

บทคัดย่อ

“ม้าวี้ง” เป็นกล้วยไม้ป่าที่มีถิ่นกำเนิดในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย โครงสร้างของดอกและความหลากหลายของสีดอก ทำให้กล้วยไม้ชนิดนี้มีศักยภาพสูงในการพัฒนาเพื่อเป็นไม้ตัดดอกในการส่งออก แต่การศึกษาและพัฒนาม้าวี้งให้มีค่าทางเศรษฐกิจยังไม่มีมากนัก ดังนั้นการศึกษานี้จึงได้พัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลไมโครแซทเทลไลต์จากฐานข้อมูล EST (Expressed Sequence Tag) จากกล้วยไม้สกุลอื่นๆ เพื่อประโยชน์ในการใช้ปรับปรุงพันธุ์ของกล้วยไม้สกุลม้าวี้ง โดยได้รวบรวม EST ของกล้วยไม้ชนิดต่างๆ จากฐานข้อมูลจำนวน 8,009 EST จากนั้นค้นหาเครื่องหมายโมเลกุลไมโครแซทเทลไลต์จากกลุ่มข้อมูลดังกล่าวได้จำนวนทั้งสิ้น 177 EST-SSR โดย 23 เครื่องหมาย EST-SSR และ 7 เครื่องหมาย EST จากจีโนมิกดีเอ็นเอ จาก *Dendrobium* และ *Serapias* ถูกนำมาใช้ศึกษาความหลากหลายของกล้วยไม้ม้าวี้ง ซึ่งผลจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ 142 แอลลีล โดย 92 แอลลีล ที่แสดงความแตกต่างภายในกลุ่มกล้วยไม้ม้าวี้ง 30 ตัวอย่าง ค่าความหลากหลายที่คำนวณได้มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.6076 โดยอยู่ในช่วง 0.1244 ถึง 0.8439 เมื่อนำข้อมูลที่ได้มาสร้างต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้วยโปรแกรม UPGMA พบว่าสามารถแยกตัวอย่างกล้วยไม้ออกเป็น 3 กลุ่มตัวอย่างซึ่งสอดคล้องกับอนุกรมวิธานของกล้วยไม้ จากผลการทดลองนี้แสดงว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนาขึ้นนี้สามารถนำมาใช้เพื่อจัดจำแนก อนุรักษ์ และคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์กล้วยไม้สกุลม้าวี้งได้

(คำหลัก) : Doritis; เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์; การถ่ายโอนเครื่องหมาย; ความหลากหลายทางพันธุกรรม

Abstract

Doritis is a wild terrestrial orchid, originated in the Northeastern part of Thailand. With its good floral structure and very diverse color, it has high potential to develop into commercial ornamental plant or to use as a hybridizer with other orchid species. Unfortunately it has not been studied in detail for its potential of development. In this study we developed SSR markers from EST database and examined the transferability of genomic SSR markers from other orchids in *Doritis*. 8009 ESTs belonged to family Orchidaceae were collected and analyzed for microsatellite. A total of 177 EST-SSR were identified. Twenty three EST-SSR and seven genomic SSR primers (from *Dendrobium* and *Serapias*) were used for genetic diversity assessment of *Doritis* germplasms. 142 alleles were generated in which, 92 alleles (64.8%) showed polymorphism among 30 *Doritis* accessions (*Doritis regnieriana*, *Doritis pulcherrima* and *D. pulcherrima* var. *buyssoniana*). The polymorphic information content (PIC) average at 0.6076 and ranged from 0.1244 to 0.8439. The phylogenetic tree based on UPGMA showed three major clades based on their taxonomy indicating that SSR markers developed in this study can be used for identification, conservation and selection of appropriate parents for the *Doritis* hybrid production in future.

Keywords : *Doritis*; microsatellite marker; transferability; genetic diversity