

ความแตกต่างทางพันธุกรรมของสายพันธุ์ถั่วฝักยาวที่คัดเลือกจากพันธุ์พื้นเมือง Genetic Divergence in Yardlong Bean Lines Selected from Local Cultivars

ปราโมทย์ พรสุริยา^{1*} พรทิพย์ พรสุริยา¹ ทรงศักดิ์ จันทร์อุดม¹ วณาสี ศักดิ์สุริยผดุง¹ และ ภาณุ เอี่ยมต่อม¹
Pornsuriya, Pr.^{1*}, Pornsuriya, Po.¹, Chan-udom, S.¹ Saksuriyaphadung, W.¹ and Aiemtom, P.¹

¹ คณะเกษตรศาสตร์และทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลตะวันออก

¹ Faculty of Agriculture and Natural Resources, Rajamangala University of Technology Tawan-ok

* Corresponding author: pornsuriya@hotmail.com

Received 12 November 2016; Revised 24 November 2016; Accepted 1 December 2016

บทคัดย่อ

การประเมินเชื้อพันธุกรรมพืชเป็นงานที่ต้องการทำก่อนในระยะแรกของการปรับปรุงพันธุ์พืช เพื่อจำแนกจีโนไทป์ที่ต้องการเพื่อนำมาใช้ในโปรแกรมปรับปรุงพันธุ์ ดังนั้นในการทดลองในแปลงปลูกของถั่วฝักยาว 44 สายพันธุ์/พันธุ์ จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของจีโนไทป์โดยการวิเคราะห์แบบหลายตัวแปรจากลักษณะทางสัณฐานวิทยา ปลูกถั่วฝักยาวสายพันธุ์คัด 40 สายพันธุ์ และพันธุ์การค้า 4 พันธุ์ ได้แก่พันธุ์ลำน้ำชี ได้หวัน สุดสาคร และวังเจ้า วางแผนการทดลองแบบ augmented randomized complete block จำนวน 5 บล็อก นำข้อมูลที่ปรับค่าแล้วของลักษณะทางสัณฐานวิทยา 10 ลักษณะ มาวิเคราะห์โดย Mahalanobis distance และวิเคราะห์การจัดกลุ่ม (hierarchical cluster) ผลการทดลองพบว่าจากค่า Mahalanobis distance ที่แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรม โดยสายพันธุ์เบอร์ 9-12 มีค่าต่ำสุดคือ 2.236 และพันธุ์วังเจ้ามีค่าสูงสุดคือ 29.430 จากการวิเคราะห์จัดกลุ่มทั้ง 44 จีโนไทป์ สามารถจัดเป็นกลุ่มได้ 5 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 3 มีจำนวนจีโนไทป์มากที่สุดคือ 17 จีโนไทป์ และกลุ่ม 4 มีน้อยสุด (1 จีโนไทป์) ในขณะที่กลุ่ม 1, 2 และ 5 มี 7, 13 และ 6 จีโนไทป์ ตามลำดับ ค่าเฉลี่ยความยาวฝักที่มากที่สุดพบในกลุ่ม 2 และกลุ่ม 5 (57.10 และ 57.81 เซนติเมตร ตามลำดับ) กลุ่ม 2 ซึ่งประกอบด้วยพันธุ์ได้หวันและสายพันธุ์คัดเลือก 12 สายพันธุ์ มีค่าเฉลี่ยของจำนวนฝักต่อต้นมากที่สุด (25.99 ฝักต่อต้น) และผลผลิตต่อเฮกตาร์มากที่สุด (25.19 ตันต่อเฮกตาร์) ดังนั้นการคัดเลือกจีโนไทป์ที่ให้ผลผลิตสูงจึงควรพิจารณาคัดเลือกจากสายพันธุ์/พันธุ์ ถั่วฝักยาวในกลุ่มที่ 2

คำสำคัญ: ถั่วฝักยาว, ความแตกต่างทางพันธุกรรม

Abstract

Germplasm evaluation is prerequisite to classify the desirable genotypes to provide the breeding programs. Thus a field experiment was performed with 44 lines/cultivars of yardlong bean to determine genetic divergence through multivariate analysis of morphological characters. 40 selected lines and 4 commercial cultivars, namely Lamnamchee, Taiwan, Sudsakorn and Wangchao, were laid out in augmented randomized complete block design with 5 blocks. Adjusted values of 10 morphological characters were multivariately analyzed using Mahalanobis distance to assess genetic divergence. Hierarchical cluster analysis of 10 morphological characters based on Ward's method was conducted to classify these 44 genotypes. Mahalanobis distance values signified the genetic divergence of 44 genotypes, ranging from 2.236 of No.9-12 line to 29.430 of Wangchao cultivar. The 44 genotypes were grouped into 5 appropriate clusters according to the squared Euclidean distance. Cluster III comprised the highest number of genotypes (17) and cluster IV the lowest (1), while cluster I, II and V included 7, 13 and 6 genotypes, respectively. The highest mean values for pod length were observed in cluster II and V (57.10 and 57.81 cm, respectively). Cluster II, which comprised Taiwan cultivar and 12 selected lines, had the highest mean values for number of pods per plant (25.99 pods/plant) and yield per hectare (25.19 ton/ha). Therefore, more emphasis should be given on cluster II for selecting genotypes as elite lines for the next breeding program.

Keywords: Yardlong bean, genetic divergence

บทนำ

ถั่วฝักยาวมีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Vigna unguiculata* (L.) Walp. subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc. (Stephens, 2003; Porcher, 2005) อยู่ในวงศ์ Fabaceae (United States Department of Agriculture, 2007) เป็นพืชผักที่สามารถปลูกได้ในพื้นที่ทั่วทุกภาคของประเทศไทยและมีความสำคัญทางเศรษฐกิจชนิดหนึ่ง มีคุณค่าทางอาหารสูง มีการปลูกถั่วฝักยาวเพื่อการจำหน่าย และบริโภคภายในประเทศ และยังส่งออกจำหน่ายต่างประเทศ ในรูปสด แช่แข็ง และผักบรรจุกระป๋อง ถั่วฝักยาวมีพื้นที่ปลูกทั่วประเทศไทย 92,638 ไร่ ในปีการเพาะปลูก 2558 ผลผลิตรวม 113,638 ตัน (กรมส่งเสริมการเกษตร, 2559) จึงจัดเป็นพืชผักที่เกษตรกรนิยมปลูกกันมากชนิดหนึ่ง และเป็นพืชที่ทำรายได้ให้กับเกษตรกรได้เป็นอย่างดี

การประเมินเชื้อพันธุกรรมพืช (plant germplasm) เป็นงานที่ต้องการทำก่อนในระยะแรกของการปรับปรุงพันธุ์พืช เพื่อจำแนกจีโนไทป์ที่ต้องการเพื่อนำมาใช้ในโปรแกรมปรับปรุงพันธุ์ โดยที่คุณค่าของการรวบรวมเชื้อพันธุกรรมพืชนั้นไม่ได้ขึ้นกับจำนวนตัวอย่างพันธุ์ (accession) ที่ได้รวบรวมมาเพียงอย่างเดียวเท่านั้น แต่ยังขึ้นกับความแตกต่างหลากหลายทางพันธุกรรมในทางด้านผลผลิตและองค์ประกอบของผลผลิตของตัวอย่างพันธุ์เหล่านั้นด้วย ความสำเร็จของโปรแกรมปรับปรุงพันธุ์โดยเบื้องต้นแล้วขึ้นกับความแตกต่างกันของเชื้อพันธุกรรมพืชที่มีอยู่ ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชจัดว่าเป็นปัจจัยที่สำคัญในโปรแกรมปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อให้ได้พันธุ์ที่มีลักษณะตามความต้องการ เช่น ให้ผลผลิตสูง การวิเคราะห์แบบหลายตัวแปร (multivariate analysis) ด้วยวิธีการต่างๆ มีประโยชน์ในการจำแนกเชื้อพันธุกรรมพืช และยังเป็นวิธีการที่สำคัญในการใช้วัดระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) โดยการใช้ข้อมูลจากลักษณะทางฟีโนไทป์ของพืช วิธีการวิเคราะห์ค่า Mahalanobis distance เป็นวิธีการหนึ่งที่มีการนำมาใช้ในการประมาณค่าความแตกต่างทางพันธุกรรม (genetic divergence) ในพืชต่างๆ หลายชนิด (Moll and Stuber, 1974; Makinde and Ariyo, 2010) ทั้งในพืชผสมตัวเอง เช่น ถั่วฝักยาว (Vavilapalli et al., 2014) ถั่วลิสง (Zaman et al., 2010) และในพืชผสมข้าม เช่น ข้าวโพดข้าวเหนียว (ปราโมทย์ และคณะ, 2558) การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมพืชยังมีประโยชน์ในการทำหาลำดับแหล่งของยีนส์ในลักษณะที่ต้องการว่ามีอยู่ในเชื้อพันธุกรรมเหล่านั้นหรือไม่อีกด้วย (Tomooka, 1991)

ดังนั้นการทดลองในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความแตกต่างทางพันธุกรรมโดยการวิเคราะห์ค่า Mahalanobis distance ค่า Square Euclidean distance และวิเคราะห์จัดกลุ่ม จากลักษณะทางการเจริญเติบโตทางลำต้น และองค์ประกอบของผลผลิตของถั่วฝักยาวสายพันธุ์คัดและพันธุ์การค้า

อุปกรณ์และวิธีการ

สายพันธุ์ถั่วฝักยาวที่ใช้ในการทดลอง เป็นสายพันธุ์ที่คัดเลือก

จากพันธุ์พื้นเมือง 38 สายพันธุ์ สายพันธุ์ที่คัดแบบเก็บรวมจากพันธุ์นำเข้าจากประเทศจีน 2 สายพันธุ์ (M1 และ B1) และพันธุ์การค้า 4 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ลำน้ำชี (ตราครุฑแดง) พันธุ์ใต้หวัน (ตราสิงโต) พันธุ์สุตสาคร (ตราเรือบิน) และพันธุ์วังเจ้า (ตราปลาวาฬ) รวม 44 จีโนไทป์ วางแผนการทดลองแบบ augmented randomized complete block design มี 5 บล็อก แต่ละบล็อกมี 12 แปลงย่อย ประกอบด้วยสายพันธุ์คัดเลือก 8 แปลงย่อย และพันธุ์การค้า 4 แปลงย่อย รวมทั้งการทดลอง 60 แปลงย่อย แต่ละแปลงย่อยมีขนาดกว้าง 1 เมตร ยาว 3.5 เมตร ระยะระหว่างแปลงย่อย 0.5 เมตร ระหว่างบล็อก 0.75 เมตร ปรับแปลงย่อยให้มีร่องกลางเพื่อการให้น้ำ กลุ่มแปลงด้วยพลาสติก ระยะปลูก 50 x 75 เซนติเมตร (ระยะต้น x ระยะแถว) ปลูกโดยหยอดเมล็ดแล้วถอนแยกให้เหลือหลุมละ 2 ต้น บันทึกข้อมูลลักษณะทางการเจริญเติบโตทางลำต้น และองค์ประกอบของผลผลิต ได้แก่ อายุดอกแรกบาน 50 เปอร์เซ็นต์ จำนวนข้อต่อต้น จำนวนแขนงต่อต้น ความยาวต้น (ซม.) น้ำหนักสด (ก.) ความยาวฝัก (ซม.) ความกว้างฝัก (ซม.) น้ำหนักฝัก (ก.) จำนวนฝักต่อต้น และผลผลิตต่อเฮกตาร์ (ต้นต่อเฮกตาร์) โดยลักษณะต้นเฉลี่ยจาก 5 ต้นต่อแปลงย่อย ลักษณะฝักเฉลี่ยจาก 10 ฝักต่อแปลงย่อย จำนวนฝักต่อต้นเฉลี่ยจากจำนวนฝักต่อแปลงย่อย และผลผลิตต่อเฮกตาร์เทียบจากผลผลิตต่อแปลงย่อย นำข้อมูลที่ปรับค่าแล้วจากการวิเคราะห์ตามแผนการทดลองแบบ augmented randomized complete block design มาวิเคราะห์หา ค่า Mahalanobis distance ค่า Square Euclidean distance และวิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วยวิธี hierarchical cluster (Ward's method)

ผลการทดลองและวิจารณ์

ลักษณะทางพืชสวนและผลผลิตของถั่วฝักยาวทั้ง 44 จีโนไทป์ (Table 1) เมื่อพิจารณาลักษณะที่สำคัญพบว่า สายพันธุ์ M1 มีความยาวฝักมากเป็นอันดับ 1 คือ 64.55 เซนติเมตร รองลงมาคือพันธุ์วังเจ้า, สายพันธุ์นาวังหิน, N-16, N-14 และ N-12 (63.69, 62.62, 62.32, 61.58 และ 61.40 เซนติเมตร ตามลำดับ) พันธุ์ใต้หวัน มีจำนวนฝักรวมต่อต้นมากเป็นอันดับ 1 คือ 35.66 ฝักต่อต้น รองลงมาได้แก่สายพันธุ์ นาวังหิน, N-12, B1 และ N-10 (33.30, 33.20, 29.38 และ 28.55 ฝักต่อต้น ตามลำดับ) และสายพันธุ์ B1 ให้ผลผลิตฝักรวมต่อเฮกตาร์มากเป็นอันดับ 1 คือ 32.88 ต้นต่อเฮกตาร์ รองลงมาได้แก่ สายพันธุ์ N-12, M1, พันธุ์ใต้หวัน, N-10 และ N-11 (31.75, 30.44, 29.88, 29.63 และ 25.06 ต้นต่อเฮกตาร์ ตามลำดับ)

ค่า Mahalanobis distance ของถั่วฝักยาว 44 จีโนไทป์ ซึ่งวิเคราะห์จากลักษณะทางพืชสวน 10 ลักษณะ พบว่าพันธุ์วังเจ้ามีค่าสูงสุดคือ 29.43 และสายพันธุ์ 9-12 มีค่าต่ำสุดคือ 2.24 (Table 2) แสดงให้เห็นถึงความแตกต่างหลากหลายกันของลักษณะโดยรวมของถั่วฝักยาวทั้ง 44 จีโนไทป์ ซึ่งพบว่ามีคุณสมบัติคล้ายกันเมื่อพิจารณาจากลักษณะต่างๆ ของแต่ละจีโนไทป์ (Table 1)

Table 1 Adjusted values for 10 horticultural characters of 44 yardlong bean genotypes.

Genotypes	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Lamnamchee	38.40	424	364.52	19.76	61.48	51.44	0.842	25.48	16.82	21.94
Taiwan	35.00	328	331.08	18.68	49.56	57.60	0.638	18.26	35.66	29.88
Sudsakorn	35.20	376	319.76	17.80	51.04	52.15	0.822	23.95	14.52	19.63
Wangchao	45.60	344	309.40	18.16	42.60	63.69	0.738	26.75	16.02	18.81
No.9-1	36.80	463	341.19	18.95	39.07	51.47	0.700	21.13	19.94	24.25
No.9-2	37.80	423	372.39	17.75	43.67	57.79	0.730	20.18	21.66	24.31
No.12-15	35.80	363	279.19	16.75	40.67	50.49	0.810	23.33	17.62	22.75
No.N-10	37.80	423	348.19	17.95	46.47	54.01	0.650	18.13	28.55	29.63
No.N32-R1	35.80	583	362.79	21.15	44.07	44.56	0.660	19.33	12.37	9.56
No.11-13	38.80	323	361.39	19.95	33.07	46.19	0.770	22.53	10.98	12.44
No.N-7	36.80	343	297.59	18.35	58.27	55.29	0.620	16.08	26.77	23.88
Nawanghin-R1	38.80	403	280.99	18.95	46.07	62.62	0.700	19.73	33.30	25.00
No.12-14	38.05	378	381.99	21.70	60.57	52.36	0.820	25.59	17.26	22.56
No.9-11	36.05	398	411.99	23.50	55.17	49.54	0.840	26.49	12.06	14.69
No.N-11	38.05	258	318.99	14.50	44.17	58.42	0.700	18.64	27.38	25.06
No.9-3	37.05	378	312.19	18.30	57.37	52.04	0.840	28.29	12.06	12.75
No.10-R1	39.05	358	371.79	20.50	50.57	50.94	0.910	27.05	12.84	13.88
No.12-1	36.05	298	302.79	16.30	38.97	54.55	1.020	37.29	13.88	17.06
No.11-11	38.05	458	350.69	17.10	46.97	53.49	0.840	26.14	10.63	13.13
No.N-4	38.05	298	247.09	16.10	40.57	58.27	0.780	23.24	23.77	21.13
No.11-10	36.05	343	364.29	16.65	45.62	56.12	0.765	23.65	12.77	16.63
No.N-12	37.05	383	349.29	17.85	55.82	61.40	0.635	18.65	33.20	31.75
No.9-R1	36.05	383	335.69	15.65	49.42	52.11	0.765	27.15	12.95	15.25
No.9-12	36.05	383	345.29	17.45	52.42	53.30	0.805	25.30	19.66	22.63
No.9-5	37.05	323	342.89	15.45	38.82	50.25	0.765	22.25	14.84	17.19
No.12-2	35.05	343	394.89	15.85	51.82	47.99	0.875	25.50	12.91	16.50
B1	36.05	363	397.49	17.85	44.42	54.21	0.695	20.10	29.38	32.88
No.12-12	38.05	323	361.29	17.05	38.02	53.12	0.875	27.45	12.99	16.94
No.N-13	35.80	313	368.44	19.30	41.27	57.72	0.617	17.68	21.46	19.25
No.9-15	35.80	433	334.84	23.10	54.67	53.31	0.797	26.63	19.67	22.69
No.9-R2	35.80	333	387.64	22.10	49.27	51.09	0.777	29.83	4.21	8.44
No.11-3	36.80	373	332.84	20.90	58.87	51.15	0.807	25.28	6.74	10.94
No.12-9	35.80	273	289.84	18.10	44.07	49.60	0.777	20.63	6.53	9.44
No.12-16	35.80	473	392.24	23.50	62.27	47.82	0.757	27.83	5.78	8.44
No.9-7	36.80	333	315.64	15.10	30.87	50.85	0.807	23.18	8.67	10.38
No.N-3	37.80	453	331.84	21.10	66.27	58.45	0.667	17.08	22.03	19.13
No.12-6	34.30	303	317.29	18.80	41.07	49.86	0.737	23.50	9.41	15.50
No.9-16	34.30	483	412.69	20.80	55.27	54.96	0.767	24.20	12.31	19.06
No.11-1	35.30	303	355.69	20.40	47.47	51.20	0.767	23.65	11.84	16.94
No.N-14	33.30	383	425.29	20.80	66.87	61.58	0.697	24.20	23.31	24.13
No.N-1	34.30	323	423.09	21.80	52.27	57.03	0.677	17.95	15.13	15.31
No.N-16	36.30	363	283.89	17.80	54.07	62.32	0.677	20.25	18.59	17.94
No.9-8	35.30	483	420.89	17.00	48.07	51.00	0.777	22.15	16.06	18.88
M1	35.30	663	330.49	21.00	65.67	64.55	0.717	25.90	24.06	30.44

Note: 1 = Days to 50% first bloom, 2 = Fresh plant weight (g), 3 = Plant length (cm), 4 = Number of nodes per plant, 5 = Number of branches per plant, 6 = Pod length (cm), 7 = Pod width (cm), 8 = Pod weight (g), 9 = Number of pods per plant, 10 = Yield (ton/ha).

Table 2 Mahalanobis distance (D²) values (higher to lower) evaluated from 10 horticultural characters of 44 yardlong bean genotypes.

Genotypes	D ²	Genotypes	D ²	Genotypes	D ²	Genotypes	D ²
Wangchao	29.43	No.N-3	10.83	No.12-15	8.59	No.N-10	6.78
M1	23.35	No.12-9	10.63	Lamnamchee	8.34	No.11-11	6.30
No.N32-R1	22.00	B1	10.13	No.12-14	7.94	No.N-12	5.83
No.12-1	21.05	No.12-2	10.11	No.9-7	7.83	No.11-3	5.68
Nawanghin-R1	15.20	No.10-R1	10.04	No.N-13	7.80	No.9-2	5.63
No.N-1	13.80	No.N-7	9.59	No.9-11	7.71	No.12-12	4.70
No.N-14	13.31	No.9-8	9.56	No.9-1	7.69	No.11-1	4.64
No.9-R2	12.03	No.12-6	9.52	No.N-4	7.32	Sudsakorn	4.49
No.12-16	11.73	No.11-13	9.12	No.9-16	7.03	No.11-10	4.19
Taiwan	11.25	No.N-16	8.92	No.N-11	6.94	No.9-5	3.79
No.9-R1	11.19	No.9-15	8.83	No.9-3	6.91	No.9-12	2.24

ค่า Square Euclidean distance (Table 3) ระหว่างคู่ของจีโนไทป์ ซึ่งเป็นค่าที่บ่งบอกถึงดัชนีของความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างจีโนไทป์ 2 จีโนไทป์ โดยวิเคราะห์จากลักษณะทางพืชสวนทั้ง 10 ลักษณะดังกล่าว พบว่าคู่ของจีโนไทป์ที่มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมมากที่สุด 5 อันดับแรก ได้แก่ สายพันธุ์ 12-1 กับ M1, 9-7 กับ M1, 11-13 กับ M1, 12-1 กับ N32-R1 และ 12-1 กับ N-3 โดยมีค่า Square

Euclidean distance เท่ากับ 67.46, 64.90, 63.91, 63.81 และ 63.40 ตามลำดับ ส่วนคู่ของจีโนไทป์ที่มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมน้อยที่สุด 5 อันดับแรก ได้แก่ พันธุ์ลำนำซี่ กับ สายพันธุ์ 12-14, พันธุ์สุดสาคร กับ สายพันธุ์ 9-12, สายพันธุ์ 12-6 กับ 11-1, 11-10 กับ 9-R1 และ 9-3 กับ 11-3 โดยมีค่า Square Euclidean distance เท่ากับ 1.39, 1.49, 2.47, 2.59 และ 2.85 ตามลำดับ

Table 3 Ten of each higher and lower inter-genotypes distances between pairs of genotypes.

Rank	Genotypic combination	Square Euclidean Distance Value	Rank	Genotypic combination	Square Euclidean Distance Value
Higher inter-genotypes distances			Lower inter-genotypes distances		
1	12-1 vs. M1	67.46	1	Lamnamchee vs. 12-14	1.39
2	9-7 vs. M1	64.9	2	Sudsakorn vs. 9-12	1.49
3	11-13 vs. M1	63.91	3	12-6 vs. 11-1	2.47
4	12-1 vs. N32-R1	63.81	4	11-10 vs. 9-R1	2.59
5	12-1 vs. N-3	63.4	5	9-3 vs. 11-3	2.85
6	12-1 vs. No. N-12	62.57	6	12-9 vs. 12-6	3.16
7	12-9 vs. M1	61.92	7	11-10 vs. 9-5	3.2
8	Wangchao vs. N32-R1	61.23	8	Sudsakorn vs. 12-15	3.23
9	12-1 vs. N-7	59.9	9	Taiwan vs. N-12	3.29
10	Wangchao vs. N-14	59.74	10	9-5 vs. 9-7	3.41

จากการวิเคราะห์จัดกลุ่มทั้ง 44 จีโนไทป์ สามารถจัดกลุ่มตามความแตกต่างทางพันธุกรรมจากค่า Square Euclidean distance ได้ 5 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 3 มีจำนวนจีโนไทป์มากที่สุดคือ 17 จีโนไทป์ และกลุ่ม 4 มีน้อยสุด (1 จีโนไทป์) ในขณะที่กลุ่ม 1, 2 และ 5 มี 7, 13 และ 6 จีโนไทป์ ตามลำดับ (Table 4) โดยที่จีโนไทป์ของกลุ่มที่ 1 มีค่าเฉลี่ยของจำนวนข้อต่อต้น และจำนวนกิ่งแขนงต่อต้นมากที่สุด (22.12 ข้อต่อต้น และ 55.36 แขนงต่อต้น ตามลำดับ) กลุ่มที่ 2 มีค่าเฉลี่ยของจำนวนฝักต่อต้น (25.99 ฝัก) และผลผลิตต่อเฮกตาร์ (25.19 ตันต่อเฮกตาร์) มากที่สุด และมีความยาวฝักมากเป็นอันดับที่ 2 (57.10 เซนติเมตร) กลุ่มที่ 3 มีค่าเฉลี่ยของเส้นผ่านศูนย์กลางฝักมากที่สุด (0.82 เซนติเมตร) กลุ่มที่ 4 (1 จีโนไทป์) มีอายุดอกบาน 50 เปอร์เซ็นต์ (45.60 วัน) และน้ำหนักฝัก

(26.75 กรัม) มากที่สุด และกลุ่มที่ 5 มีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักสดของต้น (441.33 กรัม) ความยาวต้น (396.81 เซนติเมตร) และความยาวฝัก (57.81 เซนติเมตร) มากที่สุด (Table 5) ดังนั้นในการพิจารณาคัดเลือกสายพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูงจึงควรพิจารณาจากจีโนไทป์ในกลุ่มที่ 2 และกลุ่มที่ 5 ซึ่งนอกจากจะให้ค่าเฉลี่ยผลผลิตต่อเฮกตาร์สูงแล้ว ยังมีจำนวนฝักต่อต้นสูง และมีฝักยาว ซึ่งลักษณะดังกล่าว (ความยาวฝัก และจำนวนฝักต่อต้น) เป็นลักษณะที่ควรพิจารณาในการคัดเลือกในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ถั่วฝักยาวซึ่งเสนอแนะโดย อภิญดา และปราโมทย์ (2557); Vardhan และ Savithamma (1998) และ Vidya และคณะ (2002) นอกจากนี้แล้ว ในการพิจารณาเพื่อการปรับปรุงพันธุ์โดยการผสมพันธุ์แล้วคัดเลือกในรุ่นต่อไปนั้น ควรพิจารณาคัดเลือกจีโนไทป์จากกลุ่มที่ 2

ผสมข้ามกับจีโนไทป์ที่คัดเลือกจากกลุ่มที่ 5 ซึ่งจะมีโอกาสให้ได้ประชากรที่มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมและสามารถคัดเลือกให้ได้ผลผลิตสูงขึ้นไปกว่าเดิมได้ โดยในการคัดเลือกกลุ่มผสมนั้นควรคำนึงถึงกลุ่มผสมที่แต่ละจีโนไทป์ให้ผลผลิตสูงและมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมมากพอสมควร โดยถ้า

หากพิจารณาคุณสมบัติจากความแตกต่างทางพันธุกรรมที่สูงเพียงอย่างเดียว ก็อาจจะทำให้ได้รุ่นลูกที่ให้ผลผลิตปานกลางหรือต่ำได้ (กฤษฎา, 2544)

Table 4 Distribution of 44 yardlong bean genotypes in 5 clusters according to Square Euclidean distance.

Cluster	No. of genotypes	Genotypes (lines and cultivars)
I	7	Lannamchee, N32-R1, 12-14, 9-11, 9-15, 9-R2, 12-16
II	13	Taiwan, 9-1, 9-2, 12-15, N-10, N-7, Nawanhin-R1, N-11, N-4, N-12, B1, N-3, N-16
III	17	Sudsakorn, 11-13, 9-3, 10-R1, 12-1, 11-11, 11-10, 9-R1, 9-12, 9-5, 12-2, 12-12, 11-3, 12-9, 9-7, 12-6, 11-1
IV	1	Wangchao
V	6	N-13, 9-16, N-14, N-1, 9-8, M1

Table 5 Cluster mean values for various quantitative characters in yardlong bean genotypes.

Characters	Cluster I	Cluster II	Cluster III	Cluster IV*	Cluster V
Days to 50% first bloom	36.53	37.08	36.56	45.60	34.72
Fresh plant weight (g)	431.71	374.15	345.53	344.00	441.33
Plant length (cm)	376.57	321.46	339.66	309.40	396.81
Number of nodes per plant	22.12	17.89	17.73	18.16	20.12
Number of branches per plant	55.36	48.39	45.67	42.60	54.90
Pod length (cm)	50.02	57.10	51.46	63.69	57.81
Pod width (cm)	0.78	0.69	0.82	0.74	0.71
Pod weight (g)	25.88	19.60	25.46	26.75	22.01
Number of pods per plant	12.60	25.99	12.01	16.02	18.72
Yield (ton/ha)	15.44	25.19	15.13	18.81	21.19

* Only 1 genotype was grouped in cluster IV.

สรุป

ถั่วฝักยาว 44 จีโนไทป์ มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมโดยเมื่อวิเคราะห์จากลักษณะทางพีชสวน 10 ลักษณะ พบว่า มีค่า Mahalanobis distance ของจีโนไทป์ตั้งแต่ 2.236 ถึง 29.430 และเมื่อพิจารณาจากค่า Square Euclidean distance พบว่าคู่ของจีโนไทป์ที่มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมมากที่สุด 5 อันดับแรก ได้แก่ สายพันธุ์ 12-1 กับ M1, 9-7 กับ M1, 11-13 กับ M1, 12-1 กับ N32-R1 และ 12-1 กับ N-3 โดยมีค่า Square Euclidean distance เท่ากับ 67.46, 64.90, 63.91, 63.81 และ 63.40 ตามลำดับ โดยจัดกลุ่มตามความแตกต่างทางพันธุกรรมจากค่า Square Euclidean distance ได้ 5 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 3 มีจำนวนจีโนไทป์มากที่สุดคือ 17 จีโนไทป์ และกลุ่ม 4 มีน้อยสุด (1 จีโนไทป์) ในขณะที่กลุ่ม 1, 2 และ 5 มี 7, 13 และ 6 จีโนไทป์ตามลำดับ โดยในการคัดเลือกสายพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูงควรพิจารณาจากจีโนไทป์ในกลุ่มที่ 2 และกลุ่มที่ 5 ซึ่งมีความยาวฝักมาก จำนวนฝักต่อต้นสูง และให้ผลผลิตต่อเฮกตาร์สูง

เอกสารอ้างอิง

- กรมส่งเสริมการเกษตร. ระบบสารสนเทศการผลิตทางด้านเกษตร. เข้าถึงได้จาก: <http://production.doae.go.th/home/index.php>. [เข้าถึงเมื่อ 20 พฤษภาคม 2559].
- กฤษฎา สัมพันธ์รักษ์. 2544. ปรับปรุงพันธุ์พืช: ความหลากหลายของแนวคิด. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- ปราโมทย์ พรสุริยา, สมควร บุญศรีบุญกุล และ พรทิพย์ พรสุริยา. 2558. ความแตกต่างทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์กับความดีเด่นของลูกผสมระหว่างพันธุ์ในข้าวโพดข้าวเหนียว. วารสารวิจัยมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลตะวันออก: 8(1). 17 – 22.
- อภิญา กานหงส์ และ ปราโมทย์ พรสุริยา. 2557. การเปรียบเทียบสายพันธุ์ถั่วฝักยาว 40 สายพันธุ์. แก่นเกษตร 42 (ฉบับพิเศษ): 634-640.
- Makinde, S.C.O. and O. J. Ariyo. 2010. Multivariate analysis of genetic divergence in twenty-two genotypes of

Pornsuriya et al. (2017)

- groundnut (*Arachis hypogaea* L.). J. Plant Breed. Crop Sci. 2: 192-204.
- Moll, R.H. and C.M. Stuber. 1974. Quantitative genetics empirical results relevant to plant breeding. Adv. Agron. J. 26: 277-370.
- Porcher, M. H. Sorting Vigna names. Available from: <http://www.plantnames.unimelb.edu.au/Sorting/Vigna.html>. [accessed on 10 March 2007].
- Stephens, J. M. Bean, Yard-Long -- *Vigna unguiculata* subsp. *Sesquipedalis* (L.) Verdc. Available from: <http://edis.ifas.ufl.edu/MV029>. [accessed on 21 November 2013].
- Tomooka N. 1991. Genetic diversity and landrace differentiation of mungbean (*Vigna radiata* L.) Wilczek and evaluation of its wild relatives (The subgenus *Ceratotropis*) as breeding materials. Tech. Bull.Trop. Res. 28: 1-4.
- United States Department of Agriculture. *Vigna unguiculata* (L.) Walp. subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc. Available from:<http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/taxon.pl?41646>. [accessed on 10 March 2007].
- Vardhan P.N.H. and D.L. Savithramma. 1998. Variability, character association, path analysis and assessment of quality parameters in cowpea (*Vigna unguiculata*) germplasm for vegetable traits. ACIAR Food Legume Newsl. 28: 7-8.
- Vavilapalli S.K., C.A. Celine and A.M. Vahab. 2014. Assessment of genetic divergence in among yard long bean (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis* [L.] genotypes. Legume Genomics and Genetics 5(1): 1-3.
- Vidya C. and S.K. Oomen. 2002. Correlation and path analysis in yardlong bean . J. Trop. Agril. 40: 48-50.
- Zaman M.A., M. Tuhina-Khatun, M.M.H. Bhuiyan, M. Moniruzzamn and M.N. Yousuf. 2010. Genetic divergence in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). Bangladesh J. Pl. Breed. Genet. 23: 45-59.

SJPS-M01-PV01300