ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงพันธุ์ไทย พันธุ์ต่างประเทศ และพันธุ์ลูกผสม ในศูนย์วิจัยพืชสวนศรีสะเกษ

Genetic Relationship of Thai, Introduced and Hybrid Mangos in Si Sa Ket Horticultural Research Centre

รัชนี ศิริยาน[1*], สมพงษ์ สุขเขตต์ [1], ธวัชชัย นิ่มกิ่งรรัตน์ [1] และ ศจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล [2]

Ratchanee Siriyan[1*], Somphong Sukkhet [1], Tawatchai Nimkingrat [1] and Suchirat Sakuanrungsirikul [2]

[1] ศูนย์วิจัยพืชสวนศรีสะเกษ จังหวัดศรีสะเกษ 33000

[2] ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40000

[1] Si Sa Ket Horticultural Research Centre, Si Sa Ket 33000

[2] Khon Kaen Field Crop Experiment Center, Khon Kaen 40000

[*] Corresponding author: E-mail: sisakethort@yahoo.com

Received: October 21,2023;
Revised: July 15, 2024;
Accepted: August 5, 2024

DOI: https://doi.org/10.5564/jtai.v2i2.179

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมะม่วงพันธุ์ไทย พันธุ์ต่างประเทศ และพันธุ์ลูกผสม 24 พันธุ์/สายพันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 50 ไพรเมอร์ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็น เอได้ 48 ไพรเมอร์ พบแถบดีเอ็นเอที่ให้ความแตกต่าง 185 แถบ หลังจากนั้นนำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์หาค่า similarity coefficient แล้วสร้างเดนโดรแกรมด้วยโปรแกรม NTSYS pc 2.1 เพื่อศึกษาหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และศึกษาโครงสร้างภายในของลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมะม่วงสายพันธุ์ต่างๆ ด้วยโปรแกรม Structure v.2.3 สามารถจัดกลุ่มมะม่วงเป็น 7 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย น้ำดอกไม้ ศก.0072 ออสเตรเลีย น้ำดอกไม้สีทองและออนซอน กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย Aroomanis ศก.0083 อกร่องตาเปรื่อง น้ำดอกไม้ตาเลี๊ยบ ศก.0080 ศก.0005A ศก.0005B ศก.0082 ศก.0095 และ Sensation กลุ่มที่ 3 คือ India เล็ก และ Keitte กลุ่มที่ 4 คือ Salam กลม Kensington และ R2E2 กลุ่มที่ 5 คือ Kent และ Lippen กลุ่มที่ 6 และ กลุ่มที่ 7 มีเพียงพันธุ์เดียว คือ Salam ยาว และ India ใหญ่ ตามลำดับ โดยพบว่า มะม่วงลูกผสมเป็นลูกผสมในกลุ่มน้ำดอกไม้ทั้งหมด

คำสำคัญ: ความหลากหลายมะม่วง, ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ, การวิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรม

Abstract

This study aimed to study on DNA fingerprint of Thai, introduced and hybrid mangos. DNAfingerprint was analyzed in 24 mangos with 50 microsatellite primers.The experiments were studied in 24 Thai, introduced and hybrid mangos. The DNA was amplified by 48 primer pairs which showed 185 polymorphic DNA bands. The DNA bands were analyzed for similarity coefficient and clustering using NTSYS pc 2.1. The genetic analysis and DNA structure were analyzed by STRUCTURE v2.3. According to the dendrogram, mango samples were divided into 7 groups. Group 1 included ‘Namdokmai’, ‘SK0072’, ‘Australia’, ‘Namdokmai Sithong’ and ‘On Son’. Group 2 were ‘Aroomanis’, ‘SK0083’, ‘Okrong Taprueang’, ‘Namdokmai Taliab’, ‘SK0080’, ‘SK0005A’, ‘SK0005B’, ‘SK0082’, ‘SK0095’ and ‘Sensation’. Group 3 included ‘India (small)’ and ‘Keitte’. Group 4 were ‘Salam (round)’, ‘Kensington’ and ‘R2E2’. Group 5 were ‘Kent’ and ‘Lippen’. Group 6 and 7 had only one cultivar as ‘Salam (long)’ and ‘India (big)’, respectively. It was found that hybrid mango varieties were in the entire ‘Namdokmai’ group.

Keywords: Mango variation, DNA fingerprint, Genetic analysis

บทนำ (Introduction)

มะม่วงจัดเป็นไม้ผลเศรษฐกิจที่สำคัญอีกชนิดหนึ่ง เนื่องจากปลูกง่าย โตเร็ว รับประทานได้ทั้งผลสุกและผลดิบ สำหรับมะม่วงในประเทศไทย มีรายงานไว้ถึง 250 พันธุ์ บางพันธุ์มีลักษณะคล้ายกัน บางพันธุ์มีลักษณะแตกต่างกัน บางพันธุ์อาจจะมีชื่อเรียกหลายชื่อแตกต่างกันตามสภาพภูมิประเทศที่เป็นแหล่งปลูก จากการที่มีชื่อเรียกแตกต่างกัน ก็เป็นสาเหตุให้เกิดความสับสนในการจำแนกพันธุ์ได้ง่าย (สำนักคุ้มครองพันธุ์พืชแห่งชาติ, 2544)

การศึกษาลักษณะประจำพันธุ์ตามหลักเกณฑ์ของ IPGRI ของมะม่วงที่รวบรวมไว้ และการวิเคราะห์ลักษณะภายนอก พบว่ามีบางลักษณะที่คล้ายคลึงกัน จึงได้จัดแบ่งกลุ่มมะม่วงพันธุ์ต่างๆ โดยศึกษาจากลักษณะทรงพุ่มต้น ใบ ช่อดอก และผล โดยใช้ลักษณะใบและทรงผลเป็นหลัก และลักษณะอื่นๆ เป็นองค์ประกอบ ซึ่งสามารถจำแนกกลุ่มได้เป็น 8 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มแก้ว กลุ่มเขียวเสวย กลุ่มน้ำดอกไม้ กลุ่มหนังกลางวัน กลุ่มอกร่อง กลุ่มพราหมณ์ กลุ่มผลกลม และกลุ่มเบ็ดเตล็ด (สำนักคุ้มครองพันธุ์พืชแห่งชาติ, 2544) ซึ่งการศึกษาลักษณะประจำพันธุ์โดยใช้ ลักษณะสัณฐานวิทยา (เพียงอย่างเดียว อาจเกิดความผิดพลาดได้ง่าย เนื่องจากลักษณะบางลักษณะแยกจากกันได้ยากหรือไม่แตกต่างกัน ลักษณะบางลักษณะอาจเกิดจากสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน ดังนั้น การทราบข้อมูลความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ เพื่อใช้สนับสนุนลักษณะทางสัณฐานวิทยา จะทำให้การจำแนกพันธุ์รวดเร็วและถูกต้องมากขึ้นการทราบความใกล้ชิดทางพันธุกรรมจะเป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์มะม่วง โดยเฉพาะการสร้างมะม่วงพันธุ์ใหม่จากพันธุ์ลูกผสม ซึ่งต้องการพ่อแม่ที่มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมมาก

วัสดุ อุปกรณ์ และวิธีการ (Material and Methodology)

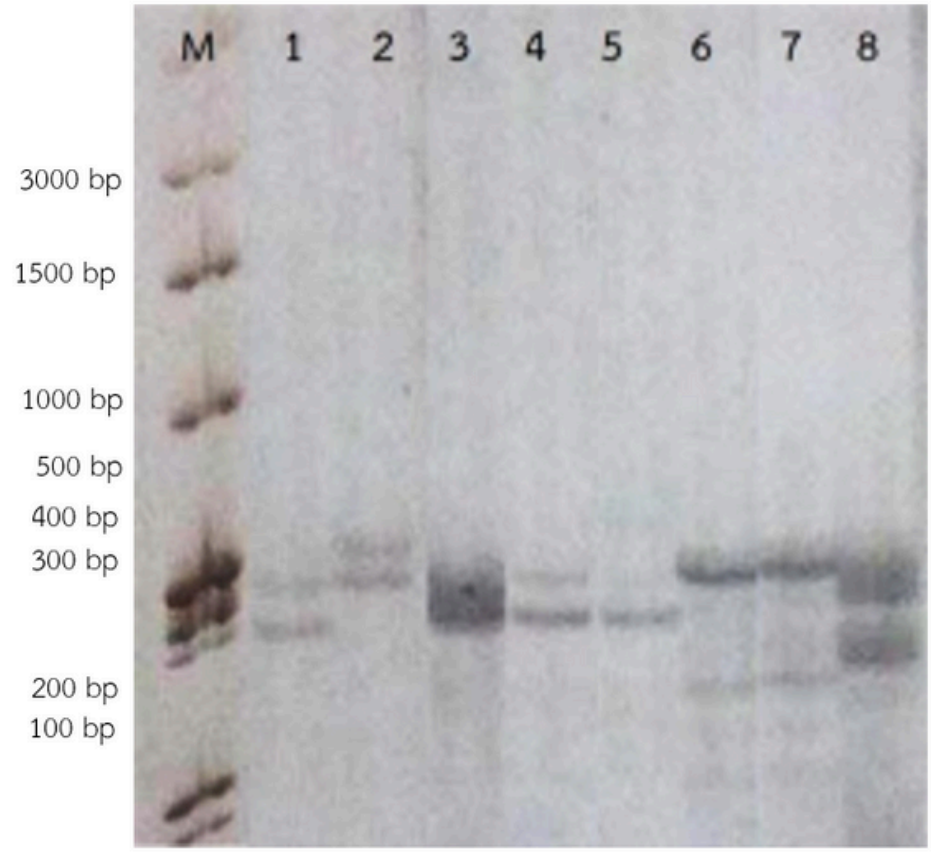
เก็บตัวอย่างใบมะม่วงสายพันธุ์ไทยและพันธุ์ต่างประเทศ จำนวน 17 พันธุ์ ได้แก่ น้ำดอกไม้ indiaเล็ก indiaใหญ่ Salamกลม Salamยาว Kent Aroomanis น้ำดอกไม้สีทอง ออนซอน ออสเตรเลีย Keitte KensingtonSensation Lippen R2E2 อกร่องตาเปรื่อง และน้ำดอกไม้ตาเลี่ยบ มะม่วงลูกผสมในกลุ่มน้ำดอกไม้ จำนวน 7 สาย พันธุ์ ได้แก่ ศก.0072 ศก.0080 ศก.0082 ศก.0083 ศก.0095 ศก.0005A และ ศก.0005B นำมาสกัดดีเอ็นด้วยวิธี CTAB วัดปริมาณและคุณภาพดีเอ็นเอ หลังจากนั้นเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไพรเมอร์ Microsatellite จำนวน 50 ไพรเมอร์ (Begun et al., 2012) ด้วยเครื่อง PCR ตามวิธีการของ Willams et al. (1990) ในองค์ประกอบพีซีอาร์ ปริมาตร 25 ไมโครลิตร ประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 50 นาโนกรัม 1X PCR buffer $MgCl_2$ 2 มิลลิโมลาร์ dNTP 0.1 มิลลิโมลาร์ primer 0.2 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase (Promega) 0.5 ยูนิต ใช้อุณหภูมิในการทำปฏิกิริยา พีซีอาร์ดังนี้ Pre-denaturation ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วย Denaturation ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที Annealing ที่อุณหภูมิที่เหมาะสมของแต่ละไพรเมอร์ (ตารางที่ 1) นาน 1 นาที และ Extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 2 นาที ทำปฏิกิริยาจำนวน 40 รอบ และ Final extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที หลังจากนั้นนำผลผลิตพีซีอาร์ที่ได้ (PCR product) มาทำการแยกขนาดดีเอ็นเอ ตรวจสอบผลการปรากฏของแถบดีเอ็นเอ ด้วยเทคนิคโพลีอะคริลาไมด์เจลอิเล็กโตรโฟเรซีส ที่ความเข้มข้น 4.5% ย้อมเจลด้วยซิลเวอร์ไนเตรท ($AgNO_3$) แล้วนำไปวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏบนแผ่นเจลภายใต้แสงยูวี เปรียบเทียบขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้กับดีเอ็นเอมาตรฐาน วิเคราะห์ลักษณะลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมะม่วงสายพันธุ์ต่าง ๆ โดยบันทึกการปรากฏหรือไม่ปรากฏของดีเอ็นเอ โดยบันทึกการปรากฏของแถบดีเอ็นเอเท่ากับ 1 หรือการไม่ปรากฏของแถบดีเอ็นเอเท่ากับ 0 วิเคราะห์ข้อมูลโดยโปรแกรม NTSYS pc2.1 วิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน (Similarity coefficient) จัดกลุ่มด้วยวิธี Unweighted pair group arithmetic average (UPGMA) และศึกษาโครงสร้างภายในของลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมะม่วงพันธุ์ต่างๆ ด้วยโปรแกรม Structure v.2.3

ตารางที่ 1 ไพรเมอร์เบสคู่และอุณหภูมิ Annealing ของไพรเมอร์ Microsatellite 50 ตัว

No.	Primer	Sequences (5'-3')	Annealing temperature (°C)	No.	Primer	Sequences (5'-3')	Annealing temperature (°C)
1	SSR1F	TAA CAG CTT TGC TTG CCT CC	57	26	SSR26F	GCC CTT GCA TAA GTT G	52
	SSR1R	TCC GCC GAT AAA CAT CAG AC			SSR26R	TAA GTG ATG CTG CTG GT	
2	SSR2F	CCA CGA ATA TCA ACT GCT GCC	57	27	SSR27F	TCT AAG GAG TTC TAA AAT GC	52
	SSR2R	TCT GAC ACT GCT CTT CCA CC			SSR27R	CTC AAG TCC AAC ATA CAA TAC	
3	SSR3F	AAA CGA GGA AAC AGA GCA C	50	28	SSR28F	GAC CCA ACA AAT CCA A	52
	SSR3R	CAA GTA CCT GCT GCA ACT AG			SSR28R	ACT GTG CAA ACC AAA AG	
4	SSR4F	AGG TCT TTT ATC TTC GGC CC	55	29	SSR29F	AAA GAT AAG ATT GGG AAG AG	52
	SSR4R	AAA CGA AAA AGC AGC CCA			SSR29R	CGT AAG AAG AGC AAA GGT	
5	SSR5F	TGT AGT CTC TGT TTG CTT C	55	30	SSR30F	TAG GGA TAT AGC TGG AGG	54
	SSR5R	TTC TGT GTC GTC AAA CTC			SSR30R	ACG CAG TAG AAC CTG TG	
6	SSR6F	CAA CTT GGC AAC ATA GAC	51	31	SSR31F	CAG CCT TAT GTG TTG AAG	55
	SSR6R	ATA CAG GAA TCC AGC TTC			SSR31R	AAA CTA AAC AAG CTG AAC C	
7	SSR7F	AGA ATA AAG GGG ACA CCA GAC	52	32	SSR32F	CTT CAT TTC TCC ACT TTT G	54
	SSR7R	CCA TCA TCG CCC ACT CAG			SSR32R	ATG AAA TAC TGG CTG GTT	
8	SSR8F	TTG ATG CAA CTT TCT GCC	53	33	SSR33F	GCG TAA AGC TGT TGA CTA	52
	SSR8R	ATG TGA TTG TTA GAA TGA ACT T			SSR33R	TCA TCT CCC TCA GAA CA	
9	SSR9F	CGA GGA AGA GGA AGA TTA TGA C	56	34	SSR34F	GAG GAA CAT AAA GAT GGT G	53
	SSR9R	CGA ATA CCA TCC AGC AAA ATA C			SSR34R	GAC AAG ATA AAC AAC TGG AA	
10	SSR10F	TGT GAA ATG GAA GGT TGA G	52	35	SSR35F	TAG CTG TTT TGG CCT T	53
	SSR10R	ACA GCA ATC GTT GCA TTC			SSR35R	ATG TGG TTT GTT GCT TC	
11	SSR11F	GTT TTC ATT CTC AAA ATG TGT G	52	36	SSR36F	CCT CAA TCT CAC TCA ACA	55
	SSR11R	CTT TCA TGT TCA TAG ATG CAA			SSR36R	ACC CCA CAA TCA AAC TAC	
12	SSR12F	CTC GCA TTT CTC GCA GTC	56	37	SSR37F	GAC TTG CAG TTT CCT TTT	50
	SSR12R	TCC CTC CAT TTA ACC CTC C			SSR37R	TCA AGA ACC CCA TTT G	
13	SSR13F	GAA CGA GAA ATC GGG AAC	53	38	SSR38F	CCA TTC TCC ATC CAA A	52
	SSR13R	GCA GCC ATT GAA TAC AGA G			SSR38R	TGC ATA GCA GAA AGA AGA	
14	SSR14F	AAC CCA TCT AGC CAA CCC	55	39	SSR39F	TGT CTA CCA TCA AGT TCG	53
	SSR14R	TTG ACA GTT ACC AAA CCA GAC			SSR39R	GCT GTT GTT GCT TTA CTG	
15	SSR15F	TTT ACC AAG CTA GGG TCA	52	40	SSR40F	ATT TTG ATT CCC GTT CT	52
	SSR15R	CAC TCT TAA ACT ATT CAA CCA			SSR40R	ATT CGA TCA TGG TTT TG	
16	SSR16F	GCT TTA TCC ACA TCA ATA TCC	54	41	SSR41F	ATC CCC AGT AGC TTT GT	53
	SSR16R	TCC TAC AAT AAC TTG CC			SSR41R	TGA GAG TTG GCA GTG TT	
17	SSR17F	TAA GCT AAA AAG GTT ATA G	52	42	SSR42F	ACG GTT TGA AGG TTT TAC	50
	SSR17R	CCA TAG GTG AAT GTA GAG AG			SSR42R	ATC CAA GTT TCC TAC TCC T	
18	SSR18F	CGT CAT CCT TTA CAG CGA ACT	56	43	SSR43F	AAG AGG GAA TCT TAA TCA AC	53
	SSR18R	CAT CTT TGA TCA TCC GAA AC			SSR43R	GTC GTT TTG CGT TAG TG	
19	SSR19F	AAT TAT CCT ATC CCT CGT ATC	54	44	SSR44F	GCG TGT CAA TCT AGT GG	52
	SSR19R	AGA AAC ATG ATG TGA ACC			SSR44R	GCT TTG GTA AAA GGA TAA G	
20	SSR20F	CGC TCT GTG AGA ATC AAA TGG T	58	45	SSR45F	GCT CTT TCC TTG ACC TT	52
	SSR20R	GGA CTC TTA TTA GCC AAT GGG ATG			SSR45R	TCA AAA TCG TGT CAT TTC	
21	SSR21F	GTG CGA GGA GAT ATC TGT	56	46	SSR46F	TCA TTG CTG TCC CTT TTC	54
	SSR21R	CTG GTT CTT CAT TGT TGA GAT G			SSR46R	ATC GCT CAA ACA ATC C	
22	SSR22F	TGA GTT GTT GTC CTG CT	52	47	SSR47F	GTA TAA ATC GCG TGC AT	50
	SSR22R	GGT GCT TGT TTC TCG T			SSR47R	AGT TTC CCT CCT TGT ATC T	
23	SSR23F	AAA CAA AGA ATG GAG CA	50	48	SSR48F	TCG GTC ATT TAC ACC TCT	53
	SSR23R	TGG ACT GAA TGT GGA TAG			SSR48R	TTA TTG AGC TTC TTT GTG TT	
24	SSR24F	GAT GAA ACC AAA GAA GTC A	53	49	SSR49F	ACC ACG AAA AGA CAA CTC	53
	SSR24R	CCA ATA AGA ACT CCA ACC			SSR49R	TCA TCT TTG TTA AAT AGG TTA AT	
25	SSR25F	CTT GAA AGA GAT TGA GAT TG	53	50	SSR50F	ATG GAG ACT AGA ATG TAC AGA G	52
	SSR25R	AGA AGG CAG AAG GTT TAG			SSR50R	ATT AAA TCT CGT CCA CAA GT	

ผลและอภิปราย (Result and Discussion)

การสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมะม่วงพันธุ์ไทย พันธุ์ต่างประเทศ และมะม่วงลูกผสมในกลุ่มน้ำดอกไม้ ดำเนินการโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Microsatellite พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในปฏิกิริยาพีซีอาร์ได้และให้แถบดีเอ็นเอที่แตกต่าง จำนวน 185 แถบ จาก 48 ไพรเมอร์ ได้แก่ SSR1, SSR2, SSR3, SSR4, SSR5, SSR6, SSR7, SSR8, SSR9, SSR11, SSR12, SSR13, SSR14, SSR15, SSR16, SSR17, SSR18, SSR19, SSR20, SSR21, SSR22, SSR23, SSR24, SSR25, SSR26, SSR27, SSR28, SSR29, SSR30, SSR31, SSR32, SSR33, SSR34, SSR35, SSR36, SSR37, SSR38, SSR39, SSR40, SSR40, SSR42, SSR43, SSR44,SSR45, SSR46, SSR48, SSR49 และ SSR50 และแถบดีเอ็นเอที่ไม่แตกต่างจำนวน 2 แถบ จาก 2 ไพรเมอร์ ได้แก่ SSR10 และ SSR47 หลังจากนั้นนำแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏจากไพรเมอร์ต่างๆ (ภาพที่ 1) ไปวิเคราะห์ ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม



ภาพที่ 1 Microsatellite ของมะม่วง 8 genotypes กับ SSR 4 ไพรเมอร์
M = 100 bp marker, 1 = 'น้ำดอกไม้ตาเลี่ยบ', 2 = 'ออนซอน', 3 = 'ศก.0072',
4 = 'ศก.0082', 5 = 'ศก.0095', 6 = 'Salamยาว', 7 = 'Lippen', 8 = 'Kent'

ผลการวิเคราะห์ทางพันธุกรรม พบว่า มะม่วงที่มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนมากที่สุด คือพันธุ์อกร่องตาเปรื่องและน้ำดอกไม้ตาเลี่ยบ โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนเท่ากับ 0.96 หรือ 96 เปอร์เซ็นต์ และพันธุ์ที่มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนน้อยที่สุด คือ Salamยาว และ ศก.0005A อกร่องตาเปรื่อง น้ำดอกไม้ตาเลี่ยบ โดยมีค่าเท่ากับ 0.47 หรือ 47 เปอร์เซ็นต์ (ภาพที่ 2) หลังจากนั้นจัดกลุ่มด้วยวิธี Unweighted pair group arithmetic average (UPGMA) และศึกษาโครงสร้างภายในของลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมะม่วงสายพันธุ์ต่างๆ ด้วยโปรแกรม Structure v.2.3 (ภาพที่ 3) สามารถจัดกลุ่มมะม่วงเป็น 7 กลุ่ม ดังนี้

กลุ่ม 1 ได้แก่ น้ำดอกไม้ ศก.0072 ออสเตรเลีย น้ำดอกไม้สีทอง และออนซอน

กลุ่ม 2 ได้แก่ Aroomanis ศก.0083 อกร่องตาเปรื่อง น้ำดอกไม้ตาเลี่ยบ ศก.0080 ศก.0005A ศก.0005B ศก.0082 ศก.0095 และ Sensation

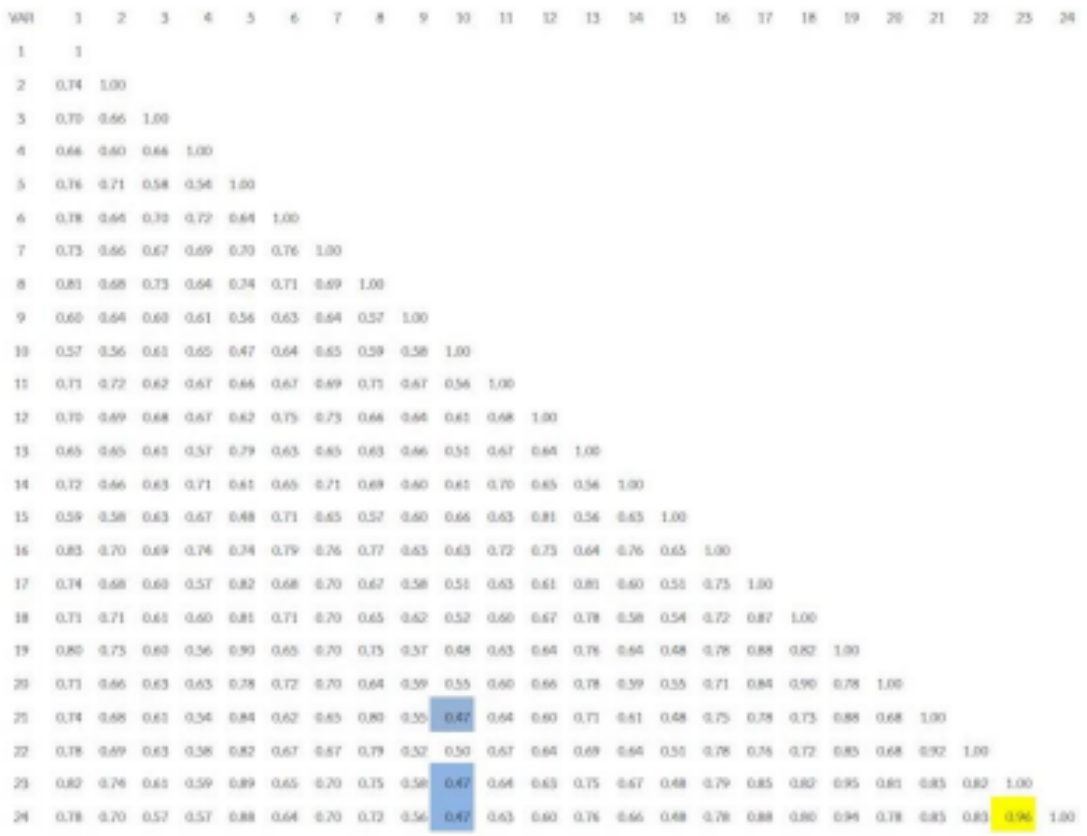
กลุ่ม 3 ได้แก่ India เล็ก และ Keitte

กลุ่ม 4 ได้แก่ Salam กลม Kensington และ R2E2

กลุ่ม 5 ได้แก่ Kent และ Lippen

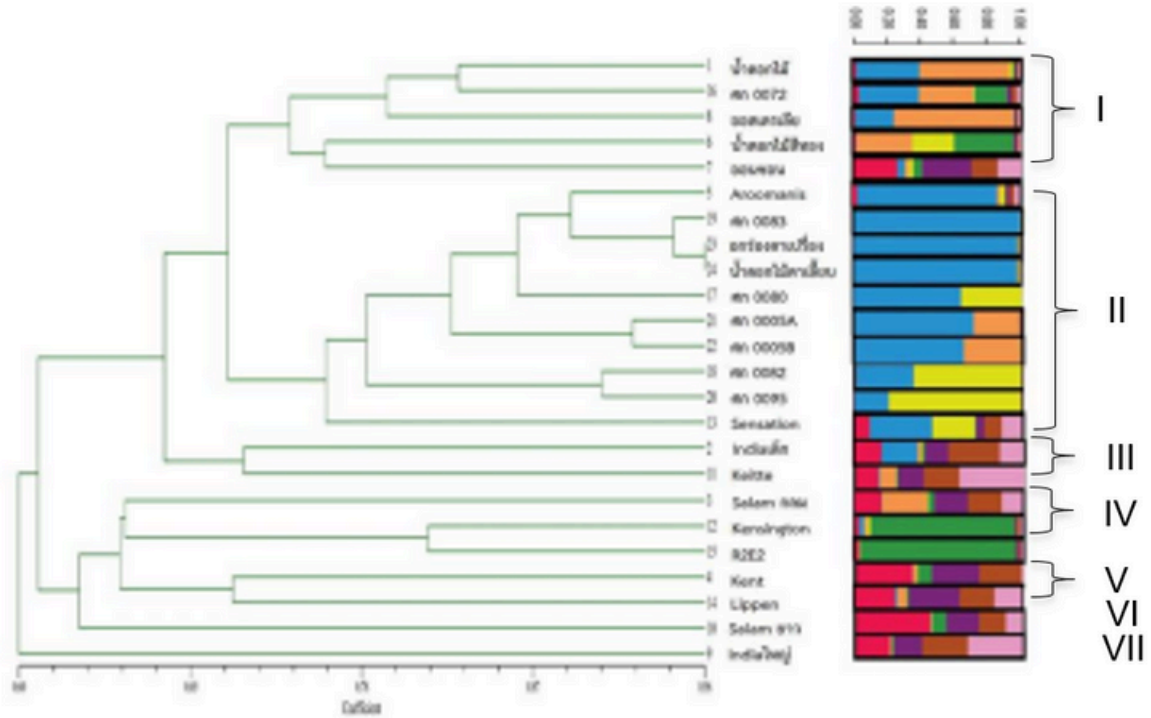
กลุ่ม 6 ได้แก่ Salam ยาว

กลุ่ม 7 ได้แก่ India ใหญ่



Remark: 1 = ‘น้ำดอกไม้’, 2 = ‘India เล็ก’, 3 = ‘Salam กลม’, 4 = ‘Kent’, 5 = ‘Aroomanis’, 6 = ‘น้ำดอกไม้สีทอง’, 7 = ‘ออนซอน’, 8 = ‘ออสเตรเลีย’, 9 = ‘India ใหญ่’,10 = ‘Salam ยาว’, 11 = ‘Keitte’, 12 = ‘Kensington’, 13 = ‘Sensation’, 14 = ‘Lippen’, 15 = ‘R2E2’, 16 = ‘ศก.0072’, 17 = ‘ศก.0080’,18 = ‘ศก.0082’, 9 = ‘ศก.0083’, 20 = ‘ศก.0095’, 21 = ‘ศก.0005A’, 22 = ‘ศก.0005B’, 23 = ‘อกร่องตาเปรื่อง’, 24 = ‘น้ำดอกไม้ตาเลี่ยบ’

ภาพที่ 2 ค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงของมะม่วง 24 พันธุ์



ภาพที่ 3 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างมะม่วง 24 พันธุ์ โดยใช้ Microsatellite markers

มะม่วง เป็นพืชที่มีการผสมข้ามได้ง่ายตามธรรมชาติ ทำให้มีความหลากหลายของสายพันธุ์ มะม่วงพันธุ์ดี หลายพันธุ์เกิดจากการขยายพันธุ์ด้วยเมล็ด และเกิดการคัดเลือกโดยเกษตรกรผู้ปลูก ซึ่งพันธุ์ส่วนใหญ่เหมาะกับการบริโภคภายในประเทศ การปรับปรุงพันธุ์มะม่วงเพื่อให้สามารถแข่งขันกับตลาดต่างประเทศ จึงต้องมีการคัดเลือกพันธุ์พ่อแม่ เพื่อให้ได้มะม่วงพันธุ์ใหม่ที่มีลักษณะตรงตามความต้องการของตลาดต่างประเทศ การจำแนกพันธุ์มะม่วงจึงต้องการเทคนิคที่มีความแม่นยำ เพื่อใช้ในการคัดเลือกพันธุ์พ่อแม่สำหรับปรับปรุงพันธุ์ ดังนั้น จึงมีการนำเครื่องหมายโมเลกุลชนิด Microsatellite หรือ SSR มาตรวจสอบและจำแนกพันธุ์มะม่วง เนื่องจาก SSR มีความถี่และกระจายอยู่ทั่วจีโนม SSR เป็นบริเวณที่มีความแปรปรวนสูง ทำให้สามารถตรวจพบความแตกต่างได้ ง่ายในแต่ละตำแหน่งของ SSR ซึ่งพบการใช้เครื่องหมาย SSR ในการจำแนกพันธุ์มะม่วงโดย Kumar et al. (2013) ใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 20 ไพรเมอร์ ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วง 10 พันธุ์ สามารถ จัดกลุ่มมะม่วงได้ 3 กลุ่ม กลุ่มที่1 มีมะม่วง 3 พันธุ์และมีความหลากหลายมากที่สุด คือ “Kalepad”, “Neelum” และ “Swarnarekha” กลุ่มที่ 2 มีมะม่วง 1 พันธุ์ คือ “Alphonso” และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย “Rumani”, “Sendura”, “Bangnapalli”, “Himayuddin”, “Mulgoa” and “Bangalora”

Begum et al. (2013) ศึกษาความแปรปรวนของมะม่วงพันธุ์ “Cherukurasam” โดยเก็บรวบรวมผลและใบจาก 30 แหล่งในรัฐ Andhra Pradesh ผลการตรวจสอบด้วยเครื่องหมาย SSR จำนวน 109 ไพรเมอร์ พบว่า มี 25 ไพรเมอร์ที่มี Polymorphic สูง แสดงให้เห็นว่ามะม่วงพันธุ์ “Chinnarasam” ที่ปลูกในรัฐ Andhra Pradesh ไม่ได้เป็นโคลนบริสุทธิ์ แสดงให้เห็นว่า เครื่องหมายโมเลกุลไมโครแซทเทลไลท์สามารถใช้ศึกษาความแปรปรวน ทางพันธุกรรมของมะม่วงได้นอกจากนี้ ยังมีการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในมะม่วงจำนวน 94 สายพันธุ์ ทำให้ได้เครื่องหมายทางพันธุกรรม 6,856 เครื่องหมาย เมื่อแยกวิเคราะห์ตามโครงสร้างประชากร แบ่งเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 มะม่วงอินเดีย ซึ่งแบ่งเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 1 ได้แก่ “Alphonso”, “Kensington” และ “Zill” กลุ่มย่อยที่ 2 ได้แก่ “Keitt” และ “Books” กลุ่มที่ 2 คือ มะม่วงอินโดจีน แบ่งเป็น 2 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ได้แก่ “แก้วขมิ้น”, “Carabao” และ “Aroomanis” กลุ่มที่ 2 ได้แก่ มะม่วงที่มีแหล่งกำเนิดในไทย เช่น “ตลับนาค” “น้ำดอกไม้ เบอร์ 4” “เขียวเสวย” “หนองแซง” เป็นต้น (หทัยภัทร วงษ์ไทวรรณ, 2563) ซึ่งการใช้ข้อมูลดีเอ็นเอและข้อมูลสัณฐานวิทยา จะทำให้เกิดประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์มะม่วงในอนาคต

สรุปผล (Conclusion)

การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงพันธุ์ไทย พันธุ์ต่างประเทศ และพันธุ์ลูกผสม ในมะม่วงจำนวน 24 สายพันธุ์ ประกอบด้วย มะม่วงพันธุ์ไทยกลุ่มน้ำดอกไม้ มะม่วงต่างประเทศ และมะม่วงลูกผสมที่ มีลักษณะคล้ายน้ำดอกไม้ การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสามารถแบ่งกลุ่มมะม่วงได้เป็น 7 กลุ่ม โดย พบว่าในกลุ่มที่ 1 และ 2 เป็นกลุ่มใหญ่ที่สุด ประกอบด้วยมะม่วงพันธุ์ไทยในกลุ่มน้ำดอกไม้และมะม่วงลูกผสมจาก แม่น้ำดอกไม้ และมะม่วงพันธุ์ต่างประเทศ คือ Sensation และ Aroomanis แสดงให้เห็นถึงความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของมะม่วงทั้ง 2 พันธุ์กับมะม่วงกลุ่มน้ำดอกไม้ ในขณะที่กลุ่มที่ 3 ถึง 7 ประกอบด้วยมะม่วงพันธุ์ ต่างประเทศทั้งหมด

เอกสารอ้างอิง (Reference)

Begun, H., Reddy, M.T., Malathi, S., Reddy, B.P., Arcahk, S., Nagaraju, J. & Siddiq, E.A. 2012. Molecular analysis for genetic distinctiveness and relationships of indigenous landraces with popular cultivars of mango (Mangifera indica L.) in Andhra Pradesh, India. The Asian and Australian Journal of PlantScience and Biotechnology 6 (1): 24-37.

Begum, H., Reddy, M.T., Malathi, S., Reddy, B.P., Narshimulu, G., Nagaraju, J. & Siddiq, E.A. 2013. Microsatellite analysis of intracultivar diversity in 'Chinnarasam' mango from Andhra Pradesh, India.African Crop Science Journal. 21(2): 109-117.

Fulton, T.M., Chunwongse, J. & Tanksley, S.D. 1995. Microprep protocol for extraction of DNA from tomatoand other herbaceous plants. Plant Molecular Biology Reporter. 13(3): 207-209.

Kumar, M., Ponnuswami, V., Nagarajan, P., Jeyakumar, P. & Senthi, N. 2013. Molecular characterization of ten mango cultivars using simple sequences repeat (SSR) markers. African Journal of Biotechnology. 12(47): 6568-6573.

Williams, J.G.K., Kubbelik, A., Livak, K.J., Rafiski, J.A. & Tinjey, S.V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research. 18: 6531-6535.

สำนักคุ้มครองพันธุ์พืชแห่งชาติ. 2546. ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์พืช: มะม่วง เล่ม 2. กรมวิชาการเกษตร, จตุจักร, กรุงเทพ.

หทัยภัทร วงษ์ไทวรรณ. 2563. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะม่วง. เคหการเกษตร 45: 191-193.