ปัญจมา จรรยาเลิศอดุล : การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมในทานตะวัน (*Helianthus annuus* L.) โดยเครื่องหมายอาร์เอพีดีและเครื่องหมายเอสเอสอาร์ (GENETIC DIVERSITY ANALYSIS IN SUNFLOWER (*Helianthus annuus* L.) GENOTYPES USING RAPD AND SSR MARKERS) อาจารย์ที่ปรึกษา : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.หนูเดือน เมืองแสน, 106 หน้า.

เครื่องหมายดีเอ็นเอที่แตกต่างกันสองชนิด คือ เครื่องหมายอาร์เอพีดี และเครื่องหมายเอสเอสอาร์ เป็นลำดับเบสสั้นที่มีการนำมาใช้กันอย่างแพร่หลายในการจำแนกสายพันธุ์และการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลสำหรับพืชหลายชนิด งานวิจัยที่นำเสนอนี้มีเป้าหมายในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างจีโนไทป์ของทานตะวันที่ถูกพัฒนาขึ้นโดยมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี (มทส.) โดยใช้เครื่องหมายอาร์เอพีดีและเครื่องหมายเอสเอสอาร์ ทำการประเมินสายพันธุ์แท้ 13 สายพันธุ์ พันธุ์สังเคราะห์ 8 พันธุ์ และพันธุ์ลูกผสม 3 พันธุ์ ด้วยเครื่องหมายอาร์เอพีดี 14 ไพรเมอร์และเครื่องหมายเอสเอสอาร์ 16 ไพรเมอร์ ผลการศึกษาพบว่า ทานตะวัน 24 จีโนไทป์มีค่าความแตกต่างหรือพอลิมอฟิซึม (PIC) ที่คำนวณด้วยเครื่องหมายอาร์เอพีดีมีค่าอยู่ระหว่าง 0.02-0.74 ค่าเฉลี่ย 0.40 ต่ำกว่าเครื่องหมายเอสเอสอาร์ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง 0.46-0.81 ค่าเฉลี่ย 0.64 แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายเอสเอสอาร์มีความสามารถในการแสดงความแตกต่างหรือพอลิมอฟิซึมสูงกว่าเครื่องหมายอาร์เอพีดี เครื่องหมายเอสเอสอาร์จะมีช่วงของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสูงกว่า (0.00-0.85 ค่าเฉลี่ย 0.31) เมื่อเทียบกับเครื่องหมายอาร์เอพีดี (0.00-0.49 ค่าเฉลี่ย 0.22) ซึ่งเป็นการบ่งชี้ว่าเครื่องหมายเอสเอสอาร์มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมของทานตะวันทั้ง 24 จีโนไทป์ต่ำกว่าเครื่องหมายอาร์เอพีดี เดนโดรแกรมที่สร้างขึ้นด้วยวิธี UPGMA จากเครื่องหมายดีเอ็นเอสองชนิดแบ่งทานตะวันทั้ง 24 จีโนไทป์เป็นสองกลุ่มหลักอย่างชัดเจน เดนโดรแกรมที่จำแนกด้วยเครื่องหมายเอสเอสอาร์แสดงความสอดคล้องกับข้อมูลแหล่งที่มาของสายพันธุ์ การจัดกลุ่มจากทั้งสองระบบเครื่องหมายยังแสดงให้เห็นว่าพันธุ์ลูกผสมทางการค้าและพันธุ์จากต่างประเทศได้รับการแยกออกอย่างชัดเจนจากสายพันธุ์แท้และพันธุ์สังเคราะห์โดยมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี นอกจากนี้ การวิเคราะห์พีซีโอเอซึ่งแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสายพันธุ์ ให้ผลที่สอดคล้องกับการวิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วยเดนโดรแกรม ผลที่ได้จากการศึกษาเครื่องหมายอาร์เอพีดีและเครื่องหมายเอสเอสอาร์มีความสอดคล้องกันในการศึกษาครั้งนี้ยืนยันได้จากการหาค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เพียร์สันระหว่างค่าความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมซึ่งมีค่าไปทางบวก (0.85) ความสัมพันธ์ที่สูงนี้แสดงให้เห็นว่าการจัดกลุ่มที่เกิดจากทั้งสองระบบเครื่องหมายมีความสอดคล้องกัน ข้อมูลด้านความหลากหลายทาง

พันธุกรรมและความสัมพันธ์ระหว่างสายพันธุ์ไม่เพียงแต่มีประโยชน์มากสำหรับการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมและการระบุสายพันธุ์แท้ แต่ยังมีประโยชน์ต่อการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่สำหรับการปรับปรุงพันธุ์ลูกผสมในทานตะวัน

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

สาขาวิชาชีววิทยา
ปีการศึกษา 2555

ลายมือชื่อนักศึกษา_____
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา_____
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม_____

PANJAMA JANYALERT-A-DOOL : GENETIC DIVERSITY ANALYSIS IN SUNFLOWER (*Helianthus annuus* L.) GENOTYPES USING RAPD AND SSR MARKERS. THESIS ADVISOR : ASST. PROF. NOODUAN MUANGSAN, Ph.D. 106 PP.

RANDOM AMPLIFICATION POLYMORPHIC DNA/ SIMPLE SEQUENCE REPEAT/ POLYMERASE CHAIN REACTION/ GENOTYPE/ GENETIC DIVERSITY/ GENETIC RELATIONSHIP/ SUNFLOWER

Two different DNA-based markers, random amplified polymorphic DNA (RAPD) and simple sequence repeats (SSRs), are short sequence elements that are abundant and widely used for genotype identification and marker development in many plant species. The goal of the presented research was to examine the genetic diversity and genetic relationships among sunflower genotypes developed at Suranaree University of Technology (SUT) by RAPD and SSR markers. Thirteen inbred lines, 8 synthetic and 3 hybrid varieties were assessed with 14 RAPD and 16 SSR markers. The results revealed that, among the set of 24 genotypes, the calculated PIC value for RAPD (ranging from 0.02 to 0.74 with an average 0.40) was lower than that for SSR (ranging from 0.46 to 0.81 with an average 0.64). This indicates that SSR markers have better capability to detect polymorphism than RAPD markers. SSR markers had a higher genetic similarity range (0.00-0.85 with an average 0.31) compared with RAPD markers (0.00-0.49 with an average 0.22), suggesting that SSR markers had lower genetic variation among the 24 sunflower genotypes than did RAPD markers. The dendrograms using the UPGMA algorithm based on both marker

systems divided the 24 sunflower genotypes into two main groups completely. The dendrogram based on SSR markers appears conserved with their relative history data. The clusters from both markers systems clearly showed that the commercial hybrid varieties and sunflower accessions from abroad were completely distinguished from the inbred lines and synthetic varieties developed by SUT. The results of PCoA, which was done to visualize the genetic relationships among the inbred lines, corresponded well to those obtained through UPGMA cluster analysis. The results obtained with RAPD and SSR markers were consistent in this study, as estimated by the high positive Pearson's correlation (r = 0.85) between the similarity matrices. The high correlation indicates that clusters produced based on the two marker systems were conserved. The genetic diversity and relationships data among inbred lines and varieties are not only useful for germplasm conservation and inbred line identification, but also for the selection of parental lines for hybrid breeding in sunflowers.

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

School of Biology

Academic Year 2012

Student's Signature_____

Advisor's Signature_____

Co-advisor's Signature_____