

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมมะม่วง

โดยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุล เอส เอส อาร์

Study of Genetic Diversity of Mango by SSR Marker Technique

อรพินธุ์ สฤษดิ์นำ

Orapin Saritnum

สาขาวิชาพืชสวน คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่ 50290

บทคัดย่อ

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะม่วงที่ปลูกรวบรวมพันธุกรรมในฟาร์ม มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่ พ.ศ. 2557 โดยอาศัยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุล เอส เอส อาร์ พบว่า เครื่องหมายโมเลกุล เอส เอส อาร์ 20 ไพรเมอร์ มี 3 ไพรเมอร์ สามารถจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของสายพันธุ์มะม่วง 8 สายพันธุ์ได้ โดยมีจำนวนแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างกันเกิดขึ้นทั้งหมด 7 แถบ มีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมของมะม่วงอยู่ในช่วง 0.6-1.0 จากการวิเคราะห์ตามวิธีการของ Dice สำหรับคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม และอาศัยหลักการวิเคราะห์จัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA สามารถแบ่งมะม่วงออกเป็น 3 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย มั่นเดือนแก้ว และเพชรบ้านลาด กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย เจียวใหญ่ มหาโชค มหาชนก แม่ลูกดก และฟ้าถัน และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย น้ำดอกไม้ 4 ข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะม่วงโดยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุล SSR จึงเป็นประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์มะม่วงต่อไปในอนาคต

คำสำคัญ: มะม่วง, ดีเอ็นเอ, เอส เอส อาร์, ความหลากหลายทางพันธุกรรม

Abstract

Genetic diversity of mango growing at Maejo University Farm, Chiangmai in 2014 was evaluated by SSR Marker technique. A total of 20 SSR primer pairs were applied in this study, 3 SSR primer pairs detected polymorphisms which showed a total of 7 polymorphic DNA bands with a genetic similarity coefficient in the range of 0.6-1.0 among all cultivars. By DICE similarity coefficient method and UPGMA cluster analysis, the dendrogram could be separated into 3 groups. Group 1 were Monduankaw and Petbanlad. Group 2 were Keawyai, Mahachok, Mahachanok, Madlukdong and Farlan. Group 3 was Namdokmai⁴. Data of genetic diversity of mango by SSR markers will be useful for mango breeding program further.

Keywords: mango, DNA, SSR, Genetic diversity