

ชื่อเรื่อง	การทำแผนที่ QTL สำหรับขนาดเมล็ดในถั่วเหลืองฝักสด
ชื่อผู้เขียน	นางสาวสุพินญา ขันติภาพ
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน
อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก	อาจารย์ ดร.พรพันธ์ ภู่อ้อมพันธุ์

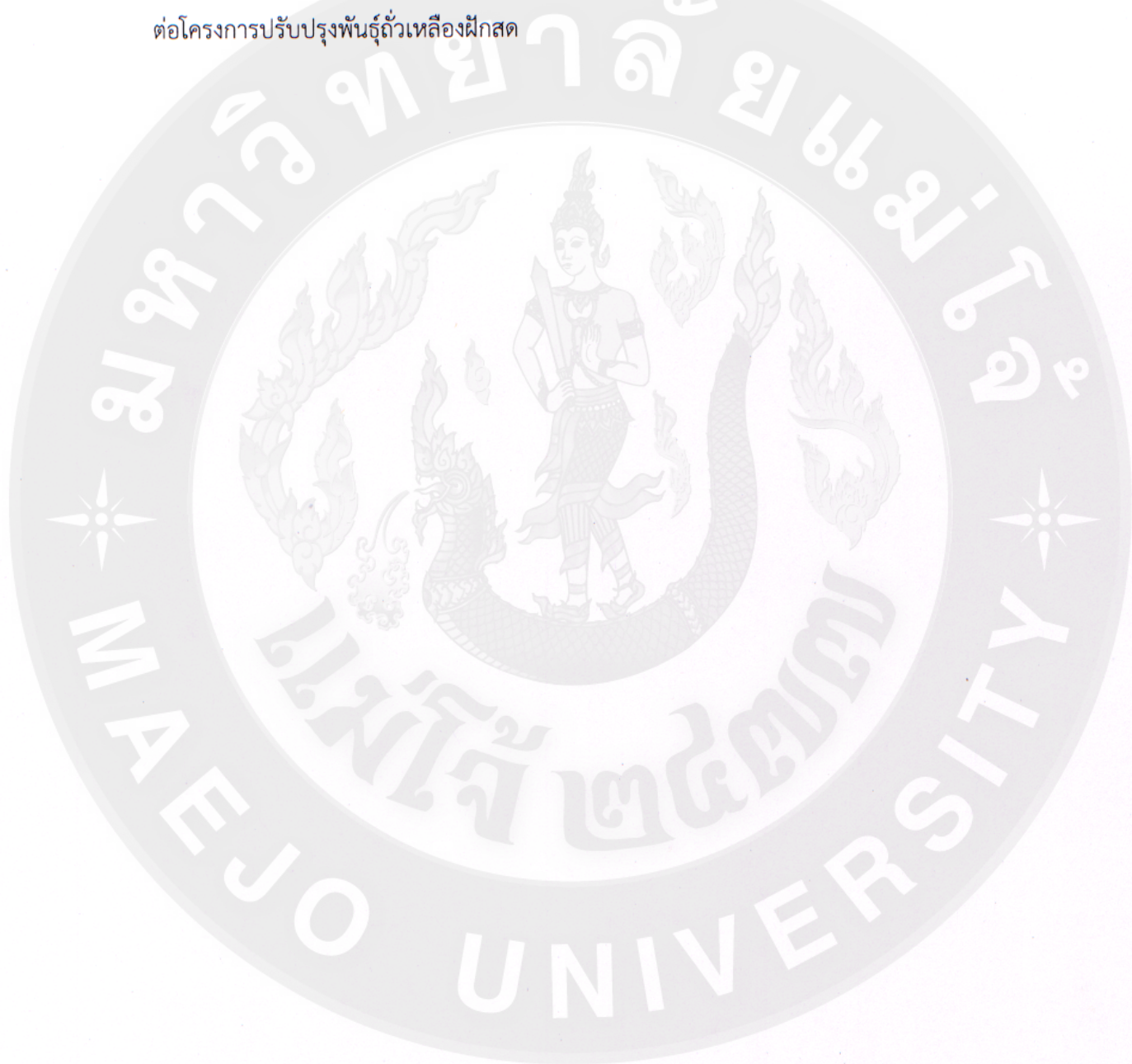
บทคัดย่อ

ลักษณะขนาดเมล็ดสดในถั่วเหลืองฝักสด ได้แก่ น้ำหนัก ความกว้าง ความยาว ความหนา และปริมาตรเมล็ดเป็นลักษณะหลัก ที่นำมาพิจารณาในการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด ตรงตามความต้องการของผู้บริโภค วัตถุประสงค์ของการศึกษานี้เพื่อศึกษาการกระจายตัวของลักษณะขนาดเมล็ด และการจำแนกเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบเอสเอสอาร์ ที่เชื่อมโยงกับลักษณะเชิงปริมาณ (Quantitative trait loci ,QTL) ในสายพันธุ์แท้ (recombinant in bred line, RILs) ที่ได้จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ 'AGS292' และสายพันธุ์จากการทดลอง 'K3' ได้ประเมินประชากรสายพันธุ์แท้ 92 สายพันธุ์ ร่วมกับพันธุ์พ่อแม่ โดยใช้แผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ จำนวน 2 ซ้ำ ในฤดูฝนปี 2557 และฤดูแล้งปี 2558 ทำการศึกษา ณ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ ผลการทดลอง พบว่า การกระจายตัวของลักษณะเมล็ดสดในสองฤดูเป็นแบบปกติและมีการกระจายตัวที่ดีเด่นและด้อยกว่าพ่อแม่ (transgressive segregation) การกระจายตัวของลักษณะเมล็ดแห้งในฤดูแล้งเป็นแบบปกติแต่ลักษณะเมล็ดแห้งในฤดูฝนและมีการกระจายตัวที่ดีเด่นและด้อยกว่าพ่อแม่ (transgressive segregation) ปริมาตรของเมล็ดสดในประชากรสายพันธุ์แท้มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างเมล็ดสดและความหนาเมล็ดสดส่วนปริมาตรเมล็ดแห้งมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับทุกลักษณะในทั้งสองฤดู

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวได้ถูกนำไปใช้ในการจำแนกเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบเอสเอสอาร์ (simple sequence repeat ,SSR) ที่มีความเชื่อมโยงกับขนาดเมล็ดอย่างมีนัยสำคัญในทั้งสองฤดูจำนวน 292 เครื่องหมาย จาก 20 กลุ่มลิงเกจ

การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่ง (multiple-locus regression) เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ที่มีความเชื่อมโยงกับขนาดเมล็ดอย่างมีนัยสำคัญพบว่าเครื่องหมายโมเลกุล Sat_033 บนกลุ่มลิงเกจ N อยู่ใกล้กลุ่มยีนหลัก (major QTL) ที่ควบคุมน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดในฤดูแล้ง สามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะ (phenotypic variation explain, R^2) ได้ร้อยละ 29.3 Satt657 บนกลุ่มลิงเกจ F อยู่ใกล้กลุ่มยีนหลัก ที่ควบคุมความกว้างเมล็ดสดในฤดูฝน สามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะได้ร้อยละ 35.7 Satt038 บนกลุ่มลิงเกจ G อยู่ใกล้กลุ่มยีนหลัก ที่ควบคุมความหนาเมล็ดสดในฤดูฝน สามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะได้ร้อยละ 29.1 Sat_403 บนกลุ่มลิงเกจ G อยู่ใกล้กลุ่มยีนหลัก ที่ควบคุมความหนาเมล็ดแห้งในฤดูแล้ง สามารถ

อธิบายความแปรปรวนของลักษณะได้ร้อยละ 35.4 Satt657 บนกลุ่มลิงเกจ F อยู่ใกล้กลุ่มยีนหลัก (major QTL) สำหรับลักษณะปริมาตรเมล็ดสดในฤดูฝน สามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะได้ร้อยละ 22.0 GMES1619 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กลุ่มยีนหลัก ที่ควบคุมปริมาตรเมล็ดแห้งในฤดูแล้ง สามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะได้ร้อยละ 28.6 จากผลการศึกษาครั้งนี้เป็นประโยชน์ต่อโครงการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด



Title	QTL Mapping for Seed Size of Vegetable Soybean
Author	Miss Supinya Khantipap
Degree	Master of Science in Horticulture
Advisor Committee Chairperson	Dr. Pornpan Pooprompan

ABSTRACT

Seed size of vegetable soybean such as seed width, seed length, seed thickness and seed volume were major traits to be considered in vegetable soybean breeding for consumers. The objectives of this study were to study the segregation of seed size and to identify SSR markers associated with QTL controlling seed size in recombinant inbred line (RIL) from a single cross of vegetable soybean variety 'AGS292' and experimental line 'K3', Ninety-two RILs. The parents were evaluated in the fields of Maejo University with 2 replications in a Randomized Complete Block Design during rainy and dry season 2014. Fresh and dry seed size were observed. The resulted found that fresh seed size was normally distributed in both seasons. Dry seed size was not normally distributed in rainy season of 2014. Positive and negative transgressive segregation of fresh and dry seed size were observed in both seasons as well. Fresh seed volume were positively correlated with fresh seed width and fresh seed thickness. Dry seed volume were positively correlated with all dry seed traits in both seasons.

Single Factor Analysis of variance (SF-ANOVA) was performed to identify significantly SSR markers associated with seed size in both seasons. Two hundred and ninety two polymorphic markers from 20 linkage groups were analyzed for associating to these traits.

Multiple – locus regression analysis of significant SSR markers associated with major QTL controlling seed size were found that on Sat_033 on LG N for 100 dry seed weight and phenotypic variation explain (PVE, R^2) was 29.3% in dry season 2014, Satt657 on LG F for fresh seed wide and PVE was 35.7% in dry season 2015, Satt038 on LG G for dry seed thickness and PVE was 29.1% in rainy season 2014, Satt403 on LG J for fresh seed thickness and PVE was 35.4% in dry season 2015, Satt657 on LG F

for fresh seed volume and PVE was 22.0 % in rainy season 2014, GMES1619 on LG J
for dry seed volume and PVE was 28.6% in dry season 2015.

