การทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา (*Sesamum indicum* L.)

Gene Action of Yield and Yield Components in Sesame (*Sesamum indicum* L.)

เข็มพร สุดตะพันธ์[1] และ อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์[1]

Khemphone Souttaphanh[1] and Ariyaporn Pongrat[1]

บทคัดย่อ

ในการศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของงา 3 สายพันธุ์ คือ KU 18, A30-15, และ WL 9 ทำการผสมให้แต่ละคู่ผสม ประกอบด้วยประชากรของ 6 ชั่ว คือ P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 และ BC_2 แล้วนำมาปลูกเพื่อประเมินผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในเดือนตุลาคม 2556 ถึง กุมภาพันธ์ 2557 ณ สำนักงานไร่ฝึกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี โดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCBD) จำนวน 3 ซ้ำ พบว่า ความสูงฝักแรก ความสูงต้น และความยาวข้อปล้อง ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene, dominance gene และแบบ epistasis จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene มากกว่า additive gene และแบบ epistasis

คำสำคัญ: การทำงานของยีน, ผลผลิต, องค์ประกอบผลผลิต, งา

[1] ภาควิชาพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี อ. วารินชำราบ จ. อุบลราชธานี 34190

[1] Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Ubon Ratchathani University Warinchamrab district, Ubon Ratchathani, 34190

Abstract

The research is to study gene action on yield and yield components of three sesame varieties; Ku18, A30-15 and WL9. The population consists of six generations i, e., P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1, BC_2 of three crosses. They were evaluated yield and yield components during October 2013 to February 2014 at Faculty of Agriculture, Ubon Ratchathani University, by Randomized Complete Block Design (RCBD) with 3 replications. The result revealed that additive, dominance and epistasis gene effects were significant for first pod height, plant height and internode length . Where as dominance gene effect was more important than additive gene effect and epistasis for branches per plant, pod number per plant and 1000 seeds weight**.**

Keywords: Gene action, yield, yield components, Sesame

คำนำ

งา (*Sesamum indicum* L.) เป็นพืชที่จัดอยู่ในวงศ์ Pedaliaceae มีถิ่นกำเนิดในทวีปแอฟริกา แต่นักวิทยาศาสตร์บางท่านสันนิษฐานว่าถิ่นกำเนิดของงาอยู่ในประเทศอินเดีย (Pham, 2010) โดยงาเป็นพืชที่ปลูกได้ง่าย ทนทานต่อความแห้งแล้ง สามารถเจริญเติบโตได้ดีในพื้นที่มีอากาศร้อน แดดจัด และต้องการปริมาณน้ำฝนตลอดฤดูปลูกประมาณ 400 มิลลิเมตร (อริยาภรณ์, 2556) สำหรับประเทศไทย มีการปลูกงามานาน แต่พื้นที่ปลูกงามีแนวโน้มเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อย โดยในปี พ.ศ. 2548 ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกงา 405,237 ไร่ เพิ่มขึ้นเป็น 411,056 ไร่ ในปี พ.ศ. 2552 และในปี พ.ศ. 2556 ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกงาทั้งหมด 437,500 ไร่ ให้ผลผลิตรวม 52,000 ตัน และมีผลผลิตเฉลี่ย 119 กิโลกรัมต่อไร่ (FAO, 2014) สาเหตุสำคัญที่ทำให้พื้นที่ปลูกงาในประเทศไทยมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อยเนื่องจากงาให้ผลผลิตต่อไร่ค่อนข้างต่ำ โดยมีสาเหตุมาจากพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต เช่น ความสูงฝักแรก ความสูงต้น จำนวนกิ่งต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด เพราะลักษณะความสูงฝักแรก และจำนวนกิ่งหลักต่อต้น มีความสัมพันธ์กับจำนวนฝักต่อต้น หากการติดฝักแรกสูง และมีจำกิ่งหลักต่อต้นน้อย จะทำให้มีจำนวนฝักต่อต้นน้อยลง ซึ่งเป็นสาเหตุทำให้ได้ผลผลิตต่ำ ความสูงต้นและความยาวข้อปล้องมีความสัมพันธ์กับจำนวนฝักต่อต้นเช่นเดียวกัน เพราะฝักของงาเกิดบริเวณข้อบนลำต้น หากงามีลำต้นสูง มีจำนวนข้อปล้องมาก จะทำให้มีจำนวนฝักมาก และให้ผลผลิตสูง ส่วนน้ำหนัก 1,000 เมล็ด เป็นลักษณะที่บ่งบอกขนาดของเมล็ด ถ้าน้ำหนัก 1,000 เมล็ด มีค่ามากกว่า 300 กรัมขึ้นไป แสดงว่า งามีขนาดเมล็ดโต ซึ่งสามารถจะให้ผลผลิต 85 - 308 กิโลกรัมต่อไร่ (อริยาภรณ์, 2556) ทั้งนี้ขึ้นกับสายพันธุ์ โสภิตา (2545) ได้ศึกษาและรายงานว่า ลักษณะจำนวนวันดอกแรกบาน ความสูงฝักแรก ความสูงต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนข้อต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด และผลผลิตต่อพื้นที่ ถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก additive gene ส่วนลักษณะจำนวนวันเก็บเกี่ยว ถูกควบคุมด้วยยีนไม่เป็นแบบบวก (non-additive gene) นอกจากนี้ Praveenkumar et al. (2012) รายงานว่า ความสูงต้น จำนวนวันดอกแรกบาน จำนวนวันเก็บเกี่ยว ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene ส่วนลักษณะจำนวนเมล็ดต่อฝัก น้ำหนัก 1,000 เมล็ด จำนวนฝักต่อต้น ความยาวฝัก และปริมาณน้ำมัน ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ non-additive gene ซึ่งจะพบว่าลักษณะองค์ประกอบผลผลิตของงา ถูกควบคุมด้วยยีนแบบต่าง ๆ อย่างไรก็ตาม ลักษณะการทำงานของยีนที่มีผลต่อการแสดงออกของลักษณะต่างๆ ของพืชเป็นลักษณะเฉพาะประชากรที่ทำการศึกษา (กฤษฎา, 2551)

ซึ่งสามารถประเมินได้จากการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ตามแผนการผสมพันธุ์แบบต่างๆ เช่น ประเมินลักษณะการทำงานของยีนที่มีผลต่อการแสดงออกของลักษณะต่างๆ จาก 6 ชั่วรุ่นที่ประกอบด้วย ชั่วรุ่นพ่อ (P_1) แม่ (P_2), ลูกชั่วรุ่นที่ 1 (F_1), ลูกชั่วที่ 2 (F_2), ลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างลูก F_1 กับพ่อ (BC_1) และ ลูกที่เกิดจากการผสมระหว่างลูก F_1 กับแม่ (BC_2) หรือประเมินจากลูก 2 ชั่วรุ่น เช่น F_1, กับ F_2 หรือ ลูก F_2 กับ ลูกชั่วที่ 3 (F_3) เป็นต้น และสามารถประเมินค่าลักษณะการทำงานของยีนได้ 3 แบบ คือ ลักษณะการทำงานของยีนที่เป็นแบบบวก (additive gene effect) แบบไม่เป็นผลบวก (non-additive gene effect) และแบบข่มข้ามตำแหน่ง (epistasis) (พีระศักดิ์ และประเสริฐ, 2548) ดังนั้นการศึกษาครั้งนี้ จึงมีวัตถุประสงค์ศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิต และองค์ประกอบผลผลิตของงา 3 สายพันธุ์เพื่อนำข้อมูลที่ได้จากการศึกษาไปใช้พิจารณาแนวทางการคัดเลือกและการปรับปรุงพันธุ์งาต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการ

ปลูกงา 3 สายพันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ KU 18, A30-15 และ WL 9 หลังจากนั้นทำการผสมข้ามสายพันธุ์งาเพื่อสร้างเมล็ดลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1 seeds) โดยวิธีผสมแบบพบกันหมดแบบไม่มีการผสมสลับพ่อแม่ (half diallel cross) ทำทั้งหมด 3 คู่ผสม ได้แก่ KU18 x A30-15, KU18 x WL9, A30-15 x WL9 สำหรับวิธีการผสมงาเลียนแบบธรรมชาติมีขั้นตอนดังนี้ เตรียมดอกตัวเมียและดอกตัวผู้: หลังจากปลูกงาได้ 30-35 วัน งาจะเริ่มออกดอก ให้เตรียมดอกตัวเมียในช่วงบ่ายระหว่าง 14:00-16:00 นาฬิกา โดยเลือกดอกตูมที่พร้อมจะบานในวันรุ่งขึ้น แล้วทำหมันด้วยวิธีดึงกลีบดอกออกจากฐานรองดอก เกสรตัวผู้จะติดออกมาแล้วใช้หลอดพลาสติก (หลอดกาแฟ) ที่ใส่สำลีไว้ปลายหลอดมาครอบเพื่อป้องกันการผสมโดยลมและแมลง และให้เตรียมดอกตัวผู้ในวันเดียวกับที่เตรียมดอกตัวเมีย โดยเลือกดอกตัวผู้ที่มีขนาดเดียวกันกับดอกตัวเมียจากต้นที่ใช้เป็นสายพันธุ์พ่อแล้วเก็บไว้ในจานที่มีฝาปิดพร้อมเขียนชื่อสายพันธุ์ การผสมให้ดำเนินการในตอนเช้าของวันรุ่งขึ้นในช่วง 6:00-9:00 นาฬิกา โดยถอดหลอดพลาสติกที่ครอบดอกตัวเมียออก แล้วนำเอาละอองเกสรตัวผู้ที่เตรียมไว้มาแตะบริเวณปลายของดอกตัวเมีย และครอบหลอดไว้เหมือนเดิม พร้อมทั้งเขียนป้ายคู่ผสมและวันที่ทำการผสม และคล้องไว้ที่ดอกตัวเมียเพื่อบ่งบอกว่าดอกนี้ได้ทำการผสมเสร็จแล้ว ขั้นตอนที่ 2 การสร้างลูกผสมกลับ และลูก F_2 นำเมล็ด F_1, P_1 และ P_2 มาปลูก เพื่อสร้างลูกผสม F_2, BC_1 และ BC_2 โดยให้ทำการผสมเกสรครบทุกคู่ผสม ผสมตัวเองบนต้น F_1 ได้เมล็ด F_2 ดังนั้นประชากรที่สร้างจึงประกอบด้วย P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 และ BC_2 ในแต่ละคู่ผสม แล้วนำไปปลูกเพื่อประเมินค่าผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในเดือนตุลาคม 2556 ถึงกุมภาพันธ์ 2557 ณ สำนักงานไร่ฝึกทดลองและห้องปฏิบัติการกลาง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี จังหวัดอุบลราชธานี โดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCBD) จำนวน 15 หน่วยทดลอง 3 ซ้ำ บันทึกข้อมูลลักษณะความสูงฝักแรก ความสูงต้น ความยาวข้อปล้อง จำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด โดยสุ่มตัวอย่างจากประชากร P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 และ BC_2 จำนวน 10, 10, 10, 50, 30, และ 30 ต้นตามลำดับ ทำการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) เพื่อนำไปวิเคราะห์หาอิทธิพลของยีนแบบต่างๆ ที่ควบคุมการถ่ายทอดลักษณะ additive-dominance model หรือ non-allelic interaction model โดยวิธี scaling test ซึ่งเสนอโดย Mather and Jinks (1982) สำหรับการทดสอบ scaling test ให้คำนวณค่า A, B, และ C จากสมการดังนี้ $A = 2\overline{BC}_1 - \overline{P}_1 - \overline{F}_1$, $B = 2\overline{BC}_2 - \overline{P}_2 - \overline{F}_1$, $C = 4\overline{F}_2 - 2\overline{F}_1 - \overline{P}_1 - \overline{P}_2$ โดยค่า $\overline{P}_1$, $\overline{P}_2$, $\overline{F}_1$, $\overline{F}_2$, $\overline{BC_1}$ และ $\overline{BC_2}$ เป็นค่าเฉลี่ยของพันธุ์ P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 และ BC_2 และทดสอบค่าทั้ง 3 โดยใช้ t-test หากพบว่าค่า A, B และ C ไม่แตกต่างจาก 0 แสดงว่าบทบาทของพันธุกรรมเป็นแบบ additive-dominance model แต่ถ้าค่า scaling A, B และ C ค่าใดค่าหนึ่งแตกต่างไปจาก 0 แสดงว่าบทบาทของพันธุกรรมแบบ non-allelic interaction model (วีรพันธ์ และ สุทัศน์, 2554)

Table 1 Gene effects of first pod height, plant height, internode length, number of primary branches per plant, number of pods per plant, 1,000 seeds weight.

Character	Cross	Gene effect					
		m	d	h	i	j	l
First pod height	KU18xA30-15	.24.79±4.46**	-1.97±0.76*	31.93±11.50**	12.34±4.39**	-52.12±3.42**	8.54±7.82**
	KU18xWL9	18.24±6.309**	-0.88±0.806	43.54±20.27**	17.80±6.25**	-57.41±4.32**	-17.43±29.42**
	A30-15xWL9	42.98±4.67**	1.07±3.41	-1.68±13.51*	-4.96±3.2**	-78.91±7.31**	-1.41±9.25
Plant height	KU18xA30-15	54.76±6.72**	3.54±1.30**	70.70±16.78**	26.42±6.59**	-192.11±4.91**	- 26.51±11.18**
	KU18xWL9	78.1±6.39**	9.25±1.43**	15.38±16.28	- 2.62±6.23	- 122.78±5.01**	- 93.09±4.60**
	A30-15xWL9	122.44±3.40**	5.61±1.82**	1305.50±10.17**	- 50.6±2.87**	- 93.09±4.60**	160.39±7.15**
internode length	KU18xA30-15	6.34±0.41**	-0.37±0.10**	-1.18±11.28	-1.22±0.39**	-10.75±0.35**	0.95±0.71
	KU18xWL9	4.87±0.52**	5.97±0.11**	1.68±1.42	1.1±0.51*	-11.68±0.46**	-0.88±0.94
	A30-15xWL9	5.92±0.39**	-0.18±0.11	-0.04±1.04	-0.24±0.37	-10.76±0.35**	-0.48±0.71
Number of primary branches per plant	KU18xA30-15	1.13±0.504*	- 0.27±0.12*	2.29±1.27*	0.70±0.47	-3.44±0.41**	-1.42±0.88
	KU18xWL9	1.41±6.12	- 0.13±0.57	1.15±14.66	adm	adm	adm
	A30-15xWL9	- 0.71±0.51	0.13±0.12	7.40±1.42**	2.68±0.501**	- 10.76±0.47**	- 3.63±0.85**
Number of pods per plant	KU18xA30-15	23.14±4.23**	- 1±1.40	10.98±11.08	- 0.04±3.99	- 45.68±3.78**	24.8±8.93**
	KU18xWL9	15.34±5.01**	0.33±1.09	17.38±13.54	6.42±4.89	- 19.47±4.41**	- 7.43±9.24
	A30-15xWL9	20.95±5.70**	1.33±1.42	109.79±16.64**	43.72±5.52**	37.53±5.69**	48.81±13.15**
1,000seeds weight	KU18xA30-15	3.96±0.55**	0.125±0.10	1.424±1.30	0.92±0.53*	- 6.03±0.36**	0.63±0.78
	KU18xWL9	-10.49±0.58**	- 0.12±0.22	41.81±1.39**	13.52±0.53**	- 19.18±0.51**	- 28.74±0.87**
	A30-15xWL9	3.13±0.54**	0.005±0.22	0.20±1.32	adm	adm	adm

m = mean; d = additive; h = dominance; i = additive x additive; j = additive x dominance; l = dominance x dominance ;adm = additive dominance model

* Significance at 5 % level of probability

* * Significance at 1 % level of probability

ผลการทดลอง และวิจารณ์

จากผลการทดลองพบว่าลักษณะผลผลิต และองค์ประกอบผลผลิตของงาทั้ง 3 สายพันธุ์ ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนแบบต่าง ๆ ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

ลักษณะความสูงฝักแรก พบว่า ความสูงฝักแรกของงา ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene ในคู่ผสม KU18 x A30-15 อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ และถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene และมียีนปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างตำแหน่ง (epistasis) ในงาทั้ง 3 คู่ผสม อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ซึ่ง สอดคล้องกับ Zhao (1999) ที่รายงานว่า ความสูงฝักแรก จำนวนวันเก็บเกี่ยว ผลผลิตต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยการทำงานของยีนทั้งแบบ additive gene และ non-additive gene การคัดเลือกพันธุ์งาในกรณีที่มีปฏิกิริยาของยีนแบบ dominance gene ควรคัดเลือกในชั่วหลังๆ เพื่อทำให้ยีนมีความคงตัวมากขึ้น และการกะทำของยีนแบบข่มสามารถ สร้างเป็นพันธุ์ลูกผสมได้

ลักษณะความสูงต้น พบว่า ความสูงต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene, dominance gene และ epistasis ในงาทุกคู่ผสม อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางด้านสถิติ ยกเว้นคู่ผสม KU18 x WL9 ที่ลักษณะความสูงต้นไม่พบผลจากการทำงานของ dominance gene และ additive x additive และสอดคล้องกับการศึกษาของ Praveenkumar (2012) ซึ่งได้กล่าวว่า ความสูงต้น จำนวนวันดอกแรกบาน จำนวนวันเก็บเกี่ยว ถูกควบคุมด้วยยีนที่ทำงานแบบบวก การแสดงออกของตัวเลขที่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคันทางด้านสถิติ เป็นการทำงานของยีนทั้ง 3 แบบที่แสดงออกในรุ่นลูกที่มีความดีเด่นเหนือพ่อแม่ สามารถคัดเลือกได้ในชั่วแรก และเหมาะต่อวิธีการคัดเลือกแบบจดประวัติ

ลักษณะความยาวข้อปล้อง พบว่า ความยาวข้อปล้อง ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene และ additive x dominance ในงาทั้ง 3 คู่ผสม อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ และไม่พบอิทธิพลของยีนแบบ dominance และdominance x dominance ที่มีผลต่อลักษณะความยาวข้อปล้อง ซึ่งการทำงานของยีนแบบ additive gene และ additive x dominance และตัวเลขที่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคันทางด้านสถิติ เป็นการแสดงออกของยีนเด่นแบบบวกสะสมในประชากรชั่ว F_2 และทำให้การคัดเลือกสายพันธ์ดีเด่นได้ตั้งแต่ชั่วแรก ๆ และทำให้มีความก้าวหน้าในการคัดเลือกพันธุกรรมจะเข้าสู่สมดุลได้อย่างรวดเร็ว จึงเหมาะสมกับการคัดเลือกพืชผมตัวเองที่ต้องการผลิตเป็นสายพันธ์แท้

ลักษณะจำนวนกิ่งต่อต้น พบว่า จำนวนกิ่งต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene และ มีปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนระหว่างตำแหน่ง (epistasis) ในงาคู่ผสม KU18 x A30-15 และ A30-15 x WL9 อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ซึ่ง สอดคล้องกับการศึกษาของ Sharmila et al. (2007) ที่รายงานว่า จำนวนกิ่งแขนงต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบข่ม มากกว่า แบบบวก และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง ซึ่งการแสดงออกของตัวเลขที่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคันทางด้านสถิตินั้นเป็นการแสดงถึงการทำงานของยีนเด่นที่ข่มยีนด้อยแฝงอยู่ เมื่อเป็นเช่นนี้ การคัดเลือกควรคัดเลือกในชั่วหลังๆ เพื่อให้ยีนมีความคงตัวมากขึ้นและ การแสดงออกของยีนเด่นยังเหมาะที่สร้างสายพันธ์ลูกผสม

ลักษณะจำนวนฝักต่อต้น พบว่า จำนวนฝักต่อต้นไม่ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene แต่ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene ในบางคู่ผสม และยีนมีปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างตำแหน่ง ทั้ง 3 แบบ additive x additive, additive x dominance และ dominance x dominance ในทุกคู่ผสม ซึ่งสอดคล้องกับ Sundari et al. (2012) ที่รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะจำนวนฝักต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบข่ม และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งเป็นส่วนใหญ่ การแสดงออกของตัวเลขที่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคันทางด้านสถิติ เป็นการแสดงออกของยีนเด่นในลักษณะดังกล่าว ซึ่งการคัดเลือกพันธ์ควรคัดเลือกในชั่วหลัง ๆ เพื่อทำให้พันธุกรรมมีความคงตัวมากขึ้น แต่การแสดงออกของยีนเด่นเหนาะสำหรับสร้างสายพันธ์ลูกผสม

ลักษณะ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด พบว่า น้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยยีนแบบ dominance อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติในคู่ผสม KU18 x WL9 และยีนมีปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างตำแหน่งทั้ง 3 แบบ คือ additive x additive, additive x dominance และ dominance x dominance ในคู่ KU18 x WL9 และ additive x additive, additive x dominance ในคู่ผสม KU18 x A30-15 และไม่พบว่าถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive gene ซึ่งสอดคล้องกับ Sundari et al. (2012) ที่รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะ น้ำหนัก 1,000 เมล็ด และผลผลิตต่อต้น ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบบวก และปฏิกิริยา

สัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่ง ซึ่งการแสดงออกของตัวเลขที่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคันทางด้านสถิติเป็นการแสดงออกของยีนเด่น และ อิทธิพลของยีนต่างตำแหน่งโดยยีนคู่หนึ่งไปมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของยีนอีกคู่หนึ่ง ในลักษณะเดียวกันหรือตำแหน่งเดียวกัน ทำให้การแสดงลักษณะทาง phenotype ที่แตกต่างจากการอธิบายแบบอื่น

จากการศึกษาดังกล่าวทำให้ทราบว่า ความสูงฝักแรก ความสูงต้น และความยาวข้อปล้องถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive, dominance และแบบ epistasis และจำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene มากกว่า additive gene และแบบ epistasis ซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อการตัดสินใจในการเลือกวิธีการที่จะใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืช (พีระศักดิ์, 2525) โดยในการปรับปรุงพันธุ์งาของลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive ให้ทำการคัดเลือกแบบแยกต้นในชั่วแรกๆ ของการปรับปรุงพันธุ์ และลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance ให้ทำการคัดเลือกในชั่วหลังๆ ของการปรับปรุงพันธุ์ Zhao (1999) เนื่องจากในชั่วหลังๆ พันธุกรรมของงาจะเข้าสู่โฮโมไซโกซิตี้มากขึ้น ส่วนลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ epistasis โดยเฉพาะลักษณะที่เกี่ยวข้องกับผลผลิต ให้ทำการคัดเลือก และปรับปรุงพันธุ์เพื่อสร้างพันธุ์ลูกผสม

สรุป

การศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงา 3 คู่ผสมได้แก่ KU18 x A30-15, KU18 x WL9 และ A30-15 x WL9 พบว่าความสูงฝักแรก ความสูงต้น และความยาวข้อปล้องถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ additive, dominance และแบบ epistasis และจำนวนกิ่งหลักต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบ dominance gene ,มากกว่า additive gene และแบบ epistasis ซึ่งผลจากการศึกษา การทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตงาที่แสดงออกของยีนในแบบต่าง ๆ เป็นประโยชน์ต่อแนวทางการคัดเลือกและปรับปรุงพันธ์งาที่ชี้ให้เห็นว่าการแสดงออกของยีนแต่ระแบบก็มีวิธีคัดเลือกและปรับปรุงพันธ์ให้สอดคล้องและเหมาะสมตามลักษณะนั้นๆ

เอกสารอ้างอิง

กฤษฎา สัมพันธารักษ์. 2551. ปรับปรุงพันธุ์พืชพื้นฐาน วิธีการ และแนวคิด. กรุงเทพฯ : ภาควิชาพืชไร่นา มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. สำนักส่งเสริมและฝึกอบรม มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัล. 2554. คู่มือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร. เชียงใหม่: มูลนิธิโครงการหลวง.

พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์. 2525. พันธุศาสตร์ปริมาณที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์. กรุงเทพฯ : ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

โสภิตา ฉัตรเจริญทอง. 2545. พันธุกรรมในการถ่ายทอดลักษณะผลผลิตและลักษณะทางการเกษตรในงา. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต. มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

อริยาภรณ์ พงษ์รัตน์. 2556. งาการผลิต การปรับปรุงพันธุ์ และการแปรรูป. อุบลราชธานี : คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี.

Food and Agriculture Organization (FAO) . 2014. FAOSTAT. Accessed 10 September 2014, Available http://www.fao.org/faostat/en/#data.

Mather, S.K., and J.L. Jinks. 1982. Biometrical Genetics. The Study of Continuous Variation. 3rd Ed. London : Chapman and Hall.

Pham T.D. 2010. Analyses of genetic diversity and desirable traits in sesame (*Sesamum indicum* L., -Pedaliaceae): Implication for Breeding and Conservation. Doctoral Thesis. Swedish University.

Praveenkumar, K. 2012, Combining ability and gene action studies in inter-mutant hybrids of (*Sesamum indicum* L.), Journal Agricultural Science. 25, 1-4.

Sharmila, V. S. K. Ganesh and M. Gunasekaran. 2007. Generation mean analysis for quantitative traits in sesame (*Sesamum indicum* L.) crosses. Genetics and Molecular Biology. 30(1), 80-84.

Sundari, M, P. T. Kamala and Y. V. Rao. 2012. Generation Mean Analysis in *Sesamum indicum* L. Asian Journal of Agricultural Sciences. 4(4), 280-286.

Zhao, Y.1999. Combining ability analysis of agronomic characters in sesame. Sesame and safflower newsletter. 14, 2-5.