

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

พริก (*Capsicum* spp.) เป็นพืชผักและเครื่องเทศที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของโลก
ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน รวบรวมเชื้อ
พันธุกรรมพริกไว้มากกว่า 2,000 accession จึงมีความประสงค์ที่จะศึกษาความหลากหลายของเชื้อ
พันธุกรรมเพื่อนำไปสู่การจัดเชื้อพันธุกรรมหลัก (core collection) ซึ่งจะช่วยให้การบริหารจัดการ
เชื้อพันธุกรรมพริกมีประสิทธิภาพและลดค่าใช้จ่ายในการดำเนินงาน จึงเป็นที่มาของการนำเทคนิค
ไมโครแซทเทลไลท์มาช่วยจัดแบ่งกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริก โดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์ที่ได้รับการ
วางตำแหน่งบนแผนที่โครโมโซมของพริกแล้ว จำนวน 10 ตำแหน่ง เพื่อประเมินความหลากหลาย
ทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมพริกจำนวน 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 สามารถจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมพริกได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ดังนี้ กลุ่ม I
ส่วนใหญ่เป็นพริกกลุ่ม *C. annuum* และกลุ่ม II เป็นพริก species อื่นๆ ได้แก่ *C. frutescens*,
C. chinense และ *C. baccatum* ค่า cophenetic correlation มีค่าเท่ากับ 0.81 ถือว่าเป็นการจัดกลุ่มที่ดี
ใช้โปรแกรม PowerCore ช่วยเลือกตัวแทนเชื้อพันธุกรรมมาจัดเป็นเชื้อพันธุกรรมหลักได้จำนวน
28 accession ซึ่งยังคงระดับความหลากหลายเดียวกันกับเชื้อพันธุกรรมพริกทั้ง 230 accession