ดีเอ็นเอบาร์โค้ดและความหลากหลายของพันธุกรรมของมันสำปะหลัง

หัวหน้าการทดลอง ธีรวุฒิ วงศ์วรัตน์ ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น

บทคัดย่อ

การประเมินลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอสำหรับใช้เป็นดีเอ็นเอมาตรฐานเพื่อให้ได้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดที่มีคุณลักษณะเหมาะสม โดยการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR ด้วยไพรเมอร์สากลจากดีเอ็นเอบริเวณนิวเคลียร์ไรโบโซมอลและคลอโรพลาสต์ 10 ยีน แล้วตรวจสอบคุณภาพของลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วยวิธี BlastN และทดสอบประสิทธิภาพของการจำแนกชนิดและพันธุ์มันสำปะหลังด้วยสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี Neighbor-joining พบว่า ไพรเมอร์สากลของยีน *rbcL*, *trnH-psbA*, *matK* และ *ITS2* สามารถเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอเป้าหมายอย่างจำเพาะมีผลสำเร็จสูง 100 94 และ 91 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ มีขนาดของชิ้นดีเอ็นเอ 615, 426, 794 และ 317 คู่เบส แสดงให้เห็นว่าบริเวณของดีเอ็นเอดังหล่าวนี้ทำได้ง่ายมีเปอร์เซ็นต์ความสำเร็จสูง แต่ละลำดับนิวคลีโอไทด์มีความเหมือนกันกับมันสำปะหลัง (*Manihot esculenta* Crantz) บนฐานข้อมูลสากล NCBI ที่ระดับความเหมือนสูง 99.05-100% เมื่อพิจารณาความผันแปรทางพันธุกรรมของลำดับนิวคลีโอไทด์ของทั้ง 4 ยีน พบว่า มี *matK* และ *ITS*2 ที่มีความผันแปรทางพันธุกรรม แต่ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *matK* มีเพียง ระยอง 86-13 เท่านั้นที่แตกต่างจากพันธุ์อื่น ๆ ในขณะที่ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *ITS*2 มีความผันแปรทางพันธุกรรมมากกว่า และสามารถใช้เป็นข้อมูลนำมาสร้างแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยสามารถมันสำปะหลังออกเป็น 5 กลุ่ม และสามารถจำแนกชนิดมันสำปะหลังออกจากพืชนอกกลุ่มทดลอง คือ สกุลยางพาราได้อย่างชัดเจน ดังนั้น ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอมาตรฐาน *ITS*2 สามารถใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดเพื่อเป็นเครื่องมือจำแนกระดับพันธุ์ของมันสำปะหลังได้ ดังนั้นลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *ITS*2 จึงเหมาะสำหรับการนำมาใช้เป็นดีเอ็นเอบาร์โค้ดได้อย่างหนึ่ง เมื่อทำการทดสอบประสิทธิภาพของดีเอ็นเอบาร์โค้ดพบว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอบาร์โค้ดของตัวอย่างที่เก็บมา (unknown) ที่ข้อมูลกันกับข้อมูลมาตรฐานอ้างอิงบนฐานข้อมูล NCBI 100 เปอร์เซ็น และข้อมูลลักษณะประจำพันธุ์ที่ปรากฏ ดังนั้น ลำดับนิวคลีโอไทด์ของบริเวณยีน *ITS*2 จึงมีประสิทธิภาพสามารถใช้เป็นข้อมูลดีเอ็นเอบาร์โค้ดของมันสำหะหลังได้

คำสำคัญ: ดีเอ็นเอบาร์โค้ด ดีเอ็นเอมาตรฐาน ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม