

# การจำแนกหาสายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบกว้างและแบบแคบสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ข้าวโพดข้าวเหนียว

## Identification of broad and narrow genetic base testers for Waxy Corn improvement

วันเพ็ญ ชลอเจริญยิ่ง<sup>1</sup>, พลัง สุริหาร<sup>1\*</sup> และ กมล เลิศรัตน์<sup>1</sup>

Wanpen Chalorchaoenyng<sup>1</sup>, Bhalang Suriharn<sup>1\*</sup> and Kamol Lertrat<sup>1</sup>

**บทคัดย่อ:** การบ่งบอกสายพันธุ์ทดสอบของข้าวโพดข้าวเหนียวในการผสมพันธุ์แบบพบกันหมดไม่เคยมีการศึกษามาก่อน วัตถุประสงค์ของการทดลองในครั้งนี้ เพื่อหาสายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบกว้างและแบบแคบสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ข้าวโพดข้าวเหนียว ทำการสร้างลูกผสม โดยนำพันธุ์สายพันธุ์แท้ 4 สายพันธุ์ พันธุ์ลูกผสมเดี่ยว 2 พันธุ์ และพันธุ์ผสมเปิด 4 พันธุ์ มาผสมแบบพบกันหมด (diallel cross) นำพันธุ์ลูกผสมทั้งหมด 90 คู่ผสม และสายพันธุ์พ่อแม่ ทั้ง 10 พันธุ์ มาปลูกทดสอบ ในฤดูฝน ระหว่างเดือนพฤษภาคม 2551 ถึง เดือนสิงหาคม 2551 ใช้ผลผลิตฝักสด ความสามารถในการรวมตัวเฉพาะ และความแปรปรวนลูกเป็นเกณฑ์ในการคัดเลือก ผลการทดลองพบว่า สายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบแคบ คือ สายพันธุ์แท้ 101 สามารถจำแนกสายพันธุ์ดีที่ให้ผลผลิตสูงออกมาได้ 3 พันธุ์จาก 4 พันธุ์ และสามารถจำแนกสายพันธุ์ที่มีความสามารถในการรวมตัวเฉพาะได้ดีที่สุด 2 พันธุ์จาก 4 พันธุ์ สายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบกว้างที่ใช้เป็นแม่ คือ พันธุ์ SLE สามารถจำแนกสายพันธุ์ดีที่ให้ผลผลิตสูงออกมาได้ 2 พันธุ์จาก 4 พันธุ์ และสามารถจำแนกสายพันธุ์ที่มีความสามารถในการรวมตัวเฉพาะได้ดีที่สุด 2 พันธุ์จาก 4 พันธุ์ ส่วนการจำแนกสายพันธุ์ทดสอบที่ใช้เป็นพ่อ สายพันธุ์แท้ 204 สามารถจำแนกสายพันธุ์ดีที่ให้ผลผลิตสูงได้ดี โดยจำแนกได้ 3 พันธุ์จาก 4 พันธุ์และจำแนกสายพันธุ์ที่มีความสามารถในการรวมตัวเฉพาะได้ถูกต้อง 2 พันธุ์จาก 4 พันธุ์ สายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบกว้างที่ใช้เป็นพ่อ คือ พันธุ์ 919W สามารถจำแนกสายพันธุ์ดีที่ให้ผลผลิตสูงออกมาได้ 3 พันธุ์จาก 4 พันธุ์ และสามารถจำแนกสายพันธุ์ที่มีความสามารถในการรวมตัวเฉพาะได้ดีที่สุด 1 พันธุ์จาก 4 พันธุ์ สายพันธุ์แท้ 101 ยังให้ลูกที่มีความแปรปรวนสูงสุดเมื่อใช้เป็นสายพันธุ์พ่อและสายพันธุ์แม่ ลูกผสมที่เกิดจากการผสมแบบพบกันหมดสามารถนำมาใช้เป็นวิธีทางเลือกเพื่อบ่งบอกสายพันธุ์ทดสอบได้

**คำสำคัญ:** สมรรถนะการรวมตัว, การผสมพันธุ์แบบพบกันหมด, การสร้างสายพันธุ์แท้

**Abstract:** Identification of waxy corn testers has not been investigated in diallel cross. The objective of this study was to identify narrow-base testers and broad-base testers in waxy corn breeding programs using diallel cross. A total of 90 crosses were generated from 10 parental lines differing in genetic backgrounds. They were 4 inbred lines, 2 single-cross hybrids and 4 open-pollinated varieties. Ninety crosses and their 10 parents were tested in a randomized complete block design with 3 replications in the rainy season (May-August) 2008. Fresh weight of marketable ears, specific combining ability and variances of tested progenies were used as selection criteria. The inbred tester “101” as female parent was able to identify 3 of 4 male parents with high general combining ability (GCA) for marketable ear fresh weight, and it was also able to identify the best 2 hybrids from these high GCA lines, whereas the broad-base tester “SLE” was able to identify the best 2 parents and the best 2 hybrids from these high GCA lines. Similarly, the inbred tester “204” as male parent was able to identify the best 3 parents and the best 2 hybrids, whereas the broad-base tester “919W” was able to identify the best 3 parents and the best 1 hybrid from

<sup>1</sup> ภาควิชาพืชศาสตร์และทรัพยากรการเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จ.ขอนแก่น 40002

Department of Plant Science and Agricultural Resources, Faculty of Agricultural, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

\* Corresponding author: bsuriharn@gmail.com

these high GCA lines. The inbred tester “101” also gave the progenies with the highest variances when used as male and female parent. Diallell cross could be used as an alternative method in identifying testers in breeding programs.

**Keywords:** combining ability, full diallell cross, inbred line extraction

## คำนำ

ข้าวโพดข้าวเหนียว (waxy corn or glutinous corn) เป็นข้าวโพดรับประทานฝักสดที่ได้รับความนิยมบริโภคของคนไทยมาช้านาน มีการผลิต และจำหน่ายในตลาดท้องถิ่นทั่วประเทศตลอดทั้งปี มีพื้นที่การปลูกข้าวโพดข้าวเหนียวในประเทศไทยประมาณ 27,000 ไร่ โดยมีความต้องการใช้เมล็ดพันธุ์ข้าวโพดข้าวเหนียวประมาณ 50 ตันต่อปี (วีระศักดิ์, 2548) นอกจากนี้ประเทศไทยแล้วข้าวโพดข้าวเหนียวยังนิยมบริโภคในแถบทวีปเอเชีย เช่น จีน เวียดนาม ไต้หวัน และเกาหลีใต้ เป็นต้น

พันธุ์ข้าวโพดข้าวเหนียวที่เกษตรกรใช้ปลูกส่วนใหญ่เป็นพันธุ์ผสมเปิดที่ถูกคัดเลือกโดยเกษตรกร และปลูกต่อเนื่องกันมาเป็นเวลานาน ทำให้มีลักษณะเฉพาะที่แตกต่างกันไปในแต่ละท้องถิ่น มีอายุการเก็บเกี่ยวฝักสดสั้น และต้นเตี้ย ซึ่งทำให้ผลผลิตไม่มีความสม่ำเสมอในลักษณะของขนาด รูปร่างฝัก และคุณภาพในการรับประทาน อีกทั้งอ่อนแอต่อโรค ทำให้หน่วยงานที่เกี่ยวข้องทั้งภาครัฐ และภาคเอกชนได้พยายามพัฒนาพันธุ์ลูกผสมขึ้น โดยเน้นพันธุ์ลูกผสมเดี่ยว ซึ่งเป็นพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง คุณภาพดี มีช่วงอายุการเก็บเกี่ยวสั้น และมีความสม่ำเสมอของลักษณะต่างๆ เช่น ความออก ความแข็งแรงของต้นกล้า ปริมาณและคุณภาพของผลผลิตสูง ดีกว่าพันธุ์ผสมเปิด

การคัดเลือกพ่อแม่สายพันธุ์แท้ที่มีสมรรถนะการรวมตัวที่ดี เพื่อใช้ในการสร้างลูกผสมที่ดีเป็นขั้นตอนสำคัญในการสร้างพันธุ์ลูกผสม อย่างไรก็ตามในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์นั้น มีสายพันธุ์แท้จำนวนมาก จำเป็นต้องมีสายพันธุ์ทดสอบ (tester) เพื่อคัดสายพันธุ์แท้ที่มีสมรรถนะการผสมต่ำทิ้งไป โดยเหลือสายพันธุ์แท้ที่มีสมรรถนะการผสมที่ดีในจำนวนที่สามารถจัดการได้ (กฤษฎา, 2546)

การหาสายพันธุ์ทดสอบที่ดีเพื่อใช้ในโครงการปรับปรุงพันธุ์ จึงมีความสำคัญในการสร้างพันธุ์ลูกผสมพันธุ์ทดสอบที่ดีอาจเป็นพันธุ์ทดสอบฐานพันธุกรรม

กว้าง เช่น พันธุ์ผสมเปิด หรือพันธุ์ลูกผสมคู่ (กมล, 2536) หรือสายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแคบ (narrow genetic base tester) (Hull, 1945; Walejko and Russell, 1977) เช่น สายพันธุ์แท้หรือพันธุ์ลูกผสมเดี่ยว อย่างไรก็ตาม พันธุ์ทดสอบที่ดีควรมีความสามารถจำแนกสายพันธุ์ที่มีสมรรถนะการผสมโดยทั่วไปสูงได้ดี และให้ค่าความแปรปรวนของลูกผสม topcross สูง (สรรเสริญ, 2547)

ดังนั้น ในการหาพันธุ์ทดสอบที่ดีจำเป็นต้องทดสอบลูกผสม topcross จำนวนมาก กระบวนการคัดเลือกพันธุ์ทดสอบโดยวิธีนี้ต้องใช้ทรัพยากรมาก ในการศึกษาได้ตั้งสมมุติฐานว่า การหาตัวทดสอบที่ดีจากพ่อแม่ที่ผสมแบบพบกันหมด (diallell cross) สามารถทำได้หรือไม่ ซึ่งในการผสมพันธุ์แบบพบกันหมดพันธุ์พ่อแม่สามารถเป็นได้ทั้งสายพันธุ์ทดสอบ (tester) และสายพันธุ์ที่ถูกทดสอบ (tested lines) ในเวลาเดียวกัน วัตถุประสงค์ของการศึกษาค้นคว้าเพื่อหาสายพันธุ์ทดสอบที่ดีของสายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมกว้างและสายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแคบ ของข้าวโพดข้าวเหนียว โดยทดสอบจากลูกผสมที่ได้จากการผสมพันธุ์แบบพบกันหมด

## วิธีการศึกษา

สายพันธุ์ทดสอบที่ใช้ในการศึกษาในครั้งนี้ แบ่งออกเป็นสองกลุ่มพันธุ์ คือฐานพันธุกรรมกว้าง (พันธุ์ผสมเปิด) และฐานพันธุกรรมแคบ (สายพันธุ์แท้และพันธุ์ลูกผสม) โดยสร้างลูกผสม แบบพบกันหมด ตามวิธีของ Griffing (1956) method 1 ประกอบด้วยสายพันธุ์แท้ 4 สายพันธุ์ (101 204 209 และ 216) พันธุ์ลูกผสมเดี่ยว 2 พันธุ์ (บิกไวท์ (BW) และเหนียวสวรรค์ (NS)) ซึ่งเป็นพันธุ์การค้า พันธุ์ผสมเปิด 4 พันธุ์ (ลำลือฮาน (SLE) ขอนแก่นคอมโพสิต 1 (919W) รัชตะ (RT) และดาลัด (DL)) (Table 1) ได้พันธุ์ลูกผสมทั้งหมด 90 คู่

นำลูกผสม 90 คู่ และสายพันธุ์พ่อแม่ทั้ง 10 พันธุ์ มาปลูกทดสอบที่แปลงทดลอง หมวดพืชผัก คณะ

เกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ในฤดูฝน ระหว่างเดือนพฤษภาคม 2551 ถึง เดือนสิงหาคม 2551 โดยการวางแผนการทดสอบแบบสุ่มสมบูรณ์ภายในซ้ำ (randomized complete block) มี 3 ซ้ำ ปลูกพันธุ์ละ 2 แถวต่อซ้ำ แถวยาว 5 เมตร ระยะปลูก 80x25 เซนติเมตร แถวละ 20 หลุม หยอดเมล็ดหลุมละ 2 เมล็ด เมื่อข้าวโพดอายุได้ 2 สัปดาห์ ถอนแยกให้เหลือ 1 ต้นต่อหลุม ใส่ปุ๋ยสูตร 46-0-0 ผสมกับสูตร 15-15-15 อัตรา 1:1 30 กิโลกรัมต่อไร่ กลบโคนพร้อมกำจัดวัชพืช เมื่อข้าวโพดอายุ 30 วัน ใส่ปุ๋ยสูตร 15-15-15 อัตรา 30 กิโลกรัมต่อไร่ เมื่อข้าวโพดอายุ 40 วัน หรือก่อนข้าวโพดปลอ่ยละของเกษตรกร ใส่ปุ๋ยสูตร 13-13-21 อัตรา 30 กิโลกรัมต่อไร่

การบันทึกข้อมูลประกอบด้วย ข้อมูลลักษณะทางผลผลิต ได้แก่ น้ำหนักฝักสดก่อนปอก (un-husked weight) น้ำหนักฝักสดหลังปอก (husked weight) ข้อมูลลักษณะทางการเกษตร คือ ความกว้างฝักก่อนปอก ความกว้างฝักหลังปอก ความยาวฝักก่อนปอก ความยาวฝักหลังปอก จำนวนแถวของเมล็ดต่อฝัก จำนวนเมล็ดต่อฝัก น้ำหนักเนื้อ อายุวันออกดอก และอายุวันออกใหม่ จากนั้นนำข้อมูลไปบันทึกได้มาวิเคราะห์

ความแปรปรวน (analysis of variance) ของลักษณะต่างๆ และเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของพันธุ์โดยวิธี Least significant difference (LSD) และหาค่าสมรรถนะการรวมตัวแบบทั่วไป (general combining ability: GCA) และแบบเฉพาะ (specific combining ability: SCA) ตามวิธีของ Griffing (1956) method 1 คำนวณความแปรปรวนของลูกผสมที่เกิดจากสายพันธุ์พ่อแม่แยกกันที่ละสายพันธุ์เมื่อใช้เป็นสายพันธุ์พ่อและสายพันธุ์แม่จากค่าเฉลี่ยของของลูกในลักษณะผลผลิตน้ำหนักฝักสดหลังปอก

### ผลการศึกษาและวิจารณ์

จากการวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนของทุกลักษณะที่ทำการศึกษา ได้แก่ น้ำหนักฝักก่อนปอก น้ำหนักฝักหลังปอก น้ำหนักเนื้อ ความกว้างฝักหลังปอก ความยาวฝักหลังปอก ความสูงต้น ความสูงฝัก อายุวันออกดอก และอายุวันออกใหม่ พบว่า พันธุ์มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99 เปอร์เซนต์ ในทุกลักษณะ (Table 2)

**Table 1** Waxy corn varieties/lines used in this study.

Varieties/lines	Variety type	Source
Narrow genetic base		
101	Inbred line	Khon Kaen University
204	Inbred line	Khon Kaen University
209	Inbred line	Khon Kaen University
216	Inbred line	Khon Kaen University
BigWhite852 (BW)	Single-cross hybrid	Hortigenetics Research (S.E. Asia) Company Limited
Neaw-Sawan (NS)	Single-cross hybrid	Bangkok Seeds Industry Company Limited
Broad genetic base		
Samlee-Esaan (SLE)	Open-pollinated	Khon Kaen University
Khon Kaen Composite1 (919W)	Open-pollinated	Khon Kaen University
Ratchata (RT)	Open-pollinated	National Corn and Sorghum Research Center
Dalat (DL)	Open-pollinated	Vietnam

**Table 2** Mean squares for yields, yield components and agronomic traits of waxy corn in rainy season 2008.

SOV	df	Un-husked weight (kg/rai)	Husked weight (kg/rai)	Flesh weight (kg/rai)	Ear diameter (cm)	Ear length (cm)	Plant height (cm)	Ear height (cm)	Days to tasseling	Days to silking
Replication	2	2,687,330**	41,547*	54,464**	0.01 ns	5.75**	1,537.86**	733.61**	4.17**	0.08 ns
Varieties	99	332,312**	167,872**	57,486**	0.22**	3.59**	833.53**	366.22**	9.78**	8.07**
Error	198	29,628**	11,070**	8,756**	0.02**	0.62**	59.96**	30.19**	0.48**	0.87**
C.V. (%)		7.55	6.28	9.31	2.77	4.93	4.27	5.61	1.74	2.30

ns non-significant

\*, \*\* Significantly different at the 0.05 and 0.01 levels of probability, respectively

ผลผลิตฝักสดหลังเปลือกของสายพันธุ์พ่อแม่ อยู่ระหว่าง 696 - 1,959 กิโลกรัมต่อไร่ (Table 3) โดยพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง 5 อันดับแรก คือ พันธุ์ 919W BW DL SLE และ NS มีน้ำหนักผลผลิตเฉลี่ย 1,959 1,816 1,725 1,690 และ 1,597 ตามลำดับ (Table 3) ซึ่งเห็นได้ว่า ชนิดพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง คือ พันธุ์ลูกผสมเดี่ยว และพันธุ์ผสมเปิด ซึ่งมีฐานพันธุกรรมแบบแคบ และแบบกว้าง สำหรับพันธุ์ที่ให้ผลผลิตต่ำที่สุด คือ กลุ่มของสายพันธุ์แม่ทั้งหมด ซึ่งสามารถอธิบายด้วยปรากฏการณ์ ความถดถอยเนื่องจากการผสมเลือดชิด (inbreeding depression)

ความสามารถในการรวมตัวทั่วไป (GCA) เป็นค่าบอกความสามารถของพันธุ์ใดพันธุ์หนึ่งในการให้ลูกที่ดีเมื่อผสมกับพันธุ์อื่นๆ หลายพันธุ์ (บุญหงษ์, 2548) พันธุ์ในกลุ่มฐานพันธุกรรมแบบแคบที่อิทธิพลของ GCA มีความแตกต่างทางสถิติกับศูนย์ คือ 204 (-106.56\*) 209 (-187.78\*\*) และ BW (106.02\*) (Table 3) อย่างไรก็ตาม สายพันธุ์แม่ 204 และ 209 ค่า GCA เป็นลบ ซึ่งหมายถึงทั้งสองพันธุ์นี้ เมื่อไปรวมตัวกับสายพันธุ์

อื่นโดยเฉลี่ยแล้ว ให้ผลผลิตลดลง ส่วนพันธุ์ในกลุ่มฐานพันธุกรรมกว้างที่มีค่า GCA แตกต่างทางสถิติกับศูนย์นั้น พบในทุกพันธุ์ (SLE (86.73\*) 919W (138.42\*\*) RT (-84.48\*) และ DL(140.37\*\*)) โดยพันธุ์ RT มีค่า GCA เป็นลบ ซึ่งเห็นได้ว่ากลุ่มพันธุ์ที่ให้ค่า GCA สูง 4 พันธุ์แรก คือ DL 919W BW และ SLE ซึ่งเป็นพันธุ์ผสมเปิด 3 พันธุ์และพันธุ์ลูกผสมอีก 1 พันธุ์ ส่วนสายพันธุ์แม่ทั้งหมั้มีค่า GCA เป็นลบ และไม่แตกต่างทางสถิติ เห็นได้ว่า พันธุ์ทั้ง 4 นี้ (DL 919W BW และ SLE) มีอิทธิพลของ GCA แตกต่างทางสถิติกับศูนย์ และมีผลผลิตสูง กล่าวได้ว่าเป็นพันธุ์ที่ดี ดังนั้นทั้ง 4 พันธุ์จึงใช้เป็นเกณฑ์ โดยในขั้นตอนต่อไป ในการจำแนกสายพันธุ์ทดสอบที่ดีนั้น หากพันธุ์หรือสายพันธุ์ใด สามารถรวมกับสายพันธุ์ดังกล่าว โดยทำการเรียงลำดับผลผลิต และใช้ค่า SCA มาร่วมพิจารณา ซึ่งพันธุ์ทดสอบที่ดี ต้องสามารถบอกได้ว่าพันธุ์ทั้ง 4 ให้ผลผลิตสูงและมีค่า SCA แตกต่างทางสถิติกับศูนย์ มีค่าสูง และไม่เป็นลบ (ไม่เรียงลำดับ)

**Table 3** Means (kg rai-1) and general combining ability (GCA) (%) of Yellow weight of waxy corn varieties in rainy season 2008.

Varieties	Yellow weight (kg/rai)	GCA
Narrow genetic base		
101	818	-57.50 <sup>ns</sup>
204	862	-106.56*
209	696	-187.78**
216	966	-48.54 <sup>ns</sup>
BW	1,816	106.02*
NS	1,597	13.32 <sup>ns</sup>
Broad genetic base		
SLE	1,690	86.73*
919W	1,959	138.42**
RT	1,402	-84.48*
DL	1,725	140.37**

ns non-significant

\*, \*\* Significantly different at the 0.05 and 0.01 levels of probability, respectively

Mean = 1676.4 and LSD(0.05) = 169.41

คู่ผสมที่มีอิทธิพลของ SCA แตกต่างทางสถิติกับ ศูนย์ มีค่าเป็นบวกและมีผลผลิตสูงสุด 5 อันดับแรก คือ 101 x DL (SCA = 351.2\*\*, 2,086 กิโลกรัมต่อไร่) 101 x SLE (SCA = 145.35\*\*, 1,896 กิโลกรัมต่อไร่) SLE x 919W (SCA = 124.43\*\*, 1,981 กิโลกรัมต่อไร่) BW x DL (SCA = 114.18\*\*, 1,941 กิโลกรัมต่อไร่) 101 x NS (SCA = 99.75\*\*, 1,836 กิโลกรัมต่อไร่)

การหาสายพันธุ์ทดสอบที่ดี ประเมินโดยใช้สายพันธุ์ทดสอบ 10 สายพันธุ์หรือพันธุ์ที่เป็นทั้งพ่อและแม่ มาจำแนกสมรรถนะในการรวมตัว ของสายพันธุ์หรือพันธุ์พ่อและแม่ ที่ให้ค่าสมรรถนะในการรวมตัวทั่วไปสูง 4 อันดับ (DL 919W BW และ SLE โดยไม่เรียงลำดับ) ในการจำแนกนี้ พิจารณาจากค่าเฉลี่ยของผลผลิต เป็นเกณฑ์ (Table 4) และพิจารณาค่า SCA ประกอบ (Table 5) โดยพิจารณาแยกพันธุ์ทดสอบที่มีฐาน พันธุกรรมแคบและกว้าง ซึ่งในการจำแนกสายพันธุ์ทดสอบที่เป็นแม่ โดยใช้ค่าเฉลี่ยผลผลิต สำหรับพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบแคบ พบว่า พันธุ์ 101 204 209 216 BW และ NS ที่สามารถจำแนกพันธุ์ โดยใช้ผลผลิตได้ถูกต้องมากที่สุด คือ พันธุ์ 101 โดย จำแนกได้ 4 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ และ พันธุ์ 204 216 และ BW จำแนกได้ 3 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 4) ส่วน SCA นั้น พันธุ์ที่สามารถจำแนกพันธุ์ถูกต้องได้มากที่สุดคือ สายพันธุ์แท้ 101 โดยจำแนกได้ 2 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 5) สำหรับพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบกว้าง (พันธุ์ SLE 919W RT และ DL) สายพันธุ์ที่สามารถจำแนกพันธุ์โดยใช้ผลผลิตได้ถูกต้องมากที่สุด คือ 919W RT และ DL โดยจำแนกได้ 3 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 4) ส่วน SCA สายพันธุ์ที่จำแนกได้ถูกต้องมากที่สุดคือ SLE จำแนกพันธุ์ถูกต้อง 2 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 5) เห็นได้ว่าเมื่อพิจารณาจากการจำแนกพันธุ์ด้วยผลผลิตและค่า SCA ของพันธุ์ทดสอบสายพันธุ์ที่มีฐานพันธุกรรมแบบแคบที่เป็นแม่นั้น สายพันธุ์แท้ 101 น่าจะเป็นพันธุ์ทดสอบที่เป็นแม่ดีที่สุด ส่วนพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบกว้างนั้น SLE น่าจะเป็นพันธุ์ทดสอบที่เป็นแม่ดีที่สุด เนื่องจากสามารถจำแนกพันธุ์ด้วยผลผลิตและค่า SCA ได้โดยรวมมากที่สุด

ในการจำแนกสายพันธุ์ทดสอบที่เป็นพ่อ พบว่า พันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบแคบ ที่สามารถ จำแนกพันธุ์โดยใช้ผลผลิต ได้ถูกต้องมากที่สุด คือ สายพันธุ์แท้ 101 โดยจำแนกได้ 4 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ และ พันธุ์ 204 209 216 และ BW สามารถจำแนกได้ 3 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 4) ส่วน SCA พันธุ์ที่สามารถ จำแนกพันธุ์ถูกต้องมากที่สุด คือ สายพันธุ์แท้ 204 โดย จำแนกได้ 2 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 5) ส่วนพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบกว้าง ที่สามารถ จำแนกพันธุ์โดยใช้ผลผลิต ได้ถูกต้องมากที่สุด คือ พันธุ์ SLE และ 919W โดยจำแนกได้ 3 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 4) ส่วน SCA พันธุ์ที่จำแนกพันธุ์ถูกต้องมากที่สุด คือ 919W และ DL โดยจำแนกได้เพียง 1 พันธุ์ จาก 4 พันธุ์ (Table 5) เห็นได้ว่าการจำแนกพันธุ์โดยใช้กลุ่ม พันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบแคบที่ใช้เป็นพ่อนั้น สายพันธุ์แท้ 101 และ 204 น่าจะเป็นพันธุ์ทดสอบที่ใช้เป็นพ่อได้ดีที่สุด อย่างไรก็ตาม เมื่อพิจารณาถึง ความเป็นไปได้ ทั้งในกรณีการใช้สายพันธุ์แท้เป็น พันธุ์ทดสอบและการผลิตเมล็ดพันธุ์ลูกผสมนั้น สายพันธุ์แท้ 204 น่าจะมีความเหมาะสมมากกว่าสายพันธุ์แท้ 101 เนื่องจาก ความสูงต้นของสายพันธุ์แท้ 204 สูงกว่า สายพันธุ์แท้ 101 ซึ่งมีความง่ายในการผสม พันธุ์มากกว่า ทำได้โดยถอยยอดจากสายพันธุ์ที่ ต้องการทดสอบหรือสายพันธุ์แม่ที่ต้องการใช้ผสม พันธุ์เท่านั้น แต่หากต้องการใช้สายพันธุ์แท้ 101 เป็น สายพันธุ์ทดสอบหรือใช้ในการผลิตเมล็ดพันธุ์ลูกผสม จำเป็นต้องใช้แรงงานคนในการช่วยผสม (hand pollination) เนื่องจากต้นเตี้ย และมีตำแหน่งช่อเกสรตัวผู้ไม่ สูงมากนัก สำหรับสายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรม กว้างนั้น 919W น่าจะเป็นพันธุ์ทดสอบที่เป็นพ่อดีที่สุด เนื่องจากสามารถจำแนกพันธุ์ด้วยผลผลิตและค่า SCA ได้โดยรวมมากที่สุด

เมื่อพิจารณาสายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบแคบและแบบกว้างนั้น เห็นได้ว่าทั้งพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแบบแคบ และกว้างนั้น ไม่มีความแตกต่างกันมากนักในแง่การจำแนกพันธุ์โดยใช้ผลผลิต และค่า SCA ทั้งพันธุ์ทดสอบที่ใช้เป็นพ่อและแม่ อย่างไรก็ตามการใช้สายพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรม

แบบแคบหรือสายพันธุ์เท่านั้น น่าจะมีความง่ายในการใช้เป็นพันธุ์ทดสอบมากกว่าแบบกว้าง เนื่องจากความง่ายในการเก็บรักษาพันธุ์และการป้องกันการเกิด genetic drift ได้

ค่าความแปรปรวนเป็นค่าความแตกต่างของลูกผสมที่เกิดจากพันธุ์ทดสอบ ซึ่งสามารถใช้เป็นตัวบอกความสามารถของพันธุ์ทดสอบในการจำแนกสายพันธุ์ที่ดีได้ โดยพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแคบที่ใช้เป็นพ่อ 101 BW และ 204 มีความแปรปรวนสูงสุด สามอันดับแรก ส่วนพันธุ์ทดสอบที่มีฐาน

พันธุกรรมกว้างที่ใช้เป็นพ่อ 919W SLE และ DL มีความแปรปรวนสูงสุดสาม อันดับแรก (Table 6)

พันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมแคบที่ใช้เป็นแม่ 101 204 และ BW มีความแปรปรวนสูงสุด สามอันดับแรก ซึ่งสอดคล้องกับสายพันธุ์ทดสอบที่ใช้เป็นพ่อ ส่วนพันธุ์ทดสอบที่มีฐานพันธุกรรมกว้างที่ใช้เป็นแม่ DL 919W SLE และ มีความแปรปรวนสูงสุดสาม อันดับแรก ซึ่งก็สอดคล้องกับสายพันธุ์ทดสอบที่ใช้เป็นพ่อ (Table 7)

**Table 4** F1 data above diagonal; Means (kg rai-1) and reciprocal data of white weight of waxy corn varieties in rainy season 2008.

female/male	Male (narrow genetic base)						Male (broad genetic base)				Identical (4 varieties)
	101	204	209	216	BW	NS	SLE	919W	RT	DL	
Female (narrow genetic base)											
101	818	1,379	1,509	1,655	1,766	1,836	1,896	1,766	1,650	2,086	4
204	1,218	868	1,507	1,746	1,790	1,733	1,761	1,766	1,653	1,724	3
209	1,489	1,603	696	1,581	1,529	1,541	1,581	1,575	1,511	1,639	2
216	1,681	1,661	1,652	966	1,844	1,711	1,661	1,924	1,604	1,738	3
BW	1,720	1,711	1,553	1,877	1,816	1,719	1,902	1,759	1,671	1,941	3
NS	1,628	1,852	1,572	1,682	1,724	1,579	1,615	1,607	1,615	1,812	2
Female (broad genetic base)											
SLE	1,806	1,547	1,685	1,704	1,773	1,964	1,690	1,981	1,604	1,723	2
919W	1,936	1,764	1,700	1,596	1,899	1,711	2,071	1,959	1,629	1,883	3
RT	1,650	1,501	1,486	1,643	1,696	1,522	1,674	1,751	1,402	1,560	3
DL	2,135	1,757	1,668	1,719	2,133	1,757	1,935	2,061	1,615	1,725	3
Identical (4 varieties)	4	3	3	3	3	2	3	3	2	2	

LSD (0.05) =169.41

**Table 5** Specific combining ability (SCA; %) and reciprocal data of white weight of waxy corn varieties in the rainy season 2008.

female/male	Male (narrow genetic base)						Male (broad genetic base)				Identical (4 varieties)
	101	204	209	216	BW	NS	SLE	919W	RT	DL	
Female (narrow genetic base)											
101		-213.87**	67.85**	66.11**	18.05ns	99.75**	145.35**	93.65**	115.55**	351.2**	2
204	80.5**		172.91**	182.17**	74.61**	209.31**	-2.59ns	56.71**	91.61**	30.26**	1
209	10ns	-48**		176.39**	-53.67**	54.53**	57.63**	10.43ns	94.33*8	24.48*	1
216	18.5ns	42.5**	-35.5**		131.59**	55.29**	-32.11**	-6.31ns	80.09**	-39.76**	1
BW	23*	39.5**	-12ns	-21.5*		-74.27**	-31.67**	-91.87**	-14.47ns	114.18**	1
NS	104**	-59.5**	-15.5ns	14.5ns	-2.5ns	13.03ns		-169.17**	-36.77**	-45.62**	0
Female (broad genetic base)											
SLE	45**	107**	-52**	-21.5*	64.5**	-174.5**		124.43**	-39.67**	-74.52**	2
919W	-85**	1ns	-62.5**	164**	-70**	-52**	-45**		-40.37**	16.78ns	0
RT	0ns	76**	12.5ns	-19.5*	-12.5ns	46.5**	-35**		-61**	-144.82**	0
DL	-24.5*	-16.5ns	-14.5ns	9.5ns	-96**	27.5**	-106**	-89**		-27.5**	0
Identical (4 varieties)	1	2	0	1	1	0	0	1	0	1	

ns non-significant

\*, \*\* Significantly different at the 0.05 and 0.01 levels of probability, respectively

**Table 6** Variances of progenies (with 9 degree of freedom) and the ranks of testers when the testers were used as male parents in diallel cross.

Parent	Variance of progenies	Rank in each group	Rank in both groups
Narrow-based tester			
101	68,348	1	1
204	22,124	3	6
209	7,132	6	9
216	8,432	5	8
BW	26,833	2	2
NS	18,292	4	7
Broad-based tester			
SLE	25,888	2	4
919W	26,295	1	3
RT	2,131	4	10
DL	25,840	3	5

**Table 7** Variances of progenies (with 9 degree of freedom) and the ranks of testers when the testers were used as female parents in diallel cross.

Parent	Variance of progenies	Rank in each group	Rank in both groups
Narrow-based tester			
101	43,993	1	1
204	34,274	2	3
209	2,228	6	10
216	11,580	4	7
BW	15,713	3	6
NS	9,629	5	8
Broad-based tester			
SLE	21,548	3	5
919W	24,855	2	4
RT	8,980	4	9
DL	41,762	1	2

### สรุป

สายพันธุ์ทดสอบที่ใช้เป็นแม่ ที่สามารถแยกสมรรถนะการผสมของพันธุ์หรือสายพันธุ์ที่ถูกทดสอบได้ดี สำหรับสายพันธุ์ทดสอบฐานพันธุกรรมแบบแคบ คือ สายพันธุ์แท้ 101 ส่วนสายพันธุ์ทดสอบฐานพันธุกรรมแบบกว้าง คือ พันธุ์ SLE ส่วนพันธุ์ทดสอบที่ใช้เป็นพ่อ สำหรับสายพันธุ์ทดสอบฐานพันธุกรรมแบบแคบ คือ สายพันธุ์แท้ 204 ส่วนสายพันธุ์ทดสอบฐานพันธุกรรมแบบกว้าง คือ พันธุ์ 919W สายพันธุ์แท้ 101 ยังให้ลูก

ที่มีความแปรปรวนสูงสุดเมื่อใช้เป็นสายพันธุ์พ่อและสายพันธุ์แม่ สายพันธุ์ SLE 204 และ 919W ให้ลูกที่มีความแปรปรวนรองลงมาแต่ยังจัดอยู่ในกลุ่มสูง ส่วนสายพันธุ์ BW ซึ่งมีฐานพันธุกรรมแคบ และ DL ซึ่งมีฐานพันธุกรรมกว้างให้ลูกที่มีความแปรปรวนค่อนข้างสูงเมื่อใช้เป็นสายพันธุ์พ่อและสายพันธุ์แม่ตามลำดับ ทั้งสองสายพันธุ์ยังสามารถจำแนกสมรรถนะการผสมของสายพันธุ์ที่ถูกทดสอบได้ค่อนข้างดี เมื่อพิจารณาโดยรวมสายพันธุ์ทดสอบสายพันธุ์แท้ 101 เป็นสายพันธุ์ทดสอบที่ดีที่สุดและสามารถใช้ได้ทั้งเป็น

สายพันธุ์พ่อและสายพันธุ์แม่ในแง่ของการจำแนกสมรรถนะการรวมตัวของลูกผสมและการให้ลูกผสมที่มีความแปรปรวนสูงซึ่งสามารถนำมาใช้เป็นสายพันธุ์ทดสอบต่อไป

### คำขอบคุณ

ขอขอบคุณศูนย์พันธุ์วิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติและศูนย์วิจัยปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อการเกษตรที่ยั่งยืน คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ที่ให้ทุนสนับสนุนในการทำวิจัย

### เอกสารอ้างอิง

- กมล เลิศรัตน์. 2536. การปรับปรุงพันธุ์พืชผสมข้าม. ภาควิชาพืชสวน คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- กฤษฎา. 2546. ปรับปรุงพันธุ์พืช: พื้นฐาน วิธีการ และแนวคิด. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- บุญหงษ์ จงคิด. 2548. หลักการและเทคนิคการปรับปรุงพันธุ์พืช. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- วีระศักดิ์ ดวงจันทร์. 2548. ข้าวโพดบริโภคของไทย: ในอีกมุมมอง. ใน: ข้าวโพดฝักสดของไทยมุ่งสู่ตลาดโลก วันที่ 14-15 กุมภาพันธ์ 2548 ณ ศูนย์กล้วยไม้และไม้ดอกไม้ประดับ มหาวิทยาลัยแม่โจ้, เชียงใหม่.
- สรรเสริญ จำปาทอง โชคชัย เอกทัศนาวรรณ ฉัตรพงศ์ บาลลานพวงศ์ จุลจจอหอ และ วรจักร วงศ์พิลา. 2547. ข้อคิดบางประการในการใช้สายพันธุ์ทดสอบเพื่อประเมินสายพันธุ์ข้าวโพด. น. 8-13. ใน: ธีรารังสิลา พิทธิสูง. ในการจัดประชุมเชิงปฏิบัติการโครงการข้าวโพดและข้าวฟ่าง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Sciences 9: 463-493.
- Hull, F.H. 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. Journal of American Society of Agronomy 37: 134-145.
- Walejko, R.N. and W.A. Ressel. 1977. Evaluation of recurrent selection for specific combining ability in two open-pollinated maize cultivars. Crop Science 17: 647-651.