รายงานผลงานเรื่องเต็มการทดลองที่สิ้นสุด

---

1. **ชุดโครงการวิจัย** : -

2. **โครงการวิจัย** : วิจัยและพัฒนาพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการผลิต
   กิจกรรม : วิจัยและพัฒนาพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อผลผลิตและแป้งสูง

3. **ชื่อการทดลอง (ภาษาไทย)** : การปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อผลผลิตและแป้งสูง : การคัดเลือกปีที่ 2 (ลูกผสมปี 2562)
   ชื่อการทดลอง (ภาษาอังกฤษ) : Cassava Varietal Improvement for High Yield and High Starch Content : Second Selection (2019 Hybrids)

4. **คณะผู้ดำเนินงาน**

หัวหน้าการทดลอง : นางสุวลักษณ์ อะมะวัลย์[1]

ผู้ร่วมงาน : นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล[2] นายวีรกรณ์ แสงไสย์[2]
นางจิณณจาร์ หาญเศรษฐสุข[1] นางสาวกุสุมา รอดแผ้วพาล[1]
นายกุลชาติ นาคจันทึก[1] นางสาวรุ่งรวี บุญทั่ง[1]

5. **บทคัดย่อ**

การศึกษาความสัมพันธ์และโครงสร้างทางพันธุกรรมของมันสำปะหลังลูกผสมชุดปี 2562 จำนวน 194 หมายเลข ที่ปลูกไว้ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR จำนวน 33 เครื่องหมาย พบว่าตำแหน่งของเครื่องหมายที่เลือกใช้มีค่าเฉลี่ยรวม PIC ของทุกเครื่องหมายเท่ากับ 0.78 และพบจำนวนอัลลลีลทั้งหมด 275 อัลลีล บ่งบอกว่าเครื่องหมาย SSR ที่เลือกใช้มีประสิทธิภาพสูงในการแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมของมันสำปะหลังที่ศึกษา จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่าโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักมาจาก 3 แหล่งพันธุกรรมหลัก และโครงสร้างย่อยมาจากแหล่งพันธุกรรมอย่างน้อย 7 แหล่งพันธุกรรม การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์มันสำปะหลังที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน ทำให้สามารถคัดเลือกลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำ

การคัดเลือกพันธุ์มันสำปะหลังปีที่ 2 ปี 2563/64 เป็นขั้นตอนการดำเนินงานต่อจากการคัดเลือกปีที่ 1 (ลูกผสมปี 2562) มีพันธุ์ที่นำเข้าคัดเลือกปีที่ 2 จำนวน 929 พันธุ์ ทำการทดลองโดยปลูกพันธุ์ละ 1 แถว ๆ ละ 10 ต้น ระยะปลูก 1x1 เมตร และในทุก ๆ 25 แถว ปลูกพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 เป็นพันธุ์เปรียบเทียบ

รหัสการทดลอง 01-61-59-01-01-00-46-63

[1] ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง

[2] ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น

กรมวิชาการเกษตร

ดำเนินการปลูกวันที่ 27-28 พฤษภาคม 2563 และเก็บเกี่ยวในวันที่ 3-7 พฤษภาคม 2564 ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง ผลการทดลอง พันธุ์ส่วนใหญ่มีการเจริญเติบโตดี สามารถคัดเลือกพันธุ์ดีได้ 112 พันธุ์ ซึ่งมีผลผลิตหัวสดเฉลี่ยต่อต้นอยู่ระหว่าง 1.8 – 6.8 กิโลกรัม มีเปอร์เซ็นต์แป้งเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 18.5 – 30.9 เปอร์เซ็นต์ และมี Harvest Index 0.37 – 0.83 ในขณะที่พันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 มีผลผลิตหัวสดเฉลี่ย 3.0 และ 4.6 กิโลกรัมต่อต้น ตามลำดับ มีเปอร์เซ็นต์แป้งเฉลี่ย 16.9 และ 25.0 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ และมี Harvest Index เฉลี่ย 0.71 และ 0.66 ตามลำดับ โดยจะนำพันธุ์ต่าง ๆ ทั้ง 112 พันธุ์ที่คัดเลือกได้นี้ ไปทำการทดลองเปรียบเทียบเบื้องต้นในปีต่อไป

6. คำนำ

มันสำปะหลังเป็นพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทย นำไปใช้ประโยชน์ได้หลากหลาย โดยเป็นวัตถุดิบสำหรับอุตสาหกรรมอาหารสัตว์ อุตสาหกรรมแป้งและผลิตภัณฑ์มูลค่าเพิ่มจากแป้ง รวมทั้งการใช้เพื่อเป็นพลังงานทดแทน ในปี 2563 การส่งออกผลิตภัณฑ์จากมันสำปะหลังสร้างรายได้ให้แก่ประเทศ เท่ากับ 82,312 ล้านบาท โดยมีพื้นที่ปลูกมันสำปะหลัง 8.91 ล้านไร่ มีผลผลิตหัวสดมันสำปะหลัง 28.99 ล้านตัน คิดเป็นผลผลิตเฉลี่ยต่อไร่เท่ากับ 3.25 ตัน จำนวนครัวเรือนเกษตรกรผู้ปลูกมันสำปะหลัง 587,754 ครัวเรือน โดยปลูกกระจายในพื้นที่ทั้งประเทศรวม 50 จังหวัด (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2564) การปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังส่วนใหญ่อาศัยเทคนิคการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิม (conventional breeding) โดยคัดเลือกตามลักษณะทางสัณฐานวิทยา ซึ่งบางพันธุ์มีลักษณะสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกันชัดเจน จึงสามารถจำแนกพันธุ์ด้วยลักษณะทางสัณฐานภายนอก แต่อย่างไรก็ตามการจำแนกพันธุ์มันสำปะหลังลูกผสมที่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกันมาก ไม่สามารถใช้ข้อมูลลักษณะทางสัณฐานภายนอกเพียงอย่างเดียวได้ ดังนั้นต้องอาศัยข้อมูลทางพันธุกรรมและเครื่องหมายโมเลกุล รวมถึงเทคนิคและวิธีการที่นำมาวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุกรรม เพื่อใช้ในการจำแนกลักษณะประจำสายพันธุ์ของมันสำปะหลัง (จรัญญา ณรงคะชวนะ, 2010) จากรายงานข้อมูลทางพันธุกรรมของพืชสกุล Manihot พบว่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง เนื่องจากส่วนใหญ่มีโครโมโซมเป็นโพลิพลอยด์ (polyploid; 2n = 36) ซึ่งอาจเกิดจากการปรับตัวของสายพันธุ์ลูกผสมในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน (Nassar, 1995; Fregene et al., 1997) ทำให้มีข้อจำกัดในการได้พันธุ์ที่มีคุณสมบัติตรงตามความต้องการ (ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง, 2547) ดังนั้นองค์ความรู้เกี่ยวกับความหลากหลายทางพันธุกรรมของมันสำปะหลัง จึงเป็นสิ่งสำคัญในการนำมาคัดเลือกพันธุ์พ่อแม่ที่มีพันธุกรรมห่างกันมาใช้ในการปรับปรุงสายพันธุ์ เพื่อป้องกันการเกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression) รวมทั้งการคัดเลือกสายพันธุ์ลูกผสม ให้มีรูปแบบทางพันธุกรรมแบบใหม่ เพื่อเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมขึ้นในประชากร รวมทั้งทนทานต่อการเกิดโรคระบาด

การปรับปรุงพันธุ์พืชโดยทั่วไปใช้วิธีการแบบดั้งเดิม ซึ่งเป็นงานที่ต่อเนื่องยาวนานและใช้ทรัพยากรมากทั้งแรงงานและพื้นที่ รวมทั้งงบประมาณในการดำเนินการ ในมันสำปะหลังลักษณะทางการเกษตรหลักที่ต้องการได้แก่ ผลผลิตสูง แป้งสูง ปรับตัวได้ตามสภาวะแวดล้อม และทนโรค การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่มีคุณสมบัติตามต้องการนับเป็นขั้นตอนที่สำคัญอันดับแรก ตามด้วยขบวนการคัดเลือกลูกผสม ดังนั้นข้อมูลด้านพันธุกรรมที่ถูกต้องครอบคลุม และวิธีการคัดเลือกที่มีประสิทธิภาพ วิธีการจำแนกความแตกต่างระหว่างพันธุ์ที่แม่นยำ จะเพิ่มโอกาส

ของความสำเร็จในการคัดเลือกได้อย่างมีประสิทธิภาพ รวดเร็ว ลดต้นทุนการดำเนินการ ในปัจจุบันเครื่องหมายโมเลกุล มีบทบาทสำคัญอย่างมากในด้านการปรับปรุงพันธุ์ Simple Sequence Repeat (SSR) เป็นดีเอ็นเอที่มีลำดับเบสซ้ำขนาดสั้น ๆ ที่มีกระจายอยู่ทั่วทั้งจีโนมของพืช และมีความจำเพาะของตำแหน่งเครื่องหมายโมเลกุลบนจีโนม (Mba et al., 2001; Olsen and Schaal, 2001; Olsen, 2004) มีการนำมาใช้ในงานปรับปรุงพันธุ์พืชอย่างหลากหลาย เนื่องจากมีความจำเพาะสูง และเป็นเครื่องหมายโมเลกุลชนิด Codominance ที่นิยมนำมาใช้ในการวิเคราะห์ลูกผสม สามารถแยก homozygous และ heterozygous รวมทั้งความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ (Ben-Ari and Lavi, 2012) เครื่องหมายดังกล่าวนี้มีการนำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ตลอดจนวิเคราะห์ต้นกำเนิดของพืชในสกุล Manihot ได้อย่างมีประสิทธิภาพ (เบญจวรรณ และคณะ, 2554; Wangsomnuk et al., 2013; Fu et al., 2014) ดังนั้นการศึกษาในครั้งนี้จึงเลือกใช้เครื่องหมาย SSR ตรวจสอบลักษณะจีโนไทป์ เพื่อวิเคราะห์ความหลากหลาย ความสัมพันธ์ และโครงสร้างทางพันธุกรรมของมันสำปะหลัง โดยอาศัยการจัดกลุ่มด้วยวิธี Distance-based และ วิธี Model-based ซึ่งเป็นวิธีที่นิยมนำมาใช้เพื่อวิเคราะห์ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรทั้งในพืชและสัตว์ (Dachapak et al., 2017; Srithawong et al., 2020) เพื่อใช้เป็นข้อมูลในการสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม สำหรับการนำไปใช้ในการเพิ่มประสิทธิภาพงานปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง

การคัดเลือกพันธุ์มันสำปะหลังปีที่ 2 เป็นขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์ที่ต่อเนื่องมาจากการคัดเลือกปีที่ 1 โดยในแต่ละพันธุ์ทำการปลูกแบบต้นต่อแถว แถวละ 10 ต้น และปลูกพันธุ์ตรวจสอบสลับทุก 25 แถว แล้วคัดเลือกต้นที่มีลักษณะที่ดี ทั้งการให้ผลผลิต เปอร์เซ็นต์แป้ง ลักษณะหัว ทรงต้น และอาการที่แสดงออกจากการเข้าทำลายของโรคและแมลงในแปลงปลูก มาปลูกในขั้นตอนการเปรียบเทียบเบื้องต้นต่อไป และในขั้นตอนนี้ได้ทำการศึกษาความหลากหลาย ความสัมพันธ์ และโครงสร้างทางพันธุกรรมของมันสำปะหลัง โดยอาศัยการจัดกลุ่มด้วยวิธี Distance-based และ วิธี Model-based เพื่อการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลที่มีความจำเพาะต่อบางลักษณะและสำหรับคัดเลือกสายพันธุ์ตรงตามต้องการได้อย่างมีประสิทธิภาพ

7. วิธีดำเนินการ

ดำเนินการ 2 ขั้นตอน

<u>ขั้นตอนที่ 1</u> การศึกษาองค์ประกอบและโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์มันสำปะหลังในลูกผสมปี 2562

- สิ่งที่ใช้ในการทดลอง
  1. พันธุ์มันสำปะหลังลูกผสมปี 2562 จำนวน 194 พันธุ์
  2. สารเคมีที่ใชในการตรวจวิเคราะห์ในระดับดีเอ็นเอ
- แบบและวิธีการทดลอง

  แผนการทดลอง : การทดลองนี้ไม่ได้ใช้แผนการทดลองทางสถิติ

กรมวิชาการเกษตร

- วิธีปฏิบัติการทดลอง

1. สกัดดีเอ็นเอจากใบพืชด้วยวิธี Modified CTAB ทำการตรวจปริมาณและคุณภาพของดีเอ็นเอที่ได้ด้วยนาโนมิเตอร์ (Nanometer) และ เจลอิเล็กโตรโฟเรสซิส (Agarose gel electrophoresis)

2. ทดสอบวิธีการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเครื่องหมายโมเลกุล SSR สำหรับมันสำปะหลัง ด้วยเทคนิค Polymerase Chain Reaction (PCR) ตรวจผลด้วยเทคนิค Agarose gel electrophoresis คัดเลือกครื่องหมายโมเลกุลที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ชัดเจน

3. ทดสอบปริมาณดีเอ็นเอและปฏิกิยาที่เหมาะสมต่อการเพิ่มปริมาณด้วยเทคนิค PCR ตรวจผลด้วยเทคนิค Agarose gel electrophoresis คัดเลือกองค์ประกอบที่เหมาะสมต่อการดำเนินงานทดลอง

4. ตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลังลูกผสมปี 2562 จำนวน 194 พันธุ์ ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลและปฏิกิริยาที่คัดเลือกได้

5. ตรวจวิเคราะห์ตำแหน่งดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยเครื่อง Fragment Analysis บันทึกผล

6. วิเคราะห์น้ำหนักโมเลกุลของดีเอ็นเอเป้าหมายในตัวอย่างที่ได้ในตัวอย่างทั้งหมด บันทึกข้อมูลตำแหน่งดีเอ็นเอเป้าหมาย

7. วิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (similarity coefficents) คำนวณด้วยวิธี Jaccard's similarity coefficients และจัดกลุ่มแบบ UPGMA โดยใช้โปรแกรม NTSYS-pcv. 2.0 (Rohlf, 2002)

8. สร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอโดยประเมินความสัมพันธ์ระหว่างประชากรด้วยวิธี distance based clustering โดยใช้โปรแกรม GenAlEx6.5 และ model based clustering โดยใช้โปรแกรม STRUCTURE 2.3

9. วิเคราะห์ผลจัดกลุ่มแบบ UPGMA ร่วมกับแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของมันสำปะหลัง

10. รายงานผลในรูปแบบโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของมันสำปะหลังลูกผสม ปี 2562

- การบันทึกข้อมูล

1. น้ำหนักโมเลกุลของดีเอ็นเอเป้าหมายจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายโมเลกุลชนิดต่างๆ

2. ตำแหน่งการตรวจพบดีเอ็นเอเป้าหมายแบบ binary (0,1)

3. ตำแหน่ง polymorphic และ monomorphic ของดีเอ็นเอเป้าหมายและเครื่องหมายโมเลกุล

<u>ขั้นตอนที่ 2</u> การคัดเลือกพันธุ์มันสำปะหลัง ปีที่ 2

- สิ่งที่ใช้ในการทดลอง

1. มันสำปะหลัง ที่ผ่านการคัดเลือกปีที่ 1 (ลูกผสมปี 2562) จำนวน 929 สายพันธุ์

2. มันสำปะหลังพันธุ์เปรียบเทียบ 2 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ระยอง 5 และ ระยอง 9

3. ปุ๋ยเคมีตามค่าวิเคราะห์ดิน

4. สารเคมีป้องกันกำจัดวัชพืช โรค และแมลง

5. เครื่องวัดเปอร์เซ็นต์แป้ง แบบ Reimann scale

กรมวิชาการเกษตร

- แบบและวิธีการทดลอง

แผนการทดลอง : การทดลองนี้ไม่ได้ใช้แผนการทดลองทางสถิติ

กรรมวิธี : มันสำปะหลังที่ผ่านการคัดเลือกปีที่ 1 จำนวน 929 สายพันธุ์และพันธุ์มาตรฐาน 2 พันธุ์ คือ พันธุ์ระยอง 5 และ ระยอง 9

- วิธีปฏิบัติการทดลอง

เก็บตัวอย่างดินรวม (Composite sample) ก่อนปลูก เพื่อวิเคราะห์ปริมาณธาตุอาหารในดิน ปลูกมันสำปะหลังที่ผ่านการคัดเลือกปีที่ 1 จำนวน 929 สายพันธุ์ แบบต้นต่อแถว แถวละ 10 ต้น ใช้ระยะระหว่างแถว 1 เมตร ระหว่างต้น 1 เมตร ปลูกพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 เป็นพันธุ์ตรวจสอบสลับทุก 25 แถว หลังจากปลูกประมาณ 30-45 วัน กำจัดวัชพืชด้วยจอบ และใส่ปุ๋ยเคมีตามค่าวิเคราะห์ดินโดยใช้เกณฑ์ตามค่าวิเคราะห์ดินของกรมวิชาการเกษตร โดยโดยขุดหลุมใส่ 2 ข้างลำต้นบริเวณชายพุ่มใบแล้วพรวนดินกลบ ตรวจแปลงทดลองสม่ำเสมอ เพื่อระวังการระบาดของโรค แมลง และกำจัดวัชพืชตามความเหมาะสม เก็บเกี่ยวผลผลิตเมื่ออายุครบ 12 เดือน คัดเลือกพันธุ์ที่มีลักษณะเด่น คือ ให้ผลผลิตและเปอร์เซ็นต์แป้งสูง ทรงต้นดี ดัชนีเก็บเกี่ยว (harvest index) สูงกว่า 0.5 และไม่อ่อนแอต่อโรคและแมลง เพื่อนำไปปลูกทดลองในขั้นตอนการเปรียบเทียบเบื้องต้นต่อไป

- การบันทึกข้อมูล

บันทึกข้อมูลความงอกและจำนวนต้นอยู่รอดถึงเก็บเกี่ยว การเจริญเติบโต ความสูง ความแข็งแรง ลักษณะทรงต้น น้ำหนักต้นและใบ น้ำหนักหัวสด เปอร์เซ็นต์แป้ง สีเนื้อของหัว รูปทรงของหัว การเข้าทำลายของโรคและแมลงที่สำคัญ

- เวลาและสถานที่ดำเนินงานวิจัย

เวลา : ปีเริ่มต้น 2563 – ปีสิ้นสุด 2564

สถานที่ดำเนินงานวิจัย : ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง อ.เมือง จ.ระยอง และศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น อ.เมือง จ.ขอนแก่น

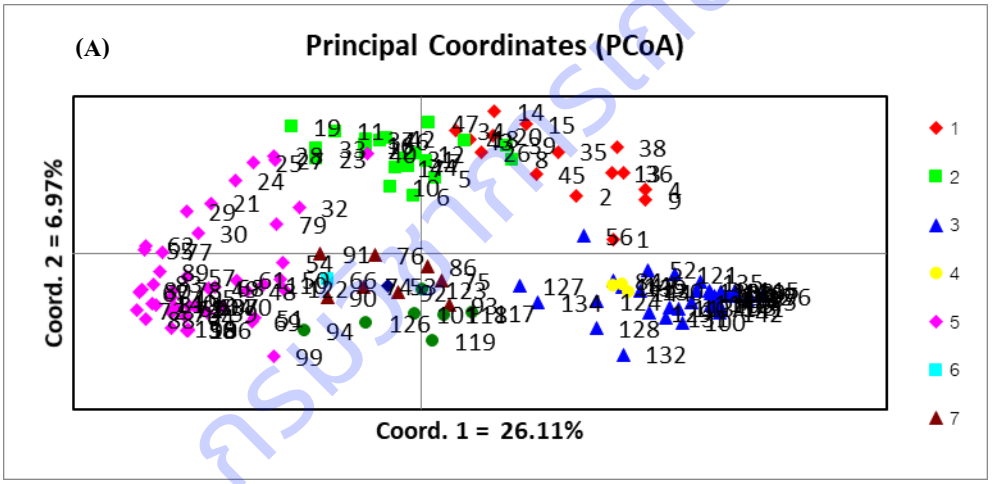
กรมวิชาการเกษตร

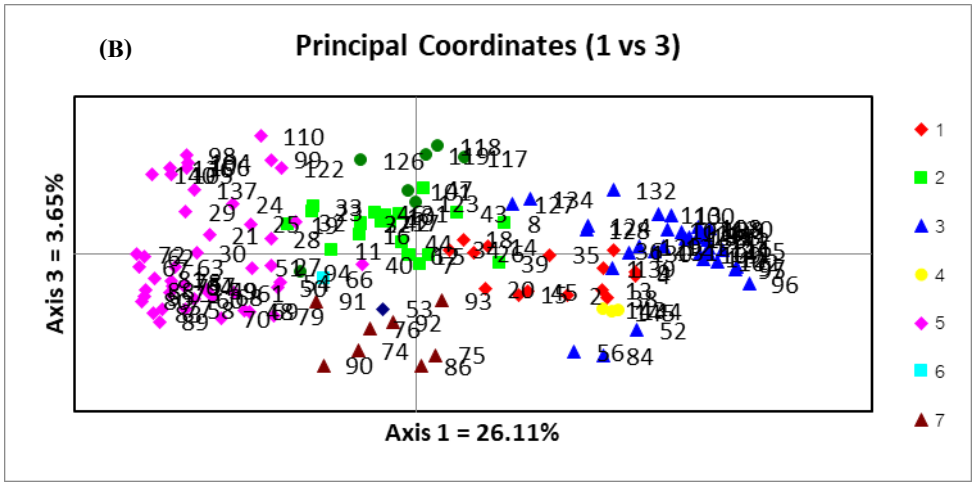
8. ผลการทดลองและวิจารณ์

ขั้นตอนที่ 1 การศึกษาองค์ประกอบและโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์มันสำปะหลังในลูกผสมปี 2562 ผลการทดลองอยู่ระหว่างการวิเคราะห์ข้อมูล

ความหลากหลายทางพันธุกรรมวิเคราะห์ด้วยเครื่องหมาย SSR : ผลการตรวจวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของมันสำปะหลัง จำนวน 112 หมายเลข (ชุดพ่อแม่พันธุ์) ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR จำนวน 33 เครื่องหมาย พบว่าเกือบทุกตำแหน่งแสดงลักษณะ Polymorphism ยกเว้นตำแหน่ง SSRY20 SSRY114 SSRY12 SSRY164 และ EME254 แสดงตำแหน่ง Monomorphism (Table 1) ค่าเฉลี่ยรวม Polymorphism information content (PIC) ของทุกเครื่องหมาย เท่ากับ 0.78 จำนวนอัลลีลทั้งหมดจากตัวอย่าง 112 หมายเลข เท่ากับ 275 อัลลีล และค่าเฉลี่ยอัลลีลต่อเครื่องหมายเท่ากับ 8.3 พบจำนวนอัลลีลอยู่ในช่วง 4 (SSRY114) ถึง 14 (SSRY31) อัลลีล (Table 1) และนำมาใช้วิเคราะห์ลูกผสมชุดปี 2562

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) : วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างมันสำปะหลังที่ศึกษาจำนวน 194 หมายเลข โดยการวิเคราะห์การจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ด้วยแผนภาพ PCoA เมื่อพิจารณาแกนที่ 1 (Axis 1) และ แกนที่ 2 (Axis 2) พบความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 33.09 เปอร์เซ็นต์ (Figure 1A) บ่งบอกถึงตัวอย่างมันสำปะหลังที่ศึกษาในครั้งนี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับต่ำ โดยพบว่ากลุ่มหมายเลขสีชมพู เขียว แดง น้ำเงิน แยกกันเป็นคนละกลุ่ม ในขณะที่สีฟ้า และเหลือง แทรกอยู่ในกลุ่มสีน้ำตาล และน้ำเงิน ตามลำดับ เมื่อพิจารณาแกนที่ 1 (Axis 1) และ แกนที่ 3 (Axis 3) ซึ่งมีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 29.76 เปอร์เซ็นต์ (Figure 1B) พบว่ากลุ่มสีชมพู และสีน้ำเงิน แยกกันอย่างชัดเจน แสดงว่าเป็นกลุ่มที่มีความแตกต่างกัน และเมื่อพิจารณาแกนที่ 2 และ 3 ซึ่งมีค่าความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 10.62 เปอร์เซ็นต์ (Figure 1C) พบว่ากลุ่มสีน้ำเงิน เกาะกลุ่มร่วมกับกลุ่มสีชมพูส่วนใหญ่และสีเขียวเข้ม ในขณะที่กลุ่มสีแดงเกาะกลุ่มร่วมกับสีเขียวอ่อนและสีชมพูบางส่วน แสดงให้เห็นว่ากลุ่มสีชมพูมีการกระจายตัวมากกว่ากลุ่มอื่น และแสดงถึงกลุ่มหลัก 3 กลุ่มในมันสำปะหลังที่ศึกษา ได้แก่กลุ่มชมพู น้ำเงิน และเขียว อย่างไรก็ตามตัวอย่างส่วนใหญ่กระจายอยู่บริเวณตรงกลางของแผนภาพ แสดงให้เห็นถึงความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมของตัวอย่างเหล่านี้





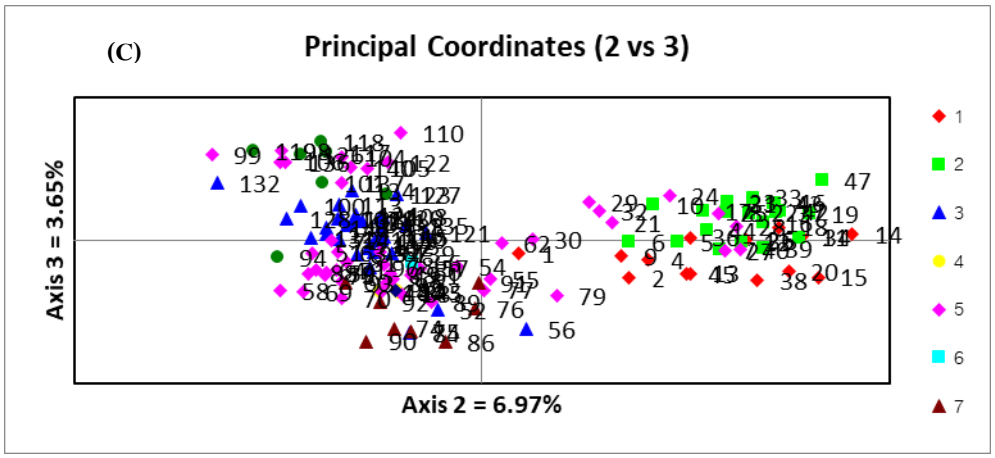


Figure 1 Principal coordinate analysis (PCoA) of 194 cassava accessions based on genetic distance; (A) Axis1 & Axis2, (B) Axis1& Axis3 and (C) Axis2 and Axis3. Color symbols represented hybrid accessions as indicated in supplementary Table 1

โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) : ผลจากการสร้างแผนภูมิต้นไม้ทางพันธุกรรม (Phylogenetic tree) ที่จัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA เพื่อยืนยันผลการจัดกลุ่มตัวอย่างมันสำปะหลัง 194 ตัวอย่าง และการมองภาพการจัดกลุ่มที่ชัดเจนมากขึ้น รวมทั้งรูปแบบโครงสร้างทางพันธุกรรมของมันสำปะหลังที่ศึกษา เพื่อวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม โดยทำการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering พบว่าให้ผลการวิเคราะห์สอดคล้องกับการจัดกลุ่มแบบ PCoA (Figure 1) โดยการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA (Supplementary Figure 1) พบค่า coefficients อยู่ในช่วง 0.55 ถึง 0.99 และที่ระดับค่า coefficients เท่ากับ 0.55 สามารถแยกตัวอย่างได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ซึ่งภายในกลุ่มใหญ่มีกลุ่มย่อยหลายกลุ่ม (Supplementary Figure 1)

เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering โดยพิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างทั้งหมด 194 หมายเลข โดยวิเคราะห์จำนวนกลุ่ม (K) ตั้งแต่ K2 ถึง K10 วิเคราะห์จำนวนกลุ่มประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษา จากการวิเคราะห์ 2 ค่า คือ 1) ค่า ΔK (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) posterior probability หรือ L(K) ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and vonHoldt, 2012) ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 3 (Figure 2A) และค่าเฉลี่ยของ L(K) พบว่าตั้งแต่ K= 3 ถึง K = 7 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำ (Figure 2B)

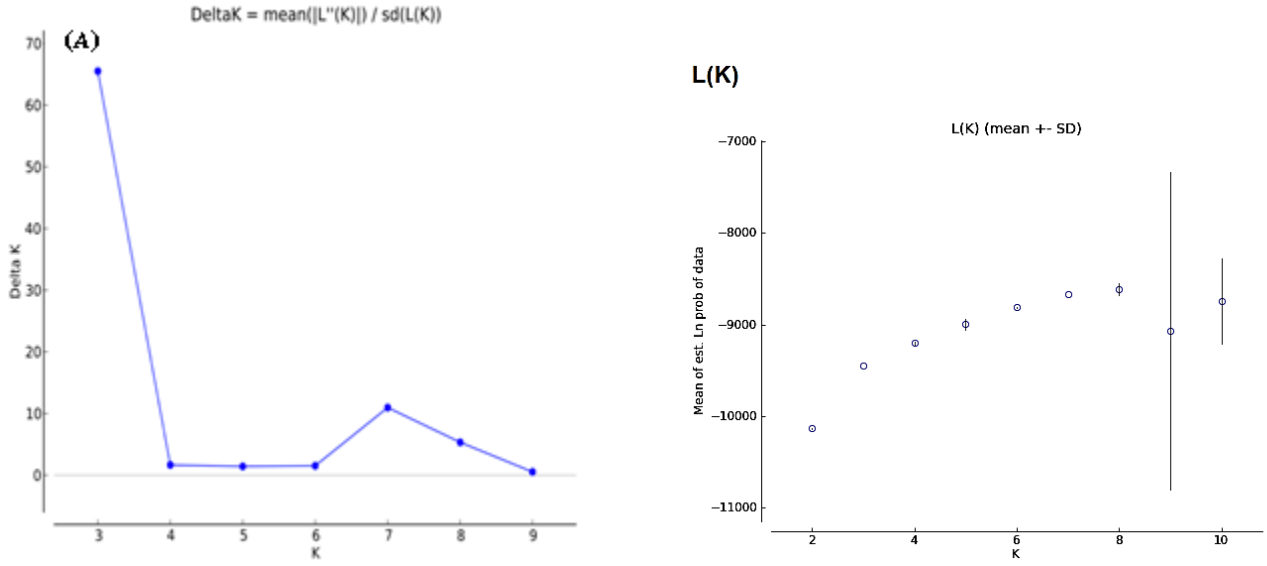


Figure 2 (A) Delta K (ΔK) and (B) Posterior probability or L(K) showed the suitable K which is the best cluster to describe the studied genetic structure or genetic sub-structure.

ดังนั้นจึงเป็นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างมันสำปะหลังที่ศึกษาในครั้งนี้ได้ อาจกล่าวได้ว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่าง 194 หมายเลข ซึ่งรวบรวมไว้ที่แหล่งรวบรวมพันธุ์ ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง ออกได้เป็น 3 กลุ่มหลัก เนื่องจากเป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุดคือ K = 3 (Figure 2A) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA และ UPGMA (Figure 1 and Supplementary Figure 1) กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีแดง กลุ่มที่ 2 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม และกลุ่มที่ 3 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีฟ้า (Figure 3)

เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นจาก K = 4 ถึง K = 7 พบโครงสร้างย่อย (genetic sub-structure) ของตัวอย่างมันสำปะหลังที่ศึกษาในทั้ง 3 กลุ่ม โดยพบว่ากลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีแดง (กลุ่มที่ 1) มีความคงตัวทางพันธุกรรมสูงกว่ากลุ่มอื่น ส่วนกลุ่มที่มีโครงสร้างหลักสีส้ม (กลุ่มที่ 2) และสีฟ้า (กลุ่มที่ 3) มีความผันแปรทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง ที่ K = 5 สามารถแยกตัวอย่างที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมสีเหลืองในทั้ง 2 กลุ่ม

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างมันสำปะหลังจำนวน 194 หมายเลข พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 3 กลุ่มหลัก (K = 3) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 3 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีแดง สีส้ม และสีฟ้า เมื่อพิจารณาโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อยแตกต่างกันอย่างน้อย 7 แหล่งพันธุกรรม (Figure 3)

กรมวิชาการเกษตร

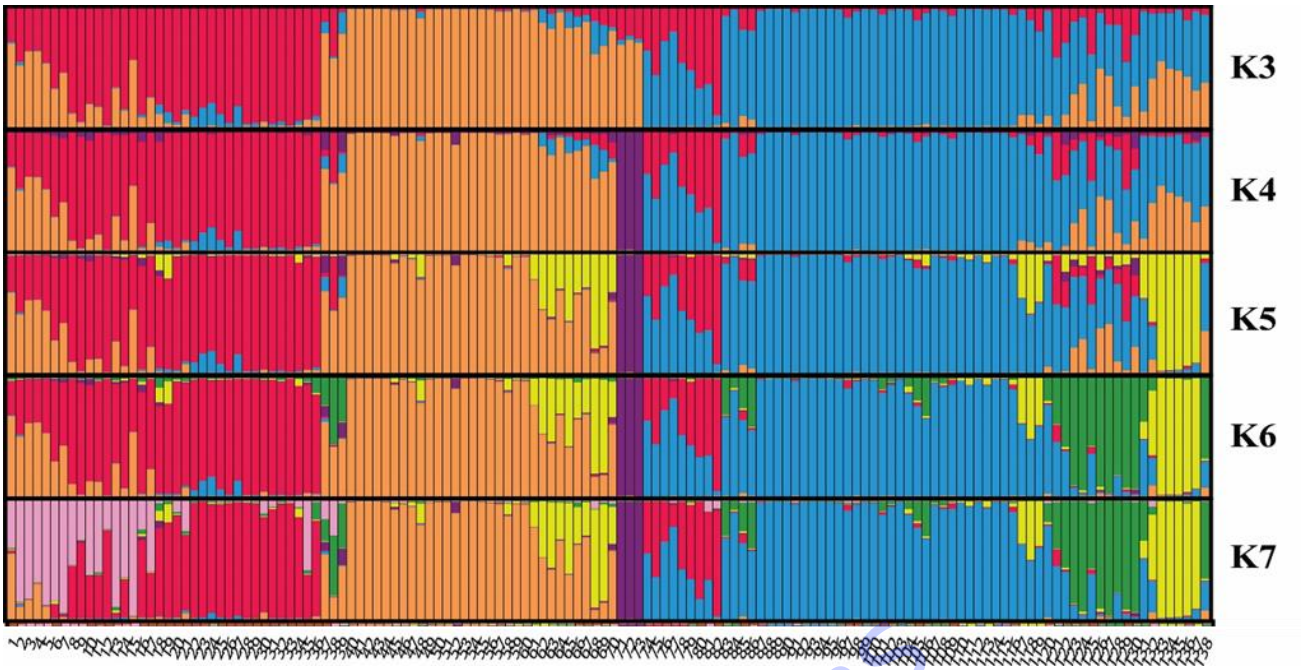


Figure 3 Bar plot estimation figures of STRUCTURE output, with sequential K values from 3 to 7. Each individual was represented by a thin vertical line which was partitioned into different K colored segments that represent the individual's estimated membership fractions in each of the K

กรมวิชาการเกษตร

ขั้นตอนที่ 2 การคัดเลือกพันธุ์มันสำปะหลัง ปีที่ 2

8.2.1 ผลวิเคราะห์ดินก่อนปลูก

ดินบนที่ระดับความลึก 0-20 เซนติเมตร เนื้อดินเป็นดินทราย ดินมีปฏิกิริยาดินเป็นกรด มีค่าความเป็นกรด-ด่าง เท่ากับ 5.3 มีปริมาณอินทรียวัตถุ 0.94 เปอร์เซ็นต์ ปริมาณฟอสฟอรัสที่เป็นประโยชน์ต่ำ 13.0 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม และโพแทสเซียมที่แลกเปลี่ยนได้ต่ำ 17.9 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม ส่วนดินล่างที่ระดับความลึก 20-50 เซนติเมตร มีค่าความเป็นกรด-ด่าง 5.3 มีปริมาณอินทรียวัตถุ 0.98 เปอร์เซ็นต์ ฟอสฟอรัสที่เป็นประโยชน์ต่ำ 13.0 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม และโพแทสเซียมที่แลกเปลี่ยนได้ต่ำ 16.2 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม (Table 2) จากผลวิเคราะห์ดินได้ปุ๋ยตามคำแนะนำการใส่ปุ๋ยตามค่าวิเคราะห์ดิน คือ 16-4-16 กิโลกรัม N-P_2O_5-K_2Oต่อไร่

8.2.2 เปอร์เซ็นต์ความงอกหลังปลูก 1 เดือน

ดำเนินการปลูกมันสำปะหลังในวันที่ 27-28 พฤษภาคม 2563 จำนวน 929 สายพันธุ์และพันธุ์เปรียบเทียบ 2 พันธุ์คือ พันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 พบว่า สายพันธุ์ที่มีความงอกหลังปลูก 1 เดือน อยู่ระหว่าง 90 – 100 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 681 สายพันธุ์ ความงอกอยู่ระหว่าง 80 – 89 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 111 สายพันธุ์ ความงอกอยู่ระหว่าง 70 - 79 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 72 สายพันธุ์ สายพันธุ์ที่มีความงอกน้อยกว่า 70 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 65 สายพันธุ์ ส่วนพันธุ์เปรียบเทียบทั้งพันธุ์ระยอง 5 มีความงอก 94.2 เปอร์เซ็นต์ และระยอง 9 มีความงอก 98.4 เปอร์เซ็นต์

8.2.3 เปอร์เซ็นต์ความอยู่รอดจนถึงเก็บเกี่ยว

สายพันธุ์ที่มีเปอร์เซ็นต์ความอยู่รอดจนถึงเก็บเกี่ยวอยู่ระหว่าง 90 – 100 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 561 สายพันธุ์ เปอร์เซ็นต์ความอยู่รอดจนถึงเก็บเกี่ยวอยู่ระหว่าง 80 – 89 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 137 สายพันธุ์ เปอร์เซ็นต์ความอยู่รอดจนถึงเก็บเกี่ยวอยู่ระหว่าง 70 - 79 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 110 สายพันธุ์ สายพันธุ์ที่มีเปอร์เซ็นต์ความอยู่รอดจนถึงเก็บเกี่ยวน้อยกว่า 70 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 121 สายพันธุ์ ส่วนพันธุ์เปรียบเทียบทั้งพันธุ์ระยอง 5 มีเปอร์เซ็นต์ความอยู่รอดจนถึงเก็บเกี่ยว 77.4 เปอร์เซ็นต์ และระยอง 9 มีเปอร์เซ็นต์ความอยู่รอดจนถึงเก็บเกี่ยว 98.4 เปอร์เซ็นต์

8.2.4 การเจริญเติบโต

จากการทดลองพบว่า สายพันธุ์ที่มีลักษณะดี ตามที่ต้องการ สามารถคัดเลือกได้ จำนวน 112 สายพันธุ์ ซึ่งสายพันธุ์ที่คัดเลือกมีความสูงเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 158 – 315 เซนติเมตร ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 มีความสูงเฉลี่ย 145 และ 172 เซนติเมตร ตามลำดับ ลักษณะทรงต้นของสายพันธุ์ที่คัดเลือกมีลักษณะ v-shape ไม่แตกกิ่ง จำนวน 64 ต้น ลักษณะ v-shape แตกกิ่งมุมแคบ จำนวน 47 ต้น และลักษณะ u-shape แตกกิ่งมุมแคบ จำนวน 1 ต้น ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 มีลักษณะทรงต้นแบบ v-shape แตกกิ่งมุมแคบ และระยอง 9 มีลักษณะทรงต้นแบบ v-shape ไม่แตกกิ่ง (Table 3)

8.2.5 ผลผลิตและเปอร์เซ็นต์แป้ง

ดำเนินการเก็บเกี่ยวผลผลิตในวันที่ 3-7 พฤษภาคม 2564 พบว่า สายพันธุ์ที่คัดเลือก จำนวน 112 สายพันธุ์ มีน้ำหนักหัวสดเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 1.8 – 6.8 กิโลกรัมต่อต้น ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 มีน้ำหนักเฉลี่ย 3.0 และ 4.6 กิโลกรัมต่อต้น ตามลำดับ เปอร์เซ็นต์แป้งเฉลี่ยของสายพันธุ์ที่คัดเลือกอยู่ระหว่าง 18.5 – 30.9 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 เปอร์เซ็นต์แป้งเฉลี่ย 16.9 และ 25.0 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ สีเนื้อของหัวของสายพันธุ์ที่คัดเลือกมีสีขาว จำนวน 50 สายพันธุ์ และมีสีขาวครีม จำนวน 62 สายพันธุ์ ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 สีเนื้อหัวมีสีขาว รูปทรงของหัวของสายพันธุ์ที่คัดเลือกมีลักษณะเป็นทรงกรวยจำนวน 106 สายพันธุ์ และมีลักษณะเป็นทรงกระบอกจำนวน 6 สายพันธุ์ ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 มีรูปทรงของหัวเป็นทรงกรวย น้ำหนักต้น ใบและเหง้าของสายพันธุ์ที่คัดเลือกมีน้ำหนักเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 0.9 – 6.8 กิโลกรัมต่อต้น ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 มีน้ำหนักเฉลี่ย 1.3 และ 2.4 กิโลกรัมต่อต้น ตามลำดับ ค่าดัชนีการเก็บเกี่ยวของสายพันธุ์คัดเลือกอยู่ระหว่าง 0.37 – 0.83 ในขณะที่พันธุ์เปรียบเทียบพันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 มีค่าดัชนีการเก็บเกี่ยว 0.71 และ 0.66 ตามลำดับ (Table 3)

9. สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

การศึกษาความสัมพันธ์และโครงสร้างทางพันธุกรรมของมันสำปะหลังลูกผสมชุดปี 2562 จำนวน 194 หมายเลข ที่รวบรวมไว้ที่แหล่งรวบรวมพันธุ์ ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SSR จำนวน 33 เครื่องหมาย พบว่าตำแหน่งของเครื่องหมายที่เลือกใช้มีค่าเฉลี่ยรวม PIC ของทุกเครื่องหมายเท่ากับ 0.78 และพบจำนวนอัลลลีลทั้งหมด 275 อัลลีล บ่งบอกว่าเครื่องหมาย SSR ที่เลือกใช้มีประสิทธิภาพสูงในการแยกความ

ศรีษะเกษตร

แตกต่างทางพันธุกรรมของมันสำปะหลังที่ศึกษา จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่าโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักมาจาก 3 แหล่งพันธุกรรมหลัก และโครงสร้างย่อยมาจากแหล่งพันธุกรรมอย่างน้อย 7 แหล่งพันธุกรรม การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์มันสำปะหลังที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน ทำให้สามารถคัดเลือกลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำ

สามารถคัดเลือกพันธุ์ดีได้ 112 พันธุ์ ซึ่งมีผลผลิตหัวสดเฉลี่ยต่อต้นอยู่ระหว่าง 1.8 – 6.8 กิโลกรัม มีเปอร์เซ็นต์แป้งเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 18.5 – 30.9 เปอร์เซ็นต์ และมี Harvest Index 0.37 – 0.83 ในขณะที่พันธุ์ระยอง 5 และระยอง 9 มีผลผลิตหัวสดเฉลี่ย 3.0 และ 4.6 กิโลกรัมต่อต้น ตามลำดับ มีเปอร์เซ็นต์แป้งเฉลี่ย 16.9 และ 25.0 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ และมี Harvest Index เฉลี่ย 0.71 และ 0.66 ตามลำดับ โดยจะนำพันธุ์ต่าง ๆ ทั้ง 112 พันธุ์ที่คัดเลือกได้นี้ ไปทำการทดลองเปรียบเทียบเบื้องต้นในปีต่อไป

10. การนำผลงานวิจัยไปใช้ประโยชน์

1. แบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ได้ทั้งแผนภูมิระยะห่างทางพันธุกรรม และโครงสร้างทางพันธุกรรม (Supplementary Figure 1) จะถูกนำไปใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลลูกผสมมันสำปะหลังชุดปี 2562 ซึ่งดำเนินการอยู่ ณ ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง เพื่อศึกษารูปแบบที่เป็นลักษณะเด่นของแบบจำลอง เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ต่อในการคัดเลือกลูกผสมมันสำปะหลังในงานปรับปรุงพันธุ์ของกรมวิชาการเกษตร

2. นำพันธุ์ที่คัดเลือกได้ไปปลูกคัดเลือกในขั้นตอนถัดไป เพื่อคัดเลือกให้ได้มันสำปะหลังพันธุ์ดีสำหรับแนะนำเกษตรกรต่อไป

11. คำขอบคุณ

-

12. เอกสารอ้างอิง

จรัญญา ณรงคะชวนะ. 2010. เทคโนโลยีชีวโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง. Thai Journal of Genetics. 3(2): 95-105.

เบณจวรรณ รัตวัตร์ ปรียา พวงสำลี หวังสมนึก และ พินิจ หวังสมนึก. 2554. การศึกษาพันธุกรรมมันสำปะหลังบางพันธุ์ในประเทศไทยด้วยเครื่องหมาย SSR. ใน: ประชุมวิชาการบัณฑิตวิทยาลัย ครั้งที่ 12 ประจำปี 2554 มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง สถาบันวิจัยพืชไร่ 2547. มันสำปะหลัง . กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2564. ข้อมูลการผลิตสินค้าเกษตร. แหล่งข้อมูล: http://www.oae.go.th/assets/portals/1/fileups/prcaidata/files/casava63.pdf. ค้นเมื่อวันที่ 13 กรกฎาคม 2564.

กรมวิชาการเกษตร

Ben-Ari, G. and Lavi, U. 2012. 1 1 - Marker-assisted selection in plant breeding. In “Plant Biotechnology and Agriculture” Editor(s): Arie Altman, Paul Michael Hasegawa, Academic Press, 2012, Pages 163-184.

Dachapak S., Somta P., Poonchaivilaisak S., Yimram T., Srinives P. 2017. Genetic diversity and structure of the zombi pea (Vigna vexillata (L.) A. Rich) gene pool based on SSR marker analysis. Genetica. 145(2),pp. 189-20.

Fregene, M. A., Angel, F., Gomez, R., Rodriguez, F., Chavariaga, P., Roca, W., Tohme, J. and Bonier, M. 1997. A molecular genetic map of cassava. Theoretical and Appied Genetics. 95: 431-441.

Fu, Y.F, Wangsomnuk, P.P. and Ruttawat, B. 2014. Thai elite cassava genetic diversity was fortuitously conserved through farming with different sets of. varieties. 15: 1463-1478.

Mba, R. E. C., Stephenson, P., Edward K., Melzer, K., Nkumbira,J.,Gullberg,U., Apel, K., Gale, M., Tohme, J. and Fregene, M. 2001. Simple equence repeat (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) genome: towards an SSR-based molecular genetic map of cassava. Theoretical and Applied Genetics. 102: 21-31.

Nassar, N.M.A. 1995. Development of cassava interspecific hybrids for savanna (cerrado) conditions. Journal of Root Crops. 22: 9–17.

Olsen, K. M. 2004. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. Plant Molecular Biology 56, 517–526.

Olsen, K.M. and Schaal, B.A. 2001. Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculenta*, (Euphorbiaceae) and its wild relatives, further evidence for a southern Amazonian origin of domestication. American Journal of Botany. 88: 131–142.

Srithawong, S., Muisuk, K., Srikummool, M., Mahasirikul, N., Triyarach, S., Sriprasert, K. and Kutanan, W. 2020. Genetic structure of the ethnic Lao groups from mainland Southeast Asia revealed by forensic microsatellites. Annal of Human Genetics. Wiley online library. 84 (5). Pp 357-369.

Wangsomnuk, P.P., Ruttawat, B and Wongtiem, P. 2013. Identification of Genetically Distinct Cassava Clones from On-Farm Plantations to Widen the Thai Cassava Breeding Gene Pool. American Journal of Plant Sciences. 4: 1574-1583.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Table 1 Lists of SSR primer pairs and general polymorphism parameters

Locus	Forward	Reward	Product (bp)	Polymorphism	Monomorphism	Number of alleles	PIC
SSRY1[1]	GCAGCTGCCGCTAATAGTTT	CCAAGAGATTGCACTAGCGA	186-205	5	0	5	0.73
SSRY4[1]	ATAGAGCAGAAGTGCAGGCG	CTAACGCACACGACTACGGA	239-299	11	0	11	0.887
SSRY8[1]	AGTGGTTTGAGAAGACTGGTGA	TTTCCAAAATGGAACTTCAAA	269-544	12	1	13	0.888
SSRY20[1]	CATTGGACTTCCTACAAATATGAAT	TGATGGAAAGTGGTTATGTCCTT	276-354	8	1	9	0.84
SSRY22[1]	CTTGCCACTAGAACAGCCAC	GGCGTGGACTAACCTGTTCT	142-199	12	0	12	0.884
SSRY28[1]	TTGACATGAGTGATATTTTCTTGAG	GCTGCGTGCAAAACTAAAAT	260-316	10	0	10	0.815
SSRY29[1]	TGGTAGCTTTTGAATATCTGATGG	TGCCAACCAAACCATTATAGAC	251-316	10	0	10	0.828
SSRY35[1]	GCAGTAAAACCATTCCTCCAA	CTGATCAGCAGGATGCATGT	299-370	7	0	7	0.822
SSRY40[1]	TGCATCATGGTCCACTCACT	CATTCTTTTCGGCATTCCAT	217-243	5	0	5	0.669
SSRY45[1]	TGAAACTGTTTGCAAATTACGA	TCCAGTTCACATGTAGTTGGCT	219-295	10	0	10	0.847
SSRY48[1]	AGCTGCCATGTCAATTGTTG	TCATAAAGCTCGTGATTTCCA	130-177	5	0	5	0.703
SSRY54[1]	GCGACTTTCTGGATGGATTC	TGCAAATGACAAATAACCATCTC	164-214	6	0	6	0.296
SSRY58[1]	GAAGGACAAGCAAAGAAGCAA	TGGAATCCAATATTGATGACTAAGA	235-283	6	0	6	0.799
SSRY64[1]	CGACAAGTCGTATATGTAGTATTCACG	GCAGAGGTGGCTAACGAGAC	93-154	8	0	8	0.804
SSRY66[1]	AAGAATCTCAGCTTCCAACTCTTTCAGT	CGAAATGCTTGGAGACAGGTATAG	263-347	9	0	9	0.845
SSRY68[1]	GCTGCAGAATTTGAAAGATGG	CAGCTGGAGGACCAAAAATG	126-173	6	0	6	0.721
SSRY75[1]	TCTGGTAAACCTACTAGTGCTCCA	TTCATGCACGTCCTGATACA	208-330	9	0	9	0.845
SSRY78[1]	TGCACACGTTCTGTTTCCAT	ATGCCTCCACGTCCAGATAC	172-221	6	0	6	0.773
SSRY82[1]	TGTGACAATTTTCAGATAGCTTCA	CACCATCGGCATTAAACTTTG	260-324	6	0	6	0.732
SSRY84[1]	TTCCTTTCATTCATCCTGGC	AGAACTTCATGCACACAAGTTAAT	135-233	12	0	12	0.879
SSRY85[1]	AAGGTGGCAGCACTTTTCTG	AAGAATACTATACGGACTACATGCCA	270-370	9	0	9	0.709
SSRY99[1]	ATCAAGGCGCAAAAGTCAAT	CTTGCTTTGGTTCCAATTATTTA	255-337	6	0	6	0.726
SSRY106[1]	GGAAACTGCTTGCACAAAGA	CAGCAAGACCATCACCAGTTT	214-312	5	0	5	0.777
SSRY114[1]	CAGA AACAGGAAGGAAAATCAAGCC	TCAACTGCAGATTCATTCAAGA	111-153	4	1	5	0.413
SSRY126[1]	AATGGATCATGTTCAATGTCTTC	TTGAAATACGGCTCAAGCTC	223-283	9	0	9	0.84
SSRY135[1]	CCAGAAACTGAAATGCATCG	AACATGTGCGACAGTGATTG	185-272	9	0	9	0.871
SSRY143[1]	GCTCATGAACTGAGCCTTCA	AGCAGATCCAAATCACTGAAA	180-385	11	0	11	0.824
SSRY12[1]	AACTGTCAAACCATTCTACTTGC	GCCAGCAAGGTTTGCTACAT	176-300	7	3	10	0.76
SSRY31[1]	CTTCATCACGTGTTAATACCAATC	ATTGTTGTGGTTGCAGGACA	171-385	14	0	14	0.898
SSRY164	TCAAACAAGAATTAGCAGAACTGG	TGAGATTTCGTAATATTCATTTCACTT	260-350	7	1	8	0.82
SSRY176[1]	TGGCTAAATTATTGATGTTTTAGTGT	TTTTTCAAAATAGAGGGACCAA	194-396	10	0	10	0.862
SSRY235[1]	CAGGTTTGCCATCCAATTT	CAGAAAATGACATGAGTGTATCTC	177-227	6	0	6	0.809
EME254[2]	CAGACAGGGAGATGCTGCT	GCGATAGAAACTTGAGGAGC	184-282	7	1	8	0.801

Remark : [1] Mba et al. (2001) และ [2]Kunkeaw et. al (2010)

Table 2 Characteristics of Soil at Rayong Field Crops Center before planting cassava in 2020/2021

Soil depth (cm)	pH[1] (soil:water 1:1)	Organic[2] matter (%)	Available P[3] (mg/kg)	Exchangeable K[4] (mg/kg)	Textural[5] Class
0-20	5.3	0.94	13.0	17.9	Sand
20-50	5.3	0.98	13.0	16.2	Sand

[1] Peech (1965) soil : water = 1:1 [2] Walkley and Black (1965)

[3] Bray and Kurtz (1945) [4] Schollenberger and Simon (1945) [5] Hydrometer method

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Table 3 Growth and productivity composition of cassava varieties (2019 hybrids) in 2020/2021

Clone	Height (cm.)	Plant type	Harvested plant No.	Weight of stem, Leave and stake (kg/plant)	Fresh root yield (kg/plant)	Root shape	Pulp color	Starch content (%)	Harvest Index
CMR62-06-07	178	v-shape, narrow branching	10	3.0	4.3	cylinder shape	white-cream	26.8	0.59
CMR62-06-24	199	v-shape, narrow branching	10	4.3	5.1	cone shape	white	24.8	0.55
CMR62-06-41	183	v-shape, narrow branching	10	2.1	4.5	cone shape	white-cream	26.1	0.68
CMR62-07-33	214	v-shape, narrow branching	4	2.7	5.0	cylinder shape	white-cream	19.5	0.65
CMR62-10-37	197	v-shape, no branching	7	2.0	3.0	cone shape	white-cream	27.0	0.60
CMR62-10-79	158	v-shape, no branching	8	1.1	2.6	cone shape	white-cream	26.1	0.70
CMR62-15-02	259	v-shape, no branching	8	3.1	3.5	cone shape	white	25.9	0.54
CMR62-15-16	253	v-shape, no branching	8	3.0	4.7	cone shape	white	26.2	0.61
CMR62-15-38	178	v-shape, narrow branching	10	3.8	4.4	cone shape	white-cream	21.3	0.54
CMR62-17-46	222	v-shape, no branching	9	2.3	3.0	shape	white-cream	25.9	0.57
CMR62-18-46	202	v-shape, narrow branching	8	2.1	4.0	cylinder shape	white-cream	25.4	0.65
CMR62-19-41	213	v-shape, no branching	10	2.8	4.1	cone shape	white-cream	23.3	0.60
CMR62-24-29	263	v-shape, no branching	10	3.1	6.8	cone shape	white-cream	18.9	0.69
CMR62-24-36	200	v-shape, no branching	10	1.8	3.9	cone shape	white-cream	24.3	0.69
CMR62-25-37	217	v-shape, narrow branching	9	1.7	3.0	cone shape	white	27.4	0.64
CMR62-26-14	227	v-shape, narrow branching	7	3.9	3.7	cone shape	white-cream	23.1	0.49
CMR62-30-43	300	v-shape, no branching	10	4.0	4.3	cone shape	white-cream	24.6	0.52
CMR62-31-18	272	v-shape, narrow branching	10	2.6	2.7	cone shape	white-cream	26.5	0.50
CMR62-31-87	232	v-shape, no branching	8	2.1	2.8	cone shape	white	26.5	0.57
CMR62-31-96	205	v-shape, narrow branching	7	2.1	4.1	cone shape	white	24.9	0.66
CMR62-31-97	203	v-shape, no branching	8	1.8	2.6	cone shape	white	27.7	0.60
CMR62-31-106	215	v-shape, no branching	9	2.9	3.6	cone shape	white-cream	26.2	0.55

กรมวิชาการเกษตร

Table 3 (continued)

Clone	Height (cm.)	Plant type	Harvested plant No.	Weight of stem, Leave and stake (kg/plant)	Fresh root yield (kg/plant)	Root shape	Pulp color	Starch content (%)	Harvest Index
CMR62-31-114	198	v-shape, no branching	6	2.3	3.9	cone shape	white-cream	25.8	0.63
CMR62-42-05	315	v-shape, narrow branching	6	4.7	4.7	cone shape	white-cream	23.4	0.50
CMR62-42-43	271	v-shape, narrow branching	4	6.8	5.5	cone shape	white-cream	18.5	0.45
CMR62-48-47	197	v-shape, narrow branching	10	3.6	5.0	cone shape	white-cream	27.0	0.58
CMR62-54-21	213	v-shape, no branching	9	2.3	4.2	cone shape	white	20.8	0.64
CMR62-57-25	217	v-shape, narrow branching	8	3.3	3.4	cone shape	white-cream	25.4	0.51
CMR62-63-10	213	v-shape, no branching	7	2.3	5.2	cone shape	white-cream	19.7	0.70
CMR62-65-01	197	v-shape, no branching	10	1.8	4.4	cone shape	white-cream	24.4	0.71
CMR62-65-18	281	v-shape, no branching	10	3.4	3.5	cone shape	white	25.5	0.51
CMR62-65-21	273	v-shape, narrow branching	9	2.9	3.3	cone shape	white-cream	26.8	0.54
CMR62-66-05	214	v-shape, narrow branching	10	2.1	2.9	cone shape	white-cream	26.3	0.58
CMR62-68-01	216	v-shape, no branching	7	1.7	3.9	cone shape	white	25.0	0.70
CMR62-68-21	261	v-shape, narrow branching	10	3.9	5.1	cylinder shape	white	26.0	0.57
CMR62-74-04	300	v-shape, no branching	10	4.2	3.7	cone shape	white	27.1	0.47
CMR62-74-06	225	v-shape, no branching	10	1.8	2.9	cone shape	white-cream	27.5	0.62
CMR62-74-25	238	v-shape, no branching	10	1.6	3.9	cone shape	white	27.2	0.71
CMR62-74-48	237	v-shape, no branching	10	2.3	2.8	cone shape	white	28.5	0.55
CMR 62-76-10	250	v-shape, narrow branching	9	3.0	1.8	cone shape	white-cream	28.0	0.37
CMR 62-77-32	258	v-shape, narrow branching	10	2.8	4.9	cone shape	white	22.8	0.64
CMR 62-78-121	257	v-shape, no branching	7	2.5	4.5	cone shape	white	23.4	0.64
CMR 62-79-28	253	u-shape, narrow branching	10	3.2	4.0	cone shape	white	25.0	0.56
CMR 62-79-57	188	v-shape, no branching	7	2.7	4.4	cone shape	white	23.4	0.62

กรมวิชาการเกษตร

Table 3 (continued)

Clone	Height (cm.)	Plant type	Harvested plant No.	Weight of stem, Leave and stake (kg/plant)	Fresh root yield (kg/plant)	Root shape	Pulp color	Starch content (%)	Harvest Index
CMR 62-79-73	230	v-shape, no branching	10	1.9	4.1	cone shape	white	24.2	0.68
CMR 62-79-92	232	v-shape, no branching	10	2.6	4.9	cone shape	white-cream	24.0	0.66
CMR 62-79-141	227	v-shape, no branching	10	2.6	3.9	cone shape	white-cream	27.7	0.60
CMR 62-79-148	223	v-shape, no branching	10	2.3	5.7	cone shape	white-cream	24.4	0.71
CMR 62-79-203	198	v-shape, no branching	10	2.3	2.7	cone shape	white	26.6	0.54
CMR 62-79-259	235	v-shape, no branching	7	1.9	3.9	cone shape	white-cream	24.0	0.67
CMR 62-79-268	208	v-shape, no branching	7	2.6	3.8	cone shape	white-cream	24.5	0.59
CMR 62-79-274	213	v-shape, no branching	9	2.9	4.1	cone shape	white-cream	23.4	0.58
CMR 62-79-293	208	v-shape, no branching	10	2.3	4.2	cone shape	white	24.3	0.64
CMR 62-80-12	247	v-shape, narrow branching	10	2.9	4.0	cone shape	white	25.5	0.58
CMR 62-80-24	283	v-shape, no branching	10	3.1	4.5	cone shape	white	27.5	0.59
CMR 62-80-36	262	v-shape, narrow branching	9	2.1	3.9	cone shape	white	24.6	0.65
CMR 62-80-38	226	v-shape, narrow branching	9	2.4	3.0	cone shape	white-cream	27.3	0.56
CMR 62-81-03	203	v-shape, narrow branching	9	1.6	2.6	cone shape	white-cream	26.3	0.61
CMR 62-81-23	216	v-shape, no branching	9	2.2	3.9	cylinder shape	white-cream	25.7	0.64
CMR 62-81-31	214	v-shape, no branching	10	1.8	2.5	cone shape	white-cream	27.8	0.58
CMR 62-82-22	264	v-shape, narrow branching	8	3.5	4.8	cone shape	white	25.3	0.58
CMR 62-82-37	243	v-shape, narrow branching	10	2.5	2.6	cylinder shape	white-cream	28.9	0.51
CMR 62-82-66	292	v-shape, narrow branching	8	3.8	3.6	cone shape	white	23.5	0.49
CMR 62-82-83	227	v-shape, no branching	8	1.8	2.7	cone shape	white	26.0	0.61
CMR 62-89-41	212	v-shape, no branching	10	2.1	2.1	cone shape	white	28.0	0.51
CMR 62-89-45	220	v-shape, no branching	10	2.1	3.1	cone shape	white-cream	26.4	0.60

กรมวิชาการเกษตร

Table 3 (continued)

Clone	Height (cm.)	Plant type	Harvested plant No.	Weight of stem, Leave and stake (kg/plant)	Fresh root yield (kg/plant)	Root shape	Pulp color	Starch content (%)	Harvest Index
CMR 62-96-05	251	v-shape, no branching	5	3.2	4.7	cone shape	white	23.2	0.59
CMR 62-99-31	281	v-shape, no branching	10	3.1	3.9	cone shape	white-cream	24.2	0.56
CMR 62-106-03	172	v-shape, narrow branching	9	1.2	2.8	cone shape	white-cream	27.6	0.70
CMR 62-106-12	238	v-shape, narrow branching	9	2.7	3.4	cone shape	white-cream	27.4	0.56
CMR 62-113-01	184	v-shape, narrow branching	9	2.2	3.0	cone shape	white	26.0	0.58
CMR 62-113-11	258	v-shape, narrow branching	9	3.3	4.4	cone shape	white-cream	24.7	0.57
CMR 62-123-04	220	v-shape, narrow branching	8	3.0	4.6	cone shape	white-cream	22.0	0.60
CMR 62-123-30	250	v-shape, no branching	5	4.1	4.3	cone shape	white-cream	20.1	0.51
CMR 62-123-77	257	v-shape, narrow branching	10	2.9	5.7	cone shape	white	23.1	0.66
CMR 62-129-51	219	v-shape, narrow branching	9	2.3	4.9	cone shape	white	22.8	0.68
CMR 62-135-08	236	v-shape, narrow branching	8	2.1	3.9	cone shape	white	24.9	0.64
CMR 62-135-26	227	v-shape, no branching	9	1.7	2.8	cone shape	white	26.7	0.63
CMR 62-149-41	214	v-shape, no branching	10	2.4	3.6	cone shape	white-cream	25.6	0.60
CMR 62-152-09	230	v-shape, no branching	10	2.4	2.5	cone shape	white-cream	26.9	0.51
CMR 62-160-20	242	v-shape, no branching	10	3.2	3.6	cone shape	white-cream	27.9	0.53
CMR 62-160-40	226	v-shape, narrow branching	9	2.7	3.0	cone shape	white-cream	27.6	0.53
CMR 62-160-59	241	v-shape, narrow branching	10	2.2	3.8	cone shape	white	27.7	0.63
CMR 62-161-16	200	v-shape, narrow branching	7	2.4	5.2	cone shape	white-cream	25.2	0.69
CMR 62-163-52	222	v-shape, narrow branching	10	3.6	5.2	cone shape	white	26.7	0.59
CMR 62-169-07	250	v-shape, narrow branching	10	3.4	3.7	cone shape	white	24.5	0.52
CMR 62-170-17	247	v-shape, no branching	9	2.5	5.4	cone shape	white	20.5	0.68
CMR 62-177-33	280	v-shape, no branching	8	4.1	4.3	cone shape	white-cream	26.5	0.51

กรมวิชาการเกษตร

Table 3 (continued)

Clone	Height (cm.)	Plant type	Harvested plant No.	Weight of stem, Leave and stake (kg/plant)	Fresh root yield (kg/plant)	Root shape	Pulp color	Starch content (%)	Harvest Index
CMR 62-179-17	178	v-shape, no branching	10	2.5	2.1	cone shape	white	30.9	0.46
OMR 62-04-20	246	v-shape, no branching	9	3.3	5.1	cone shape	white-cream	28.2	0.61
OMR 62-05-27	163	v-shape, narrow branching	9	2.0	4.3	cone shape	white-cream	25.0	0.69
OMR 62-05-34	188	v-shape, narrow branching	10	2.5	3.1	cone shape	white-cream	27.7	0.55
OMR 62-10-24	200	v-shape, no branching	10	1.9	4.4	cone shape	white	20.8	0.69
OMR 62-20-37	220	v-shape, no branching	10	2.6	3.3	cone shape	white-cream	26.0	0.56
OMR 62-23-12	236	v-shape, narrow branching	10	1.8	3.5	cone shape	white-cream	25.7	0.66
OMR 62-26-48	262	v-shape, narrow branching	7	2.1	5.8	cone shape	white-cream	18.7	0.74
OMR 62-27-06	245	v-shape, narrow branching	10	2.9	3.0	cone shape	white	27.1	0.51
OMR 62-29-114	229	v-shape, no branching	10	2.5	5.1	cone shape	white	21.2	0.67
OMR 62-29-145	273	v-shape, no branching	10	3.5	3.8	cone shape	white	24.7	0.52
OMR 62-39-06	190	v-shape, no branching	8	2.5	3.8	cone shape	white	25.3	0.60
OMR 62-39-07	195	v-shape, no branching	10	1.7	2.8	cone shape	white-cream	27.3	0.62
OMR 62-40-18	220	v-shape, narrow branching	10	2.6	4.5	cone shape	white-cream	23.4	0.63
OMR 62-42-15	199	v-shape, no branching	9	0.9	4.5	cone shape	white-cream	21.3	0.83
OMR 62-42-20	239	v-shape, no branching	9	1.6	5.2	cone shape	white-cream	22.5	0.77
OMR 62-50-33	253	v-shape, no branching	7	4.0	5.2	cone shape	white	24.3	0.56
OMR 62-55-77	223	v-shape, narrow branching	10	2.3	3.5	cone shape	white-cream	25.7	0.60
OMR 62-56-41	205	v-shape, no branching	10	2.0	4.4	cone shape	white	22.9	0.69
OMR 62-56-54	220	v-shape, no branching	7	2.1	2.8	cone shape	white	26.7	0.56
OMR 62-56-70	195	v-shape, no branching	8	2.0	4.1	cone shape	white	25.8	0.67
OMR 62-56-83	201	v-shape, no branching	9	2.2	4.0	cone shape	white-cream	25.8	0.65

กรมวิชาการเกษตร

Table 3 (continued)

Clone	Height (cm.)	Plant type	Harvested plant No.	Weight of stem, Leave and stake (kg/plant)	Fresh root yield (kg/plant)	Root shape	Pulp color	Starch content (%)	Harvest Index
OMR 62-56-100	211	v-shape, narrow branching	9	2.7	4.7	cone shape	white	26.3	0.63
OMR 62-60-10	234	v-shape, no branching	8	3.5	4.8	cone shape	white	22.7	0.58
Rayong 5	145	v-shape, narrow branching	8	1.3	3.0	cone shape	white	16.9	0.71
Rayong 9	172	v-shape, no branching	10	2.4	4.6	cone shape	white	25.0	0.66

กรมวิชาการเกษตร