ความหลากหลายและสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างอ้อยพันธุ์การค้าในประเทศไทย

Genetic Diversity and Relationships among Commercial Sugarcane Varieties in Thailand

ชบา ทองไผ่ไหญ่[1], อนุชา วงศ์ปราณีกุล[2] และ ประเสริฐ ฉัตรวชิระวงษ์[1*]

Chaba Thongpaiyai[1], Anucha Wongpraneekul[2]

and Prasert Chatwachirawong[1*]

บทคัดย่อ: การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อนำเสนอความหลากหลายและสัมพันธ์ระหว่างอ้อยพันธุ์การค้าในประเทศไทย ข้อมูลพันธุประวัติของอ้อยแต่ละพันธุ์ได้สืบย้อนกลับไปยังพันธุ์ดั้งเดิม การคำนวณสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติทำโดยอาศัยข้อมูลอ้อยทั้ง 70 พันธุ์ และวาดแผนภาพ dendrogram โดยจัดพันธุ์เข้ากลุ่มวิธี UPGMA จากข้อมูลพันธุประวัติได้แสดงให้เห็นว่าพันธุ์อ้อยการค้าของไทยเกิดจากอ้อยต่างประเทศเพียง 26 พันธุ์เท่านั้น ผลจากการวิเคราะห์ข้อมูลได้ชี้ให้เห็นว่าอ้อยพันธุ์การค้าหลายพันธุ์มีความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดกับพันธุ์ OCSB3 (37.3%) สูงกว่า UT1 (20.4%) อ้อยชนิด *S. officinarum* เป็นฐานพันธุกรรมหลัก (25.1%) ในขณะที่ชนิด *S. barberi*, *S. spontaneum* และ *S. sinense* มีอยู่ 10.8, 5.9 และ 2.4% ตามลำดับ เหล่านี้แสดงให้เห็นว่าพันธุ์อ้อยปรับปรุงใหม่ของไทยมีฐานพันธุกรรมแคบ ดังนั้น นักปรับปรุงพันธุ์จึงควรนำเข้าเชื้อพันธุกรรมแหล่งใหม่มาใช้ในโครงการปรับปรุงพันธุ์อ้อยในอนาคต

คำสำคัญ: อ้อย, การปรับปรุงพันธุ์, สัมประสิทธิ์ทางเครือญาติ

ABSTRACT: The objective of this study was conducted to determine the diversity and relationships among commercial sugarcane varieties in Thailand. The pedigree in each variety was traced back to the original ancestors. The coefficient of parentage was calculated from records of 70 varieties, and a dendrogram was drawn using the unweighted pair-group method using arithmetic averages (UPGMA) of clustering. Pedigree data showed that Thai commercial varieties were only bred from 26 exotic varieties. The analytical results indicated that many sugarcane varieties had higher close relationship with OCSB3 (37.3%) than UT1 (20.4%). *S. officinarum* was major genetic contributor (25.1%) whereas *S. barberi*, *S. spontaneum*, and *S. sinense* were 10.8, 5.9, and 2.4%, respectively. These revealed that the Thai improved sugarcane varieties have narrow genetic base. Thus breeders should introduce novel germplasm into sugarcane breeding programs in the future.

Keywords: sugarcane, breeding, coefficient of parentage

[1] ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน จ.นครปฐม 73140
Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Kamphaeng Saen Campus, Nakhon Pathom 73140

[2] สถาบันวิจัยและพัฒนา กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน จ.นครปฐม 73140
Research and Development Institute at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Kamphaeng Saen Campus, Nakhon Pathom 73140

* Corresponding author: tiphuyae@live.com

บทนำ

การปรับปรุงพันธุ์อ้อยในประเทศไทยเกี่ยวข้องกับ 4 หน่วยงาน คือ กรมวิชาการเกษตร สำนักงานคณะกรรมการอ้อยและน้ำตาลทราย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ และมหาวิทยาลัยขอนแก่น พันธุ์อ้อยทางการค้าในปัจจุบันมีพันธุประวัติค่อนข้างจะซับซ้อน อ้อยบางพันธุ์ดูเหมือนจะไม่มีความสัมพันธ์กันเมื่อสืบประวัติย้อนหลังเพียง 2-3 ชั่ว แต่จะมีความสัมพันธ์กันมากเมื่อสืบประวัติย้อนหลังไปหลาย ๆ ชั่ว (Chatwachirawong and Peerasak, 1999) ความสัมพันธ์ทางเครือญาติเป็นการศึกษาความน่าจะเป็นที่ยีนตัวหนึ่งของบุคคลหนึ่งจะเหมือนกันโดยการถ่ายทอดกับยีนอีกตัวหนึ่งในตำแหน่งเดียวกันของอีกบุคคลหนึ่ง วัดออกมาเป็นค่าสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติเรียกว่า coefficient of parentage ในอ้อย Deren (1995) ได้ศึกษาฐานพันธุกรรมของอ้อย โดยพบว่าพันธุ์อ้อยจากฟลอริดามีความสัมพันธ์กับอ้อยชนิด *S. officinarum* (Black Cheribon, Bandjarmasin Hitam, Loethers) *S. spontaneum* (Java) และ *S. barberi* (Chunee) ส่วนพันธุ์อ้อยจากหลุยเซียนาทุกพันธุ์ มีความสัมพันธ์กับอ้อยพันธุ์ Black Cheribon และ Chunee โดยสรุปว่าอ้อยพันธุ์ Black Cheribon และ Chunee ถือได้ว่าเป็นฐานพันธุกรรมหลักของพันธุ์อ้อยจากประเทศสหรัฐอเมริกา นอกจากนี้ Chatwachirawong and Srinives (1999) พบว่า *S. officinarum* เป็นอ้อยชนิดหลัก (44.6%) ที่ถูกใช้เป็นเชื้อพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์อ้อยในประเทศไทย อ้อยพันธุ์ Black Cheribon จัดเป็นบรรพบุรุษดั้งเดิมหลักของอ้อยชนิดนี้ และพันธุ์อ้อยส่วนใหญ่มีความสัมพันธ์กับอ้อยพันธุ์ K84-200 และ UT1 ที่มักนำไปใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ในการผสมพันธุ์ การวิจัยในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจสอบความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของอ้อยพันธุ์การค้า 70 พันธุ์ ที่ได้รับการปรับปรุงพันธุ์จากหน่วยงานราชการภายในประเทศ ช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์อ้อยได้ทราบสถานะทางพันธุกรรมของพันธุ์อ้อยทางการค้า เป็นประโยชน์ต่อการเลือกใช้เชื้อพันธุกรรมอ้อยเพื่อการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต

วิธีการศึกษา

ดำเนินการโดยรวบรวมข้อมูลพันธุประวัติของพันธุ์อ้อยการค้า 70 พันธุ์ โดยจำแนกเป็นพันธุ์อ้อยของกรมวิชาการเกษตร 21 พันธุ์ คือ 3-2-023L, 80-1-128, 85-2-352, CN1 (ชัยนาท 1), UT1 (อู่ทอง 1), UT2 (อู่ทอง 2), UT3 (อู่ทอง 3), UT4 (อู่ทอง 4), UT5 (อู่ทอง 5), UT6 (อู่ทอง 6), SP80 (สุพรรณบุรี 80), UT8 (อู่ทอง 8), UT9 (อู่ทอง 9), UT84-10 (อู่ทอง 84-10), UT84-11 (อู่ทอง 84-11), UT12 (อู่ทอง 12), UT13 (อู่ทอง 13), KK1 (ขอนแก่น 1), KK80 (ขอนแก่น 80), KK3 (ขอนแก่น 3), และ Mukdahan (มุกดาหาร) พันธุ์อ้อยของสำนักงานคณะกรรมการอ้อยและน้ำตาลทราย 30 พันธุ์ คือ OCSB1 (K76-4), OCSB2 (K84-69), OCSB3 (K84-200), OCSB4 (K88-65), OCSB5 (K88-87), OCSB6 (K88-92), OCSB7 (K90-54), OCSB8 (K90-77), OCSB9 (K92-60), OCSB10 (K92-80), OCSB11 (K92-123), OCSB12 (LK92-11), OCSB13 (LK92-14), OCSB14 (LK92-17), OCSB15 (K93-219), OCSB16 (K93-347), OCSB17 (K95-161), OCSB18 (K95-283), OCSB19 (K95-84), OCSB20 (LK95-118), OCSB21 (LK95-124), OCSB22 (LK95-127), OCSB23 (K97-27), OCSB24 (K97-29), OCSB25 (K99-72), OCSB26 (K99-75), OCSB27 (K99-82), OCSB28 (K2000-89), OCSB29 (K2001-10) และ OCSB30 (K2001-20) พันธุ์อ้อยของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ 17 พันธุ์ คือ Kps94-13, Kps89-20, Kps89-26, Kps00-58, Kps00-103, Kps00-148, Kps01-12, Kps01-29, KU50 (เกษตรศาสตร์ 50), KU60-1 (เกษตรศาสตร์ 60-1), KU60-2 (เกษตรศาสตร์ 60-2), KU60-3 (เกษตรศาสตร์ 60-3), TP1 (ทองภูมิ 1), TP2 (ทองภูมิ 2), TP3 (ทองภูมิ 3), TP4 (ทองภูมิ 4) และ TP5 (ทองภูมิ 5) และพันธุ์อ้อยของมหาวิทยาลัยขอนแก่น 2 พันธุ์ คือ KKU99-03 และ KKU99-06

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของพันธุ์อ้อยการค้าดำเนินการโดยสืบประวัติของพันธุ์อ้อยย้อนหลังจนถึง

บรรพบุรุษดั้งเดิม จากเอกสารการวิจัยด้านพันธุ์อ้อยของสำนักงานคณะกรรมการอ้อยและน้ำตาลทราย กรมวิชาการเกษตร และมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ทำการวิเคราะห์สัมประสิทธิ์ทางเครือญาติ ที่นำเสนอโดย Malecot (Falconer and Mackay, 1996) โดยใช้โปรแกรม KIN (KINship coefficient) เวอร์ชั่น 1.0.5 ดำเนินการใน 3 รูปแบบ คือ 1) ความสัมพันธ์ระหว่างพันธุ์อ้อยการค้า 70 พันธุ์ ที่คำนวณเป็นสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติระหว่างพันธุ์อ้อยทั้งหมด และสร้างแผนภาพ dendrogram โดยวิเคราะห์กลุ่มวิธี Unweighted pair-group method using arithmetic averages (UPGMA) 2) ความสัมพันธ์ระหว่างอ้อยพันธุ์การค้ากับอ้อยพันธุ์ UT1 และ OCSB3 ที่นิยมใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์หลักในการผสมข้ามพันธุ์ และ 3) ความสัมพันธ์ระหว่างอ้อยพันธุ์การค้ากับชนิดอ้อย (species)

ผลการศึกษาและวิจารณ์

การตรวจสอบพันธุประวัติย้อนหลังของอ้อยพันธุ์การค้า 70 พันธุ์ พบว่ามีพื้นฐานทางพันธุกรรมมาจากอ้อยพันธุ์ต่างประเทศเพียง 26 พันธุ์ ได้แก่ B4362, Co331, Co775, Co798, CP34-79, CP63-588, CP75-327, Eros, F143, F160, F161, F172, H48-3166, IAC52-326, Kwt7, Mossman, N52-219, Phil63-17, PL310, Q67, Q76, Q79, Q83, ROC1, SP70-1143 และ Yasawa การวิเคราะห์กลุ่มโดยใช้สัมประสิทธิ์ทางเครือญาติของแต่ละคู่พันธุ์ สามารถจัดจำแนกอ้อยได้เป็น 9 กลุ่มพันธุ์ (Table 1 และ Figure 1) โดยอ้อยกลุ่มพันธุ์ Gp1 มีขนาดใหญ่ที่สุด โดยมีอ้อยเป็นสมาชิก 36 พันธุ์ มีพันธุ์ OCSB3 อยู่ร่วมกลุ่มด้วย และยังสามารถจำแนกได้อีกเป็น 6 กลุ่มย่อย (Gp1-1 ถึง Gp1-6) กลุ่มพันธุ์อ้อย Gp2 มีสมาชิก 2 พันธุ์ (Mukdahan และ OCSB2) มีอ้อยพันธุ์ ROC1 เป็นพ่อแม่พันธุ์ร่วมกัน กลุ่มพันธุ์ Gp3 มีสมาชิก 14 พันธุ์ มีอ้อยพันธุ์ที่สำคัญคือ UT1 อยู่ร่วมอยู่ในกลุ่มด้วย กลุ่มพันธุ์ Gp4, Gp5, Gp7 และ Gp8 มีสมาชิกกลุ่มละ 1 พันธุ์ คือ UT4 (H48-3166 x Eros), KU50 (Kwt7 ผสมเปิด), OCSB18 (Q79 ผสมเปิด) และ UT5 (87-2-1033 ผสมเปิด) ตามลำดับ ส่วนกลุ่มพันธุ์ Gp9 ประกอบด้วยอ้อย 4 พันธุ์ คือ OCSB4, OCSB20, OCSB21 และ OCSB22 เป็นที่น่าสังเกตว่าพันธุ์ OCSB4 เกิดจากอ้อย PL310 เป็นพ่อพันธุ์ ส่วนอ้อยพันธุ์ OCSB20, OCSB21 และ OCSB22 เกิดจากคู่ผสมพันธุ์ Yasawa x PL310 โดยที่ PL310 เป็นพันธุ์อ้อยที่ไม่ทราบที่มา ส่วนพันธุ์ Yasawa เกิดจากคู่ผสมพันธุ์ LF49-3863 x 36MQ2717 โดยที่ไม่สามารถตรวจสอบพันธุประวัติย้อนหลังได้ต่อไป

การตรวจสอบประวัติของพันธุ์อ้อยการค้าที่ผ่านปรับปรุงพันธุ์ในระยะหลังๆ จะพบว่ามีการใช้อ้อยพันธุ์ UT1 และ OCSB3 เป็นเชื้อพันธุกรรมในการผสมพันธุ์อยู่หลายคู่ผสม เมื่อคำนวณสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติของอ้อยพันธุ์การค้ากับอ้อยทั้งสองพันธุ์ พบว่า อ้อยพันธุ์การค้าให้ค่าเฉลี่ยความสัมพันธ์ทางเครือญาติกับ UT1 และ OCSB3 เท่ากับ 0.102 และ 0.186 คิดเป็นร้อยละ 20.4 และ 37.3 ตามลำดับ แสดงว่าพันธุ์อ้อยทางการค้าโดยทั่วไปมีความสัมพันธ์กับ OCSB3 มากกว่า UT1 โดยมีอ้อยบางพันธุ์ที่มีความสัมพันธ์กับ OCSB3 สูงสุดถึง 0.379 หรือคิดเป็นร้อยละ 75.8 เมื่อพิจารณาอ้อยพันธุ์การค้าที่มีความสัมพันธ์สูงกับอ้อยทั้ง 2 พันธุ์ พบว่า KK1 และ KKU99-3 ให้ค่าสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติสูงสุดกับพันธุ์ UT1 (r=0.295, 59.0%) รองลงมาได้แก่ OCSB16, OCSB23 และ OCSB24 (r=0.283, 56.6%), OCSB7 และ OCSB8 (r=0.262, 52.4%), UT3 (r=0.260, 52.0%), OCSB5 และ OCSB6 (r=0.250, 50.0%) ในขณะที่พันธุ์ KU60-1 และ KU60-3 ให้ค่าสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติสูงสุดกับ OCSB3 (r=0.379, 75.8%) รองลงมาได้แก่ OCSB10 (r=0.373, 74.6%), UT84-11 และ TP5 (r=0.332, 66.4%), OCSB11, OCSB28, OCSB29 และ OCSB30 (r=0.324, 64.8%), OCSB19 (r=0.321, 64.2%), SP80, KK3 และ KK80 (r=0.319, 63.8%), OCSB16, OCSB23 และ OCSB24 (r=0.318, 63.6%), UT8 (r=0.312, 62.4%), OCSB9, OCSB12, OCSB13, OCSB14, OCSB15, OCSB17,

OCSB25, OCSB26, OCSB27 และ TP2 (r=0.285, 57.0%) (**Table 2**) จากผลการทดลองนี้ได้ชี้ให้เห็นว่าการใช้ประโยชน์เชื้อพันธุกรรมอ้อยเพื่อการปรับปรุงพันธุ์มีอยู่ค่อนข้างจำกัด โดยนักปรับปรุงพันธุ์อ้อยมักจะเลือกผสมพันธุ์อ้อยเฉพาะที่ทราบว่าเป็นพันธุ์ที่ให้รุ่นลูกที่ดีเท่านั้น พันธุ์อ้อยใหม่จึงมักมีความสัมพันธ์สูงกับ UT1 และ OCSB3 ในอนาคตพันธุ์อ้อยใหม่ก็จะเกิดโอกาสมีพื้นฐานทางพันธุกรรมที่แคบลงไปอีก ดังนั้นการค้นหาเชื้อพันธุกรรมใหม่ที่มีพื้นฐานทางพันธุกรรมแตกต่างไปจากเดิมจึงเป็นสิ่งจำเป็น

พันธุ์อ้อยมีความสัมพันธ์กับ *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. barberi*, *S. sinense* และ *Saccharum* hybrids ให้ค่าเฉลี่ยของสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติ 0.126, 0.029, 0.054, 0.012 และ 0.279 ตามลำดับ หรือคิดเป็นร้อยละ 25.1, 5.9, 10.8, 2.4 และ 55.8 ตามลำดับ (**Table 3**) แสดงว่า พันธุ์อ้อยการค้ามีพื้นฐานทางพันธุกรรมมาจาก *S. officinarum* อยู่มาก แต่ก็มีพันธุกรรมที่ไม่ทราบชนิดที่รวมกันอยู่ใน *Saccharum* hybrids อยู่ในระดับสูงด้วยเช่นกัน ในขณะที่มีพื้นฐานทางพันธุกรรมของ *S. spontaneum* *S. barberi* และ *S. sinense* อยู่ในสัดส่วนเล็กน้อยเท่านั้น แต่ไม่พบว่ามีพื้นฐานทางพันธุกรรมมาจาก *S. robustum* เลย พันธุ์อ้อยการค้ามีความสัมพันธ์กับ *S. officinarum* สูง 3 อันดับแรก คือ OCSB1 (r=0.264, 52.8%), KU60-1 และ KU60-3 (r=0.240, 48.0%), 3-2-023L และCN1 (r=0.239, 47.8%) พันธุ์ที่มีความสัมพันธ์กับ *S. spontaneum* สูง คือ KU60-1 และ KU60-3 (r=0.059, 11.8%), OCSB1 (r=0.058, 11.6%) และ OCSB10 (r=0.056, 11.2%) พันธุ์ที่มีความสัมพันธ์กับ *S. barberi* สูง คือ Kps89-20 และ Kps89-26 (r=0.164, 32.8%), OCSB1 (r=0.113, 22.6%), 3-2-023L และ CN1 (r=0.102, 20.4%) พันธุ์ที่มีความสัมพันธ์กับ *S. sinense* สูง คือ OCSB1 (r=0.030, 6.0%), KKU99-06 (r=0.028, 5.6%), 3-2-023L, CN1, KU60-1, KU60-3 และ OCSB10 (r=0.025, 5.0%) และพันธุ์ที่ไม่สามารถจำแนกแยกแยะตามชนิดอ้อยได้ โดยแสดงเป็นความสัมพันธ์กับ *Saccharum* hybrids สูง คือ OCSB20, OCSB21 และ OCSB22 (r=0.500, 100%) UT5 (r=0.464, 92.8%) OCSB5 และ OCSB6 (r=0.428, 85.6%) เนื่องจากมีข้อจำกัดในการสืบประวัติย้อนหลังของพันธุ์อ้อยเหล่านี้ โดยมีอ้อยบางพันธุ์สืบประวัติได้ในจำนวนน้อยชั่ว (generation) บางพันธุ์เกิดจากพ่อแม่พันธุ์ที่มีประวัติการผสมพันธุ์แบบเปิด

Table 1 Groups of sugarcane variety calculated by UPGMA clustering based on coefficient of parentage.

Groups	Member	Clone name
Gp1	36	Gp1-1 [3-2-023L, 80-1-128, CN1, KKU99-06, KU60-1, KU60-3, OCSB1, OCSB3, OCSB10, TP1, TP3, TP4 and TP5]; Gp1-2 [OCSB11, OCSB19, OCSB28, OCSB29 and OCSB30]; Gp1-3 [85-2-352, KK3, KK80, SP80, UT12 and UT84-11]; Gp1-4 [UT8 and UT13]; Gp1-5 [OCSB9, OCSB12, OCSB13, OCSB14, OCSB15, OCSB17, OCSB25, OCSB26 and OCSB27]; Gp1-6 [TP2]
Gp2	2	Mukdahan and OCSB2
Gp3	14	KK1, KKU99-03, KU60-2, OCSB16, OCSB23, OCSB24, OCSB5, OCSB6, OCSB7, OCSB8, UT1, UT6, UT9 and UT84-10
Gp4	1	UT4
Gp5	1	KU50
Gp6	10	Kps00-58, Kps00-103, Kps00-148, Kps01-12, Kps01-29, Kps89-20, Kps89-26, Kps94-13, UT2 and UT3
Gp7	1	OCSB18
Gp8	1	UT5
Gp9	4	OCSB4, OCSB20, OCSB21 and OCSB22

Table 2 Coefficient of parentage between 70 commercial sugarcane varieties and two popular crossing varieties (UT1 and OCSB3).

No	Clonse	UT1		OCSB3		No	Clones	UT1		OCSB3	
		coeff.	%	coeff.	%			coeff.	%	coeff.	%
1	OCSB1	0.083	16.6	0.177	35.4	37	UT3	0.260	52.0	0.055	11.0
2	OCSB2	0.045	9.0	0.181	36.2	38	UT4	0.041	8.2	0.100	20.0
3	OCSB3	0.067	13.4	-	-	39	UT5	0.125	25.0	0.017	3.4
4	OCSB4	0.044	8.8	0.094	18.8	40	UT6	0.159	31.8	0.081	16.2
5	OCSB5	0.250	50.0	0.033	6.6	41	SP80	0.049	9.8	0.319	63.8
6	OCSB6	0.250	50.0	0.033	6.6	42	UT8	0.163	32.6	0.312	62.4
7	OCSB7	0.262	52.4	0.073	14.6	43	UT9	0.221	44.2	0.089	17.8
8	OCSB8	0.262	52.4	0.073	14.6	44	UT84-10	0.158	31.6	0.084	16.8
9	OCSB9	0.033	6.6	0.285	57.0	45	UT84-11	0.115	23.0	0.332	66.4
10	OCSB10	0.075	15.0	0.373	74.6	46	UT12	0.155	31.0	0.187	37.4
11	OCSB11	0.046	9.2	0.324	64.8	47	UT13	0.097	19.4	0.193	38.6
12	OCSB12	0.033	6.6	0.285	57.0	48	KK1	0.295	59.0	0.214	42.8
13	OCSB13	0.033	6.6	0.285	57.0	49	KK3	0.049	9.8	0.319	63.8
14	OCSB14	0.033	6.6	0.285	57.0	50	KK80	0.049	9.8	0.319	63.8
15	OCSB15	0.033	6.6	0.285	57.0	51	Mukdahan	0.045	9.0	0.181	36.2
16	OCSB16	0.283	56.6	0.318	63.6	52	KU50	0.046	9.2	0.099	19.8
17	OCSB17	0.033	6.6	0.285	57.0	53	Kps89-20	0.056	11.2	0.110	22.0
18	OCSB18	0.025	5.0	0.058	11.6	54	Kps89-26	0.056	11.2	0.110	22.0
19	OCSB19	0.164	32.8	0.321	64.2	55	Kps94-13	0.028	5.6	0.055	11.0
20	OCSB20	0.000	0.0	0.000	0.0	56	Kps00-103	0.144	28.8	0.055	11.0
21	OCSB21	0.000	0.0	0.000	0.0	57	Kps00-148	0.144	28.8	0.055	11.0
22	OCSB22	0.000	0.0	0.000	0.0	58	Kps00-58	0.144	28.8	0.055	11.0
23	OCSB23	0.283	56.6	0.318	63.6	59	Kps01-12	0.144	28.8	0.055	11.0
24	OCSB24	0.283	56.6	0.318	63.6	60	Kps01-29	0.086	17.2	0.055	11.0
25	OCSB25	0.033	6.6	0.285	57.0	61	KU60-1	0.077	15.4	0.379	75.8
26	OCSB26	0.033	6.6	0.285	57.0	62	KU60-2	0.153	30.6	0.180	36.0
27	OCSB27	0.033	6.6	0.285	57.0	63	KU60-3	0.077	15.4	0.379	75.8
28	OCSB28	0.046	9.2	0.324	64.8	64	TP1	0.170	34.0	0.226	45.2
29	OCSB29	0.046	9.2	0.324	64.8	65	TP2	0.033	6.6	0.285	57.0
30	OCSB30	0.046	9.2	0.324	64.8	66	TP3	0.058	11.6	0.227	45.4
31	3-2-023L	0.090	18.0	0.176	35.2	67	TP4	0.054	10.8	0.225	45.0
32	80-1-128	0.065	13.0	0.141	28.2	68	TP5	0.055	11.0	0.332	66.4
33	85-2-352	0.032	6.4	0.068	13.6	69	KKU99-03	0.295	59.0	0.121	24.2
34	CN1	0.090	18.0	0.176	35.2	70	KKU99-06	0.076	15.2	0.159	31.8
35	UT1	-	-	0.067	13.4		Mean	0.102	20.4	0.186	37.3
36	UT2	0.021	4.2	0.044	8.8		Maximum	0.295	59.0	0.379	75.8

Table 3 Coefficient of parentage between 70 commercial varieties and some *Saccharum* species.

No.	Clones	*S. officinarum*		*S. spontaneum*		*S. barberi*		*S. sinense*		*Saccharum* spp.	
		coeff.	%	coeff.	%	coeff.	%	coeff.	%	coeff.	%
1	OCSB1	0.264	52.8	0.058	11.6	0.113	22.6	0.030	6.0	0.035	7.0
2	OCSB2	0.121	24.2	0.021	4.2	0.035	7.0	0.011	2.2	0.313	62.6
3	OCSB3	0.199	39.8	0.055	11.0	0.062	12.4	0.019	3.8	0.166	33.2
4	OCSB4	0.141	28.2	0.031	6.2	0.063	12.6	0.016	3.2	0.250	50.0
5	OCSB5	0.039	7.8	0.006	1.2	0.023	4.6	0.004	0.8	0.428	85.6
6	OCSB6	0.039	7.8	0.006	1.2	0.023	4.6	0.004	0.8	0.428	85.6
7	OCSB7	0.092	18.4	0.017	3.4	0.035	7.0	0.007	1.4	0.350	70.0
8	OCSB8	0.092	18.4	0.017	3.4	0.035	7.0	0.007	1.4	0.350	70.0
9	OCSB9	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
10	OCSB10	0.231	46.2	0.056	11.2	0.087	17.4	0.025	5.0	0.101	20.2
11	OCSB11	0.152	30.4	0.038	7.6	0.042	8.4	0.012	2.4	0.255	51.0
12	OCSB12	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
13	OCSB13	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
14	OCSB14	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
15	OCSB15	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
16	OCSB16	0.138	27.6	0.033	6.6	0.054	10.8	0.013	2.6	0.261	52.2
17	OCSB17	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
18	OCSB18	0.100	20.0	0.026	5.2	0.020	4.0	0.007	1.4	0.348	69.6
19	OCSB19	0.145	29.0	0.036	7.2	0.048	9.6	0.013	2.6	0.258	51.6
20	OCSB20	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.500	100.0
21	OCSB21	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.500	100.0
22	OCSB22	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.500	100.0
23	OCSB23	0.138	27.6	0.033	6.6	0.054	10.8	0.013	2.6	0.261	52.2
24	OCSB24	0.138	27.6	0.033	6.6	0.054	10.8	0.013	2.6	0.261	52.2
25	OCSB25	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
26	OCSB26	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
27	OCSB27	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
28	OCSB28	0.152	30.4	0.038	7.6	0.042	8.4	0.012	2.4	0.255	51.0
29	OCSB29	0.152	30.4	0.038	7.6	0.042	8.4	0.012	2.4	0.255	51.0
30	OCSB30	0.152	30.4	0.038	7.6	0.042	8.4	0.012	2.4	0.255	51.0
31	3-2-023L	0.239	47.8	0.048	9.6	0.102	20.4	0.025	5.0	0.086	17.2
32	80-1-128	0.217	43.4	0.050	10.0	0.082	16.4	0.022	4.4	0.129	25.8
33	85-2-352	0.098	19.6	0.027	5.4	0.070	14.0	0.008	1.6	0.297	59.4
34	CN1	0.239	47.8	0.048	9.6	0.102	20.4	0.025	5.0	0.086	17.2
35	UT1	0.078	15.6	0.012	2.4	0.047	9.4	0.008	1.6	0.355	71.0
36	UT2	0.063	12.6	0.016	3.2	0.039	7.8	0.008	1.6	0.375	75.0
37	UT3	0.070	14.0	0.014	2.8	0.043	8.6	0.008	1.6	0.365	73.0

Table 3 (continue)

No.	Clones	*S. officinarum*		*S. spontaneum*		*S. barberi*		*S. sinense*		*Saccharum* spp.	
		coeff.	%	coeff.	%	coeff.	%	coeff.	%	coeff.	%
38	UT4	0.188	37.6	0.016	3.2	0.000	0.0	0.016	3.2	0.281	56.2
39	UT5	0.020	4.0	0.003	0.6	0.012	2.4	0.002	0.4	0.464	92.8
40	UT6	0.107	21.4	0.021	4.2	0.053	10.6	0.010	2.0	0.310	62.0
41	SP80	0.148	29.6	0.041	8.2	0.066	13.2	0.013	2.6	0.231	46.2
42	UT8	0.135	27.0	0.034	6.8	0.052	10.4	0.013	2.6	0.266	53.2
43	UT9	0.112	22.4	0.021	4.2	0.055	11.0	0.011	2.2	0.301	60.2
44	UT84-10	0.121	24.2	0.017	3.4	0.034	6.8	0.011	2.2	0.316	63.2
45	UT84-11	0.163	32.6	0.042	8.4	0.067	13.4	0.016	3.2	0.212	42.4
46	UT12	0.109	21.8	0.027	5.4	0.054	10.8	0.011	2.2	0.298	59.6
47	UT13	0.108	21.6	0.041	8.2	0.044	8.8	0.010	2.0	0.298	59.6
48	KK1	0.160	32.0	0.026	5.2	0.059	11.8	0.015	3.0	0.240	48.0
49	KK80	0.148	29.6	0.041	8.2	0.066	13.2	0.013	2.6	0.231	46.2
50	KK3	0.148	29.6	0.041	8.2	0.066	13.2	0.013	2.6	0.231	46.2
51	Mukdahan	0.121	24.2	0.021	4.2	0.035	7.0	0.011	2.2	0.313	62.6
52	KU50	0.141	28.2	0.023	4.6	0.070	14.0	0.016	3.2	0.250	50.0
53	Kps89-20	0.156	31.2	0.047	9.4	0.164	32.8	0.008	1.6	0.125	25.0
54	Kps89-26	0.156	31.2	0.047	9.4	0.164	32.8	0.008	1.6	0.125	25.0
55	Kps94-13	0.078	15.6	0.023	4.6	0.082	16.4	0.004	0.8	0.313	62.6
56	Kps00-58	0.074	14.8	0.019	3.8	0.063	12.6	0.006	1.2	0.339	67.8
57	Kps00-103	0.074	14.8	0.019	3.8	0.063	12.6	0.006	1.2	0.339	67.8
58	Kps00-148	0.074	14.8	0.019	3.8	0.063	12.6	0.006	1.2	0.339	67.8
59	Kps01-12	0.074	14.8	0.019	3.8	0.063	12.6	0.006	1.2	0.339	67.8
60	Kps01-29	0.076	15.2	0.021	4.2	0.072	14.4	0.005	1.0	0.326	65.2
61	KU60-1	0.240	48.0	0.059	11.8	0.093	18.6	0.025	5.0	0.083	16.6
62	KU60-2	0.097	19.4	0.022	4.4	0.043	8.6	0.009	1.8	0.330	66.0
63	KU60-3	0.240	48.0	0.059	11.8	0.093	18.6	0.025	5.0	0.083	16.6
64	TP1	0.166	33.2	0.038	7.6	0.064	12.8	0.016	3.2	0.216	43.2
65	TP2	0.099	19.8	0.027	5.4	0.031	6.2	0.010	2.0	0.333	66.6
66	TP3	0.175	35.0	0.041	8.2	0.078	15.6	0.016	3.2	0.190	38.0
67	TP4	0.151	30.2	0.034	6.8	0.061	12.2	0.015	3.0	0.239	47.8
68	TP5	0.170	34.0	0.043	8.6	0.062	12.4	0.017	3.4	0.208	41.6
69	KKU99-03	0.159	31.8	0.030	6.0	0.074	14.8	0.016	3.2	0.221	44.2
70	KKU99-06	0.229	45.8	0.040	8.0	0.066	13.2	0.028	5.6	0.137	27.4
	Mean	0.126	25.1	0.029	5.9	0.054	10.8	0.012	2.4	0.279	55.8
	Maximum	0.264	52.8	0.059	11.8	0.164	32.8	0.030	6.0	0.500	100.0
	Minimum	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.000	0.0	0.035	7.0

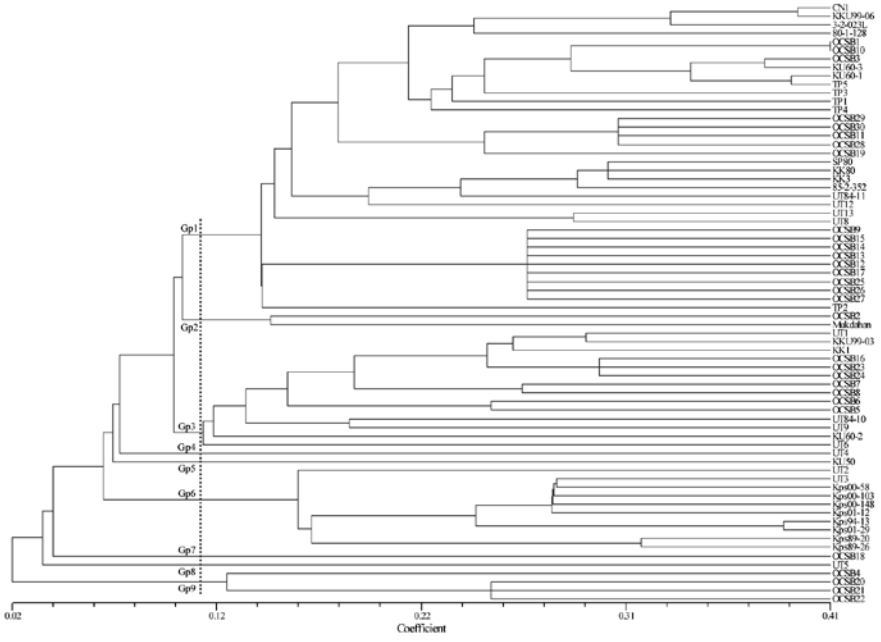

Figure 1 Dendrogram plotted by UPGMA based on coefficient of parentage between 70 commercial sugarcane varieties.

สรุป

อ้อยพันธุ์การค้าของไทยเกิดจากการผสมข้ามของพันธุ์อ้อยต่างประเทศ 26 พันธุ์ เมื่อสืบประวัติย้อนหลังไปอีกจะมีบรรพบุรุษที่ค่อนข้างจะซ้ำซ้อนกัน แสดงว่าพันธุ์อ้อยปรับปรุงใหม่ของไทยมีฐานพันธุกรรมแคบ การคำนวณความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของอ้อยได้แสดงให้เห็นว่า อ้อยพันธุ์การค้าหลายพันธุ์มีความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดกับอ้อยพันธุ์ UT1 และ OCSB3 โดยที่มีความสัมพันธ์กับ OCSB3 สูงกว่า UT1 อ้อยชนิด *S. officinarum* ถือได้ว่าเป็นพื้นฐานพันธุกรรมหลัก ในขณะที่อ้อยชนิด *S. barberi*, *S. spontaneum* และ *S. sinense* มีความสำคัญรองลงมาตามลำดับ ดังนั้น นักปรับปรุงพันธุ์จึงสามารถใช้ข้อมูลเหล่านี้เป็นแนวทางในการใช้ประโยชน์เชื้อพันธุกรรมอ้อยเพื่อขยายพื้นฐานทางพันธุกรรมของพันธุ์อ้อยให้กว้างขึ้น

คำขอบคุณ

การวิจัยนี้เป็นส่วนหนึ่งของโครงการวิจัย การจัดการเชื้อพันธุกรรมและปรับปรุงพันธุ์อ้อย ที่ได้รับการสนับสนุนทุนวิจัยจากสำนักบริหารจัดการคลัสเตอร์ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ ขอขอบพระคุณท่านที่ปรึกษาโครงการฯ ศ.ดร.มรกต ตันติเจริญ และ ศ.ดร.พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ ที่ได้ให้คำแนะนำที่มีคุณค่ายิ่งในการดำเนินงานวิจัย และขอขอบคุณ คุณธนพร กลิ่นเกษร ที่ได้ช่วยประสานงานการวิจัยด้วยดีตลอดมา

เอกสารอ้างอิง

Deren, C.W. 1995. Genetic base of U.S. mainland sugarcane. Crop Sci. 35:1195-1199.

Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, London.

Chatwachirawong, P., and P. Srinives. 1999. Coefficient of parentage of major sugarcane clones in Thailand. SABRAO J. of Breed. And Genet. 31:51-57.