

อัตราพันธุกรรมของการคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่ประยุกต์ในประชากรข้าวโพดเทียน

Heritability on small ear waxy population of phenotypic modified mass selection

دنول เกษไชสง¹ พลัง สุริหาร¹และกมล เลิศรัตน์^{1*}

Danupol Ketthaisong¹, Bhalang Suriharn¹ and Kamol Lertrat^{1*}

บทคัดย่อ: การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad-sense heritability; h^2_B) ของประชากรข้าวโพดเทียนเมื่อผ่านการคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่ประยุกต์ในลักษณะฝักดก และค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของลักษณะทางการเกษตรบางประการ ณ แปลงทดลองหมวดพืชฝัก คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น โดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized complete block จำนวน 4 ซ้ำ ปลูกทดสอบในฤดูฝน ระหว่างเดือนกรกฎาคม ถึงกันยายน 2552 และฤดูหนาว ระหว่างเดือนพฤศจิกายน 2552 ถึงมกราคม 2553 ผลการศึกษา พบว่า h^2_B ของลักษณะความสูงต้นมีค่ามากที่สุด รองลงมา คือ ความยาวฝักฝัก และจำนวนฝักต่อต้น โดยมีค่าเท่ากับ 95.06 93.98 และ 87.50 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ พบว่า จำนวนฝักต่อต้นซึ่งเป็นลักษณะหลักของการคัดเลือก มีความสัมพันธ์ทางบวกกับจำนวนฝักต่อไร่ และความยาวฝักฝัก โดยมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากับ 0.99 ($P<0.01$) และ 0.74 ($P<0.05$) ตามลำดับ แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบกับความสูงฝัก -0.82 ($P<0.05$)

คำสำคัญ: ความก้าวหน้าการคัดเลือก การปรับปรุงประชากร *Zea mays* var. *ceratina*

Abstract: The objective of this study was to evaluate broad-sense heritability (h^2_B) and correlation coefficient (r) of small ear waxy corn of phenotypic modified mass selection for prolificacy. A randomized complete block design with four replications was used. The experiment was conducted in the rainy season of 2009 (July to September) and the dry season of 2009/10 (November 2009 to January 2010) at the Vegetable Research Farm, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University. High h^2_B estimates were revealed by plant height (95.06%), husk leaves (93.98%) and number of ears per plant (87.50%). In the improved populations, number of ears per plant revealed high positive correlations with number of ears per rai (0.99, $P<0.01$) and husk leaves (0.74, $P<0.05$) but negative correlated with plant height (-0.82 $P<0.05$).

Keywords: response to selection, improved population, *Zea mays* var. *ceratina*

¹ ศูนย์วิจัยปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อการเกษตรที่ยั่งยืน คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น 40002

Plant Breeding Research Center for Sustainable Agriculture Faculty of Agricultural, Khon Kaen University 40002, Thailand

* Corresponding author: kamo19@gmail.com

บทนำ

การพัฒนาพันธุ์ข้าวโพดเทียนให้มีฝักดก (prolificacy) เป็นอีกแนวทางหนึ่งของการเพิ่มผลผลิตฝักสดได้ เนื่องจากข้าวโพดเทียนเป็นข้าวโพดข้าวเหนียวฝักขนาดเล็ก มีความหลากหลายของลักษณะสีเมล็ด รวมทั้งมีรสชาติและเนื้อสัมผัสที่จำเพาะ จึงเป็นที่นิยมในการบริโภคเพิ่มขึ้น การประยุกต์การคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่สามารถเพิ่มประสิทธิภาพด้านผลผลิตโดยลักษณะที่คัดเลือกนั้นมีความสัมพันธ์กับลักษณะฝักดก รวมทั้งเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่ให้สูงร่วมด้วย (คณพล และคณะ, 2552) ความสำเร็จของการคัดเลือกพันธุ์ข้าวโพดเทียนนั้น ขึ้นอยู่กับความหลากหลายของเชื้อพันธุกรรม ซึ่งลักษณะดังกล่าวเป็นผลจากพันธุกรรมมากกว่าสภาพแวดล้อม นอกจากนี้ การพิจารณาค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม สามารถใช้ประเมินความก้าวหน้าของการคัดเลือกพันธุ์ได้ ดังนั้น อัตราพันธุกรรม (heritability) จึงเป็นตัวกำหนดความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์ของประชากรข้าวโพดเทียนและลักษณะอื่นๆ ว่ามีโอกาสการคัดเลือกที่ก้าวหน้าหรือลดลงได้ อัตราพันธุกรรมของลักษณะใดลักษณะหนึ่งนั้นเป็นข้อมูลสำคัญ ซึ่งบ่งบอกความยากง่ายในการคัดเลือกและปรับปรุงลักษณะดังกล่าว โดยลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงแสดงให้เห็นว่า ความแปรปรวนของลักษณะดังกล่าวเกิดขึ้น เนื่องจากผลของยีนมากกว่าสภาพแวดล้อม การคัดเลือกพันธุ์จะทำได้ง่ายกว่าและสามารถเลือกใช้วิธีที่ง่ายในการปรับปรุงลักษณะดังกล่าวได้ (Falconer and Mackay, 1996) ซึ่งการคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่ประยุกต์ (modified mass selection) เป็นวิธีการที่สะดวก ใช้ต้นทุนในการคัดเลือกต่ำ ประหยัดเวลา และสามารถคัดเลือกในประชากรขนาดใหญ่ได้ แม้ทำการการคัดเลือกในประชากรขนาดเล็ก ยังสามารถหลีกเลี่ยงปัญหาการผสมเลือดชิด (inbreeding) ได้ (กมล, 2536) ดังนั้น การศึกษาในครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad-sense heritability) ของ

ประชากรข้าวโพดเทียนเมื่อผ่านการคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่ประยุกต์ในลักษณะฝักดก และค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของลักษณะทางการเกษตรบางประการ เพื่อใช้เป็นข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต

วิธีการศึกษา

ใช้ประชากรข้าวโพดเทียนขอนแก่นคอมโพสิตที่ผ่านการคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่ประยุกต์ จำนวน 4 รอบ (คณพล และคณะ 2552) ปลูกทดสอบผลผลิตในช่วงฤดูฝน ระหว่างเดือนกรกฎาคม ถึงกันยายน 2552 และฤดูหนาว ระหว่างเดือนพฤศจิกายน 2552 ถึงมกราคม 2553 ณ แปลงทดลองหมวดพืชผัก คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น วางแผนการทดลองแบบ randomized complete block จำนวน 4 ซ้ำ เก็บเกี่ยวฝักสดเมื่ออายุประมาณ 16-18 วัน (ฤดูฝน) และ 20-22 วัน (ฤดูหนาว) หลังวันออกไหม 50 เปอร์เซ็นต์ บันทึกข้อมูลลักษณะผลผลิต ลักษณะองค์ประกอบผลผลิต และลักษณะทางการเกษตรบางประการ วิเคราะห์ความแปรปรวน (analysis of variance) ของข้อมูลในทุกลักษณะที่ศึกษาโดยแยกวิเคราะห์ในแต่ละฤดูกาล วิเคราะห์ความแปรปรวนรวม (combined analysis) ทั้งสองฤดู จากนั้นประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad-sense heritability; h^2_B) ตามวิธีการของ Singh and Chaudhary (1977) และ (Becker, 1977) และวัดระดับความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางการเกษตรต่างๆ โดยใช้ simple correlation ของค่าเฉลี่ยต่อแปลง (plot mean) (Gomez and Gomez, 1984)

ผลการศึกษาและวิจารณ์

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างของประชากรข้าวโพดเทียนขอนแก่นคอมโพสิต พบว่า มีค่าสูงที่สุดในลักษณะความสูงต้น รองลงมา คือ ความยาวปีกฝัก และจำนวนฝักต่อต้น โดยมีค่าเท่ากับ 95.06

93.98 และ 87.50 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (Table 1) แสดงว่า ลักษณะดังกล่าวสามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้สูง ความแปรปรวนส่วนใหญ่เป็นผลเนื่องจากพันธุกรรมมากกว่าสภาพแวดล้อม (Falconer and Mackay, 1996) สอดคล้องกับการศึกษาในประชากรข้าวโพดหวาน Manis Madu และ Manis Madu x SSC 204 พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้างของลักษณะจำนวนฝักต่อพื้นที่เท่ากับ 0.00 และ 99.8 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (Ali and Saleh, 2003) ส่วนการประเมินค่า h^2_B ของลูกผสมที่ได้จากสายพันธุ์แท้ข้าวโพดหวานจำนวน 11 สายพันธุ์ จากแผนการผสมแบบพบกันหมด (diallel) พบว่า มีค่าสูงในลักษณะความสูงฝัก ความสูงต้น และจำนวนแถวต่อฝัก (Daniel and Batjaj, 1975) จากการคัดเลือกลักษณะจำนวนฝักต่อต้นในประชากรข้าวโพดเทียนนี้ มีค่าอัตราพันธุกรรมค่อนข้างสูง แสดงว่าการคัดเลือกลักษณะดังกล่าวสามารถเพิ่มความก้าวหน้าในการคัดเลือกพันธุ์ได้ ซึ่งการมีลักษณะฝักดกนั้น สามารถเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่ให้สูงด้วย (ดนูพล และคณะ, 2554) นอกจากนี้ การพิจารณาค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ พบว่า จำนวนฝักต่อต้นซึ่งเป็นลักษณะหลักของการคัดเลือก มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับลักษณะอื่นๆ คือ จำนวนฝักต่อไร่ และความยาวปีกฝัก โดยมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ เท่ากับ 0.99 ($P<0.01$) และ 0.74 ($P<0.05$) ตามลำดับ แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบกับความสูงฝัก -0.82 ($P<0.05$) (Table 2) แสดงว่า นอกจากการคัดเลือกลักษณะทางตรง คือ พิจารณาจากจำนวนฝักต่อต้น ยังสามารถคัดเลือกลักษณะทางอ้อม (indirect) โดยพิจารณาจากลักษณะอื่นร่วมด้วย เช่น ความยาวปีกฝัก และความสูงฝัก เป็นต้น ซึ่งจากการคัดเลือกลักษณะฝักดกในประชากรข้าวโพดเทียนขอนแก่นคอมโพสิตนี้ พบว่า ในต้นที่มีจำนวนฝักต่อต้นมาก มักมีความสูงของฝักแรกต่ำและมีปีกฝักยาว ทั้งนี้ การมีลักษณะฝักดกยังผันแปรตามสภาพแวดล้อม เช่น ความอุดมสมบูรณ์ของดิน และความหนาแน่นของประชากร เป็นต้น (Russell and Eberhart, 1968)

สรุป

อัตราพันธุกรรมแบบกว้างของประชากรข้าวโพดเทียนขอนแก่นคอมโพสิต เมื่อผ่านการคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่ประยุกต์ จำนวน 4 รอบ มีค่าเท่ากับ 95.06 93.98 และ 87.50 เปอร์เซ็นต์ ในลักษณะความสูงต้น ความยาวปีกฝัก และจำนวนฝักต่อต้นตามลำดับ ส่วนค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ พบว่า จำนวนฝักต่อต้น มีความสหสัมพันธ์ทางบวกกับจำนวนฝักต่อไร่ และความยาวปีกฝัก โดยมีค่าเท่ากับ 0.99 ($P<0.01$) และ 0.74 ($P<0.05$) ตามลำดับ แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบกับความสูงฝัก -0.82 ($P<0.05$)

คำขอบคุณ

ขอขอบคุณศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ และศูนย์วิจัยปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อการเกษตรที่ยั่งยืน คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ที่สนับสนุนงบประมาณการวิจัยในครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- กมล เลิศรัตน์. 2536. การปรับปรุงพันธุ์พืชผสมข้าม. คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น: ขอนแก่น.
- ดนูพล เกษไชยสง. 2553. การตอบสนองโดยตรงและตอบสนองร่วมต่อการคัดเลือกพันธุ์แบบหมู่ประยุกต์เพื่อเพิ่มลักษณะฝักดกในประชากรข้าวโพดเทียนขอนแก่นคอมโพสิต. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาพืชสวน มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ดนูพล เกษไชยสง, พลัง สุริหาร และกมล เลิศรัตน์. 2554. การคัดเลือกลักษณะฝักดกในประชากรข้าวโพดเทียนพันธุ์ขอนแก่นคอม

- โพลิต. วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร 42 (พิเศษ):207-210.
- Ali, S.E. and G.B. Saleh. 2003. Response of two cycles of phenotypic mass selection and heritability on two tropical sweet corn (*Zea mays* L. *saccharata*) populations. Asian Journal of Plant Science 2:65-70.
- Becker, W.A. 1984. Manual of Quantitative Genetics. 2nd ed. Longman, London.
- Daniel, L. and I. Batjaj. 1975. The expression of some quantitative characters in diallel cross of eleven inbred lines of sweet corn (*Zea may* var. *saccharata*). Novenyter Males 24:285-294.
- Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman Group, England.
- Gomez, K.A. and A.A. Gomez. 1984. Statistical Procedures for Agricultural Research. 2nd ed, John Wiley and Sons, Singapore.
- Russell, W.A. and S.A. Eberhart. 1968. Testcross of one and two ear type of cornbelt maize inbreds. II. Stability of performance in difference environments. Crop Science 8:248-251.
- Singh, R.K. and B.D. Chaudhary. 1977. Biometrical Method in Quantitative Genetics Analysis. Kalyau Publisher, New Delhi, India

Table 1 Genetic variance (σ_G^2), phenotypic variance (σ_P^2) and broad-sense heritability estimate (h_B^2) for traits measured on small ear waxy corn Khon Kaen composite population

| Traits | σ_G^2 | σ_P^2 | $h_B^2(\%)$ |
|-------------------------------|---------------|---------------|-------------|
| Ears per plant | 0.012 | 0.013 | 87.50 |
| Number of ears per rai | 3,930,799.833 | 4,578,333.333 | 85.86 |
| Fresh ear yield | 17,980.667 | 69,984.000 | 25.69 |
| Husk leaves | 1.588 | 1.690 | 93.98 |
| Ear weight | 17.183 | 50.983 | 33.70 |
| Number of kernel rows per ear | -0.123 | 0.028 | 76.62 |
| Number of kernels per row | 0.017 | 0.018 | 20.36 |
| Number of nodes per plant | 0.393 | 0.513 | 65.17 |
| Internode length | 0.318 | 1.563 | -47.83 |
| Position of the uppermost ear | 0.097 | 0.148 | 72.60 |
| Plant height | -0.037 | 0.077 | 95.06 |
| Ear height | 0.088 | 0.122 | 83.82 |

Table 2 Simple phenotypic correlations among traits measured on improved small ear waxy corn population at the two seasons combined

| No. | Traits | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
|-----|-------------------------------|--------|---|--------|-------|--------|---|---|---|--------|--------|---------|
| 1 | Ears per plant | 0.99** | | 0.74* | | | | | | | | -0.82* |
| 2 | Number of ears per rai | | | 0.74* | | | | | | | | -0.82* |
| 3 | Fresh ear yield | | | 0.92** | | 0.91** | | | | 0.88** | | |
| 4 | Husk leaves | | | | 0.83* | | | | | 0.76* | | -0.81* |
| 5 | Ear weight | | | | | | | | | -0.81* | | |
| 6 | Number of kernel rows per ear | | | | | | | | | | | |
| 7 | Number of kernels per row | | | | | | | | | | | |
| 8 | Number of nodes per plant | | | | | | | | | | | |
| 9 | Internode length | | | | | | | | | | 0.64** | |
| 10 | Position of the uppermost ear | | | | | | | | | | | -0.90** |
| 11 | Plant height | | | | | | | | | | | 0.78* |
| 12 | Ear height | | | | | | | | | | | |

*, ** Significant at 0.05 and 0.01 probability levels respectively