อภินันทนาการ รหัสโครงการ SUT3-302-40-36-06

รายงานการวิจัย

โครงการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลือง และถั่วเขียว ระยะที่ 2

Soybean and Mungbean Breeding Project, Phase II

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ

ศาสตราจารย์ ดร. ไพศาล เหล่าสุวรรณ

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช

สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

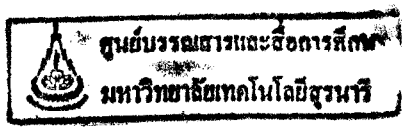
ผู้ร่วมวิจัย

1. นางสาวบุบผา ใจเที่ยง
2. นางสาวฐิติพร มะชิโกวา
3. นางสาวมณฑา มานะ
4. นางสาวยุพยงค์ จันทร์ขำ
5. ดร. โสภณ วงศ์แก้ว

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ปีงบประมาณ 2543 - 2544

ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการแต่เพียงผู้เดียว

มกราคม 2547



โครงการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลือง ถั่วเขียว ระยะที่ 2

บทคัดย่อ

ถั่วเขียว

การปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียวมีวัตถุประสงค์เพื่อให้ต้านทานโรคราแป้ง โรคใบจุด และฝักสุกแก่พร้อมกัน การปรับปรุงพันธุ์ให้ต้านทานต่อโรคราแป้ง กระทำโดยใช้วิธีการ 2 วิธี คือ (1) โดยการฉายรังสี (2) โดยวิธีการผสมพันธุ์ การฉายรังสีพันธุ์ มทส 1 ซึ่งมีความต้านทานต่อโรคราแป้งปานกลาง ให้ได้สายพันธุ์ที่ต้านทานสูง การปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการผสมกลับ ได้ปรับปรุงพันธุ์ชัยนาท 36 ให้ต้านทานโรคโดยใช้พันธุ์ มทส 4 เป็นพันธุ์ต้านทาน แล้วผสมกลับไปยังพันธุ์ชัยนาท 36 จำนวน 3 ครั้ง ได้สายพันธุ์ต้านทานโรคระดับปานกลางเป็นจำนวนมาก ขณะนี้อยู่ในขั้นดำเนินการทดสอบเพื่อให้ได้พันธุ์ใหม่ การปรับปรุงพันธุ์เพื่อต้านทานโรคใบจุดกำลังดำเนินการเพื่อทดสอบพันธุ์ มทส 2, 3 และ 4 เพื่อจะขอรับรองพันธุ์ต่อคณะกรรมการรับรองพันธุ์พืช กรมวิชาการเกษตร

ถั่วเหลือง

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองให้ได้พันธุ์อายุสั้น และพันธุ์ฝักไม่แตกเมื่อสุก ในการปรับปรุงพันธุ์อายุสั้น ได้ใช้วิธีการ 2 วิธี คือ (1) คัดเลือกโดยวิธีหนึ่งเมล็ดต่อต้น (single seed descent) และ (2) โดยวิธีผสมกลับ (backcross breeding) ในการปรับปรุงแบบหนึ่งเมล็ดต่อต้นนั้น ได้ทำการผสมระหว่างพันธุ์อายุสั้น คือ เชียงใหม่ 2 กับพันธุ์อายุยาว คือ สายพันธุ์ Long Juvenile 4 (LJ4) แล้วทำการผสมกลับไปยังพันธุ์อายุสั้น 3 ครั้ง แต่ละครั้งเลือกลูกผสมอายุสั้น แต่มีฝักมาก วิธีการทั้ง 2 นี้มีความสำเร็จในการคัดเลือกสายพันธุ์อายุสั้นที่ให้ผลผลิตสูง ที่กำลังอยู่ในขั้นทดสอบผลผลิต

Soybean and Mungbean Breeding Project

Abstract

Mungbean

The objectives in mungbean breeding were to improve for resistance to powdery mildew and cercospora leaf spot and for synchronized maturity. Breeding for resistance to powdery mildew was made by gamma radiation of SUT1 which results in resistant lines. Backcross breeding method was used to improve mungbean variety Chainat 36 for resistance to powdery mildew using SUT4 as the donor parent. The backcross was made three times and many resistant lines were developed. These lines are being tested in yield trials. Breeding for resistance to cercospora leaf spot involving the yield trial of SUT2, 3 and 4 to accumulate data for certification of the varieties by DOA Crop certification committee.

Soybean

The objectives of soybean breeding were to develop early maturing varieties of soybean to improve soybean varieties for resistance to shattering and for high protein. Two methods were used to improve for early maturing varieties including selection for early maturing lines from variety cross procedures and by backcross breeding method. In the first method, single seed descent method was used following crossing between an early maturing variety Chiangmai 2 (CM2) with a late maturing variety, Long Juvenile 4 (LJ4). Lines with days to flowering longer than Chiangmai 2 and days from flowering to maturing shorter or equivalent to Chiangmai 2 were selected. These lines should be harvested within 85 days. For the second method, LJ4 was cross and backcrossed to CM2 for three times. In each generation, early maturing lines with high pods per plant were selected. These two procedures were successful in improved early maturing soybean for high yield.

สารบัญ

หน้า

กิตติกรรมประกาศ..... ก

บทคัดย่อภาษาไทย..... ข

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ..... ค

สารบัญ..... ง

สารบัญตาราง..... จ

สารบัญภาพ..... ฉ

คำนำ..... ช

1. การปรับปรุงถั่วเขียวให้ต้านทานโรคราแป้ง ใบจุด และมีอายุเก็บเกี่ยวพร้อมกัน โดยใช้วิธีฉายรังสีแกมมา..... 1

2. Breeding Mungbean for Resistance to Powdery Mildew..... 3

3. Inheritance of Powdery Mildew Resistance in Mungbean [*Vigna radiata*(L.) Wilczek]..... 11

4. การปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้น..... 21

5. การพัฒนาพันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้นโดยวิธีการผสมกลับ..... 31

6. งานวิจัยที่อยู่ในขั้นดำเนินการ..... 38

ประวัติผู้วิจัย..... 40

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 1 สายพันธุ์ถั่วเขียวที่คัดเลือกจากประชากรที่ได้รับการฉายรังสีแกมมาให้ต้านทานโรคราแป้ง และมีอายุเก็บเกี่ยวพร้อมกัน..... 2

Table 1. Grain yield and other characters of mungbean lines selected from backcross progenies for resistance to powdery mildew..... 7

Table 2. Grain yield and powdery mildew reaction of lines obtained from backcross breeding using SUT4 as donor parent and CN36 as recurrent parent..... 8

Table 1. Means and standard errors of different mungbean populations for disease reaction in susceptible x resistant crosses during 2000 and 2001..... 16

Table 2. Estimates of additive and dominance effects and standard errors from the joint scale test for resistance to powdery mildew on susceptible-x resistant crosses and their P_1, P_2, F_2, BC_1 and BC_2 grown in 2000 and 2001..... 17

Table 3. Estimates of number of effective factors (k) and broad-sense heritability (h_b^2) for powdery mildew reaction..... 18

Table 4. Segregation ratios for powdery mildew disease scores of F_2 and backcross populations derived from crosses of susceptible x resistant genotypes..... 19

ตารางที่ 1 แสดงการผสมพันธุ์ถั่วเหลือง 9 พันธุ์ โดยทำการผสมข้ามระหว่างกลุ่ม..... 22

Table 2. Number of plants for three cross populations selected by MSSD and CSSD..... 25

Table 3. Number of the best F_4 lines selected by conventional single seed descent and modified single seed descent procedure..... 25

Table 4. Means over locations of each population for yield, days to flowering, days to maturity and seed size of three cross populations selected by two procedures..... 26

Table 5. Means over locations of five best lines obtained from CB1 x NS1 population..... 27

Table 6. Means over locations of five best lines obtained from LJ4 x NS1 population..... 28

Table 7. Means over locations of five best lines obtained from LJ4 x CM2 population..... 29

ตารางที่ 1 การวิเคราะห์วาเรียนซ์ของผลผลิต และลักษณะต่างๆ ของลูกผสมกลับทั้ง 3 คู่ผสม.... 35

ตารางที่ 2 ผลผลิต และลักษณะต่าง ๆ ของสายพันธุ์ที่ได้จากการผสมกลับให้มีจำนวนฝักต่อต้นสูง... 36

สารบัญภาพ

หน้า

Fig. 1. Breeding procedure to incorporate powdery mildew resistance from SUT4 to CN36..... 9

Fig. 1. Procedures for single seed descent (SSD) selection for late flowering and early maturity..... 23

Fig. 1. Diagram for backcross breeding and selection for early maturity and high number of pods per plant..... 33

คำนำ

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาการปลูกถั่วเหลืองและถั่วเขียวใน จ. นครราชสีมา และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ เนื่องจากแหล่งปลูกดังกล่าวนี้มีสภาพแวดล้อมแตกต่างจากแหล่งปลูกอื่น ๆ ในประเทศ ดังนั้นจึงกำหนดวัตถุประสงค์ย่อย ๆ ในการวิจัยดังนี้ ถั่วเหลือง เพื่อปรับปรุงพันธุ์อายุสั้น ผลผลิตสูง และฝักไม่แตกเมื่อสุกแก่ ถั่วเขียว เพื่อปรับปรุงพันธุ์ต้านทานต่อโรคราแป้ง โรคใบจุด ผลผลิตสูง การปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการก่อกลายพันธุ์ (mutation) และปรับปรุงพันธุ์ให้สามารถเก็บเกี่ยวได้ครั้งเดียว

รายงานฉบับนี้เป็นบางส่วนของการวิจัยตามวัตถุประสงค์ดังกล่าว เช่น การวิจัยถั่วเหลือง เพื่อเพิ่มปริมาณโปรตีนอยู่ในขั้นผสมพันธุ์ ส่วนการวิจัยเพื่อให้อายุสั้น และการเพิ่มจำนวนฝักต่อต้น ในการทดลองครั้งนี้ถือว่าประสบความสำเร็จเป็นอย่างยิ่ง เพราะสามารถเพิ่มผลผลิตถั่วเหลืองอายุสั้นให้สูงขึ้นได้ ส่วนการวิจัยถั่วเขียวได้ทำการคัดเลือกพันธุ์ที่ต้านทานต่อโรคราแป้ง ใบจุด และมีอายุเก็บเกี่ยวพร้อมกัน ซึ่งงานวิจัยเหล่านี้บางโครงการก็ประสบความสำเร็จเป็นอย่างดียิ่ง ในการคัดเลือกพันธุ์ที่ต้องการ บางโครงการก็รอดูผลการทดสอบที่แน่นอน

ในการวิจัยแต่ละพืชนั้น มีโครงการวิจัยย่อย ๆ (component sub-project) หลายหัวข้อ บางหัวข้อได้ดำเนินการเพื่อการตีพิมพ์ เผยแพร่แล้ว ดังนั้นในรายงานฉบับนี้ ได้ทำรายงานที่ได้รับการตีพิมพ์แล้วมาเสนอด้วย ดังที่ปรากฏ

การปรับปรุงถั่วเขียวให้ต้านทานโรคราแป้ง ใบจุด และมีอายุเก็บเกี่ยวพร้อมกัน โดยใช้วิธีฉายรังสีแกมมา

ไพศาล เหล่าสุวรรณ และ ยุพยงค์ จันทร์ขำ

คำนำ

ถั่วเขียวเป็นพืชตระกูลถั่วที่มีการปลูกแพร่หลายพืชหนึ่งของประเทศไทย อย่างไรก็ดีพื้นที่ผลิต ค่อนข้างจำกัด และไม่มีการขยายตัวมาเป็นเวลาหลายปี ทั้งนี้เพราะการปลูกถั่วเขียวมีปัญหาหลายประการ โดยเฉพาะอย่างยิ่งการเป็นโรคใบจุด และราแป้ง และการเก็บเกี่ยวไม่พร้อมกัน ทำให้เสียค่าใช้จ่ายในการเก็บเกี่ยวสูง และไม่อาจกระทำโดยใช้เครื่องจักร การปรับปรุงพันธุ์ให้มีลักษณะทั้ง 3 อย่างนี้ เป็นเรื่องยาก และต้องใช้เวลานาน การปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการทำให้เกิดการกลายพันธุ์ โดยใช้รังสีแกมมา น่าจะแก้ไขปัญหาดังกล่าวได้ การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียว ให้ต้านทานต่อ โรคใบจุด ราแป้ง และมีอายุสุกแก่พร้อมกัน โดยใช้รังสีแกมมา

วิธีการทดลอง

การทดลองครั้งนี้ทำเป็นการต่อเนื่องจากการรายงานของ บัณฑิต ทองพิมาย และไพศาล เหล่าสุวรรณ (2545) โดยนำเมล็ดพันธุ์ถั่วเขียวพันธุ์ มทส. 1 ไปฉายรังสีแกมมา ณ ภาควิชารังสีประยุกต์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ เมื่อนำเมล็ดมาปลูกเพื่อขยายพันธุ์ในแบบเก็บรวม (bulk) จากชั่ว M_1, M_2, M_3, M_4 ในชั่ว M_5 ทำการคัดเลือกในต้นฤดูฝน ปี 2544 เพื่อคัดเลือกสายพันธุ์ที่ต้านทานต่อโรคใบจุด เก็บเกี่ยว ต้นที่ต้านทานต่อโรคใบจุด นำเมล็ดมาปนกัน ปลูกเพื่อคัดเลือกต้นที่ต้านทานโรคราแป้ง โรคใบจุด และมีฝักสุกพร้อมกัน ในฤดูแล้ง ปี 2544 – 2545 เก็บเกี่ยวต้นแยกกันเป็นรายต้น แล้วนำมาปลูกแบบ 1 ต้นต่อแถวในต้นฤดูฝน

ผลการทดลองและวิจารณ์

ผลการทดลองแสดงไว้ในตารางที่ 1 สายพันธุ์ที่คัดเลือกจากการฉายรังสี มีช่วงระหว่างวันฝักแรก และฝักสุดท้ายสุกสั้นกว่าพันธุ์ มทส. 1 และ กำแพงแสน 1 ทุกพันธุ์ สายพันธุ์ที่ช่วงแคบที่สุด คือ สายพันธุ์ M4SUT-10-2 ซึ่งห่างกันเพียง 12 วันเท่านั้น การที่มีช่วงเวลานี้แคบทำให้เราเก็บเกี่ยวครั้งเดียวกันได้ สายพันธุ์ส่วนมากต้านทานโรคใบจุด และราแป้งเพียงปานกลาง ในการทดลองนี้พบว่า แม้สายพันธุ์ที่ได้รับจากการฉายรังสีจะมีช่วงเวลาฝักแรกถึงฝักสุดท้ายสุกไม่แตกต่างจากพันธุ์เปรียบเทียบมากนัก แต่สายพันธุ์เหล่านี้มีปริมาณฝักสุกชุดแรกสูงกว่าพันธุ์เปรียบเทียบ ดังนั้นปริมาณการเก็บเกี่ยวครั้งแรกจึงสูง อย่างไรก็ดีการทดลองครั้งนี้เป็นการกระทำในต้นฤดูฝน จะต้องเปรียบเทียบกับผลในปลายฤดูฝนอีกครั้งหนึ่ง ส่วนการต้านทานโรคใบจุด และราแป้ง จัดว่าอยู่ในระดับที่น่าพอใจ

ตารางที่ 1 สายพันธุ์ถั่วเขียวที่คัดเลือกจากประชากรที่ได้รับการฉายรังสีแกมมา ให้ต้านทานต่อโรคราแป้ง และมีอายุเก็บเกี่ยวพร้อมกัน

เลขที่	พันธุ์/สายพันธุ์	ระยะฝักสุก	เปอร์เซ็นต์การเก็บเกี่ยว		โรคใบจุด	โรคราแป้ง
		(วัน)	ครั้งที่ 1	ครั้งที่ 2		
1	มทส 1 (check)	18	85	15	MR	MR
2	กำแพงแสน 1	18	75	25	S	S
3	M4 SUT1-5	15	100	0	MR	MR
4	M4 SUT1-6	15	100	0	MR	MR
5	M4 SUT1-9-1	17	100	0	R	MR
6	M4 SUT1-10-1	12	99	1	R	MR
7	M4 SUT1-10-2	15	99	1	MR	MR
8	M4 SUT1-9-2	14	98	2	R	MR
9	M4 SUT1-2	14	100	0	R	MR

เอกสารอ้างอิง

บัณฑิต ทองพิมาย และไพศาล เหล่าสุวรรณ. 2545. การปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียวโดยการอาบรังสีแกมมา. รายงานการวิจัย โครงการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลือง และถั่วเขียวระยะที่ 1, มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี. หน้า 58-67.

Breeding Mungbean for Resistance to Powdery Mildew

Bubpa Chaiteing[1], Monta Mana[2], Yuphayong Chan-kham[2]

and Paisan Laosuwan[2]*

Abstract

Powdery mildew (*Erysiphe polygoni* D.C.) is an important fungal disease of mungbean in Thailand. This study was conducted to improve mungbean variety Chainat 36 (CN36) for resistance to the disease by backcrossing using mungbean line VC1210A and variety SUT4 as the donor parents. A number of lines derived from the third backcross, i.e. BC_3' s, was found to be resistant to the disease in high levels and selected for further testing.

Introduction

Mungbean [*Vigna radiata* (L) Wilczek] is an important legume of Thailand and grown widely in Central, Northern and Northeastern part of the country. Besides other factors, the production of the crop is often adversely affected by foliar diseases, especially *Cercospora* leafspot and powdery mildew.

Powdery mildew, incited by fungus *Erysiphe polygoni* D.C., is common in the cool and dry months. The disease reduced yield of mungbean between 20 and 40% in the Philippines (Soria and Quebral, 1973) and up to 41 percent in Taiwan (AVRDC, 1979). The contradicted evidence was found for the evidence of inheritance of resistance to the disease. It was found to be controlled by a single dominant gene (AVRDC, 1979; Chaiteing et al., 2003) and by two dominant genes (Reddy et al., 1987). These were probably due to the difference in the plant materials and races of the pathogen used in each study.

The backcross breeding method has been employed effectively to improve characters controlled by qualititive genes. The earliest example of backcross breeding disease resistance was the development of wheat variety, Baart, resistant to bunt (Briggs, 1930 quoted in Jensen, 1988). Recently, Laosuwan et al., (1995) was successful in using backcross breeding to improve mungbean varieties for resistance to *Cercospora* leafspot. This study was aimed to improve a mungbean variety for resistance to powdery mildew by using backcross breeding method.

[1] Faculty of Agriculture, Ubon Ratchathani University, Ubon Ratchthani, [2] Institute of Agricultural Technology, Suranaree University of Technology, Nakhon Ratchasima 30000.

* Corresponding author, paisan@ccs.sut.ac.th

Material and Methods

A. Breeding for resistance

A susceptible mungbean variety, Chainat 36 (CN36), was used as the recurrent parent and two resistant variety / line, SUT4 developed at Suranaree University of Technology (SUT), Thailand and line VC1210A from Asian Vegetable Research and Development Center (AVRDC) were used as donor parents. The susceptible variety was crossed with two resistant varieties / line to produce single crosses : CN36 × SUT4 and CN36 × VC1210A. The F_1 seeds from each cross were backcrossed to CN36, the recurrent parent to produce BC_1F_1 seeds. In the next step, the BC_1F_1 seeds were planted and the resistant plants (R/r) were crossed with the recurrent parent to obtain BC_2F_1 seeds. This step will be repeated until BC_3F_1 was obtained and planted to produce BC_3F_2 (R/R, R/r and r/r).

The BC_3F_2 seeds (R/R, R/r and r/r) were planted in the cool dry months favorable for disease incidence and seeds from 10 resistant plants (R/R ans R/r) were harvested individually. The BC_3F_3 seeds from individually selected plants and recurrent parent, CN36, were grown in a randomized complete block design in two replications at the experimental farm, Suranaree University of Technology on Sept 5, 2001. Each plot consisted of two 3 m rows, spacing 50 × 10 cm with one plant per hill. The experimental field is located in the Northeastern part of Thailand (15° N). Susceptible variety and line, CN36 and M5-5, were planted in between every two plots and around the experimental site as the source of powdery mildew inoculum. The non–segregated rows for powdery mildew reaction were identified as homozygous resistant lines (R/R). Other characters measured were seed yield, yield components and plant height.

B. Preliminary Yield Trial

Five lines, lines no. 105, 111, 132, 140 and 145, from CN36 × SUT4 cross were selected according to acceptable seed size (> 6.00 g/100 seeds) for further test (Table 1). These lines and five check varieties which included VC1210A, CN36, SUT1, SUT4 and Kamphaeng Saen 1 were tested in two seasons at the SUT experimental farm. The experiments were planted on May 9 and October 15, 2002 using a randomized complete block design with four replications. Each plot consisted of four rows each 5 m long with the spacing of 50 cm between rows and 20 cm between hills with two plants per hill. Characters measured were seed yield, yield components, plant height and disease score.

Result and Discussion

The F_1 crosses were made successfully in April 2000. All F_1 plants were found to be resistant to powdery mildew indicating that the resistance was controlled by dominant gene(s). Ten F_1 plants from each cross were backcrossed to recurrent parent (CN36) in July 2000 to produce BC_1F_1 seeds. Backcrossing was repeated until BC_3F_1 was obtained. All BC_3F_1 seeds were planted and selfed to produce BC_3F_2 seeds. Selection for powdery mildew resistance was made on BC_3F_2 plants. Each selected plant was harvested separately and seeds were planted in a randomized completed block design in three replications for identification of homozygosity for disease resistance and for testing the performance of these lines. Ten homozygous lines were selected and their characters are given in Table 1.

Lines obtained from the backcross using VC1210A as the donor parent gave a smaller seed size than that obtained from the backcross using SUT4 as the donor parent. Therefore, these lines were excluded from further tests. Five lines, namely no. 105, 111, 132, 140 and 142 using SUT4 as the recurrent parent, were selected based on acceptable seed size for further testing .

Mean yields averaged from two seasons given in Table 2 showed that lines obtained from backcrossing were generally higher than the check varieties and respective donor parents. This higher yield potential was due to the resistance of these lines to powdery mildew. Laosuwan et al. (1995) found that backcrossed progenies which were improved by backcrossing for resistance to *Cercospora* leafspot yielded higher than respective recurrent parents 10 – 20 %. This was found due to the resistance to the disease. The disease scores for all backcross progenies were in the range of 1.08 to 1.75 were regarded as high resistance to powdery mildew.

This study showed that breeding for resistance to powdery mildew was successful in transferring resistant gene(s) from donor to recurrent parents. The procedure was quite simple as it was found in the same experiment that the inheritance of resistance to the disease was controlled by one dominant gene pair (Chaiteing et al., 2003). However, it was observed that the resistance was variable, even though the score was low. This variability could be due to environmental effects and the influence of modifying genes not directly involved with this character.

Conclusion

This study showed that breeding for resistance to powdery mildew by backcrossing was quite successful. Due to the resistance to the disease, these improved lines gave a higher yield than their respective recurrent parents. Three generations of backcross should be sufficient as most characters of the plants were similar to recurrent parents.

Table 1. Grain yield and other characters of mungbean lines selected from backcross progenies for resistance to powdery mildew.

Line no. (cross)[a]	Grain yield	100 seed weight	Height	Pods per plant	Pod length	Seeds per pod
	kg/ha[b]	g	cm	no.	cm	no.
104 (CN 36 × VC1210A)	2,000 a	5.28**	67.07	21.83*	8.67	11
105 (CN 36 × SUT4)	1,350 c	6.20	61.53	18.10	9.20	10
108 (CN 36 × VC1210A)	1,531 bc	5.62**	70.37	19.70	8.67	11
111 (CN 36 × SUT4)	1,219 cd	6.20	54.93*	16.20	9.10	11
121 (CN 36)	1,450 c	6.45	69.67	16.30	9.40	11
124 (CN 36 × SUT4)	1,675 b	5.47**	76.53	22.40**	8.95	10
132 (CN 36 × SUT4)	1,931 a	6.25	67.23	21.90	9.07	10
138 (CN 36 × VC1210A)	1,338 c	5.32**	73.80	19.20*	8.43	11
140 (CN 36 × SUT4)	1,031 d	6.41	75.40	15.50	9.23	11
142 (CN 36 × SUT4)	969 e	6.16	69.23	14.30	9.30	11
145 (CN 36 × VC1210A)	1,150 d	5.25**	73.03	16.90	8.57	11
Mean	1,419	5.87	68.98	18.71	8.96	10.77
LSD 0.05	56.73	3.74	12.15	4.71	-	-
CV%	14.6	3.7	10.3	14.8	5.0	5.8

[a] These lines derived from backcrossing for three times (BC_3) using CN 36 as the recurrent parent.

[b] Means followed by the same letter are not significantly different at 0.05 level by DMRT.

*, ** Significantly different from the check (CN 36) at 0.05 and 0.01 levels of probability, respectively.

Table 2. Grain yield and powdery mildew reaction of lines obtained from backcross breeding using SUT 4 as donor parent and CN 36 as recurrent parent.

Line/variety	Yield	100 seed weight	pods per plant	Plant height	powdery mildew*
	kg/ha[a]	g	no.	cm	score
Check VC1210A	1,331 bc	5.65 c	31	57	1.87 bc
CN 36	1,375 b	6.74 b	24	58	3.66 a
SUT 1	1,450 ab	7.20 a	25	50	2.47 ab
SUT 4	1,331 bc	5.90 bc	25	50	1.40 e
KPS 1	1,206 c	6.45 b	21	55	3.37 a
Line No 105	1,469 ab	6.51 b	25	59	1.33 f
No 111	1,481 ab	6.62 b	25	50	1.45 de
No 132	1,488 ab	6.72 b	24	54	1.08 g
No 140	1,475 ab	6.58 b	25	57	1.75 cd
No 142	1,503 a	6.80 b	25	57	1.40 e
F – test	*	*	ns	ns	*

[a] Means followed by the same letter are not significantly differed according to DMRT.

* The scoring system for powdery mildew response described by Young et al. (1993) as follow : 1 (no visible mycelial growth), 2 (1 – 25% foliage area covered by fungus), 3 (26 – 50% foliage covered), 4 (51 –75% foliage covered) and 6 (76 – 100 % foliage covered).

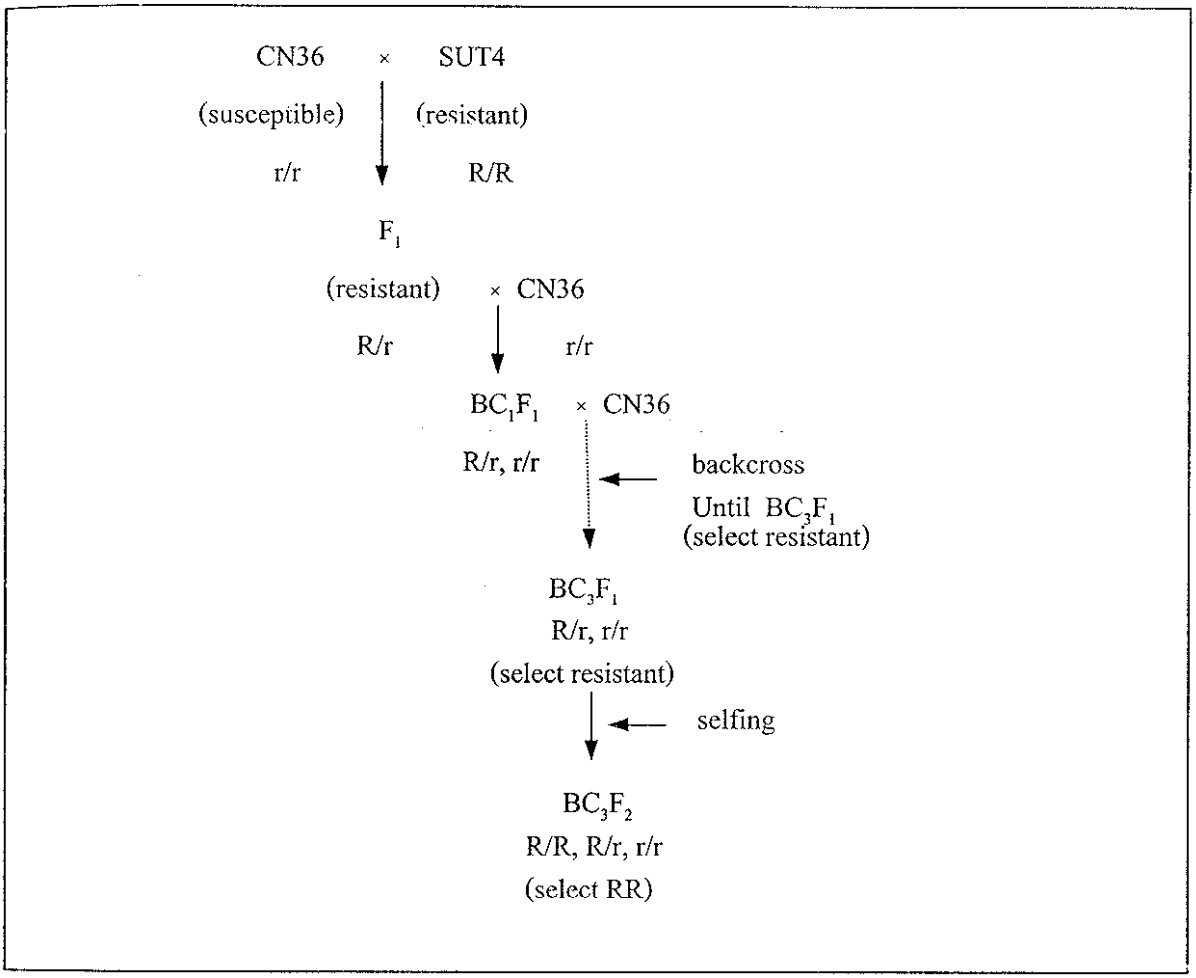


Fig. 1. Breeding procedure to incorporate powdery mildew resistance from SUT4 to CN36

References

Asian Vegetable Research and Development Center (AVRDC). 1979. Research report pp. 71 – 91.

Briggs, F. N. 1930. Breeding wheats for resistance to bunt by backcrossing. J. Am. Soc. Agron. 22: 239 – 244. Quoted in N. F. Jensen. 1988. Plant Breeding Methodology. New York: John Wiley and Sons.

Chaiteing, B., Laosuwan, P., and Wongkaew, S. 2003. Inheritance of powdery mildew resistance in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). Thai J. Agric. Sci. 36(1): 73 – 78.

Laosuwan, P., Nangmai, M., Saeng – Un, C. and Polchim, S. 1995. Yield trials of backcross progenies of mungbeans. Suranaree J. Sci. Technol. 4: 35 – 44.

Reddy, K. S., Parwar, S.E., and Bhatia, C.R. 1987. Screening for powdery mildew (*Erysiphe polygoni* D.C.) resistance in mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek) using excised leaves. Proc. Indian Acad. Sci. (Plant Sci.). 97: 365 – 369.

Soria, J. A., and Quebral, F.C. 1973. Occurrence and development of powdery mildew on mungbean. Philippine Agric. 57: 158 – 177.

Young, N.D., Danesh, D., Menancio – Hautea, D., and Kumar, L. 1993. Mapping oligogenic resistance to powdery mildew in mungbean with RFLPs. Theor. Appl. Genet. 87: 243 – 249.

Inheritance of powdery mildew resistance in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]

Bubpa Chaitieng[1], Paisan Laosuwan[1*], and Sopone Wongkaew[1]

School of Crop Production Technology, Institute of Agricultural Technology,

Suranaree University of Technology, Nakhon Ratchasima, 30000, Thailand

Received August 30, 2002. Accepted December 24, 2002

Abstract

Powdery mildew (*Erysiphe polygoni* D.C.) is a serious disease of mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] and a constraint in mungbean production. The information on the inheritance of this disease is required to facilitate breeding of resistant cultivars. The inheritance of powdery mildew resistance was studied in four crosses between two resistant (P_1) and two susceptible lines and varieties (P_2) of mungbean in 2000 and 2001. Six generations, comprising P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 ($F_1 \times P_1$) and BC_2 ($F_1 \times P_2$) , of each cross were evaluated in a randomized complete block design with three replications under field conditions and subjected to generation mean analysis. Significant additive and dominant gene effects of similar magnitude were observed indicating that these gene effects are responsible for the inheritance of powdery mildew resistance. Epistatsis was not found in any of the crosses. Frequency distributions for powdery mildew reaction in the F_2 and BC_1 were used to analyze segregation ratios. It can be concluded that the resistance to powdery mildew in all four crosses was controlled by a single dominant gene.

Key words: Mungbean, mungbean powdery mildew, gene action, heritability

Introduction

Mungbean [*Vigna radiata* L. Wilczek] is an important source of human protein and the crop is well adapted to the tropical environment. The production of mungbean is adversely affected by many factors such as low genetic potential of current varieties, environmental stresses, diseases and insect pests, and poor cultural practices. The main foliar diseases of mungbean are *Cercospora* leaf spot and powdery mildew. Powdery mildew caused by *Erysiphe polygoni* D.C, has a wider geographic range than *Cercospora* leafspot (Poehlman, 1991). Severe infection of powdery mildew occurs in cool, dry months when it can reduce yield of mungbean by between 20 and 40% (Soria and Quebral, 1973). Mungbean incurs maximum damage when powdery mildew infects plants just before the flowering stage (Poehlman, 1991).

Mungbean breeders have long suspected that both qualitative and quantitative genes are responsible for resistance to powdery mildew. It was found that the resistance in two breeding lines from India, Mung Ludhiana (ML-3) and ML-5, was controlled by a single dominant gene as reported by The Asian Vegetable Research and Development Center (AVRDC, 1979). However, resistance to powdery mildew has also been reported to be controlled by quantitative genes (AVRDC, 1981a, 1981b; Young *et al.*, 1993). The difference in reports for the mode of inheritance in the literature are probably due to the difference in the plant materials and/or pathotypes used. The objective of this study was to determine the inheritance of resistance to powdery mildew in a resistant variety (SUT4) and a resistant line (VC1210A).

Materials and Methods

Population development

Mungbean varieties Chainat 36 (CN36) and Kamphaeng Saen 1 (KPS1) were used as sources of susceptible parents (P_1). Variety SUT4 from Suranaree University of Technology and line VC1210A from AVRDC were used as sources of resistance to powdery mildew (P_2). Four crosses were made between CN36 x SUT4, CN36 x VC1210A, KPS1 x SUT4 and KPS1 x VC1210A in 1999. The resulting F_1s were self-pollinated in the greenhouse and also backcrossed to both parents to obtain F_2, BC_1 (F_1 x P_1), and BC_2 (F_1 x P_2) generations. The P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 and BC_2 of each cross were evaluated in the field in a randomized complete block design with three replications in 2000 and 2001 at Suranaree University of Technology research farm at Nakhon Ratchasima,

Northeast Thailand. Plot size varied with generations. Parental lines, F_1s, BC_1s and BC_2s were grown in single-row plots and F_2s were grown in 2-row plots with plants spaced 0.25 m within row, in 3 m row length and 0.5 m between rows. Susceptible varieties, CN36 and M5-5, were planted adjacent to each plot as a source of powdery mildew inoculum.

Field screening

Individual plants were scored for powdery mildew response at 55 days after germination using the scoring system described by Young *et al.* (1993) as follows: 1 (no visible mycelial growth), 2 (1-25% foliage area covered by fungus), 3 (26-50% foliage covered), 4 (51-75% foliage covered), and 5 (76-100% foliage covered).

Data analysis

Generation mean analyses were carried out on original field recorded scores without transformation to determine the gene effects of powdery mildew resistance. The mean observation of each character consists of components of generation means proposed by Hayman (1958) and Jinks and Jones (1958) to include six parameters, m = mean, [d] = additive effects, [h] = dominance effects, [i] = additive x additive interactions, [j] = additive x dominance interactions, [l] = dominance x dominance interactions. In this study, a joint-scaling test was performed using data from parents, F_1, F_2, BC_1 and BC_2 to identify the model that best fit the data consisting of three parameters, viz, m, [d] and [h] in the absence of all interactions as described by Cavalli (1952) and Mather and Jinks (1982). In the procedure, additive and dominance effects were estimated by the procedure of weighted least squares using as a weight the inverse of the variance of generation means. The Chi square test for the three parameter model (three degrees of freedom) was used on the observed data. If the model adequately explained the observed data, no further analyses were conducted for gene effects. The same set of data was also used to estimate broad-sense heritability (Warner, 1952) and number of genes controlling the inheritance of resistance (Sinnot *et al.*, 1953) using the following formulae:

$$\text{Broad-sense heritability } (h_b^2), \% = \frac{V_{F_2} - V_e}{V_{F_2}} \times 100$$

$$\text{The estimate of the environmental variance } (V_e) = \frac{(V_{P_1} + V_{P_2} + V_{F_1})}{3}$$

ศูนย์บรรณสารและสื่อการศึกษา
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

$$\text{Minimum number of genes (k)} = \frac{(\bar{P}_1 - \bar{P}_2)^2}{8(V_{F_2} - V_{F_1})}$$

Where $\bar{P}_1$, $\bar{P}_2$ are actual means of P_1 and P_2, V_{P_1}, V_{P_2}, V_{F_1} and V_{F_2} are variances of the P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1 and BC_2 populations, respectively.

Segregation ratios for disease rating scores in the F_2 and BC_1 (backcross of F_1 to susceptible parent) were re-classified as follows: plant progenies that had rating scores similar to the resistant parent and F_1 were classified as resistant. On the other hand, progenies with rating scores above F_1 or similar to the susceptible parent were classified as susceptible. Chi-square tests were used to test the goodness of fit of the observed to expected ratios based on the above classifications.

Results and Discussion

The mean scores for powdery mildew reaction of the P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1, and BC_2 populations of different crosses made during 2000 and 2001 are shown in Table 1. The powdery mildew susceptible lines (P_1), CN36 and KPS1, had disease scores from 3.94 - 4.16 and the resistant lines (P_2), SUT4 and VC1210A, had consistently low scores from 1.89 - 2.02. The F_1 and F_2 mean scores of disease of all crosses in two years were lower than the midparent [$m = (\bar{P}_1 + \bar{P}_2) / 2$] and tended towards that of the resistant parents. The BC_1 population had lower disease scores than P_1 (susceptible parent) but the scores were close to the midparent value. BC_2 populations had mean disease scores close to the P_2's (resistance parent) scores (Table 1).

Generation mean analysis was performed on sets of original data to estimate the genetic effects of powdery mildew reaction. The additive-dominance model was adequate for the analysis of the variation in all sets of data (Table 2). The estimates of genetic effects of three parameters, mid parent effect (m), additive effect [d], and dominance effect [h] for all crosses were significant ($p < 0.01$) and are shown in Table 2. The χ^2 value of all crosses was not significant indicating a good fit to the model. Significant additive and negative dominance effects were found in all crosses and were of similar magnitude. The lower disease score rating signifies a higher level of resistance to the disease; therefore, the negative estimate of dominance gene action indicates resistance to powdery mildew. Therefore, the variation among generation means for resistance to powdery mildew was sufficiently explained by the additive-dominance model.

The estimates of minimum number of genes (effective factors, k) controlling powdery mildew were in the range of 0.60 to 0.91 in 2000 and 0.67 to 1.05 in 2001 (Table 3). The estimates were low indicating only a single major gene was responsible for inheritance of resistance to powdery mildew in both SUT4 and VC1210A.

Broad-sense heritability values (h_b^2) calculated from variance components of all crosses and environments varied from 0.71 to 0.89 in 2000. However, these estimaters were found to be lower in 2001. The highest estimates found in this study showed that a high proportion of variation was under genetic control. However, the low narrow-sense heritability (not shown) indicated that in improving this character, conventional procedures such as pedigree breeding would not be effective. Alternatively, the backcross method is recommended to develop powdery mildew resistant lines.

In the F_2 generation, the number of resistant and susceptible progenies for all crosses in both 2000 and 2001 fit most closely a 3:1 ratio (Table 4). This further suggested that resistance to powdery mildew was controlled by a single dominant gene. The segregation of the BC_1 population for all crosses fits a 1:1 ratio (Table 4), and provides supporting evidence of a single gene inheritance.

The results of this study show that resistance to powdery mildew in two resistant lines, SUT4 and VC1210A, was controlled by a single dominant gene. AVRDC (1979) also reported that powdery mildew resistance in lines ML-3 and ML-5 was controlled by a single gene. However, Reddy *et al.* (1994) reported that powdery mildew resistance in their mungbean breeding lines was controlled by two dominant genes. In other reports, the inheritance of resistance to the disease was found to be even more complex (AVRDC, 1981a and b). The inconsistency of these reports may be due to: (1) the differences in the genetic background of the plant materials used in the studies, and (2) the existence of different races of the pathogen. Previous research suggested the presence of different physiological races of powdery mildew affecting mungbeans in Taiwan, India and the US (AVRDC, 1979; AVRDC 1981a, 1981b; Young *et al.*, 1993; Reddy *et al.*, 1994).

The resistant parent VC1210A used in this study is a useful genetic resource for resistance to both powdery mildew and *Cercospora* leafspot as shown by tests at AVRDC, Taiwan (Shanmugasundaram, 2001 pers. Comm.). The ancestral line of VC1210A is ML-3 which was resistant to powdery mildew at AVRDC but susceptible in India (Reddy *et al.*, 1987). This suggests that the powdery mildew races in these locations are different.

In conclusion, this study has revealed that resistance to powdery mildew in the mungbean variety SUT4 and mungbean line VC1210A are both controlled by a single dominant gene. Further studies are needed to determine whether the gene in both these resistant materials are the same.

Table 1. Means and standard errors of different mungbean populations for disease reaction in susceptible x resistant crosses during 2000 and 2001.

Cross	CN36 × SUT4*		CN36 × VC1210A		KPS1 × SUT4		KPS1 × VC1210A	
Year	2000	2001	2000	2001	2000	2001	2000	2001
P_1	3.98± 0.09	4.11±0.04	3.98±0.09	4.16±0.05	3.94±0.07	4.16±0.05	3.94±0.07	4.15±0.04
F_1	2.09±0.06	2.11±0.07	2.15±0.08	2.04±0.04	2.00±0.00	2.07±0.04	2.08±0.07	2.03±0.03
F_2	2.49±0.06	2.45±0.06	2.45±0.06	2.41±0.05	2.43±0.06	2.60±0.07	2.55±0.07	2.45±0.06
BC_1	2.90±0.10	2.91±0.12	3.01±0.1	2.89±0.11	2.96±0.12	3.22±0.14	2.86±0.12	3.20±0.13
BC_2	2.00±0.00	2.01±0.01	2.07±0.03	2.02±0.02	2.01±0.01	2.04±0.02	2.03±0.02	2.03±0.02
P_2	1.98±0.02	1.89±0.03	2.02±0.02	1.93±0.03	1.98±0.02	1.89±0.03	2.02±0.02	1.93±0.03

* The scoring system for powdery mildew response described by Young et al. (1993) as follow : 1. (no visible mycelial growth), 2 (1-25% foliage area covered by fungus), 3 (26-50% foliage covered), 4 (51-75% foliage covered) and 5 (76-100% foliage covered)

Table 2. Estimates of additive and dominance effects and standard errors from the joint scale test for resistance to powdery mildew on susceptible x resistant crosses and their P_1, P_2, F_2, BC_1 and BC_2 grown in 2000 and 2001.

Model [1]	CN36 × SUT4		CN36 × VC1210A		KPS1 × SUT4		KPS1 × VC1210A	
	2000	2001	2000	2001	2000	2001	2000	2001
Three parameters								
m	2.96±0.04**[2]	3.00±0.03**	2.97±0.04**	3.03±0.03**	2.94±0.04**	3.04±0.03**	2.97±0.03**	3.11±0.03**
[d]	0.98±0.04**	0.98±0.03**	0.95±0.04**	1.08±0.03**	0.96±0.04**	1.13±0.03**	0.96±0.03**	1.12±0.03**
[h]	-0.89±0.07**	-0.79±0.05**	-0.87±0.07**	-0.99±0.05**	-0.91±0.05**	-0.92±0.05**	-0.91±0.05**	-1.08±0.04**
$\chi^2_{(df=3)}$	1.42	4.03	3.06	7.43	3.11	4.62	1.93	6.88
	0.50-0.70	0.20-0.30	0.20-0.30	0.05-0.10	0.20-0.30	0.20-0.30	0.50-0.70	0.05-0.10

[1] Model = m = mid-parent effect, [d] = additive effect, [h] = dominance effect

*,** = significant differences at P = 0.05 and at P = 0.01 at df =3, respectively

χ^2 = Chi-square for testing the adequacy of the additive-dominance model

Table 3. Estimates of number of effective factors (k) and broad-sense heritability (h_b^2) for powdery mildew reaction.

Cross	k		h_b^2	
	2000	2001	2000	2001
CN36 x SUT4	0.67	0.92	0.80	0.38
CN36 x VC1210A	0.91	1.05	0.71	0.27
KPS1 x SUT4	0.96	0.67	0.88	0.68
KPS1 x VC1210A	0.60	0.93	0.89	0.87

Table 4. Segregation ratios for powdery mildew disease scores of F_2 and backcross populations derived from crosses of susceptible x resistant genotypes.

Cross	Year	Generation	Resistant genotype* (R)	Susceptible genotype (S)	Expected ratio	χ^2	Probability
CN36 × SUT4	2000	F_2	121	39	3 : 1	0.016	0.90-0.95
		BC_1	43	36	1 : 1	0.620	0.30-0.50
	2001	F_2	166	58	3 : 1	0.090	0.70-0.80
		BC_1	48	41	1 : 1	0.560	0.30-0.50
CN36 × VC1210A	2000	F_2	114	43	3 : 1	0.480	0.30-0.50
		BC_1	37	48	1 : 1	1.420	0.20-0.30
	2001	F_2	146	46	3 : 1	0.110	0.70-0.80
		BC_1	43	42	1 : 1	0.012	0.90-0.95
KPS1 × SUT4	2000	F_2	118	46	3 : 1	0.810	0.30-0.50
		BC_1	36	39	1 : 1	0.120	0.70-0.80
	2001	F_2	170	70	3 : 1	2.230	0.10-0.20
		BC_1	26	41	1 : 1	3.360	0.05-0.10
KPS1 × VC1210A	2000	F_2	104	46	3 : 1	2.570	0.05-0.10
		BC_1	40	33	1 : 1	0.680	0.30-0.50
	2001	F_2	146	54	3 : 1	0.410	0.50-0.70
		BC_1	32	45	1 : 1	2.200	0.10-.20

* Disease rating score in F_2 and BC_1 were classified as follow : plant progenies that had rating scores similar to the resistance parent and F_1 were classified as resistant and plant progenies that had rating scores above F_1 or similar to the susceptible parent were classified as susceptible

Acknowledgement

The authors would like to thank Dr. Duncan A. Vaughan, National Institute of Agrobiological Sciences, Tsukuba, Ibaraki 305-8602, Japan for his helpful comments during the preparation of this manuscript and the Thailand Research Fund for supporting this research.

References

AVRDC. 1979. Progress Report 1978. Asian Vegetable Research and Development Center, Shanhua,Taiwan, p. 71- 91.

AVRDC. 1981a. Progress Report 1979. Asian Vegetable Research and Development Center, Shanhua,Taiwan, p. 42- 55.

AVRDC. 1981b. Progress Report 1980. Asian Vegetable Research and Development Center, Shanhua,Taiwan, p. 40- 50.

Cavalli, L.L. 1952. An analysis of linkage in quantitative inheritance. p. 135-144. *In*: E.C.R. Rieve and C.H. Waddington (eds). Quantitative Genetics. HMSO, London.

Hayman, B.I. 1958. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. Heredity 12: 371-390.

Jinks, J.L and Jones, R.M. 1958. Estimation of components of heterosis. Genetics 43: 223-234.

Mather, K. and Jinks, J.L. 1982. Biometrical Genetics. Chapman and Hall, London. 395 pp.

Poehlman, J.M. 1991. The Mungbean. Oxford & IBH Publishing, New Delhi. 374 pp.

Reddy, K.S., Pawar, S.E. and Bhatia, C.R. 1987. Screening for powdery mildew (*Erysiphe polygoni* D.C.) resistance in mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek) using excised leaves. Proc. Indian Acad. Sci. (Plant Sci.). 97:365-369.

Reddy, K.S., Pawar, S.E. and Bhatia, C.R. 1994. Inheritance of powdery mildew (*Erysiphe polygoni* D.C.) resistance in mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek). Theor. Appl. Genet. 88 :945-948.

Sinnot, E.W., Dunn, L.C. and Dobzhansky, T. 1953. Principles of Genetics. McGraw-Hill Book Co., Inc., New York. 537 pp.

Soria, J.A. and Quebral, F.C. 1973. Occurrence and development of powdery mildew in mungbean. Philippine Agric. 57:158-177.

Young, N.D., Danesh, D., Menancio-Hautea, D. and Kumar, L. 1993. Mapping oligogenic resistance to powdery in mungbean with RFLPs. Theor. Appl. Genet. 87:243-249.

Warner, J.N. 1952. A method for estimating heritability. Agron. J. 44:427-430.

การปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้น

ฐิติพร มะชิโกวา และ ไพศาล เหล่าสุวรรณ

การปลูกถั่วเหลืองในประเทศไทย ส่วนมากจะปลูกเป็นพืชตาม โดยจะปลูกตามข้าวหลังจากทำนาและหลังจากปลูกพืชไร่ชนิดอื่น ๆ ซึ่งจะมีระยะเวลาค่อนข้างสั้น ดังนั้นถั่วเหลืองที่มีอายุเก็บเกี่ยวสั้น เหมาะที่จะปลูกในระบบการปลูกพืช เนื่องจากถั่วเหลืองที่มีอายุสั้น จะสามารถใช้ความชื้นในดินหลังจากเก็บเกี่ยวข้าว และสามารถเก็บเกี่ยวผลผลิตได้เร็ว อย่างไรก็ตามพันธุ์ถั่วเหลืองที่ส่งเสริมให้เกษตรกรปลูกในปัจจุบัน มีอายุเก็บเกี่ยวค่อนข้างยาว ซึ่งไม่เหมาะสมกับระบบการปลูกพืชดังได้กล่าวมาแล้วข้างต้น เนื่องจากพันธุ์เหล่านี้จะมีอายุเก็บเกี่ยวยาว ซึ่งจะได้รับผลกระทบจากความแห้งแล้งในระยะติดฝัก แต่พันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้นที่ส่งเสริมในปัจจุบันไม่ค่อยได้รับความนิยม เนื่องจากมีต้นขนาดเล็กและมีผลผลิตต่ำ ดังนั้นจึงมีความจำเป็นต้องพัฒนาพันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้น เพื่อให้มีผลผลิตสูงขึ้น

โดยทั่วไปแล้วถั่วเหลืองอายุสั้นจะมีอายุออกดอก และอายุเก็บเกี่ยวสั้น มีต้นขนาดเล็ก มีพื้นที่ใบน้อย น้ำหนักแห้ง รวมถึงมีผลผลิตต่ำ Hartwig (1970) รายงานว่าถั่วเหลืองที่ให้ผลผลิตสูงต้องมีระยะเวลาในการสะสมน้ำหนักแห้งเพียงพอ โดยควรมีระยะเวลาก่อนการออกดอกประมาณ 45 วัน นอกจากนี้ Dunphy et al., (1979) พบว่าการออกดอกล่าช้าจะให้ผลผลิตค่อนข้างสูง ดังนั้นการขยายเวลาก่อนการออกดอกของถั่วเหลืองอายุสั้น น่าจะเป็นแนวทางหนึ่งในการเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่ให้สูงขึ้นได้

ในการคัดเลือกอายุออกดอก และอายุเก็บเกี่ยว เป็นลักษณะที่คัดเลือกค่อนข้างยาก เนื่องจากเป็นลักษณะที่ควบคุมโดยยีนหลายคู่ นักปรับปรุงพันธุ์พืชได้เคยใช้หลายวิธีการในการปรับปรุงพันธุ์อายุสั้น เช่น Fehr (1971) ได้คัดเลือกพันธุ์อายุสั้น โดยวิธีการคัดเลือกหนึ่งเมล็ดต่อต้น วิธี cross bulk, restricted cross bulk และ maturity group bulk พบว่าสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้จากแต่ละวิธีให้ผลผลิตไม่แตกต่างกัน แต่วิธีคัดเลือกแบบหนึ่งเมล็ดต่อต้น ใช้เวลาในการคัดเลือกน้อยกว่าวิธีการอื่น ๆ Byron และ Orf (1991) ได้ทำการคัดเลือกโดยเปรียบเทียบวิธีการคัดเลือกหนึ่งเมล็ดต่อต้น และวิธีการคัดเลือกหนึ่งเมล็ดต่อต้นในชั่วต้น ๆ พบว่าสายพันธุ์ที่คัดเลือกจากทั้งสองวิธีการให้ผลผลิตไม่แตกต่างกัน สำหรับการวิจัยในประเทศไทย โดย ศุภชัย แก้วมีชัย และคณะ (1997) ทำการคัดเลือกถั่วเหลืองอายุสั้น จากการผสมถั่วเหลืองอายุสั้น และถั่วเหลืองอายุยาว สามารถ คัดเลือกได้สายพันธุ์อายุสั้น จำนวน 25 สายพันธุ์

ดังนั้นในการทดลองนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อคัดเลือกถั่วเหลืองอายุสั้น เพื่อให้มีผลผลิตต่อไร่สูง

วัสดุอุปกรณ์ และวิธีการทดลอง

การทดลองได้ทำที่ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี จังหวัดนครราชสีมา ถั่วเหลืองที่ใช้ในการทดลองมีทั้งหมด 9 พันธุ์ คือ พันธุ์เชียงใหม่ 2 (CM2) พันธุ์นครสวรรค์ 1 (NS1) พันธุ์สุโขทัย 2 (ST2) เป็นตัวแทนของกลุ่มพันธุ์อายุสั้น พันธุ์ KKU67, KUSL20004, SJ2 เป็นตัวแทนของกลุ่มพันธุ์อายุปานกลาง พันธุ์ มข. 35 (KKU35) พันธุ์จักรพันธ์ 1 (CB1) และพันธุ์ Long-Juvenile 4 (LJ4) เป็นตัวแทนของกลุ่มพันธุ์อายุยาว

ทำการผสมข้ามระหว่างกลุ่มพันธุ์ แบบแฟกตอเรียล ดังตารางที่ 1 ได้ลูกผสมทั้งหมด 18 คู่ผสม ปลูกลูกผสมทั้ง 18 คู่ผสม เพื่อผลิตเมล็ดชั่วที่ 2 จากนั้นทำการคัดเลือกโดยวิธีการหนึ่งเมล็ดต่อต้น 2 วิธีการ คือ การคัดเลือกในชั่วต้น (ชั่วที่ 2) และการคัดเลือกในชั่วหลัง (ชั่วที่ 4)

ทั้งสองวิธีการหลังจากคัดเลือกในชั่วที่ 4 แล้วเพิ่มจำนวนเมล็ดในชั่วที่ 5 และนำเมล็ดที่ได้มาทดสอบผลผลิตเบื้องต้นในชั่วที่ 6 ในแต่ละวิธีการได้ทำการคัดเลือกจากชั่วที่ 5 ทั้งหมด 102 สายพันธุ์ โดยได้จากการคัดเลือก 3 คู่ผสม ในแต่ละคู่ผสมได้จากวิธีการคัดเลือกในชั่วต้น 17 สายพันธุ์ และจากวิธีการคัดเลือกในชั่วหลัง 17 สายพันธุ์ (รูปที่ 1) จากนั้นนำทั้ง 102 สายพันธุ์ มาทดสอบผลผลิตเบื้องต้นใน 2 สถานที่ โดยมีพันธุ์เปรียบเทียบ 3 พันธุ์ คือ พันธุ์เชียงใหม่ 2 (CM2) พันธุ์นครสวรรค์ 1 (NS1) และ พันธุ์ สจ. 5 (SJ 5) ใช้แผนการทดลองแบบ สปลิต-สปลิต พลอต ขนาดแปลงทดลองย่อย คือ 2 x 4 ตารางเมตร ระยะระหว่างแถว 50 เซนติเมตร ระยะระหว่างต้น 20 เซนติเมตร แต่ละแปลงย่อยมี 4 แถว

บันทึกข้อมูลต่างๆ ได้แก่ อายุวันออกดอก อายุวันเก็บเกี่ยว ผลผลิตต่อแปลงย่อย ขนาดเมล็ด จำนวนฝักต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อต้น และจำนวนกิ่งต่อต้น ในการเก็บข้อมูลจะทำการเก็บเกี่ยวสองแถวกลาง

ตารางที่ 1 แสดงการผสมพันธุ์ถั่วเหลือง 9 พันธุ์ โดยทำการผสมข้ามระหว่างกลุ่ม

Group		Late			Medium		
	Variety	CB1	LJ4	KKU35	KUSL20004	KKU67	SJ2
Early	CM2	X	X	X	X	X	X
	NS1	X	X	X	X	X	X
	ST2	X	X	X	X	X	X

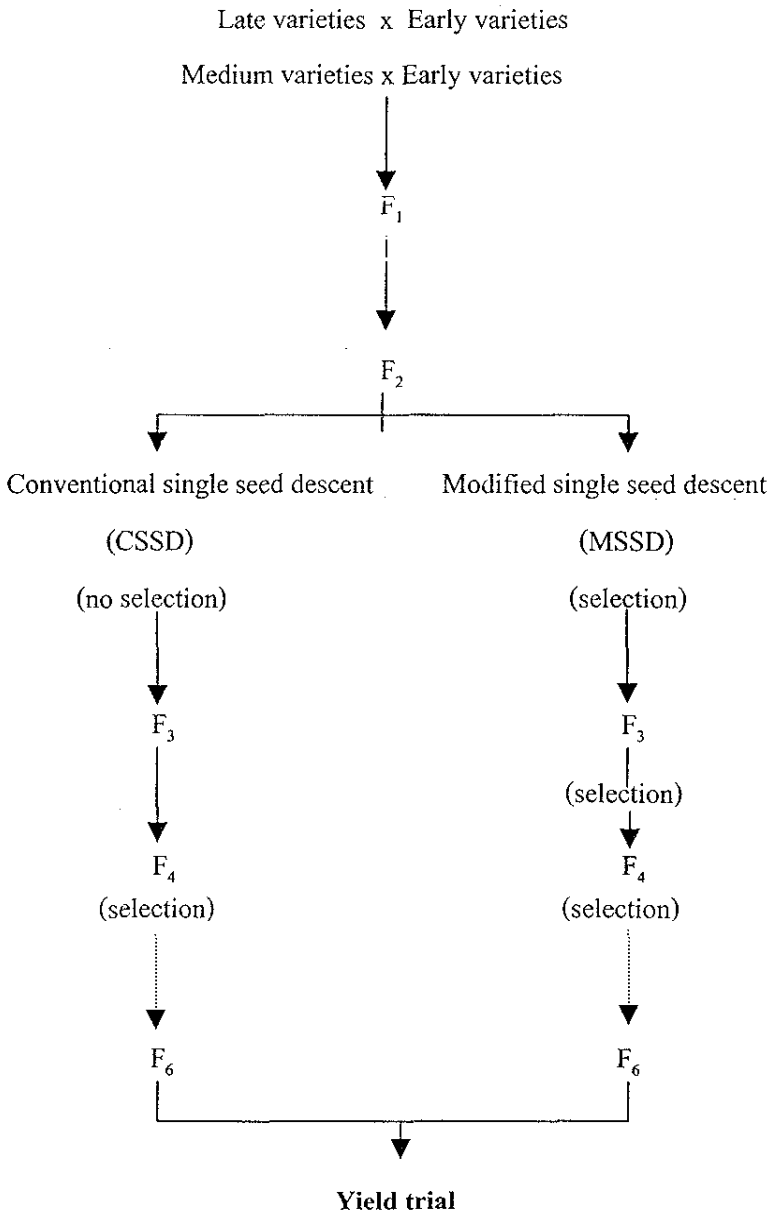


Fig. 1. Procedures for single seed descent (SSD) selection for late flowering and early maturity.

ผลการทดลองและวิจารณ์

การคัดเลือกจากทั้งหมด 18 คู่ผสม สามารถคัดเลือกได้ทั้งหมด 3 คู่ผสม (ตารางที่ 2) ที่มีคุณสมบัติดี คือ รวมยีนจากพันธุ์ที่ห่างไกลกัน (มี genetic diversity สูง) และมีระยะเวลาออกดอก และเก็บเกี่ยวเหมาะสำหรับการคัดเลือกในแต่ละคู่ผสม ทำการคัดเลือกโดย 2 วิธีการ ซึ่งคัดเลือกจากประชากรที่มีอายุออกดอกอยู่ในช่วง 28 ถึง 46 วัน และมีอายุเก็บเกี่ยวช่วง 78 วัน ถึง 122 วัน และสามารถคัดเลือกอายุออกดอกที่ต้องการได้จากพืชเหล่านี้ จากการคัดเลือกพบว่าการคัดเลือกโดยวิธีการหนึ่งเมล็ดต่อต้น จะสามารถคัดเลือกได้จำนวนต้นที่มีลักษณะที่ตรงตามความต้องการมากกว่าการคัดเลือกโดยวิธีการหนึ่งเมล็ดต่อต้นที่คัดเลือกในชั่วต้น ๆ ดังแสดงในตารางที่ 3 สำหรับลักษณะของต้นที่ตรงตามความต้องการ คือ ต้นที่มีอายุออกดอกยาวกว่าพันธุ์อายุสั้น (พันธุ์เชียงใหม่ 2) มีอายุเก็บเกี่ยวไม่แตกต่างกับพันธุ์อายุสั้น และมีลักษณะต้นสูงใหญ่ โดยสามารถคัดเลือกต้นที่ดีที่สุดจากวิธีการคัดหนึ่งเมล็ดต่อต้น มากกว่าวิธีการคัดหนึ่งเมล็ดต่อต้นประยุกต์ จำนวน 3, 2 และ 4 ต้น จากคู่ผสม CB1 x NS1, LJ4 x NS1 และ LJ4 x CM2 ตามลำดับ

จากการทดสอบผลผลิตในชั่วที่ 6 เมื่อพิจารณาทุกคู่ผสม และทุกวิธีการคัดเลือก พบว่าแต่ละวิธีการคัดเลือกจะให้ผลผลิตแตกต่างกัน โดยสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้จากวิธีการหนึ่งเมล็ดต่อต้น จะให้ผลผลิตสูงกว่าการคัดเลือกในชั่วต้น ๆ (ตารางที่ 4) และยังพบว่าสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้จากแต่ละคู่ผสม โดยวิธีการคัดหนึ่งเมล็ดต่อต้น มีอายุก่อนการออกดอกยาวกว่าสายพันธุ์ที่คัดเลือกโดยวิธีการคัดหนึ่งเมล็ดต่อต้นประยุกต์ ในขณะที่อายุเก็บเกี่ยวของสายพันธุ์จากทั้งสองวิธีการไม่มีความแตกต่างทางสถิติ ส่วนลักษณะอื่น ๆ ได้แก่ ขนาดเมล็ด ความสูง จำนวนฝักต่อต้น จำนวนข้อต่อต้น จำนวนกิ่งต่อต้น และจำนวนเมล็ดต่อต้น ของสายพันธุ์ที่คัดเลือกโดยวิธีคัดหนึ่งเมล็ดต่อต้น มีแนวโน้มที่จะมีค่าสูงกว่าสายพันธุ์ที่คัดเลือกโดยวิธีคัดหนึ่งเมล็ดต่อต้นประยุกต์ นอกจากนี้เมื่อคัดเลือกต้นที่ดีที่สุด 5 ต้น จากแต่ละคู่ผสม และจากแต่ละวิธีการคัดเลือก พบว่าสายพันธุ์จากแต่ละคู่ผสมที่ได้จากการคัดเลือกโดยวิธีการคัดหนึ่งเมล็ดต่อต้น ให้ผลผลิตสูงกว่าสายพันธุ์ที่ได้จากการคัดเลือกในชั่วต้น ๆ (ตารางที่ 5, 6 และ 7) นอกจากนี้ยังพบว่าสายพันธุ์เหล่านี้มีอายุออกดอกค่อนข้างยาว อายุเก็บเกี่ยวสั้น มีขนาดเมล็ด และมีต้นสูงใหญ่กว่าสายพันธุ์ที่คัดเลือกในชั่วต้น ๆ และยังพบว่าสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้จากทั้งสองวิธีการ มีลักษณะต่าง ๆ ดีกว่าพันธุ์เปรียบเทียบอายุสั้น (CM2 และ NS1) อย่างไรก็ตามสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้จากทั้งสองวิธีการนี้ไม่แตกต่างในลักษณะทางเกษตร เช่น จำนวนข้อต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น และจำนวนเมล็ดต่อต้น

ดังนั้นอาจสรุปได้ว่า การคัดเลือกโดยวิธีการคัดเลือกหนึ่งเมล็ดต่อต้น มีประสิทธิภาพในการคัดเลือกอายุออกดอก และอายุเก็บเกี่ยว มากกว่าการคัดเลือกหนึ่งเมล็ดต่อต้นในชั่วต้น ๆ โดยจะสามารถรักษาต้นที่มีอายุเก็บเกี่ยวสั้นไว้ได้มากกว่า เนื่องจากวิธีนี้จะมีจำนวนต้นในชั่วต้น ๆ เป็นจำนวนมาก ทำให้มีโอกาสมากกว่าในการคัดเลือกต้นที่มีลักษณะที่ต้องการ

Table 2. Number of plants for three cross populations selected by MSSD and CSSD.

	CSSD†			MSSD‡		
	CB1 x NS1	LJ4 x NS1	LJ4 x CM2	CB1 x NS1	LJ4 x NS1	LJ4 x CM2
F_1	12	18	20	12	18	20
F_2	624	870	960	624	870	960
F_3	616	752	918	60	80	90
F_4	604	740	902	40	54	60
F_5	56	71	85	30	42	47
F_6	17	17	17	17	17	17

†Conventional single seed descent.

‡Modified single seed descent.

Table 3. Number of the best F_4 lines selected by conventional single seed descent and modified single seed descent procedure.

Entry	CSSD†			MSSD‡		
	No.	Flowering	Maturity	No.	Flowering	Maturity
CB1 x NS1	6	33 - 36	80 - 83	3	32 – 35	80 - 83
LJ4 x NS1	6	32 - 36	80 - 83	4	33 – 36	80 - 83
LJ4 x CM2	8	33 - 37	80 - 83	4	32 – 36	80 - 83
CM2 (Check)	-	30	80	-	30	80

†Conventional single seed descent.

‡Modified single seed descent.

Table 4. Means over locations of each population for yield, days to flowering, days to maturity and seed size of three cross populations selected by two procedures.

Procedure	Yield	Flo[†]	Mat[‡]	Seed size	Nodes	Branches	Pods	Seeds	Plant height
					plant^{-1}				
	kg ha^{-1}	no.		g	no.				cm
CB1 x NS1									
CSSD[¶]	2,693	34.51	82.44	17.63	10.4	2.2	30.2	56.0	54.7
MSSD[§]	2,537	33.68	82.84	17.05	10.5	2.5	29.9	54.8	52.3
$Lsd_{0.05}$	76	0.24	0.24	0.29	0.2	0.3	1.7	3.7	3.2
LJ4 x NS1									
CSSD	2,732	34.85	82.24	19.38	10.5	2.1	28.4	55.1	58.0
MSSD	2,651	33.95	82.83	18.02	10.7	2.0	30.7	60.2	55.5
$Lsd_{0.05}$	75	0.34	0.28	0.32	0.2	0.2	1.9	4.5	3.7
LJ4 x CM2									
CSSD	2,723	35.11	82.25	16.72	10.81	2.0	31.0	60.2	59.3
MSSD	2,647	34.64	82.64	16.09	11.04	2.1	30.1	58.1	55.8
$Lsd_{0.05}$	72	0.28	0.23	0.25	0.25	0.2	1.7	4.3	3.8

[†] Days to flowering

[‡] Days to maturity

[¶] Conventional single seed descent

[§] Modified single seed descent

Table 5. Means over locations of five best lines obtained from CB1 x NS1 population.

Entry	Yield	Flo†	Mat‡	Seed size	Nodes	Branches	Pods	Seeds	Plant height
					plant^{-1}				
	kg ha^{-1}	no.		g	no.				cm
Conventional single seed descent									
CSSD-1106	2,650	34.8	81.7	16.9	9.6	1.8	27.0	51	48
CSSD-1110	2,822	35.3	82.7	16.7	10.5	2.2	30.5	59	60
CSSD-1113	2,743	34.8	82.3	15.4	10.3	2.2	28.3	53	51
CSSD-1115	2,779	35.7	81.8	16.7	9.7	2.1	30.5	55	46
CSSD-1117	2,874	34.8	82.5	16.9	10.0	1.9	27.8	47	55
Modified single seed descent									
MSSD-1202	2,615	32.8	81.7	16.9	10.2	2.5	29.5	52	56
MSSD-1203	2,617	33.5	82.8	17.1	10.5	2.6	30.3	57	58
MSSD-1211	2,663	33.7	82.2	17.6	10.6	2.4	29.8	54	57
MSSD-1215	2,610	34.2	82.3	18.9	10.2	2.4	30.4	57	59
MSSD-1216	2,742	33.7	84.2	15.7	10.6	2.0	34.3	63	61
CM2	2,475	30.0	81.2	16.3	10.0	1.9	27.1	52	45
NS1	2,478	30.6	81.5	19.5	10.1	1.5	26.4	50	47
SJ5	2,617	36.0	100.2	17.1	12.5	2.8	33.8	69	70

† Days to flowering

‡ Days to maturity

Table 6. Means over locations of five best lines obtained from LJ4 x NS1 population.

Entry	Yield	Flo†	Mat‡	Seed size	Nodes	Branches	Pods	Seeds	Plant height
					plant^{-1}				
	kg ha^{-1}	no.		g	no.				cm
Conventional single seed descent									
CSSD-2101	2,682	34.3	81.2	18.0	9.9	2.3	30.2	50	59
CSSD-2104	2,976	32.7	80.5	20.0	10.2	1.3	25.5	48	57
CSSD-2108	2,941	36.2	83.3	18.3	10.0	2.0	29.9	64	56
CSSD-2109	2,903	32.8	80.2	19.2	10.1	1.7	26.8	56	60
CSSD-2111	2,773	32.8	81.2	20.9	10.0	1.6	22.9	45	48
Modified single seed descent									
MSSD-2206	2,807	36.7	82.2	19.8	9.7	1.9	27.3	57	53
MSSD-2207	2,702	35.7	81.7	17.7	10.1	2.2	32.1	52	55
MSSD-2208	2,882	33.5	82.8	17.3	10.9	2.1	35.5	78	74
MSSD-2209	2,740	35.8	81.7	16.4	10.7	2.1	29.0	49	46
MSSD-2215	2,799	34.8	83.3	16.1	10.7	2.1	31.4	61	65
CM2	2,439	31.0	80.9	16.3	10.0	2.1	32.6	58	52
NS1	2,539	31.0	81.3	19.3	10.0	1.9	25.2	48	46
SJ5	2,670	36.0	99.5	16.7	12.0	3.0	35.5	70	65

† Days to flowering

‡ Days to maturity

Table 7. Means over locations of five best lines obtained from LJ4 x CM2 population.

Entry	Yield	Flo†	Mat‡	Seed size	Nodes	Branches	Pods	Seeds	Plant height
					plant^{-1}				
	kg ha^{-1}	no.		g	no.				cm
Conventional single seed descent									
CSSD-3102	2,650	34.8	80.6	16.7	11.0	1.8	32.0	69	57
CSSD-3105	2,818	33.7	81.2	15.6	10.9	1.7	27.3	55	65
CSSD-3108	2,870	33.3	80.3	17.9	11.0	1.7	30.7	59	69
CSSD-3110	2,857	36.5	82.2	16.2	10.8	1.9	36.1	68	55
CSSD-3114	2,728	35.2	80.4	16.9	11.1	2.0	29.1	61	56
Modified single seed descent									
MSSD-3202	2,754	33.7	82.5	15.7	11.4	1.8	29.9	60	44
MSSD-3206	2,733	35.3	82.3	18.5	10.5	1.6	29.0	57	61
MSSD-3211	2,818	32.7	82.6	17.9	10.5	2.0	26.5	57	58
MSSD-3215	2,750	34.7	83.2	16.4	11.5	2.3	35.7	64	57
MSSD-3217	2,888	33.3	81.6	16.8	11.3	2.5	29.4	56	66
CM2	2,410	30.0	80.7	16.6	10.3	1.8	25.3	49	42
NS1	2,574	30.7	81.3	19.6	10.1	1.6	27.8	49	48
SJ5	2,700	36.1	100.0	17.4	13.0	3.0	40.6	77	65

† Days to flowering

‡ Days to maturity

เอกสารอ้างอิง

Byron, D.F., and Orf, J.H. (1991). Comparison of three selection procedures for development of early-maturing soybean lines. **Crop Sci.** 31: 656-660.

Dunphy, E.J., Hanway, J.J., and Green, D.E. (1979). Soybean yields in relation to days between specific developmental stages. **Agron. J.** 71: 917-920.

Hartwig, E.E., and Kiihl R.A.S. (1979). Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short-day conditions. **Field Crop Res.** 2: 145-151.

Kaewmeechai, S., et al. (1997). Soybean improvement for tolerance to powdery mildew. In **Proceedings National Soybean Research Conference VI.** Bangkok: Kasetsart University Press.

การพัฒนาพันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้นโดยวิธีการผสมกลับ

ฐิติพร มะชิโกวา และ ไพศาล เหล่าสุวรรณ

การผลิตถั่วเหลืองในประเทศไทยมีสูงเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ โดยสามารถปลูกหลังการปลูกข้าว หรือปลูกสลับกับพืชไร่อื่น ๆ ในระบบการปลูกพืชแบบนี้ต้องการถั่วเหลืองที่มีอายุเก็บเกี่ยวน้อยกว่า 90 วัน ในปัจจุบันถั่วเหลืองที่เป็นพันธุ์ส่งเสริมให้เกษตรกรใช้ได้แก่ พันธุ์เชียงใหม่ 2 (CM2), พันธุ์นครสวรรค์ 1 (NS1) และพันธุ์สุโขทัย 2 (ST2) พันธุ์เหล่านี้มีอายุสั้น แต่มีต้นค่อนข้างเล็ก และให้ผลผลิตต่ำ ดังนั้นการปรับปรุงบางลักษณะ เช่น ขนาดลำต้น, จำนวนกิ่งต่อต้น, จำนวนฝักต่อต้น และลักษณะอื่น ๆ ของพันธุ์เหล่านี้น่าจะนำไปสู่การให้ผลผลิตสูงขึ้นได้

วิธีการผสมกลับเป็นวิธีการที่ได้รับความนิยมในการปรับปรุงพันธุ์พืชที่เป็นลักษณะคุณภาพ การปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการผสมกลับในยุคแรก ๆ ได้มีการปรับปรุงพันธุ์ข้าวสาลีพันธุ์ Barrt ให้ต้านทานต่อโรคราสนิม (Briggs, 1930 quoted in Jensen, 1988) ซึ่งแหล่งของความต้านทานที่เป็นพันธุ์ให้ คือ พันธุ์ Martin ทำการผสมพันธุ์กัน แล้วผสมกลับไปยังพันธุ์ Barrt ซึ่งเป็นพันธุ์รับ

สำหรับการปรับปรุงพันธุ์พืชในประเทศไทยนั้น ได้มีการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียวพันธุ์กำแพง- แสน 1, กำแพงแสน 2 และ พันธุ์ PSU 1 ให้ต้านทานต่อโรคใบจุด (เชื้อสาเหตุ *Cercospora cenescens*) โดยนำพันธุ์เหล่านี้มาผสมกับพันธุ์ให้ VC3689A ซึ่งต้านทานต่อโรค แล้วผสมกลับไปยังพันธุ์รับ 4 ชั่ว ซึ่งได้พันธุ์ที่ต้านทานต่อโรค 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ มทส. 1, พันธุ์ มทส. 3 และพันธุ์ มทส. 4 ตามลำดับ (Laosuwan et al., 1997; Laosuwan et al., 1999) Chaiteing (2002) ได้พัฒนาพันธุ์ถั่วเขียวให้ต้านทานต่อโรคราแป้งโดยวิธีการผสมกลับ โดยใช้พันธุ์ชัยนาท 36 เป็นพันธุ์รับ และพันธุ์ มทส. 4 และพันธุ์ VC1210A เป็นพันธุ์ให้ และทำการผสมกลับ 3 ครั้ง สามารถคัดเลือกได้ 10 สายพันธุ์ ที่ต้านทานต่อโรคราแป้ง และมีผลผลิตสูงกว่าพันธุ์รับ

การผสมกลับเพื่อปรับปรุงลักษณะปริมาณไม่ค่อยเป็นที่นิยมกันนัก เนื่องจากการคัดเลือกลักษณะที่ต้องการในการผสมกลับแต่ละชั่วทำได้ค่อนข้างยาก ตัวอย่างในการผสมกลับเพื่อปรับปรุงโปรตีนในถั่วเหลือง Wilcox และ Cavin (1995) ทำการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์โปรตีนสูง ซึ่งเป็นพันธุ์ให้กับพันธุ์ปลูกเป็นพันธุ์รับ แล้วทำการผสมกลับไปยังพันธุ์รับ 3 ครั้ง จากนั้นทำการผสมตัวเองจนถึงชั่วที่ 5 จากการคัดเลือกได้ต้นที่มีโปรตีนสูงกว่าพันธุ์รับ จากที่กล่าวมาทั้งหมดจะเห็นได้ว่าการผสมกลับ น่าจะมีประสิทธิภาพในการปรับปรุงลักษณะ องค์ประกอบผลผลิต เช่น ลักษณะขนาดเมล็ด จำนวนฝักต่อต้น และเมล็ดต่อต้น

ลักษณะองค์ประกอบผลผลิตที่ทำให้ผลผลิตสูงเป็นที่น่าสนใจในการปรับปรุงพันธุ์พืช พบว่าการให้ผลผลิตสูงเกี่ยวข้องกับการมีจำนวนฝักต่อต้นสูง (Wetherspoon and Wentz, 1934; Anand and Torrie, 1963; Malhotra et al., 1971; Sharma, 1979; Board, 1987) ลักษณะนี้มีอัตราพันธุกรรมค่อนข้างสูง อยู่ในช่วง 0.22 - 0.83 (Johnson et al., 1955; Alam and Muresan, 1985) ดังนั้นลักษณะจำนวนฝักต่อต้นสูง น่าจะสามารถย้ายไปสู่ถั่วเหลืองอายุสั้นโดยวิธีการผสมกลับได้

ดังนั้นวัตถุประสงค์ของการทดลองนี้ เพื่อปรับปรุงถั่วเหลืองอายุสั้นให้มีจำนวนฝักต่อต้นสูงขึ้น เพื่อนำไปสู่การให้ผลผลิตสูง

วัสดุอุปกรณ์และวิธีการทดลอง

ใช้ถั่วเหลืองพันธุ์อายุสั้น 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์เชียงใหม่ 2 (CM2), พันธุ์นครสวรรค์ 1 (NS1) และ พันธุ์สุโขทัย 2 (ST2) เป็นพันธุ์รับ นำมาผสมข้ามกับสายพันธุ์ Long-Juvenile 4 (LJ4) ซึ่งสายพันธุ์นี้มีอายุยาว ลักษณะต้นสูงใหญ่ และมีจำนวนฝักต่อต้นสูง เมื่อผสมพันธุ์แล้ว ได้ F_1 จำนวน 3 คู่ผสม ได้แก่ LJ4 x CM2, LJ4 x NS1 และ LJ4 x ST2 นำเมล็ดเหล่านี้มาปลูก แล้วผสมกลับไปยังพันธุ์รับ เพื่อให้ได้เมล็ด BC_1F_1 จากนั้นนำเมล็ดไปปลูกและผสมกลับไปยังพันธุ์รับ จนกระทั่งได้เมล็ด BC_3F_1 นำเมล็ดเหล่านี้ไปปลูกให้ผสมตัวเอง จนกระทั่งได้เมล็ด BC_3F_3 ในแต่ละชั่ว ต้นที่คัดเลือกได้จากการคัดต้นที่มีจำนวนฝักต่อต้นสูง จากนั้นดูลักษณะอื่น ๆ ในชั่วนี้ นำไปปลูกแบบต้นต่อแถว พร้อมทั้งทำการคัดเลือก และเก็บเกี่ยวเป็นรายแถว นำเมล็ดสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้ไปปลูกทดสอบผลผลิต (รูปที่ 1) เปรียบเทียบกับพันธุ์พ่อ-แม่ โดยทำการปลูกใน 2 สถานที่ วางแผนการทดลองแบบสุ่มภายในบลอก จำนวน 3 ซ้ำ แต่ละสายพันธุ์ปลูกจำนวน 4 แถว ที่มีระยะห่างระหว่างแถว 50 ซม. และระยะระหว่างต้น 20 ซม. ความยาวแถว 4 เมตร ทำการบันทึกข้อมูล 2 แถวกลาง โดยบันทึกลักษณะวันออกดอก, วันเก็บเกี่ยว, จำนวนฝักต่อต้น ทำการคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีจำนวนฝักต่อต้นสูง ซึ่งได้แก่ สายพันธุ์ 103 และ 108 จากพันธุ์รับ CM2 สายพันธุ์ 204 และ 207 จากพันธุ์รับ NS1 สายพันธุ์ 303 และ 309 จากสายพันธุ์ ST2 จากนั้นทำการสุ่ม 10 ต้น จากสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้ มาวัดความสูงต้น, จำนวนข้อต่อต้น, น้ำหนัก 100 เมล็ด และผลผลิต

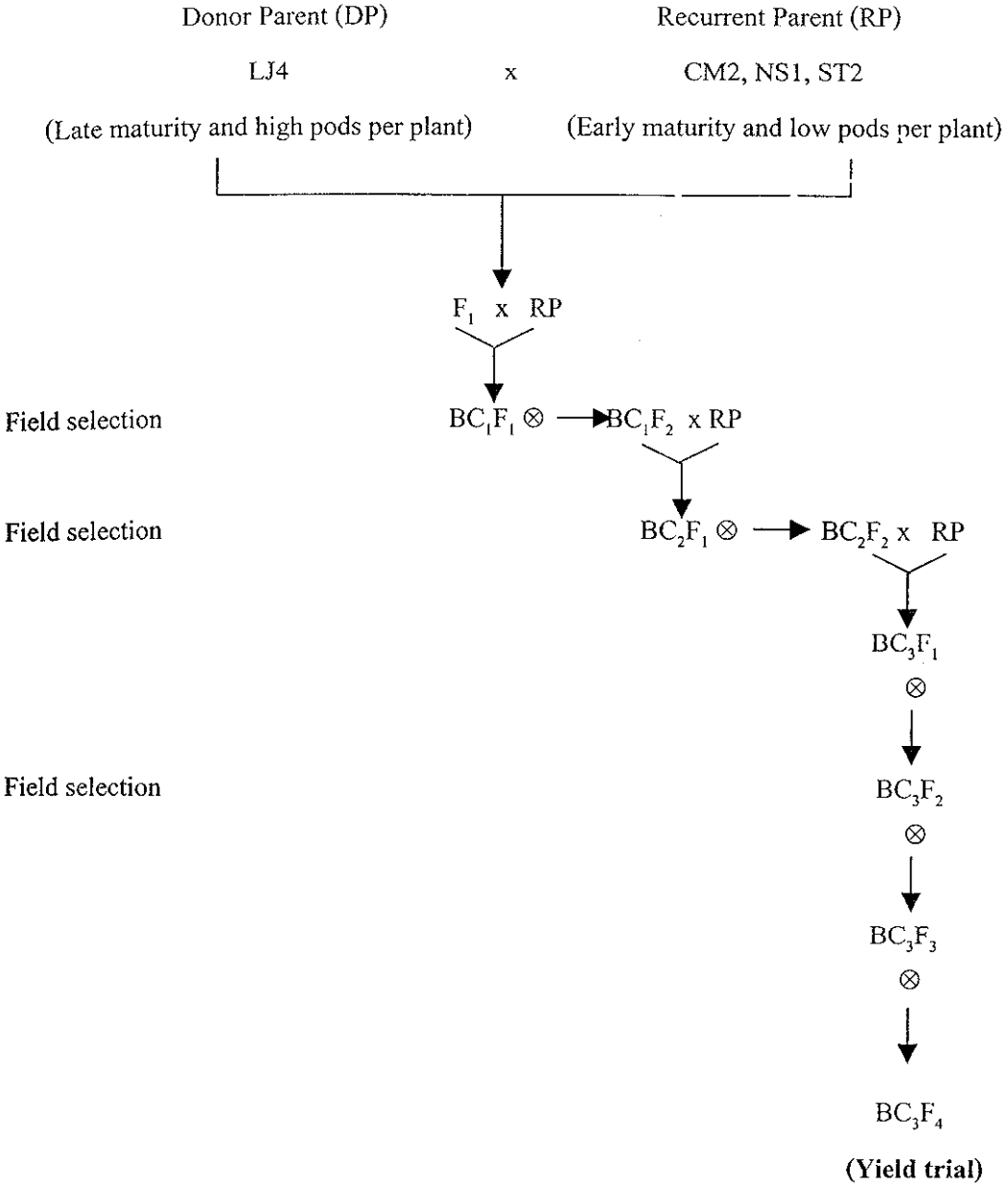


Fig. 1. Diagram for backcross breeding and selection for early maturity and high number of pods per plant.

ผลการทดลอง

จากการวิเคราะห์ข้อมูลของสายพันธุ์ถั่วเหลืองทั้ง 6 สายพันธุ์ที่คัดเลือกได้จากการผสมแต่ละคู่ ๆ ละ 2 สายพันธุ์ และพันธุ์ พ่อ-แม่ พบว่าสายพันธุ์มีความแตกต่างกับพันธุ์พ่อ-แม่อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยมีความแตกต่างกันในลักษณะผลผลิต จำนวนฝักต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อต้น จำนวนกิ่งต่อต้น น้ำหนัก 100 เมล็ด ความสูง วันออกดอก และอายุเก็บเกี่ยว ดังแสดงในตารางที่ 1

ค่าเฉลี่ยของผลผลิตและลักษณะอื่นๆ ของสายพันธุ์ผสมกลับ และพันธุ์รับ แสดงในตารางที่ 2 ในการทดลองครั้งนี้พบว่า สายพันธุ์ 103 และสายพันธุ์ 108 มีผลผลิตสูงกว่าพันธุ์รับ CM2 (2,356 กก./เฮกตาร์) และยังพบว่าทั้งสองสายพันธุ์นี้ ให้ผลผลิตสูงกว่าพันธุ์รับ 13.16 และ 16.21% ตามลำดับ และยังพบว่าสายพันธุ์ 309 ให้ผลผลิตสูงกว่าพันธุ์ ST2 ซึ่งเป็นพันธุ์รับ ในขณะที่สายพันธุ์ 303 ไม่แตกต่างจากพันธุ์รับ

ลักษณะที่อาจเกี่ยวข้องกับผลผลิต และพบว่าเพิ่มขึ้น เมื่อทำการผสมกลับ คือ ขนาดเมล็ดของลูกผสมกลับ CM2 ซึ่งเพิ่มจาก 16.59 กรัม เป็น 17.81 และ 18.20 กรัมต่อน้ำหนัก 100 เมล็ด ในสายพันธุ์ 103 และ 108 ตามลำดับ นอกจากนี้ทั้งสองสายพันธุ์ยังมีจำนวนฝักต่อต้น 25.1 และ 28.6 ฝัก ซึ่งสูงกว่าพันธุ์รับ CM2 (19.2 ฝักต่อต้น) ผลการทดลองที่ให้ผลการทดลองคล้ายกันนี้พบใน ลูกผสมกลับของ NS1 และพบว่าสายพันธุ์ 309 มีจำนวนฝักต่อต้นสูงสุด และสูงกว่า ST2 (พันธุ์รับ) สำหรับลักษณะเมล็ดต่อต้น พบว่าทุกสายพันธุ์มีเมล็ดต่อต้นสูงกว่าพันธุ์รับ ยกเว้นสายพันธุ์ 303 จำนวนกิ่งต่อต้น มีเพียง 3 สายพันธุ์เท่านั้นที่มีจำนวนกิ่งต่อต้นสูงกว่าพันธุ์รับ ได้แก่ สายพันธุ์ 103, 204 และ 303

อย่างไรก็ตามลักษณะต่าง ๆ ของสายพันธุ์ควรจะเหมือนกับพันธุ์รับ ดังนั้นสายพันธุ์ที่คัดเลือกได้ควรจะมีการผสมกลับอีก จนให้มีลักษณะต่าง ๆ เหมือนพันธุ์รับ

ตารางที่ 1. การวิเคราะห์วาเรียนซ์ของผลผลิต และลักษณะต่างๆ ของลูกผสมกลับทั้ง 3 คู่ผสม

Sources of variation	df	Yield	Days to flowering	Days to Maturing	Seed size	Height	Nodes	Branches plant^{-1}	Pods plant^{-1}	Seeds plant^{-1}
Block	2	17.0	0.04	0.38	0.02	18.54	0.17	0.01	6.0	42.31
Parent vs backcross	1	943.5**	1.12*	2.32*	4.62**	74.51*	0.24	0.38*	121.71**	768.87**
Lines/parent	9	574.6**	0.26	0.71	7.20**	53.60**	5.64*	0.74**	107.43**	628.52**
Error	18	82.1	0.14	0.32	0.17	14.25	0.07	0.05	12.53	75.43
CV (%)		11.42	3.22	2.81	2.24	13.45	2.45	12.83	13.97	17.56

*, ** = Significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively; ns = not significant.

ตารางที่ 2. ผลผลิต และลักษณะต่าง ๆ ของสายพันธุ์ที่ได้จากการผสมกลับให้มีจำนวนต้นต่อต้นสูง

No.	สายพันธุ์	ผลผลิต	อายุออกดอก	อายุเก็บเกี่ยว	ขนาดเมล็ด	ความสูง	ข้อ/ต้น	กิ่ง/ต้น	ฝัก/ต้น	เมล็ด/ต้น
		กก./เฮกตาร์	วัน		กรัม	ซม.				
103	LJ4 x CM2	2,616 b	30 c	81.0 c	17.81 cd	54 c	10 c	2.3 b	25.1 cd	52.5 c
108	LJ4 x CM2	2,688 ab	30 c	80.7 c	18.20 c	52 c	10 c	1.4 c	28.6 c	57.5 bc
204	LJ4 x NS1	2,519 b	30 c	80.3 c	19.95 b	50 c	10 c	2.6 b	24.6 cd	53.5 c
207	LJ4 x NS1	2,619 bc	30 c	80.7 c	19.85 b	53 c	10 c	1.6 c	28.6 c	54.2 c
303	LJ4 x ST2	2,519 b	30 c	81.3 bc	17.16 de	65 bc	14 b	2.2 b	28.7 c	48.6 c
309	LJ4 x ST2	2,588 b	31 b	82.3 b	17.91 cd	68 b	14 b	1.3 c	36.3 b	70.1 b
Parent	CM2	2,356 d	30 c	80.3 c	16.59 e	40 d	10 c	1.4 c	19.2 d	38.7 d
Parent	NS1	2,325 d	30 c	80.3 c	21.06 a	37 d	10 c	1.6 c	17.7 d	34.7 d
Parent	ST2	2,525 bc	31 b	83.0 b	16.45 e	61 c	13 bc	2.1 b	28.0 c	53.3 c
Parent	LJ4	2,841 a	44 a	122.0 a	16.56 e	105 a	18 a	4.2 a	45.0 a	94.6 a
	Mean	2,699	30.3	81.1	18.50	53	11.2	1.9	27.3	53.0

*, ** = Significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively. ns = not significant.

เอกสารอ้างอิง

Alam, S. and Muresan, T. (1985). The inheritance of some quantitative characters in soybean. **Thai J. Agric. Sci.** 18:101-108.

Anand, S.C. and Torrie, J.H. (1963). Heritability of yield and other traits and interrelationship among traits in the F_2 and F_4 generations of three soybean crosses. **Crop Sci.** 3:508-511.

Board, J.E. (1987). Yield components related to seed yield in determinate soybean. **Crop Sci.** 27:1296-1297.

Briggs, F.N. (1930). Breeding wheats resistant to bunt by backcrossing method. **J. Am. Soc. Agron.** 22:239-244. Quoted in Jensen, N.F. (1988). **Plant Breeding Methodology.** New York: John Wiley & Son.

Chaiteing, B. (2002). **Inheritance of powdery mildew resistance in mungbean and development of markers-assisted selection.** Ph.D. Dissertation, Suranaree University of Technology, Nakhon Ratchasima.

Johnson, H.W., Robinson, H.F. and Comstock, R.E. (1955). Estimate of genetic and environmental variability in soybeans. **Agron. J.** 47:314-318.

Laosuwan, P., Nangmai, M., Sawng-Un, C. and Polchim, S. (1997). Yield trials of backcross progenies of mungbeans. **Suranree J. Sci. Technol.** 4:35-44.

Laosuwan, P. (1999). Mungbean varietal improvement : A review. **Songklanakarin J. Sci. Technol.** 30:41-48.

Malhotra, R.S., Singh, K.B. and Dhaliwal, H.S. (1972). Correlation and path-coefficient analyses in soybean (*Glycine max.* (L.) Merr.). **Indian J. Agric. Sci.** 42:26-29.

Sharma, S.K. (1979). Note on path-coefficient analysis in the F2 populations of soybean grown at two locations. **Indian J. Agric. Sci.** 49:820-821.

Wetherspoon, J.N. and Wentz, J.B. (1934). A statistical analysis of yield factors in soybean. **J. Am. Soc. Agron.** 26:524-531.

Wilcox, J.R. and Cavins, J. F. (1995). Backcrossing high seed protein to a soybean cultivar. **Crop Sci.** 35: 1036-1041.

งานวิจัยที่อยู่ในขั้นดำเนินการ

เนื่องจากโครงการวิจัยปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองเป็นโครงการต่อเนื่อง มีหัวข้อบางหัวข้ออยู่ในระยะดำเนินการ ซึ่งจะสิ้นสุดในปี 2548 ดังนี้

ก. ถั่วเขียว

1. การเปรียบเทียบพันธุ์ถั่วเขียว ที่ปรับปรุงให้ต้านทานโรคใบจุด และราแป้ง

ได้ทำการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียวให้ต้านทานโรคใบจุดได้ 4 พันธุ์ คือ พันธุ์ มทส 2 (กพส 1 x VC 3689A), พันธุ์ มทส 3 (กพส 2 x VC 3689A), พันธุ์ มทส 4 (มอ 1 x VC 3689A) พันธุ์ดังกล่าวนี้ยังไม่ได้ขอรับรองพันธุ์จากคณะกรรมการรับรองพันธุ์พืชแห่งชาติ เนื่องจากการทดสอบยังไม่เพียงพอ จึงดำเนินการทดสอบให้เพียงพอ เพื่อขอรับรองพันธุ์ต่อไป

2. การเปรียบเทียบพันธุ์ถั่วเขียว ที่มีอายุเก็บเกี่ยวที่สม่ำเสมอ

ได้ดำเนินการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียวให้มีอายุเก็บเกี่ยวที่สม่ำเสมอ โดยวิธีมิวเตชัน ได้คัดเลือกสายพันธุ์ในชั่ว M_6 ไว้ 7 สายพันธุ์ ขณะนี้อยู่ในขั้นทดสอบ

3. การศึกษาเกี่ยวกับถั่วเขียวเมล็ดเล็ก

3.1 การศึกษาพันธุกรรมของถั่วเขียวที่มีขนาดเมล็ดต่าง ๆ กัน การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์ เพื่อจะศึกษาข้อดีของถั่วเขียวเมล็ดเล็ก และวิธีการปรับปรุงพันธุ์ เพื่อที่จะนำไปใช้ประโยชน์ต่อไป

3.2 การศึกษาการใช้ประโยชน์ของถั่วเขียวเมล็ดเล็ก ได้ทำการคัดเลือกพันธุ์ถั่วเขียวเมล็ดเล็กที่มีมวลชีวะสูง เพื่อที่จะนำไปปลูกเป็นพืชบำรุงดิน ขณะนี้อยู่ในขั้นเตรียมการทดสอบ จะเริ่มทดสอบปลูกก่อนข้าวไถกลบเพื่อบำรุงดิน แล้วปลูกข้าวต่อไป

ข. ถั่วเหลือง

1. การเปรียบเทียบพันธุ์อายุสั้น

ได้ทำการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้น ซึ่งปรับปรุงโดย 2 วิธี คือ วิธีผสมพันธุ์และคัดเลือกพันธุ์ และวิธีผสมกลับ ได้คัดเลือกสายพันธุ์ไว้ทั้งสิ้นประมาณ 40 สายพันธุ์ ขณะนี้ (มกราคม 2547) กำลังปลูกคัดเลือกผลผลิตเบื้องต้น เมื่อสิ้นสุดขั้นตอนนี้จะดำเนินการทดสอบพันธุ์ในท้องถิ่นต่อไป

2. การปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองโปรตีนสูง

โดยพันธุ์ที่ผสมในการทดลองนี้ได้แก่พันธุ์ไทย คือ พันธุ์ สจ. 5 ซึ่ง เป็นพันธุ์ที่นิยมปลูกในประเทศ และมีผลผลิตค่อนข้างสูง ผสมข้ามกับพันธุ์โปรตีนสูงจากต่างประเทศ คือ พันธุ์ Prolina ซึ่งมีเปอร์เซ็นต์โปรตีนประมาณ 45% และพันธุ์ NC 103 ซึ่งมีเปอร์เซ็นต์โปรตีนสูงถึง 42.5% ขณะนี้กำลังอยู่ในระยะผสมพันธุ์

3. การปรับปรุงพันธุ์ให้ฝักไม่แตก

เนื่องจากถั่วเหลืองพันธุ์นครสวรรค์ 1 (นว. 1) เป็นพันธุ์ที่มีอายุเก็บเกี่ยวสั้น เมล็ดมีขนาดใหญ่ ให้ผลผลิตค่อนข้างสูง เหมาะสำหรับระบบการปลูกพืช แต่พันธุ์นี้มีข้อเสีย คือ ฝักแตกง่าย โดยเฉพาะในระยะการเก็บเกี่ยวในฤดูแล้ง ซึ่งทำให้ผลผลิตเสียหายค่อนข้างมาก ดังนั้นถ้าสามารถปรับปรุงให้พันธุ์ นว.1 สามารถทนทานต่อฝักแตก น่าจะเป็นปัจจัยหนึ่งที่ทำให้ผลผลิตสูงขึ้นได้

การทดลองได้ทำที่ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี จังหวัดนครราชสีมา ถั่วเหลืองที่ใช้ในการทดลองมีทั้งหมด 2 พันธุ์ คือ พันธุ์นครสวรรค์ 1 (นว. 1, พันธุ์รับ) ซึ่งเป็นพันธุ์ที่มีอายุเก็บเกี่ยวสั้น เมล็ดมีขนาดใหญ่ ให้ผลผลิตค่อนข้างสูง เหมาะสำหรับระบบการปลูกพืช แต่พันธุ์นี้มีข้อเสีย คือ ฝักแตกง่าย จึงได้ดำเนินการผสมข้ามกับพันธุ์ สจ. 5 ซึ่งเป็นพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง และทนทานต่อฝักแตก (พันธุ์ให้) เมื่อทำการผสมพันธุ์จนได้เมล็ด F_1 จำนวน 25 เมล็ด จากนั้นนำเมล็ดที่ผสมพันธุ์ได้มาปลูก พร้อมทั้งทำการผสมกลับไปยังพันธุ์รับ คือ พันธุ์ นว. 1 ได้ BC_1F_1 ทั้งหมด 24 เมล็ด จากนั้นนำเมล็ด BC_1F_1 มาปลูกแล้วทำการคัดเลือกเฉพาะต้นที่ฝักไม่แตก แล้วนำเมล็ดจากต้นที่ฝักไม่แตก ซึ่งเป็นเมล็ด BC_1F_2 ผสมกลับไปยัง นว. 1 อีกครั้ง ได้เมล็ด BC_2F_1 แล้วทำการคัดเลือกต้นที่ฝักไม่แตก แล้วนำต้นที่ฝักไม่แตกมาผสมกลับไปยัง นว. 1 อีกครั้ง ได้เมล็ด BC_3F_1

ขณะนี้การทดลองอยู่ในระยะดำเนินการซึ่งอยู่ในช่วงของการปลูก BC_3F_2 เพื่อทำการผสมกลับไปยังพันธุ์รับ และคาดว่าจะสิ้นสุดการผสมพันธุ์ในชั่วนี้ และจะทำการคัดเลือก และขยายพันธุ์เพื่อทำการทดสอบต่อไป ดังแสดงในรูปที่ 1

ประวัติผู้วิจัย

1. ชื่อ นายไพศาล เหล่าสุวรรณ

2. เพศ ชาย สถานะทางสมรส แต่งงาน

3. วัน เดือน ปี เกิด 5 ตุลาคม 2483

4. ตำแหน่งปัจจุบัน ศาสตราจารย์

5. ที่อยู่ (ทำงาน) สำนักงาน: สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี
อ. เมือง จ. นครราชสีมา 30000
โทร. (044) 224155, แฟกซ์ (044) 224150

6. ที่อยู่ (บ้าน) 296 หมู่ 4 ต. หนองจะบก ถนน มหาวิทยาลัย
อ. เมือง จ. นครราชสีมา 30000
โทร. (044) 357842, 357843

7. E-mail paisan@ccs.sut.ac.th

8. ประวัติการศึกษา

8.1 ปริญญาตรี สาขา การผลิตพืชไร่ ปีที่จบ 2508 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

8.2 ปริญญาโท สาขา การปรับปรุงพันธุ์พืช ปีที่จบ 2514 Univ. of Manitoba, Canada.

8.3 ปริญญาเอก สาขา การปรับปรุงพันธุ์พืช ปีที่จบ 2518 Iowa State Univ., USA.

9. ผลงานวิจัยย้อนหลัง 5 ปี

หัวหน้าโครงการ

1. โครงการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลือง ถั่วเขียว

1.1 ปรับปรุงพันธุ์ มทส. 1, มทส. 2, มทส. 3, และ มทส. 4 (มทส. 1 ผ่านการรับรองพันธุ์แล้ว)

1.2 ปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียวให้ต้านทานโรคราแป้ง และใบจุด

1.3 ปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลืองอายุสั้น

2. โครงการพัฒนาการผลิตทานตะวัน

2.1 ศึกษาปัจจัยการผลิตทานตะวัน

2.2 ปรับปรุงพันธุ์ทานตะวัน กำลังคัดเลือกสายพันธุ์

ที่ปรึกษา

1. โครงการเพิ่มผลผลิตของถั่วเหลือง ฯลฯ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (สกว.)
2. โครงการปาล์มน้ำมัน มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ (สกว.)

10. สาขาที่เชี่ยวชาญ

3.2.1.1	ปรับปรุงพันธุ์พืช
3.2.1.2	ระบบการปลูกพืช
3.2.1.3	การวางแผนการทดลอง

11. รางวัลที่เคยได้รับ

1. **นักวิจัยตัวอย่าง** มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ ปี 2533
2. **นักพันธุศาสตร์ที่ทรงคุณค่ายิ่ง** (most Distinguished Geneticist) สมาคมพันธุศาสตร์ แห่งประเทศไทย 26-89 มีนาคม 2544

12. มีเวลาในการปฏิบัติงานวิจัยสัปดาห์ละ 20 ชั่วโมง

ศูนย์บรรณสารและสื่อการศึกษา
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี