217938

หม่อน (*Morus* spp.) เป็นพืชอาหารที่ดีที่สุดของหนอนไหม (*Bombyx mori* L.) และยังจัดเป็นพืชสารพัดประโยชน์ที่สามารถนำทุกส่วนของต้นไปใช้ในด้านต่างๆ ได้อย่างหลากหลาย การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของหม่อนจะช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถคัดเลือกสายพันธุ์มาใช้ประโยชน์ได้อย่างเหมาะสม โดยที่ในปัจจุบันยังมีความสับสนเกี่ยวกับระบบการจัดจำแนกหม่อนและทำให้เกิดความยุ่งยากในการเรียกชื่อ ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อ ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของหม่อน 53 สายต้น ซึ่งประกอบด้วยหม่อนพันธุ์ปลูก 44 สายต้นและหม่อนป่า 9 สายต้น โดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและการวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคเอพี – พีซีอาร์ ทำการทดลองที่ศูนย์หม่อนไหมเฉลิมพระเกียรติฯ อุดรธานี หมวดไม้ผล คณะเกษตรศาสตร์ และห้องปฏิบัติการกลาง2 ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ในระหว่างปี พ.ศ. 2548 – 2550 บันทึกข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยา 26 ลักษณะได้แก่ ตำแหน่งตา รูปร่างตา จำนวนตาข้าง ข้อปล้อง สีกิ่ง ผิวกิ่ง เพศ ความยาวของก้านเกสรเพศเมีย รูปร่างใบ จำนวนแฉกของใบ ปลายใบ ขอบใบ ฐานใบ ผิวใบ รอยย่นของใบ การเรียงตัวของใบ รอยแผลก้านใบ สีใบ ขนาดใบ สีผลสุก รูปร่างผล น้ำหนักต่อผลเฉลี่ย ความกว้างผลเฉลี่ย ความยาวผลเฉลี่ย รูปร่างเมล็ดและขนาดเมล็ด วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม NTSYSpc version 2.10p โดยใช้วิธี simple matching coefficient มีค่าความเหมือนทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.4898 – 1.000 สร้าง dendrogram โดยวิธี UPGMA พบว่า สามารถแยกหม่อนป่าและหม่อนพันธุ์ปลูกได้ค่อนข้างชัดเจน โดยแบ่งหม่อนออกได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่ม A (แยกเป็นกลุ่มย่อย a.1, a.2 และ a.3), กลุ่ม B และ กลุ่ม C (หม่อนป่า 7 สายต้น) ที่มีลักษณะทางสัณฐานบางประการร่วมกัน

การศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรมโดยการวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเทคนิคเอพี – พีซีอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม จำนวน 9 ชนิด (ขนาด 17 – 20 เบส) พบว่า สามารถสังเคราะห์ดีเอ็นเอได้ทั้งสิ้น 140 แถบที่มีขนาดอยู่ในช่วงระหว่าง 236 - 1,885 คู่เบส เกิดแถบที่เฉพาะเจาะจงต่อสายต้นจำนวน 13 แถบ จาก 7 ไพรเมอร์ ทำการวิเคราะห์ข้อมูลเช่นเดียวกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา พบว่า มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.6286 - 0.9071 และจัดกลุ่มหม่อนออกได้เป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยหม่อนพันธุ์ปลูกทั้งหมด (แยกเป็นกลุ่มย่อย 1.1, 1.2 และ 1.3) ส่วนกลุ่มที่ 2, 3, 4 และ 5 ประกอบด้วยหม่อนป่าที่มีแหล่งกำเนิดและที่มาของสายต้นแตกต่างกัน ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่า สามารถแยกหม่อนป่าออกจากหม่อนพันธุ์ปลูกได้อย่างชัดเจน ทั้งนี้การแบ่งกลุ่มหม่อนจากข้อมูลทางสัณฐานวิทยาในกลุ่ม a.1 มีความสอดคล้องของสายต้นหม่อนกับกลุ่ม 1.1 จากข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ข้อมูลที่ได้จากการทดลองสามารถนำไปใช้สำหรับการปรับปรุงพันธุ์หม่อนผลสดได้ต่อไป

Mulberry is the best food for silkworm (*Bombyx mori* L.). Additionally, mulberry plant part can be used in various commodities. Hence, genetic diversity of mulberry can help the mulberry breeders to identify mulberry classification for any specific purposes. Classification of mulberry plants has not been well-established and caused the complexity in nomenclature. This study was set up to investigate the diversity of 53 mulberry accessions comprising 44 accessions as cultivated mulberry and 9 accessions as wild mulberry plants based on morphological traits and Arbitrary Primed Polymerase Chain Reaction (AP-PCR) fingerprint technique. The experiment was conducted at The Queen Sirikit Sericulture Center (Udonthani), Fruit Crop Division, Faculty of Agriculture, and the Central Laboratory II Biology Department, Faculty of Science Khon Kaen University in 2005-2007. The 26 morphological characteristics of mulberry plants were recorded as follows: bud position, bud form, number of accessory buds, internode form, branch color, branch texture, sex expression, style length, leaf form, lobe, leaf apex, leaf margin, leaf base, leaf texture, leaf wrinkle, phyllotaxy, leaf scar, leaf color, leaf size, fruit color, fruit shape, weight per fruit, fruit width, fruit length, seed shape and seed size. All these characteristics were analyzed for genetic relationships by using NTSYSpc Program Version 2.10p. The comparative of genetic similarity was evaluated by simple matching coefficient methods which have the genetic similarity coefficient was in the range of 0.4898-1.000. The entire similarity index was brought to draw dendrogram based on UPGMA cluster analysis. The results indicated that the wild mulberry accessions was clearly distinguished from the cultivated mulberry accessions. The mulberry plants can be divided into 3 groups as group A (divided into subgroup a.1, a.2, a.3), group B and group C (7 wild mulberry accessions) which shared some morphological characteristics together.

For AP - PCR fingerprint technique, using 9 (17-20 bases) arbitrary primers. It was found that a total number of 140 bands were amplified, varying from 236 to 1,885 bp. There were 13 accessions–specific bands from 7 primers. Data analysis as morphological. The genetic similarity coefficient was in the range of 0.6286-0.9071. The mulberry accessions can be classified into 5 groups as group 1 comprising all cultivated mulberry accessions (divided into sub group as 1.1. 1.2 and 1.3); whereas group 2, 3, 4 and 5 comprising wild mulberry accessions from different origins. The result also showed that the wild mulberry accessions was clearly different from cultivated mulberry accessions. The mulberry group a.1 based on morphological traits has closely relationship with group 1.1 classified by DNA fingerprint analysis. Hence, the results could be used to future considerations for mulberry improvement.