

ลักษณะทางคุณภาพเพื่อการบริโภคเป็นลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait loci, QTL) ที่เป็นปัจจัยหลักในการพิจารณาสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองฝักสด การคัดเลือกให้ได้ลักษณะตามต้องการ ต้องใช้เวลาและค่าใช้จ่ายสูง การใช้เครื่องหมายโมเลกุลช่วยคัดเลือก (marker-assisted selection) สามารถประหยัดเวลา ค่าใช้จ่ายและช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการคัดเลือก งานวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะและจำแนกเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่เชื่อมโยงกับลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะทางคุณภาพและลักษณะทางการเกษตรบางประการในประชากรสายพันธุ์แท้ที่ใช้ทำแผนที่โครโมโซม (mapping population) จากกลุ่มผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ AGS292 กับถั่วเหลืองพันธุ์นครสวรรค์ 1 (นว. 1) ปลูกทดสอบประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ 136 สายพันธุ์ ร่วมกับพันธุ์พ่อแม่ในสองฤดู วางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ (randomized complete block design, RCBD) จำนวน 2 ซ้ำ ผลการทดลองพบว่า อัตราพันธุกรรมแบบแคบขององค์ประกอบของแข็งทั้งหมดที่ละลายน้ำได้ในเมล็ดสด น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด น้ำหนักฝักสด 30 ฝัก ความหนาฝัก ความกว้างฝัก ความยาวฝัก อายุออกดอก และอายุเก็บเกี่ยวในระยะ $R_{6.5}$ เมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู มีค่า 43.3 26.7 51.4 22.1 41.5 65.4 58.0 39.4 และ 25.5 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ การวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์เพื่อสำรวจความแตกต่างของพ่อแม่จำนวน 332 เครื่องหมาย บน 20 กลุ่มลิงเกจ พบว่ามี 49 เครื่องหมาย ที่แสดงความแตกต่าง (polymorphisms) อย่างชัดเจนและสามารถนำไปวิเคราะห์ความเชื่อมโยงกับกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณของลักษณะทางคุณภาพและลักษณะทางการเกษตรในประชากรสายพันธุ์แท้

การวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งพบกลุ่มของยีนอย่างน้อย 7 ตำแหน่ง ที่ควบคุมองค์ประกอบของแข็งทั้งหมดที่ละลายน้ำได้ในเมล็ดสด 4 ตำแหน่ง ที่ควบคุมน้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด 10 ตำแหน่ง ที่ควบคุมน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด 6 ตำแหน่ง ที่ควบคุมน้ำหนักฝักสด 30 ฝัก 6 ตำแหน่ง ที่ควบคุมความหนาฝัก 6 ตำแหน่ง ที่ควบคุมความกว้างฝัก 5 ตำแหน่ง ที่ควบคุมความยาวฝัก 7 ตำแหน่ง ที่ควบคุมอายุออกดอก และ 3 ตำแหน่ง ที่ควบคุมอายุเก็บเกี่ยวในระยะ $R_{6.5}$ กลุ่มของยีนที่มีอิทธิพลต่อการแสดงออกขององค์ประกอบของแข็งทั้งหมดที่ละลายน้ำได้ในเมล็ดสดมากที่สุด อยู่ใกล้กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ที่ Satt141 บนกลุ่มลิงเกจ D1b+W น้ำหนักเมล็ดสด 100 เมล็ด ที่ Satt239 บนกลุ่มลิงเกจ I น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ที่ Satt425 บนกลุ่มลิงเกจ F น้ำหนักฝักสด 30 ฝัก ที่ Satt045 บนกลุ่มลิงเกจ E ความหนาฝักที่ Satt229 บนกลุ่มลิงเกจ L ความกว้างฝักที่ Satt239 บนกลุ่มลิงเกจ I ความยาวฝักที่ Satt540 บนกลุ่มลิงเกจ M อายุออกดอกที่ Satt229 บนกลุ่มลิงเกจ L อายุเก็บเกี่ยวในระยะ $R_{6.5}$ ที่ Satt229 บนกลุ่มลิงเกจ L จากการค้นพบกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณเหล่านี้ก็ปรับปรุงพันธุ์สามารถนำเครื่องหมายโมเลกุลช่วยคัดเลือกเพื่อปรับปรุงคุณภาพและลักษณะทางการเกษตรของถั่วเหลืองฝักสดต่อไป

Eating quality can be determined through quantitative trait loci (QTL) which are major factors to be considered in vegetable soybean improvement. Selection of these desirable traits depend on consumed time and expense. Marker-assisted selection (MAS) can reduce time, expense and increase efficiency for selection. Objectives of this study were to investigate the inheritance and identify simple sequence repeat (SSR) markers associated with quantitative trait loci (QTL) for seed quality and some agricultural traits in recombinant inbred lines (RILs) derived from a cross between the vegetable soybean cultivar 'AGS292' and 'Nakhon Sawan 1' (NS1). Parents and 136 RILs were grown in two seasons. Experiments were conducted on randomized complete block design with two replications. Results revealed that the narrow-sense heritability combined over two environments of total soluble solids (TSS) content of green seed, 100 fresh seed weight (FSW), 100 dry seed weight (DSW), 30 fresh pod weight (FPW), pod thickness (PT), pod width (PW), pod length (PL), days to flowering (DTF) and days to harvest (DTH) were 43.3, 26.7, 51.4, 22.1, 41.5, 65.4, 58.0, 39.4 and 25.5 % respectively. A total of 332 SSR markers on 20 molecular linkage groups (MLGs) were analyzed to identify polymorphism between parents. Results showed that 49 SSR markers exhibited polymorphism and can be used to perform QTL analysis for quality and some agricultural traits in RIL population. Multiple-locus regression analysis of significant marker loci revealed that at least 7 QTL were involved in controlling TSS, 4 QTL controlling FSW, 10 QTL controlling 100 SW, 6 QTL controlling FPW, 6 QTL controlling PT, 6 QTL controlling PW, 5 QTL controlling PL, 7 QTL controlling DTF and 3 QTL controlling DTH. The QTL near an SSR marker (Satt141) in MLG D1b+W had the greatest effect on TSS, Satt239 in MLG I for FSW, Satt425 in MLG F for DSW, Satt045 in MLG E for FPW, Satt229 in MLG L for PT, Satt239 in MLG I for PW, Satt540 in MLG M for PL, Satt229 in MLG L for DTF and Satt229 in MLG L for DTH. The QTL found in this study can facilitate vegetable soybean breeders in using marker-assisted selection to improve quality and some agricultural traits of vegetable soybean.