

สมหวัง อนุสนธิ์พรเพิ่ม 2551: การตรวจสอบตำแหน่งยีนที่ควบคุมลักษณะปริมาณเส้นใย และลักษณะทางพืชไร่ในอ้อยโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอฟแอลพี ปริญาปรัชญา คุชฎีบัณฑิต (พืชไร่) สาขาพืชไร่ ภาควิชาพืชไร่ ปรชานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์เรวัต เลิศฤทัยโยธิน, D.Agr. 98 หน้า

การศึกษาอื่นที่ควบคุมลักษณะปริมาณ (QTLs) โดยการสร้างประชากรจากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์อ้อยการค้า (โคลนพันธุ์ K 93-207) กับโคลนพันธุ์อ้อยป่า คือ *Saccharum spontaneum* L. (โคลนพันธุ์ MPT 97-1) ปลุกทดสอบลูกผสมจำนวน 168 โคลนพันธุ์ ในแปลงทดลองจำนวน 3 ซ้ำ เก็บข้อมูล เส้นผ่านศูนย์กลางลำ (stalk diameter) การแตกกอ (tillering) และปริมาณเส้นใย (fiber content) พบความแตกต่างของโคลนพันธุ์ใน 3 ลักษณะที่ทำการทดสอบ ($P<0.01$) เมื่อทดสอบลูกผสมโดยใช้เอเอฟแอลพีไพร์เมอร์ จำนวน 26 คู่ พบเครื่องหมายโมเลกุลที่มีการกระจายตัวในอัตราส่วน 1:1 (simplex) จำนวน 263 เครื่องหมายโมเลกุล ได้ใช้เครื่องหมายโมเลกุลเหล่านี้ ศึกษาความสัมพันธ์กับลักษณะที่ทำการทดสอบ พบ 38 เครื่องหมายโมเลกุลสัมพันธ์กับเส้นผ่านศูนย์กลางลำ 18 เครื่องหมายโมเลกุลสัมพันธ์กับการแตกกอ และ 20 เครื่องหมายโมเลกุลสัมพันธ์กับปริมาณเส้นใย แต่เครื่องหมายโมเลกุลมีค่า PVP (phenotypic variant explained, R^2) ระหว่าง 3 ถึง 12 เปอร์เซ็นต์ และพบ 19 เครื่องหมายโมเลกุล มีความสัมพันธ์กับทั้ง 3 ลักษณะ โดยเครื่องหมายโมเลกุลที่ถ่ายทอดจาก *Saccharum spontaneum* L. ให้อิทธิพลทางบวกกับลักษณะเส้นใย และการแตกกอสูง และอิทธิพลทางลบกับผ่านศูนย์กลางลำเล็ก ส่วนเครื่องหมายโมเลกุลที่ถ่ายทอดมาจาก พันธุ์อ้อยการค้าให้อิทธิพลทางบวกกับลักษณะเส้นผ่านศูนย์กลางลำ และอิทธิพลทางลบกับลักษณะการแตกกอและปริมาณเส้นใย เมื่อใช้เครื่องหมายโมเลกุล simplex จำนวน 127 และ 136 เครื่องหมายโมเลกุลมาสร้างแผนที่ลิงเกจ โดยใช้ค่า LOD score เท่ากับ 4.0 ได้จำนวน 27 และ 25 กลุ่มลิงเกจ สำหรับแผนที่โคลนพันธุ์แม่และพ่อตามลำดับ โดยมี 110 เครื่องหมายโมเลกุล simplex ที่ไม่มีลิงเกจระหว่างกัน และพบ QTLs ในกลุ่มลิงเกจจำนวน 23 ตำแหน่งสำหรับเส้นผ่านศูนย์กลางลำ 12 ตำแหน่งสำหรับการแตกกอ และ 14 ตำแหน่งสำหรับปริมาณเส้นใย สาเหตุที่กลุ่มลิงเกจ มีจำนวนโมเลกุลเครื่องหมายในแต่ละกลุ่มน้อย เนื่องจากประชากรที่ใช้ได้มาจากการผสมข้ามพันธุ์ระหว่างโคลนอ้อยป่ากับโคลนพันธุ์การค้าจึงทำให้พันธุกรรมที่ได้มีความซับซ้อนยิ่งขึ้น

Somwung Anusornpornpurn 2008: Quantitative Traits Loci (QTLs) Mapping for Fiber Content and Agronomic Characters in Sugarcane Using AFLP Marker. Doctor of Philosophy (Agronomy), Major Field: Agronomy, Department of Agronomy. Thesis Advisor: Associate Professor Rewat Lersrutaiyotin, D.Agr. 98 pages.

The population of 168 progenies derived from a cross between a sugarcane commercial variety (K 93-207) and a *S. spontaneum* L. clone (MPT 97-1) were evaluated in a three replicated field trial. Stalk diameter and tillering were recorded at harvesting and subsequently, plant material was evaluated for fiber content. Clones were significantly different ($P < 0.01$) for all traits analyzed. A total of 263 AFLP simplex markers from 26 primer combinations were used to analyze the inheritance of quantitative traits loci (QTLs) for stalk diameter, tillering and fiber content. Thirty eight putative QTLs from simplex the markers were identified for stalk diameter, 18 for tillering and another 20 for fiber content. Each QTL had PVE (phenotypic variant explained, R^2) ranged from 3 to 12% for 3 traits. The nineteen of these QTLs were identified for more than one trait. Most fiber content QTLs of *Saccharum spontaneum* L. contributed a positive effect for tillering and a negative effect for stalk diameter. The QTLs of commercial variety contributed negative effect for fiber content, number of stalk and a positive effect for stalk diameter. The 127 and 136 of simplex markers were used to establish female and male linkage maps. Linkage analysis (LOD = 4.0) placed them into 27 and 25 linkage groups for male and female linkage maps respectively. The total 110 simplex markers were unlinked. The 23 simplex QTLs for stalk diameter, 12 for tillering and 9 for fiber content were located into both linkage maps. The possible explanation for the small number of linked marker is that this map was from a cross between commercial and wild relative, with a very complex genetic system.