219837

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของมันสำปะหลังจำนวน 17 พันธุ์และ *Manihot. glaziovii* ด้วยเทคนิคชีววิทยาระดับโมเลกุลและศึกษาการตอบสนองของพันธุ์ห้วยบง 60 และ CMR 23-149-56 ต่อทรีทเมนต์ต่างๆ ในสภาพปลอดเชื้อ เมื่อวิเคราะห์พันธุกรรมของมันสำปะหลังโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) และ Simple Sequence Repeat (SSR) จากการใช้ไพรเมอร์แบบสุ่มขนาด 10 คู่เบส 26 ชนิด มี 23 ชนิดที่เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ จากนั้นคัดเลือกมา 4 ชนิด เพื่อใช้ในการสังเคราะห์ดีเอ็นเอ พบว่ามีแถบดีเอ็นเอเกิดขึ้นรวมทั้งสิ้น 729 แถบ ซึ่งมีขนาดตั้งแต่ประมาณ 400 ถึง 4,400 คู่เบส พบแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะต่อมันสำปะหลังและ *M. glaziovii* สำหรับค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของมันสำปะหลังอยู่ระหว่าง 31.11 ถึง 91.30 เปอร์เซ็นต์ เมื่อศึกษาพันธุกรรมมันสำปะหลังโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Simple Sequence Repeat จากไพรเมอร์จำนวน 5 คู่ สามารถสังเคราะห์แถบดีเอ็นเอได้รวมทั้งสิ้น 245 แถบ มีขนาดตั้งแต่ประมาณ 159 ถึง 292 คู่เบส ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของมันสำปะหลังอยู่ระหว่าง 33.33 ถึง 80 เปอร์เซ็นต์ การจัดกลุ่มมันสำปะหลังด้วยวิธี UPGMA จากเครื่องหมายโมเลกุลทั้ง 2 ชนิด สามารถแยกได้เป็น 2 กลุ่ม แต่กลุ่มที่แยกได้มีความแตกต่างกันไป

เมื่อทำการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อมันสำปะหลังพันธุ์ห้วยบง 60 เพื่อชักนำให้เกิดแคลลัสโดยใช้อาหารสูตร MS (Murashige and Skoog, 1962) ดัดแปลงพบการเกิดแคลลัสมากที่สุดเมื่อเพาะเลี้ยงในอาหารที่เติม BA เข้มข้น 0.5 มก./ล. ร่วมกับ IBA เข้มข้น 1 มก./ล. จากการศึกษาผลของน้ำตาลซูโครสและสารควบคุมการเจริญเติบโตต่อเนื้อเยื่อมันสำปะหลังพันธุ์ห้วยบง 60 และพันธุ์ CMR23-149-56 ซึ่งต่างก็มีปริมาณแป้งสูงพบว่า เมื่อเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อในอาหารสูตร MS ดัดแปลงที่เติมน้ำตาลซูโครส 80ก./ล. KIN ร่วมกับ NAA เข้มข้นอย่างละ 2 มก./ล. สามารถชักนำให้เนื้อเยื่อของมันสำปะหลังทั้งสองเกิดรากสะสมอาหารได้ หลังจากทำการศึกษารากสะสมอาหารพบว่ามีการสะสมแป้งเช่นเดียวกับมันสำปะหลังที่ปลูกในแปลง

The objectives of this research were to investigate the genetic relationship of 17 cultivars and *Manihot. glaziovii* using molecular biology techniques and to study the response of Hauybong 60 and CMR23-149-56 to various treatments of *in vitro* culture. Cassava DNA polymorphism was analysed by random amplified polymorphic DNA (RAPD) and simple sequence repeat (SSR) markers. Out of 26 10-bp random primers, 23 RAPD primers could produce PCR products. Four RAPD primers were selected for later study which yieded 729 PCR bands ranging form approximately 400 to 4,400 bp. From the coefficient matrix, similarity coefficient ranged from 31.11% to 91. 30%. Five selected SSR primers yieded 245 SSR bands, which were polymorphic ranging form approximately 159 to 292 base pairs, shows similarity coefficient ranged from 33.33% to 80%. Their genetic similarities were also estimated from the DNA band pattern using UPGMA. Two molecular biology techniques, cluster analysis divided these cassava samples in to 2 groups, but there are different.

Callus induction on modified MS (Murashige and Skoog, 1962) media with various concentration of BA and IBA, was carried out through the culture of Hauybong 60. It was found that the best callus formation rate occurred on MS media containing 0.5 mg/l BA and 1 mg/l IBA. Tuberization of Hauybong 60 and CMR23-149-56 were successfully established by using MS media containing 80 g/l sucrose, 2 mg/l kinetin and 2 mg/l NAA. Cultured cassava stored their reserve starch in thickened root as same as cassava planted in the field.