

บทคัดย่อ :

โปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองเป็นโปรตีนจากพืชที่แตกต่างจากโปรตีนชนิดอื่น และมีคุณค่าทางโภชนาการสูงซึ่งใช้เป็นส่วนประกอบหลักในอาหารเพื่อสุขภาพ องค์ประกอบทางโภชนาการในเมล็ดถั่วเหลืองขึ้นอยู่กับพันธุ์และสภาพการเพาะปลูก วัตถุประสงค์ในการศึกษานี้เพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะและจำแนกเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ (SSR) ที่เชื่อมโยงกับลักษณะเชิงปริมาณ (QTL) ที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดถั่วเหลืองฝักสดในประชากรสายพันธุ์แท้ที่ได้มาจากคู่ผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดที่มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดต่ำ พันธุ์ AGS292 และถั่วเหลืองที่มีองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสูงสายพันธุ์ (G8891xG7945) 31-3-5-5 หรือ K3 ปลูกทดสอบพันธุ์พ่อแม่และประชากรสายพันธุ์แท้ใน 2 สภาพแวดล้อม วิเคราะห์องค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดในระยะ $R_{6.5}$ ของพันธุ์พ่อแม่และประชากรสายพันธุ์แท้ 92 สายพันธุ์ โดยวิธีการ Kjeldahl ผลการทดลองพบว่า ประชากรมีการกระจายตัวขององค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดเป็นแบบปกติ แสดงให้เห็นว่าลักษณะดังกล่าวเป็นลักษณะเชิงปริมาณ ช่วงการกระจายตัวอยู่ระหว่างร้อยละ 26.7 ถึง 39.5 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 34.6 ถึง 46.9 ในฤดูแล้งปี 2551 และร้อยละ 31.0 ถึง 42.0 ของการวิเคราะห์รวมสองฤดู การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ พบว่า มีค่าร้อยละ 56.0 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 69.5 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าร้อยละ 46.4 แสดงให้เห็นว่าการถ่ายทอดลักษณะมีความผันแปรต่อสภาพแวดล้อม

การวิเคราะห์ขนาดของอัลลีลในพันธุ์พ่อแม่ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ เพื่อสำรวจความแตกต่างทางพันธุกรรม จำนวน 273 เครื่องหมาย สำหรับการวิเคราะห์ความเชื่อมโยงกับลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสดกับสายพันธุ์แท้ 92 สายพันธุ์ จากการวิเคราะห์เครื่องหมายที่แสดงความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อแม่ จำนวน 81 เครื่องหมาย พบว่ามีกลุ่มยีนหลัก (major QTL) อย่างน้อย 1 ตำแหน่ง และกลุ่มยีนรอง (minor QTL) 5 ตำแหน่ง ที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด กลุ่มของยีนที่อยู่ใกล้กับเครื่องหมายโมเลกุล Sat239 บนกลุ่มลิงเกจ I มีอิทธิพลมากที่สุดต่อลักษณะองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด

จากผลการทดลองในครั้งนี้แสดงให้เห็นว่า ตำแหน่งของกลุ่มยีนที่ควบคุมองค์ประกอบโปรตีนในเมล็ดสด ที่พบบนส่วนต่างๆ ในจีโนม น่าจะมีความเฉพาะเจาะจง และควบคุมลักษณะเดียวกันในประชากรจากคู่ผสมอื่น กลุ่มยีนที่พบในครั้งนี้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการใช้เครื่องหมายโมเลกุลช่วยคัดเลือกและเป็นข้อมูลพื้นฐาน สำหรับการปรับปรุงสายพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด ในประเทศไทยและประเทศใกล้เคียง

Abstract:

232224

Proteins content in soybean seeds is unique and high in nutritional value as a major ingredient of healthy food. The nutritional composition in soybean seeds varies depending on cultivars and growing condition. The objectives of this study were to investigate the inheritance of seed protein content and to identify the simple sequence repeat (SSR) markers associating with quantitative trait loci (QTL) for fresh seed protein content in recombinant inbred lines (RILs) derived from a cross between the low seed protein content vegetable soybean cultivar 'AGS292' with the high seed protein content grain soybean line (G8891xG7945)-31-3-5-5 (or 'K3'). The parents and RIL population were grown in two environments. Fresh seed protein content at $R_{6.5}$ stage of the parents and 92 RILs was determined by Kjeldahl method. The results revealed that the RIL population was distributed normally with respect to the trait, suggesting that they are quantitative in nature. Fresh seed protein content ranged from 26.7% to 39.5% in rainy season of 2007 and 34.6% to 46.9% in dry season of 2008, giving 31.0% to 42.0% in average. The narrow-sense heritability of fresh seed protein content in the two environments was 56.0% and 69.5%, while the combined estimates across both environments was 46.4%. This indicated that the heritability of fresh seed protein content was not consistent across the environments.

The SSR allele size profiling of the parents were analyzed with 273 markers to identify their polymorphism. The analysis was assayed for linkage relationships of fresh seed protein content in 92 individual RILs. Molecular marker analysis of 81 polymorphic SSR markers revealed that at least 1 major and 5 minor QTLs were involved in controlling fresh seed protein content. The QTLs near SSR markers Satt239 in molecular linkage group I had the greatest effect on fresh seed protein content. These results suggested that the putative QTLs for fresh seed protein content may be population-specifics as indicated by different genomic region that control the same trait in different mapping populations. The QTLs found in this study can facilitate vegetable soybean breeders in performing marker-assisted selection (MAS) and it can serve as a basic information for breeding program in Thailand or her neighboring countries.