

ชื่อเรื่อง	การทำแผนที่ลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมอายุออกดอกใน ถั่วเหลืองฝักสด
ชื่อผู้เขียน	นายสุระกาญจน์ ศรีบุญ
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน
ประธานกรรมการที่ปรึกษา	อาจารย์ ดร.พรพันธ์ ภูพร้อมพันธุ์

### บทคัดย่อ

วันออกดอกเป็นลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรในระหว่างการเจริญเติบโตทางเจริญพันธุ์ในถั่วเหลืองฝักสด วัตถุประสงค์ของงานวิจัยครั้งนี้ เพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะและจำแนกเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่เชื่อมโยงกับอายุวันออกดอกและลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญทางการเกษตรในสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์ ที่ได้จากคู่ผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ที่ใช้ปลูกเป็นการค้าพันธุ์ AGS 292 ที่มีอายุวันออกดอกแรกสั้น กับสายพันธุ์ปรับปรุงก้าวหน้า (advanced breeding line) (G8891 x G7945) 31-3-5-5 หรือ สายพันธุ์ K3 ที่มีอายุวันออกดอกแรกยาว ถูกนำมาใช้เป็นประชากรทำแผนที่โครโมโซม ปลูกทดสอบประชากรสายพันธุ์แท่วางร่วมกับพันธุ์พ่อแม่ในสภาพแปลงปลูก 2 ฤดู และโดยวางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ จำนวน 2 ซ้ำ ผลการทดลอง พบว่า การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของอายุวันออกดอกแรก ( $R_p$ ) ระยะเริ่มติดฝัก ( $R_f$ ) ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก ( $R_g$ ) น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด และจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นเมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู มีค่าเท่ากับร้อยละ 75.1, 71.9, 68.1, 69.9 และ 52.9 ตามลำดับ

การวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ เพื่อสำรวจความแตกต่างของพ่อแม่จำนวน 333 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ พบว่ามี 101 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อแม่ สามารถสร้างกลุ่มลิงเกจได้ 12 กลุ่ม เครื่องหมายโมเลกุลที่ไม่สามารถจัดกลุ่มลิงเกจได้ มีจำนวน 54 เครื่องหมาย ใช้การวิเคราะห์ปัจจัยเดียวและสมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างเพื่อบ่งชี้ความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลกับอายุวันออกดอกแรกและลักษณะทางการเกษตรในสองฤดู ผลการทดลอง พบว่า มี QTL อย่างน้อย 6 ตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะอายุวันออกดอก เครื่องหมายโมเลกุล Sat431 บนกลุ่มลิงเกจ J มีอิทธิพลมากที่สุดต่อการแสดงออกของลักษณะ ( $R^2 = 20.8\%$ ) ความเชื่อมโยงเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะทางการเกษตร พบว่า ระยะเริ่มติดฝัก มี QTL อย่างน้อย 8 ตำแหน่งควบคุมลักษณะ ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก มี 8 ตำแหน่ง น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มี 10 ตำแหน่ง และจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น มี 6 ตำแหน่ง QTL ที่อธิบายอิทธิพลความแปรปรวนของลักษณะได้สูงสุดเท่ากับ 18.4, 17.6,

18.7 และ 27.7 % ตามลำดับ QTL หลักที่พบในการศึกษาครั้งนี้อาจถูกนำมาใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลช่วยคัดเลือกสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์ เพื่อคัดเลือกลักษณะที่ต้องการในถั่วเหลืองฝักสด



<b>Title</b>	Mapping of Quantitative Trait Loci (QTL) for Flowering Time in Vegetable Soybean
<b>Author</b>	Mr. Sukrakarn Sriboon
<b>Degree of</b>	Master of Science in Horticulture
<b>Advisory Committee Chairperson</b>	Dr. Pornpan Pooprompan

### ABSTRACT

Time of flowering is an important agricultural trait in terms of reproductive growth in vegetable soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. The objectives of this study were to investigate the inheritance and identification of simple sequence repeat (SSR) markers associated with time of flowering and quantitative trait loci (QTL) which are important in controlling agricultural traits in 92 recombinant inbred lines (RIL) derived from a cross between commercial vegetable soybean cultivar 'AGS 292' (short flowering time) and advanced breeding line '(G8891xG7945) 31-3-5-5' or 'K3' (long flowering time). RIL population was used as mapping population and with their parents, were evaluated in the field during rainy season of 2008 and dry season of 2009. Each treatment was arranged in a randomized complete block design with 2 replications. Results showed that narrow-sense heritability combined over two environments of days to 1<sup>st</sup> flowering ( $R_1$ ), beginning pod ( $R_3$ ), full seed stage ( $R_6$ ), 100 dry seed weight (DSW) and number of nodes per plant (NOD) were 75.1, 71.9, 68.1, 69.9 and 52.9 %, respectively.

Analysis of SSR marker to survey polymorphisms of parents with 333 SSR markers on 20 molecular linkage groups (MLG), revealed that 101 markers were found to be polymorphic. Twelve linkage groups were constructed while 54 markers were found unlinked. Single-factor analysis of variance and multiple-locus regression of significant markers were used to detect associations between days to  $R_1$  stage and agricultural traits over two environments. Results showed that at least 6 QTLs controlling  $R_1$  stage, the QTL near SSR marker locus Satt431 on MLG J exhibited the greatest effect of phenotypic variation ( $R^2 = 20.8$  %). The association of SSR markers with agricultural traits were found that at least 8 QTLs for  $R_3$  stage, 8 for  $R_6$  stage, 10 for 100 DSW and 6 for NOD. The greatest effect of phenotypic variation of QTL for the traits

explained 18.4, 17.6, 18.7 and 27.7 %, respectively. Major QTL found in this study may be used in marker-assisted selection to enable breeders to increase genetic gains for desirable traits of vegetable soybean.

