

## Abstract

---

**Project Code :** TRG5580003

**Project Title :** Identification and functional analysis of candidate genes within QTL controlling yield and starch content in cassava (*Manihot esculenta* Crantz)

**Investigator :** Miss Supajit Sraphet, Mahidol University

**E-mail Address :** supajit.sra@mahidol.ac.th

**Project Period :** 2 years

The aim of this study was to identify and validate quantitative trait loci (QTL) underlying fresh root and starch content in cassava roots. In this study, seven QTL associated with fresh root yield with 7.6-17.3% of the phenotypic variation (PVE), and 11 QTL for fresh starch content with 11.3% to 27.3% of PVE were identified from four different environments. Cluster of major QTL controlling fresh root yield (Yr10\_1 with 17.3% PVE and Yr09\_3 with 9.7% PVE) and starch content (Sr10\_3 with 14.7% PVE) was identified on LG16. In addition, another major QTL Sr10\_1 (PVE= 21.5%) was identified on LG6. Candidate genes within the consistent QTL across environments and selected QTL were identified based on cassava genome sequences. The candidate genes at peak QTL at periphery regions were selected to evaluate their expression among the F<sub>1</sub> lines with high (H) and low starch content (L) including parental lines at 6, 9 and 12 MAP (Month after planting). The RPM1-interacting protein 4, homeobox domain, auxin/cyclin G-associated kinase, endomembrane protein 70 and zing finger showed similar gene expression profiles in both groups while phenylalanyl-tRNA synthetase showed gene expression profile.

The QTL controlling fresh weight root yield and starch content in this study will be useful for molecular breeding of cassava through marker-assisted selection (MAS). The information in this study could be useful for further study of cassava gene expression.

**Keywords :** QTL, yield, starch content, cassava

## บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: TRG5580003

ชื่อโครงการ: การศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมการผลิตและปริมาณแป้งในมันสำปะหลัง

ชื่อนักวิจัย: นางสาวศุภจิต สระเพชร มหาวิทยาลัยมหิดล

E-mail Address : supajit.sra@mahidol.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: 2 ปี

จากการวิเคราะห์หาตำแหน่งของยีนที่ควบคุมปริมาณการผลิตและปริมาณแป้งในมันสำปะหลัง พบว่ามี 7 ตำแหน่งซึ่งมีความสัมพันธ์กับปริมาณการผลิต โดยมีความผันแปรทางลักษณะที่แสดงออก ตั้งแต่ 7.6% ถึง 17.3% และ 11 ตำแหน่งที่สัมพันธ์กับปริมาณแป้งและสามารถอธิบายความแปรผันของลักษณะปริมาณแป้งที่แสดงออกได้ตั้งแต่ 11.3% ถึง 27.3%

จากการวิเคราะห์หน้าที่ของยีนบริเวณตำแหน่งยีนควบคุมปริมาณการผลิต (Yr10\_1 และ Yr09\_3) และควบคุมปริมาณแป้ง (Sr10\_3) ซึ่งอยู่บริเวณเดียวกันบนกลุ่มเครื่องหมายพันธุกรรมที่ 16 และการวิเคราะห์หน้าที่ของยีนที่ควบคุมปริมาณการผลิตและปริมาณแป้งของมันสำปะหลังในรากมันสำปะหลังสายพันธุ์ห้วยบง 60 สายพันธุ์ห่านาที่ และลูกผสมรุ่นที่ 1 ที่มีค่าปริมาณแป้งสูงและต่ำ ที่มีอายุ 6 เดือน 9 เดือน และ 12 เดือนหลังการปลูก พบว่าพบว่ายีน RPM1-interacting protein 4 ยีน homeobox domain ยีน auxin/cyclin G-associated kinase ยีน endomembrane protein 70 และยีน zing finger มีรูปแบบการแสดงออกเหมือนกันในกลุ่มที่มีปริมาณแป้งสูงและต่ำ ส่วนยีน Phenylalanyl-tRNA synthetase มีรูปแบบการแสดงออกเหมือนต่างกันในกลุ่มที่มีปริมาณแป้งสูงและต่ำ อย่างไรก็ตาม ระดับการแสดงออกของยีนไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญระหว่างกลุ่มแป้งสูงและต่ำ

ผลการศึกษานี้เป็นข้อมูลพื้นฐาน เพื่อนำไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาการแสดงออกของยีนซึ่งน่าจะมีความเกี่ยวข้องกับลักษณะปริมาณแป้ง รวมถึงลักษณะการผลิตในมันสำปะหลัง และสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการคัดเลือกและพัฒนาสายพันธุ์มันสำปะหลังที่มีปริมาณการผลิตและแป้งที่สูงต่อไป

คำหลัก : QTL, yield, ลักษณะการผลิต ปริมาณแป้ง มันสำปะหลัง