

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของถั่วหรั่ง [*Vigna subterranea* (L.) Verdc.] จำนวน 40 สายพันธุ์ ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่ได้รับความอนุเคราะห์จาก International Institute of Tropical Agriculture (IITA) จำนวน 39 สายพันธุ์ ร่วมกับพันธุ์สงขลา 1 ซึ่งเป็นพันธุ์ส่งเสริมในประเทศ โดยใช้เทคนิคเอฟแอลพี (amplified fragment length polymorphism, AFLP) เพื่อศึกษาความสัมพันธ์และจำแนกพันธุ์ถั่วหรั่ง จากการใช้ไพรเมอร์ *EcoRI* ร่วมกับ *MseI* จำนวน 16 คู่ ทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 867 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่ให้โพลิมอร์ฟิซึมจำนวน 151 แถบ วิเคราะห์แถบดีเอ็นเอด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ เพื่อคำนวณดัชนีความเหมือนด้วยวิธี UPGMA จัดกลุ่มตัวอย่างแสดงผลในรูปของ dendrogram พบว่า มีดัชนีความเหมือนระหว่าง 0.59 ถึง 0.89 จากผลการทดลองแสดงให้เห็นว่า สายพันธุ์ถั่วหรั่งที่ศึกษามีความแปรปรวนทางพันธุกรรม และเทคนิค AFLP สามารถใช้ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมและบอกความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสายพันธุ์ได้ จากการวิเคราะห์โดยการจัดกลุ่ม พบว่า สามารถจัดกลุ่มถั่วหรั่งที่ศึกษาได้เป็น 9 กลุ่ม โดยส่วนใหญ่สอดคล้องกับการจัดกลุ่มโดยอาศัยแหล่งพันธุ์ (geographic region) และการจัดกลุ่มโดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพบางลักษณะ ได้แก่ ลักษณะเปลือกเมล็ด ลักษณะตาบนเมล็ด สีพื้นของตาบนเมล็ด และสีตาบนเมล็ด แต่ไม่สอดคล้องกับการจัดกลุ่มโดยอาศัยลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงปริมาณ

Amplified fragment length polymorphism (AFLP) was used to evaluate genetic variation and to assess genetic relationships among 40 accessions bambara groundnut [*Vigna subterranea* (L.) Verdc.] including 39 accessions from International Institute of Tropical Agriculture (IITA), Nigeria and one Thai's cultivated (Songkhla 1). Sixteen AFLP primer combinations between *EcoRI* and *MseI* primer generated total 867 bands with 151 scorable polymorphic bands across bambara groundnut accessions. Genetic similarity was calculated by computer software. The similarity matrix was then subjected to cluster analysis by unweighted pair-group method with arithmetic average (UPGMA) and dendrogram was created. Genetic variation between all accession based on similarity index ranged from 0.59 – 0.89. The results showed that bambara groundnut accessions possess genetically variation and AFLP markers can be effectively employed to assess genetic variation and to measure genetic relationship among accessions. Clustering analysis revealed that all bambara groundnut accessions constitute nine major groups corresponding to their geographic origin and some qualitative morphological characters on seed such as testa pattern, eye pattern, eye ground color and eye color.