

ชื่อเรื่อง	ความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะน้ำหนักเมล็ด แห้ง 100 เมล็ด และวันออกดอกแรกในถั่วเหลืองฝักสด
ชื่อผู้เขียน	นางสาวทับทิม สายสืบ
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชสวน
ประธานกรรมการที่ปรึกษา	อาจารย์ ดร.พรพันธ์ ภู่อ้อมพันธุ์

บทคัดย่อ

ขนาดเมล็ดและวันออกดอกแรกเป็นลักษณะทางปริมาณที่สำคัญของถั่วเหลืองฝักสด งานวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อสืบค้นความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (simple sequence repeat, SSR) กับลักษณะทางปริมาณที่ควบคุมน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดและวันออกดอกแรก ในประชากรสายพันธุ์แท้ (recombination inbred line, RIL) 92 สายพันธุ์ที่ได้จากการใช้วิธีเก็บเมล็ดต่อต้านประยุกต์ของกลุ่มสมदैยระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ AGS292 กับพันธุ์ที่ได้จากการทดลอง K3 โดยปลูกทดสอบในฤดูแล้งปี 2555 ฤดูฝนปี 2555 และฤดูแล้งปี 2556 วางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ (randomized complete block design, RCBD) จำนวน 3 ซ้ำ และ 2 ซ้ำ ตามลำดับ ผลการทดลองพบว่าประชากรสายพันธุ์แท้ มีการกระจายตัวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดแบบปกติ ($P > 0.05$) ทั้ง 3 ฤดู และมีค่าการประเมินอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 88.8, 60.7 และ 70.8 ตามลำดับ พบการกระจายตัวของวันออกดอกแรกของประชากรสายพันธุ์แท้ไปทางขวา ($P < 0.05$) ในฤดูแล้งปี 2555 และฤดูแล้งปี 2556 อย่างไรก็ตามในฤดูฝนปี 2555 มีการกระจายตัวของวันออกดอกแรกแบบปกติ โดยมีค่าการประเมินอัตราพันธุกรรมแบบแคบเท่ากับร้อยละ 92.5, 89.4 และ 82.5 ตามลำดับ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่แสดงความแตกต่างในพันธุ์พ่อแม่ จำนวน 97 เครื่องหมายในฤดูแล้งปี 2555 ฤดูฝนปี 2555 และ 244 เครื่องหมายในฤดูแล้งปี 2556 พบว่ามีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 8, 11 และ 12 กลุ่ม ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะพบความเชื่อมโยงกับลักษณะจำนวน 6, 5 และ 5 เครื่องหมาย ตามลำดับ และผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะมีค่าร้อยละ 43.7 ของ Satt354 บนกลุ่มลิงเกจ I Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L Satt432 บนกลุ่มลิงเกจ C2 Sat_330 บนกลุ่มลิงเกจ M Satt230 บนกลุ่มลิงเกจ E และ Sat_069 บนกลุ่มลิงเกจ D1b ในฤดูแล้งปี 2555 ผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะมีค่าร้อยละ 34.0 ของ Satt354 บนกลุ่มลิงเกจ I

Satt166 บนกลุ่มลิงเกจ L Sat_332 บนกลุ่มลิงเกจ D1a Satt432 บนกลุ่มลิงเกจ C2 และ Sat_330 บนกลุ่มลิงเกจ M ในฤดูฝนปี 2555 และร้อยละ 62.3 ของ Satt517 บนกลุ่มลิงเกจ G Satt009 บนกลุ่มลิงเกจ N Satt622 บนกลุ่มลิงเกจ J Satt229 บนกลุ่มลิงเกจ L และ Sat_219 บนกลุ่มลิงเกจ I ในฤดูแล้งปี 2556 ส่วนการวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของอายุวันออกดอกแรก พบว่าในแต่ละฤดูมีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 6, 8 และ 11 กลุ่มตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับลักษณะพบความเชื่อมโยงจำนวน 5, 3 และ 3 เครื่องหมายตามลำดับ และผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะมีค่าร้อยละ 50.2 ของ Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J Satt357 บนกลุ่มลิงเกจ C2 Satt187 บนกลุ่มลิงเกจ A2 Satt132 บนกลุ่มลิงเกจ J และ Sat_332 บนกลุ่มลิงเกจ D1a ในฤดูแล้งปี 2555 ร้อยละ 51.0 ของ Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J Satt357 บนกลุ่มลิงเกจ C2 และ Sat_332 บนกลุ่มลิงเกจ D1a ในฤดูฝนปี 2555 และร้อยละ 76.4 ของ Satt215 บนกลุ่มลิงเกจ J Satt229 บนกลุ่มลิงเกจ I และ Satt654 บนกลุ่มลิงเกจ J ในฤดูแล้งปี 2556

คำสำคัญ : ถั่วเหลืองฝักสด เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด
วันออกดอกแรก

Title	Association of Molecular Marker with 100 Dry Seed Weight and Days to First Flowering in Vegetable Soybean [<i>Glycine max</i> (L.) Merrill]
Author	Miss Tabtim Saiseub
Degree of	Master of Science in Horticulture
Advisory Committee Chairperson	Dr. Pornpan Pooprompan

ABSTRACT

Seed size and days to first flowering (R_1) are important quantitative traits in vegetable soybean. The objective of this research was to investigate the association of SSR markers with 100 dry seed weight and R_1 stage in recombination inbred line (RIL). The RIL population derived from the crossing between vegetable soybean variety AGS292 and line K3, Single Seed Descent (SSD) method was applied for seed collection. The experiment was conducted in dry season of 2012, rainy season of 2012 and dry season of 2013 which employed a Randomized Complete Block Design, with 3 and 2 replications, respectively. Results found that 100 dry seed weight of the RIL population was normally distributed ($P>0.05$) in all seasons and narrow sense heritability estimates were 88.8 %, 60.7 % and 70.8 %, respectively. The distribution of R_1 stage of the RIL population were positively skewed ($P<0.05$) in dry season of 2012 and dry season of 2013. However, normal distribution in rainy season of 2012 and narrow sense heritability estimate values were 92.5 %, 89.4 % and 82.5 %, respectively.

Single Factor - Analysis of Variance (SF-ANOVA) of 100 dry seed weight was performed among 97 and 244 polymorphic SSR markers and 8, 11 and 12 linkage groups (LG) with 100 dry seed weight in dry season of 2012, rainy season of 2012 and dry season of 2013, respectively. Meanwhile, Multiple Locus Regression Analysis of significant markers showed that 6, 5 and 5 SSR markers were associated and gave 43.7 % total variation as explained by Satt354 on LG I, Satt166 on LG L, Satt432 on LG C2, Sat_330 on LG M, Satt230 on LG E, and Sat_069 on LG D1b, in dry season of 2012, while 34.0 % total variation was explained by Satt354 on LG I, Satt166 on LG L, Sat_332 on LG D1a, Satt432 on LG C2 and Sat_330 on LG M in rainy season of 2012, and 62.3 % total variation explained by Satt517 on LG G, Satt009 on

LG N, Satt622 on LG J, Satt229 on LG L and Sat_219 on LG I in dry season of 2013. SF-ANOVA of R_1 stage found that 6, 8 and 11 linkage groups were linked with the trait, respectively. Multiple - locus regression analysis of R_1 stage showed that 5, 3 and 3 SSR markers were associated and gave 50.2 % total variation as explained by Satt431 on LG J, Satt357 on LG C2, Satt187 on LG A2, Satt132 on LG J and Sat_332 on LG D1a in dry season of 2012, while 51.0 % total variation was explained by Satt431 on LG J, Satt357 on LG C2 and Sat_332 on LG D1a in rainy season of 2012 and 76.4 % total variation was explained by Satt215 on LG J, Satt229 on LG I and Satt654 on LG J in dry season of 2013.

Keywords : vegetable soybean, SSR marker, 100 dry seed weight, days to first flowering.