

บทคัดย่อภาษาไทย

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของทานตะวันที่ปรับปรุงพันธุ์ โดยมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารีและเพื่อศึกษาเครื่องหมายอาร์เอพีดีที่เกี่ยวข้องกับปริมาณน้ำมันสูง โดยใช้ตัวอย่างทานตะวันจำนวน 10 สายพันธุ์ เลือกใช้อาร์เอพีดีไพรมเมอร์ แบบสุ่มจำนวน 48 ชนิด พบว่ามีเพียง 15 ชนิด ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ โดยให้แถบดีเอ็นเอที่มีลักษณะที่แตกต่างกัน (polymorphic bands) สำหรับค่า PIC (Polymorphism information content) ที่ใช้ในการบอก ความหลากหลายและประโยชน์ในการนำไปใช้ มีค่าตั้งแต่ 0.04-0.56 มีค่าเฉลี่ย 0.27 แสดงถึง ความสามารถในการแยกแยะความแตกต่างค่อนข้างต่ำ พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทาง พันธุกรรม (similarity coefficient) ในทานตะวันทั้ง 10 สายพันธุ์ มีค่าอยู่ในช่วงระหว่าง 0.60-0.89 มี ค่าเฉลี่ย 0.75 ซึ่งบ่งถึงความใกล้ชิดทางพันธุกรรมทานตะวันสูง เมื่อใช้วิธี UPGMA พบว่าสามารถจัด กลุ่มทางพันธุกรรมได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ โดยไม่ได้สอดคล้องกับปริมาณน้ำมัน นอกจากนี้ยังพบว่าการ วิเคราะห์การจัดกลุ่ม principle coordinate analysis (PCoA) ที่ได้มีความสอดคล้องกับการจัดกลุ่ม โดย UPGMA ที่วิเคราะห์ด้วยโปรแกรม NTSYSpc เมื่อวิเคราะห์ความถูกต้องของการจัดกลุ่มโดยการ วิเคราะห์ค่า cophenetic correlation พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.80 ซึ่งเป็นค่าบวก หมายความว่าค่า correlation coefficient และค่า similarity coefficient มีความสัมพันธ์กันแบบทางเดียวอย่าง สมบูรณ์ถือว่าการจัดกลุ่มที่ดี โดยสรุป ข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมของทานตะวันที่ได้ จากการศึกษานี้ในครั้งนี้จะมีประโยชน์สำหรับการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมและการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ ในการปรับปรุงพันธุ์ทานตะวันต่อไป

Abstract

The goal of the presented research was to examine the genetic diversity and RAPD markers associated with high oil trait in sunflower genotypes developed at Suranaree University of Technology (SUT). Ten inbred lines were assessed with 48 RAPD markers, and only 15 markers could amplify DNA and gave polymorphic bands. The results revealed that, among the set of 10 genotypes, the calculated PIC value for RAPD ranged from 0.04 to 0.56 with an average 0.27. This indicates that these markers have a low polymorphic capability. The genetic similarity based on these RAPD markers ranged 0.60-0.89 with an average 0.75, suggesting that these sunflower genotypes had genetically close relationship. The dendrogram using the UPGMA algorithm based on RAPD marker systems divided the 10 sunflower genotypes into two main groups regardless of high oil content. However, the dendrogram appears conserved with their relative history data. The results of PCoA, which was done to visualize the genetic relationships among the inbred lines, well corresponded to those obtained through UPGMA cluster analysis. In conclusion, the genetic diversity data among inbred lines may be useful for germplasm conservation and for the selection of parental lines for hybrid breeding in sunflowers.