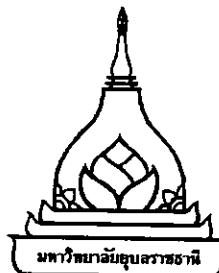


การศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบ
ผลผลิตงา (*Sesamum indicum L.*)

จักรกฤษณ์ ศรีไซย

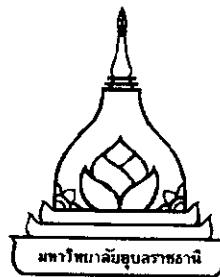
วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเกษตรศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์
มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
ปีการศึกษา 2558
ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี



**STUDIES ON GENETIC EFFECTS OF YIELD AND YIELD
COMPONENTS SESAME (*Sesamum indicum* L.)**

JAKKIT SORNHCAI

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF THE REQUIREMENTS
FOR THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE
MAJOR IN AGRICULTURE
FACULTY OF AGRICULTURE
UBON RATCHATHANI UNIVERSITY
ACADEMIC YEAR 2015
COPYRIGHT OF UBON RATCHATHANI UNIVERSITY



ใบรับรองการวิทยานิพนธ์
มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเกษตรศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์

เรื่อง การศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา¹
(*Sesamum indicum L.*)

ผู้วิจัย นายจักรกฤษณ์ ศรีไชย

คณะกรรมการสอบ

ดร.จิรวัฒน์ สนิทชน

ประธานกรรมการ

รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์

กรรมการ

ดร.บุบพา ใจเที่ยง

กรรมการ

ดร.ทินน์ พรหมโชคิ

กรรมการ

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.นิตยา วนิกร

กรรมการ

อาจารย์ที่ปรึกษา

.....
คงกานต์ น.

อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก

(รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์)

.....
คงกานต์ น.

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

(ดร.บุบพา ใจเที่ยง)

.....
คงกานต์ น.

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

(ดร.ทินน์ พรหมโชคิ)

.....
คงกานต์ น.

(รองศาสตราจารย์ธีระพล บันสิทธิ์)

(รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์)

คณบดีคณะเกษตรศาสตร์

รองอธิการบดีฝ่ายวิชาการ

ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

ปีการศึกษา 2558

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์ อาจารย์ที่ปรึกษา ที่กรุณาให้ความรู้ทางวิชาการ วิธีการดำเนินการวิจัย ให้คำปรึกษาในการทำวิทยานิพนธ์ ถ่ายทอดประสบการณ์การทำงานวิจัย และการใช้ชีวิตในการเรียน ตลอดทั้งเงินทุนในการวิจัยครั้งนี้จนสำเร็จลุล่วงไปด้วยดี ขอขอบพระคุณ ดร.บุบผา ใจเที่ยง และ ดร.พินน์ พรมโพธิ กรรมการที่ปรึกษาร่วมที่ให้ความรู้ในการวิเคราะห์ข้อมูล และชี้แนะในการวิจัยและตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์

ขอขอบพระคุณศูนย์วิจัยพีซีร่วงหัวดอเบิลราชธานีที่ให้ความอนุเคราะห์เชื้อพันธุกรรมมาเพื่อใช้ในการทดลอง ขอขอบพระคุณบุคลากรคณะเกษตรศาสตร์ รวมทั้งนักวิชาการและเจ้าหน้าที่ ห้องปฏิบัติการทุกห้องที่ให้ความช่วยเหลือในการวิจัยด้วยดีเสมอมา และขอขอบพระคุณ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี ที่เอื้อเพื่อสถานที่ในการทดลอง

สุดท้ายนี้ข้าพเจ้าขอขอบพระคุณ บิดา มารดา และสมาชิกทุกคนในครอบครัว ที่เป็นกำลังใจและสนับสนุนในการทำวิทยานิพนธ์ด้วยดีตลอดมา

จักรกฤษณ์ ศรีไชย
ผู้วิจัย

บทคัดย่อ

เรื่อง	: การศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา (<i>Sesamum indicum L.</i>)
ผู้วิจัย	: จักรกฤษณ์ ศรีไชย
ชื่อปริญญา	: วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	: เกษตรศาสตร์
อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก	: รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์
อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม	: ดร.บุบพา ใจเที่ยง ดร.ทินน์ พรหมโชค
คำสำคัญ	: งา, ผลผลิต, องค์ประกอบผลผลิต, การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของข้าว, อัตราพันธุกรรม

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อการศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา 3 คู่ผสม คือ BL5 x MR13, BL5 x พันธุ์พื้นเมือง และ MR13 x พันธุ์พื้นเมือง โดยการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของข้าวแม่ พ่อ ถูกผสมข้าวที่ 1 และ 2 และลูกผสมกลับไปยังแม่และพ่อ (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BCp_1 และ BCp_2 ตามลำดับ) พบว่าการถ่ายทอดลักษณะความสูงต้น ความสูงฝักแรก และจำนวนฝักต่อต้น ควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้ง 3 แบบ คือ อิทธิพลของยีนแบบ additive, dominance และ epistasis โดยบทบาทการทำงานของยีนถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance และ epistasis เป็นส่วนใหญ่ ในขณะที่การถ่ายทอดลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive และลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance ส่วนการถ่ายทอดลักษณะความยาวข้อปล้องและผลผลิตต่อต้น ควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้ง 3 แบบเท่าๆ กัน

อัตราพันธุกรรมแนวกว้างระดับปานกลางในลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ในช่วง 0.36 – 0.58 รองลงมา คือ ความสูงต้น มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ในช่วง 0.19 – 0.31 และจำนวนกิ่งหลักต่อต้น มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำสุด สำหรับอัตราพันธุกรรมแนวแคบ พนบว่า ลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวแคบสูงสุด โดยมีค่าอยู่ในช่วง 0.39 – 1.06 และลักษณะความยาวข้อปล้อง ความสูงต้น จำนวนฝักต่อต้น และผลผลิตต่อต้น มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวแคบต่ำสุด

ABSTRACT

TITLE : STUDIES ON GENETIC EFFECTS OF YIELD AND YIELD COMPONENTS IN SESAME (*SESAMUM INDICUM L.*)

AUTHOR : JAKKIT SORNCHAI

DEGREE : MASTER OF SCIENCE

MAJOR : AGRICULTURE

ADVISOR : ASSOC. PROF. ARIYAPORN PONGRAT, Ph.D.

CO - ADVISOR : BUBPA CHAITIANG, Ph.D.
THIN PROMCHOT, Ph.D.

KEYWORDS : SESAME, YIELD, YIELD COMPONENTS, GENERATION MEAN ANALYSIS, HERITABILITY

The objectives of this study were evaluation genetic effects of yield and yield components in 3 hybrid crosses of sesame that were MR13 x local variety, BL5 x local variety and BL5 x MR13. Gene action on certain traits were studied using generation mean analysis involving P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BCp_1 , BCp_2 generation of a cross. The results indicated that plant height, height of first capsule and number of capsule per plant influenced by additive, dominance and epistasis gene effects. The dominance gene effect and epistasis play more important while 1,000 seed weight were controlled by additive gene effects. Number of main branch per plant was controlled by dominance gene effects. Internode length and yield per plant were influenced of genes that controlled by those three types gene equally.

A heritability of 1,000 seed weight shows a moderate broad sense heritability 0.36 – 0.57. the second is a plant height with broad sense heritability 0.19 – 0.31 and a number of main branch per plant with broad sense heritability is lowest. Narrow-sense heritability exhibited the 1,000 seed weight with highest narrow-sense heritability (0.39 – 1.06). In addition internode length, plant height, number of capsule per plant and yield per plant with narrow-sense heritability are lowest.

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อภาษาไทย	ข
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	ค
สารบัญ	ง
สารบัญตาราง	จ
บทที่ 1 บทนำ	
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญในการวิจัย	1
1.2 วัตถุประสงค์	2
1.3 ขอบเขตการวิจัย	2
1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
บทที่ 2 การตรวจเอกสาร	
2.1 การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม	3
2.2 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของช่วง	4
2.3 อัตราพันธุกรรมหรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะ	6
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย	
3.1 อุปกรณ์และเครื่องมือ	9
3.2 วิธีการดำเนินการวิจัย	9
บทที่ 4 ผลการทดลองและวิจารณ์ผล	
4.1 ปฏิกริยาการทำงานของยีน	17
4.2 การศึกษาอัตราพันธุกรรมหรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม (h^2)	20
บทที่ 5 สรุปผลการทดลอง	26
เอกสารอ้างอิง	27
ภาคผนวก	28
ประวัติผู้วิจัย	35

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	การวิเคราะห์ความแปรปรวน	14
2	การทดสอบ Scaling test และอิทธิพลของยีนแบบต่าง ๆ ที่ควบคุมลักษณะผลผลิต และองค์ประกอบผลผลิตของ ga 7 ลักษณะ ในงา 3 คู่ผสม	22
3	ประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมและค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในงา 3 คู่ผสม	24
4	ค่าเฉลี่ยของช่วงต่างๆ ในลักษณะต่างๆ ในงา 3 คู่ผสม	31
5	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ในงา คู่ผสม MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	32
6	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ในงา คู่ผสม BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	33
7	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ในงา คู่ผสม BL5 x MR13	34

บทที่ 1 บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญในการวิจัย

งา (*Sesamum indicum L.*) เป็นพืชน้ำมันที่สามารถปลูกได้ง่าย ทนทานต่อความแห้งแล้งและสามารถเจริญเติบโตได้ดีในพื้นที่มีอากาศร้อน แอดจัด ต้องการปริมาณน้ำฝนตลอดฤดูปลูกประมาณ 400 มิลลิเมตร (อธิบายกรณ์ พงษ์รัตน์, 2556) มีถิ่นกำเนิดในคาบสมุทรอินเดีย เขตประเทศไทยก็สถานในปัจจุบัน เมื่อประมาณ 5,000 ปีก่อนคริสต์ศักราช แต่มีบางเอกสารรายงานว่า อาจมีถิ่นกำเนิดในประเทศไทยเองโดยเปลี่ยนจากประเทศพม่า โดยปลูกบนภูเขาบริเวณชายแดนไทยพม่าในภาคเหนือและภาคตะวันตก แล้วกระจายไปหลายภูมิภาคของประเทศไทย (สมใจ โควสุรัตน์, 2549) สามารถปลูกก่อนหรือหลังพืชหลักหรือหลังการทำนา ในเมล็ดงามมีปริมาณน้ำมัน 50-60 เปอร์เซ็นต์ โดยส่วนใหญ่เป็นกรดไขมันไม่อิมตัว ซึ่งช่วยลดปริมาณคลอเลสเตอรอลและความดันโลหิต งาเป็นพืชที่มีผู้บริโภคทั้งในและต่างประเทศซึ่งมีความต้องการเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ เนื่องจากเมล็ดงามมีสรรพคุณทางยา (nutraceutical) และมีคุณค่าทางโภชนาการสูง (Anilakumar et al., 2010)

ในปีพ.ศ. 2556 ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกงาทั้งหมดประมาณ 411,500 ไร่ ผลผลิตรวมประมาณ 52,000 ตัน และผลผลิตเฉลี่ยเท่ากับ 119 กิโลกรัมต่อไร่ (FAO, 2014) โดยมีแหล่งปลูกสำคัญอยู่ในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรี แม่ส่องสอน นครสวรรค์ มหาสารคาม บุรีรัมย์ และลพบุรี ซึ่งจะเห็นว่าฯให้ผลผลิตค่อนข้างต่ำอาจเป็นผลมาจากการปัจจัยต่างๆ หลายประการ เช่น ขาดพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง ขาดความสามารถในการปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อม ขาดเทคโนโลยีในการผลิตที่เหมาะสม อีกทั้งการขาดขาดของโรคและแมลงทำให้ไม่สามารถปลูกติดต่อกันในพื้นที่เดิมได้ จึงไม่จุうใจให้เกษตรกรหันมาปลูกงาเพิ่มมากขึ้น

งาเป็นพืชที่มีพันธุกรรมที่ซับซ้อนมาก (Janick and Whipkey, 2002) จึงทำให้โอกาสประสบความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์งาทำให้ค่อนข้างน้อย ซึ่งโดยทั่วไปข้อสำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ที่จะต้องคำนึงว่าลักษณะใดๆ ของพืชที่ปรากฏเป็นผลลัพธ์เนื่องมาจากการอิทธิพลของทางพันธุกรรมกับอิทธิพลของสภาพแวดล้อม และปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม อิทธิพลทางพันธุกรรมเป็นผลจากการทำงานร่วมกันของยีนในตำแหน่งเดียวกัน (allelic gene action) และการทำงานร่วมกันของยีนต่างตำแหน่ง (non-allelic gene action) ซึ่งมีปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบผลบวก (additive gene action) ปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบข่ม (dominant gene action) และปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) (กฤญา สัมพันธารักษ์, 2519) ดังนั้นการประเมินอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะ โดยการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของประชากรชั่วต่างๆ (generation mean analysis) เพื่อศึกษาองค์ประกอบของปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะได้ลักษณะหนึ่ง จึงเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการตัดสินใจเลือกวิธีการที่จะใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืช (พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์,

2525) ดังนั้นการศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์ เพื่อศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตทางพันธุกรรม สำหรับใช้ประกอบการพิจารณา แนวทางในการปรับปรุงพันธุ์งา ต่อไป

1.2 วัตถุประสงค์

เพื่อศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมและการทำงานของยืนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของงา 3 สายพันธุ์

1.3 ขอบเขตการวิจัย

งานวิจัยนี้ดำเนินการเพื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมและการทำงานของยืนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของงา 3 สายพันธุ์ คือ พันธุ์พื้นเมืองอุบลราชธานี (งาขาว) BL5 (งาดำ) และ MR13 (งาแดง) โดยทำการทดลอง ณ สำนักงานไตรเกตทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี

1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1.4.1 สามารถนำข้อมูลจากการศึกษาไปใช้พิจารณาแนวทางการคัดเลือกพันธุ์งาเพื่อผลิตเป็นสายพันธุ์แท้ (pure line)

1.4.2 สามารถนำข้อมูลจากการศึกษาไปใช้พิจารณาแนวทางหรือวิธีการปรับปรุงและคัดเลือกที่เหมาะสมสำหรับการปรับปรุงพันธุ์งา

บทที่ 2

การตรวจเอกสาร

งาจัดอยู่ในวงศ์ Pedaliaceae มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Sesamum indicum* L. มีจำนวนโครโนมไข่ 2n=26 เป็นพืชน้ำมันที่จัดอยู่ในกลุ่มพืชผสมตัวเอง (self-pollinated crop) เนื่องจากมีลักษณะดอกแบบดอกสมบูรณ์เพศ มีการผสมเกสรโดยละอองเกสร (pollen) ถูกปล่อยจากอับเรณู (anther) มาสัมผัสกับปลายยอดเกสรตัวเมีย (stigma) ในเวลาเดียวกันกับดอกบานหรือก่อนดอกจะบานเพียงเล็กน้อย (โภคิตา ฉัตรเจริญทอง, 2545) และมีการผสมข้ามตามธรรมชาติ โดยแมลงและลม ประมาณ 4.6 เปอร์เซ็นต์ (สมใจ โคครุตต์, 2549) มีขนาดเมล็ดเล็ก หลักสี่ โดยได้จำแนกชนิดตามสีของเมล็ด ซึ่งสามารถจำแนกสีได้ทั้งหมด 12 สี คือ สีขาว ครีม เทา เขียวมะกอก ดำด้าน ดำมัน น้ำตาลอ่อน น้ำตาลอแดง น้ำตาลเข้ม สีแดงอิฐ และสีฟางข้าว (IPGRI and NBPGR, 2004) อย่างไรก็ตามศูนย์วิจัยพืชไอลุบราราษฎร์ได้จำแนกพันธุ์ที่ปลูกในประเทศไทยตามสีของเมล็ด ได้ 3 สี คือ สีดำ-แดง และ สีขาว (อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์, 2556)

2.1 การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม

ลักษณะของพืชที่แสดงออกมา เป็นผลมาจากการแสดงออกของยีน สิ่งแวดล้อมและปฏิกิริยา สัมพันธ์ระหว่างยีนกับสิ่งแวดล้อม ซึ่งลักษณะ (characteristics หรือ traits) ต่างๆ ของพืชที่แสดงออกมาให้เห็นมีทั้งชนิดที่ตรวจวัดได้และวัดไม่ได้ บางลักษณะถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกรุ่นหลานได้ง่าย บางลักษณะถ่ายทอดได้ยาก เพราะมีพันธุกรรมที่ซับซ้อนและสภาพแวดล้อมมีผลต่อการแสดงออกมาก (ข้าว Haley มีฤทธิ์, 2532)

กฤษฎา สัมพันธารักษ์ (2519) ได้แบ่งการถ่ายทอดลักษณะแต่ละลักษณะจากพ่อแม่ไปสู่ลูกได้เป็น 2 ลักษณะ คือ

2.1.1 การถ่ายทอดลักษณะทางคุณภาพ (qualitative inheritance) คือ ลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนเพียง 1 คู่ หรือยีนน้อยคู่ ยีนแต่ละคู่มีความสามารถที่จะแสดงลักษณะที่ควบคุมออกมายได้อย่างเด่นชัด (major gene) ลักษณะการกระจายตัวของรุ่นลูกสามารถที่จะแยกออกได้เป็นกลุ่มชัดเจน คือ มีการกระจายตัวอย่างเป็นกลุ่มหรือไม่ต่อเนื่อง (discontinuous variation) สภาพแวดล้อมมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะเหล่านี้ได้น้อย

2.1.2 การถ่ายทอดลักษณะทางปริมาณ (quantitative inheritance) คือ ลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่ แต่ละคู่มีผลต่อการแสดงออกต่อลักษณะนั้นได้น้อย (minor gene) ลักษณะการกระจายตัวของรุ่นลูกเป็นแบบต่อเนื่อง (continuous variation) ไม่สามารถแบ่งกลุ่มได้อย่างชัดเจนและสภาพแวดล้อมมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะเหล่านี้มาก

สำหรับการทำงานหรือการแสดงออกของยีน สามารถแบ่งออกเป็น

2.1.2.1 การทำงานร่วมกันของยีนต่างๆ ที่มีผลต่อการแสดงออกของยีนดังนี้ คือ

1) แบบ累加基因 (additive gene action) คือ ลักษณะที่แสดงออกจะขึ้นอยู่กับจำนวนยีนที่ช่วยเสริมลักษณะนั้นๆ และยีนเด่นแต่ตัวจะเพิ่มหรือลดค่าได้เท่าๆ กัน ไม่ว่าจะอยู่ในรูป เฮตเตอโรไซโกร (heterozygote) หรือไฮโมไซโกร (homozygote)

2) แบบข่ม (dominant gene action) คือ ยีนตัวหนึ่งไปข่มการแสดงออกของยีนอีกตัวหนึ่ง อาจเป็นการข่มสมบูรณ์ (complete dominance) การข่มไม่สมบูรณ์ (incomplete dominance) หรือ การข่มเกิน (over dominance) ซึ่งการข่มเกินจะทำให้ลักษณะของเฮตเตอโรไซโกร แสดงออกได้มากกว่าไฮโมไซโกร

2.1.2.2 การทำงานร่วมกันของยีนต่างๆ ที่มีปฏิกิริยาการทำงานของยีน ดังนี้

1) แบบ累加基因 เกิดขึ้นกับลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่ โดยยีนแต่ละคู่แสดงผลในทางบวกกับลักษณะที่ถูกควบคุม ยีนหลายคู่ ที่ควบคุมลักษณะเดียวกัน ในแบบ累加基因 เเรียกว่า multiple factors ยึดแต่ละคู่จะทำงานเป็นอิสระ การแสดงออกของยีนตัวหนึ่งไม่ขึ้นอยู่กับว่ามียีนตัวอื่นๆ อยู่หรือไม่

2) แบบข่ม เกิดขึ้นกับลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่ พืชที่มีลักษณะทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับปฏิกิริยาในระหว่างกลุ่มของยีนที่แสดงลักษณะนั้นๆ และสภาพแวดล้อม กลุ่มของยีนย่อยที่ควบคุมลักษณะเหล่านี้คือ polygene สภาพแวดล้อมมีผลอย่างมากต่อการแสดงออกของยีน นอกจากนี้ยังคงพิสูจน์ได้ว่าพืชที่แสดงลักษณะข่มการแสดงออกของยีนบนตัวหนึ่งอื่นๆ ซึ่งการแสดงออกของยีนอื่นๆ ทั้งในทางที่ดีหรือเลวลง จะเรียกว่า ยีนประยุกต์ (modifying gene) มักเป็นกลุ่มของยีนย่อย

จากลักษณะการทำงานของยีนและชนิดของพืช ซึ่งในพืชสมด้วง โดยธรรมชาติแล้วยีนทุกตัว หรือยีนในทุกตำแหน่งจะต้องอยู่ในสภาพไฮโมไซโกรเดียว แต่เป็นผลให้แต่ละต้นมีพันธุกรรมที่คงที่ ส่วนในพืชสมข้าม (cross-pollinated crop) นั้น พันธุกรรมของแต่ละต้นจะไม่คงที่ มีการผสมข้าม และการกระจายตัวในทุกๆ ชั่ว หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งแต่ละต้นมียีโนไทป์ที่แตกต่างกัน จะเห็นว่า ลักษณะการทำงานของยีนแบบข่มไม่สมบูรณ์ จะเป็นประโยชน์กับพืชสมด้วงมากเนื่องจากแสดงออกได้สูงเมื่อยีโนไทป์อยู่ในรูปไฮโมไซโกร ซึ่งหมายความว่าต่อการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ในรูปของพันธุ์แท้หรือพันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) และลักษณะการทำงานของยีนแบบข่มสมบูรณ์จะเป็นประโยชน์ได้เท่าๆ กันในพืชสมด้วงและพืชสมข้าม และส่วนลักษณะการทำงานของยีนแบบข่มเกินจะเป็นประโยชน์เฉพาะพืชสมข้ามเท่านั้น

2.2 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis)

สำหรับลักษณะหรือบทบาทการทำงานของยีน จะเกี่ยวข้องกับความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมต่างๆ ของพืช ซึ่งบทบาทการทำงานของยีน สามารถทำได้โดยการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genetic variance) หรือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ซึ่ง พิริศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และประเสริฐ ฉัตรราชร่วง (2548) ได้เสนอข้อเปรียบเทียบระหว่างการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว กับการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ดังนี้

การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั้วเป็นการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรม (genetic effect) ซึ่งเป็นคนละวิธีกับการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genetic variance) อาจเรียกว่าเป็นการศึกษาที่เกี่ยวข้องกับค่าเฉลี่ย (mean) ซึ่งเป็นค่าทางสถิติลำดับแรก (first order statistics) แทนที่จะเป็นความแปรปรวน ซึ่งเป็นค่าทางสถิติทุติยภูมิ (second order statistics)

(1) ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเป็นค่าที่แสดงว่า พันธุกรรมมีความแปรปรวนมากหรือน้อยเพียงไรแต่อิทธิพลทางพันธุกรรมเป็นผลรวมของอิทธิพลของยีน ซึ่งอาจมีอิทธิพลทางด้านบวกและลบหรืออาจเป็น 0 ก็ได้ แต่ถ้าวัดเป็นความแปรปรวนแล้ว อิทธิพลของยีนแต่ละตำแหน่งจะถูกยกกำลังสอง ทำให้ทุกค่าเป็นบวก และความแปรปรวนทางพันธุกรรมมีค่ามากกว่า 0 เสมอ

(2) การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั้วใช้ค่าเฉลี่ยในการวิเคราะห์ ซึ่งความผิดพลาดในการประเมินค่าเฉลี่ยจะต่ำกว่าการประเมินความแปรปรวนมาก (เพราะความแปรปรวนเป็นกำลังสองของค่าเฉลี่ย) ซึ่งถ้าพิจารณาทุกตำแหน่งของยีนที่ควบคุมลักษณะหนึ่งแล้ว น่าจะเป็นตัวแสดงองค์ประกอบทางพันธุกรรมได้ดีกว่าความแปรปรวน

จากรายงานการศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในงาน Hu (1985) รายงานว่า จำนวนเมล็ดต่อฝัก และจำนวนกิ่งแขนงต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบบวกส่วน (partial dominance) และลักษณะความสูงต้น จำนวนข้อต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และผลผลิตต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบขั้นเงิน (over dominance) ส่วนปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งมีความสำคัญในลักษณะความสูงต้นและจำนวนข้อต่อต้น

ชัชวาลย์ มีฤทธิ์ (2532) ศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในงาน รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะผลผลิตต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนกิ่งแขนงหลักต่อต้น และจำนวนข้อบนลำต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบผลบวก แบบขั้น และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง โดยบทบาทการทำงานของยีนแบบขั้นจะมากกว่าแบบผลบวก ในขณะที่การถ่ายทอดลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบผลบวก และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง แต่ลักษณะความสูงต้น และอายุเก็บเกี่ยว ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบเท่าๆ กัน

Zhao (1999) ศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในงาน รายงานว่า ลักษณะความสูงต้น ขนาดฝัก จำนวนฝักต่อต้นหลัก จำนวนฝักต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อต้น และความต้านทานต่อโรคเน่าดำเน่า ถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวกและลักษณะความสูงของฝักแรกน้ำหนัก 1,000 เมล็ด จำนวนวันเก็บเกี่ยว และผลผลิตต่อพื้นที่ ถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวกและแบบไม่เป็นผลบวก

Kumar and Ganesan (2004) ศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในงาน รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะความสูงต้น จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น ความยาวของฝัก จำนวนเมล็ดต่อฝักและผลผลิตต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลแบบขั้นเป็นส่วนใหญ่ ในขณะที่จำนวนฝักต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งแบบบวกและแบบขั้น

Vijayarajan et al. (2007) ศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในงาน รายงานว่า จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบขั้น และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง ส่วนความสูงต้น และผลผลิตต่อต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพล

ของยืนทั้งสามแบบ คือ อิทธิพลของยืนแบบผลบวก แบบชั่ม และปฏิกริยาสัมพันธ์ของยืนต่างตำแหน่ง และบทบาทส่วนใหญ่จะเป็นปฏิกริยาสัมพันธ์ของยืนต่างตำแหน่ง แบบชั่มร่วมกับแบบชั่ม ในขณะที่ อายุเก็บเกี่ยว และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยืนทั้งสามแบบเท่าๆ กัน แต่ ลักษณะจำนวนฝักต่อต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยืนแบบชั่ม

Sundari et al. (2012) รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะจำนวนฝักต่อต้น ถูกควบคุมด้วย อิทธิพลของยืนแบบชั่ม และปฏิกริยาสัมพันธ์ของยืนต่างตำแหน่งเป็นส่วนใหญ่ ในขณะที่ ผลผลิตต่อ ต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด ลักษณะความสูงต้น จำนวนกิ่งแขนงหลัก และจำนวนเมล็ดต่อฝัก ถูกควบคุม ด้วยอิทธิพลของยืนทั้งสามแบบเท่าๆ กัน

2.3 อัตราพันธุกรรมหรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะ

สำหรับอัตราพันธุกรรมหรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะ (*heritability: h²*) เป็น ความสามารถของยืนในการแสดงออกของลักษณะที่ควบคุมด้วยยืนนั้นๆ ได้มากน้อยเพียงใดใน สภาพแวดล้อมที่กำหนด (กรุณา สัมพันธารักษ์, 2551) และยังเป็นตัวบ่งบอกว่าลักษณะที่ปรากฏนั้น สามารถถ่ายทอดไปยังลูกหลานในอัตราส่วนเท่าใด คือ มีลูกหลานกี่เปอร์เซ็นต์ที่มีลักษณะเหมือนพ่อ แม่ ลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมต่ำ ก็แสดงว่ายืนมีอิทธิพลต่อลักษณะนั้นน้อยมาก และความแปรปรวน ที่สังเกตได้จะเนื่องจากสภาพแวดล้อมเป็นส่วนใหญ่ (เพชร เหล่าสุวรรณ, 2525)

วิทยา บัวเจริญ (2527) ได้กล่าวว่า การคัดเลือกพืชจะได้ผลดีเมื่อความแตกต่างของพืชส่วนใหญ่ เป็นผลมาจากการความแตกต่างทางด้านพันธุกรรม และส่วนน้อยมาจากการอิทธิพลของสภาพแวดล้อม ในทางตรงกันข้าม ถ้าหากความแตกต่างของพืชในกลุ่มส่วนใหญ่มีผลเนื่องจากอิทธิพลของ สภาพแวดล้อม และส่วนน้อยเนื่องจากความแตกต่างทางพันธุกรรม การคัดเลือกจะไม่ได้ผล

ดังนั้น อัตราพันธุกรรมจึงเป็นตัวกำหนดความสำเร็จในการปรับปรุงลักษณะต่างๆ ซึ่งอัตรา พันธุกรรมมี 2 แบบ คือ

(1) *Heritability in broad sense (broad-sense h², h_b²)* เป็นอัตราส่วนระหว่างความ แปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งหมดต่อความแปรปรวนที่สังเกตได้ทั้งหมด ซึ่งถ้าทำการทดลองภายใต้ สภาพแวดล้อมที่กำหนด

$$h_b^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} \quad (1)$$

σ_G^2 คือความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมทั้งหมด ซึ่งสามารถแบ่งออกเป็น 2 ชนิด คือ additive และ non-additive

σ_P^2 คือความแปรปรวนของลักษณะที่ปรากฏ ที่ประกอบด้วยความแปรปรวนเนื่องจาก基因ไฟป์ σ_E^2 และค่าความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อม σ_{env}^2

(2) Heritability in narrow sense (หรือ narrow-sense h^2 , h_a^2 หรือ h_n^2) เป็นอัตราส่วนระหว่างความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่เป็นผลเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวก ต่อความแปรปรวนของลักษณะที่ปรากฏ คือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะ ที่ใช้พันธุกรรมผลบวกเป็นเกณฑ์

$$h_a^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \quad (2)$$

เมื่อ σ_A^2 คือ ความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของยีนแบบบวก

วิธีการประเมินอัตราพันธุกรรมสามารถประเมินได้โดยวิธี (1) วิธีรีเกรสชัน โดยนำข้อมูลจาก 2 ช่วง มาหาค่าสัมประสิทธิ์ของรีเกรสชัน เช่น รีเกรสชันลูกชั่วที่ 2 บนชั่วที่ 1 หรือชั่วที่ 3 บนชั่วที่ 2 เป็นต้น วิธีนี้มีข้อเสียคือ การเก็บข้อมูลมักทำคนละกูกรกัน จึงต้องตั้งสมมุติว่า สภาพแวดล้อมไม่มีสหสัมพันธ์กับพันธุกรรม หรือนักปรับปรุงพันธุ์อาจต้องผลิตเมล็ดพันธุ์ใหม่แต่ละชั่ว เพื่อให้ได้หัวลูก และพ่อแม่มาปะลูกในกูกรเดียวกัน (2) คำนวณจากองค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรม อาจประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้แผนการทดสอบแบบต่างๆ นำองค์ประกอบทางพันธุกรรม และสภาพแวดล้อม มาทำเป็นตัวตั้งและตัวหาร โดยอาศัยหลักว่า ความผันแปรทั้งหมดที่วัดได้ (phenotypic variance) เกิดจาก 2 ส่วน คือ พันธุกรรม ได้แก่ยีนที่มีปฏิกิริยาแบบบวกและไม่เป็นแบบบวก และสภาพแวดล้อม ซึ่งประกอบด้วยปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อม อิทธิพลของสภาพแวดล้อมและความคลาดเคลื่อนแบบสุ่ม (random error) ภายใต้และสภาพแวดล้อม ซึ่งจะใช้หรือไม่ใช้แผนการทดสอบพันธุ์ ก็อาจประเมินองค์ประกอบเหล่านี้ได้เช่นกัน และ (3) คำนวณจากองค์ประกอบของความแปรปรวนในประชากรที่สมำเสมอทางพันธุกรรมและลูกผสม ของประชากรนั้น ในประชากรที่มีความสมำเสมอทางพันธุกรรมนั้น ความแปรปรวนเกิดจากสภาพแวดล้อมหัวสื้น แต่ลูกผสมที่ได้มีความแปรปรวนเนื่องจากหัวทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม เช่น การทดสอบพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์แท้หรือสายพันธุ์บริสุทธิ์ 2 สายพันธุ์ แล้วสร้างลูกผสมชั่วต่างๆ เช่นเดียวกับการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว ความแปรปรวนที่พบในพ่อ แม่ และลูกชั่วที่ 1 จะเป็นผลมาจากการแวดล้อมหัวสื้น แต่ความแปรปรวนในลูกชั่วที่ 2 และลูกผสมกลับไปยังพ่อหรือแม่จะประกอบไปด้วยสาเหตุจากหัวทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม ดังนั้น การประเมินอัตราพันธุกรรม จะสามารถวิเคราะห์จากค่า variance ของพ่อ (V_{P1}) แม่ (V_{P2}) ลูกผสมชั่วที่ 1 (V_{F1}) และ 2 (V_{F2}) และ ลูกผสมกลับไปยังพ่อ (V_{BCP1}) หรือแม่ (V_{BCP2}) (พิริศักดิ์ ศรีนิเวศน์และประเสริฐ ฉัตรชิรวงศ์, 2548)

สำหรับการศึกษาความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในงา พบว่า ผลผลิตต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น และจำนวนเมล็ดต่อฝัก มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง (Rani and Kumar, 2013) สอดคล้องกับการศึกษาของ Parameshwarappa et al (2009) ซึ่งรายงานว่า ลักษณะผลผลิตต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความสูงต้น และ วันออกดอก 50 % ของงามมีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมสูง

Gidey et al. (2013) ศึกษาลักษณะความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมในงาพบัวมีค่าอัตราพันธุกรรมสูงมากในลักษณะความสูงฝักแรก (98.90 %) วันดอกแรกบาน 50 % (98.80 %) จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น (97.10 %) อายุเก็บเกี่ยว (96.70 %) ปริมาณน้ำมัน (93.70 %) จำนวนเมล็ดต่อฝัก (90.10 %) ความสูงต้น (84.72 %) และผลผลิตต่อต้น (87.81 %) และลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงรองลงมา คือ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด (78.20 %) และความยาวข้อปล้อง (76.30 %) ส่วนลักษณะจำนวนฝักต่อต้นมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ คือ 16.10 %

ประสิทธิ์ ใจศิล และนิตย์ เสรีรัตนการ (2527) ศึกษาความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมในงา พบัว ผลผลิตต่อต้นมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ส่วนวันดอกแรกบาน ความสูงต้น จำนวน กิ่งแขนงต่อต้น และจำนวนฝักต่อต้น มีค่าอัตราพันธุกรรมค่อนข้างสูง

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

การดำเนินการวิจัยครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมและการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของงา 3 สายพันธุ์ โดยมีวิธีการดำเนินการ ดังต่อไปนี้

3.1 อุปกรณ์และเครื่องมือ

- 3.1.1 เมล็ดพันธุ์งาสายพันธุ์แท้ 3 สายพันธุ์ คือ
 - 3.1.1.1 BL5 (จากคำ)
 - 3.1.1.2 MR13 (จากแดง)
 - 3.1.1.3 พันธุ์พื้นเมืองอุบลราชธานี (จากหา)
- 3.1.2 ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15
- 3.1.3 สารเคมีป้องกันและกำจัดโรคและแมลง
- 3.1.4 อุปกรณ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์งา ได้แก่
 - 3.1.4.1 หลอดพลาสติก
 - 3.1.4.2 สำลี
 - 3.1.4.3 漉ดขนาดเล็ก
 - 3.1.4.4 ปากคีบปลายแหลม
 - 3.1.4.5 ติ่นสอง
 - 3.1.4.6 Petri dish สำหรับเก็บเกรสรตัวผู้
 - 3.1.4.7 ป้ายสำหรับเขียนบอกสายพันธุ์แม่พ่อ และวัน เดือน ปี ที่ทำการผสม

3.2 วิธีการดำเนินการวิจัย

3.2.1 การสร้างเมล็ดพันธุ์งาลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1)

ปลูกงาสายพันธุ์แท้ 3 สายพันธุ์ ได้แก่ พันธุ์พื้นเมือง, MR13 และ BL5 หลังจากนั้นทำการผสมข้ามสายพันธุ์งาเพื่อสร้างเมล็ดลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1 seeds) ให้ได้ 3 คู่ สม ดังนี้

- (1) BL5 x MR13
- (2) BL5 x พันธุ์พื้นเมือง
- (3) MR13 x พันธุ์พื้นเมือง

วิธีการผสมงาโดยวิธีเลียนแบบธรรมชาตินี้ขั้นตอนดังนี้

(1) เตรียมดอกตัวเมีย การเตรียมดอกตัวเมียจะดำเนินการในช่วงเวลาประมาณ 16.00-18.30 นาฬิกา โดยเลือกดอกขนาด 1.0-1.5 เซนติเมตร ที่มีสีเหลืองปนเขียว เป็นดอกตูมที่พร้อมจะบานในวันรุ่งขึ้น จากนั้นทำหมัน (emasulation) โดยดึงกลีบดอกออกจากฐานรองดอก ซึ่งเกสรตัวผู้จะติดออกมาด้วย แล้วนำหลอดพลาสติกใสที่ปลายด้านหนึ่งปิดด้วยสำลีมาครอบลงบนดอก เพื่อป้องกันการผสมจากต้นที่ไม่ต้องการ

(2) เตรียมดอกตัวผู้ จะเก็บดอกตัวผู้ในช่วงเวลาเดียวกันกับการเตรียมดอกตัวเมีย (ขั้นตอนที่ 1) โดยเลือกดอกขนาด 1.0-1.5 เซนติเมตร มีสีเหลืองปนเขียว เป็นดอกตูมที่พร้อมจะบานในวันรุ่งขึ้น และเด็ดดอกที่มีลักษณะดังกล่าวมาเก็บไว้ในจานที่มีฝาครอบ (petri dish) แล้วเขียนชื่อพันธุ์ติดไว้

(3) ผสมพันธุ์ ทำการผสมโดยนำดอกตัวผู้ที่เก็บไว้ในขั้นตอนที่ 2 มาเปิดออกเพื่อนำเกสรตัวผู้มาป้ายบนส่วนของปลายยอดเกรสรตัวเมีย (stigma) ของดอกตัวเมียที่เตรียมไว้ในขั้นตอนที่ 1 ซึ่งจะทำในช่วงเช้าของวันรุ่งขึ้น (ประมาณ 06.00-09.00 นาฬิกา) จากนั้นนำหลอดพลาสติกใสที่ปลายด้านหนึ่งปิดด้วยสำลีมาครอบไว้เหมือนเดิม แล้วเขียนป้ายคู่ผสมและวันที่ผสม

(4) ตรวจสอบการผสม หลังจากผสมประมาณ 3 วัน ให้ตรวจสอบการผสม หากผสมติดจะสังเกตเห็นฝักอ่อนพัฒนาขึ้นแล้วจึงดึงหลอดพลาสติกที่ครอบไว้ออก เพื่อให้ฝักง่าที่ได้รับการผสมเจริญเติบโตปกติ หากไม่นำหลอดกาแฟออกฝักจะคงจะเจริญเติบโตไม่เต็มที่ และหากผสมไม่ติด กากจะเที่ยว และร่วงไม่มีการพัฒนาเป็นฝัก (กัญญา แสงสุขศรี, 2543)

หลังจากการผสมเสร็จให้ผูกป้ายกระดาษที่ก้านดอกง่าที่ทำการผสมขึ้น โดยระบุพันธุ์แม่ และพ่อ พร้อมทั้ง วัน เดือน ปี ที่ทำการผสมเสร็จ และดูแลรักษาตามความจำเป็นจนงาสุกแก่ทาง สปรีวิทยา แล้วเก็บเกี่ยวฝักที่ทำการผสมไว้ นำไปตากจนเปลือกฝักแห้ง กะเทาะเอาเมล็ดออก

3.2.2 สร้างลูกผสมกลับและลูกชั่วที่ 2 (F_2)

นำเมล็ด F_1 พันธุ์แม่ (P_1) และ พันธุ์พ่อ (P_2) มาปลูก เพื่อสร้างลูกผสม F_1 และลูกผสมระหว่าง F_1 กับ P_1 (BCp_1) และ P_2 (BCp_2) โดยให้ P_1 และ P_2 เป็นพันธุ์แม่ ให้ F_1 เป็นพันธุ์พ่อ ทำการผสมเสร็จครบถ้วนคุณค่าสมและผสมตัวเองบนต้น F_1 โดยดูแลรักษาตามความจำเป็นจนกว่าเมล็ดจะสุกแก่ทางสปรีวิทยา เมล็ดที่เก็บเกี่ยวได้คือเมล็ด P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BCp_1 และ BCp_2

3.2.3 ประเมินผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต

นำเมล็ดงาที่เตรียมไว้ที่ประกอบด้วยประชากรของ 6 ชั่ว คือ P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BCp_1 และ BCp_2 มาปลูกในแปลงทดลอง สำนักงานไรีฟิกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี ระหว่างเดือนตุลาคม 2556 - เดือนมกราคม 2557 โดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCBD) จำนวน 3 ชั้า โดยปลูกแบบรอยเมล็ดเป็นแถว ขนาดแควยาว 2 เมตร ระยะห่างระหว่างแถว 50 เซนติเมตร ปลูกสายพันธุ์ P_1 , P_2 และ F_1 ชั่วละ 2 แถว ลูก 12 แถว ส่วน BCp_1 และ BCp_2 ปลูกชั่วละ 6 แถว และทำการถอนแยกให้เหลือระยะระหว่างต้น 10 เซนติเมตร ระหว่างที่งาเจริญเติบโตมีการปฏิบัติดูแลรักษาโดยการฉีดพ่นสารเคมีป้องกันและกำจัดโรคและแมลงศัตรูพืชตามความจำเป็น แล้วบันทึกข้อมูลเพื่อประเมินผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต

3.2.4 การบันทึกข้อมูล

ทำการบันทึกข้อมูล โดยสุ่มจำนวนตัวอย่างจากแต่ละชั้ว ดังนี้ พันธุ์แม่ (P_1), พันธุ์พ่อ (P_2), พันธุ์ลูกผสมชั้วที่ 1 (F_1), พันธุ์ลูกผสมชั้วที่ 2 (F_2), ลูกผสมกลับแม่ (BCp_1) และลูกผสมกลับพ่อ (BCp_2) โดยสุ่มเก็บตัวอย่างแปลงย่อยละ 10, 10, 10, 50, 30 และ 30 ตามลำดับ สำหรับลักษณะข้อมูลที่บันทึกมีดังต่อไปนี้

3.2.4.1 ความสูงต้น คือ วัดความสูงต้นจากโคนต้นเห็นอุดินจนถึงปลายยอดของลำต้น หลักในช่วงเก็บเกี่ยวผลผลิตของแต่ละต้น มีหน่วยเป็นเซนติเมตร

3.2.4.2 ความสูงฝักแรก คือ วัดความสูงจากโคนต้นเห็นอุดินจนถึงข้อที่ติดฝักแรกของลำต้นหลักของแต่ละต้น มีหน่วยเป็นเซนติเมตร

3.2.4.3 จำนวนกิ่งหลักต่อต้น คือ นับจำนวนกิ่งที่แตกออกจากลำต้นหลักของแต่ละต้น มีหน่วยเป็นกิ่ง

3.2.4.4 จำนวนฝักต่อต้น คือ นับจำนวนฝักทั้งหมดต่อต้นของแต่ละต้น มีหน่วยเป็นฝัก

3.2.4.5 ความยาวของข้อปล้อง คือ วัดความยาวข้อปล้องจาก 3 ข้อปล้องแรกแล้วหาค่าเฉลี่ยของแต่ละต้น มีหน่วยเป็นเซนติเมตร

3.2.4.6 ผลผลิตต่อต้น คือ น้ำหนักของเมล็ดที่เก็บเกี่ยวแต่ละต้นแยกใส่ภาชนะนำไปผึ่งแดดจนแห้งสนิทแล้วนำมากะเทาะให้เหลือแต่เมล็ดเดิม นำไปซึ่งน้ำหนักด้วยเครื่องซึ่งละเอียดของแต่ละต้น มีหน่วยเป็นกรัม

3.2.4.7 น้ำหนัก 1,000 เมล็ด คือ นับเมล็ดตั้งแห้งและสะอาดของแต่ละต้นฯ ละ 1,000 เมล็ด นำไปซึ่งด้วยเครื่องซึ่งละเอียด มีหน่วยเป็นกรัม

3.2.5 การวิเคราะห์ข้อมูล

3.2.5.1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั้ว (Generation mean analysis)

นำข้อมูลของแต่ละชนิด มาหาค่าเฉลี่ย และวิเคราะห์ความแปรปรวนของค่าเฉลี่ย เพื่อนำไปวิเคราะห์หาอิทธิพลของยีนแบบต่าง ๆ ที่ควบคุมการถ่ายทอดลักษณะแบบ additive-dominance model หรือ non-allelic interaction model โดยวิธี scaling test ซึ่งเสนอโดย Mather and Jinks (1982)

สำหรับการทดสอบ scaling test ทำโดยดังสมมุติฐานว่าการกระทำของยีนเป็นแบบบวก (additive) กับแบบข่ม (dominance) โดยไม่มีการข้ามคู่ (epistasis) และไม่มี linkage จะทำให้ค่า A, B, C มีค่าเท่ากับศูนย์ ซึ่งการทดสอบทั้ง 3 นี้ จะใช้ค่าทาง t ทดสอบ (t-test) โดยคำนวณได้จากการแปรปรวน (variance) และ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard error, SE) ของค่า A, B, C (เวรพันธ์ กันแก้ว และสุทธศัน จุลศรีไกวัล, 2554) จากค่าความแปรปรวนของแต่ละประชากร คำนวณได้จากการของ Mather's formulae คือ

$$\begin{aligned}
 A &= 2\overline{BCP}_1 - \overline{P}_1 - \overline{F}_1 & V_A &= 4V\overline{BCP}_1 + V\overline{P}_1 + V\overline{F}_1 \\
 B &= 2\overline{BCP}_2 - \overline{P}_2 - \overline{F}_1 & \text{และ} & V_B = 4V\overline{BCP}_2 + V\overline{P}_2 + V\overline{F}_1 \\
 C &= 4\overline{F}_2 - 2\overline{F}_1 - \overline{P}_1 - \overline{P}_2 & V_C &= 16V\overline{F}_2 + 4V\overline{F}_1 + V\overline{P}_1 + V\overline{P}_2
 \end{aligned} \tag{3}$$

เมื่อพบร่วมค่า scaling A, B, และ C ไม่แตกต่างจากศูนย์แล้ว แสดงว่าโนเมเดลบทบาทของพันธุกรรมแบบ additive-dominance ก็เพียงพอที่จะใช้ในการประมาณค่าอิทธิพลของยีนต่างๆ ถ้าค่า scaling A, B, และ C ค่าใดค่าหนึ่งแตกต่างไปจากศูนย์ แสดงว่าโนเมเดลบทบาทของพันธุกรรมแบบ additive-dominance ยังไม่เพียงพอที่จะใช้ในการประมาณค่าอิทธิพลของยีนต่างๆ และจำเป็นต้องเพิ่มการประมาณค่าองค์ประกอบของปฏิกิริยาของยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งกัน (non-allelic interaction) วิเคราะห์โดยใช้ non-allelic interaction model มีวิธีการวิเคราะห์หากอิทธิพลทางพันธุกรรมดังนี้

$$\begin{aligned}
 [m] &= (1/2)\bar{P}_1 + (1/2)\bar{P}_2 + 4\bar{F}_2 - 2\bar{BCp}_1 - 2\bar{BCp}_2 \\
 [d] &= (1/2)\bar{P}_1 - (1/2)\bar{P}_2 \\
 [h] &= 6\bar{BCp}_1 + 6\bar{BCp}_2 - 8\bar{F}_2 - \bar{F}_1 - (3/2)\bar{P}_1 - (3/2)\bar{P}_2 \\
 [i] &= 2\bar{BCp}_1 + 2\bar{BCp}_2 - 4\bar{F}_2 \\
 [j] &= 2\bar{BCp}_1 - \bar{P}_1 - 2\bar{BCp}_2 + \bar{P}_2 \\
 [l] &= \bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\bar{F}_1 + 4\bar{F}_2 - 4\bar{BCp}_1 - 4\bar{BCp}_2
 \end{aligned} \tag{4}$$

เมื่อ	$[m]$	คือ	ค่าเฉลี่ยกึ่งกลางระหว่างพันธุพ่อและแม่
	$[d]$	คือ	อิทธิพลของยีนแบบผลบาง
	$[h]$	คือ	อิทธิพลของยีนแบบเข้ม
	$[i]$	คือ	ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบางกับแบบผลบาง
	$[j]$	คือ	ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบางกับแบบเข้ม
	$[l]$	คือ	ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบเข้มกับแบบเข้ม

โดยที่ \bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{F}_1 , \bar{F}_2 , \bar{BCp}_1 และ \bar{BCp}_2 เป็นค่าเฉลี่ยของลักษณะ ในประชากรชั่วต่างๆ และความแปรปรวนของยีนของแต่ละประชากร ดังนี้

$$\begin{aligned}
 V_{[m]} &= (1/4)V\bar{P}_1 + (1/4)V\bar{P}_2 + 16V\bar{F}_2 + 4V\bar{BCp}_1 + 4V\bar{BCp}_2 \\
 V_{[d]} &= (1/4)V\bar{P}_1 + (1/4)V\bar{P}_2 \\
 V_{[h]} &= 36V\bar{BCp}_1 + 36V\bar{BCp}_2 + 64V\bar{F}_2 + V\bar{F}_1 + (9/4)V\bar{P}_1 + (9/4)V\bar{P}_2 \\
 V_{[i]} &= 4V\bar{BCp}_1 + 4V\bar{BCp}_2 + 16V\bar{F}_2 \\
 V_{[j]} &= 4V\bar{BCp}_1 + V\bar{P}_1 + 4V\bar{BCp}_2 + V\bar{P}_2 \\
 V_{[l]} &= V\bar{P}_1 + V\bar{P}_2 + 4V\bar{F}_1 + 16V\bar{F}_2 + 16V\bar{BCp}_1 + 16V\bar{BCp}_2
 \end{aligned} \tag{5}$$

เมื่อได้ค่า genetic effect แบบต่างๆ แล้ว นำมาทดสอบนัยสำคัญทางสถิติ โดยใช้ t-statistic โดย

$$T = X/S_x$$

เมื่อ X = อิทธิพลของยีนที่ประเมินได้

S_x = ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error) ของอิทธิพลของยีนที่ประเมินได้ และ df ของ t-test หาได้โดยการบวก df ภายในแต่ละประชากรที่เกี่ยวข้องกับสมการที่ใช้คำนวณอิทธิพลของยีน

$$df = (n_1 - 1) + (n_2 - 1) + \dots + (n_6 - 1)$$

เมื่อ n_1 ถึง n_6 คือจำนวนตัวตัวของประชากรชั้นต่างๆ ที่ใช้หาค่าอิทธิพลของยีน (เพศ.al เหล่าสุวรรณ, 2527)

หากอิทธิพลของยีนในรูปแบบใดที่ไม่พbnayสำคัญก็จะตัดออกไป แล้วทำการวิเคราะห์ใหม่เฉพาะพารามิเตอร์ของอิทธิพลที่มีนัยสำคัญเท่านั้น โดยวิธีนั้นทริกต์แอลจีบรา โดย least square method ตามวิธีของ Mather and Jinks (1982) (เวรพันธ์ กันแก้ว และสุหัสศ์ จุลครีกวัล, 2554) ซึ่งถ้ามีจำนวนพารามิเตอร์ที่จะประเมินน้อยตัวลงความแม่นยำในการประเมินจะมีแนวโน้มสูงขึ้น (พิริยะศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และประเสริฐ ฉัตรวชิรวงศ์, 2548)

เข่น การทดสอบนัยสำคัญของอิทธิพลของยีนแบบผลบวก [d] ทดสอบ โดยใช้ Sd ซึ่ง $Sd = \sqrt{V_{[d]}}$ และ $V_{[d]} = (1/4)V\bar{P}_1 + (1/4)V\bar{P}_2$ โดยที่ $V\bar{P}_1$ และ $V\bar{P}_2$ เป็น variance ของค่าเฉลี่ยของ P_1 และ P_2 ตามลำดับ ซึ่งค่า variance 2 ค่าหลังนี้ ได้มาจากการที่ 1 วิเคราะห์ความแปรปรวน ดังต่อไปนี้ คือ

ตารางที่ 1 การวิเคราะห์ความแปรปรวน

Sources of Variation	Degree of freedom	Mean Square
Generations	$g-1$	
Plots/Generations	$\sum q_i - 1$	
Plants/Plots/Generations	$\sum (p_i - q_i)$	
Plants/ P_1	$p_1 - q_1$	MS_1
Plants/ P_2	$p_2 - q_2$	MS_2
Plants/ F_1	$p_3 - q_3$	MS_3
Plants/ F_2	$p_4 - q_4$	MS_4
Plants/ BC_1	$p_5 - q_5$	MS_5
Plants/ BC_2	$p_6 - q_6$	MS_6

ที่มา : รัตนา สันทัดพาณิช (2530)

เมื่อ g คือ จำนวนชั้ว

q_i คือ จำนวนแปลงย่อยในแต่ละชั้ว

p_i คือ จำนวนต้นในแต่ละชั้ว

MS_1, MS_2, \dots, MS_6 คือ ค่า Mean Squares หรือค่าความแปรปรวนระหว่างต้นภายในชั้วทั้ง 6 ดังนั้น $V\bar{P}_1$ และ $V\bar{P}_2$ คือ MS_1/P_1 และ MS_2/P_2 ส่วนค่าของความเป็นอิสระในการตรวจสอบสำคัญของ d นี้ องศาของความเป็นอิสระคือ $(P_1-1)+(P_2-1)$

การหา sum squares (SS)

$$1 \text{ Total SS} = \sum (\text{ค่าสังเกตจากแต่ละต้น})^2 - CF$$

$$\text{เมื่อ CF รวม} = \frac{(\text{ผลรวมของข้อมูลทั้งหมด})^2}{\text{จำนวนข้อมูลทั้งหมด}}$$

$$2 \text{ Generations SS} = \frac{\text{(ผลรวม } P_1)^2}{\text{จำนวนข้อมูล } P_1} + \frac{\text{(ผลรวม } P_2)^2}{\text{จำนวนข้อมูล } P_2} + \dots + \frac{\text{(ผลรวม } BC_2)^2}{\text{จำนวนข้อมูล } BC_2} - CF \text{ รวม}$$

$$3 \text{ Plants/Generations SS} = \frac{\text{(ผลรวมของ plot1 ของ } P_1)^2}{\text{จำนวนข้อมูลของ plot1 ของ } P_1} + \frac{\text{(ผลรวมของ plot}_2\text{ ของ } P_1)^2}{\text{จำนวนข้อมูลของ plot}_2\text{ ของ } P_1} + \dots + \frac{\text{(ผลรวมของ plot}_3\text{ ของ } BCp_2)^2}{\text{จำนวนข้อมูลของ plot}_3\text{ ของ } BCp_2} - CF \text{ รวม}$$

เมื่อคิดแยกย่อยจะได้

$$\text{Plots}/P_1 \text{ SS หรือ Replications}/P_1 \text{ SS} = \frac{\text{(ผลรวมของ plot}_1\text{ ของ } P_1)^2}{\text{จำนวนข้อมูลของ plot}_1\text{ ของ } P_1} + \frac{\text{(ผลรวมของ plot}_2\text{ ของ } P_1)^2}{\text{จำนวนข้อมูลของ plot}_2\text{ ของ } P_1} + \dots + \frac{\text{(ผลรวมของ plot}_3\text{ ของ } P_1)^2}{\text{จำนวนข้อมูลของ plot}_3\text{ ของ } P_1} - CF \text{ ของ } P_1$$

$$\text{เมื่อ CF ของ } P_1 = \frac{\text{(ผลรวมของ } P_1)^2}{\text{จำนวนข้อมูล } P_1}$$

Plots/ชั่วchein SS และ CF ของชั่วchein ก็หาได้ในทำองเดียวกัน เมื่อร่วม plots/ชั่ว SS ทุกชั่ว ก็จะได้เท่ากับค่า Plants/Generations SS

$$4 \text{ Plants/Plots/Generations SS} = \text{Total SS} - \text{Gen SS} - \text{Plots}/\text{Gen SS}$$

เมื่อคิดแยกย่อยจะได้ plants/plots/P₁ SS หรือ Plants/P₁ SS = $\sum(\text{แต่ละค่าสังเกตของ } P_1)^2 - CF \text{ ของ } P_1 - \text{Plots}/P_1 \text{ SS}$

Plants/ชั่วchein SS ก็หาได้ในทำองเดียวกัน และเมื่อร่วม Plants/ชั่ว SS ทุกชั่ว ก็จะได้เท่ากับ Plants/plots/Gen SS (รัตนา สันทัดพานิช, 2530)



3.2.5.2 ศึกษาอัตราพันธุกรรมหรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม
หาอัตราการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแนวกว้าง (broad-sense heritability) โดยใช้วิธีของ Burton (1951) จากสูตร

$$h_b^2 = \frac{VF_2 - (VP_1 + VP_2 + VF_1)/3}{VF_2} \quad (5)$$

หาอัตราการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแนวแคบ (narrow-sense heritability) โดยใช้วิธีของ Warner (1952) จากสูตร

$$h_n^2 = \frac{2VF_2 - (VBCp_1 + VBCp_2)}{VF_2} \quad (7)$$

เมื่อ VP_1 , VP_2 , VF_1 , VF_2 , $VBCp_1$ และ $VBCp_2$ คือ ค่า variance ของ P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BCp_1 และ BCp_2 ตามลำดับ ซึ่งได้แก่ ค่า MS_1 , MS_2 , MS_3 , MS_4 , MS_5 และ MS_6 ตามลำดับ

3.2.6 สถานที่ดำเนินงานวิจัย

ทำการทดลอง ณ สำนักงานไรฟิกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี

3.2.7 ระยะเวลาการทำวิจัย

เริ่มปฏิบัติงานตั้งแต่ ปี พ.ศ. 2555 ถึง พ.ศ. 2557

บทที่ 4

ผลการทดลองและวิจารณ์ผล

จากการศึกษาปฏิกริยาการทำงานของยีน โดยการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั้ว (generation mean analysis) ในประชากร 6 ชั้วรุ่น ($P_1, P_2, F_1, F_2, BCp_1$ และ BCp_2) เพื่อศึกษาปฏิกริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะความยาวข้อปล้อง ความสูงต้น ความสูงฝักแรก จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด และ ผลผลิตต่อต้น ในงา 3 คู่ผสม คือ $MR13 \times$ พันธุ์พื้นเมือง, $BL5 \times$ พันธุ์พื้นเมือง และ $BL5 \times MR13$ ปรากฏผลดังนี้

4.1 ปฏิกริยาการทำงานของยีน

4.1.1 การทดสอบ Scaling test

จากการทดสอบ Scaling test พบว่า ลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้น ของคู่ผสม $MR13 \times$ พันธุ์พื้นเมือง และ $BL5 \times MR13$ ลักษณะจำนวนฝักต่อต้น ของคู่ผสม $MR13 \times$ พันธุ์พื้นเมือง และ $BL5 \times MR13$ ให้ค่า A, B และ C ไม่แตกต่างกันทางสถิติ จึงวิเคราะห์อิทธิพลของยีนด้วยวิธี additive-dominance model ส่วนคู่ผสมและลักษณะอื่นๆ ที่มีค่า A, B และ C ค่าได้ค่าหนึ่งแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ได้วิเคราะห์อิทธิพลของยีนโดยใช้ non-allelic interaction model (ตารางที่ 2)

4.1.2 ปฏิกริยาการทำงานของยีน

4.1.2.1 ความยาวข้อปล้อง

จากการศึกษาอิทธิพลของยีน ที่ควบคุมลักษณะความยาวข้อปล้องของงา พบร่วมกับความยาวข้อปล้องถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive ในคู่ผสม $MR13 \times$ พันธุ์พื้นเมือง และ $BL5 \times$ พันธุ์พื้นเมือง และมีอิทธิพลของยีนแบบ dominance คู่ผสมระหว่าง $MR13 \times$ พันธุ์พื้นเมือง และ $BL5 \times MR13$ ปฏิกริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งมีความสำคัญต่อลักษณะความยาวข้อปล้อง ทั้ง 3 แบบ คือ additive x additive, additive x dominance และ dominance x dominance นอกจากนี้ยังพบอิทธิพลการทำงานของยีนแบบ additive x dominance ในทุกคู่สมดังนั้นจะเห็นว่าลักษณะความยาวข้อปล้อง ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้ง 3 แบบเท่าๆ กัน (ตารางที่ 2)

4.1.2.2 ความสูงต้น

จากการศึกษาอิทธิพลของยีน ที่ควบคุมลักษณะความสูงต้นของงา พบร่วมกับความสูงต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance, additive x additive และ dominance x dominance ในทุกคู่สม และพบอิทธิพลของยีนแบบ additive ในคู่ผสม $MR13 \times$ พันธุ์พื้นเมือง และ $BL5 \times$ พันธุ์พื้นเมือง ซึ่งจะเห็นว่าลักษณะความสูงต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance และ epistasis มา กว่า อิทธิพลของยีนแบบ additive (ตารางที่ 2) ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับรายงานของ Vijayrajan et al. (2007); Ganesh and Sakila (1999) ในขณะที่ Sundari et al. (2012); ข้าวสาร มีฤทธิ์ (2532) รายงานว่า ลักษณะความสูงต้นถูกควบคุมด้วย

อิทธิพลของยีนทั้งสามแบบเท่าๆ กัน แต่เมื่อพิจารณาเครื่องหมายบวกและลบ ปรากฏว่าในปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบ dominance x dominance มีเครื่องหมายเป็นลบ ซึ่ง Gamble (1962) ได้ให้ความเห็นว่า ปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบ dominance x dominance ที่มีเครื่องหมายลบ เป็นปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งที่ไม่ต้องการ เนื่องจากแสดงผลไปในทางลดลักษณะ

4.1.2.3 ความสูงผักแรก

จากการศึกษาอิทธิพลของยีน ที่ควบคุมลักษณะความสูงผักแรกของงา พบร่วมกับความสูงผักแรกถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance และ additive x dominance ในทุกคู่ผสม และมีอิทธิพลของยีนแบบ additive ในคู่ผสม คือ MR13 x พันธุ์พื้นเมือง และ BL5 x พันธุ์พื้นเมือง และมีอิทธิพลของยีนแบบ additive x additive ในคู่ผสม BL5 x พันธุ์พื้นเมือง และ BL5 x MR13 ซึ่งจะเห็นว่าลักษณะความสูงผักแรกถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance และ epistasis เป็นส่วนใหญ่ (ตารางที่ 2) ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับรายงานของ Zhao (1999).

4.1.2.4 จำนวนกิ่งหลักต่อต้น

จากการศึกษาอิทธิพลของยีน ที่ควบคุมลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นของงา พบร่วมกับจำนวนกิ่งหลักต่อต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance ในทุกคู่ผสม และไม่ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive สำหรับอิทธิพลของยีนแบบ additive x additive และ dominance x dominance พบร่วมกับคู่เดียวคือ BL5 x พันธุ์พื้นเมือง (ตารางที่ 2) ดังนั้นการถ่ายทอดลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นของงาจะควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance เป็นสำคัญ ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับรายงานของ Vijayrajan et al. (2007); Kumar and Ganesan (2004) ทั้งนี้ Dixit (1976) รายงานว่าลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นถูกควบคุมถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance และปฏิกริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง

4.1.2.5 จำนวนฝักต่อต้น

ลักษณะจำนวนฝักต่อต้น เป็นองค์ประกอบที่มีความสำคัญ และมีอิทธิพลทางตรงต่อผลผลิตต่อต้นทางบวกในระดับสูง (อิทธิพล ขึ้นกับเขียวและอริยาภรณ์ พงษ์รัตน์, 2556) และยังเป็นลักษณะที่สามารถประเมินผลหรือแยกความแตกต่างระหว่างพืชแต่ละต้นได้ง่าย แต่พืชที่มีจำนวนฝักต่อต้นสูงกว่าจะให้ผลผลิตต่อต้นต่ำได้เหมือนกัน เพราะว่ายังมีองค์ประกอบอย่างอื่นที่มีอิทธิพลต่อผลผลิตต่อต้น เช่น จำนวนเมล็ดต่อฝักและน้ำหนักเมล็ด (ชัชวาลย์ มีฤทธิ์, 2532) จากการศึกษาอิทธิพลของยีน ที่ควบคุมการถ่ายทอดลักษณะจำนวนฝักต่อต้นของงา พบร่วมกับลักษณะจำนวนฝักต่อต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive และแบบ dominance ทั้ง 3 คู่ผสม คือ MR13 x พันธุ์พื้นเมือง, BL5 x พันธุ์พื้นเมือง และ BL5 x MR13 และอิทธิพลของยีนแบบ additive x additive และ dominance x dominance พบร่วมกับคู่ผสมระหว่าง BL5 x พันธุ์พื้นเมือง ซึ่งจะเห็นได้ว่าลักษณะจำนวนฝักต่อต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive และ dominance เป็นส่วนใหญ่ (ตารางที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Sundari et al. (2012); Gaikwad and Kumar (2009); ชัชวาลย์ มีฤทธิ์ (2532)

4.1.2.6 น้ำหนัก 1,000 เมล็ด

จากการศึกษาอิทธิพลของยีน ที่ควบคุมลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ดของงา พบร่วมกับลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด คู่ผสม MR13 x พันธุ์พื้นเมือง ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ

additive, dominance, additive x additive และ dominance x dominance และคู่ผสม BL5 x พันธุ์พื้นเมือง ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive ดังนั้นจะเห็นว่าลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive เป็นส่วนใหญ่ (ตารางที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ ช้าวะลัย มีฤทธิ์ (2532); Kandaswamy (1985) และในคู่ผสม MR13 x พันธุ์พื้นเมือง ปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งมีความสำคัญ ซึ่ง Vijayrajan et al. (2007). กล่าวว่า อิทธิพลของยีนแบบ additive และ ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบ additive x additive และปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งชนิด duplicate ในลักษณะนี้ มีความเป็นไปได้ว่าจะเกิดลักษณะที่ไม่เคยปรากฏมาก่อนในพ่อแม่ (transgressive segregants) ในข้าวรุ่นหลังๆ ดังนั้นการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงขนาดเมล็ดของงาจึงสามารถทำได้ด้วยแต่ข้าวแรกๆ ที่มีการกระจายตัวของรุ่นลูก เพราะความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบ additive จะคงอยู่ได้มีพืชเข้าสู่โภตโดยเฉพาะงาที่เป็นพืชผสมตัวเอง แล้วจึงทำการคัดเลือกเพื่อเพิ่mlักษณะผลผลิตต่อต้นในข้าวหลังๆ

4.1.2.7 ผลผลิตต่อต้น

จากการศึกษาอิทธิพลของยีน ที่ควบคุมลักษณะผลผลิตต่อต้นของงา พบว่า ผลผลิตต่อต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive x additive ในทุกคู่ผสม และอิทธิพลของยีนแบบ additive ในคู่ผสม MR13 x พันธุ์พื้นเมือง และ BL5 x MR13 ส่วนอิทธิพลของยีนแบบ dominance มีในคู่ผสม MR13 x พันธุ์พื้นเมือง, BL5 x พันธุ์พื้นเมือง ดังนั้นจะเห็นว่าลักษณะผลผลิตต่อต้นถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบเท่าๆ กัน (ตารางที่ 2) เช่นเดียวกับ Gaikwad et al. (2009); ช้าวะลัย มีฤทธิ์ (2532); Chavan et al. (1981) ส่วน Sundari et al. (2012); Hu (1985) รายงานว่าผลผลิตต่อต้นของงาถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบขั้มเกิน (over-dominance) ดังนั้นการคัดเลือกในข้าวแรกๆ ควรพิจารณาจากลักษณะองค์ประกอบผลผลิตอย่างอื่นที่มีส่วนสัมพันธ์ และอิทธิพลทางตรงต่อผลผลิตต่อต้นในระดับสูงเนื่องจากพืชแต่ละต้นยังมี เอตเทอร์โไฮโคตสูง และพืชที่มีผลผลิตต่อต้นสูงในข้าวแรกๆ อาจจะให้ผลผลิตต่ำในข้าวหลังๆ ได้

ช้าวะลัย มีฤทธิ์ (2532) กล่าวว่า อิทธิพลของยีนแบบขั้มที่มีเครื่องหมายบวก แสดงว่าผลรวมของยีนที่เกี่ยวข้องทุกตัวมีค่ามากกว่าศูนย์ ซึ่งจะมีผลทำให้ลูกข้าวที่หนึ่งแสดงลักษณะมากกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อและแม่ และอาจจะมากกว่าพ่อหรือแม่ที่แสดงค่าสูงสุด เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบขั้มไม่สมบูรณ์ จนถึงแบบขั้มเกิน แต่ในคู่ผสมที่มีผลรวมของยีนทุกตัวเป็นลบ ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับพันธุกรรมของพ่อและแม่ของแต่ละคู่ผสม และ Gamble (1962) ได้ให้ความเห็นว่า ค่าของอิทธิพลของยีนแบบขั้มที่มีเครื่องหมายลบ จะมีผลไปในทางลดลงของลักษณะ ฉะนั้นจึงควรมุ่งใช้ประโยชน์จากลักษณะและคู่ผสมที่แสดงอิทธิพลของยีนแบบขั้มเป็นบวก ส่วนอิทธิพลของยีนแบบผลบวกนั้น ความจริงแล้วต้องเป็นเครื่องหมายบวกทั้งหมด แต่จากการศึกษาโดยการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของข้าวโดยวิธีการของ Gamble (1962) ซึ่งได้กำหนดให้ P_1 เป็นสายพันธุ์แม่ และ P_2 เป็นสายพันธุ์พ่อ เครื่องหมายของอิทธิพลของยีนแบบผลบวก และปฏิกิริยาของยีนต่างตำแหน่งแบบบวกกับแบบบวก จะเป็นบวกหรือลบขึ้นอยู่กับการกำหนด P_1 กับ P_2 ของแต่ละคู่ผสม

ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งนี้ แม้ไม่ใช้อิทธิพลหลักทางพันธุกรรมแต่ก็มีผลต่อการแสดงออกของลักษณะที่ปรากฏ (phenotype) ที่เบี่ยงเบนไปจากการแสดงออกของยีนแบบปกติได้ เช่น ส่งผลให้พืชแสดงลักษณะอุกมาเมื่อjoinกัน ทั้งที่มีลักษณะทางพันธุกรรมที่

แทกต่างกัน (กฤษฎา สัมพันธารักษ์, 2528) ซึ่งอาจส่งผลให้ประสิทธิภาพการคัดเลือกลดลง เมื่อพิจารณาเครื่องหมายบวกและลบ ที่ปรากฏในปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง โดยเฉพาะปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวกที่มีเครื่องหมายลบ เป็นปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งที่ไม่ต้องการ เนื่องจากแสดงผลไปในทางลดลักษณะ

4.2 การศึกษาอัตราพันธุกรรมหรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม (heritability: h^2)

จากการศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ ของขา โดยศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง (h_B^2) และอัตราพันธุกรรมแนวแคบ (h_n^2) จากค่า analysis of variance ของพันธุ์แม่ (P_1) พันธุ์พ่อ (P_2) ลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) ลูกผสมชั่วที่ 2 (F_2) ลูกผสมกลับหายใจ (BCp_1) และลูกผสมกลับหายใจ (BCp_2) พบว่าอัตราพันธุกรรมแบบ h_B^2 ระดับปานกลางในลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด โดยมีค่าอัตราพันธุกรรม h_B^2 อยู่ในช่วง 0.36 – 0.58 รองลงมา คือความสูงต้น มีค่าอัตราพันธุกรรม h_B^2 อยู่ในช่วง 0.19 – 0.31 และจำนวนกิ่งหลักต่อต้น มีค่าอัตราพันธุกรรม h_B^2 ต่ำสุด สำหรับอัตราพันธุกรรมแบบ h_n^2 พบว่า ลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบ h_n^2 สูงสุด โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมแบบ h_n^2 อยู่ในช่วง 0.39 – 1.06 และลักษณะความยาวข้อปล้อง ความสูงต้น จำนวนผักต่อต้น และผลผลิตต่อต้น มีค่าอัตราพันธุกรรม h_n^2 ต่ำสุด (ตารางที่ 3) ค่าอัตราพันธุกรรมที่มีค่าประมาณเท่ากับ 0 Robinson et al. (1955) เสนอว่า อัตราพันธุกรรมผันแปรไปตามลักษณะ โดยค่าที่ประมาณเป็นต่ำลง จะสันนิษฐานให้เป็นค่าเท่ากับ 0

กรณีที่ค่าอัตราพันธุกรรมแบบ h_n^2 ของลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด มีค่าเท่ากับ 1.06 ในคู่สม BL5 x พันธุ์พื้นเมือง เนื่องมาจากค่าความแปรปรวนของ BCp_2 มีค่าต่ำ อาจเป็น เพราะจำนวนตัวอย่างที่นำมาวิเคราะห์มีจำนวนน้อย และองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่คำนวณโดยวิธีนี้ เป็นค่าสังเกตจากแต่ละต้น (individual basis) ซึ่ง ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ (2550) ได้กล่าวว่า ปัญหาใหญ่ในการคำนวณค่าอัตราพันธุกรรม คือ ข้อผิดพลาดจากการสุ่ม (random error) โดยเฉพาะในพืชจะมีนิยมวัดจากแต่ละต้น ทั้งนี้เพราะลักษณะต่างๆ ที่วัดมีความแปรปรวนได้ง่าย เช่น ผลผลิต แม้จะปลูกในแปลงเดียวกัน ก็จะมีการแข่งขัน ทำให้แต่ละต้นให้ผลผลิตแตกต่างกัน

จากการทดลองดังกล่าวซึ่งให้เห็นว่าลักษณะต่างๆ เหล่านี้ เป็นลักษณะที่ไวต่ออิทธิพลของสภาพแวดล้อมมาก ซึ่งทำให้การคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ทำได้ยาก จำเป็นต้องใช้วิธีการคัดเลือกและการปรับปรุงพันธุ์ที่มีการทดสอบรุ่นลูก และการทำการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงสมรรถนะเฉพาะ หรือใช้วิธีการคัดเลือกหลายๆ แบบ และทำการทดลองภายใต้หลายๆ สภาพแวดล้อม (พิริศักดิ์ ศรีวิเศษน์, 2525) ยกเว้นลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ที่มีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบอยู่ในระดับสูง ซึ่งสามารถคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ได้ง่ายโดยเลือกใช้วิธีปรับปรุงพันธุ์แบบง่ายๆ ได้ ซึ่งจะเห็นได้จากการปรับปรุงพันธุ์งานส่วนใหญ่จะมุ่งเน้นในการเพิ่มขนาดของเมล็ดพันธุ์ (สมใจ โคครุตัน, 2549)

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ ในแต่ละคู่สมพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเดียวกันจะแตกต่างกันไปแม้อยู่ในสภาพแวดล้อมเดียวกัน (รัตนा สันทัดพาณิช, 2530) ซึ่ง Warner (1952) กล่าวว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ ที่ประเมินได้จะแปรปรวนไปตามสภาพแวดล้อม คือ สถานที่ปลูกและระยะเวลาปลูก ในคู่สมเดียวกันหรือในแต่ละคู่สม เมื่อเทียบค่าอัตราพันธุกรรม

แนวแคบกับค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง พนว่าค่าอัตราพันธุกรรมแนวแคบจะใช้ได้ดีกว่า ทั้งนี้ เพราะค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างจะพิจารณาถึงความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งหมด ทำให้เกิดอคติได้เนื่องจากไม่สามารถแยกความแปรปรวนของอิทธิพลของยีนที่ไม่เป็นผลบวกกอกมาได้ (Robinson, 1949; Johnson et al., 1966) ค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างจึงมีค่าสูง

ฉะนั้นในการปรับปรุงพันธุ�性อาจทำได้ทั้งผลิตสายพันธุ์บริสุทธิ์และการผลิตลูกผสม โดยดูจากค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม และลักษณะการแสดงออกของยีน ซึ่งถ้าลักษณะใดมีการแสดงออกของยีนแบบผลบวก แสดงว่าลักษณะนั้นสามารถที่จะทำการคัดเลือกได้ในชั่วต้นๆ ส่วนลักษณะใดที่มีการแสดงออกของยีนแบบข่ม ถ้าจะทำการคัดเลือกลักษณะนั้นสามารถที่จะทำได้ในชั่วrunหลังๆ ในขณะที่ปฏิกริยาการทำงานของยีนแบบผลบวกที่ควบคุมลักษณะ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด เป็นสำคัญซึ่งหมายความในการทำพันธุ์บริสุทธิ์ แต่ส่วนใหญ่ปฏิกริยาการทำงานของยีนมีทั้งแบบผลบวก แบบข่ม และปฏิกริยาล้มพันธุ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง แต่การทำงานของยีนแบบข่มจะมีความสำคัญมากกว่าอิทธิพลของยีนแบบผลบวก โดยเฉพาะอย่างยิ่งลักษณะจำนวนฝักต่อต้น และผลผลิตต่อต้น ดังนั้นในการเพิ่มผลผลิตเพิ่มเติมที่จะผลิตพันธุ์ลูกผสมเช่นกัน แม้ว่าผลผลิตต่อต้นจะมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำทำให้ยากต่อการคัดเลือกก็ตาม แต่สามารถปรับปรุงพันธุ์ให้เป็นพันธุ์ผลผลิตสูงได้ โดยการคัดเลือกพันธุ์ที่มีน้ำหนัก 1,000 เมล็ดและฝักต่อต้นแทน ซึ่งจะสามารถทำให้ผลผลิตสูงขึ้นตามได้ และยังเป็นลักษณะที่ง่ายต่อการคัดเลือกด้วย

ตารางที่ 2 การทดสอบ Scaling test และอัตราพารามิเตอร์ที่เปลี่ยนแปลงตามปรับเปลี่ยนทดสอบของ 7 ตัวแปรตามแบบ 3 ตู่ส้ม

ตู่ส้ม	A	B	C	[m]	[d]	[h]	[i]	[j]	[l]
				Mean ± S.E	Mean ± S.E	Mean ± S.E	Mean ± S.E	Mean ± S.E	Mean ± S.E
ความยาวข้อปล้อง									
MR13 × พันธุ์พันเมือง	-	*	**	3.85±0.207**	0.42±0.112**	1.28±0.315**	1.02±0.241**	0.38±0.174*	-
BL5 × พันธุ์พันเมือง	-	*	-	5.02±0.053**	0.49±0.108**	-	-	0.54±0.168**	-
BL5 × MR13	-	**	*	6.99±0.439**	-	-4.01±1.158**	-1.66±0.421**	0.71±0.150**	2.16±0.824**
ความสูงต้น									
MR13 × พันธุ์พันเมือง	-	**	*	52.7±5.283**	10.87±1.494**	94.41±13.766**	34.23±5.067**	-19.43±4.602**	-53.75±9.652**
BL5 × พันธุ์พันเมือง	-	-	**	60.12±5.879**	9.35±1.230**	59.77±15.172**	25.04±5.695**	-	-22.29±10.320*
BL5 × MR13	-	*	-	60.12±5.879**	-	53.79±16.277**	19.85±6.100**	-	-29.71±10.66**
ความสูงฝักแบก									
MR13 × พันธุ์พันเมือง	*	**	-	35.64±2.343**	5.42±1.145**	8.4±3.815*	-	-6.53±1.690**	-
BL5 × พันธุ์พันเมือง	**	-	**	24.77±2.482**	6.32±1.000**	23.37±4.067**	14.16±2.687**	-6.35±1.539**	-
BL5 × MR13	-	-	**	17.44±4.245**	-	58.84±10.956**	26.7±4.103**	5.11±1.370**	-28.45±7.877**
จำนวนกิ่งหลักต่อต้น									
MR13 × พันธุ์พันเมือง	-	-	-	2.68±0.134**	-0.09±0.186	0.33±0.335	-	-	-
BL5 × พันธุ์พันเมือง	-	-	*	-	-	7.52±0.407**	2.95±0.147**	-	-4.13±0.639**
BL5 × MR13	-	-	-	2.89±0.132**	0.09±0.147	0.56±0.282**	-	-	-

ตารางที่ 2 การทดสอบ Scaling test และอัตราผลของยืนยันแบบเบต้า ๗ หลักคุณภาพมาตรฐานที่ดีและของรั้งค่าของ 7 ลักษณะในงาน ๓ คุณสมบัติ (ต่อ)

คุณสมบัติ	A	B	C	$[m]$	$[d]$	$[h]$	$[i]$	$[j]$	$[l]$	$[l]$
				Mean \pm S.E	Mean \pm S.E	Mean \pm S.E	Mean \pm S.E	Mean \pm S.E	Mean \pm S.E	Mean \pm S.E
จำนวนผู้ต่อต้าน										
MR13 x พัฒพันเมือง	-	-	-	34.59 \pm 1.508**	-2.73 \pm 1.298*	10.48 \pm 3.249**	-	-	-	-
BL5 x พัฒพันเมือง	*	*	-	-	-5.50 \pm 1.594**	105.90 \pm 6.009**	33.38 \pm 1.736**	-	-	-63.99 \pm 8.744**
BL5 x MR13	-	-	-	31.64 \pm 1.352**	-3.23 \pm 1.263*	5.96 \pm 2.726*	-	-	-	-
น้ำหนัก 1,000 เม็ด										
MR13 x พัฒพันเมือง	**	**	-	1.64 \pm 0.378**	0.70 \pm 0.032**	1.94 \pm 0.744*	0.67 \pm 0.32*	-	-	-1.40 \pm 0.441**
BL5 x พัฒพันเมือง	-	*	-	2.26 \pm 0.020**	0.69 \pm 0.030**	-	-	-	-	-
BL5 x MR13	-	-	**	2.79 \pm 0.201**	-	-	-	-	-	-
ผลผลิตต่อต้น										
MR13 x พัฒพันเมือง	**	-	**	-3.11 \pm 0.903**	0.54 \pm 0.176*	17.98 \pm 2.415**	6.71 \pm 0.880**	-	-	-9.43 \pm 1.817**
BL5 x พัฒพันเมือง	**	*	*	-	-	12.59 \pm 0.697**	2.88 \pm 0.161**	0.79 \pm 0.361*	-	-8.11 \pm 1.055**
BL5 x MR13	-	-	*	4.36 \pm 0.176**	-0.79 \pm 0.176**	-	-1.06 \pm 0.296**	-	-	-

หมายเหตุ :

A, B และ C คือค่าที่ใช้ในการทดสอบ Scaling test

m = mid point, d = additive, h = dominance, i = additive \times additive, j = additive \times dominance, l = dominance \times dominance

* แตกต่างจากศูนย์อย่างมีนัยสำคัญที่ระดับความเชื่อมั่น 95 %, ** แตกต่างจากศูนย์อย่างมีนัยสำคัญที่ระดับความเชื่อมั่น 99 %
- คือ ลักษณะที่ไม่มีนัยสำคัญ S.E คือ ความคลาเดเคสติองมาตรฐาน (standard error)

ตารางที่ 3 ประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมและค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในงา 3 คู่ผสม

ลักษณะและคู่ผสม	σ_A^2	σ_D^2	σ_E^2	h_b^2	h_n^2
ความยาวปล้อง					
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	-0.16	0.19	0.68	0.05	0
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	-0.08	0.00	0.79	0	0
BL5 x MR13	-0.36	0.12	1.06	0	0
ความสูงต้น					
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	-23.56	5.63	143.80	0	0
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	-22.21	51.98	131.03	0.19	0
BL5 x MR13	-46.19	100.81	120.48	0.31	0
ความสูงฝักแรก					
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	-45.51	19.12	73.13	0	0
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	-15.72	-1.58	71.04	0	0
BL5 x MR13	23.00	-0.70	65.12	0.26	0.26
จำนวนกิ่งหลักต่อต้น					
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	0.37	-0.75	1.69	0	0.28
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	-0.79	0.33	1.65	0	0
BL5 x MR13	-0.88	0.76	1.25	0	0
จำนวนฝักต่อต้น					
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	-164.58	11.89	365.56	0	0
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	-468.60	493.78	218.71	0.10	0
BL5 x MR13	-183.17	214.11	165.65	0.16	0
น้ำหนัก 1,000 เมล็ด					
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	0.05	0.03	0.06	0.58	0.39
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	0.11	-0.07	0.07	0.36	1.06
BL5 x MR13	-0.11	0.03	0.11	0	0

ตารางที่ 3 ประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมและค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในงา 3 คู่ผสม (ต่อ)

ลักษณะและคู่ผสม	σ_A^2	σ_D^2	σ_E^2	h_b^2	h_n^2
ผลผลิตต่อต้น					
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	-2.58	1.57	4.35	0	0
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	-4.92	8.52	3.07	0.08	0
BL5 x MR13	-2.88	1.50	3.94	0	0

หมายเหตุ : σ_A^2 = อิทธิพลของยีนแบบผลบวก : $2\sigma_{F2}^2 - (\sigma_{BCP1}^2 + \sigma_{BCP2}^2)$

σ_D^2 = อิทธิพลของยีนแบบซ่อม : $(\sigma_{F2}^2 - \sigma_E^2) - \sigma_A^2$

σ_E^2 = อิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อม : $\sigma_{p1}^2 + \sigma_{p2}^2 + \sigma_{F1}^2 / 3$

h_b^2 = อัตราพันธุกรรมแบบกว้าง : $(\sigma_{F2}^2 - \sigma_E^2) / \sigma_{F2}^2$

h_n^2 = อัตราพันธุกรรมแบบแคบ : $\sigma_A^2 / \sigma_{F2}^2$

บทที่ 5

สรุปผลการทดลอง

การศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต ของงา 3 คู่ผสม โดยแต่ละคู่ผสมจะประกอบด้วยประชากรชั้วต่างๆ 6 ชั้วคือ P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BCp_1 และ BCp_2 การวิเคราะห์ผลทางพันธุกรรมใช้วิธีการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั้ว

การถ่ายทอดลักษณะความสูง ความสูงผักแรก และจำนวนฝักต่อต้น ควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้ง 3 แบบ คือ อิทธิพลของยีนแบบ additive, dominance และ epistasis โดยบทบาทการทำงานของยีนถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance และ epistasis เป็นส่วนใหญ่ ในขณะที่การถ่ายทอดลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive และลักษณะกิ่งแขนงหลักต่อต้น ควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance ส่วนการถ่ายทอดลักษณะความยาวข้อปล้องและผลผลิตต่อต้น ควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้ง 3 แบบเท่าๆ กัน

ส่วนอัตราพันธุกรรม พบว่า อัตราพันธุกรรมแนวกว้างระดับปานกลางในลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง $0.36 - 0.58$ รองลงมา คือ ความสูงต้น มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง $0.19 - 0.31$ และจำนวนกิ่งหลักต่อต้น มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำสุด สำหรับอัตราพันธุกรรมแนวแคบ พบว่า ลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวแคบสูงสุด โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมแนวแคบ $0.39 - 1.06$ และลักษณะความยาวข้อปล้อง ความสูงต้น จำนวนฝักต่อต้น และผลผลิตต่อต้น มีค่าอัตราพันธุกรรม แนวแคบต่ำสุด

เอกสารอ้างอิง

เอกสารอ้างอิง

- กัญญา แสงสุขศรี. การปรับปรุงพัฒนาเพื่อให้เหมาะสมต่อการใช้เครื่องจักรเก็บเกี่ยว. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตร์บัณฑิต: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2543.
- กฤษฎา สัมพันธารักษ์. หลักการปรับปรุงพัฒนาพืช. กรุงเทพมหานคร: ภาควิชาพืชไร่ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2519.
- _____. การปรับปรุงพัฒนาพืช. กรุงเทพมหานคร: ไทยวัฒนาพานิช จำกัด, 2528
- _____. ปรับปรุงพัฒนาพืช พื้นฐาน วิธีการ และแนวคิด. กรุงเทพมหานคร: ภาควิชาพืชไร่ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2551.
- ข้าวคลาย มีฤทธิ์. การถ่ายทอดลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของงา. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตร์บัณฑิต: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2532.
- ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ. พัฒนาศาสตร์ประชากรและปริมาณ. กรุงเทพมหานคร: ภาควิชาพัฒนาศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2550.
- ประสีทัช ใจศิล และนิตย์ เสรีรัตน์. “การศึกษาสัมพันธ์และองค์ประกอบผลผลิตของงา”, แก่นเกษตร. 12(3): 129-133, 2527.
- พิรเศศกิตติ ศรีนิเวศน์. พัฒนาศาสตร์ปริมาณที่ใช้ในการปรับปรุงพัฒนา. กรุงเทพมหานคร: ภาควิชาพืชไร่ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2525.
- พิรเศศกิตติ ศรีนิเวศน์ และประเสริฐ ฉัตรชิริวงศ์. พัฒนาศาสตร์เชิงปริมาณที่ใช้ในการปรับปรุงพัฒนาพืช. นครปฐม: ภาควิชาพืชไร่ คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน, 2548.
- ไฟศาล เหล่าสุวรรณ. พัฒนาศาสตร์. กรุงเทพมหานคร: ไทยวัฒนาพานิช, 2525.
- _____. “วิธีการทางสถิติสำหรับการปรับปรุงพัฒนาพืช”, วารสารสังขลานครินทร์. 6(2): 185-195, 2527.
- รัตนา สันทัดพานิช. การถ่ายทอดลักษณะทางพัฒนกรรมบางลักษณะในถั่วฝักยาว. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตร์บัณฑิต: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2530.
- วิทยา บัวเจริญ. หลักการผสมและปรับปรุงพัฒนาพืช. กรุงเทพมหานคร: เกษตรไทย, 2527.
- วีรพันธ์ กันเกร้า และสุทธิศน์ จุลศรีไกวัล. คู่มือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร. เชียงใหม่: มูลนิธิโครงการหลวง, 2554.
- สมใจ โคตรสุรัตน์. ลักษณะทางสรีรวิทยากับการปรับปรุงพัฒนา. อุบลราชธานี: ศูนย์วิจัยพืชไร่ อุบลราชธานี สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตรเขตที่ 4, กรมวิชาการเกษตร, 2549.
- โสภิตา ฉัตรเจริญทอง. พัฒนากรรมในการถ่ายลักษณะผลผลิตและลักษณะทางการเกษตรในงา. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตร์บัณฑิต: มหาวิทยาลัยขอนแก่น, 2545.
- อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์. ฯ: การผลิต การปรับปรุงพัฒนา และการแปรรูป. อุบลราชธานี: คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี, 2556.

เอกสารอ้างอิง (ต่อ)

- อิทธิพล ชีมภูเขียว และอริยากรณ์ พงษ์รัตน์. “ความสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบผลผลิตกับผลผลิตของงา (*Sesamum indicum L.*)”, ใน การประชุมวิชาการ งาน พานตะวัน ละหุ่ง คำฟอย และสบู่ดำแห่งชาติ ครั้งที่ 6. น. 137-144. อุบลราชธานี: เชื่อมสิรินธร, 2556.
- Anilakumar, K.R. Pal, A. Khanum, F. and Bawa, A.S. Nutritional, medicinal and industrial uses of sesame (*Sesamum indicum L.*) Seeds - An Overview.ACS. 75:159-168, 2010.
- Burton, C.W. “Quantitative inheritance in pearl millet (*Pennisetum glaucum*)”, *Agron. J.* 43: 409-417, 1951.
- Chavan, A.A., Makne, V.G. and Chopde, P.R. “Gene action in sesame”, *Plant Breeding*. 52(7): 595, 1981.
- Dixit, R.K. “Inheritance of yield and its components in sesame”, *Indian J. Agr. Sci.* 46(4): 187-191, 1976.
- Food and Agriculture Organization of the United Nation. FAOSTAT. <http://www.fao.org>. June, 2014.
- Gaikwad, K.B., LAL, J.P and Kumar, H. “Genetic architecture of yield attributing characters in sesame (*Sesamum indicum L.*)”, *Crop improvement*. 36(1): 1-5, 2009.
- Gamble, E. E. “Gene effects in corn (*Zea mays L.*) I. Separation and relative importance of gene effects for yield”, *Can. J. PL. Sci.* 42: 339-48, 1962.
- Ganesh, S.K. and Sakila, M. “Generation mean analysis in sesame (*Sesamum indicum L.*) crosses” *Sesame and Safflower Newsletter*. 14: 9-15, 1999.
- Gidey, Y.T., Kebede, S.A. and Gashawbeza, G.T. “Assessment of Genetic variability, Genetic advance, Correlation and Path analysis for morphological traits in sesame genotypes”, *International Journal of Plant Breeding and Genetics*. 7(1): 21-34, 2013.
- Hu, T.K. “Studies on inheritance and breeding in sesame II. A diallel analysis of yield components in F_1 progeny”, *Plant Breeding Abstr.* 56(3): 223, 1985.
- IPGRI and NBPGR. *Descriptors for sesame (*Sesamum spp.*)*. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy; National Bureau of Plant Genetic Resources, New Delhi, India, 2004.
- Janick, J. and Whipkey, A. *Trends in new crops and uses*. Virginia: ASHS Press, 2002.

ເອກສາຣອ້າງອີງ (ຕ່ອ)

- Rani, J.P. and Kumar, R.P.V. "Genetic parameters of yield and yield components pooled over environments in sesame (*Sesamum indicum L.*)", *An international quarterly journal of biology and life sciences*. 1(4): 231-234, 2013.
- Johnson, V.A. Biever, K.J. Haunold, A. and Schmidt, J.W. "Inheritance of plant, yield of grain and other plant and seed characteristic in cross of hard red winter wheat (*Triticum aestivum L.*)", *Crop Sci.* 6: 336-338, 1966.
- Kandaswamy, M. "Genetic variation and genotypic-environment interaction in sesame (*Sesamum indicum L.*)", *Plant Breeding Abstr.* 57(4): 326, 1985.
- Kumar, P.S and Ganesan, j. "Generation mean analysis in sesame (*Sesamum indicum L.*) Ganesan", *Indian J. Agric. Res.* 38(3): 227–230, 2004.
- Mather, K and Jinks, JL. *Biometrical Genetics: The Study of Continuous Variations*. London: Chapman and Hall Ltd., 1982.
- Parameshwarappa, S. G. et al. "Studies on genetic variability and character association in germplasm collection of sesame (*Sesamum indicum L.*)", *Karnataka J. Agric. Sci.* 22(2): 252-254, 2009.
- Robinson, H.F., Comstock, R.E. and Harvey, P.H. "Estimates of heritability and the degree of dominance in corn", *Agron. J.* 41: 353-357, 1949.
- _____. "Genetic variances in open pollinated corn", *Genetics*. 40:45-60, 1955.
- Sundari, M.P., Kamala, T. and Rao, Y.V. "Generation Mean Analysis in *Sesamum indicum L.*", *Asian Journal of Agricultural Sciences*. 4(4): 280-286, 2012.
- Vijayarajan, S.S., Krishnamoorthy, G. and Mahalingam, G. "Generation mean analysis for quantitative traits in sesame (*Sesamum indicum L.*) crosses", *Genetics and Molecular Biology*. 30(1): 80-84, 2007.
- Warner, J.N. "A method for estimating heritability", *Agronomy Journal*. 44: 427-430, 1952.
- Zhao, Y. "Combining ability analysis of agronomic characters in sesame, Sesame and safflower", *newsletter*. 14: 2-5, 1999.

ภาคผนวก

ค่าเฉลี่ย และการวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ในงา 3 คู่ผสม

ตารางที่ 4 ค่าเฉลี่ยของชั่วต่างๆ ในลักษณะต่างๆ ในงา 3 คู่ผสม

คู่ผสม	Generations					
	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	BCp ₁	BCp ₂
ความยาวข้อปล้อง (ซม.)						
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	5.267	4.431	5.078	4.389	5.244	4.445
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	5.406	4.431	5.200	5.014	5.546	4.524
BL5 x MR13	5.406	5.267	5.143	5.529	5.468	4.761
ความสูงต้น (ซม.)						
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	97.80	76.07	93.37	86.47	95.61	94.46
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	94.267	76.067	97.600	84.433	95.878	85.511
BL5 x MR13	94.267	97.800	100.267	95.653	98.013	103.218
ความสูงฝักแรก (ซม.)						
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	44.233	32.400	43.567	38.900	40.822	41.933
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	45.033	32.400	47.717	35.607	40.822	40.856
BL5 x MR13	45.033	44.233	46.833	39.747	48.437	43.864
กิ่งแขนงหลักต่อต้น (กิ่ง)						
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	2.733	2.833	3.467	2.787	2.756	2.922
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	3.067	2.833	3.392	2.713	3.522	3.422
BL5 x MR13	3.067	2.733	3.467	3.013	3.338	3.362
จำนวนฝักต่อต้น (ฝัก)						
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	33.133	36.867	49.900	36.740	39.900	46.233
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	28.300	36.867	41.908	37.207	41.656	48.689
BL5 x MR13	28.300	33.133	34.567	34.587	33.271	38.636
น้ำหนัก 1,000 เมล็ด (ก.)						
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	3.019	1.611	2.176	2.261	2.778	2.080
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	2.962	1.611	2.314	2.196	2.610	1.855
BL5 x MR13	2.962	3.019	2.973	2.836	2.876	2.894
ผลผลิตต่อต้น (ก.)						
MR13 x พันธุ์พื้นเมือง	4.038	3.150	5.439	3.519	5.659	4.734
BL5 x พันธุ์พื้นเมือง	2.612	3.150	4.476	4.262	5.381	4.595
BL5 x MR13	2.612	4.038	4.383	4.492	3.455	4.545

ตารางที่ 5 การวิเคราะห์ค่าความแบบปร่วนของลักษณะต่างๆ ในงานคู่สม MR13 x พันธุ์พืชเมือง

ตารางที่ 6 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของถั่วชนิดต่างๆ ในงา ฤดูฝน BL5 x พันธุพืชเมือง

sources of variation	ความยาวช่อ			ความสูงต้น			ความสูงฝ่าergus			จำนวนกิ่งแขนง			จำนวนฝักต่อต้น			น้ำหนัก 1,000 ผลตัด		
	ปกติ	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	
generation	5	12.58	5	3250.68	5	1374.51	5	10.44	5	2543.65	5	7.16	5	47.77				
plots/generation	12	4.15	12	1048.84	12	394.92	12	3.73	12	1490.47	12	0.15	12	45.88				
plants/plots/generation	402	0.74	400	159.72	400	60.47	400	1.45	400	340.05	160	0.07	398	4.35				
plants/p ₁	27	0.90	27	130.44	27	52.29	27	1.03	27	125.17	27	0.11	27	1.66				
plants/p ₂	27	0.50	27	124.57	27	67.63	27	1.66	27	154.61	26	0.03	26	1.49				
plants/f ₁	27	0.96	25	138.08	25	93.20	25	2.26	25	376.34	26	0.06	26	6.06				
plants/f ₂	147	0.71	147	160.80	147	53.74	147	1.19	147	243.89	27	0.11	147	3.34				
plants/bc ₁	87	0.90	87	168.67	87	65.56	87	1.59	87	374.42	27	0.07	86	6.66				
plants/bc ₂	87	0.60	87	175.14	87	57.64	87	1.58	87	581.95	27	0.03	86	4.94				
total	419		417		417		417		417		417		417		415			

ตารางที่ 7 การวิเคราะห์ความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ในงา ถูผสม BL5 x MR13

sources of variation	ความยาวข้อ			ความสูงต้น			ความสูงฝ่าแรก			จำนวนกิ่งช่อ			จำนวนผักชnos			น้ำหนัก 1,000 ผลตัดต้น		
	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms	df	Ms
generation	5	7.52	5	788.33	5	924.42	5	3.75	5	622.87	5	0.14	5	28.32				
plots/generation	12	5.16	12	1181.65	12	474.98	12	6.62	12	974.90	12	0.18	12	25.69				
plants/plots/generation	401	0.95	393	173.61	393	78.01	393	1.34	385	227.10	162	0.09	397	3.46				
plants/p ₁	27	0.90	27	130.44	27	52.29	27	1.03	27	125.17	27	0.11	27	1.66				
plants/p ₂	27	1.01	27	143.26	27	64.08	27	0.94	27	141.46	27	0.10	27	3.50				
plants/f ₁	27	1.27	27	87.74	27	79.01	27	1.79	27	230.31	27	0.12	27	6.65				
plants/f ₂	147	0.82	147	175.10	147	87.42	147	1.13	147	196.59	27	0.03	146	2.57				
plants/bc ₁	86	1.24	83	223.98	83	82.42	83	1.81	75	305.96	27	0.10	84	3.53				
plants/bc ₂	87	0.76	82	172.41	82	69.43	82	1.33	82	270.38	27	0.07	86	4.48				
total	418		410		410		410		402		179		414					

ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ	นายจักรกฤษณ์ ศรีไชย
ประวัติการศึกษา	พ.ศ. 2554 ปริญญาโทสาขาศาสตรบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) สาขาวิชาพืชไร่ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
ผลงานทางวิชาการ	จักรกฤษณ์ ศรีไชย และ อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์. 2558. “ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของงา (<i>Sesamum indicum L.</i>)”, ใน <u>วารสารการเกษตรราชภัฏ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยราชภัฏอุบลราชธานี</u> . ปีที่ 14 ฉบับที่ 1 เดือน มกราคม – มิถุนายน 2558.
ประวัติการทำงาน	พ.ศ. 2555 – 2557 ผู้ช่วยวิจัยโครงการ การวิจัยและถ่ายทอดเทคโนโลยีเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการผลิต และการปรับปรุงฝ้ายอินทรีย์ริมโขง บ้านทุ่งนาเมือง อำเภอ โขงเจียม จังหวัดอุบลราชธานี

