ตรวจเอกสาร

ข้าวบาร์เลย์

ข้าวบาร์เลย์ (Barley, *Hordeum vulgare*) เป็นพืชปลูกที่มีความสำคัญเป็นอันดับที่ 4 ของโลก รองมาจากข้าวสาลี ข้าวโพดและข้าวตามลำดับ ผลผลิตข้าวบาร์เลย์ทั่วโลกกว่า 50 เปอร์เซนต์นำมาใช้เป็นอาหารสัตว์ซึ่งเป็นแหล่งโปรตีน ส่วนอีก 30 เปอร์เซนต์นำมาแปรรูปเป็นมอลท์เพื่อใช้ในการผลิตเบียร์และอาหารบำรุงสุขภาพเป็นพืชปลูกที่ต้องการอากาศหนาวเย็นเป็นเวลานาน 2 เดือน เป็นพืชที่ต้องการน้ำน้อยประมาณ 300-400 มิลลิเมตร หรือ 1 ใน 4 ของข้าว ทนต่อสภาพดินที่เป็นกรดและด่าง pH 5.5 - 7.5 และดินเค็ม ชอบดินที่มีการระบายน้ำดีทำให้สามารถปลูกได้ทั้งในสภาพไร่อาศัยน้ำฝนหลังการเก็บเกี่ยวพืชไร่ และในสภาพหลังการเก็บเกี่ยวข้าวนาปี โดยปลูกเป็นพืชเสริมในช่วงฤดูแล้ง เนื่องจากมีอายุการเก็บเกี่ยวสั้น ประมาณ 90-110 วัน การเพาะปลูกต้องการพื้นที่ที่มีศักยภาพที่เหมาะสมควบคู่ไปด้วย ควรปลูกในช่วงฤดูแล้ง คือ ปลายฝนถึงต้นฤดูหนาว (ไพบูลย์ และคณะ, 2540) ในสภาพการปลูกหลังนาปี ช่วงเวลาสร้าง terminal spikelet การพัฒนารวงและการสะสมน้ำหนักเมล็ดจะถูกเร่งให้เกิดเร็วขึ้น ขณะที่การปลูกในสภาพอากาศร้อนมีผลทำให้จำนวนรวงต่อพื้นที่และจำนวนเมล็ดต่อรวงลดลงในขณะเดียวกันทำให้ปริมาณโปรตีนในเมล็ดกลับมีแนวโน้มสูงขึ้น (สาวิตร, 2540) ลักษณะขนาดเมล็ดและจำนวนรวงต่อพื้นที่สามารถใช้ประกอบการคัดเลือกข้าวบาร์เลย์ต้านทานสภาวะอากาศร้อน (สาวิตร, 2538) พันธุ์ข้าวบาร์เลย์ที่ใช้เป็นพันธุ์ส่งเสริมและใช้เป็นพันธุ์มาตราฐาน คือพันธุ์ บรบ.2 และ บรบ.9 ใน Barley Observation Nursery จากงานการคัดเลือกช่อต่อแถว (Head to Row) โดยการคัดสายพันธุ์ข้าวบาร์เลย์ที่ยังมีการกระจายตัว (segregation population) ของลูกผสมชั่วต่าง ๆ พบว่าสายพันธุ์ที่ดีเด่นกว่าพันธุ์มาตราฐานส่วนใหญ่เป็นข้าวบาร์เลย์ชนิด 2 แถวคิดเป็น 75.5 เปอร์เซนต์ และเป็นของสายพันธุ์ 6แถว ประมาณ 8.1 เปอร์เซนต์ ขณะเดียวกันใน Preliminary Barley Yield Trial การทดสอบผลผลิตเบื้องต้นโดยใช้พันธุ์ บรบ.9 เป็นพันธุ์เปรียบเทียบมาตราฐาน พบว่าสายพันธุ์ที่ดีเด่นกว่าพันธุ์มาตราฐาน 68.3 เปอร์เซนต์เป็นข้าวบาร์เลย์ชนิด 2 แถว และ 30 เปอร์เซนต์เป็นของข้าวบาร์เลย์ 6 แถว จึงกล่าวได้ว่าสายพันธุ์และพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูงกว่าพันธุ์มาตราฐานส่วนใหญ่เป็นข้าวบาร์เลย์ 2 แถว (สุพัฒน์ และคณะ, 2540) สายพันธุ์ชนิด 2 แถวเป็นพันธุ์ที่มีอายุเก็บเกี่ยวสั้นให้ผลผลิตสูง และมีความต้านทานต่อโรคจุดสีน้ำตาล

การคัดเลือกพืชผสมตัวเอง

การคัดเลือกเป็นขั้นตอนที่สำคัญในงานการปรับปรุงพันธุ์ (Briggs and Knowles, 1977) การคัดเลือกลักษณะที่มีในประชากรภายหลังการผสม เพื่อให้พันธุกรรมที่ถูกคัดเลือกมีโอกาสขยายพันธุ์ได้ในชั่วถัดไปโดยกลไกการคัดเลือกต้องคัดลักษณะที่ถ่ายทอดได้ และคัดจากประชากรที่มีความแปรปรวนทางพันธุกรรม (Shirreff, 1929)

การคัดเลือกขึ้นกับ 3 ปัจจัยคือ

1. ชนิดและปริมาณความหลากหลายทางพันธุกรรมที่มีอยู่ในพืชที่จะคัด
2. ความสามารถในการเข้าคัดเลือกหรือดูอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมต่อลักษณะที่จะคัด เพราะการคัดเลือกความแปรปรวนที่เกิดจากสิ่งแวดล้อมจะไม่ได้ผลเนื่องจากไม่สามารถถ่ายทอดไปยังชั่วถัดไปได้
3. ความเข้มข้นของการคัดเลือก (selection intensity) เป็นเปอร์เซนต์หรือสัดส่วนของพืชที่ได้รับการคัดเลือกไว้เพื่อให้มีโอกาสขยายพันธุ์ในแต่ละชั่วของการคัดเลือก

การคัดเลือกเป็นการคัดเลือก genotype ที่ต้องการซึ่งอยู่ในสภาพ heterozygousมีโอกาสถ่ายทอดขณะเข้าสู่ homozygous เนื่องจากภายหลังการผสมจะได้จำนวนพันธุกรรม (genotype) มากขึ้นกับจำนวนของยีนของคู่ผสม ดังนั้นการคัดเลือกจึงต้องอาศัยทั้งความสามารถของผู้คัดและประสิทธิภาพของวิธีการคัดเลือก ประสิทธิภาพของวิธีการคัดเลือกจะหยุดเมื่อพันธุกรรมเป็นพันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) (Johannsen, 1903)

<u>การคัดเลือกแบบบันทึกประวัติ (pedigree selection method)</u>

เป็นการคัดแบบมีการบันทึกประวัติของพืชทุกต้นหรือทุกแถว (สายพันธุ์) ในลักษณะต่างๆ ที่จะช่วยในการคัดเลือก วิธีการ pedigree method เป็นวิธีที่ใช้คัดเลือกในชั่วที่มีการกระจายตัว (segregative generation) มีการบันทึก ความสัมพันธ์ระหว่างพ่อแม่และลูก (parent - progeny relationship) โดยจะเริ่มทำตั้งแต่ในชั่ว F_2 ซึ่งเป็นชั่วที่มีการกระจายตัวสูงสุดและคาดว่าแต่ละต้นมี genotype แตกต่างกันหรืออยู่ในสภาพ heterozygosity สูง แต่ในชั่วประมาณ F_3 -F_4 ยีนในหลายตำแหน่ง (loci) จะเริ่มเข้าสู่ homozygous และลักษณะประจำ family เริ่มปรากฏ แต่ประชากรยังเป็น heterozygosity อยู่ดังนั้น การคัดเลือกจึงใช้วิธีการคัดต้นที่ดีที่สุดจากในชั่วที่ F_5 ทุก family จะมี gene ในทุก loci เป็น homozygous เหมือนกันหมด การคัดเลือกสามารถคัดระหว่าง family ซึ่งในชั่วนี้การบันทึกประวัติจะช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์กำจัด family ที่ไม่ต้องการได้ เช่น family เกิดจากต้นที่มีบรรพบุรุษร่วมกัน (Allard, 1966)

ข้อดีของวิธีการแบบบันทึกประวัติ

1. สามารถคัดทิ้งพืชที่ไม่ต้องการได้อย่างรวดเร็วในชั่วต้น ๆ
2. สามารถประยุกต์วิธีการคัดเลือกในแต่ละชั่วที่ศึกษา
3. สามารถบันทึกรายละเอียดตั้งแต่เริ่มต้นในพ่อแม่ และการแสดงออกที่เปลี่ยนแปลงในชั่วลูกใช้เป็นข้อมูลช่วยในการตัดสินใจ
4. สามารถทำให้พันธุกรรมของประชากรลูกภายหลังการคัดเลือกเป็น homozygosity เร็วขึ้น โดยการคัดแบบ single plant โดยเฉพาะลักษณะ qualitative ซึ่งสามารถคัดเลือกได้ด้วยสายตา

(Briggs and Knowles, 1977)

ข้อเสียของวิธีการแบบบันทึกประวัติ

1. คัดทิ้งพืชบางส่วนออกเร็วเกินไปก่อนที่จะอยู่ในสภาพ homozygous หรือก่อนที่จะเกิดการรวมตัวกันใหม่ของ gene (recombination) ทำให้การเข้าไปคัดเลือกอาจคัดลักษณะที่กระจายตัวอยู่ (heterozygous)
2. เป็นวิธีที่ใช้แรงงานและเวลามาก ทำให้เป็นข้อจำกัดในการกำหนดพื้นที่และปริมาณงานที่นักปรับ ปรุงพันธุ์สามารถทำได้ (Allard, 1966)

<u>การคัดเลือกแบบหมู่ (Mass selection)</u>

เป็นการคัดเลือกกลุ่มของพืชโดยดูลักษณะที่แสดงออกมา (phenotype) เหมือนกันแล้วทำการเก็บเกี่ยวรวมกัน(Bulk) ในกลุ่มของพืชที่เป็น heterogeneous โดยไม่มีดูความสามารถของพ่อแม่จากลูก (progeny test) แต่อย่างใด เมล็ดจากต้นที่มีลักษณะดีจะถูกเก็บเกี่ยวรวมกันในแต่ละรอบของการคัดเลือก หรือไม่ก็คัดต้นที่ไม่ดีทิ้ง ปัจจัยที่จะตัดสินประสิทธิภาพของการคัดเลือกขึ้นอยู่กับวิธีการที่นักผสมพันธุ์นำมาใช้เพื่อใช้แยก genotype ออกจากกัน นอกจากนี้ mass selection ยังนำมาใช้เพื่อการปรับปรุงพันธุ์พื้นเมืองให้บริสุทธิ์ยิ่งขึ้น โดยการคัดลักษณะที่แปลกปลอมเข้ามาออกจากพันธุ์เดิม โดยวิธีนี้จะทำให้พันธุ์พื้นเมืองได้รับการปรับปรุงให้บริสุทธิ์ได้อย่างรวดเร็ว และอาจไม่จำเป็นต้องทดสอบผลผลิตอีก การสร้างพันธุ์วิธี mass selection เมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการอื่นแล้วจะเห็นว่าเป็นการลดภาระในการทดสอบสายพันธุ์ ในบางครั้ง mass selection ถูกนำมาใช้เพื่อรักษาความบริสุทธิ์หรือลักษณะประจำของพันธุ์โดยเลือกเก็บเกี่ยวเฉพาะต้นที่มีลักษณะประจำของพันธุ์นั้นๆ ไว้ทำพันธุ์ในปีถัดไป พันธุ์ที่เกิดจาก mass selection จะมีพื้นฐานทางพันธุศาสตร์กว้างกว่าวิธี

การอื่น ดังนั้นในสภาพแวดล้อมที่แปรปรวนไปจากเดิม mass selection จะได้รับความกระทบกระเทือนน้อยกว่าพันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) (Allard and Jain, 1964)

การคัดเลือกแบบเก็บเกี่ยวรวม (Bulk selection)

การคัดเลือก bulk selection เป็นวิธีการปรับปรุงพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพและทำกันอย่างกว้างขวางเช่นเดียวกับ pedigree method (Florell, 1929)

วิธีการคัดแบบ bulk ธรรมชาติเป็นตัวคัดเลือกเพื่อกำจัด lines ที่อ่อนแอออกไป และทำให้พืชแต่ละต้นเข้าสู่ homozygous โดยวิธีการ bulk สามารถใช้ได้ทั้งใน single hybrid และ multiple hybrid โดยเข้าไปจัดการคัดตั้งแต่ชั่วที่ 2 เป็นต้นไป วิธีการคัดแบบ bulk เหมาะสมที่จะใช้ในชั่วที่เป็น heterozygous เป็นวิธีที่ไม่ได้กำจัด genotype เพื่อให้ได้ผลผลิตสูงแต่เป็นการรักษาประชากรไว้จนถึงในชั่วที่เป็น homozygous ที่ genotype ที่แสดงผลผลิตสูงออกมา (Hamblin and Donald, 1977) โดยเฉพาะลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative character) ที่มีการคัดเลือกยากในชั่วต้นๆ (Sakai, 1951)

ข้อดีของการคัดเลือกแบบเก็บเกี่ยวรวม

1. เป็นวิธีที่ง่ายและมีงานน้อยกว่าวิธีบันทึกประวัติ เพราะไม่ต้องมีการบันทึกข้อมูล ประหยัดค่าใช้จ่าย
2. ได้รับผลกระทบจากการแสดงออก (phenotypic expression) เนื่องจาก heterozygosity ต่ำเพราะไม่ต้องทำการคัดเลือกในชั่วที่มีการกระจายตัวทางพันธุกรรม
3. มี genotype เข้าสู่การคัดเลือกในชั่วหลังๆ มาก
4. เป็นวิธีการที่ช่วยเพิ่มสัดส่วนต้นที่มีพันธุกรรมเป็น homozygous โดยอัตโนมัติในชั่วหลัง
5. สามารถคัดเลือกระหว่างคู่ผสมได้ก่อนการคัดเลือกภายในคู่ผสม เพราะสามารถกำจัดคู่ผสมที่แสดงออกไม่ดีในสภาพที่ถูกคัดเลือกโดยธรรมชาติ

Mac Key (1962) และ Palmer (1952)

ข้อเสียของการคัดเลือกแบบเก็บเกี่ยวรวม

1. เป็นวิธีที่เสียค่าใช้จ่ายน้อยแต่สูญเสียข้อมูลประวัติเพราะไม่มีการบันทึกประวัติ
2. สายพันธุ์ที่อยู่รอดในชั่วหลัง ๆ อาจไม่ใช่สายพันธุ์ที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องการเนื่องจากลักษณะที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องการอาจเป็นลักษณะที่มีความสามารถในการแข่งขันกับพันธุกรรมอื่นต่ำ

(ไพศาล, 2526)

ปัญหาของวิธีการคัดเลือกแบบ bulk คือหลังการเก็บเกี่ยวแล้วมีเมล็ดจำนวนมาก ทำให้ต้องทำการสุ่มปลูกในปีต่อไป (sampling) ซึ่งการสุ่มปลูกอาจจะสูญเสียความแปรปรวน (variation) หรือความสามารถในการรวมตัว (recombination segregants) (Mac Key, 1964)

Mass - pedigree selection

เป็นวิธีการคัดเลือกอีกวิธีหนึ่งที่ Harrington (1937) เพื่อแก้จุดอ่อนของ pedigree selection ด้วยเหตุผลที่ว่า การคัดเลือกแบบ pedigree อาจไม่ได้ผลในบางฤดู หรือบางปี เนื่องจากสภาพของดินฟ้าอากาศไม่อำนวย ให้ genotype ของแต่ละต้นแสดงผลออกอย่างเต็มที่ เช่น ในสภาพแวดล้อมที่แห้งแล้ง หรือ เกิดการระบาดของโรค ซึ่งสภาพเช่นนี้มักเกิดขึ้นบ่อยครั้ง ทำให้การคัดเลือกในบางลักษณะไม่ได้ผล ด้วยเหตุนี้ Harrington จึงเสนอให้มีการเก็บเมล็ดในปีนั้นๆ รวมกันทั้งหมด แล้วจึงปลูกให้มีระยะห่างระหว่างต้น และทำการคัดเลือกแบบ single plant selection เมื่อสภาพการต่าง ๆ อำนวยตามแบบฉบับของ pedigree selection ต่อไป

การคัดเลือกแบบทดสอบในชั่วต้น (Early - generation testing)

เป็นการทดสอบและคัดเลือกพืชตั้งแต่ชั่วต้นๆ เป็นการเร่งของวิธีคัดเลือกแบบบันทึกประวัติ เริ่มมีการเก็บเกี่ยวเป็นรายต้น ตั้งแต่ในชั่ว F_2 ซึ่งสามารถสืบประวัติได้ อาจเรียกวิธีการนี้ว่าสายพันธุ์จาก F_2 (F_2-derived line) และเมื่อมาถึง F_5 จะมีการเริ่มคัดสายพันธุ์ใหม่ และมีการเก็บรายต้นอีกครั้งหนึ่งเรียกว่าสายพันธุ์จาก F_5 (F_5 - derived line) สามารถคัดเลือกลักษณะ qualitative เช่น สีดอก สีเมล็ด และอายุเก็บเกี่ยว แต่สำหรับลักษณะ quantitative เช่น ผลผลิตวิธีการนี้ไม่สามารถคัดเป็นรายต้นได้ เพราะในชั่ว F_2 พืชยังคงอยู่ในสภาพ heterozygous ในระดับสูงการคัดเลือกผลผลิตจึงต้องทำในชั่วหลัง ๆ

ข้อดีในการคัดเลือกแบบทดสอบผลผลิตในชั่วต้น

1. เนื่องจากการคัดเลือกพันธุ์เริ่มตั้งแต่ชั่วต้นๆ จึงเปิดโอกาสให้คัดต้นไม่ดีทิ้งในชั่วแรกๆ ทำให้ประหยัดเวลา แรงงาน พื้นที่ และ ค่าใช้จ่าย
2. วิธีนี้เปิดโอกาสให้คัดเลือกหลายปี ผลที่ได้ย่อมแน่นอนยิ่งขึ้น
3. พันธุ์ใหม่ที่ได้มีความสม่ำเสมอมาก เพราะมาจากต้นเดียวกัน
4. เนื่องจากมีประวัติของแต่ละต้นที่คัดเลือก ทำให้ทราบความสัมพันธ์ของแต่ละต้น จึงสามารถศึกษาพันธุกรรมได้

ข้อเสียในการคัดเลือกแบบทดสอบผลผลิตในชั่วต้น

การคัดเลือกพันธุ์เสียเวลามาก เพราะต้นตรวจดูทีละต้นหรือแถว ต้องทำประวัติอย่างละเอียด ทำให้ไม่ สามารถทดลองได้คราวละหลายๆ คู่ผสม

(Kalton, 1948)

<u>การคัดเลือกแบบหนึ่งเมล็ดต่อต้น (single seed descent)</u>

วิธีการนี้เสนอโดย Brim, 1966 ใช้ในชั่วที่มีการกระจายตัว (segregation generation) เป็นวิธีที่ไม่มีการคัดเลือก แต่จะทำการเก็บเมล็ดจากพืชทุกต้นเพียงหนึ่งเมล็ดโดยการสุ่ม (random) ซึ่งนอกจากแต่ละชั่วจะผ่านไปอย่างรวดเร็ว เพราะสามารถเก็บเมล็ดได้ในระยะ physiological maturity แล้วยังสามารถปลูกได้นอกฤดูปลูกหรือในเรือนเพาะชำเพื่อเร่งชั่วในแต่ละปี โดยไม่ต้องคำนึงถึงลักษณะอื่นเพราะไม่ต้องทำการคัดเลือก เมื่อถึงชั่วที่มีระดับความเป็นพันธุ์แท้สูงแล้วจึงทำการเพิ่มปริมาณเมล็ดในแต่ละ line เพื่อทำการทดสอบซ้ำในสภาพพื้นที่ปลูกจริงต่อไป

วิธีการนี้เชื่อว่าในชั่วต้น ๆ ยังไม่มี genotype ที่ดีปรากฏ จึงยังไม่เกิดความดีเด่น แต่ในชั่วหลัง ๆ เมื่อ genotype ของพืชเปลี่ยนไป อาจจะได้ลักษณะที่ดีเด่น แต่ก็อาจเกิดเหตุการณ์ที่ตรงกันข้ามได้

การคัดเลือกแบบ หนึ่งเมล็ดต่อต้นอาจดัดแปลงไป เช่น แบบ ต้นต่อแถว-ต่อแถว (single plant) แบบ ต้นต่อหลุม-ต่อหลุม โดยการเก็บเมล็ดที่ได้จากต้น F_2 แต่ละต้นแยกกัน เรียกว่าเป็นเมล็ด F_3 จากนั้นปลูกเมล็ด F_3 ที่ได้จาก F_2 แต่ละต้นในหลุมหรือแถวเดียวกัน เมื่อเกิดเมล็ด F_4 ก็นำไปปลูกแบบหลุมหรือแถวจากเมล็ด F_4 ที่ได้จากหลุมหรือแถวนั้น ทำต่อไปจะพืชมีอัตราความเป็นพันธุ์แท้สูงจึงใช้วิธีบันทึกประวัติต่อไป แต่ถ้าต้องการลดงานก็โดยการลดจำนวนเมล็ดที่เก็บจากแต่ละหลุมหรือต้น ให้เหลือเพียง 1-2 เมล็ดเป็นต้น

เปรียบเทียบวิธีการคัดเลือกต่างๆ

<u>วิธีการคัดเลือกที่เหมาะสมในการศึกษาชั่วต่างๆ ของลูกผสม</u>

การคัดเลือกจะมีประสิทธิภาพเมื่อมีความแปรปรวนสูงในชั่วต้นๆ (early generation) ที่ทำการศึกษา (Boerma and Cooper,1975) จากการศึกษาของ Raeber and Weber (1953) ในถั่วเหลือง พบว่า วิธีการที่จะใช้ประมาณการกระจายตัวของลูกผสมในชั่วต้นๆ จะใช้วิธีการแบบ bulk ในการทดสอบและใช้คาดการณ์การกระจายตัว เพราะการคัดเลือกแบบ bulk จะมีประสิทธิภาพในการคัดในพื้นที่ ที่มีความแปรปรวนของภูมิอากาศ และปัจจัยต่างๆ และสามารถใช้คัดเลือกได้ทั้งในพืชผสมตัวเองและในพืชผสมข้าม โดยเฉพาะในชั่วแรกๆ ที่มีการกระจายตัวทางพันธุกรรมสูง (Degago and Caviness, 1987) ส่วนการคัดเลือกในชั่วหลังๆ จะใช้ single plant และ single plant row (แถวที่เกิดจากต้นเพียงต้นเดียว) นำมาใช้บอกระดับการกระจายตัว (segregation) ของลักษณะต่างๆ โดยศึกษาแบบ pedigree

วิธีการคัดเลือกแบบ pedigree จะสามารถบอกความแตกต่างของความแปรปรวนที่เกิดจากสิ่งแวดล้อมได้ดีกว่าการคัด bulk ซึ่งจะทำให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic advance) และยังพบว่าผลผลิตที่เกิดจากการคัดเลือกโดยวิธีการคัดแบบ pedigree จะคงที่ตั้งแต่ในชั่ว F_4 - F_6 เพราะมีความแปรปรวนต่ำหรือเป็นความสัมพันธ์ของการที่พันธุกรรมในประชากรเริ่มมีความเป็นพันธุ์แท้ การที่วิธีการคัดเลือกแบบ bulk พบความสัมพันธ์ระหว่างชั่วของลูกผสมที่ทำการศึกษากับการกระจายตัวต่ำ เพราะวิธีการคัด bulk เป็นวิธีการที่ทำให้ความถี่ของ gene ที่ถ่ายทอดทางสัญฐานวิทยาเปลี่ยนแปลงไปอย่างรวดเร็วแต่ไม่สามารถทำนายทิศทางได้ เนื่องจาก bulk selection เป็นวิธีการที่ใช้ธรรมชาติเป็นตัวคัดเลือก ดังนั้น genotype ที่คาดว่าจะให้ผลผลิตสูงอาจถูกคัดทิ้งได้ในชั่วต้นๆ (Taylor, 1951)

การที่ใช้ pedigree selection จะใช้คัดเลือกขึ้นกับชั่วลูกผสม โดยจะคัดจนถึงชั่วที่คาดว่าเป็นพันธุ์แท้หมด อยู่ระหว่าง F_4 - F_7 แต่วิธีการนี้อาจไม่ได้ผลเพราะลักษณะที่เข้าไปคัดเป็น phenotypic ซึ่งต้นที่เข้าไปคัดมีการแสดงออกของ heterozygosity (Mac Key, 1964) เช่นเดียวกับงานของ Kalton (1948) ที่อ้างโดย Raeber and Weber (1953) ที่ใช้การคัดเลือกแบบ pedigree ในชั่วที่ 3 ไม่สามารถทำนายผลผลิตของลูกในชั่วที่ 4 ได้แม้จะทำนายระดับความเป็น homogeneity ของ lines ในชั่วที่ 4 ได้ก็ตาม โดยเฉพาะลักษณะทางปริมาณ (quantitative character) ไพศาล (2526) พบว่าการเข้าไปคัดเลือกโดยการทดสอบผลผลิตในชั่วต้นๆ (Early generation testing; EGT) ในชั่วที่ 3 ให้ผลไม่ต่างจากชั่วที่ 2 ที่ไม่ได้ทำการคัดเลือก เพราะประชากรยังมีความแตกต่างระดับสูงอยู่

กล่าวได้ว่าการที่พันธุกรรมถูกควบคุมโดย gene ที่เป็น heterozygous เป็นข้อจำกัดในการคัดเลือกในชั่วต้นๆ เพราะเมื่อ gene ที่ควบคุมลักษณะที่ศึกษานั้นอยู่ในรูป dominant หรือ overdominant แล้วทำให้ลูกผสมมีลักษณะที่ดีกว่า พ่อแม่ และลักษณะดีเด่นเหล่านั้นจะกระจายตัวและค่อยๆสูญหายไปเมื่อมีการคัดเลือกในชั่วหลัง และนอกจากนี้ยังพบว่าอิทธิพลของ micro - environment และการแข่งขันเมื่อปลูกพืชชิดกันรวมทั้งความสัมพันธ์ระหว่างผลผลิตกับลักษณะที่ศึกษาที่ไม่เป็นไปในทิศทางเดียว จะมีผลกระทบต่อการคัดเลือกลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยการกระทำของ gene แบบดังกล่าว (Lebsock and Amaya, 1969)

การคัดเลือกลักษณะพิเศษเช่นการคัดเลือกข้าวบาร์เลย์ทนแล้ง จะพบปัญหาของ heterozygosity เช่นกัน โดยพบว่าการคัดเลือกแบบ bulk – pedigree กับวิธีการ pure line selection ซึ่งทำในชั่วที่ 3 โดยการคัดผลผลิตโดยตรง (direct selection) จะมีประสิทธิภาพในการคัดต่ำ เพราะมีการกระจายตัวทางพันธุกรรมสูงซึ่งแม้จะได้ผลผลิตสูงในชั่วแรกๆ เนื่องจากการเกิด heterotic effect แต่ลักษณะที่แสดงออกเหล่านั้นจะสูญหายไปเมื่อการกระจายตัวทางพันธุกรรมลดลง การทดลองนี้จะใช้คัด bulk - pedigree ซึ่งเป็นวิธีการประยุกต์ เพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการคัดเลือกภายใต้สภาวะแวดล้อม

การคัดเลือกเพื่อเพิ่มโปรตีนของข้าวสาลี ในชั่ว F_3 - F_6 Griffey *et al.*(1992) แนะนำให้ใช้การคัดเลือกแบบ bulk เนื่องจากเป็นวิธีที่รักษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมเพราะการที่ประชากรไม่มี genetic variation เป็นอุปสรรคต่อการคัดเลือก

Knott and Kumar (1975) พบว่าการคัดเลือกเพื่อเพิ่มผลผลิตโดยตรงไม่ได้ผลใน F2 สามารถทำการคัดเลือกโดยวิธีการคัดเลือกแบบ bulk แทน ส่วนการคัดเลือกแบบ single seed descent; SSD ควรทำการคัดเลือกในชั่วที่ 5 หรือ 6 เป็นต้นไป แล้วจึงกลับมาใช้วิธีทดสอบผลผลิตในชั่วหลังๆ กับสายพันธุ์ที่คัดแล้ว

<u>วิธีการคัดเลือกที่มีผลต่อการแสดงออกของลักษณะต่างๆ ของพืช</u>

เปรียบเทียบการคัดเลือกของถั่วเหลืองในชั่ว F_3 - F_7 โดยวิธีการทดสอบผลผลิตในชั่วต้นๆ (early - generation yield testing; EGT) เปรียบเทียบกับวิธีการบันทึกประวัติ (pedigree selection; PS) และการคัดเลือกเมล็ดต่อต้น (single seed descent; SSD) พบว่า การคัดเลือกแบบ SSD มีประสิทธิภาพในการคัดสูงสุดเพราะ SSD ไม่ต้องทำการคัดเลือกมาก และไม่จำเป็นต้องมีการทดสอบผลผลิตจนถึงในช่วงหลังๆ และวิธีการคัดแบบ SSD ทำให้เกิดความก้าวหน้าในการคัดต่อปีเร็วขึ้นเนื่องจากสามารถปลูกได้สามครั้งต่อปี โดยการปลูกนอกฤดู ซึ่งเป็นวิธีการที่เหมาะที่จะใช้แยก line ที่แสดงผลผลิตสูงออกมาจากประชากรก่อนที่จะทำการคัดเลือก ส่วนการคัด EGT จะให้

ลักษณะอายุสุกแก่ช้ากว่าอีก 2 วิธีการ ทำให้ต้องมีการทดสอบผลผลิตมากกว่าอีก 2 วิธีการที่เหลือ ขณะที่ การคัดเลือกแบบ PS และ SSD มีวันสุกแก่เร็วกว่าวิธีการคัด EGT แต่วิธีการคัด PS มีข้อมูลที่ได้จากการบันทึกประวัติช่วยในการตัดสินใจ (Boerma and Cooper, 1975)

ในงานการทดลองของ Ranalli *et at.*(1996) ที่เปรียบเทียบวิธีการคัด SSD กับวิธีการคัดเลือก EGT ในถั่วเขียว พบว่าการคัดเลือก SSD จะให้ผลผลิตสูงกว่าและมีการกระจายของลักษณะผลผลิตกว้างกว่าการคัดเลือกแบบ EGT ในขณะที่การคัดเลือก EGT มีการกำจัด lines ที่แสดงผลผลิตต่ำในทุกชั่วที่ทำการคัดเลือก ขณะที่การคัดแบบ SSD มีการรวมพันธุกรรมจากทุกต้น จึงแนะนำให้มีการคัดเลือก EGT ร่วมกับการคัด SSD โดยให้ทำการคัดเลือกแบบ EGT ในชั่วตั้งแต่ F_3 จากนั้นทำการคัดแบบ SSD ต่อในชั่ว F_5 - F_6

ในการเปรียบเทียบวิธีการคัดเลือก bulk และ pedigree selection (Torrie, 1958) พบว่า การคัดเลือกแบบ bulk จะมีอายุวันสุกแก่ช้ากว่าการคัดเลือกแบบ pedigree 4 วัน แต่ผลผลิตไม่แตกต่างในชั่วการศึกษาชั่ว F_3 -F_6

วิธีการคัดเลือกอื่นๆ ที่นำมาคัดเลือกนอกเหนือจากวิธีการที่กล่าวมาคือ honeycomb selection (Fasoulas, 1981) ซึ่งเป็นการปลูกที่เกี่ยวข้องกับระยะปลูก โดย Gill *et al.* (1995) พบว่าการคัดเลือกแบบ SSD โดยการปลูกแบบ honeycomb selection ซึ่งเป็นวิธีการปลูกพืชที่มุมและจุดกึ่งกลางของรูปหกเหลี่ยมที่มีระยะระหว่างต้น 50 เซนติเมตร ซึ่งเชื่อว่าจะลดอิทธิพลของต้นและการแข่งขันของพืชทำให้ฝักต่อต้น และผลผลิตของถั่วเขียว (mungbean) ดีกว่าการคัดเลือกด้วยวิธี pedigree และ bulk selection ในชั่วที่ 5 และ 6

แต่ละวิธีมีทั้งข้อดีข้อเสีย การปรับปรุงพันธุ์ต้องการทั้งความรวดเร็วและมีประสิทธิภาพเพื่อให้สามารถผลิตพันธุ์ให้ได้เร็วที่สุด ซึ่งก็คือวิธีการแบบเมล็ดต่อต้น รองลงมาคือการทดสอบในชั่วต้นๆ ส่วนที่ช้าที่สุดคือวิธีแบบ pedigree และวิธีการแบบ bulk (ไพศาล, 2526)

ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะและความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรม

การคัดเลือกลักษณะหนึ่งอาจมีผลกระทบต่ออีกลักษณะหนึ่งก็ได้ (Becker, 1981) เช่น ในการคัดเลือกในชั่วต้นๆ (F_3-F_6) ของข้าวโอ๊ตเพื่อเพิ่มเปอร์เซนต์เมล็ดที่กระเทาะเปลือกออก (groat) จะลดการสร้างส่วนของลำต้นและใบรวมทั้งผลผลิตของเมล็ด (Bunch and Forsberg, 1989)

การศึกษาประสิทธิภาพของวิธีการคัดเลือกลักษณะใดๆ รวมทั้งผลผลิตต้องศึกษาความสัมพันธ์ขององค์ประกอบผลผลิต จะมีวิธีการศึกษาเช่น

1) ดูสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ (correlation)

2) หาสหสัมพันธ์ (regression) ของลักษณะที่เกี่ยวข้องกัน

3) หา path coefficient analysis

กรณีที่ลักษณะที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องการคัดเลือกมีความสัมพันธ์ (correlation) กับลักษณะอื่นที่สามารถสังเกตได้ง่ายนักปรับปรุงพันธุ์สามารถคัดเลือกลักษณะที่ง่ายนั้นเพื่อเพิ่มลักษณะที่ต้องการเรียกว่าเป็นการคัดเลือกโดยอ้อม (indirect selection) Rao *et al.* (1997) จะพบความสัมพันธ์ระหว่างความยาวรวงข้าวกับผลผลิตทั้งทาง ทางพันธุกรรม (genotype) และทาง การแสดงออก (phenotype)

จากการศึกษาของ Singh *et al.* (1980) พบว่าจำนวนรวงต่อกอของข้าวมีความสัมพันธ์กับผลผลิตต่ำทั้ง genotype และ phenotype ซึ่งตรงข้ามกับการศึกษาของ Iqbal (1987) ซึ่งอาจเป็นเพราะความแตกต่างของ gene frequency และ gene interaction

การศึกษา correlation ของลักษณะ 2 ลักษณะแล้วใช้ลักษณะใดลักษณะหนึ่งเป็นตัวคัดเลือกเพื่อเพิ่มอีกลักษณะ บางครั้งอาจไม่ประสพความสำเร็จเพราะ correlation เป็นเพียงสิ่งที่บ่งบอกว่าลักษณะที่ศึกษามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมคงที่จากสิ่งแวดล้อมหนึ่งไปอีกสิ่งแวดล้อมหนึ่งหรือไม่ (Whan *et al.*,1982) ดังนั้นการศึกษาเฉพาะ simple correlation ของลักษณะต่างๆ กับผลผลิตอย่างเดียวอาจจะแยกสาเหตุของ อิทธิพลต่างๆ ที่มีต่อผลผลิตได้ไม่ชัดเจนนัก เช่นการทดลองของ Wilcox and Schapaugh (1980) ที่ทำการศึกษาประสิทธิภาพของการคัดเลือกโดยวิธีการคัดต้นที่มีความสูงและอายุสุกแก่สูงโดยวิธีการแบบ bulk ตั้งแต่ชั่ว F_2 - F_4 พบว่าแม้ลักษณะความสูงและอายุสุกแก่จะมีความสัมพันธ์กับผลผลิต แต่ในการทดสอบผลผลิตหลังจากชั่ว F_4 ไม่มีความแตกต่างระหว่างผลผลิตของกลุ่มที่ทำการคัดและไม่ได้ทำการคัดก่อนการเก็บเกี่ยวแบบ bulk ดังนั้นก่อนทำการคัดเลือกอาจต้องการข้อมูลมากกว่าการศึกษาความสัมพันธ์ธรรมดา โดยได้มีการเสนอรูปแบบความสัมพันธ์โดยการวิเคราะห์ path coefficient ที่เสนอโดย Wright (1921) และความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมโดย Garcia de Moral *et al.*(1991) พบว่าเมื่อแยกอิทธิพลของความสัมพันธ์ ออกเป็นอิทธิพลทางตรง (direct effect) และอิทธิพลทางอ้อม (indirect effect) ในการศึกษาความสัมพันธ์ของข้าวบาร์เลย์ชี้ให้เห็นว่า การมีรวงต่อตารางเมตรมากจะทำให้การติดเมล็ดต่อรวงน้อยลงและในงานทดลองของ Ramos *et al.*(1989) พบว่าการที่มีช่วงการเจริญเติบโตทางลำต้นและใบและระยะติดเมล็ดที่ยาวนานมีอิทธิพลต่อการสร้างเมล็ดต่อรวงสูงขึ้นซึ่งความสัมพันธ์เช่นนี้จะไม่พบในการศึกษา simple correlation analysis (Ramos *et al.*, 1989)

ความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรม หรืออัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) หมายถึง อัตราความแปรปรวนที่แสดงออกเนื่องจากพันธุกรรม หรือ สัดส่วนของความแปรปรวนของ

พันธุกรรมต่อความแปรปรวนทั้งหมด (Variance ของ additive, dominant, overdominant, epistasis และ environment) ซึ่งหมายถึงความสามารถในการถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกต่อไปใช้ในการประเมินความก้าวหน้าในการคัดเลือกของลักษณะ ถ้าสัดส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากสิ่งแวดล้อมมาก แสดงว่าเป็นการยาก ที่จะเข้าไปคัดเลือกลักษณะที่แตกต่างเนื่องจากพันธุกรรม ตรงกันข้ามถ้าความแปรปรวนเนื่องจากสิ่งแวดล้อมมีน้อย การคัดเลือกลักษณะที่สามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ ก็จะมีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น (Briggs and Knowles, 1977) แต่เนื่องจากลักษณะทางปริมาณ (quantitative character) เป็นลักษณะที่ได้รับผลกระทบจากสิ่งแวดล้อมสูงกว่าลักษณะทางคุณภาพ (qualitative character) จึงจำเป็นต้องศึกษาอิทธิพลที่มีผลต่อความแปรปรวนของลักษณะที่แสดงออก (phenotypic) มากกว่า นอกจากนั้นลักษณะทางปริมาณมักเกี่ยวข้องกับลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ เช่นผลผลิต และได้รับผลกระทบจากสิ่งแวดล้อมสูง ทำให้การคัดเลือกลักษณะที่จะถ่ายทอดต่อไปยากขึ้น เพราะการควบคุมหรือการจัดการลักษณะที่เกิดจากสิ่งแวดล้อมไม่สามารถถ่ายทอดได้เหมือนการควบคุมที่เกิดจากพันธุกรรม

วิธีการวัด heritability มีหลายวิธีขึ้นกับวัตถุประสงค์ของการใช้ประโยชน์เช่นต้องการความแปรปรวนที่เกิดจากพันธุกรรมที่เป็น additive variance หรือ เกิดจากพันธุกรรมที่แสดงออกทั้งหมด ดังนั้น สามารถวัดอัตราพันธุกรรมได้ 2 วิธี

1. แบบกว้าง (broad-sense heritability) คือการวัดสัดส่วนความแปรปรวนของลักษณะที่ศึกษาที่เกิดจากพันธุกรรมต่อความแปรปรวนของลักษณะนั้นทั้งหมด (total or phenotypic variance, σ^2P) ซึ่งความแปรปรวนที่เกิดจากพันธุกรรม คือความแปรปรวนที่เกิดจากการแสดงออกของยีนทุกชนิดเข้าด้วยกัน (genetic variance, σ^2G) และความแปรปรวนทั้งหมด คือผลรวมของ genetic variance และ ความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อม (non - genetic or environment variance, σ^2E)

$$\sigma^2P = \sigma^2G + \sigma^2E$$

h^2 แบบ broad-sense

$$h^2 = \frac{\sigma^2G}{\sigma^2P}$$

2. แบบแคบ (narrow - sense heritability) คือการวัดสัดส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวก (additive variance, σ^2A) เมื่อเทียบกับความแปรปรวนทั้งหมด

$$\sigma^2G = \sigma^2A + \sigma^2D + \sigma^2I$$

σ^2A = additive variance ความแปรปรวนที่เกิดจากการแสดงออกแบบเสริมกันยีนตำแหน่งเดียวกัน

σ^2D = dominance variance ความแปรปรวนที่เกิดจากการแสดงออกแบบข่มกันของยีนต่าง alleleใน

ตำแหน่งเดียวกัน

σ^2I = interaction variance or epistatic ความแปรปรวนที่เกิดจากการแสดงออกแบบข่มกันของยีนหลายตำแหน่ง

h^2 แบบ narrow - sense

$$h^2 = \frac{\sigma^2A}{\sigma^2P}$$

การวัด heritability แบบ narrow - sense สามารถใช้ในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ได้ดีกว่าแบบ broad - sense เพราะการแสดงออกของยีนแบบบวกสามารถตอบสนองต่อการคัดเลือกได้ดีกว่าแบบอื่น(Falconer and Mackay, 1996) เราสามารถหา heritability ได้จาก

1. Components of variance ซึ่งเรียกเป็น Expect mean square (E.M.S.) มีค่าเท่ากับ M.S. ที่คำนวณได้ซึ่งได้จากการวิเคราะห์ ความแปรปรวน (Analysis of variance)

ตัวอย่าง การวางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete block

ตารางที่ 1 แสดง Analysis of Variance for a Randomized Complete block

	d.f.	SS	M.S	E.M.S
Genotype	a - 1	$\frac{\sum Yi.^2}{b} - \frac{(\sum yij.)^2}{ab}$	MS genotype	$\sigma^2 e + b\sigma^2 g$
Replication	b-1	$\frac{\sum Y.j^2}{a} - \frac{(\sum yij.)^2}{ab}$	MS replicate	$\sigma^2 e + a\sigma^2 r$
Error	(a-1)(b-1)	$\sum\sum yij.^2 - \frac{\sum Yi.^2}{b} - \frac{\sum Y.j^2}{a} + \frac{(\sum yij.)^2}{ab}$	MS error	$\sigma^2 e$
(Genotype x Replication)				
Total	ab-1	$\sum\sum yij.^2 - \frac{(\sum yij.)^2}{ab}$		

a = จำนวน genotype ทั้งหมดที่นำมาทดลอง

b = จำนวน ซ้ำที่ทำการทดลอง

$\sum$ = ผลรวมของหลายๆ ค่า

y = ลักษณะที่ศึกษา

i = 1 จนถึงค่าสุดท้ายคือ a

j = 1 จนถึงค่าสุดท้ายคือ b

$\sum yi$ = ผลรวมของค่า y ที่ genotype ลำดับ i

$\sum yj$ = ผลรวมของค่า y ที่ ซ้ำลำดับ j

$\sum yij$ = ผลรวมของค่า y ที่มี genotype เป็นลำดับที่ i และมีซ้ำที่ j

$\sigma^2 g$ = genetic variance ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรม

$\sigma^2 r$ = replication variance ค่าความแปรปรวนเนื่องจากซ้ำปลูก

$\sigma^2 e$ = error variance ค่าความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อม

2. หา heritability จากการใช้การตอบสนองต่อการคัดเลือก (Response of selection) โดย h^2 คือ อัตราส่วนระหว่าง response ; R กับ differential ; S

$$h^2 = R / S$$

R = response of selection หรือความแตกต่างของค่าเฉลี่ยลักษณะที่แสดงออก (phenotypic value) ระหว่างประชากรของลูกกับประชากรของพ่อแม่เดิมก่อนการคัดเลือก (population mean)

S = selection differential คือความแตกต่างของค่าเฉลี่ยลักษณะที่แสดงออก (phenotypic value) ระหว่างกลุ่มประชากรพ่อแม่ที่ได้รับการคัดเลือกเพื่อปลูกในชั่วต่อไป (selection group) ที่เบี่ยงเบน จากประชากรนั้นๆ (population mean)

(Falconer and Mac key, 1960)

3. ศึกษาจาก regression ของประชากรที่มีความสัมพันธ์กัน

3.1 ลูกกับพ่อหรือแม่ (offspring and one parent)

3.2 ลูกกับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (offspring and mid parent)

3.3 ลูกกับลูกที่มีพ่อแม่ร่วมกัน (Full sib)

3.4 ลูกกับลูกที่มีพ่อหรือแม่ร่วมกัน (Half sib)

(Falconer and Mac key, 1960)

ตารางที่ 2 แสดงการประมาณค่า heritability; h^2 จากค่า regression และ correlation

Relatives	**Covariance**	**Regression (b) or Correlation (t)**
offspring and one parent	$1/2\ \sigma A^2$	$b = 1/2\ h^2$
offspring and mid - parent	$1/2\ \sigma^2 A$	$b = h^2$
Half sibs	$1/4\sigma^2 A$	$t = 1/4\ h^2$
Full sibs	$1/2\ \sigma^2 A + 1/4\ \sigma^2 D + \sigma^2 EC$	$t >= 1/4 h^2$

หมายเหตุ : 1. ไม่มีการรวม epistatic interaction ดังนั้นจึงเป็นไปได้ที่ความแปรปรวนเนื่องจากสิ่งแวดล้อมจะมีผลต่อความสัมพันธ์อื่นๆ มากกว่า Full sib

2. $\sigma^2 EC$ = variance เนื่องจากสิ่งแวดล้อม

(Falconer and Mac key, 1960)

4. หาจาก diallel crosses

เนื่องจากการใช้ Random หรือ Model II (พ่อแม่ได้มาจากการสุ่มจากกลุ่มประชากร) จะทำให้สามารถที่จะใช้เป็นตัวแทนความแปรปรวน (variability) ของประชากรได้ เป็นการหาความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรม โดยการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางสถิติแต่วิเคราะห์ในรูปความสามารถในการรวมตัว (combining ability)

ตารางที่ 3 แสดง Analysis of Variance และ Expected Mean Square (E.M.S) of combining ability analysis, Method 2 Model I โดย Griffing (1956)

Source	df	Sum of Square	Expected Mean Square
g. c. a.	p - 1	SSg	MSg
s. c. a.	p(p - 1)/2	SSs	MSs
reciprocal	p(p - 1)/2	SSr	MSr
error	ab(c - 1)	Sse	MSe^1

Expected MS

g. c. a. $\sigma^2 e + \frac{2(p-1)}{p}\sigma^2 s + 2p\sigma^2 g$

s. c. a. $\sigma^2 e + \frac{2(p^2-p+1)}{p}\sigma^2 s$

reciprocal $\sigma^2 e + 2\sigma^2 r$

error $\sigma^2 e$

เมื่อ $MSe^1 = MSe / bc$ โดยที่

p = parental lines หรือสายพันธุ์ที่ใช้เป็นพ่อแม่

a = จำนวนคู่ผสม

b = จำนวนซ้ำ (replication)

c = จำนวนต้นในแต่ละ plot

g. c. a. (general combining ability) เป็นการทดสอบความสามารถของสายพันธุ์ (line) โดยดูที่ความ สามารถโดยเฉลี่ยของลูก (hybrid combination) ที่เป็นไปได้ในทุกๆ คู่ผสม (combination)

s. c. a. (specific combining ability) เป็นการทดสอบความสามารถในการรวมตัวของแต่ละคู่ผสม (combination) ของพ่อแม่เป็นการวัดความสามารถของลูกเฉพาะคู่ผสม

reciprocal เป็นการผสมสลับพ่อแม่

error คือความแปรปรวนที่เกิดจากสิ่งแวดล้อม

$2\sigma^2 g = \sigma^2 A$ + interaction

$\sigma^2 s = \sigma^2 D$ + interaction

$\sigma^2 e$ = error variance (ความแปรปรวนเนื่องจากสิ่งแวดล้อม)

ใน interaction นั้นเป็นส่วนที่เกิดจากลักษณะ action อื่นๆ ของ gene เช่น epistasis เป็นต้น

$\sigma^2 r$ = reciprocal variance (ความแปรปรวนเนื่องจากการสลับพ่อแม่)

การศึกษาความสามารถในการถ่ายทอด และความสัมพันธ์ของลักษณะต่าง ๆ จะมีความเฉพาะกับกลุ่มประชากรภายใต้สภาพแวดล้อมนั้น ๆ ซึ่งรวมทั้งชนิดพันธุ์พืช วิธีการศึกษา และชั่วของการกระจายตัว ในสภาพแวดล้อมหนึ่ง ๆ (Johnson and Bernard, 1962) การแสดงออกของพืช (phenotype) ที่แสดงออกในรูปของความแปรปรวนเกิดเนื่องจากอิทธิพลของพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ในการประเมินประสิทธิภาพของการคัดเลือกจึงต้องคำนึงถึงสภาพแวดล้อมของพืชในพื้นที่ที่ศึกษาด้วย

ชั่วของลูกผสมยังมีผลต่อความคงตัวของลักษณะพันธุกรรม เช่นการคัดเลือกในชั่วที่ 4 ลักษณะต่าง ๆ เช่น ผลผลิต ความสูง การสุกแก่ การหักล้ม การออกรวง ระยะเติมเมล็ด และองค์ประกอบผลผลิตจะมีความคงตัวกว่าการคัดเลือกในชั่วที่ 3 (Foster *et al.*, 1967) ลักษณะใดที่สามารถถ่ายทอดได้สูงกว่าลักษณะอื่นจะถูกใช้เป็นตัวคัดเลือกเพื่อเพิ่มผลผลิต ส่วนลักษณะผลผลิตเป็นลักษณะที่มี heritability ต่ำกว่าลักษณะอื่นเนื่องจากถูกควบคุมด้วยยีนหลายตัว (polygene) ซึ่งได้รับผลกระทบจากสิ่งแวดล้อมสูง ลักษณะน้ำหนักเมล็ดและผลผลิตของ winter wheat ที่ทำการ

ศึกษาจาก F_2 เป็นต้นไป มีค่า h^2 ต่ำกว่าลักษณะความสูง วันสุกแก่และจำนวนช่อดอก (Santiago and Patterson, 1968)

co-heritability; co - h^2 เป็นการศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรมซึ่งแสดงออกในรูปความแปรปรวนของลักษณะ ทางสัณฐานวิทยาร่วมกันของสองลักษณะ เพื่อดูว่าลักษณะ 2 ลักษณะนั้นมีการถ่ายทอดไปพร้อมกันหรือไม่ โดยในการศึกษาที่ได้ค่า co - h^2 สูงแสดงว่า 2 ลักษณะนั้นมีการถ่ายทอดร่วมกันไปในชั่วต่อไป และการที่ได้ค่า co - h^2 สูงแต่มีค่าเป็นลบแสดงว่า ลักษณะ 2 ลักษณะมีการถ่ายทอดอย่างเป็นอิสระต่อกันในชั่วต่อไป (Rao *et al.*, 1997) เป็นอีกวิธีการศึกษาที่จะช่วยในการตัดสินใจในการคัดเลือกลักษณะหนึ่งเพื่อเพิ่มอีกลักษณะหนึ่งเพราะเป็นค่าที่บอกได้ว่าสองลักษณะที่ศึกษามีความการส่งเสริมกันหรือไม่ โดยการที่ได้ค่า co-heritability เป็น high possitive แสดงว่า 2 ลักษณะมีการถ่ายทอดไปด้วยกันและส่งเสริมกันหรือไม่

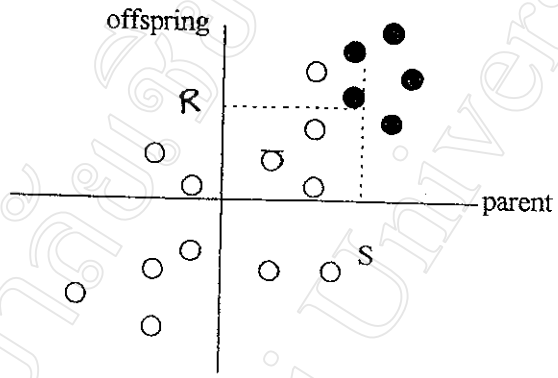
ในการศึกษาในถั่วเขียวชั่วที่ 2 พบว่าลักษณะผลผลิตมีค่า h^2 ต่ำคือ 8.6 เปอร์เซนต์ ในขณะที่ชั่วที่เพิ่มขึ้นจะมี ความสามารถในการถ่ายทอดเพิ่มขึ้น โดยในชั่วที่ 3 ค่า h^2 ของผลผลิตเพิ่มเป็น 47 เปอร์เซนต์เมื่อทำการศึกษาแบบ broad sense (Empig *et al.*, 1970) ซึ่งเห็นได้ว่าการที่ค่า h^2 เพิ่มขึ้นตามจำนวนชั่วที่เพิ่มของพืชผสมตัวเองเป็นเพราะการที่พืชมีความเป็นพันธุ์แท้ ที่สูงขึ้นจนทำให้ความแปรปรวนที่เกิดขึ้นเป็นผลของสิ่งแวดล้อมและพันธุกรรมที่เกิดจากการแสดงออกของ gene แบบ additive จึงทำให้การคาดการณ์ในชั่วต่อไปแม่นยำขึ้น แต่การที่จะกำหนดได้ว่าชั่วใดจะมีความเป็นพันธุ์แท้สูงพอที่จะทำการคัดเลือก line ที่ดีเด่นได้ ก็ขึ้นกับวิธีการที่ใช้ในการคัดเลือก Rasmusson and Glass (1967) พบว่าในชั่วที่ 4 สามารถคัดเลือก line ที่ดีได้โดยการทำ yield test ในข้าวบาร์เลย์ ส่วนการคัดในชั่วที่เร็วกว่านี้หรือการทำ Early generation testing ถ้าเป็นการกระทำกับ line ที่เป็น heterogeneous จะทำให้ไม่สามารถคัดลักษณะที่สำคัญ เช่น ผลผลิตได้แม้ว่าจะมีการกำจัดบางสายพันธุ์ในชั่วต้น ๆ ก็ตาม

ในข้าวบาร์เลย์ ลักษณะที่มีค่า heritability ในระดับสูงคือวันออกรวง (heading date) จำนวนรวง (head density) ความขรุขระของหนวด (awn roughness) การต้านทานต่อโรค (disease resistance) ความเต่งเมล็ด (kernel plumpness) และความสูง

ลักษณะที่มีค่า heritability ในระดับต่ำคือ น้ำหนักเมล็ด (kernel weight) ระดับมาตรฐานของน้ำหนักเมล็ดหลังตรวจสอบ (weight uniformity) ความสามารถในการให้ลูก (fertility) น้ำหนักเมล็ดที่วัดเป็นหน่วยบุชเชล (bushel weight) (1 bushel = 2,150.42 ลูกบาศก์นิ้ว ของอเมริกา และเท่ากับ 2,219.36 ลูกบาศก์นิ้ว ของอังกฤษ) และการตั้งตรงของรวง (erectness of head) สำหรับลักษณะของข้าวบาร์เลย์ที่มีค่า heritability หลากหลายคือ diastatic power, เปอร์เซนต์สารสกัด (barley extract) และ nitrogen content ส่วนผลผลิตจะมี h^2 ต่ำ (Brigs, 1978)

การตอบสนองต่อการคัดเลือก (Response of selection)

การตอบสนองต่อการคัดเลือก สามารถนำมาอธิบายการเปลี่ยนแปลงของค่าเฉลี่ยลักษณะที่แสดงออกในรุ่นลูก (phenotypic value of the progeny) จากค่าเฉลี่ยของกลุ่มประชากรพ่อแม่ในชั่วก่อนการคัดเลือก (the parental generation before selection) สามารถใช้ในการเปรียบเทียบความแตกต่างของวิธีการคัดเลือกและทำนายความก้าวหน้าทางพันธุกรรม ดังภาพประกอบ



(Falconer, 1970)

รูปที่ I แสดง phenotypic value ของพ่อแม่และลูก

โดยแกนนอนแสดงค่าของพ่อแม่ (parent) แกนตั้งแสดงค่าของลูก (offspring) จุดตัดแกนตั้งและแกนนอนคือค่า population mean (ค่าเฉลี่ยของประชากร)

ค่า S คือค่าเบี่ยงเบนค่าเฉลี่ยของกลุ่มที่ทำการคัดเลือกจากประชากรพ่อแม่ ก่อนการคัดเลือก (the mean phenotypic value of the individuals selection as parents population mean หรือ selection differential)

ค่า R คือค่าเบี่ยงเบนค่าเฉลี่ยของประชากรลูกหลังการคัดเลือกจากประชากรเดิมก่อนการคัดเลือก (the mean deviation of their offspring from the population mean หรือ response of selection)

จุดที่แสดงเป็นค่า mean value ของพ่อแม่ที่ทำการคัดเลือกกับลูกที่เกิดจากการคัดเลือก ค่า regression coefficient of offspring on parent คือ R/S ดังนั้น

$$R = b_{op}.S$$

เมื่อ b คือ regression coefficient ของลูกบนค่าเฉลี่ยพ่อแม่ (mid parent) หรือเท่ากับ h^2 ดังนั้น

$$R = h^2.S$$

ซึ่งในการเปรียบเทียบระหว่างประชากรที่มีความแปรปรวน ดังนั้นทางสถิติต้องหาร S ด้วยค่า Standard deviation (σp) เพื่อแสดงความเข้มข้นในการคัดเลือก ดังนั้น

$$R/\sigma p = S/\sigma p.\ h^2$$

$$R = S/\sigma p.\ h^2\ \sigma p \qquad \text{และ } S/\sigma p = i$$

เมื่อค่า K คือค่ามาตราฐานเทียบกับ intensity of selection (i) ดูตารางผนวกที่ 1 ประกอบ

$$R = i.\ \sigma p.\ h^2$$

(Falconer, 1970)

การเพิ่ม i ทำได้โดยการลดขนาด selection individual ซึ่งขนาดของ population size ที่ลดลงนี้ต้องพิจารณาร่วมกับชั่วที่จะทำการคัดเลือกเนื่องจากเป็นการคัดเลือกในชั่วที่มีการรวมตัวกันใหม่ของ gene (recombination generation) ขนาดประชากรลูกต้องไม่ทำให้เกิดการตรึง (fixed) ของ gene ที่ไม่ต้องการ

จำนวนต้นหรือกลุ่มที่ทำการคัดเลือก (selection unit) ต้องมีความสัมพันธ์กับความยาวนานของระยะเวลาในการคัดเลือก (selection programme) (Hayward and Breese, 1993) Rawlings (1980) ได้เสนอแนะหากทำการคัดเลือกเป็นระยะเวลานานหลายชั่วควรทำการคัดเลือกที่ 20 - 30 เปอร์เซนต์