

อรชร โชติญาณวงษ์ 2552: ความสัมพันธ์ทางสัณฐานวิทยาและพันธุกรรมในถั่วเหลืองพันธุ์พื้นเมือง และพันธุ์รับรองของไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร) สาขา เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา ปรชชานกรรมการที่ปรึกษา: ศาสตราจารย์พระศักดิ์ ศรีนิเวศน์, Ph.D. 240 หน้า

ถั่วเหลืองเป็นพืชที่เป็นแหล่งโปรตีนและน้ำมันที่สำคัญ ข้อมูลพื้นฐานเกี่ยวกับความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของถั่วเหลือง เป็นสิ่งที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องทราบ เพื่อนำมาใช้เพิ่มประสิทธิภาพในการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลือง การทดลองนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความแปรปรวนและจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของถั่วเหลือง 160 สายพันธุ์ ประกอบด้วย พันธุ์พื้นเมือง 149 สายพันธุ์และพันธุ์รับรอง 11 สายพันธุ์ ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ลักษณะทางสัณฐาน 26 ลักษณะ ประกอบด้วย ลักษณะเชิงปริมาณ 11 ลักษณะ และลักษณะเชิงคุณภาพ 15 ลักษณะ และเครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 18 เครื่องหมาย จากการทดลองใน 2 สถานที่ 2 จุด พบว่า เมื่อใช้ลักษณะเชิงปริมาณ 11 ลักษณะ วิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างพันธุ์/สายพันธุ์โดยใช้ Euclidean distance และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่า ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูแล้ง พ.ศ. 2547/48 ที่มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 34.56 % ได้ 22 กลุ่ม ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูแล้ง พ.ศ. 2547/48 ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 50.87 % ได้ 22 กลุ่ม ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูฝน พ.ศ. 2548 ที่มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 26.88 % ได้ 22 กลุ่ม ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูฝน พ.ศ. 2548 ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 17.72 % ได้ 23 กลุ่ม ในการจัดกลุ่มโดยใช้ลักษณะเชิงปริมาณนี้ สภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะมาก เช่น อายุวันออกดอก อายุวันเก็บเกี่ยว และความสูง ทำให้การจัดพันธุ์เข้ากลุ่มในแต่ละสภาพแวดล้อมแตกต่างกัน เมื่อใช้ลักษณะเชิงคุณภาพ 15 ลักษณะ วิเคราะห์ความคล้ายคลึงโดยใช้ simple matching และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA สามารถแบ่งเป็นกลุ่มย่อยที่ระดับความคล้ายคลึง 80 % ได้ 23 กลุ่ม มีค่า $r = 0.60$ ในการจัดกลุ่มโดยใช้ลักษณะเชิงคุณภาพ พบว่า ลักษณะที่มองเห็นและแบ่งแยกความแตกต่างได้มีจำนวนจำกัด และเมื่อใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 18 เครื่องหมาย พบว่า SSR loci ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยเท่ากับ 11.83 อัลลีล โดย Satt458 มีจำนวนอัลลีลสูงสุดคือ 22 และ Satt045 มีจำนวนอัลลีลต่ำสุดคือ 6 และมีดัชนีความหลากหลายทางพันธุกรรม (H) เฉลี่ยเท่ากับ 0.831 โดย Satt458 มีค่า H สูงสุดคือ 0.916 และ Satt045 มีค่า H ต่ำสุดคือ 0.695 ผลการวิเคราะห์ความแตกต่างของขนาดอัลลีลโดยใช้ Euclidean distance และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่า ที่ระดับความแตกต่าง 53.32 % สามารถแยกได้เป็น 14 กลุ่ม มีค่า $r = 0.91$ โดยการจัดกลุ่มโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลนี้ สามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกและจัดพันธุ์เข้ากลุ่มได้มากขึ้น และจากการจัดกลุ่มโดยใช้ลักษณะต่าง ๆ ดังกล่าวมานั้น พบว่ามีถั่วเหลืองบางพันธุ์/สายพันธุ์ที่น่าจะเป็นพันธุ์เดียวกันในเชื้อพันธุกรรมชุดนี้ ดังนั้น การทดลองนี้ชี้ให้เห็นว่า ถั่วเหลืองพันธุ์พื้นเมืองและพันธุ์รับรองของไทย มีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง ซึ่งแม้ว่าการใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกพันธุ์/สายพันธุ์ถั่วเหลือง จะมีความน่าเชื่อถือมากกว่าการใช้เพียงลักษณะทางสัณฐาน การใช้ลักษณะทางสัณฐานยังคงมีความจำเป็นในการจำแนกลักษณะประจำพันธุ์/สายพันธุ์โดยนักปรับปรุงพันธุ์พืช และสามารถใช้เป็นข้อมูลในการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่ที่เหมาะสมสำหรับสร้างกลุ่มผสมต่าง ๆ ได้