บทที่ 2

อุปกรณ์และวิธีดำเนินการทดลอง

อุปกรณ์ที่ใช้ในการทดลอง

1. พืชที่ใช้ในการศึกษา

   แมงลักที่เก็บรวบรวมได้จากที่ต่าง ๆ 18 สายพันธุ์

2. วัสดุการเกษตร ได้แก่

   2.1 ดินขุยไผ่

   2.2 ขี้เถ้าแกลบ

   2.3 ปุ๋ยอินทรีย์ กทม.-1

   2.4 ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15

   2.5 ยาฆ่าแมลง Azodrin

   2.6 ถุงพลาสติกขนาด 5 นิ้ว

   2.7 ตะกร้าพลาสติก

   2.8 ป้ายปักชื่อต้นไม้

   2.9 เครื่องมือทางการเกษตร เช่น พลั่วมือ จอบ เสียม ฯลฯ

3. อุปกรณ์สำหรับการผสมเกสร

   3.1 ปากคีบปลายแหลม

   3.2 เข็มเขี่ย

   3.3 ถุงกระดาษขนาด 5×10 เซนติเมตร

   3.4 แอลกอฮอล์ 70 เปอร์เซ็นต์

   3.5 ป้ายกระดาษร้อยด้ายสำหรับแขวน

   3.6 คลิบหนีบกระดาษ

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

4. อุปกรณ์ที่ใช้ในการวัดลักษณะทางปริมาณ

4.1 กระบอกตวงขนาด 10 และ 50 มิลลิลิตร

4.2 บีกเกอร์ขนาด 250 มิลลิลิตร

4.3 ตะแกรงลวด

4.4 สายวัด

4.5 เครื่องชั่งละเอียด

5. อุปกรณ์ในการบันทึกภาพ ได้แก่ กล้องถ่ายรูป ฟิล์มสี และฟิล์มสไลด์สี

วิธีดำเนินการทดลอง

1. การปลูกและการดูแลพืชทดลอง

การทดลองประกอบด้วยการปลูกแมงลักจำนวน 4 ครั้ง โดยใช้วิธีเพาะเมล็ดลงถุงพลาสติกที่บรรจุดินขุยไผ่ผสมขี้เถ้าแกลบ ในอัตราส่วน 1:1 เมื่อต้นกล้าอายุได้ประมาณ 3 สัปดาห์ ถึง 1 เดือน จึงย้ายลงแปลง โดยให้มีระยะปลูก 50×50 เซนติเมตร ในการปลูกครั้งที่ 1 ถึง 3 และ 70×70 เซนติเมตร ในการปลูกครั้งที่ 4 เตรียมแปลงโดยคลุกดินด้วยปุ๋ยอินทรีย์ กทม.-1 ในอัตราส่วน 1,000 กิโลกรัมต่อไร่ และใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 ประมาณ 1 ช้อนชาต่อหลุม หลังจากนั้น ให้ปุ๋ยอินทรีย์ กทม.-1 รอบ ๆ โคนต้นทุก ๆ 15 วัน พ่นยา Azodrin เมื่อมีการระบาดของหนอนกินยอดและหนอนห่อใบ ทำการกำจัดวัชพืชโดยการถอนเดือนละ 1 ครั้ง

การปลูกพืชครั้งที่ 1 ถึง 3 ปลูกที่แปลงทดลองภาควิชาพฤกษศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ส่วนการปลูกครั้งที่ 4 ปลูกที่แปลงทดลองของโครงการปลูกสวนสมุนไพร มหาวิทยาลัยมหิดล ณ ศาลายา

1.1 การปลูกครั้งที่ 1

ปลูกเพื่อคัดเลือกสายพันธุ์พ่อ แม่ ครั้งแรก โดยปลูกแมงลักที่รวบรวมมาจากที่ต่างๆ จำนวน 18 สายพันธุ์ สายพันธุ์ละประมาณ 10 ต้น ทำการผสมตัวเองของแต่ละสายพันธุ์ เพื่อนำเมล็ดไปใช้ปลูกในครั้งต่อไป เก็บเกี่ยวเมล็ดแต่ละสายพันธุ์รวมกันนำมาวิเคราะห์หาปริมาณสารเมือก และนำผลวิเคราะห์มาคัดเลือกหาสายพันธุ์ที่มีปริมาณสารเมือกสูงและต่ำอย่างละ 3 สายพันธุ์ เพื่อใช้เป็นสายพันธุ์พ่อและแม่

1.2 <u>การปลูกครั้งที่ 2</u>

ปลูกสายพันธุ์พ่อแม่จากเมล็ดที่ได้จากการผสมตัวเองของสายพันธุ์ที่คัดเลือกไว้ครั้งแรก 6 สายพันธุ์ จำนวนสายพันธุ์ละ 24 ต้น โดยวางแผนการทดลองแบบ CRD (completely random design) มี 3 ซ้ำ แต่ละซ้ำปลูกสายพันธุ์ละ 8 ต้นต่อหน่วยการทดลอง ในทุกหน่วยการทดลองแบ่งพืชออกเป็น 3 กลุ่ม ๆ ละ 2 2 และ 4 ต้น ตามลำดับ และทำการทดลองดังนี้ คือ

<u>กลุ่มที่ 1</u> ทำการผสมตัวเอง เก็บเมล็ดแยกต้นไว้ปลูกในการปลูกครั้งที่ 4

<u>กลุ่มที่ 2</u> ทำการผสมเกสรระหว่างสายพันธุ์ที่มีปริมาณสารเมือกสูงกับสายพันธุ์ที่มีปริมาณสารเมือกต่ำ ทั้งการผสมตรง (direct cross) และการผสมสลับพ่อแม่ (reciprocal cross) รวมทั้งสิ้น 18 คู่ผสม (cross) เก็บเมล็ดแยกต้นโดยเมล็ดที่เก็บได้จะเป็นเมล็ด F_1 (ลูกผสมชั่วที่ 1) และเมล็ด F_1R (ลูกผสมชั่วที่ 1 แบบผสมสลับพ่อแม่) เพื่อใช้ปลูกในครั้งที่ 3 และครั้งที่ 4

<u>กลุ่มที่ 3</u> เก็บเกี่ยวเมล็ดเพื่อวิเคราะห์ปริมาณสารเมือก ผลผลิตเมล็ดต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด อายุถึงวันดอกแรกบาน ความสูงของต้น และอายุถึงวันเก็บเกี่ยว เพื่อศึกษาลักษณะทางปริมาณเบื้องต้นของแต่ละสายพันธุ์

หลังจากวิเคราะห์ข้อมูลลักษณะต่าง ๆ แล้ว ทำการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่ครั้งที่ 2 ให้เหลือสายพันธุ์ที่มีปริมาณสารเมือกสูงและต่ำอย่างละ 2 สายพันธุ์

1.3 <u>การปลูกครั้งที่ 3</u>

ปลูกลูกผสมชั่วที่ 1 จากเมล็ด F_1 และลูกผสมชั่วที่ 1 แบบผสมสลับพ่อแม่จากเมล็ด F_1R ที่ได้จากการผสมระหว่างสายพันธุ์ที่มีปริมาณสารเมือกสูงและต่ำที่คัดเลือกไว้จำนวน 6 คู่ผสม โดยสุ่มเมล็ดจากแต่ละต้นมาเท่า ๆ กัน แล้วปลูก 20 ต้นต่อ 1 คู่ผสม ทำการผสมตัวเอง เก็บเมล็ดแยกต้น ซึ่งเมล็ดที่ได้จากต้น F_1 จะเป็นเมล็ด F_2 (ลูกผสมชั่วที่ 2) และเมล็ดจากต้น F_1R จะเป็นเมล็ด F_2R (ลูกผสมชั่วที่ 2 แบบผสมสลับพ่อแม่) เพื่อใช้ในการปลูกครั้งที่ 4

1.4 <u>การปลูกครั้งที่ 4</u>

1.4.1 <u>การปลูกพืชทดลอง</u> นำเมล็ดพันธุ์ของแต่ละคู่ผสม ประกอบด้วยสายพันธุ์พ่อแม่ ลูกผสมชั่วที่ 1 และลูกผสมชั่วที่ 2 ไปปลูกในแปลงขนาด 4.5×12 เมตร โดย

แบ่งเป็นแปลงย่อยขนาด 1.5×2.25 เมตร จำนวน 16 แปลง ใช้แผนการทดลองแบบ CRD ในการวางแปลงย่อยในแต่ละคู่ผสม ทำการปลูกพืชดังนี้

สายพันธุ์พ่อ	2 แปลงย่อย
สายพันธุ์แม่	2 แปลงย่อย
ลูกผสมชั่วที่ 1	2 แปลงย่อย
ลูกผสมชั่วที่ 2	10 แปลงย่อย

แต่ละแปลงย่อยปลูกแมงลัก 6 ต้น ทำแบบเดียวกันนี้ทั้ง 6 คู่ผสม (ภาคผนวก ก)

1.4.2 <u>การเก็บข้อมูล</u> เก็บเมล็ดจากต้นพ่อแม่ ทั้ง 4 สายพันธุ์ มาวิเคราะห์ปริมาณสารเมือก เพื่อทำการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่ครั้งที่ 3 ให้เหลือสายพันธุ์ที่มีปริมาณสารเมือกสูงสุดและต่ำสุดอย่างละ 1 สายพันธุ์ จากนั้น จึงเก็บผลการทดลองของคู่ผสมที่ได้จากสายพันธุ์ทั้งสอง จำนวน 2 คู่ผสม (รวมคู่ผสมสลับพ่อแม่) ดังนี้

1. เก็บเมล็ดแยกต้นจากต้นพ่อแม่ ลูกผสมชั่วที่ 1 และลูกผสมชั่วที่ 2 นำมาวิเคราะห์หาปริมาณสารเมือก ผลผลิตเมล็ดต่อต้น และน้ำหนัก 1,000 เมล็ด เพื่อนำมาวิเคราะห์หาค่าอัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรมแนวกว้างของลักษณะดังกล่าว

2. เก็บข้อมูลจากต้นพ่อแม่ ลูกผสมชั่วที่ 1 และลูกผสมชั่วที่ 2 เพื่อนำมาวิเคราะห์หาค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่อไปนี้ คือ ปริมาณสารเมือก ผลผลิตเมล็ดต่อต้น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด อายุถึงวันดอกแรกบาน ความสูงของต้น และจำนวนช่อดอกต่อต้น

2. <u>วิธีการผสมเกสรในแมงลัก</u>

การผสมเกสรในแมงลักทำดังนี้ คือ

1. คัดเลือกช่อดอกในต้นแม่ โดยให้มีดอกตูมที่เจริญเต็มที่กำลังจะบานในตอนสายของวันนั้น แต่อับเรณูยังไม่แตก ใช้ปากคีบดึงดอกที่บานแล้วและดอกที่ยังอ่อนอยู่ทิ้งให้หมด เหลือแต่ดอกที่จะทำการผสมเกสรเท่านั้น ประมาณ 3 ถึง 6 ดอกในหนึ่งช่อ

2. ทำการกำจัดเกสรตัวผู้ (emasculation) ในช่วงเวลาประมาณ 7.00 น. ถึง 9.30 น. โดยใช้เข็มเขี่ยเปิดกลีบดอกออกแล้วเขี่ยเกสรตัวผู้ทั้ง 4 อันทิ้ง จากนั้นคลุมช่อดอกไว้ด้วยถุงกระดาษเพื่อป้องกันการปนเปื้อนของเกสรตัวผู้อื่นที่อาจเกิดก่อนการผสมเกสรที่ต้องการ

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

3. คัดเลือกช่อดอกในต้นพ่อ โดยเลือกดอกที่เจริญเต็มที่และกำลังจะบาน ใช้ปากคีบดึงดอกที่บานแล้วออก คลุมช่อดอกไว้ด้วยถุงกระดาษ เพื่อป้องกันแมลงเข้ามาเกาะ อันจะทำให้เกิดการปนเปื้อนของละอองเกสรจากต้นอื่น โดยทำในช่วงเวลาใกล้เคียงกับการกำจัดเกสรตัวผู้

4. ทำการถ่ายละอองเกสร (pollination) ในวันเดียวกันช่วงเวลาประมาณ 10.30 น. ถึง 11.30 น. โดยใช้ปากคีบดึงดอกบานที่มีอับเกสรเพิ่งแตกใหม่ ๆ จากช่อดอกที่คลุมไว้ของต้นพ่อ นำไปแตะที่ยอดเกสรตัวเมียของต้นแม่ที่พร้อมรับการผสมโดยสังเกตจากก้านเกสรตัวเมียที่เหยียดออกตรงและปลายยอดเกสรตัวเมียแยกออกจากกัน ให้ละอองเกสรติดยอดเกสรตัวเมียพอสมควร แขวนป้ายบันทึกคู่ผสมแล้วคลุมถุงกระดาษเพื่อป้องกันการผสมข้ามที่ไม่ต้องการ

5. หลังจากผสมแล้วประมาณ 1 สัปดาห์ เปิดถุงคลุมออกรอจนเมล็ดแก่แล้วจึงเก็บเมล็ด

3. <u>วิธีหาปริมาณสารเมือก</u>

การหาปริมาณสารเมือกทำโดยใช้วิธีวัดค่าดรรชนีการพองตัว (swelling index) ซึ่งเป็นค่าที่บอกถึงจำนวนเท่าของปริมาตรเมล็ดที่พองตัวเต็มที่เทียบกับปริมาตรเมล็ดแห้ง โดยดัดแปลงจากวิธีการหาดรรชนีการพองตัวของเมล็ด <u>Plantago ovata</u> Forsk (Department of Pharmaceutical Sciences of the Pharmaceutical Society of Great Britain, 1973) ดังนี้

1. ชั่งน้ำหนักเมล็ดแห้ง 1 กรัม

2. วัดปริมาตรของเมล็ดแห้งจากข้อ 1. ด้วยกระบอกตวงขนาด 10 มิลลิลิตร บันทึกปริมาตรไว้

3. นำเมล็ดจากข้อ 2. ใส่ในบีกเกอร์ขนาด 250 มิลลิลิตร ที่มีน้ำ 100 มิลลิลิตร ทิ้งไว้ 24 ชั่วโมง

4. เมื่อครบกำหนด เทเมล็ดลงบนตะแกรงลวด ผึ่งไว้ 2 นาที ให้น้ำส่วนเกินออกให้หมด

5. นำเมล็ดจากข้อ 4. ไปหาปริมาตรโดยใช้กระบอกตวงขนาด 50 มิลลิลิตร บันทึกปริมาตร

6. นำค่าของปริมาตรเมล็ด เมื่อพองตัวเต็มที่จากข้อ 5. หารด้วยค่าของปริมาตรเมล็ดแห้งจากข้อ 2. ได้เป็นค่าดรรชนีการพองตัวมีหน่วยเป็นเท่า ทำ 2 ซ้ำทุก ๆ ตัวอย่าง

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

4. วิธีหาค่าลักษณะทางปริมาณ

4.1 ผลผลิตเมล็ดต่อต้น

เก็บเกี่ยวช่อดอกที่มีเมล็ดแก่ประมาณ 80% จำนวน 40 ช่อต่อต้น นำมาทุบและเคาะเอาเมล็ดออก ชั่งหาน้ำหนักเมล็ด แล้วคำนวณจาก 40 ช่อ ไปเป็นจำนวนช่อดอกทั้งหมดต่อต้นที่นับไว้ เป็นน้ำหนักเมล็ดต่อต้น

4.2 น้ำหนัก 1,000 เมล็ด หาตามวิธีของ International Seed Testing Association (1985) ดังนี้

1. สุ่มนับเมล็ด 100 เมล็ด มาชั่งด้วยเครื่องชั่งละเอียด ทำ 8 ซ้ำ

2. หาค่าเฉลี่ยจาก 8 ซ้ำ

3. นำค่าเฉลี่ยจากข้อ 2. คูณด้วย 10 เป็นน้ำหนัก 1,000 เมล็ด

4.3 อายุถึงวันดอกแรกบาน นับจำนวนวันจากเริ่มเพาะเมล็ดจนถึงวันที่ดอกแรกบาน

4.4 ความสูงของต้น วัดความสูงจากพื้นดินถึงจุดสูงสุดในระยะเก็บเกี่ยว

4.5 จำนวนช่อดอกต่อต้น นับจำนวนช่อดอกทั้งหมดในระยะเก็บเกี่ยว

4.6 อายุถึงวันเก็บเกี่ยว นับจำนวนวันจากเริ่มเพาะเมล็ดจนถึงวันเริ่มเก็บเกี่ยวและวันเก็บเกี่ยวเสร็จ นำมาหาค่าเฉลี่ย

5. การวิเคราะห์ข้อมูล

5.1 การวิเคราะห์ผลทางสถิติ

5.1.1 การวิเคราะห์ความแปรปรวน (analysis of variance) จากข้อมูลของแต่ละลักษณะที่ศึกษา นำมาวิเคราะห์ความแปรปรวนตามแผนการทดลองแบบ CRD (จรัญ จันทลักขณา, 2523) ดังแสดงในตารางที่ 1

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 1 การวิเคราะห์ความแปรปรวน สำหรับการวางแผนการทดลองแบบ CRD

Source of Variation	df	SS	MS	Observed F	Tabulated F (Treatment df, Error df) 0.05	0.01
Treatment	t-1	$\sum_i x_i^2/r_i - CT$	$\frac{\text{Treatment SS}}{\text{Treatment df}}$	$\frac{\text{Treatment MS}}{\text{Error MS}}$		
Experimental error	Total df- Treatment df	Total SS- Treatment SS	$\frac{\text{Error SS}}{\text{Error df}}$			
Total	$\sum_i r_i - 1$	$\sum_{ij} x_{ij}^2 - CT$				

กำหนดให้

X_{ij} เป็นค่าสังเกตที่ j ในทรีตเมนท์ที่ i

$i = 1,2,....,t \qquad j = 1,2,.....,r$

X_i เป็นผลรวมของทรีตเมนท์ที่ i

r_i เป็นจำนวนซ้ำในทรีตเมนท์ที่ i

t เป็นจำนวนทรีตเมนท์

$$\text{Correction term (CT)} = (\sum_{ij} X_{ij})^2 / \sum_i r_i$$

df = degrees of freedom

SS = sum of squares

MS = mean square

นำค่า F ที่คำนวณได้มาเปรียบเทียบกับค่า F ในตารางการกระจายของ F (one tailed) โดยให้ treatment df เป็น df ของตัวตั้ง และ experimental error df เป็น df ของตัวหาร ถ้า F คำนวณมีค่ามากกว่า F ในตารางที่ระดับความน่าจะเป็น .05 หรือ .01 ก็สรุปว่าผลการทดลองนี้มีความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของทรีตเมนท์ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% หรือ 99% ตามลำดับ

5.1.2 การเปรียบเทียบสองตัวแทน เพื่อตรวจสอบความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์พ่อแม่ ที่ได้จากการคัดเลือกครั้งแรก โดยการเปรียบเทียบแบบรวมกลุ่ม สามารถคำนวณได้ดังนี้ (จรัญ จันทลักขณา, 2523)

5.1.2.1 ตรวจสอบว่า ความแปรปรวนจากสองตัวแทนเท่ากัน โดยใช้สูตร

$$F = \frac{\text{วาเรียนซ์ที่มากกว่า}}{\text{วาเรียนซ์ที่น้อยกว่า}}$$

นำค่า F ที่คำนวณได้มาเปรียบเทียบกับ F ในตาราง การกระจายของ F (two-tailed) ถ้าหาก F ในตารางสูงกว่า F คำนวณ ก็สรุปว่าความแปรปรวนจากทั้งสองตัวแทนเท่ากัน หลังจากนั้น จึงนำไปคำนวณ t-test เพื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของแต่ละทรีตเมนท์

5.1.2.2 การเปรียบเทียบแบบรวมกลุ่มของทรีตเมนท์ที่มีความแปรปรวนเท่ากัน โดยใช้สูตร

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{S_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}}$$

โดยที่

$$S_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2} = \sqrt{\frac{S_P^2 (n_1 + n_2)}{n_1 \, n_2}}$$

$$S_P^2 \text{ (pooled variance)} = \frac{\Sigma x_1^2 + \Sigma x_2^2}{(n_1 - 1)(n_2 - 1)}$$

กำหนดให้

$\bar{X}_1$ เป็นค่าเฉลี่ยของตัวแทนในทรีตเมนท์ 1

$\bar{X}_2$ เป็นค่าเฉลี่ยของตัวแทนในทรีตเมนท์ 2

$S_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}$ เป็นค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยคำนวณจากตัวแทน

นำค่า t ที่คำนวณได้มาเปรียบเทียบกับค่า t ในตารางการกระจายของ t (two-tailed) ถ้าหากค่า t คำนวณมีค่ามากกว่าค่า t ในตารางที่ระดับความน่าจะเป็น .05 หรือ .01 ก็สรุปว่า สองตัวแทนนี้มีค่าเฉลี่ยแตกต่างกันที่ระดับความเชื่อมั่น 95% หรือ 99% ตามลำดับ

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

5.1.3 การเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี DMRT (Duncan's New Multiple Range Test) คำนวณตามวิธีของจรัญ จันทลักขณา (2523) ดังนี้

คำนวณค่าของ $S_{\bar{X}}$ (standard error of a treatment mean)

$$S_{\bar{X}} = \sqrt{\frac{1}{2}\left(\frac{S_i^2}{r_i} + \frac{S_j^2}{r_j}\right)}$$

เมื่อ r_i และ r_j เป็นจำนวนซ้ำในทรีตเมนท์ i และ j ที่ต้องการเปรียบเทียบ

S_i^2 และ S_j^2 เป็นความแปรปรวนในทรีตเมนท์ i และ j ที่ต้องการเปรียบเทียบ

คำนวณค่า LSR (least significant ranges) = $(SSR)(S_{\bar{X}})$

สำหรับค่า SSR (significant studentized ranges) เปิดได้จากตาราง Significant Studentized Ranges for 5% and 1% Level New Multiple-Range Test โดยใช้ค่า df เท่ากับค่า error df ที่ค่าของ p ที่ต้องการ แล้วทำการเปรียบเทียบความแตกต่างค่าเฉลี่ยกับค่า LSR ที่ระดับเดียวกัน ถ้ามีค่ามากกว่าค่า LSR แสดงว่าความแตกต่างของค่าเฉลี่ยคู่นั้น มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ

5.2 การหาค่าอัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรมแนวกว้าง (broad sense heritability) ใช้สูตรของ Burton (1951)

$$\text{Heritability} = \frac{VF_2 - (VP_1 + VP_2 + VF_1)/3}{VF_2} \times 100\%$$

กำหนดให้

VP_1 เป็นความแปรปรวนระหว่างต้นในสายพันธุ์พ่อ

VP_2 เป็นความแปรปรวนระหว่างต้นในสายพันธุ์แม่

VF_1 เป็นความแปรปรวนระหว่างต้นในลูกผสมชั่วที่ 1

VF_2 เป็นความแปรปรวนระหว่างต้นในลูกผสมชั่วที่ 2

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

013802

5.3 <u>การหาค่าสหสัมพันธ์</u> (correlation)

ใช้สูตรของ Snedecor และ Cochran (1967)

$$r_{XY} = \Sigma xy / \sqrt{(\Sigma x^2)(\Sigma y^2)}$$

$$= \frac{\Sigma XY - (\Sigma X)(\Sigma Y)/n}{\sqrt{\Sigma X^2 - (\Sigma X)^2/n \cdot \Sigma Y^2 - (\Sigma Y)^2/n}}$$

กำหนดให้

r เป็นค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของสองลักษณะ

X เป็นค่าผันแปรที่ 1

Y เป็นค่าผันแปรที่ 2

n เป็นจำนวนคู่ของค่าสังเกต

นำค่า r ที่คำนวณได้มาเปรียบเทียบกับค่า r ในตาราง correlation coefficient โดยให้ df = n-2 ถ้า r คำนวณมีค่ามากกว่า r ในตารางที่ระดับความน่าจะเป็น .05 หรือ .01 ก็สรุปว่าลักษณะทั้งสองมีความสัมพันธ์กันที่ระดับความเชื่อมั่น 95% หรือ 99% ตามลำดับ จากนั้น แบ่งปริมาณค่าสหสัมพันธ์โดยไม่คำนึงถึงทิศทางเป็น 3 ระดับ ตาม Briggs และ Knowles (1967) คือ ค่าสหสัมพันธ์ที่มีค่ามากกว่า 0.5 จัดเป็นสหสัมพันธ์สูง สหสัมพันธ์ปานกลางมีค่าอยู่ระหว่าง 0.3 ถึง 0.5 และสหสัมพันธ์ต่ำจะมีค่าน้อยกว่า 0.3

คำนวณค่า r^2 (determination coefficient) ซึ่งเป็นค่าสรุปว่าความสัมพันธ์ของสองลักษณะเป็นกี่เปอร์เซ็นต์

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย