

อนุชา วงศ์ปราณีกุล 2551: การวิเคราะห์พันธุประวัติเชื้อพันธุกรรมอ้อยไทย ปรินญา
วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (การปรับปรุงพันธุ์พืช) สาขาการปรับปรุงพันธุ์พืช โครงการ
สหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รองศาสตราจารย์
ประเสริฐ ถักรวชระวงษ์, วท.ม. 135 หน้า

การวิเคราะห์พันธุประวัติของอ้อย ทำให้ทราบถึงความสัมพันธ์ของเชื้อพันธุกรรมอ้อยแต่
ละพันธุ์กับบรรพบุรุษดั้งเดิม (ancestral parents) และชนิดอ้อย (species) ช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์
สามารถเลือกใช้พ่อแม่พันธุ์อ้อยเพื่อการผสมพันธุ์ได้อย่างมีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น การดำเนินงาน
ภายใต้โครงการประเมินเชื้อพันธุกรรมอ้อย ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
โดยการรวบรวมข้อมูลเชื้อพันธุกรรมอ้อยจาก 3 หน่วยงาน คือ สำนักงานคณะกรรมการอ้อยและ
น้ำตาลทราย กรมวิชาการเกษตร และมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ได้ข้อมูลเชื้อพันธุกรรมอ้อยที่
ผ่านการปรับปรุงพันธุ์ภายในประเทศ จำนวน 620 สายต้น สามารถจัดกลุ่มโดยใช้พันธุประวัติของ
พ่อแม่ 218 คู่ผสมพันธุ์ จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์โดยใช้สัมประสิทธิ์ทางเครือญาติ
(coefficient of parentage) พบว่า เชื้อพันธุกรรมอ้อยจากทุกหน่วยงานมีฐานพันธุกรรมมาจาก
Saccharum officinarum, *S. spontaneum*, *S. barberi*, *S. sinense*, *S. robustum*, *Sorghum spp.* และ
Saccharum complex คิดเป็นร้อยละ 28.33, 5.56, 9.31, 2.73, 0.00, 0.01 และ 54.07 ตามลำดับ เมื่อ
จำแนกบรรพบุรุษดั้งเดิมพบว่า มีฐานพันธุกรรมมาจาก Black Cheribon, Chune, Bandjermasin
Hitam, Loethers, Kansar, Uba Marot, Lahaina, Glagah และ Red Fiji คิดเป็นร้อยละ 17.60, 11.24,
11.06, 11.03, 9.32, 5.88, 5.83, 5.73 และ 5.36 ตามลำดับ จากผลการวิเคราะห์ข้อมูลสรุปได้ว่า เชื้อ
พันธุกรรมอ้อยไทยมีฐานพันธุกรรมส่วนใหญ่มาจาก *S. officinarum* ในขณะที่ *Saccharum*
complex เป็นส่วนที่ไม่สามารถจำแนกตามแหล่งที่มาได้ เนื่องจากมีเชื้อพันธุกรรมอ้อยหลายพันธุ์
เกิดจากการผสมเปิด และมีหลายพันธุ์ในต่างประเทศที่เก็บรวบรวมโดยไม่ทราบประวัติพ่อแม่
พันธุ์

Anucha Wongpraneekul 2008: Pedigree Analysis of Thai Sugarcane Germplasm. Master of Science (Plant Breeding), Major Field: Plant Breeding, Interdisciplinary Graduate Program. Thesis Advisor: Associate Professor Prasert Chatwachirawong, M.S. 135 pages.

Pedigree analysis of sugarcane allows understanding the relationship among each sugarcane germplasm with their ancestral parents and species which can help the breeder to select the right parents for more effective breeding programs. A study under the project on Evaluation of Sugarcane Germplasm of the National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, information of sugarcane germplasm was collected from three organizations, viz., Office of the Cane and Sugar Board (OCSB), Department of Agriculture (DOA), and Kasetsart University (KU). Altogether 620 sugarcane clones were identified from pedigrees of 218 parental lines used in crossing. Analysis of relationship by coefficient of parentage showed that sugarcane germplasm from all breeding organizations have genetic base from *Saccharum officinarum* (28.33%), *S. spontaneum* (5.56%), *S. barberi* (9.31%), *S. sinense* (2.73%), *S. robustum* (0.00%), *Sorghum spp.* (0.01%) and *Saccharum* complex (54.07%). These ancestral parents included genetic base from the cultivars Black Cheribon (17.60%), Chuneo (11.24%), Bandjermasin Hitam (11.06%), Loethers (11.03%), Kansar (9.32%), Uba Marot (5.88%), Lahaina (5.83%), Glagah (5.73%) and Red Fiji (5.36%). Results from this analysis indicated Thai sugarcane germplasm comprised mostly genetic base from *S. officinarum*. The *Saccharum* complex cannot be identified by their origins, because a part of sugarcane parents were developed from open pollination while some exotic clones were collected without knowing their.

Student's signature

Thesis Advisor's signature