นายไต้ เหวินตง : การถ่ายทอดลักษณะและระบุตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่สัมพันธ์กับยีนที่ควบคุมลักษณะปริมาณน้ำมันในเมล็ด ปริมาณคลอโรฟิลล์และแอนโทไซยานินในใบของเรพซีด (*Brassica napus* L.) INHERITANCE AND QTL IDENTIFICATION OF SEED OIL, LEAF CHLOROPHYLL AND ANTHOCYANIN CONTENTS IN RAPESEED (*Brassica napus* L.) อาจารย์ที่ปรึกษา : อาจารย์ ดร. ธีรยุทธ เกิดไทย, 212 หน้า.

งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะที่ควบคุมปริมาณน้ำมันในเมล็ด ปริมาณคลอโรฟิลล์และแอนโทไซยานินในใบของเรพซีด รวมถึงระบุตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่สัมพันธ์กับยีนเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะดังกล่าว โดยทำการศึกษาเรพซีด 6 ประชากร (P_1 P_2 F_1 F_2 B_1 และ B_2) จากคู่ผสมระหว่างสายพันธุ์แท้ 2 สายพันธุ์คือ 10-Zi006 (ใบสีม่วง) กับ 10-4438 (ใบสีเขียว) วางแผนการทดลองแบบสุ่มบล็อกสมบูรณ์เป็นเวลา 2 ปี จากนั้นตรวจวัดการแสดงออกของยีนและการถ่ายทอดลักษณะน้ำมันในเมล็ด ปริมาณคลอโรฟิลล์และแอนโทไซยานินในใบ พบว่า การถ่ายทอดลักษณะที่ศึกษาไม่ได้เป็นไปตาม additive-dominance genetic model แสดงให้เห็นว่าผลของปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างอัลลีลมีความสำคัญกับลักษณะที่ตรวจวัด จากการทดลองยังพบว่าปริมาณแอนโทไซยานินมีค่าความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมแบบกว้างสูงและมีความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมแบบแคบปานกลางแสดงให้เห็นว่าปริมาณแอนโทไซยานินถูกควบคุมด้วยพันธุกรรมเป็นหลักด้วยยีนแบบผลบวกและแบบที่ไม่ใช่ยีนแบบผลบวก และยังพบว่าปริมาณน้ำมันในเมล็ดและปริมาณคลอโรฟิลล์มีค่าความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมแบบกว้างปานกลางและมีความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมแบบแคบต่ำแสดงให้เห็นว่าทั้งสองลักษณะนี้ถูกควบคุมทั้งจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม และยีนแบบผลบวก ยีนแบบที่ไม่ใช่ยีนแบบผลบวก และสภาพแวดล้อมมีความสำคัญต่อการแสดงออกของลักษณะ จากการศึกษายังพบความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณคลอโรฟิลล์และแอนโทไซยานินในใบที่แตกต่างกันในแต่ละประชากรด้วย

จากการจำแนกข้อมูลทางพันธุกรรมของเรพซีดทั้งจีโนมด้วยใช้เทคนิค DArT-seq พบว่าสามารถสร้างแผนที่ทางพันธุกรรมที่มีตำแหน่งเครื่องหมายโมเลกุลที่ต่างกัน 1614 ตำแหน่งจากเครื่องหมายโมเลกุลทั้งหมด 9212 เครื่องหมาย โดยพบตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่สัมพันธ์กับยีนเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะ (Quantitative trait loci; QTLs) ปริมาณน้ำมันในเมล็ด ปริมาณคลอโรฟิลล์และแอนโทไซยานินในใบ 11, 14 และ 8 QTLs ตามลำดับ ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนของฟีโนไทป์ได้ 1.99-18.30, 9.17-19.13 และ 4.45-13.07 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ จากการทดลองยังสามารถระบุตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่สัมพันธ์กับยีนบนโครโมโซม A06 ที่ทับซ้อนกันที่ควบคุมลักษณะน้ำมันในเมล็ดและปริมาณคลอโรฟิลล์ในใบ นอกจากนี้ยังพบว่าตำแหน่ง

ของเครื่องหมายโมเลกุลที่สัมพันธ์กับยีนเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะส่วนใหญ่สอดคล้องกับแผนที่พันธุกรรมทางกายภาพในช่วง 0.02 ถึง 14.54 Mbp ซึ่งผลการศึกษานี้เป็นประโยชน์อย่างยิ่งในการหาตำแหน่งของยีนที่สนใจจากแผนที่โครโมโซม รวมถึงการใช้เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อช่วยในการคัดเลือกลักษณะปริมาณน้ำมันในเมล็ด ปริมาณคลอโรฟิลล์และแอนโทไซยานินในใบของเรพซีด

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช ลายมือชื่อนักศึกษา _____

ปีการศึกษา 2557 ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา_____

DAI WENDONG : INHERITANCE AND QTL IDENTIFICATION OF SEED OIL, LEAF CHLOROPHYLL AND ANTHOCYANIN CONTENTS IN RAPESEED (*Brassica napus* L.). THESIS ADVISOR : TEERAYOOT GIRDTHAI, Ph.D., 212 PP.

RAPESEED/OIL CONTENT/ANTHOCYANIN CONTENT/CHLOROPHYLL CONTENT/INHERITANCE/GENETIC LINKAGE MAP/QTL/

This research aims to study the inheritance of seed oil, leaf chlorophyll and anthocyanin contents in rapeseed and to identify the quantitative trait loci (QTL) based on the high density genetic linkage map. Two inbred lines of 10-Zi006 (purple red leaf) and 10-4438 (green leaf) were employed to construct six generations (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 and BC_2). Gene action and heritability of seed oil, leaf chlorophyll and anthocyanin contents were evaluated using generation mean analysis with RCB design for two years. It was found that the inheritance of studied traits did not show an additive-dominance genetic model, indicating that the non-allelic interaction was important for these characters. High broad sense heritability and moderate narrow sense heritability were obtained for anthocyanin content, indicating that this character was controlled mainly by genetic effects, and that both additive and non-additive gene effects were important. In addition, moderate broad sense heritability and lower narrow sense heritability were detected for seed oil content and leaf chlorophyll content, indicating that those two traits were affected by genetic and non-genetic effects, and both the additive and non-additive effects were important. Moreover, the correlations between leaf anthocyanin and chlorophyll contents differed

between generations.

The DArT-seq technique was employed for genotyping through whole genome profiling. The high density genetic linkage map was finally constructed containing 1614 discrete loci with 9212 markers. Based on this map, there were 11, 14 and 8 QTL which controlled the seed oil, leaf anthocyanin and chlorophyll contents respectively, explaining 1.99-18.30%, 9.17-19.13% and 4.45%-13.07% of the phenotypic variation. As well, there was a partially overlapping confidence interval on A06 linkage group for QTL that controlled seed oil and leaf chlorophyll contents. Furthermore, the majority of the QTL were well anchored on the physical map with intervals of 0.02 to 14.54 Mbp. The results were useful for the detection of candidate genes and map-based cloning and the marker-assisted selection of the traits.

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

School of Crop Production Technology Student's Signature_____

Academic Year 2014 Advisor's Signature_____