

ชื่อเรื่อง	การทำแผนที่ลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมอาชุออกดอกในถั่วเหลืองฝักสด
ชื่อผู้เขียน	นายศุภรักษานุจันทร์ ศรีบุญ
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน
ประธานกรรมการที่ปรึกษา	อาจารย์ ดร.พรพันธ์ ภู่พร้อมพันธ์

บทคัดย่อ

วันออกดอกเป็นลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรในระบบการเจริญเดินโดยทางเจริญพันธุ์ในถั่วเหลืองฝักสด วัดดูประสิทธิ์ของงานวิจัยครั้งนี้ เพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะและจำแนกเครื่องหมาย โนเมเลกุลแบบเอกสารอาร์ที่เชื่อมโยงกับอาชุวันออกดอกและลักษณะเชิงปริมาณที่สำคัญทางการเกษตรในสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์ ที่ได้จากคู่ผู้สมรรถห่วงถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ที่ใช้ปลูกเป็นการค้าพันธุ์ AGS 292 ที่มีอาชุวันออกดอกแรกสัน กับสายพันธุ์ปรับปรุงก้าวหน้า (advanced breeding line) (G8891 x G7945) 31-3-5-5 หรือ สายพันธุ์ K3 ที่มีอาชุวันออกดอกแรกยาว ถูกนำมาใช้เป็นประชากรทำแผนที่โครโนโซม ปลูกทดสอบประชากรสายพันธุ์แท้ร่วมกับพันธุ์พ่อแม่ในสภาพแปลงปลูก 2 ถูก และโดยวางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ จำนวน 2 ชั้้ ผลการทดลอง พบว่า การประเมินค่าอัตราพันธุ์กรรมแบบของอาชุวันออกดอกแรก (R_1) ระยะเริ่มติดฝัก (R_2) ระยะเมล็ดพัฒนาเติ่มฝัก (R_3) น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด และจำนวนข้อเฉลี่ยค่อตัน เมื่อวิเคราะห์รวมสองถูก มีค่าเท่ากับร้อยละ 75.1, 71.9, 68.1, 69.9 และ 52.9 ตามลำดับ

การวิเคราะห์เครื่องหมาย โนเมเลกุลแบบเอกสาร อาร์ เพื่อสำรวจความแตกต่างของพ่อแม่จำนวน 333 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ พนวั่น 101 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อแม่ สามารถสร้างกลุ่มลิงเกจได้ 12 กลุ่ม เครื่องหมาย โนเมเลกุลที่ไม่สามารถจัดกลุ่มลิงเกจได้ มีจำนวน 54 เครื่องหมาย ใช้การวิเคราะห์ปัจจัยเดียวและสมการถดถอยหาข้อดำเนินการทดลอง พนว่า มี QTL อย่างน้อย 6 ตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะอาชุวันออกดอก เครื่องหมาย โนเมเลกุล Salt431 บนกลุ่มลิงเกจ J มีอิทธิพลมากที่สุดต่อการแสดงออกของลักษณะ ($R^2 = 20.8 \%$) ความเชื่อมโยงเครื่องหมาย โนเมเลกุลกับลักษณะทางการเกษตร พนว่า ระยะเริ่มติดฝัก มี QTL อย่างน้อย 8 ตำแหน่งควบคุมลักษณะ ระยะเมล็ดพัฒนาเติ่มฝัก มี 8 ตำแหน่ง น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มี 10 ตำแหน่ง และจำนวนข้อเฉลี่ยค่อตัน มี 6 ตำแหน่ง QTL ที่อธิบายอิทธิพลความแปรปรวนของลักษณะได้สูงสุดเท่ากับ 18.4, 17.6,

(4)

18.7 และ 27.7 % ตามลำดับ QTL หลักที่พับในการศึกษาครั้งนี้อาจถูกนำมาใช้เป็นเครื่องหมายไม้เล็กๆ ช่วยคัดเลือกสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์ เพื่อคัดเลือกลักษณะที่ต้องการในถั่วเหลืองฝักสด



Title	Mapping of Quantitative Trait Loci (QTL) for Flowering Time in Vegetable Soybean
Author	Mr. Sukrakarn Sriboon
Degree of	Master of Science in Horticulture
Advisory Committee Chairperson	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 1st flowering (R₁), beginning pod (R₃), full seed stage (R₆), 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 R₁ stage and agricultural traits over two environments. Results showed that at least 6 QTLs controlling R₁ 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 R₃ stage, 8 for R₆ 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.