รายงานโครงการวิจัย

โครงการวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองเพื่อปกป้องคุ้มครองสิทธิของนักปรับปรุงพันธุ์และเกษตรกรกรณีละเมิดทรัพย์สินทางปัญญาด้านพันธุ์พืช ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

Research and Development on Quality Morphological Analysis of New Plant Varieties Registered for Protection of Farmer and Plant Breeder' Rights in case of Plant Intellectual Property Abuse under the Plant Variety Protection Act. B.E.1999

นางสาววิลาสินี จิตต์บรรจง

Miss Wilasinee Chitbanchong

ปี พ.ศ. 2564

กรมวิชาการเกษตร

รายงานโครงการวิจัย

โครงการวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองเพื่อปกป้องคุ้มครองสิทธิของนักปรับปรุงพันธุ์และเกษตรกรกรณีละเมิดทรัพย์สินทางปัญญาด้านพันธุ์พืช ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

Research and Development on Quality Morphological Analysis of New Plant Varieties Registered for Protection of Farmer and Plant Breeder' Rights in case of Plant Intellectual Property Abuse under the Plant Variety Protection Act. B.E.1999

นางสาววิลาสินี จิตต์บรรจง

Miss Wilasinee Chitbanchong

ปี พ.ศ. 2564

กรมวิชาการเกษตร

คำปรารภ (Foreword หรือ Preface)

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 มีเจตนารมณ์เพื่อส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจให้มีการพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์พืช เพื่อให้มีพันธุ์พืชใหม่เพิ่มเติมจากเดิมที่มีอยู่ ด้วยการให้สิทธิคุ้มครองตามกฎหมาย เพื่อส่งเสริมการอนุรักษ์และพัฒนาการใช้ประโยชน์จากพันธุ์พืชพื้นเมืองเฉพาะถิ่น พันธุ์พืชพื้นเมืองทั่วไป และพันธุ์พืชป่า และให้ชุมชนมีส่วนร่วมในการอนุรักษ์และใช้ประโยชน์ทรัพยากรพันธุกรรมพืชอย่างยั่งยืน

ปัจจุบันมีผู้มาขอจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่จำนวนมาก ทั้งภาครัฐ ภาคเอกชน ผู้ประกอบการและเกษตรกร โดยพืชที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 91 ชนิด ผู้ทรงสิทธิในพันธุ์พืชจะได้รับความคุ้มครองสิทธิตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 อย่างไรก็ตามการปกป้องคุ้มครองสิทธิของผู้ทรงสิทธิในพันธุ์พืชที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ที่มีศักยภาพทางเศรษฐกิจหลายชนิดในปัจจุบันที่ผู้ทรงสิทธิในพันธุ์พืช มักถูกละเมิดพันธุ์ในขณะที่ยังอยู่ในความคุ้มครองพันธุ์ ดังนั้นข้อมูลทางด้านสัณฐานวิทยา ลักษณะประจำพันธุ์ และข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืช จึงมีความสำคัญยิ่ง ในการใช้เป็นหลักฐานอ้างอิงประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์ เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้อง คุ้มครองสิทธิ ในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช เริ่มการดำเนินงานตั้งแต่เดือนตุลาคม พ.ศ. 2562 ถึงเดือนกันยายน พ.ศ. 2564 ประกอบด้วย 7 การทดลอง โดยดำเนินโครงการวิจัยกับพืชที่มีศักยภาพทางเศรษฐกิจ 9 ชนิด ได้แก่ อ้อย ถั่วเหลือง ฝ้าย มะม่วง มะปราง ขนุน ลิ้นจี่ แตงกวาและแตงร้าน และไม้ดอกสกุลขมิ้น ซึ่งเป็นพืชที่มีพันธุ์ซึ่งได้จากการปรับปรุงพันธุ์ และได้รับการรับรองเป็นพันธุ์พืชใหม่ โดยการเก็บตัวอย่างพืชนำมาจัดทำเป็นตัวอย่างพรรณไม้แห้งหรือตัวอย่างพรรณไม้ดอง ตามหลักการจัดการตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิง พร้อมทั้งบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์หรือลักษณะประจำพันธุ์ สำหรับประกอบและสนับสนุนความสมบูรณ์ของการจัดทำข้อมูลการบันทึกลักษณะประจำพันธุ์ของพืชแต่ละชนิดในระดับดีเอ็นเอ ด้วยเทคนิคทางชีวโมเลกุลที่เหมาะสมของพืชแต่ละชนิด ซึ่งข้อมูลดังกล่าวจะมีประโยชน์สำหรับใช้ประกอบในการตรวจพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืชในกรณีที่มีการละเมิดสิทธิทางทรัพย์สินทางปัญญา และใช้เป็นหลักฐานอ้างอิงในการปกป้อง คุ้มครองสิทธิในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืชได้อีกด้วย

กรมวิชาการเกษตร

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	5
ผู้วิจัย	6
บทนำ	8
บทคัดย่อ	11
1. การทดลองที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของอ้อยเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง	17
2. การทดลองที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของถั่วเหลืองเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง	63
3. การทดลองที่ 3 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของฝ้ายเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง	87
4. การทดลองที่ 4 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของมะม่วงเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง	110
5. การทดลองที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของลิ้นจี่และขนุนเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง	149
6. การทดลองที่ 6 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของแตงกวาและแตงร้านเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง	192
7. การทดลองที่ 7 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง	233

กรมวิชาการเกษตร

กิตติกรรมประกาศ

โครงการวิจัยนี้ได้รับความอนุเคราะห์การเก็บข้อมูลพืช รวมทั้งการอำนวยความสะดวกด้านต่างๆ จากหน่วยงาน ทั้งภาครัฐ ภาคเอกชน และผู้ประกอบการ เป็นอย่างดี ผู้วิจัยขอขอบคุณศูนย์วิจัยพืชไร่สุพรรณบุรี จังหวัดสุพรรณบุรี ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่ ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย จังหวัดเชียงราย ที่ให้ความอนุเคราะห์พันธุ์พืชเพื่อการวิจัยในครั้งนี้

ขอขอบคุณ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ และมหาวิทยาลัยแม่โจ้ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ วิทยาเขตลำปาง และบริษัทกรีนซีดส์ จำกัด ที่ให้ความอนุเคราะห์เมล็ดพันธุ์และสนับสนุนในการเก็บข้อมูลแตงกวาที่ได้รับการขึ้นทะเบียนโดยสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช กรมวิชาการเกษตร ขอขอบคุณ สวนนพรัตน์ (ตำบลดงละคร อำเภอเมืองนครนายก จังหวัดนครนายก) ที่ให้ความอนุเคราะห์ในการเก็บข้อมูล และตัวอย่างพืชเพื่อจัดทำตัวอย่างพรรณไม้แห้งของมะปรางพันธุ์ทองนพรัตน์ ขอขอบคุณ อาจารย์พัฒนา ภาสอน ตำแหน่งนักวิชาการเกษตร สถาบันวิจัยวลัยรุกขเวชมหาวิทยาลัยมหาสารคาม ที่ให้ความอนุเคราะห์ในการเก็บข้อมูล

ขอขอบคุณนายหยอง แซ่ตัน เจ้าของพันธุ์มะม่วงทองคำ และไร่บุญชอบ อำเภอสวรรคโลก จังหวัดสุโขทัย เจ้าของพันธุ์มะปรางเจ้าเนื้อทอง 1 และ 2 เกษตรกรและภาคเอกชนเจ้าของพันธุ์ฝ้าย ลิ้นจี่ ขนุน และไม้ดอกสกุลขมิ้น ที่ให้ความอนุเคราะห์ในการเก็บข้อมูลพันธุ์พืชใหม่เพื่องานวิจัยนี้

ขอขอบคุณผู้ร่วมวิจัย เจ้าหน้าที่ และบุคลากรกลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช กรมวิชาการเกษตร ที่ให้ความช่วยเหลือในทุก ๆ ด้าน ทำให้งานวิจัยสำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

กรมวิชาการเกษตร

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ	นางสาววิลาสินี จิตต์บรรจง	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
หัวหน้าการทดลองที่ 1	นายบดินทร สอนสุภาพ	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
ผู้ร่วมวิจัย	นายป่าน ปานขาว	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังสิกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	ว่าที่ ร.ต.ชัยนาท ชุ่มเงิน	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
หัวหน้าการทดลองที่ 2	นางสาววิลาสินี จิตต์บรรจง	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
ผู้ร่วมวิจัย	นายป่าน ปานขาว	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังสิกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	ว่าที่ ร.ต.ชัยนาท ชุ่มเงิน	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นายวินัย สมประสงค์	สำนักผู้เชี่ยวชาญ
หัวหน้าการทดลองที่ 3	นางสาวปาจรีย์ อินทะชุบ	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
ผู้ร่วมวิจัย	นายป่าน ปานขาว	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังสิกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
หัวหน้าการทดลองที่ 4	นางสาวพรเพ็ญ สุภาโชค	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
ผู้ร่วมวิจัย	นายปณิพัท กิจสมัคร	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวณัฐพร เสียงอ่อน	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังสิกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
หัวหน้าการทดลองที่ 5	นางสาวปาจรีย์ อินทะชุบ	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
ผู้ร่วมวิจัย	นางสาววราภรณ์ ทองพันธ์	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังสิกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
หัวหน้าการทดลองที่ 6	นางสาวพรเพ็ญ สุภาโชค	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช

กรมวิชาการเกษตร

ผู้ร่วมวิจัย	นางสาวรุ่งทิวา ธนำธาตุ	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังสิกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
หัวหน้าการทดลองที่ 7	นายภัทธรวีร์ พรมนัส	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
ผู้ร่วมวิจัย	นางสาววิลาสินี จิตต์บรรจง	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวรุ่งทิวา ธนำธาตุ	สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังสิกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น

กรมวิชาการเกษตร

บทนำ

ความสำคัญและที่มาของโครงการวิจัย

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์ในการส่งเสริมการปรับปรุงพันธุ์และพัฒนาพันธุ์พืชเพื่อให้มีพันธุ์พืชเพิ่มเติมจากที่มีอยู่เดิม อันเป็นการส่งเสริมการพัฒนาทางด้านเกษตรกรรม โดยการส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจด้วยการให้สิทธิและความคุ้มครองตามกฎหมาย ภายใต้พระราชบัญญัตินี้ แบ่งพืชออกเป็น 4 ประเภท ได้แก่ พันธุ์พืชใหม่ พันธุ์พืชพื้นเมืองเฉพาะถิ่น พันธุ์พืชพื้นเมืองทั่วไป และพันธุ์พืชป่า โดยให้ความคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ด้วยวิธีการจดทะเบียน ผู้ทรงสิทธิเป็นบุคคล/นิติบุคคล

ระบบการคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ (protection of new variety of plants, PVP) หรือการคุ้มครองสิทธินักปรับปรุงพันธุ์พืช (protection of plant breeders' rights, PBRs) เป็นหนึ่งในระบบการคุ้มครองทรัพย์สินทางปัญญา (intellectual property protection systems, IP) เจตนารมณ์เพื่อส่งเสริม กระตุ้น สร้างแรงจูงให้เกิดการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์พืชใหม่ๆ เพิ่มมากขึ้น พันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองต้องมีองค์ประกอบครบถ้วน ดังนี้ (1) มีความใหม่ (novelty) กล่าวคือ ไม่มีการนำส่วนขยายพันธุ์มาใช้ประโยชน์ไม่ว่าจะเป็นการขายหรือจำหน่ายด้วยประการใด ทั้งในหรือนอกราชอาณาจักร โดยนักปรับปรุงพันธุ์พืช หรือด้วยความยินยอมของนักปรับปรุงพันธุ์พืชเกินกว่าหนึ่งปีก่อนวันยื่นจดทะเบียน (2) มีความแตกต่างจากพันธุ์อื่นอย่างเด่นชัด (clearly distinctness, D) ที่ปรากฏอยู่ในวันยื่นจดทะเบียน (3) มีความสม่ำเสมอ (uniformity, U) ในกลุ่มประชากรของพันธุ์ (4) มีความคงตัวทางพันธุกรรม (stability, S) และ (5) มีการตั้งชื่อพันธุ์พืช (denomination) ที่ถูกต้องและเหมาะสมตามกฎหมาย ทั้งนี้ การตรวจสอบองค์ประกอบและคุณสมบัติของพันธุ์พืชใหม่ในองค์ประกอบที่ (1) และ (5) ใช้วิธีการตรวจจากเอกสารและข้อมูลจากผู้ยื่นขอจดทะเบียน ส่วนองค์ประกอบที่ (2) (3) และ (4) ใช้วิธีการปลูกตรวจสอบ (DUS growing test) ซึ่งนับเป็นขั้นตอนที่สำคัญที่สุด

ในการตรวจสอบพันธุ์พืชใหม่นอกจากต้องมีองค์ประกอบทั้ง 5 ข้อดังที่กล่าวมาแล้ว การพิสูจน์พันธุ์พืชใหม่ด้วยหลักฐานทางพันธุกรรมก็มีความสำคัญ ในกรณีมีข้อพิพาท ในการแอบอ้างหรือละเมิดพันธุ์ ซึ่งทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ จะมีการนำมาใช้ตรวจสอบเพื่อพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืชตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ประกอบกับกรณีที่มีการละเมิดสิทธิซึ่งลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่เป็นลักษณะภายนอกมีความคล้ายคลึงกันมาก อาจใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมเป็นหลักฐานอ้างอิงประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพ ปัจจุบันเทคโนโลยีด้านการตรวจพันธุกรรมพืชในระดับดีเอ็นเอมีความก้าวหน้าอย่างมาก การใช้เครื่องหมายโมเลกุลหลาหลายชนิดได้เข้ามามีบทบาทมากในการตรวจจำแนกชนิดพืชหลายชนิด และให้ข้อมูลที่มีความแม่นยำสูง สามารถตรวจหาตำแหน่งแปรปรวนซึ่งเป็นลักษณะจำเพาะของพืชแต่ละพันธุ์ได้ ยิ่งไปกว่านั้นปัจจุบันนี้มีการพัฒนาเทคโนโลยีในการตรวจพันธุกรรมพืชที่มีประสิทธิภาพสูง สามารถตรวจข้อมูลพันธุกรรมพืชระดับทั้งจีโนมได้ในเวลาอันรวดเร็ว โดยข้อมูลที่ได้สามารถบอกได้ถึงตำแหน่งแปรปรวนของลำดับนิวคลิโอไทด์ที่มีความจำเพาะต่อพืชได้เกือบทั้งจีโนม สามารถตรวจวิเคราะห์หาตำแหน่งที่แสดงความเหมือนหรือแตกต่างของพืชได้เป็นระดับหมื่นหรือแสนตำแหน่งภายในการวิเคราะห์เพียง 1 ครั้ง ทำให้การวิเคราะห์มีประสิทธิภาพสูงและได้ผลการวิเคราะห์ที่มีความแม่นยำสูงมากเมื่อเทียบกับกับการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่าง

กรมวิชาการเกษตร

ทางพันธุกรรมพืชแบบดั้งเดิมที่ใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการตรวจจับซึ่งมีปัญหาในความล่าช้า และตำแหน่งที่ตรวจจับได้มีเพียงระดับร้อยตำแหน่งเท่านั้น ซึ่งไม่ครอบคลุมทั่วทั้งจีโนม ทำให้มีความแม่นยำในการตรวจผลต่ำกว่าวิธีการวิเคราะห์แบบใหม่มาก

ปัจจุบันเนื่องจากกรมวิชาการเกษตรมีหน้าที่ในการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ เมื่อได้รับสิทธิในการคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ไปแล้ว จะต้องมีการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ได้เมื่อมีการละเมิดพันธุ์ทางการค้า ซึ่งต้องมีการพัฒนาข้อมูลทางสัณฐานวิทยา และความหลากหลายทางพันธุกรรมของพันธุ์พืชใหม่ สำหรับใช้ประกอบในการตรวจพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืช ในกรณีที่มีการละเมิดสิทธิทางทรัพย์สินทางปัญญา เพื่อใช้เป็นหลักฐานในการปกป้อง คุ้มครองสิทธิในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช ซึ่งขณะนี้มีพืชที่จดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่แล้ว จำนวน 91 ชนิด แต่ทั้งนี้ยังไม่มีข้อมูลลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์พืชและในระดับดีเอ็นเอของพืชพันธุ์ใหม่ดังกล่าว งานวิจัยนี้จึงมีความจำเป็นต้องมีทำวิจัยนี้เพื่อให้มีการบูรณาการเกิดขึ้นภายในกรม ซึ่งเชื่อมโยงกับข้อมูลโครงการวิจัยและพัฒนาการปรับปรุงพันธุ์อ้อยเพื่ออุตสาหกรรมน้ำตาล โครงการวิจัยและพัฒนาถั่วเหลืองเพื่อเพิ่มผลผลิตและความมั่นคงมั่นคงทางอาหาร โครงการวิจัยและปรับปรุงพันธุ์มะม่วง ระยะที่ 2 โครงการวิจัยและพัฒนาลิ้นจี่ โครงการวิจัยและพัฒนาพันธุ์ขนุน ในกรณีที่มีการพัฒนาพันธุ์พืชใหม่เพื่อขอรับการคุ้มครองทรัพย์สินทางปัญญาด้านพันธุ์พืชใหม่ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

วัตถุประสงค์

เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้อง คุ้มครองสิทธิในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช

วิธีการวิจัย

ประกอบด้วย 7 การทดลอง

การดำเนินงานวิจัยนี้ ดำเนินงานกับพืชจำนวน 9 ชนิด ได้แก่ อ้อย ถั่วเหลือง ฝ้าย มะม่วง มะปราง ลิ้นจี่ ขนุน แตงกวาและแตงร้าน และไม้ดอกสกุลขมิ้น ซึ่งเป็นพืชที่มีพันธุ์ซึ่งได้จากการปรับปรุงพันธุ์ และได้รับการรับรองเป็นพันธุ์พืชใหม่

เก็บตัวอย่างนำมาจัดทำเป็นตัวอย่างพรรณไม้แห้งหรือตัวอย่างพรรณไม้ดอง ตามหลักการจัดการตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิง พร้อมทั้งบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์หรือลักษณะประจำพันธุ์สำหรับประกอบและสนับสนุนความสมบูรณ์ของการจัดทำข้อมูลการบันทึกลักษณะประจำพันธุ์ของพืชแต่ละชนิดในระดับดีเอ็นเอ

สิ่งที่ใช้ในการทดลอง

อ้อย ถั่วเหลือง ฝ้าย มะม่วง มะปราง ขนุน ลิ้นจี่ แตงกวาและแตงร้าน และไม้ดอกสกุลขมิ้น ที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

แบบและวิธีการทดลอง

กรมวิชาการเกษตร

ขั้นตอนที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ อ้อย ถั่วเหลือง ฝ้าย มะม่วง มะปราง ขนุน ลิ้นจี่ แตงกวาและแตงร้าน และไม้ดอกสกุลขมิ้น ที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

ขั้นตอนที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็น

วิธีปฏิบัติการทดลอง

ขั้นตอนที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ประกอบด้วย

1.1 ศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพขอพืช เช่น ต้น ทรงต้น ความสูงต้น สิ่งปกคลุมบนลำต้น ลักษณะรูปร่างใบ สีใบ สีกลีบดอก สีอับเรณูรูปทรงของสมอ สีของปุยติดเมล็ด การหลุดร่วงของปุย เป็นต้น

1.2. การเก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิงเพื่อการอ้างอิงในพิพิธภัณฑ์พืช

1.2.1 ศึกษาและจัดทำวิธีการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของชนิดพืชที่ศึกษา ซึ่งจำเป็นต้องมีวิธีการเก็บตัวอย่าง การคัดเลือกตัวอย่าง ระยะเวลาที่เหมาะสมสำหรับการคัดเลือกและเก็บตัวอย่าง เพื่อนำมาสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง

1.2.2 เมื่อทราบขั้นตอนวิธีการเก็บตัวอย่างพรรณไม้ที่ศึกษาแล้ว ดำเนินการจัดเก็บตัวอย่างและนำเข้าสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้แห้ง (dry specimens) มีวิธีการดังนี้

- เก็บพรรณไม้ให้ครบสมบูรณ์ทุกส่วน จัดลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60 – 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5 - 7 วัน
- เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง
- นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น

1.2.3 สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชแต่ละชนิดที่ศึกษาโดยอาศัยข้อมูลจากแบบบันทึกลักษณะภาคสนามของพันธุ์พืชจากกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช และบันทึกข้อมูลอย่างละเอียดเพื่อจัดทำเป็นคำบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ตามหลักทางพฤกษศาสตร์ของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการรับรองนั้นๆ

1.2.4 ตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพันธุ์พืชรับรองฯ ที่ศึกษา คัดเลือกมาจำนวน พันธุ์รับรองละ 3 – 5 ตัวอย่าง ตามแต่ความเหมาะสมของตัวอย่างที่สามารถจัดหาได้ บันทึกข้อมูลทางอนุกรมวิธานของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงและจัดเก็บตามระบบการจัดการของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

-ตัวอย่างพันธุ์พืชรับรองจะได้รับการระบุข้อมูลทางอนุกรมวิธานในระดับพันธุ์ โดยนักวิชาการประจำกลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช

-บันทึกข้อมูลจากตัวอย่างพรรณไม้ ลงในระบบฐานข้อมูลพรรณไม้อ้างอิงของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (โดยให้หมายเลขตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงตามรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชปลูก)

-ตัวอย่างอ้างอิงของพันธุ์พืชรับรอง แยกเก็บรักษาไว้ในพื้นที่เฉพาะสำหรับเก็บตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพืชปลูก ในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

กรมวิชาการเกษตร

-จัดทำคู่มือและดรรชนีของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชพืชใหม่ที่ได้รับการรับรองที่เก็บรักษาในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

ขั้นตอนที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอ

บทคัดย่อ

โครงการวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองเพื่อปกป้องคุ้มครองสิทธิของนักปรับปรุงพันธุ์และเกษตรกรกรณีละเมิดทรัพย์สินทางปัญญาด้านพันธุ์พืช ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้อง คุ้มครองสิทธิ ในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช ดำเนินงานวิจัยตั้งแต่เดือนตุลาคม พ.ศ. 2562 จนถึง เดือนมีนาคม 2564 โดยการสำรวจและเก็บข้อมูลเพื่อศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา และลักษณะประจำพันธุ์ของพืชที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 9 ชนิด ได้แก่ อ้อย ถั่วเหลือง ฝ้าย มะม่วง มะปราง ขนุน ลิ้นจี่ แตงกวาและแตงร้าน และไม้ดอกสกุลขมิ้น นำมาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ ได้ข้อมูลดังนี้ คือ อ้อย 12 พันธุ์ ได้แก่ สุพรรณบุรี 72 ขอนแก่น 3 ทีพีเจ03-452 ที พีเจ04-713 ทีพีเจ04-768 ทองภูมิ 1 ทองภูมิ 2 ทองภูมิ 3 ทองภูมิ 4 ทองภูมิ 5 และ เอสอาร์เอส 2000-5-14 จากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา จำนวน 48 ลักษณะ พบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพรวม 15 ลักษณะ คือ ลักษณะทางคุณภาพ จำนวน 2 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะข้อ : ขนที่ตา และ ลักษณะแผ่นใบ : ลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อยและลักษณะทางคุณภาพเทียม จำนวน 13 ลักษณะ ได้แก่ สีของใบในทรงพุ่ม สีปล้องเมื่อถูกแดด สีปล้องเมื่อไม้ถูกแดด รูปร่างปล้อง ภาพตัดขวางของปล้อง รูปร่างของตา ตำแหน่งขนที่ตา การกระจายของขนบนกาบใบ รูปร่างลิ้นใบ รูปร่างหูใบด้านใน รูปร่างหูใบด้านนอก รูปร่างคอใบ และสีของคอใบ การตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์อ้อยได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม SSR ในตัวอย่างอ้อยที่ทำการศึกษาทั้งหมด 162 พันธุ์ พบว่าไม่มีตัวอย่างใดมีพันธุกรรมซ้ำกัน ถั่วเหลือง จำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์เชียงใหม่ 5 เชียงใหม่ 6 และเชียงใหม่ 84-2 โดยบันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ 14 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะการเจริญเติบโตของลำต้น จำนวนใบย่อย รูปร่างใบย่อย ความหนาแน่นของขนที่ใบ สีขน รูปแบบขนที่ใบ สีของกลีบดอก สีฝักแก่ จำนวนเมล็ดต่อฝัก สีเปลือกเมล็ด สีขั้วเมล็ด เยื่อติดขั้วเมล็ด ความมันของเปลือกเมล็ด และขนาดเมล็ด พบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาในบางลักษณะที่แตกต่างกัน คือ ลักษณะการเติบโตของลำต้น สีขั้วเมล็ด ส่วนลักษณะอื่นคล้ายกัน ซึ่งผลการศึกษาทางสัณฐานวิทยามีความสอดคล้องกับความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในตัวอย่างถั่วเหลืองที่ทำการศึกษาทั้งหมด 29 พันธุ์ พบว่าไม่มีตัวอย่างใดมีพันธุกรรมซ้ำกัน โดยทั้ง 3 พันธุ์ใหม่มีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมากถึงระดับ 0.96 จากการวิเคราะห์องค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมพบว่าพันธุ์เชียงใหม่ 5 มีลักษณะพันธุกรรมที่เป็นพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมเดียว และอาจเป็นตัวแทนของพันธุกรรมการต้านทานโรคราสนิมของถั่วเหลือง ในขณะที่อีก 2 พันธุ์มีลักษณะของพันธุ์ผสม โดยมีองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมเหมือนกันแต่มีสัดส่วนต่างกัน ทำให้มีคุณลักษณะเด่นประจำพันธุ์ที่ต่างกัน ฝ้าย จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ 84 – 4 และ ฝ้ายพันธุ์ 85 – 6 วิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใช้จำแนกลักษณะ

ศรีนครินทรวิโรฒ

ประจำพันธุ์ ได้ 16 ลักษณะ ซึ่งประกอบด้วยลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (Qualitative characteristic : QL) จำนวน 5 ลักษณะ ได้แก่ 1) การปรากฏต่อมน้ำต่อยที่ท้องหรือหลังใบ 2) การปรากฏต่อมพิษบนเส้นใบ 3) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 4) การปรากฏปุยติดเมล็ด และ 5) การหลุดร่วงของปุย และ ลักษณะสัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) จำนวน 11 ลักษณะ ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) สีของลำต้น 3) รูปร่างใบ 4) สีใบ 5) การยกของแผ่นใบบริเวณจักใบ 6) สีกลีบดอก 7) สีอับเรณู 8) สีเรณู 9) รูปทรงของผล 10) สีของปุยติดเมล็ด และ 11) สีของปุยฝ้าย พบว่ามีเพียง 4 ลักษณะที่ใช้จำแนกฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ ได้แก่ 1) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 2) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 3) สีของปุยติดเมล็ด และ 4) สีของปุยฝ้าย แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช พบว่าสามารถใช้สัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) ที่ปรากฏในพืช เพื่อใช้ในการช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) ความลึกของแฉกใบ 2) ชนิดขนที่ปรากฏบนท้องหรือหลังใบ และ 3) ตำแหน่งต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ และจากข้อมูลการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมด้วยวิธี CTAB และวิธีประยุกต์ ทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมด้วยวิธี ISSR-Touchdown PCR พบว่าฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่นี้ มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม มะม่วง และมะปราง ได้ข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาของมะม่วง 1 พันธุ์ คือ มะม่วงพันธุ์ทองคำ จำนวน 10 ลักษณะ ดังนี้ ลักษณะเปลือกต้น การแตกกิ่ง การจัดเรียงตัวของใบ สีใบอ่อน ความยาวใบ ความกว้างใบ รูปร่างใบ ลักษณะของปลายใบ สีใบแก่ และรูปร่างผล ข้อมูลลักษณะสัณฐานวิทยาของมะปราง 2 พันธุ์ คือ มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1 และมะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2 จำนวน 10 ลักษณะ ดังนี้ ลักษณะการเจริญเติบโตของทรงต้น สีเปลือกต้น ผิวเปลือกต้น ความยาวใบ ความกว้างใบ รูปร่างใบ ความมันของแผ่นใบ จำนวนครั้งที่ออกดอกภายใน 1 ปี ความกว้างผล และความยาวผล วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยใช้เครื่องหมาย ISSR ได้ข้อมูลของมะม่วงจำนวน 94 พันธุ์และมะปรางจำนวน 21 พันธุ์ พบว่ามีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมมาก ลิ้นจี่และขนุน ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิด ลิ้นจี่พันธุ์ป่าอึ๊ด ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และขนุนพันธุ์เพชรจริยา จากผลการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใช้จำแนกลักษณะประจำพันธุ์ลิ้นจี่ ทั้ง 2 พันธุ์ มีจำนวน 23 ลักษณะ พบว่ามีลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใกล้เคียงกัน แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช สามารถจำแนกความแตกต่างระหว่างลิ้นจี่ทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) สิ่งปกคลุมบนกิ่งอ่อน และ 2) ลักษณะช่อดอก และเมื่อพิจารณาข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพร่วมกับข้อมูลการวิเคราะห์ทางความหลากหลายทางพันธุกรรม พบว่าลิ้นจี่ ทั้ง 2 พันธุ์ มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรม จึงทำให้มีลักษณะประจำพันธุ์ที่ต่างกันเล็กน้อย ส่วนการศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของขนุนพันธุ์เพชรดำรงและพันธุ์เพชรจริยา จำนวน 28 ลักษณะ พบว่าสามารถใช้ลักษณะสัณฐาน ช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างขนุนทั้ง 2 พันธุ์ ได้เบื้องต้น ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) ลักษณะของปลายใบ 3) รูปร่างผล และ 4) รูปร่างของยวง และเมื่อพิจารณาข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพร่วมกับข้อมูลการวิเคราะห์ทางความหลากหลายทางพันธุกรรม พบว่าขนุนทั้ง 2 พันธุ์ มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างชัดเจน แตงกวาและแตงร้าน ได้ข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาของแตงกวา จำนวน 21 พันธุ์ แตงร้าน จำนวน 3 พันธุ์ ดังนี้ ลักษณะการเติบโตของลำต้น สีของลำต้น ฐานใบ คลื่นที่ขอบใบ หยักซี่ฟันที่ขอบใบ การปรากฏของเพศดอก รูปร่างผล รูปร่างบริเวณใกล้ขั้วผล และรูปร่างผลด้านปลาย วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยการวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมาย ISSR ได้ข้อมูลของแตงกวาและแตงร้าน จำนวน 47 หมายเลข พบว่ามีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมมาก ไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ที่

กรมวิชาการเกษตร

ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์ ได้แก่ 1. อาร์ ที พิงค์ โคโรเนชั่น 2. อาร์ ที โกลเด็น เรน 3. อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น 4. อาร์ ที ไทย การ์เนท 5. อาร์ ที เกรท เรน 6. อาร์ ที สวีท เมมโมรี่ 7. ซีเอ็มยู สวีทโรซี่ 8. ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม 9. ซีเอ็มยู มณีสยาม 10. เกรท คิง 11. ออร่า เชียงใหม่ เพิล 12. บิวตี้ พรินซ์เซ็ส และ 13. พิมพ์ใจ พบว่า ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใช้ในการจำแนกพืชในสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้นมี 15 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะสิ่งปกคลุมผิวใบ รูปร่างใบ ความยาวช่อดอก รูปร่างกลีบดอก ลักษณะผิวกลีบดอก รูปร่างหัวสะสมอาหาร จงอยหรือเดือยที่โคนอับเรณู ความยาวรังไข่ รูปร่างกลีบเลี้ยง รูปร่างและสิ่งปกคลุมผิวกลีบปาก รูปร่างและสีใบประดับบน รูปร่างและสีใบประดับล่าง สีดอก รูปทรงช่อดอก และตำแหน่งการออกดอก เมื่อตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้น โดยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR และจัดกลุ่มแบบ UPGMA พบว่า กลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมดมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมในระดับปานกลาง ซึ่งถูกจัดอยู่ใน cluster E และ D โดยพันธุ์ที่มีความคล้ายคลึงกันมากที่สุดในระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ มี 3 พันธุ์ ได้แก่ พิมพ์ใจ อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น และ ซีเอ็มยู สวีทโรซี่ ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา เนื่องจากทั้ง 3 พันธุ์ มีใบประดับบนสีชมพูอมแดง และมีดอกสีเหลืองเหมือนกัน

กรมวิชาการเกษตร

Abstract

Research and Development on Quality Morphological Analysis of New Plant Varieties Registered for Protection of Farmer and Plant Breeder' Rights in case of Plant Intellectual Property Abuse under the Plant Variety Protection Act. B.E.1999 started operating from October 2019 to September 2021. The objective was to research and develop analytical of qualitative morphology and DNA level differences for protection of farmer and plant breeder' rights in case of plant intellectual property abuse under the plant variety protection Act. B.E.199 by surveying and collecting data to study morphology and characteristics of plants that have been registered as new plant varieties, 9 species namely sugarcane, soybean, cotton, mango, papaya, jackfruit, lychee, cucumber and melon and turmeric. Analyze genetic diversity at the DNA level. Got the following information: sugar cane consists of 12 varieties, Suphanburi 72 Khon Kaen 3 TPJ03-452 TPJ04-713 TPJ04-768 Thongpoom 1 Thongpoom 2 Thongpoom 3 Thongpoom 4 Thongpoom 5 and SRS 2000-5-14. The morphological study from sugarcane record form to examine 48 sugar cane traits revealed that 15 qualitative morphological characteristics were 2 qualitative morphological characteristics and 13 pseudo-qualitative characteristics as follows: color of leaf canopy, color where exposed to sun, color where not exposed to sun, shape of internode, cross section of internode, expression of zigzag alignment, shape of bud, pubescence on the bud, position of the pubescence on the bud, serration of margin of leaf blade, distribution of hairs on leaf blade, shape of ligule, shape of underlapping auricle, shape of overlapping auricle, shape of dewlap and color of dewlap. The genetic differentiation of sugarcane varieties could be developed SSR molecular markers were used to ascertain differences at the DNA level. Of the 162 sugar cane samples studied, none of the samples were genetically identical. Soybean cultivars that were registered as Chiang Mai 5, Chiang Mai 6 and Chiang Mai 84-2. The 14 qualitative morphological characteristics were recorded as follows: growth habit, number of leaflets, leaflet shape, pubescence color, pubescence type, petal color, natural pod color, number of pods, seed coat color, hilum color strophiole at hilum, seed coat luster and seed size. It was found that some morphological characteristics were different, namely, growth habit, hilum color, while other characteristics were similar. The morphological findings were consistent with genetic differences at the DNA level by DNA fingerprint using ISSR markers and Touch Down PCR for 29 soybean cultivars were sampled, none of which were genetically identical but have very close genetics 0.96. It was found that the Chiang Mai 5 breed had a purebred genetic trait with a single genetic structure and may represent the genetics of soybean rust resistance while the other two varieties had hybrid characteristics. They had the same genetic structure but different proportions and made a distinctive feature of different species. Cotton were Tak-fa

ศรีบัวทรินนัส

84–4 and Tak-fa 86–5. The qualitative morphological analysis was analyzed for 16 characterirtics, which consisted of 5 qualitative characteristic (QL) as follows: 1) nectary gland on dorsal side leaf 2) pigment glands on midrib 3) colour on inside petal base 4) presence of fuzz and 5) lint persistence, and 11 pseudo- qualitative characteristic (PQ) as follows: 1) canopy shape 2) stem colour 3) leaf shape 4) leaf colour 5) leaf ridged 6) petal colour 7) anther colour 8) pollen colour 9) fruit shape 10) seed fluff colour and 11) lint colour. The further studies based on plant taxonomy found that it can be used Pseudo-Qualitative characteristic (PQ) morphology in plants. In order to help differentiate between the two varieties of cotton more clearly, namely 1) the depth of the leaf lobes, 2) the types of hairs appearing on the ventral leaves, and 3) the position of the glands on the ventral leaves. In addition, the data of genetic diversity analysis using CTAB and applied method and genetic differentiation test by method ISSR-Touchdown PCR that both cotton varieties registered are genetically related. Surveyed and Collected of morphological in mango 1 variety; Thong Kham and plum mango 3 varieties; Chao Nuea Thong 1 and Chao Nuea Thong 2. The morphological characteristics of mango from tree bark, attitude of main branches, arrangement of leaf, young and mature leaf color, length and width mature leaf, shape of leaf, apex leaf and fruit shape. The morphological characteristics of plum mango from growth habit, color of trunk surface, trunk surface, length and width mature leaf, shape of leaf, leaf glossiness, number of blossom in 1 year, length and width fruit were obtained 3 herbarium registration numbers and then genetic diversity were also analyzed by DNA fingerprint analysis using ISSR markers, the 94 numbers of mangoes and the 21 numbers of plum mangoes were acquired. It was found that they were very closely related to each other genetically. Two varieties of lychee and two varieties of jackfruit. The results of qualitative morphological study showed that the two varieties of lychee had the characteristics of 23. The results show that they have similar morphological characteristics. However, the plant taxonomy can be applied to the qualitative morphology of plants, this helps to distinguish the differences between the two varieties, such as type of indumentum on young branch and inflorescence. In addition, qualitative morphological and genetic diversity analyze were used to analyze lychee. The two varieties are genetically similar, so there is a small difference. The qualitative morphology study of 2 jackfruit cultivars of 23 characteristics revealed that 4 characteristics could be used to identify the cultivars: 1. shape of canopy 2. Leaf apex 3 shape of fruit and 4 shape of flake. When considering the qualitative morphology data together with the genetic diversity analysis data. It was found that the two varieties of jackfruit were clearly genetically different. The study of analysis on quality morphological of long fruit cucumber 3 varieties and short fruit cucumber 21 varieties. The dominant from growth characteristics of the stem, color of the stem, leaf base, shape of the

กรมวิชาการเกษตร

lobe on tip, flower sex appearance, fruit shape, shape of stem end and shape of calyx end. The genetic diversity were also analyzed by DNA fingerprint analysis using ISSR markers, the 22 numbers of short fruit and long fruit cucumbers were acquired. It was found that they were very closely related to each other genetically. The thirteen *Curcuma* cultivars/varieties registered as a new variety for plant varieties protection including 1. Royal Thai Pink Coronation 2. Royal Thai Golden Reign 3. Royal Thai Majesty Coronation 4. Royal Thai Thai Garnet 5. Royal Thai Great Reign 6. Royal Thai Sweet Memory 7. CMU Sweet Rosy 8. CMU Tubtim Siam 9. CMU Manee Siam 10. Great King 11. Chiangmai Pearl 12. Beauty Princess and 13. Pimjai. The results indicated that the distinctive morphology can be obviously used for plant identification composed of 15 characters, there are surface of leaves, shape of leaves, length of inflorescences, shape of petal, surface of petal, shape of tuber, spur at base of anther, length of ovary, shape of sepal, shape and surface of labellum, shape and color of upper bract, shape and color of lower bract, color of flower, shape of inflorescences and position of flower. Detecting on different heredities by using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers with TouchDown PCR, whereas phylogenetic tree had been analyzed and generated by UPGMA. According the results, it can be clearly seen that all of these registered curcuma varieties had a medium genetic relationship, and they were recognized into 2 clusters including cluster E and D. Interestingly, there were three varieties namely Pimjai, Royal Thai Majesty Coronation and CMU Sweet Rosy which had similarity coefficient at 97 %, this result had consistence with the morphological study due to the face that all of them had pinkish-red upper bracts and yellow flowers.

กรมวิชาการเกษตร

การทดลองที่ 1

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของอ้อย เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

นายบดินทร สอนสุภาพ นายป่าน ปานขาว นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล
นายวีรกรณ์ แสงไสย์ ว่าที่ ร.ต.ชัยนาท ชุ่มเงิน นายวินัย สมประสงค์
Wilasinee Chitbanchong Pan Pankao Suchirat Sakuanrungsirikul
Weerakorn Saengsai Chainat Chumngoen Winai Somprasong

คำสำคัญ (Key words)

อ้อย พันธุ์พืชใหม่ พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

บทคัดย่อ

การบันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ตัวอย่างพันธุ์อ้อยที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2550 ถึง ปี พ.ศ. 2561 จำนวน 16 พันธุ์ บันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (ดัดแปลงจาก แบบบันทึกลักษณะประจำพันธุ์ที่จะตรวจสอบ : อ้อย โดยกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช) ได้จำนวน 12 พันธุ์ ได้แก่ สุพรรณบุรี 72 ขอนแก่น 3 ทีพีเจ03-452 ที พีเจ04-713 ทีพีเจ04-768 ทองภูมิ 1 ทองภูมิ 2 ทองภูมิ 3 ทองภูมิ 4 ทองภูมิ 5 และ เอสอาร์เอส 2000-5-14

สำหรับชนิดของลักษณะที่แสดงออกของอ้อยที่ใช้ในการบันทึกลักษณะในการทดลองนี้ คือ ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ซึ่งได้แก่ ลักษณะทางคุณภาพ : quanlitative characteristic (QL) และยังรวมถึงลักษณะทางคุณภาพเทียม : pseudo-qualitative characteristic (PQ) โดยจากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาจากแบบบันทึกลักษณะประจำพันธ์ที่จะตรวจสอบอ้อย จำนวน 48 ลักษณะ พบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพรวม 15 ลักษณะ คือ ลักษณะทางคุณภาพ จำนวน 2 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะข้อ : ขนที่ตา และลักษณะแผ่นใบ : ลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย และลักษณะทางคุณภาพเทียม จำนวน 13 ลักษณะ ได้แก่ สีของใบในทรงพุ่ม สีปล้องเมื่อถูกแดด สีปล้องเมื่อไม้ถูกแดด รูปร่างปล้อง ภาพตัดขวางของปล้อง รูปร่างของตา ตำแหน่งขนที่ตา การกระจายของขนบนกาบใบ รูปร่างลิ้นใบ รูปร่างหูใบด้านใน รูปร่างหูใบด้านนอก รูปร่างคอใบ และสีของคอใบ

จากผลการวิจัยพบว่าสามารถพัฒนาวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์อ้อยได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม SSR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ แล้วจัดทำแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในตัวอย่างอ้อยที่ทำการศึกษาทั้งหมด 162 พันธุ์ พบว่าไม่มีตัวอย่างใดมีพันธุกรรมซ้ำกัน แต่ตรวจพบตัวอย่างที่มีชื่อพันธุ์เดียวกัน มีโครงสร้างทางพันธุกรรมต่างกันและถูกจัดกลุ่มต่างกัน ซึ่งเป็นปัญหาในการใช้เป็นพันธุ์เปรียบเทียบ ซึ่งอาจเกิดจากการปะปนของพันธุ์เนื่องจากเป็นพันธุ์เก่าที่มีการปลูกขยายมามากกว่า 10 ปี ดังนั้นในการตรวจพิสูจน์ จำเป็นต้องเก็บตัวอย่างพันธุ์มากกว่า 1 ตัวอย่างเพื่อตรวจสอบความถูกต้องตรงตามพันธุ์ การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลอง

กรมวิชาการเกษตร

โครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์อ้อยที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบจำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์อ้อยเดิมที่มีอยู่ เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลที่ได้นี้นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์อ้อยที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย

Abstracts

Study on Qualitative Morphological Recording. There were 16 samples of sugarcane cultivars registered as new plant varieties from 2007-2018. Qualitative morphological records were performed. (Adapted from The characteristics recording form to be inspected: sugar cane by Plant Varieties Protection Research group) consists of 12 varieties, namely Suphanburi 72 Khon Kaen 3 TPJ03-452 TPJ04-713 TPJ04-768 Thongpoom 1 Thongpoom 2 Thongpoom 3 Thongpoom 4 Thongpoom 5 and SRS 2000-5-14. The type of sugarcane expression used to document the features in this experiment was Qualitative morphology, including qualitative (QL) and pseudo-qualitative (PQ). The morphological study from sugarcane record form to examine 48sugar cane traits revealed that 15 qualitative morphological characteristics were 2 qualitative morphological characteristics and 13 pseudo-qualitative characteristics as follows: color of leaf canopy, color where exposed to sun, color where not exposed to sun, shape of internode, cross section of internode, expression of zigzag alignment, shape of bud, pubescence on the bud, position of the pubescence on the bud, serration of margin of leaf blade, distribution of hairs on leaf blade, shape of ligule, shape of underlapping auricle, shape of overlapping auricle, shape of dewlap and color of dewlap.

From the research results, it was found that a method for genetic differentiation of sugarcane varieties could be developed. SSR molecular markers were used to ascertain differences at the DNA level. Then a genetic structure model was created to use as a unique species in conjunction with the classification of genetic relatedness by using a statistical analysis program. Of the 162 sugar cane samples studied, none of the samples were genetically identical. but detected specimens with the same species name. They have different genetic structures and are grouped differently. which is a problem to use as a comparison variety This may be caused by mixed breeding because it is an old cultivar that has been planted for more than 10 years. More than one specimen is required to verify cultivar integrity. This study made it possible to model the genetic structure at the DNA level of the collected sugarcane cultivars. which shows the proportions of genetic components that can clearly distinguish genetics However, the database used for comparison A cultivar that covers the existing original sugarcane

กรมวิชาการเกษตร

cultivar is required. In order to verify the accuracy and accuracy of this database In addition to being able to be used as a unique species in breeding tests It is also useful in sugarcane breeding work that is used in breeder selection. Including hybrids with precise parental characteristics as well.

บทนำ (Introduction)

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืชพ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์ในการส่งเสริมการปรับปรุงพันธุ์และพัฒนาพันธุ์พืชเพื่อให้มีพันธุ์พืชเพิ่มเติมจากที่มีอยู่เดิม อันเป็นการส่งเสริมการพัฒนาทางด้านเกษตรกรรม โดยการส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจด้วยการให้สิทธิและความคุ้มครองตามกฎหมาย ซึ่งพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองต้องมีองค์ประกอบครบถ้วน ดังนี้ (1) มีความใหม่ (novelty) (2) มีความแตกต่างจากพันธุ์อื่นอย่างเด่นชัด (clearly distinctness, D) ที่ปรากฏอยู่ในวันยื่นจดทะเบียน (3) มีความสม่ำเสมอ (uniformity, U) ในกลุ่มประชากรของพันธุ์ (4) มีความคงตัวทางพันธุกรรม (stability, S) และ (5) มีการตั้งชื่อพันธุ์พืช (denomination) ที่ถูกต้องและเหมาะสมตามกฎหมายในการตรวจสอบพันธุ์พืชใหม่ นอกจากต้องมีองค์ประกอบทั้ง 5 ข้อดังที่กล่าวมาแล้ว การพิสูจน์พันธุ์พืชใหม่ด้วยหลักฐานทางพันธุกรรมก็มีความสำคัญ ในกรณีมีข้อพิพาท ในการแอบอ้างหรือละเมิดพันธุ์ ซึ่งทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ จะมีการนำมาใช้ตรวจสอบเพื่อพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืชตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ประกอบกับกรณีที่มีการละเมิดสิทธิซึ่งลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่เป็นลักษณะภายนอกมีความคล้ายคลึงกันมาก อาจใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมเป็นหลักฐานอ้างอิงประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ปัจจุบันเทคโนโลยีด้านการตรวจพันธุกรรมพืชในระดับดีเอ็นเอมีความก้าวหน้าอย่างมาก การใช้เครื่องหมายโมเลกุลหลากหลายชนิดได้เข้ามามีบทบาทมากในการตรวจจำแนกชนิดพืชหลายชนิด และให้ข้อมูลที่มีความแม่นยำสูง สามารถตรวจหาตำแหน่งแปรปรวนซึ่งเป็นลักษณะจำเพาะของพืชแต่ละพันธุ์ได้

อ้อยเป็นพืชชนิดหนึ่งที่มีความสำคัญเป็นอย่างมากเมื่อพิจารณาในแง่ของผลผลิต เพราะอ้อยใช้ปัจจัยสำหรับการเจริญเติบโตได้ง่าย โดยอาศัยปัจจัยธรรมชาติ เช่น แสงแดด น้ำ อากาศ และธาตุอาหารได้อย่างมีประสิทธิภาพในการเจริญเติบโต นอกจากนี้อ้อยยังเป็นพืชที่ปลูกง่าย และ อ้อยยังชอบอยู่ในอากาศร้อนและชุ่มชื้น ดังนั้นอ้อยจึงเป็นพืชเศรษฐกิจที่เกษตรกรนิยมปลูกกันมาก ส่วนต้นอ้อยที่นำมาคั้นน้ำสำหรับดื่ม เป็นอ้อยที่ปลูกบริเวณที่ราบลุ่ม พื้นที่ดินเหนียว ประชาชนเรียกว่า อ้อยเหลือง หรือ อ้อยสิงคโปร์ ทั้งนี้ “อ้อย”ไม่ได้เป็นเพียงแค่พืชเศรษฐกิจหลักเท่านั้น แต่อ้อย ยังมีประโยชน์ในหลายด้าน ทุกส่วนของอ้อยนั้นมีประโยชน์ทั้งหมด แต่ส่วนที่นำมาใช้มากที่สุดก็คือ ส่วนของลำต้น ส่วนลำต้นขนาดใหญ่ของอ้อยนั้นจะประกอบไปด้วยข้อปล้องจำนวนมาก ปล้องเหล่านี้จะยาวหรือสั้นก็จะขึ้นอยู่กับปริมาณน้ำที่ได้รับ ยิ่งมีน้ำมาก ปล้องก็จะยาวและทำให้ลำต้นสูงใหญ่ตาม

พันธุ์อ้อยที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ ซึ่งกรมวิชาการเกษตรเป็นหน่วยงานที่รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2550 ถึงปี พ.ศ. 2561 มีจำนวน 16 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์มุกดาหาร พันธุ์สุพรรณบุรี 72 พันธุ์มิตรผล 1 พันธุ์มิตรผล 2 พันธุ์ขอนแก่น 3 พันธุ์94-2-099 พันธุ์ขอนแก่น 80 พันธุ์ทีพีเจ 03-452 พันธุ์ทีพีเจ 04-713 พันธุ์ทีพีเจ 04-768 พันธุ์ทองภูมิ 1 พันธุ์ทองภูมิ 2 พันธุ์ทองภูมิ 3 พันธุ์ทองภูมิ 4 พันธุ์ทองภูมิ 5 และพันธุ์เอสอาร์เอส 2000-5-14 จึงเป็นที่มาของการศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของอ้อยเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

กรมวิชาการเกษตร

ระเบียบวิธีการวิจัย (Research Methodology)

อ้อยที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพได้แก่อ้อยที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 16 พันธุ์ ได้แก่ อ้อยพันธุ์มุกดาหาร สุพรรณบุรี 72 มิตรผล 1 มิตรผล 2 ขอนแก่น 3 94-2-099 ขอนแก่น 80 ทีพีเจ 03-452 ทีพีเจ 04-713 ทีพีเจ 04-768 ทองภูมิ 1 ทองภูมิ 2 ทองภูมิ 3 ทองภูมิ 4 ทองภูมิ 5 และเอสอาร์เอส 2000-5-14

อ้อยที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Genotyping by sequencing (GBS) ประกอบด้วยอ้อยที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 16 พันธุ์ และอ้อยพันธุ์อื่นที่ปลูกในเขตชลประทานและเขตน้ำฝนจำนวนไม่ต่ำกว่า 30 พันธุ์ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรม อาทิเช่น K84-200, 85-2-352, LK92-11, KPS 01-12, K95-84, อู่ทอง15, สุพรรณบุรี50, อู่ทอง12, อู่ทอง17, อ้อยดำเขมร , เมอริชาร์ด

แบบและวิธีการทดลอง แบ่งเป็น 2 ขั้นตอน ได้แก่

ขั้นตอนที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

ขั้นตอนที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Genotyping by sequencing (GBS)

กรมวิชาการเกษตร

<u>วิธีปฏิบัติการทดลอง</u>

ขั้นตอนที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

1.1. ศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของอ้อย เช่น สีของใบในทรงพุ่ม สีปล้องเมื่อถูกแดด รูปร่างของตา ขนที่ตาลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย กาบใบ รูปร่างลิ้นใบ สีของคอใบ

1.2. การเก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิงในพิพิธภัณฑ์พืช

1.2.1 ศึกษาและจัดทำวิธีการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของชนิดพืชที่ศึกษา ซึ่งจำเป็นต้องมีวิธีการเก็บตัวอย่าง การคัดเลือกตัวอย่าง ระยะเวลาที่เหมาะสมสำหรับการคัดเลือกและเก็บตัวอย่าง เพื่อนำมาสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง

1.2.2 เมื่อทราบขั้นตอนวิธีการเก็บตัวอย่างพรรณไม้ที่ศึกษาแล้ว ดำเนินการจัดเก็บตัวอย่างและนำเข้าสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้แห้ง (dry specimens) มีวิธีการดังนี้

- เก็บพรรณไม้ให้ครบสมบูรณ์ทุกส่วน จัดลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60 – 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5 - 7 วัน
- เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง
- นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น

1.2.3 สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชแต่ละชนิดที่ศึกษาโดยอาศัยข้อมูลจากแบบบันทึกลักษณะภาคสนามของพันธุ์พืชจากกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช และบันทึกข้อมูลอย่างละเอียด

เพื่อจัดทำเป็นคำบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ตามหลักทางพฤกษศาสตร์ ของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการรับรองนั้นๆ

1.2.4 ตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพันธุ์พืชรับรองฯ ที่ศึกษา คัดเลือกมาจำนวน พันธุ์รับรองละ 3 – 5 ตัวอย่าง ตามแต่ความเหมาะสมของตัวอย่างที่สามารถจัดหาได้ บันทึกข้อมูลทางอนุกรมวิธานของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง และจัดเก็บตามระบบการจัดการของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

- ตัวอย่างพันธุ์พืชรับรองจะได้รับการระบุข้อมูลทางอนุกรมวิธานในระดับพันธุ์ โดยนักวิชาการประจำกลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช
- บันทึกข้อมูลจากตัวอย่างพรรณไม้ ลงในระบบฐานข้อมูลพรรณไม้อ้างอิงของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (โดยให้หมายเลขตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงตามรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชปลูก)
- ตัวอย่างอ้างอิงของพันธุ์พืชรับรอง แยกเก็บรักษาไว้ในพื้นที่เฉพาะสำหรับเก็บตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพืชปลูก ในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ
- จัดทำคู่มือและดรรชนีของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชพืชใหม่ที่ได้รับการรับรองที่เก็บรักษาในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

ขั้นตอนที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Genotyping by sequencing (GBS)

2.1 การสกัดดีเอ็นเอ

สกัดดีเอ็นเอจากใบอ้อยด้วยชุดสกัด DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN) สำหรับสร้าง genomic library แล้วตรวจสอบปริมาณและคุณภาพและปริมาณดีเอ็นเอด้วยอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟริซิส และเครื่องสเปกโตรโฟโตมิเตอร์ NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, Delaware USA) และ Qubit® Fluorometer (Invitrogen)

2.2 การสร้าง GBS DNA library ด้วยวิธี RADseq ประกอบด้วย

การย่อยดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะที่อุณหภูมิ 37°C เป็นเวลานาน 3 ชั่วโมง เพื่อคัดเลือกเอนไซม์ตัดจำเพาะที่เหมาะสม จากนั้นทำการเชื่อมดีเอ็นเอที่ย่อยแล้วกับอะแดปเตอร์ที่จำเพาะกับเอนไซม์ (Peterson et al., 2012) ลำดับเบสในอะแดปเตอร์ประกอบด้วยลำดับเบสที่จำเพาะกับสารเคมีที่ใช้ในการหาลำดับเบสด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina, USA) ทำการเชื่อมต่อดีเอ็นเออ้อยกับอะแดปเตอร์ โดยเอนไซม์ Invitrogen T4 DNA Ligase (Life Technologies) ที่อุณหภูมิ 23°C นาน 2 ชั่วโมง จากนั้นทำลายเอนไซม์ด้วยความร้อนที่อุณหภูมิ 65°C นาน 10 นาที ทำให้บริสุทธิ์จากอะแดปเตอร์ที่เหลือ และกำจัดเอนไซม์หลังเสร็จปฏิกิริยาโดยใช้ Agencourt®AMPure® XP beads (Beckman Coulter, Brea, CA, USA)
การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาพีซีอาร์และคัดแยกดีเอ็นเอตามขนาดที่ต้องการ โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่ได้จากข้อ 2.2 โดยใช้ปฏิกิริยาพีซีอาร์ ที่ประกอบด้วยดีเอ็นเอที่เชื่อมกับอะแดปเตอร์, เอนไซม์ Phusion® polymerase, HF Buffer (New England Biolabs), ไพรเมอร์ที่ประกอบด้วย ลำดับเบสจำเพาะต่อ FCA ของ Illumina และ index ของ Illumina และ index ที่จำเพาะต่อจีโนไทป์อ้อยที่ออกแบบจำเพาะ โปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอประกอบด้วย อุณหภูมิ 98°C 30 วินาที 1 รอบ, 98°C 10 วินาที, 65°C 30 วินาที, 72°C นาน 30 วินาที จำนวน 14 รอบ และอุณหภูมิ 72°C นาน 5 นาที นำผลผลิตที่เพิ่มปริมาณได้ ไปคัดเลือกชิ้นดีเอ็นเอที่

กรมวิชาการเกษตร

เหมาะสมกับการทำงานของเครื่อง MiSeq ทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ด้วย Gel extraction kit วัดความเข้มข้นของดีเอ็นเอที่ได้แต่ละหมายเลขโดยอาศัย quantitative PCR และปรับให้แต่ละ library มีความเข้มข้น 4 nM

2.3 การวิเคราะห์ผลลำดับเบส

นำดีเอ็นเอที่ได้ไปหาลำดับเบสแบบ paired-ended ด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina) ด้วยหลักการ sequencing by synthesis ทำการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของอ้อยที่ได้แบบมี reference ในฐานข้อมูล โดยเปรียบเทียบกับข้อมูลของลำดับเบสของจีโนมอ้อยที่มีการตีพิมพ์แล้วในฐานข้อมูลสากล วิเคราะห์ความสัมพันธ์ของอ้อยจากค่าความต่างทางพันธุกรรม โดยอาศัยซอฟต์แวร์ GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse, 2006; Peakall and Smouse, 2012)

2.4 การบันทึกข้อมูล :

ขั้นตอนที่ 1 : บันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

ขั้นตอนที่ 2 : บันทึกข้อมูลปริมาณดีเอ็นเอและความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอแต่ละพันธุ์ ข้อมูลลำดับเบสและตำแหน่งแปรปรวนของแต่ละตำแหน่งของดีเอ็นเออ้างอิงและตัวอย่างตรวจสอบ

ผลการวิจัย (Results) และ อภิปรายผล (Discussion)

การบันทึกลักษณะและการเก็บตัวอย่างพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่

ตัวอย่างพันธุ์อ้อยที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2550 ถึง ปี พ.ศ. 2561 จำนวน 16 พันธุ์ บันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (ดัดแปลงจาก แบบบันทึกลักษณะประจำพันธุ์ที่จะตรวจสอบ : อ้อย โดยกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช) ได้จำนวน 12 พันธุ์ ได้แก่ สุพรรณบุรี 72 ขอนแก่น 3 ทีพีเจ03-452 ที พีเจ04-713 ทีพีเจ04-768 ทองภูมิ 1 ทองภูมิ 2 ทองภูมิ 3 ทองภูมิ 4 ทองภูมิ 5 และ เอสอาร์เอส 2000-5-14

สำหรับชนิดของลักษณะที่แสดงออกของอ้อยที่ใช้ในการบันทึกลักษณะในการทดลองนี้ คือ ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ซึ่งได้แก่ ลักษณะทางคุณภาพ : quanlitative characteristic (QL) และยังรวมถึงลักษณะทางคุณภาพเทียม : pseudo-qualitative characteristic (PQ) โดยจากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาจากแบบบันทึกลักษณะประจำพันธ์ที่จะตรวจสอบอ้อย จำนวน 48 ลักษณะ พบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพรวม 15 ลักษณะ คือ ลักษณะทางคุณภาพ จำนวน 2 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะข้อ : ขนที่ตา และลักษณะแผ่นใบ : ลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อยและลักษณะทางคุณภาพเทียม จำนวน 13 ลักษณะ ได้แก่ สีของใบในทรงพุ่ม สีปล้องเมื่อถูกแดด สีปล้องเมื่อไม้ถูกแดด รูปร่างปล้อง ภาพตัดขวางของปล้อง รูปร่างของตา ตำแหน่งขนที่ตา การกระจายของขนบนกาบใบ รูปร่าลิ้นใบ รูปร่างหูใบด้านใน รูปร่างหูใบด้านนอก รูปร่างคอใบ และสีของคอใบ

ตารางที่ 1 รายชื่อพันธุ์อ้อยที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 16 พันธุ์ (พ.ศ. 2550 - พ.ศ. 2561)

ลำดับ	ชื่อพันธุ์	แหล่งที่มาของพันธุ์	บันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ	ตัวอย่างพรรณไม้แห้ง
	มุกดาหาร	กรมวิชาการเกษตร		
	สุพรรณบุรี 72	กรมวิชาการเกษตร	/	/
	มิตรผล1	บริษัท มิตรผลวิจัยพัฒนาอ้อยและน้ำตาล จำกัด		
	มิตรผล2	บริษัท มิตรผลวิจัยพัฒนาอ้อยและน้ำตาล จำกัด		

กรมวิชาการเกษตร

	ขอนแก่น 3	กรมวิชาการเกษตร	/	/
	94-2-099	กรมวิชาการเกษตร		
	ขอนแก่น 80	กรมวิชาการเกษตร	/	/
	ทีพีเจ03-452	กรมวิชาการเกษตร และศูนย์วิจัยวิทยาศาสตร์การเกษตรนานาชาติแห่งประเทศญี่ปุ่น	/	/
	ทีพีเจ04-713	กรมวิชาการเกษตร และศูนย์วิจัยวิทยาศาสตร์การเกษตรนานาชาติแห่งประเทศญี่ปุ่น	/	/
	ทีพีเจ04-768	กรมวิชาการเกษตร และศูนย์วิจัยวิทยาศาสตร์การเกษตรนานาชาติแห่งประเทศญี่ปุ่น	/	/
	ทองภูมิ 1	วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
	ทองภูมิ 2	วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
	ทองภูมิ 3	วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
	ทองภูมิ 4	วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
	ทองภูมิ 5	สำนักงานพัฒนาการวิจัยการเกษตร(องค์การมหาชน) และสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
	เอสอาร์เอส 2000-5-14	กรมวิชาการเกษตร	/	/

เก็บตัวอย่างเพื่อจัดทำเป็นตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงได้ทั้งหมดจำนวน 12 พันธุ์ ได้แก่ สุพรรณบุรี 72 ขอนแก่น 3 ทีพีเจ03-452 ที พีเจ04-713 ทีพีเจ04-768 ทองภูมิ 1 ทองภูมิ 2 ทองภูมิ 3 ทองภูมิ 4 ทองภูมิ 5 และ เอสอาร์เอส 2000-5-14 การจัดทำตัวอย่างพรรณไม้แห้งของอ้อย อ้างอิงจากการจัดทำตัวอย่างพืชวงศ์หญ้า (POACEAE) ในสกุล *Saccharum* L. เก็บตัวอย่างลำต้นโดยการผ่าครึ่งให้ได้ส่วนประกอบของข้อ ปล้อง ตาเจริญของอ้อย และส่วนปลายของลำต้นวัดจากส่วนของใบธง คือ ใบปลายสุดก่อนที่จะเกิดช่อดอกของอ้อย ส่วนของใบเก็บตัวอย่างโดยลอกกาบใบได้ส่วนประกอบของแผ่นใบ กาบใบ หูใบ แสดงลักษณะของขนบริเวณส่วนต่างๆ ของใบ สำหรับช่อดอกของอ้อย เก็บลักษณะช่อดอกของอ้อยที่สามารถชักนำให้เกิดดอก เพื่อการผสมพันธุ์ ซึ่งโดยปกติแล้ว การเกิดช่อดอกของอ้อยในแปลงเกษตรกร เป็นลักษณะที่ไม่ต้องการ เนื่องจากทำให้ผลผลิตของอ้อยลดลง

การบรรยายลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของอ้อยที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่

อ้อย มีชื่อวิทยาศาสตร์ คือ *Saccharum officinarum* L. วงศ์ Poaceae (Gramineae) *ลำต้น* ประกอบด้วยข้อและปล้องจำนวนมาก ทั้งข้อและปล้องรวมเรียกว่า จอยต์ (joint) เรียกง่ายๆ ว่า "ปล้อง" ความยาวของปล้องขึ้นอยู่กับพันธุ์ และสภาพแวดล้อม โดยเฉพาะน้ำ ปล้องที่เกิดในช่วงที่มีน้ำพอเหมาะ จะยาวกว่าปล้องที่เกิดในช่วงที่มีน้ำมากหรือน้อยเกินไป ปล้องที่อยู่ตอนโคนต้นจะสั้นมาก และค่อยๆ ยาวขึ้น แล้วก็จะสั้นลงอีกเมื่อใกล้ยอด ลักษณะดังกล่าวปรากฏในอ้อยที่ไม่มีดอก ส่วนอ้อยที่มีดอกปล้องที่รองรับช่อดอก จะมีความยาวที่สุด แล้วลดลงตามลำดับ จนกระทั่งถึงส่วนที่ปล้องมีความยาวไล่เลี่ยกัน ปล้องมีรูปร่างแตกต่างกันตามชนิดและพันธุ์ เช่น เป็นรูปทรงกระบอก กลางคอด โคนใหญ่ โคนเล็ก หรือโค้ง การจัดเรียงของปล้องอาจเป็นแนวเส้นตรง หรือซิกแซ็กก็ได้

สีของลำต้นแตกต่างกันตามพันธุ์และสภาพแวดล้อม โดยทั่วไปมีสีแตกต่างกันตั้งแต่สีเขียวอ่อนจนถึงสีม่วงแก่เกือบดำ สีต่างๆ เหล่านั้นเกิดจากรงคสาร (pigments) ที่เป็นพื้นฐาน 2 ชนิด คือ สีเขียวเกิดจากคลอโรฟิลล์ (chlorophyll) ซึ่งอยู่ใน

กรมวิชาการเกษตร

เนื้อเยื่อของลำต้น ในส่วนที่เรียกว่า เอพิเดอร์มีส (epidermis) และส่วนที่อยู่ถัดเข้าไป และ สีแดงเกิดจากแอนโทไซยานิน ปริมาณของรงคสารทั้งสองชนิดนี้มีมากน้อยแตกต่างกันไป พันธุ์ที่มีแอนโทไซยานินอยู่มาก ลำต้นสีแดง พันธุ์ที่มีคลอโรฟิลล์อยู่มากเป็นสีเขียว นอกจากนี้ก็อาจมีรงคสารอื่นๆ ปนอยู่อีก เช่น รงคสารสีแดงปนเหลืองหรือส้ม ได้แก่ คาโรทินอยด์ (carotinoid) และรงคสารสีเหลือง ได้แก่ แซนโทฟิลล์ (xanthopyll) เป็นต้น *ตา* (bud หรือ eye) เกิดที่ข้อในบริเวณเกิดราก (root band) ปกติแต่ละข้อมีหนึ่งตาเกิดสลับกันคนละข้างของลำต้น ในบางกรณีบางข้ออาจไม่มีตา หรือมีมากกว่าหนึ่งตาก็ได้ ขนาด รูปร่าง และลักษณะของตาขึ้นอยู่กับพันธุ์ *บริเวณเกิดราก (root band หรือ rootring หรือ root zone)* คือ อาณาเขตที่อยู่ระหว่างรอยกาบ และวงเจริญ เป็นที่เกิดของปุ่มราก ความกว้างของบริเวณนี้ไม่สม่ำเสมอ ด้านที่มีตามักจะกว้างกว่าด้านที่อยู่ตรงข้าม สี ความกว้าง และปริมาณไข (wax) ที่เกาะตลอดจนระดับของบริเวณนี้ เมื่อเปรียบเทียบกับส่วนของปล้องแตกต่างกันตามพันธุ์ *ปุ่มราก (root primordia หรือ root initials)* เป็นจุดเล็กๆ ในบริเวณเกิดราก รากจะเจริญออกมาจากปุ่มเหล่านี้ ปุ่มรากที่อยู่ตอนบนมีขนาดเล็กกว่าตอนล่าง สี ขนาด จำนวนแถว และการจัดเรียงของปุ่มรากเป็นลักษณะประจำพันธุ์ *วงเจริญหรือวงแหวน (growth ring)* คือ ส่วนที่มีลักษณะคล้ายวงแหวนเรียบ ที่อยู่เหนือบริเวณเกิดราก เป็นส่วนที่มีไขเกาะน้อยมาก มีสีแตกต่างกันตามพันธุ์ ส่วนนี้จะเจริญเติบโตอย่างเห็นได้ชัดในอ้อยที่ล้ม ส่วนของวงเจริญด้านล่างจะยืดตัวมากกว่า ทำให้ลำต้นตั้งขึ้น วงเจริญอยู่ตรงกับตาอาจโค้งขึ้นเหนือตา หรือผ่านไปทางด้านหลังตาก็ได้ ซึ่งเป็นลักษณะประจำพันธุ์เช่นกัน *รอยกาบ (leaf scar หรือ sheath scar)* เป็นรอยที่เกิดขึ้นหลังจากกาบใบหลุดแล้ว การหลุดยากหรือง่ายของกาบใบเป็นลักษณะประจำพันธุ์ นอกจากนี้ลักษณะบางอย่าง เช่น ความลาดเท และความยื่นตรงใต้ตาก็เป็นลักษณะประจำพันธุ์เช่นเดียวกัน *วงไข (wax ring)* คือ ส่วนของปล้องที่มีไขเกาะมากกว่าส่วนอื่นๆ มีลักษณะเป็นวงแหวน อยู่ใต้รอยกาบ ส่วนนี้อาจจะคอดหรือเสมอกับลำต้น ซึ่งเป็นลักษณะประจำพันธุ์ รอยแตกตื้น หรือ รอยแตกลายงา (corky cracks) คือ รอยแตกเล็กๆ ที่ผิวหรือเปลือกของลำต้นตามความยาวของปล้อง ลักษณะและปริมาณของรอยแตกขึ้นอยู่กับพันธุ์ และสภาพแวดล้อม รอยแตกลึก (growth crack หรือ rind crack) เป็นรอยแตกขนาดใหญ่ เกิดตามความยาวของลำต้นลึกเข้าไปในเนื้ออ้อย รอยแตกส่วนมากมักจะยาวตลอดปล้อง ปล้องละรอย และรอยดังกล่าวมักเกิดขึ้นในบางปล้องเท่านั้น การเกิดรอยแตกลึกขึ้นอยู่กับพันธุ์และสภาพแวดล้อม รอยตกสะเก็ด (corky patch) เป็นรอยแตกตื้นๆ ที่ผิวคล้ายตกสะเก็ด จำนวน และลักษณะที่เกิด ขึ้นอยู่กับพันธุ์และสภาพแวดล้อมเช่นเดียวกัน ร่องตา (bud furrow หรือ bud groove) เป็นร่องที่เกิดขึ้นที่ปล้องซึ่งอยู่ตรงและเหนือตาขึ้นไป บางพันธุ์อาจไม่มี สำหรับพันธุ์ที่มีร่องนี้อาจยาว สั้น ตื้น หรือลึก ซึ่งเป็นลักษณะประจำพันธุ์ *ใบ (leaf)* ใบอ้อยมีลักษณะคล้ายใบข้าว แต่มีขนาดใหญ่และยาวมากกว่า ใบประกอบด้วย 2 ส่วน คือ กาบใบ และแผ่นใบ กาบใบ คือ ส่วนที่ติด และโอบรอบลำต้นทางด้านที่มีตา การโอบรอบลำต้นของกาบจะสลับข้างกัน เช่น ใบหนึ่งขวาทับซ้าย ใบถัดขึ้นไปซ้ายจะทับขวา ฐานกาบใบกว้างที่สุดแล้วเรียวลงสู่ปลายแผ่นใบ ได้แก่ ส่วนที่อยู่ต่อจากกาบใบขึ้นไป ทั้งสองส่วนแยกจากกันตรงรอยต่อ (blade joint) ด้านในของรอยต่อนี้จะมีส่วนยื่นเป็นเยื่อบางๆ รูปร่างคล้ายกระจับเรียกว่า ลิ้นใบ (ligule) ที่ส่วนปลายของกาบใบ จะมีความกว้างมากกว่าฐานของแผ่นใบ จึงทำให้มีส่วนเกินซึ่งมักจะยื่นขึ้นไปข้างบน เรียกว่า หูใบ (auricle) ซึ่งอาจจะมีทั้งสองข้าง ข้างเดียว หรือไม่มีเลยก็ได้ ในกรณีที่มีข้างเดียวมักจะอยู่ด้านในเสมอ ลักษณะ และรูปร่างของลิ้นใบ และหูใบแตกต่างกันตามพันธุ์ กาบใบส่วนมากมักมีสีแตกต่างจากตัวใบ เช่น สีเขียวอ่อน หรือเขียวอมม่วง เป็นต้น ที่หลังกาบใบอาจมีขน และมีไขเกาะถัดจากกาบใบขึ้นไปเป็นแผ่นใบ มีแกนใบหรือแกนกลางใบแข็ง ทำให้แผ่นใบตั้งได้ ความยาวของแผ่นใบแตกต่างกันตามพันธุ์ บางพันธุ์อาจยาวมากกว่า 2 เมตร แผ่นใบมีฐานแคบแล้วกว้างออก จนถึงกว้างที่สุดแล้วเรียวลงสู่ปลายใบซึ่งแหลม ขอบใบมีลักษณะเป็นฟันเลื่อยคม *ช่อดอก (inflorescence)* ดอกอ้อยเกิดเป็น ช่อที่ยอดของลำต้น ช่อดอกมีลักษณะคล้ายหัวลูกศร จึงมีชื่อเรียกโดยเฉพาะว่า "แอโรว์" (arrow) การออกดอก ขึ้นอยู่กับปัจจัยหลายอย่าง เช่น พันธุ์ อายุ และสภาพแวดล้อม สภาพแวดล้อมที่สำคัญ ได้แก่ ช่วงแสง (photoperiod) หรือความยาว ของวัน อุณหภูมิ และความชื้น ปัจจัยเหล่านี้จะต้องมี

กรมวิชาการเกษตร

อย่างเหมาะสม เป็นเวลานานพอ จึงจะทำให้อ้อยออกดอก *ดอก (flower)* ดอกอ้อยมีขนาดเล็กมาก เกิดเป็นคู่ๆ ในแต่ละคู่นี้ดอกหนึ่งจะมีก้าน (pedicelled หรือ stalked-spikelect) ส่วนอีกดอกหนึ่งไม่มีก้าน (sessil-spikelet) ที่รอบฐานของแต่ละดอก มีขนยาว สีขาวคล้ายไหมจำนวนมากเรียกว่า บริสเทิล หรือคัลลัสแฮร์ (bristle หรือ callus hair) ก่อนดอกบาน ขนเหล่านี้จะแนบอยู่กับตัวดอก เมื่อดอกบาน ก็จะกางออกโดยรอบเป็นรัศมี ทำให้ดูคล้ายทำด้วยไหม ทั้งช่อแต่ละดอกมีกลีบดอก 3 กลีบ เรียงจากข้างนอกเข้าไปเรียกว่า กาบนอก (outer glume) กาบใน (inner glume) และสเตอรายล์เลมมา (sterile lemma) หรือกาบที่สาม (third glume) ตามลำดับ ดอกอ้อยเป็นดอกที่สมบูรณ์ คือ มีทั้งส่วน ที่เป็นเพศผู้และเพศเมียอยู่ในดอกเดียวกัน ส่วนของ เพศผู้ประกอบด้วยอับเกสร (anther) ซึ่งมีลักษณะ ยาวรี 3 อับ แต่ละอับมีก้านอับเกสร (filament) เวลาดอกบานก้านนี้จะยืดตัวส่งอับเกสรออกมาภายนอก และต่อมา อับเกสรก็จะแตกออกปล่อยละอองเกสร (pollen grain) ออกมาผสมตัวเองหรือลอยไป ตามลม ส่วนของเพศเมียประกอบด้วย 1 รังไข่ (ovary) และสติกมา (stigma) ซึ่งปลายแยกออกเป็น 2 แฉก ลักษณะคล้ายขนนกเรียกว่า ฟีทเทอรี สติกมา (feathey stigmas) หลังจากได้รับการผสมรังไข่ก็จะเจริญเป็นเมล็ดต่อไป *เมล็ด (seed)* เมล็ดอ้อยเป็นผล (fruit) ชนิดคาริออพซิส (caryopsis) คล้ายเมล็ดข้าว แต่มีขนาดเล็กกว่ามาก ตามปกติเมล็ดอ้อยมักจะติดแน่นอยู่กับ ส่วนของดอก จึงมีชื่อเรียกโดยเฉพาะว่า ฟัซซ์ หรือ ฟลัฟฟ์ (fuzz หรือ fluff)

ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ เป็นลักษณะที่ปรากฏชัดเจน สามารถเปรียบเทียบโดยใช้แบบอธิบายลักษณะประจำพันธุ์ของอ้อยได้ โดยไม่ต้องทำการวัด หรือ ชั่ง จึงเป็นลักษณะที่เหมาะสมสำหรับการเปรียบเทียบพันธุ์ได้อย่างอย่างชัดเจน อย่างไรก็ตาม การบันทึกลักษณะประจำพันธุ์ของอ้อย สำหรับหลักเกณฑ์การตรวจสอบพันธุ์อ้อย ยังคงมีการบันทึกลักษณะทางปริมาณด้วย จากการบันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของอ้อย นำมาจัดทำคำบรรยายลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของอ้อย จำนวน 12 พันธุ์ ดังนี้

1. อ้อยพันธุ์สุพรรณบุรี 72

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเหลืองอมเขียว สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเหลืองอมเขียว รูปร่างของปล้องรูปทรงกระบอก เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปกลม การเรียงตัวของปล้องซิกแซกเล็กน้อย รูปร่างของตาเป็นรูปห้าเลี่ยม มีขนที่ตา ตำแหน่งขนที่ตาบริเวณปลายยอด แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านหลังเท่านั้น รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียวแหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในเป็นรูปโค้ง รูปร่างของหูใบด้านนอกเป็นรูปขอบโค้ง รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธงปลายคด สีของคอใบสีเหลืองอมเขียว

ลักษณะเด่น ให้ผลผลิตเนื้ออ้อยควั่นสุทธิ 6.3 ตันต่อไร่ ให้ค่าความหวานสูง 19.3 บริกซ์ แตกกอดี ให้จำนวนลำต่อไร่สูงประมาณ 13,000 ลำต่อไร่ สามารถไว้ตอได้ดี ไม่ต้องปลูกใหม่ทุกปี อ้อยควั่นมีรสชาติหวานหอมกรอบ น้ำอ้อยมีสีเหลือง อมเขียว รสชาติหวานหอม คุณภาพใกล้เคียงกับอ้อยคั้นน้ำพันธุ์สุพรรณบุรี 50

2. อ้อยพันธุ์ขอนแก่น 3

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีม่วงแดง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเขียวอมเหลือง รูปร่างของปล้องรูปทรงกระบอก เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปกลม การเรียงตัวของปล้องตั้งตรง รูปร่างของตาเป็นรูปสี่เหลี่ยมขนมเปียกปูน ไม่มีขนที่ตา แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อยน้อยมาก การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านหลังเท่านั้น รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียว

กรมวิชาการเกษตร

แหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกสั้น รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปใบหอกยาว รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธงปลายคด สีของคอใบสีม่วงแดง

ลักษณะเด่น เป็นพันธุ์ที่มีการแตกกอดี ใบคลุมพื้นที่ได้เร็ว ทำให้การแข่งขันกับวัชพืชได้ดี ส่งผลให้ลดค่าใช้จ่ายในการกำจัดวัชพืช และมีความต้านทานในระดับปานกลางต่อโรคแส้ดำและเหี่ยวเน่าแดง นอกจากนี้อ้อยพันธุ์ขอนแก่น 3 สามารถปลูกได้ทั่วไป ในพื้นที่ที่เป็นดินร่วนปนทราย โดยเฉพาะอย่างยิ่งในเขตปลูกอ้อยของภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

3. อ้อยพันธุ์ขอนแก่น 80

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีม่วงแดง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเขียวอมเหลือง รูปร่างของปล้องรูปทรงกระบอก เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปกลม การเรียงตัวของปล้องตั้งตรง รูปร่างของตาเป็นรูปสี่เหลี่ยมขนมเปียกปูน ไม่มีขนที่ตา แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อยน้อยมาก การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านหลังเท่านั้น รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียว แหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกสั้น รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปใบหอกยาว รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธงปลายคด สีของคอใบสีม่วงแดง

ลักษณะเด่น เป็นพันธุ์ที่มีการแตกกอดี ใบคลุมพื้นที่ได้เร็ว ทำให้การแข่งขันกับวัชพืชได้ดี ส่งผลให้ลดค่าใช้จ่ายในการกำจัดวัชพืช และมีความต้านทานในระดับปานกลางต่อโรคแส้ดำและเหี่ยวเน่าแดง นอกจากนี้อ้อยพันธุ์ขอนแก่น 3 สามารถปลูกได้ทั่วไป ในพื้นที่ที่เป็นดินร่วนปนทราย โดยเฉพาะอย่างยิ่งในเขตปลูกอ้อยของภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

4. อ้อยพันธุ์ทีพีเจ 03-452

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเขียว สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเขียว รูปร่างของปล้องรูปทรงกระบอก เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปกลม การเรียงตัวของปล้องตั้งตรง รูปร่างของตารูปกลม ไม่มีขนที่ตา แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านหลังเท่านั้น รูปร่างลิ้นใบรูปแถบค่อนข้างสม่ำเสมอ รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกยาว รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปใบหอกสั้น รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมฐานเรียบ สีของคอใบสีม่วงแดง

ลักษณะเด่น ลักษณะทรงกอตั้งตรง ลักษณะทรงใบตรงส่วนยอดตั้งปลายโค้ง ลักษณะปล้องโคนโต ให้ผลผลิตสูง สามารถปลูกได้ในพื้นที่ทั่วไป ในพื้นที่ดินร่วมปนทราย

กรมวิชาการเกษตร

5. อ้อยพันธุ์ทีพีเจ 04-713

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเขียวอมเหลือง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเขียวอมเหลือง รูปร่างของปล้องรูปทรงกระบอก เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปกลม การเรียงตัวของปล้องตั้งตรง รูปร่างของตารูปกลม ไม่มีขนที่ตา แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านหลังเท่านั้น รูปร่างลิ้นใบรูปแถบค่อนข้างสม่ำเสมอ รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกยาว รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปใบหอกสั้น รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมฐานเรียบ สีของคอใบสีม่วงแดง

ลักษณะเด่น มีลักษณะใกล้เคียงกับอ้อยพันธุ์ทีพีเจ 03-452 ลักษณะทรงกอตั้งตรง ลักษณะทรงใบตรงส่วนยอดตั้งปลายโค้ง ลักษณะปล้องโคนโต ให้ผลผลิตสูง สามารถปลูกได้ในพื้นที่ทั่วไป ในพื้นที่ดินร่วมปนทราย

6. อ้อยพันธุ์ทีพีเจ04-768

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเขียว สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเหลืองอมเขียว รูปร่างของปล้องรูปทรงกระบอก เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปกลม การเรียงตัวของปล้องตั้งตรง รูปร่างของตารูปกลม ไม่มีขนที่ตา แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านหลังเท่านั้น รูปร่างลิ้นใบรูปแถบค่อนข้างสม่ำเสมอ รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกยาว รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปใบหอกสั้น รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมฐานเรียบ สีของคอใบสีม่วงแดง

ลักษณะเด่น มีลักษณะใกล้เคียงกับอ้อยพันธุ์ทีพีเจ 04-713 ลักษณะทรงกอตั้งตรง ลักษณะทรงใบตรงส่วนยอดตั้งปลายโค้งเล็กน้อย ลักษณะปล้องโคนโต ให้ผลผลิตสูง สามารถปลูกได้ในพื้นที่ทั่วไป ในพื้นที่ดินร่วมปนทราย

กรมวิชาการเกษตร

7. อ้อยพันธุ์ทองภูมิ 1

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเหลือง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเหลืองอ่อน รูปร่างของปล้องรูปกลางป่อง เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปไข่ การเรียงตัวของปล้องซิกแซกน้อย รูปร่างของตารูปห้าเหลี่ยม มีขนที่ตาบริเวณฐาน แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านข้างและด้านหลัง รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียแหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกสั้น รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปขอบโค้ง รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธง สีของคอใบสีเขียวอมม่วง

8. อ้อยพันธุ์ทองภูมิ 2

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีม่วงอมเขียว สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเขียวอมเหลือง รูปร่างของปล้องรูปโค้งงอ เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปไข่ การเรียงตัวของปล้องซิกแซกน้อย รูปร่างของตารูปห้าเหลี่ยม ไม่มีขนที่ตาบ แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านข้างและด้านหลัง รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียแหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปสามเหลี่ยมยอดแหลม รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปขอบโค้ง รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธง สีของคอใบสีม่วงอมเขียว

กรมวิชาการเกษตร

9. อ้อยพันธุ์ทองภูมิ 3

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเหลือง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเหลืองอ่อน รูปร่างของปล้องรูปกลางป่อง เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปไข่ การเรียงตัวของปล้องซิกแซกเล็กน้อย รูปร่างของตารูปห้าเหลี่ยม มีขนที่ตาบริเวณฐาน แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านข้างและด้านหลัง รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียแหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกสั้น รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปขอบโค้ง รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธง สีของคอใบสีเขียวอมม่วง

กรมวิชาการเกษตร

10. อ้อยพันธุ์ทองภูมิ 4

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเหลือง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเหลืองอ่อน รูปร่างของปล้องรูปกลางป่อง เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปไข่ การเรียงตัวของปล้องซิกแซกเล็กน้อย รูปร่างของตารูปห้าเหลี่ยม มีขนที่ตาบริเวณฐาน แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านข้างและด้านหลัง รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียแหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกสั้น รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปขอบโค้ง รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธง สีของคอใบสีเขียวอมม่วง

11. อ้อยพันธุ์ทองภูมิ 5

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเหลือง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเหลืองอ่อน รูปร่างของปล้องรูปกลางป่อง เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปไข่ การเรียงตัวของปล้องซิกแซกเล็กน้อย รูปร่างของตารูปห้าเหลี่ยม มีขนที่ตาบริเวณฐาน แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านข้างและด้านหลัง รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียแหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกสั้น รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปขอบโค้ง รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธง สีของคอใบสีเขียวอมม่วง

กรมวิชาการเกษตร

12. เอสอาร์เอส 2000-5-14

ลักษณะประจำพันธุ์ สีของใบในทรงพุ่มมีสีเขียว สีปล้องเมื่อถูกแดดสีเหลือง สีของปล้องเมื่อไม่ถูกแดดเป็นสีเหลืองอ่อน รูปร่างของปล้องรูปกลางป่อง เมื่อตัดปล้องตามขวางเป็นรูปไข่ การเรียงตัวของปล้องซิกแซกเล็กน้อย รูปร่างของตารูปห้าเหลี่ยม มีขนที่ตาบริเวณฐาน แผ่นใบมีลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อย การกระจายของขนบนกาบใบพบเฉพาะบริเวณด้านข้างและด้านหลัง รูปร่างลิ้นใบรูปแถบตรงกลางพองออกปลายเรียแหลมทั้งสองข้าง รูปร่างหูใบด้านในรูปใบหอกสั้น รูปร่างของหูใบด้านนอกรูปขอบโค้ง รูปร่างของคอใบรูปสามเหลี่ยมชายธง สีของคอใบสีเขียวอมม่วง

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอ

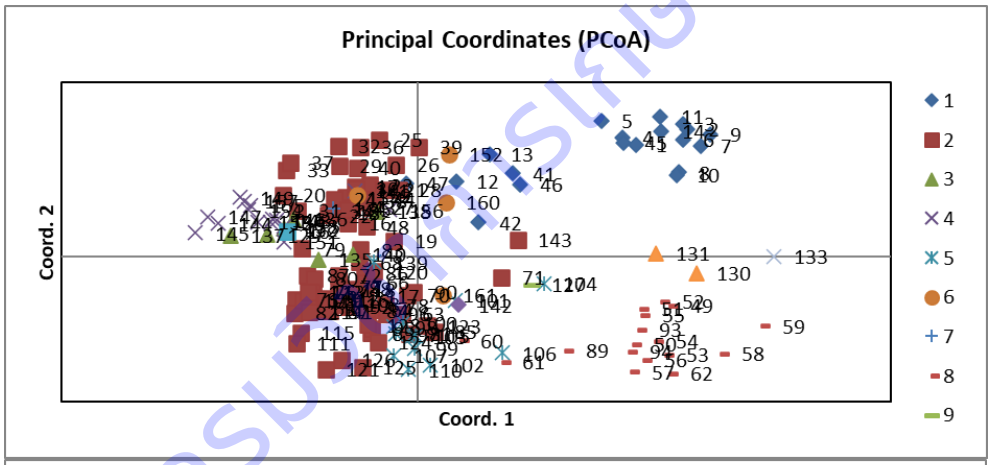
การคัดเลือกไพร์เมอร์ : ในการทดลองนี้ใช้เครื่องหมายโมเลกุลหรือ ไพร์เมอร์ในกลุ่ม SSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 91 คู่ สามารถคัดเลือกไพรเมอร์ที่เหมาะสมโดยดูจากการแสดงออกของแถบดีเอ็นเอจำนวน 2 ถึง 4 แถบ และให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 41 คู่ (ภาคผนวก ตารางที่ 2) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ของอ้อยจำนวนรวมทั้งสิ้น 162 พันธุ์ ประกอบด้วย อ้อยที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ 15 พันธุ์ ยกเว้นพันธุ์มุกดาหาร และอ้อยพันธุ์อื่นที่ปลูกในเขตชลประทานและเขตน้ำฝน (ภาคผนวก ตารางที่ 1) พบว่าไพรเมอร์ SSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างอ้อยทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับอัลลีลได้ทั้งหมด 300 ตำแหน่ง (Allele) เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) ทั้งหมด มีจำนวนอัลลีลต่อโลกัสตั้งแต่ 3 อัลลีล จนถึง 14 อัลลีล มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 7.32 อัลลีลต่อโลกัส มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 100 bp จนถึง 826 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.61 (ESTC70)

กรมวิชาการเกษตร

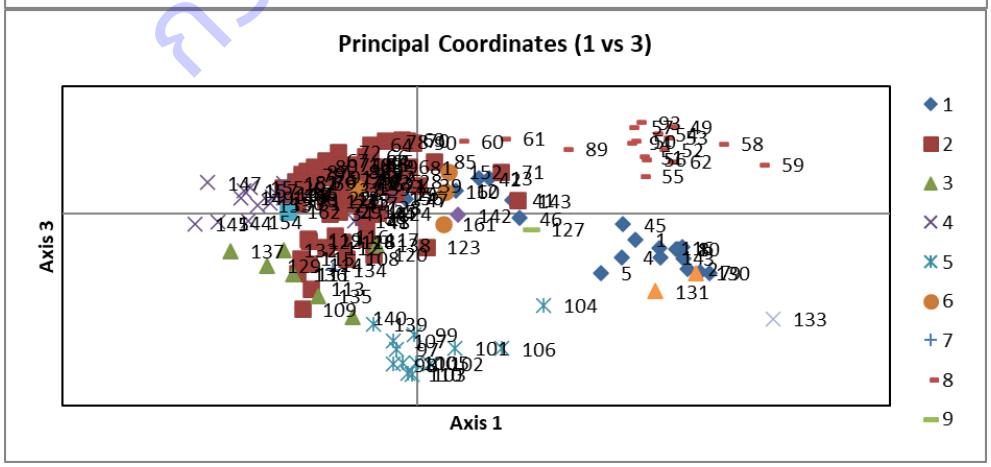
จนถึง 0.89 (SCC44 และ SCC86) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.80 (ภาคผนวก ตารางที่ 3) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012)

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA : จาก การวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างอ้อย 162 หมายเลข เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 14.58 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 13.99 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 (5.95%) และ 3 (5.36%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 11.31 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับต่ำ จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 9 กลุ่ม โดยกลุ่มสีน้ำตาลเป็นกลุ่มใหญ่ที่แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายในกลุ่มสูง และพบว่าหมายเลข 133 (อ้อยดำ) ซึ่งเป็นหญ้าเนเปียและหมายเลข 131 (Th01-006) หมายเลข 130 (Th01-070) ซึ่งเป็นอ้อยป่า (*Erianthus* spp.) แยกกลุ่มออกมาอย่างชัดเจน (ภาพที่ 1)

ก

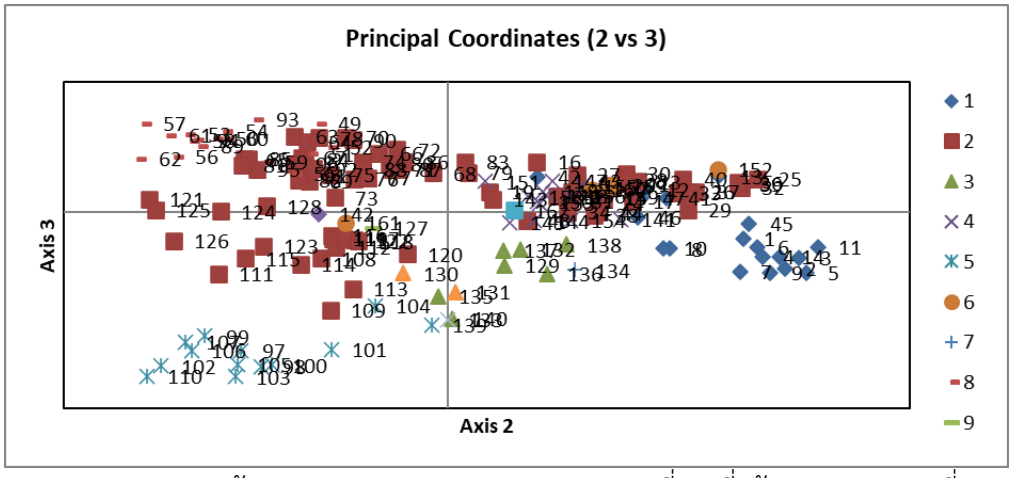


ข



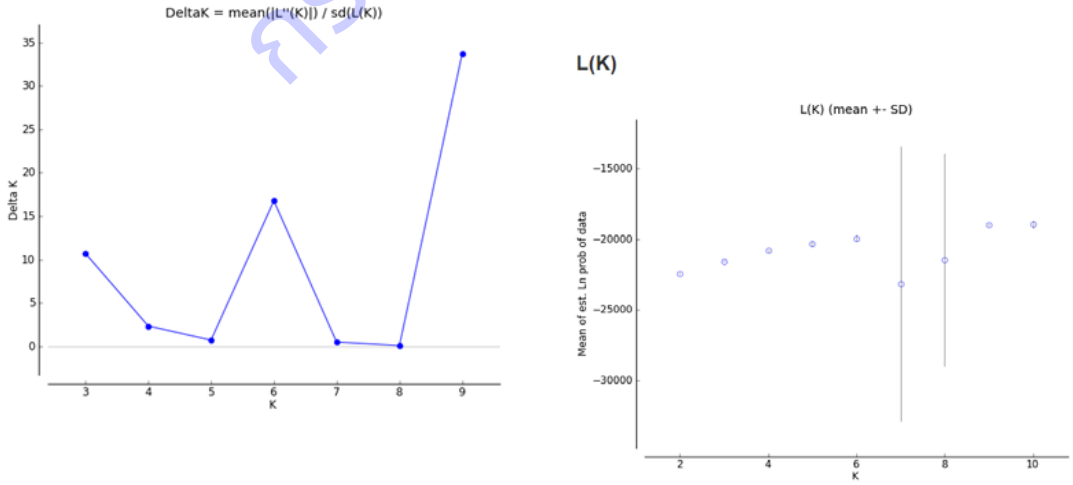
กรมวิชาการเกษตร

ค



ภาพที่ 1 แผนภาพ PCoA ของอ้อย 162 หมายเลข (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (8.63%) และแกนที่ 2 (5.95%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 14.58 เปอร์เซ็นต์ (ข) แกนที่ 1 (8.63%) และแกนที่ 3 (5.36%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 13.99 เปอร์เซ็นต์ และ (ค) แกนที่ 2 (5.95%) และแกนที่ 3 (5.36%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 11.31 เปอร์เซ็นต์

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure) : เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างรวม 162 หมายเลข โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อใช้ในการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and vonHoldt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 9 และค่าเฉลี่ยของ L(K) ตั้งแต่ K= 3 ถึง K = 6 และ K=9 ถึง K=10 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำ (ภาพที่ 2)

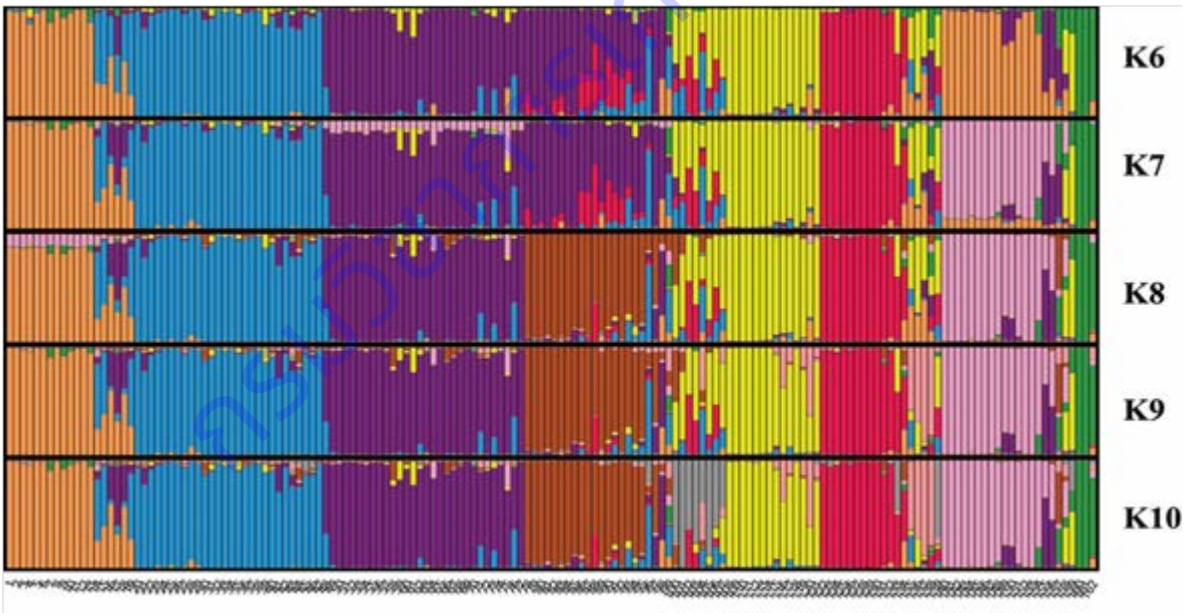


ภาพที่ 2 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างอ้อย 162 หมายเลข

กรมวิชาการเกษตร

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างอ้อยที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 6 พันธุกรรมหลักและ 9 พันธุกรรมย่อย โดยที่ K = 9 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่ตรวจพบการกระจายตัวเป็น 9 กลุ่ม เช่นกัน เมื่อพิจารณาที่ K=6 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีม่วง กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีเหลือง กลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 6 เป็นกลุ่มสีเขียว เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 9 เพื่อตรวจสอบโครงสร้างย่อย พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีม่วง กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีน้ำตาล กลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มสีเหลือง กลุ่มที่ 6 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 7 เป็นกลุ่มสีชมพูส้ม กลุ่มที่ 8 เป็นกลุ่มสีชมพู และกลุ่มที่ 9 เป็นกลุ่มสีเขียว (ภาพที่ 3)

เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K ที่เพิ่มขึ้นจาก K = 6 เป็น K = 9 เพื่อตรวจวิเคราะห์ที่ละเอียดมากขึ้นนั้น สามารถตรวจพบโครงสร้างย่อย (genetic sub-structure) ของตัวอย่างในกลุ่มสีม่วง (กลุ่มที่ 3) ในระดับที่ K=6 ถูกแบ่งแยกเป็น 2 กลุ่มที่ K=9 และยังพบอีกว่ากลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม (กลุ่มที่ 1) และกลุ่มสีฟ้า (กลุ่มที่ 2) มีความคงตัวทางพันธุกรรมสูงกว่ากลุ่มอื่นทั้ง 2 ระดับ (K) ส่วนกลุ่มที่มีโครงสร้างหลักสีม่วง (กลุ่มที่ 3) และสีเหลือง (กลุ่มที่ 4) มีความผันแปรทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง และที่ K = 8 ถึง K=10 สามารถแยกตัวอย่างที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมสีน้ำตาลออกจากสีม่วงได้ (ภาพที่ 3)



ภาพที่ 3 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 6 ถึง 10 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างอ้อยจำนวน 162 หมายเลข พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 6 กลุ่มหลัก (K = 6) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 6 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม สีฟ้า สีม่วง สีเหลือง สีแดง และสีเขียว และเมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 9 แหล่งพันธุกรรม (K=9) โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาคผนวก ตารางที่ 4)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) : การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.49 ถึง 0.89 แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ทดสอบไม่มีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมซ้ำกัน โดยมีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.49 (49%) ได้แก่ อ้อยดำ และใกล้ชิดกันที่สุดที่ระดับ 0.89 (89%) ซึ่งได้แก่ Q61 และ S010-4 สามารถจัดกลุ่มตัวอย่างทั้หมดได้เป็น 9 กลุ่ม (A-H) สอดคล้องกับการจัดด้วยการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

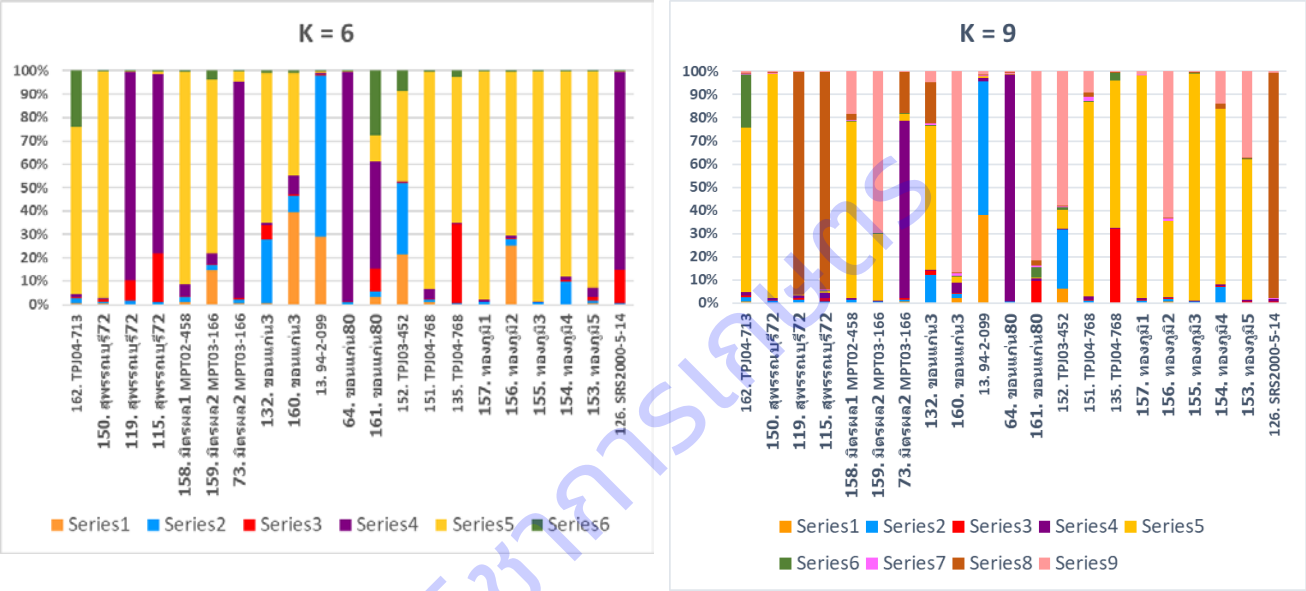
ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.49 สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของอ้อยทั้ง 162 พันธุ์ได้เป็น 2 clusters คือ (1) cluster A ที่ประกอบด้วย อ้อยดำ (หญ้าเนเปีย: *Pennisetum purpureum*) และอ้อยป่า (Th01-070 และ Th01-006 : *Erianthus* spp.) และ (2) cluster ที่ประกอบด้วยกลุ่มอ้อยปลูก (*S. officinarum*) และลูกผสมข้ามชนิดระหว่างอ้อยปลูก และอ้อยป่า (interspecific hybrids: TPJ04-713, TPJ03-452, TPJ04-768) (กลุ่ม B-I) โดยภายในกลุ่มที่ 2 นี้ยังถูกแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่ที่ similarity coefficient ที่ 0.59 ได้แก่ กลุ่ม 2.1 ประกอบด้วยลูกผสมอ้อยปลูกกับอ้อยป่า (TPJ04-713) และกลุ่มที่ 2.2 ประกอบด้วยตัวอย่างในกลุ่มอ้อยปลูกและลูกผสมอ้อยป่า ในกลุ่มนี้ยังแยกออกเป็นอีกหลายกลุ่มย่อย ซึ่งพันธุ์ Q76 และอ้อยช้างกาญจนบุรี มีความแตกต่างจากตัวอย่างอ้อยอื่น ส่วนลูกผสมอ้อยป่า TPJ04-768 และ TPJ03-452 แยกกันอยู่ในกลุ่มย่อยที่ต่างกันไป (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 4)

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในอ้อยที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ : การตรวจสอบเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของตัวอย่าง 15 พันธุ์ ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวนตัวอย่าง 21 หมายเลข ได้แก่ พันธุ์สุพรรณบุรี72 (รหัส 150, 119, 115) พันธุ์มิตรผล 1 MPT02-458 (รหัส 158) พันธุ์มิตรผล2 MPT03-166 (รหัส 159, 73) พันธุ์ขอนแก่น3 (รหัส 132, 160) พันธุ์ 94-2-099 (รหัส 13) พันธุ์ขอนแก่น80 (รหัส 64, 161) พันธุ์ TPJ 03-452 (รหัส 152) พันธุ์ TPJ 04-713 (รหัส 162) พันธุ์ TPJ 04-768 (รหัส 151, 135) พันธุ์ทองภูมิ1 (รหัส 157) พันธุ์ทองภูมิ2 (รหัส 156) พันธุ์ทองภูมิ3 (รหัส 155) พันธุ์ทองภูมิ4 (รหัส 154) พันธุ์ทองภูมิ5 (รหัส 153) และ SRS 2000-5-14 (รหัส 126) พบว่าไม่มีตัวอย่างใดมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เหมือนกัน แม้จะเป็นพันธุ์ซ้ำ ซึ่งเป็นปัญหาในการระบุเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ที่ถูกต้อง (ภาพที่ 4)

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างพันธุ์สุพรรณบุรี 72 จำนวน 3 หมายเลข พบว่ามีองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมต่างกันที่ระดับ K=6 โดยที่ตัวอย่างรหัส 119 และ 115 แม้มีโครงสร้างพันธุกรรมหลักเป็นสีม่วงแต่มี

กรมวิชาการเกษตร

สัดส่วนองค์ประกอบพันธุกรรมต่างกัน และถูกจัดอยู่ในกลุ่มพันธุ์ NSUT ที่เป็นพันธุ์อ้อยสำหรับกลุ่มดินเหนียวภาคกลาง ในขณะที่รหัส 150 มีโครงสร้างหลักเป็นสีเหลือง และจัดอยู่ร่วมกับพันธุ์สุพรรณบุรี 50 (149) และอู่ทอง 13 (148) และผลการวิเคราะห์ด้วย UPGMA พบว่ารหัส 119 และ 115 จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน มีค่า similarity coefficient ที่ระดับ 0.79 ในขณะที่รหัส 150 ถูกจัดอยู่ร่วมกับพันธุ์สุพรรณบุรี 50 (149) ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีเหลืองและมีค่า similarity coefficient ของทั้งสองตัวอย่างนี้ที่ 0.84 แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างรหัส 150 อาจเป็นกลุ่มพันธุ์สุพรรณบุรี 50 (ภาคผนวก ตารางที่ 4) อย่างไรก็ตามพันธุ์สุพรรณบุรี 50 เองนั้นมีตัวอย่างซ้ำ 2 ตัวอย่างได้แก่ รหัส 79 มีโครงสร้างหลักสีม่วง จัดอยู่ด้วยกันกับพันธุ์มิตรผล 2 (MPT03-166 รหัส 73) และพันธุ์สิงคโปร์ แต่รหัส 149 มีโครงสร้างหลักสีเหลือง จัดอยู่ด้วยกันกับสุพรรณบุรี 72 ซึ่งพบว่าสุพรรณบุรี 50 ทั้ง 2 ตัวอย่างมี similarity coefficient ที่ระดับ 0.77 (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 4)



ภาพที่ 4 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K =6 และ K = 9 ของอ้อยที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ 15 ตัวอย่าง คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

ผลการวิเคราะห์กลุ่มพันธุ์มิตรผล 2 หมายเลข จำนวน 3 ตัวอย่าง พบว่า มิตรผล1 MPT02-458 (158) จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับพันธุ์ทองภูมิ 1 (157) และมีโครงสร้างพันธุกรรมหลักเป็นสีเหลือง ซึ่งมีพันธุ์อู่ทอง 5 (146) ในกลุ่มนี้ด้วย ส่วนมิตรผล 2 MPT03-166 พบว่ามี 2 ตัวอย่าง ได้แก่ รหัส 159 ซึ่งมีพันธุกรรมหลักผสมระหว่างส้มและเหลือง จัดอยู่ใกล้กับพันธุ์ขอนแก่น 3 (160) ที่ระดับ similarity coefficient 0.75 และ พันธุ์ขอนแก่น 80 (161) ที่ระดับ similarity coefficient 0.71 ส่วนตัวอย่างซ้ำของพันธุ์มิตรผล 2 รหัส 73 มีโครงสร้างหลักเป็นสีม่วง และถูกจัดใกล้กับพันธุ์สุพรรณบุรี 50 (79) (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 4)

ผลการวิเคราะห์กลุ่มพันธุ์ขอนแก่น 3 รหัสตัวอย่าง 132 และ 160 พบว่าแม้มีโครงสร้างหลักเป็นสีเหลือง แต่มีสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรมแตกต่างกัน โดยรหัส 132 มีโครงสร้างย่อยสีฟ้า ซึ่งจัดอยู่ร่วมกับ KWT07 (129) ส่วนรหัส 160 มีโครงสร้างย่อยเป็นสีส้ม และจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับพันธุ์ขอนแก่น 80 (161) ซึ่งเป็นพันธุ์ที่ได้จากคู่ผสมของอ้อยโคลน 85-2–352 (10. โครงสร้างหลักสีส้ม) กับพันธุ์ K 84-200 (48. โครงสร้างหลัก-ฟ้าม่วง;

กรมวิชาการเกษตร

120. โครงสร้างหลัก-ฟ้าแดงม่วง) ที่มาจากคู่ผสมเดียวกันกับพันธุ์ขอนแก่น 3 ดังนั้นจึงมีความเป็นไปได้ว่า ตัวอย่าง รหัส 160 นี้เป็นเอกลักษณ์ของพันธุ์ขอนแก่น 3 และกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ขอนแก่น 80 ที่มีตัวอย่างซ้ำ 2 ตัวอย่าง รหัส 161 จึงน่าจะเป็นตัวแทนของพันธุ์ขอนแก่น 80 มากกว่ารหัส 64 ที่มีโครงสร้างพันธุกรรมสีม่วงถึง 98% ซึ่งอาจจะไม่แสดงลักษณะลูกผสม (ภาพที่ 4, ภาคผนวก ตารางที่ 4) ทั้งนี้เนื่องจากพันธุ์เหล่านี้มีการปลูกมาเป็นระยะเวลามากกว่า 10 ปีแล้ว และขยายพันธุ์ด้วยท่อนพันธุ์ จึงมีความเป็นไปได้ที่จะเกิดการปะปนของท่อนพันธุ์ในระหว่างการขยายพันธุ์ ดังนั้นในการเก็บรักษาพันธุ์ควรมีการตรวจความตรงตามพันธุ์เพื่อนำมาใช้ในการตรวจพิสูจน์เทียบกับพันธุ์ต้องสงสัยพันธุ์อื่นได้ จากผลวิเคราะห์นี้แสดงให้เห็นว่าการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมเป็นวิธีการที่สามารถใช้ตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์เพื่อจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างมีประสิทธิภาพ (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 4)

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างกลุ่มพันธุ์ทองภูมิ (1, 2, 3, 4, 5) ที่ระดับ K=6 พบว่ามีโครงสร้างหลักเป็นสีเหลือง ซึ่งอยู่ในกลุ่มพันธุกรรมเดียวกันกับพันธุ์สุพรรณบุรี 50 (149) สุพรรณบุรี 72 (150) และกลุ่มพันธุ์อู่ทอง 1, 3, 11, 13, 5 และ มิตรผล MPT02-458 (158) และที่ K = 9 ตรวจพบโครงสร้างย่อย นอกจากนี้ยังพบว่าทองภูมิ 3 (155) มีโครงสร้างสีเหลืองในสัดส่วน 98% ใกล้เคียงกับสุพรรณบุรี 72 (150) ทั้งที่ K=6 และ K =9 (ภาคผนวก ตารางที่ 4) ซึ่งแสดงถึงลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมที่คล้ายคลึงกันกัน แต่จากการวิเคราะห์ด้วย UPGMA พบว่าทั้ง 2 พันธุ์นี้ถูกจัดแยกกลุ่มกันในระดับ similarity coefficient ที่ 0.76 แสดงว่าทั้งสองพันธุ์นี้อาจมีคุณสมบัติที่ใกล้เคียงกันแต่มีพันธุกรรมที่แตกต่างกัน (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ผลการวิเคราะห์กลุ่มพันธุ์ลูกผสมอ้อยปลูก (*S. officinarum*) และอ้อยป่า (*S. spontaneum*) กลุ่มTPJ จำนวน 3 พันธุ์ 4 ตัวอย่าง ได้แก่ TPJ 03-452 (รหัส 152), TPJ 04-713 (รหัส 162), และ TPJ 04-768 (รหัส 151, 135) พบว่าพันธุ์ TPJ 04-713 (รหัส 162) มีโครงสร้างพันธุกรรมที่ต่างออกไป และถูกจัดอยู่ในcluster 2.1 มีโครงสร้างพันธุกรรมสีเหลืองและเขียว ที่ K=6 ส่วนอีก 2 พันธุ์ถูกจัดอยู่ใน cluster 2.2 พันธุ์ TPJ 03-452 (รหัส 152) พบว่าถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับพันธุ์ขอนแก่น 3 (160) ขอนแก่น 80 (161) และพันธุ์มิตรผล 2 (MPT03-166) รหัส 159 มีโครงสร้างพันธุกรรมย่อยเป็นสีส้ม ฟ้าและเหลือง ในขณะที่พันธุ์ TPJ 04-768 มีตัวอย่างซ้ำ 2 ตัวอย่าง รหัส 151 มีโครงสร้างหลักเป็นสีเหลืองในสัดส่วนถึง 92.4% และจัดอยู่ในกลุ่ม E ที่มีพันธุ์กลุ่มอู่ทอง สุพรรณบุรี ทองภูมิ และมิตรผล แต่รหัส 135 มีโครงสร้างผสมระหว่างสีฟ้า แดง เหลือง เป็นลักษณะโครงสร้างของลูกผสม และถูกจัดใน cluster E ที่มีพันธุ์กลุ่ม KK09 หมายเลขต่างๆ อยู่ด้วย จึงมีความเป็นไปได้ว่า รหัส 135 เป็นตัวแทนที่ถูกต้องของพันธุ์ TPJ 04-768 (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 4)

ผลการวิเคราะห์อ้อยพันธุ์ SRS 2000-5-14 (126) พบว่ามีโครงสร้างหลักเป็นสีแดง (14.2%) สีม่วง (84.4%) นอกนั้นเป็นสีส้มฟ้าเหลืองเขียว รวม 1.36% และถูกจัดอยู่ cluster F ร่วมกับ KK07-037 และ NSUT อ้อยพันธุ์นี้ได้จากการผสมเปิดของพันธุ์ KWT07 (129: โครงสร้างหลัก-สีฟ้า 21.8% แดง 13.1% ม่วง 13.6% เหลือง 50.7% และ ส้ม เขียว รวม 0.7%) ในปี 2539 ที่ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรสุพรรณบุรี ซึ่งคู่ผสมน่าจะอยู่ใน cluster F หรือ G (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 4)

ผลการวิเคราะห์อ้อยพันธุ์ 94-2-099 (13) พบว่ามีโครงสร้างหลักเป็นสีส้ม 29.25% และฟ้า 68.91% ที่เหลือ 1.84% เป็นสีแดง ม่วง เหลือง เขียว ถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับกลุ่มพันธุ์เอราวัณ Era 13-45-67 (41), Era 13-45-160 (42) ใน cluster I อ้อยพันธุ์นี้เป็นลูกผสม K 84-200 (48. โครงสร้างหลัก-ฟ้าม่วง) และมีลักษณะภายนอกที่คล้ายพันธุ์ขอนแก่น3 แต่ลำใหญ่ ไว้ตอได้น้อยกว่า (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 4)

กรมวิชาการเกษตร

สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ (Conclusion and Suggestion)

การบันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

การบันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ตัวอย่างพันธุ์อ้อยที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2550 ถึง ปี พ.ศ. 2561 จำนวน 16 พันธุ์ บันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (ดัดแปลงจาก แบบบันทึกลักษณะประจำพันธุ์ที่จะตรวจสอบ : อ้อย โดยกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช) ได้จำนวน 12 พันธุ์ ได้แก่ สุพรรณบุรี 72 ขอนแก่น 3 ทีพีเจ03-452 ที พีเจ04-713 ทีพีเจ04-768 ทองภูมิ 1 ทองภูมิ 2 ทองภูมิ 3 ทองภูมิ 4 ทองภูมิ 5 และ เอสอาร์เอส 2000-5-14

สำหรับชนิดของลักษณะที่แสดงออกของอ้อยที่ใช้ในการบันทึกลักษณะในการทดลองนี้ คือ ลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ซึ่งได้แก่ ลักษณะทางคุณภาพ : quanlitative characteristic (QL) และยังรวมถึงลักษณะทางคุณภาพเทียม : pseudo-qualitative characteristic (PQ) โดยจากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาจากแบบบันทึกลักษณะประจำพันธ์ที่จะตรวจสอบอ้อย จำนวน 48 ลักษณะ พบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพรวม 15 ลักษณะ คือ ลักษณะทางคุณภาพ จำนวน 2 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะข้อ : ขนที่ตา และลักษณะแผ่นใบ : ลักษณะขอบใบแบบฟันเลื่อยและลักษณะทางคุณภาพเทียม จำนวน 13 ลักษณะ ได้แก่ สีของใบในทรงพุ่ม สีปล้องเมื่อถูกแดด สีปล้องเมื่อไม้ถูกแดด รูปร่างปล้อง ภาพตัดขวางของปล้อง รูปร่างของตา ตำแหน่งขนที่ตา การกระจายของขนบนกาบใบ รูปร่าลิ้นใบ รูปร่างหูใบด้านใน รูปร่างหูใบด้านนอก รูปร่างคอใบ และสีของคอใบ

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอ

จากผลการวิจัยพบว่าสามารถพัฒนาวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์อ้อยได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม SSR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ แล้วจัดทำแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในตัวอย่างอ้อยที่ทำการศึกษาทั้งหมด 162 พันธุ์ พบว่าไม่มีตัวอย่างใดมีพันธุกรรมซ้ำกัน แต่ตรวจพบตัวอย่างที่มีชื่อพันธุ์เดียวกัน มีโครงสร้างทางพันธุกรรมต่างกันและถูกจัดกลุ่มต่างกัน ซึ่งเป็นปัญหาในการใช้เป็นพันธุ์เปรียบเทียบ ซึ่งอาจเกิดจากการปะปนของพันธุ์เนื่องจากเป็นพันธุ์เก่าที่มีการปลูกขยายมามากกว่า 10 ปี ดังนั้นในการตรวจพิสูจน์ จำเป็นต้องเก็บตัวอย่างพันธุ์มากกว่า 1 ตัวอย่างเพื่อตรวจสอบความถูกต้องตรงตามพันธุ์ การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์อ้อยที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบจำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์อ้อยเดิมที่มีอยู่ เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลที่ได้นี้นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์อ้อยที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย

กรมวิชาการเกษตร

เอกสารอ้างอิง

กรมวิชาการเกษตร. 2545. เกษตรดีที่เหมาะสมสำหรับอ้อยคั้นน้ำ. กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.

กรมพัฒนาที่ดิน. 2549. การสำรวจและคาดการณ์ผลผลิตอ้อยโรงงานปี 2549 โดยใช้เทคโนโลยีการสำรวจข้อมูลระยะไกลและระบบสารสนเทศภูมิศาสตร์. เอกสารวิชาการที่ 31/09/49. ส่วนวิเคราะห์สภาพการใช้ที่ดินที่ 2 สำนักสำรวจดินและวางแผนการใช้ที่ดิน กรมพัฒนาที่ดิน.

กฤษฎา สัมพันธารักษ์. 2551. ปรับปรุงพันธุ์พืช พื้นฐาน วิธีการและแนวคิด. เรียบเรียงครั้งที่ 2. ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

ประเสริฐ ฉัตรวชิระวงษ์ อุดม เลียบวัน และ อดุลย์ พงษ์พัว.2544. การปรับปรุงพันธุ์อ้อยในประเทศไทย (อดีต -ปัจจุบัน - อนาคต). ว.อ้อยและน้ำตาลไทย 8: 12-33.

ประเสริฐ ฉัตรวชิระวงษ์ และพีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์. 2543. ความสัมพันธ์ทางเครือญาติของพันธุ์อ้อยการค้าในประเทศไทย.น.234-242. ใน : รายงานการประชุมอ้อยและน้ำตาลทรายแห่งชาติ ครั้งที่ 4. 15-17 สิงหาคม 2543.นครราชสีมา

รวีวรรณ เชื้อกิตติศักดิ์. 2549. การผลิตอ้อยในเขตภาคเหนือตอนล่าง. ศูนย์บริการวิชาการด้านพืชและปัจจัยการผลิตสุโขทัย. สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตร เขตที่ 2. กรมวิชาการเกษตร.

ลรีชา กาเพ็ชร. 2551. ความชื้นในดินกับการปลูกอ้อย. จดหมายข่าว ผลิใบ ลีที่ 11 ฉบับที่ 8 ลระจ้าเดือนกันยายน 2551.

วิสุทธิ์ กีปทอง. 2551. การใช้เทคโนโลยีภกมิสารสนเทศเพื่อผลิตอ้อยทดแทนพลังงาน. สถาบันวิจัยพืชไร่. กรมวิชาการเกษตร.

สถาบันวิจัยพืชไร่. 2540. คู่มือการบันทึกข้อมกลพืชไร่. กรมวิชาการเกษตร. กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.

สุชาติ ค้าอ่อน. 2548. แนวทางการพัฒนาการผลิตอ้อยในจังหวัดร้อยเอ็ด. ศูนย์บริการวิชาการด้านพืชและปัจจัยการผลิตร้อยเอ็ด. สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตร เขตที่ 4. กรมวิชาการเกษตร.

Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genet Resour. 4: 359–361.

Evanno, G. Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14: 2611- 2620.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567–1587.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resour 9: 1322- 1332.

Koopmans, A. 2005 Biomass energy demand and supply for South and South-East Asia: assessing the resource base. Biomass Bioenergy. 28: 133-150.

Oliveira, K.M., Pinto, L.R., Marconi, T.G., Mollinari, M., Ulian, E.C., Chabregas, S.M., Falco, M.C., Burnquist, W., Garcia, A.A.F. and Souza, A.P. 2009. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. Genome. 52(2). Source: https://doi.org/10.1139/G08-105

กรมวิชาการเกษตร

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version-2.1. New York: Applied Biostatistics.

Rosenberg, N. A. 2003. DISTRICT: a program for the graphical display of population structure. Mole Ecol Notes. 4: 137–138.

Silva, D.C., de Souza, M.C.P., Filho, L.S.C.D., Duarte, S.C., Santos, J. M., Souza Barbosa, G.V., Almeida, C. 2012. New Polymorphic EST-SSR Markers in Sugarcane. Sugar Tech 14, 357–363. Source: https://doi.org/10.1007/s12355-012-0184-7

Tai, T., and Tanksley, S.D. 1990. A rapid and inexpensive method for isolation of total DNA from dehydrated plant tissue. Plant Molecular Biology Reporter 8(4):297-303

Yong-Bao Pan. 2010. Databasing Molecular Identities of Sugarcane (Saccharum spp.) Clones Constructed with Microsatellite (SSR) DNA Markers. American Journal of Plant Sciences, 2010, 1, 87-94.

Yu, J. Z., Fang, D. D., Kohel, R. J., Ulloa, M., Hinze, L. L., Percy, R. G., and Jones, D. C. 2012. Development of a core set of SSR markers for the characterization of Gossypium germplasm. Euphytica. 187: 203-213.

http://www.sc.mahidol.ac.th/wiki/doku.php?id=%E0%B8%AD%E0%B9%89%E0%B8%AD%E0%B8%A2 Thai Sciencepedia. Retrieved May 18, 2016

http://www.rspg.or.th/plants_data/kp_bot_garden/sugar_cane.htm Klong Phai Botanical Garden. Retrieved May 18, 2016

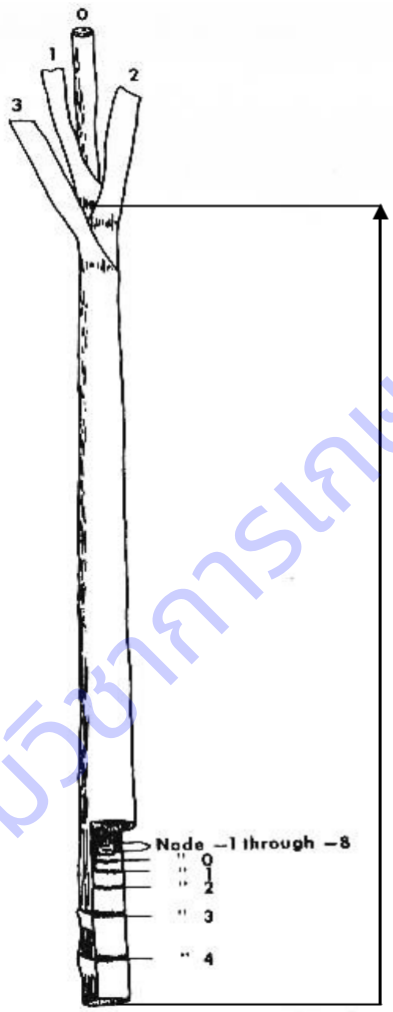
กรมวิทยาศาสตร์

อธิบายแต่ละลักษณะในตารางลักษณะประจำพันธุ์

ล.2 ต้น : ลักษณะการติดของกาบใบกับลำต้น Plant: (adherence of leaf sheath)
สังเกตจากใบแก่บริเวณครึ่งล่างของลำน

ล.9 : ลำต้น:ความสูงจากฐานลำต้นถึงคอใบบนสุด (Culm: height (from the base to the base of the TVD leaf)).

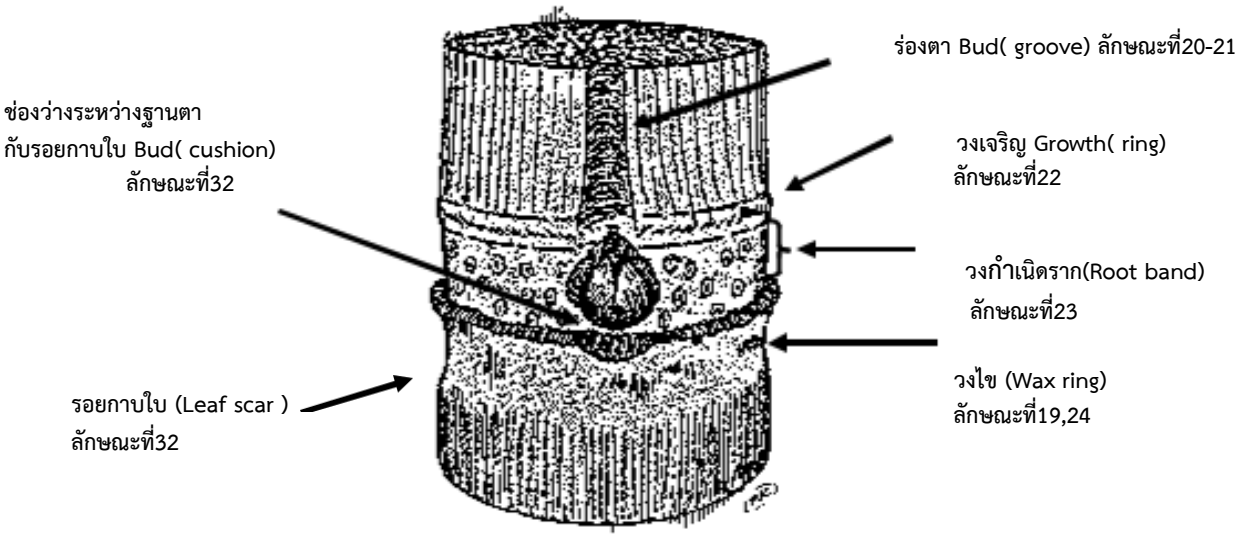
Culm: height
ความสูงลำต้นอ้อย



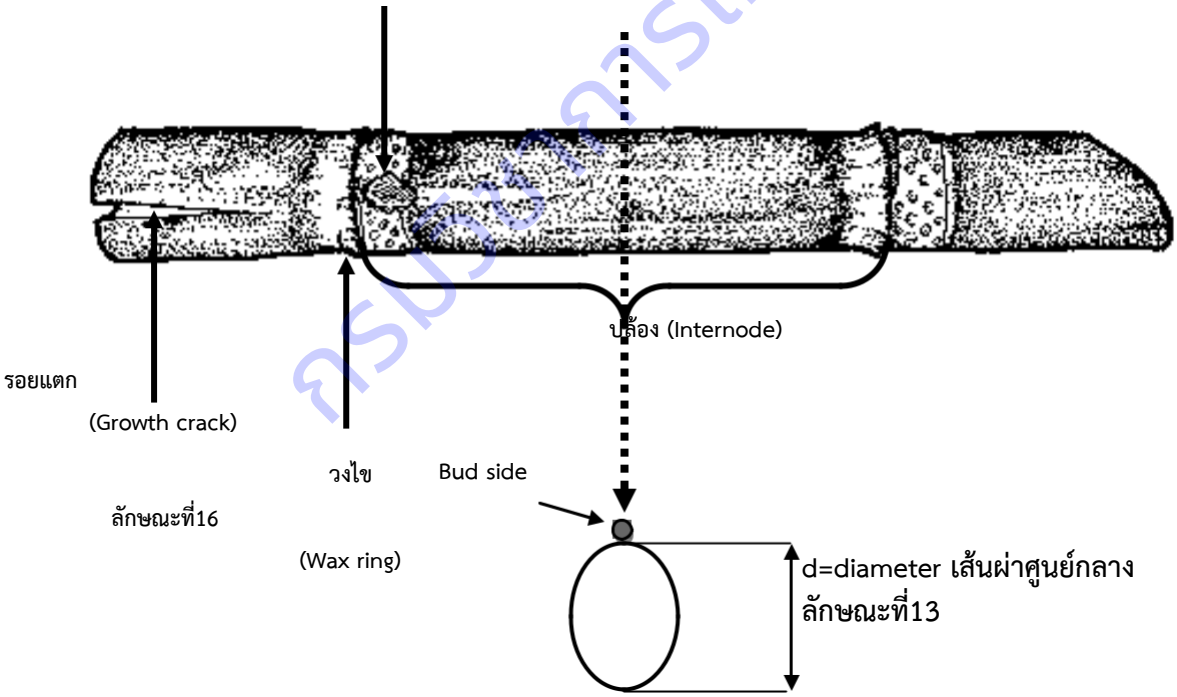
กรมวิชาการเกษตร

ล.10 - 19 : ปล้อง internode()

ล.20 - 24 และ ข้อ node()



ตา (Bud) ลักษณะที่25- 30

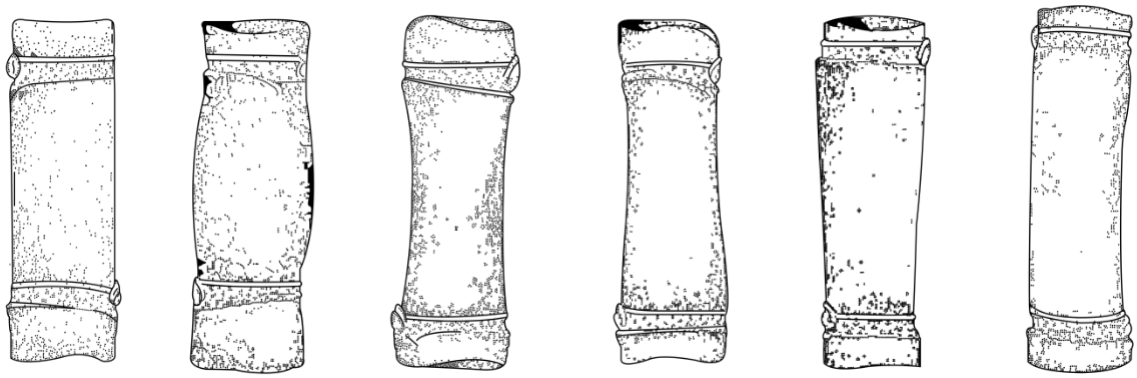


กรมวิชาการเกษตร

ล.10 : ปล้อง: สีปล้องเมื่อถูกแดด(Internode: color where exposed to sun) สังเกตปล้องหลังจากถูกแดดแล้ว 3 วัน โดยเอาไขที่ปล้องออกก่อนบันทึกลักษณะ

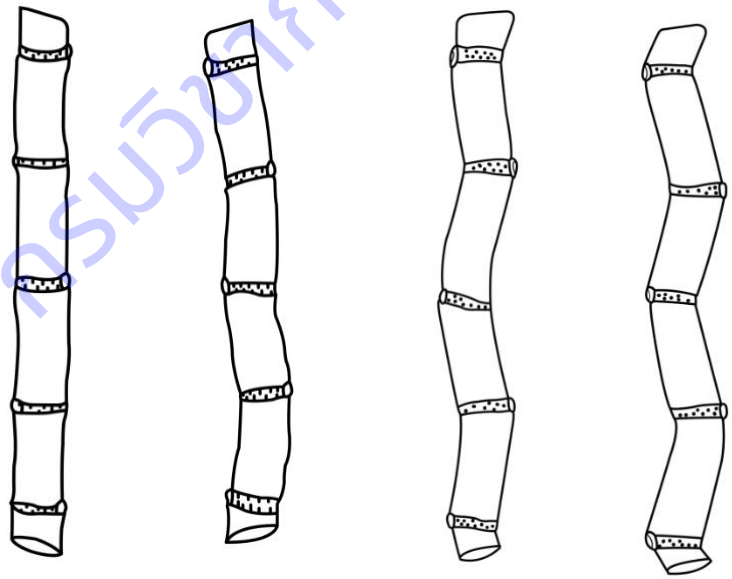
ล.11 : ปล้อง: สีปล้องเมื่อไม่ถูกดด(Interwere: color where not exposed to sun)
สังเกตปล้องที่ไม่ถูกแดด โดยเอาไขที่ปล้องออกก่อนบันทึกลักษณะ

ล.14 : ปล้อง: รูปร่างปล้อง(Internode : shape)



1	2	3	4	5	6
ทรงกระบอก (cylindrical)	กลางป่อง (tumescent)t	กลางคอด (Bobbin-shaped)	โคนโต (conoidal)	ปลายโต (obconoidal)	กลางโค้ง (concave-convex)

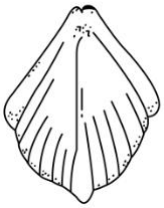
ล.18 : ปล้อง: การเรียงต่อของปล้อง(Internode : expression of zigzag alignment)



1	3	5	7
ตั้งตรง (absent)	ซิกแซกน้อย (weak)	ซิกแซกปานกลาง (moderate)	ซิกแซกมาก (strong)

กรมวิชาการเกษตร

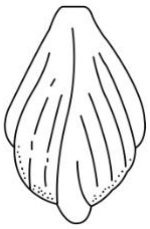
ล.26 : ข้อ: รูปร่างของตา (Node: the shape of bud)



1

ไข่ยอดแหลมยาว

(simple ovate)



2

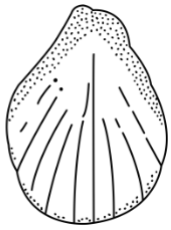
ไข่ยอดแคบ

(narrow ovate)

3

ไข่ยอดแหลมฐานปีกหยัก

(ovate with emarginate basal wing)



4

ไข่ยอดแหลมยอดปีกตั้ง

(ovate with broad wingtip)

5

ห้าเหลี่ยมค่อนมาทางสี่เหลี่ยม

(squarish pentagonal)

6

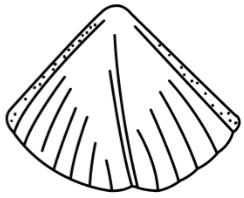
ไข่ค่อนข้างกลมยอดตัด

(roundish with wings)

7

ไข่ยอดแหลมฐานปีกยกขึ้นเป็นหยักรูปเขาวัว

(ovate with secondary wings)



8

สามเหลี่ยมด้านเท่า

(deltoid)

9

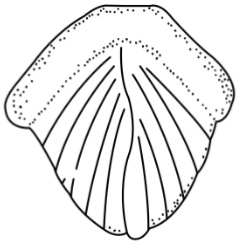
ห้าเหลี่ยม

(pentagonal)

10

สามเหลี่ยมหน้าจั่ว

(triangular pointed)



11

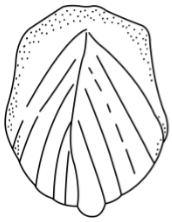
สี่เหลี่ยมขนมเปียกปูน

(rhomboid)

12

กลม

(round)



13

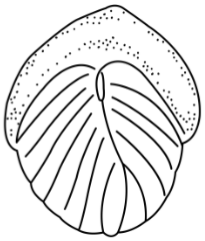
สี่เหลี่ยม

(rectangular)

14

รูปรี

(oval)



15

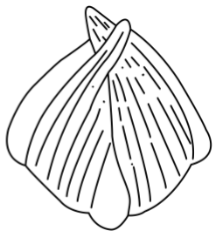
รูปไข่กลับ

(obovate)

16

รูปไข่ยอดแหลม

(ovate)



17

จงอยไข่ว้

(beaked)

กรมวิชาการเกษตร

ล.28 : ข้อ: ตำแหน่งยอดตา(Node: position of bud tip in relation to growth ring)

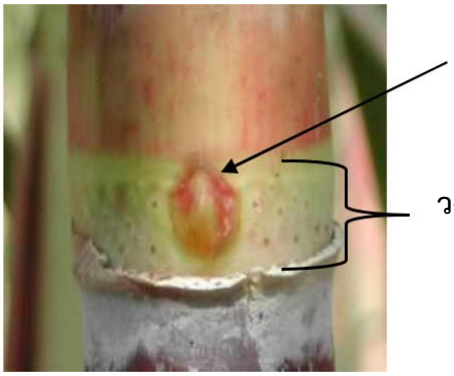
ตา

(bud)

1

ใต้วงเจริญ

(clearly below)



2

เท่ากับวงเจริญ

(intermediate)

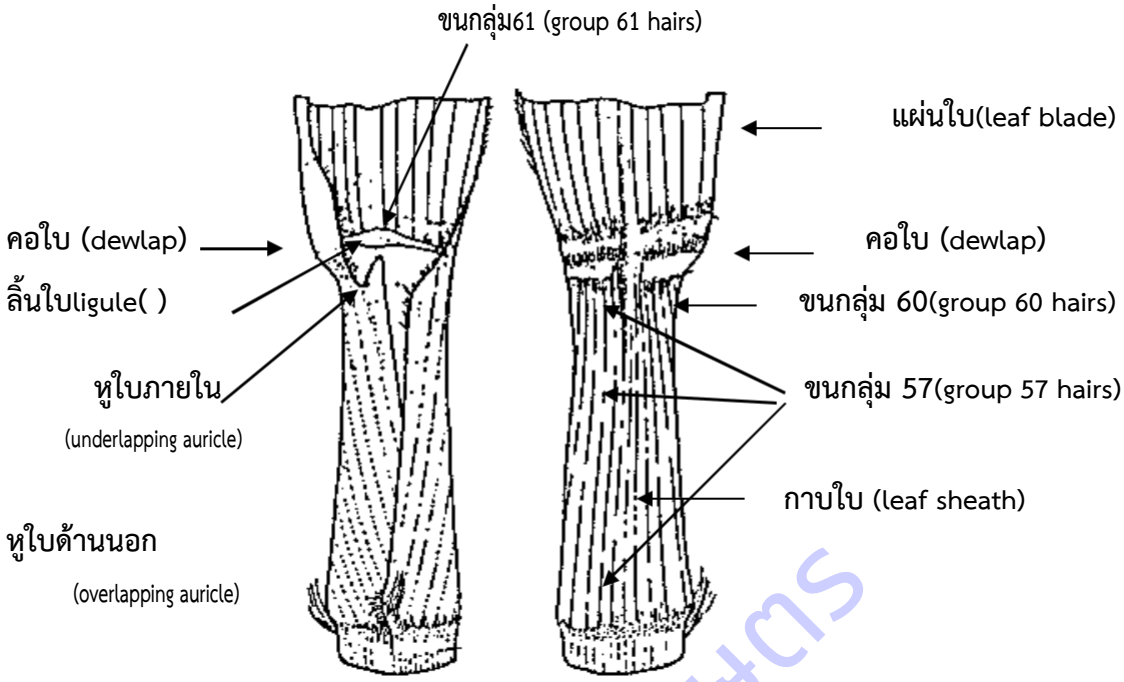
3

เหนือวงเจริญ

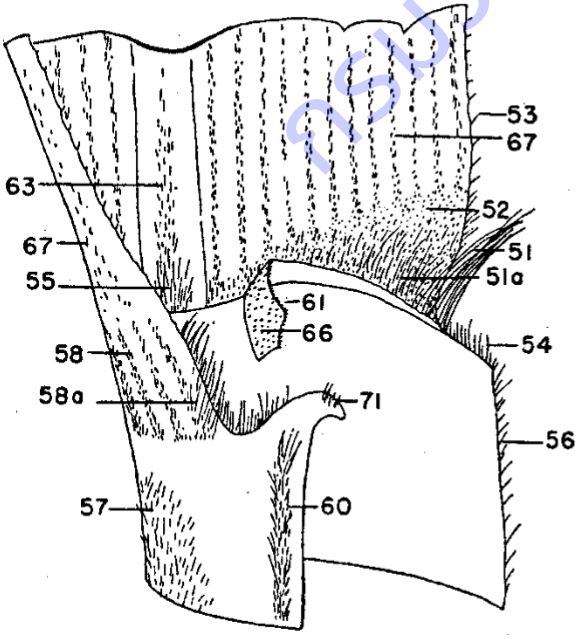
(clearly above)

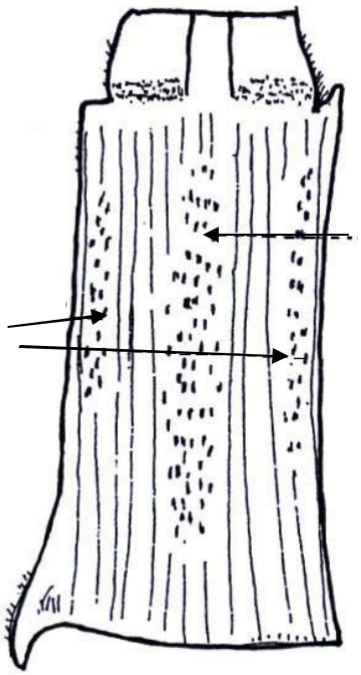
กรมวิชาการเกษตร

ล.33 –: กาบใบ และ แผ่นใบ leaf(sheath and leaf blade)



ล.36 - 42 : กลุ่มขนบนกาบใบและแผ่นใบ





กรมวิชาการเกษตร

ล.40 กาบใบ : รูปร่างลิ้นใบLeaf(sheath : shape of ligule)

1

แถบค่อนข้างสม่ำเสมอ

(strap-shaped)

2

ตรงกลางโป่งเป็นรูปสามเหลี่ยม

(deltoid)

3

แถบตรงกลางพองออกปลายเรียวแหลมทั้ง 2 ข้าง

(crescent-shaped)

4

คันธนู

(bow-shaped)

5

ไม่สมมาตรขอบมีความลาดชันชัดเจน

(asymmetrical, steeply sloping)

6

ไม่สมมาตร ขอบใกล้เคียงแนวนอน

(asymmetrical,horizontal)

.43 : กาบใบ : รูปร่างหูใบด้านใน(Leaf-sheath: the shape of underlapping auricle)

1

ขอบโค้ง

(sloping Transitional)

2

ขอบตรง

(horizontal transitional)

3

ขอบโค้งฐานนูน

(ascending transitional)

4

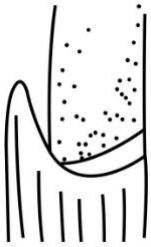
สามเหลี่ยมมีรอยบ

(dentoid)

5

สามเหลี่ยมยอดแหลม

(triangular or deltoid)



6

ใบหอกสั้น

(short lanceolate)

7

ยอดงอเข้า

(unciform)

8

ยอดงอออก

(calcariform)

กรมวิชาการเกษตร

9

ใบหอกยาว

(long lanceolate)

10

เขาวัว

(falcate)

11

ยอดงุ้มเข้า หรือสามเหลี่ยมขอ

(tip bend downward)

.45 : กาบใบ : รูปร่างของหูใบด้านนอกLeaf(sheath: the shape of overlapping auricle)

1

ขอบโค้ง

(sloping transitional)

2

ขอบตรง

(horizontal transitional)

3

สามเหลี่ยมมีรอยบุบ

(dentoid)

4

สามเหลี่ยมยอดแหลม

(triangular or deltoid)

5

ใบหอกสั้น

(short lanceolate)

6

ยอดงอเข้า

(unciform)

7

ยอดงอออก

(calcariform)

8

ใบหอกยาว

(long lanceolate)

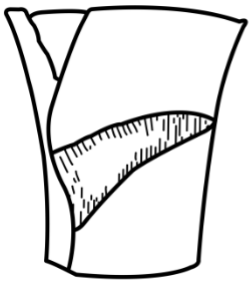
9

เขาวัว

(falcate)

กรมวิชาการเกษตร

ล.7 : กาบใบ : รูปร่างของคอใบ(Leaf-sheath: the shape of dewlap)



1

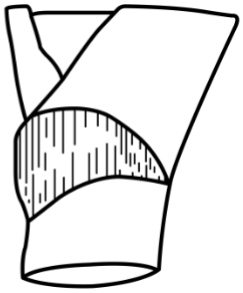
สามเหลี่ยมชายธง

(very sloping narrow triangular-ligulate)

2

สามเหลี่ยมชายธงปลายคด

(very sloping more or less ligulate)



3

สามเหลี่ยมขอบเว้าและโค้ง

(tall triangular dewlap with convex upper and lower margin)

4

สี่เหลี่ยม

(regtangular)

5

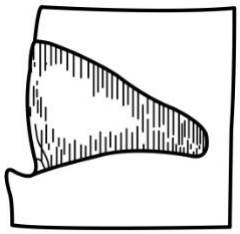
สามเหลี่ยมด้านเท่า

(deltoid)

6

สามเหลี่ยมมุมแหลม

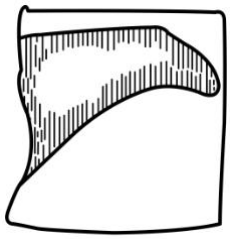
(triangular)



7

สามเหลี่ยมฐานเรียบ

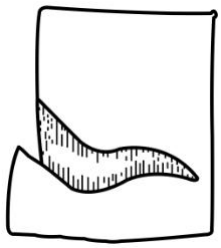
(horizontal base triangular)



8

สามเหลี่ยมฐานเว้าขอบบนเรียบ

(more or less triangular sloping with horizontal upper margin)



9

รูปกริช

(typical ligulate, very narrow and practically horizontal)

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์อ้อยที่ใช้ในการวิเคราะห์

1	01-2-096	41	Era13-45-67	81	UT1	121	KK07-037	**161**	**ขอนแก่น 80**
2	04-2-1069	42	Era13-45-160	82	UT5	122	KK07-370	**162**	**TPJ04-713**
3	04-2-1317	43	Era13-45-209	83	UT6	123	NSUT10-266		
4	04-2-1402	44	F152	84	UT8	124	NSUT10-310		
5	04-2-1559	45	F174	85	UTj10-2	125	NSUT10-376		
6	04-4-053	46	F178	86	UTj10-3	**126**	**SRS2000-5-14**		
7	04-4-064	47	K76-4	87	สิงคโปร์	127	อ้อยช้าง กาญจนบุรี		
8	04-4-066	48	K84-200	88	KK07-250	128	อ้อยยักษ์ อุดรธานี		
9	83-2-888	49	K86-161	89	KK11-211	129	KWT07		
10	85-2-352	50	K88-92	90	KK07-599	130	Th01-070		
11	91-2-527	51	K92-80	91	KK08-051	131	Th01-006		
12	94-2-021	52	K92-2136	92	KK11-158	**132**	**KK3**		
13	**94-2-099**	53	K93-211	93	KK11-1031	133	อ้อยดำ		
14	94-2-206	54	K95-84	94	KK11-650	134	Si samrong1		
15	95-2-170	55	K95-247	95	KK07-1097	**135**	**TRJ04-768**		
16	95-2-213	56	K99-72	96	KK11-443	136	KK09-0941		
17	99-2-097	57	KK04-053	97	KK11-621	137	KK09-0844		
18	BC04-452	58	KK07-018	98	KK07-084-1	138	KK09-0939		
19	CO254	59	KK07-020	99	KK08-92	139	KK09-0358		
20	CO591(F1)	60	KK07-234	100	KK08-053	140	KK09-0857		
21	CP78-1628-2	61	KK07-245	101	KK11-1009	141	04-2-1383		
22	CP80-182	62	KK07-599	102	KK08-059	142	Q76		
23	CP86-1633	63	KK1	103	UT2	143	CP63-588		
24	CSB06-5-20	**64**	**KK80**	104	UT4	144	อู่ทอง1		
25	CYZ03-103	65	KpK98-40	105	UT9	145	อู่ทอง3		
26	CYZ03-422	66	Kps00-103	106	UT10	146	อู่ทอง5		
27	CYZ588	67	Kps00-58	107	UT11	147	อู่ทอง11		
28	CYZ98-46	68	Kps00-148	108	UT12	148	อู่ทอง13		
29	CYZ99-596	69	Kps01-12	109	UT13	149	สุพรรณบุรี50		
30	CYZ99-91	70	Kps01-25	110	UT14	**150**	**สุพรรณบุรี72**		
31	BDB42026	71	LK92-11	111	UT15	**151**	**TPJ04-768**		
32	DB67-1760	72	M134-32	112	UT16	**152**	**TPJ03-452**		
33	EBC11-6	**73**	**MPT03-166**	113	UT17	**153**	**ทองภูมิ 5**		
34	EBC12-88	74	Q61	114	อีเหี่ยวแดง	**154**	**ทองภูมิ 4**		
35	Era12-2-13	75	Q115	115	SP72	**155**	**ทองภูมิ 3**		
36	Era12-5-1	76	RE2-2550	116	F160	**156**	**ทองภูมิ 2**		
37	Era13-28-108	77	RT2004-085	117	F172	**157**	**ทองภูมิ 1**		
38	Era13-32-75	78	S010-4	118	ER05	**158**	**MPT02-458**		
39	Era13-32-134	79	SP50	119	ส.พ.72	**159**	**MPT03-166**		
40	Era13-35-119	80	SP80	120	K84-200	**160**	**ขอนแก่น 3**		

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยขอนแก่น

ตารางที่ 2 รายชื่อและลำดับเบสของเครื่องหมาย SSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของอ้อย

No.	Name	Forward	Reverse	References
4	ESTA47	AGCGACAAACTGGTGACGACT	TCTGATCTGCTGTGGGAGGAC	Oliveira K.M. et al. 2009.
7	ESTA67	CAGTGGATTTGCGTAGTAGAGC	ACGATGTTCATTTTGGGGGTAT	Oliveira K.M. et al. 2009.
8	ESTA69	GTCTTCTACAGGGCAAATCCAACC	TGATCTGAGTGTGGTATGTTGTTGC	Oliveira K.M. et al. 2009.
15	ESTB64	CACGTGCCTGAACCTTGATTG	CCTATAGGGGTTGCACGAGTTGT	Oliveira K.M. et al. 2009.
17	ESTB81	GCAGTACAGGGGCGTGAGG	CGTCGACGTCGCTGCTCT	Oliveira K.M. et al. 2009.
21	ESTB100	CCACGGGCGAGGACGAGTA	GGGTCCTTCTTCGCCTCGTG	Oliveira K.M. et al. 2009.
23	ESTB118	CTTGGCTAGGGTTTCTTGAGTCGT	CATGGCTTTTGGCTTGCTTCT	Oliveira K.M. et al. 2009.
24	ESTB132	CAGGATGCAGGCACAGAGGT	ATTCGGCTGGCGCTCTATTT	Oliveira K.M. et al. 2009.
25	ESTB134	TCCCTTGACGACGCCTACGA	TCGTCTGCGCTGCTGTTGTC	Oliveira K.M. et al. 2009.
29	ESTC27	TCGTCTCCGCCCGTTTTC	TCCCTCGAAACGGTCTGCTA	Oliveira K.M. et al. 2009.
30	ESTC50	TCTGGGGCCATGGAAGTTGA	CAAGATGGTGACCCCGCAACTA	Oliveira K.M. et al. 2009.
31	ESTC70	CGCCTCGATCCTCTCCA	TTAGCGAAGTCCATCAATCACAC	Oliveira K.M. et al. 2009.
33	SMC1604SA	AGGGAAAAGGTAGCCTTGG	TTCCAACAGACTTGGGTGG	Yong-Bao Pan. 2010.
34	SMC486CG	GAAATTGCCTCCCAGGATTA	CCAACTTGAGAATTGAGATTCG	Yong-Bao Pan. 2010.
40	SCC07	GGACGAGTGCCCCTGCTACA	AGCACGTCCGAGGATACAGTCATAC	Yong-Bao Pan. 2010.
42	mSSCIR3	ATAGCTCCCACACCAAATGC	GGACTACTCCACAATGATGC	Yong-Bao Pan. 2010.
43	SMC334BS	CAATTCTGACCGTGCAAAGAT	CGATGAGCTTGATTGCGAATG	Yong-Bao Pan. 2010.
44	SMC1751CL	GCCATGCCCATGCTAAAGAT	ACGTTGGTCCCGGAACCG	Yong-Bao Pan. 2010.
46	SMC7CUQ	GCCAAAGCAAGGGTCACTAGA	AGCTCTATCAGTTGAAACCGA	Yong-Bao Pan. 2010.
51	SCC11	CAACGCCTCACCAAACCTAT	CGTGGGGATGAACTACTCGT	Dennis C. S. et al. 2012.
53	SCC13	GACACGTACGCTGGTGACAG	CTGGAGGATAAGAACGAACGA	Dennis C. S. et al. 2012.
55	SCC15	CCGCCTTTCCTGCCTTTAG	GGACCACCAATCAACTGTCA	Dennis C. S. et al. 2012.
56	SCC16	CAGCAGCCAGCAGTTTTGTA	GCAATGGAGCATGTCATCAA	Dennis C. S. et al. 2012.
57	SCC17	CTACCATGGGGTGAGCTTGT	GCTAGCTGATATAAATCAATCTTCA	Dennis C. S. et al. 2012.
58	SCC18	CGGGCAAAGGTACACTCACT	CAATCGATGCCTGAGTTCAA	Dennis C. S. et al. 2012.
59	SCC20	ATGCCAGGGTTCTTCAAGTG	CTTCGTCATAGCCATCGTCA	Dennis C. S. et al. 2012.
60	SCC21	GAGCTGGAAAAGCAGAGCAC	TGCTCACCATCCTGTTGTTC	Dennis C. S. et al. 2012.
62	SCC23	GGAGGAGGCTGTGATTAGCA	CTGTGGGACTACTCGCCTTC	Dennis C. S. et al. 2012.
63	SCC24	GACCCAAAGGCATCAGACAT	CGCTTGTAGATCCGGTAAGC	Dennis C. S. et al. 2012.
64	SCC25	TGGTGTCAGCTTTGCTCTGT	ACATGCTTCTGCCCGTACTT	Dennis C. S. et al. 2012.
66	SCC27	GCTAGCCCGTACATTGGGTA	TGGAGCTCCGTCTTCTTGTT	Dennis C. S. et al. 2012.
69	SCC34	GAGCGAGGTGTCATCTGTGA	CCTCCTCCTCGTCCTCTTCT	Dennis C. S. et al. 2012.
70	SCC38	CAGCGACGTACGATGATGTT	AGCACTGCTGATGCTAATCG	Dennis C. S. et al. 2012.
72	SCC41	CCTCCTCCTCCTCGTCCTAC	GAGTTCCCCCAACACATCAG	Dennis C. S. et al. 2012.
73	SCC42	AAAAGGAGAAGGCACCACCT	GCTCACGCTTCCTCATCTCT	Dennis C. S. et al. 2012.
74	SCC43	CAGTCCCACGAACCAAACTT	TTGCGGGGCAAATACACTAT	Dennis C. S. et al. 2012.
75	SCC44	GCCGGGGATGAAGGACTC	CGCTGTGCTGACGACTGG	Dennis C. S. et al. 2012.
76	SCC47	CTCTTGGTTCCCCTCACAAA	TCCATCCATCCTCTCCACTC	Dennis C. S. et al. 2012.
82	SCC79	CTATCACCCCGCCAGTCAT	GGTAGTAGGACGGGTTGCAG	Dennis C. S. et al. 2012.
86	SCC86	GATCCCCACCTCAGGTCAC	ATCACGTCGAGGAGACCATC	Dennis C. S. et al. 2012.
89	SCC90	CAATTGCCAAAGCCTTCTTC	GAGACTGTGTCTCCGTGCTG	Dennis C. S. et al. 2012.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 3 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย SSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของอ้อย

	Primer	Polymorphism	Monomorphism	Product (bp)	Number of alleles	PIC
4	ESTA47	9	0	258-319	9	0.88
7	ESTA67	6	0	229-350	6	0.79
8	ESTA69	8	0	114-251	8	0.85
15	ESTB64	5	0	177-460	5	0.77
17	ESTB81	6	0	249-483	6	0.82
21	ESTB100	7	0	255-910	7	0.85
23	ESTB118	8	0	120-488	8	0.81
24	ESTB132	3	0	405-452	3	0.66
25	ESTB134	4	0	199-724	4	0.73
29	ESTC27	3	0	200-229	3	0.66
30	ESTC50	3	0	220-258	3	0.64
31	ESTC70	5	0	136-453	5	0.61
33	SMC1604SA	5	0	123-437	5	0.79
34	SMC486CG	6	0	230-322	6	0.8
40	SCC07	8	0	198-283	8	0.85
42	mSSCIR3	8	0	171-313	8	0.81
43	SMC334BS	8	0	156-425	8	0.8
44	SMC1751CL	8	0	157-600	8	0.8
46	SMC7CUQ	7	0	168-538	7	0.71
51	SCC11	9	0	185-532	9	0.82
53	SCC13	6	0	150-470	6	0.79
55	SCC15	7	0	123-667	7	0.77
56	SCC16	5	0	157-480	5	0.68
57	SCC17	9	0	100-429	9	0.83
58	SCC18	8	0	250-553	8	0.84
59	SCC20	5	0	157-237	5	0.67
60	SCC21	6	0	189-268	6	0.83
62	SCC23	6	0	176-268	6	0.81
63	SCC24	6	0	167-300	6	0.83
64	SCC25	5	0	200-547	5	0.79
66	SCC27	8	0	191-275	8	0.82
69	SCC34	9	0	135-826	9	0.88
70	SCC38	12	0	135-750	12	0.88
72	SCC41	10	0	185-640	10	0.83
73	SCC42	7	0	171-605	7	0.83
74	SCC43	10	0	344-461	10	0.86
75	SCC44	10	0	174-750	10	0.89
76	SCC47	11	0	108-756	11	0.83

กรมวิชาการเกษตร

82	SCC79	12	0	152-654	12	0.86
86	SCC86	14	0	160-447	14	0.89
89	SCC90	8	0	157-226	8	0.84
	Total	300	0	-	300	Av: 0.80

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
1		A	133	อ้อยดำ	13.08%	0.16%	1.44%	0.10%	0.42%	84.80%	6.44%	0.10%	2.45%	0.10%	0.36%	73.87%	5.26%	0.20%	11.22%
			131	Th01-006	0.20%	0.22%	0.20%	0.20%	0.20%	98.98%	0.13%	0.20%	0.20%	0.14%	0.18%	98.64%	0.10%	0.21%	0.21%
			130	Th01-070	0.22%	0.10%	0.10%	0.10%	0.20%	99.28%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.17%	98.85%	0.24%	0.10%	0.24%
2	2.1	B	162	TPJ04-713	0.48%	2.08%	0.68%	1.24%	71.69%	23.84%	0.71%	1.89%	0.54%	1.45%	71.03%	23.13%	0.20%	0.44%	0.61%
	2.2		142	Q76	23.78%	1.08%	1.70%	13.10%	40.37%	19.96%	0.31%	1.10%	1.50%	0.75%	36.11%	8.83%	32.90%	4.15%	14.34%
			127	อ้อยช้าง กาญจนบุรี	9.32%	5.42%	1.82%	46.79%	0.30%	36.35%	2.97%	2.22%	0.52%	1.04%	0.19%	28.02%	3.99%	45.85%	15.19%
			61	KK07-245	34.31%	0.30%	0.20%	64.07%	0.52%	0.60%	0.14%	0.23%	0.13%	44.52%	0.40%	0.20%	50.95%	3.00%	0.44%
			60	KK07-234	21.85%	0.38%	0.20%	76.59%	0.40%	0.58%	0.21%	0.30%	0.20%	64.92%	0.26%	0.14%	32.89%	0.57%	0.50%
			59	KK07-020	75.83%	0.12%	0.10%	0.20%	0.10%	23.65%	0.22%	0.10%	0.10%	0.10%	0.09%	18.63%	80.50%	0.10%	0.16%
			58	KK07-018	97.08%	0.20%	0.20%	0.42%	0.10%	2.00%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.04%	0.21%	99.15%	0.10%	0.10%
			62	KK07-599	96.36%	0.20%	0.42%	2.22%	0.44%	0.36%	0.50%	0.10%	0.25%	0.16%	0.11%	0.21%	98.40%	0.14%	0.12%
			56	K99-72	90.05%	0.38%	0.78%	6.95%	0.42%	1.42%	0.52%	0.55%	0.60%	2.15%	0.42%	0.29%	93.86%	0.79%	0.81%
			94	KK11-650	68.95%	0.44%	0.38%	29.59%	0.20%	0.44%	0.20%	0.96%	0.39%	17.97%	0.12%	0.32%	78.92%	0.46%	0.65%
			89	KK11-211	64.97%	0.48%	1.78%	31.49%	1.06%	0.22%	0.18%	1.16%	1.71%	18.21%	0.65%	0.10%	76.87%	0.39%	0.73%
			55	K95-247	94.64%	0.32%	0.96%	0.78%	1.02%	2.28%	0.96%	0.39%	0.82%	0.26%	0.62%	3.61%	92.33%	0.21%	0.79%
			51	K92-80	96.88%	0.40%	1.20%	0.56%	0.40%	0.56%	0.40%	0.31%	0.68%	0.19%	0.20%	0.31%	97.61%	0.10%	0.20%
			93	KK11-1031	95.82%	0.40%	0.40%	2.46%	0.72%	0.20%	0.12%	0.19%	0.17%	0.21%	0.16%	0.10%	98.70%	0.15%	0.19%
			54	K95-84	96.52%	0.30%	0.30%	2.38%	0.20%	0.30%	0.20%	0.11%	0.10%	0.21%	0.10%	0.20%	98.75%	0.20%	0.13%
			52	K92-2136	98.86%	0.24%	0.20%	0.38%	0.20%	0.12%	2.32%	0.35%	0.19%	0.15%	0.29%	0.10%	96.20%	0.10%	0.30%
			57	KK04-053	96.18%	0.20%	0.32%	2.80%	0.40%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.15%	0.10%	0.04%	99.21%	0.10%	0.10%
			53	K93-211	97.38%	0.30%	0.20%	1.20%	0.56%	0.36%	0.11%	0.14%	0.10%	0.13%	0.20%	0.18%	98.92%	0.10%	0.13%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			50	K88-92	97.26%	0.20%	0.36%	1.20%	0.66%	0.32%	0.11%	0.10%	0.10%	0.20%	0.19%	0.20%	98.86%	0.11%	0.12%
			49	K86-161	98.88%	0.22%	0.10%	0.44%	0.24%	0.12%	1.11%	0.20%	0.10%	0.16%	0.16%	0.10%	97.89%	0.10%	0.17%
		C	134	Si samrong1	0.68%	19.03%	26.05%	0.44%	47.48%	6.32%	1.29%	14.95%	27.62%	0.34%	46.71%	4.63%	0.10%	0.43%	3.95%
			161	ขอนแก่น 80	3.26%	2.18%	9.90%	45.82%	11.14%	27.71%	0.10%	0.29%	9.21%	1.11%	0.31%	4.29%	0.91%	2.30%	81.47%
			160	ขอนแก่น 3	39.40%	7.16%	0.70%	7.76%	43.96%	1.02%	2.12%	1.95%	0.27%	4.29%	2.86%	0.25%	1.17%	0.29%	86.79%
			159	MPT03-166	14.52%	2.28%	0.28%	4.68%	74.34%	3.90%	0.23%	0.44%	0.10%	0.40%	28.79%	0.10%	0.10%	0.20%	69.64%
			152	TPJ03-452	21.42%	30.51%	0.16%	0.52%	38.71%	8.68%	6.26%	25.44%	0.10%	0.30%	8.26%	0.88%	0.46%	0.20%	58.09%
			104	UT4	34.47%	1.30%	54.82%	1.88%	0.30%	7.22%	22.92%	0.63%	48.46%	1.13%	0.17%	5.44%	3.94%	14.83%	2.50%
		D	139	KK09-0358	1.64%	1.12%	55.12%	0.30%	41.34%	0.48%	0.72%	0.51%	57.24%	0.21%	39.93%	0.30%	0.67%	0.16%	0.24%
			101	KK11-1009	10.01%	0.86%	87.13%	0.54%	0.34%	1.12%	3.83%	0.36%	92.46%	0.74%	0.20%	0.49%	1.04%	0.10%	0.79%
			106	UT10	3.82%	0.28%	89.08%	1.70%	0.10%	5.02%	1.66%	0.12%	82.93%	0.25%	0.10%	2.65%	0.90%	10.85%	0.54%
			105	UT9	0.42%	0.28%	98.52%	0.30%	0.20%	0.28%	0.19%	0.11%	98.87%	0.13%	0.10%	0.10%	0.10%	0.20%	0.20%
			110	UT14	0.20%	0.16%	98.76%	0.52%	0.18%	0.18%	0.11%	0.10%	97.15%	0.21%	0.10%	0.11%	0.10%	1.91%	0.20%
			103	UT2	0.28%	0.20%	98.94%	0.20%	0.28%	0.10%	0.12%	0.10%	99.18%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			102	KK08-059	0.20%	0.20%	98.48%	0.42%	0.20%	0.50%	0.10%	0.10%	98.57%	0.20%	0.10%	0.34%	0.10%	0.28%	0.21%
			107	UT11	0.72%	0.96%	94.84%	2.90%	0.38%	0.20%	0.16%	0.58%	95.44%	1.20%	0.25%	0.10%	0.68%	1.38%	0.23%
			100	KK08-053	0.26%	0.38%	98.46%	0.30%	0.22%	0.38%	0.13%	0.18%	98.85%	0.11%	0.10%	0.19%	0.10%	0.23%	0.13%
			99	KK08-92	3.22%	0.88%	90.70%	1.84%	3.02%	0.34%	0.37%	0.40%	93.60%	1.37%	1.89%	0.21%	1.46%	0.25%	0.44%
			98	KK07-084-1	0.80%	0.36%	94.98%	0.40%	2.58%	0.88%	0.20%	0.20%	97.29%	0.24%	0.94%	0.39%	0.39%	0.16%	0.20%
			97	KK11-621	1.48%	0.74%	94.20%	0.76%	2.02%	0.80%	0.33%	0.31%	97.06%	0.35%	0.58%	0.43%	0.54%	0.20%	0.21%
		E	151	TPJ04-768	0.78%	1.22%	0.40%	4.46%	92.42%	0.72%	0.12%	0.94%	0.21%	1.45%	83.95%	0.35%	2.08%	1.84%	9.06%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	รหัสสีหลัก	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			156	ทองภูมิ 2	25.19%	2.68%	0.54%	1.10%	70.01%	0.48%	0.66%	1.06%	0.42%	0.50%	32.78%	0.11%	0.94%	0.41%	63.10%
			158	MPT02-458	0.76%	2.36%	0.48%	4.86%	90.93%	0.62%	0.21%	1.00%	0.24%	0.66%	76.35%	0.19%	0.41%	2.75%	18.19%
			157	ทองภูมิ 1	0.20%	1.02%	0.20%	0.44%	97.96%	0.18%	0.13%	1.03%	0.14%	0.69%	96.32%	0.11%	0.20%	0.20%	1.19%
			154	ทองภูมิ 4	0.36%	9.06%	0.84%	1.46%	88.06%	0.22%	0.27%	6.62%	0.46%	0.65%	75.69%	0.10%	0.20%	2.27%	13.73%
			153	ทองภูมิ 5	0.44%	1.14%	1.68%	3.66%	92.80%	0.28%	0.11%	0.32%	0.31%	0.57%	60.91%	0.10%	0.10%	0.45%	37.12%
			146	อู่ทอง5	1.28%	4.12%	1.14%	2.04%	90.23%	1.20%	0.24%	4.60%	0.91%	2.76%	83.73%	1.24%	1.52%	0.51%	4.49%
			150	สุพรรณบุรี72	0.40%	0.86%	0.72%	0.58%	97.34%	0.10%	0.23%	0.71%	0.55%	0.66%	96.95%	0.10%	0.29%	0.28%	0.24%
			149	สุพรรณบุรี50	0.20%	1.46%	0.40%	0.30%	97.54%	0.10%	0.20%	1.17%	0.20%	0.24%	97.53%	0.10%	0.12%	0.25%	0.19%
			148	อู่ทอง13	0.44%	0.64%	0.30%	0.36%	98.06%	0.20%	0.12%	0.49%	0.20%	0.30%	97.48%	0.19%	0.75%	0.16%	0.31%
			155	ทองภูมิ 3	0.30%	0.52%	0.18%	0.30%	98.50%	0.20%	0.21%	0.35%	0.10%	0.25%	98.22%	0.20%	0.13%	0.18%	0.36%
			147	อู่ทอง11	0.26%	0.60%	0.16%	0.34%	98.54%	0.10%	0.11%	0.31%	0.10%	0.21%	98.63%	0.10%	0.16%	0.18%	0.20%
			145	อู่ทอง3	0.10%	0.42%	0.70%	0.50%	97.98%	0.30%	0.10%	0.25%	0.39%	0.29%	98.01%	0.20%	0.10%	0.47%	0.19%
			144	อู่ทอง1	0.20%	0.44%	0.76%	0.52%	97.90%	0.18%	0.13%	0.30%	0.44%	0.36%	97.71%	0.11%	0.10%	0.59%	0.26%
			141	04-2-1383	6.82%	26.74%	1.76%	0.62%	63.00%	1.06%	6.45%	16.92%	1.16%	0.56%	59.54%	0.49%	0.60%	0.47%	13.81%
			136	KK09-0941	0.44%	21.06%	30.79%	0.64%	46.87%	0.20%	0.98%	14.06%	30.99%	0.63%	51.89%	0.11%	0.10%	1.00%	0.24%
			137	KK09-0844	0.20%	5.84%	18.65%	1.48%	73.59%	0.24%	0.14%	4.50%	13.94%	0.82%	75.07%	0.20%	0.10%	4.95%	0.28%
			138	KK09-0939	3.72%	55.79%	15.54%	2.24%	19.84%	2.86%	0.50%	41.69%	2.81%	0.45%	3.00%	0.29%	0.45%	10.91%	39.89%
			135	TRJ04-768	0.28%	0.32%	33.78%	0.30%	62.74%	2.58%	0.19%	0.20%	31.81%	0.20%	63.69%	3.30%	0.11%	0.29%	0.21%
			140	KK09-0857	0.40%	1.96%	53.23%	0.40%	43.77%	0.24%	0.36%	1.09%	54.50%	0.24%	42.84%	0.11%	0.19%	0.32%	0.35%
			132	KK3	0.62%	26.88%	6.48%	0.94%	64.22%	0.86%	0.19%	11.95%	1.77%	0.26%	62.23%	0.45%	0.57%	17.77%	4.80%
			129	KWT07	0.22%	21.80%	13.14%	13.66%	50.67%	0.50%	0.28%	2.79%	0.88%	0.44%	44.58%	0.21%	0.10%	47.98%	2.76%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	รหัสสีหลัก	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
		F	143	CP63-588	25.38%	38.70%	0.40%	11.62%	1.74%	22.16%	9.40%	28.56%	0.30%	1.47%	0.81%	15.17%	8.39%	13.84%	22.07%
			71	LK92-11	34.01%	0.92%	0.24%	64.41%	0.20%	0.22%	25.11%	0.71%	0.26%	59.52%	0.12%	0.20%	2.36%	7.73%	3.98%
			128	อ้อยยักษ์อุดรธานี	0.60%	1.50%	0.68%	95.72%	0.66%	0.84%	0.21%	1.51%	0.22%	24.65%	0.52%	0.29%	2.36%	65.95%	4.27%
			48	K84-200	1.12%	73.21%	6.54%	17.33%	1.36%	0.44%	0.74%	69.36%	4.75%	5.54%	0.95%	0.26%	0.44%	12.87%	5.10%
			118	ER05	0.88%	13.24%	8.26%	74.68%	1.38%	1.56%	0.45%	7.22%	0.60%	4.84%	1.06%	0.45%	0.64%	81.82%	2.92%
			117	F172	2.20%	9.04%	9.60%	65.09%	12.48%	1.60%	1.01%	3.44%	0.30%	0.55%	4.50%	0.69%	0.37%	84.65%	4.49%
			122	KK07-370	0.32%	29.65%	14.96%	51.63%	3.24%	0.20%	0.21%	18.05%	0.55%	0.64%	6.40%	0.10%	0.12%	73.64%	0.29%
			114	อีเหี่ยวแดง	0.20%	4.90%	29.43%	63.95%	1.32%	0.20%	0.14%	0.61%	0.59%	0.35%	0.47%	0.10%	0.10%	97.45%	0.19%
			112	UT16	0.30%	8.24%	30.53%	59.77%	1.06%	0.10%	0.31%	8.59%	6.35%	3.22%	2.74%	0.10%	0.32%	76.42%	1.95%
			113	UT17	0.30%	7.96%	44.19%	42.11%	5.06%	0.38%	0.41%	1.35%	8.45%	0.59%	2.86%	0.31%	0.10%	85.68%	0.25%
			120	K84-200	3.28%	10.58%	20.33%	64.93%	0.54%	0.34%	3.76%	0.96%	0.31%	0.31%	0.19%	0.10%	0.20%	90.24%	3.92%
			109	UT13	0.20%	5.24%	61.04%	32.48%	0.94%	0.10%	0.14%	0.44%	34.87%	0.29%	0.34%	0.10%	0.10%	63.58%	0.15%
			111	UT15	0.16%	0.48%	38.52%	60.42%	0.32%	0.10%	0.10%	0.34%	3.14%	0.79%	0.35%	0.10%	0.10%	94.89%	0.20%
			108	UT12	0.42%	4.74%	35.19%	58.58%	0.94%	0.12%	0.64%	4.84%	3.06%	0.95%	1.21%	0.10%	1.00%	87.95%	0.25%
			125	NSUT10-376	0.36%	0.20%	1.50%	97.52%	0.20%	0.22%	0.12%	0.20%	0.20%	10.22%	0.16%	0.10%	1.06%	87.70%	0.22%
			124	NSUT10-310	0.46%	0.36%	1.26%	96.96%	0.20%	0.76%	0.20%	0.34%	0.19%	1.85%	0.12%	0.17%	1.00%	95.83%	0.30%
			123	NSUT10-266	3.48%	0.52%	13.74%	80.84%	0.20%	1.22%	3.15%	0.31%	0.46%	0.50%	0.12%	0.45%	0.40%	94.42%	0.17%
			126	SRS2000-5-14	0.22%	0.52%	14.24%	84.40%	0.36%	0.26%	0.10%	0.20%	0.50%	0.81%	0.20%	0.10%	0.20%	97.37%	0.51%
			121	KK07-037	0.32%	0.26%	0.88%	97.60%	0.34%	0.60%	0.10%	0.20%	0.20%	2.55%	0.37%	0.19%	2.00%	94.08%	0.31%
			119	ส.พ.72	0.24%	1.48%	8.54%	89.12%	0.40%	0.22%	0.20%	1.09%	0.65%	1.23%	0.35%	0.10%	0.10%	95.96%	0.33%
			116	F160	0.34%	1.92%	4.66%	92.12%	0.62%	0.34%	0.24%	0.93%	0.30%	1.28%	0.39%	0.18%	0.14%	96.20%	0.36%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยขอนแก่น

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	รหัสสีหลัก	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			115	SP72	0.20%	0.58%	21.11%	76.85%	0.80%	0.46%	0.20%	0.50%	1.46%	2.36%	0.43%	0.60%	0.10%	94.14%	0.21%
			77	RT2004-085	0.26%	1.88%	0.30%	97.06%	0.38%	0.12%	0.20%	0.91%	0.25%	97.39%	0.20%	0.10%	0.10%	0.66%	0.19%
		G	83	UT6	0.86%	36.54%	0.48%	58.32%	3.26%	0.54%	0.48%	35.08%	0.39%	59.01%	1.91%	0.44%	0.44%	1.01%	1.25%
			90	KK07-599	25.30%	1.16%	0.30%	60.26%	12.74%	0.24%	0.34%	0.56%	0.21%	72.48%	2.06%	0.10%	21.17%	0.19%	2.89%
			81	UT1	1.06%	0.46%	0.30%	96.84%	0.34%	1.00%	0.23%	0.31%	0.44%	95.05%	0.20%	0.65%	1.96%	0.81%	0.35%
			80	SP80	0.32%	24.34%	0.30%	67.41%	7.27%	0.36%	0.17%	16.13%	0.29%	78.38%	3.77%	0.21%	0.29%	0.30%	0.46%
			88	KK07-250	0.54%	0.86%	0.52%	93.58%	3.62%	0.88%	0.36%	0.47%	0.46%	88.98%	1.92%	0.55%	0.20%	0.75%	6.30%
			68	Kps00-148	0.82%	26.95%	0.30%	71.03%	0.76%	0.14%	1.15%	20.23%	0.24%	68.87%	0.50%	0.10%	0.25%	2.92%	5.73%
			96	KK11-443	1.18%	3.10%	0.62%	89.14%	0.72%	5.24%	0.23%	1.06%	0.59%	93.80%	0.30%	2.22%	0.71%	0.33%	0.76%
			92	KK11-158	0.22%	0.72%	0.34%	98.26%	0.28%	0.18%	0.10%	0.30%	0.24%	98.49%	0.16%	0.10%	0.10%	0.29%	0.22%
			84	UT8	0.58%	0.94%	0.24%	97.54%	0.50%	0.20%	0.41%	0.55%	0.30%	94.74%	0.37%	0.14%	0.29%	2.96%	0.24%
			78	S010-4	1.40%	1.10%	0.20%	96.62%	0.42%	0.26%	0.48%	0.95%	0.10%	89.05%	0.33%	0.26%	0.84%	7.32%	0.69%
			74	Q61	0.30%	1.46%	0.20%	97.52%	0.42%	0.10%	0.27%	1.27%	0.20%	84.81%	0.39%	0.10%	0.20%	12.40%	0.35%
			95	KK07-1097	0.72%	0.32%	1.12%	97.38%	0.26%	0.20%	0.11%	0.16%	0.76%	97.86%	0.10%	0.10%	0.45%	0.23%	0.23%
			85	UTj10-2	10.74%	0.62%	0.46%	87.38%	0.20%	0.60%	0.24%	0.30%	0.38%	82.57%	0.10%	0.21%	15.12%	0.68%	0.41%
			66	Kps00-103	1.08%	1.76%	0.20%	95.64%	0.72%	0.60%	1.65%	1.06%	0.12%	92.94%	0.33%	0.41%	0.14%	0.97%	2.38%
			86	UTj10-3	1.08%	14.16%	0.30%	79.74%	4.52%	0.20%	1.10%	9.10%	0.39%	82.58%	4.05%	0.15%	0.76%	1.17%	0.70%
			82	UT5	0.38%	0.58%	0.94%	71.59%	26.35%	0.16%	0.12%	0.29%	0.81%	75.58%	22.49%	0.10%	0.20%	0.26%	0.14%
			87	สิงคโปร์	0.32%	1.68%	0.40%	94.82%	2.64%	0.14%	0.20%	1.13%	0.34%	92.92%	1.65%	0.10%	0.21%	2.91%	0.54%
			79	SP50	0.36%	4.32%	0.20%	73.92%	21.04%	0.16%	0.43%	2.10%	0.16%	85.22%	10.95%	0.10%	0.10%	0.26%	0.68%
			73	MPT03-166	0.52%	1.38%	0.94%	92.68%	4.28%	0.20%	0.51%	0.85%	0.64%	76.68%	3.07%	0.10%	0.20%	17.63%	0.31%
			91	KK08-051	0.68%	1.16%	0.52%	95.54%	1.96%	0.14%	0.20%	0.85%	0.56%	94.81%	1.21%	0.10%	0.51%	1.54%	0.21%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	รหัสสีหลัก	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			69	Kps01-12	0.20%	0.52%	0.36%	98.52%	0.30%	0.10%	0.12%	0.35%	0.31%	97.61%	0.19%	0.10%	0.10%	1.01%	0.20%
			67	Kps00-58	0.26%	0.80%	0.28%	97.90%	0.66%	0.10%	0.11%	0.41%	0.20%	97.55%	0.39%	0.10%	0.20%	0.80%	0.24%
			65	KpK98-40	0.96%	0.58%	0.38%	97.18%	0.70%	0.20%	0.11%	0.39%	0.40%	95.16%	0.35%	0.11%	2.15%	0.96%	0.36%
			75	Q115	0.30%	0.96%	0.56%	96.76%	1.32%	0.10%	0.19%	0.47%	0.52%	96.49%	0.61%	0.10%	0.19%	1.07%	0.35%
			72	M134-32	0.54%	3.46%	0.30%	93.42%	2.18%	0.10%	0.20%	0.66%	0.20%	97.78%	0.45%	0.10%	0.19%	0.20%	0.22%
			64	KK80	0.36%	0.56%	0.20%	98.42%	0.36%	0.10%	0.14%	0.37%	0.10%	98.04%	0.25%	0.10%	0.30%	0.49%	0.21%
			63	KK1	1.36%	0.58%	0.20%	97.38%	0.30%	0.18%	0.21%	0.35%	0.18%	96.31%	0.20%	0.11%	1.99%	0.39%	0.26%
			70	Kps01-25	1.72%	1.62%	0.30%	95.80%	0.24%	0.32%	0.46%	2.14%	0.20%	93.91%	0.18%	0.11%	1.33%	1.30%	0.38%
			76	RE2-2550	0.26%	26.18%	0.50%	72.30%	0.64%	0.12%	0.10%	30.47%	0.37%	66.83%	0.49%	0.10%	0.20%	1.27%	0.16%
			35	Era12-2-13	0.34%	96.84%	0.70%	1.52%	0.38%	0.22%	0.16%	96.99%	0.38%	0.56%	0.23%	0.11%	0.30%	1.06%	0.21%
		H	38	Era13-32-75	1.02%	90.20%	1.32%	3.34%	2.94%	1.18%	0.82%	88.98%	1.10%	1.89%	1.57%	0.69%	0.39%	2.20%	2.36%
			22	CP80-182	0.32%	93.48%	0.70%	3.68%	1.34%	0.48%	0.11%	94.01%	0.46%	1.04%	0.91%	0.24%	0.31%	2.52%	0.39%
			19	CO254	3.14%	76.64%	1.98%	16.78%	1.04%	0.42%	0.63%	78.10%	1.16%	1.91%	0.59%	0.19%	2.15%	11.97%	3.30%
			28	CYZ98-46	3.96%	78.42%	1.10%	10.84%	2.14%	3.54%	1.00%	76.53%	0.91%	9.51%	1.11%	1.53%	1.46%	0.74%	7.20%
			27	CYZ588	0.44%	95.34%	0.48%	2.84%	0.66%	0.24%	0.20%	93.20%	0.30%	4.71%	0.44%	0.15%	0.36%	0.34%	0.30%
			16	95-2-213	0.42%	80.95%	0.84%	15.13%	2.30%	0.36%	0.20%	70.69%	0.56%	26.04%	1.32%	0.20%	0.27%	0.39%	0.32%
			43	Era13-45-209	0.50%	91.98%	0.40%	2.56%	4.12%	0.44%	0.31%	90.25%	0.24%	0.98%	2.30%	0.28%	0.38%	3.11%	2.16%
			37	Era13-28-108	0.26%	83.75%	0.20%	0.62%	15.07%	0.10%	0.27%	85.36%	0.20%	0.71%	12.62%	0.10%	0.10%	0.25%	0.39%
			30	CYZ99-91	0.96%	95.76%	0.48%	0.88%	1.80%	0.12%	0.32%	96.60%	0.27%	0.55%	1.11%	0.10%	0.49%	0.30%	0.25%
			44	F152	0.72%	96.56%	1.82%	0.46%	0.34%	0.10%	0.50%	96.66%	1.30%	0.30%	0.24%	0.10%	0.30%	0.39%	0.21%
			34	EBC12-88	0.54%	95.06%	0.62%	3.00%	0.44%	0.34%	0.41%	94.14%	0.42%	0.92%	0.30%	0.20%	0.37%	2.90%	0.32%
			33	EBC11-6	0.22%	92.86%	0.28%	1.36%	5.08%	0.20%	0.21%	93.11%	0.20%	1.48%	3.95%	0.10%	0.10%	0.50%	0.35%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง (ต่อ)

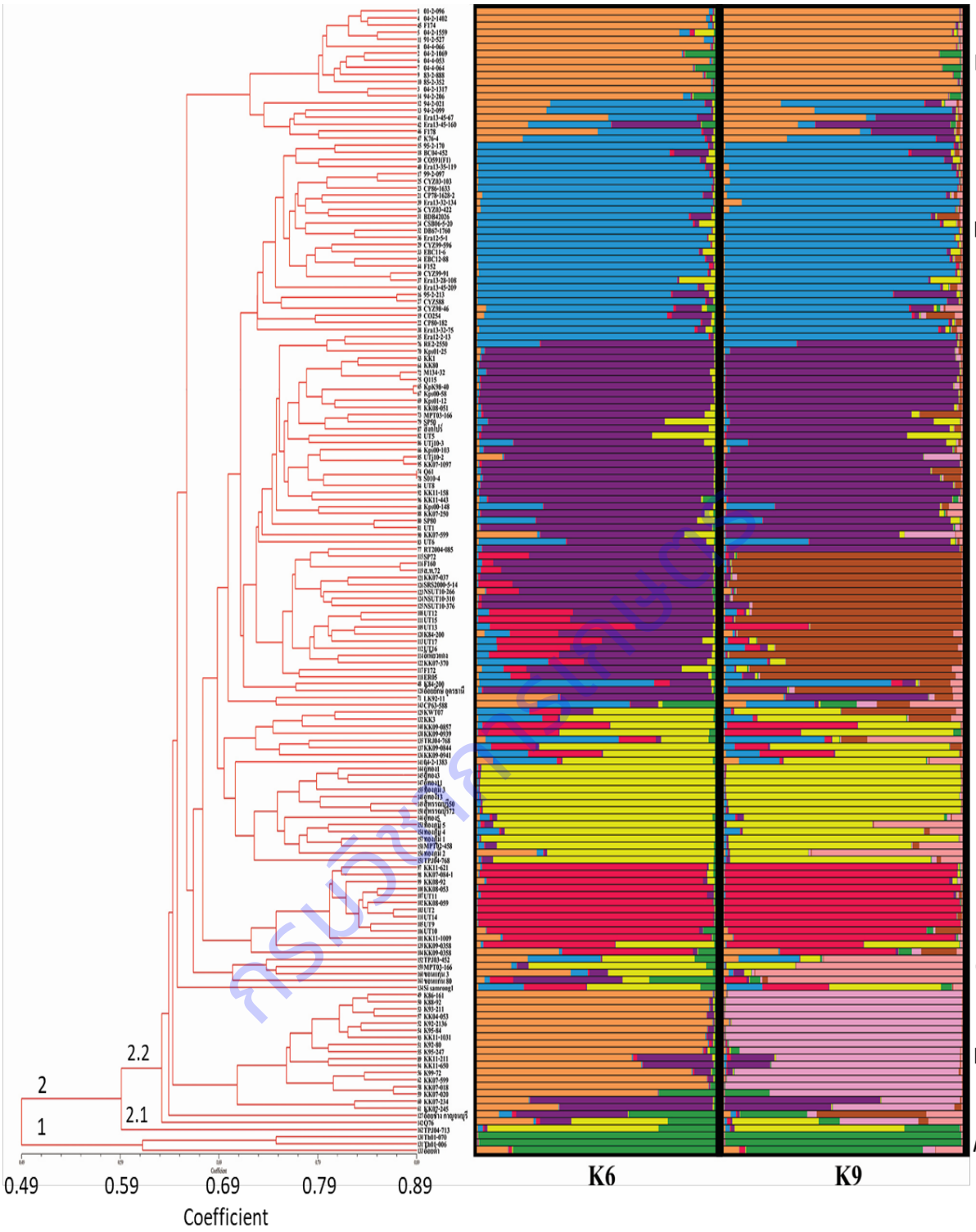
กลุ่ม	กลุ่มย่อย	รหัสสีหลัก	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			29	CYZ99-596	0.30%	97.62%	0.46%	0.30%	1.16%	0.16%	0.20%	97.75%	0.30%	0.21%	0.78%	0.10%	0.16%	0.27%	0.22%
			36	Era12-5-1	0.42%	96.04%	0.24%	0.40%	2.70%	0.20%	0.71%	95.82%	0.19%	0.30%	1.62%	0.10%	0.20%	0.20%	0.86%
			32	DB67-1760	0.24%	98.12%	0.20%	0.30%	1.00%	0.14%	0.24%	98.20%	0.14%	0.25%	0.65%	0.10%	0.10%	0.13%	0.20%
			24	CSB06-5-20	0.52%	90.04%	0.86%	1.76%	6.54%	0.28%	0.27%	90.21%	0.67%	0.89%	5.17%	0.20%	0.36%	1.35%	0.87%
			31	BDB42026	0.20%	88.66%	0.90%	8.58%	1.48%	0.18%	0.11%	86.60%	0.41%	1.46%	0.56%	0.10%	0.10%	9.39%	1.25%
			26	CYZ03-422	1.66%	96.46%	0.26%	0.56%	0.50%	0.56%	2.41%	94.43%	0.20%	0.25%	0.29%	0.27%	0.54%	0.66%	0.95%
			39	Era13-32-134	1.44%	97.64%	0.20%	0.30%	0.24%	0.18%	7.60%	91.19%	0.14%	0.22%	0.16%	0.10%	0.15%	0.17%	0.26%
			21	CP78-1628-2	2.36%	92.32%	0.48%	3.76%	0.84%	0.24%	1.44%	91.58%	0.31%	1.40%	0.45%	0.10%	1.05%	1.41%	2.25%
			23	CP86-1633	0.52%	97.84%	0.50%	0.60%	0.34%	0.20%	0.45%	97.38%	0.29%	0.24%	0.22%	0.10%	0.20%	0.81%	0.31%
			25	CYZ03-103	0.74%	98.26%	0.20%	0.38%	0.32%	0.10%	2.62%	95.91%	0.15%	0.44%	0.22%	0.10%	0.19%	0.11%	0.25%
			17	99-2-097	0.56%	96.90%	0.74%	0.98%	0.62%	0.20%	0.54%	96.83%	0.49%	0.60%	0.46%	0.10%	0.24%	0.56%	0.19%
			40	Era13-35-119	0.76%	94.86%	0.48%	2.98%	0.72%	0.20%	2.30%	93.05%	0.26%	1.97%	0.40%	0.10%	0.16%	0.80%	0.95%
			20	CO591(F1)	0.20%	93.28%	0.38%	2.26%	3.78%	0.10%	0.14%	92.06%	0.22%	3.49%	2.92%	0.10%	0.10%	0.59%	0.37%
			18	BC04-452	0.36%	80.47%	1.92%	14.49%	2.56%	0.20%	0.32%	76.99%	1.36%	16.41%	1.34%	0.11%	0.20%	1.91%	1.35%
			15	95-2-170	0.48%	96.48%	0.54%	1.74%	0.40%	0.36%	0.73%	95.50%	0.50%	1.69%	0.26%	0.26%	0.13%	0.66%	0.28%
		I	47	K76-4	19.28%	76.26%	0.88%	2.08%	1.30%	0.20%	26.49%	62.25%	0.46%	7.82%	1.52%	0.10%	0.27%	0.69%	0.39%
			46	F178	50.71%	43.41%	0.92%	4.22%	0.52%	0.22%	57.05%	4.55%	0.41%	34.44%	0.44%	0.10%	0.41%	1.49%	1.11%
			42	Era13-45-160	21.56%	34.77%	0.30%	37.33%	0.36%	5.68%	31.15%	7.14%	0.23%	56.39%	0.21%	2.04%	0.36%	1.59%	0.89%
			41	Era13-45-67	55.12%	37.08%	0.42%	6.40%	0.78%	0.20%	59.63%	3.91%	0.19%	33.35%	0.77%	0.10%	0.21%	1.54%	0.30%
			13	94-2-099	29.25%	68.91%	0.20%	0.82%	0.54%	0.28%	38.02%	57.56%	0.10%	1.55%	0.55%	0.11%	0.23%	0.39%	1.49%
			12	94-2-021	30.79%	64.71%	0.42%	2.78%	0.88%	0.42%	23.98%	59.97%	0.56%	6.71%	1.02%	0.45%	4.79%	0.99%	1.54%
			14	94-2-206	86.45%	3.18%	0.42%	0.28%	0.52%	9.14%	93.92%	0.21%	0.20%	0.11%	0.21%	4.73%	0.10%	0.10%	0.41%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 4 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์อ้อยตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K = 9 ของอ้อย 162 ตัวอย่าง (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	รหัสสีหลัก	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			3	04-2-1317	98.20%	0.76%	0.30%	0.20%	0.22%	0.32%	99.15%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.15%	0.10%	0.10%
			10	85-2-352	98.20%	0.68%	0.40%	0.36%	0.10%	0.26%	97.84%	0.19%	0.21%	0.43%	0.10%	0.21%	0.50%	0.40%	0.12%
			9	83-2-888	94.74%	0.46%	0.54%	0.20%	0.22%	3.84%	95.78%	0.10%	0.20%	0.10%	0.10%	3.00%	0.41%	0.10%	0.21%
			7	04-4-064	90.54%	0.36%	0.32%	0.18%	0.18%	8.42%	91.27%	0.10%	0.14%	0.10%	0.10%	7.91%	0.19%	0.10%	0.10%
			6	04-4-053	97.56%	0.82%	0.22%	0.22%	0.20%	0.98%	98.68%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.29%	0.10%	0.10%	0.44%
			2	04-2-1069	85.93%	0.54%	0.44%	0.20%	0.20%	12.69%	89.99%	0.10%	0.20%	0.10%	0.10%	9.07%	0.10%	0.10%	0.24%
			8	04-4-066	97.80%	0.44%	0.56%	0.30%	0.42%	0.48%	97.14%	0.18%	0.34%	0.20%	0.33%	0.21%	0.56%	0.30%	0.75%
			11	91-2-527	95.20%	3.82%	0.30%	0.20%	0.30%	0.18%	98.45%	0.33%	0.23%	0.18%	0.21%	0.10%	0.30%	0.10%	0.11%
			5	04-2-1559	84.87%	4.32%	1.92%	0.30%	8.00%	0.58%	95.47%	0.20%	0.50%	0.20%	1.18%	0.34%	0.10%	0.20%	1.81%
			45	F174	96.94%	1.80%	0.20%	0.40%	0.56%	0.10%	96.91%	0.24%	0.16%	0.89%	0.37%	0.10%	0.87%	0.17%	0.27%
			4	04-2-1402	96.04%	1.70%	0.72%	0.40%	0.80%	0.34%	98.62%	0.20%	0.20%	0.20%	0.20%	0.10%	0.10%	0.20%	0.18%
			1	01-2-096	97.32%	1.60%	0.30%	0.30%	0.30%	0.18%	98.60%	0.21%	0.20%	0.24%	0.14%	0.10%	0.20%	0.19%	0.13%

กรมวิทยาศาสตร์บริการ



ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K=9 ของตัวอย่างอ้อย 162 ตัวอย่าง A -I แสดงตำแหน่งของกลุ่ม

การทดลองที่ 2

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของถั่วเหลือง เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

นางสาววิลาสินี จิตต์บรรจง นายป่าน ปานขาว นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล

นายวีรกรณ์ แสงไสย์ ว่าที่ ร.ต.ชัยนาท ชุ่มเงิน นายวินัย สมประสงค์

Wilasinee Chitbanchong Pan Pankao Suchirat Sakuanrungsirikul

Weerakorn Saengsai Chainat Chumngoen Winai Somprasong

คำสำคัญ (Key words)

ถั่วเหลือง พันธุ์พืชใหม่ ความหลากหลายทางพันธุกรรม

บทคัดย่อ

การศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของถั่วเหลือง เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง มีวัตถุประสงค์ เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้อง คุ้มครองสิทธิในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช เริ่มดำเนินงานตั้งแต่ เดือนตุลาคม พ.ศ. 2563 ถึงเดือนกันยายน พ.ศ. 2564 โดยทำการศึกษากับพันธุ์ถั่วเหลืองที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 จำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์เชียงใหม่ 5 เชียงใหม่ 6 และเชียงใหม่ 84-2 โดยบันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ 14 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะการเจริญเติบโตของลำต้น จำนวนใบย่อย รูปร่างใบย่อย ความหนาแน่นของขนที่ใบ สีขน รูปแบบขนที่ใบ สีของกลีบดอก สีฝักแก่ จำนวนเมล็ดต่อฝัก สีเปลือกเมล็ด สีขั้วเมล็ด เยื่อติดขั้วเมล็ด ความมันของเปลือกเมล็ด และขนาดเมล็ด พบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาในบางลักษณะที่แตกต่างกัน คือ ลักษณะการเติบโตของลำต้น สีขั้วเมล็ด ส่วนลักษณะอื่นคล้ายกัน ซึ่งผลการศึกษาทางสัณฐานวิทยามีความสอดคล้องกับความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ

การวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค Touch Down PCR แล้วจัดทำแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในตัวอย่างถั่วเหลืองที่ทำการศึกษาทั้งหมด 29 พันธุ์ พบว่าไม่มีตัวอย่างใดมีพันธุกรรมซ้ำกัน แต่มีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมาก สามารถจัดกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดได้เป็น 5 cluster (A-E) แบ่งเป็น 2 กลุ่มใหญ่ คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย cluster A ที่มีพันธุ์ สจ.4 จัดอยู่ในกลุ่ม และ กลุ่มที่ 2 ที่แยกย่อยได้อีก 2 กลุ่มย่อย แบ่งเป็นกลุ่ม 2.1 ประกอบด้วย cluster B ที่มีพันธุ์ขอนแก่น จัดอยู่ในกลุ่ม กลุ่ม 2.2 แยกย่อยลงไปอีกได้เป็น 3 cluster (C, D, E) การตรวจสอบเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ของพันธุ์ที่จดทะเบียน

กรมวิชาการเกษตร

คุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ พบว่าจัดอยู่ในกลุ่ม cluster E ทั้งหมด และอยู่ในกลุ่มย่อยเดียวกัน โดยทั้ง 3 พันธุ์มีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมากถึงระดับ 0.96 จากการวิเคราะห์องค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมพบว่าพันธุ์เชียงใหม่ 5 มีลักษณะพันธุกรรมที่เป็นพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมเดียว และอาจเป็นตัวแทนของพันธุกรรมการต้านทานโรคราสนิมของถั่วเหลือง ในขณะที่อีก 2 พันธุ์มีลักษณะของพันธุ์ผสม โดยมีองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมเหมือนกันแต่มีสัดส่วนต่างกัน ทำให้มีคุณลักษณะเด่นประจำพันธุ์ที่ต่างกัน

Abstracts

A study of qualitative morphology and genotype characterization of soybeans for review and reference started operating from October 2020 to September 2021. The objective was to research and develop analytical of qualitative morphology and DNA level differences for protection of farmer and plant breeder' rights in case of plant intellectual property abuse under the plant variety protection Act. B.E.1999. The study was conducted with soybean cultivars that were registered as Chiang Mai 5, Chiang Mai 6 and Chiang Mai 84-2. The 14 qualitative morphological characteristics were recorded as follows: growth habit, number of leaflets, leaflet shape, pubescence color, pubescence type, petal color, natural pod color, number of pods, seed coat color, hilum color strophiole at hilum, seed coat luster and seed size.

It was found that some morphological characteristics were different, namely, growth habit, hilum color, while other characteristics were similar. The morphological findings were consistent with genetic differences at the DNA level.

Analysis of genetic differences at the DNA level by DNA fingerprint using ISSR markers and Touch Down PCR for preparing genetic structure and genetic relatedness with statistical analysis program. A total of 29 soybean cultivars were sampled, none of which were genetically identical but have very close genetics. All samples can be grouped into 5 clusters (A-E), divided into 2 large groups: Group 1 consisted of cluster A containing SJ.4 cultivars, and group 2 which was further subdivided into two subgroups. It was divided into group 2.1 consisting of cluster B with Khon Kaen cultivar. Group 2.2 can be further broken down into 3 clusters (C, D, E). Verification of the cultivar identity of a protected species registered as a new plant variety was found that they were all classified in cluster E and were in the same subgroup. All three cultivars were genetically closely related to the 0.96 level. From the analysis of the genetic structure, it was found that the Chiang Mai 5 breed had a purebred genetic trait with a single genetic structure and may represent the genetics of soybean rust resistance while the other two varieties had hybrid characteristics. They had

กรมวิชาการเกษตร

the same genetic structure but different proportions and made a distinctive feature of different species.

บทนำ (Introduction)

ระบบการคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ (protection of new variety of plants, PVP) หรือการคุ้มครองสิทธินักปรับปรุงพันธุ์พืช (protection of plant breeders' rights, PBRs) เป็นหนึ่งในระบบการคุ้มครองทรัพย์สินทางปัญญา (intellectual property protection systems, IP) มีเจตนารมณ์เพื่อส่งเสริม กระตุ้น สร้างแรงจูงให้เกิดการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์พืชใหม่ๆ เพิ่มมากขึ้น ในการตรวจสอบพันธุ์พืชใหม่ต้องมีองค์ประกอบ ได้แก่ (1) มีความใหม่ (novelty) (2) มีความแตกต่างจากพันธุ์อื่นอย่างเด่นชัด (clearly distinctness, D) ที่ปรากฏอยู่ในวันยื่นจดทะเบียน (3) มีความสม่ำเสมอ (uniformity, U) ในกลุ่มประชากรของพันธุ์ (4) มีความคงตัวทางพันธุกรรม (stability, S) และ (5) มีการตั้งชื่อพันธุ์พืช (denomination) ที่ถูกต้องและเหมาะสมตามกฎหมาย นอกจากการพิสูจน์พันธุ์พืชใหม่ตามองค์ประกอบข้างตนแล้ว ข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมระดับดีเอ็นเอของพันธุ์นั้นๆ ก็มีความสำคัญ ในกรณีมีข้อพิพาท ในการแอบอ้างหรือละเมิดพันธุ์ ซึ่งลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ จะมีการนำมาใช้ตรวจสอบเพื่อพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืชตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ประกอบกับกรณีที่มีการละเมิดสิทธิซึ่งลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่เป็นลักษณะภายนอกมีความคล้ายคลึงกันมาก อาจใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมเป็นหลักฐานอ้างอิงประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพ

ถั่วเหลือง เป็นพืชล้มลุก ผสมตัวเอง มีถิ่นกำเนิดอยู่ในภาคตะวันออกของทวีปเอเชีย เป็นพืชเศรษฐกิจที่มีความสำคัญ และมีคุณค่าทางอาหารที่ใช้ประโยชน์ได้นานัปการ แหล่งผลิตถั่วเหลืองที่สำคัญของประเทศไทยอยู่ในเขตภาคเหนือประมาณร้อยละ 70 ของพื้นที่ ได้แก่ จังหวัด สุโขทัย ตาก กำแพงเพชร เชียงใหม่ พิษณุโลก และอุตรดิตถ์ ส่วนอีกร้อยละ 30 กระจายอยู่ภาคอีสานและภาคกลางตอนบน ได้แก่ จังหวัดเลย ชัยภูมิ เพชรบูรณ์ อุทัยธานีและนครสวรรค์ พันธุ์ถั่วเหลืองที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ ซึ่งกรมวิชาการเกษตรเป็นหน่วยงานที่รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ มีจำนวน 4 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์เชียงใหม่ 5 เชียงใหม่ 6 เชียงใหม่ 84-2 และเอ็มเจ 9520-9521

กรมวิชาการเกษตรมีหน้าที่ในการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ ในกรณีที่มีการละเมิดพันธุ์ทางการค้าต้องมีการตรวจสอบความถูกต้อง โดยต้องมีข้อมูลด้านสัณฐานวิทยาในการตรวจยืนยันของพันธุ์ และข้อมูลด้านความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ จึงมีความสำคัญสำหรับใช้ประกอบในการตรวจพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืช และใช้เป็นหลักฐานในการปกป้อง คุ้มครองสิทธิของนักปรับปรุงพันธุ์พืช งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์ถั่วเหลืองพันธุ์ใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้องคุ้มครองสิทธิ ในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช

กรมวิชาการเกษตร

ระเบียบวิธีการวิจัย (Research Methodology)

ขั้นตอนที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ประกอบด้วย

1.1 ศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของถั่วเหลือง เช่น ลักษณะการเจริญเติบโตของลำต้น จำนวนใบย่อย รูปร่างใบย่อย สีขน สีฝักแก่ เป็นต้น

1.2. การเก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิงเพื่อการอ้างอิงในพิพิธภัณฑ์พืช

1.2.1 ศึกษาและจัดทำวิธีการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของชนิดพืชที่ศึกษา ซึ่งจำเป็นต้องมีวิธีการเก็บตัวอย่าง การคัดเลือกตัวอย่าง ระยะเวลาที่เหมาะสมสำหรับการคัดเลือกและเก็บตัวอย่าง เพื่อนำมาสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง

1.2.2 เมื่อทราบขั้นตอนวิธีการเก็บตัวอย่างพรรณไม้ที่ศึกษาแล้ว ดำเนินการจัดเก็บตัวอย่างและนำเข้าสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้แห้ง (dry specimens) มีวิธีการดังนี้

- เก็บพรรณไม้ให้ครบสมบูรณ์ทุกส่วน จัดลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60 – 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5 - 7 วัน
- เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง
- นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น

1.2.3 สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชแต่ละชนิดที่ศึกษาโดยอาศัยข้อมูลจากแบบบันทึกลักษณะภาคสนามของพันธุ์พืชจากกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช และบันทึกข้อมูลอย่างละเอียดเพื่อจัดทำเป็นคำบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ตามหลักทางพฤกษศาสตร์ของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการรับรองนั้นๆ

1.2.4 ตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพันธุ์พืชรับรองฯ ที่ศึกษา คัดเลือกมาจำนวน พันธุ์รับรองละ 3 – 5 ตัวอย่าง ตามแต่ความเหมาะสมของตัวอย่างที่สามารถจัดหาได้ บันทึกข้อมูลทางอนุกรมวิธานของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง และจัดเก็บตามระบบการจัดการของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

-ตัวอย่างพันธุ์พืชรับรองจะได้รับการระบุข้อมูลทางอนุกรมวิธานในระดับพันธุ์ โดยนักวิชาการประจำกลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช

-บันทึกข้อมูลจากตัวอย่างพรรณไม้ ลงในระบบฐานข้อมูลพรรณไม้อ้างอิงของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (โดยให้หมายเลขตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงตามรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชปลูก)

- ตัวอย่างอ้างอิงของพันธุ์พืชรับรอง แยกเก็บรักษาไว้ในพื้นที่เฉพาะสำหรับเก็บตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพืชปลูก ในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

- จัดทำคู่มือและดรรชนีของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชพืชใหม่ที่ได้รับการรับรองที่เก็บรักษาในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

ขั้นตอนที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย ISSR

2.1 ดำเนินการที่ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น โดยนำตัวอย่างที่ได้รับมาทำการสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี CTAB และวิธีประยุกต์ ทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมในด้วยวิธี ISSR-Touchdown PCR ตามวิธีการของ ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล และคณะ (2553) โดยมีรายละเอียด ดังนี้ เก็บตัวอย่างใบนำมาล้างให้สะอาด เช็ด

สำนักวิชาการเกษตร

ให้แห้งแล้วตัดเป็นชิ้นเล็กๆ บดให้ละเอียดในไนโตรเจนเหลวสกัดดีเอ็นเอโดยประยุกต์วิธีวิธี Li and Midmore (1999) ใช้ใบปริมาณ 0.2 กรัมในสารสกัด 700 ul (2% CTAB, 2M NaCl, 2% PVP 40-T, 25 mM EDTA, 200mM Tris base , 20 mM $Na_2B_4O_7$, 1% ของ 5M $C_{15}H_{28}NNaO_3$) กลับหลอดไปมา บ่มที่ 65°C นาน 30 นาที เติม Dichloromethane: Isoamyl (24:1) ปริมาตร 700 µl ผสมให้เข้ากัน นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 rpm. นาน 5 นาที ดูดส่วนใสปริมาตร 600 µl ใส่หลอด 1.5 ml เติม absolute ethanol ปริมาตร 800 µl กลับหลอดไปมา นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 rpm. นาน 5 นาที ล้างตะกอนดีเอ็นเอด้วย 70% ethanol จำนวน 2-3 ครั้ง เติมน้ำกลั่นนึ่งฆ่าเชื้อปริมาตร 500 µl บ่มที่ 65°C จนดีเอ็นเอละลาย ตกตะกอนดีเอ็นเออีกครั้งด้วยการเติม 5M NaCl ปริมาตร 50 ul ผสมให้เข้ากัน เติม absolute ethanol ปริมาตร 800 µl กลับหลอดไปมา ปั่นตกตะกอนดีเอ็นเอ ล้างดีเอ็นเอด้วย 70% ethanol 2-3 ครั้ง ตากตะกอนดีเอ็นเอให้แห้ง ละลายตะกอนดีเอ็นเอด้วยน้ำกลั่นนึ่งฆ่าเชื้อปริมาตร 100 µl วัดปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Nanodrop lite spectrophotometer (Thermo Scientific, USA)

การทำปฏิกิริยา PCR ในปริมาตร 10 µl ประกอบด้วย 1x buffer A (Vivantis), 0.15 mM dNTP, 1.5 mM $MgCl_2$, 1mM primer, 1 unit Taq DNA polymerase (Fermentas), ดีเอ็นเอ 50 ng เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่อง PCR (Veriti, Thermo Fisher Scientific, Applied Bioisystems) โดยใช้โปรแกรม TouchDown PCR ตั้งโปรแกรมดังนี้ 94°C นาน 5 นาที จำนวน 1 รอบ ตามด้วย 94°C นาน 30 วินาที, 52-48°C นาน 1 นาที, 72°C นาน 1 นาที จำนวน 5 รอบ ตามด้วย 94°C นาน 30 วินาที, 48°C นาน 1 นาที, 72°C นาน 1 นาที จำนวน 30 รอบ และ 72°C นาน 5 นาที แล้วลดลงที่ 25°C โดยเลือกใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด ISSR ทำการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้แถบดีเอ็นเอชัดเจน (ภาคผนวก ตารางที่ 2) สำหรับนำไปใช้แยกความแตกต่างระหว่างตัวอย่างด้วยปฏิกิริยา PCR ทดสอบความเข้มข้นที่เหมาะสมในการทำปฏิกิริยา PCR ของแต่ละตัวอย่างด้วยการละลายดีเอ็นเอที่ความเข้มข้น 1/50 1/100 1/200 1/400 และ 1/800 ทดสอบกับเครื่องหมายโมเลกุล 1 ชนิดที่ให้ผลชัดเจน ตรวจสอบผลด้วยใน 1% Agarose gel electrophoresis ใช้ไฟ 100 V. นาน 40 นาที เลือกความเข้มข้นดีเอ็นเอที่ให้ผลแถบดีเอ็นเอชัดเจน มีจำนวนแถบมากที่สุดและจำนวนคงที่ในช่วง 3 ความเข้มข้นต่อเนื่องของแต่ละพันธุ์สำหรับนำไปวิเคราะห์ความแตกต่างด้วยเครื่องหมายโมเลกุลที่คัดเลือกไว้ ทำการทดลอง 2 ซ้ำต่อตัวอย่าง อ่านผลปฏิกิริยา PCR ด้วยเครื่อง Fragment Analyzer Automated Parallel Capillary Electrophoresis System (Advanced Analytical) โดยลดความเข้มข้นของผลิต PCR ใน TE buffer 1:11 ส่วน วิเคราะห์ขนาดจีโนไทป์ด้วยชุดน้ำยา dsDNA Reagent Full kit DNF-910-K1000 (Advanced analytical) และอ่านผลด้วยเครื่อง Fragment Analyzer Automated Parallel Capillary Electrophoresis (Advanced Analytical)

2.2 การวิเคราะห์ผล: ข้อมูลจีโนไทป์ถูกเปลี่ยนอยู่ในรูป binary file (0, 1) โดย 0 แทนตำแหน่งที่ไม่ปรากฏแถบ และ 1 แทนตำแหน่งที่ปรากฏแถบ วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวอย่าง คำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรม (similarity coefficients) ด้วยวิธี Jaccard's similarity coefficients สร้างตารางเมทริกซ์เพื่อสร้างแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA โดยใช้ซอฟต์แวร์ NTSYS - PC v.2.11 (Rohlf, 2002) วิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยวิธี Model-based

กรมวิชาการเกษตร

clustering โดยอาศัยทฤษฎีของ Bayesian ด้วยโปรแกรม STRUCTURE 2.4.3 (Pritchard et al., 2000; Falush et al., 2003; Hubisz et al., 2009) เลือกใช้โมเดล 3 ชนิดคือ admixture, correlated allele frequency และLOCPRIOR (Hubisz et al., 2009) ทำการตรวจสอบด้วยโปรแกรมจำนวน 10 ซ้ำ ในทุกๆ จำนวนกลุ่ม (cluster, K) ตั้งแต่ 2 ถึง 10 รวมทั้งหมด 90 ครั้ง จากนั้นวิเคราะห์หาจำนวนกลุ่มที่เหมาะสมที่สุด ด้วยค่า posterior probability หรือ L(K) (Pritchard, et al., 2000) และค่า ΔK (Evanno, et al., 2005) ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) หาค่าเฉลี่ยของแต่ละ K จาก 10 ซ้ำ ให้ได้ข้อมูล 1 ชุด ด้วยโปรแกรม CLUMPAK server (Kopelman, et al., 2015) แสดงผลรูปภาพด้วยโปรแกรม DISTRUCT (Rosemberg, 2003)

ผลการวิจัยและอภิปรายผล (Results and Discussion)

1. **การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ**

1.1 พันธุ์ที่ใช้ในการทดลอง

การทดลองนี้ใช้ถั่วเหลืองที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ได้แก่

ตารางแสดงรายชื่อพันธุ์ถั่วเหลืองที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่

ลำดับ	ชื่อพันธุ์	แหล่งที่มาของพันธุ์	บันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ	ตัวอย่างพรรณไม้แห้ง
1	เชียงใหม่ 5	กรมวิชาการเกษตร	/	/
2	เชียงใหม่ 6	กรมวิชาการเกษตร	/	/
3	เชียงใหม่ 84-2	กรมวิชาการเกษตร	/	/

1.2 ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ เป็นลักษณะที่ปรากฏชัดเจน หลักเกณฑ์การตรวจสอบลักษณะประจำพันธุ์ถั่วเหลือง เพื่อจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ มีทั้งหมด 18 ลักษณะ ในการทดลองนี้ได้บันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของถั่วเหลือง จำนวน 14 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะการเจริญเติบโตของลำต้น จำนวนใบย่อย รูปร่างใบย่อย ความหนาแน่นของขนที่ใบ สีขน รูปแบบขนที่ใบ สีของกลีบดอก สีฝักแก่ จำนวนเมล็ดต่อฝัก สีเปลือกเมล็ด สีขั้วเมล็ด เยื่อติดขั้วเมล็ด ความมันของเปลือกเมล็ด และขนาดเมล็ด ดังนี้

ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 5

<u>ประวัติพันธุ์</u>

เป็นพันธุ์ได้มาจากการนำเมล็ดพันธุ์ เชียงใหม่ 60 ไปฉายรังสีแกมมา ที่ปริมาณ 10 กิโลแรดด์ ในปี 2530 เพื่อชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ จากนั้นทำการคัดเลือกแบบ Pure line Selection ในชั่วต่าง ๆ เพื่อให้ได้สายพันธุ์บริสุทธิ์และต้านทานต่อโรคราสนิม ที่สถานีเกษตรหลวงปางดะ อ.สะเมิง จ.เชียงใหม่ และศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ อ.สันทราย จ.เชียงใหม่ ทำการคัดเลือกและประเมินพันธุ์ตามขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์ตั้งแต่ปี 2530-2546

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะทางสัณฐานวิทยา

ลำต้นกึ่งทอดยอด สูง 60-95 เซนติเมตร ใบย่อย 3 ใบ รูปร่างใบย่อยกว้าง สีเขียว ความหนาแน่นของขนที่ใบปานกลาง รูปแบบขนที่ใบกึ่งตั้ง กึ่งเอน จำนวนกิ่ง 2-5 กิ่ง ดอก กลีบดอกสีม่วง ขนสีน้ำตาลอ่อน ฝักแก่สีน้ำตาลเข้ม จำนวนฝักต่อต้น 20-30 ฝัก จำนวนเมล็ดต่อฝัก 3 เมล็ด เมล็ด กลม ขนาดกลาง (น้ำหนัก 100 เมล็ด ประมาณ 16-20 กรัม) เปลือกเมล็ดสีเหลือง ขั้วเมล็ดสีน้ำตาล ไม่มีเยื่อติดขั้วเมล็ด ความมันของเปลือกเมล็ดกึ่งมันกึ่งด้าน

ลักษณะเด่น

ต้านทานต่อโรคราสนิมในสภาพไร่ โดยแสดงลักษณะแผลบนใบแบบอาร์ บี (RB Type) สามารถให้ผลผลิตสูงในสภาพที่มีโรคราสนิมระบาด อายุการเก็บเกี่ยว 85-100 วัน นอกจากนี้ยังต้านทานโรคเมล็ดสีม่วงและต้านทานโรคราน้ำค้าง

ภาพลักษณะสัณฐานวิทยาถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 5

ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 6

ประวัติพันธุ์

ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 6 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ KUSL 20004 ซึ่งต้านทานต่อโรคใบจุดนูน และให้ผลผลิตสูง และ พันธุ์เชียงใหม่ 5 ที่ทนทานต่อโรคราสนิม และต้านทานโรคราน้ำค้างในปี 2538 และทำการคัดเลือกและประเมินผลผลิตตามขั้นตอนของการปรับปรุงพันธุ์ ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ ศูนย์วิจัยพืชไร่ สถานีทดลองพืชไร่ของกรมวิชาการเกษตร และไร่เกษตรกรแหล่งปลูกถั่วเหลือง จนถึงปี 2551

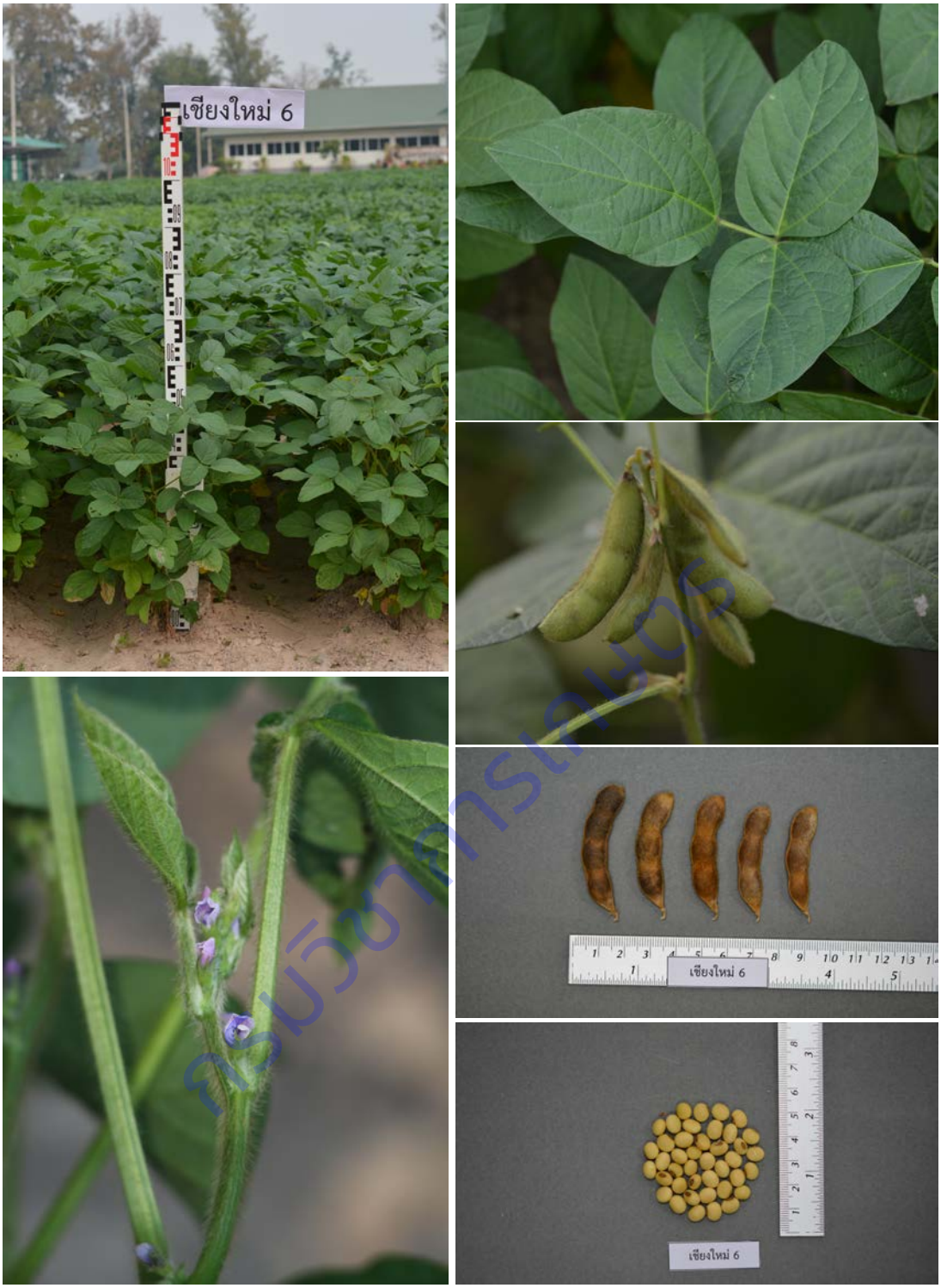
ลักษณะทางสัณฐานวิทยา

การเจริญเติบโตแบบกึ่งทอดยอด สูง 60-90เซนติเมตร ใบ กว้างมีสีเขียว จำนวนใบย่อย 3 ใบ ความหนาแน่นของขนที่ใบบาง สีขนมีสีน้ำตาลอ่อน ขนที่ใบเอนราบ ดอกสีม่วง ฝักแก่สีน้ำตาลอ่อน เมล็ดต่อฝัก 2-3 เมล็ด เปลือกเมล็ดสีเหลือง ขั้วเมล็ดสีน้ำตาลอมเหลือง ไม่มีเยื่อติดขั้วเมล็ด เปลือกเมล็ดด้าน จำนวนฝักต่อต้น 30-40 ฝัก รูปร่างเมล็ดค่อนกลม น้ำหนัก 100 เมล็ด 13-15 กรัม

ลักษณะเด่น

1. ให้ผลผลิตเฉลี่ยสูงกว่าพันธุ์ สจ.5 และ เชียงใหม่ 60 ในฤดูแล้ง (367 กิโลกรัมต่อไร่) ประมาณร้อยละ 12 และ 15 ในฤดูฝน (289 กิโลกรัมต่อไร่) ประมาณร้อยละ 13 และ 12 และรวมทั้ง 2 ฤดู (322 กิโลกรัมต่อไร่) ประมาณร้อยละ 12 และ 13
2. ต้านทานต่อโรคราสนิมและราน้ำค้าง
3. สามารถปรับตัวต่อสภาพแวดล้อมได้กว้าง

กรมวิชาการเกษตร



ภาพลักษณะสัณฐานวิทยาถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 6

ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 84-2

ประวัติพันธุ์

ถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์เชียงใหม่ 84-2 เป็นพันธุ์ที่คัดเลือกได้จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ Chamame ซึ่งเป็นพันธุ์ที่เมล็ดเมื่อต้มสุกแล้วมีกลิ่นหอม มีความงอกและความแข็งแรงของเมล็ดสูง กับพันธุ์ 2808 ที่ให้ผลผลิตฝักสดมาตรฐานสูงและมีฝักดก โดยเริ่มผสมพันธุ์ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ในปี 2544 ทำการคัดเลือกและประเมินผลผลิตในศูนย์วิจัยและสถานีทดลองของกรมวิชาการเกษตรและไร่เกษตรกร รวมเวลาทั้งหมด 10 ปี จึงได้เสนอขึ้นรับรองพันธุ์

ลักษณะทางสัณฐานวิทยา

การเจริญเติบโตแบบไม่ทอดยอด สูง 35-40 เซนติเมตร ใบ กว้างมีสีเขียว จำนวนใบย่อย 3 ใบ ความหนาแน่นของขนที่ใบบาง สีขนมีสีน้ำตาลอ่อน ขนที่ใบกึ่งตั้งกึ่งเอน ดอกสีม่วงเข้ม ฝักแก่สีน้ำตาลเข้ม เมล็ดต่อฝัก ส่วนใหญ่ 2 เมล็ด เปลือกเมล็ดสีเหลือง ขั้วเมล็ดสีเหลือง ไม่มีเยื่อติดขั้วเมล็ด เปลือกเมล็ดด้าน รูปร่างเมล็ดค่อนกลม

ลักษณะเด่น

ฝักสดต้มสุกให้เมล็ดมีกลิ่นหอมคล้ายใบเตย สามารถปรับตัวและให้ผลผลิตดีในหลายสภาพแวดล้อม

กรมวิชาการเกษตร

ภาพลักษณะสัณฐานวิทยาถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 84-2

2. การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย ISSR

2.1 ถั่วเหลืองที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอ

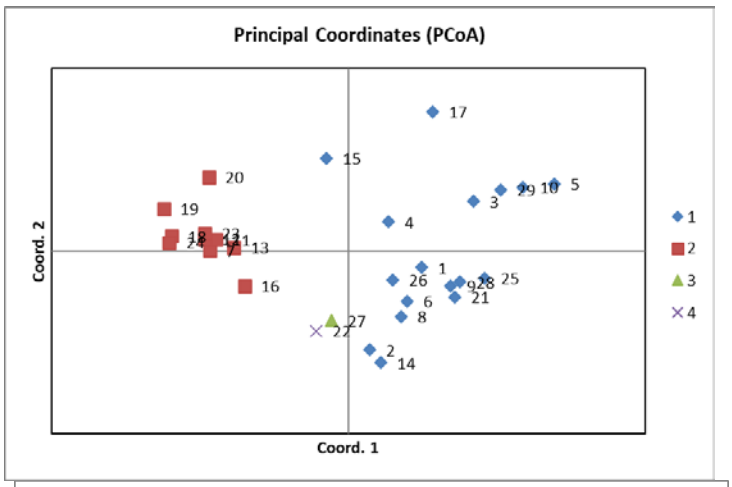
ประกอบด้วย ถั่วเหลืองที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 5 เชียงใหม่ 6 และ เชียงใหม่ 84-2 และถั่วเหลืองพันธุ์อื่นอีก 26 พันธุ์ รวมทั้งสิ้น 29 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ตารางที่ 1)

2.2 การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ

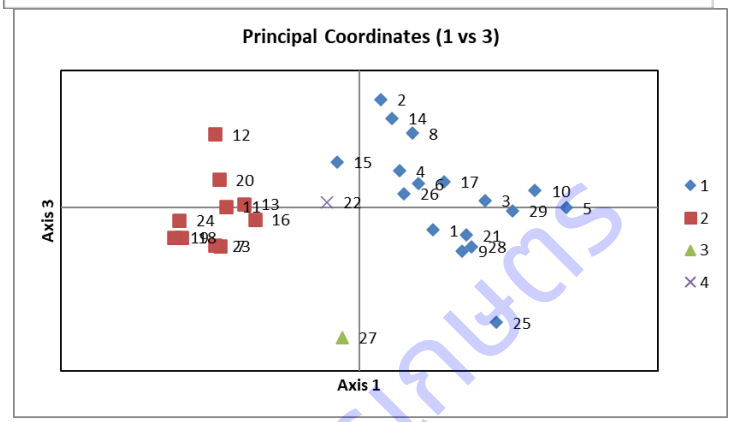
การคัดเลือกไพร์เมอร์ : ในการทดลองนี้ใชhเครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 18 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 2) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของถั่วเหลืองจำนวนรวมทั้งสิ้น 29 พันธุ์ ประกอบด้วยพันธุ์ที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ 3 พันธุ์ และพันธุ์อื่นอีก 26 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 1) พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 208 ตำแหน่ง เฉลี่ย 11.6 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 86 ตำแหน่ง (41.4%) และตำแหน่งคงที่ 122 ตำแหน่ง (58.6%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างมีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมสูง มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 140 bp จนถึง 1265 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.75 (ISSR99) จนถึง 0.95 (ISSR10) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.90 (ภาคผนวก ตารางที่ 2) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012)

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA : จากการวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างถั่วเหลือง 29 พันธุ์ เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 31.33 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 26.57 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 19.75 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับต่ำ จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 5 กลุ่ม โดยกลุ่มสีน้ำตาล ที่ประกอบด้วยพันธุ์ CM 0701-26 (20), CM 0706-14 (18), มข.35 (19), นครสวรรค์1 (16), ชม.3 (13), สจ.2 (12), เชียงใหม่ 60 (24), ขอนแก่น (23), สุโขทัย 1 (7), จักรพันธุ์ (1) (11) เกาะกลุ่มกันตามแนวกลางของแกน และแยกจากกลุ่มสีฟ้าที่กระจายตัวบนและล่างของแกน ในขณะที่สีเขียว (27. ชม.4) แยกกลุ่มออกจากกลุ่มอื่นแสดงถึงความแตกต่างจากทั้งสองกลุ่ม (ภาพที่ 1)

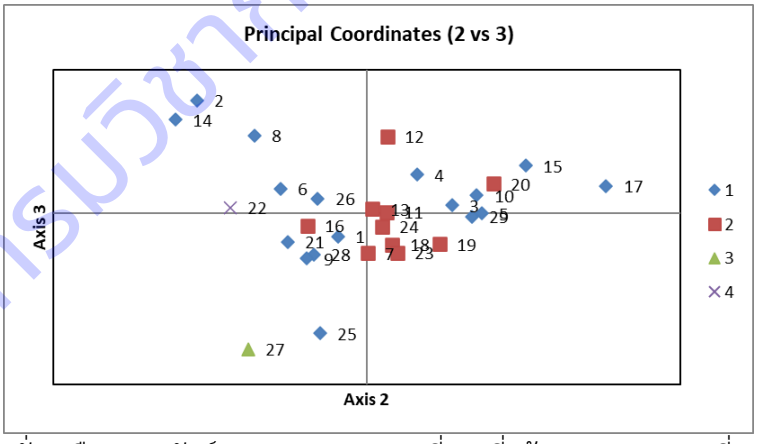
ศูนย์วิทยทรัพยากร



ข



ค

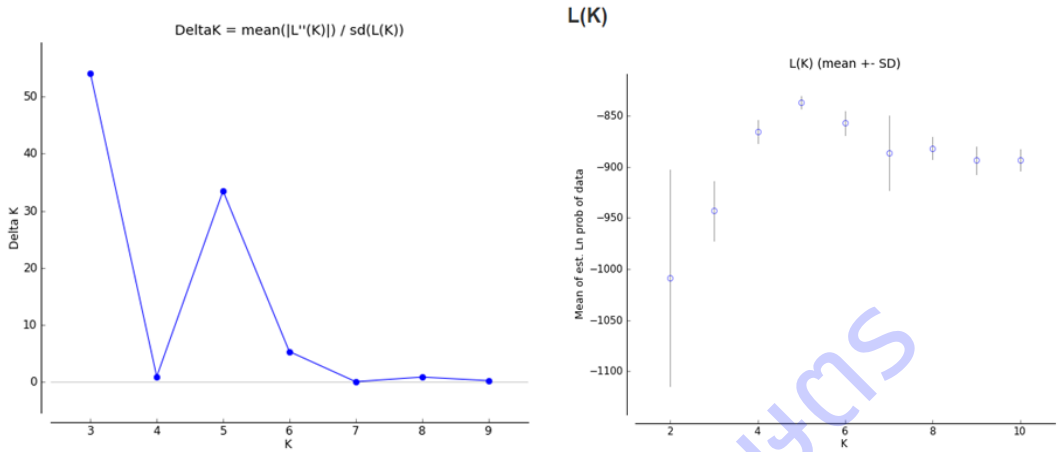


กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 1 แผนภาพ PCoA ของถั่วเหลือง 29 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (19.07%) และแกนที่ 2 (12.25%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 31.33% (ข) แกนที่ 1 (19.07%) และแกนที่ 3 (7.50%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 26.57% และ (ค) แกนที่ 2 (12.25%) และแกนที่ 3 (7.50%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 19.75%

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure) : เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างรวม 29 พันธุ์ โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10

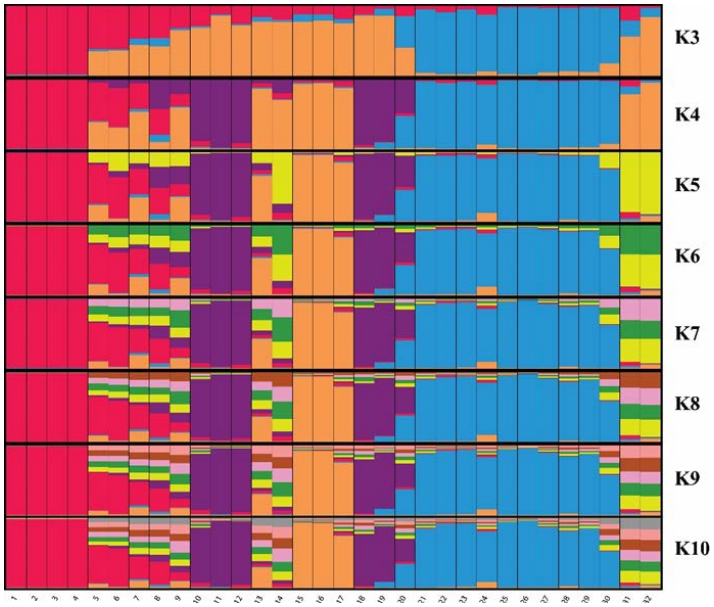
เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 3 และค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 5 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 2)



ภาพที่ 2 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างถั่วเหลือง 29 พันธุ์

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างถั่วเหลืองที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 3 พันธุกรรมหลัก และ 5 พันธุกรรมย่อย โดยที่ K = 5 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่ เมื่อพิจารณาที่ K=3 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีแดง กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีส้ม และกลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 5 พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีแดง กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีม่วง กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีส้ม และกลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มสีเหลือง โดยเมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K ที่เพิ่มขึ้นนั้นพบว่า พันธุกรรมสีแดงและสีส้มมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง ในขณะที่สีฟ้ามีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง

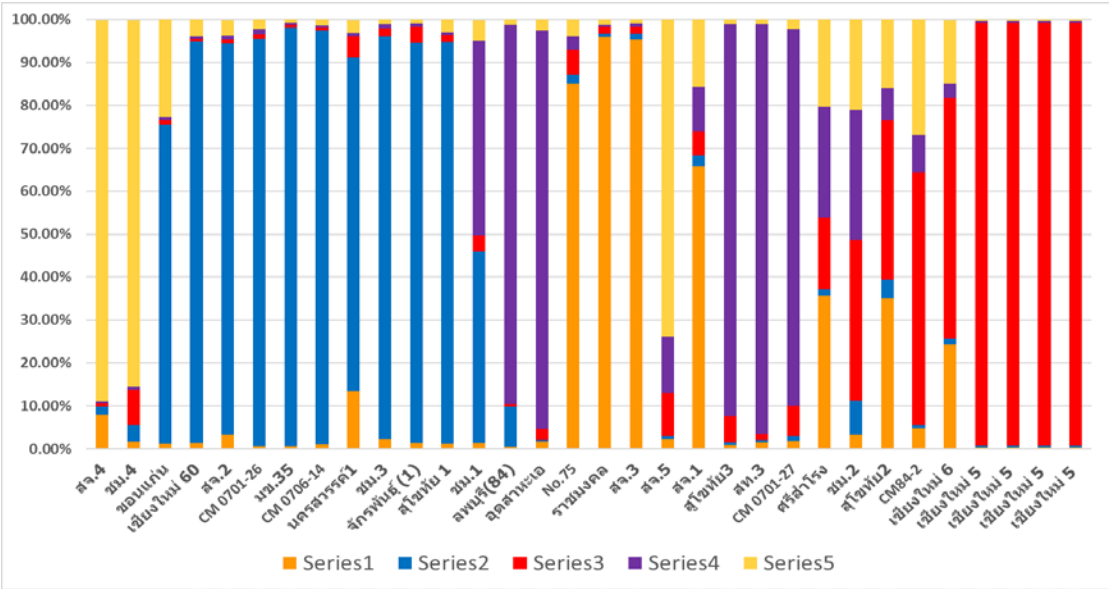
กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 3 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของถั่วเหลือง 29 พันธุ์ คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรม พบว่า พันธุ์เชียงใหม่ 5 (1) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีแดง พันธุ์ สท.3 (10) เป็นตัวแทนพันธุกรรมสีม่วง สจ.3 (2) และราชมงคล (14) เป็นตัวแทนพันธุกรรมสีส้ม CM0706-14 (18) และ มข.35 (19) เป็นตัวแทนพันธุกรรมสีฟ้า เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวเกือบ 100 เปอร์เซ็นต์ ที่ K=5 (ภาพที่ 4, ภาคผนวก ตารางที่ 3) ส่วนกลุ่มพันธุ์ ชม.2 (4) ศรีสำโรง (9) เชียงใหม่ 6 (21) สจ.4 (27) สุโขทัย 2 (26) ชม.4 (22) และ CM84-2 (28) มีความผันแปรทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 4 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K =5 ของถั่วเหลืองที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ 29 พันธุ์ คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนเปอร์เซ็นต์สัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างถั่วเหลืองจำนวน 29 พันธุ์ พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 3 กลุ่มหลัก (K = 3) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 3 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีแดง สีฟ้า และสีส้ม เมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 5 แหล่งพันธุกรรม (K=5) ที่แทนด้วยสีแดง ฟ้า ม่วง เหลือง และส้ม โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาคผนวก ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) : การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.88 ถึง 1.00 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงมาก โดยมีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.88 (88%) คือ พันธุ์ สจ.4 และใกล้ชิดกันที่สุด ได้แก่ พันธุ์สุโขทัย 3 (29) และ สท.3 (10) ซึ่งคาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน แสดงค่า similarity coefficient ที่ 0.97 (97%) แสดงให้เห็นว่าพันธุ์นี้อาจมีพันธุกรรมแปรปรวนเล็กน้อยในกลุ่มประชากร (plant to plant variation) ส่วนที่ระดับ 1.00 (100%) ซึ่งได้แก่ เชียงใหม่ 5 จำนวน 4 หมายเลข เป็นตัวอย่างเดียวกันที่ใช้เป็นตัวอย่างควบคุมในการวิเคราะห์ (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

กรมวิชาการเกษตร

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.88 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของถั่วเหลืองทั้ง 29 พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มที่ 1 (cluster A) ประกอบด้วยพันธุ์ สจ.4 (22) และ กลุ่มที่ 2 ที่แยกออกได้เป็นอีกหลายกลุ่มย่อยที่ระดับ similarity coefficient ต่างกันไป โดยกลุ่มย่อย 2.1 (cluster B) ประกอบด้วย พันธุ์ ชม.4 (27) ส่วนกลุ่มย่อย 2.2 แยกย่อยไปอีกเป็น 3 กลุ่มภายใต้ cluster C, D และ E ซึ่งมีค่า similarity coefficient ใกล้ชิดกันมากในระดับถึง 0.86 หรือ 86 เปอร์เซ็นต์ (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในถั่วเหลืองที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ : ถั่วเหลืองที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ มีจำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 5 (1) ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 6 (21และ ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 84-2 (28)) (ขาดพันธุ์เอ็มเจ 9520-21) พบว่าไม่มีตัวอย่างใดมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เหมือนกัน (ภาพที่ 4) แต่ทั้ง 3 พันธุ์มีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมากถึงระดับ 0.96 (96%) (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างพันธุ์เชียงใหม่ 5 พบว่าถูกจัดอยู่ในกลุ่มย่อย 2.2 cluster E มีองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นตัวแทนของพันธุ์แท้ โดยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมสีแดงที่ไม่แปรปรวนที่ระดับ K=3 จนถึง K=10 โดยโครงสร้างพันธุกรรมที่แทนด้วยสีแดงนี้อาจเป็นตัวแทนของคุณลักษณะของการต้านทานโรคราสนิมในถั่วเหลืองได้ (ภาพที่ 3, ภาคผนวก ภาพที่ 1) ทั้งนี้จากประวัติพันธุ์ ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 5 ได้มาจากการนำเมล็ดพันธุ์ถั่วเหลืองพันธุ์เชียงใหม่ 60 ไปฉายรังสีแกมมาปริมาณ 10 krad ในปี 2530 เพื่อชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ จากนั้นทำการคัดเลือกแบบ Pure Line Selection ในชั่ว M4 และ M5 เพื่อให้ได้สายพันธุ์บริสุทธิ์ที่ต้านทานโรคราสนิม 8 สายพันธุ์ (races) ในห้องปฏิบัติการ ซึ่งเป็นลักษณะเด่นของพันธุ์ ให้ผลผลิตสูงกว่าพันธุ์เชียงใหม่ 60 ร้อยละ 12 ในสภาพที่มีการระบาดของโรคราสนิม โดยที่พันธุ์เชียงใหม่ 5 ได้ผ่านการพิจารณาจากกรมวิชาการเกษตรให้เป็นพันธุ์แนะนำเมื่อวันที่ 9 ตุลาคม 2549

ผลการวิเคราะห์พันธุ์เชียงใหม่ 6 พบว่าถูกจัดอยู่ในกลุ่มย่อย 2.2 cluster E ร่วมกับพันธุ์เชียงใหม่ 5 มีความคล้ายคลึงกันระดับ 0.97 มีโครงสร้างพันธุกรรมในลักษณะของลูกผสม โดยมีพันธุกรรมหลักที่ K=5 เป็นสีแดง (56.0%) สีส้ม (24.4%) สีเหลือง (14.9%) และสีม่วงและฟ้ารวมกัน 4.6% จากประวัติพันธุ์ชียงใหม่ 6 เป็นพันธุ์ที่คัดเลือกมาจากคู่ผสมระหว่างสายพันธุ์ KUSL 20004 และพันธุ์เชียงใหม่ 5 โดยมีวัตถุประสงค์ในปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้ได้พันธุ์ที่ผลผลิตสูงกว่าพันธุ์มาตรฐาน สจ. 5 และ เชียงใหม่ 60 ประมาณ ร้อยละ 10 และมีความทนทานต่อโรคราสนิมและต้านทานโรคราน้ำค้าง มีการเจริญเติบโตแบบกึ่งทอดยอด ได้รับรองพันธุ์ในปี 2552 ซึ่งจากลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมพบว่ามีพันธุกรรมสีแดงจากพันธุ์เชียงใหม่ 5 มากกว่าครึ่งหนึ่งของพันธุกรรมหลัก

ผลการวิเคราะห์พันธุ์เชียงใหม่ 84-2 พบว่าถูกจัดอยู่ในกลุ่มย่อย 2.2 cluster E ร่วมกับพันธุ์เชียงใหม่ 5 และพันธุ์ชียงใหม่ 6 โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับพันธุ์เชียงใหม่ 5 และพันธุ์เชียงใหม่ 6 ที่ระดับ 0.96 มีโครงสร้างองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่เหมือนกันกับพันธุ์เชียงใหม่ 6 แต่มีสัดส่วนขององค์ประกอบต่างกัน โดยพันธุ์เชียงใหม่ 84-2 มีพันธุกรรมหลักที่ K=5 เป็นสีแดง (58.9%) สีส้ม (4.8%) สีเหลือง (27.0%) สีม่วง (8.7%) และสีฟ้า (0.7%) จากประวัติพันธุ์นี้ คัดเลือกมาจากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ Chamame กับพันธุ์ 2808 ซึ่งพันธุ์ Chamame มีลักษณะเด่น คือฝักสดเมื่อต้มสุกมีกลิ่นหอมพันธุ์ ความงอก

กรมวิชาการเกษตร

และความแข็งแรงของเมล็ดสูง และมีความต้านทานต่อโรคราสนิม ราน้ำค้าง ในระดับปานกลางในสภาพไร่ รับรองพันธุ์ในปี 2555

สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ (Conclusion and Suggestion)

การศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของถั่วเหลืองที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 จำนวน 3 พันธุ์ โดยบันทึกลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ 14 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะการเจริญเติบโตของลำต้น จำนวนใบย่อย รูปร่างใบย่อย ความหนาแน่นของขนที่ใบ สีขน รูปแบบขนที่ใบ สีของกลีบดอก สีฝักแก่ จำนวนเมล็ดต่อฝัก สีเปลือกเมล็ด สีขั้วเมล็ด เยื่อติดขั้วเมล็ด ความมันของเปลือกเมล็ด และขนาดเมล็ด พบว่า มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาในบางลักษณะที่แตกต่างกัน คือ ลักษณะการเติบโตของลำต้น สีขั้วเมล็ด ส่วนลักษณะอื่นคล้ายกัน ซึ่งผลการศึกษาทางสัณฐานวิทยามีความสอดคล้องกับความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ

การพัฒนาวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์ถั่วเหลืองในระดับดีเอ็นเอ ดำเนินการโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์แล้วจัดทำเป็นแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ผลจากการทดสอบสามารถคัดเลือกเครื่องหมาย ISSR ที่ให้ความคมชัดของแถบดีเอ็นเอได้จำนวน 18 เครื่องหมายเพื่อใช้ในการวิเคราะห์พันธุ์ถั่วเหลืองจำนวนรวมทั้งสิ้น 29 พันธุ์ ประกอบด้วย ถั่วเหลืองที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ 3 พันธุ์ และถั่วเหลืองพันธุ์อื่นอีก 27 พันธุ์ พบว่าสามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 208 ตำแหน่ง เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 86 ตำแหน่ง (41.4%) และตำแหน่งคงที่ 122 ตำแหน่ง (58.6%) มีจำนวนดีเอ็นเอเฉลี่ยเท่ากับ 11.6 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย มีค่าเฉลี่ยความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphism information content: PIC) ที่ 0.90 แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง การวิเคราะห์โครงสร้างความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยแผนภาพ PCoA พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมสูงสุดที่ 31.33 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกความผันแปรทางพันธุกรรมภายในกลุ่มตัวอย่างในระดับต่ำ และมีการกระจายตัวเป็น 5 กลุ่ม การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure) พบว่าจำนวนกลุ่ม (K) ที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษามีจำนวน 3 พันธุกรรมหลักและ 5 พันธุกรรมย่อย โดยที่จำนวน 5 พันธุกรรมเป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด สอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA และภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบทางพันธุกรรมเดียวกันยังมีสัดส่วนขององค์ประกอบมากกว่าหนึ่งรูปแบบซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) โดย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.88 ถึง 1.00 แสดงให้เห็นว่ามีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมาก

กรมวิชาการเกษตร

สามารถจัดกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดได้เป็น 5 cluster (A-E) สอดคล้องกับการจัดด้วยการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.88 สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของถั่วเหลืองทั้ง 29 พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย cluster A ที่มีพันธุ์ สจ.4 จัดอยู่ในกลุ่ม และ กลุ่มที่ 2 ที่แยกย่อยได้อีก 2 กลุ่มย่อย แบ่งเป็นกลุ่ม 2.1 ประกอบด้วย cluster B ที่มีพันธุ์ขอนแก่น จัดอยู่ในกลุ่ม กลุ่ม 2.2 แยกย่อยลงไปอีกได้เป็น 3 cluster (C, D, E) การตรวจสอบเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ของตัวอย่าง 3 พันธุ์ ที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ ได้แก่ พันธุ์เชียงใหม่ 5, เชียงใหม่ 6 และ CM84-2 พบว่าจัดอยู่ในกลุ่ม cluster E ทั้งหมด และอยู่ในกลุ่มย่อยเดียวกันอีก โดยทั้ง 3 พันธุ์นี้มีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมากถึงระดับ 0.96 จากการวิเคราะห์องค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมพบว่าพันธุ์เชียงใหม่ 5 มีลักษณะพันธุกรรมที่เป็นพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมเดียว และอาจเป็นตัวแทนของพันธุกรรมการต้านทานโรคราสนิมของถั่วเหลือง ในขณะที่อีก 2 พันธุ์มีลักษณะของพันธุ์ผสม โดยมีองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมเหมือนกันแต่มีสัดส่วนต่างกัน ทำให้มีคุณลักษณะเด่นประจำพันธุ์ที่ต่างกัน จากการศึกษานี้ทำให้ได้ฐานข้อมูลแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์ถั่วเหลืองที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมและการจัดกลุ่มได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบจำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์ถั่วเหลืองเดิมที่มีอยู่เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลถั่วเหลืองที่ได้นี้ นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์ที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย นอกจากนี้ควรมีการเก็บรักษาพันธุ์ที่มีการตรวจความตรงตามพันธุ์สำหรับการนำมาใช้เป็นมาตรฐานในการเปรียบเทียบกับพันธุ์อื่นอีกด้วย

กรมวิชาการเกษตร

เอกสารอ้างอิง

นพพร สายัมพล, เรวัต เลิศฤทัยโยธิน, รังสฤษดิ์ กาวีต๊ะ และคณะ (บรรณาธิการ). 2542. พืชเศรษฐกิจ. ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ. 471 หน้า.

ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล วีรเดช โขนสันเทียะ รัชนี ขันธหัตถ์ เพียงเพ็ญ ศรวัต ประพิศ วองเทียม ศุภชัย สารกาญจน์ อัจฉรา ลิ่มศิลา. 2553. ฐานข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลังพันธุ์ไทย พันธุ์ลูกผสม และพันธุ์ต่างประเทศ. ผลงานวิจัยดีเด่นและผลงานวิจัยที่เสนอเข้าร่วมพิจารณาเป็นผลงานวิจัยดีเด่นประจำปี 2552. กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. หน้า 16-30.

Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genet Resour. 4: 359–361.

Evanno, G. Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14: 2611- 2620.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567–1587.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resour 9: 1322- 1332.

Koopmans, A. 2005 Biomass energy demand and supply for South and South-East Asia: assessing the resource base. Biomass Bioenergy. 28: 133-150.

Li, M. and D.J. Midmore. 1999. Estimating the genetic relationships of chinese water chestnut (E. dulcis Burm. (f) Hensch) cultivated in Australia, using RAPD. Journal of Horticultural Science and Biotechnolog. 74(2): 224-231.

Oliveira, K.M., Pinto, L.R., Marconi, T.G., Mollinari, M., Ulian, E.C., Chabregas, S.M., Falco, M.C., Burnquist, W., Garcia, A.A.F. and Souza, A.P. 2009. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. Genome. 52(2). Source: https://doi.org/10.1139/G08-105

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version-2.1. New York: Applied Biostatistics.

Rosenberg, N. A. 2003. DISTRUCT: a program for the graphical display of population Structure. Mole Ecol Notes. 4: 137–138.

Silva, D.C., de Souza, M.C.P., Filho, L.S.C.D., Duarte, S.C., Santos, J. M., Souza Barbosa, G.V., Almeida, C. 2012. New Polymorphic EST-SSR Markers in Sugarcane. Sugar Tech 14, 357–363. Source: https://doi.org/10.1007/s12355-012-0184-7

Yu, J. Z., Fang, D. D., Kohel, R. J., Ulloa, M., Hinze, L. L., Percy, R. G., and Jones, D. C. 2012. Development of a core set of SSR markers for the characterization of Gossypium germplasm. Euphytica. 187: 203-213.

กรมวิชาการเกษตร

ภาคผนวก

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์ถั่วเหลืองที่ใช้ในการวิเคราะห์

1-4	เชียงใหม่ 5	9	ศรีสำโรง	17	ลพบุรี(84)	25	สจ.5
2	สจ.3	10	สท.3	18	CM 0706-14	26	สุโขทัย2
3	CM 0701-27	11	จักรพันธุ์ (1)	19	มข.35	27	ชม.4
	ชม.2	12	สจ.2	20	CM 0701-26	28	CM84-2
	อุตสาหะเอ	13	ชม.3	21	เชียงใหม่ 6	29	สุโขทัย 3
	สจ.1	14	ราชมงคล	22	สจ.4		
	สุโขทัย 1	15	ชม.1	23	ขอนแก่น		
	No.75	16	นครสวรรค์1	24	เชียงใหม่ 60		

ตารางที่ 2 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของถั่วเหลือง

No	Sequence 5' – 3'	Polymorphism	Monomorphism	Product (bp)	Number of fragment	PIC
ISSR10	GAG AGA GAG AGA GAG AT	8	11	178-1130	19	0.947
ISSR11	GAG AGA GAG AGA GAG AC	9	9	195-1001	18	0.944
ISSR12	GAG AGA GAG AGA GAG AA	5	7	227-1240	12	0.916
ISSR34	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	6	10	188-941	16	0.937
ISSR35	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	10	8	160-1160	18	0.943
ISSR36	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	4	5	142-425	9	0.888
ISSR40	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	3	13	140-1265	16	0.937
ISSR49	GTG TGT GTG TGT GTG TYA	6	4	347-1230	10	0.894
ISSR57	ACA CAC ACA CAC ACA CYG	4	6	325-1025	10	0.900
ISSR58	TGT GTG TGT GTG TGT GRT	2	7	330-1015	9	0.889
ISSR59	TGT GTG TGT GTG TGT GRC	4	3	352-1200	7	0.857
ISSR79	CTT CAC TTC ACT TCA	4	4	350-950	8	0.874
ISSR80	GGA GAG GAG AGG AGA	2	5	640-1180	7	0.857
ISSR81	GGG TGG GGT GGG GTG	2	5	375-1135	7	0.856
ISSR86	VDV CTC TCT CTC TCT CT	1	13	242-965	14	0.928
ISSR95	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC	11	2	310-1130	13	0.914
ISSR99	CAT GGT GTT GGT CAT TGT TCC A	0	4	430-930	4	0.750
ISSR100	ACT TCC CCA CAG GTT AAC ACA	5	6	255-1090	11	0.909
total		86	122		208	0.896

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ถั่วเหลือง 29 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 5 และ K = 6

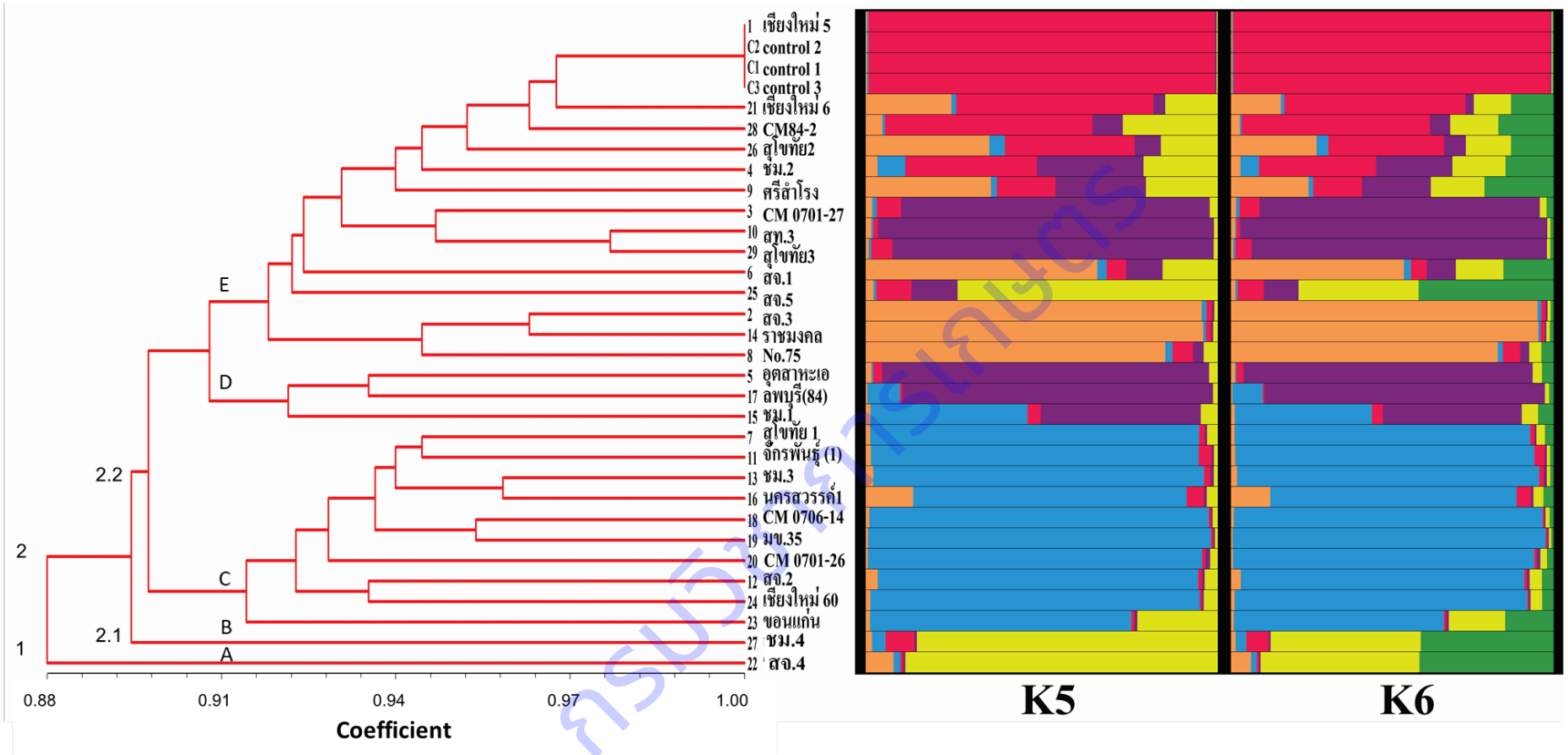
กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
1	-	A	22	สจ.4	7.90%	1.90%	0.80%	0.60%	88.70%	6.20%	1.70%	0.70%	0.60%	49.20%	41.60%
2	2.1	B	27	ชม.4	1.80%	3.80%	8.30%	0.60%	85.40%	1.50%	3.30%	7.00%	0.60%	46.50%	41.20%
	2.2	C	23	ขอนแก่น	1.30%	74.20%	0.90%	0.90%	22.80%	0.90%	65.10%	0.80%	0.80%	17.50%	15.00%
			24	เชียงใหม่ 60	1.40%	93.50%	0.60%	0.50%	4.00%	1.10%	90.80%	0.50%	0.50%	3.60%	3.50%
			12	สจ.2	3.40%	91.00%	1.00%	0.80%	3.70%	3.10%	87.80%	0.90%	0.80%	3.80%	3.60%
			20	CM 0701-26	0.70%	94.90%	0.90%	1.30%	2.20%	0.60%	93.40%	0.80%	1.10%	2.10%	2.00%
			19	มข.35	0.70%	97.40%	0.60%	0.50%	0.80%	0.60%	97.00%	0.50%	0.50%	0.70%	0.70%
			18	CM 0706-14	1.10%	96.40%	0.60%	0.50%	1.50%	0.90%	95.70%	0.50%	0.40%	1.30%	1.20%
			16	นครสวรรค์1	13.50%	77.60%	4.90%	0.80%	3.10%	12.20%	76.40%	4.50%	0.70%	3.10%	3.10%
			13	ชม.3	2.20%	93.90%	1.90%	0.90%	1.10%	1.90%	93.70%	1.50%	0.90%	1.00%	1.00%
			11	จักรพันธุ์ (1)	1.50%	93.10%	3.70%	0.70%	1.10%	1.30%	92.70%	3.30%	0.60%	1.00%	1.10%
			7	สุโขทัย 1	1.30%	93.40%	1.60%	0.70%	3.00%	1.10%	91.60%	1.40%	0.60%	2.60%	2.70%
		D	15	ชม.1	1.40%	44.50%	3.80%	45.40%	4.80%	1.20%	42.50%	3.40%	43.10%	5.10%	4.80%
			17	ลพบุรี(84)	0.50%	9.30%	0.70%	88.20%	1.40%	0.40%	9.40%	0.50%	86.90%	1.30%	1.40%
			5	อุตสาหะเอ	1.70%	0.40%	2.60%	92.80%	2.50%	1.30%	0.40%	2.20%	89.70%	2.90%	3.60%
		E	8	No.75	85.10%	2.00%	5.90%	3.00%	4.00%	82.70%	1.60%	5.40%	2.80%	3.80%	3.80%
			14	ราชมงคล	95.90%	0.80%	1.50%	0.60%	1.30%	95.30%	0.70%	1.30%	0.50%	1.10%	1.10%
			2	สจ.3	95.40%	1.30%	1.60%	0.70%	1.00%	95.00%	1.10%	1.30%	0.60%	0.90%	0.90%
			25	สจ.5	2.30%	0.70%	10.00%	13.10%	73.90%	1.40%	0.60%	8.30%	10.70%	37.20%	41.80%
			6	สจ.1	65.80%	2.60%	5.60%	10.30%	15.70%	53.60%	2.10%	5.00%	9.00%	14.70%	15.50%
			29	สุโขทัย3	0.90%	0.70%	6.10%	91.20%	1.20%	0.70%	0.60%	5.10%	91.60%	1.00%	1.00%
			10	สท.3	1.60%	0.50%	1.40%	95.40%	1.10%	1.30%	0.40%	1.10%	95.20%	1.00%	1.00%

กรมวิทยาศาสตร์บริการ

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ถั่วเหลือง 29 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 5 และ K = 6 (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			3	CM 0701-27	1.90%	1.20%	7.00%	87.60%	2.30%	1.60%	1.10%	6.20%	86.90%	2.10%	2.20%
			9	ศรีสำโรง	35.60%	1.60%	16.70%	25.70%	20.40%	24.10%	1.50%	15.20%	21.30%	16.60%	21.40%
			4	ชม.2	3.40%	7.90%	37.40%	30.20%	21.10%	3.00%	5.70%	36.30%	23.60%	16.50%	14.90%
			26	สุโขทัย2	35.10%	4.40%	36.90%	7.50%	16.20%	26.50%	3.60%	35.90%	6.70%	14.00%	13.20%
			28	CM84-2	4.80%	0.70%	58.90%	8.70%	27.00%	2.80%	0.60%	58.30%	6.30%	14.90%	17.10%
			21	เชียงใหม่ 6	24.40%	1.30%	56.00%	3.30%	14.90%	15.50%	1.00%	56.20%	2.60%	11.50%	13.20%
			C3	เชียงใหม่ 5	0.40%	0.40%	98.40%	0.50%	0.30%	0.40%	0.30%	98.30%	0.40%	0.30%	0.30%
			C1	เชียงใหม่ 5	0.40%	0.40%	98.40%	0.50%	0.30%	0.40%	0.30%	98.30%	0.40%	0.30%	0.30%
			C2	เชียงใหม่ 5	0.40%	0.40%	98.40%	0.50%	0.30%	0.40%	0.30%	98.30%	0.40%	0.30%	0.30%
			1	เชียงใหม่ 5	0.40%	0.40%	98.40%	0.50%	0.30%	0.40%	0.30%	98.30%	0.40%	0.30%	0.30%

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 5 และ K=6ของตัวอย่างถั่วเหลือง 29 พันธุ์ A -I แสดงตำแหน่งของกลุ่ม

การทดลองที่ 3

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของฝ้าย เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

หัวหน้าการทดลอง	นางสาวปาจรีย์ อินทะชุบ	สังกัดสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	Ms. Pajaree Inthachub	Plant Varieties Protection Office
ผู้ร่วมงาน	นายป่าน ปานขาว	สังกัดสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	Mr. Pan Pankao	Plant Varieties Protection Office
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	Ms. Suchirat Sakuanrungsirikul	Khon Kaen field Crops Research Center
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	Mr. Weerakorn Saengai	Khon Kaen field Crops Research Center
	นายวินัย สมประสงค์	สังกัดสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	Mr. Winai Somprasong	Plant Varieties Protection Office

คำสำคัญ

ฝ้าย พันธุ์พืชใหม่ พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

บทคัดย่อ

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพประจำพันธุ์ของฝ้ายที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ 84 – 4 และ ฝ้ายพันธุ์ 85 – 6 วิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใช้จำแนกลักษณะประจำพันธุ์ ได้ 16 ลักษณะ ซึ่งประกอบด้วยลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (Qualitative characteristic : QL) จำนวน 5 ลักษณะ ได้แก่ 1) การปรากฏต่อมน้ำต่อยที่ท้องหรือหลังใบ 2) การปรากฏต่อมพิษบนเส้นใบ 3) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 4) การปรากฏปุยติดเมล็ด และ 5) การหลุดร่วงของปุย และ ลักษณะสัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) จำนวน 11 ลักษณะ ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) สีของลำต้น 3) รูปร่างใบ 4) สีใบ 5) การยกของแผ่นใบบริเวณจักใบ 6) สีกลีบดอก 7) สีอับเรณู 8) สีเรณู 9) รูปทรงของผล 10) สีของปุยติดเมล็ด และ 11) สีของปุยฝ้าย พบว่ามีเพียง 4 ลักษณะที่ใช้จำแนกฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ ได้แก่ 1) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 2) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 3) สีของปุยติดเมล็ด และ 4) สีของปุยฝ้าย แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช พบว่าสามารถใช้สัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) ที่ปรากฏในพืช เพื่อใช้ในการช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) ความลึกของแฉกใบ 2) ชนิดขนที่ปรากฏบนท้องหรือหลังใบ และ 3) ตำแหน่งต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ และจากข้อมูลการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

กรมวิชาการเกษตร

ด้วยวิธี CTAB และวิธีประยุกต์ ทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมด้วยวิธี ISSR-Touchdown PCR พบว่าฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่นี้ มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม

Abstracts

The qualitative morphological analysis of two new plant varieties registered for protection and reference were cotton Tak-fa 84–4 and Tak-fa 86–5. The qualitative morphological analysis was analyzed for 16 characterirtics, which consisted of 5 qualitative characteristic (QL) as follows: 1) nectary gland on dorsal side leaf 2) pigment glands on midrib 3) colour on inside petal base 4) presence of fuzz and 5) lint persistence, and 11 pseudo-qualitative characteristic (PQ) as follows: 1) canopy shape 2) stem colour 3) leaf shape 4) leaf colour 5) leaf ridged 6) petal colour 7) anther colour 8) pollen colour 9) fruit shape 10) seed fluff colour and 11) lint colour. The further studies based on plant taxonomy found that it can be used Pseudo-Qualitative characteristic (PQ) morphology in plants. In order to help differentiate between the two varieties of cotton more clearly, namely 1) the depth of the leaf lobes, 2) the types of hairs appearing on the ventral leaves, and 3) the position of the glands on the ventral leaves. In addition, the data of genetic diversity analysis using CTAB and applied method and genetic differentiation test by method ISSR-Touchdown PCR that both cotton varieties registered are genetically related.

บทนำ

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์ในการส่งเสริมการปรับปรุงพันธุ์และพัฒนาพันธุ์พืช เพื่อให้มีพันธุ์พืชเพิ่มเติมจากที่มีอยู่เดิม อันเป็นการส่งเสริมการพัฒนาทางด้านเกษตรกรรม โดยการส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจด้วยการให้สิทธิและความคุ้มครองตามกฎหมาย ซึ่งพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองต้องมีองค์ประกอบครบถ้วน ดังนี้ (1) มีความใหม่ (novelty) (2) มีความแตกต่างจากพันธุ์อื่นอย่างเด่นชัด (clearly distinctness, D) ที่ปรากฏอยู่ในวันยื่นจดทะเบียน (3) มีความสม่ำเสมอ (uniformity, U) ในกลุ่มประชากรของพันธุ์ (4) มีความคงตัวทางพันธุกรรม (stability, S) และ (5) มีการตั้งชื่อพันธุ์พืช (denomination) ที่ถูกต้องและเหมาะสม ตามกฎหมายในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครองตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 นอกจากต้องมีองค์ประกอบทั้ง 5 ข้อดังที่กล่าวมาแล้ว การพิสูจน์พันธุ์พืชใหม่ด้วยหลักฐานทางพันธุกรรมก็มีความสำคัญ ในกรณีมีข้อพิพาท ในการแอบอ้างหรือละเมิดสิทธิ์ของพันธุ์พืช ซึ่งบางกรณีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่นำมาใช้ตรวจสอบเพื่อพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืชที่เป็นลักษณะภายนอกมีความคล้ายคลึงกันมากจนไม่สามารถจำแนกได้ จึงสามารถใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพ

กรมวิชาการเกษตร

ปัจจุบันเทคโนโลยีด้านการตรวจพันธุกรรมพืชในระดับดีเอ็นเอมีความก้าวหน้าอย่างมาก การใช้เครื่องหมายโมเลกุลหลาหลายชนิดได้เข้ามามีบทบาทมากในการตรวจจำแนกชนิดพืชหลายชนิด และให้ข้อมูลที่มีความแม่นยำสูง สามารถตรวจหาตำแหน่งแปรปรวนซึ่งเป็นลักษณะจำเพาะของพืชแต่ละพันธุ์ได้ ยิ่งไปกว่านั้นปัจจุบันนี้มีการพัฒนาเทคโนโลยีในการตรวจพันธุกรรมพืชที่มีประสิทธิภาพสูง สามารถตรวจข้อมูลพันธุกรรมพืชระดับทั้งจีโนมได้ในเวลาอันรวดเร็ว โดยข้อมูลที่ได้สามารถบอกได้ถึงตำแหน่งแปรปรวนของลำดับนิวคลิโอไทด์ที่มีความจำเพาะต่อพืชได้เกือบทั้งจีโนม สามารถตรวจวิเคราะห์หาตำแหน่งที่แสดงความเหมือนหรือแตกต่างของพืชได้เป็นระดับหมื่นหรือแสนตำแหน่งภายในการวิเคราะห์เพียง 1 ครั้ง ทำให้การวิเคราะห์มีประสิทธิภาพสูงและได้ผลการวิเคราะห์ที่มีความแม่นยำสูงมากเมื่อเทียบกับกับการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมพืชแบบดั้งเดิมที่ใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการตรวจจับซึ่งมีปัญหาในความล่าช้า และตำแหน่งที่ตรวจจับได้มีเพียงระดับร้อยตำแหน่งเท่านั้น ซึ่งไม่ครอบคลุมทั่วทั้งจีโนม ทำให้มีความแม่นยำในการตรวจผลต่ำกว่าวิธีการวิเคราะห์แบบใหม่มาก

ปัจจุบันมีฝ้ายที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 แล้ว 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5 ซึ่งเป็นพืชรับรองพันธุ์ของกรมวิชาการเกษตร และกรมวิชาการเกษตรเป็นหน่วยงานที่รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ เป็นพันธุ์ฝ้ายที่ได้รับการคัดเลือกสายพันธุ์มาจากฝ้ายใบขนในกลุ่มของฝ้ายใหญ่ ซึ่งมีคุณภาพเส้นใยดีกว่าฝ้ายใบขนที่อยู่ในกลุ่มฝ้ายน้อยหรือฝ้ายพันธุ์พื้นเมือง อีกทั้งยังทนทานต่อการเข้าทาลายของเพลี้ยจักจั่นฝ้าย แต่อย่างไรก็ตามในประเทศไทยได้มีการพัฒนาและปรับปรุงพัฒนาพันธุ์ฝ้ายอย่างต่อเนื่อง และมีการการกระจายพันธุ์ของฝ้ายพันธุ์พื้นเมืองอยู่ทั่วประเทศ ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์ฝ้ายใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้อง คุ้มครองสิทธิ ในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช

กรมวิชาการเกษตร

ระเบียบวิธีการวิจัย

1. สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์เพื่อศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ เพื่อบันทึกข้อมูลฝ้าย พันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5 โดยอ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครอง ตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชฝ้าย (Cotton, *Gossypium hirsutum* L.) และแบบคำบรรยายลักษณะชนิดพืชตามหลักอนุกรมวิธานพืช เช่น ต้น ทรงต้น ความสูงต้น ปริมาณขนบนลำต้น ข้อแรกที่ติดกิ่งต้น รูปร่างใบ สีใบ การปรากฏต่อมบนเส้นใบ สีกลีบดอก สีอับเรณู รูปทรงของผล สีของปุยติดเมล็ด เป็นต้น

2. การเก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิงในพิพิธภัณฑ์พืชเพื่อเป็นหลักฐานเชิงประจักษ์

2.1. เก็บตัวอย่างพืช 2 – 3 ชิ้น โดยตัวอย่างพืชที่เก็บ ต้องมีความสมบูรณ์ของใบ ดอก ผล หรือโครงสร้างอื่นๆ ที่สามารถแสดงลักษณะและส่วนประกอบของพืชได้อย่างชัดเจนในปัจจุบัน ไม่เป็นโรคหรือถูกแมลงกัดกิน

2.2. บันทึกข้อมูลเกี่ยวกับพืชที่เก็บตัวอย่าง ได้แก่ สถานที่เก็บ ลักษณะภูมิประเทศ ความสูงจากระดับน้ำทะเล วันที่เก็บ ลักษณะตามแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์เพื่อศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของฝ้าย เพื่อจัดทำป้ายแสดงรายละเอียดพรรณไม้

2.3. การทำตัวอย่างพรรณไม้แห้ง (dry specimen) มีวิธีการ ดังนี้

1) จัดวางลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60-65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5-7 วัน

2) เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง

3) นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆ ที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น

2.4. บันทึกข้อมูลจากป้ายแสดงรายละเอียดพรรณไม้จากตัวอย่างพรรณไม้แห้งเพื่อการอ้างอิง ลงในระบบฐานข้อมูลพรรณไม้อ้างอิงของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (โดยให้หมายเลขตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงตามรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชปลูก)

2.5. จัดเก็บตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพเพื่อเป็นหลักฐานเชิงประจักษ์และเพื่อการอ้างอิง

2.6. บรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชตามหลักอนุกรมวิธานพืช

3. วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของฝ้ายที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5

3.1. นำตัวอย่างพืชใบมาทำการสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี CTAB และวิธีประยุกต์ ทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมในด้วยวิธี ISSR-Touchdown PCR ตามวิธีการของ ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล และคณะ (2553)

3.2. ตรวจผลความแตกต่างขนาดดีเอ็นเอโดยเครื่องมือ Fragment Analyzer วิเคราะห์น้ำหนักโมเลกุล สร้างฐานข้อมูลน้ำหนักโมเลกุล และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ NTSYSpc

3.3. การวิเคราะห์ข้อมูลโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ ได้แก่ วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวอย่าง คำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรม (similarity coefficients) ด้วยวิธี Jaccard's similarity coefficients สร้างตารางเมทริกซ์เพื่อสร้างแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA โดยใช้ซอฟต์แวร์ NTSYS - PC v.2.11 (Rohlf, 2002) วิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

ด้วยวิธี Model-based clustering โดยอาศัยทฤษฎีของ Bayesian ด้วยโปรแกรม STRUCTURE 2.4.3 (Pritchard et al., 2000; Falush et al., 2003; Hubisz et al., 2009) เลือกใช้โมเดล 3 ชนิดคือ admixture, correlated allele frequency และLOCPRIOR (Hubisz et al., 2009) วิเคราะห์หาจำนวนกลุ่มที่เหมาะสมที่สุด ด้วยค่า posterior probability หรือ L(K) (Pritchard, et al., 2000) และค่า ΔK (Evanno, et al., 2005) ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) หาค่าเฉลี่ยของแต่ละ K จาก 10 ซ้ำ ให้ได้ข้อมูล 1 ชุด ด้วยโปรแกรม CLUMPAK server (Kopelman, et al., 2015) แสดงผลรูปภาพด้วยโปรแกรม DISTRUCT (Rosemberg, 2003)

4. วิเคราะห์ผล รายงานผล และสรุป

ผลการวิจัยและอภิปรายผล

การวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

การศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของฝ้ายพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5 อ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครอง ตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชฝ้าย (Cotton, *Gossypium hirsutum* L.) มีการตรวจสอบและจำแนกลักษณะประจำพันธุ์จากสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์ฝ้าย จำนวน 16 ลักษณะ ซึ่งประกอบด้วยลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (Qualitative characteristic : QL) จำนวน 5 ลักษณะ ได้แก่ 1) การปรากฏต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ 2) การปรากฏต่อมพิษบนเส้นใบ 3) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 4) การปรากฏปุยติดเมล็ด และ 5) การหลุดร่วงของปุย และ ลักษณะสัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) จำนวน 11 ลักษณะ ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) สีของลำต้น 3) รูปร่างใบ 4) สีใบ 5) การยกของแผ่นใบบริเวณจักใบ 6) สีกลีบดอก 7) สีอับเรณู 8) สีเรณู 9) รูปทรงของผล 10) สีของปุยติดเมล็ด และ 11) สีของปุยฝ้าย พบว่ามีเพียง 4 ลักษณะที่ใช้จำแนกฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ ได้แก่ 1) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 2) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 3) สีของปุยติดเมล็ด และ 4) สีของปุยฝ้าย แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช พบว่าสามารถใช้สัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) ที่ปรากฏในพืช เพื่อใช้ในการช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) ความลึกของแฉกใบ 2) ชนิดขนที่ปรากฏบนท้องหรือหลังใบ และ 3) ตำแหน่งต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ (ดังตารางแสดงลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และตากฟ้า 86-5)

ตารางแสดงลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และตากฟ้า 86-5

ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ	ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4	ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5
ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (Qualitative characteristic : QL)		
1) การปรากฏต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ	พบ	พบ

กรมวิชาการเกษตร

2) การปรากฏต่อมพิษบนเส้นใบ	ไม่พบ	ไม่พบ
3) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน	พบ	ไม่พบ
4) การปรากฏปุยติดเมล็ด	ล่อน	ล่อน
5) การหลุดร่วงของปุย	ไม่ร่วง	ไม่ร่วง
สัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ)		
1) ลักษณะทรงพุ่ม	ทรงกลม	ทรงกลม
2) สีของลำต้น	สีน้ำตาล	สีน้ำตาล
3) รูปร่างใบ	รูปนิ้วมือ	รูปนิ้วมือ
4) สีใบ	เขียว	เขียว
5) การยกของแผ่นใบบริเวณจักใบ	ยก	ยก
6) สีกลีบดอก	ขาวครีม เมื่อแก่มีสีแถบด้านใน	ขาวครีม ไม่ปรากฏสีแถบด้านใน
7) สีอับเรณู	ครีม	ครีม
8) สีเรณู	เหลือง	เหลือง
9) รูปทรงของผล	รูปรีถึงรูปไข่กว้าง	รูปรีถึงรูปไข่กว้าง
10) สีของปุยติดเมล็ด	ขาว	เขียวอ่อน
11) สีของปุยฝ้าย	ขาว	เขียวอ่อน
สัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) เพิ่มเติมจากการทดลอง		
1) ความลึกของแฉกใบ	แฉกใบลึกประมาณ ½ เท่าของความยาวแผ่นใบ	แฉกใบลึกประมาณ 1/3 เท่าของความยาวแผ่นใบ
2) ชนิดขนที่ปรากฏบนท้องหรือหลังใบ	ขนรูปดาว	ขนรูปดาวและขนยาว
3) ตำแหน่งต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ	เส้นกลางใบ ห่างจากโคนใบประมาณ 1 ซม.	เส้นกลางใบ ห่างจากโคนใบประมาณ 1 ใน 6 ของความยาวเส้นกลางใบ

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84 - 4

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Gossypium herbaceum* L.

วงศ์ MALVACEAE

กรมวิชาการเกษตร

ไม้พุ่ม สูง 1.2 – 1.5 เมตร พุ่มทรงกลม ลำต้นตั้งตรง แตกกิ่งแขนงจำนวนมาก เปลือกต้นมีช่องอากาศ กิ่งอ่อนมีขนแบบยาวนุ่ม กิ่งแก่เกลี้ยง กิ่งอ่อนพบจุดต่อมน้ำมัน ใบเดี่ยว เรียงสลับ แผ่นใบรูปนิ้วมือ 3 - 5 แฉก กว้าง 5 – 13 ซม. ยาว 4 – 10 ซม. แฉกรูปไข่ถึงรูปไข่กว้าง ความลึกของแฉก ประมาณ 0.5 เท่าของความยาวแผ่นใบ โคนใบเว้ารูปหัวใจ ปลายใบแหลม ขอบใบเรียบ แผ่นใบบาง เป็นคลื่นเล็กน้อย แผ่นใบด้านบนมีขนประปรายบริเวณเส้นใบ แผ่นใบด้านล่างมีขนรูปดาว มีจุดต่อมน้ำมันทั้งบนแผ่นใบและเส้นใบ เส้นใบออกจากโคนใบรูปนิ้วมือ จำนวน 5 เส้น มีต่อมที่เส้นกลางใบ ห่างจากโคนใบประมาณ 1 ซม. จำนวน 1 ต่อม ก้านใบยาว 4 – 12 ซม. มีขน หูใบรูปเคียวกว้าง ยาว 0.8 – 1 ซม. กว้าง 0.4 – 0.5 ซม. ร่วงง่าย ดอกเดี่ยว เกิดที่ซอกใบใกล้ปลายกิ่งแขนง ก้านดอกยาว 1 – 3 ซม. มีขนรูปดาวหนาแน่นจำนวนมาก โคนริ้วประดับมีต่อมน้ำต้อย 3 ต่อม ริ้วประดับโคนเชื่อมติดกัน ปลายแยก 3 กลีบ รูปหัวใจกว้างหรือรูปสามเหลี่ยมกว้าง กว้าง 2.5 – 3 ซม. ยาว 3 – 4 ซม. ขอบจักลึกเป็นริ้ว จำนวน 9-(11) ริ้ว มีจุดต่อมน้ำมันกระจายทั่ว ด้านนอกและด้านในมีขนรูปดาว ขอบริ้วประดับมีขนรูปดาวจำนวนมาก กลีบเลี้ยงเชื่อมติดกันรูปถ้วย สีเขียวอ่อน เส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 1 ซม. สูงประมาณ 1 ซม. ปลายจัก 5 แฉก แฉกรูปสามเหลี่ยม กว้างประมาณ 0.5 ซม. ยาวประมาณ 0.5 ซม. ปลายแหลม ขอบเรียบ มีขน ด้านนอกมีขนสั้นเล็กๆ ด้านในบริเวณโคนมีขน ปลายเกลี้ยง กลีบดอกรูประฆัง สีขาวแกมเหลือง กลีบแก่สีชมพู มีปื้นสีชมพูเมื่อดอกบานระยะกลาง เส้นผ่านศูนย์กลางดอก 7 – 8 ซม. จำนวน 5 กลีบ เรียงแบบซ้อนเวียน กลีบดอกรูปไข่กลับ กว้าง 3.6 – 3.8 ซม. ยาว 3.6 – 4.3 ซม. ปลายกลีบดอกมนและเว้าเล็กน้อยด้านหนึ่ง โคนสอบแคบมีขน ขอบเรียบ เกสรเพศผู้เชื่อมติดกลุ่มเดียว หลอดเกสรเพศผู้ยาว 2 – 2.3 ซม. ก้านชูอับเรณูและเรณูจำนวนมาก ก้านอับเรณูติดที่เส้าเกสร และมีความยาวเท่ากัน ยาวประมาณ 3 มม. อับเรณูรูปรี สีเหลือง รังไข่เหนือวงกลีบ รูปไข่ มี 4 คาร์เพล เกลี้ยง ก้านยอดเกสรเพศเมีย ยาวประมาณ 2 ซม. ยอดเกสรเพศเมียสูงกว่าเส้าเกสรเพศผู้ รูปกระบองปลายหยัก 5 พู ผลแบบผลแห้งแตกกลางพู แตก 4 พู รูปรีหรือรูปไข่กว้าง กว้าง 3 – 3.3 ซม. ยาว 4 – 4.2 ซม. ปลายแหลม ยาวประมาณ 3 มม. ผลเกลี้ยง มีจุดต่อมน้ำมัน ผลแก่สี มีริ้วประดับติดคงทนที่ผล เมล็ดน้ำตาลแกมดำถึงสีดำ ไม่เกาะเป็นแพ รูปไข่หรือไต กว้าง 0.5 – 0.6 ซม. ยาว 1 – 1.2 มม เส้นใยสีขาว ล่อนไม่ติดเมล็ด

ลักษณะเด่นประจำพันธุ์ ทนทานต่อเพลี้ยจักจั่นฝ้าย ทนทานต่อโรคใบหงิก มีคุณภาพเส้นใยสูง

ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง หมายเลข BK082902

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะทรงพุ่ม

ลำต้นมีช่องอากาศ

กิ่งอ่อนมีขน

ลักษณะใบ

ต่อมที่เส้นกลางใบ

ลักษณะของดอกในระยะต่างๆ

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะดอกและผล

ผลอ่อน

ผลแก่

ผลแตกแสดงปุยหุ้มเมล็ดสีขาว

กรมวิชาการเกษตร

ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 85 - 6

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Gossypium herbaceum* L.

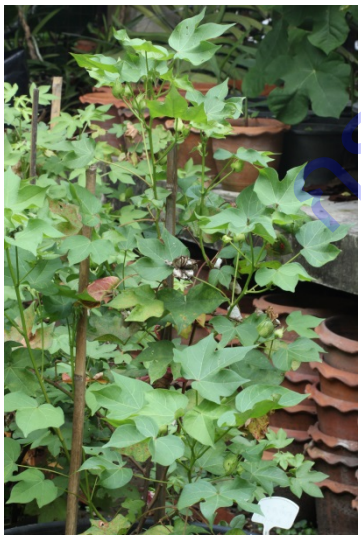
วงศ์ MALVACEAE

ไม้พุ่ม สูง 1 – 1.2 เมตร พุ่มทรงกลม ลำต้นตั้งตรง แตกกิ่งแขนงจำนวนมาก เปลือกต้นมีช่องอากาศ กิ่งอ่อนมีขนแบบยาวนุ่ม กิ่งแก่เกลี้ยง กิ่งอ่อนพบจุดต่อมน้ำมัน ใบเดี่ยว เรียงสลับ แผ่นใบรูปนิ้วมือ 3 - 5 แฉก กว้าง 9 – 14 ซม. ยาว 6 – 12 ซม. แฉกรูปไข่กว้าง ความลึกของแฉก ประมาณ 1 ใน 3 ของความยาวแผ่นใบ โคนใบเว้ารูปหัวใจ ปลายใบแหลม ขอบใบเรียบ แผ่นใบบาง เป็นคลื่นเล็กน้อย แผ่นใบด้านบนมีขนรูปดาว บริเวณเส้นใบ แผ่นใบด้านล่างมีขนรูปดาวและขนยาว มีจุดต่อมน้ำมันทั้งบนแผ่นใบและเส้นใบ เส้นใบออกจากโคนใบรูปนิ้วมือ จำนวน 5-(7) เส้น มีต่อมที่เส้นกลางใบ ห่างจากโคนใบ 1 - 2 ซม. ตำแหน่งที่พบต่อมบนเส้นใบความยาวจากโคนใบประมาณ 1 ใน 6 ของความยาวเส้นกลางใบ จำนวน 1 ต่อม ก้านใบยาว 6 – 14 ซม. มีขน หูใบรูปลิ่มถึงรูปเคียวกว้าง กว้าง 0.3 – 0.6 ซม. ยาว 1 – 1.2 ซม. ร่วงง่าย ดอกเดี่ยว เกิดที่ซอกใบใกล้

ปลายกิ่งแขนง ก้านดอกยาว 1 – 1.5 ซม. มีขนรูปดาวหนาแน่นจำนวนมาก โคนริ้วประดับมีต่อมน้ำต้อย 3 ต่อม ริ้วประดับโคนเชื่อมติดกัน ปลายแยก 3 กลีบ รูปหัวใจกว้างหรือรูปสามเหลี่ยมกว้าง กว้าง 2 – 3.2 ซม. ยาว 3 – 4.2 ซม. ขอบจักลึกเป็นริ้ว จำนวน 9-(11) ริ้ว มีจุดต่อมน้ำมันกระจายทั่ว ด้านนอกมีขนสั้น ด้านในเกลี้ยง ขอบริ้วประดับมีขนรูปดาวและขนยาวไม่มาก กลีบเลี้ยงเชื่อมติดกันรูปถ้วย สีเขียวอ่อน เส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 1 ซม. สูงประมาณ 1 ซม ปลายจัก 5 แฉก แฉกรูปสามเหลี่ยม กว้างประมาณ 0.5 ซม. ยาว ประมาณ 0.5 ซม. ปลายแหลม ขอบเรียบ มีขน ด้านนอกมีขนสั้นเล็กๆ ด้านในบริเวณโคนมีขน ปลายเกลี้ยง กลีบดอกรูประฆัง สีขาวแกมเหลือง กลีบแก่สีชมพู เส้นผ่านศูนย์กลางดอก 6 – 8 ซม. จำนวน 5 กลีบ เรียงแบบซ้อนเวียน กลีบดอกรูปไข่กลับ กว้าง 3.1 – 3.3 ซม. ยาว 3.8 – 4 ซม. ปลายกลีบดอกมนและเว้าเล็กน้อยด้านหนึ่ง โคนสอบแคบมีขน ขอบเรียบ เกสรเพศผู้เชื่อมติดกลุ่มเดียว หลอดเกสรเพศผู้ยาว 1.5 – 1.8 ซม. ก้านชูอับเรณูและเรณูจำนวนมาก ก้านอับเรณูติดที่เส้าเกสร และมีความยาวเท่ากัน ยาวประมาณ 3 มม. อับเรณูรูปรี สีเหลือง รังไข่เหนือวงกลีบ รูปไข่ มี 4 คาร์เพล เกลี้ยง ก้านยอดเกสรเพศเมีย ยาวประมาณ 2 ซม. ยอดเกสรเพศเมียสูงกว่าเส้าเกสรเพศผู้ รูปกระบองปลายหยัก 5 พู ผลแบบผลแห้งแตกกลางพู แตก 4 พู รูปรีหรือรูปไข่กว้าง กว้าง 3.1 – 3.3 ซม. ยาว 4.1 – 4.4 ซม. ปลายแหลม ยาว 5 - 8 มม. ผลเกลี้ยง มีจุดต่อมน้ำมัน ผลแก่สี มีริ้วประดับติดคงทนที่ผล เมล็ดน้ำตาลแกมดำถึงสีดำ ไม่เกาะเป็นแพ รูปไข่หรือไต กว้าง 0.6 – 0.7 ซม. ยาว 1 – 1.2 ซม. เส้นใยสีเขียวอ่อน

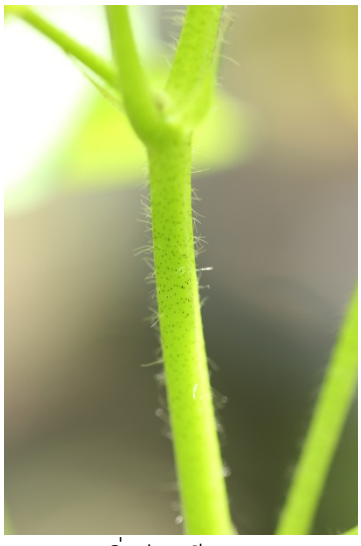
ลักษณะเด่นประจำพันธุ์ เส้นใยสีเขียว

ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง หมายเลข BK082901



ลักษณะทรงพุ่ม

ลำต้นมีช่องอากาศ



กิ่งอ่อนมีขนปกคลุม

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะใบ

ต่อมที่เส้นกลางใบ

ลักษณะดอก

ผลแก่

ผลแตกแสดงปุยหุ้มเมล็ดสีเขียวอ่อน

กรมวิชาการเกษตร

วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของฝ้ายที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่

ตัวอย่างพืชที่นำมาเพื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของฝ้ายพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 29 ตัวอย่างจากฝ้ายที่เก็บรวบรวมมาจากแหล่งปลูกต่างๆ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5 ฝ้ายพันธุ์ปทุมนกคาบ ฝ้ายจันดอกเล็ก ฝ้ายน้อยต้นใหญ่ ฝ้ายใหญ่เมืองเลย ฝ้ายตุ่ยเมืองเลย ฝ้ายภูหลวง ฝ้ายเขียวนาด้วง ฝ้ายตุ่ยนาด้วง ฝ้ายจันนาด้วง ฝ้ายขาวน้อยนาด้วง ฝ้ายขาวใหญ่นาด้วง ฝ้ายขาวนาด้วง ฝ้ายน้อยเชียงคาน ฝ้ายน้ำตาลเชียงคาน ฝ้ายห้ายาน1 ฝ้ายเขียวเชียงคาน ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน ฝ้ายห้ายาน2 ฝ้ายน้ำตาลเชียงคาน2 ฝ้ายขาวเชียงคาน ขี้แมวแก่นแพ ฝ้ายแดงน้อย ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 3 พันธุ์ตากฟ้า 6 และพันธุ์ตากฟ้า 7 (ภาคผนวก ตารางที่ 1)

การคัดเลือกไพร์เมอร์

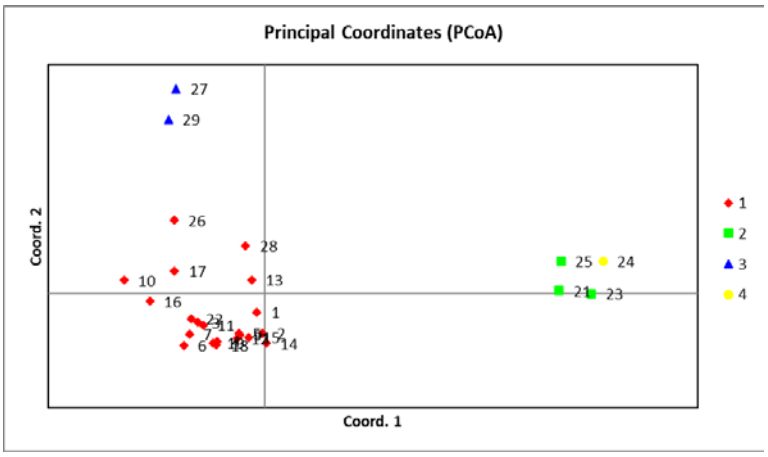
การทดลองนี้ ใช้เครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรม จำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 16 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 2) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของฝ้าย 29 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ตารางที่ 1) พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 145 ตำแหน่ง เฉลี่ย 9.1 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 101 ตำแหน่ง (69.7%) และตำแหน่งคงที่ 44 ตำแหน่ง (30.3%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมปานกลาง มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 195 bp จนถึง 1300 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.8 (ISSR100, ISSR95) จนถึง 0.93 (ISSR66) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.88 (ภาคผนวก ตารางที่ 2) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012)

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA

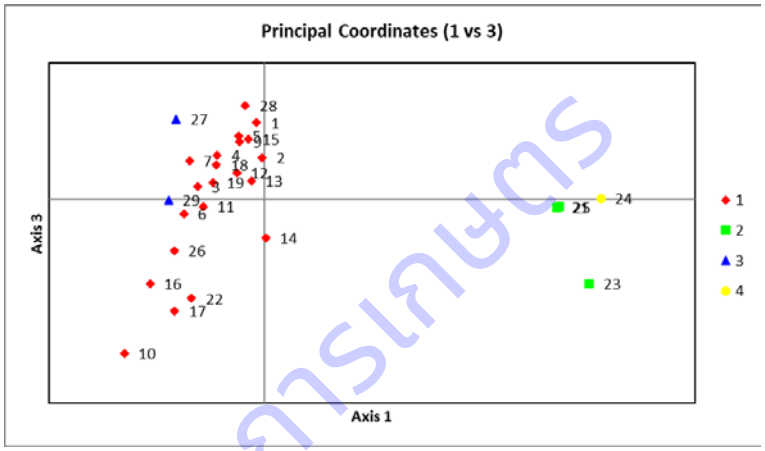
จากการวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างฝ้าย 29 ตัวอย่าง เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 32.98 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 28.35 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 24.36 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับต่ำ จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 4 กลุ่ม โดยกลุ่มสีแดงเป็นกลุ่มใหญ่กระจายอยู่บริเวณกลางแกน กลุ่มสีน้ำเงิน 2 หมายเลข (27: ตากฟ้า7 และ 29: ฝ้ายแดงน้อย) แยกกลุ่มชัดเจน ส่วนสีเหลือง (24: ตากฟ้า6) และสีเขียว (21: ฝ้ายขาวเชียงคาน, 25: ตากฟ้า86-5, 23: ตากฟ้า84-4) เกาะกลุ่มกัน (ภาพที่ 1)

ศูนย์วิทยทรัพยากร

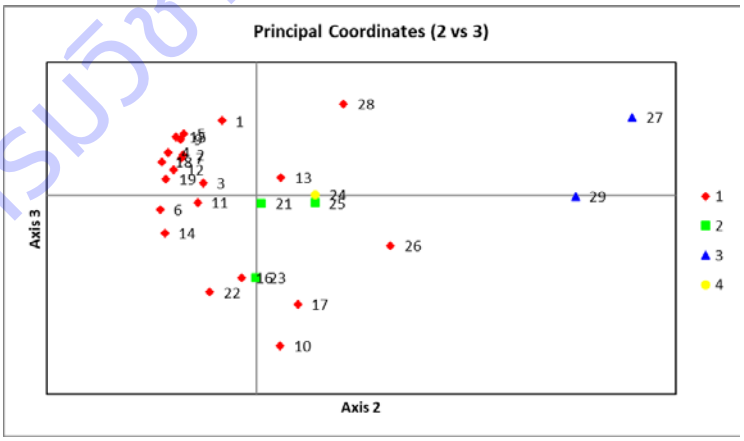
ก



ข



ค



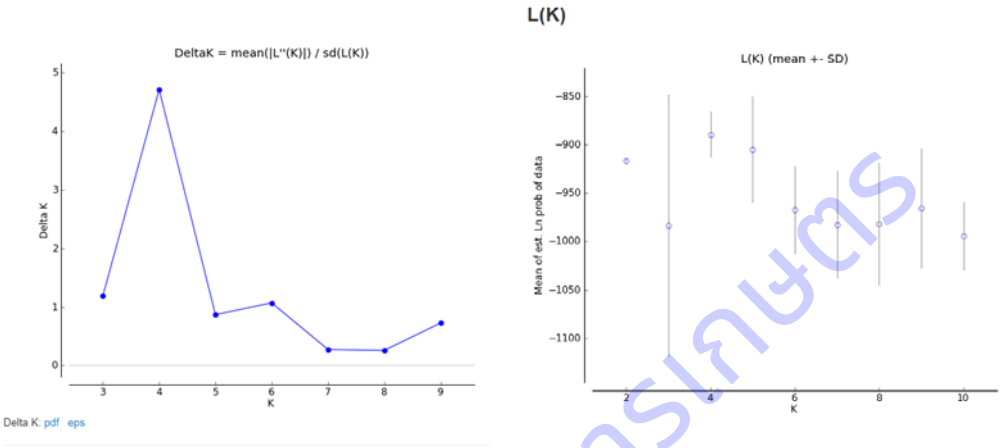
ภาพที่ 1 แผนภาพ PCoA ของฝ้าย 27 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (18.49%) และแกนที่ 2 (14.50%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 32.98% (ข) แกนที่ 1 (18.49%) และแกนที่ 3 (9.86%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 28.35% และ (ค) แกนที่ 2 (14.50%) และแกนที่ 3 (9.86%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 24.36%

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure)

กรมวิชาการเกษตร

เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างรวม 29 พันธุ์ โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 4 และ K=6 โดยค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 4 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 2)

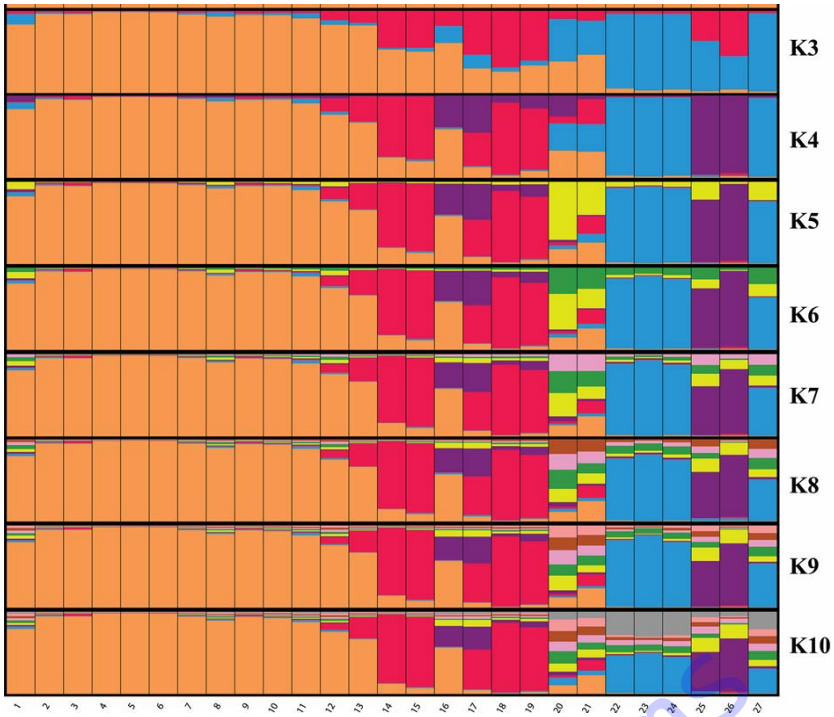
.



ภาพที่ 2 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างฝ้าย 27 ตัวอย่าง

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างฝ้ายที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 4 พันธุกรรมหลัก และพบพันธุกรรมย่อยที่ K ที่สูงขึ้น โดยที่ K = 4 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่จัดได้เป็น 4 กลุ่ม เมื่อพิจารณาที่ K=4 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีแดง และกลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีม่วง เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 5 ถึง 10 พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักแดงมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง ในขณะที่สีส้มมีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง (ภาพที่ 3)

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 3 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของฝ้าย 29 ตัวอย่าง คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรม พบว่า ตัวอย่าง 4 (ฝ้ายน้อยต้นใหญ่2), 18 (ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน) และ 19 (ฝ้ายหำยาน2) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีส้ม เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวเกือบ 100 เปอร์เซ็นต์ ที่ K=4 ถึง 10 (ภาพที่ 3, ภาคผนวก ตารางที่ 3)

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างฝ้าย 29 ตัวอย่าง พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 4 กลุ่มหลัก (K = 4) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 4 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม สีฟ้า ม่วง และสีแดง เมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 6 แหล่งพันธุกรรม (K=6) ที่แทนด้วยสีส้ม ม่วง แดง ฟ้า ม่วง เหลือง และเขียว โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาพที่ 3, ภาคผนวก ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree)

การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.74 ถึง 0.99 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมปานกลาง โดยมีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.74 (74%) คือ หมายเลข 24 (ตากฟ้า6) สอดคล้องกับผลการวิเคราะห์จาก PCoA ส่วนที่

ใกล้ชิดกันที่สุด ได้แก่ หมายเลข 18 (ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน) กับ 19 (ฝ้ายห้วยาน2) ซึ่งคาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน แสดงค่า similarity coefficient ที่ 0.99 (99%) และ หมายเลข 4 (ฝ้ายน้อยต้นใหญ่2) แสดงค่า similarity coefficient 0.97 (97%) กับทั้งสองพันธุ์นี้ ซึ่งอาจเป็นพันธุ์เดียวกันหากพิจารณาจากองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรม (ภาคผนวก ตารางที่ 1)

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.74 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของฝ้ายทั้ง 29 พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มที่ 1 (cluster A) ประกอบด้วยหมายเลข 24 (ตากฟ้า6) ส่วนกลุ่มที่ 2 แยกออกได้อีก 2 กลุ่มย่อยที่ระดับ 0.76 เป็นกลุ่ม 2.1 ที่ประกอบด้วย cluster B มีสมาชิกในกลุ่ม 2 พันธุ์ที่มีค่า similarity coefficient ที่ 0.82 ได้แก่ หมายเลข 29 (ฝ้ายแดงน้อย) และ หมายเลข 27 (ตากฟ้า7) และกลุ่มย่อย 2.2 ประกอบด้วย cluster C มีสมาชิกในกลุ่ม 3 พันธุ์ที่มีค่า similarity coefficient ที่ 0.82 ได้แก่ หมายเลข 25 (ตากฟ้า 86-5), หมายเลข 23 (ตากฟ้า 84-4) และหมายเลข 21 (ฝ้ายขาวเชียงคาน 2) ส่วน cluster D มีสามาชิกในกลุ่ม 21 พันธุ์ ซึ่งมีค่า similarity coefficient ใกล้ชิดกันในระดับ 0.85 ถึง 0.99 ภายในกลุ่มนี้มีพันธุ์ที่คาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน 3 พันธุ์ คือ หมายเลข 18 (ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน) หมายเลข 19 (ฝ้ายห้วยาน2) และหมายเลข 4 (ฝ้ายน้อยต้นใหญ่2) ดังกล่าวข้างต้น (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในฝ้ายที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่

ฝ้ายที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ มีจำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 (23) และฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5 (25) ผลการวิเคราะห์ทั้งสองพันธุ์พบว่าไม่ซ้ำกับพันธุกรรมพันธุ์อื่น จัดอยู่ในกลุ่ม 2.2 cluster C มีค่า similarity coefficient ระหว่าง 2 พันธุ์นี้ที่ 0.84 โดยทั้ง 2 พันธุ์นี้ มีโครงสร้างทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับพันธุ์ฝ้ายขาวเชียงคาน 2 (21) ทั้งโครงสร้างหลักและโครงสร้างย่อย แต่มีสัดส่วนที่ต่างกันเล็กน้อย มีค่า similarity coefficient ที่ 0.85 ซึ่งอาจทำให้ฝ้าย 3 พันธุ์มีความคล้ายกัน

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

การวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

การศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของฝ้ายพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5 อ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครอง ตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชฝ้าย (Cotton, *Gossypium hirsutum* L.) มีการตรวจสอบและจำแนกลักษณะประจำพันธุ์จากสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของฝ้ายพันธุ์จำนวน 16 ลักษณะ ซึ่งประกอบด้วยลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (Qualitative characteristic : QL) จำนวน 5 ลักษณะ ได้แก่ 1) การปรากฏต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ 2) การปรากฏต่อมพิษบนเส้นใบ 3) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 4) การปรากฏปุยติดเมล็ด และ 5) การหลุดร่วงของปุย และ ลักษณะสัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) จำนวน 11 ลักษณะ ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) สีของลำต้น 3) รูปร่างใบ 4) สีใบ 5) การยกของแผ่นใบบริเวณจักใบ 6) สีกลีบดอก 7) สีอับเรณู 8) สีเรณู 9) รูปทรงของผล 10) สีของปุยติดเมล็ด และ 11) สีของปุยฝ้าย พบว่ามีเพียง 4 ลักษณะที่ใช้

กรมวิชาการเกษตร

จำแนกฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ ได้แก่ 1) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 2) การปรากฏสีที่โคนกลีบดอกด้านใน 3) สีของปุยติดเมล็ด และ 4) สีของปุยฝ้าย แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช พบว่าสามารถใช้สัณฐานวิทยาทางคุณภาพเทียม (Pseudo - Qualitative characteristic : PQ) ที่ปรากฏในพืช เพื่อใช้ในการช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) ความลึกของแฉกใบ 2) ชนิดขนที่ปรากฏบนท้องหรือหลังใบ และ 3) ตำแหน่งต่อมน้ำต้อยที่ท้องหรือหลังใบ

การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมจากผลการวิจัย พบว่าสามารถพัฒนาวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์ฝ้ายได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ แล้วจัดทำแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในตัวอย่างฝ้าย 29 ตัวอย่าง พบว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมดมีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันปานกลาง มีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมซ้ำกันที่คาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน 3 หมายเลข คือ หมายเลข 18 (ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน) หมายเลข 19 (ฝ้ายหำยาน2) และหมายเลข 4 (ฝ้ายน้อยต้นใหญ่2) และกลุ่มพันธุ์ที่มีพันธุกรรมใกล้ชิดกันระดับ 0.95 (95%) 4 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายจันดอกเล็ก (2) ฝ้ายภูหลวง (7) ฝ้ายตุ่ยนาด้วง (9) และฝ้ายน้ำตาลเชียงคาน (1) ส่วนพันธุ์อื่นมีความใกล้ชิดกันน้อยกว่าระดับดังกล่าว โดยในจำนวนที่ศึกษานี้ มีตัวแทนของพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีเดียวมากกว่า 97 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ กลุ่มพันธุ์แท้ที่มีพันธุกรรมหลักสีส้ม ประกอบด้วย พันธุ์ฝ้ายน้อยต้นใหญ่ 2 (4), ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน (18) และ ฝ้ายหำยาน2 (9) โดยพบว่ากลุ่มพันธุกรรมสีส้มจำนวน 11 ตัวอย่าง มีพันธุกรรมค่อนข้างนิ่ง และมีโครงสร้างหลักที่แทนด้วยพันธุกรรมสีส้มในระดับตั้งแต่ 83 เปอร์เซ็นต์ ถึง 98 เปอร์เซ็นต์ ส่วนพันธุ์อื่นมีโครงสร้างเป็นแบบลูกผสมเนื่องจากตรวจพบโครงสร้างย่อยที่ค่า K ที่สูงขึ้น โดยในกลุ่มพันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่นั้น 2 พันธุ์ มีพันธุกรรมที่ต่างจากพันธุ์ที่นำมาเปรียบเทียบ แต่มีพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกับ พันธุ์ขาวเชียงคาน 2 (21) ซึ่งอาจทำให้ 2 พันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์ใหม่นี้ มีลักษณะที่คล้ายกับพันธุ์ดังกล่าวได้

การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์ฝ้ายที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบ จำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์ฝ้ายเดิมที่มีอยู่ เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลที่ได้นี้ นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์ฝ้ายที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย อย่างไรก็ตามพบว่าฝ้ายมีปัญหาในการสกัดดีเอ็นเอ จึงอาจส่งผลต่อประสิทธิภาพของเครื่องหมายโมเลกุลและวิธีการ ดังนั้นจึงมีความจำเป็นต้องเพิ่มจำนวนเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้เพื่อเพิ่มตำแหน่งในการตรวจสอบ เพื่อความแม่นยำที่มากขึ้น

กรมวิชาการเกษตร

เมื่อพิจารณาข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของฝ้ายพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 84-4 และฝ้ายพันธุ์ตากฟ้า 86-5 จำแนกออกจากกันได้ชัดเจนด้วยลักษณะสัณฐาน คือ สีของปุยหุ้มเมล็ด ส่วนเมื่อนำข้อมูลการวิเคราะห์ทางความหลากหลายทางพันธุกรรมด้วยวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์ฝ้ายได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอมาร่วมพิจารณากับลักษณะสัณฐานเชิงคุณภาพพบว่าฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ มีความใกล้เคียงทางพันธุ์กรรม เนื่องจากเมื่อโดยการพิจารณาตรวจระบุชนิดพืชตามหลักอนุกรมวิธานพบว่า ทั้ง 2 พันธุ์ มีการพัฒนาปรับปรุงมาจากฝ้ายที่มีชื่อวิทยาศาสตร์ *Gossypium herbaceum* L. (ภาคผนวก: ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure))

เอกสารอ้างอิง

ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล วีรเดช โขนสันเทียะ รัชนี ขันธหัตถ์ เพียงเพ็ญ ศรวัต ประพิศ วองเทียม ศุภชัย สารกาญจน์ อัจฉรา ลิ่มศิลา. 2553. ฐานข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลังพันธุ์ไทย พันธุ์ลูกผสม และพันธุ์ต่างประเทศ. ผลงานวิจัยดีเด่นและผลงานวิจัยที่เสนอเข้าร่วมพิจารณาเป็นผลงานวิจัยดีเด่นประจำปี 2552. กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. หน้า 16-30.

Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genet Resour. 4: 359–361.

Evanno, G. Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14: 2611-2620.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567–1587.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resour 9: 1322- 1332.

Koopmans, A. 2005 Biomass energy demand and supply for South and South-East Asia: assessing the resource base. Biomass Bioenergy. 28: 133-150.

Li, M. and D.J. Midmore. 1999. Estimating the genetic relationships of chinese water chestnut (E. dulcis Burm. (f) Hensch) cultivated in Australia, using RAPD. Journal of Horticultural Science and Biotechnolog. 74(2): 224-231.

Oliveira, K.M., Pinto, L.R., Marconi, T.G., Mollinari, M., Ulian, E.C., Chabregas, S.M., Falco, M.C., Burnquist, W., Garcia, A.A.F. and Souza, A.P. 2009. Characterization of new

กรมวิชาการเกษตร

polymorphic functional markers for sugarcane. Genome. 52(2). Source: https://doi.org/10.1139/G08-105

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version-2.1. New York: Applied Biostatistics.

Rosenberg, N. A. 2003. DISTRUCT: a program for the graphical display of population Structure. Mole Ecol Notes. 4: 137–138.

Silva, D.C., de Souza, M.C.P., Filho, L.S.C.D., Duarte, S.C., Santos, J. M., Souza Barbosa, G.V., Almeida, C. 2012. New Polymorphic EST-SSR Markers in Sugarcane. Sugar Tech 14, 357–363. Source: https://doi.org/10.1007/s12355-012-0184-7

Yu, J. Z., Fang, D. D., Kohel, R. J., Ulloa, M., Hinze, L. L., Percy, R. G., and Jones, D. C. 2012. Development of a core set of SSR markers for the characterization of Gossypium germplasm. Euphytica. 187: 203-213.

ภาคผนวก

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์ฝ้ายที่ใช้ในการวิเคราะห์

ลำดับ	ชื่อพันธุ์	แหล่งที่มา	หมายเลขตัวอย่างอ้างอิง
1	ฝ้ายปทุมนกคาบ	เพชรบูรณ์	16-26082020-01
2	ฝ้ายจันดอกเล็ก	เพชรบูรณ์	16-26082020-02
3	ฝ้ายน้อยต้นใหญ่1	เพชรบูรณ์	16-26082020-03
4	ฝ้ายน้อยต้นใหญ่2	เพชรบูรณ์	16-26082020-04
5	ฝ้ายใหญ่เมืองเลย	เลย	17-27082020-01
6	ฝ้ายตุ่ยเมืองเลย	เลย	17-27082020-02
7	ฝ้ายภูหลวง	เลย	17-27082020-03
8	ฝ้ายเขียวนาด้วง	เลย	17-27082020-04
9	ฝ้ายตุ่ยนาด้วง	เลย	17-27082020-05
10	ฝ้ายจันนาด้วง	เลย	17-27082020-06
11	ฝ้ายขาวน้อยนาด้วง	เลย	17-27082020-07
12	ฝ้ายขาวใหญ่นาด้วง	เลย	17-27082020-08
13	ฝ้ายขาวนาด้วง	เลย	17-27082020-09
14	ฝ้ายน้อยเชียงคาน	เลย	17-27082020-10
15	ฝ้ายน้ำตาลเชียงคาน1	เลย	17-27082020-11
16	ฝ้ายห้ายาน1	เลย	17-27082020-12
17	ฝ้ายเขียวเชียงคาน	เลย	17-27082020-13

กรมวิชาการเกษตร

18	ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน	เลย	17-27082020-14
19	ฝ้ายห้ายาน2	เลย	17-27082020-15
20	ฝ้ายน้ำตาลเชียงคาน2	เลย	17-27082020-16
21	ฝ้ายขาวเชียงคาน	เลย	17-27082020-17
22	แดงน้อย	กรมวิชาการเกษตรบางเขน	
23	ตากฟ้า 84-4	ตากฟ้า นครสวรรค์ (ปลูกที่ BK)	BK22022021-01
24	ตากฟ้า 6	ตากฟ้า นครสวรรค์ (ปลูกที่ BK)	BK22022021-02
25	ตากฟ้า 86-5	ตากฟ้า นครสวรรค์ (ปลูกที่ BK)	BK22022021-03
26	ตากฟ้า 3	ตากฟ้า นครสวรรค์ (ปลูกที่ BK)	BK22022021-04
27	ตากฟ้า 7	ตากฟ้า นครสวรรค์ (ปลูกที่ BK)	BK22022021-05
28	ขี้แมวแก่นแพ	ตากฟ้า นครสวรรค์ (ปลูกที่ BK)	BK22022021-06
29	ฝ้ายแดงน้อย	สถาบันวิจัยพืชสวน	BK22022021-07

ตารางที่ 2 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของฝ้าย

No	Sequence 5’ – 3’	Polymorphism	Monomorphism	Product (bp)	Number of fragments	PIC
ISSR11	GAG AGA GAG AGA GAG AC	6	7	13	195-830	0.922
ISSR17	CAC ACA CAC ACA CAC AA	6	7	13	335-1137	0.918
ISSR40	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	2	9	11	203-692	0.909
ISSR48	CAC ACA CAC ACA CAC ARG	5	1	6	316-1300	0.826
ISSR56	ACA CAC ACA CAC ACA CYA	10	0	10	507-1400	0.895
ISSR57	ACA CAC ACA CAC ACA CYG	9	1	10	387-950	0.899
ISSR58	TGT GTG TGT GTG TGT GRT	6	1	7	350-711	0.857
ISSR60	TGT GTG TGT GTG TGT GRA	6	1	7	290-965	0.857
ISSR66	CTC CTC CTC CTC CTC CTC	10	4	14	476-1300	0.926
ISSR85	BHB GAG AGA GAG AGA GA	7	0	7	204-590	0.857
ISSR86	VDV CTC TCT CTC TCT CT	6	4	10	275-1060	0.899
ISSR87	DVD TCT CTC TCT CTC TC	7	0	7	322-727	0.856
ISSR89	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC	5	5	10	325-1300	0.900
ISSR95	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC	3	2	5	276-654	0.799
ISSR99	CAT GGT GTT GGT CAT TGT TCC A	8	2	10	340-1124	0.900
ISSR100	ACT TCC CCA CAG GTT AAC ACA	5	0	5	395-1088	0.799
total		101	44	145	-	0.876

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ฝ้าย 29 ตัวอย่าง ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K=4 และ K= 8

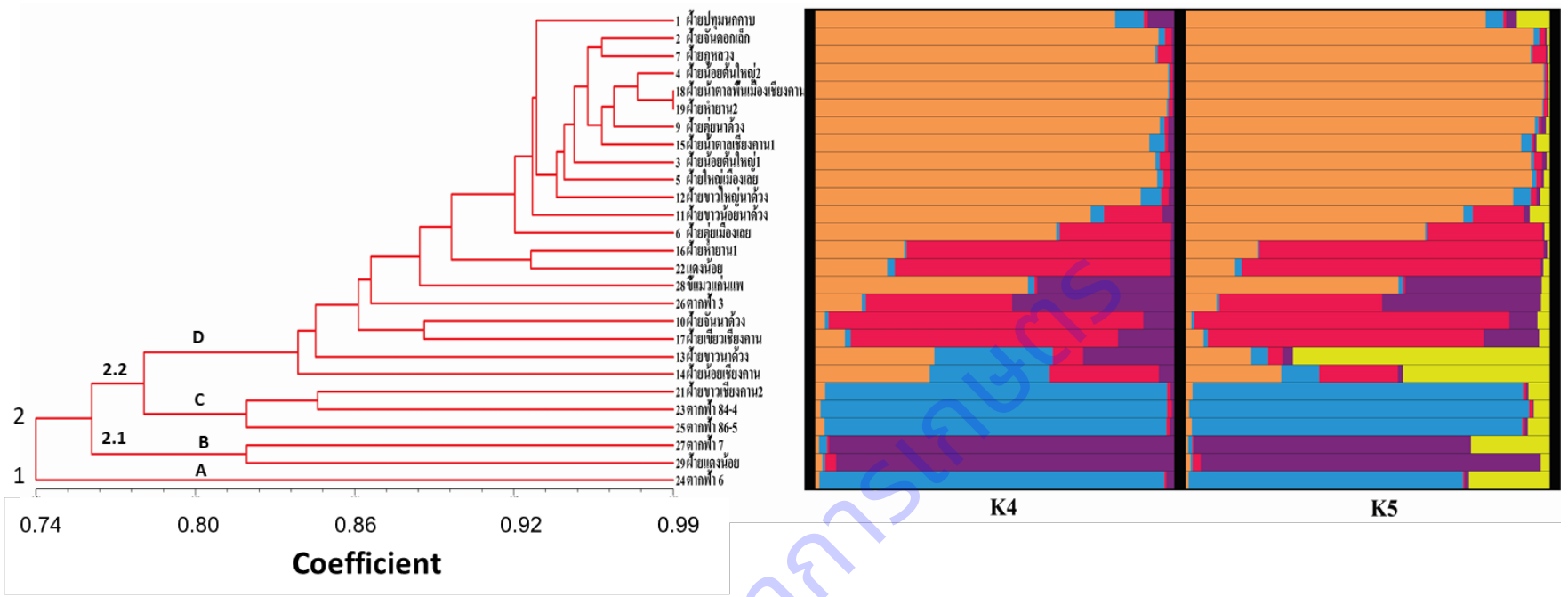
กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=8				
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง
1	-	A	24	ตากฟ้า 6	1.18%	96.06%	0.62%	2.14%	0.80%	75.41%	0.44%	1.16%	22.19%
2	2.1	B	29	ฝ้ายแดงน้อย	1.99%	0.78%	3.09%	94.14%	1.36%	0.52%	2.30%	93.34%	2.48%
			27	ตากฟ้า 7	1.06%	2.23%	0.59%	96.12%	0.74%	1.12%	0.40%	76.12%	21.61%
	2.2	C	25	ตากฟ้า 86-5	2.60%	95.23%	0.89%	1.28%	1.72%	90.75%	0.71%	0.81%	6.01%
			23	ตากฟ้า 84-4	1.48%	96.52%	1.36%	0.64%	0.99%	93.33%	0.94%	0.34%	4.39%
			21	ฝ้ายขาวเชียงคาน2	2.76%	95.25%	0.99%	1.00%	1.89%	90.76%	0.83%	0.67%	5.85%
		D	14	ฝ้ายน้อยเชียงคาน	31.90%	33.39%	30.43%	4.29%	26.27%	10.42%	21.63%	1.41%	40.27%
			13	ฝ้ายขาวนาด้วง	33.19%	32.98%	8.48%	25.35%	18.04%	4.60%	3.96%	2.91%	70.50%
			17	ฝ้ายเขียวเชียงคาน	8.27%	1.63%	74.45%	15.64%	4.96%	1.09%	75.80%	15.25%	2.90%
			10	ฝ้ายจันนาด้วง	2.72%	0.98%	87.70%	8.60%	1.60%	0.64%	86.69%	7.71%	3.36%
			26	ตากฟ้า 3	12.97%	1.11%	40.78%	45.14%	8.52%	0.72%	44.75%	43.63%	2.38%
			28	ขี้แมวแก่นแพ	59.27%	1.79%	0.78%	38.16%	58.47%	1.28%	0.62%	37.44%	2.19%
			22	แดงน้อย	20.04%	2.12%	76.87%	0.97%	13.59%	1.81%	82.20%	0.67%	1.73%
			16	ฝ้ายหำยาน1	24.84%	0.62%	73.52%	1.02%	19.72%	0.48%	78.15%	0.99%	0.67%
			6	ฝ้ายตุ่ยเมืองเลย	67.16%	0.89%	31.17%	0.78%	65.80%	0.60%	31.64%	0.50%	1.46%
			11	ฝ้ายขาวน้อยนาด้วง	76.74%	3.69%	16.34%	3.23%	76.30%	2.55%	13.97%	1.70%	5.48%
			12	ฝ้ายขาวใหญ่นาด้วง	90.66%	5.65%	2.14%	1.55%	89.98%	4.78%	1.63%	0.98%	2.63%
			5	ฝ้ายใหญ่เมืองเลย	95.27%	1.69%	1.92%	1.12%	95.13%	1.19%	1.39%	0.68%	1.61%
			3	ฝ้ายน้อยต้นใหญ่1	94.79%	1.13%	2.84%	1.24%	94.83%	0.83%	2.26%	1.23%	0.84%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ฝ้าย 29 ตัวอย่าง ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K=4 และ K= 8 (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=8				
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง
			15	ฝ้ายน้ำตาลเชียงคาน1	93.06%	4.34%	0.84%	1.76%	92.17%	2.81%	0.68%	0.73%	3.61%
			9	ฝ้ายตุ่ยนาด้วง	96.00%	1.27%	1.06%	1.67%	95.93%	0.97%	0.74%	1.33%	1.02%
			19	ฝ้ายห้ำยาน2	97.97%	0.43%	1.19%	0.41%	98.01%	0.30%	1.03%	0.30%	0.36%
			18	ฝ้ายน้ำตาลพื้นเมืองเชียงคาน	98.34%	0.41%	0.85%	0.40%	98.36%	0.31%	0.71%	0.30%	0.32%
			4	ฝ้ายน้อยต้นใหญ่2	98.32%	0.45%	0.80%	0.43%	98.32%	0.33%	0.63%	0.31%	0.40%
			7	ฝ้ายภูหลวง	94.76%	0.61%	4.02%	0.61%	94.77%	0.50%	3.69%	0.43%	0.61%
			2	ฝ้ายจันดอกเล็ก	95.63%	1.78%	1.91%	0.68%	95.58%	1.52%	1.59%	0.48%	0.83%
			1	ฝ้ายปทุมนกคาบ	83.55%	7.98%	1.09%	7.38%	82.44%	4.79%	0.79%	2.97%	9.01%

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K=4 และ K=5 ของตัวอย่างฝ้าย 29 ตัวอย่าง A -D แสดงตำแหน่งของกลุ่ม cluster

กรมวิชาการเกษตร

การทดลองที่ 4

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของมะม่วง และมะปราง เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

นางสาวพรเพ็ญ สุภาโชค นางสาวนายปณิพัท กิจสมัคร นางสาวณัฐพร เสียงอ่อน
นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล นายวีรกรณ์ แสงไสย์
Pornphen Supachok Paniphat Khitsamak Natthaphon Seirngon
Suchirat Sakuanrungsirikul Weerakorn Saengsai

คำสำคัญ (Key words)

มะม่วง มะปราง พันธุ์พืชใหม่ พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

บทคัดย่อ (Abstracts) ไทยและอังกฤษ

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของมะม่วง และมะปราง เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง โดยการสำรวจและเก็บข้อมูลเพื่อศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะประจำพันธุ์ของมะม่วง และมะปรางที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ได้ข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาของมะม่วง 1 พันธุ์ คือ มะม่วงพันธุ์ทองคำ จำนวน 10 ลักษณะ ดังนี้ ลักษณะเปลือกต้น การแตกกิ่ง การจัดเรียงตัวของใบ สีใบอ่อน ความยาวใบ ความกว้างใบ รูปร่างใบ ลักษณะของปลายใบ สีใบแก่ และรูปร่างผล ได้ข้อมูลลักษณะสัณฐานวิทยาของมะปราง 2 พันธุ์ คือ มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1 และมะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2 จำนวน 10 ลักษณะ ดังนี้ ลักษณะการเจริญเติบโตของทรงต้น สีเปลือกต้น ผิวเปลือกต้น ความยาวใบ ความกว้างใบ รูปร่างใบ ความมันของแผ่นใบ จำนวนครั้งที่ออกดอกภายใน 1 ปี ความกว้างผล และความยาวผล และได้นำมาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยการวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมาย ISSR ได้ข้อมูลของมะม่วง จำนวน 94 พันธุ์และมะปรางจำนวน 21 พันธุ์ พบว่ามีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมมาก

Abstracts

The study of analysis on quality morphological of new cucumber varieties registered under The Plant Variety Protection Act. B.E. 1999 for examination and quoet. Surveyed and Collected of morphological in mango 1 variety; Thong Kham and plum mango 3 varieties; Chao Nuea Thong 1 and Chao Nuea Thong 2. The morphological characteristics of mango from tree bark, attitude of main branches, arrangement of leaf, young and mature leaf color, length and width mature leaf, shape of leaf, apex leaf and fruit shape. The morphological

กรมวิชาการเกษตร

characteristics of plum mango from growth habit, color of trunk surface, trunk surface, length and width mature leaf, shape of leaf, leaf glossiness, number of blossom in 1 year, length and width fruit were obtained 3 herbarium registration numbers and then genetic diversity were also analyzed By DNA fingerprint analysis using ISSR markers, the 94 numbers of mangoes and the 21 numbers of plum mangoes were acquired. It was found that they were very closely related to each other genetically

บทนำ (Introduction)

มะม่วง (Mango) อยู่วงศ์ Anacardiaceae เป็นพืชใบเลี้ยงคู่ มีการกระจายพันธุ์ในประเทศอินเดีย จีน พม่า เวียดนาม ลาว กัมพูชา มาเลเซีย หมู่เกาะสุมาตรา เกาะบอร์เนียวอินโดนีเซีย และไทย (Kostermans & Bompard, 1993) เป็นไม้ต้น เรือนยอดส่วนมากเป็นทรงกลมทึบ เขียวเข้ม มีกลิ่นน้ำมันสน กลิ่นเปรี้ยว เปลือกต้นมักแตกเป็นร่องเล็กๆ หรือเป็นสะเก็ดเป็นแผ่นๆ ตามความยาวลำต้น ใบเดี่ยว เรียงเวียนสลับ ขอบใบเรียบ เกลี้ยง โคนก้านใบบวม ช่อดอกออกที่ปลายยอดหรือซอกใบ ดอกมีทั้งดอกสมบูรณ์เพศและดอกเพศผู้ ดอกเพศผู้มักมี มากกว่าดอกเพศเมีย กลีบเลี้ยงและกลีบดอกมีจำนวนละ 5 กลีบ กลีบดอกเมื่อบานเต็มที่จะพับลง เกสรเพศผู้มี 5 อัน อาจพบ 10 อันบ้างแต่น้อยและมักสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่แบบเหนือวงกลีบ มี 1 ช่อง ก้านชู ยอดเกสรเพศ เมียติดที่ด้านข้างหรือติดเยื้องศูนย์กลางรังไข่ ผลสดแบบผลเมล็ดเดียวแข็ง ผลอ่อนมีน้ำยางขาว เมล็ด แบนมีเสี้ยน ละเอียด (จำลอง, 2518 และ Chayamarit, 2010) มะม่วงเป็นอาหารสามารถรับประทานได้ทั้งผลดิบและผลสุก อีกทั้งถูกนำมาปรับปรุงสายพันธุ์ให้ได้พันธุ์ปลูกที่เป็นพืชเศรษฐกิจมีค่าของประเทศไทยและนิยมปลูกกันทั่วไปประมาณ 100 พันธุ์ (จำลอง, 2518) เช่น มะม่วงน้ำดอกไม้ มะม่วงอกร่อง มะม่วงฟ้าลั่น มะม่วงเขียวเสวย ฯลฯ ใบอ่อน รับประทานเป็นผัก เนื้อไม้ของมะม่วง (*Magifera indica* L.) ยังใช้ทำสิ่งก่อสร้าง ทำลังใส่ของ ในประเทศอินเดียเคยใช้เมล็ดมะม่วงเป็นอาหารในยามขาดแคลนแต่ไม่ควรใช้ติดต่อกันเป็นระยะเวลานาน (สุรีย์และอนันต์, 2540)

มะปราง (Marian plum) อยู่ในวงศ์ Anacardiaceae เป็นวงศ์เดียวกับมะม่วง มีถิ่นกำเนิดทางเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ได้แก่ พม่า ไทย ลาว และมาเลเซีย มะปรางเป็นไม้ยืนต้นขนาดใหญ่ สูงประมาณ 15-30 เมตร ทรงต้นค่อนข้างแหลม มีใบมาก ไม่มีการผลัด กิ่งก้านแตกแขนงจนทึบ รากแก้ว ค่อนข้างแข็งแรงมากจึงสามารถทนความแห้งแล้งได้ดีใบมีรูปร่างคล้ายใบมะม่วงแต่มีขนาดเล็กกว่า ลักษณะยาวรี ช่อดอกมีลักษณะเป็นช่อแตกแขนง (panicle) (กวิศร์และศิริวรรณ, 2552) ผลมะปรางเป็นชนิดเมล็ดแข็ง (drupe) ผลอ่อนมีสีเขียว โดยเมื่อผลแก่จะมีสีเหลืองหรือเหลืองอมส้ม มีทั้งทรงกลมและรูปไข่ขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ มะปรางในประเทศไทยสามารถแบ่งตามรสชาติของผลได้ 3 ประเภท คือ มะปรางหวาน มะปรางเปรี้ยว และมะยงชิด

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืชพ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์ในการส่งเสริมการปรับปรุงพันธุ์และพัฒนาพันธุ์พืชเพื่อให้มีพันธุ์พืชเพิ่มเติมจากที่มีอยู่เดิม อันเป็นการส่งเสริมการพัฒนาทางด้านเกษตรกรรม โดยการส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจด้วยการให้สิทธิและความคุ้มครองตามกฎหมาย ภายใต้พระราชบัญญัตินี้ แบ่งพืชออกเป็น 4 ประเภท ได้แก่ พันธุ์พืชใหม่ พันธุ์พืชพื้นเมืองเฉพาะถิ่น พันธุ์พืชพื้นเมืองทั่วไป และพันธุ์พืชป่า โดยให้ ความคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ด้วยวิธีการจดทะเบียน ผู้ทรงสิทธิเป็นบุคคล/นิติบุคคล

กรมวิชาการเกษตร

ปัจจุบันเนื่องจากกรมวิชาการเกษตร ดำเนินการโดยสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช มีหน้าที่ในการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ ซึ่งมะม่วงเป็นพืชที่มีการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ ทั้งหมดจำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ทองคำ พันธุ์เขียวอินทนนท์ และพันธุ์หอมทอง และมะปราง ทั้งหมด 2 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1 และเนื้อทอง 2 แต่ยังไม่มีข้อมูลลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์พืชและในระดับดีเอ็นเอของพืชพันธุ์ใหม่ดังกล่าว จึงต้องดำเนินการวิจัยเพื่อใช้เป็นเป็นหลักฐานอ้างอิงประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพ เมื่อได้รับสิทธิในการคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ไปแล้ว จะต้องมีการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ได้ เมื่อมีการละเมิดพันธุ์ทางการค้า ซึ่งต้องมีการพัฒนาข้อมูลทางสัณฐานวิทยา และความหลากหลายทางพันธุกรรมของพันธุ์พืชใหม่ สำหรับใช้ประกอบในการตรวจพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืช ในกรณีที่มีการละเมิดสิทธิทางทรัพย์สินทางปัญญา เพื่อใช้เป็นหลักฐานในการปกป้องคุ้มครองสิทธิในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืชต่อไป

ระเบียบวิธีการวิจัย (Research Methodology)

สิ่งที่ใช้ในการทดลอง

1. พืชที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ประกอบด้วยมะม่วงที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 1 พันธุ์ ได้แก่ มะม่วงพันธุ์ทองคำ และ มะปรางที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1 และมะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2

2. มะม่วง และมะปราง ที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Genotyping by sequencing (GBS) ประกอบด้วย พันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 3 พันธุ์ และมะม่วงและมะปรางพันธุ์อื่นที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอีกไม่ต่ำกว่าชนิดละ 45 สายพันธุ์หรือหมายเลข

วิธีการทดลอง แบ่งเป็น 2 ขั้นตอน ได้แก่

ขั้นตอนที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ประกอบด้วย

1.1. ศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของมะม่วง เช่น ลักษณะทรงพุ่มต้น ทรงผลรูปร่างของใบ ปลายใบ สีใบแก่ สีใบอ่อน ความลึกของฐานผล จุกของผล ทรงไหล่ซ้ายของผล ตำแหน่งของนอ การติดดอก การติดผล อายุการเก็บเกี่ยว ขนาดผล และมะปราง เช่น ผิวเปลือกลำต้น รูปร่างฐานใบ จำนวนใบในหนึ่งกิ่ง ความมันแผ่นใบ ขนใต้ใบ การบิดงอของแผ่นใบ การเป็นคลื่นของแผ่นใบ รอยเว้าของขอบใบ สีผลอ่อน สีผลแก่ความแน่นของเนื้อผล รสชาติของผลสุกแก่

1.2. การเก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิงเพื่อการอ้างอิงในพิพิธภัณฑ์พืช

1.2.1 ศึกษาและจัดทำวิธีการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของชนิดพืชที่ศึกษา ซึ่งจำเป็นต้องมีวิธีการเก็บตัวอย่าง การคัดเลือกตัวอย่าง ระยะเวลาที่เหมาะสมสำหรับการคัดเลือกและเก็บตัวอย่าง เพื่อนำมาสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง

1.2.2 เมื่อทราบขั้นตอนวิธีการเก็บตัวอย่างพรรณไม้ที่ศึกษาแล้ว ดำเนินการจัดเก็บตัวอย่างและนำเข้าสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้แห้ง (dry specimens) มีวิธีการดังนี้

กรมวิชาการเกษตร

- เก็บพรรณไม้ให้ครบสมบูรณ์ทุกส่วน จัดลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60 – 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5 - 7 วัน

- เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง

- นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น

1.2.3 สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชแต่ละชนิดที่ศึกษาโดยอาศัยข้อมูลจากแบบบันทึกลักษณะภาคสนามของพันธุ์พืชจากกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช และบันทึกข้อมูลอย่างละเอียดเพื่อจัดทำเป็นคำบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ตามหลักทางพฤกษศาสตร์ ของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการรับรองนั้นๆ

1.2.4 ตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพันธุ์พืชรับรองฯ ที่ศึกษา คัดเลือกมาจำนวน พันธุ์รับรองละ 3 – 5 ตัวอย่าง ตามแต่ความเหมาะสมของตัวอย่างที่สามารถจัดหาได้ บันทึกข้อมูลทางอนุกรมวิธานของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง และจัดเก็บตามระบบการจัดการของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

- ตัวอย่างพันธุ์พืชรับรองจะได้รับการระบุข้อมูลทางอนุกรมวิธานในระดับพันธุ์ โดยนักวิชาการประจำกลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช

- บันทึกข้อมูลจากตัวอย่างพรรณไม้ ลงในระบบฐานข้อมูลพรรณไม้อ้างอิงของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (โดยให้หมายเลขตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงตามรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชปลูก)

- ตัวอย่างอ้างอิงของพันธุ์พืชรับรอง แยกเก็บรักษาไว้ในพื้นที่เฉพาะสำหรับเก็บตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพืชปลูก ในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

- จัดทำคู่มือและดรรชนีของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชพืชใหม่ที่ได้รับการรับรองที่เก็บรักษาในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

ขั้นตอนที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Genotyping by sequencing (GBS)

2.1 สำรวจและรวบรวมพันธุ์มะม่วงและมะปรางพันธุ์อื่นที่มีการปลูกในแหล่งปลูกต่างๆ จำนวนไม่ต่ำกว่าชนิดละ 50 หมายเลข สกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี CTAB และทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมในเบื้องต้นด้วยวิธี ISSR-Touchdown PCR ตามวิธีการของ ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล และคณะ (2555) วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างประชากรโดยการจัดกลุ่มแบบ UPGMA คำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรม (similarity coefficents) ด้วยวิธี Jaccard’s similarity coefficients ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc version 2.0 (Rohlf, 2002) คัดเลือกตัวอย่างที่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมเพื่อการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมด้วยเทคนิค GBS

2.2 การสกัดดีเอ็นเอสำหรับการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค GBS โดยสกัดดีเอ็นเอจากใบด้วยชุดสกัด DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN) สำหรับสร้าง genomic library แล้วตรวจสอบปริมาณและคุณภาพและปริมาณดีเอ็นเอด้วยอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟริซิส และเครื่องสเปกโตรโฟโตมิเตอร์ NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, Delaware USA) และ Qubit® Fluorometer (Invitrogen)

2.3 การสร้าง GBS DNA library ด้วยวิธี RADseq ประกอบด้วย

กรมวิชาการเกษตร

- การย่อยดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะที่อุณหภูมิ 37°C เป็นเวลานาน 3 ชั่วโมง เพื่อคัดเลือกเอนไซม์ตัดจำเพาะที่เหมาะสม จากนั้นทำการเชื่อมดีเอ็นเอที่ย่อยแล้วกับอะแดปเตอร์ที่จำเพาะกับเอนไซม์ (Peterson et al., 2012) ลำดับเบสในอะแดปเตอร์ประกอบด้วยลำดับเบสที่จำเพาะกับสารเคมีที่ใช้ในการหาลำดับเบสด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina, USA) ทำการเชื่อมต่อดีเอ็นเอกับอะแดปเตอร์ โดยเอนไซม์ Invitrogen T4 DNA Ligase (Life Technologies) ที่อุณหภูมิ 23°C นาน 2 ชั่วโมง จากนั้นทำลายเอนไซม์ด้วยความร้อนที่อุณหภูมิ 65°C นาน 10 นาที ทำให้บริสุทธิ์จากอะแดปเตอร์ที่เหลือ และกำจัดเอนไซม์หลังเสร็จปฏิกิริยาโดยใช้ Agencourt®AMPure® XP beads (Beckman Coulter, Brea, CA, USA)

- การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาพีซีอาร์และคัดแยกดีเอ็นเอตามขนาดที่ต้องการ โดยเพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอที่ได้จากข้อ 2.2 โดยใช้ปฏิกิริยาพีซีอาร์ ที่ประกอบด้วยดีเอ็นเอที่เชื่อมกับอะแดปเตอร์, เอนไซม์ Phusion® polymerase, HF Buffer (New England Biolabs), ไพรเมอร์ที่ประกอบด้วย ลำดับเบสจำเพาะต่อ FCA ของ Illumina และ index ของ Illumina และ index ที่จำเพาะต่อจีโนไทป์ที่ออกแบบจำเพาะ โปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอประกอบด้วย อุณหภูมิ 98°C 30 วินาที 1 รอบ, 98°C 10 วินาที, 65°C 30 วินาที, 72°C นาน 30 วินาที จำนวน 14 รอบ และอุณหภูมิ 72°C นาน 5 นาที นำผลผลิตที่เพิ่มปริมาณได้ ไปคัดเลือกชิ้นดีเอ็นเอที่เหมาะสมกับการทำงานของเครื่อง MiSeq ทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ด้วย Gel extraction kit วัดความเข้มข้นของดีเอ็นเอที่ได้แต่ละหมายเลขโดยอาศัย quantitative PCR และปรับให้แต่ละ library มีความเข้มข้น 4 nM

2.4 การวิเคราะห์ผลลำดับเบส นำดีเอ็นเอที่ได้ไปหาลำดับเบสแบบ paired-ended ด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina) ด้วยหลักการ sequencing by synthesis ทำการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสที่ได้แบบ de novo analysis โดยเปรียบเทียบกับข้อมูลของดีเอ็นเอที่ได้จากพันธุ์เก็บรวบรวมมาวิเคราะห์ทั้งหมด วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากค่าความต่างทางพันธุกรรม โดยอาศัยซอฟต์แวร์ GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse, 2006; Peakall and Smouse, 2012)

2.4 การวิเคราะห์ผลลำดับเบส

นำดีเอ็นเอที่ได้ไปหาลำดับเบสแบบ paired-ended ด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina) ด้วยหลักการ sequencing by synthesis ทำการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของมะม่วงที่ได้แบบมี reference ในฐานข้อมูลโดยเปรียบเทียบกับข้อมูลของลำดับเบสของจีโนมมะม่วงที่มีการตีพิมพ์แล้วในฐานข้อมูลสากล วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากค่าความต่างทางพันธุกรรม โดยอาศัยซอฟต์แวร์ GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse, 2006; Peakall and Smouse, 2012)

ส่วนมะปรางนำดีเอ็นเอที่ได้ไปหาลำดับเบสแบบ paired-ended ด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina) ด้วยหลักการ sequencing by synthesis ทำการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสที่ได้แบบ de novo analysis โดยเปรียบเทียบกับข้อมูลของดีเอ็นเอที่ได้จากพันธุ์เก็บรวบรวมมาวิเคราะห์ทั้งหมด วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากค่าความต่างทางพันธุกรรม โดยอาศัยซอฟต์แวร์ GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse, 2006; Peakall and Smouse, 2012)

ระยะเวลาในการทำงานวิจัย : เดือนตุลาคม ปี 2563 – เดือนกันยายน ปี 2564

สถานที่ที่ทำงานวิจัย : กลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช และสถาบันวิจัย พืชไร่ ขอนแก่น

ศรีวิชาการเกษตร

ผลการวิจัย (Results) และอภิปรายผล (Discussion)

1.1. พันธุ์ที่ใช้ในการทดลอง

การศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของมะม่วงและมะปราง เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง พบว่า ได้ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (ลักษณะทางพฤกษศาสตร์และลักษณะประจำพันธุ์) ของมะม่วงจำนวน 1 พันธุ์ และมะปรางจำนวน 2 พันธุ์ ดังนี้

ลำดับ	ชื่อพันธุ์	แหล่งที่มาของพันธุ์	บันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ	ตัวอย่างพรรณไม้แห้ง
1	มะม่วงพันธุ์ทองคำ	เจ้าของพันธุ์ : นายหยอง แซ่ตัน สถานที่ปลูก : 93 หมู่ 1 ตำบลบ่อสุพรรณ อำเภอสองพี่น้อง จังหวัดสุพรรณบุรี	/	/
2	มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1	เจ้าของพันธุ์ : นายบุญชอบ เอมอิ่ม สถานที่ปลูก : 147 หมู่ที่ 5 ตำบลคลองกระจง อำเภอสวรรคโลก จังหวัดสุโขทัย	/	/
3	มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2	เจ้าของพันธุ์ : นายบุญชอบ เอมอิ่ม สถานที่ปลูก : 147 หมู่ที่ 5 ตำบลคลองกระจง อำเภอสวรรคโลก จังหวัดสุโขทัย	/	/

กรมวิชาการเกษตร

1.2. ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ เป็นลักษณะที่ปรากฏชัดเจน หลักเกณฑ์การตรวจสอบลักษณะประจำพันธุ์ของมะม่วง ที่ได้บันทึกในการทดลองนี้ จำนวน 10 ลักษณะ ดังนี้ ลักษณะเปลือกต้น การแตกกิ่ง การจัดเรียงตัวของใบ สีของใบอ่อน ความยาวใบ ความกว้างใบ รูปร่างใบ ปลายใบ สีใบแก่ รูปร่างผล

ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ เป็นลักษณะที่ปรากฏชัดเจน หลักเกณฑ์การตรวจสอบลักษณะประจำพันธุ์ของมะปราง ที่ได้บันทึกในการทดลองนี้ จำนวน 10 ลักษณะ ดังนี้ ลักษณะการเจริญเติบโตของทรงต้น สีเปลือกต้น ผิวเปลือกต้น ความยาวใบ ความกว้างใบ รูปร่างใบ ความมันของแผ่นใบ จำนวนครั้งที่ออกดอกภายใน 1 ปี ความกว้างผล ความยาวผล

มะม่วงพันธุ์ทองคำ

ชื่อวงศ์ ANACARDIACEAE

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Mangifera indica* ‘Thong Kham’

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์หรือลักษณะประจำพันธุ์

ไม้ผลยืนต้นเขตร้อน ไม่ผลัดใบ ทรงพุ่มทึบ สูงประมาณ 8 เมตร ลักษณะลำต้นกลม การแตกกิ่งแขนงจาก ลำต้นหลักจะอยู่ในระดับต่ำแผ่ออกด้านข้าง เปลือกลำต้นขรุขระ ใบ จัดเรียงตัวไม่เป็นระเบียบ เป็นใบเดี่ยว รูปขอบขนาน ใบเกิดบนกิ่งแบบสลับ แผ่นใบหนาแข็ง ก้านใบเรียวยาว 1.5-3 ซม. โคนก้านใบบวม ปลายใบแหลม ขอบใบเรียบ ผิวใบเขียวเข้ม ขนาดใบกว้าง ประมาณ 3.0-5.5 ซม. ยาวประมาณ 15-20 ซม. ใบอ่อนสีเขียวอมเหลือง ดอกออกเป็นช่อตามปลายกิ่ง ก้านดอกรูปทรงกรวยคว่ำ ดอก ประกอบด้วยดอกตัวผู้และดอกสมบูรณ์เพศ ในช่อเดียวกัน มีกลีบรองและกลีบดอกอย่างละ 5 กลีบ ดอกตัวผู้มีเกสรตัวผู้ที่ใช้ได้เพียง 1 อัน ที่เหลืออีก 4 อันเป็นเกสรตัวผู้ที่ไม่พัฒนา สำหรับดอกสมบูรณ์เพศ ประกอบด้วยรังไข่ ทรงกลม มีก้านชูเกสรตัวเมีย 1 อัน และมีเกสรตัวผู้ 5 อัน ผล มีขนาดค่อนข้างเล็ก รูปทรงกลมถึงรูปขอบขนาน ฐานผลกว้าง แล้วสอบเข้าสู่ปลายผล ผลเมื่อสุกเปลือกจะมีสีเหลืองอมส้ม เนื้อภายในสีเหลือง รสหวานคล้ายมะม่วง อกร่อง ติดผลดกอาจถึง 9 ผลต่อหนึ่งช่อ เมล็ดรูปขอบขนาน ค่อนข้างไปทางแบน มีเปลือกหุ้มเมล็ดหนาแข็ง มี เสี้ยนติดเปลือกเมล็ด

อื่นๆ : เป็นมะม่วงกินสุก ออกผลมากกว่า 1 ครั้งต่อปี ผลใหญ่สุดมีน้ำหนัก 7 กรัม และมีความต้านทานต่อโรคและแมลงสูง

เจ้าของพันธุ์ : นายหยอง แซ่ตัน

สถานที่ปลูก : 93 หมู่ 1 ตำบลบ่อสุพรรณ อำเภอสองพี่น้อง จังหวัดสุพรรณบุรี

หมายเลข BK No. 071870 Collector: P. Supachok No. 13

ศูนย์วิทยการเกษตร

(ก)

(ข)

มะปร

ชื่อวงศ์

ชื่อวิท

ลักษณ

(ค)

(ง)

ลักษณะสัณฐานวิทยาของมะม่วงพันธุ์ทองคำ

(ก) ลักษณะการแตกของลำต้น (ข) ลักษณะของทรงพุ่ม (ค) ลักษณะช่อดอก (ง) ลักษณะผล

เป็นไม้ยืนต้นขนาดกลาง ต้นและเรือนยอดแผ่ออก ลำต้น 3-5 เมตร เปลือกไม้ค่อนข้างเรียบ สีน้ำตาล แต่มีการแตกตื้นยาวเป็นสะเก็ดที่เปลือกไม้ ค่อนข้างขรุขระ มีน้ำยางสีขาว ตายอดรูปไข่ ใบเป็นใบเดี่ยวเรียงแบบสลับตรงกันข้าม แผ่นใบแข็งกรอบเป็นมันวาว ใบรูปหอกถึงรูปรี ผิวใบเรียบทั้งสองด้าน ขอบใบเรียบ ปลายใบเรียวแหลม โคนใบมน ขนาดใบกว้างประมาณ 4-5 เซนติเมตร ยาวประมาณ 8-19 เซนติเมตร เส้นใบแตกแบบขนนก เส้นกลางใบแตกนูนเด่นเห็นชัดเจน ก้านใบยาว 1-2 เซนติเมตร ดอกเป็นช่อแยกแขนง ขนาดยาว 7-8 เซนติเมตร ดอกย่อยขนาดเล็ก ออกบริเวณซอกใบ สีเหลืองอ่อนปนเขียว กลีบดอกและกลีบเลี้ยงมี 3-5 กลีบ แยกกัน ดอกมักจะอยู่ข้างหลังใบ ใน 1 ปีมีจำนวนครั้งที่ออกดอกมาก ผลเดี่ยวรูปรีถึงรูปไข่ ขนาดกว้าง 3.8-4.3 เซนติเมตร ยาว 6-6.7 เซนติเมตร ผลอ่อนสีเขียวอ่อน ผลสุกสีเหลืองส้ม (ผลใหญ่มีน้ำหนักประมาณ 50.3 กรัม) เปลือกผลเรียบเป็นมัน เนื้อผลฉ่ำน้ำสีส้ม ในหนึ่งผลสดมี 1 เมล็ด และเมล็ดแข็งสีม่วง

เจ้าของพันธุ์ : นายบุญชอบ เอมอิ่ม

สถานที่ปลูก : 147 หมู่ที่ 5 ตำบลคลองกระจง อำเภอสวรรคโลก จังหวัดสุโขทัย

หมายเลข BK No. 071876 Collector: P. Supachok No. 23-nuethong1-12032020

กรมวิชาการเกษตร

(ก)

(ข)

(ค)

(ง)

ลักษณะสัณฐานวิทยาของมะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1

(ก) ลักษณะของทรงพุ่ม (ข) ลักษณะใบ (ค) ลักษณะช่อดอกอ่อน (ง) ลักษณะผล

มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2

ชื่อวงศ์ ANACARDIACEAE

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Bouea macrophylla* ‘Chao Nuea Thong 2’

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์หรือลักษณะประจำพันธุ์

เป็นไม้ยืนต้นขนาดกลาง ต้นและเรือนยอดแผ่ออก ลำต้น 3-5 เมตร เปลือกไม้ค่อนข้างเรียบ สีน้ำตาล แต่มีการแตกตื้นยาวเป็นสะเก็ดที่เปลือกไม้ ค่อนข้างขรุขระ มีน้ำยางสีขาว ตายอดรูปไข่ ใบเป็นใบเดี่ยวเรียงแบบสลับตรงกันข้าม แผ่นใบแข็งกรอบเป็นมันวาว ใบรูปหอกถึงรูปรี ผิวใบเรียบทั้งสองด้าน ขอบใบเรียบ ปลายใบเรียวแหลม โคนใบมน ขนาดใบกว้างประมาณ 1-5 เซนติเมตร ยาวประมาณ 5-16 เซนติเมตร เส้นใบแตกแบบขนนก เส้นกลางใบแตกนูนเด่นเห็นชัดเจน ก้านใบยาว 1-1.5 เซนติเมตร ดอกเป็นช่อแยกแขนง ยาว 5-8 เซนติเมตร ดอกย่อยขนาดเล็ก ออกบริเวณซอกใบ สีเหลืองอ่อนปนเขียว กลีบดอกและกลีบเลี้ยงมี 3-5 กลีบ แยกกัน ดอกมักจะอยู่ข้างหลังใบ ผลเดี่ยวรูปรีถึงรูปไข่ ขนาดกว้าง 4.5-5.0 เซนติเมตร ยาว 6-7 เซนติเมตร ผลอ่อนสีเขียวอ่อน ผลสุกสีเหลืองส้ม (ผลใหญ่มี น้ำหนักประมาณ 50.3 กรัม) เปลือกผลเรียบเป็นมัน เนื้อผลฉ่ำน้ำสีส้ม ในหนึ่งผลสดมี 1 เมล็ด และเมล็ดแข็งสีม่วง

เจ้าของพันธุ์ : นายบุญชอบ เอมอิ่ม

สถานที่ปลูก : 147 หมู่ที่ 5 ตำบลคลองกระจง อำเภอสวรรคโลก จังหวัดสุโขทัย

หมายเลข BK No. 071875 Collector: P. Supachok No. 24-nuethong2-12032020

กรมวิชาการเกษตร

(ก)

(ข)

1.3.

(ค)

(ง)

ลักษณะสัณฐานวิทยาของมะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2

(ก) ลักษณะของทรงพุ่ม (ข) ลักษณะใบ (ค) ลักษณะช่อดอกอ่อน (ง) ลักษณะผล

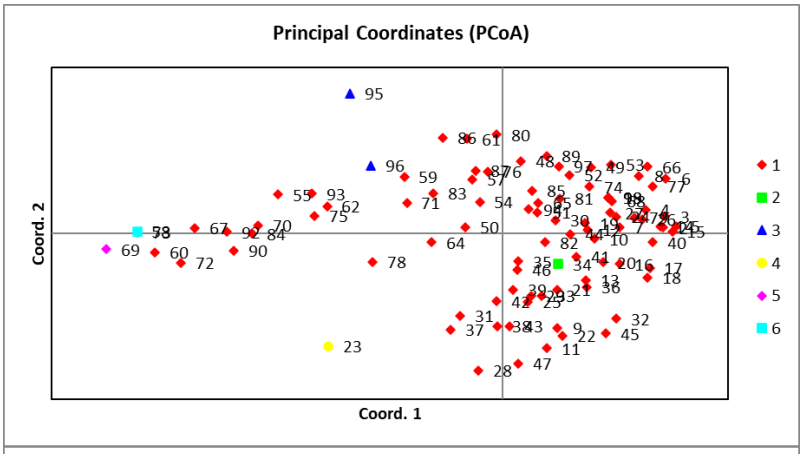
การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานเชิงคุณภาพระดับดีเอ็นเอในมะม่วง

การคัดเลือกไพร์เมอร์: ในการทดลองนี้ใช้เครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 18 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 3) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงจำนวน 94 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 1) พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 129 ตำแหน่ง เฉลี่ย 7.2 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 78 ตำแหน่ง (60.5%) และตำแหน่งคงที่ 51 ตำแหน่ง (39.5%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างที่วิเคราะห์มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 172 bp จนถึง 1347 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.50 (ISSR43) จนถึง 0.91 (ISSR46, 57) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.82 (ภาคผนวก ตารางที่ 3) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012)

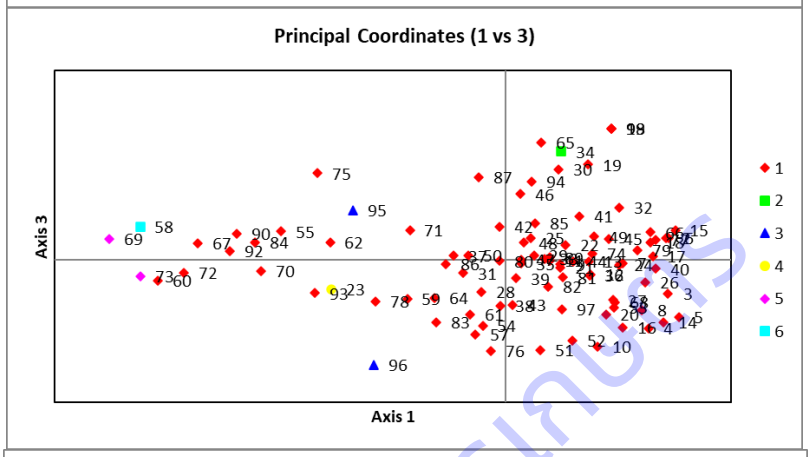
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA : จากการวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างมะม่วง 94 พันธุ์ เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 26.87 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 23.36 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 15.01 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมน้อย จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวอยู่บริเวณกลางภาพ แสดงถึงมีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม ซึ่งอาจแบ่งได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มสีแดงเป็นกลุ่มใหญ่ที่กระจายครอบคลุมส่วนกลางภาพ มีหมายเลข 95 และ 96 ซึ่งได้แก่ แก้ว และ หนองแซง แยกจากกลุ่มใหญ่ แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมจากกลุ่มอื่น (ภาพที่ 1)

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

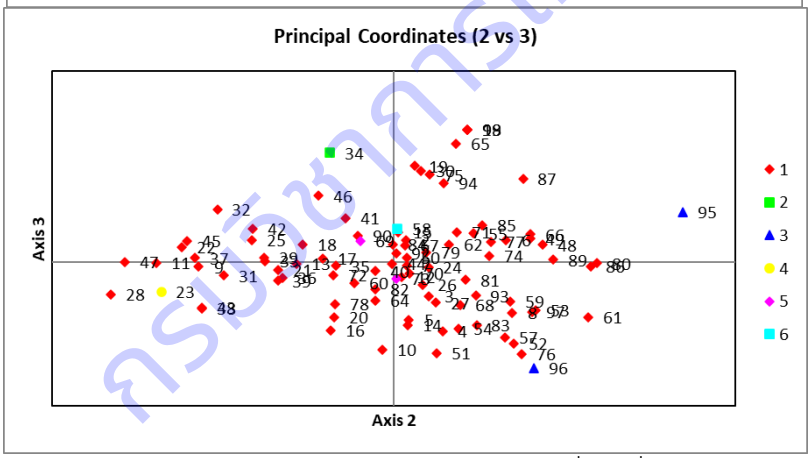
ก



ข



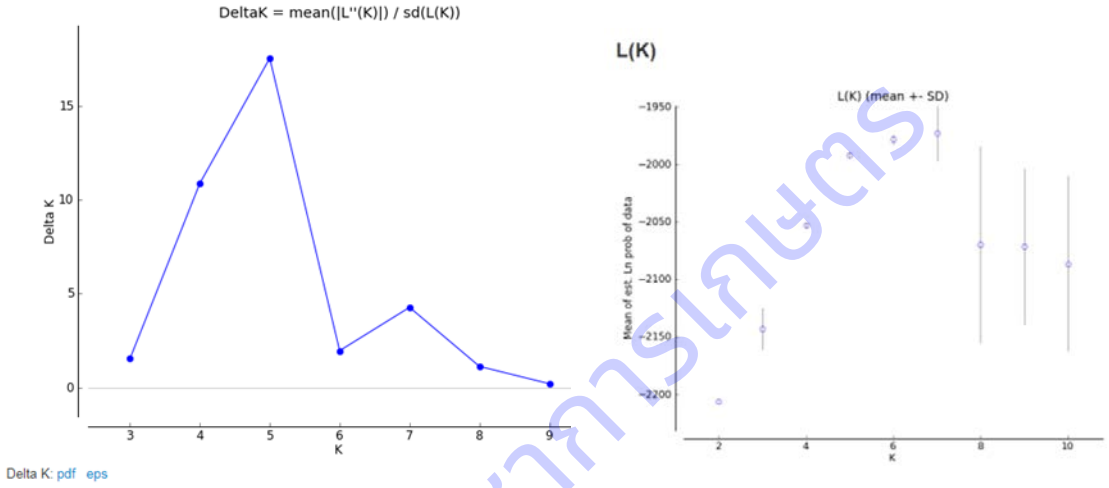
ค



ภาพที่ 1 แผนภาพ PCoA ของมะม่วง 94 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (17.61%) และแกนที่ 2 (9.26%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 26.87% (ข) แกนที่ 1 (17.61%) และแกนที่ 3 (5.75%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 23.36% และ (ค) แกนที่ 2 (9.26%) และแกนที่ 3 (5.75%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 15.01%

กรมวิชาการเกษตร

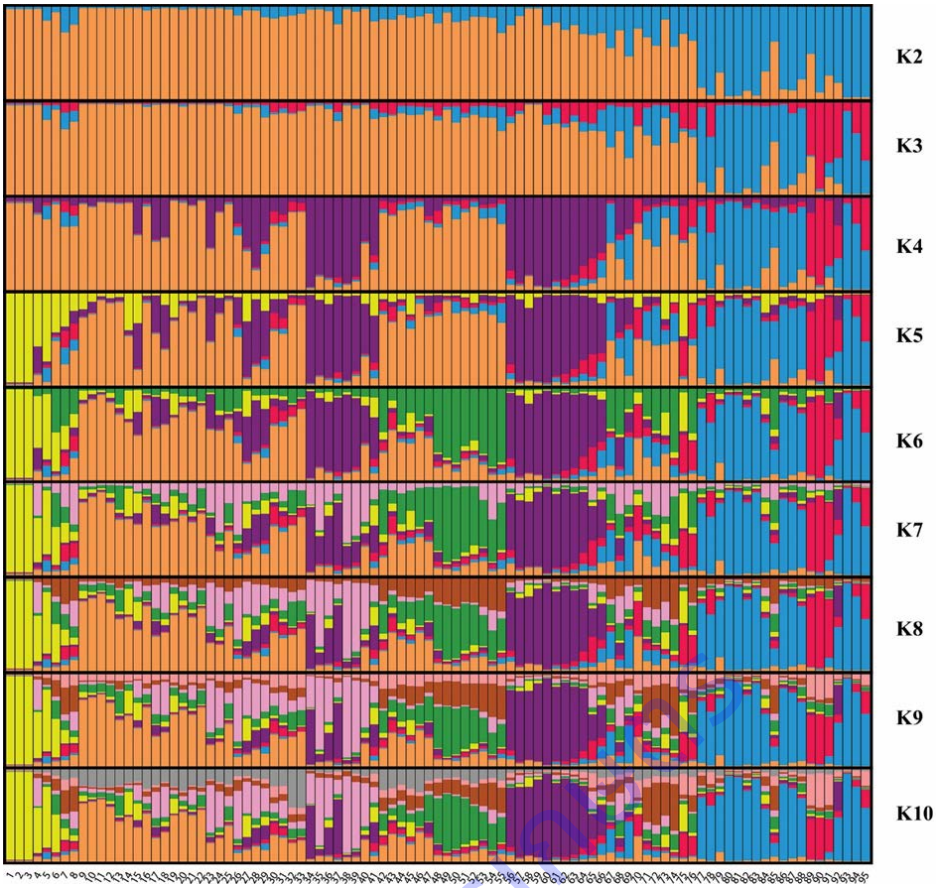
การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure) : เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของมะม่วงแต่ละตัวอย่างรวม 94 พันธุ์ โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 5 และค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 4, 5 และ 6 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 2)



ภาพที่ 2 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างมะม่วง 94 พันธุ์

ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่าค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างมะม่วงที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 5 พันธุกรรมหลัก โดยที่ K = 5 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 2) เมื่อพิจารณาที่ K= 4 โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า และกลุ่มที่ 4 คือ กลุ่มสีม่วง เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 5 ที่มีค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีม่วง และกลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มสีเหลือง โดยเมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K ที่เพิ่มขึ้นจากตั้งแต่ K=3 ถึง 10 นั้นพบว่า ทุกสีพันธุกรรมมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง โดยที่ K=5 พันธุกรรมสีส้มแยกออกเป็น 2 กลุ่ม เช่นเดียวกันกับพันธุกรรมสีแดงที่พบโครงสร้างย่อยที่ระดับ K=7 ถึง 10 (ภาพที่ 3)

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 3 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของมะม่วง 94 พันธุ์ คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรมที่มีความคงตัว ตั้งแต่ที่ระดับ K=5 ถึง 10 พบกลุ่มพันธุ์ที่มีพันธุกรรมคงตัวและมีสัดส่วนพันธุกรรมสีหลักสูงกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 2 หมายเลข ได้แก่ พันธุกรรมสีเหลืองหมายเลข 1 (พันธุ์หงสาวดี) และพันธุกรรมสีฟ้า (พันธุ์ 3 ฤดู1) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีดังกล่าวได้ (ภาคผนวก ตารางที่ 3)

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างมะม่วงจำนวน 94 พันธุ์ พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 5 กลุ่มหลัก (K = 5) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 5 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม ม่วง ฟ้า เหลือง และแดง ซึ่งเป็นกลุ่มพันธุกรรมที่มีการจัดกลุ่มได้ดีที่สุด โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาพที่ 3)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) : การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของมะม่วงพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.74 ถึง 1.00 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมปานกลาง โดยมีกลุ่มตัวอย่างที่มี

พันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.74 (74%) จำนวน 1 หมายเลข ได้แก่ หมายเลข 58 ซึ่งได้แก่พันธุ์กระแตลืมรัง2 แต่พบว่าตัวอย่างหมายเลขนี้มีปัญหาด้านความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอ จึงอาจเป็นสาเหตุให้เกิดความผิดปกติของการตรวจจับดีเอ็นเอได้ ส่วนที่ใกล้ชิดกันที่สุดถึง 1.00 (100%) คือกลุ่มตัวอย่างควบคุมหมายเลข 1 (พันธุ์หงสาวดี) นอกจากนั้นแล้วเป็นกลุ่มพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดกันในระดับ 0.99 (99%) อีกจำนวน 4 คู่ ได้แก่ หมายเลข 2 กับ 40 (พันธุ์แห้ว1, ขุนทิพย์พิเศษ1) หมายเลข 3 กับ 26 กับ 27 (แห้ว5, ฟ้าลั่น4, ฟ้าลั่น 3) หมายเลข 4 กับ 5 (เทพรสนครพนม1, 2) และหมายเลข 32 กับ 45 (นวลจันทร์5 กับ ขุนทิพย์ (พิเศษ)3) ซึ่งแม้จะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงแต่ตรวจพบสัดส่วนโครงสร้างย่อยที่ต่างกันในระดับ K ที่สูงขึ้น จึงทำให้พันธุ์เหล่านี้อาจมีความแตกต่างกันเล็กน้อยได้ (ภาพที่ 3, ภาคผนวก ตารางที่ 5)

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.74 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะม่วงทั้ง 94 พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มที่ 1 ที่มีหมายเลข 58 (พันธุ์กระแตลืมรัง 2) จัดอยู่เป็น cluster A โครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีฟ้าและแดง ส่วนกลุ่มที่ 2 แยกออกได้อีก 2 กลุ่มย่อยที่ระดับ 0.79 เป็นกลุ่ม 2.1 ที่ประกอบด้วย cluster B และ C มีความใกล้ชิดกันระดับ 0.82 (82%) และกลุ่มย่อย 2.2 ที่ ประกอบด้วย cluster D และ E ซึ่งมีความใกล้ชิดกันมากขึ้นในระดับ 0.84 (84%) ถึง 1.00 (100%) (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ภายใน cluster E ยังสามารถแบ่งเป็น cluster ย่อยได้อีกหลาย cluster ซึ่งภายใน cluster E นี้ มีโครงสร้างหลักเป็นสีส้ม ม่วง และเหลือง ที่ K=5 ในสัดส่วนที่สูง และโครงสร้างสีฟ้าในสัดส่วนที่ต่ำ (ภาคผนวก ตารางที่ 5)

ผลการตรวจวิเคราะห์พบว่าภายใน cluster E นี้ พบกลุ่มพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดกันในระดับ 0.99 (99%) จำนวน 4 คู่ ดังกล่าวข้างต้น ส่วนพันธุ์อื่นไม่มีพันธุ์ที่มีพันธุกรรมเดียวกัน

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในมะม่วงที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ : พันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่มี 1 พันธุ์ ได้แก่ มะม่วงพันธุ์ทองคำ

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างพันธุ์ทองคำ (97) พบว่า ไม่มีพันธุกรรมซ้ำกับพันธุ์ใด โดยจัดอยู่ใน cluster E ร่วมกลุ่มกับ พันธุ์มันสายฝน และ พันธุ์ระเด่นเขียว 1 และ 2 โดยมีความใกล้ชิดกันระดับ 0.95 (95%) มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นส้มในสัดส่วนที่สูงถึง 84 เปอร์เซ็นต์ และสีฟา สีแดง สีม่วง ที่ K=4 ในสัดส่วน 3.55%, 9.63% และ 2.61% ตามลำดับ (ภาคผนวก ตารางที่ 5 และภาพที่ 1)

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานเชิงคุณภาพระดับดีเอ็นเอในมะปราง

การคัดเลือกไพร์เมอร์: ในการทดลองนี้ใช้เครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 18 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 4) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะปราง 21 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 2) พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 119 ตำแหน่ง เฉลี่ย 6.6 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 52 ตำแหน่ง

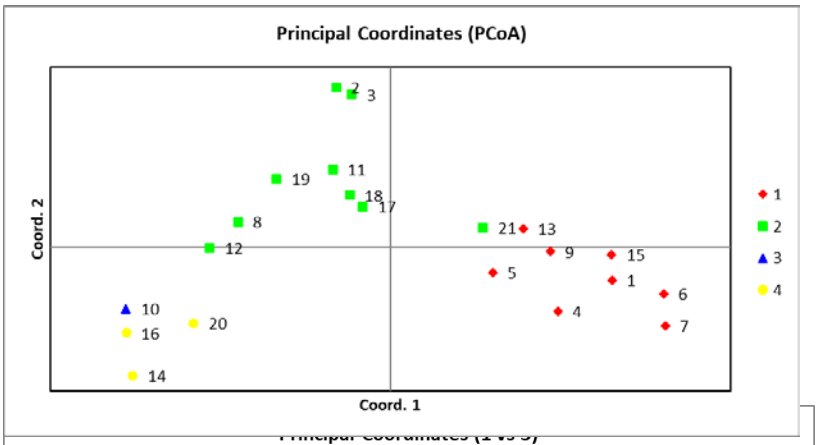
กรมวิชาการเกษตร

(43.7%) และตำแหน่งคงที่ 73 ตำแหน่ง (61.3%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างที่วิเคราะห์มีความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับค่อนข้างต่ำ มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 120 bp จนถึง 1300 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.0 (ISSR92) จนถึง 0.91 (ISSR40) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.79 (ภาคผนวก ตารางที่ 4) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012) พบปัญหาตัวอย่างใบปนเปื้อนเชื้อรา จากการเก็บตัวอย่างที่ไม่เหมาะสม ส่งผลต่อประสิทธิภาพของเครื่องหมายโมเลกุล (ค่า PIC) เนื่องจากต้องคัดแยกเฉพาะตำแหน่งดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อพืช

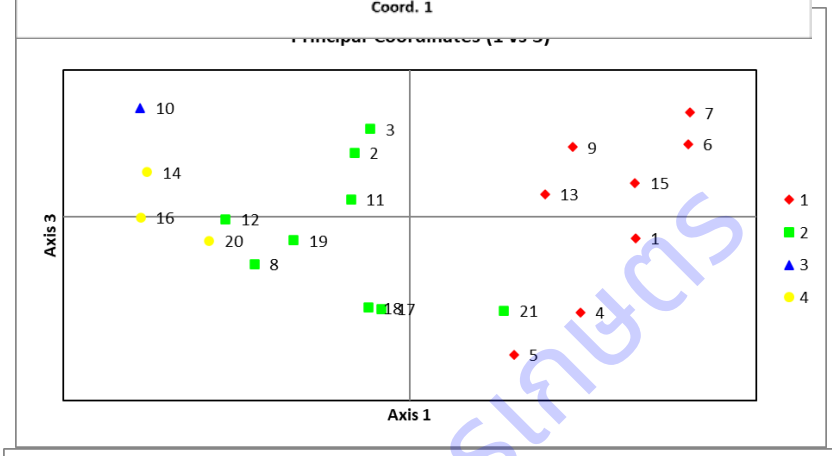
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA : จากการวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างมะปราง 21 พันธุ์ เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 47.07 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 46.06 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 19.13 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 6 กลุ่มหลัก โดยมีกลุ่มพันธุ์ที่แทนด้วยสีแดง และสีเขียว เป็นกลุ่มใหญ่กระจายตัวอยู่รอบแกนกลาง น้ำเงิน (10) ซึ่งได้แก่ มะปรางป่า (*Boea macrophylla*) แยกยอยู่บริเวณขอบภาพ แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมจากกลุ่มอื่น (ภาพที่ 4)

กรมวิชาการเกษตร

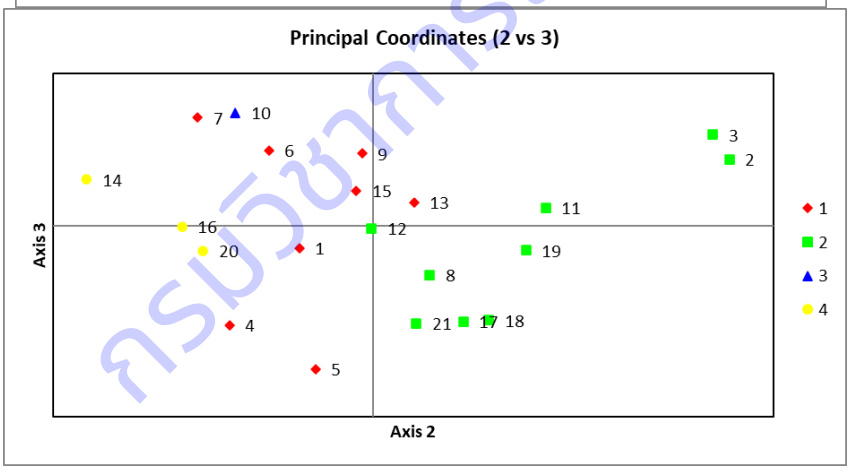
ก



ข



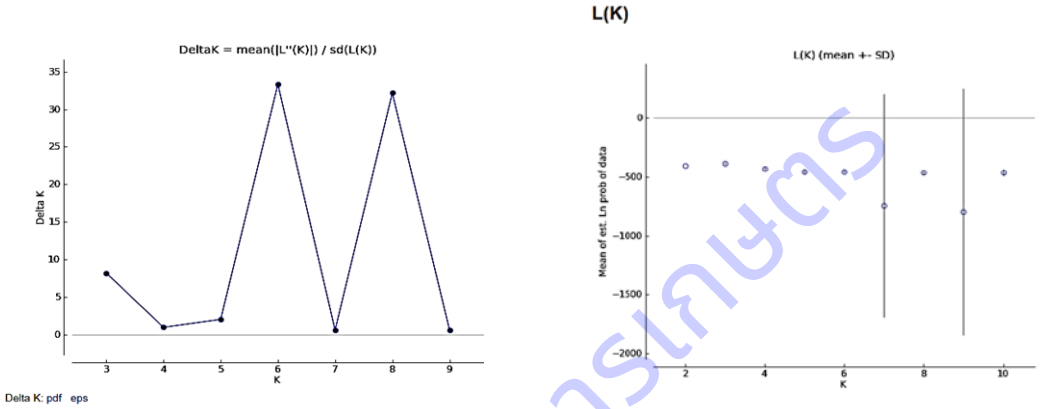
ค



กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 4 แผนภาพ PCoA ของมะปราง 21 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 2) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (37.%) และแกนที่ 2 (10.07%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 47.07% (ข) แกนที่ 1 (37.0%) และแกนที่ 3 (9.06%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 46.06% และ (ค) แกนที่ 2 (10.07%) และแกนที่ 3 (9.06%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 19.13%

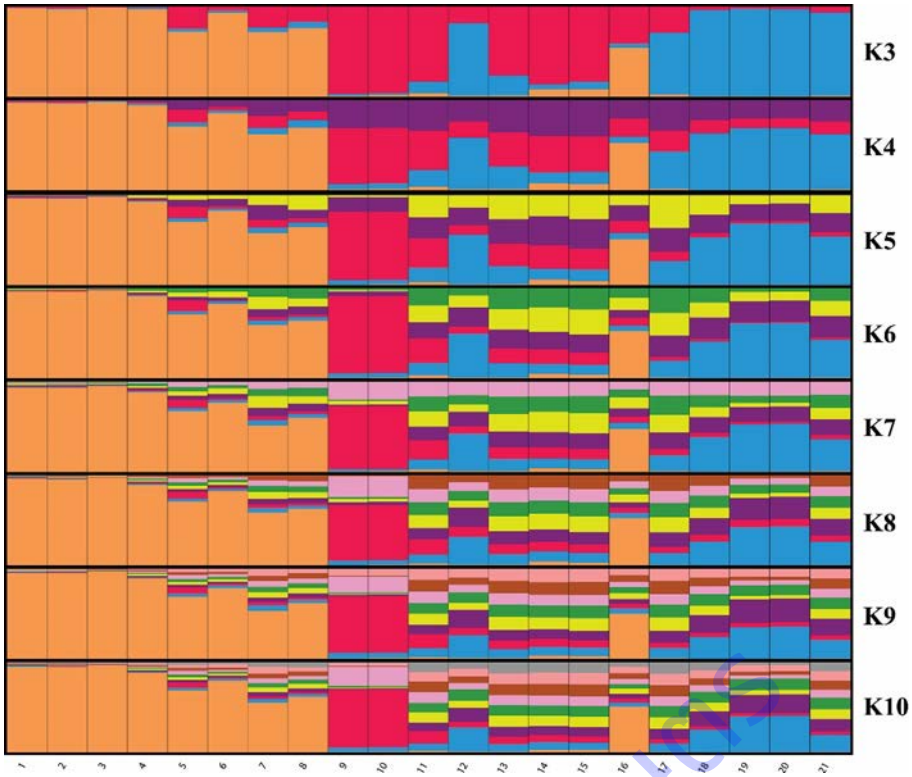
การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure) : เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างรวม 21 พันธุ์ โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 6 และ K=8 โดยค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 3 ถึง 6 และ ที่ K=8 และ 10 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 5)



ภาพที่ 5 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างมะปราง 21 พันธุ์

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างมะปรางที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 6 พันธุกรรมหลัก และ 8 พันธุกรรมย่อย โดยที่ K = 6 และ 8 นั้นจัดเป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 5) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่ เมื่อพิจารณาที่ K=6 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีม่วง กลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มสีเหลือง และกลุ่มที่ 6 เป็นกลุ่มสีเขียว เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 8 ตรวจพบโครงสร้างย่อยมากขึ้น โดยเมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K ที่เพิ่มขึ้นนั้นพบว่า พันธุกรรมสีส้มมีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง ในขณะที่พันธุกรรมสีแดงและสีฟ้ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง (ภาพที่ 6)

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 6 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของมะปราง 21 พันธุ์ คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรมที่มีความคงตัวในกลุ่มสีส้ม ได้แก่ หมายเลข 1, 15 และ 6 ซึ่งได้แก่ พันธุ์ไข่ไก่, Boea sp. No.137 และ เอมอิ่ม สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมกลุ่มสีส้มได้ เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวมากกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ ที่ K=4 ถึง 10 (ภาคผนวก ตารางที่ 6) ส่วนพันธุ์อื่นมีลักษณะของโครงสร้างผสมในสัดส่วนที่แตกต่างกันที่ค่า K ที่สูงขึ้น (ภาพที่ 6)

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างมะปรางจำนวน 21 พันธุ์ พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 6 กลุ่มหลัก (K = 6) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 6 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม สีฟ้า ม่วง แดง เหลือง และเขียว เมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 8 แหล่งพันธุกรรม (K=8) ที่แทนด้วยสีส้ม ม่วง ฟ้า เหลือง แดง เขียว ชมพู และน้ำตาล โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาพที่ 6, ภาคผนวก ตารางที่ 6)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) : การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของมะปรางพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.82

ลิขสิทธิ์การเกษตร

ถึง 0.99 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรม โดยมีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.82 (82%) คือ หมายเลข 10 (มะปรางป่า : *Boea macrophylla*) ส่วนที่ใกล้ชิดกันที่สุดถึง 0.99 (99%) ได้แก่ หมายเลข 2 และ 3 (พันธุ์เนื้อทอง 1 และ 2) ซึ่งคาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน หรือเป็นพันธุ์ที่มีความคล้ายคลึงกันสูงมาก โดยมีสัดส่วนองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมคล้ายกันมาก (ภาคผนวก ตารางที่ 6) สอดคล้องกับผลการวิเคราะห์ PCoA ส่วนหมายเลข 4 กับ 5, 6 กับ 7 และ 1 กับ 15 ซึ่งได้แก่ พันธุ์แม่ย่า 1 กับ 2, พันธุ์เอมอิ่มกับทองสุโข (สุโขทัย) และ พันธุ์ไข่ไก่กับ Boea sp. No 137 นั้น เป็นกลุ่มพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดกันในระดับ 0.97 (97%) ซึ่งอาจทำให้มีความคล้ายคลึง แต่ทั้งนี้ พันธุ์แม่ย่า1 กับ 2 และพันธุ์เอมอิ่มกับทองสุโข มีสัดส่วนของโครงสร้างทางพันธุกรรมต่างกัน แต่พันธุ์ไข่ไก่กับ Boea sp. No 137 นั้นมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่คล้ายกันมาก ซึ่งอาจทำให้มีความคล้ายกันสูง (ภาคผนวก ภาพที่ 2)

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.82 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมะปรางทั้ง 21 พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มใหญ่ที่ 1 ที่ประกอบด้วยอีก 2 กลุ่มย่อย และแบ่งได้เป็น 3 cluster (A, B, C) กลุ่มใหญ่ที่ 2 ประกอบด้วย 2 กลุ่มย่อย และแบ่งได้เป็น 3 cluster (D, E, F) โดยหมายเลข 10 (มะปรางป่า : *Boea macrophylla*) จัดอยู่ในกลุ่มที่ 1 cluster C มะปริงป่าจัดอยู่ในกลุ่มย่อย 2.1 cluster D มะยงชิดทั้ง 3 พันธุ์จัดอยู่ใน cluster E ส่วนมะปริง No.177 จัดอยู่ใน cluster F (ภาคผนวก ภาพที่ 2)

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในมะปรางที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ : มะปรางที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ 2 พันธุ์ ได้แก่ มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1 และมะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างพันธุ์มะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 1 และมะปรางพันธุ์เจ้าเนื้อทอง 2 พบว่าจัดอยู่ในกลุ่ม 2.1 cluster E กลุ่มเดียวกันกับมะปรางหวาน no.140 โดยพบว่าพันธุ์เนื้อทอง 1 และ 2 มีความใกล้ชิดกัน 99 เปอร์เซ็นต์ มีโครงสร้างพันธุกรรมหลักและพันธุกรรมย่อยที่มีสัดส่วนที่คล้ายคลึงกันมาก (ภาคผนวก ตารางที่ 6 และ ภาพที่ 2) ซึ่งอาจกล่าวได้ว่าทั้งสองพันธุ์นี้เป็นพันธุ์เดียวกัน

มะม่วงและมะปราง เป็นพืชที่อยู่ในวงศ์เดียวกัน คือ Family Anacardiaceae แต่จัดอยู่คนละสกุลคือ Genus *Mangifera* L. และ Genus *Bouea* Meisn. ปัจจุบันพืชทั้งสองเป็นพืชที่ได้รับการปรับปรุงพันธุ์เกิดเป็นพันธุ์ต่างๆ เพื่อการค้าและการบริโภค

มะม่วงพันธุ์ทองคำ ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ มีชื่อวิทยาศาสตร์ *Mangifera indica* L. จากการศึกษาลักษณะทางสันฐานวิทยาของการจัดจำแนกมะม่วงโดยใช้ลักษณะของใบของกรมวิชาการเกษตร (สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช, 2547) ตามลักษณะรูปร่างของใบ ปลายใบ และขอบใบ โดยแบ่งออกเป็น 6 สายพันธุ์ ได้แก่ กลุ่มแก้ว กลุ่มเขียวเสวย กลุ่มน้ำดอกไม้ กลุ่มหนังกลางวัน กลุ่มอกร่อง และกลุ่มผลกลม พบว่า มะม่วงพันธุ์ทองคำ จัด เป็นกลุ่มอกร่อง

พืชสกุลมะปราง (*Bouea* Meisn.) เกิดความสับสนในการเรียกชื่อ ซึ่งในประเทศไทยพบ 2 ชนิด คือ *Bouea macrophylla* Griff. และ*Bouea oppositifolia* (Roxb.) Meisn. เนื่องจากมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาใกล้เคียงกัน แต่มีความแตกต่างกันที่ขนาดของใบ และตายอด (Terminal bud) โดย *B. macrophylla*

กรมวิชาการเกษตร

Griff. มีใบขนาดใหญ่ กว้าง 5-8 เซนติเมตร ยาว 14-30 เซนติเมตร และตายอดรูปร่างกลม (rounded) หรือรูปไข่ (ovoid) ส่วนมะยงชิด *B. oppositifolia* ขนาดใบจะเล็กกว่า และมีความยาวน้อยกว่า 12 เซนติเมตร และขนาดกว้างน้อยกว่า 5.5 เซนติเมตร ตายอดรูปใบหอก (Lanceolate) (Chayamarit, 2010) ผลการศึกษาลักษณะทางสัณฐานเชิงคุณภาพของมะปรางที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ พบว่า มะปราง มีชื่อวิทยาศาสตร์ *Bouea macrophylla* Griff. และมะปรางทั้ง 2 พันธุ์มีลักษณะสัณฐานวิทยาที่ไม่แตกต่างกัน แต่มีความแตกต่างกันที่ขนาดความกว้างของใบ ความยาวของใบ และขนาดของผล

สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ (Conclusion and Suggestion)

1. จากการศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของมะม่วงและมะปราง เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง ได้ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (ลักษณะทางพฤกษศาสตร์และลักษณะประจำพันธุ์) ของมะม่วงจำนวน 1 พันธุ์ และหมายเลขลงทะเบียนของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (BK No.) จำนวน 1 หมายเลข มะปรางจำนวน 2 พันธุ์ และหมายเลขลงทะเบียนของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (BK No.) จำนวน 2 หมายเลข

2. จากผลการวิจัยพบว่าสามารถพัฒนาวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์มะม่วงและมะปราง ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ แล้วจัดทำแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในตัวอย่างมะม่วง 94 พันธุ์ และมะปราง 21 พันธุ์ พบว่าสามารถสร้างฐานข้อมูลดีเอ็นเอสำหรับตรวจเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ได้

จากการตรวจวิเคราะห์พันธุ์มะม่วงพบว่าตัวอย่างที่นำมาศึกษามีความใกล้ชิดกันปานกลาง โดยมีค่า similarity coefficient ระหว่าง 0.74 ถึง 1.00 ซึ่งในกลุ่มที่ศึกษา ที่ K =5 มีกลุ่มลูกผสมเขียวเสวย ฟ้าลั่น อกร่อง โชคอนันต์ มีโครงสร้างพันธุกรรมสีส้มในสัดส่วนที่สูง พันธุ์หนังกลางวัน น้ำดอกไม้ มีสัดส่วนสีม่วงสูงกว่าสีอื่น พันธุ์แก้วมีสัดส่วนสีแดงสูงกว่าสีอื่น ส่วนพันธุ์หนองแซงพบทั้งกลุ่มที่มีสีส้มในสัดส่วนที่สูง และกลุ่มที่มีสีแดงในสัดส่วนที่สูง ในกลุ่มที่ศึกษา ไม่มีพันธุ์ใดที่มีพันธุกรรมเดียวกัน แต่มีกลุ่มพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดกันในระดับ 0.99 (99%) จำนวน 4 คู่ ได้แก่ พันธุ์แห้ว1 กับ ขุนทิพย์พิเศษ1, พันธุ์แห้ว5 กับ ฟ้าลั่น4 กับ ฟ้าลั่น3, พันธุ์เทพรสนครพนม1 กับ 2, พันธุ์นวลจันทร์5 กับ ขุนทิพย์ (พิเศษ)3 ซึ่งแม้จะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงแต่ตรวจพบสัดส่วนโครงสร้างย่อยที่ต่างกันในระดับ K ที่สูงขึ้น จึงทำให้พันธุ์เหล่านี้อาจมีความแตกต่างกันเล็กน้อยได้ จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรมที่มีความคงตัว ตั้งแต่ที่ระดับ K=5 ถึง 10 พบพันธุ์ที่มีพันธุกรรมคงตัวและมีสัดส่วนพันธุกรรมสีหลักสูงกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 2 หมายเลข ได้แก่ พันธุกรรมสี

กรมวิชาการเกษตร

เหลืองหมายเลข 1 (พันธุ์หงสาวดี) และพันธุกรรมสีฟ้า (พันธุ์ 3 ฤดู1) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีดังกล่าวได้

จากการตรวจวิเคราะห์พันธุ์มะปรางพบว่าตัวอย่างที่นำมาศึกษามีความใกล้ชิดกันสูง โดยมีค่า similarity coefficient ระหว่าง 0.82 ถึง 0.99 ซึ่งในกลุ่มที่ศึกษา มีกลุ่มมะปรางหวาน มะปรางป่า (*Boea macrophylla)* มะปริงป่า มะปริง และมะยงชิด โดยที่ระดับ 0.82 แยกมะปรางป่าจากกลุ่มอื่นได้ จากตัวอย่างที่ศึกษาพบตัวอย่างที่พันธุกรรมซ้ำ 1 คู่ ได้แก่ พันธุ์เนื้อทอง1 และ 2 ซึ่งเป็นพันธุ์จดทะเบียนเป็นพันธุ์ใหม่ และพบว่ากลุ่มตัวอย่างที่มีพันธุกรรมคล้ายคลึงกันระดับ 0.97 อีก 3 คู่ ซึ่งพบว่ามีสัดส่วนองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ไม่เหมือนกัน จึงอาจทำให้พันธุ์เหล่านี้มีความแตกต่างกัน ในจำนวนที่ศึกษานี้พบตัวแทนของพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีเดียวมากกว่า 97 เปอร์เซ็นต์ 3 พันธุ์ ที่มีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง

3. การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์มะม่วงและมะปรางที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบ จำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์เดิมที่มีอยู่ รวมทั้งเพิ่มจำนวนเครื่องหมายโมเลกุลให้มากขึ้น เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลที่ได้นี้ นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์ที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย

4. ในการดำเนินการศึกษาวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของพืชเพื่อ การตรวจสอบและการอ้างอิง ควรให้มีการดำเนินงานในพืชที่ขอขึ้นทะเบียน และพืชที่ได้รับการขึ้นทะเบียนของ สำนักคุ้มครองพันธุ์พืชเพิ่มเติม

5. เนื่องจากสถานการณ์โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ทำให้การเก็บข้อมูลและการเข้าพื้นที่ภาคสนามเป็นไปด้วยความยากลำบาก หรือบางพื้นที่ไม่สามารถเข้าไปเก็บข้อมูลได้เลย

บรรณานุกรม

กรมอุทยานแห่งชาติสัตว์ป่าและพันธุ์พืช. 2557. ชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันท์. โรงพิมพ์สำนักงานพระพุทธศาสนาแห่งชาติ. กรุงเทพฯ.

กวิศร์ วานิชกุลและศิริวรรณ พรรณศรี. 2552. tropical and subtropical crops. แหล่งที่มา: www.crdc.kmutt.ac.th/Data%202009/Data/.../Journal%20CRDC%203.ht, 22 เมษายน 2557

จำลอง เพ็งคล้าย. 2518. ไม้มีค่าทางเศรษฐกิจของไทย ตอนที่ 2. หอพรรณไม้ กรมป่าไม้ ,กรุงเทพฯ. หน้า 80-108.

สุรีย์ ภูมิภมร และอนันต์ คำคง. 2540. ไม้อเนกประสงค์กินได้ (Edible Multipurpose Tree Species). บริษัทเฟื่องฟ้า พริ้นติ้ง จำกัด, กรุงเทพฯ. หน้า 305-331

สำนักคุ้มครองพันธุ์พืชแห่งชาติ. 2547. ฐานข้อมูลเชื้อพันธุ์พืช: มะม่วงเล่ม 2. ฝ่ายคุ้มครองพันธุ์พืช กองคุ้มครองพันธุ์พืชกรมวิชาการเกษตร. กรุงเทพมหานคร.

ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล วีรเดช โขนสันเทียะ รัชนี ขันธหัตถ์ เพียงเพ็ญ ศรวัต ประพิศ วองเทียม ศุภชัย สาร กาญจน์ อัจฉรา ลิ่มศิลา. 2553. ฐานข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลังพันธุ์ไทย พันธุ์ลูกผสม และพันธุ์ต่างประเทศ. ผลงานวิจัยดีเด่นและผลงานวิจัยที่เสนอเข้าร่วมพิจารณาเป็นผลงานวิจัยดีเด่น ประจำปี 2552. กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. หน้า 16-30.

Chayamarit K.. 2010. Anacardiaceae. Flora of Thailand 10(3): 265-329.

Govindarajan, V.S., D. Rajalakshmi and N. Chand. 1987. Capsicum production, technology, chemistry and quality. Part IV. Evaluation of quality. CRC Crit. Rev. **Food Sci. Nutr.** 25:185-283.

Kostermans, A. J. G. H. & Bompard, J. M., 1993. The Mangoes, Their Botany, Nomenclature, Horticulture and Utilization. Academic Press Limited, London. 233 p.

Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genet Resour. 4: 359–361.

Evanno, G. Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14: 2611- 2620.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567–1587.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resour 9: 1322- 1332.

Koopmans, A. 2005 Biomass energy demand and supply for South and South-East Asia: assessing the resource base. Biomass Bioenergy. 28: 133-150.

Li, M. and D.J. Midmore. 1999. Estimating the genetic relationships of chinese water chestnut (E. dulcis Burm. (f) Hensch) cultivated in Australia, using RAPD. Journal of Horticultural Science and Biotechnolog. 74(2): 224-231.

Oliveira, K.M., Pinto, L.R., Marconi, T.G., Mollinari, M., Ulian, E.C., Chabregas, S.M., Falco, M.C., Burnquist, W., Garcia, A.A.F. and Souza, A.P. 2009. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. Genome. 52(2). Source: https://doi.org/10.1139/G08-105

กรมวิชาการเกษตร

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version-2.1. New York: Applied Biostatistics.

Rosenberg, N. A. 2003. DISTRUCT: a program for the graphical display of population Structure. Mole Ecol Notes. 4: 137–138.

Silva, D.C., de Souza, M.C.P., Filho, L.S.C.D., Duarte, S.C., Santos, J. M., Souza Barbosa, G.V., Almeida, C. 2012. New Polymorphic EST-SSR Markers in Sugarcane. Sugar Tech 14, 357–363. Source: https://doi.org/10.1007/s12355-012-0184-7

Yu, J. Z., Fang, D. D., Kohel, R. J., Ulloa, M., Hinze, L. L., Percy, R. G., and Jones, D. C. 2012. Development of a core set of SSR markers for the characterization of Gossypium germplasm. Euphytica. 187: 203-213

กรมวิชาการเกษตร

ภาคผนวก

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์มะม่วงที่ใช้ในการวิเคราะห์

*ตัวอย่างมีปัญหาดีเอ็นเอปนเปื้อนสารฟีนอลิกสูง

ลำดับ	ชื่อ		ลำดับ	ชื่อ	
1	หงสาวดี 1	Hongsawadee1-20072020	38	ขุนทิพย์ (พิเศษ)3	Khunthip (pisad)3-22072020
2	แห้ว 1	Haew1-22072020	39	ตาลปากกระบอก4	Tanpakkrabok4-22072020
3	แห้ว 5	Haew5-22072020	40	ขุนทิพย์ (พิเศษ)1	Khunthip (pisad)1-22072020
4	เทพรส (นครพนม)1	Tapparot (Nakhon phanom)1-22072020	41	นกกระจอก3	Nokkrajok3-22072020
5	เทพรส (นครพนม)2	Tapparot (Nakhon phanom)2-22072020	42	ทองทลาย1	Thongtalai1-22072020
6	ตุ้มทอง2	Toomthong2-22072020	43	หนังกลางวันลูกยาว5	Nangklangwanlukyao5-22072020
7	ตุ้มทอง5	Toomthong5-22072020	44	ประมวลวิธ1	Pramuanwit1-22072020
8	น้ำดอกไม้ตาเสี้ยบ2	Namdokmaitaleab2- 22072020	45	ขุนทิพย์ (พิเศษ)5	Khunthip (pisad)5-22072020
9	น้ำดอกไม้ตาเสี้ยบ4	Namdokmaitaleab4- 22072020	46	มันหวาน5	Manwan5-22072020
10	มันสวนจิตร3	Mansuanchit3-22072020	47	มันหวาน3	Manwan3-22072020
11	ทุเรียน4	Tulean4-22072020	48	มะปราง5	Maprang5-22072020
12	โชคอนันต์4	Chokanun4-22072020	49	มะปราง2	Maprang2-22072020
13	อกร่องเขียว3	Oakrongkhaew3-22072020	50	เขียวไข่กา1	Khaeokhaika1-22072020
14	อกร่องเขียว5	Oakrongkhaew5-22072020	51	ระเด่นเขียว1	Radenkhaeow1-22072020
15	อกร่องเขียว1	Oakrongkhaew1-22072020	52	ระเด่นเขียว2	Radenkhaeow2-22072020
16	จันเจ้าขา4	Chanchaokha4-22072020	53	แตงกวา1	Tangkwa1-22072020
17	จันเจ้าขา3	Chanchaokha3-22072020	54	ระเด่นเขียว3	Radenkhaeow3-22072020
18	น้ำตาลทรายหนัก1	Namtansainak1-22072020	55	เขียวไข่กา2	Khaeokhaika2-22072020
19	แก้ว (ต้นตอ)	Kaew-22072020	57	กระแตลืมรัง1	Kraelueamrung1-22072020
20	การะเกด3	Karakad3-22072020	58*	กระแตลืมรัง2	Kraelueamrung2-22072020
21	การะเกด1	Karakad1-22072020	59	ค้างคาวลืมรัง3	Khangkhaolueamrung3-22072020
22	ลิ้นงูเห่า	Linnguhao-22072020	60	มันทวายพิเศษ1	Mantawaipised1-22072020
23	น้ำตาลทรายหนัก2	Namtansainak2-22072020	61	กระแตลืมรัง5	Kraelueamrung5-22072020
24	ศรีสยาม1	Srisayam1-22072020	62	สาวกระทืบหอ1	Saokratuebho1-22072020
25	มรกต	Morakod-22072020	64	ค้างคาวลืมรัง1	Khangkhaolueamrung1-22072020
26	ฟ้าลั่น4	Falan4-22072020	65	สาวกระทืบหอ4	Saokratuebho4-22072020
27	ฟ้าลั่น3	Falan3-22072020	66	มันสายฝน2	Mansaifon2-22072020
28	นวลจันทร์1	Nuanjan1-22072020	67	ทองขาว3	Thongkhao3-22072020
29	หนองแซง5	Nongsang5-22072020	68	มันสายฝน4	Mansaifon4-22072020
30	พรวนขอ3	Pruankho3-22072020	69	สามฤดู1	Samreudu1-22072020
31	หนองแซง3	Nongsang3-22072020	70	มันสายฝน1	Mansaifon1-22072020
32	นวลจันทร์5	Nuanjan5-22072020	71	ทองขาว1	Thongkhao1-22072020
33	ตาลปากกระบอก1	Tanpakkrabok1-22072020	72	มันปู5	Manpoo5-22072020

กรมวิชาการเกษตร

34	มันสะเด็ดญาติ3	Mansadedyad3-22072020	73	มันทวายพิเศษ3	Mantawaipised3-22072020
35	ประมวลวิธ2	Pramuanwit2-22072020	74	มันปู4	Manpoo4-22072020
36	มันสะเด็ดญาติ1	Mansadedyad1-22072020	75	ทองขาว4	Thongkhao4-22072020
37	นกกระจอก1	Nokkrajok1-22072020	76	มันสายฝน2	Mansaifon2-22072020

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์มะม่วงที่ใช้ในการวิเคราะห์

ลำดับ	ชื่อ		ลำดับ	ชื่อ	
77	มันปู5	Manpoo5-22072020	93	ทองดำขาว1	Thongdamkhao1-22072020
78	ระเด่นขาว5	Radenkhao5-22072020	94	เขียวเสวย+สายฝน3	Khiaosawoei+Saifon3-22072020
79	ระเด่นขาว3	Radenkhao3-22072020	95	แก้ว	
80	พราหมขายเมีย3	Pramkhaimia3-22072020	96	หนองแซง	
81	ระเด่นขาว1	Radenkhao1-22072020	97	ทองดำ	
82	ระเด่นขาว2	Radenkhao2-22072020			
83	เขียวเสวย+สายฝน5	Khiaosawoei+Saifon5-22072020			
84	ระเด่นขาว4	Radenkhao4-22072020			
85	ทองดำขาว2	Thongdamkhao2-22072020			
86	เขียวเสวย+สายฝน4	Khiaosawoei+Saifon4-22072020			
87	พราหมขายเมีย2	Pramkhaimia2-22072020			
89	พราหมขายเมีย4	Pramkhaimia4-22072020			
90	ตับเป็ด3	Tabped3-22072020			
92	โอชารส1	Ocharot1-22072020			

ตารางที่ 2 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์มะปรางที่ใช้ในการวิเคราะห์

ลำดับ	ชื่อพันธุ์	ที่มา
1	ไข่ไก่	
2	เนื้อทอง 1	
3	เนื้อทอง 2	
4	แม่ย่า 1	
5	แม่ย่า 2	
6	เอมอิ่ม	
7	ทองสุโข (สุโขทัย)	
8	มะปริงป่า	เกาะสมุย
9	มะปริง no.177	เกาะสมุย
10	มะปรางป่า (Boea macrophylla)	เกาะสมุย
11	มะปรางหวาน no.140	ศวพ.หนองคาย
12	มะยงชิด no.141	ศวพ.หนองคาย
13	Boea sp. No.135-1	อ.ทองผาภูมิ จ.กาญจนบุรี
14	Boea sp. No.135-2	อ.ทองผาภูมิ จ.กาญจนบุรี
15	Boea sp. No.137	อ.ทองผาภูมิ จ.กาญจนบุรี
16	ท่าอิฐ no.110	จ.นครนายก
17	มะปรางหวานไข่ทอง no.109	จ.นครนายก
18	มะยงชิดพันธุ์ทูลเกล้า no.112	จ.นครนายก
19	มะยงชิดพันธุ์ทองใหญ่หัวเขียว no.111	จ.นครนายก
20	มะปรางหวานทองนพรัตน์ no.108	จ.นครนายก
21	มะปรางเปรี้ยว (พื้นเมือง) no.114	จ.นครนายก

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของมะม่วง

	Sequence	polymorphism	monomorphism	Product (bp)	Number of fragments	PIC
ISSR7	AGA GAG AGA GAG AGA GT	3	5	8	245-685	0.875
ISSR8	AGA GAG AGA GAG AGA GC	5	2	7	371-1330	0.857
ISSR10	GAG AGA GAG AGA GAG AT	3	6	9	172-1037	0.889
ISSR12	GAG AGA GAG AGA GAG AA	1	4	5	234-1000	0.800
ISSR22	TCT CTC TCT CTC TCT CA	5	3	8	466-1226	0.871
ISSR24	TCT CTC TCT CTC TCT CG	2	5	7	322-973	0.850
ISSR43	CTC TCT CTC TCT CTC TRA	2	0	2	560-591	0.500
ISSR44	CTC TCT CTC TCT CTC TRC	5	4	9	280-1230	0.881
ISSR46	CAC ACA CAC ACA CAC ART	2	9	11	356-1081	0.908
ISSR52	TCT CTC TCT CTC TCT CRA	7	0	7	309-821	0.827
ISSR53	TCT CTC TCT CTC TCT CRT	4	1	5	462-1334	0.798
ISSR57	ACA CAC ACA CAC ACA CYG	11	0	11	325-1228	0.906
ISSR58	TGT GTG TGT GTG TGT GRT	5	1	6	270-1120	0.833
ISSR59	TGT GTG TGT GTG TGT GRC	3	5	8	396-1223	0.875
ISSR72	GAT AGA TAG ATA GAT A	2	1	3	810-971	0.594
ISSR76	GAT AGA TAG ACA GAC A	6	3	9	357-1323	0.889
ISSR81	GGG TGG GGT GGG GTG	4	1	5	731-1320	0.786
ISSR100	ACT TCC CCA CAG GTT AAC ACA	8	1	9	445-1347	0.884
total		78	51	129		0.824

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 4 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของมะปราง

	Sequence	polymorphism	monomorphism	Product (bp)	Number of fragments	PIC
ISSR10	GAG AGA GAG AGA GAG AT	6	6	6	238-595	0.833
ISSR11	GAG AGA GAG AGA GAG AC	3	6	9	160-700	0.889
ISSR12	GAG AGA GAG AGA GAG AA	2	3	5	222-802	0.797
ISSR34	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	2	4	6	179-467	0.833
ISSR35	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	3	5	8	120-830	0.875
ISSR36	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	2	4	6	140-680	0.833
ISSR40	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	4	8	12	246-1080	0.912
ISSR41	GAG AGA GAG AGA GAG AYC	0	11	11	225-687	0.909
ISSR42	GAG AGA GAG AGA GAG AYG	1	5	6	238-487	0.833
ISSR46	CAC ACA CAC ACA CAC ART	3	3	6	377-1070	0.816
ISSR47	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	6	0	6	605-1167	0.820
ISSR48	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	7	1	8	254-990	0.854
ISSR49	GTG TGT GTG TGT GTG TYA	0	6	6	308-820	0.833
ISSR80	GGA GAG GAG AGG AGA	0	6	6	164-874	0.833
ISSR81	GGG TGG GGT GGG GTG	3	0	3	755-1300	0.667
ISSR92	TAG ATC TGA TAT CTG AAT TCC C	1	0	1	454	0.000
ISSR95	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC	3	5	8	240-832	0.865
ISSR99	CAT GGT GTT GGT CAT TGT TCC A	6	0	6	361-635	0.828
total		52	73	119	-	0.790

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะม่วง 94 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 4, K=5 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			58	กระแตลืมรัง2	0.84%	41.88%	56.27%	1.01%	0.80%	46.99%	50.56%	0.95%	0.70%	0.67%	51.66%	45.47%	0.79%	0.60%	0.82%
			73	มันทวายพิเศษ3	0.90%	70.96%	26.95%	1.19%	0.89%	73.93%	23.33%	1.14%	0.71%	0.76%	77.53%	18.57%	1.03%	0.66%	1.46%
			69	สามฤดู1	0.83%	92.94%	5.34%	0.89%	0.83%	92.94%	4.45%	0.82%	0.96%	0.70%	94.27%	2.66%	0.73%	0.80%	0.84%
			23	น้ำตาลทรายหนัก2	2.27%	31.94%	35.76%	30.04%	2.19%	34.58%	34.38%	26.90%	1.95%	1.80%	42.69%	23.09%	28.56%	1.79%	2.07%
			96	หนองแซง	13.47%	12.37%	70.92%	3.24%	16.71%	13.61%	65.71%	2.67%	1.31%	5.88%	10.54%	66.29%	1.88%	1.00%	14.41%
			95	แก้ว	3.09%	2.27%	93.71%	0.93%	1.65%	2.36%	89.34%	0.82%	5.83%	0.91%	1.99%	89.36%	0.67%	4.41%	2.67%
			34	มันสะเด็ดญาติ3	13.78%	1.13%	68.87%	16.22%	5.63%	1.08%	74.07%	9.87%	9.35%	5.14%	0.97%	79.25%	6.10%	6.44%	2.10%
			93	ทองคำขาว1	21.95%	68.05%	5.46%	4.54%	17.61%	68.73%	4.98%	3.75%	4.93%	9.90%	63.51%	4.01%	2.57%	3.59%	16.42%
			70	มันสายฝน1	7.94%	75.45%	9.49%	7.12%	8.46%	75.24%	8.06%	5.98%	2.26%	6.36%	75.06%	6.37%	4.66%	2.01%	5.56%
			90	ตับเป็ด3	3.43%	86.17%	2.12%	8.28%	2.74%	84.56%	1.99%	6.92%	3.79%	2.39%	82.84%	1.92%	6.24%	3.29%	3.32%
			71	ทองขาว1	45.79%	38.55%	4.97%	10.70%	29.08%	40.97%	6.75%	11.07%	12.14%	7.44%	26.23%	6.67%	8.08%	7.37%	44.22%
			75	ทองขาว4	23.66%	63.72%	5.38%	7.24%	5.74%	64.13%	4.13%	5.40%	20.61%	3.80%	59.38%	4.43%	4.76%	17.10%	10.53%
			67	ทองขาว3	1.90%	92.52%	3.46%	2.12%	1.70%	91.04%	2.82%	1.95%	2.49%	1.42%	89.83%	2.34%	1.74%	2.37%	2.29%
			84	ระเด่นขาว4	4.22%	84.13%	3.07%	8.58%	3.02%	82.75%	2.84%	6.33%	5.06%	2.18%	77.46%	3.09%	5.49%	4.53%	7.25%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะม่วง 94 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 4, K=5 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			72	มันปู5	1.32%	94.04%	2.26%	2.38%	1.27%	92.96%	2.15%	2.42%	1.20%	1.08%	91.55%	1.98%	2.27%	1.06%	2.07%
			60	มันทวายพิเศษ1	1.36%	94.69%	1.98%	1.97%	1.07%	93.17%	1.77%	1.89%	2.10%	0.91%	92.21%	1.52%	1.82%	1.84%	1.69%
			62	สาวกระทืบหอ1	27.31%	65.77%	2.67%	4.25%	18.49%	66.79%	3.11%	3.70%	7.90%	19.64%	63.31%	3.03%	2.73%	5.55%	5.73%
			92	โอชารส1	1.73%	60.32%	35.76%	2.19%	1.79%	62.03%	32.99%	1.92%	1.27%	1.30%	61.83%	30.80%	1.72%	1.10%	3.24%
			55	เขียวไข่กา2	11.19%	79.42%	5.12%	4.27%	8.21%	78.77%	4.70%	3.36%	4.96%	5.40%	73.37%	4.45%	2.36%	3.66%	10.77%
			80	พราหมขายเมีย3	61.63%	6.64%	29.75%	1.98%	43.73%	6.97%	37.29%	2.13%	9.88%	7.85%	3.27%	31.53%	1.58%	7.33%	48.44%
			30	พรวนขอ3	51.13%	2.87%	37.20%	8.80%	7.24%	2.80%	38.65%	5.11%	46.21%	5.72%	2.35%	42.16%	3.78%	41.94%	4.06%
			86	เขียวเสวย+สายฝน4	59.80%	30.72%	7.68%	1.80%	47.86%	30.66%	10.16%	1.76%	9.55%	4.20%	12.52%	7.18%	1.21%	6.05%	68.84%
			85	ทองคำขาว2	77.97%	13.61%	3.72%	4.70%	44.82%	15.61%	5.08%	6.73%	27.76%	29.41%	10.09%	5.40%	4.64%	24.66%	25.80%
			83	เขียวเสวย+สายฝน5	47.03%	42.69%	3.18%	7.10%	43.64%	42.76%	3.31%	6.79%	3.51%	15.66%	26.03%	4.67%	5.21%	3.09%	45.34%
			50	เขียวไข่กา1	54.72%	30.37%	5.84%	9.07%	49.01%	31.45%	6.70%	9.51%	3.33%	25.32%	22.94%	9.49%	9.15%	3.00%	30.10%
			66	มันสายฝน2	71.70%	0.99%	25.60%	1.71%	50.06%	0.99%	32.04%	2.07%	14.84%	45.83%	0.87%	35.57%	1.46%	12.07%	4.21%
			78	ระเด่นขาว5	11.07%	49.20%	5.48%	34.25%	10.99%	49.75%	5.71%	29.50%	4.05%	6.06%	41.19%	5.75%	21.47%	3.25%	22.29%
			64	ค้างคาวลืมรัง1	33.45%	20.70%	5.95%	39.89%	29.68%	21.47%	6.71%	37.09%	5.06%	4.69%	7.42%	3.49%	31.96%	2.78%	49.67%
			59	ค้างคาวลืมรัง3	50.81%	42.71%	3.12%	3.36%	48.92%	41.47%	3.48%	2.94%	3.18%	16.71%	30.14%	4.50%	2.61%	2.74%	43.29%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะม่วง 94 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 4, K=5 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			25	มรกต	13.46%	18.43%	8.22%	59.89%	8.00%	17.91%	9.61%	54.12%	10.36%	14.24%	18.96%	9.38%	45.73%	8.69%	3.00%
			42	ทองทลาย1	7.26%	4.17%	22.82%	65.75%	5.23%	4.51%	24.59%	61.37%	4.30%	5.38%	4.48%	26.81%	56.29%	3.90%	3.14%
			43	หนังกลางวันลูกยาว5	4.62%	7.56%	13.83%	73.99%	5.21%	7.73%	14.81%	70.02%	2.23%	4.69%	7.59%	14.07%	68.51%	1.99%	3.16%
			38	ขุนทิพย์ (พิเศษ)3	2.88%	5.03%	8.41%	83.68%	4.08%	5.34%	9.02%	80.17%	1.39%	2.06%	4.21%	7.80%	79.69%	1.20%	5.04%
			47	มันหวาน3	1.64%	1.56%	8.14%	88.66%	1.83%	1.61%	9.52%	85.58%	1.46%	1.62%	1.31%	8.13%	85.08%	1.28%	2.58%
			37	นกกระจอก1	3.91%	4.63%	1.95%	89.51%	3.98%	4.66%	2.07%	87.37%	1.92%	2.80%	3.31%	1.77%	86.01%	1.73%	4.38%
			28	นวลจันทร์1	1.24%	1.34%	1.23%	96.19%	1.30%	1.39%	1.25%	95.07%	0.99%	1.04%	1.13%	1.06%	94.63%	0.87%	1.27%
			45	ขุนทิพย์ (พิเศษ)5	3.63%	0.72%	0.79%	94.86%	3.40%	0.71%	0.86%	91.14%	3.89%	5.97%	0.61%	0.88%	87.28%	3.90%	1.37%
			32	นวลจันทร์5	14.97%	0.79%	1.29%	82.96%	4.90%	0.72%	1.16%	77.74%	15.48%	7.63%	0.62%	1.11%	74.51%	14.35%	1.78%
			22	ลิ้นงูเห่า	4.49%	1.49%	2.21%	91.81%	2.11%	1.30%	1.98%	88.33%	6.28%	2.91%	1.13%	1.85%	86.82%	5.85%	1.43%
			9	น้ำดอกไม้ตาเลี้ยบ4	5.71%	6.17%	9.09%	79.03%	7.27%	6.14%	9.82%	75.27%	1.50%	8.81%	6.36%	9.15%	71.14%	1.34%	3.20%
			61	กระแตลืมรัง5	71.41%	21.84%	4.79%	1.97%	68.34%	21.29%	4.98%	1.97%	3.42%	7.02%	5.80%	3.53%	1.48%	2.42%	79.74%
			57	กระแตลืมรัง1	78.15%	10.87%	4.37%	6.61%	77.00%	10.27%	3.75%	6.75%	2.23%	6.52%	1.97%	1.77%	3.66%	1.49%	84.60%
			54	ระเด่นเขียว3	77.31%	11.21%	3.54%	7.94%	81.20%	8.09%	2.79%	6.43%	1.48%	17.58%	3.13%	2.08%	5.31%	1.48%	70.42%
			89	พราหมขายเมีย4	90.10%	5.48%	2.69%	1.73%	77.85%	6.85%	3.56%	1.65%	10.08%	25.02%	3.20%	3.03%	1.66%	10.90%	56.19%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะม่วง 94 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 4, K=5 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			97	ทองดำ	84.21%	3.55%	9.63%	2.61%	81.09%	3.12%	9.54%	2.18%	4.07%	22.39%	1.63%	6.42%	2.26%	5.04%	62.25%
			76	มันสายฝน2	76.86%	15.05%	4.23%	3.86%	78.57%	12.71%	3.62%	3.11%	1.98%	10.07%	3.05%	2.19%	2.83%	1.89%	79.97%
			52	ระเด่นเขียว2	90.75%	2.07%	3.56%	3.62%	91.78%	1.43%	2.29%	2.30%	2.20%	17.78%	0.86%	1.61%	2.29%	2.70%	74.76%
			51	ระเด่นเขียว1	67.75%	3.90%	14.08%	14.27%	75.88%	3.08%	11.10%	8.28%	1.66%	14.15%	1.38%	5.58%	8.03%	1.63%	69.23%
			10	มันสวนจิตร3	73.01%	2.34%	4.95%	19.70%	75.03%	2.04%	3.83%	17.07%	2.04%	46.42%	2.14%	4.82%	17.01%	1.97%	27.63%
			53	แตงกวา1	90.29%	5.56%	2.65%	1.50%	88.96%	5.01%	2.54%	1.43%	2.06%	54.43%	3.77%	3.00%	1.32%	2.24%	35.24%
			49	มะปราง2	87.29%	7.63%	3.17%	1.91%	61.88%	8.82%	4.45%	2.18%	22.67%	40.49%	5.44%	5.10%	1.91%	20.87%	26.19%
			81	ระเด่นขาว1	86.36%	6.44%	3.45%	3.75%	80.93%	5.75%	3.68%	3.50%	6.14%	42.07%	3.72%	3.43%	4.17%	7.50%	39.11%
			79	ระเด่นขาว3	80.26%	1.41%	13.04%	5.29%	68.73%	1.35%	15.62%	5.47%	8.84%	54.65%	1.29%	18.09%	5.13%	8.05%	12.78%
			74	มันปู4	83.56%	3.94%	8.97%	3.53%	77.53%	3.28%	10.01%	3.07%	6.11%	30.41%	1.93%	9.55%	3.09%	7.93%	47.08%
			46	มันหวาน5	22.12%	7.48%	7.89%	62.52%	8.19%	8.58%	8.37%	51.00%	23.86%	8.32%	7.03%	8.38%	45.39%	21.28%	9.60%
			41	นกกระจอก3	50.42%	1.63%	1.47%	46.48%	31.50%	1.75%	1.88%	53.74%	11.13%	38.40%	1.69%	2.01%	39.74%	9.57%	8.60%
			39	ตาลปากกระบอก4	9.18%	1.93%	3.44%	85.45%	10.49%	1.84%	3.48%	82.13%	2.06%	9.96%	1.57%	3.66%	74.70%	1.91%	8.21%
			33	ตาลปากกระบอก1	5.48%	1.18%	0.97%	92.37%	4.34%	1.17%	1.00%	90.81%	2.68%	8.27%	1.04%	1.12%	83.28%	2.63%	3.66%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะม่วง 94 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 4, K=5 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			31	หนองแซง3	3.06%	4.35%	6.22%	86.37%	3.40%	4.52%	6.80%	83.44%	1.85%	1.59%	3.03%	5.32%	80.58%	1.59%	7.89%
			29	หนองแซง5	10.91%	1.86%	1.29%	85.94%	6.25%	1.68%	1.36%	79.29%	11.42%	8.65%	1.36%	1.28%	74.57%	10.66%	3.49%
			21	การะเกด1	14.63%	1.30%	1.17%	82.90%	9.50%	1.28%	1.23%	81.25%	6.74%	13.73%	1.04%	1.18%	74.02%	5.50%	4.52%
			11	พุเรียน4	1.92%	0.81%	0.74%	96.53%	1.67%	0.80%	0.77%	95.20%	1.56%	1.97%	0.69%	0.73%	94.00%	1.42%	1.19%
			5	เทพรส (นครพนม)2	84.39%	0.78%	9.19%	5.64%	87.11%	0.70%	6.44%	3.87%	1.89%	77.64%	0.60%	8.17%	2.78%	1.47%	9.34%
			4	เทพรส (นครพนม)1	83.94%	0.93%	10.65%	4.48%	87.50%	0.81%	7.06%	3.00%	1.63%	69.29%	0.88%	10.04%	2.58%	1.48%	15.74%
			44	ประมวลวิช1	68.84%	4.58%	8.23%	18.36%	56.41%	5.45%	11.36%	20.85%	5.93%	59.00%	5.33%	11.62%	11.88%	4.05%	8.12%
			12	โชคอนันต์4	69.82%	1.95%	13.41%	14.82%	59.28%	2.23%	17.39%	15.13%	5.97%	59.78%	2.17%	19.00%	8.37%	4.10%	6.58%
			35	ประมวลวิช2	39.00%	10.51%	3.33%	47.16%	18.14%	10.07%	3.76%	49.34%	18.69%	25.19%	10.13%	3.81%	38.91%	14.88%	7.08%
			36	มันสะเด็ดญาติ1	21.48%	1.87%	1.80%	74.85%	21.04%	1.89%	2.03%	68.80%	6.24%	29.04%	1.79%	2.12%	54.43%	5.10%	7.51%
			13	อกร่องเขียว3	42.03%	2.08%	2.40%	53.49%	7.40%	1.37%	1.47%	59.74%	30.02%	18.73%	1.53%	1.78%	47.72%	27.92%	2.32%
			82	ระเด่นขาว2	59.32%	9.04%	3.85%	27.79%	53.02%	9.35%	4.34%	29.50%	3.79%	40.96%	7.93%	4.20%	22.49%	3.04%	21.37%
			68	มันสายฝน4	93.03%	1.75%	1.44%	3.78%	92.12%	1.38%	1.35%	3.03%	2.12%	66.21%	1.42%	1.69%	3.43%	2.31%	24.94%
			24	ศรีสยาม1	83.62%	1.24%	1.19%	13.95%	77.42%	1.20%	1.41%	15.34%	4.63%	54.42%	0.99%	1.64%	14.44%	4.70%	23.81%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะม่วง 94 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 4, K=5 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			20	การะเกด3	44.39%	1.18%	1.11%	53.32%	47.04%	1.18%	1.18%	48.50%	2.11%	55.09%	1.19%	1.16%	36.71%	1.58%	4.28%
			8	น้ำดอกไม้ตาเลี้ยบ2	96.40%	0.84%	0.90%	1.86%	94.65%	0.75%	0.90%	1.68%	2.02%	80.99%	0.80%	1.17%	1.41%	1.93%	13.69%
			7	ตุ้มทอง5	90.73%	1.02%	1.02%	7.23%	78.98%	1.21%	1.34%	10.59%	7.88%	75.11%	1.17%	1.54%	8.30%	5.43%	8.44%
			77	มันปู5	94.51%	1.82%	1.35%	2.32%	86.43%	1.74%	1.63%	2.36%	7.84%	79.77%	1.67%	1.98%	1.72%	6.67%	8.20%
			6	ตุ้มทอง2	96.57%	0.70%	0.90%	1.83%	70.17%	0.78%	1.10%	2.03%	25.92%	68.29%	0.69%	1.20%	1.51%	23.04%	5.27%
			17	จันเจ้าขา3	56.07%	0.91%	1.04%	41.98%	39.05%	0.89%	1.16%	46.73%	12.17%	60.67%	0.81%	1.19%	26.19%	7.93%	3.20%
			16	จันเจ้าขา4	52.17%	1.27%	1.26%	45.30%	56.02%	1.22%	1.24%	39.52%	2.00%	56.81%	1.52%	1.60%	31.42%	1.74%	6.91%
			14	อกร่องเขียว5	90.54%	2.43%	1.88%	5.15%	89.99%	2.09%	1.78%	3.89%	2.25%	86.84%	1.69%	1.91%	2.72%	1.58%	5.27%
			18	น้ำตาลทรายหนัก1	59.09%	0.99%	1.25%	38.67%	17.14%	0.87%	1.22%	48.70%	32.07%	48.85%	0.89%	1.34%	23.76%	23.68%	1.49%
			15	อกร่องเขียว1	94.00%	0.77%	0.96%	4.27%	53.87%	0.75%	1.06%	4.62%	39.70%	63.35%	0.60%	0.97%	2.40%	30.76%	1.92%
			27	ฟ้าลั่น3	93.23%	1.13%	1.02%	4.62%	90.43%	1.02%	1.08%	3.70%	3.77%	71.71%	1.42%	1.53%	4.44%	3.90%	16.99%
			26	ฟ้าลั่น4	94.01%	0.87%	0.84%	4.28%	89.22%	0.83%	0.91%	4.01%	5.02%	84.94%	0.90%	1.04%	3.37%	5.17%	4.58%
			3	แห้ว 5	94.87%	0.75%	0.79%	3.59%	92.43%	0.70%	0.81%	3.14%	2.92%	93.33%	0.59%	0.74%	1.70%	1.83%	1.80%
			40	ขุนทิพย์ (พิเศษ)1	89.77%	0.90%	0.88%	8.45%	77.38%	1.00%	1.10%	11.79%	8.73%	87.86%	0.77%	0.93%	4.42%	4.22%	1.80%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะม่วง 94 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 4, K=5 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=4				% color code K=5					% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			2	แห้ว 1	93.16%	0.82%	0.88%	5.14%	73.54%	0.91%	1.10%	7.50%	16.95%	83.18%	0.70%	0.99%	3.08%	10.00%	2.04%
			94	เขียวเสวย+สายฝน3	69.01%	11.43%	11.14%	8.43%	38.15%	11.76%	17.44%	13.96%	18.70%	24.76%	7.18%	16.87%	9.16%	14.57%	27.47%
			87	พราหมขายเมีย2	68.55%	15.67%	11.80%	3.98%	23.17%	17.83%	18.59%	4.63%	35.79%	7.13%	8.55%	15.09%	3.39%	25.53%	40.30%
			48	มะปราง5	92.75%	2.78%	1.98%	2.49%	48.63%	3.81%	2.63%	2.82%	42.12%	5.33%	1.51%	1.64%	2.10%	42.08%	47.33%
			65	สาวกระทืบหอ4	76.52%	14.79%	3.51%	5.18%	4.10%	15.30%	3.25%	3.76%	73.59%	4.17%	12.39%	3.65%	3.21%	70.72%	5.86%
			19	แก้ว (ต้นตอ)	81.57%	1.75%	1.42%	15.26%	11.52%	1.43%	1.57%	28.16%	57.32%	10.33%	1.23%	1.64%	22.74%	56.08%	7.97%
			1	หงสาวดี 1	94.11%	1.26%	1.41%	3.22%	1.34%	0.60%	0.64%	1.14%	96.28%	1.32%	0.50%	0.60%	0.94%	95.73%	0.90%
			C2	หงสาวดี 1	94.14%	1.23%	1.38%	3.25%	1.37%	0.60%	0.63%	1.12%	96.28%	1.32%	0.50%	0.60%	0.97%	95.70%	0.91%
			C1	หงสาวดี 1	94.06%	1.24%	1.42%	3.28%	1.35%	0.60%	0.67%	1.13%	96.25%	1.33%	0.50%	0.61%	0.94%	95.72%	0.89%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 6 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะปราง 21 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K= 8

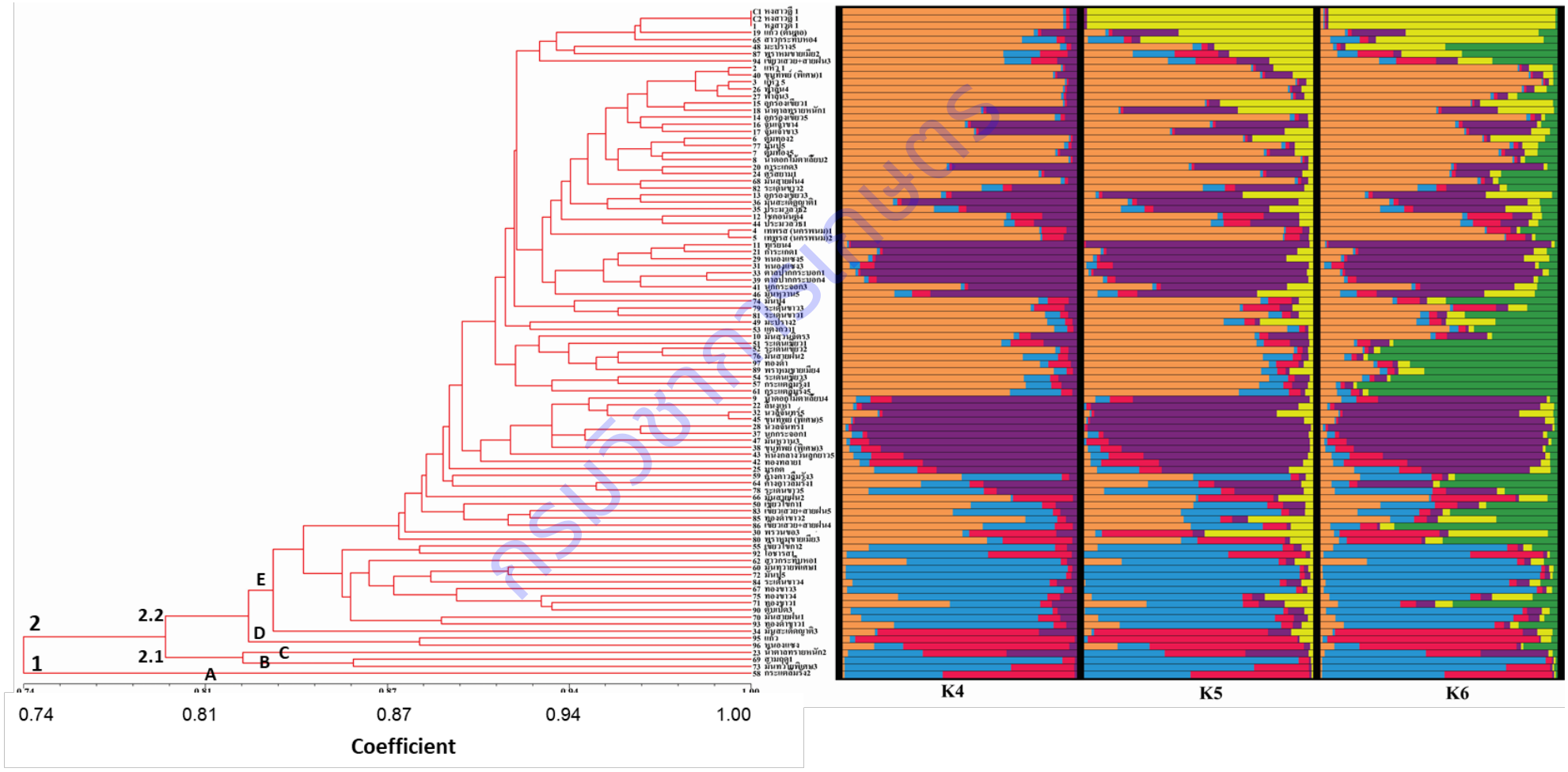
กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=8							
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล
1	1.1	A	20	มะปรางหวานทองนพรัตน์ no.108	0.70%	42.10%	2.70%	23.80%	16.60%	14.10%	0.50%	25.90%	6.80%	18.60%	11.90%	13.20%	10.60%	12.40%
		B	16	ท่าอิฐ no.110	0.50%	61.00%	1.70%	22.90%	10.00%	3.90%	0.40%	42.80%	8.30%	24.80%	4.30%	9.30%	7.00%	3.20%
			14	Boea sp. No.135-2	0.40%	60.40%	1.60%	22.80%	10.40%	4.30%	0.30%	42.00%	8.20%	24.40%	4.70%	9.70%	7.30%	3.50%
	1.2	C	10	มะปรางป่า (Boea macrophylla)	0.30%	40.50%	3.10%	23.50%	16.50%	16.10%	0.30%	26.40%	7.10%	19.00%	11.10%	13.60%	10.80%	11.80%
2	2.1	D	8	มะปริงป่า	0.80%	18.60%	4.50%	23.40%	25.20%	27.60%	0.60%	13.20%	6.90%	15.90%	16.70%	16.00%	13.10%	17.50%
		E	21	มะปรางเปรี้ยว (พื้นเมือง) no.114	52.40%	6.00%	8.40%	9.20%	13.10%	10.90%	52.30%	5.80%	5.80%	6.30%	8.40%	7.10%	7.60%	6.80%
			18	มะยงชิดพันธุ์ทูลเกล้า no.112	4.20%	10.80%	13.60%	20.20%	27.50%	23.80%	3.20%	10.70%	9.30%	13.60%	17.80%	15.30%	14.60%	15.50%
			17	มะปรางหวานไข่ทอง no.109	5.10%	10.80%	15.90%	19.40%	27.10%	21.70%	4.40%	11.00%	11.10%	13.50%	17.40%	14.50%	14.50%	13.80%
			19	มะยงชิดพันธุ์ทองใหญ่หัวเขียว no.111	1.00%	15.70%	16.50%	20.90%	23.00%	23.00%	0.70%	11.70%	11.30%	14.20%	16.50%	15.90%	13.90%	15.90%
			12	มะยงชิด no.141	1.00%	48.20%	7.90%	21.50%	13.10%	8.30%	0.80%	30.80%	10.90%	21.50%	8.00%	10.70%	9.60%	7.60%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 6 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์มะปราง 21 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K= 8

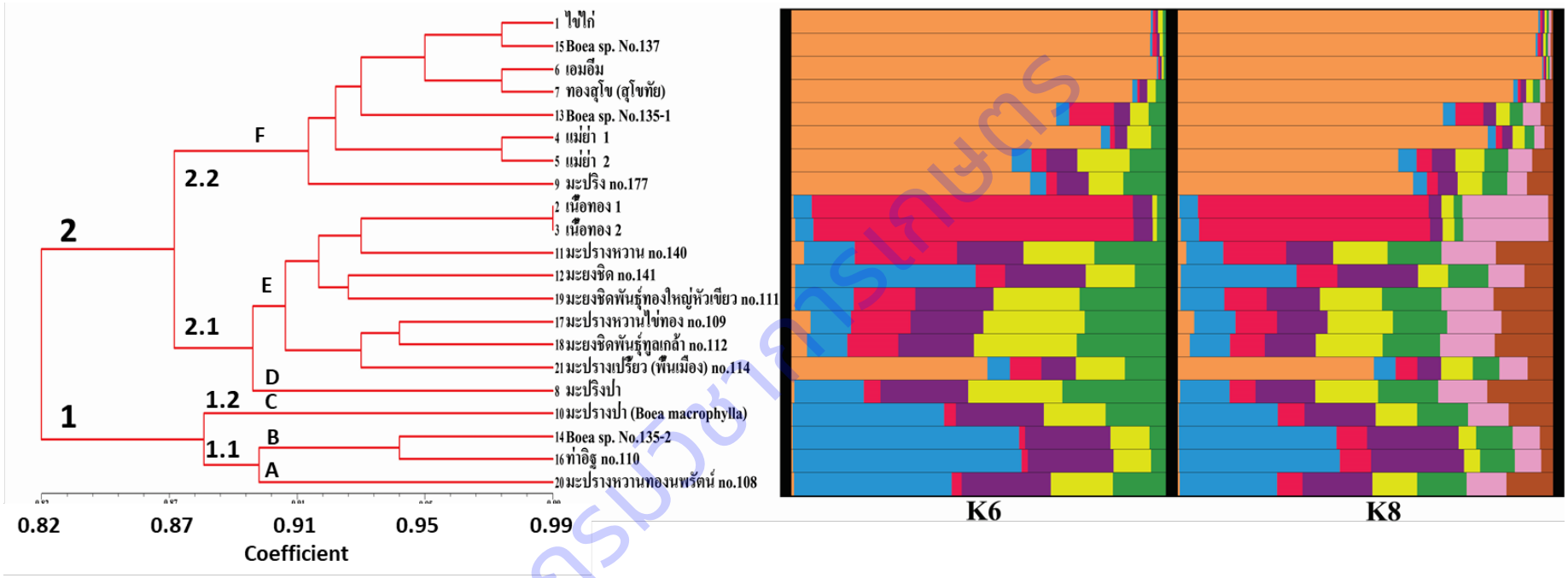
กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	ลำดับ	ชื่อพันธุ์	% color code K=6						% color code K=8							
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล
			11	มะปรางหวาน no.140	3.40%	13.50%	27.30%	17.70%	18.90%	19.10%	2.30%	9.80%	16.80%	12.50%	14.50%	14.40%	14.50%	15.20%
			3	เนื้อทอง 2	1.00%	4.90%	85.50%	5.10%	1.10%	2.40%	0.80%	4.90%	61.60%	3.30%	3.10%	2.30%	22.70%	1.20%
			2	เนื้อทอง 1	0.60%	4.90%	85.80%	5.20%	1.30%	2.30%	0.50%	4.90%	61.50%	3.40%	3.30%	2.30%	22.90%	1.30%
	2.2	F	9	มะปริง no.177	63.80%	4.30%	2.90%	8.50%	9.20%	11.40%	62.70%	3.70%	2.90%	5.30%	6.60%	6.70%	5.30%	7.00%
			5	แม่ย่า 2	58.90%	5.30%	4.00%	8.20%	14.00%	9.70%	58.80%	4.90%	4.10%	6.30%	7.70%	6.40%	6.40%	5.60%
			4	แม่ย่า 1	82.70%	2.40%	1.30%	3.30%	6.40%	3.90%	82.60%	2.10%	1.70%	2.80%	3.20%	2.60%	2.70%	2.30%
			13	Boea sp. No.135-1	70.70%	3.50%	12.00%	4.30%	5.00%	4.60%	70.70%	3.30%	7.50%	3.40%	3.60%	3.50%	4.70%	3.30%
			7	ทองสุโข (สุโขทัย)	91.10%	1.30%	0.60%	2.00%	2.30%	2.70%	89.40%	1.20%	0.80%	1.50%	1.80%	1.90%	1.40%	2.10%
			6	เอมอิ่ม	97.60%	0.40%	0.40%	0.50%	0.60%	0.60%	97.10%	0.30%	0.40%	0.40%	0.40%	0.50%	0.40%	0.50%
			15	Boea sp. No.137	95.80%	0.60%	1.20%	0.80%	0.90%	0.80%	95.30%	0.50%	0.90%	0.60%	0.70%	0.60%	0.70%	0.60%
			1	ไข่ไก่	96.00%	0.60%	0.70%	0.70%	1.30%	0.80%	96.10%	0.50%	0.60%	0.60%	0.60%	0.60%	0.60%	0.50%

กรมวิทยาศาสตร์



กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3 และ K=9 ของตัวอย่างมะม่วง 94 พันธุ์ A -E แสดงตำแหน่งของกลุ่ม cluster



ภาพที่ 2 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 6 และ K=8 ของตัวอย่างมะปราง 21 พันธุ์ A -F แสดงตำแหน่งของกลุ่ม cluster

กรมวิชาการเกษตร

การทดลองที่ 5

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของลิ้นจี่ และขนุนเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

หัวหน้าการทดลอง	นางสาวปาจรีย์ อินทะชุบ	สังกัดสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	Ms. Pajaree Inthachub	Plant Varieties Protection Office
ผู้ร่วมงาน	นางสาววราภรณ์ ทองพัน	สังกัดสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	Ms. Waraporn Thongpan	Plant Varieties Protection Office
	นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	Ms. Suchirat Sakuanrungsirikul	Khon Kaen field Crops Research Center
	นายวีรกรณ์ แสงไสย์	ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น
	Mr. Weerakorn Saengai	Khon Kaen field Crops Research Center
	นายวินัย สมประสงค์	สังกัดสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช
	Mr. Winai Somprasong	Plant Varieties Protection Office

คำสำคัญ

ลิ้นจี่ ขนุน พันธุ์พืชใหม่ พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

บทคัดย่อ

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของลิ้นจี่และขนุน เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง ได้ดำเนินตรวจวิเคราะห์พันธุ์พืชที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองพันธุ์ ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิด ลิ้นจี่พันธุ์ป่าอี๊ด ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และขนุนพันธุ์เพชรจริยา จากผลการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใช้จำแนกลักษณะประจำพันธุ์ลิ้นจี่ ทั้ง 2 พันธุ์ มีจำนวน 23 ลักษณะ พบว่ามีลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใกล้เคียงกัน แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช สามารถใช้ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ปรากฏในพืช ช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) สิ่งปกคลุมบนกิ่งอ่อน และ 2) ลักษณะช่อดอก และเมื่อพิจารณาข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพร่วมกับข้อมูลการวิเคราะห์ทางความหลากหลายทางพันธุกรรม พบว่าลิ้นจี่ ทั้ง 2 พันธุ์ มีความใกล้เคียงทางพันธุกรรม จึงทำให้มีลักษณะประจำพันธุ์ที่ต่างกันเล็กน้อย ส่วนการศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของขนุนพันธุ์เพชรดำรงและพันธุ์เพชรจริยา จำนวน 28 ลักษณะ พบว่าสามารถใช้ลักษณะสัณฐานช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ ได้เบื้องต้น ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) ลักษณะของปลายใบ 3) รูปร่างผล และ 4) รูปร่างของยวง และเมื่อพิจารณาข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพร่วมกับข้อมูลการวิเคราะห์ทางความหลากหลายทางพันธุกรรม พบว่าขนุนทั้ง 2 พันธุ์ มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างชัดเจน

กรมวิชาการเกษตร

Abstracts

Qualitative morphological analysis of four new plant varieties registered for protection and reference. Conducting an analysis of plant cultivar that have been registered for plant protection according Plant Varieties Protection Act B.E. 2542 (1999), include two varieties of lychee and two varieties of jackfruit. The results of qualitative morphological study showed that the two varieties of lychee had the characteristics of 23. The results show that they have similar morphological characteristics. However, the plant taxonomy can be applied to the qualitative morphology of plants, this helps to distinguish the differences between the two varieties, such as type of indumentum on young branch and inflorescence. In addition, qualitative morphological and genetic diversity analysis were used to analyze lychee. The two varieties are genetically similar, so there is a small difference. The qualitative morphology study of 2 jackfruit cultivars of 23 characteristics revealed that 4 characteristics could be used to identify the cultivars: 1. shape of canopy 2. Leaf apex 3. shape of fruit and 4. shape of flake. When considering the qualitative morphology data together with the genetic diversity analysis data. It was found that the two varieties of jackfruit were clearly genetically different.

บทนำ

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์ในการส่งเสริมการปรับปรุงพันธุ์และพัฒนาพันธุ์พืชเพื่อให้มีพันธุ์พืชเพิ่มเติมจากที่มีอยู่เดิม อันเป็นการส่งเสริมการพัฒนาทางด้านเกษตรกรรม โดยการส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจด้วยการให้สิทธิและความคุ้มครองตามกฎหมาย ซึ่งพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองต้องมีองค์ประกอบครบถ้วน ดังนี้ (1) มีความใหม่ (novelty) (2) มีความแตกต่างจากพันธุ์อื่นอย่างเด่นชัด (clearly distinctness, D) ที่ปรากฏอยู่ในวันยื่นจดทะเบียน (3) มีความสม่ำเสมอ (uniformity, U) ในกลุ่มประชากรของพันธุ์ (4) มีความคงตัวทางพันธุกรรม (stability, S) และ (5) มีการตั้งชื่อพันธุ์พืช (denomination) ที่ถูกต้องและเหมาะสม ตามกฎหมายในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครองตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 นอกจากต้องมีองค์ประกอบทั้ง 5 ข้อดังที่กล่าวมาแล้ว การพิสูจน์พันธุ์พืชใหม่ด้วยหลักฐานทางพันธุกรรมก็มีความสำคัญ ในกรณีมีข้อพิพาท ในการแอบอ้างหรือละเมิดสิทธิ์ของพันธุ์พืช ซึ่งบางกรณีลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่นำมาใช้ตรวจสอบเพื่อพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืชที่เป็นลักษณะภายนอกมีความคล้ายคลึงกันมากจนไม่สามารถจำแนกได้ จึงสามารถใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพ

กรมวิชาการเกษตร

ปัจจุบันเทคโนโลยีด้านการตรวจพันธุกรรมพืชในระดับดีเอ็นเอมีความก้าวหน้าอย่างมาก การใช้เครื่องหมายโมเลกุลหลาหลายชนิดได้เข้ามามีบทบาทมากในการตรวจจำแนกชนิดพืชหลายชนิด และให้ข้อมูลที่มีความแม่นยำสูง สามารถตรวจหาตำแหน่งแปรปรวนซึ่งเป็นลักษณะจำเพาะของพืชแต่ละพันธุ์ได้ ยิ่งไปกว่านั้นปัจจุบันนี้มีการพัฒนาเทคโนโลยีในการตรวจพันธุกรรมพืชที่มีประสิทธิภาพสูง สามารถตรวจข้อมูลพันธุกรรมพืชระดับทั้งจีโนมได้ในเวลาอันรวดเร็ว โดยข้อมูลที่ได้สามารถบอกได้ถึงตำแหน่งแปรปรวนของลำดับนิวคลิโอไทด์ที่มีความจำเพาะต่อพืชได้เกือบทั้งจีโนม สามารถตรวจวิเคราะห์หาตำแหน่งที่แสดงความเหมือนหรือแตกต่างของพืชได้เป็นระดับหมื่นหรือแสนตำแหน่งภายในการวิเคราะห์เพียง 1 ครั้ง ทำให้การวิเคราะห์มีประสิทธิภาพสูงและได้ผลการวิเคราะห์ที่มีความแม่นยำสูงมากเมื่อเทียบกับกับการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมพืชแบบดั้งเดิมที่ใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการตรวจจับซึ่งมีปัญหาในความล่าช้าและตำแหน่งที่ตรวจจับได้มีเพียงระดับร้อยตำแหน่งเท่านั้น ซึ่งไม่ครอบคลุมทั่วทั้งจีโนม ทำให้มีความแม่นยำในการตรวจผลต่ำกว่าวิธีการวิเคราะห์แบบใหม่มาก

ปัจจุบัน มีลิ้นจี่และขนุนที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 แล้ว 4 พันธุ์ ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิด ลิ้นจี่พันธุ์ป่าอี๊ด ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และขนุนพันธุ์เพชรจริยา ซึ่งกรมวิชาการเกษตรเป็นหน่วยงานที่รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ และพืชทั้ง 4 นี้ เป็นพืชที่มีมูลค้าทางเศรษฐกิจในประเทศ และเป็นสิทธิ์ของผู้เป็นเจ้าของพันธุ์ ซึ่งในอนาคตอาจมีการละเมิดสิทธิ์ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์ฝ่ายใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้องคุ้มครองสิทธิ ในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช

กรมวิชาการเกษตร

ระเบียบวิธีการวิจัย

1. สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์เพื่อศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ เพื่อบันทึกข้อมูลลิ้นจี่และขนุนพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 4 พันธุ์ ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิด ลิ้นจี่พันธุ์ป่าอี๊ด ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และขนุนพันธุ์เพชรจริยา โดยอ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครองตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชลิ้นจี่ และ ขนุน (*Artocarpus heterophyllus* Lamk.) และแบบคำบรรยายลักษณะชนิดพืชตามหลักอนุกรมวิธานพืช

2. การเก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิงในพิพิธภัณฑ์พืชเพื่อเป็นหลักฐานเชิงประจักษ์

2.1. เก็บตัวอย่างพืช 2 – 3 ชิ้น โดยตัวอย่างพืชที่เก็บ ต้องมีความสมบูรณ์ของใบ ดอก ผล หรือโครงสร้างอื่นๆ ที่สามารถแสดงลักษณะและส่วนประกอบของพืชได้อย่างชัดเจนในปัจจุบัน ไม่เป็นโรคหรือถูกแมลงกัดกิน

2.2. บันทึกข้อมูลเกี่ยวกับพืชที่เก็บตัวอย่าง ได้แก่ สถานที่เก็บ ลักษณะภูมิประเทศ ความสูงจากระดับน้ำทะเล วันที่เก็บ ลักษณะตามแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์เพื่อศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของลิ้นจี่และฝ้าย เพื่อจัดทำป้ายแสดงรายละเอียดพรรณไม้

2.3. การทำตัวอย่างพรรณไม้แห้ง (dry specimen) มีวิธีการ ดังนี้

1) จัดวางลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60-65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5-7 วัน

2) เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง

3) นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆ ที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น

2.4. บันทึกข้อมูลจากป้ายแสดงรายละเอียดพรรณไม้จากตัวอย่างพรรณไม้แห้งเพื่อการอ้างอิง ลงในระบบฐานข้อมูลพรรณไม้อ้างอิงของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (โดยให้หมายเลขตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงตามรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชปลูก)

2.5. จัดเก็บตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพเพื่อเป็นหลักฐานเชิงประจักษ์และเพื่อการอ้างอิง

2.6. บรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชตามหลักอนุกรมวิธานพืช

3. วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของลิ้นจี่และขนุนที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 4 พันธุ์ ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิด ลิ้นจี่พันธุ์ป่าอึ๊ด ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และขนุนพันธุ์เพชรจริยา

3.1. นำตัวอย่างพืชใบมาทำการสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี CTAB และวิธีประยุกต์ ทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมในด้วยวิธี ISSR-Touchdown PCR ตามวิธีการของ ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล และคณะ (2553)

3.2. ตรวจผลความแตกต่างขนาดดีเอ็นเอโดยเครื่องมือ Fragment Analyzer วิเคราะห์น้ำหนักโมเลกุล สร้างฐานข้อมูลน้ำหนักโมเลกุล และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ NTSYSpc

3.3. การวิเคราะห์ข้อมูลโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ ได้แก่ วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวอย่าง คำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรม (similarity coefficients) ด้วยวิธี Jaccard's similarity coefficients สร้างตารางเมทริกซ์เพื่อสร้างแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA โดยใช้ซอฟต์แวร์ NTSYS - PC v.2.11 (Rohlf, 2002) วิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยวิธี Model-based clustering โดยอาศัยทฤษฎีของ Bayesian ด้วยโปรแกรม STRUCTURE 2.4.3 (Pritchard et al., 2000; Falush et al., 2003; Hubisz et al., 2009) เลือกใช้โมเดล 3 ชนิดคือ admixture, correlated allele frequency และLOCPRIOR (Hubisz et al., 2009) วิเคราะห์หาจำนวนกลุ่มที่เหมาะสมที่สุด ด้วยค่า posterior probability หรือ L(K) (Pritchard, et al., 2000) และค่า ΔK (Evanno, et al., 2005) ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) หาค่าเฉลี่ย

กรมวิชาการเกษตร

ของแต่ละ K จาก 10 ซ้ำ ให้ได้ข้อมูล 1 ชุด ด้วยโปรแกรม CLUMPAK server (Kopelman, et al., 2015) แสดงผลรูปภาพด้วยโปรแกรม DISTRUCT (Rosemberg, 2003)

4. วิเคราะห์ผล รายงานผล และสรุป

ผลการวิจัยและอภิปรายผล

1. การวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

1.1 การวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพลิ้นจี่

การศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของลิ้นจี่พันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป้าชิด และพันธุ์ป้าอี๊ด อ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครอง ตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชลิ้นจี่ มีการตรวจสอบและจำแนกลักษณะประจำพันธุ์จากสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์ลิ้นจี่ จำนวน 23 ลักษณะ ได้แก่ 1) ลักษณะผิวเปลือกลำต้น 2) สีเปลือกลำต้น 3) ลักษณะกิ่งเมื่อตัดขวาง 4) สีใบอ่อน 5) สีใบแก่ด้านบน 6) สีใบแก่ด้านบน 7) รูปร่างใบย่อย 8) โคนใบ 9) ขอบใบ 10) ขอบใบ 11) เนื้อใบ 12) ความมันแผ่นใบ 13) สีก้านใบ 14) รูปร่างผล 15) ความสมมาตรของผล 16) ปลายผล 17) ไหล่ผล 18) ผิวเปลือกผล 19) รูปร่างตุ่มหนาม 20) สีเปลือก 21) สีเนื้อ 22) รูปร่างเมล็ด และ 23) สีเมล็ด แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช พบว่าสามารถใช้ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ปรากฏในพืช ช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) สิ่งปกคลุมบนกิ่งอ่อน และ 2) ลักษณะช่อดอก (ดังตารางแสดงลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของลิ้นจี่พันธุ์ป้าชิด และป้าอี๊ด)

กรมวิชาการเกษตร

ตารางแสดงลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของลิ้นจี่พันธุ์ป้าชิดและป้าอี๊ด

สัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (Qualitative characteristic)		ลิ้นจี่พันธุ์ป้าชิด	ลิ้นจี่พันธุ์ป้าอี๊ด
1.	ลักษณะผิวเปลือกลำต้น	ค่อนข้างเรียบ	ค่อนข้างเรียบ
2.	สีเปลือกลำต้น	เทาแกมน้ำตาล	เทาแกมน้ำตาล
3.	ลักษณะกิ่งเมื่อตัดขวาง	ค่อนข้างกลม	ค่อนข้างกลม
4.	สีใบอ่อน	สีเขียวอ่อนแกมน้ำตาลแดง	สีเขียวอ่อนแกมน้ำตาลแดง
5.	สีใบแก่ด้านบน	สีเขียวเข้ม	สีเขียวเข้ม
6.	รูปร่างใบย่อย	รูปรีหรือไข่แกมรี	รูปไข่แกมรี
7.	ปลายใบ	แหลม	แหลม
8.	โคนใบ	รูปลิ่ม	รูปลิ่ม
9.	ขอบใบ	เรียบ	เรียบ

10.	แผ่นใบ	เป็นคลื่นเล็กน้อย	เป็นคลื่นเล็กน้อย
11.	เนื้อใบ	คล้ายแผ่นหนัง	คล้ายแผ่นหนัง
12.	ความมันแผ่นใบ	เป็นมันวาว	เป็นมันวาว
13.	สีก้านใบ	เขียว	เขียว
14.	รูปร่างผล	ไข่กลับกว้าง	ค่อนข้างกลม
15.	ความสมมาตรของผล	กึ่งสมมาตร	กึ่งสมมาตรหรือค่อนข้างกลม
16.	ปลายผล	มน	มน
17.	ไหล่ผล	ยกสูงข้างเดียว	ไม่ยกหรือยกเล็กน้อยข้างเดียว
18.	ผิวเปลือกผล	มีปุ่มหนาม	มีปุ่มหนาม
19.	รูปร่างตุ่มหนาม	ฐานปุ่มหนามกว้างปลายแหลมเล็กน้อย	ฐานปุ่มหนามกว้างปลายแหลมยาว
20.	สีเปลือก	สีชมพูแกมแดงถึงสีแดงแกมน้ำตาล	สีชมพูแกมแดงถึงสีแดงแกมน้ำตาล
21.	สีเนื้อ	ขาวขุ่น	ขาวใส
22.	รูปร่างเมล็ด	รูปรี (ผลปกติ) รูปขอบขนาน (ผลเมล็ดลีบ)	รูปรี
23.	สีเมล็ด	น้ำตาลเข้มเป็นมันวาว	น้ำตาลเข้มเป็นมันวาว
สัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพเพิ่มเติม			
1)	สิ่งปกคลุมบนกิ่งอ่อน	กิ่งอ่อนมีขนสั้น	กิ่งอ่อนเกลี้ยงหรือมีขนประปราย
2)	ลักษณะช่อดอก	ช่อกระจะ ค่อนข้างโปร่ง	ช่อดอกแบบคล้ายช่อกระจุกเชิงประกอบกึ่งช่อกระจะ

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ลิ้นจี่พันธุ์ป้าชิด

ไม้ต้น สูง 3 ม. เนื่องจากทำสาว ปกติ สูง 7 - 8 ม. พุ่มทรงกลม เปลือกต้นสีเทาแกมน้ำตาล ค่อนข้างเรียบ กิ่งอ่อนมีขนสั้น เปลือกสีน้ำตาล มีช่องอากาศ ใบประกอบแบบขนนกปลายคู่ มีใบย่อย 2 – 6 ใบ ก้านใบยาว 1 – 2 ซม. ใบย่อยรูปรีหรือไข่แกมรี กว้าง 2 – 3 ซม ยาว 6 – 10 ซม. โคนรูปลิ่ม ปลายแหลม ขอบเรียบ แผ่นใบย่อยบางคล้ายกระดาษถึงหนาคล้ายแผ่นหนัง เงามัน เป็นคลื่นเล็กน้อย ด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีปุ่มเล็กและขนประปราย เส้นใบแบบร่างแห จำนวนเส้นแขนงใบ ข้างละ 10 – 12 เส้น ใบอ่อนสีเขียวแกมน้ำตาลแดง ใบแก่สีเขียวเข้ม ช่อดอกแบบช่อกระจะ ค่อนข้างโปร่ง ทรงพีรามิด ออกที่ปลายยอดหรือซอกใบกึ่งปลายยอด มีขนสั้นหนาแน่น ช่อดอกยาว 10 – 20 ซม. ดอกแยกเพศร่วมต้น ดอกสมมาตรตามรัศมี กลีบเลี้ยงรูปถ้วย เส้นผ่านศูนย์กลางถ้วยกลีบเลี้ยง 2 – 4 มม. แฉกกลีบเลี้ยงรูปสามเหลี่ยม กว้าง 1 – 1.5 มม. ยาว ประมาณ 0.5

มม. ปลายมน ด้านในและด้านนอกมีขน ไม่มีกลีบดอก จานฐานดอกรอบโคนรังไข่ รูปวงแหวน ปลายหยักเป็น พู จำนวน 6 – 7 พู เกสรเพศผู้ 6 – 7 อัน ก้านชูอับเรณู ยาว 0.3 - 0.5 มม. มีขน อับเรณูแตกตามยาว มีก้าน รังไข่ รังไข่เหนือวงกลีบ แบบคาร์เพลแยก มี 2 คาร์เพล แต่ละคาร์เพลมี 1 ออวุล มีขนหนาแน่น ดอกเพศผู้ ปลายยอดเกสรเพศเมียไม่แยก ดอกเพศเมียปลายยอดเกสรเพศเมียแยก 2 แฉก ใน 1 ช่อผล มี 1 – 4 ผล ผล แบบผลสดมีเนื้อ ผลอ่อนผนังผลสีเขียว ผลแก่ผนังผลสีชมพูแกมแดงถึงสีแดงแกมน้ำตาล ผลรูปไข่กลับกว้าง กึ่ง สมมาตร ผลที่เมล็ดปกติ กว้าง 4 – 4.8 ซม. ยาว 3.8 – 4.5 ซม. ผลเมล็ดลีบ กว้าง 3.5 – 4.5 ซม. ยาว 3.8 – 4.4 ซม. ปลายมน โคนเบี้ยว ไหล่ผลยกสูงข้างเดียว สูง 3 – 5 มม. เปลือกขรุขระและมีปุ่มหนาม ฐานปุ่มหนาม กว้างปลายแหลมเล็กน้อย เปลือกผลหนา 1 – 2.5 มม. ปุยหุ้มเมล็ดสีขาวขุ่น หนา 0.8 – 1.7 ซม. เมล็ดสี น้ำตาลเข้มเป็นมันเงา เมล็ดปกติรูปรี กว้าง 1.8 – 2.2 ซม. ยาว 2.5 – 2.8 ซม. เส้นผ่านศูนย์กลางขั้วเมล็ด 0.8 – 1 ซม. เมล็ดลีบรูปขอบขนาน กว้าง 0.8 – 1.1 ซม. ยาว 1.4 – 1.9 ซม. เส้นผ่านศูนย์กลางขั้วเมล็ด 0.7 – 1 ซม.

ลักษณะเด่นประจำพันธุ์ ผลโต เนื้อแห้งหนา กรอบ รสหวาน เมล็ดลีบ

ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง BK082903

ลักษณะพุ่มทรงกลม

กิ่งมีช่องอากาศ

ใบอ่อน

ใบแก่

ช่อดอก

ดอกเพศผู้

ดอกเพศเมีย

ลักษณะช่อผล

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะผล

ลักษณะของผลเมล็ดปกติ

ลักษณะของผลเมล็ดลีบ

ลักษณะเมล็ด

กรมวิชาการเกษตร

ลิ้นจี่พันธุ์ป้าอึ๊ด

ไม้ต้น สูง 3 ม. เนื่องจากทำสาว ปกติ สูง 7 - 8 ม. พุ่มทรงกลม เปลือกต้นสีเทาแกมน้ำตาล ค่อนข้างเรียบ กิ่งอ่อนเกลี้ยงหรือมีขนสั้นประปราย เปลือกสีน้ำตาล มีช่องอากาศ ใบประกอบแบบขนนกปลายคู่ มีใบย่อย 2 – 6 ใบ ก้านใบยาว 1 – 1.5 ซม. ใบย่อยรูปไข่แกมรี กว้าง 2 – 3 ซม ยาว 5.5 – 7 ซม. โคนรูปลิ่ม ปลายแหลม ขอบเรียบ แผ่นใบย่อยบางคล้ายกระดาษถึงหนาคล้ายแผ่นหนัง เงามัน เป็นคลื่นเล็กน้อยด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีปุ่มเล็กและขนประปราย เส้นใบแบบร่างแห จำนวนเส้นแขนงใบ ข้างละ 7 – 10 เส้น ใบอ่อนสีเขียวอ่อนแกมน้ำตาล ใบแก่สีเขียวเข้ม ช่อดอกแบบคล้ายช่อกระจุกเชิงประกอบกึ่งช่อกระจะ ทรงพีรามิด ออกที่ปลายยอดหรือซอกใบกิ่งปลายยอด มีขนสั้น ช่อดอกยาว 7 – 17 ซม. ดอกแยกเพศร่วมต้น ดอกสมมาตรตามรัศมี กลีบเลี้ยงรูปถ้วย เส้นผ่านศูนย์กลางถ้วยกลีบเลี้ยง 3 – 5 มม. แฉกกลีบเลี้ยงรูปสามเหลี่ยม กว้างประมาณ 2 มม. ยาวประมาณ 0.5 มม. ปลายมน ด้านในและด้านนอกมีขน ไม่มีกลีบดอก จานฐานดอกรอบโคนรังไข่ รูปวงแหวน ปลายหยักเป็นพู จำนวน 6 – 7 พู เกสรเพศผู้ 6 – 7 อัน ก้านชูอับเรณู ยาว 0.3 - 0.5 มม. มีขน อับเรณูแตกตามยาว มีก้านรังไข่ รังไข่เหนือวงกลีบ แบบคาร์เพลแยก มี 2 คาร์เพล แต่ละคาร์เพลมี 1 ออวุล มีขนหนาแน่น ดอกเพศผู้ปลายยอดเกสรเพศเมียไม่แยก ดอกเพศเมียปลายยอดเกสรเพศเมียแยก 2 แฉก ใน 1 ช่อผล มี 7 – 14 ผล ผลแบบผลสดมีเนื้อ ผลอ่อนผนังผลสีเขียว ผลแก่ผนังผลสีชมพูแกมแดงถึงสีแดงแกมน้ำตาล ผลรูปเกือบกลม สมมาตรและกึ่งสมมาตร กว้าง 3.4 – 4 ซม. ยาว 3.6 – 4.2 ซม. ปลายมน โคนเว้าหรือเกือบป้าน ไหล่ผลไม่ยกหรือยกสูงข้างเดียวเล็กน้อย เปลือกขรุขระและมีปุ่มหนาม ฐานปุ่มหนามกว้างปลายแหลมยาว เปลือกผลหนา 1 – 1.5 มม. ปุยหุ้มเมล็ดสีขาวใส หนา 0.8 – 1.2 ซม. เมล็ดสีน้ำตาลเข้มเป็นมันเงา รูปรี กว้าง 1.4 – 1.8 ซม. ยาว 2.4 – 2.8 ซม เส้นผ่านศูนย์กลางขั้วเมล็ดประมาณ 0.8 ซม.

ลักษณะเด่นประจำพันธุ์ เนื้อแห้งหนา รสหวาน

ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง BK082904

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะทรงพุ่ม

ใบอ่อน

ใบแก่

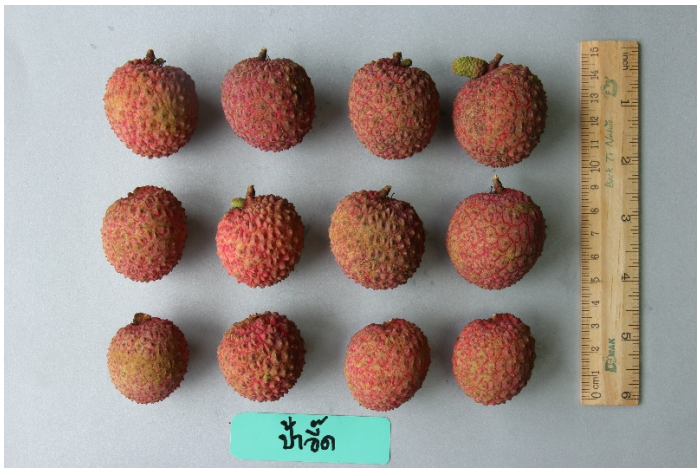
ลักษณะช่อดอกค่อนข้างแน่น

ดอกเพศผู้

ดอกเพศเมีย

ลักษณะช่อผล

ใช้การเกษตร



ลักษณะผล

ลักษณะของผลและเมล็ด

กรมวิชาการเกษตร

1.2. การวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพขนุน

การศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของขนุนพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ขนุนพันธุ์เพชรดำรงและพันธุ์เพชรจริยา อ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครอง ตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชขนุน (*Artocarpus heterophyllus* Lamk.) มีการตรวจสอบและจำแนกลักษณะประจำพันธุ์จากสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์ขนุน จำนวน 28 ลักษณะ ได้แก่ 1) ลักษณะการเจริญของลำต้น 2) ทรงพุ่ม 3) รูปแบบการแตกกิ่ง 4) ลักษณะเปลือกต้น 5) รูปร่างใบ 6) ปลายใบ 7) โคนใบ 8) ขอบใบ 9) สีใบ 10) สีเส้นกลางใบ 11) ความมันของใบ 12) การบิดงอของแผ่นใบ 13) ขนที่บริเวณด้านล่างของใบ 14) รูปร่างก้านใบ 15) รูปร่างช่อดอกเพศผู้ 16) สีช่อดอกเพศผู้ 17) รูปร่างช่อดอกเพศเมีย 18) สีช่อดอกเพศเมีย 19) รูปร่างผล 20) ปลายผล 21) ลักษณะฐานขั้วผล 22) สีเปลือกผล 23) รูปร่างของตุ่มหนามที่ผล 24) การจัดเรียงของเนื้อผล(ยวง) 25) รูปร่างของยวง 26) สีของยวง 27) สีของแกน และ 28) รูปร่างเมล็ด พบว่าสามารถใช้สัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพช่วยจำแนกความแตกต่าง

ระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ได้เบื้องต้น ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) ลักษณะของปลายใบ 3) รูปร่างผล และ 4) รูปร่างของยวง (ดังตารางแสดงลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของขนุนพันธุ์เพชรดำรงและเพชรจริยา)

ตารางแสดงลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของขนุนพันธุ์เพชรดำรงและเพชรจริยา

สัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (Qualitative characteristic)		ขนุนพันธุ์เพชรดำรง	ขนุนพันธุ์เพชรจริยา
1.	การเจริญของลำต้น	กึ่งตั้งตรง	กึ่งตั้งตรง
2.	ทรงพุ่ม	ทรงกลม	พี่รามิดกว้าง
3.	รูปแบบการแตกกิ่ง	การแตกกิ่งแบบกึ่งขนานกับพื้นดิน	การแตกกิ่งแบบกึ่งขนานกับพื้นดิน
4.	ลักษณะเปลือกต้น	เปลือกต้นเรียบ	เปลือกต้นเรียบ
5.	รูปร่างใบ	ไข่กลับกว้าง	ไข่กลับถึงไข่กลับกว้าง
6.	ปลายใบ	ติ่งแหลม	แหลม
7.	โคนใบ	รูปลิ่ม	รูปลิ่ม
8.	ขอบใบ	เรียบ	เรียบ
9.	สีใบ	เขียวเข้ม	เขียวเข้ม
10.	สีเส้นกลางใบ	เหลืองแกมเขียว	เหลืองแกมเขียว
11.	ความมันของใบ	มันวาว	มันวาว
12.	การบิดงอของแผ่นใบ	บิดงอเล็กน้อย	บิดงอเล็กน้อย
13.	ขนที่บริเวณด้านล่างของใบ	ไม่ปรากฏ	ไม่ปรากฏ
14.	รูปร่างก้านใบ	เกือบกลม	เกือบกลม
15.	รูปร่างช่อดอกเพศผู้	ทรงกระบอก	ทรงกระบอก
16.	สีช่อดอกเพศผู้	เขียวอ่อน	เขียวอ่อน
17.	รูปร่างช่อดอกเพศเมีย	รูปรีหรือทรงกระบอกกว้าง	รูปรีหรือทรงกระบอกกว้าง
18.	สีช่อดอกเพศเมีย	เขียวอ่อน	เขียวอ่อน
19.	รูปร่างผล	ค่อนข้างกลมแกมรี	ค่อนข้างกลม
20.	ปลายผล	มนกลม	มนกลม
21.	ลักษณะฐานขั้วผล	บุ๋ม	บุ๋ม
22.	สีเปลือกผล	เขียวอ่อน	เขียวอ่อน
23.	รูปร่างของตุ่มหนามที่ผล	หนามทรงพีรามิดฐานกว้างปลายแหลม	หนามทรงพีรามิดฐานกว้างปลายแหลม
24.	การจัดเรียงของเนื้อผล(ยวง)	เรียงปกติ	เรียงปกติ

กรมวิชาการเกษตร

25.	รูปร่างของยวง	รูปบิด	สี่เหลี่ยมผืนผ้า
26.	สีของยวง	เหลือง	เหลือง
27.	สีของแกน	ขาวนวล	ขาวนวล
28.	รูปร่างเมล็ด	รูปรีถึงรูปไต	รูปรีถึงรูปไต

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ขนุนพันธุ์เพชรดำรง

ไม้ต้น ดอกแยกเพศร่วมต้น สูง 7 – 10 ม. พุ่มทรงกลม ทุกส่วนมีน้ำยางสีขาว ลำต้นกึ่งตั้งตรง กิ่งแตกแบบกึ่งขนานกับพื้นดิน เปลือกต้นเรียบ กิ่งอ่อนเกลี้ยง ใบเดี่ยว เรียงสลับ รูปไข่กลับกว้าง กว้าง 9 – 13.5 ซม. ยาว 12 – 20 ซม. ปลายติ่งแหลม โคนรูปลิ่ม ขอบเรียบ แผ่นใบหนาคล้ายหนัง มันเงา แผ่นใบบิดงอเล็กน้อย ใบแก่แผ่นใบเกลี้ยง ใบอ่อนแผ่นใบด้านล่างมีตุ่มเล็ก เส้นใบแบบร่างแห เส้นใบข้างละ 5 – 7 เส้น ก้านใบยาว 1.5 – 2.5 ซม. เกลี้ยง หูใบยาว 2.5 – 4.5 ซม. ช่อดอกเพศผู้ออกที่ซอกใบและปลายกิ่ง ทรงกระบอก กว้าง 1.5 – 2 ซม. ยาว 3 – 3.5 ซม. ก้านช่อดอกยาว 3 – 5 ซม. เกลี้ยง ดอกเพศผู้หลอดกลีบรวมยาว 0.8 – 1 มม. ปลายแยก 2 แฉก ปลายแฉกหลอดกลีบรวมมีหนามขนาดเล็ก เกสรเพศผู้ 1 อัน ยาวประมาณ 1 มม. อับเรณูรูปรี ยาวประมาณ 0.3 มม. แตกกลางพู ช่อดอกเพศเมียออกที่ปลายกิ่งหรือลำต้น รูปรีหรือทรงกระบอกกว้าง กว้าง 2 – 3.5 ซม. ยาว 5 – 7 ซม. ก้านช่อดอกยาว 6.5 - 8 ซม. เกลี้ยง ดอกเพศเมียหลอดกลีบรวมยาว 3 – 4 มม. ปลายหลอดกลีบรวมมีขนขนาดเล็ก รังไข่เหนือวงกลีบ ยอดเกสรเพศเมีย 1 อัน ยาวประมาณ 5 มม. ปลายยอดเกสรเพศเมียงองุ้ม ผลแบบผลรวม รูปค่อนข้างกลมกึ่งรี กว้าง 27 – 30 ซม. ยาว 30 - 38 ซม. ปลายมนกลม ฐานขั้วผลบุ๋ม ก้านผลยาว 9 – 12 ซม. ผนังผลสีเขียวอ่อน หนามทรงพีรามิดฐานกว้างปลายแหลม หนามสูง 3 – 5 มม. ยวงสีเหลือง รูปบิดไม่สมมาตร กว้าง 4 – 5 ซม. ยาว 5 – 7 ซม. หนา 1 – 1.5 ซม. เมล็ดสีเทา รูปรีถึงรูปไต กว้างประมาณ 2 ซม. ยาว 2.5 – 3 ซม.

ลักษณะเด่นประจำพันธุ์ ขนุนทวาย ผลดก ออกตลอดปี ยวงหนาและมีขนาดใหญ่ รสหวาน กรอบและซังน้อย

ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง BK082919

ศูนย์วิทยทรัพยากร

ลักษณะต้น ทรงพุ่ม และการแตกกิ่ง

เปลือกต้น

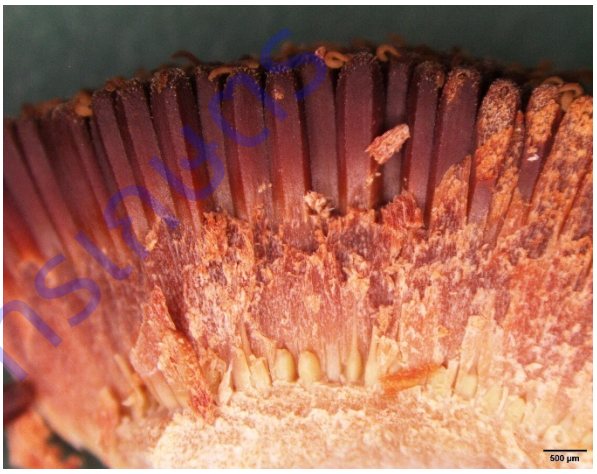
ลักษณะใบ

ช่อดอกเพศผู้

ช่อดอกเพศเมีย

กรมวิชาการเกษตร

ดอกเพศผู้



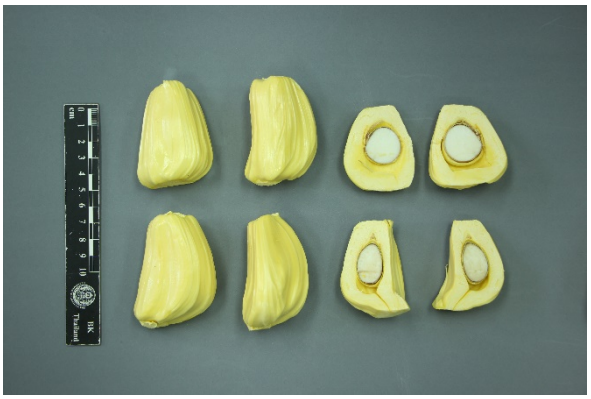
ดอกเพศเมีย

ลักษณะผล

ลักษณะตุ่มหนาม

กรมวิชาการเกษตร

การจัดเรียงของเนื้อผล



ลักษณะยวง

ลักษณะยวงและเมล็ด

กรมวิชาการเกษตร

ขนุนพันธุ์เพชรจริยา

ไม้ต้น ดอกแยกเพศร่วมต้น สูง 7 – 10 ม. พุ่มทรงพีรามิดกว้าง ทุกส่วนมีน้ำยางสีขาว ลำต้นกิ่งตั้งตรง กิ่งแตกแบบกึ่งขนานกับพื้นดิน เปลือกต้นเรียบ กิ่งอ่อนเกลี้ยง ใบเดี่ยว เรียงสลับ รูปไข่กลับกว้าง กว้าง 8.5 – 10.6 ซม. ยาว 11 – 15.6 ซม. ปลายแหลม โคนรูปลิ่ม ขอบเรียบ แผ่นใบหนาคล้ายหนัง มันเงา แผ่นใบบิดงอเล็กน้อย ใบแก่แผ่นใบเกลี้ยง ใบอ่อนแผ่นใบด้านล่างมีตุ่มเล็ก เส้นใบแบบร่างแห เส้นใบข้างละ 5 – 6 เส้น ก้านใบยาว 1– 1.5 ซม. เกลี้ยง หูใบยาว 2 – 3 ซม. ช่อดอกเพศผู้ออกที่ซอกใบและปลายกิ่ง ทรงกระบอก กว้าง 1.5 – 2 ซม. ยาว 2.5 – 3.5 ซม. ก้านช่อดอกยาว 3.5 – 5.5 ซม. เกลี้ยง ดอกเพศผู้หลอดกลีบรวมยาวประมาณ 1 มม. ปลายแยก 2 แฉก ปลายแฉกหลอดกลีบรวมมีหนามขนาดเล็ก เกสรเพศผู้ 1 อัน ยาวประมาณ 1.5 มม. อับเรณูรูปรี ยาวประมาณ 0.3 มม. แตกกลางพู ช่อดอกเพศเมียออกที่ปลายกิ่งหรือลำต้น รูปรีหรือทรงกระบอกกว้าง กว้าง 2.5 – 4 ซม. ยาว 5 – 6 ซม. ก้านช่อดอกยาว 6 - 7 ซม. เกลี้ยง ดอกเพศเมียหลอดกลีบรวมยาว 6 – 7 มม. ปลายหลอดกลีบรวมมีขนขนาดเล็ก รังไข่เหนือวงกลีบ ยอดเกสรเพศเมีย 1 อัน ยาว 7 – 8 มม. ปลายยอดเกสรเพศเมียงอุ้ม ผลแบบผลรวม รูปค่อนข้างกลม กว้าง 24 – 27 ซม. ยาว 31 - 41 ซม. ปลายมนกลม ฐานขั้วผลบุ๋ม ก้านผลยาว 6 – 10 ซม. ผนังผลสีเขียวอ่อน หนามทรงพีรามิดฐานกว้างปลายแหลม หนามสูง 3 – 5 มม. ยวงสีเหลือง รูปสี่เหลี่ยมผืนผ้า กว้าง 6 -7 ซม. ยาว 7 – 8 ซม. หนา 1 - 1.5 ซม. เมล็ดสีเทา รูปรีถึงรูปไต กว้างประมาณ 2 ซม. ยาว 2.5 – 3 ซม.

ลักษณะเด่นประจำพันธุ์ ติดผลตลอดปี ยวงใหญ่ เนื้อหนา รสหวานกรอบ

ตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง BK082918

ลักษณะทรงพุ่ม

หูใบ

การเรียงตัวของใบบนกิ่ง

รูปร่างใบ

กรมวิชาการเกษตร

ช่อดอกเพศผู้

ช่อดอกเพศเมีย

ดอกเพศผู้

ดอกเพศเมีย

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะผล

2.วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

2.1. วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของลิ้นจี่ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่

ตัวอย่างพืชที่นำมาเพื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของลิ้นจี่พันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 17 ตัวอย่าง ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ นพ.1(1) ลิ้นจี่ฮงฮวย 1 ลิ้นจี่แดงจักรพรรดิ ลิ้นจี่ฮงฮวย 2 ลิ้นจี่ นพ. ลิ้นจี่ นพ.1(2) 21(2) 1 ค่อม กะโหลกใบยาว ไทยเล็ก ฮ้วยกี่ สำเภาแก้ว จูบิจี้/วายชิ กุยเว่ย ป้าชิด1 ป้าชิด2 ป้าอึ๊ด ลิ้นจี่ป่า (คอแลน)

การคัดเลือกไพร์เมอร์

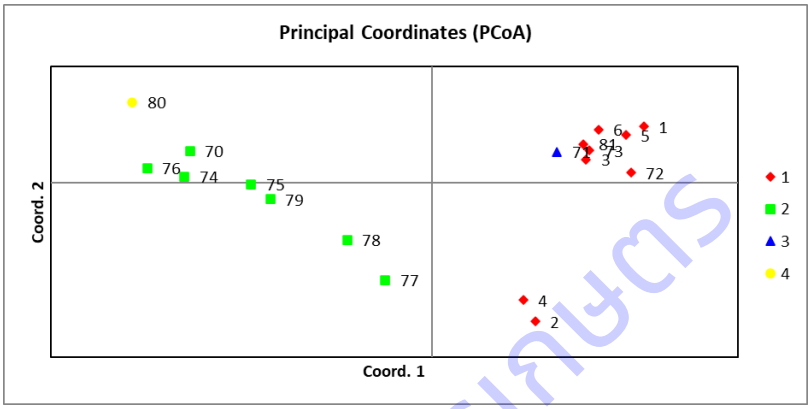
ในการทดลองนี้ใช้เครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 18 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 4) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลิ้นจี่ จำนวน 17 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ตารางที่ 2) พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 125 ตำแหน่ง เฉลี่ย 6.9 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 50 ตำแหน่ง (40.0%) และตำแหน่งคงที่ 75 ตำแหน่ง (60.0%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างที่วิเคราะห์มีความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับค่อนข้างต่ำ มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 185 bp จนถึง 1340 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.0 (ISSR80) จนถึง 0.91 (ISSR46) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.79 (ภาคผนวก ตารางที่ 4) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012) พบปัญหาตัวอย่างใบลิ้นจี่หลายหมายเลขปนเปื้อนเชื้อรา จากการเก็บตัวอย่างที่ไม่เหมาะสม ส่งผลต่อประสิทธิภาพของเครื่องหมายโมเลกุล (ค่า PIC) เนื่องจากต้องคัดแยกเฉพาะตำแหน่งดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อพืช

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA

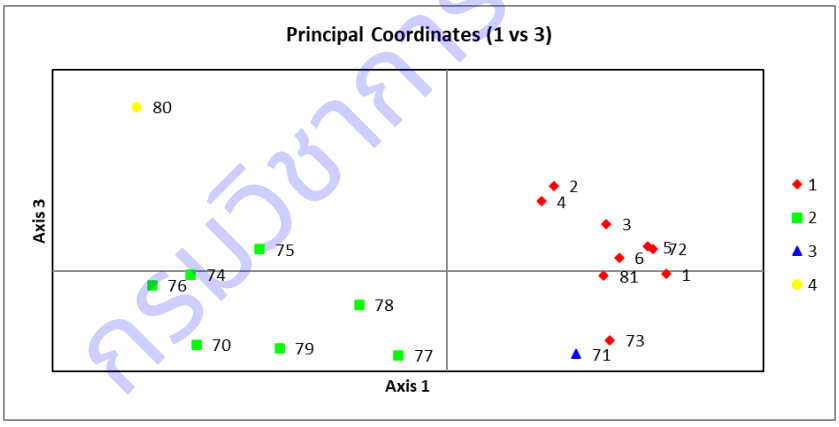
กรมวิชาการเกษตร

จาก การวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างลิ้นจี่ 17 ตัวอย่าง เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 33.23 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 31.08 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 26.17 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 3 กลุ่มหลัก โดยมีกลุ่มตัวอย่างที่แทนด้วยสีแดง และสีเขียว เป็นกลุ่มใหญ่กระจายตัวอยู่รอบแกนกลาง กลุ่มสีเหลือง และน้ำเงิน ซึ่งได้แก่ 80 (ลิ้นจี่ป่า คอแลน) กระจายอยู่บริเวณขอบแสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมจากกลุ่มอื่น (ภาพที่ 4)

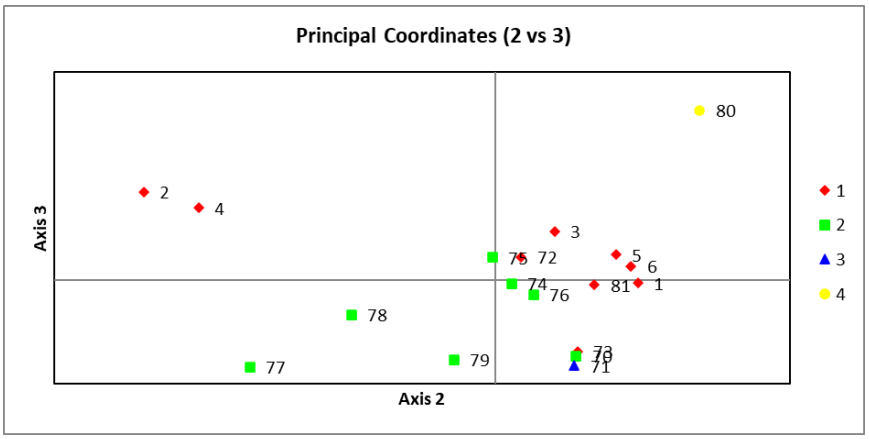
ก



ข



ค

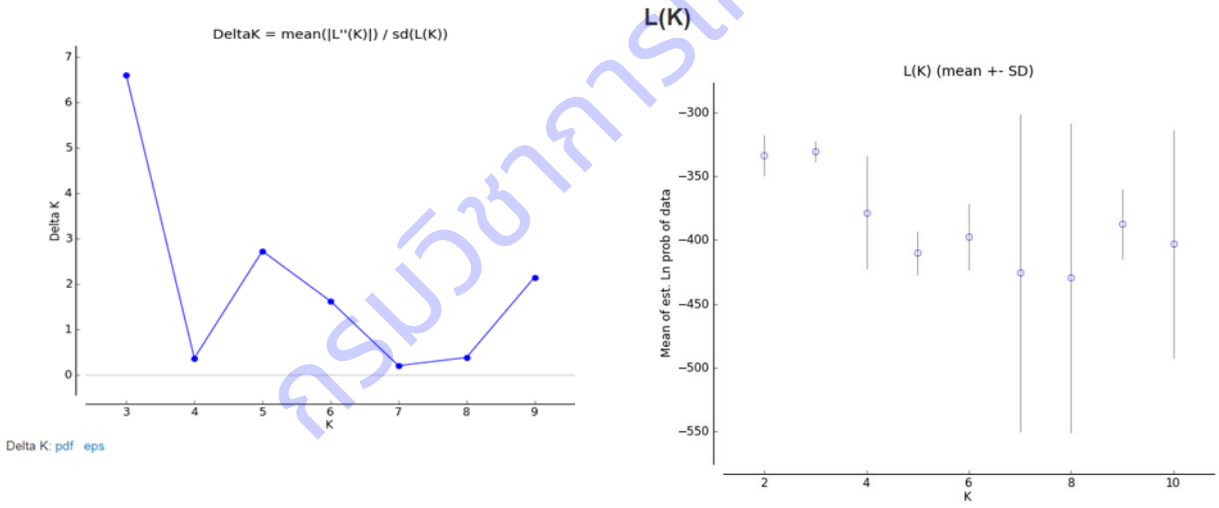


กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 4 แผนภาพ PCoA ของลิ้นจี่ 17 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ตารางที่ 2) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (19.07%) และแกนที่ 2 (14.16%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 33.23% (ข) แกนที่ 1 (19.07%) และแกนที่ 3 (12.01%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 31.08% และ (ค) แกนที่ 2 (14.16%) และแกนที่ 3 (12.01%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 26.17%

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure)

เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างรวม 17 ตัวอย่าง โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 3 และ K=5 โดยค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 3 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 5)

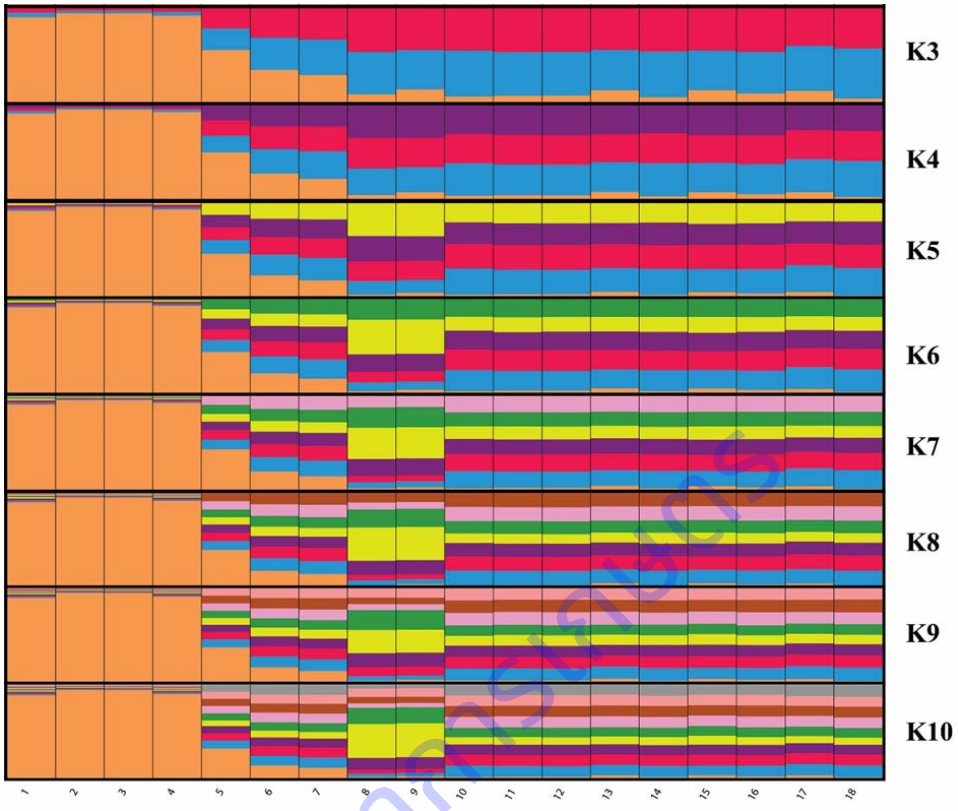


ภาพที่ 5 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างลิ้นจี่ 17 ตัวอย่าง

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างลิ้นจี่ที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 3 พันธุกรรมหลัก และ 5 พันธุกรรมย่อย โดยที่ K = 3 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 5) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่ เมื่อพิจารณาที่ K=3 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีแดง และกลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 5 พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มี

กรมวิชาการเกษตร

โครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีม่วง กลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มสีเหลือง โดยเมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K ที่เพิ่มขึ้นนั้นพบว่า พันธุกรรมสีแดงและสีฟ้ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง โดยที่ K=5 ตรวจพบโครงสร้างย่อยในกลุ่มพันธุกรรมสีฟ้าและสีแดง ในขณะที่กลุ่มพันธุกรรมสีส้มมีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง (ภาพที่ 6)



ภาพที่ 6 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของลิ้นจี่ 17 ตัวอย่าง คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรมที่มีความคงตัวในกลุ่มสีส้ม ได้แก่ ลิ้นจี่ นพ.1(1) ลิ้นจี่ นพ. 1(2) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมกลุ่มสีส้มได้ เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวเกือบ 95 เปอร์เซ็นต์ ที่ K=4 ถึง 10 (ภาคผนวก ตารางที่ 6) ส่วนพันธุ์อื่นมีลักษณะของโครงสร้างผสมในสัดส่วนที่แตกต่างกันที่แบ่งได้เป็นอีก 4 กลุ่ม ที่ค่า K ที่สูงขึ้น (ภาพที่ 6)

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างลิ้นจี่จำนวน 17 ตัวอย่าง พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 3 กลุ่มหลัก (K = 3) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 3 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม สีฟ้า และสีแดง เมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 5 แหล่งพันธุกรรม (K=5) ที่แทนด้วยสีส้ม ม่วง ฟ้า เหลือง และแดง โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่ง

กรมวิชาการเกษตร

รูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาพที่ 6)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree)

การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของลิ้นจี่พันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.87 ถึง 0.99 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูง โดยมีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.87 (87%) คือ หมายเลข 80 (ลิ้นจี่ป่า คอแลน) ส่วนที่ใกล้ชิดกันที่สุดถึง 0.99 (99%) ได้แก่ หมายเลข 5 และ 6 (ลิ้นจี่ นพ.1(2) ตัวอย่างที่ 1 และ 2 ซึ่งคาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน สอดคล้องกับผลการวิเคราะห์ PCoA (ภาคผนวก ภาพที่ 1) ส่วนหมายเลข 1 (ลิ้นจี่ นพ.1(1)) และ 81 เป็นตัวอย่างเดียวกันและถูกใช้เป็นตัวอย่างควบคุม โดยทั้งหมายเลข 5, 6 และ 1 นั้นมีค่า similarity coefficient ที่ 0.99 ซึ่งคาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.87 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลิ้นจี่ทั้ง 17 ตัวอย่าง ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มใหญ่ที่ 1 ประกอบด้วย cluster A มีหมายเลข 80 (ลิ้นจี่ป่า คอแลน) จัดอยู่ในกลุ่ม มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีฟ้าที่มากกว่ากลุ่มอื่น และกลุ่มใหญ่ที่ 2 ที่แยกย่อยได้เป็น 2 กลุ่มย่อย ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.88 ได้แก่ กลุ่มย่อย 2.1 ประกอบด้วย cluster B มีหมายเลข 71 (กะโหลกใบยาว) จัดอยู่ในกลุ่ม และกลุ่มย่อย 2.2 ประกอบด้วย 3 cluster (C, D, E) กลุ่มพันธุ์ในกลุ่มย่อย 2.2 นี้มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมตั้งแต่ 0.91 (91%) ถึง 0.99 (99%) โดย cluster E มีโครงสร้างพันธุกรรมหลักสีส้มที่มากขึ้น (ภาคผนวก ภาพที่ 2)

ภายใน cluster E พบว่า พันธุ์ฮงฮวย หมายเลข 2 และ 4 คาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน มีความแปรปรวนแบบ plant-to-plant variation มีความเหมือนในระดับ 0.98 (98%) (ภาคผนวก ภาพที่ 2)

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในลิ้นจี่ที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่

พันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่มี 2 พันธุ์ ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป่าอึ๊ด และลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิด

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างลิ้นจี่พันธุ์ป่าอึ๊ด ที่ได้รับในการตรวจวิเคราะห์ มีจำนวน 1 หมายเลข คือ หมายเลข 79 พบว่าจัดอยู่ใน cluster C กลุ่มเดียวกันกับ พันธุ์ป่าชิด 2 (78) และมีค่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างกันที่ 0.96 โดยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เหมือนกัน แต่มีสัดส่วนขององค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกันเล็กน้อย ซึ่งอาจทำให้พันธุ์ป่าอึ๊ดมีลักษณะคล้ายกับพันธุ์ป่าชิด 2 หมายเลข 78 (ภาคผนวก ตารางที่ 6)

ผลการวิเคราะห์ลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิด ที่ได้รับในการตรวจวิเคราะห์ มีจำนวน 2 ตัวอย่าง ได้แก่ ป่าชิด1 (77) และ ป่าชิด2 (78) พบว่าทั้ง 2 หมายเลขจัดอยู่ใน cluster C แต่แยกกลุ่ม โดยทั้ง 2 หมายเลขมีค่า similarity coefficient ที่ 0.94 หรือมีความเหมือนกันที่ 94%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

จากการวิเคราะห์พันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนพันธุ์ใหม่ทั้ง 2 พันธุ์นี้พบว่ามีความใกล้ชิดกันมาก มีโครงสร้างพันธุกรรมในกลุ่มเดียวกัน แต่มีสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมต่างกัน (ภาคผนวก ตารางที่ 6) จึงอาจทำให้มีลักษณะประจำพันธุ์ที่ต่างกันเล็กน้อย แต่ทั้งนี้ตัวอย่างพันธุ์ป้าชิด 2 หมายเลข มีความแตกต่างกัน

2.2. วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของขนุนที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่

ตัวอย่างที่นำมาเพื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของขนุนพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 45 ตัวอย่าง

การคัดเลือกไพร์เมอร์

การทดลองนี้ใช้เครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 18 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 3) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของขนุนจำนวน 45 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ตารางที่ 1) พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 149 ตำแหน่ง เฉลี่ย 8.3 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 128 ตำแหน่ง (85.9%) และตำแหน่งคงที่ 21 ตำแหน่ง (14.1%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างที่วิเคราะห์มีความแตกต่างทางพันธุกรรมสูง มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 173 bp จนถึง 1250 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.72 (ISSR43) จนถึง 0.92 (ISSR26) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.87 (ภาคผนวก ตารางที่ 3) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012)

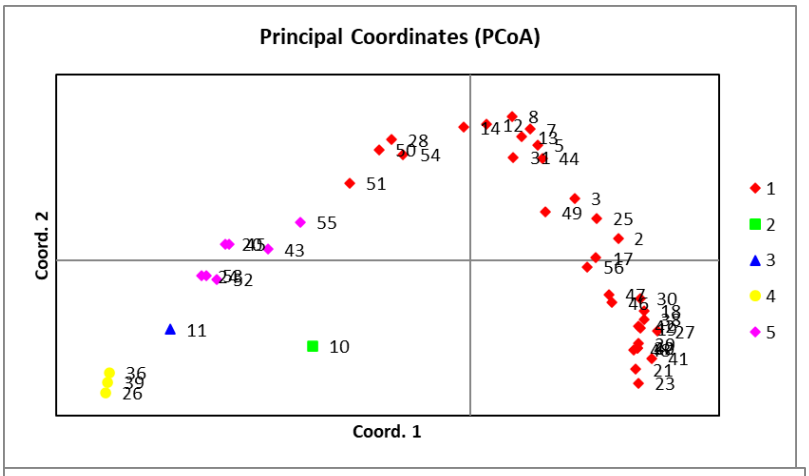
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA

จาก การวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างขนุน 45 ตัวอย่าง เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 54.84 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 48.41 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 16.21 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 3 กลุ่ม โดยมีกลุ่มพันธุ์ที่แทนด้วยสีแดงเป็นกลุ่มใหญ่กระจายตัวอยู่รอบแกนกลาง กลุ่มสีเหลือง เขียว และน้ำเงิน ซึ่งได้แก่ 26 (เหลืองระยอง), 39 (แดงบ้านสวน), 36 (เพรชโอลด์โรส), 10 (แดงศรีราชา (DOA)), 11 (เหลืองบางเตย) และสีชมพู ได้แก่ 55 (ไพศาลทักษิณ), 52 (ทองสุดใจ), 53 (จำปาระยอง (ลูกเขียว)), 43 (รวงทอง), 45 (ฟ้าถล่ม), 24 (เหลืองพิชัย), 20 (คุณหญิง) เกาะอยู่อยู่บริเวณขอบแสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรม โดยพันธุ์ 10 (แดง

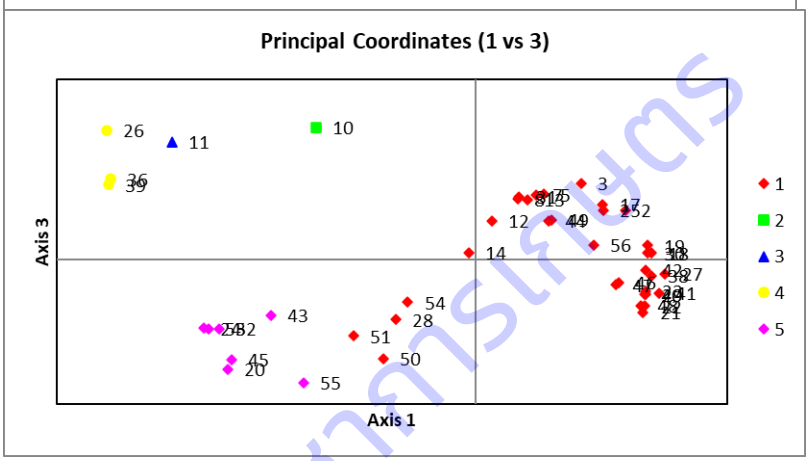
กรมวิชาการเกษตร

ศรีราชา (DOA)) และ 11 (เหลืองบางเตย) แยกกลุ่มอย่างชัดเจนทั้ง 3 แกน แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมจากกลุ่มอื่น (ภาพที่ 1)

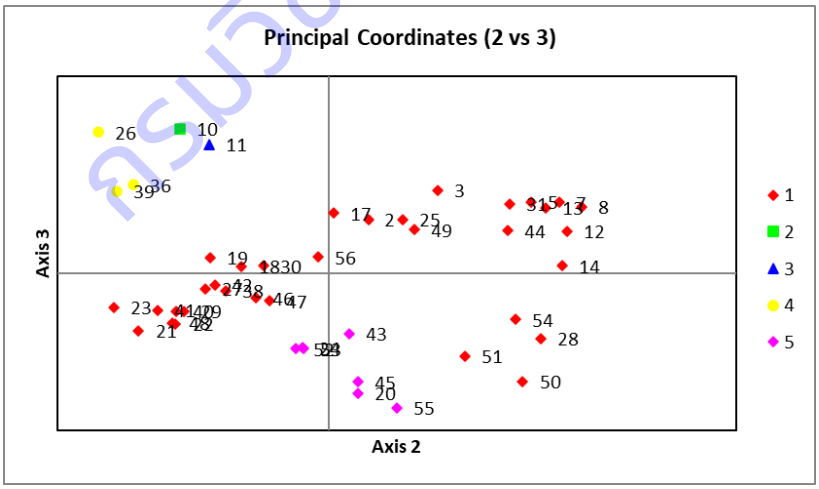
ก



ข



ค

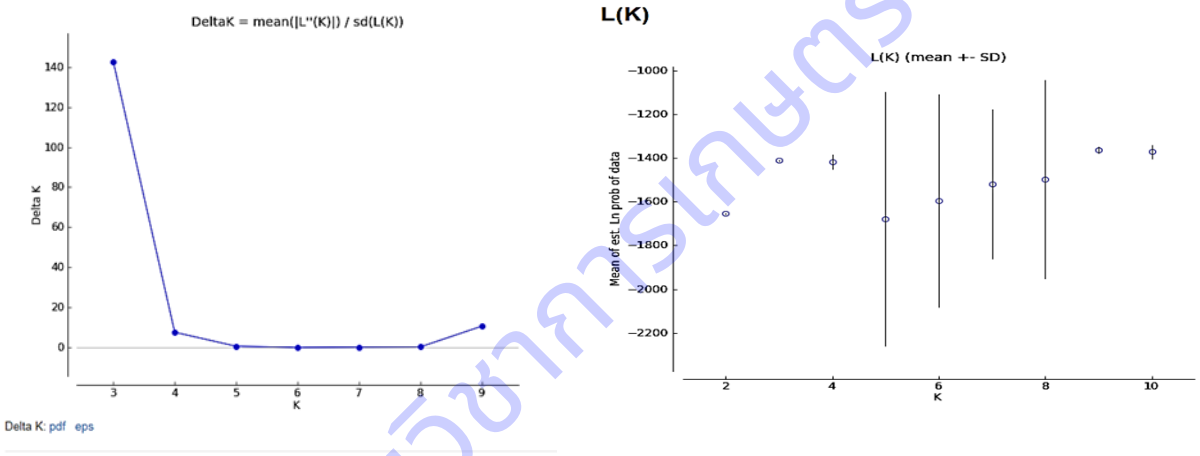


กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 1 แผนภาพ PCoA ของขนุน 45 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (43.67%) และแกนที่ 2 (11.17%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 54.84% (ข) แกนที่ 1 (43.67%) และแกนที่ 3 (4.74%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 48.41% และ (ค) แกนที่ 2 (11.17%) และแกนที่ 3 (4.74%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 16.21%

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure)

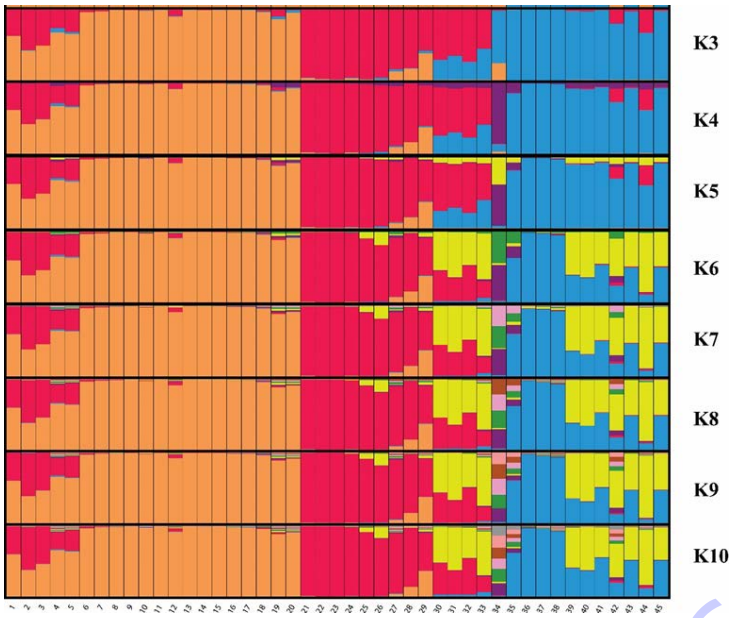
เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างรวม 45 ตัวอย่าง โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 3 และค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 3, 4 และ 9 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 2)



ภาพที่ 2 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างขนุน 45 ตัวอย่าง

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างขนุนที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 3 พันธุกรรมหลัก และ 4 พันธุกรรมย่อย โดยที่ K = 3 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่ เมื่อพิจารณาที่ K=3 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีแดง และกลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 4 พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีม่วง โดยเมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K ที่เพิ่มขึ้นนั้นพบว่า พันธุกรรมสีแดงและสีฟ้ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง โดยที่ K=5 พันธุกรรมสีฟ้าแยกออกเป็น 3 กลุ่ม ในขณะที่กลุ่มพันธุกรรมสีส้มมีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง (ภาพที่ 3)

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 3 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของขนุน 45 ตัวอย่าง คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรมที่มีความคงตัวในกลุ่มสีส้ม ได้แก่ 27 (เหลืองศรีชล), 38 (ละแม), 29 (จำปาศรีราชา), 21 (ทองส้ม), 48 (ทองส้ม) และ 41 (เพรชราชา) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมกลุ่มสีส้มได้ และหมายเลข 5 (เพรชราชา (DOA)), 7 (ศรีบรรจง) และ 8 (ศรีบรรจง (DOA)) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีแดง เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวเกือบ 100 เปอร์เซ็นต์ ที่ K=4 ถึง 10 (ภาคผนวก ตารางที่ 3)

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างขนุนจำนวน 45 ตัวอย่าง พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 3 กลุ่มหลัก (K = 3) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 3 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม สีฟ้า และสีแดง เมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 4 แหล่งพันธุกรรม (K=4) ที่แทนด้วยสีส้ม ม่วง ฟ้า และแดง โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาพที่ 3)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree)

การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของขนุนพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.60 ถึง 0.99 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความแตกต่างทางพันธุกรรมปานกลาง โดยมีตัวอย่างที่มี

กรมวิชาการเกษตร

พันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.60 (60%) คือ หมายเลข 10 (แดงศรีราชา DOA), หมายเลข 11 (เหลืองบางเตย), 26 (เหลืองระยอง), 36 (เพรชโอลด์โรส) และ 39 (แดงบ้านสวน) ส่วนที่ใกล้ชิดกันที่สุดถึง 0.99 (99%) ได้แก่ ศรีบรรจง หมายเลข 7 และ 8 ซึ่งคาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน สอดคล้องกับผลการวิเคราะห์ PCoA (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.60 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของขนุนทั้ง 45 ตัวอย่าง ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มที่ 1 ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีฟ้า และแยกย่อยได้เป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อย 1.1 และ 1.2 ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.66 ประกอบด้วย 3 cluster (A, B, C) โดยพันธุ์ 10 (แดงศรีราชา DOA) แยกอยู่ใน cluster C เพียงพันธุ์เดียว กลุ่มพันธุ์ในกลุ่มใหญ่ 1 นี้มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมตั้งแต่ 0.66 (66%) ถึง 0.86 (86%) ส่วนกลุ่มที่ 2 แยกออกได้อีก 2 กลุ่มย่อยที่ระดับ 0.85 เป็นกลุ่ม 2.1 ที่มีโครงสร้างลักเป็นสีแดง ประกอบด้วย cluster D และ E มีความใกล้ชิดกันระดับ 0.87 (87%) ถึง 0.99 (99%) และกลุ่มย่อย 2.2 ที่มีโครงสร้างหลักเป็นสีส้ม ประกอบด้วย cluster F และ G ซึ่งมีความใกล้ชิดกันมากขึ้นในระดับ 0.91 (91%) ถึง 0.98 (98%) (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ภายใน cluster E พบว่า พันธุ์ศรีบรรจง หมายเลข 7 และ 8 เป็นพันธุ์เดียวกัน และพันธุ์ทวายปีเดียว (13) น่าจะเป็นพันธุ์ที่ลักษณะคล้ายพันธุ์ศรีบรรจงมาก หรืออาจจะเป็นพันธุ์เดียวกัน มีความเหมือนในระดับ 0.98 (98%) (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ภายใน cluster F พบว่า พันธุ์ทองส้ม หมายเลข 21 และ 48 น่าจะเป็นพันธุ์เดียวกัน มีความคล้ายกัน 0.98 (98%) เช่นเดียวกันกับพันธุ์ เหลืองศรีชล (27) กับพันธุ์ละแม (38) ส่วนพันธุ์จำปากรอบ (12) และทองประเสริฐ (14) มีความใกล้ชิดกันมากขึ้นในระดับ 0.97 (97%) แต่ตรวจพบโครงสร้างย่อยที่มีสัดส่วนต่างกันที่ระดับค่า K =9 (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในขนุนที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่

พันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่มี 2 พันธุ์ ได้แก่ ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และพันธุ์เพชรจริยา

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างพันธุ์เพชรดำรง ที่ได้รับในการตรวจวิเคราะห์ ประกอบด้วย 2 หมายเลข คือ หมายเลข 17 (เพชรดำรง-PB) และหมายเลข 19 (เพชรดำรง) พบว่ามีความแตกต่างกันทางพันธุกรรม โดยหมายเลข 17 จัดอยู่ใน cluster G มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นส้ม แดงและฟ้า ที่ K=3 ในสัดส่วน 67.6%, 26.7% และ 5.7% ตามลำดับ แต่หมายเลข 19 จัดอยู่ใน cluster F มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นส้ม แดงและฟ้า เช่นกันที่ K=3 แต่ในสัดส่วน 96.3%, 2.8% และ 0.8% ตามลำดับ (ภาคผนวก ตารางที่ 5 และภาพที่ 1) โดยที่ทั้งสองหมายเลขถูกเก็บมาจากแหล่งต่างกัน (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ทั้งสองหมายเลขพบว่ามีความเหมือนที่ระดับ 0.83 (83%)

ผลการวิเคราะห์พันธุ์เพชรจริยา (18) พบว่าถูกจัดอยู่ใน cluster F มีโครงสร้างหลักเป็นสีส้ม แดงและฟ้า ที่ K=3 ในสัดส่วน 96.1%, 3.7% และ 0.2% ตามลำดับ มีความใกล้ชิดกับพันธุ์ทองวิเชษ (30) ในระดับ 0.97 (97%) และมีโครงสร้างย่อยที่ใกล้เคียงกันมาก ซึ่งอาจจะทำให้ 2 พันธุ์นี้มีความคล้ายคลึงกันสูงมาก (ภาคผนวก ตารางที่ 5 และภาพที่ 1)

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

การศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของลิ้นจี่พันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ลิ้นจี่พันธุ์ป่าชิดและพันธุ์ป่าอี๊ด อ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครอง ตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชลิ้นจี่ มีการตรวจสอบและจำแนกลักษณะประจำพันธุ์จากสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์ลิ้นจี่ จำนวน 23 ลักษณะ มีลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ใกล้เคียงกัน แต่จากการศึกษาเพิ่มเติมตามหลักอนุกรมวิธานพืช พบว่าสามารถใช้ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่ปรากฏในพืช ช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ให้ชัดเจนยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) สิ่งปกคลุมบนกิ่งอ่อน และ 2) ลักษณะช่อดอก เมื่อพิจารณาข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพร่วมกับข้อมูลการวิเคราะห์ทางความหลากหลายทางพันธุกรรม ด้วยวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ พบว่าลิ้นจี่ ทั้ง 2 พันธุ์ มีความใกล้เคียงทางพันธุ์กรรม มีโครงสร้างพันธุกรรมในกลุ่มเดียวกัน แต่มีสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมต่างกัน จึงอาจทำให้มีลักษณะประจำพันธุ์ที่ต่างกันเล็กน้อย

การศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของขนุนพันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ขนุนพันธุ์เพชรดำรงและพันธุ์เพชรจริยา อ้างอิงจากรายละเอียดในการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามชนิดพืชที่ได้ประกาศให้เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการคุ้มครอง ตามมาตรา 14 แห่งพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ชนิดพืชขนุน (*Artocarpus heterophyllus* Lamk.) มีการตรวจสอบและจำแนกลักษณะประจำพันธุ์จากสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์ขนุน จำนวน 28 ลักษณะ พบว่าสามารถใช้สัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพเบื้องต้น ช่วยจำแนกความแตกต่างระหว่างฝ้ายทั้ง 2 พันธุ์ได้เบื้องต้น ได้แก่ 1) ลักษณะทรงพุ่ม 2) ลักษณะของปลายใบ 3) รูปร่างผล และ 4) รูปร่างของยวง เมื่อพิจารณาข้อมูลจากลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพร่วมกับข้อมูลการวิเคราะห์ทางความหลากหลายทางพันธุกรรม ด้วยวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ พบว่าขนุน ทั้ง 2 พันธุ์ มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างชัดเจน

ผลวิจัยการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม พบว่าสามารถพัฒนาวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์ขนุนและพันธุ์ลิ้นจี่ได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ แล้วจัดทำแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในตัวอย่างขนุน 45 ตัวอย่าง พบว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมดมีพันธุกรรมที่แตกต่างกันระดับปานกลาง มีค่า similarity coefficient อยู่ระหว่าง 0.60 ถึง 0.99 มีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมซ้ำกัน 2 คู่ ได้แก่ พันธุ์ศรีบรรจง หมายเลข 7 และ 8, พันธุ์ทองส้ม หมายเลข 21 และ 48 และพบพันธุ์ที่คล้ายกันซึ่งอาจเป็นพันธุ์เดียวกันอีก จำนวน 3 คู่ ได้แก่ พันธุ์บรรจง (7, 8) กับพันธุ์ทวายปีเดียว (13), พันธุ์เหลืองชล (27) กับพันธุ์ละแม (38) โดยในจำนวนที่ศึกษานี้ มีตัวแทนของ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีเดียวมากกว่า 97 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ กลุ่มพันธุ์แท้ที่มีพันธุกรรมหลักสีส้ม ได้แก่ 27 (เหลืองศรีชล), 38 (ละแม), 29 (จำปาศรีราชา), 21 (ทองส้ม), 48 (ทองส้ม) และ 41 (เพรชราชา) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมกลุ่มสีส้มได้ กลุ่มพันธุ์แท้ที่มีพันธุกรรมหลักสีแดง ได้แก่ หมายเลข 5 (เพรชราชา (DOA)), 7 (ศรีบรรจง) และ 8 (ศรีบรรจง (DOA)) ทวายปีเดียว (13) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีแดง เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวเกือบ 100 เปอร์เซ็นต์ในค่า K ที่สูงขึ้น ในกลุ่มพันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ 2 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ที่ ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และพันธุ์เพชรจริยา พบว่าพันธุ์เพชรดำรง 2 หมายเลขความแตกต่างกันในสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรมและจัดอยู่ในกลุ่มที่ต่างกันโดยถูกเก็บมาจากแหล่งที่ต่างกัน โดยพันธุ์เพชรดำรงนี้มีโครงสร้างหลักเป็นสีส้มและแดง ส่วนพันธุ์เพชรจริยา พบว่ามีความใกล้ชิดกับพันธุ์ทองวิเชษ (30) ในระดับ 0.97 (97%) และมีโครงสร้างย่อยที่ใกล้เคียงกันมาก ซึ่งอาจจะทำให้ 2 พันธุ์นี้มีความคล้ายคลึงกันสูงมาก โดยในจำนวนที่ศึกษานี้ ลิ้นจี่ นพ.1(1) ลิ้นจี่ นพ.1(2) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมกลุ่มสีส้มได้ ส่วนพันธุ์อื่นมีลักษณะของโครงสร้างผสมในสัดส่วนที่แตกต่างกันที่แบ่งได้เป็นอีก 4 กลุ่ม

ในกลุ่มพันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ 2 พันธุ์ ได้แก่ ขนุนพันธุ์เพชรดำรง และพันธุ์เพชรจริยา พบว่าพันธุ์เพชรดำรง 2 หมายเลข มีความแตกต่างกันในสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรมและจัดอยู่ในกลุ่มที่ต่างกันโดยถูกเก็บมาจากแหล่งที่ต่างกัน ส่วนพันธุ์เพชรจริยา พบว่ามีความใกล้ชิดกับพันธุ์ทองวิเชษ (30) ในระดับ 0.97 (97%) และมีโครงสร้างย่อยที่ใกล้เคียงกันมาก ซึ่งอาจจะทำให้ 2 พันธุ์นี้มีความคล้ายคลึงกันสูงมาก ซึ่งอาจกระจายพันธุ์มาจากแหล่งพันธุ์เดียวกัน ในการศึกษาลิ้นจี่พบว่าตัวอย่างใบมีการปนเปื้อนเชื้อราหลายตัวอย่างทำให้ประสิทธิภาพเครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกพันธุ์ต่ำลง รวมทั้งมีจำนวนพันธุ์ที่ใช้ศึกษาน้อย ทำให้การเปรียบเทียบมีความแม่นยำน้อยลงเช่นกัน

การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์ขนุนและลิ้นจี่ที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบ จำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์เดิมที่มีอยู่ รวมทั้งเพิ่มจำนวนเครื่องหมายโมเลกุลให้มากขึ้น เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลที่ได้นี้ นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์ที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย

เอกสารอ้างอิง

ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล วีรเดช โขนสันเทียะ รัชนี ขันธหัตถ์ เพียงเพ็ญ ศรวัต ประพิศ วองเทียม ศุภชัย สารกาญจน์ อัจฉรา ลิ่มศิลา. 2553. ฐานข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลังพันธุ์ไทย พันธุ์ลูกผสม และพันธุ์ต่างประเทศ. ผลงานวิจัยดีเด่นและผลงานวิจัยที่เสนอเข้าร่วมพิจารณาเป็นผลงานวิจัยดีเด่นประจำปี 2552. กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. หน้า 16-30.

กรมวิชาการเกษตร

Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genet Resour. 4: 359–361.

Evanno, G. Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14: 2611- 2620.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567–1587.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resour 9: 1322- 1332.

Koopmans, A. 2005 Biomass energy demand and supply for South and South-East Asia: assessing the resource base. Biomass Bioenergy. 28: 133-150.

Li, M. and D.J. Midmore. 1999. Estimating the genetic relationships of chinese water chestnut (E. dulcis Burm. (f) Hensch) cultivated in Australia, using RAPD. Journal of Horticultural Science and Biotechnolog. 74(2): 224-231.

Oliveira, K.M., Pinto, L.R., Marconi, T.G., Mollinari, M., Ulian, E.C., Chabregas, S.M., Falco, M.C., Burnquist, W., Garcia, A.A.F. and Souza, A.P. 2009. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. Genome. 52(2). Source: https://doi.org/10.1139/G08-105

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version-2.1. New York: Applied Biostatistics.

Rosenberg, N. A. 2003. DISTRUCT: a program for the graphical display of population Structure. Mole Ecol Notes. 4: 137–138.

Silva, D.C., de Souza, M.C.P., Filho, L.S.C.D., Duarte, S.C., Santos, J. M., Souza Barbosa, G.V., Almeida, C. 2012. New Polymorphic EST-SSR Markers in Sugarcane. Sugar Tech 14, 357–363. Source: https://doi.org/10.1007/s12355-012-0184-7

Yu, J. Z., Fang, D. D., Kohel, R. J., Ulloa, M., Hinze, L. L., Percy, R. G., and Jones, D. C. 2012. Development of a core set of SSR markers for the characterization of Gossypium germplasm. Euphytica. 187: 203-213

กรมวิชาการเกษตร

ภาคผนวก

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์ขนุนที่ใช้ในการวิเคราะห์

	รหัส	ชื่อ	รหัส	ที่มา		รหัส	ชื่อ	รหัส	ที่มา
1	2	รุ่งทวี	RT-SK (DOA)		26	36	เพรชโอลด์โรส	At11032021-01	อ. วังจันทร์ จ.ชลบุรี
2	3	มาเลย์	MAL-SK		27	38	ละแม	At11032021-03	อ. วังจันทร์ จ.ชลบุรี
3	5	เพรชราชา (DOA)	PRCH-SK (DOA)		28	39	แดงบ้านสวน	At11032021-04	อ. วังจันทร์ จ.ชลบุรี
4	7	ศรีบรรจง	SBJ-SK		29	40	ทวายบ้านสวน	At11032021-05	อ. วังจันทร์ จ.ชลบุรี
5	8	ศรีบรรจง (DOA)	SBJ-SK (DOA)		30	41	เพรชราชา	At11032021-06	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
6	10	แดงศรีราชา (DOA)	DCH-SK (DOA)		31	42	เหลืองพิชัย	At12032021-01	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
7	11	เหลืองบางเตย	HBT-SK		32	43	รวงทอง	At12032021-02	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
8	12	จำปากรอบ	JPK-SK		33	44	ป้าจื๊อ	At12032021-03	อ. วังจันทร์ จ.ชลบุรี
9	13	ทวายปีเดียว	TPD-SK		34	45	ฟ้าถล่ม	At12032021-04	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
10	14	ทองประเสริฐ	TP-SK		35	46	อินโดแคระ	At12032021-05	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
11	17	เพรชดำรง-PB	PDR-PB		36	47	แดงสุริยา	At12032021-06	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
12	18	เพรชจริยา	At16032021-01	จ. เพชรบูรณ์	37	48	ทองส้ม	At12032021-07	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
13	19	เพรชดำรง	At16032021-02	จ. เพชรบูรณ์	38	49	รุ่งทวี	At12032021-08	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
14	20	คุณหญิง	At16032021-03	จ. เพชรบูรณ์	39	50	ไต้หวันเมล็ดลีบ	At12032021-09	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
15	21	ทองส้ม	At09032021-01	อ. บ้านบึง จ.ชลบุรี	40	51	เหลืองระยอง	At12032021-10	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
16	22	แดงสุริยา	At09032021-02	อ. บ้านบึง จ.ชลบุรี	41	52	ทองสุดใจ	At12032021-11	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
17	23	รวงทอง	At09032021-03	อ. บ้านบึง จ.ชลบุรี	42	53	จำปาระยอง (ลูกเขียว)	At12032021-12	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
18	24	เหลืองพิชัย	At10032021-01	อ. ศรีราชา จ.ชลบุรี	43	54	เหรียญทอง	At12032021-13	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
19	25	ทองหอม	At10032021-02	อ. ศรีราชา จ.ชลบุรี	44	55	ไพศาลทักษิณ	At12032021-14	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
20	26	เหลืองระยอง	At10032021-03	อ. ศรีราชา จ.ชลบุรี	45	56	ขาวโอบรัก	At12032021-15	อ. บางละมุง จ.ชลบุรี
21	27	เหลืองศรีชล	At10032021-04	อ. ศรีราชา จ.ชลบุรี					
22	28	แดงราชา	At10032021-05	อ. แกลง จ.ระยอง					

กรมวิชาการเกษตร

23	29	จำปาศรีราชา	At10032021-06	อ. แกลง จ.ระยอง					
24	30	ทองวิเชษ	At10032021-07	อ. แกลง จ.ระยอง					
25	31	ทวาย	At10032021-08	อ. แกลง จ.ระยอง					

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 2 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์ลิ้นจี่ที่ใช้ในการวิเคราะห์

ลำดับ	ชื่อพันธุ์	แหล่งที่มา	หมายเลขตัวอย่างอ้างอิง
1	ลิ้นจี่ นพ.1(1)		NP1- SKDOA 22072020
2	ลิ้นจี่ฮงฮวย 1		HH-SK1 22072020
3	ลิ้นจี่แดงจักรพรรดิ		DJP-SK 22072020
4	ลิ้นจี่ฮงฮวย 2		HH-SK2 22072020
5	ลิ้นจี่ นพ.1(2) 1		NP1-SK1 22072020
6	ลิ้นจี่ นพ.1(2) 2		NP1-SK2 22072020
70	ค่อม	ศวพ.ศรีสะเกษ	SK14012021-01
71	กะโหลกใบยาว	ศวพ.ศรีสะเกษ	SK14012021-02
72	ไทยเล็ก	ศวพ.ศรีสะเกษ	SK14012021-03
73	ฮ้วยกี่	ศวพ.ศรีสะเกษ	SK14012021-04
74	สำเภาแก้ว	ศวพ.ศรีสะเกษ	SK14012021-05
75	จูบิจี้/วายชิ	ไร่บีเอน จ.เพชรบูรณ์	
76	กุยเว่ย	ไร่บีเอน จ.เพชรบูรณ์	
77	ป้าชิด1	ไร่บีเอน จ.เพชรบูรณ์	
78	ป้าชิด2	ไร่บีเอน จ.เพชรบูรณ์	
79	ป้าอี๊ด	ไร่บีเอน จ.เพชรบูรณ์	
80	ลิ้นจี่ป่า คอแลน		L26022021

ตารางที่ 3 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของขนุน

	Sequence	polymorphism	monomorphism	Product (bp)	Number of fragments	PIC
ISSR11	GAG AGA GAG AGA GAG AC	5	4	260-790	9	0.889
ISSR15	CTC TCT CTC TCT CTC TG	6	0	402-1180	6	0.831
ISSR18	CAC ACA CAC ACA CAC AG	10	0	230-1250	10	0.898
ISSR25	ACA CAC ACA CAC ACA CT	6	2	204-607	8	0.875
ISSR26	ACA CAC ACA CAC ACA CC	10	2	210-805	12	0.915
ISSR27	ACA CAC ACA CAC ACA CG	9	0	365-1120	9	0.889
ISSR28	TGT GTG TGT GTG TGT GA	6	0	266-690	6	0.831
ISSR35	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	3	5	173-427	8	0.867
ISSR36	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	4	2	190-590	6	0.833
ISSR43	CTC TCT CTC TCT CTC TRA	4	0	254-886	4	0.723
ISSR44	CTC TCT CTC TCT CTC TRC	9	0	307-838	9	0.884
ISSR46	CAC ACA CAC ACA CAC ART	10	0	340-890	10	0.892
ISSR56	ACA CAC ACA CAC ACA CYA	11	0	237-984	11	0.908
ISSR57	ACA CAC ACA CAC ACA CYG	10	0	267-960	10	0.897
ISSR58	TGT GTG TGT GTG TGT GRT	7	0	264-708	7	0.857

กรมวิชาการเกษตร

ISSR59	TGT GTG TGT GTG TGT GRC	6	0	330-1217	6	0.827
ISSR60	TGT GTG TGT GTG TGT GRA	9	1	197-533	10	0.898
ISSR68	GAA GAA GAA GAA GAA GAA	3	5	290-601	8	0.875
total		128	21	-	149	0.866

ตารางที่ 4 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของลิ้นจี่

	Sequence	polymorphism	monomorphism	Product (bp)	Number of fragments	PIC
ISSR11	GAG AGA GAG AGA GAG AC	3	6	248-664	9	0.887
ISSR12	GAG AGA GAG AGA GAG AA	3	3	350-664	6	0.833
ISSR34	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	3	5	294-838	8	0.873
ISSR35	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	3	5	236-798	8	0.874
ISSR36	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	3	7	237-682	10	0.899
ISSR46	CAC ACA CAC ACA CAC ART	6	6	378-1174	12	0.914
ISSR48	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	2	3	419-1225	5	0.785
ISSR49	GTG TGT GTG TGT GTG TYA	0	2	611-744	2	0.500
ISSR53	TCT CTC TCT CTC TCT CRT	4	5	465-1301	9	0.880
ISSR56	ACA CAC ACA CAC ACA CYA	3	4	543-1284	7	0.857
ISSR59	TGT GTG TGT GTG TGT GRC	1	3	538-1225	4	0.750
ISSR72	GAT AGA TAG ATA GAT A	3	5	185-782	8	0.859
ISSR76	GAT AGA TAG ACA GAC A	5	5	400-830	10	0.900
ISSR79	CTT CAC TTC ACT TCA	1	4	425-605	5	0.798
ISSR80	GGA GAG GAG AGG	0	1	573	1	0.000

กรมวิชาการเกษตร

	AGA					
ISSR91	HVH TGT GTG TGT GTG TG	4	2	361-1340	6	0.833
ISSR95	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC	3	5	197-845	8	0.875
ISSR100	ACT TCC CCA CAG GTT AAC ACA	3	4	377-1229	7	0.855
total		50	75	-	125	0.787

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ขนุน 45 ตัวอย่าง ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3 และ K= 9

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
1	1.1	A	52	ทองสุดใจ	0.70%	97.00%	2.30%	0.20%	45.70%	0.40%	0.60%	50.80%	0.60%	0.60%	0.50%	0.60%
			55	ไพศาลทักษิณ	1.10%	65.80%	33.20%	0.30%	5.40%	0.60%	1.30%	87.40%	1.30%	1.30%	1.20%	1.30%
			53	จำปาระยอง (ลูกเขียว)	0.70%	96.70%	2.70%	0.20%	45.80%	0.40%	0.40%	51.60%	0.40%	0.40%	0.40%	0.40%
			43	รวงทอง	1.10%	78.80%	20.20%	0.20%	12.30%	1.70%	7.30%	52.40%	6.40%	6.40%	6.70%	6.60%
			24	เหลืองพิชัย	0.40%	98.40%	1.20%	0.10%	49.70%	0.40%	0.50%	47.40%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%
			45	ฟ้าถล่ม	0.50%	96.60%	2.90%	0.10%	30.00%	0.20%	0.30%	67.90%	0.40%	0.40%	0.40%	0.40%
			20	คุณหญิง	0.50%	97.20%	2.40%	0.10%	34.00%	0.20%	0.50%	63.00%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%
		B	39	แดงบ้านสวน	0.20%	99.60%	0.20%	0.10%	92.40%	0.10%	1.40%	0.60%	1.30%	1.30%	1.50%	1.40%
			36	เพรชโอลด์โรส	0.10%	99.70%	0.20%	0.10%	95.50%	0.20%	0.70%	0.70%	0.70%	0.70%	0.70%	0.70%
			26	เหลืองระยอง	0.20%	99.60%	0.20%	0.10%	97.00%	0.10%	0.50%	0.30%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%
			11	เหลืองบางเตย	0.30%	99.30%	0.50%	0.10%	60.20%	0.30%	6.50%	2.40%	7.40%	8.30%	8.30%	6.60%
	1.2	C	10	แดงศรีราชา (DOA)	24.10%	74.30%	1.60%	0.30%	1.40%	0.30%	18.60%	0.50%	18.70%	23.20%	20.20%	16.90%
2	2.1	D	51	เหลืองระยอง	0.70%	44.00%	55.30%	0.70%	2.30%	19.50%	1.80%	68.50%	1.80%	1.90%	1.80%	1.80%
			54	เหรียญทอง	0.70%	25.30%	74.10%	0.30%	0.30%	49.50%	0.40%	47.90%	0.40%	0.40%	0.40%	0.40%
			50	ไต้หวันเมล็ดลีบ	0.60%	33.70%	65.70%	0.40%	0.10%	31.60%	0.30%	66.40%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			28	แดงราชา	0.50%	28.20%	71.30%	0.30%	0.20%	42.40%	0.20%	56.00%	0.20%	0.20%	0.20%	0.20%
		E	49	รุ่งทวี	37.90%	3.70%	58.40%	36.80%	0.40%	53.40%	1.20%	3.40%	1.20%	1.20%	1.20%	1.20%
			44	ป้าจื๊อ	16.50%	0.40%	83.10%	14.40%	0.20%	82.90%	0.30%	0.80%	0.40%	0.40%	0.40%	0.40%
			31	ทวาย	12.40%	3.40%	84.30%	4.80%	0.40%	84.30%	1.90%	0.80%	2.00%	1.90%	1.90%	1.90%

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ขนุน 45 ตัวอย่าง ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3 และ K= 9 (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			14	ทองประเสริฐ	0.60%	3.30%	96.10%	0.30%	0.40%	80.20%	0.40%	17.10%	0.40%	0.40%	0.40%	0.40%
			12	จำปากรอบ	0.70%	0.70%	98.60%	0.30%	0.30%	89.80%	0.50%	7.10%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%
			13	ทวายปีเดียว	3.10%	0.40%	96.50%	0.70%	0.10%	97.30%	0.20%	0.50%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			8	ศรีบรรจง (DOA)	0.50%	0.20%	99.30%	0.20%	0.10%	99.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			7	ศรีบรรจง	1.40%	0.20%	98.40%	0.30%	0.10%	99.00%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			5	เพรชราชา (DOA)	3.20%	0.20%	96.60%	0.80%	0.10%	98.40%	0.10%	0.20%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
	2.2	F	40	ทวายบ้านสวน	95.40%	3.80%	0.90%	90.90%	0.20%	0.30%	1.50%	1.20%	1.60%	1.40%	1.50%	1.50%
			47	แดงสุริยา	86.60%	3.40%	10.00%	88.20%	0.20%	1.70%	1.50%	2.20%	1.60%	1.50%	1.50%	1.60%
			19	เพรชดำรง	96.30%	0.80%	2.80%	95.70%	0.40%	1.20%	0.50%	0.20%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%
			23	รวงทอง	99.00%	0.60%	0.40%	97.90%	0.20%	0.20%	0.30%	0.20%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			22	แดงสุริยา	98.90%	0.60%	0.50%	98.00%	0.20%	0.20%	0.30%	0.20%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			41	เพรชราชา	99.30%	0.20%	0.50%	99.10%	0.10%	0.20%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			48	ทองส้ม	99.10%	0.20%	0.70%	99.00%	0.10%	0.30%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			21	ทองส้ม	99.40%	0.20%	0.40%	99.10%	0.10%	0.20%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			46	อินโดแคระ	89.70%	0.90%	9.40%	91.40%	0.30%	5.00%	0.50%	1.10%	0.50%	0.40%	0.50%	0.50%
			29	จำปาศรีราชา	99.30%	0.20%	0.50%	99.10%	0.10%	0.20%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			42	เหลืองพิชัย	98.00%	0.70%	1.30%	97.30%	0.20%	0.60%	0.30%	0.50%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			38	ละแม	99.10%	0.20%	0.80%	99.00%	0.10%	0.30%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			27	เหลืองศรีชล	99.20%	0.20%	0.60%	98.60%	0.10%	0.20%	0.20%	0.10%	0.20%	0.20%	0.20%	0.20%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 5 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ขนุน 45 ตัวอย่าง ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3 และ K= 9 (ต่อ)

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=9								
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล	ชมพูส้ม
			30	ทองวิเชษ	97.30%	0.20%	2.50%	97.90%	0.10%	1.30%	0.10%	0.20%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			18	เพรชจริยา	96.10%	0.20%	3.70%	96.50%	0.10%	2.30%	0.20%	0.10%	0.20%	0.20%	0.20%	0.20%
	2.2	G	56	ขาวโอบรัก	65.30%	3.00%	31.70%	63.40%	0.70%	30.10%	1.00%	1.10%	0.90%	0.90%	1.00%	1.00%
			17	เพรชดำรง-PB	67.60%	5.70%	26.70%	65.50%	1.30%	24.80%	1.60%	0.60%	1.50%	1.50%	1.60%	1.50%
			25	ทองหอม	48.90%	0.20%	50.90%	45.80%	0.10%	53.50%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%
			3	มาเลย์	42.10%	0.40%	57.50%	37.70%	0.10%	60.50%	0.30%	0.20%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			2	รุ่งทวี	62.30%	0.20%	37.50%	59.50%	0.10%	39.80%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%

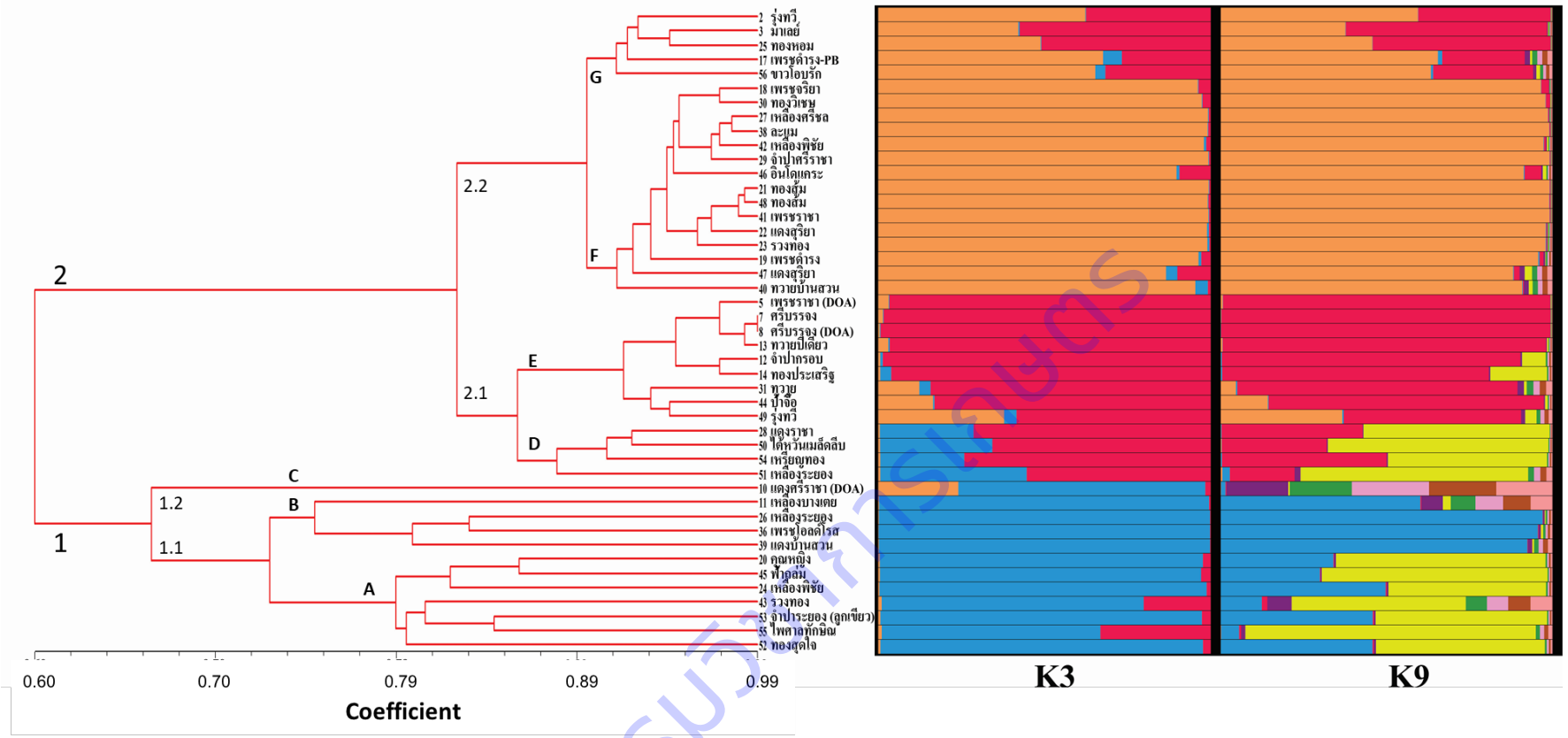
ตารางที่ 6 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์ลิ้นจี่ 17 ตัวอย่าง ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3 และ K= 9

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=5				
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง
1	-	A	80	ลิ้นจี่ป่า คอแลน	3.56%	53.80%	42.65%	1.25%	29.46%	24.97%	24.73%	19.59%
2	2.1	B	71	กะโหลกใบยาว	11.86%	48.09%	40.05%	5.14%	28.37%	23.56%	23.51%	19.42%
	2.2	C	79	ป้าอี๊ด	9.19%	44.19%	46.63%	3.36%	25.94%	26.52%	22.55%	21.64%
			78	ป้าชิด2	12.61%	42.23%	45.17%	5.03%	24.55%	25.89%	22.52%	22.00%
			77	ป้าชิด1	5.29%	48.52%	46.19%	1.82%	27.94%	25.15%	24.44%	20.64%
		D	75	จูบิจี้/วายชิ	12.63%	42.99%	44.38%	5.39%	25.29%	25.50%	22.61%	21.21%

กรมวิชาการเกษตร

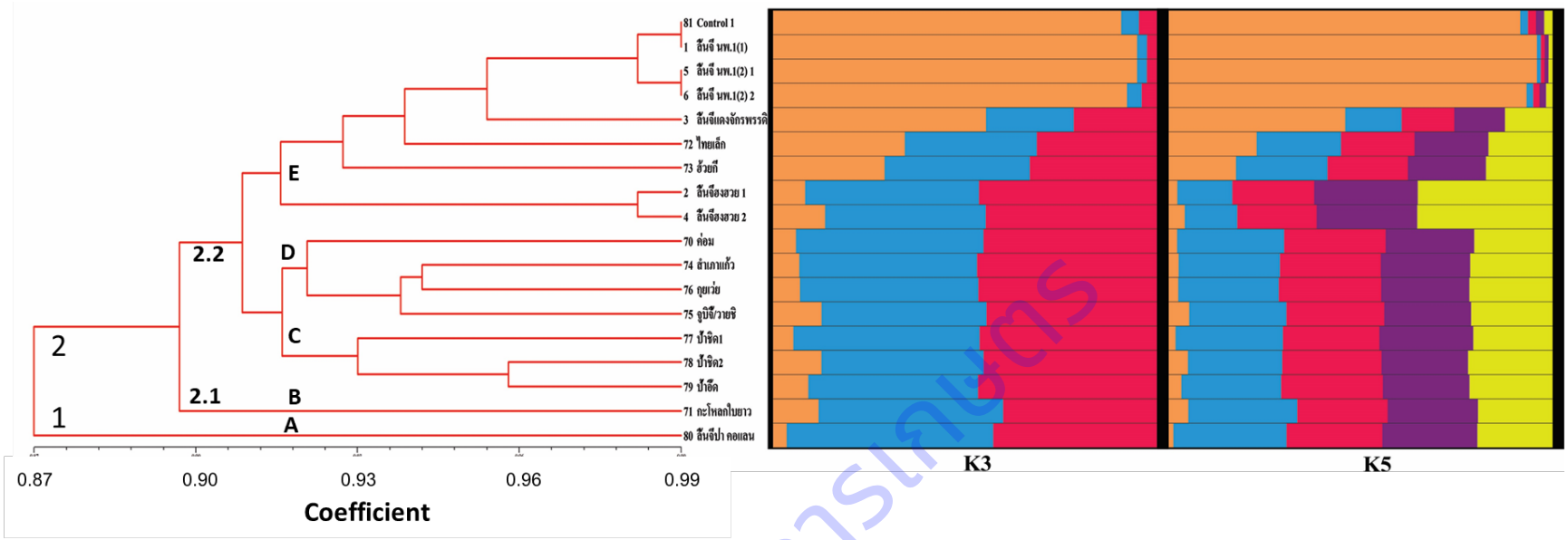
			76	กุยเว่ย	7.02%	46.47%	46.51%	2.54%	26.17%	26.68%	22.95%	21.66%
			74	สำเภาแก้ว	6.86%	46.28%	46.86%	2.62%	26.38%	26.29%	23.27%	21.45%
			70	ค่อม	5.99%	48.83%	45.18%	2.22%	27.86%	26.46%	23.04%	20.42%
		E	4	ลิ้นจี่ฮงฮวย 2	13.57%	41.85%	44.59%	4.22%	13.66%	20.69%	26.18%	35.24%
			2	ลิ้นจี่ฮงฮวย 1	8.37%	45.27%	46.36%	2.29%	14.29%	21.33%	26.96%	35.12%
			73	ฮ้วยกี่	29.06%	37.80%	33.13%	17.55%	23.81%	20.97%	20.32%	17.34%
			72	ไทยเล็ก	34.33%	34.37%	31.30%	22.94%	21.97%	19.16%	19.25%	16.70%
			3	ลิ้นจี่แดงจักรพรรดิ	55.49%	22.84%	21.67%	46.01%	14.65%	13.73%	13.20%	12.40%
			6	ลิ้นจี่ นพ.1(2) 2	92.22%	3.81%	3.97%	93.24%	1.69%	1.68%	1.70%	1.69%
			5	ลิ้นจี่ นพ.1(2) 1	94.84%	2.54%	2.62%	95.94%	0.96%	1.01%	1.03%	1.06%
			1	ลิ้นจี่ นพ.1(1)	94.86%	2.55%	2.59%	95.94%	0.98%	1.03%	1.03%	1.02%
			81	ลิ้นจี่ นพ.1(1)	90.71%	4.60%	4.69%	91.60%	1.98%	2.12%	2.11%	2.19%

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3 และ K=9 ของตัวอย่างขนุน 45 ตัวอย่าง A -G แสดงตำแหน่งของกลุ่ม cluster

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 2 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3 และ K=5 ของ ข ตัวอย่างลิ้นจี่ 17 ตัวอย่าง พันธุ์ A -E แสดงตำแหน่งของกลุ่ม cluster

กรมวิชาการเกษตร

การทดลองที่ 6

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของแตงกวาและแตงร้าน เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

นางสาวพรเพ็ญ สุภาโชค นางสาวรุ่งทิวา ธนำธาติ
นางสาวศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล นายวีรกรณ์ แสงไสย์
Pornphen Supachok Rungthiwa Thanamchat
Suchirat Sakuanrungsirikul Weerakorn Saengsai

คำสำคัญ (Key words)

แตงกวา แตงร้าน พันธุ์พืชใหม่ พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542

บทคัดย่อ (Abstracts) ไทยและอังกฤษ

การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของแตงกวาและแตงร้าน เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง โดยการสำรวจและเก็บข้อมูลเพื่อศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะประจำพันธุ์ของแตงกวาและแตงร้านที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ได้ข้อมูลลักษณะทางสัณฐานวิทยาของแตงกวา จำนวน 21 พันธุ์ แตงร้าน จำนวน 3 พันธุ์ ดังนี้ ลักษณะการเติบโตของลำต้น สีของลำต้น ฐานใบ คลื่นที่ขอบใบ หยักซี่ฟันที่ขอบใบ การปรากฏของเพศดอก รูปร่างผล รูปร่างบริเวณใกล้ขั้วผล และรูปร่างผลด้านปลาย ได้หมายเลขลงทะเบียนพิพิธภัณฑ์พืช 25 หมายเลข และได้นำมาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยการวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมาย ISSR ได้ข้อมูลของแตงกวาและแตงร้าน จำนวน 47 หมายเลข พบว่ามีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมมาก

Abstracts

The study of analysis on quality morphological of new cucumber varieties registered under The Plant Variety Protection Act. B.E. 1999 for examination and quoet. Surveyed and Collected of morphological in long fruit cucumber 3 varieties and short fruit cucumber 21 varieties. The dominant from growth characteristics of the stem, color of the stem, leaf base, shape of the lobe on tip, flower sex appearance, fruit shape, shape of stem end and shape of calyx end were obtained 25 herbarium registration numbers and then genetic diversity were also analyzed By DNA fingerprint analysis using ISSR markers, the 22 numbers of short fruit and

กรมวิชาการเกษตร

long fruit cucumbers were acquired. It was found that they were very closely related to each other genetically.

บทนำ (Introduction)

แตงกวา (Cucumber) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis sativas* L. จัดอยู่ในวงศ์ Cucurbitaceae มีชื่อเรียกแตกต่างกันในแต่ละท้องที่ เช่น แตงขี้ไก่ แตงขี้ควาย แตงช้าง แตงร้าน (ภาคเหนือ) แตงปี แตงยาง (แม่ฮ่องสอน) แตงเห็น แตงอ้ม (เชียงใหม่) (กรมอุทยานแห่งชาติสัตว์ป่าและพันธุ์พืช, 2557) แตงกวาเป็นไม้เถาเลื้อย ลำต้นเป็นเหลี่ยม ใบทรงสามเหลี่ยม มีรอยเว้าเข้า แบ่งออกเป็นแฉกใหญ่ ๆ 3-5 แฉก แต่ละแฉกมีปลายแหลม ดอกแยกเพศ แต่อยู่ต้นเดียวกัน เป็นดอกเดี่ยว หรือช่อตามง่ามใบ ดอกสีเหลือง กลีบดอกเป็นหลอดปลายบานออกเป็น 5 กลีบ ขนาดของใบ ดอก และผลจะแตกต่างกันไปบ้างในแต่ละพันธุ์ โดยทั่วไปแล้ว ผลอ่อน เป็นสีเขียวปนขาว และมีหนามสั้นๆ ผลแก่มีสีเหลือง เมล็ดมีจำนวนมาก ลักษณะรูปแบนรี สีขาว

แตงกวา เป็นพืชที่ปลูกง่าย โตเร็ว โดยส่วนประกอบหลักของแตงกวาประกอบด้วยน้ำมากถึง 96.4 เปอร์เซ็นต์ ส่วนที่เหลือจะเป็นพวกเส้นใยธรรมชาติ แร่ธาตุ วิตามิน และสารประกอบต่างๆ เช่น ฟลาโวนอยด์ (Flovonoid) คิวเคอร์บิทาซิน (Cucurbitacin) และลิกแนน (Lignan) เป็นต้น แตงกวามีสรรพคุณมากมาย นอกจากผลที่นิยมนำมารับประทานเป็นผักเคียงในอาหารจานเดียว หรือรับประทานกับน้ำพริกแล้ว ใบและเมล็ดแก่ใช้เป็นยาขับพยาธิ (วีณา เชิดบุญชาติ,2543) ลำต้นหรือเถาช่วยลดความดันโลหิต แก้บิด รักษาหนองใน ส่วนน้ำในผลแตงกวามีคุณสมบัติเย็น จึงช่วยขับปัสสาวะ แก้ไข้ แก้เจ็บคอ และบรรเทาแผลจากไฟไหม้น้ำร้อนลวก บำรุงผิวพรรณ ผม และเล็บ จึงใช้เป็นส่วนประกอบหลักในผลิตภัณฑ์ถนอมผิวและเครื่องสำอาง (อฤชร พงษ์ไสว, 2547)

แตงกวาเป็นพืชตระกูลเดียวกันกับ แตงโม บวบ ฟักทอง มะระและน้ำเต้า แตงกวามีน้ำเป็นองค์ประกอบถึงร้อยละ 96 จึงมีคุณสมบัติแก้กระหาย และเพิ่มความชุ่มชื้น และช่วยการกำจัดของเสียตกค้างในร่างกาย นิยมปลูกเพื่อใช้ผลเป็นอาหาร มีอายุตั้งแต่ปลูกจนถึงเก็บเกี่ยว 40-60 วัน แตงกวาสามารถนำไปปรุงอาหารได้มากมายหลายชนิดเช่น แกงจืด ผัด กินกับน้ำพริก หรืออาจแปรรูปเป็นแตงกวาดอง ในประเทศไทยได้จำแนกแตงกวาตามประโยชน์การใช้สอย คือ พันธุ์สำหรับรับประทานสด และพันธุ์อุตสาหกรรม และสามารถแบ่งได้ตามขนาดของผล ซึ่งมีชื่อเรียกแตกต่างกัน คือ แตงผลยาว รู้จักกันในชื่อแตงร้าน มีความยาวผลอย่างน้อย 15 เซนติเมตร ความกว้างยาวมากกว่า 2.5 เซนติเมตร ส่วนใหญ่จะมีเนื้อหนา ไส้แคบ และแตงผลสั้น รู้จักกันในชื่อแตงกวา มีความยาวผล 8-12 เซนติเมตร ความกว้างผลมากกว่า 2.5 เซนติเมตร ส่วนใหญ่จะมีเนื้อไส้กว้าง (เฉลิมเกียรติ และภัสรา, 2539)

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืชพ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์ในการส่งเสริมการปรับปรุงพันธุ์และพัฒนาพันธุ์พืชเพื่อให้มีพันธุ์พืชเพิ่มเติมจากที่มีอยู่เดิม อันเป็นการส่งเสริมการพัฒนาทางด้านเกษตรกรรม โดยการส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจด้วยการให้สิทธิและความคุ้มครองตามกฎหมาย ภายใต้พระราชบัญญัตินี้ แบ่งพืชออกเป็น 4 ประเภท ได้แก่ พันธุ์พืชใหม่ พันธุ์พืชพื้นเมืองเฉพาะถิ่น พันธุ์พืชพื้นเมืองทั่วไป และพันธุ์พืชป่า โดยให้ความคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ด้วยวิธีการจดทะเบียน ผู้ทรงสิทธิเป็นบุคคล/นิติบุคคล

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

ปัจจุบันเนื่องจากกรมวิชาการเกษตร ดำเนินการโดยสำนักคุ้มครองพันธุ์พืช มีหน้าที่ในการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่ และพืชแตงกวา แตงร้านเป็นพืชที่มีการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ ทั้งหมดจำนวน 64 พันธุ์ เช่น แตงกวา ซี 664 แตงกวา ซี 666 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 1 แตงร้านพันธุ์ล้านนา 8 เป็นต้น แต่ยังไม่มีข้อมูลลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของพันธุ์พืชและในระดับดีเอ็นเอของพืชพันธุ์ใหม่ดังกล่าว จึงต้องดำเนินการวิจัยเพื่อใช้เป็นเป็นหลักฐานอ้างอิงประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพ เมื่อได้รับสิทธิในการคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ไปแล้ว จะต้องมีการตรวจสอบลักษณะของพันธุ์พืชที่ขอจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ได้ เมื่อมีการละเมิดพันธุ์ทางการค้า ซึ่งต้องมีการพัฒนาข้อมูลทางสัณฐานวิทยา และความหลากหลายทางพันธุกรรมของพันธุ์พืชใหม่ สำหรับใช้ประกอบในการตรวจพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืช ในกรณีที่มีการละเมิดสิทธิทางทรัพย์สินทางปัญญา เพื่อใช้เป็นหลักฐานในการปกป้องคุ้มครองสิทธิในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืชต่อไป

ระเบียบวิธีการวิจัย (Research Methodology)

สิ่งที่ใช้ในการทดลอง

1. แตงกวาและแตงร้านที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 64 พันธุ์ เช่น แตงกวา ซี 664 แตงกวา ซี 666 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 1 แตงร้านพันธุ์ล้านนา 8 เป็นต้น

2. แตงกวาและแตงร้าน ที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Genotyping by sequencing (GBS) ประกอบด้วย พันธุ์ที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 64 พันธุ์ และแตงกวาและแตงร้านอื่นที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอีกไม่ต่ำกว่าชนิดละ 50 หมายเลข

วิธีการทดลอง แบ่งเป็น 2 ขั้นตอน ได้แก่

ขั้นตอนที่ 1 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ ประกอบด้วย

1.1. ศึกษาสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของแตงกวาและแตงร้าน เช่น แผ่นใบ ขอบใบ สีใบ เพสดอก รูปร่างผล ความยาวผล สีผิว สีหนามผล ความมันของผิวผล ความขมในเนื้อผล เป็นต้น

1.2. การเก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อการอ้างอิงเพื่อการอ้างอิงในพิพิธภัณฑ์พืช

1.2.1 ศึกษาและจัดทำวิธีการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของชนิดพืชที่ศึกษา ซึ่งจำเป็นต้องมีวิธีการเก็บตัวอย่าง การคัดเลือกตัวอย่าง ระยะเวลาที่เหมาะสมสำหรับการคัดเลือกและเก็บตัวอย่าง เพื่อนำมาสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิง

1.2.2 เมื่อทราบขั้นตอนวิธีการเก็บตัวอย่างพรรณไม้ที่ศึกษาแล้ว ดำเนินการจัดเก็บตัวอย่างและนำเข้าสู่กระบวนการจัดทำตัวอย่างพรรณไม้แห้ง (dry specimens) มีวิธีการดังนี้

- เก็บพรรณไม้ให้ครบสมบูรณ์ทุกส่วน จัดลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60 – 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5 - 7 วัน

- เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง

- นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น

กรมวิชาการเกษตร

1.2.3 สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชแต่ละชนิดที่ศึกษาโดยอาศัยข้อมูลจากแบบบันทึกลักษณะภาคสนามของพันธุ์พืชจากกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช และบันทึกข้อมูลอย่างละเอียดเพื่อจัดทำเป็นคำบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ตามหลักทางพฤกษศาสตร์ ของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการรับรองนั้นๆ

1.2.4 ตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพันธุ์พืชรับรองฯ ที่ศึกษา คัดเลือกมาจำนวน พันธุ์รับรองละ 3 – 5 ตัวอย่าง ตามแต่ความเหมาะสมของตัวอย่างที่สามารถจัดหาได้ บันทึกข้อมูลทางอนุกรมวิธานของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงและจัดเก็บตามระบบการจัดการของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

- ตัวอย่างพันธุ์พืชรับรองจะได้รับการระบุข้อมูลทางอนุกรมวิธานในระดับพันธุ์ โดยนักวิชาการประจำกลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช

- บันทึกข้อมูลจากตัวอย่างพรรณไม้ ลงในระบบฐานข้อมูลพรรณไม้อ้างอิงของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (โดยให้หมายเลขตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงตามรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชปลูก)

- ตัวอย่างอ้างอิงของพันธุ์พืชรับรอง แยกเก็บรักษาไว้ในพื้นที่เฉพาะสำหรับเก็บตัวอย่างพรรณไม้แห้งของพืชปลูก ในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

- จัดทำคู่มือและดรรชนีของตัวอย่างพรรณไม้อ้างอิงของพันธุ์พืชพืชใหม่ที่ได้รับการรับรองที่เก็บรักษาในพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

ขั้นตอนที่ 2 การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิค Genotyping by sequencing (GBS)

2.1 สำรวจและรวบรวมพันธุ์แตงกวาและแตงร้านอื่นที่ที่มีการปลูกในแหล่งปลูกต่างๆ จำนวนไม่ต่ำกว่าชนิดละ 50 หมายเลข สกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี CTAB และทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมในเบื้องต้นด้วยวิธี ISSR-Touchdown PCR ตามวิธีการของ ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล และคณะ (2555) วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างประชากรโดยการจัดกลุ่มแบบ UPGMA คำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรม (similarity coefficents) ด้วยวิธี Jaccard's similarity coefficients ด้วยโปรแกรม NTSYS-pc version 2.0 (Rohlf, 2002) คัดเลือกตัวอย่างที่แสดงความแตกต่างทางพันธุกรรมเพื่อการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมด้วยเทคนิค GBS

2.2 การสกัดดีเอ็นเอสำหรับการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค GBS โดยสกัดดีเอ็นเอจากใบด้วยชุดสกัด DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN) สำหรับสร้าง genomic library แล้วตรวจสอบปริมาณและคุณภาพและปริมาณดีเอ็นเอด้วยอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟริซิส และเครื่องสเปกโตรโฟโตมิเตอร์ NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, Delaware USA) และ Qubit® Fluorometer (Invitrogen)

2.3 การสร้าง GBS DNA library ด้วยวิธี RADseq ประกอบด้วย

- การย่อยดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะที่อุณหภูมิ 37°C เป็นเวลานาน 3 ชั่วโมง เพื่อคัดเลือกเอนไซม์ตัดจำเพาะที่เหมาะสม จากนั้นทำการเชื่อมดีเอ็นเอที่ย่อยแล้วกับอะแดปเตอร์ที่จำเพาะกับเอนไซม์ (Peterson et al., 2012) ลำดับเบสในอะแดปเตอร์ประกอบด้วยลำดับเบสที่จำเพาะกับสารเคมีที่ใช้ในการหาลำดับเบสด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina, USA) ทำการเชื่อมต่อดีเอ็นเอกับอะแดปเตอร์ โดยเอนไซม์ Invitrogen T4 DNA Ligase (Life Technologies) ที่อุณหภูมิ 23°C นาน 2 ชั่วโมง จากนั้นทำลายเอนไซม์ด้วยความร้อนที่อุณหภูมิ 65°C นาน 10 นาที ทำให้บริสุทธิ์จากอะแดปเตอร์ที่เหลือ และกำจัดเอนไซม์หลังเสร็จปฏิกิริยาโดยใช้ Agencourt®AMPure® XP beads (Beckman Coulter, Brea, CA, USA)

กรมวิชาการเกษตร

- การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาพีซีอาร์และคัดแยกดีเอ็นเอตามขนาดที่ต้องการ โดยเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่ได้จากข้อ 2.2 โดยใช้ปฏิกิริยาพีซีอาร์ ที่ประกอบด้วยดีเอ็นเอที่เชื่อมกับอะแดปเตอร์, เอนไซม์ Phusion® polymerase, HF Buffer (New England Biolabs), ไพรเมอร์ที่ประกอบด้วย ลำดับเบสจำเพาะต่อ FCA ของ Illumina และ index ของ Illumina และ index ที่จำเพาะต่อจีโนไทป์ที่ออกแบบจำเพาะ โปรแกรมการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอประกอบด้วย อุณหภูมิ 98°C 30 วินาที 1 รอบ, 98°C 10 วินาที, 65°C 30 วินาที, 72°C นาน 30 วินาที จำนวน 14 รอบ และอุณหภูมิ 72°C นาน 5 นาที นำผลผลิตที่เพิ่มปริมาณได้ ไปคัดเลือกชิ้นดีเอ็นเอที่เหมาะสมกับการทำงานของเครื่อง MiSeq ทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์ด้วย Gel extraction kit วัดความเข้มข้นของดีเอ็นเอที่ได้แต่ละหมายเลขโดยอาศัย quantitative PCR และปรับให้แต่ละ library มีความเข้มข้น 4 nM

2.4 การวิเคราะห์ผลลำดับเบส นำดีเอ็นเอที่ได้ไปหาลำดับเบสแบบ paired-ended ด้วยเครื่อง MiSeq (Illumina) ด้วยหลักการ sequencing by synthesis ทำการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสที่ได้แบบ de novo analysis โดยเปรียบเทียบกับข้อมูลของดีเอ็นเอที่ได้จากพันธุ์เก็บรวบรวมมาวิเคราะห์ทั้งหมด วิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากค่าความต่างทางพันธุกรรม โดยอาศัยซอฟต์แวร์ GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse, 2006; Peakall and Smouse, 2012)

ผลการวิจัย (Results) และอภิปรายผล (Discussion)

1.1. พันธุ์ที่ใช้ในการทดลอง

การศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของแตงกวาและแตงร้าน เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง พบว่า ได้ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (ลักษณะทางพฤกษศาสตร์และลักษณะประจำพันธุ์) ของแตงกวาจำนวน 22 พันธุ์ และแตงร้านจำนวน 3 พันธุ์ ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของแตงกวาและแตงร้านที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 25 พันธุ์ ได้แก่

ตารางแสดงรายชื่อพันธุ์แตงกวาและแตงร้านที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ จำนวน 25 พันธุ์

ลำดับ	ชื่อพันธุ์	แหล่งที่มาของพันธุ์	บันทึกลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ	ตัวอย่างพรรณไม้แห้ง
1	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 1	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
2	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 2	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
3	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 3	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงาน	/	/

กรมวิชาการเกษตร

		พัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ		
4	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 4	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
5	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 5	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
6	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 6	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
7	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 7	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
8	แตงร้าน พันธุ์ล้านนา 8	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
9	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 9 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 1)	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
10	แตงกวา พันธุ์ล้านนา10 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 2)	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
11	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 11 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 3)	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และ	/	/

กรมวิชาการเกษตร

		เทคโนโลยีแห่งชาติ		
12	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 12 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 4)	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
13	แตงกวา พันธุ์ล้านนา 13 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 5)	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ	/	/
14	แตงร้านพันธุ์ ซี 588	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
15	แตงร้านพันธุ์ ซี 651	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
16	แตงกวาพันธุ์ ซี 664	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
17	แตงกวาพันธุ์ ซี 665	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
18	แตงกวาพันธุ์ ซี 666	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
19	แตงร้านพันธุ์ ซี 651	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
20	แตงกวาพันธุ์ ซี 664	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
21	แตงกวาพันธุ์ ซี 665	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
22	แตงกวาพันธุ์ ซี 666	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
23	แตงกวาพันธุ์ ซี 668	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
24	แตงกวาพันธุ์ ซี 655	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
25	แตงกวาพันธุ์ ซี 648	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/

กรมวิชาการเกษตร

26	แตงกวาพันธุ์ ซี 666	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
27	แตงกวาพันธุ์ ซี 401	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
28	แตงกวาพันธุ์ ซี 434	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/
29	แตงกวาพันธุ์ ซี 385	บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร	/	/

1.2. ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ เป็นลักษณะที่ปรากฏชัดเจน หลักเกณฑ์การตรวจสอบลักษณะประจำพันธุ์ของแตงกวา และแตงร้าน ที่ได้บันทึกในการทดลองนี้ จำนวน 8 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะการเติบโตของลำต้น สีของลำต้น ฐานใบ ขอบใบ การปรากฏของเพศดอก รูปร่างผล รูปร่างขั้วผล รูปร่างผลด้านปลาย โดยมีลักษณะ ดังนี้

1. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 1

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 1’

แตงกวาเป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน (ประมาณ 1 ปี) เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีข้อยาว 10 ถึง 20 เซนติเมตร มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบย่น ขอบใบเป็นฟันเลื่อย ฐานใบเป็นเงี่ยงติ่งหู มีก้านใบยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกจะแบ่งเป็น 2 ลักษณะ คือ ดอกเพศผู้และดอกเพศเมียจำนวนเท่ากัน ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง โดยปกติแล้วกลีบเลี้ยงและกลีบดอก จะมีอย่างละประมาณ 5 กลีบ และจะมีรังไข่(ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน ผลของแตงกวามีสีเขียว รูปรีขอบขนาน ความยาวเฉลี่ย 8.7 เซนติเมตร สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว หนามมีสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลแบนราบและปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสขรุขระน้อย ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 1 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071868 Collector: P. Supachok No. 35-Lanna1-13032020

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 1

2. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 2

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 2’

แตงกวาเป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน (ประมาณ 1 ปี) เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีข้อยาว 10 ถึง 20 เซนติเมตร มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบเป็นคลื่น ขอบใบเป็นฟันเลื่อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู มีก้านใบ ยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 2 จำนวนดอกเพศผู้และเพศเมียมีจำนวนใกล้เคียงกัน ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง โดยปกติแล้วกลีบเลี้ยงและกลีบดอก จะมีอย่างละประมาณ 5 กลีบ และจะมีรังไข่(ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน ผลของแตงกวามีสีเขียว รูปรีขอบขนาน หนามมีสีขาว ความยาวเฉลี่ย 6.8 เซนติเมตร รูปร่างบริเวณขั้วผลแบนราบ และรูปร่างผลด้านปลายแบนราบ ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก ซึ่งตอนที่ผลยังอ่อนอยู่จะมีหนามขนาดเล็กเห็นได้ชัด เมล็ดมีสีขาวเหลือง

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 2 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071867 Collector: P. Supachok No. 36-Lanna2-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 2

ศรีบัวการเกษตร

3. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 3

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 3’

แตงกวาเป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน (ประมาณ 1 ปี) เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีข้อยาว 10 ถึง 20 เซนติเมตร มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบเป็นคลื่น ขอบใบเป็นฟันเลื่อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู มีก้านใบยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกจะแบ่งเป็น 2 ลักษณะ คือ ดอกเพศผู้และดอกเพศเมีย จำนวนดอกเพศผู้และเพศเมียใกล้เคียงกัน ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง โดยปกติแล้วกลีบเลี้ยงและกลีบดอก จะมีอย่างละประมาณ 5 กลีบ และจะมีรังไข่(ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 3 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน หนามมีสีขาว รูปร่างบริเวณขั้วผลแบนราบ รูปร่างบริเวณผลด้านปลายกลม ความยาวเฉลี่ย 7.4 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก ซึ่งตอนที่ผลยังอ่อนอยู่จะมีหนามขนาดเล็กเห็นได้ชัด เมล็ดมีสีขาวเหลือง

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 3 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071866 Collector: P. Supachok No. 37-Lanna3-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 3

4. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 4

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 4’

แตงกวาเป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อย ที่อายุไม่ยืน (ประมาณ 1 ปี) เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีข้อยาว 10 ถึง 20 เซนติเมตร มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการ แตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบมีสีเขียวเข้มมีลักษณะเป็นคลื่นเล็กน้อย ขอบใบเป็นฟันเลื่อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู มีก้านใบ ยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีมี

กรมวิชาการเกษตร

เส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 4 จำนวนดอกเพศผู้และเพศเมียมีจำนวนใกล้เคียงกัน ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง โดยปกติแล้วกลีบเลี้ยงและกลีบดอก จะมีอย่างละประมาณ 5 กลีบ และจะมีรังไข่(ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 4 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลรูปรีขอบขนาน ผลมีสีเขียว สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว หนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลกลม รูปร่างผลด้านปลายผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ไม่มีความขมในเนื้อผล ความยาวเฉลี่ย 7.4 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก ซึ่งตอนที่ผลยังอ่อนอยู่จะมีหนามขนาดเล็กเห็นได้ชัด เมล็ดมีสีขาวเหลือง

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 4 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071865 Col

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 4

5. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 5

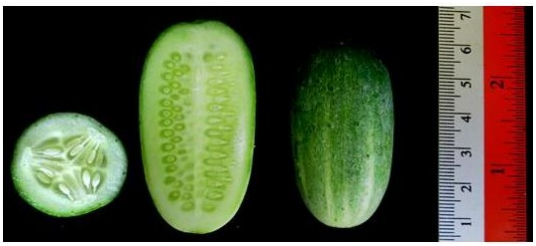
ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 5’

แตงกวาเป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อย ที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีข้อยาว 10 ถึง 20 เซนติเมตร มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการ แตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบย่น ขอบใบเป็นฟันเลื่อย ฐานใบเป็นรูปหัวใจ มีก้านใบ ยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 5 จะมีจำนวนดอกเพศเมียมากกว่าดอกเพศผู้ ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง โดยปกติแล้วกลีบเลี้ยงและกลีบดอก จะมีอย่างละประมาณ 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 5 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน หนามมีสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลแบนราบ รูปร่างผลด้านปลายผลแบนราบ ความยาวเฉลี่ย 5.9 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง

สำนักวิชาการเกษตร

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 5 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071864 Collector: P. Supachok No. 39-Lanna5-1303202



ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 5

6. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 6

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 6’

แตงกวาเป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยมแผ่นใบย่น ขอบใบเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปหัวใจ มีก้านใบ ยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 6 จะมีจำนวนดอกเพศเมียและดอกเพศผู้ใกล้เคียงกัน ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 6 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีขาว สีผิวบริเวณปลายผลสีขาว แถบสีผลสีขาว หนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลแบนราบ รูปร่างผลด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ไม่มีความขมในเนื้อผล ความยาวเฉลี่ย 6.8 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 6 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071863 Collector: P. Supachok No. 40-Lanna6-13032020

7. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 7

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis s*

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 6

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อย ที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบค่อนข้างเรียบ สีเขียวเข้ม ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู มีก้านใบยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 7 จะมีจำนวนดอกเพศเมียปริมาณมากกว่า ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 7 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีขาว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลและด้านปลายผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ความยาวเฉลี่ย 7 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 7 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071862 Collector: P. Supachok No. 41-Lanna7-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 7

8. แตงร้าน พันธุ์ล้านนา 8

ชื่อวงศ์ CUCURBITACEAE

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 8’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อย ที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบย่นสีเขียวเข้ม ขอบใบเป็นคลื่น ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 8 จะมีจำนวนดอกเพศเมียมากกว่าจำนวนดอกเพศผู้ และดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยวออก 2 ดอกต่อหนึ่งข้อ กลีบเลี้ยงสี

กรมวิชาการเกษตร

เขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 8 เป็นแตงกวาชนิดผลยาว ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีขาว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลและด้านปลายผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ความยาวเฉลี่ย 16 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่ เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงร้านพันธุ์ล้านนา 8 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071861 Collector: P. Supachok No. 42-Lanna8-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 8

9. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 9 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 1)

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 9’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อย ที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการ แตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบย่น สีเขียวเข้ม ขอบใบเป็นคลื่น ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู มีก้านใบ ยาว 5 – 15 เซนติเมตร ลักษณะหยาบและมีขน เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 9 จะมีจำนวนดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 9 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีขาว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลและด้านปลายผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ความยาวเฉลี่ย 7.6 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวาพันธุ์ล้านนา 9 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 1) เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ล้านนา 4 และสายพันธุ์ล้านนา 6

กรมวิชาการเกษตร

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 9 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071860 Collector: P. Supachok No. 43-lukpasom lanna1-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 9

10. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 10 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 2)

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 10’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อย ที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการ แตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรง สามเหลี่ยม แผ่น ใบเป็นคลื่นสีเขียวเข้ม ขอบใบเป็นจักฟันเลื่อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบ ประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 10 จะมีจำนวนดอกเพศเมียมากกว่า ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอก เพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบ เลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 10 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน สี ผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีขาว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลและด้านปลายผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ความยาวเฉลี่ย 7.1 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่ เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวาพันธุ์ล้านนา 10 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 2) เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ล้านนา 5 และสายพันธุ์ล้านนา 2

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 10 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071859 ว2-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 10

11. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 11 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 3)

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 11’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อย ที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่นใบเรียบสีเขียวเข้ม ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบ ประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 11 จะมีจำนวนดอกเพศเมียมากกว่าดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 11 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลและด้านปลายผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระเล็กน้อย ความยาวเฉลี่ย 6.8 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่ เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวาพันธุ์ล้านนา 11 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 3) เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ล้านนา 5 และสายพันธุ์ล้านนา 6

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 11 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071858 Collector: P. Supachok No. 45-lukpasom lanna3-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 11

12. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 12 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 4)

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 12’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุมทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นหยักฟันเลื่อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบค่อนข้างย่นมีขน คาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบ ประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 12 จะมีจำนวนดอกเพศเมีย

กรมวิชาการเกษตร

มากกว่า ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรง เกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 12 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีขาว รูปรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีขาว สีผิวบริเวณปลายผลสีขาว แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลด้านปลายผลและด้านขั้วผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ความยาวเฉลี่ย 7.6 เซนติเมตร ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาว แตงกวาพันธุ์ล้านนา 12 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 4) เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ล้านนา 6 และสายพันธุ์ล้านนา 1

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 12 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ

หมายเลข BK No. 071857 Collector: P. Supachok No. 46-lukpasom lanna4-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 12

13. แตงกวา พันธุ์ล้านนา 13 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 5)

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘Lanna 13’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาลักษณะเหลี่ยมมีสีเขียวเข้มและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยมแผ่น ใบเรียบสีเขียวเข้ม ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นหยักฟันเลื่อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่น มีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบ ประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วน ดอกแตงกวาพันธุ์ล้านนา 13 จะมีจำนวนดอกเพศผู้และดอกเพศเมียใกล้เคียงกัน ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรง เกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวาพันธุ์ล้านนา 13 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียวอ่อน สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลและด้านปลายผลแบนราบ มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระน้อย ความยาวเฉลี่ย 7.6 เซนติเมตร ที่

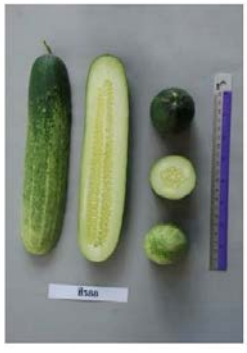
กรมวิชาการเกษตร

แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่ เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวาพันธุ์ล้านนา 13 (พันธุ์ลูกผสมล้านนา 5) เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ล้านนา 4 และสายพันธุ์ล้านนา 5
ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ล้านนา 13 : มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนาและสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
หมายเลข BK No. 071856 Collector: P. Supachok No. 47-lukpasom lanna5-13032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ล้านนา 13

14. แตงร้าน ซี 588
ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* 'C588'

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงร้าน ซี 588 (มีอายุดอกออกเร็ว ประมาณ 29 วัน) จะมีจำนวนดอกเพศผู้เป็นส่วนใหญ่ ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอก เพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติด อยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงร้าน ซี 588 เป็นแตงกวาชนิดผลยาว ผลมีสีเขียว รูปยาวรี สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียวเข้ม สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีเขียว มีหนามสีขาว รูปร่างบริเวณด้านขั้วผลกลมและปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ความยาวเฉลี่ย 17.5 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่ เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงร้าน ซี 588 เป็นแตงร้านที่ได้รับการผสมระหว่างพันธุ์ 197 (แม่พันธุ์) กับ พันธุ์ เอ็กซ์ 106 (พ่อพันธุ์)
ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงร้านพันธุ์ ซี 588 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร
หมายเลข BK No. 071848 Collector: P. Supachok No. 30-C588-6032020



ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงร้านพันธุ์ซี 588

ศรีวิชัยกรุงเกษตร

15. แตงร้านพันธุ์ ซี 651

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C651’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้ว แตกแขนง เป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงร้าน ซี 651 (มีอายุดอกออกเร็ว ประมาณ 30 วัน) จะมีจำนวนดอกเพศผู้เป็นส่วนใหญ่ ดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอก เพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติด อยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงร้าน ซี 651 เป็นแตงกวาชนิดผลยาว ผลมีสีเขียว รูปยาวรี สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีเขียว มีหนามสีขาว รูปร่างบริเวณด้านขั้วผลแบนราบและด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ความยาวเฉลี่ย 16 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงร้าน ซี 651 เป็นแตงร้านที่ได้รับการผสมระหว่างพันธุ์ พี 37 (แม่พันธุ์) กับ พันธุ์ เอ็กซ์ 107 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงร้านพันธุ์ ซี 651 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 083139 Collector: P. Supachok No. 166

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงร้านพันธุ์ซี 651

16. แตงกวาพันธุ์ ซี 664

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C664’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย

กรมวิชาการเกษตร

เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 664 จะมีจำนวนดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรง เกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติด อยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 664 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลแบนราบและด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระเล็กน้อย ความยาวเฉลี่ย 10-11 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 664 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์ เอส 116 (แม่พันธุ์) กับ พันธุ์ เอส 1161 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 664 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 071851 Collector: P. Supachok No. 34-C664-6032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 664

ศรีวิชาการเกษตร

17. แตงกวาพันธุ์ ซี 665

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C665’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปหัวใจ แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 665 จะมีจำนวนดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติด อยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 665 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรี สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียวเข้ม สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียว แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลแบนราบและด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ผิวผลด้านและผิวสัมผัสขรุขระปานกลาง ความยาวเฉลี่ย 11.5 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านใน

ของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 665 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์ เอส 302 (แม่พันธุ์) กับ พันธุ์ เอส 117 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 665 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 071853 Collector: P. Supachok No. 27-C665-6032020

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 665

18. แตงกวาพันธุ์ ซี 666

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C666’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 666 จะมีจำนวนดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 666 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลแบนราบและด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระเล็กน้อย ความยาวเฉลี่ย 10 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 666 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์ เอส 116 (แม่พันธุ์) กับ พันธุ์ เอส 1171 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 666 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 083142 Collector: P. Supachok No. 169

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 666

ศรีชาการเกษตร

19. แตงกวาพันธุ์ ซี 668

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C668’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปหัวใจ แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 668 จะมีจำนวนดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 668 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรี สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียวเข้ม สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณใกล้ขั้วผลแบนราบและด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ผิวสัมผัสของผิวผลขรุขระปานกลาง ความยาวเฉลี่ย 12 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 668 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่างพันธุ์ เอส 302 (แม่พันธุ์) กับ พันธุ์ เอส 1171 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 668 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 083144 Collector: P. Supachok No. 171

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 668

20. แตงกวาพันธุ์ ซี 655

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C655’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 655 จะมีจำนวนดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ (อายุการออกดอกเร็วประมาณ 30 วัน) ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะ

กรมวิชาการเกษตร

อยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 655 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณด้านขั้วผลและด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ความยาวเฉลี่ย 10.5-11 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 655 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์ซีบีบี 28 (แม่พันธุ์) กับพันธุ์ซีไอ 59 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 655 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 083147 Collector: P. Supachok No. 174

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 655

21. แตงกวาพันธุ์ ซี 648

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C648’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก ราก สามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบเรียบค่อนข้างเป็นคลื่นมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 648 จะมีจำนวนดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ (อายุการออกดอกเร็วประมาณ 29 วัน) ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 648 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ความยาวเฉลี่ย 11 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 648 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์ซี 002 (แม่พันธุ์) กับพันธุ์ซีซี 55 (พ่อพันธุ์)

กรมวิชาการเกษตร

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 648 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 083143 Collector: P. Supachok No. 170

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 648

22. แตงกวาพันธุ์ ซี 401

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C401’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบค่อนข้างเป็นคลื่นมีสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 401 จะมีจำนวนดอกเพศผู้และดอกเพศเมียใกล้เคียงกัน ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอก เล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 401 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรี สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว สีผิวบริเวณปลายผลสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณด้านใกล้ขั้วผลแบนราบและด้านปลายผลกลม มีไขบนผิวผล ความยาวเฉลี่ย 14.8 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 401 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์ซีเอ 01 (แม่พันธุ์) กับ แตงร้านพันธุ์ซีคิว 16 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 401 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 083141 Collector: P. Supachok No. 168

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 401

สำนักวิชาการ

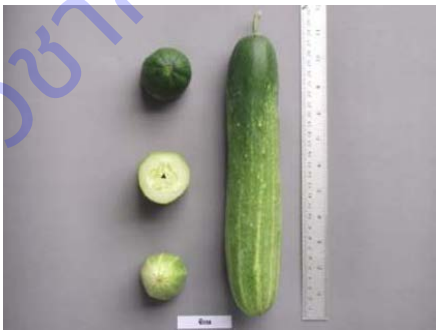
23. แตงกวาพันธุ์ ซี 434

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C434’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบค่อนข้างเป็นคลื่นมีสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 434 จะมีดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ (อายุออกดอกเร็วประมาณ 29 วัน) ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 434 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียว แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณด้านใกล้ขั้วผลแบนราบและด้านปลายผลกลม ความยาวเฉลี่ย 11.5-12 เซนติเมตร มีไขบนผิวผล ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 434 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์บีซี 27 (แม่พันธุ์) กับพันธุ์เอฟ 16 (พ่อพันธุ์)

ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 434 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร

หมายเลข BK No. 083145 Collector: P. Supachok No. 172



ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 434

24. แตงกวาพันธุ์ ซี 385

ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C385’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก รากสามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 385 จะมีดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่

กรมวิชาการเกษตร

โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 385 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียวอ่อนและบริเวณปลายขั้วผลเป็นสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณด้านใกล้ขั้วผลและด้านปลายผลกลม ความยาวเฉลี่ย 8.9 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 385 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์ซี 002 (แม่พันธุ์) กับพันธุ์เอฟ 88 (พ่อพันธุ์)
ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 385 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร
หมายเลข BK No. 083146 Collector: P. Supachok No. 173

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 385

25. แตงกวาพันธุ์ ซี 185
ชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* ‘C185’

เป็นพืชล้มลุก มีลักษณะเป็นเถาไม้เลื้อยที่อายุไม่ยืน เป็นพืชที่มีรากแก้วแตกแขนงเป็นจำนวนมาก ราก สามารถแผ่ทางด้านกว้างและหยั่งลึกได้มากถึง 1 เมตร ลำต้นเป็นเถาเหลี่ยมมีสีเขียวและมีขนขึ้นปกคลุม ทั่วไป มีหนวดเกาะบริเวณข้อโดยส่วนปลายของหนวดไม่มีการแตกแขนง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงสามเหลี่ยม แผ่น ใบเรียบสีเขียว ขอบใบค่อนข้างเป็นคลื่นเล็กน้อย ฐานใบเป็นรูปเงี่ยงติ่งหู แผ่นใบมีขนคาย เมื่อใบมีขนาดใหญ่จะมีเส้นใบประมาณ 5 – 7 เส้น ส่วนดอกแตงกวา ซี 185 จะมีดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ ส่วนดอกเพศผู้จะอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ละประมาณ 3-5 ดอก จุดสังเกตจะอยู่ตรงเกสรที่ยื่นออกมาทางหน้าดอกเล็กน้อยและไม่มีลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก ส่วนดอกเพศเมียจะเป็นดอกเดี่ยว กลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง กลีบเลี้ยง 5 กลีบ และกลีบดอก 5 กลีบ และจะมีรังไข่ (ลูกเล็กๆ ติดอยู่ที่โคนดอก) ให้เห็นอย่างชัดเจน แตงกวา ซี 185 เป็นแตงกวาชนิดผลสั้น ผลมีสีเขียว รูปยาวรีขอบขนาน สีผิวบริเวณใกล้ขั้วผลสีเขียวและบริเวณปลายขั้วผลเป็นสีเขียวอ่อน แถบสีผลสีขาว มีหนามสีขาว รูปร่างผลบริเวณด้านใกล้ขั้วผลแบนและด้านปลายผลกลม ความยาวเฉลี่ย 9 เซนติเมตร ไม่มีความขมในเนื้อผล ที่แกนกลางด้านในของ ผลประกอบด้วยเมล็ดอยู่เป็นจำนวนมาก เมล็ดมีสีขาวเหลือง แตงกวา ซี 185 เป็นแตงกวาที่ได้รับการผสมระหว่าง พันธุ์วี 103 (แม่พันธุ์) กับพันธุ์เอฟ 8 (พ่อพันธุ์)
ผู้ขอขึ้นทะเบียนแตงกวาพันธุ์ ซี 185 : บริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร
หมายเลข BK No. 083140 Collector: P. Supachok No. 167

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะสัณฐานวิทยาของผลแตงกวาพันธุ์ซี 185

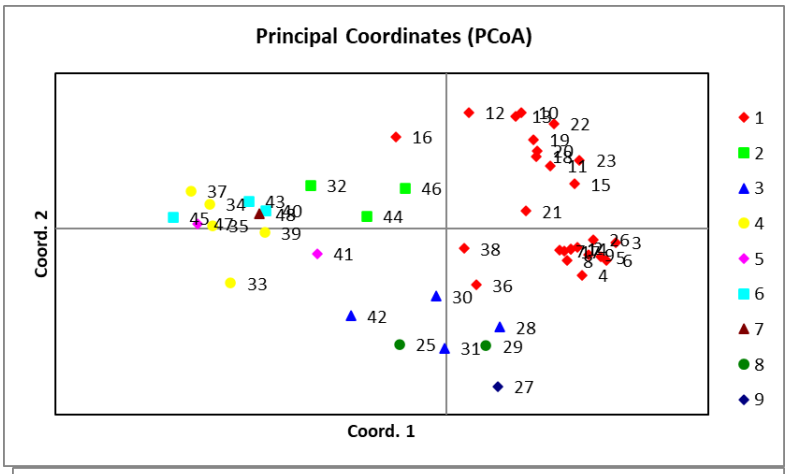
1.3. ลักษณะเชิงคุณภาพระดับดีเอ็นเอ

การคัดเลือกไพร์เมอร์ : ในการทดลองนี้ใช้เครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 16 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 2) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของแตงกวาและแตงร้านจำนวนรวมทั้งสิ้น 47 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 1) พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 149 ตำแหน่ง เฉลี่ย 9.3 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 70 ตำแหน่ง (47.0%) และตำแหน่งคงที่ 79 ตำแหน่ง (53.0%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างมีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 128 bp จนถึง 1400 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.13 (ISSR95) จนถึง 0.93 (ISSR76) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.82 (ภาคผนวก ตารางที่ 2) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012)

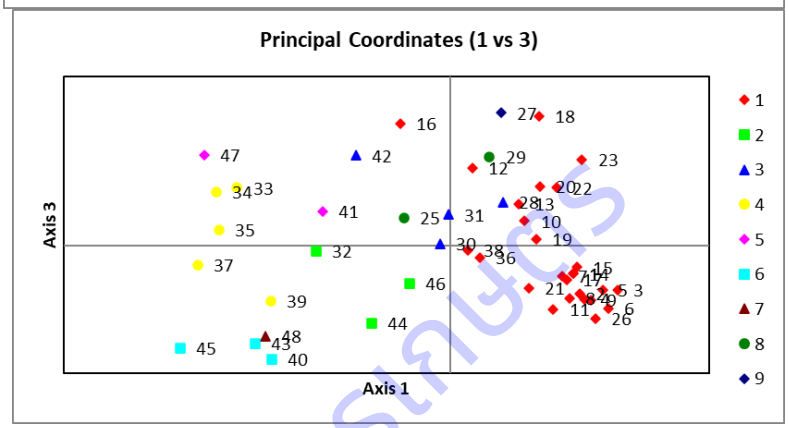
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA : จาก การวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างแตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 38.87 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 29.18 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 21.21 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับต่ำ จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 3 กลุ่ม โดยกลุ่มสีแดง กลุ่มสีเหลือง และสีฟ้า เกาะกลุ่มกันในขณะที่กลุ่มสีอื่นกระจายตัวตามแกนต่างๆ โดยที่หมายเลข 29 (ศรแดง (106)) และ หมายเลข 27 (บิ๊กกรีนพลัส (115)) แยกตัวออกค่อนข้างชัดเจน แสดงถึงความแตกต่างจากกลุ่มอื่น (ภาพที่ 1)

กรมวิชาการเกษตร

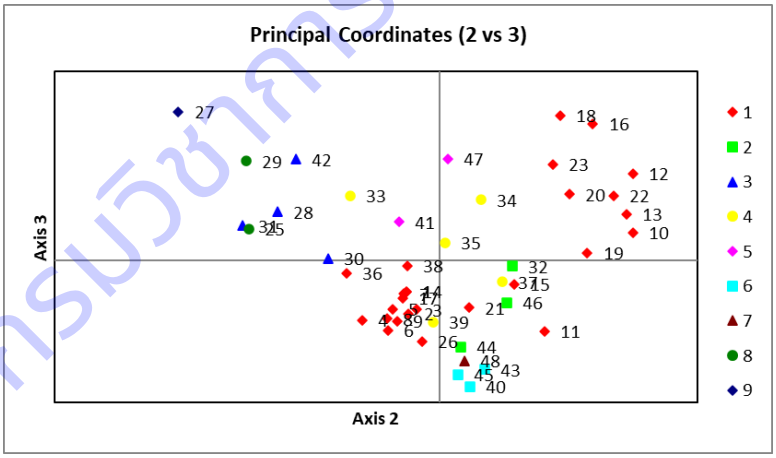
ก



ข



ค

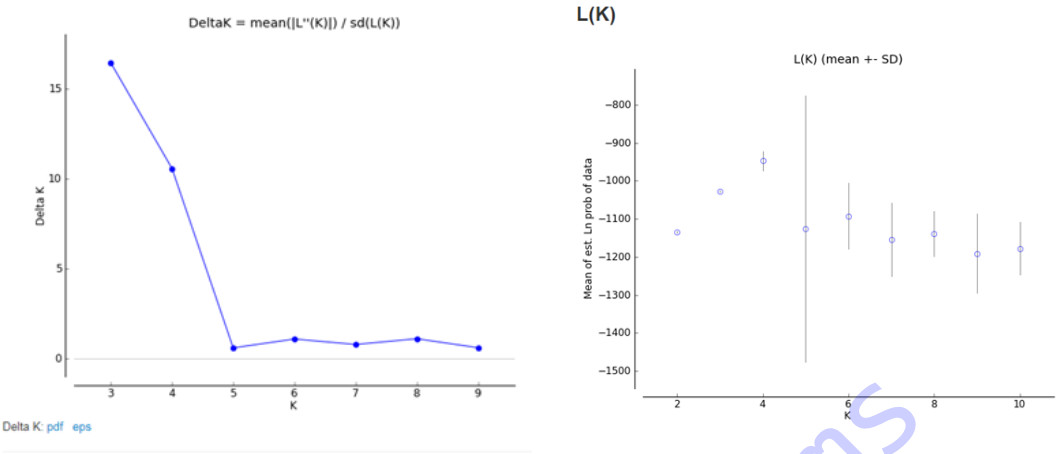


กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 1 แผนภาพ PCoA ของแตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (21.92%) และแกนที่ 2 (13.95%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 38.87% (ข) แกนที่ 1 (21.92%) และแกนที่ 3 (7.26%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 26.57% และ (ค) แกนที่ 2 (13.95%) และแกนที่ 3 (7.26%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 21.21%

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure) : เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของแต่ละตัวอย่างรวม 47 พันธุ์ โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความ

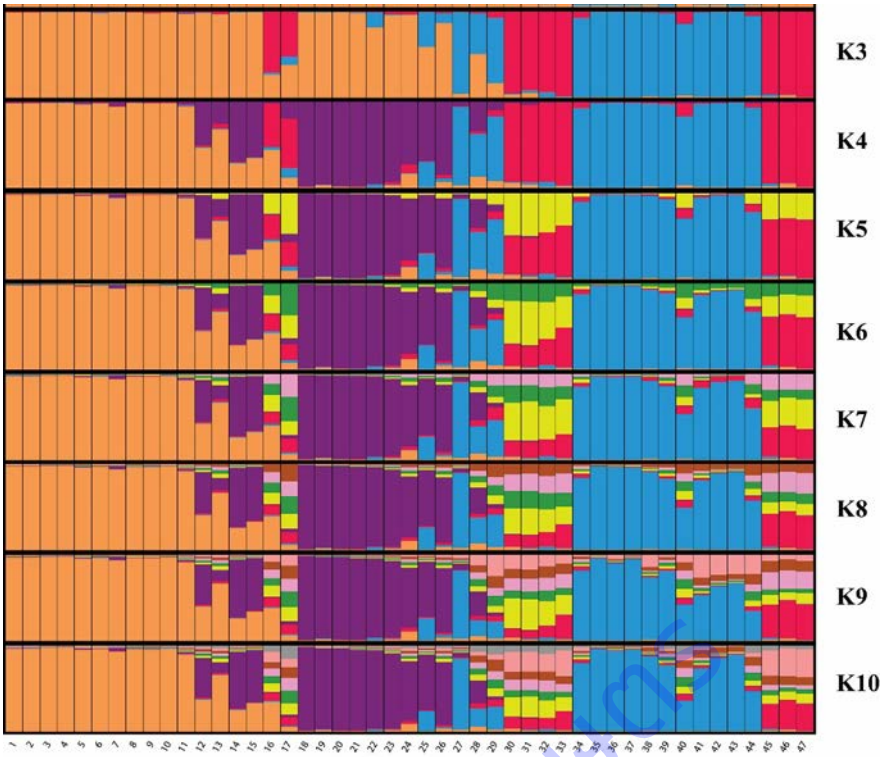
แปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 3 และค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 3 และ 4 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 2)



ภาพที่ 2 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในตัวอย่างแตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของตัวอย่างแตงกวาแตงร้านที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 3 พันธุกรรมหลัก และ 4 พันธุกรรมย่อย โดยที่ K = 3 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่ เมื่อพิจารณาที่ K=3 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีฟ้า และกลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีแดง เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 4 พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีม่วง กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีแดง โดยเมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K ที่เพิ่มขึ้นนั้นพบว่า พันธุกรรมสีแดงและสีส้มมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง โดยที่ K=4 พันธุกรรมสีส้มแยกออกเป็น 2 กลุ่ม ในขณะที่สีฟ้ามีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง (ภาพที่ 3)

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์



ภาพที่ 3 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของแตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรม พบว่า พันธุ์ CL 583 Premium (1), พันธุ์ล้านนา 12 (401) (14), พันธุ์ C675 อะเมซอน (2), พันธุ์ C665 กรีนเนอร์ (9), พันธุ์ล้านนา 4 (448) (17), พันธุ์ C662 Pretty (6), พันธุ์ C588 คงกระพัน 1 (4), พันธุ์ C697 Platinum (8) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีส้ม และพันธุ์ H1-2-31-30-17-B (34), พันธุ์ H1-2-31-24-1-B (37) และพันธุ์ H4-48-15-2-1-B (35) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีฟ้า ส่วนพันธุ์ล้านนา 6 (435) (10), พันธุ์ล้านนา 1 (457) (19) และพันธุ์ล้านนา 7 (444) (22) สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีม่วง เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวเกือบ 100 เปอร์เซ็นต์ ที่ K=4 ถึง 8 (ภาคผนวก ตารางที่ 3)

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างแตงกวาแตงร้านจำนวน 47 พันธุ์ พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 3 กลุ่มหลัก (K = 3) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 3 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม สีฟ้า และสีแดง เมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 4 แหล่งพันธุกรรม (K=4) ที่แทนด้วยสีส้ม ม่วง ฟ้า และแดง โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาคผนวก ตารางที่ 3)

การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) : การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่า

กรมวิชาการเกษตร

สัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.84 ถึง 1.00 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงมาก โดยมีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.84 (84%) คือ หมายเลข 25 (ไอโซ), หมายเลข 29 (ศรแดง (106)) และหมายเลข 27 (บิ๊กกรีนพลัส (115)) สอดคล้องกับผลการวิเคราะห์จาก PCoA ส่วนที่ใกล้ชิดกันที่สุด ได้แก่ หมายเลข 1 (CL 583 Premium) กับหมายเลข 14 (ล้านนา 12 (401)) และหมายเลข 2 (C675 อะเมซอน) กับหมายเลข 9 (C665 กรีนเนอร์) ซึ่งคาดว่าเป็นพันธุ์เดียวกัน แสดงค่า similarity coefficient ที่ 1.00 (100%) และ 0.99 (99%) ตามลำดับ (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.84 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของแตงกวาแตงร้านทั้ง 47 พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มที่ 1 (cluster A) ประกอบด้วยหมายเลข 27 (บิ๊กกรีนพลัส (115)) หมายเลข 29 (ศรแดง (106)) และหมายเลข 25 (ไอโซ) โดยที่ 3 พันธุ์นี้มีความใกล้ชิดกันที่ระดับ 0.89 ส่วนกลุ่มที่ 2 แยกออกได้อีก 2 กลุ่มย่อยที่ระดับ 0.85 เป็นกลุ่ม 2.1 ที่ประกอบด้วย cluster B และกลุ่มย่อย 2.2 ที่ประกอบด้วย cluster C และ D ซึ่งมีค่า similarity coefficient ใกล้ชิดกันมากในระดับถึง 0.88 หรือ 88 เปอร์เซ็นต์ (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในแตงกวาแตงร้านที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ : แตงกวาแตงร้านที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ มีจำนวน 25 พันธุ์ ได้แก่ แตงกวาพันธุ์ล้านนา แตงกวาพันธุ์ล้านนา 2 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 3 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 4 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 5 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 6 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 7 แตงร้านพันธุ์ล้านนา 8 แตงกวาพันธุ์ล้านนา 9 (ลูกผสมล้านนา1) แตงกวาพันธุ์ล้านนา 10 (ลูกผสมล้านนา2) แตงกวาพันธุ์ล้านนา 11 (ลูกผสมล้านนา3) แตงกวาพันธุ์ล้านนา 12 (ลูกผสมล้านนา 4) แตงกวาพันธุ์ล้านนา 13 (ลูกผสมล้านนา 5) แตงร้าน ซี 588 แตงร้าน ซี 651 แตงกวา ซี 664 แตงกวาซี 665 แตงกวาซี 666 แตงกวาซี 668 แตงกวาซี 655 แตงกวาซี 648 แตงกวาซี 401 แตงกวาซี 434 แตงกวาซี 385 แตงกวาซี 185

ผลการวิเคราะห์ตัวอย่างกลุ่มพันธุ์ล้านนาจำนวน 13 พันธุ์ พบว่าจัดอยู่ในกลุ่ม 2.2 cluster D โดยที่ K=4 กลุ่มพันธุ์ล้านนา 10, 11, 2, 8, 13, 7, 1, และ 6 มีโครงสร้างย่อยเป็นสีม่วงในสัดส่วนสูงกว่า 90 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่กลุ่มพันธุ์ล้านนา 9, 5 และ 3 มีสัดส่วนพันธุกรรมสีม่วงน้อยกว่า และจัดอยู่ในกลุ่มย่อยที่ต่างกัน โดยมีความใกล้ชิดกันระหว่างทั้งสองกลุ่มนี้ในระดับ 0.9 หรือ 90 เปอร์เซ็นต์ โดยกลุ่มลูกผสมล้านนายังคงอยู่ในกลุ่มพันธุกรรมเดียวกันแต่สัดส่วนองค์ประกอบต่างกันไป ทั้งนี้พบว่า พันธุ์ล้านนา 12 (401) มีองค์ประกอบทางพันธุกรรมเหมือนกันกับพันธุ์ CL583 Premium ในระดับ 100 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งอาจเป็นพันธุ์เดียวกัน ส่วนพันธุ์ล้านนา 4 (448) มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมค่อนข้างสูงมากกับพันธุ์ CM712 ก้องนภา ในระดับ 0.98 (98%) เช่นเดียวกันกับพันธุ์ล้านนา 6 และล้านนา 1 (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 3)

ผลการวิเคราะห์แตงร้าน ซี 588 พบว่าจัดอยู่ใน cluster D ที่มีองค์ประกอบหลักเป็นสีส้มมากกว่า 97 เปอร์เซนต์ และมีความใกล้ชิดกับพันธุ์ C697 Platinum ระดับ 0.98 (98%) ซึ่งอาจเป็นพันธุ์เดียวกัน (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 3)

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

ผลการวิเคราะห์ แตงร้าน ซี 651 พบว่าจัดอยู่ในกลุ่ม 2.1 cluster B มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีฟ้ามากกว่า 97 เปอร์เซ็นต์ ทั้งที่ K=3 และ K=4 และพบโครงสร้างย่อยที่ K ที่สูงขึ้น พันธุ์ 651 นี้มีความใกล้ชิดกับพันธุ์ C666 ในระดับ 93 เปอร์เซ็นต์ (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 3)

ผลการวิเคราะห์พันธุ์แตงกวากลุ่ม ซี หมายเลขต่างๆ พบว่าซี 655, 666, 668 และ 185 ถูกจัดอยู่ในกลุ่ม 2.1 cluster B มีโครงสร้างหลักเป็นสีฟ้าทั้งที่ K=3 และ K=4 และพบโครงสร้างย่อยที่ K ที่สูงขึ้น มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมในกลุ่มนี้ระดับ 89 เปอร์เซ็นต์ ส่วน ซี 385 นั้นแยกกลุ่มจากกลุ่มซีดังกล่าว โดยพบโครงสร้างสีแดงเพิ่มขึ้นทั้งที่ K=3 และ K=4 และพบโครงสร้างย่อยที่ K ที่สูงขึ้น โดยซี 385 มีความใกล้ชิดกับกลุ่มซีอื่นที่ระดับ 83 เปอร์เซ็นต์ (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 3)

ผลการวิเคราะห์พันธุ์ซี 401 พบว่าถูกจัดอยู่ในกลุ่ม 2.2 cluster C มีโครงสร้างหลักเป็นสีแดงทั้งที่ K=3 และ K=4 และพบโครงสร้างย่อยที่ K ที่สูงขึ้น ซึ่งมีพันธุ์บิ๊กกรีน (07) และแตงร้านลูกผสมตราไอโวรี่ (71) อยู่ในกลุ่มนี้ด้วย (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 3)

ผลการวิเคราะห์พันธุ์ ซี 648 และ 434 พบว่าถูกจัดอยู่ในกลุ่ม 2.2 cluster D มีโครงสร้างหลักเป็นสีส้มและฟ้าที่ K=3 และพบโครงสร้างย่อยที่ K ที่สูงขึ้น โดยพันธุ์ ซี 434 จัดอยู่ร่วมกับ H1-10-34-18-1-B มีความใกล้ชิดกันในระดับ 95 เปอร์เซ็นต์ (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 3)

ผลการวิเคราะห์กลุ่ม ซี 664 และ 665 พบว่าจัดอยู่ในกลุ่ม 2.2 cluster D มีโครงสร้างหลักเป็นสีส้มมากกว่า 97 เปอร์เซ็นต์ ทั้งที่ K=3, K=4 และ K ที่สูงขึ้น แสดงว่าเป็นกลุ่มพันธุ์แท้ เช่นเดียวกับพันธุ์อื่นที่มีโครงสร้างหลักเป็นสีเดียวเกือบทั้งหมด โดยพบว่าพันธุ์ ซี 665 มีความใกล้ชิดกับพันธุ์ ซี 675 ในระดับ 99 เปอร์เซ็นต์ ส่วนพันธุ์ ซี 664 นั้น มีความใกล้ชิดกับ ซี 665 ในระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งแสดงถึงความใกล้ชิดทางพันธุกรรมที่สูงมาก (ภาคผนวก ภาพที่ 1 และตารางที่ 3)

การศึกษาลักษณะทางสัณฐานเชิงคุณภาพของพันธุ์แตงกวาและแตงร้านที่ได้รับการจดทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่จาก 2 สถานที่ คือ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนา วิทยาเขตลำปาง และบริษัท กรีนซีดส์ จำกัด จังหวัดสกลนคร พบว่าแตงกวาแต่ละพันธุ์ มีชื่อวิทยาศาสตร์ *Cucumis sativas* L. อยู่ในวงศ์บวบ (Family Cucurbitaceae) เนื่องจากเป็นพืชที่ได้รับการปรับปรุงพันธุ์มาแล้ว และแต่ละพันธุ์จึงมีลักษณะสัณฐานเชิงคุณภาพไม่แตกต่างกัน เช่น ลักษณะวิสัยการเจริญเติบโตเป็นไม้เลื้อย สีของลำต้นเป็นสีเขียว เป็นต้น แต่มีลักษณะสัณฐานเชิงคุณภาพที่แตกต่างกันหลายลักษณะ เช่น 1. ฐานของแผ่นใบเป็นรูปหัวใจ และรูปเงี่ยงติ่งหู 2. รูปร่างของแผ่นใบเป็นคลื่นเล็กน้อย 3. การปรากฏของเพศดอก พบว่าเป็นดอกเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ และพบว่ามีดอกเพศเมียและเพศผู้ในปริมาณเท่ากัน 4. รูปร่างผล เป็นรูปรี และรูปรีขอบขนาน เป็นต้น และจากการวิเคราะห์ผลความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยการวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมาย ISSR พบว่าตัวอย่างแตงกวาและแตงร้านทั้งหมดที่ศึกษา รวมทั้งแตงกวาและแตงร้านที่เป็นพันธุ์พืชใหม่ มีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่ระหว่าง 0.84 ถึง 1.00 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงมาก ฐานข้อมูลดีเอ็นเอของแตงกวาและแตงร้าน ที่ได้นี้ นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์แตงกวาแตงร้านที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ (Conclusion and Suggestion)

1. จากการศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของแตงกวาและแตงร้าน เพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง ได้ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ (ลักษณะทางพฤกษศาสตร์และลักษณะประจำพันธุ์) ของแตงกวาจำนวน 22 พันธุ์ และหมายเลขลงทะเบียนของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (BK No.) จำนวน 22 หมายเลข แตงร้านจำนวน 3 พันธุ์ และหมายเลขลงทะเบียนของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (BK No.) จำนวน 3 หมายเลข และได้ฐานข้อมูลระดับดีเอ็นเอของแตงกวาแตงร้านที่เป็นพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการจดทะเบียน จำนวน 25 พันธุ์

2. จากผลการศึกษาวิเคราะห์ระดับดีเอ็นเอของแตงกวาและแตงร้าน พบว่าสามารถพัฒนาวิธีการตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์แตงกวาแตงร้านได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR ในการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ แล้วจัดทำแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรม (Genetic structure) เพื่อใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ร่วมกับการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic relatedness) ด้วยโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในตัวอย่างแตงกวาแตงร้านที่ทำการศึกษาทั้งหมด 47 พันธุ์ พบว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมดมีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันสูงมาก มีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมซ้ำกัน 1 คู่ ได้แก่ พันธุ์ล้านนา 12 (401) กับพันธุ์ CL 583 Premium ซึ่งอาจเป็นพันธุ์เดียวกัน และมีพันธุ์ที่มีความใกล้เคียงกันในระดับ 98.0 ถึง 99.3 เปอร์เซ็นต์ อีกจำนวน 10 พันธุ์ ได้แก่ ซี 675 กับ ซี 665 ซึ่งอาจจะเป็นพันธุ์เดียวกัน, CM712 ก้องนภา กับ ล้านนา 4, ซี 588 คงกระพัน 1 กับ ซี 697 Platinum, และ ล้านนา 6 กับ ล้านนา 1 โดยในจำนวนที่ศึกษานี้ มีตัวแทนของพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีเดียวมากกว่า 97 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ กลุ่มพันธุ์แท้ที่มีพันธุกรรมหลักสีส้ม ประกอบด้วย พันธุ์ CL 583 Premium, พันธุ์ล้านนา 12 (401), พันธุ์ C675 อะเมซอน, พันธุ์ C665 กรีนเนอร์, พันธุ์ล้านนา 4 (448), พันธุ์ C662 Pretty, พันธุ์ C588 คงกระพัน 1, พันธุ์ C697 Platinum กลุ่มพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างหลักเป็นสีฟ้า ประกอบด้วยพันธุ์ H1-2-31-30-17-B, พันธุ์ H1-2-31-24-1-B) และพันธุ์ H4-48-15-2-1-B และกลุ่มพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างหลักเป็นสีม่วง ประกอบด้วย พันธุ์ล้านนา 6 (435), พันธุ์ล้านนา 1 (457) และพันธุ์ล้านนา 7 (444) ส่วนพันธุ์อื่นมีโครงสร้างเป็นแบบลูกผสมเนื่องจากตรวจพบโครงสร้างย่อยที่ค่า K ที่สูงขึ้น โดยในกลุ่มพันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่นั้น มีพันธุ์ที่อาจจะซ้ำกันกับพันธุ์อื่นจำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ ล้านนา 12 (401) และ ซี 665 มีพันธุ์ที่คล้ายกับพันธุ์อื่นอีก 1 พันธุ์ คือ ซี 588 คงกระพัน 1 นอกนั้นมีลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ค่อนข้างต่างจากพันธุ์อื่น โดยที่กลุ่มพันธุ์ที่ศึกษาทั้งหมดมีลักษณะทางพันธุกรรมที่ค่อนข้างใกล้ชิดกันสูงมาก

3. การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์แตงกวาแตงร้านที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบ จำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์แตงกวาแตงร้านเดิมที่มีอยู่ เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลที่ได้นี้ นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์แตงกวาแตงร้านที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย

กรมวิชาการเกษตร

4. ในการดำเนินการศึกษาวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของพืชเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง ควรให้มีการดำเนินงานในพืชที่ขอขึ้นทะเบียน และพืชที่ได้รับการขึ้นทะเบียนของสำนักคุ้มครองพันธุ์พืชเพิ่มเติม

5. เนื่องจากสถานการณ์โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ทำให้การเก็บข้อมูลและการเข้าพื้นที่ภาคสนามเป็นไปด้วยความยากลำบาก หรือบางพื้นที่ไม่สามารถเข้าไปเก็บข้อมูลได้เลย

บรรณานุกรม

ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล วีรเดช โขนสันเทียะ รัชนี ขันธหัตถ์ เพียงเพ็ญ ศรวัต ประพิศ วองเทียม ศุภชัย สารกาญจน์ อัจฉรา ลิ่มศิลา. 2553. ฐานข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลังพันธุ์ไทย พันธุ์ลูกผสม และพันธุ์ต่างประเทศ. ผลงานวิจัยดีเด่นและผลงานวิจัยที่เสนอเข้าร่วมพิจารณาเป็นผลงานวิจัยดีเด่น ประจำปี 2552. กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. หน้า 16-30.

กรมอุทยานแห่งชาติสัตว์ป่าและพันธุ์พืช. 2557. ชื่อพรรณไม้แห่งประเทศไทย เต็ม สมิตินันท์. โรงพิมพ์สำนักงานพระพุทธศาสนาแห่งชาติ. กรุงเทพฯ.

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2559. **สถานการณ์สินค้าเกษตรที่สำคัญและแนวโน้ม ปี 2559.** กรุงเทพฯ: กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.

อฤชร พงษ์ไสว. 2547. ผักและดอกไม้ในจานสลัด. สำนักพิมพ์บ้านและสวน. กรุงเทพฯ.

เฉลิมเกียรติ โภคาวัฒนา และภัสรา ชวประดิษฐ์. 2539. การปลูกแตงกวา. กลุ่มพืชผักกองส่งเสริมพืชสวน กรมส่งเสริมการเกษตร.

Govindarajan, V.S., D. Rajalakshmi and N. Chand. 1987. Capsicum production, technology, chemistry and quality. Part IV. Evaluation of quality. CRC Crit. Rev. **Food Sci. Nutr.** 25:185-283.

Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genet Resour. 4: 359–361.

Evanno, G. Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14: 2611-2620.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567–1587.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resour 9: 1322- 1332.

Koopmans, A. 2005 Biomass energy demand and supply for South and South-East Asia: assessing the resource base. Biomass Bioenergy. 28: 133-150.

กรมวิชาการเกษตร

Li, M. and D.J. Midmore. 1999. Estimating the genetic relationships of chinese water chestnut (E. dulcis Burm. (f) Hensch) cultivated in Australia, using RAPD. Journal of Horticultural Science and Biotechnolog. 74(2): 224-231.

Oliveira, K.M., Pinto, L.R., Marconi, T.G., Mollinari, M., Ulian, E.C., Chabregas, S.M., Falco, M.C., Burnquist, W., Garcia, A.A.F. and Souza, A.P. 2009. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. Genome. 52(2). Source: https://doi.org/10.1139/G08-105

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version-2.1. New York: Applied Biostatistics.

Rosenberg, N. A. 2003. DISTRUCT: a program for the graphical display of population Structure. Mole Ecol Notes. 4: 137–138.

Silva, D.C., de Souza, M.C.P., Filho, L.S.C.D., Duarte, S.C., Santos, J. M., Souza Barbosa, G.V., Almeida, C. 2012. New Polymorphic EST-SSR Markers in Sugarcane. Sugar Tech 14, 357–363. Source: https://doi.org/10.1007/s12355-012-0184-7

Yu, J. Z., Fang, D. D., Kohel, R. J., Ulloa, M., Hinze, L. L., Percy, R. G., and Jones, D. C. 2012. Development of a core set of SSR markers for the characterization of Gossypium germplasm. Euphytica. 187: 203-213.

กรมวิชาการเกษตร

ภาคผนวก

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างพันธุ์แตงกวาและแตงร้านที่ใช้ในการวิเคราะห์

1	CL 583 Premium บ. กรีนซีสสกลนคร	13	ล้านนา 13 (433) (ลูกผสมล้านนา5)	26	ไมโครซี	38	H3-50-51-11-9-21
2	C675 อะเมซอน บ.กรีนซีสสกลนคร	14	ล้านนา 12 (401) (ลูกผสมล้านนา4)	27	บิ๊กกรีนพลัส (115)	39	จากศูนย์จันกะผัก
3	C694 Yuri บ.กรีนซีสสกลนคร	15	ล้านนา 9 (402) (ลูกผสมล้านนา1)	28	บิ๊กกรีน (107)	40	C651
4	C588 คงกระพัน 1 บ. กรีนซีสสกลนคร	16	ล้านนา 11 (443) (ลูกผสมล้านนา3)	29	ศรแดง (106)	41	C185
5	CM712 ก้องนภา บ.กรีนซีสสกลนคร	17	ล้านนา 4 (448)	30	แตงร้านลูกผสม ตราไอโวรี (71)	42	C401
6	C662 Pretty บ.กรีนซีสสกลนคร	18	ล้านนา 10 (434) (ลูกผสมล้านนา2)	31	ขาวสารคาม 150 (70)	43	C666
7	C664 มาวิน บ.กรีนซีส	19	ล้านนา 1 (457)	32	H1-10-34-18-1-B	44	C648

	สกลนคร						
8	C697 Platinum บ.กรีน ซีสสกลนคร	20	ล้านนา 8 (301)	33	H1-2-34-24-17-B	45	C668
9	C665 กรีนเนอร์ บ.กรีน ซีสสกลนคร	21	ล้านนา 3 (445)	34	H1-2-31-30-17-B	46	C434
10	ล้านนา 6 (435)	22	ล้านนา 7 (444)	35	H4-48-15-2-1-B	47	C385
11	ล้านนา 5 (442)	23	บิ๊กกรีน25	36	H1-2-31-30-25-B	48	C655
12	ล้านนา 2 (446)	25	ไอโซ	37	H1-2-31-24-1-B		

ตารางที่ 2 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของแตงกวาและแตงร้าน

No	Sequence 5’ – 3’	Polymorphism	Monomorphism	Product (bp)	Number of fragments	PIC
ISSR10	GAG AGA GAG AGA GAG AT	4	5	440-1280	9	0.888
ISSR11	GAG AGA GAG AGA GAG AC	6	4	344-1111	10	0.899
ISSR12	GAG AGA GAG AGA GAG AA	1	10	363-1352	11	0.909
ISSR34	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	1	9	180-761	10	0.900
ISSR35	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	0	10	178-1230	10	0.900
ISSR36	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	2	10	162-747	12	0.916
ISSR40	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	3	7	164-1060	10	0.900
ISSR41	GAG AGA GAG AGA GAG AYC	3	6	155-782	9	0.889
ISSR43	CTC TCT CTC TCT CTC TRA	1	2	246-781	3	0.665
ISSR48	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	3	6	400-1105	9	0.886
ISSR55	ACA CAC ACA CAC ACA CYT	6	5	370-1350	11	0.908
ISSR57	ACA CAC ACA CAC ACA CYG	3	1	128-1181	4	0.749
ISSR76	GAT AGA TAG ACA GAC A	14	2	275-1270	16	0.934
ISSR79	CTT CAC TTC ACT TCA	4	0	260-1280	4	0.749
ISSR80	GGA GAG GAG AGG AGA	8	0	350-1331	8	0.872
ISSR95	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC	11	2	350-1400	13	0.128
total		70	79		149	0.818

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์แตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3, K=4 และ K= 8

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=4				% color code K=8							
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล
1	-	A	27	บิ๊กกรีนพลัส (115)	0.50%	0.30%	99.10%	0.90%	0.40%	98.40%	0.40%	0.80%	0.30%	39.30%	0.30%	13.20%	11.80%	23.80%	10.60%
			29	ศรแดง (106)	2.50%	0.60%	96.80%	5.10%	0.60%	93.60%	0.80%	2.40%	0.40%	42.10%	0.40%	11.20%	10.70%	23.50%	9.30%
			25	ไอโซ	1.10%	2.30%	96.60%	2.30%	2.90%	94.20%	0.60%	1.50%	2.50%	37.80%	0.40%	12.80%	12.60%	21.70%	10.60%
2	2.1	B	48	C655	2.10%	92.80%	5.20%	1.50%	91.70%	5.30%	1.50%	0.60%	56.70%	5.20%	0.70%	7.80%	8.20%	7.60%	13.10%
			45	C668	0.50%	99.00%	0.60%	0.50%	98.50%	0.60%	0.50%	0.30%	90.70%	0.40%	0.30%	1.50%	0.50%	0.60%	5.60%
			43	C666	0.90%	98.40%	0.70%	0.90%	97.50%	0.70%	1.00%	0.70%	88.20%	0.70%	0.80%	1.80%	0.90%	0.90%	5.90%
			40	C651	1.10%	97.70%	1.20%	1.10%	96.70%	1.20%	1.10%	0.80%	80.30%	1.80%	0.70%	3.10%	2.60%	2.60%	8.20%
			41	C185	2.90%	82.80%	14.30%	2.90%	80.40%	14.90%	1.80%	1.20%	48.30%	7.90%	0.90%	10.00%	11.20%	9.70%	10.80%
			47	C385	0.50%	97.30%	2.20%	0.50%	96.40%	2.50%	0.60%	0.30%	82.10%	3.10%	0.40%	3.20%	3.70%	3.10%	4.20%
			39	จากศูนย์จันกะผัก	1.40%	97.50%	1.10%	1.70%	96.20%	1.20%	1.00%	1.20%	89.30%	0.90%	0.70%	1.70%	1.10%	1.20%	4.00%
			35	H4-48-15-2-1-B	0.60%	98.80%	0.60%	0.60%	98.10%	0.70%	0.60%	0.40%	95.50%	0.60%	0.30%	0.70%	0.80%	0.70%	0.90%
			37	H1-2-31-24-1-B	0.50%	99.00%	0.50%	0.50%	98.40%	0.50%	0.60%	0.30%	95.30%	0.50%	0.40%	0.80%	0.60%	0.60%	1.50%
			34	H1-2-31-30-17-B	0.70%	98.70%	0.60%	0.60%	97.90%	0.60%	0.90%	0.40%	96.20%	0.50%	0.70%	0.50%	0.50%	0.50%	0.70%
			33	H1-2-34-24-17-B	0.60%	91.80%	7.60%	0.80%	91.80%	6.90%	0.40%	0.50%	83.10%	4.70%	0.30%	2.80%	2.70%	3.30%	2.50%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์แตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3, 4 และ 8

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=4				% color code K=8							
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล
2	2.2	C	31	ขาวสารคาม 150 (70)	1.00%	0.80%	98.20%	1.90%	0.90%	96.70%	0.50%	1.50%	0.80%	27.30%	0.40%	20.30%	16.30%	22.60%	10.90%
			42	C401	0.80%	5.40%	93.80%	0.90%	6.00%	92.30%	0.80%	0.50%	3.60%	16.60%	0.40%	25.80%	19.20%	20.00%	13.90%
			30	แตงร้านลูกผสมตราไอโวรี (71)	5.70%	2.70%	91.70%	3.90%	2.80%	90.10%	3.20%	1.70%	1.00%	14.20%	1.10%	30.10%	20.70%	20.00%	11.40%
			28	บิ๊กกรีน (107)	4.00%	0.50%	95.50%	6.50%	0.60%	91.80%	1.20%	3.60%	0.30%	14.10%	0.70%	29.40%	20.30%	19.70%	12.00%
		D	44	C648	17.20%	75.20%	7.60%	8.40%	75.00%	6.90%	9.70%	3.40%	37.80%	7.40%	5.00%	9.90%	11.70%	9.40%	15.40%
			46	C434	50.70%	46.80%	2.50%	13.50%	49.20%	3.50%	33.80%	7.80%	29.80%	4.60%	30.30%	6.60%	6.90%	5.90%	8.20%
			32	H1-10-34-18-1-B	4.70%	94.50%	0.80%	3.00%	90.90%	0.90%	5.20%	2.50%	86.80%	0.90%	5.00%	1.20%	1.10%	1.10%	1.50%
			18	ล้านนา 10 (434)	86.30%	11.20%	2.40%	7.40%	3.80%	4.10%	84.70%	3.80%	2.00%	2.80%	75.80%	3.70%	4.00%	3.70%	4.30%
			16	ล้านนา 11 (443)	58.90%	40.40%	0.80%	0.80%	29.60%	1.20%	68.50%	0.50%	25.80%	1.40%	65.40%	1.50%	1.80%	1.60%	2.00%
			23	บิ๊กกรีน25	95.90%	0.50%	3.70%	16.80%	0.40%	10.00%	72.80%	10.60%	0.30%	4.20%	70.30%	3.30%	3.60%	4.00%	3.80%
			20	ล้านนา 8 (301)	95.70%	1.20%	3.10%	3.10%	0.70%	3.10%	93.10%	1.90%	0.50%	1.90%	89.20%	1.60%	1.60%	1.70%	1.60%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์แตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3, 4 และ 8

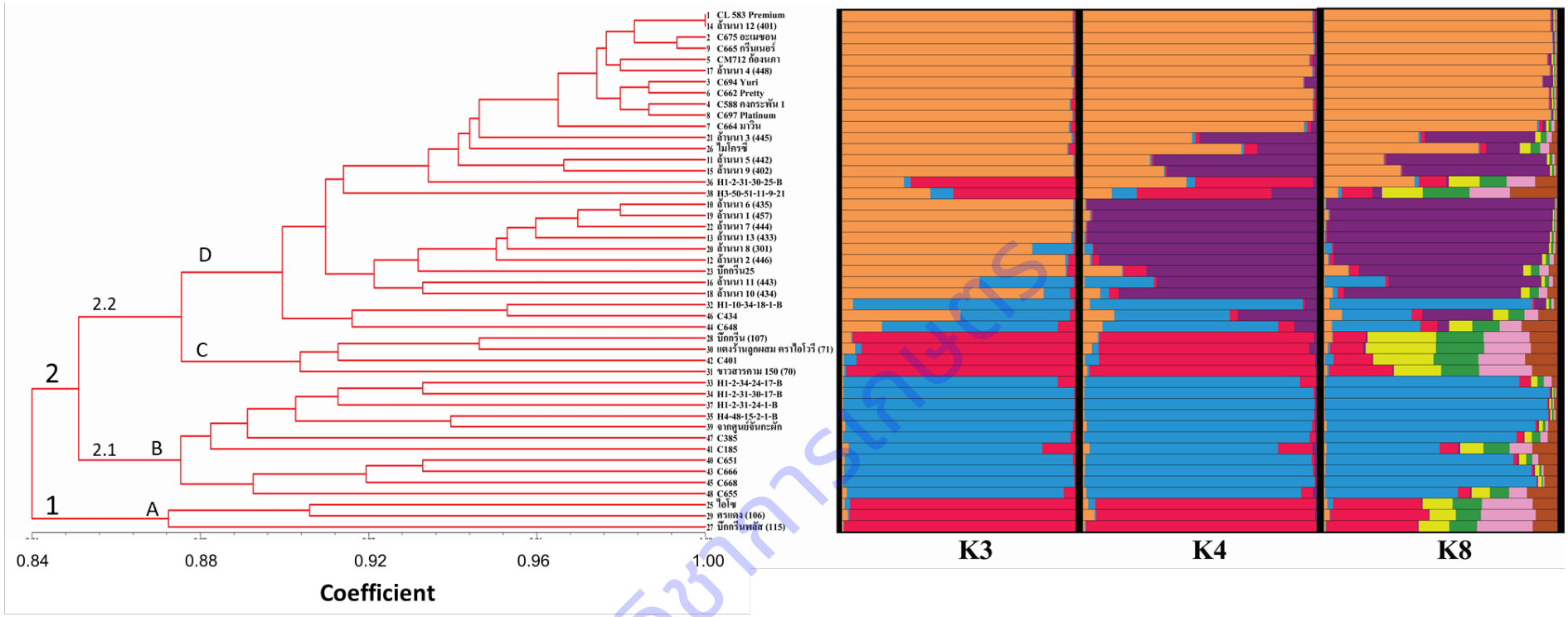
กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=4				% color code K=8							
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล
			12	ล้านนา 2 (446)	81.50%	17.60%	0.90%	0.60%	3.50%	0.70%	95.30%	0.40%	3.10%	0.70%	92.20%	0.90%	1.00%	0.80%	0.90%
			13	ล้านนา 13 (433)	98.20%	1.10%	0.80%	0.70%	0.60%	0.70%	98.00%	0.40%	0.40%	0.70%	95.20%	0.80%	0.90%	0.80%	0.80%
			22	ล้านนา 7 (444)	99.00%	0.50%	0.60%	1.20%	0.40%	0.50%	97.90%	0.70%	0.30%	0.50%	96.40%	0.50%	0.50%	0.50%	0.60%
			19	ล้านนา 1 (457)	99.00%	0.60%	0.40%	3.10%	0.70%	0.60%	95.70%	2.00%	0.40%	0.50%	95.10%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%
			10	ล้านนา 6 (435)	99.00%	0.60%	0.30%	1.00%	0.40%	0.30%	98.30%	0.60%	0.30%	0.20%	97.80%	0.20%	0.30%	0.30%	0.30%
			38	H3-50-51-11-9-21	37.90%	9.80%	52.40%	12.40%	10.60%	57.70%	19.30%	6.20%	1.50%	13.10%	4.10%	17.40%	20.10%	17.30%	20.40%
			36	H1-2-31-30-25-B	26.50%	2.80%	70.60%	44.30%	3.60%	50.70%	1.50%	38.90%	1.70%	11.90%	1.00%	13.20%	11.60%	12.20%	9.60%
			15	ล้านนา 9 (402)	99.20%	0.40%	0.40%	34.70%	0.50%	0.80%	64.00%	32.80%	0.30%	0.70%	62.90%	0.90%	0.90%	0.70%	0.70%
			11	ล้านนา 5 (442)	99.00%	0.60%	0.40%	28.70%	0.80%	0.80%	69.70%	25.60%	0.50%	0.80%	68.60%	1.10%	1.30%	1.00%	1.20%
			26	ไมโครซี	96.50%	0.50%	3.00%	67.80%	1.00%	5.80%	25.40%	66.20%	0.50%	2.80%	14.40%	4.60%	4.10%	3.90%	3.60%
			21	ล้านนา 3 (445)	98.30%	0.80%	0.90%	46.60%	1.30%	1.90%	50.20%	40.50%	0.80%	1.90%	47.20%	2.30%	2.50%	2.20%	2.40%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างพันธุ์แตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3, 4 และ 8

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=4				% color code K=8							
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว	ชมพู	น้ำตาล
			7	C664 มาวิน	97.10%	0.70%	2.20%	94.50%	1.30%	1.70%	2.50%	91.30%	0.70%	1.60%	1.50%	1.10%	1.20%	1.30%	1.30%
			8	C697 Platinum	98.60%	0.50%	0.90%	98.20%	0.50%	0.60%	0.70%	97.10%	0.30%	0.40%	0.50%	0.40%	0.50%	0.40%	0.40%
			4	C588 คงกระพัน 1	97.50%	0.50%	2.10%	98.20%	0.40%	0.90%	0.50%	96.20%	0.30%	0.80%	0.30%	0.60%	0.50%	0.70%	0.60%
			6	C662 Pretty	98.60%	0.40%	1.00%	98.40%	0.40%	0.70%	0.50%	96.20%	0.20%	0.60%	0.40%	0.60%	0.60%	0.60%	0.70%
			3	C694 Yuri	99.20%	0.30%	0.50%	94.20%	0.30%	0.50%	5.00%	93.40%	0.20%	0.40%	4.10%	0.40%	0.50%	0.40%	0.50%
			17	ล้านนา 4 (448)	98.20%	0.70%	1.10%	98.00%	0.60%	0.70%	0.70%	96.60%	0.50%	0.40%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%	0.50%
			5	CM712 ก้องนภา	99.00%	0.30%	0.70%	96.80%	0.40%	1.10%	1.80%	95.60%	0.20%	0.60%	1.20%	0.70%	0.70%	0.60%	0.60%
			9	C665 กรีนเนอร์	99.00%	0.40%	0.60%	98.70%	0.30%	0.40%	0.60%	97.90%	0.20%	0.30%	0.40%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			2	C675 อะเมซอน	99.00%	0.40%	0.60%	98.50%	0.40%	0.40%	0.70%	97.70%	0.20%	0.30%	0.50%	0.30%	0.30%	0.30%	0.30%
			14	ล้านนา 12 (401)	98.70%	0.40%	0.90%	98.10%	0.40%	0.70%	0.90%	96.90%	0.30%	0.50%	0.60%	0.40%	0.40%	0.40%	0.40%
			1	CL 583 Premium	98.60%	0.40%	0.90%	98.00%	0.40%	0.70%	0.90%	96.90%	0.30%	0.40%	0.60%	0.50%	0.40%	0.40%	0.40%

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K = 3, K=4 และ K=8 ของตัวอย่างแตงกวาแตงร้าน 47 พันธุ์ A -D แสดงตำแหน่งของกลุ่ม

กรมวิชาการเกษตร

การทดลองที่ 7: การตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง

ภัทธรวีร์ พรมนัส วิลาสินี จิตต์บรรจง ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล วีรกรณ์ แสงไสย์

Phattaravee Prommanut, Wilasinee Chitbanchong, Suchirat Sakuanrungririkul, Weerakorn Seangai

คำสำคัญ: ลักษณะสัณฐานวิทยา, ไม้ดอกสกุลขมิ้น, เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR, TouchDown PCR

บทคัดย่อ

การศึกษาและตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์ ได้แก่ 1. อาร์ ที พิงค์ โคโรเนชั่น 2. อาร์ ที โกลเด็น เรน 3. อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น 4. อาร์ ที ไทย การ์เนท 5. อาร์ ที เกรท เรน 6. อาร์ ที สวีท เมมโมรี่ 7. ซีเอ็มยู สวีทโรซี่ 8. ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม 9. ซีเอ็มยู มณีสยาม 10. เกรท คิง 11. ออร่า เชียงใหม่ เพิล 12. บิวตี้ พรินซ์เซ็ส และ 13. พิมพ์ใจ พบว่า ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพหรือลักษณะประจำพันธุ์ที่สามารถใช้ในการจำแนกพืชในสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้น มี 15 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะสิ่งปกคลุมผิวใบ รูปร่างใบ ความยาวช่อดอก รูปร่างกลีบดอก ลักษณะผิวกลีบดอก รูปร่างหัวสะสมอาหาร จงอยหรือเดือยที่โคนอับเรณู ความยาวรังไข่ รูปร่างกลีบเลี้ยง รูปร่างและสิ่งปกคลุมผิวกลีบปาก รูปร่างและสีใบประดับบน รูปร่างและสีใบประดับล่าง สีดอก รูปทรงช่อดอก และตำแหน่งการออกดอก

เมื่อตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้น โดยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR และจัดกลุ่มแบบ UPGMA พบว่า กลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมดมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมในระดับปานกลาง ซึ่งถูกจัดอยู่ใน cluster E และ D โดยพันธุ์ที่มีความคล้ายคลึงกันมากที่สุดในระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ มี 3 พันธุ์ ได้แก่ พิมพ์ใจ อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น และ ซีเอ็มยู สวีทโรซี่ ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยา เนื่องจากทั้ง 3 พันธุ์ มีใบประดับบนสีชมพูอมแดง และมีดอกสีเหลืองเหมือนกัน

Keywords: Morphology, Curcuma variety, ISSR marker, TouchDown PCR

Abstract

A study and analysis on morphology of thirteen *Curcuma* cultivars/varieties registered as a new variety for plant varieties protection including 1. Royal Thai Pink Coronation 2. Royal Thai Golden Reign 3. Royal Thai Majesty Coronation 4. Royal Thai Thai Garnet 5. Royal

กรมวิชาการเกษตร

Thai Great Reign 6. Royal Thai Sweet Memory 7. CMU Sweet Rosy 8. CMU Tubtim Siam 9. CMU Manee Siam 10. Great King 11. Chiangmai Pearl 12. Beauty Princess and 13. Pimjai. The results indicated that the distinctive morphology can be obviously used for plant identification composed of 15 characters, there are surface of leaves, shape of leaves, length of inflorescences, shape of petal, surface of petal, shape of tuber, spur at base of anther, length of ovary, shape of sepal, shape and surface of labellum, shape and color of upper bract, shape and color of lower bract, color of flower, shape of inflorescences and position of flower.

Detecting on different heredities of thirteen registered *Curcuma* varieties by using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers with TouchDown PCR, whereas Phylogenetic tree had been analyzed and generated by UPGMA. According the results, it can be clearly seen that all of these registered Curcuma varieties had a medium of genetic relationship level, and they were recognized into 2 clusters including cluster E and D. Interestingly, there were three varieties namely Pimjai, Royal Thai Majesty Coronation and CMU Sweet Rosy which had similarity coefficient at 97 %, this result had consistence with the morphological study due to the face that all of them had pinkish-red upper bracts and yellow flowers.

กรมวิชาการเกษตร

บทนำ

กระเจียว ปทุมมา ขมิ้น หรือไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) เป็นพืชล้มลุกอายุหลายปี ซึ่งจัดอยู่ในวงศ์ขิง (Zingiberaceae) โดยเป็นหนึ่งในวงศ์พืชใบเลี้ยงเดี่ยวที่มีจำนวนสมาชิกมากที่สุดในโลก มีการประเมินไว้ว่าทั่วโลกมีจำนวนชนิดทั้งหมดประมาณมากกว่า 1,587 ชนิด มีถิ่นกำเนิดและการกระจายพันธุ์ทั่วไปในทวีปเอเชียเขตร้อน (Tropical Asia) เช่น ประเทศอินเดีย นาปาล ศรีลังลา พม่า จีน ไทย ภูมิภาคอินโดจีน ภูมิภาคมาเลเซีย ปาปัวนิวกินี ออสเตรเลียตอนเหนือ รวมจนถึงบางส่วนของทวีปแอฟริกาเขตร้อน โดยพืชในสกุลนี้มีลักษณะรูปร่าง ขนาด สีสัน และความหลากหลายทั้งในรูปแบบและความจำเพาะในถิ่นที่อยู่อาศัยที่แตกต่างกัน (Larsen, 2006)

ในประเทศไทยมีรายงานการค้นพบพืชสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) จำนวนมากกว่า 50 ชนิด (Maknoi, 2006; Saensouk *et al.,* 2021; Maknoi *et al*, 2021) ซึ่งมีการกระจายพันธุ์อยู่ทั่วทุกภาคของประเทศไทย โดยเฉพาะภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคเหนือ และภาคใต้ โดยมักพบเจริญเติบโตตามพื้นป่าเต็ง

รัง ป่าสนผสมไม้ก่อ ป่าดิบแล้ง ป่าดิบชื้น และป่าเบญจพรรณ ที่ระดับความสูงจากระดับน้ำทะเล 500-1,000 เมตร

พืชสกุลขมิ้นหรือไม้ดอกสกุลขมิ้น นับว่ามีความสำคัญต่อการดำรงชีวิตของมนุษย์มาอย่างยาวนาน โดยพบว่า มีหลายชนิดเป็นพืชเศรษฐกิจ ซึ่งมนุษย์รู้จักนำพืชในสกุลนี้มาใช้ประโยชน์อย่างกว้างขวางเป็นเวลาช้านานมาแล้ว โดยเฉพาะอย่างยิ่งขมิ้น (*Curcuma longa* L.) หรือที่ทั่วโลกรู้จักดีในนาม “turmeric” ซึ่งมีสารสีเหลืองส้มที่เรียกว่า “curcumin” ซึ่งนำมาใช้เป็นเครื่องเทศปรุงแต่งรสอาหาร ยาสมุนไพร สีย้อมในอุตสาหกรรมอาหารและสิ่งทอ หรือวัสดุอื่นๆ ใช้ทำเครื่องสำอาง ตลอดจนเป็นไม้ประดับไม้ตัดดอก เป็นต้น (Singh, 2007; Chen, 2011)

พระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืชพ.ศ. 2542 มีวัตถุประสงค์ในการส่งเสริมการปรับปรุงพันธุ์และพัฒนาพันธุ์พืชเพื่อให้มีพันธุ์พืชเพิ่มเติมจากที่มีอยู่เดิม อันเป็นการส่งเสริมการพัฒนาทางด้านเกษตรกรรม โดยการส่งเสริมและสร้างแรงจูงใจด้วยการให้สิทธิและความคุ้มครองตามกฎหมาย ภายใต้พระราชบัญญัตินี้ แบ่งพืชออกเป็น 4 ประเภท ได้แก่ พันธุ์พืชใหม่ พันธุ์พืชพื้นเมืองเฉพาะถิ่น พันธุ์พืชพื้นเมืองทั่วไป และพันธุ์พืชป่า โดยให้ความคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ด้วยวิธีการจดทะเบียน ผู้ทรงสิทธิเป็นบุคคล/นิติบุคคล

ระบบการคุ้มครองพันธุ์พืชใหม่ (protection of new variety of plants, PVP) หรือการคุ้มครองสิทธินักปรับปรุงพันธุ์พืช (protection of plant breeders’ rights, PBRs) เป็นหนึ่งในระบบการคุ้มครองทรัพย์สินทางปัญญา (intellectual property protection systems, IP) เจตนารมณ์เพื่อส่งเสริม กระตุ้น สร้างแรงจูงให้เกิดการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์พืชใหม่ๆ เพิ่มมากขึ้น พันธุ์พืชใหม่ที่จะได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองต้องมีองค์ประกอบครบถ้วน ดังนี้ (1) มีความใหม่ (novelty) กล่าวคือ ไม่มีการนำส่วนขยายพันธุ์มาใช้ประโยชน์ไม่ว่าจะเป็นการขายหรือจำหน่ายด้วยประการใด ทั้งในหรือนอกราชอาณาจักร โดยนักปรับปรุงพันธุ์พืช หรือด้วยความยินยอมของนักปรับปรุงพันธุ์พืชเกินกว่าหนึ่งปีก่อนวันยื่นจดทะเบียน (2) มีความแตกต่างจากพันธุ์อื่นอย่างเด่นชัด (clearly distinctness, D) ที่ปรากฏอยู่ในวันยื่นจดทะเบียน (3) มีความสม่ำเสมอ (uniformity, U) ในกลุ่มประชากรของพันธุ์ (4) มีความคงตัวทางพันธุกรรม (stability, S) และ (5) มีการตั้งชื่อพันธุ์พืช (denomination) ที่ถูกต้องและเหมาะสมตามกฎหมาย ทั้งนี้ การตรวจสอบองค์ประกอบและคุณสมบัติของพันธุ์พืชใหม่ในองค์ประกอบที่ (1) และ (5) ใช้วิธีการตรวจจากเอกสารและข้อมูลจากผู้ยื่นขอจดทะเบียน ส่วนองค์ประกอบที่ (2) (3) และ (4) ใช้วิธีการปลูกตรวจสอบ (DUS growing test) ซึ่งนับเป็นขั้นตอนที่สำคัญที่สุด

ในการตรวจสอบพันธุ์พืชใหม่นอกจากต้องมีองค์ประกอบทั้ง 5 ข้อดังที่กล่าวมาแล้ว การพิสูจน์พันธุ์พืชใหม่ด้วยหลักฐานทางพันธุกรรมก็มีความสำคัญ ในกรณีมีข้อพิพาท ในการแอบอ้างหรือละเมิดพันธุ์ ซึ่งทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ จะมีการนำมาใช้ตรวจสอบเพื่อพิสูจน์ลักษณะพันธุ์พืชตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 ประกอบกับกรณีที่มีการละเมิดสิทธิซึ่งลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพที่เป็นลักษณะภายนอกมีความคล้ายคลึงกันมาก อาจใช้ข้อมูลทางพันธุกรรมเป็นหลักฐานอ้างอิงประกอบการพิจารณาเพื่อยืนยันความถูกต้องของพันธุ์ในการตรวจสอบ ทั้งนี้เพื่อให้การคุ้มครองและปกป้องสิทธิของเกษตรกรและนักปรับปรุงพันธุ์ มีความชัดเจนและเกิดประสิทธิภาพ ปัจจุบันเทคโนโลยีด้านการตรวจ

ลิขสิทธิ์กรมวิชาการเกษตร

พันธุกรรมพืชในระดับดีเอ็นเอมีความก้าวหน้าอย่างมาก การใช้เครื่องหมายโมเลกุลหลาหลายชนิดได้เข้ามามีบทบาทมากในการตรวจจำแนกชนิดพืชหลายชนิด และให้ข้อมูลที่มีความแม่นยำสูง สามารถตรวจหาตำแหน่งแปรปรวนซึ่งเป็นลักษณะจำเพาะของพืชแต่ละพันธุ์ได้ ยิ่งไปกว่านั้นปัจจุบันนี้มีการพัฒนาเทคโนโลยีในการตรวจพันธุกรรมพืชที่มีประสิทธิภาพสูง สามารถตรวจข้อมูลพันธุกรรมพืชระดับทั้งจีโนมได้ในเวลาอันรวดเร็ว โดยข้อมูลที่ได้สามารถบอกได้ถึงตำแหน่งแปรปรวนของลำดับนิวคลิโอไทด์ที่มีความจำเพาะต่อพืชได้เกือบทั้งจีโนม สามารถตรวจวิเคราะห์หาตำแหน่งที่แสดงความเหมือนหรือแตกต่างของพืชได้เป็นระดับหมื่นหรือแสนตำแหน่งภายในการวิเคราะห์เพียง 1 ครั้ง ทำให้การวิเคราะห์มีประสิทธิภาพสูงและได้ผลการวิเคราะห์ที่มีความแม่นยำสูงมากเมื่อเทียบกับกับการตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมพืชแบบดั้งเดิมที่ใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการตรวจจับซึ่งมีปัญหาในความล่าช้า และตำแหน่งที่ตรวจจับได้มีเพียงระดับร้อยตำแหน่งเท่านั้น ซึ่งไม่ครอบคลุมทั่วทั้งจีโนม ทำให้มีความแม่นยำในการตรวจผลต่ำกว่าวิธีการวิเคราะห์แบบใหม่มาก

ไม้ดอกสกุลขมิ้นที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ มีจำนวนทั้งหมด 13 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์อาร์ ที พิงค์ โคโรเนชั่น อาร์ ที โกลเด็น เรน อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น อาร์ ที ไทย การ์เนท อาร์ ที เกรท เรน อาร์ ที สวีท เมมโมรี่ ซีเอ็มยู สวีท โรซี่ ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม ซีเอ็มยู มณีสยาม เกรท คิง ออร่า เชียงใหม่ เพิล บิวตี้ พรินซ์เซ็ส และพิมพ์ใจ งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อวิจัยและพัฒนาตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและในระดับดีเอ็นเอของพันธุ์ใหม่ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติคุ้มครองพันธุ์พืช พ.ศ. 2542 สำหรับปกป้อง คุ้มครองสิทธิ ในทรัพย์สินทางปัญญาด้านพืช

ระเบียบวิธีการวิจัย

- วิธีการดำเนินการวิจัย

1. การศึกษาและตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

1.1. ตรวจสอบเอกสารงานวิจัยที่มีการศึกษาในอดีตที่เกี่ยวข้องกับไม้ดอกสกุลขมิ้นสายพันธุ์ต่าง ๆ (*Curcuma* spp.) พร้อมทั้งศึกษาตัวอย่างพรรณไม้แห้งและดองของพืชสกุลนี้จากพิพิธภัณฑ์พืชต่าง ๆ ในประเทศไทย เพื่อให้ทราบจำนวนชนิด นิเวศวิทยา และเขตการกระจายพันธุ์ รวมทั้งข้อมูลอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้องกับไม้ดอกสกุลขมิ้น

1.2. ศึกษาข้อมูลลักษณะทางพฤกษศาสตร์และลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้น

- ชนิดพบตามแหล่งกระจายพันธุ์ในธรรมชาติของประเทศไทยเพื่อใช้เป็นชนิดเทียบเคียงจำนวน 5 ชนิด ได้แก่ 1. กระเจียวส้ม (*C. roscoeana* Wall.) 2. ช่อมรกต (*C. harmadii* Gangep.) 3. กระเจียวรังสิมา (*C. rangsimae* Boonma & Saensouk) 4. บัวเข็ม (*C. myanmarensis* (W. J. Kress) Škorničk) และ 5. ดอกอาวหรือกระเจียวแดง (*C. angustifolia* Roxb)

- พันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้าจำนวน 8 พันธุ์ ได้แก่ 1. เชียงราย 1 (*Curcuma* “Chiang Rai 1”) 2. เชียงราย 2 (*Curcuma* “Chiang Rai 2”) 3. เชียงราย 3 (*Curcuma* “Chiang Rai 3”) 4. เรดชาโด้

กรมวิชาการเกษตร

(*Curcuma* “Redshadow”) 5. กระเจียวใบม่วง (*Curcuma* sp.) 6. แดงดอยตุง (*Curcuma* “Dang Doi Thung”) 7. บลูมูล (*Curcuma* “Blue Moon”) และ 8. เอแอล 257 (*Curcuma* “AL-257”)

- พันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์ ได้แก่ 1. พันธุ์อาร์ ที พิงค์ โคโรเนชั่น (Royal Thai Pink Coronation) 2. อาร์ ที โกลเด็น เรน (Royal Thai Golden Reign) 3. อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น (Royal Thai Majesty Coronation) 4. อาร์ ที ไทย การ์เนท (Royal Thai Thai Garnet) 5. อาร์ ที เกรท เรน (Royal Thai Great Reign) 6. อาร์ ที สวีท เมมโมรี่ (Royal Thai Sweet Memory) 7. ซีเอ็มยู สวีท โรซี่ (CMU Sweet Rosy) 8. ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม (CMU Tubtim Siam) 9. ซีเอ็มยู มณีสยาม (CMU Manee Siam) 10. เกรท คิง (Great King) 11. เชียงใหม่ เพิล (Chiangmai Pearl) 12. บิวตี้ พรินซ์เซ็ส (Beauty Princess) และ 13. พิมพ์ใจ (Pimjai)

- ในการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของไม้ดอกสกุลขมิ้นทั้งชนิดที่พบตามแหล่งธรรมชาติ พันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้า และพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ จะต้องมีการศึกษาลักษณะต่าง ๆ ดังนี้ เช่น การเจริญเติบโต ชนิดของหัว สีเนื้อของหัว สีของลำต้น รูปร่างปลายใบ รูปตัดตามขวาง สีเขียวบริเวณด้านบนของใบ การต่างของสี รูปร่างของช่อดอก ทิศทางของก้านดอก ตำแหน่งของช่อดอก ความยาวของช่อดอก จำนวนกลีบประดับ การเป็นคลื่นของกลีบประดับส่วนบน ความยาวของดอกสีดอก และความยาวของดอก เป็นต้น

1.3 เก็บตัวอย่างพรรณไม้เพื่อใช้ในการศึกษาทางด้านสัณฐานวิทยาและอ้างอิงเพื่องานวิจัย (voucher specimens) ทั้งในรูปแบบตัวอย่างพรรณไม้แห้งและดอง โดยเก็บตัวอย่างพรรณไม้ให้ครบสมบูรณ์ทุกส่วน แล้วจัดลงบนแผงอัดแล้วอัดให้แห้งโดยใช้ความร้อนจากแสงแดดหรือตู้อบที่อุณหภูมิ 60 – 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลาประมาณ 5-7 วัน เมื่อพรรณไม้แห้งสนิทนำไปอาบน้ำยาเพื่อป้องกันแมลง โดยใช้ Mercuric chloride 250 มิลลิลิตร Phenol 50 มิลลิลิตร และ แอลกอฮอล์ 90 เปอร์เซ็นต์ 10 ลิตร แล้วนำเข้าแผงอัดพรรณไม้อบให้แห้งอีกครั้ง นำตัวอย่างพรรณไม้ที่ผ่านขั้นตอนอาบน้ำยาแล้วมาเย็บติดกับกระดาษแข็งที่มีความหนาไม่น้อยกว่า 300 แกรม เพื่อให้มีความคงทนและแข็งแรง พร้อมกับติดป้ายแสดงรายละเอียดต่างๆที่จดบันทึกเอาไว้ในขณะเก็บพรรณไม้นั้น สร้างแบบบันทึกลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของพืชแต่ละชนิดที่ศึกษาโดยอาศัยข้อมูลจากแบบบันทึกลักษณะภาคสนามของพันธุ์พืชจากกลุ่มวิจัยเพื่อการคุ้มครองพันธุ์พืช และบันทึกข้อมูลอย่างละเอียดเพื่อจัดทำเป็นคำบรรยายลักษณะทางพฤกษศาสตร์ตามหลักทางพฤกษศาสตร์ของพันธุ์พืชใหม่ที่ได้รับการรับรองนั้นๆ และจัดเก็บตามระบบการจัดการของพิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ

2. การตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย ISSR

นำตัวอย่างใบอ่อนที่ม้วนงอของไม้ดอกสกุลขมิ้นในตำแหน่งลำดับ 2 จากปลายยอด เพื่อไม่ให้อ่อนหรือแก่จนเกินไปมาสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี CTAB และวิธีประยุกต์ เนื่องจากใบของพืชสกุลนี้มีปัญหาในการสกัดดีเอ็นเอจึงต้องปรับเปลี่ยนวิธีการสกัดหลายขั้นตอน แล้วทดสอบวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมในด้วยวิธี

กรมวิชาการเกษตร

ISSR-Touchdown PCR ตามวิธีการของ ศุจิรัตน์และคณะ (2553) โดยเก็บตัวอย่างใบนำมาล้างให้สะอาด เช็ดให้แห้งแล้วตัดเป็นชิ้นเล็กๆ บดให้ละเอียดในไนโตรเจนเหลว ใช้ใบปริมาณ 0.2 กรัมในสารสกัด 700 ul ใช้การประยุกต์วิธีของ Tai and Tangsley (1990) โดยปรับสารในการสกัดดังนี้ Buffer 1: 100mM Tris-Base pH 8.0, 50 mM EDTA, 0.5M NaCl, 1.25% SDS, 8.3 mM NaOH, 0.38% Sodium bisulfite ร่วมกับวิ ธีของ Li and Midmore (1999) โดยปรับสารสกัดดังนี้ Buffer 2: 2% CTAB, 2M NaCl, 2% PVP 40-T, 25 mM EDTA, 200mM Tris base , 20 mM $Na_2B_4O_7$, 1% ของ 5M $C_{15}H_{28}NNaO_3$) โดยเติม Buffer 1 ปริมาตร 500 ul ผสมให้เข้ากัน บ่มที่ 65°C นาน 20 นาที จากนั้นเติม Buffer 2 ปริมาตร 500 µl ผสมให้เข้ากัน บ่มทิ้งไว้ 5 นาที ที่อุณหภูมิห้อง จากนั้นเติม Dichloromethane: Isoamyl (24:1) ปริมาตร 500 ul กลับหลอดไปมา นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 rpm. นาน 5 นาที ดูดส่วนใสปริมาตร 700 µl ใส่หลอด 1.5 ml เติม absolute ethanol ปริมาตร 800 µl กลับหลอดไปมา นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 rpm. นาน 5 นาที ล้างตะกอนดีเอ็นเอด้วย 70% ethanol จำนวน 2-3 ครั้ง เติมน้ำกลั่นนึ่งฆ่าเชื้อปริมาตร 500 µl บ่มที่ 65°C จนดีเอ็นเอละลาย ตกตะกอนดีเอ็นเออีกครั้งด้วยการเติม 5M NaCl ปริมาตร 50 µl ผสมให้เข้ากัน เติม absolute ethanol ปริมาตร 800 µl กลับหลอดไปมา ปั่นตกตะกอนดีเอ็นเอ ล้างดีเอ็นเอด้วย 70% ethanol 2-3 ครั้ง ตากตะกอนดีเอ็นเอให้แห้ง ละลายตะกอนดีเอ็นเอด้วยน้ำกลั่นนึ่งฆ่าเชื้อปริมาตร 100 µl วัดปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Nanodrop lite spectrophotometer (Thermo Scientific, USA)

การทำปฏิกิริยา PCR ในปริมาตร 10 µl ประกอบด้วย 1x buffer A (Vivantis), 0.15 mM dNTP, 1.5 mM $MgCl_2$, 1mM primer, 1 unit Taq DNA polymerase (Fermentas), ดีเอ็นเอ 10 ng เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่อง PCR (Veriti, Thermo Fisher Scientific, Applied Bioisystems) โดยใช้โปรแกรม TouchDown PCR ตั้งโปรแกรมดังนี้ 94°C นาน 5 นาที จำนวน 1 รอบ ตามด้วย 94°C นาน 30 วินาที, 52-48°C นาน 1 นาที, 72°C นาน 1 นาที จำนวน 5 รอบ ตามด้วย 94°C นาน 30 วินาที, 48°C นาน 1 นาที, 72°C นาน 1 นาที จำนวน 30 รอบ และ 72°C นาน 5 นาที แล้วลดลงที่ 25°C โดยเลือกใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด ISSR ทำการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลที่ให้แถบดีเอ็นเอชัดเจน (ภาคผนวก ตารางที่ 2) สำหรับนำไปใช้แยกความแตกต่างระหว่างตัวอย่างด้วยปฏิกิริยา PCR ทดสอบความเข้มข้นที่เหมาะสมในการทำปฏิกิริยา PCR ของแต่ละตัวอย่างด้วยการละลายดีเอ็นเอที่ความเข้มข้น 1/50 1/100 1/200 1/400 และ 1/800 ทดสอบกับเครื่องหมายโมเลกุล 1 ชนิดที่ให้ผลชัดเจน ตรวจสอบผลด้วยใน 1% Agarose gel electrophoresis ใช้ไฟ 100 V. นาน 40 นาที เลือกความเข้มข้นดีเอ็นเอที่ให้ผลแถบดีเอ็นเอชัดเจน มีจำนวนแถบมากที่สุดและจำนวนคงที่ในช่วง 3 ความเข้มข้นต่อเนื่องของแต่ละพันธุ์สำหรับนำไปวิเคราะห์ความแตกต่างด้วยเครื่องหมายโมเลกุลที่คัดเลือกไว้ ทำการทดลอง 2 ซ้ำต่อตัวอย่าง อ่านผลปฏิกิริยา PCR ด้วยเครื่อง Fragment Analyzer Automated Parallel Capillary Electrophoresis System (Advanced Analytical) โดยลดความเข้มข้นของผลิต PCR ใน TE buffer 1:11 ส่วน วิเคราะห์ขนาดจีโนไทป์ด้วยชุดน้ำยา dsDNA Reagent Full kit DNF-910-K1000 (Advanced analytical) และอ่านผลด้วยเครื่อง Fragment Analyzer Automated Parallel Capillary Electrophoresis (Advanced Analytical)

ศูนย์วิทยทรัพยากร

การวิเคราะห์ผล: ข้อมูลจีโนไทป์ถูกเปลี่ยนอยู่ในรูป binary file (0, 1) โดย 0 แทนตำแหน่งที่ไม่ปรากฏแถบ และ 1 แทนตำแหน่งที่ปรากฏแถบ วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวอย่าง คำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรม (similarity coefficients) ด้วยวิธี Jaccard's similarity coefficients สร้างตารางเมทริกซ์เพื่อสร้างแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA โดยใช้ซอฟต์แวร์ NTSYS - PC v.2.11 (Rohlf, 2002) วิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยวิธี Model-based clustering โดยอาศัยทฤษฎีของ Bayesian ด้วยโปรแกรม STRUCTURE 2.4.3 (Pritchard et al., 2000; Falush et al., 2003; Hubisz et al., 2009) เลือกใช้โมเดล 3 ชนิดคือ admixture, correlated allele frequency และLOCPRIOR (Hubisz et al., 2009) ทำการตรวจสอบด้วยโปรแกรมจำนวน 10 ซ้ำ ในทุกๆ จำนวนกลุ่ม (cluster, K) ตั้งแต่ 2 ถึง 10 รวมทั้งหมด 90 ครั้ง จากนั้นวิเคราะห์หาจำนวนกลุ่มที่เหมาะสมที่สุด ด้วยค่า posterior probability หรือ L(K) (Pritchard, et al., 2000) และค่า ΔK (Evanno, et al., 2005) ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) หาค่าเฉลี่ยของแต่ละ K จาก 10 ซ้ำ ให้ได้ข้อมูล 1 ชุด ด้วยโปรแกรม CLUMPAK server (Kopelman, et al., 2015) แสดงผลรูปภาพด้วยโปรแกรม DISTRUCT (Rosemberg, 2003)

3. นำผลที่ได้จากการศึกษาทางด้านลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นมาเทียบกับผลที่จากการศึกษาทางชีววิทยาโมเลกุลด้วยเทคนิค ISSR Touchdown PCR

4. สรุปผลและวิจารณ์ผลการศึกษา

- เวลาและสถานที่

ตุลาคม 2562 - กันยายน 2564

- สถานที่ดำเนินการศึกษา

1. กลุ่มวิจัยพฤกษศาสตร์และพิพิธภัณฑ์พืช สำนักคุ้มครองพันธุ์พืช กรมวิชาการเกษตร

2. ศูนย์วิจัยพืชไร่ขอนแก่น กรมวิชาการเกษตร

3. แหล่งเพาะปลูกและขยายพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์ คือ โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ. เชียงใหม่

4. พิพิธภัณฑ์พืชต่าง ๆ ในประเทศไทย เช่น พิพิธภัณฑ์พืชกรุงเทพ (BK Herbarium) กรมวิชาการเกษตร สำนักงานหอพรรณไม้ (BKF) กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช และสวนพฤกษศาสตร์สมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์ (QSBG) จังหวัดเชียงใหม่

กรมวิชาการเกษตร

5. แหล่งแพร่กระจายพันธุ์ในธรรมชาติของไม้ดอกสกุลขมิ้นชนิดที่พบตามแหล่งกระจายพันธุ์ในธรรมชาติของประเทศไทยเพื่อใช้เป็นชนิดเทียบเคียงจำนวน 5 ชนิด ใน 6 จังหวัด ได้แก่ จังหวัดแม่ฮ่องสอน ตาก สระบุรี เพชรบูรณ์ สกลนคร และเชียงราย

ผลการวิจัย

1. ผลการศึกษาและตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพ

1.1 จากการตรวจสอบเอกสารงานวิจัยที่มีการศึกษาในอดีตที่เกี่ยวข้องกับไม้ดอกสกุลขมิ้นสายพันธุ์ต่าง ๆ (*Curcuma* spp.) พบเอกสารการศึกษาทางด้านอนุกรมวิธานที่เกี่ยวกับพืชสกุลนี้ ได้แก่ Flora of India, Flora of British India Vol.6, Flore générale de l'Indo-Chine, vol. 6, Belletin Jadin Botanique Buitanzorg, The Flora of the Malay Peninsular vol.4, A Revised Handbook to the flora of Ceylon vol.4, Thai Forest Bulletin (Botany), vol. 49(1), Annales Botanici Fennici vol. 56(4-6), Blumea Journal of Plant Taxonomy and Plant Geography, Biodiversitas Journal of Biological Diversity vol. 22(4), taxonomic study genus *Curcuma* L. in Thailand, บัญชีรายการทรัพย์สินชีวภาพ และการศึกษาสัณฐานวิทยา โครโมโซม และละอองเรณูของพรรณไม้วงศ์ขิงในอุทยานแห่งชาติภูพาน

กรมวิชาการเกษตร

สกุล *Curcuma* L.

เป็นพืชล้มลุกอายุหลายปี รากเกิดเป็นกระจุกรอบเหง้า ปลายรากมีปมสะสมอาหารรูปรีหรือรูปไข่ ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่หรือรูปรี ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3-5 ใบ เรียงสลับระนาบเดียว ใบรูปไข่ รูปรี รูปขอบขนาน หรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน ปลายแหลมถึงเรียวแหลม โคนสอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวด้านบนเกลี้ยงหรือขนนุ่มปกคลุม ก้านใบยาว ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง ช่อดอกสีขาว เขียม ส้ม แดง เหลือง ชมพูหรือชมพูอมแดง เกิดจากลำต้นใต้ดินหรือที่ปลายลำต้นเทียม ช่อดอกรูปทรงกระบอกยาวหรือสั้น กลีบดอกสีขาว ม่วง ชมพู ส้ม หรือแดง ใบประดับบนและใบประดับล่างมีหลายสี รูปรีแกมรูปขอบขนาน ผิวทั้งสองด้านเกลี้ยงหรือมีขนนุ่มปกคลุม ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ปลายแยกเป็น 3 แฉก กลีบปากสีเหลือง ขาว หรือม่วง รูปไข่กลับ ปลายยื่นและแยกออกเป็นสองแฉก กลีบคู่ข้างรูปไข่กลับ เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน บริเวณโคนอับเรณูมีหรือไม่มีเดือย ที่เหลือ 5 อันเป็นหมัน และเปลี่ยนรูปร่างคล้ายกลีบดอก เกสรเพศเมีย รังไข่รูปทรงกระบอก ยอดเกสรรูปกรวยอาจโผล่พ้นเกสรเพศผู้ รังไข่อยู่ใต้วงกลีบเกลี้ยงหรือมีขนปกคลุม ผลแบบผลแห้งแตก

การศึกษาทางด้านอนุกรมวิธานของไม้ดอกสกุลขมิ้นในประเทศไทยได้จัดแบ่งกลุ่มพืชสกุลนี้ออกเป็น 5 กลุ่ม หลัก ๆ ตามลักษณะเด่นของเกสรเพศผู้และเพศเมีย คือ กลุ่มปทุมมา (Alismatifolia) กลุ่มมหาอุดม (Cochinchinensis) กลุ่มกระเจียวสุเทพ (Ecomata) กลุ่มขมิ้นแท้ (Eucurcuma) และกลุ่มบัวชั้น (Petiolata)

1.2. ศึกษาข้อมูลลักษณะทางพฤกษศาสตร์และลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้น

- จากการศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง จากชนิดที่พบตามแหล่งการกระจายพันธุ์ในธรรมชาติของประเทศไทยเพื่อใช้ในการศึกษาเพื่อเป็นชนิดเทียบเคียงจำนวน 5 ชนิด ได้แก่ 1. กระเจียวแดง (*Curcuma angustifolia* Roxb.) 2. ช่อมรกต (*C. harmadii* Gangep.) 3. บัวเข็ม (*C. myanmarensis* (W. J. Kress) Škorničk) 4. กระเจียวรังสิมา (*C. rangsimae* Boonma & Saensouk) และ 5.กระเจียวส้ม (*C. roscoeana* Wall.) มีรายละเอียดดังนี้

ตารางที่ 1. ไม้ดอกสกุลขมิ้นที่พบในธรรมชาติของประเทศไทยและใช้เป็นชนิดเทียบเคียงจำนวน 5 ชนิด

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	สถานที่เก็บตัวอย่าง	หมายเลขผู้เก็บ
1	*Curcuma angustifolia* Roxb.	กระเจียวแดง	อ. ภูพาน จ. สกลนคร	P. Prom 872
2	*C. harmadii* Gangep.	ช่อมรกต	อุทยานแห่งชาติน้ำตกสามหลั่น อ. เมืองสระบุรี สระบุรี	P. Prom 856
3	*C. myanmarensis* (W. J. Kress) Škorničk)	บัวเข็ม	ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรเพชรบูรณ์ อ.เขาค้อ จ.เพชรบูรณ์	P. Prom 858
4	*C. rangsimae* Boonma & Saensouk	กระเจียวรังสิมา	อุทยานแห่งชาติน้ำตกสามหลั่น อ. เมืองสระบุรี สระบุรี	P. Prom 855
5	*C. roscoeana* Wall.	กระเจียวส้ม	อุทยานแห่งชาติน้ำตกพาเจริญ อ.พบพระ จ.ตาก	P. Prom 840
6	*C. roscoeana* Wall.	กระเจียวส้ม	อ.ปางมะผ้า จ.แม่ฮ่องสอน	Wichai 02

กรมวิชาการเกษตร

1. กระเจียวแดง

ชื่ออื่น ๆ: ดอกอาว อาว (เชียงใหม่, เลย)

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma angustifolia* Roxb

วงศ์: Zingiberaceae

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

เป็นพืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 20-70 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 3-4 ซม. ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3-5 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม มีแถบสีม่วงตามยาวของเส้นกลางใบด้านล่างสีจางกว่าเล็กน้อย เรียงสลับระนาบเดียว ใบรูปไข่ กว้าง 3-7 ซม. ยาว 20-62 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีขนนุ่มปกคลุม ก้านใบยาว 7-10 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง ช่อสีชมพูอม

แดง เกิดจากลำต้นใต้ดินและออกก่อนใบ ช่อดอกรูปทรงกระบอก ตั้งขึ้น ยาว 10-13 ซม. กลีบดอกสีขาวอมชมพู ใบประดับบนสีชมพูอมสีแดง ใบประดับล่างสีเขียว รูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 1.7-2 ซม. ยาว 3-4.6 ซม. ผิวทั้งสองด้านมีขนนุ่มปกคลุม ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีเขียวเข้ม ยาว 0.7-1 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 4-5 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 1.4-1.6 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีแดง กลีบปากสีเหลือง รูปไข่กลับ กว้างและยาวประมาณ 1 ซม. ปลายยื่นและแยกออกเป็นสองแฉก กลีบคู่ข้างรูปไข่กลับ ยาว 8-9 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน ที่เหลือ 5 อันเป็นหมัน และเปลี่ยนรูปร่างคล้ายกลีบดอก รังไข่อยู่ใต้วงกลีบมีขนปกคลุม ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ช่อดอกอ่อนรับประทานได้

วิธีการใช้ประโยชน์: มีศักยภาพปลูกเป็นไม้ประดับ

2. ข่อมรกต

ชื่ออื่น ๆ:

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma harmandii* Gagnep.

วงศ์: Zingiberaceae

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

เป็นพืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 35-60 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้า ยาว 3-4 ซม. ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 5-8 ใบ สีเขียวทั้งแผ่นใบด้านบนและด้านล่าง เรียงสลับระนาบเดียว ใบรูปรี กว้าง 4.8-6 ซม. ยาว 14.5-20 ซม. ปลายแหลมถึงเรียวแหลม โคนสอบเรียว กลม หรือเว้าตื้น ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง เกลี้ยง ก้านใบยาว 7-12 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีเขียว เกิดจากซอกกาบใบที่ปลายต้นเหนือดิน ช่อดอกรูปทรงกระบอก ตั้งขึ้น ยาว 10-15 ซม. ดอกสีขาวครีม ใบประดับสีเขียวเข้มทั้งด้านบนและด้านล่าง รูปใบหอกแคบ กว้าง 1.5-2 ซม. ยาว 5-10 ซม. ปลายเรียวแหลม ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีเขียวเข้ม ยาว 0.7-1 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 4-6 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 1.8-2 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีขาว กลีบปากสีขาว กลางกลีบมีแถบสีเหลือง 2 แถบ ปลายกลีบปากมีสีม่วงเข้ม รูปใบหอก ยาวประมาณ 1-1.5 ซม. กว้างประมาณ 1 ซม ปลายยื่นและแยกออกเป็นสองแฉก กลีบคู่ข้างรูปแถบแคบ ยาวประมาณ 1.3 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน ที่เหลือ 5 อันเป็นหมัน และเปลี่ยนรูปร่างคล้ายกลีบดอก รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผลแบบผลแห้งแตก

กรมวิชาการเกษตร

3. บัวเข็ม

ชื่ออื่น ๆ: -

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma myanmarensis* (W. J. Kress) Škorničk)

วงศ์: Zingiberaceae

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

เป็นพืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 50-70 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าทอดนอน รูปขอบขนาน ยาว 4-6 ซม. ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4-8 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีจางกว่าเล็กน้อย เรียงสลับระนาบเดียว ใบรูปไข่ กว้าง 8-15 ซม. ยาว 40-50 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีแดงสอบเรียว ขอบหยักคลื่น เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 10-23 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง ช่อสีชมพู เกิดที่ปลายยอดของลำต้นเทียม ช่อดอกรูปทรงกระบอก ตั้งขึ้น ยาว 30-44 ซม. กลีบดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีชมพูอ่อน ใบประดับล่างสีเขียว รูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 1.9-2 ซม. ยาว 2-3ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสอง ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีเขียวเข้ม ยาว 5-7 มม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 1.3-1.5 ซม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 1.4-1.5 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก กลีบปากสีเหลือง รูปไข่กลับ กว้างและยาวประมาณ 5 มม. ปลายยื่นและแยกออกเป็นสองแฉก กลีบคู่ข้างรูปไข่กลับ ยาว 4-5 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน ที่เหลือ 5 อันเป็นหมัน และเปลี่ยนรูปร่างคล้ายกลีบดอก รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ช่อดอก

วิธีการใช้ประโยชน์: มีศักยภาพปลูกเป็นไม้ประดับ

4. กระเจียวรังสิมา

ชื่ออื่น ๆ: -

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma rangsimae* Boonma & Saensouk

วงศ์: Zingiberaceae

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

เป็นพืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 36-40 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้า รูปไข่ ยาว 5-8 ซม. ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3-4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม มี ด้านล่างสีจางกว่าเล็กน้อย เรียงสลับระนาบเดียว ใบรูปรี กว้าง 10.5-15 ซม. ยาว 30-34 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียวอมแดง สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสอง ก้านใบยาว 16-20 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง ช่อสีเหลือง เกิดจากปลายยอดลำต้นเทียม ช่อดอกรูปทรงกระบอก ตั้งขึ้น ยาว 15-20 ซม. กลีบดอกสีขาวอมชมพู ใบประดับบนและใบประดับล่างสีขาวอมชมพู

กรมวิชาการเกษตร

หรือสีชมพูอ่อน รูปไข่กลับหรือรูปครึ่งวงกลม กว้าง 2-4 ซม. ยาว 2-4.2 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาวอมชมพู ยาว 5-6 มม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3.5 ซม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 1.2-1.5 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลืองเข้ม กลีบปากสีเหลือง รูปไข่กลับ กว้างและยาว 1.5-1.6 ซม. ปลายยื่นและแยกออกเป็นสองแฉก กลีบคู่ข้างรูปไข่กลับ ยาว 8-9 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน ที่เหลือ 5 อันเป็นหมัน และเปลี่ยนรูปร่างคล้ายกลีบดอก รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ช่อดอก

วิธีการใช้ประโยชน์: มีศักยภาพปลูกเป็นไม้ประดับ

5. กระเจียวส้ม

ชื่ออื่น ๆ: กระเจียวส้ม (ทั่วไป); ขมิ้นแดง (แม่ฮ่องสอน); บัวสวรรค์ (ภาคกลาง)

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* roscoeana Wall.

วงศ์: Zingiberaceae

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

เป็นพืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 70-90 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 3-4 ซม. ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3-5 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีจางกว่าเล็กน้อย เรียงสลับระนาบ ใบรูปใบหอกแกมรูปไข่ ยาว 16–35 ซม. โคนสอบเรียว กลม หรือเว้าตื้น ก้านใบยาว 7–25 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียวอมแดงหรือสีแดง สอบเรียว ขอบหยักคลื่น เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 15-40 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง ช่อสีส้ม เกิดที่ปลายยอดของลำต้นเทียม ช่อดอกรูปทรงกระบอก ตั้งขึ้น ยาว 20-30 ซม. กลีบดอกสีขาวนวล ใบประดับบนและใบประดับล่างสีส้ม รูปใบหอกกลับแกมรูปขอบขนาน กว้าง 2-2.7 ซม. ยาว 3.5–4.5 ซม. ผิวทั้งสองด้านเกลี้ยง ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีส้ม ยาว 2-3 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 1.9-2 ซม. ปลายแยกเป็นแฉกลึก กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 3-4 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีขาวนวล กลีบปากสีขาวนวล กลางกลีบมีแถบสีเหลืองอมส้มลากยาวตั้งแต่กลางกลีบถึงโคนกลีบ รูปไข่กลับ กว้างและยาวประมาณ 2 ซม. ปลายยื่นและแยกออกเป็นสองแฉก กลีบคู่ข้างรูปไข่ ยาว 1.2-1.5 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน ที่เหลือ 5 อันเป็นหมัน และเปลี่ยนรูปร่างคล้ายกลีบดอก รังไข่อยู่ใต้วงกลีบเกลี้ยง ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ช่อดอก

วิธีการใช้ประโยชน์: มีศักยภาพปลูกเป็นไม้ประดับ

กรมวิชาการเกษตร

- จากการศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิงพันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้าจำนวน 8 พันธุ์ ได้แก่ 1. เชียงราย 1 (*Curcuma* “Chiang Rai 1”) 2. เชียงราย 2 (*Curcuma* “Chiang Rai 2”) 3. เชียงราย 3 (*Curcuma* “Chiang Rai 3”) 4. เรดชาโด้ (*Curcuma* “Redshadow”) 5. กระเจียวใบม่วง (*Curcuma* sp.) 6. แดงดอยตุง (*Curcuma* “Dang Doi Thung”) 7. บลูมูล (*Curcuma* “Blue Moon”) และ 8. เอแอล 257 (*Curcuma* “AL-257”) มีรายละเอียด ดังนี้

ตารางที่ 2. ไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้าที่ใช้เป็นชนิดเทียบเคียงจำนวน 8 พันธุ์

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	สถานที่เก็บตัวอย่าง	หมายเลขผู้เก็บ
1	*Curcuma* "Chiang Rai1"	เชียงราย 1	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-Chiang Rai1
2	*Curcuma* "Chiang Rai2"	เชียงราย 2	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-Chiang Rai2
3	*Curcuma* "Chiang Rai3"	เชียงราย 3	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom Chiang Rai3
4	*Curcuma* "Red shadow"	เรดชาโด้	แปลงรวบรวมไม้ดอก มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ บางเขน กทม.	P. Prom -Red Shadow 01
5	*Curcuma* sp.	กระเจียวใบม่วง	อำเภอหล่มสัก เพชรบูรณ์ (ผชช.วินัย)	P. Prom 873
6	*Curcuma* sp.	แดงดอยตุง	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-dang doi tung
7	*Curcuma* sp.	Blue moon	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-blue moon
8	*Curcuma* sp.	AL-257	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-Al 257

กรมวิชาการเกษตร

1. ปทุมมาเชียงราย 1

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Chiang Rai1" หรือ *Curcuma sparganifolia* ‘Patumrat’x *C. parviflora* Wall.

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 27–30 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปรี ยาว 2-2.8 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–7 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 4–4.8 ซม. ยาว 18–22 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 5.5–8 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง

สีชมพูเข้ม ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกสั้น ตั้งขึ้น ยาว 9.5–11 ซม. ดอกสีขาวอมม่วง ใบประดับบนสีชมพูเข้ม มีริ้วสีขาวตามแนวยาว ขอบกลีบสีขาว ใบประดับล่างสีเขียวแกมน้ำตาลแดงอิฐ มีริ้วลายแถบสีเขียวตามยาว ขอบกลีบสีเขียวเข้ม รูปไข่กว้าง กว้าง 1.7–1.9 ซม. ยาว 2.5–2.8 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีชมพู ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 5 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีม่วง กลีบปากสีม่วง โคนกลีบดอกมีริ้วสีชมพูเข้มตามแนวยาว กลางกลีบมีแต้มสีเหลือง ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 6 มม. ยาวประมาณ 1 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาวประมาณ 8 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

2. ปทุมมาเชียงราย 2

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Chiang Rai2" หรือ *Curcuma sparganifolia* 'Patumrat'x *C. thorelii* Gagnep.

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 30–40 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 2-3 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4–5 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีแคบหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 5–6.5 ซม. ยาว 22–25 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 7–11 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีชมพูเข้ม ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกสั้น ตั้งขึ้น ยาว 7.8–9 ซม. ดอกสีชมพูอมม่วง ใบประดับด้านบนสีชมพูเข้ม มีริ้วสีขาวตามแนวยาว ใบประดับล่างสีเขียวแกมสีชมพูอมน้ำตาลแดงอิฐ ขอบกลีบสีเขียว รูปไข่กลับ กว้าง 1.5–2.1 ซม. ยาว 2.5–3 ซม. กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 7 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีม่วงอมชมพู กลีบปากสีม่วงเข้ม กลางกลีบมีแต้มสีส้ม ปลายแยกออกเป็นแฉก 2 แฉกตื้น กลีบข้างรูปใบหอก ยาวประมาณ 7 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

กรมวิชาการเกษตร

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–5 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

3. ปทุมมาเชียงราย 3

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Chiang Rai3" หรือ *Curcuma sparganifolia* 'Patumrat'x *C. thorelii* Gagnep.

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 40–45 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 2-3 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4–5 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีแคบหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 4.5–5 ซม. ยาว 22–24 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบ เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบางผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 7–15 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีขาว ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกสั้น ตั้งขึ้น ยาว 6.8–7 ซม. ดอกสีขาวอมม่วง ใบประดับด้านบนสีขาว ใบประดับล่างสีเขียวอมขาว ขอบกลีบสีเขียว รูปไข่กลับ กว้าง 1.5–2 ซม. ยาว 2–2.5 ซม. กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 3-5 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีขาวอมม่วง กลีบปากสีม่วงเข้ม กลางกลีบมีแต้มสีส้มอมชมพู ปลายแยกออกเป็นแฉก 2 แฉก ตื้น กลีบข้างรูปใบหอก ยาวประมาณ 7 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–5 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

4. ปทุมมาเรด ชาโดว์

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Red Shadow"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 30–45 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 3-5 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4–5 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม มีสีม่วงตาม

เส้นกลางใบ ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีหรือรูปขอบขนาน กว้าง 10–15 ซม. ยาว 27–30 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีแดง สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 15–30 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีม่วงแดงหรือสีชมพูเข้ม ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอก ตั้งขึ้น ยาว 10-15 ซม. ดอกสีม่วง ใบประดับด้านบนสีม่วงแดง มีแต้มสีน้ำตาลแดงเข้มที่ปลายกลีบ ใบประดับล่างสีเขียว มีแต้มสีน้ำตาลแดงเข้มที่ปลายกลีบ รูปไข่กลับ กว้าง 3.5–4 ซม. ยาว 4–4.5 ซม. กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 5-7 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 3-4 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีม่วง กลีบปากสีม่วงเข้ม กลางกลีบมีแต้มสีส้มอมชมพู ปลายแยกออกเป็นแฉก 2 แฉกตื้น กลีบข้างรูปใบหอก ยาวประมาณ 9 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 5–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

5. กระเจียวใบม่วง

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* sp.

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 80–135 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้ายาว รูปขอบขนาน ยาว 10-12 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4–8 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวแกมสีม่วง ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีหรือรูปขอบขนาน กว้าง 10–20 ซม. ยาว 30–70 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีแดง สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 40–50 ซม. ช่อดอกและผลไม่พบ

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ใบมีความสวยงาม จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

6. ปทุมมาแดงดอยตุง

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* sp.

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

สำนักวิชาการเกษตร

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 50–60 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 3-4 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4–6 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปใบหอกกว้าง กว้าง 7–9.5 ซม. ยาว 30–40 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 10–15 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีชมพูเข้มจนเกือบแดง ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกสั้น ตั้งขึ้น ยาว 7–8 ซม. ดอกสีชมพูอมม่วง ใบประดับด้านบนสีชมพูจนถึงแดงเข้ม ปลายกลีบมีแต้มสีน้ำตาลแดง ใบประดับล่างสีเขียว มีแต้มสีน้ำตาลแดงอิฐที่ขอบและปลายกลีบ รูปไข่กลับ กว้าง 2–2.5 ซม. ยาว 2.8–3 ซม. กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 8 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีม่วงอมชมพู กลีบปากสีม่วง กลางกลีบมีแต้มสีส้ม ปลายแยกออกเป็นแฉก 2 แฉกตื้น กลีบข้างรูปใบหอก ยาวประมาณ 8 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–5 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

7. ปทุมมาบลูมูล

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* sp.

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 25–30 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 2-3 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4–6 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปใบหอก กว้าง 7–8 ซม. ยาว 20–29 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 8–15 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีขาวอมชมพูหรือชมพูอ่อน ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกสั้น ตั้งขึ้น ยาว 7–8 ซม. ดอกสีขาวอมม่วง ใบประดับด้านบนสีชมพูอ่อน ใบประดับล่างสีเขียว รูปไข่กลับ กว้าง 2–2.3 ซม. ยาว 2.5–2.7 ซม. กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอดยาวประมาณ 6 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีขาวอมม่วง กลีบปากสีม่วง กลางกลีบมีแต้มสีส้ม ปลายแยกออกเป็นแฉก 2 แฉกตื้น กลีบ

กรมวิชาการเกษตร

ข้างรูปใบหอก ยาวประมาณ 6 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–5 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

8. ปทุมมา AL-257

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* sp.

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 65–70 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่ ยาว 2-3 ซม. มีหัวสะสมอาหาร รูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 4–6 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปใบหอกแคบ กว้าง 7–8 ซม. ยาว 20–30 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบหรือหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 8–15 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีขาวแกมชมพูหรือชมพูอ่อน ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกสั้น ตั้งขึ้น ยาว 12–15 ซม. ดอกสีขาวอมม่วง ใบประดับด้านบนสีขาวแกมชมพู ปลายกลีบสีเขียว ใบประดับล่างสีเขียว รูปไข่กลับ กว้าง 2–3 ซม. ยาว 2.5–4ซม. กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 7 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม. ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีขาวอมม่วง กลีบปากสีม่วง กลางกลีบมีแต้มสีส้ม ปลายแยกออกเป็นแฉก 2 แฉกตื้น กลีบข้างรูปใบหอก ยาวประมาณ 6 มม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–5 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

- จากการศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพและลักษณะประจำพันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นเพื่อการตรวจสอบและการอ้างอิง พันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์ ได้แก่ 1. พันธุ์อาร์ ที พิงค์ โคโรเนชั่น (Royal Thai Pink Coronation) 2. อาร์ ที โกลเด็น เรน (Royal Thai Golden Reign) 3. อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น (Royal Thai Majesty Coronation) 4. อาร์ ที ไทย การ์เนท (Royal Thai Thai Garnet) 5. อาร์ ที เกรท เรน (Royal Thai Great Reign) 6. อาร์ ที สวีท เมมโมรี่ (Royal

Thai Sweet Memory) 7. ซีเอ็มยู สวีท โรซี่ (CMU Sweet Rosy) 8. ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม (CMU Tubtim Siam) 9. ซีเอ็มยู มณีสยาม (CMU Manee Siam) 10. เกรท คิง (Great King) 11. เชียงใหม่ เพิล (Chiangmai Pearl) 12. บิวตี้ พรินซ์เซ็ส (Beauty Princess) และ 13. พิมพ์ใจ (Pimjai) มีรายละเอียด ดังนี้

ตารางที่ 3. ไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	สถานที่เก็บตัวอย่าง	หมายเลขผู้เก็บ
1	*Curcuma* “CMU Manee Siam”	ซีเอ็มยู มณีสยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P.Prom-CMU Manee 01
2	*Curcuma* “CMU Manee Siam”	ซีเอ็มยู มณีสยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P.Prom-CMU Manee 02
3	*Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Thai Garnet 03
4	*Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Thai Garnet 04
5	*Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Thai Garnet 04-1
6	*Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Thai Garnet 05
7	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 02-1
8	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 02
9	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 03

กรมวิชาการเกษตร

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	สถานที่เก็บตัวอย่าง	หมายเลขผู้เก็บ
10	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 04
11	*Curcuma* "Great King"	เกรทคิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Great King 03
12	*Curcuma* "Great King"	เกรทคิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Great King 04
13	*Curcuma* "Great King"	เกรทคิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Great King 06
14	*Curcuma* "Great King"	เกรทคิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Great King 07
15	*Curcuma* "Beauty Princess"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Beauty Princess 03
16	*Curcuma* "Beauty Princess"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Beauty Princess 04
17	*Curcuma* "Beauty Princess"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Beauty Princess 08
18	*Curcuma* "Beauty Princess"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Beauty Princess 09
19	*Curcuma* "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 03
20	*Curcuma* "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 04
21	*Curcuma* "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 10
22	*Curcuma* "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 11
23	*Curcuma* "Royal Thai Golden Reign"	รอยัล ไทย โกลเด็น เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Golden

กรมวิชาการเกษตร

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	สถานที่เก็บตัวอย่าง	หมายเลขผู้เก็บ
24	*Curcuma* "Royal Thai Golden Reign"	รอยัล ไทย โกลเด็น เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Golden Reign 02
25	*Curcuma* "Royal Thai Majesty Coronation"	รอยัล ไทย มาเจสตี้ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Majesty Coronation 01
26	*Curcuma* "Royal Thai Majesty Coronation"	รอยัล ไทย มาเจสตี้ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Majesty Coronation 02
27	*Curcuma* "Royal Thai Pink Coronation"	รอยัล ไทย พิงค์ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Pink Coronation 01
28	*Curcuma* "Royal Thai Pink Coronation"	รอยัล ไทย พิงค์ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Pink Coronation 02
29	*Curcuma* "CMU Sweet Rosy"	ซีเอ็มยู สวีท โรซี่	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Sweet Rosy 01
30	*Curcuma* "CMU Sweet Rosy"	ซีเอ็มยู สวีท โรซี่	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Sweet Rosy 02
31	*Curcuma* "Chiangmai Pearl"	เชียงใหม่ เพิร์ล	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Chiangmai Pearl01
32	*Curcuma* "Chiangmai Pearl"	เชียงใหม่ เพิร์ล	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Chiangmai Pearl02
33	*Curcuma* " CMU Tub Tim Siam"	ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Tub Tim Siam01"
34	*Curcuma* " CMU Tub Tim Siam"	ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Tub Tim Siam02"

กรมวิชาการเกษตร

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	สถานที่เก็บตัวอย่าง	หมายเลขผู้เก็บ
35	*Curcuma* " Royal Thai Sweet Memory"	รอยัล ไทย สวีท เมมโมรี	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Sweet Memory 01
36	*Curcuma* " Royal Thai Sweet Memory"	รอยัล ไทย สวีท เมมโมรี	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บ้านไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Sweet Memory 02

1. ซีเอ็มยู มณีสยาม

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* “CMU Manee Siam”

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 60–70 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 2-2.5 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่กว้าง กว้าง 17–19 ซม. ยาว 37–39 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบหยักคลื่น เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 5.5–8 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีขาว ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 17–19 ซม. ดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีขาว รูปรี กว้าง 2.5-2.7 ซม. ยาว 4.2-4.4 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมส้ม มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีส้ม รูปครึ่งวงกลม กว้าง 2.8–3 ซม. ยาว 3.5–4 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 9 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลืองอมส้ม กลีบปากสีส้ม กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.7 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.2-1.8 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

สำนักวิชาการเกษตร

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

2. รอยัลไทย ไทย การ์เนท

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 50–60 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 2-2.5 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรี กว้าง 6–11 ซม. ยาว 15–40 ซม. ปลายเรียวแหลม โคนสีเขียวแกมแดงหรือสีแดง สอบเรียว ขอบหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 8.5–10 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีแดงเข้มหรือสีแดงคล้ำ ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 20–23 ซม. ดอกสีเหลืองใบประดับบนสีแดงเข้ม รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 1.5-2 ซม.ยาว 3.5-4 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมสีน้ำตาลแดงอิฐ มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีเขียว รูปครึ่งวงกลม กว้าง 3.2–3.8 ซม. ยาว 3.5–3.7 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 2-2.2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2.5-2.8 ซม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 3-3.5 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลืองอมส้ม กลีบปากสีส้ม กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 2 มม. ยาว 4.7 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 2-2.2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

3. รอยัลไทย เกรท เรน

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Royal Thai Great Reign"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 45–60 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 2-2.5 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบน

สีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่กว้าง กว้าง 18–20 ซม. ยาว 40–53 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบหยักคลื่น เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวด้านบนเกลี้ยง ผิวด้านล่างมีขนหนาแน่น ก้านใบยาว 30–37 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีชมพู หรือชมพูอมแดง ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 20–25 ซม. ดอกสีเหลือง แกมส้ม ใบประดับบนสีชมพู รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 2.5-2.7 ซม.ยาว 4.8-6 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมแดง มีริ้วลายแถบสีเขียวตามยาว ขอบกลีบสีแดงอมเขียว รูปครึ่งวงกลม กว้าง 3.5–3.8 ซม. ยาว 3.5–3.7 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.5-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 1 ซม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลืองอมส้ม กลีบปากสีส้ม กลางกลีบมีแต้มสีส้ม 2 แต้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.7 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.5-1.8 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

4. เกรท คิง

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Great King"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 50–55 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 2-2.4 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่แคบหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 7–8 ซม. ยาว 40–45 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียวแกมสีแดง สอบเรียว ขอบเรียบ เส้นใบย่อยละเอียดถี่ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 10-13 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีแดงเข้มถึงสีน้ำตาลแดง ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 13–20 ซม. ดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีแดงเข้มถึงสีน้ำตาลแดง รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 2.2-2.4 ซม.ยาว 4.2-4.5 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมสีน้ำตาลแดงอิฐ มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีน้ำตาลแดงอิฐ รูปครึ่งวงกลม กว้าง 3–3.5 ซม. ยาว 3–3.2 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-2.3 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลือง กลางกลีบ

กรมวิชาการเกษตร

มีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.5 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.5-2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

5. บิวตี้ พริ้นเซ็ส

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Beauty Princess"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 80–110 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปขอบขนาน ยาว 2-2.4 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 6–7 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรี กว้าง 15–30 ซม. ยาว 50–60 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบหยักคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 15-20 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีชมพู ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 25–40 ซม. ดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีชมพู รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 2.2-2.5 ซม.ยาว 4.2-4.8 ซม. ใบประดับล่างสีเขียว รูปขอบขนาน กว้าง 3–3.5 ซม. ยาว 3–3.2 ซม. ปลายตัด ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว กว้าง 2.1–2.5 ซม. ยาว 3-3.5 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 3-4.5 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลือง กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 9 มม. ยาว 4.5 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 2-3 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

กรมวิชาการเกษตร

6. พิมพ์ใจ

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Pimjai"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 65–80 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปขอบขนาน ยาว 3-4 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 5–8 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่ กว้าง 25–28 ซม. ยาว 40–50 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียวหรือเขียวแกมสีแดง สอบเรียว ขอบเรียบ เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 20-28 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีแดงอมชมพู ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 26–30 ซม. ดอกสีเหลืองอมส้ม ใบประดับบนสีแดงอมชมพู รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 3.5-4 ซม.ยาว 5-6.2 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมสีแดง ขอบกลีบสีแดง รูปครึ่งวงกลม กว้าง 3–3.5 ซม. ยาว 3–4 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 2-3 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-2.3 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 4-5.3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลืองกลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.5 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 2-2.2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

7. รอยัล ไทย โกลเด็น เรน

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Royal Thai Golden Reign"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 50–60 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 2-2.4 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่แคบหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 18–20 ซม. ยาว 40–45 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียวแกมสีแดง สอบเรียว ขอบเรียบ เส้นใบย่อยละเอียดถี่

กรมวิชาการเกษตร

ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีขนนุ่ม ก้านใบยาว 15-20 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีม่วงม่วงอมชมพู ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 28–35 ซม. ดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีม่วงอมชมพู รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 2.2-2.5 ซม.ยาว 4.2-4.5 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมสีแดง มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีแดง รูปครึ่งวงกลม กว้าง 3–3.5 ซม. ยาว 3–3.2 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-2.3 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลือง กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองอมส้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.5 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.5-2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

8. รอยัล ไทย มาเจสตี้ โคโรเนชั่น

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Royal Thai Majesty Coronation"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 65–70 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปขอบขนาน ยาว 3-4 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 5–8 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่ กว้าง 25–28 ซม. ยาว 40–48 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียวหรือเขียวแกมสีแดง สอบเรียว ขอบเรียบ เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 20-28 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีม่วง ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 27–30 ซม. ดอกสีเหลืองอมส้ม ใบประดับบนสีแดงอมชมพู รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 3.5-4 ซม.ยาว 5-6.2 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมสีแดง ขอบกลีบสีแดง รูปครึ่งวงกลม กว้าง 3–3.5 ซม. ยาว 3–4 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 2-3 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-2.3 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 4-5.3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลือง กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.3 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก

สถาบันวิชาการเกษตร

ยาว 2-2.3 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

9. รอยัล ไทย พิงค์ โคโรเนชั่น

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Royal Thai Pink Coronation"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 60–68 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 2-2.5 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่กว้าง กว้าง 16–20 ซม. ยาว 37–39 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบหยักคลื่น เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวด้านบนเกลี้ยง ด้านล่างมีขนสั้นนุ่ม ก้านใบยาว 5.7–9 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีขาวแกมชมพู ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 17–20 ซม. ดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีขาวแกมชมพู รูปรี กว้าง 2.6-2.8 ซม.ยาว 4.2-4.5 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมแดง มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีแดง รูปครึ่งวงกลม กว้าง 2.8–3.1 ซม. ยาว 3.5–4.1 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 9 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลืองอมส้ม กลีบปากสีส้ม กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.7 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.2-1.8 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

10. ซีเอ็มยู สวีท โรซี่

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "CMU Sweet Rosy"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

กรมวิชาการเกษตร

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 30–32.40 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 1-2 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 8–11.5 ซม. ยาว 30–32 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 7-10 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีแดงเข้มหรือแดงแกมชมพู ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 13–16 ซม. ดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีแดงเข้มถึงสีแดงแกมชมพู รูปใบหอก กว้าง 1.8-2 ซม.ยาว 4.5-4.9 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวแกมสีน้ำตาลแดงอิฐ มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีน้ำตาลแดงอิฐ รูปครึ่งวงกลม กว้าง 2.3–2.5 ซม. ยาว 2.4–2.8 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-2.3 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 3-4 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลือง กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.3 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.5-2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขนผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

11. เชียงใหม่ เพิร์ล

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* "Chiangmai Pearl"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 18–24 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 1-1.5 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–5 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 7–8 ซม. ยาว 15–18 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบ เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 7-12 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีขาว ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 10–12.5 ซม. ดอกสีม่วง ใบประดับบนสีขาว รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 1.7-1.9 ซม.ยาว 2.5-3ซม. ใบประดับล่างสีเขียว มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีเขียว รูปขอบขนาน กว้าง 1.2–1.5 ซม. ยาว 2–2.5 ซม. ปลายตัด ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบ

กรมวิชาการเกษตร

ประดับ สีขาว ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-5 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 2-3.5 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีม่วง กลีบปากสีม่วง กลางกลีบมีขนสีขาวปกคลุมหนาแน่น ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 3 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.5-2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้เกลี้ยง ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

12. ซีเอ็มยู ทับทิม สยาม

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* " CMU Tub Tim Siam"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 13–15 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 1-2 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–4 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปรีหรือรูปรีแกมรูปขอบขนาน กว้าง 12–13.5 ซม. ยาว 33–36 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียว สอบเรียว ขอบเรียบหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย เส้นใบย่อยละเอียดถี่ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 7-9 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีแดงอมชมพู ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 18–20 ซม. ดอกสีเหลืองใบประดับบนสีแดงอมชมพู รูปใบหอก กว้าง 2-2.3 ซม.ยาว 4.4-4.6 ซม. ใบประดับล่างสีเขียวอมชมพู มีริ้วลายแถบสีเขียวตามยาว ขอบกลีบสีแดง รูปครึ่งวงกลม กว้าง 2.3–2.6 ซม. ยาว 3–3.2ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.2-2 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 5-6 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 3.8-4.1 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลือง กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.1 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.5-2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

กรมวิชาการเกษตร

13. รอยัล ไทย สวีท เมมโมรี

ชื่อวิทยาศาสตร์: *Curcuma* " Royal Thai Sweet Memory"

ชื่อวงศ์: ZINGIBERACEAE

ชื่อท้องถิ่นอื่น ๆ : –

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

พืชล้มลุกอายุหลายปี สูง 50–60 ซม. ลำต้นใต้ดินเป็นเหง้าสั้น รูปไข่แกมรูปเกือบกลม ยาว 2-2.4 ซม. มีหัวสะสมอาหารรูปเกือบกลม ลำต้นเทียมเกิดจากกาบใบที่อัดแน่น ใบเดี่ยว มี 3–6 ใบ แผ่นใบด้านบนสีเขียวเข้ม ด้านล่างสีเขียวอ่อนหรือจาง เรียงสลับระนาบเดียว รูปไข่หรือรูปรี กว้าง 18–20 ซม. ยาว 40–45 ซม. ปลายแหลม โคนสีเขียวแกมสีแดง สอบเรียว ขอบหยักเป็นคลื่น เส้นใบย่อยละเอียดถี่ ขนานไปยังขอบใบ แผ่นใบบาง ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ก้านใบยาว 15-20 ซม. ช่อดอกแบบช่อกระจุกแยกแขนง สีม่วงอมสีชมพู ออกที่ปลายยอดของลำต้นเทียม รูปทรงกระบอกยาว ตั้งขึ้น ยาว 28–35 ซม. ดอกสีเหลือง ใบประดับบนสีม่วงอมสีชมพู รูปรีแกมรูปใบหอก กว้าง 2.2-2.4 ซม.ยาว 4.2-4.5 ซม. ใบประดับล่างสีแดงแกมเขียว มีริ้วลายแถบสีขาวตามยาว ขอบกลีบสีแดง รูปครึ่งวงกลม กว้าง 3–3.5 ซม. ยาว 3–4 ซม. ผิวเกลี้ยงทั้งสองด้าน ใบประดับย่อยคล้ายใบประดับ สีขาว ยาว 1.2-2.5 ซม. แต่ละใบประดับมี 1 ดอก กลีบเลี้ยงโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาว 7-8 มม. ปลายแยกเป็นแฉกลึกด้านเดียว กลีบดอกโคนเชื่อมติดกันเป็นหลอด ยาวประมาณ 4 ซม.ปลายแยกเป็น 3 แฉก สีเหลือง กลีบปากสีเหลือง กลางกลีบมีแต้มสีเหลืองเข้ม ปลายแยกออกเป็นสองแฉก กว้างประมาณ 8 มม. ยาว 4.3 ซม. กลีบข้างรูปใบหอก ยาว 1.5-2 ซม. เกสรเพศผู้ มี 6 อัน มีสมบูรณ์เพียง 1 อัน รังไข่อยู่ใต้วงกลีบ ผิวเกลี้ยง รยางค์เกสรเพศผู้มีขน ผลแบบผลแห้งแตก

ส่วนที่ใช้ประโยชน์: ดอกมีความสวยงามและบานทน 4–7 สัปดาห์ จึงนิยมปลูกประดับเป็นไม้กระถาง

วิธีการใช้ประโยชน์: ปลูกเป็นไม้ประดับ

กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 1. ไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์

A. พันธุ์อาร์ ที พิงค์ โคโรเนชั่น (Royal Thai Pink Coronation) B. อาร์ ที โกลเด็น เรน (Royal Thai Golden Reign) C. อาร์ ที มาเจสตี้ โคโรเนชั่น (Royal Thai Majesty Coronation) D. อาร์ ที ไทย การ์เนท (Royal Thai Thai Garnet) E. อาร์ ที เกรท เรน (Royal Thai Great Reign) F. อาร์ ที สวีท เมมโมรี่ (Royal Thai Sweet Memory) G. ซีเอ็มยู สวีท โรซี่ (CMU Sweet Rosy) H. ซีเอ็มยู ทับทิมสยาม (CMU Tubtim Siam) I. ซีเอ็มยู มณีสยาม (CMU Manee Siam) J. เกรท คิง (Great King) K. เชียงใหม่ เพิล (Chiangmai Pearl) L. บิวตี้ พรินซ์เซ็ส (Beauty Princess)

กรมวิชาการเกษตร

ภาพที่ 2. ไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์ (ต่อ)
M. พิมพ์ใจ (Pimjai) N.–P. ใบประดับบน (upper bract) ในพันธุ์ต่าง ๆ Q–S ใบประดับล่าง (lower bract) ในพันธุ์ต่าง ๆ T. ใบประดับล่าง ใบประดับบน และดอก U. กลีบเลี้ยง (sepal) และกลีบดอก (petal) V. ยอดเกสรเพศเมีย (stigma) อับเรณูของเพศผู้ (anther) และเดือย (spur) ที่ฐานของเกสรเพศผู้

1.3 สรุปผลการศึกษาและตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของไม้ดอกสกุลขมิ้น

จากการศึกษาและตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของไม้ดอกสกุลขมิ้น จำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ (ชนิดที่พบในแหล่งธรรมชาติจำนวน 5 ชนิด พันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้าจำนวน 8 พันธุ์ และพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์) พบว่า

1.3.1 ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพหรือลักษณะประจำพันธุ์ที่สามารถใช้ในการจำแนกพืชในสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้น มี 15 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะสิ่งปกคลุมผิวใบ รูปร่างใบ ความยาวช่อดอก รูปร่างกลีบดอก ลักษณะผิวกลีบดอก รูปร่างหัวสะสมอาหาร จงอยหรือเดือยที่โคนอับเรณู ความยาวรังไข่ รูปร่างกลีบเลี้ยง

รูปร่างและสิ่งปกคลุมผิวกลีบปาก รูปร่างและสีใบประดับบน รูปร่างและสีใบประดับล่าง สีดอก รูปทรงช่อดอก และตำแหน่งการออกดอก

1.3.2 สามารถแบ่งไม้ดอกสกุลขมิ้นออกได้เป็น 4 กลุ่มย่อยหลัก ๆ ตามลักษณะเด่นทางสัณฐานวิทยาของพืช คือ

- กลุ่มย่อยดอกปทุมมาเทียม (Curcuma-like) มีลักษณะเด่น คือ ลำต้นเทียมตั้งตรงสูง กลีบเลี้ยงมีขนาดใหญ่ ดอกลดรูปลงมามีขนาดเล็กและยื่นออกจากใบประดับ กลีบปากแยกออกเป็น 2 แฉกลึก เดิมทีพืชในกลุ่มนี้จัดอยู่ในสกุลดอกเข้าพรรษา (*Smithatris* W.J.Kress & K.Larsen) ต่อมาถูกยุบให้อยู่ในสกุลไม้สกุลดอกขมิ้น คือ บัวเข็ม (*Curcuma myanmarensis* (W. J. Kress) Škorničk)

- กลุ่มย่อย *Alismatifolia* กลุ่มนี้ มีลักษณะที่เด่นชัด คือ บริเวณโคนอับเรณูของเกสรเพศผู้ไม่มีเดือย (spur) ยื่นยาวออกมา ปลายยอดของเกสรเพศเมีย (stigma) ไม่โผล่พ้นอับเรณูที่หุ้มไว้ ปลายใบประดับแหลมถึงเกือบกลม จากการศึกษาพบว่า มีไม้ดอกสกุลขมิ้น จำนวน 1 ชนิด ที่ถูกจัดอยู่ในกลุ่มนี้ คือ ช่อมรกต (*Curcuma harmadii* Gagnep)

- กลุ่มย่อย *Longa* กลุ่มนี้ มีลักษณะที่เด่นชัด คือ บริเวณโคนอับเรณูของเกสรเพศผู้มีเดือย (spur) ขนาดใหญ่โค้งงอไปด้านหน้า ปลายยอดของเกสรเพศเมีย (stigma) โผล่พ้นอับเรณูที่หุ้มไว้ ปลายใบประดับแหลมถึงเกือบกลม จากการศึกษาพบว่า มีไม้ดอกสกุลขมิ้น จำนวน 1 ชนิด ที่ถูกจัดอยู่ในกลุ่มนี้ คือ กระเจียวแดง (*Curcuma angustifolia* Roxb.) ส่วนพันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้าจำนวน 8 พันธุ์ และพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์ ก็ถูกจัดอยู่ในกลุ่มนี้ด้วย เนื่องจากเป็นลูกผสมของต้นพ่อและแม่พันธุ์ของไม้ดอกสกุลขมิ้นที่ถูกจัดอยู่ในกลุ่มนี้ ถึงแม้ว่าบางพันธุ์ เช่น ไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ Royal Thai Great Reign จะไม่ปรากฏเดือยที่โคนอับเรณู แต่ส่วนของปลายยอดของเกสรเพศเมียยังคงโผล่พ้นอับเรณูที่หุ้มไว้ ทั้งนี้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของพืชพันธุ์ลูกผสมนั้น เป็นผลมาจากการการแสดงออกของยีนเด่นของต้นพ่อหรือแม่พันธุ์

- กลุ่มย่อย *Petiolata* กลุ่มนี้ มีลักษณะที่เด่นชัด คือ บริเวณโคนอับเรณูของเกสรเพศผู้มีเดือย (spur) สั้นคล้ายเขี้ยว ตั้งตรง ไม่โค้งงอ ปลายยอดของเกสรเพศเมีย (stigma) โผล่พ้นอับเรณูที่หุ้มไว้พอดี ปลายใบประดับกลมหรือรูปตัด จากการศึกษาพบว่า มีไม้ดอกสกุลขมิ้น จำนวน 2 ชนิด ที่ถูกจัดอยู่ในกลุ่มนี้ คือ กระเจียวส้ม (*Curcuma angustifolia* Roxb.) และกระเจียวรังสิมา (*Curcuma rangsimae* Boonma & Saensouk)

ซึ่งการศึกษาในครั้งนี้สอดคล้องกับการศึกษาของ Sirirugsa *et al.* (2007) และ Maknoi (2005) ที่พบว่า ลักษณะสัณฐานวิทยาที่สำคัญที่สามารถใช้ในการจำแนกหรือระบุพืชในสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) มีหลายลักษณะ ได้แก่ ลักษณะสิ่งปกคลุมผิวใบ รูปร่างใบ ความยาวช่อดอก รูปร่างกลีบดอก ลักษณะผิวกลีบดอก รูปร่างหัวสะสมอาหาร จงอยหรือเดือยที่โคนอับเรณู ความยาวรังไข่ รูปร่างกลีบเลี้ยง รูปร่างและสิ่งปกคลุมผิวกลีบปาก รูปร่างและสีใบประดับบน รูปร่างและสีใบประดับล่าง สีดอก รูปทรงช่อดอก และตำแหน่งการออกดอก เป็นต้น ส่วนการแบ่งพืชในสกุลนี้ออกเป็นกลุ่มย่อย จะต้องอาศัยลักษณะเด่นของ

กรมวิชาการเกษตร

เกสรเพศผู้และเพศเมีย ซึ่งมีการแบ่งออกเป็น 5 กลุ่มหลัก ๆ แต่ปัจจุบันนี้ บัวเข็ม (*C. myanmarensis* (W. J. Kress) Škorničk) ก็ยังไม่ได้ถูกจัดอยู่ในกลุ่มใด เนื่องจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่แตกต่างเป็นอย่างมาก

2. ผลการศึกษาการตรวจวิเคราะห์ลักษณะประจำพันธุ์ในระดับดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย ISSR

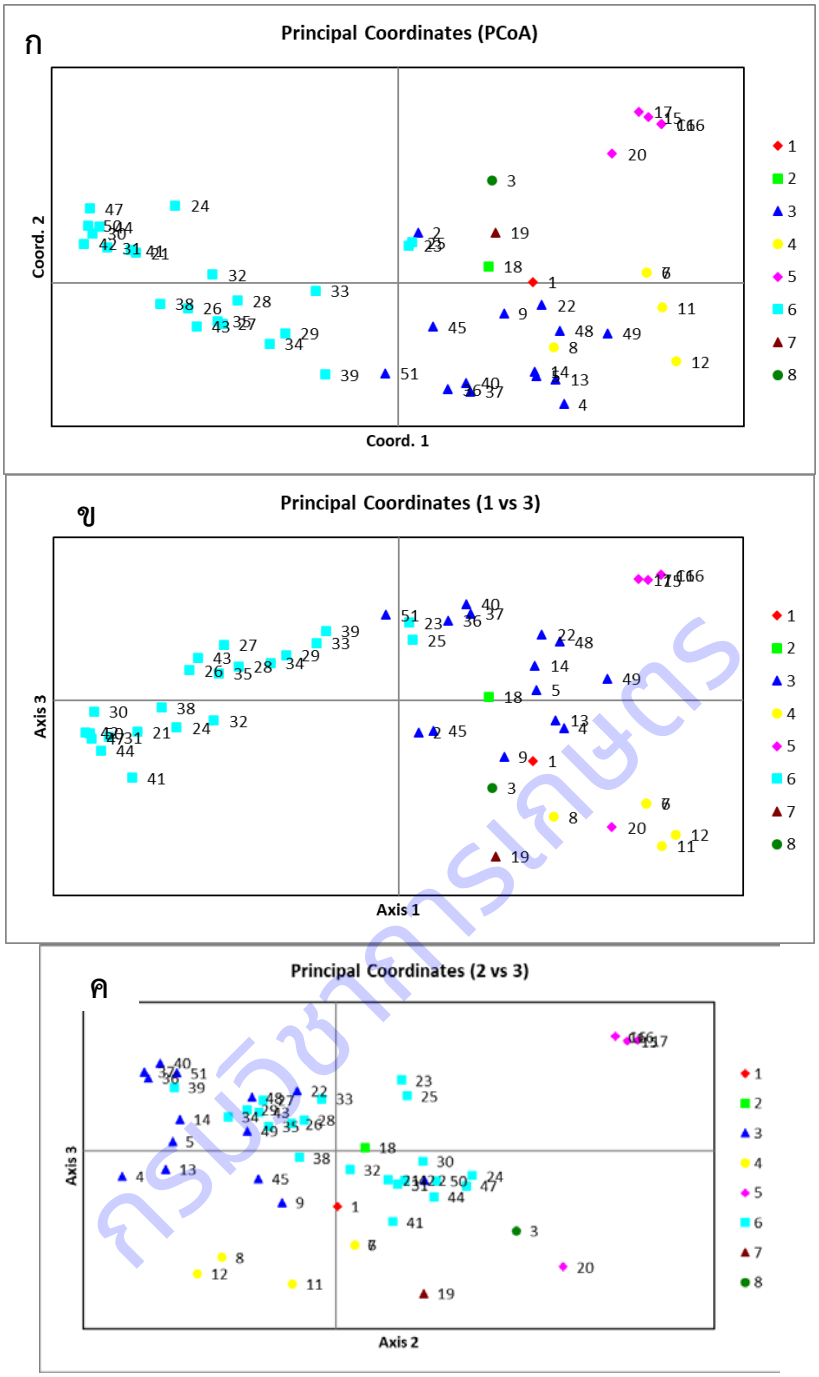
2.1 การคัดเลือกไพร์เมอร์

ในการทดลองนี้ใช้เครื่องหมายโมเลกุล (ไพร์เมอร์) ในกลุ่ม ISSR ในการวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจำนวน 100 เครื่องหมาย โดยทำการคัดเลือกเครื่องหมายที่เหมาะสมที่ให้ความคมชัดของแถบได้จำนวน 18 เครื่องหมาย (ภาคผนวก ตารางที่ 2) สำหรับใช้ในการดำเนินการวิเคราะห์ความแตกต่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้น จำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ รวมทั้งหมด 50 ตัวอย่าง (ภาคผนวก ตารางที่ 1)

พบว่าเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการเพิ่มปริมาณ DNA กับตัวอย่างทั้งหมดนั้น สามารถตรวจจับดีเอ็นเอได้ทั้งหมด 168 ตำแหน่ง เฉลี่ย 9.3 ตำแหน่งต่อหนึ่งเครื่องหมาย เป็นตำแหน่งแปรปรวน (Polymorphism) 129 ตำแหน่ง (76.8%) และตำแหน่งคงที่ 39 ตำแหน่ง (23.2%) แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมปานกลาง มีขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ได้ตั้งแต่ 130 bp จนถึง 1316 bp มีค่า Polymorphism information content (PIC) ที่ใช้ในการระบุความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของไพรเมอร์ ตั้งแต่ 0.7 (ISSR41) จนถึง 0.93 (ISSR34) โดยมีค่าเฉลี่ยที่ 0.84 (ภาคผนวก ตารางที่ 2) แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้มีความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ในระดับสูง โดยค่า PIC ที่มากกว่า 0.50 แสดงถึงความสามารถในการจำแนกความแตกต่างในระดับสูง ค่าระหว่าง 0.25-0.50 แสดงถึงความสามารถระดับปานกลาง และค่าที่น้อยกว่า 0.25 ให้ความสามารถในการจำแนกความแตกต่างได้ต่ำ (Yu, et al., 2012)

2.2 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ด้วยแผนภาพ PCoA : จาก การวิเคราะห์องค์ประกอบตัวแปรเพื่อหาโครงสร้างความสัมพันธ์ของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาด้วยการจัดกลุ่มแบบ Distance-based clustering ของตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้นจำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ รวมทั้งหมด 50 ตัวอย่าง เมื่อพิจารณาระหว่างแกนที่ 1 (Axis 1) และ 2 (Axis 2) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 34.01 เปอร์เซ็นต์ แกนที่ 1 (Axis 1) และ 3 (Axis 3) พบว่ามีความผันแปรทางพันธุกรรมรวมเท่ากับ 31.54 เปอร์เซ็นต์ และแกนที่ 2 และ 3 มีค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 16.79 เปอร์เซ็นต์ บ่งบอกถึงตัวอย่างเหล่านี้มีความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับต่ำ จากการพิจารณาโดยภาพรวมพบว่าตัวอย่างเหล่านี้มีการกระจายตัวเป็น 6 กลุ่ม โดยกลุ่มสีฟ้า และสีน้ำเงินที่เป็นกลุ่มใหญ่กระจายแยกกันอยู่บริเวณกลางแกน กลุ่มสีชมพู และเหลือง โดยมีหมายเลข 3 (ช่อมรกต : *Curcuma harmadii* Gagnep) และหมายเลข 19 (บัวเข็ม : *Curcuma myanmarensis*) แยกกลุ่มจากหมายเลขอื่น (ภาพที่ 1)

กรมวิชาการเกษตร

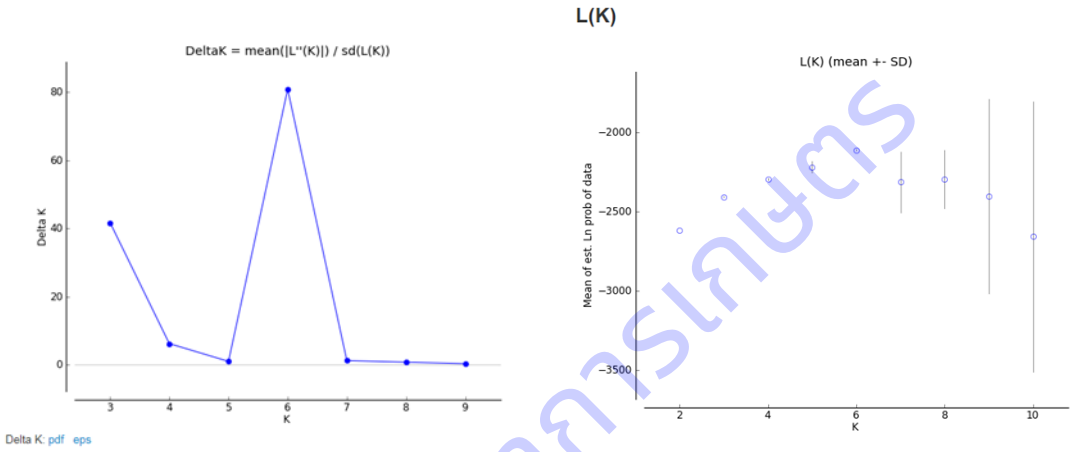


ภาพที่ 3 แผนภาพ PCoA ของไม้ดอกสกุลขมิ้นจำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ รวมทั้งหมด 50 (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ที่สร้างจาก (ก) แกนที่ 1 (24.38%) และแกนที่ 2 (9.63%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 34.01% (ข) แกนที่ 1 (24.38%) และแกนที่ 3 (7.16%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 31.54% และ (ค) แกนที่ 2 (9.63%) และแกนที่ 3 (7.16%) ค่าความผันแปรรวมเท่ากับ 16.79%

กรมวิชาการเกษตร

2.3 การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์จากโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (Genetic structure) : เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่มแบบ Model-based clustering ที่พิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้นจำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ รวมทั้งหมด 50 ตัวอย่าง โดยใช้การกำหนดจำนวนกลุ่มพันธุกรรมหลัก (K) ในประชากร ตั้งแต่ K2 ถึง K10 เพื่อการวิเคราะห์หาจำนวนพันธุกรรมของประชากรที่เหมาะสมที่สามารถอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของตัวอย่างที่ศึกษาได้ จากการวิเคราะห์ค่าทางสถิติ 2 ชนิด คือ 1) ค่า ΔK เพื่อหาค่าจำนวนกลุ่มพันธุกรรมที่เหมาะสม (Evanno et al., 2005) (Pritchard et al., 2000) และ 2) ค่า posterior probability หรือ L(K) เพื่อหาค่าความแปรปรวนทางสถิติ ด้วยโปรแกรม Structure Harvester (Earl and von Holdt, 2012) ผลการวิเคราะห์พบว่าค่าเฉลี่ย ΔK มีค่าสูงที่สุดที่ K = 3 และ K=6 โดยค่าเฉลี่ยของ L(K) ที่ K= 3 ถึง 6 มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด (ภาพที่ 2)

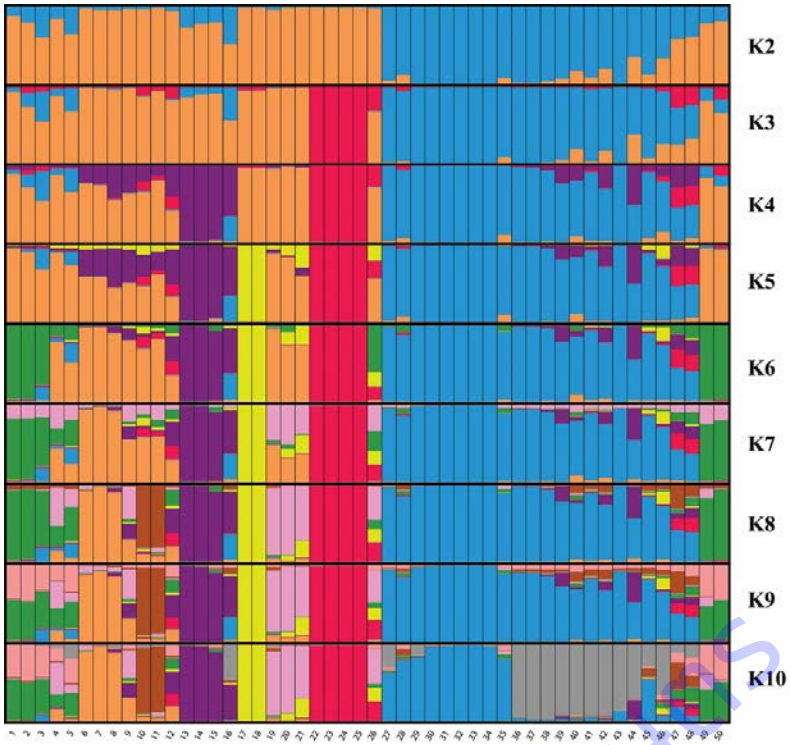
.



ภาพที่ 4 ค่า ΔK และ ค่า posterior probability หรือ L(K) ในการวิเคราะห์หากลุ่มพันธุกรรมหลักที่เหมาะสมสำหรับการจัดกลุ่มโครงสร้างทางพันธุกรรมในไม้ดอกสกุลขมิ้นจำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ รวมทั้งหมด 50 ตัวอย่าง

ดังนั้นค่าที่เหมาะสมในการอธิบายแหล่งพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้นที่ศึกษาในครั้งนี้ได้มีจำนวน 3 พันธุกรรมหลัก และ 6 พันธุกรรมย่อย โดยพบพันธุกรรมย่อยมากขึ้นที่ K ที่สูงขึ้น โดยที่ K = 6 เป็นค่าการจัดกลุ่มที่ดีที่สุด (ภาพที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยแผนภาพ PCoA ที่จัดได้เป็น 6 กลุ่ม เมื่อพิจารณาที่ K=3 ที่แสดงถึงกลุ่มโครงสร้างหลัก โดยใช้สีเป็นตัวแทนของแหล่งพันธุกรรม พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีแดง เมื่อพิจารณาการจัดกลุ่ม K เพิ่มขึ้นเป็น K = 6 พบว่ากลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีส้ม กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มสีฟ้า กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มสีม่วง กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มสีแดง กลุ่มที่ 5 เป็นกลุ่มสีเหลือง และกลุ่มที่ 6 เป็นกลุ่มสีเขียว เมื่อพิจารณา K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 พบว่า กลุ่มที่ 1 คือ กลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้มมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง ในขณะที่สีแดงมีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง (ภาพที่ 3)

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 5 Bar plot แสดงผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยโปรแกรม Structure Harvester ที่ค่า K ตั้งแต่ 3 ถึง 10 ของไม้ดอกสกุลขมิ้นจำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ รวมทั้งหมด 50 ตัวอย่าง คอลัมน์แนวตั้งเป็นตัวอย่างแต่ละหมายเลข แต่ละสีในคอลัมน์แทนสัดส่วนของโครงสร้างหลักทางพันธุกรรม

จากการพิจารณาโครงสร้างทางพันธุกรรม พบว่า หมายเลข 15, 16, 17 ซึ่งได้แก่ พันธุ์เชียงราย 1, 2 และ 3 ตามลำดับ สามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีแดง และหมายเลข 50, 47, 42, 44 และ 31 ซึ่งได้แก่พันธุ์ รอยัลไทยสวีทเมมโมรี, เชียงใหม่เพิร์ล, รอยัลไทยพิ้งค์โคโรเนชั่น, ซีเอ็มยูสวีทโรซี่ และ รอยัลไทยเกรทเรน เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีฟ้า เนื่องจากมีพันธุกรรมสีดังกล่าวเกือบ 100 เปอร์เซ็นต์ ที่ K=3 ถึง 10 (ภาพที่ 3, ภาคผนวก ตารางที่ 3)

โดยสรุปจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้นจำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ รวมทั้งหมด 50 ตัวอย่าง พบว่าสามารถจัดกลุ่มตัวอย่างออกได้ 3 กลุ่มหลัก (K = 3) หรืออาจกล่าวได้ว่ามีแหล่งพันธุกรรมหลัก 3 แหล่งพันธุกรรม (genetic sources) ได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่แทนด้วยสีส้ม สีฟ้า และสีแดง เมื่อพิจารณาในรายละเอียดถึงโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรรม อาจกล่าวได้ว่ากลุ่มตัวอย่างที่ศึกษานี้พบลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมย่อย (genetic sub-structure) แตกต่างกันอย่างน้อย 6 แหล่งพันธุกรรม (K=6) ที่แทนด้วยสีส้ม ม่วง แดง ฟ้า ม่วง เหลือง และเขียว โดยภายในกลุ่มที่มีองค์ประกอบสีเดียวกันยังมีการแสดงสัดส่วนของสีมากกว่าหนึ่งรูปแบบ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะประจำพันธุ์ของพันธุ์เหล่านั้น (ภาพที่ 3, ภาคผนวก ตารางที่ 3)

2.4 การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) : การตรวจวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพันธุ์ต่างๆ ด้วย UPGMA พบว่าตัวอย่างทั้งหมดที่ศึกษามีค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม (similarity coefficient) อยู่

กรมวิชาการเกษตร

ระหว่าง 0.69 ถึง 1.00 แสดงให้เห็นว่าเป็นกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมปานกลาง โดยมีตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุดที่ 0.69 (69%) คือ หมายเลข 3 (ช่อมรกต : *Curcuma harmadii* Gagnep) และหมายเลข 19 (บัวเข็ม : *Curcuma myanmarensis*) สอดคล้องกับผลการวิเคราะห์จาก PCoA และพบว่าหมายเลข 15 และ 17 ซึ่งได้แก่ เชียงราย 1 และ 3 มีความใกล้ชิดกันมากในระดับ 0.98 (98%) มีโครงสร้างพันธุกรรม สีแดงมากกว่า 98 เปอร์เซ็นต์ และพันธุ์เชียงราย 2 มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับพันธุ์เชียงราย 1 และ 3 ในระดับ 95-96 เปอร์เซ็นต์ นอกจากนั้นมีกลุ่มพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดกันในระดับ 97% ได้แก่ หมายเลข 36 กับ 40 (พิมพ์ใจ 03 กับ รอยัลไทยมาเจสตี้โคโรเนชั่น 01) และหมายเลข 42 กับ 44 (รอยัลไทยมาเจสตี้โคโรเนชั่น 02 กับ ซีเอ็มยู สวีทโรซี่ 01) ซึ่งอาจทำให้พันธุ์เหล่านี้มีลักษณะที่คล้ายคลึงกันมาก โดยวิเคราะห์จากโครงสร้างทางพันธุกรรม (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

ที่ระดับค่า similarity coefficient ที่ 0.69 นั้นสามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้นจำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ ได้ในระดับ species เป็น 2 กลุ่มใหญ่ ได้แก่ กลุ่มที่ 1 (cluster A) ประกอบด้วยหมายเลข 3 (ช่อมรกต : *Curcuma harmadii* Gagnep) ส่วนกลุ่มที่ 2 แยกออกได้อีก 2 กลุ่มย่อยที่ระดับ 0.73 เป็นกลุ่ม 2.1 ที่ประกอบด้วย cluster B มีสมาชิกในกลุ่ม 1 พันธุ์คือ หมายเลข 19 บัวเข็ม : *Curcuma myanmarensis*) กลุ่มที่ 2.2 ประกอบด้วยอีก 4 cluster (C-F) ที่สอดคล้องกับองค์ประกอบโครงสร้างทางพันธุกรรม ซึ่งภายใน cluster ยังมีการแยกเป็นกลุ่มย่อยได้อีกตามลักษณะโครงสร้างย่อยทางพันธุกรรม (ภาพที่ 3) และพันธุ์ที่มีความคล้ายคลึงกันสูงมากระดับ 0.98 ได้แก่ เชียงราย 1 และ 3 ที่อยู่ใน cluster D (ภาคผนวก ภาพที่ 1)

2.5 การวิเคราะห์เอกลักษณ์ประจำพันธุ์ที่จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ : ไม้ดอกสกุลขมิ้นที่ได้จดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่ มีจำนวน 13 พันธุ์ ได้แก่ ตัวอย่างหมายเลข 26-51 (ภาคผนวก ตารางที่ 1) ผลการวิเคราะห์ทั้ง 26 หมายเลขนี้พบว่าไม่ซ้ำกับพันธุกรรมพันธุ์อื่น โดยหมายเลข 45, 48, 49, 36, 40, 37 และ 51 จัดอยู่ในกลุ่ม 2.2 cluster E ในกลุ่มนี้มีหมายเลข 36 และ 40 ซึ่งได้แก่ พิมพ์ใจ 03 และ รอยัลไทย มาเจสตี้โคโรเนชั่น 01 มีความคล้ายคลึงกันระดับ 97 เปอร์เซ็นต์

ตัวอย่างหมายเลข 25, 23, 33, 32, 39, 38, 29, 28, 34, 27, 35, 43, 26 รวมกลุ่มเป็นกลุ่มย่อยใน cluster และหมายเลข 41, 50, 47, 44, 42, 31,30 แยกเป็นอีกหนึ่งกลุ่มย่อย จัดอยู่ในกลุ่ม 2.2 cluster C โดยมีหมายเลข 42 และ 44 ซึ่งได้แก่ รอยัลไทยพิ้งค์โคโรเนชั่น 01 และ ซีเอ็มยูสวีทโรซี่ 01 มีความใกล้ชิดกันมากที่สุดที่ระดับ 97 เปอร์เซ็นต์

ผลจากการศึกษาในครั้งนี้ สอดคล้องกับการศึกษาของนฤมลและเฉลิมศรี (2560) เรื่อง การตรวจสอบลูกผสมข้ามชนิดระหว่างปทุมมาและพลอยทักษิณ (*Curcuma alismatifolia* Ganep. x *C. aurantiaca* Van Zip.) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด ISSR พบว่ามีแถบไพรเมอร์ที่แตกต่างกันจำนวน 62 แถบ ซึ่งเหมาะสมต่อการแยกลูกผสมในคู่นี้

อีกทั้งยังสอดคล้องกับ Sukjit *et al*. (2019) ที่ได้ทำการศึกษาการใช้เครื่องหมายไอเอสเอสอาร์ (ISSR marker) ในการตรวจสอบการเป็นลูกผสมข้ามชนิดระหว่างปทุมมาและกระเจียว พบว่า มีแถบไพรเมอร์

ศูนย์วิทยทรัพยากร

ที่แตกต่างกันทั้งสิ้น 71 แถบ ดังนั้น เครื่องหมาย ISSR เหมาะสมที่จะนำมาใช้ในการตรวจสอบการเป็นลูกผสมในพืชสกุลนี้

3. สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาและตรวจวิเคราะห์ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพของไม้ดอกสกุลขมิ้น จำนวน 5 ชนิด 21 พันธุ์ (ชนิดที่พบในแหล่งธรรมชาติจำนวน 5 ชนิด พันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้าจำนวน 8 พันธุ์ และพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์) พบว่า

3.1 ลักษณะสัณฐานวิทยาเชิงคุณภาพหรือลักษณะประจำพันธุ์ที่สามารถใช้ในการจำแนกพืชในสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้น มี 15 ลักษณะ ได้แก่ ลักษณะสิ่งปกคลุมผิวใบ รูปร่างใบ ความยาวช่อดอก รูปร่างกลีบดอก ลักษณะผิวกลีบดอก รูปร่างหัวสะสมอาหาร จงอยหรือเดือยที่โคนอับเรณู ความยาวรังไข่ รูปร่างกลีบเลี้ยง รูปร่างและสิ่งปกคลุมผิวกลีบปาก รูปร่างและสีใบประดับบน รูปร่างและสีใบประดับล่าง สีดอก รูปทรงช่อดอก และตำแหน่งการออกดอก

3.2 สามารถแบ่งไม้ดอกสกุลขมิ้นออกได้เป็น 4 กลุ่มย่อยหลัก ๆ ตามลักษณะเด่นทางสัณฐานวิทยาของพืช คือ

- กลุ่มย่อยดอกปทุมมาเทียม (Curcuma-like) มี 1 ชนิด คือ บัวเข็ม (*Curcuma myanmarensis* (W. J. Kress) Škorničk)

- กลุ่มย่อย Alismatifolia มี 1 ชนิด คือ ช่อมรกต (*Curcuma harmadii* Gagnep)

- กลุ่มย่อย Longa มี 1 ชนิด คือ กระเจียวแดง (*Curcuma angustifolia* Roxb.) และ 21 พันธุ์ (พันธุ์ลูกผสมเพื่อการค้าจำนวน 8 พันธุ์ และพันธุ์ที่ได้รับการจดทะเบียนคุ้มครองเป็นพันธุ์พืชใหม่จำนวน 13 พันธุ์)

- กลุ่มย่อย Petiolata มี 2 ชนิด คือ กระเจียวส้ม (*Curcuma angustifolia* Roxb.) และกระเจียวรังสิมา (*Curcuma rangsimae* Boonma & Saensouk)

3.3 การตรวจจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของไม้ดอกสกุลขมิ้นได้ ด้วยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลกลุ่ม ISSR ร่วมกับเทคนิค TouchDown PCR พบว่า กลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมดมีพันธุกรรมที่แตกต่างกันปานกลาง และพันธุ์เชียงราย 1 และ 3 มีความใกล้ชิดกันมากในระดับ 0.98 ส่วนพันธุ์อื่นมีความใกล้ชิดกันน้อยกว่าระดับดังกล่าว โดยในจำนวนที่ศึกษานี้ มีไม้ดอกสกุลขมิ้น จำนวน 5 ชนิดได้แก่ *Curcuma roscoeana*, *C. harmadii*, *C. rangsimae*, *C. myanmarensis, C. angustifolia* ที่แยกได้ในระดับความใกล้ชิด 0.69 ถึง 0.76 มีตัวแทนของพันธุ์แท้ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักเป็นสีเดียวมากกว่า 97 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ พันธุ์เชียงราย 1, 2 และ 3 ซึ่งสามารถใช้เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีแดง ส่วนพันธุ์รอยัลไทยสวีท เมมโมรี, เชียงใหม่ เพิร์ล, รอยัลไทย พิ้งค์ โคโรเนชั่น, ซีเอ็มยูสวีทโรซี่ และ รอยัล ไทยเกรทเรน เป็นตัวแทนของพันธุกรรมสีฟ้า โดยกลุ่มที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมหลักสีส้มมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง ในขณะที่สีแดงมีความคงตัวทางพันธุกรรมสูง ในกลุ่มพันธุ์ที่ขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ 13 พันธุ์ นั้น

กรมวิชาการเกษตร

มีพันธุกรรมที่ต่างจากพันธุ์ที่นำมาเปรียบเทียบ ถูกจัดอยู่ใน cluster D และ E โดยพันธุ์ที่มีความคล้ายคลึงกันในระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ คือ รอยัลไทย พิ้งค์ โคโรเนชั่น กับซีเอ็มยู สวีทโรซี่ ใน cluster D ส่วนพันธุ์พิมพ์ใจและรอยัลไทย มาเจสตี้ โคโรเนชั่น มีความคล้ายกันใน cluster E

3.4 ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้นสอดคล้องกับผลการศึกษาด้วยเครื่องหมายโมเลกุล ISSR โดยเมื่อนำผลการวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างตัวอย่างด้วยแผนภาพต้นไม้ พบว่า ตัวอย่างที่มีพันธุกรรมห่างจากกลุ่มอื่นที่สุด ช่อมรกต (*C. harmadii* Gagnep) และ บัวเข็ม (*C. myanmarensis*) เนื่องจากทั้งสองชนิดจัดอยู่ในกลุ่ม Alismatifolia และปทุมมาเทียม ตามลำดับ ซึ่งมีลักษณะสัณฐานวิทยาต่างไปจากกลุ่มย่อย Longa ซึ่งมีไม้ดอกสกุลขมิ้นพันธุ์ลูกผสมและพันธุ์ที่ได้รับการขึ้นทะเบียนเป็นพันธุ์พืชใหม่ 13 พันธุ์ ซึ่งต่างอยู่ในกลุ่มย่อยนี้ โดยพันธุ์ที่มีความคล้ายคลึงกันมากที่สุดในระดับ 97 เปอร์เซ็นต์ มี 3 พันธุ์ ได้แก่ พิมพ์ใจ รอยัลไทย มาเจสตี้ โคโรเนชั่น และ ซีเอ็มยู สวีทโรซี่ ซึ่งสอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา เนื่องจากทั้ง 3 พันธุ์ ล้วนมีใบประดับบนสีชมพูอมแดง และมีดอกสีเหลืองเหมือนกัน

4 . การนำผลงานวิจัยไปใช้ประโยชน์

การศึกษานี้ทำให้สามารถสร้างแบบจำลองโครงสร้างทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอของไม้ดอกสกุลขมิ้นที่รวบรวมไว้ได้ ซึ่งแสดงสัดส่วนองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ทำให้แยกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้อย่างละเอียดชัดเจน อย่างไรก็ตามฐานข้อมูลที่ใช้ในการเปรียบเทียบ จำเป็นต้องมีพันธุ์ที่ครอบคลุมพันธุ์เดิมที่มีอยู่ เพื่อให้การตรวจสอบมีความถูกต้อง แม่นยำ ฐานข้อมูลที่ได้นี้ นอกจากสามารถนำมาใช้เป็นเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ในการตรวจพิสูจน์พันธุ์แล้ว ยังมีประโยชน์ในงานปรับปรุงพันธุ์ที่นำมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ รวมทั้งลูกผสมที่มีลักษณะทางพ่อหรือแม่พันธุ์ได้อย่างแม่นยำอีกด้วย อย่างไรก็ตามพบว่าพืชสกุลไม้ดอกสกุลขมิ้นมีปัญหาในการสกัดดีเอ็นเอ จึงอาจส่งผลต่อประสิทธิภาพของเครื่องหมายโมเลกุลและวิธีการ ดังนั้นจึงมีความจำเป็นต้องเพิ่มจำนวนเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้เพื่อเพิ่มตำแหน่งในการตรวจสอบ เพื่อความแม่นยำที่มากขึ้น

5. เอกสารอ้างอิง.

นฤมล เข็มกลัดเงิน และเฉลิมศรี นนทสวัสดิ์ศรี, “การตรวจสอบลูกผสมข้ามชนิดระหว่างปทุมมาและพลอยทักษิณ (*Curcuma alismatifolia* Ganep. x *C. aurantiaca* Van Zip.) ด้วยเครื่องหมาย ISSR”, ใน *รายงานการประชุมวิชาการ ประจำปี 2560*, 7-8 ธันวาคม 2560, อาคารเฉลิมพระเกียรติสมเด็จพระเทพรัตนราชสุดา มหาวิทยาลัยแม่โจ้, หน้า 256-264.

ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล วีรเดช โขนสันเทียะ รัชนี ขันธหัตถ์ เพียงเพ็ญ ศรวัต ประพิศ วองเทียม ศุภชัย สารกาญจน์ อัจฉรา ลิ่มศิลา. 2553. ฐานข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอของมันสำปะหลังพันธุ์ไทย พันธุ์ลูกผสมและพันธุ์ต่างประเทศ. ผลงานวิจัยดีเด่นและผลงานวิจัยที่เสนอเข้าร่วมพิจารณาเป็นผลงานวิจัยดีเด่นประจำปี 2552. กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. หน้า 16-30.

กรมวิชาการเกษตร

Earl, D. A. and VonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genet Resour. 4: 359–361.

Evanno, G. Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. 14: 2611- 2620.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567–1587.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M and Pritchard JK. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resour 9: 1322- 1332.

Koopmans, A. 2005 Biomass energy demand and supply for South and South-East Asia: assessing the resource base. Biomass Bioenergy. 28: 133-150.

Lasen, K. and S.S. Larsen. 2006. Gingers of Thailand, Queen Sirikit Botanic Garden, Chiang Mai, Thailand.

Li, M. and D.J. Midmore. 1999. Estimating the genetic relationships of chinese water chestnut (E. dulcis Burm. (f) Hensch) cultivated in Australia, using RAPD. Journal of Horticultural Science and Biotechnolog. 74(2): 224-231.

Maknoi, C. 2006. Taxonomy and phylogeny of the genus *Curcuma* L. (Zingiberaceae) with particular reference to its occurence in Thailand. Dissertation Prince of Songkla University, Songkla, Thailand.

Maknoi, C. *et al*,. 2021. Two new species of *Curcuma* L. (Zingiberaceae) from Thailand, Biodiversitas Journal of Biological Diversity: Vol. 22 No. 9

Oliveira, K.M., Pinto, L.R., Marconi, T.G., Mollinari, M., Ulian, E.C., Chabregas, S.M., Falco, M.C., Burnquist, W., Garcia, A.A.F. and Souza, A.P. 2009. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. Genome. 52(2). Source: https://doi.org/10.1139/G08-105

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version-2.1. New York: Applied Biostatistics.

Rosenberg, N. A. 2003. DISTRUCT: a program for the graphical display of population Structure. Mole Ecol Notes. 4: 137–138.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัย

Seansouk, P. and Seansouk, P. 2021. Diversity, traditional uses, and conservation status of Zingiberaceae in Udon Thani Province, Thailand.

Silva, D.C., de Souza, M.C.P., Filho, L.S.C.D., Duarte, S.C., Santos, J. M., Souza Barbosa, G.V., Almeida, C. 2012. New Polymorphic EST-SSR Markers in Sugarcane. Sugar Tech 14, 357–363. Source: https://doi.org/10.1007/s12355-012-0184-7

Sukjit, S., Sakulsingharoj, C. and Khemklqandngoen, N. 2019. Application of Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers for Verification of Interspecific Hybrids between *Paracurcuma* and *Eucurcuma*. Thai Journal of Science and Technology. Vol.3 (8) 288-299

Yu, J. Z., Fang, D. D., Kohel, R. J., Ulloa, M., Hinze, L. L., Percy, R. G., and Jones, D. C. 2012. Development of a core set of SSR markers for the characterization of Gossypium germplasm.Euphytica.187:203-213.

กรมวิชาการเกษตร

6. ภาคผนวก

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae ที่ใช้ในการศึกษา

X : ไม่มีตัวอย่าง

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	แหล่งที่เก็บ	หมายเลขผู้เก็บ
1	Curcuma roscoeana Wall.	กระเจียวส้ม	อุทยานแห่งชาติน้ำตกพาเจริญ อ.พบพระ จ.ตาก	P.Prom 840
2	Curcuma roscoeana Wall.	กระเจียวส้ม	อ.ปางมะผ้า จ.แม่ฮ่องสอน	Wichai 02
3	Curcuma harmadii Gagnep	ช่อมรกต	อุทยานแห่งชาติน้ำตกสามหลั่น อ.เมืองสระบุรี สระบุรี	P.Prom 856
4	Curcuma "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 02
5	Curcuma "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 02
6	Curcuma "Great King"	เกรทคิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Great King 01
7	Curcuma "Great King"	เกรทคิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Great King 02
8	Curcuma "Beauty Princess"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Beauty Princess 01
9	Curcuma "Beauty Princess"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Beauty Princess 02
X 10	Curcuma "Royal Thai Thai Garnet"	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Thai Garnet 01
11	Curcuma "Royal Thai Thai	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หาง	P. Prom-Royal Thai Thai

กรมวิชาการเกษตร

	Garnet"		ดง จ.เชียงใหม่	Garnet 02
12	Curcuma "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 01
13	Curcuma "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 02
14	Curcuma "Royal Thai Golden Reign"	รอยัล ไทย โกลเด็น เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Golden Reign
15	Curcuma "Chiang Rai1"	เชียงราย 1	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-Chiang Rai1
16	Curcuma "Chiang Rai2"	เชียงราย 2	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-Chiang Rai2
17	Curcuma "Chiang Rai3"	เชียงราย 3	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-Chiang Rai3
18	*Curcuma rangsimae* Boonma & Saensouk	กระเจียวรังสิมา	อุทยานแห่งชาติน้ำตกสามหลั่น อ.เมืองสระบุรี สระบุรี	P. Prommanus 855
19	Curcuma myanmarensis	บัวเข็ม	ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรเพรชบูรณ์ อ.เขาค้อ จ.เพรชบูรณ์	P. Prommanus 858
20	Curcuma "Redshadow"	เรดชาโด้	แปลงรวบรวมไม้ดอก มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ บางเขน กทม.	P. Prom-Red Shadow 01

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 1 รายชื่อตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae ที่ใช้ศึกษา

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	แหล่งที่เก็บ	หมายเลขผู้เก็บ
21	Curcuma angustifolia Roxb.	อาว, กระเจียวแดง	อ. ภูพาน จ. สกลนคร	P.Prom 872
22	Curcuma sp.	กระเจียวใบม่วง	หล่มสัก เพชรบูรณ์ (ผชช.วินัย)	P.Prom 873
23	Curcuma sp.	แดงดอยตุง	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-dang doi tung
24	Curcuma sp.	Blue moon	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-blue moon
25	Curcuma sp.	AL-257	ศูนย์วิจัยพืชสวนเชียงราย อ.เมืองเชียงราย จ.เชียงราย	P. Prom-AL257
26	Curcuma " CMU Manee Siam"	ซีเอ็มยู มณีสยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Manee 01
27	Curcuma " CMU Manee Siam"	ซีเอ็มยู มณีสยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Manee 02
28	Curcuma "Royal Thai Thai Garnet"	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Thai Garnet 03
29	Curcuma "Royal Thai Thai Garnet"	รอยัลไทย ไทย การ์เนท	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Thai Garnet 04
30	Curcuma "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 03
31	Curcuma "Royal Thai Great Reign"	รอยัลไทย เกรท เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great Reign 04
32	Curcuma "Royal Thai Great King"	รอยัลไทย เกรท คิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great King 03
33	Curcuma "Royal Thai Great King"	รอยัลไทย เกรท คิง	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Great King 04
34	Curcuma "Beauty Princrss"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.	P. Prom-Beauty Princess 03

กรมวิชาการเกษตร

			หางดง จ.เชียงใหม่	
35	Curcuma "Beauty Princrss"	บิวตี้ พริ้นเซ็ส	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Beauty Princess 04
36	Curcuma "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 03
37	Curcuma "Pimjai"	พิมพ์ใจ	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Pimjai 04
38	Curcuma "Royal Thai Golden Reign"	รอยัลไทย โกลเด็น เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Golden Reign 02
39	Curcuma "Royal Thai Golden Reign"	รอยัลไทย โกลเด็น เรน	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Golden Reign 03
40	Curcuma "Royal Thai Majesty Coronation"	รอยัลไทย มาเจสตี้ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Majesty Coronation 01
41	Curcuma "Royal Thai Majesty Coronation"	รอยัลไทย มาเจสตี้ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Majesty Coronation 02
42	Curcuma "Royal Thai Pink Coronation"	รอยัลไทย พิ้งค์ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Pink Coronation 01
43	Curcuma "Royal Thai Pink Coronation"	รอยัลไทย พิ้งค์ โคโรเนชั่น	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-RT Pink Coronation 02
44	Curcuma "CMU sweet Rosy"	ซีเอ็มยู สวีท โรซี่	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU sweet Rosy 01
45	Curcuma "CMU sweet Rosy"	ซีเอ็มยู สวีท โรซี่	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ. หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU sweet Rosy 02

ศรีบวิทการเกษตร

ตารางที่ 1 รายชื่อพืชตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae ที่ใช้ในการศึกษา

ลำดับ	ชื่อวิทยาศาสตร์	ชื่อไทย	แหล่งที่เก็บ	หมายเลขผู้เก็บ
X 46	Curcuma "Chiangmai Pearl"	เชียงใหม่ เพิร์ล	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Chiangmai Pearl 01
47	Curcuma "Chiangmai Pearl"	เชียงใหม่ เพิร์ล	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Chiangmai Pearl 02
48	Curcuma "CMU Tub Tim Siam"	ซีเอ็มยู ทับทิม สยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Tub Tim Siam 01
49	Curcuma "CMU Tub Tim Siam"	ซีเอ็มยู ทับทิม สยาม	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-CMU Tub Tim Siam 02
50	Curcuma "Royal Thai Sweet Memory"	รอยัลไทย สวีท เมม โมรี	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Sweet Memory 01
51	Curcuma "Royal Thai Sweet Memory"	รอยัลไทย สวีท เมม โมรี	โครงการศูนย์บริการพัฒนาขยายพันธุ์ไม้ดอกไม้บานไร่อันเนื่องจากพระราชดำริ อ.หางดง จ.เชียงใหม่	P. Prom-Royal Thai Sweet Memory 02

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 2 ค่าความสามารถในการจำแนกความแตกต่างของเครื่องหมายโมเลกุล (Polymorphic information content: PIC) ของเครื่องหมาย ISSR ที่ใช้ในการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae ที่ใช้ศึกษา

No	Sequence 5' – 3'	Polymorphism	Monomorphism	Product (bp)	Number of fragments	PIC
ISSR7	AGA GAG AGA GAG AGA GT	7	4	11	260-1042	0.908
ISSR12	GAG AGA GAG AGA GAG AA	11	1	12	313-950	0.915
ISSR15	CTC TCT CTC TCT CTC TG	9	0	9	525-1033	0.885
ISSR20	GTG TGT GTG TGT GTG TC	11	0	11	362-1275	0.891
ISSR22	TCT CTC TCT CTC TCT CA	2	2	4	556-857	0.689
ISSR34	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	12	3	15	209-1200	0.932
ISSR35	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	7	4	11	324-1316	0.907
ISSR36	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	6	4	10	200-770	0.899
ISSR41	GAG AGA GAG AGA GAG AYC	1	2	3	315-648	0.664
ISSR43	CTC TCT CTC TCT CTC TRA	3	2	5	273-872	0.688
ISSR44	CTC TCT CTC TCT CTC TRC	13	2	15	271-1248	0.925
ISSR45	CTC TCT CTC TCT CTC TRG	8	3	11	130-1030	0.847
ISSR53	TCT CTC TCT CTC TCT CRT	7	0	7	269-1270	0.820
ISSR54	TCT CTC TCT CTC TCT CRG	6	0	6	440-1050	0.809
ISSR68	GAA GAA GAA GAA GAA GAA	6	8	14	255-1070	0.928
ISSR72	GAT AGA TAG ATA GAT A	11	0	11	146-1150	0.852
ISSR81	GGG TGG GGT GGG GTG	5	2	8	475-1230	0.782
ISSR92	TAG ATC TGA TAT CTG AAT TCC C	4	2	6	500-1180	0.737
total		129	39	168		0.838

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae 50 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K=3 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	*ชื่อพันธุ์*	% color code K=3			% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
1	-	A	3	*Curcuma* harmadii Gagnep	65.84%	17.28%	16.88%	0.51%	0.66%	1.71%	0.30%	0.21%	96.61%
2	2.1	B	19	*Curcuma* myanmarensis	81.35%	16.83%	1.82%	1.47%	0.91%	0.36%	0.30%	0.36%	96.60%
	2.2	C	25	*Curcuma* sp.	32.94%	43.44%	23.61%	1.60%	38.76%	21.04%	19.04%	2.59%	16.96%
			23	*Curcuma* sp.	24.65%	47.85%	27.50%	2.13%	42.24%	24.56%	19.73%	0.39%	10.95%
			33	*Curcuma* "Royal Thai Great King"	25.47%	68.35%	6.18%	2.49%	71.25%	2.23%	3.25%	18.34%	2.44%
			32	*Curcuma* "Royal Thai Great King"	7.78%	89.98%	2.24%	1.92%	86.95%	0.91%	2.20%	5.57%	2.45%
			39	*Curcuma* "Royal Thai Golden Reign"	38.22%	61.01%	0.77%	2.16%	52.97%	0.35%	43.77%	0.30%	0.45%
			38	*Curcuma* "Royal Thai Golden Reign"	0.62%	99.08%	0.30%	0.36%	98.79%	0.10%	0.20%	0.32%	0.23%
			29	*Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"	17.52%	80.62%	1.86%	4.86%	72.34%	0.70%	19.68%	1.17%	1.25%
			28	*Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"	3.80%	92.93%	3.27%	2.51%	91.20%	1.80%	1.97%	1.49%	1.03%
			34	*Curcuma* "Beauty Princess"	19.10%	80.04%	0.86%	10.13%	74.82%	0.37%	7.64%	0.42%	6.62%
			27	*Curcuma* " CMU Manee Siam"	5.25%	93.62%	1.13%	0.43%	77.96%	0.23%	20.65%	0.20%	0.53%
			35	*Curcuma* "Beauty Princrss"	2.32%	96.88%	0.80%	1.75%	93.90%	0.41%	2.85%	0.24%	0.85%
			43	*Curcuma* "Royal Thai Pink Coronation"	0.79%	98.71%	0.50%	0.58%	97.52%	0.29%	1.09%	0.21%	0.31%
			26	*Curcuma* " CMU Manee Siam"	0.69%	98.22%	1.09%	0.40%	97.72%	0.68%	0.54%	0.11%	0.55%
			41	*Curcuma* "Royal Thai Majesty Coronation"	8.76%	90.94%	0.30%	3.10%	88.29%	0.10%	0.33%	0.71%	7.47%
			50	*Curcuma* "Royal Thai Sweet Memory"	0.30%	99.40%	0.30%	0.10%	99.40%	0.10%	0.11%	0.10%	0.19%
			47	*Curcuma* "Chiangmai Pearl"	0.30%	99.39%	0.31%	0.10%	99.40%	0.11%	0.11%	0.10%	0.18%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae 50 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K=3 และ K= 6

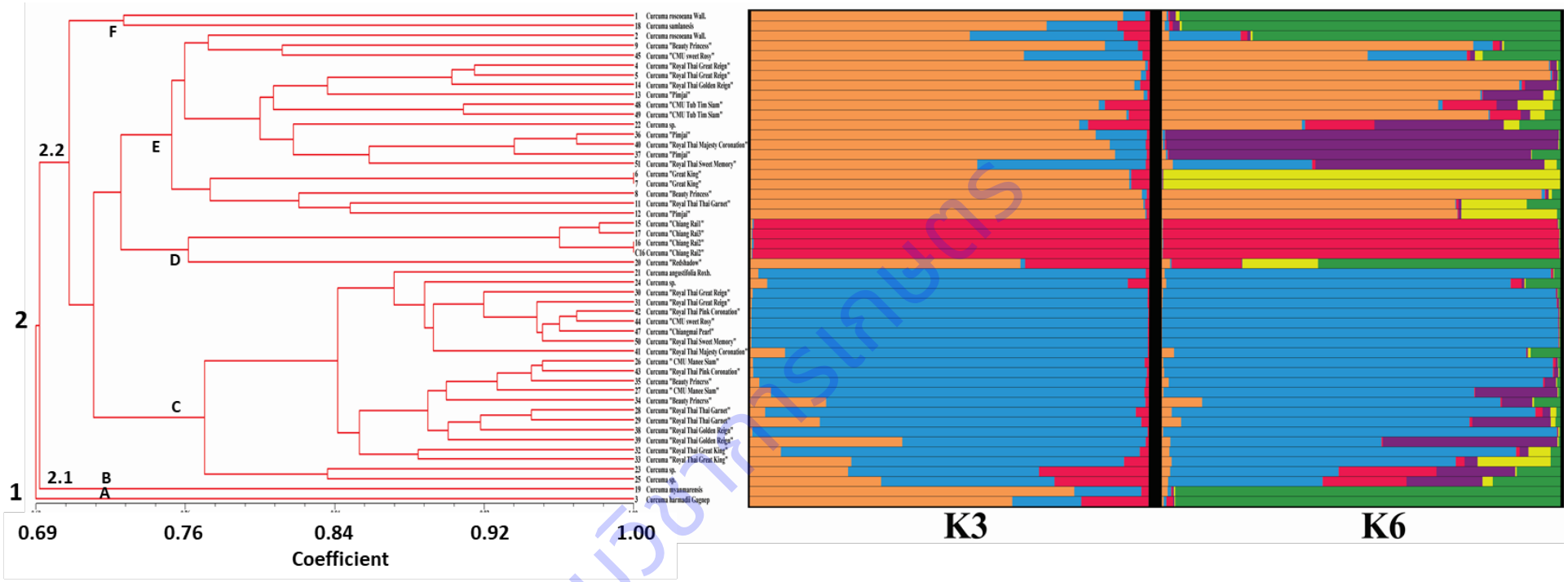
กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			44	*Curcuma* "CMU sweet Rosy"	0.30%	99.40%	0.30%	0.10%	99.30%	0.10%	0.20%	0.10%	0.20%
			42	*Curcuma* "Royal Thai Pink Coronation"	0.30%	99.50%	0.20%	0.10%	99.36%	0.10%	0.20%	0.10%	0.14%
			31	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	0.40%	99.20%	0.40%	0.20%	98.87%	0.20%	0.39%	0.10%	0.24%
			30	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	0.60%	99.05%	0.35%	0.30%	98.55%	0.14%	0.29%	0.10%	0.62%
			24	*Curcuma* sp.	4.24%	90.39%	5.37%	1.14%	86.36%	2.78%	0.69%	0.30%	8.73%
			21	*Curcuma* angustifolia Roxb.	2.01%	97.12%	0.87%	0.74%	96.87%	0.40%	0.20%	0.20%	1.59%
		D	20	*Curcuma* "Redshadow"	67.71%	1.16%	31.13%	2.13%	0.31%	17.56%	0.20%	19.02%	60.79%
			C16	*Curcuma* "Chiang Rai2"	0.30%	0.20%	99.50%	0.14%	0.10%	99.42%	0.11%	0.13%	0.10%
			16	*Curcuma* "Chiang Rai3"	0.40%	0.40%	99.20%	0.20%	0.20%	99.07%	0.20%	0.12%	0.21%
			17	*Curcuma* "Chiang Rai2"	0.30%	0.20%	99.50%	0.15%	0.10%	99.41%	0.10%	0.13%	0.11%
			15	*Curcuma* "Chiang Rai1"	0.50%	0.30%	99.20%	0.21%	0.13%	98.86%	0.20%	0.20%	0.40%
		E	12	*Curcuma* "Pimjai"	98.98%	0.30%	0.72%	74.13%	0.10%	0.30%	0.61%	23.99%	0.86%
			11	*Curcuma* "Royal Thai Thai Garnet"	98.49%	0.40%	1.11%	73.62%	0.20%	0.64%	0.71%	16.38%	8.45%
			8	*Curcuma* "Beauty Princess"	98.11%	1.21%	0.68%	95.29%	0.81%	0.31%	0.62%	0.82%	2.15%
			7	*Curcuma* "Great King"	94.93%	0.50%	4.57%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	99.50%	0.10%
			6	*Curcuma* "Great King"	94.91%	0.50%	4.59%	0.10%	0.10%	0.10%	0.10%	99.50%	0.10%
			51	*Curcuma* "Royal Thai Sweet Memory"	56.81%	42.23%	0.96%	2.80%	34.91%	0.86%	57.42%	3.07%	0.93%
			37	*Curcuma* "Pimjai"	91.35%	7.95%	0.70%	1.06%	0.43%	0.28%	90.88%	0.20%	7.15%
			40	*Curcuma* "Royal Thai Majesty Coronation"	90.03%	8.98%	0.99%	0.30%	0.48%	0.38%	98.31%	0.20%	0.33%
			36	*Curcuma* “Pimjai"	86.48%	12.84%	0.68%	0.20%	0.65%	0.10%	98.66%	0.10%	0.29%

กรมวิชาการเกษตร

ตารางที่ 3 การจัดกลุ่มตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae 50 พันธุ์ตามการจำแนกด้วยแผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และสัดส่วนโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K=3 และ K= 6

กลุ่ม	กลุ่มย่อย	cluster	รหัส	ชื่อพันธุ์	% color code K=3			% color code K=6					
					ส้ม	ฟ้า	แดง	ส้ม	ฟ้า	แดง	ม่วง	เหลือง	เขียว
			22	*Curcuma* sp.	82.35%	2.21%	15.45%	35.16%	0.80%	17.40%	32.43%	3.89%	10.32%
			49	*Curcuma* "CMU Tub Tim Siam"	94.15%	0.60%	5.25%	81.95%	0.32%	7.75%	2.39%	3.61%	3.97%
			48	*Curcuma* "CMU Tub Tim Siam"	87.26%	1.51%	11.23%	69.35%	1.09%	13.56%	5.25%	8.84%	1.91%
			13	*Curcuma* "Pimjai"	98.50%	0.91%	0.59%	79.93%	0.40%	0.28%	15.08%	2.84%	1.47%
			14	*Curcuma* "Royal Thai Golden Reign"	96.14%	1.48%	2.38%	89.67%	0.62%	0.83%	8.03%	0.33%	0.52%
			5	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	97.79%	1.28%	0.93%	97.50%	0.41%	0.31%	1.10%	0.20%	0.48%
			4	*Curcuma* "Royal Thai Great Reign"	98.84%	0.66%	0.50%	97.11%	0.26%	0.20%	1.51%	0.38%	0.54%
			45	*Curcuma* "CMU sweet Rosy"	68.43%	29.73%	1.84%	51.65%	24.88%	0.84%	1.17%	1.96%	19.50%
			9	*Curcuma* "Beauty Princess"	88.74%	8.26%	3.01%	78.14%	4.87%	1.74%	0.62%	0.49%	14.14%
			2	*Curcuma* roscoeana Wall.	54.85%	38.57%	6.58%	1.86%	17.92%	1.71%	0.80%	0.51%	77.20%
		F	18	*Curcuma rangsimae* Boonma & Saensouk	74.10%	17.75%	8.15%	0.77%	1.07%	0.94%	1.74%	0.51%	94.97%
			1	*Curcuma roscoeana* Wall.	93.28%	5.53%	1.19%	1.22%	0.40%	0.39%	1.51%	0.93%	95.55%

กรมวิชาการเกษตร



ภาพที่ 1 แผนภาพต้นไม้ (Phylogenetic tree) แบบ UPGMA และผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ที่ K=3 และ K=6 ของตัวอย่างไม้ดอกสกุลขมิ้น (*Curcuma* L.) วงศ์ Zingiberaceae 50 พันธุ์ A -F แสดงตำแหน่งของกลุ่ม cluster

ศูนย์วิทยทรัพยากร

กรมวิชาการเกษตร

กรมวิชาการเกษตร

กรมวิชาการเกษตร

กรมวิชาการเกษตร

กรมวิชาการเกษตร

กรมวิชาการเกษตร

กรมวิชาการเกษตร

กรมวิชาการเกษตร