

สมหวัง อนุสนธิ์พรเพิ่ม 2551: การตรวจสอบตำแหน่งยีนที่ควบคุมลักษณะปริมาณเส้นใย และลักษณะทางพืชไร่ในอ้อยโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอเอฟแอลพี ปรินญาปรัชญา คุชฎีบัณฑิต (พืชไร่) สาขาพืชไร่ ภาควิชาพืชไร่ ปรธานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์เรวัต เลิศฤทัยโยธิน, D.Agr. 98 หน้า

การศึกษาเกี่ยวกับควบคุมลักษณะปริมาณ (QTLs) โดยการสร้างประชากรจากการผสมพันธุ์ ระหว่างพันธุ์อ้อยการค้า (โคลนพันธุ์ K 93-207) กับโคลนพันธุ์อ้อยป่า คือ *Saccharum spontaneum* L. (โคลนพันธุ์ MPT 97-1) ปลูกทดสอบลูกผสมจำนวน 168 โคลนพันธุ์ ในแปลง ทดลองจำนวน 3 ซ้ำ เก็บข้อมูล เส้นผ่านศูนย์กลางลำ (stalk diameter) การแตกกอ (tillering) และ ปริมาณเส้นใย (fiber content) พบความแตกต่างของโคลนพันธุ์ใน 3 ลักษณะที่ทำการทดสอบ ($P<0.01$) เมื่อทดสอบลูกผสมโดยใช้เอเอฟแอลพีไพร์เมอร์ จำนวน 26 คู่ พบเครื่องหมายโมเลกุลที่ มีการกระจายตัวในอัตราส่วน 1:1 (simplex) จำนวน 263 เครื่องหมายโมเลกุล ได้ใช้เครื่องหมาย โมเลกุลเหล่านี้ ศึกษาความสัมพันธ์กับลักษณะที่ทำการทดสอบ พบ 38 เครื่องหมายโมเลกุล สัมพันธ์กับเส้นผ่านศูนย์กลางลำ 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 และอิทธิพลทางลบกับผ่านศูนย์กลางลำ เล็ก ส่วนเครื่องหมายโมเลกุลที่ถ่ายทอดมาจาก พันธุ์อ้อยการค้าให้อิทธิพลทางบวกกับลักษณะเส้น ผ่านศูนย์กลางลำ และอิทธิพลทางลบกับลักษณะการแตกกอและปริมาณเส้นใย เมื่อใช้เครื่องหมาย โมเลกุล 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 ในกลุ่มลิงเกจ จำนวน 23 ตำแหน่งสำหรับเส้นผ่านศูนย์กลางลำ 12 ตำแหน่งสำหรับการแตกกอ และ 14 ตำแหน่ง สำหรับปริมาณเส้นใย สาเหตุที่กลุ่มลิงเกจ มีจำนวนโมเลกุลเครื่องหมายในแต่ละกลุ่มน้อย เนื่องมาจากประชากรที่ใช้ได้มาจากการผสมข้ามพันธุ์ระหว่างโคลนอ้อยป่ากับโคลนพันธุ์การค้าจึง ทำให้พันธุกรรมที่ได้มีความซับซ้อนยิ่งขึ้น