

บทที่ 6

สรุปผลการทดลอง

การทดลองที่ 1 การคัดเลือกพันธุ์ด้านทานสภาพโรงเรือน

การคัดเลือกพันธุ์ด้านทานโรคใบไหม้เถาแตงยางไหล ในบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์ในสภาพโรงเรือนในระยะต้นกล้า พบว่าบวบเหลี่ยมสายพันธุ์ RGEW016 RGEW017 RGEW018 RGEW019 และ RGEW020 แสดงอาการอ่อนแอต่อโรคในระดับสูงเฉลี่ยที่ระดับ 6.7–7.0 แหล่งพันธุ์กรรมมาจากประเทศจีนโดยแสดงอาการอ่อนแอต่อโรคภายในกลุ่มเฉลี่ยอยู่ที่ระดับ 6.8 มีเปอร์เซ็นต์การเกิดโรค 74.9 สูงกว่าพันธุ์จากประเทศ บังคลาเทศ อินเดีย และไทย โดยเฉพาะสายพันธุ์ RGEW017 RGEW018 และ RGEW019 แสดงอาการอ่อนแอต่อโรคมากที่สุด ส่วนสายพันธุ์ RGEW003 RGEW005 RGEW006 RGEW007 และ RGEW008 แสดงอาการอ่อนแอต่อโรคต่ำที่ระดับ 5.0 – 5.3 โดยที่สายพันธุ์ RGEW006 แสดงอาการของโรคต่ำสุดที่ระดับ 6.0 แหล่งพันธุ์กรรมมาจากกลุ่มประเทศอินเดีย แสดงอาการของโรคภายในกลุ่มเฉลี่ยที่ 5.5 จากการประเมินสายพันธุ์เมื่อเปรียบเทียบระดับความต้านทาน สายพันธุ์จากแหล่งพันธุ์กรรมที่ 4 (จีน) จัดเป็นกลุ่มสายพันธุ์ที่อ่อนแอต่อโรคใบไหม้เถาแตงยางไหล สายพันธุ์จากแหล่งพันธุ์กรรมที่ 2 (อินเดีย) จัดเป็นกลุ่มที่มีความต้านทานต่อโรคเถาแตงยางไหลมากที่สุดซึ่งจะได้นำข้อมูลในการคัดเลือกหาพันธุ์ด้านทานเพื่อนำไปใช้ในการปรับปรุงพันธุ์บวบเหลี่ยมต่อไป

การทดลองที่ 2 การคัดเลือกพันธุ์ด้านทานในสภาพแปลง

การคัดเลือกพันธุ์ด้านทานโรคใบไหม้เถาแตงยางไหล ในบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์ในสภาพแปลง พบว่าบวบเหลี่ยมสายพันธุ์ RGEW017 RGEW018 RGEW019 และ RGEW020 แสดงอาการอ่อนแอต่อโรคระดับสูง ที่ 6.2 – 7.7 โดยสายพันธุ์ RGEW019 แสดงอาการอ่อนแอต่อโรคในสภาพแปลงสูงสุดที่ระดับ 7.7 มาจากแหล่งพันธุ์กรรมกลุ่มจีน แสดงอาการอ่อนแอต่อโรคภายในกลุ่มเฉลี่ยที่ระดับ 6.8 ส่วนสายพันธุ์ RGEW002 RGEW003 RGEW004 RGEW005 และ RGEW010 แสดงอาการอ่อนแอต่อโรคระดับต่ำที่ 3.8 – 4.3 มาจากแหล่งพันธุ์กรรมกลุ่มบังคลาเทศ โดยพันธุ์ที่แสดงอาการของโรคต่ำสุดที่ 3.8 ได้แก่ RGEW010 จากแหล่งพันธุ์กรรมไทย และ RGEW016 มาจากแหล่งพันธุ์กรรมกลุ่มที่ 4 (ประเทศจีน) เมื่อตรวจสอบระดับการแสดงผลการของ

โรคเพื่อประเมินความต้านทานจากพันธุกรรมทั้ง 4 กลุ่ม พบว่าสายพันธุ์ที่อ่อนแอต่อโรค ส่วนใหญ่มาจากแหล่งพันธุกรรมจีน มีค่าเฉลี่ยภายในกลุ่มที่ 6.3 จัดเป็นกลุ่มพันธุ์ที่มีความอ่อนแอต่อโรคมามากที่สุด ส่วนกลุ่มพันธุ์ที่มีความต้านทานต่อโรคมามากที่สุดมีแหล่งพันธุกรรมจากกลุ่มบังคลาเทศ มีค่าเฉลี่ยภายในกลุ่มที่ 4.0 ซึ่งจะได้นำข้อมูลที่ได้ทำการคัดเลือกหาพันธุ์ต้านทาน ไปใช้ในการปรับปรุงพันธุ์บวบเหลี่ยมต่อไป

การทดลองที่ 3 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยม

จากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยม 20 สายพันธุ์ จาก 4 ประเทศ คือ บังคลาเทศ ไทย อินเดีย และจีน โดยใช้วิธี Random amplified Polymorphic DNA (RAPD) จำนวน 158 ไพรมเมอร์ มีเพียง 81 ไพรมเมอร์ ที่สามารถตรวจพบแถบดีเอ็นเอ 823 แถบ อยู่ในช่วง 500–3000 เบส เมื่อนำมาหาความแตกต่างระหว่างเครื่องหมายโมเลกุล สามารถตรวจสอบความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอได้ 499 แถบ จาก 81 ไพรมเมอร์ (Primer) พบว่าบวบเหลี่ยมทั้ง 20 สายพันธุ์มีค่า similarity matrix อยู่ในช่วงระหว่าง 0.66 – 0.88 สายพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์มากที่สุดคือ RGEW011 กับ RGEW012 มีค่า genetic similarity index (GSI) สูงที่สุด (0.88) สายพันธุ์ที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมมากที่สุดคือ RGEW011 กับ RGEW009 มีค่า genetic similarity index (GSI) ต่ำที่สุด (0.66) เมื่อนำค่า genetic similarity index (GSI) มาวิเคราะห์เพื่อจัดกลุ่มความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของบวบเหลี่ยมโดยวิธี Unweighted pair group method with arithmetic averages (UPGMA) พบว่าสามารถจัดกลุ่มออกเป็น 6 กลุ่ม ได้แก่

กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย 2 สายพันธุ์ RGEW001 แหล่งพันธุกรรมมาจากประเทศบังคลาเทศ และ RGEW010 มีแหล่งพันธุกรรมมาจากประเทศอินเดีย

กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย 5 สายพันธุ์ RGEW002 RGEW003 RGEW004 RGEW005 มีแหล่งพันธุกรรมมาจากบังคลาเทศ และ RGEW006 ซึ่งมีแหล่งเก็บจากประเทศอินเดีย

กลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย 5 สายพันธุ์ RGEW011 RGEW012 RGEW013 RGEW014 และ RGEW015 มีแหล่งพันธุกรรมมาจากไทย

กลุ่มที่ 4 ประกอบด้วย 4 สายพันธุ์ RGEW016 RGEW017 RGEW018 RGEW019 มีแหล่งพันธุกรรมมาจากประเทศจีน

กลุ่มที่ 5 ประกอบด้วย 2 สายพันธุ์ RGEW007 และ RGEW008 มีแหล่งพันธุกรรมมาจากประเทศอินเดีย

กลุ่มที่ 6 มีเพียง 1 สายพันธุ์ คือสายพันธุ์ RGEW009 มีแหล่งพันธุกรรมมาจาก

ประเทศจีน

เมื่อทำการตรวจสอบค่าความถูกต้องของการจัดกลุ่มโดยการวิเคราะห์ค่า cophenetic มีค่าเท่ากับ 0.96 เป็นค่าบ่งชี้ให้เห็นว่ามีความสัมพันธ์กันแบบทางเดียวอย่างสมบูรณ์ แต่อย่างไรก็ตามการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมนั้นควรใช้ข้อมูลทางด้านสัณฐานวิทยาประกอบในการพิจารณาพันธุ์เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์

การวิเคราะห์ความเชื่อมโยงของความต้านทานโรคกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาและเครื่องหมาย

โมเลกุล

จากการวิเคราะห์ความเชื่อมโยงของความต้านทานโรคใบไหม้เหาแตกยางไหลกับลักษณะทางสัณฐานวิทยา โดยวิธี Multiple locus regression พบว่า ลักษณะสีผลและความยาวผลมีความเชื่อมโยงกับลักษณะความต้านทานโรค ส่วนเครื่องหมายโมเลกุล UBC854-C มีความเชื่อมโยงกับลักษณะต้านทานโรคและสามารถอธิบายความแปรปรวนลักษณะความต้านทานโรคได้มากที่สุด