217331

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของหม่อนจะช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถคัดเลือกสายพันธุ์มาใช้ประโยชน์ได้อย่างเหมาะสมโดยที่ในปัจจุบันยังมีความสับสนเกี่ยวกับระบบการจัดจำแนกหม่อน การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของหม่อนป่า 18 สายต้น เปรียบเทียบกับปอสา 1 สายต้น โดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและการวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคทัชดาวน์ – พีซีอาร์ ร่วมกับไพร์เมอร์ ISSR ชนิด Degenerated primer ทำการทดลองที่ สถานีฝึกทดลองและฝึกอบรมเกษตรกรรม เฉื่อนจุฬาภรณ์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น หมวดไม้ผล ภาควิชาพืชสวน คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น และ ห้องปฏิบัติการทางอณูชีววิทยา ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น ในระหว่างปี พ.ศ. 2548 – 2550 บันทึกข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยา 15 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะที่ติดบนกิ่งของตา รูปร่างตา ขนาดใบ รูปร่างใบ ขนาดมุมของฐานใบ ขนาดมุมของปลายใบ ลักษณะของฐานใบ ลักษณะปลายใบ ลักษณะขอบใบ ส่วนเว้าของใบ จำนวนรอยหยัก จำนวนรอยหยัก/ซม. รูปแบบของผิวใบ รอยย่นของใบ ผิวกิ่ง และ ข้อปล้อง วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม NTSYSpc version 2.10p โดยใช้วิธี simple matching coefficient มีค่าความเหมือนทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.031 – 0.773 สร้าง dendrogram โดยวิธี UPGMA พบว่าสามารถแยกพันธุ์ป่า และ ปอสา ออกจากกันได้อย่างชัดเจน โดยแบ่งหม่อนออกได้เป็น 5 กลุ่ม คือ กลุ่ม I, II III, IV และ V ที่มีลักษณะทางสัณฐานบางประการร่วมกัน ส่วนปอสาถูกแยกกลุ่มออกจากกลุ่มหม่อนอย่างชัดเจน

การศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรมโดยการวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากเทคนิคทัชดาวน์ – พีซีอาร์ ร่วมกับไพร์เมอร์ ISSR ชนิดดีเจเนเรต ไพร์เมอร์ จำนวน 21 สาย พบว่า สามารถสังเคราะห์ดีเอ็นเอได้ทั้งสิ้น 380 แถบ มีค่าเฉลี่ย 18.10 แถบต่อไพรเมอร์โดยมีขนาดอยู่ในช่วงระหว่าง 192 - 3,084 คู่เบส เป็นตำแหน่งดีเอ็นเอชนิดคงที่ 8 แถบ และตำแหน่งดีเอ็นเอชนิดแปรปรวน 372 แถบ คิดเป็น 97.85% ของตำแหน่งดีเอ็นเอชนิดแปรปรวน ทำการวิเคราะห์ข้อมูลเช่นเดียวกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา พบว่าสามารถแยกหม่อนป่าออกจากกันรวมทั้งแยกออกจากกลุ่มปอสาได้อย่างชัดเจน มีค่าสัมประสิทธิ์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.188 - 0.929 และจัดกลุ่มได้เป็น 2 กลุ่ม คือ A (I, II)และ B (I, II, III) ซึ่งทั้ง 2 กลุ่มใหญ่ 5 กลุ่มย่อยประกอบด้วยหม่อนป่าที่มีแหล่งกำเนิดสภาพอากาศ ภูมิประเทศ และระดับความสูงจากระดับน้ำทะเลที่แตกต่างกัน ทั้งนี้การแบ่งกลุ่มหม่อนจากข้อมูลทางสัณฐานวิทยา มีความสอดคล้องของสายต้นหม่อนจากข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ข้อมูลที่ได้จากการทดลองสามารถนำไปใช้สำหรับการปรับปรุงพันธุ์หม่อนผลสดได้ต่อไป

Genetic diversity of mulberry enables breeders to select suitable lines for breeding. However, the systematic of mulberry in present is quite confusing, therefore, this study provides alternative way to alleviate this problem. To study genetic diversity of wild mulberry, eighteen samples of wild mulberry and one paper mulberry from Phukheao wildlife sanctuary, Amphur Konsarn, Changwat Chaiyaphum were trait in morphology and DNA fingerprint study. The experiments were conducted at Phukheao wildlife sanctuary, Amphur Konsarn, Changwat Chaiyaphum, Division of Horticulture Faculty of Agriculture, Khon Kaen University and DNA laboratory, Khon Kaen Field Crop Research Center, Changwat Khon Kaen. Fifteen morphological aspects namely: type of bud positioning, bud shape, laminar size, laminar shape, base angle, apex angle, base shape, apex shape, margin type, lobation, order of teeth, teeth per centimeter, leaf texture, leaf wrinkle and internode, were recorded. The morphological data was analyzed by using computer package NTSYS version 2.1 by mean of simple matching to assess genetic relationship. The similarity coefficient ranged from 0.031 – 0.773. From cluster analysis using UPGMA method. The mulberries were classified into five groups which within groups had some morphological aspects in common. The paper mulberry was clearly discriminated from the wild mulberries.

Twenty one ISSR primers, together with touchdown PCR technique, were used to genotype the genomic DNA extracted from leaf sample of mulberry. Total of 380 DNA fragments were amplified and has 18.10 per one primer in average. The PCR product length ranges from 192 - 3,084 base pairs. Of these, eight bands were monomorphic and 372 bands were polymorphic. From cluster analysis, the paper mulberry can be obviously discriminated from the wild mulberries. The similarity coefficient values range from 0.188 – 0.929. The samples were divided into two large groups according to their morphology, origins, climate, geography and height from sea level. Furthermore, results from morphological analysis corresponded to that of DNA fingerprint analysis. This information will be useful for mulberry breeding.