บทที่ 3
การพัฒนาประชากรพื้นฐานและสายพันธุ์แท้ให้ต้านทานต่อโรคไวรัส

บทนำ

ประชากรพื้นฐานคือ ประชากรที่ใช้เริ่มต้นสำหรับการคัดเลือกพันธุ์ ประชากรที่ใช้จะต้องมีคุณสมบัติที่สำคัญ คือ มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะที่ต้องการคัดเลือกมากพอที่จะทำให้การคัดเลือกประสบผลสำเร็จ กล่าวคือ มีลักษณะที่แตกต่างกันหลายลักษณะหรือหลายยีโนไทป์ (Genotype) และลักษณะที่แตกต่างกันนั้นต้องเป็นความแตกต่างอันเนื่องมาจากพันธุกรรมไม่ใช่สภาพแวดล้อม เพราะความแตกต่างอันเนื่องมาจากสภาพแวดล้อมไม่สามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นต่อ ๆ ไปได้ ถ้าประชากรที่จะนำมาคัดเลือกมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมอยู่แล้ว สามารถนำมาใช้เป็นประชากรพื้นฐานได้เลย แต่ถ้าประชากรนั้นไม่มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมหรือมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมน้อย ก็จำเป็นที่จะต้องสร้างความแปรปรวนทางพันธุกรรมขึ้นโดยใช้วิธีการผสมพันธุ์หรือชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ แหล่งที่มาของประชากรพื้นฐานอาจได้จากพันธุ์พื้นบ้านหรือพันธุ์ท้องถิ่นซึ่งเป็นพันธุ์ที่สามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดีอยู่แล้ว พันธุ์ลูกผสม หรือได้จากพันธุ์หรือสายพันธุ์ที่อยู่ระหว่างการปรับปรุงพันธุ์ (กมล, 2531)

Florell (1929) อ้างโดย กฤษฎา (2546) เสนอแนวความคิดของวิธีการปรับปรุงพันธุ์แบบเก็บรวมโดยไม่มีการคัดเลือก (Bulk population method) โดยหลักการของการเก็บรวมเพื่อให้พืชส่วนใหญ่มีความคงตัวทางพันธุกรรม โดยปล่อยให้ธรรมชาติเป็นผู้คัดเลือก แต่จะพบปัญหาการแข่งขันระหว่างพันธุกรรมที่ต่างกัน ทำให้พืชที่มีการแข่งขันต่ำแต่ผลผลิตสูงในสภาพพันธุกรรมเดี่ยวอาจสูญหายได้ ดังนั้นนักปรับปรุงพันธุ์จึงเข้าไปแทรกแซงธรรมชาติโดยการคัดรวมก่อนปลูกรุ่นต่อรุ่นหรือก่อนที่พืชเข้าสู่ความคงตัวทางพันธุกรรม เพื่อป้องกันการสูญหายของพืชบางสายพันธุ์ สำหรับวิธีการเก็บรวมเป็นการเก็บเมล็ดทั้งหมดจากประชากร และสุ่มเมล็ดจำนวนหนึ่งเพื่อปลูกต่อไป การสุ่มแต่ละครั้งทำให้ได้พืชส่วนใหญ่ใกล้เคียงกับค่าเฉลี่ยของประชากร แต่ค่าเฉลี่ยของประชากรจะสูงขึ้นเรื่อย ๆ เนื่องจากการคัดเลือกโดยธรรมชาติ Tee and Qualset (1975) เปรียบเทียบวิธีการเก็บรวมแบบเมล็ดต่อต้น (Bulk Single Seed Descent, BSSD) และวิธีเก็บรวม (Bulk Population, BP) โดยใช้ข้าวสาลีเป็นพืชทดลอง วิธีแรก เก็บเมล็ด 1 เมล็ดจากแต่ละต้นแล้วนำมารวมกัน ทำซ้ำไปในแต่ละรุ่น และวิธีที่ 2 ใช้การเก็บเมล็ดทั้งหมด และสุ่มตัวอย่างออกมาเพื่อปลูกในแต่ละรุ่น พบว่า วิธีการทั้งสองให้ประสิทธิภาพเท่าเทียมกัน เพราะ

สถาบันวิจัยเกษตร

วิธีการสุ่มเมล็ดเพื่อปลูกในแต่ละรุ่นของทั้งสองวิธี มีข้อดีและข้อเสียที่หักล้างกันพอดี วิธีการเก็บรวมแบบเมล็ดต่อต้น เป็นการสุ่มเก็บเมล็ดเพียง 1 เมล็ดต่อต้น ในการปลูกแต่ละครั้งเสี่ยงต่อการสูญหายของสายพันธุ์เนื่องจากเมล็ดไม่งอก สำหรับวิธีเก็บรวมตามปกติทำให้มีเมล็ดจำนวนมากจำเป็นต้องสุ่มเมล็ดออกมาปลูก ซึ่งก็เสี่ยงต่อการสูญหายของบางสายพันธุ์เช่นกัน ทำให้ทั้งสองวิธีเข้าหาจุดสมดุลเดียวกัน Haddid and Muehlbauer (1981) เสนอให้เก็บ 2 เมล็ดต่อต้นในครั้งแรกและเก็บเพียง 1 เมล็ดในรุ่นหลัง ๆ เพื่อลดปัญหาการสูญหายของสายพันธุ์ในวิธีการเก็บรวมแบบเมล็ดต่อต้น

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

อุปกรณ์และวิธีการ

3.1 อุปกรณ์

1. เมล็ดพันธุ์แตงกวา

1.1 ประชากรที่ 1 แตงกวาประชากร 615 จำนวน 247 สายพันธุ์ (ตารางที่ 1) คัดเลือกข้อมูลไวรัส ระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2550 ถึง เมษายน พ.ศ. 2551 โดยคัดเลือกสายพันธุ์แตงกวาต้านทานต่อโรคไวรัสที่ค่าเฉลี่ยเท่ากับหรือน้อยกว่าร้อยละ 10

ตารางที่ 1 แหล่งที่มาของประชากร 615 จำนวน 247 สายพันธุ์ คัดเลือกจากค่าเฉลี่ยโรคไวรัสเท่ากับหรือน้อยกว่าร้อยละ 10 จำนวน 24 ประเทศ

ลำดับ	แหล่งที่มา	จำนวนสายพันธุ์	ลำดับ	แหล่งที่มา	จำนวนสายพันธุ์
1	Bhutan	1	13	Netherlands	2
2	Canada	1	14	Pakistan	3
3	China	62	15	Philippines	3
4	Denmark	1	16	Puerto Rico	1
5	Former Soviet Union	4	17	Russian Federation	3
6	Hungary	2	18	Spain	4
7	India	16	19	Syria	1
8	Japan	18	20	Taiwan	6
9	Kenya	1	21	Thailand	97
10	Korea, South	9	22	Turkey	3
11	Macedonia	1	23	United States	4
12	Malaysia	2	24	Yugoslavia	2

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

1.2 ประชากรที่ 2 แตงกวาประชากร 135 จำนวน 22 สายพันธุ์ (ตารางที่ 2) คัดเลือกข้อมูลไวรัส ระหว่างเดือนกันยายน พ.ศ. 2550 ถึง มกราคม พ.ศ. 2551 โดยเลือกสายพันธุ์แตงกวาต้านทานต่อโรคไวรัสที่ค่าเฉลี่ยเท่ากับหรือน้อยกว่าร้อยละ 10

ตารางที่ 2 แหล่งที่มาของประชากร 135 จำนวน 22 สายพันธุ์ คัดเลือกจากค่าเฉลี่ยโรคไวรัสเท่ากับหรือน้อยกว่าร้อยละ 10 จำนวน จาก 3 ประชากร คือ ประชากรดั้งเดิม ประชากรพื้นฐานรอบที่ 3 และสายพันธุ์ผสมตัวเองชั่วที่ 1

ลำดับ	รหัส 135	สายพันธุ์	พันธุประวัติ	ลำดับ	รหัส 135	สายพันธุ์	พันธุประวัติ
1	22	PI483339	S_1	12	55	CSL 0087	S_1
2	26	CSL 0006	S_1	13	56	CSL 0088	S_1
3	36	CSL 0021	S_1	14	57	CSL 0091	S_1
4	41	CSL 0038	S_1	15	61	CSL 0115	C_0
5	42	CSL 0039	S_1	16	62	CSL 0116	S_1
6	43	CSL 0044	S_1	17	63	CSL 0118	S_1
7	48	CSL 0057	S_1	18	68	CSL 0123	S_1
8	50	CSL 0065	S_1	19	77	CSL 0091	C_3
9	52	CSL 0076	S_1	20	83	PI 432893	C_3
10	53	CSL 0080	S_1	21	84	PI 489752	C_3
11	54	CSL 0085	S_1	22	85	PI 508460	C_3

หมายเหตุ C_0 ประชากรดั้งเดิม

C_3 ประชากรพื้นฐานรอบที่ 3

S_1 สายพันธุ์ผสมตัวเองชั่วที่ 1

สถาบันวิทยบริการ

1.3 พันธุ์การค้า 11 สายพันธุ์ (ตารางที่ 3)

ตารางที่ 3 แหล่งที่มาของพันธุ์การค้าจำนวน 11 สายพันธุ์ จากประเทศจีนและประเทศไทย

ลำดับ	ชื่อ	ประเทศ
1	Guangzhou LvBa Seeds	จีน
2	GAA	จีน
3	Xin yue	จีน
4	yuyi seeds	จีน
5	Liao ning nong Feng	จีน
6	การค้า 1	ไทย
7	การค้า 2	ไทย
8	การค้า 3	ไทย
9	การค้า 4	ไทย
10	การค้า 5	ไทย
11	การค้า 6	ไทย

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

2. อุปกรณ์ผสมเกสร ได้แก่ ปลอกพลาสติกสีแดง ลวดหนีบดอก ยางวง และ แอลกอฮอล์

3. ปุ๋ยเคมี ได้แก่ สูตร 46-0-0 และ 15-15-15

4. ปุ๋ยหมัก

5. อุปกรณ์อื่น ๆ ได้แก่ ถุงตาข่ายสำหรับตากเมล็ด และถุงพลาสติกสำหรับใส่เมล็ดพันธุ์

3.2 วิธีการทดลอง

การทดลองที่ 1 การสร้างประชากรพื้นฐาน (Base population)

การสร้างประชากรพื้นฐาน 615 และ 135 ดำเนินการระหว่างเดือนพฤศจิกายน พ.ศ. 2551 ถึง ธันวาคม พ.ศ. 2552 แบ่งเมล็ดพันธุ์สำหรับปลูกแยกเป็นแปลงพ่อ โดยนำเมล็ดจากทุกสายพันธุ์ ๆ ละเท่า ๆ กันมารวมกัน ส่วนแปลงแม่แยกปลูกเป็นแต่ละสายพันธุ์

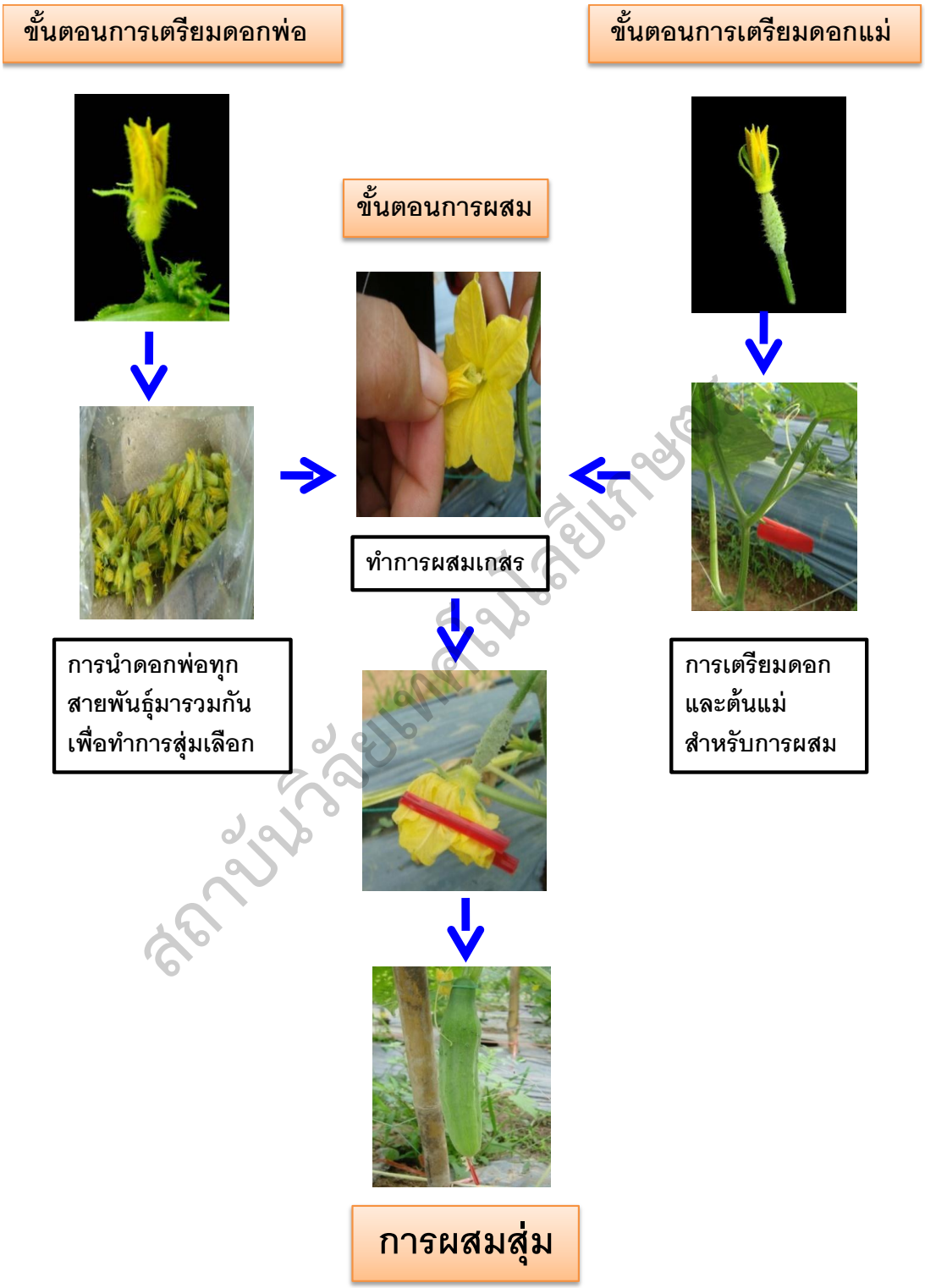
การผสมพันธุ์ ใช้วิธีการเก็บดอกพ่อรวม และผสมแบบสุ่มตามขั้นตอนต่อไปนี้

1. การเตรียมดอกพ่อ เก็บดอกพ่อจากแปลงพ่อในระยะก่อนดอกบาน 1 วัน รวมกันใส่ถุงหรือกล่องพลาสติก พรมน้ำแล้วปิดด้วยผ้าชุบน้ำ และเก็บไว้ที่อุณหภูมิห้อง

2. การเตรียมดอกแม่ เลือกดอกแม่ในระยะก่อนดอกบาน 1 วัน ใช้ปลอกสีแดงครอบไว้เพื่อรอการผสมเกสรในวันรุ่งขึ้น

3. วิธีการผสมนำดอกพ่อที่เก็บรวมกันไว้มาผสมสุ่มกับดอกแม่ นำดอกพ่อที่พร้อมผสมเกสรซึ่งสังเกตได้จากอับเรณูจะแตกละอองเรณูลักษณะเป็นผงฝุ่นสีเหลืองออกมา นำไปแตะบริเวณเกสรเพศเมียในดอกแม่ให้ทั่ว จากนั้นหนีบดอกแม่ด้วยลวด และคล้องด้วยยางวงคล้องเพื่อเป็นสัญลักษณ์ว่าผสมเกสรแล้ว และเก็บเมล็ดรวมรายต้นในพันธุ์เดียวกันแล้วนำไปปลูกต่อในรุ่นต่อ โดยเลือกจากค่าเฉลี่ยรายต้นของแต่ละประชากร (ภาพที่ 5)

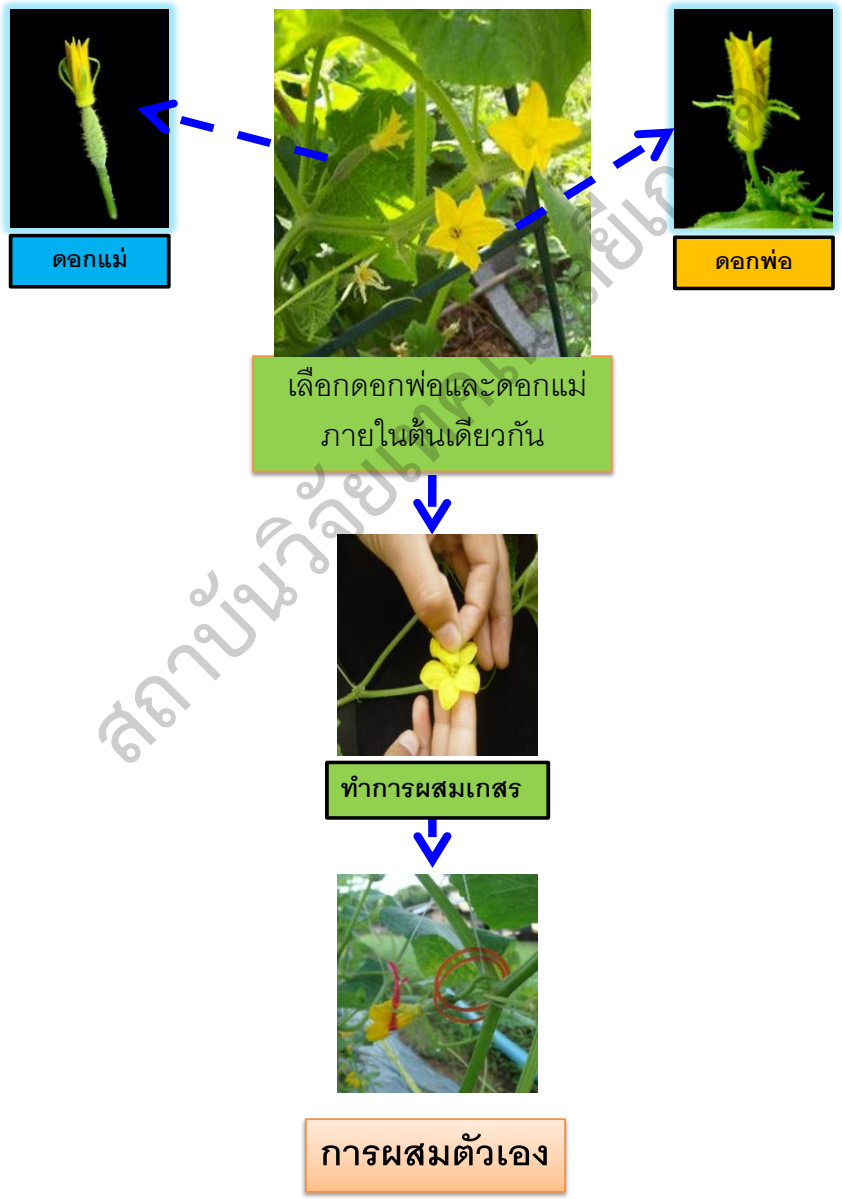
สถาบันวิจัยพืชไร่เกษตร



ภาพที่ 5 แสดงขั้นตอนการผสมสุ่ม

การทดลองที่ 2 การสกัดสายพันธุ์แท้ (Inbred line selection)

การสกัดสายพันธุ์แท้ ใช้ประชากรเดียวกับการสร้างประชากรพื้นฐาน ดำเนินการระหว่างเดือนพฤศจิกายน พ.ศ. 2551 ถึง มีนาคม พ.ศ. 2553 โดยวิธีการคัดเลือกต้นที่ต้านทานต่อโรคไวรัสและให้ผลผลิตสูงโดยพิจารณาจากการแสดงดอกเพศเมียมาก เลือกดอกผู้และดอกเมียในระยะก่อนดอกบาน 1 วัน ครอบด้วยปลอกสีแดงและทำการผสมตัวเอง (self) หรือผสมระหว่างพี่น้อง (sib) ใช้ยางรัดคล้องดอกไว้เพื่อเป็นสัญลักษณ์ว่าผสมเกสรแล้ว และเก็บเมล็ดแยกรายต้นและนำไปปลูกในรุ่นต่อไป (ภาพที่ 6)



ภาพที่ 6 แสดงขั้นตอนการผสมตัวเองหรือผสมระหว่างพี่น้อง

3.3 การเขตกรรม

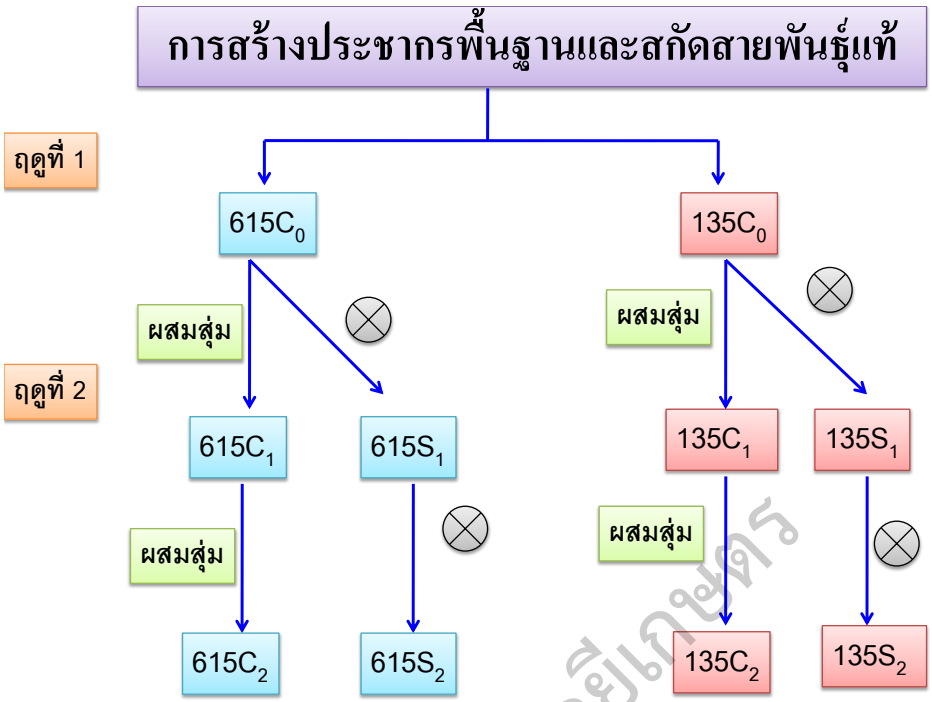
1. การเตรียมแปลงกว้าง 1.2 เมตร สูง 30 เซนติเมตร ร่องน้ำกว้าง 50 เซนติเมตร ใส่ปุ๋ยรองพื้นและปุ๋ยเคมี สูตร 15-15-15 อัตรา 50 กิโลกรัมต่อไร่ คลุมแปลงด้วยพลาสติกดำและเจาะหลุมปลูกสับหว่าง โดยระยะระหว่างหลุม 50 เซนติเมตร และระยะระหว่างแถว 80 เซนติเมตร

2. การดูแลรักษา หลังย้ายปลูก 10-15 วันทำการปักค้างแบบ 2 เสา ขึงด้านข้างด้วยตาข่ายหลังจากย้ายปลูก 10 และ 20 วัน ใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 46-0-0 ร่วมกับ 15-15-15 อัตรา 25 กิโลกรัมต่อไร่ ตัดแต่งแขนงและปลิดผลภายใน 5 ข้อแรกออกโดยให้ติดผลและแตกกิ่งแขนงตั้งแต่ข้อที่ 6 เป็นต้นไป และตัดแต่งกิ่งแขนงให้มีจำนวน 2 ข้อหรือ 2 ใบ ให้น้ำด้วยระบบน้ำหยด (ภาพที่ 7)

3. การเก็บเกี่ยวประมาณ 30-40 วันหลังจากการผสมเกสร

4. แผนการดำเนินงาน (ภาพที่ 8)

ภาพที่ 7 แสดงวิธีการเขตกรรม



ภาพที่ 8 แผนผังแสดงขั้นตอนการสร้างประชากรพื้นฐานและสกัดสายพันธุ์แท้ประชากร 615 และ 135

3.4 การบันทึกข้อมูล

1. ระดับของความรุนแรงของโรคไวรัสในสภาพธรรมชาติ (ร้อยละ)

1.1 การประเมินระดับความเป็นโรคไวรัสในสภาพธรรมชาติ

เกณฑ์การประเมินระดับความต้านทานของแตงกวาต่อเชื้อไวรัสที่กำหนดจากค่า % Disease Index, DI (รัชนี, 2552)

$$\frac{\text{จำนวนต้นที่แสดงลักษณะเป็นโรคไวรัส}}{\text{จำนวนต้นทั้งหมด (ในแต่ละสายพันธุ์)}} \times 100$$

0-20 % DI = ต้านทาน (Resistant, R)

21-40 % DI = ต้านทานปานกลาง (Moderate resistant, MR)

41-60 % DI = อ่อนแอปานกลาง (Moderate susceptible, MS)

61-80 % DI = อ่อนแอ (Susceptible, S)

81-100 % DI = อ่อนแอมาก (Highly susceptible, HS)

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

2. การแสดงเพศดอก (ร้อยละ) แยกเป็น 5 ลักษณะดังนี้

โดยคำนวณจาก จำนวนต้นที่แสดงเพศแต่ละลักษณะจากจำนวนต้นที่ปลูกทั้งหมดในแต่ละสายพันธุ์ ดังนี้

$$\frac{\text{จำนวนต้นที่แสดงเพศดอกแต่ละลักษณะ}}{\text{จำนวนต้นทั้งหมด (ในแต่ละสายพันธุ์)}} \times 100$$

2.1 ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมีย (gynoecious, g)

2.2 ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไป (quasi-gynoecious, qg)

2.3 ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกัน (monoecious, m)

2.4 ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้ (androecious, a)

2.5 ต้นที่มีดอกสมบูรณ์เพศ (hermaphrodite, h)

3.5 การวิเคราะห์ทางสถิติ

วิเคราะห์ความสมดุลของประชากร 615 และ 135 ในลักษณะความต้านทานไวรัสในสภาพธรรมชาติโดยใช้ Chi-square test

$$X^2 = \frac{(O - E)^2}{E}$$

X^2 = ค่า Chi-square test

O = ความถี่ของค่าสังเกต

E = ความถี่ของค่าคาดหวัง

3.6 สถานที่ทำการทดลอง

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนา จ. ลำปาง

3.7 ระยะเวลาในการทดลอง

เดือนพฤศจิกายน พ.ศ. 2551 ถึง มีนาคม พ.ศ. 2553

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

ผลการทดลอง

การทดลองที่ 1 การสร้างประชากรพื้นฐาน (Base population)

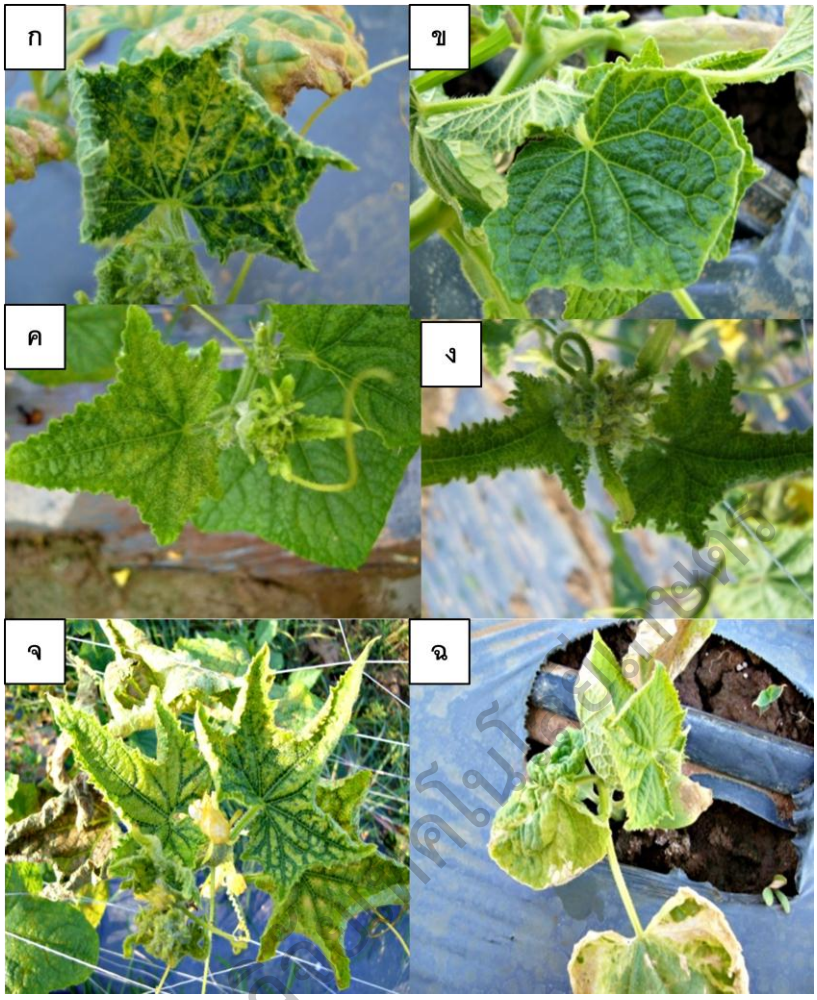
1. การสร้างประชากรพื้นฐานให้ต้านทานต่อโรคไวรัส

1.1 ผลการประเมินระดับความเป็นโรคไวรัสในสภาพธรรมชาติของประชากรพื้นฐาน

จากการศึกษาลักษณะของโรคที่เกิดจากเชื้อไวรัสในสภาพธรรมชาติโดยประเมินด้วยสายตา พบว่า ลักษณะอาการที่พบมีลักษณะแตกต่างกันไป เช่น อาการด่างแบบเห็นขอบเขตชัดเจน (Mosaic) ด่างแบบไม่เห็นขอบเขตชัดเจน (Mottle) ใบผิดรูปร่าง (Malformation) ใบเหลือง (Yellows) นอกจากนี้ยังพบอาการที่แสดงออกร่วมกัน โดยกรณีที่มีอาการรุนแรงพืชจะมีอาการต้นเล็กแคระแกร็น (ภาพที่ 9)

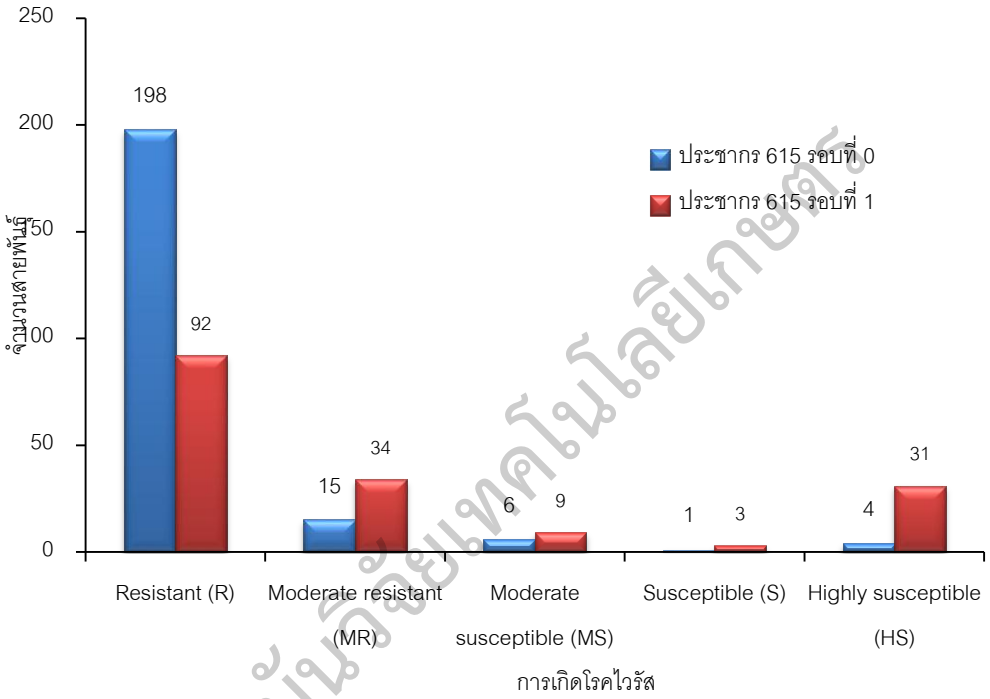
ในประชากร 615 รอบที่ 0 ผลการประเมินลักษณะความต้านทานต่อไวรัสในสภาพธรรมชาติ ตามเกณฑ์การประเมินระดับความต้านทานของแตงกวาต่อเชื้อไวรัสที่กำหนดจากค่า Disease Index (DI %) สามารถแบ่งได้ 5 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทาน (Resistant, R) จำนวน 198 ประชากร กลุ่มต้านทานปานกลาง (Moderate resistant, MR) จำนวน 15 ประชากร กลุ่มอ่อนแอปานกลาง (Moderate susceptible, MS) จำนวน 6 ประชากร กลุ่มอ่อนแอ (Susceptible, S) จำนวน 1 ประชากร และกลุ่มอ่อนแอมาก (Highly susceptible, HS) จำนวน 4 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 7.8 เมื่อเทียบกับพันธุ์การค้า แบ่งได้ 2 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทาน (Resistant, R) จำนวน 4 ประชากร และกลุ่มต้านทานปานกลาง (Moderate resistant, MR) จำนวน 3 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 16.9 ตามลำดับ (ภาพที่ 10 และตารางผนวกที่ 2)

สถาบันวิทยบริการ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



ภาพที่ 9 ลักษณะของโรคที่เกิดจากเชื้อไวรัสในสภาพธรรมชาติของประชากร 615 และ 135
(ก) ใบแตงกวาที่แสดงอาการ Mosaic ในสายพันธุ์ 476 ของประชากร 615 ชั่วที่ 0
(ข) ใบแตงกวาที่แสดงอาการ Mosaic ในสายพันธุ์ 486 ของประชากร 615 รอบที่ 0
(ค) ใบแตงกวาที่แสดงอาการ Mottle ในสายพันธุ์ 84 ของประชากร 135 รอบที่ 1
(ง) ใบแตงกวาที่แสดงอาการ Malformation ในสายพันธุ์ 22 ของประชากร 135 รอบที่ 0
(จ) ใบแตงกวาที่แสดงอาการ Yellows ในสายพันธุ์ 137 ของประชากร 615 ชั่วที่ 0
(ฉ) ลักษณะอาการต้นเล็ก แคระแกร็น ในสายพันธุ์ 14 ของประชากร 615 รอบที่ 0

สำหรับประชากร 615 รอบที่ 1 สามารถแบ่งได้ 5 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 92 ประชากร กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 34 ประชากร กลุ่มอ่อนแอปานกลางจำนวน 9 ประชากร กลุ่มอ่อนแอจำนวน 3 ประชากร และกลุ่มอ่อนแอมากจำนวน 31 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 30.4 เมื่อเทียบกับพันธุ์การค้า สามารถแบ่งได้ 1 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 7 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.6 ตามลำดับ (ภาพที่ 10 และตารางผนวกที่ 3)

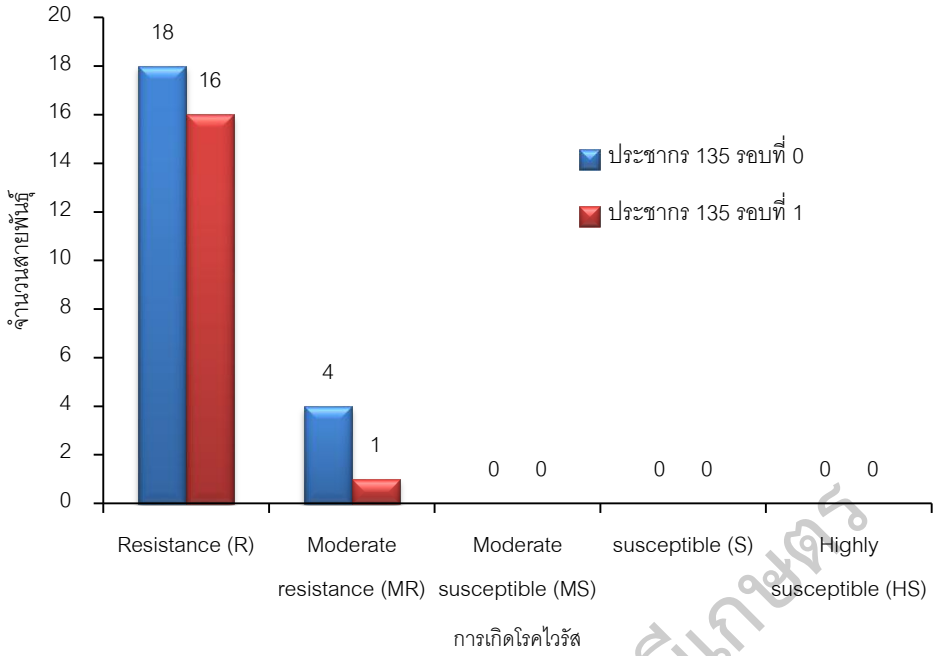


ภาพที่ 10 แสดงการเกิดโรคไวรัสประชากร 615 รอบที่ 0 และ รอบที่ 1 ในการสร้างประชากรพื้นฐาน

สำหรับประชากร 135 รอบที่ 0 สามารถแบ่งได้ 2 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 18 ประชากร และกลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 4 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับร้อยละ 8.5 เมื่อเทียบกับพันธุ์การค้า สามารถแบ่งได้ 1 กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 1 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับร้อยละ 50.0 ตามลำดับ (ภาพที่ 11 และตารางผนวกที่ 4)

ในประชากร 135 รอบที่ 1 สามารถแบ่งได้ 2 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 16 ประชากร และกลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 1 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 1.7 เมื่อเทียบกับพันธุ์การค้า สามารถแบ่งได้ 1 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 7 ประชากร โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.6 (ภาพที่ 11 และตารางผนวกที่ 5)

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร



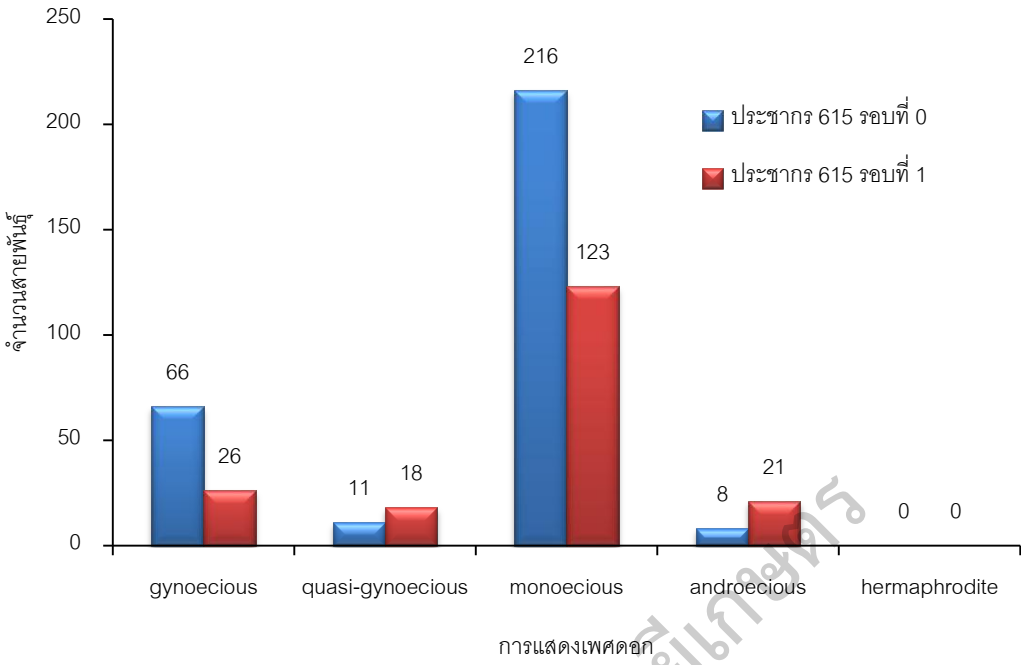
ภาพที่ 11 แสดงการเกิดโรคไวรัสประชากร 135 รอบที่ 0 และ รอบที่ 1 ในการสร้างประชากรพื้นฐาน

1.2 ผลการศึกษาลักษณะการแสดงเพศดอกของประชากรพื้นฐาน

ในประชากร 615 รอบที่ 0 พบว่า ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมีย (Gynoecious) จำนวน 66 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไป (Quasi-gynoecious) จำนวน 11 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกัน (Monoecious) จำนวน 216 ประชากร ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้ (Androecious) จำนวน 8 ประชากร และต้นที่มีดอกสมบูรณ์เพศ (Hermaphrodite) จำนวน 0 ประชากร ตามลำดับ (ภาพที่ 10 และตารางผนวกที่ 2)

สำหรับประชากร 615 รอบที่ 1 พบว่า ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 26 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 18 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 123 ประชากร ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 21 ประชากร และต้นที่มีดอกสมบูรณ์เพศจำนวน 0 ประชากร ตามลำดับ (ภาพที่ 12 และตารางผนวกที่ 3)

สถาบันวิทยบริการเทคโนโลยีเกษตร

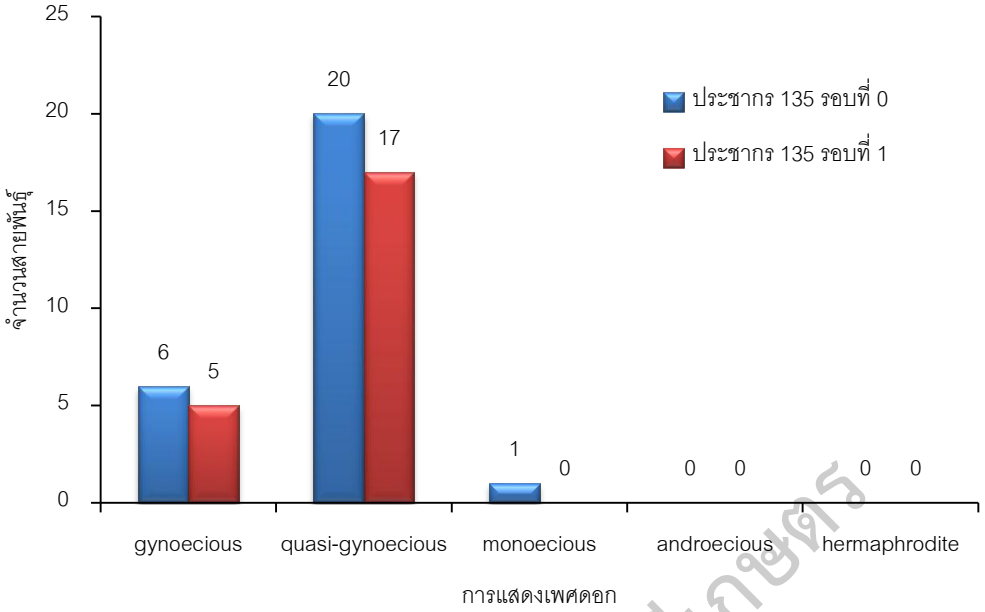


ภาพที่ 12 การแสดงเพศดอกประชากร 615 รอบที่ 0 และ รอบที่ 1 ในการสร้างประชากรพื้นฐาน

ในประชากร 135 รอบที่ 0 พบว่า ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 6 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 20 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 1 ประชากร ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 0 ประชากร และต้นที่มีดอกสมบูรณ์เพศจำนวน 0 ประชากร ตามลำดับ (ภาพที่ 13 และตารางผนวกที่ 4)

ประชากร 135 รอบที่ 1 พบว่า ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 5 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 17 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 0 ประชากร ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 0 ประชากร และต้นที่มีดอกสมบูรณ์เพศจำนวน 0 ประชากร ตามลำดับ (ภาพที่ 13 และตารางผนวกที่ 5)

สถาบันวิจัยพืชไร่เกษตร



ภาพที่ 13 การแสดงเพศดอกประชากร 135 รอบที่ 0 และ รอบที่ 1 ในการสร้างประชากรพื้นฐาน

1.3 ผลการวิเคราะห์ความสมดุลของประชากร 615 และ 135 ในลักษณะความต้านทานไวรัสในสภาพธรรมชาติโดยใช้ Chi-square test

ประชากร 615 รอบที่ 0 มีค่า Chi-square เท่ากับ 5.6 และมีค่า Probability อยู่ระหว่าง 0.05-0.1 (ที่ df = 2 และมีค่า P-value ที่ P-value 0.01 เท่ากับ 9.21 และ P-value 0.05 เท่ากับ 5.99) ซึ่งเป็นค่าที่น้อยกว่าค่า critical สามารถพิสูจน์ได้ว่าค่าสังเกตไม่แตกต่างจากค่าคาดคะเน แสดงว่า ค่าสังเกตของลักษณะต้านทานไวรัสในสภาพธรรมชาติของประชากร 615 รอบที่ 0 อยู่ในสภาพสมดุลตามทฤษฎีของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก สำหรับในประชากร 615 รอบที่ 1 ค่า Chi-square เท่ากับ 0.7 และมีค่า Probability อยู่ระหว่าง 0.6-0.7 ซึ่งเป็นค่าที่น้อยกว่าค่า critical สามารถพิสูจน์ได้ว่าค่าสังเกตไม่แตกต่างจากค่าคาดคะเน แสดงว่า ค่าสังเกตของลักษณะต้านทานไวรัสในสภาพธรรมชาติของประชากร 615 รอบที่ 1 อยู่ในสภาพสมดุลตามทฤษฎีของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (ตารางที่ 4 และตารางผนวกที่ 7-8)

ประชากร 135 รอบที่ 0 ค่า Chi-square เท่ากับ 0.02 และมีค่า Probability เท่ากับ 0.99 (ที่ df = 2 และมีค่า P-value ที่ P-value0.01 = 9.21 และ P-value 0.05 = 5.99) ซึ่งเป็นค่าที่น้อยกว่าค่า critical สามารถพิสูจน์ได้ว่าค่าสังเกตไม่แตกต่างจากค่าคาดคะเน สำหรับประชากร 135 รอบที่ 1 ค่า Chi-square เท่ากับ 1.36 และมีค่า Probability อยู่ระหว่าง 0.5-0.6 ซึ่งเป็นค่าที่น้อยกว่าค่า critical เช่นเดียวกัน จึงสามารถพิสูจน์ได้ว่าค่าสังเกตไม่แตกต่างจาก

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ค่าคาดคะเน แสดงว่า ค่าสังเกตของลักษณะต้านทานไวรัสในสภาพธรรมชาติของประชากร 135 รอบที่ 0 และ 135 รอบที่ 1 อยู่ในสภาพสมดุลตามทฤษฎีของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (ตารางที่ 4 และตารางผนวกที่ 9-10)

ตารางที่ 4 การวิเคราะห์ประชากรสมดุลในลักษณะต้านทานโรคไวรัสในสภาพธรรมชาติโดยทดสอบค่า Chi-square ของประชากร 615 และ 135

ประชากร		จีโนไทพ์			ความถี่ยีน		X^2	Probability
		A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	A_1	A_2		
615 รอบที่ 0	ค่าสังเกต	177	36	7	0.88	0.12	5.6	0.1-0.05
	ค่าคาดคะเน	170.36	41.36	3.16				
615 รอบที่ 1	ค่าสังเกต	59	79	31	0.6	0.4	0.7	0.6-0.7
	ค่าคาดคะเน	60.84	81.13	27.04				
135 รอบที่ 0	ค่าสังเกต	22	1	0	0.975	0.025	0.02	0.99
	ค่าคาดคะเน	21.86	1.12	0.01				
135 รอบที่ 1	ค่าสังเกต	13	9	0	0.795	0.250	1.36	0.5-0.6
	ค่าคาดคะเน	13.9	8.7	1.3				

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

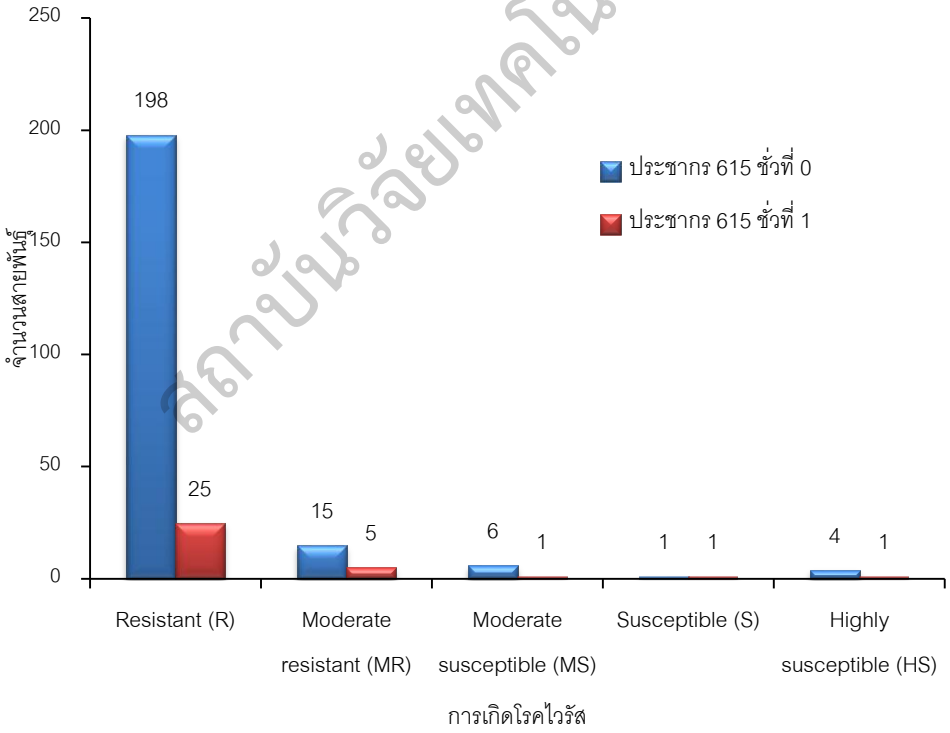
การทดลองที่ 2 การสกัดสายพันธุ์แท้ (Inbred Line Selection)

2. การสกัดสายพันธุ์แท้ให้ต้านทานโรคไวรัส

2.1 ผลการประเมินระดับความเป็นโรคไวรัสในสภาพธรรมชาติของสายพันธุ์แท้

ประชากร 615 ชั่วที่ 0 สามารถแบ่งได้ 4 กลุ่ม คือ กลุ่มต้านทานจำนวน 198 สายพันธุ์ กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 15 สายพันธุ์ กลุ่มอ่อนแอปานกลางจำนวน 6 สายพันธุ์ กลุ่มอ่อนแอจำนวน 1 สายพันธุ์ และกลุ่มอ่อนแอมากจำนวน 4 สายพันธุ์ โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 7.8 เมื่อเทียบกับพันธุ์การค้า สามารถแบ่งได้ 2 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 4 สายพันธุ์ และกลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 3 สายพันธุ์ โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 16.9 ตามลำดับ (ภาพที่ 14 และตารางผนวก ที่ 2)

ประชากร 615 ชั่วที่ 1 สามารถแบ่งได้ 5 กลุ่ม คือ กลุ่มต้านทานจำนวน 25 สายพันธุ์ กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 5 สายพันธุ์ กลุ่มอ่อนแอปานกลางจำนวน 1 สายพันธุ์ กลุ่มอ่อนแอจำนวน 1 สายพันธุ์ และกลุ่มอ่อนแอมากจำนวน 1 สายพันธุ์ ตามลำดับ (ภาพที่ 14 และตารางผนวกที่ 6)



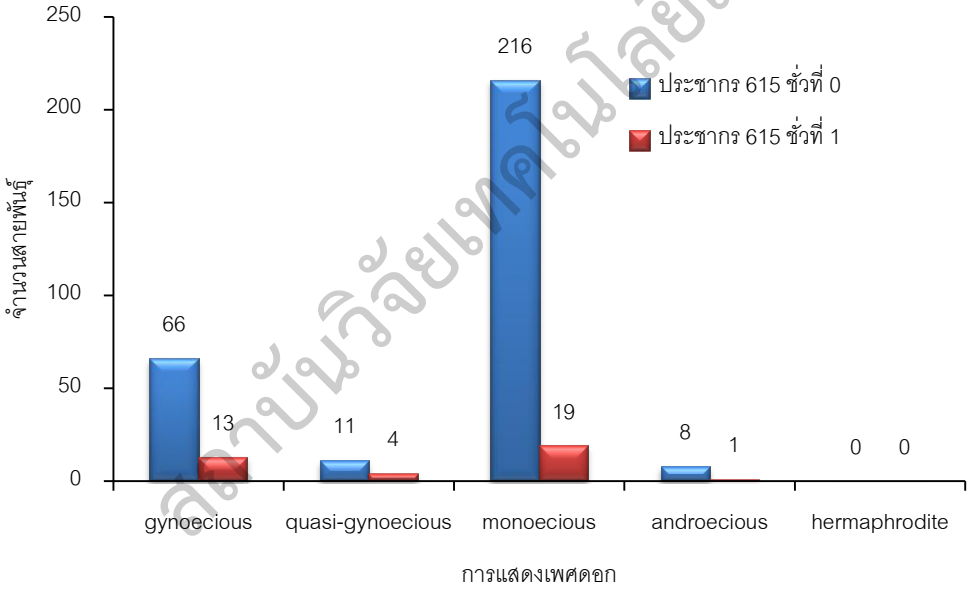
ภาพที่ 14 แสดงการเกิดโรคไวรัสประชากร 615 ชั่วที่ 0 และ ชั่วที่ 1 ในการสกัดสายพันธุ์แท้

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

2.2 ผลการศึกษาลักษณะการแสดงเพศดอกของสายพันธุ์แท้

ประชากร 615 ชั่วที่ 0 พบว่า ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 66 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 11 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 216 สายพันธุ์ ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 8 สายพันธุ์ และต้นที่มีดอกสมบูรณ์เพศจำนวน 0 สายพันธุ์ ตามลำดับ (ภาพที่ 15 และตารางผนวกที่ 2)

ประชากร 615 ชั่วที่ 1 พบว่า ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 13 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 4 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 19 สายพันธุ์ ต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 1 สายพันธุ์ และต้นที่มีดอกสมบูรณ์เพศจำนวน 0 สายพันธุ์ ตามลำดับ (ภาพที่ 15 และตารางผนวกที่ 6)



ภาพที่ 15 การแสดงเพศดอกประชากร 615 ชั่วที่ 0 และ ชั่วที่ 1 ในการสกัดสายพันธุ์แท้

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

ตารางที่ 5 แสดงลักษณะต้านทานโรคไวรัสและการแสดงเพศดอกจำนวน 25 สายพันธุ์

รหัส $165S_0$	สายพันธุ์	ต้นที่	เปอร์เซ็นต์การเกิดโรคไวรัส[1/]	Phenotype	การแสดงเพศดอก (ร้อยละ)[2/]				
					g	qg	m	a	h
119	PI 223841 -	1	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
228	PI 385967 -	5	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
241	PI 390249 -	2	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
244	PI 390252 -	5	0.0	R	25.0	0.0	75.0	0.0	0.0
262	PI 390952 -	#	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
474	CSL 0001 -	#	0.0	R	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0
478	CSL 0005 -	#	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
479	CSL 0006 -	4	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
481	CSL 0008 -	#	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
482	CSL 0009 -	8	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
484	CSL 0011 -	#	0.0	R	0.0	100.0	0.0	0.0	0.0
503	CSL 0030 -	5	0.0	R	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0
512	CSL 0039 -	2	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
524	CSL 0051 -	1	0.0	R	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0
529	CSL 0056 -	3	0.0	R	62.5	0.0	37.5	0.0	0.0
529	CSL 0056 -	9	0.0	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

ตารางที่ 5 (ต่อ)

รหัส $165S_0$	สายพันธุ์		ต้นที่	เปอร์เซ็นต์การเกิดโรคไวรัส[1/]	Phenotype	การแสดงเพศดอก (ร้อยละ)[2/]				
						g	qg	m	a	h
551	CSL 0078	-	4	0.0	R	69.2	30.8	0.0	0.0	0.0
560	CSL 0087	-	2	0.0	R	95.2	4.8	0.0	0.0	0.0
612	CSL 0139	-	#	6.3	R	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0
438	PI 618872	-	6	12.3	R	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
325	PI 432895	-	1	12.5	R	0.0	0.0	75.0	25.0	0.0
579	CSL 0106	-	#	20.0	R	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0
610	CSL 0137	-	#	20.0	R	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0
211	PI 358814	-	1	0.0	R	-	-	-	-	-
272	PI 414159	-	#	0.0	R	-	-	-	-	-
ค่าเฉลี่ย (พันธุ์สายพันธุ์)				15.0		36.1	5.8	57.2	0.9	0.0
ค่าเฉลี่ย (พันธุ์การค้า)				4.7		0.0	0.0	100.0	0.0	0.0

หมายเหตุ [1/]เกณฑ์การประเมินระดับความต้านทานของแตงกวาต่อเชื้อไวรัสที่กำหนดจากค่า Disease Index (DI%)

0-20 % DI = Resistant (R) 21-40 % DI = Moderate resistant (MR) 41-60 % DI = Moderate susceptible (MS)

61-80 % DI = Susceptible (S) 81-100 % DI = Highly susceptible (HS)

[2/]การแสดงเพศดอก

g = Gynoecious qg = Quasi-gynoecious m = Monoecious a = Androecious h = Hermaphordite

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

วิจารณ์

การสร้างประชากรพื้นฐานในการศึกษาครั้งนี้ ใช้วิธีการผสมสุ่มในแต่ละประชากร (Random mating) เพื่อเป็นการรวมยีนหรือจัดเรียงยีนใหม่ (Gene recombination) และเก็บเมล็ดรวมกันในแต่ละประชากร (Bulk population method) เป็นการเปิดโอกาสให้ยีนทุกยีนมีโอกาสพบกันหมดและเก็บเมล็ดทั้งหมดของประชากรรวมรายต้น และสุ่มเมล็ดจำนวนหนึ่งเพื่อไปปลูกต่อ โดยในการสุ่มแต่ละครั้งจะทำให้พืชส่วนใหญ่ใกล้เคียงกับค่าเฉลี่ยของประชากร แต่ค่าเฉลี่ยประชากรจะสูงขึ้นเรื่อย ๆ (กฤษฎา, 2546) เมื่อมีการผสมสุ่มไปเรื่อย ๆ องค์ประกอบทางพันธุกรรมในประชากรจากรุ่นสู่รุ่น ความถี่ยีนจะคงที่ ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในประชากรจะไม่เปลี่ยนแปลง และระดับของ homozygosity และ heterozygosity จะคงเดิมในทุกรุ่น (Allard, 1960)

เนื่องจากยีน A_2 ในประชากร 615 และ 135 รอบที่ 1 เพิ่มขึ้น เนื่องมาจากการอยู่รอดต่ำทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของยีน A_2 ตามที่ ประวิตร (2548) ได้กล่าวว่า ข้อจำกัดในการตรวจสอบสภาพสมดุลคือ ประชากรตัวอย่างต้องมีความสามารถในการอยู่รอดและถ่ายทอดยีนจากชั่วหนึ่งไปอีกชั่วหนึ่ง ในบางกรณีอัตราส่วนของจีโนไทพ์จะไม่คงที่ โดยเฉพาะอย่างยิ่งการที่มีลูกเป็น heterozygotes มากเกินไป เพราะเกิดการคัดทิ้งลูกที่เป็น homozygotes ที่มีการอยู่รอดต่ำกว่า หรือเกิดจากความถี่ของยีนของพ่อแม่ไม่เท่ากันส่งผลให้การคำนวณค่าคาดคะเนของลูกรุ่นต่อไปคลาดเคลื่อนได้

Kang *et al.* (2005) รายงานว่า ยีนควบคุมความต้านทานที่เป็นยีนด้อย ส่วนใหญ่มีต้านทานต่อ Potyvirus เป็นไวรัสกลุ่มใหญ่ที่สุดและทำความเสียหายมากต่อพืชเศรษฐกิจ ความต้านทานต่อเชื้อ Tobamovirus มักจะเป็นลักษณะ monogenic dominant การควบคุมลักษณะความต้านทานต่อเชื้อไวรัสของพืชที่เป็นยีนด้อย ส่วน Brown *et al.* (2003) ได้ศึกษาความต้านทานของสควอชต่อเชื้อไวรัส 4 ชนิดคือ ZYMV, WMV, PRSV-W และ CMV โดยการผสมข้ามระหว่างพันธุ์ต้านทานและพันธุ์อ่อนแอ เมื่อศึกษาความต้านทานต่อเชื้อไวรัสในประชากร F_2 พบว่า ความต้านทานต่อเชื้อ ZYMV, WMV และ CMV มีการกระจายตัวของต้นต้านทานต่อต้นอ่อนแอในอัตราส่วน 3 : 1 แสดงให้เห็นว่าความต้านทานต่อเชื้อไวรัสทั้ง 3 ชนิด ถูกควบคุมด้วยยีนเด่นยีนเดียว ในขณะที่ความต้านทานต่อเชื้อ PRSV มีการกระจายตัวของต้นต้านทานต่อต้นอ่อนแอในอัตราส่วน 1 : 3 เป็นการสนับสนุนทฤษฎีว่าความต้านทานต่อเชื้อ PRSV ถูกควบคุมด้วยยีนด้อยคู่เดียว เช่นเดียวกับ รัชนี (2552) รายงานว่า ลักษณะความต้านทานของแตงสายพันธุ์

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตร

no. 30 ต่อเชื้อ CGMMV ถูกควบคุมด้วยยีนคู่เดี่ยวและเป็นยีนด้อย เนื่องจากไม่ใช้ความต้านทานแบบสมบูรณ์ (Immune) ซึ่งต้นพืชจะไม่แสดงอาการของโรคเลย แต่ระดับความต้านทานเป็นความต้านทานในระดับเซลล์ โดยเชื้อไวรัสจะถูกจำกัดการเคลื่อนที่ ดังนั้นพืชจะยังมีการแสดงอาการของโรคได้ภายหลังการติดเชื้อเป็นระยะเวลานาน

Zheng *et al.* (2005) ศึกษาถึงผลของอุณหภูมิต่อการเกิดโรคจากเชื้อ Soybean mosaic virus (SMV) ในถั่วเหลือง 3 สายพันธุ์ โดยปลูกเชื้อ SMV ให้แก่ต้นพืชและเก็บต้นพืชไว้ที่อุณหภูมิ 10 15 20 25 30 และ 35 องศาเซลเซียส พบว่า อุณหภูมิที่เหมาะสมในการเกิดโรคคือ 25-32 องศาเซลเซียส ถ้าอุณหภูมิต่ำ 10-15 องศาเซลเซียส ทำให้พืชเจริญเติบโตช้าและทำให้การแสดงอาการของโรคช้าด้วยแสดงให้เห็นว่า อุณหภูมิต่ำจะยับยั้งการเพิ่มปริมาณของไวรัส (Virus replication) และการเคลื่อนย้ายของไวรัสภายในต้นพืช ถ้าอุณหภูมิสูง 33-35 องศาเซลเซียส จะมีผลต่อการพัฒนาอาการของโรคโดยพบว่า ถั่วเหลืองแสดงอาการของโรคช้า

Galun (1973) สรุปว่า แตงกวามีการแสดงเพศดอกในแต่ละต้นแตกต่างกันขึ้นอยู่กับปัจจัยที่เกี่ยวกับพันธุกรรมซึ่งมีทั้ง Major gene multiple alleles และ gene for lack of female triggering และปัจจัยที่เกี่ยวกับสภาพแวดล้อม ซึ่งอยู่กับความสั้นยาวของวัน ความเข้มของแสงความชื้น และอุณหภูมิ โดยถ้าเป็นช่วงวันสั้นหรือความเข้มของแสงต่ำ จะชักนำให้เกิดดอกเพศเมียมาก ในขณะที่วันสั้นน้อยกว่า 8 ชั่วโมง หรือความเข้มแสงสูง จะชักนำให้เกิดดอกเพศผู้มาก ส่วนอุณหภูมิต่ำจะชักนำให้เกิดดอกเพศเมียมาก ในขณะที่ส่วนอุณหภูมิสูงจะชักนำให้เกิดดอกเพศผู้มาก เช่นเดียวกับ Cantliffe (1981) ที่กล่าวว่า ช่วงวันสั้นความเข้มของแสงต่ำและอุณหภูมิต่ำ แตงกวาจะสร้างดอกเพศเมียมากกว่า ในขณะที่ช่วงวันยาวความเข้มของแสงสูงและอุณหภูมิสูงจะชักนำให้เกิดดอกเพศผู้ และอุณหภูมิยังมีผลต่อการแสดงเพศดอกมากกว่าความเข้มแสงและช่วงแสง และยีนที่ควบคุมลักษณะ gynoecious และ monoecious มี 3 major gene และในตำแหน่ง acr เป็น multiple alleles ซึ่งสามารถข่มข้ามตำแหน่งได้คือ ตำแหน่ง A และ M โดยที่ aa เป็นยีนด้อยที่ควบคุมการแสดงเพศของดอกเพศผู้และถูกข่มข้ามตำแหน่งได้ง่าย (Baker *et al.*, 1973)

โดยไวรัสที่พบได้แก่โรค Cucumber mosaic virus, CMV ที่แสดงอาการแผลจุด (local lesion) แผลจุดไหม้ (necrotic spot) แผลจุดเหลือง (yellow spot) เส้นใบไหม้ (vein necrosis) ใบด่างเหลือง (yellow mosaic) ใบด่างเขียวเข้มสลับเขียวอ่อน (green mosaic) ใบผิดรูปร่าง (leaf distortion) ใบลีบเรียวเล็กคล้ายใบเฟิร์น (fern leaf) ใบไหม้ (leaf blight) และต้นแคระแกร็น (stunt) (มณีรัตน์, 2547)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Cucumber green mottle mosaic virus, CGMMV อาการใบด่าง (Mottling) โป่งนูน (Blistering) และบิดเบี้ยว (Distortion) ในบางครั้งจะพบอาการด่างสีเหลืองสว่างกระจายทั่วทั้งใบ (Blight yellow leaf mottling) (สุพจน์, 2551) แสดงอาการเส้นใบใส ใบด่างเขียวไม่ชัดเจน ใบด่างเขียวชัดเจน ใบหดย่นด่างเขียวชัดเจน มีอาการจุดซีดเหลืองร่วมกับอาการด่างเขียวออกเหลืองเล็กน้อย (ฉัตรนัททรี, 2554)

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร

สรุป

การทดลองที่ 1 การสร้างประชากรพื้นฐาน (Base population)

1. การประเมินระดับความเป็นโรคไวรัสในสภาพธรรมชาติ

1.1 ประชากร 615 รอบที่ 0 จากการประเมินลักษณะความต้านทานต่อไวรัสในสภาพธรรมชาติ สามารถแบ่งได้ 4 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 198 ประชากร กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 15 ประชากร กลุ่มอ่อนแอปานกลางจำนวน 6 ประชากร และกลุ่มอ่อนแอมากจำนวน 4 ประชากร

1.2 ประชากร 615 รอบที่ 1 จากการประเมินลักษณะความต้านทานต่อไวรัสในสภาพธรรมชาติ สามารถแบ่งได้ 5 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 92 ประชากร กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 34 ประชากร กลุ่มอ่อนแอปานกลางจำนวน 9 ประชากร กลุ่มอ่อนแอจำนวน 3 ประชากร และกลุ่มอ่อนแอมากจำนวน 31 ประชากร

1.3 ประชากร 135 รอบที่ 0 จากการประเมินลักษณะความต้านทานต่อไวรัสในสภาพธรรมชาติ สามารถแบ่งได้ 2 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 18 ประชากร และกลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 4 ประชากร

1.4 ประชากร 135 รอบที่ 1 จากการประเมินลักษณะความต้านทานต่อไวรัสในสภาพธรรมชาติ สามารถแบ่งได้ 2 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 16 ประชากร และกลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 1 ประชากร

2. การศึกษาลักษณะการแสดงเพศดอก

2.1 ประชากร 615 รอบที่ 0 โดยพบว่า มีต้นที่แสดงเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 66 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 11 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 216 ประชากร และต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 8 ประชากร

2.2 ประชากร 615 รอบที่ 1 โดยพบว่า มีต้นที่แสดงเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 26 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 18 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 123 ประชากร และต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 21 ประชากร

2.3 ประชากร 135 รอบที่ 0 โดยพบว่า มีต้นที่แสดงเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 6 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 20 ประชากร และต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 1 ประชากร

สถาบันวิทยบริการ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

2.4 ประชากร 135 ในรอบที่ 1 โดยพบว่า มีต้นที่มีเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 5 ประชากร ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 17 ประชากร

3. ผลการวิเคราะห์ความสมดุลของประชากร 615 และ 135 ในลักษณะความต้านทานไวรัสในสภาพธรรมชาติโดยใช้ Chi-square test

การพัฒนาประชากรพื้นฐาน 615 และ 135 จำนวน 247 และ 22 ประชากร โดยวิธีการผสมสุ่มและเก็บเมล็ดรวมในแต่ละประชากรเพื่อเป็นการรวมยีน แสดงให้เห็นว่า ประชากร 615 และ 135 ไม่แตกต่างจากค่าคาดคะเนตามสมดุลโดย Chi-square test แสดงว่าค่าสังเกตของทั้ง 2 ประชากร อยู่ในสมดุลตามทฤษฎีของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก

การทดลองที่ 2 การสกัดสายพันธุ์แท้ (Inbred Line Selection)

1. การประเมินระดับความเป็นโรคไวรัสในสภาพธรรมชาติ

1.1 ประชากร 615 ชั่วที่ 0 จากการประเมินลักษณะความต้านทานต่อไวรัสในสภาพธรรมชาติ สามารถแบ่งได้ 4 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 198 สายพันธุ์ กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 15 สายพันธุ์ กลุ่มอ่อนแอปานกลางจำนวน 6 สายพันธุ์ และกลุ่มอ่อนแอมากจำนวน 4 สายพันธุ์

1.2 ประชากร 615 ชั่วที่ 1 จากการประเมินลักษณะความต้านทานต่อไวรัสในสภาพธรรมชาติ สามารถแบ่งได้ 5 กลุ่มคือ กลุ่มต้านทานจำนวน 25 สายพันธุ์ กลุ่มต้านทานปานกลางจำนวน 5 สายพันธุ์ กลุ่มอ่อนแอปานกลางจำนวน 1 สายพันธุ์ กลุ่มอ่อนแอจำนวน 1 สายพันธุ์ และกลุ่มอ่อนแอมากจำนวน 1 สายพันธุ์

2. การศึกษาลักษณะการแสดงเพศดอก

2.1 ประชากร 615 ชั่วที่ 0 โดยพบว่า มีต้นที่แสดงเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 66 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 11 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 216 สายพันธุ์ และต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้จำนวน 8 สายพันธุ์

2.2 ประชากร 615 ชั่วที่ 1 โดยพบว่า มีต้นที่แสดงเฉพาะดอกเพศเมียจำนวน 13 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศเมียตั้งแต่ข้อที่ 5 เป็นต้นไปจำนวน 4 สายพันธุ์ ต้นที่มีดอกเพศผู้และดอกเพศเมียแยกดอกแต่อยู่ภายในต้นเดียวกันจำนวน 19 สายพันธุ์ และต้นที่มีเฉพาะดอกเพศผู้ 1 สายพันธุ์

2.3 สามารถคัดเลือกได้ 25 สายพันธุ์ ที่ต้านทานต่อโรคไวรัส

สถาบันวิทยบริการ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย