

ความแปรปรวนทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตร ของถั่วมะแฮะพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 Morphological and Agricultural Characteristic Variability of T9 Pigeon Pea Native Lines

พงษ์ศักดิ์ แก้วศรี¹ เตชิตา ปิ่นสันเทียะ¹ ภัทรา ประทับทอง¹ จรรยา มุ่งงาม¹ พงศกร นิตยมี¹
บันทิตา เพ็ญสุริยะ¹ สุรสิทธิ์ วงศ์สัจจามันท์¹ เรวัต จินดาเจีย¹ และ จักรกฤษณ์ ศรีแสง^{1,*}

Pongsak Kaewsri¹, Teshita Pinsanthie¹, Pattra Pratubkong¹, Janya Mungngam¹, Pongsakorn Nitmee¹, Banthita Pensuriya¹, Surasit Wongsatchanan¹, Rewat Jindajia¹ and Jakkrit Sreesaeng^{1,*}

¹ สถานีวิจัยลำตะคอง ศูนย์เชี่ยวชาญนวัตกรรมเกษตรสร้างสรรค์ สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งประเทศไทย ปทุมธานี 12120

¹ Lamtakong Research Station, Expert Centre of Innovative Agriculture, Thailand Institute of Scientific and Technological Research, Pathum Thani 12120

รับเรื่อง: 28 พฤศจิกายน 2563 Received: 28 November 2020

ปรับแก้ไข: 11 มกราคม 2564 Revised: 11 January 2021

รับตีพิมพ์: 9 กุมภาพันธ์ 2564 Accepted: 9 February 2021

* Corresponding author: Jakkritoneku@gmail.com, Jakkrit@tistr.or.th

ABSTRACT: The T9 pigeon pea native line gathered from Uttaradit province was utilized to estimate the variations of morphological and agricultural characteristics. The pigeon pea collections were planted and propagated at Lamtakong Research Station, Nakhon Ratchasima province for use as a genetic resource in a breeding program for high protein content to be an alternative protein in the food industry. A completely randomized design was performed by randomly collecting the morphology and agricultural characteristics (16 traits) of 98 accessions (3 replications) from 393 accessions of the T9 pigeon pea native line. The cluster analysis based on Euclidean distance was done by using UPGMA (Unweighted pair-group method with arithmetic average). Principal component analysis was conducted to determine the distribution pattern of the T9 pigeon pea native line. The results showed that the distance coefficient of pigeon pea accessions ranged from 1.00–25.00. The T9 pigeon pea native line could be identified into 2 distinct clusters. The first cluster consisted of 81 accessions which was divided into 2 sub-clusters, sub-cluster 1.1 consisted of 33 accessions and sub-cluster 1.2 consisted of 48 accessions. The second cluster consisted of 17 accessions which was divided into 2 sub-clusters, sub-cluster 2.1 consisted of 16 accessions and sub-cluster 2.2 consisted of 1 accession. Cluster 2 might be used as a germplasm resource for selection in pigeon pea breeding programs.

Keywords: Pigeon pea, native lines, morphologies, genetic diversity, agronomic characters

บทคัดย่อ

ถั่วมะแฮพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 ที่รวบรวมจากพื้นที่ในจังหวัดอุดรดิตถ์ ถูกนำมาใช้ในการประเมินความแปรปรวนทางสันฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตร โดยปลูกทดสอบที่สถานีวิจัยลำตะคอง จังหวัดนครราชสีมา สำหรับเป็นแหล่งพันธุ์กรรมในการคัดเลือกพันธุ์ถั่วมะแฮให้มีปริมาณโปรตีนสูง เพื่อใช้เป็นแหล่งโปรตีนทางเลือกสำหรับอุตสาหกรรมอาหารวางแผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ (Completely randomized design) สุ่มเก็บข้อมูลทางสันฐานวิทยาและการให้ผลผลิต (16 ลักษณะ) ของถั่วมะแฮสายพันธุ์ T9 จาก 98 accessions (จำนวน 3 ซ้ำ) จากทั้งหมด 393 accessions วิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA (Unweighted pair-group method with arithmetic average) โดยใช้ค่า Euclidean distance และตรวจสอบรูปแบบการกระจายตัวของถั่วมะแฮด้วยวิธี Principal component analysis ผลการศึกษา พบว่า ค่าสัมประสิทธิ์ความต่างอยู่ในช่วง 1.00–25.00 สามารถแบ่งกลุ่มถั่วมะแฮสายพันธุ์ T9 ออกเป็น 2 กลุ่มหลัก คือ กลุ่มที่ 1 จำนวน 81 accessions ซึ่งสามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 1.1 จำนวน 33 accessions และกลุ่มย่อยที่ 1.2 จำนวน 48 accessions และกลุ่มที่ 2 จำนวน 17 accessions ซึ่งสามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 2.1 จำนวน 16 accessions และกลุ่มย่อยที่ 2.2 จำนวน 1 accession ถั่วมะแฮในกลุ่มที่ 2 เหมาะสำหรับนำไปใช้เป็นแหล่งพันธุ์กรรมสำหรับการคัดเลือกพันธุ์และการปรับปรุงพันธุ์ถั่วมะแฮ

คำสำคัญ: ถั่วมะแฮ, สายพันธุ์พื้นเมือง, สันฐานวิทยา, ความแปรปรวนทางพันธุ์กรรม, ลักษณะทางการเกษตร

บทนำ

โปรตีนจากพืช (Plant-based protein) เป็นแหล่งโปรตีนที่สำคัญสำหรับอุตสาหกรรมอาหารในอนาคต ซึ่งส่วนมากผลิตจากพืชตระกูลถั่ว ในปี พ.ศ. 2561 การบริโภคอาหารในกลุ่มโปรตีนจากพืชและนมพืช มีมูลค่า 6,321 ล้านบาท และขยายตัว 6.4% ในปี พ.ศ. 2562 (มูลค่าประมาณ 6,725 ล้านบาท) ตามความนิยมบริโภคอาหารโปรตีนสูงเพื่อสร้างสมดุลทางโภชนาการแทนเนื้อสัตว์ ซึ่งคาดการณ์ว่าตลาดสินค้าโปรตีนทางเลือกมีแนวโน้มเติบโตอย่างต่อเนื่อง 4–5 หมื่นตันต่อปี (Karri and Nalluri, 2017; Kasikorn Research Center, 2019)

ถั่วมะแฮ (*Cajanus cajan* L. Millsp.) เป็นพืชที่ทนทานต่อสภาพแห้งแล้งและการเปลี่ยนแปลงของสภาพอากาศได้ดี (Saxena and Sawargaonkar, 2015) ให้โปรตีนสูง (Protein-rich plant) และมีคุณค่าทางโภชนาการสูง โดยมีโปรตีน 18.8–24.0% มีกรดอะมิโนที่เป็นประโยชน์ต่อร่างกาย ได้แก่ กรดอะมิโนลูซีน (Leucine) ไทโรซีน (Tyrosine) และอาร์จินีน (Arginine) ประมาณ 16.48 14.77 และ 13.51 กรัมต่อกิโลกรัมตามลำดับ (Ade-Omowaye *et al.*, 2015) อย่างไรก็ตาม ถั่วมะแฮให้ผลผลิตต่อพื้นที่ค่อนข้างต่ำ ซึ่งมีสาเหตุจากหลายปัจจัย เช่น ระบบการผลิต การเข้าทำลายของโรคและแมลง สภาพแวดล้อม และปัญหาการขาดแคลนสายพันธุ์ที่เหมาะสม เป็นต้น (Ayenan *et al.*, 2017)

ประเทศไทยนำเข้าสายพันธุ์ถั่วมะแฮมาใช้ในโครงการคัดเลือกและการปรับปรุงพันธุ์ตั้งแต่ ปี พ.ศ. 2526 ปัจจุบันมีการแนะนำพันธุ์ถั่วมะแฮให้เกษตรกรใช้ในการเพาะปลูก ได้แก่ พันธุ์ขอนแก่น และพันธุ์โอ.ซี.พี 7035 (Department of Agriculture, 2020) ทั้ง 2 พันธุ์ สามารถเก็บผลผลิตได้อย่างน้อย 2 ปี โดยผลผลิตจะเพิ่มขึ้นในปีที่ 2 ถั่วมะแฮเป็นพืชที่ปลูกได้อย่างกว้างขวางในเขตร้อนชื้นและกึ่งร้อนชื้นสามารถปรับตัวได้ดีในเขตแห้งแล้ง เจริญเติบโตได้ดี

ในดินแทบทุกชนิด ใช้ประโยชน์ได้ทุกส่วนของลำต้น ใบ และเมล็ด มีโปรตีนและคุณค่าทางอาหารสูง (Sheahan, 2012; Saxena *et al.*, 2016) นอกจากนี้ ถั่วมะแฮะยังสามารถใช้เป็นปุ๋ยพืชสดเพื่อเพิ่มความอุดมสมบูรณ์ของดิน และยังมีการใช้ประโยชน์อย่างแพร่หลายเพื่อเลี้ยงสัตว์เคี้ยวเอื้อง โดยเฉพาะในการผลิตโคมนและโคเนื้อ ทั้งในรูปแบบหญ้าหมัก (Silage) และหญ้าแห้ง (Hay) รวมถึงยังใช้สำหรับป้องกันการพังทลายของดินในพื้นที่ลาดชันอีกด้วย (Upadhyaya *et al.*, 2011; Kaewkunya *et al.*, 2012)

ถั่วมะแฮะเป็นพืชผสมตัวเอง (Self-pollinated crop) มีอัตราการผสมข้าม (Out-crossing rate) โดยแมลงผสมเกสรประมาณ 5–70% ซึ่งการผสมข้ามขึ้นอยู่กับปัจจัยด้านสภาพแวดล้อม ความหนาแน่นของประชากรแมลงผสมเกสร และช่วงเวลาดอกบาน (Choudhary, 2011) ซึ่งส่งผลต่อความแปรปรวนทางพันธุกรรมและความบริสุทธิ์ของพันธุ์พื้นเมืองที่ได้จากการเก็บรวบรวมและปลูกเป็นระยะเวลานาน ทำให้มีการเจริญเติบโตและการให้ผลผลิตที่แตกต่างกัน รวมถึงอาจส่งผลต่อปริมาณโปรตีนและคุณค่าทางโภชนาการอีกด้วย

เชื้อพันธุกรรมถั่วมะแฮะ 1,260 accessions ของสถาบันวิจัยพืชนาชาติกึ่งร้อนและแห้งแล้ง (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, ICRIAT) สามารถแบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม คือ สายพันธุ์หนัก สายพันธุ์ปานกลาง และสายพันธุ์เบา จากการประเมินความหลากหลายทางลักษณะฟีโนไทป์ของถั่วมะแฮะทั้ง 3 สายพันธุ์ พบว่าสายพันธุ์หนักและสายพันธุ์ปานกลางมีความแปรปรวนของลักษณะทางสัณฐานวิทยาและสรีรวิทยามากกว่าสายพันธุ์เบา (Upadhyaya *et al.*, 2007) ด้วยเหตุนี้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและสรีรวิทยาจึงสามารถนำไปใช้ในการจัดกลุ่มสายพันธุ์ถั่วมะแฮะได้ (Bishnoi *et al.*, 2019; Yohane *et al.*, 2020) ทั้งนี้ การปรับปรุงพันธุ์ถั่วมะแฮะโดยใช้เชื้อพันธุกรรมที่มีความหลากหลาย ได้แก่ สายพันธุ์ปรับปรุงที่ได้จากโครงการ

ปรับปรุงพันธุ์ พันธุ์พื้นเมือง และพืชป่าใกล้เคียงพืชปลูก (Wild relatives) จะสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการผลิตและเพิ่มปริมาณผลผลิตของถั่วมะแฮะได้ (Wanjari *et al.*, 2016; Yohane *et al.*, 2020)

ถั่วมะแฮะสายพันธุ์ T9 เป็นสายพันธุ์พื้นเมืองที่ปลูกและขยายพันธุ์ในแปลงรวบรวมพันธุ์ร่วมกับสายพันธุ์อื่น จำนวน 8 สายพันธุ์ ใน 5 ฤดูปลูก จากการประเมินเชื้อพันธุกรรมถั่วมะแฮะสายพันธุ์ T9 เบื้องต้นพบว่า มีความแปรปรวนของลักษณะการเจริญเติบโตและสัณฐานวิทยาบางประการ เช่น สีเมล็ด สีฝัก และลวดลายฝัก เป็นต้น งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแปรปรวนทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรของประชากรถั่วมะแฮะสายพันธุ์ T9 เพื่อเป็นข้อมูลเบื้องต้นในการคัดเลือก และใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมสำหรับโครงการปรับปรุงพันธุ์ถั่วมะแฮะโปรตีนสูงสำหรับส่งเสริมให้เกษตรกรปลูกต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการ

วิธีการปลูกถั่วมะแฮะ

ถั่วมะแฮะพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 ถูกรวบรวมจากพื้นที่ในจังหวัดอุดรธานี ภายใต้โครงการรวบรวมถั่วมะแฮะพื้นเมือง เพื่อการปรับปรุงพันธุ์และการใช้ประโยชน์ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2552 ถั่วมะแฮะพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 เป็นสายพันธุ์ที่มีลักษณะทรงต้นสูงและให้ผลผลิตสูง โดยโครงการรวบรวมถั่วมะแฮะพื้นเมืองได้ดำเนินการปลูกทดสอบและขยายเมล็ดพันธุ์ถั่วมะแฮะพื้นเมืองสายพันธุ์ T1–T9 ในแปลงรวบรวมและทดสอบพันธุ์ จำนวน 5 ฤดูปลูก ในพื้นที่แปลงทดลองสถานีวิจัยลำตะคอง อำเภอปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา ระหว่างปี พ.ศ. 2552–2562 โดยเฉพาะเมล็ดพันธุ์ถั่วมะแฮะสายพันธุ์ T9 ในช่วงเดือนมิถุนายน พ.ศ. 2562 เมื่อต้นกล้ามีอายุ 30 วัน จึงย้ายลงปลูกในแปลงทดลองที่สถานีวิจัยลำตะคอง อำเภอปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา จำนวน 393 accessions รองกันหลุมด้วยปุ๋ยสูตร 15–15–15 ในปริมาณ 5 กรัม และ

มูลโค 100 กรัม ปลุกเป็นแถวแบบสลับฟันปลา ระยะห่าง 1 x 3 เมตร ใส่มูลโค 3.5 กิโลกรัมต่อต้น เมื่ออายุได้ 2 เดือนหลังปลูกให้น้ำด้วยระบบน้ำหยด 2 ครั้งต่อเดือน ครั้งละ 2-3 ชั่วโมง

การจัดเก็บข้อมูลและการวิเคราะห์ข้อมูล

สันฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรของประชากรถั่วมะแอพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 ถูกสุ่มเก็บข้อมูล 98 accessions จากจำนวนที่ปลูกทั้งหมด 393 accessions ในระยะเก็บเกี่ยว โดยสังเกตจากการเปลี่ยนสีของฝักจากสีเขียวเป็นสีน้ำตาล ในช่วงเดือนมกราคม พ.ศ. 2563 บันทึกข้อมูลสันฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตร จำนวน 16 ลักษณะ ได้แก่ ความสูงต้น จำนวนกิ่งแรก จำนวนกิ่งที่ 2 จำนวนกิ่งที่ติดฝัก จำนวนฝักต่อกิ่ง จำนวนเมล็ดต่อฝัก น้ำหนัก 100 เมล็ด ความยาวฝัก ความกว้างฝัก ลายฝัก ความยาวเมล็ด ความกว้างเมล็ด ลายเมล็ด ค่าความเป็นสีแดงหรือสีเขียว (a) ของฝักและเมล็ดที่วัดด้วยเครื่องวัดสี (Colorimeter) และประเมินผลผลิตต่อต้นจากข้อมูลองค์ประกอบผลผลิตต่อต้น ได้แก่ จำนวนกิ่งที่ติดฝัก จำนวนฝักต่อกิ่ง จำนวนเมล็ดต่อฝัก และน้ำหนัก 100 เมล็ด จากนั้น นำข้อมูลมาวิเคราะห์ด้วยการวิเคราะห์แบบหลายตัวแปร (Multivariable analysis) ตามวิธีของ Sneath and Sokal (1973) วิเคราะห์การจัดการกลุ่ม (Cluster analysis) จัดทำ dendrogram หรือ phylogenetic tree ด้วยวิธี UPGMA (Unweighted pair-group method with arithmetic average) ตามวิธีการของ Sokal and Michener (1958) และวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก (Principal component analysis, PCA) (Jolliffe, 2002) เพื่อตรวจสอบลักษณะการกระจายตัวของสายพันธุ์ถั่วมะแอ

ผลการทดลองและวิจารณ์

จากการวิเคราะห์การจัดกลุ่มและการสร้าง dendrogram หรือ phylogenetic tree ด้วยวิธี UPGMA โดยใช้ค่าสัมประสิทธิ์ Euclidean distance (Figure 1) และตรวจสอบรูปแบบการกระจายตัวของถั่วมะแอ จำนวน 98 accessions ด้วยวิธี PCA (Figure 2) พบว่า ค่าสัมประสิทธิ์ความต่างอยู่ในช่วง 1.00-25.00 สามารถแบ่งกลุ่มถั่วมะแอพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 ออกเป็น 2 กลุ่มหลัก คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย ถั่วมะแอ จำนวน 81 accessions และกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย ถั่วมะแอ จำนวน 17 accessions โดยกลุ่มที่ 1 สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 1.1 ประกอบด้วย ถั่วมะแอ จำนวน 33 accessions และกลุ่มย่อยที่ 1.2 ประกอบด้วย ถั่วมะแอ จำนวน 48 accessions ส่วนกลุ่มที่ 2 สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 2.1 ประกอบด้วย ถั่วมะแอ จำนวน 16 accessions และกลุ่มย่อยที่ 2.2 ประกอบด้วย ถั่วมะแอ จำนวน 1 accession (Table 1)

Table 1 Cluster and numbers of accession in each cluster of 98 accessions of pigeon pea

Cluster	Sub-cluster	Numbers of accession	Accessions
1	1.1	33	P1, P6, P9, P11, P15, P17, P21, P24, P26, P29, P33, P34, P35, P45, P46, P47, P52, P56, P58, P68, P70, P72, P73, P77, P79, P81, P82, P86, P87, P89, P93, P94 and P95
	1.2	48	P2, P7, P10, P12, P16, P18, P19, P20, P22, P23, P25, P27, P30, P36, P39, P40, P41, P42, P44, P48, P49, P50, P51, P53, P55, P57, P59, P60, P61, P62, P64, P65, P66, P67, P71, P74, P75, P76, P83, P84, P85, P88, P90, P91, P92, P96, P97 and P98
2	2.1	16	P3, P4, P5, P8, P13, P14, P28, P31, P32, P37, P43, P54, P63, P69, P78 and P80
	2.2	1	P38

P = pigeon pea accessions

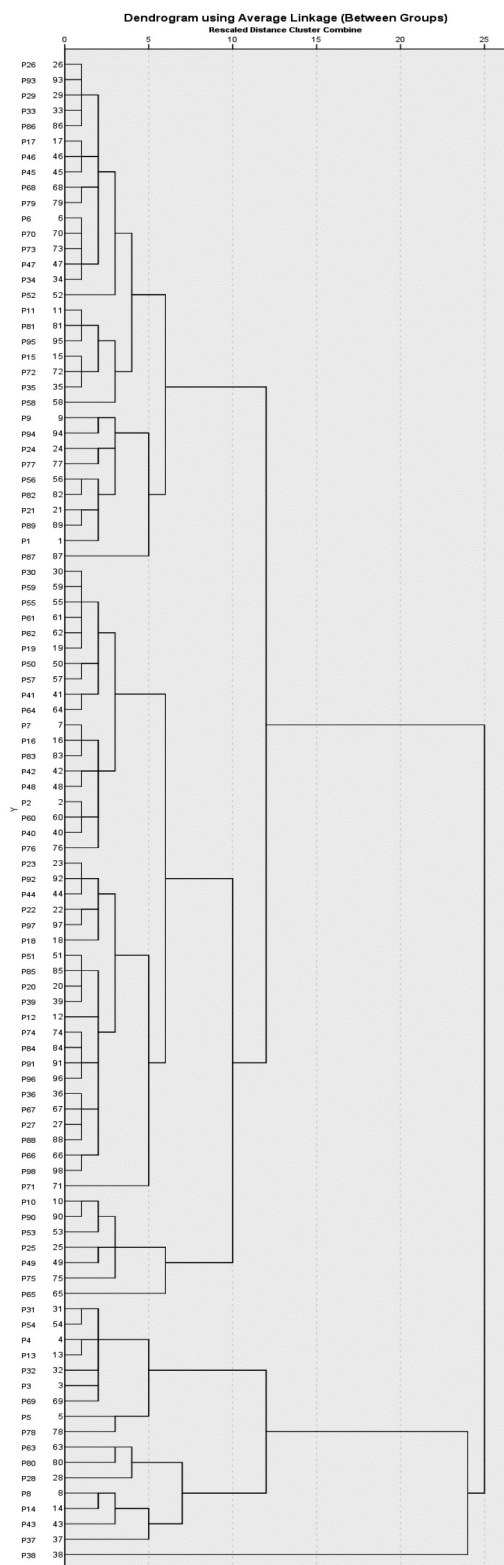


Figure 1 Phylogenetic tree manifesting the diversity among 98 accessions of pigeon pea based on Euclidean distance coefficient identified by agronomic traits

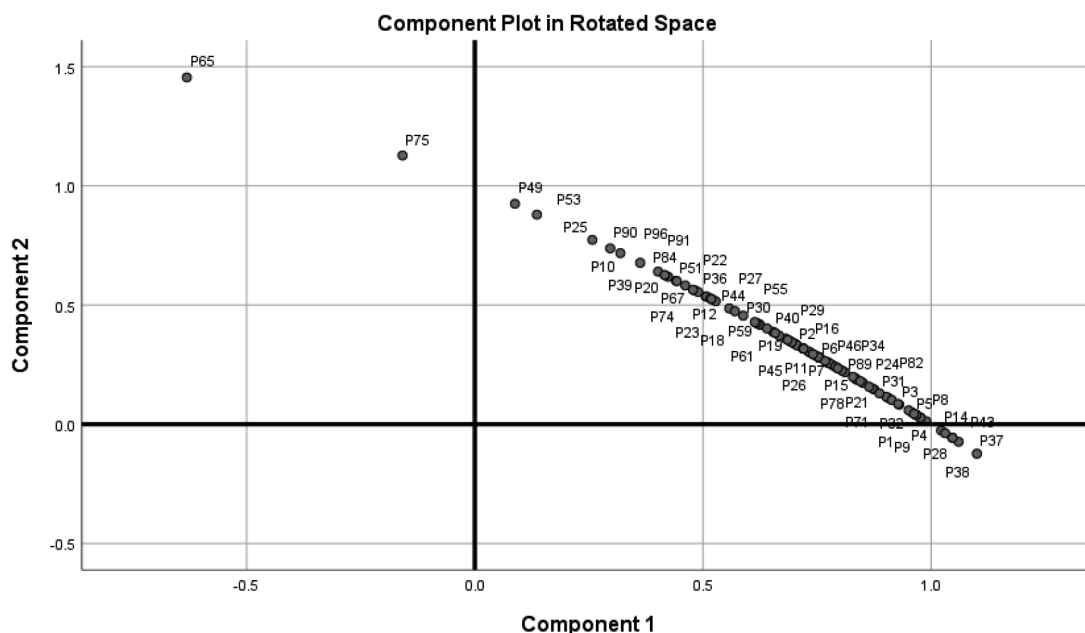


Figure 2 Distribution pattern of 98 accessions of pigeon pea based on principle component analysis

ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรทั้งหมด 16 ลักษณะ ของถั่วมะแะทั้ง 2 กลุ่ม มีค่าเฉลี่ยใกล้เคียงกัน (Table 2) ในลักษณะความกว้างและความยาวฝัก ความกว้างและความยาวเมล็ด จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความสูงของต้น จำนวนกิ่งที่ 1 จำนวนกิ่งที่ 2 จำนวนยอดที่ติดฝัก น้ำหนัก 100 เมล็ด ลายเมล็ด และลายฝัก ยกเว้นจำนวนฝักต่อช่อและผลผลิตต่อต้น โดยถั่วมะแะในกลุ่มที่ 2 มีจำนวนฝักต่อช่อเฉลี่ย 43.18 ฝัก และผลผลิตต่อต้นเฉลี่ย 1,269.08 กรัม ซึ่งสูงกว่าถั่วมะแะในกลุ่มที่ 1 ที่มีจำนวนฝักต่อช่อเฉลี่ย 26.86 ฝัก และผลผลิตต่อต้นเฉลี่ย 610.99 กรัม ส่วนสีเมล็ด มีความแปรปรวนสูงสามารถจำแนกสีเมล็ดของถั่วมะแะสายพันธุ์ T9 ได้ 5 สี (Figure 3) คือ เมล็ดสีครีมปนน้ำตาล (3.06%) สีนํ้าตาลอ่อน (14.29%) สีนํ้าตาล (23.47%) สีนํ้าตาลเข้ม (26.53%) และสีนํ้าตาลเข้มปนสีม่วงดำ (32.65%) สำหรับลักษณะการมีลายของเมล็ด พบว่า ประมาณ

46.94% เป็นต้นที่เมล็ดไม่มีลาย และ 53.06% เป็นต้นที่เมล็ดมีลาย และเมื่อพิจารณาการมีลายของฝัก พบว่ามีสัดส่วนของต้นที่ฝักมีลาย (52.04%) สูงกว่าต้นที่ฝักไม่มีลาย (47.96%) ซึ่งสามารถจัดกลุ่มการมีลายของฝักและเมล็ดได้ 4 กลุ่ม คือ 1) กลุ่มที่ฝักและเมล็ดมีลาย จำนวน 29 accessions (29.59%) 2) กลุ่มที่ฝักไม่มีลายแต่เมล็ดมีลาย จำนวน 22 accessions (22.45%) 3) กลุ่มที่ฝักมีลายแต่เมล็ดไม่มีลาย จำนวน 16 accessions (16.33%) และ 4) กลุ่มที่ฝักและเมล็ดไม่มีลาย จำนวน 31 accessions (31.63%)

การศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรของถั่วมะแะพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 ด้วยวิธี Cluster analysis พบว่า การใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรสามารถจำแนกถั่วมะแะพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 ได้เป็น 2 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย ถั่วมะแะ 2 กลุ่มย่อย จำนวน 81 accessions และกลุ่มที่ 2 ประกอบ

ด้วย ถั่วมะเเะ 2 กลุ่มย่อย จำนวน 17 accessions สอดคล้องกับ Bishnoi *et al.* (2019) และ Yohane *et al.* (2020) ที่ใช้ลักษณะทางสันฐานวิทยาและ สรีรวิทยาจัดกลุ่มสายพันธุ์ถั่วมะเเะได้เป็น 11 และ 3 กลุ่ม ตามลำดับ ทั้งยัง สอดคล้องกับ Teli *et al.* (2019) ที่รายงานว่ ลักษณะความสูงต้น จำนวนฝักต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝัก ความยาวฝัก จำนวนกิ่งที่ 1 และ

กิ่งที่ 2 ต่อต้น น้ำหนัก 100 เมล็ด และผลผลิตต่อต้น รวมถึงจำนวนวันที่ดอกบาน 50% และอายุการ เก็บเกี่ยว สามารถใช้ในการจำแนกเชื้อพันธุกรรม ถั่วมะเเะ 42 สายพันธุ์ ได้เป็น 8 กลุ่ม ซึ่งสามารถใช้ เป็นข้อมูลเบื้องต้นในการประเมินคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ สำหรับโครงการปรับปรุงพันธุ์ถั่วมะเเะได้อย่างมีประสิทธิภาพ

Table 2 Minimum (Min), maximum (Max), mean and standard deviation (SD) of 16 agronomic traits of the 2 clusters of pigeon pea

Traits	Cluster 1				Cluster 2			
	Min	Max	Mean	SD	Min	Max	Mean	SD
Pod width (mm)	5.49	10.76	8.89	0.74	7.96	9.63	8.87	0.54
Pod length (mm)	52.02	79.93	63.36	5.94	56.37	74.02	63.40	4.98
Seed width (mm)	5.53	6.96	6.16	0.33	5.50	6.80	6.14	0.39
Seed length (mm)	5.21	7.47	6.48	0.44	5.26	7.45	6.42	0.56
Pod per branch	12.00	47.50	26.86	7.44	28.00	71.00	43.18	10.47
Seed per pod	3.00	5.40	4.41	0.39	3.60	5.20	4.46	0.47
Plant height (cm)	120.00	295.00	227.23	30.02	155.00	270.00	230.41	30.80
Numbers of primary branch	10.00	39.00	21.28	6.15	11.00	29.00	21.00	4.30
Numbers of secondary branch	21.00	98.00	51.05	13.28	43.00	94.00	61.12	13.62
Numbers of fertile shoot	20.00	86.00	51.51	11.65	44.00	97.00	64.18	15.39
100 seed weight (g)	1.30	15.50	10.44	1.89	7.60	15.30	10.84	1.99
Seed strip ¹	0	1	–	–	0	1	–	–
Pod strip ²	0	1	–	–	0	1	–	–
aS ³	1.93	17.23	5.63	2.86	1.83	17.85	7.00	4.98
aP ⁴	1.97	18.42	9.48	3.03	4.69	15.13	9.12	2.69
Yield per plant (g)	149.95	933.66	610.99	178.65	995.96	1,842.30	1,269.08	235.19

¹ Seed strip (0 = seed without strip, 1 = seed with strip)

² Pod strip (0 = pod without strip, 1 = pod with strip)

³ “a” value of seed color measured by colorimeter

⁴ “a” value of pod color measured by colorimeter

จากผลการทดลอง พบว่า การจัดกลุ่มความแปรปรวนทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางการเกษตรของถั่วมะแฮะมีความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์ถั่วมะแฮะเพื่อเพิ่มปริมาณผลผลิต โดยลักษณะทางการเกษตร ได้แก่ จำนวนฝักต่อข้อ จำนวนกิ่งที่ 2 จำนวนกิ่งที่ให้ผลผลิต และค่าเฉลี่ยผลผลิตต่อต้นของถั่วมะแฮะกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 มีความแตกต่างกัน

แสดงให้เห็นว่า ถั่วมะแฮะพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 มีความแปรปรวนทางลักษณะสัณฐานวิทยาและการให้ผลผลิตโดยถั่วมะแฮะกลุ่มที่ 2 ให้ผลผลิตสูงกว่ากลุ่มที่ 1 จึงมีแนวโน้มที่จะนำไปใช้เป็นแหล่งพันธุ์กรรมสำหรับโครงการปรับปรุงพันธุ์ หรือคัดเลือกสายพันธุ์บริสุทธิ์เพื่อส่งเสริมให้เกษตรกรปลูกต่อไป

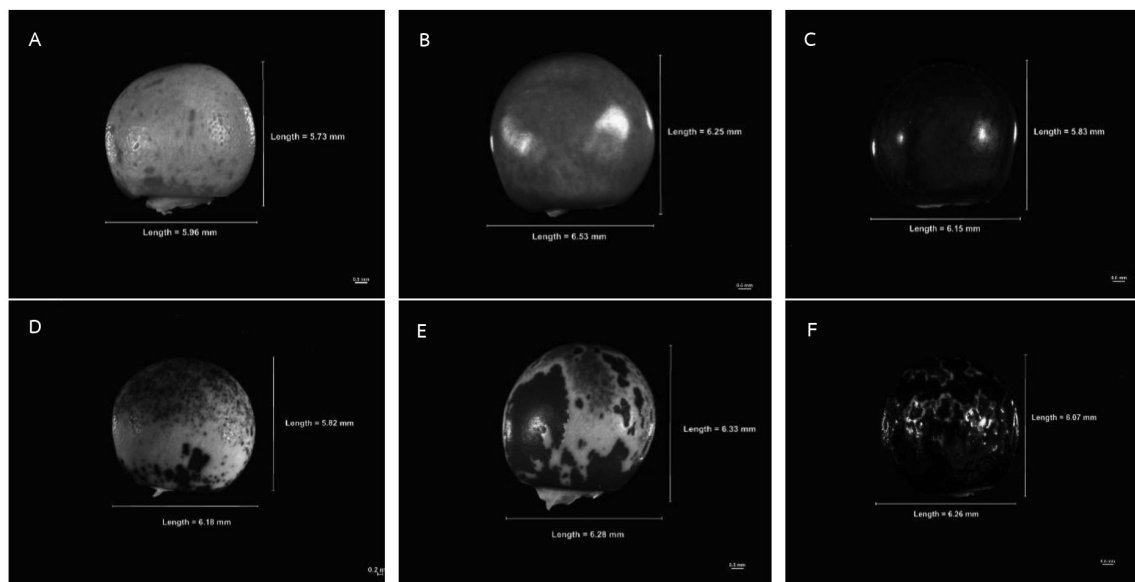


Figure 3 Diversity of seed morphology of 98 accessions of pigeon pea: diversity of seed color (A, B, C) and diversity of seed strip (D, E, F)

สรุป

การวิเคราะห์การจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA และการตรวจสอบรูปแบบการกระจายตัวของถั่วมะแฮะด้วยวิธี PCA สามารถจำแนกถั่วมะแฮะพื้นเมืองสายพันธุ์ T9 ได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ คือกลุ่มที่ 1 ประกอบด้วย ถั่วมะแฮะ 2 กลุ่มย่อย ซึ่งมีจำนวนทั้งหมด 81 accessions และกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วย ถั่วมะแฮะ 2 กลุ่มย่อย ซึ่งมีจำนวนทั้งหมด 17 accessions ถั่วมะแฮะกลุ่มที่ 2 มีความเหมาะสมในการใช้เป็นแหล่งพันธุ์กรรมสำหรับการคัดเลือกพันธุ์บริสุทธิ์และเป็นแหล่งพันธุ์กรรมในการปรับปรุงพันธุ์ถั่วมะแฮะต่อไป

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณสถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งประเทศไทย (วว.) ที่ให้การสนับสนุนอุปกรณ์ และเครื่องมือห้องปฏิบัติการเมล็ดพันธุ์ สถาบันวิจัยลำตะคอง และขอขอบคุณนักวิจัยและผู้ช่วยนักวิจัยสถาบันวิจัยลำตะคองทุกท่าน ที่ช่วยเหลือและอำนวยความสะดวกในการดำเนินงานวิจัยในครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- Ade-Omowaye, B.I.O., G.A. Tucker and I. Smetanska. 2015. Nutritional potential of nine underexploited legumes in Southwest Nigeria. *Int. Food Res. J.* 22(2): 798–806.
- Ayenon, M.A.T., K. Ofori, L.E. Ahoton and A. Danquah. 2017. Pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.] production system, farmers' preferred traits and implications for variety development and introduction in Benin. *Agric. Food Secur.* 6: 48.
- Bishnoi, S.K., R.S. Rathi, S.B. Choudhary, P.K. Malav and S.P. Ahlawat. 2019. Phenotypic characterization of Pigeonpea (*Cajanus cajan*) germplasm collected from Jharkhand, India. *Indian J. Plant Genet. Resour.* 32(3): 354–359.
- Choudhary, A.K. 2011. Effects of pollination control in pigeonpea and their implication. *Journal of Food Legumes.* 24(1): 50–53.
- Department of Agriculture. 2020. Pigeon pea. Available Source: <https://www.doa.go.th/cv/view.php?id=204>, December 20, 2020.
- Jolliffe, I.T. 2002. Principal Component Analysis. 2nd edition. Springer–Verlag New York, Inc., New York, USA. 500 pp.
- Kaewkunya, C., P. Pasartchai and A. Oupaphong. 2012. The potential of tropical legumes for provide good quality forage and lateritic soil improvement. *Agricultural Sci. J.* 43(Suppl. 2): 585–588. (in Thai)
- Karri, V.R. and N. Nalluri. 2017. Pigeon pea (*Cajanus cajan* L.) by-products as potent natural resource to produce protein rich edible food products. *IJCAS.* 7(7): 229–236.
- Kasikorn Research Center. 2019. Plant-based protein. Available Source: https://kasikornresearch.com/th/analysis/k-social-media/Pages/20190604_00.aspx, June 4, 2019.
- Saxena, K.B. and S.L. Sawargaonkar. 2015. Genetic enhancement of seed proteins in pigeonpea-methodologies, accomplishments, and opportunities. *Int. J. Sci. Res.* 4(5): 3–7.
- Saxena, K.B., R. Sultana, P. Bhatnagar–Mathur, R.K. Saxena, Y.S. Chauhan, R.V. Kumar, I.P. Singh, R.S. Raje and A.N. Tikle. 2016. Accomplishments and challenges of pigeonpea breeding research in India. *Indian J. Genet.* 76(4): 467–482.
- Sheahan, C.M. 2012. Plant Guide for Pigeon Pea (*Cajanus cajan*). USDA–Natural Resources Conservation Service, Cape May Plant Materials Center, Cape May, New Jersey, USA.
- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification. 1st edition. W.H. Freeman, San Francisco, USA. 573 pp.

- Sokal, R.R. and C.D. Michener. 1958. A statistical method for evaluating systematic relationships. Univ. Kans. Sci. Bull. 38: 1409–1448.
- Teli, S.B., K.V. Patel and D.J. Parmar. 2019. Genetic diversity analysis in pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.). J. Pharmacogn. Phytochem. 8(6): 101–103.
- Upadhyaya, H.D., K.N. Reddy, C.L.L. Gowda and S. Singh. 2007. Phenotypic diversity in the pigeonpea (*Cajanus cajan*) core collection. Genet. Resour. Crop Evol. 54: 1167–1184.
- Upadhyaya, H.D., K.N. Reddy, S. Sharma, R.K. Varshney, R. Bhattacharjee, S. Singh and C.L.L. Gowda. 2011. Pigeonpea composite collection and identification of germplasm for use in crop improvement programs. Plant Genet. Resour. 9(1): 97–108.
- Wanjari, K.B., R.S. Raje, K. Durgesh, G.R. Prashat and R. Joshi. 2016. Pigeonpea improvement through conventional breeding. Indian J. Genet. 76(4): 483–495.
- Yohane, E.N., H. Shimelis, M. Laing, I. Mathew and A. Shayanowako. 2020. Phenotypic divergence analysis in Pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh] germplasm accessions. Agronomy. 10: 1682.