บันทึกข้อความ

ส่วนราชการ กองการเจ้าหน้าที่ กลุ่มสรรหาและบรรจุแต่งตั้ง โทร./โทรสาร ๐ ๒๕๗๙ ๘๕๑๓

ที่ กษ ๐๙๐๒/ ๑๘๓๕ **วันที่** ๒๘ ตุลาคม ๒๕๖๗

เรื่อง ประกาศรายชื่อผู้ได้รับการคัดเลือก

เรียน ลนก./ผอ.กอง/สถาบัน/สำนัก/ศทส./สวพ. ๑ – ๘/สชช./กตน./กพร./สนก./กปร./กกย./กวม. และ กศก.

สทช. ส่งคำขอเข้ารับการประเมินบุคคลเพื่อขอประเมินผลงานให้ดำรงตำแหน่งสูงขึ้นของนางสาววิภาวี ชั้นโรจน์ ตำแหน่งนักวิชาการเกษตรปฏิบัติการ (ตล.๑๐๐๘) กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สทช. ขอเข้ารับการประเมินบุคคลเพื่อประเมินผลงานให้ดำรงตำแหน่งนักวิชาการเกษตรชำนาญการ ตำแหน่งเลขที่และส่วนราชการเดิม ซึ่งกรมฯ ได้เห็นชอบการประเมินบุคคลแล้ว เมื่อวันที่ ๑๘ ตุลาคม ๒๕๖๗

ขอประกาศรายชื่อผู้ได้รับการคัดเลือก ชื่อผลงาน พร้อมเค้าโครงผลงาน และสัดส่วนของผลงาน โดยสามารถดูเค้าโครงผลงาน (บทคัดย่อ) และสัดส่วนของผลงานได้จาก Website ของ กกจ. และหากประสงค์จะทักท้วงโปรดแจ้งที่ กกจ. **ภายในเวลา ๓๐ วัน นับแต่วันประกาศ**

จึงเรียนมาเพื่อโปรดทราบ

(นายปรัชญา วงษา)
ผู้อำนวยการกองการเจ้าหน้าที่

เอกสารหมายเลข 3

แบบเสนอเค้าโครงผลงานและข้อเสนอแนวคิดที่เสนอเพื่อขอรับการประเมิน

1. ผลงาน จำนวนไม่เกิน 3 เรื่อง (โดยเรียงลำดับความดีเด่นหรือความสำคัญ)

ผลงานลำดับที่ 1

เรื่อง การตรวจสอบพันธุกรรมมะพร้าวไทยและต่างประเทศ

ทะเบียนวิจัยเลขที่ รหัสโครงการ 631506 โครงการวิจัยจากเงินรายได้จากการดำเนินงานวิจัยด้านการเกษตร กรมวิชาการเกษตร

ระยะเวลาดำเนินการ (เดือน ปี พ.ศ. ที่ดำเนินการ) กรกฎาคม 2563 – มิถุนายน 2565

สัดส่วนของผลงาน

รายชื่อ/ตำแหน่ง/สังกัด ผู้ขอประเมิน/ผู้มีส่วนร่วมในผลงาน (ถ้ามี)	**สัดส่วนของผลงาน**	**รับผิดชอบในฐานะ**
1. นางสาววิภาวี ชั้นโรจน์ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรปฏิบัติการ สังกัด กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ	70%	หัวหน้าโครงการ
2. นางสาวภรณี สว่างศรี ตำแหน่ง นักวิชาการโรคพืชชำนาญการพิเศษ สังกัด กลุ่มวิจัยและพัฒนาเห็ด สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ	10%	ผู้ร่วมโครงการ
3. นางภุมรินทร์ วณิชชนานันท์ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการพิเศษ สังกัด กลุ่มวิจัยวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ	5%	ผู้ร่วมโครงการ
4. นางสาววรารัตน์ ศรีประพัฒน์ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการ สังกัด กลุ่มวิจัยวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ	5%	ผู้ร่วมโครงการ
5. นางวิไลวรรณ ทวิชศรี ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการพิเศษ สังกัด กลุ่มวิชาการ สถาบันวิจัยพืชสวน ปฏิบัติงานที่ กลุ่มวิจัยพืชอนาคต กองวิจัยพัฒนาพืชเศรษฐกิจใหม่และการจัดการก๊าซเรือนกระจกสำหรับภาคเกษตร	5%	ผู้ร่วมโครงการ

รายชื่อ/ตำแหน่ง/สังกัด ผู้ขอประเมิน/ผู้มีส่วนร่วมในผลงาน (ถ้ามี)	สัดส่วนของผลงาน	รับผิดชอบในฐานะ
6. นางสาวพรพยุง คงสุวรรณ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการ สังกัด กลุ่มวิจัย ศูนย์วิจัยพืชสวนยะลา จังหวัดยะลา สถาบันวิจัยพืชสวน	5%	ผู้ร่วมโครงการ

เค้าโครงผลงาน (บทคัดย่อ)

ปัญหาการลักลอบนำเข้ามะพร้าวจากต่างประเทศเป็นปัจจัยหนึ่งที่ส่งผลให้ราคามะพร้าวตกต่ำ จากการที่ไม่สามารถจำแนกมะพร้าวไทยและมะพร้าวต่างประเทศได้โดยการตรวจสอบลักษณะทางสัณฐานวิทยา การตรวจสอบดีเอ็นเอเพื่อจำแนกมะพร้าวไทยและมะพร้าวต่างประเทศจึงเป็นอีกทางเลือกหนึ่งที่สำคัญ โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์ เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและตรวจจำแนกมะพร้าวต้นสูงของไทยและต่างประเทศโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล ได้รวบรวมตัวอย่างมะพร้าวไทย 192 ตัวอย่าง และมะพร้าวนำเข้าจากประเทศเวียดนามและอินโดนีเซีย รวม 48 ตัวอย่าง โดยใช้เครื่องหมาย SSR จำนวน 15 คู่ พบว่าไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างมะพร้าวของไทยและต่างประเทศได้ จากนั้นทำการค้นหาเครื่องหมาย SNP โดยใช้วิธีการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ยุคใหม่ด้วยเทคนิค Genotyping-By-Sequencing (GBS) พบ SNP กระจายตัวทั่วจีโนมจำนวน 110,157 ตำแหน่ง คัดเลือก 3,532 ตำแหน่ง สำหรับใช้วิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะพร้าวทั้งหมด พบว่าประชากรมะพร้าวนี้ มีระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) ระหว่าง 0.001 ถึง 0.070 ค่าเฉลี่ย 0.013 หรือแสดงว่าประชากรมะพร้าวที่ศึกษามีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกันมาก ผลการวิเคราะห์จัดกลุ่ม (cluster analysis) ด้วยวิธี neighbor-joining พบว่า มะพร้าวทั้งหมด สามารถจัดกลุ่มที่ต่างกันได้ 5 กลุ่ม และในทุกกลุ่มมีตัวอย่างมะพร้าวต่างประเทศร่วมอยู่ด้วย จากนั้นวิเคราะห์ principle coordinate analysis (PCoA) พบว่าไม่สามารถแยกจีโนไทป์ของมะพร้าวที่ศึกษาออกเป็นกลุ่มย่อย (subgroup) ได้ แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างมะพร้าวต้นสูงของไทย เวียดนามและอินโดนีเซีย เป็นกลุ่มประชากรที่มีบรรพบุรุษ (ancestor) ร่วมกัน นอกจากนั้นได้คัดเลือก SNP ที่มีประสิทธิภาพในการแยกความแตกต่าง (polymorphism) ของมะพร้าวต่างประเทศออกจากมะพร้าวไทย ได้มากกว่าหรือเท่ากับ 3 ตัวอย่างขึ้นไป จำนวน 347 ตำแหน่ง ในจำนวนนี้สามารถเลือก SNP จำนวน 17 ตำแหน่งที่มีประสิทธิภาพสูงสุด สำหรับใช้จำแนกมะพร้าวไทยและต่างประเทศต้นสูงออกจากกันได้ โดยแบ่ง SNP นี้ออกเป็น 3 ชุด ประกอบด้วย ชุดเครื่องหมายหลัก 6 เครื่องหมาย ที่มีจีโนไทป์ที่สามารถจำแนกมะพร้าวต่างประเทศต้นสูงได้จำนวนมาก โดยจำแนกมะพร้าวต่างประเทศต้นสูงได้ 62.5% ออกจากมะพร้าวไทยต้นสูง ได้แก่ SNP ที่มีการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ A/G, G/A, G/A, C/T, C/G และ C/T ที่อยู่บนโครโมโซมหรือ scaffold VOII01062633 ตำแหน่ง 103 (VOII01062633.103), VOII01006507.39482, CM017887.8194831, VOII01000447.139559, CM017872.79752924 และ CM017876.49130428 ตามลำดับ ชุดเครื่องหมายย่อยที่ 2 ที่สามารถจำแนกมะพร้าวต่างประเทศต้นสูงได้รองลงมา มี 6 เครื่องหมาย โดยจำแนกมะพร้าวต่างประเทศต้นสูงได้ 29.2% ออกจากมะพร้าวไทยต้นสูง ได้แก่ SNP ที่มีการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ C/T, G/T, G/A, C/T, A/G และ A/C ที่

ตำแหน่ง CM017875.1452347, VOII01000282.273156, CM017873.20056828, CM017879.42761423, CM017877.81328843 และVOII01000282.822647 ตามลำดับ ชุดเครื่องหมายย่อยที่ 3 ที่สามารถจำแนกมะพร้าวต่างประเทศต้นสูงได้จำนวนน้อยสุด มี 5 เครื่องหมาย โดยจำแนกมะพร้าวต่างประเทศต้นสูงได้ 8.3% ออกจากมะพร้าวไทยต้นสูง ได้แก่ SNP ที่มีการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ C/T, C/T, C/T, G/C และ G/A ที่ตำแหน่ง VOII01005399.23895, VOII01001019.1641, CM017882.25370686, CM017876.53111902 และ CM017875.5125425 ตามลำดับ นอกจากนั้น กรณีที่ต้องสงสัยว่าตัวอย่างมะพร้าวมีแหล่งที่มาจากประเทศอินโดนีเซีย การทดลองนี้ได้ออกแบบเครื่องหมายสำหรับตรวจพิสูจน์ รวม 7 เครื่องหมาย แบ่งเป็นชุดเครื่องหมายหลัก จำนวน 4 เครื่องหมาย และ ชุดเครื่องหมายย่อยที่ 2 จำนวน 3 เครื่องหมาย กรณีที่ต้องสงสัยว่าตัวอย่างมะพร้าวมีแหล่งที่มาจากประเทศเวียดนาม การทดลองนี้ได้ออกแบบเครื่องหมายสำหรับตรวจพิสูจน์ รวม 10 เครื่องหมาย แบ่งเป็น ชุดเครื่องหมายหลัก จำนวน 5 เครื่องหมาย และ ชุดเครื่องหมายย่อยที่ 2 จำนวน 5 เครื่องหมาย จากข้อมูลการศึกษาครั้งนี้สามารถนำไปพัฒนาต่อโดยการประเมินความแม่นยำของเครื่องหมาย SNP (validation) ที่ใช้ในการจำแนก รวมถึงการพัฒนาการกระบวนการตรวจจำแนกมะพร้าวไทยและต่างประเทศต้นสูงได้ เพื่อช่วยแก้ปัญหาการลักลอบนำเข้ามะพร้าวจากต่างประเทศที่ส่งผลให้ราคามะพร้าวในประเทศตกต่ำ

เอกสารหมายเลข 3 (ต่อ)

ผลงานลำดับที่ 2

เรื่อง การพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลที่สัมพันธ์กับน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลัง

ทะเบียนวิจัยเลขที่ 01-184-61-01-00-00-07-61

ระยะเวลาดำเนินการ (เดือน ปี พ.ศ. ที่ดำเนินการ) ตุลาคม 2563 – กันยายน 2564

สัดส่วนของผลงาน

รายชื่อ/ตำแหน่ง/สังกัด ผู้ขอประเมิน/ผู้มีส่วนร่วมในผลงาน (ถ้ามี)	สัดส่วนของผลงาน	รับผิดชอบในฐานะ
1. นางสาววิภาวี ชั้นโรจน์ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรปฏิบัติการ สังกัด กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ	80%	หัวหน้าการทดลอง
2. นางสาวสุวลักษณ์ ศันสนีย์ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการพิเศษ สังกัด กลุ่มวิจัย ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง จังหวัดระยอง สถาบันวิจัยพืชไร่และพืชทดแทนพลังงาน	10%	ผู้ร่วมการทดลอง
3. นางสุภาวดี ง้อเหรียญ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการพิเศษ สังกัด กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ	5%	ผู้ร่วมการทดลอง
4. นางสาวอัจฉราพรรณ ใจเจริญ ตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการพิเศษ สังกัด กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ	5%	ผู้ร่วมการทดลอง

เค้าโครงผลงาน (บทคัดย่อ)

มันสำปะหลังเป็นพืชอาหารที่มีปริมาณแป้งสูงและเป็นพืชเศรษฐกิจที่มีความสำคัญในประเทศไทย การสังเคราะห์แป้งเป็นปัจจัยหนึ่งที่มีความสำคัญต่อการให้ผลผลิตของมันสำปะหลัง งานวิจัยนี้ได้รวบรวมพันธุ์มันสำปะหลังจากศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง จำนวน 166 พันธุ์ และได้พัฒนาเครื่องหมาย Intron Length Polymorphism (ILP) จำนวน 13 เครื่องหมาย จากยีนที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์แป้งในมันสำปะหลัง จำนวน 6 ยีน ได้แก่ *sucrose synthase, UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase, glucose-6-phosphate isomerase, plastidial phosphoglucomutase, debranching enzyme* และ *glucan, water dikinase* โดยเครื่องหมาย ILP นี้มีค่าประสิทธิภาพของเครื่องหมาย (polymorphism information content; PIC) อยู่ระหว่าง 0.19 – 0.64 มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.35 แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมาย ILP ที่พัฒนาได้มีประสิทธภาพในการจำแนกความแตกต่างของพันธุ์

มันสำปะหลัง เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์กับลักษณะน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลัง ไม่พบเครื่องหมาย ILP ที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังอย่างมีนัยสำคัญ (p value > 0.05) จึงได้พัฒนาเครื่องหมาย Single Nucleotide Polymorphism (SNP) โดยใช้วิธี Genotyping-By-Sequencing (GBS) พบตำแหน่ง SNP จำนวน 383,828 ตำแหน่ง ที่กระจายตัวทั่วทั้งจีโนมมันสำปะหลัง จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมาย SNP กับลักษณะน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลัง พบเครื่องหมาย SNP บนโครโมโซมที่ 12 ของมันสำปะหลังมีความสัมพันธ์มากที่สุดกับลักษณะน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลัง (p value < 10^{-6}) ได้แก่ เครื่องหมาย S12_4926402 มีจีโนไทป์แบบ homozygous G/G มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังที่สัมพันธ์กับจีโนไทป์เท่ากับ 2.97 กิโลกรัมต่อต้น, จีโนไทป์แบบ heterozygous G/A มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังที่สัมพันธ์กับจีโนไทป์เท่ากับ 4.31 กิโลกรัมต่อต้น และจีโนไทป์แบบ homozygous A/A มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังที่สัมพันธ์กับจีโนไทป์เท่ากับ 5.65 กิโลกรัมต่อต้น และเครื่องหมาย S12_4945762 มีจีโนไทป์แบบ homozygous T/T มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังที่สัมพันธ์กับจีโนไทป์เท่ากับ 2.98 กิโลกรัมต่อต้น, จีโนไทป์แบบ heterozygous T/G มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังที่สัมพันธ์กับจีโนไทป์เท่ากับ 4.69 กิโลกรัมต่อต้น และจีโนไทป์แบบ homozygous G/G มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังที่สัมพันธ์กับจีโนไทป์เท่ากับ 6.55 กิโลกรัมต่อต้น ซึ่งผลการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของน้ำหนักผลผลิตมันสำปะหลังที่สัมพันธ์กับจีโนไทป์ในแต่ละเครื่องหมายมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ (p-value < 10^{-5}) โดย SNP ทั้งสองเครื่องหมายนี้มีตำแหน่งอยู่ภายในยีน *splicing factor ESS-2 homolog* ในมันสำปะหลัง เป็นโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการควบคุมการแสดงออกของยีนในกระบวนการ mRNA splicing ผลจากงานวิจัยในครั้งนี้จะเป็นประโยชน์ต่อการนำไปใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อนำไปใช้ในการคัดเลือกพันธุ์มันสำปะหลังให้มีลักษณะน้ำหนักผลผลิตสูงในโครงการปรับปรุงพันธุ์ต่อไปได้

2. ข้อเสนอแนวคิด จำนวน 1 เรื่อง

เรื่อง การพัฒนากระบวนการการตรวจสอบและจำแนกพันธุ์พืชด้วยเทคโนโลยีโอมิกส์

3. ชื่อผลงานเผยแพร่ (ถ้ามี)

1. การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะพร้าวด้วยเครื่องหมายเอสเอสอาร์
2. การพัฒนาเครื่องหมาย ILP จากยีนในกระบวนการสังเคราะห์แป้ง เพื่อศึกษาความหลากหลายในมันสำปะหลัง
3. การพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลจากยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะผลผลิตมันสำปะหลัง
4. รู้พันธุ์พืชอย่างแม่นยำด้วยเครื่องหมายโมเลกุล (smart box)
5. การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของมันสำปะหลัง โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR
6. ความหลากหลายทางพันธุกรรมและการจัดทำลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลัง โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR
7. ความหลากหลายทางชีวภาพและการใช้ประโยชน์ของพืชวงศ์บานไม่รู้โรยและวงศ์ทานตะวันในกลุ่มชาติพันธุ์ม้ง บนพื้นที่สูงภูทับเบิก ตำบลวังบาล อำเภอหล่มเก่า จังหวัดเพชรบูรณ์

4. ชื่อเอกสารวิชาการ (ถ้ามี)

เรื่อง -

เอกสารหมายเลข 5

แบบการเสนอข้อเสนอแนวคิดการพัฒนาหรือปรับปรุงงาน

ชื่อผู้ขอประเมิน นางสาววิภาวี ชั้นโรจน์ **ตำแหน่ง** นักวิชาการเกษตรปฏิบัติการ **(ตำแหน่งเลขที่** 1008**)**
สังกัด กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ
ขอประเมินบุคคลเพื่อแต่งตั้งให้ดำรงตำแหน่ง นักวิชาการเกษตรชำนาญการ **(ตำแหน่งเลขที่** 1008 **)**
สังกัด กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร สำนักวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพ **กรมวิชาการเกษตร**

1. เรื่อง การพัฒนากระบวนการการตรวจสอบและจำแนกพันธุ์พืชด้วยเทคโนโลยีโอมิกส์

2. หลักการและเหตุผล

การตรวจความบริสุทธิ์ของพันธุ์พืชและการปลอมปนด้วยเทคโนโลยีโอมิกส์ (omics technology) เพื่อรองรับพระราชบัญญัติพันธุ์พืช พ.ศ. 2518 และพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ตามภารกิจเพื่อการกำกับดูแล การควบคุมคุณภาพพันธุ์พืชและสินค้าเกษตรที่ไม่ได้คุณภาพมาตรฐาน โดยเฉพาะอย่างยิ่งในพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ เช่น ปาล์มน้ำมัน มะพร้าว เป็นต้น ปัญหาการลักลอบนำเข้าสินค้าเกษตรจากต่างประเทศเป็นปัจจัยหนึ่งที่ส่งผลให้ราคาผลผลิตในประเทศตกต่ำ รวมทั้งการปลอมปนของผลผลิตที่ไม่ตรงตามพันธุ์หรือไม่ได้คุณภาพ ส่งผลให้ผู้ส่งออกสินค้าเกษตรถูกปฏิเสธการนำเข้าจากประเทศปลายทาง และบั่นทอนความเชื่อมั่นของผู้บริโภคทั้งในและต่างประเทศ กรณี มะพร้าว เป็นพืชเศรษฐกิจหนึ่งที่ตรวจพบปัญหาการลักลอบนำเข้า ซึ่งไม่สามารถจำแนกมะพร้าวไทยและมะพร้าวต่างประเทศได้โดยอาศัยการตรวจสอบจากลักษณะทางสัณฐานวิทยา การตรวจสอบโดยอาศัยข้อมูลในระดับดีเอ็นเอหรือจีโนมิกส์ (genomics) จึงเป็นทางเลือกหนึ่งในการตรวจจำแนกมะพร้าวไทยและมะพร้าวต่างประเทศ หรือการจำแนกพันธุ์มะพร้าวน้ำหอมเพื่อการส่งออก และการตรวจความตรงตามพันธุ์ของปาล์มน้ำมัน หรือการตรวจพิสูจน์พ่อแม่พันธุ์ที่แท้จริง เพื่อควบคุมคุณภาพต้นกล้าพันธุ์ปาล์มน้ำมัน ซึ่งนอกจากการจำแนกในระดับสารพันธุกรรมแล้ว ในปัจจุบันการใช้เทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์ (metabolomics) จะเพิ่มความแม่นยำในการระบุแหล่งที่มาของมะพร้าวต้นสูงที่เป็นพันธุ์เดียวกัน แต่มีความแตกต่างกันในส่วนแหล่งที่มาหรือแหล่งผลิตได้ เมตาโบโลมิกส์ได้ถูกนำมาประยุกต์ใช้ในการศึกษาวิจัยทางด้านการเกษตร และอาหารอย่างกว้างขวาง โดยผลที่ได้จากการวิเคราะห์จะอยู่ในรูปของข้อมูลสารเมตาบอไลต์โดยรวม (metabolite profile) ซึ่งเปรียบเสมือนลายพิมพ์ระดับโมเลกุล (molecular fingerprint) ของตัวอย่างพืช และเมื่อผ่านการประมวลผลร่วมกับเทคนิคทางเคโมเมตริกซ์ (chemometrics) จะสามารถวิเคราะห์รูปแบบและเปรียบเทียบข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุล (biomolecular profiling) และค้นหาเครื่องหมายทางชีวภาพ (Biomarkers) เพื่อจำแนกอัตลักษณ์และบ่งชี้ถึงแหล่งที่มาได้ ซึ่งให้ผลการวิเคราะห์ที่มีความถูกต้อง รวดเร็ว และแม่นยำมากยิ่งขึ้น

3. บทวิเคราะห์/แนวความคิด/ข้อเสนอ และข้อจำกัดที่อาจเกิดขึ้นและแนวทางแก้ไข

ในปัจจุบัน การนำเทคโนโลยีโอมิกส์ (omics technology) ทั้งในระดับจีโนมิกส์ (Genomics) ที่ศึกษาสารพันธุกรรม (DNA) ไปจนถึงระดับเมตาบอโลมิกส์ (Metabolomics) ที่ศึกษาสารชีวโมเลกุล และสารเมตาบอไลต์ (Metabolite) ในพืช มาประยุกต์ใช้ในพืช ทำให้สามารถจำแนกพันธุ์พืช ตรวจสอบความตรงตามพันธุ์ และระบุแหล่งผลิตของพืชได้ โดยเฉพาะพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศ ได้แก่ มะพร้าวและปาล์มน้ำมัน

การพัฒนาห้องปฏิบัติการเพื่อรองรับงานบริการด้านตรวจสอบและจำแนกพันธุ์พืชของกรมวิชาการเกษตร มีเป้าหมายที่จะพัฒนางานบริการด้านการจัดจำแนก ตรวจสอบ ระบุพันธุ์ รวมถึงแหล่งที่มาของพืชเศรษฐกิจ โดยกรมวิชาการเกษตรมีห้องปฏิบัติการชีวโมเลกุลที่มีเครื่องมือพื้นฐานสำหรับการทดสอบและผลงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง รวมทั้งมีการพัฒนากระบวนการตรวจสอบแหล่งที่มาของพืชในระดับเมตาบอโลมิกส์เพื่อสนับสนุนการขึ้นทะเบียนสิ่งบ่งชี้ทางภูมิศาสตร์ (Geographical Indications : GI) โดยพืชเศรษฐกิจที่มีความพร้อมในปัจจุบัน ได้แก่ (1) มะพร้าว ซึ่งมีชุดเครื่องหมาย SNP ที่สามารถจำแนกมะพร้าวไทยและต่างประเทศต้นสูง (อินโดนีเซียและเวียดนาม) จากโครงการวิจัยการตรวจสอบพันธุกรรมมะพร้าวไทยและต่างประเทศ ปี 2566 (สนับสนุนโดยเงินรายได้จากการดำเนินงานวิจัยด้านการเกษตร กรมวิชาการเกษตร) สำหรับการตรวจพิสูจน์แหล่งที่มาของมะพร้าวแก่ปอกเปลือกที่ต้องสงสัย เพื่อช่วยแก้ปัญหาการปลอมปนและการลักลอบนำเข้าที่ส่งผลให้ราคามะพร้าวภายในประเทศตกต่ำ และเครื่องหมาย SNP ที่มีตำแหน่งในยีนความหอมของมะพร้าวที่สามารถตรวจสอบและจำแนกพันธุ์มะพร้าวน้ำหอมได้ (2) ปาล์มน้ำมัน ซึ่งปัจจุบันมีเครื่องหมายโมเลกุล SNP และเทคโนโลยีในการระบุกลุ่มพันธุ์และจำแนกลูกผสมเทเนอราที่มีลักษณะผลกะลาบางและให้ปริมาณน้ำมันสูง สำหรับการตรวจพิสูจน์ความตรงตามพันธุ์และการตรวจพิสูจน์พ่อแม่พันธุ์ที่แท้จริงในพันธุ์ลูกผสมของกรมวิชาการเกษตร นอกจากนี้ ในพืชต่างๆ ก็สามารถพัฒนางานบริการจำแนกพันธุ์ขั้นพื้นฐานด้วยเทคโนโลยีการตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ของคลอโรพลาสต์และจีโนมในนิวเคลียสได้

แนวความคิดนี้เน้นการตรวจสอบเพื่อยืนยันความใช้ได้ (validation) ของเครื่องหมายโมเลกุล SNP ในการจำแนกมะพร้าวไทยและต่างประเทศต้นสูง (อินโดนีเซียและเวียดนาม) การจำแนกพันธุ์มะพร้าวน้ำหอม และการระบุกลุ่มพันธุ์และจำแนกลูกผสมเทเนอราในปาล์มน้ำมันของกรมวิชาการเกษตร ให้มีความถูกต้องและแม่นยำ รวมทั้งพัฒนากระบวนการตรวจสอบและจำแนกพันธุ์พืชให้มีขั้นตอนที่เป็นมาตรฐาน จัดทำเป็นคู่มือสำหรับการตรวจสอบและจำแนกพันธุ์พืช และพัฒนาห้องปฏิบัติการที่มุ่งเน้นงานวิเคราะห์ตรวจสอบและจำแนกพันธุ์พืช เพื่อรองรับความต้องการของทางภาครัฐ ภาคเอกชน และกลุ่มเกษตรกรต่อไป

4. ผลที่คาดว่าจะได้รับ

กระบวนการตรวจสอบเพื่อยืนยันความใช้ได้ (validation) ของเครื่องหมายโมเลกุล ในการจำแนกมะพร้าวไทยและต่างประเทศต้นสูง การจำแนกพันธุ์มะพร้าวน้ำหอม การตรวจพิสูจน์ความตรงตามพันธุ์เพื่อควบคุมคุณภาพต้นกล้าพันธุ์ปาล์มน้ำมัน และการพัฒนากระบวนการตรวจสอบแหล่งที่มาของพืชในระดับเมตาบอโลมิกส์

5. ตัวชี้วัดความสำเร็จ

ได้กระบวนการและได้คู่มือปฏิบัติการตรวจสอบแหล่งที่มาและการจำแนกพันธุ์ (มะพร้าวและปาล์มน้ำมัน) ด้วยเทคโนโลยีโอมิกส์ เพื่อรองรับงานบริการ

(ลงชื่อ) วิภาวี ชั้นโรจน์

(นางสาววิภาวี ชั้นโรจน์)

ผู้ขอประเมิน

(วันที่) 27 / มี.ค. / 2567