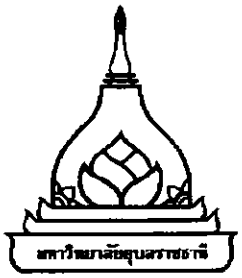

การทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา (*Sesamum indicum* L.)

เข็มพร สุดตะพันธ์

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเกษตรศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์
มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
ปีการศึกษา 2558
ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

GENE ACTION OF YIELD AND YIELD COMPONENTS IN SESAME (*SESAMUM INDICUM* L.)

KHEMPHONE SOUTTAPHANH

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 การทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา (*Sesamum indicum* L.)

ผู้วิจัย นายเข็มพร สุดตะพันธ์

คณะกรรมการสอบ

ดร.จิรวัฒน์ สนิทชน	ประธานกรรมการ
รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์	กรรมการ
ดร.บุบผา ใจเที่ยง	กรรมการ
ดร.ทินน์ พรหมโชติ	กรรมการ
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.นิตยา วานิกร	กรรมการ

อาจารย์ที่ปรึกษา

..... อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก

(รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

(ดร.บุบผา ใจเที่ยง)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

(ดร.ทินน์ พรหมโชติ)

....

(รองศาสตราจารย์ธีระพล บันสิทธิ์) (รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์)

คณบดีคณะเกษตรศาสตร์ รองอธิการบดีฝ่ายวิชาการ

ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

ปีการศึกษา 2558

กิตติกรรมประกาศ

ขอกราบขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์ ที่เป็นทั้งอาจารย์ที่ปรึกษาและอาจารย์ประจำวิชา ที่กรุณาให้ความรู้ทางวิชาการ วิธีการดำเนินการวิจัย และให้คำปรึกษาในการทำวิทยานิพนธ์จนสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี ขอกราบขอบพระคุณ ดร.บุบผา ใจเที่ยง กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ซึ่งเป็นอาจารย์ประจำวิชาการปรับปรุงพันธุ์พืชขั้นสูง ภาควิชาพืชสวน คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี ที่ให้ความรู้เรื่องการปรับปรุงพันธุ์พืชตลอดจนให้คำชี้แนะในการวิเคราะห์ข้อมูลการทำวิจัย และตรวจแก้ไขเนื้อหาวิทยานิพนธ์ และขอกราบขอบพระคุณ ดร.ทินน์ พรหมโชติ กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ที่ให้คำชี้แนะในการตรวจแก้วิทยานิพนธ์ในครั้งนี้

ขอกราบขอบพระคุณพี่ๆ บุคลากรคณะเกษตรศาสตร์ รวมทั้งเจ้าหน้าที่ประจำ ณ สำนักงานไร่ฝึกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี ทุกๆ ท่านที่ให้การสนับสนุน และให้คำแนะนำ การปฏิบัติการในแปลงทดลอง เครื่องมือและอุปกรณ์ต่างๆ ในการทำวิจัยด้วยดีเสมอมา ขอขอบคุณเพื่อนๆ ที่เป็นกำลังใจในการทำการวิจัยในครั้งนี้

สุดท้ายขอกราบขอบพระคุณ คุณพ่อ คุณแม่ ที่คอยเลี้ยงดูและให้การสนับสนุนเป็นอย่างดี ขอบคุณญาติพี่น้อง และสมาชิกทุกคนในครอบครัวที่คอยให้คำปรึกษา และเป็นกำลังใจในการทำวิทยานิพนธ์ด้วยดีตลอดมา

เข็มพร สุดตะพันธ์

บทคัดย่อ

เรื่อง : การทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา (*Sesamum indicum* L.)

ผู้วิจัย : เข็มพร สุดตะพันธ์

ชื่อปริญญา : วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชา : เกษตรศาสตร์

อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก: รองศาสตราจารย์ ดร.อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม : ดร.บุบผา ใจเที่ยง

: ดร.ทินน์ พรหมโชติ

คำสำคัญ : การทำงานของยีน, ผลผลิต, องค์ประกอบผลผลิต, งา

การทดลองนี้ดำเนินการ ณ สำนักงานไร่ฝึกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี โดยเริ่มปฏิบัติงานตั้งแต่ ปี พ.ศ. 2555 ถึง พ.ศ. 2557 ปลูกงา 3 สายพันธุ์คือ KU18, A30-15 และ WL9 ทำการผสมแบบพบกันหมดได้ 3 คู่ผสม ได้แก่ KU18 x A30-15, KU18 x WL9 และ A30-15 x WL9 และทำการผสมแต่ละคู่ผสมให้ประกอบด้วยประชากร 6 ชั่วรุ่นคือ P_1 , P_2 , F_1 , F_2, BC_1 และ BC_2 แบบไม่มีการผสมสลับพ่อแม่ (half diallel cross) และประเมินผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตโดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCBD) เพื่อประเมินการทำงานของยีนของลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตคือ ความสูงฝักแรก ความสูงต้น ความยาวข้อปล้อง จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด จากการศึกษาพบว่า ลักษณะความสูงฝักแรก และความสูงต้น ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนทั้ง 3 แบบคือ additive gene, dominance gene และ epistasis ลักษณะความยาวข้อปล้อง ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนแบบ additive gene และ additive x dominance ลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene และ epistasis มากกว่า additive gene ส่วนอัตราพันธุกรรมพบว่า ลักษณะความสูงฝักแรกมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 23.75 – 81.91 และมีค่าอัตราพันธุกรรมสูงในสองคู่ผสม รองมาคือลักษณะความสูงต้นมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 50.55 – 59.07 และ ลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำในทุกคู่ผสม ค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 18.35 – 53.58 ตามลำดับ ส่วนลักษณะจำนวนฝักต่อต้น, ความยาวข้อปล้อง และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด พบว่าอัตราพันธุกรรมต่ำ มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 17.20, 11.22 – 12.51 และ 0.00 ตามลำดับ

ABSTRACT

TITLE : GENE ACTION OF YIELD AND YIELD COMPONENTS IN SESAME (*SESAMUM INDICUM* L.)
AUTHOR : KHEMPHONE SOUTTAPHANH
DEGREE : MASTER OF SCIENE (AGRICULTURE)
MAJOR : AGRICULTURE
ADVISOR : ASSOC. PROF ARIYAPORN PONGRAT, Ph.D.
CO-ADVISOR: BUBPPA CHAITIENG, PH.D.
THIN PROMCHOT, PH.D.
KEYWORDS : SESAME, BREEDING, YIELD, COMPONENTS

To study gene effects control yield and yield components of sesame (*Sesamum indicum* L.) three sesame varieties were crossed by using diallel crossing design of three crosses. The first cross was between KU18 and A30-15 and the second cross was between KU18 and WL9 and third cross was between A30-15 and WL9. Analysis of variance in six generations (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 and BC_2) were evaluated using randomized complete block design with four replications during October 2012 - February 2014 at Faculty of Agriculture, Ubon Ratchathani University. The objective of this study was to determine gene actions control yield and yield components for first pod height, plant height, internode length, number of main branches per plant, pod number per plant, and 1,000 seed weight, indicated that first pod height and plant height were controlled by additive, dominant, and epitasis gene action, Internode length were controlled by additive, and additive x dominant gene action, number of main branches per plant, pod number per plant, and 1,000 seed weight were controlled by dominant, and epitasis gene action more than additive gene action. The results showed that the highest heritability of first pod height between 23.75 and 81.91%, Heritability value of plant height and number of main branches per plant were moderate (h^2=50.55 – 59.07 % and 18.35 -53.58 % respectively), Heritability value of pod number per plant, internode length, and 1,000 seed weight were low (h^2=17.20 %, 11.22 - 12.51 % and 0.00 % respectively).

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	**ก**
บทคัดย่อภาษาไทย	**ข**
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	**ค**
สารบัญ	**ง**
สารบัญตาราง	**จ**
คำอธิบายสัญลักษณ์และอักษรย่อ	**ฉ**
บทที่ 1 บทนำ	
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญในการวิจัย	1
1.2 วัตถุประสงค์	2
1 .3 ขอบเขตการวิจัย	2
1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
บทที่ 2 การตรวจเอกสาร	
2.1 ลักษณะพฤกษศาสตร์ของงา	3
2.2 การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม	4
2.3 การปรับปรุงพันธุ์งา	9
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย	12
3.1 สถานที่ ดำเนินงานวิจัย	12
3 2 ระยะเวลาการทำวิจัย	12
3.3 วิธีการดำเนินงานวิจัย	12
บทที่ 4 ผลการทดลอง และวิจารณ์	
4.1 ปฏิกิริยาการทำงานของยีน	17
4.2 อัตราพันธุกรรม	22
บทที่ 5 สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ	**24**
เอกสารอ้างอิง	**25**
ภาคผนวก	29
ก การวิเคราะห์ข้อมูลลักษณะต่าง ๆ	30
ข ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ในลักษณะ	33
ประวัติผู้วิวัย	35

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	การวิเคราะห์ความแปรปรวน	15
2	ปฏิกิริยาของยีนแบบต่าง ๆ ที่ควบคุมความสูงฝักแรก ความสูงต้น ความยาวข้อปล้อง จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ของงา 3 คู่ผสม	20
3	ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในแต่ละคู่ผสม (คิดเป็นเปอร์เซ็นต์)	23
4	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะความสูงฝักแรกของงา 3 คู่ผสม	30
5	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะความสูงต้นในงา 3 คู่ผสม	30
6	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะความยาวข้อปล้องของงา 3 คู่ผสม	31
7	การวิเคราะห์ ค่าความแปรปรวนของลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นของงา 3 คู่ผสม	31
8	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะจำนวนฝักต่อต้นของงา 3 คู่ผสม	32
9	การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ของงา 3 คู่ผสม	32
10	ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะความสูงฝักแรกของงา 3 คู่ผสม	33
11	ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะความสูงต้นของงา 3 คู่ผสม	33
12	ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะความยาวข้อปล้องของงา 3 คู่ผสม	33
13	ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นของงา 3 คู่ผสม	34
14	ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะจำนวนฝักต่อต้นของงา 3 คู่ผสม	34
15	ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ดของงา 3 คู่ผสม	34

คำอธิบายสัญลักษณ์และอักษรย่อ

สัญลักษณ์และอักษรย่อ	คำอธิบาย
P_1	population 1 พันธุ์แม่
P_2	population 2 พันธุ์พ่อ
F_1	Filial 1 พันธุ์ลูกผสมชั่วที่ 1
F_2	Filial 2 พันธุ์ลูกผสมชั่วที่ 2
BC_1	Back Cross 1 ลูกผสมกลับแม่
BC_2	Back Cross 2 ลูกผสมกลับพ่อ
[m]	คือค่าเฉลี่ยกึ่งกลางระหว่างพันธุ์พ่อและแม่
[d]	คือ อิทธิพลของยีนแบบผลบวก
[h]	คืออิทธิพลของยีนแบบข่ม
[i]	คือปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวก
[j]	คือปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบข่ม
[l]	คือปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม
V(m)	ค่าความแปรปรวนของค่าเฉลี่ยกึ่งกลางระหว่างพันธุ์พ่อและแม่
V(d)	ค่าความแปรปรวนของยีนแบบผลบวก
V(h)	ค่าความแปรปรวนของยีนแบบข่ม
V(i)	ค่าความแปรปรวนของปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวก
V(j)	ค่าความแปรปรวนของปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบข่ม
V(l)	ค่าความแปรปรวนของปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม
A	ค่าทดสอบ scaling test A
VA	ค่า variance ของ scaling test A
B	ค่าทดสอบ scaling test B
VB	ค่า variance ของ scaling test B
C	ค่าทดสอบ scaling test C
VC	ค่า variance ของ scaling test C
RCBD	Randomized Completely Blok Design

บทที่ 1
บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญในการวิจัย

งา (*Sesamum indicum* L.) เป็นพืชที่จัดอยู่ในวงศ์ Pedaliaceae มีถิ่นกำเนิดในทวีปแอฟริกา แต่นักวิทยาศาสตร์บางท่านสันนิษฐานว่าถิ่นกำเนิดของงาอยู่ในประเทศอินเดีย (Pham, 2010) โดยงาเป็นพืชที่ปลูกง่าย ทนทานต่อความแห้งแล้ง สามารถเจริญเติบโตได้ดีในพื้นที่มีอากาศร้อน แดดจัด และต้องการปริมาณน้ำฝนตลอดฤดูปลูกประมาณ 400 มิลลิเมตร (อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์, 2556)

สมใจ โควสุรัตน์ (2549) กล่าวว่า สำหรับประเทศไทยมีการปลูกงามานาน โดยแพร่เข้ามาจากประเทศพม่าปลูกบนภูเขาบริเวณชายแดนไทยพม่าในภาคเหนือและภาคตะวันตก แล้วกระจายไปหลายภูมิภาคของประเทศไทย ปัจจุบันความต้องการเมล็ดงานับวันยิ่งทวีความสำคัญเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ เนื่องจากเมล็ดงามีคุณค่าทางโภชนาการสูง มีกรดไขมันไม่อิ่มตัวสูงถึง 85 เปอร์เซ็นต์ มีคุณสมบัติช่วยควบคุมระดับ cholesterol ในเส้นเลือด ป้องกันการอุดตันของเส้นเลือด มีสารต้านอนุมูลอิสระ ลดความดันโลหิต ลดความเสี่ยงต่อโรคหัวใจและหลอดเลือด ยับยั้งการเจริญของเซลล์มะเร็ง ป้องกันและบำรุงสุขภาพของตับ ด้วยเหตุนี้งาจึงถูกนำมาใช้เป็นอาหารเพื่อสุขภาพอย่างแพร่หลาย (Anilakumar et al., 2010) นอกจากนี้งายังมีบทบาทสำคัญในอุตสาหกรรมเครื่องสำอางอีกด้วย

ในปี พ.ศ. 2556 ทั่วโลกผลิตงาได้ 4,760 ล้านตัน โดยมีแหล่งปลูกสำคัญอยู่ที่ประเทศพม่า อินเดีย และจีน สำหรับประเทศไทยมีแหล่งปลูกงาที่สำคัญอยู่ในจังหวัดกาญจนบุรี แม่ฮ่องสอน นครสวรรค์ มหาสารคาม บุรีรัมย์ และลพบุรี งาเป็นพืชที่ไม่มีปัญหาเรื่องตลาดซื้อขาย และมีแนวโน้มว่าตลาดทั้งใน และต่างประเทศมีความต้องการงาเพิ่มมากขึ้นอย่างต่อเนื่อง แต่พื้นที่ปลูกงาของประเทศไทยในปัจจุบัน กลับมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อย โดยในปี พ.ศ. 2548 ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกงา 405,237 ไร่ เพิ่มขึ้นเป็น 411,056 ไร่ ในปี พ.ศ. 2552 และในปี พ.ศ. 2556 ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกงาทั้งหมด 437,500 ไร่ ให้ผลผลิตรวม 52,000 ตัน และมีผลผลิตเฉลี่ย 119 กิโลกรัมต่อไร่ (FAO, 2014) สาเหตุสำคัญที่ทำให้พื้นที่ปลูกงาในประเทศไทยมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อย อาจเนื่องจากการปลูกงาในประเทศไทยให้ผลผลิตค่อนข้างต่ำ ทำให้ผลตอบแทนได้ไม่สูงเท่ากับการปลูกพืชไร่เศรษฐกิจชนิดอื่นๆ จึงไม่เกิดแรงจูงใจให้เกษตรกรหันมาปลูกงาเป็นอาชีพเหมือนกับพืชชนิดอื่น เช่น ข้าว ข้าวโพด อ้อย สาเหตุประการแรกที่ทำให้ผลผลิตต่อไร่ต่ำ คือพันธุ์งาที่เกษตรกรปลูกในปัจจุบันมีศักยภาพในการให้ผลผลิตต่ำ ถึงแม้จะเพิ่มปัจจัยการผลิตในด้านต่าง ๆ ก็สามารถเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่ได้ในระดับหนึ่งเท่านั้น เนื่องจากปัจจัยการผลิตไม่สามารถเพิ่มองค์ประกอบผลผลิตงาให้สูงขึ้นได้ ทั้งนี้เพราะองค์ประกอบดังกล่าวถูกควบคุมด้วยพันธุกรรม เช่น จำนวนกิ่งต่อต้น ความยาวข้อปล้อง ความสูงฝักแรก ความสูงลำต้น และจำนวนฝักต่อต้น อีกทั้งการเพิ่มปัจจัยการผลิตทำให้เกษตรกรมีต้นทุนการผลิตเพิ่มมากขึ้น ดังนั้นการปรับปรุงพันธุ์งาให้มีผลผลิตสูงมีลักษณะทางการเกษตรดี และมีคุณค่าทางโภชนาการสูง จึงเป็นสิ่งที่ควรดำเนินการ ดังนั้น การศึกษาครั้งนี้ จึงศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิต และองค์ประกอบผลผลิตของงาเพื่อนำข้อมูลที่ได้จากการศึกษาไปใช้

เป็นแนวทางการคัดเลือกและการปรับปรุงพันธุ์งาต่อไป

1.2 วัตถุประสงค์

เพื่อศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิต องค์ประกอบผลผลิตของงา 3 สายพันธุ์

1.3 ขอบเขตการวิจัย

งานวิจัยครั้งนี้จะศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิต องค์ประกอบผลผลิตของงา 3 สายพันธุ์ คือ KU18, A30-15 และ WL 9 โดยทำการทดลอง ณ สำนักงานไร่ฝึกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี

1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

สามารถนำข้อมูลจากการศึกษาไปใช้ในการวางแผน และกำหนดแนวทางในการคัดเลือกที่เหมาะสมสำหรับการปรับปรุงพันธุ์งา เพื่อเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่

บทที่ 2
การตรวจเอกสาร

2.1 ลักษณะพฤกษศาสตร์ของงา

งาเป็นพืชที่มีลักษณะทางพฤกษศาสตร์ที่หลากหลายทั้งพันธุ์ป่า และพันธุ์ปลูก ซึ่งสามารถกล่าวพอสังเขป ได้ดังนี้

ราก (root) งามีระบบรากแก้ว (tab root system) และมีรากแขนง (lateral root) ที่เจริญเติบโตออกมาจากรากแก้ว กระจายหนาแน่นลงตามความลึกของชั้นดิน สามารถหยั่งลึกลงในดินได้มากกว่า 150 เซนติเมตร ความยาวของรากทั้งด้านลึก และด้านกว้างใกล้เคียงกัน (ศูนย์วิจัยพืชไร่อุบลราชธานี, 2554)

ลำต้น (stem) งามีลำต้นตั้งตรง มีทั้งชนิดแตกกิ่ง และไม่แตกกิ่ง เมื่อตัดขวางลำต้นจะมีลักษณะเป็นเหลี่ยม 4-5 เหลี่ยม มีร่องตามความยาวของลำต้น ต้นงามีความสูงตั้งแต่ 0.5-3 เมตร ลำต้นอาจมีขนเล็กน้อยถึงหนาแน่น หรือไม่มีขน ซึ่งขึ้นอยู่กับพันธุ์ สีของลำต้นเป็นสีเขียวเข้ม สีเขียวอ่อน สีเหลือง สีเขียวปนม่วง หรือสีม่วง งามีจำนวนกิ่งต่อต้นประมาณ 2-7 กิ่ง การแตกกิ่งอาจแตกจากข้อต่ำสุด หรือข้อที่อยู่ด้านบนขึ้นไป ซึ่งแตกต่างกันไปตามพันธุ์และสภาพแวดล้อม (ศูนย์วิจัยพืชไร่อุบลราชธานี, 2554)

ใบ (leaf) อาจมีทั้งใบเดี่ยว หรือใบประกอบแบบ 3 ใบย่อย (trifoliate) ในต้นเดียวกัน ใบมีลักษณะยาวเป็นรูปหอก (lanceolate) รูปไข่ (ovate-acute) แฉกลึกหรือแฉกตื้น (palmately lobe or palmately compound) การเรียงของใบ เป็นแบบตรงกันข้ามกัน (opposite) หรือแบบสลับ (alternate) สีของใบมีตั้งแต่สีเขียวอ่อน จนถึงเขียวเข้ม บางพันธุ์มีสีเหลือง ซึ่งอาจมีขนทั้งด้านบนและด้านล่างของใบ และลักษณะใบจะแตกต่างกันตามตำแหน่งที่อยู่บนลำต้น (ศูนย์วิจัยพืชไร่อุบลราชธานี, 2554)

ดอก (flower) เป็นดอกแบบสมบูรณ์เพศ (perfect flower) เป็นดอกเดี่ยว พบจำนวน 1-3 ดอก ต่อ 1 มุมใบ ดอกมีสีขาว ชมพู ม่วงอ่อน หรือพื้นขาวจุดม่วงขึ้นอยู่กับพันธุ์ ภายในดอกมีเกสรเพศผู้จำนวน 2 คู่ คู่หนึ่งสั้นอีกคู่หนึ่งยาว ดอกเริ่มบานจากส่วนล่างของลำต้นสู่ปลายยอดอย่างต่อเนื่อง โดยจะเริ่มออกดอกตั้งแต่ 6-8 สัปดาห์หลังปลูก มีการผสมเกสรระหว่าง 04.00 - 07.00 นาฬิกา หลังจากผสมกลีบดอกจะคลี่ออก และเหี่ยวในช่วงบ่ายของวันเดียวกัน และร่วงในช่วงเวลา 17.00 - 19.00 นาฬิกา อย่างไรก็ตามระยะเวลาการผสมเกสรดังกล่าวอาจขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมการเจริญเติบโตและสายพันธุ์ (ทิวา ปาตีคำ, 2546) และอาจมีการผสมข้ามตามธรรมชาติ โดยแมลงและลม ประมาณ 1- 4.6 เปอร์เซ็นต์ (สมใจ โควสุรัตน์, 2549)

ฝักหรือผล (capsule) มีรูปร่างแตกต่างกันไปตามพันธุ์ ซึ่งอาจจะมีลักษณะกลมป้อม ทรงกระบอก และแบน ฝักมีร่องยาวขนานตามความยาวของฝัก ทำให้แบ่งออกได้เป็นพู (carpel) ซึ่งส่วนใหญ่จะมีประมาณ 2 - 4 พู ฝักยาวประมาณ 2-3 เซนติเมตรขึ้นกับแต่ละสายพันธ์ และมีเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1 เซนติเมตร เมื่อฝักแก่ปลายฝักจะแตก ทำให้เมล็ดร่วงได้ ฝักงาจะสุกแก่จากส่วนโคนต้นไปสู่ส่วนยอด (ณัฐชานันท์ พันธ์อิ่ม, 2550)

เมล็ด (seed) เมล็ดขนาดเล็กเป็นรูปไข่ เกาะติดกับผนังรังไข่ส่วนกลาง เรียงซ้อนกันอยู่ภายในฝัก ประมาณ 70-100 เมล็ดต่อฝัก (ณัฐชานันท์ พันธ์อิ่ม, 2550) สีของเมล็ดมีหลากหลายตั้งแต่ ขาว เหลือง เทา น้ำตาล และดำ สำหรับงาที่ปลูกในประเทศไทยแบ่งได้ 3 สี คือ สีขาว 10 เปอร์เซ็นต์ สีดำ 25 เปอร์เซ็นต์ และสีแดงหรือสีน้ำตาล 65 เปอร์เซ็นต์ ส่วนศูนย์วิจัยพืชไร่อุบลราชธานี ได้จำแนกพันธุ์งาที่ปลูกในประเทศไทยตามสีของเมล็ด สามารถแบ่งได้ 3 สี คือ สีดำ สีดำ-แดง และสีขาว (อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์, 2556) เมล็ดจะเริ่มเข้าสู่ระยะสุกแก่หลังจากการผสมเกสรประมาณ 4-6 สัปดาห์ ซึ่งภายในเมล็ดมีกรดไขมันประมาณ 43.4-58.8 เปอร์เซ็นต์ (Tashiro et al., 1990) ปริมาณน้ำมันอาจสูงได้ถึง 67 เปอร์เซ็นต์ ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ และมีโปรตีนประมาณ 25 เปอร์เซ็นต์

2.2 การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม

D.G. Langham เป็นคนแรกที่ทำงานเกี่ยวกับการปรับปรุงพันธุ์งา และศึกษาลักษณะพันธุกรรมของงาในประเทศเวเนซูเอลาระหว่างปี ค.ศ. 1945-1947 โดยพิจารณาจากลักษณะของพืชที่แสดงออกมาแตกต่างกัน เป็นผลมาจากสารพันธุกรรมหรือเรียกว่า ยีนที่แตกต่างกันในการควบคุมลักษณะนั้น Nohara (1933) ได้ศึกษาลักษณะที่ถูกควบคุมโดยยีนเหล่านี้จะสามารถถ่ายทอดไปสู่ลูกหลานในชั่วต่อๆ ไปตามกฎพันธุกรรมของเมนเดล

บุญหงส์ จงคิด (2548) กล่าวว่า อิทธิพลของสิ่งแวดล้อมและปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนกับสิ่งแวดล้อม ซึ่งลักษณะต่าง ๆ ของพืชที่แสดงออกมาให้เห็นนั้นมีทั้งชนิดที่ตรวจวัดได้และวัดไม่ได้ บางลักษณะถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกรุ่นหลานได้ง่าย บางลักษณะถ่ายทอดได้ยากอาจเพราะมีพันธุกรรมที่ซับซ้อนและสภาพแวดล้อมมีผลต่อการแสดงออกมากโดยเฉพาะลักษณะทางปริมาณ (quantitative characteristics/traits) ที่อิทธิพลของสภาพแวดล้อมมีผลเป็นอย่างมาก

พัชนี เค้ายา (2546) ได้รายงานลักษณะทางพันธุกรรมของงาที่ว่า ลักษณะฝักแตกข่มฝักไม่แตก ใบมีขนข่มใบไม่มีขน ใบเรียบข่มใบย่น ดอกสีม่วงข่มดอกสีชมพูและขาว ดอกสีแดงข่มดอกสีขาว กลีบดอกเปิดข่มกลีบดอกปกติ ต้นแตกกิ่งข่มต้นไม่แตกกิ่ง ทอดยอดข่มไม่ทอดยอด 1 ฝักต่อมุมใบข่ม 3 ฝักต่อมุมใบ ฝัก 4 พูข่มฝัก 8 พู เมล็ดผิวขรุขระข่มเมล็ดผิวเรียบ เมล็ดมีสีข่มเมล็ดสีขาว ปริมาณน้ำมันในงาถูกควบคุมด้วยยีนหลักเพียง 1 คู่เท่านั้น ลำต้นแบนถูกควบคุมด้วยยีนด้อย และลักษณะเป็นหมันในงาเป็นแบบ genetic male sterility ที่ถูกควบคุมด้วยยีนด้อยเพียงคู่เดียว

กฤษฎา สัมพันธารักษ์ (2519) ได้แบ่งการถ่ายทอดลักษณะจากพ่อแม่ไปสู่ลูกได้เป็น 2 ลักษณะ คือ

(1) การถ่ายทอดลักษณะทางคุณภาพ (qualitative inheritance) คือ ลักษณะที่ควบคุมด้วยหน่วยควบคุม หรือยีนเพียง 1 คู่ หรือยีนน้อยคู่ ยีนแต่ละคู่มีความสามารถที่จะแสดงลักษณะที่ควบคุมออกมาได้อย่างเด่นชัด (major gene) ลักษณะการกระจายตัวของรุ่นลูกสามารถที่จะแยกออกได้เป็นกลุ่มชัดเจน คือ มีการกระจายตัวอย่างเป็นกลุ่ม หรือไม่ต่อเนื่อง (discontinuous variation) สภาพแวดล้อมมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะได้น้อย

(2) การถ่ายทอดลักษณะทางปริมาณ (quantitative inheritance) คือ ลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่มีผลต่อการแสดงออกต่อลักษณะนั้นได้น้อย (minor gene) ลักษณะการกระจายตัวของรุ่นลูก

เป็นแบบต่อเนื่อง (continuous variation) ไม่สามารถจะแบ่งกลุ่มได้อย่างชัดเจน และสภาพแวดล้อมมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะเหล่านี้มาก

สุทัศน์ ศรีวัฒนพงศ์ (2553) กล่าวว่า ลักษณะทางปริมาณ เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนกลุ่มใดกลุ่มหนึ่ง ซึ่งอาจเป็นแบบ modifying genes multiple factors หรือ polygenes ก็ได้ ลักษณะทางปริมาณที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของพืช ได้แก่ ผลผลิต ความสูง อายุการเก็บเกี่ยว เป็นต้น และการทำงานหรือการแสดงออกของยีน แบ่งได้ดังนี้

(1) การทำงานร่วมกันของยีนในตำแหน่งเดียวกัน ซึ่งมีปฏิกิริยาของยีนดังนี้ คือ

(1.1) แบบผลบวก (additive gene action) คือ ลักษณะที่แสดงออกจะขึ้นอยู่กับจำนวนยีนที่ช่วยเสริมลักษณะนั้นๆ และยีนเด่นแต่ละตัวจะเพิ่มหรือลดค่าได้เท่าๆ กัน ไม่ว่าจะอยู่ในรูปเฮตเทอโรไซโกต (heterozygote) หรือโฮโมไซโกต (homozygote)

(1.2) แบบข่ม (dominant gene action) คือ ยีนตัวหนึ่งไปข่มการแสดงออกของยีนอีกตัวหนึ่ง อาจเป็นการข่มสมบูรณ์ ไม่สมบูรณ์ หรือข่มเกินก็ได้

(1.2.1) การข่มสมบูรณ์ (complete dominance) เป็นผลของปฏิกิริยาของยีนตัวหนึ่งไปข่มการแสดงออกของยีนอีกตัวหนึ่งบนตำแหน่งเดียวกันอย่างสมบูรณ์

(1.2.2) การข่มไม่สมบูรณ์ (incomplete dominance) เป็นผลของปฏิกิริยาของยีนตัวหนึ่งไปข่มการแสดงออกของยีนอีกตัวหนึ่งบนตำแหน่งเดียวกันอย่างไม่สมบูรณ์

(1.2.3) การข่มเกิน (over dominance) เป็นปฏิกิริยาการทำงานร่วมกันของยีนภายในตำแหน่งเดียวกัน ซึ่งจะทำให้ลักษณะของเฮตเทอโรไซโกต แสดงออกได้มากกว่าโฮโมไซโกต

(2) การทำงานร่วมกันของยีนต่างตำแหน่ง ซึ่งมีปฏิกิริยาการทำงานของยีน ดังนี้

(2.1) แบบผลบวก เป็นผลบวกระหว่างยีนคนละตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะเดียวกัน หรือยีนหลายๆ คู่ที่ควบคุมลักษณะเดียวกัน ในแบบผลบวก เรียกว่า multiple factors ยีนแต่ละคู่จะทำงานเป็นอิสระ การแสดงออกของยีนตัวหนึ่งไม่ขึ้นอยู่กับว่ามียีนตัวอื่นๆ

(2.2) แบบข่ม เกิดขึ้นกับลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่ พืชที่มีลักษณะทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับปฏิกิริยาในระหว่างกลุ่มของยีนที่แสดงลักษณะนั้นๆ และสภาพแวดล้อมกลุ่มของยีนย่อยที่ควบคุมลักษณะเหล่านี้คือ polygene สภาพแวดล้อมมีผลอย่างมากต่อการแสดงออกของยีน นอกจากนี้ยีนบางพวกที่แสดงลักษณะข่มการแสดงออกของยีนบนตำแหน่งอื่นๆ ซึ่งการแสดงออกของยีนอื่นๆ ทั้งในทางที่ดีหรือเลวลง จะเรียกว่า ยีนประยุกต์ (modifying gene) มักเป็นกลุ่มของยีนย่อย

การทำงานของยีนแบบต่าง ๆ จะเป็นประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์พืชแต่ละชนิดที่แตกต่างกัน ถ้าหากการทำงานของยีนเป็นแบบผลบวก และแบบข่มไม่สมบูรณ์ จะเป็นประโยชน์ในพืชผสมตัวเอง เพราะพืชสามารถแสดงออกได้สูงสุดเมื่อยีโนไทป์อยู่ในรูปโฮโมไซโกต ที่เหมาะต่อการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์พืชผสมตัวเองเพื่อสร้างสายพันธุ์แท้หรือพันธุ์บริสุทธิ์ ส่วนลักษณะข่มแบบสมบูรณ์นั้นเป็นประโยชน์ทั้งพืชผสมตัวเองและพืชผสมข้าม และลักษณะข่มเกินจะเป็นประโยชน์ในพืชผสมข้ามเป็นส่วนใหญ่

โดยธรรมชาติแล้ว ในพืชผสมตัวเองทุกชนิด (self-pollinated species) ยีนทุกตัว หรือยีนในทุกตำแหน่งจะต้องอยู่ในสภาพโฮโมไซโกตเสมอ และเป็นผลให้พืชแต่ละต้นมีพันธุกรรมที่คงที่อยู่เสมอ

ส่วนในพืชผสมข้าม (cross- pollinated species) นั้น พันธุกรรมของแต่ละต้นจะไม่คงที่ มีการผสมข้าม และการกระจายตัวในทุก ๆ ชั่ว หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งแต่ละต้นมียีโนไทป์ที่แตกต่างกัน และการแสดงออกของยีนแบบข่มไม่สมบูรณ์จะเป็นประโยชน์กับพืชผสมตัวเองมาก เนื่องจากแสดงออกได้สูงเมื่อยีโนไทป์อยู่ในรูปโฮโมไซโกต ซึ่งเหมาะต่อการคัดเลือก และปรับปรุงพันธุ์พืชผสมตัวเองในรูปของพันธุ์แท้ หรือพันธุ์บริสุทธิ์ (pure lines) ในขณะที่ลักษณะข่มแบบสมบูรณ์จะเป็นประโยชน์ได้เท่า ๆ กันในพืชผสมตัวเอง และพืชผสมข้าม และลักษณะข่มเกินจะเป็นประโยชน์เฉพาะพืชผสมข้ามเป็นส่วนใหญ่เท่านั้น ในแง่ของการใช้ความดีเด่นของลูกผสม (heterosis) ในลูกชั่วแรก (F_1) จากการผลิตลูกผสม และกรณีของพืชผสมตัวเองที่สามารถขยายพันธุ์ได้ด้วยท่อนพันธุ์ (vegetative propagation) ซึ่งจะช่วยให้ลักษณะ heterosis นี้คงอยู่ได้ต่อไป

การศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมต่าง ๆ ของพืช ขึ้นอยู่กับลักษณะ หรือบทบาทการทำงานของยีน การที่จะทำให้ทราบถึงบทบาทการทำงานของยีนนั้น สามารถทำได้โดยการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genetic variance) ซึ่งสามารถทำได้ โดยการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของประชากรอย่างน้อย 6 ชั่วรุ่นได้แก่ ประชากร รุ่นแม่พ่อ (P_1, P_2) รุ่นลูกผสมชั่วที่ 1 ชั่วที่ 2 (F_1, F_2) และรุ่นลูกผสมชั่วที่ 1 ผสมกลับไปหาพ่อแม่ (BC_1, BC_2) อีกวิธีหนึ่งคือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่น (generation mean analysis) ซึ่ง มีองค์ประกอบของค่าเฉลี่ยประชากรดังนี้

$$P_1 = AA = m+d \quad (1)$$

$$P_2 = aa = m-d \quad (2)$$

$$F_1 = Aa = m+h \quad (3)$$

$$F_2 = (1/4AA) + (1/2Aa)+(1/4aa) = 1/4(m+d) +1/2(m+h)+1/4(m-d) \quad (4)$$
$$= m+1/2h$$

$$BC_1 = F_1xP_1 = (1/2Aa)+1/2AA) = 1/2(m+h)+1/2(m+d) = m+1/2d+1/2h \quad (5)$$

$$BC_2 = F_1xP_2 = (1/2Aa)+1/2aa) = 1/2(m+h)+1/2(m-d) = m-1/2d+1/2h \quad (6)$$

วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัล (2554) กล่าวว่าในวิธีการประเมินอัตราพันธุกรรม สามารถประเมินผลได้หลายวิธีคือ

(1) วิธีรีเกรสชัน โดยนำข้อมูลจาก 2 ชั่วมาหาค่าสัมประสิทธิ์ของรีเกรสชัน เช่น รีเกรสชันลูกชั่วที่ 2 บนชั่วที่ 1 หรือชั่วที่ 3 บนชั่วที่ 2 เป็นต้น วิธีนี้มีข้อเสียคือ การเก็บข้อมูลมักทำคนละฤดูกัน จึงต้องตั้งสมมุติว่า สภาพแวดล้อมไม่มีสหสัมพันธ์กับพันธุกรรมหรือนักปรับปรุงพันธุ์ อาจต้องผลิตเมล็ดพันธุ์ใหม่แต่ละชั่ว เพื่อให้ได้ทั้งชั่วลูกและพ่อแม่มาปลูกในฤดูเดียวกัน

(2) คำนวณจากองค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรม อาจประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้แผนการผสมแบบต่างๆ นำองค์ประกอบทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม มาทำเป็นตัวตั้งและตัวหาร โดยอาศัยหลักว่า ความผันแปรทั้งหมดที่วัดได้ (phenotypic variance) เกิดจาก 2 ส่วน คือ (1) พันธุกรรม ได้แก่ ยีนที่มีปฏิกิริยาแบบบวกและไม่เป็นแบบบวก (2) สภาพแวดล้อม ซึ่งประกอบด้วยปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อม อิทธิพลของสภาพแวดล้อมและ

ความคลาดเคลื่อนแบบสุ่ม (random error) ภายในแต่ละสภาพแวดล้อม ซึ่งจะใช้หรือไม่ใช้แผนการผสมพันธุ์ก็อาจประเมินองค์ประกอบเหล่านี้ได้เช่นกัน

พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และ ประเสริฐ ฉัตรวชิระวงษ์ (2548) ได้เสนอข้อเปรียบเทียบระหว่างการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่นกับการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ดังนี้

(1) การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่น ใช้ค่าเฉลี่ยในการวิเคราะห์ ซึ่งความผิดพลาดในการประเมินค่าเฉลี่ยจะต่ำกว่าการประเมินความแปรปรวนมาก (เพราะความแปรปรวนเป็นกำลังสองของค่าเฉลี่ย) ซึ่งถ้าพิจารณาทุกตำแหน่งของยีนที่ควบคุมลักษณะหนึ่งแล้ว น่าจะเป็นตัวแสดงองค์ประกอบทางพันธุกรรมได้ดีกว่าความแปรปรวน

(2) ความแปรปรวนทางพันธุกรรม

จรัสศรี นวลศรี (2527) ได้ศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรมบางประการของมะเขือ 4 สายพันธุ์ พบว่า ต้นพ่อแม่ที่ใช้เป็นสายพันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) หรือสายพันธุ์แท้ (inbred line) เมื่อนำมาวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร (generation mean analysis) ทำให้ทราบถึงปฏิกิริยาการทำงานของยีน ที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ตลอดจนใช้วิธีวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสม อัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่างๆ เพื่อเป็นข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป

Hildebrandt (1932) ได้ตรวจสอบสายพันธุ์งาจากแหล่งรวบรวมพันธุ์งาของโลก พบว่าพันธุ์งาจากประเทศต่างๆ มีความแปรปรวนตั้งแต่หนึ่งลักษณะขึ้นไปหรือมากกว่านั้น ซึ่งความแปรปรวนทางพันธุกรรมเป็นค่าที่แสดงว่า พันธุกรรมมีความแปรปรวนมากหรือน้อยเพียงไร แต่อิทธิพลทางพันธุกรรมเป็นผลรวมของอิทธิพลของยีน ซึ่งอาจมีอิทธิพลทางด้านบวกและลบ หรืออาจเป็น 0 ก็ได้ แต่ถ้าวัดเป็นความแปรปรวนแล้ว อิทธิพลของยีนแต่ละตำแหน่งจะถูกยกกำลังสอง ทำให้ทุกค่าเป็นบวก และความแปรปรวนทางพันธุกรรมมีค่ามากกว่า 0 เสมอ

การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่นเป็นการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรม (genetic effect) ซึ่งเป็นคนละวิธีกับการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genetic variance) อาจเรียกว่าเป็นการศึกษาที่เกี่ยวข้องกับค่าเฉลี่ย (mean) ซึ่งเป็น first order statistics แทนที่จะเป็นความแปรปรวน ซึ่งเป็น second order statistics

อารักษ์ ธีรอาพน (2555) ได้ศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผลในลูกผสมระหว่าง แตงไทยกับแตงแคนตาลูป โดยวิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ทั้ง 6 ประชากร จาก 4 คู่ผสม พบปฏิกิริยาของยีนแสดงผลในรูปแบบต่างๆ แปรปรวนไปในแต่ละลักษณะ โดยที่การแสดงผลของยีนแบบบวกมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผลในทั้ง 4 คู่ผสม

สมภพ ฐิตะวสันต์ และมณทินี ธีรารักษ์ (2553) รายงานว่า การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ของถั่วฝักยาวพบว่า อิทธิพลของยีนแบบผลบวกมีบทบาทมากต่อการแสดงออกของลักษณะต่างๆ ของถั่วฝักยาว และแสดงผลชัดเจนในทุกคู่ผสม ในลักษณะวันออกดอก ความยาวฝักสด จำนวนฝักสดต่อต้น และน้ำหนักฝักสด อิทธิพลของยีนแบบข่มมีบทบาทน้อยกว่าอิทธิพลของยีนแบบผลบวก โดยลักษณะที่มีอิทธิพลของยีนแบบข่มปรากฏในทุกคู่ผสม คือจำนวนฝักสดต่อต้น น้ำหนักฝักสด และผลผลิตสดต่อต้น นอกจากนี้การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่

ควบคุมลักษณะของฝักพบว่า การแสดงออกของยีนแบบบวก มีความสำคัญในการควบคุมลักษณะน้ำหนักฝัก การแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่มีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะน้ำหนักฝักส่วนน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบผลบวก และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง แต่ลักษณะความสูงต้น และอายุเก็บเกี่ยวถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบเท่า ๆ กัน

กฤษฎา สัมพันธารักษ์ (2551) กล่าวว่า อัตราพันธุกรรมหรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะ (heritability) ใช้สัญลักษณ์ว่า h^2 หมายถึง ความสามารถของยีนในการแสดงออกของลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนนั้น ๆ ได้มากน้อยเพียงใดในสภาพแวดล้อมที่กำหนด

ไพศาล เหล่าสุวรรณ (2527) กล่าวว่า ลักษณะที่ปรากฏนั้นสามารถถ่ายทอดไปยังลูกหลานในอัตราส่วนเท่าใด คือ มีลูกหลานกี่เปอร์เซ็นต์ที่มีลักษณะเหมือนพ่อ แม่ ลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมต่ำก็แสดงว่ายีนมีอิทธิพลต่อลักษณะนั้นน้อยมาก และความแปรปรวนที่สังเกตได้จะเนื่องจากสภาพแวดล้อมเป็นส่วนใหญ่

วิทยา บัวเจริญ (2527) กล่าวว่า การคัดเลือกพืชจะได้ผลดีถ้าหากความแตกต่างของพืชส่วนใหญ่เป็นผลเนื่องมาจากความแตกต่างทางด้านพันธุกรรม และส่วนน้อยเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม ในทางตรงกันข้าม ถ้าหากความแตกต่างของพืชในกลุ่มส่วนใหญ่มีผลเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม และส่วนน้อยเนื่องจากความแตกต่างทางพันธุกรรม การคัดเลือกจะไม่ได้ผล ดังนั้นอัตราพันธุกรรมจึงเป็นตัวกำหนดความสำเร็จในการปรับปรุงลักษณะนั้นว่า นักปรับปรุงพันธุ์มีโอกาสเพิ่มหรือลดลักษณะนั้นได้มากน้อยเพียงไร อัตราพันธุกรรมมี 2 แบบ คือ

1. Heritability in broad sense (หรือ broad-sense h^2, h_b^2) เป็นอัตราส่วนระหว่างความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งหมดต่อความแปรปรวนที่สังเกตได้ทั้งหมด ซึ่งถ้าทำการทดลองภายใต้สภาพแวดล้อมที่กำหนด

$$h_b^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} \tag{5}$$

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

ค่า σ_P^2 คือความแปรปรวนของลักษณะที่ปรากฏประกอบด้วยความแปรปรวนเนื่องจากจีโนไทป์ σ_G^2 และค่าความแปรปรวนที่เนื่องจากสภาพแวดล้อม σ_E^2

2. Heritability in narrow-sense (นิยมเรียกว่า h_a^2 หรือ h_n^2)

$$h_a^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \tag{6}$$

เมื่อ σ_A^2 คือความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวก

คำนวณจากองค์ประกอบของความแปรปรวนในประชากรที่สม่ำเสมอทางพันธุกรรมและลูกผสมของประชากรนั้น ในประชากรที่มีความสม่ำเสมอทางพันธุกรรมนั้นความแปรปรวนเกิดจากสภาพแวดล้อมทั้งสิ้น แต่ลูกผสมที่ได้มีความแปรปรวนเนื่องจากทั้งทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม เช่น การผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์แท้หรือสายพันธุ์บริสุทธิ์ 2 สายพันธุ์ แล้วสร้างลูกผสมชั่วต่าง ๆ

เช่นเดียวกับการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว ความแปรปรวนที่พบในพ่อ แม่ และลูกชั่วที่ 1 จะเป็นผลมาจากสภาพแวดล้อมทั้งสิ้น แต่ความแปรปรวนในลูกชั่วที่ 2 และลูกผสมกลับไปยังพ่อ หรือแม่จะประกอบไปด้วยสาเหตุจากทั้งพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม ดั้งนั้น การประเมินอัตราพันธุกรรมสามารถวิเคราะห์จากค่า variance ของแม่ (VP_1) พ่อ (VP_2) ลูกผสมชั่วที่ 1 (VF_1) และชั่วที่ 2 (VF_2) และ ลูกผสมกลับไปยังแม่ (VBC_1) หรือพ่อ (VBC_2) (พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และประเสริฐ ฉัตรวชิระวงษ์, 2548) จากรายงานการศึกษาความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของงา พบว่า ผลผลิตต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น และจำนวนเมล็ดต่อฝัก มีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง (Rani and Kumar, 2013) สอดคล้องกับ Parameshwarappa et al. (2009) รายงานว่า ลักษณะที่มีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง คือ ผลผลิตต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความสูง และ วันออกดอก 50%

Gidey et al. (2013) รายงานว่า ลักษณะที่มีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของงาสูงมาก คือ ความสูงของฝักแรก (98.90%) วันออกดอก 50 % (98.80 %) จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น (97.10 %) อายุเก็บเกี่ยว (96.70 %) ปริมาณน้ำมัน (93.70 %) จำนวนเมล็ดต่อฝัก (90.10 %) ความสูง (84.72 %) และผลผลิตต่อต้น (87.81 %) และลักษณะมีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างสูงรองลงมา คือ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด (78.20 %) และความยาวข้อปล้อง (76.30 %) ในส่วนของจำนวนฝักต่อต้นมีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมในแบบกว้างต่ำ คือ 16.10 %

2.3 การปรับปรุงพันธุ์งา

งามีการผสมเกสรก่อนที่กลีบดอกจะบาน ซึ่งเป็นกลไกทำให้งาเป็นพืชผสมตัวเองตามธรรมชาติ (self- pollination) หรืออาจเกิดการผสมข้ามได้ไม่เกิน 5 เปอร์เซ็นต์โดยแมลงและลม หรือเกิดการกลายพันธุ์โดยธรรมชาติ สำหรับการปรับปรุงพันธุ์งาจะเหมือนกับพืชผสมตัวเองทั่วไป ซึ่งจะเน้นการปรับปรุงสายพันธุ์แท้ วิธีการปรับปรุงและคัดเลือกพันธุ์ที่นิยมใช้กันอย่างกว้างขวางในปัจจุบัน คือ การปรับปรุงพันธุ์แบบบันทึกประวัติ (pedigree method) นอกจากนี้ยังใช้วิธีการชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์งาด้วย สมใจ โควสุรัตน์ (2549) ได้สรุปวัตถุประสงค์ในการปรับปรุงพันธุ์งาของประเทศไทยไว้ดังนี้

2.3.1 เป็นงาขาวหรืองาดำที่มีขนาดเมล็ดโต โดยงาขาวควรมีสีเปลือกเมล็ดขาวสะอาด และงาดำควรดำสนิท

2.3.2 เป็นพันธุ์ต้านทานฝักแตก

2.3.3 เป็นพันธุ์ที่มีอายุการเก็บเกี่ยวสั้น ไม่ไวต่อช่วงแสง และมีการเจริญเติบโตแบบไม่ทอดยอด

2.3.4 เป็นพันธุ์ที่มีคุณค่าทางโภชนาการสูง เช่น มีไขมัน แคลเซียม และสารต้านอนุมูลอิสระปริมาณสูง

2.3.5 เป็นพันธุ์ที่ทนแล้ง และเจริญเติบโตเร็ว สามารถขึ้นแข่งกับวัชพืชได้ดี

2.3.6 เป็นพันธุ์ที่ต้านทานต่อโรคและแมลง

สำหรับการศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของงาที่เป็นลักษณะเฉพาะประชากรมีรายละเอียดดังนี้

Zhao (1999) รายงานว่า ความสูงต้น ขนาดฝัก จำนวนฝักต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝัก ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนแบบบวก ส่วนความสูงฝักแรก จำนวนวันเก็บเกี่ยว ผลผลิตต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนทั้งแบบบวกและแบบไม่เป็นผลบวก และให้ข้อเสนอแนะว่า การคัดเลือกพันธุ์งาในกรณีที่มีปฏิกิริยาของยีนแบบเป็นผลบวก ควรคัดเลือก โดยคัดเลือกแบบแยกต้น หรือคัดเลือกในประชากรที่มีการกระจายตัวในชั่วแรก ๆ โดยคัดเลือกพันธุ์ที่มีลักษณะถูกควบคุมด้วยยีนทั้งแบบบวกและแบบไม่เป็นผลบวก นอกจากนี้ Krishna Devi et al. (2002) ให้ข้อชี้แนะว่า วิธีการปรับปรุงพันธุ์งาในลักษณะปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบผลบวก ควรใช้วิธีการคัดเลือกพันธุ์บริสุทธิ์ และลักษณะปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบไม่เป็นผลบวกควรใช้วิธีการคัดเลือกในชั่วหลัง ๆ เพื่อทำให้ยีนมีความคงตัวมากขึ้น

Solanki and Gupta (2001) รายงานว่าจำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนแบบบวก ส่วนจำนวนวันเก็บเกี่ยว และความสูงต้นถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบไม่เป็นผลบวก

Krishna Devi et al. (2003) รายงานว่า ลักษณะจำนวนดอกต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝัก จำนวนเมล็ดทั้งหมดต่อต้น จำนวนเมล็ดดีต่อต้นถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก ลักษณะผลผลิตต่อต้นถูกควบคุมด้วยยีนแบบไม่เป็นผลบวก

โสภิตา ฉัตรเจริญทอง (2545) รายงานว่า ลักษณะจำนวนวันดอกแรกบาน ความสูงฝักแรก ความสูงต้น จำนวนกิ่งต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนข้อต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด และผลผลิตต่อพื้นที่ถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบบวก ส่วนลักษณะจำนวนวันเก็บเกี่ยว ถูกควบคุมด้วยยีนแบบไม่เป็นผลบวก นอกจากนี้ Yamanura et al. (2008) รายงานว่า จำนวนกิ่งต่อต้น จำนวนวันดอกแรกบาน และจำนวนฝักต่อต้น ถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก ส่วนลักษณะความสูงต้น ความยาวฝัก จำนวนเมล็ดต่อฝัก จำนวนวันเก็บเกี่ยว น้ำหนัก 1,000 เมล็ด ผลผลิตต่อต้น และปริมาณน้ำมัน ถูกควบคุมด้วยยีนแบบไม่เป็นผลบวก

Vijayaran et al. (2007) รายงานว่า จำนวนวันเก็บเกี่ยว ความสูงต้น จำนวนกิ่งต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น ความยาวฝัก น้ำหนัก 1,000 เมล็ด ผลผลิตเมล็ดต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลการทำงานของยีนทั้งแบบบวก แบบไม่เป็นผลบวก และปฏิกิริยาสัมพันธ์ยีนต่างตำแหน่งแบบข่มกับแบบข่ม ดังนั้นการคัดเลือกพันธุ์งาควรทำในชั่วหลัง ๆ

Sharmila et al. (2007) รายงานว่า จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลแบบข่ม และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง ส่วนความสูง และผลผลิตต่อต้นควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบ คือ อิทธิพลของยีนแบบผลบวก แบบข่ม และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง โดยบทบาทส่วนใหญ่จะเป็นปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง แบบข่มร่วมกับแบบข่ม ในขณะที่อายุเก็บเกี่ยว จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบเท่า ๆ กัน

Yamanura et al. (2009) รายงานว่า ลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบบวก ส่วนความสูง จำนวนวันดอกแรกบาน จำนวนวันเก็บเกี่ยว จำนวนฝักต่อต้น ความยาวฝัก

ผลผลิตต่อต้น ผลผลิตต่อพื้นที่ และปริมาณน้ำมัน ถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบไม่เป็นผลบวก นอกจากนี้ Praveenkumar et al. (2012) ความสูงต้น จำนวนวันดอกแรกบาน จำนวนวันเก็บเกี่ยว ถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบบวก ส่วนลักษณะจำนวนเมล็ดต่อฝัก น้ำหนัก 1,000 เมล็ด จำนวนฝักต่อต้น ความยาวฝัก และปริมาณน้ำมัน ถูกควบคุมด้วยยีนที่ไม่เป็นผลบวก

Sundari et al. (2012) รายงานว่า ความสูงกิ่งแรก กิ่งที่สองถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก และแบบไม่เป็นผลบวก และแบบข่มข้ามคู่ จำนวนฝักต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝักถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก และแบบข่มข้ามคู่ ส่วนความยาวฝักถูกควบคุมด้วยยีนแบบข่มข้ามคู่ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด และผลผลิตต่อต้น ถูกควบควบคุมด้วยยีนแบบบวก และแบบไม่เป็นผลบวก

Sundari et al. (2012) รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะจำนวนฝักต่อต้นของงา ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบข่ม และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งเป็นส่วนใหญ่ ในขณะที่จำนวนกิ่งแขนงหลัก น้ำหนัก 1,000 เมล็ด และผลผลิตต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบผลบวก และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งเป็นส่วนใหญ่ และการถ่ายทอดลักษณะความสูง และจำนวนเมล็ดต่อฝักของงา ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบเท่า ๆ กัน

บทที่ 3
วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 สถานที่ดำเนินงานวิจัย

ทำการทดลอง ณ สำนักงานไร่ฝึกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี

3.2 ระยะเวลาการทำวิจัย

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

3.3 วิธีการดำเนินงานวิจัย

3.3.1 ขั้นตอนที่ 1 การสร้างเมล็ดพันธุ์งาลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1)

ปลูกงา 3 สายพันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ KU 18, A30-15 และ WL 9 หลังจากนั้นทำการผสมข้ามสายพันธุ์งาเพื่อสร้างเมล็ดลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1 seeds) โดยวิธีผสมแบบพบกันหมดแบบไม่มีการผสมสลับพ่อแม่ (half diallel cross) ทำทั้งหมด 3 คู่ผสม ได้แก่ KU18 x A30-15, KU18 x WL9, A30-15 x WL9 สำหรับวิธีการผสมงาเลียนแบบธรรมชาติมีขั้นตอนดังนี้

3.3.1.1 เตรียมดอกตัวเมียและดอกตัวผู้: หลังจากปลูกงาได้ 30-35 วัน งาจะเริ่มออกดอก ให้เตรียมดอกตัวเมียในช่วงบ่ายระหว่าง 14:00-16:00 นาฬิกา โดยเลือกดอกตูมที่พร้อมจะบานในวันรุ่งขึ้น แล้วทำหมันด้วยวิธีดึงกลีบดอกออกจากฐานรองดอกเกสรตัวผู้จะติดออกมาแล้วใช้หลอดพลาสติก (หลอดกาแฟ) ที่ใส่สำลีไว้ปลายหลอดมาครอบเพื่อป้องกันการผสมโดยลมและแมลง และให้เตรียมดอกตัวผู้ ในวันเดียวกับที่เตรียมดอกตัวเมีย โดยเลือกดอกตัวผู้ที่มีขนาดเดียวกันกับดอกตัวเมียจากต้นที่ใช้เป็นสายพันธุ์พ่อ แล้วเก็บไว้ในจานที่มีฝาปิดพร้อมเขียนชื่อสายพันธุ์

3.3.1.2 การผสมพันธุ์: การผสมให้ดำเนินการในตอนเช้าของวันรุ่งขึ้นในช่วง 6:00-9:00 นาฬิกา โดยถอดหลอดพลาสติกที่ครอบดอกตัวเมียออก แล้วนำเอาละอองเกสรตัวผู้ที่เตรียมไว้มาแตะบริเวณปลายของดอกตัวเมีย และครอบหลอดไว้เหมือนเดิม พร้อมทั้งเขียนป้ายคู่ผสมและวันที่ทำการผสม และคล้องไว้ที่ดอกตัวเมียเพื่อบ่งบอกว่าดอกนี้ได้ทำการผสมเสร็จแล้ว

3.3.1.3 ตรวจสอบการผสมติด: หลังจากผสมประมาน 3 วันให้ทำการตรวจสอบการผสมติด โดยสังเกตการพัฒนาของดอกตัวเมีย หากดอกตัวเมียมีการเจริญเติบโตแสดงว่าผสมติด แล้วให้ถอดหลอดที่ครอบไว้ออก เพื่อให้ฝักเจริญเติบโตต่อไป แต่หากดอกตัวเมียเหี่ยวแห้งไม่มีการพัฒนาเป็นฝักแสดงว่าผสมไม่ติด (กัญญา แสงสุขศรี, 2543)

3.3.2 ขั้นตอนที่ 2 การสร้างลูกผสมกลับและลูกชั่วที่ 2 (F_2)

นำเมล็ด F_1 สายพันธุ์แม่ (P_1) และ สายพันธุ์พ่อ (P_2) มาปลูก เพื่อสร้างลูกผสม F_1 BC_1 และ BC_2 (เป็นลูกผสมระหว่าง F_1 กับ P_1 และ P_2 โดยให้ P_1 และ P_2 เป็นพันธุ์แม่ ให้ F_1 เป็นพันธุ์พ่อ) โดยให้ทำการผสมเกสรครบทุกคู่ผสม ผสมตัวเองบนต้น F_1 ได้เมล็ด F_2 ดังนั้นประชากรที่สร้างจึงประกอบด้วย P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 และ BC_2

3.3.3 ขั้นตอนที่ 3 การประเมินผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต

นำเมล็ดงาทั้ง 3 คู่ผสม โดยประชากรในแต่ละคู่ผสมประกอบด้วย 6 ชั่ว คือ P_1, P_2, F_1, F_2 BC_1 และ BC_2 นำมาปลูกในช่วงปลายเดือนตุลาคม 2556 ถึง กุมภาพันธ์ 2557 ในบริเวณแปลงทดลอง ณ สำนักงานไร่ฝึกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราธานี จังหวัดอุบลราชธานี ปลูกทดสอบโดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCBD) ทำ 3 ซ้ำ ปลูกแบบโรยเป็นแถว ให้แถวแต่ละแถวยาว 2 เมตร มีระยะห่างระหว่างแถว 50 เซนติเมตร ให้ปลูกเมล็ดชั่วที่ P_1, P_2 และ F_1 ชั่วละ 2 แถว ปลูก F_2 12 แถว ปลูก BC_1 และ BC_2 ชั่วละ 6 แถว และทำการถอนแยกให้เหลือระยะระหว่างต้น 10 เซนติเมตร ระหว่างที่งาเจริญเติบโตมีการปฏิบัติดูแลรักษาโดยการฉีดพ่นสารเคมีป้องกันและกำจัดโรคและแมลงศัตรูพืชตามความจำเป็น

3.3.4 ขั้นตอนที่ 4 การบันทึกข้อมูล

การบันทึกข้อมูลลักษณะต่างๆ จะสุ่มตัวอย่างจากแต่ละชั่วรุ่น ดังนี้

พันธุ์แม่ (P_1)	สุ่มตัวอย่าง 10 ต้น
พันธุ์พ่อ (P_2)	สุ่มตัวอย่าง 10 ต้น
พันธุ์ลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1)	สุ่มตัวอย่าง 10 ต้น
พันธุ์ลูกผสมชั่วที่ 2 (F_2)	สุ่มตัวอย่าง 50 ต้น
ลูกผสมกลับแม่ (BC_1)	สุ่มตัวอย่าง 30 ต้น
ลูกผสมกลับพ่อ (BC_2)	สุ่มตัวอย่าง 30 ต้น

และเว้นต้นที่อยู่หัวและท้ายแถว ซึ่งลักษณะที่บันทึกข้อมูลมีดังต่อไปนี้

3.3.4.1 ความสูงฝักแรก คือ วัดจากโคนต้นเหนือดินจนถึงบริเวณที่ติดฝักแรก มีหน่วยเป็นเซนติเมตร

3.3.4.2 ความสูงลำต้น คือ วัดลำต้นหลักโดยวัดจากโคนต้นเหนือดินจนถึงปลายยอดของลำต้นในช่วงเก็บเกี่ยวผลผลิต มีหน่วยเป็น เซนติเมตร

3.3.4.3 ความยาวข้อปล้อง คือ วัดจาก 3 ข้อปล้องแรก มีหน่วยเป็น เซนติเมตร

3.3.4.4 จำนวนกิ่งหลักต่อต้น คือ นับจำนวนกิ่งที่แตกออกจากลำต้นหลักที่ติดฝัก

3.3.4.5 จำนวนฝักต่อต้น คือ นับจำนวนฝักต่อต้น

3.3.4.6 น้ำหนัก 1,000 เมล็ด คือ สุ่มนับเมล็ดงาแห้งแต่ละต้น จำนวน 1,000 เมล็ด ชั่งด้วยเครื่องชั่ง 2 ตำแหน่ง มีหน่วยเป็น กรัม

3.3.5 ขั้นตอนที่ 5 การวิเคราะห์ข้อมูล

3.3.5.1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่น (generation mean analysis) นำข้อมูลของแต่ละลักษณะของแต่ละชั่วมาหาค่าเฉลี่ย และความแปรปรวนของค่าเฉลี่ย เพื่อนำไปวิเคราะห์หาอิทธิพลของยีนแบบต่างๆ ที่ควบคุมการถ่ายทอดลักษณะ additive-dominance model หรือ non-allelic interaction model โดยวิธี scaling test ซึ่งเสนอโดย Mather and Jinks (1982) การทดสอบ scaling test โดยตั้งสมมุติฐานว่าการกระทำของยีนเป็นแบบบวก (additive) กับแบบข่ม (dominance) โดยไม่มีการข่มข้ามคู่ (epistasis) และไม่มี linkage จะทำให้ค่า A, B และ C

มีค่าเท่ากับ 0 ซึ่งการทดสอบทั้ง 3 นี้ จะใช้การทดสอบ t (t-test) โดยคำนวณจากความแปรปรวน (variance) และ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard error, SE) ของค่า A, B และ C (วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัล, 2554) ค่าความแปรปรวนของแต่ละประชากร คำนวณได้จากสมการของ Mather's formulae คือ

$$A = 2\overline{BC_1} - \overline{P_1} - \overline{F_1} \qquad V_A = 4V\overline{BC_1} + V\overline{P_1} + \overline{VF_1} \quad (7)$$

$$B = 2\overline{BC_2} - \overline{P_2} - \overline{F_1} \qquad V_B = 4V\overline{BC_2} + \overline{VP_2} + \overline{VF_1} \quad (8)$$

$$C = 4\overline{F_2} - 2\overline{F_1} - \overline{P_1} - \overline{P_2} \qquad V_C = 16V\overline{F_2} + 4V\overline{F_1} + V\overline{P_1} + V\overline{P_2} \quad (9)$$

เมื่อพบว่าค่า scaling A, B และ C ไม่แตกต่างจาก 0 แล้ว แสดงว่าโมเดลบทบาทของพันธุกรรมแบบ additive-dominance ก็เพียงพอที่จะใช้ในการประมาณค่าอิทธิพลของยีนต่างๆ ถ้าค่า scaling A, B และ C ค่าใดค่าหนึ่งแตกต่างไปจาก 0 แสดงว่าโมเดลบทบาทของพันธุกรรมแบบ additive-dominance ยังไม่เพียงพอที่จะใช้ในการประมาณค่าอิทธิพลของยีนต่างๆ และจำเป็นต้องเพิ่มการประมาณค่าองค์ประกอบของปฏิกิริยาของยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งกัน (non-allelic interaction) วิเคราะห์โดยใช้ non-allelic interaction model มีวิธีการวิเคราะห์หาอิทธิพลทางพันธุกรรมดังนี้

$$[m] = (1/2)\overline{P_1} + (1/2)\overline{P_2} + 4\overline{F_2} - 2\overline{BCp_1} - 2\overline{BCp_2} \quad (10)$$

$$[d] = (1/2)\overline{P_1} - (1/2)\overline{P_2} \quad (11)$$

$$[h] = 6\overline{BCp_1} + 6\overline{BCp_2} - 8\overline{F_2} - \overline{F_1} - (3/2)\overline{P_1} - (3/2)\overline{P_2} \quad (12)$$

$$[i] = 2\overline{BCp_1} + 2\overline{BCp_2} - 4\overline{F_2} \quad (13)$$

$$[j] = 2\overline{BCp_1} - \overline{P_1} - 2\overline{BCp_2} + \overline{P_2} \quad (14)$$

$$[l] = \overline{P_1} + \overline{P_2} + 2\overline{F_1} + 4\overline{F_2} - 4\overline{BCp_1} - 4\overline{BCp_2} \quad (15)$$

เมื่อ [m] คือ ค่าเฉลี่ยกึ่งกลางระหว่างพันธุ์พ่อและแม่
[d] คือ อิทธิพลของยีนแบบผลบวก
[h] คือ อิทธิพลของยีนแบบข่ม
[i] คือ ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวก
[j] คือ ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบข่ม
[l] คือ ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม

โดยที่ $\overline{P_1}$, $\overline{P_2}$, $\overline{F_1}$, $\overline{F_2}$, $\overline{BC_1}$ และ $\overline{BC_2}$ เป็นค่าเฉลี่ยของลักษณะ ในประชากรชั่วต่างๆ และความแปรปรวนของยีนของแต่ละประชากร ดังนี้

$$V_{[m]} = (1/4)V\overline{P_1} + (1/4)V\overline{P_2} + 16V\overline{F_2} + 4V\overline{BC_1} + 4V\overline{BC_2} \quad (16)$$

$$V_{[d]} = (1/4)V\overline{P_1} + (1/4)V\overline{P_2} \quad (17)$$

$$V_{[h]} = 36V\overline{BC_1} + 36V\overline{BC_2} + 64V\overline{F_2} + V\overline{F_1} + (9/4)V\overline{P_1} + (9/4)V\overline{P_2} \quad (18)$$

$$V_{[i]} = 4V\overline{BC_1} + 4V\overline{BC_2} + 16V\overline{F_2} \quad (19)$$

$$V_{[j]} = 4V\overline{BC_1} + V\overline{P_1} + 4V\overline{BC_2} + V\overline{P_2} \quad (20)$$

$$V_{[l]} = \overline{VP_1} + V\overline{P_2} + 4V\overline{F_1} + 16V\overline{F_2} + 16V\overline{BC_1} + 16V\overline{BC_2} \quad (21)$$

เมื่อได้ค่า genetic effect แบบต่างๆ แล้ว นำมาทดสอบนัยสำคัญทางสถิติ โดยใช้ t-test โดย

T = X/Sx

เมื่อ X = อิทธิพลของยีนที่ประเมินได้

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

Df = $(n_1 - 1) + (n_2 - 1) + \ldots + (n_6 - 1)$

เมื่อ n_1 ถึง n_6 คือ จำนวนต้นงาของประชากรชั่วต่าง ๆ ที่ใช้หาค่าอิทธิพลของยีน (ไพศาล, 2527) เช่น การทดสอบนัยสำคัญของอิทธิพลของยีนแบบผลบวก [d] ทดสอบ โดยใช้ Sd เป็น variance ของค่าเฉลี่ยของ P_1 และ P_2 ตามลำดับ ซึ่งได้จากการยกกำลังสองของค่า d ในสูตร โดยที่ VP_1 และ VP_2 เป็น variance ของค่าเฉลี่ย P_1 และ P_2 ที่ได้มาจากตารางวิเคราะห์ความแปรปรวนดังต่อไปนี้

ตารางที่ 1 การวิเคราะห์ความแปรปรวน

Sources of Variation	Degree of freedom	Mean Squares	EMS
Generations	g-1		$\sigma^2+n_0A\sigma^2_p+pn\sigma^2G$
Plots/Generations	Σq_i-1		$\sigma^2+n_0B\sigma^2_p$
Plants/ Plots/Generations	$\Sigma(p_i-q_i)$		σ^2
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	

ข้อมูลท้องถิ่น ขก 10900

เมื่อ g คือ จำนวนชั่วรุ่น
qi คือ จำนวนแปลงย่อยในแต่ละชั่วรุ่น
Pi คือ จำนวนต้นในแต่ละชั่วรุ่น
Ms_1 Ms_2 ..., Ms_6 คือค่า mean square หรือค่าความแปรปรวนระหว่างต้นภายในชั่วรุ่นทั้ง 6
การหาค่า sum square (ss) สามารถหาได้ดังนี้
(1) Total ss = $\sum$ (ค่าสังเกตจากแต่ละต้น)^2 – CF
เมื่อ CF = (ผลรวมของข้อมูลทั้งหมด)^2/จำนวนข้อมูลทั้งหมด
(2) Generations ss = [(ผลรวมของ P_1)^2/ (จำนวนข้อมูล P_1) + (ผลรวมของ P_2)^2/ (จำนวนข้อมูล P_2) +...+ (ผลรวมของ BC_2)^2/จำนวนข้อมูล BC_2] - CF
(3) Plots/ Generations ss = (ผลรวมของ $Plot_1$ ของ P_1)^2/จำนวนข้อมูลของ $Plot_1$ ของ P_1+ (ผลรวมของ $Plot_2$ ของ P_1)^2/จำนวนข้อมูลของ $Plot_2$ ของ P_1 + (ผลรวมของ $Plot_1$ ของ P_2)^2/จำนวนข้อมูลของ $Plot_1$ ของ P_2 +...+ (ผลรวมของ $Plot_{12}$ ของ BC_2)^2/จำนวนข้อมูลของ $Plot_{12}$ ของ BC_{12} - CF
(4) Plants/ Plots/ Generations ss = Total ss- Gene ss-Plots ss/ Gene ss
(รัตนา สันทัดพานิช, 2530)

3.3.5.2 อัตราพันธุกรรม หรือความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม โดยใช้ค่า variance ของ P_1, P_2 และ F_2 ตามวิธีของ Mahmud and Kramer (1951) ซึ่งสามารถหาได้ดังนี้

$$h^2 = \frac{VF_2 - \sqrt{(VP_1)(VP_2)}}{VF_2} \times 100 \qquad (22)$$

บทที่ 4
ผลการทดลอง และวิจารณ์

การศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา โดยใช้พันธุ์งา 3 สายพันธุ์ คือ พันธุ์ KU18, A30-15 และ WL9 โดยทำการผสมพันธุ์แบบพบกันหมด แล้วหาค่าเฉลี่ยประชากรทั้ง 6 ชั่วรุ่น เพื่อวิเคราะห์การทำงานของยีนในลักษณะต่าง ๆ ทั้ง 3 คู่ผสม ซึ่งมีผลการทดลองดังนี้

4.1 ปฏิกิริยาการทำงานของยีน

จากผลการวิเคราะห์ข้อมูลที่บันทึกทั้ง 6 ลักษณะ ได้แก่ ความสูงฝักแรก ความสูงต้น ความยาวข้อปล้อง จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 ของงาทั้ง 3 คู่ผสม คือ KU18 x A30-15, KU18 x WL9 และ A30-15 x WL9 พบว่า ลักษณะที่ศึกษาทุกลักษณะแสดงปฏิกิริยาการทำงานของยีนแตกต่างกันในทุกคู่ผสม เนื่องจากอิทธิพลของพันธุกรรม (genotype) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ที่แสดงถึงอิทธิพลการทำงานของยีนในแต่ละคู่ผสม ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

4.1.1 ความสูงฝักแรก

จากผลการวิเคราะห์ ลักษณะความสูงฝักแรก พบว่า ปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive gene มีอิทธิพลในการควบคุมความสูงฝักแรกอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเพียงคู่ผสม KU18 x A30-15 แต่การทำงานแบบ dominance gene และ epistasis ทั้ง 3 แบบคือ additive x additive additive x dominance และ dominance x dominance แสดงอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญ 2 คู่ผสม ยกเว้นคู่ผสม A30-15xWL9 ที่ไม่แสดงอิทธิพลแบบ dominance x dominance ซึ่ง สอดคล้องกับ Zhao (1999) ที่รายงานว่า ความสูงฝักแรก จำนวนวันเก็บเกี่ยว ผลผลิตต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนทั้ง additive gene และแบบ non-additive gene และ ให้ข้อเสนอแนะว่า การคัดเลือกพันธุ์งาในกรณีที่มีปฏิกิริยาของยีนแบบ additive gene ควรคัดเลือกด้วยวิธีแบบแยกต้น หรือคัดเลือกในประชากรที่มีการกระจายตัวในชั่วแรก ๆ โดยคัดเลือกพันธุ์ที่มีลักษณะถูกควบคุมด้วยยีนทั้งแบบ additive gene และ non-additive gene นอกจากนี้ Krishna Devi et al. (2002) ได้กล่าวว่า วิธีการปรับปรุงพันธุ์งาในลักษณะปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive gene ควรใช้วิธีการคัดเลือกพันธุ์บริสุทธิ์ และลักษณะปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ non-additive gene ควรใช้วิธีการคัดเลือกในชั่วหลัง ๆ เพื่อทำให้ยีนมีความคงตัวมากขึ้น (ตารางที่ 2)

4.1.2 ความสูงต้น

จากการศึกษาลักษณะความสูงต้นพบว่า ปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive gene, dominance gene และ epistasis มีอิทธิพลในการควบคุมความสูงต้นทั้ง 3 คู่ผสม อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ แต่การทำงานของยีน dominance gene และ additive x additiveนั้นแสดงอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญบางคู่ผสม ยกเว้นคู่ผสม KU18 x WL9 ซึ่งไม่มีความแตกต่างทางด้านสถิติ และสอดคล้องกับการรายงานของ Praveenkumar et al. (2012) ที่รายงานว่า ความสูงต้น

จำนวนวันดอกแรกบาน จำนวนวันเก็บเกี่ยว ถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบบวก ส่วนลักษณะจำนวนเมล็ดต่อฝัก น้ำหนัก 1,000 เมล็ด จำนวนฝักต่อต้น ความยาวฝัก และปริมาณน้ำมัน ถูกควบคุมด้วยยีนแบบ non-additive (ตารางที่ 2)

4.1.3 ความยาวข้อปล้อง

จากการศึกษาลักษณะความยาวข้อปล้อง พบว่า ปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive gene และ additive x additive มีอิทธิพลในการควบคุมความยาวข้อปล้อง อย่างมีนัยสำคัญยิ่งใน 2 คู่ผสม คือ KU18 x A30-15 และ KU18 x WL ยกเว้นคู่ผสม A30-15 x WL9 ส่วนการทำงานของยีนแบบ dominance gene และ dominance x dominance ไม่แสดงอิทธิพลต่อลักษณะความยาวข้อปล้องทั้ง 3 คู่ผสม (ตารางที่ 2)

4.1.4 จำนวนกิ่งหลักต่อต้น

จากการศึกษา ลักษณะจำนวนกิ่งต่อต้น พบว่า ปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive gene มีอิทธิพลในการควบคุมจำนวนกิ่งหลักต่อต้นเพียง 1 คู่ผสมเท่านั้น คือ KU18 x A30-15 ส่วนการทำงานของยีนแบบ dominance gene นั้นแสดงอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญ ใน 2 คู่ผสม คือ KU18 x A30-15 และ A30-15 x WL9 ยกเว้นคู่ผสม KU18 x WL9 สำหรับปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) มีความสำคัญทั้ง แบบ additive x additive, additive x dominance และ dominance x dominance ในบางคู่ผสม คือ ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบ additive x additive มีความสำคัญ ในคู่ผสม A30-15 x WL9 ส่วนปฏิกิริยาของยีนแบบ additive x dominance มีความสำคัญทั้ง 2 คู่ผสม คือ KU18 x A30-15 และ A30-15 x WL9 ยกเว้นคู่ผสม KU18 x WL9 ที่แสดงปฏิกิริยาการทำงานของยีนเป็นแบบ additive-dominance model ของปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งทั้ง 3 แบบ แต่ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบ dominance x dominance มีนัยสำคัญเพียงคู่ผสม A30-15 x WL9 และเป็นไปตามที่ Sharmila et al. (2007) ได้รายงานว่า จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลแบบ dominance gene มากกว่า แบบ additive gene และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง ส่วนความสูง และผลผลิตต่อต้นควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบ additive gene, dominance gene และ epistasis โดยบทบาทส่วนใหญ่จะเป็นปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง แบบข่มร่วมกับแบบข่ม ในขณะที่อายุเก็บเกี่ยว จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้งสามแบบเท่า ๆ กัน (ตารางที่ 2)

4.1.5 จำนวนฝักต่อต้น

จากการวิเคราะห์ ลักษณะจำนวนฝักต่อต้นพบว่า ปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive gene ไม่มีอิทธิพลในการควบคุมจำนวนฝักต่อต้นอย่างมีนัยสำคัญทางด้านสถิติ ทั้ง 3 คู่ผสม และการทำงานของยีนแบบ dominance gene แสดงอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญ เพียงคู่ผสม A30-15 x WL9 เท่านั้น สำหรับปฏิกิริยาของยีนแบบ epistasis มีนัยสำคัญทั้ง แบบ additive x additive, additive x dominance และ dominance x dominance ในบางคู่ผสมคือ ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบ additive x additive มีความสำคัญ ในคู่ผสม A30-15 x WL9 ส่วนปฏิกิริยาของยีนแบบ additive x dominance มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ทั้ง 3 คู่ผสม และปฏิกิริยาของยีนแบบ

dominance x dominance มีความสำคัญใน 2 คู่ผสม คือ KU18 x A30-15 และ A30-15 x WL9 ซึ่งสอดคล้องกับ Sundari et al. (2012) ที่รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะจำนวนฝักต่อต้นของงา ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene และ epistasis เป็นส่วนใหญ่ และ Yamanura et al. (2009) รายงานว่า จำนวนฝักต่อต้น ความยาวฝัก ผลผลิตต่อต้น ผลผลิตต่อพื้นที่ และปริมาณน้ำมัน ถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบ non-additive นอกจากนี้ Praveenkumar et al. (2012) ได้กล่าวว่า จำนวนฝักต่อต้น ความยาวฝัก และปริมาณน้ำมัน ถูกควบคุมด้วยยีนแบบ non-additive เช่นกัน (ตารางที่ 2)

4.1.6 น้ำหนัก 1,000 เมล็ด

จากการวิเคราะห์ข้อมูล ลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ด พบว่า ปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive gene ไม่มีความแตกต่างทางด้านสถิติ ทั้ง 3 คู่ผสม ส่วนการทำงานของยีนแบบ dominance gene นั้นแสดงอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญ เพียงคู่ผสม KU18 x WL9 เท่านั้น สำหรับปฏิกิริยาของยีนแบบ epistasis มีความแตกต่างทางด้านสถิติ อย่างมีนัยสำคัญทั้ง แบบ additive x additive, additive x dominance และ dominance x dominance ในบางคู่ผสม คือ ปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบ additive x additive และ additive x dominance มีความสำคัญ 2 คู่ผสม คือ KU18 x A30-15 และ KU18 x WL9 ยกเว้นคู่ผสม A30-15 x WL9 ที่แสดงปฏิกิริยาการทำงานของยีนแบบ additive-dominance model ของปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งทั้ง 3 แบบ ซึ่ง Sundari et al. (2012) รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด และผลผลิตต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene และ epistasis เป็นส่วนใหญ่ และการถ่ายทอดลักษณะความสูงต้น และจำนวนเมล็ดต่อฝักของงา ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนทั้ง 3 แบบเท่าๆ กัน (ตารางที่ 2)

ตารางที่ 2 ปฏิกิริยาของยีนแบบต่าง ๆ ที่ควบคุมความสูงฝักแรก ความสูงต้น ความยาวข้อปล้อง จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ของงา 3 คู่ผสม

Character	Cross	Gene effect					
		m	d	h	i	j	l
First pod height	KU18xA30-15	24.79±4.46**	-1.97±0.76*	31.93±11.50**	12.34±4.39**	-52.12±3.42**	8.54±7.82**
	KU18xWL9	18.24±6.309**	-0.88±0.806	43.54±20.27**	17.80±6.25**	-57.41±4.32**	-17.43±29.42**
	A30-15xWL9	42.98±4.67**	1.07±3.41	-1.68±13.51*	-4.96±3.2**	-78.91±7.31**	-1.41±9.25
Plant height	KU18xA30-15	54.76±6.72**	3.54±1.30**	70.70±16.78**	26.42±6.59**	-192.11±4.91**	- 26.51±11.18**
	KU18xWL9	78.1±6.39**	9.25±1.43**	15.38±16.28	- 2.62±6.23	- 122.78±5.01**	- 93.09±4.60**
	A30-15xWL9	122.44±3.4**	5.61±1.82**	1305.50±10.17**	- 50.6±2.87**	- 93.09±4.60**	160.39±7.15**
internode length	KU18xA30-15	6.34±0.41**	-0.37±0.10**	-1.18±11.28	-1.22±0.39**	-10.75±0.35**	0.95±0.71
	KU18xWL9	4.87±0.52**	5.97±0.11**	1.68±1.42	1.1±0.51*	-11.68±0.46**	-0.88±0.94
	A30-15xWL9	5.92±0.39**	-0.18±0.11	-0.04±1.04	-0.24±0.37	-10.76±0.35**	-0.48±0.71
Number of primary branches per plant	KU18xA30-15	1.13±0.504*	- 0.27±0.12*	2.29±1.27*	0.70±0.47	-3.44±0.41**	-1.42±0.88
	KU18xWL9	1.41±6.12	- 0.13±0.57	1.15±14.66	additive-dominance model	additive-dominance model	additive-dominance model
	A30-15xWL9	- 0.71±0.51	0.13±0.12	7.40±1.42**	2.68±0.501**	- 10.76±0.47**	- 3.63±0.85**

ตารางที่ 1 ปฏิกิริยาของยีนแบบต่าง ๆ ที่ควบคุมความสูงฝักแรก ความสูงต้น ความยาวข้อปล้อง จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ของงา 3 คู่ผสม (ต่อ)

Character	Gene effect						
	Cross	m	d	h	i	j	l
Number of pods per plant	KU18xA30-15	23.14±4.23**	- 1±1.40	10.98±11.08	- 0.04±3.99	- 45.68±3.78**	24.8±8.93**
	KU18xWL9	15.34±5.01**	0.33±1.09	17.38±13.54	6.42±4.89	- 19.47±4.41**	- 7.43±9.24
	A30-15xWL9	20.95±5.70**	1.33±1.42	109.79±16.64**	43.72±5.52**	37.53±5.69**	48.81±13.15**
1,000 seeds weight	KU18xA30-15	3.96±0.55**	0.125±0.10	1.42±1.30	0.92±0.53*	- 6.03±0.36**	0.63±0.78
	KU18xWL9	-10.49±0.58**	- 0.12±0.22	41.81±1.39**	13.52±0.53**	- 19.18±0.51**	- 28.74±0.87**
	A30-15xWL9	3.13±0.54**	0.005±0.22	0.20±1.32	additive-dominance model	additive-dominance model	additive-dominance model

m = mean, d = additive, h = dominance, i = additive x additive, j = additive x dominance, l = dominance x dominance

* significance at 5 % level of probability

* * significance at 1 % level of probability

4.2 อัตราพันธุกรรม

การวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ของงาทั้ง 3 คู่ผสม คือ KU18 x A30-15, KU18 x WL9 และ A30-15 x WL9 พบอัตราพันธุกรรมของลักษณะความสูงฝักแรก มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 23.75 – 81.91 และคู่ผสม KU18 x WL9 ที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงเท่ากับ 81.91 รองมาคือลักษณะความสูงต้น มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 50.55 – 59.07 และลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้น ซึ่ง มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำในทุกคู่ผสม อยู่ในช่วงร้อยละ 18.35 – 53.58 ส่วนลักษณะจำนวนฝักต่อต้น, ความยาวข้อปล้อง และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด มีอัตราพันธุกรรมต่ำในช่วงร้อยละ 17.20, 11.22 – 12.51 และ 0.00 ตามลำดับ ซึ่งตรงข้ามกับ Gidey et al. (2013) ที่ได้ศึกษา และรายงานว่า ลักษณะที่มีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง สูงมาก คือ ความสูงของฝักแรก (98.90%) วันออกดอก 50 % (98.80 %) จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น (97.10 %) อายุเก็บเกี่ยว (96.70 %) ปริมาณน้ำมัน (93.70 %) จำนวนเมล็ดต่อฝัก (90.10 %) ความสูง (84.72 %) และผลผลิตต่อต้น (87.81 %) และลักษณะที่มีความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมในแนวกว้างสูงรองลงมา คือ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด (78.20 %) และความยาวข้อปล้อง (76.30 %) ในส่วนของจำนวนฝักต่อต้นมีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมในแนวกว้างต่ำ คือ 16.10 % และสอดคล้องกับ Parameshwarappa et al. (2009) ที่รายงานว่า ลักษณะที่มีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง คือ จำนวนฝักต่อต้น จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความสูงต้น และ วันออกดอก 50% ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมดังกล่าวสามารถนำมาใช้เป็นหลักในการคัดเลือกพันธุ์ให้เหมาะสม เช่น ถ้าค่าอัตราพันธุกรรมสูงก็อาจใช้วิธีคัดเลือกได้ง่าย แต่ถ้าค่าอัตราพันธุกรรมต่ำก็จะคัดเลือกได้ยาก เพราะสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลมาก จึงต้องใช้วิธีคัดเลือกด้วยการทดสอบรุ่นลูก (progeny test) ช่วยในการคัดเลือก แต่ถ้าอิทธิพลของยีนแบบ additive gene มีความสำคัญสูง ควรใช้วิธีการคัดเลือก เพื่อปรับปรุงสมรรถนะเฉพาะ หรือถ้าปฏิกิริยาระหว่างสภาพแวดล้อมกับพันธุกรรมสูง อาจใช้วิธีการคัดเลือกหลายๆ แบบ และทำในหลายสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน เพื่อจะได้ลักษณะที่ดีตามวัตถุประสงค์ที่กำหนดไว้ เนื่องจากการศึกษาครั้งนี้เป็นการทดลองเพียงครั้งเดียว ในพื้นที่และสภาพแวดล้อมเดียว ซึ่งค่าประเมินบางอย่างอาจแตกต่างไปจากค่าที่ควรจะเป็นก็ได้ ฉะนั้นจึงควรมีการทดลองซ้ำอีกในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันไปในช่วงเวลาที่ต่างกัน เพื่อจะได้ข้อมูลมากพอที่จะยืนยัน และน่าเชื่อถือมากขึ้น (ตารางที่ 2)

ตารางที่ 3 ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ของงา 3 คู่ผสม

ลักษณะ	อัตราพันธุกรรม (%)		
	KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
ความสูงฝักแรก	62.99	81.91	23.75
ความสูงต้น	59.07	50.55	0.00
ความยาวข้อปล้อง	11.22	12.51	0.00
จำนวนกิ่งหลักต่อต้น	18.35	53.58	0.00
จำนวนฝักต่อต้น	0.00	17.20	0.00
น้ำหนัก 1,000 เมล็ด	0.00	0.00	0.00

บทที่ 5
สรุป

การศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิต และองค์ประกอบผลผลิตงา 3 สายพันธุ์คือ KU18, A30-15 และ WL9 ทำการผสมแบบพบกันหมดได้ 3 คู่ผสมได้แก่ KU18 x A30-15, KU18 x WL9 และ A30-15 x WL9 ซึ่งทำการผสมแต่ละคู่ผสมให้ประกอบด้วยประชากร 6 ชั่วรุ่นคือ P_1 , P_2, F_1 , F_2, BC_1 และ BC_2 เพื่อประเมินการทำงานของยีน ของลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต คือ ความสูงฝักแรก ความสูงต้น ความยาวข้อปล้อง จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด พบว่า ลักษณะความสูงฝักแรก และความสูงต้น ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนทั้ง 3 แบบ additive gene, dominance gene และ epistasis ลักษณะความยาวข้อปล้อง ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนแบบ additive gene และ additive x dominance ลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิของยีนแบบ dominance gene และ epistasis มากกว่า additive gene ส่วนอัตราพันธุกรรมพบว่า ลักษณะความสูงฝักแรกมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 23.75 – 81.91 และมีค่าอัตราพันธุกรรมสูงในสองคู่ผสม รองมาคือลักษณะความสูงต้นมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 50.55 – 59.07 และ ลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำในทุกคู่ผสม ค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 18.35 – 53.58 ตามลำดับ ส่วนลักษณะจำนวนฝักต่อต้น, ความยาวข้อปล้อง และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด พบว่าอัตราพันธุกรรมต่ำ อยู่ในช่วงร้อยละ 17.20, 11.22 – 12.51 และ 0.00 ตามลำดับ

เอกสารอ้างอิง

เอกสารอ้างอิง

กฤษฎา สัมพันธารักษ์. **หลักการปรับปรุงพันธุ์พืช**. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2519.

_____. **ปรับปรุงพันธุ์พืชพื้นฐาน วิธีการ และแนวคิด**. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2551.

กัญญา แสงสุขศรี. **การปรับปรุงพันธุ์งาเพื่อให้เหมาะสมต่อการใช้เครื่องจักรเก็บเกี่ยว**. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2543.

จรัสศรี นวลศรี. **การศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรมบางประการของมะเขือจาก 4 สายพันธุ์**. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2527.

ณัฐชานันท์ พันธ์อิ่ม. **การปรับปรุงพันธุ์งาที่ผ่านการฉายรังสีด้วยวิธีการเพิ่มชุดโครโมโซม**. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต: มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2550.

ทิวา ปาตีคำ. **การปรับปรุงพันธุ์งาเพื่อใช้เป็นไม้ประดับ**. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต: มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2546.

บุญหงส์ จงคิด. **หลักการและเทคนิคการปรับปรุงพันธุ์พืช**. ภาควิชาเทคโนโลยีการเกษตร คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี: มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์, 2548.

พัชนี เค้ายา. **ความเป็นไปได้ในการผลิตเมล็ดพันธุ์งาลูกผสมเพื่อการค้า**. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต: มหาวิทยาลัยขอนแก่น, 2546.

พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และประเสริฐ ฉัตรวชิระวงษ์. **พันธุศาสตร์เชิงปริมาณที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืช**. ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2548.

ไพศาล เหล่าสุวรรณ. **วิธีการทางสถิติสำหรับการปรับปรุงพันธุ์พืช**. สงขลา: มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์, 2527.

รัตนา สันทัศพานิช. **การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมบางลักษณะในถั่วฝักยาว**. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2530.

วิทยา บัวเจริญ. **หลักการผสมและปรับปรุงพันธุ์พืชเกษตรไทย**. กรุงเทพฯ: กรุงสยามการพิมพ์, 2527.

วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัล. **คู่มือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร**. เชียงใหม่: มูลนิธิโครงการหลวง, 2554.

ศูนย์วิจัยพืชไร่อุบลราชธานี. **เทคนิคการปรับปรุงพันธุ์งา**. อุบลราชธานี: สถาบันวิจัยพืชไร่ กรมวิชาการเกษตร, 2554.

สมใจ โควสุรัตน์. **ลักษณะทางสรีรวิทยากับการปรับปรุงพันธุ์งา**. กลุ่มวิจัยพืชไร่อุบลราชธานี. สำนักวิจัย และพัฒนาการเกษตรเขตที่ 4: กรมวิชาการเกษตร, 2549.

สมภพ ฐิตะวสันต์ และมณทินี ธีรารักษ์. "การทำงานของยีนของผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตถั่วฝักยาว", **วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร**. 41(2) (พิเศษ): 453-456; พฤษพาคม สิงหาคม, 2553

สุทัศน์ ศรีวัฒนพงศ์. **การปรับปรุงพันธุ์พืช**. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2553.

เอกสารอ้างอิง (ต่อ)

โสภิตา ฉัตรเจริญทอง. **พันธุกรรมในการถ่ายทอดลักษณะผลผลิตและลักษณะทางการเกษตรในงา**. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต: มหาวิทยาลัยขอนแก่น, 2545.

อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์. **งาการผลิต การปรับปรุงพันธุ์ และการแปรรูป**. คณะเกษตรศาสตร์: มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี, 2556.

อารักษ์ ธีรอำพน. **รายงานการวิจัยสาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืชความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิตในการผสมระหว่างแตงไทยกับแตงแคนตาลูป.** นครราชสีมา: มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี, 2555.

Anilakumar K.R., A. Pal, F. Khanum, and A.S. Bawa. "Nutritional, medicinal and industrial uses of sesame (*Sesamum indicum* L.)", **Seeds - An Overview. ACS**. 75(4): 159-168. 2010.

Food and Agriculture Organization of the United Nation (FAO). **FAOSTAT**. http://www.fao.org: 10 september, 2014.

Gidey, S., A. Kebede and G.T. Gashawbeza. "Assessment of genetic variability, genetic advance, eorrelation and path analysis for morphological traits in sesame genotypes", **International Journal of Plant Breeding and Genetic**. 7: 21-34, 2013.

Hiltebrandt, V.M. Sesame. *Sesamum indicum* L., Arch. **Biochem. Biophys**. 82 (11): 188-194, 1932.

Krishna, Devi, M., S. "Combining ability and heterosis for reproductive efficiency in sesame (*Sesamum indicum* L.)", **Sesame and safflowerNewsletter**. 17: 59, 2003.

Mahmud, K. and H. Kramer, "H-segregation for yield, height and maturity following a soybean cross", **Agronomy Journal**. 1(12): 43, 1951.

Mather, S.K., and J.L. Jinks. **Biometrical Genetics: The Study of Continuous Variation**, 3rd ed London: Chapman and Hall Ltd., 1982.

Nohara, S. **Genetical studies in *Sesamum indicum* L**. J. Coll. Agric. Tokyo Imp Univ. 12: 227-386, 1933.

Parameshwarppa, S. G. M. G., Palakshppa, P. M. Salimath and K. G. Parameshwarppa. "Studies on genetic variability and character association in germplasm collection of sesame (*Sesamum indicum* L.)", **Karnataka J. Agric. Sci**. 22(2): 252-254, 2009.

Padma Sundari. M. T. Kamala and Y.V. Rao. Generation Mean Analysis in *Sesamum indicum* L. Department of Botany, Andhra University, Visakhapatnam, **Asian Journal of Agricultural Sciences**. 4(4): 280-286, 2012.

เอกสารอ้างอิง (ต่อ)

Pham T.D. **Analyses of genetic diversity and desirable traits in sesame (*Sesamum indicum* L., Pedaliaceae): Implication for Breeding and Conservation.** Doctoral's Thesis: Swedish University, 2010.

Praveenkumar, K. "Combining ability and gene action studies in inter-mutant hybrids of (*Sesame indicum* L.)", **Journal Agricultural Science**. (25): 1-4, 2012.

Rani P. J., and P. V. Rama Kumar. "Genetic parameters of yield and yield components pooled over environments in sesamum (*Sesamum indicum* L.)", **Journal of Biology and Life Science.** 1(4): 231-234, 2013.

Solanki, Z.S., and D. Gupta. "Combining ability and heterosis studies for seed yield and it component in sesame", **Sesame and safflower newsletter**. 16: 9-12. 2001.

Sharmila., V. S. K., Ganesh and M. Gunasekaran. "Generation mean analysis for quantitative traits in sesame (*Sesamum indicum* L.) crosses", **Genetics and Molecular Biology**. 30(1): 80-84, 2007.

Sundari, M., P. T. Kamala and Y. V. Rao. "Generation Mean Analysis in *Sesamum indicum* L", **Asian Journal of Agricultural Sciences**. 4(4): 280-286. 2012.

Tashiro T., Y. Fukuda, T. Osawa and M. Namiki. "Oil and minor component of sesame (*Sesamum indicum* L.) strains", **Journal of the American Oil Chemists' Society**. 67(8): 508-511, 1990.

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.

Yamanura. K., **Estimation of heterosis, combining ability and geneticcomponents for yield and yield attributes is sesame (*Sesamum indicum* L.).** Master's thesis. Dharwad: Dharwad University, 2008.

Yamanura. K., Madhusudan, and H.L. Nadaf. "Combining ability and gene action for yield and yield components in sesame (*Sesamum indicum* L.)", **Karnataka Journal of Agricultural Sciences**. 22(2): 255-260, 2009.

Zhao, Y. "Combining ability analysis of agronomic characters in sesame", **Sesame and safflower newsletter**. 14: 2-5, 1999.

ภาคผนวก

การวิเคราะห์ข้อมูล

ตารางที่ 4 การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะความสูงฝักแรกในงา 3 คู่ผสม

sources of variation	df	MS		
		KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
generation	5	4431.16	116274.31	296.09
plots/generation	12	4392.32	2681.38	1100.81
plants/plots/generation	402	90.25	553.38	58.59
plants/p1	27	39.09	39.09	30.48
plants/p2	27	30.48	38.96	38.96
plants/f1	27	84.61	58.16	49.81
plants/f2	147	93.27	215.76	45.20
plants/bc1	87	124.10	198.67	104.68
plants/bc2	87	87.47	164.48	52.68
total	821			

ตารางที่ 5 การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะความสูงต้นในงา 3 คู่ผสม

sources of variation	df	MS		
		KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
generation	5	704.31	2638.37	2071.71
plots/generation	12	5386.66	1854.47	12.00
plants/plots/generation	402	199.40	179.86	1024.00
plants/p1	27	83.66	83.66	208.17
plants/p2	27	120.93	124.24	192.33
plants/f1	27	171.57	124.44	44.74
plants/f2	147	245.74	206.18	3.67
plants/bc1	87	174.80	227.67	73.99
plants/bc2	87	214.60	151.90	103.26
total	821			

ตารางที่ 6 การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะความยาวข้อปล้องในงา 3 คู่ผสม

sources of variation	df	MS		
		KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
generation	5	3.61	2.18	1.97
plots/generation	12	6.27	10.15	5.81
plants/plots/generation	402	0.79	1.30	0.74
plants/p1	27	0.75	0.75	0.61
plants/p2	27	0.61	0.90	0.90
plants/f1	27	0.62	0.65	0.59
plants/f2	147	0.76	0.93	0.59
plants/bc1	87	1.00	2.86	0.55
plants/bc2	87	0.74	0.84	1.21
total	821			

ตารางที่ 7 การวิเคราะห์ ค่าความแปรปรวนของลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นในงา 3 คู่ผสม

sources of variation	df	MS		
		KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
generation	5	1.81	5.93	16.98
plots/generation	12	10.68	3.70	4.21
plants/plots/generation	402	1.14	1.45	1.33
plants/p1	27	0.75	0.75	1.07
plants/p2	27	1.07	0.71	0.71
plants/f1	27	1.24	1.14	1.65
plants/f2	147	1.10	1.58	0.80
plants/bc1	87	1.26	2.02	1.56
plants/bc2	87	1.19	1.20	2.19
total	821			

ตารางที่ 8 การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะจำนวนฝักต่อต้นในงา 3 คู่ผสม

sources of variation	df	MS		
		KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
generation	5	547.79	1396.38	3321.13
plots/generation	12	1235.02	455.15	612.98
plants/plots/generation	402	98.25	119.31	186.92
plants/p1	27	68.12	68.12	168.90
plants/p2	27	168.90	75.14	75.14
plants/f1	27	274.57	93.40	462.64
plants/f2	147	88.90	86.42	58.16
plants/bc1	87	63.29	282.93	252.42
plants/bc2	87	81.74	48.91	293.68
total	821			

ตารางที่ 9 การวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของลักษณะน้ำหนัก 1,000 เมล็ดในงา 3 คู่ผสม

sources of variation	df	MS		
		KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
generation	5	0.31	1.45	0.04
plots/generation	12	0.17	0.33	0.31
plants/plots/generation	42	0.41	1.28	1.19
plants/p1	7	0.80	0.80	0.49
plants/p2	7	0.49	0.33	0.31
plants/f1	7	0.14	0.67	0.54
plants/f2	7	0.37	0.42	0.36
plants/bc1	7	0.45	0.37	0.24
plants/bc2	7	0.23	0.09	0.21
total	101			

ตารางที่ 10 ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะความสูงฝักแรกของงา 3 คู่ผสม

Generations	ค่าเฉลี่ยชั่วของลักษณะความสูงฝักแรก (ซม)		
	KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
P_1	35.16	35.16	39.10
P_2	39.10	36.93	36.97
F_1	65.26	44.76	43.26
F_2	42.89	35.76	43.48
BC_1	51.51	43.88	41.53
BC_2	40.44	36.54	42.96

ตารางที่ 11 ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะความสูงต้นของงา 3 คู่ผสม

Generations	ค่าเฉลี่ยชั่วของลักษณะความสูงต้น (ซม)		
	KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
P_1	84.73	84.73	77.46
P_2	77.64	77.23	66.23
F_1	98.96	86.96	98.96
F_2	83.49	84.16	88.14
BC_1	82.66	90.55	89.87
BC_2	79.53	76.46	62.84

ตารางที่ 12 ค่าเฉลี่ยชั่วต่างๆ ของลักษณะความยาวข้อปล้องของงา 3 คู่ผสม

Generations	ค่าเฉลี่ยชั่วของลักษณะความยาวข้อปล้อง (ซม)		
	KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
P_1	6.08	6.08	5.50
P_2	5.50	5.86	5.86
F_1	6.11	5.67	5.40
F_2	6.00	5.49	5.78
BC_1	5.56	5.83	5.87
BC_2	5.81	5.70	5.57

ตารางที่ 13 ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้นของงา 3 คู่ผสม

Generations	ค่าเฉลี่ยชั่วของลักษณะจำนวนกิ่งหลักต่อต้น (ซม)		
	KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
P_1	1.56	1.56	2.10
P_2	2.10	1.83	1.83
F_1	2.00	2.16	3.06
F_2	1.92	1.89	2.08
BC_1	2.15	2.32	2.90
BC_2	2.04	1.60	2.60

ตารางที่ 14 ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะจำนวนฝักต่อต้นของงา 3 คู่ผสม

Generations	ค่าเฉลี่ยชั่วของลักษณะจำนวนฝักต่อต้น (ซม)		
	KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
P_1	22.10	22.10	24.10
P_2	24.10	21.43	21.43
F_1	29.46	25.30	40.03
F_2	20.10	22.18	21.74
BC_1	20.22	29.8	34.67
BC_2	19.96	17.77	30.67

ตารางที่ 15 ค่าเฉลี่ยชั่วต่าง ๆ ของลักษณะน้ำหนัก 1000 เมล็ดของงา 3 คู่ผสม

Generations	ค่าเฉลี่ยชั่วของลักษณะน้ำหนัก 1000 เมล็ด (ซม)		
	KU18 x A30-15	KU18 x WL9	A30-15 x WL9
P_1	2.91	2.91	3.16
P_2	3.16	3.15	3.15
F_1	3.16	2.58	3.12
F_2	3.40	3.23	3.08
BC_1	3.18	3.33	3.09
BC_2	3.16	3.30	3.08

ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ	นายเข็มพร สุดตะพันธ์
ประวัติการศึกษา	พ.ศ. 2547 ประกาศนียบัตรวิชาชีพชั้นกลาง ภาควิชาพืช วิทยาลัยเกษตร จำปาสัก สาธารณรัฐประชาธิปไตยประชาชนลาว พ.ศ. 2552 ปริญญาตรี (เกษตรศาสตร์) ภาควิชาพืช มหาวิทยาลัยจำปาสัก สาธารณรัฐประชาธิปไตยประชาชนลาว
ประวัติการทำงาน	พ.ศ. 2548-2555 มหาวิทยาลัยจำปาสัก
ตำแหน่ง	อาจารย์
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	มหาวิทยาลัยจำปาสัก คณะเกษตรศาสตร์ และป่าไม้ เมืองปากเซ แขวงจำปาสัก ประเทศสาธารณรัฐประชาธิปไตยประชาชนลาว โทรศัพท์ +856-2055263896