ปูชากร ภูวเกตานนท์. 2549. *การใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและ PCR based marker เพื่อจำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรมของงา (Sesamum indicum* **Linn.***).* วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชไร่ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยขอนแก่น. [ISBN 974-116-874-8]

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์: อ.ดร.จิรวัฒน์ สนิทชน, รศ.ดร.ประสิทธิ์ ใจศิล, ผศ.ดร.มนต์ชัย ดวงจินดา

บทคัดย่อ

งาจัดเป็นพืชน้ำมันที่มีความสำคัญมากชนิดหนึ่งมีการใช้ประโยชน์อย่างมากมาย การศึกษา ความหลากหลายทางพันธุกรรมของงา จะช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถคัดเลือกสายพันธุ์ มาใช้ประโยชน์ได้อย่างเหมาะสม ความหลากหลายทางพันธุกรรมสามารถศึกษาได้โดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา และข้อมูลทางพันธุกรรม การทดลองนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของงา 34 พันธุ์/สายพันธุ์ โดยปลูกทดสอบ ณ หมวดพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ได้ปลูกงาช่วงต้นฤดูฝนและปลายฤดูฝนปี 2547 แล้วบันทึกข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยา 18 ลักษณะ ที่ใช้จำแนกพันธุ์งา ประกอบด้วย จำนวนพู ตำแหน่งใบ ลักษณะขนฝัก ขนบนต้น มุมใบ รูปร่างของใบล่าง ขนของใบ การแตกกิ่ง การพัฒนาของต่อมน้ำหวานเป็นดอก การมีขนที่ดอก รูปร่างของฝัก ขนของฝัก สีของเมล็ด สีดอก สีของต่อมน้ำหวาน ลักษณะใบ ลักษณะเมล็ด และสีของ faveola ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ Jaccard coefficients มีค่าความใกล้ชิดระหว่างพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.23-0.89 และสร้าง dendrogram โดยใช้ Unweighted pair group method with arithmetic averages (UPGMA) พบว่าสามารถแยกพันธุ์ป่าออกจากพันธุ์ปลูกอย่างชัดเจน พันธุ์ที่เหลือจัดเป็น 2 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย งาแดงพื้นเมือง IS-1-21 BL5 S-25 มข.3 อุบลราชธานี1 บุรีรัมย์ MR36 MR4 MR13 NS4 มก.18 NS6 NS15 BL1 มข.2 นครสวรรค์ MKSI83042 WL9 NS14 ร้อยเอ็ด และ เลย กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย MKSI84001 GMUB1 GMUB4 GMUB7 GMUB5 GMUB8 GMUB3 LH214 LH220 มหาสารคาม60 และ มข.1

ศึกษาจากข้อมูลทางพันธุกรรมโดยใช้ PCR based marker ได้ทดสอบ primer ชนิด Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) จำนวน 33 primer พบว่ามีเพียง 10 primer ที่ให้แถบ DNA ที่แตกต่างกัน โดยปรากฏแถบของ DNA อยู่ในช่วง 380-1600 เบส เมื่อนำ primer ดังกล่าวมาเพิ่มปริมาณ DNA ในงา สามารถให้แถบ DNA ทั้งหมด 114 แถบ มีแถบของ DNA ที่ไม่สามารถแยกความแตกต่างได้ 27 แถบ และแถบ DNA ที่มีขนาดแตกต่างกัน 87 แถบ คิดเป็น 75.85 เปอร์เซ็นต์ วิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้โปรแกรม NTSYSpc (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ Jaccard coefficients มีค่าความใกล้ชิดระหว่างพันธุกรรมมีอยู่ระหว่าง 0.07-0.91 และสร้าง dendrogram โดยใช้ Unweighted pair group method with arithmetic averages (UPGMA) พบว่า พันธุ์ป่าแยกออกจากกลุ่มอย่างชัดเจนเช่นเดียวกับการใช้ข้อมูลทางสัณฐานวิทยา สำหรับ

พันธุ์ที่เหลือสามารถจัดกลุ่มทางพันธุกรรมได้ 2 กลุ่มกลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย BL5 BL1 MKSI84001 S-25 IS-1-21 และ เลย กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย KKU2 GMUB1 งาแดงพื้นเมือง นครสวรรค์ บุรีรัมย์ WL9 มก18 MR13 MR4 GMUB8 ร้อยเอ็ด MKSI83042 GMUB4 มข.1 GMUB3 NS15 NS6 NS14 มหาสารคาม60 GMUB5 NS4 LH220 มข.3 GMUB7 LH214 อุบลราชธานี1 และ MR36 โดยที่งาพันธุ์ป่าแยกออกจากพันธุ์ปลูกอย่างชัดเจน ค่าสหสัมพันธ์ของค่า similarity ระหว่างข้อมูลทางสัณฐานวิทยากับข้อมูลจาก RAPD marker มีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ 0.5433 ข้อมูลที่ได้จากการทดลองสามารถนำไปใช้สำหรับปรับพันธุ์งาได้ต่อไป

Poochakorn Phuwaketanon. 2006. ***Use of Morphological Characteristics and PCR Based Marker for Classification of Genetic Diversity in sesam (Sesamum indicum Linn.)***. Master of Science Thesis in Agronomy, Graduate School, Khon Kaen University. [ISBN 974-116-874-8]

Thesis Advisors : Dr.Jirawat Sanitchon, Assoc.Prof. Dr. Prasit Jaisil, Assist.Professor Dr. Monchai Duangjinda

ABSTRACT

Sesame (*Sesamum indicum* L.) is one of the oil crops that has been planted and widely utilization in many part of the world. Several varieties of sesame have been developed. The study on diversity might facilitate plant breeder to select the appropriate variety for breeding program. The evaluation of sesame germplasm is thus important for breeding success. This experiment was aimed to evaluate genetic diversity using morphological and genotypic data of 34 sesame varieties/lines. Sesame seeds were sown in early rainy season in 2004 and late rainy season of the same year at experimental farm, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University. Eighteen morphological characteristics including number of lobe, leaf arrangement, trunk hair, leaf hair, leaf angle, leaf shape, blanching, nectary gland development, corolla hair, pod shape, seed color, corolla color, nectary gland color, seed shape and faveola color were recorded. The genetic similarity between sesame varieties was investigated using by Jaccard. Morphology data has similarity coefficient between 0.23-0.89. Phylogenic tree was constructed by unweighted pair group method with arithmetic averages (UPGMA). The 34 varieties/lines were divided into two groups. The first group comprised of local red IS-1-21 BL5 S-25 KKU.3 UB1 Buriram MR36 MR4 MR13 NS4 KU.18 NS6 NS15 BL1 KKU.2 Nakornsawan MKSI83042 WL9 NS14 Roi-et and Loei. Group 2 were including MKSI84001 GMUB1 GMUB4 GMUB7 GMUB5 GMUB8 GMUB3 LH214 LH220 MK60 and KKU1. Wild type was clearly distinguished from cultivated varieties.

Thirty three RAPD primers were used for PCR. Ten primers out of those were polymorphic and 114 bands were produced which 87 bands gave polymorphism. The percent of polymorphism was 75.85 percent. The length of fragments derived from the ten primer were between 380-1600 bases. The genetic relationship in sesame varieties estimated from Jaccard coefficient has similarity coefficient between 0.07-0.91. Phylogenic tree constructed by UPGMA had two groups of sesame varieties. The first group comprised of BL5 BL1 MKSI84001 S-25 IS-1-21 and Loei whereas KKU2 GMUB1

local red Nakornsawan Buriram WL9 KU18 MR13 MR4 GMUB8 Roi-et MKSI83042 GMUB4 KKU1 GMUB3 NS15 NS6 NS14 MK60 GMUB5 NS4 LH220 KKU3 GMUB7 LH214 Ubon1 and MR36 were classified into group 2. Wild sesame stayed apart referred to as out group. Correlation between morphology and genetic data was intermediate (r=0.54) The constructed dendrogram will be available for further sesame breeding program.