

สำนักงานวิจัยการศึกษา มหาวิทยาลัยแม่โจ้

ระดับการประเมินคุณภาพ

☒ ดีเยี่ยม

☐ ดีมาก

☐ ดี

☐ ปานกลาง





การทำแผนที่ลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมอายุออกดอกในถั่วเหลืองฝักสด

ศุกระกาญจน์ ศรีบุญ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษาตามหลักสูตร

ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน

สำนักบริหารและพัฒนานิชาการ มหาวิทยาลัยแม่โจ้

พ.ศ. 2554

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยแม่โจ้



ใบรับรองวิทยานิพนธ์

สำนักบริหารและพัฒนาวิชาการ มหาวิทยาลัยแม่โจ้
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน

ชื่อเรื่อง

การทำแผนที่ลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมอายุออกดอกในถั่วเหลืองฝักสด

โดย

ศุภระกาญจน์ ศรีบุญ

พิจารณาเห็นชอบโดย

ประธานกรรมการที่ปรึกษา

(อาจารย์ ดร.พรพันธ์ กุฬพร้อมพันธุ์)

วันที่ 20 เดือน พ.ค. พ.ศ. 2554

กรรมการที่ปรึกษา

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วราภรณ์ แสงทอง)

วันที่ 23 เดือน พ.ค. พ.ศ. 2554

กรรมการที่ปรึกษา

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ประสิทธิ์ โนรี)

วันที่ 24 เดือน พ.ค. พ.ศ. 2554

ประธานกรรมการประจำหลักสูตร

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ธีรนุช เจริญกิจ)

วันที่ 25 เดือน พ.ค. พ.ศ. 2554

สำนักบริหารและพัฒนาวิชาการรับรองแล้ว

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.จำเนียร ชคราช)

ประธานกรรมการบัณฑิตศึกษา

วันที่ 25 เดือน พ.ค. พ.ศ. 2554

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



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 (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.



กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ได้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี ด้วยความกรุณาจากอาจารย์ ดร.พรพันธ์ ภู่อ้อมพันธุ์ ประธานกรรมการที่ปรึกษา ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วราภรณ์ แสงทอง และ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ประสิทธิ์ โนรี กรรมการที่ปรึกษา ที่ได้ให้ความรู้ ชี้แนะ ตลอดจนให้คำปรึกษาในการดำเนินงานทำวิทยานิพนธ์และตรวจสอบแก้ไขจนสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

ขอขอบพระคุณอาจารย์เอนก โชติญาณวงษ์ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ที่กรุณาแก้ไขและให้คำแนะนำทางวิชาการอันเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่องานวิจัย

ขอขอบพระคุณคณาจารย์ทุกท่านที่ได้ให้ความรู้ อบรมสั่งสอนด้านวิชาการต่างๆ จนได้นำความรู้มาใช้ในการประกอบการทำวิทยานิพนธ์ ขอบขอบคุณงานพืชสวนประดับ เพื่อนๆ และน้องๆทุกท่าน ที่ได้ให้การช่วยเหลือการทำแปลงวิจัย การเก็บและรวบรวมข้อมูลต่างๆ มาโดยตลอด จนกระทั่งวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ได้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

สุดท้ายนี้ขอกราบขอบพระคุณ คุณพ่อสุพจน์ ศรีบุญ และ คุณแม่ปราณี ศรีบุญ ที่ได้ให้กำเนิดเลี้ยงดูเอาใจใส่ อบรม สั่งสอน คอยสนับสนุนและให้กำลังใจเสมอมา ตลอดจนได้ให้ความอนุเคราะห์เรื่องของทุนทรัพย์จนทำให้การจัดทำวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ประสบความสำเร็จ

ศุกระกาญจน์ ศรีบุญ

พฤษภาคม 2554

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อ	(3)
ABSTRACT	(5)
กิตติกรรมประกาศ	(7)
สารบัญ	(8)
สารบัญตาราง	(10)
สารบัญภาพ	(13)
บทที่ 1 บทนำ	1
ปัญหาของการวิจัย	2
วัตถุประสงค์การวิจัย	2
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
ขอบเขตของการวิจัย	3
บทที่ 2 การตรวจเอกสาร	4
ความสำคัญของถั่วเหลืองฝักสด	4
ลักษณะทางพฤกษศาสตร์	4
ช่อดอกและดอก	5
ระยะการเจริญเติบโตของถั่วเหลืองฝักสด	5
ถั่วเหลืองฝักสด	7
วันออกดอก	7
อัตราพันธุกรรม	7
สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะที่ปรากฏ	9
ลักษณะเชิงปริมาณ	9
เทคนิคเครื่องหมายโมเลกุล	9
เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์	11
การกำหนดตำแหน่งยีนโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล	12
บทที่ 3 วิธีการวิจัย	13
อุปกรณ์	13
วิธีการวิจัย	15

การบันทึกข้อมูล	16
การวิเคราะห์ข้อมูล	17
บทที่ 4 ผลการทดลอง	18
การวิเคราะห์ลักษณะที่ปรากฏและอัตราพันธุกรรม	18
สหสัมพันธ์ระหว่างวันออกดอกและลักษณะทางการเกษตร	45
การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพ่อแม่และการสร้างกลุ่มลิงเกจ	47
การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ	56
บทที่ 5 วิเคราะห์ผลการทดลอง	76
การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม	76
การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพ่อแม่และการสร้างกลุ่มลิงเกจ	79
สหสัมพันธ์ระหว่างวันออกดอกและลักษณะทางการเกษตร	80
การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ	81
บทที่ 6 สรุปผลการทดลอง	84
การวิเคราะห์ลักษณะที่ปรากฏและอัตราพันธุกรรม	84
สหสัมพันธ์ระหว่างวันออกดอกและลักษณะทางการเกษตร	85
การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพ่อแม่และการสร้างกลุ่มลิงเกจ	85
การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ	86
บรรณานุกรม	88
ภาคผนวก	92
ภาคผนวก ก ประวัติผู้วิจัย	93

สารบัญตาราง

ตาราง		หน้า
1	การวิเคราะห์ความแปรปรวนวันออกดอกแรก (R_1) ในฤดูฝนปี 2551	23
2	การวิเคราะห์ความแปรปรวนวันออกดอกแรก (R_1) ในฤดูแล้งปี 2552	23
3	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมวันออกดอกแรก (R_1) ในฤดูฝนปี 2551 และในฤดูแล้งปี 2552	24
4	การวิเคราะห์ความแปรปรวนระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในฤดูฝนปี 2551	25
5	การวิเคราะห์ความแปรปรวนระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในฤดูแล้งปี 2552	25
6	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในฤดูฝนปี 2551 และในฤดูแล้งปี 2552	26
7	การวิเคราะห์ความแปรปรวนระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ในฤดูฝนปี 2551	27
8	การวิเคราะห์ความแปรปรวนระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ในฤดูแล้งปี 2552	27
9	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ในฤดูฝนปี 2551 และในฤดูแล้งปี 2552	28
10	การวิเคราะห์ความแปรปรวนน้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2551	29
11	การวิเคราะห์ความแปรปรวนน้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูแล้งปี 2552	29
12	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมน้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2551 และในฤดูแล้งปี 2552	30
13	การวิเคราะห์ความแปรปรวนจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น ในฤดูฝนปี 2551	31
14	การวิเคราะห์ความแปรปรวนจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น ในฤดูแล้งปี 2552	31
15	การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น ในฤดูฝนปี 2551 และในฤดูแล้งปี 2552	32
16	ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของวันออกดอกแรก (R_1) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู	33
17	ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู	35

ตาราง

หน้า

18	ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝน ปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู	35
19	ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู	36
20	ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบจำนวนข้อของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู	36
21	ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่างวันออกดอก ระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด และจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ที่ปลูกทดสอบในสองฤดู	46
22	การจัดกลุ่มถึงเจกของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้จากกลุ่มสมระหว่างพันธุ์ AGS 292 และสายพันธุ์ K3	50
23	การกระจายตัวของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ 101 เครื่องหมาย ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในการทดสอบแบบโคสแควร์	51
24	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับวันออกดอกแรก (R_1) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	61
25	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	62
26	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	64
27	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 ในฤดูฝนและวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	66

ตาราง		หน้า
28	การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับจำนวนข้อเจ็ลล์ต่อต้านของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	69
29	การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับวันออกดอกแรก (R_1) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	71
30	การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	72
31	การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	73
32	การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	74
33	การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับจำนวนข้อเจ็ลล์ต่อต้านของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู	75

สารบัญภาพ

ภาพ		หน้า
1	การกระจายตัวของวันออกดอกแรก (R_1) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝน ปี 2551	37
2	การกระจายตัวของวันออกดอกแรก (R_1) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2552	37
3	การกระจายตัวของวันออกดอกแรก (R_1) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู	38
4	การกระจายตัวของระยะเริ่มติดฝัก (R_2) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551	38
5	การกระจายตัวของระยะเริ่มติดฝัก (R_2) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2552	39
6	การกระจายตัวของระยะเริ่มติดฝัก (R_2) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู	39
7	การกระจายตัวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_3) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝน ปี 2551	40
8	การกระจายตัวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_3) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้ง ปี 2552	40
9	การกระจายตัวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_3) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู	41
10	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝน ปี 2551	41
11	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้ง ปี 2552	42
12	การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู	42
13	การกระจายตัวของจำนวนข้อเฉลี่ยคอดันในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551	43

ภาพ

หน้า

- | | | |
|----|---|----|
| 14 | การกระจายตัวของจำนวนข้อเจ็ลลี่ต่อต้านในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้
ในฤดูแล้งปี 2552 | 43 |
| 15 | การกระจายตัวของจำนวนข้อเจ็ลลี่ต่อต้านในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้
ใน 2 ฤดู | 44 |
| 16 | กลุ่มลิงเกจของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ในประชากรถั่วเหลืองฝักสด
สายพันธุ์แท้จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ AGS 292 และสายพันธุ์ K3 | 49 |

บทที่ 1

บทนำ

ถั่วเหลืองฝักสด (vegetable soybean or green soybean) มีชื่อวิทยาศาสตร์ *Glycine max* (L.) Merr. เป็นพืชชนิดเดียวกับถั่วเหลืองไร่ (grain soybean) แตกต่างกันในระยะเวลาการเก็บเกี่ยวผลผลิตและลักษณะของผลผลิต กล่าวคือ ถั่วเหลืองฝักสด ตลาดต้องการผลผลิตทั้งฝักเก็บเกี่ยวผลผลิตในระยะที่เมล็ดเต่งเต็มที่ (full seed stage, R_0) ก่อนที่จะเข้าสู่ระยะที่เมล็ดในฝักใดฝักหนึ่งจะสุกแก่ ฝักจะเปลี่ยนเป็นสีฟางข้าว (beginning maturity stage, R_1) ถั่วเหลืองฝักสดนิยมบริโภคในลักษณะเช่นเดียวกับพืชผัก เมล็ดจะต้องมีขนาดใหญ่ เนื้อนุ่ม รสหวานเล็กน้อย ในขณะที่ถั่วเหลืองไร่ตลาดต้องการเฉพาะเมล็ดที่กะเทาะออกจากฝักแล้วเท่านั้น ถั่วเหลืองเป็นพืชที่มีคุณค่าทางโภชนาการสูงมีโปรตีนเป็นองค์ประกอบซึ่งโปรตีนจากถั่วเหลืองมีปริมาณกรดอะมิโนที่จำเป็นบางชนิด เช่น Lysine Tryptophan เป็นองค์ประกอบสูงกว่าโปรตีนจากเนื้อสัตว์ นอกจากนี้ถั่วเหลืองฝักสดยังมีแร่ธาตุและวิตามินที่จำเป็นต่อมนุษย์อีกหลายชนิด เช่น แคลเซียม ฟอสฟอรัส เหล็ก วิตามินบี 1 และบี 2 ถั่วเหลืองฝักสดมีเมล็ดขนาดใหญ่ เมล็ดแห้งมีน้ำหนักมากกว่า 250 มิลลิกรัม/เมล็ด สามารถใช้ประกอบอาหารและเมล็ดได้รับประทานเป็นอาหารว่างเหมือนถั่วลิสง (*Arachis hypogae.*) (Mentreddy et al., 2002) จึงเป็นพืชที่ควรส่งเสริมให้มีการผลิตและบริโภคภายใน ประเทศมากขึ้น นอกจากนี้ในอนาคตถั่วเหลืองฝักสดเป็นสินค้าส่งออกที่สำคัญโดยเฉพาะตลาดในประเทศญี่ปุ่นและไต้หวัน ซึ่งมีความต้องการมากและมีกำลังซื้อสูง

อายุวันออกดอกเป็นลักษณะที่มีความสำคัญ ซึ่งถั่วเหลืองฝักสดแต่ละพันธุ์มีอายุการออกดอกที่ต่างกัน เช่น พันธุ์ AGS 292 มีอายุวันออกดอก 26 - 30 วัน พันธุ์นัมเบอร์ 75 มีอายุการออกดอก 28 - 32 วัน และพันธุ์เชียงใหม่ 1 มีอายุการออกดอก 30 - 40 วัน (กรมวิชาการเกษตร, 2545) การวิจัยครั้งนี้ เน้นการศึกษาลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci, QTL) ที่ควบคุมอายุวันออกดอกแรกบานระยะ R_1 และลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรในประชากรสายพันธุ์แท้ (recombinant inbred lines, RILs) ที่มีการกระจายตัว (segregating population) จากกลุ่มผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ที่ใช้ปลูกเป็นการค้า ซึ่งปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมของประเทศไทยได้ดี พันธุ์ AGS 292 กับสายพันธุ์ปรับปรุงก้าวหน้า (advanced breeding line) สายพันธุ์ (G8891 x G7945)-31-3-5-5 หรือ K3 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเฮสเอสอาร์ (simple sequence repeat, SSR)

ปัญหาของการวิจัย

เนื่องจากถั่วเหลืองฝักสดเป็นพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจและนิยมปลูกกันอย่างกว้างขวางพันธุ์ที่ปลูกมีการปรับตัวต่อสภาพแวดล้อมของแหล่งปลูกในแต่ละพื้นที่ที่แตกต่างกัน เช่น ระยะเวลาการออกดอกที่ต่างกันจึงต้องการศึกษากลุ่มยีนและเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับอายุวันออกดอกในถั่วเหลืองฝักสดเพื่อเป็นประโยชน์ต่อการพัฒนาพันธุ์ของถั่วเหลืองฝักสดให้ดีขึ้น

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. เพื่อสืบค้นเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci, QTL) และการถ่ายทอดลักษณะอายุออกดอกและลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรในถั่วเหลืองฝักสด
2. เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานของการพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดที่สามารถปรับตัวได้ดีในสภาพแวดล้อมของแหล่งปลูกในประเทศไทย

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

การสืบหาเครื่องหมายโมเลกุลที่วางอยู่ใกล้กับกลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณอายุการออกดอก และลักษณะที่สำคัญทางการเกษตรในถั่วเหลืองฝักสด สามารถทำให้ทราบข้อมูลตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะที่สนใจเพื่อใช้ช่วยในการคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์ในลักษณะดังกล่าวได้เร็วขึ้น และได้เครื่องหมายโมเลกุลที่สามารถช่วยแยกกลุ่มอายุออกดอกสั้นและกลุ่มอายุออกดอกยาวในถั่วเหลืองฝักสด สามารถตรวจสอบต้นถั่วเหลืองฝักสดที่มีลักษณะความต้องการตั้งแต่ในระยะต้นกล้า

ขอบเขตของการวิจัย

1. เพื่อตรวจหาเครื่องหมายโมเลกุลที่วางอยู่ใกล้กับกลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci, QTL) ที่สำคัญทางการเกษตรและอายุออกดอกของถั่วเหลืองฝักสด
2. เพื่อพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดที่ปรับตัวได้ดีในสภาพแวดล้อมของแหล่งปลูกในประเทศไทย

บทที่ 2

การตรวจเอกสาร

ความสำคัญของถั่วเหลืองฝักสด

ถั่วเหลืองฝักสดมีผู้นิยมบริโภคมากขึ้นทั้งชาวต่างประเทศและชาวไทย เพราะมีคุณค่าทางโภชนาการสูงอุดมไปด้วยวิตามิน เอ ซี บี และเกลือแร่ ชาวญี่ปุ่นนิยมบริโภคถั่วเหลืองฝักสดกันมากปีหนึ่งๆ ประมาณ 150,000 ตัน แต่ในประเทศผลิตไม่เพียงพอจึงต้องนำเข้าจากต่างประเทศบางส่วน เช่น จีน ไต้หวัน ไทย อินโดนีเซีย และเวียดนาม เป็นต้น ปีหนึ่งมากกว่า 50,000 ตัน จีนและไต้หวันเป็นประเทศที่ส่งถั่วเหลืองไปขายญี่ปุ่นมาก ประเทศไทยส่งไปขายร้อยละ 10 ต่อปีเท่านั้น แต่ขณะนี้ปริมาณความต้องการถั่วเหลืองฝักสดจากประเทศไทยเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ เนื่องจากคุณภาพตรงต่อความต้องการผู้บริโภค โดยส่งออกถั่วเหลืองในเมล็ดสดรูปแช่แข็งและรีดเมล็ด (เอนกและคณะ 2549) นอกจากนี้เมล็ดของถั่วเหลืองฝักสดประกอบด้วยโปรตีนร้อยละ 35 ถึง 38 (ของน้ำหนักแห้ง) และมีไขมันร้อยละ 5 ถึง 7 (ของน้ำหนักสด) ลักษณะสำคัญของถั่วเหลืองฝักสดต้องมีขนาดของเมล็ดที่ใหญ่ มีกลิ่น และรสหวาน ปริมาณน้ำตาลซูโครสมีค่าเท่ากับ 3.97 กรัม/100 กรัม ถึง 15.00 กรัม/100 กรัม มีกรดไขมันไม่อิ่มตัวที่มี lipid เป็นองค์ประกอบสำคัญในเมล็ดสดถั่วเหลืองเป็นแหล่งหนึ่งที่มีกรด Isoflavones (78 – 220 มิลลิกรัม/กรัม) และมีวิตามินอี ประมาณ (84 – 128 มิลลิกรัม/กรัม) องค์ประกอบไขมันในถั่วเหลืองประกอบด้วยกรดไขมันชนิด Palmitic, Stearic, Oleic และ Linolenic ร้อยละ 11, 4, 23 และ 8 ตามลำดับ (Spencer et al., 2004)

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ถั่วเหลืองมีถิ่นกำเนิดแถบภาคตะวันออกเฉียงเหนือของทวีปเอเชีย บริเวณประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน ในปัจจุบันมีชื่อวิทยาศาสตร์ คือ *Glycine max* (L.) Merr. เดิมจัดอยู่ใน family *Leguminosae* subfamily *Papilionoideae* tribes *Phaseoleae* มีจำนวนโครโมโซม $2n=40$ ปัจจุบันจัดอยู่ใน family *Papilionaceae* ถั่วเหลืองเป็นพืชสำคัญที่เป็นอาหารทั้งของมนุษย์และสัตว์ โดยเมล็ดใช้เป็นแหล่งอาหารโปรตีน สกัคน้ำมัน และวัตถุดิบในอุตสาหกรรมต่อเนื่องหลายชนิด ส่วนของลำต้นใช้เป็นอาหารสัตว์ และปุยพืชสด (รังสฤษฎ์ และคณะ, 2541)

ช่อดอกและดอก

ดอกถั่วเหลืองโดยทั่วไปมีขน (pubescence) ปกคลุม ทั้งในส่วนของเกสรตัวเมีย กลีบเลี้ยง bract และ bracteole แต่ไม่พบในส่วนของเกสรตัวผู้และกลีบดอก เมื่อเจริญเติบโตถึงระยะดอกแรกบาน ซึ่งใช้เวลาประมาณ 30-40 วันหลังออก ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับพันธุ์และสภาพแวดล้อม ถั่วเหลืองมีการสร้างดอกจำนวนมาก แต่มีเพียงประมาณร้อยละ 25 เท่านั้นที่สามารถพัฒนาไปเป็นฝักได้ (รังสฤษฎี และคณะ, 2541)

ระยะการเจริญเติบโตของถั่วเหลืองฝักสด

ระยะการเจริญเติบโตทางลำต้น

ในถั่วเหลืองฝักสดการพิจารณาถึงระยะการเจริญเติบโตทางลำต้นถือเอาลำดับของข้อเป็นสำคัญ ข้อ (node) ได้แก่ ส่วนหนึ่งของลำต้นที่ใบมีการพัฒนาขึ้น เมื่อใบหลุดร่วงก็จะพบแผลเป็น (scar) ซึ่งเหลือไว้ให้เห็นที่ข้อ การที่ข้อถูกใช้เป็นตัวกำหนดระยะการเจริญเติบโต ก็เนื่องมาจากที่มันปรากฏที่ลำต้นอยู่เสมอ มิได้หลุดร่วงไปดังเช่นใบ

ระยะการเจริญเติบโตทางลำต้นของถั่วเหลืองฝักสด เริ่มนับตั้งแต่ช่วงเวลาที่พืชโผล่พ้นพื้นดิน (VE) และหลังจากระยะใบเลี้ยง (VC) ระยะการเจริญเติบโตจะถูกกำหนดโดยลำดับของข้อเป็นเกณฑ์ ซึ่งเริ่มจาก V_1 คือ ข้อที่มีใบ unifoliate ติดอยู่ V_2 คือ ข้อที่ 2 ที่มีใบจริง trifoliate ใบที่ 1 ติดอยู่ V_3 คือ ข้อที่ 3 ที่มีใบจริงใบที่ 2 ติดอยู่ และ V_4 ตลอดไปจนถึง V_n เรื่อยๆ ในการนับจำนวนและลำดับข้อนี้ ข้อที่อยู่บนลำต้นเท่านั้นที่จะนับได้ หากลำต้นถูกทำลายหรือหัก ต้นถั่วเหลืองฝักสดต้นนั้นๆ ก็จะใช้ในการกำหนดระยะการเจริญเติบโตไม่ได้ ซึ่ง Fehr and Caviness (1977) กล่าวถึงรายละเอียดของระยะการเจริญเติบโตทางลำต้น (V – stage) ดังนี้

VE ระยะโผล่พ้นดิน (emergence) คือ ระยะที่ใบเลี้ยงเพิ่งโผล่และอยู่เหนือผิวดิน

VC ระยะใบเลี้ยง (cotyledon) กางเต็มที่ และใบจริงคู่แรก (unifoliate) คลี่ออก

V_1 ระยะข้อที่ 1 (first node) ระยะที่ใบจริงคู่แรกกางเต็มที่ และขอบใบรวมชุดแรก (trifoliate leaf) คลี่ออก

V_2 ระยะข้อที่ 2 (second node) ระยะที่ใบรวมชุดแรกกางเต็มที่ และขอบใบรวมชุดที่ 2 คลี่ออก

V_3 ระยะข้อที่ 3 (third node) ระยะที่ใบรวมชุดที่ 2 กางเต็มที่ และขอบใบรวมชุดที่ 3 คลี่ออก

V_n ระยะข้อที่ n (n - node) เมื่อ (n) เท่ากับลำดับข้อบนลำต้นที่มีใบจริงคลี่กาง ออกเต็มที่

ระยะการเจริญเติบโตทางเจริญพันธุ์

ถั่วเหลืองฝักสดมีระยะเจริญพันธุ์ หรือ reproductive เริ่มตั้งแต่ถั่วเหลืองฝักสดเริ่ม ออกดอก ออกฝัก และเมล็ดมีการพัฒนา ตลอดจนการสะสมน้ำหนักแห้งภายในเมล็ดและการสุกแก่ แต่ระยะการเจริญเติบโตถูกกำหนดด้วยตัวย่อ R ตามลำดับหมายเลข 1, 2, 3,...(n) ตามลำดับ เรียก ระยะการเจริญเติบโตระยะต่างๆนี้ว่า R-stage ซึ่ง Fehr and Caviness (1977) กล่าวถึงระยะเจริญพันธุ์ ดังนี้

- R_1 มีดอกบานหนึ่งดอกบนข้อใดๆ ก็ตามบนลำต้น
- R_2 มีดอกบานที่ข้อใดข้อหนึ่งบนข้อบนสุดสองข้อที่มีใบคลี่กางเต็มที่
- R_3 ฝักยาวขนาด 0.5 เซนติเมตร (1/4) ปรากฏขึ้นที่ข้อใดข้อหนึ่งบนข้อบนสุด 4 ข้อบนลำต้นที่มีใบคลี่กางเต็มที่
- R_4 ฝักยาวขนาด 2.0 เซนติเมตร (3/4) ปรากฏขึ้นที่ข้อใดข้อหนึ่งบนข้อบนสุด 4 ข้อบนลำต้นที่มีใบคลี่กางเต็มที่
- R_5 ระยะเริ่มสร้างเมล็ด หรือฝักนํ้านม ระยะที่เมล็ดในฝักมีขนาด 0.3 เซนติเมตร
- R_6 ฝักซึ่งมีเมล็ดสีเขียวเจริญเติบโตจนเต็มช่องว่างของฝักปรากฏให้เห็น ในข้อใดข้อหนึ่งบนข้อบนสุด 4 ข้อ บนลำต้นที่มีใบคลี่กางเต็มที่
- R_7 ระยะฝักเริ่มแก่ ระยะที่ฝักใดฝักหนึ่งที่ข้อบนลำต้นมีสีน้ำตาล หรือขึ้นอยู่กับการสังเกตสีฝักแก่ของถั่วเหลืองแต่ละพันธุ์ เช่น สีน้ำตาลอ่อน น้ำตาลเข้ม ดำ หรือสีเทาดำ
- R_8 ร้อยละ 95 ของฝักที่เปลี่ยนเป็นสีน้ำตาล หรือสีน้ำตาลไหม้ เป็นระยะที่เก็บเกี่ยวผลผลิตแห้ง

ถั่วเหลืองฝักสด

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 ไม่มีรอยตำหนิใดๆ จากการเข้าทำลายของโรคและแมลง หรือการปฏิบัติการใดๆ

รสชาติ เมล็ดสดเมื่อสุกแล้วมีรสหวานเล็กน้อย อ่อนนุ่ม และปัจจุบันถ้ามีกลิ่นหอมจะเป็นตลาดใหม่ที่ได้ราคาดี

ความปลอดภัยทางด้านอาหาร ไม่มีสารพิษตกค้าง มีความปลอดภัยต่อผู้บริโภค ตามมาตรฐานที่ระบุโดยตลาดต่างประเทศ

วันออกดอก

วันออกดอกเป็นลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci, QTL) ที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่ (polygene) และสภาพแวดล้อมจะมีผลต่อการแสดงออกสูง ซึ่งถั่วเหลืองฝักสดแต่ละพันธุ์มีอายุการออกดอกที่ต่างกัน เช่น พันธุ์ AGS 292 มีอายุวันออกดอก 26- 30 วัน พันธุ์นัมเบอร์ 75 มีอายุการออกดอก 28-32 วัน และพันธุ์เขียวใหม่ 1 มีอายุการออกดอก 30-40 วัน (กรมวิชาการ เกษตร, 2545)

อัตราพันธุกรรม

Heritability หรืออัตราพันธุกรรม หมายถึงส่วนของความแปรปรวนอันเนื่องมาจากพันธุกรรม เทียบกับความแปรปรวนทั้งหมดที่เกิดขึ้น ดังนั้น อัตราพันธุกรรมจึงเป็นตัวกำหนดความสำเร็จในการปรับปรุงลักษณะนั้นว่า นักปรับปรุงพันธุ์มีโอกาสเพิ่มหรือลดลักษณะนั้นได้มากน้อยเพียงไร เนื่องจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมขึ้นอยู่กับความถี่และปฏิกิริยาของยีน อัตราพันธุกรรมจึงเป็นลักษณะเฉพาะตัวของประชากรที่กำลังปรับปรุงอยู่ (พีระศักดิ์ และประเสริฐ, 2548)

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

1. อัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad sense heritability) เป็นอัตราพันธุกรรมที่เกิดจากสัดส่วนของความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งหมด โดยไม่ได้แยกรายละเอียดว่าเป็นแบบบวกสะสมหรือเป็นแบบข่มต่อความแปรปรวนของลักษณะนั้นที่สังเกตได้ทั้งหมด หากเป็นการทดลองเปรียบเทียบลักษณะของรุ่นลูกในสภาพแวดล้อมเดียว ค่าอัตราพันธุกรรมก็จะคำนวณได้ดังนี้

$$h^2 = \sigma_g^2 / \sigma_p^2$$

$$= \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_p^2)$$

หากเป็นการทดลองเปรียบเทียบลักษณะของรุ่นลูกหลายสภาพแวดล้อมก็มีอิทธิพลของสภาพแวดล้อม และปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้องดังนี้

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

$$= (\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2) / (\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ge}^2)$$

2. อัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow sense heritability) เป็นอัตราพันธุกรรมที่เกิดจากสัดส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม ต่อความแปรปรวนของลักษณะนั้นที่สังเกตได้ทั้งหมด การทดลองเปรียบเทียบลักษณะของรุ่นลูกในสภาพแวดล้อมเดียวค่าอัตราพันธุกรรมก็จะคำนวณได้ดังนี้

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

$$= \sigma_A^2 / (\sigma_A^2 + \sigma_p^2)$$

ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบมีประโยชน์มากในการปรับปรุงพันธุ์ เพราะความแปรปรวนเนื่องมาจากปฏิกิริยาของยีนแบบบวกสะสม (σ_A^2) ควบคุมการถ่ายทอดลักษณะเชิงปริมาณไปสู่ลูกหลาน ซึ่งส่วนใหญ่เป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ ซึ่ง additive gene action เป็นคุณสมบัติที่ถ่ายทอดไปสู่ลูกหลาน หรือเรียกอีกอย่างหนึ่งว่า คุณค่าทางการผสมพันธุ์ (breeding value) ส่วน σ_D^2 และ σ_I^2 เป็นคุณสมบัติของจีโนไทป์ (genotype) เปลี่ยนแปลงได้เมื่อมีการแยกกามีท (gamete) ในการแบ่งเซลล์ และมีผลทำให้ σ_G^2 โดยรวมเปลี่ยน (ประวิตร, 2548)

Fehr (1987) รายงานถึงการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของประชากรสายพันธุ์แท้ (recombinant inbred line, RIL) ควรใช้อัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow sense heritability) เนื่องจากประชากรสายพันธุ์แท้มีลักษณะพันธุกรรมเข้าสู่ภาวะโฮโมไซโกซิตี (homozygosity) และมีความแปรปรวนเนื่องมาจากปฏิกิริยาของยีนแบบบวกสะสม (σ_A^2) ทั้งหมด ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมคำนวณได้ดังนี้

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

เมื่อ σ_g^2 และ σ_e^2 คือ องค์ประกอบของความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม ตามลำดับ r คือ จำนวนซ้ำ σ_{ge}^2 คือ อิทธิพลร่วมขององค์ประกอบความแปรปรวนของพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อม และ e คือ จำนวนของสภาพแวดล้อม

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะที่ปรากฏ

ลักษณะทางพันธุกรรมหลายลักษณะมีความสัมพันธ์กัน เช่น ความยาวฝักกับความสูงของข้าวโพดมีสหสัมพันธ์ทางบวก ในขณะที่การหักล้มมีสหสัมพันธ์ทางลบกับผลผลิต เป็นต้น ซึ่งการที่ 2 ลักษณะมีความสัมพันธ์กัน หรือการเปลี่ยนแปลงไปด้วยกันเมื่อถูกคัดเลือกนั้น มักเกิดจากสาเหตุ 2 ประการ คือ การที่ยีนกลุ่มเดียวสามารถควบคุมได้ทั้งสองลักษณะ (pleiotropy) และ ยีนที่ควบคุมลักษณะทั้งสองอยู่บนโครโมโซมเดียวกัน (linkage) ดังนั้น ถ้าสองลักษณะมีสหสัมพันธ์ทางบวกแสดงว่า การคัดเลือกเพื่อเพิ่มหนึ่งลักษณะ อีกลักษณะหนึ่งจะตามไปด้วย แต่ถ้าสหสัมพันธ์เป็นไปทางลบ การเพิ่มลักษณะหนึ่งจะปลดอีกลักษณะหนึ่ง (พีระศักดิ์ และประเสริฐ, 2548)

ลักษณะเชิงปริมาณ

ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci, QTL) เป็นลักษณะที่มีความแปรปรวนแบบต่อเนื่อง ฟีนไทป์ของสมาชิกไม่สามารถแยกกลุ่มได้ชัดเจน เป็นลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่ (polygene) ประชากรหนึ่งๆประกอบด้วยสมาชิกที่มียีนไทป์แตกต่างกันมากมาย และสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อการแสดงออกสูง (พีระศักดิ์ และประเสริฐ, 2548)

เครื่องหมายโมเลกุล

เครื่องหมาย คือสิ่งที่บอกความแตกต่างระหว่าง 2 สิ่ง ซึ่งสามารถนำมาใช้กับสิ่งมีชีวิต สำหรับเครื่องหมายโมเลกุลหรือเครื่องหมายดีเอ็นเอเป็นสิ่งที่บอกความแตกต่างในสิ่งมีชีวิตซึ่งสามารถถ่ายทอดทางพันธุกรรมได้ ความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) หรือความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genetic variation) เป็นที่มาของเครื่องหมายทางพันธุกรรม (genetic marker) ดังนั้น เครื่องหมายทางพันธุกรรม สามารถแบ่งออกได้ 3 ประเภท ดังนี้

1. เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยา (morphological marker) เป็นเครื่องหมายที่สามารถเห็นได้ทันที ซึ่งก็คือลักษณะภายนอกที่แตกต่างกันของสิ่งมีชีวิตหรือลักษณะทางสัณฐานวิทยา เช่น ลักษณะความสูงของต้นพืช ลักษณะความต้านทานโรคและแมลง ลักษณะของสีดอก เป็นต้น สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการคัดเลือกได้และข้อได้เปรียบของเครื่องหมายชนิดนี้คือไม่จำเป็นต้องใช้วิธีการใดมาตรวจสอบเพราะสามารถมองเห็นได้ด้วยตาอยู่แล้ว หากแต่เครื่องหมายชนิดนี้มีข้อจำกัดมากเช่นกันเนื่องจากมีอยู่จำนวนจำกัด และที่สำคัญคือการแสดงออกของลักษณะทางสัณฐานวิทยามักได้รับผลกระทบจากสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลง เช่น ความสูงต้น ผลผลิตหรือสีดอก ได้รับผลกระทบโดยตรงจากความอุดมสมบูรณ์ของดินหรือน้ำ รวมทั้งลักษณะบางลักษณะมีการแสดงออกที่บางระยะการเจริญเติบโตเท่านั้น เช่น ลักษณะสีดอก มีการแสดงออกที่ระยะต้นพืชมีดอกเท่านั้น

2. เครื่องหมายทางชีวเคมี (biochemical marker) เป็นเครื่องหมายที่สร้างขึ้นจากการศึกษาวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงทางชีวเคมีในสิ่งมีชีวิต ได้แก่ เอนไซม์ต่างๆ หรือโปรตีน แต่มีข้อจำกัดที่การแสดงออกของเอนไซม์ได้รับผลกระทบโดยตรงจากสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงและระยะการเจริญเติบโตของพืช

3. เครื่องหมายโมเลกุลหรือเครื่องหมายดีเอ็นเอ (molecular markers) เป็นเครื่องหมายที่สร้างมาจากชิ้นส่วนของดีเอ็นเอใช้ในการตรวจสอบถึงความแตกต่างในระดับยีนจึงถูกนำมาใช้ประโยชน์มากมายในการศึกษาจีโนมและในวงการเกษตร ได้แก่ การหาตำแหน่งยีนที่ต้องการบนโครโมโซมและการแยกสกัดยีนโดยอาศัยแผนที่ การใช้เครื่องหมายเพื่อช่วยคัดเลือกลักษณะที่สำคัญและคัดเลือกยาก (อรรค์, 2548)

เครื่องหมายโมเลกุล คือ ลำดับเบสช่วงหนึ่งบนโครโมโซมซึ่งสามารถบ่งบอกตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งบนโครโมโซมที่ตรวจสอบได้และมีการถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกได้ เทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลแบ่งออกได้ 2 ประเภท (อรรค์, 2548) คือ

1. เครื่องหมายโมเลกุลโดยวิธีไฮบริไดเซชัน (hybridization - based marker) เป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่อาศัยเทคนิคการเข้าคู่กันของดีเอ็นเอคู่สม ที่รู้จักคือ อาร์เอฟแอลพี (restriction fragment length polymorphism, RFLP)

วิธีการอาร์เอฟแอลพี (RFLP) เป็นวิธีที่ใช้ตัวตรวจสอบ (probe) ซึ่งเป็นชิ้นดีเอ็นเอสายเดี่ยวขนาดเล็กที่ทราบลำดับเบสและมีความสามารถเข้าคู่กับสายดีเอ็นเอที่มีลำดับเบสเป็นคู่สมกัน ร่วมกับดีเอ็นเอเป้าหมายที่ถูกตัดย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ (restriction enzyme) โดยอาศัยหลักการการเข้าคู่กันของดีเอ็นเอคู่สม (DNA hybridization) ความแตกต่างที่ตรวจพบแสดงถึงความหลากหลายของตำแหน่งจดจำ (recognition site) ของเอนไซม์ตัดจำเพาะบนจีโนมนั้นๆ

2. เครื่องหมายโมเลกุล โดยวิธีพีซีอาร์ (PCR- based marker)

เครื่องหมายโมเลกุลโดยวิธีพีซีอาร์ เป็นเทคนิคการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ในหลอดทดลองด้วยปฏิกิริยาพีซีอาร์ (polymerase chain reaction, PCR) ปฏิกิริยาพีซีอาร์ ใช้เอนไซม์ ดีเอ็นเอ โพลีเมอร์เรส (DNA polymerase) และ ดีเอ็นเอสังเคราะห์สั้นๆ (10-20 nucleotides) เรียกว่าไพรเมอร์ (primer) เพื่อทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในปริมาณที่ต้องการ จุดเด่นของเทคนิคพีซีอาร์ คือ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้อย่างเฉพาะเจาะจง โดยมีขั้นตอนการทำงานน้อยและใช้เวลาน้อย ปฏิกิริยา พีซีอาร์ ประกอบด้วย ดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA template) ที่ต้องการเพิ่มปริมาณ เอนไซม์ ดีเอ็นเอโพลีเมอร์เรส (DNA polymerase) คือออกซีไรโบนิวคลีโอไทด์ไตรฟอสเฟต (dNTPs) ทั้ง 4 ชนิดไพรเมอร์ (primer) และ แมกนีเซียมคลอไรด์ ($MgCl_2$) เพื่อช่วยการทำงานของเอนไซม์ ใช้ อุณหภูมิควบคุมปฏิกิริยาให้เป็นไปตามขั้นตอนต่างๆ ดังนี้

2.1 ระยะดีเนเจอร์ชัน (denaturation) อุณหภูมิ 90 – 95 องศาเซลเซียส ทำให้ดีเอ็นเอแยกสายเป็นสายเดี่ยวและแต่ละสายทำหน้าที่เป็นต้นแบบสำหรับเพิ่มปริมาณต่อไป

2.2 ระยะแอนเนลลิง (annealing) อุณหภูมิ 37 – 60 องศาเซลเซียส ทำให้ไพรเมอร์เข้าจับดีเอ็นเอต้นแบบ ณ ตำแหน่งที่มี complementary sequence

2.3 ระยะดีเอ็นเอเอกเทนชัน (DNA extention) ใช้อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส ทำให้เอนไซม์ดีเอ็นเอโพลีเมอร์เรสสังเคราะห์ดีเอ็นเอสายใหม่โดยใช้ dNTPs ในปฏิกิริยาเป็น substrate เมื่อปฏิกิริยาดำเนินไปครบทั้ง 3 ขั้นตอน ถือว่าเป็น 1 รอบ ดีเอ็นเอมีการเพิ่มปริมาณขึ้น 1 เท่า โดยทั่วไปปฏิกิริยาพีซีอาร์ดำเนินไปประมาณ 30 – 40 รอบ ซึ่งมีผลทำให้ดีเอ็นเอมีปริมาณเพิ่มขึ้น 2^{30-40} เท่า นับเป็นจำนวนมากมาขมหาศาลหลายล้านโมเลกุล

เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์

เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (simple sequence repeat) หรือ Microsatellite เป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่ตรวจสอบความแตกต่างของขนาดชิ้นดีเอ็นเอจำลองที่เกิดจากความแตกต่างของจำนวนชุดของลำดับเบสซ้ำ (simple sequence repeat) ซึ่งพบกระจายตัวอยู่ภายในสารพันธุกรรม ชนิดของเบสซ้ำได้แก่ ซ้ำสองเบส (di-nucleotide repeat) เช่น AT ซ้ำสามเบส (Tri- nucleotide repeat) เช่น AAC และซ้ำสี่เบส (tetra-nucleotide repeat) เช่น GTAC เป็นต้น (อรรค์, 2548)

การกำหนดตำแหน่งยีนโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล

การใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการทำ QTL tagging หรือ QTL mapping เป็นการศึกษาว่าเครื่องหมายโมเลกุลใดบ้างที่เชื่อมโยง หรือเกาะติดอยู่กับยีนควบคุมลักษณะเชิงปริมาณที่สนใจ ในการทำ mapping จะต้องมีประชากรที่นำมาศึกษา (mapping population) ซึ่งมีจำนวนประมาณ 100 - 500 ต้น/สายพันธุ์ การสร้าง mapping population แบบต่างๆ ทำได้ดังนี้ (พีระศักดิ์ และประเสริฐ, 2548)

1. ประชากรผสมกลับ (backcross) หรือประชากร F_2 นิยมใช้ศึกษาลักษณะที่ควบคุมยีนน้อยคู่ และสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลน้อย นิยมใช้ $F_{2,3}$ (อ่านว่า F_2 derived F_3) ซึ่งเป็นเมล็ด F_3 ที่เก็บจาก F_2 แยกต้นนั่นเอง การใช้ $F_{2,3}$ ช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์พืชมีปริมาณเมล็ดมากพอที่จะนำไปปลูกแบบมีซ้ำได้ การทดสอบลักษณะที่ปรากฏ (phenotype) จึงแม่นยำยิ่งขึ้น

2. ประชากรสายพันธุ์แท้ (recombinant inbred lines, RILs) เป็นการสร้างประชากรโดยเก็บเมล็ดแบบหนึ่งเมล็ดต่อต้น (single seed descent) โดยเริ่มจากลูกชั่วที่ 2 เป็นต้นไป จนได้ต้นที่มีสภาพทางพันธุกรรมเป็นโฮโมไซกัส (homozygous) ในยีนทุกตำแหน่ง (แต่ละต้นมีพันธุกรรมต่างกัน) ซึ่งปกติแล้วเป็นลูกชั่ว F_5 และชั่วต่อมา

3. ประชากรดับเบิลแฮพรอยด์ (double haploid, DH) ทำได้ในพืชบางชนิดที่สามารถนำ haploid cell มาเลี้ยง เช่น ไข่ของเรณู (anther) ของลูกชั่วที่ 1 มาเพาะเลี้ยง แล้วชักนำให้ pollen mother cell แต่ละเซลล์ดับเบิลจำนวนโครโมโซม เกิดเป็น Somatic cell ที่มีพันธุกรรมหลากหลาย สามารถชักนำให้กลายเป็นต้นพืชแต่ละต้นที่มีพันธุกรรมเป็น homozygous ในยีนทุกตำแหน่งได้ จึงถือได้ว่า DH เป็นประชากรที่ดีที่สุดในการทำเป็น mapping population

Mapping parent จะต้องมีความแตกต่างกันทั้งเครื่องหมายโมเลกุลและลักษณะเชิงปริมาณ เมื่อสร้าง mapping population ได้แล้วจะนำไปปลูกทดสอบในแปลงทดลอง เพื่อเก็บลักษณะที่ปรากฏที่สนใจ และเก็บตัวอย่างใบไปสกัดดีเอ็นเอ เพื่อหาเครื่องหมายโมเลกุล (genotype) ที่แตกต่างกันในระหว่างสายพันธุ์พ่อแม่ และกระจายอยู่ใน mapping population จากนั้นจึงหาความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะที่ปรากฏ ด้วยการคำนวณรีเกรสชันของลักษณะปรากฏ (ตัวแปรตาม) บน genotype (ตัวแปรอิสระ) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูปทางสถิติวิเคราะห์

บทที่ 3 วิธีการวิจัย

อุปกรณ์

ประชากรที่ใช้ทำแผนที่โครโมโซม

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

อุปกรณ์ในแปลงทดลอง

1. ปุ๋ยและสารเคมี ได้แก่ ปุ๋ยเคมีสูตร 46-0-0, 12-12-24 และ 15-15-15 สารเคมี ป้องกันกำจัดวัชพืช ได้แก่ อลาคลอร์ (alachlor) สารเคมีป้องกันกำจัดแมลง ได้แก่ อิมิดาคลอพริด (imidacloprid) โอมेतโธเอท (omethoate) เป็นต้น
2. ป้ายชื่อ
3. อุปกรณ์จับบันทึก เช่น ปากกา ดินสอ สมุดบันทึก ขางลบ
4. อุปกรณ์ประกอบการเก็บข้อมูล เช่น ไม้บรรทัด เชือก กล้องถ่ายรูป
5. หลักไม้

อุปกรณ์ในห้องตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ

1. เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม (PCR) ยี่ห้อ Esco
2. เครื่องอิเล็กโตรโฟรีซิสแนวนอน
3. เครื่องหมุนเหวี่ยง

3.1 centrifugen (d-7852 tuttlingen Type 2070)

3.2 Mini Centrifuge (C-1200) และ Minishaker (MS 1)

4. เครื่องส่องแถบดีเอ็นเอด้วยแสงอุลตราไวโอเลต Ultra-lum (EBW-20)
5. กล้องดิจิทัล
6. อุปกรณ์อื่น เช่น โกร่งบด กระบอกตวง บีกเกอร์ ไมโครปิเปต ทิป

สารเคมีที่ใช้วิเคราะห์ดีเอ็นเอ

1. สารเคมีในการสกัดดีเอ็นเอ ได้แก่ 2XCTAB chloroform-isoamyl alcohol, isopropanol, 75% ethanol with 10 mM ammonium acetate, 75% ethanol, TE buffer, 0.5 mM EDTA (pH 8.0)
2. สารเคมีในปฏิกิริยาพีซีอาร์ ได้แก่ น้ำกลั่นที่นิ่งมาเชื้อแล้ว ไพรเมอร์ *Taq* DNA polymerase dNTPs $MgCl_2$ และ PCR buffer
3. สารเคมีในการทำอิเล็กโตรโฟรีซิส ได้แก่ อะกาโรสเจล น้ำกลั่น สารละลาย TAE buffer, loading dye, ethidium bromide

วิธีการวิจัย

การศึกษายาสูบออกดอกและลักษณะทางการเกษตร

1. ปลุกทดสอบตัวเหลืองฝักสดพันธุ์พ่อแม่ พันธุ์ AGS 292 , K3 และประชากรสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์ ใน 2 ฤดู คือ ฤดูฝน ปี 2551 ระหว่างวันที่ 16 สิงหาคม พ.ศ. 2551 ถึง วันที่ 20 ธันวาคม พ.ศ. 2551 และ ฤดูแล้ง ปี 2552 ระหว่างวันที่ 19 มีนาคม พ.ศ. 2552 ถึง วันที่ 29 มิถุนายน พ.ศ. 2552

2. วางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ (randomized complete block design, RCBD) จำนวน 2 ซ้ำ ปลุก 2 ฤดู

3. ขั้นตอนการดำเนินงาน

3.1 การเตรียมดิน ไถดิน ดากดินทิ้งไว้ประมาณ 5 – 7 วัน ไถพรวนแล้วยกร่องแปลงปลุก ขนาดความกว้างของแปลง 1 เมตร ยาว 3 เมตร โดยมีระยะระหว่างแปลงหรือร่องน้ำ 50 เซนติเมตร

3.2 ปลุกตัวเหลืองฝักสดบนแปลงที่ยกร่องแปลงละ 2 แถว ใช้ระยะระหว่างแถว 50 เซนติเมตร ระยะระหว่างหลุม 20 เซนติเมตร หยอดเมล็ดหลุมละ 3 เมล็ด ลึกประมาณ 2 – 3 เซนติเมตร แล้วกลบบาง ๆ ถอนแยกให้เหลือต้นจำนวน 1 ต้นต่อหลุม เมื่อต้นกล้าอายุได้ประมาณ 2 สัปดาห์ หลังจากงอก

3.3 การให้น้ำ ให้น้ำหลังจากหยอดเมล็ดทันที โดยวิธีแบบตามร่อง เพื่อให้ความชุ่มชื้นเพียงพอต่อการงอกของเมล็ด ครั้งต่อ ๆ ไป จะให้น้ำโดยพิจารณาจากความชุ่มชื้นของดินในแปลงปลุกและให้น้ำหลังจากใส่ปุ๋ยเคมีทุกครั้ง โดยปกติจะให้น้ำ 1 – 2 ครั้งต่อสัปดาห์ จนกระทั่งฝักแต่งสมบูรณ์ดี โดยให้น้ำแบบตามร่อง การให้น้ำปล่อยตามร่องจะให้น้ำเพียง 3 ใน 4 ของความสูงของแปลงปลุก ขังไว้ประมาณครึ่งวัน แล้วระบายน้ำออก ความชื้นจะค่อย ๆ ซึมขึ้นไปถึงหลังแปลงปลุก ไม่ควรให้น้ำท่วมหลังแปลงเนื่องจากจะทำให้เนื้อดินอัดแน่น

3.4 การใส่ปุ๋ย ครั้งที่ 1 รองพื้น ด้วยปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 อัตราประมาณ 25 กิโลกรัมต่อไร่ ครั้งที่ 2 ใส่ปุ๋ยสูตร 46-0-0 ผสมกับปุ๋ยสูตร 15-15-15 ในอัตราส่วน 1:1 อัตรา 25 กิโลกรัมต่อไร่ หลังปลุก 14 วัน ครั้งที่ 3 ใส่ปุ๋ยสูตร 12-12-24 อัตรา 50 กิโลกรัมต่อไร่ หลังปลุก 28 วัน และครั้งที่ 4 ใส่ปุ๋ยสูตร 12-12-24 อัตรา 50 กิโลกรัมต่อไร่ หลังปลุก 45 วัน โรยข้างแถวแล้วพรวนดิน พูนโคนต้น

3.5 การกำจัดวัชพืช ฉีดพ่นด้วยสารป้องกันวัชพืชก่อนงอก และกำจัดด้วยมือ

3.6 ป้องกันและกำจัดแมลงเมื่อมีการระบาดของแมลงศัตรูพืช

การบันทึกข้อมูล

1. บันทึกข้อมูลโดยทั่วไปได้แก่ วันปลูก วันเก็บเกี่ยวผลผลิต วันที่ปฏิบัติดูแลรักษาทุกขั้นตอน วันให้น้ำปุ๋ยเคมี สารป้องกันโรคและแมลง
2. ข้อมูลด้านการเจริญเติบโต เก็บข้อมูลดังนี้
 - 2.1 อายุออกดอกแรก (R_1)
 - 2.2 อายุฝักยาวขนาด 0.5 เซนติเมตร (R_2)
 - 2.3 อายุฝักซึ่งมีเมล็ดสีเขียวเจริญเติบโตจนเต็มช่องว่างของฝักปรากฏให้เห็น (R_0)
 - 2.4 จำนวนข้อของต้นถั่วเหลืองฝักสักระยะเก็บเกี่ยว (R_8)
 - 2.5 น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด

การสกัดดีเอ็นเอตามวิธีประยุกต์ของ Doyle and Doyle

Doyle (1987) การสกัดดีเอ็นเอจากเก็บตัวอย่างใบอ่อนของพืชมาล้างด้วยน้ำกลั่นแล้วซับให้แห้ง นำใบอ่อนมาบดในโกรงโดยใช้ 2XCTAB ปริมาตร 2,000 ไมโครลิตร บดให้ละเอียด แล้วเทตัวอย่างที่บดลงในหลอดทดลองขนาด 1.5 มิลลิลิตร ประมาณ 2 ใน 3 ของหลอดทดลอง นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส นาน 30 นาที ทุกๆ 10 นาทีเขย่าหลอดเบาๆ จากนั้นเติม chloroform - isoamyl alcohol ให้เต็มหลอดทดลอง เขย่าเบาๆ ด้วยมือประมาณ 2 – 3 นาที แล้วนำไปหมุนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบสูงสุด 15,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 5 นาที คูณสารละลายที่ใส ส่วนบนของหลอดทดลองใส่หลอดทดลองขนาด 1.5 มิลลิลิตร ที่มี isopropanol ปริมาตร 600 ไมโครลิตร โดยใช้ micropipette (P-1000) แล้วเขย่าหลอดทดลอง โดยการคว่ำและหงายอย่างช้าๆ หลายครั้งจะเห็นดีเอ็นเอเป็นเส้นแขวนลอยอยู่ นำไปหมุนเหวี่ยงเพียงเล็กน้อยดีเอ็นเอก็จะตกตะกอนที่อุ้งก้นหลอดทดลอง แล้วเทสารละลายออก ผึ่งดีเอ็นเอให้แห้งโดยคว่ำหลอดทดลองไว้กับตะแกรง เมื่อดีเอ็นเอแห้งแล้วเติม 75 % ethanol + 10 mM ammonium acetate ปริมาตร 800 ไมโครลิตร เขย่าหลอดทดลองเบาๆ หลายๆ ครั้ง ใช้น้ำดีดหลอดเบาๆ เพื่อให้ดีเอ็นเอที่ตกตะกอน

เข้ากันได้ดีกับสารละลายตั้งทิ้งไว้ 30 นาที จากนั้นนำมาหมวนเหวี่ยงด้วยเครื่องหมวนเหวี่ยงเพียงเล็กน้อย เทสารละลายออกเหลือแต่ดีเอ็นเอ แล้วฝั่งดีเอ็นเอให้แห้งโดยคว่ำหลอดไว้กับตะแกรง เมื่อเทสารละลายออกหมดแล้วเติม 75 % ethanol ปริมาตร 800 ไมโครลิตร เขย่าหลายครั้ง ตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องอย่างน้อย 30 นาที นำไปหมวนเหวี่ยงที่ความเร็วรอบสูงสุด (15,000 รอบต่อนาที) เป็นเวลา 3 นาที เทสารละลายออก แล้วคว่ำหลอดทดลองไว้กับตะแกรงให้ดีเอ็นเอแห้ง โดยตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 3 ชั่วโมง หรือข้ามคืน เติม TE buffer ปริมาตร 100 ไมโครลิตร ตั้งทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องจนกว่าดีเอ็นเอจะละลายหมด เก็บรักษาดีเอ็นเอไว้ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

การวิเคราะห์ข้อมูล

1. การสืบค้นความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะที่สนใจ โดยใช้โปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติสำเร็จรูป วิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) วิเคราะห์ความสัมพันธ์ของลักษณะ (correlation) และความเชื่อมโยงระหว่างลักษณะกับเครื่องหมายโมเลกุลด้วยวิธี single factor analysis of variance (SF-ANOVA) และ multiple- locus regression analysis
2. ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow - sense heritability, h^2) จากสมการ $h^2 = \sigma_g^2 / [\sigma_g^2 + (\sigma_{ge}^2/e) + (\sigma_e^2/re)]$ (Fehr, 1987) เมื่อ σ_g^2 และ σ_e^2 คือ องค์ประกอบของความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม ตามลำดับ r คือ จำนวนซ้ำ σ_{ge}^2 คือ อิทธิพลร่วมขององค์ประกอบความแปรปรวนของพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อม และ e คือ จำนวนของสภาพแวดล้อม วิเคราะห์หาค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะ และการกระจายตัวของลักษณะในประชากรวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะที่ศึกษาของประชากร
3. วิเคราะห์ข้อมูลแผนที่โครโมโซมโดยใช้โปรแกรม GMENDEL (Martin, no date) และสร้างแผนที่โครโมโซมโดยใช้โปรแกรม Mapchart 2.1

บทที่ 4

ผลการทดลอง

การวิเคราะห์ลักษณะที่ปรากฏและอัตราพันธุกรรม

ลักษณะวันออกดอกแรก (R_1)

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรสายพันธุ์แท้ในลักษณะวันออกดอกแรก ในฤดูฝนปี 2551 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ไม่แตกต่างกันทางสถิติ พันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 1 และในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) พันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 2 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ พันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) เช่นเดียวกัน ดังแสดงในตาราง 3 โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อวันออกดอกแรก เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบไม่ปกติ ($P < 0.0001$) ดังแสดงในภาพ 1 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 30 ถึง 54 วัน ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุออกดอกแรก 37 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 28 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน ดังแสดงในตาราง 16 ในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบไม่ปกติ ($P < 0.0002$) เช่นเดียวกัน ดังแสดงในภาพ 2 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 26 ถึง 47 วัน ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุออกดอก 33 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 26 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน ดังแสดงในตาราง 16 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบไม่ปกติ ($P < 0.0003$) ดังแสดงในภาพ 3 การกระจายตัวแบ่ไปทางด้านขวาโดยมีความถี่ของสายพันธุ์แท้ที่มีอายุออกดอกแรก นานกว่าสายพันธุ์ K3 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 28 ถึง 50 วัน ประชากรมีค่าเฉลี่ย 35 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 27 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน ดังแสดงในตาราง 16

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของลักษณะวันออกดอกแรกในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 77.6 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 96.9

วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 75.1 ดังแสดงในตาราง 16 แสดงให้เห็นว่าลักษณะวันออกดอกแรกสามารถถ่ายทอดจากพ่อแม่สู่ลูกได้

ระยะเริ่มติดฝัก R_3

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรสายพันธุ์แท้ในระยะเริ่มติดฝัก ในฤดูฝนปี 2551 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ไม่แตกต่างกันทางสถิติ พันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ($P < 0.05$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 4 และในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ พันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 5 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.05$) ระหว่างพันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 6 โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อระยะเริ่มติดฝัก เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางขวา ($P < 0.0001$) ดังแสดงในภาพ 4 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 35 ถึง 59 วัน ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุระยะเริ่มติดฝัก (R_3) 41 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 35 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 51 วัน ดังแสดงในตาราง 17 ในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางขวา ($P < 0.0001$) ดังแสดงในภาพ 5 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 33 ถึง 63 วัน ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุระยะเริ่มติดฝัก (R_3) 42 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 31 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 63 วัน ดังแสดงในตาราง 17 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางขวา ($P < 0.0001$) ดังแสดงในภาพ 6 โดยมีความถี่ของสายพันธุ์แท้ที่มีระยะเริ่มติดฝักนานกว่าสายพันธุ์ K3 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 34 ถึง 61 วัน ประชากรมีค่าเฉลี่ย 41 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 33 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 57 วัน ดังแสดงในตาราง 17

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของระยะเริ่มติดฝักในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 78.6 และ ในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 94.5 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 71.9 ดังแสดงในตาราง 17

ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก R_0

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรสายพันธุ์แท้ในระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักในฤดูฝนปี 2551 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ พันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 7 และในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ พันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 8 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ พันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) และยังพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างอีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 9 โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายเบ้ไปทางขวา ($P = 0.0023$) ดังแสดงในภาพ 7 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 68 ถึง 81 วัน ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) 70 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 61 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 69 วัน ดังแสดงในตาราง 18 ในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางขวา ($P = 0.0097$) ดังแสดงในภาพ 8 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 55 ถึง 86 วัน ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุ 66 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 54 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 96 วัน ดังแสดงในตาราง 18 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวเบ้ไปทางขวา ($P < 0.0001$) ดังแสดงในภาพ 9 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 58 ถึง 95 วัน ประชากรมีค่าเฉลี่ย 68 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 58 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 95 วัน ดังแสดงในตาราง 18

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 66.8 และ ในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 90.4 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 68.1 ดังแสดงในตาราง 18

น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรสายพันธุ์แท้ น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2551 พบว่า พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ พันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 10 และในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า ภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมี

นัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ส่วนพันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ และพันธุ์พ่อแม่ไม่แตกต่างกันทางสถิติ ดังแสดงในตาราง 11 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่ และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ส่วนพันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ไม่แตกต่างกันทางสถิติ ดังแสดงในตาราง 12 โดยพบว่าสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P = 0.2348$) โดยมีความถี่ของสายพันธุ์แท้ที่มีน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ที่น้อยกว่าสายพันธุ์ K3 ดังแสดงในภาพ 10 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 7.8 ถึง 19.4 กรัม ค่าเฉลี่ยของประชากร 13.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 22.3 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.7 กรัม ดังแสดงในตาราง 19 ในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบไปทางซ้าย ($P = 0.0085$) ดังแสดงในภาพ 10 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 7.6 ถึง 19.6 กรัม ค่าเฉลี่ยของประชากร 12.7 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 21.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 6.4 กรัม ดังแสดงในตาราง 19 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P = 0.5096$) มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 7.8 ถึง 18.9 กรัม ค่าเฉลี่ยของประชากร 13.0 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 22.0 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 7.5 กรัม ดังแสดงในตาราง 18

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 81.8 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 88.1 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 69.9 ดังแสดงในตาราง 19

จำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้าน

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของประชากรสายพันธุ์แท้ในลักษณะจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้าน ในฤดูฝนปี 2551 พบว่า ภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ส่วนพันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ และพันธุ์พ่อแม่ไม่แตกต่างกันทางสถิติ ดังแสดงในตาราง 13 และในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า พันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ($P < 0.05$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) แต่พันธุ์พ่อแม่กับประชากรสายพันธุ์แท้ไม่แตกต่างกันทางสถิติ ดังแสดงในตาราง 14 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ($P < 0.05$) และภายในประชากรสายพันธุ์แท้มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ส่วนพันธุ์พ่อแม่และประชากรสายพันธุ์แท้ไม่แตกต่างกันทางสถิติ และยังพบว่า ปฏิสัมพันธ์ระหว่างอีโนไทป์และสภาพแวดล้อมมีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

ยิ่ง ($P < 0.01$) ดังแสดงในตาราง 15 เมื่อนำมาวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรในฤดูฝนปี 2551 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P = 0.1101$) ดังแสดงในภาพ 13 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 8 ถึง 16 ข้อ ค่าเฉลี่ยของประชากร 12 ข้อ พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 9 ข้อ และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 20 ข้อ ดังแสดงในตาราง 20 ในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P = 0.3645$) ดังแสดงในภาพ 14 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 9 ถึง 18 ข้อ ค่าเฉลี่ยของประชากร 13 ข้อ พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 9 ข้อ และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 19 ข้อ ดังแสดงในตาราง 20 และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ประชากรมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P = 0.3124$) มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 9 ถึง 16 ข้อ ค่าเฉลี่ยของประชากร 12 ข้อ พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 9 ข้อ และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 19 ข้อ ดังแสดงในตาราง 20

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้านในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 73.9 และ ในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 80.4 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 52.9 ดังแสดงในตาราง 20

ตาราง 1 การวิเคราะห์ความแปรปรวนวันออกดอกแรก (R_1) ในฤดูฝนปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	9.38
Genotype	93	34.17**
Parents vs RILs	1	1.08
Between Parents	1	342.25**
Between RILs	91	31.17**
Error	93	7.87
Variance components		$\sigma_g^2 = 13.61$ $\sigma_e^2 = 3.94$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

$$\begin{aligned}\sigma_g^2 &= (\text{EMS (ประชากรสายพันธุ์แท้)} - \sigma_e^2) / \text{ซ้ำ} & \sigma_e^2 &= \text{EMS} / \text{ซ้ำ} \\ &= (31.17 - 3.94) / 2 & &= 7.87 / 2 \\ &= 13.61 & &= 3.94\end{aligned}$$

ตาราง 2 การวิเคราะห์ความแปรปรวนวันออกดอกแรก (R_1) ในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Block	1	0
Genotype	93	41.81**
Parents vs RILs	1	55.85**
Between Parents	1	420.25**
Between RILs	91	41.81**
Error	93	1.30
Variance components		$\sigma_g^2 = 20.58$ $\sigma_e^2 = 0.65$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 3 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมวันออกดอกแรก (R_1) ในฤดูฝน ปี 2551 และใน ฤดูแล้ง ปี 2552

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	1348.25**
Block (Environment)	2	4.69
Genotype (G)	93	67.37**
Parents vs RILs	1	34.46**
Between Parents	1	760.50**
Between RILs	91	60.12**
Genotype x Environment	93	8.61
Pooled error	186	4.58
Variance components		$\sigma_g^2 = 14.74$
		$\sigma_{ge}^2 = 3.73$
		$\sigma_e^2 = 1.15$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

$$\begin{aligned}
 \sigma_g^2 &= (\text{EMS (ประชากรสายพันธุ์แท้)} - \sigma_e^2) / (\text{ซ้ำ} + \text{ฤดู}) & \sigma_e^2 &= \text{EMS} / (\text{ซ้ำ} + \text{ฤดู}) \\
 &= (60.12 - 1.15) / (2 + 2) & &= 4.58 / (2 + 2) \\
 &= 14.74 & &= 1.15 \\
 \sigma_{ge}^2 &= (\text{EMS}_{ge} - \sigma_e^2) / \text{ซ้ำ} \\
 &= (8.61 - 1.15) / 2 \\
 &= 3.73
 \end{aligned}$$

ตาราง 4 การวิเคราะห์ความแปรปรวนระยะเริ่มต้นฝัก (R_3) ในฤดูฝนปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	0.54
Genotype	93	31.02**
Parents vs RILs	1	2.92
Between Parents	1	256.00*
Between RILs	91	28.85**
Error	93	6.92
Variance components	$\sigma_g^2 = 12.69$ $\sigma_e^2 = 3.46$	
หมายเหตุ	* หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง	

ตาราง 5 การวิเคราะห์ความแปรปรวนระยะเริ่มต้นฝัก (R_3) ในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Block	1	1.96
Genotype	93	59.25**
Parents vs RILs	1	59.25**
Between Parents	1	992.25**
Between RILs	91	47.55**
Error	91	2.69
Variance components	$\sigma_g^2 = 23.16$ $\sigma_e^2 = 1.35$	
หมายเหตุ	** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง	

ตาราง 6 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมระยะเริ่มติดฝัก (R_2) ในฤดูฝน ปี 2551 และในฤดูแล้ง ปี 2552

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	456.21**
Block (Environment)	2	1.24
Genotype (G)	93	78.16**
Parents vs RILs	1	120.47*
Between Parents	1	1128.13**
Between RILs	91	66.15**
Genotype x Environment	93	11.50**
Pooled error	183	4.82
Variance components		$\sigma_g^2 = 16.24$
		$\sigma_{ge}^2 = 5.15$
		$\sigma_e^2 = 1.21$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 7 การวิเคราะห์ความแปรปรวนระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในฤดูฝนปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	0.98
Genotype	93	43.99**
Parents vs RILs	1	253.22**
Between Parents	1	1122.25**
Between RILs	91	29.84**
Error	85	11.89
Variance components	$\sigma_g^2 = 11.95$ $\sigma_e^2 = 5.95$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

ตาราง 8 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Block	1	41.14*
Genotype	93	87.77**
Parents vs RILs	1	296.38**
Between Parents	1	1722.25**
Between RILs	91	67.52**
Error	91	6.84**
Variance components	$\sigma_g^2 = 32.25$ $\sigma_e^2 = 3.42$	

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

ตาราง 9 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในฤดูฝน ปี 2551 และในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	1196.19**
Block (Environment)	2	21.06
Genotype (G)	93	108.19**
Parents vs RILs	1	548.74**
Between Parents	1	2812.50**
Between RILs	91	108.19**
Genotype x Environment	93	22.43**
Pooled error	176	9.28
Variance components		$\sigma_g^2 = 26.47$ $\sigma_{ge}^2 = 10.05$ $\sigma_e^2 = 2.32$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

ตาราง 10 การวิเคราะห์ความแปรปรวนน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	0.74
Genotype	93	11.49**
Parents vs RILs	1	18.07**
Between Parents	1	180.82**
Between RILs	91	9.51**
Error	93	1.90
Variance components	$\sigma_g^2 = 4.28$ $\sigma_e^2 = 0.95$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 11 การวิเคราะห์ความแปรปรวนน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Block	1	1.18
Genotype	93	13.53**
Parents vs RILs	1	6.88
Between Parents	1	231.80
Between RILs	91	11.20**
Error	93	1.42
Variance components	$\sigma_g^2 = 5.25$ $\sigma_e^2 = 0.71$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 12 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝน ปี 2551 และ
ในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	44.05**
Block (Environment)	2	0.96
Genotype (G)	93	21.77**
Parents vs RILs	1	23.62
Between Parents	1	415.29**
Between RILs	91	17.43**
Genotype x Environment	93	3.24**
Pooled error	186	1.66
Variance components		$\sigma_g^2 = 4.25$
		$\sigma_{ge}^2 = 1.41$
		$\sigma_e^2 = 0.42$

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 13 การวิเคราะห์ความแปรปรวนจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นในฤดูฝนปี 2551

Source	df	Mean square
Block	1	18.52**
Genotype	93	9.21**
Parents vs RILs	1	11.47
Between Parents	1	121.00
Between RILs	91	7.96**
Error	93	2.39
Variance components	$\sigma_g^2 = 3.38$ $\sigma_e^2 = 1.19$	

หมายเหตุ ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 14 การวิเคราะห์ความแปรปรวนจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Block	1	12.77**
Genotype	93	8.18**
Parents vs RILs	1	4.68
Between Parents	1	90.25*
Between RILs	91	7.32**
Error	93	1.59
Variance components	$\sigma_g^2 = 3.26$ $\sigma_e^2 = 0.79$	

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 15 การวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้านในฤดูฝนปี 2551และ ในฤดูแล้งปี 2552

Source	df	Mean square
Environment (E)	1	12.29*
Block (Environment)	2	15.64**
Genotype (G)	93	13.10**
Parents vs RILs	1	15.33
Between Parents	1	210.13*
Between RILs	91	10.91**
Genotype x Environment	93	4.29**
Pooled error	186	1.99
Variance components		$\sigma^2_r = 2.60$
		$\sigma^2_{ge} = 1.89$
		$\sigma^2_e = 0.49$

หมายเหตุ * หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ
 ** หมายความว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

ตาราง 16 ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบ ของอายุวันออกดอกแรก (R_1) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2551	30 – 54	37 $\pm$ 4	28	47	77.6
ฤดูแล้งปี 2552	26 – 47	33 $\pm$ 4	26	47	96.9
วิเคราะห์รวม	28 – 50	35 $\pm$ 4	27	47	75.1

หมายเหตุ

ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ h^2 (ฤดูฝนปี 2551)

$$\begin{aligned}\sigma_r^2 &= (\text{EMS (ประชากรสายพันธุ์แท้)} - \sigma_e^2) / \text{ซ้ำ} \\ &= (31.17 - 3.94) / 2 \\ &= 13.61\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\sigma_e^2 &= \text{EMS} / \text{ซ้ำ} \\ &= 7.87 / 2 \\ &= 3.94\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}h^2 &= \sigma_A^2 / \sigma_P^2 \\ &= \sigma_A^2 / (\sigma_r^2 + \sigma_e^2) \\ &= 13.61 / (13.61 + 3.94) \\ &= 0.7758 \\ &= 77.6 \%\end{aligned}$$

ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ h^2 (ฤดูเลี้ยงปี 2552)

$$\begin{aligned}\sigma_g^2 &= (\text{EMS (ประชากรสายพันธุ์แท้)} - \sigma_e^2) / \text{ซ้ำ} \\ &= (41.81 - 0.65) / 2 \\ &= 20.58\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\sigma_e^2 &= \text{EMS} / \text{ซ้ำ} \\ &= 1.30 / 2 \\ &= 0.65\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}h^2 &= \sigma_A^2 / \sigma_P^2 \\ &= \sigma_A^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_e^2) \\ &= 20.58 / (20.58 + 0.65) \\ &= 0.9693 \\ &= 96.9\%\end{aligned}$$

ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ h^2 (วิเคราะห์รวมสองฤดู)

$$\begin{aligned}\sigma_g^2 &= (\text{EMS (ประชากรสายพันธุ์แท้)} - \sigma_e^2) / (\text{ซ้ำ} + \text{ฤดู}) & \sigma_e^2 &= \text{EMS} / (\text{ซ้ำ} + \text{ฤดู}) \\ &= (60.12 - 1.15) / (2 + 2) & &= 4.58 / (2 + 2) \\ &= 14.74 & &= 1.15\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\sigma_{ge}^2 &= (\text{EMS}_{ge} - \sigma_e^2) / \text{ซ้ำ} \\ &= (8.61 - 1.15) / 2 \\ &= 3.73\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}h^2 &= \sigma_A^2 / \sigma_P^2 \\ &= \sigma_A^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2) \\ &= 14.74 / (14.74 + 3.73 + 1.15) \\ &= 0.7514 \\ &= 75.14\%\end{aligned}$$

ตาราง 17 ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบ ระยะเริ่มต้นฝัก (R_0) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2551	35 – 59	41 $\pm$ 4	35	51	78.6
ฤดูแล้งปี 2552	33 – 63	42 $\pm$ 4	31	63	94.5
วิเคราะห์รวม	34 – 61	41 $\pm$ 4	33	57	71.9

ตาราง 18 ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบ ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู

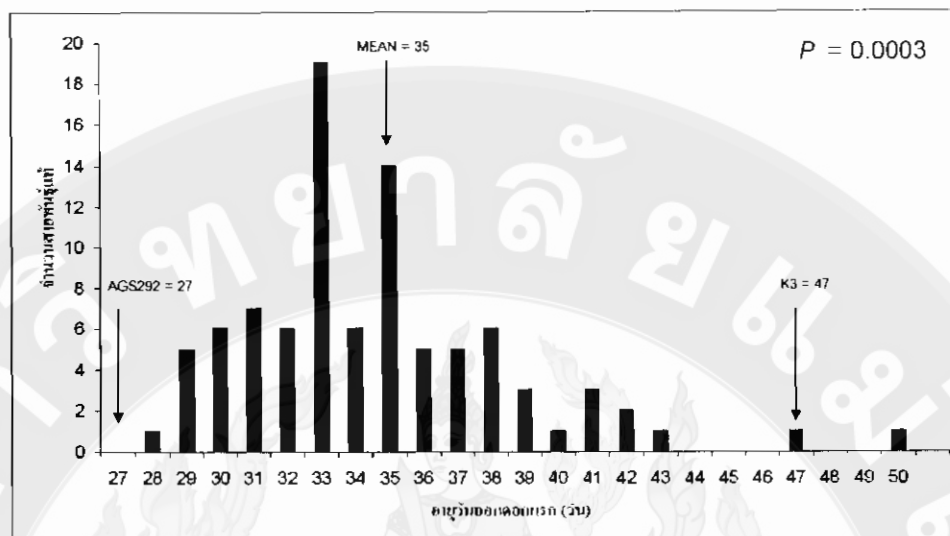
ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2551	68 – 81	70 $\pm$ 4	61	95	66.8
ฤดูแล้งปี 2552	55 – 86	66 $\pm$ 6	54	96	90.4
วิเคราะห์รวม	58 – 95	68 $\pm$ 5	58	95	68.1

ตาราง 19 ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบ น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู

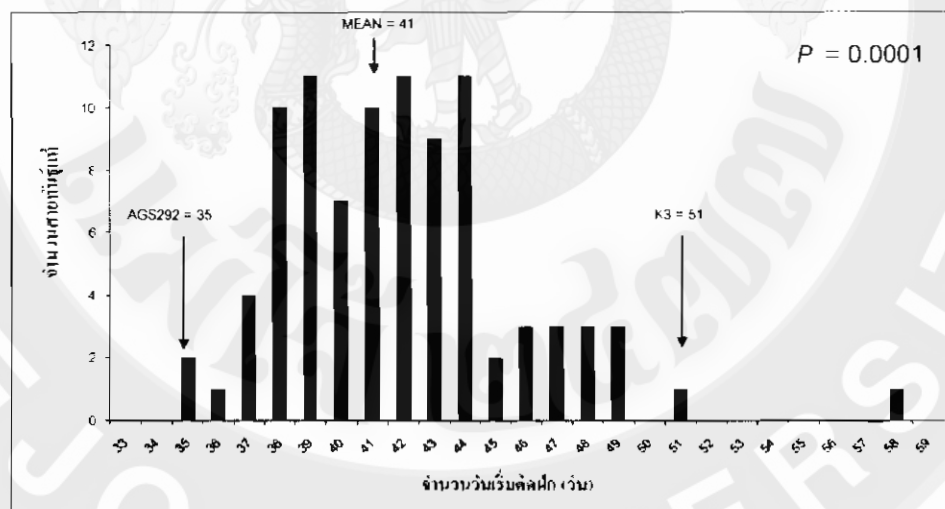
ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตรา พันธุกรรม แบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบน มาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2551	7.75 – 19.36	13.35 $\pm$ 2.91	22.30	8.71	81.8
ฤดูแล้งปี 2552	7.58 – 19.56	12.69 $\pm$ 2.37	21.63	6.40	88.1
วิเคราะห์รวม	7.81 – 18.92	13.02 $\pm$ 2.09	21.96	7.55	69.9

ตาราง 20 ค่าพิสัย ค่าเฉลี่ยประชากรสายพันธุ์แท้ ค่าเฉลี่ยพันธุ์พ่อแม่ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบ จำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นของประชากรถั่วเหลืองฝักสดในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้ง ปี 2552 และวิเคราะห์รวมสองฤดู

ฤดูปลูก	ประชากรสายพันธุ์แท้		พันธุ์พ่อแม่		ค่าอัตรา พันธุกรรม แบบแคบ (%)
	ค่าพิสัย	ค่าเฉลี่ย $\pm$ ค่าเบี่ยงเบน มาตรฐาน	'AGS 292'	'K3'	
ฤดูฝนปี 2551	8 – 16	12 $\pm$ 2	9	20	73.9
ฤดูแล้งปี 2552	9 – 18	13 $\pm$ 2	9	19	80.4
วิเคราะห์รวม	9 – 16	12 $\pm$ 2	9	19	52.9

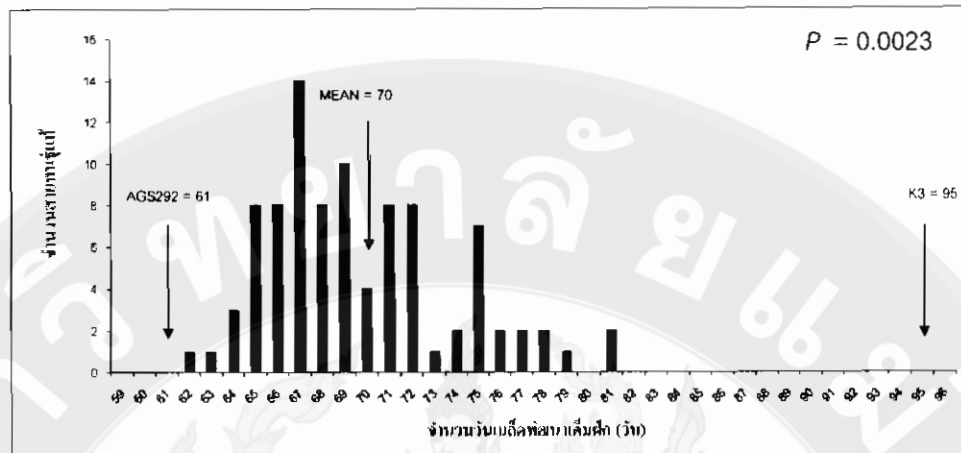


ภาพ 3 การกระจายตัวของวันออกดอกแรก (R_1) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 กลุ่ม
หมายเหตุ ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



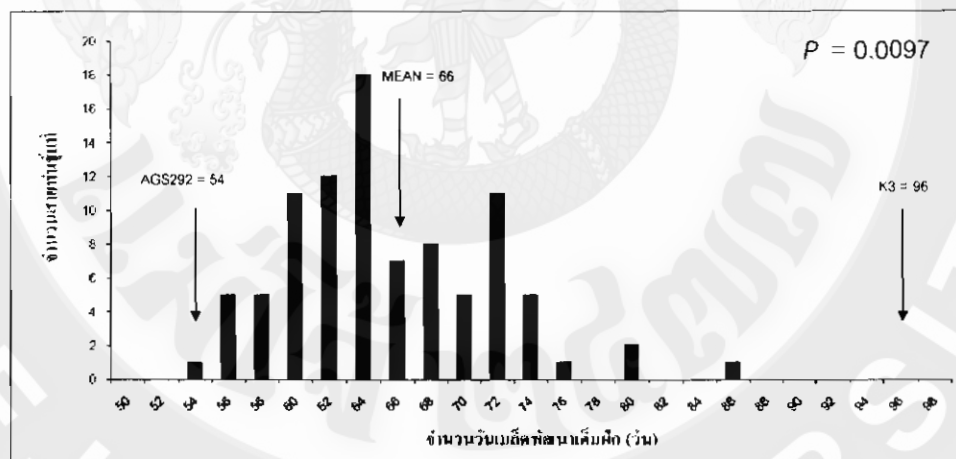
ภาพ 4 การกระจายตัวของระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝน
ปี 2551

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



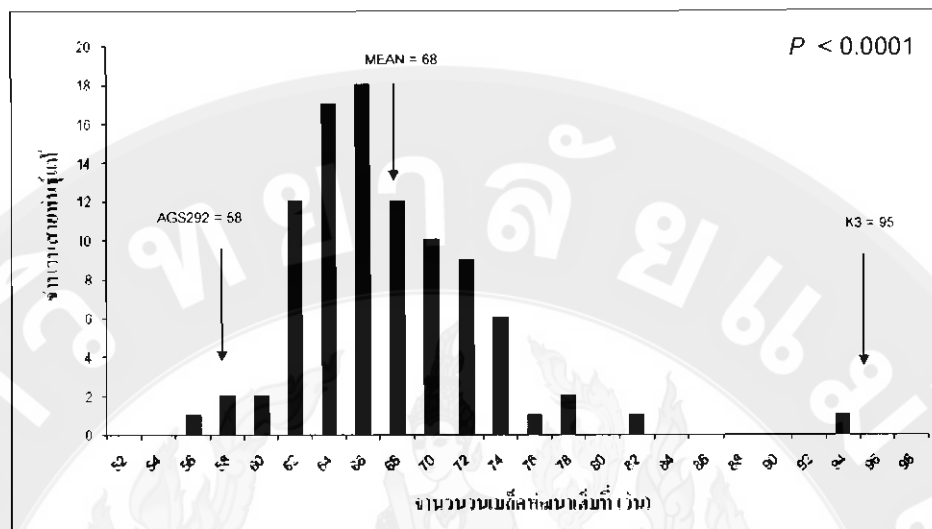
ภาพ 7 การกระจายตัวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝน ปี 2551

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



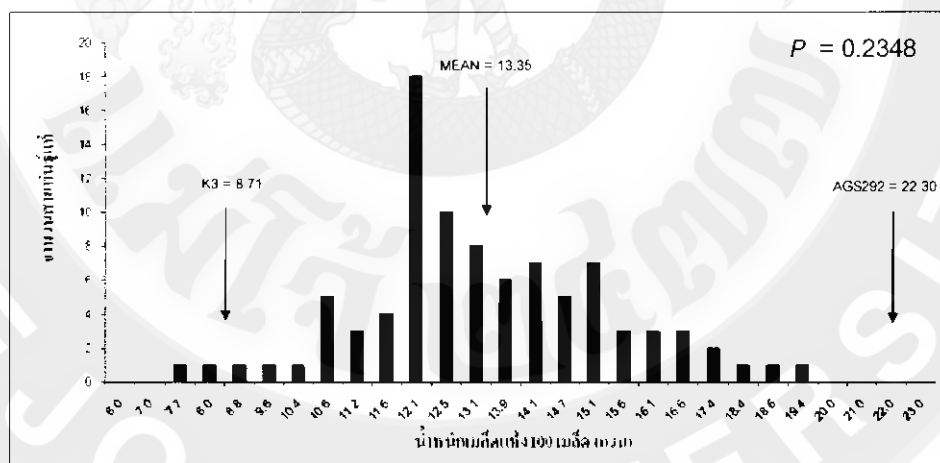
ภาพ 8 การกระจายตัวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูแล้ง ปี 2552

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



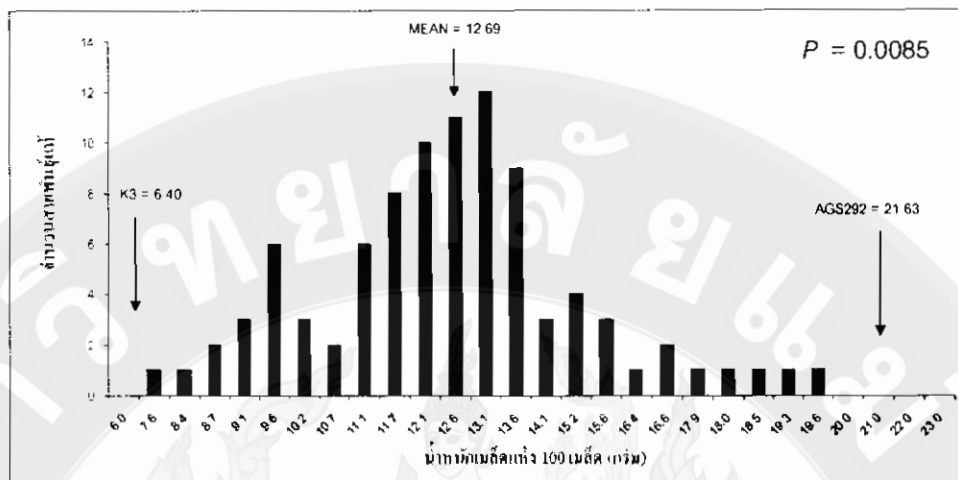
ภาพ 9 การกระจายตัวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในประชากรตัวหนอนฝักสดสายพันธุ์แท้
ใน 2 กลุ่ม

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



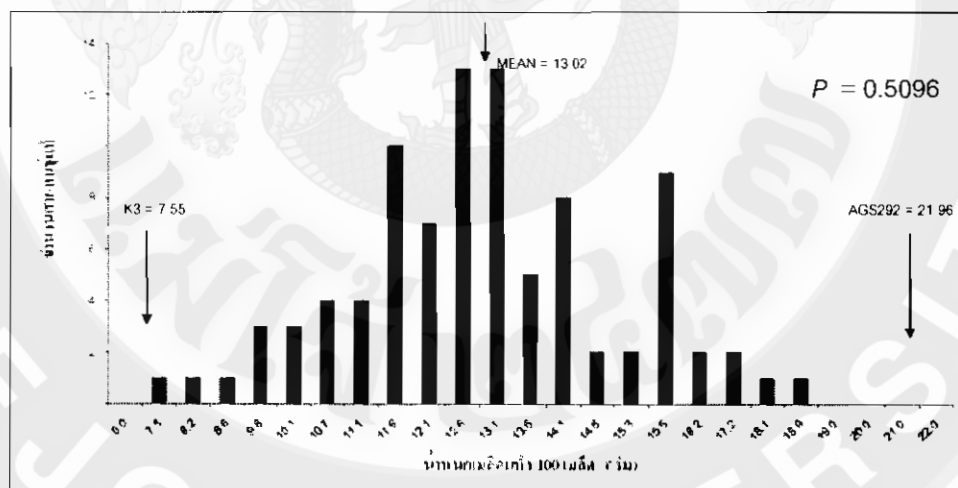
ภาพ 10 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรตัวหนอนฝักสดสาย
พันธุ์แท้ในฤดูฝน ปี 2551

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



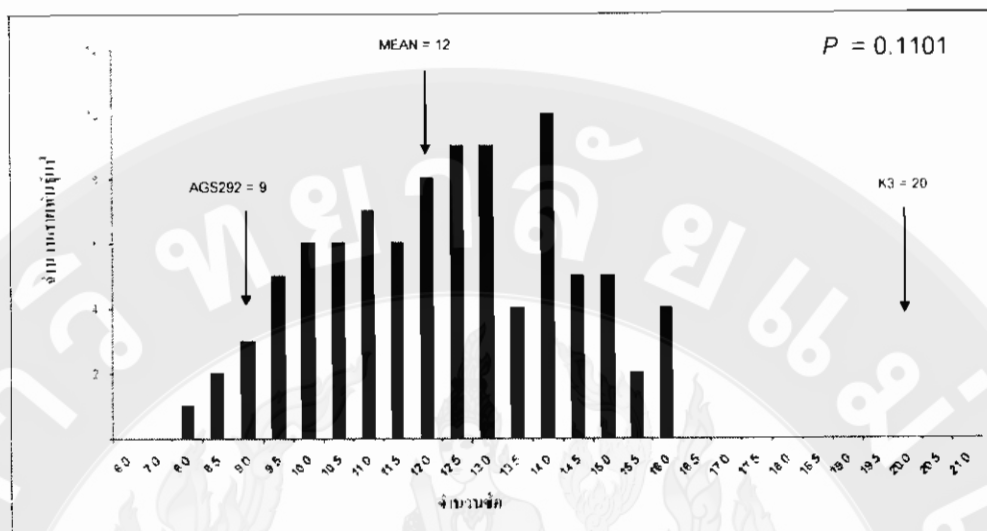
ภาพ 11 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้ง ปี 2552

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



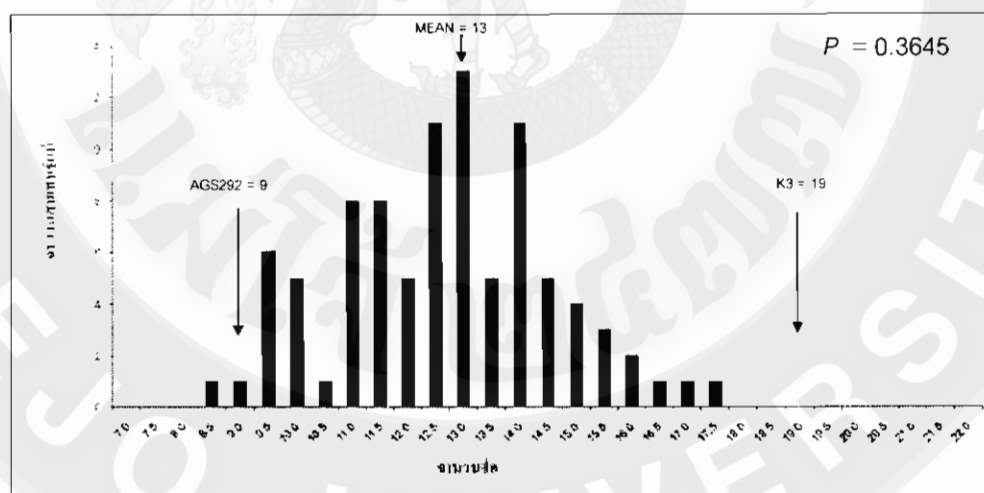
ภาพ 12 การกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ถูกครีชีแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



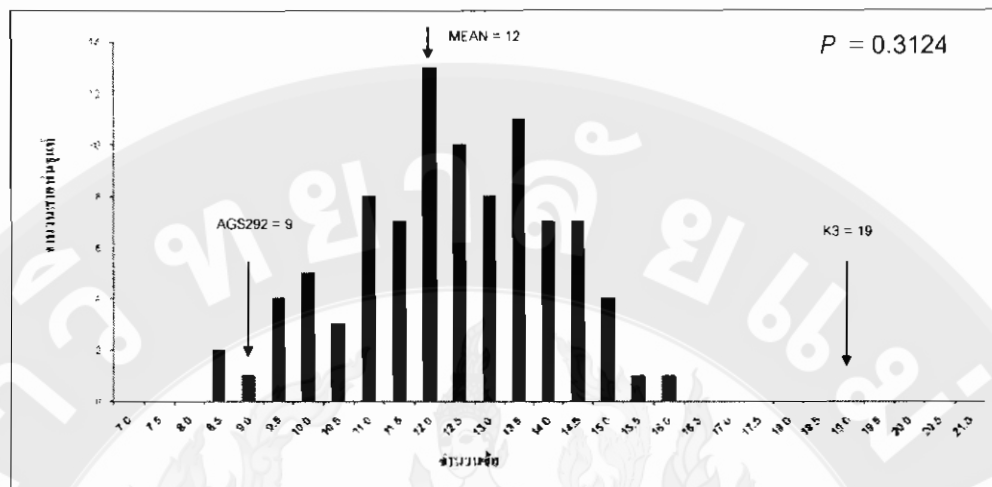
ภาพ 13 การกระจายตัวของจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝน ปี 2551

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



ภาพ 14 การกระจายตัวของจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูแล้งปี 2552

หมายเหตุ ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่



ภาพ 15 การกระจายตัวของจำนวนไข่ต่อตัวในประชากรตัวเมียที่เลี้ยงฝักสดสายพันธุ์แท้ใน 2 ฤดู
หมายเหตุ ตำแหน่งที่ลูกศรชี้แสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสายพันธุ์แท้และพันธุ์พ่อแม่

สหสัมพันธ์ระหว่างวันออกดอกแรกและลักษณะทางการเกษตร

ค่าสหสัมพันธ์ในประชากรสายพันธุ์นี้ระหว่างวันออกดอกแรกและลักษณะทางการเกษตร ดังนี้ วันออกดอกแรกมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับระยะเริ่มติดฝัก ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก และจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ระยะเริ่มติดฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักและจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด และน้ำหนักแห้ง 100 เมล็ดมีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น ดังแสดงในตาราง 21

ตาราง 21 ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะอายุวันออกดอกแรก (R_1) ระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด และจำนวนข้อเฉลี่ยต่อดันในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ที่ปลูกทดสอบในสองฤดู

ลักษณะ	อายุวันออก ดอกแรก (R_1)	ระยะเริ่ม ติดฝัก (R_3)	ระยะเมล็ดพัฒนา เต็มฝัก (R_6)	น้ำหนักเมล็ด แห้ง 100 เมล็ด	จำนวนข้อ เฉลี่ยต่อดัน
อายุวันออก ดอกแรก (R_1)		0.86**	0.82**	-0.44**	0.58**
ระยะเริ่ม ติดฝัก (R_3)			0.82**	-0.52**	0.64**
ระยะเมล็ด พัฒนาเต็ม ฝัก (R_6)				-0.54**	0.67**
น้ำหนักเมล็ด แห้ง 100 เมล็ด					-0.39**

หมายเหตุ * หมายความว่า มีสหสัมพันธ์ที่ระดับความเป็นไปได้ 0.05

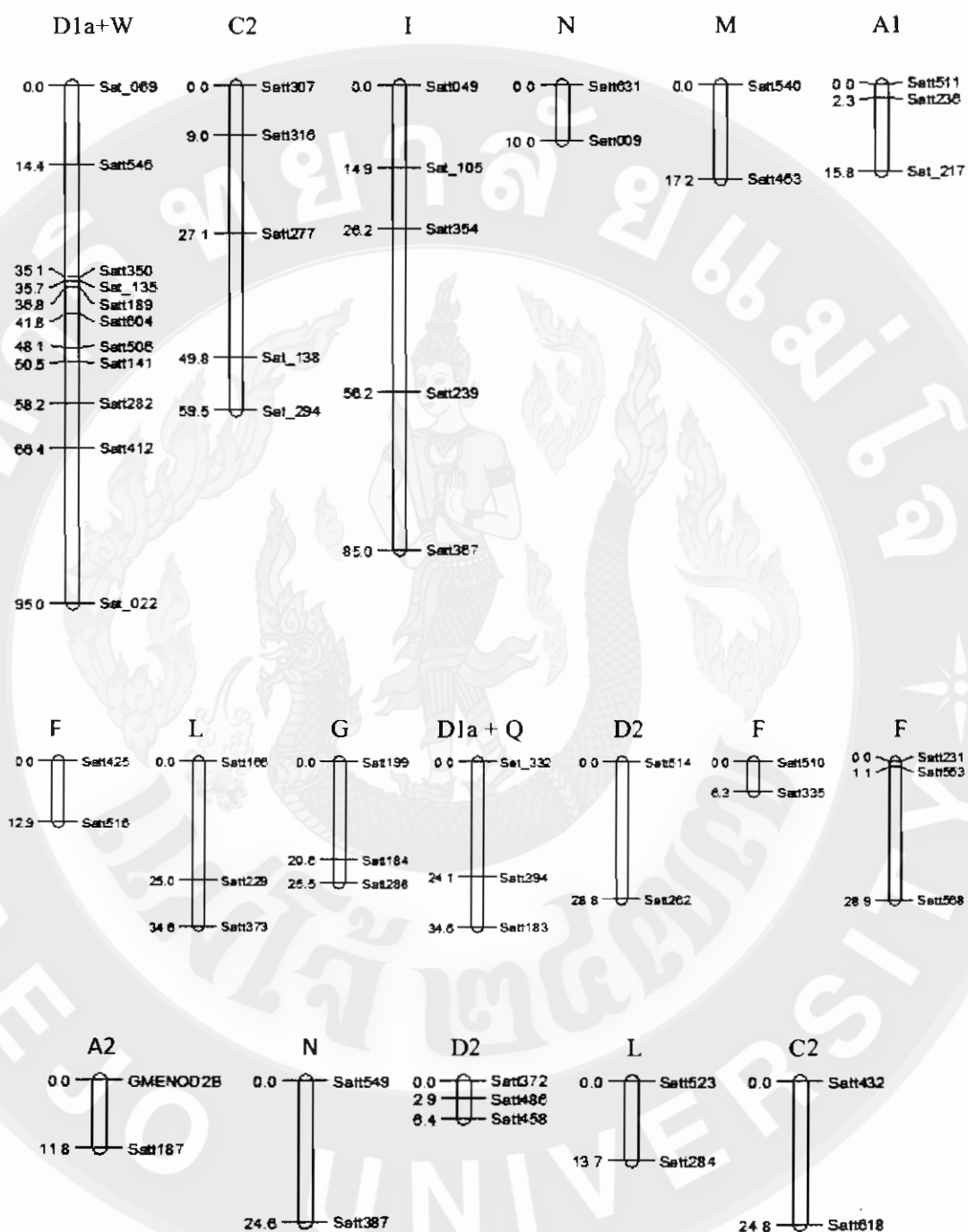
** หมายความว่า มีสหสัมพันธ์ที่ระดับความเป็นไปได้ 0.01

การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพ่อแม่และการสร้างกลุ่มลิงเกจ

สำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมของถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์แม่ AGS 292 และสายพันธุ์พ่อ K3 เพื่อหาความแตกต่างทางพันธุกรรม (polymorphisms) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (SSR) ที่เลือกให้กระจายทั่วจีโนมทั้งหมด 333 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ (molecular linkage group, MLG) พบว่า มี 101 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อแม่อย่างชัดเจน จากนั้นนำเครื่องหมายโมเลกุลเหล่านี้ มาวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอกับประชากรสายพันธุ์แท้ จำนวน 92 สายพันธุ์ โดยบันทึกผลให้สายพันธุ์แท้ที่มีอัลลีลเหมือนพันธุ์แม่ AGS 292 แทนอัลลีลด้วย A และสายพันธุ์แท้ที่มีอัลลีลเหมือนสายพันธุ์พ่อ K3 แทนอัลลีลด้วย B และนำเครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 101 เครื่องหมาย มาสร้างแผนที่โครโมโซม โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป GMendel จัดกลุ่มเรียงลำดับและคำนวณระยะทางระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลต่างๆ พบว่า สามารถสร้างกลุ่ม ลิงเกจได้ 12 กลุ่ม จำนวน 47 เครื่องหมาย และไม่สามารถจัดกลุ่มได้ (unlinked) จำนวน 54 เครื่องหมาย ดังแสดงในภาพ 16 และตาราง 22 และ พบว่า มีเครื่องหมายโมเลกุลบางเครื่องหมายที่ไม่สามารถจัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ Shoemaker and Specht (1995) ดังกล่าว ได้แก่ กลุ่มลิงเกจ D1a+W เครื่องหมายโมเลกุล Sat_022 จัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ D2 กลุ่มลิงเกจ C2 เครื่องหมายโมเลกุล Sat_138 และ Sat_294 จัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ A2 กลุ่มลิงเกจ G เครื่องหมายโมเลกุล Satt184 จัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ D1a+Q กลุ่มลิงเกจ D1a+Q เครื่องหมายโมเลกุล Satt394 และ Satt183 จัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ G และ J ตามลำดับ กลุ่มลิงเกจ D2 เครื่องหมายโมเลกุล Satt262 จัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ O กลุ่มลิงเกจ F เครื่องหมายโมเลกุล Satt553 และ Satt568 จัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ E และ H ตามลำดับ และ กลุ่มลิงเกจ C2 ที่เครื่องหมายโมเลกุล Satt618 จัดอยู่ในกลุ่มลิงเกจ M เนื่องจากเครื่องหมายโมเลกุลทั้งหมดที่ใช้ยังไม่กระจายทั่วทั้งจีโนม ดังนั้นจึงทำให้เกิดการจัดกลุ่มไม่เป็นไปตามแผนที่โครโมโซม Shoemaker and Specht (1995) ที่จัดทำไว้แล้ว และ ยังพบว่า มีกลุ่มลิงเกจ F จำนวน 3 ชุด กลุ่มลิงเกจ L จำนวน 2 ชุด และกลุ่มลิงเกจ D2 จำนวน 2 ชุด เนื่องจากเครื่องหมายโมเลกุลที่อยู่ใกล้กัน (linkage) จะจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน ส่วนเครื่องหมายโมเลกุลที่อยู่ห่างกันคนละกลุ่มจะถูกจัดลำดับ (order) ให้มีระยะทาง (distance) ที่ห่างกัน ทำให้เกิดการจัดเรียงลำดับของเครื่องหมายโมเลกุลในแต่ละโครโมโซมเป็นไปตามผลของความแตกต่างของเปอร์เซ็นต์การเกิดการจัดเรียงตัวใหม่ (recombination) ของตำแหน่ง (locus) ต่างๆบนโครโมโซม

การทดสอบค่าไคสแควร์ในประชากรสายพันธุ์แท้ที่มีการกระจายตัวของอัลลีลในแต่ละตำแหน่งจำนวน 101 เครื่องหมาย โดยมีอัตราส่วนตามทฤษฎี คือ 1:1 ซึ่งจากค่าสังเกตเมื่อวิเคราะห์แล้ว พบว่า เครื่องหมายโมเลกุลส่วนใหญ่มีการกระจายตัวเป็นไปตามอัตราส่วน 1:1 และมี

เครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 17 เครื่องหมายที่ไม่เป็นไปตามอัตราส่วน 1:1 ได้แก่ เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Sat_347 Satt341 และ Satt589 บนกลุ่มลิงเกจ A2 เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt277 Satt307 และ Satt316 บนกลุ่มลิงเกจ C2 เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Sat_069 บนกลุ่มลิงเกจ D1b+W เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt514 บนกลุ่มลิงเกจ D2 เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt720 บนกลุ่มลิงเกจ E เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt425 บนกลุ่มลิงเกจ F เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt394 บนกลุ่มลิงเกจ G เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt571 บนกลุ่มลิงเกจ I เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt242 บนกลุ่มลิงเกจ K เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L เครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt549 บนกลุ่มลิงเกจ N และเครื่องหมายโมเลกุลในตำแหน่ง Satt132 และ Satt477 บนกลุ่มลิงเกจ O ดังแสดงในตาราง 23



ภาพ 16 กลุ่มลึงเกของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์
 แท้จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ AGS 292 และสายพันธุ์ K3

ตาราง 22 การจัดกลุ่มลิงเกจของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ในประชากรถั่วเหลืองฝักสด
สายพันธุ์แท้จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ AGS 292 และสายพันธุ์ K3

Group	Consensus linkage group	SSR markers
1	D1a + W	Sat_069, Satt546, Satt350, Sat_135, Satt189, Satt604, Satt506, Satt141, Satt282, Satt412
2	C2	Satt307, Satt316, Satt277, Satt432
3	I	Satt049, Sat_105, Satt354, Satt239, Satt367
4	N	Satt631, Satt009, Satt549, Satt387
5	M	Satt540, Satt463
6	A1	Satt511, Satt236, Sat_217
7	F	Satt425, Satt516, Satt510, Satt335, Satt231
8	L	Satt166, Satt229, Satt373, Satt523, Satt284
9	G	Satt199, Satt288
10	D1a + Q	Sat_332
11	D2	Satt514, Satt372, Satt486, Satt458
12	A2	GMENOD2B, Satt187
Unlinked		Sat_022, Sat_038, Sat_039, Sat_064, Sat_093, Sat_112, Sat_138, Sat_160, Sat_218, Sat_267, Sat_294, Sat_315, Sat_330, Sat_347, Sat_415, Satt045, Satt055, Satt063, Satt132, Satt147, Satt157, Satt179, Satt183, Satt184, Satt197, Satt212, Satt230, Satt242, Satt253, Satt262, Satt326, Satt341, Satt357, Satt394, Satt403, Satt431, Satt442, Satt443, Satt459, Satt477, Satt553, Satt561, Satt565, Satt567, Satt568, Satt569, Satt571, Satt585, Satt589, Satt595, Satt618, Satt656, Satt693, Satt720

ตาราง 23 การกระจายตัวของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ 101 เครื่องหมาย ในประชากร
ถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในการทดสอบแบบโคสแควร์

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่า สังเกต			ค่า(χ^2) 1A : 1B	P-value
		AGS 292 (A)	K3 (B)	อัลลีลรวม		
Sat_217	A1	42	45	87 ^{1/}	0.1034	0.7422
Sat_267	A1	37	50	87 ^{1/}	1.9425	0.1634
Satt236	A1	45	43	88 ^{1/}	0.0455	0.8312
Satt511	A1	42	49	91 ^{1/}	0.5385	0.4631
GMENOD2B	A2	44	46	90 ^{1/}	0.0444	0.8330
Sat_138	A2	42	42	84 ^{1/}	0.0000	1.0000
Sat_294	A2	51	38	89 ^{1/}	1.8989	0.1682
Sat_347	A2	56	33	89 ^{1/}	5.9438	0.0148
Satt187	A2	37	52	89 ^{1/}	2.5281	0.1118
Satt341	A2	36	55	91 ^{1/}	3.9670	0.0464
Satt589	A2	35	56	91 ^{1/}	4.8462	0.0277
Satt197	B1	48	42	90 ^{1/}	0.4000	0.5271
Sat_064	B1	42	50	92	0.6957	0.0442
Satt063	B1	42	47	89 ^{1/}	0.2809	0.5961
Satt565	C1	41	47	88 ^{1/}	0.0491	0.5224
Satt277	C2	34	55	89 ^{1/}	4.9551	0.0260
Satt307	C2	29	53	82 ^{1/}	7.0244	0.0080
Satt316	C2	32	51	83 ^{1/}	4.3494	0.0370
Satt357	C2	44	44	88 ^{1/}	0.0000	1.0000
Satt432	C2	36	50	86 ^{1/}	2.2791	0.1311
Sat_160	D1a+Q	39	40	79 ^{1/}	0.0120	0.9104
Sat_332	D1a+Q	47	45	92	0.0435	0.8348
Satt147	D1a+Q	42	49	91 ^{1/}	0.5385	0.4631

หมายเหตุ ^{1/} หมายถึงว่ามีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 23 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่า สังเกต			ค่า (χ^2) 1A : 1B	P-value
		AGS 292 (A)	K3 (B)	อัลลีลรวม		
Satt179	D1a+Q	43	37	80 ^{1/}	0.4500	0.5023
Satt184	D1a+Q	50	40	90 ^{1/}	1.1111	0.2918
Sat_069	D1a+W	57	34	91 ^{1/}	5.8132	0.0159
Sat_135	D1a+W	46	44	90 ^{1/}	0.0444	0.8330
Sat_415	D1a+W	40	52	92	1.5652	0.2109
Satt141	D1a+W	41	44	85 ^{1/}	0.1059	0.7449
Satt157	D1a+W	45	44	89 ^{1/}	0.0112	0.9156
Satt189	D1a+W	41	46	87 ^{1/}	0.2874	0.5919
Satt282	D1a+W	44	45	89 ^{1/}	0.0112	0.9156
Satt350	D1a+W	42	41	83 ^{1/}	0.0120	0.9126
Satt412	D1a+W	43	44	87 ^{1/}	0.0115	0.9146
Satt459	D1a+W	49	43	92	0.3913	0.5316
Satt506	D1a+W	39	50	89 ^{1/}	1.3596	0.2436
Satt546	D1a+W	52	38	90 ^{1/}	2.1778	0.1400
Satt604	D1a+W	46	45	91 ^{1/}	0.0110	0.1165
Sat_022	D2	48	40	88 ^{1/}	0.7273	0.3938
Satt372	D2	50	41	91 ^{1/}	0.8901	0.3454
Satt443	D2	46	39	85 ^{1/}	0.5765	0.4477
Satt458	D2	52	37	89 ^{1/}	2.5281	0.1118
Satt486	D2	49	41	90 ^{1/}	0.7111	0.3991
Satt514	D2	57	35	92	5.2609	0.0218
Sat_112	E	45	43	88 ^{1/}	0.0455	0.8312
Satt045	E	42	43	85 ^{1/}	0.0118	0.9136
Satt212	E	43	46	89 ^{1/}	0.1011	0.7505

หมายเหตุ ^{1/} หมายถึงว่ามีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 23 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่า สังเกต			ค่า(χ^2) 1A : 1B	P-value
		AGS 292 (A)	K3 (B)	อัลลีลรวม		
Satt230	E	43	47	90 ^{1/2}	0.1778	0.6733
Satt403	E	44	45	89 ^{1/2}	0.0112	0.9156
Satt553	E	47	44	91 ^{1/2}	0.0989	0.7532
Satt561	E	47	44	91 ^{1/2}	0.0989	0.7532
Satt720	E	57	33	90 ^{1/2}	0.4000	0.0114
Sat_039	F	44	41	85 ^{1/2}	0.1059	0.7449
Satt231	F	43	43	86 ^{1/2}	0.0000	1.0000
Satt335	F	46	44	90 ^{1/2}	0.0444	0.8330
Satt425	F	55	36	91 ^{1/2}	3.9670	0.0464
Satt510	F	49	42	91 ^{1/2}	0.5385	0.4631
Satt516	F	48	39	87 ^{1/2}	0.9310	0.3346
Satt569	F	48	43	91 ^{1/2}	0.2747	0.6002
Satt595	F	48	41	89 ^{1/2}	0.5506	0.4581
Satt656	F	49	41	90 ^{1/2}	0.7111	0.3991
Sat_315	G	38	49	87 ^{1/2}	1.3908	0.2383
Satt199	G	47	41	88 ^{1/2}	0.4091	0.5224
Satt288	G	37	43	80 ^{1/2}	0.4500	0.5023
Satt394	G	55	34	89 ^{1/2}	4.9551	0.0260
Sat_218	H	50	33	83 ^{1/2}	3.4819	0.0620
Satt253	H	44	47	91 ^{1/2}	0.0989	0.7532
Satt442	H	49	42	91 ^{1/2}	0.5385	0.4631
Satt568	H	42	48	90 ^{1/2}	0.4000	0.5271
Sat_105	I	48	39	87 ^{1/2}	0.9310	0.3346
Satt049	I	47	39	86 ^{1/2}	0.7442	0.3883

หมายเหตุ ¹ หมายถึงความถี่ของข้อมูลสูญหาย

ตาราง 23 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่า สังเกต			ค่า(χ^2) 1A : 1B	P-value
		AGS 292 (A)	K3 (B)	อัลลีลรวม		
Satt239	I	50	41	91 ^{1'}	0.8901	0.3454
Satt354	I	44	41	85 ^{1'}	0.1059	0.7449
Satt367	I	43	44	87 ^{1'}	0.0115	0.9146
Satt571	I	45	25	70 ^{1'}	5.7143	0.0168
Sat_093	J	41	48	89 ^{1'}	0.5506	0.4581
Satt183	J	50	41	91 ^{1'}	0.8901	0.3454
Satt431	J	44	46	90 ^{1'}	0.0444	0.8330
Satt693	J	42	41	83 ^{1'}	0.0120	0.9126
Satt055	K	47	42	89 ^{1'}	0.2809	0.5961
Satt242	K	48	22	70 ^{1'}	9.6571	0.0019
Satt326	K	44	45	89 ^{1'}	0.0112	0.9156
Satt166	L	31	52	83 ^{1'}	5.3133	0.0212
Satt229	L	40	48	88 ^{1'}	0.7273	0.3938
Satt284	L	50	41	91 ^{1'}	0.8901	0.3454
Satt373	L	40	50	90 ^{1'}	1.1111	0.2918
Satt523	L	50	38	88 ^{1'}	1.6364	0.2008
Sat_330	M	43	49	92	0.3913	0.5316
Satt463	M	42	46	88 ^{1'}	0.1818	0.6698
Satt540	M	41	51	92	1.0870	0.2971
Satt567	M	50	41	91 ^{1'}	0.8901	0.3454
Satt618	M	41	50	91 ^{1'}	0.8901	0.3454
Satt009	N	45	42	87 ^{1'}	0.1034	0.7477
Satt387	N	47	43	90 ^{1'}	0.1778	0.6733
Satt549	N	21	49	70 ^{1'}	11.2000	0.0008

หมายเหตุ ^{1'} หมายถึงว่ามีข้อมูลสูญหาย

ตาราง 23 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	ความถี่อัลลีลของค่า สังเกต			ค่า (χ^2) 1A : 1B	P-value
		AGS 292 (A)	K3 (B)	อัลลีลรวม		
Satt631	N	48	43	91 ^{1/2}	0.2747	0.6002
Sat_038	O	46	41	87 ^{1/2}	0.2874	0.5919
Satt132	O	36	55	91 ^{1/2}	3.9670	0.0464
Satt262	O	45	42	87 ^{1/2}	0.1034	0.7477
Satt477	O	57	26	83 ¹	1.5783	0.0007
Satt585	O	46	42	88 ¹	0.1818	0.6698

หมายเหตุ ^{1/} หมายความว่า มีข้อมูลสูญหาย

การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ

อายุวันออกดอกแรก

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของลักษณะอายุวันออกดอกแรก (R_1) ในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 10 กลุ่ม ได้แก่ A2 D1a+Q D1a+W D2 E H I J L และ O ซึ่งในฤดูฝนปี 2551 มี 8 เครื่องหมายที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Satt187 Sat_332 Sat_415 Satt403 Satt568 Satt049 Satt431 และ Satt166 ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 12 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt187 Sat_160 Sat_332 Sat_415 Satt514 Satt553 Satt442 Satt568 Sat_105 Satt132 Satt431 และ Satt166 และเมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า มี 12 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt187 Sat_332 Sat_415 Satt553 Satt442 Satt568 Sat_105 Satt049 Satt132 Satt431 Satt166 และ Satt262 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 4.4 ถึง 23.2 ค่าเฉลี่ยอัลลีลของสายพันธุ์ K3 มีอายุวันออกดอกที่ยาวนานกว่าพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 24

การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งในฤดูฝนปี 2551 พบว่า มี 7 ตำแหน่งที่แสดงความแตกต่างกันทางสถิติเชื่อมโยงกับลักษณะ ได้แก่ Satt187 Sat_415 Satt403 Satt568 Satt049 Satt431 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1b+W E H I J และ L ตามลำดับ ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt187 Satt568 Sat_105 Satt431 และ Satt477 บนกลุ่มลิงเกจ A2 H I J และ O ตามลำดับ และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt187 Sat_415 Satt568 Sat_105 Satt431 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1b+W H I J และ L ตามลำดับ ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 3 ถึง 20.8 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 52.1 ดังแสดงในตาราง 29

ระยะเริ่มติดฝัก (R_2)

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของระยะเริ่มติดฝัก (R_2) ในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 14 กลุ่ม ได้แก่ A2 C1 D1a+Q D1a+W D2 E F G H I J L O และ M ซึ่งในฤดูฝนปี 2551 มี 24 เครื่องหมายที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับ

ลักษณะ ได้แก่ GMENOD2B Sat_347 Satt187 Satt565 Sat_332 Sat_069 Sat_415 Satt282 Satt412 Satt546 Satt458 Satt486 Satt045 Satt403 Satt553 Sat_267 Satt656 Satt049 Satt239 Satt354 Satt367 Satt431 Satt166 และ Satt568 ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 25 เครื่องหมาย ได้แก่ Sat_347 Satt187 Satt565 Sat_160 Sat_332 Sat_069 Sat_415 Satt546 Satt458 Satt486 Satt514 Satt045 Satt403 Satt425 Satt199 Satt442 Sat_105 Satt049 Satt132 Satt431 Satt166 Satt284 Satt262 Satt477 และ Satt568 และเมื่อวิเคราะห์สองฤดู พบว่า มี 23 เครื่องหมาย ได้แก่ GMENOD2B Satt187 Sat_160 Sat_332 Sat_069 Sat_415 Satt282 Satt412 Satt546 Satt486 Satt045 Satt403 Satt425 Satt199 Satt049 Satt239 Satt367 Satt132 Satt431 Satt166 Satt284 Satt262 และ Satt568 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 4.1 ถึง 17.7 ค่าเฉลี่ยอัลลีลของสายพันธุ์ K3 มีอายุในระยะเริ่มติดฝักที่มากกว่าพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 25

การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งในฤดูฝนปี 2551 พบว่า มี 8 ตำแหน่งที่แสดงความแตกต่างกันทางสถิติเชื่อมโยงกับลักษณะ ได้แก่ GMENOD2B Satt282 Sat_415 Satt403 Satt656 Satt049 Satt431 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+W E F I J และ L ตามลำดับ ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 7 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt187 Sat_160 Sat_415 Satt486 Satt425 Satt049 และ Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W E F I และ J ตามลำดับ และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบ 8 ตำแหน่ง ได้แก่ GMENOD2B Sat_347 Sat_160 Sat_069 Sat_415 Satt049 Satt431 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W I J และ L ตามลำดับ ซึ่งลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 3.2 ถึง 18.4 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 73.1 ดังแสดงในตาราง 30

ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0)

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 13 กลุ่ม ได้แก่ A1 A2 D1a+Q D1a+W D2 E F H I J L N และ O ซึ่งในฤดูฝนปี 2551 มี 26 เครื่องหมายที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Sat_267 Sat_294 Sat_069 Sat_415 Satt141 Satt189 Satt282 Satt412 Satt506 Satt604 Satt458 Satt045 Satt230 Satt403 Satt425 Satt516 Satt442 Satt568 Sat_105 Satt049 Satt354 Satt132 Satt431 Satt166 Satt009 และ Satt477 ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 23

เครื่องหมาย ได้แก่ Satt187 Satt589 Sat_069 Sat_315 Satt141 Satt189 Satt282 Satt350 Satt412 Satt506 Satt546 Satt486 Satt230 Satt425 Satt516 Satt568 Satt132 Satt431 Satt166 Satt284 Satt373 Satt262 และ Satt477 เมื่อวิเคราะห์สองฤดู พบว่ามี 30 เครื่องหมาย ได้แก่ Sat_267 Sat_347 Satt187 Sat_160 Sat_332 Sat_069 Sat_415 Satt141 Satt189 Satt282 Satt350 Satt412 Satt506 Satt546 Satt604 Satt458 Satt045 Satt230 Satt403 Satt425 Satt516 Satt442 Satt568 Satt049 Satt132 Satt431 Satt166 Satt009 Satt262 และ Satt477 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 4.2 ถึง 18.0 ค่าเฉลี่ยอัลลีลของสายพันธุ์ K3 มีอายุระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักยาวนานกว่าพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 26

การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งในฤดูฝนปี 2551 พบว่ามี 5 ตำแหน่งที่แสดงความแตกต่างกันทางสถิติเชื่อมโยงกับลักษณะ ได้แก่ Sat_415 Satt157 Satt403 Satt049 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ D1a+W E I และ L ตามลำดับ ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 7 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt187 Sat_160 Sat_069 Satt282 Satt425 Satt166 และ Satt373 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W F L และ L ตามลำดับ และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบ 8 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_160 Sat_415 Satt282 Satt425 Satt049 Satt166 Satt009 และ Satt262 บนกลุ่มลิงเกจ D1a+Q D1a+W F I L N และ O ตามลำดับ ซึ่งลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 2.9 ถึง 17.6 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 76.4 ดังแสดงในตาราง 31

น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 16 กลุ่ม ได้แก่ A2 C1 C2 D1a+Q D1a+W D2 E F H I J K L M N และ O ซึ่งในฤดูฝนปี 2551 มี 32 เครื่องหมายที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Satt565 Satt432 Sat_332 Sat_069 Satt412 Satt459 Satt506 Satt458 Satt486 Satt372 Satt045 Satt230 Satt231 Satt403 Satt425 Satt510 Satt656 Satt568 Sat_105 Satt049 Satt239 Satt354 Satt367 Satt431 Satt242 Satt166 Satt373 Satt523 Satt561 Sat_330 Satt009 และ Satt631 ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 23 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt197 Satt565 Sat316 Satt189 Satt412 Satt506 Satt458 Satt586 Satt372 Satt045 Satt230 Satt231 Satt553 Satt425 Satt510 Satt656 Satt132 Satt431 Satt166 Satt373 Satt009 Satt387 และ Satt262 เมื่อวิเคราะห์

สองฤดู พบว่า มี 34 เครื่องหมาย ได้แก่ Satt197 Satt565 Satt432 Sat_332 Sat_069 Sat_415 Satt412 Satt459 Satt506 Satt458 Satt486 Satt372 Satt045 Satt230 Satt231 Satt553 Satt425 Satt510 Satt656 Satt568 Satt239 Satt354 Satt367 Satt132 Satt431 Satt166 Satt373 Satt561 Sat_330 Satt009 Satt387 Satt549 Satt631 และ Satt262 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 4.3 ถึง 28.6 ค่าเฉลี่ยอัลลีลของสายพันธุ์ K3 มีน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดที่น้อยกว่าพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 27

การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งในฤดูฝนปี 2551 พบว่า มี 7 ตำแหน่งที่แสดงความแตกต่างกันทางสถิติเชื่อมโยงกับลักษณะ ได้แก่ Satt432 Satt506 Satt486 Satt510 Satt431 Satt242 และ Satt561 บนกลุ่มลิงเกจ C2 D1a+W D2 F J K และ L ตามลำดับ ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 7 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt565 Satt432 Satt372 Sat_112 Satt045 Satt656 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ C1 C2 D2 E F และ L ตามลำดับ และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt432 Sat_415 Satt506 Satt372 Satt458 Satt568 Satt239 Satt431 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ B1 C2 D1a+W D2 H I J L และ L ตามลำดับ ซึ่งลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 2.3 ถึง 20.3 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 75.9 ดังแสดงในตาราง 32

จำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้าน

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้านในถั่วเหลือง ผักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 13 กลุ่ม ได้แก่ A2 C2 D1a+Q D1a+W D2 E F G H I J K และ L ซึ่งในฤดูฝนปี 2551 มี 23 เครื่องหมายที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($P < 0.05$) แสดงความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะ ได้แก่ Sat_347 Satt187 Satt586 Satt277 Satt432 Sat_160 Sat_332 Sat_069 Satt412 Satt459 Satt546 Satt282 Satt720 Satt595 Satt199 Satt049 Satt132 Satt055 Satt326 Satt166 Satt284 Satt373 และ Satt561 ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 12 เครื่องหมาย ได้แก่ Sat_267 Satt589 Sat_069 Sat_415 Satt514 Satt403 Satt253 Satt442 Satt568 Satt132 Satt431 และ Satt166 และเมื่อวิเคราะห์สองฤดู พบว่า มี 19 เครื่องหมาย ได้แก่ Sat_267 Satt187 Satt589 Satt277 Sat_160 Sat_332 Sat_069 Satt459 Satt546 Satt045 Satt199 Satt253 Satt442 Satt132 Satt431 Satt326 Satt166 Satt284 และ Satt561 ลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ

4.2 ถึง 29.3 ค่าเฉลี่ยอัลลิลของสายพันธุ์ K3 มีจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้านที่มากกว่าพันธุ์ AGS 292 ดังแสดงในตาราง 28

การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งในฤดูฝนปี 2551 พบว่า มี 5 ตำแหน่งที่แสดงความแตกต่างกันทางสถิติเชื่อมโยงกับลักษณะ ได้แก่ Satt187 Sat_160 Sat_069 Satt326 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W K และ L ตามลำดับ ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มี 4 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt589 Sat_069 Satt326 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+W J และ L ตามลำดับ และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt589 Sat_160 Sat_069 Satt431 Satt326 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W J K และ L ตามลำดับ ซึ่งลักษณะที่แสดงออกในแต่ละตำแหน่งมีค่าความแปรปรวนอยู่ระหว่างร้อยละ 4.6 ถึง 27.7 ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 66.0 ดังแสดงในตาราง 33

ตาราง 24 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับอายุวัน
ออกดอกแรก (R_1) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี
2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		ค่าเฉลี่ยของ				ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
		อัลลีล(วัน)				ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)
Satt187	A2	0.0270	5.3	34	36	0.0333	4.9	0.0413	4.5
Sat_160	D1a+Q	NS				NS		0.0282	5.9
Sat_332	D1a+Q	0.0080	7.4	34	36	0.0150	6.3	0.0107	6.9
Sat_415	D1a+W	0.0168	6.1	34	36	0.0161	6.1	0.0349	4.7
Satt514	D2	NS				NS		0.0337	4.8
Satt403	E	0.0229	5.7	34	36	0.0170	7.1	NS	
Satt553	E	NS				NS		0.0384	4.6
Satt442	H	0.0446	4.4	34	36	NS		0.0268	5.3
Satt568	H	0.0112	6.8	34	36	0.0140	6.5	0.0201	5.8
Sat_105	I	0.0228	7.9	34	36	NS		0.0186	8.4
Satt049	I	0.0301	7.6	34	36	0.0274	7.8	NS	
Satt132	J	0.0235	5.5	34	36	NS		0.0097	7.1
Satt431	J	<.0001	23.2	33	37	<.0001	16.7	<.0001	24.7
Satt166	L	0.0211	6.2	34	36	0.0171	6.6	NS	
Satt262	O	0.0261	5.5	34	36	NS		0.0097	7.4

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 25 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับระยะเริ่มต้นฝึก (R₃) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้ง ปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงเกษ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
				ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
				อัลลีล(วัน)		ปี 2551		ปี 2552	
		P	R ² (%)	'AGS 292'	'K3'	P	R ² (%)	P	R ² (%)
GMENOD2B	A2	0.0431	4.4	40	42	0.0464	4.2	NS	
Sat_347	A2	NS				0.0462	4.3	0.0100	7.1
Satt187	A2	0.0015	10.5	39	43	0.0123	6.6	0.0035	8.9
Satt565	C1	NS				0.0359	4.7	0.0379	6.5
Sat_160	D1a+Q	0.0071	8.6	40	43	NS		0.0120	7.5
Sat_332	D1a+Q	0.0014	10.4	40	43	0.0059	7.9	0.0046	8.2
Sat_069	D1a+W	0.0014	10.3	40	43	0.0054	7.9	0.0070	7.5
Sat_415	D1a+W	0.0102	6.8	40	42	0.0079	7.5	0.0086	7.1
Satt282	D1a+W	0.0450	4.3	40	42	0.0228	5.5	NS	
Satt412	D1a+W	0.0343	4.9	40	42	0.0164	6.2	NS	
Satt546	D1a+W	0.0085	7.2	40	43	0.0391	4.5	0.0215	5.6
Satt458	D2	NS				0.0324	7.1	0.0325	6.9
Satt486	D2	0.0333	4.8	40	42	0.0215	5.6	0.0191	5.8
Satt514	D2	NS				NS		0.0321	4.8
Satt045	E	0.0106	7.2	40	42	0.0139	6.7	0.0410	4.7
Satt403	E	0.0197	5.8	40	42	0.0071	7.7	0.0250	5.4
Satt553	E	NS				0.0186	5.6	NS	
Sat_267	F	NS				0.0128	6.8	NS	

ตาราง 25 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		ค่าเฉลี่ยของ				ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
		อัลลีล(วัน)				ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)
Satt425	F	0.0492	4.1	40	42	NS		0.0464	4.2
Satt656	F	NS				0.0393	4.5	NS	
Satt199	G	0.0234	5.6	40	42	NS		0.0374	4.7
Satt442	H	NS				NS		0.0092	7.1
Sat_105	I	NS				NS		0.0388	6.8
Satt049	I	0.0385	6.9	40	42	0.0103	9.6	0.0329	7.2
Satt239	I	0.0120	6.5	40	43	0.0128	6.4	NS	
Satt354	I	NS				0.0134	9.0	NS	
Satt367	I	0.0160	6.3			0.0318	5.0	NS	
Satt132	J	0.0380	4.5	40	42	NS		0.0222	5.4
Satt431	J	<.0001	17.7	39	43	0.0001	15.1	<.0001	19.2
Satt166	L	0.0016	10.9	39	43	0.0015	11.2	0.0058	8.5
Satt284	L	0.0346	4.7	40	42	NS		0.0442	4.2
Satt262	O	0.0414	4.5	40	42	NS		0.0091	7.3
Satt477	O	NS				NS		0.0135	6.8
Satt568	M	0.0051	8.1	40	42	0.0035	8.8	0.0068	7.6

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 26 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับระยะ
เมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551
ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
				ค่าเฉลี่ยของ		ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
				อัลลีล(วัน)		ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	R^2 (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	R^2 (%)	<i>P</i>	R^2 (%)
Sat_267	A1	0.0066	8.0	67	67	0.0343	4.9	NS	
Sat_294	A2	NS				0.0308	7.3	NS	
Sat_347	A2	0.0327	4.9	68	68	NS		NS	
Satt187	A2	0.0143	6.3	67	70	NS		0.0052	8.2
Satt589	A2	NS				NS		0.0259	5.2
Sat_160	D1a+Q	0.0188	6.6	67	70	NS		NS	
Sat_332	D1a+Q	0.0058	7.8	67	70	NS		NS	
Sat_069	D1a+W	0.0021	9.6	67	71	0.0155	6.1	0.0012	10.7
Sat_135	D1a+W	NS				NS		0.0407	6.7
Sat_415	D1a+W	0.0205	5.6	67	70	0.0288	4.9	NS	
Satt141	D1a+W	0.0160	6.4	67	70	0.0351	4.9	0.0174	6.3
Satt189	D1a+W	0.0146	6.4	67	70	0.0305	5.1	0.0174	6.1
Satt282	D1a+W	0.0166	6.1	67	70	0.0373	4.6	0.0193	5.8
Satt350	D1a+W	0.0224	5.9	67	69	NS		0.0140	6.8
Satt412	D1a+W	0.0040	8.8	67	70	0.0230	5.6	0.0029	9.5
Satt506	D1a+W	0.0084	7.3	67	70	0.0185	5.9	0.0104	6.9
Satt546	D1a+W	0.0159	6.1	67	70	NS		0.0092	7.1
Satt604	D1a+W	0.0343	4.8	67	70	0.0201	5.6	NS	
Satt458	D2	0.0420	6.5	67.	70	0.0318	7.1	NS	

ตาราง 26 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูกาล			
		ค่าเฉลี่ยของ				ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
		อัลลีล(วัน)				ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)
Satt486	D2	NS				NS		0.0492	4.1
Satt045	E	0.0364	4.9	67	70	0.0346	4.9	NS	
Satt230	E	0.0216	7.9	67	70	0.0282	7.4	0.0465	6.4
Satt403	E	0.0238	5.4	67	70	0.0219	5.6	NS	
Satt425	F	0.0088	7.1	67	70	0.0473	4.1	0.0059	7.7
Satt516	F	0.0279	5.1	67	71	0.0404	4.4	0.0389	6.9
Satt442	H	0.0025	4.2	67	71	0.0350	4.7	NS	
Satt568	H	0.0112	6.7	67	70	0.0483	4.1	0.0082	7.2
Sat_105	I	NS				0.0327	7.1	NS	
Satt049	I	0.0382	6.9	67	70	0.0227	7.9	NS	
Satt354	I	NS				0.0402	6.8	NS	
Satt132	J	0.0091	7.0	66	70	0.0335	4.7	0.0029	9.0
Satt431	J	0.0006	11.9	66	71	0.0105	6.8	0.0002	13.6
Satt166	L	<.0001	18.0	65	71	0.0003	14.2	<.0001	17.0
Satt284	L	NS				NS		0.0274	5.1
Satt373	L	NS				NS		0.0348	6.9
Satt009	N	0.0157	8.5	67	70	0.0012	13.5	NS	
Satt262	O	0.0084	7.4	67	70	NS		0.0027	9.6
Satt477	O	0.0061	8.4	67	71	0.0393	4.8	0.0048	8.9

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 27 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด (กรัม) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ปี 2551 ฤดูแล้ง ปี 2552 ในฤดูฝนและวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมายโมเลกุล	กลุ่มถึงแก่	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		ค่าเฉลี่ยของ				ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
		อัลลีล(กรัม)				ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)
Satt197	B1	0.0158	8.5	14	12	NS		0.0122	9.0
Satt565	C1	0.0055	8.1	14	13	0.0090	7.2	0.0098	7.1
Satt316	C2	NS				NS		0.0258	5.6
Satt432	C2	0.0148	6.6	14	13	0.0055	8.4	NS	
Sat_332	D1a+Q	0.0176	5.8	14	12	0.0288	4.9	NS	
Sat_069	D1a+W	0.0170	5.9	14	12	0.0095	6.9	NS	
Sat_415	D1a+W	0.0386	4.5	14	13	NS		NS	
Satt189	D1a+W	NS				NS		0.0418	4.5
Satt412	D1a+W	0.0158	6.3	14	12	0.0168	6.2	0.0308	5.1
Satt459	D1a+W	0.0431	4.3	14	13	0.0221	5.5	NS	
Satt506	D1a+W	0.0296	5.0	14	13	0.0449	4.3	0.0385	4.6
Satt458	D2	0.0007	14.4	14	12	0.0003	16.2	0.0078	9.9
Satt486	D2	0.0003	13.1	14	12	0.0003	13.4	0.0017	10.1
Satt372	D2	0.0002	13.7	14	12	0.0002	13.7	0.0012	10.7
Satt045	E	0.0038	9.1	14	12	0.0281	5.4	0.0014	10.9
Satt230	E	0.0199	9.1	14	12	0.0142	8.7	0.0275	7.4
Satt231	E	0.0290	7.6	14	13	0.0382	7.1	0.0495	6.5
Satt403	E	NS				0.0362	4.7	NS	

ตาราง 27 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		ค่าเฉลี่ยของ อัลลีล(กรัม)				ฤดูฝน ปี 2551		ฤดูแล้ง ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)
Satt553	E	0.0400	4.4	14	13	NS		0.0280	5.0
Satt425	F	0.0212	5.5	14	12	0.0354	4.6	0.0272	5.1
Satt510	F	0.0150	6.1	13	12	0.0107	6.7	0.0412	4.4
Satt656	F	0.0069	7.7	14	12	0.0082	7.3	0.0069	7.7
Satt568	H	0.0114	6.7	14	13	0.0452	4.2	NS	
Sat_105	I	NS				0.0330	7.1	NS	
Satt049	I	NS				0.0452	6.6	NS	
Satt239	I	0.0043	8.3	14	12	0.0004	12.6	NS	
Satt354	I	0.0457	6.6	14	12	0.0049	11.0	NS	
Satt367	I	0.0206	5.8	14	13	0.0075	7.7	NS	
Satt132	J	0.0340	4.7	14	13	NS		0.0435	4.3
Satt431	J	0.0025	9.4	14	12	0.0099	6.9	0.0021	9.7
Satt242	K	NS				0.0443	5.5	NS	
Satt166	L	<.0001	28.6	14	12	<.0001	24.7	<.0001	25.6
Satt373	L	0.0217	7.9	14	13	0.0232	7.8	0.0468	6.4
Satt523	L	NS				0.0425	4.4	NS	
Satt561	L	0.0045	8.4	14	12	0.0050	8.2	NS	
Sat_330	M	0.0263	5.1	14	13	0.0309	4.8	NS	
Satt009	N	0.0016	12.9	14	12	0.0026	12.0	0.0029	11.8
Satt387	N	0.0289	5.0	14	13	NS		0.0105	6.8
Satt549	N	0.0438	4.3	14	13	NS		NS	

ตาราง 27 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		ค่าเฉลี่ยของ				ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
		อัลลีล(กรัม)				ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)
Satt631	N	0.0053	8.0	14	12	0.0128	6.4	NS	
Satt262	O	0.0186	5.9	13	13	NS		0.0074	7.7

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 28 การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับจำนวนข้อเท็จจริงต่อต้านของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และ วิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมายโมเลกุล	กลุ่มลิงเกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		ค่าเฉลี่ย				ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
		ของอัลลีล (ข้อ)				ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ²	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ²	<i>P</i>	<i>R</i> ²
			(%)				(%)		(%)
Sat_267	A2	0.0323	5.0	12	13	NS		0.0337	4.9
Sat_347	A2	NS				0.0018	10.2	NS	
Satt187	A2	0.0228	5.5	12	13	0.0082	7.4	NS	
Satt586	A2	NS				0.0076	7.3	NS	
Satt589	A2	0.0086	7.1	12	13	NS		0.0276	5.1
Satt277	C2	0.0365	4.7	12	13	0.0488	4.2	NS	
Satt432	C2	NS				0.0436	4.5	NS	
Sat_160	D1a+Q	0.0080	8.4	12	13	0.0091	8.1	NS	
Sat_332	D1a+Q	0.0453	4.2	12	13	0.0098	6.9	NS	
Sat_069	D1a+W	0.0003	13.1	12	13	0.0005	12.1	0.0013	10.5
Sat_415	D1a+W	NS				NS		0.0406	4.4
Satt412	D1a+W	NS				0.0133	6.6	NS	
Satt459	D1a+W	0.0333	4.7	12	13	0.0042	8.3	NS	
Satt546	D1a+W	0.0178	5.9	12	13	0.0074	7.5	NS	
Satt282	D1a+W	NS				0.0173	6.0	NS	
Satt514	D2	NS				NS		0.0164	5.9
Satt045	E	0.0291	5.3	12	13	NS		NS	
Satt403	E	NS				NS		0.0314	4.9
Satt720	E	NS				0.0378	4.6	NS	

ตาราง 28 (ต่อ)

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึง เกจ	วิเคราะห์รวม				ฤดูปลูก			
		ค่าเฉลี่ย				ฤดูฝน		ฤดูแล้ง	
		ของอัลลีล (ข้อ)				ปี 2551		ปี 2552	
		<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	'AGS 292'	'K3'	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%)
Satt595	F	NS				0.0376	4.7	NS	
Satt199	G	0.0287	5.2	12	13	0.0211	5.8	NS	
Satt253	H	0.0323	4.8	12	13	NS		0.0325	4.8
Satt442	H	0.0231	5.4	12	13	NS		0.0166	6.0
Satt568	H	NS				NS		0.0295	4.9
Satt049	I	NS				0.0402	6.8	NS	
Satt132	J	0.0190	5.7	12	13	0.0439	4.2	0.0385	4.5
Satt431	J	0.0044	8.4	12	13	NS		0.0020	9.8
Satt055	K	NS				0.0500	5.0	NS	
Satt326	K	0.0350	4.8	12	13	0.0188	5.9	NS	
Satt166	L	<.0001	29.3	11	13	<.0001	25.2	<.0001	24.4
Satt284	L	0.0213	5.5	12	13	0.0155	6.1	NS	
Satt373	L	NS				0.0352	6.9	NS	
Satt561	L	0.0183	5.8	12	13	0.0251	5.3	NS	

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 29 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับอายุวันออกดอกแรก (R_1) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
				ฤดูฝนปี 2551		ฤดูแล้งปี 2552	
		<i>P</i>	Partial $R^2(\%)$	<i>P</i>	Partial $R^2(\%)$	<i>P</i>	Partial $R^2(\%)$
Satt187	A2	0.0163	4.8	0.0024	8.6	0.0255	4.6
Sat_415	D1a+W	0.0487	3.0	0.0463	2.8	NS	
Satt403	E	NS		0.0130	4.5	NS	
Satt568	H	0.0021	9.3	0.0101	5.6	0.0059	7.7
Sat_105	I	0.0041	9.1	NS		0.008	7.9
Satt049	I	NS		0.0103	5.2	NS	
Satt431	J	<.0001	20.8	0.0002	16.9	<.0001	25.0
Satt166	L	0.0164	5.1	0.0038	8.6	NS	
Satt477	O	NS		NS		0.0476	3.4
Total variation explained			52.1		52.2		48.6

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 30 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับระยะเริ่มต้นฝึก (R_s) ของประชากรตัวเหลืองฝึกสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
				ฤดูฝนปี 2551		ฤดูแล้งปี 2552	
		<i>P</i>	Partial R^2 (%)	<i>P</i>	Partial R^2 (%)	<i>P</i>	Partial R^2 (%)
GMENOD2B	A2	0.0053	8.1	0.0420	3.5	NS	
Satt187	A2	NS		NS		0.0049	10.1
Sat_347	A2	0.0049	7.1	NS		NS	
Sat_160	D1a+Q	0.0080	8.5	NS		0.0053	9.2
Sat_069	D1a+W	0.0137	8.2	NS		NS	
Satt282	D1a+W	NS		0.0192	5.3	NS	
Sat_415	D1a+W	0.0090	5.3	0.0198	5.7	0.0045	12.8
Satt486	D2	NS		NS		0.0217	5.0
Satt403	E	NS		0.0335	3.6	NS	
Satt425	F	NS		NS		0.0356	3.8
Satt656	F	NS		0.0013	12.3	NS	
Satt049	I	0.0025	14.3	0.0035	11.8	0.0026	16.7
Satt431	J	0.0017	18.4	0.0024	14.6	0.0144	6.2
Satt166	L	0.0311	3.2	0.0339	4.1	NS	
Total variation explained			73.1		60.9		63.8

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 31 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับกับระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
				ฤดูฝนปี 2551		ฤดูแล้งปี 2552	
		<i>P</i>	Partial $R^2(\%)$	<i>P</i>	Partial $R^2(\%)$	<i>P</i>	Partial $R^2(\%)$
Satt187	A2	NS		NS		0.0025	15.3
Sat_160	D1a+Q	0.0074	12.5	NS		0.0069	7.7
Sat_069	D1a+W	NS		NS		0.0029	17.7
Sat_415	D1a+W	0.0023	12.2	0.0047	10.9	NS	
Satt157	D1a+W	NS		0.0315	4.8	NS	
Satt282	D1a+W	0.0139	9.3	NS		0.0382	3.4
Satt403	E	NS		0.0313	5.1	NS	
Satt425	F	0.0390	3.1	NS		0.0202	3.9
Satt049	I	0.0033	17.6	0.0030	13.8	NS	
Satt166	L	0.0018	10.4	0.0043	9.9	0.0002	18.3
Satt373	L	NS		NS		0.0149	5.5
Satt009	N	0.0384	2.9	NS		NS	
Satt262	O	0.0017	8.4	NS		NS	
Total variation explained			76.4		44.5		71.8

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ตาราง 32 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ลิงเกจ	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
				ฤดูฝนปี 2551		ฤดูแล้งปี 2552	
		<i>P</i>	Partial R ² (%)	<i>P</i>	Partial R ² (%)	<i>P</i>	Partial R ² (%)
Satt197	B1	0.0195	3.0	NS		NS	
Satt565	C1	NS		NS		0.0227	4.4
Satt432	C2	0.0439	2.5	0.0239	5.3	0.0092	6.4
Sat_415	D1a+W	0.0472	2.3	NS		NS	
Satt506	D1a+W	0.0158	4.4	0.0060	10.4	NS	
Satt372	D2	<.00001	18.7	NS		0.0041	10.1
Satt458	D2	0.0108	4.4	NS		NS	
Satt486	D2	NS		0.0008	17.9	NS	
Sat_112	E	NS		NS		0.0071	10.2
Satt045	E	NS		NS		0.0001	26.2
Satt656	F	NS		NS		0.0499	2.9
Satt510	F	NS		0.0324	5.2	NS	
Satt568	H	0.0030	7.4	NS		NS	
Satt239	I	0.0142	3.0	NS		NS	
Satt431	J	0.0014	9.9	0.0495	3.6	NS	
Satt242	K	NS		0.0498	3.6	NS	
Satt166	L	0.0002	20.3	NS		0.0094	7.2
Satt561	L	NS		0.0077	8.8	NS	
Total variation explained			75.9		54.8		67.4

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่าง

ตาราง 33 การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติที่เชื่อมโยงกับจำนวนข้อเจ็บบ่อต้นของประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และวิเคราะห์รวม 2 ฤดู

เครื่องหมาย โมเลกุล	กลุ่ม ถึงแก	วิเคราะห์รวม		ฤดูปลูก			
				ฤดูฝนปี 2551		ฤดูแล้งปี 2552	
		<i>P</i>	Partial <i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	Partial <i>R</i> ² (%)	<i>P</i>	Partial <i>R</i> ² (%)
Satt187	A2	NS		0.0003	12.5	NS	
Satt589	A2	0.0027	8.8	NS		0.0248	4.3
Sat_160	D1a+Q	0.0114	4.9	0.0044	6.3	NS	
Sat_069	D1a+W	0.0006	13.5	0.0025	13.9	0.0046	7.8
Satt132	J	NS		NS		0.0177	5.1
Satt431	J	0.0058	6.5	NS		NS	
Satt326	K	0.0102	4.6	0.0009	7.2	NS	
Satt166	L	<.0001	27.7	<.0001	30.4	<.0001	21.8
Total variation explained			66.0		70.3		39.0

หมายเหตุ NS = ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการทดลอง

การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและอัตราพันธุกรรม

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของอายุวันออกดอกแรกในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ พบความแตกต่างกันทางสถิติในทั้งสองฤดู และเมื่อวิเคราะห์ความแปรปรวนรวมพบว่าการแสดงออกของลักษณะมีผลของสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้องทำให้อายุวันออกดอกแรกมีความแตกต่างกัน การปลูกในฤดูฝนปี 2551 ทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุวันออกดอกแรก 37 วัน ยาวนานกว่าการปลูกในฤดูแล้งปี 2552 มีอายุการออกดอกแรก 33 วัน การกระจายตัวของอายุวันออกดอกแรกของประชากรในฤดูฝนปี 2551 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 30 ถึง 54 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 28 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 26 ถึง 47 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 26 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน และเมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 28 ถึง 50 วัน ประชากรมีค่าเฉลี่ย 35 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 27 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) โดยมีความถี่ของสายพันธุ์แท้ที่มีอายุออกดอกนานกว่าสายพันธุ์ K3 ขณะที่ กรมวิชาการเกษตร (2545) รายงานว่า พันธุ์ AGS 292 มีอายุวันออกดอก 26-30 วัน พันธุ์นัมเบอร์ 75 มีอายุการออกดอก 28-32 วัน และพันธุ์เชียงใหม่ 1 มีอายุการออกดอก 30-40 วัน

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow - sense heritability) อายุวันออกดอกแรก ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 77.6 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 96.9 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 75.1 จากรายงานของ Pooprompan et al. (2006a) ทำการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของวันออกดอกแรกในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ (RIL population) จำนวน 190 สายพันธุ์ ปลูกทดสอบ 2 ฤดู พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบในฤดูฝนและฤดูแล้ง มีค่าเท่ากับร้อยละ 94.2 และ 91.6 ตามลำดับ และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดูมีค่าที่ต่ำ คือ 29.1 สาเหตุเนื่องมาจากอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อม ในขณะที่ Niessl et al. (1995) ศึกษาอัตราพันธุกรรมแบบกว้างของวันออกดอกแรกในถั่วเหลืองที่ได้จากการผสมกันระหว่างสายพันธุ์ Dom x Apache, Dom x B152, Dom X Silvia, Dunajka x Apache และ Evans x Birka มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างร้อยละ 76, 76, 91, 76, 75 ตามลำดับ และ Graef et al. (1996) ได้ทำการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของลักษณะวัน

ออกดอกแรกในถั่วเหลืองฝักสดจำนวน 2 ประชากรที่ได้จากคู่ผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ U91-3516 x 'Mikawashima', denoted UX704 และ U91-3516 x 'Gion Fuuki', denoted UX704 ทำการปลูกทดสอบใน 3 ถั่ว พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบแต่ละประชากรมีค่าที่สูง คือ ร้อยละ 96 ± 0.16 และร้อยละ 93 ± 0.16 ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ พบความแตกต่างกันทางสถิติในทั้งสองฤดู ในฤดูฝนปี 2551 มีอายุเริ่มติดฝัก 37 วัน ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มีอายุเริ่มติดฝัก 33 วัน การกระจายตัวของอายุระยะเริ่มติดฝักของประชากรในฤดูฝนปี 2551 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 35 ถึง 59 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 35 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 51 วัน ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 33 ถึง 63 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 31 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 63 วัน และเมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 34 ถึง 61 วัน ประชากรมีค่าเฉลี่ย 41 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 33 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 57 วัน การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) โดยมีความถี่ของสายพันธุ์แท้ที่มีอายุในระยะเริ่มติดฝักนานกว่าสายพันธุ์ K3 ในขณะที่ Tasma et al. (2001) ศึกษา ระยะเริ่มติดฝัก (R_3) จากประชากรถั่วเหลืองจำนวน 2 ประชากร ซึ่งประกอบด้วย ประชากรสายพันธุ์แท้ คือ IX132 (PI317.336 X 'Corsoy') และ IX136 (PI317.334B X 'Corsoy') พบว่า ประชากร IX132 พันธุ์ PI317.336 มีค่าเฉลี่ย 58.8 วัน พันธุ์ Corsoy มีค่าเฉลี่ย 58.8 วัน และประชากรมีค่าเฉลี่ย 60.5 วัน ส่วนประชากร IX136 พันธุ์ PI317.336 มีค่าเฉลี่ย 57.9 วัน พันธุ์ Corsoy มีค่าเฉลี่ย 47.5 วัน และประชากรมีค่าเฉลี่ย 62.3 วัน

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow - sense heritability) ระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 78.6 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 94.5 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 71.9

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ พบความแตกต่างกันทางสถิติในทั้งสองฤดู ในฤดูฝนปี 2551 มีอายุเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก 70 วัน ส่วนในฤดูแล้งปี 2552 มีอายุเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก 66 วัน การกระจายตัวของอายุระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักของประชากรในฤดูฝนปี 2551 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 68 ถึง 81 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 61 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 95 วัน ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 55 ถึง 86 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 54 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 96 วัน และเมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 58 ถึง 95 วัน ประชากรมีค่าเฉลี่ย 68 วัน พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 58 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 95 วัน การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) ในขณะที่ เอนกและคณะ (2549ข) ได้ทำ

การเปรียบเทียบมาตรฐานพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดกลิ่นหอม พบว่า พันธุ์ Kaori นัมเบอร์ 75 และ AGS 292 มีอายุเก็บเกี่ยวฝักสด เฉลี่ย 70 68 และ 66 วันหลังปลูก ขณะที่ Xin et al. (2008) ศึกษาระยะเมล็ดพัฒนาเต็มที่ (R_0) ที่ได้จากกลุ่มสมระหว่างถั่วเหลืองพันธุ์ Charleston และ Dongnong 594 ปลูกทดสอบในสองฤดู พบว่า ในปี 2004 พันธุ์ Charleston มีค่าเฉลี่ย 92 วัน พันธุ์ Dongnong 594 มีค่าเฉลี่ย 88 วัน ประชากรสายพันธุ์แท้มีค่าเฉลี่ย 91 วัน และในปี 2005 พันธุ์ Charleston มีค่าเฉลี่ย 95 วัน พันธุ์ Dongnong 594 มีค่าเฉลี่ย 84 วัน ประชากรสายพันธุ์แท้มีค่าเฉลี่ย 87 วัน

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow - sense heritability) ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 66.8 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 90.4 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 68.1

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 13.4 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 22.3 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.7 กรัม ในฤดูแล้งปี 2552 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 12.7 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 21.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 6.4 กรัม การวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 13.0 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 22.0 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 7.6 กรัม การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมมีการกระจายตัวแบบปกติ ($P > 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในประชากรสายพันธุ์แท้พบว่า ฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 81.8 ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าร้อยละ 88.1 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 69.9 ดังแสดงในตาราง 19 และประชากรสายพันธุ์แท้มีการกระจายตัวปกติ ซึ่งสอดคล้องกับ Pooprompan et al. (2006a) พบว่า น้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2547 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 26.2 กรัม สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.4 กรัม และประชากรมีค่าเฉลี่ย 17.5 กรัม ในฤดูแล้งปี 2547 พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 35.1 กรัม สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 12.6 กรัม และประชากรมีค่าเฉลี่ย 21.3 กรัม และเมื่อวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 30.6 กรัม สายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 10.5 กรัม และประชากรมีค่าเฉลี่ย 19.4 กรัม โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ ในฤดูฝนปี 2547 ร้อยละ 75.4 ฤดูแล้งปี 2547 ร้อยละ 90.5 และวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 62.0 และ Chung et al. (2003) รายงานน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด จากกลุ่มสมระหว่างถั่วเหลืองพันธุ์ Asgrow A3733 X G. max PI437088A ปลูกทดสอบสองฤดู พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบในปี 1996 และ ปี 1997 มีค่าเท่ากับร้อยละ 96.1 และ 97.7 ตามลำดับ และเมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 65.3 และ Graef et al. (1996) พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีค่าเท่ากับร้อยละ 81

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของจำนวนข้อเฉลี่ยคอตัน พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 ประชากรมีค่าเฉลี่ย 12 ข้อ พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 9 ข้อ และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 20 ข้อ ในฤดูแล้งปี 2552 ประชากรมีค่าเฉลี่ย 13 ข้อ พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 9 ข้อ และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 19 ข้อ การวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 12 ข้อ พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 9 ข้อ และพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 19 ข้อ ดังแสดงในตาราง 20 ส่วนประชากรสายพันธุ์ทั้งมีการกระจายตัวเป็นแบบปกติ ($P > 0.05$) ละอองดาวและคณะ (2550) พบว่า ถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ AGS 292 มีจำนวนข้อเฉลี่ยคอตันเท่ากับ 9.4 ข้อ การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบจำนวนข้อในประชากรสายพันธุ์ทั้งพบว่า ฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 73.9 ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าร้อยละ 80.4 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 52.9 ดังแสดงในตาราง 20 ซึ่งสอดคล้องกับ Rajkumar et al. (2010) พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนข้อในถั่วเหลืองมีค่าเท่ากับร้อยละ 92.4 และ พรทิพย์และคณะ (2553) พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างของลักษณะจำนวนข้อในถั่วเหลืองที่ปลูกทดสอบในฤดูแล้งและฤดูฝนมีค่าเท่ากับร้อยละ 96.0 และ 80.3 ตามลำดับ

การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพ่อแม่และการสร้างกลุ่มลิงเกจ

สำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมของถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์แม่ AGS 292 และสายพันธุ์พ่อ K3 เพื่อหาความแตกต่างทางพันธุกรรม (polymorphisms) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (SSR) ที่เลือกให้กระจายทั่วจีโนมทั้งหมด 333 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ (molecular linkage group, MLG) พบว่า มี 101 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อแม่อย่างชัดเจน และนำเครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 101 เครื่องหมาย มาสร้างแผนที่โครโมโซม พบว่า สามารถสร้างกลุ่มลิงเกจได้ 12 กลุ่ม ซึ่งประกอบด้วยกลุ่มลิงเกจ D1a+W C2 I N M A1 A2 F L G D1a+Q D2 และ O จำนวน 47 เครื่องหมาย และไม่สามารถจัดกลุ่มได้ (unlinked) จำนวน 54 เครื่องหมาย ขณะที่ Sanitchon (2004) ได้ศึกษาการสร้างแผนที่โครโมโซมจากถั่วเหลืองสายพันธุ์แท้จำนวน 104 สายพันธุ์ที่ได้จากคู่ผสมระหว่างถั่วเหลืองสายพันธุ์ GC87018-12-2B-1 และ GC89045-13-1 โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์จำนวน 600 เครื่องหมาย ที่ครอบคลุม 20 กลุ่มลิงเกจ พบว่า 106 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพ่อแม่ สามารถสร้างกลุ่มลิงเกจได้ 15 กลุ่ม ซึ่งประกอบด้วยกลุ่มลิงเกจ A1 B1 B2 C2 D1a+W D2 E F G H I J K M และ O จำนวน 81 เครื่องหมาย และไม่สามารถจัดกลุ่มได้ (unlinked) จำนวน 25 เครื่องหมาย และ Liu et al. (2007) ได้สร้างแผนที่โครโมโซมจากถั่วเหลืองประชากรสายพันธุ์แท้จำนวน 92 สายพันธุ์ โดยใช้

เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (SSR) จำนวน 282 เครื่องหมาย พบว่า สามารถสร้างกลุ่มลิงเกจได้ 12 กลุ่ม ซึ่งประกอบด้วยกลุ่มลิงเกจ C2 J L G A1 D1a+W D1a+Q D2 E M O และ H

สหสัมพันธ์ระหว่างอายุวันออกดอกแรกและลักษณะทางการเกษตร

การวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ในประชากรสายพันธุ์แท้ระหว่างอายุวันออกดอกแรกและลักษณะทางการเกษตร พบว่า อายุวันออกดอกแรกมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับระยะเริ่มติดฝัก ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก และจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น โดยมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากับ 0.86, 0.82 และ 0.58 ตามลำดับ แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด โดยมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากับ - 0.44 ซึ่งสอดคล้องกับพรทิพย์ และคณะ (2553) พบว่า วันออกดอกในถั่วเหลืองมีสหสัมพันธ์ทางลบกับน้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด ซึ่งในฤดูฝนและฤดูแล้งมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากับ - 0.12 และ - 0.06 ตามลำดับ และ Gadde (2006) พบว่า วันออกดอกในถั่วเหลืองมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น และน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ซึ่งมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากับ 0.15 และ 0.04 ตามลำดับ ระยะเริ่มติดฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักและจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด และน้ำหนักแห้ง 100 เมล็ดมีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญอย่างยิ่งกับจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น มีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากับ - 0.39 ขณะที่ Arshad et al. (2006) พบว่า น้ำหนักแห้ง 100 เมล็ดในถั่วเหลืองมีสหสัมพันธ์ทางลบกับวันออกดอก โดยมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากับ - 0.04

การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของอายุวันออกดอกแรกในถั่วเหลือง ผักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 10 กลุ่ม ได้แก่ A2 D1a+Q D1a+W D2 E H I J L และ O ดังแสดงในตาราง 23 เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt187 Sat_415 Satt568 Sat_105 Satt431 และ Satt166 กลุ่มลิงเกจ A2 D1a+W H I J และ L ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลัก (major

QTL) และเป็นเครื่องหมายที่มีอิทธิพลมากที่สุดต่อการแสดงออกของลักษณะดังกล่าว โดยสามารถอธิบายความแปรปรวน (R^2) ร้อยละ 20.8 ดังแสดงในตาราง 29 ซึ่งสอดคล้องกับ Tasma et al. (2003) ศึกษาถึงอายุการออกดอกในถั่วเหลืองจากประชากรถั่วเหลืองจำนวน 3 ประชากร ซึ่งประกอบด้วย ประชากรสายพันธุ์แท้ คือ IX132 (PI317.336 X 'Corsoy'), IX136 (PI317.334B X 'Corsoy') และประชากร F_2 ที่ได้พัฒนามาจากการผสมกันระหว่างถั่วเหลืองพันธุ์ปลูก *G.max* (สายพันธุ์ปรับปรุงก้าวหน้า A81-356022 และถั่วเหลืองพันธุ์ป่า *G.soja* (PI468.916) พบว่าในแผนที่โครโมโซมประกอบด้วยกลุ่มลิงเกจและยีนที่เกี่ยวข้องกับการออกดอก ได้แก่ กลุ่มลิงเกจ A2 (*CRY2*), H (*COL1*), A2 (*PHYA*), และ L(*FCA*) ขณะที่ Tasma et al. (2001) พบว่า ลักษณะวันออกดอกในถั่วเหลืองประชากรสายพันธุ์แท้ IX132 (PI317.336 X 'Corsoy') และ IX136 (PI317.334B X 'Corsoy') ที่ปลูกทดสอบสองฤดูมีความเชื่อมโยงสอดคล้องกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt205 บนกลุ่มลิงเกจ C2 และสอดคล้องกับ Pooprompan et al. (2006b) ทำการศึกษาลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะวันออกดอกแรกในถั่วเหลืองฝักสดประชากรสายพันธุ์แท้ (RIL population) จำนวน 190 สายพันธุ์ ปลูกทดสอบ 2 ฤดู พบกลุ่มลิงเกจและยีนที่เกี่ยวข้องกับการออกดอก ได้แก่ เครื่องหมายโมเลกุล Satt187 บนกลุ่มลิงเกจ A2, Satt568 บนกลุ่มลิงเกจ H, Sat_105 บนกลุ่มลิงเกจ I และ Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 14 กลุ่ม ได้แก่ A2 C1 D1a+Q D1a+W D2 E F G H I J L O และ M ดังแสดงในตาราง 25 เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 8 ตำแหน่ง ได้แก่ GMENOD2B Sat_347 Sat_160 Sat_069 Sat_415 Satt049 Satt431 และ Satt166 กลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W I J และ L ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมระยะเริ่มติดฝัก (R_3) โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 18.4 ดังแสดงในตาราง 30 ซึ่งแตกต่างจากรายงาน Xin et al. (2008) พบว่า ระยะเริ่มติดฝัก (R_3) มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 7 กลุ่ม ได้แก่ A1 A2 B1 C2 D1a+Q D1a+W และ O และ Tasma et al. (2001) ศึกษา ระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในถั่วเหลืองจำนวน 2 ประชากร พบว่า ประชากรสายพันธุ์แท้ IX132 (PI317.336 X 'Corsoy') และ IX136 (PI317.334B X 'Corsoy') มีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุล Satt205 บนกลุ่มลิงเกจ C2 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 27.8 และ 28.7 ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 13

กลุ่ม ได้แก่ A1 A2 D1a+Q D1a+W D2 E F H I J L N และ O ดังแสดงในตาราง 26 เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 8 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_160 Sat_415 Satt282 Satt425 Satt049 Satt166 Satt009 และ Satt262 บนกลุ่มลิงเกจ D1a+Q D1a+W F 1 L N และ O ตามลำดับ ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 12.5, 12.2, 9.3, 3.1, 17.6, 10.4, 2.9 และ 8.4 ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt049 บนกลุ่มลิงเกจ 1 อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.6 ดังแสดงในตาราง 31 ซึ่งแตกต่างจากรายงาน Xin et al. (2008) พบว่า ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_0) มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 5 กลุ่ม ได้แก่ B2 C1 D1a+Q D1a+W และ O

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 16 กลุ่ม ได้แก่ A2 C1 C2 D1a+Q D1a+W D2 E F H I J K L M N และ O ดังแสดงตาราง 26 เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt432 Sat_415 Satt506 Satt372 Satt458 Satt568 Satt239 Satt431 และ Satt166 กลุ่มลิงเกจ B1 C2 D1a+W D2 H I J L และ L ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 20.3 ดังแสดงในตาราง 32 ซึ่งสอดคล้องกับ Pooprompan et al. (2006a) พบว่า น้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 7 กลุ่ม ได้แก่ B1 D1a+W D2 E F J และ L ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุล Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลัก โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 22.4 แต่อย่างไรก็ตาม กมลรัตน์ (2552) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1a+W D2 E F I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดูพบ 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 และ พิจิตรา (2552) 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 ซึ่งเป็นกลุ่มยีนรอง (Minor QTL) ในขณะที่ Zhang et al. (2004) ศึกษาต้นน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดในถั่วเหลืองประชากรสายพันธุ์แท้จากคู่ผสมระหว่างถั่วเหลืองสายพันธุ์ Kefeng NO.1 x Nan-nong 1138-

2 พบว่า มีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt525 Satt509 และ Satt458 บนกลุ่มลิงเกจ A2 B1 และ D2 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 6.7, 10.2 และ 9.2 และ Liu et al. (2007) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในสองฤดูมีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt154 บนกลุ่มลิงเกจ D2 โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 5.2

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของจำนวนข้อเจริญต่อต้านในถั่วเหลือง ผักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 13 กลุ่ม ได้แก่ A2 C2 D1a+Q D1a+W D2 E F G H I J K และ L ดังแสดงในตาราง 28 เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt589 Sat_160 Sat_069 Satt431 Satt326 และ Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W J K และ L ตามลำดับ ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 8.8, 4.9, 13.5, 6.5, 4.6 และ 27.7 ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมจำนวนข้อเจริญต่อต้าน โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 27.7 ดังแสดงในตาราง 32 ซึ่งสอดคล้อง Kim et al. (2004) พบว่า จำนวนข้อเจริญต่อต้านมีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุล Satt166 กลุ่มลิงเกจ L ซึ่งเป็นกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมลักษณะดังกล่าว

บทที่ 6

สรุปผลการทดลอง

การวิเคราะห์ลักษณะที่ปรากฏและอัตราพันธุกรรม

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของอายุวันออกดอกแรกในประชากรถั่วเหลือง ผักสดสายพันธุ์แท้ พบว่า สายพันธุ์ K3 มีอายุวันออกดอกแรกเฉลี่ย 47 วัน ซึ่งนานกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีจำนวนวันเฉลี่ย 28, 26 และ 27 วัน ทั้งในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ ส่วนการปลูกในฤดูฝนปี 2551 ทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุออกดอก 37 วัน ยาวนานกว่าการปลูกในฤดูแล้งปี 2552 มีอายุการออกดอก 33 วัน ความถี่การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบลักษณะอายุวันออกดอกแรก ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 77.6 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 96.9 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 75.1

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของระยะเริ่มติดฝัก (R_3) พบว่า สายพันธุ์ K3 มีจำนวนวันเริ่มติดฝักเฉลี่ย 51, 63 และ 57 วัน ซึ่งนานกว่าพันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 35, 31 และ 33 วัน ทั้งในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 78.6 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 94.5 วิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 71.9

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) พบว่า สายพันธุ์ K3 มีจำนวนวันเมล็ดพัฒนาเต็มฝักเฉลี่ย 95, 96 และ 95 วัน ซึ่งนานกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีค่าเฉลี่ย 61, 54 และ 58 วัน ทั้งในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมเบี่ยงไปทางด้านขวา ($P < 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าร้อยละ 66.8 และในฤดูแล้งปี 2552 ร้อยละ 90.4 การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 68.1

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด พบว่า สายพันธุ์ AGS 292 มีน้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด เฉลี่ย 22.3, 21.6 และ 22.0 กรัม มากกว่าสายพันธุ์ K3 โดยมีน้ำหนักเฉลี่ย 8.7, 6.4 และ 7.6 กรัม ทั้งในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมมีการกระจายตัว

แบบปกติ ($P > 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักรากแห้ง 100 เมล็ด ในประชากรสายพันธุ์ที่พบว่า ถั่วฝักปี 2551 มีค่าร้อยละ 81.8 ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าร้อยละ 88.1 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 69.9

การวิเคราะห์ความแปรปรวนของจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น พบว่า สายพันธุ์ K3 มีจำนวนข้อเฉลี่ย 20, 19 และ 19 ข้อ ซึ่งมากกว่าพันธุ์ AGS 292 โดยมีจำนวนข้อเฉลี่ย 9 ข้อ ทั้งในฤดูฝนปี 2551 ฤดูแล้งปี 2552 และการวิเคราะห์รวมสองฤดู ตามลำดับ การกระจายตัวของลักษณะในทั้งสองฤดูและการวิเคราะห์รวมมีการกระจายตัวเป็นแบบปกติ ($P > 0.05$) การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้นในประชากรสายพันธุ์ที่พบว่า ถั่วฝักปี 2551 มีค่าร้อยละ 73.9 ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าร้อยละ 80.4 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 52.9

สหสัมพันธ์ระหว่างอายุวันออกดอกแรกและลักษณะทางการเกษตร

ค่าสหสัมพันธ์ในประชากรสายพันธุ์ที่ระหว่างวันออกดอกและลักษณะทางการเกษตร ดังนี้ วันออกดอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกอย่างมีนัยสำคัญยิ่งกับระยะเริ่มติดฝัก ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก และจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญยิ่งกับน้ำหนักรากแห้ง 100 เมล็ด ระยะเริ่มติดฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักและจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญยิ่งกับน้ำหนักรากแห้ง 100 เมล็ด ระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝักมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญยิ่งกับน้ำหนักรากแห้ง 100 เมล็ด และน้ำหนักรากแห้ง 100 เมล็ดมีสหสัมพันธ์ทางลบอย่างมีนัยสำคัญยิ่งกับจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้น

การสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมพ่อแม่และการสร้างกลุ่มลิงเกจ

สำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรมของถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์แม่ AGS 292 และสายพันธุ์พ่อ K3 เพื่อหาความแตกต่างทางพันธุกรรม (polymorphisms) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (SSR) ที่เลือกให้กระจายทั่วจีโนมทั้งหมด 333 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ (molecular linkage group, MLG) พบว่ามี 101 เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อแม่อย่างชัดเจน การวิเคราะห์หลายพหุคูณเอ็นเอกับประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ จำนวน 92

สายพันธุ์ พบว่า สามารถสร้างกลุ่มลิงเกจได้ 12 กลุ่ม จำนวน 47 เครื่องหมาย และไม่สามารถจัดกลุ่มได้ (unlinked) จำนวน 54 เครื่องหมาย

การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของอายุวันออกดอกแรกในถั่วเหลืองฝักสด กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 10 กลุ่ม ได้แก่ A2 D1a+Q D1a+W D2 E H I J L และ O เมื่อการวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt187 Sat_415 Satt568 Sat_105 Satt431 และ Satt166 กลุ่มลิงเกจ A2 D1a+W H I J และ L ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลัก (major QTL) และเป็นเครื่องหมายที่มีอิทธิพลมากที่สุดต่อการแสดงออกของลักษณะดังกล่าว โดยสามารถอธิบายความแปรปรวน (R^2) ร้อยละ 20.8

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของระยะเริ่มติดฝัก (R_3) ในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 14 กลุ่ม ได้แก่ A2 C1 D1a+q D1a+W D2 E F G H I J L O และ M เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 8 ตำแหน่ง ได้แก่ GMENOD2B Sat_347 Sat_160 Sat_069 Sat_415 Satt049 Satt431 และ Satt166 กลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W I J และ L ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมระยะเริ่มติดฝัก (R_3) โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 18.4

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) ในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 13 กลุ่ม ได้แก่ A1 A2 D1a+Q D1a+W D2 E F H I J L N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 8 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_160 Sat_415 Satt282 Satt425 Satt049 Satt166 Satt009 และ Satt262 กลุ่มลิงเกจ D1a+Q D1a+W F I L N และ O ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt049 บนกลุ่มลิงเกจ I อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมระยะเมล็ดพัฒนาเต็มฝัก (R_6) โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 17.6

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดในถั่วเหลืองฝักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 16 กลุ่ม ได้แก่ A2 C1 C2 D1a+Q D1a+W D2 E F H I J K L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการ

ถอดออกหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt432 Sat_415 Satt506 Satt372 Satt458 Satt568 Satt239 Satt431 และ Satt166 กลุ่มลิงเกจ B1 C2 D1a+W D2 H 1 J L และ L ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่น้ำหนักเฉลี่ย 100 เมล็ด โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 20.3

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้านในถั่วเหลือง ผักสดกับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 13 กลุ่ม ได้แก่ A2 C2 D1a+Q D1a+W D2 E F G H 1 J K และ L เมื่อวิเคราะห์ผลการถอดออกหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt589 Sat_160 Sat_069 Satt431 Satt326 และ Satt166 กลุ่มลิงเกจ A2 D1a+Q D1a+W J K และ L ตามลำดับ เครื่องหมายโมเลกุล Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลักที่ควบคุมจำนวนข้อเฉลี่ยต่อต้าน โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 27.7

บรรณานุกรม

- กรมวิชาการเกษตร. 2545. เกษตรที่ดีเหมาะสมสำหรับถั่วเหลืองฝักสด. กรุงเทพฯ: กรมวิชาการเกษตร. กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 26 หน้า.
- กมลรัตน์ บุญมาวัฒน์. 2552. การถ่ายทอดลักษณะและการวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสด. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 105 หน้า.
- ประวิตร พุธานนท์. 2548. ไบโอมेटริกส์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช. เชียงใหม่: ภาควิชาพืชไร่. มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 238 หน้า.
- พรทิพย์ มังกรแก้ว, รังสฤษฎ์ กาวิตะ และ ชูศักดิ์ จอมพุก. 2553. การวิเคราะห์เส้นทางความสัมพันธ์ของลักษณะผลผลิต องค์ประกอบผลผลิต และลักษณะทางการเกษตรบางประการในถั่วเหลือง. ว. วิทยาศาสตร์เกษตร. 41(3/1):173-176.
- พิจิตรา วงศ์ชูเวช. 2552. การจำแนกเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่เชื่อมโยงกับลักษณะคุณภาพบางลักษณะในถั่วเหลืองฝักสด. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยแม่โจ้. 97 หน้า.
- พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และประเสริฐ ฉัตรวชิระวงษ์. 2548. พันธุศาสตร์เชิงปริมาณที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืช. นครปฐม: ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร กำแพงแสน. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน. 250 หน้า.
- รังสฤษฎ์ กาวิตะ, ชูศักดิ์ จอมพุก, จุฑามาศ ร่วมแก้ว และ เรวัติ เลิศฤทัยโยธิน. 2541. พฤณศาสตร์พืชเศรษฐกิจ. ภาควิชาพืชไร่นา: คณะเกษตร. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ. 220 น.
- ละอองดาว แสงหล้า, สุทัต ปินดาเสน, อ้อยทิน จันทรเมือง และ นพพร ทองเปลว. 2550. ผลของระยะปลูกและจำนวนต้นต่อหลุมต่อคุณค่าทางโภชนาการผลผลิตและคุณภาพของถั่วเหลืองฝักสด. วารสารวิชาการเกษตร. 25(3):227-239.
- สมศักดิ์ ศรีสมบุญ. 2547. การวิจัยและการพัฒนาถั่วเหลืองฝักสด. หน้า 5-7. ใน เอกสารประกอบการประชุมวิชาการ. เครือข่ายและการพัฒนา “พืชไร่” สกว. เชียงใหม่: คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

เอนก โชติญาณวงษ์, พิมพร โชติญาณวงษ์, อ้อยทิน จันทรเมือง, นรินทร์ พูลเพิ่ม, อานนท์ มลิพันธุ์ และ เทวา เมลาณนัท. 2549(ก). การเปรียบเทียบเบื้องต้นถั่วเหลืองฝักสด (สายพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดกลิ่นหอม). น.17. ใน เอกสารประกอบการประชุมวิชาการพืชไร่ วงศ์ถั่วเหลืองแห่งชาติ ครั้งที่ 1 พืชไร่วงศ์ถั่วเพื่อสุขภาพและความพอเพียง จังหวัด เชียงราย. กรุงเทพฯ: กรมวิชาการเกษตร.

เอนก โชติญาณวงษ์, พิมพร โชติญาณวงษ์, อ้อยทิน จันทรเมือง, สุนา งามผ่องใส, นรินทร์ พูลเพิ่ม, อรรณพ กสิวิวัฒน์, อานนท์ มลิพันธุ์ และ เทวา เมลาณนัท. 2549(ข). การเปรียบเทียบพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสดในไร่เกษตรกร. น.271. ใน เอกสารประกอบการประชุมวิชาการพืชไร่วงศ์ถั่วเหลืองแห่งชาติ ครั้งที่ 1 พืชไร่วงศ์ถั่วเพื่อสุขภาพและความพอเพียง จังหวัดเชียงราย. กรุงเทพฯ: กรมวิชาการเกษตร.

อรรถนัย มงคลพร. 2548. เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช. นครปฐม: ภาควิชาพืชสวน, คณะเกษตร, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, วิทยาเขตกำแพงแสน. 95 น.

Arshad, M., N. Ali and A. Ghafoor. 2006. Character correlation and path coefficient in soybean *Glycine max* (L.) Merrill. **Pak. J. Bot.** 38(1):121-130.

Chung, J., H. L. Babka, G. L. Graef, P. E. Staswick, D. J. Lee, P. B. Cregan, R. C. Shoemaker and J. E. Specht. 2003. The seed protein oil and yield QTL on soybean linkage group I. **Crop Sci.** 43:1053-1067.

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.

Fehr, W.R. 1987. **Principles of cultivar development**. Vol.1: Theory and Technique, New York: Macmillan, Publishing Company. 536 p.

Fehr, W.R., and C.E. Caviness. 1977. Stages of soybean development. Special Report 80. Iowa State Univ. **CODEN IWSRBC** (80). 1-12.

Gadde, P. M., 2006. **Genetic investigations in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]**. [Online]. Available <http://www.etd.uasd.edu/ft/th8595.pdf>. (4 January 2011).

Graef, G.L., L.G. Joson and E.S. James. 1996. **Heritability and relationships among traits for edamame production in two soybean populations**. USA: Department of agronomy and horticulture. University of Nebraska, Lincoln. 4 p.

- Kim, H.K., S.T. Kang and D.Y. Suh. 2004. Localization of quantitative trait loci for number of nodes and branches in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill.]. **Korean J. Breed.** 36(4):187-193.
- Liu, B., T. Fujita, Z. Yan, S. Sakamoto, D. Xu and J. Abe. 2007. QTL mapping of domestication-related traits in soybean (*Glycine max*). **Annals of botany.** 100:1027-1038.
- Martin, B. no date. **Introduction to gmenel.** Stuttgart, Germany: Institute of plant breeding, seed science and population genetic. University of Hohenheim and state plant breeding institute. 26 p.
- Mentreddy, S.R., A.I. Mohamed, N. Joshee and A.K. Yadov. 2002. **Edamame : a nutritious vegetable crop.** [Online]. Available <http://www.hort.purdue.edu/newcrop/ncnu02/v5-432.html>. (9 December 2009).
- Niessl, H., J. Vollmanni and I. Ruckenbauer. 1995. **Selection for time to maturity in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) and seed protein content of early maturing genotypes.** [Online]. Available <http://www.boku.ac.at/diebodenkultur/volltexte/band-46/heft-1/niessl.pdf>. (27 December 2009).
- Pooprompan, P., S. Wasee, T. Toojinda, J. Abe, S. Chanprame and P. Srinives. 2006a. Inheritance of grain quality and days to flowering in vegetable soybean. **Korean J. Breed.** 38(1):6-12.
- Pooprompan, P., S. Wasee, T. Toojinda, S. Chanprame and P. Srinives. 2006b. Molecular marker analysis of days to flowering in vegetable soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Kasetsart J. (Nat.Sci.)** 40: 573 – 581.
- Rajkumar R., V. Kumar, P. Murlidharan and D. K. Agarwal. 2010. Study on genetic variability and traits interrelationship among released soybean varieties of India [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Plant Breeding.** 1(6): 1483-1487
- Sanitchon, J. 2004. **DNA marker linked to sudden death syndrome resistance in soybean.** Thesis Doctor of philosophy. Kasetsart University. 59 p.
- Shoemaker, R.C. and J.E. Specht. 1995. Integration of the soybean molecular and classical genetic linkage groups. **Crop Sci.** 35:436-446.
- Spencer, M.M., D. Landau – Ellis, E.J. Meyer and V.R. Pantalone. 2004. Molecular markers associated with linolenic acid content in soybean. **JAOCS.** 81:559-562.

- Tasma, I.M., L.L. Lorenzen, D.E. Green and R.C. Shoemaker. 2001. Mapping genetic loci for flowering time, maturity and photoperiod insensitivity in soybean. **Molecular Breeding**. 8:25-35.
- Tasma, I.M. and. R.C. Shoemaker. 2003. Mapping flowering time gene homolog in soybean and their association with maturity (E) loci. **Crop Sci.** 43:319-328.
- Xin, D., H. Qiu, D. Shan, C. Shan, C. Liu, G. Hu, C. Staehelin and Q. Chen. 2008. **Analysis of quantitative trait loci underlying the period of reproductive growth stages in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill)**. [Online]. Available <http://www.designsoybean.com/edit/uploadfile/.../F1200909251720254259.pdf>. (24 December 2010).
- Zhang, W.K., Y.J. Wang, G.Z. Luo, J.S. Zhang, C.Y. He, X. L. Wu, J.Y. Gai and S.Y. Chen. 2004. QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean (*Glycine max* L. Merr.) genetic map and their association with EST markers. **Appl Genet.** 108:1131-1139.



ภาคผนวก



ภาคผนวก ก

ประวัติผู้วิจัย

ประวัติผู้วิจัย

ชื่อสกุล	นายสุระกาญจน์ ศรีบุญ	
เกิดเมื่อ	6 กรกฎาคม พ.ศ. 2527	
ประวัติการศึกษา	พ.ศ. 2539	ประถมศึกษา
	พ.ศ. 2542	โรงเรียนอนุบาลเวียงชัย มัธยมศึกษาตอนต้น
	พ.ศ. 2545	โรงเรียนเมืองเชียงราย มัธยมศึกษาตอนปลาย
	พ.ศ. 2549	โรงเรียนเมืองเชียงราย วิทยาศาสตร์บัณฑิต (วท.บ.) พืชศาสตร์ (พืชผัก) มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่