

ชื่อเรื่อง	การถ่ายทอดลักษณะและการวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลของ องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสด
ชื่อผู้เขียน	นางสาวกมลรัตน์ บุญมาวัฒน์
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน
ประธานกรรมการที่ปรึกษา	อาจารย์ ดร.พรพันธ์ ภู่อ้อมพันธุ์

บทคัดย่อ

องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดของถั่วเหลืองฝักสดเป็นลักษณะที่น่าสนใจที่มีความสำคัญต่อคุณภาพ ซึ่งลักษณะนี้มีประโยชน์สำหรับการพัฒนาพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดให้มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดตามต้องการ วัตถุประสงค์ในการศึกษานี้เพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะและจำแนกเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่เชื่อมโยงกับลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสดและลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญทางการเกษตรในประชากรสายพันธุ์แท้ที่ได้มาจากคู่ผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ AGS292 ซึ่งมีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดต่ำ และถั่วเหลืองสายพันธุ์ (G8891xG7945) 31-3-5-5 หรือ K3 ที่มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสูง ปลูกทดสอบประชากรสายพันธุ์แท้ 92 สายพันธุ์ ร่วมกับพันธุ์พ่อแม่ ใน 2 สภาพแวดล้อม วางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ (randomized complete block design, RCBD) จำนวน 2 ซ้ำ ผลการทดลองพบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด น้ำหนักฝักสด 100 ฟัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 41.9, 62.0, 47.1, 63.6, 66.0, 57.9 และ 31.3 ตามลำดับ

การวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์เพื่อสำรวจความแตกต่างของพันธุ์พ่อแม่จำนวน 273 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ พบว่า มี 97 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่าง (polymorphism) ระหว่างพันธุ์พ่อแม่ นำเครื่องหมายโมเลกุลเหล่านี้ไปวิเคราะห์ความเชื่อมโยงกับลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดและลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญทางการเกษตรกับประชากรสายพันธุ์แท้ 92 สายพันธุ์ พบว่า มีกลุ่มยีนหลัก (major QTL) อย่างน้อย 1 ตำแหน่ง และกลุ่มยีนรอง (minor QTL) 4 ตำแหน่ง ที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด กลุ่มของยีนที่อยู่ใกล้กับเครื่องหมายโมเลกุล Sat239 บนกลุ่มลิงเกจ I มีอิทธิพลมากที่สุดต่อความแปรปรวนของลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด ส่วนความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์และลักษณะทางการเกษตร พบกลุ่มยีนหลักอย่างน้อย 1 ตำแหน่ง และกลุ่มยีนรองอีก 5 ตำแหน่ง ที่ควบคุมน้ำหนักฝักสด 100 ฟัก เครื่องหมายโมเลกุล Sat431 บนกลุ่มลิงเกจ J มีอิทธิพล

มากที่สุดต่อลักษณะ พบกลุ่มยีนหลักอย่างน้อย 1 ตำแหน่ง และกลุ่มยีนรองอีก 5 ตำแหน่ง ที่ควบคุม น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 บนกลุ่มลิงเกจ B1 มีอิทธิพลมากที่สุดต่อ ลักษณะ พบกลุ่มยีนรอง 10 ตำแหน่ง ที่ควบคุมน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด พบกลุ่มยีนหลัก อย่างน้อย 1 ตำแหน่ง และกลุ่มยีนรองอีก 6 ตำแหน่ง ที่ควบคุมความยาวฝักสด เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 บนกลุ่มลิงเกจ B1 มีอิทธิพลมากที่สุดต่อลักษณะ พบกลุ่มยีนหลักอย่างน้อย 1 ตำแหน่ง และกลุ่มยีนรองอีก 8 ตำแหน่ง ที่ควบคุมความกว้างฝักสด เครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่ม ลิงเกจ J มีอิทธิพลมากที่สุดต่อลักษณะ และพบกลุ่มยีนรอง 3 ตำแหน่ง ที่ควบคุมความหนาฝักสด

กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณที่พบในครั้งนี้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถ นำมาใช้ประโยชน์ในการใช้เครื่องหมายโมเลกุลช่วยคัดเลือกและเป็นข้อมูลพื้นฐาน สำหรับการปรับปรุงสายพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด ในประเทศไทยและประเทศเพื่อนบ้าน

Title	Inheritance and Molecular Marker Analysis of Seed Protein Content in Vegetable Soybean
Author	Miss Kamolrat Boonmawat
Degree of	Master of Science in Horticulture
Advisory Committee Chairperson	Dr. Pornpan Pooprompan

ABSTRACT

Protein content in fresh seed of vegetable soybean is an important and interesting character of quality as this trait has been found to benefit the development of vegetable soybean cultivars to contain desirable seed protein content. The objective of this study was to investigate the character inheritance and identify simple sequence repeat (SSR) marker associated with quantitative trait loci (QTL) for seed protein content and agricultural traits in recombinant inbred lines (RILs) derived from a cross between vegetable soybean cultivar 'AGS 292' with low seed protein content and grain soybean line (G8891xG7945) 31-3-5-5 (or 'K3') with high seed protein content. A total of 92 RILs and parents were grown in two environments. Experiments were conducted using randomized complete block design (RCBD) with two replications. Results revealed that narrow-sense heritability combined over two environments of fresh seed protein content (FSPC), 100 fresh pod weight (FPW), 100 fresh seed weight (FSW), 100 dry seed weight (DSW), pod length (PL), pod width (PW) and pod thick (PT), were 41.9, 62.0, 47.1, 63.6, 66.0, 57.9 and 31.3 %, respectively.

SSR analysis for survey polymorphisms of the parents with 273 SSR markers on 20 molecular linkage groups (MLG) revealed that 97 markers, showed polymorphisms and could be used to analyse the association of seed protein content and agricultural traits in 92 individual RILs. Further results indicated that 1 major QTL and 4 minor QTLs were involved in controlling fresh seed protein content. QTLs near SSR markers Satt239 in MLG I had the greatest effect on phenotypic variation of fresh seed protein content. Association of SSR markers and agricultural traits showed that greatest effects were found in 1 major QTL at locus Satt431 in MLG J including 5 minor QTLs for FPW; 1 major QTL at locus Satt197 in MLG B1 including 5 minor QTLs for FSW; 10 minor QTLs for DSW; 1 major QTL at locus Satt197 in MLG B1 including

1 major QTL including 8 minor QTLs for PW and Satt431 in MLG J, as well as 3 minor QTLs for PT.

QTLs found in this study showed ability to facilitate vegetable soybean breeders in performing marker-assisted selection (MAS) and this could serve as basic information for breeding program in Thailand or in other neighboring countries.

