอัลลีลทั้งหมดที่ตำแหน่ง } A}$$

ประเมินค่า Expected Heterozygosity (He) (Nei and Li, 1978) โดยใช้สูตร ดังนี้

$$He = 1 - \sum_{i=1}^k P_i^2$$

เมื่อ P_i^2 คือความถี่ของจีโนไทป์ $A_i A_i$
 K คือจำนวนเครื่องหมาย ดีเอ็นเอ

ประเมินค่า Polymorphism Information Content (PIC) โดยใช้สูตร ดังนี้

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^k P_i^2 - 2 \sum_{i=1}^k \sum_{j=i+1}^k P_i^2 P_j^2$$

เมื่อ P_i^2 คือความถี่ของจีโนไทป์ $A_i A_i$
 P_j^2 คือความถี่ของจีโนไทป์ $A_i A_j$

ประเมินค่า Probability of Identity (PI) โดยใช้สูตร ดังนี้

$$PI = \sum_{i=1}^k (P_i^2)^2 + \sum_{i=1}^k \sum_{j=i+1}^k (2P_i P_j)^2$$

ประเมินค่า PI ร่วมกันตั้งแต่ 2 ตำแหน่งขึ้นไป โดยใช้สูตร ดังนี้

$$PI_{\text{combined}} = \prod_{n=1}^m PI = (PI_1) (PI_2) \dots (PI_m)$$

เมื่อ P_i^2 คือความถี่ของจีโนไทป์ $A_i A_i$
 $P_i P_j$ คือความถี่ของจีโนไทป์ $A_i A_j$
 m คือจำนวนเครื่องหมายดีเอ็นเอ

4.3 การสร้าง dendrogram โดยนำข้อมูลการให้คะแนนแถบดีเอ็นเอของแต่ละตัวอย่าง มาวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยวิธี unweighted-pair group method of arithmetic average (UPGMA) ด้วยโปรแกรม Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System (NTSYS) version 2.20e (Rohlf, 1997) วิเคราะห์ค่า cophenetic correlation (r) ซึ่งเป็นค่าที่สามารถบ่งบอกว่าการจัดกลุ่มที่ได้อยู่ในเกณฑ์ที่ดีหรือไม่ โดยถ้าค่า r มากกว่า 0.9 ขึ้นไป ถือว่าการจัดกลุ่มอยู่ในเกณฑ์ที่ดีมาก ถ้าค่า r อยู่ระหว่าง 0.8-0.9 หมายถึงอยู่ในเกณฑ์ที่ดี (Rohlf, 1997) จากนั้นวิเคราะห์ค่า Bootstrap โดยใช้โปรแกรม Winboot (Yap and Nelson, 1996)

4.4 การจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก เลือกตัวแทน accession ที่มีอัลลีลต่างๆ ครอบคลุมทุกอัลลีลและมีความซ้ำซ้อนทางพันธุกรรมน้อยที่สุด การจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลักใช้โปรแกรม PowerCore เวอร์ชัน 1.0 (Kim *et al.*, 2007) คำนวณค่าความหลากหลาย (H) (Nei, 1973) ของเชื้อพันธุกรรมหลัก

ผลและวิจารณ์

ผล

1. จำนวนและขนาดของอัลลีลที่ปรากฏในเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์แต่ละตำแหน่ง

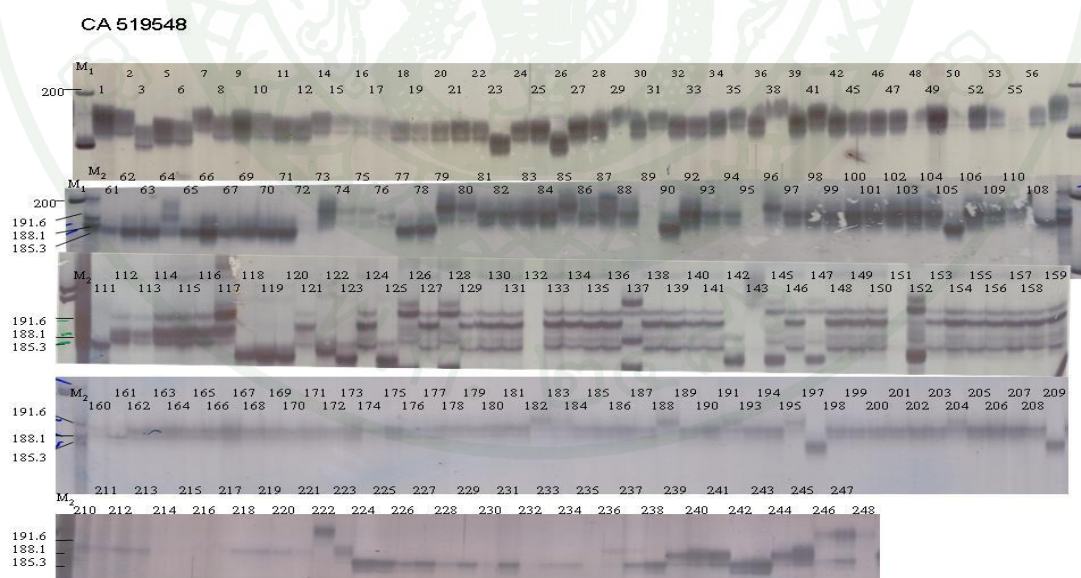
จากการทดสอบเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions ด้วยไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง พบว่า ไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 10 ตำแหน่งสามารถแสดงความแตกต่างอัลลีลของเชื้อพันธุกรรมพริกได้ พบจำนวนอัลลีลที่ปรากฏทั้งหมด 42 อัลลีล ขนาด 87-323 คู่เบส (ตารางที่ 2 และ ภาพที่ 1-10)

ตารางที่ 2 จำนวนและขนาดอัลลีล ค่าเฉลี่ย He และ PIC ของไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง ที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions

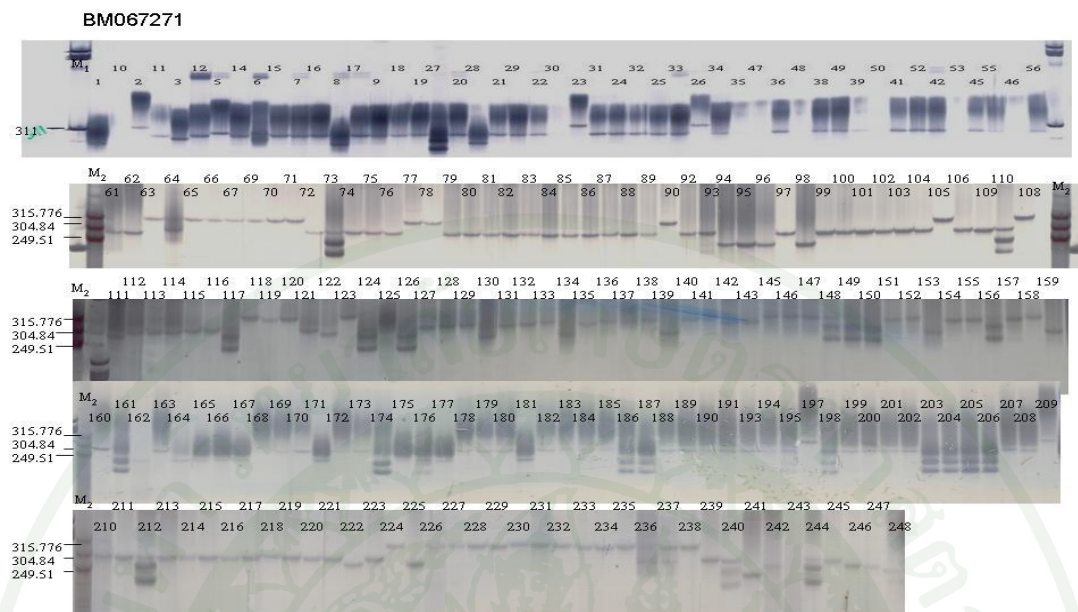
เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลท์	จำนวน อัลลีล	ขนาดอัลลีล (คู่เบส)	He	PIC
GPMS171	4	289, 293, 319, 323	0.605	0.542
CA519548	3	187, 189, 193	0.492	0.432
BM067271	5	277, 295, 304, 310, 316	0.671	0.633
CA512275	6	87, 91, 93, 99, 101, 105	0.714	0.681
CA516439	4	143, 159, 167, 169	0.693	0.635
CA52065	6	211, 225, 231, 237, 240, 243	0.668	0.635
CA516334	4	231, 240, 249, 258	0.685	0.634
GPMS159	3	282, 288, 312	0.473	0.414
Hpms1-148	4	185, 195, 207, 211	0.686	0.63
Hpms1-143	3	171, 219, 245	0.53	0.462
รวม	42		6.217	5.698
เฉลี่ย	4.2		0.622	0.570



ภาพที่ 1 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ GPMS171; M₁ คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I (Fermentas, Canada), M₂ คือ allelic ladder (จุลภาค กิ่งวงศ์, ตารางผนวกที่ ก5)



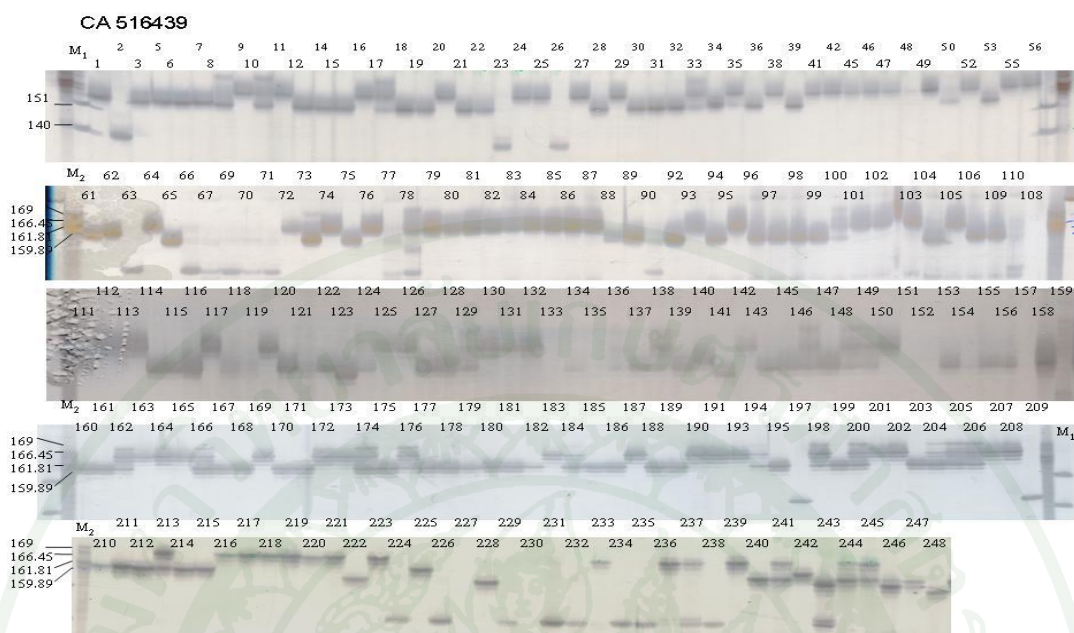
ภาพที่ 2 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ CA519548; M₁ คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I (Fermentas, Canada), M₂ คือ allelic ladder (จุลภาค กิ่งวงศ์, ตารางผนวกที่ ก5)



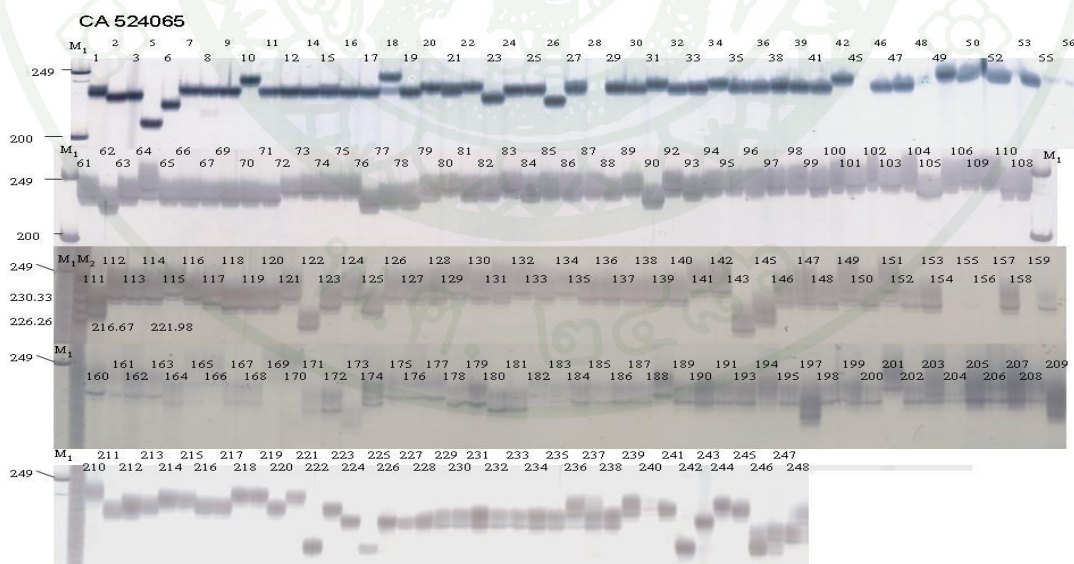
ภาพที่ 3 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ BM067271; M_1 คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I (Fermentas, Canada), M_2 คือ allelic ladder (จุลภาค คำนวณ, ตารางผนวกที่ ก5)



ภาพที่ 4 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ CA515275; M_1 คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I (Fermentas, Canada), M_2 คือ allelic ladder (จุลภาค คำนวณ, ตารางผนวกที่ ก5)

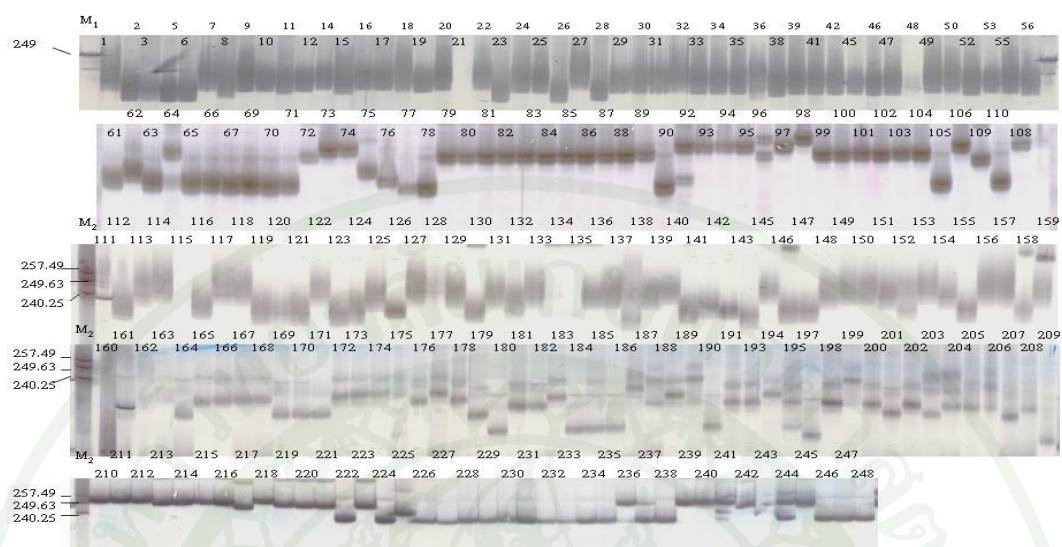


ภาพที่ 5 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุ์กรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมาย
ไมโครแซทเทลไลต์ CA516439; M₁ คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I
(Fermentas, Canada), M₂ คือ allelic ladder (จุลภาค คำนวณ, ตารางผนวกที่ ก5)



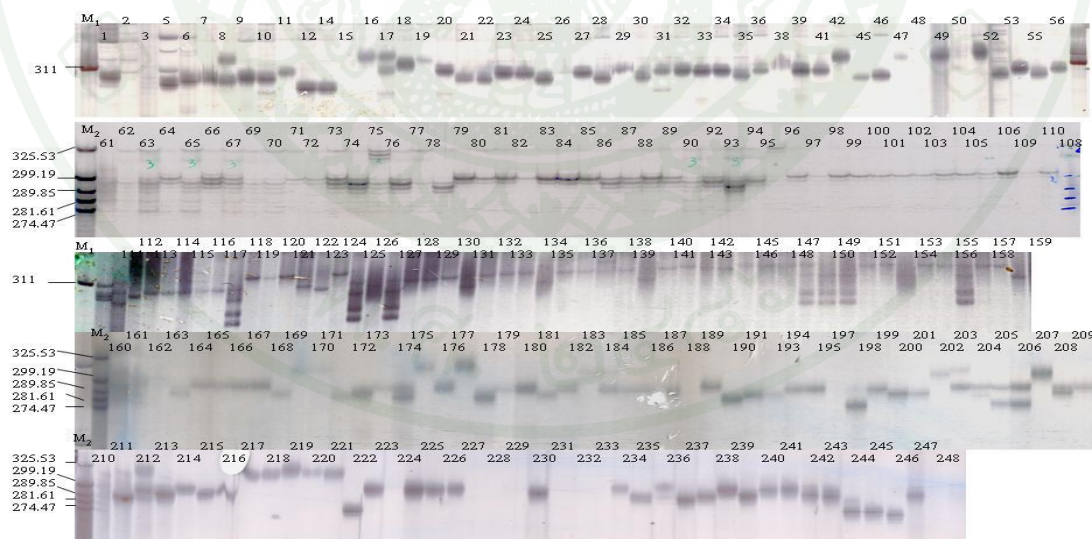
ภาพที่ 6 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุ์กรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมาย
ไมโครแซทเทลไลต์ CA524065; M₁ คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I
(Fermentas, Canada), M₂ คือ allelic ladder (จุลภาค คำนวณ, ตารางผนวกที่ ก5)

CA 516334

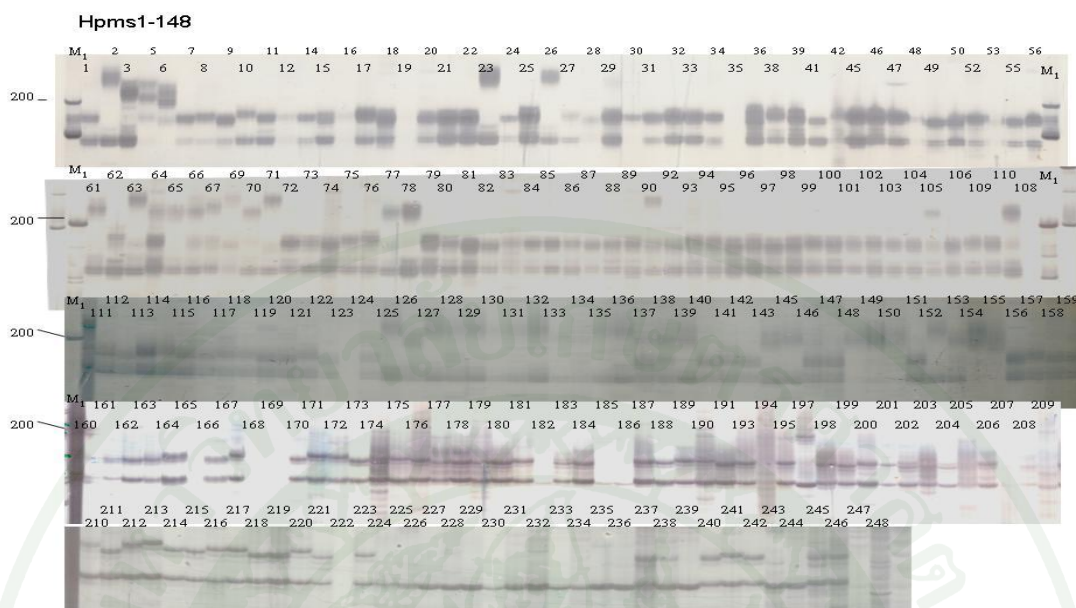


ภาพที่ 7 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุ์กรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลต์ CA516334; M_1 คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I (Fermentas, Canada), M_2 คือ allelic ladder (จุลภาค กิ่งวงศ์, ตารางผนวกที่ ก5)

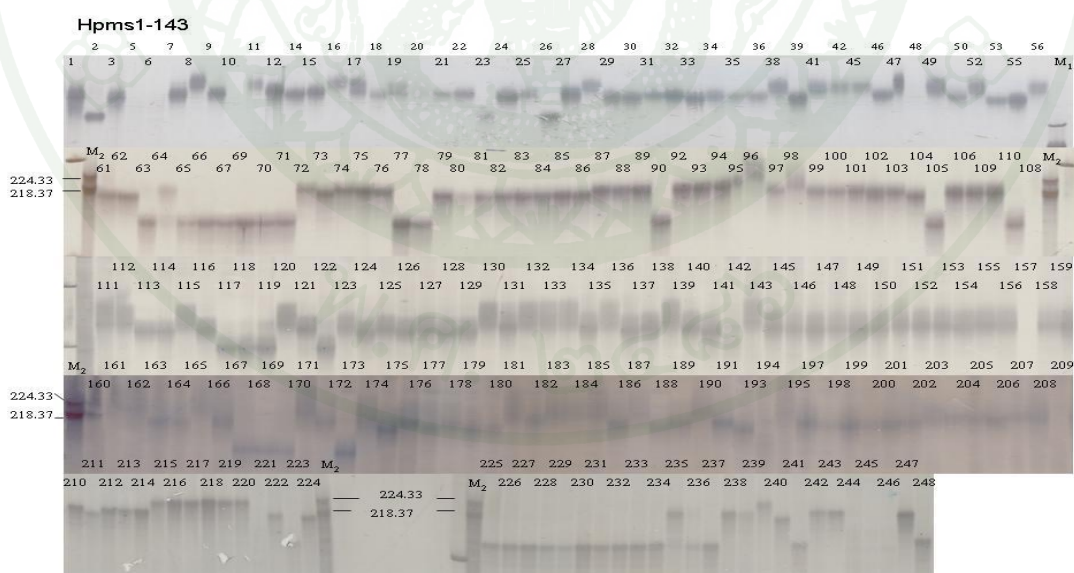
GPMS159



ภาพที่ 8 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุ์กรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลต์ GPMS159; M_1 คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf*I (Fermentas, Canada), M_2 คือ allelic ladder (จุลภาค กิ่งวงศ์, ตารางผนวกที่ ก5)



ภาพที่ 9 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ Hpms1-148; M_1 คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf* I (Fermentas, Canada), M_2 คือ allelic ladder (จุลภาค คำนวณ, ตารางผนวกที่ ก5)



ภาพที่ 10 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession (code 1-248) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ Hpms1-143; M_1 คือ ดีเอ็นเอเครื่องหมายมาตรฐาน ϕ X174/ *Hinf* I (Fermentas, Canada), M_2 คือ allelic ladder (จุลภาค คำนวณ, ตารางผนวกที่ ก5)

2. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession

ค่า He จากข้อมูลความถี่ของอัลลีลแต่ละตำแหน่ง พบว่า ค่า He ของเชื้อพันธุกรรมพริก อยู่ในช่วง 0.473-0.714 โดยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง CA512275 มีค่า He สูงที่สุด และ GPMS159 มีค่า He ต่ำที่สุด ค่า He เฉลี่ย มีค่าเท่ากับ 0.622 สำหรับค่า PIC พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.414-0.681 โดย CA512275 มีค่า PIC สูงที่สุด และ GPMS159 มีค่า PIC ต่ำที่สุด ค่า PIC เฉลี่ย มีค่าเท่ากับ 0.570 (ตารางที่ 2) เมื่อประเมินค่า PI พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.1725-0.4907 เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ ที่ตำแหน่ง GPMS159 มีค่า PI ต่ำที่สุดคือ 0.1725 และที่ตำแหน่ง CA516334 มีค่า PI สูงที่สุดคือ 0.4907 ค่าที่ได้แสดงให้เห็นว่าโอกาสที่จะพบต้นพริกที่มีจีโนไทป์เหมือนกันเมื่อตรวจสอบด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง GPMS159 เป็น 1 ใน 6 และที่ตำแหน่ง CA516334 เป็น 1 ใน 2 และเมื่อตรวจสอบโดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง ร่วมกันมีโอกาสพบต้นพริกที่มีจีโนไทป์เหมือนกันเท่ากับ 1 ใน 434,500 (ตารางที่ 3)

ตารางที่ 3 ค่า Probability of Identity (PI) ในแต่ละตำแหน่งและค่า PI ร่วมกัน โดยเพิ่มจำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง จากค่า PI ต่ำสุดไปสูงสุด

เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลต์	ค่า PI	โอกาส ¹ 1 ใน (acc.)	ค่า PI ร่วมกัน	โอกาส ¹ 1 ใน (acc.)
GPMS159	0.1725	6	0.17250000	6
GPMS171	0.1788	6	0.03084300	32
CA512275	0.1882	5	0.00580465	172
CA52065	0.1975	5	0.00114642	872
CA516439	0.2529	4	0.00028993	3449
Hpms1-148	0.3077	3	0.00008921	11209
Hpms1-143	0.3330	3	0.00002971	33662
BM067271	0.3457	3	0.00001027	97373
CA519548	0.4567	2	0.00000469	213209
CA516334	0.4907	2	0.00000230	434500

¹ โอกาสที่จะพบต้นพริกที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน 1 ใน X acc.; เมื่อ x คือ ตัวเลขที่ปรากฏในคอลัมน์

3. ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions

ค่าดัชนีความเหมือน (similarity index, SI) ของเชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 230 acc. ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง พบว่าค่า SI อยู่ในช่วง 0.18-1.00 และเมื่อจัดกลุ่มด้วยวิธี unweighted pair group method with arithmetic average (UPGMA) ที่ค่า SI เท่ากับ 0.18 สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริกได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ดังนี้

กลุ่ม I ประกอบด้วยเชื้อพันธุกรรมพริก 180 acc. ประกอบด้วย พริก *C. annuum* จำนวน 146 acc., *C. frutescens* จำนวน 4 acc., *C. chinense* จำนวน 2 acc. *C. baccatum* จำนวน 2 acc. และพริกที่ยังไม่ระบุชนิด (unknown) จำนวน 26 acc. สามารถแบ่งออกเป็น 13 กลุ่มย่อย (A-M) (ตารางผนวกที่ ก2-ก3) และเมื่อเปรียบเทียบกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา ได้แก่ 1) การเจริญเติบโตของทรงพุ่ม (plant growth habit) 2) จำนวนดอกต่อข้อ (number of flower per axil) 3) การจัดวางตำแหน่งดอก (pedicel position) 4) สีกลีบดอก (corolla color) 5) จุดสีเหลืองที่กลีบดอก (corolla yellow spot) 6) ลักษณะของกลีบเลี้ยงบริเวณฐานของผลพริก (calyx margin shape) 7) ลักษณะวงแหวนบริเวณฐานของผลพริก (calyx annular constriction) 8) การจัดวางตำแหน่งของผล (fruit position) 9) สีผลเมื่อโตเต็มที่ (mature fruit color) 10) สีผลแก่ (ripen fruit color) และ 11) รูปทรงผล (fruit shape) พบว่าการจัดกลุ่มพริกด้วยไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง สอดคล้องกับการจัดกลุ่มพริกด้วยสีกลีบดอก โดยพริกในกลุ่มนี้ส่วนใหญ่เป็นพริกที่มีกลีบดอกเป็นสีขาว (white) ส่วนการจัดกลุ่มด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยาอื่นๆ ไม่สอดคล้องกันส่วนพริก CA1334 ซึ่งเป็นพริกชนิด *C. annuum* จากประเทศไทยไม่สามารถจัดเข้ากลุ่มได้ (ภาพที่ 11)

กลุ่ม II ประกอบด้วยเชื้อพันธุกรรมพริก 50 acc. เป็นพริกชนิด *C. frutescens* จำนวน 18 acc. *C. chinense* จำนวน 8 acc. *C. annuum* จำนวน 8 acc. *C. baccatum* จำนวน 5 acc. และพริกที่ยังไม่ระบุชนิด (unknown) จำนวน 11 acc. สามารถแบ่งออกเป็น 4 กลุ่มย่อย (N-Q) (ตารางผนวกที่ ก2-ก3) และเมื่อเปรียบเทียบกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา 10 ลักษณะ พบว่าพริกในกลุ่มนี้ส่วนใหญ่เป็นพริกที่มีกลีบดอกเป็นสีเขียวอมขาว (green-white)

จากการตรวจสอบค่าความถูกต้องของการจัดกลุ่มโดยการวิเคราะห์ค่า cophenetic correlation พบว่าค่า cophenetic correlation มีค่าเท่ากับ 0.81 ซึ่งเป็นค่าบ่งชี้ความหมายว่าค่า correlation coefficient และค่า similarity coefficient มีความสัมพันธ์กันแบบทางเดียว และแสดง

ให้เห็นว่ามีความสัมพันธ์กันแบบทางเดียวอย่างสมบูรณ์ ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง 0.8-0.9 ถือว่าเป็นการจัดกลุ่มที่ดี จากการตรวจสอบความน่าเชื่อถือของการจัดกลุ่มโดยการวิเคราะห์ค่า bootstrap พบว่ามีค่าตั้งแต่ 1-100 แสดงให้เห็นว่าการจัดกลุ่มมีโอกาสที่จะเกิดได้หลายแบบ โดยคิดเป็นเปอร์เซ็นต์ที่จะจัดกลุ่มได้แบบเดิม รูปแบบหนึ่งของการจัดกลุ่มแสดงในภาพผนวกที่ ก1

4. การจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลัก

จากเชื้อพันธุกรรมพริกที่ศึกษาทั้งหมด 230 accession โปรแกรม PowerCore สามารถเลือกตัวแทนเชื้อพันธุกรรมได้ 28 accession (ตารางผนวกที่ ก4) โดยพิจารณาความถี่ของรูปแบบอัลลีลในแต่ละตำแหน่ง โดยพริกทั้ง 28 accession นี้มีอัลลีลครอบคลุมทั้ง 42 อัลลีล มีค่าความหลากหลาย (diversity index: H) ของเชื้อพันธุกรรมหลักอยู่ในช่วง 0.487-0.881 โดยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง CA524065 มีค่า H สูงที่สุด และ CA519548 มีค่า H ต่ำที่สุด มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.754 ซึ่งเปรียบเทียบกับค่า H เฉลี่ยของเชื้อพันธุกรรมทั้งหมดพบว่ามีค่าสูงกว่าเล็กน้อย แสดงให้เห็นว่าเชื้อพันธุกรรมหลักยังคงระดับความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมทั้งหมดไว้ดังเดิม (ตารางที่ 4)

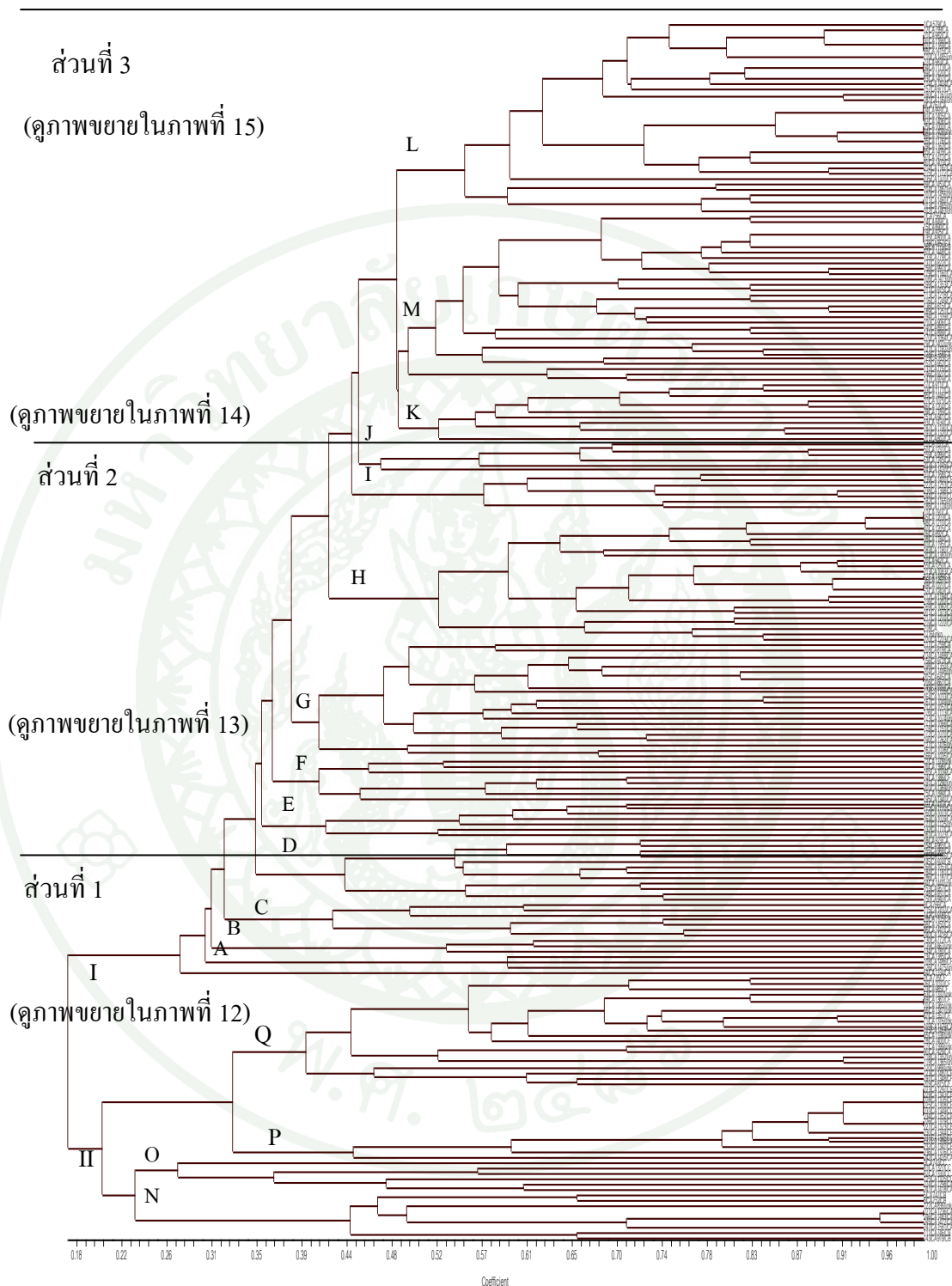
ตารางที่ 4 เปรียบเทียบความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมหลักกับเชื้อพันธุกรรมทั้งหมด

เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลท์	จำนวน อัลลีล	เชื้อพันธุกรรมหลัก		เชื้อพันธุกรรมทั้งหมด	
		H	C-Allele	H	E-Allele
GPMS171	4	0.792	9	0.635	9
CA519548	3	0.487	4	0.505	4
BM067271	5	0.825	8	0.642	8
CA512275	6	0.855	9	0.740	9
CA516439	4	0.821	11	0.757	11
CA524065	6	0.881	12	0.709	12
CA 516334	4	0.732	5	0.701	5
GPMS159	3	0.661	6	0.581	6
Hpms1-148	4	0.834	10	0.719	10
Hpms1-143	3	0.656	3	0.566	3
รวม	42	-	77	-	77
เฉลี่ย	4.2	0.754	-	0.656	-

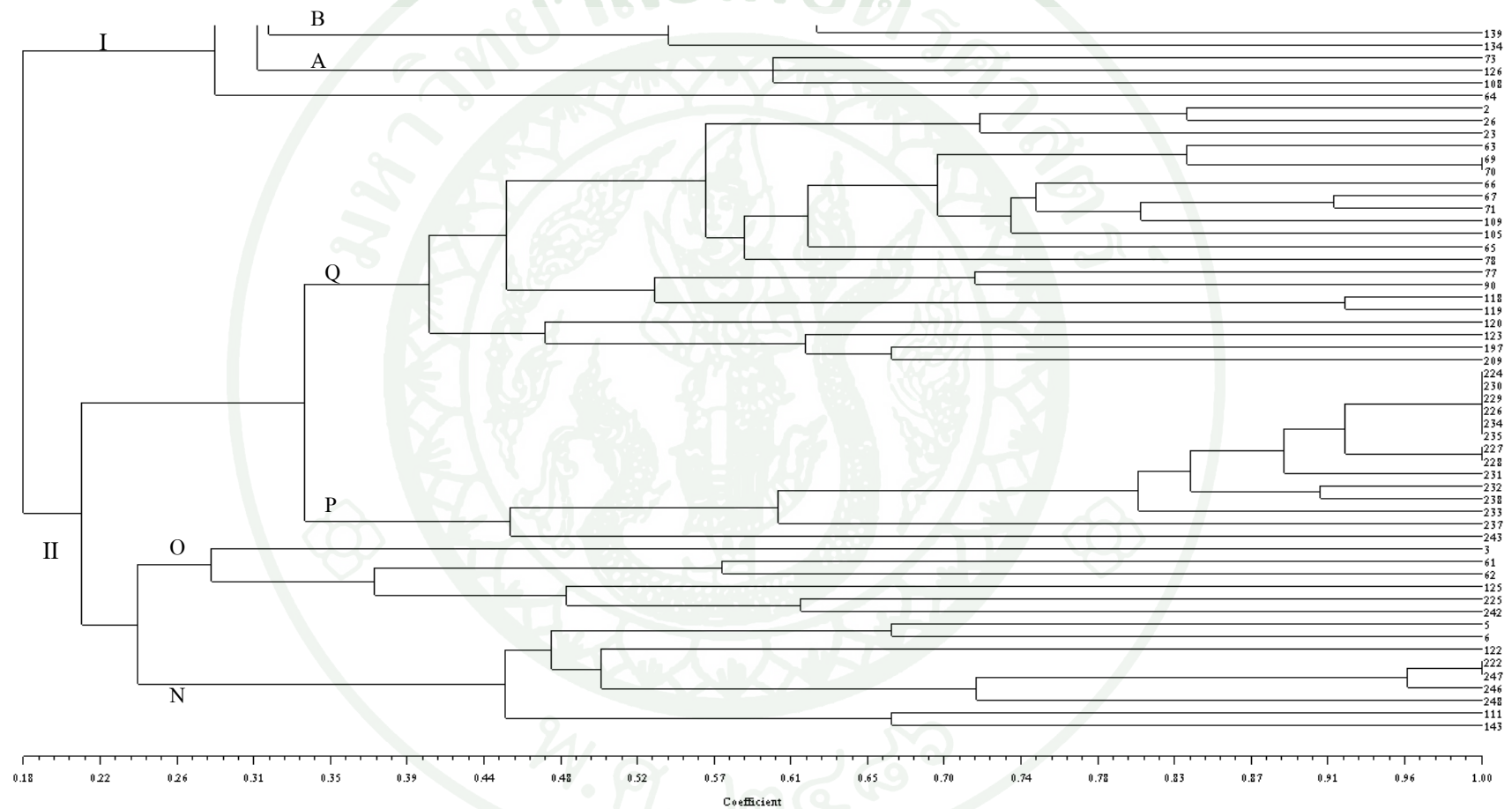
H คือค่า diversity index (Nei, 1973)

C-Allele จำนวนรูปแบบอัลลีลที่ปรากฏของเชื้อพันธุกรรมหลัก

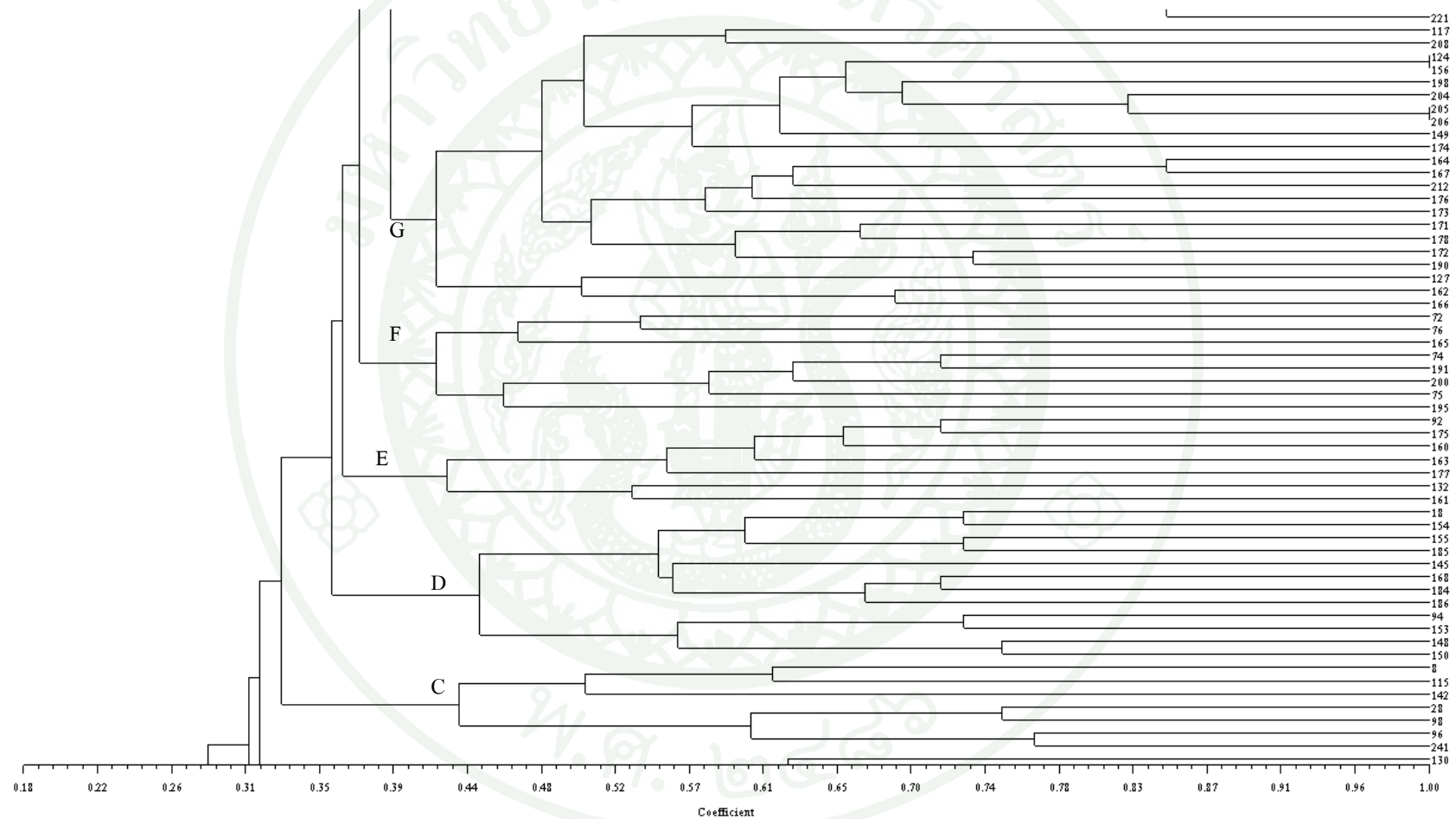
E-Allele จำนวนรูปแบบอัลลีลที่ปรากฏของเชื้อพันธุกรรมทั้งหมด



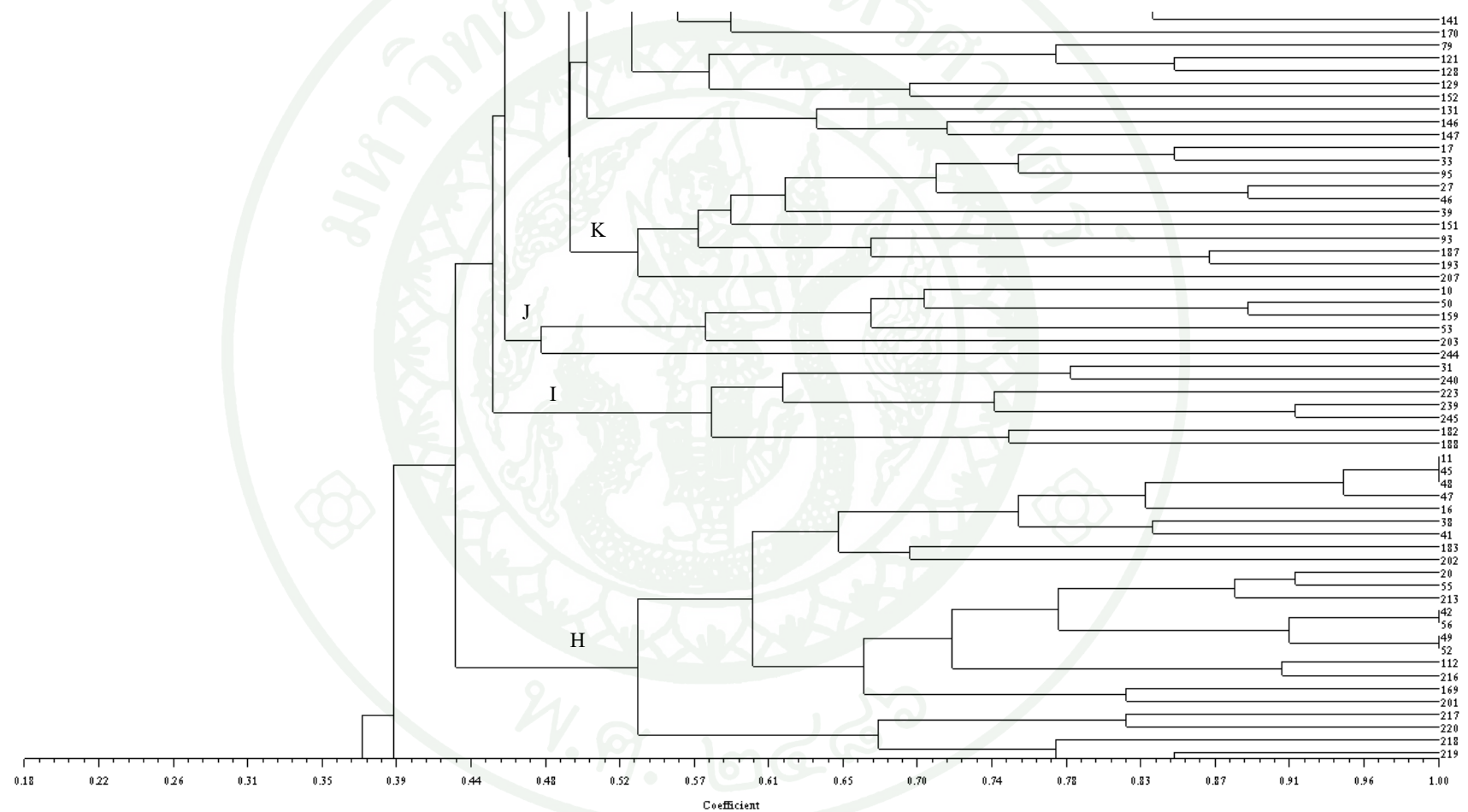
ภาพที่ 11 เดนโดแกรมแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accession ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง มีค่า cophenetic correlation (r) เท่ากับ 0.81



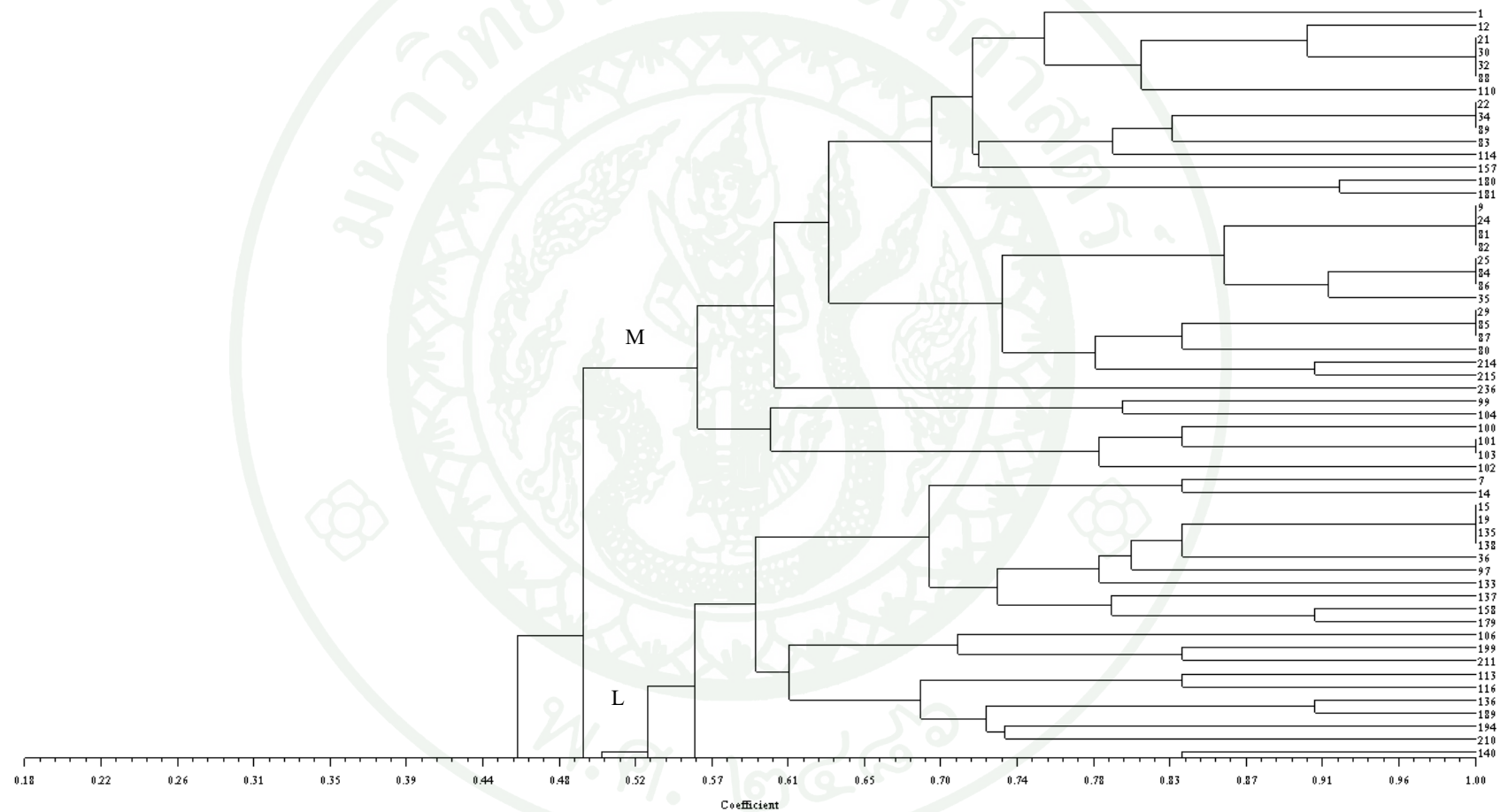
ภาพที่ 12 ภาพขยายจากภาพที่ 11 เป็นพริกกลุ่ม II ดอกสีขาวอมเขียว ได้แก่ *C. baccatum* (N), *C. chinense* (O) และ *C. frutescens* (P-Q) และพริกกลุ่ม I ดอกสีขาว เป็นพริก *C. annuum* (A-B)



ภาพที่ 13 ภาพขยายจากภาพที่ 11 พริกกลุ่ม I ดอกสีขาว ส่วนใหญ่เป็นพริก *C. annuum* (C-G)



ภาพที่ 14 ภาพขยายจากภาพที่ 11 พริกกลุ่ม I ดอกสีขาว ส่วนใหญ่เป็นพริก *C. annuum* (H-K)



ภาพที่ 15 ภาพขยายจากภาพที่ 11 พริกกลุ่ม I ดอกสีขาว ส่วนใหญ่เป็นพริก *C. annuum* (M-L)

วิจารณ์

1. จำนวนและขนาดของอัลลีลที่ปรากฏในเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์แต่ละตำแหน่ง

ไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่งที่นำมาใช้ศึกษากับเชื้อพันธุ์กรรมพริกจำนวน 230 accession ครั้งนี้ พบจำนวนอัลลีลทั้งหมด 42 อัลลีล เฉลี่ย 4.2 อยู่ระหว่าง 3-6 อัลลีลต่อตำแหน่ง มีขนาดประมาณ 87-323 คู่เบส สอดคล้องกับการศึกษาโดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ ตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของพริกที่ผ่านมาซึ่งพบจำนวนอัลลีลเฉลี่ยประมาณ 2 -4 อยู่ระหว่าง 1-8 อัลลีลต่อตำแหน่ง (Kwon *et al.*, 2005; Tam *et al.*, 2005; Yudi *et al.*, 2006; Minamiyama *et al.*, 2006; Hanacek *et al.*, 2009; Patel *et al.*, 2011)

จำนวนอัลลีลที่ปรากฏมีความสัมพันธ์กับจำนวนชนิดของพริกที่ใช้ในการศึกษาโดยถ้าศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอในพริก *C. annuum* เพียงชนิดเดียว พบจำนวนอัลลีลต่อตำแหน่งน้อย (Kwon *et al.*, 2005; Tam *et al.*, 2005; Yudi *et al.*, 2006; Hanacek *et al.*, 2009; Patel *et al.*, 2011) เมื่อเทียบกับการศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอในพริกต่างชนิด (5 ชนิด) (Minamiyama *et al.*, 2006; Ibiza *et al.*, 2011) ซึ่งพบอัลลีลเฉลี่ย 4 และ 14.5 อัลลีลต่อตำแหน่ง ตามลำดับ จากการศึกษาเหล่านี้ชี้ให้เห็นว่าจำนวนอัลลีลที่ปรากฏ ขึ้นอยู่กับความหลากหลายของชนิดพริกที่นำมาใช้ในการศึกษา (Nagy *et al.*, 2007; Patel *et al.*, 2011) นอกจากนี้ยังพบว่าพริก *C. annuum* ที่เป็นพันธุ์ป่า (wild) ปรากฏอัลลีลมากกว่าพันธุ์พื้นเมือง (landrace) และพันธุ์ลูกผสม (hybrid) ตามลำดับ (Olvera *et al.*, 2012)

2. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุ์กรรมพริก

จากการประเมินค่า He จากข้อมูลความถี่ของอัลลีลแต่ละตำแหน่งพบว่าค่า He อยู่ในช่วง 0.473-0.714 เฉลี่ย 0.62 ซึ่งอยู่ในระดับค่อนข้างสูงแสดงให้เห็นว่าเชื้อพันธุ์กรรมพริกที่ใช้ในการศึกษานี้มีความหลากหลายมาก ซึ่งน่าจะเป็นเพราะการศึกษานี้มีเชื้อพันธุ์กรรมพริก 4 ชนิด และมีเชื้อพันธุ์กรรมที่รวบรวมมาจากต่างประเทศด้วย โดยในแต่ละประเทศที่เป็นแหล่งเก็บรวบรวมเชื้อพันธุ์กรรมพริกมีลักษณะทางภูมิศาสตร์แตกต่างกันออกไปมีผลต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมโดย Marsh and Grossa (1996) กล่าวว่าลักษณะทางภูมิศาสตร์มีผลต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยลักษณะทางภูมิศาสตร์เป็นตัวสกัดกั้นทำให้สิ่งมีชีวิตมีการพัฒนาการเฉพาะตัว ซึ่งจะเป็นประโยชน์ในแง่ของการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรม เพื่อไม่ให้เกิด

การชะล้างพันธุกรรม (genetic erosion) ใช้เป็นแหล่งความแปรปรวนทางพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์พริกให้มีลักษณะตามต้องการไม่ว่าจะเป็นลักษณะทางคุณภาพ ทางปริมาณ หรือความต้านทานต่อโรค

จากการประเมินค่า PIC ของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ทั้ง 10 ตำแหน่ง พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.414-0.681 เฉลี่ย 0.57 เป็นค่าที่อยู่ในระดับปานกลางแสดงว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่ใช้ในการศึกษาสามารถบอกความแตกต่างระหว่างจีโนไทป์ของเชื้อพันธุกรรมพริกได้ในระดับปานกลาง Minamiyama *et al.* (2006) รายงานว่าค่า PIC มีความสัมพันธ์กับจำนวนซ้ำของไมโครแซทเทลไลต์ โดยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่มีจำนวนซ้ำน้อยกว่า 16 ซ้ำจะให้ค่า PIC ต่ำ (0.37) ส่วนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่มีจำนวนซ้ำมากกว่า 17 จะให้ค่า PIC สูงขึ้น (0.54) การศึกษาครั้งนี้ใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ที่มีจำนวนซ้ำค่อนข้างน้อย (ส่วนใหญ่ไม่เกิน 14 ซ้ำ) จึงสามารถแสดงความแตกต่างระหว่างจีโนไทป์ของเชื้อพันธุกรรมพริกได้ในระดับปานกลาง

ค่า probability of identity (PI) เป็นค่าความน่าจะเป็นที่จะพบต้นพืชสองต้นที่มีจีโนไทป์เหมือนกันโดยบังเอิญที่สามารถนำมาใช้ในการบ่งบอกความแตกต่างระหว่างพืชแต่ละต้น (Kaul *et al.*, 2001) โดยถ้าใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่อยู่บนคนละโครโมโซมกัน ก็จะทำให้สามารถนำค่า PI ของแต่ละตำแหน่งมาคำนวณรวมกันทำให้เกิดความน่าเชื่อถือในการบอกความแตกต่างระหว่างพืชได้ จากการศึกษาครั้งนี้พบว่าค่า PI ที่คำนวณได้มีค่าตั้งแต่ 0.17-0.49 ค่า PI รวมของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง เท่ากับ 2.30×10^{-6} คือมีโอกาสที่จะพบต้นพริกสองต้นที่มีจีโนไทป์เหมือนกันเมื่อตรวจสอบด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง เท่ากับ 1 ใน 434,500

จากค่า PI ที่ได้แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่งนี้มีประสิทธิภาพเพียงพอต่อการประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริกได้อย่างแม่นยำ สอดคล้องกับการศึกษาของ เสาวณี และ อุณารุจ (2551) พบว่าเมื่อใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง ประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของส้มโอในประเทศไทย ให้ค่า PI รวมเท่ากับ 2.227×10^{-6} ดังนั้นโอกาสที่จะพบต้นส้มโอที่มีจีโนไทป์เหมือนกันเมื่อใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง คือประมาณ 1 ใน 449,000 และเมื่อเปรียบเทียบกับการศึกษาของ Chunwongse *et al.* (n.d.) ที่ทำการตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมพริก 88 accession ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง ซึ่งเป็นเป็นตำแหน่งเดียวกันกับที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ พบว่ามีค่า PI รวมเท่ากับ 2.97×10^{-7} หรือมีโอกาสที่จะพบต้นพริกสองต้นที่มี

จีโนไทป์เหมือนกันเท่ากับประมาณ 1 ใน 7,900,000 ดัน แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่งนี้มีประสิทธิภาพเพียงพอเหมาะในการนำมาใช้ประเมินความหลากหลายและจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริก

แม้ว่าการตรวจสอบความแตกต่างทางพันธุกรรม โดยใช้จำนวนตำแหน่งของเครื่องหมายดีเอ็นเอเพิ่มมากขึ้นจะมีความละเอียดแม่นยำสูงขึ้น ย่อมทำให้มีค่าใช้จ่ายเพิ่มขึ้นด้วย ดังนั้นจึงควรพิจารณาเลือกดีเอ็นเอเครื่องหมายที่มีค่า PIC สูง เพราะสามารถบอกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้ดี และเลือกเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ให้ค่า PI ต่ำ เพื่อสามารถบอกความน่าจะเป็นที่จะพบต้นพริกมีจีโนไทป์เหมือนกันทุกตำแหน่งของดีเอ็นเอเครื่องหมาย (ทิพวัลย์, 2549)

3. การจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริกตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

การจัดแบ่งกลุ่มพริกที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้พบว่ามีความสอดคล้องกับการจัดแบ่งชนิดของพริก โดยกลุ่ม I เป็นกลุ่มพริก *C. annuum* เป็นกลุ่มดอกสีขาว และกลุ่ม II เป็นกลุ่มพริกชนิดอื่น ซึ่งประกอบด้วย พริก *C. frutescens*, *C. chinense* และ *C. baccatum* เป็นกลุ่มดอกสีขาวอมเขียว การจำแนกชนิดของพริกอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยาของดอกในการจัดจำแนก เช่น สีดอก รอยคอดที่ฐานรองดอก และจำนวนดอกต่อข้อ (Pickergill, 1971; Moscone *et al.*, 2007; Ince *et al.*, 2009)

การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพริกในรายงานอื่นๆ ที่ผ่านมามีด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ (Yudi *et al.*, 2006), เครื่องหมาย ISSR และ RAPD (Thul *et al.*, 2012) สามารถจัดกลุ่มพริกได้ตามชนิดเช่นกัน ซึ่งการจัดกลุ่มพริกได้ตามชนิดสามารถอธิบายด้วยทฤษฎีของ Mayr (1942) นักชีววิทยาซึ่งใช้สมบัติทางพันธุกรรมและชีววิทยาในการจำแนกชนิด (biological species concept) กล่าวคือ ชนิดประกอบด้วยสมาชิกที่สามารถผสมพันธุ์ซึ่งกันและกัน และถ่ายทอดกรรมพันธุ์ต่อไปได้ การที่พืชจะผสมพันธุ์กันได้ต้องมีโครโมโซมที่คล้ายคลึงกัน (homologous chromosome) เครื่องหมายดีเอ็นเอโดยมากก็พัฒนามาจากลำดับเบสที่อยู่บนโครโมโซม เมื่อวิเคราะห์การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่าพริกที่มีโครโมโซมเหมือนกันจะจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันหรือกล่าวอีกอย่างหนึ่งว่าเป็นพริกชนิดเดียวกันนั่นเอง

ความน่าเชื่อถือของกลุ่มพริกที่จัดได้สามารถพิจารณาได้จากค่า *r* และค่า bootstrap การศึกษานี้มีค่า *r*=0.81 เมื่อเปรียบเทียบกับเกณฑ์ของ Rohlf (1997) ที่รายงานว่าค่า cophenetic

correlation อยู่ระหว่าง 0.8-0.9 ถือว่าเป็นการจัดกลุ่มที่ดี สำหรับค่า Bootstrap จากการสุ่มข้อมูล 100 ครั้ง พบว่า มีค่า Bootstrap ตั้งแต่ 1-100 ค่าส่วนมากค่อนข้างต่ำแสดงให้เห็นว่ามีโอกาสพบกิ่งสาขาย่อยรูปแบบอื่นๆ มีมาก

การศึกษาค้างนี้ที่พบว่ามีพริก *C. frutescens*, *C. chinense* และ *C. baccatum* บาง accession ถูกจัดอยู่ในกลุ่ม I ซึ่งเป็นกลุ่ม *C. annuum* และในขณะเดียวกันก็มีพริก *C. annuum* บาง accession ถูกจัดอยู่ในกลุ่ม II ซึ่งเป็นกลุ่ม *C. frutescens*, *C. chinense* และ *C. baccatum* การที่เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่งไม่สามารถแยกกลุ่มพริกเหล่านี้ได้อย่างชัดเจนอาจเกิดจาก accession ดังกล่าวมีการพัฒนาพันธุ์ร่วมกับพริกต่างชนิด ทำให้มีไมโครแซทเทลไลท์ที่ดีเอ็นเอคล้ายๆกันในตำแหน่งที่ตรวจสอบจึงถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน หากต้องการให้การจำแนกชนิดถูกต้องแม่นยำขึ้นอาจทำได้โดยการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับชนิดพริกแต่ละชนิดมาทดสอบเพิ่มเติม หรืออาจจะปลูกเก็บข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพื่อยืนยันการจำแนกชนิดให้ถูกต้อง การพบลักษณะเช่นนี้เคยมีรายงานของ Lijun and Xuexiao (2011) ได้ใช้เทคนิค ISSR ในการจัดกลุ่มพริก 5 ชนิด (*C. annuum*, *C. frutescens*, *C. chinense*, *C. baccatum* และ *C. pubescens*) พบว่า *C. annuum*, *C. frutescens* และ *C. chinense* จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันและแยกกลุ่มย่อยออกจากกันอย่างชัดเจน โดยพริก *C. annuum* มีความใกล้ชิดกับพริก *C. frutescens* และ *C. chinense* ตามลำดับ ส่วนพริก *C. baccatum* และ *C. pubescens* จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน และแยกกลุ่มย่อยออกจากกันอย่างชัดเจน แต่ก็มีพริก *C. baccatum* บาง accession ที่จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับ *C. annuum* และพริก *C. pubescens* บาง accession ที่จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับ *C. frutescens*

การศึกษาค้างนี้ยังพบว่ามีพริกหลาย accession ที่มีค่า SI=1.00 (ตารางที่ 5) ซึ่งชี้ให้เห็นว่าเป็นพริกที่มีจีโนมไทป์เหมือนกัน ทั้งๆที่พริกเหล่านี้มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาแตกต่างกัน (ข้อมูลจาก passport data; ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน) แสดงว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่งนี้ ไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่าง accession เหล่านี้ได้ ซึ่งอาจอธิบายได้ว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่งนี้แม้ว่าเป็นตัวแทนของชิ้นส่วนดีเอ็นเอมาจากโครโมโซม 10 แท่ง ก็จริงแต่เมื่อเทียบสัดส่วนทั้งจีโนมพริกแล้ว ไมโครแซทเทลไลท์เหล่านี้คิดเป็นสัดส่วนประมาณ 1 เปอร์เซนต์ เท่านั้น ดังนั้นอาจเป็นไปได้ว่าพริกเหล่านี้มีความเหมือนกันเพียงเฉพาะส่วนที่เป็นไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่งนี้ หรืออาจมีความเป็นไปได้ว่าข้อมูลที่มีการบันทึกใน passport data มีความคลาดเคลื่อนจากความเป็นจริงเนื่องจากเชื้อพันธุ์กรรมพริกมีจำนวนมากและ

ข้อมูลทางสัณฐานวิทยาบางลักษณะเป็นลักษณะเชิงปริมาณอาจเกิดข้อผิดพลาดในการบันทึกข้อมูลได้

ตารางที่ 5 เชื้อพันธุกรรมพริกที่มีค่า SI= 1.00 จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ 10 ตำแหน่ง

ลำดับที่	กลุ่ม	Accession
1	Q	CA1361, CA1365
2	P	CA1298, CA1344, CA1343, CA1319, CA1352, CA1370
3	P	CA1323, CA1335
4	N	CA1252, CA1581
5	G	CA1488, CA972
6	G	CA645, CA667
7	H	CA791, CA1203, CA1210
8	H	CA1199, CA1257
9	H	CA1221, CA1242
10	M	CA982, CA1166, CA1169, CA1415
11	M	CA983, CA1173, CA1420
12	M	CA767, CA993, CA1405, CA1406
13	M	CA1000, CA1408, CA1410
14	M	CA1162, CA1409, CA1412
15	M	CA1460, CA1465
16	L	CA890, CA925, CA800, CA857

4. การตรวจสอบชนิดพริกที่ยังไม่มีการระบุชนิด (unknown) ใน passport data

มีเชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 37 accession ที่ยังไม่มีการระบุชนิด (unknown) ใน passport data ซึ่งมีหลายสาเหตุ เช่น เชื้อพันธุกรรมพริกบาง accession มีปัญหาเรื่องความงอกของเมล็ดจึงไม่สามารถนำมาปลูกเพื่อประเมินลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้ พริกบาง accession ไม่สามารถประเมินลักษณะทางสัณฐานวิทยาได้เนื่องจากต้นพริกตายก่อนถึงระยะการสร้างดอก หรือ

ลักษณะทางสัณฐานวิทยามีความกำกวมระหว่างชนิดทำให้ไม่สามารถระบุชนิดที่แน่ชัดได้ ผลจากการจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริกด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง ครั้งนี้สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์พริกได้ตามชนิด พบว่าพริกที่ยังไม่มีการระบุชนิดเหล่านี้ถูกจัดอยู่ในกลุ่มตามชนิดพริกต่างๆ ดังแสดงในตารางที่ 6 จึงอาจเป็นไปได้ว่าพริกเหล่านี้เป็นชนิดเดียวกันตามกลุ่มที่จัดได้

ตารางที่ 6 การระบุชนิดของพริก unknown ตามการจัดกลุ่มด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ ร่วมกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา

เชื้อพันธุกรรมพริก	จัดจำแนกด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยา	จัดจำแนกด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์
CA1475	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA863	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1444	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1125	?	<i>C. annuum</i>
CA1369	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1290	?	<i>C. annuum</i>
CA1378	?	<i>C. annuum</i>
CA1476	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1074	?	<i>C. annuum</i>
CA1049	?	<i>C. annuum</i>
CA1446	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1216	?	<i>C. annuum</i>
CA1383	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1124	?	<i>C. annuum</i>
CA1165	?	<i>C. annuum</i>
CA1182	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1402	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>

ตารางที่ 6 (ต่อ)

ชื่อพันธุ์กรรม พริก	จัดจำแนกชนิดด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยา	จัดจำแนกด้วยเครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลต์
CA1473	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1463	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1465	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1456	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1467	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1408	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1164	?	<i>C. annuum</i>
CA1161	?	<i>C. annuum</i>
CA1485	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA836	<i>C. baccatum</i>	<i>C. baccatum</i>
CA988	?	<i>C. frutescens</i>
CA1365	?	<i>C. frutescens</i>
CA1352	?	<i>C. frutescens</i>
CA1399	?	<i>C. frutescens</i>
CA1336	<i>C. frutescens</i>	<i>C. frutescens</i>
CA1469	<i>C. frutescens</i>	<i>C. frutescens</i>
CA1376	?	<i>C. frutescens</i>
CA1347	?	<i>C. frutescens</i>
CA1365	?	<i>C. frutescens</i>
CA1332	?	<i>C. frutescens</i>

หมายเหตุ: ? คือพริก unknown ที่มีข้อมูลทางสัณฐานวิทยาไม่เพียงพอต่อการจำแนกชนิด

พริกบาง accession ไม่สามารถจัดกลุ่มตามชนิดด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ได้ จึงตรวจสอบชนิดพริกเหล่านี้จากกลุ่มที่จัดได้ร่วมกับข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยา พบว่ามีบาง

accession ที่คาดว่าระบุชนิดคลาดเคลื่อนใน passport data (ตารางที่ 7) เนื่องจากการจำแนกชนิดพริกตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาจากข้อมูลใน passport data ตรงกันกับการจัดจำแนกชนิดตามการจัดกลุ่มด้วยไมโครแซทเทลไลท์

ตารางที่ 7 เชื้อพันธุ์กรรมพริกที่คาดว่าระบุชนิดคลาดเคลื่อนใน passport data และการระบุชนิดใหม่โดยดูจากการจัดกลุ่มที่ได้ร่วมกับข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยา

เชื้อพันธุ์กรรมพริก	ชนิดพริกตาม passport data	ชนิดพริกตามลักษณะทางสัณฐานวิทยา	ชนิดพริกตามการจัดกลุ่มด้วยไมโครแซทเทลไลท์
CA1486	<i>C. frutescens</i>	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1386	<i>C. frutescens</i>	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1400	<i>C. frutescens</i>	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1470	<i>C. chinense</i>	<i>C. annuum</i>	<i>C. annuum</i>
CA1319	<i>C. chinense</i>	<i>C. frutescens</i>	<i>C. frutescens</i>

การศึกษาครั้งนี้ไม่พบไมโครแซทเทลไลท์ที่จำเพาะกับชนิดพริก การจัดกลุ่มที่ได้จัดตามค่าความคล้ายคลึงทางพันธุกรรม (similarity index) การระบุชนิดใหม่ (ตารางที่ 7) จึงเป็นเพียงการประเมินร่วมกับข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่มีการบันทึกใน passport data เท่านั้น หากต้องการข้อมูลที่ชัดเจนควรมีการปลูกประเมินลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพื่อยืนยันการระบุชนิดดังกล่าว

5. การจัดกลุ่มเชื้อพันธุ์กรรมหลัก

เชื้อพันธุ์กรรมที่เลือกมาจัดเป็นเชื้อพันธุ์กรรมหลักมีจำนวน 28 accession คิดเป็น 12 เปอร์เซ็นต์ ของเชื้อพันธุ์กรรมที่ใช้ในการศึกษา สอดคล้องกับ (Frankel and Brown, 1984) ซึ่งเสนอว่ากลุ่มของเชื้อพันธุ์กรรมหลักควรมีขนาดคิดเป็น 10 เปอร์เซ็นต์ ของเชื้อพันธุ์กรรมทั้งหมดที่รวบรวมไว้ โดยเชื้อพันธุ์กรรมหลักต้องคงความหลากหลายทางพันธุกรรมให้มากที่สุด และมีความซ้ำซ้อนทางพันธุกรรมน้อยที่สุด เชื้อพันธุ์กรรมหลักที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้มีจำนวนอัลลีลครอบคลุมทั้ง 42 อัลลีล มีค่า H เฉลี่ยเท่ากับ 0.754 ซึ่งเปรียบเทียบกับค่า H เฉลี่ยของเชื้อพันธุ์กรรมทั้งหมดพบว่ามีค่าสูงกว่าเล็กน้อย แสดงให้เห็นว่าเชื้อพันธุ์กรรมหลักยังคงระดับความหลากหลายของเชื้อพันธุ์กรรมทั้งหมดไว้ในระดับเดิม

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

ความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 230 accession ที่เก็บรวบรวมโดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อนอยู่ในระดับปานกลาง เนื่องจากมีค่าดัชนีความเหมือน (SI) อยู่ในช่วง 0.18-1.00 พบอัลลีลทั้งหมด 42 อัลลีล ขนาด 87-322 คู่เบส เมื่อคำนวณความถี่อัลลีลพบค่า H_e อยู่ในช่วง 0.473-0.714 ค่า PIC อยู่ในช่วง 0.414-0.681 ค่า PI อยู่ในช่วง 0.17-0.49 สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริกได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ตามชนิด โดยกลุ่ม I เป็นกลุ่มดอกสีขาวได้แก่พริก *C. annuum* และกลุ่ม II เป็นกลุ่มพริกดอกสีขาวอมเขียวเป็นพริกชนิดอื่นประกอบด้วย พริก *C. frutescens*, *C. chinense* และ *C. baccatum*

ข้อเสนอแนะ

เชื้อพันธุกรรมที่เลือกมาจัดเป็นเชื้อพันธุกรรมหลักถึงแม้ว่าจะมีจำนวนอัลลีลครอบคลุมทั้ง 42 อัลลีลที่ปรากฏแล้ว แต่ยังไม่ครอบคลุมกลุ่มที่จัดได้ตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ซึ่งจัดกลุ่มเป็น A-Q (ตารางผนวกที่ 2) จึงควรเพิ่มจำนวนเชื้อพันธุกรรมหลักให้ครอบคลุมทุกกลุ่มโดยอาจเลือกตัวแทนจากแต่ละกลุ่มมา ดังแสดงในตารางที่ 8

ตารางที่ 8 เชื้อพันธุกรรมพริกที่ควรนำมาจัดเป็นเชื้อพันธุกรรมหลัก

No.	Acc.no. ¹	Code ²	Group ³	Type ⁴	<i>Capsicum</i> species ⁵
1	CA579	1	M	unknown	<i>C. annuum</i>
5	CA743	3	O	ประดับ	<i>C. chinense</i>
7	CA747	5	N	พริกทอง	<i>C. baccatum</i>
8	CA752	6	N	ประดับ	<i>C. baccatum</i>
11	CA759	117	G	พริกใหญ่	<i>C. annuum</i>
15	CA772	130	B	หยวก	<i>C. annuum</i>
16	CA775	131	L	หยวก	<i>C. annuum</i>

ตารางที่ 8 (ต่อ)

No.	Acc.no. ¹	Code ²	Group ³	Type ⁴	<i>Capsicum species</i> ⁵
20	CA787	10	J	หยวก	<i>C. annuum</i>
27	CA822	137	L	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
34	CA892	16	H	ประดับ	<i>C. annuum</i>
47	CA931	148	D	จี่หนูช่อ	<i>C. annuum</i>
57	CA977	157	M	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
60	CA985	23	Q	unknown	<i>C. frutescens</i>
79	CA1066	171	G	หยวก	<i>C. annuum</i>
81	CA1074	173	G	unknown	unknown
84	CA1105	28	C	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
85	CA1106	174	G	หยวก	<i>C. annuum</i>
87	CA1113	176	G	จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
89	CA1125	177	E	unknown	unknown
100	CA1171	33	K	unknown	<i>C. annuum</i>
112	CA1190	187	K	จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
113	CA1194	112	H	หวาน	<i>C. annuum</i>
118	CA1204	46	K	ประดับม่วง	<i>C. annuum</i>
122	CA1216	218	H	unknown	unknown
138	CA1297	223	I	ประดับ	<i>C. baccatum</i>
148	CA1334	64	outgroup	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
150	CA1336	65	Q	unknown	unknown
151	CA1339	194	L	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
162	CA1352	118	Q	unknown	unknown
172	CA1376	236	M	จี่หนู	<i>C. frutescens</i>
176	CA1386	74	F	หยวก	<i>C. frutescens</i>
177	CA1386	237	P	จี่หนู	<i>C. annuum</i>

ตารางที่ 8 (ต่อ)

No.	Acc.no. ¹	Code ²	Group ³	Type ⁴	<i>Capsicum species</i> ⁵
187	CA1405	81	M	หยวก	<i>C. annuum</i>
202	CA1435	242	O	พริกหยวก	<i>C. annuum</i>
203	CA1437	243	P	ประดับ	<i>C. chinense</i>
214	CA1463	102	M	unknown	unknown
218	CA1470	244	J	ขี้หนูสวน	<i>C. chinense</i>
221	CA1475	126	A	unknown	unknown
222	CA1476	127	G	unknown	unknown
224	CA1483	246	N	พริกหนุ่ม	<i>C. annuum</i>

¹ Acc. no. (accession number) รหัสเชื้อพันธุกรรมพริกที่กำหนดโดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน

² Code รหัสเชื้อพันธุกรรมพริกที่กำหนดขึ้นในการศึกษานี้

³ Group กลุ่มของเชื้อพันธุกรรมพริกจากการจัดด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์

⁴ Type ประเภทของพริกที่จัดแบ่งตามรูปร่างผลและการใช้ประโยชน์โดย ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน

⁵ *Capsicum species* ชนิดของเชื้อพันธุกรรมพริกที่ได้รับการประเมินเบื้องต้นโดยพิจารณาจากลักษณะดอกและผล (IBPGR, 1983) โดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

กฤษฎา สัมพันธ์รักษ์. 2547. **ปรับปรุงพันธุ์ผัก**. ภาควิชาพืชไร่นา มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

ทิพวัลย์ อยู่ชา. 2549. **ดีเอ็นเอเครื่องหมายชนิด Microsatellite ที่ใช้ในการจำแนกพันธุ์และตรวจสอบพันธุ์ประวัติกล้วยไม้สกุลหวายพันธุ์การค้า**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

ปรีชา ประเทพา. 2551. **การวิจัยยีน**. พิมพ์ครั้งที่ 1. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยมหาสารคาม. มหาสารคาม

มณีนัฏร นิกรพันธุ์. 2541. **พริก**. ภาควิชาพืชสวน มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, เชียงใหม่.

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2555. **สถิติการปลูกพริก ปี 2550**. แหล่งที่มา: <http://www.oae.go.th/main.php?filename=index>, มีนาคม 2555.

สิริกุล วะสี, พิจิตรา แก้วสอน, ัญญา ศรีสวัสดิ์, ัญพร คุ่นวงศ์, สุรพงษ์ คำรงกิตติกุล และ จุลภาค คุ่นวงศ์. 2548. **การวิเคราะห์คลัสเตอร์ของลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเชื้อพันธุ์กรรมพริก**. การประชุมวิชาการพืชสวนแห่งชาติ ครั้งที่ 5. หน้า 109.

_____. 2551. **รายงานการวิจัย พัฒนาและวิศวกรรม ฉบับสมบูรณ์ โครงการ การจัดการเชื้อพันธุ์กรรมพริก**. 23 หน้า

สุรินทร์ ปิยโชคคณากุล. 2552. **เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์**. สำนักพิมพ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ.

เสาวณี คงศรี และ อุณารุจ บุญประกอบ. 2551. **การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของส้มโอในประเทศไทยด้วยเครื่องหมาย Simple Sequence Repeat (SSR)**. วิทยาศาสตร์เกษตร 39 (3) (พิเศษ): 82-85.

- Adetula, O.A. 2006. Genetic diversity of Capsicum using Random Amplified Polymorphic DNAs. **African Journal of Biotechnology** 5: 120-122.
- Allison, H. 2002. **The Chilli Pepper Diet: The Natural Way to Control Cravings, Boost Metabolism and Lose Weight**. Health communications, Inc.
- Berke, T.G. and L.M. Engle. N.d. The Utilization and Conservation of Pepper (*Capsicum* spp.) Germplasm at the Asian Vegetable Research and Development Center. **National Pepper Conference**, Tainan, Taiwan.
- Bombarely, A., N. Menda, , I.Y. Tecle, R.M. Buels, S. Strickler, T. Fischer-York, A. Pujar, J. Leto, J. Gosselin and L.A. Mueller. 2011. The Sol Genomics Network (solgenomics.net): growing tomatoes using Perl. **Nucleic Acids Research** 39 (database issue): 1149-1155.
- Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick and R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics** 32: 314-331.
- Chunwongse, J., C. Chunwongse and O. Mongkolporn. n.d. **Analysis of Capsicum germplasm using SSR genotypic data**. Available Source: http://www.cab.kps.ku.ac.th/db_cab/reports/paper/07-06-01-000420.pdf, June 15, 2012.
- DeWitt, D. and P.W. Bosland. 1996. **Peppers of the World: An Identification Guide**. Ten Speed Press, Berkeley
- Fan, M.J., S. Chen and L.M. Engle. 2004. The study on genetic diversity of the collection for Capsicum using random amplified polymorphic DNA. **Journal of Agriculture Research** 53; 165-178.

FAOSTAT. 2012. **Agricultural Production**. Available Source: <http://faostat.fao.org/>, August, 2012.

Frankel, O.H. and A.H.D. Brown. 1984. **Plant Genetic Resources Today: A Critical Appraisal. In Crop Genetic Resources: Conservation and Evaluation**. Allen and Unwin, Winchester, Massachusetts, USA.

Geleta, L.F., M.T. Labuschagne and C.D. Viljoen. 2005. Genetic variability in pepper (*Capsicum annuum* L.) estimated by morphological data and amplified fragment length polymorphism. **Biodiversity and Conservation** 14: 2361-2375.

Guzman, F.A., H. Ayala, C. Azurdia, M.C. Duque and M.C. de Vicente. 2005. AFLP assessment of genetic diversity of *Capsicum* genetic resources in Guatemala: home gardens as an option for conservation. **Crop Sciences** 45: 363-370

Hanacek, P., T. Vyhnanek, M. Rohrer, J. Cieslarova and H. Stavelikova. 2009. DNA polymorphism in genetic resources of red pepper using microsatellite markers. **Horticultural Science** 4: 127-132.

Hartl, D. and A.G. Clark. 1997. **Principles of Population Genetics**. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts.

Huang, S.W., B.X. Zhang, D. Milbourne, L. Cardle, G.M. Yang and J.Z. Guo. 2000. Development of pepper SSR markers from sequence databases. **Euphytica** 117: 163-168.

Huang, H.H., Z.H. Zhang, Z.H. Zhang, S.L. Mao, L.H. Wang and B.X. Zhang. 2011. Analysis of SSRs information in *Capsicum* spp. from EST database. **Agricultural Sciences in China** 10 (10), 1532-1536.

- Ibiza, V., J. Blanca, J. Cañizares and F. Nuez. 2011. Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. **Genetic Resources and Crop Evolution**. 1-12.
- IBPGR Secretarial. 1983. **Genetic resources of *Capsicum***. International Board for Plant Genetic Resources. AGPG/IBPGR182112, Rome. 49 page.
- Idury, R.M. and L.R. Cardon. 1997. A simple method for automated allele binning in Microsatellite markers. **Genome Research** 7: 1104-1109.
- Ince, A.G., M. Karaca and A. Onus. 2009. Development and utilization of diagnostic DAMD-PCR markers for *Capsicum* accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution** 56 (2), 211-221.
- _____, _____ and _____. 2010. Genetic relationships within and between *Capsicum* species. **Biochemical Genetics** 48: 83-95.
- Ingle, J.D. and S.R. Crouch. 1988. **Spectrochemical analysis**. Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ. 54 page.
- Jaccard, P. 1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles** 44: 223-270.
- Jang, I.O., J.H. Moon, J.B. Yoon, J.H. Yoo, T.J. Yang, Y.J. Kim and H.G. Park. 2004. Application of RAPD and SCAR markers for purity testing of F1 hybrid seed in chili pepper (*Capsicum annuum*). **Molecules and Cells** 18: 295-299.
- Kang, B.C., J.W. Yu, M.H. Lee and B.D. Kim. 1997. Applicability of AFLP on hot pepper genetic analysis. **Journal of the Korean Society for Horticultural Science** 38: 698-703.

- Kaul, R., A. Singh, R.K. Vijn, M.S. Tania and R. Behl. 2001. Evaluation of the genetic variability of 13 microsatellite markers in native Indian pigs. **Journal of Genetics** 80 (3): 149-153.
- Kim, K.M., Y. S. Kwon, J.J. Lee, M.Y. Eun and J. K. Sohn. 2004. QTL mapping and molecular marker analysis for the resistance of rice to ozone. **Molecules and Cells** 17: 151-155.
- Kim, K.W, H.K. Chung, G.T. Cho, K.H. Ma, D. Chandrabalan, J.G. Gwag, T.S. Kim, E.G. Cho and Y.J. Park. 2007. PowerCore: a program applying the advanced M strategy with a heuristic search for establishing allele mining sets. **Bioinformatics** 23: 2155-2162.
- Kosman, E. and K.J. Leonard. 2005. Similarity coefficients for molecular markers in studies of genetic relationships between individuals for haploid, diploid and polyploid species. **Molecular Ecology** 14: 415-424.
- Kwon, Y.S., J.M. Lee, G.B. Yi, S.I. Yi, K.M. Kim, E.H. Soh, K.M. Bae, E.K. Park, I.H. Song and B.D. Kim. 2005. Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties. **Molecules and Cells** 19 (3): 428-435.
- Lanteri S., A. Acquadro, L. Quagliotti and E. Portis. 2003. RAPD and AFLP assessment of genetic variation in a landrace of pepper (*Capsicum annuum* L.), grown in North-West Italy. **Genetic Resources and Crop Evolution** 50: 723-735.
- Lee, J.M., S.H. Nahm, Y.M. Kim and B.D. Kim. 2004. Characterization and molecular genetic mapping of microsatellite loci in pepper. **Theoretical and Applied Genetics** 108 (4): 619-627.
- Lijun, O. and Z. Xuexiao. 2012. Inter simple sequence repeat analysis of genetic diversity of five cultivated pepper species. **African Journal of Biotechnology** 11 (4): 752-757.

- Litt, M. and J.A. Luty. 1989. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **American Journal of Human Genetics** 44: 397-401.
- Marsh, W.M. and J.M. Jr. Grossa. 1996. **Environmental Geography Science, Land Use and Earth Systems**. John Wiley and Sons Inc., Canada.
- Mayr, E. 1942. **Systematics and the Origin of Species**. Columbia University Press, New York.
- Minamiyama, Y., M. Tsuru and M. Hirai. 2006. An SSR-based linkage map of *Capsicum annuum*. **Molecular Breeding** 18: 157-169.
- Mongkolporn, O., Y. Dokmaihom, C. Kanchana-Udomkan and P. Pakdeevoraporn. 2004. Genetic purity test of F₁ hybrid *Capsicum* using molecular analysis. **Journal of Horticultural Science and Biotechnology** 79: 445-451.
- Moscone, E.A., M.A. Scaldaferrro, M. Grabiele, N.M. Cecchini, Y. Sánchez García, R. Jarret, J.R. Daviña, D.A. Ducasse, G.E. Barboza and F. Ehrendorfer. 2007. The evolution of chilli peppers (*Capsicum solanaceae*: A cytogenetic perspective. **Acta Horticulturae** 745: 137-170.
- Nagy, I., A. Stigel, Z. Sasvari, M. Roder and M. Ganai. 2007. Development, characterization, and transferability to other Solanaceae of microsatellite markers in pepper (*Capsicum annuum* L.). **Genome** 50 (7): 668-688.
- Nahm, S.H., J.W. Yu, B.C. Kang and B.D. Kim. 1997. Election of parental lines for hot pepper mapping population using RFLP and AFLP analyses. **Journal of the Korean Society for Horticultural Science** 38: 693-697.

Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Science USA** 70: 3321-3323.

_____. and W. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Science USA** 76: 5269-5273.

Olvera, A.P., S.H. Verdugo, V.R. Ramirez, A.G. Rodriguez and K. Oyama. 2012. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. **Crop Science** 52: 231-241.

Paran, I., E. Aftergoot and C. Shiffriss. 1998. Variation in *Capsicum annuum* revealed by RAPD and AFLP markers. **Euphytica** 99: 167-173.

Patel, A.S., N. Sasidharan, A.G. Vala and V. Kumar. 2011. Genetic relation in *Capsicum annuum* (L.) cultivars through microsatellite marker: SSR and ISSR. **Electronic Journal of Plant Breeding** 2 (1): 67-76.

Pickersgill, B. 1969. The archeological record of chile peppers (*Capsicum* spp.) and the sequence of plant domestication in Peru. **American Antiquities** 34: 54-61.

_____. 1971. Relationships between weedy and cultivated forms in some species of chilli peppers (genus *Capsicum*). **Evolution** 5: 683-691.

_____. 1997. Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. **Euphytica** 96 (1): 129-133.

Portis, E., I. Nagy, Z. Sasvári, A. Stágel, L. Barchi and S. Lanteri. 2007. The design of *Capsicum* spp. SSR assays via analysis of in silico DNA sequence, and their potential utility for genetic mapping. **Plant Science** 172 (3): 640-648.

- Prince, J.P., V.K. Lackney, C. Angeles, J.R. Blauth and M.M. Kyle. 1995. A survey of DNA polymorphism within the genus *Capsicum* and the fingerprinting of pepper cultivars. **Genome** 38 (2): 224-231.
- Rodriguez J.M., T. Berke, L. Engle and J. Nienhuis. 1999. Variation among and within *Capsicum* species revealed by RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics** 99: 147-156.
- Rohlf, F.J. 1997. **NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1. Exeter Software.** (Computer program). Setanket, New York.
- Rylski, I. 1987. Pepper (*Capsicum*), pp. 341-354. In S.P. Monselise., ed. **CRC Handbook of Fruit Set and Development.** CRC Press, Inc., Florida, USA.
- Sambrook, J. and D.W. Russel. 2001. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual.** Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Sanatombi, K., S. Sen-Mandi and G. J. Sharma. 2010. DNA profiling of *Capsicum* landraces of Manipur. **Scientia Horticulturae** 124 (3): 405-408.
- Shete, S., H. Tiwari and R.C. Elston. 2000. On estimating the heterozygosity and polymorphism information content value. **Theoretical Population Biology** 57 (3): 265-271.
- Sitthiwong, K., T. Matsui, S. Sukprakarn, N. Okuda and Y. Kosugi. 2005. Classification of pepper (*Capsicum annuum* L.) accessions by RAPD analysis. **Biotechnology** 4 (4): 305-309.
- Smith, P.G., B. Villalon and P.L. Villa. 1987. Horticultural classification of peppers under stress shading condition. **Euphytica** 78: 133-136.

- Sokal R.R. and C.D. Michener. 1958. A statistical method for evaluating systematic relationships. **The University of Kansas Science Bulletin** 38: 1409-1438.
- Tam, S.M., C. Mhiri, A . Vogelaar, M. Kerkveld, S.R. Pearce and M.A. Grandbastien. 2005. Comparative analyses of genetic diversities within tomato and pepper collections detected by retrotransposon-based SSAP, AFLP and SSR. **Theoretical and Applied Genetics** 110 (5): 819-831.
- Thul, S., M., Darokar, A. Shasany and S. Khanuja. 2012. Molecular profiling for genetic variability in *Capsicum* species based on ISSR and RAPD markers. **Molecular Biotechnology** 51 (2): 137-147.
- Toquica, S.P., F. Rodriguez, E. Martinez, M.C. Duque and J. Tohme. 2003. Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon Department in Colombia, characterization by AFLPs of *Capsicum*. **Genetic Resource and Crop Evolution** 50: 639-647
- Umaharan, P., H. Adams and M. Moses. n. d. **Caribbean hot pepper germplasm management**. Available Source: <http://www.seaspringseeds.co.uk/images/pdf/cardi-hot-peppers.pdf>
- Weber, J. L. 1990. Informativeness of human (dC-dA)_n.(dG-dT)_n polymorphisms. **Genomics** 7: 524-530.
- Yap, I.V. and R.J. Nelson. 1996. **Winboot: a program for performing bootstrap analysis of binary data to determine the confidence limits of UPGMA-based dendrograms**. (Computer program). International Rice Research Institute. Manila, Philippines.
- Yudi L., L. Jianguo and L. Mingfang. 2006. Analysis of genetic diversity of *Capsicum* germplasm resources by using SSR markers. **Biotechnology Bulletin** S1: 337-341.



ภาคผนวก ก

ตารางผนวกที่ ก1 เชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 230 accession ที่ใช้ในการศึกษา

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
1	CA579	1	unknown	<i>C. annuum</i>
2	CA645	205	ชี้ฟ้า	<i>C. annuum</i>
3	CA667	206	ชี้ฟ้า	<i>C. annuum</i>
4	CA735	2	unknown	<i>C. frutescens</i>
5	CA743	3	ประดับ (ผลยาว)	<i>C. chinense</i>
6	CA746	111	unknown	<i>C. baccatum</i>
7	CA747	5	พริกทอง	<i>C. baccatum</i>
8	CA752	6	ประดับ	<i>C. baccatum</i>
9	CA756	7	หยวก	<i>C. annuum</i>
10	CA758	128	ชี้หนู	<i>C. annuum</i>
11	CA759	117	ชี้หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
12	CA763	129	ชี้หนู	<i>C. annuum</i>
13	CA766	8	หยวก	<i>C. annuum</i>
14	CA767	9	ชี้หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
15	CA772	130	หยวก	<i>C. annuum</i>
16	CA775	131	หยวก	<i>C. annuum</i>
17	CA777	132	หยวก	<i>C. annuum</i>
18	CA779	133	หยวก	<i>C. annuum</i>
19	CA780	134	หยวก	<i>C. annuum</i>
20	CA787	10	หยวก	<i>C. annuum</i>
21	CA791	11	หยวก	<i>C. annuum</i>
22	CA799	12	หยวก	<i>C. annuum</i>
23	CA800	135	หยวก	<i>C. annuum</i>
24	CA802	207	หยวก	<i>C. annuum</i>
25	CA815	136	หยวก	<i>C. annuum</i>

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
26	CA819	208	ประดับ	<i>C. annuum</i>
27	CA822	137	ชี้หนู	<i>C. annuum</i>
28	CA836	122	unknown	unknown
29	CA849	14	หวาน	<i>C. annuum</i>
30	CA857	138	หยวก	<i>C. annuum</i>
31	CA863	139	unknown	unknown
32	CA875	209	ชี้หนู	<i>C. frutescens</i>
33	CA890	15	unknown	<i>C. annuum</i>
34	CA892	16	ประดับ	<i>C. annuum</i>
35	CA893	140	หยวก	<i>C. annuum</i>
36	CA899	141	ประดับ (cherry)	<i>C. annuum</i>
37	CA906	210	พริกชี้ฟ้า	<i>C. annuum</i>
38	CA911	17	ประดับ	<i>C. annuum</i>
39	CA915	211	หนู่ม	<i>C. annuum</i>
40	CA918	142	ประดับ	<i>C. chinense</i>
41	CA919	143	ประดับ	<i>C. baccatum</i>
42	CA923	18	หยวก	<i>C. annuum</i>
43	CA924	145	ประดับ	<i>C. baccatum</i>
44	CA925	19	หวาน	<i>C. annuum</i>
45	CA927	146	ชี้หนูช่อ	<i>C. annuum</i>
46	CA929	147	หยวก	<i>C. annuum</i>
47	CA931	148	ชี้หนูช่อ	<i>C. annuum</i>
48	CA939	149	ชี้ฟ้า	<i>C. annuum</i>
49	CA940	150	หยวก	<i>C. annuum</i>
50	CA941	151	หยวก/ชี้ฟ้า	<i>C. annuum</i>

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
51	CA942	20	หยวก	<i>C. annuum</i>
52	CA952	152	หยวก	<i>C. annuum</i>
53	CA957	153	หยวก	<i>C. annuum</i>
54	CA965	154	หยวก	<i>C. annuum</i>
55	CA968	155	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
56	CA972	156	หยวก	<i>C. annuum</i>
57	CA977	157	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
58	CA982	21	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
59	CA983	22	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
60	CA985	23	unknown	<i>C. frutescens</i>
61	CA988	120	unknown	unknown
62	CA993	24	หยวก	<i>C. annuum</i>
63	CA997	158	ประดับพุ่มเล็ก	<i>C. annuum</i>
64	CA999	159	จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
65	CA1000	25	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
66	CA1003	160	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
67	CA1023	161	จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
68	CA1026	162	หยวก	<i>C. annuum</i>
69	CA1029	163	จี่หนู/จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
70	CA1032	26	จี่หนูเล็ก	<i>C. frutescens</i>
71	CA1033	164	หยวก	<i>C. annuum</i>
72	CA1034	165	หยวก	<i>C. annuum</i>
73	CA1035	166	หยวก	<i>C. annuum</i>
74	CA1049	167	unknown	unknown
75	CA1053	168	หยวก	<i>C. annuum</i>

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
76	CA1057	212	หยวก	<i>C. annuum</i>
77	CA1062	169	หยวก	<i>C. annuum</i>
78	CA1064	170	หยวก	<i>C. annuum</i>
79	CA1066	171	หยวก	<i>C. annuum</i>
80	CA1070	172	หยวก	<i>C. annuum</i>
81	CA1074	173	unknown	unknown
82	CA1075	27	จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
83	CA1083	213	จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
84	CA1105	28	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
85	CA1106	174	หยวก	<i>C. annuum</i>
86	CA1110	175	หยวก	<i>C. annuum</i>
87	CA1113	176	จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
88	CA1124	188	unknown	unknown
89	CA1125	177	unknown	unknown
90	CA1151	178	หยวก	<i>C. annuum</i>
91	CA1160	179	หยวก	<i>C. annuum</i>
92	CA1161	180	unknown	unknown
93	CA1162	29	unknown	<i>C. annuum</i>
94	CA1164	181	unknown	unknown
95	CA1165	182	unknown	unknown
96	CA1166	30	unknown	<i>C. annuum</i>
97	CA1167	214	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
98	CA1168	31	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
99	CA1169	32	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
100	CA1171	33	unknown	<i>C. annuum</i>

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
101	CA1172	215	พริก	<i>C. annuum</i>
102	CA1173	34	พริกใหญ่	<i>C. annuum</i>
103	CA1176	35	พริกใหญ่	<i>C. annuum</i>
104	CA1179	36	พริกใหญ่	<i>C. annuum</i>
105	CA1180	183	พริก	<i>C. annuum</i>
106	CA1181	184	พริก	<i>C. annuum</i>
107	CA1182	121	unknown	unknown
108	CA1184	38	หวาน	<i>C. annuum</i>
109	CA1186	185	พริก	<i>C. annuum</i>
110	CA1187	186	พริก	<i>C. annuum</i>
111	CA1189	39	unknown	<i>C. annuum</i>
112	CA1190	187	พริก	<i>C. annuum</i>
113	CA1194	112	หวาน	<i>C. annuum</i>
114	CA1195	41	หวาน	<i>C. annuum</i>
115	CA1199	42	หวาน	<i>C. annuum</i>
116	CA1202	216	หวาน	<i>C. annuum</i>
117	CA1203	45	หวาน	<i>C. annuum</i>
118	CA1204	46	ประดับม่วง	<i>C. annuum</i>
119	CA1205	47	หวาน	<i>C. annuum</i>
120	CA1210	48	หวาน	<i>C. annuum</i>
121	CA1210	217	หวาน	<i>C. annuum</i>
122	CA1216	218	unknown	unknown
123	CA1218	113	หวาน	<i>C. annuum</i>
124	CA1221	49	หวาน	<i>C. annuum</i>
125	CA1222	219	หวาน	<i>C. annuum</i>

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
126	CA1223	220	หวาน	<i>C. annuum</i>
127	CA1231	50	จี๊ฟ้า	<i>C. annuum</i>
128	CA1236	221	หวานยาว	<i>C. annuum</i>
129	CA1242	52	หยวก	<i>C. annuum</i>
130	CA1245	53	ประดับ (กลมม่วง)	<i>C. annuum</i>
131	CA1249	116	หวาน	<i>C. annuum</i>
132	CA1250	55	จี๊หนู	<i>C. annuum</i>
133	CA1251	189	จี๊หนู	<i>C. annuum</i>
134	CA1253	222	หวาน	<i>C. annuum</i>
135	CA1257	56	หวาน	<i>C. annuum</i>
136	CA1262	190	หยวก	<i>C. annuum</i>
137	CA1290	191	unknown	unknown
138	CA1297	223	ประดับ	<i>C. baccatum</i>
139	CA1298	224	จี๊ฟ้า	<i>C. annuum</i>
140	CA1308	225	จี๊หนู	<i>C. frutescens</i>
141	CA1319	226	ประดับ	<i>C. chinense</i>
142	CA1320	193	พริกทอง	<i>C. annuum</i>
143	CA1323	227	จี๊หนูสวน	<i>C. frutescens</i>
144	CA1325	125	ประดับ (พริกทอง)	<i>C. chinense</i>
145	CA1327	61	ประดับ	<i>C. chinense</i>
146	CA1330	62	unknown	<i>C. chinense</i>
147	CA1332	63	unknown	unknown
148	CA1334	64	จี๊หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
149	CA1335	228	จี๊หนู	<i>C. frutescens</i>
150	CA1336	65	unknown	unknown

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
151	CA1339	194	พริกใหญ่	<i>C. annuum</i>
152	CA1340	195	พริกใหญ่	<i>C. annuum</i>
153	CA1343	229	พริก	<i>C. frutescens</i>
154	CA1344	230	พริก	<i>C. frutescens</i>
155	CA1345	231	พริก	<i>C. chinense</i>
156	CA1347	66	unknown	unknown
157	CA1347	232	พริกเล็ก	<i>C. frutescens</i>
158	CA1348	197	พริก	<i>C. frutescens</i>
159	CA1349	233	พริกเล็ก	<i>C. chinense</i>
160	CA1350	198	หยวก	<i>C. annuum</i>
161	CA1351	67	พริก	<i>C. frutescens</i>
162	CA1352	118	unknown	unknown
163	CA1352	234	พริกเล็ก	<i>C. frutescens</i>
164	CA1353	199	หยวก	<i>C. annuum</i>
165	CA1361	69	พริก	<i>C. frutescens</i>
166	CA1365	70	unknown	unknown
167	CA1365	119	unknown	unknown
168	CA1369	200	unknown	unknown
169	CA1370	235	พริกเล็ก	<i>C. frutescens</i>
170	CA1373	201	กลม	<i>C. annuum</i>
171	CA1376	71	unknown	unknown
172	CA1376	236	พริก	<i>C. frutescens</i>
173	CA1378	72	unknown	unknown
174	CA1383	202	unknown	unknown
175	CA1385	73	พริกใหญ่	<i>C. annuum</i>

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
176	CA1386	74	หยวก	<i>C. frutescens</i>
177	CA1386	237	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
178	CA1394	75	พริกป่า	<i>C. annuum</i>
179	CA1396	76	ประดับ	<i>C. annuum</i>
180	CA1398	238	จี่หนู	<i>C. frutescens</i>
181	CA1399	77	unknown	unknown
182	CA1400	78	จี่หนูใหญ่	<i>C. frutescens</i>
183	CA1400	239	จี่หนูเล็ก	<i>C. frutescens</i>
184	CA1402	79	unknown	unknown
185	CA1403	80	หยวก	<i>C. annuum</i>
186	CA1404	114	หยวก	<i>C. annuum</i>
187	CA1405	81	หยวก	<i>C. annuum</i>
188	CA1406	82	หยวก	<i>C. annuum</i>
189	CA1407	83	หยวก	<i>C. annuum</i>
190	CA1408	84	unknown	unknown
191	CA1409	85	หยวก	<i>C. annuum</i>
192	CA1410	86	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
193	CA1412	87	จี่หนูเล็ก	<i>C. annuum</i>
194	CA1415	88	หยวก/จี่ฟ้า	<i>C. annuum</i>
195	CA1416	240	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
196	CA1418	241	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
197	CA1420	89	จี่หนู (เขียวเข้ม)	<i>C. annuum</i>
198	CA1429	90	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
199	CA1432	115	จี่หนู	<i>C. annuum</i>
200	CA1433	92	จี่หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
201	CA1434	93	หยวก	<i>C. annuum</i>
202	CA1435	242	หยวก	<i>C. annuum</i>
203	CA1437	243	ประดับ	<i>C. chinense</i>
204	CA1444	94	unknown	unknown
205	CA1445	203	ชี้หนู	<i>C. annuum</i>
206	CA1446	95	หยวก	<i>C. annuum</i>
207	CA1446	204	unknown	unknown
208	CA1447	96	หยวก	<i>C. annuum</i>
209	CA1448	97	หยวก	<i>C. annuum</i>
210	CA1450	98	ชี้หนูใหญ่	<i>C. annuum</i>
211	CA1453	99	ชี้หนู	<i>C. annuum</i>
212	CA1456	100	unknown	unknown
213	CA1460	101	ชี้หนู	<i>C. annuum</i>
214	CA1463	102	unknown	unknown
215	CA1465	103	unknown	unknown
216	CA1467	104	unknown	unknown
217	CA1469	105	unknown	unknown
218	CA1470	244	ชี้หนูสวน	<i>C. chinense</i>
219	CA1472	245	ชี้หนู	<i>C. annuum</i>
220	CA1473	106	unknown	unknown
221	CA1475	126	unknown	unknown
222	CA1476	127	unknown	unknown
223	CA1479	109	หยวกใหญ่	<i>C. annuum</i>
224	CA1483	246	หนุ่ม	<i>C. annuum</i>
225	CA1485	110	unknown	unknown

ตารางผนวกที่ ก1 (ต่อ)

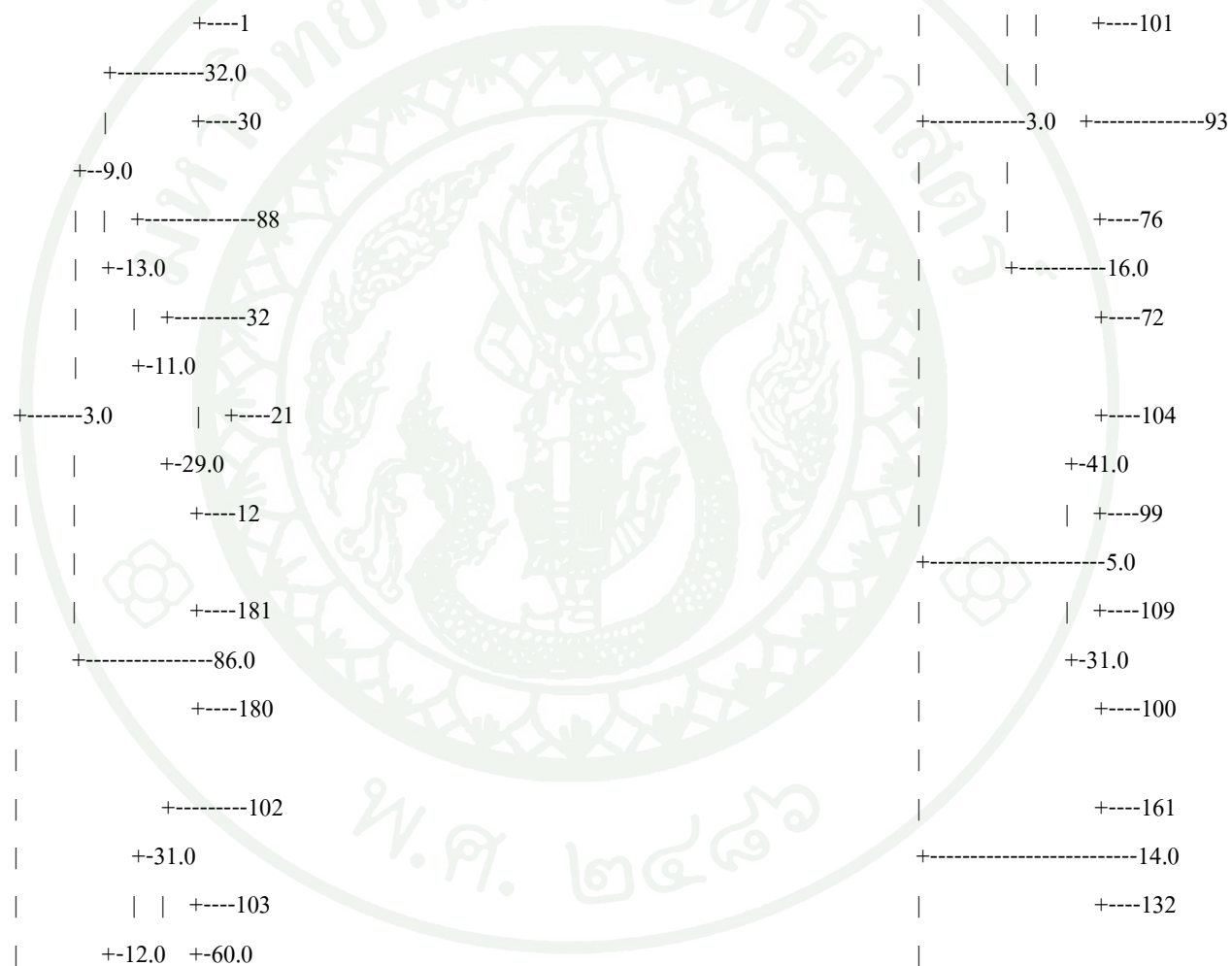
No.	Acc. no. ¹	Code ²	Type ³	<i>Capsicum</i> species ⁴
226	CA1486	108	หยวก	<i>C. frutescens</i>
227	CA1487	123	พริกขี้หนูเล็ก	<i>C. frutescens</i>
228	CA1488	124	พริกขี้หนู	<i>C. annuum</i>
229	CA1581	247	พริกขี้หนู	<i>C. annuum</i>
230	CA1586	248	พริกขี้หนู	<i>C. baccatum</i>

¹ Acc. no. (accession number) รหัสเชื้อพันธุกรรมพริกที่กำหนดโดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน

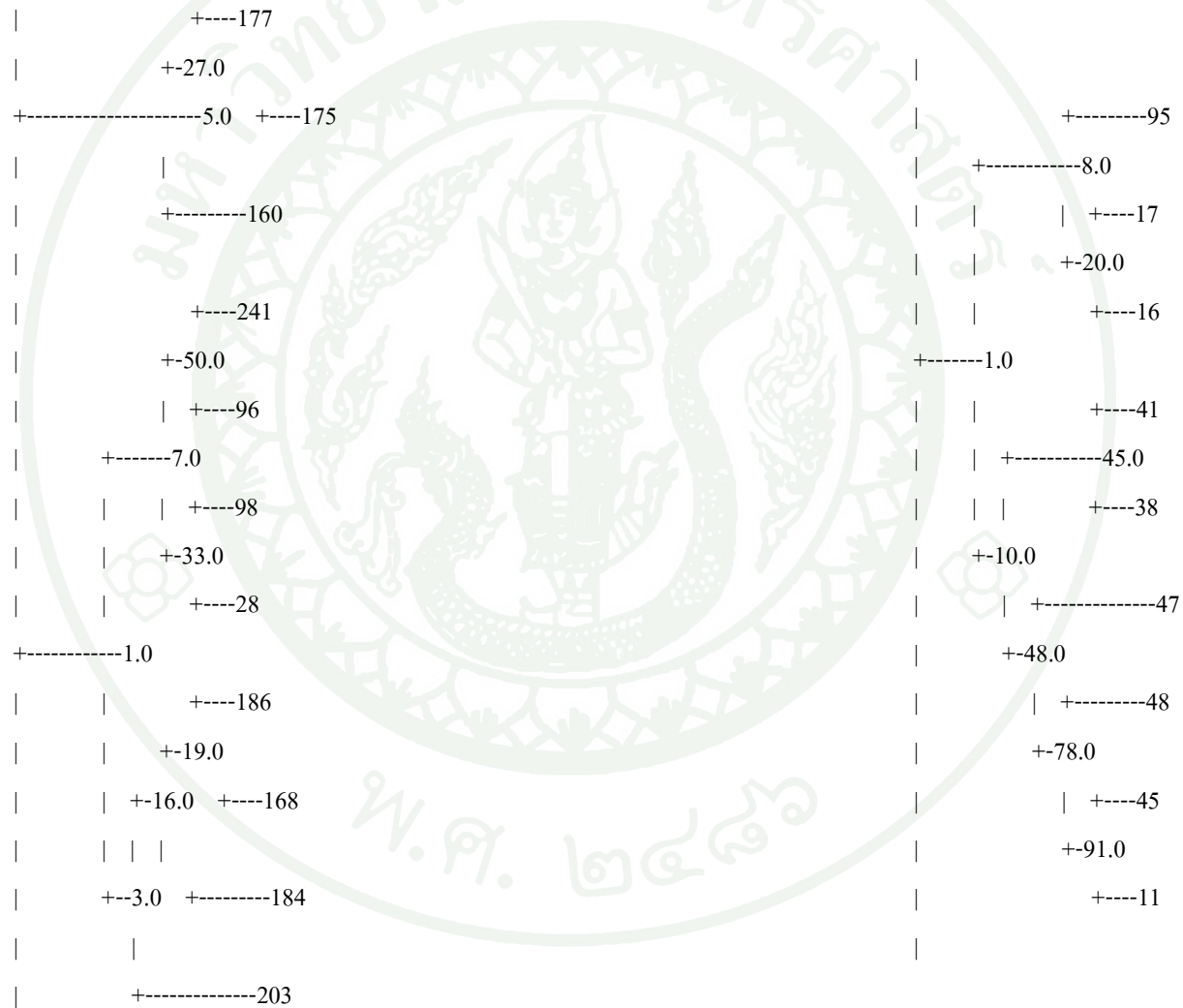
² Code รหัสเชื้อพันธุกรรมพริกที่กำหนดขึ้นในการศึกษานี้

³ Type ประเภทของพริกที่จัดแบ่งตามรูปร่างผลและการใช้ประโยชน์โดย ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน

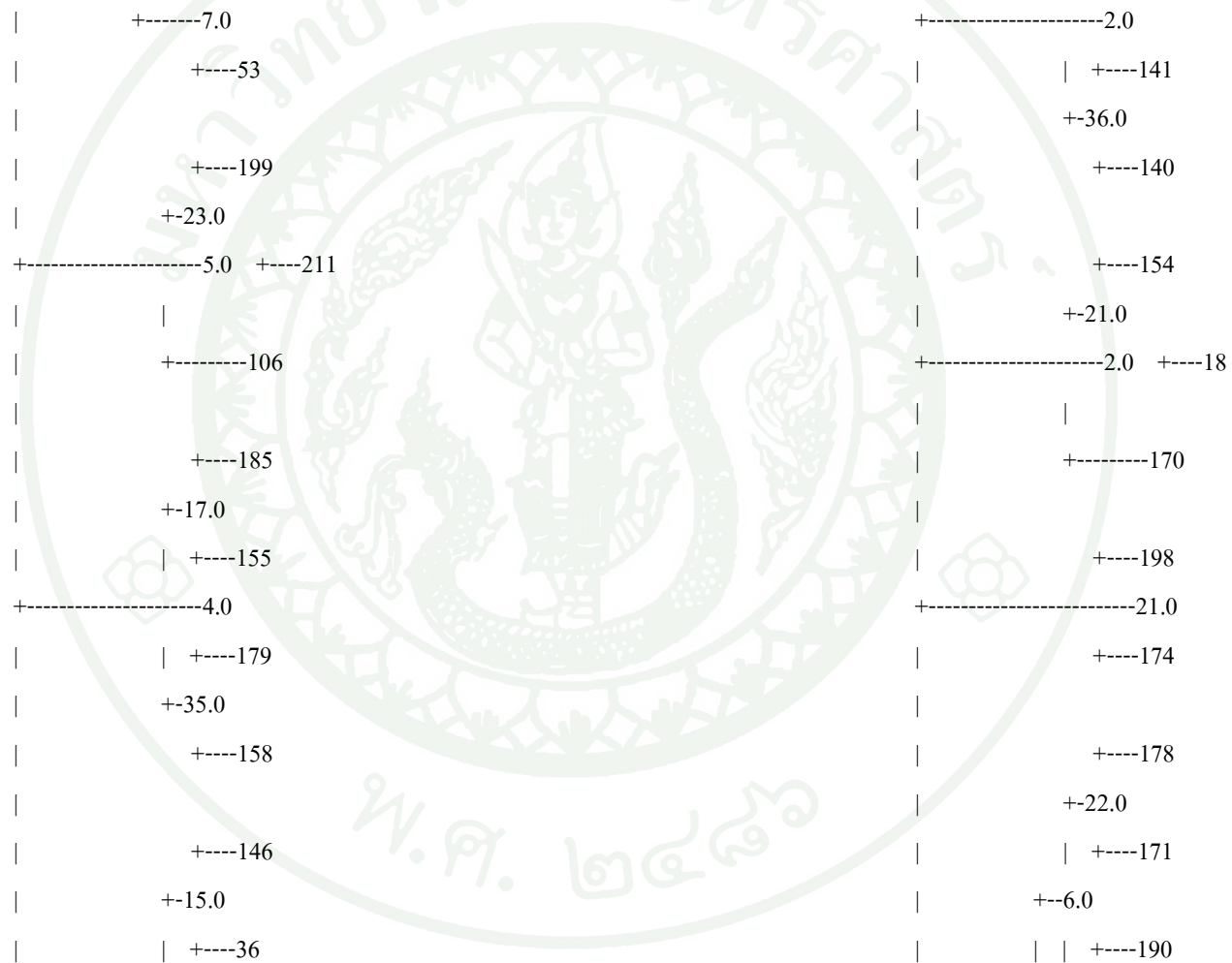
⁴ *Capsicum* species ชนิดของเชื้อพันธุกรรมพริกที่ได้รับการประเมินเบื้องต้นโดยพิจารณาจากลักษณะดอกและผล (IBPGR, 1983) โดยศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน



ภาพผนวกที่ ก1 ค่า bootstrap ของการจัดกลุ่มเชื้อพันธุ์กรรมพริก 230 accession ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง จากการสุ่ม 100 ครั้ง



ภาพผนวกที่ 1 (ต่อ)

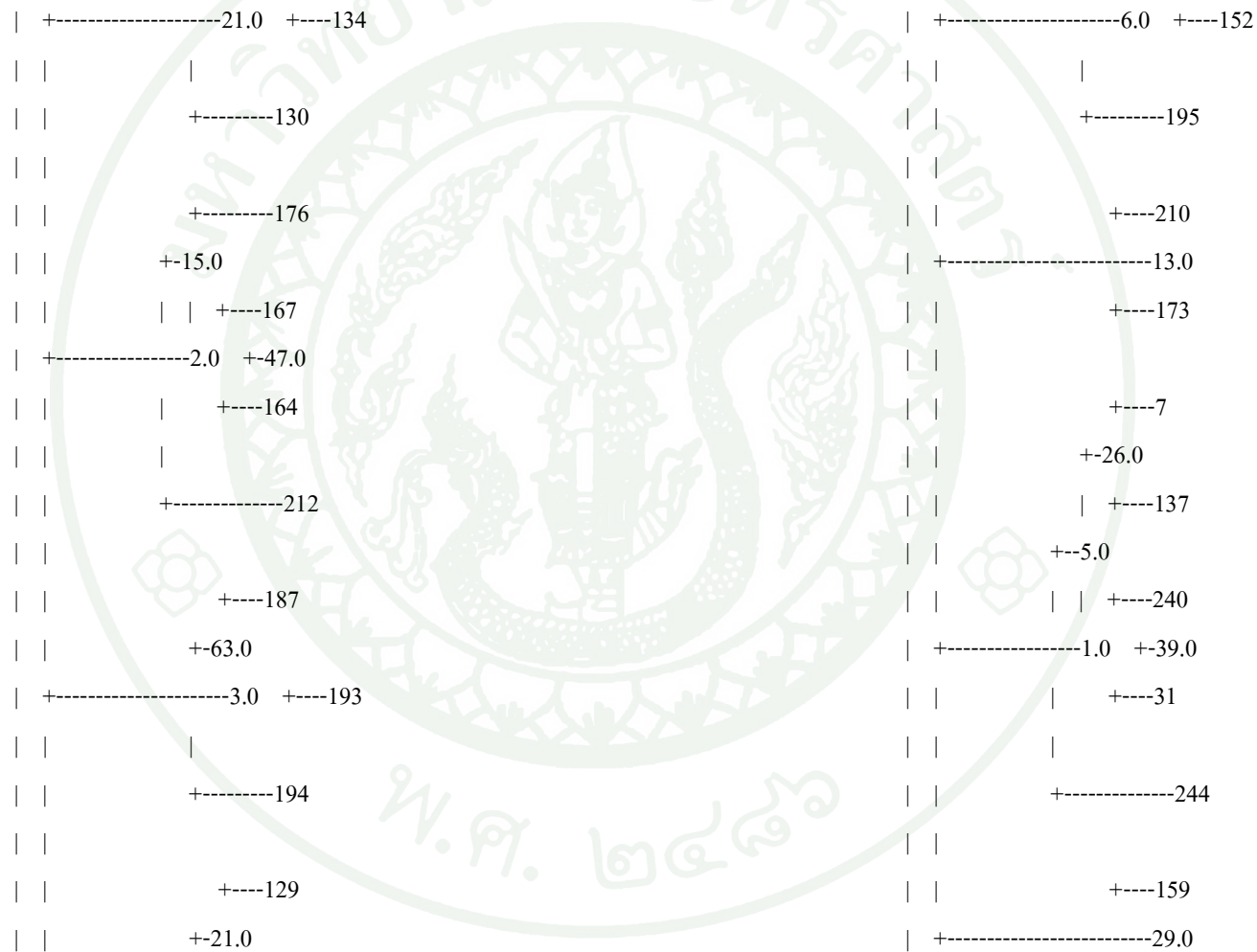


ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)

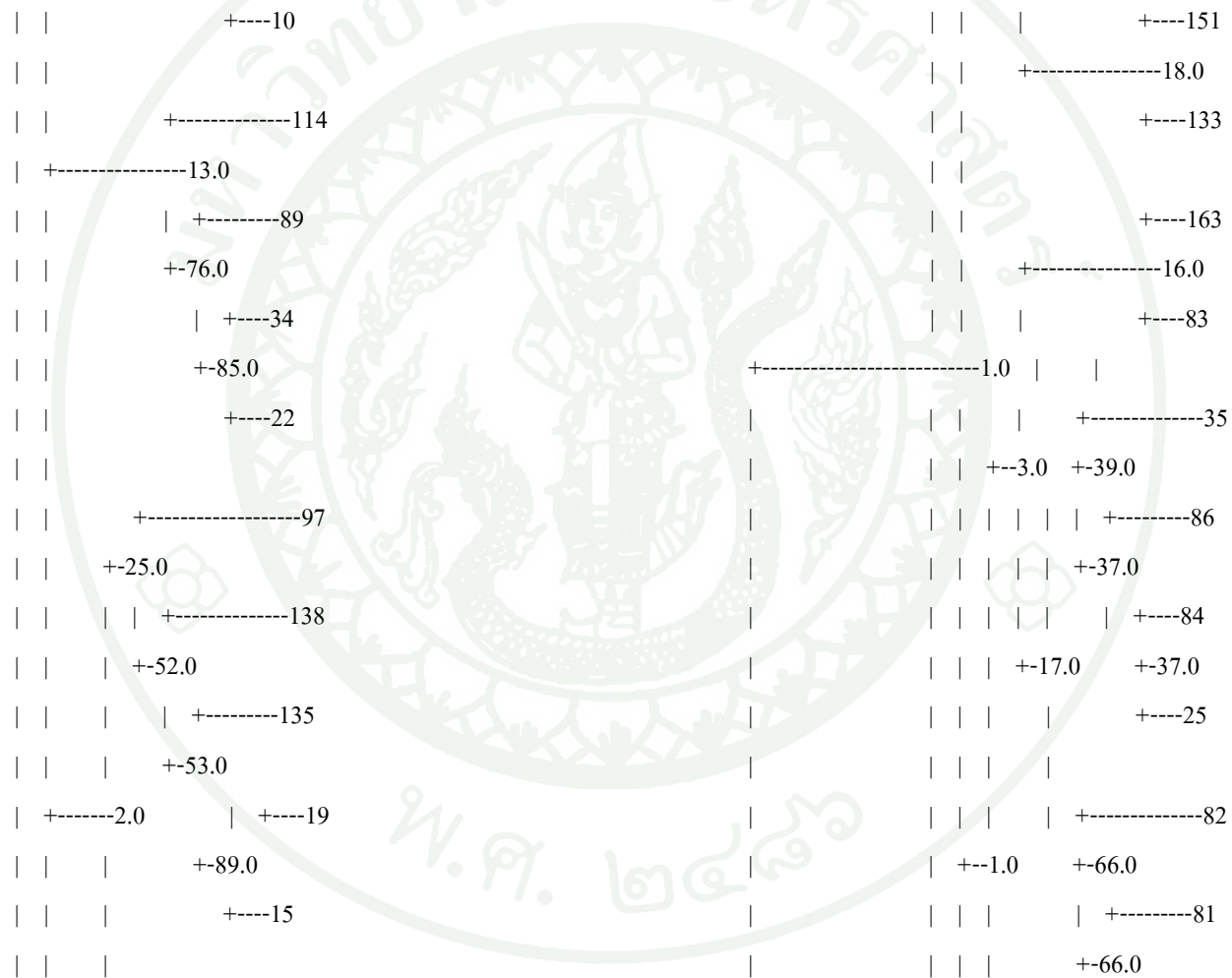
+-----1.0	+38.0		+----216
	+----172		+53.0
			+----112
	+-----207		+-----2.0
			+----169
	+----183		+----23.0
+-----18.0			+----201
	+----202		
			+10.0 +----56
	+----218		+48.0
	+32.0		+----42
	+20.0 +----219		+43.0
			+3.0 +----52
	+-----221		+48.0
	+-----3.0		+----49
	+----220		
	+25.0		+-----165
	+----217		
+--1.0	+11.0		+----139
			+25.0

ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)

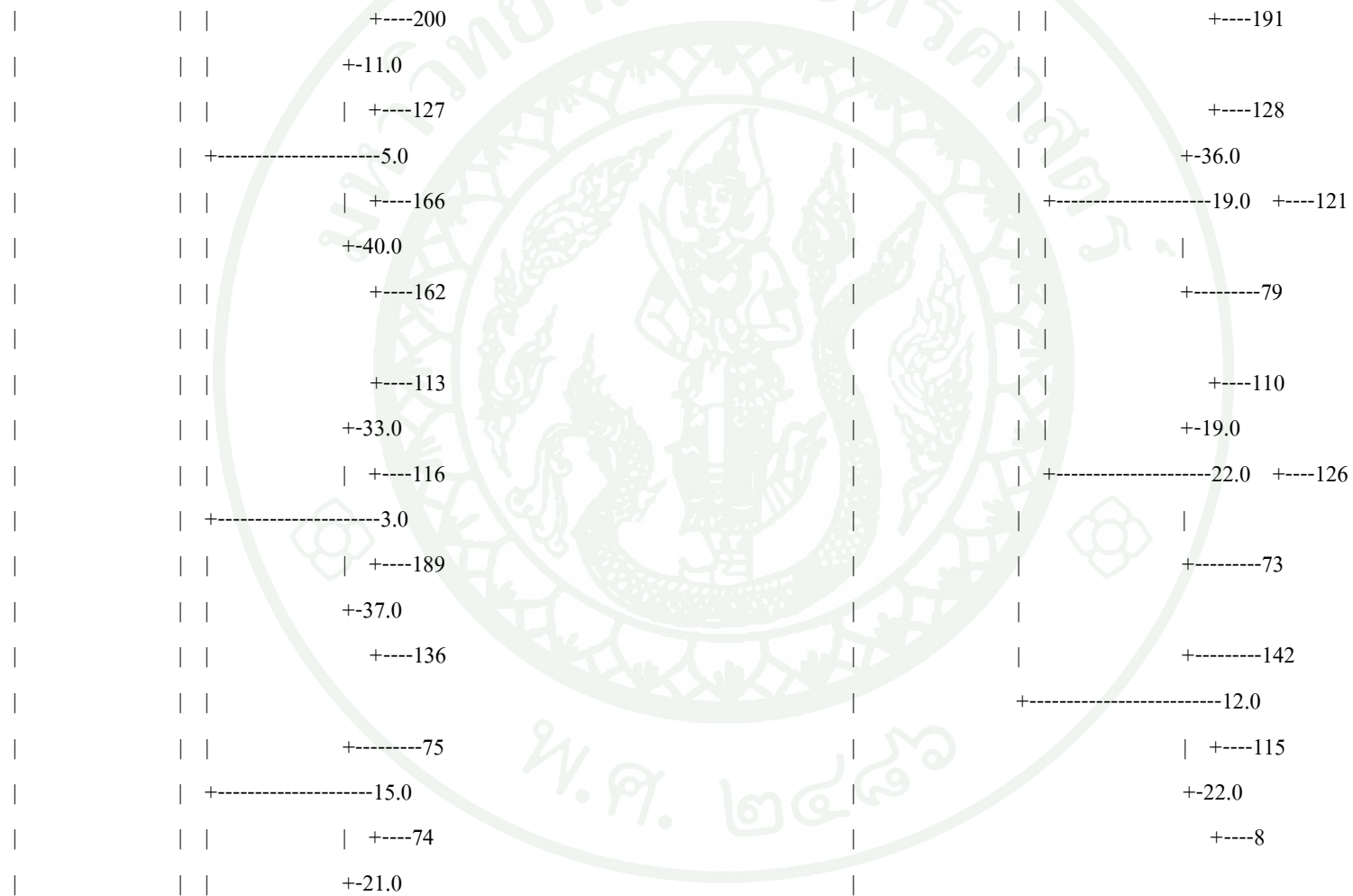
สิงสิงห์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์



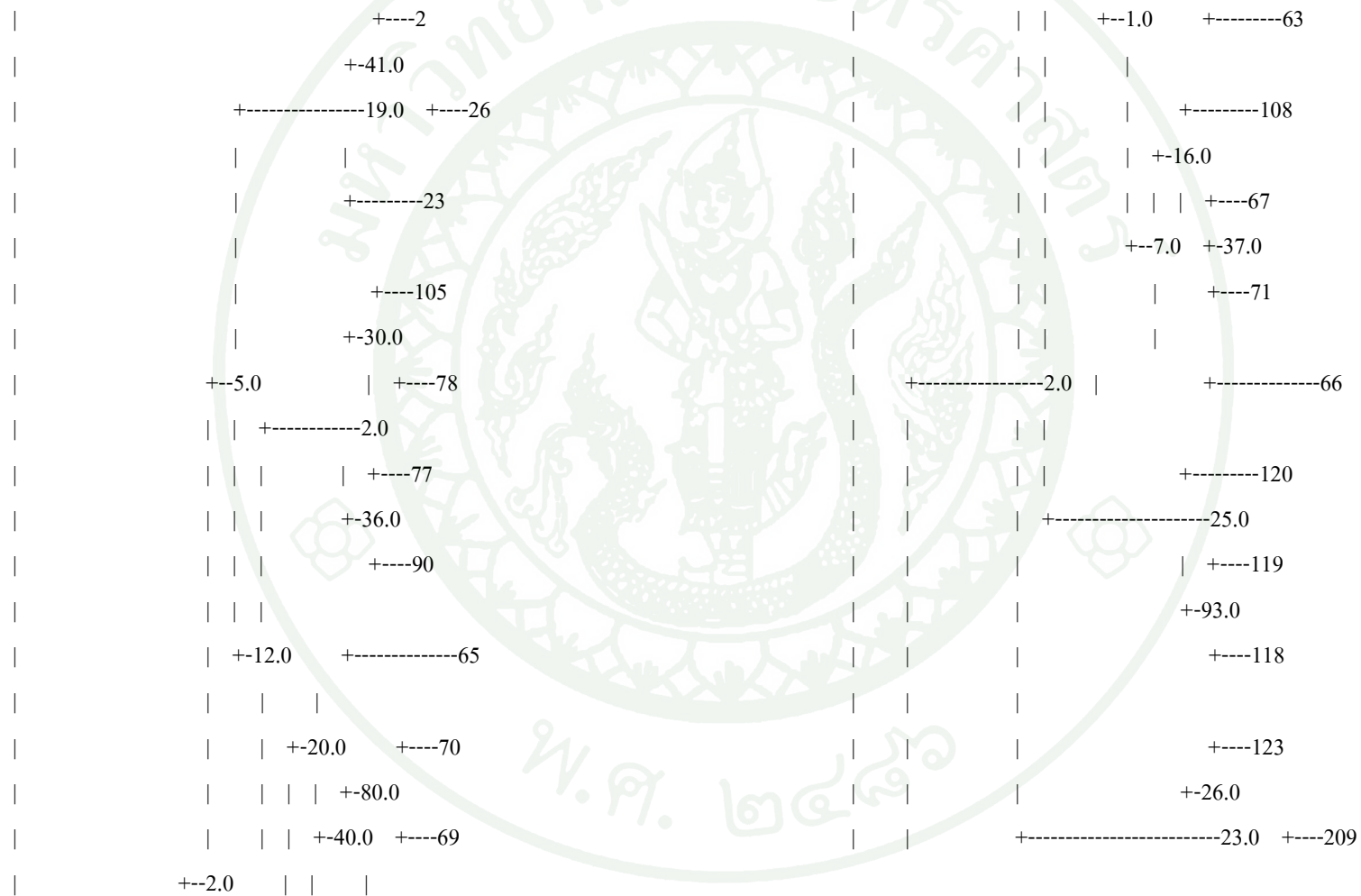
ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)



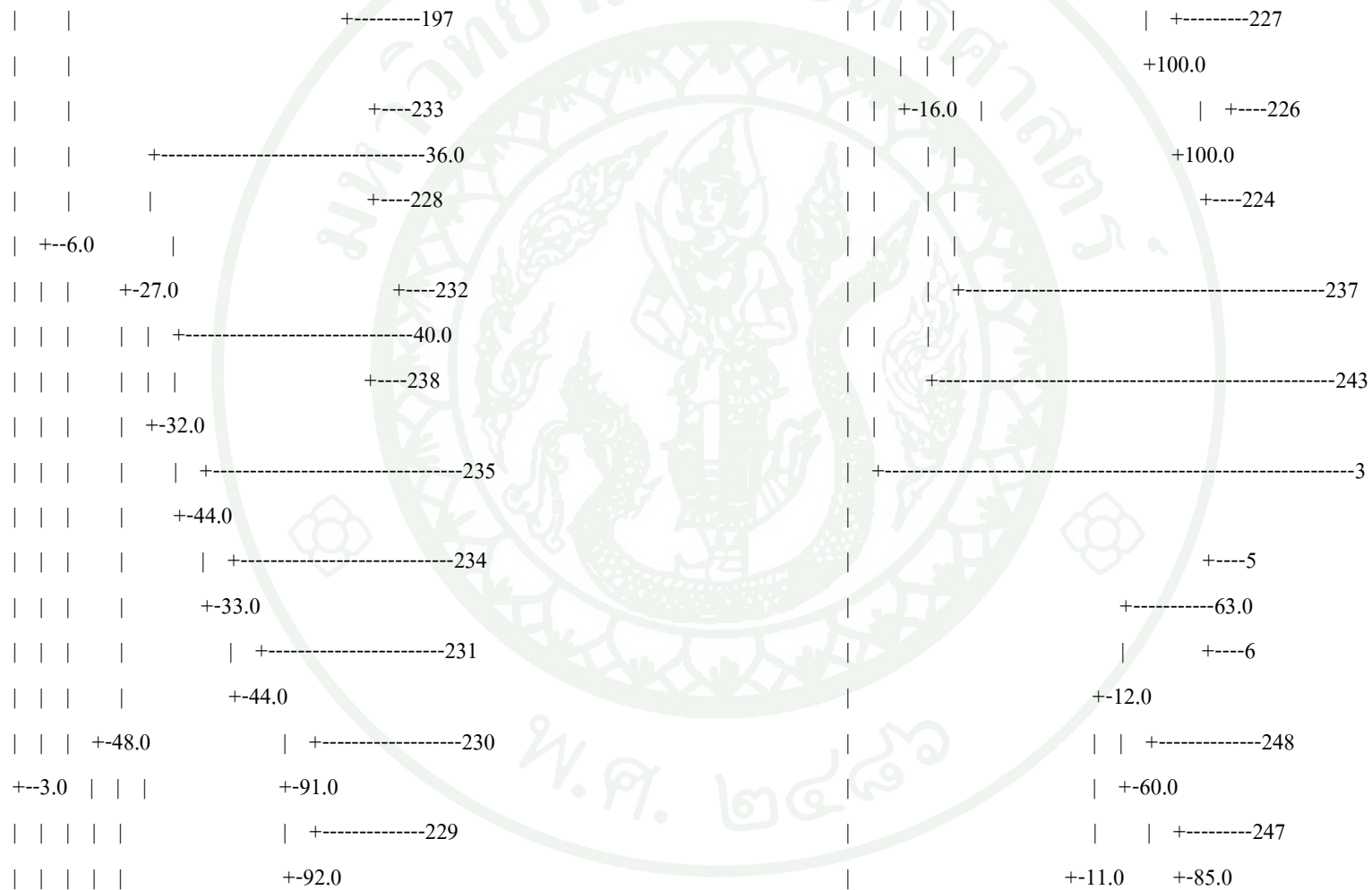
ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)



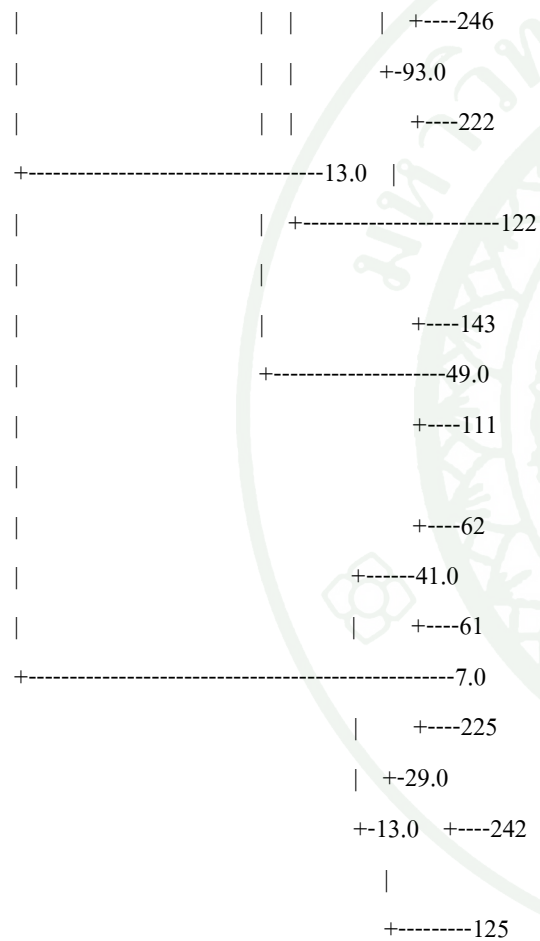
ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)



ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)



ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)



ภาพผนวกที่ ก1 (ต่อ)

ตารางผนวกที่ ก2 กลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริก 230 accessions ด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง และลักษณะการเจริญเติบโตของทรงพุ่ม จำนวนดอกต่อข้อ สิกกลีบดอก จุดสีเหลืองที่กลีบดอก ลักษณะของกลีบเลี้ยงบริเวณฐานของผลพริก และลักษณะวงแหวนบริเวณฐานของผลพริก

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
A	64	CA1334	<i>annuum</i>	Thailand	พริกขี้หนู	compact	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	126	CA1475	unknown	Laos	unknown	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	108	CA1486	<i>frutescens</i>	Laos	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
B	73	CA1385	<i>annuum</i>	Thailand	พริกขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	134	CA780	<i>annuum</i>	Thailand	พริกหยวก	erect	1-2	pendant	white	absent	intermediate	distinct
	139	CA863	unknown	Thailand	unknown	erect	1	intermediate	white	absent	smooth	distinct
	130	CA772	<i>annuum</i>	Bhutan	พริกหยวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	not clear
C	241	CA1418	<i>annuum</i>	Thailand	พริกขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	not clear
	96	CA1447	<i>annuum</i>	China	พริกหยวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	98	CA1450	<i>annuum</i>	China	พริกขี้หนู	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	28	CA1105	<i>annuum</i>	Thailand	พริกขี้หนู	erect	1	intermediate	white	absent	-	-
	142	CA918	<i>chinense</i>	Japan	อื่นๆ	erect	1	intermediate	white	absent	-	-
	115	CA1432	<i>annuum</i>	Japan	พริกขี้หนู	erect	1	pendent	white	absent	intermediate	distinct
	8	CA766	<i>annuum</i>	Thailand	พริกหยวก	erect	1	intermediate	green-white	absent	intermediate	present

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
D	150	CA940	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	erect	1	intermediate	white	absent	-	-
	148	CA931	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	4	erect	white	absent	-	-
	153	CA957	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	erect	1	pendant	white	absent	-	-
	94	CA1444	unknown	China	unknown	erect	1	pendant	white	absent	intermediate	absent
	186	CA1187	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋ฟ้า	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	184	CA1181	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	compact	2-4	erect	white	absent	intermediate	-
	168	CA1053	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	145	CA924	<i>baccatum</i>	Japan	อื่นๆ	compact	1-2	intermediate	green-white	absent	-	-
	185	CA1186	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	prostate	1	erect	white	absent	intermediate	-
	155	CA968	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	compact	4	erect	white	absent	-	-
	154	CA965	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	prostate	1	intermediate	white	absent	-	-
	18	CA923	<i>annuum</i>	Japan	หยาวก	erect	1	intermediate	white	absent	-	-
E	161	CA1023	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋ฟ้า	erect	1	pendant	white	absent	dentate	-
	132	CA777	<i>annuum</i>	China	หยาวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	distinct
	177	CA1125	unknown	Thailand	unknown	compact	1	intermediate	white	absent	-	-
	163	CA1029	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
F	160	CA1003	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	compact	1	erect	white	absent	-	-
	175	CA1110	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	erect	1	pendant	white	absent	-	-
	92	CA1433	<i>annuum</i>	Japan	จี๋หนู	compact	3-4	erect	white	absent	intermediate	not clear
	195	CA1340	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	75	CA1394	<i>annuum</i>	Japan	อื่นๆ	compact	1	erect	white	absent	intermediate	present
	200	CA1369	unknown	Thailand	unknown	compact	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	191	CA1290	unknown	Thailand	unknown	compact	1	erect	white	-	-	-
	74	CA1386	<i>frutescens</i>	Thailand	หยาวก	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	165	CA1034	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	compact	1	intermediate	Purple-white	absent	intermediate	-
	76	CA1396	<i>annuum</i>	Japan	อื่นๆ	erect	1	erect	purple	absent	intermediate	absent
G	72	CA1378	unknown	Thailand	unknown	compact	1	erect	white	absent	intermediate	not clear
	166	CA1035	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	162	CA1026	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	compact	1-3	intermediate	white	absent	intermediate	-
	127	CA1476	unknown	Laos	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	190	CA1262	<i>annuum</i>	-	หยาวก	compact	1	pendant	white	absent	intermediate	-
	172	CA1070	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	erect	1	pendant	white	absent	-	-

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
	178	CA1151	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	erect	white	absent	-	-
	171	CA1066	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	-	-
	173	CA1074	unknown	Thailand	unknown	compact	1	pendant	white	absent	-	-
	176	CA1113	<i>annuum</i>	Thailand	ซี่ฟัน	compact	1	intermediate	white	absent	-	-
	212	CA1057	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	pendant	white	absent	intermediate	-
	167	CA1049	unknown	Thailand	unknown	erect	1	pendant	purple-white	absent	intermediate	-
	164	CA1033	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	pendant	purple-white	absent	smooth	-
	174	CA1106	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	pendant	white	absent	-	-
	149	CA939	<i>annuum</i>	Thailand	ซี่ฟัน	compact	1	pendant	white	absent	-	-
	206	CA667	<i>annuum</i>	Taiwan	ซี่ฟัน	compact	1	intermediate	white	-	-	-
	205	CA645	<i>annuum</i>	China	ซี่ฟัน	prostate	1	intermediate	white	-	-	-
	204	CA1446	unknown	China	unknown	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	198	CA1350	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	156	CA972	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	-	-
	124	CA1488	<i>annuum</i>	Laos	ซี่ฟัน	compact	1	intermediate	white	-	-	-
	208	CA819	<i>annuum</i>	-	อื่นๆ	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
H	117	CA759	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	221	CA1236	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	intermediate	white	-	intermediate	-
	219	CA1222	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	218	CA1216	unknown	Taiwan	unknown	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	220	CA1223	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	erect	1	pendant	green-white	-	intermediate	-
	217	CA1210	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	erect	white	absent	intermediate	-
	201	CA1373	<i>annuum</i>	Thailand	อื่นๆ	erect	1	pendant	white	absent	intermediate	distinct
	169	CA1062	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	-	-
	216	CA1202	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	erect	white	absent	intermediate	-
	112	CA1194	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	52	CA1242	<i>annuum</i>	Taiwan	หยาบ	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	-
	49	CA1221	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	erect	1	intermediate	white	absent	dentate	-
	56	CA1257	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	42	CA1199	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	erect	white	absent	intermediate	-
	213	CA1083	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้เฝ้า	prostate	1	pendant	white	absent	-	-
	55	CA1250	<i>annuum</i>	Taiwan	ขี้หนู	compact	1	erect	white	absent	intermediate	-

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicle position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
I	20	CA942	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	intermediate	purple-white	absent	intermediate	-
	202	CA1383	unknown	Thailand	unknown	compact	1-2	intermediate	white	absent	intermediate	distinct
	183	CA1180	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	prostate	1	erect	white	absent	intermediate	-
	41	CA1195	<i>annuum</i>	Taiwan	หยาบ	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	38	CA1184	<i>annuum</i>	Taiwan	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	16	CA892	<i>annuum</i>	Japan	อื่นๆ	compact	1	erect	white	absent	-	-
	47	CA1205	<i>annuum</i>	Taiwan	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	48	CA1210	<i>annuum</i>	Taiwan	หยาบ	compact	1	erect	white	absent	intermediate	-
	45	CA1203	<i>annuum</i>	Taiwan	หยาบ	compact	1	erect	white	absent	intermediate	-
	11	CA791	<i>annuum</i>	-	หยาบ	-	-	-	-	absent	intermediate	distinct
	188	CA1124	unknown	-	unknown	-	-	-	-	-	-	-
	182	CA1165	unknown	Thailand	unknown	erect	1-2	erect	white	absent	intermediate	-
	245	CA1472	<i>annuum</i>	Laos	หยาบ	prostate	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	239	CA1400	<i>frutescens</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	erect	white	absent	smooth	not clear
	223	CA1297	<i>baccatum</i>	Taiwan	อื่นๆ	prostate	2	intermediate	white	present	intermediate	-
	240	CA1416	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	erect	white	absent	intermediate	present

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
J	31	CA1168	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1-2	erect	white	absent	intermediate	-
	244	CA1470	<i>chinense</i>	Laos	จี๋หนู	prostate	1-3	erect	green-white	absent	intermediate	absent
	203	CA1445	<i>annuum</i>	China	จี๋หนู	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	53	CA1245	<i>annuum</i>	Taiwan	อื่นๆ	compact	1	erect	purple	absent	intermediate	-
	159	CA999	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋ฟ้า	compact	1	pendant	white	absent	-	-
K	50	CA1231	<i>annuum</i>	Taiwan	จี๋ฟ้า	erect	1	pendant	white	absent	intermediate	-
	10	CA787	<i>annuum</i>	-	หยาวก	erect	1	pendant	white	absent	intermediate	present
	207	CA802	<i>annuum</i>	-	หยาวก	compact	1	erect	white	absent	intermediate	present
	193	CA1320	<i>annuum</i>	Spain	อื่นๆ	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	present
	187	CA1190	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋ฟ้า	compact	1	pendant	white	absent	intermediate	-
	93	CA1434	<i>annuum</i>	Vietnam	หยาวก	compact	2-4	erect	white	absent	intermediate	not clear
	151	CA941	<i>annuum</i>	Thailand	หยาวก	erect	1	intermediate	white	absent	-	-
	39	CA1189	<i>annuum</i>	Thailand	unknown	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	46	CA1204	<i>annuum</i>	Taiwan	อื่นๆ	compact	1	erect	purple	absent	intermediate	-
	27	CA1075	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋ฟ้า	erect	1	pendant	purple-white	absent	-	-
	95	CA1446	<i>annuum</i>	China	หยาวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
L	33	CA1171	<i>annuum</i>	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	17	CA911	<i>annuum</i>	Japan	อื่นๆ	compact	1	erect	white	absent	-	-
	147	CA929	<i>annuum</i>	Japan	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	-	-
	146	CA927	<i>annuum</i>	Japan	ซี่หยาบ	erect	4	erect	white	absent	-	-
	131	CA775	<i>annuum</i>	China	หยาบ	compact	1	pendant	white	absent	intermediate	distinct
	152	CA952	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	erect	white	absent	-	-
	129	CA763	<i>annuum</i>	Thailand	ซี่หยาบ	compact	7-8	erect	white	absent	intermediate	not clear
	128	CA758	<i>annuum</i>	Thailand	ซี่หยาบ	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	121	CA1182	unknown	Taiwan	unknown	-	1	erect	white	absent	intermediate	-
	79	CA1402	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	distinct
	170	CA1064	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	pendant	white	absent	-	-
	141	CA899	<i>annuum</i>	Japan	อื่นๆ	erect	1	erect	white	absent	-	-
	140	CA893	<i>annuum</i>	Japan	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	-	-
	210	CA906	<i>annuum</i>	Japan	ซี่ฟ้า	compact	1	pendant	white	absent	-	-
	194	CA1339	<i>annuum</i>	Thailand	ซี่หยาบ	compact	1	erect	white	absent	intermediate	not clear
	189	CA1251	<i>annuum</i>	Taiwan	ซี่หยาบ	compact	1	erect	white	-	intermediate	-

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
	136	CA815	<i>annuum</i>	-	หยาบ	erect	3-6	intermediate	white	absent	intermediate	not clear
	116	CA1249	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	erect	white	-	intermediate	-
	113	CA1218	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	-
	211	CA915	<i>annuum</i>	Japan	หนุ่ม	-	-	-	-	absent	-	-
	199	CA1353	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	pendent	white	absent	intermediate	not clear
	106	CA1473	unknown	Laos	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	179	CA1160	<i>annuum</i>	Japan	หยาบ	erect	1-3	pendant	white	absent	intermediate	-
	158	CA997	<i>annuum</i>	Taiwan	อื่นๆ	compact	1	erect	white	absent	-	-
	137	CA822	<i>annuum</i>	-	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	dentate	not clear
	133	CA779	<i>annuum</i>	China	หยาบ	compact	1	erect	white	absent	intermediate	distinct
	97	CA1448	<i>annuum</i>	China	หยาบ	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	36	CA1179	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	compact	1	erect	green-white	absent	intermediate	-
	138	CA857	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	4-6	erect	white	absent	smooth	present
	135	CA800	<i>annuum</i>	-	หยาบ	compact	1	erect	white	absent	intermediate	distinct
	19	CA925	<i>annuum</i>	Japan	หวาน	erect	1	intermediate	white	absent	-	-
	15	CA890	<i>annuum</i>	-	unknown	-	-	-	-	absent	-	-

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
M	14	CA849	<i>annuum</i>	Thailand	หวาน	compact	1	pendant	green-white	absent	intermediate	not clear
	7	CA756	<i>annuum</i>	Hungary	หยาบ	erect	1-2	-	white	-	-	present
	102	CA1463	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	103	CA1465	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	101	CA1460	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	compact	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	100	CA1456	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	104	CA1467	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	99	CA1453	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	compact	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	236	CA1376	<i>frutescens</i>	Thailand	ขี้หนู	compact	-	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	215	CA1172	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	214	CA1167	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	80	CA1403	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	87	CA1412	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	85	CA1409	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	erect	white	absent	dentate	absent
	29	CA1162	<i>annuum</i>	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	35	CA1176	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
	86	CA1410	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	not clear
	84	CA1408	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	not clear
	25	CA1000	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	-	-
	82	CA1406	<i>annuum</i>	Thailand	หยวก	compact	1	intermediate	white	absent	smooth	absent
	81	CA1405	<i>annuum</i>	Thailand	หยวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	not clear
	24	CA993	<i>annuum</i>	Thailand	หยวก	erect	1	intermediate	white	absent	-	-
	9	CA767	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	181	CA1164	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	180	CA1161	unknown	Thailand	unknown	erect	1	pendant	white	absent	intermediate	-
	157	CA977	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	-	-
	114	CA1404	<i>annuum</i>	Thailand	หยวก	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	present
	83	CA1407	<i>annuum</i>	Thailand	หยวก	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	not clear
	89	CA1420	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	absent
	34	CA1173	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	22	CA983	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	white	absent	-	-
	110	CA1485	unknown	Laos	หยวก	compact	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
N	88	CA1415	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	erect	1	erect	white	absent	intermediate	present
	32	CA1169	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	intermediate	-
	30	CA1166	<i>annuum</i>	Thailand	unknown	erect	1-2	erect	white	absent	intermediate	-
	21	CA982	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	-	-
	12	CA799	<i>annuum</i>	-	หยาบ	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	distinct
	1	CA579	<i>annuum</i>	-	unknown	-	-	-	-	-	-	-
	143	CA919	<i>baccatum</i>	Japan	อื่นๆ	erect	1	erect	green-white	absent	-	-
	111	CA746	<i>baccatum</i>	Hungary	unknown	prostate	1	-	green-white	-	-	distinct
	248	CA1586	<i>baccatum</i>	Costa Rica	อื่นๆ	erect	-	-	-	-	-	-
	246	CA1483	<i>annuum</i>	Laos	หนุ่ม	erect	1	intermediate	white	absent	intermediate	absent
	247	CA1581	<i>annuum</i>	Mexico	ขี้หนู	erect	-	-	-	-	-	-
	222	CA1253	<i>annuum</i>	Taiwan	หวาน	compact	1	intermediate	white	-	intermediate	-
	122	CA836	unknown	-	unknown	prostate	1	erect	green-white	present	dentate	not clear
	6	CA752	<i>baccatum</i>	Hungary	อื่นๆ	erect	1	erect	green-white	-	-	present
	5	CA747	<i>baccatum</i>	Hungary	อื่นๆ	compact	1	erect	green-white	-	-	present
O	242	CA1435	<i>annuum</i>	Thailand	หยาบ	compact	1	pendant	white	absent	intermediat	absent

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
P	225	CA1308	<i>frutescens</i>	Vietnam	ขี้หนู	erect	1	erect	green-white	absent	-	-
	125	CA1325	<i>chinense</i>	Bolivia	อื่นๆ	compact	1-3	intermediate	green-white	absent	intermediate	absent
	62	CA1330	<i>chinense</i>	Thailand	unknown	compact	2-4	erect	green-white	absent	dentate	not clear
	61	CA1327	<i>chinense</i>	Costa Rica	อื่นๆ	compact	1-3	intermediate	green-white	absent	intermediate	absent
	3	CA743	<i>chinense</i>	Hungary	อื่นๆ	compact	2	erect	green-white	-	-	present
	243	CA1437	<i>chinense</i>	Philippines	อื่นๆ	compact	1-5	erect	green-white	absent	intermediate	distinct
	237	CA1386	<i>annuum</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1	erect	white	absent	dentate	absent
	233	CA1349	<i>chinense</i>	Thailand	ขี้หนู	prostate	1	erect	green-white	absent	intermediate	present
	238	CA1398	<i>frutescens</i>	Thailand	ขี้หนู	erect	1-2	erect	green-white	absent	intermediate	absent
	232	CA1347	<i>frutescens</i>	Thailand	ขี้หนู	compact	-	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	231	CA1345	<i>chinense</i>	Thailand	ขี้หนู	prostate	1	erect	green-white	absent	intermediate	present
	228	CA1335	<i>frutescens</i>	Thailand	ขี้หนู	prostate	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	227	CA1323	<i>frutescens</i>	Columbia	ขี้หนู	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	235	CA1370	<i>frutescens</i>	Thailand	ขี้หนู	prostate	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	234	CA1352	<i>frutescens</i>	Thailand	ขี้หนู	compact	-	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	226	CA1319	<i>chinense</i>	Peru	อื่นๆ	compact	1-4	erect	green-white	absent	smooth	absent

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicel position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
Q	229	CA1343	<i>frutescens</i>	Thailand	จี๋หนู	prostate	1	erect	green-white	absent	-	-
	230	CA1344	<i>frutescens</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	224	CA1298	<i>annuum</i>	Taiwan	จี๋ฟ้า	erect	1	erect	white	-	intermediate	-
	209	CA875	<i>frutescens</i>	-	จี๋หนู	erect	1-2	erect	green-white	absent	smooth	absent
	197	CA1348	<i>frutescens</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	123	CA1487	<i>frutescens</i>	Laos	จี๋หนู	erect	1	erect	green-white	-	-	-
	120	CA988	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	green-white	-	-	-
	119	CA1365	unknown	Thailand	unknown	erect	1-2	erect	green-white	absent	dentate	not clear
	118	CA1352	unknown	Thailand	unknown	compact	-	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	90	CA1429	<i>annuum</i>	Thailand	จี๋หนู	erect	1-2	intermediate	green-white	absent	intermediate	not clear
	77	CA1399	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	white	absent	intermediate	distinct
	78	CA1400	<i>frutescens</i>	Thailand	จี๋หนู	compact	1	erect	white	absent	smooth	not clear
	65	CA1336	unknown	Thailand	unknown	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	absent
	105	CA1469	unknown	Laos	unknown	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	absent
	109	CA1479	<i>annuum</i>	Laos	หยวก	erect	1	pendant	white	absent	intermediate	absent
	71	CA1376	unknown	Thailand	unknown	compact	-	erect	green-white	absent	intermediate	not clear

ตารางผนวกที่ ก2 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Species	Origin	Fruit type	Plant growth habit	Number of flower/axis	Pedicle position	Corolla color	Corolla spot	Calyx margin shape	Calyx annular constriction
	67	CA1351	<i>frutescens</i>	Thailand	พื้หนู	erect	1-2	erect	green-white	absent	dentate	distinct
	66	CA1347	unknown	Thailand	unknown	compact	-	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	70	CA1365	unknown	Thailand	unknown	erect	1-2	erect	green-white	absent	dentate	not clear
	69	CA1361	<i>frutescens</i>	Thailand	พื้หนู	erect	1	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	63	CA1332	unknown	Thailand	unknown	erect	1-2	erect	green-white	absent	intermediate	not clear
	23	CA985	<i>frutescens</i>	Thailand	unknown	-	-	erect	green-white	absent	-	-
	26	CA1032	<i>frutescens</i>	Thailand	พื้หนู	compact	1	erect	green-white	absent	intermediate	-
	2	CA735	<i>frutescens</i>	-	unknown	-	-	-	-	absent	intermediate	present

หมายเหตุ: ดูหลักในการบันทึกข้อมูลลักษณะทางด้านพืชสวน (IBPGR, 1983) ในภาคผนวก ข

ตารางผนวกที่ ก3 กลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุ์กรรมพริก 230 accessions ด้วย
เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง และลักษณะการจัดวางตำแหน่ง
ของผล สีผลเมื่อโตเต็มที่ สีผลแก่ และรูปทรงผล

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
A	64	CA1334	erect	green	red	elongate
	126	CA1475	declining	green	red	elongate
	108	CA1486	erect	green	red	elongate
B	73	CA1385	erect	green	red	elongate
	134	CA780	pendant	green	red	elongate
	139	CA863	intermediate	green	red	oblate
C	130	CA772	intermediate	green	red	bell or blocky
	241	CA1418	erect	green	red	elongate
	96	CA1447	intermediate	green	red	elongate
D	98	CA1450	intermediate	green	red	campanulate
	28	CA1105	declining	green	red	elongate
	142	CA918	intermediate	green	-	bell or blocky
	115	CA1432	intermediate	green	red	elongate
	8	CA766	intermediate	green	-	bell or blocky
	150	CA940	intermediate	green	orange	elongate
	148	CA931	erect	yellow	red	elongate
	153	CA957	declining	green	red	elongate
	94	CA1444	declining	green	red	elongate
	186	CA1187	pendant	green	red	elongate
	184	CA1181	erect	green	red	elongate
	168	CA1053	declining	green	red	elongate
E	145	CA924	declining	green	-	campanulate
	185	CA1186	erect	green	red	elongate
	155	CA968	erect	green	orange	elongate
	154	CA965	declining	green	orange	elongate
	18	CA923	intermediate	green	-	conical
	161	CA1023	declining	green	red	elongate
	132	CA777	declining	green	red	conical

ตารางผนวกที่ ก3 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
F	177	CA1125	declining	green	red	conical
	163	CA1029	declining	green	red	elongate
	160	CA1003	erect	green	red	elongate
	175	CA1110	declining	green	red	elongate
	92	CA1433	erect	green	red	elongate
	195	CA1340	erect	green	red	elongate
	75	CA1394	erect	green	red	elongate
	200	CA1369	erect	green	red	elongate
	191	CA1290	erect	green	red and orange	elongate
	74	CA1386	erect	green	red	elongate
	165	CA1034	declining	green	red	elongate
	76	CA1396	erect	green	red	oblate
	72	CA1378	erect	green	red	elongate
G	166	CA1035	declining	green	red	elongate
	162	CA1026	declining	green	red	conical
	127	CA1476	erect	green	red	elongate
	190	CA1262	pendant	green	red	elongate
	172	CA1070	declining	green	red	conical
	178	CA1151	intermediate	green	red	conical
	171	CA1066	declining	green	red	elongate
	173	CA1074	declining	green	red	elongate
	176	CA1113	declining	green	red	elongate
	212	CA1057	declining	green	red	conical
	167	CA1049	declining	green	red	elongate
	164	CA1033	declining	green	red	elongate
	174	CA1106	declining	green	red	elongate
	149	CA939	declining	green	red	elongate
	206	CA667	intermediate	green	-	campanulate
	205	CA645	intermediate	green	red	elongate
	204	CA1446	intermediate	green	red	campanulate

ตารางผนวกที่ ก3 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
H	198	CA1350	Erect	green	red	elongate
	156	CA972	declining	green	red	elongate
	124	CA1488	intermediate	green	red	elongate
	208	CA819	erect	yellow	-	conical
	117	CA759	erect	green	red	elongate
	221	CA1236	pendant	green	red	bell or blocky
	219	CA1222	intermediate	-	orange	bell or blocky
	218	CA 1216	intermediate	green	red	bell or blocky
	220	CA1223	pendant	green	red	elongate
	217	CA1210	intermediate	green	red	bell or blocky
	201	CA1373	declining	green	red	round
	169	CA1062	declining	green	red	elongate
	216	CA1202	erect	green	-	bell or blocky
	112	CA1194	intermediate	green	red and orange	bell or blocky
	52	CA1242	erect	green	orange	bell or blocky
	49	CA1221	erect	green	red	conical
	56	CA1257	erect	green	red	bell or blocky
	42	CA1199	erect	green	red	bell or blocky
	213	CA1083	intermediate	green	red	-
	55	CA1250	erect	green	red	conical
	20	CA942	declining	green	orange	conical
	202	CA1383	declining	green	red	bell or blocky
	183	CA1180	erect	green	red	elongate
	41	CA1195	erect	green	red	conical
	38	CA1184	intermediate	green	red and orange	bell or blocky
	16	CA892	erect	yellow	red	round
	47	CA1205	intermediate	green	red	bell or blocky
	48	CA1210	intermediate	green	red	bell or blocky
	45	CA1203	intermediate	green	red and orange	bell or blocky
	11	CA791	-	-	-	-

ตารางผนวกที่ ก3 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
I	188	1124CA	-	-	-	-
	182	CA1165	erect	green	red	elongate
	245	CA1472	intermediate	green	red	elongate
	239	CA1400	erect	green	red	elongate
	223	CA1297	intermediate	green	red	elongate
	240	CA1416	erect	green	red	elongate
	31	CA1168	erect	green	red	elongate
J	244	CA1470	erect	green	red	elongate
	203	CA1445	intermediate	green	red	campanulate
	53	CA1245	erect	purple	red and orange	conical
	159	CA999	declining	green	-	elongate
	50	CA1231	pendant	green	red	elongate
	10	CA787	intermediate	green	red	elongate
K	207	CA802	intermediate	green	red	elongate
	193	CA1320	declining	green	red	round
	187	CA1190	pendant	green	red	elongate
	93	CA1434	erect	green	red	elongate
	151	CA941	declining	green	orange	elongate
	39	CA1189	pendant	green	yellow	elongate
	46	CA1204	erect	purple	red	conical
	27	CA1075	declining	green	red	elongate
	95	CA1446	intermediate	green	red	campanulate
	33	CA1171	erect	green	red	elongate
	17	CA911	erect	yellow	red	elongate
L	147	CA929	intermediate	green	red	bell or blocky
	146	CA927	erect	green	red	elongate
	131	CA775	intermediate	green	red	conical
	152	CA952	intermediate	green	orange	conical
	129	CA763	erect	yellow	red	elongate
	128	CA758	erect	green	-	elongate

ตารางผนวกที่ ก3 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
	121	CA1182	intermediate	green	orange	bell or blocky
	79	CA1402	intermediate	green	orange	elongate
	170	CA1064	declining	green	red	elongate
	141	CA899	erect	green	-	round
	140	CA893	declining	green	red	elongate
	210	CA906	pendant	green	red and orange	elongate
	194	CA1339	erect	green	red	elongate
	189	CA1251	erect	green	red	elongate
	136	CA815	declining	green	red	conical
	116	CA1249	erect	green	orange and yellow	bell or blocky
	113	CA1218	pendant	green	red and orange	bell or blocky
	211	CA915	-	-	-	-
	199	CA1353	declining	green	red	conical
	106	CA1473	erect	green	red	elongate
	179	CA1160	pendant	green	red	elongate
	158	CA997	erect	green	orange	elongate
	137	CA822	erect	green	red	elongate
	133	CA779	intermediate	green	red	bell or blocky
	97	CA1448	intermediate	green	red	elongate
	36	CA1179	erect	green	red	elongate
	138	CA857	declining	green	red	elongate
	135	CA800	intermediate	green	red	elongate
	19	CA925	declining	green	orange	bell or blocky
	15	CA890	-	-	-	-
	14	CA849	erect	green	red	elongate
	7	CA756	intermediate	green	red	conical
M	102	CA1463	erect	yellow	red	elongate
	103	CA1465	erect	yellow	red	elongate
	101	CA1460	erect	yellow	red	elongate
	100	CA1456	erect	yellow	red	elongate

ตารางผนวกที่ ก3 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
	104	CA1467	erect	yellow	red	elongate
	99	CA1453	erect	yellow	red	elongate
	236	CA1376	erect	green	-	elongate
	215	CA1172	erect	green	red	elongate
	214	CA1167	erect	green	red	elongate
	80	CA1403	intermediate	green	orange	elongate
	87	CA1412	erect	green	red	elongate
	85	CA1409	intermediate	green	orange	elongate
	29	CA1162	erect	green	red	elongate
	35	CA1176	erect	green	red	elongate
	86	CA1410	intermediate	green	orange	elongate
	84	CA1408	declining	green	orange	elongate
	25	CA1000	erect	green	red	elongate
	82	CA1406	declining	green	orange	elongate
	81	CA1405	declining	green	orange	elongate
	24	CA993	declining	green	red	elongate
	9	CA767	erect	green	red	elongate
	181	CA1164	erect	green	red	elongate
	180	CA1161	erect	green	red	elongate
	157	CA977	erect	green	red	elongate
	114	CA1404	erect	green	orange	elongate
	83	CA1407	declining	green	orange	elongate
	89	CA1420	erect	green	red	elongate
	34	CA1173	erect	green	red	elongate
	22	CA983	erect	green	red	elongate
	110	CA1485	declining	green	red	elongate
	88	CA1415	erect	green	red	elongate
	32	CA1169	erect	green	red	elongate
	30	CA1166	erect	green	red	elongate
	21	CA982	erect	green	red	elongate

ตารางผนวกที่ ก3 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
N	12	CA799	declining	green	red	elongate
	1	CA579	-	-	-	-
	143	CA919	erect	yellow	-	conical
	111	CA746	-	green	red	oblate
	248	CA1586	intermediate	green	yellow	elongate
	246	CA1483	intermediate	green	red	elongate
	247	CA1581	-	-	-	-
	222	CA1253	intermediate	green	red	bell or blocky
O	122	CA836	intermediate	green	orange	oblate
	6	CA752	erect	green	red	conical
	5	CA747	intermediate	green	red and brown	round
	242	CA1435	pendant	green	red	elongate
	225	CA1308	erect	green	red	elongate
	125	CA1325	declining	green	red	oblate
	62	CA1330	Intermediate	green	red	campanulate
	61	CA1327	intermediate	green	red	campanulate
P	3	CA743	-	green	yellow	oblate
	243	CA1437	intermediate	green	red and orange	campanulate
	237	CA1386	erect	green	red	elongate
	233	CA1349	-	green	red	elongate
	238	CA1398	pendant	green	red and orange	elongate
	232	CA1347	erect	green	red	elongate
	231	CA1345	erect	green	red	elongate
	228	CA1335	erect	green	orange	elongate
	227	CA1323	erect	green	red	elongate
	235	CA1370	erect	green	red and orange	elongate
	234	CA1352	erect	green	red	elongate
	226	CA1319	erect	green	orange	round
	229	CA1343	erect	green	red	elongate
	230	CA1344	erect	green	red and orange	elongate

ตารางผนวกที่ ก3 (ต่อ)

Group	Code	Acc.no.	Fruit position	Fruit color at mature	Fruit color at ripen	Fruit shape
Q	224	CA1298	pendant	green	red	oblate
	209	CA875	erect	green	red	elongate
	197	CA1348	erect	green	red	elongate
	123	CA1487	erect	green	red	elongate
	120	CA988	erect	green	-	elongate
	119	CA1365	intermediate	green	red and orange	elongate
	118	CA1352	erect	green	red	elongate
	90	CA1429	erect	green	red	elongate
	77	CA1399	intermediate	green	red	conical
	78	CA1400	erect	green	red	elongate
	65	CA1336	Erect	green	red and orange	elongate
	105	CA1469	erect	yellow	red	elongate
	109	CA1479	declining	green	red	elongate
	71	CA1376	erect	green	-	elongate
	67	CA1351	erect	green	red	elongate
	66	CA1347	erect	green	red	elongate
	70	CA1365	intermediate	green	red and orange	elongate
	69	CA1361	erect	green	red	elongate
	63	CA1332	erect	-	red	elongate
	23	CA985	erect	yellow	-	elongate
	26	CA1032	erect	green	-	elongate
	2	CA735	-	-	-	-

หมายเหตุ: คู่มือในการบันทึกข้อมูลลักษณะทางด้านพืชสวน (IBPGR, 1983) ในภาคผนวก ข

ตารางผนวกที่ ก4 กลุ่มเชื้อพันธุกรรมหลักแสดงให้เห็นรูปแบบอัลลีลที่ปรากฏเมื่อตรวจสอบด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง

Acc. no.	เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์									
	GPMS171	CA519548	BM067271	CA512275	CA516439	CA524065	CA516334	GPMS159	Hpms1-148	Hpms1-143
CA722	293,319,323	189	277	99	167	237	258	282	185,195	245
CA743	323	187	295	93	159	231	231	282,312	185,207	219
CA747	319	189	310	87	159	211	231	290	207,211	-
CA752	319	189	310	87	159	225	231	290	195,207	-
CA759	319	189,193	277,295,304	99	169	237	258	282,290	185,195	171
CA775	293,319,323	189	304	101	169	231,237,240	240	290	185,195	219
CA787	293	189	295	99	159,169	243	249	282,290	185,195	-
CA931	293	189	277,295,304	101	159	240,243	249	282,290	207	219
CA977	319,323	189	304	99	159	-	258	290	185,195	219
CA985	289	187	316	93	143	225	231	290,312	185,211	171
CA1066	293	189	295,304	105	159	237	258	282	185,195,211	219
CA1074	293,319	189	304	105	167	225	258	290	185,195,211	219
CA1106	293	189	277,295,304	101	143,167,169	237,240	258	282	185,195,207,211	219

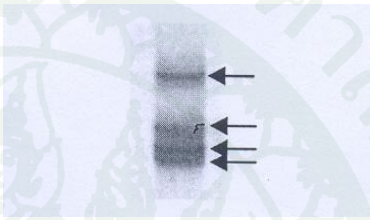
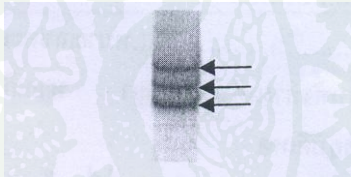
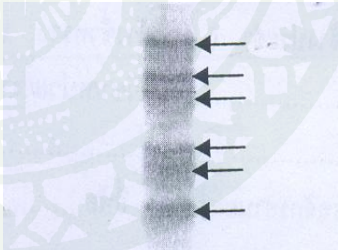
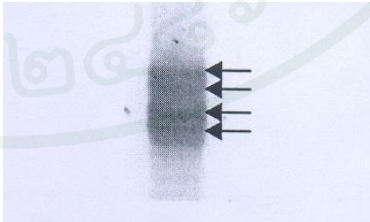
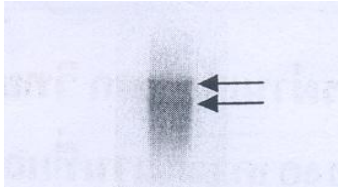
ตารางผนวกที่ 4 (ต่อ)

เครื่องหมายไมโครเซกเทิลไลท์										
Acc. no.	GPMS171	CA519548	BM067271	CA512275	CA516439	CA524065	CA516334	GPMS159	Hpms1-148	Hpms1-143
CA1113	293	189	295	105	167,169	240,243	258	288	185,195,211	219
CA1125	319	189	295	101	159	240	249	312	185,195,211	245
CA1334	289,323	189	304	87,105	169	231,237	231	288	185,195	245
CA1336	289	187	316	87	159	231	231,249	282,312	185,211	171
CA1339	293	189	304	99	159,167	240	258	288	185,195,207,211	219
CA1350	293	189	277,295,304	101	159,167,169	237	249	282,288	185,195,211	219
CA1352	293	187	310	91	143,159	231	231	312	185,195	171
CA1376	319	189	304	91,99	169	237,240	231,249	288	185,195	219
CA1386	319	189	310	91	143,169	237	231	288	185,195,207	171
CA1435	-	187	304	93	167	211	240	288	185,195,207	219
CA1437	289	187	-	91	143,159	211,237	231	288	185,207	171
CA1470	293,323	193	277,295,304	99	159,169	211,243	231,249	288	185,195,211	219
CA1475	319	193	277,295	105	169	237	258	288	185,207	219

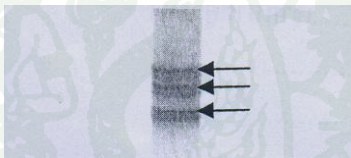
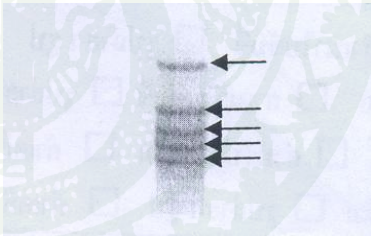
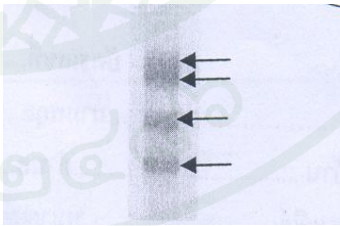
ตารางผนวกที่ ก4 (ต่อ)

เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์										
Acc. no.	GPMS171	CA519548	BM067271	CA512275	CA516439	CA524065	CA516334	GPMS159	Hpms1-148	Hpms1-143
CA1476	319	189	304	99,105	169	237	258	288	185,211	219
CA1483	319	189	295	87	159	211	231	282	185,207,211	-

ตารางผนวกที่ ก5 Allelic Ladder ที่ใช้ในการเปรียบเทียบขนาดอัลลีล ได้รับจาก รศ.ดร. จุลภาค
 คุ่นวงศ์ (ข้อมูลไม่ได้ตีพิมพ์)

Primer	Clone#	Acc.	Ladder	Size
GPMS 171	E1-4	CA924		322.79
	E3-3	CA773		293.56
	E4-7	CA1324		288.46
CA 519548	3-10	CA918		203.29
	6-9	CA940		192.77
	4-10	CA919		189.27
	2-1	CA1057		187.33
BM 067271	D1-3	CA1317		315.76
	D3-1	CA758		304.84
	D5-9	CA957		293.51
CA 515275	C1-9	CA1057		105.35
	C2-1	CA779		101.34
	C3-1	CA758		99.29
	C4-7	CA918		93.92
	C5-3	CA1317		92.18
	C6-2	CA893		87.89
CA 516439	6-7	CA952		169
	5-4	CA939		166.45
	1-7	CA822		161.81
	1-6	CA822		159.89
Hpms 1-143	A2-1	CA1062		224.33
	A5-6	CA857		218.37

ตารางผนวกที่ ก5 (ต่อ)

Primer	Clone#	Acc.	Ladder	Size
CA 524065	6-1	CA1164		239.35
	5-9	CA1029		237.21
	1-1	CA893		235.05
	4-6	CA941		232.47
	5-8	CA1029		230.33
	7-4	CA1348		226.26
	8-7	CA919		221.98
	2-8	CA924		216.67
CA 516334	F1-9	CA1035		257.49
	F3-9	CA779		249.63
	F5-10	CA893		240.25
GPMS 159	4-27	CA800		325.53
	1-3	CA758		299.19
	6-3	CA924		289.85
	9-5	CA939		281.61
	8-2	CA919		274.47
Hpms 1-148	B2a-7	CA1348		211.41
	B2b-1	C!1348		207.22
	B4-1	CA779		194.92
	B6-1	CA1317		183.86

ตารางผนวกที่ 6 จำนวนและความถี่อัลลีลของเครื่องหมายชนิดไมโครแซทเทลไลท์ 10 ตำแหน่ง
ในเชื้อพันธุ์กรรมพริก 230 accessions

เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลท์	ขนาดของ อัลลีล	จำนวนอัลลีลแต่ละ ตำแหน่ง	ความถี่อัลลีล แต่ละตำแหน่ง
GPMS171	289	19	0.08
	293	127	0.52
	319	80	0.33
	323	16	0.07
CA519548	187	38	0.15
	189	166	0.67
	193	42	0.17
BM067271	277	34	0.11
	295	61	0.20
	304	156	0.51
	310	32	0.10
	316	23	0.08
CA512275	87	23	0.10
	91	25	0.11
	93	9	0.04
	99	105	0.47
	101	40	0.18
	105	22	0.10
CA516439	143	26	0.10
	159	103	0.41
	167	81	0.32
	169	44	0.17

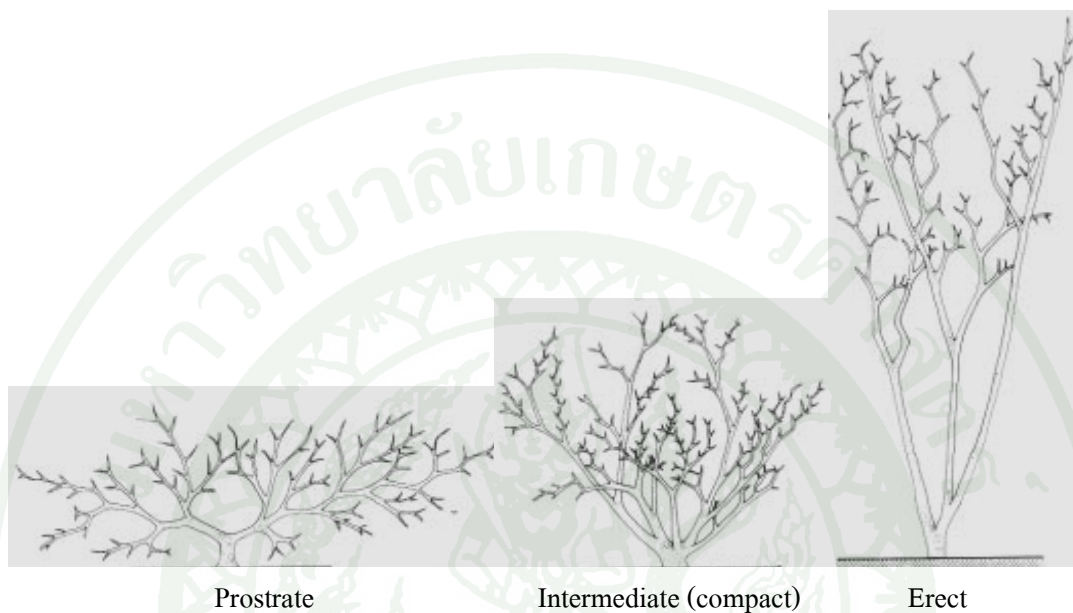
ตารางผนวกที่ ก6 (ต่อ)

เครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลท์	ขนาดของ อัลลีล	จำนวนอัลลีลแต่ละ ตำแหน่ง	ความถี่อัลลีล แต่ละตำแหน่ง
CA52065	211	11	0.05
	225	7	0.03
	231	27	0.11
	237	121	0.51
	240	49	0.21
	243	20	0.09
CA516334	231	59	0.25
	240	20	0.09
	249	103	0.44
	258	51	0.22
GPMS159	282	35	0.13
	288	180	0.69
	312	45	0.17
Hpms1-148	185	220	0.43
	195	157	0.31
	207	62	0.12
Hpms1-143	211	72	0.14
	171	34	0.15
	219	140	0.63
	245	47	0.21



หลักในการบันทึกข้อมูลลักษณะทางด้านพืชสวน (IBPGR, 1983)

1. Plant growth habit



2. Number of flower per axil

3. Flower position



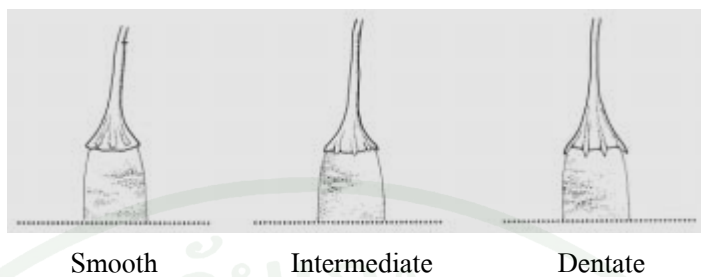
4. Corolla color

White, Green- white, Lavender, Blue, Violet (purple) and Other

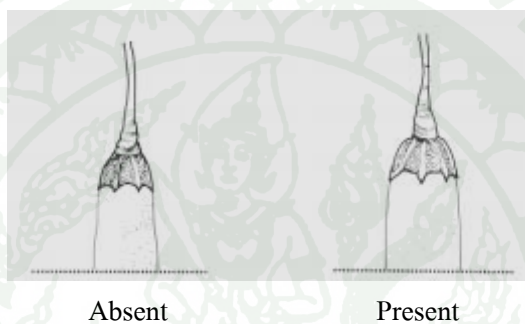
5. Corolla spot

Absent and Present

6. Calyx margin



7. Calyx annular constriction



8. Fruit color at immature stage

Green, Yellow, Orange, Red, Purple, Brown, Black and Other

9. Fruit color at mature stage

Green, Yellow, Orange, Red, Purple, Brown, Black and Other

10. Fruit shape





Round



Conical



Campanulate



Bell or blocky

ประวัติการศึกษา และการทำงาน

ชื่อ	นางสาวสุนทรี หาญยงค์
เกิดวันที่	15 กรกฎาคม 2527
สถานที่เกิด	สกลนคร
ประวัติการศึกษา	ปริญญาตรี วิทยาศาสตร์บัณฑิต (ทรัพยากรเกษตรชีวภาพ)
ตำแหน่งงานปัจจุบัน	-
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	-
ผลงานดีเด่นและรางวัลทางวิชาการ	สุนทรี หาญยงค์ และ อรรรัตน์ มงคลพร. 2552. ความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพริกโดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์. วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร. 40 (3) (พิเศษ), 23-26.
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	-