

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อพันธุกรรมงาในประเทศไทยจำนวน 32 พันธุ์ ซึ่งประกอบด้วยพันธุ์พื้นเมือง 11 พันธุ์ พันธุ์รับรอง 11 พันธุ์ สายพันธุ์ดี 7 พันธุ์ และพันธุ์นำเข้าจากต่างประเทศ 3 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอเอฟแอลพี จากการคัดกรองเอเอฟแอลพีไพรมอร์ จำนวน 28 คู่ พบว่า มี 10 คู่ ที่ให้แถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างชัดเจนและสามารถใช้เป็นเครื่องหมายเอเอฟแอลพีในการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอของเชื้อพันธุกรรมงาที่นำมาศึกษา โดยสามารถสร้างเครื่องหมายเอเอฟแอลพีได้จำนวน 240 เครื่องหมาย ซึ่งมีค่าเฉลี่ย 24 เครื่องหมายต่อคู่เอเอฟแอลพีไพรมอร์ ค่า polymorphic information content (PIC) มีค่าเฉลี่ย 0.27 26 % ของเครื่องหมายเอเอฟแอลพีมีค่า PIC สูงอยู่ในช่วงระหว่าง 0.26 และ 0.30 แสดงให้เห็นว่าเชื้อพันธุกรรมงาที่นำมาศึกษามีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมของ Dice (Dice's similarity coefficients) มีค่าตั้งแต่ 0.33 ถึง 0.91 โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.71 การจัดกลุ่มทางพันธุกรรมโดย UPGMA และการวิเคราะห์ปัจจัยหลัก (principle component analysis, PCA) สามารถจัดกลุ่มเชื้อพันธุกรรมงาที่ศึกษาได้ 2 กลุ่ม ค่าผลรวมที่ได้จากการวิเคราะห์ ปัจจัยหลัก สามปัจจัยแรกสามารถอธิบายความผันแปรทั้งหมดของการประเมินความเหมือนทางพันธุกรรมได้ 31 เปอร์เซ็นต์ การจัดกลุ่มโดยใช้ค่าความเหมือนทางพันธุกรรมนี้มีค่า cophenetic สูง ($r = 0.87$) แสดงว่าการจัดกลุ่มนี้มีความเหมาะสม ผลจากการวิจัยพบว่าเชื้อพันธุกรรมงาที่นำมาศึกษาในครั้งนี้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง

The aim of the present study was to determine genetic diversity among 32 sesame accessions in Thailand, including 11 local varieties, 11 recommended varieties, 7 elite lines and 3 introduced varieties using amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers. Out of 28 AFLP primer pairs evaluated, 10 were identified for germplasm fingerprinting based on number and quality of polymorphic bands, which yielded 240 AFLP markers, with the average of 24 polymorphic markers per primer combination. The mean polymorphic information content (PIC score) was 0.27. Twenty-six percent of AFLP markers showed high PIC score between 0.26 and 0.30, indicating moderately high diversity. The Dice similarity coefficient ranged from 0.33 to 0.91 between pairs of accessions, with the average of 0.71. The UPGMA cluster analysis and principal component analysis (PCA) grouped sesame germplasm into two groups. The first three principal component analysis (PCA) accounted for 31 % of the total variation of the estimated genetic similarity. A high cophenetic values ($r = 0.87$) was found between the AFLP data matrix and cophenetic matrix, indicating a good fit of this performed cluster analysis. Our results suggested that genetic diversity pattern of sesame germplasm in this study was moderately diverse.