

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของ *Vigna exilis* และ *Vigna grandiflora* โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์

Genetic Diversity and Population Structure of *Vigna exilis* and *Vigna grandiflora* based on Microsatellite Variation

อนิชา แก้ววงษ์วาลย์, อรุณี เจตน์สดุ, ประกิจ สมท่า*, สมพงษ์ จันทร์แก้ว และ พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์
Anochar Kaewwongwal, Arunee Jetsadu, Prakit Somta*, Sompong Chankaew and Peerasak Srinives

สาขาการปรับปรุงพันธุ์พืช คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ นครปฐม 73140

Program in Plant Breeding, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Nakhon Pathom 73140

*Corresponding author: pksomta@gmail.com

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ของการวิจัยในครั้งนี้ เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของประชากรธรรมชาติถั่วป่าในกลุ่ม Asian Vigna (genus *Vigna* subgenus *Ceratotropis*) 2 ชนิดที่หายาก คือ *Vigna exilis* Tateishi and Maxted และ *Vigna grandiflora* (Prain) Tateishi and Maxted โดยใช้เครื่องหมาย simple sequence repeat (SSR) จำนวน 21 เครื่องหมาย เมื่อทำการศึกษาในประชากรของ *V. exilis* 7 ประชากร จำนวน 107 ตัวอย่าง และ *V. grandiflora* 5 ประชากร จำนวน 85 ตัวอย่าง พบว่ามีจำนวนอัลลีลทั้งหมดในประชากร *V. exilis* 196 อัลลีล และ *V. grandiflora* 219 อัลลีล ประชากร *V. exilis* และ *V. grandiflora* มีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยเท่ากับ 58.0 และ 114.60 ค่า allelic richness เท่ากับ 51.96 และ 74.80 ค่า observed heterozygosity เท่ากับ 0.02 และ 0.18 ค่า gene diversity เท่ากับ 0.40 และ 0.66 และค่าอัตราการผสมข้าม (%) ของประชากรเท่ากับ 3.24% และ 17.41% ตามลำดับ การเปรียบเทียบ Genetic distance ระหว่างประชากร พบว่ากลุ่มประชากร *V. exilis* มีความแตกต่างระหว่างประชากรมากกว่ากลุ่มประชากร *V. grandiflora* การวิเคราะห์ Analysis of molecular variance พบว่าความแปรปรวนส่วนใหญ่ของ *V. exilis* เกิดจากความแตกต่างระหว่างประชากร (57.51%) ส่วนความแปรปรวนส่วนใหญ่ของ *V. grandiflora* นั้น อยู่ภายในประชากร (82.63%) การวิเคราะห์โครงสร้างประชากร (STRUCTURE analysis) พบว่าตัวอย่างทั้งหมดของประชากร *V. exilis* และ *V. grandiflora* แบ่งออกได้เป็น 7 และ 2 ประชากรย่อย (subpopulation) ตามลำดับ ผลจากการศึกษาแสดงให้เห็นว่าการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมของถั่วทั้งสองชนิดนี้ในประเทศไทยควรใช้วิธีการที่แตกต่างกัน โดยใน *V. exilis* การอนุรักษ์จะต้องเก็บรวบรวมตัวอย่างเชื้อพันธุกรรมจากทุกประชากรหรือจากหลายประชากรให้มากที่สุด ในขณะที่ *V. grandiflora* นั้น การอนุรักษ์สามารถเลือกเก็บรวบรวมตัวอย่างเชื้อพันธุกรรมจากประชากรจำนวนน้อย อย่างไรก็ตาม ในแต่ละประชากรยังคงต้องเก็บรวบรวมตัวอย่างจำนวนหลายตัวอย่าง

ABSTRACT

The objective of this research was to determine genetic diversity and population structure of natural populations of two rare wild species of Asian *Vigna* (genus *Vigna* subgenus *Ceratotropis*), viz. *Vigna exilis* Tateishi and Maxted and *Vigna grandiflora* (Prain) Tateishi and Maxted from Thailand. Using 21 simple sequence repeat (SSR) markers, 107 and 85 individuals from 7 and 5 natural populations of *V. exilis* and *V. grandiflora*, respectively, were analyzed. In total, the markers detected 196 alleles for *V. exilis* and 219 alleles for *V. grandiflora*. *V. exilis* populations showed lower average values in number of alleles, allelic richness, observed heterozygosity, gene diversity, and outcrossing rate than *V. grandiflora* populations, being 58.00 vs. 114.60, 51.96 vs. 74.80, 0.02 vs. 0.18, 0.40 vs. 0.66, and 3.24% vs. 17.41%, respectively. Pairwise *F_{ST}* among populations demonstrated that *V. exilis* are much more differentiated than *V. grandiflora* which is supported by AMOVA analysis that 57.51 and 82.63 % of total variation resided within the populations of *V. exilis* and *V. grandiflora*, respectively. Seven and two genetic clusters were detected for *V. grandiflora* and *V. exilis* by STRUCTURE analysis. Our findings suggest that different strategies are needed for *in situ* conservation of the two species. All or as many as possible *V. exilis* populations should be conserved to protect genetic resources of this species. While a few *V. grandiflora* populations already capture the majority of its genetic variation in Thailand.

คำสำคัญ: ถั่วอะซูกิ, เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์, ถั่วเขียว, พันธุศาสตร์ประชากร, เครื่องหมายโมเลกุล SSR

Keywords: azuki bean, microsatellite marker, mung bean, population genetics, SSR