ใบรับรองวิทยานิพนธ์

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พืชไร่)

ปริญญา

พืชไร่ | พืชไร่นา

สาขา | **ภาควิชา**

เรื่อง ผลของการผสมเลือดชิดต่อลักษณะทางการเกษตรในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย

Effects of Inbreeding on Agronomic Traits of Thai Cassava Cultivars

นามผู้วิจัย นายจำนงค์ ชัญถาวร

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(ศาสตราจารย์เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์, Ph.D.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(รองศาสตราจารย์วิจารณ์ วิชชุกิจ, Dr.sc.agr.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(รองศาสตราจารย์รังสฤษดิ์ กาวีต๊ะ, Ph.D.)

หัวหน้าภาควิชา

(รองศาสตราจารย์รังสฤษดิ์ กาวีต๊ะ, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญจนา ธีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ ..... **เดือน** ..... **พ.ศ.** .....

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

ผลของการผสมเลือดชิดต่อลักษณะทางการเกษตรในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย

Effects of Inbreeding on Agronomic Traits of Thai Cassava Cultivars

โดย

นายจำนงค์ ชัญถาวร

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พืชไร่)
พ.ศ. 2554

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

จำนงค์ ชัญถาวร 2554: ผลของการผสมเลือดชิดต่อลักษณะทางการเกษตรในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พืชไร่) สาขาพืชไร่ ภาควิชาพืชไร่นา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ศาสตราจารย์เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์, Ph.D. 123 หน้า

การศึกษาผลของการผสมเลือดชิดในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย เพื่อเป็นข้อมูลการพัฒนาสายพันธุ์แท้ในอนาคต และคัดเลือกลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนด้อยโดยเฉพาะลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch) โดยใช้สารละลายโพแทสเซียมไอโอไดน์ทดสอบในลูกที่เกิดจากการผสมเลือดชิด และไม่มีการผสมเลือดชิดของมันสำปะหลังพันธุ์การค้าไทย จำนวน 6 พันธุ์ และสายพันธุ์ดีเด่น 3 สายพันธุ์ ได้ลูกทั้งหมด 2,412 สายพันธุ์ การศึกษา ไม่พบสายพันธุ์ใดมีลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส การคัดเลือกลักษณะดังกล่าวในอนาคตควรใช้พ่อแม่พันธุ์จำนวนมากขึ้น และพันธุ์เหล่านั้นควรมีความหลากหลายทางพันธุกรรม การวัดค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลูกที่ลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในลักษณะความงอก ความสูงต้น น้ำหนักหัวสด น้ำหนักต้นและใบ ดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณหัวแห้ง พบว่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยของประชากรลูกที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) เท่ากับ 0.50 มากกว่า 0.25 ในทุกลักษณะ โดยน้ำหนักหัวสดมีค่ามากสุด เท่ากับ 55.7 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ น้ำหนักต้นและใบ ความงอก ความสูงต้น ดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณหัวแห้ง ซึ่งเท่ากับ 51.1 26.4 21.3 13.5 12.7 และ 7.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนประชากรลูกที่มีค่า F เท่ากับ 0.25 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะดังกล่าวข้างต้น เท่ากับ 37.5 32.5 30.7 14.2 9.0 9.3 และ 4.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ในขณะที่ไม่มีความแตกต่างทางสถิติระหว่างค่าเฉลี่ยพ่อแม่กับประชากรลูกที่มีค่า F เท่ากับ 0 ลูกที่ได้จากการผสมเลือดชิดของแต่ละพันธุ์ มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมต่างกัน โดยลูกที่ได้จากการผสมตัวเองของพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50 เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อยสุดในทุกลักษณะที่ศึกษา ในขณะที่ลูกที่เกิดจากการผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 60 และห้วยบง 80 เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุด ดังนั้นการพัฒนาสายพันธุ์แท้จำเป็นจะต้องมีการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่จะพัฒนาต่อไป แต่การพัฒนาสายพันธุ์แท้ในมันสำปะหลังใช้เวลานาน ดังนั้นการผสมตัวเองเพียง 1-2 ครั้ง แล้วคัดเลือกต้นที่มีลักษณะไม่ดีทิ้ง จากนั้นจึงผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ S_1 หรือ S_2 ที่คัดเลือกไว้ อาจจะได้ลูกที่ดีกว่าวิธีการผสมข้ามพันธุ์โดยตรงที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน

_____ _____ ___ / ___ / ___

ลายมือชื่อนิสิต ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Jumnong Chanthaworn 2011: Effects of Inbreeding on Agronomic Traits of Thai Cassava Cultivars. Master of Science (Agronomy), Major Field: Agronomy, Department of Agronomy. Thesis Advisor: Professor Chareinsak Rojanaridpiched, Ph.D. 123 pages.

The inbreeding effect in Thai cassava cultivars was examined to furthering inbred line development and screening for the recessive traits, especially amylose-free starch (waxy starch). Total 2,412 progeny lines from inbreeding and without inbreeding crosses were obtained from 6 Thai commercial cultivars and 3 elite lines. No waxy starch line was found from 2,412 progenies by potassium iodine (KI) test. It is recommended to increase the number and diversity of parental varieties for further screening. Inbreeding depression (ID) of F_1 progenies was measured as percentage reduction from parental average in agronomic traits such as germination (Ger), plant height (PH), fresh root weight (FRW), stem and leave weight (StLW), harvest index (HI), root starch content (RSC) and root dry matter content (RDMC). The F_1 progenies having coefficient of inbreeding (F) of 0.50 have greater ID than those having F of 0.25 in all parameters studied. When F was 0.50, the ID was the highest for FRW at 55.7 % followed by StLW, Ger, PH, HI, RSC and RDMC which were 51.1, 26.4, 21.3, 13.5, 12.7 and 7.5 %, respectively. At 0.25 F level, the ID of FRW, StLW, Ger, PH, HI, RSC and RDMC were 37.5, 32.5, 30.7, 14.2, 9.0, 9.3 and 4.5 %, respectively. There were no significant differences between the midparent and population mean of progenies with 0 F level. The progenies from inbreeding of different parents had different ID. Selfing progenies from Kasetsart 50 have the lowest ID, while Huay Bong 60 and Huay Bong 80 were the highest. This indicated that selection of parents for inbreeding is necessary. But, inbred line development for hybrid takes a long time. It is recommended that cross between selected S_1 or S_2 lines might have a better chance to get good progenies than normal varietal cross.

_____ _____ ___ / ___ / ___

Student's signature Thesis Advisor's signature

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์เล่มนี้สำเร็จลุล่วงได้ ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณท่านศาสตราจารย์ ดร. เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก และรองศาสตราจารย์ ดร. วิจารณ์ วิชชุกิจ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม เป็นอย่างสูง ที่กรุณาให้คำปรึกษา ข้อเสนอแนะ และแก้ไขข้อบกพร่องของวิทยานิพนธ์เล่มนี้ นอกจากนั้นท่านได้กรุณาสอนแนวคิด ชี้แนะวิธีการปฏิบัติงาน ตลอดจนให้โอกาสทำงานในโครงการวิจัยมันสำปะหลังขณะที่ยังศึกษาอยู่ รวมถึงการสนับสนุนทุนการศึกษาตลอดระยะเวลาที่ศึกษาในภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ แห่งนี้

ขอกราบขอบพระคุณท่านรองศาสตราจารย์ ดร. รังสฤษดิ์ กาวีต๊ะ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ที่ให้คำปรึกษาเรื่องการวางแผนการทดลอง การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ และให้คำแนะนำเกี่ยวกับเนื้อหาของวิทยานิพนธ์เล่มนี้ ขอกราบขอบพระคุณท่านศาสตราจารย์ (พิเศษ) ดร. สุทัศน์ ศรีวัฒนพงศ์ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ปิยะ กิตติภาดากุล ผู้ทรงคุณวุฒิและผู้แทนบัณฑิตวิทยาลัย ที่กรุณาให้คำแนะนำเพิ่มเติมในเนื้อหาเพื่อความสมบูรณ์ยิ่งขึ้นของวิทยานิพนธ์

ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณคณาจารย์คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ที่ร่วมกันประสิทธิ์ประสาทวิชาแก่ผู้วิจัย ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่โครงการวิจัยมันสำปะหลัง ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร นักวิจัยและพนักงานการเกษตรของสถานีวิจัยเขาหินซ้อน จังหวัดฉะเชิงเทรา และเจ้าหน้าที่ฝ่ายวิชาการของสถาบันพัฒนามันสำปะหลัง มูลนิธิสถาบันพัฒนามันสำปะหลังแห่งประเทศไทย ที่กรุณาให้การช่วยเหลือและเอื้อเฟื้อสถานที่ทำการทดลองเป็นอย่างดี

คุณประโยชน์อันเกิดจากวิทยานิพนธ์เล่มนี้ ผู้วิจัยขอมอบความดีนั้นให้แก่บุพการีผู้ให้กำเนิด และบูรพาจารย์ผู้ให้ความรู้แห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ทุกท่าน

จำนงค์ ชัญถาวร

ตุลาคม 2554

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สารบัญ

หน้า

สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(7)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	25
อุปกรณ์	25
วิธีการ	26
ผลและวิจารณ์	33
สรุปและข้อเสนอแนะ	86
สรุป	86
ข้อเสนอแนะ	87
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	88
ภาคผนวก	98
ภาคผนวก ก พันธุประวัติและวิธีคำนวณค่า Coefficient of inbreeding (F)	99
ภาคผนวก ข ตารางแสดงผลความแปรปรวนทางสถิติ	107
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	123

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	จำนวนเมล็ด ต้นที่งอก สายพันธุ์ที่ใช้ตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส และสายพันธุ์ที่ใช้ประมาณค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	34
2	ความแปรปรวนในลักษณะความงอกระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	39
3	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีความงอกมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม	40
4	ความแปรปรวนในลักษณะความสูงต้นระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	42
5	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีความสูงต้นมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม	43
6	ความแปรปรวนในลักษณะน้ำหนักหัวสดระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	46
7	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีน้ำหนักหัวสดมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม	47
8	ความแปรปรวนในลักษณะน้ำหนักต้นและใบระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	49
9	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีน้ำหนักต้นและใบมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม	50
10	ความแปรปรวนในลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	52
11	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม	53
12	ความแปรปรวนในลักษณะปริมาณแป้งในหัวระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	56

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
13	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีปริมาณแป้งในหัวมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม	57
14	ความแปรปรวนในลักษณะปริมาณหัวแห้งระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	59
15	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีปริมาณหัวแห้งมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม	60
16	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใน 7 ลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญของคู่ผสมต่างๆทั้ง 15 คู่ผสม	62
17	ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความงอกของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	67
18	ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความสูงต้นของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	69
19	ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะน้ำหนัก หัวสดของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	72
20	ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะน้ำหนักต้นและใบของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	74
21	ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	76
22	ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะปริมาณแป้งในหัวของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	78

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
23	ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะปริมาณหัวแห้งของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ	80
24	ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression, ID) เป็นร้อยละของค่าเฉลี่ยพ่อแม่ (mid parent, MP) ใน 7 ลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding แตกต่างกัน 3 ระดับ	83

ตารางผนวกที่

ก1	รูปแบบความเกี่ยวข้องกันทางพันธุกรรมระหว่างพ่อแม่พันธุ์ทั้ง 15 คู่ผสม	105
ข1	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 1 x ระยอง 5	108
ข2	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 90 x CMR 35-22-196	109
ข3	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม เกษตรศาสตร์ 50 x CMR 35-22-196	110
ข4	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ห้วยบง 60 x CM 1223-11	111

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
ข5	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	112
ข6	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ห้วยบง 60 x ระยอง 5	113
ข7	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 5 x ห้วยบง 80	114
ข8	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	115
ข9	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ระยอง 1	116
ข10	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ระยอง 5	117
ข11	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ระยอง 90	118

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
ข12	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50	119
ข13	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ห้วยบง 60	120
ข14	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ห้วยบง 80	121
ข15	ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของสายพันธุ์ MKUC 34-114-235	122

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	วิธีการตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในหัวมันสำปะหลัง	28
2	การตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในประชากรลูกที่ได้จากการผสมเลือดชิดในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย	33
3	ลักษณะการเจริญเติบโตผิดปกติของสายพันธุ์มันสำปะหลังที่เกิดจากการผสมเลือดชิด	85

ภาพผนวกที่

ก1	แผนผังพันธุประวัติ (pedigree) มันสำปะหลังพันธุ์การค้าและสายพันธุ์ดีเด่นของไทย	106

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ผลของการผสมเลือดชิดต่อลักษณะทางการเกษตรในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย

Effects of Inbreeding on Agronomic Traits of Thai Cassava Cultivars

คำนำ

มันสำปะหลังเป็นพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจสูง จัดเป็นพืชอาหารที่สำคัญของประเทศในเขตร้อน หากพิจารณาที่ปริมาณผลผลิต พบว่า มันสำปะหลังมีความสำคัญทางเศรษฐกิจเป็นอันดับ 5 ของโลก รองจากข้าวโพด ข้าวสาลี ข้าว และมันฝรั่ง โดยในปี พ.ศ. 2552 มีปริมาณผลผลิต 233.8 ล้านตัน คิดเป็นมูลค่า 22,711 ล้านดอลลาร์ (Food and Agriculture Organization [FAO], 2011) สำหรับประเทศไทยมันสำปะหลังเป็นพืชอาหารที่สำคัญเป็นอันดับ 3 รองจากข้าว และอ้อย โดยมีผลผลิตและมูลค่าตามที่เกษตรกรขายได้เฉลี่ย 5 ปีล่าสุด ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2549-53 เท่ากับ 25.4 ล้านตัน และ 36,817 ล้านบาท ตามลำดับ (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2553ก) และมีแนวโน้มสูงขึ้นทุกปี อย่างไรก็ตาม เมื่อพิจารณาอัตราการขยายตัวของปริมาณผลผลิตกลับพบว่า มีค่าต่ำเพียง 2.35 เปอร์เซ็นต์ต่อปี เท่านั้น ในขณะที่ข้าวสาลี มันฝรั่ง ข้าวโพด และข้าว มีอัตราการขยายตัวเท่ากับ 4.32 4.00 3.94 และ 2.85 เปอร์เซ็นต์ต่อปี ตามลำดับ ซึ่ง Scott *et al*. (2000) วิเคราะห์ว่า สาเหตุส่วนหนึ่งเป็นผลจากความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังต่ำกว่าพืชชนิดอื่น

มันสำปะหลังเป็นพืชผสมข้าม มีสภาพพันธุกรรมเป็น heterozygous และสามารถขยายพันธุ์โดยส่วนไม่ใช้เพศ (asexual reproductive) การปรับปรุงพันธุ์ทั้งในอดีตและปัจจุบันจึงใช้วิธีการผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์พ่อแม่ที่คัดเลือกไว้จนได้เมล็ด แล้วทำการคัดเลือกแบบ clonal selection เมื่อพบสายพันธุ์ดีเด่น ก็สามารถตัดส่วนลำต้นไปปลูกขยายพันธุ์ต่อไปได้โดยยังคงพันธุกรรมเดิมไว้ตลอดเวลา (เจริญศักดิ์, 2519) อย่างไรก็ตามลูกผสมที่ได้ยังมีพันธุกรรมเป็น heterozygous การคัดเลือกยีนด้อยที่ไม่ดี (deleterious gene) ทิ้ง ย่อมไม่มีประสิทธิภาพ (Ceballos *et al*., 2007a) ทำให้ความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์อาจช้ากว่าวิธีการพัฒนาสายพันธุ์แท้ (inbred line) และสร้างลูกผสม (hybrid) ของข้าวโพดที่เสนอโดย Shull (1908) ซึ่งทำให้ผลผลิตข้าวโพดของประเทศสหรัฐอเมริกาเพิ่มขึ้นอย่างมาก (Russell, 1974)

แนวคิดในการพัฒนาสายพันธุ์แท้ในมันสำปะหลังอาจทำให้ความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์มากขึ้น เนื่องจากการพัฒนาสายพันธุ์แท้ช่วยเปิดโอกาสให้เกิดการรวมตัวใหม่ของยีน

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

(gene recombination) ที่ดี ในขณะเดียวกันก็เป็นวิธีที่ทำให้ยีนด้อยที่ไม่ดีแสดงออกมา ทำให้คัดทิ้งได้ง่าย นอกจากนั้นลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนด้อยที่เป็นประโยชน์ซึ่งไม่เคยตรวจพบมาก่อนอาจจะแสดงออกมาด้วย ดังเช่น ลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch) แป้งชนิดที่มีอะมิโลสสูง (high-amylose starch) และเม็ดแป้งขนาดเล็ก (small-granule starch) (Ceballos *et al*., 2007a, 2007b, 2008) เป็นต้น ซึ่งการพัฒนาสายพันธุ์แท้ (inbred line) สามารถทำได้โดยการผสมเลือดชิด (inbreeding) เช่น การผสมตัวเอง (self pollination) แล้วคัดเลือกต้นที่แข็งแรง และมีลักษณะต่างๆ ที่ดีประมาณ 7-8 ชั่ว จนได้สายพันธุ์ที่มีความสม่ำเสมอทางพันธุกรรม และมียีนตำแหน่งต่างๆ อยู่ในสภาพ homozygous เป็นส่วนใหญ่ เมื่อนำไปผสมระหว่างสายพันธุ์แท้ด้วยกันจะได้พันธุ์ลูกผสม (hybrid) ที่มีพันธุกรรมเป็น heterozygous ในหลายตำแหน่งของยีน แต่อย่างไรก็ตาม การผสมเลือดชิดโดยทั่วไปของพืชผสมข้ามมีผลให้เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression) ของลักษณะต่างๆ อย่างรุนแรง (เจริญศักดิ์, 2527, 2529) โดยเฉพาะในชั่วต้นๆ ของการผสมตัวเอง ส่งผลให้ลูกที่ได้บางส่วนอ่อนแอจนไม่สามารถมีชีวิตอยู่ต่อไปได้ ซึ่ง Kawano *et al*. (1978) และ Rojas *et al*. (2009) ได้รายงานผลดังกล่าวในมันสำปะหลัง

ผลงานวิจัยเกี่ยวกับการผสมเลือดชิดในมันสำปะหลังยังมีอยู่อย่างจำกัด โดยเฉพาะกับพันธุ์การค้าของประเทศไทย ดังนั้นเพื่อประโยชน์สำหรับการวิเคราะห์ความเป็นไปได้ในการพัฒนาสายพันธุ์แท้ (inbred line) และสร้างลูกผสม (hybrid) ในอนาคต จำเป็นต้องศึกษาผลของการผสมเลือดชิดในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย โดยศึกษาความแปรปรวนและประเมินค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญของสายพันธุ์ลูกผสมที่ได้จากการผสมเลือดชิดและไม่มีการผสมเลือดชิด นอกจากนั้นจะตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสซึ่งควบคุมด้วยยีนด้อยที่อาจมีในพันธุ์การค้าของไทย และเป็นลักษณะที่อุตสาหกรรมแป้งมีความต้องการสูงของ อันจะช่วยเพิ่มมูลค่าทางเศรษฐกิจ และเป็นทางเลือกใหม่ของอุตสาหกรรมแป้งมันสำปะหลังของประเทศในอนาคต

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วัตถุประสงค์

1. เพื่อคัดเลือกสายพันธุ์ลูกผสมที่มีลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch) ที่อาจกระจายตัวในประชากรลูกที่ได้จากการผสมเลือดชิด เพื่อประโยชน์ต่ออุตสาหกรรมแป้งมันสำปะหลังในอนาคต

2. เพื่อศึกษาความแปรปรวนของประชากรลูกที่ได้จากการผสมเลือดชิดและไม่มีการผสมเลือดชิดมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยในลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญ

3. เพื่อประเมินค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญของประชากรลูกที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ คือ 0 0.25 และ 0.50

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

การตรวจเอกสาร

1. ลักษณะทางพฤกษศาสตร์และสรีรวิทยามันสำปะหลัง

มันสำปะหลังเป็นพืชหัวชนิดหนึ่ง มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Manihot esculenta* Crantz. จัดอยู่ในตระกูล Euphorbiaceae ชื่อสามัญเรียกตามภาษาต่างๆ เช่น cassava yuca madioca manioc หรือ tapioca เป็นต้น มีถิ่นกำเนิดอยู่ในเขตร้อนของทวีปอเมริกาตั้งแต่ประเทศเม็กซิโกลงมาถึงประเทศบราซิล (เจริญศักดิ์, 2519)

มันสำปะหลังเป็นไม้พุ่มเนื้ออ่อน มีอายุอยู่ได้หลายปี ลำต้นสูงประมาณ 1-5 เมตร มีสีแตกต่างกันไปตามพันธุ์ ที่ลำต้นจะมีใบติดอยู่ ลักษณะใบเป็นแบบใบเดี่ยว (simple leaf) แผ่นใบจะเว้าเป็นแฉก มีตั้งแต่ 3-9 แฉก ก้านใบมีสีแตกต่างกันไปตามพันธุ์ ซึ่งลักษณะสีลำต้น ใบ และก้านใบสามารถใช้ในการจำแนกพันธุ์ได้ ใบจะหลุดร่วงเมื่ออายุมากขึ้นทำให้เกิดรอยแผลที่ลำต้นเรียกว่า leaf scar เหนือบริเวณ leaf scar จะมีตา (bud) อยู่ 1 ตาในทุกๆ รอยแผลใบ เมื่อตัดลำต้นไปปลูกสามารถงอกเป็นต้นใหม่ได้ รากมันสำปะหลังมีสองชนิด คือ รากจริง (true root) มีหน้าที่ดูดน้ำและอาหาร และรากสะสมอาหาร (storage root) ซึ่งสะสมอาหารในรูปของแป้งเมื่ออายุได้ประมาณ 2 เดือนหลังปลูก จัดเป็นส่วนสำคัญที่สุดที่มนุษย์นำมาใช้ประโยชน์ในปัจจุบัน มันสำปะหลังสามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้อย่างกว้างขวาง เป็นพืชทนแล้ง อุณหภูมิที่เหมาะสมสำหรับการเจริญเติบโตอยู่ระหว่าง 20-35 องศาเซลเซียส สามารถขึ้นได้ในเขตที่มีปริมาณน้ำฝนน้อยกว่า 1,000 มิลลิเมตรต่อปี ทนต่อสภาพดินที่เป็นกรด (pH = 4.4) แต่ไม่ทนต่อสภาพดินที่เป็นด่าง (pH > 8) (Cock, 1985)

Cock *et al.* (1979) เสนอความเห็นว่า มันสำปะหลังที่ให้ผลผลิตสูงควรมีลักษณะรูปทรงต้น (plant ideotype) ดังต่อไปนี้

1) มีทรงต้นเป็นต้นเดี่ยวและแตกกิ่งแขนง (apical branch) เมื่ออายุ 6 เดือนหลังปลูกเป็นต้นไป

2) สามารถรักษาใบได้ยาวนาน (long leaf retention) แม้กระทบกับสภาวะเครียด

3) มีค่าดัชนีพื้นที่ใบ (Leaf Area Index, LAI) อยู่ระหว่าง 3.0-3.5 หากมีค่าเกิน 4.0 จะทำให้ผลผลิตลดลง

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

4) มีจำนวนรากที่สะสมอาหารไม่ควรต่ำกว่า 9 รากต่อต้น

5) มีค่าผลผลิตพืชทั้งต้นและดัชนีเก็บเกี่ยวสูง

6) มีความต้านทานต่อโรคและแมลงที่เข้าทำลาย

ซึ่งลักษณะเหล่านี้จะช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถนำไปใช้เป็นแนวทางในการคัดเลือกพันธุ์ที่มีลักษณะผลผลิตสูงได้ โดยเฉพาะในปีแรกๆ ที่มีสายพันธุ์ทดสอบจำนวนมาก

2. พันธุศาสตร์และระบบสืบพันธุ์มันสำปะหลัง

มันสำปะหลังเป็นพืช diploid มีจำนวนโครโมโซม 2n = 36 (Umanah and Hartmann, 1973) เนื่องจากเป็นพืชผสมข้าม ดังนั้นจึงมีพันธุกรรมเป็น heterozygous มีดอกเพศผู้และเพศเมียแยกกันคนละดอกแต่อยู่บนช่อดอกเดียวกัน (monoecious plant) ดอกเพศเมียจะอยู่บริเวณโคนช่อดอกและมีขนาดใหญ่กว่า ช่อดอกจะเกิดบริเวณที่แตกกิ่งส่วนบน (apical branch) ดังนั้นพันธุ์ที่ไม่แตกกิ่งจะไม่ออกดอก ซึ่งลักษณะการออกดอกของมันสำปะหลังแต่ละพันธุ์มีความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังมาก ปัจจัยสภาพแวดล้อมที่ควบคุมการออกดอกของมันสำปะหลังยังไม่ทราบแน่ชัด แต่ปัจจัยที่สำคัญคือ พันธุกรรม (พีระศักดิ์ และ เจริญศักดิ์, 2529) ดอกเพศเมียจะบานก่อนดอกเพศผู้ที่อยู่บนช่อดอกเดียวกันประมาณ 7-10 วัน และมีระยะ receptive นาน 24 ชั่วโมงหลังดอกบาน ดอกเพศผู้มี anther อยู่ 10 อัน ซึ่งภายในมี pollen บรรจุอยู่ ในสภาพปกติสามารถมีชีวิตอยู่ได้นาน 24 ชั่วโมง แต่หากเก็บไว้ในสาร Calcium chloride ($CaCl_2$) จะเก็บได้นานประมาณ 6 วัน และถ้าเก็บใน Desiccator สามารถเก็บได้นานถึง 6 เดือน (กรมวิชาการเกษตร, 2550)

โดยธรรมชาติแล้วมันสำปะหลังมีทั้งการผสมข้าม (cross pollination) และผสมตัวเอง (self pollination) การผสมข้ามโดยธรรมชาติจะเกิดขึ้นประมาณ 30-40 เปอร์เซ็นต์ ขึ้นอยู่กับลักษณะการออกดอกและความหนาแน่นของประชากรที่ปลูกอยู่ ส่งผลให้แต่ละเมล็ดมีพันธุกรรม (genotype) ที่แตกต่างกัน ดังนั้นลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) ที่ได้จึงมีการกระจายตัวในลักษณะต่างๆ สูง โดยลูกผสมที่ได้จากการผสมเปิด (open pollination) มีโอกาสให้ผลผลิตสูงได้ (Centro Internacional de Agricultura Tropical [CIAT], 1975, 1976) แต่ลูกผสมที่ได้จากการผสมตัวเองมีโอกาสเกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression) ของลักษณะต่างๆ ได้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

มาก มีผลทำให้ลูกผสมที่ได้อ่อนแอ ผลผลิตต่ำ และมีลักษณะต่างๆ เลวลง (Kawano *et al*., 1978)

3. การปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง

3.1 วิธีการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง

เนื่องจากมันสำปะหลังเป็นพืชผสมข้ามและสามารถขยายพันธุ์โดยส่วนที่ไม่ใช้เพศ (asexual propagation) ได้ วิธีการปรับปรุงพันธุ์จึงเริ่มต้นจากการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่ดีแล้วผสมพันธุ์ให้ได้เมล็ด นำไปปลูกเป็นต้น แล้วคัดเลือกหรือเปรียบเทียบว่าต้นใดมีลักษณะดีตรงตามวัตถุประสงค์ โดยทำการคัดเลือกและเปรียบเทียบสายพันธุ์ที่ผ่านการคัดเลือกในหลายท้องที่ และทดสอบซ้ำเป็นเวลาหลายปีจนแน่ใจว่าได้สายพันธุ์ที่ดี

กระบวนการคัดเลือกนั้น เริ่มต้นปีแรกจากเมล็ด ปีถัดไปตัดต้นพันธุ์ไปปลูกเปรียบเทียบ และเนื่องจากเป็นการขยายพันธุ์แบบไม่ใช้เพศจึงไม่มีการเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมในแต่ละต้นหรือสายพันธุ์ ซึ่งหากสามารถค้นพบต้นที่ดีเพียงต้นเดียวก็สามารถนำไปขยายพันธุ์เป็นการค้าได้ เรียกวิธีการคัดพันธุ์แบบนี้ว่า clonal selection (พีระศักดิ์ และ เจริญศักดิ์, 2529) ในระหว่างการคัดเลือกในขั้นตอนต่างๆ หากพบว่า มีสายพันธุ์ที่มีลักษณะที่สำคัญบางลักษณะโดดเด่นกว่าสายพันธุ์อื่น แต่ยังขาดลักษณะที่สำคัญบางประการ ไม่สามารถแนะนำเป็นพันธุ์การค้าได้ ก็อาจนำกลับไปผสมพันธุ์กับสายพันธุ์ก้าวหน้าอื่นที่มีลักษณะดีเด่นด้านอื่นๆ เพื่อรวมหลายลักษณะดีเด่นเข้าไปอยู่ในพันธุ์เดียวในรอบ (cycle) ต่อไป ซึ่งเรียกวิธีการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีนี้ว่า phenotypic recurrent selection (Ceballos *et al*., 2004)

3.1.1 การรวบรวมและประเมินเชื้อพันธุกรรม

สิ่งสำคัญประการแรกในการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังคือ การรวบรวมและประเมินเชื้อพันธุกรรม (germplasm) เพื่อคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีลักษณะดีเด่นตามวัตถุประสงค์สำหรับใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ในการผสมพันธุ์สร้างสายพันธุ์ใหม่ องค์กรวิจัยนานาชาติหรือประเทศที่อนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมมันสำปะหลังที่สำคัญ ได้แก่ ศูนย์เกษตรเขตร้อนนานาชาติ (Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT) ที่ตั้งอยู่ในประเทศโคลอมเบีย สถาบันเกษตรเขตร้อนนานาชาติ (International Institute of Tropical Agriculture, IITA) ที่ตั้งอยู่ในประเทศไนจีเรีย นอกจากนั้นโครงการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังของประเทศบราซิล อินเดีย ไทย และ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

อินโดนีเซีย ซึ่งเก็บรวบรวมเชื้อพันธุกรรมไว้จำนวน 8,850 2,850 12,000 1,633 867 และ 259 พันธุ์ ตามลำดับ

สำหรับเชื้อพันธุกรรมมันสำปะหลังของประเทศไทยที่มีอยู่เดิม จำนวน 266 พันธุ์ ได้มาจากการรวบรวมพันธุ์พื้นเมืองในประเทศไทย นำเข้าจากหมู่เกาะ Virgin Island อินโดนีเซีย ศูนย์เกษตรเขตร้อนนานาชาติ และได้จากลูกผสมที่เกิดในประเทศไทย ส่วนที่ได้รับมาใหม่จากศูนย์เกษตรเขตร้อนนานาชาติ ประเทศโคลอมเบีย ในปี 2546 จำนวน 601 สายพันธุ์ เป็นพันธุ์ที่รวบรวมมาจาก 22 ประเทศทั่วโลก ทั้งในทวีปอเมริกาใต้ อเมริกาเหนือ แอฟริกา และเอเชีย เพื่อจัดตั้งเป็นธนาคารเชื้อพันธุ์มันสำปะหลังสำหรับภูมิภาคนี้ จากการประเมินลักษณะที่สำคัญของเชื้อพันธุกรรมมันสำปะหลังที่อยู่ในประเทศไทย จำนวน 266 พันธุ์ พบว่า มีศักยภาพในการให้ผลผลิตหัวสดสูงสุด 12 ตันต่อไร่ ปริมาณแป้งในหัวสด 35 เปอร์เซ็นต์ มวลชีวภาพ 25 ตันต่อไร่ โปรตีนในหัว 7 เปอร์เซ็นต์ ปริมาณโปรตีนในใบ 30 เปอร์เซ็นต์ ปริมาณ amylose สูงสุด 31 เปอร์เซ็นต์ ปริมาณ amylopectin สูงสุด 91 เปอร์เซ็นต์ และขนาดเม็ดแป้งเล็กที่สุด เท่ากับ 8 ไมโครเมตร (โอภาษ, 2551)

3.1.2 การผสมพันธุ์และคัดเลือกพันธุ์

การผสมพันธุ์สามารถทำได้ทั้งวิธีการปล่อยให้ผสมข้ามตามธรรมชาติ (open pollination) เมล็ดที่ได้จะทราบเฉพาะพันธุ์แม่เท่านั้น และการผสมพันธุ์โดยวิธีการคัดเลือกพ่อแม่ (controlled pollination) ซึ่งจะทราบประวัติทั้งพันธุ์พ่อและแม่ (พีระศักดิ์ และ เจริญศักดิ์, 2529)

Kawano *et al*. (1978) ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมเพื่อหาค่าความดีเด่นของลูกผสม (heterosis) ที่ได้จากการผสมข้ามโดยวิธีการคัดเลือกพ่อแม่ และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression) ในลักษณะที่สำคัญที่ได้จากการผสมตัวเอง พบว่า ลักษณะผลผลิตหัวสด (fresh root yield) ผลผลิตพืชทั้งต้น (total biomass) ความสูงต้น (plant height) และค่าดัชนีเก็บเกี่ยว (harvest index) ของลูกที่ได้จากการผสมข้ามโดยวิธีการคัดเลือกพ่อแม่มีการกระจายตัวสูง โดยพบว่า ทุกลักษณะมีการกระจายตัวตั้งแต่ด้อยกว่าจนถึงดีเด่นกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ในขณะที่การผสมตัวเองมีผลทำให้เกิดความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ไปในทางที่ด้อยลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ดังนั้นจึงแนะนำให้ใช้วิธีการผสมข้ามโดยการเลือกพ่อแม่ให้ได้จำนวนเมล็ดต่อคู่ผสมมากที่สุด เพื่อเพิ่มโอกาสที่จะได้พันธุ์ที่มีลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่มากยิ่งขึ้น

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

นอกจากนั้นได้ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม (heritability) ของลักษณะทางการเกษตร 3 ลักษณะที่สำคัญในมันสำปะหลัง ได้แก่ ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว ผลผลิตหัวสด และปริมาณหัวแห้ง (root dry matter content) พบว่า มีอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.68 0.40 และ 0.62 ตามลำดับ (Kawano *et al*., 1987) สอดคล้องกับงานวิจัยของ CIAT (1974, 1975) ที่รายงานว่า ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว ผลผลิตหัวสด และปริมาณหัวแห้ง มีอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.68-0.72 0.08-0.40 และ 0.51-0.60 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่า ลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวและปริมาณหัวแห้ง สามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ดีกว่าลักษณะผลผลิตหัวสด เช่นเดียวกับ Narintaraporn (1990) ศึกษาความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะบางประการของมันสำปะหลังในประเทศไทย พบว่า ค่าดัชนีเก็บเกี่ยวสามารถถ่ายทอดลักษณะได้สูงสุด รองลงมาคือ ปริมาณหัวแห้ง และผลผลิตหัวสด ตามลำดับ

Ceballos *et al*. (2004) เสนอความเห็นว่า การคัดเลือกพันธุ์เป็นขั้นตอนที่สำคัญอย่างยิ่งในการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง เนื่องจากในการคัดเลือกพันธุ์ปีแรกๆ จะมีสายพันธุ์เข้าทดสอบเป็นจำนวนมาก และท่อนพันธุ์ยังมีปริมาณน้อยเนื่องจากมีอัตราการขยายพันธุ์ต่ำ ปัจจัยจำกัดอีกประการหนึ่งที่ลดประสิทธิภาพการคัดเลือกและเปรียบเทียบพันธุ์คือ มีความแปรปรวนของคุณภาพท่อนพันธุ์ภายในต้นเดียวกัน โดยท่อนพันธุ์ที่ได้จากส่วนกลางของลำต้นมีคุณภาพสูงกว่าท่อนพันธุ์ที่ได้จากส่วนโคนและปลายของลำต้น ซึ่งเป็นปัจจัยทางสรีรวิทยาที่ไม่อาจหลีกเลี่ยงได้ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในขั้นตอนการคัดเลือกพันธุ์ปีแรกๆ ซึ่งยังมีปริมาณท่อนพันธุ์อย่างจำกัด จึงไม่สามารถปลูกเปรียบเทียบพันธุ์แบบมีซ้ำได้ ดังนั้นการหาดัชนีการคัดเลือกที่เหมาะสมจะเป็นประโยชน์ให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถนำมาใช้เป็นดัชนีการคัดเลือกพันธุ์ได้อย่างถูกต้องแม่นยำ

Ojulong *et al*. (2008) ศึกษาลักษณะที่เหมาะสมในการคัดเลือกพันธุ์ในขั้นตอน clonal evaluation trial โดยพิจารณาจากค่าอัตราพันธุกรรม พบว่า ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงสุดเรียงตามลำดับ ได้แก่ ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว โรค cassava frogskin disease ผลผลิตหัวแห้ง ผลผลิตหัวสด น้ำหนักหัวเฉลี่ย จำนวนหัวที่สะสมอาหาร และจำนวนรากต่อต้น มีค่าเท่ากับ 0.80 0.79 0.75 0.73 0.61 0.60 และ 0.43 ตาม ลำดับ ชี้ให้เห็นว่า ลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยว ผลผลิตหัวแห้ง และน้ำหนักหัวเฉลี่ย มีประสิทธิภาพสูงในการใช้คัดเลือกพันธุ์

Kawano *et al*. (1998) เสนอความเห็นว่า การคัดเลือกพันธุ์มันสำปะหลังเพื่อให้ได้พันธุ์ดีควรพิจารณาจากค่าพันธุกรรม ปฏิสัมพันธ์ และค่าความคลาดเคลื่อนของพารามิเตอร์ที่เกิดขึ้น และได้สรุปหลักการคัดเลือกพันธุ์ที่สำคัญไว้ 6 ประการ ดังนี้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

1) การคัดเลือกพันธุ์ในขั้นตอนต่างๆ โดยพิจารณาจากค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad-sence heritability) และค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะที่ปรากฏ (phenotypic) มีความผิดพลาดสูง

2) ค่า regression ของลักษณะระหว่างขั้นตอนการคัดเลือกพันธุ์เป็นข้อมูลที่มีความสำคัญ

3) การคัดเลือกพันธุ์ในขั้นตอนต้นๆ ควรคัดสายพันธุ์ที่แสดงลักษณะไม่ดี (inferior phenotype) ทิ้ง จะมีประสิทธิภาพสูงกว่าการคัดสายพันธุ์ที่แสดงลักษณะที่ดี (superior phenotype) ไว้

4) การคัดเลือกมันสำปะหลังที่ให้ปริมาณหัวแห้งสูงจะไม่กระทบกับลักษณะองค์ประกอบผลผลิตอื่นๆ มากนัก

5) ค่าดัชนีเก็บเกี่ยวมีอัตราพันธุกรรมสูงกว่าผลผลิตพืชทั้งต้นและผลผลิตหัวสด เมื่อวัดในขั้นตอนการคัดเลือกเดียวกัน

6) การคัดเลือกในขั้นตอน single row trial โดยพิจารณาจากค่าดัชนีเก็บเกี่ยว มีความสำคัญต่อการได้พันธุ์ที่มีผลผลิตสูง

3.2 ความก้าวหน้าของการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง

การปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังของโลกเริ่มดำเนินการอย่างจริงจังหลังจากที่ได้ก่อตั้งศูนย์เกษตรเขตร้อนนานาชาติ ประมาณปี ค.ศ. 1968 เป็นต้นมา และเริ่มงานปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังในปี ค.ศ. 1972 ในระยะเริ่มแรกโครงการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังได้รวบรวมเชื้อพันธุกรรมจากบริเวณถิ่นกำเนิด (center of origin) เพื่อใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ และมีการกระจายเชื้อพันธุกรรมให้กับโครงการปรับปรุงพันธุ์ทั้งในลาตินอเมริกา แอฟริกา และเอเชีย ผลจากการรวบรวมและพัฒนาเชื้อพันธุกรรมดังกล่าว ทำให้สามารถยกระดับผลผลิตหัวสดและหัวแห้งของประชากรมันสำปะหลังให้สูงขึ้นมากกว่า 100 และ 20 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (Kawano, 2003)

สำหรับประเทศไทย Kawano (2003) วิเคราะห์ว่า ความก้าวหน้าของการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังตลอดช่วงระยะเวลา 15 ปี นับตั้งแต่ปี พ. ศ. 2525 - 2540 สามารถยกระดับ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ผลผลิตหัวแห้งให้สูงขึ้น 50 เปอร์เซ็นต์ ทั้งนี้เป็นผลจากการปรับปรุงลักษณะผลผลิตหัวสด 30 เปอร์เซ็นต์ และปริมาณหัวแห้ง 15 เปอร์เซ็นต์ (1.30 x 1.15 = 1.50) โดยผลผลิตหัวสดที่เพิ่มขึ้น 30 เปอร์เซ็นต์นั้น เป็นผลจากการปรับปรุงค่าดัชนีเก็บเกี่ยวและผลผลิตพืชทั้งต้น ชี้ให้เห็นว่า การปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังจำเป็นต้องปรับปรุงทั้ง 3 ลักษณะไปพร้อมๆ กัน ได้แก่ ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว ผลผลิตพืชทั้งต้น และปริมาณแป้งในหัว

พินิจ (2551) ทดสอบมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยในท้องที่ต่างๆ ในเขตปลูกมันสำปะหลังที่สำคัญทั้งฤดูปลูกต้นฝนและปลายฝน พบว่า พันธุ์การค้าใหม่ๆ ให้ผลผลิตสูงกว่าพันธุ์ระยอง 1 ซึ่งเป็นพันธุ์พื้นเมืองที่เกษตรกรนิยมปลูกอย่างแพร่หลายในอดีต เนื่องจากผลิตผลที่ได้จากการสังเคราะห์แสงถูกนำมาสะสมในหัวมากกว่า ดังจะพบว่า มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวและปริมาณแป้งในหัวสูงกว่าพันธุ์ระยอง 1 โดยการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังที่ผ่านมาทำให้ผลผลิตหัวสด หัวแห้ง และปริมาณแป้งในหัวเพิ่มขึ้น 189.63 105.06 และ 97.88 กิโลกรัมต่อเฮกตาร์ต่อปี ตามลำดับ

สามารถกล่าวได้ว่า ผลผลิตมันสำปะหลังของไทยอยู่ในระดับแนวหน้าของโลกในปัจจุบัน โดยในอดีตผลผลิตเฉลี่ยของไทยในรอบ 30 ปี ตั้งแต่ พ.ศ. 2510-2540 อยู่ที่ไร่ละ 2.31 ตันต่อไร่ และใน 10 ปีหลัง ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2541-2551 ผลผลิตเฉลี่ยได้เพิ่มเป็น 3.66 ตันต่อไร่ ขณะที่ปีดังกล่าวผลผลิตเฉลี่ยทั่วโลกเพียง 1.70 ตันต่อไร่ เท่านั้น จากการวิเคราะห์พบว่า ผลผลิตมันสำปะหลังไทยที่เพิ่มขึ้นนี้ เกิดจากการใช้พันธุ์ดีประมาณ 50 เปอร์เซ็นต์ และอีก 50 เปอร์เซ็นต์ มาจากการใช้ปุ๋ยและการเขตกรรมที่ทันสมัย (Rojanaridpiched and Vichukit, 2008)

3.3 ปัญหาและข้อจำกัดของการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง

Ceballos *et al.* (2007a) เสนอความเห็นว่า วิธีการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังที่ใช้อยู่ในปัจจุบันเป็นไปอย่างล่าช้าและขาดประสิทธิภาพ เนื่องจากไม่มีขั้นตอนการผสมเลือดชิดเพื่อขจัดยีนด้อยที่ไม่ดี (deleterious genes) ออกจากประชากร ทำให้ต้นพืชไม่สามารถแสดงศักยภาพที่แท้จริงออกมา (Hedrick, 1983) และการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์หรือลูกผสมในประชากรที่มีการกระจายตัวพิจารณาจากลักษณะที่แสดงออกเท่านั้น ซึ่งค่า breeding value ของพันธุ์หนึ่งจะมีสหสัมพันธ์กับลักษณะที่แสดงออกต่ำ ทำให้ลักษณะที่แสดงออกบิดเบือนไป (Lamkey and Staub, 1998) สำหรับปัญหาที่สำคัญอื่นๆ ได้แก่

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

1) การผสมพันธุ์มันสำปะหลังติดเมล็ดยากโดยเฉลี่ยเพียง 0.6 เมล็ดต่อดอกเท่านั้น และต้องใช้เวลาประมาณ 16-18 เดือน นับตั้งแต่วันปลูกพ่อแม่พันธุ์เพื่อผสมพันธุ์จนถึงวันเก็บเกี่ยวเมล็ดสุกแก่

2) การย้ายยีนที่ควบคุมลักษณะที่ต้องการ (desirable traits) ซึ่งควบคุมด้วยยีนน้อยคู่ (single gene) จากพันธุ์หนึ่งสู่อีกพันธุ์หนึ่งทำได้ยาก แม้สามารถใช้วิธีการผสมกลับ (backcross) ได้ แต่ทำได้ช้าและยุ่งยากกว่าพืชชนิดอื่นเนื่องจากมันสำปะหลังมีสภาพพันธุกรรมเป็น heterozygous สูง

3) การอนุรักษ์หรือแลกเปลี่ยนเชื้อพันธุกรรมระหว่างโครงการปรับปรุงพันธุ์ทำได้ยากและมีต้นทุนสูง เสี่ยงต่อการติดโรคและแมลง

4) ขาดโอกาสที่จะตรวจพบลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนด้อยที่เป็นประโยชน์ (useful recessive traits) เช่น ลักษณะปริมาณไซยาไนด์ในหัวต่ำ และลักษณะคุณสมบัติแป้งต่างๆ ที่เคยตรวจพบในพืชชนิดอื่น แต่ไม่พบในมันสำปะหลังเนื่องจากไม่มีขั้นตอนการผสมเลือดชิด (Ceballos *et al.*, 2007a)

4. มันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยกับความสำคัญทางเศรษฐกิจ

หน่วยงานราชการที่ทำงานวิจัยด้านการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังมี 2 หน่วยงานหลัก คือ กรมวิชาการเกษตร โดยมีศูนย์วิจัยพืชไร่ระยองเป็นสถานีวิจัยหลัก และมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ โดยภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร จากอดีตถึงปัจจุบันเป็นระยะเวลามากกว่า 30 ปี สามารถปรับปรุงพันธุ์และกระจายพันธุ์ดีสู่เกษตรกรมากกว่า 10 พันธุ์ พันธุ์การค้าที่เป็นที่ยอมรับของเกษตรกรและมีความสำคัญทางเศรษฐกิจ มีดังต่อไปนี้

พันธุ์ที่ได้รับการปรับปรุงและรับรองพันธุ์โดยกรมวิชาการเกษตร ได้แก่

ระยอง 1 กรมวิชาการเกษตรได้คัดเลือกจากพันธุ์พื้นเมือง และตั้งชื่อพันธุ์อย่างเป็นทางการว่า “ระยอง 1” ในปี พ.ศ. 2518 ในสภาพที่เหมาะสมสามารถให้ผลผลิตปานกลางระดับ 3-5 ตันต่อไร่ ปริมาณแป้งอยู่ในระดับปานกลางประมาณ 18 เปอร์เซ็นต์ มีลักษณะเด่นคือ ลำต้นสูงใหญ่ แตกกิ่งน้อย ทำให้สะดวกในการเข้ากำจัดวัชพืช ความงอกดี ต้นพันธุ์เก็บรักษาไว้ได้นาน ทนทานต่อโรคและแมลง และสามารถปรับตัวได้ดีในทุกๆ เขตพื้นที่ปลูกมันสำปะหลังของประเทศไทย (พีระศักดิ์ และ เจริญศักดิ์, 2529)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ระยอง 3 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่าง MMex 55 กับ MVen 307 มีลักษณะเด่นคือ เปอร์เซ็นต์แป้งสูงกว่าพันธุ์ระยอง 1 ประมาณ 5 เปอร์เซ็นต์ ผลผลิตหัวสดใกล้เคียงกับพันธุ์ระยอง 1 ข้อจำกัดของพันธุ์นี้คือ ลำต้นมีขนาดเล็กและมีระดับการแตกกิ่งแรกต่ำ ทำให้มีอัตราการขยายพันธุ์ต่ำ หากปลูกในสภาพดินอุดมสมบูรณ์ต่ำทรงพุ่มจะเล็กคลุมวัชพืชได้ไม่ดี ตลอดจนให้ผลผลิตต่ำกว่าพันธุ์ระยอง 1 พันธุ์นี้จึงไม่เป็นที่นิยมปลูก แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2526 (พีระศักดิ์ และ เจริญศักดิ์, 2529)

ระยอง 60 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่าง MCol 1684 กับ ระยอง 1 มีลักษณะเด่นคือ ให้ผลผลิตสูงเมื่อเก็บเกี่ยวที่อายุ 8-10 เดือน ปริมาณแป้งในหัวปานกลาง ต้นพันธุ์แข็งแรง ปลูกได้ดีทั้งต้นและปลายฤดูฝน ข้อจำกัดของพันธุ์นี้คือ ปริมาณแป้งในหัวไม่สูงและเนื้อแป้งมีสีครีมไม่เป็นที่ต้องการของโรงงานแป้ง แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2530 (โสภณ, 2530)

ระยอง 90 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ CMC 76 กับ V 43 มีลักษณะเด่นคือ ผลผลิตและปริมาณแป้งในหัวสูง หัวป้อมสั้นเก็บเกี่ยวง่าย ข้อจำกัดของพันธุ์นี้คือ มีทรงต้นโค้งทำให้ไม่สะดวกต่อการเข้าจัดการแปลง และมีอายุการเก็บรักษาท่อนพันธุ์สั้น จึงควรรีบปลูกให้เร็วที่สุดหรือภายใน 2 สัปดาห์หลังเก็บเกี่ยว แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2534 (โสภณ, 2537)

ระยอง 5 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์ 27-77-10 กับ ระยอง 3 ลักษณะเด่นของพันธุ์นี้คือ ให้ผลผลิตหัวสดและปริมาณแป้งสูง ท่อนพันธุ์งอกดี หัวป้อมสั้นเก็บเกี่ยวง่าย ตอบสนองต่อปุ๋ยและสภาพความอุดมสมบูรณ์ของดินสูง สามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้อย่างกว้างขวาง แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2537 (ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง, 2537)

ระยอง 72 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ระยอง 1 กับ ระยอง 5 มีลักษณะเด่นคือ ให้ผลผลิตหัวสดสูง ลำต้นสูงใหญ่ คลุมวัชพืชได้ดี ทรงต้นสวย ท่อนพันธุ์งอกดี ข้อจำกัดคือ มีปริมาณแป้งในหัวปานกลาง ไม่เหมาะสำหรับการทำมันเส้น แต่ไม่มีปัญหาสำหรับโรงงานแป้ง เหมาะสำหรับพื้นที่ดินร่วนปนทรายในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ เก็บเกี่ยวในฤดูแล้งอายุไม่เกิน 1 ปี และเกษตรกรควรมีตลาดที่แน่นอน แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2542 (ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง, 2542)

ระยอง 7 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์ CMR 30-71-25 กับ OMR 29-20-118 มีลักษณะเด่นคือ ให้ผลผลิตและปริมาณแป้งสูง ข้อจำกัดคือ หากปลูกในพื้นที่ดินอุดมสมบูรณ์ต่ำและเกิดสภาวะแล้งยาวนาน หลังจากได้รับน้ำฝนอีกครั้งจะเกิดการแตกใบใหม่ (regrowth) ตาม

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ลำต้น ทำให้เปอร์เซ็นต์ความงอกและความแข็งแรงของท่อนพันธุ์ลดลง จึงแนะนำให้ปลูกและเก็บเกี่ยวในฤดูปลายฝน แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2548 (ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง, 2548ก)

ระยอง 9 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์ CMR 31-19-23 กับ OMR 29-20-118 มีลักษณะเด่นคือ ให้ผลผลิตแป้ง มันแห้ง และเอทานอลสูง จึงเป็นพันธุ์ที่แนะนำให้ปลูกเพื่อส่งโรงงานแป้งมัน มันเส้น และเอทานอล ข้อควรระวังคือ สะสมน้ำหนักแห้งช้า ถ้าเก็บเกี่ยวเร็วจะทำให้ผลผลิตต่ำ จึงแนะนำให้เก็บเกี่ยวที่อายุ 1 ปีขึ้นไป แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2548 (ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง, 2548ข)

พันธุ์ที่ได้รับการปรับปรุงและรับรองพันธุ์โดยมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ได้แก่

เกษตรศาสตร์ 50 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ระยอง 1 กับ ระยอง 90 ลักษณะเด่นของพันธุ์นี้คือ ผลผลิตและปริมาณแป้งสูง ท่อนพันธุ์แข็งแรง ความงอกดี ลำต้นสูงใหญ่ คลุมวัชพืชได้ดี หัวดกออกเป็นกลุ่มสะดวกต่อการขุดเก็บเกี่ยว ทนทานต่อโรคและแมลง สามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้อย่างกว้างขวาง แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2535 (เจริญศักดิ์ และคณะ, 2535)

ห้วยบง 60 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับเกษตรศาสตร์ 50 ลักษณะเด่นคือ ผลผลิตหัวสดสูงกว่าพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50 ประมาณ 7 เปอร์เซ็นต์ ปริมาณแป้งสูงกว่าพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50 เล็กน้อย ท่อนพันธุ์งอกดี ลำต้นสูงใหญ่ คลุมวัชพืชได้ดี ปลูกได้ทั่วเขตปลูกมันสำปะหลัง สกัดเป็นแป้งจากหัวมันสดได้มาก แป้งมีสีขาวและมีความหนืดสูงเหมาะสมกับอุตสาหกรรมแป้งและอุตสาหกรรมต่อเนื่อง แนะนำพันธุ์ในปี พ.ศ. 2546 (วิจารณ์ และคณะ, 2547)

ห้วยบง 80 ได้จากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ เกษตรศาสตร์ 50 เช่นเดียวกับพันธุ์ห้วยบง 60 ลักษณะเด่นคือ ปริมาณแป้งในหัวสูงกว่าพันธุ์ห้วยบง 60 ประมาณ 2 เปอร์เซ็นต์ ผลผลิตหัวสดใกล้เคียงกับพันธุ์ห้วยบง 60 หัวป้อมสั้นขุดเก็บเกี่ยวง่าย ทรงต้นสวย แตกกิ่งน้อย ท่อนพันธุ์แข็งแรง ความงอกดี ตอบสนองต่อปุ๋ยและสภาพความอุดมสมบูรณ์ของดินสูง จึงเหมาะสำหรับเกษตรกรก้าวหน้า (วิจารณ์ และคณะ, 2554)

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร (2553ข) รายงานว่า ในปี 2553 เกษตรกรนิยมปลูกพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50 มากสุด คิดเป็นร้อยละ 53.16 ของพื้นที่ปลูกทั้งประเทศ รองลงมาคือ พันธุ์ระยอง 5 และระยอง 90 คิดเป็นร้อยละ 22.92 และ 9.31 ของพื้นที่ปลูกทั้งประเทศ ตามลำดับ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ส่วนพันธุ์ระยอง 1 ซึ่งเคยมีพื้นที่ปลูกติดต่อกันเพียงพันธุ์เดียวถึง 7.726 ล้านไร่ในปี 2525 (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2526) และเป็นพันธุ์ที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจสูงในขณะนั้น ปัจจุบันมีพื้นที่ปลูกน้อยกว่า 1 เปอร์เซ็นต์ สำหรับพันธุ์ใหม่จำนวน 4 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ห้วยบง 60 ระยอง 7 ระยอง 9 และห้วยบง 80 ที่แนะนำให้เกษตรกรปลูกตั้งแต่ปี 2546 เป็นต้นมา ยังไม่สามารถประเมินความพึงพอใจ และการตอบรับของเกษตรกรได้ เนื่องจากการกระจายพันธุ์ยังไม่ทั่วถึงเกษตรกร จำเป็นต้องใช้เวลาระยะหนึ่งเพื่อทราบการตอบรับต่อพันธุ์ใหม่ของเกษตรกร

5. การผสมเลือดชิด

การผสมเลือดชิด (inbreeding) เป็นการผสมพันธุ์พืชหรือสัตว์ที่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม เช่น การผสมตัวเอง (selfing) การผสมระหว่างพี่น้อง (sib mating) หรือการผสมระหว่างเครือญาติที่มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมระดับต่างๆ มีผลทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีนเพียงเล็กน้อยแต่มีผลอย่างมากในการเพิ่มความถี่ของ homozygote ดังนั้นในประชากรที่มีการผสมเลือดชิดจะพบลักษณะด้อยเกิดขึ้นในความถี่ที่สูงกว่าประชากรที่มีการผสมพันธุ์โดยสุ่ม (Falconer, 1960)

5.1 การวัดค่าการผสมเลือดชิด

การผสมเลือดชิดจะมากหรือน้อยสามารถวัดได้โดยค่าที่เรียกว่า Coefficient of inbreeding โดยมีสัญลักษณ์คือ *F* ซึ่งหมายถึง ค่าความเป็นไปได้ที่ยีน 2 alleles ที่ตำแหน่งต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิตจะมีการจำลอง (replication) ตัวเองมาจากยีนตัวเดียวกันในชั่วก่อน (identical by descent) เป็นการวัดความสัมพันธ์ของพ่อแม่ที่มีต่อรุ่นลูก ถ้าประชากรของพืชมีขนาดใหญ่ และมีการผสมพันธุ์แบบสุ่มจะมีค่า $F = 0$ ในกรณีพืชผสมตัวเองซึ่งเป็นสายพันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) เช่น ข้าว ถั่วเหลือง และถั่วเขียว หรือสายพันธุ์แท้ของพืชผสมข้าม (inbred line) เช่น ข้าวโพด จะมีค่า $F = 1$ แต่ในลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) จะมีค่า $F = 0$

นอกจากนี้ในการคำนวณหาค่า Coefficient of inbreeding ของพืช diploid ที่เกิดจากการผสมพันธุ์วิธีต่างๆ สามารถคำนวณได้ดังนี้ (Fehr, 1993)

การผสมตัวเอง (self-pollination) คำนวณจาก

$$F = \frac{1}{2}(1 + F')$$

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

การผสมพันธุ์แบบ full-sib คำนวณจาก

$$F = \frac{1}{4}(1 + 2F' + F'')$$

การผสมพันธุ์แบบ half-sib คำนวณจาก

$$F = \frac{1}{8}(1 + 6F' + F'')$$

การผสมพันธุ์แบบผสมกลับ (backcrossing) ที่เป็น inbred $(F = 1)$ คำนวณจาก

$$F = \frac{1}{2}(1 + F')$$

การผสมพันธุ์แบบผสมกลับ (backcrossing) ที่ไม่เป็น inbred $(F = 0)$ คำนวณจาก

$$F = \frac{1}{4}(1 + 2F')$$

เมื่อ $F =$ สัมประสิทธิ์ของการผสมเลือดชิด, $F' =$ สัมประสิทธิ์ของการผสมเลือดชิดก่อน 1 ชั่ว และ $F'' =$ สัมประสิทธิ์ของการผสมเลือดชิดก่อน 2 ชั่ว

5.2 ผลของการผสมเลือดชิด

การผสมเลือดชิดเป็นกระบวนการที่นำไปสู่การเพิ่มคู่ของยีนที่เหมือนกัน (homozygosity) โดยเฉพาะอย่างยิ่งในพืชผสมข้ามตามธรรมชาติ ถ้าต้องการสร้างสายพันธุ์แท้ (inbred line) วิธีการผสมตัวเองเป็นวิธีที่ทำให้พืชอยู่ในสภาพ homozygous เร็วที่สุด ถ้าเป็นพืชผสมตัวเองไม่ติด (self incompatibility) อาจใช้วิธีผสมระหว่างพี่น้อง (sib mating) ซึ่งการผสมตัวเอง 1 ครั้ง จะเท่ากับการผสมระหว่างลูกที่มีแม่และพ่อร่วมกัน (full sib) 3 ครั้ง และเท่ากับการผสมระหว่างลูกที่มีแม่หรือพ่อข้างใดข้างหนึ่งร่วมกัน (half sib) 6 ครั้ง ผลของการผสมเลือดชิด (inbreeding) มีสาระสำคัญสรุปได้ดังต่อไปนี้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

1) สูญเสียสภาพ heterozygous หรือเพิ่ม homozygous ทำให้ลักษณะทางคุณภาพทั้งที่ดี และไม่ดีแสดงออกมา เช่น การขาดคลอโรฟิลล์ที่ใบ หรือลักษณะความต้านทานต่อโรคและแมลงเปลี่ยนแปลงไป เป็นต้น

2) ลดความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในสายพันธุ์ ทำให้ได้สายพันธุ์ที่มีลักษณะต่างๆ สม่ำเสมอขึ้น แต่เพิ่มความแปรปรวนระหว่างสายพันธุ์

3) ลดค่าเฉลี่ย phenotype ในลักษณะต่างๆ เช่น ความแข็งแรงของพืช ผลผลิต และลักษณะอื่นๆ ปรากฏการณ์ดังกล่าว เรียกว่า inbreeding depression

การผสมเลือดชิดที่เกิดขึ้นในประชากร ถ้าไม่มีการคัดเลือกจะไม่มีการเปลี่ยนแปลงความถี่ยีน การเปลี่ยนแปลงค่าเฉลี่ยของประชากร (population mean) เกิดจากการเปลี่ยนแปลงความถี่ genotype ซึ่งการผสมเลือดชิดจะเพิ่มความถี่ของ homozygous genotype และลด heterozygous genotype การผสมตัวเองของพืช diploid จะลดระดับ heterozygosity ของยีนในตำแหน่งต่างๆ ในแต่ละชั่ว เมื่อผสมตัวเองไป 6-8 ชั่ว จะมีความสม่ำเสมอทางพันธุกรรมมากกว่า 99 เปอร์เซ็นต์ แต่หากมีลักษณะการผสมตัวเองไม่ติดเข้ามาเกี่ยวข้องด้วยแล้ว จะทำให้กระบวนการนี้ล่าช้าออกไป (เจริญศักดิ์, 2527; รังสฤษดิ์, 2539; ประดิษฐ์, 2550)

Hallauer and Miranda (1981) รวบรวมผลงานวิจัยด้านการผสมเลือดชิดและสรุปไว้ว่า พืชที่มีการผสมข้ามตามธรรมชาติจะมีการสะสมยีนด้อย (recessive genes) ไว้เป็นจำนวนมากในประชากร และยีนด้อยที่แฝงอยู่จะแสดงออกเมื่อเกิดการผสมระหว่างสายพันธุ์ที่ใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม มีผลให้เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression) ของลักษณะต่างๆ อย่างไรก็ตามในพืชผสมข้ามด้วยกันก็ยังแสดงผลของการเสื่อมถอยออกมาแตกต่างกัน เช่น ข้าวโพดเมื่อทำการผสมตัวเอง 1 ครั้ง จะเกิดความเสื่อมถอยของลักษณะผลผลิตโดยเฉลี่ยประมาณ 50 เปอร์เซ็นต์ ในถั่ว alfalfa ประมาณ 68 เปอร์เซ็นต์ เป็นต้น แต่ในพืชพวกสกุลแตง (cucurbits) ต่างๆ ไม่พบความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ ให้เห็น อาจเนื่องจากพืชสกุลแตงเป็นพืชสวนครัวที่ปลูกในแปลงเล็กๆ และปลูกกันมาเป็นเวลานาน ลักษณะที่ไม่ต้องการจึงถูกคัดทิ้งไปเหลือไว้แต่ลักษณะที่ต้องการ ทำให้พันธุกรรมของพืชนั้นมีความหลากหลายน้อยลงไปอย่างมาก พืชจึงมีความสมดุลทางพันธุกรรมในวงแคบๆ และปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมที่ปลูกเท่านั้น (กฤษฎา, 2546)

Hallauer and Sears (1973) สุ่มข้าวโพด 250 ต้นจากข้าวโพดพันธุ์ BSSS (Iowa Stiff Stalk Synthetic) แล้วผสมตัวเอง 7 ครั้ง ปรากฏว่า ลักษณะต่างๆ 9 ใน 10 ลักษณะ แสดง

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในระดับแตกต่างกัน โดยผลผลิตลดลงสูงสุดประมาณ 70 เปอร์เซ็นต์ของพืชเริ่มต้นก่อนการผสมตัวเอง และจะลดลงอย่างมากในช่วงการผสมตัวเอง 1-3 ครั้งแรก แล้วค่อยๆ ชะลอลงในการผสมตัวเองครั้งต่อๆ ไป สำหรับลักษณะอื่นๆ มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมไม่มากนักเมื่อเทียบกับผลผลิต โดยมีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ อยู่ระหว่าง 10-45 เปอร์เซ็นต์ เมื่อเทียบกับพืชเริ่มต้นก่อนการผสมตัวเอง

สำหรับพืชผสมข้ามอื่นๆ ที่น่าสนใจ เช่น ทานตะวัน (*Helianthus annuus* L.) ผลผลิตของ S_1 S_2 S_3 และ S_4 มีค่าเท่ากับ 64.4 52.8 48.6 และ 39.7 เปอร์เซ็นต์ เมื่อเทียบกับพันธุ์ผสมเปิดซึ่งใกล้เคียงกับข้าวโพด สำหรับหญ้าไข่มุก (*Pennisetum typhoides* Burm.) ซึ่งเป็นพืชผสมข้ามตามธรรมชาติ 70-80 เปอร์เซ็นต์ ผลผลิตของ inbred รุ่นต่างๆ เมื่อเทียบเป็นเปอร์เซ็นต์ของ S_0 เท่ากับ 74.4 (S_1) 59.8 (S_2) 64.1 (S_3) 70.8 (S_4) และ 64.5 (S_5) ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่า อัตราความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะผลผลิตในหญ้าไข่มุกต่ำกว่าข้าวโพด และหลังจาก S_2 ไปแล้วไม่เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะผลผลิตอีกเลย (Dewey *et al*., 1966)

6. ผลของการผสมเลือดชิดในมันสำปะหลัง

6.1 ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตร

Kawano *et al*. (1978) ทำการผสมตัวเองชั่วที่ 1 (S_1) ในมันสำปะหลัง 12 พันธุ์ พบว่า ลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ อย่างรุนแรงโดยมีผลทำให้ค่าเฉลี่ยของลักษณะผลผลิตหัวสด ผลผลิตพืชทั้งต้น ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว และความสูงต้น ลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่ร้อยละ 54 48 20 และ 19 ตามลำดับ โดยอิทธิพลของ inbreeding จะแตกต่างกันไปในพันธุ์ที่แตกต่าง นอกจากนั้นยังพบว่า มีลูกบางส่วนอ่อนแอจนไม่สามารถมีชีวิตอยู่ต่อไปได้

Rojas *et al*. (2009) ศึกษาค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญบางลักษณะในมันสำปะหลัง โดยทำการผสมตัวเองชั่วที่ 1 (S_1) ในมันสำปะหลัง 8 พันธุ์ แล้ววัดค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression, ID) ของลักษณะต่างๆ ของลูกเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ (S_0) พบว่า ลักษณะผลผลิตหัวสดลดลงมากสุดร้อยละ 63.9 รองลงมาคือ ลักษณะผลผลิตใบสด ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว ความสูงต้น และปริมาณแป้งในหัว ลดลงร้อยละ 37.9 26.5 10.1 และ 5.0 ตามลำดับ นอกจากนั้นยังพบว่า ความเสื่อมถอยทาง

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พันธุกรรมของลักษณะต่างๆ มีค่าแตกต่างกันไปในแต่ละพันธุ์ โดยมีความแปรปรวนเมื่อเทียบเป็นเปอร์เซ็นต์ของค่าเฉลี่ยพ่อแม่เป็นดังนี้ คือ ลักษณะผลผลิตหัวสด (50.6-77.8) ผลผลิตใบสด (16.4-56.5) ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว (16.6-38.5) ความสูงต้น (0.7-24.0) และปริมาณแป้งในหัว (0.3-8.7)

6.2 ลักษณะที่เป็นประโยชน์ซึ่งแสดงออกภายหลังการผสมเลือดชิด

นอกจากการผสมเลือดชิดจะทำให้เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ แล้ว ในขณะเดียวกัน การผสมเลือดชิดก็ทำให้ลักษณะที่เป็นประโยชน์บางลักษณะซึ่งถูกควบคุมโดยยีนด้อย (recessive genes) และไม่เคยตรวจพบมาก่อนแสดงออกมา สามารถนำไปใช้ประโยชน์ทางเศรษฐกิจได้ (Ceballos *et al.,* 2007a) ได้แก่ลักษณะดังต่อไปนี้

6.2.1 ลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch)

Amylose-free starch คือ แป้งที่มี amylopectin เพียงอย่างเดียว พบในธัญพืชเช่น ข้าว ข้าวโพด ข้าวฟ่าง ซึ่งเกิดจากการกลายพันธุ์ (mutation) เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีน waxy เมื่อย้อมสีแป้ง amylopectin ด้วยสารละลายไอโอดีนจะได้สีน้ำตาลแดง (brown-reddish) แตกต่างจากแป้งทั่วไปที่ให้สีน้ำเงินเข้ม (dark blue) (กล้าณรงค์ และ เกื้อกูล, 2550) การที่ไม่มีองค์ประกอบของ amylose อยู่เลย ทำให้มีคุณสมบัติที่ไม่เกิดการคืนตัวหรือคืนตัวเพียงเล็กน้อย มีความมันเงาสูง สามารถทำให้ชุ่มน้ำ (remoisten) ได้อย่างรวดเร็ว จึงมีการใช้ในอุตสาหกรรมกาวเพื่อผลิตเทปกาว ฉลากปิดขวด หรือสารเพิ่มความหนืดในกาว (Kenedy and Fisher, 1984) นอกจากนั้นยังใช้ในอุตสาหกรรมสิ่งทอ โดยใช้เคลือบผ้าในขั้นตอนสุดท้ายเพื่อให้เนื้อผ้ามีความเงางามและคงทน (Kirby, 1986)

ลักษณะ amylose-free starch ในมันสำปะหลังถูกตรวจพบในปี 2006 โดย Ceballos *et al*. (2007b) ทำการผสมตัวเองชั่วที่ 1 (S_1) ในมันสำปะหลัง 74 พันธุ์ ได้จำนวนเมล็ดมากกว่า 20,000 เมล็ด ในจำนวนนี้มีตระกูล AM 206 ซึ่งผสมตัวเองได้ 79 เมล็ด นำมาเพาะเป็นต้นกล้าแล้วย้ายลงแปลงได้จำนวนต้นที่อยู่รอด 17 ต้น เมื่อมันสำปะหลังมีอายุ 9 เดือน ทำการตรวจหาลักษณะ amylose-free starch โดยใช้สารละลายไอโอดีนทดสอบที่ส่วนของหัวและลำต้น พบว่า ต้น AM 206-5 แสดงลักษณะสีน้ำตาลแดง (brown-reddish) แตกต่างจากต้นอื่นๆ ที่ให้สีน้ำเงินเข้ม (blue-dark) และเพื่อเป็นการยืนยันว่าต้นดังกล่าวมีคุณสมบัติแป้งเป็นชนิดที่ไม่มีอะมิโลส จึงได้วิเคราะห์คุณสมบัติแป้งโดยเทคนิค SDS-PAGA เพื่อหา GBSS

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

enzyme ซึ่งเป็นเอนไซม์ที่สามารถสังเคราะห์แป้ง amylose เท่านั้น และไม่พบเอนไซม์ชนิดนี้ จึงยืนยันได้ว่าต้น AM 206-5 มีองค์ประกอบแป้งเป็น amylopectin เพียงอย่างเดียว โดยลักษณะดังกล่าวน่าจะถูกควบคุมด้วยยีน waxy (*wx*)

6.2.2 ลักษณะปริมาณอะมิโลสสูง (high-amylose starch)

แป้งมันสำปะหลังโดยทั่วไปมี amylose และ amylopectin เป็นองค์ประกอบในสัดส่วนที่แตกต่างกันขึ้นอยู่กับพันธุกรรม อายุ และสภาพการเพาะปลูก (กล้าณรงค์ และ เกื้อกูล, 2550) เป็นผลให้คุณสมบัติแป้งแตกต่างกันไปด้วย (Oates, 1997) จากการศึกษาองค์ประกอบแป้ง พบว่า มีปริมาณ amylose ในสัดส่วนที่แตกต่างกันไป คือ 17.9-23.6 เปอร์เซ็นต์ (Defloor *et al*., 1998) 18-25 เปอร์เซ็นต์ (Moorthy, 2004) หรือ 13.6-23.8 เปอร์เซ็นต์ (Rickard *et al*., 1991)

Ceballos *et al.* (2008) นำเมล็ดมันสำปะหลัง M_0 มาฉายด้วยรังสีแกมมาจนได้เมล็ด M_1 จากนั้นนำเมล็ด M_1 ไปเพาะเป็นต้นกล้าแล้วย้ายปลูกในสภาพแปลง เมื่อมันสำปะหลังออกดอก ทำการผสมตัวเอง 1 ครั้งจนได้เมล็ด M_2 จากนั้นนำเมล็ด M_2 ที่ได้ไปเพาะเป็นต้นกล้าแล้วย้ายปลูกในแปลง เมื่อขุดเก็บเกี่ยวนำหัวมันสำปะหลังมาตรวจสอบหาปริมาณ amylose ในแป้ง โดยใช้เทคนิค Colorimetric Amylose Determination พบว่า มีปริมาณ amylose ในสัดส่วนระหว่าง 28.49-36.23 เปอร์เซ็นต์ เมื่อเปรียบเทียบกับพันธุ์มันสำปะหลังทั่วไปที่มีในสัดส่วนระหว่าง 20.67-22.60 เปอร์เซ็นต์

6.2.3 ลักษณะเม็ดแป้งขนาดเล็ก (small-granule starch)

แป้งที่พบในธรรมชาติจะอยู่ในรูปเม็ดแป้ง (granule) เมื่อตรวจดูลักษณะของเม็ดแป้งชนิดต่างๆ ด้วยกล้องจุลทรรศน์ธรรมดาและอิเลคตรอน พบว่า เม็ดแป้งมีขนาดและรูปร่างแตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับแหล่งที่มาของแป้งนั้นๆ สำหรับเม็ดแป้งมันสำปะหลัง โดยทั่วไปมีรูปร่างกลมคล้ายไข่ที่มีรอยตัด มีขนาดปานกลางประมาณ 5-35 ไมครอน หรือมีขนาดโดยเฉลี่ยประมาณ 15 ไมครอน (กล้าณรงค์ และ เกื้อกูล, 2550)

แต่จากผลงานวิจัยของ Ceballos *et al.* (2008) ซึ่งนำเมล็ดมันสำปะหลัง M_0 มาฉายด้วยรังสีแกมมาจนได้เมล็ด M_1 จากนั้นนำเมล็ด M_1 ไปเพาะเป็นต้นกล้าแล้วย้ายปลูกในสภาพแปลง เมื่อมันสำปะหลังออกดอกทำการผสมตัวเอง 1 ครั้งจนได้เมล็ด M_2 นำเมล็ด M_2 ที่ได้ไปเพาะเป็นต้นกล้าแล้วย้ายปลูกในแปลง เมื่อถึงระยะเก็บเกี่ยว นำหัวมันสำปะหลังมาตรวจ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สอบลักษณะของเม็ดแป้งด้วยกล้องจุลทรรศน์ธรรมดาและอิเลคตรอน พบว่า มีบางต้นในรุ่น M_2 ที่เม็ดแป้งมีขนาดและรูปร่างเปลี่ยนไป โดยพบต้น 5G160-13 มีเม็ดแป้งขนาดเล็กอยู่ระหว่าง 5.80±0.33 ไมครอน เมื่อเทียบกับพันธุ์การค้าที่มีขนาดเม็ดแป้งอยู่ระหว่าง 13.97±0.12 (MNGA 11) ถึง 18.73±0.10 (MCol 1505) ซึ่งลักษณะเม็ดแป้งขนาดเล็กนี้ น่าจะถูกควบคุมด้วยยีน *isa1* หรือ *isa2*

7. ความดีเด่นของลูกผสม

ความดีเด่นของลูกผสม (heterosis) หมายถึง ปรากฏการณ์ที่ประชากรรุ่นลูกมีการแสดงออกของลักษณะหนึ่งหรือหลายลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่ หรือการที่พืชอยู่ในสภาพ heterozygous แล้วแสดงลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่ เนื่องจากยีนที่อยู่ในสภาพ heterozygous สนับสนุนซึ่งกันและกันหรือกระตุ้นกระบวนการทำงานของเซลล์ (กฤษฎา, 2551)

7.1 สมมุติฐานความดีเด่นของลูกผสม

สมมุติฐานที่เกี่ยวข้องซึ่งใช้อธิบายปรากฏการณ์ heterosis มี 3 ทฤษฎี สรุปได้ดังนี้

1) ทฤษฎีการข่ม (dominance theory) เสนอเป็นคนแรกโดย Davenpart (1908) ว่า ความดีเด่นของลูกผสมเป็นผลมาจากบทบาทการทำงาน (action) และปฏิกิริยาสัมพันธ์ (interaction) ของยีนเด่นที่เหมาะสม ซึ่งพืชผสมข้ามตามธรรมชาติมียีนด้อยที่ไม่ดีซ่อนอยู่จำนวนมาก แต่ถูกบดบังไว้ด้วยยีนเด่น ดังนั้นเมื่อผสมตัวเองหรือผสมระหว่างเครือญาติที่ใกล้ชิดกัน ทำให้ยีนด้อยที่เคยอยู่ในสภาพ heterozygous เปลี่ยนแปลงเข้าสู่สภาพ homozygous จึงสามารถแสดงออกได้เอง ทำให้เกิด inbreeding depression ขึ้น แต่การผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์ที่มีความสม่ำเสมอทางพันธุกรรมสูง เช่น สายพันธุ์แท้ (inbred line) สองสายพันธุ์ที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต่อกัน (non-related homozygous lines) ลูกผสมที่ได้จะมียีนทุกตำแหน่งเป็น heterozygous ยีนด้อยที่ไม่ดีจึงถูกข่มไว้ ทำให้ได้ลูกผสมที่ดี ซึ่งความดีเด่นของลูกผสมแต่ละคู่จึงขึ้นอยู่กับจำนวนของยีนเด่นที่ไปข่มยีนด้อยไม่ให้แสดงออกได้ ดังจะเห็นได้จากลูกผสมบางคู่ก็ไม่ได้มีอะไรดีเด่นไปกว่าพันธุ์พ่อแม่เดิม

แต่มีผู้คัดค้านทฤษฎีนี้โดยมีข้อโต้แย้งคือ ถ้าทฤษฎีการข่มถูกต้อง และเป็นจริงทั้งหมดแล้ว การปรับปรุงพันธุ์พืชให้มียีนข่มอยู่ในสภาพที่เป็น homozygous ในทุกตำแหน่ง ผลผลิตก็ควรจะสูงที่สุดและเท่าเทียมกับลูกชั่วที่ 1 (F_1) แต่ยังไม่มีผู้ใดหาได้ เนื่องจากโอกาสที่จะ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พบต้นที่เป็นสายพันธุ์แท้ 1 ต้น คือ 1 ใน 4^n เมื่อ n คือจำนวนของยีนที่ควบคุมลักษณะนั้นๆ และเหตุผลประการที่สอง คือ ลักษณะการกระจายตัวของลูกชั่วที่ 2 (F_2) ไม่ควรเป็นรูประฆังคว่ำ ควรจะบิดเบี้ยวไปด้านใดด้านหนึ่ง แต่ลักษณะการกระจายตัวของลูกชั่วที่ 2 เป็นรูประฆังคว่ำ ซึ่งเป็นลักษณะของยีนพวกไม่มีการข่ม (กฤษฎา, 2551)

2) ทฤษฎีการข่มเกิน (overdominance theory) ซึ่ง Shull และ East ต่างเสนอไว้ในปี ค.ศ.1908 โดยต่างชี้ว่า พืชที่เป็น heterozygous นั้น จะพบอิทธิพลของการข่มบางส่วน (partial dominance) ไปจนถึงการข่มอย่างสมบูรณ์ (complete dominance) เพราะลูกผสมในสภาพ heterozygous สามารถผลิตเอ็นไซม์ที่ควบคุมแต่ละลักษณะได้หลากหลายชนิด (isozyme) กว่าพวกที่อยู่ในสภาพ homozygous และความดีเด่นของลูกผสมจะเพิ่มขึ้นตามระดับ heterozygosity ที่สูงขึ้น ทฤษฎีนี้ได้รับการยอมรับและแสดงให้เห็นเด่นชัดในลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนเพียง 1 คู่ แต่ลักษณะทางปริมาณซึ่งควบคุมด้วยยีนหลายคู่ เช่น ผลผลิต ยังไม่มีหลักฐานบ่งชัดมากนัก (กฤษฎา, 2551; Allard, 1960)

3) ทฤษฎีการข่มของยีนต่างตำแหน่ง (epistasis theory) การข่มของยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) เป็นปฏิกิริยาของยีนที่ไม่ได้เป็นคู่กัน (non-allelic interaction) มีอิทธิพลเหนือกว่ายีนที่เป็นอิสระ เกิดขึ้นกับยีนตั้งแต่สองตำแหน่งขึ้นไป อิทธิพลของยีนต่างตำแหน่งนี้เกิดขึ้นได้ทั้งทางบวกและทางลบ ตัวอย่างทฤษฎีการข่มของยีนต่างตำแหน่ง เช่น ลูกผสม Triticale ที่เกิดจากการผสมข้ามระหว่าง ข้าวไรย์ และข้าวสาลี มีการเจริญเติบโตและผลผลิตดีกว่า อันเนื่องจากปฏิกิริยาของยีนที่อยู่บนโครโมโซมคนละชุด ปัจจุบันพบว่า การข่มของยีนต่างตำแหน่งไม่ค่อยมีความสำคัญมากนักเพราะไม่ค่อยมีผลต่อความแปรปรวนทางพันธุกรรม แต่มีความสำคัญในลูกผสมระหว่างสายพันธุ์แท้มากกว่าลูกผสมระหว่างพันธุ์ผสมเปิด (กฤษฎา, 2551; รังสฤษดิ์, 2539)

7.2 การวัดค่าความดีเด่นของลูกผสม

การวัดความดีเด่นของลูกผสมนิยมวัดเป็นเปอร์เซ็นต์ โดยคำนวณได้ 2 วิธี คือ

1) การวัดความดีเด่นของลูกผสมโดยใช้ความแตกต่างระหว่างลูกผสมกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ (mid-parent heterosis) คำนวณได้จากสูตร

$$\%Heterosis = \left[\frac{(F_1 - MP)}{MP} \right] \times 100$$

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

เมื่อ $F_1 =$ ค่าของลักษณะที่ทำการวัดในลูกผสม

$MP =$ ค่าเฉลี่ยลักษณะเดียวกันของพ่อและแม่ $\left[\frac{P_1 + P_2}{2}\right]$

2) การวัดความดีเด่นของลูกผสม โดยใช้ความแตกต่างระหว่างลูกผสมกับพ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด (higher-parent heterosis) มีสูตรคำนวณเป็น

$$\%Heterosis = \left[\frac{(F_1 - HP)}{HP}\right] \times 100$$

เมื่อ $F_1 =$ ค่าของลักษณะที่ทำการวัดในลูกผสม

$HP =$ ค่าเฉลี่ยลักษณะเดียวกันของพ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด

(สุทัศน์, 2552; Fehr, 1993)

8. ความดีเด่นของลูกผสมในมันสำปะหลัง

การศึกษาพื้นฐานพันธุกรรมและการถ่ายทอดลักษณะในมันสำปะหลัง เริ่มดำเนินการอย่างจริงจังโดยทีมนักวิจัยจากศูนย์เกษตรเขตร้อนนานาชาติ ทำการผสมพันธุ์มันสำปะหลังแบบพบกันหมด (diallel) โดยใช้พ่อแม่พันธุ์จำนวน 9-10 สายพันธุ์ แล้วผสมพันธุ์ให้ได้ลูกผสมไม่น้อยกว่า 30 สายพันธุ์ต่อคู่ผสม ปลูกศึกษาภายใต้สภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน 3 สถานที่ ในประเทศโคลอมเบีย ได้แก่ acid soil savanna subhumid และ midaltitude valley ทำการประเมินค่าทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้อง ได้แก่ GCA หรือค่า breeding value ซึ่งเป็นอิทธิพลของยีนผลบวก (additive) และ SCA ซึ่งเป็นอิทธิพลของยีนที่แสดงออกแบบข่ม (dominant) นอกจาก นั้นยังประเมินค่าอิทธิพลของยีนข่มข้ามตำแหน่ง (epistasis) อีกด้วย ผลการทดลองพบว่า ลักษณะผลผลิตหัวสดให้ค่าทั้ง GCA และ SCA แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99 เปอร์เซ็นต์ในทุกสถานที่ทดลอง ยกเว้นในแหล่ง acid soil savanna ซึ่งสภาพดินมีความอุดมสมบูรณ์สูง ให้ค่า SCA แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ แสดงให้เห็นว่า ไม่เพียงแต่อิทธิพลของยีนผลบวกเท่านั้นที่มีความสำคัญต่อการแสดงออกของลักษณะผลผลิตหัวสดในรุ่นลูก แต่องค์ประกอบที่สำคัญประการหนึ่งคือ อิทธิพลของยีนแบบข่มที่มีผลต่อค่าความดีเด่นของลูกผสม ดังนั้น การปรับปรุงพันธุ์โดยการพัฒนาสายพันธุ์แท้ (inbred line) และทำลูกผสม (hybrid) ในมันสำปะหลังมีโอกาสได้ลูกที่มีผลผลิตสูงกว่าวิธีการที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน (Cach *et al*., 2006; Jaramillo *et al*., 2005; Perez *et al*., 2005)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Easwari Amma and Sheela (1993) ศึกษา heterosis ในมันสำปะหลังโดยผสมพันธุ์แบบพบกันหมด (diallel) ในมันสำปะหลัง inbred line ที่ผสมตัวเองมาแล้ว 5 ชั่ว (S_5) จำนวน 6 สายพันธุ์ (lines) แล้ววัดค่าลักษณะต่างๆ เทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ พบว่า ลักษณะผลผลิตหัวสดของลูกผสม (hybrid) จำนวน 28 คู่ผสมจากทั้งหมด 30 คู่ผสม ให้ค่าสูงกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ที่ดีที่สุดอยู่ระหว่าง 6.3-100 เปอร์เซ็นต์ โดยลูกผสมระหว่าง P3 x P5 ให้ค่าสูงกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ (mid parent) และค่าเฉลี่ยพ่อแม่ที่ดีที่สุด (better parental) เท่ากับ 136 และ 79 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ และสูงกว่าพันธุ์ Sree Visakham ซึ่งเป็นมันสำปะหลังพันธุ์ปกติ 27 เปอร์เซ็นต์ ลักษณะองค์ประกอบผลผลิต ได้แก่ จำนวนหัวต่อกอ ความยาวหัวเฉลี่ย เส้นผ่าศูนย์กลางหัวเฉลี่ย และน้ำหนักหัวเฉลี่ย ให้ค่า heterosis ไปในทิศทางบวก นอกจากนั้นพบว่า ทุกคู่ผสมให้ค่าของลักษณะผลผลิตพืชทั้งต้นและปริมาณหัวแห้งสูงกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ในขณะที่ปริมาณไซยาไนด์ในหัวกลับให้ค่า heterosis ในทางลบ แสดงให้เห็นว่าความดีเด่นของลูกผสมต่อลักษณะผลผลิต องค์ประกอบผลผลิต และคุณภาพหัว เป็นผลจากการผสมระหว่าง inbred lines 2 สายพันธุ์

9. การพัฒนาสายพันธุ์แท้และสร้างลูกผสมในมันสำปะหลัง

การพัฒนาสายพันธุ์แท้ (inbred line) ในพืชผสมข้ามโดยทั่วไป ทำได้โดยการผสมตัวเองแล้วคัดเลือกต้นที่แข็งแรงและมีลักษณะต่างๆ ที่ดีไปประมาณ 7-8 ชั่ว จนได้สายพันธุ์ที่มีความสม่ำเสมอทางพันธุกรรมและมียีนตำแหน่งต่างๆ อยู่ในสภาพ homozygous เป็นส่วนใหญ่ เมื่อนำไปผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์แท้ด้วยกันจะได้พันธุ์ลูกผสม (hybrid) (เจริญศักดิ์, 2527)

สำหรับในมันสำปะหลัง การผสมตัวเองมีอุปสรรคหลายประการ เช่น การผสมพันธุ์มีอัตราการติดเมล็ดต่ำ และใช้เวลาในการคัดเลือกแต่ละรอบยาวนาน ซึ่งประเมินว่าต้องใช้เวลาไม่น้อยกว่า 9 ปี นับตั้งแต่เริ่มขั้นตอนการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์จนกระทั่งได้สายพันธุ์แท้ ดังนั้นการใช้เทคนิค double haploid ในมันสำปะหลังอาจช่วยลดระยะเวลาในการพัฒนาสายพันธุ์แท้ให้เหลือเพียง 3 ปีได้ โดยในพืชหลายชนิดมีการนำเทคนิคการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อมาช่วยในการเพาะเลี้ยงเซลล์สืบพันธุ์ เช่น การเพาะเลี้ยงอับละอองเกสร (anther culture) ซึ่งจะได้เนื้อเยื่อที่เป็น haploid (n) จากนั้นจึง double chromosome โดยใช้สารเคมี เพื่อชักนำให้ได้ต้นพืชที่เป็น double haploid (2n) ซึ่งมีพันธุกรรมเป็น homozygous สามารถนำไปผลิตเป็นลูกผสมได้ โดย Ceballos *et al.* (2007a) ได้นำเสนอกระบวนการพัฒนาสายพันธุ์แท้และสร้างลูกผสมในมันสำปะหลัง สามารถแบ่งเป็น 5 ขั้นตอน ได้แก่

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

1) การสร้างสายพันธุ์ double haploid

2) การคัดเลือกต้นหรือสายพันธุ์ double haploid ที่ดี

3) การสร้างพันธุ์ลูกผสม (hybrid) จากต้นหรือสายพันธุ์ double haploid ที่คัดเลือกได้

4) การทดสอบลูกผสมที่ได้จากการผสมระหว่าง double haploid lines ที่ดี

5) การคัดเลือกแบบวงจร (recurrent selection) ในรอบต่อไป

การพัฒนาสายพันธุ์แท้ในมันสำปะหลังช่วยให้สามารถทดสอบหาคู่ผสมที่จับคู่กันแล้วให้ลูกผสมที่ดีที่สุด และลูกผสมที่ได้จากพ่อแม่ที่เป็นสายพันธุ์แท้ย่อมมีโอกาสให้ลักษณะที่ดีกว่าลูกผสมที่ได้จากพ่อแม่ที่ไม่ใช่สายพันธุ์แท้ เนื่องจากยีนด้อยที่ไม่ดีจำนวนมากถูกคัดทิ้งออกจากประชากรก่อนการผสมพันธุ์ ทำให้ปฏิกิริยาของยีนแบบข่มสามารถแสดงออกได้อย่างเต็มที่ การย้ายยีนที่ดีจากพันธุ์หนึ่งสู่อีกพันธุ์หนึ่งที่ยังขาดลักษณะนั้นอยู่ก็สามารถทำได้ง่ายยิ่งขึ้นโดยวิธีผสมกลับ (backcross) ตามปกติ เนื่องจากทั้งพ่อและแม่มีพันธุกรรมเป็น homozygous และเมื่อทดสอบพบคู่ผสมที่ให้ลูกผสมที่ดีที่สุดก็สามารถขยายพันธุ์ของสายพันธุ์ลูกผสมนั้นปลูกได้เลยจะขยายพันธุ์ปริมาณเท่าใดก็ไม่ทำให้พันธุกรรมเปลี่ยนแปลง เนื่องจากเป็นการขยายพันธุ์โดยไม่ใช้เพศ นอกจากนั้นกระบวนการเก็บรักษาพ่อแม่พันธุ์ที่เป็นสายพันธุ์แท้ยังสามารถทำได้ง่ายกว่าพืชผสมข้ามอื่นๆ ที่ขยายพันธุ์โดยส่วนใช้เพศ ยิ่งกว่านั้นในการแลกเปลี่ยนเชื้อพันธุกรรมพ่อแม่ที่เป็นสายพันธุ์แท้ของโครงการปรับปรุงพันธุ์ระหว่างประเทศก็สามารถทำได้ง่าย โดยสามารถแลกเปลี่ยนในรูปของเมล็ดได้เลย แล้วจึงนำสายพันธุ์แท้นั้นมาผสมพันธุ์กันใหม่เพื่อให้ได้สายพันธุ์ลูกผสมเดิมอีกครั้ง ก่อนจะขยายพันธุ์โดยส่วนลำต้นต่อไป ซึ่งการแลกเปลี่ยนหรือส่งพันธุ์ในรูปของเมล็ดระหว่างประเทศจะปลอดภัยและประหยัดค่าใช้จ่ายกว่าการส่งในรูปแบบอื่น (Ceballos *et al*., 2004)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

อุปกรณ์และวิธีการ

อุปกรณ์

1. พันธุ์มันสำปะหลัง

พันธุ์หรือสายพันธุ์มันสำปะหลังที่ใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์เพื่อการผสมพันธุ์สร้างลูกผสมแบบต่างๆ มีดังนี้

1.1 พันธุ์

1) ระยอง 1 (Rayong 1)
2) ระยอง 90 (Rayong 90)
3) ระยอง 5 (Rayong 5)
4) เกษตรศาสตร์ 50 (Kasetsart 50)
5) ห้วยบง 60 (Huay Bong 60)
6) ห้วยบง 80 (Huay Bong 80)

1.2 สายพันธุ์

1) CMR 35-22-196
2) MKUC 34-114-235
3) CM 1223-11

2. วัสดุและอุปกรณ์

2.1 อุปกรณ์ที่ใช้ผสมพันธุ์ ได้แก่ ถุงผ้าคลุมช่อดอกเพศเมียขนาด 10 x 15 เซนติเมตร ถุงผ้าคลุมผลขนาด 5 x 10 เซนติเมตร ถุงพลาสติกใส่ดอกเพศผู้ และป้ายกระดาษ (tag) สำหรับเขียนรายละเอียดคู่ผสม

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

2.2 สารเคมีทางการเกษตร ได้แก่

1) ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15
2) สารเคมีกำจัดวัชพืช ได้แก่ พาราขวัท และไกลโฟเสต
3) สารเคมีตรวจสอบชนิดแป้ง ได้แก่ สารละลายโพแทสเซียมไอโอไดน์ (KI)

2.3 อุปกรณ์เก็บและบันทึกข้อมูล ได้แก่ ไม้วัดความสูง เครื่องมือขุดหัวมันสำปะหลังชนิดใช้มือ ถุงตาข่ายใส่ตัวอย่าง เครื่องชั่งตั้งพื้นขนาด 3 และ 60 กิโลกรัม เครื่องชั่งสปริง เครื่องมือวัดเปอร์เซ็นต์แป้ง (Reiman scale) ป้ายกระดาษ (tag) และวัสดุอุปกรณ์บันทึกข้อมูล

วิธีการ

1. แผนการทดลอง

1.1 การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์

จัดกลุ่มพันธุ์หรือสายพันธุ์มันสำปะหลังสำหรับใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ โดยวิธีสืบพันธุประวัติ (pedigree) มันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย ซึ่งแสดงไว้ในภาพผนวกที่ ก1 จากนั้นจับคู่ผสมระหว่างพันธุ์เพื่อให้ได้ลูกที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ คือ 0 0.25 และ 0.50 (ตารางผนวกที่ ก1) โดยคำนวณค่า F ของลูกตามวิธีที่เสนอโดย Malecot (Malecot's Coefficient of Inbreeding and Parentage) ซึ่งวิธีการคำนวณค่า F ของคู่ผสมต่างๆ แสดงไว้ในภาพผนวก ก สามารถจับคู่ผสมที่ทำให้ได้ลูกมีค่า F แตกต่างกัน 3 ระดับ ดังนี้

กลุ่มที่ 1 การผสมระหว่างพันธุ์หรือสายพันธุ์ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม โดยลูกมีค่า F=0 ได้แก่

1) ระยอง 1 x ระยอง 5
2) เกษตรศาสตร์ 50 x ระยอง 5
3) ระยอง 90 x CMR 35-22-196
4) CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

กลุ่มที่ 2 การผสมระหว่างพันธุ์หรือสายพันธุ์ที่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม ได้ลูกที่มีค่า F=0.25 ได้แก่

1) ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50
2) ระยอง 5 x ห้วยบง 80
3) ห้วยบง 60 x ระยอง 5
4) ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80

กลุ่มที่ 3 การผสมตัวเองของพันธุ์หรือสายพันธุ์ต่างๆ ที่ไม่มีค่าการผสมเลือดชิด (F=0) ทำให้ได้ลูกผสมตัวเองชั่วที่ 1 (S_1) ที่มีค่า F=0.50 ได้แก่

1) ระยอง 1
2) ระยอง 90
3) ระยอง 5
4) เกษตรศาสตร์ 50
5) ห้วยบง 60
6) ห้วยบง 80
7) MKUC 34-114-235

1.2 การผสมพันธุ์และปลูกทดสอบลูกที่ได้จากการผสมพันธุ์

ผสมพันธุ์มันสำปะหลังตามที่ได้จัดกลุ่มไว้ข้างต้นให้ได้จำนวนเมล็ดมากกว่า 100 เมล็ดต่อคู่ผสม ณ สถาบันพัฒนามันสำปะหลัง ตำบลห้วยบง อำเภอด่านขุนทด จังหวัดนครราชสีมา เมื่อเก็บเกี่ยวเมล็ดสุกแก่แล้ว เก็บไว้ให้พันระยะพักตัวประมาณ 3 เดือน ก่อนจะเพาะเมล็ดที่สถานีวิจัยเขาหินซ้อน ตำบลเขาหินซ้อน อำเภอพนมสารคาม จังหวัดฉะเชิงเทรา การเพาะเมล็ดใช้ถุงพลาสติกขนาด 3 x 7 นิ้ว บรรจุดินผสมแล้ววางถุงเพาะชำไว้กลางแจ้ง ทำการหยอดเมล็ดอัตรา 1 เมล็ดต่อถุง จากนั้นรดน้ำอย่างสม่ำเสมอจนเมล็ดงอก บันทึกจำนวนเมล็ดต่อคู่ผสมและจำนวนต้นกล้าที่งอก เพื่อทราบความงอกในทุกคู่ผสม

1.3 การทดสอบคัดเลือกลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch)

ย้ายต้นกล้า (seedling) ที่งอกลงปลูกในแปลงคัดเลือกเมื่อต้นกล้ามีอายุประมาณ 1 เดือน ณ สถานีวิจัยเขาหินซ้อน ตำบลเขาหินซ้อน อำเภอพนมสารคาม จังหวัดฉะเชิงเทรา โดย

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ใช้ระยะปลูก 2 x 1 เมตร การย้ายปลูกดำเนินการทีละคู่ผสมต่อเนื่องจนครบจำนวนลูกผสมภายในคู่ผสมเดียวกัน แล้วจึงย้ายคู่ผสมอื่นๆ ปลูกต่อไป ตามลำดับ จนครบทุกคู่ผสม ในคู่ผสมเดียวกันจะปลูกพันธุ์ตรวจสอบซึ่งเป็นพันธุ์พ่อแม่ของคู่ผสมนั้นๆ คั่นทุกต้นที่ 5 และ 10 สลับกันไปจนครบจำนวน และกระทำเช่นเดียวกันนี้ในคู่ผสมอื่นๆ เมื่อมันสำปะหลังมีอายุประมาณ 10 เดือนจึงเก็บเกี่ยว โดยขุดเก็บข้อมูลแยกเป็นรายต้นจนครบทุกต้นในแต่ละคู่ผสม แล้วคัดเลือกต้นหรือสายพันธุ์ที่มีลักษณะ amylose-free starch โดยใช้สารละลายโพแทสเซียมไอโอไดด์ (KI) ฉีดพ่นที่ส่วนของหัว ดังภาพที่ 1

ภาพที่ 1 วิธีการตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในหัวมันสำปะหลัง ถ้าเป็นแป้งชนิดที่มีอะมิโลสจะติดสีน้ำเงินเข้ม (ก) และแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสจะติดสีน้ำตาลแดง (ข)

ที่มา: Ceballos *et al*. (2007b)

1.4 ศึกษาความแปรปรวนและประเมินค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตร

สุ่มต้นหรือสายพันธุ์ลูกผสมภายหลังขุดเก็บเกี่ยวจากข้อ 1.3 คู่ผสมละประมาณ 50 ต้น (สายพันธุ์) นำมาสับเป็นท่อนยาวประมาณ 20 เซนติเมตร ได้ท่อนพันธุ์ 9-10 ท่อนต่อต้น นำมาปลูก ณ สถานีวิจัยเขาหินซ้อน ตำบลเขาหินซ้อน อำเภอพนมสารคาม จังหวัดฉะเชิงเทรา โดยใช้แผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ภายในบล็อค (Randomized Complete Block Design, RCBD) จำนวน 3 ซ้ำๆ ละ 3 ท่อนปลูก และปลูกพันธุ์ตรวจสอบซึ่งเป็นพ่อแม่ของลูกผสมนั้นๆ ในทุกๆ แถวที่ 10 และ 20 สลับกันไปจนครบทุกต้น กระทำเช่นเดียวกันนี้ในคู่ผสมอื่นๆ จนครบทุกคู่ผสม ใช้ระยะปลูกมาตรฐาน 1 x 1 เมตร และเก็บเกี่ยวที่อายุ 11 เดือน เก็บข้อมูลความงอก ความสูงต้น น้ำหนักหัวสด น้ำหนักต้นและใบ ค่าดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

หัวแห้ง เพื่อศึกษาความแปรปรวนของลูกและประเมินค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่

2. การปลูกและดูแลรักษา

เตรียมดินในขณะที่ดินมีความชื้นพอเหมาะ ปลูกมันสำปะหลังด้วยท่อนพันธุ์ที่มีอายุประมาณ 10 เดือน ขนาดความยาว 20 เซนติเมตร ปลูกแบบปักตรงหลุมละต้น ใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 อัตรา 50 กิโลกรัมต่อไร่ เมื่อมันสำปะหลังมีอายุประมาณ 1 เดือนหลังปลูกโดยวิธีขุดหลุมใส่ข้างต้นแล้วกลบ กำจัดวัชพืชโดยใช้แรงงานคนถากหญ้าในช่วงที่มันสำปะหลังมีอายุน้อยกว่า 4 เดือน ประมาณ 2-3 ครั้ง หลังจากนั้นใช้สารเคมีกำจัดวัชพืชตามความจำเป็นจนถึงอายุเก็บเกี่ยว สำหรับการปลูกทดลองในปีที่ 1 ซึ่งเป็นการปลูกโดยใช้ต้นกล้าที่เพาะจากเมล็ด หลังจากย้ายต้นกล้าลงแปลงจะทำการให้น้ำโดยใช้บัวรดให้ชุ่มประมาณ 1 สัปดาห์ จนต้นกล้าตั้งตัวได้ จากนั้นจะปฏิบัติเช่นเดียวกับการปลูกโดยใช้ท่อนพันธุ์ทุกประการ

3. การเก็บข้อมูล

3.1 ความงอก (germination) ตรวจสอบความงอกเมื่อมันสำปะหลังมีอายุ 30 วันหลังปลูกของทุกสายพันธุ์ลูกผสมมีหน่วยเป็นเปอร์เซ็นต์

3.2 ความสูงต้น (plant height) วัดความสูงจากระดับพื้นดินขึ้นไปถึงยอดสูงสุดของทุกต้นภายในแต่ละแปลงย่อยแล้วหาค่าเฉลี่ยเป็นหน่วยความสูงต่อต้น

3.3 น้ำหนักหัวสด (fresh root weight) ชั่งน้ำหนักหัวสดรวมทุกต้นภายในแต่ละแปลงย่อยแล้วหาค่าเฉลี่ยเป็นหน่วยน้ำหนักต่อต้น

3.4 น้ำหนักต้นและใบ (stem and leave weight) โดยรวมน้ำหนักสดของต้น ใบ และเหง้าจากทุกต้นภายในแต่ละแปลงย่อยแล้วหาค่าเฉลี่ยเป็นหน่วยน้ำหนักต่อต้น

3.5 ดัชนีเก็บเกี่ยว (harvest index : HI) คำนวณได้จากอัตราส่วนระหว่างน้ำหนักหัวสดกับน้ำหนักพืชทั้งต้น ดังนี้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

$$H.I. = \frac{\text{น้ำหนักหัวสด}}{\text{น้ำหนักพืชทั้งต้น (น้ำหนักสดรวมของต้น ใบ เหง้า และหัว)}}$$

3.6 ปริมาณแป้งในหัว (root starch content) สุ่มเก็บหัวสดมันสำปะหลังจำนวน 5 กิโลกรัมต่อสายพันธุ์ นำมาสับเป็นชิ้นเล็กๆ แล้ววัดหาปริมาณแป้งโดยใช้เครื่องมือวัดเปอร์เซ็นต์แป้ง Reiman scale ค่าที่ได้มีหน่วยเป็นเปอร์เซ็นต์

3.7 ปริมาณหัวแห้ง (root dry matter content) สุ่มหัวสดมันสำปะหลังมาหั่นบางๆ แล้วชั่งน้ำหนักให้ได้ 500 กรัม ใส่ในถุงกระดาษอบให้แห้งแล้วชั่งน้ำหนักหลังอบ คำนวณหาปริมาณหัวแห้งเป็นเปอร์เซ็นต์เทียบกับน้ำหนักก่อนอบ

เนื่องจากการทดลองมีตัวอย่างที่ต้องเก็บข้อมูลจำนวนมาก การหาปริมาณหัวแห้งโดยตรงตามวิธีการข้างต้นต้องใช้เวลามาก และไม่สะดวกต่อการปฏิบัติงานในแปลง แต่เนื่องจาก ค่าความถ่วงจำเพาะของหัว (specific gravity) มีสหสัมพันธ์กับปริมาณหัวแห้ง (root dry matter content, RDMC) และปริมาณแป้งในหัว (root starch content) สูง (CIAT, 1975) และสะดวกต่อการปฏิบัติงานในแปลงมากกว่า จึงสามารถหาค่าความถ่วงจำเพาะของรากแทนตามสูตรที่เสนอโดย Kawano *et al.* (1987) ดังนี้

$$RDMC = 1.583X - 142.0$$

เมื่อ X = ความถ่วงจำเพาะของหัว (specific gravity)

ซึ่งสามารถหาค่าความถ่วงจำเพาะของหัวได้จากสมการ

$$\text{ความถ่วงจำเพาะของหัว} = \frac{\text{น้ำหนักหัวชั่งในอากาศ}}{\text{น้ำหนักหัวชั่งในน้ำ} - \text{น้ำหนักหัวชั่งในอากาศ}}$$

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

4. การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

4.1 การตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch)

ตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในประชากรลูก โดยสับบริเวณกลางหัวหรือลำต้น แล้วฉีดพ่นด้วยสารละลายไอโอดีนความเข้มข้น 2 เปอร์เซ็นต์ หากพบต้นใดปรากฏสีน้ำตาลแดง (reddish-brown) แสดงว่า มีองค์ประกอบแป้งเป็นชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch) แต่หากปรากฏสีน้ำเงินเข้ม (dark-blue) แสดงว่ามีองค์ประกอบแป้งทั้ง amylose และ amylopectin ซึ่งเป็นลักษณะที่พบในแป้งมันสำปะหลังโดยทั่วไป (Ceballos *et al*., 2007b)

สารละลายไอโอดีนความเข้มข้น 2 เปอร์เซ็นต์ สามารถเตรียมได้จากการผสมระหว่างสารโพแทสเซียมไอโอไดด์ (KI) 2 กรัม กับไอโอดีน (I_2) 0.2 กรัม ในน้ำกลั่น 100 มิลลิลิตร

4.2 การวิเคราะห์ความแปรปรวน (analysis of variance) ระหว่างพันธุ์หรือสายพันธุ์

วิเคราะห์ความแปรปรวนระหว่างพันธุ์หรือสายพันธุ์ในลักษณะทางการเกษตรที่ศึกษาและเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพ่อแม่กับกลุ่มประชากรลูกโดยวิธีแยกส่วน (partition) โดยใช้โปรแกรม CropStat Version 7.2

4.3 การประเมินค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression, ID) ของลักษณะทางการเกษตร

ประเมินค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในแต่ละลักษณะของสายพันธุ์ลูกผสมเทียบเป็นร้อยละของค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ตามสมการที่เสนอโดย Falconer (1960) ดังนี้

$$\%ID = \left[\frac{(MP - F_1)}{MP}\right] \times 100$$

เมื่อ $ID =$ ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม

$MP =$ ค่าเฉลี่ยพ่อแม่

$F_1 =$ ค่าของลูก

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

โดยค่าเฉลี่ยพ่อแม่หาได้จากสูตร

$$MP = \frac{P_1 + P_2}{2}$$

เมื่อ $P_1 =$ ค่าของแม่

$P_2 =$ ค่าของพ่อ

5. สถานที่และระยะเวลาทำการวิจัย

ผสมพันธุ์มันสำปะหลัง ณ สถาบันพัฒนามันสำปะหลัง ตำบลห้วยบง อำเภอด่านขุนทด จังหวัดนครราชสีมา และปลูกทดสอบสายพันธุ์ปีที่ 1 และ 2 ณ สถานีวิจัยเขาหินซ้อน ตำบลเขาหินซ้อน อำเภอพนมสารคาม จังหวัดฉะเชิงเทรา

ระยะเวลาทำการศึกษาเริ่มตั้งแต่เดือนตุลาคม พ.ศ. 2550 ถึงเดือนตุลาคม พ.ศ. 2553

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

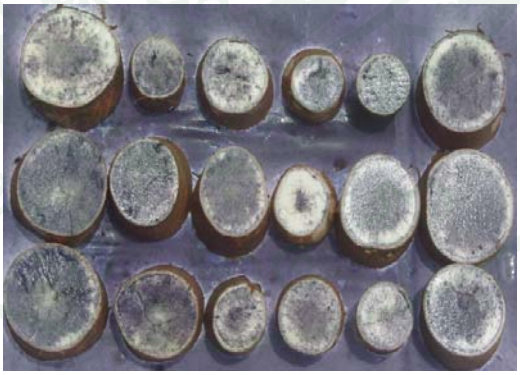
ผลและวิจารณ์

1. การคัดเลือกลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส (amylose-free starch)

ขุดเก็บเกี่ยวสายพันธุ์ลูกผสมที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 และผสมระหว่างพันธุ์ที่มีและไม่มีการผสมเลือดชิดมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยจำนวน 6 พันธุ์ และสายพันธุ์ดีเด่น 3 สายพันธุ์ ได้ลูกผสมทั้งหมด 2,412 สายพันธุ์ ดังแสดงในตารางที่ 1 แล้วตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส โดยผ่าหัวแล้วฉีดพ่นด้วยสารละลายโพแทสเซียมไอโอไดน์ พบว่า ทุกสายพันธุ์ที่ทดสอบปรากฏสีน้ำเงินเข้ม (ภาพที่ 2) แสดงถึงไม่มีสายพันธุ์ใดมีลักษณะดังกล่าว

ก

ข



ภาพที่ 2 การตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในประชากรลูกที่ได้จากการผสมเลือดชิดในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย การฉีดพ่นสารละลายโพแทสเซียมไอโอไดน์ที่หัวมันสำปะหลัง (ก) และลักษณะการติดสีน้ำเงินเข้มของหัวมันสำปะหลังสายพันธุ์ต่างๆ (ข)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 1 จำนวนเมล็ด ต้นที่งอก สายพันธุ์ที่ใช้ตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส และสายพันธุ์ที่ใช้ประมาณค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	เมล็ดที่ได้ต่อคู่ผสม	ต้นที่งอกต่อคู่ผสม	สายพันธุ์ลูกที่ใช้ตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส	สายพันธุ์ลูกที่ใช้ประมาณค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	115	110 (95.7)*	107	50
	ระยอง 90 x CMR #196	139	120 (86.3)	120	52
	CMR #196 x เกษตรศาสตร์ 50	587	545 (92.8)	538	55
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	180	156 (86.7)	156	49
	รวม (เฉลี่ย)	1,021 (255)	931 (90.4)	921 (230)	206 (51)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	235	115 (48.9)	113	51
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	191	146 (76.4)	145	54
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	155	135 (48.1)	134	49
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	169	163 (96.4)	161	49
	รวม (เฉลี่ย)	750 (187)	559 (67.5)	553 (138)	203 (50)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	125	102 (81.6)	101	50
	ระยอง 5 (S_1)	225	125 (55.6)	95	45
	ระยอง 90 (S_1)	242	95 (39.3)	90	48
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	140	59 (42.1)	58	42
	ห้วยบง 60 (S_1)	454	257 (56.6)	256	50
	ห้วยบง 80 (S_1)	426	215 (50.5)	213	50
	MKUC 34-114-235 (S_1)	231	127 (55.0)	125	51
	รวม (เฉลี่ย)	1,843 (263)	980 (54.4)	938 (134)	336 (48)
	รวมทั้งสิ้น	3,614	2,470	2,412	745

หมายเหตุ * ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง ความงอกหน่วยเป็นเปอร์เซ็นต์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

การทดลองนี้ได้ผลสอดคล้องกับงานทดลองของ เพียงเพ็ญ และคณะ (2552) ที่ตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของมันสำปะหลังพันธุ์การค้า 7 พันธุ์ และสายพันธุ์ดีเด่น 15 สายพันธุ์ ได้จำนวนต้น S_1 ทั้งสิ้น 23,230 ต้น ซึ่งผลการตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสก็ไม่พบเช่นกัน

การที่ไม่สามารถตรวจพบลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในประชากรลูกที่ได้จากการผสมเลือดชิดของมันสำปะหลังพันธุ์การค้าและสายพันธุ์ดีเด่นของไทย อาจเป็นเพราะยีนที่ควบคุมลักษณะดังกล่าวมีอยู่ในความถี่ที่ต่ำมาก และประชากรที่นำมาตรวจสอบมีจำนวนน้อยเกินไป ทำให้ยีนที่ควบคุมลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสไม่มีโอกาสได้แสดงออก ซึ่งหากสามารถเพิ่มจำนวนพ่อแม่ที่ใช้ผสมพันธุ์ให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากขึ้น อาจช่วยเพิ่มโอกาสในการตรวจพบลักษณะดังกล่าวได้เช่นเดียวกับที่ Ceballos *et al*. (2007b) สามารถตรวจพบลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในมันสำปะหลัง โดยเลือกศึกษาในกลุ่มพันธุ์ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง และใช้ประชากร S_1 ในการทดสอบมากกว่า 20,000 ต้น จากพ่อแม่จำนวน 74 สายพันธุ์ ในขณะที่ประชากร S_1 ที่ใช้ในการศึกษานี้มาจากพ่อแม่พันธุ์เพียง 7 พันธุ์ (ตารางที่ 1) และพันธุกรรมที่ใช้ในการทดลองนี้ล้วนเป็นพันธุ์การค้าของไทยซึ่งมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ โดยปรับปรุงมาจากพันธุ์เริ่มต้นจำนวนน้อยเพียง 9 พันธุ์ และแต่ละพันธุ์มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม (Rojanaridpiched *et al.,* 2010) ดังนั้นโอกาสที่จะตรวจพบจึงต่ำ

สำหรับการทดลองของเพียงเพ็ญ และคณะ (2552) แม้จะใช้พ่อแม่พันธุ์ในการผสมตัวเองชั่วที่ 1 จำนวนมากขึ้น คือ พันธุ์การค้า 7 พันธุ์ และสายพันธุ์ดีเด่น 15 สายพันธุ์ แต่พันธุ์การค้าและสายพันธุ์ดีเด่นที่นำมาใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ส่วนใหญ่เป็นพันธุ์การค้าของไทย ซึ่งมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ และมีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมสูง ทำให้โอกาสที่จะตรวจพบจึงต่ำเช่นกัน แม้ว่าจะสามารถผสมพันธุ์จนได้สายพันธุ์ลูกผสมตัวเองชั่วที่ 1 จำนวนมากถึง 23,230 สายพันธุ์ก็ตาม ก็ไม่สามารถตรวจพบได้

ทั้งนี้ถ้าลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในมันสำปะหลังที่ Ceballos *et al*. (2007b) สันนิษฐานว่า ถูกควบคุมด้วยยีนที่เป็น homozygous recessive เพียง 1 ตำแหน่ง คือ ยีน waxy *(wx)* เมื่อพิจารณาตามกฎการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของเมลเดลแล้ว การผสมตัวเองเพียง 1 ครั้ง ลูก S_1 ที่ได้ควรจะกระจายตัวแสดงลักษณะพันธุกรรมในอัตราส่วน 1 *WxWx* : 2 *Wxwx* : 1 *wxwx* หรือกล่าวได้ว่าลูก S_1 ที่ได้จะมีลักษณะแป้งชนิดที่มีอะมิโลสต่อแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส เท่ากับ 3 ต่อ 1 ซึ่งเป็นการถ่ายทอดลักษณะทางคุณภาพที่ควบคุมด้วยยีนน้อยคู่ ไม่จำเป็นต้องผสมพันธุ์ให้ได้ลูกจำนวนมากจากแต่ละคู่ผสม ก็สามารถแสดงออกของลักษณะ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ดังกล่าวได้ ดังเช่นที่ Ceballos *et al*. (2007b) ตรวจพบลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในสายพันธุ์ AM 206 ซึ่งสายพันธุ์นี้ผสมตัวเองได้เพียง 79 เมล็ด และเพาะเมล็ดได้ต้นที่งอกและอยู่รอดเพียง 17 ต้นเท่านั้น ก็สามารถตรวจพบได้

ข้อสันนิษฐานที่เป็นไปได้อีกประการหนึ่งที่ไม่สามารถตรวจพบลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสคือ อาจเป็นเพราะไม่มียีนที่ควบคุมลักษณะดังกล่าวในสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย ซึ่งหากข้อสันนิษฐานนี้ถูกต้อง ยีนที่ควบคุมลักษณะชนิดแป้งในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าและสายพันธุ์ดีเด่นของไทยที่ศึกษา น่าจะมีพันธุกรรมเป็น homozygous dominant *(WxWx)* ซึ่งอาจไม่มีความจำเป็นในการตรวจหาลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยที่ศึกษาแล้วอีกต่อไป อย่างไรก็ตาม สามารถทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมโดยวิธีก่อการกลายพันธุ์ (mutation) โดยการชักนำจากสิ่งก่อกลายพันธุ์ (mutagen) ซึ่งจะส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนแปลงที่ระดับยีน เช่น การเปลี่ยนแปลงคู่เบสของดีเอ็นเอเพียงคู่เดียว หรืออาจเพิ่มจำนวนชุดของลำดับคู่เบสที่ซ้ำกัน (Griffiths *et al*., 2002) ซึ่งมีโอกาสที่จะแสดงออกของลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสหรือลักษณะอื่นได้ ดังเช่น การค้นพบลักษณะ small-granule starch และ high-amylose starch ที่ตรวจพบภายหลังนำเมล็ดมันสำปะหลังไปฉายด้วยรังสีแกมมา และตามด้วยการผสมตัวเองสายพันธุ์ลูกผสมที่ผ่านการฉายรังสีอีก 1 ครั้ง (Ceballos *et al*., 2008)

สำหรับแนวทางในการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังของไทยเพื่อให้ได้สายพันธุ์ที่มีลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสสามารถทำได้ ดังเช่น โครงการความร่วมมือระหว่างมูลนิธิสถาบันพัฒนามันสำปะหลังแห่งประเทศไทย และศูนย์เกษตรเขตร้อนนานาชาติ กำลังดำเนินการอยู่ในปัจจุบัน โดยส่งมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยซึ่งมีผลผลิตและปริมาณแป้งในหัวสูง ไปผสมพันธุ์กับสายพันธุ์ AM 206-5 ซึ่งมีลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส ที่ศูนย์เกษตรเขตร้อนนานาชาติ ประเทศโคลอมเบีย จนได้ลูกชั่วที่ 1 (F_1) จากนั้นจึงผสมพันธุ์ระหว่างลูก F_1 ให้ได้ลูกชั่วที่ 2 (F_2) ซึ่งจะกระจายตัวแสดงลักษณะแป้งทั้งชนิดที่มีและไม่มีอะมิโลสออกมา แล้วจึงนำเมล็ด F_2 เข้ามาปลูกคัดเลือกในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2552 เป็นต้นมา ปัจจุบันอยู่ในระหว่างขั้นตอนการปลูกคัดเลือกและเปรียบเทียบพันธุ์ โดยทีมนักวิจัยของภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

2. ความแปรปรวนของลักษณะทางการเกษตร

วิเคราะห์ความแปรปรวน (analysis of variance) ของลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญ ได้แก่ ความงอก ความสูงต้น น้ำหนักหัวสด น้ำหนักต้นและใบ ดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณหัวแห้ง ของคู่ผสมต่างๆ ที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแตกต่างกัน 3 ระดับ ความแปรปรวนของแต่ละคู่ผสมแสดงไว้ในตารางผนวกที่ ข1-ข15 และรวบรวมความแปรปรวนของทุกคู่ผสมตามลักษณะที่ศึกษาทั้ง 7 ลักษณะไว้ในตารางที่ 2-15 ที่จะกล่าวโดยละเอียดต่อไป

ความงอก

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในลักษณะความงอกระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสม ทั้ง 15 คู่ผสม (ตารางที่ 2) พบว่า จะแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุกคู่ผสม และพบความแตกต่างทางสถิติระหว่างกลุ่มประชากรลูกกับกลุ่มพ่อแม่ เมื่อคู่ผสมมีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 และ F=0.50 แต่ไม่พบในกลุ่มคู่ผสมที่ไม่มีการผสมเลือดชิด (F=0) ซึ่งเป็นปรากฏการณ์ทั่วไปของการผสมเลือดชิดในพืชผสมข้ามที่เคยศึกษาในพืชอื่นมาก่อน เช่น ทานตะวัน (Dewey *et al*. 1966) ข้าวโพด (Hallauer and Sear, 1973) และอ้อย (บุษณี, 2547) เป็นต้น

การที่กลุ่มคู่ผสมเลือดชิด (F=0.25 และ F=0.50) ให้กลุ่มประชากรลูกมีความแตกต่างทางสถิติกับกลุ่มพ่อแม่ในลักษณะความงอก แสดงให้เห็นว่า การผสมเลือดชิดมีผลให้ความงอกของลูกเปลี่ยนแปลงไปจากพ่อแม่ แต่จะเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางใดและมากน้อยเพียงใดต้องเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากรลูกกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 3) ซึ่งพบว่า ทุกคู่ผสมให้ลูกที่มีความงอกมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าลูกที่มีความงอกน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ และหากพิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ลูกที่มีความงอกแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้ว จะพบว่า ไม่มีคู่ผสมใดให้ลูกมีความงอกมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่สังเกตได้จากมีค่าเท่ากับ 0 ทุกคู่ผสม แสดงว่า การผสมเลือดชิดโดยเฉลี่ยแล้วจะทำให้ความสามารถในการงอกของลูกลดลงเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่

ทั้งนี้เนื่องจากพ่อแม่ที่ใช้เป็นพันธุ์ตรวจสอบล้วนเป็นพันธุ์การค้าที่ผ่านการปลูกทดสอบจนมั่นใจแล้วว่ามีความงอกและความแข็งแรงของท่อนพันธุ์สูง ทำให้ความงอกเฉลี่ยของพ่อแม่มีค่าสูง จึงไม่ปรากฏว่ามีสายพันธุ์ลูกใดที่แสดงค่าดีเด่นกว่าพ่อแม่ แม้ในทางทฤษฎีมีโอกาสเป็นไปได้ที่การผสมพันธุ์อาจได้ลูกที่กระจายตัวแสดงลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่ (Falconer, 1960) แต่ความงอกของท่อนพันธุ์ นอกจากขึ้นอยู่กับพันธุกรรมแล้วยังขึ้นกับระยะเวลาและวิธีการเก็บ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

รักษาท่อนพันธุ์ด้วย โดยการทดลองนี้เก็บรักษาท่อนพันธุ์ไว้นานเพียง 10 วันก่อนปลูก ซึ่งระยะเวลาดังกล่าว ไม่ส่งผลต่อการเสื่อมคุณภาพท่อนพันธุ์มันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยในปัจจุบัน (สุภาวดี, 2550) ในขณะที่สายพันธุ์ลูกบางสายพันธุ์แม้ว่าอาจมีพันธุกรรมในลักษณะความงอกดีเด่นกว่าพ่อแม่ แต่เนื่องจากความงอกวัดค่าเป็นเปอร์เซ็นต์ ซึ่งมีค่ามากสุดคือ 100 เปอร์เซ็นต์ ค่าของสายพันธุ์ลูกจึงมีค่ามากสุดได้เท่ากับ 100 เปอร์เซ็นต์ เท่านั้น เมื่อพันธุ์พ่อแม่ในการทดลองนี้มีความงอกเท่ากับ 100 เปอร์เซ็นต์เกือบทุกพันธุ์ จึงไม่มีทางที่ลูกจะดีเด่นกว่าพ่อแม่ ด้วยเหตุดังกล่าวนี้ จึงไม่พบว่ามีสายพันธุ์ลูกผสมใดที่แสดงความดีเด่นกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในลักษณะความงอก

ในทางตรงกันข้าม เมื่อพิจารณาลูกที่มีความงอกน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ พบว่า กลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 มีจำนวนมากสุด รองลงมาคือ F=0.50 และ F=0 โดยมีจำนวนสายพันธุ์ลูกในแต่ละกลุ่มคู่ผสมเฉลี่ยเท่ากับ 22 17.2 และ 4.5 สายพันธุ์ ตามลำดับ (ตารางที่ 3) สาเหตุที่ประชากรลูกในกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 มีจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนมากกว่า F=0.50 ทั้งที่ในทางทฤษฎีควรจะมีจำนวนน้อยกว่า น่าจะมาจากความงอกที่แสดงในตารางที่ 3 เป็นการตรวจวัดจากการปลูกทดสอบในปีที่ 2 โดยใช้ท่อนพันธุ์จากปีที่ 1 ซึ่งสายพันธุ์ที่อ่อนแอได้ถูกคัดทิ้งตั้งแต่ขั้นตอนการเพาะเมล็ดไปแล้วบางส่วน จึงเป็นการคัดเลือกโดยธรรมชาติที่ไม่ได้ตั้งใจ และไม่สามารถหลีกเลี่ยงได้ (กฤษฎา, 2551) ทำให้ผลที่ได้ไม่เป็นไปตามทฤษฎี

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 2 ความแปรปรวนในลักษณะความงอกระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	Source of Variation	Mean Square
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	1197.00**
	พ่อแม่ vs ลูก	137.19^{ns}
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	274.87**
	พ่อแม่ vs ลูก	116.33^{ns}
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	585.86**
	พ่อแม่ vs ลูก	282.66^{ns}
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	436.93**
	พ่อแม่ vs ลูก	137.97^{ns}
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	1253.90**
	พ่อแม่ vs ลูก	2747.12**
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	1569.94**
	พ่อแม่ vs ลูก	2490.74**
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	1399.36**
	พ่อแม่ vs ลูก	8641.41**
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	1716.91**
	พ่อแม่ vs ลูก	7978.22**
0.50	ระยอง 1 (S_1)	1348.89**
	พ่อแม่ vs ลูก	715.16*
	ระยอง 5 (S_1)	2043.45**
	พ่อแม่ vs ลูก	1953.97**
	ระยอง 90 (S_1)	2043.45**
	พ่อแม่ vs ลูก	1953.97**
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	1252.33**
	พ่อแม่ vs ลูก	581.51^{ns}
	ห้วยบง 60 (S_1)	3081.79**
	พ่อแม่ vs ลูก	3373.70*
	ห้วยบง 80 (S_1)	2913.20**
	พ่อแม่ vs ลูก	1957.44^{ns}
	MKUC 34-114-235 (S_1)	2796.15**
	พ่อแม่ vs ลูก	614639**
	C.V. (%)	10.4-25.5

หมายเหตุ *, ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 3 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีความงอกมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่ทดสอบ	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสม	
			มากกว่า[a]	น้อยกว่า[b]
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	50	20 (0)[c]	30 (8)
	ระยอง 90 x CMR#196	52	0 (0)	52 (3)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	55	16 (0)	34 (3)
	ห้วยบง 60 x CM1223-11	49	37 (0)	12 (4)
	เฉลี่ย	51.5	18.8 (0)	32.3 (4.5)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	51	7 (0)	39 (22)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	54	12 (0)	35 (21)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	49	0 (0)	46 (16)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	49	0 (0)	47 (29)
	เฉลี่ย	50.8	4.8(0)	41.8 (22)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	50	0 (0)	51 (15)
	ระยอง 5 (S_1)	45	0 (0)	45 (15)
	ระยอง 90 (S_1)	48	0 (0)	46 (20)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	42	0 (0)	41 (10)
	ห้วยบง 60 (S_1)	50	10 (0)	30 (20)
	ห้วยบง 80 (S_1)	50	11 (0)	34 (16)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	51	0 (0)	42 (24)
	เฉลี่ย	48.0	3 (0)	41.3 (17.2)

หมายเหตุ a ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
b ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
c ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ความสูงต้น

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในลักษณะความสูงต้นระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสม ทั้ง 15 คู่ผสม (ตารางที่ 6) พบว่า จะแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุกคู่ผสม เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างกลุ่มประชากรลูกกับกลุ่มพ่อแม่ พบความแตกต่างทางสถิติในทุกคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิดที่ F=0.50 ในขณะที่กลุ่มคู่ผสมที่ F=0.25 พบความแตกต่างทางสถิติเฉพาะคู่ผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 และ ระยอง 5 กับ ห้วยบง 80 แต่ไม่พบในกลุ่มคู่ผสมที่ไม่มีการผสมเลือดชิด (F=0) ซึ่งเป็นไปในแนวทางเดียวกับลักษณะความงอก

การที่กลุ่มคู่ผสมเลือดชิด (F=0.25 และ F=0.50) ให้กลุ่มประชากรลูกแตกต่างทางสถิติกับกลุ่มพ่อแม่ในลักษณะความสูงต้น แสดงให้เห็นว่า การผสมเลือดชิดมีผลให้ความสูงต้นของลูกเปลี่ยนแปลงไปจากพ่อแม่ แต่จะเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางใดและมากน้อยเพียงใดต้องเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากรลูกกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 5) ซึ่งพบว่า ทุกคู่ผสมให้ลูกที่มีความสูงต้นมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าลูกที่มีความสูงต้นน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ และหากพิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ลูกที่มีความแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้ว จะพบว่า แทบไม่มีคู่ผสมใดให้ลูกมีความสูงต้นมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ แสดงว่า การผสมเลือดชิดโดยเฉลี่ยแล้วจะทำให้ความสูงต้นของลูกลดลงเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ สอดคล้องกับที่ Kawano *et al*. (1978) และ Rojas *et al*. (2009) ที่พบว่า การผสมตัวเองชั่วที่ 1 ในมันสำปะหลังให้ลูก S_1 ที่ได้มีความสูงต้นลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่

เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยระหว่างสายพันธุ์ลูกกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 5) พบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้จำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่าความสูงต้นมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าสายพันธุ์ลูกที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ยกเว้นกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 ซึ่งมีจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใกล้เคียงกันเฉลี่ยเท่ากับ 22.5 และ 26 สายพันธุ์ ตามลำดับ สอดคล้องกับ Kawano *et al*. (1978) ที่พบว่า การผสมระหว่างพ่อแม่ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม ให้ลูกที่มีความสูงต้นทั้งมากกว่าและน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ และหากพิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ลูกที่แตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้วพบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้ลูกมีความสูงต้นน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ โดยเฉพาะอย่างยิ่งกลุ่มที่ผสมตัวเอง พบว่า แทบไม่มีสายพันธุ์ลูกผสมใดที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยมีค่าเฉลี่ยเพียง 0.3 สายพันธุ์เท่านั้น เปรียบเทียบกับจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ที่มีมากถึง 25.4 สายพันธุ์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 4 ความแปรปรวนในลักษณะความสูงต้นระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	Source of Variation	Mean Square
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	2961.61**
	พ่อแม่ vs ลูก	48.06^{ns}
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	2236.79**
	พ่อแม่ vs ลูก	93.34^{ns}
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	1007.10^{ns}
	พ่อแม่ vs ลูก	57.85^{ns}
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	2554.54**
	พ่อแม่ vs ลูก	45.23^{ns}
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	3471.39**
	พ่อแม่ vs ลูก	10118.50**
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	1717.13**
	พ่อแม่ vs ลูก	935.30^{ns}
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	2890.43**
	พ่อแม่ vs ลูก	8804.35**
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	3301.66**
	พ่อแม่ vs ลูก	2313.48^{ns}
0.50	ระยอง 1 (S_1)	1895.84**
	พ่อแม่ vs ลูก	7793.22**
	ระยอง 5 (S_1)	2651.86**
	พ่อแม่ vs ลูก	3706.01**
	ระยอง 90 (S_1)	2651.86**
	พ่อแม่ vs ลูก	3706.01**
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	4335.27**
	พ่อแม่ vs ลูก	4837.87**
	ห้วยบง 60 (S_1)	2428.72**
	พ่อแม่ vs ลูก	9956.43**
	ห้วยบง 80 (S_1)	3329.81**
	พ่อแม่ vs ลูก	38387720**
	MKUC 34-114-235 (S_1)	3660.26**
	พ่อแม่ vs ลูก	3962910**
	C.V. (%)	9.4-16.5

หมายเหตุ *, ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 5 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีความสูงต้นมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่ทดสอบ	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสม	
			มากกว่า[a]	น้อยกว่า[b]
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	50	24 (3)[c]	18 (7)
	ระยอง 90 x CMR#196	52	21 (5)	31 (7)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	55	20 (0)	30 (1)
	ห้วยบง 60 x CM1223-11	49	25 (7)	24 (9)
	เฉลี่ย	51.5	22.5 (3.8)	26 (6)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	51	4 (1)	42 (21)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	54	15 (2)	32 (11)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	49	2 (0)	44 (25)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	49	15 (0)	32 (13)
	เฉลี่ย	50.8	9 (0.8)	37.5 (17.5)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	50	1 (0)	49 (40)
	ระยอง 5 (S_1)	45	4 (0)	41 (25)
	ระยอง 90 (S_1)	48	3 (1)	43 (24)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	42	5 (0)	36 (17)
	ห้วยบง 60 (S_1)	50	4 (0)	40 (24)
	ห้วยบง 80 (S_1)	50	7 (1)	41 (25)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	51	8 (0)	39 (23)
	เฉลี่ย	48.0	4.6 (0.3)	41.4 (25.4)

หมายเหตุ a ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
b ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
c ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

น้ำหนักหัวสด

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในลักษณะน้ำหนักหัวสดระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม (ตารางที่ 6) พบว่า มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติทุกคู่ผสม และพบความแตกต่างทางสถิติระหว่างกลุ่มประชากรลูกกับกลุ่มพ่อแม่ ในกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 และ F=0.50 แต่ไม่พบในกลุ่มคู่ผสมที่ไม่มีการผสมเลือดชิด (F=0)

การที่กลุ่มคู่ผสมเลือดชิด (F=0.25 และ F=0.50) ให้ประชากรลูกมีความแตกต่างทางสถิติกับพ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักหัวสด แสดงให้เห็นว่า การผสมเลือดชิดมีผลให้น้ำหนักหัวสดของลูกเปลี่ยนแปลงไปจากพ่อแม่ แต่จะเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางใดและมากน้อยเพียงใดต้องเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากรลูกกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 7) ซึ่งพบว่า ทุกคู่ผสมให้ลูกที่มีน้ำหนักหัวสดมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าลูกที่มีน้ำหนักหัวสดน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ และหากพิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ลูกที่มีน้ำหนักหัวสดแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้ว จะพบว่า แทบไม่มีคู่ผสมใดที่ให้ลูกดีเด่นกว่าพ่อแม่ โดยเฉพาะคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 สอดคล้องกับ Kawano *et al*. (1978) และ Rojas *et al*. (2009) ที่พบว่า การผสมตัวเองชั่วที่ 1 ในมันสำปะหลังให้ลูก S_1 ที่ได้มีผลผลิตหัวสด (fresh root yield) ลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสม พบว่า การผสมตัวเอง (F=0.50) ของทุกพันธุ์ มีโอกาสได้สายพันธุ์ลูกที่มีน้ำหนักหัวสดดีเด่นกว่าพ่อแม่น้อย สอดคล้องกับ Kawano *et al*. (1978) ที่พบว่า การผสมตัวเองมันสำปะหลังบางพันธุ์มีโอกาสได้ลูก S_1 บางสายพันธุ์ (line) ที่ดีเด่นกว่าพ่อแม่ในลักษณะผลผลิตหัวสดเช่นกัน แต่มีโอกาสน้อยมาก ในขณะที่การผสมระหว่างเครือญาติ (F=0.25) พบว่า มีโอกาสได้สายพันธุ์ลูกที่ดีเด่นกว่าพ่อแม่มากกว่าการผสมตัวเอง เช่น คู่ผสมของพันธุ์ระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 และห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 ที่ให้จำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่เท่ากับ 3 และ 5 สายพันธุ์ ตามลำดับ (ตารางที่ 7) อย่างไรก็ตามเมื่อเทียบสัดส่วนระหว่างสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้วจะเห็นว่ามีค่าต่ำ ดังนั้นหากเลือกใช้พันธุ์ที่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรมมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ แม้ว่าพันธุ์เหล่านั้นจะเป็นเป็นรุ่นใหม่ที่มีผลผลิตสูง และมีลักษณะทางการเกษตรอื่นๆ ดีเด่นก็ตาม โอกาสที่จะได้ลูกผสมที่มีลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่ก็น้อยไปด้วย

ส่วนคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 พบว่า คู่ผสมต่างๆ มีสัดส่วนระหว่างจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่ากับน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใกล้เคียงกันดังนี้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

คือ ระยอง 5 กับ ระยอง 1 (12 ต่อ 15) ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 (3 ต่อ 5) CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (7 ต่อ 13) และห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 (9 ต่อ 11)

อย่างไรก็ตาม แม้คู่ผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ ระยอง 1 และห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 มีโอกาสที่จะได้สายพันธุ์ลูกผสมที่ดีเด่นกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่มากกว่าคู่ผสมอื่นๆ แต่พันธุ์ระยอง 1 เป็นพันธุ์พื้นเมืองของไทย ซึ่งปัจจุบันถือเป็นพันธุ์ที่มีผลผลิตสูงปานกลางเมื่อเทียบกับพันธุ์การค้าของไทยในปัจจุบัน (เจริญศักดิ์, 2546) ส่วนสายพันธุ์ CM 1223-11 เป็นพันธุ์ลูกผสมที่นำเข้าจาก CIAT ประเทศโคลอมเบีย ซึ่งปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมของไทยได้ไม่ดีทำให้ผลผลิตต่ำ (พิกุล, 2551) ทั้งสองพันธุ์จึงฉุดดึงค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักหัวสดของคู่ผสมนั้นให้ต่ำลง โอกาสที่สายพันธุ์ลูกจะแสดงลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่จึงเป็นไปได้ง่าย แต่สายพันธุ์ลูกผสมดีเด่นเหล่านั้นอาจให้ผลผลิตต่ำกว่าพันธุ์รุ่นใหม่ และไม่เป็นที่ยอมรับของเกษตรกร

ดังนั้นการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์เพื่อใช้ในโครงการปรับปรุงพันธุ์ นอกจากจะพิจารณาที่ระดับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแล้ว พันธุ์เหล่านั้นควรมีลักษณะผลผลิตสูง และมีลักษณะทางการเกษตรอื่นๆ อยู่ในระดับที่สามารถยอมรับได้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 6 ความแปรปรวนในลักษณะน้ำหนักหัวสดระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	Source of Variation	Mean Square
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	3.4881**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0013^{ns}
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	8.8623**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0813^{ns}
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	4.4793**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0377^{ns}
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	6.9154**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0587^{ns}
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	3.9101**
	พ่อแม่ vs ลูก	5.2357**
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	5.3733**
	พ่อแม่ vs ลูก	10.2867**
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	4.5641**
	พ่อแม่ vs ลูก	30.8020**
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	5.5220**
	พ่อแม่ vs ลูก	7.8572**
0.50	ระยอง 1 (S_1)	3.0329**
	พ่อแม่ vs ลูก	11.0769**
	ระยอง 5 (S_1)	5.3434**
	พ่อแม่ vs ลูก	16.8502**
	ระยอง 90 (S_1)	5.3434**
	พ่อแม่ vs ลูก	16.8502**
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	5.3184**
	พ่อแม่ vs ลูก	20.3925**
	ห้วยบง 60 (S_1)	3.1578**
	พ่อแม่ vs ลูก	16.9905**
	ห้วยบง 80 (S_1)	2.9965**
	พ่อแม่ vs ลูก	27.6662**
	MKUC 34-114-235 (S_1)	3.2749**
	พ่อแม่ vs ลูก	575.0790**
	C.V. (%)	15.0-34.8

หมายเหตุ *, ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 7 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีน้ำหนักหัวสดมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่ทดสอบ	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสม	
			มากกว่า[a]	น้อยกว่า[b]
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	50	21 (12)[c]	21 (15)
	ระยอง 90 x CMR#196	52	18 (3)	34 (5)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	55	17 (7)	33 (13)
	ห้วยบง 60 x CM1223-11	49	24 (9)	25 (11)
	เฉลี่ย	51.5	20 (7.8)	28.5 (11)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	51	8 (3)	38 (19)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	54	9 (0)	38 (27)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	49	1 (0)	45 (37)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	49	9 (5)	38 (30)
	เฉลี่ย	50.8	6.8 (2)	39.8 (28.3)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	50	0 (0)	50 (40)
	ระยอง 5 (S_1)	45	0 (0)	45 (44)
	ระยอง 90 (S_1)	48	2 (1)	44 (37)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	42	2 (1)	39 (38)
	ห้วยบง 60 (S_1)	50	4 (0)	40 (35)
	ห้วยบง 80 (S_1)	50	1 (0)	46 (42)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	51	2 (1)	45 (40)
	เฉลี่ย	48.0	1.6 (0.4)	44.3 (39.4)

หมายเหตุ a ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
b ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
c ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

น้ำหนักต้นและใบ

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในลักษณะน้ำหนักต้นและใบระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม (ตารางที่ 8) พบว่า จะแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุกคู่ผสม และพบความแตกต่างทางสถิติระหว่างกลุ่มประชากรลูกกับกลุ่มพ่อแม่ ในคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 และ F=0.50 แต่ไม่พบในกลุ่มที่ไม่มีการผสมเลือดชิด (F=0) ซึ่งเป็นไปในแนวทางเดียวกับลักษณะน้ำหนักหัวสด

การที่กลุ่มคู่ผสมเลือดชิด (F=0.25 และ F=0.50) ให้ประชากรลูกมีความแตกต่างทางสถิติกับพ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักต้นและใบ แสดงให้เห็นว่า การผสมเลือดชิดมีผลให้น้ำหนักต้นและใบของลูกเปลี่ยนแปลงไปจากพ่อแม่ แต่จะเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางใดและมากน้อยเพียงใดต้องเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากรลูกกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 9) พบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้จำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีน้ำหนักต้นและใบมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าสายพันธุ์ลูกที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ยกเว้นกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 ซึ่งมีจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใกล้เคียงกัน เท่ากับ 22.5 และ 26 สายพันธุ์ ตามลำดับ เมื่อพิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ลูกที่มีความแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้ว พบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้ลูกมีน้ำหนักต้นและใบน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่เช่นกัน โดยเฉพาะอย่างยิ่งกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสม พบว่า กลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 มีโอกาสได้ลูกที่มีน้ำหนักต้นและใบมากกว่าพ่อแม่บ้างเช่นกัน เช่น การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 60 ที่ให้ลูกมีน้ำหนักต้นและใบมากกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ จำนวน 4 สายพันธุ์ แต่อย่างไรก็ตาม เมื่อเทียบสัดส่วนระหว่างจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่ากับน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้วจะพบว่ามีค่าต่ำมาก ส่วนคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 พบว่า มีโอกาสได้ลูกที่มีน้ำหนักต้นและใบมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนมากกว่า F=0.50 แต่เมื่อเทียบสัดส่วนระหว่างจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่ากับน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ จะพบว่ายังมีค่าต่ำ ดังนั้นทั้งการผสมตัวเอง (F=0.50) และผสมระหว่างพ่อแม่ที่เป็นเครือญาติกัน (F=0.25) มีโอกาสน้อยที่จะได้สายพันธุ์ลูกผสมที่มีน้ำหนักต้นและใบมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 8 ความแปรปรวนในลักษณะน้ำหนักต้นและใบระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	Source of Variation	Mean Square
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	6.5441**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.1018^{ns}
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	15.6014**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.1548^{ns}
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	11.0111**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0099^{ns}
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	17.4273**
	พ่อแม่ vs ลูก	1.5580^{ns}
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	9.6994**
	พ่อแม่ vs ลูก	9.6077**
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	9.51699**
	พ่อแม่ vs ลูก	12.2039**
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	10.3747**
	พ่อแม่ vs ลูก	39.3634**
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	9.7459**
	พ่อแม่ vs ลูก	11.8489**
0.50	ระยอง 1 (S_1)	5.5007**
	พ่อแม่ vs ลูก	22.6029**
	ระยอง 5 (S_1)	12.0813**
	พ่อแม่ vs ลูก	30.6746**
	ระยอง 90 (S_1)	12.0813**
	พ่อแม่ vs ลูก	30.6746**
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	9.5407**
	พ่อแม่ vs ลูก	30.6480**
	ห้วยบง 60 (S_1)	5.7645**
	พ่อแม่ vs ลูก	34.9138**
	ห้วยบง 80 (S_1)	5.6196**
	พ่อแม่ vs ลูก	43.6280**
	MKUC 34-114-235 (S_1)	8.5809**
	พ่อแม่ vs ลูก	2089.5900**
	C.V. (%)	12.0-31.8

หมายเหตุ *, ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 9 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีน้ำหนักต้นและใบมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่ทดสอบ	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสม	
			มากกว่า[a]	น้อยกว่า[b]
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	50	20 (11)[c]	22 (14)
	ระยอง 90 x CMR#196	52	21 (5)	31 (5)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	55	20 (10)	30 (13)
	ห้วยบง 60 x CM1223-11	49	29 (13)	21 (9)
	เฉลี่ย	51.5	22.5 (9.8)	26 (10.3)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	51	10 (4)	36 (28)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	54	16 (9)	31 (7)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	49	3 (0)	43 (14)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	49	10 (5)	37 (29)
	เฉลี่ย	50.8	9.8 (4.5)	36.8 (19.5)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	50	0 (0)	51 (41)
	ระยอง 5 (S_1)	45	0 (0)	45 (40)
	ระยอง 90 (S_1)	48	3 (1)	43 (35)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	42	1 (1)	40 (36)
	ห้วยบง 60 (S_1)	50	6 (4)	36 (30)
	ห้วยบง 80 (S_1)	50	2 (0)	45 (39)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	51	1 (1)	46 (36)
	เฉลี่ย	48.0	1.9 (1)	43.7 (36.7)

หมายเหตุ a ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
b ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
c ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ดัชนีเก็บเกี่ยว

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม (ตารางที่ 10) พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุกคู่ผสม เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างกลุ่มพ่อแม่กับประชากรลูก พบว่า กลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 มีความแตกต่างทางสถิติในบางคู่ผสม ได้แก่ การผสมตัวเองของพันธุ์ระยอง 1 เกษตรศาสตร์ 50 ห้วยบง 80 และสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 ในขณะที่การผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ ไม่พบความแตกต่างทางสถิติ ส่วนกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 พบว่า มีความแตกต่างทางสถิติในคู่ผสมระหว่างพันธุ์ห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 และระยอง 5 กับ ห้วยบง 80 เท่านั้น ในขณะที่กลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 ไม่พบความแตกต่างทางสถิติในทุกคู่ผสม

เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากรลูกกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 11) พบว่า เป็นไปในแนวทางเดียวกับลักษณะอื่นๆ ที่กล่าวมาแล้ว โดยคู่ผสมส่วนใหญ่ให้สายพันธุ์ลูกที่มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าสายพันธุ์ลูกที่มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ยกเว้นคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 ซึ่งมีจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใกล้เคียงกัน สอดคล้องกับ Kawano *et al.* (1978) และ Rojas *et al.* (2009) ที่รายงานว่า การผสมตัวเองชั่วที่ 1 (S_1) ในมันสำปะหลังส่งผลให้ลูกที่ได้ส่วนใหญ่มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวลดลงเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสมพบว่า คู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 มีโอกาสได้ลูกที่มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวมากกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่น้อยมาก ส่วนคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 พบว่า มีโอกาสได้ลูกที่มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในจำนวนที่มากกว่า F=0.50 แต่เมื่อเทียบสัดส่วนระหว่างจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่ากับน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จะพบว่ายังมีค่าต่ำ ดังนั้นการผสมตัวเอง (F=0.50) และการผสมระหว่างพ่อแม่ที่เป็นเครือญาติกัน (F=0.25) จึงมีโอกาสน้อยที่จะปรับปรุงค่าดัชนีเก็บเกี่ยวให้ดีกว่าพ่อแม่ได้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 10 ความแปรปรวนในลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	Source of Variation	Mean Square
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	0.0691**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.1342^{ns}
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	0.01573**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0004^{ns}
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	0.0226**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0015^{ns}
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	0.0135**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0231^{ns}
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	0.0231**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0029^{ns}
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	0.019726**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0324**
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	0.0254**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.07198*
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	0.2436**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0185^{ns}
0.50	ระยอง 1 (S_1)	0.0294**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0263*
	ระยอง 5 (S_1)	0.0145*
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0168^{ns}
	ระยอง 90 (S_1)	0.0145*
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0168^{ns}
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	0.0159**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0288**
	ห้วยบง 60 (S_1)	0.0099**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0125^{ns}
	ห้วยบง 80 (S_1)	0.0142*
	พ่อแม่ vs ลูก	0.0470*
	MKUC 34-114-235 (S_1)	0.0135**
	พ่อแม่ vs ลูก	38.0637**
	C.V. (%)	9.6-16.3

หมายเหตุ *, ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 11 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าดัชนีเก็บเกี่ยวมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่ทดสอบ	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสม	
			มากกว่า[a]	น้อยกว่า[b]
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	50	21 (3)[c]	21 (8)
	ระยอง 90 x CMR#196	52	17 (3)	35 (0)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	55	17 (1)	33 (1)
	ห้วยบง 60 x CM1223-11	49	16 (2)	33 (5)
	เฉลี่ย	51.5	17.8 (2.3)	30.8 (3.5)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	51	16 (1)	30 (4)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	54	8 (0)	39 (15)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	49	5 (0)	41 (12)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	49	11 (0)	36 (6)
	เฉลี่ย	50.8	10 (0.3)	36.5 (9.3)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	50	9 (0)	41 (16)
	ระยอง 5 (S_1)	45	3 (0)	42 (7)
	ระยอง 90 (S_1)	48	5 (0)	41 (6)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	42	4 (0)	37 (21)
	ห้วยบง 60 (S_1)	50	7 (0)	36 (8)
	ห้วยบง 80 (S_1)	50	2 (0)	44 (11)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	51	5 (0)	41 (18)
	เฉลี่ย	48.0	5 (0)	40.4 (12.4)

หมายเหตุ a ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
b ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
c ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ปริมาณแป้งในหัว

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในลักษณะปริมาณแป้งในหัวระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม (ตารางที่ 12) พบว่า มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ และพบความแตกต่างระหว่างกลุ่มพ่อแม่กับกลุ่มประชากรลูกในคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 เฉพาะการผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 80 และ MKUC 34-114-235 เท่านั้น ในขณะที่การผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ ไม่พบความแตกต่างทางสถิติ ส่วนกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 พบว่า มีความแตกต่างทางสถิติในคู่ผสมระหว่างพันธุ์ห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 และระยอง 5 กับ ห้วยบง 80 เท่านั้น ในขณะที่ไม่พบความแตกต่างทางสถิติในกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0

เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพ่อแม่กับประชากรลูกในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 13) พบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีปริมาณแป้งในหัวมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าสายพันธุ์ลูกที่มีปริมาณแป้งน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ยกเว้นกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 ซึ่งมีจำนวนลูกที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใกล้เคียงกันเท่ากับ 22.8 และ 28.3 สายพันธุ์ ตามลำดับ เมื่อพิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ลูกที่มีความแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้วพบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้สายพันธุ์ลูกที่มีปริมาณแป้งในหัวน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ โดยเฉพาะอย่างยิ่งกลุ่มที่ผสมตัวเอง (F=0.50) พบว่าแทบไม่มีสายพันธุ์ลูกผสมใดที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยมีค่าเฉลี่ยเพียง 0.7 สายพันธุ์เท่านั้น เมื่อเทียบกับจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ซึ่งมีมากถึง 10.5 สายพันธุ์

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสมพบว่า การผสมตัวเอง (F=0.50) ของพันธุ์การค้าส่วนใหญ่แทบไม่มีโอกาสที่จะได้สายพันธุ์ลูกที่มีปริมาณแป้งในหัวดีเด่นกว่าพ่อแม่เลย โดยเฉพาะในพันธุ์รุ่นใหม่ ได้แก่ พันธุ์ห้วยบง 60 ห้วยบง 80 และสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 ซึ่งเป็นพันธุ์ที่มีปริมาณแป้งในหัวสูง (จำลักษณ์, 2550) ในขณะที่คู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 พบว่า มีโอกาสได้สายพันธุ์ลูกที่ดีเด่นกว่าพ่อแม่บ้างเช่นกัน แต่อยู่ในสัดส่วนที่ต่ำ ดังนั้นหากพ่อแม่พันธุ์มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม แม้ว่าพันธุ์เหล่านั้นจะเป็นเป็นรุ่นใหม่ที่มีปริมาณแป้งในหัวสูง และมีลักษณะทางการเกษตรอื่นๆ ดีเด่นอยู่ก็ตาม โอกาสที่จะได้ลูกที่มีปริมาณแป้งในหัวดีเด่นกว่าพ่อแม่จะน้อยไปด้วย

ส่วนคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 พบว่า คู่ผสมต่างๆ มีสัดส่วนของจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใกล้เคียงกันดังนี้ คือ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พันธุ์ระยอง 5 กับ ระยอง 1 (5 ต่อ 11) ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 (1 ต่อ 5) CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (4 ต่อ 3) และห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 (4 ต่อ 6)

ที่น่าสนใจคือ คู่ผสมระหว่างพันธุ์ที่มีปริมาณแป้งในหัวสูง เช่น พันธุ์ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 มีโอกาสได้สายพันธุ์ลูกที่มีปริมาณแป้งในหัวดีเด่นกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่น้อยกว่าคู่ผสมระหว่างพันธุ์ที่มีปริมาณแป้งสูงกับต่ำ (ระยอง 5 กับ ระยอง 1 และห้วยบง 60 กับ CM 1223-11) ทั้งนี้สาเหตุน่าจะมาจาก การผสมระหว่างพันธุ์ที่มีปริมาณแป้งในหัวสูงมีผลทำให้ค่าเฉลี่ยพ่อแม่มีค่าสูงขึ้นด้วย ลูกที่ได้จึงมีโอกาสน้อยที่จะแสดงความดีเด่นกว่าพ่อแม่เนื่องจากพ่อแม่มีค่าเฉลี่ยสูงมากอยู่แล้ว ในขณะที่การผสมระหว่างพ่อแม่ที่มีปริมาณแป้งในหัวสูงกับต่ำมีผลให้ค่าเฉลี่ยพ่อแม่ลดต่ำลงเช่นกัน ลูกที่ได้จึงมีโอกาสแสดงความดีเด่นกว่าพ่อแม่ได้ง่ายกว่า

ดังนั้น การปรับปรุงพันธุ์เพื่อยกระดับปริมาณแป้งในหัวให้สูงขึ้นกว่าปัจจุบัน จึงควรพิจารณาคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่มีปริมาณแป้งในหัวสูงจากต่างถิ่นเข้ามาเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมให้มากขึ้นอย่างสม่ำเสมอ แทนการผสมระหว่างพันธุ์หรือสายพันธุ์ดีเด่นภายในประเทศที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 12 ความแปรปรวนในลักษณะปริมาณแป้งในหัวระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	Source of Variation	Mean Square
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	56.9250**
	พ่อแม่ vs ลูก	1.2603^{ns}
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	14.8211**
	พ่อแม่ vs ลูก	3.9053^{ns}
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	27.2059**
	พ่อแม่ vs ลูก	1.9203^{ns}
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	39.3452**
	พ่อแม่ vs ลูก	3.6182^{ns}
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	28.8200**
	พ่อแม่ vs ลูก	9.48058^{ns}
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	24.8176**
	พ่อแม่ vs ลูก	35.3346*
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	48.8667**
	พ่อแม่ vs ลูก	38.7965*
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	32.7469**
	พ่อแม่ vs ลูก	22.4978^{ns}
0.50	ระยอง 1 (S_1)	49.4364**
	พ่อแม่ vs ลูก	12.2894^{ns}
	ระยอง 5 (S_1)	34.6271**
	พ่อแม่ vs ลูก	25.4711^{ns}
	ระยอง 90 (S_1)	34.6271**
	พ่อแม่ vs ลูก	25.4711^{ns}
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	12.6411**
	พ่อแม่ vs ลูก	19.8851^{ns}
	ห้วยบง 60 (S_1)	31.0497^{ns}
	พ่อแม่ vs ลูก	78.3687^{ns}
	ห้วยบง 80 (S_1)	47.4307**
	พ่อแม่ vs ลูก	94.8994*
	MKUC 34-114-235 (S_1)	20.1525*
	พ่อแม่ vs ลูก	79522.9**
	C.V. (%)	10.3-19.8

หมายเหตุ *, ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 13 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีปริมาณแป้งในหัวมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่ทดสอบ	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสม	
			มากกว่า[a]	น้อยกว่า[b]
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	50	21 (5)[c]	21 (11)
	ระยอง 90 x CMR#196	52	21 (1)	31 (5)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	55	21 (4)	29 (3)
	ห้วยบง 60 x CM1223-11	49	18 (4)	31 (6)
	เฉลี่ย	51.5	22.8 (3.5)	28.3 (6.3)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	51	16 (0)	30 (6)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	54	7 (1)	40 (9)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	49	11 (2)	35 (14)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	49	13 (0)	34 (7)
	เฉลี่ย	50.8	11.8 (0.8)	34.8 (9)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	50	15 (3)	35 (15)
	ระยอง 5 (S_1)	45	9 (2)	36 (2)
	ระยอง 90 (S_1)	48	10 (0)	36 (12)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	42	6 (0)	35 (10)
	ห้วยบง 60 (S_1)	50	6 (0)	35 (9)
	ห้วยบง 80 (S_1)	50	9 (0)	37 (22)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	51	20 (0)	25 (4)
	เฉลี่ย	48.0	10.7 (0.7)	34.3 (10.5)

หมายเหตุ a ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
b ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
c ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ปริมาณหัวแห้ง

การวิเคราะห์ความแปรปรวนในลักษณะปริมาณหัวแห้งระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม (ตารางที่ 14) เป็นไปในแนวทางเดียวกับปริมาณแป้งในหัว กล่าวคือ มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติทั้ง 15 คู่ผสม เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างกลุ่มพ่อแม่กับกลุ่มประชากรลูก พบว่า การผสมตัวเอง (F=0.50) มีความแตกต่างทางสถิติเฉพาะในพันธุ์ห้วยบง 80 และสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 เท่านั้น ในขณะที่การผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ ไม่พบความแตกต่างทางสถิติ ส่วนกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F= 0.25 พบว่า มีความแตกต่างทางสถิติในคู่ผสมระหว่างพันธุ์ห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 และระยอง 5 กับห้วยบง 80 เท่านั้น ในขณะที่กลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 ไม่พบความแตกต่างทางสถิติในทุกคู่ผสม

เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพ่อแม่กับกลุ่มประชากรลูกในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 15) พบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้ลูกที่มีปริมาณหัวแห้งมากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนน้อยกว่าลูกที่มีค่าปริมาณหัวแห้งน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ยกเว้นกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0 ซึ่งมีจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าและน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใกล้เคียงกันเฉลี่ยเท่ากับ 23.3 และ 27.8 สายพันธุ์ ตามลำดับ และหากพิจารณาเฉพาะสายพันธุ์ลูกที่มีความแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่แล้วพบว่า คู่ผสมส่วนใหญ่ให้ลูกมีปริมาณหัวแห้งน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ โดยเฉพาะกลุ่มคู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 พบว่า มีสายพันธุ์ลูกที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่น้อย โดยเฉลี่ยเพียง 0.9 สายพันธุ์ต่อคู่ผสมเท่านั้น เมื่อเทียบกับจำนวนสายพันธุ์ลูกที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ซึ่งมีมากถึง 34.3 สายพันธุ์ต่อคู่ผสม

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสม พบว่า คู่ผสมที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.50 มีโอกาสที่จะได้สายพันธุ์ที่มีปริมาณหัวแห้งดีเด่นกว่าพ่อแม่น้อย โดยเฉพาะการผสมตัวเองของพันธุ์รุ่นใหม่ ได้แก่ ห้วยบง 60 ห้วยบง 80 และสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 ในขณะที่การผสมระหว่างพ่อแม่ที่มีระดับการผสมเลือดชิด F=0.25 พบว่า มีโอกาสที่จะได้สายพันธุ์ลูกที่ดีเด่นกว่าพ่อแม่บ้างเช่นกัน แต่อยู่ในสัดส่วนที่ต่ำ ดังนั้นหากเลือกใช้พันธุ์ที่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรมมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ แม้พันธุ์เหล่านั้นจะเป็นเป็นรุ่นใหม่ที่มีปริมาณหัวแห้งสูงก็ตาม โอกาสที่จะได้ลูกที่มีปริมาณหัวแห้งดีเด่นกว่าพ่อแม่ก็น้อยไปด้วย

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 14 ความแปรปรวนในลักษณะปริมาณหัวแห้งระหว่างลูกที่ได้และพ่อแม่ของแต่ละคู่ผสมที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	Source of Variation	Mean Square
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	32.1611**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.7663^{ns}
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	9.2265**
	พ่อแม่ vs ลูก	2.5281^{ns}
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	15.3421**
	พ่อแม่ vs ลูก	1.0829^{ns}
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	22.4528**
	พ่อแม่ vs ลูก	0.007951^{ns}
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	16.2512**
	พ่อแม่ vs ลูก	5.3436^{ns}
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	13.9950**
	พ่อแม่ vs ลูก	19.9154*
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	26.6129**
	พ่อแม่ vs ลูก	21.5145*
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	18.4694**
	พ่อแม่ vs ลูก	12.6985^{ns}
0.50	ระยอง 1 (S_1)	27.9262**
	พ่อแม่ vs ลูก	3.61886^{ns}
	ระยอง 5 (S_1)	22.6234**
	พ่อแม่ vs ลูก	11.4059^{ns}
	ระยอง 90 (S_1)	22.6234**
	พ่อแม่ vs ลูก	11.4059^{ns}
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	8.5622**
	พ่อแม่ vs ลูก	12.0461^{ns}
	ห้วยบง 60 (S_1)	27.9496^{ns}
	พ่อแม่ vs ลูก	132.1880^{ns}
	ห้วยบง 80 (S_1)	27.1953**
	พ่อแม่ vs ลูก	126.6700**
	MKUC 34-114-235 (S_1)	13.6801^{ns}
	พ่อแม่ vs ลูก	185225**
	C.V. (%)	5.3-8.5

หมายเหตุ *, ** = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 15 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีปริมาณหัวแห้งมากกว่าและน้อยกว่าเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่ทดสอบ	จำนวนสายพันธุ์ลูกผสม	
			มากกว่า[a]	น้อยกว่า[b]
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	50	21 (5)[c]	21 (10)
	ระยอง 90 x CMR#196	52	20 (1)	32 (3)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	55	21 (4)	29 (3)
	ห้วยบง 60 x CM1223-11	49	20 (4)	29 (5)
	เฉลี่ย	51.5	23.3 (3.5)	27.8 (5.3)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	51	16 (0)	30 (6)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	54	7 (1)	40 (9)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	49	11 (2)	35 (14)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	49	13 (0)	34 (7)
	เฉลี่ย	50.8	11.8 (0.8)	34.8 (9)
0.50	ระยอง 1 (S_1)	50	20 (3)	31 (12)
	ระยอง 5 (S_1)	45	13 (2)	32 (2)
	ระยอง 90 (S_1)	48	12 (0)	34 (6)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	42	6 (0)	35 (10)
	ห้วยบง 60 (S_1)	50	3 (0)	39 (14)
	ห้วยบง 80 (S_1)	50	4 (0)	42 (27)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	51	19 (1)	27 (10)
	เฉลี่ย	48.0	11 (0.9)	34.3 (7)

หมายเหตุ a ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
b ตัวเลขในคอลัมน์ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่
c ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

กล่าวโดยสรุปว่า การผสมระหว่างพ่อแม่ที่มีระดับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแตกต่างกัน มีผลให้ประชากรลูกมีความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ แตกต่างกันไป โดยการผสมตัวเอง (F=0.50) และผสมระหว่างพ่อแม่ที่เป็นเครือญาติกัน (F=0.25) ทำให้ประชากรลูกมีการกระจายตัวแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในทุกลักษณะที่ศึกษา โดยประชากรลูกส่วนใหญ่จะกระจายตัวไปในทิศทางที่ด้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ทั้งนี้เนื่องจากการผสมเลือดชิดจะเพิ่มความถี่ของ homozygous genotype และลด heterozygous genotype ทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรที่มีการผสมเลือดชิดมีค่าลดลง โดยจะลดลงมากเมื่อ F มีค่ามากขึ้น ทำให้ปรากฏลักษณะด้อยในความถี่ที่สูงกว่าประชากรที่มีการผสมพันธุ์โดยสุ่มหรือไม่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต่อกัน (Falconer and Mackey, 1996)

ในขณะที่การผสมระหว่างพ่อแม่ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม (F=0) ไม่ทำให้ค่าของประชากรลูกเปลี่ยนแปลงไปจากพ่อแม่ โดยมีการกระจายตัวในทิศทางทั้งด้อยกว่าและดีเด่นกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในจำนวนใกล้เคียงกัน เมื่อหักล้างกันแล้วจึงทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรลูกไม่เปลี่ยนแปลงไปจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่ ซึ่งเป็นไปตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Law) ที่กล่าวว่า ในประชากรขนาดใหญ่ที่มีการผสมพันธุ์โดยสุ่ม (random mating) เมื่อไม่มีการอพยพ (migration) การคัดเลือก (selection) และการกลายพันธุ์ (mutation) แล้ว ความถี่ยีนและพันธุกรรมจะคงที่จากชั่วหนึ่งไปยังอีกชั่วหนึ่ง (Falconer and Mackey, 1996)

เมื่อพิจารณาจำนวนสายพันธุ์ลูกที่แสดงลักษณะดีเด่นกว่าหรือด้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในแต่ละคู่ผสม (ตารางที่ 16) พบว่า การผสมระหว่างพ่อแม่ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม (F=0) มีโอกาสได้ลูกที่แสดงลักษณะดีเด่นกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่จำนวนมากกว่าการผสมระหว่างพ่อแม่ที่เป็นเครือญาติกัน (F=0.25) และการผสมตัวเอง (F=0.50) ตามลำดับ

ดังนั้นการผสมเลือดชิดในมันสำปะหลังจึงมีโอกาสที่จะได้พันธุ์ที่มีลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่น้อย ซึ่งเป็นสิ่งสำคัญสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังในการพิจารณาคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่เพื่อผสมพันธุ์ นอกจากจะพิจารณาสายพันธุ์ที่มีลักษณะต่างๆ ดีเด่นแล้ว ยังต้องพิจารณาถึงประวัติความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพ่อแม่นั้นด้วย

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 16 จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่า (A) และน้อยกว่า (B) เมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ใน 7 ลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญของคู่ผสมต่างๆ ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	ความงอก		ความสูงต้น		น้ำหนักหัวสด		น้ำหนักต้นและใบ		ดัชนีเก็บเกี่ยว		ปริมาณแป้งในหัว		ปริมาณหัวแห้ง	
		A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B
		%		ซ.ม.		ก.ก./ไร่				0-1		%			
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	22	30	24	18	21	21	20	22	21	21	21	21	21	21
		(0)*	(8)	(3)	(7)	(12)	(15)	(11)	(14)	(3)	(8)	(5)	(11)	(5)	(10)
	ระยอง 90 x CMR#196	0	52	21	31	18	34	21	31	17	35	21	31	20	32
		(0)	(3)	(5)	(7)	(3)	(5)	(5)	(5)	(3)	(0)	(1)	(5)	(1)	(3)
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	16	34	20	30	17	33	20	30	17	33	31	29	31	29
		(0)	(3)	(0)	(1)	(7)	(13)	(10)	(13)	(1)	(1)	(4)	(3)	(4)	(3)
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	37	13	25	25	24	26	29	21	16	34	18	32	21	29
		(0)	(4)	(7)	(9)	(9)	(11)	(13)	(9)	(2)	(5)	(4)	(6)	(4)	(5)
	เฉลี่ย	18.8	32.3	22.5	26	20	28.5	22.5	26	17.8	30.8	22.8	28.3	23.3	27.8
		(0)	(4.5)	(3.8)	(6)	(7.8)	(11)	(9.8)	(10.3)	(2.3)	(3.5)	(3.5)	(6.3)	(3.5)	(5.3)
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	7	39	4	42	8	38	10	36	16	30	16	30	16	30
		(0)	(22)	(1)	(21)	(3)	(19)	(4)	(28)	(1)	(4)	(0)	(6)	(0)	(6)
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	12	35	15	32	9	38	16	31	8	39	7	40	7	40
		(0)	(21)	(2)	(11)	(0)	(27)	(9)	(7)	(0)	(15)	(1)	(9)	(1)	(9)
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	0	46	2	44	1	45	3	43	5	41	11	35	11	35
		(0)	(16)	(0)	(25)	(0)	(37)	(0)	(14)	(0)	(12)	(2)	(14)	(2)	(14)
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	0	47	15	32	9	38	10	37	11	36	13	34	13	34
		(0)	(29)	(0)	(13)	(5)	(30)	(5)	(29)	(0)	(6)	(0)	(7)	(0)	(7)
	เฉลี่ย	4.8	41.8	9	37.5	6.8	39.8	9.8	36.8	10	36.5	11.8	34.8	11.8	34.8
		(0)	(22)	(0.8)	(17.5)	(2)	(28.3)	(4.5)	(19.5)	(0.3)	(9.3)	(0.8)	(9)	(0.8)	(9)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 16 (ต่อ)

F	คู่ผสม	ความงอก		ความสูงต้น		น้ำหนักหัวสด		น้ำหนักต้นและใบ		ดัชนีเก็บเกี่ยว		ปริมาณแป้งในหัว		ปริมาณหัวแห้ง	
		A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B
		——% ——		—— ซ.ม. ——		———— ก.ก./ต้น ————				——0-1 ——		———— % ————			
	ระยอง 1 (S_1)	0	51	1	50	0	51	0	51	9	42	15	36	20	31
		(0)*	(15)	(0)	(40)	(0)	(40)	(0)	(41)	(0)	(16)	(3)	(15)	(3)	(12)
	ระยอง 5 (S_1)	0	45	4	41	0	45	0	45	3	42	9	36	13	32
		(0)	(15)	(0)	(25)	(0)	(44)	(0)	(40)	(0)	(7)	(2)	(2)	(2)	(2)
	ระยอง 90 (S_1)	0	46	3	43	2	44	3	43	5	41	10	36	12	34
		(0)	(20)	(1)	(24)	(1)	(37)	(1)	(35)	(0)	(6)	(0)	(12)	(0)	(6)
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	0	41	5	36	2	39	1	40	4	37	6	35	6	35
0.50		(0)	(10)	(0)	(17)	(1)	(38)	(1)	(36)	(0)	(21)	(0)	(10)	(0)	(10)
	ห้วยบง 60 (S_1)	10	30	4	40	4	40	6	36	7	36	6	35	3	39
		(0)	(20)	(0)	(24)	(0)	(35)	(4)	(30)	(0)	(8)	(0)	(9)	(0)	(14)
	ห้วยบง 80 (S_1)	11	34	7	41	1	46	2	45	2	44	9	37	4	42
		(0)	(16)	(1)	(25)	(0)	(42)	(0)	(39)	(0)	(11)	(0)	(22)	(0)	(27)
	MKUC 34-114-235 (S_1)	0	42	8	39	2	45	1	46	5	41	20	25	19	27
		(0)	(24)	(0)	(23)	(1)	(40)	(1)	(360	(0)	(18)	(0)	(4)	(1)	(10)
	เฉลี่ย	3	41.3	4.6	41.4	1.6	44.3	1.9	43.7	5	40.4	10.7	34.3	11	34.3
		(0)	(17.2	(0.3)	(25.4)	(0.4)	(39.4)	(1)	(36.7)	(0)	(12.4)	(0.7)	(10.5)	(0.9)	(7)

หมายเหตุ * ตัวเลขในวงเล็บ หมายถึง จำนวนสายพันธุ์ลูกผสมที่มีค่ามากกว่าหรือน้อยกว่าและแตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่โดยวิธี LSD ที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

3. ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะทางการเกษตร

วัดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression, ID) ในลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญ ได้แก่ ความงอก ความสูงต้น น้ำหนักหัวสด น้ำหนักพืชทั้งต้น ดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณหัวแห้ง ของสายพันธุ์ลูกที่พ่อแม่มีระดับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแตกต่างกัน 3 ระดับ โดยมีรายละเอียดผลการทดลองแยกเป็นรายลักษณะดังต่อไปนี้

ความงอก

ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะความงอกของกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 มากกว่า 0.50 และ 0 โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 30.7 26.4 และ 3.1 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 17) สาเหตุที่ประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความงอกมากกว่า F=0.50 ทั้งที่ควรจะเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อยกว่า เนื่องจากมีสายพันธุ์ลูกที่อ่อนแอบางส่วนไม่งอกตั้งแต่ขั้นตอนการเพาะเมล็ด ดังนั้นจึงถูกคัดทิ้งโดยไม่ได้ตั้งใจ ถือเป็นการคัดเลือกโดยธรรมชาติที่ไม่สามารถหลีกเลี่ยงได้ (กฤษฎา, 2551) ทำให้ผลที่ได้ไม่เป็นไปตามทฤษฎี

หากจะพิจารณาค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะความงอกที่ถูกต้อง จึงควรพิจารณาที่ความงอกของเมล็ด ซึ่งได้แสดงไว้ในตารางที่ 1 ทั้งนี้เนื่องจากเป็นประชากรที่ยังไม่เคยผ่านการคัดเลือกมาก่อน โดยพบว่า เมล็ดที่เกิดจากการผสมตัวเองซึ่งมีค่า F=0.50 มีความงอกน้อยกว่าเมล็ดที่มีค่า F=0.25 และ 0 โดยมีความงอกเฉลี่ยเท่ากับ 54.4 67.5 และ 90.4 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ การที่ความงอกของเมล็ดที่มีค่า F=0.50 มีความงอกน้อยกว่าและแตกต่างอย่างเด่นชัดทั้งที่ปลูกอยู่ภายใต้สภาพแวดล้อมเดียวกัน แสดงว่าเมล็ดมีความแข็งแรงน้อย ซึ่งน่าจะเป็นอิทธิพลของการผสมเลือดชิด สอดคล้องกับการทดลองของ Ramsey and Vaughton. (1998) ที่ศึกษาความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความงอกของเมล็ด *Blandfordia grandiflora* L. ที่ได้จากการผสมตัวเองเปรียบเทียบกับเมล็ดที่ได้จากการผสมข้ามพันธุ์ ทั้งในสภาพแปลงและห้องปฏิบัติการพบว่า เมล็ดที่ได้จากการผสมข้ามพันธุ์มีความงอกสูงกว่าเมล็ดที่ได้จากการผสมตัวเองทั้งสองสภาพการทดลอง แม้จะเป็นการทดลองในพืชต่างชนิดกัน แต่สิ่งมีชีวิตทุกชนิดก็มีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบเดียวกัน (กฤษฎา, 2551)

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสม พบว่า คู่ผสมในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 นั้น การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 60 มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุดเท่ากับ 38.7 เปอร์เซ็นต์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

รองลงมาคือ สายพันธุ์ MKUC 34-114-235 ห้วยบง 80 ระยอง 90 ระยอง 5 ระยอง 1 และเกษตรศาสตร์ 50 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 37.3 28.7 25.5 24.6 15.6 และ 14.1 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

การที่พันธุ์ระยอง 1 และเกษตรศาสตร์ 50 มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความงอกน้อยกว่าพันธุ์อื่นๆ แสดงให้เห็นว่าทั้งสองพันธุ์น่าจะสะสมยีนเด่นที่ดีที่ควบคุมลักษณะความงอกในพันธุกรรมไว้จำนวนมาก เมื่อทำการผสมตัวเองจึงเกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อย (กฤษฎา, 2551) โดยพันธุ์ระยอง 1 เป็นพันธุ์พื้นเมืองของไทยที่เกษตรกรใช้ปลูกในประเทศมาตั้งแต่อดีต และมีรายงานว่ามีความงอกและความแข็งแรงของท่อนพันธุ์สูง (พีระศักดิ์ และ เจริญศักดิ์, 2529) ส่วนพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50 ซึ่งเป็นลูกของพันธุ์ระยอง 1 ก็มีคุณสมบัติด้านความงอกเช่นกัน จึงมีโอกาสได้รับการถ่ายทอดยีนเด่นที่ดีที่ควบคุมลักษณะความงอกจากพันธุ์ระยอง 1 สำหรับพันธุ์อื่นๆ โดยเฉพาะพันธุ์หรือสายพันธุ์ที่ปรับปรุงพันธุ์ในรอบหลังๆ ได้ แก่ พันธุ์ห้วยบง 60 ห้วยบง 80 และสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 นั้น แม้จะมีเชื้อพันธุกรรมส่วนหนึ่งมาจากพันธุ์ระยอง 1 และเกษตรศาสตร์ 50 แต่ก็ได้รับพันธุกรรมจากพันธุ์ระยอง 1 เพียง 25 เปอร์เซ็นต์ ย่อมมีโอกาสที่จะได้รับการถ่ายทอดยีนด้อยที่ไม่ดีจากพันธุ์อื่นที่ใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์อีกข้างหนึ่งได้ ทำให้เมื่อทำการผสมตัวเองจึงมีโอกาสที่ยีนด้อยที่ไม่ดีเหล่านั้นจะแสดง ออก ส่งผลให้เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความงอกมากขึ้นตามมา

สำหรับค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 นั้น พบว่า ลูกที่เกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ ห้วยบง 60 มีค่ามากสุด เท่ากับ 38.8 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 (37.2 เปอร์เซ็นต์) ระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (24.6 เปอร์เซ็นต์) และห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 (22.0 เปอร์เซ็นต์) ส่วนประชากรลูกที่มีค่า F=0 นั้น พบว่า คู่ผสมระหว่างสายพันธุ์ CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 มีค่ามากสุดเท่ากับ 7.4 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ระยอง 5 กับระยอง 1 (5.9 เปอร์เซ็นต์) และระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 (4.5 เปอร์เซ็นต์) ที่น่าสนใจคือ คู่ผสมระหว่างพันธุ์ห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมติดลบ เท่ากับ -5.5 เปอร์เซ็นต์ หมายความว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรลูกมีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่

แต่อย่างไรก็ตาม เมื่อพิจารณาที่ค่าเฉลี่ยพ่อแม่เปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของลูกในลักษณะความงอกดังแสดงในตารางที่ 17 พบว่า กลุ่มประชากรลูกมีความงอกเฉลี่ย 93.8 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับกลุ่มประชากรลูกที่เกิดจากคู่ผสมอื่นๆ เช่น ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 ที่มีความงอกเฉลี่ย 95.5 เปอร์เซ็นต์ แต่เนื่องจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่ของคู่ผสมระหว่างระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 มีความงอกมากถึง 100 เปอร์เซ็นต์ จึงมีผลทำให้ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมีค่ามาก ในขณะที่ค่าเฉลี่ยพ่อแม่ในลักษณะความงอกของคู่ผสมระหว่าง

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พันธุ์ห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 มีค่าเพียง 88.9 เปอร์เซ็นต์ เท่านั้น จึงส่งผลให้ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความงอกน้อยกว่า ทั้งนี้เนื่องจากค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเป็นการวัดค่าของลูกเทียบเป็นร้อยละของค่าเฉลี่ยพ่อแม่ (Rojas *et al*., 2009)

การที่ลูกมีค่า F=0 นั้น คือ ไม่มีการผสมเลือดชิด ซึ่งโดยเฉลี่ยแล้วลูกที่ได้ควรจะแสดงลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่ (heterosis) คือ มีค่าติดลบ แต่การทดลองนี้พบเพียงคู่ผสมเดียวเท่านั้น คือ คู่ผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 ซึ่งมีความงอกเฉลี่ยของพ่อแม่เท่ากับ 100 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งประชากรลูกทุกต้นไม่มีทางจะได้ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 100 เปอร์เซ็นต์เหมือนพ่อแม่ อย่างไรก็ตามค่าความงอกเฉลี่ยของคู่ผสมนี้ก็มากกว่าคู่ผสมอื่นๆ (ตารางที่ 17) ในกลุ่มเดียวกัน จะเห็นได้ชัดว่าพ่อแม่งอกดี ลูกที่ได้โดยเฉลี่ยจะงอกดีด้วย

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 17 ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความงอกของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ค่าของพ่อแม่			ค่าของลูก			ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม		
		แม่	พ่อ	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย
		%								
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	100	66.7	83.3	100	33.3	78.4	60	-20	5.9
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	100	100	100	100	44.4	95.5	55.6	0	4.5
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	88.9	100	94.4	100	33.3	87.4	64.5	-5.6	7.4
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	100	77.8	88.9	100	55.6	93.8	37.5	-12.5	-5.5
	เฉลี่ย	97.2	86.1	91.7	100	41.7	88.8	54.4	-9.5	3.1
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	77.8	100	88.9	100	33.3	67.0	62.5	-12.5	24.6
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	88.9	100	94.4	100	33.3	73.6	64.7	-5.9	22
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	100	100	100	100	33.3	61.2	66.7	0	38.8
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	100	100	100	100	33.3	62.8	66.7	0	37.2
	เฉลี่ย	91.7	100	95.8	100	33.3	66.2	65.2	-4.6	30.7
0.50	ระยอง 1 (S_1)	100	100	100	100	0	84.4	100	0	15.6
	ระยอง 5 (S_1)	100	100	100	100	11.1	75.4	88.9	0	24.6
	ระยอง 90 (S_1)	100	100	100	100	22.2	74.5	77.8	0	25.5
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	100	100	100	100	22.2	85.9	77.8	0	14.1
	ห้วยบง 60 (S_1)	88.9	88.9	88.9	100	0	54.5	100	-12.5	38.7
	ห้วยบง 80 (S_1)	88.9	88.9	88.9	100	0	63.3	100	-12.5	28.7
	MKUC 34-114-235 (S_1)	100	100	100	100	0	62.7	100	0	37.3
	เฉลี่ย	96.8	96.8	96.8	100	7.9	71.5	92.1	-3.6	26.4

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ความสูงต้น

ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะความสูงต้นของกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มากกว่า 0.25 และ 0 โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 21.3 14.2 และ 1.8 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 18) สอดคล้องกับการศึกษาของ Kawano *et al*. (1978) และ Rojas *et al*. (2009) ที่พบว่า การผสมตัวเองทำให้ค่าความสูงต้นลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่เท่ากับ 19 และ 10.1 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ จะเห็นว่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความสูงต้นของการทดลองนี้มีค่าอยู่ระหว่างกลางของสองการทดลองที่ผ่านมา ทั้งนี้น่าจะมาจากความแตกต่างของเชื้อพันธุกรรมที่ศึกษา

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสมพบว่า คู่ผสมในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 นั้น การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 60 มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุดเท่ากับ 29.0 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ พันธุ์ห้วยบง 80 MKUC 34-114-235 ระยอง 1 ระยอง 5 ระยอง 90 และเกษตรศาสตร์ 50 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 24.3 23.2 23.1 17.1 16.9 และ 15.2 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ สำหรับค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในกลุ่มประชากรรลูกที่มีค่า F=0.25 นั้น พบว่า ลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 มีค่ามากสุด เท่ากับ 20.8 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ระยอง 5 กับ ห้วยบง 60 (18.6 เปอร์เซ็นต์) ห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 (10.9 เปอร์เซ็นต์) และห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 (6.3 เปอร์เซ็นต์)

ส่วนกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0 นั้น พบว่า ทุกคู่ผสมมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะความสูงต้นใกล้เคียงกัน อยู่ระหว่าง 1.6 ถึง 2.2 เปอร์เซ็นต์ โดยคู่ผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 มีค่ามากสุดเท่ากับ 2.2 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 เท่ากับ 1.9 เปอร์เซ็นต์ ส่วนพันธุ์ระยอง 5 กับ ระยอง 1 และห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 มีค่าเท่ากันที่ 1.6 เปอร์เซ็นต์

ผลการทดลองสอดคล้องกับรายงานของ Hallauer and Miranda (1981) ที่ได้รวบรวมผลการศึกษาจากหลายการทดลองเกี่ยวกับความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในข้าวโพด พบว่าความสูงต้นของประชากรลูกที่มีค่า F แตกต่างกันที่ระดับ 0.01 0.25 และ 0.50 มีค่าลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่มากขึ้นตามลำดับ โดยค่าความสูงต้นจะลดลงมากเมื่อค่า F มีค่ามากขึ้น

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 18 ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความสูงต้นของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ค่าของพ่อแม่			ค่าของลูก			ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม		
		แม่	พ่อ	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย
		ซ.ม.						%		
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	173.0	195.0	184.0	240.0	103.0	181.0	44.0	-30.0	1.6
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	167.0	200.0	184.0	240.0	80.0	180.0	57.0	-30.0	2.2
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	186.0	206.0	197.0	238.0	147.0	193.0	34.0	-17.0	1.9
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	196.0	150.0	173.0	223.0	85.0	170.0	51.0	-29.0	1.6
	เฉลี่ย	180.5	187.8	184.5	235.3	103.8	181.0	46.5	-26.5	1.8
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	182.0	222.0	202.0	247.0	85.0	160.0	58.0	-22.0	20.8
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	208.0	193.0	201.0	250.0	133.0	188.0	34.0	-24.0	6.3
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	188.3	231.7	210.0	231.7	96.7	171.0	54.0	-10.3	18.6
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	177.0	191.0	184.0	218.0	90.0	164.0	51.0	-19.0	10.9
	เฉลี่ย	188.8	209.4	199.3	236.7	101.2	170.8	49.3	-18.8	14.2
0.50	ระยอง 1 (S_1)	223.0	223.0	223.0	223.0	118.0	172.0	47.0	0.1	23.1
	ระยอง 5 (S_1)	196.0	196.0	196.0	212.0	100.0	163.0	49.0	-8.0	17.1
	ระยอง 90 (S_1)	211.0	211.0	211.0	257.0	87.0	175.0	59.0	-22.0	16.9
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	266.0	266.0	266.0	295.0	125.0	226.0	53.0	-11.0	15.2
	ห้วยบง 60 (S_1)	202.0	202.0	202.0	208.0	83.0	144.0	59.0	-3.0	29.0
	ห้วยบง 80 (S_1)	208.0	208.0	208.0	260.0	68.0	157.0	68.0	-25.0	24.3
	MKUC 34-114-235 (S_1)	215.0	215.0	215.0	257.0	93.0	165.0	57.0	-19.0	23.2
	เฉลี่ย	217.3	217.3	217.3	244.6	96.3	171.7	56.0	-12.6	21.3

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

น้ำหนักหัวสด

ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะน้ำหนักหัวสดของกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มากกว่า 0.25 และ 0 ซึ่งเป็นไปในแนวทางเดียวกับลักษณะความสูงต้น โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 55.7 37.5 และ 1.1 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 19) ผลการทดลองสอดคล้องกับการศึกษาของ Kawano *et al*. (1978) และ Rojas *et al*. (2009) ที่ศึกษาในมันสำปะหลัง โดยพบว่า ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยของประชากรลูกที่เกิดจากการผสมตัวเองซึ่งมีค่า F=0.50 มีค่าเท่ากับ 54 และ 63.9 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งใกล้เคียงกับผลการทดลองนี้ แต่เมื่อเทียบกับค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะความสูงต้นแล้วจะพบว่ามีค่ามากกว่า ทั้งนี้เนื่องจากลักษณะน้ำหนักหัวสดน่าจะถูกควบคุมด้วยยีนจำนวนมากกว่า เมื่อเกิดการผสมเลือดชิด ยีนด้อยที่แฝงอยู่จึงแสดงออกทำให้เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากกว่า (Hallauer and Miranda, 1981)

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสม พบว่า คู่ผสมในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 นั้น การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 80 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุดเท่ากับ 65.9 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ พันธุ์ห้วยบง 60 MKUC 34-114-235 ระยอง 5 ระยอง 1 เกษตรศาสตร์ 50 และระยอง 90 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 59.2 56.9 56.1 51.5 50.5 และ 49.9 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

สำหรับความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 นั้น พบว่า ลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ ห้วยบง 80 มีค่ามากสุดเท่ากับ 52.5 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 (37.1 เปอร์เซ็นต์) ห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 (30.9 เปอร์เซ็นต์) และระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (29.3 เปอร์เซ็นต์) ส่วนกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0 นั้น พบว่า ทุกคู่ผสมมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยใกล้เคียงกัน โดยมีค่าอยู่ระหว่าง 3.0 ถึง -2.1 เปอร์เซ็นต์ โดยคู่ผสมระหว่างสายพันธุ์ CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 มีค่ามากสุดเท่ากับ 3.0 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 (2.7 เปอร์เซ็นต์) และระยอง 5 กับ ระยอง 1 (0.9 เปอร์เซ็นต์) ในขณะที่คู่ผสมระหว่างพันธุ์ห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 มีค่าติดลบ โดยมีค่าเท่ากับ -2.1 เปอร์เซ็นต์

ผลการทดลองสอดคล้องกับรายงานของ Hallauer and Miranda (1981) ที่รวบรวมรายงานผลการศึกษาจากหลายการทดลองเกี่ยวกับความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในข้าวโพด พบว่า ลักษณะผลผลิตเมล็ด (grain yield) ของประชากรลูกที่มีค่า F แตกต่างกันที่ระดับ 0.01 0.25 และ 0.50 มีค่าลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่มากขึ้นตามลำดับ โดยผลผลิตจะลดลงมากเมื่อ F มีค่ามากขึ้น ทั้งนี้เนื่องจากการผสมเลือดชิดเป็นการเพิ่มโอกาสที่ยีนที่มาจับคู่กันจะเหมือนกัน

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

โดยการถ่ายทอดจึงเป็นการเพิ่ม homozygote และลด heterozygote โดยสัดส่วนการเพิ่มหรือลดจะขึ้นอยู่กับค่า F ซึ่งมีผลทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรลดลง และค่าเฉลี่ยของประชากรจะลดลงมากเมื่อ F มีค่ามาก (Falconer and Mackey, 1996)

การที่ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยของกลุ่มประชากรลูกที่ได้จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 มีค่าติดลบเป็นสิ่งที่น่าสนใจ เนื่องจากแสดงให้เห็นว่ามีความดีเด่นเหนือพ่อแม่ (heterosis) มากกว่าคู่ผสมอื่น หรือกล่าวได้ว่า มีสายพันธุ์ลูกผสมจำนวนมากที่แสดงลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักหัวสด โดยพบว่า ค่าเฉลี่ยของลูกมีค่าเท่ากับ 4.9 กิโลกรัมต่อต้น ซึ่งสูงกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่ที่มีค่าเท่ากับ 4.8 กิโลกรัมต่อต้น หรือสูงกว่าประมาณ 2 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 19) นอกจากนั้นยังมีค่าสูงกว่าสายพันธุ์ลูกผสมจากคู่ผสมอื่นๆ ทุกคู่ผสม

สิ่งสำคัญประการหนึ่งที่พบจากการทดลองนี้คือ ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมีค่าแตกต่างกันไปในแต่ละคู่ผสม และประชากรลูกภายในคู่ผสมเดียวกันก็แสดงความแปรปรวนของลักษณะแตกต่างกันไปด้วยเช่นกัน เช่น ลูกที่ได้จากการผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 60 และห้วยบง 80 เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักหัวสดมากถึง 59.2 และ 65.9 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งมากกว่าการผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ ในขณะที่ลูกที่ได้จากการผสมตัวเองของพันธุ์ระยอง 90 และ เกษตรศาสตร์ 50 มีค่าน้อยกว่าเท่ากับ 49.9 และ 51.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งลักษณะอื่นๆ ก็เช่นกัน แสดงให้เห็นว่า ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของละพันธุ์จะเกิดไม่เท่ากัน ดังนั้นการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์เพื่อสกัดเป็นสายพันธุ์แท้ในอนาคตจึงมีความจำเป็น

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 19 ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะน้ำหนักหัวสดของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ค่าของพ่อแม่			ค่าของลูก			ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม		
		แม่	พ่อ	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย
		ก.ก./ต้น						%		
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	1.8	1.6	1.7	4.8	0.1	1.7	92.2	-180.4	0.9
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	4.3	4.5	4.4	11.6	2.3	4.3	47.2	-164.4	2.7
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	2.4	2.6	2.5	7.6	0.6	2.4	76.0	-204.0	3.0
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	5.1	4.5	4.8	8.8	2.3	4.9	51.4	-83.3	-2.1
	เฉลี่ย	3.4	3.3	3.4	8.2	1.3	3.3	66.7	158.0	1.1
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	2.5	4.1	3.3	5.5	0.7	2.3	79.8	-67.0	29.3
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	4.8	3.9	4.3	5.7	1.1	3.0	73.9	-32.8	30.9
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	3.7	5.2	4.4	4.6	0.4	2.1	91.7	-4.5	52.5
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	2.9	3.4	3.2	5.8	0.3	2.0	89.6	-81.3	37.1
	เฉลี่ย	3.5	4.2	3.8	5.4	0.6	2.4	83.8	-46.4	37.5
0.50	ระยอง 1 (S_1)	3.8	3.8	3.8	3.7	0.6	1.8	85.5	3.5	51.5
	ระยอง 5 (S_1)	5.0	5.0	5.0	4.6	0.6	2.2	87.6	7.6	56.1
	ระยอง 90 (S_1)	5.0	5.0	5.0	6.8	0.6	2.5	88.0	-36.4	49.9
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	5.2	5.2	5.2	7.3	0.6	2.6	88.7	-39.4	50.5
	ห้วยบง 60 (S_1)	4.0	4.0	4.0	5.4	0.3	1.6	91.7	-34.6	59.2
	ห้วยบง 80 (S_1)	4.8	4.8	4.8	5.1	0.2	1.6	95.9	-5.8	65.9
	MKUC 34-114-235 (S_1)	4.5	4.5	4.5	6.5	0.3	2.0	93.4	-42.8	56.9
	เฉลี่ย	4.6	4.6	4.6	5.6	0.5	2.0	90.1	-21.1	55.7

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

น้ำหนักต้นและใบ

ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะน้ำหนักต้นและใบของกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มากกว่า 0.25 และ 0 โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 51.1 32.5 และ -1.2 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 20) ซึ่งเป็นไปในแนวทางเดียวกับลักษณะอื่นๆ ที่กล่าวมาแล้ว โดยพบว่า การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 80 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุดเท่ากับ 61.1 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ พันธุ์ห้วยบง 60 ระยอง 5 MKUC 34-114-235 ระยอง 1 ระยอง 90 และเกษตรศาสตร์ 50 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 60.8 50.5 49.5 46.7 45.6 และ 43.4 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

สำหรับความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 นั้น พบว่า ลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ ห้วยบง 80 มีค่ามากสุดเท่ากับ 43.7 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 (33.4 เปอร์เซ็นต์) ระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (28.4 เปอร์เซ็นต์) และห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 (24.6 เปอร์เซ็นต์) ส่วนกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0 นั้น พบว่า คู่ผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ ระยอง 1 และระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเป็นบวก ในขณะที่คู่ผสมระหว่าง CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 และห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 มีค่าเป็นลบ โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเรียงลำดับจากมากสุดไปหาน้อยสุด ดังนี้คือ ระยอง 5 กับ ระยอง 1 (4.3 เปอร์เซ็นต์) ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 (2.2 เปอร์เซ็นต์) CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (-1.1 เปอร์เซ็นต์) และห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 (-6.6 เปอร์เซ็นต์)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 20 ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะน้ำหนักต้นและใบของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ค่าของพ่อแม่			ค่าของลูก			ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม		
		แม่	พ่อ	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย
		ก.ก./ต้น								
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	3.4	3.7	3.6	5.3	0.2	2.7	93.5	-48.1	25.2
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	8.7	10.6	9.6	12.4	2.8	6.3	70.8	-29.2	34.6
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	4.8	4.7	4.7	6.9	1.0	3.7	78.7	-46.1	22.2
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	10.1	6.7	8.4	16.5	2.9	5.7	62.4	-111.1	26.8
	เฉลี่ย	6.8	6.4	6.6	10.3	1.7	4.6	76.3	-58.6	27.2
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	2.7	4.5	3.6	7.9	0.2	2.1	94.4	-118.5	42.1
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	3.4	4.7	4.1	9.2	0.8	3.4	77.1	-162.9	3.7
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	3.9	5.5	4.7	9.2	0.2	2.4	95.7	-95.7	48.5
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	3.0	3.9	3.4	4.7	0.2	1.6	94.1	-39.2	51.5
	เฉลี่ย	3.3	4.7	4.0	7.8	0.4	2.4	90.3	-104.1	36.5
0.5	ระยอง 1 (S_1)	5.9	5.9	5.9	9.6	1.3	1.7	78.0	-63.3	39.2
	ระยอง 5 (S_1)	6.6	6.6	6.6	8.5	0.2	3.0	97.0	-29.3	57.7
	ระยอง 90 (S_1)	6.9	6.9	6.9	10.7	0.4	3.9	93.8	-54.6	47.0
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	6.9	6.9	6.9	8.1	0.9	4.1	100.0	-16.9	42.9
	ห้วยบง 60 (S_1)	5.8	5.8	5.8	7.3	0.5	2.3	90.9	-25.9	60.8
	ห้วยบง 80 (S_1)	6.4	6.4	6.4	6.5	0.3	2.5	95.3	-1.4	61.1
	MKUC 34-114-235 (S_1)	7.4	7.4	7.4	10.3	0.5	3.7	93.6	-39.8	49.5
	เฉลี่ย	6.6	6.6	6.6	8.7	0.3	3.0	92.7	-33.0	51.2

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ดัชนีเก็บเกี่ยว

ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวของกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มากกว่า 0.25 และ 0 โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ย เท่ากับ 13.5 9.0 และ 2.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 21) ซึ่งน้อยกว่าการศึกษาของ Kawano *et al.* (1978) และ Rojas *et al.* (2009) ที่พบว่า การผสมตัวเองมันสำปะหลังชั่วที่ 1 ทำให้ค่าดัชนีเก็บเกี่ยวลดลงจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่เท่ากับ 20 และ 26.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสมพบว่า คู่ผสมในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 นั้น การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 80 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุด เท่ากับ 17.7 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ สายพันธุ์ MKUC 34-114-235 ระยอง 1 เกษตรศาสตร์ 50 ระยอง 90 ระยอง 5 และ ห้วยบง 60 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 15.5 14.8 14.4 11.4 11.1 และ 9.3 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ สำหรับค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 นั้น พบว่า ลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ ห้วยบง 80 มีค่ามากสุดเท่ากับ 15.2 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 (10.2 เปอร์เซ็นต์) ห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 (7.6 เปอร์เซ็นต์) และระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (3.1 เปอร์เซ็นต์)

ส่วนกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0 นั้น พบว่า ทุกคู่ผสมมีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวใกล้เคียงกัน โดยมีค่าอยู่ระหว่าง 1.3-3.5 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งในแต่ละคู่ผสมมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ย เรียงลำดับจากมากสุดไปหาน้อยสุดดังนี้ คือ ห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 (3.5 เปอร์เซ็นต์) ระยอง 5 กับระยอง 1 (2.7 เปอร์เซ็นต์) CMR 35-22-196 กับเกษตรศาสตร์ 50 (2.5 เปอร์เซ็นต์) และระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 (1.3 เปอร์เซ็นต์)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 21 ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะค่าดัชนีเก็บเกี่ยวของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ค่าของพ่อแม่			ค่าของลูก			ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม		
		แม่	พ่อ	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย
		0-1								
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	0.61	0.52	0.56	0.83	0.18	0.55	67.8	-47.8	2.7
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	0.59	0.61	0.60	0.88	0.46	0.59	23.0	-47.0	1.3
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	0.65	0.64	0.65	0.91	0.25	0.63	69.7	-45.5	2.5
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	0.64	0.57	0.60	0.72	0.40	0.58	34.0	-20.1	3.5
	เฉลี่ย	0.62	0.59	0.60	0.84	0.32	0.59	48.6	-40.1	2.5
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	0.70	0.75	0.73	0.91	0.46	0.71	37.2	-24.5	3.1
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	0.76	0.71	0.73	0.81	0.44	0.66	39.3	-11.5	10.2
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	0.74	0.73	0.73	0.79	0.40	0.62	45.0	-8.0	15.2
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	0.75	0.72	0.73	0.78	0.33	0.68	54.3	-6.6	7.6
	เฉลี่ย	0.74	0.73	0.73	0.82	0.41	0.67	44.0	-12.7	9.0
0.50	ระยอง 1 (S_1)	0.64	0.64	0.64	0.74	0.32	0.54	100.0	-15.3	14.8
	ระยอง 5 (S_1)	0.70	0.70	0.70	0.85	0.38	0.63	46.4	-22.0	11.1
	ระยอง 90 (S_1)	0.67	0.67	0.67	0.84	0.41	0.60	39.3	-25.2	11.4
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	0.69	0.69	0.69	0.74	0.44	0.59	36.2	-6.7	14.4
	ห้วยบง 60 (S_1)	0.70	0.70	0.70	0.74	0.42	0.64	40.5	-5.7	9.3
	ห้วยบง 80 (S_1)	0.75	0.75	0.75	0.77	0.39	0.62	48.3	-2.3	17.7
	MKUC 34-114-235 (S_1)	0.61	0.61	0.61	0.69	0.32	0.52	46.8	-12.9	15.5
	เฉลี่ย	0.68	0.68	0.68	0.77	0.38	0.59	51.1	-12.9	13.5

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ปริมาณแป้งในหัว

ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะปริมาณแป้งในหัวของประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มากกว่า 0.25 และ 0 โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 12.7 9.3 และ 0.9 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 22) ซึ่งเป็นไปในแนวทางเดียวกันกับลักษณะอื่นๆ แต่หากเปรียบเทียบค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะจะพบว่า มีค่าน้อยกว่าเกือบทุกลักษณะ สอดคล้องกับการศึกษาของ Rojas *et al*. (2009) ที่รายงานว่า ลักษณะปริมาณแป้งในหัว มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อยกว่าลักษณะผลผลิตหัวสด ใบสด ดัชนีเก็บเกี่ยว และความสูงต้น ตามลำดับ

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสม พบว่า กลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 นั้น การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 80 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุดเท่ากับ 23.8 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ พันธุ์ห้วยบง 60 ระยอง 90 ระยอง 1 เกษตรศาสตร์ 50 ระยอง 5 และ MKUC 34-114-235 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 18.7 13.0 12.2 10.8 7.7 และ 2.7 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ที่น่าสนใจคือ การผสมตัวเองของสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะปริมาณแป้งในหัวน้อยกว่าการผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ มาก โดยมีค่าเพียง 2.7 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่ลักษณะอื่น ๆ ของพันธุ์นี้ กลับพบว่ามีค่ามากในทุกลักษณะที่ศึกษาเมื่อเทียบกับการผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ

การที่ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะปริมาณแป้งในหัวของสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 มีค่าน้อยกว่าพันธุ์อื่นๆ น่าจะเกี่ยวข้องกับมีการสะสมยีนเด่นที่ควบคุมลักษณะปริมาณแป้งในหัวไว้จำนวนมาก หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งว่า มียีนด้อยที่ควบคุมลักษณะปริมาณแป้งในหัวแฝงอยู่จำนวนน้อย เมื่อผสมตัวเองจึงเกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อยกว่าพันธุ์อื่น (กฤษฎา, 2551) สอดคล้องกับการศึกษาของ จำลักษณ์ และคณะ (2550) ที่รายงานว่า สายพันธุ์ MKUC 34-114-235 เป็นสายพันธุ์ดีเด่น (elite line) ของโครงการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง ภาควิชาพืชไร่นา มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ซึ่งมีเสถียรภาพของปริมาณแป้งในหัวสูง แต่มีผลผลิตต่ำ

สำหรับความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 นั้น พบว่า ลูกที่เกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับห้วยบง 80 มีค่ามากสุด เท่ากับ 11.8 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ห้วยบง 60 กับระยอง 5 (11.5 เปอร์เซ็นต์) ห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 (8.4 เปอร์เซ็นต์) และระยอง 90 กับเกษตรศาสตร์ 50 (5.5 เปอร์เซ็นต์) ส่วนประชากรลูกที่มีค่า F=0 นั้น พบว่า ทุกคู่ผสมมีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อยมากและมีค่าใกล้เคียงกัน

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 22 ค่าของพ่อแม่ ลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะปริมาณแป้งในหัวของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ค่าของพ่อแม่			ค่าของลูก			ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม		
		แม่	พ่อ	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย
						%				
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	22.0	15.2	18.6	27.3	8.6	18.1	117.0	-31.8	2.5
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	24.9	25.0	25.0	29.6	17.7	24.1	29.2	-18.6	3.3
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	24.8	22.6	23.7	28.9	16.4	24.2	30.7	-22.0	-2.4
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	20.8	13.6	17.2	25.6	7.2	17.2	58.0	-48.8	0.3
	เฉลี่ย	23.1	19.1	21.1	27.9	12.5	20.9	58.6	-30.3	0.9
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	22.5	24.5	23.5	27.3	12.7	22.2	46.1	-16.3	5.5
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	21.5	21.7	21.6	27.0	12.0	19.1	44.5	-25.1	11.5
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	20.7	23.5	22.1	27.6	11.5	19.5	47.9	-25.0	11.8
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	21.6	25.3	23.5	27.9	11.9	21.5	49.3	-18.8	8.4
	เฉลี่ย	21.6	23.8	22.7	27.5	12.0	20.6	47.0	-21.3	9.3
0.50	ระยอง 1 (S_1)	16.6	16.6	16.6	22.7	6.2	14.5	62.8	-36.5	12.2
	ระยอง 5 (S_1)	20.2	20.2	20.2	27.5	7.0	18.6	65.2	-36.1	7.7
	ระยอง 90 (S_1)	24.5	24.5	24.5	28.4	9.1	21.3	62.9	-16.0	13.0
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	24.0	24.0	24.0	25.7	17.3	21.4	27.8	-7.1	10.8
	ห้วยบง 60 (S_1)	27.3	27.3	27.3	29.9	11.4	22.2	58.4	-9.5	18.7
	ห้วยบง 80 (S_1)	22.8	22.8	22.8	52.5	27.0	0.0	52.5	-27.0	23.2
	MKUC 34-114-235 (S_1)	24.1	24.1	24.1	29.5	15.0	23.4	37.9	-22.5	2.7
	เฉลี่ย	22.8	22.8	22.8	30.9	5.6	17.3	52.5	-22.1	12.7

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ปริมาณหัวแห้ง

ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะปริมาณหัวแห้งของประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มากกว่า 0.25 และ 0 โดยมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 7.5 4.5 และ 0.1 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 23) ซึ่งใกล้เคียงกับลักษณะปริมาณแป้งในหัว ทั้งนี้เนื่องจากค่าปริมาณหัวแห้งมีสหสัมพันธ์กับปริมาณแป้งในหัวสูงมาก (CIAT, 1975; Kawano *et al*., 1987)

เมื่อพิจารณาเป็นรายคู่ผสม พบว่า คู่ผสมในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 นั้น การผสมตัวเองของพันธุ์ห้วยบง 80 มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุด เท่ากับ 16.9 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ พันธุ์ห้วยบง 60 ระยอง 90 เกษตรศาสตร์ 50 ระยอง 1 ระยอง 5 และ MKUC 34-114-235 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 15.3 5.8 5.6 3.9 3.5 และ 1.2 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

ที่น่าสนใจคือ สายพันธุ์ลูกผสมที่เกิดจากการผสมตัวเองของสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อยสุดเพียง 1.2 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งใกล้เคียงกับกลุ่มที่พ่อแม่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม (F=0) แสดงว่ามีระดับ homozygosity สูง ในขณะที่การผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ มีค่ามาก โดยเฉพาะพันธุ์ห้วยบง 60 และ ห้วยบง 80 ที่มีค่ามากถึง 15.3 และ 16.9 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าพันธุ์ห้วยบง 60 และ ห้วยบง 80 น่าจะสะสมยีนด้อยที่ควบคุมลักษณะปริมาณหัวแห้งไว้จำนวนมากกว่าสายพันธุ์ MKUC 34-114-235 หรือมีระดับ homozygosity ต่ำกว่า เมื่อทำการผสมตัวเองลูกที่ได้จึงแสดงลักษณะด้อยออกมาส่งผลให้มีเกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากกว่า

สำหรับความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในกลุ่มประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 นั้น พบว่า ลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างพันธุ์ระยอง 5 กับ ห้วยบง 80 มีค่ามากสุดเท่ากับ 5.6 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ ห้วยบง 60 กับ ระยอง 5 (5.4 เปอร์เซ็นต์) ห้วยบง 60 กับ ห้วยบง 80 (4.1 เปอร์เซ็นต์) และระยอง 90 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (2.7 เปอร์เซ็นต์) ส่วนประชากรลูกที่มีค่า F=0 นั้น พบว่า ทุกคู่ผสมมีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมใกล้เคียงกัน ระหว่าง 1.8- -1.2 เปอร์เซ็นต์ โดยมีค่าเรียงลำดับจากมากสุดไปหาน้อยสุด ได้แก่ พันธุ์ระยอง 90 กับ CMR 35-22-196 (1.8 เปอร์เซ็นต์) ระยอง 5 กับ ระยอง 1 (1.1 เปอร์เซ็นต์) ห้วยบง 60 กับ CM 1223-11 (0.1 เปอร์เซ็นต์) และ CMR 35-22-196 กับ เกษตรศาสตร์ 50 (-1.2 เปอร์เซ็นต์)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 23 ค่าของพ่อแม่ ค่าของลูก และค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในลักษณะปริมาณหัวแห้งของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ค่าของพ่อแม่			ค่าของลูก			ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม		
		แม่	พ่อ	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย	มากสุด	น้อยสุด	เฉลี่ย
						%				
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	34.9	29.6	32.2	38.7	24.7	31.9	23.3	-20.3	1.1
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	37.0	37.0	37.0	40.5	31.5	36.3	14.8	-9.5	1.8
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	36.8	35.2	36.0	40.0	30.6	36.4	17.7	-9.9	-1.2
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	33.9	28.5	31.2	37.5	23.7	31.1	24.1	-20.1	0.1
	เฉลี่ย	35.7	32.6	34.1	39.2	27.6	33.9	20.0	-15.0	0.5
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	35.2	36.6	35.9	38.8	27.8	34.9	22.7	-8.0	2.7
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	34.4	34.5	34.5	38.6	27.3	32.6	21.0	-11.7	5.4
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	33.8	35.9	34.8	39.0	27.0	32.9	22.3	-12.0	5.6
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	34.5	37.3	35.9	39.2	27.2	34.4	24.2	-9.2	4.1
	เฉลี่ย	34.5	36.1	35.3	38.9	27.3	33.7	22.6	-10.2	4.5
0.50	ระยอง 1 (S_1)	30.4	30.4	30.4	35.3	22.9	29.2	24.7	-16.0	3.9
	ระยอง 5 (S_1)	33.4	33.4	33.4	38.9	23.5	32.2	29.6	-16.4	3.5
	ระยอง 90 (S_1)	36.7	36.7	36.7	40.4	24.2	34.6	33.9	-10.1	5.8
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	36.2	36.2	36.2	37.6	30.4	34.2	16.0	-3.7	5.6
	ห้วยบง 60 (S_1)	42.0	42.0	42.0	48.0	26.8	35.6	36.2	-14.2	15.3
	ห้วยบง 80 (S_1)	37.3	37.3	37.3	41.0	25.5	31.0	31.7	-10.0	16.9
	MKUC 34-114-235 (S_1)	36.3	36.3	36.3	44.9	29.5	35.9	18.9	-23.6	1.2
	เฉลี่ย	36.0	36.0	36.0	40.9	26.1	33.2	27.3	-13.4	7.5

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

กล่าวโดยสรุปว่า ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยของประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มากกว่า 0.25 และ 0 ในทุกลักษณะที่ศึกษา ทั้งนี้เนื่องจากการผสมตัวเองและผสมระหว่างพ่อแม่ที่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรมจะเพิ่มความถี่ของ homozygous genotype และลด heterozygous genotype ทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรที่มีการผสมเลือดชิดมีค่าลดลง โดยจะลดลงมากเมื่อ F มีค่ามากขึ้น ทำให้ปรากฏลักษณะด้อยในความถี่ที่สูงกว่าประชากรที่มีการผสมพันธุ์โดยสุ่มหรือไม่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต่อกัน (Falconer and Mackey, 1996)

เมื่อเปรียบเทียบค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะ (ตารางที่ 24) พบว่าลักษณะน้ำหนักหัวสดมีค่ามากสุด รองลงมาคือ น้ำหนักต้นและใบ ความงอก ความสูงต้น ดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณหัวแห้ง โดยประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 55.7 51.1 26.4 21.3 13.5 12.7 และ 7.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 37.5 32.5 30.7 14.2 9.0 9.3 และ 4.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Kawano *et al.* (1978) และ Rojas *et al.* (2009) ที่พบตรงกันว่า ลักษณะผลผลิตหัวสดมีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากสุดและมีค่าน้อยสุดในลักษณะปริมาณหัวแห้ง

เมื่อเปรียบเทียบค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยระหว่างการทดลองนี้กับของ Kawano *et al.* (1978) และ Rojas *et al.* (2009) พบว่า การทดลองนี้มีค่าน้อยกว่าเกือบทุกลักษณะที่ศึกษา ทั้งนี้น่าจะมาจากความแตกต่างของเชื้อพันธุกรรมที่นำมาศึกษา โดยงานทดลองของ Kawano *et al.* (1978) และ Rojas *et al.* (2009) ศึกษาในมันสำปะหลังพันธุ์พื้นเมืองหรือพันธุ์ที่เคยผ่านการปรับปรุงพันธุ์มาเพียงน้อยรอบ (cycle) ทำให้อาจมียีนด้อย (recessive genes) แฝงอยู่ในประชากรเป็นจำนวนมากเนื่องจากยังไม่เคยหรือเคยถูกคัดทิ้งมาบ้างเพียงน้อยครั้ง ในขณะที่การทดลองนี้ศึกษาในพันธุ์การค้าของไทยซึ่งบางพันธุ์ผ่านการปรับปรุงพันธุ์มานานถึง 5 รอบ (Rojanaridpiched *et al.,* 2010) จึงผ่านการคัดเลือกลักษณะที่ไม่ดีซึ่งถูกควบคุมโดยยีนด้อยทิ้งไปแล้วหลายรอบ ทำให้เมื่อมีการผสมเลือดชิดจึงเกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมน้อยกว่า

สอดคล้องกับการศึกษาในประชากรข้าวโพดเขต temperate ของ Lamkey and Smith (1987) และข้าวโพดเขต subtropical ของ Pacheco *et al.* (2002) ที่พบว่า ประชากรที่ไม่เคยมีการผสมเลือดชิดจะมีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยมากกว่าประชากรที่เคยผ่านการผสมเลือดชิดและคัดเลือกมาก่อนหลายๆ รุ่น ทำให้ประชากรในรอบการปรับปรุงพันธุ์หลังๆ มีค่าของลักษณะต่างๆ ดีขึ้นอันเนื่องจากการสะสมยีนเด่นไว้ในประชากรมากขึ้นในทุกรอบการปรับปรุงพันธุ์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

นอกจากนั้นยังพบว่า ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในแต่ละลักษณะที่ศึกษามีค่าแตกต่างกันไปในแต่ละพันธุ์และคู่ผสม โดยการผสมตัวเองของพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50 ส่งผลให้ลูกที่ได้มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในทุกลักษณะน้อยกว่าการผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ ที่ศึกษา และการผสมตัวเองของพันธุ์การค้าในรุ่นใหม่ ได้แก่ พันธุ์ห้วยบง 60 และ ห้วยบง 80 ส่งผลให้ลูกที่ได้เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในทุกลักษณะมากกว่าพันธุ์อื่นๆ ในขณะที่สายพันธุ์ MKUC 34-114-235 ซึ่งมีเสถียรภาพด้านปริมาณแป้งในหัวและปริมาณหัวแห้งสูง (จำลักษณ์และคณะ, 2550) พบว่า ลูกที่ได้เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณแป้งในหัวและปริมาณหัวแห้งเพียงเล็กน้อยเมื่อเทียบกับลูกที่เกิดจากการผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ แต่ลักษณะอื่นที่นอกเหนือจาก 2 ลักษณะดังกล่าว มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากเช่นกัน

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางที่ 24 ค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรม (inbreeding depression, ID) เป็นร้อยละของค่าเฉลี่ยพ่อแม่ (mid parent, MP) ใน 7 ลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญของคู่ผสมต่างๆ ที่มีค่า Coefficient of inbreeding (F) แตกต่างกัน 3 ระดับ

F	คู่ผสม	ความงอก		ความสูงต้น		น้ำหนักหัวสด		น้ำหนักทั้งต้นใบ		ดัชนีเก็บเกี่ยว		ปริมาณแป้ง		ปริมาณหัวแห้ง	
		MP	ID	MP	ID	MP	ID	MP	ID	MP	ID	MP	ID	MP	ID
		%		ซ.ม.		ก.ก./ ต้น				0-1		%			
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	83.3	5.9	184.0	1.6	1.7	0.9	3.1	4.3	0.56	2.7	18.6	2.5	32.2	1.1
	ระยอง 90 x CMR#196	100.0	4.5	184.0	2.2	4.4	2.7	7.4	2.2	0.60	1.3	25.0	3.3	37.0	1.8
	CMR#196 x เกษตรศาสตร์ 50	94.4	7.4	197.0	1.9	2.5	3.0	3.8	-1.1	0.65	2.5	23.7	-2.4	36.0	-1.2
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	88.9	-5.5	173.0	1.6	4.8	-2.1	7.9	-6.6	0.60	3.5	17.2	0.3	31.2	0.1
	เฉลี่ย	91.7	3.1	185.0	1.8	3.4	1.1	5.6	-1.2	0.60	2.5	21.1	0.9	34.1	0.5
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	88.9	24.6	202.0	20.8	3.3	29.3	4.6	28.4	0.73	3.1	23.5	5.5	35.9	2.7
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	94.4	22.0	201.0	6.3	4.3	30.9	5.9	24.6	0.73	10.2	21.6	11.5	34.5	5.4
	ระยอง 5 x ห้วยบง 60	100.0	38.8	210.0	18.6	4.4	52.5	6.0	43.7	0.73	15.2	22.1	11.8	34.8	5.6
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	100.0	37.2	184.0	10.9	3.2	37.1	4.3	33.4	0.73	7.6	23.3	8.4	35.9	4.1
	เฉลี่ย	95.8	30.7	199.0	14.2	3.8	37.5	5.2	32.5	0.73	9.0	22.6	9.3	35.3	4.5
0.5	ระยอง 1 (S_1)	100.0	15.6	223.0	23.1	3.8	51.5	5.9	46.7	0.64	14.8	16.6	12.2	30.4	3.9
	ระยอง 5 (S_1)	100.0	24.6	196.0	17.1	5.0	56.1	7.0	50.5	0.70	11.1	20.2	7.7	33.4	3.5
	ระยอง 90 (S_1)	100.0	25.5	211.0	16.9	5.0	49.9	7.4	45.6	0.67	11.4	24.5	13.0	36.7	5.8
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	100.0	14.1	266.0	15.2	5.2	50.5	7.5	43.4	0.69	14.4	24.0	10.8	36.2	5.6
	ห้วยบง 60 (S_1)	88.9	38.7	202.0	29.0	4.0	59.2	5.8	60.8	0.70	9.3	27.3	18.7	42.0	15.3
	ห้วยบง 80 (S_1)	88.9	28.7	208.0	24.3	4.8	65.9	6.4	61.1	0.75	17.7	22.8	23.8	37.3	16.9
	MKUC 34-114-235 (S_1)	100.0	37.3	215.0	23.2	4.5	56.9	7.4	49.5	0.61	15.5	24.1	2.7	36.3	1.2
	เฉลี่ย	96.8	26.4	217.3	21.3	4.6	55.7	6.8	51.1	0.70	13.5	22.8	12.7	36.0	7.5

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

แม้การทดลองนี้จะไม่สามารถตรวจพบลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในสายพันธุ์ลูกผสมทั้งที่มีและไม่มีการผสมเลือดชิดของมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยจำนวน 2,412 ต้น (สายพันธุ์) อันเนื่องมาจากอาจจะมียีนที่ควบคุมอยู่ในความถี่ที่ต่ำมากหรืออาจไม่มียีนควบคุมลักษณะดังกล่าวอยู่ในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย แต่จากการสังเกตในแปลงทดลอง พบว่า มีลักษณะที่ไม่ดีซึ่งสันนิษฐานว่าถูกควบคุมโดยยีนด้อย (deleterious recessive gene) ปรากฏเป็นจำนวนมาก โดยเฉพาะในสายพันธุ์ลูกผสมที่ได้จากการผสมตัวเอง เช่น ลักษณะใบหงิก ใบด่าง การขาดคลอโรฟิลล์ของใบ ลำต้นแคระแกร็น และมีการเจริญเติบโตช้ากว่าปกติ (ภาพที่ 3) เป็นต้น ซึ่งลักษณะต่างๆ เหล่านี้ล้วนเป็นลักษณะที่ไม่ต้องการ ดังนั้นการผสมเลือดชิดจึงมีประโยชน์ในแง่ของการเปิดโอกาสให้ยีนด้อยที่ไม่ดีซึ่งเดิมอยู่ในสภาพ heterozygous เป็นส่วนใหญ่เนื่องจากเป็นธรรมชาติของพืชผสมข้าม แต่เมื่อมีการผสมเลือดชิดทำให้ยีนด้อยเหล่านี้มีความถี่พันธุกรรมเป็น homozygous recessive เพิ่มมากขึ้น ทำให้สามารถแสดงออกของลักษณะได้มากขึ้น ช่วยให้สามารถคัดทิ้งยีนเหล่านี้ได้อย่างมีประสิทธิภาพ (Ceballos *et al*., 2007a)

นอกจากนั้นการผสมเลือดชิดยังช่วยเปิดโอกาสให้ยีนด้อยที่ควบคุมลักษณะที่ดี (useful recessive trait) มีโอกาสแสดงออกด้วยเช่นกัน เช่น ลักษณะ high-amylose starch และ small-granule starch ซึ่งแสดงออกภายหลังการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของสายพันธุ์มันสำปะหลังที่ผ่านการฉายรังสีแกมมาที่เมล็ด M_0 เพื่อก่อการกลายพันธุ์ (Ceballos *et al*., 2008) สำหรับการศึกษาในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าและสายพันธุ์ดีเด่นของไทยนั้น เพียงเพ็ญ และคณะ (2552) ได้รายงานว่า สายพันธุ์ที่ผสมตัวเองชั่วที่ 1 จำนวน 23,230 สายพันธุ์ สามารถคัดเลือกได้สายพันธุ์ที่มีเนื้อหัวสีเหลือง 38 สายพันธุ์ ม่วงปนขาว 4 สายพันธุ์ สายพันธุ์ที่มีรสหวานโดยมีดรรชนีความหวาน 8-11 บริกซ์ จำนวน 96 สายพันธุ์ มีโปรตีนมากกว่า 2 เปอร์เซ็นต์ จำนวน 10 สายพันธุ์

สำหรับงานทดลองนี้ไม่ได้ศึกษาลักษณะอื่นที่นอกเหนือจากลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส เนื่องจากมีข้อจำกัดหลายประการทั้งในเรื่องเวลา งบประมาณ และสิ่งอำนวยความสะดวกที่จำเป็นอื่นๆ ในการวิจัย ดังนั้นการศึกษาเพิ่มเติมเกี่ยวกับลักษณะอื่นโดยเฉพาะอย่างยิ่งลักษณะคุณสมบัติต่างๆ ของแป้งในอนาคตจึงเป็นสิ่งที่น่าสนใจ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ภาพที่ 3 ลักษณะการเจริญเติบโตผิดปกติของสายพันธุ์มันสำปะหลังที่เกิดจากการผสมเลือดชิด ได้แก่ อาการใบหงิก (ก และ ข) อาการขาดคลอโรฟิลล์ของใบ (ค และ ง) และลำต้นแคระแกร็น (จ)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

1. การคัดเลือกสายพันธุ์ลูกผสมที่มีลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส ในประชากรลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 และจากการผสมระหว่างพันธุ์ที่มีและไม่มีการผสมเลือดชิดของมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทยจำนวน 6 พันธุ์ และสายพันธุ์ดีเด่น 3 สายพันธุ์ ได้ลูกทั้งหมด 2,412 สายพันธุ์ ไม่พบสายพันธุ์ใดมีลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลส

2. การผสมตัวเอง (F=0.50) และการผสมพันธุ์ในหมู่พ่อแม่ที่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม (F=0.25) จะได้ลูกที่กระจายตัวไปในทิศทางด้อยกว่าค่าเฉลี่ยพ่อแม่อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ แต่ลูกที่เกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่างพ่อแม่ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม (F=0) ไม่ทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรลูกแตกต่างจากค่าเฉลี่ยพ่อแม่

3. ประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มีความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยมากกว่าประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 ในทุกลักษณะที่ศึกษา ในขณะที่ประชากรลูกที่มีค่า F=0 ไม่เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในทุกลักษณะ และความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมีค่าแตกต่างกันไปในแต่ละคู่ผสม

4. ประชากรลูกที่มีค่า F=0.50 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะน้ำหนักหัวสดมากสุดเท่ากับ 55.7 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ น้ำหนักต้นและใบ ความงอก ความสูงต้น ดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณหัวแห้ง ซึ่งเท่ากับ 51.1 26.4 21.3 13.5 12.7 และ 7.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

5. ประชากรลูกที่มีค่า F=0.25 มีค่าความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมเฉลี่ยในลักษณะน้ำหนักหัวสด น้ำหนักต้นและใบ ความงอก ความสูงต้น ดัชนีเก็บเกี่ยว ปริมาณแป้งในหัว และปริมาณหัวแห้ง เท่ากับ 37.5 32.5 30.7 14.2 9.0 9.3 และ 4.5 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

6. ความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมีค่าแตกต่างกันไปในแต่ละพันธุ์และคู่ผสม โดยการผสมตัวเองพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50 ลูกที่ได้เกิดการเสื่อมถอยทางพันธุกรรมในทุกลักษณะน้อยกว่าการผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ ที่ศึกษา และการผสมตัวเองพันธุ์ห้วยบง 60 และ ห้วยบง 80 เกิดความเสื่อมถอยทางพันธุกรรมมากกว่าลูกที่เกิดจากการผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

7. การผสมตัวเองและการผสมเลือดชิดส่งผลให้ลักษณะที่ไม่ดีปรากฏออกมาเป็นจำนวนมาก ช่วยให้สามารถคัดทิ้งโดยสายตาได้อย่างมีประสิทธิภาพ

ข้อเสนอแนะ

1. การคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีลักษณะแป้งชนิดที่ไม่มีอะมิโลสในอนาคต ควรใช้พ่อแม่พันธุ์จำนวนมากขึ้น และพันธุ์เหล่านั้นควรเป็นพันธุ์ที่มาจากต่างแหล่งกันเพื่อให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรม จากนั้นจึงผสมตัวเอง 1 ครั้ง แล้วคัดเลือกในแปลงโดยใช้สารละลายโพแทสเซียมไอโอไดน์ทดสอบ

2. การพัฒนาเทคนิคทางด้านเครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) มาใช้ในการตรวจหาสายพันธุ์ที่มียีน waxy แฝงอยู่ในสภาพ heterozygous ก่อน จากนั้นจึงเลือกผสมตัวเองหรือผสมระหว่างพันธุ์เฉพาะที่มียีนดังกล่าวอยู่ จะช่วยลดปริมาณงานลงและประหยัดทรัพยากรได้มาก

3. นักปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลังควรพิจารณาคัดเลือกสายพันธุ์ที่ไม่มีประวัติความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรมมาใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ การพิจารณานำเข้าเชื้อพันธุกรรมจากแหล่งอื่นเข้ามาเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมอยู่เสมอเป็นสิ่งที่ควรทำในอนาคต

4. เนื่องจากการพัฒนาสายพันธุ์แท้ในมันสำปะหลังใช้เวลานาน ดังนั้นการผสมตัวเองเพียง 1-2 ครั้ง เพื่อให้พันธุกรรมเข้าสู่สภาพ homozygous ในบางตำแหน่ง แล้วคัดเลือกต้นที่มีลักษณะไม่ดีทิ้ง จากนั้นจึงผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ S_1 หรือ S_2 ที่คัดเลือกไว้ อาจจะได้ลูกผสมที่ดีกว่าวิธีการผสมข้ามพันธุ์โดยตรงที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

กฤษฎา สัมพันธารักษ์. 2546. **ปรับปรุงพันธุ์พืช: พื้นฐาน วิธีการ แนวคิด.** พิมพ์ครั้งที่ 1. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

_____. 2551. **ปรับปรุงพันธุ์พืช: พื้นฐาน วิธีการ แนวคิด.** พิมพ์ครั้งที่ 2. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

กรมวิชาการเกษตร. 2550. **เทคนิคการปรับปรุงพันธุ์มันสำปะหลัง.** พิมพ์ครั้งที่ 1. โรงพิมพ์ชุมนุมสหกรณ์การเกษตร จำกัด, กรุงเทพฯ.

กล้าณรงค์ ศรีรอต และ เกื้อกูล ปิยะจอมขวัญ. 2550. **เทคโนโลยีของแป้ง**. พิมพ์ครั้งที่ 2 สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

จำนงค์ ชัญถาวร, เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์, วิจารณ์ วิชชุกิจ และ รังสฤษดิ์ กาวีต๊ะ. 2554. ผลของการผสมเลือดชิดต่อลักษณะทางการเกษตรในมันสำปะหลังพันธุ์การค้าของไทย, น. 68-75. *ใน* **เรื่องเต็มรายงานการประชุมทางวิชาการ ครั้งที่ 49 (สาขาพืช)**. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์. 2519. **มันสำปะหลัง**. ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

_____. 2527. **การปรับปรุงพันธุ์พืชชั้นสูง**. เอกสารคำสอนวิชาพืชไร่ 575 ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

_____. 2529. **หลักการปรับปรุงพันธุ์พืช**. เอกสารคำสอนวิชาพืชไร่ 471 ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

_____. 2546. พันธุ์มันสำปะหลัง. น. 4-1 – 4-21. *ใน* **มันสำปะหลัง การผลิต การแปรรูป การใช้ประโยชน์**, ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์, ปิยวุฒิ พูนสงวน, จำลอง เจียมจำนรรจา, สมยศ พุทธเจริญ, ธีรวัฒน์ กษิรวัฒน์, วิจารณ์ วิชชุกิจ, เอ็จ สโรบล, ปิยะ ดวงพัตรา, นิพนธ์ ทวีชัย, ชาญ ถิรพร, K. Kawano, อัจฉรา ลิ่มศิลา และ ดนัย ศุภาหาร. 2535. มันสำปะหลังพันธุ์ใหม่...เกษตรศาสตร์ 50, น. 1-12. *ใน* **รายงานการประชุมทางวิชาการครั้งที่ 30 (สาขาพืช)**. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

จำลักษณ์ ศรีปัญญา, วิจารณ์ วิชชุกิจ, เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์, วัชรี เลิศมงคล, เอ็จ สโรบล, ประภาส ช่างเหล็ก และ สุภาวดี บุญมา. 2550. เสถียรภาพการให้ผลผลิตของมันสำปะหลังสายพันธุ์ดีเด่นของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, น. 351-356. *ใน* **เรื่องเต็มการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 45 (สาขาพืช)**. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

บุษณี วงศ์สมุทร. 2547. **ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและความดีเด่นของลูกผสมอ้อย**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ. 2550. **พันธุศาสตร์ประชากรและปริมาณ**. พิมพ์ครั้งที่ 1. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

พิกุล ม้าวิเศษ. 2550. **ประเมินเชื้อพันธุกรรมมันสำปะหลังเพื่อคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีปริมาณไซยาไนด์ในหัวต่ำ**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

พินิจ กัลยาศิลปิน. 2551. **อิทธิพลของพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมต่อผลผลิตของมันสำปะหลังพันธุ์การค้าในประเทศไทย**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

เพียงเพ็ญ ศรวัต, อัจฉรา ลิ่มศิลา, เสาวรี บำรุง, ศุจิรัตน์ สงวนรังศิริกุล, จิณณจาร์ หาญเศรษฐกุล และ ศรีสุดา ทิพยรักษ์. 2552. การสร้างสายพันธุ์แท้มันสำปะหลัง, น. 71-82. *ใน* **ผลงานวิชาการพืชไร่และพืชพลังงานทดแทน รายงานการประชุมวิชาการพืชไร่ประจำปี 2552**. สถาบันวิจัยพืชไร่, สุราษฎร์ธานี.

พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และ เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์. 2529. **การปรับปรุงพันธุ์พืชเศรษฐกิจของประเทศไทย**. พิมพ์ครั้งที่ 1. กลุ่มหนังสือเกษตร, กรุงเทพฯ.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

รังสฤษดิ์ กาวีต๊ะ. 2539. **การปรับปรุงพันธุ์พืชขั้นสูง I**. ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

วิจารณ์ วิชชุกิจ, เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์, เอ็จ สโรบล, จำลอง เจียมจำนรรจา, กล้าณรงค์ ศรีรอต และ เกื้อกูล ปิยะจอมขวัญ, วัชรี เลิศมงคล, ปิยะ กิตติภาดากุล, จำนงค์ ชัญถาวร และ สุภาวดี บุญมา. 2554. ห้วยบง 80: มันสำปะหลังพันธุ์แรกของไทยที่ได้รับการจดทะเบียนพันธุ์พืชใหม่. **ว. วิทยาศาสตร์เกษตร**, (ตอบรับแล้ว)

_____, ปิยวุฒิ พูลสงวน, เจริญศักดิ์ โรจนฤทธิ์พิเชษฐ์, เอ็จ สโรบล, จำลอง เจียมจำนรรจา, ปิยะ กิตติภาดากุล, ประภาส ช่างเหล็ก, นิพนธ์ ทวีชัย, กล้าณรงค์ ศรีรอต และ เกื้อกูล ปิยะจอมขวัญ. 2547. มันสำปะหลังพันธุ์ใหม่ “MKUC 34-114-206”. น. 264-273. *ใน* **รายงานการประชุมทางวิชาการครั้งที่ 41 (สาขาพืช)**. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

ศูนย์วิจัยพืชไร่ระยอง. 2537. **พันธุ์มันสำปะหลัง CMR 25-105-122.** สถาบันวิจัยพืชไร่ กรมวิชาการเกษตร, กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 28 หน้า.

_____. 2542. **ผลงานวิจัยเรื่อง มันสำปะหลังพันธุ์ระยอง 72.** เอกสารเสนอให้พิจารณาเป็นผลงานวิจัยดีเด่น ประจำปี 2542 ของกรมวิชาการเกษตร สถาบันวิจัยพืชไร่ กรมวิชาการเกษตร, กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 28 หน้า.

_____. 2548ก. **เอกสารขอรับรองมันสำปะหลังพันธุ์ระยอง 7**. สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตรเขตที่ 6 กรมวิชาการเกษตร, กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 34 หน้า.

_____. 2548ข. **เอกสารขอรับรองมันสำปะหลังพันธุ์ระยอง 9**. สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตรเขตที่ 6 กรมวิชาการเกษตร, กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 47 หน้า.

สุทัศน์ ศรีวัฒนพงศ์. 2552. **การปรับปรุงพันธุ์พืช.** พิมพ์ครั้งที่ 3. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2526. **สถิติการเกษตรของประเทศไทยปีเพาะปลูก 2525/26.** เอกสารสถิติการเกษตรเลขที่ 202 สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

_____ . 2553ก. **รายงานผลการสำรวจมันสำปะหลังโรงงานปี 2553.** เอกสารสถิติการเกษตร เลขที่ 414 สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

_____ . 2553ข. **เนื้อที่ ผลผลิต ผลผลิตต่อไร่ และมูลค่าของผลผลิตตามราคาที่เกษตรกรขายได้ปี 2542-2551.** สถิติการเกษตรประเทศไทย ปี 2552. สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, กรุงเทพฯ.

โสภณ สินธุประมา. 2530. มันสำปะหลังพันธุ์อายุสั้นพันธุ์แรกของไทย “ระยอง 60”. น. 81-91. *ใน* **เอกสารประกอบการสัมมนาการปรับปรุงพันธุ์พืชครั้งที่ 3**. 14-16 ธันวาคม 2530 ห้องประชุมกรมวิชาการเกษตร บางเขน, กรุงเทพฯ.

_____ . 2537. มันสำปะหลังพันธุ์ระยอง 90. น. 168-173. *ใน* **เอกสารประกอบการสัมมนาการปรับปรุงพันธุ์พืชครั้งที่ 4 เรื่อง พันธุ์พืชใหม่และความปลอดภัยทางชีวภาพ**, 21-24 มิถุนายน 2537 โรงแรมรามาการ์เดน, กรุงเทพฯ.

สุภาวดี บุญมา. 2550. **อิทธิพลของระยะเวลาและวิธีการเก็บรักษาต้นพันธุ์ต่อความงอกการเจริญเติบโต และผลผลิตของมันสำปะหลัง**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

โอภาษ บุญเส็ง. 2551. ธนาคารเชื้อพันธุ์มันสำปะหลังแห่งที่ 2 ของโลก. **น.ส.พ. กสิกร** 81: 12-22.

Allard, R.W. 1960. **Principle of plant breeding**. John Wiley & Sons Inc., New York.

Cach, N.T., J.I. Lenis, J.C. Perez, N. Morante, F. Calle and H. Ceballos. 2006. Inheritance of useful traits in cassava grown in subhumid conditions. **Plant Breeding** 125: 177-182.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Ceballos, H., C.A. Iglesias, J.C. Perez and A.G.O. Dixon. 2004. Cassava breeding: opportunities and challenges. **Plant Molecular Biology** 56: 503-516.

_____ , J.C. Perez, C. Iglesias, M. Fregene, F. Calle, G. Jaramillo, N. Morante and J. Lopez. 2007a. The use of double-haploids in cassava breeding, pp. 150-160. *In* R.H. Howler, ed. **Cassava Research and Development in Asia: Exploring new Opportunities for an Ancient Crop.** Proc. 7th Regional Workshop, held in Bangkok, Thailand. Oct 28-Nov 1, 2002.

_____ , J.C. Perez, C. Iglesias, F. Calle, G. Jaramillo, J.I. Lenis, N. Morante and J. Lopez. 2007c. A new evaluation scheme for cassava breeding at CIAT, pp. 125-135. *In* R.H. Howler, ed. **Cassava Research and Development in Asia: Exploring new Opportunities for an Ancient Crop.** Proc. 7th Regional Workshop, held in Bangkok, Thailand. Oct 28-Nov 1, 2002.

_____ , N. Morante, M. Fregene, D. Dufour, A.M. Smith, K. Denyer, J.C. Perez, F. Calle and C. Mestres. 2007b. Discovery of an amylose-free starch mutant in cassava (*Manihot esculenta* Crantz.). **J. Agric. Food Chem.** 55: 7469-7476.

_____ , T. Sanchez, K. Denyer, A.P. Tofino, E. Rosero, D. Dufour, A.M. Smith, N. Morante, J.C. Perez and D. Fahy. 2008. Induction and identification of a small-granule, high-amylose mutant in cassava (*Manihot esculenta* Crantz.). **J. Agric. Food Chem.** 56: 7215-7222.

CIAT. 1974. **Annual Report (CIAT)**. Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali, Colombia.

_____ . 1975. **Annual Report (CIAT)**. Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali, Colombia.

_____ . 1976. **Annual Report (CIAT)**. Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali, Colombia.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Cock, J.H., D. Franklin, G. Sandoval and P. Juri. 1979. The ideal cassava plant for maximum yield. **Crop Sci.** 19: 271-279.

_____ . 1985. **Cassava: New potential for a neglegted crop**. West-view Press. Boulder, CO.

Defloor, I., I. Dehing and J.A. Delcour. 1998. Physico-chemical properties of cassava starch. **Starch/Starke** 50: 58-64.

Dewey, D.R. 1966. Inbreeding depression in diploid, tetraploid, and hexaploid crested wheatgrass. **Crop Sci.** 6: 141-147.

East, E.M. 1908. **Inbreeding in corn.** Rept. Connecticut Agric. Exp. Sta. for 1907, 419-428.

Easwari Amma, C.S. and M.N. Sheela. 1993. Heterosis in cassava: nature and magnitude. pp. 88-94. *In* **Int. Symp. on Tropical Tuber Crops "Propblems, Prospects and Future Strategies"**, held at Trivandrum, Kerala, India. Nov. 6-9: 1993.

Falconer, D.S. 1960. **Introduction to quantitative genetics**. Ronald Press, New York.

_____ , and F.C. Mackay Fo. 1996. **Introduction to quantitative genetics**. Longman Group Limited, British.

FAO. 2011. **Top production – World 2009.** Available Source: http://www.faostat.fao.org/site/339/default.aspx, November 29, 2011.

Fehr, W.R. 1993. **Principles of cultivar development.** Macmillan Publishing Company, Iowa.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Griffiths, A.J.F., W.M. Gelbart, J.H. Miller and R.C. Lewontin. 2002. **Modern genetic analysis: integrating gene and genomes**. 2nd ed. W.H. Freeman and company, New York.

Hallauer, A.R. and J.B. Miranda. 1981. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa State Univ. Press, Ame.

_____ . and J.H. Sears. 1973. Changes in quantitative traits associated inbreeding in a synthetic variety of maize. **Crop Sci.** 13: 327-330.

Hedrick, P.W. 1983. **Genetics of populations: Science book international.** Van Nostrand Reinhold Company, New York.

Jaramillo, G., N. Morante, J.C. Perez, F. Calle, H. Ceballos, B. Arias and A.C. Bellotti. 2005. Diallel analysis in cassava adapted to the midaltitude valleys environment. **Crop Sci.** 45: 1058-1063.

Kawano, K. 2003. Thirty years of cassava breeding for productivity biological and social factors for success. **Crop Sci.** 43: 1325-1335.

_____ , K., A. Amaya, P. Duza and M. Rios. 1978. Factors affecting efficiency of hybridization and selection in cassava. **Crop Sci.** 18: 373-376.

_____ , W.M.F. Goncalves and U. Cenpukdee. 1987. Genetic and environmental effects on dry matter content of cassava root. **Crop Sci.** 27: 69-74.

_____ , K. Narintaraporn, P. Narintaraporn, S. Sarakarn, A. Limsila, J. Limsila, D. Suphaharn, V. Sarawat and W. Wattananonta. 1998. Yield improvement in a multistage breeding program for cassava. **Crop Sci.** 38: 325-332.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Kenedy , H.M., and A.C. Fischer. 1984. Starch and dextrins in prepared adhesives. pp. 593-609. *In* R.L. Whistler, J.N. Bemiller, and E.F. Paschall eds. **Starch: Chemistry and Technology**. 2nd ed. Acadamic Press Inc., Florida.

Kirby, K.M. 1986. Textile Industry. pp. 229-252. *In* O.B. Wurzburg, ed. **Modified Starches: Properties and Used**. CRC. Press Inc., Florida.

Lamkey, K.R. and J.E. Staub. 1998. **Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants.** Crop Science Society of America, madison, WI, USA.

_____ . and O.S. Smith. 1987. Performance and inbreeding depression of populations representing seven eras of maize breeding. **Crop Sci**. 27: 695-699.

Malecot, G. 1948. **Les mathematiques de l heredite**. Masson et Cie., Paris.

Moorthy, S.N. 2004. Tropical sources of starch. pp. 321-359. *In* A.C. Eliassan, ed. **Starch in Food.** CRC Press, Boca raton, Fl.

Narintaraporn, K. 1990. **Assesment of Early Generation Selection by Relized Heritability in Cassava.** M.S. Thesis, Khonkaen University.

Oates, C.G. 1996. Physica modification of starch. *In* **Advanced Post Academic Course on Tapioca Starch Technology**. Jan. 22-26 & Feb. 19-23, 1996. AIT Center, Bangkok.

Ojulong, H., M.T. Labuschangne, M. Fregene and L. Herselman. 2008. A cassava clonal evaluation trial based on a new cassava breeding scheme. **Euphytica** 160: 119-129.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Pacheco, C.A.P., M.X. Santos, C.D. Cruz, S.N. Parentoni, P.E. Oliveira, E.E. Gomes e Gama, A.E. Silva, H.W.L. Carvalho and P.E. Vieira. 2002. Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. **Genet. Mol. Biol.** 25 (4): 441-448.

Perez, J.C., H. Ceballos, F. Calle, N. Morante, W. Gaitan, G. Llano and E. Alvarez. 2005. Within-family genetic variation and epistasis in cassava (*Manihot esculenta* crantz.). **Euphytica** 145: 77-85.

_____ , G. Jaramillo, N. Morante, F. Calle, B. Arias and A.C. Bellotti. 2005. Epistasis in cassava adapted to midaltitude valley environments. **Crop Sci.** 45: 1491-1496.

Rickard, J.E., M. Asaoke and J.M.V. Blanshard. 1991. The physiochemical properties of cassava starch. **Trop Sci.** 31: 189-207.

Rasey, M. and G. Vaughton. 1998. Effect of Environment on the magnitude of inbreeding depression in seed germination in a partialy self-fertile perenial herb (*Blanfordia gradiflora*, Liliaceae). **International of Plant Sci**. 159: 98-104.

Rojas, M.C., J.C. Perez, H. Ceballos, D. Baena, N. Morante and F. Calle. 2009. Analysis of inbreeding depression in eight S_1 cassava families. **Crop Sci.** 49: 543-548.

Rojanaridpiched, C. and V. Vichukit. 2008. Cassava breeding in Thailand. p.105. *In* **Cassava: Meeting the Challenges of the New Millennium. 1st Scientific Meeting Global Cassava Partnership GCP-I**. IPBO, Ghent Univ., Belgium. July 21-25, 2008.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Rojanaridpiched, C., V. Vichukit, S. Thongsri, O. Boonseng, A. Limsila, and D. Supahan. 2010. Recent progress in cassava breeding and varietal adoption in Thailand. pp. 202-210. *In* R.H. Howeler. **A New Future For Cassava in Asia: It used as Food, Feed and Fuel to benefit the Poor**. Proc. 8th Regional Workshop, held in Vientiane, Loa PDR. Oct 20-24, 2008.

Russell, W.A. 1974. Comparative performance for maize hybrid representing different eras of maize breeding. **Proc. Annu. Corn Sorghum Res. Conf.** 29: 98-107.

Scott, G.J., M.W. Rosegrant and C. Ringler. 2000. Roots and tubers for the 21st century: trends, projections and policy options. **International Food Policy research Institute (IFPRI)/Centro Internacional de lapapa(CPI)**, Washington, USA.

Shull, G.H. 1908. The composition of a field of maize. **Amer. Breeders' Assoc. Rep.** 4: 296-301.

Umanah, E.E. and R.W. Hartmann. 1973. Chromosome numbers and karyotypes of some manihot species. **J. Am. soc. Hortic Sci.** 98 (3): 272-274.

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ภาคผนวก

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ภาคผนวก ก

พันธุประวัติและวิธีคำนวณค่า Coefficient of inbreeding (F)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิธีคำนวณค่า Coefficient of inbreeding (F)

ในปี ค.ศ. 1948 มาเลโคท์ (malecot) ได้คิดค้นวิธีการคำนวณค่าความสัมพันธ์ระหว่างญาติ โดยใช้หลักของโอกาสในการรวมตัวกันของยีน และได้กำหนดคำจำกัดความที่เกี่ยวข้อง 2 ค่า คือ

1. Coefficient of Inbreeding (F) คือ ค่าโอกาส (probability) ของยีนสองตัวที่ locus ต่างๆ ของสิ่งมีชีวิต จะมีความเหมือนกันโดยการถ่ายทอด (identical by descent)

สมมุติให้พืชต้นหนึ่งเรียกว่า X มี genotype ที่ locus หนึ่งคือ ab
ค่า F ของพืชต้นนี้ คือ F (X)

$$F_X = P(a=b)$$

2. Coefficient of parentage (r_{XY}) คือ ค่าโอกาส (probability) ที่ยีนโดยสุ่มของพืช X กับพืช Y จะมีความเหมือนกันโดยการถ่ายทอด (identical by descent)

สมมุติให้พืช X มียีนทั้งสองที่ตำแหน่งหนึ่งเป็น ab และ Y มียีนทั้งสองที่ตำแหน่งเดียวกันเป็น cd

$$\mathbf{X}_{ab} \qquad \mathbf{Y}_{cd}$$

ให้ P(a=b) แทนค่า โอกาสที่ยีน a และยีน c เป็น identical by descent
P(c=d) แทนค่า โอกาสที่ยีน b และยีน d เป็น identical by descent
จากคำจำกัดความของ Coefficient of parentage โดยมาเลโคท์

$$r_{XY} = \frac{1}{4}[P(a=c) + P(a=d) + P(b=c) + P(b=d)]$$

ดังนั้น ความสัมพันธ์ระหว่างค่า F และ r_{XY} สามารถแสดงได้ดังนี้ เมื่อสมมุติ Z เป็นลูกของ X และ Y

$$\mathbf{X}_{ab} \quad \mathbf{x} \quad \mathbf{Y}_{cd}$$

genotype ของลูก (Z) $\frac{1}{4}ac + \frac{1}{4}ad + \frac{1}{4}bc + \frac{1}{4}bd$

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ให้ F_{XY} เป็นค่าเฉลี่ยของ Coefficient of inbreeding ในชั่วลูก

ดังนั้น $F_{XY} = \frac{1}{4}[P(a=c) + P(a=d) + P(b=c) + P(b=d)]$

แต่ $r_{XY} = \frac{1}{4}[P(a=c) + P(a=d) + P(b=c) + P(b=d)]$

ดังนั้น $F_{XY} = r_{XY}$ .....(1)

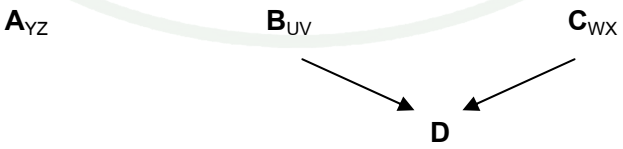
ค่า Coefficient of parentage ของบุคคลหนึ่งกับตัวเอง (r_{XX})

$r_{XX} = \frac{1}{4}[P(a=a) + P(a=b) + P(b=b) + P(b=a)]$

$= \frac{1}{4}[1 + F_X + 1 + F_X]$

$= \frac{1}{2}[1 + F_X]$ ..... (2)

ในกรณีที่มีพันธุประวัติของบุคคลมากกว่าสองบุคคลมาเกี่ยวข้อง ดังแผนผังที่แสดงต่อไปนี้



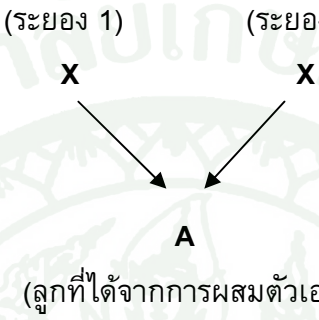
$r_{AD} = \frac{1}{2}(r_{AB} + r_{AC})$

$= r_{A(BxC)}$ .....(3)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

สมการดัชนีความสัมพันธ์ใน (1), (2) และ (3) สามารถนำมาประยุกต์ใช้เพื่อประมาณค่า Coefficient of Inbreeding (F) ได้ทุกๆ รูปแบบความสัมพันธ์ทางพันธุประวัติ ดังตัวอย่างที่จะแสดงวิธีการคำนวณค่า F ของลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างพันธุ์ต่างๆ ดังต่อไปนี้

กรณีที่ 1 การผสมตัวเอง (selfing)



$$F_A = r_{XX}$$

$$= \frac{1}{2}(1 + F_X)$$

$$r_{XA} = r_{X(XX)}$$

$$= \frac{1}{2}(r_{XX} + r_{XX})$$

$$= \frac{1}{2}(1 + F_X)$$

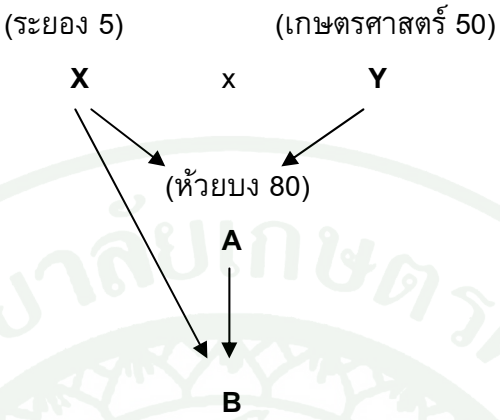
เนื่องจากพันธุ์ระยอง 1 ไม่เคยมีการผสมเลือดชิดมาก่อน ทำให้ค่า $F_X = 0$

$$\text{ดังนั้น} \quad F_A = r_{XA} = \frac{1}{2}$$

การผสมตัวเองของพันธุ์อื่นๆ ได้แก่ ระยอง 5 ระยอง 90 เกษตรศาสตร์ 50 ห้วยบง 60 ห้วยบง 80 และ สายพันธุ์ MKUC 34-114-235 ก็ให้ลูกมีค่า $F = \frac{1}{2}$ เช่นกัน เนื่องจากพันธุ์เหล่านี้ไม่เคยมีประวัติการผสมเลือดชิดมาก่อน (ภาพผนวกที่ ก1) ทำให้ค่า $F_X = 0$

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

กรณีที่ 2 การผสมระหว่างแม่กับลูกหรือพ่อกับลูก



(ลูกที่ได้จาก ระยอง 5 X ห้วยบง 80)

$$F_B = r_{XA}$$

$$r_{XA} = r_{X(XY)}$$

$$= \frac{1}{2}(r_{XX} + r_{XY})$$

$$= \frac{1}{2}\left[\frac{1}{2}(1 + F_X) + F_A\right]$$

$$= \frac{1}{4} + \frac{1}{4} F_X + \frac{1}{2} F_A$$

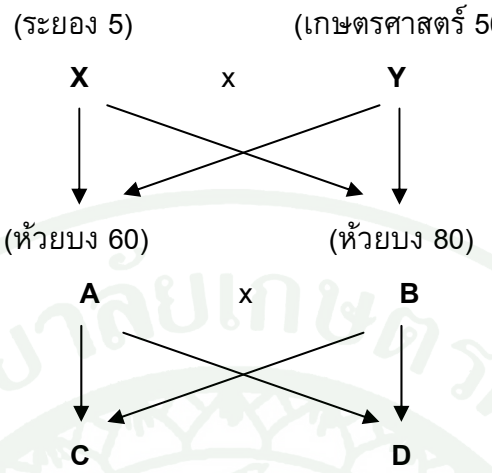
เนื่องจากพันธุ์ระยอง 5 และห้วยบง 80 ไม่เคยมีการผสมเลือดชิดมาก่อน ทำให้ค่า $F_X = F_A = 0$

ดังนั้น $F_B = r_{XA} = \frac{1}{4}$

การผสมระหว่าง ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50 และ ห้วยบง 60 x ระยอง 5 ก็เช่นเดียวกัน เนื่องจากเกี่ยวข้องกันแบบพ่อกับลูก และลูกกับแม่ ตามลำดับ (ตารางผนวกที่ ก1) ทำให้ลูกที่ได้มีค่า F เท่ากับ $\frac{1}{4}$ เท่ากันทั้ง 3 คู่ผสม

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

กรณีที่ 3 การผสมระหว่างพี่น้องร่วมพ่อและแม่เดียวกัน (Full-sib)



(ลูกที่ได้จาก ห้วยบง 60 X ห้วยบง 80)

$$r_{AB} = r_{A(XY)}$$

$$= \frac{1}{2} r_{AX} + \frac{1}{2} r_{AY}$$

$$= \frac{1}{2} (r_{X(XY)} + r_{Y(XY)})$$

$$= \frac{1}{2} [\frac{1}{2} (r_{XX} + r_{XY}) + \frac{1}{2} (r_{XY} + r_{YY})]$$

$$= \frac{1}{4} [\frac{1}{2} (1 + F_X) + r_{XY} + r_{XY} + \frac{1}{2} (1 + F_Y)]$$

$$= \frac{1}{8}(1 + F_X) + \frac{1}{2} r_{XY} + \frac{1}{8}(1 + F_Y)$$

เนื่องจากพันธุ์ระยอง 5 และเกษตรศาสตร์ 50 ไม่เคยมีการผสมเลือดชิดมาก่อน ทำให้ค่า

$$F_X = F_Y = r_{XY} = 0$$

ดังนั้น $r_{AB} = F_C = F_D = \frac{1}{4}$

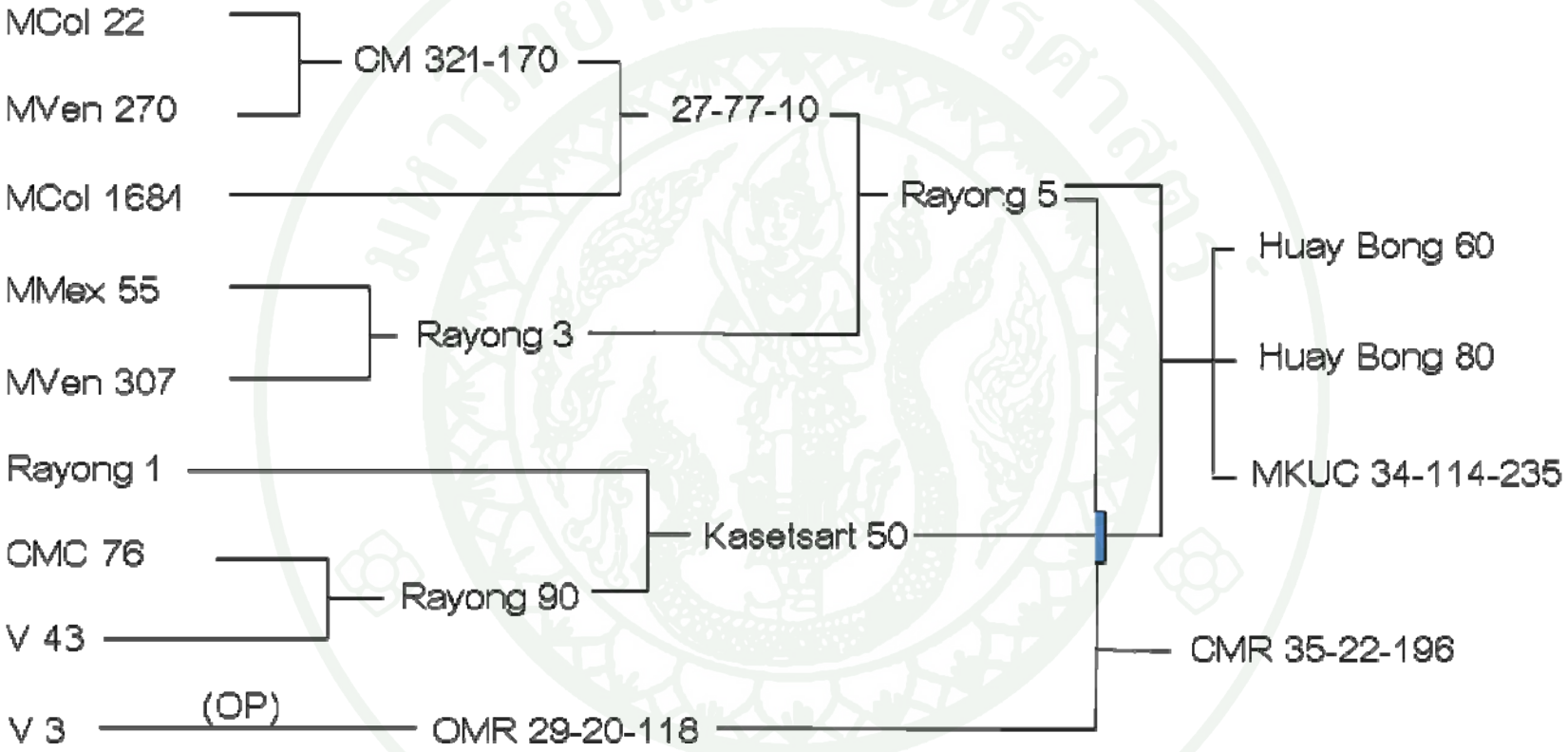
ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ ก1 รูปแบบความเกี่ยวข้องกันทางพันธุกรรมระหว่างพ่อแม่พันธุ์ทั้ง 15 คู่ผสม

F	คู่ผสม	ความเกี่ยวข้องกัน*
0	ระยอง 5 x ระยอง 1	ไม่เกี่ยวข้องกัน
	ระยอง 90 x CMR 35-22-196	ไม่เกี่ยวข้องกัน
	CMR 35-22-196 x เกษตรศาสตร์ 50	ไม่เกี่ยวข้องกัน
	ห้วยบง 60 x CM 1223-11	ไม่เกี่ยวข้องกัน
0.25	ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50	พ่อกับลูก
	ห้วยบง 60 x ระยอง 5	ลูกกับแม่
	ระยอง 5 x ห้วยบง 80	แม่กับลูก
	ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80	พี่น้องร่วมพ่อแม่เดียวกัน
0.50	ระยอง 1 (S_1)	ผสมตัวเอง
	ระยอง 5 (S_1)	ผสมตัวเอง
	ระยอง 90 (S_1)	ผสมตัวเอง
	เกษตรศาสตร์ 50 (S_1)	ผสมตัวเอง
	ห้วยบง 60 (S_1)	ผสมตัวเอง
	ห้วยบง 80 (S_1)	ผสมตัวเอง
	MKUC 34-114-235 (S_1)	ผสมตัวเอง

หมายเหตุ * ความเกี่ยวข้องกันระหว่างพ่อแม่พันธุ์ พิจารณาจากแผนผังพันธุประวัติในภาพผนวกที่ ก1 ประกอบ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์



ภาพผนวกที่ ก1 แผนผังพันธุประวัติ (pedigree) มันสำปะหลังพันธุ์การค้าและสายพันธุ์ดีเด่นของไทย

ที่มา : ดัดแปลงจาก Rojanaridpiched *et al.* (2010)

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ภาคผนวก ข

ตารางแสดงผลความแปรปรวนทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 1 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 1 x ระยอง 5

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	608.17**	463.83^{ns}	0.4983**	0.8932**	0.0100	84.3656**	47.3485**
Entries	43	1197.00**	2961.61**	3.4881**	6.5441**	0.0691**	56.9250**	32.1611**
Parent vs Progenies	1	137.19^{ns}	48.06^{ns}	0.0013^{ns}	0.1018^{ns}	0.0013^{ns}	1.2603^{ns}	0.7663^{ns}
Left over Residual	42	1222.23**	3030.98**	21.8700**	6.6974**	0.0707**	58.2504**	32.9086**
Residual	86	196.88	517.31	0.1633	0.3161	0.0067	7.5505	4.2464
Total (corrected)	131	531.44	1318.82	1.2597	2.3692	0.0272	24.9301	14.0673
C.V. (%)		17.8	12.5	23.7	19.0	14.9	15.1	6.5

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 2 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 90 x CMR 35-22-196

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	498.97**	3724.13**	4.0420**	2.7941	0.0388**	53.5813**	26.1627**
Entries	53	274.87**	2236.79**	8.8623**	15.6014**	0.0157**	14.8211**	9.2265**
Parents vs Progenies	1	116.33^{ns}	93.34^{ns}	0.0813^{ns}	0.1548^{ns}	0.0004^{ns}	3.9053^{ns}	2.5281^{ns}
Left over Residual	52	277.92**	2278.01**	7.4300**	15.8984**	0.0160**	15.0311**	9.3553**
Residual	106	118.12	307.97	1.2149	2.4520	0.0081	6.2191	3.9415
Total (corrected)	161	174.45	985.36	3.7674	6.7849	0.0110	9.6391	5.9573
C.V. (%)		11.4	9.8	25.6	21.7	15.2	10.3	5.5

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 3 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม เกษตรศาสตร์ 50 x CMR 35-22-196

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	1.79	10319.70**	0.1230	0.0469	0.0038	20.7434**	11.6977**
Entries	51	585.86**	1007.10^{ns}	4.4793**	11.0111**	0.0226**	27.2059**	15.3421**
Parents vs Progenies	1	282.66^{ns}	57.85^{ns}	0.0377^{ns}	0.0099^{ns}	0.0015^{ns}	1.9203^{ns}	1.0829^{ns}
Left over Residual	50	591.92**	1026.08^{ns}	4.5681**	11.2312**	0.0230**	27.7117**	15.6273**
Error	102	241.41	871.63	0.3197	0.6153	0.0099	7.4939	4.2260
Total (corrected)	155	351.65	1038.12	1.6858	4.0285	0.0140	14.1507	7.9799
C.V. (%)		17.7	15.3	23.5	20.3	15.7	11.3	5.6

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 4 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (SLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ห้วยบง 60 x CM 1223-11

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	16.03	758.78*	0.1675	1.0656	0.0015	25.5553**	12.4284**
Entries	51	436.93**	2554.54**	6.9154**	17.4273**	0.0135**	39.3452**	22.4528**
Parents vs Progenies	1	137.97^{ns}	45.23^{ns}	0.0587^{ns}	1.5580^{ns}	0.0023^{ns}	3.6182^{ns}	0.0080^{ns}
Left over Residual	50	442.91**	2604.73**	7.0525**	17.7446**	0.0137**	40.0598**	22.9017**
Error	102	94.09	301.68	0.5394	1.0245	0.0044	6.8609	3.9333
Total (corrected)	155	205.89	1048.84	2.6325	6.4221	0.0073	17.7905	10.1364
C.V. (%)		10.4	10.2	15.0	12.0	11.4	15.2	6.4

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 5 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 90 x เกษตรศาสตร์ 50

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	48.11	933.51	1.7741**	3.4059	0.0126	8.1643	4.6009
Entries	47	1253.90**	3471.39**	3.9101**	9.6994**	0.0231**	28.8200**	16.2512**
Parents vs Progenies	1	2747.12**	10118.50**	5.2357**	9.6077**	0.0029^{ns}	9.4806^{ns}	5.3436^{ns}
Left over Residual	46	1221.44**	3326.88**	3.8813**	9.7014**	0.0235**	29.2404**	16.4883**
Error	94	300.41	709.31	0.6651	1.0538	0.0068	7.6300	4.3027
Total (corrected)	143	610.27	1620.26	1.7472	3.9283	0.0122	14.6020	8.2340
C.V. (%)		25.5	16.5	34.8	31.0	11.6	12.4	5.9

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 6 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ห้วยบง 60 x ระยอง 5

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	119.06	1011.39**	0.2387	1.0672	0.0324**	14.4198**	8.1306*
Entries	48	1569.94**	1717.13**	5.3733**	9.5170**	0.0197**	24.8176**	13.9950**
Parents vs Progenies	1	2490.74**	935.30^{ns}	10.2867**	12.2039**	0.0324**	35.3346*	19.9154*
Left over Residual	47	1550.35**	1733.77**	5.2688**	9.4598**	0.0195**	24.5938**	13.8691**
Error	96	215.52	313.48	0.7403	1.3195	0.0045	7.8645	4.4350
Total (corrected)	146	659.49	784.51	2.2566	4.0111	0.0099	13.5279	7.6286
C.V. (%)		19.7	9.4	28.1	25.4	10.1	14.6	6.4

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 7 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ระยอง 5 x ห้วยบง 80

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	1256.38**	1452.99**	0.2492	1.3766	0.0033	8.2200	4.0191
Entries	47	1399.36**	2890.43**	4.5641**	10.3747**	0.0254**	48.8667**	26.6129**
Parents vs Progenies	1	8641.41**	8804.35**	30.8020**	39.3634**	0.0720**	38.7965*	21.5145*
Left over Residual	46	1241.92**	2761.86**	3.9938**	9.7445**	0.0244**	49.0856**	26.7237**
Error	94	193.95	349.33	0.5209	1.2187	0.0105	6.1150	3.4286
Total (corrected)	143	604.99	1199.95	1.8460	4.2302	0.0153	20.1957	11.0569
C.V. (%)		22.2	10.8	33.0	31.8	16.3	12.6	5.6

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 8 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากคู่ผสม ห้วยบง 60 x ห้วยบง 80

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	50.95	727.56	0.0616	0.1270	0.0045	6.7940	3.8720
Entries	48	1716.91**	3301.66**	5.5220**	9.7459**	0.0243**	32.7469**	18.4694**
Parents vs Progenies	1	7978.22**	2313.48^{ns}	7.8572**	11.8489**	0.0185^{ns}	22.4978^{ns}	12.6985^{ns}
Left over Residual	47	1583.70**	3322.68**	5.4723**	9.7012**	0.0245**	32.9649**	18.5922**
Error	96	193.73	610.68	0.3738	0.7999	0.0080	9.5470	5.3846
Total (corrected)	146	692.55	1496.99	2.0621	3.7319	0.0134	17.1366	9.6657
C.V. (%)		21.7	15.0	30.1	30.6	13.2	14.3	6.7

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 9 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ระยอง 1

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	143.78	1135.66*	2.1438**	7.0182**	0.0053	83.7760**	49.9600**
Entries	51	1348.89**	1895.84**	3.0329**	5.5007**	0.0294**	49.4364**	27.9262**
Parents vs Progenies	1	715.16*	7793.22**	11.0769**	22.6029**	0.0263*	12.2894^{ns}	3.6189^{ns}
Left over Residual	50	1361.57**	1777.89**	2.8720**	5.1587**	0.0295**	50.1793**	28.4123**
Error	101	156.70	454.25	0.3619	0.7903	0.0067	8.4809	4.8172
Total (corrected)	155	547.79	916.86	1.2450	2.3849	0.0138	22.4904	12.7547
C.V. (%)		14.8	12.3	32.1	27.4	15.0	19.8	7.5

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 10 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ระยอง 5

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	143.78	1135.66**	2.1438**	7.0182**	0.0053	83.7760**	49.9600**
Entries	51	1348.89**	1895.84**	3.0329**	5.5007**	0.0294**	49.4364**	27.9262**
Parents vs Progenies	1	715.16*	7793.22**	11.0769**	22.6029**	0.0263*	12.2894^{ns}	3.6189^{ns}
Left over Residual	50	1361.57**	1777.89**	2.8720**	5.1587**	0.0295**	50.1793**	28.4123**
Error	101	156.70	454.25	0.3619	0.7903	0.0067	8.4809	4.8172
Total (corrected)	155	547.79	916.86	1.2450	2.3849	0.0138	22.4904	12.7547
C.V. (%)		14.8	12.3	32.1	27.4	15.0	19.8	7.5

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 11 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ระยอง 90

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	93.10	903.38	2.6302**	9.1695**	0.0069	16.0692	2.9046
Entries	46	2043.45**	2651.86**	5.3434**	12.0813**	0.0145*	34.6271**	22.6234**
Parents vs Progenies	1	1953.97**	3706.01**	16.8502**	30.6746**	0.0168^{ns}	25.4711^{ns}	11.4059^{ns}
Left over Residual	45	2045.44**	2628.44**	5.0877**	11.6681**	0.0145**	34.8305**	22.8726**
Error	90	227.87	360.84	0.5744	1.6899	0.0094	10.6505	8.7322
Total (corrected)	140	819.24	1098.16	2.1139	5.0662	0.0100	17.6170	12.4023
C.V. (%)		20.1	10.7	28.9	30.9	16.2	15.1	8.5

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 12 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์เกษตรศาสตร์ 50

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	676.82**	6705.39**	2.1646**	4.2139**	0.0160**	18.2557*	8.6076
Entries	41	1252.33**	4335.27**	5.3185**	9.5407**	0.0159**	12.6411**	8.5622**
Parents vs Progenies	1	581.51^{ns}	4837.87**	20.3925**	30.6480**	0.0289**	19.8851^{ns}	12.0461^{ns}
Left over Residual	40	1269.10**	4322.71**	4.9416**	9.0130**	0.0156**	12.4600**	8.4751**
Error	82	184.40	554.11	0.2787	0.6253	0.0033	6.3894	3.3257
Total (corrected)	125	542.56	1875.02	1.9530	3.5870	0.0075	8.4254	4.9947
C.V. (%)		15.7	10.4	20.3	18.4	9.6	11.8	5.3

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 13 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ห้วยบง 60

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	2839.09*	150.38	3.3201	4.9724	0.0066	42.6584	4.9721
Entries	50	3081.79**	2428.72**	3.1578**	5.7645**	0.0099**	31.0497^{ns}	27.9496^{ns}
Parents vs Progenies	1	3373.70*	9956.43**	16.9905**	34.9138**	0.0121^{ns}	78.3687^{ns}	132.1880*
Left over Residual	49	3075.84**	2253.66*	2.8361*	5.0867**	0.0098^{ns}	29.8956^{ns}	25.4072^{ns}
Error	76	708.44	1022.18	1.1427	2.5181	0.0051	24.3293	25.9402
Total (corrected)	152	1405.32	1219.29	1.5554	2.9254	0.0056	20.5484	20.1922
C.V. (%)		47.8	21.5	62.3	65.2	11.2	22.2	14.4

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 14 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของพันธุ์ห้วยบง 80

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	55.66	2234.71	2.6317	7.5059	0.0026	2.1289	4.1066
Entries	47	2913.20**	3329.81**	2.9965**	5.6196**	0.0142*	47.4307**	27.1953**
Parents vs Progenies	1	1957.44^{ns}	3838720.00**	27.6660**	43.6280**	0.0471*	94.8994*	126.6700**
Left over Residual	46	2932.32**	3251.07**	2.4602*	4.7934**	0.0135**	46.3759**	24.9847**
Error	67	692.96	963.32	1.0172	2.0577	0.0084	18.9055	12.9948
Total (corrected)	143	1321.39	1587.21	1.4983	2.8586	0.0086	23.3120	14.5635
C.V. (%)		40.6	19.2	55.7	53.8	14.7	25.2	11.7

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ตารางผนวกที่ 15 ความแปรปรวนในลักษณะความงอก (Ger) ความสูงต้น (PH) น้ำหนักหัวสด (FRW) น้ำหนักต้นและใบ (StLW) ดัชนีเก็บเกี่ยว (HI) ปริมาณแป้งในหัว (RSC) และปริมาณหัวแห้ง (RDMC) ของลูกที่ได้จากการผสมตัวเองชั่วที่ 1 ของสายพันธุ์ MKUC 34-114-235

Source of Variation	d.f.	Mean Square						
		Ger	PH	FRW	StLW	HI	RSC	RDMC
Replications	2	55.66	2234.71	2.6317	7.5059	0.0026	2.1289	4.1066
Entries	47	2913.20**	3329.81**	2.9965**	5.6196**	0.0142*	47.4307**	27.1953**
Parents vs Progenies	1	1957.44^{ns}	3838720.00**	27.6660**	43.6280**	0.0471*	94.8994*	126.6700**
Left over Residual	46	2932.32**	3251.07**	2.4602*	4.7934**	0.0135*	46.3759**	24.9847*
Error	67	692.96	963.32	1.0172	2.0577	0.0084	18.9055	12.9948
Total (corrected)	143	1321.39	1587.21	1.4983	2.8586	0.0086	23.3120	14.5635
C.V. (%)		40.6	19.2	55.7	53.8	14.7	25.2	11.7

หมายเหตุ *,** = แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 0.05 และ 0.01 ตามลำดับ
ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ประวัติการศึกษา และการทำงาน

ชื่อ –นามสกุล	นายจำนงค์ ชัญถาวร
วัน เดือน ปี ที่เกิด	5 กรกฎาคม 2522
สถานที่เกิด	อำเภอชุมพลบุรี จังหวัดสุรินทร์
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (พืชศาสตร์) มหาวิทยาลัยแม่โจ้
ตำแหน่งหน้าที่การงานปัจจุบัน	เจ้าหน้าที่วิจัย
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	โครงการวิจัยมันสำปะหลัง ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ผลงานดีเด่นและรางวัลทางวิชาการ	-
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	โครงการวิจัยมันสำปะหลัง ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์