

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการทดลอง

การวิเคราะห์ลักษณะปรากฏและประเมินค่าอัตราพันธุกรรม

ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูแล้งปี 2555 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 15.7 กรัม พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 21.5 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.7 กรัม ในฤดูฝนปี 2555 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 15.4 กรัม พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 21.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.1 กรัม และการวิเคราะห์ในฤดูแล้งปี 2556 พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 13.0 กรัม พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 21.1 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 5.7 กรัม ไม่พบประชากรสายพันธุ์แท้ที่มีน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มากกว่าพันธุ์ AGS292 การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในประชากรสายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 88.8 ในฤดูแล้งปี 2554 และร้อยละ 60.7 ในฤดูฝนปี 2555 ในขณะที่ฤดูแล้งปี 2556 มีค่าเท่ากับร้อยละ 72.8 (ตาราง 8) ซึ่งสอดคล้องกับ Pooprompan et al. (2006) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2547 ประชากรมีค่าเฉลี่ย 17.5 กรัม พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 26.2 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 8.4 กรัม ในฤดูแล้งปี 2547 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 21.3 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 35.1 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 12.6 กรัม และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 19.4 กรัม พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 30.6 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 10.5 กรัม โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบในประชากรสายพันธุ์แท้ ร้อยละ 75.4 ในฤดูฝนปี 2547 ร้อยละ 90.5 ในฤดูแล้งปี 2547 และการวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 62.0 ส่วน Limproongratana and Maneephong (1977) รายงานว่า ลักษณะน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในพันธุ์พ่อแม่ 6 สายพันธุ์ คือ Taichung No.4, Wayne, Improve Pelican, S J 2, Orba และ Hampton 266A มีค่าเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 12.3 ถึง 19.5 กรัม ส่วนในลูกผสมมีค่าเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 12.6 ถึง 18.4 กรัม และมีค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบร้อยละ 82.3 สอดคล้องกับ Graef et al. (1996) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีค่าการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรมร้อยละ 81.0 และ Chung et al. (2003) รายงานว่า น้ำหนักแห้ง 100 เมล็ด จากกลุ่มผสมระหว่างถั่วเหลืองพันธุ์ Asgrow A3733 X G. max P1437088A ปลุกทดสอบสองฤดู พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบในปี 1996 และ ปี 1997 มีค่าเท่ากับร้อยละ 96.1 และ 97.7 ตามลำดับ เมื่อการวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดู พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบเท่ากับร้อยละ 65.3 ส่วนการรายงานของ กมรัตน์ (2552) ได้ทำการวิเคราะห์ความแปรปรวนของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด ในฤดูฝนปี 2550 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย

13.0 กรัม พันธุ์ AGS 292 มีค่าเฉลี่ย 25.1 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.3 กรัม ในฤดูแล้งปี 2551 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 17.3 กรัม พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 30.3 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 10.2 กรัม และการวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 15.2 กรัม พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 27.7 กรัม และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 9.8 กรัม และการประเมินค่าอัตราพันธุ์กรรมแบบแคบ พบว่า มีค่าร้อยละ 84.2 ในฤดูฝนปี 2550 และร้อยละ 87.1 ในฤดูแล้งปี 2551 ในขณะที่การวิเคราะห์รวมในสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 63.6

ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของอายุวันออกดอกแรก ในฤดูแล้งปี 2555 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 36.9 วัน พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 30 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 49 วัน ในฤดูฝนปี 2555 พบว่า ประชากรมีค่าเฉลี่ย 38 วัน พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 30 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 53 วัน และการวิเคราะห์ในฤดูแล้งปี 2556 พบว่า ค่าเฉลี่ยของประชากรเท่ากับ 42 วัน พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 32 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 53 วัน การประเมินค่าอัตราพันธุ์กรรมแบบแคบของอายุวันออกดอกแรก ในประชากร สายพันธุ์แท้ พบว่า มีค่าร้อยละ 92.5 ในฤดูแล้งปี 2555 และร้อยละ 89.4 ในฤดูฝนปี 2555 ในขณะที่การวิเคราะห์ในฤดูแล้งปี 2556 มีค่าเท่ากับร้อยละ 82.5 (ตาราง 9) ซึ่งสอดคล้องกับ ศุภระกาญจน์ (2554) รายงานว่า จากการวิเคราะห์ความแปรปรวน ในฤดูฝนปี 2551 มีค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุวันออกดอกแรก เท่ากับ 37 วัน ซึ่งยาวนานกว่าฤดูแล้งปี 2552 ซึ่งมีค่าเฉลี่ยของประชากรมีอายุวันออกดอกแรก เท่ากับ 33 วัน การกระจายตัวของอายุวันออกดอกแรกของประชากรในฤดูฝนปี 2551 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 30 ถึง 54 วัน พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 28 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน ในฤดูแล้งปี 2552 มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 26 ถึง 47 วัน พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 26 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน และเมื่อวิเคราะห์รวมสองฤดู พบว่า มีค่าพิสัยอยู่ระหว่าง 28 ถึง 50 วัน ประชากรมีค่าเฉลี่ย 35 วัน พันธุ์ AGS292 มีค่าเฉลี่ย 27 วัน และสายพันธุ์ K3 มีค่าเฉลี่ย 47 วัน โดยมีค่าอัตราพันธุ์กรรมแบบแคบ ร้อยละ 77.6 ในฤดูฝนปี 2551 ร้อยละ 96.9 ในฤดูแล้งปี 2552 และการวิเคราะห์รวมสองฤดูมีค่าเท่ากับร้อยละ 75.1 ส่วนการรายงานของ กรมวิชาการเกษตร (2545) พบว่า พันธุ์ AGS 292 มีอายุวันออกดอกที่ 26 - 30 วัน และการรายงานของ Pooprompan et al. (2006) ได้ทำการศึกษาค่าอัตราพันธุ์กรรมแบบแคบของวันออกดอกแรกในประชากรถั่วเหลืองฝักสดสายพันธุ์แท้ จำนวน 190 สายพันธุ์ ปลุกทดสอบ 2 ฤดู พบว่า ค่าอัตราพันธุ์กรรมแบบแคบในฤดูฝนและฤดูแล้ง มีค่าเท่ากับร้อยละ 94.2 และ 91.6 ตามลำดับ และเมื่อทำการวิเคราะห์รวมทั้งสองฤดูมีค่าที่ต่ำ คือ 29.1 สาเหตุเนื่องมาจากการมีอิทธิพลร่วมกันระหว่างพันธุ์กรรมกับสภาพแวดล้อม และ Graef et al. (1996) ได้ทำการศึกษาค่าพันธุ์กรรมแบบแคบของลักษณะวันออกดอกในถั่วเหลืองฝักสดจำนวน 2 ประชากรที่ได้จากคู่ผสมระหว่างถั่วเหลืองฝักสดพันธุ์ U91 - 3516 x 'Mikawashima', denoted UX 704 และ U91 - 3516

'Gion Fuuki', denoted UX 704 ได้ทำการปลูกทดสอบใน 3 ฤดู พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบแต่ละประชากรมีค่าที่สูง คือ ร้อยละ 96 และ ร้อยละ 93 ตามลำดับ

การวิเคราะห์กลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ดและวันออกดอกแรก

ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของน้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ในฤดูแล้งปี 2555 พบความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 8 กลุ่ม ได้แก่ C2 D2 D1b E I M N และ L (ตาราง 11) เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในฤดูแล้งปี 2555 พบว่ามี 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat354 Satt166 Satt432 Sat_330 Satt230 และ Sat_069 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 11.8, 10.1, 6.2, 8.1, 3.5 และ 4 ตามลำดับ ค่าผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะทั้งหมดมีค่าร้อยละ 43.7 (ตาราง 17) ส่วน ในฤดูฝนปี 2555 มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 11 กลุ่ม ได้แก่ C2 D2 D1a D1b E I M N H L และ O (ตาราง 12) เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในฤดูฝนปี 2555 พบว่ามี 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat354 Satt166 Sat_332 Satt432 และ Sat_330 ที่เชื่อมโยงกับลักษณะซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 7.2, 10.5, 7, 5.6 และ 3.7 ตามลำดับ ค่าผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะทั้งหมดมีค่าร้อยละ 34 (ตาราง 17) และในฤดูแล้งปี 2556 พบว่ามี 12 กลุ่ม ได้แก่ A2 B2 C1 D1a D1b G J I E L N และ O (ตาราง 13) เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในฤดูแล้งปี 2556 พบว่ามี 5 ตำแหน่ง คือ Satt517 Satt009 Satt622 Satt229 และ Sat_219 ที่เชื่อมโยงกับลักษณะซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 23.1, 16.1, 11.4, 5.7 และ 6 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 62.3 (ตาราง 18) อย่างไรก็ตาม Sebolt et al. (2000) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ E ซึ่งสอดคล้องกับ Fasoula et al. (2004) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt303 และ Satt263 บนกลุ่มลิงเกจ G และ E ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 8.0 และ 18.0 และจากการรายงานของ พิจิตรา (2551) พบว่า น้ำหนักเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 7 กลุ่ม ได้แก่ E F H I J M และ O เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt699 Satt425 Satt239 Satt431 และ Satt262 เป็นกลุ่มยีนรอง ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 5.9, 8.9, 5.2, 5.1 และ 2.8 ตามลำดับ สอดคล้องกับ Panthee et al. (2005) พบว่า

น้ำหนักรเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt002 และ Satt184 บนกลุ่มลิงเกจ D2 และ D1a+Q ในขณะที่ Qing-shan et al. (2007) พบว่า น้ำหนักรเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 4 กลุ่ม ได้แก่ A1 B1 N และ O และการรายงานของกมลรัตน์ (2552) มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 15 กลุ่ม ได้แก่ A2 B1 B2 C1 C2 D1b+W D2 E F I J L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งในสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Sat_064 Satt565 Sat_415 Satt403 Satt510 Satt367 Satt431 Satt166 และ Satt132 เชื่อมโยงกับลักษณะและสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 11.1, 3.0, 7.6, 3.3, 5.1, 4.7, 14.6, 3.0, 3.7 และ 8.1 ตามลำดับ ค่าผลรวมของความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าร้อยละ 64.2 ส่วน สุกระกาญจน์ (2554) ได้รายงานว่ น้ำหนักรเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 16 กลุ่ม ได้แก่ A2 C1 C2 D1a+Q D1a+W D2 E F H I J K L M N และ O เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งในสองฤดู พบ 10 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt197 Satt432 Sat_415 Satt506 Satt372 Satt458 Satt568 Satt239 Satt431 และ Satt166 เครื่องหมายโมเลกุล Satt166 อยู่บนกลุ่มลิงเกจ L อยู่ใกล้กับยีนหลัก ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 20.3 และการรายงานของ Pooprompan et al. (2006) พบว่า น้ำหนักรเมล็ดแห้ง 100 เมล็ด มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 7 กลุ่ม ได้แก่ B1 D1a+W D2 E F J และ L ซึ่งมีเครื่องหมายโมเลกุล Satt166 อยู่บนกลุ่มลิงเกจ L อธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 22.4

ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของอายุวันออกดอกแรก กับเครื่องหมายโมเลกุลแบบเอสเอสอาร์ ในฤดูแล้งปี 2555 มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 6 กลุ่ม ได้แก่ A2 C2 D1a H J และ K (ตาราง 14) เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในฤดูแล้งปี 2555 พบว่ามี 5 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat431 Satt357 Satt187 Satt132 และ Sat_332 เชื่อมโยงลักษณะและสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 32.7, 7.4, 4.8, 2.6 และ 2.7 ตามลำดับ ค่าผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะทั้งหมดมีค่าร้อยละ 50.2 (ตาราง 19) ส่วน ในฤดูฝนปี 2555 มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 8 กลุ่ม ได้แก่ A2 C2 D2 D1a H L และ K (ตาราง 15) เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในฤดูฝนปี 2555 พบว่ามี 3 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat431 Satt357 และ Sat_332 ที่เชื่อมโยงกับลักษณะและสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 37.9, 7.5 และ 5.6 ตามลำดับ ค่าผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะทั้งหมดมีค่าร้อยละ 51.0 (ตาราง 19) และในฤดูแล้งปี 2556 พบว่ามี 11 กลุ่ม ได้แก่ B1 B2 C2 D2 E J K L M N และ O (ตาราง 16) เมื่อวิเคราะห์ผลการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะอย่างมีนัยสำคัญยิ่งในฤดูแล้งปี 2556 พบว่ามี

3 ตำแหน่ง คือ Satt215 Satt229 และ Satt654 เชื่อมโยงกับลักษณะและสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 50.0, 20.0 และ 6.4 ตามลำดับ ค่าผลรวมของการอธิบายความแปรปรวนของลักษณะทั้งหมดมีค่าร้อยละ 76.4 (ตาราง 20) ซึ่งสอดคล้องกับการรายงานของ สุกระกาญจน์ (2554) พบว่ามีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 10 กลุ่ม ได้แก่ A2 D1a+W D2 E H I J L และ O เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งพบว่า มี 6 ตำแหน่ง ได้แก่ Satt187 Sat_415 Satt568 Sat_105 Satt431 และ Satt166 และเครื่องหมายโมเลกุล Satt431 บนลิงเกจ J อยู่ใกล้กับกลุ่มยีนหลัก โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 20.8 ส่วนการศึกษาของ Pooprompan et al. (2006) ได้รายงานว่าลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะวันออกดอกแรกในถั่วเหลืองฝักสดประชากรสายพันธุ์แท้จำนวน 190 สายพันธุ์ ทำการปลูกทดสอบ 2 ฤดู พบกลุ่มลิงเกจและยีนที่เกี่ยวข้องกับการออกดอก ได้แก่ เครื่องหมายโมเลกุล Satt187 บนกลุ่มลิงเกจ A2 Satt568 บนกลุ่มลิงเกจ H Sat_105 บนกลุ่มลิงเกจ I และ Satt431 บนกลุ่มลิงเกจ J และ Tasma et al. (2001) ได้รายงานว่าลักษณะวันออกดอกในถั่วเหลืองประชากรสายพันธุ์แท้ IX132 และ IX136 ที่ปลูกทดสอบ 2 ฤดู มีความเชื่อมโยงสอดคล้องกับเครื่องหมายโมเลกุลที่ตำแหน่ง Satt205 บนลิงเกจ C2 และ พิจิตรา (2552) พบว่า การวิเคราะห์ความแปรปรวนปัจจัยเดียวของเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมโยงกับวันออกดอก พบว่า มีความเชื่อมโยงกับกลุ่มลิงเกจ 7 กลุ่ม ได้แก่ D1b+W C2 E I L M และ N เมื่อวิเคราะห์สมการถดถอยหลายตำแหน่งของเครื่องหมาย โมเลกุลที่แสดงความเชื่อมโยงกับลักษณะในสองฤดู พบ 2 ตำแหน่ง ได้แก่ Sat_381 และ Satt229 ซึ่งสามารถอธิบายความแปรปรวนได้ร้อยละ 4.4 และ 10.0 ตามลำดับ