

สำนักงานบัณฑิตศึกษา มหาวิทยาลัยแม่โจ้

ระดมการประเมินคุณภาพ



ดีเยี่ยม



ดีมาก



ดี



ปานกลาง



การถ่ายทอดลักษณะและการวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุล
ขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสด

กมลรัตน์ บุญมาวัฒน์

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน
สำนักบริหารและพัฒนาวิชาการ มหาวิทยาลัยแม่โจ้

พ.ศ. 2552

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยแม่โจ้



ใบรับรองวิทยานิพนธ์

สำนักบริหารและพัฒนาวิชาการ มหาวิทยาลัยแม่โจ้
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน

ชื่อเรื่อง

การถ่ายทอดลักษณะและการวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุล
ขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสด

โดย

กมลรัตน์ บุญมาวัฒน์

พิจารณาเห็นชอบโดย

ประธานกรรมการที่ปรึกษา
(อาจารย์ ดร.พรพันธ์ ภูพร้อมพันธุ์)

วันที่...../.....เดือน.....ปี พ.ศ. ๒๕๖๒

กรรมการที่ปรึกษา
(รองศาสตราจารย์ ดร.เพ็ญ อ้น)

วันที่...../.....เดือน.....ปี พ.ศ. ๒๕๖๒

กรรมการที่ปรึกษา
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์สุเริน ทาเจริญ)

วันที่...../.....เดือน.....ปี พ.ศ. ๒๕๖๒

ประธานกรรมการประจำหลักสูตร
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ธีรเดช เจริญกิจ)

วันที่...../.....เดือน.....ปี พ.ศ. ๒๕๖๒

สำนักบริหารและพัฒนาวิชาการรับรองแล้ว

.....
(รองศาสตราจารย์ ดร.เทพ พงษ์พานิช)

ประธานกรรมการบัณฑิตศึกษา

วันที่...../.....เดือน.....ปี พ.ศ. ๒๕๖๒

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.



กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอขอบพระคุณ อาจารย์ ดร. พรพันธ์ ภูพร้อมพันธุ์ ประธานกรรมการที่ปรึกษาที่ให้คำแนะนำในการดำเนินงานทดลอง ตลอดจนช่วยสนับสนุนวัสดุอุปกรณ์ที่ใช้ในงานทดลองทั้งหมดทั้งในห้องปฏิบัติการและแปลงทดลอง รวมทั้งตรวจสอบแก้ไขวิทยานิพนธ์จนกระทั่งสำเร็จเป็นวิทยานิพนธ์อย่างสมบูรณ์

ขอขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ คนูวัต เฟื่องอัน และท่านผู้ช่วยศาสตราจารย์ ทูเรียน ทาเจริญ กรรมการที่ปรึกษา ที่ได้ให้คำแนะนำในการทำวิทยานิพนธ์และตรวจสอบแก้ไขจนสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

ขอขอบพระคุณอาจารย์เอนก โชติญาณวงษ์ ผู้ทรงคุณวุฒิ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ที่กรุณาตรวจแก้ไขและให้คำแนะนำทางวิชาการอันเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่องานวิจัยในครั้งนี้

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนส่วนหนึ่งจากสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.) และศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กระทรวงศึกษาธิการ

ท้ายนี้ข้าพเจ้ากราบขอบพระคุณ คุณพ่อสมศักดิ์ คุณแม่เรียบ บุญมาวัฒน์ ที่คอยเป็นกำลังใจ อบรมสั่งสอนและสนับสนุนทุนการศึกษาจนจบการศึกษาดี้อย่างตลอดมา และขอบพระคุณทุกๆ คนในครอบครัว รวมถึงอาจารย์เพ็ญรุ่ง ภูพร้อมพันธุ์ พี่ๆ เพื่อนๆ และน้องๆ ทุกคนที่ช่วยเหลือทั้งร่างกายและแรงใจจนทำให้ข้าพเจ้าทำงานทดลองเสร็จสมบูรณ์ได้ด้วยดี และสุดท้ายขอขอบพระคุณอาจารย์ทุกท่านจากทุกสถาบันการศึกษา รวมทั้งมหาวิทยาลัยแม่โจ้ที่ช่วยประสาทวิชา อบรมสั่งสอนให้วิชาความรู้และความสามารถเพื่อนำไปใช้ในการพัฒนาสังคมและประเทศชาติต่อไป

กมลรัตน์ บุญมาวัฒน์

พฤศจิกายน 2552

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อ	(3)
ABSTRACT	(5)
กิตติกรรมประกาศ	(7)
สารบัญ	(8)
สารบัญตาราง	(10)
สารบัญภาพ	(14)
สารบัญภาพผนวก	(16)
บทที่ 1 บทนำ	1
ปัญหาของการวิจัย	2
วัตถุประสงค์	2
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
ขอบเขตของการวิจัย	3
บทที่ 2 การตรวจเอกสาร	4
ความสำคัญของถั่วเหลืองฝักสด	4
ลักษณะของถั่วเหลืองฝักสดที่ตลาดญี่ปุ่นต้องการ	5
การผลิตถั่วเหลืองฝักสดในต่างประเทศ	5
ลักษณะพฤกษศาสตร์	7
การจำแนกชนิดถั่วเหลือง	9
โปรตีน	10
ชนิดของโปรตีนที่พบในถั่วเหลือง	11
ความสำคัญของสารอาหารโปรตีนต่อร่างกาย	11
เครื่องหมายโมเลกุลและการใช้ประโยชน์	12
ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci , QTL)	14
อัตราพันธุกรรม (heritability)	14
เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (simple sequence repeat)	16
บทที่ 3 วิธีการวิจัย	18
อุปกรณ์	18

	หน้า
วิธีการวิจัย	19
การบันทึกข้อมูล	20
การวิเคราะห์ข้อมูล	20
ระยะเวลาและสถานที่ดำเนินงาน	24
บทที่ 4 ผลการทดลอง	25
การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม	25
สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางการเกษตร	50
การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพันธุ์พ่อแม่	59
การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ	65
บทที่ 5 วิเคราะห์ผลการทดลอง	91
การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม	91
สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางการเกษตร	95
การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ	96
บทที่ 6 สรุปผลการทดลอง	101
การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม	101
สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางการเกษตร	103
การวิเคราะห์ลักษณะพันธุกรรม	103
บรรณานุกรม	106
ภาคผนวก	111
ภาคผนวก ก การสำรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอ	112
ภาคผนวก ข ประวัติผู้วิจัย	115

สารบัญตาราง

ตาราง		หน้า
1	การวิเคราะห์ความแปรปรวนองค์ประกอบ โปรตีนในเมล็ดสดในฤดูฝนปี 2550	32
2	การวิเคราะห์ความแปรปรวนองค์ประกอบ โปรตีนในเมล็ดสดในฤดูแล้งปี 2551	32
3	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมองค์ประกอบ โปรตีน ในเมล็ดสดในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551	33
4	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ในฤดูฝนปี 2550	34
5	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ในฤดูแล้งปี 2551	34
6	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้ง ปี 2551	35
7	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550	36
8	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูแล้งปี 2551	36
9	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้ง ปี 2551	37
10	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550	38
11	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูแล้งปี 2551	38
12	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้ง ปี 2551	39
13	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความยาวฝักสด ในฤดูฝนปี 2550	40
14	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความยาวฝักสด ในฤดูแล้งปี 2551	40
15	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของความยาวฝักสด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551	41
16	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความกว้างฝักสด ในฤดูฝน ปี 2550	42
17	การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความกว้างฝักสด ในฤดูแล้งปี 2551	42
18	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของความกว้างฝักสด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551	43

ตาราง	หน้า
19 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความหนาฝักสด ในฤดูฝน ปี 2550	44
20 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความหนาฝักสด ในฤดูแล้งปี 2551	44
21 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของความหนาฝักสด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551	45
22 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	46
23 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	46
24 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	47
25 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	47
26 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	48
27 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	48
28 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความหนาฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	49

ตาราง	หน้า
29	แสดงสหสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสดและความหนาฝักสด ของประชากรสายพันธุ์แท้ที่ปลูกทดสอบ 2 ฤดู 51
30	การกระจายตัวของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ 97 เครื่องหมาย ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในการทดสอบค่าไคสแควร์ 60
31	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง กับเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู 71
32	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง กับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู 72
33	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง กับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู 74
34	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง กับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู 76
35	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง กับความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู 78
36	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง กับความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู 80
37	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง กับความหนาฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู 82

ตาราง	หน้า
38 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุล ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบโปรตีน ในเมล็ดสด ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	84
39 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุล ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	85
40 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุล ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดสด 100เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	86
41 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุล ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	87
42 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุล ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	88
43 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุล ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	89
44 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุล ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับความหนาฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	90

สารบัญภาพ

ภาพ		หน้า
1	การกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (เปอร์เซ็นต์) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550	52
2	การกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (เปอร์เซ็นต์) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2551	52
3	การกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (เปอร์เซ็นต์) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู	52
4	การกระจายตัวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550	53
5	การกระจายตัวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2551	53
6	การกระจายตัวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู	53
7	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550	54
8	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2551	54
9	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู	54
10	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550	55
11	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2551	55
12	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู	55
13	การกระจายตัวของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550	56

ภาพ		หน้า
14	การกระจายตัวของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551	56
15	การกระจายตัวของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู	56
16	การกระจายตัวของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550	57
17	การกระจายตัวของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551	57
18	การกระจายตัวของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู	57
19	การกระจายตัวของความหนาฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550	58
20	การกระจายตัวของความหนาฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551	58
21	การกระจายตัวของความหนาฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากร ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู	58

สารบัญภาพผนวก

ภาพผนวก	หน้า
1 การสำรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอของพันธุ์แม่ (AGS 292) และพันธุ์พ่อ (K3) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ในอะกาโรสเจล 3 เปอร์เซ็นต์	113
2 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้มายเลข 3-25 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)	113
3 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้มายเลข 26-49 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)	113
4 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้มายเลข 50-73 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)	114
5 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้มายเลข 74-96 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)	114

บทที่ 1

บทนำ

ถั่วเหลืองฝักสดมีผู้นิยมบริโภคมากขึ้น ทั้งชาวต่างประเทศและชาวไทย เพราะถั่วเหลืองฝักสดเป็นถั่วเหลืองที่มีเมล็ดขนาดใหญ่ เก็บเกี่ยวขณะที่ฝักยังสด สีเขียว มีรสชาติค่อนข้างหวาน มีคุณค่าทางโภชนาการและแร่ธาตุอาหารที่เป็นประโยชน์ต่อร่างกายหลายชนิด ซึ่งประกอบด้วยโปรตีนร้อยละ 13 มี chlolesterol-free fat ร้อยละ 5.7 ฟอสฟอรัส 158 มิลลิกรัม/100 กรัม แคลเซียม 78 มิลลิกรัม/100 กรัม วิตามินบี 10.4 มิลลิกรัม/100 กรัม และวิตามิน บี 20.17 มิลลิกรัม/100 กรัม ซึ่งสามารถใช้เป็นแหล่งอาหารประเภทโปรตีนทดแทนโปรตีนจากเนื้อสัตว์ได้ดี ในประเทศที่กำลังพัฒนา (Shanmugasundaram and Yan, 2004) นอกจากนี้ในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสดยังมีสาร isoflavone ที่ช่วยชะลอความเสี่ยงต่อโรคหัวใจ มะเร็งเต้านม มะเร็งต่อมลูกหมากและลดอาการวัยทองได้ (Primomo *et al.*, 2005) ชาวญี่ปุ่นนิยมบริโภคถั่วเหลืองฝักสดกันมาก ปีหนึ่ง ๆ ประมาณ 150,000 ตัน แต่ในประเทศผลิตไม่พอเพียง จึงต้องนำเข้าจากต่างประเทศ เช่น จีน ไต้หวัน ไทย อินโดนีเซีย และเวียดนาม เป็นต้น ปีหนึ่ง ๆ มากกว่า 50,000 ตัน จีนและไต้หวันเป็นประเทศที่ส่งถั่วเหลืองฝักสดไปขายที่ญี่ปุ่นมาก ประเทศไทยส่งไปขายปีละประมาณ 10 เพอร์เซ็นต์เท่านั้น แต่ขณะนี้ปริมาณความต้องการถั่วเหลืองฝักสดของญี่ปุ่นจากประเทศไทยเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ โดยส่งออกถั่วเหลืองฝักสดในรูปฝักแช่แข็งและรีดเมล็ด แต่พันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดที่ใช้ปลูกในประเทศไทยขณะนี้พันธุ์ที่นำเข้ามาจากไต้หวันทั้งหมด ซึ่งมีข้อจำกัดด้านความสามารถในการปรับตัวให้กับสภาพแวดล้อมของไทย และผลผลิตยังไม่เป็นที่พอใจอีกด้วย ดังนั้นการพัฒนาพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดใหม่ ๆ จึงมีความจำเป็นอย่างยิ่ง เพื่อทดแทนการนำเข้าเมล็ดพันธุ์ที่นำเข้าเพื่อลดต้นทุนการผลิตในส่วนนี้ได้อีกมาก (สมศักดิ์, 2547) การวิจัยครั้งนี้ เน้นการศึกษาลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะทางคุณภาพของเมล็ดสด คือ องค์ประกอบของโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสดและลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรในประชากรสายพันธุ์แท้ (recombinant inbred lines, RILs) ที่มีการกระจายตัว (segregating population) จากกลุ่มสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ที่ใช้ปลูกเป็นการค้าซึ่งปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมของประเทศไทยได้ดี ได้แก่ พันธุ์ AGS 292 กับสายพันธุ์ปรับปรุงก้าวหน้า (advanced breeding line) สายพันธุ์ (G8891 x G7945) 31-3-5-5 หรือ K3 ที่มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสูง (seed protein content) รวมทั้งวิเคราะห์องค์ประกอบทางคุณภาพของถั่วเหลืองฝักสดและลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรอื่นๆ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (simple sequence repeat, SSR) เพื่อสืบค้นความเชื่อมโยงกับลักษณะที่สนใจ

ปัญหาของการวิจัย

เนื่องจากพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดที่ใช้ปลูกกันอยู่ปัจจุบันเป็นพันธุ์ที่นำเข้ามาจากต่างประเทศ ส่วนพันธุ์ที่ปรับปรุงพันธุ์ขึ้นมาเพื่อปลูกกันภายในประเทศยังไม่ได้ความนิยมอย่างแพร่หลายเพราะปัญหาด้านคุณภาพและผลผลิต และในอนาคตอาจจะต้องเสียค่าลิขสิทธิ์พันธุ์อีกด้วย จึงทำการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดที่เป็นของไทยเอง ให้มีคุณภาพและองค์ประกอบทางเคมีตามต้องการ และสามารถปรับตัวได้ดีในสภาพแวดล้อมของแหล่งปลูก

วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญ (quantitative trait loci, QTL) ของถั่วเหลืองฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ที่มีการกระจายตัวจากกลุ่มผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ AGS 292 กับถั่วเหลืองสายพันธุ์ (G8891 x G7945) 31-3-5-5 หรือ K3
2. เพื่อศึกษาความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (SSR) กับลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญทางการเกษตร
3. เพื่อใช้เครื่องหมายโมเลกุลช่วยคัดเลือกพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดไทยให้มีคุณภาพและสามารถปรับตัวได้ดีในสภาพแวดล้อมของแหล่งปลูก สำหรับการส่งออกและบริโภคภายในประเทศ

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. สามารถประเมินค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญในถั่วเหลืองฝักสด ได้แก่ ลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (seed protein content) และลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญอื่นๆ เป็นต้น
2. ทราบตำแหน่งเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยง หรือวางอยู่ใกล้กับกลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณของถั่วเหลืองฝักสด ได้แก่ ลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด และลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญอื่นๆ
3. ได้วิธีการคัดเลือกพันธุ์ที่รวดเร็วขึ้นสำหรับถั่วเหลืองฝักสด โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ จึงมีโอกาพัฒนาพันธุ์ที่มีลักษณะเฉพาะต่างๆ ได้เร็วขึ้น

ขอบเขตของการวิจัย

1. ศึกษาลักษณะองค์ประกอบทางคุณภาพของเมล็ดถั่วเหลืองฝักสด ได้แก่ ลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด และศึกษาลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรอื่นๆ ได้แก่ น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝัก ความกว้างฝัก และความหนาฝัก เป็นต้น
2. เพื่อตรวจหาเครื่องหมายโมเลกุลที่วางอยู่ใกล้กับกลุ่มยีน ที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดและคุณภาพของถั่วเหลืองฝักสดควบคู่ไปด้วยทำให้ทราบข้อมูลเกี่ยวกับการถ่ายทอดลักษณะ

บทที่ 2

การตรวจเอกสาร

ความสำคัญของถั่วเหลืองฝักสด

เมล็ดถั่วเหลือง (*Glycine max* (L.) Merrill) สามารถแบ่งออกตามการใช้ประโยชน์ได้ 2 รูปแบบ คือ เมล็ดแห้งและเมล็ดสด กรณีของเมล็ดแห้ง ถั่วมีคุณภาพดีใช้ทำเป็นผลิตภัณฑ์อาหาร สำหรับคุณภาพรองใช้สกัดน้ำมันได้กากถั่วเหลืองใช้ทำอาหารสัตว์ หรือใช้เมล็ดแห้งทำอาหารสัตว์โดยตรง สำหรับกรณีของการบริโภคเมล็ดสดหรือถั่วเหลืองฝักสด คนไทยเรียกว่า “ถั่วแระ” โดยจะเก็บเกี่ยวในขณะที่ฝักมีเมล็ดเต็มที่ แต่ยังไม้เปลี่ยนจากสีเขียวเป็นเหลือง เพื่อใช้บริโภคเป็นอาหารว่าง โดยการต้มทั้งต้นและฝัก แต่ถั่วเหลืองฝักสด (vegetable soybean) ที่มีคุณภาพสูง ผลิตเพื่อการส่งออกไปยังประเทศญี่ปุ่นจะอยู่ในรูปฝักสดแช่แข็ง ญี่ปุ่นเรียกว่า “eda mame” หรืออีกรูปแบบเป็นการส่งออก เมล็ดสดที่แกะออกจากเปลือกฝัก (shelled eda mame) ส่วนใหญ่เป็นความต้องการของตลาดในยุโรป การผลิตถั่วเหลืองฝักสดของโลก มีการผลิตและใช้รับประทานกันมากในประเทศแถบเอเชีย เช่น ญี่ปุ่น จีน ไต้หวัน ไทย อินโดนีเซีย และเวียดนาม ประเทศที่ผลิตและส่งออกมากขณะนี้คือ จีน ไต้หวัน และไทย โดยที่จีนส่งออกเพิ่มขึ้น ส่วนไต้หวัน ไทย และอินโดนีเซีย ส่งออกลดลงเล็กน้อย ขณะนี้ประเทศอินเดียเริ่มมีการผลิตและส่งออกถั่วเหลืองฝักสดเป็นปีแรกเพิ่มอีกประเทศหนึ่ง และด้านการตลาดญี่ปุ่นเป็นตลาดเป้าหมายสำคัญที่สุด เพราะบริโภคถั่วเหลืองฝักสดมากปีหนึ่งๆ ไม่น้อยกว่า 1.5 แสนตัน แต่การผลิตภายในประเทศไม่พอ จึงนำเข้าจากจีน ไต้หวัน ไทย อินโดนีเซีย เวียดนาม และสหรัฐอเมริกา ซึ่งแนวโน้มการส่งออกถั่วเหลืองฝักสดของไทยคาดว่าจะเพิ่มขึ้น ทั้งนี้เพราะถั่วเหลืองฝักสดของไทยมีคุณภาพดีกว่าเมื่อเทียบกับแหล่งอื่น ๆ ซึ่งตลาดใหญ่ที่สุดขณะนี้คือ ประเทศญี่ปุ่น ประเทศไทยส่งออกญี่ปุ่นประมาณ 9,000 ตันต่อปี เป็นอันดับ 3 ของการนำเข้าของญี่ปุ่น รองจากจีนและไต้หวัน แม้ตลาดของถั่วเหลืองฝักสดในต่างประเทศจะค่อนข้างเล็กเมื่อเปรียบเทียบกับผลิตภัณฑ์อาหารส่งออกอื่น ๆ แต่ก็มีแนวโน้มเพิ่มมากขึ้นอย่างต่อเนื่องจากเพียง 866 ตันในปี 2533 เพิ่มขึ้นเป็น 11,160 ตันในปี 2549 ทั้งนี้ เพราะกระแสของอาหารสุขภาพที่ผู้บริโภคปัจจุบันให้ความสำคัญเพิ่มมากขึ้น ทำให้เกษตรกรไทยมีโอกาที่จะผลิตอาหารทางเลือกนี้ให้กับชาวโลกต่อไป และในขณะเดียวกัน ก็ยังใช้เป็นอาหารที่บำรุงสุขภาพสำหรับคนในประเทศได้ดียิ่งด้วย จึงสมควรอย่างยิ่งที่จะต้องมีการวิจัยและพัฒนาทั้งด้านพันธุ์และเทคโนโลยีการผลิตถั่วเหลืองฝักสดเพื่อการส่งออก (นริลักษณ์ และคณะ, 2550) นอกจากนี้ยังพบว่าในเมล็ดของถั่วเหลืองฝักสดมี phytoosterols

(Mohamed, 2001) ทำให้ความนิยมบริโภคถั่วเหลืองฝักสดมีมากขึ้นตามลำดับ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในสหรัฐอเมริกา

การพัฒนาและการปรับปรุงถั่วเหลืองฝักสดในประเทศไทยได้เริ่มต้นในปี 2529 มีการนำเข้าถั่วเหลืองฝักสด จากศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักแห่งเอเชีย (AVRDC) หรือในปัจจุบันเรียกว่า The World Vegetable Center และประเทศญี่ปุ่น มาทดสอบจนกระทั่งได้พันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด 2 พันธุ์ คือ พันธุ์ AGS 292 (Kaohsiung #1) สำหรับส่งออก และพันธุ์รับรองเชิงใหม่ 1 สำหรับบริโภคภายในประเทศ ต่อมาได้นำพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดอีกพันธุ์หนึ่งมาแนะนำให้เกษตรกรปลูกเพื่อส่งออก คือ พันธุ์ No.75 (Rhyokkoh) ปัจจุบันทั้งถั่วเหลืองฝักสดที่ใช้ส่งออกและบริโภคภายในประเทศ เกษตรกรสนใจที่จะปลูกมาก (Chotiyanwong and Chotiyanwong, 1997)

ลักษณะของถั่วเหลืองฝักสดที่ตลาดญี่ปุ่นต้องการ

ขนาดและรูปร่างของฝัก ความกว้างของฝักอย่างน้อย 1.4 เซนติเมตร ความยาวของฝักอย่างน้อย 4.5 เซนติเมตร ความหนาอย่างน้อย 1.4 เซนติเมตร ฝักต้องมี 2 เมล็ดขึ้นไป และเมล็ดติดต่อกันไม่เว้นช่อง น้ำหนักฝัก 1 กิโลกรัม ควรมีจำนวนฝักต่ำกว่า 340 ฝัก (สมศักดิ์, 2547)

ลักษณะเปลือกฝัก มีขนสีขาว เปลือกฝักสีเขียวหรือเขียวเข้ม ไม่มีรอยตำหนิใด ๆ จากการเข้าทำลายของโรคและแมลง หรือการปฏิบัติใด ๆ

รสชาติ เมล็ดสดเมื่อสุกแล้วมีรสหวานเล็กน้อย อ่อนนุ่ม และปัจจุบันถ้ามีกลิ่นหอม จะเป็นตลาดใหม่ที่ได้รับความนิยม

ความปลอดภัยทางด้านอาหาร ไม่มีสารพิษตกค้าง มีความปลอดภัยต่อผู้บริโภค ตามมาตรฐานที่ระบุโดยตลาดต่างประเทศ

การผลิตถั่วเหลืองฝักสดในต่างประเทศ

ประเทศไทยส่งออกถั่วเหลืองฝักสดส่วนใหญ่ไปยังประเทศญี่ปุ่น และเริ่มมีการส่งออกไปยังประเทศสหรัฐอเมริกา อังกฤษ และแคนาดา ใน 4 ประเทศดังกล่าวถือเป็นประเทศคู่ค้าที่สำคัญที่ควรให้ความสนใจ โดยเฉพาะอย่างยิ่งประเทศญี่ปุ่น และสหรัฐอเมริกา (สมศักดิ์, 2547)

ประเทศญี่ปุ่น

คนญี่ปุ่นมีประวัติการบริโภคถั่วเหลืองฝักสดมาเป็นเวลานาน ประมาณ 1,000 ปี ตามหลักฐาน คนญี่ปุ่นเริ่มบริโภคถั่วเหลืองฝักสดในพิธีทางศาสนา ตั้งแต่ปี พ.ศ. 1470 ความนิยมมีมากขึ้น จนปัจจุบันมีการบริโภคถั่วเหลืองฝักสดแช่แข็ง (ทั้งเปลือก) ปีละประมาณ 140,000 ตัน เป็นการผลิตได้เองปีละประมาณครึ่งหนึ่งจึงต้องนำเข้าจากต่างประเทศ (Kitamura, 2001) ถั่วเหลืองฝักสดแช่แข็งเป็นที่นิยมมาก เนื่องจากอยู่ในสภาพพร้อมรับประทาน มีคุณภาพดี และรสชาติดี (ทั้งหวาน มัน และเค็มเล็กน้อย) ญี่ปุ่นนำเข้าถั่วเหลืองฝักสดแช่แข็งจากไทยประมาณร้อยละ 13 ของปริมาณนำเข้าเป็นอันดับที่ 3 รองจากจีน และได้หวั่น การผลิตถั่วเหลืองฝักสดภายในประเทศญี่ปุ่น ที่นิยมมาก คือ cha mame (brown edamame) เป็นพวกที่มีเปลือกเมล็ดแก่สีน้ำตาล อีกพวกหนึ่ง คือ kuromame (black edamame) เป็นพวกที่มีเปลือกเมล็ดแก่สีดำ ทั้ง cha mame และ kuro mame การผลิตปีละประมาณร้อยละ 10 ของปริมาณการผลิตในประเทศญี่ปุ่น นอกจากนี้พวก dada chamame และ cha kaori เป็นกลุ่มพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดที่มีกลิ่นหอม พันธุ์และเมล็ดพันธุ์ของถั่วเหลืองฝักสดดังกล่าวผลิตโดยภาคเอกชน ในอนาคตภาคเอกชนของไทยอาจจะตลาดกลุ่มนี้ได้ (สมศักดิ์, 2547)

ประเทศสหรัฐอเมริกา

เริ่มนำเข้าถั่วเหลืองฝักสดในช่วงปี 2523-2538 เนื่องจากคนอเมริกันที่มีเชื้อสายเอเชีย (Lin, 2001) มีความต้องการบริโภคถั่วเหลืองฝักสด ต่อมาในปี 2540 องค์การอาหารและยาแห่งสหรัฐอเมริกา (FDA) ประกาศความมีคุณค่าทางอาหารของถั่วเหลือง ช่วยลดความเสี่ยงต่อการเป็นโรคหัวใจ ทำให้ชาวอเมริกันให้ความสนใจการบริโภคถั่วเหลืองกันมาก ในช่วงปี 2538-2542 การบริโภคถั่วเหลืองฝักสดขยายตัวปีละร้อยละ 20 ส่งผลให้มีการนำเข้าถั่วเหลืองฝักสดเพิ่มขึ้นถึงประมาณ 10,000 ตัน (ในปี 2543) เป็นการนำเข้าจากไทยประมาณ 800 ตัน เป็นอันดับ 3 ของประเทศนำเข้าถั่วเหลืองฝักสดคาดว่าจะการนำเข้าถั่วเหลืองฝักสดของสหรัฐอเมริกาจะสูงขึ้นถึง 25,000 ตัน ในช่วงปี 2548-2550 การบริโภคถั่วเหลืองฝักสดของประชาชนอเมริกันมีหลากหลาย มีทั้งฝักสดและเมล็ดสดแช่แข็ง หรือในรูปเมล็ดสด (ไม่แช่แข็ง) นอกจากนี้มีจำหน่ายในรูปของเมล็ดสดบรรจุกระป๋องและในรูปเมล็ดสดอบแห้ง (roasted soynuts) ความนิยมบริโภคเมล็ดถั่วเหลืองฝักสดมีมากขึ้นเรื่อยๆ ในรูปของการประกอบอาหาร เช่น ข้าวผัด โรยบนข้าว โรยบน

ice cream, ice candy สลัด และ soft drink และความนิยมบริโภคถั่วเหลืองฝักสดอินทรีย์มีมากขึ้นตามลำดับ (สมศักดิ์, 2547)

ลักษณะพฤกษศาสตร์

ถั่วเหลืองฝักสดมีระบบรากเป็นรากแก้ว (tap root system) รากแก้วของถั่วเหลืองจะหยั่งลึกลงไปใต้ดินได้ถึง 150 เซนติเมตร ปริมาตรรากส่วนใหญ่จะอยู่บริเวณลึก 60 เซนติเมตรจากผิวดิน รากแขนงสามารถเจริญเติบโตตามแนวนานไปกับผิวดินได้ยาวถึง 50 เซนติเมตร ห่างจากลำต้น ในระยะการเจริญเติบโตทางลำต้น (vegetative growth) รากจะเจริญเติบโตได้มากกว่าการเจริญเติบโตของลำต้น แต่จะหยุดการเจริญเติบโตในช่วงระยะการเจริญพันธุ์ (reproductive growth) โดยเริ่มหยุดการเจริญเติบโตในช่วงที่เมล็ดสะสมอาหาร รากแขนง (secondary root) จะงอกออกห่างจากปลายรากประมาณ 4-5 เซนติเมตร และจะเจริญเติบโตขนานไปกับผิวดินและมีขนาดเล็กกว่ารากแก้ว รากที่แตกออกจากรากแขนง เรียกว่า tertiary root และมีการแตกย่อยออกมาเป็นฝอยๆ ลงไปอีก รากขนอ่อน (root hair) เกิดจากการพัฒนาของเซลล์ epidermis ซึ่งเกิดขึ้นที่ปลายสุดของราก ทั้งรากแก้วและรากแขนง ปริมาตรของรากขนอ่อนจะมีมากกว่ารากแขนง รากขนอ่อนมีบทบาทในการดูดซับธาตุอาหาร น้ำ และมีส่วนเกี่ยวข้องกับการสร้างปมของเชื้อไรโซเบียม (อภิพรหม, 2546) รากขนอ่อนเป็นบริเวณที่ถั่วเหลืองสร้างปม (nodule) โดยการกระตุ้นของไรโซเบียม (*Rhizobium japonicum*) ซึ่งเป็นเชื้อแบคทีเรียที่อยู่ร่วมกับถั่วเหลืองแบบพึ่งพาอาศัยกัน (symbiosis) ภายในปมรากนี้ก๊าซไนโตรเจนจากอากาศจะถูกเปลี่ยนเป็นสารประกอบไนโตรเจนที่พืชสามารถนำไปใช้ประโยชน์ได้ สารเหล่านี้เรียกว่า ยูรีไอดส์ (ureides) ซึ่งเป็นส่วนประกอบที่มีอัตราส่วนระหว่างคาร์บอนกับไนโตรเจนประมาณ 1.0 สารเหล่านี้ถูกเคลื่อนย้ายไปยังฝักและเมล็ดได้ดีเท่าๆ กับไนโตรเจนที่ถั่วเหลืองดูดขึ้นมาจากดิน (กรมวิชาการเกษตร, 2547)

ลำต้นถั่วเหลืองที่ปลูกเป็นการค้าส่วนใหญ่จะมีลำต้นตรงเป็นพุ่ม ความสูงปานกลางประมาณ 50-70 เซนติเมตร การแตกกิ่งแขนง จำนวนข้อและปล้องที่ปรากฏบนลำต้นจะมีมากน้อยเพียงใดขึ้นอยู่กับพันธุกรรม ความยาวนานของช่วงแสง (photoperiod) และการเขตรกรรม ส่วนต่างๆ ของลำต้นถั่วเหลืองมักมีขน (pubescent หรือ hair หรือ trichome) ปกคลุมอยู่ทั่วไป เว้นแต่ใบเลี้ยง (calyx) และกลีบดอก (petal) เท่านั้นไม่มีขน ขนมักมีสีน้ำตาล (brown หรือ tawny) และสีเทา (gray) บางพันธุ์มีขนบาง พันธุ์ไม่มีขน ขนอาจมีลักษณะตั้ง (erect) หรือ โค้ง (curly) และมีขนน้อย (sparse) หรือหนาแน่น (dense) แตกต่างกัน

ใบของถั่วเหลืองเป็นใบประกอบ มีใบย่อย 3 ใบ (trifoliate leaves) แต่ใบเลี้ยงและใบจริงคู่แรกจะเป็นใบเดี่ยว เกิดตรงกันข้ามกัน บางพันธุ์ก็มีใบย่อย 4-5 ใบ ในระหว่างมุมใบพบตาซึ่งต่อไปเจริญเป็นกิ่ง เมื่อถั่วเหลืองเริ่มแก่ใบเปลี่ยนเป็นสีเหลืองแล้วร่วง มีถั่วเหลืองบางพันธุ์ซึ่งเมื่อฝักแก่แล้วใบยังร่วงไม่มากนัก ที่โคนของก้านใบ (petiole) แต่ละใบมีหูใบ (stipule) 2 อัน ที่โคนของก้านใบย่อย (leaflet) พบว่า มีหูใบย่อย (stipule) โดยที่ใบย่อยปลาย (terminal leaflet) มีหูใบย่อย 2 อัน และใบย่อยด้านข้างทั้งสอง (lateral leaflet) มีหูใบย่อย ไม่มีรายงานว่ามีการจัดเรียงเส้นใบแบบใด ที่ฐานของกิ่งแขนงพบ prophyll เกิดเป็นคู่ปรากฏอยู่ด้วย ตรงรอยต่อระหว่างใบจริงคู่แรกกับลำต้น หรือก้านใบกับลำต้น และใบย่อยกับก้านใบ พบว่า มีส่วนที่พองหนาของก้านใบเรียกว่า pulvinus ซึ่งมีความสัมพันธ์กับการเคลื่อนไหวของใบ รูปร่างของใบแตกต่างกันไปตามพันธุ์กรรมและการเขตกรรม ในระหว่างมุมใบพบตาซึ่งต่อไปเจริญไปเป็นกิ่ง

ดอกของถั่วเหลืองเกิดเป็นช่อ (inflorescence) ช่อดอกถั่วเหลืองเป็นแบบ raceme ช่อดอกหนึ่งๆ มีดอกตั้งแต่ 2-35 ดอก ช่อดอกเกิดที่มุมใบ (axillary bud) และปลายช่อ (terminal bud) ดอกประกอบด้วยส่วนต่างๆ คือ มี sepal หรือ bract ที่มีฐานเชื่อมติดกันเรียกว่า calyx tube prophyll เจริญติดอยู่กับส่วนล่างของก้านดอก (pedicle) และกลายเป็น bracteole เมื่อดอกบานเต็มที่ มีขนาด 3-8 มิลลิเมตร กลีบดอก (corolla หรือ petal) มี 5 กลีบ ซึ่งอาจมีสีขาวหรือสีม่วง และไม่มีขน กลีบดอกที่ใหญ่ที่สุดคือ standard หรือ banner หุ้มกลีบดอกทั้งหมดไว้ ถัดเข้าไปพบ wing อยู่สองข้างของดอกอีก 2 กลีบ ซึ่งหุ้มเกสรตัวเมียไว้ เรียกว่า keel ซึ่ง keel ทั้งสองนี้ไม่เชื่อมติดกันเหมือนพืชตระกูลถั่วอื่นๆ ภายในมี 10 stamen รวมกันแบบ diadelphous คือมี 9 stamen ที่เชื่อมติดกันเรียกว่า united stamen หรือ fused stamen อีก 1 stamen แยกอยู่อย่างอิสระ (free stamen หรือ separate stamen) และมี 1 pistil ซึ่งมีขนปกคลุมอยู่ทั่วไป pistil มี stigma สั้น ovary ชุดหนึ่งมี ovule 3-5 อัน เมื่อถั่วเหลืองเจริญเติบโตถึงระยะดอกบานร้อยละ 50 ของทั้งหมดใช้เวลาประมาณ 30-40 วันหลังจากงอกแล้ว ถั่วเหลืองจะสร้างดอกไว้มาก แต่มีเพียงร้อยละ 25 เท่านั้นที่สามารถเจริญเติบโตจนเป็นฝัก (ทรงเชาว์, 2545)

ฝักและเมล็ด เกิดเป็นกลุ่ม ฝักอาจมีลักษณะตรง หรือโค้งเล็กน้อย ฝักของถั่วเหลืองมีความยาวตั้งแต่ 2-7 เซนติเมตร หรือมากกว่า เมื่อแก่มีสีเหลืองฟาง น้ำตาล หรือดำแตกต่างกันไปตามพันธุ์ มีเมล็ดประมาณ 1-5 เมล็ด แต่โดยมากมักจะมี 3 เมล็ด จำนวนฝักสด 1 กิโลกรัม ต้องมีน้อยกว่า 350 ฝัก น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ต้องมากกว่า 30 กรัม (สิริกุล, 2533) ฝักที่เกิดก่อนมีจำนวนเมล็ดต่อฝักมากกว่าฝักที่เกิดทีหลัง ถั่วเหลืองบางพันธุ์เมื่อฝักแก่อาจแตก (shattering) ตามรอยแตก (suture) ทำให้เมล็ดร่วง แต่พันธุ์ที่นิยมปลูกเมล็ดมักไม่ร่วง (non-shattering) โดยทั่วไปแล้วฝักจะแตกมากขึ้นถ้าถั่วเหลืองแก่ในฤดูแล้ง เมล็ดส่วนมากมี

รูปร่างกลมรีเป็นรูปไข่ มีขนาดและน้ำหนักแตกต่างกันไปตามพันธุ์ เมล็ดส่วนใหญ่มีสีเหลืองฟาง แต่บางพันธุ์อาจมีเมล็ดสีเหลืองอมเขียว น้ำตาลหรือดำ การเจริญเติบโตของเมล็ดในฝักจะไม่พร้อมกัน เมล็ดตอนปลายฝัก (apical seed) จะเจริญก่อนเมล็ดที่อยู่ตอนโคน (basal seed) และเมล็ดตอนกลางของฝักตามลำดับ

เมล็ดประกอบไปด้วย seed coat หรือ testa เป็นส่วนของเปลือกที่หุ้มเมล็ดไว้ ทางด้านหนึ่งจะพบ hilum หรือ seed scar ซึ่งเป็นจุดที่เมล็ดติดกับฝัก มีสีต่างกันไปตามพันธุ์ เช่น สีนํ้าตาลเข้ม เป็นต้น บริเวณใกล้ๆ กับส่วนของ hilum จะมีรูเล็กๆ เรียกว่า micropyle ถัดไปเป็นรอยบุ๋มของ hypocotyls adicle axis ปลายอีกด้านของ hilum เป็นร่องเล็กๆ เรียกว่า raphe ซึ่งขยายยาวไปถึง chalysa ซึ่งเป็นจุดที่ integument ติดกับ ovule ส่วน cotyledon หรือ lateral divergence คือส่วนที่อยู่ถัดจาก seed coat เข้าไป มีขนาดใหญ่ ทำหน้าที่เก็บสะสมอาหารและ primary axis หรือ embryonic axis มีขนาดเล็กเมื่อเทียบกับ cotyledon ประกอบด้วย plumule, hypocotyle และ radicle (กรุง, 2534)

องค์ประกอบที่สำคัญของเมล็ดถั่วเหลืองคือ โปรตีนและน้ำมัน ซึ่งมีสหสัมพันธ์ในทางลบซึ่งกันและกัน กล่าวคือ พันธุ์ที่มีโปรตีนสูงจะมีน้ำมันต่ำ และพันธุ์ที่มีโปรตีนต่ำจะมีน้ำมันสูง (กรมวิชาการเกษตร, 2547)

เมื่อถั่วเหลืองสะสมน้ำหนักแห้งในเมล็ดได้สูงสุดก็จะเริ่มสุกแก่ จุดที่น้ำหนักแห้งของเมล็ดมีปริมาณสูงสุดเรียกว่า การสุกแก่ทางสรีระ (physiological maturity) เมื่อถั่วเหลืองถึงจุดสุกแก่ทางสรีระของเมล็ดจะไม่มี การเพิ่มน้ำหนักแห้งอีก ในระยะต้นของการเจริญเติบโตของเมล็ด ปริมาณน้ำในเมล็ดจะมีมากถึงร้อยละ 90 เมื่อการสะสมน้ำหนักแห้งเริ่มขึ้น ปริมาณน้ำจะลดลงจนถึงจุดสุกแก่ทางสรีระ ปริมาณน้ำยังมีร้อยละ 40-50 ถั่วเหลืองจะเริ่มแห้งลงจนกระทั่งถึงจุดสุกแก่เต็มที่ ปริมาณน้ำในเมล็ดจะเหลือเพียงร้อยละ 15 เมื่อเมล็ดมีการสะสมน้ำหนักแห้งสูงสุดใบถั่วเหลืองจะเริ่มเหี่ยวและแห้งตามลำดับ มีการสูญเสียน้ำในลำต้นและใบอย่างรวดเร็ว ในบางพันธุ์อาจมีลักษณะฝักแตกและเมล็ดร่วง (อภิพรธ, 2546)

ลักษณะสำคัญของถั่วเหลืองฝักสดคือ ฝักสีเขียวสด อายุเก็บเกี่ยว 62-78 วัน เก็บเกี่ยวในระยะที่เมล็ดที่เมล็ดโตเต็มฝักประมาณร้อยละ 80 (อภิพรธ, 2546)

การจำแนกชนิดถั่วเหลือง

ถั่วเหลืองฝักสด (vegetable soybean) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Glycine max* (L.) Merrill ชื่อสามัญคือ Vegetable soybean, Sweet bean, Eda mame (Japan), Mao tou (China) อยู่

ในวงศ์ Leguminosae และตระกูลย่อย (sup-family) Papilionidae (อาคม, 2546) ถั่วเหลืองฝักสด เป็นพืชชนิดเดียวกับถั่วเหลืองทั่วไป แต่ฝักมีขนาดใหญ่ สีเขียวสด รสหวานเล็กน้อย แตกต่างจาก ถั่วเหลืองธรรมดาอย่างเด่นชัด (สิริกุล, 2533) ถั่วเหลืองอาจถูกจำแนกออกตามลักษณะของการ เจริญเติบโต (growth habit) ได้ 2 แบบ คือ พันธุ์ที่มีการเจริญเติบโตแบบไม่ทอดยอด (determinate growth habit) จะหยุดการเจริญเติบโตทางลำต้น เมื่อเริ่มออกดอกหรือเริ่มติดฝัก และเกิดช่อดอก หรือช่อฝักที่ตายอด ส่วนพันธุ์ที่มีการเจริญเติบโตแบบทอดยอด (indeterminate growth habit) จะเจริญเติบโตไปพร้อมกับการพัฒนาของเมล็ด ทำให้ปลายยอดสร้างเป็นใบอ่อนไม่ใช่ช่อดอกหรือ ช่อฝัก พันธุ์ที่ใช้ปลูกในเขตอบอุ่นมักเป็นพวก determinate growth habit (กรมวิชาการเกษตร, 2547)

โปรตีน

เป็นชีวโมเลกุลที่มีประกอบด้วยธาตุ C H N O และ S แต่อาจพบ P Fe Zn และ Cu ได้ หน่วยโครงสร้างของ โปรตีน คือ กรดอะมิโนที่ต่อกันเป็นสายยาว และอาจมีมากกว่า 1 สาย โปรตีนแต่ละชนิดมีส่วนประกอบทางเคมี (chemical composition) น้ำหนักโมเลกุล การเรียงลำดับ และความยาวสายของกรดอะมิโนที่จำเพาะ

1. โครงสร้างปฐมภูมิ (primary structure) หมายถึง โครงสร้างของโปรตีนใน ลักษณะที่กรดอะมิโน เรียงตัวเป็นสายโซ่พอลิเพปไทด์ที่จำเพาะ
2. โครงสร้างทุติยภูมิ (secondary structure) หมายถึง โครงสร้างของโปรตีนใน ลักษณะที่มีโซ่พอลิเพปไทด์ขม้วนเป็นเกลียวในลักษณะเกลียวอัลฟา หรือโครงรูปแบบซิกแซกมา เรียงขนานกันเป็นแผ่นพับ (pleated sheet) โดยคงรูปอยู่ได้ด้วยพันธะไฮโดรเจน (hydrogen bond) และ พันธะไดซัลไฟด์ (disulfide bond) โครงสร้างนี้พบในโปรตีนเส้นใย
3. โครงสร้างตติยภูมิ (tertiary structure) หมายถึง โครงสร้างของโปรตีนใน ลักษณะที่มีโซ่พอลิเพปไทด์ขม้วนแน่นในลักษณะกลม โดยคงรูปอยู่ได้ด้วยพันธะไดซัลไฟด์ และ พันธะอ่อน ได้แก่ พันธะไฮโดรเจน พันธะไฮโดรโฟบิก (hydrophobic bond) และแรงแวนเดอร์วาลส์ (Van der Waals force) โครงสร้างนี้พบ ในโปรตีนกลอบูลาร์
4. โครงสร้างจตุรภูมิ (quaternary structure) หมายถึง โครงสร้างของโปรตีนใน ลักษณะที่มีโซ่ พอลิเพปไทด์มากกว่าหนึ่งโซ่อยู่รวมกันด้วยพันธะไฮโดรเจน พันธะไฮโดรโฟบิก และแรงแวนเดอร์วาลส์ แต่ละโซ่พอลิเพปไทด์ อาจเรียกว่า หน่วยย่อย (subunit) หรือ โปรโตเมอร์ (protomer) ซึ่งอาจจะเหมือนกัน หรือต่างกันก็ได้ โปรตีนที่มีโครงสร้างลักษณะนี้ เรียกว่า

โอลิโกเมอร์โปรตีน (oligomeric protein) เช่น ฮีโมโกลบิน ประกอบด้วยโซ่อัลฟา 2 โซ่ และ โซ่เบตา 2 โซ่ (มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2550)

ชนิดของโปรตีนที่พบในถั่วเหลือง

เมื่อศึกษาเกี่ยวกับโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองให้ละเอียด จะเห็นว่าโปรตีนใน ถั่วเหลืองประกอบด้วย Glycinin (11S) 39-43 เปอร์เซ็นต์, β -conglycinin (7S) 19 เปอร์เซ็นต์ และ โปรตีนอื่นๆ อีก 36-40 เปอร์เซ็นต์

Glycinin เป็นโปรตีนหลักในกลุ่ม globulin ที่เป็นโปรตีนหลักเมล็ดถั่วเหลือง มีน้ำหนักโมเลกุล 320,000-350,000 กิโลดาลตัน ประกอบด้วยสายโพลีเปปไทด์ที่มีความเป็นกรด และสายโพลีเปปไทด์ที่มีความเป็นด่าง ส่วน β -conglycinin เป็นโปรตีนกลุ่ม globulin ที่มีน้ำหนักโมเลกุลอยู่เป็นโครงสร้างมีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 150,000 กิโลดาลตัน ประกอบด้วยกรดอะมิโนมากมาย (Soypeptide, 2551)

โปรตีนเป็นสารประกอบที่มีในพืชเล็กน้อย แต่ใช้ว่าจะไม่มี โดยโปรตีนส่วนใหญ่ จะเป็นสารประกอบของไกลโคโปรตีนและลิโปโปรตีนซึ่งอยู่ในผนังเซลล์ แต่พืชบางชนิดเช่นถั่ว และพืชเคี้ยวมัน (nut) อาจสะสมโปรตีนไว้ได้มากในโปรตีนโนพลาส (protenoplast) โดยปกติ โปรตีนจะมีกลิ่นอ่อนๆ แต่เมื่อได้รับความร้อนจะเกิดกลิ่นหอม (สมโภชน์, ม.ป.ป.)

โปรตีนจะเป็นแหล่งของกรดอะมิโน ซึ่งกรดอะมิโนที่มีอยู่โดยทั่วไปจะมี 24 ชนิด แต่มีในปริมาณที่ไม่เท่ากันในแต่ละผลผลิต ในการวิเคราะห์หาปริมาณของกรดอะมิโนต้องใช้วิธี ย่อยโดยการ hydrolyse แล้วแยกด้วยคอลัมน์ ion exchange หรืออาจย่อยด้วยกรดที่อุณหภูมิต่ำมาก และทำปฏิกิริยาที่ทำให้เกิดสี แล้วนำติดเข้าเครื่อง HPLC (high performance liquid chromatography) เครื่องสามารถแยกและบอกชนิดของกรดอะมิโนได้ (สมโภชน์, ม.ป.ป.)

ความสำคัญของสารอาหารโปรตีนต่อร่างกาย

โปรตีนเป็นอินทรีย์สารที่มีความสำคัญต่อร่างกายทุกเพศและทุกวัย มีหน้าที่ เกี่ยวกับการเจริญเติบโตของเซลล์ ซ่อมแซมส่วนสึกหรบและช่วยควบคุมการสมดุลของส่วนที่เป็น สารเหลว (fluid) ทั่วๆ ไปในร่างกาย โปรตีนมีอยู่ในร่างกายประมาณร้อยละ 19 ของน้ำหนักตัว โมเลกุลของโปรตีนจะมีกรดอะมิโนต่อกันเป็นลูกโซ่หลายๆ ชนิดรวมกัน กรดอะมิโน แบ่งออกได้ เป็น 2 ชนิด คือกรดอะมิโนชนิดจำเป็น ซึ่งร่างกายไม่สามารถสร้างขึ้นได้เอง ต้องอาศัยจากการ

บริโภคเข้าไปเท่านั้น และกรดอะมิโนชนิดไม่จำเป็นซึ่งแม้ได้บริโภคเข้าไป ร่างกายก็สามารถสร้างขึ้นได้เองเมื่อมีความต้องการ

แหล่งโปรตีนที่ถือว่าเป็นโปรตีนที่ดี เนื่องจากถูกย่อยและถูกดูดซึมได้ง่าย คือ แหล่งโปรตีนที่ได้จากพืช โดยเฉพาะโปรตีนที่ได้จากถั่วเหลือง (soy protein) ซึ่งนอกจากจะเป็นโปรตีนที่ย่อยและดูดซึมเข้าสู่ร่างกายได้ง่ายและทำให้สามารถนำไปใช้ประโยชน์ได้ทันทีแล้ว พบว่า โปรตีนจากถั่วเหลืองยังให้สารอาหารจากพืชที่ชื่อ ไอโซฟลาโวน (isoflavone) ที่มีผลการวิจัย พบว่า สามารถให้ผลในการปรับสมดุลของปริมาณไขมันโคเลสเตอรอลในหลอดเลือดของเราได้ นอกจากนั้นถั่วเหลืองยังให้สารอาหารวิตามิน (vitamins) และเกลือแร่ (minerals) ชนิดต่างๆ ที่มีความจำเป็นสำหรับกระบวนการทำงานของเซลล์ และสารอาหารส่วนใหญ่ที่ได้จากถั่วเหลืองนั้นก็จะเป็นโครงสร้างหลักในระดับเซลล์ในระหว่างที่เซลล์ต้องทำงานหนักเพื่อเผาผลาญไขมันส่วนเกินในระหว่างโปรแกรมการกำจัดไขมันหรือลดน้ำหนัก (Soypeptide, 2551)

เครื่องหมายโมเลกุลและการใช้ประโยชน์

ข้อมูลทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตรู้จักในชื่อว่า ยีน (gene) คือ หน่วยพันธุกรรมหรือหน่วยควบคุมลักษณะ เป็นส่วนของดีเอ็นเอที่มีการเรียงตัวแบบเฉพาะตั้งอยู่บนโครโมโซม ประกอบด้วยส่วนที่ควบคุมการแสดงออก (promoter) และส่วนโครงสร้าง (structural) ความแตกต่างของยีนเกิดขึ้นจากการเรียงตัวของลำดับของนิวคลีโอไทด์ (nucleotide) ที่แตกต่างกัน การแสดงออกของยีนจะแสดงออกในรูปของลักษณะทางฟีโนไทป์ (phenotype) ข้อมูลทางพันธุกรรมเหล่านี้มีการแสดงออกผ่านทางอาร์เอ็นเอ ซึ่งเกี่ยวข้องกับกระบวนการสร้างโปรตีนที่มีความจำเพาะต่อลำดับนิวคลีโอไทด์นั้นๆ ลักษณะต่างๆ ที่ปรากฏในสิ่งมีชีวิตเกิดจากผลรวมของการทำงานร่วมกันของโปรตีนต่างๆ นั่นเอง กระบวนการปรับปรุงพันธุ์เป็นกระบวนการที่ทำการศึกษาและนำเอาลักษณะทางพันธุกรรมต่างๆ ที่ต้องการในสิ่งมีชีวิตมาใช้ จึงมีความจำเป็นที่ต้องใช้เครื่องมือที่มีความแม่นยำในการแยกความแตกต่างของลักษณะที่แสดงออกในสิ่งมีชีวิตในสายพันธุ์ที่แตกต่างกันได้ (อภิชาติ, 2550)

เครื่องหมาย (marker) คือตัวบ่งชี้ที่มีความจำเพาะเจาะจงในด้านต่างๆ ในกระบวนการปรับปรุงพันธุ์ได้นำเอาเครื่องหมายที่เป็นเครื่องหมายบ่งชี้ลักษณะทางด้านการเกษตรต่างๆ มาใช้เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการปฏิบัติให้สูงขึ้น ซึ่งเครื่องหมายที่ใช้สามารถแบ่งออกเป็น 3 ประเภท ดังนี้ (มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2550)

เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยา (morphological markers) เป็นตัวบ่งชี้ทางสัณฐานวิทยา ลักษณะทางสัณฐานวิทยา คือ ลักษณะที่ปรากฏโดยทั่วไปที่สามารถสังเกตได้ ไม่จำเป็นต้องใช้เครื่องมือใดๆ เป็นตัวบ่งชี้ เป็นลักษณะที่แสดงออกภายนอก เช่น ลักษณะความสูงของต้นพืช ลักษณะสีของดอก ลักษณะความแตกต่างของใบ เป็นต้น

เครื่องหมายทางชีวเคมี (biochemical markers) คือการใช้โมเลกุลทางชีวเคมีเป็นตัวระบุถึงความแตกต่างในพืชที่ทำการศึกษา เช่น การใช้ไอโซไซม์ (isozyme) หรือโปรตีนในการศึกษาพืชต่างชนิดหรือต่างพันธุ์

เครื่องหมายทางโมเลกุล (molecular markers) คือ การใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายในการตรวจสอบถึงความแตกต่างในระดับของยีน หรือดีเอ็นเอในพืชที่เราทำการศึกษา ซึ่งมีความถูกต้องแม่นยำ และมีความจำเพาะมากกว่าเครื่องหมายชนิดอื่น

เครื่องหมายโมเลกุล หรือเครื่องหมายดีเอ็นเอ คือ ลำดับเบสช่วงหนึ่งบนโครโมโซมซึ่งสามารถบ่งบอกตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งบนโครโมโซมที่ตรวจสอบได้ และมีการถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกได้ ซึ่งสามารถตรวจสอบได้โดยอาศัยเทคนิคการเพิ่มขยายดีเอ็นเอในหลอดทดลองหรือเทคนิคพีซีอาร์

การศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์ระดับโมเลกุล (molecular genetics) ซึ่งเป็นการศึกษาถึงไปถึงความแตกต่างระดับโมเลกุลของยีนที่ทำหน้าที่เป็นส่วนควบคุมการแสดงออกของลักษณะต่างๆ ในสิ่งมีชีวิต จึงมีประโยชน์ที่จะนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ การใช้เครื่องหมายระดับโมเลกุล (molecular markers) เป็นการนำดีเอ็นเอเพื่อเป็นเครื่องหมายในการตรวจสอบในระดับของยีน หรือดีเอ็นเอ ถูกนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืชในหลายๆ ด้าน เช่น

นำมาใช้ในการแยกสายพันธุ์พืช (varietal identification) เป็นการนำเอาเครื่องหมายโมเลกุลมาใช้เป็นตัวกำหนดสายพันธุ์ หรือแยกสายพันธุ์ ซึ่งสามารถนำมาใช้ในการตรวจสอบความบริสุทธิ์ของสายพันธุ์ได้อย่างรวดเร็ว และมีประสิทธิภาพถูกต้องแม่นยำ นอกจากนี้ยังสามารถนำมาใช้ในการรวบรวมสายพันธุ์ และใช้ศึกษาถึงความสัมพันธ์ระหว่างสายพันธุ์

การนำเอาเครื่องหมายโมเลกุลมาใช้ในการทำแผนที่ทางพันธุกรรม (genetic mapping) และการหาตำแหน่งของยีน (gene tagging) เป็นการกำหนดตำแหน่งบนจีโนม เพื่อเป็นการวางแผนผังในจีโนม และนำข้อมูลที่ได้มาใช้ในการหาตำแหน่งของยีนที่ควบคุมลักษณะตามที่ต้องการว่าอยู่บนตำแหน่งใดของโครโมโซม นำมาใช้ในการแยกยีน และเพิ่มจำนวน (clone) ให้ได้ปริมาณตามที่ต้องการ เพื่อประโยชน์ในการนำมาใช้ในการส่งถ่ายเข้าสู่พืชที่ปราศจากยีน ซึ่งเป็นวิธีในการปรับปรุงพันธุ์อีกวิธีหนึ่ง (มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2550)

เพิ่มประสิทธิภาพของการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิม (conventional breeding) โดยที่เครื่องหมายโมเลกุลจะวางตัวอยู่ในบริเวณที่มียีนที่เราต้องการ ทำให้สามารถลดขั้นตอนในการคัดเลือก จึงทำการคัดเลือกต้นพืชที่มียีนที่แสดงลักษณะตามที่ต้องการ โดยไม่ต้องรอการแสดงออกทางฟีโนไทป์ที่จะนำมาใช้ในการคัดเลือก เพราะเครื่องหมายโมเลกุลจะไม่ถูกควบคุมการแสดงออกโดยสภาพแวดล้อม ไม่ขึ้นกับระยะเวลาการเจริญของพืช ทำให้สามารถทำการตรวจสอบได้ในทุกระยะเวลาของการเจริญเติบโต จึงทำให้สามารถลดระยะเวลา ลดค่าใช้จ่าย และเป็นการเพิ่มประสิทธิภาพที่จะใช้ในแผนการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิม (มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2550)

การทำพันธุวิศวกรรม เพื่อหา ยีนที่ควบคุมลักษณะที่สนใจ นำมาเพิ่มปริมาณ และทำการใส่ยีนพืชที่ต้องการ จะทำให้พืชแสดงออกในลักษณะที่ถูกควบคุมโดยยีนที่ทำการใส่เข้าไป รวมถึงการใช้กลไกการทำงานของ antisense RNA ในการยับยั้งการแสดงออกของยีนในพืชที่ต้องการปรับปรุงพันธุ์ โดยใส่ยีนที่มีการกลับทิศทางกับยีนที่ต้องการยับยั้งการแสดงออก ทำให้พืชมีการผลิตอาร์เอ็นเอที่เป็นสายคู่สมกับอาร์เอ็นเอของยีนที่ต้องการยับยั้งการแสดงออก ทำให้เกิดการเข้าคู่กันของอาร์เอ็นเอ ไม่เกิดการสร้างโปรตีน พืชจึงไม่สามารถแสดงลักษณะนั้นๆ ได้ จึงถูกนำมาใช้เป็นการปรับปรุงพันธุ์พืชอีกในวิธีหนึ่ง (อภิชาติ, 2550)

ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci , QTL)

การศึกษาลักษณะทางปริมาณ (quantitative trait loci , QTL) ลักษณะที่แสดงออกที่ปรากฏส่วนใหญ่ในพืชจะเป็นลักษณะทางปริมาณ คือ มียีนหลายตัว (polygene) ควบคุมการแสดงออกทางลักษณะ และสภาพแวดล้อมจะมีผลต่อการแสดงออกสูง การทำ QTL mapping จะทำให้ทราบตำแหน่งของยีนแต่ละตัวว่าอยู่บนโครโมโซมใด และมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นอย่างไร (มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2551) และความสำคัญของ QTL ในแง่การปรับปรุงพันธุ์มีส่วนเกี่ยวข้องใกล้ชิดกับการทำแผนที่ (mapping) และกำหนดจุด (marking) ซึ่งหากเราทราบถึงหมู่ของหน่วยพันธุกรรมที่มีผลต่อการแสดงผลทางลักษณะด้านต่างๆ ได้เราก็สามารถเคลื่อนย้ายหมู่ยีนเหล่านี้ไปใช้ประโยชน์ได้โดยใช้วิทยาการทางพันธุวิศวกรรม (Bloggang, 2550)

อัตราพันธุกรรม (heritability)

การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของลักษณะเชิงคุณภาพและลักษณะเชิงปริมาณจากพ่อแม่สู่ลูกนั้น จะเกิดขึ้นได้เมื่อมีการผสมพันธุ์ ทั้งผสมข้ามและผสมตัวเอง และสามารถวัดค่าได้จากสัดส่วนความแปรปรวนที่เนื่องมาจากอัตราพันธุกรรม (σ^2_g) ของลักษณะนั้น กับสัดส่วนของความแปรปรวนทั้งหมดที่เกิดขึ้นเนื่องจากพันธุกรรมร่วมกับสภาพแวดล้อมที่แสดงออกร่วมกันในลักษณะที่ปรากฏ (σ^2_p) สัดส่วนนี้คือ อัตราพันธุกรรม หรือ Heritability ซึ่งเป็นค่าบ่งชี้ถึงการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆ จากพ่อแม่ไปยังลูก แสดงได้ทั้งในรูปสัดส่วนและในรูปของเปอร์เซ็นต์ที่แตกต่างกันไปตามประชากรที่ศึกษาและลักษณะบางลักษณะมีค่าสูง โดยเฉพาะอย่างยิ่งลักษณะที่สังเกตเห็นได้ชัดเจน เช่น ลักษณะของดอกถั่วเหลืองเขียวใหม่ 60 ซึ่งมีสีขาว เมื่อปลูกพันธุ์นี้แล้วปล่อยให้ผสมตัวเอง จากชั่วที่ 2 เป็นชั่วที่ 3 (F_2 - F_3) ลูกชั่วที่ 3 ก็ยังคงมีดอกสีขาวเห็นเด่นชัด ถึงแม้ว่าจะนำไปปลูกในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันไป แสดงว่า ลักษณะนี้ถ่ายทอดไปได้มาก เห็นชัดเจนทำให้คัดเลือกง่ายและอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมมีผลต่อลักษณะนี้น้อย ในทางตรงกันข้าม ถ้าวัดลักษณะของผลผลิตต่อต้นของลูกชั่วที่ 3 ก็จะได้ผลผลิตไม่เท่ากับพ่อแม่ชั่วที่ 2 ส่วนใหญ่มักจะให้ผลผลิตลดลง เพราะอิทธิพลของสภาพแวดล้อมดิน น้ำ และอุณหภูมิ ที่แตกต่างกัน ซึ่งมีผลต่อองค์ประกอบทางพันธุกรรม แสดงว่า ลักษณะนี้ถ่ายทอดพันธุกรรมไปได้น้อย ไม่ชัดเจนทำให้คัดเลือกยากและอิทธิพลของสภาพแวดล้อมมีผลต่อลักษณะนี้ค่อนข้างมาก ดังนั้น อัตราพันธุกรรมจึงเป็นตัวกำหนดความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์ของประชากรศึกษาของลักษณะนั้นๆ ว่ามีโอกาสเพิ่มหรือลดลักษณะนั้นๆ โดยการคัดเลือกให้มีความก้าวหน้าไปได้มากน้อยเพียงไร ในการวัดค่าอัตราพันธุกรรม จำเป็นต้องทราบค่าความแปรปรวนที่เนื่องมาจากพันธุกรรมและความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อม ตลอดจนความแปรปรวนทั้งหมด ซึ่งหาได้จากแผนการผสมพันธุ์และการปลูกทดสอบรุ่นลูก ในแผนการทดลองที่มีซ้ำ แล้ววิเคราะห์ความแปรปรวน (analysis of variance) (ประวิตร, 2548)

อัตราพันธุกรรม (heritability) แบ่งได้ 2 แบบ ตามที่มาของความแปรปรวนทางพันธุกรรม (ประวิตร, 2548)

1. อัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad sense heritability) เป็นอัตราพันธุกรรมที่เกิดจากสัดส่วนของความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งหมดโดยไม่ได้แยกรายละเอียด ว่าเป็นแบบบวกสะสมหรือเป็นแบบผลข่มต่อความแปรปรวนของลักษณะนั้นที่สังเกตได้ทั้งหมด หากเป็นการทดลองเปรียบเทียบลักษณะของรุ่นลูกในสภาพแวดล้อมเดียว ค่าอัตราพันธุกรรมก็จะคำนวณได้ดังนี้

$$h^2 = \sigma_G^2 / \sigma_P^2$$

$$= \sigma_G^2 / (\sigma_G^2 + \sigma_E^2)$$

ถ้าหากเป็นการทดลองเปรียบเทียบลักษณะของรุ่นลูกหลายสภาพแวดล้อมก็มีอิทธิพลของสภาพแวดล้อม และปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมกับกับสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง ดังนี้

$$h^2 = \sigma_G^2 / (\sigma_G^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{GE}^2)$$

$$= (\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2) / (\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{GE}^2)$$

2. อัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow sense heritability) เป็นอัตราพันธุกรรมที่เกิดจากสัดส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม ต่อความแปรปรวนของลักษณะนั้นที่สังเกตได้ทั้งหมด หากเป็นการทดลองเปรียบเทียบลักษณะของรุ่นลูกในสภาพแวดล้อมเดียว ค่าอัตราพันธุกรรมก็จะคำนวณได้ ดังนี้

$$h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_P^2$$

$$= \sigma_A^2 / (\sigma_G^2 + \sigma_E^2)$$

อัตราพันธุกรรมแบบแคบนี้มีประโยชน์มากในการปรับปรุงพันธุ์ เพราะความแปรปรวนเนื่องมาจากปฏิกริยาของยีนแบบบวกสะสม (σ_A^2) ควบคุมการถ่ายทอดลักษณะเชิงปริมาณไปสู่ลูกหลาน ซึ่งส่วนใหญ่เป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ ซึ่ง Additive gene action เป็นคุณสมบัติของยีนที่ถ่ายทอดไปสู่ลูกหลาน หรือเรียกอีกอย่างหนึ่งว่า คุณค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) ส่วน σ_D^2 และ σ_I^2 เป็นคุณสมบัติของจีโนไทป์ (genotype) ซึ่งเปลี่ยนแปลงได้เมื่อมีการแยกแกมีท (gamete) ในการแบ่งเซลล์ และมีผลทำให้ σ_G^2 โดยรวมเปลี่ยนไป (ประวิตร, 2548)

Fehr (1987) พบว่าในการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของประชากรสายพันธุ์แท้ (recombinant inbred line , RIL) ควรใช้อัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow sense heritability) เนื่องจากประชากรสายพันธุ์แท้มีลักษณะพันธุกรรมเข้าสู่ภาวะโฮโมไซโกซิติ (homozygosity) ทั้งหมด ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมก็จะคำนวณได้ ดังนี้

$$\text{Narrow sense heritability } h^2 = \sigma_g^2 / [\sigma_g^2 + (\sigma_{g/e}^2) + \sigma_{re}^2]$$

เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (simple sequence repeat)

เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ หรือ Microsatellite หมายถึง ขนาดสั้นดีเอ็นเอ ที่มีขนาดแตกต่างกันของจำนวนชุดของลำดับเบสซ้ำๆ เรียงต่อกันหัวสลับหาง ซึ่งพบกระจายอยู่

ภายในสารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตชนิดยูคาริโอต ชนิดของเบสซ้ำได้แก่ ซ้ำสองเบส (di-nucleotide repeat) เช่น AT ซ้ำสามเบส (tri-nucleotide repeat) เช่น AAC และ ซ้ำสี่เบส (tetra-nucleotide repeat) เช่น GTAC เป็นต้น โดยทั่วไปเบสซ้ำเหล่านี้มักมีลำดับเบสที่จำเพาะอยู่บริเวณรอบๆ ซึ่งเราสามารถสร้างชิ้นดีเอ็นเอรหัสเริ่มต้นจำลองตัวที่เข้าคู่ได้กับเบสจำเพาะเหล่านี้ ผลจากปฏิกิริยาลูกโซ่จำลองตัวเพื่อเพิ่มปริมาณของลำดับเบสซ้ำเหล่านั้นคือชิ้นดีเอ็นเอขนาดต่างๆ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ได้ เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์นับเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่ได้รับการพัฒนามาที่สุด สามารถตรวจสอบความหลากหลายได้มากกว่าเครื่องหมายโมเลกุลแบบอาร์เอฟแอลพี (restriction fragment length polymorphism ; RFLP) ทั้งยังตรวจสอบผลได้ง่าย และใช้สารพันธุกรรมเริ่มต้นเพียงปริมาณน้อย ดังนั้นจึงนับเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่มีความเหมาะสมที่สุดในการทำเอกลักษณ์พันธุกรรมโดยใช้หลักการพีซีอาร์ (polymerase chain reaction) ผลผลิตของการทำพีซีอาร์นั้นจะนำไปแยกขนาดโดยใช้ polyacrylamide gel electrophoresis ซึ่งความแตกต่างแต่ละต้นในประชากรนั้นเกิดจากความแตกต่างของจำนวนเบสซ้ำในแต่ละต้น คุณสมบัติที่สำคัญของ โมเลกุลเครื่องหมายชนิดนี้ก็คือ ความจำเพาะเจาะจงของตำแหน่ง โมเลกุลเครื่องหมายบนจีโนม และจำนวนของ allelic form ที่สามารถตรวจสอบได้ นอกจากนั้น โมเลกุลเครื่องหมายชนิดนี้ยังเป็นชนิดข่มร่วม (codominant) จึงสามารถตรวจสอบตำแหน่งที่เป็นพันธุ์ทาง (heterozygous) ได้ (อภิชาติ, 2550)

เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ได้ถูกนำมาใช้ในการทำแผนที่ยีน การจำแนกพันธุ์พืช และการศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์ประชากร เนื่องจากเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่มีระดับของความแปรปรวนสูง พบการกระจายอยู่ทั่วไปในจีโนมของสิ่งมีชีวิตชั้นสูง สามารถตรวจสอบได้ง่าย Cregan *et al.* (1999) ได้ทำแผนที่เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ซึ่งปัจจุบันมีมากกว่า 700 ตำแหน่งบน 20 กลุ่มลิงเกจของจีโนมถั่วเหลือง จากรายงานของ Brummer *et al.* (1997) จำแนกและติดตามเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับลักษณะองค์ประกอบโปรตีนและน้ำมันในเมล็ดถั่วเหลือง พบว่า มี QTL 10 ตำแหน่ง ที่ควบคุมน้ำมันในเมล็ด ซึ่งตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ A2 B1 D1 F G และ H และพบ QTL 13 ตำแหน่ง ที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลือง ซึ่งตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ A1 A2 B2 C2 E G I J และ L Maughan *et al.* (2000) ได้จำแนกเครื่องหมายโมเลกุลแบบอาร์เอฟแอลพี เอสเอสอาร์ และ อาร์เอฟดี ที่วางอยู่ใกล้กับกลุ่มของยีนที่ควบคุมองค์ประกอบของน้ำตาลซูโครสของเมล็ดซึ่งเป็นลักษณะเชิงปริมาณ พบว่า สามารถอธิบายความแปรปรวนของเครื่องหมายได้ร้อยละ 6.1 ถึง 12.4 และค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 53.0

บทที่ 3

วิธีการวิจัย

อุปกรณ์

ประชากรที่ใช้ทำแผนที่โครโมโซม (mapping population)

ประชากรที่ใช้ทำแผนที่โครโมโซม (mapping population) ใช้ประชากรสายพันธุ์แท้ (recombinant inbred lines, RILs) ที่มีการกระจายตัว จำนวน 92 สายพันธุ์ จากกลุ่มสมระหว่าง ถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ที่ใช้ปลูกเป็นการค้าซึ่งปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมของประเทศไทยได้ดี ได้แก่ พันธุ์ AGS 292 กับสายพันธุ์ปรับปรุงก้าวหน้า (advanced breeding line) สายพันธุ์ (G8891 x G7945) 31-3-5-5 หรือ K3 ที่มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสูง โดยใช้วิธีการประยุกต์ single seed descent

เครื่องมืออุปกรณ์และสารเคมี

เครื่องมือและอุปกรณ์ที่ใช้ในการวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ได้แก่ เครื่องอิเล็กโตรโฟรีซิส เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (PCR) เครื่องส่องแถบดีเอ็นเอ ภายใต้แสงอัลตราไวโอเลต เครื่องหมุนเหวี่ยง เครื่องชั่งละเอียด กล้องดิจิทัล กระบอกตวง โกร่ง ไมโครปิเปตต์ บีกเกอร์ ปากติบ ทิป เป็นต้น

เครื่องมือและอุปกรณ์ที่ใช้ในการวิเคราะห์องค์ประกอบของโปรตีน ได้แก่ เครื่องกลั่น เครื่องย่อย ตู้อบ โถอบ เครื่องชั่งละเอียด ชุดครอบปิดกันไอรก ขวดรูปชมพู่ ขวดก้นกลมขนาด 250 มิลลิลิตร บิวเรต เป็นต้น

สารเคมีที่ใช้ในการสกัดดีเอ็นเอและทำปฏิกิริยา ได้แก่ 2xCTAB chloroform-isoamyl alcohol, isopropanol, 75% ethanol with 10 mM ammonium acetate, 75% ethanol, TE buffer, 0.5 EDTA (pH 8.0), TE-dye, TAE buffer, *Taq* DNA polymerase, dNTPs, $MgCl_2$, Forward primer, Reverse primer, PCR buffer, Loading dye, Ethidium bromide และน้ำกลั่น เป็นต้น

สารเคมีที่ใช้ในการวิเคราะห์โปรตีน ประกอบด้วย $CuSO_4$, H_2SO_4 , 0.1 N HCl, H_3BO_3 , Se, Indicator

วิธีการวิจัย

การศึกษาลักษณะทางการเกษตร

ปลูกทดสอบประชากรและพันธุ์พ่อแม่ในท้องที่ อ.สันทราย จ.เชียงใหม่ เพื่อศึกษาลักษณะทางการเกษตรที่สนใจใน 2 ฤดู ในฤดูฝนปี 2550 และฤดูแล้งปี 2551 โดยวางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ (randomized complete block design, RCBD) จำนวน 2 ซ้ำ ใช้ประชากรสายพันธุ์แท้ 92 สายพันธุ์ วิเคราะห์ความแปรปรวนในแต่ละสภาพแวดล้อมและความแปรปรวนรวม แปลงทดลองมีขนาด กว้าง 1 เมตร ยาว 1.5 เมตร ระยะห่างระหว่างแปลง 50 เซนติเมตร ระยะปลูก 20x50 เซนติเมตร จำนวน 1 แถว/พันธุ์ ในฤดูฝนปี 2550 และใช้แปลงทดลองขนาดกว้าง 1 เมตร ยาว 3 เมตร จำนวน 2 แถว/พันธุ์ ในฤดูแล้งปี 2551

การปลูก หยอดเมล็ดพันธุ์หลุมละ 2 - 3 เมล็ด หยอดเมล็ดพันธุ์ลึกประมาณ 2 - 3 เซนติเมตร แล้วกลบบาง ๆ หลังปลูก 14 วัน ถอนต้นถั่วให้เหลือเพียง 1 ต้นต่อหลุม

การให้น้ำ แบ่งการให้น้ำเป็น 3 ครั้ง คือ ครั้งแรกให้น้ำสูตร 46-0-0 อัตรา 25 กิโลกรัมต่อไร่ หลังปลูก 14 วัน ให้น้ำสูตร 15-15-15 ผสมกับปุ๋ยสูตร 46-0-0 อัตรา 50 กิโลกรัมต่อไร่ หลังปลูก 28 วัน และครั้งที่ 3 ให้น้ำสูตร 15-15-15 ผสมกับปุ๋ยสูตร 46-0-0 อัตรา 50 กิโลกรัมต่อไร่ หลังปลูก 45 วัน โดยโรยข้างแถวปลูกแล้วพรวนดินกลบ

การให้น้ำ ให้น้ำหลังจากหยอดเมล็ดทันที และให้น้ำอย่างสม่ำเสมอ 7-10 วันต่อครั้ง ให้น้ำทุกครั้งหลังการให้น้ำ และต้องไม่ให้ถั่วเหลืองฝักสดขาดน้ำในระยะติดฝัก เพราะช่วงนี้ถ้าถั่วเหลืองฝักสดขาดน้ำจะทำให้ฝักและเมล็ดมีคุณภาพผลผลิตที่ต่ำ การให้น้ำจะให้แบบตามร่อง

การกำจัดวัชพืช พ่นสารกำจัดวัชพืชแบบก่อนงอก และการกำจัดวัชพืชด้วยมือ 3 ครั้ง คือ ครั้งแรกหลังปลูก 14 วัน ครั้งที่ 2 หลังปลูก 28 วัน และครั้งที่ 3 หลังปลูก 45 วัน การป้องกันและกำจัดแมลง พ่นสารฆ่าแมลงเมื่อมีการระบาดของแมลงในแต่ละระยะการเจริญเติบโต

การเก็บตัวอย่างฝักสดในระยะ $R_{6.5}$ ซึ่งเป็นระยะเก็บเกี่ยว จำนวน 100 ฝัก ที่มีเมล็ด 2-3 เมล็ด จาก 5 ถึง 7 ต้นต่อแปลงย่อย นำมาชั่งน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด วัดความยาวฝักสดที่มีเมล็ด 2-3 เมล็ด จำนวน 10 ฝัก ความกว้างฝักฝักสดที่มีเมล็ด 2-3 เมล็ด จำนวน 10 ฝัก และความหนาฝักฝักสดที่มีเมล็ด 2-3 เมล็ด จำนวน 10 ฝัก

การบันทึกข้อมูล

1. วันปลูก (planting date)
2. วันงอกนับจากวันปลูก (germination date)
3. องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (fresh seed protein content)
4. น้ำหนักฝักสดในระยะ $R_{6.5}$ 100 ฝัก (100 fresh pod weight)
5. น้ำหนักเมล็ดสดในระยะ $R_{6.5}$ 100 เมล็ด (100 fresh seed weight)
6. ความยาวฝัก (pod length)
7. ความกว้างฝัก (pod width)
8. ความหนาฝัก (pod thick)
9. น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (100 dry seed weight)

การวิเคราะห์ข้อมูล

การสืบค้นความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะที่สนใจทาง
การเกษตร

วิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) ค่าสหสัมพันธ์ (correlation) วิเคราะห์ความ
เชื่อมโยงระหว่างลักษณะกับเครื่องหมายโมเลกุลด้วยวิธี Single Factor Analysis of variance (SF-
ANOVA) และการวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่ง (multiple-locus regression)

การวิเคราะห์องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ด

ใช้วิธีการวิเคราะห์หาองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดด้วยวิธี Kjeldahl (AOAC, 2000) โดยบ่งชี้ปริมาณไนโตรเจนทั้งหมดจากตัวอย่างบดแห้ง และใช้ตัวคูณคงที่ 6.25 สำหรับถัวเหลืออง
เก็บตัวอย่างถัวเหลือองฝักสดในระยะ $R_{6.5}$ ซึ่งฝักมีเมล็ดสีเขียวเจริญเติบโตเต็มช่องว่างของฝัก เก็บแช่
น้ำแข็งไว้ในกล่องโฟมเพื่อป้องกันการสูญเสียคุณสมบัติทางเคมี แกะเปลือกออกชั่งน้ำหนัก
25 กรัม นำมาบดให้ละเอียดใส่ในบีกเกอร์ปิดด้วย Aluminum foil เจาะรูเพื่อระบายอากาศ นำไปอบ
ที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส ซ้ำคืน หลังจากนั้นตั้งทิ้งไว้ให้เย็นในโถอบ นำตัวอย่างใส่ในหลอด
ย่อยขนาด 250 มิลลิลิตร ใส่ตัวเร่งปฏิกิริยา 2.0 กรัม ได้แก่ K_2SO_4 , $CuSO_4$ และ Se ที่ผสมรวมกัน
เติมกรดซัลฟิวริก เข้มข้น 20 มิลลิลิตร นำตัวอย่างไปย่อยด้วยเครื่องย่อย 2020 Digestion System ที่

อุณหภูมิ 420 องศาเซลเซียส นาน 45 นาที หากทำการย่อยเสร็จจะเกิดเป็นสารละลายไฮโดรคลอริก (สีเขียว สีม่วง ซึ่งแล้วแต่ตัวเร่งปฏิกิริยา) ทั้งให้เข็นที่อุณหภูมิห้อง นำตัวอย่างที่ผ่านการย่อยเข้าเครื่องกลั่น Kjeltac System 1026 Distilling Unit ใส่กรดบอริก 4 เปอร์เซ็นต์ ปริมาตร 25 มิลลิลิตร และหยด indicator 3-5 หยด ลงใน flask กลั่นด้วยระบบอัดโนมัต ใช้เวลา 3.5 นาที นำตัวอย่างที่ผ่านการกลั่น มาไตเตรตด้วยสารละลายมาตรฐานกรดไฮโดรคลอริกความเข้มข้น 0.1 N คำนวณหาปริมาณ โปรตีน ซึ่งคำนวณได้จาก

$$\text{เปอร์เซ็นต์ไนโตรเจน (Total Nitrogen)} = \frac{(T-B) \times N \times 1.4007 \times 100}{W}$$

$$\text{เปอร์เซ็นต์โปรตีน} = \text{เปอร์เซ็นต์ไนโตรเจน} \times 6.25$$

T = ปริมาตรของสารละลายมาตรฐานกรดไฮโดรคลอริก 0.1 N ที่ใช้ไตเตรทกับตัวอย่าง

B = ปริมาตรของสารละลายมาตรฐานกรดไฮโดรคลอริก 0.1 N ที่ใช้ไตเตรทกับ blank

N = ความเข้มข้นของสารละลายมาตรฐานกรดไฮโดรคลอริก

W = น้ำหนักตัวอย่าง (กรัม)

$$\text{เปอร์เซ็นต์โปรตีน 70 เปอร์เซ็นต์} = \frac{(100 - 70) \times \text{เปอร์เซ็นต์โปรตีน}}{100 - \text{ความชื้น}}$$

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2)

วิเคราะห์หาค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน และการกระจายตัวของลักษณะใน ประชากร และประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow-sense heritability, h^2) เนื่องจาก ประชากรที่ใช้ศึกษาในครั้งนี้เป็นประชากรสายพันธุ์แท้ที่อยู่ในสภาพ homozygous แล้ว ซึ่งแสดง ถึงอัตราส่วนระหว่างความแปรปรวนอันเนื่องมาจากปฏิกิริยาของยีนแบบบวกสะสม (additive genetic variance, σ_g^2) ซึ่งไม่มีความแปรปรวนเนื่องจากการข่มของยีน (dominant genetic variation, σ_d^2) ซึ่งสามารถประเมินค่าได้จากสมการ Fehr (1987) ดังนี้

$$h^2 = \sigma_g^2 / [\sigma_g^2 + (\sigma_{ge}^2/e) + (\sigma_e^2/re)]$$

โดยกำหนดให้ σ_g^2 = ความแปรปรวนทางพันธุกรรม

σ_{ge}^2 = ความแปรปรวนของปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรม กับสภาพแวดล้อม

σ_e^2 = ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของการทดลอง

r = จำนวนซ้ำ

e = จำนวนของสภาพแวดล้อมที่ทำการทดลอง

การวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุล (molecular marker analysis)

สกัดดีเอ็นเอพันธุ์พ่อแม่และประชากรสายพันธุ์แท้ด้วยวิธีการประยุกต์ของ Doyle and Doyle (1987) การวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (simple sequence repeat, SSR) โดยสำรวจความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุลในพันธุ์พ่อแม่ และนำเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างในพันธุ์พ่อแม่มาวิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรมกับประชากรสายพันธุ์แท้

เก็บตัวอย่างใบอ่อนของพืชมาล้างด้วยน้ำกลั่นแล้วซับให้แห้ง นำใบอ่อนมาบดในโกร่งโดยใช้สารละลาย 2xCTAB ปริมาตร 2000 ไมโครลิตร ลงไปบดให้ละเอียด แล้วเทตัวอย่างที่บดลงในหลอดทดลองขนาด 1.5 มิลลิลิตร ประมาณ 2 ใน 3 ของหลอดทดลอง นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส นาน 30 นาที ทุกๆ 10 นาที เหย้าหลอดเบาๆ จากนั้นเติม chloroform-isoamyl alcohol ให้เต็มหลอดทดลอง เหย้าเบาๆ ด้วยมือ ประมาณ 2-3 นาที แล้วนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบสูงสุด 5 นาที ดูดสารละลายที่ใสส่วนบนของหลอดทดลองใส่หลอดทดลองขนาด 1.5 มิลลิลิตร ที่มี isopropanol ปริมาตร 600 ไมโครลิตรอยู่ โดยใช้ micropipette (P-1000) เหย้าหลอดทดลองโดยการคว่ำหางอย่างช้าๆ หลายครั้ง จะเห็นดีเอ็นเอเป็นเส้นแขวนลอยอยู่ นำไปหมุนเหวี่ยงเพียงเล็กน้อยดีเอ็นเอจะตกตะกอนอยู่ที่ก้นหลอดทดลอง แล้วเทสารละลายออก ผึ่งดีเอ็นเอให้แห้งโดยคว่ำหลอดทดลองไว้กับตะแกรงลวด

เมื่อดีเอ็นเอแห้งแล้วเติม 75 % ethanol + 10 mM ammonium acetate ปริมาตร 800 ไมโครลิตร เหย้าหลอดทดลองเบาๆ หลายๆ ครั้ง ใช้นิ้วคีบหลอดเบาๆ เพื่อให้ดีเอ็นเอที่ตกตะกอนเข้ากันได้ดีกับสารละลาย ตั้งทิ้งไว้ 30 นาที จากนั้นนำมาหมุนเหวี่ยงด้วยเครื่องหมุนเหวี่ยง (centrifuge) เพียงเล็กน้อย เทสารละลายออกเหลือแต่ดีเอ็นเอ แล้วผึ่งดีเอ็นเอให้แห้งโดยคว่ำหลอดไว้กับตะแกรงลวดให้แห้ง แล้วเติม 75 % ethanol ปริมาตร 800 ไมโครลิตร เหย้าหลายครั้งตั้งทิ้งไว้ 30 นาที นำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบสูงสุด 3 นาที เทสารละลายออกแล้วคว่ำหลอดทดลองไว้กับตะแกรงลวดให้ดีเอ็นเอแห้ง โดยตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 3 ชั่วโมง หรือข้ามคืน เติม TE buffer ปริมาตร 100 ไมโครลิตร ตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องจนกว่าดีเอ็นเอจะละลายหมด (ควรคืดหลอดเบาๆ ทุกๆ 1 ชั่วโมง) เก็บรักษาดีเอ็นเอตัวอย่างไว้ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

การตรวจสอบและปรับความเข้มข้นของดีเอ็นเอ

ผสมดีเอ็นเอที่สกัดไว้ 1 ไมโครลิตร กับ TE-dye 9 ไมโครลิตร ในหลอดทดลองขนาด 1.5 มิลลิลิตร เตรียมอะกาโรสเจล (agarose gel) ความเข้มข้น 1 เปอร์เซ็นต์ โดยใช้อะกาโรสเจล 0.3 กรัม 0.5xTAE buffer ปริมาตร 30 มิลลิลิตร ฉีดตัวอย่างดีเอ็นเอที่ผสมกับ TE-dye ปริมาตร 10 ไมโครลิตร ตรวจสอบการเคลื่อนที่ของแถบดีเอ็นเอโดยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิส (electrophoresis) โดยใช้กระแสไฟฟ้า 100 โวลต์ ใช้แถบสีน้ำเงินของ bromophenol blue เป็นตัวสังเกต โดยให้แถบเคลื่อนย้ายจากจุดเริ่มต้น 1.5-2 เซนติเมตร นำอะกาโรสเจลไปแช่ในบัฟเฟอร์ที่เติม ethidium bromide ปริมาตร 5 ไมโครลิตรต่อ TAE buffer ปริมาตร 100 มิลลิลิตร เพื่อให้แถบดีเอ็นเอชัดเจนขึ้น บันทึกภาพภายใต้แสงอุลตราไวโอเลต (ultraviolet) เพื่อนำมาประเมินความเข้มข้นโดยเปรียบเทียบความชัดเจนของแถบและความหนาของแถบดีเอ็นเอ ซึ่งเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน จากนั้นปรับความเข้มข้นของดีเอ็นเอโดยใช้น้ำกลั่นที่นิ่งมาเชื้อแล้วให้ได้ 10 นาโนกรัม/ไมโครลิตร ผสมดีเอ็นเอที่ปรับความเข้มข้นแล้วปริมาตร 2 ไมโครลิตร กับ TE-dye ปริมาตร 8 ไมโครลิตร ในหลอดทดลองขนาด 1.5 มิลลิลิตร เตรียมอะกาโรสเจล (agarose gel) ความเข้มข้น 1 เปอร์เซ็นต์ ฉีดดีเอ็นเอตัวอย่างลงในอะกาโรสเจลที่เตรียมไว้ ตรวจสอบการเคลื่อนที่ของแถบดีเอ็นเอโดยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิส เพื่อเปรียบเทียบความหนาและความชัดเจนของแถบ แถบที่เหมาะสมควรมีความหนาใกล้เคียงกับ 10 นาโนกรัม/ไมโครลิตร ของแถบดีเอ็นเอมาตรฐาน ถ้าแถบยังมีความหนาและความชัดเจนกว่าดีเอ็นเอมาตรฐาน ควรปรับความเข้มข้นด้วยน้ำกลั่นจนกว่าจะได้แถบที่ใกล้เคียงกับ 10 นาโนกรัม/ไมโครลิตร เก็บรักษาดีเอ็นเอที่ปรับความเข้มข้นแล้วที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

การทำปฏิกิริยาพีซีอาร์

ทำปฏิกิริยาพีซีอาร์โดยเตรียมสารละลายในหลอดทดลองปริมาตร 25 ไมโครลิตร โดยมีส่วนประกอบดังนี้ คือ ดีเอ็นเอแม่พิมพ์ 3 ไมโครลิตร (30 นาโนกรัม) forward primer 1.25 ไมโครลิตร (0.25 ไมโครโมลลาร์) reverse primer 1.25 ไมโครลิตร (0.25 ไมโครโมลลาร์) Master mix (*Taq* DNA polymerase, dNTPs, $MgCl_2$ buffer และ dye) 12.5 ไมโครลิตร และน้ำกลั่น 7 ไมโครลิตร อุณหภูมิที่ใช้ในการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ ระยะแรกใช้อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 นาที 1 รอบ ต่อด้วยระยะ denaturation ใช้อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที ระยะ annealing ใช้อุณหภูมิ 48 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที ระยะ extension ใช้อุณหภูมิ

68 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที จำนวน 32 รอบ ระยะสุดท้ายใช้อุณหภูมิ 68 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที 1 รอบ

การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยอิเล็กโตโฟรีซิส โดยนำผลิตภัณฑ์ (PCR products) มาทำอิเล็กโตรโฟรีซิสบนอะกาโรสเจล ความเข้มข้น 3 เปอร์เซ็นต์ ใช้กระแสไฟฟ้า 100 โวลต์ เป็นเวลา 30 นาที ย้อมด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ (ethidium bromide) บันทึกภาพภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต เพื่อตรวจหาความแตกต่าง (polymorphisms) ของขนาดอัลลีลและการกระจายตัวในประชากร สายพันธุ์แท้ บันทึกผลโดยให้สายพันธุ์แท้ที่มีอัลลีลที่เหมือนพันธุ์แม่ AGS 292 เป็นอัลลีล A และอัลลีลที่เหมือนสายพันธุ์พ่อ K3 เป็นอัลลีล B

การสืบค้นความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะที่สนใจ โดยใช้โปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ เพื่อวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) และวิเคราะห์ความเชื่อมโยงระหว่างลักษณะกับเครื่องหมายโมเลกุลด้วยวิธี Single Factor Analysis of Variance (SF-ANOVA) และการวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่ง (multiple-locus regression)

ใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ บน 20 กลุ่มลิงเกจ (molecular linkage group) ที่มีการทำแผนที่ไว้โดย Cregan *et al.* (1999) โดยทำการสุ่มคัดเลือกเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบเอสเอสอาร์ในแต่ละกลุ่มลิงเกจ ให้กระจายทั่วทั้งจีโนม บางส่วนของเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบเอสเอสอาร์ ได้มีการวิเคราะห์หาขนาดของอัลลีล (allele size) ของพันธุ์พ่อแม่ไว้แล้ว โดยใช้เครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสดีเอ็นเอ (DNA sequencer) เครื่องหมายดีเอ็นเอที่แสดงความแตกต่างของอัลลีลในแต่ละตำแหน่ง (locus) ในพันธุ์พ่อแม่จะนำไปใช้วิเคราะห์ความเชื่อมโยงของลักษณะต่าง ๆ ในประชากรสายพันธุ์แท้ต่อไป

ระยะเวลาและสถานที่ดำเนินงาน

เวลา	เริ่มดำเนินการ	เดือนมิถุนายน 2550
	สิ้นสุด	เดือนธันวาคม 2551
สถานที่	- แปลงเกษตรกร ต.หนองหาร อ.สันทราย จ.เชียงใหม่ - ห้องปฏิบัติการดีเอ็นเอเทคโนโลยี ศูนย์กล้วยไม้และไม้ดอกไม้ประดับ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ ต.หนองหาร อ.สันทราย จ.เชียงใหม่	

บทที่ 4

ผลการทดลอง

การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม

องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 1 และในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 2 เมื่อนำมาวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่และประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) เช่นเดียวกัน ดังแสดงในตาราง 3 โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P=0.3159$) ดังแสดงในภาพ 1 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่างร้อยละ 8.8 ถึง 13.1 ประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 10.9 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 9.0 และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 12.4 ดังแสดงในตาราง 22 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านซ้าย ($P=0.0026$) ดังแสดงในภาพ 2 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่างร้อยละ 10.4 ถึง 15.0 ประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 13.5 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 11.7 และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 14.8 ดังแสดงในตาราง 22 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P=0.1116$) แสดงให้เห็นว่าลักษณะดังกล่าวเป็นลักษณะเชิงปริมาณ ดังแสดงในภาพ 3 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่างร้อยละ 10.1 ถึง 13.7 ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับร้อยละ 12.2 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 10.3 และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 13.6 ดังแสดงในตาราง 22

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 55.7 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 90.9 ในฤดูแล้งปี 2551 ดังแสดงในตาราง 22 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 41.9 แสดงให้เห็นว่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะพันแปรต่อสภาพแวดล้อม

น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 4 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 5 เมื่อนำมาวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) เช่นเดียวกัน และพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 6 โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0102$) ดังแสดงในภาพ 4 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 82.8 ถึง 312.2 กรัม ประชากรมีค่าเฉลี่ย 160.9 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 272.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 82.8 ดังแสดงในตาราง 23 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0009$) ดังแสดงในภาพ 5 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 120.4 ถึง 282.4 กรัม ประชากรมีค่าเฉลี่ย 170.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 235.0 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 117.2 กรัม ดังแสดงในตาราง 23 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0001$) ดังแสดงในภาพ 6 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 106.8 ถึง 297.3 กรัม ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 165.6 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 253.8 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 100.0 กรัม ดังแสดงในตาราง 23

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 85.8 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 83.6 ในฤดูแล้งปี 2551 ดังแสดงในตาราง 23 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 62.0

น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 7

ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ($P<0.05$) และในแต่ละสายพันธุ์ของประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 8 เมื่อนำมาวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 9 โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P=0.2925$) ดังแสดงในภาพ 7 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 36.5 ถึง 108.8 กรัม ประชากรมีค่าเฉลี่ย 66.4 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 107.4 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 36.5 กรัม ดังแสดงในตาราง 24 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P=0.1417$) ดังแสดงในภาพ 8 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 49.2 ถึง 111.5 กรัม ประชากรมีค่าเฉลี่ย 73.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 94.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 64.0 กรัม ดังแสดงในตาราง 24 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0104$) ดังแสดงในภาพ 9 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 47.8 ถึง 109.8 กรัม ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 69.8 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 101.0 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 50.3 กรัม ดังแสดงในตาราง 24

การประเมินค่าอัตราพันธุ์กรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 81.4 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 72.4 ในฤดูแล้งปี 2551 ดังแสดงในตาราง 24 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 47.1 แสดงให้เห็นว่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะผันแปรต่อสภาพแวดล้อม

น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 10 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ

($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 11 เมื่อนำมาวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($P<0.01$) ภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) เช่นเดียวกัน และพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ดังแสดงในตาราง 12 เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบไม่ปกติ ($P=0.0375$) ดังแสดงในภาพ 10 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 8.6 ถึง 20.1 กรัม ประชากรมีค่าเฉลี่ย 13.0 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 25.1 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.3 ดังแสดงในตาราง 25 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0150$) ดังแสดงในภาพ 11 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 10.9 ถึง 27.0 กรัม ประชากรมีค่าเฉลี่ย 17.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 30.26 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 10.18 กรัม ดังแสดงในตาราง 25 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบไม่ปกติ ($P=0.0120$) ดังแสดงในภาพ 12 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 9.9 ถึง 23.3 กรัม ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 15.2 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 27.7 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.8 กรัม ดังแสดงในตาราง 25

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 84.2 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 87.1 ในฤดูแล้งปี 2551 ดังแสดงในตาราง 25 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 63.6

ความยาวฝักสด

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของความยาวฝักสดในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 13 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า พันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 14 เมื่อนำมาวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ในแต่ละสายพันธุ์ของประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อความยาว

ฝึกสด ดังแสดงในตาราง 15 เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P=0.0553$) ดังแสดงในภาพ 13 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 37.1 ถึง 63.2 มิลลิเมตร ประชากรมีค่าเฉลี่ย 47.4 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 56.2 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 41.3 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 26 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0325$) ดังแสดงในภาพ 14 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 41.8 ถึง 61.0 มิลลิเมตร ประชากรมีค่าเฉลี่ย 49.2 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 52.7 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 44.1 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 26 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0156$) ดังแสดงในภาพที่ 15 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 41.0 ถึง 62.1 มิลลิเมตร ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 48.3 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 54.5 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 42.7 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 26

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความยาวฝึกสดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 82.1 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 76.1 ในฤดูแล้งปี 2551 ดังแสดงในตาราง 26 ในขณะที่วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 66.0

ความกว้างฝึกสด

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของความกว้างฝึกสดในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 16 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 17 เมื่อนำมาวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($P<0.01$) ในแต่ละสายพันธุ์ของประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) เช่นเดียวกัน และพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อความกว้างฝึกสด ดังแสดงในตาราง 18 เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P=0.6879$) ดังแสดงในภาพ 16 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 8.3 ถึง 12.1 มิลลิเมตร ประชากรมีค่าเฉลี่ย 10.5 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 13.1 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.7 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 27 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P=0.0592$) ดังแสดงในภาพ 17 มีค่าพิสัยอยู่

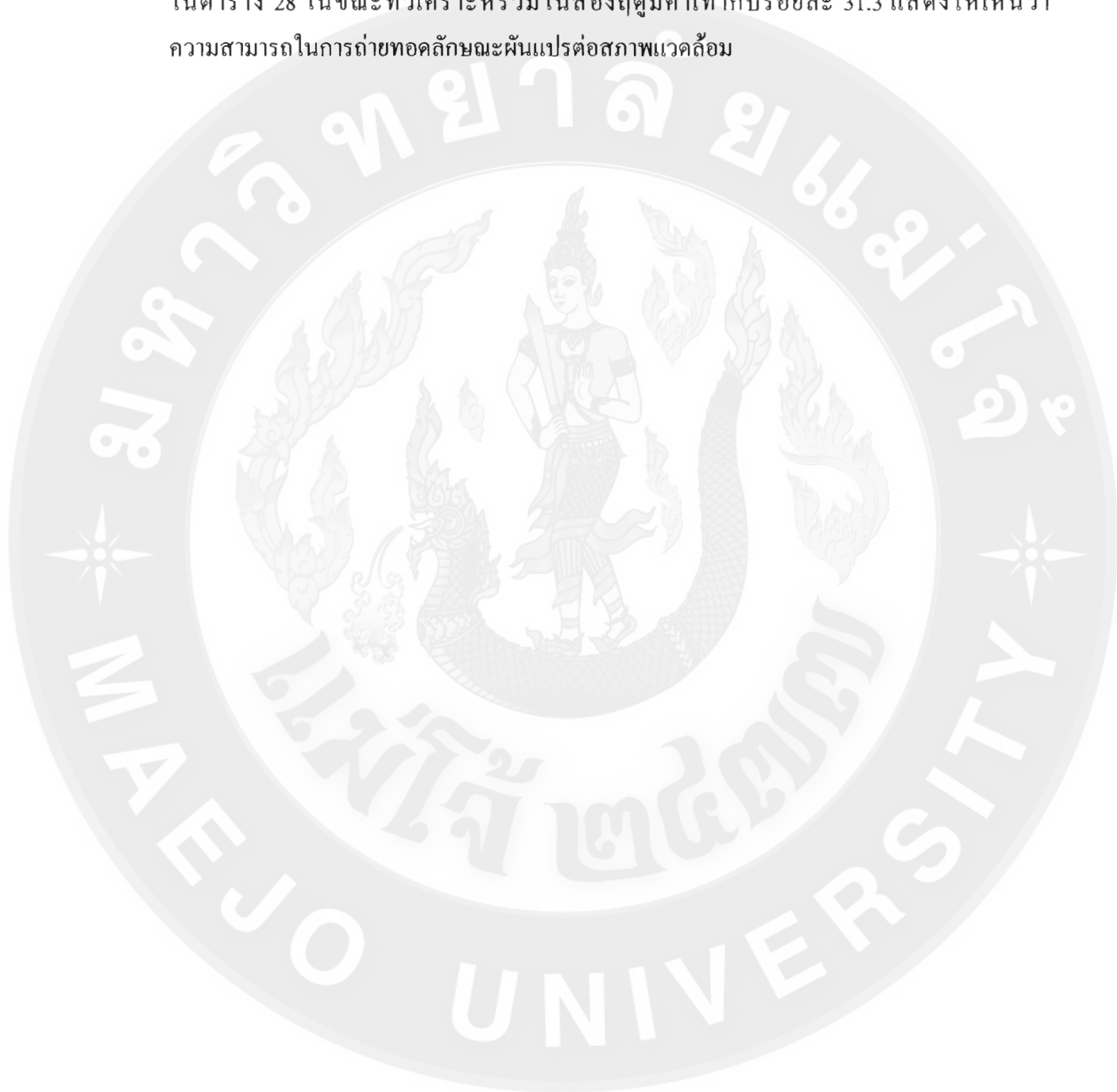
ระหว่าง 8.8 ถึง 12.2 มิลลิเมตร ประชากรมีค่าเฉลี่ย 10.9 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 12.4 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.8 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 27 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านซ้าย ($P=0.0467$) ดังแสดงในภาพ 18 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 8.5 ถึง 11.9 มิลลิเมตร ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 10.7 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 12.7 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.7 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 27

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความกว้างฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 75.0 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 88.5 ในฤดูแล้งปี 2551 ดังแสดงในตาราง 27 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 57.9

ความหนาฝักสด

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของความหนาฝักสดในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 19 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) ดังแสดงในตาราง 20 เมื่อนำมาวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และในแต่ละสายพันธุ์ของประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) และพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ($P<0.05$) โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อความหนาฝักสด ดังแสดงในตาราง 21 เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P<0.0001$) ดังแสดงในภาพ 19 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 4.3 ถึง 10.6 มิลลิเมตร ประชากรมีค่าเฉลี่ย 6.0 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 ค่าเฉลี่ย 8.7 มิลลิเมตรและสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 4.5 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 28 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0163$) ดังแสดงในภาพ 20 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 6.1 ถึง 8.6 มิลลิเมตร ประชากรมีค่าเฉลี่ย 7.1 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 7.8 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 6.2 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 28 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P=0.0020$) ดังแสดงในภาพ 21 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 5.2 ถึง 8.6 มิลลิเมตร ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 6.5 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 8.2 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 5.4 มิลลิเมตร ดังแสดงในตาราง 28

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความหนาฝักสดในประชากร
สายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 47.0 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 65.4 ในฤดูแล้งปี 2551 ดังแสดง
ในตาราง 28 ในขณะที่วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 31.3 แสดงให้เห็นว่า
ความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะผันแปรต่อสภาพแวดล้อม



ตาราง 1 การวิเคราะห์ความแปรปรวนองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดในฤดูฝนปี 2550

Source	df	Mean square
Block	1	6.68*
Genotype	93	2.11**
Parents vs RILs	1	2.03**
Between Parents	1	0.20**
Between RILs	91	11.46**
Error	89 ^{1/}	1.15
Variance components		$\sigma_g^2 = 0.73$ $\sigma_e^2 = 0.58$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติ อย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 2 การวิเคราะห์ความแปรปรวนองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	0.02
Genotype	93	1.55**
Parents vs RILs	1	0.30
Between Parents	1	9.92**
Between RILs	91	1.47**
Error	93	0.14
Variance components		$\sigma_g^2 = 0.7$ $\sigma_e^2 = 0.07$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 3 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดในฤดูฝน ปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	623.84**
Block (Environment)	2	1.33
Genotype (G)	93	2.76**
Parents vs RILs	1	0.33
Between Parents	1	21.22**
Between RILs	91	2.59**
Genotype x Environment	93	1.26
RIL x E	91	1.29
Residual G x E	2	0.09
Pooled error	182 ^{1/}	1.27
Variance components		$\sigma_g^2 = 0.57$
		$\sigma_{ge}^2 = 0.47$
		$\sigma_e^2 = 0.32$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติ อย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 4 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักฝักสด 100 ฟัก ในฤดูฝนปี 2550

Source	df	Mean square
Block	1	6.20
Genotype	93	3459.81**
Parents vs RILs	1	1027.94
Between Parents	1	36027.84**
Between RILs	91	3128.87**
Error	89 ^{1/}	477.54
Variance components	$\sigma_g^2 = 1445.05$ $\sigma_e^2 = 238.77$	

หมายเหตุ	*	หมายความว่า	มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
	**	หมายความว่า	มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
	^{1/}	หมายความว่า	มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 5 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักฝักสด 100 ฟัก ในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	148.17
Genotype	93	1617.74**
Parents vs RILs	1	129.92
Between Parents	1	13869.77**
Between RILs	91	1499.46**
Error	93	268.00
Variance components	$\sigma_g^2 = 682.73$ $\sigma_e^2 = 134.00$	

หมายเหตุ	**	หมายความว่า	มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
----------	----	-------------	---

ตาราง 6 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของน้ำหนักฝักสด 100 ฟัก ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้ง ปี 2551

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	7804.53**
Block (Environment)	2	77.18
Genotype (G)	93	4089.21**
Parents vs RILs	1	944.49
Between Parents	1	47302.73**
Between RILs	91	3649.18**
Genotype x Environment	93	999.14**
RIL x E	91	989.95**
Residual G x E	2	2834.40**
Pooled error	182 ^{1/}	370.50
Variance components		$\sigma_g^2 = 889.14$
		$\sigma_{ge}^2 = 453.26$
		$\sigma_e^2 = 92.63$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 7 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550

Source	df	Mean square
Block	1	5.99
Genotype	93	513.11**
Parents vs RILs	1	124.84
Between Parents	1	5029.65**
Between RILs	91	467.79**
Error	89 ^{1/}	95.89
Variance components	$\sigma_g^2 = 209.92$ $\sigma_e^2 = 47.95$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ^{1/} หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 8 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	480.32*
Genotype	93	306.98**
Parents vs RILs	1	143.93
Between Parents	1	935.14**
Between RILs	91	301.87**
Error	93	96.75
Variance components	$\sigma_g^2 = 126.75$ $\sigma_e^2 = 48.38$	

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

ตาราง 9 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้ง ปี 2551

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	4375.08**
Block (Environment)	2	243.16
Genotype (G)	93	565.04**
Parents vs RILs	1	268.43
Between Parents	1	5151.13**
Between RILs	91	518.10**
Genotype x Environment	93	252.91**
RIL x E	91	249.44**
Residual G x E	2	821.78**
Pooled error	182 ^{1/}	96.33
Variance components		$\sigma_g^2 = 123.51$
		$\sigma_{ge}^2 = 113.42$
		$\sigma_e^2 = 24.04$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 10 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550

Source	df	Mean square
Block	1	12.64**
Genotype	93	13.20**
Parents vs RILs	1	68.86**
Between Parents	1	248.06**
Between RILs	91	10.01**
Error	89 ^{1/}	1.71
Variance components	$\sigma_g^2 = 4.58$ $\sigma_e^2 = 0.86$	

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 ^{1/} หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 11 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	28.21**
Genotype	93	16.65**
Parents vs RILs	1	32.54**
Between Parents	1	403.21**
Between RILs	91	12.22**
Error	93	1.67
Variance components	$\sigma_g^2 = 5.69$ $\sigma_e^2 = 0.84$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 12 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 และ
ในฤดูแล้ง ปี 2551

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	1722.36**
Block (Environment)	2	20.43**
Genotype (G)	93	25.29**
Parents vs RILs	1	98.04**
Between Parents	1	641.89**
Between RILs	91	17.71**
Genotype x Environment	93	4.52**
RIL x E	91	4.47**
Residual G x E	2	12.73**
Pooled error	182 ^{1/}	1.69
Variance components		$\sigma_g^2 = 4.32$ $\sigma_{ge}^2 = 2.05$ $\sigma_e^2 = 0.42$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 13 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความยาวฝักสด ในฤดูฝนปี 2550

Source	df	Mean square
Block	1	10.98
Genotype	93	39.30**
Parents vs RILs	1	7.54
Between Parents	1	223.05**
Between RILs	91	37.63**
Error	89 ^{1/}	7.42
Variance components	$\sigma_g^2 = 16.96$ $\sigma_e^2 = 3.71$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 14 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความยาวฝักสด ในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	13.22
Genotype	93	21.90**
Parents vs RILs	1	2.09
Between Parents	1	74.22**
Between RILs	91	21.55**
Error	93	5.86
Variance components	$\sigma_g^2 = 9.31$ $\sigma_e^2 = 2.93$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 15 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของความยาวฝักสด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	279.17**
Block (Environment)	2	12.10
Genotype (G)	93	50.80**
Parents vs RILs	1	0.84
Between Parents	1	277.30**
Between RILs	91	48.86**
Genotype x Environment	93	10.53**
RIL x E	91	10.44**
Residual G x E	2	28.84*
Pooled error	182 ^{1/}	6.62
Variance components		$\sigma_g^2 = 11.80$
		$\sigma_{ge}^2 = 4.40$
		$\sigma_e^2 = 1.66$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 16 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความกว้างฝักสด ในฤดูฝน ปี 2550

Source	df	Mean square
Block	1	1.14*
Genotype	93	1.72**
Parents vs RILs	1	0.66
Between Parents	1	19.18**
Between RILs	91	0.98**
Error	89 ^{1/}	0.27
Variance components	$\sigma_g^2 = 0.42$ $\sigma_e^2 = 0.14$	

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 17 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความกว้างฝักสด ในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	0.92**
Genotype	93	0.91**
Parents vs RILs	1	0.39
Between Parents	1	13.18**
Between RILs	91	0.79**
Error	93	0.12
Variance components	$\sigma_g^2 = 0.46$ $\sigma_e^2 = 0.06$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 18 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของความกว้างฝักสด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	16.88**
Block (Environment)	2	1.03**
Genotype (G)	93	1.69**
Parents vs RILs	1	0.02
Between Parents	1	32.08**
Between RILs	91	1.38**
Genotype x Environment	93	0.40**
RIL x E	91	0.39**
Residual G x E	2	1.32
Pooled error	182 ^{1/}	0.19
Variance components		$\sigma_g^2 = 0.33$
		$\sigma_{ge}^2 = 0.19$
		$\sigma_e^2 = 0.05$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 ^{1/} หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 19 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความหนาฝักสด ในฤดูฝน ปี 2550

Source	df	Mean square
Block	1	5.62**
Genotype	93	1.38*
Parents vs RILs	1	1.60
Between Parents	1	17.02**
Between RILs	91	1.21
Error	89 ^{1/}	0.88
Variance components	$\sigma_g^2 = 0.39$ $\sigma_e^2 = 0.44$	

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 20 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความหนาฝักสด ในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	1.36**
Genotype	93	0.45**
Parents vs RILs	1	0.02
Between Parents	1	2.48**
Between RILs	91	0.43**
Error	93	0.18
Variance components	$\sigma_g^2 = 0.17$ $\sigma_e^2 = 0.09$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 21 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมของความหนาฟักสด ในฤดูฝนปี 2550 และในฤดูแล้งปี 2551

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	119.20*
Block (Environment)	2	3.49**
Genotype (G)	93	1.09**
Parents vs RILs	1	0.62
Between Parents	1	16.25**
Between RILs	91	0.93**
Genotype x Environment	93	0.74*
RIL x E	91	0.71*
Residual G x E	2	4.28**
Pooled error	182 ^{1/}	0.52
Variance components		$\sigma_g^2 = 0.20$
		$\sigma_{ge}^2 = 0.31$
		$\sigma_e^2 = 0.13$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
 1/ หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 22 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (เปอร์เซ็นต์) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2550	8.8 – 13.1	10.9 $\pm$ 1.0	9.0	12.4	55.7
ฤดูแล้งปี 2551	10.4 – 15.0	13.5 $\pm$ 0.9	11.7	14.8	90.9
วิเคราะห์รวม	10.1 – 13.7	12.2 $\pm$ 0.8	10.3	13.6	41.9

ตาราง 23 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2550	82.8 - 312.2	160.9 $\pm$ 40.1	272.6	82.8	85.8
ฤดูแล้งปี 2551	120.4 - 282.4	170.3 $\pm$ 27.4	235.0	117.2	83.6
วิเคราะห์รวม	106.8- 297.3	165.6 $\pm$ 30.3	253.8	100.0	62.0

ตาราง 24 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2550	36.5 – 108.8	66.4 $\pm$ 15.6	107.4	36.5	81.4
ฤดูแล้งปี 2551	49.2 – 111.5	73.3 $\pm$ 12.3	94.6	64.0	72.4
วิเคราะห์รวม	47.8 – 109.8	69.8 $\pm$ 11.5	101.0	50.3	47.1

ตาราง 25 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2550	8.6 – 20.1	13.0 $\pm$ 2.3	25.1	9.3	84.2
ฤดูแล้งปี 2551	10.9 – 27.0	17.3 $\pm$ 2.5	30.3	10.2	87.1
วิเคราะห์รวม	9.9 – 23.3	15.2 $\pm$ 2.1	27.7	9.8	63.6

ตาราง 26 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	(%)
ฤดูฝนปี 2550	37.1 – 63.2	47.4 $\pm$ 4.4	56.2	41.3	82.1
ฤดูแล้งปี 2551	41.8 – 61.0	49.2 $\pm$ 3.3	52.7	44.1	76.1
วิเคราะห์รวม	41.0 – 62.1	48.3 $\pm$ 3.5	54.5	42.7	65.9

ตาราง 27 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	(%)
ฤดูฝนปี 2550	8.3 – 12.1	10.5 $\pm$ 0.7	13.1	8.7	75.0
ฤดูแล้งปี 2551	8.8 – 12.2	10.9 $\pm$ 0.6	12.4	8.8	88.5
วิเคราะห์รวม	8.5 – 11.9	10.7 $\pm$ 0.6	12.7	8.7	57.9

ตาราง 28 แสดงค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความหนาฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	(%)
ฤดูฝนปี 2550	4.3 – 10.6	6.0 $\pm$ 0.8	8.7	4.5	47.0
ฤดูแล้งปี 2551	6.1 – 8.6	7.1 $\pm$ 0.5	7.8	6.2	65.4
วิเคราะห์รวม	5.2 – 8.6	6.5 $\pm$ 0.5	8.2	5.4	31.3

สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางการเกษตร

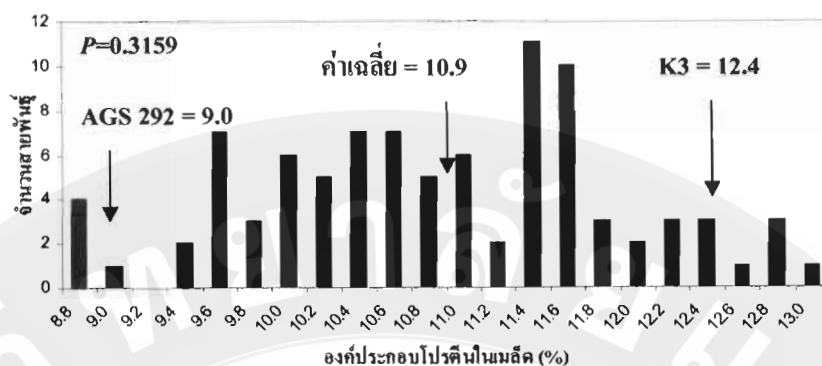
ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่าง ๆ ทางการเกษตรในประชากรสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์ ที่ปลูกทดสอบใน 2 ฤดู พบว่า ลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดมีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความหนาฝักสด และมีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญ ($P < 0.05$) กับความยาวฝักสด ลักษณะน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด ลักษณะน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด ลักษณะน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝัก ลักษณะความยาวฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด และลักษณะความกว้างฝักสด มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับความหนาฝักสด ดังแสดงในตาราง 29

ตาราง 29 แสดงสหสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด ของประชากรสายพันธุ์แท้ ที่ปลูกทดสอบ 2 ฤดู

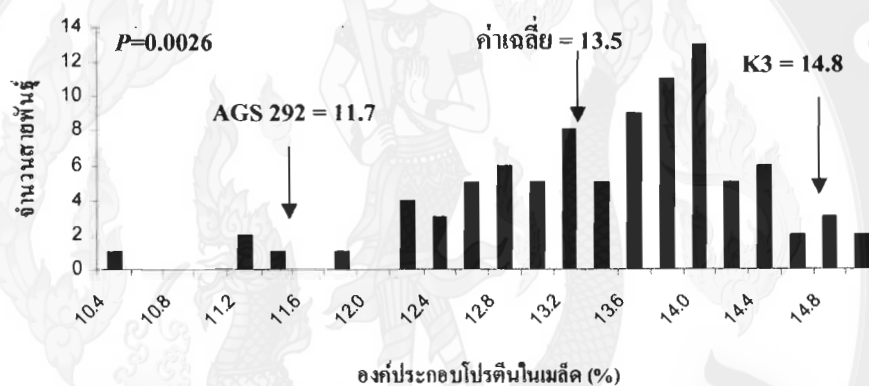
ลักษณะ	องค์ประกอบโปรตีน ในเมล็ดสด	น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก	น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด	น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด	ความยาวฝักสด	ความกว้างฝักสด
น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก	-0.38**					
น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด	-0.36**	0.88**				
น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด	-0.40**	0.60**	0.59**			
ความยาวฝักสด	-0.21*	0.84**	0.77**	0.50**		
ความกว้างฝักสด	-0.20	0.66**	0.58**	0.61**	0.71**	
ความหนาฝักสด	-0.30**	0.53**	0.58**	0.49**	0.48**	0.54**

* หมายความว่า มีสหสัมพันธ์ที่ระดับความเป็นไปได้ 0.05

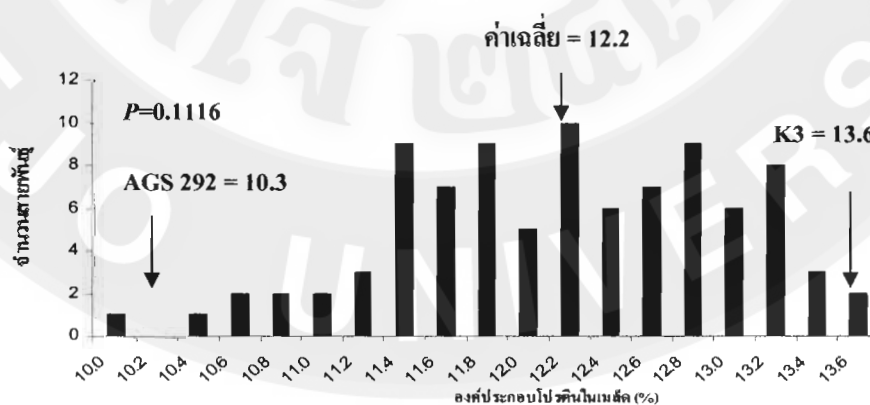
** หมายความว่า มีสหสัมพันธ์ที่ระดับความเป็นไปได้ 0.01



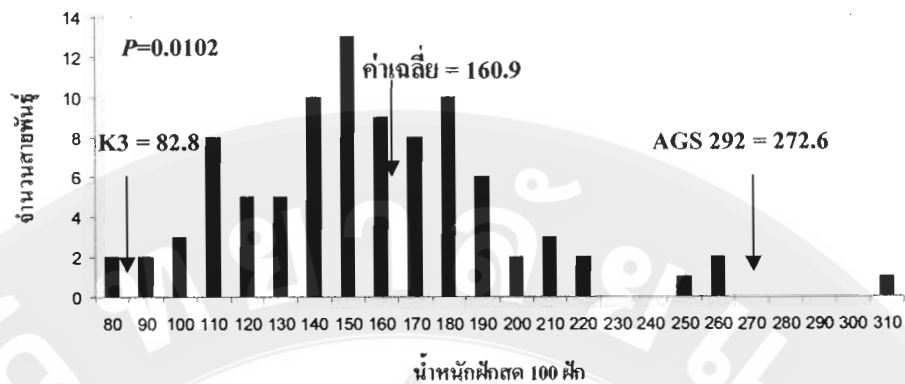
ภาพ 1 การกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (เปอร์เซ็นต์) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสด สายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550 (ตำแหน่งที่ถูกครีชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



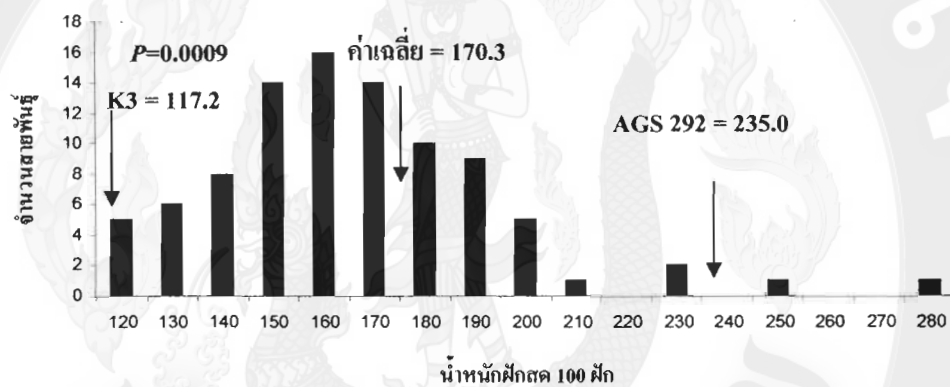
ภาพ 2 การกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (เปอร์เซ็นต์) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสด สายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2551 (ตำแหน่งที่ถูกครีชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



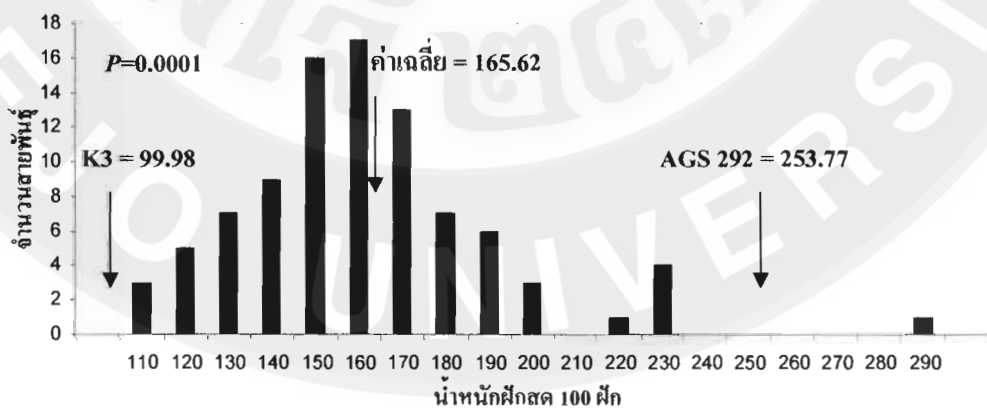
ภาพ 3 การกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด (เปอร์เซ็นต์) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสด สายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู (ตำแหน่งที่ถูกครีชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



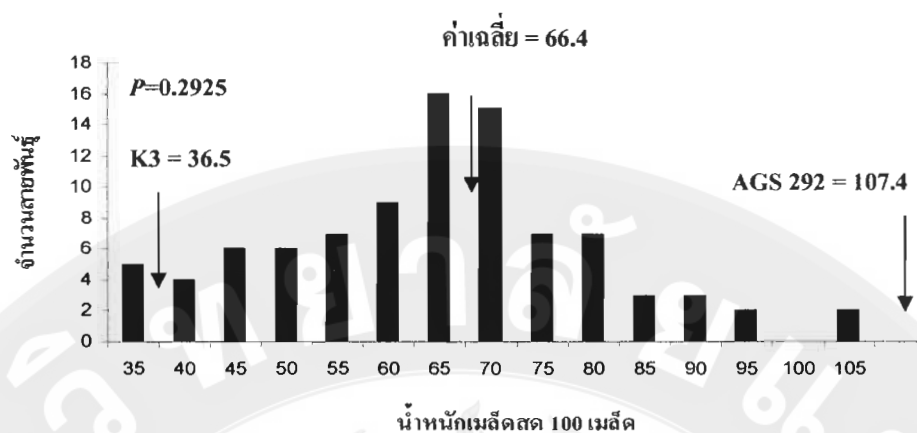
ภาพ 4 การกระจายตัวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 (ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



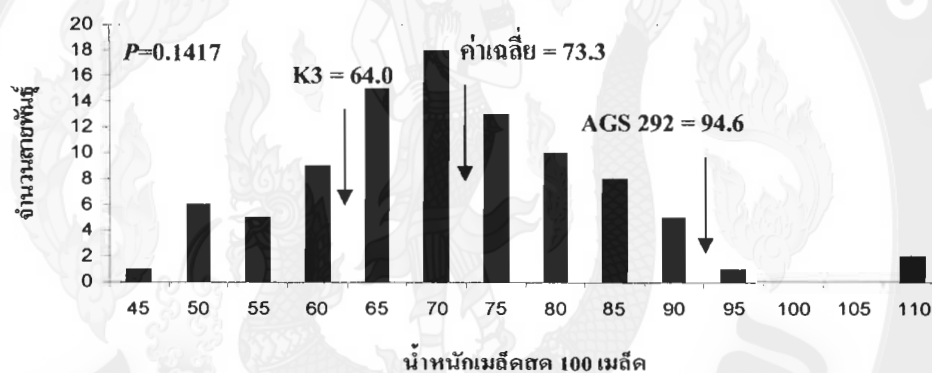
ภาพ 5 การกระจายตัวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551 (ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



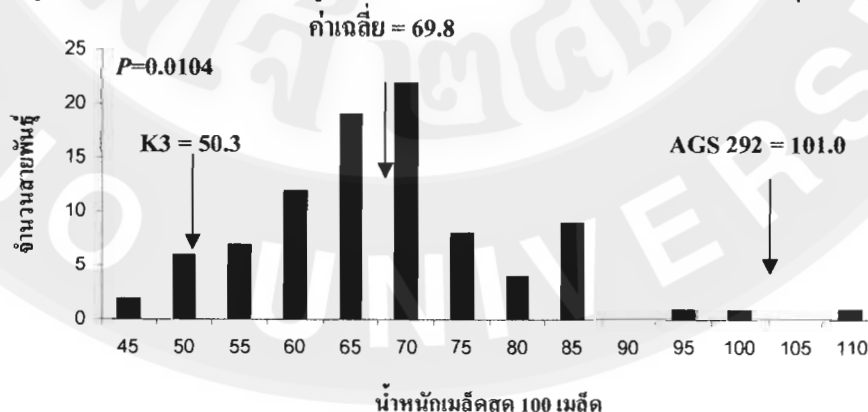
ภาพ 6 การกระจายตัวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู (ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



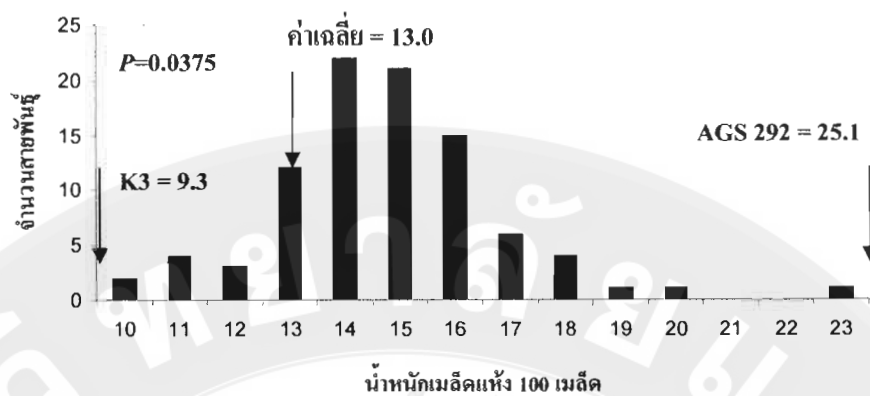
ภาพ 7 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



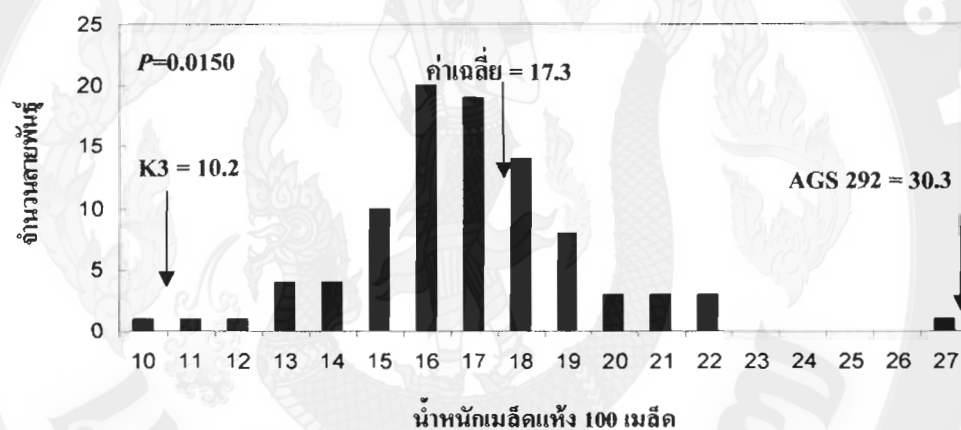
ภาพ 8 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551 (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



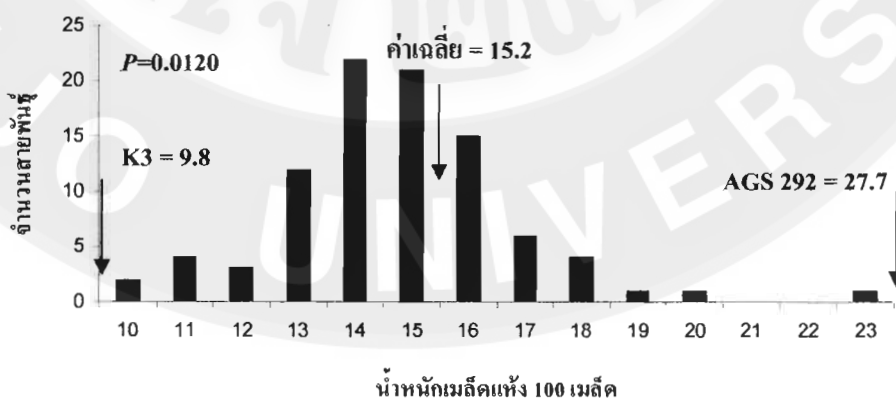
ภาพ 9 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



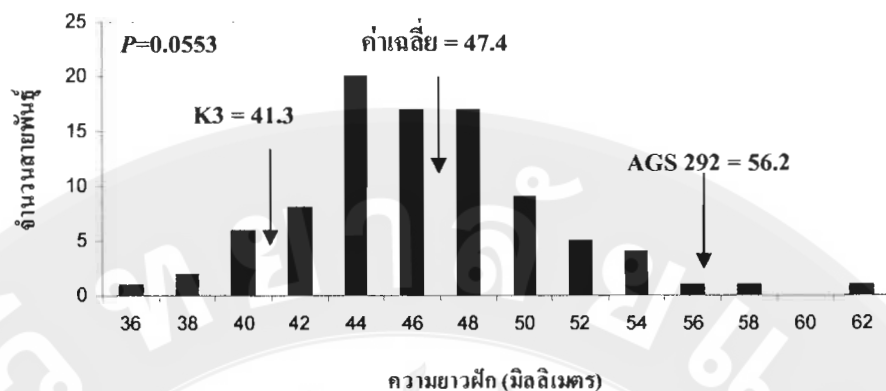
ภาพ 10 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



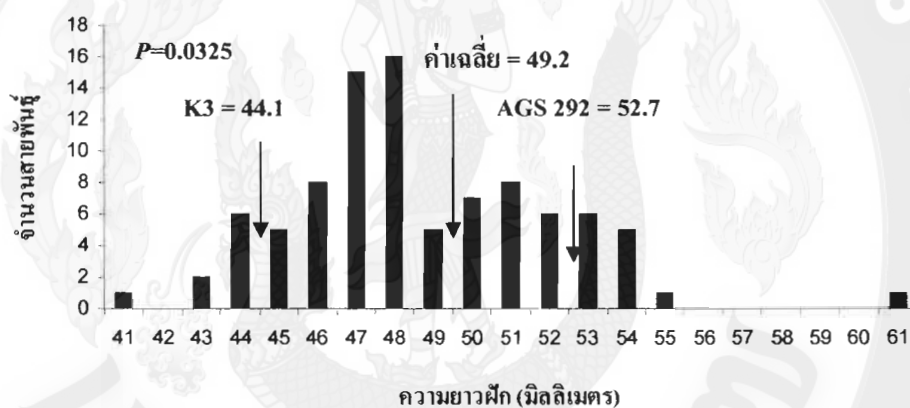
ภาพ 11 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551 (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



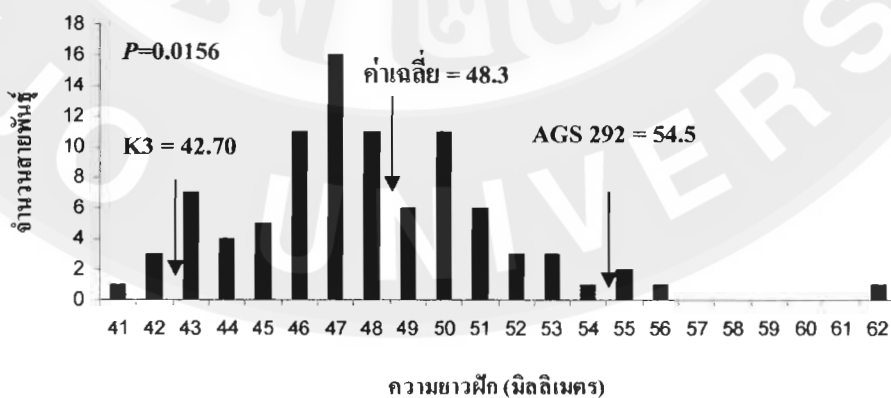
ภาพ 12 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



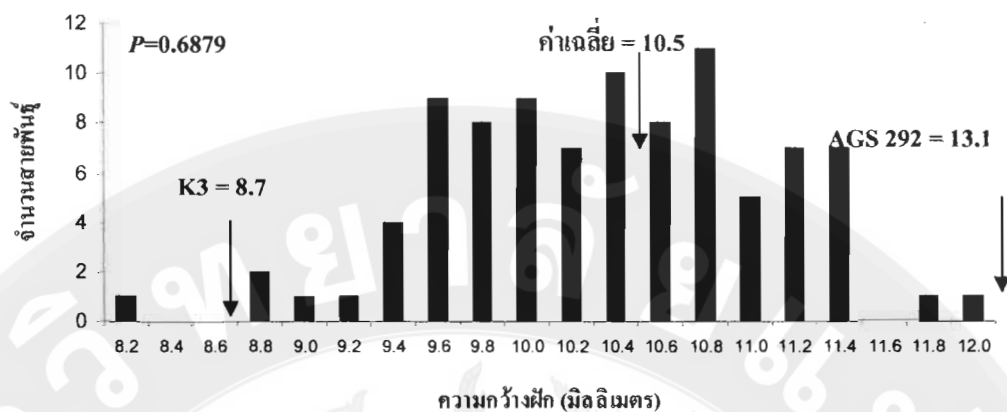
ภาพ 13 การกระจายตัวของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 (ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



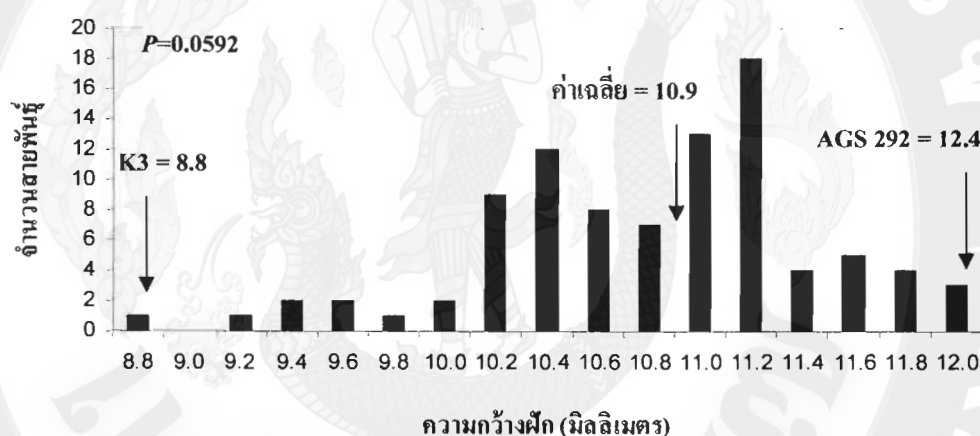
ภาพ 14 การกระจายตัวของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551 (ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



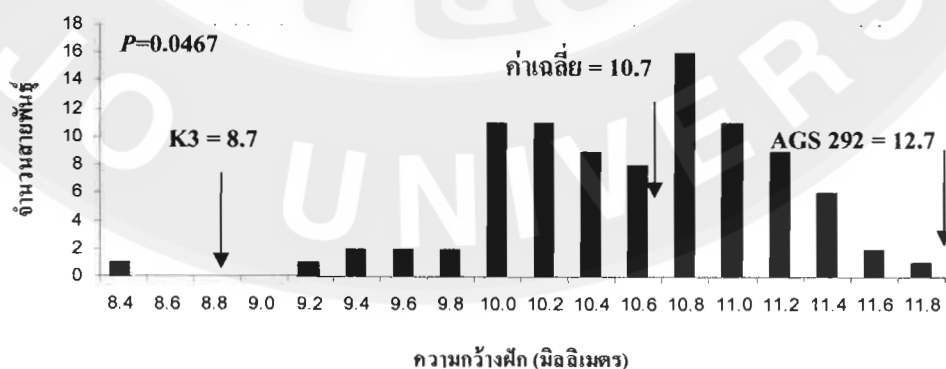
ภาพ 15 การกระจายตัวของความยาวฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู (ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



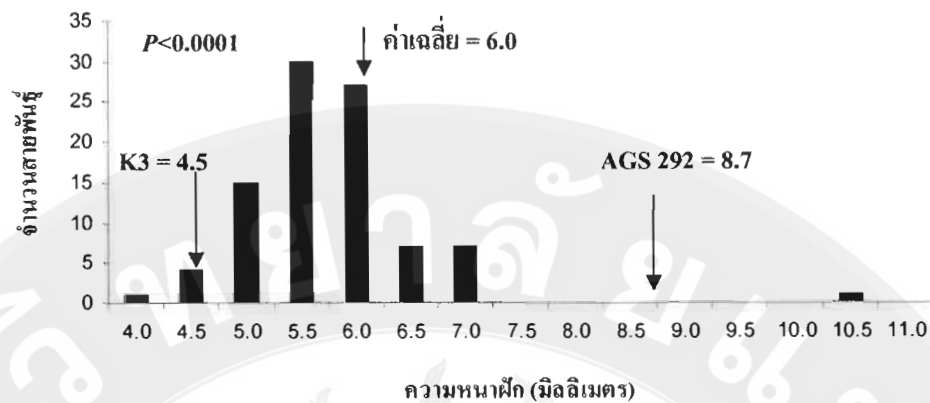
ภาพ 16 การกระจายตัวของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 (ตำแหน่งที่ถูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



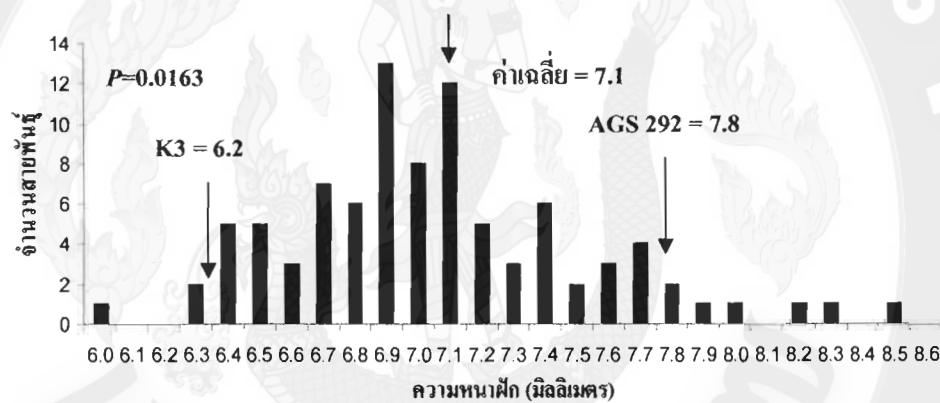
ภาพ 17 การกระจายตัวของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้งปี 2551 (ตำแหน่งที่ถูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



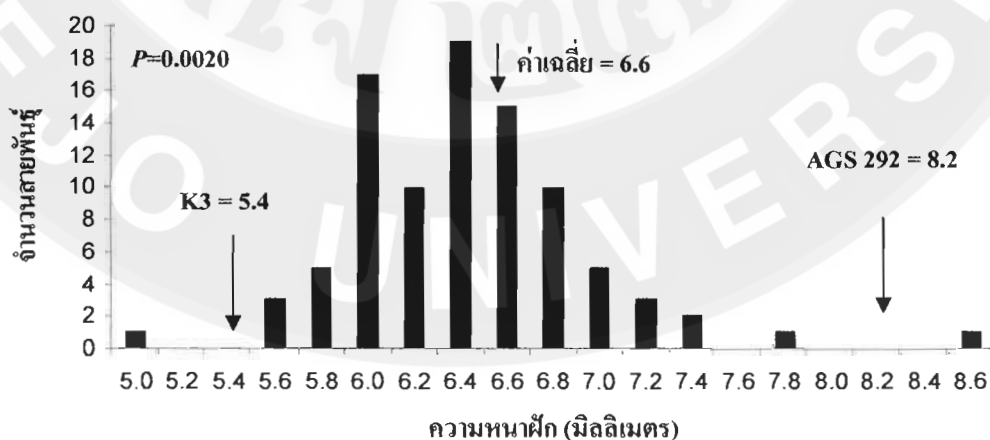
ภาพ 18 การกระจายตัวของความกว้างฝักสด (มิลลิเมตร) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ใน 2 ฤดู (ตำแหน่งที่ถูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



ภาพ 19 การกระจายตัวของความหนาฝักสด (กิโลกรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดู
ฝนปี 2550 (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



ภาพ 20 การกระจายตัวของความหนาฝักสด (กิโลกรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดู
แล้งปี 2551 (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)



ภาพ 21 การกระจายตัวของความหนาฝักสด (กิโลกรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้
ใน 2 ฤดู (ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรและพันธุ์พ่อแม่)

การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพันธุ์พ่อแม่

การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์พ่อแม่ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่เลือกให้กระจายทั่วทั้งจีโนมจำนวน 273 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ ทำการวิเคราะห์ขนาดของอัลลีลโดยใช้เครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสอัตโนมัติ จำนวน 161 เครื่องหมาย และการตรวจสอบโดยใช้อะกาโรสเจลความเข้มข้น 3 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 112 เครื่องหมาย พบว่ามี 97 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อแม่ จากนั้นนำเครื่องหมายโมเลกุลเหล่านี้มาวิเคราะห์พันธุกรรมกับประชากรสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์

การทดสอบค่าไคสแควร์ในประชากรสายพันธุ์แท้ที่มีการกระจายตัวของอัลลีลบนเครื่องหมายโมเลกุลในแต่ละตำแหน่งจำนวน 97 เครื่องหมาย โดยมีอัตราส่วนตามทฤษฎี คือ 1:1 ซึ่งจากค่าสังเกตเมื่อวิเคราะห์แล้วพบว่า มีอัตราส่วนในแต่ละตำแหน่ง เครื่องหมายโมเลกุลส่วนใหญ่มีการกระจายตัวเป็นไปตามอัตราส่วน 1:1 มีจำนวน 10 เครื่องหมาย ที่ไม่เป็นไปตามอัตราส่วน 1:1 ได้แก่ เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt589 บนกลุ่มลิงเกจ A1 Satt277 Satt307 และ Satt316 บนกลุ่มลิงเกจ C2 Sat_069 บนกลุ่มลิงเกจ D1b+W Satt514 บนกลุ่มลิงเกจ D2 Satt720 บนกลุ่มลิงเกจ E Satt394 บนกลุ่มลิงเกจ G Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L Satt477 บนกลุ่มลิงเกจ O ($P < 0.05$)

ตาราง 30 การกระจายตัวของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ 97 เครื่องหมาย ในประชากร
ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในการทดสอบค่าไคสแควร์

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่มถึงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่าสังเกต		ค่า (χ^2) 1A:1B	ค่า <i>p</i> -value
		AGS 292 (A)	K3 (B)		
Sat_217	A1	45	47	0.0435	0.8348
Satt236	A1	47	45	0.0435	0.8348
Satt511	A1	44	51	0.5158	0.4726
GMENOD2B	A2	46	48	0.0426	0.8366
Sat_138	A2	44	44	0.0000	1.0000
Sat_294	A2	53	40	1.8172	0.1776
Satt187	A2	39	54	2.4194	0.1198
Satt341	A2	38	57	3.8000	0.0513
Satt589	A2	37	58	4.6421	0.0312
Satt197	B1	50	44	0.3830	0.5360
Sat_064	B2	44	52	0.6667	0.4142
Satt063	B2	44	49	0.2688	0.6041
Satt565	C1	43	49	0.3913	0.5316
Satt277	C2	36	57	4.7419	0.0294
Satt307	C2	31	55	6.6977	0.0097
Satt316	C2	34	53	4.1494	0.0416
Satt357	C2	48	48	0.0000	1.0000
Satt432	C2	38	52	2.1778	0.1400
Sat_160	D1a+Q	41	42	0.0120	0.9126
Sat_332	D1a+Q	49	47	0.0417	0.8383
Satt147	D1a+Q	44	51	0.5158	0.4726

ตาราง 30 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่มลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่าสังเกต		ค่า (χ^2) 1A:1B	ค่า p -value
		AGS 292 (A)	K3 (B)		
Satt179	D1a+Q	45	39	0.4286	0.5127
Satt184	D1a+Q	52	42	1.0638	0.3023
Sat_069	D1b+W	59	36	5.5684	0.0183
Sat_135	D1b+W	48	46	0.0426	0.8366
Sat_415	D1b+W	42	54	1.5000	0.2207
Satt141	D1b+W	43	46	0.1011	0.7505
Satt157	D1b+W	47	46	0.0108	0.9174
Satt189	D1b+W	43	48	0.2747	0.6002
Satt282	D1b+W	46	47	0.0108	0.9174
Satt350	D1b+W	44	43	0.0115	0.9146
Satt412	D1b+W	45	46	0.0110	0.9165
Satt459	D1b+W	51	45	0.3750	0.5403
Satt506	D1b+W	41	52	1.3011	0.2540
Satt546	D1b+W	54	40	2.0851	0.1487
Satt604	D1b+W	48	47	0.0105	0.9183
Sat_022	D2	50	42	0.6957	0.4042
Satt372	D2	52	43	0.8526	0.3558
Satt443	D2	48	41	0.5506	0.4581
Satt458	D2	54	39	2.4194	0.1198
Satt486	D2	51	43	0.6809	0.4093
Satt514	D2	59	37	5.0417	0.0247

ตาราง 30 (ต่อ)

เครื่องหมาย		ความถี่อันดับของค่าสังเกต		ค่า (χ^2) 1A:1B	ค่า p -value
โมเลกุล	กลุ่มลิงเกจ	AGS 292 (A)	K3 (B)		
Sat_112	E	47	45	0.0435	0.8348
Satt045	E	44	45	0.0112	0.9156
Satt212	E	45	48	0.0968	0.7557
Satt230	E	45	49	0.1702	0.6799
Satt403	E	46	47	0.0108	0.9174
Satt553	E	49	46	0.0947	0.7582
Satt561	E	49	46	0.0947	0.7582
Satt720	E	59	35	6.1277	0.0133
Sat_039	F	46	43	0.1011	0.7505
Satt231	F	45	45	0.0000	1.0000
Satt335	F	48	46	0.0426	0.8366
Satt425	F	57	38	3.8000	0.0513
Satt510	F	51	44	0.5158	0.4726
Satt516	F	50	41	0.8901	0.3454
Satt569	F	50	45	0.2632	0.6080
Satt595	F	50	43	0.5269	0.4679
Satt656	F	51	43	0.6809	0.4093
Sat_315	G	40	51	1.3297	0.2489
Satt199	G	49	43	0.3913	0.5316
Satt288	G	39	45	0.4286	0.5127
Satt394	G	57	36	4.7419	0.0294

ตาราง 30 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่มลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่าสังเกต		ค่า (χ^2) 1A:1B	ค่า p -value
		AGS 292 (A)	K3 (B)		
Sat_218	H	52	35	3.3218	0.0684
Satt253	H	46	49	0.0947	0.7582
Satt442	H	51	44	0.5158	0.4726
Satt568	H	44	50	0.3830	0.5360
Sat_105	I	50	41	0.8901	0.3454
Satt049	I	49	41	0.7111	0.3991
Satt239	I	52	43	0.8526	0.3558
Satt354	I	46	43	0.1011	0.7505
Satt367	I	45	46	0.0110	0.9165
Sat_093	J	43	50	0.5269	0.4679
Satt183	J	52	43	0.8526	0.3558
Satt431	J	46	48	0.0426	0.8366
Satt693	J	44	43	0.0115	0.9146
Satt055	K	49	44	0.2688	0.6041
Satt326	K	46	47	0.0108	0.9174
Satt166	L	33	54	5.0690	0.0244
Satt229	L	42	50	0.6957	0.4042
Satt284	L	52	43	0.8526	0.3558
Satt373	L	42	52	1.0638	0.3023
Satt523	L	52	40	1.5652	0.2109
Sat_330	M	45	51	0.3750	0.5403

ตาราง 30 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่มลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่าสังเกต		ค่า (χ^2) 1A:1B	ค่า p -value
		AGS 292 (A)	K3 (B)		
Satt463	M	44	48	0.1739	0.6767
Satt540	M	43	53	1.0417	0.3074
Satt567	M	52	43	0.8526	0.3558
Satt618	M	43	52	0.8526	0.3558
Satt009	N	47	44	0.0989	0.7532
Satt387	N	49	45	0.1702	0.6799
Satt549	N	23	51	0.6809	0.4093
Satt631	N	50	45	0.2632	0.6080
Sat_038	O	48	43	0.2747	0.6002
Satt132	O	38	57	3.8000	0.0513
Satt262	O	47	44	0.0989	0.7532
Satt477	O	59	28	11.046	0.0009
Satt585	O	48	44	0.1739	0.6767

การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ

ได้ทำการศึกษาลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญ (quantitative trait loci, QTL) ของ ถั่วเหลืองฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ (recombinant inbred lines, RILs) ที่มีการกระจายตัว จากกลุ่มสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ที่ใช้ปลูกเป็นการค้าซึ่งปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมของ ประเทศไทยได้ดี ได้แก่ พันธุ์ AGS 292 กับสายพันธุ์ปรับปรุงก้าวหน้า (advanced breeding line) สายพันธุ์ (G8891 x G7945) 31-3-5-5 หรือ K3 ที่มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสูง (seed protein content) โดยทำการวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียว (SF-ANOVA) ของเครื่องหมายโมเลกุลที่ เชื่อมโยงกับองค์ประกอบของโปรตีนในเมล็ดสดและลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรอื่นๆ การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่ง (multiple-locus regression) ของเครื่องหมายโมเลกุลที่ แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะที่สนใจ ดังนี้

องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียว (SF-ANOVA) ของเปอร์เซ็นต์ องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ จำนวน 97 เครื่องหมาย ดังแสดงในตาราง 31 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 10 กลุ่ม ได้แก่ A2 B2 D1b+W D2 E F H I J และ L ในฤดูฝนปี 2550 มี 12 เครื่องหมาย ที่มีความแตกต่างทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความ เชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ GMENOD2B Satt282 Satt41 Satt372 Satt458 Satt486 Satt403 Satt569 Sat_105 Satt049 Satt239 และ Satt166 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 มี 11 เครื่องหมาย ได้แก่ GMENOD2B Satt187 Sat_064 Satt458 Satt486 Satt212 Satt656 Satt568 Sat_105 Satt239 และ Satt431 การวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า มี 12 เครื่องหมาย ที่แสดงความ แตกต่างทางสถิติ ได้แก่ GMENOD2B Sat_064 Satt372 Satt458 Satt486 Satt403 Satt656 Satt568 Sat_105 Satt239 Satt431 และ Satt166 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวน อยู่ระหว่างร้อยละ 5.0 ถึง 17.3 เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่ง (multiple-locus regression) ดังแสดงในตาราง 38 ในฤดูฝนปี 2550 พบว่ามี 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt412 Satt458 Satt569 Satt239 และ Satt166 ที่เชื่อมโยงกับองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบ 4 ตำแหน่ง ได้แก่ GMENOD2B Satt239 Satt431 และ Satt656 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_064 Satt656 Satt239 Satt431 และ Satt166 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละ

ตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 5.0 ถึง 20.5 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 44.3 ไม่พบค่าเฉลี่ยอัลลีลของพันธุ์ AGS 292 ที่แสดงค่าองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดมากกว่าอัลลีลของสายพันธุ์ K3 ดังแสดงในตาราง 31

น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝักกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 32 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 17 กลุ่ม ได้แก่ B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M N และ O ในฤดูฝนปี 2550 มี 22 เครื่องหมายที่มีความแตกต่างทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Sat_332 Satt179 Satt459 Satt486 Satt561 Sat_112 Satt230 Satt199 Satt568 Satt367 Satt354 Sat_105 Satt049 Satt239 Satt431 Satt166 Sat_330 Satt549 และ Satt262 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 มี 17 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt197 Satt432 Satt307 Sat_332 Satt179 Satt459 Satt372 Satt486 Satt561 Satt230 Satt656 Satt367 Satt354 Satt239 Satt166 Sat_330 และ Satt549 การวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่ามี 23 เครื่องหมาย ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติ ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Satt432 Sat_332 Satt179 Satt459 Satt372 Satt486 Satt561 Sat_112 Satt230 Satt199 Satt568 Satt367 Satt354 Sat_105 Satt239 Satt431 Satt373 Satt166 Sat_330 และ Satt549 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 4.8 ถึง 17.2 เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่ง ดังแสดงในตาราง 39 ในฤดูฝนปี 2550 พบว่ามี 7 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_064 Satt179 Satt486 Satt230 Satt568 Satt431 และ Satt166 ที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt307 Satt432 Satt656 และ Satt354 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt565 Satt230 Satt367 Satt431 และ Satt166 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 5.4 ถึง 17.3 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 62.7 ไม่พบค่าเฉลี่ยอัลลีลของสายพันธุ์ K3 ที่แสดงค่าน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก มากกว่าอัลลีลของพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 32

น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 33 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 18 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M N และ O ในฤดูฝนปี 2550 มี 22 เครื่องหมาย ที่มีความแตกต่างทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Satt589 Satt197 Sat_064 Satt565 Sat_332 Satt179 Sat_415 Satt561 Sat_112 Satt230 Satt510 Satt199 Satt568 Satt367 Sat_105 Satt049 Satt431 Satt373 Satt166 Sat_330 Satt549 และ Satt262 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 มี 7 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt197 Satt432 Satt307 Satt459 Satt443 Satt354 และ Satt239 การวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่ามี 20 เครื่องหมาย ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติ ได้แก่ Satt589 Satt197 Sat_064 Satt565 Satt432 Satt179 Satt459 Satt561 Sat_112 Satt230 Satt199 Satt568 Satt367 Satt354 Sat_105 Satt239 Satt373 Satt166 Sat_330 และ Satt549 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 5.2 ถึง 13.1 เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่ง ดังแสดงในตาราง 40 ในฤดูฝนปี 2550 พบว่ามี 8 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_064 Satt179 Sat_112 Satt510 Satt199 Satt568 Satt431 และ Satt166 ที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบ 4 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt307 Satt432 และ Satt354 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt589 Satt197 Satt179 Sat_112 Satt367 และ Satt549 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 7.1 ถึง 15.4 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 54.8 ไม่พบค่าเฉลี่ยอัลลีลของสายพันธุ์ K3 ที่แสดงค่าน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด มากกว่าอัลลีลของพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 33

น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 34 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1b+W D2 E F I J L M N และ O ในฤดูฝนปี 2550 มี 22 เครื่องหมาย ที่มีความแตกต่างทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Satt432 Satt459 Sat_069 Satt458 Satt372 Satt486

Satt561 Satt403 Satt045 Satt656 Satt510 Satt367 Sat_105 Satt239 Satt431 Satt166 Sat_330 Satt631 และ Satt009 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 มี 24 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt589 Sat_064 Satt565 Satt432 Satt459 Sat_415 Satt372 Satt486 Satt561 Satt403 Sat_112 Sat_039 Satt569 Satt656 Sat_105 Satt239 Sat_093 Satt431 Satt166 Sat_330 Satt631 Satt009 Satt387 และ Satt132 การวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่ามี 26 เครื่องหมาย ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติ ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Satt432 Satt459 Sat_415 Sat_069 Satt458 Satt372 Satt486 Satt561 Satt403 Sat_039 Satt656 Satt510 Satt367 Sat_105 Satt239 Sat_093 Satt431 Satt166 Sat_330 Satt631 Satt009 Satt387 และ Satt132 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 4.4 ถึง 16.5 เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่ง ดังแสดงในตาราง 41 ในฤดูฝนปี 2550 พบว่ามี 7 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt432 Sat_069 Satt458 Satt510 Satt367 และ Satt431 ที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 พบ 8 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_064 Sat_415 Sat_112 Satt569 Sat_105 Satt431 Satt166 และ Satt132 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Sat_415 Satt403 Satt510 Satt367 Satt431 Satt166 และ Satt132 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 3.0 ถึง 14.6 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 64.2 ไม่พบค่าเฉลี่ยอัลลีลของสายพันธุ์ K3 ที่แสดงค่าน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มากกว่าอัลลีลของพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 34

ความยาวฝักสด

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของความยาวฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 35 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ B1 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M และ N ในฤดูฝนปี 2550 มี 20 เครื่องหมาย ที่มีความแตกต่างทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Satt197 Satt307 Sat_332 Satt179 Satt372 Satt486 Satt561 Sat_112 Satt045 Satt230 Sat_039 Satt199 Satt568 Satt253 Satt354 Sat_105 Satt431 Satt166 Sat_330 และ Satt549 ส่วนในฤดูแล้งปี 2551 มี 13 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt197 Satt565 Satt432 Satt307 Satt179 Satt459 Satt372 Satt486 Satt230 Satt394 Satt354 Sat_105 และ Satt166 การวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่ามี 19 เครื่องหมาย ที่แสดงความแตกต่างทางสถิติ ได้แก่ Satt197 Satt565 Satt432 Satt307 Sat_332 Satt179 Satt459 Satt372 Satt486 Satt561 Satt230 Satt394 Satt568 Satt354 Sat_105 Satt431 Satt166 Sat_330 และ Satt549 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่

ตาราง 33 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%) ^a	ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				อัลลีล(กรัม)		P	R ² (%)	P	R ² (%)
				'AGS292'	'K3'				
Satt589	A2	0.0252	5.3	73.8	68.0	0.0311	4.9	NS	
Satt197	B1	0.0020	12.6	73.8	65.8	0.0010	13.9	0.0366	6.9
Sat_064	B2	0.0316	4.8	73.0	67.5	0.0282	5.0	NS	
Satt565	C1	0.0222	5.7	73.6	67.8	0.0136	6.6	NS	
Satt307	C2	NS ^b				NS		0.0062	8.6
Satt432	C2	0.0283	5.3	73.4	67.5	NS		0.0012	11.3
Sat_332	D1a+Q	NS				0.0216	5.5	NS	
Satt179	D1a+Q	0.0082	10.4	72.3	66.6	0.0132	9.5	NS	
Sat_415	D1b+W	NS				0.0291	5.0	NS	
Satt459	D1b+W	0.0262	5.2	72.7	67.1	NS		0.0113	6.6
Satt443	D2	NS				NS		0.0457	4.5
Sat_112	E	0.0141	6.5	73.4	67.0	0.0044	8.7	NS	
Satt230	E	0.0047	11.0	74.4	66.3	0.0019	12.7	NS	
Satt561	E	0.0100	6.9	73.2	66.6	0.0058	7.9	NS	
Satt510	F	NS				0.0368	4.6	NS	
Satt199	G	0.0121	6.8	72.7	66.4	0.0046	8.6	NS	
Satt568	H	0.0199	5.8	73.5	67.5	0.0046	8.4	NS	

ตาราง 33 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%)	ค่าเฉลี่ยของ อัลลีล(กรัม)		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				'AGS202'	'K3'	P	R ² (%)	P	R ² (%)
Sat_105	I	0.0211	8.0	71.1	67.8	0.0306	7.3	NS	
Satt049	I	NS				0.0420	6.8	NS	
Satt239	I	0.0117	6.6	73.1	66.8	NS		0.0156	6.1
Satt354	I	0.0169	8.7	71.3	67.5	NS		0.0127	9.3
Satt367	I	0.0182	6.1	73.9	67.9	0.0492	4.3	NS	
Satt431	J	NS				0.0163	6.1	NS	
Satt166	L	0.0006	13.1	76.4	67.3	<.0001	17.2	NS	
Satt373	L	0.0183	8.3	74.2	67.1	0.0131	9.0	NS	
Sat_330	M	0.0310	4.9	72.9	67.5	0.0402	4.4	NS	
Satt549	N	0.0175	6.0	73.3	67.1	0.0166	6.1	NS	
Satt262	O	NS				0.0272	5.4	NS	

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะ

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 34 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%) ^a	ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				อัลลีล (กรัม)		P	R ² (%)	P	R ² (%)
				'ACS292'	'K3'				
Satt589	A2	NS ^b				NS		0.0330	4.8
Satt197	B1	0.0349	7.0	16.0	14.6	0.0268	7.6	NS	
Sat_064	B2	0.0075	7.4	16.1	14.6	0.0460	4.2	0.0030	9.0
Satt565	C1	0.0097	7.2	16.2	14.7	0.0079	7.6	0.0311	5.1
Satt432	C2	0.0233	5.7	16.1	14.7	0.0256	5.5	0.0448	4.5
Sat_069	D1b+W	0.0296	5.0	15.8	14.6	0.0328	4.8	NS	
Sat_415	D1b+W	0.0258	5.2	16.0	14.7	NS		0.0055	7.9
Satt459	D1b+W	0.0093	7.0	16.0	14.5	0.0106	6.8	0.0217	5.5
Satt372	D2	0.0069	7.6	16.0	14.5	0.0042	8.5	0.0291	5.0
Satt458	D2	0.0193	8.2	16.0	14.4	0.0060	10.5	NS	
Satt486	D2	0.0089	7.2	16.1	14.6	0.0126	6.6	0.0178	6.0
Sat_112	E	NS				NS		0.0253	5.4
Satt045	E	NS				0.0359	5.0	NS	
Satt403	E	0.0023	9.8	16.2	14.4	0.0158	6.2	0.0011	11.0
Satt561	E	0.0240	5.4	15.9	14.6	0.0491	4.1	0.0262	5.2
Sat_039	F	0.0376	4.9	16.0	14.7	NS		0.0391	4.8
Satt510	F	0.0352	4.7	15.9	14.7	0.0051	8.1	NS	

ตาราง 34 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%)	ค่าเฉลี่ยของ อัลลีล(กรัม)		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				'AGS292'	'K3'	P	R ² (%)	P	R ² (%)
Satt569	F	NS				NS		0.0265	5.2
Satt656	F	0.0146	6.3	15.9	14.5	0.0306	5.0	0.0170	6.0
Sat_105	I	0.0385	6.8	16.0	14.5	0.048	6.4	0.0380	6.9
Satt239	I	0.0062	7.8	16.1	14.5	0.0122	6.6	0.0098	7.0
Satt367	I	0.0179	6.1	16.1	14.7	0.0135	6.7	NS	
Sat_093	J	0.0441	4.4	16.0	14.8	NS		0.0219	5.6
Satt431	J	0.0030	9.2	16.2	14.5	0.0322	4.9	0.0007	11.8
Satt166	L	<.0001	16.5	16.9	14.5	0.0001	15.7	0.0006	13.0
Sat_330	M	0.0154	6.1	16.0	14.6	0.0500	4.0	0.0111	6.7
Satt631	N	0.0106	6.8	16.0	14.5	0.0464	4.2	0.0059	7.9
Satt009	N	0.0105	9.4	16.2	14.5	0.0104	9.4	0.0144	8.8
Satt387	N	0.0307	5.0	16.0	14.7	NS		0.0075	7.5
Satt132	O	0.0344	4.7	16.1	14.9	NS		0.0117	6.6

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะ

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 35 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับความยาว
ฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี
2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%) ^a	ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				อัลลีล(มม.)		P	R ² (%)	P	R ² (%)
				'AGS292'	'K3'				
Satt197	B1	0.0005	15.3	49.5	46.9	0.0028	12.0	0.0007	15.0
Satt565	C1	0.0237	5.6	49.3	47.6	NS		0.0210	5.8
Satt307	C2	0.0237	5.9	49.2	47.5	0.0331	5.3	0.0454	4.7
Satt432	C2	0.0152	6.5	49.4	47.5	NS		0.0011	11.5
Sat_332	D1a+Q	0.0140	6.3	49.2	47.4	0.0090	7.0	NS	
Satt179	D1a+Q	0.0054	11.3	48.7	47.4	0.0064	11.0	0.0194	8.7
Satt459	D1b+W	0.0401	4.4	49.0	47.5	NS		0.0261	5.2
Satt372	D2	0.0075	7.4	49.2	47.2	0.0316	4.9	0.0039	8.6
Satt486	D2	0.0131	6.5	49.2	47.3	0.0412	4.5	0.0085	7.3
Sat_112	E	NS ^b				0.0227	5.6	NS	
Satt045	E	NS				0.0364	4.9	NS	
Satt230	E	0.0017	12.9	49.7	47.1	0.0024	12.3	0.0109	9.4
Satt561	E	0.0490	4.1	48.9	47.5	0.0308	4.9	NS	
Sat_039	F	NS				0.0181	6.3	NS	
Satt199	G	NS				0.0487	4.2	NS	
Satt394	G	0.0362	4.7	49.0	47.4	NS		0.0342	4.8
Satt253	H	NS				0.0222	5.5	NS	

ตาราง 35 (ต่อ)

เครื่องหมาย	กลุ่ม	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%)	ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
				อัลลีล (mm.)		ปี 2550		ปี 2551	
				'AGS292'	'K3'	P	R ² (%)	P	R ² (%)
Satt568	H	0.049	4.1	49.1	47.6	0.0424	4.4	NS	
Sat_105	I	0.0038	11.4	48.5	47.6	0.0122	9.1	0.0042	11.2
Satt354	I	0.0040	11.6	48.8	47.4	0.0100	9.7	0.0070	10.4
Satt431	J	0.0153	6.2	49.3	46.4	0.0032	9.1	NS	
Satt166	L	0.0013	11.5	50.1	47.6	0.0011	11.9	0.0134	7.0
Sat_330	M	0.0282	5.0	49.1	47.5	0.0186	5.7	NS	
Satt549	N	0.0422	4.4	49.0	47.5	0.0341	4.8	NS	

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะ

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 36 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับความกว้าง
ฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี
2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%) ^a	ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				อัลลีล(มม.)		P	R ² (%)	P	R ² (%)
				'ACS292'	'K3'				
Satt197	B1	0.0024	12.3	10.9	10.5	0.0041	11.3	0.0136	8.9
Sat__064	B2	0.0366	4.6	10.8	10.5	0.0354	4.6	NS	
Satt565	C1	0.0256	5.4	10.9	10.6	0.0308	5.1	NS	
Satt307	C2	0.0417	4.8	10.9	10.6	0.0364	5.1	NS	
Satt432	C2	NS ^b				NS		0.0233	5.7
Sat__160	D1a+Q	NS				NS		0.0335	5.5
Sat__332	D1a+Q	0.0045	8.3	10.9	10.5	0.0172	5.9	0.0053	8.0
Satt184	D1a+Q	NS				NS		0.0245	5.4
Sat__069	D1b+W	0.0025	9.4	10.8	10.4	0.0056	8.0	0.0076	7.4
Satt546	D1b+W	0.0438	4.3	10.8	10.5	NS		0.0355	4.7
Satt372	D2	0.0253	5.3	10.8	10.5	NS		0.0250	5.3
Satt486	D2	0.0498	4.1	10.8	10.5	NS		0.0524	4.0
Satt045	E	0.0450	4.5	10.8	10.5	0.0105	7.3	NS	
Satt230	E	0.0410	6.7	10.9	10.5	0.0400	6.8	NS	
Satt403	E	0.0175	6.0	10.9	10.5	NS		0.0022	9.9
Sat__039	F	0.0037	9.3	10.9	10.5	0.0011	11.6	0.0496	4.4
Satt569	F	NS				NS		0.0357	4.7

ตาราง 36 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเดล	กลุ่ม ลิงก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%)	ค่าเฉลี่ยของ อัตรา (%)		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				‘AGS292’	‘K3’	P	R ² (%)	P	R ² (%)
Sat_315	G	0.0362	4.8	10.8	10.5	0.0496	4.3	NS	
Satt199	G	0.0280	5.3	10.8	10.5	NS		0.0140	6.5
Satt288	G	NS				NS		0.0080	11.1
Satt394	G	0.0409	4.5	10.8	10.5	NS		0.0360	4.7
Satt253	H	NS				0.0154	6.1	NS	
Satt431	J	0.0005	12.4	10.9	10.5	0.0047	8.4	0.0005	12.5
Satt166	L	0.0455	4.6	10.9	10.6	NS		0.0429	4.7
Satt387	N	0.0458	4.3	10.8	10.6	0.0257	5.3	NS	
Satt549	N	NS				0.0393	4.5	NS	
Satt631	N	0.0332	4.8	10.8	10.5	0.0404	4.4	NS	
Satt262	O	NS				NS		0.0199	5.9

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะ

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 37 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับความหนา
ฝักสด (มิลลิเมตร) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี
2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%) ^a	ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				อัลลีล(มม.)		P	R ² (%)	P	R ² (%)
				'AGS292'	'K3'				
Satt197	B1	NS ^b				NS		0.0052	10.8
Satt307	C2	NS				NS		0.0018	11.0
Satt432	C2	0.0132	6.8	6.7	6.4	NS		0.0020	10.4
Sat_069	D1b+W	0.0498	4.1	6.6	6.4	0.0092	7.1	NS	
Sat_415	D1b+W	0.0052	8.0	6.7	6.4	0.0265	5.1	0.0200	5.6
Satt189	D1b+W	NS				0.0447	4.5	NS	
Satt604	D1b+W	NS				0.0398	4.5	NS	
Satt372	D2	NS				NS		0.0094	7.0
Satt443	D2	NS				NS		0.0324	5.2
Satt486	D2	NS				NS		0.0430	4.4
Satt045	E	NS				NS		0.0289	5.4
Satt212	E	NS				NS		0.0384	6.9
Satt230	E	0.0314	7.3	6.7	6.4	NS		NS	
Satt403	E	0.0100	7.1	6.7	6.4	0.0100	7.1	NS	
Satt553	E	0.0466	4.2	6.6	6.4	NS		NS	
Sat_039	F	0.0105	7.3	6.7	6.4	0.0250	5.6	NS	
Satt656	F	NS				NS		0.0043	8.5

ตาราง 37 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		P	R ² (%)	ค่าเฉลี่ยของ อัลลีล(มม.)		ฤดูฝน ปี 2550		ฤดูแล้ง ปี 2551	
				'ACS292'	'K3'	P	R ² (%)	P	R ² (%)
Sat_315	G	0.0169	6.2	6.7	6.4	0.0366	4.8	NS	
Satt568	H	NS				0.0285	5.1	NS	
Satt431	J	0.0030	9.2	6.7	6.4	0.0115	6.7	0.0400	4.5
Satt166	L	0.0488	4.5	6.7	6.5	0.0364	5.1	NS	
Satt373	L	0.0391	6.8	6.7	6.4	0.0381	6.9	NS	
Satt009	N	0.0054	10.7	6.7	6.4	0.0198	8.2	NS	
Satt387	N	0.0368	4.7	6.7	6.4	NS		0.0083	7.3
Satt631	N	0.0097	7.0	6.7	6.4	0.0297	5.0	NS	
Sat_038	O	NS				NS		0.0275	5.3

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะ

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 38 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่าง
เปอร์เซ็นต์ทางสถิติที่เชื่อมโยงกับองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด ของประชากร
ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
		P	Partial R ² (%) ^a	ฤดูฝนปี 2550		ฤดูแล้งปี 2551	
				P	Partial R ² (%)	P	Partial R ² (%)
GMENOD2B	A2	NS ^b		NS		0.0018	10.9
Sat_064	B2	0.0150	5.1	NS		NS	
Satt412	D1b+W	NS		0.0324	4.1	NS	
Satt458	D2	NS		0.0309	4.4	NS	
Satt656	F	0.0053	7.7	NS		0.0086	5.9
Satt569	F	NS		0.0130	6.2	NS	
Satt239	I	<0.0001	20.5	<0.0001	19.0	0.0054	7.1
Satt431	J	0.0202	5.0	NS		0.0021	9.6
Satt166	L	0.0066	6.0	0.0137	6.5	NS	
Total variation explained			44.3		40.2		33.5

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะบางส่วน

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 39 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
		P	Partial R ² (%) ^a	ฤดูฝนปี 2550		ฤดูแล้งปี 2551	
				P	Partial R ² (%)	P	Partial R ² (%)
Satt197	B1	0.0003	13.6	NS ^b		0.0280	4.6
Sat_064	B2	NS		0.0006	10.5	NS	
Satt565	C1	0.0055	5.4	NS		NS	
Satt307	C2	NS		NS		0.0031	11.4
Satt432	C2	NS		NS		0.0081	8.2
Satt179	D1a+Q	NS		0.0453	2.2	NS	
Satt486	D2	NS		0.0099	4.6	NS	
Satt230	E	0.0047	6.4	0.0089	5.2	NS	
Satt656	F	NS		NS		0.0025	13.6
Satt568	H	NS		0.0016	12.3	NS	
Satt354	I	NS		NS		0.0036	8.9
Satt367	I	0.0018	12.3	NS		NS	
Satt431	J	0.0006	17.3	0.0003	18.9	NS	
Satt166	L	0.0035	7.7	0.0009	11.7	NS	
Total variation explained			62.7		65.4		46.7

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะบางส่วน

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 40 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
		P	Partial R ² (%) ^a	ฤดูฝนปี 2550		ฤดูแล้งปี 2551	
				P	Partial R ² (%)	P	Partial R ² (%)
Satt589	A2	0.0032	9.5	NS ^b		NS	
Satt197	B1	0.0005	15.4	NS		0.0253	5.6
Sat_064	B2	NS		0.0056	5.4	NS	
Satt307	C2	NS		NS		0.0201	5.7
Satt432	C2	NS		NS		0.0015	13.4
Satt179	D1a+Q	0.0160	4.8	0.0097	5.8	NS	
Sat_112	E	0.0317	4.1	0.0014	11.0	NS	
Satt510	F	NS		0.0384	2.7	NS	
Satt199	G	NS		0.0009	16.0	NS	
Satt568	H	NS		0.0017	12.2	NS	
Satt354	I	NS		NS		0.0160	6.9
Satt367	I	0.0022	13.9	NS		NS	
Satt431	J	NS		0.0090	6.5	NS	
Satt166	L	NS		0.0091	5.3	NS	
Satt549	N	0.0070	7.1	NS		NS	
Total variation explained			54.8		64.9		6.9

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะบางส่วน

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 41 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
		P	Partial R ² (%) ^a	ฤดูฝนปี 2550		ฤดูแล้งปี 2551	
				P	Partial R ² (%)	P	Partial R ² (%)
Satt197	B1	0.0032	11.1	0.0416	3.1	NS ^b	
Sat_064	B2	0.0415	3.0	NS		0.0123	5.8
satt565	C1	0.0065	7.6	NS		NS	
Satt432	C2	NS		0.0136	5.3	NS	
Sat_069	D1a+W	NS		0.0174	4.6	NS	
Sat_415	D1a+W	0.0448	3.3	NS		0.0143	5.0
Satt458	D2	NS		0.0051	8.3	NS	
Sat_112	E	NS		NS		0.0036	11.4
Satt403	E	0.0198	5.1	NS		NS	
Satt510	F	0.0205	4.7	0.0018	13.6	NS	
Satt569	F	NS		NS		0.0141	6.7
Sat_105	I	NS		NS		0.0125	7.5
Satt367	I	0.0015	14.6	0.0007	14.0	NS	
Satt431	J	0.0330	3.0	0.0073	6.9	0.0022	14.4
Satt166	L	0.0291	3.7	NS		0.0131	6.2
Satt132	O	0.0077	8.1	NS		0.0254	3.9
Total variation explained			64.2		55.8		60.9

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะบางส่วน

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 42 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับความยาวฝักสดของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
		P	Partial R ² (%) ^a	ฤดูฝนปี 2550		ฤดูแล้งปี 2551	
				P	Partial R ² (%)	P	Partial R ² (%)
Satt197	B1	0.0005	17.7	0.0074	6.1	0.0003	18.9
Satt307	C2	0.0042	9.1	0.0186	5.6	0.0235	4.8
Satt432	C2	NS ^b		NS		0.0081	8.6
Satt179	D1a+Q	0.0040	8.2	0.0022	11.9	NS	
Sat_112	E	NS		0.0092	7.6	NS	
Satt230	E	0.0028	11.3	0.017	5.3	0.0427	4.1
Satt394	G	NS		NS		0.0364	4.6
Satt354	I	0.0391	3.2	NS		0.0172	6.4
Satt431	J	0.0403	3.5	0.0002	22.1	NS	
Satt166	L	0.0117	5.6	NS		NS	
Total variation explained			58.6		58.6		47.4

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะบางส่วน

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 43 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับความกว้างฝักสดของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
		P	Partial R ² (%) ^a	ฤดูฝนปี 2550		ฤดูแล้งปี 2551	
				P	Partial R ² (%)	P	Partial R ² (%)
Satt197	B1	0.0061	10.2	0.0052	9.2	0.0007	13.7
Sat_064	B2	0.0197	4.2	NS ^b		NS	
Satt565	C1	0.0184	4.7	0.0239	4.6	NS	
Satt307	C2	0.0194	6.1	0.0396	3.5	NS	
Sat_332	D1a+Q	NS		0.0332	3.5	NS	
Satt045	E	NS		0.0090	7.3	NS	
Satt403	E	NS		NS		0.0007	16.9
Sat_039	F	0.0468	3.6	0.0075	7.0	NS	
Sat_315	G	0.0098	8.1	NS		NS	
Satt199	G	0.0498	3.7	NS		NS	
Satt288	G	NS		NS		0.0017	17.7
Satt394	G	0.0213	5.4	NS		0.0273	4.6
Satt431	J	0.0009	17.1	0.0012	13.9	0.0207	5.5
Total variation explained			63.1	49.0		58.4	

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะบางส่วน

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 44 การวิเคราะห์สัมพัทธ์การถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับความหนาแน่นของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้งปี 2551 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
		P	Partial R ² (%) ^a	ฤดูฝนปี 2550		ฤดูแล้งปี 2551	
				P	Partial R ² (%)	P	Partial R ² (%)
Satt432	C2	0.0021	11.2	NS ^b		0.0039	8.7
Satt604	D1b+W	NS		0.0175	7.0	NS	
Satt045	E	NS		NS		0.0093	6.3
Sat_039	F	NS		0.0407	4.6	NS	
Satt656	F	NS		NS		<0.0001	19.9
Sat_315	G	0.0214	5.7	NS		NS	
Satt431	J	0.0015	13.5	0.0027	12.1	NS	
Satt373	L	NS		0.0346	5.2	NS	
Satt387	N	NS		NS		0.0025	13.8
Total variation explained			30.4		28.9		48.7

R² (%)^a = ค่าประมาณการเปอร์เซ็นต์ความแปรปรวนของลักษณะบางส่วน

NS^b = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการทดลอง

การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม

การวิเคราะห์ความแปรปรวนขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด พบว่า ในฤดูฝนปี 2550 ประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 10.9 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 9.0 และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 12.4 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 13.5 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 11.7 และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 14.8 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 12.2 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 10.3 และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 13.6 (ตาราง 22) ซึ่งค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบโปรตีนของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่ ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าสูงกว่าในฤดูฝนปี 2550 แสดงให้เห็นถึงสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลมากต่อการแสดงออกของลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในประชากรสายพันธุ์แท้ที่มีความแปรปรวนสูง และแสดงให้เห็นว่า อุณหภูมิในระหว่างการเจริญเติบโตมีผลต่อค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดของถั่วเหลืองสายพันธุ์โปรตีนสูงด้วย เมื่อทดสอบในฤดูแล้ง สภาพอากาศในขณะนั้นสามารถกระตุ้นศักยภาพของพันธุกรรมให้แสดงออกเต็มที่ จึงสามารถให้ค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสูงกว่าการทดสอบในฤดูฝน ซึ่งสอดคล้องกับการทดลองของ Hurburgh (2000) ที่รายงานว่า การปลูกถั่วเหลืองในช่วงปลายฤดูแล้งทำให้เปอร์เซ็นต์โปรตีนในเมล็ดสูงขึ้น และ Vollmann *et al.* (2000) ได้รายงานไว้เช่นเดียวกันว่า ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์โปรตีนในเมล็ดจะเพิ่มขึ้นในปีที่มีอุณหภูมิอากาศสูงและมีค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำฝนปานกลางในช่วงของการติดฝัก จากรายงาน Mentreddy *et al.* (2002) พบว่า ถั่วเหลืองฝักสดโดยทั่วไปมีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดอยู่ระหว่างร้อยละ 35.0 ถึง 38.0 โดยน้ำหนักแห้ง เอนก และคณะ (2550) รายงานว่าองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยเท่ากับร้อยละ 13.1 ซึ่งสอดคล้องกับสมศักดิ์ (2547) พบว่า ถั่วเหลืองฝักสดมีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดร้อยละ 13 ในขณะที่ Clarke and Wiseman (2000) ได้รายงานองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดแห้ง พบว่า อยู่ระหว่างร้อยละ 36.0 ถึง 50.0 การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 55.7 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 90.9 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะทำการวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 41.9 (ตาราง 22) จากรายงานของ Tajuddin *et al.* (2003) ที่ทำการศึกษาลักษณะเชิงปริมาณขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดโดยใช้ประชากรสายพันธุ์แท้ ทำการทดสอบ 2 ฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเป็นแบบปกติ มีค่าพิสัยอยู่

ระหว่างร้อยละ 36.6 ถึง 49.5 ประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 43.6 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างร้อยละ 79.0 และ Soares *et al.* (2008) พบว่า องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดของประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 43.2 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างร้อยละ 73.2 ในขณะที่ Qing-shan *et al.* (2007) พบว่า มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดอยู่ระหว่างร้อยละ 37.7 ถึง 43.9 ประชากรมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 40.7 จากรายงานของ Hyten *et al.* (2004) พบว่า องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดมีค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างร้อยละ 91 และ Brummer *et al.* (1997) ได้ทำการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบขององค์ประกอบของโปรตีนและและน้ำมันในเมล็ดถั่วเหลือง โดยปลูกทดสอบ 3 ฤดู พบว่ามีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะจากพ่อแม่ไปสู่ลูกมีค่าสูง ถึงแม้ว่าค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของลักษณะทั้งสอง คือลักษณะองค์ประกอบของโปรตีนและและน้ำมันในเมล็ดถั่วเหลืองมีความสัมพันธ์กันมาก ก็ตาม การคัดเลือกลักษณะเหล่านี้สภาพแวดล้อมมีผลทำให้เกิดความผันแปรยิ่งไปกว่านั้น Song *et al.* (1994) รายงานว่า สายพันธุ์ชั่วที่ 1 และ 2 ของถั่วเหลือง 23 กลุ่มที่ผลิตจากพ่อแม่ 9 พันธุ์ ที่มีความแตกต่างกันในเปอร์เซ็นต์โปรตีนและมีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะของโปรตีนในชั่วลูกพัฒนาเพิ่มขึ้นมากกว่าพ่อแม่ ซึ่งอาจเป็นผลเนื่องมาจากปฏิกิริยาของยีนแบบข่มร่วมบางส่วนมีน้อยลงในชั่วหลังๆ โดยที่ cytoplasmic effect ไม่มีผลต่อเปอร์เซ็นต์โปรตีน การประเมินความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะมีค่าต่ำใน F_2 และสูงขึ้นใน F_3 จากรายงานของ Wang (1994) วิเคราะห์ข้อมูลของ F_1 และ F_2 จากการสร้างกลุ่มสมแบบ incomplete diallel พบว่า มีความแปรปรวนสูงในเปอร์เซ็นต์โปรตีนของประชากร F_2 โดยความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะจากพ่อแม่ไปสู่ลูกมีค่าสูง และการคัดเลือกในรุ่น F_2 น่าจะปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะนี้ได้ Weber (1950) ได้ทำการศึกษากการถ่ายทอดลักษณะขององค์ประกอบโปรตีนของเมล็ดถั่วเหลืองในประชากรจากกลุ่มสมระหว่าง *G. soja* กับ *G. max* พบว่า มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างขององค์ประกอบโปรตีนเท่ากับร้อยละ 70 สอดคล้องกับ Panthee *et al.* (2005) ใช้ประชากรสามพันธุ์แท้จากกลุ่มสมระหว่างสายพันธุ์ N87-984-16 กับสายพันธุ์ TN93-99 พบว่า มีค่าอัตราการถ่ายทอดพันธุกรรมขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดร้อยละ 66.0 และ Chung *et al.* (2003) พบว่า ประชากรสายพันธุ์แท้มีค่าอัตราการถ่ายทอดพันธุกรรมขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดร้อยละ 98.8, 98.8 และ 88.9 ในปี 1996 ปี 1997 และวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 160.9 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 272.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 82.8 กรัม ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 170.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 235.0 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 117.2 กรัม และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 165.6 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 253.8 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย

100.0 กรัม การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักรากฝักสด 100 ฝัก ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 85.8 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 83.6 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 62.0 (ตาราง 23) จากรายงานของสุจิตรา (2544) พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักรากฝักสด 175 ฝัก เท่ากับ 571.3 กรัม และมีน้ำหนักรากฝักสดเฉลี่ยต่อต้นเท่ากับ 77.5 กรัม Graef *et al.* (no date) พบว่า น้ำหนักรากฝักสด 100 ฝัก ในประชากร UX704 มีค่าการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรมร้อยละ 25.0

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักรากฝักสด 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 66.4 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 107.4 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 36.5 ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 73.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 94.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 64.0 กรัม และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 69.8 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 101.0 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 50.3 กรัม การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักรากฝักสด 100 เมล็ด ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 81.4 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 72.4 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 47.1 (ตาราง 24) ปัญญพล (2549) รายงานว่าน้ำหนักรากฝักสด 100 เมล็ด ในพันธุ์นัมเบอร์ 75 เชียงใหม่ 1 และเชียงใหม่ 60 พบว่า มีน้ำหนักรากฝักสด 100 เมล็ดเฉลี่ย 37.7, 21.2 และ 17.1 กรัม ตามลำดับ ในขณะที่เอนก และคณะ (2550) ได้ทำการทดสอบพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดในไร่เกษตรกร พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 59.8, 64.0 และ 61.7 กรัม ในฤดูแล้งปี 2548 ฤดูฝนปี 2550 และการวิเคราะห์รวมสองฤดูตามลำดับ เอนก และคณะ (2550) ศึกษาการเปรียบเทียบมาตรฐานพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 74.9, 66.6 และ 70.2 กรัม ในฤดูแล้งปี 2549 ฤดูฝนปี 2550 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ Graef *et al.* (no date) พบว่า น้ำหนักรากฝักสด 100 เมล็ด มีค่าการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรมร้อยละ 62.0

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักรากฝักแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 13.0 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 25.1 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.3 กรัม ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 17.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 30.3 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 10.2 กรัม และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 15.2 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 27.7 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.8 กรัม การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักรากฝักแห้ง 100 เมล็ด ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 84.2 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 87.1 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 63.6 (ตาราง 25) ซึ่งสอดคล้องกับ Pooprompan *et al.* (2006) พบว่า น้ำหนักรากฝักแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2547 ประชากรมีค่าเฉลี่ย 17.5 กรัม พันธุ์

AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 26.2 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.4 กรัม ในฤดูแล้งปี 2547 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 21.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 35.1 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 12.6 กรัม และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 19.4 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 30.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 10.5 กรัม โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบในประชากรสายพันธุ์แท้ ร้อยละ 75.4 ในฤดูฝนปี 2547 ร้อยละ 90.5 ในฤดูแล้งปี 2547 และการวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 62.0 ส่วน Limproongratana and Maneephong (1977) รายงานว่า ลักษณะน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในพันธุ์พ่อแม่ 6 สายพันธุ์ คือ Taichung No.4, Wayne, Improve Pelican, S J 2, Orba และ Hampton 266A มีค่าเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 12.3 ถึง 19.5 กรัม ส่วนในลูกผสมมีค่าเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 12.6 ถึง 18.4 กรัม และมีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 82.3 สอดคล้องกับ Graef *et al.* (no date) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีค่าการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรมร้อยละ 81.0

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความยาวฝักสดในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 47.4 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 56.2 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 41.3 มิลลิเมตร ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 49.2 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 52.7 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 44.1 มิลลิเมตร และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 48.3 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 54.5 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 42.7 มิลลิเมตร การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความยาวฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 82.1 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 76.1 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 66.0 (ตาราง 26) เอนก และคณะ (2550) ได้ทำการทดสอบพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดในไร่เกษตรกร พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 58.0, 54.0 และ 55.0 มิลลิเมตร ในฤดูแล้งปี 2548 ฤดูฝนปี 2550 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ เอนก และคณะ (2550) ศึกษาการเปรียบเทียบมาตรฐานพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 55.0, 56.0 และ 55.0 มิลลิเมตร ในฤดูแล้งปี 2549 ฤดูฝนปี 2550 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ สุจิตรา (2544) พบว่า พันธุ์ AGS 292 ที่มีเมล็ด 2 เมล็ดมีความยาวเฉลี่ย 55.4 มิลลิเมตร ฝักสดที่มีเมล็ด 3 เมล็ด มีความยาวเฉลี่ย 65.6 มิลลิเมตร และมีค่าความสามารถในการถ่ายทอดพันธุกรรมเท่ากับร้อยละ 28.5

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความกว้างฝักสดในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 10.5 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 13.1 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.7 มิลลิเมตร ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 10.9 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 12.4 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.8 มิลลิเมตร และการวิเคราะห์รวมสองฤดู

พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 10.7 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 12.7 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.7 มิลลิเมตร การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความกว้างฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 75.0 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 88.5 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 57.9 (ตาราง 27) จากรายงานของเอนก และคณะ (2550) ได้ทำการทดสอบพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดในไร่เกษตรกร พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 14.0, 14.2 และ 14.1 มิลลิเมตร ในฤดูแล้งปี 2548 ฤดูฝนปี 2550 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ เอนก และคณะ (2550) เปรียบเทียบมาตรฐานพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 14.4, 13.7 และ 14.0 มิลลิเมตร ในฤดูแล้งปี 2549 ฤดูฝนปี 2550 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ จากการศึกษาการถ่ายทอดลักษณะของลูกผสมชั่วที่ 2 ระหว่างถั่วเหลืองน้ำมันกับถั่วเหลืองฝักสดของวราภรณ์ (2545) พบว่า ลูกผสมระหว่างพันธุ์ NS1 และพันธุ์ AGS 292 มีความกว้างของฝักสดอยู่ระหว่าง 11.1 ถึง 13.0 มิลลิเมตร และมีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับร้อยละ 61.2 ส่วนลูกผสมระหว่าง KMITL Soy#1 และพันธุ์ AGS 292 ฝักสดมีความกว้างอยู่ระหว่าง 10.1 ถึง 12.6 มิลลิเมตร และมีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับร้อยละ 49.4 อย่างไรก็ตาม สุจิตรา (2544) พบว่า พันธุ์ AGS 292 ฝักสดที่มี 2 เมล็ดมีความกว้างเฉลี่ย 13.0 มิลลิเมตร และฝักสดที่มี 3 เมล็ดมีความกว้างเฉลี่ย 13.6 มิลลิเมตร

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของความหนาฝักสดในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 6.0 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 8.7 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 4.5 มิลลิเมตร ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 7.1 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 7.8 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 6.2 มิลลิเมตร และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่าค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 6.5 มิลลิเมตร พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 8.2 มิลลิเมตร และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 5.4 มิลลิเมตร การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของความหนาฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 47.0 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 65.4 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 31.3 (ตาราง 28) แสดงให้เห็นถึงสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลมากต่อการแสดงออกของความหนาฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ที่มีความแปรปรวนสูง

สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางการเกษตร

ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่าง ๆ ทางทางการเกษตรในประชากรสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์ ที่ปลูกทดสอบใน 2 ฤดู ดังแสดงในตาราง 29 พบว่า ลักษณะ

องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดมีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) กับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความหนาฝักสด และมีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญ ($P<0.05$) กับความยาวฝักสด สอดคล้องกับ Chung *et al.* (2003) พบว่า ปริมาณโปรตีนในเมล็ดของถั่วเหลืองมีสหสัมพันธ์ทางลบกับปริมาณน้ำมันในเมล็ด รวมทั้งองค์ประกอบของผลผลิตด้วย และผลผลิตที่ได้จะลดลงเมื่อโปรตีนในเมล็ดเพิ่มขึ้น แสดงว่าการสังเคราะห์โปรตีนและการย่อยสลายโปรตีนในเมล็ดต้องใช้พลังงานมากกว่าปกติ ลักษณะน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) กับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด ซึ่งสอดคล้องกับการรายงานของ Rao *et al.* (2002) พบว่า น้ำหนักเมล็ดสดมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับน้ำหนักฝักสด ลักษณะน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) กับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด ลักษณะน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) กับความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝัก ลักษณะความยาวฝักสดมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) กับความกว้างฝักสด และความหนาฝัก และลักษณะความกว้างฝักสดมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P<0.01$) กับความหนาฝัก สอดคล้องกับ Wang and Wang (no date) พบว่า ความยาวของฝักสดและความกว้างฝักสดมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด และน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ลักษณะน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด และน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด และลักษณะน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด เช่นเดียวกับ Chung *et al.* (2003) ที่พบว่า น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ดเมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความยาวฝักสด และลักษณะน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด

การวิเคราะห์กลุ่มยืนยันที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ จำนวน 97 เครื่องหมาย พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 10 กลุ่ม ได้แก่ A2 B2 D1b+W D2 E F H I J และ L (ตาราง 31) เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_064 Satt656 Satt239 Satt431 และ Satt166 เครื่องหมายโมเลกุล Satt239 บนกลุ่มลิงเกจ I

อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลัก (major QTL) ที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ (R^2) ร้อยละ 20.5 (ตาราง 38) จากรายงานของ Chapman *et al.* (2003) ได้อธิบายถึงความสำคัญไว้ว่าค่า R^2 เป็นค่าที่สำคัญทางสถิติสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์เพราะสามารถแสดงให้เห็นถึงสัดส่วนของความแปรปรวนของลักษณะที่สนใจได้ จากรายงานของ Nichols *et al.* (2006) พบว่า เครื่องหมายโมเลกุล Satt239 บนกลุ่มลิงเกจ I อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ด ซึ่งสอดคล้องกับ Chung *et al.* (2003) ที่รายงานว่า QTL ที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ I โดยมีเครื่องหมายโมเลกุล Satt239 และ Satt496 ที่อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ด สอดคล้องกับ Tajuddin *et al.* (2003) ได้ทำการวิเคราะห์หา QTL ที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองของประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 5 กลุ่ม ได้แก่ C2 D2 E I และ L เครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ด พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt239 Satt310 Satt301 Satt384 Satt281 และ Satt156 ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุล Satt239 บนกลุ่มลิงเกจ I อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะ (R^2) ร้อยละ 20.9 เช่นเดียวกับ Diers *et al.* (1992) พบว่า มี QTL หลัก 2 ตำแหน่งที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลือง ซึ่งตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ I และ E ต่อมา Sebolt *et al.* (2000) พบว่า QTL ที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ I ในขณะที่ Soares *et al.* (2008) พบว่า มี QTL 2 ตำแหน่ง ที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ E และ L โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 9.9 และ 7.1 ตามลำดับ เช่นเดียวกับ Qing-shan *et al.* (2007) พบว่า ลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดมีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 4 กลุ่ม ได้แก่ D1b+W E N และ O โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะอยู่ระหว่างร้อยละ 5.2 ถึง 14.3 และยิ่งไปกว่านั้น Panthee *et al.* (2004) พบว่า QTL ที่ควบคุมโปรตีนชนิด glycinin ในเมล็ดถั่วเหลืองมี 3 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt461 Satt292 และ Satt156 ซึ่งตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ D2 I และ L ตามลำดับ ส่วน QTL ที่ควบคุมโปรตีนชนิด conglycinin ในเมล็ดถั่วเหลืองมี 2 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt461 และ Satt249 ตั้งอยู่บนกลุ่มลิงเกจ D2 และ J

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก กับ เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 32 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 17 กลุ่ม ได้แก่ B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt565 Satt230 Satt367 Satt431 และ Satt166 เครื่องหมายโมเลกุล

Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.3 (ตาราง 39) แตกต่างจากรายงานของพิจิตรา (2551) พบว่า น้ำหนักฝักสด 100 ฝัก มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 6 กลุ่ม ได้แก่ C2 D2 E I L และ M เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt463 Satt154 Satt045 Satt239 และ Satt540 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 4.4, 3.1, 6.2, 5.8 และ 4.7 ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 33 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 18 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt589 Satt197 Satt179 Sat_112 Satt367 และ Satt549 เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 บนกลุ่มลิงเกจ B1 อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 15.4 (ตาราง 40) เพิ่มเติมจากรายงานของพิจิตรา (2551) พบว่า น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 4 กลุ่ม ได้แก่ D1b+W F J และ I เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 2 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt425 และ Satt239 เป็นกลุ่มยีนรอง (minor QTL) ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 4.6 และ 8.1

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 34 มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1b+W D2 E F I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Sat_415 Satt403 Satt510 Satt367 Satt431 Satt166 และ Satt132 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 11.1, 3.0, 7.6, 3.3, 5.1, 4.7, 14.6, 3.0, 3.7 และ 8.1 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 64.2 (ตาราง 41) อย่างไรก็ตามพิจิตรา (2551) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 7 กลุ่ม ได้แก่ E F H I J M และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt699 Satt425 Satt239 Satt431 และ Satt262 เป็นกลุ่มยีนรอง ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 5.9, 8.9, 5.2, 5.1 และ 2.8 ตามลำดับ ในขณะที่ Fasoula *et al.* (2004) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt303 และ Satt263 บนกลุ่มลิงเกจ G และ E ซึ่งสามารถอธิบายความ

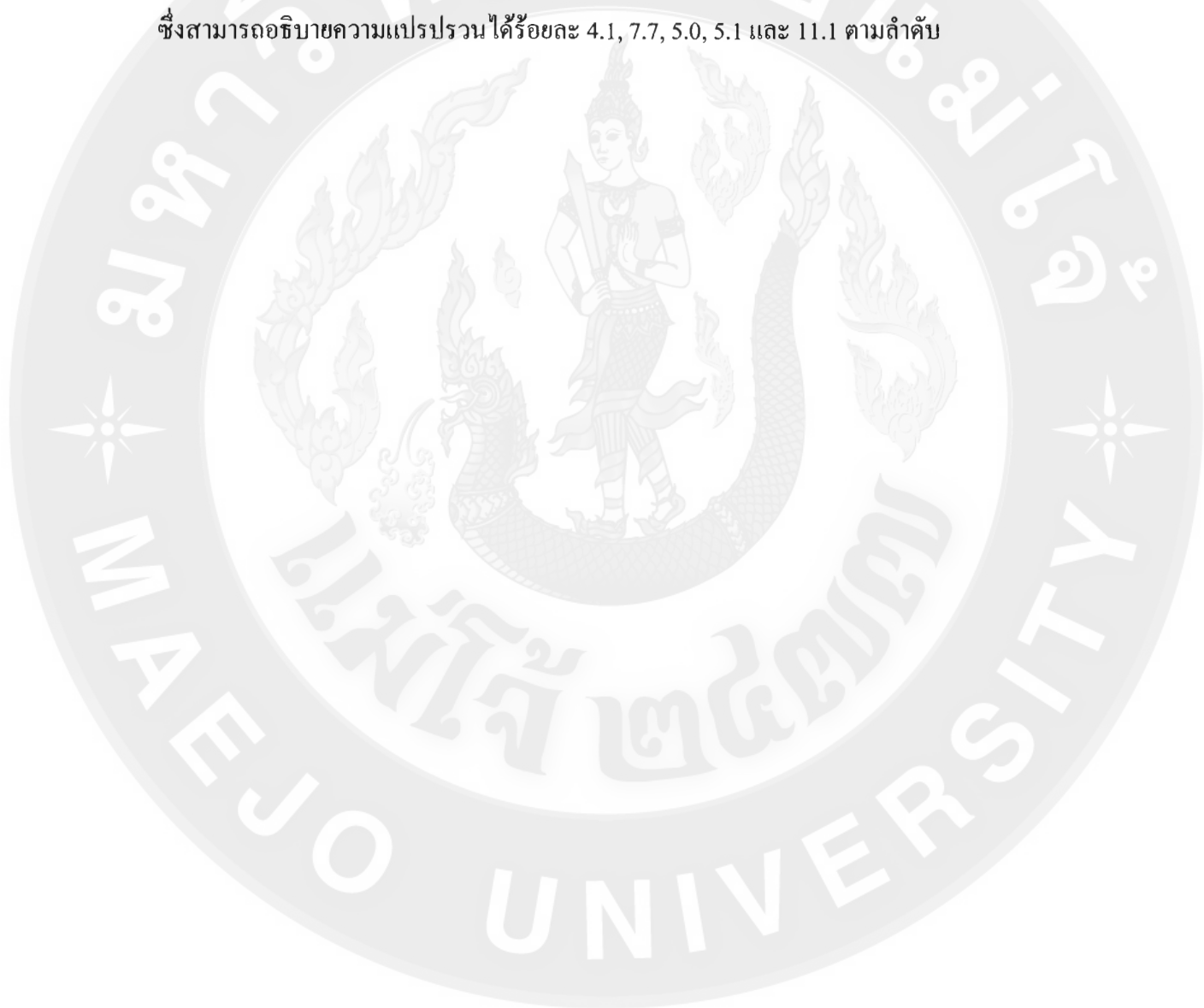
แปรปรวนได้ร้อยละ 8.0 และ 18.0 สอดคล้องกับ Sebolt *et al.* (2000) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเกจ E ส่วน Panthee *et al.* (2005) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt002 และ Satt184 บนกลุ่มถึงเกจ D2 และ D1a+Q ในขณะที่ Qing-shan *et al.* (2007) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเกจ 4 กลุ่ม ได้แก่ A1 B1 N และ O

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของความยาวฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 35 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ B1 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M และ N เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 7 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt307 Satt179 Satt230 Satt354 Satt431 และ Satt166 เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 บนกลุ่มถึงเกจ B1 อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะความยาวฝักสด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.7 (ตาราง 42) พิจิตรา (2551) พบว่า ความยาวฝักสดมีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเกจ 9 กลุ่ม ได้แก่ D1a+Q D1b+W C2 E F I L M และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 3 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt045 Satt239 และ Satt540 เป็นกลุ่มยีนรอง ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 4.6, 4.4 และ 9.0 ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของความกว้างฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 36 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H J L N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 9 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Satt307 Sat_039 Sat_315 Satt199 Satt394 และ Satt431 เครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่มถึงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะความกว้างฝักสด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.1 (ตาราง 43) จากรายงานของพิจิตรา (2551) พบว่า ความกว้างฝักสดมีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเกจ 7 กลุ่ม ได้แก่ C2 D2 E I J L และ N เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt277 Satt154 Satt431 Satt239 และ Satt229 เป็นกลุ่มยีนรอง ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 6.5, 7.1, 7.1, 7.5 และ 3.6 ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของความหนาฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ดังแสดงในตาราง 37 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเกจ 12 กลุ่ม ได้แก่ B1 C2 D1b+W D2 E F G H J L N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของ

เครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 3 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt432 Sat_315 และ Satt431 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 11.2, 5.7 และ 13.5 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 30.4 (ตาราง 44) พิจิตรา (2551) พบว่า ความหนา ฝักสดมีความเชื่อมโยงกับกลุ่มถึงเจ็ด 10 กลุ่ม ได้แก่ D1b+W D2 E F G I J L M และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะ ในสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt154 Satt425 Satt239 Satt431 และ Satt229 เป็นกลุ่มยีนรอง ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 4.1, 7.7, 5.0, 5.1 และ 11.1 ตามลำดับ



บทที่ 6

สรุปผลการทดลอง

การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม

การวิเคราะห์องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด พบว่า สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดสูงกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 12.4, 14.8 และ 13.6 ส่วนพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 9.0, 11.7 และ 10.3 ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้ง 2551 และการวิเคราะห์รวม ตามลำดับ ความถี่ของการกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดของประชากรสายพันธุ์ทั้งจากกลุ่มสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ AGS 292 กับสายพันธุ์ K3 มีการกระจายตัวแบบปกติ ($P > 0.05$) ค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบโปรตีนของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าสูงกว่าในฤดูฝนปี 2550 ซึ่งให้เห็นถึงผลของสภาพแวดล้อมต่อการแสดงออกของลักษณะ การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด ในฤดูฝนปี 2550 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 55.7 ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าร้อยละ 90.9 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู มีค่าร้อยละ 41.9 แสดงให้เห็นว่าการถ่ายทอดลักษณะผันแปรต่อสภาพแวดล้อม

การวิเคราะห์น้ำหนักฝักสด 100 ฟัก พบว่า สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักฝักสด 100 ฟัก น้อยกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 82.8, 117.2 และ 100.0 ส่วนพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 272.6, 235.0 และ 253.8 ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้ง 2551 และการวิเคราะห์รวมตามลำดับ ความถี่ของการกระจายตัวของน้ำหนักฝักสด 100 ฟัก ของประชากรสายพันธุ์แท้มีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักฝักสด 100 ฟัก ในฤดูฝนปี 2550 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 85.8 ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าร้อยละ 83.6 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู มีค่าร้อยละ 62.0

การวิเคราะห์น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด พบว่า สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้อยกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 36.5, 64.0 และ 50.3 ส่วนพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 107.4, 94.6 และ 101.0 ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้ง 2551 และการวิเคราะห์รวมตามลำดับ ความถี่ของการกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ของประชากรสายพันธุ์แท้มีการกระจายตัวเบ้ไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 81.4 ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าร้อยละ 72.4 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู มีค่าร้อยละ 47.14 แสดงให้เห็นว่าการถ่ายทอดลักษณะผันแปรต่อสภาพแวดล้อม

การวิเคราะห์น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด พบว่า สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด น้อยกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 9.32, 10.2 และ 9.8 ส่วนพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 25.1, 30.3 และ 27.7 ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้ง 2551 และการวิเคราะห์รวม ตามลำดับ ความถี่ของการกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ของประชากรสายพันธุ์เท่ามีการกระจายตัวเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 84.2 ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าร้อยละ 87.1 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าร้อยละ 62.6

การวิเคราะห์ความยาวฝักสด พบว่า สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยของความยาวฝักสดน้อยกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 41.3, 44.1 และ 42.7 ส่วนพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 56.2, 52.7 และ 54.5 ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้ง 2551 และการวิเคราะห์รวม ตามลำดับ ความถี่ของการกระจายตัวของความยาวฝักของประชากรสายพันธุ์เท่ามีการกระจายตัวเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมความยาวฝักสดในฤดูฝนปี 2550 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 82.1 ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าร้อยละ 76.1 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าร้อยละ 65.9

การวิเคราะห์ความกว้างฝักสด พบว่า สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยของความกว้างฝักสดน้อยกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 8.7, 8.8 และ 8.7 ส่วนพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 13.1, 12.4 และ 12.7 ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้ง 2551 และการวิเคราะห์รวม ตามลำดับ ความถี่ของการกระจายตัวของความกว้างฝักของประชากรสายพันธุ์เท่ามีการกระจายตัวเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมความกว้างฝักสดในฤดูฝนปี 2550 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 75.0 ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าร้อยละ 88.5 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าร้อยละ 57.9 แสดงให้เห็นค่าอัตราพันธุกรรมมีความผันแปรอยู่มาก

การวิเคราะห์ความหนาฝักสด พบว่า สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ยของความหนาฝักสดน้อยกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ยร้อยละ 4.5, 6.2 และ 5.4 ส่วนพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ยร้อยละ 8.7, 7.8 และ 8.2 ในฤดูฝนปี 2550 ฤดูแล้ง 2551 และการวิเคราะห์รวม ตามลำดับ ความถี่ของการกระจายตัวของความหนาฝักสดของประชากรสายพันธุ์เท่ามีการกระจายตัวเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมความหนาฝักสดในฤดูฝนปี 2550 มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 47.0 ในฤดูแล้งปี 2551 มีค่าร้อยละ 65.4 เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าร้อยละ 31.3 แสดงให้เห็นว่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะผันแปรต่อสภาพแวดล้อม

สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางการเกษตร

ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่าง ๆ ทางทางการเกษตรในประชากรที่ปลูกทดสอบใน 2 ฤดู พบว่า ลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดมีสหสัมพันธ์ทางลบกับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความหนาฝักสด และความยาวฝักสด ลักษณะน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด ลักษณะน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด ลักษณะน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กับความยาวฝักสด ความกว้างฝักสด และความหนาฝัก ลักษณะความยาวฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างฝักสด และความหนาฝักสด และลักษณะความกว้างฝักสดมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความหนาฝักสด

การวิเคราะห์ลักษณะพันธุกรรม

การวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์พ่อแม่ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่เลือกให้กระจายทั่วทั้งจีโนมจำนวน 273 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ ทำการวิเคราะห์ลำดับเบสโดยใช้เครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสอัตโนมัติ จำนวน 161 เครื่องหมาย และการตรวจสอบโดยใช้อะกาโรสเจลความเข้มข้น 3 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 112 เครื่องหมาย พบว่ามี 97 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพ่อแม่ จากนั้นนำเครื่องหมายโมเลกุลเหล่านี้มาวิเคราะห์พันธุกรรมกับประชากรสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 10 กลุ่ม ได้แก่ A2 B2 D1b+W D2 E F H I J และ L เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_064 Satt656 Satt239 Satt431 และ Satt166 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 5.1, 7.7, 20.5, 5.0 และ 6.0 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 44.3 และพบว่า เครื่องหมายโมเลกุล Satt239 บนกลุ่มลิงเกจ I อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลัก (major QTL) ที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ (R^2) ร้อยละ 20.5

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 17 กลุ่ม ได้แก่ B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt565 Satt230 Satt367 Satt431 และ Satt166 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 13.6, 5.4, 6.4, 12.3, 17.3 และ 7.7 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 62.7 และพบว่าเครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะน้ำหนักฝักสด 100 ฝัก โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.3

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 18 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt589 Satt197 Satt179 Sat_112 Satt367 และ Satt549 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 9.5, 15.4, 4.8, 4.1, 13.9 และ 7.1 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 54.8 และพบว่า เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 บนกลุ่มลิงเกจ B1 อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 15.4

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1b+W D2 E F I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Sat_415 Satt403 Satt510 Satt367 Satt431 Satt166 และ Satt132 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 11.1, 3.0, 7.6, 3.3, 5.1, 4.7, 3.0, 3.7 และ 8.1 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 64.2

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับความยาวฝักสด พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ B1 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H I J L M และ N เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 7 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt307 Satt179 Satt230 Satt354 Satt431 และ Satt166 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.7, 9.1, 8.2, 11.3, 3.2, 3.5 และ 5.6 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 58.6 และพบว่า

เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 บนกลุ่มลิงเกจ B1 อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะความยาว ฝักสด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.7

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับความกว้างฝักสด พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ B1 B2 C1 C2 D1a+Q D1b+W D2 E F G H J L N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 9 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Satt307 Sat_039 Sat_315 Satt199 Satt394 และ Satt431 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 10.2, 4.2, 4.7, 6.1, 3.6, 8.1, 3.7, 5.4 และ 17.1 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 63.1 และพบว่า เครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะความกว้างฝักสด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.1

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับความหนาฝักสด พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 12 กลุ่ม ได้แก่ B1 C2 D1b+W D2 E F G H J L N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 3 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt432 Sat_315 และ Satt431 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 11.2, 5.7 และ 13.5 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 30.4

บรรณานุกรม

- กรมวิชาการเกษตร. 2547. **ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์ : ถั่วเหลือง**. เอกสารวิชาการ ลำดับที่ 30/2547. กรุงเทพฯ: กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 156 น.
- กรุง สีตะธนี. 2534. ถั่วเหลืองฝักสดและการปฏิบัติรักษา. น. 202. ใน **เอกสารประกอบการฝึกอบรมนักวิชาการเกษตรหลักสูตรการผลิตถั่วเหลืองฝักสด**. เชียงใหม่: กรมส่งเสริมการเกษตร.
- ทรงขาว อินสมพันธ์. 2545. ถั่วเหลือง. น. 18. ใน **เอกสารประกอบการสอนวิชาพืชไร่สำคัญของประเทศไทย**. เชียงใหม่: ภาควิชาพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.
- นรีลักษณ์ วรรณสาย, กัลยา เนตรกัลยามิตร และ เอนก โชติญาณวงษ์. 2550. ถั่วเหลืองฝักสดเพื่อการส่งออก. **จดหมายข่าวผลิใบ** 10(1): 12-15.
- ประวิตร พุทธานนท์. 2548. **ไบโอเมตริกส์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช**. เชียงใหม่: ภาควิชาพืชไร่ มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 238 น.
- ปัญญาพล คำมา. 2549. **ศึกษาอัตราการถ่ายทอดสารสังเคราะห์ของถั่วเหลืองฝักสด**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 72 น.
- พิจิตรา วงศ์ชูเวช. 2552. **การจำแนกเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่เชื่อมโยงกับลักษณะคุณภาพบางลักษณะในถั่วเหลืองฝักสด**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 97 น.
- มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 2550. โปรตีน. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา <http://cyberlab.lh1.ku.ac.th/elearn/faculty/veterin/vet69/Biochemistry%20Web%20Job/amino%20and%20protein/protein.htm> (29 กรกฎาคม 2550).
- _____. 2551. **เครื่องหมายโมเลกุลในการปรับปรุงพันธุ์**. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา http://dna.kps.ku.ac.th/m-crop/Chapter2_DNA_markers.html (15 สิงหาคม 2551).
- วราภรณ์ ทองพันธ์. 2545. **การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมและการกระจายตัวของลักษณะทางการเกษตรบางลักษณะของถั่วเหลืองลูกผสมชั่วที่ 2 จากการผสมข้ามระหว่างถั่วเหลืองน้ำมันกับถั่วเหลืองฝักสด**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง. 54 น.
- สมโภชน์ โกมลณ. ม.ป.ป. **เอกสารประกอบการสอนวิชาวิเคราะห์คุณภาพผลผลิต**. เชียงใหม่: ภาควิชาเทคโนโลยีหลังการเก็บเกี่ยว คณะวิศวกรรมและอุตสาหกรรมเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 72 น.

- สมศักดิ์ ศรีสมบูรณ์. 2547. การวิจัยและพัฒนาถั่วเหลืองฝักสด. น. 5-9. ใน เอกสารประกอบการบรรยายการประชุมทางวิชาการ. เครือข่ายวิจัยและพัฒนา "พืชไร่" สกว. เชียงใหม่: คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.
- สิริกุล วะสี. 2533. เรื่องเกี่ยวกับถั่วเหลืองฝักสด. *เคหการเกษตร* 14 (8): 19-22.
- สุจิตรา ชูชีพ. 2544. ลักษณะทางการเกษตรบางประการและความสามารถในการให้ผลผลิตของถั่วเหลืองลูกผสมชั่วที่ 1 จากการผสมข้ามระหว่างถั่วเหลืองฝักสดและถั่วเหลืองน้ำมัน. *วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง*. 50 น.
- อภิชาติ วรรณวิจิตร. 2550. *เครื่องหมายโมเลกุลและการใช้ประโยชน์*. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา http://dna.kps.ku.ac.th/m-crop/Chapter2_DNA_markers.html (29 กรกฎาคม 2550).
- อภิพรหม พุกภักดี. 2546. *ถั่วเหลือง พืชทองของไทย*. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 264 น.
- อาคม กาญจนโชติ. 2546. ปลุกถั่วเหลืองฝักสด ลดปัญหาดิน กินอโรย รสมันมัน. *แม่โจ้ปริทัศน์* 4 (4) : 9-11.
- เอนก โชติญาณวงศ์, พิมพร โชติญาณวงศ์ และ พรศักดิ์ ดวงพุดตาน. 2550. *การเปรียบเทียบมาตรฐานพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดกลิ่นหอม*. เชียงใหม่: ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่. 17 น.
- เอนก โชติญาณวงศ์, พิมพร โชติญาณวงศ์ และ อานนท์ มลิพันธุ์. 2550. *การทดสอบพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดในไร่เกษตรกร*. เชียงใหม่: ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่. 12 น.
- AOAC 2000. **Official method of analysis (17th)**. Washington D.C: The association of official analytical chemist. 14 p.
- Bloggang. 2550. *ลักษณะเชิงปริมาณ (Quantitative Trait Locus ; QTL)*. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา <http://www.bloggang.com/viewdiary.php?id=nahead&month> (15 กรกฎาคม 2550).
- Brummer, E.C., G.L. Graef, J. orf, J.R. Wilcox, R.C and Shoemaker. 1997. Mapping QTL for seed protein and oil content in eight soybean populations. *Crop Sci.* 37: 370-378.
- Chapman, A., V.R. Pantalone, A. Ustun, F.L. Allen, D. Landau-Ellis, R.N. Trigiano and P.M. Gresshoff. 2003. Quantitative trait loci for agronomic and seed quality traits in an F₂ and F_{4,6} soybean population. *Euphytica*. 129: 387-393.
- Chotiyawong, A. and P. Chotiyawong. 1997. Vegetable Soybeans. pp. 141-150. In **A Guide Book for Field Crops Production in Thailand**.). Bangkok: n.p.

- Chung, J., H. L. Babka and J.E. Specht. 2003. The Seed Protein, Oil, and Yield QTL on Soybean Linkage Group I. **Crop Sci.** 43:1053–1067.
- Clarke E. J. and R. F. Wiseman. 2000. Developments in plant breeding for improved nutritional quality of soya beans I. Protein and amino acid content. **J. Agr.Sci., Camb.** 134:111-124.
- Cregan, P.B., T. Jarvik, and J.E. Specht. 1999. An integrated genetic linkage map of the soybean genome. **Crop Sci.** 39: 1464-1490.
- Diers, B.W., P. Keim, W.R. Fehr and R.C. Shoemaker. 1992. RFLP analysis of soybean seed protein and oil content. **Theor. Appl. Genet.** 83: 608-612.
- Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissues. **Phytochem Bull.** 19:11-15.
- Fasoula, V.A., D.K. Harris and H.R. Boerma. 2004. Validation and designation of quantitative trait loci for seed protein, seed oil, and seed weight from two soybean populations. **Crop Sci.** 44: 1218-1225.
- Fehr, W.R. 1987. **Principles of Cultivar Development. Vol. 1: Theory and technique.** New York: Macmillan Publishing Company. 536 p.
- Graef, G.L., J.L. Garst and J.E. Specht. No date. **Heritability and relationships among traits for edamame in two soybean populations.** Lincoln, NE, USA: Department of agronomy and horticulture, University of Nebraska. 4 p.
- Hurburgh, R.C. 2000. **Quality of the 2000 soybean crop from the United States. American soybean association trade visit to Asia.** [Online]. Available <http://www.fas.usda.gov/itp/Japan/JA9502SoybeanExports012309FINAL.pdf>. (29 July 2007).
- Hyten, D.L., V.R. Pantalone and M.E. Schmidt. 2004. Seed quality QTL in a prominent soybean population. **Theor. Appl. Genet.** 109: 552-562.
- Kitamura, K. 2001. Recent Edamame Production Information and Research Advances in Japan. pp. 71-74. In T.A. Lumpkin and S. Shanmugasundaram (compilers). **The Second International Vegetable Soybean Conference.** Pullman, WA, USA: Washington State University.
- Limproongratana, S. and C. Maneephong. 1977. **Inheritance of quantitative characters in F1 hybrid of six varieties of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill).** Bangkok: Department of biology, Srinakarinviroj University, Bangkhen Campus. 6 p.

- Lin, C.C. 2001. Frozen Edamame: Global Market Conditions. pp. 93-96. *In* T.A. Lumpkin and S. Shanmugasundaram (compilers). **The Second International Vegetable Soybean Conference**. Pullman, WA, USA: Washington State University.
- Maughan, P.J., M.A. Saghai Maroof and G.R. Buss. 2000. Identification of quantitative trait loci controlling sucrose content in soybean (*Glycine max*). **Molecular breeding**. 6: 105-111.
- Mentreddy S.R., A.I Mohamed, N. Joshee and A.K. Yadav 2002. Edamame: A nutritious vegetable crop. pp. 432-436. *In* Janick J and Whipkey (eds.). **Trends in new crops and new uses**. Alexandria, VA: ASHS Press.
- Mohamed, A. 2001. Nutritional and Health Benefits of Vegetable Soybean: Beyond Protein and Oil. pp. 131-134. *In* T.A. Lumpkin and S. Shanmugasundaram (compilers). **The Second International Vegetable Soybean Conference**. Pullman, WA, USA: Washington State University.
- Nichols, D.M., K.D. Glover, S.R. Carlson, J.E. Specht and B.W. Diers. 2006. Fine mapping of a seed protein QTL on soybean linkage group I and its correlated effects on agronomic traits. **Crop Sci**. 46: 834-839.
- Panthee, D.R., P. Kwanyuen, C.E. Sams, D.R. West, A.M. Saxton and V.R. Pantalone. 2004. Quantitative trait loci for β -conglycinin (7S) and glycinin (11S) fractions of soybean storage protein. **Jaocs**. 81: 1005-1012.
- Panthee, D.R., V.R. Pantalone and C.E. Sams. 2005. Quantitative trait loci for seed protein and oil concentration and seed size in soybean. **Crop Breeding**. 45: 2015-2022.
- Pooprompan, P., S. Wasee, T. Toojinda, S. Chanprame and P. Srinives. 2006. Inheritance of grain quality and days to flowering in vegetable soybean. **Korean J. Breed**. 38(1): 6-12.
- Primomo, V.S., V. Poysa, G.R. Ablett, C.J. Jackson and I. Rajcan. 2005. Agronomic performance of recombinant inbred line populations segregating for isoflavone content in soybean seeds. **Crop Sci**. 45:2203-2211.
- Qing-shan, C., Z. Zhang, C. Lui, D. Xin, H. Qui, D. Shan, C. Shan and G. Hu. 2007. QTL analysis of major agronomic traits in soybean. **Agricultural Sciences**. 6(4): 399-405.
- Rao, M.S.S., A.S. Bhagsari and A.I. Mohamed. 2002. Fresh green seed yield and seed nutritional traits of vegetable soybean genotype. **Crop Sci**. 42: 1950-1958.

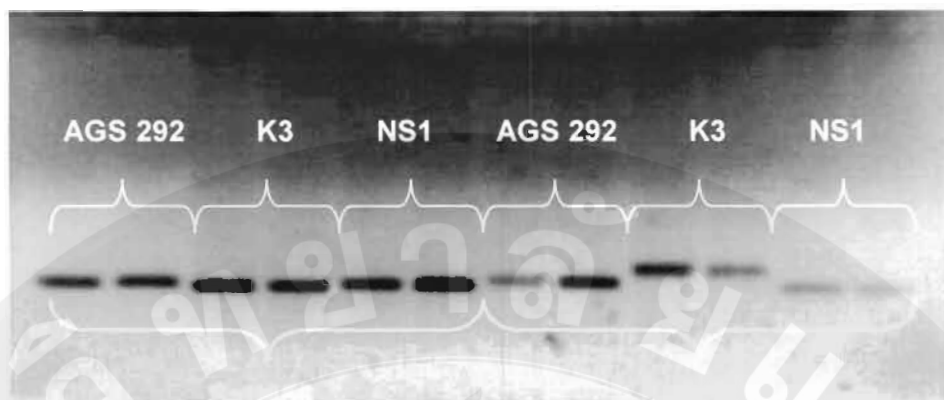
- Sebolt, A.M., R.C. Shoemaker and B.W. Diers. 2000. Analysis of a quantitative trait locus allele from wild soybean that increases seed protein concentration in soybean. **Crop Sci.** 40: 1438-1444.
- Shanmugasundaram S. and M.R. Yan. 2004. Global Expansion of High Value Vegetable Soybean. pp. 915-920. **In VII World Soybean Research Conference and VI International Soybean Processing and Utilization Conference.** Brazil: Foz do Iguassu, PR.
- Soares, T.C.B., P.I.V. Good-god and M.A. Moreira. 2008. QTL mapping for protein content in soybean cultivated in two tropical environments. **Pesq.agropec.bras.** 43(11): 1533-1541.
- Song, Q.J., J.Y. Gai and R.H. Ma. 1994. Studies on heterosis and genetic variability of protein content and oil content in soybean. **Acta Agronomica Sinica.** 20(5): 542-547.
- Soypeptide. 2551. ชนิดของโปรตีนที่พบในถั่วเหลือง. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา <http://www.peptideworld.org/> (15 สิงหาคม 2551).
- Tajuddin, T., S. Watanabe, N. Yamanaka and K. Harada. 2003. Analysis of quantitative trait loci for protein and lipid contents in soybean seeds using recombinant inbred lines. **Breeding Sci.** 53: 133-140.
- Vollmann, J., C.N. Fritz, H. Wagentristl and P. Ruchenbauer. 2000. Environmental and genetic variation of soybean seed protein content under Central European growing conditions. **J. Sci. Food agric.** 80(9): 1300-1306.
- Wang, P.W. 1994. A genetic study of protein content I soybean hybrid progenies. II. Genetic analysis of hybrid progenies. **J. Jilin Agri. Uni.** 16(1): 4-8.
- Wang, Z. and D. Wang. No date. **Studies on the correlation between the quality traits of vegetable soybean.** China: Department of agronomy, Zhejiang University, Hangzhou, P.R..
- Weber, C.R. 1950. Inheritance and interaction of some agronomic and chemical characters in an interspecific cross in soybean, *Glycine max* x *G. ussuriensis*. Research Bulletin 374, Ames, IA.



ภาคผนวก



ภาคผนวก ก
การสำรจลายพิมพ์ดีเอ็นเอ



ภาพผนวก 1 การสำรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอของพันธุ์แม่ (AGS 292) และพันธุ์พ่อ (K3) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ในอะกาโรสเจล 3 เปอร์เซ็นต์



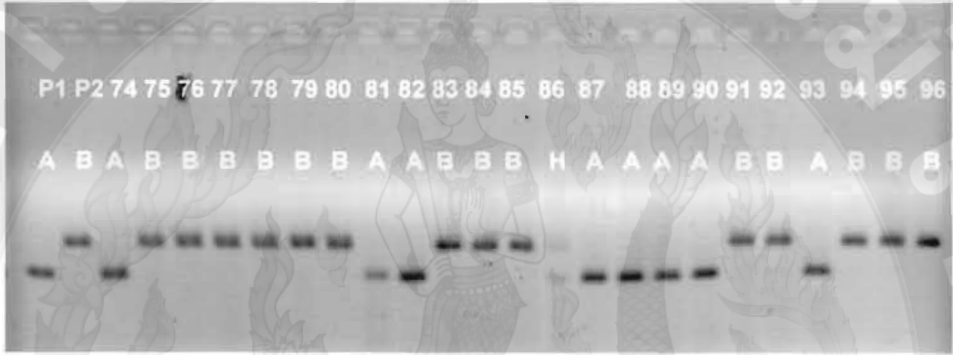
ภาพผนวก 2 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้ม้าหมายเลข 3-25 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)



ภาพผนวก 3 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้ม้าหมายเลข 26-49 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)



ภาพผนวก 4 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้หมายเลข 50-73 โดยใช้เครื่องหมาย
โมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)



ภาพผนวก 5 การกระจายตัวของอัลลีลในประชากรสายพันธุ์แท้หมายเลข 74-96 โดยใช้เครื่องหมาย
โมเลกุล Satt197 (P1=AGS 292 อัลลีล A, P2=K3 อัลลีล B)