

การประเมินค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม ความก้าวหน้าทางพันธุกรรม
และอัตราพันธุกรรมในประชากร S_1 lines ของข้าวโพดข้าวเหนียว
**Estimates of Genetic Variation, Genetic Advance and Heritability in S_1 line
Population of Waxy Corn**

ณัฐริดา อินปิก,¹ ชเนษฎ์ ม้าลำพอง¹และ บุปผา คงสมัย^{1*}
Nuttida Inpik,¹ Chanate Malumpong¹ and Buppha Kongsamai^{1*}

Received 11 April 2024, Revised 24 June 2024, Accepted 26 June 2024

ABSTRACT

The study aimed to assess genetic variation in agricultural characteristics, fresh-ear yield, and eating quality of S_1 lines population of waxy corn, which is in the cycle 3 of recurrent selection. The 288 lines were split into 2 sets, 141 lines each. Three commercial varieties (SW254, Sweet White, and Big White) were used as check. The experiment was conducted using alpha-lattice design (12x12) with 2 replications at the experimental plot of Kasetsart University, Kamphaeng Saen Campus from June to October 2021. It showed statistically significant differences for green and white weight, ear length and number of kernel rows. Estimates of GCV and PCV ranged between 5.6% and 28.9%. The highest GCV and PCV value were found particularly for green and white weight and ear height with moderate heritability values were also found for both traits and their genetic advance over mean (GAM) was ranged 8.0-19.0%. Means of fresh-ear yield and ear length of the selected S_1 lines trends to be better than that of population and check mean. It indicates that existence of genetic variation in the population should be exploited in future breeding for fresh-ear yield.

Keywords: Waxy Corn, Genetic Variation, Fresh-ear Yield

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมในลักษณะทางการเกษตรของผลผลิตฝักสดและคุณภาพการบริโภคของประชากร S_1 lines ของข้าวโพดข้าวเหนียวที่อยู่ในการคัดเลือกแบบวงจรรอบที่ 3 แบ่งสายพันธุ์ทดสอบจำนวน 288 lines เป็น 2 ชุด ชุดละ 141 lines ใช้พันธุ์การค้า 3 พันธุ์ (SW254 ข้าวหวาน และบิ๊กไวท์) เป็นพันธุ์เปรียบเทียบ วางแผนการทดลองแบบ alpha-lattice design (12x12) 2 ซ้ำ ณ แปลงทดลองมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน ตั้งแต่เดือนมิถุนายนถึงตุลาคม 2564 พบว่ามีความแตกต่างทาง

¹ภาควิชาพืชไร่นา คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน ต.กำแพงแสน อ.กำแพงแสน
จ.นครปฐม 73140

Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University Kamphaeng Saen Campus,
Kamphaeng Saen, Kamphaeng Saen, Nakhon Pathom 73140, Thailand.

*Corresponding author: Tel. 09-8939-6396, E-mail address: agrbuk@ku.ac.th

สถิติในลักษณะน้ำหนักฝักสดก่อนปอกและหลังปอกเปลือก ความยาวฝัก และจำนวนแถว ค่าประเมินของ GCV และ PCV อยู่ระหว่าง 5.6% ถึง 28.9% ลักษณะน้ำหนักฝักสดก่อนและหลังปอกเปลือก และความสูงฝักมีค่า GCV และ PCV สูงสุดโดยพบว่าทั้งสองลักษณะมีค่าอัตราพันธุกรรมระดับปานกลางและความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเทียบกับค่าเฉลี่ย (GAM) อยู่ระหว่าง 8.0 - 19.0% ค่าเฉลี่ยของผลผลิตฝักสดและความยาวฝักใน S_1 lines ที่ได้รับการคัดเลือกมีแนวโน้มดีกว่าค่าเฉลี่ยประชากรและพันธุ์เปรียบเทียบ การทดลองนี้แสดงว่า ความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในประชากรสามารถใช้เพื่อการปรับปรุงลักษณะผลผลิตต่อไปได้

คำสำคัญ: ข้าวโพดข้าวเหนียว ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ผลผลิตฝักสด

คำนำ

ข้าวโพดข้าวเหนียวฝักสดเป็นพืชอาหารชนิดหนึ่งที่ประเทศไทยปลูกมาอย่างยาวนาน เนื่องจากเมล็ดมีความเหนียวนุ่ม รสหวานน้อย และมีกลิ่นนารับประทานหลังการหุงต้มโครงสร้างเอ็นโดสเปิร์ม ของเมล็ดข้าวโพดข้าวเหนียวประกอบด้วยอะไมโลเพคตินมากกว่า 98% (Hanyu, 2012) ซึ่งลักษณะดังกล่าวควบคุมโดย waxy gene (Coe *et al.*, 1988) ปัจจุบันความต้องการบริโภคข้าวโพดข้าวเหนียวเพิ่มขึ้นโดยมีพื้นที่ปลูก 48,664 ไร่ ผลผลิตรวม 64,864 ตัน และมีปริมาณการส่งออกเมล็ดพันธุ์และฝักสดแช่แข็งไม่น้อยกว่า 34 ล้านบาท (สำนักควบคุมพืชและวัสดุการเกษตร กรมวิชาการเกษตร, 2565) นอกจากนี้ยังจัดเป็นอาหารที่มีคุณค่าทางโภชนาการที่ผู้บริโภคในชนบทเข้าถึงง่าย (Chander *et al.*, 2008) เนื่องจากลักษณะความเหนียว ความนุ่ม และความหวานเป็นลักษณะที่สำคัญในข้าวโพดข้าวเหนียว การพัฒนาพันธุ์ข้าวโพดข้าวเหนียวให้มีคุณภาพบริโภคและผลผลิตสูง เพื่อตอบสนองความต้องการของเกษตรกรและผู้บริโภคจึงเป็นประเด็นที่สนใจ พันธุ์ลูกผสมที่เกษตรกรต้องการคือพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง คุณภาพผลผลิตเป็นที่ต้องการของตลาด ซึ่งได้จากการผสมระหว่างพ่อแม่ที่เป็นสายพันธุ์แท้ที่เหมาะสม ผลก็คือฐานพันธุกรรมแคบลง แต่ความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็น

สิ่งสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์พืช การปรับปรุงประชากรเพื่อเพิ่มความถี่ของยีนที่ต้องการและความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรข้าวโพดข้าวเหนียวที่จะใช้เป็นประชากรเริ่มต้นในการคัดเลือกสายพันธุ์แท้เพื่อใช้เป็นพ่อแม่ของพันธุ์ลูกผสมในอนาคต นับเป็นความจำเป็นต่อการปรับปรุงสายพันธุ์แท้ให้มีลักษณะทางการเกษตรและผลผลิตสูงขึ้น การประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมในประชากรจึงไม่เพียงแต่มีประโยชน์ต่อการคัดเลือกวิธีปรับปรุงพันธุ์ที่เหมาะสมเท่านั้น แต่ยังใช้ในการประเมินอัตราพันธุกรรมและความก้าวหน้าในการคัดเลือกได้ด้วย (Singh *et al.*, 2011) ซึ่งความก้าวหน้าทางพันธุกรรมอธิบายถึงปริมาณความก้าวหน้าทางพันธุกรรมจากการคัดเลือกด้วยความเข้มของการคัดเลือก (selection intensity) ที่ใช้ซึ่งลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมและความก้าวหน้าทางพันธุกรรมสูงแสดงว่า ลักษณะดังกล่าวถูกควบคุมโดยยีนแบบบวกเป็นหลัก และเหมาะสำหรับใช้ในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะดังกล่าว เช่น ผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต (Sharma *et al.*, 2015; Jilo *et al.*, 2018) เป็นต้น

ดังนั้น การทดลองนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมในลักษณะทางการเกษตรผลผลิตฝักสดและคุณภาพการบริโภคของประชากร S_1 lines ในการคัดเลือกแบบวงจรรอบที่ 3 ของข้าวโพดข้าวเหนียว

อุปกรณ์และวิธีการ

ประชากรพืชที่ใช้ในการศึกษาและการปลูก

ประชากรเริ่มต้นเป็นประชากรผสมเปิดที่เกิดจากการผสมข้ามระหว่างพันธุ์ข้าวโพดข้าวเหนียวทางการค้า จำนวน 18 พันธุ์และผ่านการคัดเลือกแบบบังจรรด้วยการทดสอบ half-sib lines (half-sib recurrent selection) มาแล้ว 2 รอบคัดเลือกที่มีชื่อว่า KPSWAQ-57(HS) C_2 population นำลูกผสม half-sibs ที่ให้ผลผลิตดีเด่นจำนวน 42 lines จากการทดสอบผลผลิตในรอบที่ 2 ปลูกในแปลงผสมพันธุ์ให้เกิดการผสมรวมโดยจัดแปลงผสมแบบ bulk entry method (Ferh, 1991) เก็บเกี่ยวเมล็ดแยกสายต้นแล้วนำเมล็ดจากแต่ละฝักด้วยจำนวนเมล็ดเท่า ๆ กัน ผสมรวมสำหรับใช้เป็นประชากรเริ่มต้นสำหรับการคัดเลือกบังจรรด้วยการทดสอบรุ่นลูก S_1 lines ในรอบที่ 3 ของการปรับปรุงประชากร สร้าง S_1 lines โดยเลือกต้นที่สมบูรณ์และคลุมช่อดอกเพศผู้และเพศเมียแล้ว

ควบคุมการผสมเกสรภายในต้นเดียวกันของต้นที่คัดเลือกอย่างน้อย 400 ต้น สำหรับปลูกทดสอบผลผลิตและลักษณะทางการเกษตรจำนวน 282 lines (Figure 1) ทำการทดลอง ณ แปลงทดลองมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน เนื่องจากมีสายพันธุ์ที่ทดสอบมีจำนวนมาก จึงแบ่งการทดลองเป็น 2 ชุด คือ ชุดที่ 1 (141 lines) ทำการทดลองระหว่างเดือนมิถุนายนถึงเดือนสิงหาคม 2564 และชุดที่ 2 (141 lines) ระหว่างเดือนกรกฎาคมถึงเดือนตุลาคม 2564 ใช้แปลงย่อยกว้าง 1 เมตร และยาว 4 เมตร ระยะปลูกระหว่างต้นและแถวเท่ากับ 25 และ 75 ซม. ตามลำดับ เว้นระยะหัวแปลงท้ายแปลง 75 ซม. ปลูก 2 แถว/แปลงย่อยต่อซ้ำ หยอดเมล็ด 2 เมล็ดต่อหลุม และในแต่ละชุดใช้ข้าวโพดข้าวเหนียวทางการค้าจำนวน 3 พันธุ์ เช่น SW254 ขาวหวาน และบี๊ไกวีน เป็นพันธุ์เปรียบเทียบ (check varieties) และรอบ ๆ แปลง ปลูกพันธุ์การค้าเป็นแถวคั่น

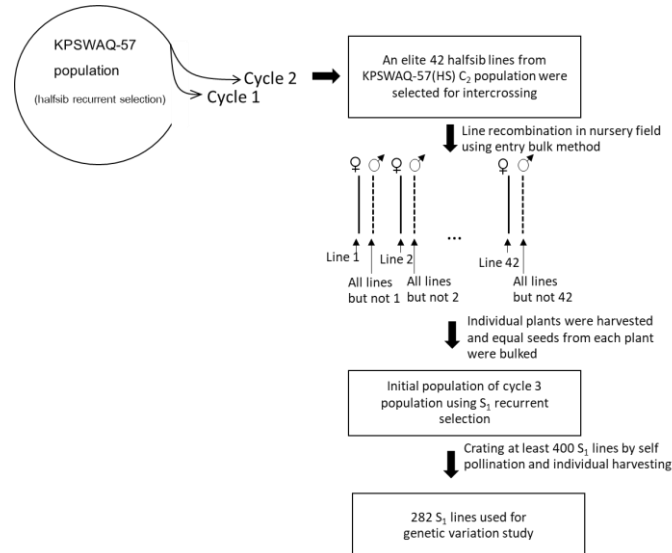


Figure 1 diagram of population development and S_1 lines creating for evaluation in the cycle 3 of recurrent selection

การดูแลแปลงปลูก

ก่อนปลูกคลุมเมล็ดด้วยสารเมทาแลกซิล 35 อัตรา 10 กรัมต่อเมล็ด 1 กก. เพื่อป้องกันโรคน้ำค้าง หลังปลูกให้น้ำโดยปล่อยตามร่องทันที

ตามด้วยการพ่นสารเคมีอะทราซีน อัตรา 120 กรัมต่อน้ำ 20 ลิตร ควบคุมวัชพืชรากนอกและหลังออกในขณะที่ดินยังมีความชื้น ตามอัตราที่กำหนด และอาจกำจัดวัชพืชโดยใช้แรงงานคนร่วมกับฉีดพ่น

สารเคมีแบบสัมผัสใบเพิ่มเติมตามความเหมาะสม ให้น้ำทุก ๆ 4 วันตลอดฤดูปลูก เมื่อข้าวโพดอายุ 15 วันหลังงอก ใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 ในอัตรา 50 กก./ไร่ร่วมกับปุ๋ยเคมีสูตร 46-0-0 อัตรา 25 กก./ไร่ และเมื่อข้าวโพดอายุได้ 45 วันใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 46-0-0 แต่งหน้าครั้งที่ 2 อัตรา 25 กก./ไร่ พันสาร ป้องกันกำจัดแมลง โดยเฉพาะหนอนเจาะฝักและ ลำต้น เมื่อตรวจพบการระบาดของสารคลอแรนทรา นิโพรลตามอัตรา 20 มิลลิลิตรต่อน้ำ 20 ลิตร ฉีดพ่นติดต่อกัน 2 วัน

การบันทึกข้อมูล

1) ลักษณะทางการเกษตร

- ความสูงต้นและฝัก (ซม.) สุ่มวัด 1 ต้น/แปลงย่อย จากระดับพื้นดินถึงข้อใบธงที่ระยะหลังผสมเกสร

- วันสลัดของเกสรและวันออกไหม 50 % นับจำนวนวันตั้งแต่วันเริ่มปลูกจนถึงวันที่ 50% ของจำนวนต้นทั้งหมดต่อแปลงย่อยมีช่อดอกตัวผู้บานประมาณครึ่งช่อดอกและไหมเริ่มโผล่พ้นปลายฝักประมาณ 2 ซม.

- คะแนนของฝักก่อนเปลือก (husk score) พิจารณาลักษณะการหุ้มเปลือกฝัก ให้คะแนน 5 หมายถึง เปลือกหุ้มฝักดีมาก ยาว หุ้มฝักได้แน่น มิดชิด และ 1 หมายถึง เปลือกหุ้มฝักไม่ดี หุ้มฝักหลวม มีส่วนของปลายฝักโผล่มาเกือบทุกฝัก

- คะแนนของฝักหลังเปลือก (unhusked score) พิจารณารูปร่างฝัก ความสม่ำเสมอของขนาดฝัก สีของเมล็ด การติดและเรียงแถวของเมล็ด และการถูกแมลงเข้าทำลายฝัก ให้คะแนน 5 หมายถึง ฝักรูปร่างกระบอก ขนาดฝักสม่ำเสมอดีมาก เมล็ดติดเต็มปลายฝัก สีเมล็ดสม่ำเสมอ เมล็ดเรียงเป็นแถวตรง ตั้งแต่ปลายฝักจนถึงโคนฝัก และส่วนปลายฝักไม่มีแมลงเข้าทำลาย และคะแนน 1 หมายถึง ฝักรูปร่างกระบอก ขนาดฝักไม่สม่ำเสมอ ส่วนที่ไม่ติดเมล็ดมากกว่า 2.0 ซม. สีเมล็ดสม่ำเสมอ เมล็ดไม่เรียงเป็นแถว

ตรงและแถวห่างและส่วนปลายฝักมีแมลงเข้าทำลายมาก

- ลักษณะความต้านทานโรค (disease resistance) พิจารณาตามเปอร์เซ็นต์การเป็นโรค และการถูกทำลายให้คะแนน 5 หมายถึง ต้านทานต่อโรคหรือเป็นโรคน้อยกว่า 10% และคะแนน 1 หมายถึง อ่อนแอต่อโรคหรือเป็นโรคมากกว่า 50%

2) ลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิต

เก็บเกี่ยวหลังจากวันออกไหม 50% แล้ว 15-18 วัน เพื่อประเมินผลผลิตและคุณภาพในการบริโภค

- ผลผลิตฝักก่อนและหลังเปลือก (กิโลกรัมต่อแปลงย่อย) ปรับค่าโดยคำนวณจาก 32 ต้นต่อแปลงย่อย

- ความยาวและความกว้างฝัก (ซม.) และจำนวนแถวของเมล็ดต่อฝัก สุ่มวัด 5 ฝัก/แปลงย่อยจากฝักที่ดีที่สุด คำนวณเป็นค่าเฉลี่ยต่อซ้ำ

3) ลักษณะคุณภาพในการบริโภค

- คุณภาพในการบริโภคโดยผู้ทดลองเป็นผู้ทดสอบโดยการชิมฝักข้าวโพดที่ผ่านการต้มในน้ำเดือดนาน 15 นาที สำหรับประเมินลักษณะความหวาน ให้คะแนน 5 หมายถึง เมล็ดมีรสหวานที่สุด และ 1 หมายถึง เมล็ดไม่มีรสหวาน ลักษณะความนุ่ม (tenderness) ให้คะแนน 5 หมายถึง นุ่มและเปลือกเมล็ดบางไม่ติดฟัน และ 1 หมายถึง แข็งและเปลือกเมล็ดหนาติดฟันมาก กลิ่นรส (flavor) ให้คะแนน 5 หมายถึง กลิ่นหอมรสดีมาก และ 1 หมายถึง กลิ่นหรือรสไม่ดี

- ความหนาของเพอริคาร์พ (ไมโครเมตร) โดยลอกเพอริคาร์พ 3 เมล็ดต่อฝักวัดความหนาด้วย micrometer ยี่ห้อ OEM ความละเอียด 0-10 มม. ทำ 3 ฝักต่อซ้ำ

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

วิเคราะห์ความแปรปรวนของลักษณะที่ศึกษาตามแผนการทดลองแบบ simple lattice design (12x12) ทำ 2 ซ้ำ (r) (ชูศักดิ์, 2555) ของ

แต่ละชุดการทดลอง (sets) เปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยด้วยวิธี LSD ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 โดยใช้โปรแกรม STAR Version 2.0.1 (International Rice Research Institute, 2014)

การวิเคราะห์ทางพันธุกรรม

1) ประเมินค่าขององค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมจากค่า Mean squares ของตารางวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) เทียบกับค่า Expected mean square เพื่อประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genotypic variance) และฟีโนไทป์ (phenotypic variance) (Burton & DeVane, 1953; Hallauer & Miranda, 1995) ดังนี้

Genotypic variance (V_G) = ($MS_G - MSe$) / r
Environmental variance (V_e) = MSe
Phenotypic variance (V_P) = $V_G + (V_e/r)$

เมื่อ MS_G คือ Genotypic mean square MSe คือ Error mean square r คือ จำนวนซ้ำ และ V_e ในส่วนของความแปรปรวนฟีโนไทป์เป็นค่าที่คำนวณเทียบต่อซ้ำ (replicated basis) ตามวิธีของ Burton & DeVane (1953)

2) ประเมินค่าสัมประสิทธิ์ของความแปรปรวนทางพันธุกรรม (GCV) และทางฟีโนไทป์ (PCV) (genotypic and phenotypic coefficients of variability) ตามวิธีของ Burton & DeVane (1953) ดังนี้

$GCV\% = (\sqrt{V_G} / \bar{X}) \times 100$ และ $PCV\% = (\sqrt{V_P} / \bar{X}) \times 100$ ตามลำดับ เมื่อ $\bar{X}$ คือค่าเฉลี่ยของการทดลองในลักษณะที่ศึกษา

จำแนกลักษณะตามค่า GCV และ PCV ตามวิธีของ Sivasubramaniam & Madhava Menon (1973) ดังนี้ ค่าน้อยกว่า 10% อยู่ในระดับต่ำ ค่าระหว่าง 10 ถึง 20% อยู่ในระดับปานกลาง และค่ามากกว่า 20% อยู่ในระดับสูง

3) ประเมินอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ประเมินจากสูตร $h^2 = (V_G/V_P) \times 100$ โดย

กำหนดการจัดกลุ่มตามค่า h^2 ระหว่าง 0-30% อยู่ในระดับต่ำ ค่าระหว่าง 30-60% อยู่ในระดับปานกลาง และค่ามากกว่า 61% อยู่ในระดับสูง (Johnson *et al.*, 1955)

4) ประเมินความก้าวหน้าทางพันธุกรรม เทียบกับค่าเฉลี่ย (genetic advance over mean (GAM) จาก $GAM\% = (GA/\bar{X}) \times 100$ เมื่อ GA คือ genetic advance ซึ่งประเมินได้จาก $GA = k \cdot \sqrt{V_P} \cdot h^2$ (Lush, 1945; Ferh, 1991), k คือ selection differential ที่ระดับความเข้มของการคัดเลือก 10% เมื่อ k เท่ากับ 1.75 โดยพิจารณาคัดเลือกจากลักษณะผลผลิตฝักปกเปลือกเปลือกเป็นเกณฑ์ และ $\sqrt{V_P}$ คือ phenotypic standard deviation

ผล

ค่าเฉลี่ยของลักษณะในประชากร

จากค่าเฉลี่ยของลักษณะต่าง ๆ ที่ทดสอบของรุ่นลูก S_1 lines จำนวน 141 สายพันธุ์และพันธุ์เปรียบเทียบ 3 พันธุ์ของชุดที่ 1 และ 2 พบว่าค่าเฉลี่ยผลผลิตฝักสดก่อนเปลือกเปลือกเท่ากับ 17.4 และ 16.6 กก./แปลงย่อย ตามลำดับ ผลผลิตฝักสดหลังเปลือกเปลือก เท่ากับ 13.0 และ 13.9 กก./แปลงย่อย ตามลำดับ ขนาดฝักสดหลังเปลือกเปลือกกว้าง 4.0 และ 3.9 ซม. ความยาวฝัก 14.1 และ 14.4 ซม. ตามลำดับ จำนวนแถวเฉลี่ยต่อฝักเท่ากับ 13.9 – 14.0 แถว คะแนนเฉลี่ยของลักษณะฝักก่อนเปลือกเปลือกและลักษณะฝักหลังเปลือกเปลือกเท่ากับ 4.4-4.5 และ 3.9-4.0 ตามลำดับ (Table 1)

ลักษณะทางการเกษตร เช่น ความสูงต้นเฉลี่ยมีค่าเท่ากับ 136.0 และ 158.4 ซม. ความสูงฝักเฉลี่ย 68.7 และ 83.8 ซม. ความต้านทานโรคทางใบโดยเฉพาะโรคใบไหม้แผลใหญ่และใบไหม้แผลเล็กของข้อมูลทั้ง 2 ชุดอยู่ในระดับต้านทานดี (คะแนนมากกว่า 4.0) อายุการวันสลัดละอองเกสรประมาณ 47.4-48.1 วัน การโผล่ของไหมประมาณ 47.3-48.0 วัน โดยเฉลี่ยความแตกต่างของวันโผล่ของไหมและวันสลัดละอองเกสรระหว่าง 0-4 วัน

ลักษณะคุณภาพในการบริโภค เช่น ความหนาของเพอริคาร์พเฉลี่ยมีค่าระหว่าง 13.5-14.6 มม. และคะแนนการชิมผักต้มสุกที่พิจารณาจากรสชาติ เนื้อสัมผัส และกลิ่น มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 4.2 ซึ่งมีคุณภาพอยู่ในระดับดี

โดยภาพรวม ค่า SD ค่าพิสัย และ CV ในลักษณะต่าง ๆ ของชุดข้อมูลที่ 2 สูงกว่าของชุด

ข้อมูลที่ 1 ในลักษณะผลผลิต ลักษณะทาง การเกษตร คะแนนของผักก่อนและหลังปอกเปลือก (Table1) เนื่องจากช่วงระยะเริ่มออกดอกมีปัญหา น้ำท่วมขังนาน 4 วันในแปลงทดสอบของข้อมูลชุดที่ 2 จึงแยกวิเคราะห์ความแปรปรวนและค่าประเมินทางพันธุกรรมและคัดเลือกของข้อมูลแต่ละชุด

Table 1 Estimates of mean, standard deviation (SD), range and coefficient of variation (CV) for all traits of interest of the 2 sets of S_1 lines in waxy corn.

Trait	Mean		SD		Range		CV (%)	
	set 1	set 2	set 1	set 2	set 1	set 2	set 1	set 2
Green weight (kg/plot)	17.4	16.6	1.7	3.9	8.3 - 25.0	6.7 - 31.7	10.1	23.7
White weight (kg/plot)	13.0	13.9	1.7	4.2	6.2 - 18.1	3.7 - 21.9	13.7	29.9
Ear width (cm)	4.0	3.9	0.3	0.3	3.6 - 4.8	3.0 - 5.0	6.1	7.7
Ear length (cm)	14.1	14.4	1.4	2.0	10.5 - 18.5	8.0 - 20.0	10.2	13.7
Husk score	4.5	4.4	0.4	0.5	3.0 - 5.0	3.0 - 5.0	9.2	12.0
Unhusk score	4.0	3.9	0.4	0.7	3.0 - 5.0	2.0 - 5.0	9.2	17.3
Kernel rows (no.)	13.9	14.0	1.1	1.6	12.0 - 18.0	10.0 - 20.0	8.0	11.5
Plant height (cm)	136.0	158.4	14.7	22.3	84.0 - 205.0	104.0 - 214.0	10.8	14.1
Ear height (cm)	68.7	83.8	9.1	18.0	65.0 - 130.0	37.0 - 180.0	13.4	21.5
Disease resistance score	4.1	4.5	0.5	0.5	3.0 - 5.0	3.0 - 5.0	13.0	11.7
Anthesis (DAS)	47.4	48.1	0.5	2.1	44.0 - 51.0	42.0 - 58.0	3.0	4.4
Silk emergence (DAS)	47.3	48.0	1.5	2.2	45.0 - 51.0	44.0 - 58.0	3.2	4.6
Pericarp thickness (μm)	14.6	13.5	3.6	2.3	9.7 - 22.4	8.3 - 21.3	24.2	16.9
Sensory score	4.2	4.2	0.3	0.4	3.0 - 5.0	3.0 - 5.0	7.6	9.4

ค่าประเมินทางพันธุกรรมของประชากร

ค่าประเมินของความแปรปรวนทางพันธุกรรม (V_G) ความแปรปรวนทางฟีโนไทป์ (V_P) สัมประสิทธิ์ของความแปรปรวนทางพันธุกรรม (GCV) และทางฟีโนไทป์ (PCV) อัตราพันธุกรรม (h^2) และ ความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (GAM) ของลักษณะผลผลิตและลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญของข้อมูลทั้ง 2 ชุด (Table 2) แสดงเฉพาะลักษณะ

ที่พบความแตกต่างทางสถิติจากการความแปรปรวน (Table 3 และ 4) พบว่าทุกลักษณะมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมเท่ากับ 15.20 ถึง 37.23% ในลักษณะความยาวฝักและน้ำหนักฝักปอกเปลือกตามลำดับ สำหรับข้อมูลชุดที่ 1 และเท่ากับ 27.29% ถึง 37.51% ในลักษณะความยาวฝักและน้ำหนักฝักปอกเปลือกตามลำดับ สำหรับข้อมูลชุดที่ 2 โดยที่ลักษณะความสูงต้นและฝักมี

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและฟีโนไทป์สูง ขณะที่ลักษณะผลผลิตฝักสดทั้งก่อนและหลังปอกเปลือก รวมทั้งลักษณะอื่นๆ มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมและฟีโนไทป์ต่ำ

ค่าประเมิน GCV และ PCV มีค่าระหว่าง 0.45 - 14.58 โดยที่ลักษณะมีค่าสูงสุดและจัดอยู่ในระดับปานกลางได้แก่ ความสูงฝัก (14.6% และ 12.8%) และน้ำหนักฝักสดหลังปอกเปลือก (13.8% และ 17.7%) รองลงมาคือ ลักษณะน้ำหนักฝักสดก่อนปอกเปลือก (8.8% และ 13.3%) ในข้อมูลชุดที่ 1 และ 2 ตามลำดับ

อัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ระหว่าง 4.71 ในลักษณะฝักสดไม่ปอกเปลือก และ 38.59% ใน

ลักษณะความสูงต้น ซึ่งค่าดังกล่าวจัดจำแนกได้ 2 กลุ่มคือ ระดับปานกลาง (30 - 60%) ได้แก่ ผลผลิตฝักสดปอกเปลือกและความสูงฝัก ขณะที่ลักษณะอื่นๆ มีค่าประเมินอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับต่ำ (<30%) ส่วนความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเทียบกับค่าเฉลี่ย (GAM) ที่ระดับความเข้มของการคัดเลือก 10% มีค่าระหว่าง 1.41% สำหรับลักษณะฝักหลังปอกเปลือกและ 19% สำหรับในลักษณะน้ำหนักฝักหลังปอกเปลือก ค่า GAM ดังกล่าวแสดงให้เห็นว่า หากคัดเลือก S_1 lines ในลักษณะใดลักษณะหนึ่งที่มีค่า GCV มากกว่า 5.0% ของประชากรทั้ง 2 ชุดนี้ จะมีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเกิดขึ้นอย่างน้อย 3.8% (Table 2)

Table 2 Estimates of variance components, heritability and genetic advance for the two sets of data in the S_1 population of waxy corn.

Trait ^{1/}	V _G		V _P		GCV(%)		PCV(%)		h ² (%)		GAM(%)	
	set 1	set 2	set 1	set 2	set 1	set 2	set 1	set 2	set 1	set 2	set 1	set 2
Grnwt	2.4	4.9	8.7	14.8	8.8	13.3	17.0	23.2	27	33.1	8.0	13.4
Whwt	2.8	6.1	7.5	16.2	13.8	17.7	22.6	28.9	37.2	37.5	13.8	19.0
Earlgh	0.6	1.0	4.2	3.6	5.6	6.9	14.4	13.1	15.3	27.2	3.8	6.3
Pltht	118.1	182.9	567.9	474	8.0	8.5	17.5	13.8	20.8	38.6	6.6	9.3
Earht	100.3	114.9	304.6	339.5	14.6	12.8	25.4	22.0	32.9	33.8	14.6	13.0

^{1/} Grnwt = green weight, Whwt= white weight, Earlgh= ear length, pltht= plant height, earht= ear height

Table 3 Mean performance of selected S_1 lines of the first dataset in waxy corn with selection intensity of 10%

Genotype	Grnwt ^{1/} (kg/plot)	Whwt (kg/plot)	Earlgh (cm)	Kernrow (no.)	Perthk (μ m)	Tesco (score)	Pltht (cm)	Earth (cm)	Pltdis (score)	Anthe (DAS)	Silkmr g (DAS)
10	20.6	16.5	13.5	13.0	11.7	4.3	127.0	61.5	4.0	47.0	47.5
23	21.9	11.5	12.5	12.0	15.1	4.3	151.5	72.0	4.0	47.0	48.0
50	21.0	9.8	11.8	14.0	17.3	4.5	124.0	66.0	4.5	49.5	46.0
57	20.1	18.1	17.0	13.0	18.8	4.4	115.0	62.5	3.5	48.0	46.0
60	23.2	11.8	15.5	13.0	15.2	4.4	127.5	57.0	4.5	46.5	47.5
63	20.6	14.9	14.9	14.0	18.4	4.2	142.0	69.0	4.0	47.5	48.0
80	25.0	16.4	13.8	14.0	12.6	4.1	140.0	71.5	3.5	48.0	49.0
96	20.1	16.7	12.0	14.0	11.4	4.1	143.5	64.5	4.0	48.0	47.0
145	21.4	15.7	10.5	14.0	15.2	4.2	136.5	61.5	4.5	45.5	49.5

Table 3 Mean performance of selected S₁ lines of the first dataset in waxy corn with selection intensity of 10% (continue)

Genotype	Grnwt ^{1/} (kg/plot)	Whwt (kg/plot)	Earlgh (cm)	Kernrow (no.)	Perthk (μm)	Tesco (score)	Pltht (cm)	Earth (cm)	Pltdis (score)	Anthe (DAS)	Silkmrg (DAS)
161	20.3	12.5	11.8	13.0	15.6	4.5	100.5	46.5	4.0	45.5	47.5
164	20.5	14.3	17.0	13.0	11.5	4.3	109.5	62.5	3.5	46.0	47.0
193	20.8	14.8	16.8	12.0	18.5	3.9	131.0	59.0	4.0	47.0	47.0
197	20.7	15.2	11.5	14.0	17.5	4.3	106.5	53.5	5.0	48.5	47.0
198	20.6	10.3	13.8	13.0	19.7	4.0	99.0	49.0	4.5	49.0	48.0
212	23.5	14.45	14.0	14.0	19.3	3.1	114	37.5	4.0	46.0	47.0
Mean											
Selected S ₁	21.4	14.2	13.8	13.3	15.9	4.2	124.5	59.6	4.1	47.3	47.5
population	17.4	12.9	14.3	13.9	14.6	4.2	136.0	68.7	4.1	47.4	47.3
checks	18.0	13.3	14.5	14.0	14.2	4.2	148.8	74.2	4.0	47.2	45.7
F - test ^{2/}	*	*	*	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
LSD _{.05}	5.0	4.3	3.8	3.0	6.9	0.7	42.1	28.4	1.4	3.4	3.2

^{1/} Grnwt = green weight, Whwt= white weight, Earlgh= ear length, Kernrow = kernel rows, Perthk = pericarp thickness,

Tesco = taste score, Pltht = plant height, Earht= ear height, Pltdis = Plant disease resistance, Anthe= anthesis, Silkmrg = silk emergence

^{2/} Statistically significant difference at 0.05 level

ลักษณะของ S₁ lines ที่ได้รับการคัดเลือก

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลลักษณะทางการเกษตรและผลผลิต พบความแตกต่างทางสถิติ ($P < 0.05$) ในลักษณะน้ำหนักฝัก สดก่อนปอกและหลังปอกเปลือก ความยาวฝัก และจำนวนแถว ของข้อมูลทั้ง 2 ชุด (Table 3 และ 4) เฉพาะค่าเฉลี่ยของ S₁ lines ที่คัดเลือกในลักษณะผลผลิตที่มีแนวโน้มสูงกว่าค่าเฉลี่ยของประชากร และพันธุ์ตรวจสอบแต่ไม่พบความแตกต่างทางสถิติ (LSD_{.05}) ส่วนประชากรที่คัดเลือกจะมีค่าเฉลี่ยผลผลิตฝักสดก่อนปอกเปลือกของ S₁ lines ที่คัดเลือกมีค่าระหว่าง 20.1 - 25.0 และ 19.1 - 24.0 กก./แปลงย่อย ขณะที่ผลผลิตฝักสดหลังปอกเปลือกของสายพันธุ์ที่คัดเลือกมีค่าระหว่าง 9.8 - 18.1 และ 15.5 - 19.3 กก./แปลงย่อยในข้อมูลชุดที่ 1 และ 2 ตามลำดับ

ค่าเฉลี่ยของความยาวฝัก (13.8 และ 14.2 ซม.) จำนวนแถวต่อฝัก (13.3 และ 13.9) ความหนาของเพอริคาร์พ (15.9 และ 13.0 ไมโครเมตร) คุณภาพในการบริโภค (4.2 และ 4.0) ความสูงต้น (124.5 และ 161.7 ซม.) ความสูงฝัก (59.6 และ 88.1 ซม.) ความต้านทานโรค (4.1 และ 4.5) อายุวันสลัดละอองเกสร (47.3 และ 48.3 วันหลังปลูก) และอายุออกไหม (47.5 และ 48.2 วันหลังปลูก)

คุณภาพในการบริโภคทั้งความเหนียวนุ่มและรสชาติเป็นลักษณะสำคัญรองจากผลผลิตฝักสดของข้าวโพดข้าวเหนียว มีค่าเฉลี่ยของ S₁ lines ที่คัดเลือก 4.0- 4.2 ส่วนความหนาของเพอริคาร์พมีค่าเฉลี่ยของเท่ากับ 13.0-15.9 ไมโครเมตร ซึ่งมีคุณภาพในการบริโภคแตกต่างจากพันธุ์เปรียบเทียบเพียงเล็กน้อยทำนองเดียวกับลักษณะทางการเกษตรอื่น ๆ

Table 4 Mean performance of selected S₁ lines of the second dataset in waxy corn with selection intensity of 10%

Genotype	Grnwt ^{1/} (kg/plot)	Whwt (kg/plot)	Earlgh (cm)	Kernrow (no.)	Perthk (μ m)	Tesco (score)	Pltht (cm)	Earth (cm)	Pltdis (score)	Anthe (DAS)	Silkmrg (DAS)
146	24.0	18.5	15.3	14.0	14.0	3.8	144.0	65.0	4.0	48.0	47.0
149	20.5	15.5	15.8	14.0	12.9	4.2	149.1	69.7	4.7	49.0	49.0
163	19.4	17.1	14.5	12.0	11.0	3.9	153.0	96.0	4.0	50.0	50.0
167	21.6	18.9	14.0	14.0	12.4	4.4	179.0	101.0	5.0	48.0	48.0
169	21.2	19.3	14.3	13.0	12.8	4.2	148.0	88.0	4.5	49.0	49.0
188	20.7	17.7	12.8	15.0	15.8	4.3	163.5	95.5	4.0	47.5	47.5
190	19.9	17.9	15.8	16.0	10.8	4.1	154.0	98.0	4.5	48.0	48.0
195	19.4	16.8	13.0	13.0	10.0	4.5	184.0	99.5	5.0	48.0	47.5
202	19.1	17.2	14.8	15.0	13.5	3.4	161.3	76.8	4.5	47.0	46.0
204	21.3	18.6	13.8	14.0	12.8	4.4	157.0	90.0	4.0	49.5	49.5
237	19.2	16.9	15.3	16.0	12.4	4.3	175.0	85.5	4.0	46.5	46.5
248	20.7	17.7	14.3	14.0	13.3	3.4	141.0	83.5	4.5	48.0	48.0
256	20.1	16.5	12.0	13.0	11.7	4.4	187.0	120.5	5.0	49.0	49.5
316	19.3	17.0	14.8	13.0	15.5	4.1	151.0	69.0	5.0	48.0	49.0
348	20.2	16.8	12.3	13.0	16.8	3.2	178.0	83.5	4.0	48.5	48.0
Mean											
selected S ₁	20.4	17.5	14.2	13.9	13.0	4.0	161.7	88.1	4.4	48.3	48.2
population	16.6	13.9	14.4	14.0	13.5	4.2	158.4	83.8	4.5	48.1	48.0
checks	9.4	6.8	10.8	13.3	17.2	4.2	164.2	83.8	4.5	48.0	48.2
F - test ^{2/}	*	*	*	ns	ns	ns	*	*	ns	ns	ns
LSD _{.05}	6.2	6.3	3.2	3.1	4.6	0.7	33.9	29.7	1.1	4.1	4.5

^{1/} Grnwt = green weight, Whwt= white weight, Earlgh= ear length, Kernrow = kernel rows, Perthk = pericarp thickness,

Tasco = taste score, Pltht = plant height, Earht= ear height, Pltdis = Plant disease resistance, Anthe= anthesis, Silkmrg = silk emergence

^{2/} *, ns = Statistically significant difference at 0.05 level and nonsignificant difference, respectively

วิจารณ์

การคัดเลือกจีโนไทป์ที่ดีเด่นจากประชากรที่ใช้คัดเลือกในการปรับปรุงประชากรด้วยวิธีการคัดเลือกแบบวงจรและการคัดเลือกสายพันธุ์สำหรับการพัฒนาพันธุ์ลูกผสมนั้นต้องมีความแปรปรวนของลักษณะที่สำคัญโดยเฉพาะผลผลิตเพียงพอรวมทั้งมีอัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรมสูง ประชากรที่ใช้คัดเลือกนี้มีช่วงพิสัย (range) กว้างในลักษณะผลผลิตฝักสด แสดงว่าการคัดเลือกในลักษณะดังกล่าวเพื่อปรับปรุงประชากรจึงมีแนวโน้มประสบความสำเร็จ อย่างไรก็ตามโดยภาพรวมค่าประเมิน PCV ในทุกลักษณะมีค่าสูงกว่าค่าประเมิน GCV ประมาณ 1.7 เท่า และ

สัดส่วนของความแปรปรวนทางพันธุกรรมเทียบกับความแปรปรวนทางฟีโนไทป์หรืออัตราพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 15.20 - 38.59% บ่งชี้ให้เห็นว่า การแสดงออกของลักษณะนั้นได้รับอิทธิพลมาจากสภาพแวดล้อมสูง ซึ่งให้ผลทำนองเดียวกับการศึกษาในข้าวโพดหวาน (Abe & Adelegan, 2019) ข้าวโพดไร่ (Jilo *et al.*, 2018) และในข้าวสาลี (Hossain *et al.*, 2021; Lamara *et al.*, 2022) แต่อิทธิพลของสภาพแวดล้อมต่อลักษณะลดลง หากพบว่าลักษณะนั้นมีค่า GCV สูง ซึ่งจากการศึกษานี้พบได้ในลักษณะผลผลิตฝักสดทั้งก่อนและหลังลอกเปลือกมีค่า GCV ระดับปานกลาง ขณะที่ลักษณะความยาวฝักมีค่า GCV ต่ำและน้อย

กว่าค่า PCV ประมาณ 2 เท่า แสดงว่า การคัดเลือกเพื่อปรับปรุงในลักษณะดังกล่าวมีโอกาสประสบความสำเร็จน้อยเมื่อเปรียบเทียบกับลักษณะผลผลิต (Abe & Adelegan, 2019)

สิ่งสำคัญของโครงการปรับปรุงพันธุ์พืชคือการมีความแปรปรวนของลักษณะที่สนใจในประชากรที่ใช้คัดเลือก ซึ่งเกิดจากปัจจัยทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม (Nandhini *et al.*, 2020) ความแปรปรวนเนื่องจากปัจจัยทางพันธุกรรมสามารถถ่ายทอดจากพ่อแม่ไปสู่รุ่นลูกถัดไปได้ ดังนั้นอัตราพันธุกรรมเพียงอย่างเดียวจึงไม่สามารถใช้ทำนายผลของการคัดเลือกได้ จึงมักใช้ความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic advance) ประกอบการพิจารณาด้วย (Ahsan *et al.*, 2015) เนื่องจากลักษณะดังกล่าวอาจควบคุมโดยยีนแบบไม่เป็นบวก (non-additive gene action) เป็นหลัก ส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมสูงแต่มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมต่ำ ขณะที่ลักษณะที่ควบคุมโดยยีนแบบผลบวกนั้นทั้งอัตราพันธุกรรมและความก้าวหน้าทางพันธุกรรมจะมีค่าสูง (Johnson *et al.*, 1955; Jilo *et al.*, 2018) ในการศึกษาพบว่าลักษณะน้ำหนักผลผลิตฝักสดและความสูงฝักมีค่าอัตราพันธุกรรมระดับปานกลางและความก้าวหน้าทางพันธุกรรมระดับปานกลาง ซึ่งสอดคล้องกับค่า PCV และ GCV แสดงว่าลักษณะดังกล่าวเกิดจากอิทธิพลของยีนที่แสดงออกแบบผลบวกร่วมกับยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและความสูงฝัก อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณา ค่าเฉลี่ยของ S_1 lines ที่ให้ผลผลิตฝักหลังปลูกเปลือกดีเด่น 10 % ของข้อมูลทั้ง 2 ชุด จะเห็นได้ว่า S_1 lines ที่ได้รับการคัดเลือกมีน้ำหนักฝักสดทั้งก่อนและหลังปลูกเปลือก ขนาดฝักดีกว่าประชากรเดิมและพันธุ์เปรียบเทียบ ขณะที่ลักษณะทางการเกษตรและคุณภาพในการบริโภคใกล้เคียงกับพันธุ์เปรียบเทียบ ในการศึกษาที่แสดงให้เห็นว่า การคัดเลือกในลักษณะผลผลิตฝักสดยังมีความเป็นไปได้สำหรับประชากรนี้โดย S_1 lines จำนวน 9 สาย

พันธุ์ ได้แก่ 60, 80, 164, 149, 167, 169, 195, 204 และ 256 ที่สามารถนำไปสกัดเป็นพันธุ์แท้และทดสอบสมรรถนะในการผสมต่อไปเนื่องจากมีผลผลิตฝักสดสูงและคุณภาพการบริโภคดี

เอกสารอ้างอิง

ชูศักดิ์ จอมพุท. (2555). สถิติ : การวางแผนการทดลองและการวิเคราะห์ข้อมูลในงานวิจัยด้านพืช ด้วย "R" (พิมพ์ครั้งที่ 2). สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

สำนักควบคุมพืชและวัสดุการเกษตร กรมวิชาการเกษตร. (2565). ข้อมูลสถิติ. https://www.doa.go.th/ard/?page_id=85

Abe, A. & Adelegan, C.A. (2019). Genetic variability, heritability and genetic advance in shrunken-2 super-sweet corn (*Zea mays* L.saccharata) populations. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 11(4), 100-105. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0799>

Ahsan, M.Z., Majidano, M.S., Bhutto, H., Soomro, A.W., Panhwar, F.H., Channa, A.R. & Sial, K.B. (2015). Genetic variability, coefficient of variance, heritability and genetic advance of some *Gossypium hirsutum* L. accessions. *Journal of Agricultural Science*, 7(2), 147- 151. <https://doi.org/10.5539/jas.v7n2p147>

Burton, G.W. & Devane. E.H. (1953). Estimating The heritability in tall fescue (*Festuca Arundinacea*) from replicated clonal material. *Agronomy Journal*, 45(10), 478-481. <https://doi.org/10.2134/agronj1953.00021962004500100005x>

- Chander, S., Meng, Y., Zhang, Y., Yan, J. & Li, J. (2008). Comparison of nutritional traits variability in selected eighty-seven inbreds from chinese maize (*Zea Mays* L.) germplasm. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 56, 6506- 6511. <https://doi.org/10.1021/jf7037967>
- Coe, E.H., Neuffer, M.G. & Hoisington, D.A. (1988) The genetics of corn. In G.F. Sprague & J.W. Dudley (Eds.). *Corn and Corn Improvement*. (pp. 81–258). Wisconsin: Madison.
- Ferh, W.R. (1991). *Principles of cultivar development: Theory and technique* (2nd ed.). Macmillan Publishing.
- Hallauer, A.R. & Mirinda, J.N. (1995). *Quantitative genetics in maize breeding* (2nd ed.). Iowa State University Press.
- Hanyu, Y. (2012). *Characterization of normal and waxy corn starch for bioethanol production*. [Master's Thesis, Iowa State University]. Iowa State University Digital Repository <https://dr.lib.iastate.edu/server/api/core/bitstreams/a4d91338-4923-4157-92a6-ec92032c5da8/content>
- Hossain, M., Azad A.K., Alam S. & Eaton, T. El-J. (2021). Estimation of variability, heritability and genetic advance for phenological and yield contributing attributes in wheat genotypes under heat stress condition. *American Journal of Plant Science*, 12, 586-302 <https://doi.org/10.4236/ajps.2021.124039>
- International Rice Research Institute. (2014). *Statistical Tool for Agricultural Research* STAR (Version 2.0.1). [Computer software]. International Rice Research Institute. <http://bbi.iri.org/products>
- Jilo, T., Tulu, L., Birhan, T. & Beksisa, L. (2018). Genetic variability, heritability and genetic advance of maize (*Zea Mays* L.) inbred lines for yield and yield related traits In Southwestern Ethiopia. *Journal Plant Breeding and Crop Science*, 10(10), 281- 289. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0742>
- Johnson, H.W., Robinson, H.F. & Comstock, R.E. (1955) . Estimates of genetic and environmental variability in soyabean. *Agronomy Journal*, 47(7), 314- 318. <https://doi.org/10.2134/agronj1955.00021962004700070009x>
- Lamara, A., Fellahi, Z. El-A., Hannachi, A. & Benniou, R. (2022) . Assessing the phenotypic variation, heritability and genetic advance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) candidate lines grown under rainfed semi-arid region of Algeria. *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín*, 75(3) , 10107- 10118. <https://doi.org/10.15446/rfnam.v75n3.100638>
- Lush, J.L. (1945). *Animal breeding plans*. Iowa State University Press.

- Nandhini, D., Arumugam, T., Ganesan, K.N., Subramanian, K.S. & Lourdasamy, D.K. (2020). Assessment of variability in broccili (*Brassica Oleracea* Var. Italica L.) genotypes. *The Pharma Innovation Journal*, 9(1), 338-340.
- Sharma, P., Punia, M.S. & Kamboj, M.C. (2015). Estimates of heritability, heterosis and inbreeding depression for yield and quality traits in maize. *Forage Research*, 41(3), 139-146.
- Singh, S.K., Singh, C.M. & Lal, G.M. (2011) . Assessment of genetic variability for yield and its component characters in rice (*Oryza sativa* L.). *Research in Plant Biology*, 1(4), 73-76.
- Sivasubramaniam, S. & Madhava Menon, P. (1973). Inheritance of short stature in rice. *Madras Agriculture Journal*, 60(9), 1129-1133.
- Souza, A.R.R., Miranda, G.V., Pereira, M.G. & de Souza L.V. (2009). Predicting the genetic gain in the Brazillian white maize landrace. *Ciência Rural*, 39(1), 19- 24. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782009000100004>