

บทที่ 4

ผลการทดลอง

1. การคัดเลือกหาพันธุ์ต้านทานในระยะต้นกล้าภายใต้สภาพโรงเรือน

จากการประเมินระดับความต้านทานเชื้อรา *Phoma* spp. ในบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์ จาก 4 แหล่งพันธุกรรม ผลการวิเคราะห์ทางสถิติเพื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระดับอาการของโรค และเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคในสภาพโรงเรือน มีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.01$) ค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคทั้ง 20 สายพันธุ์ เท่ากับ 6.1 และค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคเท่ากับ 68.3 เปอร์เซ็นต์ (ตาราง 1)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคในบวบเหลี่ยมทั้ง 20 สายพันธุ์ จาก 4 แหล่งพันธุกรรม ได้แก่ RGEW001 RGEW002 RGEW003 RGEW004 RGEW005 RGEW006 RGEW007 RGEW008 RGEW009 RGEW010 RGEW011 RGEW012 RGEW013 RGEW014 RGEW015 RGEW016 RGEW017 RGEW018 RGEW019 และ RGEW020 มีค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคระหว่าง 5.0 – 7.0 (ตาราง 1)

แหล่งพันธุกรรมที่ 1 สายพันธุ์ RGEW004 มีอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 6.7 และพันธุ์ RGEW003 มีอาการของโรคน้อยสุดในกลุ่มที่ระดับ 5.3

แหล่งพันธุกรรมที่ 2 สายพันธุ์ RGEW010 แสดงอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 6.0 และพันธุ์ RGEW006 มีอาการของโรคน้อยสุดในกลุ่มที่ระดับ 5.0

แหล่งพันธุกรรมที่ 3 สายพันธุ์ RGEW015 แสดงอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 6.7 และพันธุ์ RGEW014 แสดงอาการของโรคในกลุ่มน้อยสุดที่ระดับ 6.0

แหล่งพันธุกรรมที่ 4 พันธุ์ RGEW016 และพันธุ์ RGEW018 แสดงอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 7.0 RGEW017 RGEW019 และ RGEW020 ที่แสดงอาการของโรคน้อยสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 6.7 (ตาราง 1)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคในบวบเหลี่ยมทั้ง 20 สายพันธุ์ จาก 4 แหล่งพันธุกรรม ระหว่าง RGEW001 ถึง RGEW020 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค ระหว่าง 55.6 – 77.8 (ตาราง 1)

แหล่งพันธุกรรมที่ 1 สายพันธุ์ RGEW004 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคภายในกลุ่มสูงสุด 74.4 และพันธุ์ RGEW003 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 58.9

แหล่งพันธุกรรมที่ 2 สายพันธุ์ RGEW010 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรครภายในกลุ่มสูงสุด 66.7 และพันธุ์ RGEW006 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 55.6

แหล่งพันธุกรรมที่ 3 สายพันธุ์ RGEW015 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรครภายในกลุ่มสูงสุด 74.4 และพันธุ์ RGEW014 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 66.7

แหล่งพันธุกรรมที่ 4 พันธุ์ RGEW016 และพันธุ์ RGEW018 ค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรครภายในกลุ่มสูงสุด 77.8 และพันธุ์ RGEW017 RGEW019 และ RGEW020 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 74.4 (ตาราง 1)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคและเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคของพันธุ์บวบเหลี่ยมทั้ง 20 สายพันธุ์ พบว่าสายพันธุ์ RGEW016 และ RGEW018 แสดงอาการของโรคสูงสุดที่ระดับ 7.0 มีค่าเฉลี่ยการเกิดโรค 77.8 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือสายพันธุ์ RGEW004 RGEW015 RGEW017 RGEW019 และ RGEW020 แสดงอาการของโรคเฉลี่ยที่ระดับ 6.7 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค 74.4 เปอร์เซ็นต์ สายพันธุ์ที่มีระดับการเกิดโรคและการเกิดโรคน้อยสุด คือสายพันธุ์ RGEW006 แสดงอาการของโรคน้อยสุดที่ระดับ 5.0 มีค่าเฉลี่ยการเกิดโรค 55.6 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือ สายพันธุ์ RGEW003 RGEW007 และ RGEW008 แสดงอาการของโรคเฉลี่ยที่ระดับ 5.3 มีค่าเฉลี่ยการเกิดโรค 59.3 เปอร์เซ็นต์ และสายพันธุ์ RGEW002 และ RGEW009 แสดงอาการของโรคที่ระดับ 5.7 มีค่าเฉลี่ยการเกิดโรคเท่ากับ 63.3 เปอร์เซ็นต์ (ตาราง 1)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยการเกิดโรครระหว่าง แหล่งพันธุกรรมทั้ง 4 แหล่ง พบว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.01$) ได้แก่ บังคลาเทศ อินเดีย ไทย และ จีน มีค่าเฉลี่ยการเกิดโรค เท่ากับร้อยละ 66.7, 60.7, 70.2 และ 74.9 ตามลำดับ กลุ่มบังคลาเทศเปรียบเทียบกับกลุ่มอินเดีย มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.01$) กลุ่มบังคลาเทศกับกลุ่มไทย มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.05$) กลุ่มบังคลาเทศเปรียบเทียบกับกลุ่มจีน มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.01$) กลุ่มอินเดียกับกลุ่มไทยและจีน พบว่ามีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.01$) และพันธุ์ไทยเปรียบเทียบกับพันธุ์จากจีน พบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยการเกิดโรคอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.01$) (ตาราง 2)

ตาราง 1 ความแตกต่างค่าเฉลี่ยของระดับการเกิดโรคและเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคในสภาพโรงเรือน
ของบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์

พันธุ์	แหล่งที่มา	ระดับการเกิดโรค	เปอร์เซ็นต์การเกิดโรค
RGEW001	1 บังคลาเทศ	6.0 ^{ab/1}	66.7 ^{bdac/1}
RGEW002	1 บังคลาเทศ	5.7 ^{bc}	63.0 ^{bdc}
RGEW003	1 บังคลาเทศ	5.3 ^{bc}	59.3 ^{dc}
RGEW004	1 บังคลาเทศ	6.7 ^a	74.1 ^{ba}
RGEW005	1 บังคลาเทศ	6.3 ^{ab}	70.4 ^{bac}
RGEW006	2 อินเดีย	5.0 ^C	55.6 ^{dc}
RGEW007	2 อินเดีย	5.3 ^{bc}	59.3 ^{cd}
RGEW008	2 อินเดีย	5.3 ^{bc}	59.3 ^{dc}
RGEW009	2 อินเดีย	5.7 ^{bc}	63.0 ^{bdc}
RGEW010	2 อินเดีย	6.0 ^{ab}	66.7 ^{bdac}
RGEW011	3 ไทย	6.3 ^{ab}	70.4 ^{bac}
RGEW012	3 ไทย	6.3 ^{ab}	70.4 ^{bac}
RGEW013	3 ไทย	6.3 ^{ab}	70.4 ^{bac}
RGEW014	3 ไทย	6.0 ^{ab}	66.7 ^{bdac}
RGEW015	3 ไทย	6.7 ^a	74.1 ^{ba}
RGEW016	4 จีน	7.0 ^a	77.8 ^a
RGEW017	4 จีน	6.7 ^a	74.1 ^{ba}
RGEW018	4 จีน	7.0 ^a	77.8 ^a
RGEW019	4 จีน	6.7 ^a	74.1 ^{ba}
RGEW020	4 จีน	6.7 ^a	74.1 ^{ba}
ค่าเฉลี่ย		6.1	68.3
F-test		**	**
C.V. (%)		8.6	8.6

หมายเหตุ

** = มีความแตกต่างกันทางสถิติที่อย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$)

¹ค่าเฉลี่ยที่กำกับด้วยตัวอักษรเดียวกัน ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 95 ($P < 0.05$) โดยวิธี Duncan's Multiple Range Test (DMRT)

ตาราง 2 ความแตกต่างค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคระหว่างกลุ่มในสภาพโรงเรือนได้แก่
(1) บังคลาเทศ (2) อินเดีย (3) ไทย และ (4) จีน

กลุ่มแหล่งพันธุกรรม ที่เปรียบเทียบ	ค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค				P-value
	บังคลาเทศ	อินเดีย	ไทย	จีน	
บังคลาเทศ : อินเดีย	66.7	60.7	-	-	0.0025
บังคลาเทศ : ไทย	66.7	-	70.2	-	0.0501
บังคลาเทศ : จีน	66.7	-	-	74.9	<.0001
อินเดีย : ไทย	-	60.7	70.2	-	<.0001
อินเดีย : จีน	-	60.7	-	74.9	<.0001
ไทย : จีน	-	-	70.2	74.9	0.0073

C.V. (%) = 7.3

สายพันธุ์ทดสอบทั้ง 4 แหล่งเมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยการเกิดโรคพบว่าแต่ละแหล่งมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

2. การคัดเลือกพันธุ์ต้านทานในสภาพแปลง

จากการเปรียบเทียบสายพันธุ์บวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์จาก 4 แหล่งพันธุ์กรรม เพื่อประเมินระดับความต้านทานต่อเชื้อรา *Phoma* spp. ผลการวิเคราะห์ทางสถิติเพื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคและค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคในสภาพแปลง มีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคทั้ง 20 สายพันธุ์เท่ากับ 4.9 และค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคเท่ากับ 54.6 เปอร์เซ็นต์ (ตาราง 3)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคในบวบเหลี่ยมทั้ง 20 สายพันธุ์จาก 4 แหล่งพันธุ์กรรมระหว่าง RGEW001 ถึง RGEW020 มีค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคระหว่าง 3.9 ถึง 7.7 (ตาราง 3)

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 1 สายพันธุ์ RGEW001 มีอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 4.3 และพันธุ์ RGEW002 มีอาการของโรคน้อยสุดในกลุ่มที่ระดับ 3.9

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 2 สายพันธุ์ RGEW009 แสดงอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 5.2 และพันธุ์ RGEW010 มีอาการของโรคน้อยสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 3.8

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 3 สายพันธุ์ RGEW015 แสดงอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 6.2 และพันธุ์ RGEW011 แสดงอาการของโรคในกลุ่มน้อยสุดที่ระดับ 4.0

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 4 พันธุ์ RGEW019 แสดงอาการของโรคสูงสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 7.7 และ RGEW016 ที่แสดงอาการของโรคน้อยสุดภายในกลุ่มที่ระดับ 4.1 (ตาราง 3)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคในบวบเหลี่ยมทั้ง 20 สายพันธุ์ จาก 4 แหล่งพันธุ์กรรม ระหว่าง RGEW001 ถึง RGEW020 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค ระหว่าง 40.9 ถึง 82.6 (ตาราง 3)

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 1 สายพันธุ์ RGEW001 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคภายในกลุ่มสูงสุด 48.1 และพันธุ์ RGEW002 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 43.0

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 2 สายพันธุ์ RGEW009 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคภายในกลุ่มสูงสุด 57.4 และพันธุ์ RGEW010 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 42.6

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 3 สายพันธุ์ RGEW015 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคภายในกลุ่มสูงสุด 68.5 และพันธุ์ RGEW011 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 44.4

แหล่งพันธุ์กรรมที่ 4 พันธุ์ RGEW019 ค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคภายในกลุ่มสูงสุด 82.6 และพันธุ์ RGEW016 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุดเท่ากับ 45.2 (ตาราง 3)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคและเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคของพันธุ์บวบเหลี่ยมทั้ง 20 สายพันธุ์ พบว่าสายพันธุ์ RGEW019 แสดงอาการของโรคสูงสุดที่ระดับ 7.7 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค 82.6 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาคือสายพันธุ์ RGEW020 RGEW017 RGEW015 และ RGEW018 แสดงอาการของโรคเฉลี่ยที่ระดับ 6.9, 6.6, 6.2, 6.2 ตามลำดับ มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค 76.7, 73.0, 68.5, 68.5 สายพันธุ์ที่มีระดับการเกิดโรคและเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคน้อยสุด คือสายพันธุ์ RGEW010 แสดงอาการของโรคน้อยสุดที่ระดับ 3.8 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค 40.9 รองลงมาคือ สายพันธุ์ RGEW002 แสดงอาการของโรคเฉลี่ยระดับ 41.6 และสายพันธุ์ RGEW011 RGEW007 RGEW005 RGEW004 และ RGEW003 แสดงอาการของโรคเฉลี่ยที่ระดับ 4.0 มีค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค 44.4 เปอร์เซ็นต์ (ตาราง 3)

ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคระหว่าง แหล่งพันธุ์กรรมทั้ง 4 แหล่ง พบว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งที่ระดับ ($P < 0.01$) ได้แก่ บังคลาเทศ อินเดีย ไทย และ จีน มีค่าเฉลี่ยการเกิดโรค เท่ากับร้อยละ 44.9, 50.7, 54.7 และ 69.2 ตามลำดับ กลุ่มบังคลาเทศเปรียบเทียบกับกลุ่มอินเดีย พบว่าไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ กลุ่มบังคลาเทศกับกลุ่มไทย มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับ ($P < 0.05$) กลุ่มบังคลาเทศกับกลุ่มจีน มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) กลุ่มอินเดียบกับกลุ่มไทยพบว่าไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ กลุ่มพันธุ์ไทยเปรียบเทียบกับพันธุ์จากจีน พบว่ามีความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรคอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) (ตาราง 4)

ตาราง 3 ความแตกต่างค่าเฉลี่ยของระดับการเกิดโรคและเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคในสภาพแปลงของ
บวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์

พันธุ์	แหล่งที่มา	ค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรค	เปอร์เซ็นต์การเกิดโรค
RGEW001	1 บังกลาเทศ	4.3 ^{cd}	48.1 ^{de}
RGEW002	1 บังกลาเทศ	3.9 ^d	41.6 ^e
RGEW003	1 บังกลาเทศ	4.0 ^d	44.4 ^e
RGEW004	1 บังกลาเทศ	4.0 ^d	44.4 ^e
RGEW005	1 บังกลาเทศ	4.0 ^d	44.4 ^e
RGEW006	2 อินเดีย	4.8 ^{bcd}	53.7 ^{dec}
RGEW007	2 อินเดีย	4.0 ^d	44.4 ^e
RGEW008	2 อินเดีย	5.0 ^{bcd}	55.6 ^{dec}
RGEW009	2 อินเดีย	5.2 ^{bcd}	57.4 ^{bdec}
RGEW010	2 อินเดีย	3.8 ^d	40.9 ^e
RGEW011	3 ไทย	4.0 ^d	44.4 ^e
RGEW012	3 ไทย	4.4 ^{cd}	49.4 ^{de}
RGEW013	3 ไทย	5.3 ^{bcd}	59.3 ^{bdec}
RGEW014	3 ไทย	4.7 ^{bcd}	52.2 ^{dec}
RGEW015	3 ไทย	6.2 ^{abcd}	68.5 ^{bdecC}
RGEW016	4 จีน	4.1 ^d	45.2 ^e
RGEW017	4 จีน	6.6 ^{abc}	73.0 ^{bac}
RGEW018	4 จีน	6.2 ^{abcd}	68.5 ^{bdac}
RGEW019	4 จีน	7.7 ^a	82.6 ^a
RGEW020	4 จีน	6.9 ^{ab}	76.7 ^{ba}
ค่าเฉลี่ย		4.9	54.6
F-test		**	**
C.V. (%)		19.6	20.0

หมายเหตุ

** = มีความแตกต่างกันทางสถิติที่อย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$)

ค่าเฉลี่ยที่กำกับด้วยตัวอักษรเดียวกันไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความ
เชื่อมั่นร้อยละ 95 ($P < 0.05$) โดยวิธี Duncan's Multiple Range Test (DMRT)

ตาราง 4 ความแตกต่างค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรกระหว่างกลุ่มในสภาพแปลงได้แก่
(1) บังคลาเทศ (2) อินเดีย (3) ไทย และ (4) จีน

กลุ่มแหล่งพันธุกรรม ที่เปรียบเทียบ	ค่าเฉลี่ยเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค				<i>P</i> -value
	บังคลาเทศ	อินเดีย	ไทย	จีน	
บังคลาเทศ : อินเดีย	44.9	50.7	-	-	0.1465
บังคลาเทศ : ไทย	44.9	-	54.7	-	0.017
บังคลาเทศ : จีน	44.9	-	-	69.2	<.0001
อินเดีย : ไทย	-	50.7	54.7	-	0.3174
อินเดีย : จีน	-	50.7	-	69.2	<.0001
ไทย : จีน	-	-	54.7	69.2	0.0005

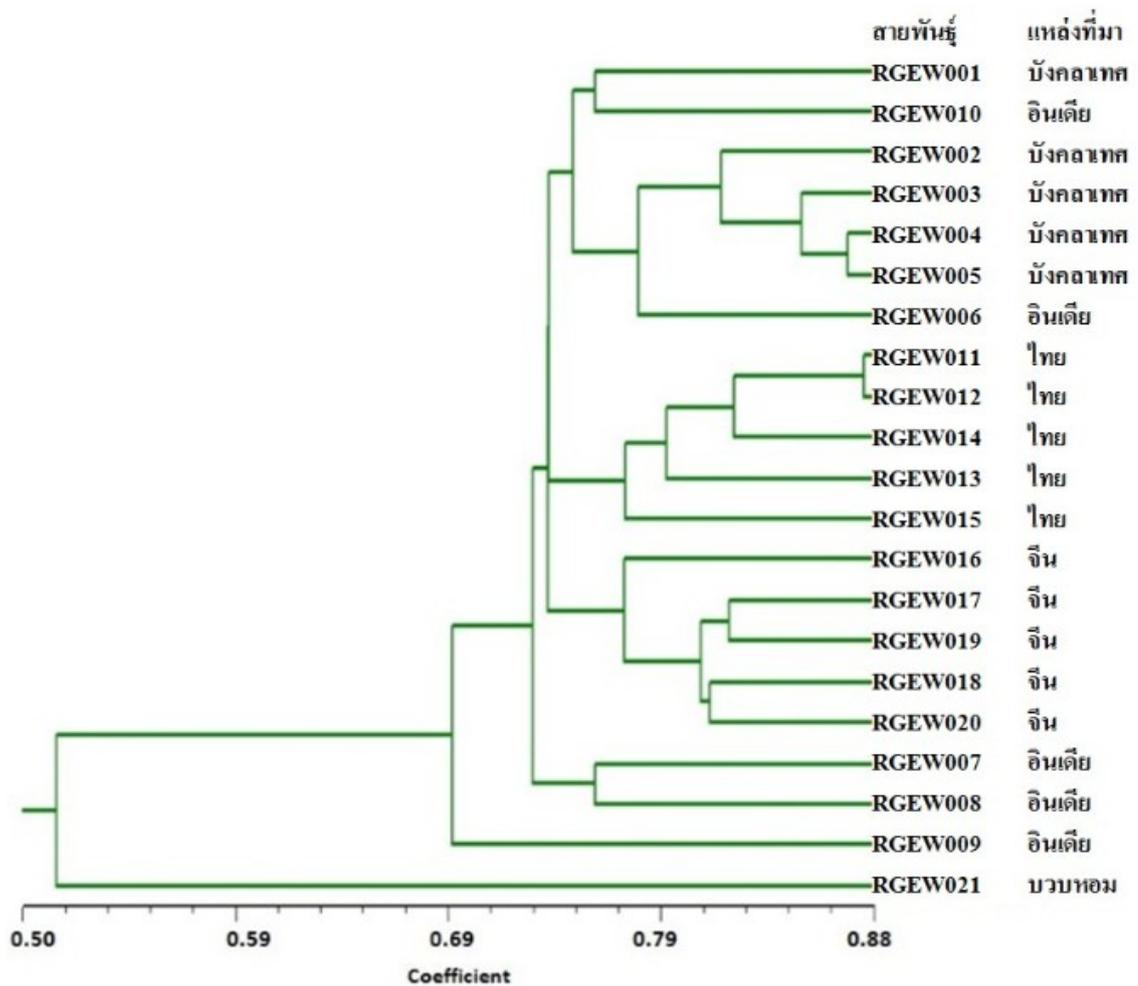
C.V. (%) = 19.6

3. การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยม

ผลจากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์ และพันธุ์บวบหอม 1 สายพันธุ์ (EW021) โดยใช้เทคนิค Polymerase Chain reaction (PCR) ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลชนิด Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) และทำการวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่แสดงความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ด้วยวิธี Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA) cluster analysis เพื่อหาค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนกัน และจัดกลุ่มตัวอย่าง ด้วยโปรแกรม NTSYSpc. (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยอาศัยสัมประสิทธิ์ความเหมือนตามวิธี Jaccard's (1908) เลือกใช้ไพรเมอร์ แบบสุ่มจำนวน 158 ไพรเมอร์ สามารถตรวจพบแถบดีเอ็นเอ 823 แถบ เมื่อนำมาหาความแตกต่างระหว่างเครื่องหมายโมเลกุล สามารถตรวจสอบความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอได้ 499 แถบ จาก 81 ไพรเมอร์ โดยเฉลี่ย 6.2 แถบต่อไพรเมอร์ ซึ่งไพรเมอร์แสดงแถบเครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีจำนวนของแถบดีเอ็นเอสูงสุดคือ 17 แถบ คือไพรเมอร์ OPE19 รองลงมาคือ OPE03 OPE18 OPR10 และ OPJ13 มีจำนวนแถบ 15, 14, 14 และ 13 ตามลำดับ ส่วนไพรเมอร์ OPA07 OPZ03 OPJ17 และ UBC854 มีจำนวนแถบดีเอ็นเอเท่ากับ 12 แถบ และจำนวนของแถบดีเอ็นเอต่ำสุดคือ 1 แถบ ได้แก่ OPE09 OPW01 UBC808 UBC822 UBC846 และ UBC880 โดยไพรเมอร์ที่สามารถตรวจสอบให้ความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอที่มี Polymorphism สูงสุดคิดเป็น 100 เปอร์เซ็นต์ได้แก่ ไพรเมอร์ MDFI-1 MDFI-2 ISR0UBC864 OPA11 OPE09 OPE11 และ OPE17 รองลงมาคือ ไพรเมอร์ OPE18 และ OPG19

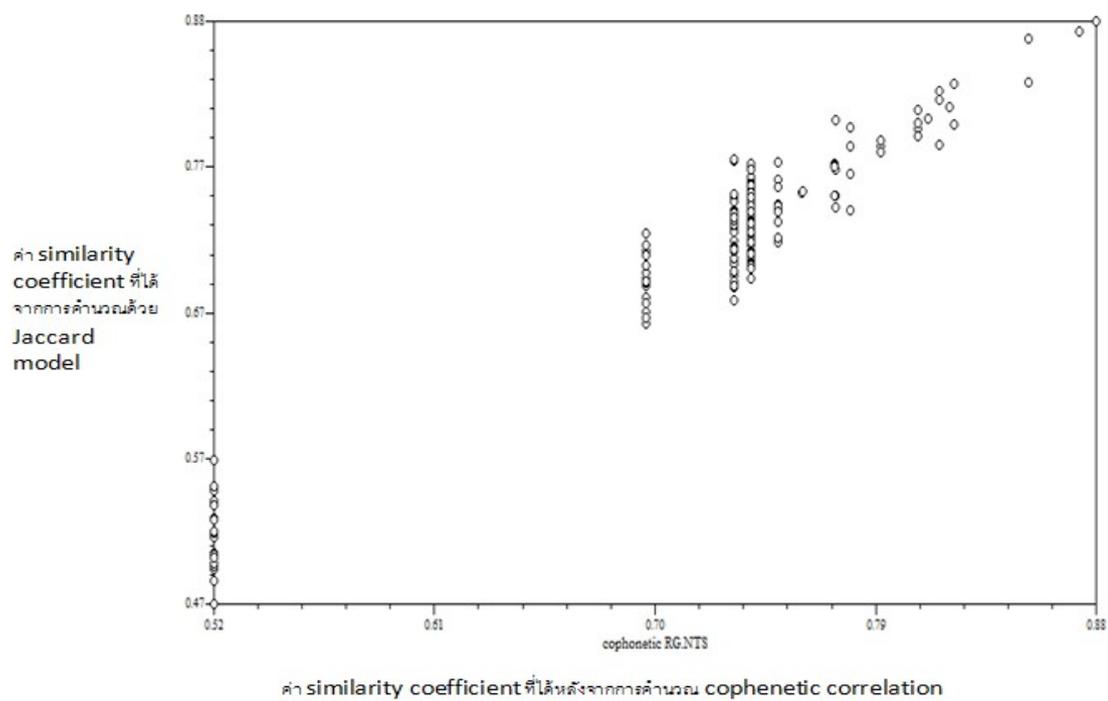
เมื่อนำข้อมูลจำนวนแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นทั้งหมด 499 แถบ จาก 81 ไพรเมอร์ มาวิเคราะห์หาค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์และบวบหอม 1 สายพันธุ์ ด้วยโปรแกรม NTSYSpc และจัดกลุ่มพันธุกรรมด้วยวิธี (UPGMA) เพื่อสร้างแผนภูมิต้นไม้จำลอง (ภาพ 4) แล้วตรวจสอบความถูกต้องของการจัดกลุ่มโดยวิเคราะห์ข้อมูลด้วยโปรแกรม NTSYSpc เพื่อหาค่า cophenetic correlation (r) ได้ค่าเท่ากับ 0.96 มีการจัดกลุ่มดีมาก

ผลการจัดกลุ่มความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยมแบ่งได้เป็น 6 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ 1 ได้แก่สายพันธุ์ RGEW001, RGEW010 กลุ่มที่ 2 ได้แก่สายพันธุ์ RGEW002 RGEW003 RGEW004 RGEW005 RGEW006 กลุ่มที่ 3 ได้แก่สายพันธุ์ RGEW011 RGEW012 RGEW013 RGEW014 RGEW015 กลุ่มที่ 4 ได้แก่สายพันธุ์ RGEW016 RGEW017 RGEW018 RGEW019 RGEW020 กลุ่มที่ 5 ได้แก่สายพันธุ์ RGEW007 RGEW008 กลุ่มที่ 6 ได้แก่สายพันธุ์ RGEW009 และกลุ่มสุดท้ายคือ RGEW021 (ภาพ 4)



ภาพ 4 แผนภูมิต้นไม้จำลองแสดงความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์และบวบหอม 1 สายพันธุ์

จากการวิเคราะห์ค่า similarity matrix ความเหมือนของตัวอย่างทั้งหมด 21 ตัวอย่าง พบว่ามีค่า similarity matrix อยู่ในช่วงระหว่าง 0.52-0.88 เมื่อทำการประเมินความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยม ที่ได้มาวิเคราะห์ พบว่าสายพันธุ์ RGEW011 กับ RGEW009 มีค่า (GSI) ต่ำสุดที่ 0.66 พันธุ์ที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากที่สุดคือ RGEW011 กับ RGEW012 มีค่า สูงสุด 0.88



ภาพ 5 matrix comparison ระหว่างการคำนวณ ด้วย Jaccard และวิเคราะห์ค่า cophenetic correlation มีค่าเท่ากับ 0.96

ตาราง 5 ค่าดัชนีความคล้ายคลึง (similarity index) ของบวบเหลี่ยม

	RGEW	RGEW																			
	001	002	003	004	005	006	007	008	009	010	011	012	013	014	015	016	017	018	019	020	021
RGEW001																					
RGEW002	0.777																				
RGEW003	0.720	0.788																			
RGEW004	0.744	0.826	0.863																		
RGEW005	0.747	0.820	0.833	0.869																	
RGEW006	0.723	0.743	0.788	0.801	0.768																
RGEW007	0.707	0.697	0.753	0.777	0.779	0.752															
RGEW008	0.705	0.692	0.743	0.753	0.738	0.739	0.756														
RGEW009	0.714	0.695	0.667	0.718	0.699	0.681	0.727	0.671													
RGEW010	0.756	0.746	0.742	0.764	0.759	0.734	0.748	0.700	0.711												
RGEW011	0.709	0.708	0.714	0.747	0.738	0.754	0.741	0.741	0.663	0.710											
RGEW012	0.736	0.720	0.706	0.759	0.758	0.754	0.754	0.737	0.681	0.738	0.876										
RGEW013	0.732	0.720	0.706	0.759	0.746	0.762	0.721	0.717	0.667	0.718	0.788	0.784									
RGEW014	0.726	0.727	0.714	0.751	0.746	0.741	0.709	0.729	0.689	0.722	0.804	0.832	0.792								
RGEW015	0.733	0.725	0.740	0.765	0.775	0.733	0.714	0.728	0.691	0.728	0.753	0.772	0.745	0.807							
RGEW016	0.756	0.762	0.746	0.766	0.734	0.730	0.740	0.716	0.718	0.745	0.761	0.761	0.728	0.775	0.761						
RGEW017	0.740	0.720	0.706	0.725	0.732	0.731	0.727	0.679	0.704	0.728	0.725	0.733	0.709	0.737	0.737	0.775					
RGEW018	0.744	0.749	0.713	0.724	0.737	0.711	0.733	0.688	0.692	0.738	0.737	0.745	0.713	0.723	0.705	0.775	0.800				
RGEW019	0.751	0.727	0.731	0.737	0.734	0.772	0.735	0.715	0.681	0.704	0.749	0.745	0.729	0.733	0.755	0.773	0.816	0.804			
RGEW020	0.740	0.733	0.695	0.735	0.752	0.727	0.737	0.690	0.677	0.734	0.721	0.741	0.713	0.702	0.728	0.753	0.795	0.807	0.813		
RGEW021	0.538	0.526	0.491	0.501	0.516	0.500	0.525	0.482	0.538	0.492	0.494	0.512	0.465	0.498	0.545	0.548	0.535	0.516	0.516	0.567	

ตาราง 6 การวิเคราะห์ Simple linear regression เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยาของบวบเหลี่ยมที่เชื่อมโยงกับเปอร์เซ็นต์ความต้านทานโรคใบไหม้ถั่วแตกยางไหล

เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยา	P-value
ลักษณะสีผล	0.0017
ลักษณะความยาวผล	0.0044
รูปทรงผล	0.0260
ขนาดคอผล	0.1080

ตาราง 7 การวิเคราะห์ Multiple locus regression เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยาของบวบเหลี่ยมที่
เชื่อมโยงกับเปอร์เซ็นต์ความต้านทานโรคใบไหม้เถาแตกยางไหล

เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยา	Partial R ²	P-value
ลักษณะสีผล	0.4314	0.0017
ลักษณะความยาวผล	0.1576	0.0044

การวิเคราะห์ความเชื่อมโยงของความต้านทานโรคกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา และเครื่องหมายโมเลกุล ได้ทำการวิเคราะห์เครื่องหมายทางสัณฐานวิทยาได้แก่ ลักษณะสีผล ความยาวผลรูปทรงผล และขนาดคอกผล โดยใช้วิธี Simple linear regression กับความต้านทานโรคใบไหม้เถาแตกยางไหลที่ปลูกทดสอบในสภาพโรงเรือนและแปลงทดสอบดังแสดงในตาราง 6 พบว่า ลักษณะสีผล ความยาวผลและรูปทรงผล มีความเชื่อมโยงกับความต้านทานโรค ($P < 0.05$) และเมื่อนำเครื่องหมายทางสัณฐานวิทยาที่เชื่อมโยงกับความต้านทานโรคมาวิเคราะห์ Multiple locus regression พบว่า ลักษณะสีผลและความยาวผลแสดงความเชื่อมโยงกับความต้านทานโรคอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) และมีค่า Partial R² ของสีผลมีอิทธิพลปานกลางต่อความต้านทานโรค เท่ากับ 43.1 เปอร์เซ็นต์ และ ความยาวผลกับความต้านทานโรคมีค่า Partial R² เท่ากับ 15.7 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตาราง 7)

ตาราง 8 การวิเคราะห์ Simple linear regression เครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติ และความเชื่อมโยงกับความต้านทาน โรคใบไหม้แถบแคบขางไหลที่ปลูกทดสอบในสภาพโรงเรือน และแปลงทดลอง

ลำดับ ที่	หมายเลขเครื่องหมาย โมเลกุล	<i>P</i> -value	ลำดับที่	หมายเลขเครื่องหมาย โมเลกุล	<i>P</i> -value
1	UBC825-B	0.0123	25	OPE19-H	0.0229
2	UBC810-D	0.0050	26	OPE19-N	0.0213
3	UBC848-A	0.0150	27	OPG08-H	0.0006
4	UBC848-G	0.0500	28	OPI10-A	0.0221
5	UBC854-A	0.0107	29	OPJ07-B	0.0221
6	UBC854-B	0.0390	30	OPR10-C	0.0138
7	UBC854-C	0.0113	31	OPA12-D	0.0493
8	UBC854-L	0.0470	32	OPF12-C	0.0385
9	UBC856-C	0.0250	33	OPW07-D	0.0003
10	UBC877-B	0.0160	34	OPW09-D	0.0012
11	MDFI-5-H	0.0470	35	OPW13-E	0.0001
12	MDFI-6-F	0.0330	36	OPX01-E	0.0007
13	MDFI-4-G	0.0264	37	OPZ03-A	0.0176
14	OPE11-A	0.0380	38	OPZ03-J	0.0139
15	OPA11-D	0.0090	39	OPJ12-A	0.0001
16	OPA11-F	0.0001	40	OPJ12-B	0.0001
17	OPA07-D	0.0236	41	OPJ12-D	0.0506
18	OPA07-G	0.0006	42	OPJ12-E	0.0404
19	OPB12-A	0.0020	43	OPJ12-F	0.0280
20	OPB12-B	0.0057	44	OPJ13-K	0.0501
21	OPB12-F	0.0243	45	OPJ17-C	0.0402
22	OPC13-E	0.0053	46	OPJ17-G	0.0404
23	OPC16-I	0.0400	47	OPJ18-D	0.0289
24	OPE18-J	0.0080			

ตาราง 9 การวิเคราะห์ Multiple locus regression เครื่องหมายโมเลกุลที่แสดงความแตกต่างทางสถิติและเชื่อมโยงกับความต้านทานโรคใบไหม้เหาแตกยางไหลที่ปลูกทดสอบในโรงเรือนและสภาพแปลงทดลอง

ลำดับที่	ชื่อเครื่องหมายโมเลกุล	Partial R ²	P-value
1	UBC854-C	0.8461	<.0001
2	OPJ12-A	0.0675	0.0189
3	UBC854-B	0.0283	0.0658
4	OPE19-N	0.0199	0.0757
5	OPA07-D	0.0158	0.0619
6	UBC848-G	0.0121	0.0375
7	UBC810-D	0.0052	0.0733

ได้ทำการวิเคราะห์ความเชื่อมโยงของเครื่องหมายโมเลกุลกับค่าเฉลี่ยความต้านทานโรคที่ปลูกทดสอบในโรงเรือนและสภาพแปลงทดลองโดยใช้วิธี Simple linear regression พบว่ามี 47 ไพรเมอร์ที่แสดงความเชื่อมโยงกับความต้านทานโรคอย่างมีนัยสำคัญ ($P < 0.05$) ดังตาราง 8 และเมื่อนำไพรเมอร์ที่แสดงความเชื่อมโยงดังกล่าว มาวิเคราะห์ Multiple locus regression พบว่ามี 2 ไพรเมอร์ ได้แก่ UBC854-C และ OPJ12-A แสดงความเชื่อมโยงกับความต้านทานโรคอย่างมีนัยสำคัญ ($P < 0.05$) โดยสามารถอธิบายความแปรปรวนลักษณะความต้านทานโรคบางส่วน (partial R²) ของไพรเมอร์ UBC854-C มีอิทธิพลกับความต้านทานโรค 84.6 เปอร์เซ็นต์ และ (partial R²) ของไพรเมอร์ OPJ12-A มีค่า 0.0675 ตามลำดับ (ตาราง 9)