

บทคัดย่อ

T 151481

ถั่วเหลืองพันธุ์มาตรฐานของทางราชการ 10 พันธุ์และถั่วเหลือง 18 สายพันธุ์จาก AVRDC ได้ถูกนำมาศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา เทคนิค RAPD และเทคนิค AFLP ไพรมเมอร์ RAPD ขนาด 10-15 นิวคลีโอไทด์ จำนวน 30 ไพรมเมอร์ ที่ให้แถบ DNA มากกว่า 4 แถบต่อไพรมเมอร์ และไพรมเมอร์ AFLP จำนวน 10 คู่ ถูกเลือกมาใช้ ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของตัวอย่างถั่วเหลืองพบว่าให้แถบ DNA ทั้งสิ้น 206 RAPD markers และ 437 AFLP markers ค่า Polymorphic Information Contents (PICs) มีค่า ระหว่าง 0.00-0.50 โดย 60.81% ของเครื่องหมายโมเลกุลมีค่า PICs อยู่ในช่วง 0.00-0.05 ค่าเฉลี่ย PIC มีค่า 0.12 ค่าความเหมือนทางพันธุกรรมคำนวณตามวิธีของ Sneath and Sokal (1973) อยู่ในช่วง 0.87-0.96 เมื่อวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ NTSYSpc2.02i สามารถ แบ่งถั่วเหลืองออกเป็น 5 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ได้แก่ สจ.1, สจ.2, สจ.4, สจ.5, ชม.60, GC9984, นว.1, ชม.2, kusl20004, สท.1, ชม.3 กลุ่มที่ 2 ได้แก่ GC2679, GC3318, GC7231, GC2796, GC4796, GC4637 กลุ่มที่ 3 ได้แก่ GC9822, GC11254, GC10215, GC10950, GC10981, GC10992, GC11101, GC10848 กลุ่มที่ 4 ได้แก่ สท.2, GC4120 และ กลุ่มที่ 5 คือ pk462 Principal Component Analysis (PCA) ถูกคำนวณจากค่าความเหมือนทางพันธุกรรมที่ได้จาก 643 RAPD และ AFLP markers เพื่อวิเคราะห์การกระจายตัวของถั่วเหลืองทั้ง 28 พันธุ์ PCA1, 2 และ 3 มีค่าครอบคลุม 27.17%, 12.28% และ 11.56% ของความแปรปรวนทั้งหมดตามลำดับ การจัดกลุ่มโดยวิธี PCA ให้ผลสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA ลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ศึกษามีความคล้ายคลึงกันมาก ซึ่งข้อมูลที่จัดกลุ่มโดยลักษณะทางสัณฐานวิทยาสันนิษฐาน ข้อมูลที่ได้จากเทคนิค RAPD และ AFLP ข้อมูลพื้นฐานทางพันธุกรรมเหล่านี้จะเป็นประโยชน์กับการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองในอนาคต

ABSTRACT

TE 151481

Ten soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] cultivars and eighteen soybean accessions from AVRDC Soybean Germplasm Collection were used to study genetic variation using morphological characters, RAPD and AFLP Techniques. Thirty RAPD, 10-15 nucleotide primers with more than 4 bands per primer and 10 AFLP combinations were selected and used to study genetic variation among soybean samples. 206 RAPD markers and 437 AFLP markers were produced. Polymorphic Information Contents (PICs) ranged from 0.00-0.50 with 60.81% of total markers were in the range of 0.00-0.05. Mean PIC was 0.12. Genetic similarity estimated by Sneath and Sokal (1973) ranged from 0.87-0.96. The NTSYSpc2.02i analysis based on similarity coefficient could identify soybean cultivars into 5 distinct groups; sj.1, sj.2, sj.4, sj.5, cm.60, GC9984, ns.1, cm.2, kus20004, st.1, cm.3; GC2679, GC3318, GC7231, GC2796, GC4796, GC4637; GC9822, GC11254, GC10215, GC10950, GC10981, GC10992, GC11101, GC10848; st.2, GC4120 and pk462. Principal Component Analysis (PCA) was calculated using similarity matrix for 643 RAPD and AFLP markers to produce distribution pattern of 28 soybean cultivars. PCA1, 2 and 3 accounted for 27.17%, 12.28% and 11.56% of total variation, respectively. The distribution patterns confirmed UPGMA cluster analysis with same distinct subgroups produced. The morphological characters among samples were very similar and the data supported the information of RAPD and AFLP techniques. The background genetic information will be useful for soybean improvement project in the future.