บทคัดย่อภาษาไทย

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางของทานตะวันที่ปรับปรุงพันธุ์โดยมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารีเทียบกับพันธุ์ลูกผสมทางการค้าและพันธุ์จากต่างประเทศโดยใช้เครื่องหมายอาร์เอพีดี และเครื่องหมายเอสเอสอาร์ ทำการประเมินทานตะวันรวม 24 สายพันธุ์ ได้แก่ พันธุ์แท้ 13 สายพันธุ์ พันธุ์สังเคราะห์ 8 พันธุ์ และพันธุ์ลูกผสม 3 พันธุ์ ด้วยเครื่องหมายอาร์เอพีดี 14 ไพรเมอร์และเครื่องหมายเอสเอสอาร์ 16 ไพรเมอร์ ผลการศึกษาพบว่าทานตะวัน 24 สายพันธุ์ให้ค่าความแตกต่างหรือพอลิมอฟิซึม (PIC) ที่คำนวณด้วยเครื่องหมายอาร์เอพีดีมีค่าอยู่ระหว่าง 0.02-0.74 ค่าเฉลี่ย 0.40 ต่ำกว่าเครื่องหมายเอสเอสอาร์ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง 0.46-0.81 ค่าเฉลี่ย 0.64 แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายเอสเอสอาร์มีความสามารถในการให้ความแตกต่างหรือพอลิมอฟิซึมสูงกว่าเครื่องหมายอาร์เอพีดี เดนโดรแกรมที่สร้างขึ้นด้วยวิธี UPGMA จากเครื่องหมายดีเอ็นเอสองชนิดแบ่งทานตะวันทั้ง 24 สายพันธุ์เป็นสองกลุ่มหลักอย่างชัดเจน เดนโดรแกรมที่จำแนกด้วยเครื่องหมายเอสเอสอาร์แสดงความสอดคล้องกับข้อมูลแหล่งที่มาของสายพันธุ์ การจัดกลุ่มจากทั้งสองระบบเครื่องหมายยังแสดงให้เห็นว่าพันธุ์ลูกผสมทางการค้าและพันธุ์จากต่างประเทศแยกออกจากสายพันธุ์แท้และพันธุ์สังเคราะห์โดยมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี นอกจากนี้ การวิเคราะห์พีซีโอเอ (PCoA) ยังบ่งชี้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสายพันธุ์ ซึ่งผลที่ได้จากการวิเคราะห์พีซีโอเอสอดคล้องกับการวิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วยเดนโดรแกรม ยืนยันได้จากการหาค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เพียร์สันระหว่างค่าความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมซึ่งมีค่าไปทางบวก (0.85) ความสัมพันธ์ที่สูงนี้แสดงให้เห็นว่าการจัดกลุ่มที่เกิดจากทั้งสองระบบเครื่องหมายนี้มีความสอดคล้องกัน ข้อมูลด้านความหลากหลายทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ระหว่างสายพันธุ์ไม่เพียงแต่มีประโยชน์มากสำหรับการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมและการระบุสายพันธุ์แท้ แต่ยังมีประโยชน์ต่อการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่สำหรับการปรับปรุงพันธุ์ลูกผสมในทานตะวัน

Abstract

The objective of this study was to evaluate the genetic diversity and genetic relationships among 24 sunflower genotypes using two different DNA-based markers, random amplified polymorphic DNA (RAPD) and Simple sequence repeats (SSRs). Thirteen inbred lines, 8 synthetic and 3 hybrid varieties were assessed with 14 RAPD and 16 SSR markers. The results found that, among the set of 24 genotypes, the calculated PIC value for RAPD (0.02-0.74 with average 0.40) was lower than SSR (0.46-0.81 with average 0.64). This indicates that SSR markers have a higher polymorphic capability than RAPD markers. In addition, SSR markers had higher genetic similarity range (average 0.31) compared with RAPD markers (average 0.22), suggesting that SSR markers had lower genetic variation among 24 sunflower genotypes than that RAPD markers. The dendrograms using the UPGMA algorithm based on both marker systems divided tested 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 system 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, indicating the genetic relationships among the inbred lines, corresponded to those obtained through UPGMA cluster analysis. The results obtained with RAPD and SSR markers were consistent in this study, estimated by the high positive Pearson's correlation (*r* = 0.85) between the similarity matrices. The high correlation indicated that clusters produced based on the two marker systems were conserved. The genetic diversity and relationships data among inbred lines and varieties may be useful for germplasm conservation and inbred line identification, as well as for the selection of parental lines for sunflower hybrid breeding.

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี