

การจัดกลุ่มพันธุ์โดยการวิเคราะห์แบบหลายตัวแปรในลักษณะทางพืชสวนของถั่วฝักยาว

Cultivars Clustering by Multivariate Analysis on Horticultural Characteristics of Yardlong Bean

ฤทัยรัตน์ มังตา¹ สุภาภรณ์ เอี่ยมแข็ง¹ รุศมา มฤปดี¹ และ ปราโมทย์ พรสุริยา^{1*}

Ruethairat Mangta¹, Supaporn leamkheng¹, Russama Maruebodee¹ and Pramote Pornsuriya^{1*}

¹ สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช คณะเกษตรศาสตร์และทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลตะวันออก จังหวัดชลบุรี 20110

¹ Department of Plant Production Technology, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Rajamangala University of Technology Tawan-ok, Chonburi, 20110

* Corresponding author: pramote_po@mutto.ac.th

Received 23 August 2023; Revised 17 November 2023; Accepted 22 November 2023

บทคัดย่อ

ความสำเร็จของการคัดเลือกพืชในไร่พืชขึ้นอยู่กับช่วงของความหลากหลายทางพันธุกรรมที่มีอยู่ในประชากร งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อจัดกลุ่มพันธุ์จากการวิเคราะห์หลายตัวแปรของลักษณะทางพืชสวนของถั่วฝักยาว 23 พันธุ์ ประกอบด้วยพันธุ์การค้าจำนวน 20 พันธุ์ ได้แก่ นาคา, กรีนแอร์โรว์ 692, สายฝน, เนื้อทอง 9, สายธารา, ธารทอง, ลำน้ำพอง 2, สุวรรณภูมิ, สายสวรรค์, เพชรขจี, ศรีสวรรค์ 5, มั่นนี้กรีน, รังสิต 888, ลำน้ำชี, ยอดเพชรเกษม, แอร์กรีน 99, มังกรหยก 9, เจ้าพิภพ, เจียไต่เส้น และนิโครตก และ สายพันธุ์คัดเลือก 3 สายพันธุ์ ได้แก่ เขียว 33, บางพระ 2 และม่วง 33 วางแผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ (Randomized Complete Block Design: RCBD) 3 บล็อก ทำการทดลอง 2 ฤดูปลูก บันทึกข้อมูลลักษณะทางพืชสวน 12 ลักษณะ นำค่าเฉลี่ยของลักษณะจาก 2 ฤดูปลูกมาวิเคราะห์สถิติแบบหลายตัวแปรด้วยวิธี Mahalanobis distance (D^2) เพื่อศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมจาก 12 ลักษณะดังกล่าว และวิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วย Tocher's method ผลการทดลองพบว่าถั่วฝักยาว 23 จีโนไทป์ถูกจัดแบ่งออกเป็น 5 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 มีจำนวนจีโนไทป์สูงสุด (15) และ กลุ่มที่ 5 มีจำนวนจีโนไทป์ต่ำสุด (1) โดยกลุ่มที่ 4 มีระยะห่าง (D^2) ภายในกลุ่มสูงสุด (28.34) และกลุ่มที่ 5 มีระยะห่าง (D^2) ภายในกลุ่มน้อยที่สุด (0) ค่าระยะห่าง (D^2) ระหว่างกลุ่มที่มากที่สุดคือระหว่างกลุ่มที่ 5 และกลุ่มที่ 1 (106.42) ในขณะที่ค่าต่ำสุด (33.38) อยู่ระหว่างกลุ่มที่ 3 กับกลุ่มที่ 2 พบว่าลักษณะที่มีผลต่อความแตกต่างทางพันธุกรรมของถั่วยาวมากที่สุดคือความยาวฝัก (21.74 เปอร์เซ็นต์) รองลงมาคือ น้ำหนักฝัก (18.58 เปอร์เซ็นต์), ความยาวต้น (12.65 เปอร์เซ็นต์), จำนวนฝักต่อต้น (11.46 เปอร์เซ็นต์) ความยาวใบ (10.28 เปอร์เซ็นต์) และความกว้างฝัก (8.70 เปอร์เซ็นต์) ตามลำดับ

คำสำคัญ: พันธุ์การค้า, ระยะห่างทางพันธุกรรม, ความแตกต่างทางพันธุกรรม

Abstract

The success of plant phenotypic selection depends upon the range of genetic diversity available in the population. The objective of this research was to cluster 23 yardlong bean genotypes based on multivariate analysis of their horticultural characteristics. These genotypes consisted of 20 commercial cultivars, namely Naka, Greenarrow 692, Saifon, Nuethong 9, Saitara, Tarnthong, Lamnamphong 2, Suvarnabhumi, Saisawan, Petkajee, Sornsawan 5, Moneygreen, Rangsit 888, Lamnamchee, Yodpetkasem, Airgreen 99, Munggorniyok 9, Choiphiphop,

Chiataisen, and Nigrodok, and 3 selected lines namely Green 33, Bangpra 2, and Purple 33. They were laid out in a randomized complete block design with 3 blocks under 2 seasons. Data were recorded for 12 horticultural traits and the mean values of traits from 2 growing seasons were used for multivariate statistical analysis by Mahalanobis distance (D^2) method to study genetic divergence from those 12 traits, and the genotypes were grouped into clusters following Tocher's method. The results revealed that the genotypes were classified into 5 clusters. Cluster 1 had the maximum (15) and cluster 5 had the minimum (1) number of genotypes. Cluster 4 had the highest intra-cluster distance (28.34) and the lowest in cluster 5 (0). The inter-cluster D^2 values of five cluster revealed that the highest inter-cluster generalized distance (106.42) was between cluster 5 and cluster 1, while the lowest (33.38) was between cluster 3 and cluster 2. The percent contribution of each character towards divergence was as followings; pod length with the maximum contribution of 21.74%, followed by pod weight (18.58%), plant length (12.65%), number of pods per plant (11.46%), leaf width (5.53%) and pod width (8.70%), respectively.

Keywords: Commercial cultivars, Genetic distance, Genetic divergence

บทนำ

ถั่วฝักยาวเป็นพืชตระกูลถั่วอยู่ในวงศ์ fabaceae (United states Department of Agriculture, 2017) มีชื่อวิทยาศาสตร์คือ *Vigna unguiculata* (L.) Walp. subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc. ($2n=22$) (Porcher, 2015) เป็นพืชไม้เลื้อยที่มีแหล่งกำเนิดอยู่ในประเทศอินเดียและจีน โดยทั่วไปแล้วถั่วฝักยาวเป็นพืชที่ปลูกง่าย สามารถปลูกได้ทุกภูมิภาคของประเทศไทยปลูกได้ในดินทุกชนิด แต่ดินที่ปลูกแล้วได้ผลผลิตดีคือดินร่วนปนทราย (Purseglove, 1999) เป็นพืชที่ผสมเกสรด้วยตนเอง เจริญเติบโตได้ดีในสภาพอากาศร้อนชื้นหรือชอบอากาศค่อนข้างร้อน ฝนไม่ตกชุก ถั่วฝักยาวเป็นพืชที่มีคุณค่าทางอาหารสูง เป็นพืชผักที่นิยมนำมาประกอบอาหารและบริโภค ซึ่งอุดมไปด้วยแร่ธาตุและวิตามินที่สำคัญและจำเป็นต่อมนุษย์ (Takashi, 2015) นอกจากนี้ยังพบว่าถั่วฝักยาวช่วยเพิ่มคุณค่าให้กับดิน โดยการตรึงไนโตรเจนในบรรยากาศแล้วสะสมไว้ที่ปมราก โดยมีแบคทีเรียเป็นตัวช่วยในการตรึงไนโตรเจน (USDA, 2012) จากข้อมูลการผลิตพืชรายจังหวัดของกรมส่งเสริมการเกษตรรายงานไว้ว่า ปีเพาะปลูก พ.ศ. 2564 มีพื้นที่ปลูกถั่วฝักยาวของประเทศไทยประมาณ 40,234 ไร่ ผลผลิตรวมประมาณ 61,104 ตัน ผลผลิตเฉลี่ยประมาณ 1,032 กิโลกรัมต่อไร่ (Department of Agricultural Extension, 2022)

จากความสำคัญดังกล่าว ดังนั้นงานทางด้านปรับปรุงพันธุ์ของถั่วฝักยาวจึงยังมีความสำคัญและมีประโยชน์ต่อเกษตรกร ซึ่งความสำเร็จของโปรแกรมปรับปรุงพันธุ์โดยเบื้องต้นแล้วขึ้นอยู่กับความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรมพืชที่มีอยู่ ความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นปัจจัยสำคัญในการปรับปรุงพันธุ์พืช เพื่อให้ได้พันธุ์ที่มีลักษณะตามที่ต้องการ เช่น มีความต้านทานโรค, ให้ผลผลิตสูง เป็นต้น วิธีการปรับปรุงพันธุ์ที่ประสบความสำเร็จวิธีหนึ่งคือการคัดเลือกจากการผสมพันธุ์ โดยที่พ่อแม่ผสมจะต้องมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมมากที่สุด เพื่อให้ได้ประชากรสำหรับการคัดเลือกที่มีการกระจายทางพันธุกรรมที่สูงและเกินขอบเขตของพ่อแม่ (transgressive segregation) (Tomooka, 2019) การศึกษาลักษณะสัณฐานทางพืชสวนเป็นวิธีการที่มีประโยชน์ในการคัดเลือกลักษณะที่ดีเด่นเพื่อนำมาใช้เป็นคู่ผสมในการปรับปรุงพันธุ์ให้ดีขึ้น การจัดกลุ่มทางพันธุกรรมโดย Mahalanobis เป็นวิธีการหนึ่งที่น่ามาใช้ประมาณค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (Genetic distance) เพื่อจัดกลุ่มจีโนไทป์ที่มีระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยมาอยู่ในกลุ่มเดียวกัน และเพื่อนำจีโนไทป์ดีเด่นที่มีระยะห่างทางพันธุกรรมกันมากที่สุดคนละกลุ่มมาเป็นพ่อแม่ในการผสมพันธุ์ การวิเคราะห์ระยะ Mahalanobis สามารถนำมาใช้ประมาณค่าระยะห่างทางพันธุกรรมในพืชหลายชนิด (Makinde and Ariyo, 2016) ทั้งในพืชผสมตัวเอง เช่น ข้าว, ถั่วเหลือง (Schoen and Rowley 2014 ; Morgan and Wilson, 2016) และในถั่วฝักยาว (Asoontha and Abraham, 2017; Bhagavati et al., 2018) ดังนั้นในการทดลองในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมและการจัดกลุ่มพันธุ์โดยการวิเคราะห์แบบหลายตัวแปรด้วยวิธี Mahalanobis distance (D^2) จากลักษณะทางพืชสวนของถั่วฝักยาว 23 จีโนไทป์

วัสดุ อุปกรณ์และวิธีการ

พันธุ์ถั่วฝักยาวที่ใช้ในการทดลอง เป็นพันธุ์การค้า 20 พันธุ์ และสายพันธุ์คัดเลือกของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลตะวันออก อีก 3 สายพันธุ์ (ชื่อพันธุ์/สายพันธุ์ และแหล่งที่มาดังแสดงใน Table 1) วางแผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ (Randomized Complete Block Design: RCBD) ทำ 3 ซ้ำ (3 บล็อกปลูก) ทำการทดลองในโรงเรือนทดลอง สาขาเทคโนโลยีการผลิตพืช คณะเกษตรศาสตร์และทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลตะวันออก จังหวัดชลบุรี โดยในแต่ละบล็อกสุ่มพันธุ์ถั่วฝักยาว ทั้ง 23 พันธุ์ลงปลูก โดยปลูกพันธุ์ละ 2 หลุมๆ ละ 2 ต้น (4 ต้น/หน่วยทดลอง) รวมทั้งการทดลอง 69 หน่วยทดลอง ระยะห่างระหว่างหลุม 50 เซนติเมตร ส่วนระยะห่างระหว่างแถว 75 เซนติเมตร ปลูกโดยหยอดเมล็ด และถอนแยกเหลือ 2 ต้น/หลุม เมื่อสิ้นสุดฤดูปลูกที่ 1 (เดือนกันยายน-พฤศจิกายน 2565) ทำการปลูกทดลองซ้ำในฤดูปลูกที่ 2 (เดือนมกราคม-มีนาคม 2566) หลังจากเว้นระยะ โดยหยุดพลิกดินตากไว้ 15 วัน ใช้วิธีการปลูกปฏิบัติและแผนการทดลองเช่นเดิม แต่มีการสุ่มผังการทดลองใหม่ในแต่ละบล็อก การปฏิบัติดูแลตามวิธีมาตรฐานตามคำแนะนำ (Department of Agricultural Extension, 2008) บันทึกข้อมูลลักษณะทางพืชสวน 12 ลักษณะ ได้แก่ ความยาวต้น (เซนติเมตร), จำนวนแขนงต่อต้น, ความยาวใบ (เซนติเมตร), ความกว้างใบ (เซนติเมตร), ความเขียวของใบ (SPAD Unit), อายุดอกแรกบาน (วัน), ความยาวฝัก (เซนติเมตร), ความกว้างฝัก (มิลลิเมตร), น้ำหนักต่อฝัก (กรัม/ฝัก), จำนวนเมล็ดต่อฝัก, จำนวนฝักต่อต้น และผลผลิตต่อต้น (กรัม/ต้น) โดยลักษณะต้นเฉลี่ยจาก 2 ต้น/หน่วยทดลอง ลักษณะฝักเฉลี่ยจาก 10 ฝัก/หน่วยทดลอง นำข้อมูลของทั้ง 12 ลักษณะ จากทั้ง 3 ซ้ำ โดยเฉลี่ยมาจากทั้ง 2 ฤดูปลูกมาวิเคราะห์แบบหลายตัวแปร (multivariate analysis) ด้วยวิธี Mahalanobis distance (D^2) เพื่อประเมินความแตกต่างทางพันธุกรรม แล้วนำมาวิเคราะห์การจัดกลุ่มจีโนไทป์ของถั่วฝักยาวทั้ง 23 จีโนไทป์ โดยใช้ Tocher's method การวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป STAR (IRRI, 2014) และ TNAUSTAT (Manivannan, 2014)

ผลการทดลองและวิจารณ์

1. ความแปรปรวนของลักษณะของถั่วฝักยาว 23 จีโนไทป์ ในฤดูปลูกที่ 1 และ 2

ข้อมูลสถิติพรรณนาของทั้ง 12 ลักษณะของถั่วฝักยาว 23 จีโนไทป์ ในฤดูปลูกที่ 1 และ 2 ดังแสดงใน Table 2 และ 3 โดยที่ค่าสัมประสิทธิ์ของความแปรปรวน (CV) เป็นค่าที่บ่งชี้ถึงความแปรปรวนของประชากรของแต่ละลักษณะที่สามารถนำมาเปรียบเทียบกันได้ระหว่างลักษณะแม้ว่าจะมีหน่วยวัดที่แตกต่างกัน (Pélabon et al., 2020) ในฤดูปลูกที่ 1 พบว่าลักษณะจำนวนแขนงต่อต้นมีความแปรปรวนมากที่สุด รองลงมาคือ จำนวนฝักต่อต้น ผลผลิตต่อต้น และน้ำหนักฝัก (38.49, 29.26, 28.98 และ 15.07 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ) ส่วนในฤดูปลูกที่ 2 ลักษณะที่มีความแปรปรวนมากที่สุดเรียงลงมาได้แก่ จำนวนแขนงต่อต้น ผลผลิตต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนักฝัก (47.33, 21.51, 16.42 และ 11.61 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ) จากความแปรปรวนของลักษณะดังกล่าวแสดงให้เห็นว่าถั่วฝักยาวมีความแปรปรวนของจีโนไทป์ที่สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ต่อไปได้

2. การจัดกลุ่มของจีโนไทป์ (D^2 analysis)

ผลการวิเคราะห์จัดกลุ่มทั้ง 23 จีโนไทป์ โดยนำข้อมูลทั้ง 12 ลักษณะ (เฉลี่ยจากทั้ง 2 ฤดู) มาวิเคราะห์แบบหลายตัวแปร โดยวิธี Mahalanobis distance (D^2) และสามารถจัดกลุ่มของจีโนไทป์ได้ 5 กลุ่ม ตามความแตกต่างทางพันธุกรรม (Table 4) โดยที่กลุ่ม 1 เป็นกลุ่มที่ใหญ่ที่สุด ประกอบด้วย 15 จีโนไทป์ (ได้แก่ นาคา, กรีนแอร์โรว์ 692, เนื้อทอง 9, สายธารา, ธารทอง, ลำน้ำพอง 2, สุวรรณภูมิ, เพชรขจี, มั่นนี้กรีน, รังสิต 888, ลำน้ำชี, ยอดเพชรเกษม, แอร์กรีน 99, เจ้าพิภพ, เจียไต่เส้น) รองลงมาคือกลุ่ม 3, 2, 4 และ 5 ซึ่งมีสมาชิกภายในกลุ่มจำนวน 3 จีโนไทป์ (สายสวรรค์, เขียว 33, ม่วง 33), 2 จีโนไทป์ (สายฝน, นิโกรดก), 2 จีโนไทป์ (ศรสวรรค์ 5, มังกรหยก 9) และ 1 จีโนไทป์ (บางพระ 2) ตามลำดับ

3. ค่าเฉลี่ยระยะห่างภายในกลุ่มและระยะห่างระหว่างกลุ่ม (average intra and inter-cluster distances)

ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมในกลุ่มเดียวกันและระหว่างกลุ่มดังแสดงใน Table 5 โดยค่าเฉลี่ยระยะห่าง D^2 ภายในกลุ่มเดียวกัน มีค่าตั้งแต่ 0 (กลุ่ม 5) ถึง 28.34 (กลุ่ม 4) โดยที่กลุ่ม 5 มีเพียง 1 จีโนไทป์ จึงมีค่าระยะห่างภายในกลุ่มเท่ากับ 0 ในขณะที่กลุ่ม 4 มีค่าเฉลี่ยระยะห่าง D^2 ภายในกลุ่มสูงสุด (28.34) ตามด้วย กลุ่ม 2 (23.08) กลุ่ม 1 (21.30) และกลุ่ม 3 (16.02) ค่าเฉลี่ย

ระยะห่าง D^2 ที่อยู่ต่างกลุ่มกันของ 5 กลุ่ม พบว่า ระยะห่างระหว่างกลุ่มสูงสุด (106.42) อยู่ระหว่างกลุ่ม 1 และ กลุ่ม 5 แสดงให้เห็นถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมสูงระหว่างจีโนไทป์ของ 2 กลุ่มนี้ ในขณะที่ค่าระยะห่างระหว่างกลุ่มต่ำสุด (33.38) อยู่ระหว่างกลุ่ม 3 และ กลุ่ม 2 แสดงว่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่าง 2 กลุ่มนี้มีน้อย อย่างไรก็ตาม ค่าระยะห่างภายในกลุ่มทุกกลุ่มมีค่าน้อยกว่าค่าระยะห่างระหว่างกลุ่ม ดังนั้นจาก Table 5 เป็นการให้ข้อมูลที่เป็นประโยชน์สำหรับการคัดเลือกจีโนไทป์ที่ดีเด่นในกลุ่ม 2 กลุ่ม ที่มีระยะห่างระหว่างกลุ่มกันมากที่สุด (กลุ่ม 1 และ 5) มาเป็นพ่อแม่เพื่อใช้ในการจัดผสม ซึ่งจะให้ได้ลูกตั้งแต่รุ่นที่ 2 เป็นต้นไปที่มีลักษณะการกระจายตัวเกินที่ขอบเขตของพ่อแม่ (transgressive segregation) สำหรับการเลือกลักษณะที่ดีที่ต้องการต่อไปได้ (Poehlman and Sleper, 1995) ดังนั้นการใช้วิธีการทางสถิติหลายตัวแปรจึงเป็นกลยุทธ์ที่สำคัญในการจำแนกเชื้อพันธุกรรมพืช การเรียงลำดับความแปรปรวนสำหรับตัวอย่างพันธุ์พืชจำนวนมาก รวมทั้งใช้ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์หรือความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างจีโนไทป์ของพืช (Mohammadi and Prasanna, 2003)

Table 1 List of 23 yardlong bean genotypes and their sources

Genotype No.	Genotype Name	Sources
1	Naka	Ratchaburi Province
2	Greenarrow 692	Ratchaburi Province
3	Saifon	Ratchaburi Province
4	Nuethong 9	Ratchaburi Province
5	Saitara	Ratchaburi Province
6	Tarnthong	Ratchaburi Province
7	Lamnamphong 2	Nakhonratchasima Province
8	Suvarnabhum	Ratchaburi Province
9	Saisawan	Ratchaburi Province
10	Petkajee	Ratchaburi Province
11	Sornsawan 5	Ratchaburi Province
12	Moneygreen	Ratchaburi Province
13	Rangsit 888	Ratchaburi Province
14	Lamnamchee	Nakhonratchasima Province
15	Yodpetkasem	Ratchaburi Province
16	Airgreen 99	Ratchaburi Province
17	Munggornyok 9	Nakhonratchasima Province
18	Choiphiphop	Ratchaburi Province
19	Chiataisen	Ratchaburi Province
20	Nigrodok	Ratchaburi Province
21	Green 33	Selected line (RMUTTO)
22	Bangpra 2	Selected line (RMUTTO)
23	Purple 33	Selected line (RMUTTO)

Table 2 Descriptive statistics (n = 69) for horticultural characteristics of 23 yardlong bean genotypes in Season 1

Characters	Min	Max	Mean	Range	SD	CV (%)
Plant length (cm)	298.50	521.50	401.55	223.00	49.20	12.25
No. of branches/plant	1.00	4.00	2.21	3.00	0.85	38.49
Leaf length (cm)	12.40	18.90	17.12	6.50	1.68	9.80
Leaf width (cm)	7.30	13.80	11.55	6.50	1.39	12.05
Leaf greenness (SPAD unit)	39.00	77.60	57.43	38.60	7.15	12.45
Day to first flowering (days)	37.00	47.00	40.61	10.00	2.50	6.15
Pod length (cm)	46.40	75.20	56.18	28.80	6.55	11.66
Pod width (mm)	5.90	11.69	7.52	5.79	0.91	12.14
Pod weight (g)	24.01	45.47	31.03	21.46	4.68	15.07
No. of seeds per pod	9.00	18.90	15.57	9.90	1.73	11.08
No. of pods/plant	5.50	16.67	9.16	11.17	2.68	29.26
Yield per plant (g/plant)	107.50	373.33	188.16	265.83	54.52	28.98

Note: SD = standard deviation, CV = coefficient of variation

Table 3 Descriptive statistics (n = 69) for horticultural characteristics of 23 yardlong bean genotypes in Season 2

Characters	Min	Max	Mean	Range	SD	CV (%)
Plant length (cm)	345.00	520.00	415.57	175.00	45.96	11.06
No. of branches/plant	1.00	7.00	2.80	6.00	1.32	47.33
Leaf length (cm)	15.00	20.20	18.74	5.20	1.16	6.17
Leaf width (cm)	9.50	15.10	12.94	5.60	1.01	7.83
Leaf greenness (SPAD unit)	50.30	71.30	57.49	21.00	4.75	8.26
Day to first flowering (days)	38.00	48.00	42.39	10.00	2.90	6.84
Pod length (cm)	49.70	75.50	59.51	25.80	5.53	9.30
Pod width (mm)	7.02	10.46	8.22	3.44	0.64	7.84
Pod weight (g)	24.01	44.94	34.16	20.93	3.97	11.61
No. of seeds per pod	14.90	19.70	17.06	4.80	1.17	6.85
No. of pods/plant	6.50	15.00	10.71	8.50	1.76	16.42
Yield per plant (g/plant)	22.50	310.00	216.98	287.50	46.68	21.51

Note: SD = standard deviation, CV = coefficient of variation

4. ค่าเฉลี่ยของลักษณะของทั้ง 5 กลุ่ม

ค่าเฉลี่ยของลักษณะของทั้ง 5 กลุ่ม แสดงไว้ใน Table 6 โดยค่าเฉลี่ยสูงสุดของแต่ละลักษณะแสดงเป็นตัวหนา โดยกลุ่ม 1 มีค่าเฉลี่ยสูงสุดในลักษณะความยาวใบ (18.36 เซนติเมตร), ความกว้างใบ (12.66 เซนติเมตร), ความกว้างฝัก (8.04 มิลลิเมตร) และผลผลิตต่อต้น (207.25 กรัม/ต้น) กลุ่ม 2 มีค่าเฉลี่ยสูงสุดในลักษณะอายุดอกแรกบาน (43.92 วัน) และจำนวนฝักต่อต้น (10.64 ฝัก/ต้น) กลุ่ม 3 มีค่าเฉลี่ยสูงสุดในลักษณะความยาวต้น (420.47 เซนติเมตร) และค่าความเขียวของใบ (58.26 SPAD Unit) กลุ่ม 4 มีค่าเฉลี่ยสูงสุดในลักษณะจำนวนแขนงต่อต้น (3.38 แขนง/ต้น), ความยาวฝัก (68.52 เซนติเมตร) และ น้ำหนักต่อฝัก (35.74 กรัม/ฝัก) และกลุ่ม 5 มีค่าเฉลี่ยสูงสุดในลักษณะจำนวนเมล็ดต่อฝัก (17.55 เมล็ด/ฝัก)

Table 4 Clustering pattern of 23 genotypes of yardlong bean (Tocher's method)

Cluster	No. of genotype	Genotypes	Name of the Genotypes
1	15	1, 2, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, 13, 14, 15, 16, 18, 19	Naka, Greenarrow 692, Nuethong 9, Saitara, Tarnthong, Lamnamphong 2, Suvanabhum, Petkajee, Moneygreen, Rangsit 888, Lamnamchee , Yodpetkasem, Airgreen 99, Choiphiphop, Chiataisen
2	2	3, 20	Saifon, , Nigrodok
3	3	9, 21, 23	Saisawan, Green 33, Purple 33
4	2	11, 17	Sornsawan 5, Munggornoyok 9
5	1	22	Bangpra 2

Table 5 Average intra and inter cluster D^2 values for 7 cluster in 23 genotypes of yardlong bean (Tocher's method)

Cluster	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Cluster 5
Cluster 1	21.30	41.09	38.48	88.43	106.42
Cluster 2		23.08	33.38	73.38	57.50
Cluster 3			16.02	34.18	52.57
Cluster 4				28.34	51.45
Cluster 5					0

Table 6 Mean values of cluster for 12 characters in 23 yardlong bean genotypes (Tocher's method)

Characters	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Cluster 5
Plant length (cm)	416.40	391.63	420.47	383.21	339.75
Number of branches/plant	2.36	2.63	2.67	3.38	2.17
Leaf length (cm)	18.36	15.60	18.09	18.26	14.95
Leaf width (cm)	12.66	10.36	12.10	12.55	9.573
Leaf greenness (SPAD unit)	58.17	52.84	58.26	55.38	57.83
Day to first flowering (days)	41.14	43.92	42.28	40.67	41.33
Pod length (cm)	55.27	57.61	61.71	68.52	64.08
Pod width (mm)	8.04	7.65	7.58	7.73	6.82
Pod weight (g)	32.41	32.56	32.51	35.74	29.54
Number of seeds/pod	16.21	15.81	16.39	16.87	17.55
Number of pods/plant	10.22	10.64	8.84	9.09	9.32
Yield per plant (g/plant)	207.25	194.38	188.75	202.50	190.42

5. เปอร์เซ็นต์ในการแสดงผลของแต่ละลักษณะที่มีต่อความหลากหลาย

ผลของลักษณะที่มีต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมจากการวิเคราะห์ Mahalanobis distance พบว่าลักษณะความยาวฝักส่งผลมากที่สุด (21.74 เปอร์เซ็นต์) รองลงมาคือ น้ำหนักต่อฝัก (18.58 เปอร์เซ็นต์), ความยาวต้น (12.65 เปอร์เซ็นต์), จำนวนฝักต่อต้น (11.46 เปอร์เซ็นต์), ความยาวใบ (10.28 เปอร์เซ็นต์), ความกว้างฝัก (8.70 เปอร์เซ็นต์), จำนวนแขนงต่อต้น (6.72 เปอร์เซ็นต์), ผลผลิตต่อต้น (3.56 เปอร์เซ็นต์), อายุวันดอกแรกบาน (2.37 เปอร์เซ็นต์) และจำนวนเมล็ดต่อฝัก (1.58 เปอร์เซ็นต์)

ดังนั้น ความยาวฝัก, น้ำหนักต่อฝัก, ความยาวต้น, จำนวนฝักต่อต้น และความยาวใบ จึงคาดว่าจะจะเป็นลักษณะสำคัญที่ทำให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมและการนำมาใช้ในการจัดกลุ่ม (Table 7) จากผลการศึกษาพบว่ามีความสอดคล้องการทดลองของ Rambabu และคณะ (2016) ที่รายงานว่าความยาวฝักส่งผลมากที่สุดต่อความแตกต่างทางพันธุกรรมของพันธุ์ถั่วฝักยาว ในขณะที่ Knott and Deanon (1969) รายงานว่าความสูงของต้นมีผลต่อความแตกต่างทางพันธุกรรมสูงสุด (22.69 เปอร์เซ็นต์) รองลงมาคือ จำนวนเมล็ดต่อฝัก (17.63 เปอร์เซ็นต์), จำนวนแขนงต่อต้น (16.82 เปอร์เซ็นต์), จำนวนฝักต่อกอ (15.27 เปอร์เซ็นต์) และความยาวฝัก (13.47 เปอร์เซ็นต์) ซึ่งผลการทดลองที่ได้แตกต่างกันอาจเป็นเนื่องมาจากการทดลองแต่ละการทดลองต่างก็มีแหล่งเชื้อพันธุกรรมที่แตกต่างกันไปในแต่ละพื้นที่ทดลอง

การวิเคราะห์ Mahalanobis distance มีบทบาทสำคัญในการระบุความหลากหลายของพ่อแม่พันธุ์เพื่อนำมาใช้เป็นคู่ผสม และการจัดกลุ่มตามระยะห่างที่ต่างกันเพื่อนำมาใช้ในโปรแกรมปรับปรุงพันธุ์ (Venujayakanth et al., 2017) ความสำคัญของการวิเคราะห์จัดกลุ่มแสดงให้เห็นถึงความหลากหลายทางพันธุกรรม ระดับระยะห่างระหว่างกลุ่ม ระยะห่างระหว่างกลุ่มสูงสุดบ่งชี้ว่า ลูกผสมระหว่าง 2 กลุ่มนั้นๆ มีความหลากหลาย สามารถใช้เพื่อปรับปรุงพันธุ์ให้มีการรวมตัวใหม่ทางพันธุกรรม (recombination) ที่ดีขึ้นได้ (Bhandari et al., 2017)

Table 7 Relative contribution of 12 characters towards divergence in 23 yardlong bean genotypes

S.No	Character	% Contribution	Times ranked first
1	Plant length (cm)	12.65%	32
2	Number of branches per plant	6.72%	17
3	Leaf length (cm)	10.28%	26
4	Leaf width (cm)	1.19%	3
5	Leaf greenness (SPAD unit)	1.19%	3
6	Day to first flowering (days)	2.37%	6
7	Pod length (cm)	21.74%	55
8	Pod width (mm)	8.70%	22
9	Pod weight (g)	18.58%	47
10	Number of seeds per pod	1.58%	4
11	Number of pods per plant	11.46%	29
12	Yield per plant (g/plant)	3.56%	9

สรุป

การศึกษาความแตกต่างและความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ประเมินโดยใช้วิธีการ Mahalanobis D^2 ในการวิเคราะห์หลายตัวแปรของลักษณะทางพืชสวน เป็นขั้นตอนสำคัญในการคัดเลือกจีโนไทป์ให้ประสบความสำเร็จ เพื่อจะได้มีโอกาสในการพัฒนาพันธุ์ให้ดีขึ้นในรุ่นหลังได้ โดยจากการศึกษาครั้งนี้พบว่า ถั่วฝักยาว 23 จีโนไทป์ ถูกจัดกลุ่มออกเป็น 5 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 มีจำนวนจีโนไทป์มากที่สุด คือ 15 จีโนไทป์ และกลุ่ม 5 มีน้อยสุด (1 จีโนไทป์) ในขณะที่กลุ่ม 3, 2, 4 และ 5 มีจำนวนจีโนไทป์ 3, 2, 2 และ 1 จีโนไทป์ ตามลำดับ ระยะห่างระหว่างกลุ่มที่มีค่าสูงสุดอยู่ระหว่างกลุ่ม 5 และ กลุ่ม 1 ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมสูงระหว่างจีโนไทป์ที่อยู่ระหว่าง 2 กลุ่มดังกล่าว โดยที่ลักษณะความยาวฝักส่งผลต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมมากที่สุด (21.74 เปอร์เซ็นต์)

กิตติกรรมประกาศ

ผู้เขียนขอขอบคุณมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลตะวันออก วิทยาเขตบางพระ ที่อนุญาตให้ทำการศึกษาวิจัยนี้ นอกจากนี้ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ภาคสนามของสาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช (RMUTTO) ที่ให้การสนับสนุนในการทดลอง

เอกสารอ้างอิง

- Asoontha and Abraham, M. 2017. Variability and genetic diversity in yard long bean (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis*). Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci. 6(9): 3646-3654. doi: <http://dx.doi.org/10.20546/ijcmas.2017.608.448>.
- Bhagavati, P.P., Kiran Patro, T.S.K.K, Lakshmi Narayana Reddy, M., Emmanuel, N., Salomi Suneetha, D.R. and Vara Prasad, N. 2018. Studies on genetic divergence in yardlong bean (*Vigna unguiculata* (L.) walp. ssp. *sesquipedalis* Verdc.). International Journal of Chemical Studies 6(4): 1139-1142.
- Bhandari, H.R., Bhanu, A.N., Srivastava, K., Singh, M.N. and Shreya, H.A. 2017. Assessment of genetic diversity in crop plants-an overview. Adv. Plants Agric. Res. 7(3): 279-286.
- Department of Agricultural Extension. 2008. Agricultural Extension Academic Manual "Yard long bean". Available from: http://www.agriman.doe.go.th/home/t.n/t.n1/5vegetable_Requirement/08_long%20bean.pdf. [accessed on 27 Mar 2022]. (in Thai)
- Department of Agricultural Extension. 2022. Report on agricultural statistics (Ror Tor. 01), vegetables group, country level. Available from: <https://production.doe.go.th/site/login>. [accessed 27 Mar 2022]. (in Thai)
- International Rice Research Institute. 2014. Statistical Tool for Agricultural Research. Plant Breeding, Genetics and Biotechnology Division, International Rice Research Institute, Los Baños, Philippines.
- Knott, J.E. and Deanon, J.R. Jr. 1969. Vegetable Production in Southeast Asia. Laguna: University of the Philippines.
- Makinde, S.C.O. and O.J. Ariyo. 2016. Multivariate analysis of genetic divergence in twenty-two genotypes of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). J. Plant Breed. Crop Sci 2: 192-204.
- Manivannan, N. 2014. TNAU STAT-Statistical package. Available from: <https://sites.google.com/site/tnaustat>. [accessed on 23 June 2022].
- Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-Salient Statistical Tools and Considerations. Crop Science 43: 1235-1248.
- Morgan, M.T. and Wilson, W.G. 2016. Self-fertilization and the escape from pollen limitation in variable pollination environments. Evolution 59: 1143-1148.
- Pélabon, C., Hilde, C.H., Einum, S. and Gamelon, M. 2020. On the use of the coefficient of variation to quantify and compare trait variation. Evolution Letters 4(3):180-188. doi: 10.1002/evl3.171. PMID: 32547779; PMCID: PMC7293077.
- Poehlman, J.M. and Sleper, D.A. 1995. Breeding Field Crops: Fourth Edition. Iowa State University Press, Ames.
- Porcher, M.H. 2015. Sorting Vigna names. Available from: <http://www.plantnames.unimelb.edu.au/Sorting/Vigna.html>. [accessed on 10 March 2015].
- Purseglove, J.W. 1999. Tropical Crops: Monocotyledons, Volumes 1 and 2 combined. English Language Book Society and Longman, Singapore.
- Rambabu, E., Reddy, K.R., Kamala, V., Saidaiah, P. and Pandravada, S.R. 2016. Genetic variability and heritability for quality, yield and yield components in yard long bean (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. ssp. *sesquipedalis* Verdc.). Green Farming 7: 63-67.
- Schoen, D.J. and Rowley, J. 2014. Self and cross-fertilization in plant. III. Methods of studying modes and functional aspects of fertilization. Int. J. Plant Sci. 153: 381-393.
- Takashi, M. 2015. Azuki bean in Thailand: Research for production and marketing. pp. 21-22. IN: Proceedings for Azuki Bean and Production in Thailand. 28-29 January 2015. Chang Mai Green Lake Resort.
- Tomooka, N. 2019. Genetic diversity and landrace differentiation of mungbean (*Vigna radiate* L.) Wilczek and evaluation of its wild relatives (The subgenus *ceratotropis*) as breeding material. Technical Bulletin on Tropical Research 28: 1-4.
- United States Department of Agriculture. 2012. National nutrient database for standard reference, release 18. Available from: horttech.arspublications.org/content/17/4/592.
- United States Department of Agriculture. 2017. *Vigna unguiculata* (L.) Walp. subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc. Available from: <http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/taxon.pl?41646>. [accessed on 19 April 2023].
- Venujayakanth, B., Dudhat, A.S., Swaminathan, B. and Anurag, M.L. 2017. Assessing crop genetic diversity using principal component analysis: A Review. Trends in Biosciences 10(2): 523-528.