



ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและปริมาณสาร Gamma-Aminobutyric
acid (GABA) ในเมล็ดข้าว

พัชรี ปัญญานาค

คุณฐิณีพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษาตามหลักสูตร

ปริญญาวิทยาศาสตรคุณวุฒิตติ สาขาวิชาพืชไร่

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยแม่โจ้

พ.ศ. 2556

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยแม่โจ้



ใบรับรองคุณวุฒิพนธ์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยแม่โจ้
ปริญญาวิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาพืชไร่

ชื่อเรื่อง

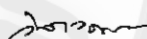
ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและปริมาณสาร Gamma-Aminobutyric
acid (GABA) ในเมล็ดข้าว

โดย

พัชร ปัญญานาค

พิจารณาเห็นชอบโดย

ประธานกรรมการที่ปรึกษา


(อาจารย์ ดร.วิลาวรรณ สิริพูนวิวัฒน์)
วันที่ 29 เดือน ก.ค. พ.ศ. 2556

กรรมการที่ปรึกษา


(รองศาสตราจารย์ ดร.ศิริพร พงศ์สุกสมิทธิ์)
วันที่ 1 เดือน ก.ค. พ.ศ. 56

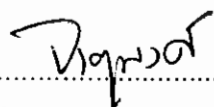
กรรมการที่ปรึกษา


(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุทธยา พิมพ์พิไล)
วันที่ 1 เดือน ส.ค. พ.ศ. 56

ประธานกรรมการประจำหลักสูตร


(อาจารย์ ดร.เสรษฐา สิริพินทุ์)
วันที่ 5 เดือน ก.ค. พ.ศ. 2556

บัณฑิตวิทยาลัยรับรองแล้ว


(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.จตุพงศ์ วาฤทธิ์)
คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย
วันที่ 6 เดือน ส.ค. พ.ศ. 2556

ชื่อเรื่อง	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและปริมาณสาร Gamma-Aminobutyric acid (GABA) ในเมล็ดข้าว
ชื่อผู้เขียน	นางพัชรี ปัญญานาค
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาพืชไร่
ประธานกรรมการที่ปรึกษา	อาจารย์ ดร.วิลาวัณณ ศิริพูนวิวัฒน์

บทคัดย่อ

เมล็ดข้าวมีสารอาหารหลากหลายชนิดรวมทั้งสาร Gamma-Aminobutyric acid (GABA) ซึ่งเป็นกรดอะมิโนที่สำคัญด้านโภชนาบำบัด การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมและลักษณะที่สัมพันธ์กับปริมาณสาร GABA เป็นแหล่งข้อมูลพื้นฐานที่สำคัญในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ข้าวเพื่อเพิ่มปริมาณสาร GABA ดำเนินการ โดยวางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design จำนวน 2 ซ้ำ บันทึกข้อมูลลักษณะเมล็ด ประสิทธิภาพการงอก ปริมาณสาร GABA (Herbert et al., 2000) ปริมาณกรดกลูตามิก (Beutler, 1990) ปริมาณ โปรตีน (Kjeldahl method) และค่าดัชนีสีม่วง ผลการทดลอง พบว่า ลักษณะเมล็ดและประสิทธิภาพการงอกของข้าว 15 พันธุ์ มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($p < 0.001$) โดยการงอกมีสหสัมพันธ์กับขนาดเมล็ด ($r = 0.559$, $p = 0.047$) และความยาวรากมีสหสัมพันธ์กับขนาดคัพภะ ($r = 0.752$, $p = 0.003$) ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอก 13 พันธุ์ มีค่า 9.86-24.17 มิลลิกรัม/100 กรัม ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกมีค่า 6.84-11.74 และ 6.53-11.03% ตามลำดับ ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกไม่มีความสัมพันธ์กับลักษณะเมล็ดและปริมาณโปรตีนที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 แต่มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับการงอกของเมล็ด ($r = 0.556$, $p = 0.049$) และความยาวราก ($r = 0.572$, $p = 0.041$) ทั้งนี้ปฏิสัมพันธ์ระหว่างฤดูและพันธุ์ข้าวมีผลต่อการงอกที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$

การศึกษาในประชากรลูกผสมชั่วที่ 2 จำนวน 7 คู่ผสม พบว่า การปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบสอดคล้องกับรูปแบบการแสดงออกของยีนหลัก 2 ยีน และยีนดัดแปลง 4 ยีน ส่วนในกลุ่มผสม HN×KM-02 พบว่า มีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก 0.144-0.320 และ 0.149-43.179 ไมโครกรัม/กรัม ตามลำดับ ปริมาณกรดกลูตามิก 65.93-71.82 และ 75.04-99.16 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ นอกจากนั้น ปริมาณสาร GABA มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับค่าดัชนี สีม่วง ($r = 0.614$, $p = 0.034$) และมีแนวโน้มมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.646$, $p = 0.060$) ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (V_g) ของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกมีค่าเป็น 92.68 และ 97.26% ของความแปรปรวนทั้งหมด (V_p) ตามลำดับ ส่วนปริมาณกรดกลูตามิกมีค่า 77.67 และ 72.29% ตามลำดับ

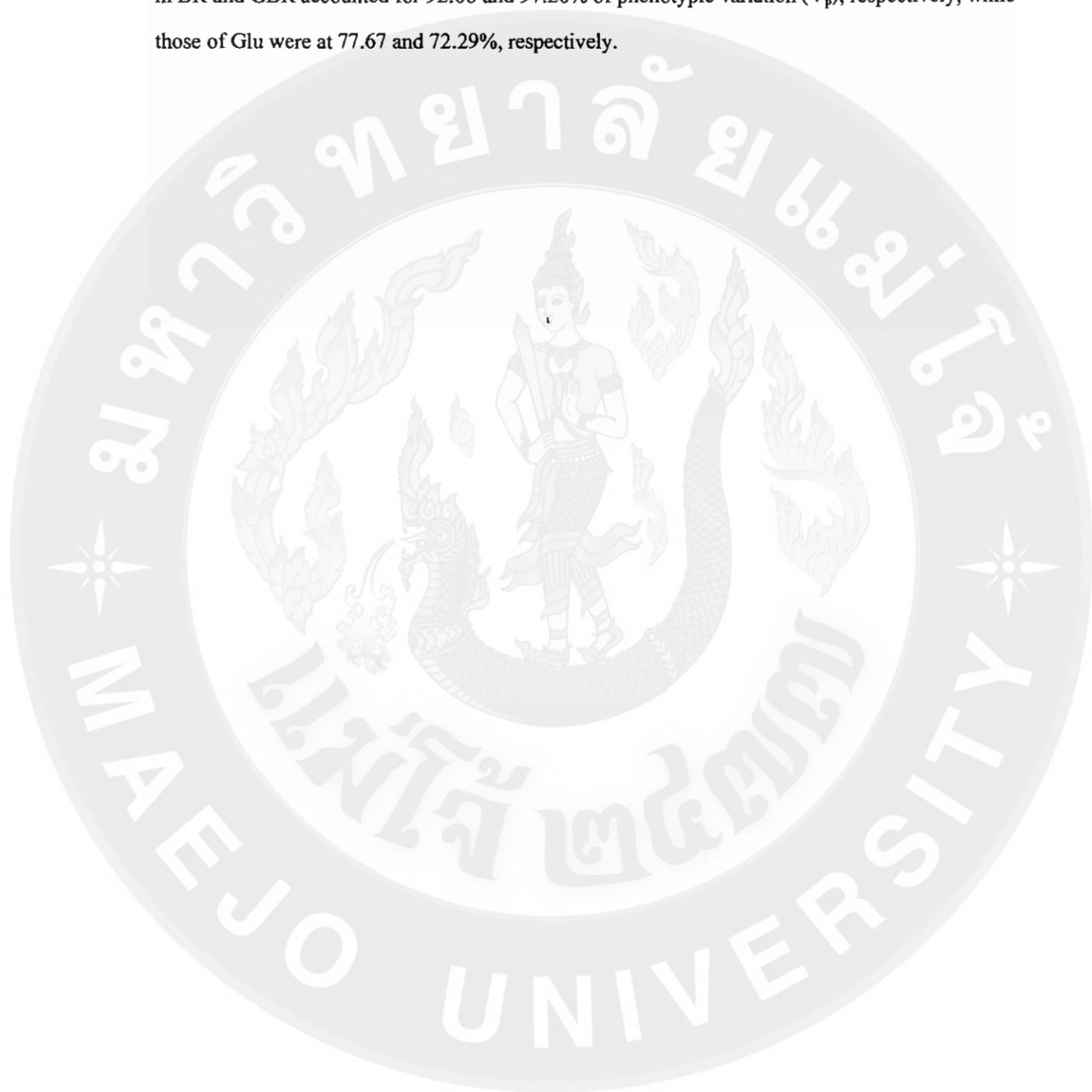
Title	Genetic Variation and Gamma-Aminobutyric Acid (GABA) Content in Rice Seed
Author	Mrs. Patcharee Panyanak
Degree of	Doctor of Philosophy in Agronomy
Advisory Committee Chairperson	Dr. Wilawan Siripoonwiwat

ABSTRACT

Rice grains are rich in many nutrients including Gamma-Aminobutyric acid (GABA) which is an important amino acid with clinical nutrition value. The study on genetic variation and relative characteristics associated with GABA content which could serve as a source of fundamental information to plan for improving GABA content in rice varieties, was carried out in a Randomized Complete Block Design with two replications. Data were recorded on seed characteristics, germination efficiency, GABA content (Herbert et al., 2000), glutamic acid (Glu) content (Beutler, 1990), protein content (Kjeldahl method) and purple index value. Results showed that seed characteristics and germination efficiency of 15 rice varieties were significantly different at $p < 0.001$. Seed germination was positively correlated with seed size ($r = 0.559$, $p = 0.047$) while root length showed a positive correlation with embryo size ($r = 0.752$, $p = 0.003$). GABA content in 13 varieties of germinated brown rice (GBR) ranged from 9.86 to 24.17 mg/100g. Protein content in brown rice (BR) and GBR varied between 6.84-11.74 and 6.53-11.03%, respectively. GBR-GABA was not correlated with seed characteristics and protein content at $p = 0.050$, but positive correlations with seed germination ($r = 0.556$, $p = 0.049$) and root length ($r = 0.572$, $p = 0.041$) were detected. An interaction between season and variety significantly affected seed germination at $p < 0.001$.

Study on F_2 generation of 7 crosses indicated that purple color on various vegetative parts was controlled by 2 major genes and 4 modifying genes. GABA content among F_2 s of HN×KM-02 ranged from 0.144-0.320 and 0.149-43.179 $\mu\text{g/g}$ in BR and GBR, respectively. Glu content varied between 65.93-71.82 and 75.04-99.16 mg/100g respectively. GABA content was positively correlated with purple index value ($r = 0.614$, $p = 0.034$) and likely to be correlated with Glu in BR ($r = 0.646$, $p = 0.060$). Genetic variation (V_G) of GABA content

in BR and GBR accounted for 92.68 and 97.26% of phenotypic variation (V_p), respectively, while those of Glu were at 77.67 and 72.29%, respectively.



กิตติกรรมประกาศ

ขอกราบขอบพระคุณ อาจารย์ ดร.วิลาวรรณ ศิริพูนวิวัฒน์ ประธานกรรมการที่ปรึกษาคุณุญนิพนธ์เป็นอย่างสูง ที่กรุณาให้คำปรึกษาแนะนำ ให้แนวคิดด้านกระบวนการทำงานวิจัย ให้การสนับสนุนวัสดุอุปกรณ์ เครื่องมือและงบประมาณ ให้ความสนใจใส่ปรับปรุงแก้ไข ปัญหาและข้อบกพร่องต่างๆ ระหว่างดำเนินงาน ตลอดจนกรุณาตรวจสอบความผิดพลาดและให้ข้อเสนอแนะแนวทางการเขียนรายงานการวิจัยที่ถูกต้อง เหมาะสม จนคุณุญนิพนธ์เสร็จสิ้นสมบูรณ์

ขอกราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร.ศิริพร พงศ์สุกสมิทธิ์ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุรยา พิมพ์พิไล คณะกรรมการที่ปรึกษาคุณุญนิพนธ์ที่ให้คำปรึกษาแนะนำ ให้ข้อเสนอแนะ และกรุณาตรวจทานข้อบกพร่องและความผิดพลาดต่างๆ เพื่อให้คุณุญนิพนธ์มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น รวมทั้งขอกราบขอบพระคุณคณาจารย์ทุกท่านที่ได้ถ่ายทอดความรู้และแนวคิดอันเป็นประโยชน์ในการศึกษาและการทำงาน

ขอขอบพระคุณ คุณศิริ สุวรรณเขตนิกม และคุณสุวณี ดันเฮง สำนักวิจัยและพัฒนาการเกษตรเขตที่ 1 เชียงใหม่ ที่ให้ความอนุเคราะห์การวิเคราะห์ปริมาณสารโปรตีน ขอบคุณ คุณสิวพงศ์ นฤบาล ศูนย์วิจัยข้าวแม่ฮ่องสอน คุณสุทัต ปินดาเสน ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ และคุณพรชัย เตจ๊ะ สถานีทดลองข้าวสันป่าตอง ที่ช่วยประสานงานและให้ความอนุเคราะห์เมล็ดพันธุ์ข้าวในการศึกษาวิจัย

ขอบคุณ คุณบัวผัด สมศรี และคุณฉวีลาวัลย์ พิเศษศักดิ์ ที่ให้ความช่วยเหลือการเก็บรวบรวมข้อมูล รวมทั้งขอขอบพระคุณทุกคนและทุกหน่วยงานที่ให้ความอนุเคราะห์ด้านอื่นๆ ที่ไม่ได้กล่าวนามมา ณ ที่นี้

ขอขอบคุณมหาวิทยาลัยราชภัฏลำปาง ที่ส่งเสริมและสนับสนุนด้านการศึกษาของบุคลากร สุดท้ายนี้ขอกราบขอบพระคุณบิดา มารดา ตลอดจนทุกคนในครอบครัว ที่ให้ความช่วยเหลือและเป็นกำลังใจด้วยคิดตลอดมาจนสำเร็จการศึกษา

พัชรีย์ ปัญญาภาค

สิงหาคม 2556

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ	(3)
ABSTRACT	(4)
กิตติกรรมประกาศ	(6)
สารบัญ	(7)
สารบัญตาราง	(9)
สารบัญภาพ	(11)
บทที่ 1 บทนำ	1
ความสำคัญของปัญหา	1
วัตถุประสงค์ของการวิจัย	2
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
ขอบเขตของการวิจัย	2
บทที่ 2 การตรวจเอกสาร	4
ความหลากหลายของพันธุกรรมข้าว	4
พันธุกรรมของการปรากฏสีในพืช	5
พันธุกรรมของลักษณะเมล็ดข้าว	7
ปริมาณสาร GABA ในพืช	9
พฤติกรรมการแสดงออกของยีน	15
การประเมินการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม	18
การประเมินความก้าวหน้าของการคัดเลือก	26
บทที่ 3 วิธีการวิจัย	29
สถานที่ดำเนินการวิจัย	29
วัสดุอุปกรณ์การวิจัย	29
วิธีดำเนินการวิจัย	31

บทที่ 4	ลักษณะเมล็ดและการงอกกับปริมาณสาร GABA	42
	ลักษณะเมล็ด	42
	การงอกของเมล็ดกับลักษณะและรูปร่างเมล็ด	56
	การงอกและลักษณะเมล็ดกับปริมาณสาร GABA และ โพรตีน	62
บทที่ 5	พฤติกรรมของยีนควบคุมการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบ	73
	ลักษณะสีส่วนลำต้นและใบ	73
	การกระจายตัวของลักษณะสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบในประชากร F_2	77
	แบบจำลองการแสดงออกของยีนควบคุมการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบ	85
บทที่ 6	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในประชากรลูกผสมชั่วที่ 2	96
	ลักษณะทางการเกษตรในพันธุ์พ่อแม่และประชากร F_2	96
	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตร	105
	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าว	110
	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA	118
บทที่ 7	อภิปรายผลการวิจัย	126
บทที่ 8	สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ	130
	สรุปผลการวิจัย	130
	ข้อเสนอแนะ	131
บรรณานุกรม		132
ภาคผนวก		147
	ภาคผนวก ก ประวัติผู้วิจัย	148

สารบัญตาราง

ตาราง		หน้า
1	ขนาดเมล็ดและสัดส่วนยาว/กว้าง ของเมล็ดข้าวกล้อง 15 พันธุ์	43
2	ขนาดเมล็ดและสัดส่วนยาว/กว้าง ของเมล็ดข้าวกล้องงอก 15 พันธุ์	46
3	ขนาดคัพภะและเอนโดสเปิร์มของเมล็ดข้าวกล้อง 15 พันธุ์	48
4	ขนาดคัพภะและเอนโดสเปิร์มของเมล็ดข้าวกล้องงอก 15 พันธุ์	50
5	ลักษณะการงอกของเมล็ดข้าว 15 พันธุ์	57
6	ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอก 13 พันธุ์	63
7	ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในข้าว 15 พันธุ์	64
8	การปรากฏสีแผ่นใบ กาบใบ เขี้ยวใบ และลิ้นใบ ในประชากรพ่อแม่ 8 พันธุ์	73
9	การปรากฏสีม้วนบนแผ่นใบ กาบใบ เขี้ยวใบ และลิ้นใบ ในประชากร F_1 จำนวน 7 คู่ผสม	74
10	ความสัมพันธ์ของลักษณะสีม้วนและสีเขียวหรือขาวระหว่างลักษณะแผ่นใบ กาบใบ ลิ้นใบ และเขี้ยวใบในประชากรพ่อแม่และ F_2	76
11	การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม้วนบนแผ่นใบในประชากร F_2	78
12	การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม้วนบนกาบใบในประชากร F_2	79
13	การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม้วนบนลิ้นใบในประชากร F_2	82
14	การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม้วนบนเขี้ยวใบในประชากร F_2	84
15	ค่าเฉลี่ย ค่าต่ำสุด-สูงสุด และความแปรปรวนของลักษณะความสูง ในพันธุ์พ่อแม่	96
16	ค่าต่ำสุด-สูงสุด ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน และความแปรปรวนของความสูง ในประชากร F_2	98
17	ค่าเฉลี่ยความสูงของพันธุ์แม่ พ่อ ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และลูกผสม F_2	99
18	ค่าเฉลี่ย ค่าต่ำสุด-สูงสุด และความแปรปรวนของจำนวนต้นตอกอ ในพันธุ์พ่อแม่	100
19	ค่าต่ำสุด-สูงสุด ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน และความแปรปรวนของจำนวนต้นตอกอ ในประชากร F_2	101
20	ค่าเฉลี่ยจำนวนต้นตอกอของพันธุ์แม่ พ่อ ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และลูกผสม F_2	102
21	ค่าเฉลี่ย ค่าต่ำสุด-สูงสุด และความแปรปรวนของอายุวันออกดอกในพันธุ์พ่อแม่	103

ตาราง		หน้า
22	ค่าต่ำสุด-สูงสุด ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน และค่าความแปรปรวนของอายุวันออกดอกในประชากร F_2	104
23	ค่าเฉลี่ยอายุวันออกดอกของพันธุ์แม่ พ่อ ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และประชากร F_2	105
24	ความแปรปรวนและความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของลักษณะความสูงในประชากร F_2	106
25	ความแปรปรวนและความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของจำนวนต้นต่อกอในประชากร F_2	107
26	ความแปรปรวนและความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของอายุวันออกดอกในประชากร F_2	109
27	ค่าเฉลี่ยปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องแต่ละอันตรภาคชั้นในประชากร F_2	111
28	ค่าเฉลี่ยปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกแต่ละอันตรภาคชั้นในประชากร F_2	112
29	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของปริมาณกรดกลูตามิกระหว่างพันธุ์พ่อแม่และระหว่างค่าเฉลี่ยของพ่อแม่กับค่าเฉลี่ยประชากร F_2	117
30	ความแปรปรวนของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกของประชากร F_2 คู่ผสม HN×KM-02	118
31	ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในพันธุ์พ่อแม่	119
32	ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องของกลุ่มตัวอย่างในประชากร F_2	120
33	ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกของกลุ่มตัวอย่างในประชากร F_2	121
34	ปริมาณสาร GABA ระหว่างเมล็ดข้าวที่เชื้อหุ้มเมล็ดปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วง	123
35	ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในพันธุ์พ่อแม่ ประชากร F_2 ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และค่าเฉลี่ยของประชากร F_2	124
36	ความแปรปรวนและ h^2 ของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในประชากร F_2	125

สารบัญภาพ

ภาพ	หน้า
1 กระบวนการสังเคราะห์สาร GABA	10
2 กลุ่มรูปร่างของเมล็ดข้าวกล้องในข้าว 15 พันธุ์	44
3 สหสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบของขนาดเมล็ดข้าวกล้อง	51
4 สหสัมพันธ์ระหว่างพื้นที่เมล็ดข้าวกล้องอกกับความยาวและพื้นที่เมล็ดข้าวกล้อง	52
5 สหสัมพันธ์ระหว่างรูปร่างเมล็ดข้าวกล้องอกกับความยาวและรูปร่างเมล็ดข้าวกล้อง	53
6 สหสัมพันธ์ระหว่างพื้นที่คัพภะข้าวกล้องอกกับความกว้างและความหนาของเมล็ดข้าวกล้องอก	54
7 สหสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบของขนาดคัพภะและขนาดเมล็ด	55
8 ความยาวรากของเมล็ดข้าวกล้องอกในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น	56
9 สหสัมพันธ์ระหว่างสัดส่วนการงอกของเมล็ดกับสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร	59
10 สหสัมพันธ์ระหว่างประสิทธิภาพการงอกและลักษณะเมล็ด	60
11 สหสัมพันธ์ระหว่างความยาวรากกับลักษณะเมล็ด	61
12 ปริมาณสาร GABA ของข้าว 13 พันธุ์ ในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น	62
13 ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องอกในข้าว 15 พันธุ์	65
14 สหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องกับความยาวและสัดส่วนยาว/กว้าง เมล็ดข้าวกล้อง	66
15 ความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA กับสัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตรและความยาวราก	67
16 สัดส่วนการงอกของเมล็ดในช่วงเวลา 0-24 ชั่วโมง และ 24-42 ชั่วโมง	68
17 สหสัมพันธ์ระหว่างสัดส่วนการงอกช่วง 24-42 ชั่วโมง กับสัดส่วนการงอกของเมล็ดและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร	69
18 สัดส่วนการงอกของเมล็ดและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร	70
19 ประสิทธิภาพการงอกของเมล็ดในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว	71
20 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบและกาบใบในอัตราส่วน 43:21 ในกลุ่มผสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK	87

ภาพ	หน้า
21 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบและกาบใบในอัตราส่วน 9:7 ในกลุ่มผสม R258×RD4	88
22 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบและกาบใบในอัตราส่วน 21:43 ในกลุ่มผสม KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02	89
23 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบในอัตราส่วน 7:9 ในกลุ่มผสม CN1×MJ3	90
24 การกระจายตัวของลักษณะสีบนเส้นใบและเขียวใบในอัตราส่วน 9:7 ในกลุ่มผสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK	91
25 การกระจายตัวของลักษณะสีบนเขียวใบในอัตราส่วน 3:13 ในกลุ่มผสม CN1×MJ3	91
26 การกระจายตัวของลักษณะสีเส้นใบในอัตราส่วน 3:13 ในกลุ่มผสม KDML105×MJ3	92
27 การกระจายตัวของลักษณะสีเขียวใบในอัตราส่วน 3:13 ในกลุ่มผสม KDML105×MJ3 และลักษณะสีเขียวใบและเส้นใบในกลุ่มผสม KDML105×KM-02	93
28 การกระจายตัวของลักษณะสีเส้นใบในอัตราส่วน 21:43 ในกลุ่มผสม R258×RD4	94
29 การกระจายตัวของลักษณะสีเขียวใบในอัตราส่วน 21:43 ในกลุ่มผสม R258×RD4	95
30 ลักษณะความสูงของต้นข้าวในพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์	97
31 จำนวนต้นตอกในพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์	100
32 อายุวันออกดอกในพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์	103
33 ค่าเฉลี่ยปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในพันธุ์พ่อแม่	110
34 ความแตกต่างของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกเมื่อวัดจากประชากรกลุ่มเดียวกัน	113
35 สหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก	114
36 การกระจายความถี่ของปริมาณกรดกลูตามิก	115
37 ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องในประชากร F ₂ กลุ่มผสม HN×KM-02	119
38 สหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA กับกรดกลูตามิก	122

บทที่ 1

ความสำคัญของปัญหา

สาร Gamma-Aminobutyric Acid (GABA) เป็นกรดอะมิโนที่สำคัญในระบบสื่อสัญญาณประสาทส่วนกลาง (Kim et al., 2004) ช่วยลดภาวะเสี่ยงของโรคความจำเสื่อม ทำให้ความดันโลหิตลดลง ยับยั้งการแพร่ของเซลล์มะเร็ง มีบทบาทต่อการควบคุมน้ำหนัก (Mody et al., 1994; Hayakawa et al., 2004; Oh and Oh. 2004) ลดอาการเครียดและวิตกกังวล (Abdou et al., 2006) ทางแพทย์จึงนำสาร GABA มาใช้ประโยชน์มากขึ้น ปัจจุบันพบสาร GABA ได้ในพืชหลายชนิดซึ่งส่วนใหญ่สะสมในเนื้อเยื่อที่กำลังเจริญเติบโตและมีการแบ่งเซลล์อย่างรวดเร็ว เช่น บริเวณปลายยอดและปลายราก (Kishimani, 1987) และมีการรายงานว่ามีเมล็ดข้าวกล้องงอกมีปริมาณสาร GABA มากกว่าข้าวกล้อง (พัชร, 2549; Saikusa et al., 1994; Maeda et al., 2007) หากสามารถพัฒนาข้าวให้มีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดสูงขึ้น ย่อมเป็นประโยชน์ในเชิงโภชนเภสัชต่อประชากรโลกที่บริโภคข้าวเป็นอาหารหลักซึ่งมีมากกว่า 2,500 ล้านคน (FAO, 2004)

การศึกษาคคุณค่าทางโภชนาการ เช่น ปริมาณโปรตีน (Shi et al., 1999) และกรดอะมิโน (Wu et al., 2004a; Wu et al., 2004b) ในเมล็ดข้าวเกี่ยวข้องกับการแสดงออกของยีนในแต่ละสภาพแวดล้อม โดยลักษณะทางพันธุกรรมมีผลต่อความแปรปรวนของปริมาณสารอาหารมากกว่าสภาพแวดล้อม (Chai et al., 1995) ข้อมูลทางพันธุกรรมจึงมีความสำคัญอย่างยิ่งต่อการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีคุณค่าทางอาหารสูง โดยเฉพาะความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่บ่งชี้ถึงโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic constitution) ที่แตกต่างกัน ซึ่งเพิ่มโอกาสที่จะคัดเลือกได้ต้นที่แสดงลักษณะที่ดีเพื่อนำมาใช้ประโยชน์ในกระบวนการปรับปรุงพันธุ์ แต่ในปัจจุบันยังไม่มีการศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA และลักษณะอื่นๆ ที่เกี่ยวข้องกับปริมาณสาร GABA ในพันธุ์ข้าวไทย อย่างไรก็ตาม มีการรายงานว่ามีพันธุ์ข้าวที่มีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดสูงส่วนใหญ่มีขนาดคัพเพาะใหญ่ (Saikusa et al., 1994; Komatsuzaki et al., 2007) และเปอร์เซ็นต์การออกของเมล็ดสูง (Shoichi, 2004) รวมทั้งปริมาณสาร GABA มีความสัมพันธ์กับปริมาณกรดกลูตามิก (Roohinejad et al., 2009) และโปรตีน (Kihara et al., 2007)

ดังนั้น การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA และลักษณะทางกายภาพของเมล็ดข้าวที่มีความสัมพันธ์กับปริมาณสาร GABA จึงเป็นการพัฒนาฐานข้อมูลทางพันธุกรรมเพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีปริมาณสาร GABA สูง ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ตั้งแต่การกำหนดลักษณะที่สัมพันธ์กับปริมาณสาร GABA ที่เหมาะสมสำหรับการคัดเลือก การคัดเลือกพันธุ์พ่อแม่ การสร้างประชากรเพื่อการคัดเลือก

ตลอดจนการกำหนดวิธีการคัดเลือก ซึ่งจะเป็นแนวทางเพิ่มคุณค่าทางโภชนาการเพื่อส่งเสริมการบริโภคข้าวในเชิงโภชนาบำบัด การพัฒนาผลิตภัณฑ์จากข้าวให้มีมูลค่าสูงขึ้น รวมทั้งนำความหลากหลายของพันธุกรรมข้าวในประเทศไทยมาใช้ประโยชน์อย่างคุ้มค่า

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. ประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตรและปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก
2. ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะเมล็ด ประสิทธิภาพการงอก ปริมาณกรดกลูตามิก โปรตีน และสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ และปริมาณสาร GABA เป็นข้อมูลที่มีประโยชน์ในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ที่เหมาะสม เช่น การพิจารณาคัดเลือกพันธุ์พ่อแม่ การสร้างประชากร และการประเมินความก้าวหน้าของการคัดเลือก
2. ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะเมล็ด ประสิทธิภาพการงอก ปริมาณกรดกลูตามิก โปรตีน และ GABA สามารถนำไปสู่การประยุกต์ใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา หรือลักษณะที่ตรวจวัดได้ง่ายกำหนดเป็นตัวแปรสำหรับสร้างแบบจำลองเพื่อเป็นเครื่องมือในการพยากรณ์ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอก

ขอบเขตของการวิจัย

1. กลุ่มตัวอย่างข้าวที่ใช้ศึกษามีจำนวน 15 พันธุ์ โดยเลือกจากกลุ่มพันธุ์ข้าวนา (BT, CN1 HN, KDML105, RD4, RD6, RD21 และ SPT1) กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ (GW42, JK, KP และ R258) และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (KM-02, KS และ MJ3)
2. ศึกษาลักษณะเมล็ด ประสิทธิภาพการงอก ปริมาณโปรตีน และ GABA ในข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกของข้าว 15 พันธุ์
3. วิเคราะห์ข้อมูลในทางสถิติเพื่อประเมินความแตกต่างและความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรที่ศึกษาในกลุ่มตัวอย่าง

4. สร้างกลุ่มประชากรข้าวลูกผสมชั่วที่ 2 (F_2) จากประชากรพ่อแม่ 8 พันธุ์ (CN1, HN, JK KDML105, KM-02, MJ3, R258 และ RD4) เพื่อศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรม โดยสร้างลูกผสมระหว่างพันธุ์แม่และพ่อที่มีความแตกต่างกันของลักษณะปริมาณสาร GABA และการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบ

5. วิเคราะห์ข้อมูลความสัมพันธ์ระหว่างการปรากฏสีบนส่วนลำต้นและใบด้วย Phi and Cramer's V และประเมินพฤติกรรมของยีนจากการทดสอบอัตราส่วนการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบในประชากร F_2 โดยการทดสอบค่าไคสแควร์

6. ประเมินความแปรปรวนและความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของปริมาณกรดกลูตามิกและ GABA ในประชากร F_2

บทที่ 2

การตรวจเอกสาร

ข้าว (*Oryza sativa* L.) เป็นพืชที่มีความสำคัญต่อความมั่นคงทางด้านอาหาร โดยประชากรกว่าหนึ่งในสามของประชากรโลกบริโภคข้าวเป็นอาหารหลัก ครอบคลุมประเทศในแถบเอเชีย ลาตินอเมริกา และแอฟริกาถึง 34 ประเทศ โดยเฉพาะในแถบเอเชียใต้ เอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และกลุ่มประเทศยากจนที่บริโภคข้าวเพื่อเป็นแหล่งพลังงาน 35-59% และแหล่งโปรตีน 51.4-69.2% (FAO, 2004) โดยลักษณะคุณค่าทางโภชนาการในพันธุ์ข้าวต่างๆ มีความหลากหลายทางพันธุกรรม IRRI (1985) รายงานว่า ข้าวกล้องมีปริมาณโปรตีน 4.3-18.2% คาร์โบไฮเดรต 70-73% ไขมัน 1.6-2.8% และสารอื่นๆ ที่มีคุณค่าทางอาหาร เช่น inositols, γ -oryzanal, ferulic acid และ γ -aminobutyric acid (GABA) โดยเฉพาะสาร GABA ซึ่งในทางการแพทย์รายงานว่ามีความสำคัญต่อการลดภาวะเสี่ยงของการเกิดโรคต่างๆ

ความหลากหลายของพันธุกรรมข้าว

ในปัจจุบันจำแนกพันธุกรรมข้าวที่พบแพร่กระจายอยู่ทั่วโลกได้ประมาณ 23 ชนิด แต่ที่มนุษย์นำมาบริโภคมีเพียง 2 ชนิด คือ *Oryza sativa* L. ที่พบในแถบเอเชียเป็นส่วนใหญ่ และ *Oryza glaberrima* Steud. ซึ่งเป็นข้าวแอฟริกา ส่วนที่เหลืออีก 21 ชนิด เป็นพวกข้าวป่า (wild rice) โดยพันธุกรรมของข้าวที่ใช้บริโภคเป็นพวก diploid มีจำนวนโครโมโซม $2n = 2x = 24$ ขณะที่กลุ่มข้าวป่ามีทั้งที่เป็น diploid และ tetraploid ($2n = 4x = 48$) ปัจจุบันแบ่งข้าวเอเชีย (*Oryza sativa* L.) ออกเป็น 3 ชนิดย่อย (subspecies) ได้แก่ 1) อินดิกา (Indica) เป็นข้าวที่เจริญเติบโตได้ดีในเขตร้อนและแพร่กระจายอยู่ในแถบเอเชียใต้และเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ข้าวกลุ่มนี้ส่วนใหญ่มีลักษณะเมล็ดเรียวยาว ต้นสูง และไวต่อช่วงแสง 2) จาпонิกา (Japonica) สามารถปลูกได้ในสภาพอากาศหนาวเย็นหรือในเขตอบอุ่น เช่น ประเทศญี่ปุ่น จีน และเกาหลี ส่วนใหญ่มีลักษณะเมล็ดสั้นและป้อม ต้นเตี้ย ใบตั้งตรงและสั้น มีปริมาณ amylose ต่ำ และ 3) จาวานิกา (Javanica) มีลักษณะผสมผสานระหว่างข้าวอินดิกากับจาпонิกา เมล็ดจึงทั้งยาวและป้อม ลำต้นค่อนข้างสูง ส่วนใหญ่ปลูกในแถบประเทศอินโดนีเซีย ปัจจุบันพบว่าพันธุกรรมข้าวทั่วโลกมีประมาณ 120,000 พันธุ์ ซึ่งอาจเกิดจากการผสมข้ามระหว่างข้าวปลูกและข้าวป่า (จาร์ส, 2534) สำหรับในประเทศไทยนั้น มีหลักฐานการปลูกข้าวที่เก่าแก่ที่สุดมากกว่า 5,500 ปี (อรอนงค์, 2547) ปัจจุบันกรมการข้าวได้รวบรวมพันธุ์ข้าวป่าไว้มากกว่า 1,000 ตัวอย่าง ส่วนพันธุ์ข้าวปลูกมีมากกว่า 20,000 ตัวอย่าง และมี

ชื่อพันธุ์ข้าวปลูกที่แตกต่างกันอย่างน้อย 5,000 ตัวอย่าง กลุ่มพันธุ์พื้นเมืองที่รวบรวมจากทั่วประเทศ มี 5,928 ตัวอย่าง ที่มีชื่อพันธุ์ที่แตกต่างกัน ประเทศไทยจึงเป็นแหล่งความหลากหลายทาง พันธุกรรมข้าวแห่งหนึ่งของโลก ซึ่งฐานพันธุกรรมที่กว้างนี้จะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งสำหรับการ ปรับปรุงพันธุ์ข้าวในลักษณะต่าง ๆ โดยเฉพาะพันธุ์ข้าวคุณภาพสูงทั้งด้านคุณภาพการบริโภค คุณค่าทางอาหาร และคุณค่าทางโภชนาการ

พันธุกรรมของการปรากฏสีในพืช

การปรากฏสีในพืชเกิดจากเม็ดสี(plastid) ชนิดต่างๆ ที่สร้างรงควัตถุแตกต่างกัน โดยเม็ดสีลิวโคพลาสต์ (leucoplast) ไม่สร้างรงควัตถุจึงไม่มีสี คลอโรพลาสต์ (chloroplast) มี รงควัตถุคลอโรฟิลล์ (chlorophyll) ที่ให้สีเขียว และโครโมพลาสต์ (chromoplast) มีรงควัตถุที่ ทำให้เกิดสีหลากหลายในพืชยกเว้นสีเขียว โดยโครโมพลาสต์ที่สร้างรงควัตถุกลุ่มแคโรทีนอยด์ (carotenoid) ให้สีเหลือง (carotene) หรือสีส้ม (xanthophyll) กลุ่มฟลาโวนอยด์ (flavonoid) สร้างสารฟลาโวนอล (flavonol) ที่ให้สีอ่อนจนเกือบไม่มีสี สารแอนโทไซยานิน (anthocyanin) ให้สีสีแดงจนถึงสีม่วงหรือสีน้ำเงิน ในขณะที่สารโปรแอนโทไซยานิดิน (proanthocyanidin) ให้ สารสีน้ำตาล จากการศึกษาในข้าว พบว่า สารกลุ่มฟลาโวนอยด์มีความสัมพันธ์กับแคโรทีนอยด์ โดยข้าวแต่ละพันธุ์มีสารฟลาโวนอยด์และแคโรทีนอยด์แตกต่างกันและพันธุ์ข้าวเมล็ดสีดำ (black rice) มีปริมาณสารทั้ง 2 ชนิด มากกว่าพันธุ์เมล็ดสีแดงและสีขาว (Kim et al., 2010) สารฟลาโวนอยด์ที่พบในกลุ่มพันธุ์ข้าวเมล็ดสีดำส่วนใหญ่เป็นรงควัตถุแอนโทไซยานินที่มี cyanidin เป็น องค์ประกอบหลัก (Lightbourn et al., 2008; Kim et al., 2010) การศึกษาทางพันธุกรรมของการ สังเคราะห์สารแอนโท-ไซยานินของ Holton and Cornish (1995) พบว่า เกี่ยวข้องกับการทำงาน ของกลุ่มยีนโครงสร้าง (structural genes) ซึ่งทำหน้าที่สร้างเอนไซม์ และกลุ่มยีนควบคุม (regulatory genes) ที่มีบทบาทต่อรูปแบบของการเกิดสี Kinoshita (1995) สรุปว่า ยีนที่เกี่ยวข้อง กับการเกิดสี ได้แก่ ยีนควบคุมการเกิดสีของแอนโทไซยานิน 25 ยีน ยีนยับยั้งการเกิดสี 10 ยีน และ ยีนที่มีบทบาทในการควบคุมการเกิดสีอื่น เช่น โปรแอนโทไซยานิดิน 15 ยีน

การปรากฏสีในข้าวส่วนใหญ่พบในส่วนลำต้นและใบ (vegetative part) ส่วนของ ดอก (floral part) และเยื่อหุ้มเมล็ด (seed coat) โดยการปรากฏสีบนส่วนใดส่วนหนึ่งของต้นข้าว ส่วนใหญ่มักปรากฏในส่วนอื่นๆ ด้วยเช่นเดียวกัน โดยเฉพาะส่วนยอดดอกข้าว (apiculus) ที่ส่วน ใหญ่แล้วมักปรากฏสีเสมอหากพบว่าส่วนอื่นมีสี การเกิดสีบนส่วนยอดดอกจึงเหมาะสมที่จะใช้ เพื่อการศึกษายีนที่เกี่ยวข้องกับการเกิดสีในต้นข้าว (Takahashi, 1957) การปรากฏสีในข้าวมี

ระดับสีตั้งแต่สีน้ำตาลจนถึงสีม่วงดำแตกต่างกันตามสายพันธุ์ ทั้งนี้เกิดจากการกระจายหรือการสะสมสารแอนโทไซยานินในเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ มีความจำเพาะและแตกต่างกันในข้าวแต่ละพันธุ์ (Reddy, 1996) นอกจากนั้น สภาพแวดล้อมเป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่มีผลต่อการปรากฏสี เช่น ระยะเวลาเจริญเติบโต (Schmitzer et al, 2010) ค่าความเป็นกรด-ด่าง (Schmitzer and Stampar, 2010) อุณหภูมิ (Chae et al., 2004) และความร้อน (Hiemori et al., 2009)

สำหรับรูปแบบการปรากฏสีม่วงในส่วนต่างๆ ของต้นข้าว Chang (1964) อธิบายว่าเกิดจากการทำงานร่วมกันของยีนพื้นฐาน 2 ยีนซึ่งเป็นยีนโครงสร้าง คือ ยีน *C* และ *A* โดยยีน *C* (chromogen) เกี่ยวข้องกับการสร้างสาร chromogen ซึ่งเป็นสารตั้งต้นในการผลิตรงควัตถุที่ให้สี สภาพของยีนมี 6 อัลลีล คือ $C^B > C^{Bp} > C^{B1} > C^{B2} > C^{Bm} > C^+$ หรือ *c* ส่วนยีน *A* (activator) มีบทบาทควบคุมการเปลี่ยนสาร chromogen ให้เป็นรงควัตถุแอนโทไซยานินที่ให้สีม่วง สภาพของยีนมี 4 อัลลีล คือ $A^E > A > A^d > A^+$ หรือ *a* สอดคล้องกับ Takahashi (1957) ที่รายงานว่า ลักษณะสีของยอดดอกถูกควบคุมด้วยยีนพื้นฐาน 2 ยีน ได้แก่ ยีน *C* มี 5 อัลลีล ($C^B > C^{Bp} > C^{B1} > C^{B2} > C^+$) และยีน *Sp* มี 3 อัลลีล ($Sp > Sp^d > Sp^+$) ซึ่งส่งผลให้จีโนไทป์ที่ปรากฏอัลลีลแตกต่างกันมีการแสดงออกของเฉดสีตั้งแต่สีขาวจนถึงสีม่วง สำหรับกลุ่มยีนโครงสร้างนอกจากยีน *C* และ *A* แล้ว ยังพบยีน *Rc* และ *Rd* ที่มีบทบาทสำคัญในการสังเคราะห์สาร โพรแอนโทไซยานินดินของเมล็ดทำให้เยื่อหุ้มเมล็ดมีสีแดงจนถึงสีน้ำตาล (Furukawa et al., 2007) สอดคล้องกับ Ayoola and Faluyi (2007) ที่การผสมข้าวเยื่อหุ้มเมล็ดสีขาวกับสีน้ำตาล พบว่า ประชากร F_2 มีการกระจายตัวตั้งแต่สีขาวจนถึงสีน้ำตาลไหม้ โดยยีน *Rc* เมื่ออยู่ในสภาพ *Rc* ทำให้มีสีน้ำตาลเข้มขึ้นตามจำนวนอัลลีลที่เพิ่มขึ้นแต่ถ้ามีจำนวนอัลลีล *rc* เพิ่มขึ้นจะมีสีน้ำตาลอ่อนลง อย่างไรก็ตาม Chang (1964) ได้ศึกษาการปรากฏสีในข้าวเพิ่มเติมและพบว่า นอกจากยีนพื้นฐาน 2 ยีน ดังกล่าวแล้วยังมียีนควบคุมกลุ่มยีน *P* (distributor) มีบทบาทในการกำหนดการกระจายของรงควัตถุไปยังส่วนต่างๆ ของต้นข้าว สภาพของยีน *P* มี 3 อัลลีล คือ *P*, *P⁺* และ *P⁺* มีผลต่อการกระจายของแอนโทไซยานินที่ปลายดอก กลุ่มของยีน *PI* สภาพของยีนมี 4 อัลลีล คือ $PI > PI'' > PI' > PI^+$ ซึ่งแต่ละอัลลีลมีผลต่อการควบคุมการแสดงออกของลักษณะสีม่วงในส่วนต่างๆ ของต้นข้าวแตกต่างกัน (Kinoshita and Maekawa, 1985; Reddy, 1996) ส่วนยีน *Pn* มีผลต่อการเกิดสีม่วงที่ปลายใบ เส้นกลางใบ ขั้ว ปล้อง ลิ่นใบ และข้าวใบ ยีน *Ps* มีผลต่อขดเกสรตัวเมีย (Chang, 1964) ในขณะที่ยีน *Prp* ควบคุมการเกิดสีม่วงในส่วนเยื่อหุ้มเมล็ด (Reddy, 1996) นอกจากนี้ ยังพบยีนที่มีผลยับยั้งการแสดงออกของยีน (inhibitory gene) โดย *I-PI-1*, *I-PI-2* และ *I-PI-3* ยับยั้งการแสดงออกของยีน *PI* และ *PI''* ส่วน *I-PI-6* ยับยั้งยีน *PI'* (Kinoshita and Maekawa, 1985) ในขณะที่ *I-PI-4* และ *I-PI-5* ยับยั้งยีน *Prp* และยีน *Ilb* ยับยั้งการเกิดสีของแผ่นใบ (Reddy, 1996) จากการศึกษาของ Ghose et al. (1963) พบว่า การเกิด

สีบนแผ่นใบข้าวเกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะ 6 ยีน และยีนที่มีบทบาทต่อการแสดงลักษณะในแต่ละกลุ่มมีจำนวนแตกต่างกัน โดยกลุ่มที่แสดงลักษณะปรากฏ 2 แบบ (ม่วงกับเขียว) มียีนควบคุม 4 ยีน โดยกลุ่มที่มีอัตราส่วนสีม่วงต่อสีเขียว 9:7 และ 27:37 เป็นการแสดงปฏิสัมพันธ์แบบ complementary ของยีน 2 และ 3 ยีน ตามลำดับ ส่วนกลุ่มที่มีอัตราส่วน 3:13 9:55 และ 27:229 มียีนที่มีบทบาท 2, 3 และ 4 ยีน ตามลำดับ โดยมี 1 ยีน เป็นยีนที่แสดงผลยับยั้งยีนที่ควบคุมการสร้างรงควัตถุสีม่วง ส่วนสีใบของต้นกล้าอาจจะมียีนควบคุมลักษณะ 5 ยีน โดยเป็นยีนพื้นฐาน 3 ยีน และยีนยับยั้ง 2 ยีน (Tongmin et al., 1995)

พันธุกรรมของลักษณะเมล็ดข้าว

เมล็ดข้าวเป็นส่วนที่ถูกห่อหุ้มด้วยเปลือกหรือเกลบ ซึ่งประกอบไปด้วยกลีบดอกใหญ่ (lemma) และกลีบดอกเล็ก (palea) มีประมาณ 20 เปอร์เซนต์ของน้ำหนักข้าวเปลือก โดยส่วนของเปลือกมีความสำคัญต่อการควบคุมขนาดและรูปร่างของเมล็ด (Grist, 1975) ซึ่งเริ่มมีการพัฒนาหลังการผสมพันธุ์ และใช้เวลาในการเปลี่ยนแปลงความกว้าง ความยาว และความหนาหลังระยะออกดอกประมาณ 4 14 และ 21 วัน ตามลำดับ (Poochinya et al., 2008) โดยข้าวแต่ละพันธุ์มีการพัฒนาที่แตกต่างกันจึงทำให้ขนาดและรูปร่างเป็นลักษณะประจำพันธุ์ และสามารถจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมของข้าวได้ (วิชุดา, 2549) โดยทั่วไปสามารถแบ่งเป็นกลุ่มขนาดและรูปร่างของเมล็ดข้าวได้ 3 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มอินดิกามีรูปร่างเรียวยาว กลุ่มจาปอนิกามีรูปร่างป้อมสั้น และกลุ่มจาวานิกามีรูปร่างปานกลาง (จำรัส, 2534) สถาบันวิจัยข้าวระหว่างประเทศ (International Rice Research Institute, IRRI) มีการกำหนดขนาดเมล็ดโดยใช้ลักษณะความกว้าง ความยาว และความหนา เป็นเกณฑ์ในการจัดกลุ่มซึ่งแบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม คือ เมล็ดยาวมาก (Extra long grain: ความยาวเมล็ด > 7.50 มิลลิเมตร) เมล็ดยาว (Long grain: ความยาวเมล็ด 6.61-7.50 มิลลิเมตร) เมล็ดปานกลาง (Medium grain: ความยาวเมล็ด 5.51-6.60 มิลลิเมตร) และเมล็ดสั้น (Short grain: ความยาวเมล็ด < 5.50 มิลลิเมตร) ส่วนรูปร่างวัดจากสัดส่วนระหว่างความยาวกับความกว้างของเมล็ด (Length/Width: L/W) โดยแบ่งเป็น 4 กลุ่ม คือ รูปร่างเรียวยาว (Slender: สัดส่วน > 3.0) รูปร่างปานกลาง (Medium: สัดส่วน 2.1-3) รูปร่างป้อม (Bold: สัดส่วน 1.1-2.0) และรูปร่างกลม (Round: สัดส่วน < 1.1) นอกจากนั้นยังใช้น้ำหนัก เป็นเกณฑ์ในการจำแนกขนาดเมล็ดออกเป็น 4 กลุ่ม (Blakeney, 1996) คือ ขนาดใหญ่มาก (Giant: น้ำหนักเมล็ด > 23 มิลลิกรัม) ขนาดใหญ่ (Big: น้ำหนักเมล็ด 18.1-23 มิลลิกรัม) ขนาดเล็ก (Small: น้ำหนักเมล็ด 12-18 มิลลิกรัม) และขนาดเล็กมาก (Tiny: น้ำหนักเมล็ด < 12 มิลลิกรัม) ซึ่งหากพิจารณาความสัมพันธ์ของขนาดเมล็ดตามเกณฑ์

ความยาวกับน้ำหนัก Yoshida et al. (2002) พบว่า น้ำหนักเมล็ดมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้าง ($r = 0.722^{**}$) ความหนา ($r = 0.666^{**}$) และความยาว ($r = 0.481^{**}$) ในขณะที่ลักษณะรูปร่างมีแนวโน้มสัมพันธ์ทางลบกับความกว้างและน้ำหนักเมล็ด โดยกลุ่มพันธุ์ที่ L/W น้อยมักมีความกว้างและน้ำหนักเมล็ดมาก ส่วนกลุ่มพันธุ์ที่มี L/W มากหรือเมล็ดเรียวยาวส่วนใหญ่มีความกว้างน้อย (Siddiqui et al., 2007)

การศึกษาทางพันธุกรรมเกี่ยวกับขนาดและรูปร่างเมล็ด พบว่ามียีนควบคุมมากกว่า 1 ยีน หรือเป็น polygenes ที่มีการแสดงลักษณะแบบบวกสะสม (Kato, 1989; Vanaja and Babu, 2006) แต่พันธุ์ที่มีขนาดใหญ่หรือเล็กมากกว่าปกติจะมียีนหลัก (major gene) ควบคุมการแสดงออก โดยยีน *Mi* ที่ควบคุมลักษณะเมล็ดเล็กทำให้น้ำหนักของเมล็ดลดลง 2 ใน 3 จากปกติ ส่วนยีน *Lk-f* ที่ควบคุมลักษณะเมล็ดใหญ่ทำให้น้ำหนักเมล็ดเพิ่มขึ้นประมาณ 4 เท่า (Takeda, 2008) ส่วนการศึกษาของ Toklu and Yagbasanlar (2007) พบว่า ขนาดเมล็ดในข้าวสาลีเกี่ยวข้องกับยีนแบบบวกสะสมและแบบข่มโดยขนาดเมล็ดใหญ่ข่มเมล็ดเล็ก ส่วนน้ำหนักเมล็ดเป็นผลของยีนแบบข่มข้ามคู่และลักษณะน้ำหนักเมล็ดมากข่มน้ำหนักเมล็ดน้อย ยีนควบคุมลักษณะขนาดและรูปร่างเมล็ดเกี่ยวข้องกับยีนที่ควบคุมลักษณะความกว้าง ความยาว และความหนา ซึ่งเป็นยีนที่อยู่คนละตำแหน่ง ดังการรายงานของ Jia (2007) พบว่า ขนาดเมล็ดเกี่ยวข้องกับตำแหน่งของยีนที่ควบคุมลักษณะพันธุกรรมปริมาณ (Quantitative Trait Loci, QTLs) โดยยีน *GW2* ควบคุมการแสดงลักษณะความกว้างและน้ำหนักเมล็ด ที่มีผลเพิ่มจำนวนเซลล์ด้านกว้างของเปลือกคอก และเร่งอัตราการสะสมน้ำหนักแห้งระยะน้ำนมทำให้ผลผลิตต่อต้นเพิ่มขึ้นเกือบ 20 เปอร์เซ็นต์ นอกจากนั้นยังพบยีน *GSS* ซึ่งเป็นยีนหลักของลักษณะความยาวและน้ำหนักเมล็ด แต่เป็นยีนรองของความกว้างและความหนา (Fan et al., 2006) การศึกษาทางพันธุกรรมเกี่ยวกับขนาดและรูปร่างเมล็ดส่วนใหญ่แสดงให้เห็นว่าเป็นอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมมากกว่าสภาพแวดล้อม Kato (1990) พบว่า ความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบแคบ (h_u^2) ของความกว้างและความยาวในเมล็ดข้าวมีค่า 55.5% และ 80.0% ตามลำดับ ในขณะที่ Shi et al. (2000) รายงานว่า ค่า h_u^2 ของสัดส่วนความยาวต่อความกว้าง (85.6%) และความยาวต่อความหนา (69.9%) เป็นอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ได้รับการถ่ายทอดมาจากแม่

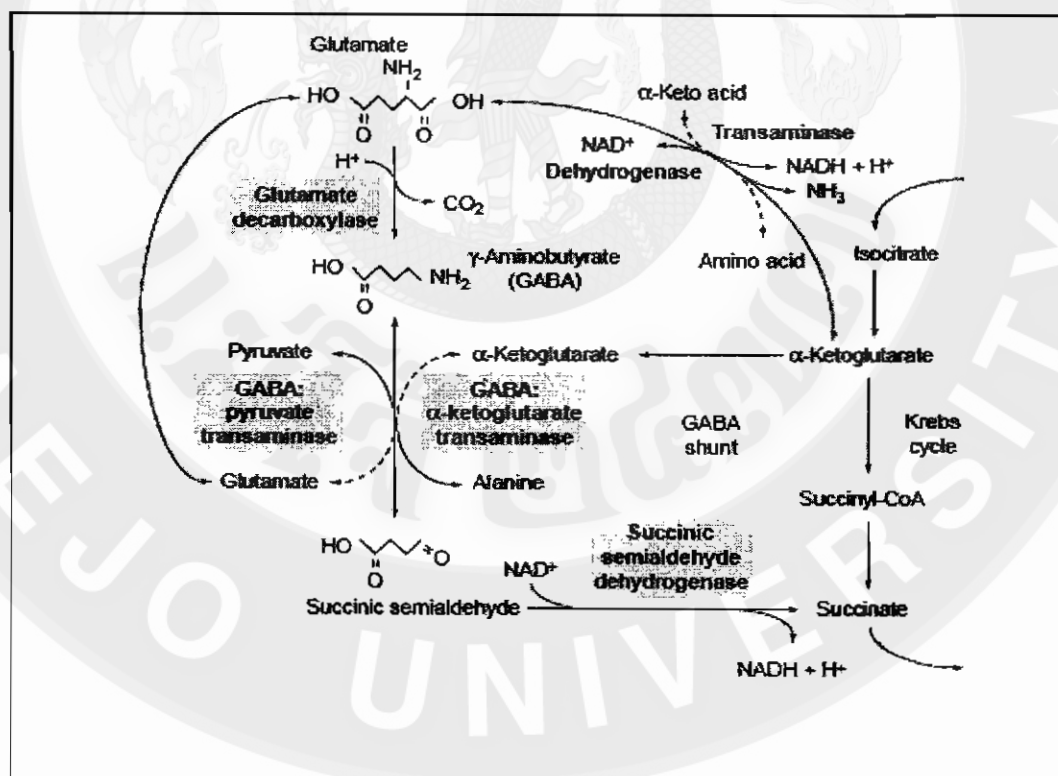
การพัฒนาขนาดของอัณฑะกับ endosperm เกี่ยวข้องกับพัฒนาการของเมล็ดหลังการปฏิสนธิซ้อน (double-fertilization) โดยเฉพาะในระยะ 4-6 วันหลังการผสมเกสร พบว่ายีนที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์โปรตีนและแบ่งมีบทบาทสำคัญในการพัฒนาเมล็ด (Kondou et al., 2006) โดยเซลล์ของอัณฑะเริ่มมีการเจริญเติบโตและพัฒนาส่วนสำคัญต่างๆ หลังจาก endosperm แบ่งเซลล์และพัฒนาเป็นเนื้อเยื่อเมล็ดประมาณ 3-5 เปอร์เซ็นต์ ของน้ำหนักเมล็ดแห้ง หลังจากนั้น

จึงมีการเจริญไปพร้อมกันจนได้เมล็ดที่สมบูรณ์ เมื่อเปรียบเทียบสัดส่วนโดยน้ำหนักของข้าวกล้องพบว่า มีคัพพะประมาณ 2-3% และ endosperm ประมาณ 89-94% ส่วนที่เหลือเป็นเยื่อหุ้มเมล็ดและเนื้อเยื่อ aleurone ประมาณ 5-8% (Lásztity, 1996) ในขณะที่พันธุ์ข้าวที่มีขนาดคัพพะใหญ่มีคัพพะ 7-8% ของน้ำหนักเมล็ด (Saikusa et al., 1994) การศึกษาขนาดคัพพะในกลุ่มข้าวจาปอนิกา 10 พันธุ์พบว่า น้ำหนักคัพพะมีค่าเฉลี่ยประมาณ 2.4-10.3% ของน้ำหนัก 100 เมล็ด โดยพันธุ์ที่มีขนาดคัพพะใหญ่ คือ Chugoku-137 (10.3%) และ Hokkai-269 (9.0%) มีน้ำหนักคัพพะมากกว่าพันธุ์ปกติ เช่น Koshihikari (3.5%) Kitakaori (2.7%) ประมาณ 2-3 เท่า (Saikusa et al., 1994) ส่วนการศึกษาในกลุ่มข้าวอินดิกาของ พัชร และคณะ (2549) พบว่า น้ำหนักคัพพะของข้าวกล้องมีค่าระหว่าง 2.04-10.02% ของน้ำหนักเมล็ด โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวเจ้ามีค่าระหว่าง 5.59-10.02% ของน้ำหนักเมล็ด ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวเหนียวมีค่า 2.04-3.72% ของน้ำหนักเมล็ด สำหรับการศึกษาทางพันธุกรรมของยีนควบคุมลักษณะคัพพะ Dong et al. (2003) พบว่า ขนาดคัพพะของข้าวถูกควบคุมด้วยยีนหลายตำแหน่งที่มีผลต่อการเพิ่มและการลดความกว้าง (*qEMW-2*, *qEMW-8* และ *qEMW-10*) และยีนควบคุมความยาว (*qEML-1*, *qEML-2* และ *qEML-3*) โดยการเพิ่มขนาดของคัพพะเป็นผลมาจากการเพิ่มจำนวนเซลล์มากกว่าการเพิ่มขนาดของเซลล์ ซึ่งเกิดขึ้นเฉพาะในเซลล์ scutellum เท่านั้นแต่ในเซลล์ยอด (shoot apex) และเซลล์ราก (radicle) ไม่มีการแบ่งเซลล์ (Kitano et al., 1993) อย่างไรก็ตาม จากการศึกษาของ Hong et al. (1996) แสดงให้เห็นว่า การพัฒนาขนาดคัพพะเกี่ยวข้องกับอวัยวะที่จะเจริญไปเป็นต้นอ่อน (embryonic organs) และ endosperm โดยการเพิ่มขนาดของ endosperm มีผลไปจำกัดการเจริญของเนื้อเยื่อคัพพะ ทำให้ขนาดและรูปร่างของเมล็ดถูกกำหนดจากขนาดคัพพะ (Mayer and Mayer, 1989) และขนาด endosperm (Berger et al., 2006a; Berger et al., 2006b) นอกจากนั้นยังพบว่าลักษณะเซลล์ endosperm ด้านดัดขวางจากด้านหลังไปยังท้อง (dorsi-ventral direction) ในช่วงกึ่งกลางของความยาวเมล็ดมีรูปร่างยาวและจัดเรียงตัวตามแนวรัศมีมีผลต่อขนาดและรูปร่างของเมล็ด โดยพันธุกรรมข้าวเมล็ดสั้นส่วนใหญ่มีความยาวของเซลล์ด้านดัดขวางมากกว่าข้าวเมล็ดยาว (งามชื่น, 2546)

ปริมาณสาร GABA ในพืช

สาร GABA เป็นกรดอะมิโนที่ไม่ใช่โปรตีน (non-protein amino acid) ประกอบไปด้วยคาร์บอน 4 อะตอม ($C_4H_9NO_2$) มีลักษณะเป็น Zwitterion คือ มีทั้งประจุบวกและประจุลบในสถานะที่ pH เท่ากับ 7.0 (physiological pH) ค่าคงที่ของการแตกตัว (pK) เท่ากับ 4.03 และ 10.56 มีคุณสมบัติในการละลายน้ำได้ดี โครงสร้างโมเลกุลเปลี่ยนแปลงได้หลายแบบในสารละลาย (Shelp

et al., 1999) การสังเคราะห์สาร GABA เกิดจากกระบวนการทางชีวเคมีที่เกี่ยวข้องกับปฏิกิริยา transamination ซึ่งเป็นการย้ายหมู่อะมิโน (amino group) จากสาร α -amino acid ให้กับสาร α -ketoglutarate ที่มาจากวัฏจักรเครบส์โดยเอนไซม์ในกลุ่ม Transaminase ทำให้สาร α -amino acid เปลี่ยนเป็น α -keto acid ส่วน α -ketoglutarate กลายเป็น glutamate (Glu) จากนั้นหมู่ carboxyl ของ glutamate จะถูกกำจัดออก (decarboxylation) โดยอาศัยการทำงานของเอนไซม์ glutamate decarboxylase (GAD) เปลี่ยนเป็นสาร GABA และคาร์บอนไดออกไซด์ (CO_2) หลังจากนั้น GABA จะทำปฏิกิริยากับ pyruvate โดยมีเอนไซม์ GABA-Transaminase (GABA-T) ช่วยเร่งการเกิดปฏิกิริยา ทำให้ได้สาร succinic semialdehyde ซึ่งจะถูกออกซิไดซ์เป็น succinate โดยมีเอนไซม์ succinate semialdehyde dehydrogenase (SSADH) เป็นตัวเร่งปฏิกิริยา (Bown and Shelp, 1997) ดังภาพ 1



ภาพ 1 กระบวนการสังเคราะห์สาร GABA

ที่มา: Shelp et al. (1999)

จากการศึกษาของ Mazzucotelli et al. (2006) พบว่า ในช่วงที่เกิดกระบวนการ metabolism ของ glutamate ในข้าวบาร์เลย์และข้าวสาลีมีปริมาณสาร GABA เพิ่มขึ้น 0.65-0.70 ไมโครโมล/กรัม ขณะที่ปริมาณ glutamate ลดลงจาก 0.75 เหลือ 0.25 ไมโครโมล/กรัม สอดคล้องกับการศึกษาของ Xiao-e et al. (2005) พบว่า ปริมาณ glutamate มีสหสัมพันธ์ทางลบกับปริมาณสาร GABA และมีสมการ regression $Y = 61.84 - 0.85X$ ($R^2 = 0.929$) โดยทั่วไปการเปลี่ยนแปลงปฏิกิริยาของ glutamate ขึ้นอยู่กับการทำงานของ GAD ในแต่ละสภาพแวดล้อม โดยกลไกการกระตุ้นถือเป็นปัจจัยสำคัญที่ส่งผลต่อกิจกรรมของ GAD ให้มีการสังเคราะห์สาร GABA การศึกษาของ Carroll et al. (1994) รายงานว่า การเกิด metabolism ของแอมโมเนียมที่ทำให้สภาพค่าความเป็นกรด-ด่างใน cytoplasm ลดลง มีผลต่อการเพิ่มกิจกรรมของ GAD โดยทำให้ความเข้มข้นของไฮโดรเจนไอออน (H^+) หรือ แคลเซียมไอออน (Ca^{2+}) ใน cytosolic เพิ่มขึ้น ซึ่งไปกระตุ้นให้เนื้อเยื่อพืชเกิดการสะสมสาร GABA (Crawford et al., 1994; Bown and Shelp, 1997) นอกจากนี้สภาพเครียดยังเป็นกลไกสำคัญในการกระตุ้นการเกิดปฏิกิริยาชีวเคมี เช่น สภาพขาดออกซิเจน (Kato-Noguchi and Ohashi, 2006) สภาพอุณหภูมิต่ำ (Mazzucotelli et al., 2006) หรือการถูกกระตุ้นด้วยความเย็น (Mayer et al., 1990) รวมทั้งสภาพของเนื้อเยื่อที่ถูกทำลาย (Ramputh and Bown, 1996)

การสะสมสาร GABA ในพืช พบได้ในพืชหลายชนิด เช่น แครอท (Carroll et al., 1984) ถั่วเหลือง (Wallace et al., 1984) เกาลัด (Desmaison and Tixier, 1986) ถั่วพุ่ม (Mayer et al., 1990) หน่อไม้ฝรั่ง (Chung et al., 1992) ข้าว (Saikusa et al., 1994) มะเขือเทศ (Bolarin et al., 1995) ยาสูบ (McLean et al., 2003) ข้าวสาลี และข้าวบาร์เลย์ (Mazzucotelli et al., 2006; Kihara et al., 2007) การสะสมสาร GABA พบได้ในเนื้อเยื่อพืชเกือบทุกชนิด โดยเฉพาะในเนื้อเยื่อที่มีการเจริญเติบโตอย่างรวดเร็วในระยะการแบ่งเซลล์ เช่น บริเวณปลายยอดและปลายรากข้าวที่มีสาร Auxin และเกิด metabolism ของแอมโมเนียม (Kishimani, 1987) ปริมาณสาร GABA ที่สะสมในพืชมีความแตกต่างกัน มีค่าประมาณ 0.03-32.5 ไมโครโมล/กรัม ของน้ำหนักสด (Kathiresan et al., 1997) ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับชนิดของพืชและบริเวณเนื้อเยื่อที่สะสม เช่น ในใบอ่อนของ *Arabidopsis* มีการสะสมสาร GABA มากกว่าใบแก่ (Allan and Shelp, 2006) ในเนื้อเยื่อ inner integument ของดอกมีสาร GABA มากกว่าเนื้อเยื่อ septum (Ma, 2003) ส่วนการศึกษาในข้าวพบว่าเนื้อเยื่อใบอ่อนมีสาร GABA มากกว่าเนื้อเยื่อเมล็ดช่วงระหว่างการงอก (Jannoey et al., 2009) นอกจากนี้ Saito et al. (2008) ยังแสดงให้เห็นว่าปริมาณสาร GABA ที่สะสมในเนื้อเยื่อขึ้นอยู่กับระยะการเจริญเติบโตของพืช โดยรายงานวามะเขือเทศมีการสะสมสาร GABA เพิ่มขึ้นหลังระยะออกดอก และมีปริมาณมากที่สุดช่วง 24 และ 36 วัน หลังออกดอก (115.3 และ 123.1 มิลลิกรัม/100 กรัมของ

น้ำหนักสด) หลังจากนั้นปริมาณสาร GABA จะลดลงและเหลือน้อยที่สุดในระยะเก็บเกี่ยว (66.3 มิลลิกรัม/100 กรัมของน้ำหนักสด) บทบาทสำคัญของสาร GABA ที่พบในพืชส่วนใหญ่เกี่ยวข้องกับเนื้อเยื่อที่กำลังเจริญเติบโตและเซลล์ที่มีการพัฒนาอย่างรวดเร็ว จึงช่วยให้อัตราการเกิดรากเพิ่มมากขึ้นในระยะต้นอ่อน (Kinnersley, 1995) ให้สัญญาณแก่โมเลกุลภายในเซลล์ในระยะพัฒนาการของพืช (Beuve et al., 2004) ช่วยกระตุ้นการงอกของหลอดละอองเรณูระยะเจริญทางด้านแพร่ขยายพันธุ์ (Ma, 2003) และช่วยยับยั้งการเจริญเติบโตและการพัฒนาการของแมลงศัตรูพืช เช่น หนอนม้วนใบถั่วเหลือง (Ramputh and Bown, 1996)

ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวมีความแตกต่างกันตามลักษณะทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม พัชร (2549) พบว่า พันธุ์ข้าวเจ้าที่มีสาร amylose ต่ำ มีปริมาณสาร GABA มากกว่าพันธุ์ข้าว amylose สูง มีค่า 2.56-2.60 และ 1.07-2.17 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ เช่นเดียวกับการรายงานที่ข้าวพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 และปทุมธานี 1 ซึ่งมี amylose ต่ำ มีปริมาณสาร GABA มากกว่าพันธุ์ สุพรรณบุรี 1 ซึ่งเป็นข้าวที่มี amylose สูง (Varanyanond et al., 2005) สำหรับการสะสมสาร GABA ของเมล็ดข้าวส่วนใหญ่พบที่บริเวณคัพภะมากกว่าเนื้อเยื่อส่วนอื่น จึงทำให้ข้าวกล้องที่ถูกขัดสีเพียงเล็กน้อยและยังมีส่วนของคัพภะติดอยู่กับเมล็ดมีปริมาณสาร GABA มากกว่าข้าวขัดขาว (Iwaki and Kitada, 2007) จากการศึกษาของ Komatsuzaki et al. (2007) พบว่า พันธุ์ข้าวจากปอนิกามีขนาดคัพภะใหญ่ (Oou 359) มีปริมาณสาร GABA มากกว่าพันธุ์ที่มีขนาดคัพภะปกติ (Koshihikari) สอดคล้องกับ Saikusa et al. (1994) ที่รายงานว่า ข้าวพันธุ์ Hokkai-269 มีสาร GABA สูงเนื่องจากมีขนาดของคัพภะใหญ่กว่าพันธุ์อื่นประมาณ 2-3 เท่า เช่นเดียวกับผลการศึกษาในข้าวคัพภะใหญ่พันธุ์ W025 ที่เป็นไปทำนองเดียวกัน (Long et al., 2005) แต่ไม่พบความสัมพันธ์ระหว่างขนาดคัพภะกับปริมาณสาร GABA ในกลุ่มข้าวอินดิกา (Varanyanond et al., 2005)

อย่างไรก็ตาม หากนำเมล็ดข้าวไปผ่านกระบวนการงอกหรือทำเป็นข้าวกล้องงอก พบว่ามีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดสูงกว่าข้าวกล้อง โดยพันธุกรรมข้าวที่มีศักยภาพในการงอกสูงมีความสัมพันธ์กับปริมาณสาร GABA ดังผลงานของ Shoichi (2004) ที่พบว่า เปอร์เซ็นต์ความงอกของเมล็ดในกลุ่มพันธุ์ข้าวเมล็ดสั้น (93%) และเมล็ดปานกลาง (90%) แสดงค่าสูงกว่ากลุ่มเมล็ดยาว (10%) เมื่อนำพันธุ์ข้าวแต่ละกลุ่มไปตรวจวัดปริมาณสาร GABA พบว่า มีค่าเฉลี่ย 16.6, 10.9 และ 6.4 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ Hirunpong and Tungjarenchai (2008) พบว่า การนำเมล็ดข้าวแช่น้ำทำให้ปริมาณสาร GABA เพิ่มขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับที่ไม่แช่น้ำ และสภาพการแช่ที่แตกต่างกันส่งผลต่อปริมาณสาร GABA ด้วยเช่นกัน วัฒนา และคณะ (2550) ศึกษาข้าวอินดิกา 2 พันธุ์ คือ ขาวดอกมะลิ 105 และชัยนาท 1 พบว่า การปรับค่า pH ของน้ำให้เป็นกรดเล็กน้อยที่

อุณหภูมิประมาณ 35°C และใช้ระยะเวลาในการแช่น้ำ 24 ชั่วโมง มีปริมาณสาร GABA มากกว่าการแช่น้ำ 12 ชั่วโมง แต่หากนำเมล็ดข้าวมาแช่ในสารละลายแคลเซียมคลอไรด์ความเข้มข้น 1 มิลลิโมล ที่อุณหภูมิ 40°C นาน 8 ชั่วโมง ทำให้ข้าวขาวดอกมะลิ 105 มีปริมาณสาร GABA เพิ่มขึ้นประมาณ 9.2 เท่า (จารุรัตน์ และคณะ, 2550) ในขณะที่การแช่เมล็ดข้าวในสารละลายที่มีส่วนผสมระหว่าง ไคโตซาน (50 ppm) กับ glutamic acid (5 mM) ทำให้ปริมาณสาร GABA เพิ่มขึ้นประมาณ 13 เท่า เมื่อเปรียบเทียบกับ การแช่น้ำปกติ (Oh, 2003) ส่วนการศึกษาในกลุ่มข้าวจากปอนิก้าให้ผลในทิศทางเดียวกัน แต่การปรับสภาพโดยนำเมล็ดข้าวที่งอกแล้วไปบ่มก๊าซที่อุณหภูมิ 35°C นาน 21 ชั่วโมง ทำให้ปริมาณสาร GABA สูงขึ้นประมาณ 2.5 เท่า (Komatsuzaki et al., 2007) นอกจากนี้ยังพบว่าสภาพของเมล็ดข้าวก่อนนำมาเพาะให้งอกมีผลต่อปริมาณสาร GABA เช่นกัน โดยเมล็ดข้าวที่ถูกขัดสีเพียงเล็กน้อยมีปริมาณสาร GABA มากกว่าเมล็ดข้าวที่ถูกขัดสีมาก (Iwaki et al., 2007) ส่วนข้าวที่มีอายุการเก็บนานมีปริมาณสาร GABA น้อยกว่าข้าวที่มีอายุการเก็บรักษาสั้น แม้ว่าก่อนการเก็บรักษามีปริมาณสาร GABA มากกว่าก็ตาม (Saikusa et al., 1994)

การสังเคราะห์สาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้างออกเป็นกลไกทางชีวเคมีของสารกลูตาเมตที่สะสมในเนื้อเยื่อและได้มาจากการย่อยสลายของโปรตีน ซึ่งมีการรายงานว่ามีปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวแตกต่างกันตามพันธุ์กรรม (Nishizawa et al., 1990; Furukawa et al., 2007) และอาจทำให้ปริมาณ glutamate ในข้าวแต่ละพันธุ์ต่างกัน ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับปริมาณและชนิดของโปรตีนที่สะสม (Lásztity, 1996) แต่มีการรายงานว่าในจมูกข้าวมีปริมาณ glutamate ประมาณ 3.87 กรัม/100 กรัม (Zhang et al., 2006) โดยทั้งปริมาณโปรตีนและ glutamate มีความสัมพันธ์กับกระบวนการสังเคราะห์สาร GABA ดังการรายงานของ Kihara et al. (2007) ที่พบสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างโปรตีนกับปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวบาร์เลย์ ($r = 0.52, p < 0.01$) สำหรับการเกิดปฏิกิริยาทางชีวเคมีในวิถี GABA Shunt เกี่ยวข้องกับการทำงานของเอนไซม์ Turano and Fang (1998) รายงานว่า ปฏิกิริยา α -decarboxylation ของ glutamate ในข้าวสาลีเกิดจากการทำงานของยีน *GAD1* ที่อยู่ในส่วนของราก และยีน *GAD2* ซึ่งอยู่ในส่วนอื่นๆ ของพืช ในขณะที่การเกิดปฏิกิริยา GAD ในข้าวเป็นการแสดงผลของยีน *OsGAD2* และ *OsGADΔ2* ทำให้ปริมาณสาร GABA เพิ่มขึ้น 6 เท่า และ 100 เท่า ตามลำดับ (Akama and Takaiwa, 2007) ส่วนในช่วงที่สาร GABA เปลี่ยนไปเป็น succinic เป็นกลไกการทำงานของเอนไซม์ GABA-T ซึ่งมีทั้ง GABA: α -ketoglutarate transminase และ GABA:pyruvate transminase (Shelp et al., 1999) ซึ่งเกี่ยวข้องกับการทำงานของยีน *POP2* (Palanivelu et al., 2003) และยีน *Os12* ที่กระตุ้นให้เอนไซม์ GABA:pyruvate transminase เกิดปฏิกิริยาได้ดีที่ pH 8.0 และอุณหภูมิ 30 °C (Ansari and Chen, 2009) อย่างไรก็ตาม นอกจากปริมาณสารเริ่มต้นและประสิทธิภาพของยีนควบคุมลักษณะจะเป็น

ปัจจัยที่มีผลต่อปริมาณสาร GABA แล้ว Bown and Shelp (1997) ยังแสดงให้เห็นว่ากระบวนการ metabolism ของสาร GABA มีการสังเคราะห์สาร glutamine (Gln) จากการเกิดปฏิกิริยาของ glutamate กับ NH_3 โดยเอนไซม์ glutamine synthetase ดังนั้น หากสามารถลดการสังเคราะห์ glutamine และโปรตีน หรือกระตุ้นให้มีการย่อยสลายโปรตีนเพิ่มมากขึ้น ตลอดจนลดปฏิกิริยาของ เอนไซม์ GABA-T และ SSADH ย่อมมีความสำคัญต่อการเพิ่มปริมาณสาร GABA (Shelp et al., 1999)

สำหรับการประเมินปริมาณสาร GABA ในอาหารมีวิธีการแตกต่างกัน Iwaki and Kitada (2007) ประเมินปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องที่มีระดับการขัดสีต่างกันโดยใช้ HPLC column ตั้งอัตราการไหลของสารที่ 0.8 มิลลิลิตร/นาที่ อุณหภูมิคอลัมน์ 40°C ใช้ Fluorescence detector ความยาวคลื่น 340 นาโนเมตร และ 450 นาโนเมตร ซึ่งวัดค่า GABA standard (1 ไมโครกรัม/มิลลิลิตร) ได้ที่เวลา 31.97 นาที โดยข้าวที่ถูกขัดสีน้อย (27.71 ± 1.40 ไมโครกรัม/กรัมของน้ำหนักแห้ง) มีปริมาณสาร GABA มากกว่าข้าวขัดสีมาก (17.67 ± 1.47 ไมโครกรัม/กรัมของน้ำหนักแห้ง) ประมาณ 1.5 เท่า ส่วนการประเมินของ Maeda et al. (2007) ซึ่งใช้วิธีการเดียวกันแต่เปลี่ยนอัตราการไหลของสารเป็น 1.0 มิลลิลิตร/นาที่ พบว่า มีปริมาณสาร GABA ในข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกเฉลี่ย 0.44 ไมโครโมล/กรัมของน้ำหนักแห้ง และ 1.75 ไมโครโมล/กรัมของน้ำหนักแห้ง ตามลำดับ Herbert et al. (2000) ประเมินสาร GABA ในไวน์องุ่น ร่วมกับการวิเคราะห์หาปริมาณกรดอะมิโนทั้ง 21 ชนิด โดยใช้ HPLC พบว่า สามารถประเมิน GABA, proline, arginine, alanine, glutamine และกรดกลูตามิกได้ประมาณ 90% ของกรดอะมิโนทั้งหมด ในขณะที่ Ohtsubo et al. (2000) ประเมินสาร GABA จากการเกิดปฏิกิริยา GAD ของ สาร glutamate และ pyridoxal phosphate ในจมูกข้าวและรำข้าว โดยใช้ Amino Acid Analyzer ตั้ง ที่อุณหภูมิ 40°C นาน 6 ชั่วโมง และพบว่าปฏิกิริยา GAD ในจมูกข้าวมีค่า 8.8 ไมโครโมล/นาที่/กรัม และผลิตสาร GABA เท่ากับ 29.0 กรัม/100 กรัมของจมูกข้าว แต่เมื่อประเมินปฏิกิริยา GAD จากการให้ Trypsin ที่ให้เอนไซม์ Protease ในกระบวนการแตกตัวของโปรตีน (proteolytic hydrolysis) เพื่อเป็นแหล่ง glutamate ผลิตสาร GABA ได้ประมาณ 2.26 กรัม/100 กรัมของจมูกข้าว (Zhang et al., 2006) นอกจากนั้น Tsukatani et al. (2005) ได้เปรียบเทียบการประเมินสาร GABA โดยใช้ HPLC และ Microplate reader ซึ่งวัดจากการเกิดปฏิกิริยาเนื่องจากเอนไซม์ γ -aminobutyrate glutamate aminotransferase และ succinic semialdehyde dehydrogenase เปลี่ยนสาร GABA ให้อยู่ในรูปของ succinate และ nicotinamide-adenine dinucleotidephosphate (NADPH) และวัดปริมาณ NADPH โดย UV-spectrophotometer ที่ค่าการดูดกลืนแสง 340 นาโนเมตร จากนั้น จึงคำนวณกลับไปหาปริมาณสาร GABA ซึ่งเป็นสารเริ่มต้นของปฏิกิริยา พบว่า ปริมาณสาร GABA

ที่วัดจากการใช้ Microplate reader (x) มีค่าใกล้เคียงกับ HPLC (y) โดยมีสมการ $y = 0.972x + 0.001$ และทั้ง 2 วิธีการแสดงสหสัมพันธ์กัน ($r = 0.999$)

พฤติกรรมการแสดงออกของยีน

การแสดงลักษณะปรากฏ (phenotype) เป็นผลที่เกิดจากการแสดงออกของยีน และผลกระทบของสภาพแวดล้อมที่มีต่อยีนควบคุมลักษณะ รวมทั้งปฏิภยาร่วมระหว่างยีนและสภาพแวดล้อม การแสดงออกของยีนอาจเกี่ยวข้องกับยีนในตำแหน่งเดียวกันหรือยีนต่างตำแหน่ง โดยมีพฤติกรรมแสดงออก 3 ลักษณะ ได้แก่ แบบข่ม แบบผลบวก และแบบมีปฏิสัมพันธ์ร่วมของยีน พฤติกรรมแสดงออกของยีนแบบข่มเป็นปฏิภยาร่วมของยีนตำแหน่งเดียวกัน โดย allele ที่มีอิทธิพลเหนือกว่าเรียกว่า ยีนเด่น (dominant gene) ส่วนอีก allele หนึ่งเป็นยีนด้อย (recessive gene) ลักษณะเช่นนี้จึงทำให้ปฏิสัมพันธ์ของ allele ที่เป็นคู่กันแสดงการข่มแบบสมบูรณ์ (complete dominance) การข่มเพียงบางส่วน (partial dominance) และการข่มเกิน (over dominance) ซึ่งพบพฤติกรรมการข่มของยีนตำแหน่งเดียวกันทั้งในลักษณะพันธุกรรมเชิงคุณภาพและเชิงปริมาณ เช่น ลักษณะคุณภาพของถั่วเขียว ได้แก่ ลักษณะมีขน สีของเยื่อหุ้มเมล็ด จุดบนเยื่อหุ้มเมล็ด และสีของฝัก ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงพฤติกรรมแบบข่ม (Arshad et al., 2005) เช่นเดียวกับลักษณะด้านทานต่อสารเคมีกำจัดวัชพืชในข้าว (Lang and Buu, 2007) ส่วนผลการศึกษาลักษณะเชิงปริมาณเกี่ยวข้องกับยีนที่แสดงพฤติกรรมหลายรูปแบบ El-Bamawy and Shaban (2007) ศึกษาพบว่า ลักษณะวันเก็บเกี่ยวและความสูงของงาเป็นผลของยีนที่แสดงลักษณะข่มเพียงบางส่วน ในขณะที่ลักษณะความสูง วันออกดอกตัวผู้ และวันออกดอกตัวเมียที่พบในข้าวโพดถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงลักษณะแบบข่ม ส่วนลักษณะความยาวของฝักเป็นยีนแบบข่มเกิน (Saeed and Saleem, 2000) แต่การศึกษาในสายพันธุ์แท้ (inbred line) พบว่า ลักษณะองค์ประกอบผลผลิต คือ จำนวนแถวต่อฝัก เมล็ดต่อแถว น้ำหนักเมล็ด ผลผลิตต่อต้น ถูกควบคุมโดยยีนข่มเกิน (Saleem et al., 2002)

อย่างไรก็ตาม สำหรับการแสดงออกของลักษณะต่างๆ อาจไม่ได้ถูกควบคุมด้วยยีนเพียง 1 ยีน โดยเฉพาะลักษณะปริมาณมักเกี่ยวข้องกับยีนหลายยีน หรือยีนที่ควบคุมลักษณะเป็นกลุ่มของยีน (polygene) และแต่ละยีนมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะเพียงเล็กน้อย การแยกความเด่นชัดในการแสดงออกของแต่ละยีนจึงทำได้ยากเนื่องจากแต่ละยีนมีอิทธิพลต่อลักษณะเดียวกัน โดยเมื่อมีจำนวนยีนเพิ่มมากขึ้นกลุ่มยีนนั้นจะมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะมากขึ้น ลักษณะที่ปรากฏจึงเป็นผลรวมหรือผลบวกสะสมของการแสดงพฤติกรรมของยีน (additive gene

effect) เช่น น้ำหนัก 1,000 เมล็ด (Ahangar et al., 2008; Karim et al., 2007) ความสูง การมีวนของใบ การแห้งของใบ (Manickavelu et al., 2006) อย่างไรก็ตาม เนื่องจากลักษณะปริมาณเกี่ยวข้องกับยีนจำนวนมาก จึงเป็นไปได้ที่การทำงานของยีนมีปฏิสัมพันธ์กัน ซึ่งอาจเกิดในลักษณะของยีนหลายตำแหน่งมีผลต่อลักษณะเดียว หรือยีนบางตำแหน่งแสดงการข่มยีนตำแหน่งอื่น ลักษณะเช่นนี้ทำให้เกิดปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (intergenic gene action) การทำงานของยีนอาจเป็นแบบพึ่งพาหรือร่วมกับยีนตำแหน่งอื่น หรือการทำหน้าที่ของยีนต้องรับช่วงมาจากยีนอื่น (กฤษฎา, 2544) ซึ่งปฏิริยาการแสดงออกของยีนนี้ เรียกว่า การข่มข้ามคู่ (epistasis) โดยปฏิริยาร่วมของยีนอาจทำให้เกิดลักษณะใหม่ (novel phenotype) ส่งเสริมการทำงานของยีน (complementary action) ขยับยั้งการทำงานของยีน (inhibiting action) หรือให้ยีนหนึ่งแสดงลักษณะเหมือนอีกยีนหนึ่ง (duplicate action) (Poehlman and Sleper, 1995) การเกิดปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งจึงทำให้อัตราส่วนการกระจายตัวของลักษณะปรากฏในชั่วที่ 2 ไม่เป็นไปตามกฎของเมนเดล

พฤติกรรมการแสดงออกของยีนที่แตกต่างกันในแต่ละสภาพแวดล้อม มีผลทำให้การแสดงลักษณะปรากฏมีความแตกต่างกัน ความผันแปรที่เกิดขึ้นจึงเป็นความแปรปรวน (Variance; V) ที่วัดได้จากค่าที่เบี่ยงเบนไปจากค่าเฉลี่ยของประชากร ซึ่งเมื่อพิจารณาความแปรปรวนขององค์ประกอบของลักษณะปรากฏ (Phenotypic variance; V_p) เป็นผลมาจากความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรม (Genotypic variance; V_G) โดยสิ่งที่ทำให้ค่า V_p ไม่เท่ากับค่าของ V_G คือ ความผันแปรเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม (Environmental variance; V_E) ดังนั้น จึงแสดงองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะใดลักษณะหนึ่งเป็นสมการ $V_p = V_G + V_E$ และเนื่องจากค่าของ V_p เป็นค่าความแปรปรวนที่เกิดจากฟีโนไทป์ (phenotypic value) จึงสามารถประเมินได้จากค่าสังเกต ส่วนการประเมินค่า V_E เป็นค่าความแปรปรวนของการทดลองซึ่งถือว่าเป็นความแปรปรวนอื่นๆ นอกเหนือจากพันธุกรรม (non-genetic variance) เมื่อทราบค่า V_p และ V_E จึงสามารถคำนวณค่า V_G ซึ่งเป็นค่าของจีโนไทป์ (genotypic value) ที่วัดได้จากค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) Falconer (1989) อธิบายว่า ค่าการผสมพันธุ์เป็นค่าการถ่ายทอดยีนของพ่อแม่ไปยังรุ่นลูกที่วัดได้จากผลบวกของค่าเฉลี่ยที่เบี่ยงเบนไปจากค่าเฉลี่ยประชากรที่มียีนนั้นอยู่ (average effect) จึงเรียกอีกอย่างหนึ่งว่า additive genotype และความแปรปรวนของค่าการผสมพันธุ์เกิดจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (Additive effect; A) ซึ่งหากคู่ของยีนที่ถูกถ่ายทอดไม่แสดงการข่มค่าของ genotypic value ข้อมเป็นค่าเดียวกับ breeding value แต่ถ้าเกิดการข่มของยีนในตำแหน่งเดียวกัน (Dominant effect; D) ทำให้ค่าทั้งสองแตกต่างกันหรือเกิดการเบี่ยงเบนเนื่องจากการข่ม (dominance deviation) ของยีน ซึ่งแสดงสมการองค์ประกอบทางพันธุกรรมเป็น $G = A + D$ และ

หากการแสดงลักษณะถูกควบคุมด้วยยีนมากกว่า 1 ตำแหน่ง อาจทำให้การทำงานของยีนไม่เป็นอิสระจากปฏิสัมพันธ์ร่วมของยีน และมีค่าความเบี่ยงเบนจากการเกิดปฏิริยาร่วมกัน (Interaction deviation; I) ซึ่งทำให้สมการองค์ประกอบทางพันธุกรรมเป็น $G = A + D + I$ นอกจากนั้น อาจยังได้รับผลกระทบเนื่องมาจากปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อม (genotypic and environmental interaction; V_{GE}) ซึ่งแสดงได้ในรูปแบบของการจำแนกองค์ประกอบของความแปรปรวน ดังสมการ (Falconer, 1989)

$$\begin{aligned} V_p &= V_G + V_E + V_{GE} \\ V_p &= V_A + V_D + V_I + V_E + V_{GE} \\ \text{โดยที่ } V_A &= \text{Additive variance} \\ V_D &= \text{Dominance variance} \\ V_I &= \text{Interaction variance} \end{aligned}$$

การประเมินพฤติกรรมการแสดงออกของยีนควบคุมลักษณะจากการจำแนกองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมเกี่ยวข้องกับค่า breeding value ของประชากรที่มีความสัมพันธ์กันทางเครือญาติ เพราะการวัดศักยภาพของยีนในพ่อแม่ประเมินได้จากการแสดงออกของยีนที่ถูกถ่ายทอดไปยังรุ่นลูก การประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมจึงเกี่ยวข้องกับความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (genetic covariance) ซึ่งอาจเป็นความสัมพันธ์ระหว่างลูกกับพ่อหรือแม่ ระหว่างลูกที่เป็นพี่น้องจากพ่อแม่เดียวกันหรือ (full-sib) หรือต่างพ่อหรือแม่ (half-sib) โดยค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างเครือญาติของลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีน 1 ตำแหน่ง จะแสดงออกในรูปแบบของ V_A และ V_D แต่กรณีที่มียีนหลายตำแหน่งควบคุมจะแสดงยีนในรูปแบบ V_I ลักษณะดังกล่าวนี้ Falconer (1989) ได้แสดงให้เห็นความสัมพันธ์ของความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างลูกกับพ่อหรือแม่ (COV_{OP}) ลูกกับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (COV_{OP}) ลูกร่วมพ่อแม่เดียวกัน (COV_{FS}) และลูกต่างพ่อหรือแม่ (COV_{HS}) ดังนี้

$$\begin{aligned} COV_{OP} &= \frac{1}{2} V_A \\ COV_{\overline{op}} &= \frac{1}{2} V_A \\ COV_{FS} &= \frac{1}{2} V_A + \frac{1}{4} V_D \\ COV_{HS} &= \frac{1}{4} V_A \end{aligned}$$

หากพิจารณาความแปรปรวนของประชากรที่มีความสัมพันธ์กันทางเครือญาติ จะเห็นได้ว่าการจำแนกองค์ประกอบของความแปรปรวนมีความสำคัญต่อการประเมินค่าองค์ประกอบทางพันธุกรรม ที่ทำให้ทราบพฤติกรรมการแสดงออกของยีนควบคุมลักษณะนั้นได้ โดยเฉพาะ

ลักษณะที่เกี่ยวข้องกับยีนหลายตำแหน่ง ที่ประเมินจากค่าความแปรปรวนของประชากรที่มีฐานพันธุกรรมเดียวกันซึ่งสร้างจากแผนการผสมพันธุ์ (Mating design) แล้วนำไปปลูกตามแผนการทดลองเพื่อคำนวณค่าความแปรปรวนต่างๆ และเมื่อกำหนดองค์ประกอบของค่าคาดหวัง (Expected mean square; E(MS)) ทำให้สามารถคำนวณค่าทางพันธุกรรมได้ และจากการศึกษาของ Deb and Khaleque (2009) พบว่า องค์ประกอบความแปรปรวนแบบบวกสะสมของลักษณะทางการเกษตรที่เป็นลักษณะปริมาณที่สำคัญต่างๆ ในถั่วพุ่มแสดงผลแบบบวกมากกว่าแบบลบ ส่วนความแปรปรวนแบบข่มกลับแสดงผลลบมากกว่าบวก เมื่อนำไปประเมิน epistasis โดยวิธี scaling test พบว่าความแปรปรวนแบบบวกสะสมของลักษณะทางการเกษตรที่สำคัญส่วนใหญ่แสดงนัยสำคัญทางสถิติ และยีนแบบบวกสะสมมีอิทธิพลต่อลักษณะดังกล่าวมากกว่ายีนแบบข่ม นอกจากนี้การวิเคราะห์ความแปรปรวนจากการทำ Triple test cross ทำให้ประเมิน V_A , V_D และ V_I ได้เช่นเดียวกัน (Saleem et al., 2005) จากการที่สามารถประเมินองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะได้ ทำให้ทราบถึงสัดส่วนความสำคัญระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ซึ่งเป็นค่าที่บ่งชี้ถึงความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรม (Heritability)

การประเมินการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม

การแสดงลักษณะปรากฏเป็นผลมาจากพันธุกรรมที่แสดงศักยภาพแตกต่างกันในแต่ละสภาพแวดล้อม ซึ่งเฉพาะลักษณะที่เกิดจากการทำงานของยีนเท่านั้นที่สามารถถ่ายทอดไปยังอีกรุ่นหนึ่งได้ การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจึงขึ้นอยู่กับพฤติกรรมของยีนควบคุมลักษณะและความสม่ำเสมอของสภาพแวดล้อมซึ่งประเมินได้จากความคล้ายคลึงกันทางเครือญาติ โดยลูกหรือเครือญาติที่มีลักษณะปรากฏคล้ายคลึงกันมาก แสดงว่าพ่อแม่มีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมไปสู่ลูกหลานสูง ซึ่งค่าที่วัดได้เป็นคุณสมบัติเฉพาะของลักษณะในประชากรและสภาพแวดล้อมที่ศึกษาเท่านั้น (ประคิษฐ์, 2550) ไม่สามารถนำไปใช้ได้กับทุก ๆ ลักษณะหรือลักษณะเดียวกันแต่ประเมินจากประชากรและสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน ลักษณะนี้จึงทำให้ความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม (Heritability; h^2) ของแต่ละประชากรมีความแตกต่างกัน โดยทั่วไปประชากรขนาดใหญ่จะให้ค่า h^2 มากกว่าประชากรขนาดเล็ก เนื่องจากความถี่ของยีนในประชากรขนาดเล็กมีโอกาสเข้าสู่ภาวะของการถูกตรึง (fixation) หรือสูญหาย (lost) ซึ่งทำให้ประชากรพืชแต่ละต้นมีจีโนไทป์เหมือนกัน หรือมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมลดลง (Falconer, 1989)

ความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม เกิดจากอิทธิพลของยีนทุกรูปแบบทั้งที่เป็นแบบบวกสะสม (Additive gene action) และแบบอื่นๆ (Non-additive gene action) ซึ่งสามารถประเมินได้จากความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลของยีนกับความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ คำนี้นี้เป็นอัตราส่วนทางพันธุกรรมเรียกว่า อัตราพันธุกรรม (ไพศาล, 2527) หากประเมินจากอัตราส่วนความแปรปรวนของยีนทั้งหมดที่แสดงพฤติกรรมแบบบวกสะสม แบบข่ม และแบบมีปฏิกริยาร่วมกันของยีน ($h^2 = V_G/V_P$) เรียกว่า การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง (Broad-sense heritability; h_b^2) การถ่ายทอดยีนในลักษณะนี้มีความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์ที่ต้องการลักษณะดีเด่นอันเกิดจากผลรวมของยีนทั้งหมด เช่น การคัดเลือกจากพันธุกรรมที่มาจากโคลน (Clone) การสร้างสายพันธุ์แท้ (Inbred line) นอกจากนั้นยังใช้ประโยชน์จากความดีเด่นเหนือพ่อแม่ (Heterosis) ในการสร้างพันธุ์ลูกผสม (Hybrid) จากการศึกษาของ Saleem et al. (2008) พบว่า ความดีเด่นของสายพันธุ์ข้าวลูกผสมระหว่างข้าวพันธุ์บาสมาดิกับพันธุ์ทดสอบ สามารถบ่งชี้ได้จากการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของลักษณะพื้นที่ใบธง ความสูง ความหนาแน่นของรวง ดัชนีเก็บเกี่ยว น้ำหนักแห้งต่อต้น และผลผลิตต่อต้น ซึ่งมีค่าประมาณ 94-99 เปอร์เซ็นต์ สำหรับการประเมินจากความแปรปรวนของยีนแบบบวกสะสม ($h^2 = V_A/V_P$) เรียกว่า การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบแคบ (Narrow-sense heritability; h_n^2) หากค่า h_n^2 สูง ชี้หมายถึงความแตกต่างของลักษณะปรากฏเป็นผลมาจากผลบวกสะสมของยีนที่ควบคุมลักษณะนั้นๆ และหากมีการคัดเลือกที่เหมาะสมย่อมเป็นการเพิ่มความถี่ของยีนให้สามารถแสดงลักษณะได้มากขึ้น Süreş and Beser (2005) รายงานว่า การประเมินค่า h_n^2 ของผลผลิตข้าวมีค่าต่ำ แต่มีค่าสูงในลักษณะน้ำหนักเมล็ด และเมื่อทดสอบสหสัมพันธ์ของสองลักษณะพบนัยสำคัญทางสถิติในทางบวก จึงแนะนำว่าการปรับปรุงพันธุ์ข้าวเพื่อเพิ่มผลผลิตควรพิจารณาจากน้ำหนักเมล็ดโดยการคัดเลือกในชั่วต้นๆ

สำหรับการศึกษาวิธีการประเมินค่า h^2 แบบต่างๆ ขึ้นอยู่กับหลายปัจจัย เช่น ชนิดของประชากร แผนการผสมพันธุ์ ระดับความสัมพันธ์ของประชากร และสภาพแวดล้อม เป็นต้น โดยทั่วไปสามารถคำนวณได้จากการแยกองค์ประกอบความแปรปรวนของประชากรที่มีความสม่ำเสมอทางพันธุกรรม เช่น สายพันธุ์แท้ ซึ่งถือว่าความแปรปรวนของลักษณะที่เกิดขึ้นมาจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม ประชากรที่ใช้ส่วนใหญ่จึงได้แก่ แม่ (P_1) พ่อ (P_2) ลูกผสม F_1 และลูกผสม F_2 โดยความแปรปรวนเฉลี่ยของ P_1 , P_2 และ F_1 เป็นความแปรปรวนที่เกิดขึ้นจากสภาพแวดล้อม ส่วนประชากร F_2 มีความแปรปรวนจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม จึงประเมินค่า h^2 ได้ดังสมการ

$$h_b^2 = \frac{\sigma_{F_2}^2 - \left(\frac{\sigma_{P_1}^2 + \sigma_{P_2}^2 + \sigma_{F_1}^2}{3} \right)}{\sigma_{F_2}^2}$$

โดยที่

$$\begin{aligned}\sigma_{P_1}^2 &= \text{ค่าความแปรปรวนของพันธุ์แม่} \\ \sigma_{P_2}^2 &= \text{ค่าความแปรปรวนของพันธุ์พ่อ} \\ \sigma_{F_1}^2 &= \text{ค่าความแปรปรวนของประชากร F}_1 \\ \sigma_{F_2}^2 &= \text{ค่าความแปรปรวนของประชากร F}_2\end{aligned}$$

ในบางกรณีอาจจะมีประชากร F₁ อย่างจำกัดจึงอาจใช้เพียงค่าเฉลี่ยของพ่อและแม่ ในการคำนวณความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อมดังกล่าวการศึกษาของ Phudenpa et al. (2004) ที่ประเมินค่า h_b^2 ของลักษณะทางการเกษตรด้วยวิธีดังกล่าว

$$h_b^2 = \frac{\sigma_{F_2}^2 - (\sigma_{P_1}^2 + \sigma_{P_2}^2)/2}{\sigma_{F_2}^2}$$

ในขณะที่ Khan et al. (2003) ประเมินค่า h_b^2 ของลักษณะทางสัณฐานวิทยาในข้าว สาลีโดยไม่ได้นำค่าเฉลี่ยของพ่อแม่มาคำนวณแต่ทำตามวิธีการของ Mahmud and Kramer (1951)

$$h_b^2 = \frac{\sigma_{F_2}^2 - \sqrt{\sigma_{P_1}^2 \times \sigma_{P_2}^2}}{\sigma_{F_2}^2}$$

แต่เนื่องจากวิธีการนี้ใช้ความแปรปรวนของประชากรที่รวมทั้ง additive และ non-additive effect จึงประเมินได้เฉพาะการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างเท่านั้น ดังนั้น เพื่อแยกองค์ประกอบทางพันธุกรรม Warner (1952) จึงนำประชากรลูกผสมกลับ BC₁ และ BC₂ มาใช้ร่วมกับ F₂ ซึ่งจากการแยกความแปรปรวนของ F₂ (V_{F₂}), BC₁ (V_{BC₁}) และ BC₂ (V_{BC₂}) ดังนี้

$$\begin{aligned}V_{F_2} &= \frac{1}{2}V_A + \frac{1}{4}V_D + V_E \\ V_{BC_1} + V_{BC_2} &= \frac{1}{2}V_A + \frac{1}{2}V_D + 2V_E \\ h_b^2 &= [2V_{F_2} - (V_{BC_1} + V_{BC_2})] / V_{F_2} \\ &= \frac{1}{2}V_A / \left(\frac{1}{2}V_A + \frac{1}{2}V_D + V_E \right)\end{aligned}$$

โดยที่

$$\begin{aligned}V_{F_2} &= \text{ค่าความแปรปรวนของประชากร F}_2 \\ V_{BC_1} &= \text{ค่าความแปรปรวนของประชากร BC}_1 \\ V_{BC_2} &= \text{ค่าความแปรปรวนของประชากร BC}_2\end{aligned}$$

ซึ่งวิธีการประเมินค่า h^2 ตามหลักการ Warner's method ได้มีการนำมาดัดแปลงใช้มากขึ้น โดยนำประชากรของ P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 และ BC_2 มาหาคำนวณความแปรปรวนแล้วจึงประเมินอัตราพันธุกรรมทั้งแบบกว้างและแบบแคบ เช่น Mather's method ประเมิน h^2 จากสมการ (Mather, 1949)

$$h_b^2 = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H + E}$$

$$h_n^2 = \frac{\frac{1}{2}D}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H + E}$$

โดยที่ D = Additive variance

H = Dominance variance

นอกจากการใช้ประชากรดังกล่าวในการประเมินค่า h^2 แล้ว ยังมีการศึกษาในประชากร RIL (recombinant inbred line) โดย Cisse and Ejeta (2003) ใช้ประชากร RIL ในการประเมินค่าการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง (H_p) ทั้งในสภาพแปลงและสภาพโรงเรือน ดังนี้

$$\text{Field-}H_f = \frac{MS_{(among-lines)} - MS_{(Y \times L)}}{MS_{(among-lines)}}$$

$$\text{Greenhouse-}H_g = \frac{MS_{(among-lines)} - MS_{(error)}}{MS_{(among-lines)}}$$

โดยที่ $MS_{(among line)}$ = Mean squares of family

$MS_{(Y \times L)}$ = Mean squares of year $\times$ line

ส่วนการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบแคบของของลักษณะทางการเกษตรของถั่วเขียวในประชากร RIL ประเมินจากสมการ (Sriphadet et al., 2007)

$$h_n^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + (\sigma_e^2 / r)}$$

โดยที่ σ_a^2 = Additive genetic variance

σ_e^2 = Experimental error variance

r = จำนวนซ้ำ

แม้ว่าการประเมินการถ่ายทอดลักษณะจากองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมส่วนใหญ่อาศัยหลักการสร้างประชากรจากแผนการผสมพันธุ์ เช่น Nested design, Crossed design, Backcross design, Diallel cross design และ Partial diallel cross แต่สามารถประเมินค่า h^2 ได้โดยไม่ต้องใช้แผนการผสมพันธุ์เช่นกัน เช่น การประเมินจากค่าสังเกตของแปลง

ย่อยหรือของแต่ละต้น Sthapit et al. (1995) ประเมินอัตราพันธุกรรมของลักษณะด้านทานต่อโรคกาบใบเน่าสีน้ำตาลในข้าวในประชากร F₂ โดยการวัดจากแต่ละต้นและแปลงย่อย ดังนี้

$$\begin{aligned} \text{Individual } h^2 &= \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + (\sigma^2 / r)} \\ &= \frac{(MS_f - MS_e) / r}{(MS_f / r)} \\ \text{Plot } h^2 &= \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + (\sigma^2)} \\ &= \frac{(MS_f - MS_e) / r}{(MS_f - MS_e / r) + MS_e} \end{aligned}$$

โดยที่

σ^2	=	Environmental variance
σ_g^2	=	Additive variance
MS_f	=	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$
MS_e	=	σ^2
r	=	จำนวนซ้ำ

เนื่องจากค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมบ่งชี้ถึงความแปรปรวนของลักษณะปรากฏจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม ซึ่งหากสภาพแวดล้อมไม่มีความสม่ำเสมออาจส่งผลต่อการถ่ายทอดลักษณะ Khizzah et al. (1993) พบว่า สาเหตุที่ทำให้การถ่ายทอดลักษณะทนแล้งของข้าวฟ่างมีค่าต่ำจนถึงปานกลางมาจากสภาพแวดล้อม ซึ่งในที่นี้หากสภาพแวดล้อมมีความสม่ำเสมออาจประเมินผลของลักษณะทางพันธุกรรมต่อการทนแล้งได้ดีขึ้น แต่อาจทำให้ค่าการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมมีค่าสูงเกินจริงได้ เพราะแม้ว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมน้อยแต่สภาพแวดล้อมแปรปรวนน้อยเช่นกัน หรือหากสภาพแวดล้อมแปรปรวนมากอาจทำให้ค่าการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมอาจต่ำเกินจริงได้เช่นกัน (กฤษฎา, 2546) ดังนั้น การประเมินค่าควรคำนึงถึงปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อมที่ทำให้เกิดความผันแปรของลักษณะ ซึ่งการลดความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมทำได้โดยการปลูกหลายสภาพแวดล้อม ในการประเมินค่า h^2 จึงต้องนำสภาพแวดล้อมมาคำนวณด้วยดังสมการ (Hayward et al., 1993)

$$\begin{aligned} h^2 &= \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2} \\ &= \frac{\sigma_A^2}{(\sigma_G^2) + (\sigma_{GE}^2 / e) + (\sigma_E^2 / re)} \end{aligned}$$

โดยที่ σ_G^2 = Genetic variance

$\sigma_{A.}^2$	=	Additive genetic variance
σ_{GE}^2	=	Genetic $\times$ environmental variance
σ_E^2	=	Experimental error variance
e	=	environment
r	=	จำนวนซ้ำ

แต่หากมีการทดลองหลายฤดู การประเมินอัตราพันธุกรรมจะได้ข้อมูลที่ถูกต้องแม่นยำขึ้น Omoigui et al. (2006) พบว่า ลักษณะน้ำหนัก 100 เมล็ด ช่วงเวลาของระยะแพร่ขยายพันธุ์ วันออกดอก และดัชนีเก็บเกี่ยวของถั่วพุ่ม มีค่าการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมสูงขึ้นเมื่อทำการทดลองใน 2 ฤดู และประเมินค่าตามวิธีการของ Fehr (1987) ดังนี้

	h_b^2	=	$\frac{\sigma_g^2}{(\sigma_{gy}^2/ry) + (\sigma_e^2/y) + \sigma_g^2}$
โดยที่	σ_g^2	=	genetic variance
	σ_{gy}^2	=	Genetic $\times$ year variance
	y	=	Year
	r	=	จำนวนซ้ำ

เช่นเดียวกับผลงานของ Jensen et al. (2006) พบว่า เมื่อนำปีที่ทดลองมาวิเคราะห์รวมทำให้ค่า h^2 ของลักษณะผลผลิตน้ำหนักแห้งของ Meadow Bromegrass เพิ่มขึ้น โดยนำปฏิสัมพันธ์ของสายพันธุ์ จำนวนซ้ำ และจำนวนปี มาใช้ในการคำนวณ ซึ่งการประเมินค่า h_b^2 และ h_n^2 ใช้ clonal line และ full-sib family ตามลำดับ

	h_b^2	=	$\frac{\sigma_c^2}{\sigma_c^2 + (\sigma_{rc}^2/r) + (\sigma_{cy}^2/y) + (\sigma_{rcy}^2/ry)}$
	h_n^2	=	$\frac{\sigma_g^2}{\sigma_c^2 + (\sigma_{rc}^2/r) + (\sigma_{cy}^2/y) + (\sigma_{rcy}^2/ry)}$
โดยที่	σ_c^2	=	Clone variance
	σ_g^2	=	Genetic variance
	σ_{rc}^2	=	Clone $\times$ replication variance
	σ_{cy}^2	=	Clone $\times$ year variance
	σ_{rcy}^2	=	Clone $\times$ replication $\times$ year variance
	y	=	Year
	r	=	จำนวนซ้ำ

อย่างไรก็ตาม หากพิจารณาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจะเห็นว่าเป็นอัตราส่วนของค่าการผสมพันธุ์กับลักษณะปรากฏ โดยค่าการผสมพันธุ์ประเมินได้จากความแปรปรวนร่วมของลูกต่อพ่อแม่ ซึ่งลักษณะดังกล่าวคืออิทธิกรสชั้นของค่าการผสมพันธุ์กับลักษณะปรากฏ ดังนั้น จึงสามารถประเมินค่า h^2 ได้จากค่าสัมประสิทธิ์รีเกรสชัน (Regression coefficient, b) ซึ่งเป็นประโยชน์มากกับบางลักษณะ โดยเฉพาะลักษณะที่มีความแปรปรวนต่ำมาก เช่น การให้ลูกต่อครอก ซึ่งไม่สามารถประเมินได้จากความแปรปรวนแต่ควรประเมินจากค่า b (ภฤชญา, 2544) ระหว่างลูกกับพ่อหรือแม่ หรือค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (Hartl and Clark, 2007)

$$\begin{aligned}
 b_{op} &= COV_{(OP)} / \sigma_p^2 \\
 &= \frac{1}{2} \sigma_A^2 / \sigma_p^2 \\
 &= \frac{1}{2} h^2 \\
 h_n^2 &= 2b_{op}
 \end{aligned}$$

โดยที่

$$\begin{aligned}
 b_{op} &= \text{Regression of offspring on one parent} \\
 COV_{(OP)} &= \text{Regression of offspring and one parent} \\
 \sigma_p^2 &= \text{Phenotypic variance} \\
 \sigma_A^2 &= \text{Additive variance}
 \end{aligned}$$

Hartl and Clark (2007) ยังกล่าวว่า หากประเมินค่าสัมประสิทธิ์รีเกรสชันของลูกบนค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ ควรนำค่า σ_p^2 ของพ่อแม่ไปหาค่าเฉลี่ยเพื่อใช้ในการคำนวณ

$$\begin{aligned}
 b_{OP} &= \frac{1}{2} \sigma_A^2 / (\sigma_p^2 / 2) \\
 &= h_n^2 \\
 b_{OP} &= \text{Regression of offspring on midparent}
 \end{aligned}$$

การนำ regression coefficient มาประเมิน h^2 อยู่บนข้อกำหนดที่ว่าค่า inbreeding coefficient ของพ่อแม่เป็นศูนย์ แต่หากมีค่ามากกว่าศูนย์จะทำให้ค่า h^2 ที่ได้สูงเกินจริง (Fernandez and Miller, 1985) ดังนั้นในการประเมิน h^2 ควรนำความสัมพันธ์ระหว่างลูกกับพ่อแม่มาคำนวณด้วย ดังการรายงานของ Smith and Kinman (1965) ที่เสนอวิธีการประเมิน h^2 เมื่อมี inbreeding coefficient โดยสามารถใช้ได้ทั้งพืชผสมตัวเองและผสมข้าม ดังนี้

$$\begin{aligned}
 h^2 &= \beta_1 / 2r_{xy}
 \end{aligned}$$

โดยที่

$$\begin{aligned}
 \beta_1 &= \text{Regression coefficient} \\
 r_{xy} &= \text{Parents-offspring correlation}
 \end{aligned}$$

การประเมิน h^2 มีประโยชน์ต่อการกำหนดแผนการคัดเลือกประชากร โดยทั่วไปจะคัดเลือกจากต้นที่มี phenotypic value สูงกว่าค่าเฉลี่ยของประชากรในชั่วนั้นเป็นพ่อแม่ ซึ่งคาดว่าลูกที่ได้ในชั่วต่อไปจะแสดงค่าเฉลี่ยของประชากรสูงกว่าชั่วที่คัดเลือก Doolittle (1987) อธิบายว่า การคัดเลือกโดยพิจารณาจากการกระจายตัวแล้วคัดเลือกในกลุ่มที่ให้ค่าสูงกว่าค่าเฉลี่ยของประชากรเรียกว่า Truncation selection โดยผลต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของต้นที่ถูกคัดเลือกกับค่าเฉลี่ยของประชากรเรียกว่า ความแตกต่างจากการคัดเลือก (Selection differential, S) ความแตกต่างของค่าเฉลี่ยของประชากรในชั่วของลูกกับชั่วของพ่อแม่จึงเป็นการเปลี่ยนแปลงความสามารถทางพันธุกรรมที่เกิดจากการคัดเลือกหรือการตอบสนองต่อการคัดเลือก (Response to selection, R) ซึ่งแสดงได้ดังสมการ (Doolittle, 1987)

$$\begin{aligned} S &= \bar{Y}_{t(s)} - \bar{Y}_t \\ R &= \bar{Y}_{t+1} - \bar{Y}_t \\ \text{โดยที่ } \bar{Y}_{t(s)} &= \text{Mean of the selection parent generation } t \\ \bar{Y}_t &= \text{Mean of parent generation } t \\ \bar{Y}_{t+1} &= \text{Mean of offspring generation } t + 1 \end{aligned}$$

การตอบสนองต่อการคัดเลือกมาจากการเปลี่ยนแปลงค่าเฉลี่ยของประชากรระหว่างรุ่นลูกกับพ่อแม่ซึ่งเป็นผลของการถ่ายทอดยีนที่มาจาก การคัดเลือก ค่าเฉลี่ยของความแตกต่างของประชากรที่เกิดจากการคัดเลือกจากชั่วหนึ่งไปยังชั่วหนึ่งจึงเป็นความสามารถทางพันธุกรรมที่เปลี่ยนแปลงไปที่ประเมินได้ถึงความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมซึ่งเรียกว่า Realized heritability (Hartl and Clark, 2007)

$$\begin{aligned} R &= h^2 S \\ h^2 &= R/S \\ h^2 &= \frac{\bar{Y}_{(t+1)} - \bar{Y}_t}{\bar{Y}_{t(s)} - \bar{Y}_t} \end{aligned}$$

ในการศึกษาลักษณะทนร้อนในข้าวสาลีโดย Ibrahim and Quick (2001) มีการประเมิน realized heritability (h_R^2) จากค่าเฉลี่ยในประชากร F_3 และ F_4 ดังนี้

$$\begin{aligned} h_R^2 &= \frac{\bar{F}_{4high} - \bar{F}_{4low}}{\bar{F}_{3high} - \bar{F}_{3low}} \\ \text{โดยที่ } \bar{F}_{3high} &= \text{Mean of high } F_3 \text{ line} \\ \bar{F}_{3low} &= \text{Mean of low } F_3 \text{ line} \\ \bar{F}_{4high} &= \text{Mean of high } F_4 \text{ line} \\ \bar{F}_{4low} &= \text{Mean of low } F_4 \text{ line} \end{aligned}$$

การประเมินความก้าวหน้าของการคัดเลือก

ในการปรับปรุงพันธุ์ใช้ประโยชน์จาก h^2 เพื่อการประเมินการตอบสนองของการคัดเลือก แต่เนื่องจากค่า R และ S มีหน่วยต่างกันและเป็นค่าเฉพาะของแต่ละลักษณะและแต่ละประชากรจึงต้องปรับหน่วยให้สามารถเทียบกันได้ โดยแปลงค่าตัวแปรที่มีการกระจายตัวปกติให้มีการกระจายตัวปกติแบบมาตรฐาน (Standard normal distribution) และปรับค่า R กับ S ให้มีหน่วยเป็นค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะปรากฏ (Standard deviation of phenotypic variance, σ_p) โดยที่สัดส่วนความแตกต่างจากการคัดเลือกกับส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (S/σ_p) เรียกว่า ความเข้มข้นของการคัดเลือก (intensity of selection, i) สมการที่นำมาประเมินผลตอบสนองต่อการคัดเลือกจึงเป็น

$$R/\sigma_p = h^2 \cdot S/\sigma_p$$

$$R/\sigma_p = h^2 \cdot i$$

$$R = i \cdot \sigma_p \cdot h^2$$

หากพิจารณาผลตอบสนองต่อการคัดเลือกจะเห็นว่าเป็นค่าที่บ่งบอกถึงความเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของประชากรที่คัดเลือก ลักษณะเช่นนี้จึงแสดงให้เห็นถึงความก้าวหน้าของการคัดเลือก (Genetic gain, ΔG) ในการประเมินความก้าวหน้าจึงใช้ ΔG เป็นตัวแทน R และเนื่องจากความเข้มข้นของการคัดเลือก (i) คิดเป็นเปอร์เซ็นต์ของประชากรที่คัดเลือกเทียบกับประชากรทั้งหมด โดยกำหนดให้สัดส่วนของลักษณะที่คัดเลือกมีการกระจายตัวแบบปกติ จึงสามารถคำนวณค่า i ได้จากพื้นที่ใต้กราฟให้เป็นค่าที่มีหน่วยเป็นส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเหมือนกัน และใช้สัญลักษณ์ k (selection differential in standard unit) ซึ่งมีค่าเปลี่ยนไปตามความเข้มข้นของการคัดเลือก ดังนั้น การประเมินค่า h^2 จึงสามารถทำนายความก้าวหน้าของการคัดเลือกได้จากสมการ

$$\Delta G = i \cdot \sigma_p \cdot h^2$$

$$= k \cdot \sigma_p \cdot h^2$$

ในการประเมินความก้าวหน้าของการคัดเลือกอาจจะคำนวณให้อยู่ในรูปของเปอร์เซ็นต์ของค่าเฉลี่ยซึ่งมักเรียกว่า Genetic Advance Expressed as Percentage of mean โดยคำนวณได้ดังสมการ (Deb and Khaleque, 2009)

$$GA (\%) = \frac{GA}{\bar{X}} \times 100$$

โดยที่

$$GA (\%) = \text{Genetic Advance Expressed as Percentage of mean}$$

$$GA = \text{Genetic Advance or Genetic gain}$$

$$\bar{X} = \text{Grand mean for a respective character}$$

การประเมินความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม มีความสำคัญต่อการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ Shi et al. (2000) พบว่า h^2 ของสัดส่วนยาว/กว้าง (85.6%) และขาว/หนา (69.9%) ในเมล็ดข้าวมีค่าสูง และเมื่อประเมินความแปรปรวนและ h^2 จากอิทธิพลของแม่พบว่า มีค่าสูงทั้งลักษณะยาว/กว้าง (62.3%, 43.1%) และขาว/หนา (68.6%, 48.8%) จึงแนะนำว่าการสร้างประชากรในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงรูปร่างเมล็ดข้าวควรเลือกบนพื้นฐานของพันธุ์แม่ในการเลือกพ่อแม่ที่เหมาะสมจาก h^2 แต่ควรพิจารณาโอกาสความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์ร่วมด้วย Khan et al. (2003) รายงานว่า การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของจำนวนหน่อต่อต้น และเมล็ดต่อต้น ในข้าวสาลี 6 พันธุ์ มีค่าระหว่าง 52.25-88.82% และ 65.58-90.01% ตามลำดับ โดยคู่ผสม WLRG-3 $\times$ 5039 แสดงค่า h^2 และ genetic advance มากกว่าคู่อื่น จึงควรพิจารณาใช้เป็นวัตถุดิบในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มผลผลิตข้าวสาลี เช่นเดียวกับลักษณะความแข็งแรงของต้นกล้าในแปลง เปรอร์เซ็นต์การงอก การโผล่พื้นดิน และความสูงของต้นกล้าช่วง 1-2 สัปดาห์ ที่มีค่า h^2 สูง โดยเฉพาะลักษณะที่แสดงทั้ง h^2 และความก้าวหน้าของการคัดเลือกสูง เช่น ความแข็งแรงของต้นกล้าในแปลง (0.78, 0.29) เปรอร์เซ็นต์การงอกที่อุณหภูมิ 12 °C (0.65, 0.23) และการ โผล่พื้นดิน (0.88, 0.18) ซึ่งสามารถคัดเลือกลักษณะดังกล่าวเพื่อปรับปรุงพันธุ์ข้าวฟ่างให้มีลักษณะต้นกล้าที่แข็งแรงได้ (Cisse and Ejeta, 2003) อย่างไรก็ตาม แม้ลักษณะที่สนใจอาจมีการถ่ายทอดลักษณะไม่สูงมากนักแต่หากพบว่ามีค่า genetic advance สูง สามารถพิจารณาคัดเลือกเพื่อสร้างประชากรสำหรับปรับปรุงพันธุ์ได้ ดังการศึกษาของ Ibrahim and Quick (2001) พบว่า ลักษณะทนร้อนของข้าวสาลีที่วัดจากเสถียรภาพของอุณหภูมิเยื่อเมมเบรน (Membrane Thermal Stability, MTS) และการลดลงของ Triphenyl Trazolium Chloride (TTC) ซึ่งเมื่อประเมินการถ่ายทอดลักษณะจาก regression และ realized heritability พบว่า TTC มีค่า h^2 ปานกลางถึงสูง ส่วน MTS มีค่าต่ำจนถึงปานกลาง การคัดเลือกลักษณะทนร้อนจาก TTC จึงควรคัดเลือกในช่วงต้นๆ ขณะที่ MTS แม้จะมีค่า h^2 น้อยกว่า TTC แต่ความก้าวหน้าจากการคัดเลือกจึงควรประยุกต์ไปคัดเลือกในช่วงหลังๆ นอกจากนั้น หากลักษณะที่ต้องการปรับปรุงมีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมต่ำ ซึ่งทำให้การคัดเลือกโดยตรงอาจไม่มีความก้าวหน้า แต่หากประเมินสหสัมพันธ์ร่วมด้วยจะทำให้สามารถวางแผนคัดเลือกลักษณะที่ต้องการจากลักษณะอื่นที่สัมพันธ์กันได้ Haryanto et al. (1998) พบว่า realized heritability ของผลผลิต (74%) น้ำหนักเมล็ด (84%) น้ำหนักรวง (65%) และจำนวนรวง

ต่อต้าน (50%) มีค่าสูง ซึ่งเมื่อนำไปประเมินความก้าวหน้าของการคัดเลือกทำให้มีค่าสูง รวมทั้งองค์ประกอบผลผลิตดังกล่าวมีสหสัมพันธ์กับผลผลิต การปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มผลผลิตข้าวมีลักษณะจึงคัดเลือกได้จากองค์ประกอบผลผลิต อย่างไรก็ตาม แม้การประเมินการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมมีความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์ แต่ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับความแม่นยำของการประเมิน h^2 ซึ่งการประเมินได้ใกล้เคียงกับความเป็นจริงย่อมทำให้สามารถคาดคะเนความก้าวหน้าของการปรับปรุงพันธุ์ได้ถูกต้องมากขึ้น ทำให้สามารถวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ

บทที่ 3

วิธีการวิจัย

สถานที่ดำเนินการวิจัย

ดำเนินการวิจัยระหว่างเดือนกุมภาพันธ์ พ.ศ. 2551-กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2555 ที่แปลงทดลองและห้องปฏิบัติการทดลอง สาขาวิชาพืชไร่ คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ อำเภอสันทราย จังหวัดเชียงใหม่ และห้องปฏิบัติการทดลองศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ อำเภอสันทราย จังหวัดเชียงใหม่

วัสดุอุปกรณ์การวิจัย

วัสดุอุปกรณ์และเครื่องมือสำหรับการวิจัยที่ใช้ปฏิบัติการในแปลงทดลองและในห้องปฏิบัติการที่สำคัญ ประกอบไปด้วย

พันธุ์ข้าว

กลุ่มพันธุ์ข้าวที่ใช้สำหรับทำการวิจัยมีจำนวน 3 กลุ่มพันธุ์ ได้แก่ กลุ่มพันธุ์ข้าวนา กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น รวมทั้งหมคมี่จำนวน 15 พันธุ์ ดังนี้

1. กลุ่มพันธุ์ข้าวนา จำนวน 8 พันธุ์ ได้แก่ กข4 (RD4), กข6 (RD6), กข21 (RD21), ข้าวดอก- มะลิ 105 (KDML105), ชัยนาท 1 (CN1), บางแตน (BT), สันป่าตอง 1 (SPT1) และ หอมนิล (HN)
2. กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ จำนวน 4 พันธุ์ ได้แก่ ข้าวผี (KP), เจ้าขาว (JK), อาร์ 258 (R258) และ GW42
3. กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น จำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ Kuming-02 (KM-02), MJ3 และ Koshihikari (KS)

วัสดุอุปกรณ์ทางการเกษตร

วัสดุและอุปกรณ์ที่ใช้ในการจัดการและเก็บรวบรวมตัวอย่างและข้อมูลในการปฏิบัติงานภาคสนาม ได้แก่

1. วัสดุอุปกรณ์และเครื่องมือทางการเกษตร เช่น กระถาง จอบ เสียม สายยาง ปู่ยเคมี ปู่ยอินทรีย์ ดาข่ายป้องกันนก กระสอบดาข่ายสำหรับเก็บตัวอย่าง ถุงกระดาษใส่ตัวอย่าง
2. อุปกรณ์การผสมพันธุ์ เช่น กรรไกร คีมคีบ ถุงคลุมเกสร พู่กัน ที่เขี่ยกระดาษ ดินสอ ลวดหนีบกระดาษ

วัสดุอุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการ

วัสดุอุปกรณ์และเครื่องมือในห้องปฏิบัติการทดลองที่ใช้สำหรับศึกษาลักษณะของการงอกและการวิเคราะห์ปริมาณสารเคมีในเมล็ดข้าว

1. วัสดุอุปกรณ์และเครื่องมือในห้องทดลอง เช่น ชุดอุปกรณ์เครื่องแก้ว เครื่องชั่งไฟฟ้า เครื่องย่อยตัวอย่าง ชุดเครื่องกลั่น ชุดไคเดรท เครื่องวัดความเป็นกรด-ด่าง ไมโครปิเปต หม้อนึ่งความดัน ปรีทวักอุณหภูมิ เครื่องผสมสาร (Vortex mixer) คิวบิตเตอร์เน็คาลิปปเปอร์ และเครื่องอ่านไมโครเพลท (Microplate reader)

2. สารเคมีสำหรับการวิเคราะห์

2.1 สารเคมีสำหรับวิเคราะห์โปรตีน

- H_2SO_4 98%
- HNO_3 65%
- HClO_4 70%
- NaOH 40%
- Na_2SO_4 96%
- CuSO_4 3.5%
- Se 0.5%
- H_3BO_3
- Bromocresol green
- Methyl red
- Ethanol

2.2 สารเคมีสำหรับวิเคราะห์กรดกลูตามิก

- TAE buffer 0.4 โมล pH 8.6
- K_2HPO_4 50 มิลลิโมล
- Triton X-100 2.5% โดยปริมาตร/ต่อปริมาตร
- Sodium azide 0.02% โดยน้ำหนัก/ปริมาตร
- Nicotinamide-adenine dinucleotide (NAD^+) 70 มิลลิกรัม
- Reduced iodonitrotetrazolium chloride (INT) 3.5 มิลลิกรัม
- Diaphorase suspension 100 หน่วย/มิลลิลิตร
- Glutamate dehydrogenase solution (GIDH) 200 หน่วย/มิลลิลิตร

3. วัสดุอุปกรณ์รวบรวมและวิเคราะห์ข้อมูล ได้แก่ วัสดุและเครื่องใช้สำนักงาน คอมพิวเตอร์ เครื่องพิมพ์ กล้องถ่ายภาพดิจิทัล ฯลฯ

วิธีดำเนินการวิจัย

การสร้างประชากรทดลอง

1. การสร้างประชากรลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) สร้างลูกผสมระหว่างพันธุ์แม่และพ่อที่มีความแตกต่างกันในลักษณะปริมาณสาร GABA ในเมล็ด และรูปร่างของเมล็ดข้าวกล้อง โดยการปลูกข้าวจากประชากรพ่อแม่ 8 พันธุ์ (HN, JK, KM-02, MJ3, R258, RD4, CN1 และ KDML105) ในกระถางที่มีเส้นผ่าศูนย์กลางขนาด 12 นิ้ว จำนวน 10 กระถาง/พันธุ์ เมื่อถึงระยะออกดอกทำการกำจัดเกสรตัวผู้ (emasculation) ของรวงที่ต้องการให้เป็นพันธุ์แม่ด้วยมือแล้วคลุมช่อดอกด้วยถุงคลุมเกสรเพื่อป้องกันการผสมจากพันธุ์อื่น เมื่อถึงช่วงที่จะผสมเกสรนำละอองเกสรของต้นพ่อมาผสมเพื่อสร้างเมล็ด F_1 เมื่อเมล็ดสะสมน้ำหนักแห้งประมาณ 30 วันหลังการผสมพันธุ์จึงเก็บเก็บเมล็ดแบบแยกต้น

2. การสร้างประชากรลูกผสมชั่วที่ 2 (F_2) นำเมล็ดข้าวประชากรลูกผสม F_1 จำนวน 7 คู่ผสม ได้แก่ HN×MJ3, HN×KM-02, HN×JK, R258×RD4, CN1×MJ, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มาปลูกในกระถางจำนวน 1 เมล็ด/กระถาง ปล่อยให้ผสมตัวเองเพื่อสร้างเป็นเมล็ด F_2 หลังจากระยะออกดอกประมาณ 30 วัน ทำการเก็บเก็บเมล็ดแบบแยกต้น

3. การจัดการดูแลรักษา การปลูกและการดูแลรักษาในระยะการสร้างประชากร F_1 และ F_2 นำพันธุ์พ่อแม่มาปลูกในกระถาง เตรียมดินปลูกโดยการผสมปุ๋ยอินทรีย์อัตรา 100 กรัม/กระถาง จากนั้นจึงปลูกโดยการหยอดเมล็ดจำนวน 1 เมล็ด/กระถาง ระยะแตกกอใส่ปุ๋ยสูตร 16-20-0 และระยะตั้งท้องใส่ปุ๋ยยูเรีย (46-0-0) อัตรา 1 กรัม/กระถาง การป้องกันกำจัดศัตรูพืชใช้น้ำส้มควันไม้อัตรา 5-10 ซีซี/น้ำ 1 ลิตร ฉีดพ่นทุก 2 สัปดาห์ ตั้งแต่ระยะแตกกอจนถึงระยะสุกแก่ทางสรีรวิทยา

การทดลองที่ 1 ลักษณะเมล็ดและลักษณะการงอกกับปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าว

ดำเนินการวิจัยระหว่างเดือนกุมภาพันธ์ พ.ศ. 2551 ถึง เดือนมิถุนายน พ.ศ. 2552 ที่แปลงทดลองสาขาวิชาพืชไร่ คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้ และห้องปฏิบัติการทดลองที่ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่

1. การวางแผนการทดลอง วางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCBD) จำนวน 2 ซ้ำ โดยให้พื้นที่ทดลองเป็นบล็อก สิ่งทดลอง คือ พันธุ์ข้าว 15 พันธุ์ เป็นกลุ่มพันธุ์ข้าวนา 8 พันธุ์ ได้แก่ RD4, RD6, RD21, KDML105, CN1, BT, SPT1 และ HN กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ 4 พันธุ์ ได้แก่ KP, JK, R258 และ GW42 และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น 3 พันธุ์ ได้แก่ KS, KM-02 และ MJ3 ปลูกข้าวในแปลงทดลองขนาด 3x6 เมตร ระยะปลูก 25x25 เซนติเมตร เมื่อถึงระยะสุกแก่เก็บเกี่ยวเมล็ดของแต่ละพันธุ์แล้วนำไปเก็บรักษาไว้ในสภาพอุณหภูมิห้องนาน 1 เดือน หลังจากนั้นจึงนำเมล็ดข้าวเปลือกไปขัดสีเป็นข้าวกล้องเพื่อศึกษาลักษณะทางกายภาพของเมล็ดและนำไปเพาะเป็นข้าวกล้องงอกต่อไป

2. การเตรียมข้าวกล้องงอก คัดเลือกเมล็ดข้าวกล้องที่สมบูรณ์เต็มเมล็ดแล้วสุ่มตัวอย่างเมล็ดข้าว 15 กรัม/ตัวอย่าง นำตัวอย่างใส่ถาดพลาสติกขนาด 5x5 นิ้ว นำไปแช่น้ำนาน 24 ชั่วโมง โดยทิ้งไว้ 1 คืน หลังจากนั้นจึงเทน้ำออกและรักษาเมล็ดให้มีความชื้นโดยการคลุมผ้าที่ชุบน้ำหมาดๆ ในช่วงระยะเวลาระหว่างเกิดกระบวนการงอก (24-48 ชั่วโมง) ทำการศึกษาลักษณะการงอกของเมล็ด และเมื่อเมล็ดที่งอกมีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร (Morita et al., 2007) ประมาณ 50% ของจำนวนเมล็ดที่ใช้ทดสอบ จึงหยุดกระบวนการงอกโดยนำเมล็ดมาอบแห้งที่อุณหภูมิ 50 °ซ นาน 24 ชั่วโมง ให้มีความชื้นประมาณ 12-15% (วัฒนา, 2550) การทดสอบประสิทธิภาพการงอก ดำเนินการในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว

3. การวิเคราะห์ปริมาณโปรตีน เตรียมตัวอย่างสำหรับวิเคราะห์ปริมาณโปรตีนทั้งในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก โดยการนำเมล็ดอบแห้งไปบดให้ละเอียด นำตัวอย่างข้าว

กล้องและข้าวกล้องงอกไปวิเคราะห์ปริมาณไนโตรเจนด้วยวิธี Kjeldahl Method ซึ่งเป็นการประเมินปริมาณไนโตรเจนทั้งหมด (total nitrogen) ที่มีอยู่ในตัวอย่าง แล้วนำไปคำนวณหาเปอร์เซ็นต์โปรตีนรวม (Crude protein) โดยใช้ค่า conversion factor เท่ากับ 5.95 (FAO, 2003)

3.1 ขั้นตอนการวิเคราะห์ไนโตรเจน (ดัดแปลงจาก สรวงธิดา, 2546)

- การย่อย (Digestion) ชั่งน้ำหนักตัวอย่างพืช 0.2-0.3 กรัม ใส่ลงในหลอดย่อยตัวอย่าง (Kjedahl digestion flask หรือ Digestion block) แล้วใส่ mixed catalyst ปริมาณ 0.2-1 กรัม (Na_2SO_4 96% + CuSO_4 3.5% + Se 0.5%) เติมน้ำ H_2SO_4 ปริมาตร 5 มิลลิลิตร ตั้งทิ้งไว้ 1 คืนใน digestion block จากนั้นจึงเปิดอุณหภูมิ digestion block ที่ 100°C แล้วค่อย ๆ เพิ่มอุณหภูมิให้สูงขึ้นจนกระทั่งถึง 400°C ย่อยตัวอย่างพืชประมาณ 2 ชั่วโมง หรือจนตัวอย่างพืชย่อยสลายหมดซึ่งสังเกตที่สีของสารละลายจะเป็นสีเขียวใส นำหลอดตัวอย่างออกจากเตาเผาตั้งทิ้งไว้ให้เย็น เติมน้ำกลั่นลงไปให้หลอดตัวอย่างแช่ ๆ จนปริมาตรครบ 50 มิลลิลิตร และเขย่าเบา ๆ เก็บสารละลายไว้เพื่อนำไปกลั่นหาปริมาณธาตุไนโตรเจนในขั้นตอนต่อไป

- การกลั่น (Distillation) คูณสารละลายสีเขียวใสที่ได้จากขั้นตอนของการย่อยตัวอย่าง ปริมาตร 10 มิลลิลิตร ใส่ลงไปในหลอดกลั่น (Distillation tube) แล้วเติมสาร NaOH 40% ปริมาตร 10 มิลลิลิตร (ใช้ NaOH 400 กรัม เติมน้ำกลั่น 600 มิลลิลิตร ตั้งทิ้งไว้ให้เย็นแล้วปรับปริมาตรเป็น 1,000 มิลลิลิตร) นำสารละลายไปกลั่นซึ่งทำให้ไนโตรเจนที่อยู่ในรูปของ $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ ถูกเปลี่ยนเป็น NH_3 หลังจากนั้นจึงเก็บ NH_3 ที่กลั่นได้ในรูป NH_4OH ด้วยการเติมสารละลาย Boric acid indicator solution ปริมาตร 5 มิลลิลิตร ใน volumetric flask ขนาด 50 มิลลิลิตร นำไปกลั่นจนกระทั่งได้สารละลายปริมาตร 20 มิลลิลิตร

- การไทเตรต (Titration) การหาปริมาณโปรตีนตามหลัก Kjeldahl Method เป็นการหาปริมาณไนโตรเจนและโปรตีนโดยการไทเตรตกลับ (back titration) เพื่อหาปริมาณกรดที่เหลืออยู่จากขั้นตอนที่ 2 ด้วยสารละลายมาตรฐาน H_2SO_4 0.05 N จนถึงจุดยุติ (end point) ซึ่งสีของสารละลายเปลี่ยนจากสีเขียวเป็นสีม่วง บันทึกปริมาณกรดที่ใช้ไทเตรตแล้วนำไปคำนวณปริมาณไนโตรเจนในพืช

3.2 การคำนวณปริมาณไนโตรเจนและโปรตีน

$$\text{ไนโตรเจน (\%)} = \frac{(A - B) \times C \times (14/1000) \times T \times 100}{W \times D}$$

โดยที่	A	=	ปริมาณกรด H_2SO_4 ที่ใช้ไทเตรต (มิลลิลิตร)
	B	=	ปริมาณกรด H_2SO_4 ที่ใช้ไทเตรต blank (มิลลิลิตร)
	C	=	normality ของกรด
	D	=	ปริมาณสารละลายตัวอย่างที่นำมากลั่น (มิลลิลิตร)

$$\begin{aligned}
 T &= \text{ปริมาณสารละลายตัวอย่างทั้งหมดจากการย่อยสลาย (มิลลิลิตร)} \\
 W &= \text{น้ำหนักตัวอย่าง (มิลลิกรัม)} \\
 \text{โปรตีน (\%)} &= \text{ไนโตรเจน (\%)} \times 5.95
 \end{aligned}$$

4. การวิเคราะห์ปริมาณสาร GABA วิเคราะห์ปริมาณสาร GABA ในข้าวกล้องงอกโดยใช้ GC-MS (ดัดแปลงจาก Herbert et al., 2000) ที่ห้องปฏิบัติการกลาง (ประเทศไทย) จำกัด สาขาเชียงใหม่

5. การศึกษาข้อมูลลักษณะเมล็ด ใช้เวอร์เนียร์คาลิเปอร์แบบดิจิตอลในการรวบรวมข้อมูลของลักษณะเมล็ดข้าวกล้องงอกและข้าวกล้องงอก ดังนี้

5.1 ขนาดเมล็ด ได้แก่ ความกว้าง (มิลลิเมตร) ความยาว (มิลลิเมตร) ความหนา (มิลลิเมตร) พื้นที่เมล็ด (ตารางมิลลิเมตร: คำนวณจากผลคูณของความกว้างและความยาว) อัตราส่วนระหว่างความยาวกับความกว้าง (ยาว/กว้าง)

5.2 รูปร่างเมล็ด จัดกลุ่มรูปร่างเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ รูปร่างรี (≥3.0) ปานกลาง (2.1-3.0) และป้อม (≤2.1) โดยพิจารณาจากอัตราส่วนความยาวกับความกว้าง (Jenning et al., 1979)

5.3 ขนาดคัพภะ ได้แก่ ความกว้าง (มิลลิเมตร) ความยาว (มิลลิเมตร) พื้นที่คัพภะ (ตารางมิลลิเมตร: คำนวณจากผลคูณของความกว้างและความยาว) พื้นที่เอนโดสเปิร์ม (ตารางมิลลิเมตร: คำนวณจากผลต่างของพื้นที่เมล็ดและพื้นที่คัพภะ) อัตราส่วนระหว่างคัพภะกับเอนโดสเปิร์ม (คัพภะ/เอนโดสเปิร์ม)

5.4 ปริมาณสารเคมีในเมล็ด ได้แก่ ปริมาณ โปรตีน (%) และปริมาณสาร GABA (มิลลิกรัม/100 กรัม)

6. การศึกษาประสิทธิภาพการงอกของเมล็ด ศึกษาประสิทธิภาพการงอกของเมล็ดในช่วงฤดูฝนและช่วงฤดูหนาว ดังนี้

6.1 การบันทึกข้อมูลช่วงฤดูฝน

- สัดส่วนการงอกของเมล็ด
- สัดส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร
- ความยาวราก (มิลลิเมตร) วัดด้วยเวอร์เนียร์คาลิเปอร์แบบดิจิตอล

6.2 การบันทึกข้อมูลช่วงฤดูหนาว

- สัดส่วนการงอกของเมล็ดในช่วงเวลา 0-24 24-42 และ 42-48 ชั่วโมง

- สัตว์ส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร ในช่วงเวลา 0-24 24-42 และ 42-48 ชั่วโมง
- ระยะเวลาที่ใช้ในการงอก (ชั่วโมง) ตั้งแต่เริ่มแช่เมล็ดจนถึงระยะที่เมล็ดงอกมีสัตว์ส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร ประมาณ 50%

7. การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ วิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติโดยการวิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of Variance) ของลักษณะเมล็ด ประสิทธิภาพการงอก และปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยด้วยวิธี Honestly Significant Difference (HSD) ทดสอบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยลักษณะเมล็ด ลักษณะการงอก ปริมาณโปรตีน และปริมาณสาร GABA ระหว่างกลุ่มพันธุ์ข้าวโดย *t*-test แบบอิสระ คำนวณสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ Pearson ระหว่างลักษณะเมล็ด ประสิทธิภาพการงอก ปริมาณโปรตีน และปริมาณสาร GABA และวิเคราะห์ความแปรปรวนของประสิทธิภาพการงอกในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาวโดยการวิเคราะห์รวม (Combined analysis) การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติใช้โปรแกรมวิเคราะห์ข้อมูล SPSS V.13 (SPSS Inc., 2004)

การทดลองที่ 2 ลักษณะทางพันธุกรรมของประชากรข้าวลูกผสมชั่วที่ 2

ดำเนินการวิจัยระหว่างเดือนกรกฎาคม พ.ศ. 2552 ถึง เดือนธันวาคม พ.ศ. 2553 ที่แปลงทดลองและห้องปฏิบัติการทดลอง สาขาวิชาพืชไร่ คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้

1. การวางแผนการทดลอง วางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCRD) จำนวน 2 ซ้ำ กำหนดให้พื้นที่ปลูกเป็นบล็อก สิ่งทดลอง คือ พันธุกรรมข้าวในประชากรพ่อแม่และประชากร F_2

1.1 ประชากรพ่อแม่ 8 พันธุ์ ได้แก่ HN, JK, KM-02, MJ3, R258, RD4, CN1 และ KDML105

1.2 ประชากร F_2 จำนวน 7 คู่ผสม ได้แก่ HN×KM-02, HN×JK, HN×MJ3, R258×RD4, CN×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02

การปลูกข้าวพันธุ์พ่อแม่และประชากร F_2 โดยการหยอดเมล็ดจำนวน 1 เมล็ด/หลุม เป็นแถวยาว 6 เมตร ระยะปลูก 30×30 เซนติเมตร จำนวน 4 แถว/พันธุ์หรือสายพันธุ์ ใส่ปุ๋ยอินทรีย์อัตรา 5 กิโลกรัมต่อไร่ เมื่อต้นข้าวเจริญเติบโตถึงระยะแตกกอและระยะตั้งท้อง จัดการวัชพืชโดยการถอนด้วยมือ จัดการดูแลรักษาโรคและแมลงศัตรูข้าวโดยการฉีดพ่นด้วยน้ำส้มควันไม้ในอัตรา

20 มิลลิลิตร/น้ำ 20 ลิตร ฉีดพ่นทุกสัปดาห์ตั้งแต่ระยะแตกกอจนถึงระยะสุกแก่ทางสรีรวิทยา ถ้าพบการระบาดของโรคและแมลงใช้น้ำส้มควันไม้อัตรา 50 มิลลิลิตร/น้ำ 20 ลิตร เก็บเกี่ยวเมล็ดของแต่ละพันธุ์หรือกลุ่มสมแบบแยกต้น เมื่อต้นข้าวถึงระยะเก็บเกี่ยว (อายุ 30 วัน หลังวันออกดอก)

2. การบันทึกข้อมูล บันทึกข้อมูลลักษณะทางการเกษตรในประชากรพ่อแม่และ F_2 ดังนี้

2.1 ระยะแตกกอ บันทึกข้อมูลลักษณะสีของส่วนลำต้นและใบ ได้แก่ การปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ ลิ่นใบ และเขียวใบ

2.2 ระยะออกดอก บันทึกข้อมูลลักษณะทางการเกษตร ได้แก่ ความสูง (เซนติเมตร) จำนวนต้นตอก (ต้นตอก) และอายุวันออกดอก (จำนวนวันหลังปลูก)

3. การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ วิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของอายุวันออกดอก ความสูงและ จำนวนต้นตอก โดยการวิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of Variance) เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยด้วยวิธี Honestly Significant Difference (HSD) สำหรับ ลักษณะสีของส่วนลำต้นและใบ คำนวณค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ (Phi and Cramer's correlation) คำนวณค่าไคสแควร์ (χ^2 -test) โดยใช้โปรแกรมวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ SPSS (V.13)

4. การประเมินข้อมูลทางพันธุกรรม ประเมินข้อมูลทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตรในประชากร F_2 ดังนี้

4.1 การแสดงออกของยีนควบคุมการปรากฏสีม่วง โดยทดสอบสัดส่วนการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ ลิ่นใบ และเขียวใบในประชากร F_2 ในอัตราส่วนต่างๆ ตามค่าคาดหวังโดยใช้การทดสอบ χ^2 -test

$$\chi^2 = \sum \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

โดยที่ O_i = ค่าสังเกต
 E_i = ค่าคาดหวัง

สัดส่วนการกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วง ทดสอบตามข้อสันนิษฐานที่มีพื้นฐาน 2 ยีน ควบคุมการเกิดสีม่วงในส่วนต่างๆ ของข้าว (Takahashi, 1957; Chang, 1964) และกลุ่มยีนที่มีผลต่อยีนพื้นฐาน 2-10 ยีน (Ghose et al., 1963; Kinoshita, 1995) โดยกำหนดให้ยีนสองกลุ่มดังกล่าวเป็นยีนหลัก (major gene) และยีนดัดแปลง (modifier gene) ตามลำดับ

- ทดสอบอัตราส่วน 3:1 โดยทดสอบบนสมมุติฐานที่เกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะ 1 ยีน ที่การแสดงออกของยีนเป็นแบบข่มสมบูรณ์ (complete dominance)

- ทดสอบอัตราส่วน 9:7 โดยทดสอบบนสมมุติฐานที่เกี่ยวข้องกับยีนหลัก 2 ยีน ที่แสดงปฏิสัมพันธ์แบบ complementary effect (Ghose et al, 1963)

- ทดสอบอัตราส่วน 43:21 และ 21:43 โดยทดสอบบนสมมติฐานที่เกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะ 3 ยีน โดยมียีนหลัก 2 ยีน เป็น complementary กัน และยีนดัดแปลง 1 ยีน ที่มีผลต่อการแสดงออกของยีนหลัก (Sahu et al., 2010)

- ทดสอบอัตราส่วน 7:9 โดยทดสอบบนสมมติฐานที่เกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะ 2 ยีน โดยยีนตำแหน่งหนึ่งที่อยู่ในสภาพ homozygous recessive ข่มยีนอีกตำแหน่งหนึ่ง (Sahu et al., 2010)

- ทดสอบอัตราส่วน 3:13 โดยทดสอบบนสมมติฐานที่เกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะมากกว่า 2 ยีน ที่มีทั้งยีนที่แสดงผลแบบ pleiotropic effect และยีนที่แสดงผลแบบยับยั้งการแสดงออกของยีนอื่น (suppressor or inhibitor gene) (Kinoshita and Maekawa, 1986)

4.2 ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตร ได้แก่ ความสูงของต้น จำนวนหน่อต่อต้น และอายุวันออกดอก จากค่าสังเกตในพันธุ์แม่ (V_{P1}) พ่อ (V_{P2}) และประชากร F_2 (V_{F2})

$$\begin{aligned} V_P &= V_G + V_E \\ V_{F2} &= V_G + V_E \\ V_E &= \left(\frac{V_{P1} + V_{P2}}{2} \right) \\ V_G &= V_{F2} - \left(\frac{V_{P1} + V_{P2}}{2} \right) \end{aligned}$$

4.3 การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม ประเมินการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง (Broad-sense heritability: h_b^2) ของลักษณะความสูง จำนวนหน่อต่อต้น และอายุวันออกดอก ดังสมการ (Phudenpa et al., 2004)

$$h_b^2 = \frac{V_{F2} - \left(\frac{V_{P1} + V_{P2}}{2} \right)}{V_{F2}}$$

การทดลองที่ 3 การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA และกรดกลูตามิก

ดำเนินการวิจัยระหว่างเดือนมกราคม พ.ศ. 2554 ถึง เดือนกุมภาพันธ์ พ.ศ. 2555 ที่ห้องปฏิบัติการทดลอง สาขาวิชาพืชไร่ คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้

1. การวางแผนการทดลอง วางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCRD) จำนวน 2 ซ้ำ กำหนดให้พื้นที่ปลูกเป็นบล็อก สิ่งทดลอง คือ พันธุ์พ่อแม่ 2

พันธุ์ ได้แก่ HN และ KM-02 และประชากร F_2 ของกลุ่มผสม HN×KM-02 โดยตัวอย่างประชากรที่ใช้ทดสอบมีจำนวน 40 ต้น/ซ้ำ

2. วัดค่าสีเยื่อหุ้มเมล็ด วัดค่าสีจากตัวอย่างเมล็ดข้าวกล้องในพันธุ์พ่อแม่จำนวน 4 ตัวอย่างและประชากร F_2 จำนวน 80 ตัวอย่าง ด้วยเครื่องวัดสี (Tri-stimulus colorimeter) โดยวัดตัวอย่างเมล็ดข้าวกล้อง 3 ครั้ง/ตัวอย่าง บันทึกเป็นค่า L^* , a^* และ b^* โดยค่า L^* เป็นดัชนีของความสว่างมีค่าอยู่ในช่วง 0 (สีดำ) ถึง 100 (สีขาว) ค่า a^* หมายถึงสีแดง ($+a^*$) หรือสีเขียว ($-a^*$) ส่วนค่า b^* หมายถึงสีเหลือง ($+b^*$) หรือสีน้ำเงิน ($-b^*$) และคำนวณค่าดัชนีสีม่วงของเมล็ดข้าวด้วยสูตร $(2000 \times a^*) / (L^* \times C)$ (ไพบูรณ์ และวิลาวรรณ, 2549) โดย C หมายถึง ค่า saturation index หรือ Chroma

3. การเตรียมข้าวกล้องงอก คัดเลือกเมล็ดข้าวกล้องที่สมบูรณ์เต็มเมล็ดแล้วสุ่มตัวอย่างเมล็ดข้าว 70 เมล็ดต่อตัวอย่าง นำไปชั่งน้ำหนักแล้วนำเมล็ดใส่จานแก้ว จากนั้นใส่น้ำกลั่นจนท่วมเมล็ด แช่เมล็ดไว้ในน้ำนาน 24 ชั่วโมง โดยทิ้งไว้ 1 คืนที่อุณหภูมิห้อง หลังจากนั้นจึงเทน้ำออกแล้วปล่อยให้เมล็ดอยู่ในระยะการงอกอีก 24 ชั่วโมง จากนั้นจึงหยุดปฏิบัติการงอกโดยนำตัวอย่างใส่หลอดทดลองแล้วบ่ม (incubate) ที่อุณหภูมิ 70 °ซ นาน 15 นาที (Olajide and Akoko, 2007)

4. การสกัดตัวอย่าง สกัดตัวอย่างด้วยความร้อน (คัดแปลงจาก Beutler, 1990) โดยนำเมล็ดข้าวกล้องงอกทั้งหมด (70 เมล็ด) บดให้ละเอียดในหลอดทดลอง เติมน้ำกลั่น 20 มิลลิลิตร นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 70 °ซ นาน 15 นาที แล้วปล่อยให้เย็นจากนั้นจึงเติมน้ำกลั่นจนครบ 40 มิลลิลิตร นำสารละลายตัวอย่างที่ได้ไปกรองด้วยกระดาษกรองเบอร์ 1 (Whatman No.1) นำสารละลายตัวอย่างเก็บไว้ที่อุณหภูมิ 4 °ซ

5. การวิเคราะห์ปริมาณกรดกลูตามิก ทำตามวิธีการของ Beutler (1990) ดังนี้

5.1 การเตรียมสารละลาย

- สารละลายกลุ่มที่ 1 เตรียมสารละลาย TAE buffer mix ประกอบด้วย Tris base, Acetic acid และ Ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA) 0.4 โมล pH 8.6 จากนั้นเติมสาร K_2HPO_4 50 มิลลิโมล Triton X-100 2.5% v/v และ sodium azide 0.02% w/v ละลายในน้ำกลั่นปริมาตร 35 มิลลิลิตร

- สารละลายกลุ่มที่ 2 นำสาร Nicotinamide-adenine dinucleotide (NAD^+) 70 มิลลิกรัม และ Iodonitrotetrazolium chloride (INT) 3.5 มิลลิกรัม ละลายในน้ำกลั่น 6.5 มิลลิลิตร

- เอนไซม์ Diaphorase ปริมาตร 3.1 มิลลิลิตร

- เอนไซม์ Glutamate dehydrogenase ปริมาตร 3.1 มิลลิลิตร

5.2 องค์ประกอบในการทำปฏิกิริยา

	Blank (ไมโครลิตร)	ตัวอย่าง (ไมโครลิตร)
- น้ำกลั่น	210	200
- สารละลายตัวอย่าง	-	10
- สารละลายกลุ่มที่ 1 (TAE buffer mix)	50	50
- สารละลายกลุ่มที่ 2 (NAD ⁺ /INT)	20	20
- เอนไซม์ Diaphorase	5	5
- เอนไซม์ Glutamate dehydrogenase	5	5
ปริมาตรรวม	290	290

5.3 ขั้นตอนการวิเคราะห์กรณีศึกษา

- คุณน้ำกลั่นใส่ในช่องที่เป็น blank ปริมาตร 210 ไมโครลิตร และในช่องตัวอย่าง 200 ไมโครลิตร
- คุณสารละลายตัวอย่างปริมาตร 10 ไมโครลิตร ใส่ในช่องตัวอย่าง
- คุณสารละลายกลุ่มที่ 1 ปริมาตร 50 ไมโครลิตร และสารละลายกลุ่มที่ 2 ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ใส่ช่อง blank และตัวอย่าง ผสมสารละลายให้เข้ากัน
- เติมน้ำเอนไซม์ Diaphorase ปริมาตร 5 ไมโครลิตร ใส่ช่อง blank และตัวอย่าง ผสมสารละลายให้เข้ากัน
- วัดค่าการดูดกลืนแสง (A_{492}) โดยใช้เครื่อง Microplate reader ที่มีระยะทางที่แสงผ่าน (path length of radiation) 1 เซนติเมตร โดยเตรียมสารละลายในไมโครเพลทปริมาตร 290 ไมโครลิตร และวัดค่าการดูดกลืนแสง (Absorbance) ที่ความยาวคลื่น 492 นาโนเมตร โดยอ่านค่าการดูดกลืนแสงหลังจากใส่ถาดตัวอย่างในเครื่อง Microplate reader ประมาณ 2 นาที
- เติมน้ำเอนไซม์ Glutamate dehydrogenase ปริมาตร 5 ไมโครลิตร ในช่อง blank และตัวอย่าง และปล่อยให้เกิดปฏิกิริยาประมาณ 8-10 นาที
- วัดค่าการดูดกลืนแสง (A_{492}) ที่ความยาวคลื่น 492 นาโนเมตร

คำนวณปริมาณกรดกลูตามิก (C) ของตัวอย่างจากความแตกต่างของค่าการดูดกลืนแสงระหว่างก่อนและหลังเติมเอนไซม์ Glutamate dehydrogenase ($\Delta A_{L\text{-glutamic acid}}$) มีสูตรคำนวณดังนี้

$$C = \frac{V \times MW}{\epsilon \times d \times v} \times \Delta A_{L\text{-glutamic acid}} \text{ (กรัม/ลิตร)}$$

โดยที่ V = ปริมาตรสารละลายทั้งหมด (มิลลิลิตร)

MW = น้ำหนักโมเลกุล (กรัม/โมล) ของ L-glutamic acid

ϵ = Molar absorptivity ของ INT ความยาวคลื่น 492 นาโนเมตร มีค่าเท่ากับ 19900 (โมล/เซนติเมตร)

d = ระยะทางที่แสงผ่าน (เซนติเมตร)

v = ปริมาตรของตัวอย่าง (มิลลิลิตร)

ดังนั้น $C = \frac{2.90 \times 147.13}{19900 \times 1.0 \times 0.01} \times \Delta A_{L\text{-glutamic acid}} \text{ (กรัม/ลิตร)}$

เนื่องจากปริมาณกรดกลูตามิกที่คำนวณได้มีหน่วยเป็น กรัม/ลิตร จึงคำนวณให้อยู่ในรูปของแข็งที่มีหน่วยเป็น มิลลิกรัม/กรัม

$$\text{ปริมาณกรดกลูตามิก (มิลลิกรัม/กรัม)} = \frac{C_{L\text{-glutamic}} (g/l)}{\text{weight}_{\text{sample}} (g/l)} \times 1000$$

6. การวิเคราะห์ปริมาณสาร GABA วิเคราะห์ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกโดยใช้ GC-MS (ดัดแปลงจาก Herbert et al., 2000) ที่ห้องปฏิบัติการกลาง (ประเทศไทย) จำกัด สาขาเชียงใหม่

7. การบันทึกข้อมูล รวบรวมข้อมูลสีของเมล็ดและปริมาณสารเคมีในพันธุ์พ่อแม่และประชากร F_2 ดังนี้

7.1 ค่าดัชนีสีม่วงของเมล็ดข้าวกล้อง

7.2 ปริมาณสาร GABA (ไมโครกรัม/กรัม) และกรดกลูตามิก (มิลลิกรัม/100 กรัม) ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก

8. การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ วิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติโดยการวิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of Variance) ของปริมาณสาร GABA และกรดกลูตามิก เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยด้วยวิธี Honestly Significant Difference (HSD) วิเคราะห์สหสัมพันธ์ (Pearson's correlation) ระหว่างปริมาณสาร GABA กรดกลูตามิก และค่าดัชนีสีม่วงของเมล็ดข้าว โดยใช้โปรแกรม SPSS (V.13)

9. การประเมินข้อมูลทางพันธุกรรม นำข้อมูลปริมาณสาร GABA และกรดกลูตามิกจากค่าสังเกตของพันธุ์พ่อแม่และประชากร F_2 มาคำนวณเพื่อประเมินข้อมูลทางพันธุกรรมดังต่อไปนี้

9.1 ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ประเมินความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA และกรดกลูตามิกจากค่าสังเกตในพันธุ์แม่ (V_{P1}), พ่อ (V_{P1}) และ F_2 (V_{F2})

9.2 การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม ประเมินการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง (Broad-sense heritability: h_b^2) ของปริมาณสาร GABA และกรดกลูตามิก ดังสมการ (Phudenpa et al., 2004)

$$h_b^2 = \frac{V_{F2} - \left(\frac{V_{P1} + V_{P2}}{2} \right)}{V_{F2}}$$

บทที่ 4

ลักษณะเมล็ดและการออกกัปปริมาณสาร GABA

ลักษณะเมล็ด

ขนาดและรูปร่างเมล็ด

องค์ประกอบของขนาดเมล็ด คือ ลักษณะความกว้าง ความยาว ความหนา และพื้นที่ของเมล็ดข้าวกล้อง 15 พันธุ์ มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพันธุ์ที่มีลักษณะเมล็ดกว้างและยาวมากที่สุด คือ R258 (3.40 และ 7.68 มิลลิเมตร) ส่วน KM-02 เมล็ดหนาที่สุด (2.23 มิลลิเมตร) สำหรับพันธุ์ที่เมล็ดแคบ สั้น และบางมากที่สุด คือ KDML105, GW42 และ RD21 ตามลำดับ (2.16, 63.83 และ 1.64 มิลลิเมตร ตามลำดับ) (ตาราง 1) เมื่อเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มพันธุ์ พบว่า ความกว้าง ความยาว และความหนาของเมล็ดข้าวกล้องมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยเมล็ดข้าวในกลุ่มพันธุ์ข้าวนาส่วนใหญ่มีลักษณะยาวและแคบ (ค่าเฉลี่ย 7.13 ± 0.31 และ 2.29 ± 0.09 มิลลิเมตร ตามลำดับ) กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีลักษณะเมล็ดกว้าง (2.91 ± 0.34 มิลลิเมตร) และมีทั้งพันธุ์เมล็ดสั้น (GW42) และเมล็ดยาว (R258) มีค่าเฉลี่ย 3.83 ± 0.17 และ 7.68 ± 0.23 มิลลิเมตร ตามลำดับ ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นมีลักษณะเมล็ดกว้าง หนา และสั้น (ค่าเฉลี่ย 2.92 ± 0.19 , 2.02 ± 0.18 และ 4.84 ± 0.40 มิลลิเมตร ตามลำดับ) (ตาราง 1)

พื้นที่ของเมล็ดข้าวกล้องมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยคำนวณจากความกว้างคูณด้วยความยาวเมล็ด จึงพบว่าพันธุ์ R258 ในกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ซึ่งมีเมล็ดยาวและกว้างมีพื้นที่เมล็ดมากที่สุด เท่ากับ 26.08 ตารางมิลลิเมตร ส่วน GW42 ที่เมล็ดสั้นมีพื้นที่เมล็ดน้อยที่สุด 11.02 ตารางมิลลิเมตร ในขณะที่กลุ่มพันธุ์ข้าวนาแม้ว่าส่วนใหญ่มีขนาดเมล็ดยาวแต่มีความกว้างน้อยจึงมีพื้นที่เมล็ด 15.62-17.46 ตารางมิลลิเมตร ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นที่เมล็ดกว้างแต่สั้นมีพื้นที่เมล็ด 12.19-16.33 ตารางมิลลิเมตร เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างกลุ่มพันธุ์ พบว่า กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ที่มีทั้งพันธุ์พื้นที่เมล็ดมากและน้อยที่สุดมีค่าเฉลี่ยไม่แตกต่างทางสถิติกับกลุ่มพันธุ์ข้าวนาที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 (17.60 ± 6.48 และ 16.31 ± 0.63 ตารางมิลลิเมตร ตามลำดับ) ในขณะที่กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นมีพื้นที่เมล็ดน้อยที่สุด (14.24 ± 2.07 ตารางมิลลิเมตร) แตกต่างทางสถิติจากกลุ่มพันธุ์ข้าวนาที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.026$ แต่ไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ (ตาราง 1) ที่มีทั้งพันธุ์ที่พื้นที่เมล็ดมากและน้อยที่สุดทำให้มีความแปรปรวนสูง

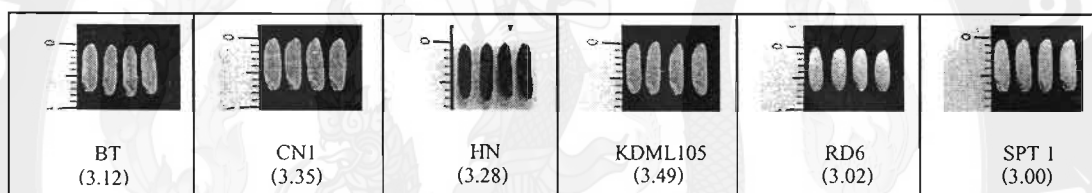
ตาราง 1 ขนาดเมล็ดและสัดส่วนยาว/กว้าง ของเมล็ดข้าวกล้อง 15 พันธุ์

พันธุ์	ขนาดเมล็ดข้าวกล้อง				ยาว/กว้าง
	กว้าง (มม.)	ยาว (มม.)	หนา (มม.)	พื้นที่ (มม. ²)	
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา					
BT	2.30 ^{ef}	7.19 ^{bc}	1.83 ^{cde}	16.58 ^{cd}	3.12 ^{cd}
CN1	2.28 ^{ef}	7.61 ^a	1.71 ^{efg}	17.46 ^{bc}	3.35 ^{ab}
HN	2.18 ^f	7.16 ^c	1.70 ^{efg}	15.62 ^{de}	3.28 ^{bc}
KDML105	2.16 ^f	7.54 ^{ab}	1.70 ^{efg}	16.30 ^{cd}	3.49 ^a
RD4	2.37 ^c	6.90 ^c	1.81 ^{cdef}	16.34 ^{cd}	2.92 ^{ef}
RD6	2.28 ^{ef}	6.88 ^c	1.66 ^{fg}	15.67 ^{de}	3.02 ^{dc}
RD21	2.44 ^c	6.86 ^c	1.64 ^g	16.75 ^{cd}	2.82 ^f
SPT1	2.29 ^{ef}	6.86 ^c	1.82 ^{cdef}	15.73 ^{de}	3.00 ^{def}
ค่าเฉลี่ย**	2.29±0.09	7.13±0.31	1.73±0.08	16.31±0.63	3.13±0.23
กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่					
GW42	2.87 ^c	3.83 ^g	1.93 ^c	11.02 ^f	1.34 ^j
JK	2.71 ^{cd}	6.92 ^c	1.76 ^{defg}	18.76 ^b	2.56 ^g
KP	2.65 ^d	5.46 ^d	1.72 ^{efg}	14.53 ^c	2.08 ^h
R258	3.40 ^a	7.68 ^a	2.10 ^{ab}	26.08 ^a	2.26 ^h
ค่าเฉลี่ย**	2.91±0.34	5.97±1.70	1.88±0.17	17.60±6.48	2.06±0.52
กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น					
KM-02	3.13 ^b	5.14 ^d	2.23 ^a	16.33 ^{cd}	1.61 ⁱ
KS	2.87 ^c	4.99 ^e	1.90 ^{cd}	14.30 ^c	1.74 ⁱ
MJ3	2.77 ^{cd}	4.39 ^f	1.94 ^{bd}	12.19 ^f	1.59 ⁱ
ค่าเฉลี่ย**	2.92±0.19	4.84±0.40	2.02±0.18	14.24±2.07	1.65±0.08
C.V. (%)	2.98	2.56	4.17	4.62	3.29

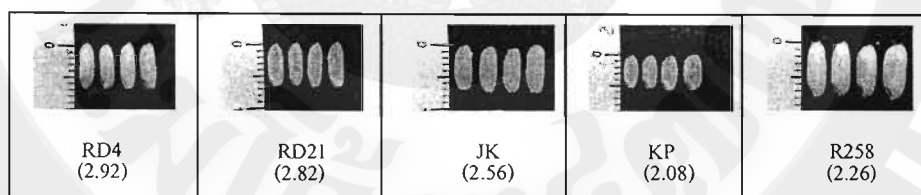
หมายเหตุ * ตัวเลขในสคริปต์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพันธุ์โดย t-test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

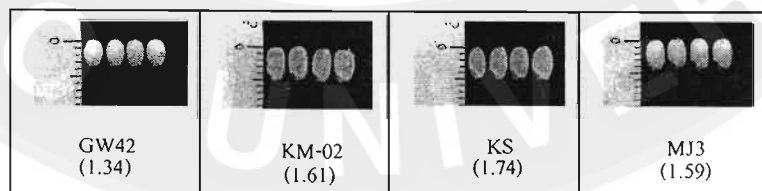
สัดส่วนระหว่างความยาวกับความกว้างของเมล็ดข้าวกล้องที่ทดสอบมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวที่มีสัดส่วนยาว/กว้าง ระหว่าง 2.82-3.35 กลุ่มพันธุ์ข้าวไรมีสัดส่วน 1.34-2.56 ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นมีสัดส่วน 1.59-1.74 (ตาราง 1) เมื่อใช้สัดส่วนยาว/กว้าง เป็นเกณฑ์ในการจำแนกรูปร่างของเมล็ดข้าว (Jenning et al., 1979) พบว่า กลุ่มพันธุ์ข้าวนาส่วนใหญ่มีสัดส่วนมากกว่า 3.0 อยู่ในกลุ่มรูปร่างเรียวยาว (BT, CN1, HN, KDML105, RD6 และ SPT1) ยกเว้น RD4 และ RD21 ที่รูปร่างปานกลาง กลุ่มพันธุ์ข้าวไรส่วนใหญ่มีสัดส่วนระหว่าง 2.1-3.0 จัดอยู่ในกลุ่มรูปร่างปานกลาง (JK, KP และ R258) ยกเว้น GW42 ที่มีสัดส่วนระหว่าง 1.1-2.0 จึงมีรูปร่างป้อมเช่นเดียวกับกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (KM-02, KS และ MJ3) ซึ่งมีสัดส่วนระหว่าง 1.59-1.74 (ภาพ 2)



กลุ่มรูปร่างเรียวยาว



กลุ่มรูปร่างปานกลาง



กลุ่มรูปร่างป้อม

ภาพ 2 กลุ่มรูปร่างของเมล็ดข้าวกล้องในข้าว 15 พันธุ์

สำหรับขนาดและรูปร่างของเมล็ดข้าวกล้องงอก พบว่า ลักษณะความกว้าง ความยาว ความหนา และพื้นที่เมล็ดมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพันธุ์ R258 มีความกว้าง ความยาว และความหนามากที่สุด (3.77, 8.68 และ 2.44 มิลลิเมตร ตามลำดับ) พันธุ์ KDML105 กว้างและหนาน้อยที่สุด (2.39 และ 1.78 มิลลิเมตร ตามลำดับ) ส่วน GW 42 เมล็ดสั้นที่สุด (4.49 มิลลิเมตร) เมื่อคำนวณพื้นที่เมล็ด R258 จึงมีค่าเฉลี่ยมากที่สุด (32.66 ตาราง มิลลิเมตร) และมากกว่า GW42 ซึ่งมีค่าน้อยที่สุด (14.63 ตารางมิลลิเมตร) ประมาณ 2.2 เท่า (ตาราง 2) และเมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างของขนาดเมล็ดข้าวกล้องงอระหว่างกลุ่มพันธุ์ พบว่า ลักษณะความกว้าง ความยาว และความหนาในกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ (3.23 ± 0.41 , 6.65 ± 1.82 และ 2.11 ± 0.27 มิลลิเมตร ตามลำดับ) และข้าวญี่ปุ่น (3.28 ± 0.11 , 5.51 ± 0.32 และ 2.19 ± 0.13 มิลลิเมตร ตามลำดับ) ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวนามีความกว้าง และความหนา (2.55 ± 0.12 และ 1.88 ± 0.08 มิลลิเมตร ตามลำดับ) น้อยกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวไร่และข้าวญี่ปุ่นแต่มีความยาวเมล็ดมากกว่า (7.80 ± 0.43 มิลลิเมตร) พื้นที่เมล็ดกลุ่มพันธุ์ข้าวนาจึงไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่และข้าวญี่ปุ่น (ตาราง 2)

สัดส่วนระหว่างความยาวกับความกว้างของเมล็ดข้าวกล้องงอกมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพันธุ์ CN1 และ KDML105 มีสัดส่วนเท่ากันและมากที่สุด (3.44) ส่วน GW42 มีค่าน้อยที่สุด (1.38) เมื่อเปรียบเทียบสัดส่วนยาว/กว้าง ของเมล็ดข้าวกล้องกับข้าวกล้องงอกภายในกลุ่มพันธุ์เดียวกัน พบว่า กลุ่มพันธุ์ข้าวนารูปร่างเรียวยาวส่วนใหญ่มีสัดส่วนลดลงแต่ยังมีค่ามากกว่า 3.0 (BT, CN1, HN และ KDML105) จึงยังคงมีรูปร่างเรียวยาวเหมือนเมล็ดข้าวกล้องยกเว้นพันธุ์ RD6 และ SPT1 (2.87 และ 2.84) ที่จัดอยู่ในกลุ่มรูปร่างปานกลางเหมือน RD4 และ RD21 (2.87 และ 2.90) ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่และข้าวญี่ปุ่นส่วนใหญ่มีสัดส่วนยาว/กว้างของเมล็ดข้าวกล้องงอก (1.38-2.39 และ 1.62-1.71) ใกล้เคียงกับสัดส่วนเมล็ดข้าวกล้อง (1.34-2.56 และ 1.59-1.74) (ตาราง 1 และ 2) ทำให้เมล็ดข้าวกล้องงอกทุกพันธุ์มีรูปร่างเหมือนกับเมล็ดข้าวกล้อง โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีรูปร่างปานกลาง (KP, JK และ R258) และป้อม (GW42) ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นรูปร่างป้อม (KM-02, KS และ MJ3)

ตาราง 2 ขนาดเมล็ดและสัดส่วนยาว/กว้าง ของเมล็ดข้าวกล้องงอก 15 พันธุ์

พันธุ์	ขนาดเมล็ดข้าวกล้องงอก			ยาว/กว้าง	
	กว้าง (มม.)	ยาว (มม.)	หนา (มม.)	พื้นที่ (มม. ²)	
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา					
BT	2.50 ^{fg}	7.71 ^{bc}	1.90 ^{ef}	19.26 ^{dc}	3.09 ^b
CN1	2.44 ^{fg}	8.40 ^a	1.78 ^f	20.49 ^{cd}	3.44 ^a
HN	2.51 ^{fg}	7.84 ^{bc}	1.90 ^{ef}	19.77 ^{dc}	3.11 ^b
KDML105	2.39 ^g	8.22 ^{ab}	1.78 ^f	19.71 ^{dc}	3.44 ^a
RD4	2.74 ^{dc}	8.14 ^{ab}	1.98 ^{dc}	22.30 ^{bc}	2.97 ^{bc}
RD6	2.60 ^{def}	7.32 ^c	1.84 ^{ef}	19.04 ^{dc}	2.87 ^c
RD21	2.56 ^{cfg}	7.42 ^c	1.86 ^{ef}	19.01 ^{de}	2.90 ^{bc}
SPT1	2.78 ^d	7.32 ^c	1.96 ^{dc}	21.93 ^{bc}	2.84 ^c
ค่าเฉลี่ย**	2.55±0.12	7.80±0.43	1.88±0.08	20.19±1.29	3.08±0.24
กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่					
GW42	3.26 ^{bc}	4.49 ^f	2.22 ^{bc}	14.63 ^f	1.38 ^f
JK	3.13 ^c	7.48 ^c	1.95 ^{dc}	23.46 ^b	2.39 ^d
KP	2.77 ^{de}	5.95 ^d	1.84 ^{ef}	16.34 ^f	2.17 ^d
R258	3.77 ^a	8.67 ^a	2.44 ^a	32.66 ^a	2.32 ^d
ค่าเฉลี่ย**	3.23±0.41	6.65±1.82	2.11±0.27	21.77±8.20	2.06±0.47
กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น					
KM-02	3.38 ^b	5.76 ^d	2.34 ^{ab}	19.49 ^{dc}	1.70 ^c
KS	3.29 ^{bc}	5.61 ^{dc}	2.08 ^{cd}	18.47 ^c	1.71 ^c
MJ3	3.17 ^c	5.15 ^c	2.16 ^c	16.32 ^f	1.62 ^c
ค่าเฉลี่ย**	3.28±0.11	5.51±0.32	2.19±0.13	18.09±1.62	1.68±0.05
C.V. (%)	3.08	3.39	3.35	4.32	4.32

หมายเหตุ * ตัวเลขในสคริปต์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพันธุ์โดย t-test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

ขนาดคัพพะและเอนโดสเปิร์ม

ลักษณะความกว้าง ความยาว และพื้นที่คัพพะของเมล็ดข้าวกล้องแต่ละกลุ่มพันธุ์ ไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 โดยความกว้างและความยาวคัพพะกลุ่มพันธุ์ข้าวนา มีค่าเฉลี่ย 1.743 ± 0.13 และ 0.955 ± 0.10 มิลลิเมตร กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ 1.715 ± 0.32 และ 0.933 ± 0.11 มิลลิเมตร และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น 1.867 ± 0.12 และ 0.977 ± 0.04 มิลลิเมตร ส่วนพื้นที่คัพพะของกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น มีค่าเฉลี่ย 1.673 ± 0.28 , 1.628 ± 0.45 และ 1.840 ± 0.10 ตาราง มิลลิเมตร ตามลำดับ (ตาราง 3) แต่เมื่อเปรียบเทียบระหว่างพันธุ์ พบว่า ความกว้าง ความยาว และพื้นที่คัพพะของข้าวกล้อง แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวนามีความกว้างและความยาวคัพพะเฉลี่ย 0.80-1.13 และ 1.53-1.92 มิลลิเมตร กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ 0.78-1.04 และ 1.24-1.90 มิลลิเมตร และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น 0.93-1.01 และ 1.74-1.97 มิลลิเมตร (ตาราง 3) เมื่อคำนวณพื้นที่คัพพะจากความกว้างและความยาวคัพพะ พบว่า พันธุ์ HN ในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ซึ่งมีคัพพะกว้างและค่อนข้างยาว (1.13 และ 1.80 มิลลิเมตร) มีพื้นที่คัพพะมากที่สุด (2.04 ตาราง มิลลิเมตร) แต่ไม่แตกต่างทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับพันธุ์ JK, R258, KS และ MJ3 ส่วน GW42 ในกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีความกว้างและความยาวคัพพะน้อย (0.78 และ 1.24 มิลลิเมตร) จึงมีพื้นที่คัพพะน้อยที่สุด (0.97 ตาราง-มิลลิเมตร) และน้อยกว่าพันธุ์อื่นประมาณ 1.3-2.1 เท่า

การเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยพื้นที่เอนโดสเปิร์มและสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม ของเมล็ดข้าวกล้องระหว่างกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.018-0.035$ โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวนาและข้าวไร่มีพื้นที่เอนโดสเปิร์มมากกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (14.62 ± 0.59 , 15.97 ± 6.15 และ 12.44 ± 2.09 ตารางมิลลิเมตร ตามลำดับ) แต่มีสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม น้อยกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (0.113 ± 0.02 , 0.106 ± 0.24 และ 0.151 ± 0.03 ตารางมิลลิเมตร ตามลำดับ) (ตาราง 3) สำหรับพื้นที่เอนโดสเปิร์มของข้าวแต่ละพันธุ์ในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่นมีค่าเฉลี่ยระหว่าง 13.59-15.52, 10.05-24.20 และ 10.39-14.57 ตาราง-มิลลิเมตร ตามลำดับ โดยพื้นที่เอนโดสเปิร์มในกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีความแปรปรวนมากกว่ากลุ่มอื่นเนื่องจากพบทั้งพันธุ์ที่มีค่าเฉลี่ยมากที่สุดและน้อยที่สุด ได้แก่ R258 และ GW42 (24.20 และ 10.05 ตารางมิลลิเมตร ตามลำดับ) (ตาราง 3) ในขณะที่สัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม ของข้าวแต่ละพันธุ์ในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น มีค่าเฉลี่ยระหว่าง 0.085-0.150, 0.078-0.133 และ 0.121-0.175 ตามลำดับ โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นที่มีพื้นที่คัพพะมากแต่เอนโดสเปิร์มน้อย ได้แก่ MJ3 และ KS มีค่าเฉลี่ยของสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม มากที่สุด คือ 0.175 และ 0.158 ตามลำดับ แต่ไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับ HN ในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา (0.150) ในขณะที่ R258 มีสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม น้อยที่สุด (0.078) แตกต่างจากกลุ่มที่มีสัดส่วนมาก 1.9-2.4 เท่า

ตาราง 3 ขนาดคัพพะและเอนโดสเปิร์มของเมล็ดข้าวกล้อง 15 พันธุ์

พันธุ์	ขนาดคัพพะข้าวกล้อง			เอนโดสเปิร์ม	คัพพะ/เอนโด
	กว้าง (มม.)	ยาว (มม.)	พื้นที่ (มม. ²)	(มม. ²)	สเปิร์ม
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา					
BT	0.97 ^{bcd}	1.80 ^{bcd}	1.75 ^{bcd}	14.83 ^{cd}	0.118 ^{cdefg}
CN1	0.98 ^{bc}	1.86 ^{abcd}	1.82 ^{abcd}	15.52 ^{bc}	0.098 ^{fgh}
HN	1.13 ^a	1.80 ^{bcd}	2.04 ^a	13.59 ^{def}	0.150 ^{abc}
KDML105	0.93 ^{cd}	1.62 ^{ef}	1.50 ^{ef}	14.80 ^{cd}	0.102 ^{cfigh}
RD4	1.03 ^{bc}	1.92 ^{ab}	1.98 ^{ab}	14.36 ^{cde}	0.138 ^{bcd}
RD6	0.80 ^c	1.53 ^f	1.23 ^g	14.46 ^{cde}	0.085 ^{gh}
RD21	0.93 ^{cd}	1.75 ^{cde}	1.62 ^{def}	15.13 ^{cd}	0.107 ^{defgh}
SPT1	0.87 ^{dc}	1.66 ^{ef}	1.44 ^{fg}	14.29 ^{cde}	0.101 ^{cfigh}
ค่าเฉลี่ย**	1.74±0.13	0.96±0.10	1.67±0.28	14.62±0.59	0.113±0.02
กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่					
GW42	0.78 ^e	1.24 ^g	0.97 ^h	10.05 ^g	0.096 ^{fgh}
JK	1.04 ^{ab}	1.88 ^{abc}	1.95 ^{abc}	16.81 ^b	0.116 ^{cdefg}
KP	0.92 ^{cd}	1.84 ^{abcd}	1.71 ^{cde}	12.83 ^{ef}	0.133 ^{bcd}
R258	0.99 ^{bc}	1.90 ^{ab}	1.88 ^{abc}	24.20 ^a	0.078 ^h
ค่าเฉลี่ย**	1.72±0.32	0.93±0.11	1.63±0.45	15.97±6.15	0.106±0.24
กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น					
KM-02	0.93 ^{cd}	1.89 ^{ab}	1.76 ^{bcd}	14.57 ^{cd}	0.121 ^{cdef}
KS	0.99 ^{bc}	1.97 ^a	1.95 ^{abc}	12.35 ^f	0.158 ^{ab}
MJ3	1.01 ^{bc}	1.74 ^{dc}	1.81 ^{abcd}	10.39 ^g	0.175 ^a
ค่าเฉลี่ย**	1.87±0.12	0.98±0.04	1.84±0.10	12.44±2.09	0.151±0.03
C.V. (%)	4.93	3.54	6.79	5.18	11.75

หมายเหตุ * ตัวเลขในสดมภ์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพันธุ์โดย *t*-test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

การศึกษาขนาดคัพพะและเอนโดสเปิร์มของเมล็ดข้าวกล้องงอกของกลุ่มพันธุ์ข้าวทั้ง 3 กลุ่ม พบว่า กลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น มีคัพพะกว้างไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ส่วนความยาวและพื้นที่คัพพะมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.034$ (ตาราง 4) โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (1.56 ± 0.02 มิลลิเมตร) มีคัพพะยาวกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ และข้าวนา (1.38 ± 0.18 และ 1.39 ± 0.17 มิลลิเมตร ตามลำดับ) และมีพื้นที่คัพพะมากที่สุดแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ (3.54 ± 0.29 และ 3.03 ± 0.93 ตารางมิลลิเมตร) ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวนามีค่าเฉลี่ยน้อยที่สุด (2.85 ± 0.60 ตารางมิลลิเมตร) เมื่อเปรียบเทียบขนาดคัพพะข้าวกล้องงอระหว่างข้าวแต่ละพันธุ์ พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพบพันธุ์ที่มีความกว้างคัพพะมากทั้งในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา (HN, RD4 และ SPT1) ข้าวไร่ (R258) และข้าวญี่ปุ่น (KM-02, KS และ MJ3) มีค่าเฉลี่ย 1.54-1.64 มิลลิเมตร ส่วนพันธุ์ R258 มีคัพพะยาวที่สุด (2.70 มิลลิเมตร) และมีค่าเฉลี่ยพื้นที่คัพพะข้าวกล้องงอก (4.42 ตารางมิลลิเมตร) มากกว่าพันธุ์อื่นในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ ส่วนพันธุ์ที่มีพื้นที่คัพพะในเมล็ดข้าวกล้องงอกน้อยส่วนใหญ่อยู่ในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ได้แก่ BT, KDML105, RD6 และ RD21 โดยมีค่าเฉลี่ยความกว้าง 1.18-1.34 มิลลิเมตร ความยาว 1.77-1.95 มิลลิเมตร และพื้นที่คัพพะ 2.0-2.38 ตารางมิลลิเมตร

ขนาดเอนโดสเปิร์มและสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม ของเมล็ดข้าวกล้องงอกในกลุ่มพันธุ์ข้าวทั้ง 3 กลุ่ม มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.033$ โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวนาและกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีพื้นที่เอนโดสเปิร์มมากกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (17.34 ± 0.95 , 18.75 ± 7.41 และ 14.55 ± 1.34 ตารางมิลลิเมตร ตามลำดับ) เมื่อคำนวณสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นจึงมีสัดส่วนของค่าเฉลี่ยสูงที่สุด (0.247 ± 0.01 ตารางมิลลิเมตร) (ตาราง 4) ขนาดเอนโดสเปิร์มและสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม ระหว่างข้าวแต่ละพันธุ์มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพันธุ์ R258 และ GW42 ในกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีขนาดเอนโดสเปิร์มมากที่สุด และน้อยที่สุด มีค่าเฉลี่ย 28.24 และ 12.03 ตารางมิลลิเมตร ตามลำดับ สำหรับสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์มข้าวกล้องงอกส่วนใหญ่มีค่าสูงในกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น ได้แก่ พันธุ์ KM-02, KS และ MJ3 ($0.247-0.251$) ในขณะที่ JK (0.122) ในกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีสัดส่วนต่ำที่สุด สำหรับในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา พบว่า พันธุ์ HN (0.232) มีสัดส่วนสูงที่สุดและมีค่าเฉลี่ยไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 จากกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (ตาราง 4)

ตาราง 4 ขนาดคัพภะและเอนโดสเปิร์มของเมล็ดข้าวกล้องงอก 15 พันธุ์

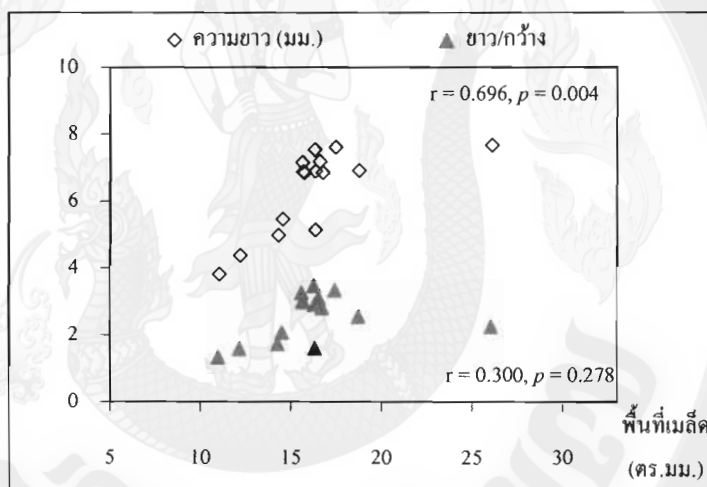
พันธุ์	ขนาดคัพภะข้าวกล้องงอก*			เอนโดสเปิร์ม*	คัพภะ/เอนโด
	กว้าง (มม.)	ยาว (มม.)	พื้นที่ (มม. ²)	(มม. ²)	สเปิร์ม*
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา					
BT	1.18 ^d	1.95 ^{fgh}	2.30 ^d	16.96 ^{cdef}	0.136 ^{cd}
CN1	1.38 ^{bcd}	2.05 ^{defg}	2.83 ^{cd}	17.65 ^{cdc}	0.161 ^{bcd}
HN	1.60 ^a	2.32 ^{bc}	3.70 ^b	16.06 ^{ef}	0.232 ^{ab}
KDML105	1.34 ^{cd}	1.77 ⁱ	2.37 ^d	17.33 ^{cde}	0.137 ^{cd}
RD4	1.56 ^{ab}	2.15 ^{cde}	3.40 ^{bc}	18.90 ^{bc}	0.181 ^{bcd}
RD6	1.28 ^d	1.85 ^{hi}	2.38 ^d	16.67 ^{def}	0.143 ^{cd}
RD21	1.21 ^d	1.90 ^{ghi}	2.31 ^d	16.71 ^{def}	0.138 ^{cd}
SPT1	1.57 ^{ab}	2.23 ^{cd}	3.50 ^b	18.43 ^{cd}	0.190 ^{bcd}
ค่าเฉลี่ย**	2.03±0.19	1.39±0.17	2.85±0.60	17.34±0.95	0.174±0.03
กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่					
GW42	1.32 ^d	1.97 ^{cfgh}	2.60 ^d	12.03 ⁱ	0.217 ^{abc}
JK	1.25 ^d	2.03 ^{cfgh}	2.54 ^d	20.92 ^b	0.122 ^d
KP	1.31 ^d	1.95 ^{fghi}	2.55 ^d	13.79 ^{ghi}	0.186 ^{bcd}
R258	1.64 ^a	2.70 ^a	4.42 ^a	28.24 ^a	0.158 ^{bcd}
ค่าเฉลี่ย**	2.16±0.36	1.38±0.18	3.03±0.93	18.75±7.41	0.173±0.04
กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น					
KM-02	1.58 ^{ab}	2.44 ^b	3.85 ^{ab}	15.64 ^{efg}	0.247 ^a
KS	1.57 ^{ab}	2.23 ^{cd}	3.51 ^b	14.96 ^{fgh}	0.236 ^{ab}
MJ3	1.54 ^{abc}	2.13 ^{def}	3.27 ^{bc}	13.05 ^{hi}	0.251 ^a
ค่าเฉลี่ย**	2.27±0.16	1.56±0.02	3.54±0.29	14.55±1.34	0.247±0.01
C.V. (%)	5.81	4.37	9.17	5.70	10.99

หมายเหตุ * ตัวเลขในสคริปต์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

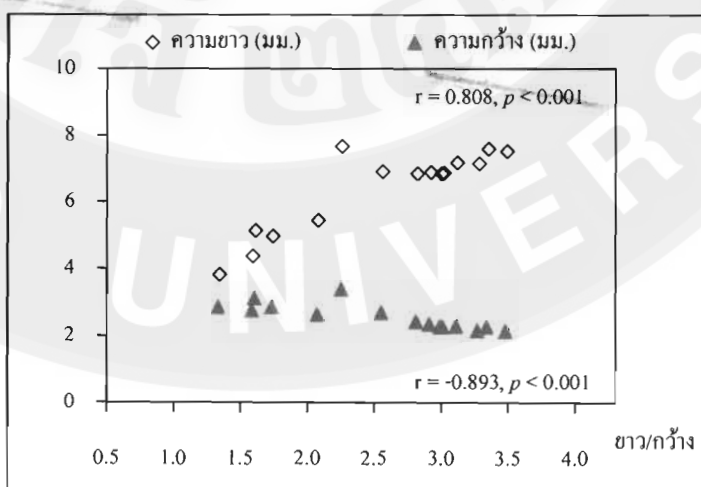
** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพันธุ์โดย *t*-test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะเมล็ดและรูปร่าง

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบของขนาดเมล็ดข้าวกล้อง พบว่าความยาวมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับพื้นที่เมล็ด ($r = 0.696$, $p = 0.004$) (ภาพ 3ก) และรูปร่างเมล็ด ($r = 0.893$, $p < 0.001$) ความกว้างและความหนาไม่มีสหสัมพันธ์ทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับพื้นที่เมล็ด แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบกับรูปร่าง ($r = -0.808$, $p < 0.001$ และ $r = -0.675$, $p = 0.006$) และไม่พบสหสัมพันธ์ระหว่างรูปร่างกับพื้นที่เมล็ด ($r = 0.300$, $p = 0.278$) (ภาพ 3ข) ดังผลการทดลองที่ไม่พบพันธุ์ข้าวขนาดเมล็ดใหญ่ในกลุ่มรูปร่างเรียว แต่พบในกลุ่มรูปร่างปานกลางที่เมล็ดยาวและกว้าง (R258)



ก



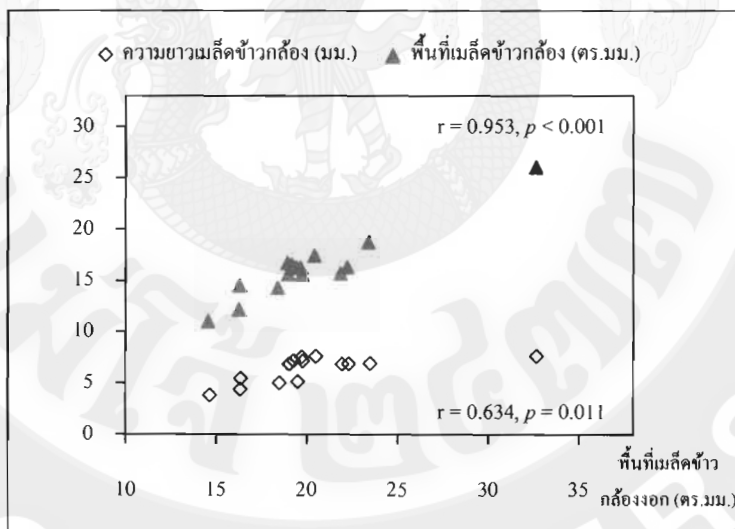
ข

ภาพ 3 สหสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบของขนาดเมล็ดข้าวกล้อง

ก) พื้นที่เมล็ดกับความยาวเมล็ดและสัดส่วนยาว/กว้าง (รูปร่าง)

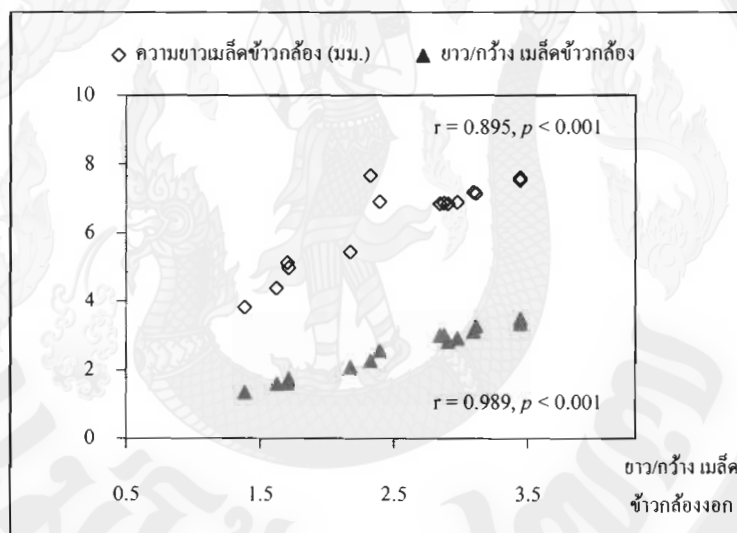
ข) รูปร่างกับความยาวและความกว้างเมล็ด

สำหรับความสัมพันธ์ขององค์ประกอบขนาดเมล็ดข้าวกล้องออกเป็นไปในทิศทางเดียวกับเมล็ดข้าวกล้อง โดยพบว่า ความยาวเมล็ดมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับพื้นที่เมล็ดและรูปร่าง ($r = 0.685, p = 0.005$ และ $r = 0.871, p < 0.001$) ขณะที่รูปร่างมีสหสัมพันธ์ทางลบกับความกว้างและความหนา ($r = -0.798, p < 0.001$ และ $r = -0.723, p = 0.002$) ส่วนการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบของขนาดเมล็ดข้าวกล้องออกกับเมล็ดข้าวกล้อง พบว่า ความกว้าง ความยาว ความหนา พื้นที่เมล็ด และสัดส่วนยาว/กว้าง มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับลักษณะเดียวกันในเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.930-0.989, p < 0.001$) นอกจากนั้นยังพบว่าพื้นที่เมล็ดข้าวกล้องออกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความยาวเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.634, p = 0.011$) (ภาพ 4) ขนาดของเมล็ดข้าวกล้องออกสามารถพิจารณาได้จากองค์ประกอบของขนาดเมล็ดข้าวกล้อง ได้แก่ ความยาวและพื้นที่เมล็ด ดังผลการทดลองที่พบพันธุ์ข้าวที่มีขนาดเมล็ดข้าวกล้องออกใหญ่ (R258) และเล็กที่สุด (GW42) มีความยาวและพื้นที่เมล็ดข้าวกล้องมากและน้อยที่สุด ตามลำดับ (ตาราง 1 และ 2)



ภาพ 4 สหสัมพันธ์ระหว่างพื้นที่เมล็ดข้าวกล้องออกกับความยาวและพื้นที่เมล็ดข้าวกล้อง

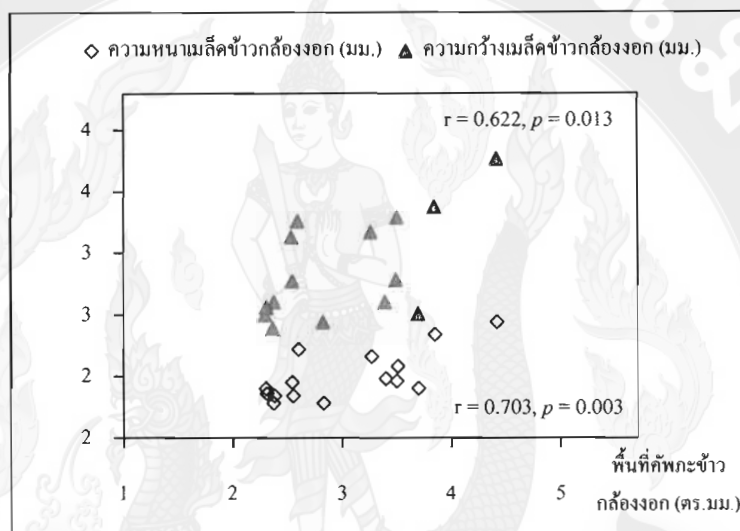
รูปร่างของเมล็ดข้าวกล้องงอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความยาวและรูปร่างของเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.895, p < 0.001$ และ $r = 0.989, p < 0.001$) (ภาพ 5) และทางลบกับความกว้างและความหนาของเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.634, p = 0.011$ และ $r = 0.953, p < 0.001$) การเพิ่มขึ้นของความยาวและความกว้างของเมล็ดข้าวกล้องงอกส่วนใหญ่ทำให้สัดส่วนยาว/กว้าง มีแนวโน้มเหมือนเดิม พันธุ์ข้าวส่วนใหญ่จึงมีรูปร่างเมล็ดข้าวกล้องงอกอยู่ในกลุ่มรูปร่างเดียวกับเมล็ดข้าวกล้อง อย่างไรก็ตาม สำหรับพันธุ์ RD6 และ SPT1 ที่พบว่าสัดส่วนยาว/กว้าง ลดลง และรูปร่างของเมล็ดข้าวกล้องงอกเปลี่ยนจากรูปร่างเรียวยาวเป็นปานกลาง อาจเนื่องมาจากเมล็ดข้าวกล้องงอกมีความกว้างเพิ่มขึ้นมากกว่าความยาว



ภาพ 5 สหสัมพันธ์ระหว่างรูปร่างเมล็ดข้าวกล้องงอกกับความยาวและรูปร่างเมล็ดข้าวกล้อง

พื้นที่คัพภะของข้าวกล้องมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างและความยาวคัพภะ ($r = 0.914, p < 0.001$ และ $r = 0.928, p < 0.001$) แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับพื้นที่ของเมล็ดและรูปร่างพันธุ์ข้าวที่มีขนาดคัพภะใหญ่พบได้ทั้งในกลุ่มรูปร่างเรียวยาว (HN) ปานกลาง (JK) และป้อม (MJ3) (ตาราง 2) ส่วนพื้นที่คัพภะของเมล็ดข้าวกล้องงอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างและความยาวคัพภะข้าวกล้องงอก ($r = 0.943, p < 0.001$ และ $r = 0.969, p < 0.001$) รวมทั้งความกว้าง ความหนา และพื้นที่ของเมล็ดข้าวกล้องงอก ($r = 0.622, p = 0.013$; $r = 0.703, p = 0.003$ และ $r = 0.550, p = 0.034$ ตามลำดับ) (ภาพ 6) นอกจากนั้นยังมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างและความหนาของเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.545, p = 0.036$ และ $r = 0.678, p = 0.005$) แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความกว้าง

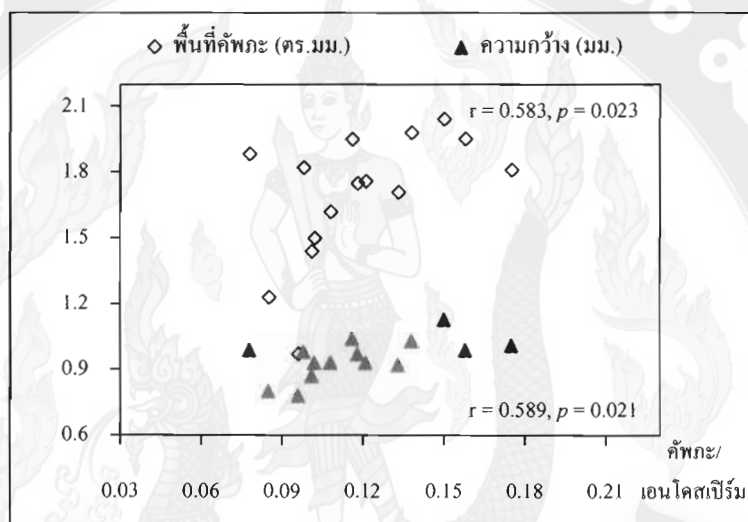
ความยาว และพื้นที่คัพภะในข้าวกล้อง ($r = 0.414, p = 0.125$; $r = 0.425, p = 0.114$ และ $r = 0.451, p = 0.091$) พันธุ์ข้าวที่มีความกว้างและความหนาของเมล็ดข้าวกล้องงอกเพิ่มขึ้นมากก็มีแนวโน้มขนาดคัพภะข้าวกล้องงอกใหญ่ (ตาราง 2 และ 3) สอดคล้องกับผลการทดลองที่พบพันธุ์ R258 มีความกว้างและความหนาเพิ่มขึ้นมากกว่าพันธุ์ BT 1.85 และ 4.89 เท่า ตามลำดับ มีพื้นที่คัพภะข้าวกล้องงอกมากกว่า 1.92 เท่า



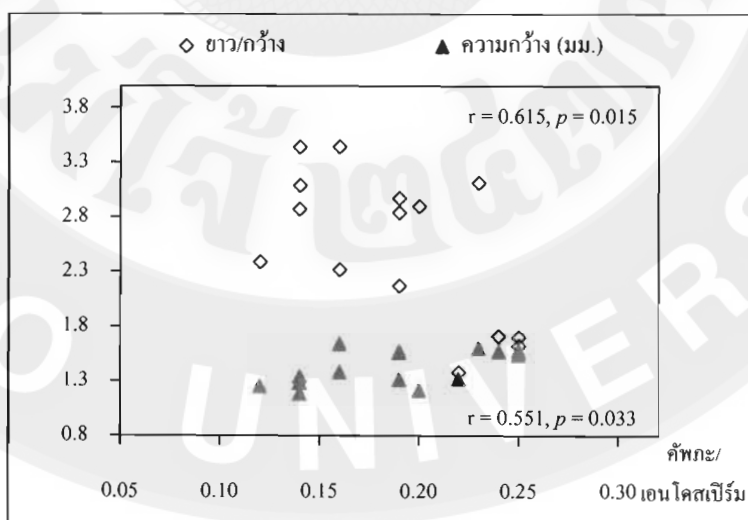
ภาพ 6 สหสัมพันธ์ระหว่างพื้นที่คัพภะข้าวกล้องงอกกับความกว้างและความหนาของเมล็ดข้าวกล้องงอก

ขนาดเอนโดสเปิร์มของข้าวกล้องมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความยาวและพื้นที่เมล็ดทั้งในข้าวกล้อง ($r = 0.691, p = 0.004$ และ $r = 0.996, p < 0.001$) และข้าวกล้องงอก ($r = 0.715, p = 0.003$ และ $r = 0.948, p < 0.001$) ส่วนขนาดเอนโดสเปิร์มข้าวกล้องงอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความยาวและพื้นที่เมล็ดทั้งในข้าวกล้อง ($r = 0.694, p = 0.004$ และ $r = 0.964, p < 0.001$) และข้าวกล้องงอก ($r = 0.735, p = 0.002$ และ $r = 0.989, p < 0.001$) พันธุ์ข้าวที่มีขนาดเอนโดสเปิร์มใหญ่มักพบในกลุ่มที่มีขนาดเมล็ดใหญ่ (ตาราง 3 และ 4) เมื่อคำนวณสัดส่วนคัพภะ/เอนโดสเปิร์ม พบว่า สัดส่วนคัพภะ/เอนโดสเปิร์ม ของข้าวกล้องมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างและพื้นที่คัพภะ ($r = 0.589, p = 0.021$ และ $r = 0.583, p = 0.023$) (ภาพ 7ก) แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบกับขนาดของเอนโดสเปิร์ม ($r = -0.547, p = 0.035$) ส่วนคัพภะ/เอนโดสเปิร์ม ในข้าวกล้องงอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างคัพภะ ($r = 0.551, p = 0.033$) (ภาพ 7ข) และมีแนวโน้มมีสหสัมพันธ์กับพื้นที่คัพภะข้าวกล้องงอก ($r = 0.468, p = 0.078$) นอกจากนั้นยังมีสหสัมพันธ์ทาง

ลบกับขนาดของเอนโดสเปิร์ม รูปร่าง และความยาวเมล็ดทั้งในข้าวกล้อง ($r = -0.524, p = 0.045$; $r = -0.615, p = 0.015$ และ $r = -0.707, p = 0.003$) และข้าวกล้องงอก ($r = -0.537, p = 0.039$; $r = -0.602, p = -0.018$ และ $r = -0.670, p = 0.006$) ดังผลการทดลองที่พบกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (KM-02, KS และ MJ3) ซึ่งเป็นพันธุ์ที่มีเมล็ดสั้น ส่วนใหญ่มีพื้นที่คัพภะข้าวกล้องงอกมาก และขนาดเอนโดสเปิร์มเล็กมีแนวโน้มมีสัดส่วนคัพภะ/เอนโดสเปิร์ม สูงกว่าพันธุ์ข้าวในกลุ่มพันธุ์ข้าวนาและข้าวไร่



ก



ข

ภาพ 7 สหสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบของขนาดคัพภะและขนาดเมล็ด

ก) คัพภะ/เอนโดสเปิร์ม กับพื้นที่คัพภะและความกว้างของเมล็ดข้าวกล้อง

ข) คัพภะ/เอนโดสเปิร์ม กับรูปร่างและความกว้างคัพภะของข้าวกล้องงอก

การงอกของเมล็ดกับลักษณะและรูปร่างเมล็ด

การงอกของเมล็ด

การศึกษาลักษณะการงอกในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น พบว่า กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ (0.81 ± 0.13) มีสัดส่วนการงอกของเมล็ดมากกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวนาและข้าวญี่ปุ่น (0.74 ± 0.12 และ 0.77 ± 0.07 ตามลำดับ) แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 (ตาราง 5) ในขณะที่สัดส่วนของเมล็ดที่มีความยาวรากอยู่ในช่วง 0.5-2.0 มม. ของกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น (0.72 ± 0.14 และ 0.73 ± 0.09 ตามลำดับ) มีค่าเฉลี่ยมากกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวนา (0.62 ± 0.12) แต่ไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ส่วนความยาวรากพบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.044$ โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นมีความยาวรากมากที่สุด (0.893 ± 0.18 มิลลิเมตร) ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวนามีค่าเฉลี่ยน้อยที่สุด (0.593 ± 0.19 มิลลิเมตร) (ภาพ 8)



ภาพ 8 ความยาวรากของเมล็ดข้าวกล้องงอกในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น

ตาราง 5 ลักษณะการงอกของเมล็ดข้าว 15 พันธุ์

พันธุ์	สัดส่วนการงอก	สัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มม.	ความยาวราก (มม.)
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา			
BT	0.70 ^{ab}	0.63 ^{abcd}	0.526 ^{fg}
CN1	0.77 ^{ab}	0.53 ^{cd}	0.504 ^{fg}
HN	0.90 ^a	0.83 ^a	0.916 ^{bc}
KDML105	0.80 ^a	0.56 ^{cd}	0.564 ^{ef}
RD4	0.70 ^{ab}	0.53 ^{cd}	0.584 ^{ef}
RD6	0.77 ^{ab}	0.60 ^{abcd}	0.536 ^{ef}
RD21	0.50 ^b	0.47 ^d	0.314 ^g
SPT1	0.80 ^a	0.77 ^{abc}	0.816 ^{cd}
ค่าเฉลี่ย ^{**}	0.74±0.12	0.62±0.12	0.59±0.19
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา			
GW42	0.70 ^{ab}	0.63 ^{abcd}	0.540 ^{ef}
JK	0.93 ^a	0.83 ^a	0.742 ^{cde}
KP	0.70 ^{ab}	0.57 ^{bcd}	0.638 ^{def}
R258	0.90 ^a	0.83 ^a	1.236 ^a
ค่าเฉลี่ย ^{**}	0.81±0.13	0.72±0.14	0.79±0.31
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา			
KM-02	0.80 ^a	0.77 ^{abc}	0.712 ^{cdef}
KS	0.70 ^{ab}	0.63 ^{abcd}	0.898 ^{bc}
MJ3	0.83 ^a	0.80 ^{ab}	1.068 ^{ab}
ค่าเฉลี่ย ^{**}	0.77±0.07	0.73±0.09	0.89±0.18
C.V.(%)	12.67	11.82	13.51

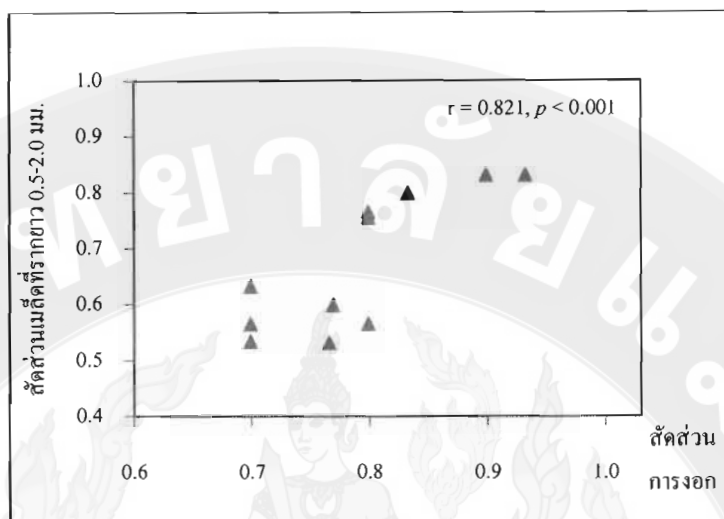
หมายเหตุ * ตัวเลขในสคริปต์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพันธุ์โดย t-test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

สำหรับการศึกษาลักษณะการงอกของข้าวแต่ละพันธุ์ พบว่า สัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร และความยาวราก มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพบพันธุ์ข้าวที่มีลักษณะการงอกดีที่สุดทั้งในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา (HN) ข้าวไร่ (R258) และข้าวญี่ปุ่น (MJ3) โดยพันธุ์ HN มีค่าเฉลี่ยของสัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร สูงถึง 0.90 และ 0.83 ตามลำดับ และมีความยาวราก 0.916 มิลลิเมตร พันธุ์ R258 มีค่าเฉลี่ยของสัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร สูงถึง 0.93 และ 0.83 ตามลำดับ และมีความยาวราก 1.236 มิลลิเมตร ส่วน MJ3 มีค่าเฉลี่ยของสัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร สูงถึง 0.83 และ 0.80 ตามลำดับ และมีความยาวราก 1.067 มิลลิเมตร ในขณะที่พันธุ์ RD21 มีค่าเฉลี่ยของลักษณะการงอกทุกลักษณะน้อยที่สุด คือ มีสัดส่วนการงอกและสัดส่วนเมล็ดที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร 0.50 และ 0.47 ตามลำดับ และมีความยาวราก 0.314 มิลลิเมตร ซึ่งแตกต่างจากพันธุ์อื่นอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $p < 0.05$ (ตาราง 5)

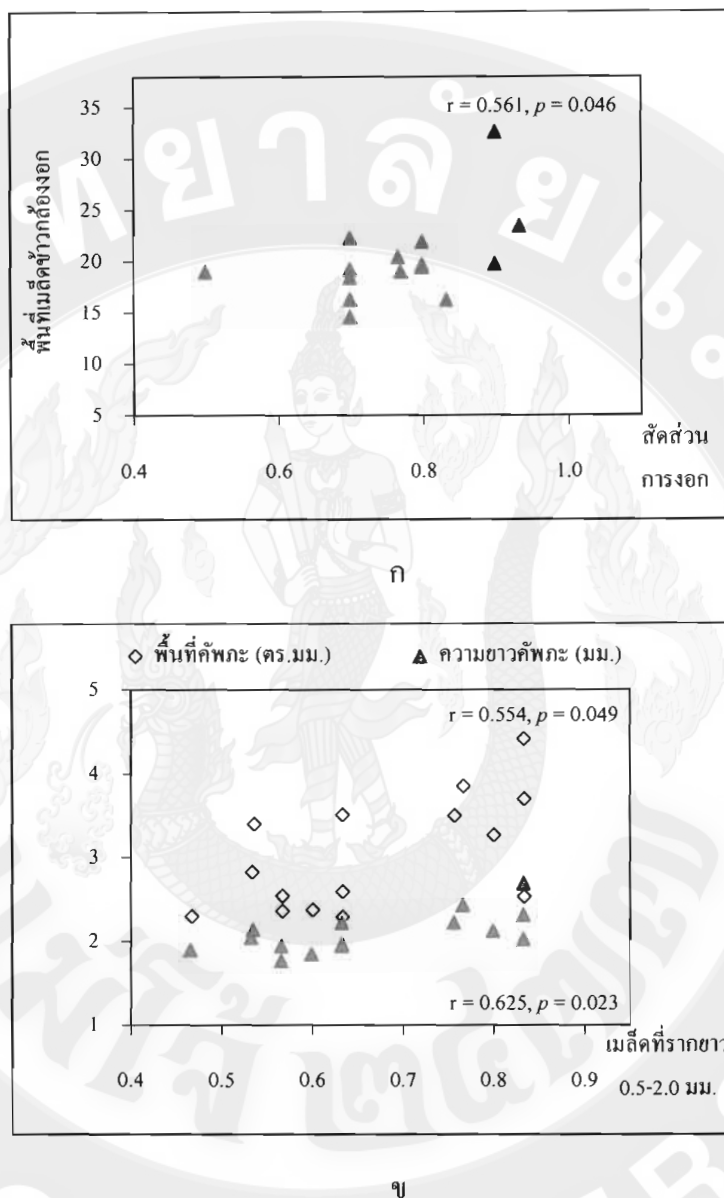
สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะการงอกกับขนาดเมล็ดและขนาดคัพพะ

ลักษณะการงอก ของเมล็ดในด้านต่างๆ มีความสัมพันธ์ซึ่งกันและกัน โดยพันธุ์ข้าวที่มีค่าเฉลี่ยของลักษณะการงอกด้านใดด้านหนึ่งสูงส่วนใหญ่มักให้ค่าเฉลี่ยของลักษณะอื่นๆ สูงด้วยเช่นกัน ดังผลการทดลองที่พบสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างสัดส่วนการงอกของเมล็ดกับสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ($r = 0.821, p < 0.001$) (ภาพ 9) สัดส่วนการงอกกับความยาวราก ($r = 0.556, p = 0.049$) และสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร กับความยาวราก ($r = 0.761, p = 0.003$) พันธุ์ข้าวที่มีสัดส่วนการงอกของเมล็ดสูงส่วนใหญ่ก็มีสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร และความยาวรากมากกว่าพันธุ์ที่สัดส่วนการงอกต่ำ อย่างไรก็ตาม สำหรับพันธุ์ KDML105 ซึ่งมีสัดส่วนการงอกสูง แต่กลับพบว่า มีสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร อยู่ในกลุ่มเดียวกับพันธุ์ RD21 ซึ่งมีสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ต่ำที่สุด (ตาราง 5)



ภาพ 9 สหสัมพันธ์ระหว่างสัดส่วนการงอกของเมล็ดกับสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร

ลักษณะการงอกของเมล็ดส่วนใหญ่มีความสัมพันธ์กับขนาดเมล็ดและขนาดคัพภะของข้าวกล้องงอกมากกว่าข้าวกล้อง โดยสัดส่วนการงอกของเมล็ดมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับพื้นที่เมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก ($r = 0.559, p = 0.047$ และ $r = 0.561, p = 0.046$) (ภาพ 10ก) และมีแนวโน้มมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างคัพภะข้าวกล้อง ($r = 0.546, p = 0.053$) สำหรับสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความยาวคัพภะ ($r = 0.623, p = 0.023$) และพื้นที่คัพภะในเมล็ดข้าวกล้องงอก ($r = 0.554, p = 0.049$) (ภาพ 10ข) และมีแนวโน้มมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความกว้างและความหนาเมล็ดข้าวกล้องงอก ($r = 0.525, p = 0.065$ และ $r = 0.522, p = 0.066$) พันธุ์ข้าวที่มีขนาดคัพภะหรือขนาดเมล็ดใหญ่ (HN, R258 และ JK) มีแนวโน้มมีสัดส่วนการงอกและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร สูง



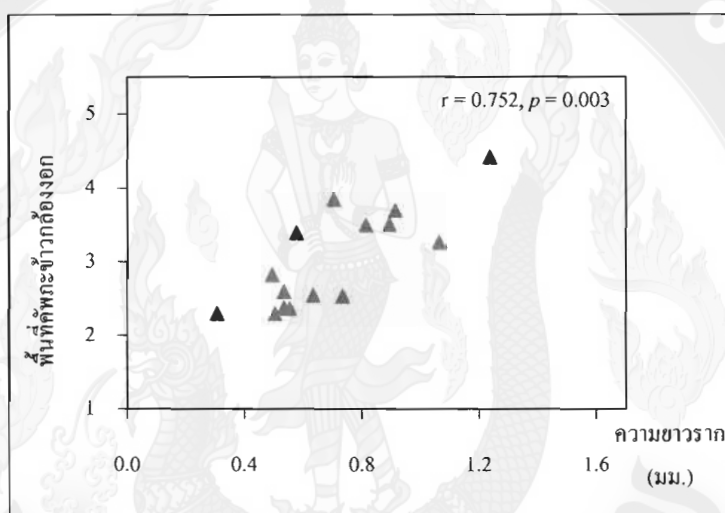
ภาพ 10 สหสัมพันธ์ระหว่างประสิทธิภาพการงอกและลักษณะเมล็ด

ก) สัดส่วนการงอกของเมล็ดกับพื้นที่เมล็ดข้างกล้อง

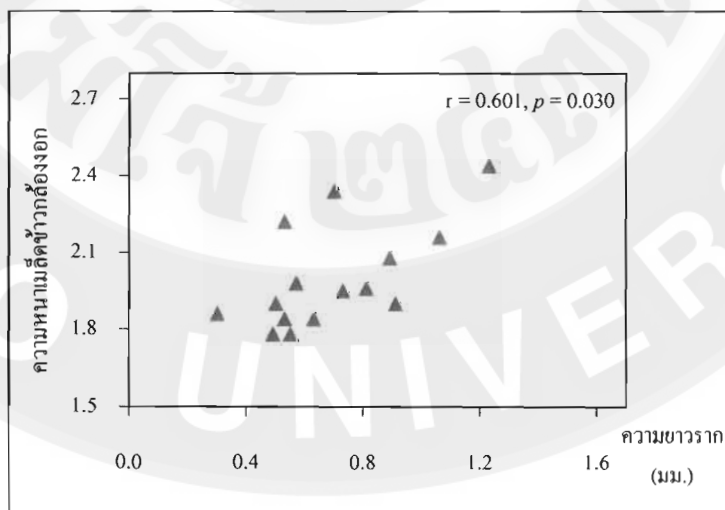
ข) เมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร กับพื้นที่และความยาวคัพพะข้างกล้อง

ความยาวรากมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับลักษณะความกว้าง ความยาว และพื้นที่คัพพะข้างกล้อง ($r = 0.689, p = 0.009$ $r = 0.746, p = 0.003$ และ $r = 0.752, p = 0.003$ ตามลำดับ) (ภาพ 11ก) นอกจากนั้นยังมีความสัมพันธ์กับความกว้าง ($r = 0.619, p = 0.024$) และความหนาของเมล็ดข้างกล้อง ($r = 0.621, p = 0.030$) (ภาพ 11ข) แม้ว่าลักษณะการงอกของ

เมล็ดส่วนใหญ่สัมพันธ์กับขนาดเมล็ดและขนาดคัพพะข้าวกล้องงอกมากกว่าขนาดเมล็ดและขนาดคัพพะข้าวกล้อง แต่เนื่องจากลักษณะเมล็ดและคัพพะข้าวกล้องงอกส่วนใหญ่มีความสัมพันธ์กับลักษณะเดียวกันในข้าวกล้อง ข้าวกล้องที่มีลักษณะเมล็ดกว้าง หนา และพื้นที่เมล็ดมาก หรือพันธุ์ที่คัพพะกว้างและพื้นที่คัพพะมากส่วนใหญ่มีลักษณะการงอกดี ดังผลการทดลองที่พบว่าพันธุ์ JK กับ R258 ซึ่งเมล็ดกว้างและหนาหรือขนาดเมล็ดใหญ่ และ HN กับ MJ3 ที่ขนาดคัพพะใหญ่ มีสัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่รากยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร และความยาวรากมากกว่าพันธุ์อื่น



ก



ข

ภาพ 11 สหสัมพันธ์ระหว่างความยาวรากกับลักษณะเมล็ด

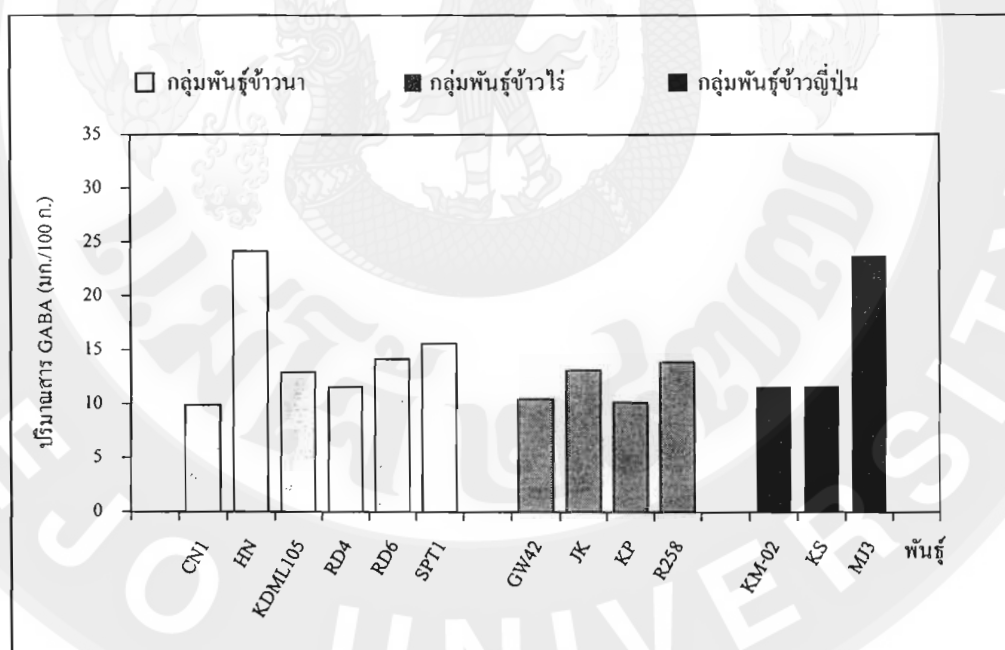
ก) ความยาวรากกับพื้นที่คัพพะข้าวกล้องงอก

ข) ความยาวรากกับความหนาเมล็ดข้าวกล้องงอก

การออกและลักษณะเมล็ดกับปริมาณสาร GABA และโปรตีน

ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าว

การศึกษาปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกจากข้าว 13 พันธุ์ พบว่า กลุ่มพันธุ์ข้าวนา (CN1, HN, KDML105, RD4, RD6 และ SPT1) กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ (GW42, JK, KP และ R258) และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น (KM-02, KS และ MJ3) มีปริมาณสาร GABA ระหว่าง 9.86-24.17, 10.15-13.85 และ 11.64-23.80 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มพันธุ์พบว่า ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวนาและข้าวญี่ปุ่นมีปริมาณสาร GABA สูง มีค่าเฉลี่ย 14.73 ± 5.04 และ 15.70 ± 7.02 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวไร้มีค่าเฉลี่ย 11.88 ± 1.87 มิลลิกรัม/100 กรัม (ภาพ 12)



ภาพ 12 ปริมาณสาร GABA ของข้าว 13 พันธุ์ ในกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น
หมายเหตุ เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพันธุ์โดย *t*-test แบบอิสระ ($\alpha=0.05$)

ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกของข้าว 13 พันธุ์ มีค่าระหว่าง 9.86-24.17 มิลลิกรัม/100 กรัม โดยพันธุ์ HN และ CN1 มีปริมาณสาร GABA สูงและต่ำที่สุด มีค่า 24.17 และ 9.86 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ (ภาพ 11) เมื่อแจกแจงความถี่โดยแบ่งเป็นอันตรภาคชั้น

พบว่า พันธุ์ข้าวส่วนใหญ่ (61.53%) มีปริมาณสาร GABA ระหว่าง 11.0-15.9 มิลลิกรัม/100 กรัม (KDML105, RD4, RD6, SPT1, JK, R258, KM-02 และ KS) ในขณะที่พันธุ์ข้าวประมาณ 23.08% (CN1, GW42 และ KP) มีค่าระหว่าง 9.80-10.99 มิลลิกรัม/100 กรัม ส่วนอีก 15.38% (HN และ MJ3) มีค่าระหว่าง 21.00-25.99 มิลลิกรัม/100 กรัม (ตาราง 6) เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของปริมาณสาร GABA แต่ละอันตรภาคชั้น พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยกลุ่มพันธุ์ที่มีปริมาณสาร GABA สูง ได้แก่ พันธุ์ HN และ MJ3 มีค่าเฉลี่ย 23.99 ± 0.26 มิลลิกรัม/100 กรัม กลุ่มที่รองลงมา ได้แก่ KDML105, RD4, RD6, SPT1, JK, R258, KM-02 และ KS มีค่าเฉลี่ย 13.07 ± 1.44 มิลลิกรัม/100 กรัม ส่วนกลุ่มพันธุ์ CN1 KP และ GW42 มีปริมาณสาร GABA ต่ำ มีค่าเฉลี่ย 10.15 ± 0.28 มิลลิกรัม/100 กรัม (ตาราง 6) สำหรับพันธุ์ KDML105 (12.94 มิลลิกรัม/100 กรัม) มีปริมาณสาร GABA น้อยกว่าพันธุ์ HN และ MJ3 ประมาณ 1.8 เท่า

ตาราง 6 ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอก 13 พันธุ์

อันตรภาคชั้น	จำนวน	ความถี่ (%)	พิสัย	ค่าเฉลี่ย (มก./100 ก.)	C.V. (%)
0.01-10.99	3	23.08	9.86-10.43	10.15 ± 0.28	2.78
11.00-15.99	8	61.53	11.59-15.62	13.07 ± 1.44	21.64
21.00-25.99	2	15.38	23.80-24.17	23.99 ± 0.26	6.02

หมายเหตุ เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มโดย *t*-test แบบอิสระ ($\alpha=0.05$)

ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าว

โปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องของกลุ่มพันธุ์ข้าวนามีค่าระหว่าง 6.84-11.74% กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ 7.37-10.34% และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น 7.33-8.50% (ตาราง 7) ค่าเฉลี่ยปริมาณโปรตีนของแต่ละกลุ่มพันธุ์ไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ข้าวไร่ และข้าวญี่ปุ่น มีค่าเท่ากับ 9.02 ± 1.49 , 8.81 ± 1.34 และ $7.72 \pm 0.68\%$ ตามลำดับ (ตาราง 7) ปริมาณโปรตีนมีความแตกต่างกันตามกลุ่มพันธุ์ข้าว เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างข้าวแต่ละพันธุ์พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพันธุ์ HN, RD6 และ KP มีโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องสูง (10.47, 11.74 และ 10.34% ตามลำดับ) ส่วนพันธุ์ที่โปรตีนต่ำ ได้แก่ BT, JK, KM-02 และ MJ3 (6.84, 7.37, 7.33 และ 7.33% ตามลำดับ) (ภาพ 13)

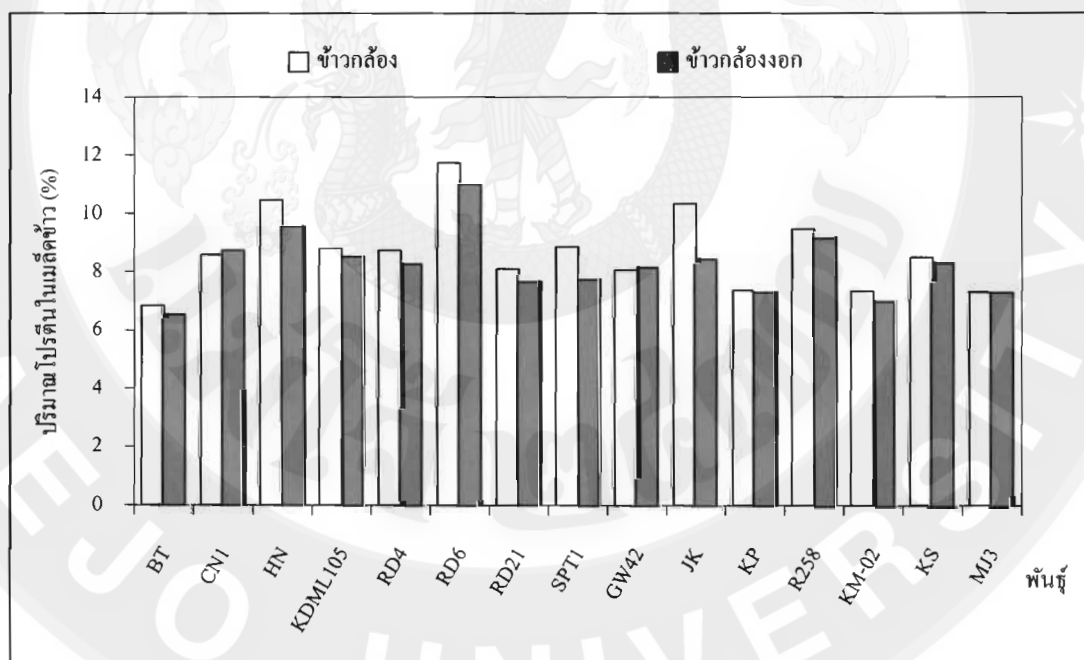
ตาราง 7 ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในข้าว 15 พันธุ์

พันธุ์	ปริมาณโปรตีน (%)	
	ข้าวกล้อง	ข้าวกล้องงอก
กลุ่มพันธุ์ข้าวนา		
BT	6.84 ^d	6.53 ^c
CN1	8.59 ^{bcd}	8.74 ^{abc}
HN	10.47 ^{ab}	9.56 ^{ab}
KDML105	8.81 ^{bcd}	8.53 ^{abc}
RD4	8.74 ^{bcd}	8.28 ^{abc}
RD6	11.74 ^a	11.03 ^a
RD21	8.10 ^{cd}	7.68 ^{bc}
SPT1	8.86 ^{bcd}	7.75 ^{bc}
ค่าเฉลี่ย ^{**}	9.02±1.49	8.51±1.35
กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่		
GW42	8.06 ^{cd}	8.17 ^{abc}
JK	7.37 ^d	7.31 ^{bc}
KP	10.34 ^{ab}	8.46 ^{abc}
R258	9.48 ^{bc}	9.19 ^{abc}
ค่าเฉลี่ย ^{**}	8.81±1.34	8.28±0.78
กลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น		
KM-02	7.33 ^d	7.02 ^{bc}
KS	8.50 ^{bcd}	8.32 ^{abc}
MJ3	7.33 ^d	7.32 ^{bc}
ค่าเฉลี่ย	7.72±0.68	7.55±0.68
C.V. (%)	6.06	8.73

หมายเหตุ * ตัวเลขในสคริปต์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่มพันธุ์โดย *t*-test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องงอกของกลุ่มพันธุ์ข้าวนามีค่าระหว่าง 6.53-11.03% กลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ 7.31-9.19% และกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่น 7.02-8.32% โดยมีค่าเฉลี่ยไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ระหว่างกลุ่มพันธุ์ข้าวนา ($8.51 \pm 1.35\%$) ข้าวไร่ ($8.28 \pm 0.78\%$) และข้าวญี่ปุ่น ($7.55 \pm 0.68\%$) แต่เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างพันธุ์ต่างๆ พบว่าปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องงอกมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยพันธุ์ RD6 มีปริมาณโปรตีนสูงที่สุด (11.74%) ส่วน BT มีโปรตีนต่ำที่สุด (6.53%) (ตาราง 7) ปริมาณโปรตีนของเมล็ดข้าวกล้องงอกโดยเฉลี่ยมีค่าต่ำกว่าข้าวกล้อง ($8.26 \pm 1.12\%$ และ $8.70 \pm 1.35\%$ ตามลำดับ) เมื่อคำนวณการเปลี่ยนแปลงของโปรตีนเป็นค่าร้อยละ พบว่า กลุ่มพันธุ์ข้าวนาและข้าวไร่มีปริมาณโปรตีนลดลงมากกว่าข้าวญี่ปุ่นคิดเป็นร้อยละ 5.65, 6.02 และ 2.20 ตามลำดับ แต่เมื่อเปรียบเทียบระหว่างพันธุ์พบว่าพันธุ์ KP มีโปรตีนลดลงมากที่สุด (ร้อยละ 18.18) ส่วน CN1 และ GW42 มีค่าเพิ่มขึ้นร้อยละ 1.75 และ 1.37 ตามลำดับ (ภาพ 13)

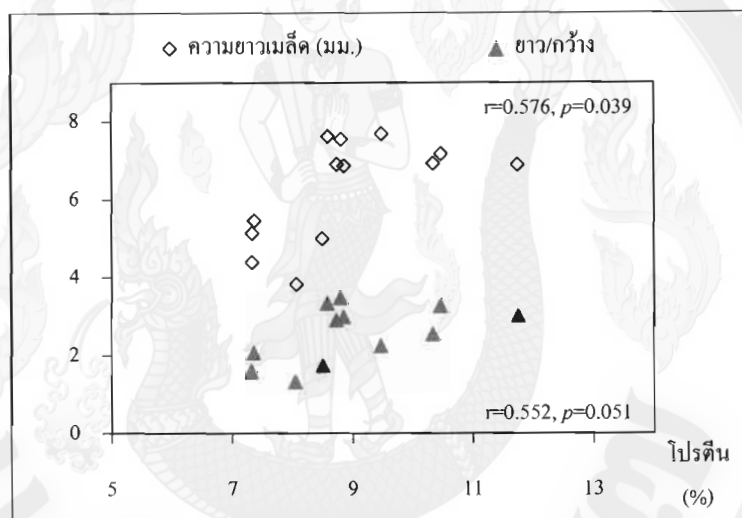


ภาพ 13 ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในข้าว 15 พันธุ์

ความสัมพันธ์ระหว่างการออก ลักษณะเมล็ด ปริมาณสาร GABA และโปรตีน

ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับความยาวเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.576, p = 0.039$) และมีแนวโน้มมีสหสัมพันธ์กับรูปร่างเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.552, p =$

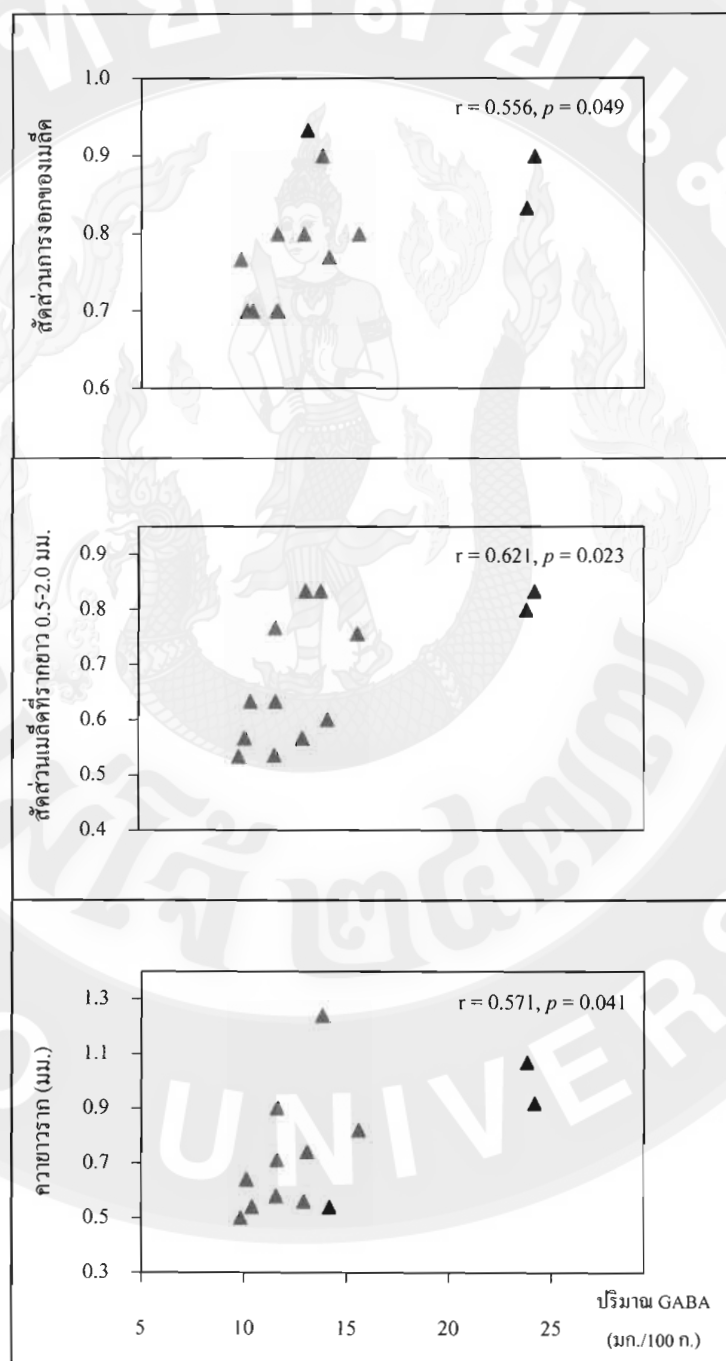
0.051) (ภาพ 14) พันธุ์ข้าวที่มีปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องสูงส่วนใหญ่มักอยู่ในกลุ่มพันธุ์ที่มีรูปร่างเรียวยาวและรูปร่างปานกลางที่เมล็ดยาว ส่วนพันธุ์โปรตีนต่ำส่วนใหญ่มีรูปร่างป้อมหรือเมล็ดสั้น (ภาพ 12) ปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องไม่มีสหสัมพันธ์กับสัดส่วนการงอกที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ($r = 0.442, p = 0.130$) อย่างไรก็ตาม จากผลการทดลองพบว่าพันธุ์ข้าวที่มีเมล็ดยาวและโปรตีนสูงส่วนใหญ่มีแนวโน้มมีสัดส่วนการงอกมากกว่าพันธุ์เมล็ดสั้นและโปรตีนต่ำ ยกเว้นในกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นซึ่งมีลักษณะเมล็ดสั้นและโปรตีนต่ำที่มีสัดส่วนการงอกไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับกลุ่มพันธุ์ที่มีเมล็ดยาวและปริมาณโปรตีนสูง (HN และ R258)



ภาพ 14 สหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องกับความยาวและสัดส่วนยาว/กว้างของเมล็ดข้าวกล้อง

ปริมาณสาร GABA ไม่มีสหสัมพันธ์ทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับปริมาณโปรตีนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก แต่มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับประสิทธิภาพการงอก ได้แก่ สัดส่วนการงอกของเมล็ด ($r = 0.556, p = 0.049$) สัดส่วนเมล็ดที่มีรากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ($r = 0.621, p = 0.023$) และความยาวราก ($r = 0.572, p = 0.041$) (ภาพ 15) ปริมาณสาร GABA ไม่มีสหสัมพันธ์กับขนาดเมล็ดที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 แต่มีแนวโน้มมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับขนาดคัพพะ ได้แก่ ความกว้างคัพพะ ($r = 0.495, p = 0.085$) และสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม ($r = 0.491, p = 0.089$) ดังผลการทดลองที่พบว่าพันธุ์ R258 และ JK มีขนาดคัพพะใหญ่ สัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่มีรากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร และความยาวรากใกล้เคียงหรือมากกว่าพันธุ์ HN และ MJ3 แต่กลับมีสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม น้อยกว่าประมาณ 2 เท่า มีปริมาณสาร GABA น้อยกว่าประมาณ 1.8 เท่า (ตาราง 3 และ 4) ความแตกต่างของลักษณะเมล็ด ลักษณะคัพพะ และ

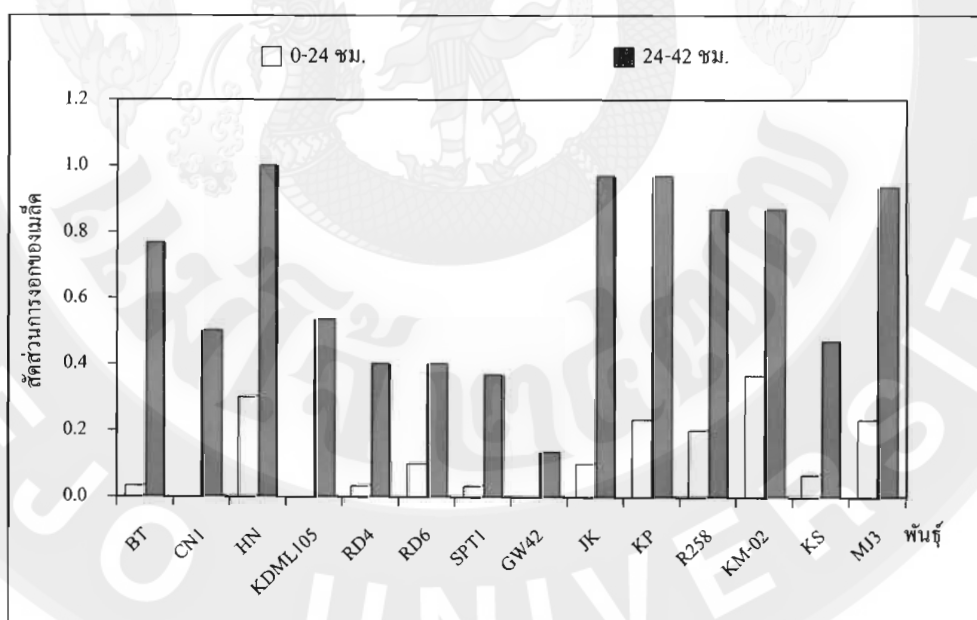
ประสิทธิภาพการงอกมีความสัมพันธ์กับปริมาณสาร GABA โดยพันธุ์ข้าวที่มีประสิทธิภาพการงอกดีร่วมกับขนาดคัพพะใหญ่ และสัดส่วนคัพพะ/เอนโดสเปิร์ม สูง มีแนวโน้มมีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกมากกว่าพันธุ์ข้าวลักษณะอื่น



ภาพ 15 ความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA กับสัดส่วนการงอก สัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร และความยาวราก

ประสิทธิภาพการงอกของเมล็ด

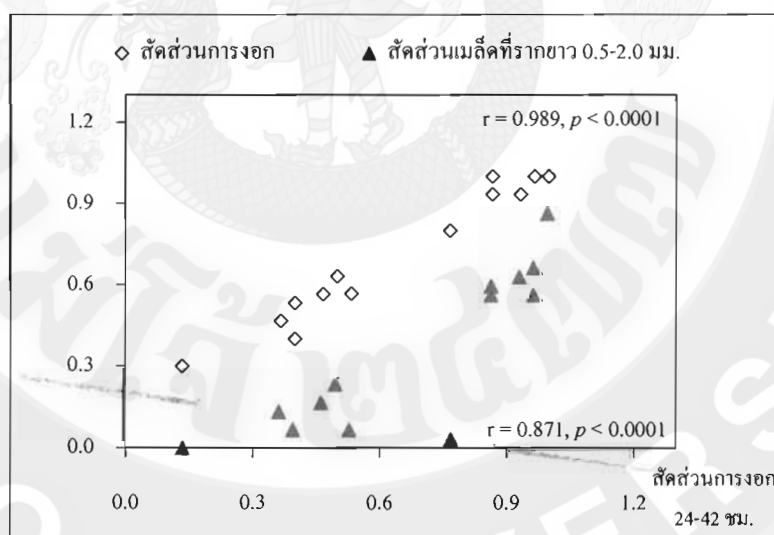
พิจารณาจากลักษณะการงอกในแต่ละช่วงเวลาและระยะเวลาที่ใช้ในการงอกพบว่า การงอกของเมล็ดข้าวในช่วง 0-24 และ 24-42 ชั่วโมง หลังการแช่น้ำมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.003$ พันธุ์ข้าวที่เมล็ดงอกได้ดีทั้งช่วง 0-24 และ 24-42 ชั่วโมง (HN, KP, R258, MJ3 และ KM-02) มีสัดส่วนการงอกเฉลี่ย 0.20-0.37 และ 0.87-1.00 ตามลำดับ ส่วนกลุ่มพันธุ์ที่สัดส่วนการงอกต่ำกว่า 0.50 (RD4, SPT1 และ GW42) มีค่าเฉลี่ย 0-0.10 และ 0.13-0.40 ตามลำดับ ยกเว้นพันธุ์ BT และ JK ที่เปอร์เซ็นต์การงอกต่ำในช่วงแรก (0.33-0.10) แต่มีค่าเฉลี่ยสูงในช่วงหลัง (0.77-0.97) (ภาพ 16) กลุ่มพันธุ์ข้าวที่มีประสิทธิภาพการงอกสูง มีสัดส่วนการงอกของเมล็ดเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วในช่วง 24-42 ชั่วโมง โดยพันธุ์ JK มีสัดส่วนการงอกเพิ่มขึ้นสูงที่สุด (86.67%) ในขณะที่พันธุ์ GW42 ซึ่งเมล็ดงอกได้น้อยที่สุด (13.33%) มีสัดส่วนการงอกหลัง 24 ชั่วโมง เพิ่มขึ้นน้อยกว่ากลุ่มพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพการงอกสูง 3.7-6.5 เท่า



ภาพ 16 สัดส่วนการงอกของเมล็ดในช่วงเวลา 0-24 ชั่วโมง และ 24-42 ชั่วโมง

สัดส่วนการงอกของเมล็ดมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับสัดส่วนการงอกในช่วง 0-24 ชั่วโมง ($r = 0.764$, $p = 0.001$) และ 24-42 ชั่วโมง ($r = 0.989$, $p < 0.001$) (ภาพ 17) พันธุ์ข้าวที่สามารถงอกได้อย่างรวดเร็วช่วง 24 ชั่วโมง หรือหลังจาก 24 ชั่วโมง ส่วนใหญ่มีสัดส่วนการงอกสูงและใช้เวลาในการงอก (43.5-45 ชั่วโมง) น้อยกว่ากลุ่มพันธุ์ข้าวที่มีสัดส่วนการงอกต่ำ (48 ชั่วโมง)

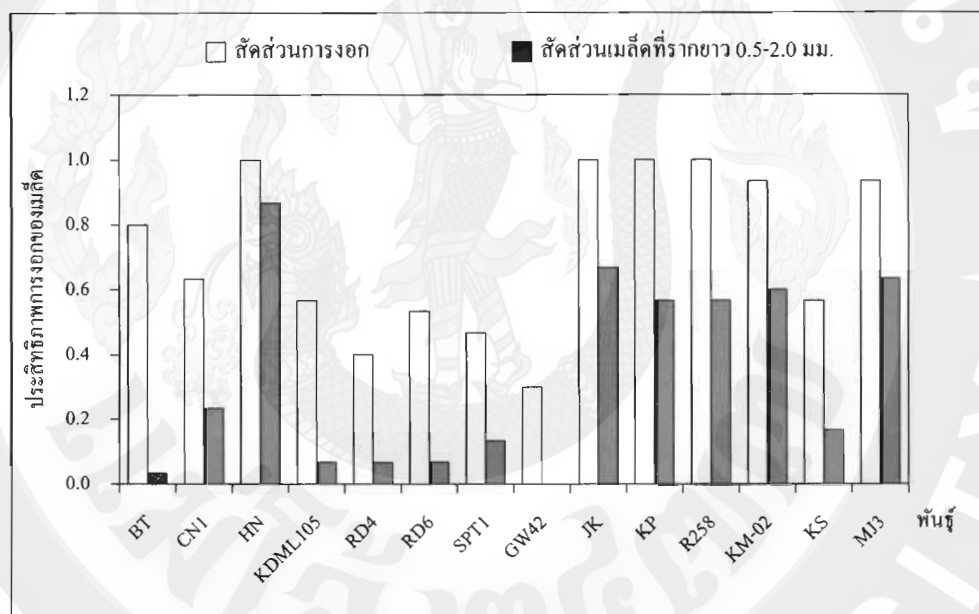
ด้วยการพบสหสัมพันธ์ทางลบระหว่างเวลาที่ใช้ในการงอกกับสัดส่วนการงอกของเมล็ด ($r = -0.624$, $p = 0.017$) สัดส่วนการงอกช่วง 0-24 ชั่วโมง ($r = -0.550$, $p = 0.042$) และสัดส่วนการงอกช่วง 24-42 ชั่วโมง ($r = -0.585$, $p = 0.028$) สัดส่วนการงอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ($r = 0.881$, $p < 0.001$) และพบสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร กับสัดส่วนการงอกในช่วง 0-24 ชั่วโมง ($r = 0.839$, $p < 0.001$) และในช่วง 24-42 ชั่วโมง ($r = 0.871$, $p < 0.001$) (ภาพ 16) และทางลบกับระยะเวลาในการงอก ($r = -0.941$, $p < 0.001$) สอดคล้องกับผลการทดลองที่พบว่าพันธุ์ข้าวที่เมล็ดงอกได้เร็วช่วง 0-24 ชั่วโมง หรือ 24-42 ชั่วโมง (HN, JK, KP, R258, KM-02 และ MJ3) มีสัดส่วนการงอกสูงกว่า 90% และมากกว่ากลุ่มพันธุ์ที่เมล็ดงอกช้าซึ่งมีสัดส่วนการงอกต่ำกว่า 50% (SPT1, RD4 และ GW42) ประมาณ 2.5 เท่า และมีสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร มากกว่า 9.7 เท่า อย่างไรก็ตาม สำหรับพันธุ์ BT ที่มีสัดส่วนการงอกสูง 80% และงอกได้อย่างรวดเร็วในช่วงเวลา 24-42 ชั่วโมง แต่กลับพบว่าเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร น้อยกว่าพันธุ์อื่น



ภาพ 17 สหสัมพันธ์ระหว่างสัดส่วนการงอกช่วง 24-42 ชั่วโมง กับสัดส่วนการงอกของเมล็ด และสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร

การศึกษาลักษณะการงอกเมล็ดข้าว 14 พันธุ์ ในช่วงฤดูหนาวพบว่า ลักษณะการงอกของข้าวแต่ละพันธุ์แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.005$ โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่ (0.83 ± 0.21) และข้าวญี่ปุ่น (0.81 ± 0.35) มีค่าเฉลี่ยของสัดส่วนการงอกสูงกว่าข้าวนา (0.63 ± 0.21)

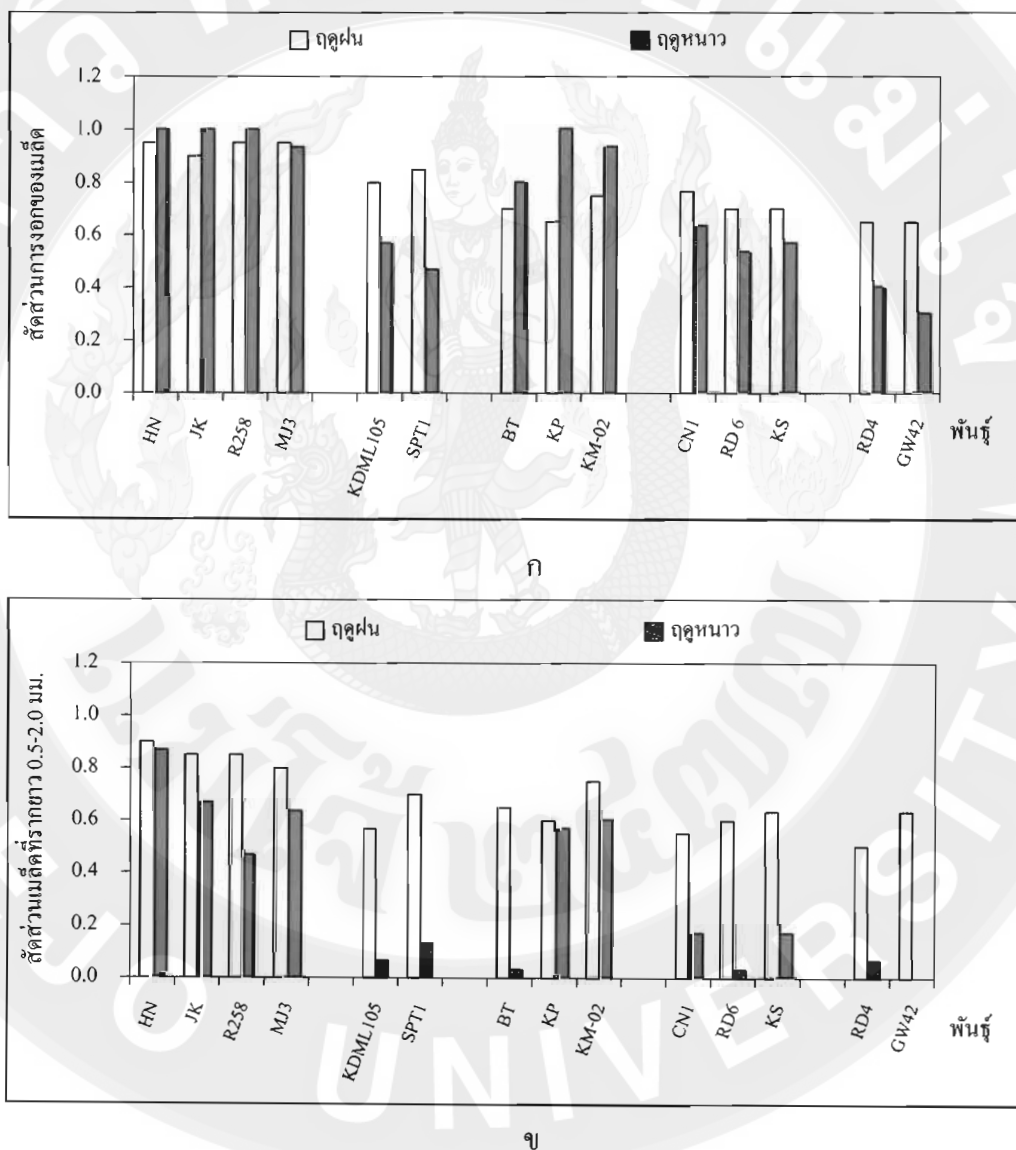
และพบพันธุ์ข้าวที่มีสัดส่วนการงอกสูงในทุกกลุ่มพันธุ์ โดยพันธุ์ HN ในกลุ่มข้าวนา และ JK, KP และ R258 ในกลุ่มข้าวไร่ มีเมล็ดงอกทุกเมล็ดหรือสัดส่วนการงอกเท่ากับ 1.00 ส่วน KM-02 และ MJ3 ในกลุ่มข้าวญี่ปุ่นมีสัดส่วนการงอก 0.93 ส่วนพันธุ์ที่มีสัดส่วนการงอกต่ำกว่า 0.50 ได้แก่ RD4 SPT1 และ GW42 (ภาพ 18) สำหรับสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร พบว่า มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยกลุ่มพันธุ์ที่สัดส่วนการงอกสูงมีสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร มากกว่ากลุ่มพันธุ์ที่สัดส่วนการงอกต่ำ มีค่าระหว่าง 0.57-0.87 และ 0.00-0.23 ตามลำดับ โดยพันธุ์ HN (0.87) มีสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร มากที่สุด ส่วน GW42 ไม่มีเมล็ดที่รากยาวถึง 0.5-2.0 มิลลิเมตร (ภาพ 18)



ภาพ 18 สัดส่วนการงอกของเมล็ดและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร

การศึกษาลักษณะการงอกของเมล็ดในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว พบความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบพันธุ์ ($p < 0.001$) ฤดูกาล ($p = 0.013$) และปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุ์กับฤดูกาล ($p < 0.001$) โดยพันธุ์ HN, R258, JK และ MJ3 มีสัดส่วนการงอกสูงทั้งช่วงฤดูฝน (0.90-0.95) และฤดูหนาว (0.93-1.00) พันธุ์ KDML105 และ SPT1 งอกได้ดีเฉพาะช่วงฤดูฝน (0.80-0.85) ส่วนพันธุ์ BT, KP และ KM-02 งอกได้ดีในช่วงฤดูหนาว (0.80-1.00) ในขณะที่พันธุ์ GW42 และ RD4 มีสัดส่วนการงอกค่อนข้างต่ำทั้งในช่วงฤดูฝน (0.65) และช่วงฤดูหนาว (0.30-0.40) (ภาพ 19ก) การทดสอบสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร พบว่า ในช่วงฤดูฝนมีค่าเฉลี่ย (0.68) สูงกว่าฤดูหนาว (0.32) โดยกลุ่มพันธุ์ที่มีสัดส่วนการงอกสูง (มากกว่า 0.80) ทั้ง

สองฤดูมีสัดส่วนเมล็ดที่รากลยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว 0.85 และ 0.66 ตามลำดับ กลุ่มพันธุ์ที่งอกได้ดีเฉพาะช่วงฤดูฝนมีค่า 0.63 และ 0.10 ตามลำดับ กลุ่มพันธุ์ที่งอกดีช่วงฤดูหนาวมีค่า 0.67 และ 0.40 ตามลำดับ ส่วนกลุ่มพันธุ์ที่สัดส่วนการงอกต่ำทั้งสองฤดูมีค่า 0.57 และ 0.03 ตามลำดับ (ภาพ 19ข)



ภาพ 19 ประสิทธิภาพการงอกของเมล็ดในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว

ก) สัดส่วนการงอกของเมล็ด

ข) สัดส่วนเมล็ดที่รากลยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร

การเปรียบเทียบสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ทั้งสองฤดูพบว่า กลุ่มพันธุ์ที่สัดส่วนการงอกสูงทั้งสองฤดูมีสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ลดลง (22.35%) น้อยกว่ากลุ่มพันธุ์ที่สัดส่วนการงอกต่ำช่วงฤดูฝน (40.30%) ต่ำช่วงฤดูหนาว (84.13%) และต่ำทั้งสองฤดู (92.98%) ประมาณ 2-4 เท่า พันธุ์ข้าวที่สามารถงอกและเจริญเติบโตได้ดีทั้งในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว เป็นพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพการงอกสูงกว่าพันธุ์ที่ลักษณะการงอกผันแปรไปตามสภาพแวดล้อม ซึ่งผลการศึกษครั้งนี้พบว่าพันธุ์ HN, JK และ MJ3 มีประสิทธิภาพการงอกสูงเนื่องจากมีสัดส่วนการงอกและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตรสูงทั้งฤดูฝนและฤดูหนาว ในขณะที่พันธุ์ GW42 มีสัดส่วนการงอกและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร ต่ำในช่วงฤดูฝนและลดลงมากกว่าพันธุ์อื่นในช่วงฤดูหนาว (50% และไม่งอก ตามลำดับ) พันธุ์ GW42 เป็นพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพการงอกต่ำที่สุดเมื่อเปรียบเทียบภายในกลุ่มพันธุ์ที่ใช้ทดสอบ

บทที่ 5

พฤติกรรมของยีนควบคุมการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบ

ลักษณะสีส่วนลำต้นและใบ

ลักษณะสีส่วนลำต้นและใบในประชากรพ่อแม่และลูกผสมชั่วที่ 1

การปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ เชื้อวใบและเส้นใบในประชากรพ่อแม่มีความแตกต่างกัน โดยพันธุ์ HN ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ เชื้อวใบ และเส้นใบ ส่วนพันธุ์ที่ไม่ปรากฏสีม่วง ได้แก่ CN1, KDML105, JK, R258, MJ3 และ KM-02 ในขณะที่ RD4 ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ เส้นใบ แต่เชื้อวใบไม่ปรากฏสีม่วง (ตาราง 8) ซึ่งการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบที่แตกต่างกันในข้าวแต่ละพันธุ์แสดงให้เห็นว่าประชากรพ่อแม่มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการปรากฏสีม่วงหรือการไม่ปรากฏสีม่วง

ตาราง 8 การปรากฏสีแผ่นใบ กาบใบ เชื้อวใบ และเส้นใบ ในประชากรพ่อแม่ 8 พันธุ์

พันธุ์	การปรากฏสีม่วง*			
	แผ่นใบ	กาบใบ	เส้นใบ	เชื้อวใบ
HN	+	+	+	+
MJ3	—	—	—	—
KM-02	—	—	—	—
R258	—	—	—	—
RD4	+	+	+	—
JK	—	—	—	—
CN1	—	—	—	—
KDML105	—	—	—	—

หมายเหตุ * เครื่องหมาย + หมายถึง ปรากฏสีม่วง และ — หมายถึง ไม่ปรากฏสีม่วง

เมื่อผสมพันธุ์ข้าวระหว่างพันธุ์แม่หรือพ่อที่ส่วนลำต้นและใบแสดงลักษณะสีม่วง กับพันธุ์ที่ไม่ปรากฏสีม่วง พบว่า ลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) ของทุกสายพันธุ์ในกลุ่มผสม HN×MJ3, HN×KM-02, HN×JK และ R258×RD4 ปรากฏลักษณะสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ เชี่ยวใบ และ ลิ้นใบ (ตาราง 9) แสดงว่ายีนควบคุมการไม่ปรากฏสีม่วงไม่สามารถแสดงออก เมื่ออยู่ร่วมกับยีน ควบคุมการปรากฏสีม่วง จึงเป็นไปได้ว่าการแสดงออกของลักษณะนี้เป็นการแสดงผลเนื่องมาจากการข้ามของยีน โดยยีนควบคุมลักษณะสีม่วงมีบทบาทขัดขวางการทำงานของยีนที่ควบคุมการไม่ปรากฏสีม่วง หากสันนิษฐานว่า การปรากฏสีม่วงมียีนเกี่ยวข้อง 1 ยีน โดยอัลลีลเด่นข้ามอัลลีลคือย ประชากร F_1 ที่มาจากพ่อหรือแม่ที่ปรากฏสีม่วงต้องปรากฏสีม่วงทั้งหมด ส่วนกลุ่มผสมที่ทั้งพ่อและแม่ไม่ปรากฏสีม่วงต้องไม่ปรากฏสีม่วงทั้งหมด ซึ่งไม่สอดคล้องกับประชากร F_1 ของกลุ่มผสม KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 ที่แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วง แต่กลับปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบและกาบใบ ส่วนเชียวใบและลิ้นใบไม่ปรากฏสีม่วง สำหรับกลุ่มผสม CN1×MJ3 ปรากฏสีม่วงบนกาบใบแต่แผ่นใบ เชียวใบ และลิ้นใบไม่ปรากฏสีม่วง (ตาราง 9) จึงอนุมานได้ว่าข้าวทุกพันธุ์ที่ทดสอบมียีนควบคุมลักษณะสีม่วงต่างพันธุ์อยู่ในสภาพที่ไม่สามารถแสดงออก เมื่อยีนมีการจัดเรียงตัวใหม่มีผลให้ประชากรลูกผสม F_1 มีโอกาสที่จะได้รับอิทธิพลของยีนดัดแปลงที่มีผลยับยั้ง และ/หรือมีปฏิสัมพันธ์ซึ่งกันและกัน (complementary action)

ตาราง 9 การปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ เชียวใบ และลิ้นใบ ในประชากร F_1 จำนวน 7 กลุ่มผสม

กลุ่มผสม	การปรากฏสีม่วง			
	แผ่นใบ	กาบใบ	ลิ้นใบ	เชียวใบ
HN×MJ3	+	+	+	+
HN×KM-02	+	+	+	+
HN×JK	+	+	+	+
R258×RD4	+	+	+	+
CN1×MJ3	+	+	—	—
KDML105×MJ3	+	+	+	—
KDML105×KM-02	+	+	—	—

หมายเหตุ * เครื่องหมาย + หมายถึง ปรากฏสีม่วง และ — หมายถึง ไม่ปรากฏสีม่วง

ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะสีส่วนลำต้นและใบ

การศึกษาความสัมพันธ์ของการปรากฏสีบนส่วนลำต้นและใบ พบว่า การปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงมีสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างลักษณะของแผ่นใบ กาบใบ ลิ้นใบ และเขียวใบ โดยแผ่นใบและกาบใบมีการปรากฏสีเหมือนกัน ($r = 1.000$) การปรากฏสีระหว่างลิ้นใบกับแผ่นใบและกาบใบมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เท่ากัน ($r = 0.988, p < 0.001$) ในขณะที่การปรากฏสีระหว่างเขียวใบกับแผ่นใบ กาบใบ และลิ้นใบมีสหสัมพันธ์กันน้อยกว่าลักษณะอื่น ($r = 0.760-0.769, p < 0.001$) (ตาราง 10)

สำหรับความสัมพันธ์ของการปรากฏสีบนส่วนลำต้นและใบในประชากร F_2 ของแต่ละคู่ผสม พบว่า ลักษณะต่างๆ มีสหสัมพันธ์ซึ่งกันและกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $p < 0.001$ ($r = 0.401-0.958$) และความสัมพันธ์ของการปรากฏสีลักษณะต่างๆ ในแต่ละคู่ผสมมีแนวโน้มในทิศทางเดียวกัน โดยการปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบกับกาบใบ ($r = 0.602-0.958, p < 0.001$) และบนลิ้นใบกับเขียวใบ ($r = 0.670-0.954, p < 0.001$) ของทุกคู่ผสมแสดงสหสัมพันธ์ทางบวกสูง ประชากรข้าวที่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบและลิ้นใบมีแนวโน้มมีกาบใบและเขียวใบสีม่วง ตามลำดับ ในขณะที่การปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบกับลิ้นใบ ($r = 0.441-0.828, p < 0.001$) แผ่นใบกับเขียวใบ ($r = 0.401-0.874, p < 0.001$) กาบใบกับลิ้นใบ ($r = 0.562-0.867, p < 0.001$) และกาบใบกับเขียวใบ ($r = 0.537-0.912, p < 0.001$) มีสหสัมพันธ์แตกต่างกันในแต่ละคู่ผสม โดยคู่ผสม KDML105×MJ3 ($r = 0.828-0.958, p < 0.001$) มีสหสัมพันธ์ของลักษณะดังกล่าวสูง ส่วน R258×RD4 มีสหสัมพันธ์กันน้อยกว่าคู่ผสมอื่น ($r = 0.404-0.821, p < 0.001$) (ตาราง 10) ทั้งนี้เนื่องจากประชากร F_2 ของคู่ผสม KDML105×MJ3 ซึ่งพ่อและแม่ไม่ปรากฏสีม่วง ส่วนใหญ่แสดงลักษณะไม่ปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบเหมือนพ่อและแม่ ในขณะที่ R258×RD4 ซึ่งพันธุ์พ่อมีทั้งส่วนที่ปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วง มีโอกาสกระจายตัวที่ส่วนใดส่วนหนึ่งปรากฏสีม่วงเหมือนพ่อแต่ส่วนอื่นไม่ปรากฏสีม่วงเหมือนแม่ได้มากกว่า KDML105×MJ3 เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์การปรากฏสีระหว่างส่วนต่างๆ มีผลให้ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์น้อยกว่าคู่ผสมอื่น

ตาราง 10 ความสัมพันธ์ของลักษณะสีม่วงและสีเขียวหรือขาวระหว่างลักษณะแผ่นใบ กาบใบ
 ลิ่นใบ และเขียวใบในประชากรพ่อแม่และ F_2

ประชากร	ลักษณะ	คู่ผสม	ลักษณะ		
			กาบใบ	ลิ่นใบ	เขียวใบ
พ่อแม่	แผ่นใบ		1.000 ^{***}	0.988 ^{***}	0.760 ^{***}
	กาบใบ			0.988 ^{***}	0.760 ^{***}
	ลิ่นใบ				0.769 ^{***}
F_2	แผ่นใบ	HN×MJ3	0.732 ^{***}	0.595 ^{***}	0.645 ^{***}
		HN×KM-02	0.803 ^{***}	0.819 ^{***}	0.788 ^{***}
		HN×JK	0.829 ^{***}	0.775 ^{***}	0.781 ^{***}
		R258×RD4	0.821 ^{***}	0.441 ^{***}	0.401 ^{***}
		CN1×MJ3	0.602 ^{***}	0.558 ^{***}	0.464 ^{***}
		KDML105×MJ3	0.958 ^{***}	0.828 ^{***}	0.874 ^{***}
		KDML105×KM-02	0.745 ^{***}	0.582 ^{***}	0.557 ^{***}
	กาบใบ	HN×MJ3		0.645 ^{***}	0.692 ^{***}
		HN×KM-02		0.794 ^{***}	0.773 ^{***}
		HN×JK		0.748 ^{***}	0.778 ^{***}
		R258×RD4		0.602 ^{***}	0.563 ^{***}
		CN1×MJ3		0.577 ^{***}	0.571 ^{***}
		KDML105×MJ3		0.867 ^{***}	0.912 ^{***}
		KDML105×KM-02		0.562 ^{***}	0.537 ^{***}
	ลิ่นใบ	HN×MJ3			0.875 ^{***}
		HN×KM-02			0.897 ^{***}
		HN×JK			0.878 ^{***}
		R258×RD4			0.735 ^{***}
		CN1×MJ3			0.670 ^{***}
		KDML105×MJ3			0.954 ^{***}
		KDML105×KM-02			0.795 ^{***}

หมายเหตุ *** มีสหสัมพันธ์กันในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ เมื่อทดสอบด้วยสถิติ Phi and Cramer's V

การกระจายตัวของลักษณะสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบในประชากร F_2

การกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบในประชากร F_2 มีความแตกต่างกันในแต่ละกลุ่มผสมเมื่อทดสอบสมมติฐานในกรณีที่มียีนควบคุมลักษณะ 1 ยีน หรือมากกว่า 1 ยีน ที่มีปฏิสัมพันธ์กัน โดยทดสอบอัตราส่วน 3:1, 9:7 และ 43:21 ในกลุ่มผสมที่ค่าสังเกตการปรากฏสีม่วงมากกว่าไม่ปรากฏ และทดสอบอัตราส่วน 7:9, 3:13 และ 21:43 ในกลุ่มผสมที่การปรากฏสีม่วงน้อยกว่าไม่ปรากฏ ผลการทดสอบโดยใช้ χ^2 -test พบการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วง ดังนี้

การปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ

การทดสอบในกลุ่มผสมที่พันธุ์แม่หรือพ่อมีแผ่นใบสีม่วงและ F_1 ปรากฏสีม่วง พบว่า กลุ่มผสม HN×MJ3, HN×KM-02, HN×JK และ R258×RD4 มีค่าสังเกตของจำนวนต้นที่ปรากฏ : ไม่ปรากฏสีม่วง เป็น 111:55, 266:148, 379:192 และ 42:27 ตามลำดับ ส่วนใหญ่มีการกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 3:1 ($\chi^2 = 7.35-25.51, p < 0.01$) และ 9:7 ($\chi^2 = 7.60-23.79, p < 0.01$) ยกเว้นกลุ่มผสม HN×MJ3 ที่สอดคล้องกับอัตราส่วน 3:1 และ R258×RD4 สอดคล้องกับอัตราส่วน 9:7 ($\chi^2 = 5.89, p = 0.016$ และ $\chi^2 = 0.60, p = 0.439$ ตามลำดับ) แต่เมื่อทดสอบกับอัตราส่วน 43:21 พบว่า ทุกกลุ่มผสมมีการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงไม่มีความแตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหวัง ($\chi^2 = 0.31-1.62, p = 0.203-0.679$) (ตาราง 11)

การทดสอบในกลุ่มผสมที่พันธุ์แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วงแต่ F_1 ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ พบว่า CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีค่าสังเกตของจำนวนต้นที่ปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงในอัตราส่วน 74:95, 16:47 และ 72:151 ตามลำดับ การทดสอบอัตราส่วน 7:9, 3:13 และ 21:43 พบว่า กลุ่มผสม KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีการกระจายตัวไม่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 21:43 ($\chi^2 = 0.03-1.57, p = 0.210-0.867$) ส่วน CN1×MJ3 ไม่แตกต่างทางสถิติจาก 7:9 ($\chi^2 < 0.001, p = 0.992$) แต่เมื่อทดสอบกับอัตราส่วน 3:13 พบว่า ทุกกลุ่มผสมกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหวัง ($\chi^2 = 69.54-216.98, p < 0.001$) (ตาราง 11)

สำหรับการทดสอบในกลุ่มผสมที่มีพ่อหรือแม่ร่วมกัน ได้แก่ HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK โดยทดสอบการกระจายตัวในอัตราส่วน 7:9, 3:13 และ 21:43 เช่นเดียวกับ CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 พบว่า ทุกกลุ่มผสมมีสัดส่วนการกระจายตัว

แตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหวัง ($\chi^2 = 36.05-118.77, p < 0.001$; $\chi^2 = 252.28-850.11, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 87.33-291.75, p < 0.001$ ตามลำดับ) ส่วนการทดสอบอัตราส่วน 3:1, 9:7 และ 43:21 ใน คู่ผสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 พบว่า ทุกคู่ผสมมีการกระจายตัว แตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหวัง ($\chi^2 = 82.67-216.98, p < 0.001$; $\chi^2 = 10.67-52.03, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 41.98-123.21, p < 0.001$ ตามลำดับ) (ตาราง 11)

ตาราง 11 การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบในประชากร F_2

คู่ผสม	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	3:1		9:7		43:21	
	χ^2	p-value	χ^2	p-value	χ^2	p-value
HN×MJ3	5.89	0.016	7.60	<0.006	0.008	0.930
HN×KM-02	25.51	<0.001	10.77	<0.002	0.31	0.580
HN×JK	22.66	<0.001	23.79	<0.001	0.17	0.679
R258×RD4	7.35	<0.008	0.60	0.439	1.25	0.264
CN1×MJ3	87.81	<0.001	10.67	<0.002	41.98	<0.001
KDML105×MJ3	82.67	<0.001	24.37	<0.001	49.91	<0.001
KDML105×KM-02	216.98	<0.001	52.03	<0.001	123.21	<0.001
	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	7:9		3:13		21:43	
	χ^2	p-value	χ^2	p-value	χ^2	p-value
HN×MJ3	36.05	<0.001	252.28	<0.001	87.33	<0.001
HN×KM-02	64.31	<0.001	562.63	<0.001	185.61	<0.001
HN×JK	118.77	<0.001	850.11	<0.001	291.75	<0.001
R258×RD4	8.22	<0.005	80.35	<0.001	24.64	<0.001
CN1×MJ3	<0.001	0.992	69.54	<0.001	9.23	<0.003
KDML105×MJ3	8.62	<0.004	82.67	<0.001	1.57	0.210
KDML105×KM-02	11.91	<0.001	216.98	<0.001	0.03	0.867

การกระจายตัวการปรากฏสีม่วงและไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบทุกกลุ่มผสมส่วนใหญ่ไม่ สอดคล้องกับอัตราส่วน 3:1 แสดงให้เห็นว่า การปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบไม่เป็นไปตามสมมุติฐานที่ถูกควบคุมด้วย 1 ยีน ที่มีการแสดงออกแบบข่มสมบูรณ์ (complete dominance) โดยในกลุ่มผสม HN×MJ3, HN×KM-02, HN×JK และ R258×RD4 มีกระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 43:21 ซึ่งเป็นไปได้ที่มียีนที่มีบทบาทต่อการแสดงลักษณะ 3 ยีน โดยมียีนหลัก 2 ยีน ที่แสดงปฏิสัมพันธ์แบบ complementary และยีนดัดแปลง 1 ยีน ที่แสดงผลต่อยีนหลัก (Sahu et al., 2010) ส่วนกลุ่มผสมที่ทั้งแม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วง ได้แก่ KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีการกระจายตัวอัตราส่วน 21:43 จำนวนยีนที่คาดหมายสามารถเป็น 3 ยีน เช่นเดียวกัน แต่ยีนดัดแปลงอาจแสดงปฏิสัมพันธ์กับยีนหลักแตกต่างกันมีผลให้สัดส่วนการกระจายตัวเป็นไปในทิศทางตรงกันข้าม ในขณะที่กลุ่มผสม CN1×MJ3 กระจายตัวในอัตราส่วน 7:9 ซึ่งเป็นปฏิกริยาของยีนด้อยในสภาพ homozygous ของตำแหน่งหนึ่งข่มยีนอีกตำแหน่งหนึ่ง (Sahu et al., 2010)

การปรากฏสีม่วงบนกาบใบ

การกระจายตัวในกลุ่มผสมที่พันธุ์แม่หรือพ่อและประชากร F_1 แสดงลักษณะสีม่วงพบว่า HN×MJ3, HN×KM-02, HN×JK และ R258×RD4 มีค่าสังเกตของจำนวนประชากรที่ปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงเป็น 98:68, 260:211, 62:107 และ 40:29 ตามลำดับ เมื่อทดสอบกับอัตราส่วน 43:21 พบว่า ทุกกลุ่มผสมมีการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏ สีม่วงบนกาบใบที่ไม่แตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหมายที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 5.00, p = 0.025$; $\chi^2 = 1.64, p = 0.200$; $\chi^2 = 4.44, p = 0.035$ และ $\chi^2 = 2.66, p = 0.103$ ตามลำดับ) (ตาราง 12) แต่มีการกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 3:1 ($\chi^2 = 10.67-43.51, p < 0.002$) และ 9:7 ($\chi^2 = 10.39-10.72, p < 0.002$) ยกเว้น HN×MJ3 และ R258×RD4 ที่กระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 9:7 ($\chi^2 = 0.52, p = 0.469$ และ $\chi^2 = 0.08, p = 0.773$)

การทดสอบในกลุ่มผสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีค่าสังเกตจำนวนต้นที่ปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงเท่ากับ 62:107, 15:48 และ 75:148 ตามลำดับ โดยทุกกลุ่มผสมมีการกระจายตัวไม่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 21:43 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 1.15, p = 0.283$; $\chi^2 = 2.32, p = 0.128$ และ $\chi^2 = 0.07, p = 0.794$ ตามลำดับ) (ตาราง 12) แต่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 7:9 และ 3:13 ($\chi^2 = 9.28-10.18, p < 0.002$ และ $\chi^2 = 69.54-216.98, p < 0.001$) ยกเว้นกลุ่มผสม CN1×MJ3 ที่ไม่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 7:9 ($\chi^2 = 3.43, p = 0.064$) และ KDML105×MJ3 ไม่แตกต่างทางสถิติกับ 3:13 ($\chi^2 = 1.83, p = 0.176$)

สำหรับการทดสอบอัตราส่วนในกลุ่มสมที่มีแม่หรือพ่อพันธุ์เดียวกัน พบว่า กลุ่มสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK มีการกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 7:9, 21:43 และ 3:13 ($\chi^2 = 15.76-86.40, p < 0.001$; $\chi^2 = 51.78-236.77, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 176.85-735.47, p < 0.001$ ตามลำดับ) ส่วนกลุ่มสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีการกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 3:1, 9:7 และ 43:21 ($\chi^2 = 43.51-132.31, p < 0.001$; $\chi^2 = 26.28-46.36, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 53.77-113.89, p < 0.001$ ตามลำดับ) (ตาราง 12)

ตาราง 12 การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนกาบใบในประชากร F₂

กลุ่มสม	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	3:1		9:7		43:21	
	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value
HN×MJ3	22.56	<0.001	0.52	0.469	5.00	0.025
HN×KM-02	25.21	<0.001	10.39	<0.002	1.64	0.200
HN×JK	43.51	<0.001	10.72	<0.002	4.44	0.035
R258×RD4	10.67	<0.002	0.08	0.773	2.66	0.103
CN1×MJ3	132.31	<0.001	26.28	<0.001	71.32	<0.001
KDML105×MJ3	88.05	<0.001	26.94	<0.001	53.77	<0.001
KDML105×KM-02	203.53	<0.001	46.36	<0.001	113.09	<0.001
	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	7:9		3:13		21:43	
	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value
HN×MJ3	15.76	<0.001	176.85	<0.001	51.78	<0.001
HN×KM-02	68.81	<0.001	549.10	<0.001	1.64	<0.001
HN×JK	86.40	<0.001	735.47	<0.001	236.77	<0.001
R258×RD4	5.67	0.017	69.67	<0.001	19.81	<0.001
CN1×MJ3	3.43	0.064	35.69	<0.001	1.15	0.283
KDML105×MJ3	10.18	<0.002	1.06	0.304	2.32	0.128
KDML105×KM-02	9.28	<0.003	32.42	<0.001	0.07	0.794

การปรากฏสีม่วงและไม่ปรากฏสีม่วงบนกาบใบในประชากร F_2 ทุกคู่ผสมที่พันธุ์แม่หรือพ่อปรากฏสีม่วง มีการกระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 43:21 ในขณะที่คู่ผสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 ที่แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วงมีการกระจายตัวในอัตราส่วน 21:43 จึงเป็นได้ว่าการปรากฏสีม่วงบนกาบใบมีลักษณะเช่นเดียวกับลักษณะแผ่นใบ โดยการแสดงออกของลักษณะทั้งสองอาจจะเกี่ยวข้องกับสมมุติฐานที่มียีนควบคุมลักษณะ 3 ยีน โดยมียีนข่ม 2 ยีน แสดงปฏิสัมพันธ์แบบ complementary effect และอีก 1 ยีน เป็นยีนดัดแปลงที่แสดงผลอย่างอิสระ

การปรากฏสีม่วงบนลิ้นใบ

การกระจายในกลุ่มผสมที่แม่หรือพ่อสีม่วง พบว่า HN×MJ3, HN×KM-02, HN×JK และ R258×RD4 มีจำนวนค่าสังเกตของประชากรที่ปรากฏสีม่วงและไม่ปรากฏสีม่วงบนลิ้นใบเป็น 93:73, 242:163, 348:223 และ 23:46 ตามลำดับ โดยคู่ผสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK มีการกระจายตัวไม่แตกต่างกันทางสถิติจากอัตราส่วน 9:7 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 0.003, p = 0.95$; $\chi^2 = 2.02, p = 0.155$ และ $\chi^2 = 5.12, p = 0.024$ ตามลำดับ) แต่พบความแตกต่างทางสถิติในกลุ่มผสม R258×RD4 ($\chi^2 = 14.72, p < 0.001$) (ตาราง 13) ส่วนการทดสอบกับอัตราส่วน 3:1 และ 43:21 พบว่า ทุกคู่ผสมมีการกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหวัง ($\chi^2 = 31.88-63.89, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 9.38-35.87, p < 0.002$ ตามลำดับ) อย่างไรก็ตาม สำหรับ R258×RD4 ซึ่งพันธุ์พ่อมีลิ้นใบสีม่วงมีการกระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 7:9 และ 21:43 ($\chi^2 = 3.04, p = 0.081$ และ $\chi^2 = 0.008, p = 0.927$) (ตาราง 13)

การทดสอบในกลุ่มผสมที่แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วงบนลิ้นใบ พบว่า CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีจำนวนต้นที่ปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงเท่ากับ 34:135, 14:49 และ 45:178 ตามลำดับ โดยทุกคู่ผสมมีการกระจายตัวไม่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 3:13 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 0.21, p = 0.649$; $\chi^2 = 0.50, p = 0.480$ และ $\chi^2 = 0.30, p = 0.585$ ตามลำดับ) แต่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 7:9 และ 21:43 ($\chi^2 = 0.11.86-50.34, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 12.35-16.14, p < 0.001$ ตามลำดับ) ยกเว้นในกลุ่มผสม KDML105×MJ3 ที่มีการกระจายตัวสอดคล้องกับค่าคาดหวัง 21:43 ($\chi^2 = 3.21, p = 0.073$) (ตาราง 12)

สำหรับการทดสอบอัตราส่วนของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงในกลุ่มผสมต่างๆ ที่มีแม่หรือพ่อพันธุ์เดียวกัน พบว่า HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK มีการกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 7:9, 3:13 และ 21:43 ($\chi^2 = 10.16-68.61, p < 0.001$; $\chi^2 = 151.39-$

667.34, $p < 0.001$ และ $\chi^2 = 40.57-204.99$, $p < 0.001$ ตามลำดับ) ส่วนการทดสอบในอัตราส่วน 3:1, 9:7 และ 43:21 ในกลุ่มผสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 พบว่าทุกกลุ่มผสมกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหวัง ($\chi^2 = 93.59-357.43$, $p < 0.001$; $\chi^2 = 29.64-117.90$, $p < 0.001$ และ $\chi^2 = 57.78-223.52$, $p < 0.001$ ตามลำดับ)

ตาราง 13 การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนลิ้นใบในประชากร F_2

กลุ่มผสม	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	3:1		9:7		43:21	
	χ^2	p-value	χ^2	p-value	χ^2	p-value
HN×MJ3	31.88	<0.001	0.003	0.953	9.38	<0.003
HN×KM-02	20.21	<0.001	2.02	0.155	10.15	<0.002
HN×JK	60.15	<0.001	5.12	0.024	10.09	<0.002
R258×RD4	63.89	<0.001	14.72	<0.001	35.87	<0.001
CN1×MJ3	271.48	<0.001	89.65	<0.001	169.84	<0.001
KDML105×MJ3	93.59	<0.001	29.64	<0.001	57.78	<0.001
KDML105×KM-02	357.43	<0.001	117.90	<0.001	223.52	<0.001
	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	7:9		3:13		21:43	
	χ^2	p-value	χ^2	p-value	χ^2	p-value
HN×MJ3	10.16	<0.001	151.39	<0.001	40.57	<0.001
HN×KM-02	42.15	<0.001	446.95	<0.001	133.33	<0.001
HN×JK	66.61	<0.001	667.34	<0.001	204.99	<0.001
R258×RD4	3.04	0.081	9.63	<0.001	0.008	0.927
CN1×MJ3	38.35	<0.001	0.21	0.649	12.35	<0.001
KDML105×MJ3	11.86	<0.002	0.50	0.480	3.21	0.073
KDML105×KM-02	50.34	<0.001	0.30	0.584	16.14	<0.001

การปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนล้นใบในกลุ่มสมที่พันธุ์แม่หรือพ่อสีม่วง พบว่า กลุ่มสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK กระจายตัวตามค่าคาดหวัง 9:7 ซึ่งเป็นไปตาม สมมุติฐานที่อาจเกี่ยวข้องกับการทำงานของยีนควบคุมลักษณะ 2 ยีน ที่มีปฏิสัมพันธ์แบบ complementary effect (Ghose et al, 1963) ส่วน R258×RD4 ที่กระจายตัวอัตราส่วน 7:9 และ 21:43 สอดคล้องกับการทดสอบบนสมมุติฐานที่เกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะ 2 ยีน โดยเป็นปฏิกิริยา ของยีนด้อยในสภาพ homozygous ข่มยีนอีกตำแหน่งหนึ่ง หรือเป็นการทำงานของยีนควบคุม ลักษณะ 3 ยีน โดยมียีนหลัก 2 ยีน แสดงปฏิสัมพันธ์แบบ complementary effect และอีก 1 ยีนเป็น ยีนดัดแปลงที่แสดงผลต่อยีนหลักเช่นเดียวกับการปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบและกาบใบในกลุ่มสมที่ พ่อและแม่ไม่ปรากฏสีม่วง สำหรับการกระจายตัวใน CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 ที่พ่อและแม่ไม่ปรากฏสีม่วงบนล้นใบ ส่วนใหญ่เป็นไปตามอัตราส่วน 3:13 ซึ่งสอดคล้องกับสมมุติฐานที่เกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะมากกว่า 2 ยีน ที่ยีนกลุ่มหนึ่งแสดงผล แบบ pleiotropic effect และอีกกลุ่มหนึ่งยับยั้งการแสดงออกของยีนอื่น (suppressor or inhibitor gene) (Kinoshita and Maekawa, 1986) และเมื่อทดสอบโดยกำหนดให้กลุ่มสมที่มีแม่หรือพ่อพันธุ์ เดียวกันมีจีโนไทป์เหมือนกัน และทดสอบบนสมมุติฐานที่มียีนควบคุมลักษณะ 3 ยีน พบว่า ใน กลุ่มสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีการกระจายตัวไม่สอดคล้องกับ อัตราส่วน 3:13 จึงเป็นไปได้ที่การปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนล้นใบเกี่ยวข้องกับยีนควบคุม ลักษณะมากกว่า 3 ยีน

การปรากฏสีม่วงบนเขียวใบ

การกระจายตัวลักษณะสีของเขียวใบที่พันธุ์แม่หรือพ่อแสดงลักษณะสีม่วง พบว่า ค่าสังเกตของจำนวนต้นที่ปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนเขียวใบในประชากร F_2 กลุ่มสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK เท่ากับ 95:71, 238:167 และ 349:222 ตามลำดับ โดยทุกกลุ่มสมกระจาย ตัวไม่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 9:7 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 0.06, p = 0.799$; $\chi^2 = 1.04, p = 0.308$ และ $\chi^2 = 5.50, p = 0.019$ ตามลำดับ) แต่มีความแตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 3:1 และ 43:21 ($\chi^2 = 27.96-56.93, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 7.47-13.03, p < 0.007$) (ตาราง 14)

การทดสอบในกลุ่มสมที่แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วงบนเขียวใบ พบว่า ประชากร F_2 ของกลุ่มสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3, KDML105×KM-02 และ R258×RD4 มีจำนวนค่า สังเกตของต้นที่ปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงเท่ากับ 30:139 13:50 และ 44:179 ตามลำดับ โดย กลุ่มสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีการกระจายตัวไม่แตกต่างทาง

สถิติจากอัตราส่วน 3:13 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 0.11, p = 0.739$; $\chi^2 = 0.15, p = 0.702$ และ $\chi^2 = 0.14, p = 0.707$ ตามลำดับ) แต่แตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 7:9 ($\chi^2 = 13.68-52.28, p < 0.001$) (ตาราง 14) ส่วนการทดสอบในอัตราส่วน 21:43 พบว่า KDML105×MJ3 และ R258×RD4 กระจายตัวไม่แตกต่างทางสถิติจากค่าคาดหวังที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 4.42, p = 0.400$ และ $\chi^2 = 0.18, p = 0.674$) แต่พบความแตกต่างทางสถิติในกลุ่มผสม CN1×MJ3 และ KDML105×KM-02 ($\chi^2 = 17.39, p < 0.400$ และ $\chi^2 = 17.31, p < 0.001$)

ตาราง 14 การกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนเขียวใบในประชากร F₂

กลุ่มผสม	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	3:1		9:7		43:21	
	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value
HN×MJ3	27.96	<0.001	0.06	0.799	7.47	<0.006
HN×KM-02	56.93	<0.001	1.04	0.038	13.03	<0.001
HN×JK	46.09	<0.001	5.50	0.019	9.53	<0.002
R258×RD4	73.09	<0.001	18.69	<0.001	34.18	<0.001
CN1×MJ3	295.40	<0.001	101.78	<0.001	187.34	<0.001
KDML105×MJ3	99.31	<0.001	32.47	<0.001	61.93	<0.001
KDML105×KM-02	363.30	<0.001	120.85	<0.001	227.81	<0.001
	ค่าคาดหวัง (ปรากฏสีม่วง : ไม่ปรากฏ)					
	7:9		3:13		21:43	
	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value	χ^2	<i>p</i> -value
HN×MJ3	12.26	<0.001	161.34	<0.001	44.89	<0.001
HN×KM-02	37.10	<0.001	425.68	<0.001	123.74	<0.001
HN×JK	207.56	<0.001	723.89	<0.001	231.31	<0.001
R258×RD4	4.97	0.026	6.18	0.013	0.18	0.674
CN1×MJ3	46.42	<0.001	0.11	0.739	17.39	<0.001
KDML105×MJ3	13.68	<0.001	0.15	0.701	4.24	0.040
KDML105×KM-02	52.28	<0.001	0.14	0.707	17.31	<0.001

สำหรับการทดสอบอัตราส่วนในกลุ่มสมที่มีแม่หรือพ่อพันธุ์เดียวกัน พบว่า HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK มีการกระจายตัวของการปรากฏสีม่วงและไม่ปรากฏสีม่วงแตกต่างกันทางสถิติจากอัตราส่วน 7:9, 3:13 และ 21:43 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 12.26-207.56, p < 0.001$; $\chi^2 = 161.34-723.89, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 44.89-231.31, p < 0.001$ ตามลำดับ) ส่วนการทดสอบในกลุ่มสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 พบว่า ทุกกลุ่มสมมีการกระจายตัวแตกต่างทางสถิติจากอัตราส่วน 3:1, 9:7 และ 43:21 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ($\chi^2 = 99.31-363.30, p < 0.001$; $\chi^2 = 32.47-132.47, p < 0.001$ และ $\chi^2 = 61.93-227.81, p < 0.001$ ตามลำดับ) (ตาราง 14)

การปรากฏสีม่วงและไม่ปรากฏสีม่วงบนเขียวใบในกลุ่มสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK ที่แม่หรือพ่อสีม่วงพบว่า มีการกระจายตัวในอัตราส่วน 9:7 จึงเป็นไปได้ที่การปรากฏสีบนเขียวใบเกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะ 2 ยีน ที่แสดงปฏิกิริยาแบบ complementary effect ในขณะที่กลุ่มสมที่ทั้งแม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วง พบว่า CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีการกระจายตัวในอัตราส่วน 3:13 สอดคล้องกับสมมุติฐานที่มียีนที่มีบทบาทต่อการแสดงลักษณะมากกว่า 2 ยีน โดยกลุ่มยีนบางกลุ่มแสดงพฤติกรรมแบบ pleiotropic effect และบางกลุ่มแสดงผลยับยั้งการทำงานของยีนอื่น ส่วนกลุ่มสม R258×RD4 กระจายตัวไม่แตกต่างจากอัตราส่วน 21:43 อาจมียีนเกี่ยวข้อง 3 ยีน

แบบจำลองพฤติกรรมการแสดงออกของยีนควบคุมการปรากฏสีม่วง บนส่วนลำต้นและใบ

สมมุติฐานของยีนควบคุมการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบ

การทดสอบการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ ลิ้นใบ และเขียวใบในประชากร F_2 ตามอัตราส่วน 9:7, 43:21, 7:9 และ 21:43 สอดคล้องกับค่าคาดหวังที่เกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะ 2-3 ยีน ในขณะที่อัตราส่วน 3:13 อยู่บนข้อสันนิษฐานที่มากกว่า 2 ยีน (Kinoshita and Maekawa, 1986) เมื่อกำหนดแบบจำลองจีโนไทป์ของแม่และพ่อตามทฤษฎีทางพันธุศาสตร์บนสมมุติฐานที่มียีนควบคุมลักษณะ 3 ยีน พบว่า การกระจายตัวของประชากร F_2 สอดคล้องกับค่าคาดหวังที่ทดสอบเพียงบางกลุ่มสม จึงเป็นไปได้ที่การปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงเกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะมากกว่า 3 ยีน จากการทดสอบแบบจำลองพฤติกรรมการแสดงออกของยีนควบคุมการปรากฏสีม่วง พบว่า สอดคล้องกับสมมุติฐานที่มียีนควบคุม

ลักษณะ 6 ยีน (Ghose et al., 1963) โดยมีข้อสันนิษฐานเบื้องต้นเกี่ยวกับการทำงานของยีนกลุ่มต่างๆ ดังนี้

1. **กลุ่มยีนหลัก** กำหนดให้มียีนหลัก (major genes) 2 ยีน จากกลุ่มยีนโครงสร้าง ซึ่งเป็นยีนพื้นฐาน 2 ยีน (Takahashi, 1957; Chang (1964) ที่ควบคุมการสร้างสารสีม่วงและสร้างสารสีอื่น กำหนดสัญลักษณ์เป็น P และ G ตามลำดับ โดยอัลลีลเด่นยีน P ข่มอัลลีลเด่นยีน G (P_ ข่ม G_) ส่วนยีน G ในสภาพ homozygous recessive ข่มอัลลีลเด่นยีน P (gg ข่ม P_) ในขณะที่ homozygous recessive ของยีน P (pp) ไม่สร้างสารสีม่วง จีโนไทป์ที่เป็น P_G_ จึงแสดงลักษณะปรากฏสีม่วง ส่วนจีโนไทป์ที่ปรากฏ gg หรือ pp ไม่ปรากฏสีม่วง

2. **กลุ่มยีนดัดแปลง** กำหนดยีนดัดแปลง (modifier genes) 4 ยีน (Kinoshita, 1995) โดยให้สัญลักษณ์เป็น A, B, C และ D มีผลร่วมกันในการยับยั้งการแสดงออกของยีนหลักบนสมมุติฐาน ต่อไปนี้

2.1 ยีน A ในสภาพ homozygous recessive หรือ heterozygous ทำงานร่วมกับยีน G ในสภาพ homozygous dominance ยับยั้งการแสดงออกของอัลลีลเด่นยีน P (aa หรือ AaGG ข่ม P_) มีผลทำให้จีโนไทป์ที่มี P_aa หรือ P_GGAa ไม่สร้างสารสีม่วง

2.2 ยีน B ในสภาพ heterozygous ทำงานร่วมกับยีน A ในสภาพ heterozygous โดยมีผลร่วมกันยับยั้งการทำงานของยีน G ที่อยู่ในสภาพ homozygous recessive (AaBb ข่ม gg) และเมื่ออยู่ในสภาพ homozygous dominance ทำงานร่วมกับยีน C ในสภาพ homozygous recessive มีผลยับยั้งไม่ให้อัลลีลด้อยของยีน A แสดงออก (BBcc ข่ม aa) ทำให้จีโนไทป์ที่มี P_ggAaBb หรือ P_aaBBcc ปรากฏสีม่วง

2.3 ยีน C ในสภาพ homozygous recessive ยับยั้งการแสดงออกของอัลลีลด้อยยีน G (cc ข่ม gg) ทำให้จีโนไทป์ที่มี P_ggcc ปรากฏสีม่วง ส่วน P_CCD_ ไม่ปรากฏสีม่วง

2.4 ยีน D ที่อยู่ในสภาพ homozygous recessive ไม่มีผลต่อยีนหลักและยีนดัดแปลง A B และ C แต่อัลลีลเด่นทำงานร่วมกับยีน C ในสภาพ homozygous dominance โดยมีผลยับยั้งการแสดงออกของยีน P (CCD_ ข่ม P_) ทำให้จีโนไทป์ที่มี P_CCD_ ไม่ปรากฏสีม่วง ส่วน P_CcD_ และ P_C_dd ปรากฏสีม่วง

2.5 ในกรณีที่ยีนดัดแปลงทั้ง 4 ยีน อยู่ในสภาพ homozygous dominance มีผลร่วมกันยับยั้งอัลลีลเด่นยีน P แต่ถ้าอยู่ในสภาพ homozygous recessive สามารถยับยั้งอัลลีลด้อยยีน G ส่งผลให้จีโนไทป์ที่มี P_G_AABBCCDD ไม่ปรากฏสีม่วง แต่ P_ggaabbccdd ปรากฏสีม่วง

แบบจำลองของการปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบและกาบใบในประชากร F_2

การทดสอบสมมุติฐานที่มีขึ้นควบคุมลักษณะ 6 ยีน ในกลุ่มผสมที่พันธุ์แม่หรือพ่อ แสดงลักษณะปรากฏสีม่วงพบว่า ในกลุ่มผสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK ที่มีการกระจายตัวการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงในอัตราส่วน 43:21 สามารถสร้างแบบจำลองการแสดงออกจากความเป็นไปได้ที่ขึ้นดัดแปลง A และ B ไม่มีผลกระทบต่อการแสดงออกของยีนหลัก ในขณะที่ยีน C ในสภาพ homozygous recessive ข่มอัลลีลด้อยของยีน G แต่เมื่ออยู่ในสภาพ homozygous dominance จะทำงานร่วมกับอัลลีลเด่นยีน D และสามารถยับยั้งการสร้างสารสีม่วงของยีน P มีผลทำให้จีโนไทป์ที่มี $P_ggAABBcc$ ปรากฏสีม่วง ส่วนจีโนไทป์ที่ปรากฏ $P_G_CCD_$ ไม่ปรากฏสีม่วง ดังภาพ 20

Parents	PPGGAABBccDD (ม่วง) × PPggAABBCCdd (ไม่ม่วง)	
	↓	
F_1	PPGgAABBCcDd (ม่วง)	
F_2	PPG_AABBCCD_	9 (ไม่ม่วง)
	PPggAABBCCD_	3 (ไม่ม่วง)
	PPG_AABBCCdd	3 (ม่วง)
	PPggAABBCCdd	1 (ไม่ม่วง)
	PPG_AABBCcD_	18 (ม่วง)
	PPggAABBCcD_	6 (ไม่ม่วง)
	PPG_AABBCcdd	6 (ม่วง)
	PPggAABBCcdd	2 (ไม่ม่วง)
	PPG_AABBccD_	9 (ม่วง)
	PPggAABBccD_	3 (ม่วง)
	PPG_AABBccdd	3 (ม่วง)
	PPggAABBccdd	1 (ม่วง)

ภาพ 20 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบและกาบใบในอัตราส่วน 43:21 ในกลุ่มผสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK

กรณีของกลุ่มผสม R258×RD4 ที่มีการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบและกาบใบประชากร F_2 ในอัตราส่วน 9:7 มีความเป็นไปได้ในทางพันธุศาสตร์เมื่อขึ้นดัดแปลงทั้ง 4 ยีน อยู่ในสภาพที่ไม่มีผลต่อการแสดงออกของยีนหลัก ทำให้การแสดงผลของยีนเสมือนกับเป็นการทำงานของยีนหลัก 2 ยีน ที่แสดงปฏิสัมพันธ์แบบ complementary ดังภาพ 21

Parents	ppggAABBCCdd (ไม่ม่วง) × PPGGAABBCCdd (ม่วง)	
	↓	
F_1	PpGgAABBCCdd (ม่วง)	
F_2	G_P_AABBCCdd	9 (ม่วง)
	ppG_AABBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggAABBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	ppggAABBCCdd	1 (ไม่ม่วง)

ภาพ 21 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบและกาบใบในอัตราส่วน 9:7 ในกลุ่มผสม R258×RD4

สำหรับในกลุ่มผสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 ที่แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วง เนื่องจากพันธุ์พ่อเป็นพันธุ์เดียวกับในประชากรกลุ่มผสม HN×MJ3 และ HN×KM-02 จึงต้องมีจีโนไทป์ของพันธุ์พ่อเหมือนกับที่กำหนดในแบบจำลองก่อนหน้านี้ (PPggAABBCCdd) และเมื่อกำหนดให้พันธุ์แม่ KDML105 มีจีโนไทป์ ppGGaaBBCCdd ทำให้กลุ่มผสม KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีการกระจายตัวของประชากร F_2 เปลี่ยนแปลงจากอัตราส่วน 43:21 เป็น 21:43 โดยยีน C และ D อยู่ในรูปที่ไม่มีบทบาทต่อการแสดงออกของยีนอื่น ส่วนยีน A ในสภาพ homozygous recessive หรือ heterozygous ร่วมกับยีน G ในสภาพ homozygous dominance แสดงบทบาทข่มอัลลีลเด่นยีน P ทำให้จีโนไทป์ที่ปรากฏ P_aa หรือ GGAa ไม่ปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบและกาบใบ ดังภาพ 22

Parents	ppGGaaBBCCdd (ไม่ม้วน) × PPggAABBCCdd (ไม่ม้วน)	
	↓	
F ₁	PpGgAaBBCCdd (ม้วน)	
F ₂	P_G_AABBCCdd	9 (ม้วน)
	ppG_AABBCCdd	3 (ไม่ม้วน)
	P_ggAABBCCdd	3 (ไม่ม้วน)
	ppggAABBCCdd	1 (ไม่ม้วน)
	P_GGaaBBCCdd	6 (ไม่ม้วน)
	ppGGaaBBCCdd	2 (ไม่ม้วน)
	P_GgAaBBCCdd	12 (ม้วน)
	ppGgAaBBCCdd	4 (ไม่ม้วน)
	P_ggAaBBCCdd	2 (ไม่ม้วน)
	ppggAaBBCCdd	2 (ไม่ม้วน)
	P_G_aaBBCCdd	9 (ไม่ม้วน)
	ppG_aaBBCCdd	3 (ไม่ม้วน)
	P_ggaaBBCCdd	3 (ไม่ม้วน)
	ppggaaBBCCdd	1 (ไม่ม้วน)

ภาพ 22 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบและกาบใบในอัตราส่วน 21:43 ในกลุ่มผสม KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02

อย่างไรก็ตาม สำหรับในกลุ่มผสม CN1×MJ3 พบว่า มีการกระจายตัวของการปรากฏสีม้วนบนแผ่นใบในอัตราส่วน 7:9 อาจเนื่องมาจากที่จีโนไทป์ของพันธุ์ CN1 มีความแตกต่างจาก KDML105 (ppGGaaBBCCdd) โดยพบว่าหากยีน *P* เปลี่ยนจาก homozygous recessive เป็น homozygous dominance ส่วนยีนอื่นๆ ยังมีสภาพเหมือนแบบจำลองของกลุ่มผสมในภาพ 22 พันธุ์ CN1 จะมีจีโนไทป์เป็น PPGGaaBBCCdd ดังภาพ 23

Parents	PPGGaaBBCCdd (ไม่ม่วง) × PPggAABBCCdd (ไม่ม่วง)	
	↓	
F ₁	PPGgAaBBCCdd (ม่วง)	
F ₂	PPG_AABBCCdd	3 (ม่วง)
	PPggAABBCCdd	1 (ไม่ม่วง)
	PPGGAaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	PPGgAaBBCCdd	4 (ม่วง)
	PPggAaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	PPG_aaBBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	PPggaaBBCCdd	1 (ไม่ม่วง)

ภาพ 23 การกระจายตัวของลักษณะสีบนแผ่นใบในอัตราส่วน 7:9 ในคู่ผสม CN1×MJ3

แบบจำลองของการปรากฏสีม่วงบนล้นใบและเขียวใบในประชากร F₂

การทดสอบการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนล้นใบและเขียวใบในคู่ผสม HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK พบว่า มีการกระจายตัวในอัตราส่วน 9:7 แตกต่างจากการปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบและกาบใบที่กระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 43:21 อาจเนื่องมาจากการทำงานของยีนควบคุมลักษณะสีแผ่นใบและกาบใบแตกต่างจากยีนควบคุมลักษณะสีล้นใบและเขียวใบ เมื่อทดสอบโดยกำหนดให้จีโนไทป์ของพันธุ์แม่ (HN) เป็น PPGGAabbCCdd ส่วนพันธุ์พ่อ (MJ3, KM-02 และ JK) PPggaabbCCdd มีผลให้การปรากฏและมีปรากฏสีม่วงบนล้นใบและเขียวใบในประชากร F₂ มีการกระจายตัวอัตราในส่วน 9:7 ดังภาพ 24

Parents	PPGGAAbbCCdd (ม่วง) × PPggaabbCCdd (ไม่ม่วง)	
	↓	
F ₁	PPGgAabbCCdd (ม่วง)	
F ₂	PPG_A_bbCCdd	9 (ม่วง)
	PPgg A_bbCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	PPG_aabbCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	PPggaabbCCdd	1 (ไม่ม่วง)

ภาพ 24 การกระจายตัวของลักษณะสีบนถิ่นใบและเขียวใบในอัตราส่วน 9:7 ในกลุ่มผสม

HN×MJ3, HN×KM-02 และ HN×JK

สำหรับในกลุ่มผสม CN1×MJ3, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 พบการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนเขียวใบในอัตราส่วน 3:13 ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากพันธุ์แม่มีจีโนไทป์แตกต่างจาก HN (PPGGAAbbCCdd) ซึ่งมีความเป็นไปได้ในกรณีที่พันธุ์แม่ คือ CN1 มีจีโนไทป์เป็น ppggaabbccdd ส่วนพันธุ์พ่อ MJ3 มีจีโนไทป์เหมือนกรณีของแผ่นใบ (PPggaabbCCdd) มีผลให้ลักษณะเขียวใบของต้น F₁ ไม่ปรากฏสีม่วง และประชากร F₂ มีการกระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 3:13 ดังภาพ 25

Parents	ppggaabbccdd (ไม่ม่วง) × PPggaabbCCdd (ไม่ม่วง)	
	↓	
F ₁	PpggaabbCcdd (ไม่ม่วง)	
F ₂	P_ggaabbC_dd	9 (ไม่ม่วง)
	ppggaabbC_dd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggaabbccdd	3 (ม่วง)
	ppggaabbccdd	1 (ไม่ม่วง)

ภาพ 25 การกระจายตัวของลักษณะสีบนเขียวใบในอัตราส่วน 3:13 ในกลุ่มผสม CN1×MJ3

อย่างไรก็ตาม สำหรับลักษณะสีนใบในกลุ่มผสม KDML105×MJ3 แม้มีการกระจายตัวในอัตราส่วน 3:13 เช่นเดียวกับกลุ่มผสม CN1×MJ3 และ KDML105×KM-02 แต่เนื่องจากประชากร F_1 ปรากฏสีม่วงจึงไม่สามารถอธิบายได้ด้วยแบบจำลองดังกล่าว 25 ทั้งนี้เป็นไปได้ว่า พันธุ์แม่ คือ KDML105 มีจีโนไทป์ที่แตกต่างจากกรณีของเขียวใบโดยเป็น $ppggAABBCCdd$ ส่วน MJ3 ยังคงมี จีโนไทป์เหมือนกรณีเขียวใบ ($PPggaabbCCdd$) มีผลให้ต้น F_1 ปรากฏสีม่วง และประชากร F_2 มีการกระจายตัวของการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนสีนใบสอดคล้องกับอัตราส่วน 12:52 หรือ 3:13 ดังภาพ 26

Parents	$ppggAABBCCdd$ (ไม่ม่วง) × $PPggaabbCCdd$ (ไม่ม่วง)		
	↓		
F_1	$PpggAaBbCCdd$ (ม่วง)		
F_2	P_ggA_BBCCdd	9	(ไม่ม่วง)
	$ppggA_BBCCdd$	3	(ไม่ม่วง)
	$P_ggaabbCCdd$	3	(ไม่ม่วง)
	$ppggaabbCCdd$	1	(ไม่ม่วง)
	$P_ggAABbCCdd$	6	(ไม่ม่วง)
	$ppggAABbCCdd$	2	(ไม่ม่วง)
	$P_ggAaBbCCdd$	12	(ม่วง)
	$ppggAaBbCCdd$	4	(ไม่ม่วง)
	$P_ggaabBbCCdd$	6	(ไม่ม่วง)
	$ppggaabBbCCdd$	2	(ไม่ม่วง)
	P_ggA_bbCCdd	9	(ไม่ม่วง)
	$ppggA_bbCCdd$	3	(ไม่ม่วง)
	$P_ggaabbCCdd$	3	(ไม่ม่วง)
	$ppggaabbCCdd$	1	(ไม่ม่วง)

ภาพ 26 การกระจายตัวของลักษณะสีนใบในอัตราส่วน 3:13 ในกลุ่มผสม KDML105×MJ3

เนื่องจากคู่ผสม KDML105×KM-02 มีพันธุ์แม่เหมือนกับ KDML105×MJ3 จีโนไทป์ของพันธุ์แม่ต้องเหมือนกัน แต่จากการทดลองที่พบว่าการปรากฏสีบนเขียวใบของประชากร F_1 ของ KDML105×KM-02 ไม่ปรากฏสีม่วง จึงมีความเป็นไปได้ที่พันธุ์พ่อ คือ KM-02 และ MJ3 มี จีโนไทป์แตกต่างกัน เมื่อกำหนดให้จีโนไทป์ของพันธุ์ KDML105 เหมือนในลักษณะลิ้นใบ (ppggAABBCCdd) แต่ KM-02 มีจีโนไทป์แตกต่างจากกรณีลิ้นใบเป็น PPggaaBBccdd มีผลให้ F_1 ไม่ปรากฏสีม่วง และประชากร F_2 มีการกระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 3:13 ดังภาพ 27

Parents	ppggAABBCCdd (ไม่ม่วง) × PPggaaBBccdd (ไม่ม่วง)	
	↓	
F_1	PpggAaBBCcdd (ไม่ม่วง)	
F_2	P_ggAABBC_dd	9 (ไม่ม่วง)
	ppggAABBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggAABBccdd	3 (ม่วง)
	ppggAABBccdd	1 (ไม่ม่วง)
	P_ggAaBBC_dd	18 (ไม่ม่วง)
	ppggAaBBC_dd	6 (ไม่ม่วง)
	P_ggAaBBccdd	6 (ม่วง)
	ppggAaBBccdd	2 (ไม่ม่วง)
	P_ggaaBBC_dd	9 (ไม่ม่วง)
	ppggaaBBC_dd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggaaBBccdd	3 (ม่วง)
	ppggaaBBccdd	1 (ไม่ม่วง)

ภาพ 27 การกระจายตัวของลักษณะสีเขียวใบในอัตราส่วน 3:13 ในคู่ผสม KDML105×MJ3 และลักษณะสีเขียวใบและลิ้นใบในคู่ผสม KDML105×KM-02

สำหรับในคู่ผสม R258×RD4 พบว่า การปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วงบนลิ้นใบและเขียวใบสอดคล้องกับอัตราส่วน 21:43 โดยมีความเป็นไปได้ที่ยีน B, C และ D อยู่ใสภาพที่ไม่ยับยั้งต่อการแสดงออกของยีนหลัก ส่วนยีน A อยู่ในสภาพ aa หรือ GGAa ข่มอัลลีลเด่นยีน P ทำให้ยีนที่มีผลต่อการแสดงลักษณะคล้ายกับปฏิสัมพันธ์ระหว่าง 3 ยีน โดยยีนหลัก 2 ยีน แสดงผล

แบบ complementary และยีนดัดแปลง 1 ยีน ข้มการทำงานของยีนหลัก แต่เนื่องจากปรากฏสีบน
 ลิ่นใบของพันธุ์แม่และพ่อ (ไม่ม่วง $\times$ ม่วง) แตกต่างจากเขียวใบ (ไม่ม่วง $\times$ ไม่ม่วง) จีโนไทป์ที่
 ปรากฏของลักษณะลิ่นใบและเขียวใบในพันธุ์แม่และพ่อจึงได้ไม่เหมือนกัน แบบจำลองในกรณี
 ของลักษณะสีม่วงบนลิ่นใบจึงกำหนดจีโนไทป์ของพันธุ์แม่และพ่อเป็น ppggaaBBCCdd และ
 PPGGAABBCCdd มีผลให้ประชากร F_2 กระจายตัวสอดคล้องกับอัตราส่วน 21:43 ดังภาพ 28

Parents	ppggaaBBCCdd (ไม่ม่วง) $\times$ PPGGAABBCCdd (ม่วง)	
	↓	
F_1	PpGgAaBBCCdd (ม่วง)	
F_2	P_G_AABBCCdd	9 (ม่วง)
	ppG_ AABBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggAABBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	ggppAABBCCdd	1 (ไม่ม่วง)
	P_GGAaBBCCdd	6 (ไม่ม่วง)
	GGppAaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	P_GgAaBBCCdd	12 (ม่วง)
	ppGgAaBBCCdd	4 (ไม่ม่วง)
	P_ggAaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	ppggAaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	P_G_aaBBCCdd	9 (ไม่ม่วง)
	ppG_ aaBBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggaaBBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	ppggaaBBCCdd	1 (ไม่ม่วง)

ภาพ 28 การกระจายตัวของลักษณะสีลิ่นใบในอัตราส่วน 21:43 ในกลุ่มผสม R258 $\times$ RD4

สำหรับลักษณะเขียวใบในกลุ่มผสม R258XRD4 ที่ทั้งพันธุ์แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วงนั้น มีความเป็นไปได้ในกรณีที่พันธุ์แม่มีจีโนไทป์ของลักษณะเขียวใบเหมือนกับลักษณะลีนใบ (ppGGaaBBCCdd) ส่วนจีโนไทป์ของพันธุ์พ่อมีความแตกต่างจากกรณีของลักษณะลีนใบโดยเป็น PPggAABBCCdd ส่งผลให้ต้น F₁ ปรากฏสีม่วงบนเขียวใบและประชากร F₂ มีการกระจายตัวในอัตราส่วน 21:43 ดังภาพ 29

Parents	ppGGaaBBCCdd (ไม่ม่วง) × PPggAABBCCdd (ไม่ม่วง)	
	↓	
F ₁	PpGgAaBBCCdd (ม่วง)	
F ₂	P_G_AABBCCdd	9 (ม่วง)
	ppG_AABBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggAABBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	ppggAABBCCdd	1 (ไม่ม่วง)
	P_GGaaBBCCdd	6 (ไม่ม่วง)
	ppGGaaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	P_GgAaBBCCdd	12 (ม่วง)
	ppGgAaBBCCdd	4 (ไม่ม่วง)
	P_ggAaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	ppggAaBBCCdd	2 (ไม่ม่วง)
	P_G_aaBBCCdd	9 (ไม่ม่วง)
	ppG_aaBBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	P_ggaaBBCCdd	3 (ไม่ม่วง)
	ppggaaBBCCdd	1 (ไม่ม่วง)

ภาพ 29 การกระจายตัวของลักษณะสีเขียวใบในอัตราส่วน 21:43 ในกลุ่มผสม R258XRD4

บทที่ 6

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในประชากรลูกผสมชั่วที่ 2

ลักษณะทางการเกษตรในพันธุ์พ่อแม่และประชากร F₂

ความสูง

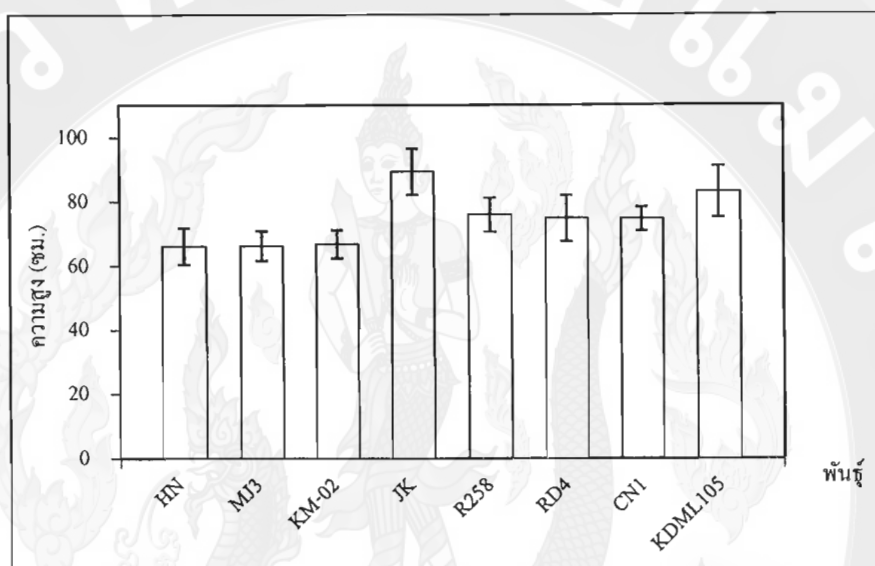
ผลการศึกษาลักษณะความสูงในพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์ พบว่า มีค่าเฉลี่ย ค่าฐานนิยม ค่าเฉลี่ย และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานระหว่าง 19-55, 70-92, 66.22-89.41 และ 3.71-8.01 เซนติเมตร ตามลำดับ และความแปรปรวน 13.77-64.24 โดยพันธุ์ JK และ KDML105 มีการกระจายของข้อมูลมาก มีช่วงความสูงระหว่าง 70-125 และ 61-101 เซนติเมตร ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 7.19 และ 8.01 เซนติเมตร และความแปรปรวน 51.63 และ 64.23 ตามลำดับ ส่วนพันธุ์ MJ3, KM-02 และ CN1 มีการกระจายของข้อมูลน้อย มีช่วงความสูงระหว่าง 51-73, 56-75 และ 66-85 เซนติเมตร ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 4.58, 4.36 และ 3.71 เซนติเมตร และความแปรปรวน 21.02 19.01 และ 13.77 ตามลำดับ (ตาราง 15)

ตาราง 15 ค่าเฉลี่ย ค่าต่ำสุด-สูงสุด และความแปรปรวนของลักษณะความสูงในพันธุ์พ่อแม่

พันธุ์	ค่าเฉลี่ย (เซนติเมตร)	ค่าต่ำสุด-สูงสุด (เซนติเมตร)	ความแปรปรวน
HN	66.22 ^c	56-82	31.95
MJ3	66.37 ^c	51-73	21.02
KM-02	66.90 ^c	56-75	19.01
JK	89.41 ^a	70-125	51.63
R258	76.01 ^{bc}	62-89	27.92
RD4	74.89 ^{bc}	54-90	52.19
CN1	74.71 ^{bc}	66-85	13.77
KDML105	83.16 ^{ab}	61-101	64.23

หมายเหตุ * ตัวเลขในสคริปต์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความสูงระหว่างพันธุ์พ่อแม่ พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติ ที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ (ตาราง 15) โดยพันธุ์ที่มีความสูงมากที่สุด ได้แก่ JK และ KDML105 มีค่าเฉลี่ย 89.41 และ 83.16 เซนติเมตร ตามลำดับ ส่วนพันธุ์ HN, MJ3 และ KM-02 อยู่ในกลุ่มที่มีความสูงน้อยที่สุดเท่ากับ 66.22, 66.37 และ 66.90 เซนติเมตร ตามลำดับ (ภาพ 30)



ภาพ 30 ลักษณะความสูงของต้นข้าวในพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์

สำหรับลักษณะความสูงในประชากร F_2 พบว่า การกระจายความถี่ลักษณะความสูงของทุกกลุ่มสมเป็นการกระจายแบบต่อเนื่องเกินขอบเขตพันธุ์พ่อแม่ (transgressive segregation) มีค่าพิสัยระหว่าง 41-127 เซนติเมตร ค่าเฉลี่ย 73.68-93.34 เซนติเมตร ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 11.54-13.91 เซนติเมตร และความแปรปรวน 133.07-209.99 โดยกลุ่มผสม HN×JK มีการกระจายของข้อมูลมากที่สุด มีความสูงระหว่าง 41-127 เซนติเมตร ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 14.49 เซนติเมตร และความแปรปรวน 209.99 ส่วนในกลุ่มผสม R258×RD4 มีการกระจายความถี่น้อยที่สุด มีความสูงระหว่าง 65-110 เซนติเมตร ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 11.51 เซนติเมตร และความแปรปรวน 133.07 (ตาราง 16)

ตาราง 16 ค่าต่ำสุด-สูงสุด ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน และความแปรปรวนของความสูงในประชากร F_2

กลุ่มผสม	ค่าต่ำสุด-สูงสุด (เซนติเมตร)	ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (เซนติเมตร)	ความแปรปรวน
HN×MJ3	46-113	13.91	193.52
HN×KM-02	45-127	12.68	160.72
HN×JK	41-127	14.49	209.99
R258×RD4	65-110	11.54	133.07
CN1×MJ3	45-121	12.41	153.93
KDML105×MJ3	61-126	13.89	193.06
KDML105×KM-02	60-124	13.61	185.16

ค่าเฉลี่ยของลักษณะความสูงระหว่างประชากร F_2 มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยกลุ่มผสมที่มีค่าเฉลี่ยของลักษณะความสูงมาก ได้แก่ KDML105×KM-02 และ KDML105×MJ3 (93.34 และ 91.98 เซนติเมตร ตามลำดับ) รองลงมา คือ R258×RD4 (88.24 เซนติเมตร) ส่วนกลุ่มผสมที่ความสูงน้อย ได้แก่ HN×KM-02 และ CN1×MJ3 มีค่าเฉลี่ย 73.68 และ 74.52 เซนติเมตร ตามลำดับ (ตาราง 17)

เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างประชากร F_2 กับพันธุ์พ่อแม่ พบว่า ลูกผสมมีค่าเฉลี่ยสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (mid parent) โดยกลุ่มผสม HN×MJ3 (78.25 เซนติเมตร) HN×KM-02 (73.68 เซนติเมตร) KDML105×MJ3 (91.80 เซนติเมตร) และ KDML105×KM-02 (93.34 เซนติเมตร) มีความสูงเฉลี่ยมากกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (66.30, 66.70, 74.77 และ 75.03 เซนติเมตร ตามลำดับ) ในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.05$ โดยกลุ่มผสมดังกล่าวมีค่าเฉลี่ยสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ระหว่าง 7-18 เซนติเมตร ส่วนกลุ่มผสม R258×RD4, HN×JK และ CN1×MJ3 (88.24, 79.66 และ 74.52 เซนติเมตร ตามลำดับ) มีค่าเฉลี่ยสูงกว่าแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 (ตาราง 17)

ตาราง 17 ค่าเฉลี่ยความสูงของพันธุ์แม่ พ่อ ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และลูกผสม F_2

คู่ผสม	ความสูง (เซนติเมตร)				p -value**
	พันธุ์แม่	พันธุ์พ่อ	ค่าเฉลี่ยพ่อแม่	F_2^*	
HN×MJ3	66.22	66.37	66.30	78.25 ^{bc}	0.018
HN×KM-02	66.22	66.90	66.70	73.68 ^c	0.040
HN×JK	66.22	89.41	77.81	79.66 ^{bc}	0.524
R258×RD4	76.01	74.89	75.45	88.24 ^{ab}	0.053
CN1×MJ3	74.71	66.37	70.54	74.52 ^c	0.119
KDML105×MJ3	83.16	66.37	74.77	91.98 ^a	0.049
KDML105×KM-02	83.16	66.90	75.03	93.34 ^a	0.013

หมายเหตุ * ตัวเลขในสคมภ์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ โดย t -test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

จำนวนต้นตอก

การศึกษาลักษณะจำนวนต้นตอกในประชากรพ่อแม่ 8 พันธุ์ พบว่า มีค่าพิสัย ค่าฐานนิยม ค่าเฉลี่ย และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานระหว่าง 3-42, 7-20, 7.27-19.76, 2.78-6.89 ต้นตอกตามลำดับ และความแปรปรวน 7.74-47.50 โดยพันธุ์ KDML105, HN และ CN1 มีการกระจายของข้อมูลมาก มีจำนวนต้นตอกระหว่าง 7-42, 8-41 และ 6-42 ต้นตอก ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 6.9, 6.89 และ 6.26 ต้นตอก และความแปรปรวน 48.18, 47.50 และ 39.20 ตามลำดับ ส่วนพันธุ์ที่การกระจายของข้อมูลน้อย ได้แก่ R258, MJ3, JK และ KM-02 มีจำนวนต้นตอกระหว่าง 2-15, 3-16, 3-17 และ 3-22 ต้นตอก ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 2.72, 3.22, 2.89 และ 3.33 ต้นตอก และความแปรปรวน 7.74, 10.35, 8.38 และ 11.09 ตามลำดับ (ตาราง 18)

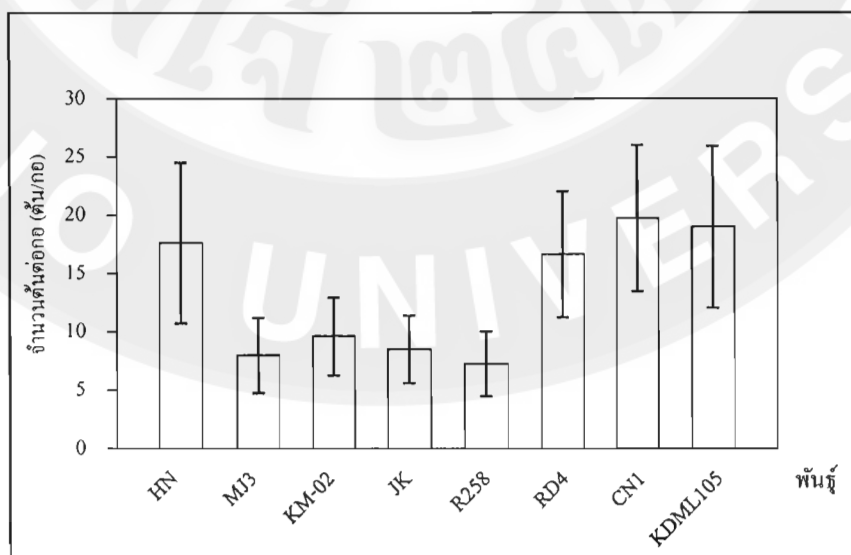
เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยจำนวนต้นตอกในประชากรพ่อแม่ พบว่า มีค่าเฉลี่ยแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.006$ โดยพันธุ์ที่มีจำนวนต้นตอกมาก ได้แก่ CN1, KDML105, HN และ RD4 มีค่าเฉลี่ย 19.76, 19.00, 17.62 และ 16.66 ต้นตอกตามลำดับ

ในขณะที่พันธุ์ MJ3, KM-02, JK และ R258 มีจำนวนต้นตอกลน้อย (ค่าเฉลี่ย 8.01, 9.63, 8.52 และ 7.27 ต้นตอก ตามลำดับ) (ภาพ 31)

ตาราง 18 ค่าเฉลี่ย ค่าต่ำสุด-สูงสุด และความแปรปรวนของจำนวนต้นตอกในพันธุ์พ่อแม่

พันธุ์	ค่าเฉลี่ย (ต้น/กอ)	ค่าต่ำสุด-สูงสุด (ต้น/กอ)	ความแปรปรวน
HN	17.62 ^a	6-42	47.50
MJ3	8.01 ^c	3-16	10.35
KM-02	9.63 ^{bc}	3-22	11.09
JK	8.52 ^{bc}	3-17	8.38
R258	7.27 ^c	2-15	7.74
RD4	16.66 ^{ab}	6-35	29.09
CN1	19.76 ^a	8-41	39.20
KDML105	19.00 ^a	7-42	48.18

หมายเหตุ * ตัวเลขในสครมภ์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)



ภาพ 31 จำนวนต้นตอกในพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์

สำหรับผลการศึกษากำหนดจำนวนต้นตอกในประชากร F_2 พบว่า กลุ่มผสม KDML105×MJ3 มีการกระจายของข้อมูลมากที่สุด คือ มีจำนวนต้นตอกระหว่าง 5-43 ต้นตอก ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 8.02 ต้นตอก และความแปรปรวน 64.27 ส่วนในกลุ่มผสม R258×RD4 มีการกระจายน้อย มีค่าระหว่าง 5-28 ต้นตอก ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 5.27 ต้นตอก และความแปรปรวน 27.78 (ตาราง 19)

ตาราง 19 ค่าต่ำสุด-สูงสุด ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน และความแปรปรวนของจำนวนต้นตอกในประชากร F_2

กลุ่มผสม	ต่ำสุด-สูงสุด (ต้นตอก)	ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (ต้นตอก)	ความแปรปรวน
HN×MJ3	4-42	6.38	40.65
HN×KM-02	3-51	7.03	49.42
HN×JK	4-34	5.70	32.51
R258×RD4	5-28	5.27	27.78
CN1×MJ3	6-36	5.82	33.86
KDML105×MJ3	5-43	8.02	64.27
KDML105×KM-02	4-34	6.02	36.19

จำนวนต้นตอกของประชากร F_2 แต่ละกลุ่มผสมมีความแตกต่างกันในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.003$ โดยกลุ่มผสมที่ค่าเฉลี่ยของลักษณะจำนวนต้นตอกมาก ได้แก่ HN×MJ3, CN1×MJ3 และ HN×KM-02 (16.45, 15.86 และ 15.38 ต้นตอก ตามลำดับ) ส่วนกลุ่มผสม KDML105×MJ3 และ R258×RD4 มีจำนวนต้นตอกน้อย (10.09 และ 11.81 ต้นตอก ตามลำดับ) เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของจำนวนต้นตอกระหว่างประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่พบว่า ทุกกลุ่มผสมมีจำนวนต้นตอกไม่แตกต่างทางสถิติกับค่าเฉลี่ยพ่อแม่ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 แต่ในกลุ่มผสม HN×MJ3 และ HN×KM-02 มีจำนวนต้นตอกใกล้เคียงกับพันธุ์แม่ซึ่งแสดงลักษณะจำนวนต้นตอกมาก (17.62 ต้นตอก) จำนวนต้นตอกของประชากร F_2 มีการกระจายตัวแบบต่อเนื่องและส่วนใหญ่กระจายอยู่ในขอบเขตของพันธุ์พ่อแม่ยกเว้นกลุ่มผสม HN×KM-02 ที่มีจำนวนต้นตอกสูงสุด 51 ต้นตอก มากกว่าพันธุ์พ่อแม่ซึ่งมีจำนวน 42 ต้นตอก (ตาราง 20)

ตาราง 20 ค่าเฉลี่ยจำนวนต้นตอกของพันธุ์แม่ พ่อ ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และลูกผสม F_2

กลุ่มผสม	จำนวนต้น (ต้นต่อกอ)				p -value**
	พันธุ์แม่	พันธุ์พ่อ	ค่าเฉลี่ยพ่อแม่	F_2	
HN×MJ3	17.62	8.01	12.81	16.45 ^a	0.198
HN×KM-02	17.62	9.63	13.63	15.38 ^{ab}	0.306
HN×JK	17.62	8.52	13.07	13.72 ^{bc}	0.569
R258×RD4	7.27	16.66	11.96	11.81 ^c	0.902
CN1×MJ3	19.76	8.01	13.88	15.86 ^{ab}	0.491
KDML105×MJ3	19.00	8.01	13.50	14.24 ^{ab}	0.892
KDML105×KM-02	19.00	9.63	14.32	13.22 ^{bc}	0.737

หมายเหตุ * ตัวเลขในสดมภ์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ โดย t -test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

อายุวันออกดอก

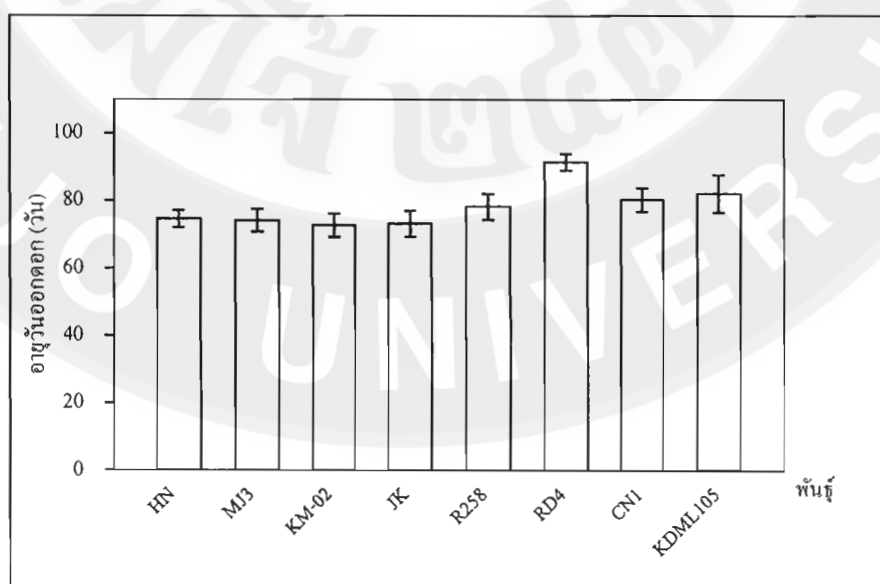
ลักษณะอายุวันออกดอกในกลุ่มพันธุ์พ่อแม่ที่ไม่ไวแสง 7 พันธุ์ (HN, MJ3, KM-02, JK, R258, RD4 และ CN1) มีค่าพิสัย ค่าฐานนิยม ค่าเฉลี่ย และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานระหว่าง 64-98, 71-90, 72.61-91.37 และ 2.47-5.57 วัน ตามลำดับ และความแปรปรวน 6.11-14.92 โดยพันธุ์ JK และ R258 มีอายุวันออกดอก 64-84 และ 70-88 วัน ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 3.86 และ 3.86 วัน และความแปรปรวน 14.92 และ 14.89 ตามลำดับ ส่วนพันธุ์ที่ข้อมูลมีการกระจายน้อย ได้แก่ HN และ RD4 มีอายุวันออกดอก 70-81 และ 86-98 วัน ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 2.55 และ 2.47 วัน และความแปรปรวน 6.50 และ 6.11 ตามลำดับ (ตาราง 21) เมื่อเปรียบเทียบลักษณะอายุวันออกดอก พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยกลุ่มพันธุ์ที่ออกดอกเร็ว ได้แก่ HN, MJ3, KM-02 และ JK มีอายุวันออกดอกเฉลี่ย 74.53, 74.08, 72.61 และ 73.05 วัน ตามลำดับ พันธุ์ CN1 และ R258 ออกดอกเร็วปานกลางมีค่าเฉลี่ย 80.16 และ 78.10 วัน ตามลำดับ ส่วนพันธุ์ RD4 ออกดอกช้าที่สุด คือ 91.37 วัน และออกดอกช้ากว่ากลุ่มพันธุ์ที่ออกดอกเร็วและปานกลางประมาณ 17-20 วัน และ 10-17 วัน ตามลำดับ (ภาพ 32) อย่างไรก็ตาม สำหรับพันธุ์ KDML105 ซึ่งเป็นพันธุ์ไวแสง (ปลูกวันที่ 25 กรกฎาคม 2552 เริ่มออกดอกวันที่ 9-31 ตุลาคม

2552) มีอายุวันออกดอกระหว่าง 74-96 วัน (ค่าเฉลี่ย 81.99 วัน) ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 5.57 วัน และความแปรปรวน 31.06

ตาราง 21 ค่าเฉลี่ย ค่าต่ำสุด-สูงสุด และความแปรปรวนของอายุวันออกดอกในพันธุ์พ่อแม่

พันธุ์	ค่าเฉลี่ย (วัน)	ค่าต่ำสุด-สูงสุด (วัน)	ความแปรปรวน
HN	74.53 ^{cd}	70-81	6.50
MJ3	74.08 ^d	68-83	11.02
KM-02	72.61 ^d	68-81	11.99
JK	73.05 ^d	64-84	14.92
R258	78.10 ^{bc}	70-88	14.89
RD4	91.37 ^a	86-98	6.11
CN1	80.16 ^b	74-89	12.02
KDML105	81.99 ^b	74-96	31.06

หมายเหตุ * ตัวเลขในสคริปต์เดียวกันที่กำกับด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษต่างกันมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยโดยวิธี HSD ($\alpha = 0.05$)



ภาพ 32 อายุวันออกดอกในพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์

สำหรับการศึกษาลักษณะอายุวันออกดอกในประชากร F_2 พบว่า มีค่าระหว่าง 58-95 วัน ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 5.45-8.35 วัน และความแปรปรวน 29.69-69.72 โดยกลุ่มที่มีการกระจายตัวอยู่ในช่วงของพ่อแม่ ได้แก่ HN×JK, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีค่าต่ำสุด-สูงสุดระหว่าง 58-95, 64-93 และ 64-94 วัน ตามลำดับ ส่วนกลุ่มที่กระจายตัวเกินพ่อแม่ ได้แก่ R258×RD4, CN1×MJ3, HN×MJ3 และ HN×KM-02 มีค่าต่ำสุด-สูงสุด 66-95, 66-93, 68-92 และ 61-94 วัน ตามลำดับ โดยต้นที่ออกดอกช้าที่สุดของกลุ่มดังกล่าวกระจายตัวเกินต้นแม่หรือพ่อที่ออกดอกช้าที่สุด 5-12 วัน (ตาราง 22) ส่วนกลุ่มที่มีการกระจายของข้อมูลมากที่สุด คือ R258×RD4 มีส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 8.35 วัน และความแปรปรวน 69.72 ในขณะที่ HN×MJ3 มีการกระจายของข้อมูลน้อยที่สุด มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน 5.61 วัน และค่าความแปรปรวน 31.44

ตาราง 22 ค่าต่ำสุด-สูงสุด ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน และความแปรปรวนของอายุวันออกดอกในประชากร F_2

กลุ่ม	ค่าต่ำสุด-สูงสุด (วัน)	ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (วัน)	ความแปรปรวน
HN×MJ3	68-92	5.61	31.44
HN×KM-02	61-94	5.91	34.88
HN×JK	58-95	6.08	36.95
R258×RD4	66-95	8.35	69.72
CN1×MJ3	66-93	5.45	29.69
KDML105×MJ3	64-93	6.33	40.05
KDML105×KM-02	64-94	6.80	46.27

เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยอายุวันออกดอกของประชากร F_2 พบว่า ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 โดยประชากร F_2 มีค่าเฉลี่ยอายุวันออกดอกระหว่าง 72.02-78.93 วัน (ตาราง 23) และ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

ตาราง 23 ค่าเฉลี่ยอายุวันออกดอกของพันธุ์แม่ พ่อ ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และประชากร F_2

คู่ผสม	อายุวันออกดอก (วัน)				p -value **
	พันธุ์แม่	พันธุ์พ่อ	ค่าเฉลี่ยพ่อแม่	F_2	
HN×MJ3	74.53	74.08	74.31	75.21	0.604
HN×KM-02	74.53	72.61	73.57	74.26	0.747
HN×JK	74.53	73.05	73.79	72.02	0.208
R258×RD4	78.10	91.37	84.73	77.50	0.296
CN1×MJ3	80.16	74.08	77.12	76.88	0.884
KDML105×MJ3	81.99	74.08	78.04	77.46	0.709
KDML105×KM-02	81.99	72.61	77.30	78.93	0.363

หมายเหตุ ** เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ โดย t -test แบบอิสระ ($\alpha = 0.05$)

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะทางการเกษตร

ความสูง

ลักษณะความสูงในประชากรพ่อแม่มีค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเท่ากับ 67.27 ส่วนประชากร F_2 แต่ละคู่ผสมมีค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (Phenotypic variance: V_p) แตกต่างกัน โดยมีค่าสูงในคู่ผสม HN×JK, HN×MJ3, DML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 เท่ากับ 209.99, 193.52, 193.06 และ 185.16 ตามลำดับ ส่วนคู่ผสม R258×RD4, HN×KM-02 และ CN1×MJ3 มีค่าความแปรปรวนต่ำ 133.07, 135.24 และ 153.93 (ตาราง 24) โดยคู่ผสมที่มีค่า V_p สูงส่วนใหญ่มาจากพันธุ์พ่อแม่ที่มีค่าเฉลี่ยความสูงแตกต่างกันมาก ส่วนคู่ผสมที่มีค่าต่ำพบว่าค่าเฉลี่ยความสูงของพ่อกับแม่ใกล้เคียงกัน สำหรับความแปรปรวนของพันธุกรรม (Genotypic variance: V_G) พบว่า มีค่าสูงในคู่ผสม HN×JK และ HN×MJ3 เท่ากับ 168.20 และ 167.04 ตามลำดับ ในขณะที่ R258×RD4 มีค่า V_G เท่ากับ 93.01 ซึ่งต่ำที่สุดเมื่อเทียบกับคู่ผสมอื่นๆ ที่ใช้ทดสอบ ส่วนความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม (Environmental variance: V_E) มีค่ามากที่สุดในการคู่ผสม KDML105×MJ3 (42.63) และน้อยที่สุดในคู่ผสม CN1×MJ3 (17.39)

ตาราง 24 ความแปรปรวนและความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของ
ลักษณะความสูงในประชากร F_2

คู่ผสม	ความแปรปรวน			h_b^2 (%)
	V_p	V_G	V_E	
HN×MJ3	193.52	167.04	26.48	86.32
HN×KM-02	135.24	160.72	25.48	84.15
HN×JK	209.99	168.20	41.79	80.10
R258×RD4	133.07	93.01	40.06	69.90
CN1×MJ3	153.93	136.54	17.39	88.70
KDML105×MJ3	193.06	150.43	42.63	77.92
KDML105×KM-02	185.16	143.54	41.62	77.52

หมายเหตุ V_p = ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ V_G = ความแปรปรวนทางพันธุกรรม
 V_E = ความแปรปรวนจากสภาพแวดล้อม h_b^2 = ความสามารถในการถ่ายทอด
 ลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง

การประเมินค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง (Broad sense heritability: h_b^2) พบว่า ประชากร F_2 แต่ละคู่ผสมมีการถ่ายทอดทางพันธุกรรมของ ลักษณะความสูงแตกต่างกัน โดยคู่ผสม HN×KM-02, HN×JK, HN×MJ3 และ CN1×MJ3 มีค่า h_b^2 ระหว่าง 80.10-88.70% ส่วน R258×RD4, KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีค่า ระหว่าง 69.90-77.92% (ตาราง 23) โดยคู่ผสม CN1×MJ3 มีค่าความสามารถในการถ่ายทอด พันธุกรรมลักษณะความสูงมากที่สุด(88.70%) แม้ว่ามีค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมไม่สูงนัก ทั้งนี้เนื่องมาจากมีค่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมต่ำกว่าคู่ผสมอื่น ส่วนคู่ผสม R258×RD4 มีค่า h_b^2 ต่ำที่สุด (69.90%) เนื่องจากมีความแปรปรวนของพันธุกรรมต่ำแต่ความแปรปรวนของ สภาพแวดล้อมสูง หรือสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อความแปรปรวนของลักษณะความสูงในคู่ผสม R258×RD4 มากกว่าคู่ผสมอื่น

จำนวนต้นตอกอ

ประชากรพ่อแม่มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมเท่ากับ 26.19 ส่วนการประเมินในประชากร F_2 พบว่า ค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏในแต่ละกลุ่มผสมแตกต่างกันมีค่าระหว่าง 27.76-64.27 โดยกลุ่มผสม KDML105×MJ3 มีค่าสูงที่สุดเท่ากับ 64.27 ส่วน R258×RD4 มีค่าต่ำที่สุดเท่ากับ 27.76 ซึ่งเมื่อประเมินค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมพบว่าโดยกลุ่มผสม KDML105×MJ3 มีค่าสูงที่สุดเท่ากับ 35.00 ส่วนกลุ่มผสม HN×JK มีค่าต่ำที่สุดคือ 4.57 ส่วนความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมส่วนใหญ่มีค่าใกล้เคียงกัน 24.77-29.64 ยกเว้น R258×RD4 (18.42) ที่มีค่าต่ำกว่ากลุ่มผสมอื่น ซึ่งส่งผลให้ค่า V_G ไม่ได้ต่ำที่สุดแม้มีค่า V_p ต่ำกว่ากลุ่มผสมอื่นก็ตาม (ตาราง 25)

ตาราง 25 ความแปรปรวนและความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของจำนวนต้นตอกอในประชากร F_2

กลุ่มผสม	ความแปรปรวน			h_b^2 (%)
	V_p	V_G	V_E	
HN×MJ3	40.65	11.73	28.93	28.85
HN×KM-02	49.42	20.12	29.30	40.72
HN×JK	32.51	4.57	27.94	14.06
R258×RD4	27.76	9.36	18.42	33.70
CN1×MJ3	33.86	8.09	24.77	24.61
KDML105×MJ3	64.27	35.00	29.27	54.46
KDML105×KM-02	36.19	6.55	29.64	18.11

หมายเหตุ V_p = ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ V_G = ความแปรปรวนทางพันธุกรรม
 V_E = ความแปรปรวนจากสภาพแวดล้อม h_b^2 = ความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง

การประเมินค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนต้นตอกอในประชากร F_2 มีความแตกต่างกันและมีค่าระหว่าง 14.04-54.46% (ตาราง 25) โดยกลุ่มผสม KDML105×MJ3 มีค่า h_b^2 สูงที่สุดเท่ากับ 54.46% รองลงมา คือ HN×KM-02 มีค่า 40.72% ในขณะที่ HN×JK และ KDML105×KM-02 มีค่าต่ำเท่ากับ 14.06 และ 18.11% ตามลำดับ

และเมื่อเปรียบเทียบอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่มีผลต่อความแปรปรวนของลักษณะ พบว่า ในกลุ่มที่มีค่า h^2 สูงที่สุด (KDML105×MJ3) และต่ำที่สุด (HN×JK) มีค่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมใกล้เคียงกัน (29.27 และ 27.94 ตามลำดับ) แต่ KDML105×MJ3 มีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมมากกว่า HN×JK ทั้งนี้เนื่องจาก KDML105×MJ3 มีความแปรปรวนของพันธุกรรมมากกว่า อย่างไรก็ตาม เมื่อพิจารณาค่า h^2 จากทุกกลุ่มพบว่าส่วนใหญ่ อิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมมีบทบาทสำคัญ (45.54-85.84%) ต่อการแสดงออกของลักษณะ จำนวนต้นตอกมากกว่าอิทธิพลทางพันธุกรรม (14.04-54.46%) ยกเว้น KDML105×MJ3 และ HN×KM-02 ที่ค่อนข้างมีความสม่ำเสมอในการแสดงออกของลักษณะจำนวนต้นตอก และจากผลการทดลองในตารางที่ 20 แสดงให้เห็นว่า ลักษณะจำนวนต้นตอกในประชากร F_2 ของทุกกลุ่มมีค่าเฉลี่ยไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่

อายุวันออกดอก

ประชากรพ่อแม่มีอายุวันออกดอกตั้งแต่ 72.61-91.37 วัน มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมเท่ากับ 38.98 ส่วนการประเมินในประชากร F_2 พบว่า แต่ละกลุ่มมีค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏและพันธุกรรมแตกต่างกัน มีค่า V_p ระหว่าง 29.69-69.72 และ V_G ระหว่าง 18.17-48.67 โดย R258×RD4 มีค่า V_p และ V_G สูงที่สุดเท่ากับ 69.72 และ 48.67 ตามลำดับ ส่วน CN1×MJ3 มีค่าต่ำที่สุด คือ 29.69 และ 18.17 ตามลำดับ สำหรับความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมมีค่าระหว่าง 8.76-21.53 โดยกลุ่ม KDML105×MJ3 และ KDML105×KM-02 มีค่า V_E สูงกว่ากลุ่มอื่นเท่ากับ 21.04 และ 21.53 ตามลำดับ ซึ่งทำให้ทั้งสองกลุ่มดังกล่าวแม้มีค่า V_p มาก รองลงมาจาก R258×RD4 (40.05 และ 46.27 ตามลำดับ) แต่มีค่า V_G ต่ำกว่า R258×RD4 ส่วนกลุ่มที่เหลือทั้งหมดมีค่า V_G ต่ำใกล้เคียงกัน ระหว่าง 8.76-11.52 (ตาราง 26)

ตาราง 26 ความแปรปรวนและความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้างของ
อายุวันออกดอกในประชากร F_2

คู่ผสม	ความแปรปรวน			h_b^2 (%)
	V_p	V_G	V_E	
HN×MJ3	31.44	22.68	8.76	72.13
HN×KM-02	34.88	25.63	9.25	73.49
HN×JK	36.95	26.24	10.71	71.01
R258×RD4	69.72	48.67	10.50	82.26
CN1×MJ3	29.69	18.17	11.52	61.19
KDML105×MJ3	40.05	19.01	21.04	47.46
KDML105×KM-02	46.27	24.74	21.53	53.48

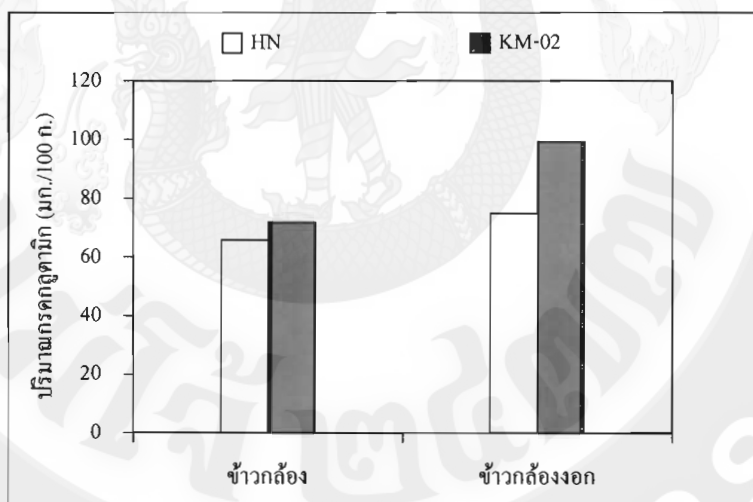
หมายเหตุ V_p = ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ V_G = ความแปรปรวนทางพันธุกรรม
 V_E = ความแปรปรวนจากสภาพแวดล้อม h_b^2 = ความสามารถในการถ่ายทอด
 ลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง

จากการประเมินความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมอายุวันออกดอกพบว่า ค่า h_b^2 ของแต่ละคู่ผสมมีความแตกต่างกัน มีค่าระหว่าง 47.46-82.26% โดยคู่ผสม R258×RD4 มีค่า h_b^2 สูงที่สุดเท่ากับ 82.26% รองลงมา ได้แก่ HN×KM-02, HN×MJ3 และ HN×JK มีค่า 73.49, 72.13 และ 71.01% ตามลำดับ ในขณะที่คู่ผสม KDML105×MJ3 มีค่าต่ำที่สุดเท่ากับ 47.46 (ตาราง 26) ผลการศึกษาที่พบว่าคู่ผสมส่วนใหญ่มีค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง แสดงให้เห็นว่าความแปรปรวนของลักษณะอายุวันออกดอกส่วนใหญ่เป็นอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมมากกว่าสภาพแวดล้อม โดยเฉพาะในคู่ผสม R258×RD4 ซึ่งพันธุ์แม่และพ่อมีอายุวันออกดอกแตกต่างกันมาก (13 วัน) พบว่า ความแปรปรวนของลักษณะอายุวันออกดอกเป็นอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมมากกว่า 80% อย่างไรก็ตาม สำหรับในคู่ผสม HN×KM-02, HN×MJ3 และ HN×JK ที่แม้ว่าพันธุ์แม่และพ่อมีอายุวันออกดอกไม่แตกต่างกัน แต่กลับพบว่า อิทธิพลทางพันธุกรรมมีผลต่อความแปรปรวนของลักษณะอายุวันออกดอกค่อนข้างสูง (ตาราง 26)

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าว

ปริมาณกรดกลูตามิกในพันธุ์พ่อแม่

การศึกษาปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในพันธุ์แม่ (HN) และพ่อ (KM-02) พบว่า ในเมล็ดข้าวกล้องของพันธุ์ HN และ KM-02 มีปริมาณกรดกลูตามิกเฉลี่ย 65.93 และ 71.82 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ ส่วนในเมล็ดข้าวกล้องงอกมีค่าเฉลี่ย 75.04 และ 99.16 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ (ภาพ 33) เมื่อเปรียบเทียบปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก พบว่า พันธุ์แม่มีปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกมากกว่าในเมล็ดข้าวกล้อง 9.11 มิลลิกรัม/100 กรัม ส่วนพันธุ์พ่อกว่า 27.34 มิลลิกรัม/100 กรัม โดยพันธุ์พ่ามีค่าเฉลี่ยเพิ่มขึ้นมากกว่าพันธุ์แม่ประมาณ 3 เท่า



ภาพ 33 ค่าเฉลี่ยปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในพันธุ์พ่อแม่

ปริมาณกรดกลูตามิกในประชากร F_2

การศึกษาปริมาณกรดกลูตามิกในประชากร F_2 ของคู่ผสม HN $\times$ KM-02 พบว่า ปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องมีค่าระหว่าง 35.38-105.06 มิลลิกรัม/100 กรัม และค่าเฉลี่ย 69.10 ± 17.01 มิลลิกรัม/100 กรัม เมื่อนำประชากร F_2 มาวิเคราะห์แจกแจงความถี่โดยแบ่งเป็น อันตรภาคชั้น พบว่า ปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องแต่ละอันตรภาคชั้นมีค่าเฉลี่ยระหว่าง

49.62-102.48 มิลลิกรัม/100 กรัม ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 1.63-5.17 มิลลิกรัม/100 กรัม และความแปรปรวน 2.64-26.68 (ตาราง 27) เมื่อเปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยแต่ละอันตรภาคชั้นพบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ โดยประชากร F_2 ส่วนใหญ่ (48.75%) มีปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องดำและค่อนข้างดำ มีค่าระหว่าง 35-65 มิลลิกรัม/100 กรัม ค่าเฉลี่ย 55.62 มิลลิกรัม/100 กรัม และมีเพียง 8.75% ที่มีปริมาณกรดกลูตามิกสูง มีค่าระหว่าง 96-105 (ค่าเฉลี่ย 102.48) มิลลิกรัม/100 กรัม

ตาราง 27 ค่าเฉลี่ยปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องแต่ละอันตรภาคชั้นในประชากร F_2

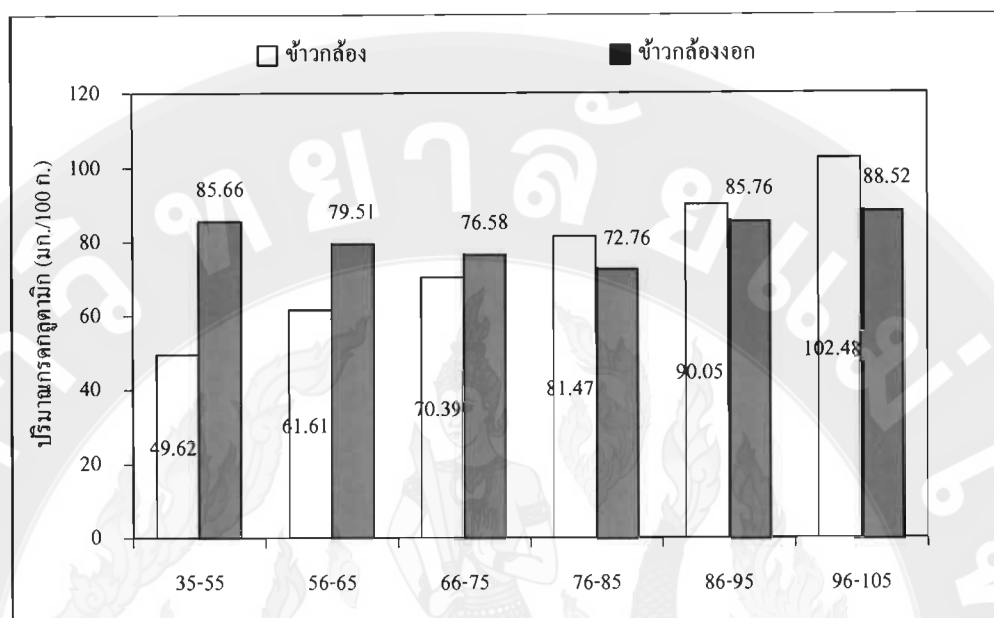
อันตรภาคชั้น	ความถี่	ค่าเฉลี่ย (มก./100 ก.)	ส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ความแปรปรวน	C.V. (%)
35-55	21	49.62	5.17	26.68	10.41
56-65	18	61.61	3.40	11.57	5.54
66-75	16	70.15	2.68	7.20	3.82
76-85	8	81.47	3.34	11.16	4.10
86-95	10	90.05	2.58	6.64	2.86
96-105	7	102.48	1.63	2.64	1.59

สำหรับปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องออกมีค่าระหว่าง 40.74-125.43 มิลลิกรัม/100 กรัม ค่าเฉลี่ย 81.43 ± 17.79 มิลลิกรัม/100 กรัม เมื่อวิเคราะห์แจกแจงความถี่เป็นอันตรภาคชั้น พบว่า แต่ละอันตรภาคชั้นมีค่าเฉลี่ยระหว่าง 48.60-119.80 มิลลิกรัม/100 กรัม ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 2.37-7.14 มิลลิกรัม/100 กรัม และความแปรปรวน 2.37-50.95 โดยค่าเฉลี่ยระหว่างอันตรภาคชั้นมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001-0.030$ แต่ไม่พบความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เมื่อเปรียบเทียบระหว่างอันตรภาคชั้น 35-55 กับ 56-65 มิลลิกรัม/100 กรัม (ตาราง 28) ประชากร F_2 ส่วนใหญ่ (22.50%) มีปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องออกดำมีค่าระหว่าง 35-65 (ค่าเฉลี่ย 59.717) มิลลิกรัม/100 กรัม และค่อนข้างดำมีค่า 66-75 (ค่าเฉลี่ย 71.65) มิลลิกรัม/100 กรัม (23.75%) ส่วนกลุ่มที่มีค่าระหว่าง 116-125 (ค่าเฉลี่ย 119.80) มิลลิกรัม/100 กรัม คิดเป็น 5% ของจำนวนประชากรที่ทดสอบ

ตาราง 28 ค่าเฉลี่ยปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกแต่ละอันตรภาคชั้นในประชากร F_2

อันตรภาคชั้น	ความถี่	ค่าเฉลี่ย (มก./100 ก.)	ส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ความแปรปรวน	C.V. (%)
35-55	3	48.60	7.14	50.95	14.69
56-65	15	62.32	2.86	8.19	4.59
66-75	19	71.65	2.53	6.42	3.54
76-85	12	80.58	2.37	5.61	2.94
86-95	11	90.24	3.32	10.99	3.67
96-105	12	99.60	2.77	7.69	3.08
106-115	4	107.63	2.47	6.09	2.14
116-125	4	119.80	3.85	14.84	3.22

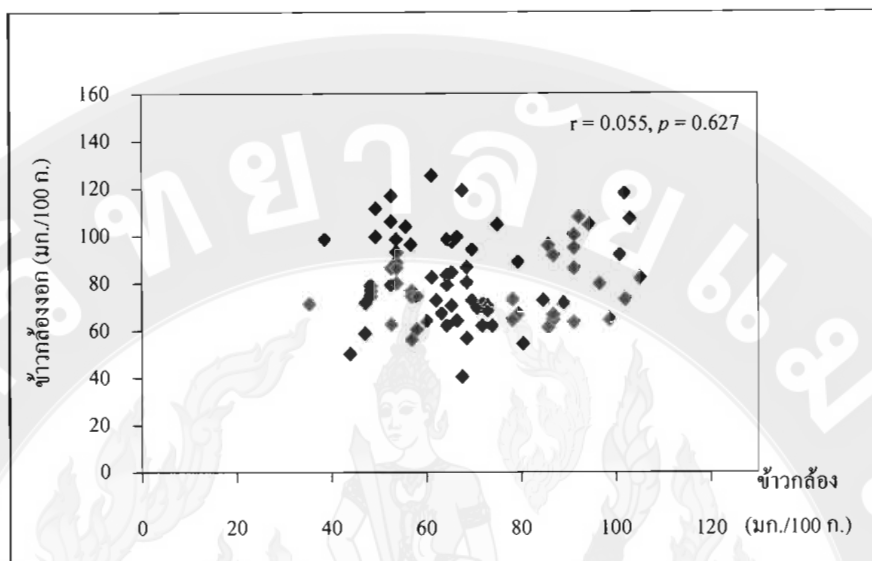
เมื่อเปรียบเทียบปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกแต่ละอันตรภาคชั้นพบว่า ในเมล็ดข้าวกล้องที่มีกรดกลูตามิกสูงและต่ำ (96-105 และ 35-55 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ) มีปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 มีค่าเฉลี่ย 88.52 และ 85.66 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ ส่วนในเมล็ดข้าวกล้องที่มีปริมาณกรดกลูตามิก ปานกลาง (76-85 มิลลิกรัม/100 กรัม) มีกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกต่ำที่สุดมีค่าเฉลี่ย 72.76 มิลลิกรัม/100 กรัม (ภาพ 34) เมื่อเปรียบเทียบการเปลี่ยนแปลงของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอก พบว่า ประชากร F_2 ที่เมล็ดในข้าวกล้องมีปริมาณกรดกลูตามิกต่ำ ส่วนใหญ่มีกรด-กลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกเพิ่มขึ้น ส่วนในกลุ่มที่เมล็ดข้าวกล้องมีกรดกลูตามิกสูงมีค่าลดลงในเมล็ดข้าวกล้องงอก ดังผลการทดลองที่พบเมล็ดข้าวกล้องมีกรดกลูตามิกระหว่าง 35-55, 56-65 และ 66-75 มิลลิกรัม/100 กรัม มีค่าเฉลี่ยของกรดกลูตามิกในข้าวกล้องงอกเพิ่มขึ้น 6.19-36.04 มิลลิกรัม/100 กรัม ส่วนกลุ่มที่มีค่าระหว่าง 76-85, 86-95 และ 96-105 มิลลิกรัม/100 กรัม มีค่าเฉลี่ยลดลง 4.29-13.96 มิลลิกรัม/100 กรัม (ภาพ 34) โดยกลุ่มที่มีปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกเพิ่มขึ้นมากที่สุด และกลุ่มที่ลดลงมากที่สุดคิดเป็น 72.63% และ 13.62% ของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้อง ตามลำดับ



ภาพ 34 ความแตกต่างของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกเมื่อเปรียบเทียบในอันตรภาคชั้นเดียวกัน

ความสัมพันธ์ของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก

ปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องกับข้าวกล้องงอกที่วัดจากประชากร F_2 ต้นเดียวกัน พบทั้งกลุ่มที่มีปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกเพิ่มขึ้นระหว่าง 3.22-64.32 มิลลิกรัม/100 กรัม และกลุ่มที่มีปริมาณลดลงระหว่าง 1.07-33.23 มิลลิกรัม/100 กรัม แสดงว่าประชากร F_2 แต่ละต้นมีความแตกต่างกันในการสังเคราะห์กรดกลูตามิกหรือการเปลี่ยนกรดกลูตามิกไปเป็นสารอื่นในระหว่างกระบวนการงอกของเมล็ด ส่งผลให้ไม่พบสหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องกับข้าวกล้องงอกที่ระดับนัยสำคัญทางสถิติ 0.05 ($r = 0.055$, $p = 0.627$) (ภาพ 35) เช่นเดียว-กับการวิเคราะห์จากค่าเฉลี่ยอันตรภาคชั้นที่ไม่มีความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องกับข้าวกล้องงอก ($r = 0.243$, $p = 0.643$)

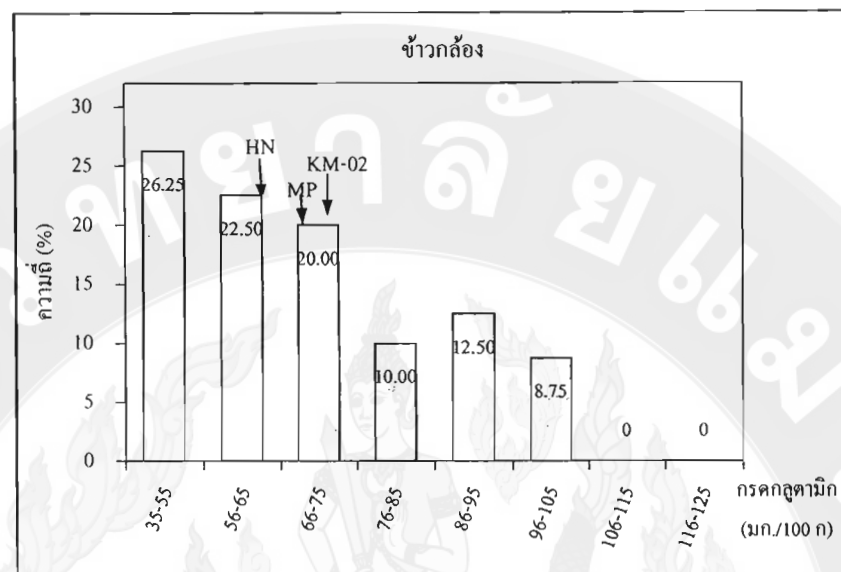


ภาพ 35 สหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องอก

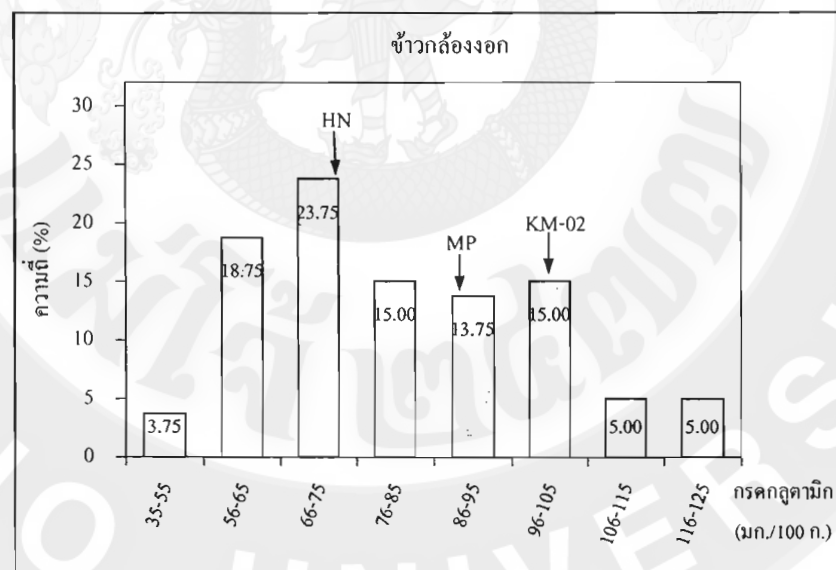
การกระจายตัวของปริมาณกรดกลูตามิกในประชากร F_2

การศึกษาทางพันธุกรรมของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องกลุ่มผสม HN×KM-02 พบว่า ประชากร F_2 มีการกระจายแบบต่อเนื่องเกินขอบเขตของพ่อแม่ (transgressive segregation) มีค่าระหว่าง 35.38-105.06 มิลลิกรัม/100 กรัม เมื่อวิเคราะห์แจกแจงความถี่ตามอันตรภาคชั้นและเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ พบว่า ประชากร F_2 ส่วนใหญ่ (48.75%) มีการกระจายความถี่ของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องในช่วง 35-65 ซึ่งต่ำกว่าพันธุ์แม่ (65.93 มิลลิกรัม/100 กรัม) กลุ่มที่กระจายตัวสูงกว่าพันธุ์พ่อ (71.82 มิลลิกรัม/100 กรัม) อยู่ในช่วง 76-105 คิดเป็น 31.25% ส่วนอีก 20% กระจายตัวระหว่างพันธุ์แม่และพ่อ อยู่ในช่วง 66-75 มิลลิกรัม/100 กรัม (ภาพ 36ก)

สำหรับการกระจายตัวของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องอก มีลักษณะเช่นเดียวกับข้าวกล้อง โดยปริมาณกรดกลูตามิกในประชากร F_2 มีค่าระหว่าง 40.74-125.43 มิลลิกรัม/100 กรัม และกระจายตัวเกินขอบเขตของพันธุ์พ่อแม่ (75.04-99.16 มิลลิกรัม/100 กรัม) เมื่อแจกแจงความถี่เป็นอันตรภาคชั้นพบว่าประชากร F_2 ประมาณ 46.25% มีการกระจายตัวระหว่าง 35-75 มิลลิกรัม/100 กรัม ซึ่งต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์แม่ (75.04 มิลลิกรัม/100 กรัม) กลุ่มที่กระจายตัวระหว่างพันธุ์แม่และพ่ามีประมาณ 43.75% และมีเพียง 10.00% ที่มีการกระจายตัวมากกว่าพันธุ์พ่อ (99.16 มิลลิกรัม/100 กรัม) (ภาพ 36ข)



ก



ข

ภาพ 36 การกระจายความถี่ของปริมาณกรดกลูตามิกของประชากร F_2 (MP = Mid Parent)

ก) ในเมล็ดข้าวกล้อง

ข) ในเมล็ดข้าวกล้องงอก

การกระจายความถี่ของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกมีลักษณะเบี่ยงเบนไปจากการกระจายแบบปกติ (normal distribution) โดยประชากร F_2 ส่วนใหญ่มีค่าต่ำกว่าค่าเฉลี่ย ทำให้กราฟมีการกระจายตัวแบบไม่สมมาตรเป็นแบบ L-shaped type หรือ skewness ที่มีลักษณะเบ้ขวา (positive skew) หากการกระจายตัวที่เบี่ยงเบนออกจากค่าเฉลี่ยเป็นผลมาจากการแสดงพฤติกรรมของยีนควบคุมลักษณะ 1 ยีน อาจเนื่องจากจีโนไทป์ที่เป็น heterozygous แสดงลักษณะปรากฏเท่ากับหรือน้อยกว่าจีโนไทป์ที่เป็น homozygous recessive จึงมีผลทำให้ค่าความถี่ทางด้านซ้ายมีค่าสูง และหากการแสดงออกของยีนเป็นลักษณะข่มเกินประชากร F_2 ที่เป็น heterozygous ย่อมมีการกระจายตัวเกินขอบเขตเพียงด้านใดด้านหนึ่ง แตกต่างจากผลการทดลองที่ประชากร F_2 มีการกระจายตัวเกินขอบเขตทั้งสองด้าน แต่มีโอกาสเป็นไปได้ที่พันธุ์พ่อแม่มียีนควบคุมลักษณะที่แตกต่างกัน และเมื่อยีนมีการจัดเรียงตัวใหม่ ลูกผสม F_2 มีโอกาสได้รับอิทธิพลจากปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งที่มีผลให้แสดงลักษณะมากกว่าหรือน้อยกว่าพันธุ์พ่อแม่

การศึกษาปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้อง พบว่า พันธุ์แม่และพ่อมีปริมาณกรดกลูตามิกไม่แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และเมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างประชากร F_2 (69.12 มิลลิกรัม/100 กรัม) กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (68.87 มิลลิกรัม/100 กรัม) พบว่าไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 (ตาราง 29) สำหรับปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกระหว่างพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันที่ระดับนัยสำคัญทางสถิติ 0.056 เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.006 โดยประชากร F_2 มีค่าเฉลี่ยปริมาณกรดกลูตามิก 81.43 มิลลิกรัม/100 กรัม ต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ที่มีค่าเท่ากับ 87.10 มิลลิกรัม/100 กรัม และส่วนใหญ่มีการกระจายตัวน้อยกว่าพันธุ์แม่ซึ่งแสดงลักษณะปริมาณกรดกลูตามิกต่ำ (ตาราง 29)

ตาราง 29 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของปริมาณกรดกลูตามิกระหว่างพันธุ์พ่อแม่ และระหว่างค่าเฉลี่ยของพ่อแม่กับค่าเฉลี่ยประชากร F_2

พันธุ์	ปริมาณกรดกลูตามิก (มิลลิกรัม/100 กรัม)	
	ข้าวกล้อง	ข้าวกล้องงอก
HN	65.93	75.04
KM-02	71.82	99.16
ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่	68.87	87.10
ค่าเฉลี่ยของ F_2	69.12	81.43
p -value [*]	0.833	0.056
p -value ^{**}	0.902	0.006

หมายเหตุ * เปรียบเทียบความแตกต่างค่าเฉลี่ยระหว่างพ่อกับแม่ โดย t -test แบบอิสระ ($\alpha=0.05$)

** เปรียบเทียบความแตกต่างค่าเฉลี่ยประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่โดย t -test แบบอิสระ

การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของปริมาณกรดกลูตามิก

การศึกษาทางพันธุกรรมของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องของประชากร F_2 คู่ผสม HN×KM-02 พบว่า มีค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (Phenotypic variance; V_p) เท่ากับ 289.42 ความแปรปรวนของพันธุกรรม (Genotypic variance; V_G) เท่ากับ 224.78 และความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม (Environmental variance; V_E) เท่ากับ 64.64 (ตาราง 31) ส่วนความแปรปรวนของปริมาณกรด กลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องงอกมีค่า V_p , V_G และ V_E เท่ากับ 316.34, 228.72 และ 87.62 ตามลำดับ เมื่อประเมินค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง (broad sense heritability; h_b^2) พบว่า ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกมีค่า h_b^2 เท่ากับ 0.7767 และ 0.7229 ตามลำดับ (ตาราง 30) จากผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าความแปรปรวนของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก ได้รับอิทธิพลอันเนื่องมาจากความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมน้อยกว่าความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรม โดยพ่อแม่สามารถถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกไปสู่รุ่นลูกได้ 77.67% และ 72.29% ตามลำดับ ส่วนความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมมีผลต่อปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก 22.33% และ 27.71% ตามลำดับ

ตาราง 30 ความแปรปรวนและ h_b^2 ของปริมาณกรดกลูตามิกในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก
ของประชากร F_2 คู่ผสม HN×KM-02

	V_P	V_G	V_E	h_b^2
ข้าวกล้อง	289.42	224.78	64.64	0.7767
ข้าวกล้องงอก	316.34	228.72	87.62	0.7229

หมายเหตุ V_P = ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ V_G = ความแปรปรวนทางพันธุกรรม
 V_E = ความแปรปรวนจากสภาพแวดล้อม h_b^2 = ความสามารถในการถ่ายทอด
 ลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA

ปริมาณสาร GABA ในพันธุ์พ่อแม่

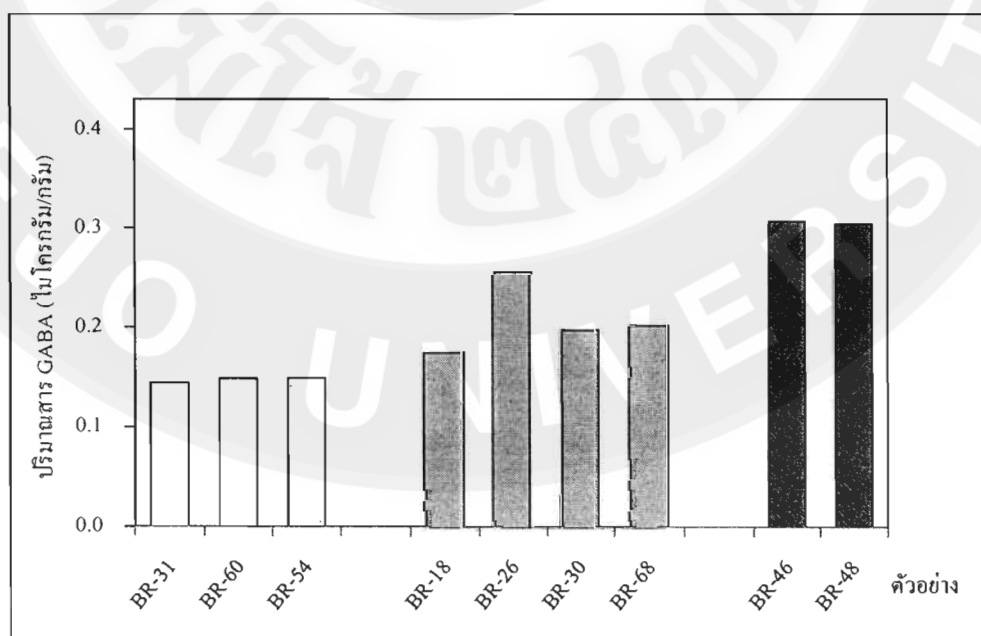
การศึกษาปริมาณสาร GABA ของเมล็ดข้าวในพันธุ์พ่อแม่ พบว่า ปริมาณสาร GABA ทั้งในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.008$ และ $p = 0.028$ ตามลำดับ โดยพันธุ์ HN (แม่) มีปริมาณสาร GABA มากกว่า KM-02 (พ่อ) ทั้งในเมล็ดข้าวกล้อง (1.663 และ 0.218 ไมโครกรัม/กรัม ตามลำดับ) และข้าวกล้องงอก (55.119 และ 1.092 ไมโครกรัม/กรัม ตามลำดับ) เมื่อเปรียบเทียบปริมาณสาร GABA ระหว่างเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก พบว่า ทั้งพันธุ์แม่และพ่มีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกมากกว่าเมล็ดข้าวกล้อง (ตาราง 31) โดยการเพาะเมล็ดข้าวให้งอกมีผลให้พันธุ์แม่มีปริมาณสาร GABA เพิ่มขึ้น 33 เท่า ส่วนพันธุ์พ่อเพิ่มขึ้น 5 เท่า ลักษณะดังกล่าวแสดงให้เห็นว่า พันธุ์พ่อมีความแตกต่างทางพันธุกรรมของการสะสมและการสังเคราะห์สาร GABA

ตาราง 31 ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในพันธุ์พ่อแม่

พันธุ์	ปริมาณสาร GABA (ไมโครกรัม/กรัม)	
	ข้าวกล้อง	ข้าวกล้องงอก
HN	1.663±0.18	55.119±3.37
KM-02	0.218±0.16	1.092±0.11
<i>p</i> -value	0.008	0.028

ปริมาณสาร GABA ในประชากร F_2

การศึกษาปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องของประชากร F_2 คู่ผสม HN×KM-02 จำนวน 9 ตัวอย่าง พบว่า ปริมาณสาร GABA มีค่าระหว่าง 0.144-0.320 ไมโครกรัม/กรัม ค่าเฉลี่ย 0.228 ไมโครกรัม/กรัม ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 0.069 ไมโครกรัม/กรัม และความแปรปรวน 0.0041 โดยกลุ่มตัวอย่างที่มีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องมาก ได้แก่ BR-46 และ BR-48 มีค่า 0.307 และ 0.304 ไมโครกรัม/กรัม ตามลำดับ ส่วนกลุ่มที่มีปริมาณน้อย ได้แก่ BR-31, BR-54 และ BR-60 มีค่า 0.144, 0.148 และ 0.149 ไมโครกรัม/กรัม ตามลำดับ (ภาพ 37)

ภาพ 37 ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องในประชากร F_2 คู่ผสม HN×KM-02

เมื่อนำกลุ่มตัวอย่างมาแจกแจงความถี่โดยแบ่งเป็นอันตรภาคชั้น พบว่า ตัวอย่างเมล็ดข้าวกล้องส่วนใหญ่มีปริมาณสาร GABA ระหว่าง 0.160-0.259 ไมโครกรัม/กรัม คิดเป็น 44% ในขณะที่ 33.33% มีค่าระหว่าง 0.001-0.159 ไมโครกรัม/กรัม และมีเพียง 22.22% มีค่าระหว่าง 0.260-0.359 ไมโครกรัม/กรัม (ตาราง 32) เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยปริมาณสาร GABA ของกลุ่มตัวอย่างระหว่างอันตรภาคชั้น พบว่า กลุ่มตัวอย่างที่มีปริมาณสาร GABA มาก (BR-46 และ BR-48) มีค่าเฉลี่ย 0.306 ± 0.002 ไมโครกรัม/กรัม แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.030$ กับกลุ่มปานกลาง (BR-18, BR-26, BR-30 และ BR-68) ซึ่งมีค่าเฉลี่ย 0.207 ± 0.033 ไมโครกรัม/กรัม และแตกต่างที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ กับกลุ่มที่มีค่าน้อย (BR-31, BR-54 และ BR-60) ซึ่งมีค่าเฉลี่ย 0.147 ± 0.003 ไมโครกรัม/กรัม ส่วนกลุ่มที่มีปริมาณสาร GABA ปานกลางกับกลุ่มที่มีค่าน้อยมีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.018$ โดยกลุ่มที่มีปริมาณสาร GABA มาก มีค่าเฉลี่ยสูงกว่ากลุ่มปานกลางและกลุ่มน้อยประมาณ 1.5- 2 เท่า

ตาราง 32 ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องของกลุ่มตัวอย่างในประชากร F_2

อันตรภาคชั้น	จำนวน	ความถี่ (%)	พิสัย	ค่าเฉลี่ย (มก./100 ก.)	C.V. (%)
0.001-0.159	3	33.33	0.144-0.149	0.147 ± 0.003	2.04
0.160-0.259	4	44.44	0.175-0.255	0.207 ± 0.033	18.86
0.260-0.359	2	22.22	0.304-0.307	0.306 ± 0.002	0.65

ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องออกของประชากร F_2 มีค่าระหว่าง 0.149-43.179 ไมโครกรัม/กรัม ค่าเฉลี่ย 10.507 ไมโครกรัม/กรัม ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 14.907 ไมโครกรัม/กรัม และความแปรปรวน 221.939 โดยตัวอย่างที่มีปริมาณสาร GABA มากที่สุด คือ GBR-28 (43.179 ไมโครกรัม/กรัม) รองลงมา คือ GBR-70 (26.807 ไมโครกรัม/กรัม) ส่วน GBR-23 มีปริมาณสาร GABA น้อยที่สุด (0.204 ไมโครกรัม/กรัม) เมื่อแจกแจงความถี่โดยแบ่งเป็นอันตรภาคชั้น พบว่า ประชากร F_2 ส่วนใหญ่ 44.44% (GBR-23, GBR-25, GBR-54 และ GBR-58) มีปริมาณสาร GABA น้อยกว่า 5.000 ไมโครกรัม/กรัม รองลงมา 33.33% (GBR-03, GBR-44 และ GBR-79) มีค่าระหว่าง 5.001-20.000 ไมโครกรัม/กรัม และมีเพียง 22.22% (GBR-28 และ GBR-70) ที่มีค่ามากกว่า 20.000 ไมโครกรัม/กรัม (ตาราง 33)

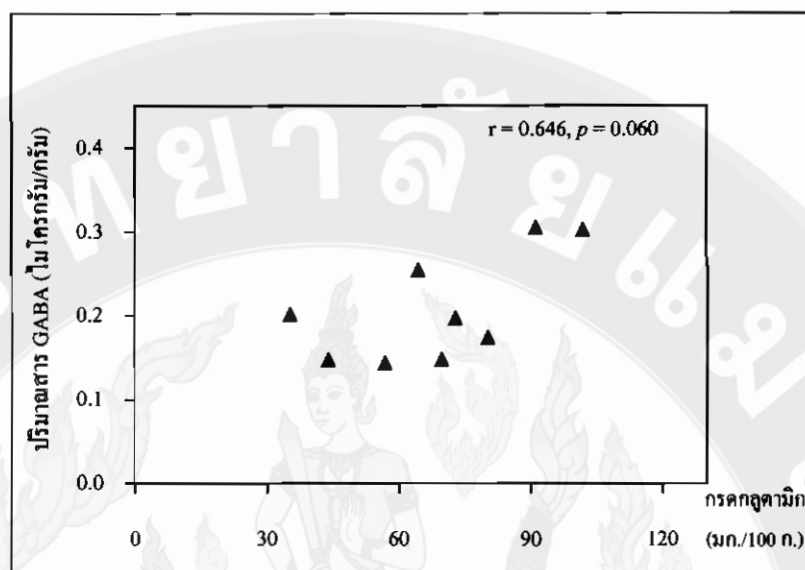
ตาราง 33 ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกของกลุ่มตัวอย่างในประชากร F_2

อันตรภาคชั้น	จำนวน	ความถี่ (%)	พิสัย	ค่าเฉลี่ย (มก./100 ก.)	C.V. (%)
0.001-5.000	4	44.44	0.204-0.671	0.398±0.199	5.00
5.001-20.000	3	33.33	5.296-8.954	7.719±2.099	27.19
มากกว่า 20.000	2	22.22	26.807-43.179	34.993±11.577	33.03

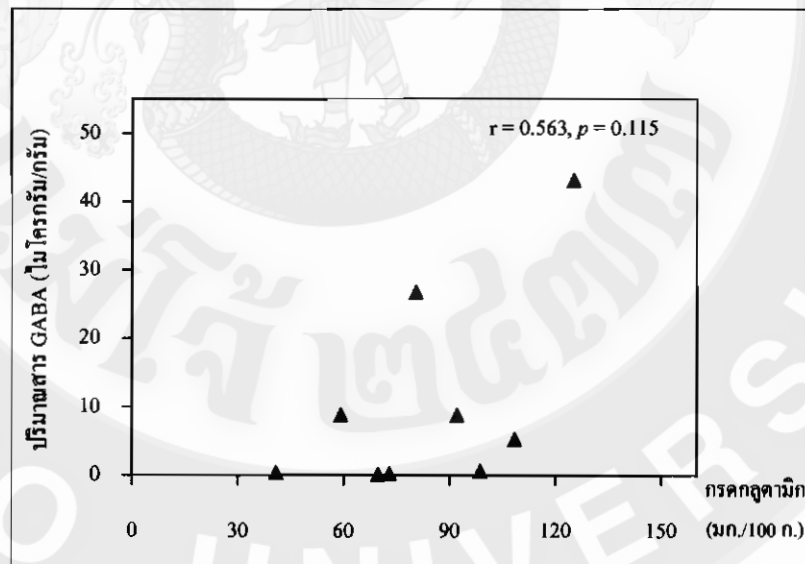
เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยปริมาณสาร GABA ของกลุ่มตัวอย่างระหว่างอันตรภาคชั้น พบว่า กลุ่มตัวอย่างที่มีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกมาก (ค่าเฉลี่ย 34.993 ไมโครกรัม/กรัม) มีความแตกต่างกันทางสถิติกับกลุ่มที่มีค่าปานกลาง (ค่าเฉลี่ย 7.719 ไมโครกรัม/กรัม) และกลุ่มที่มีค่าน้อย (ค่าเฉลี่ย 0.398 ไมโครกรัม/กรัม) ที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.002$ และ $p = 0.048$ ตามลำดับ ในขณะที่กลุ่มปานกลางและน้อยมีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.002$ เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างกลุ่ม พบว่า กลุ่มที่มีปริมาณสาร GABA มาก มีค่ามากกว่ากลุ่มที่มีค่าปานกลางและน้อย 4.53-87.92 เท่า ปริมาณสาร GABA ในประชากร F_2 ระหว่างข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกเป็นไปในทำนองเดียวกับประชากรพ่อแม่ โดยปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกมีค่าเฉลี่ย 10.507 ไมโครกรัม/กรัม มากกว่าในเมล็ดข้าวกล้องที่มีค่าเฉลี่ย 0.228 ไมโครกรัม/กรัม โดยมีปริมาณเพิ่มขึ้นเป็น 46.08 เท่าของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้อง

ความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA และกรดกลูตามิก

ผลการศึกษาปริมาณสาร GABA และกรดกลูตามิกในประชากร F_2 พบว่า ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องมีแนวโน้มมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับปริมาณกรดกลูตามิก ($r = 0.646$, $p = 0.060$) (ภาพ 38ก) เช่นเดียวกับเมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของกรดกลูตามิกที่แจกแจงเป็นอันตรภาคชั้นกับปริมาณสาร GABA โดยพบค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ค่อนข้างสูง $r = 0.755$ แม้จะไม่มีสหสัมพันธ์กันในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ($p = 0.083$) สำหรับปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกมีทิศทางเดียวกับในเมล็ดข้าวกล้อง คือ ไม่พบสหสัมพันธ์กับปริมาณกรดกลูตามิกที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ($r = 0.563$, $p = 0.115$) (ภาพ 38ข) และการวิเคราะห์จากค่าเฉลี่ยที่แจกแจงเป็นอันตรภาคชั้นไม่พบสหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA กับกรดกลูตามิกเช่นเดียวกัน ($r = 0.547$, $p = 0.160$)



ก



ความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA และสีของเมล็ดข้าวกล้อง

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA และค่าสี พบว่า ค่าดัชนีสีม่วง มีสหสัมพันธ์ทางบวกกับปริมาณสาร GABA ($r = 0.614, p = 0.034$) และค่าสีแดง ($r = 0.684, p = 0.014$) แต่มีสหสัมพันธ์ทางลบกับค่าความสว่าง ($r = -0.963, p < 0.001$) และค่าสีเหลือง ($r = -0.962, p < 0.001$) ลักษณะดังกล่าวแสดงให้เห็นว่ากลุ่มตัวอย่างเมล็ดข้าวกล้องที่มีค่าสีแดงและสีน้ำเงินเพิ่มขึ้นแต่ค่าความสว่างลดลง หรือมีค่าความเป็นสีม่วงเพิ่มขึ้นมีแนวโน้มมีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดสูง สอดคล้องกับผลการศึกษาที่พบว่ากลุ่มตัวอย่างเมล็ดข้าวที่เยื่อหุ้มเมล็ดปรากฏสีม่วง มีค่าเฉลี่ยของปริมาณสาร GABA สูงกว่ากลุ่มเมล็ดที่ไม่ปรากฏสีม่วงทั้งในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกเท่ากับ 2.87 และ 1.94 เท่า ตามลำดับ (ตาราง 34)

ตาราง 34 ปริมาณสาร GABA ระหว่างเมล็ดข้าวที่เยื่อหุ้มเมล็ดปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วง

ลักษณะสีเมล็ดข้าว	ปริมาณสาร GABA (ไมโครกรัม/กรัม)	
	ข้าวกล้อง	ข้าวกล้องงอก
ปรากฏสีม่วง	0.579	20.532
ไม่ปรากฏสีม่วง	0.202	10.571

การกระจายตัวของปริมาณสาร GABA

การศึกษาการกระจายตัวของประชากร F_2 จากคู่ผสม HN×KM-02 พบว่า ปริมาณสาร GABA ในประชากร F_2 ส่วนใหญ่ 66.67% กระจายตัวระหว่าง 0.144-0.202 ไมโครกรัม/กรัม น้อยกว่าพันธุ์พ่อแม่ที่มีค่าต่ำกว่า 0.218 ไมโครกรัม/กรัม แต่เมื่อนำค่าเฉลี่ยของปริมาณสาร GABA ที่วิเคราะห์แจกแจงความถี่ตามอันตรภาคชั้นมาเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (0.940 ไมโครกรัม/กรัม) พบว่า ประชากร F_2 ทั้งหมดมีการกระจายตัวของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (ตาราง 32 และ 35) สำหรับปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอก 55.56% มีค่าระหว่าง 5.296-43.179 ไมโครกรัม/กรัม มีการกระจายตัวระหว่างพันธุ์พ่อแม่ (1.092-55.119 ไมโครกรัม/กรัม) ส่วนอีก 44.44% มีค่าระหว่าง 0.204-0.671 ไมโครกรัม/กรัม ซึ่งมีการกระจายตัวน้อยกว่าพันธุ์พ่อแม่ที่มีค่าน้อย (1.092 ไมโครกรัม/กรัม) แต่เมื่อเปรียบเทียบระหว่างค่าเฉลี่ยของอันตรภาคชั้นของ F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (10.507 ไมโครกรัม/กรัม) พบว่า ประชากร

F_2 ที่กระจายความถี่น้อยกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่มี 77.78% และกระจายตัวมากกว่ามี 22.22% (ตาราง 33 และ 35)

ตาราง 35 ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในพันธุ์พ่อแม่ ประชากร F_2 ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ และค่าเฉลี่ยของประชากร F_2

พันธุ์	ปริมาณสาร GABA (ไมโครกรัม/กรัม)	
	ข้าวกล้อง	ข้าวกล้องงอก
HN	1.663	55.119
KM-02	0.218	1.092
ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่	0.940	28.105
ค่าเฉลี่ยของ F_2	0.228	10.507
<i>p</i> -value	< 0.001	0.008

หมายเหตุ * เปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่โดย *t*-test

ประชากรพ่อแม่มีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.008$ แสดงว่า พันธุ์แม่ (HN) และพันธุ์พ่อ (KM-02) มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมในการสะสมสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องโดยมีค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเท่ากับ 1.044 เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องระหว่างประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ (ตาราง 35) โดยประชากร F_2 มีค่าเฉลี่ยน้อยกว่า (0.228 ไมโครกรัม/กรัม) ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (0.940 ไมโครกรัม/กรัม) ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกมีทิศทางเดียวกับข้าวกล้อง โดยพันธุ์พ่อแม่มีปริมาณสาร GABA แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.028$ และพันธุ์แม่มีค่าเฉลี่ยมากกว่าพันธุ์พ่อ (ตาราง 31) โดยมีค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเท่ากับ 1,456.428 เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกระหว่างประชากร F_2 กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่พบว่า มีความแตกต่างกันทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p = 0.008$ โดยประชากร F_2 (10.507 ไมโครกรัม/กรัม) มีค่าเฉลี่ยน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (28.105 ไมโครกรัม/กรัม) 2.68 เท่า

การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA

การประเมินความแปรปรวนของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องในประชากร F_2 พบว่ามีค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏเท่ากับ 0.0041 ความแปรปรวนของพันธุกรรมเท่ากับ 0.0038 และความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมเท่ากับ 0.0003 ในขณะที่ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกมีค่า V_p , V_G และ V_E เท่ากับ 221.939, 215.869 และ 6.065 ตามลำดับ เมื่อประเมินความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง พบว่า ค่า h_b^2 ของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกเท่ากับ 0.9268 และ 0.9726 ตามลำดับ (ตาราง 36)

ตาราง 36 ความแปรปรวนและ h_b^2 ของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกในประชากร F_2

	V_p	V_G	V_E	h_b^2
ข้าวกล้อง	0.0041	0.0038	0.0003	0.9268
ข้าวกล้องงอก	221.9397	215.8744	6.0653	0.9726

หมายเหตุ V_p = ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ V_G = ความแปรปรวนทางพันธุกรรม
 V_E = ความแปรปรวนจากสภาพแวดล้อม h_b^2 = ความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแบบกว้าง

บทที่ 7

อภิปรายผลการวิจัย

ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าว 13 พันธุ์ มีความหลากหลายในช่วงระหว่าง 9.86-24.17 มิลลิกรัม/100 กรัม เช่นเดียวกับการศึกษาในพันธุ์ข้าวไทย 21 พันธุ์ (Karladee and Suriyong, 2012) พันธุ์ข้าวมาเลเซีย 35 พันธุ์ (Roohinejad et al., 2009) และข้าวบาร์เลย์ 43 พันธุ์ (Kihara et al., 2007) ซึ่งเป็นการบ่งชี้ว่าปริมาณสาร GABA มีความหลากหลายไปตามลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรม (Karladee and Suriyong, 2012) สหสัมพันธ์ทางบวก ($r = 0.556-0.621$, $p = 0.023-0.049$) ระหว่างปริมาณสาร GABA และลักษณะการงอก (สัดส่วนการงอกและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร) ในพันธุ์ HN และ MJ3 ซึ่งมีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดสูง สอดคล้องกับ Shoichi (2004) ที่รายงานว่า พันธุ์ข้าวที่มีเปอร์เซ็นต์การงอกสูงส่วนใหญ่มีปริมาณสาร GABA มากกว่าพันธุ์ที่มีเปอร์เซ็นต์การงอกต่ำ และข้าวกล้องงอกที่มีความยาวราก 0.5-2.0 มิลลิเมตร มีการสร้างสารอาหารต่างๆ รวมทั้ง GABA มาก (Watanabe et al., 2004; Morita et al., 2004; Maeda et al., 2007) เป็นไปได้ว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวอาจเกี่ยวข้องกับความแตกต่างทางพันธุกรรมของลักษณะการงอก อย่างไรก็ตาม แม้พบความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะการงอกกับขนาดคัพภะ ($r = 0.554$, $p = 0.049$) แต่กลับไม่มีความสัมพันธ์ในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ระหว่างปริมาณสาร GABA กับขนาดคัพภะตามที่ Maeda et al. (2001) และ Komatsuzaki et al. (2007) ได้รายงานว่า พันธุ์ข้าวที่มีขนาดคัพภะใหญ่มีปริมาณสาร GABA สูงกว่าพันธุ์ข้าวที่มีขนาดคัพภะเล็ก แม้ว่าขนาดของคัพภะของพันธุ์ข้าวที่ใช้ทดสอบมีความแตกต่างกันในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ $p < 0.001$ แต่ไม่มีพันธุ์ใดที่มีความแตกต่างกัน 2-4 เท่า (Saikusa et al., 1994; Maeda et al., 2001)

การทดสอบในข้าวพันธุ์ JK และ R258 พบว่า มีสัดส่วนการงอกและสัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร สูง แต่กลับมีปริมาณสาร GABA ในเมล็ดต่ำ อาจเป็นเพราะข้าวแต่ละพันธุ์มีความแตกต่างกันในการสังเคราะห์สาร GABA (Komatsuzaki et al., 2007) ซึ่งเกิดจากปฏิกิริยาชีวเคมีของเอนไซม์ glutamate decarboxylase (GAD) ที่มีกรดกลูตามิกเป็นสารเริ่มต้นที่สำคัญ (Bown and Shelp, 1997; Shelp, 1999) โดยข้าวแต่ละพันธุ์มีการสะสมปริมาณกรดกลูตามิกในเนื้อเยื่อแตกต่างกัน (Roohinejad et al., 2009) จากการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณสาร GABA กับกรดกลูตามิกไม่พบสหสัมพันธ์กันที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ทั้งในเมล็ดข้าวกล้อง ($r = 0.646$, $p = 0.060$) และข้าวกล้องงอก ($r = 0.563$, $p = 0.115$) เช่นเดียวกับผลการศึกษาของ Jannoey et al. (2010) ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากความแตกต่างทางพันธุกรรมของปฏิกิริยาทางชีวเคมีในวิถีของ

GABA Shunt โดยการเกิดปฏิกิริยาของกรดกลูตามิกไปเป็นสาร GABA เกี่ยวข้องกับการทำงานของเอนไซม์ GAD ซึ่งถูกควบคุมโดยยีน *OsGAD2* หรือ *OsGADΔ2* (Akama and Takaiwa, 2007) และในช่วงที่สาร GABA เปลี่ยนไปเป็น succinic semialdehyde เป็นกลไกการทำงานของเอนไซม์ GABA-T ซึ่งมีทั้ง GABA:α-ketoglutarate transminase และ GABA:pyruvate transminase (Shelp et al., 1999) โดยมียีน *POP2* (Palanivelu et al, 2003) และยีน *OsI2* (Ansari and Chen, 2009) ควบคุมการทำงานของเอนไซม์ดังกล่าว

การประเมินการถ่ายทอดทางพันธุกรรมแบบกว้าง (h^2) ของปริมาณสาร GABA มีค่าสูงทั้งในเมล็ดข้าวกล้อง (92.68%) และข้าวกล้องงอก (97.26%) เช่นเดียวกับปริมาณสารอาหารต่างๆ ในเมล็ดข้าวที่มีค่าการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมสูง เช่น โปรตีนมีค่า h^2 เท่ากับ 85.3% (Shi et al, 1999) ธาตุเหล็กมีค่า h^2 และ h^2 เท่ากับ 88% และ 43% ตามลำดับ (Gregorio et al., 2000) Leucine มีค่า h^2 ระหว่าง 64.14-87.97% (Zhang et al., 2010) กรดอะมิโนหลายชนิด (Asp, Ser, Glu, Gly และ Tyr) มีค่า h^2 ระหว่าง 70.9-85.9% (Wu et al., 2004) หากพิจารณาการกระจายตัวของประชากร F_2 จากกลุ่มผสม HN×KM-02 ที่ใช้ประเมิน h^2 พบว่า ส่วนใหญ่กระจายตัวก่อนไปทางพันธุ์พ่อที่มีปริมาณสาร GABA ต่ำ ค่า h^2 ที่สูงจึงอาจไม่เป็นประโยชน์ต่อการสร้างประชากรเพื่อการคัดเลือก เนื่องจากประชากรกลุ่มนี้มีความคงเส้นคงวาในการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะปริมาณสาร GABA (กฤษฎา, 2544) และการที่ปริมาณสาร GABA ในประชากร F_2 ส่วนใหญ่มีการกระจายตัวเกินขอบเขตของพันธุ์พ่อ ส่งผลให้การกระจายความถี่ของปริมาณสาร GABA เบี่ยงเบนไปจากแบบปกติและมีลักษณะเบ้ขวา หากสันนิษฐานว่าเกิดจากยีนควบคุมลักษณะ 1 ยีนที่แสดงลักษณะแบบสมบูรณ์ (complete dominance) ต้นที่เป็น heterozygous ควรแสดงลักษณะต่ำเท่ากับพันธุ์พ่อที่เป็น homozygous dominant ซึ่งไม่สอดคล้องกับผลการทดสอบประชากร F_2 ในข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก 2/3 และ 1/2 ตามลำดับ แสดงลักษณะ GABA ต่ำกว่าพันธุ์พ่อ จึงมีความเป็นไปได้ที่การแสดงออกของลักษณะดังกล่าวเกิดจากปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) โดยเกี่ยวข้องกับยีนควบคุมลักษณะมากกว่า 1 ยีน

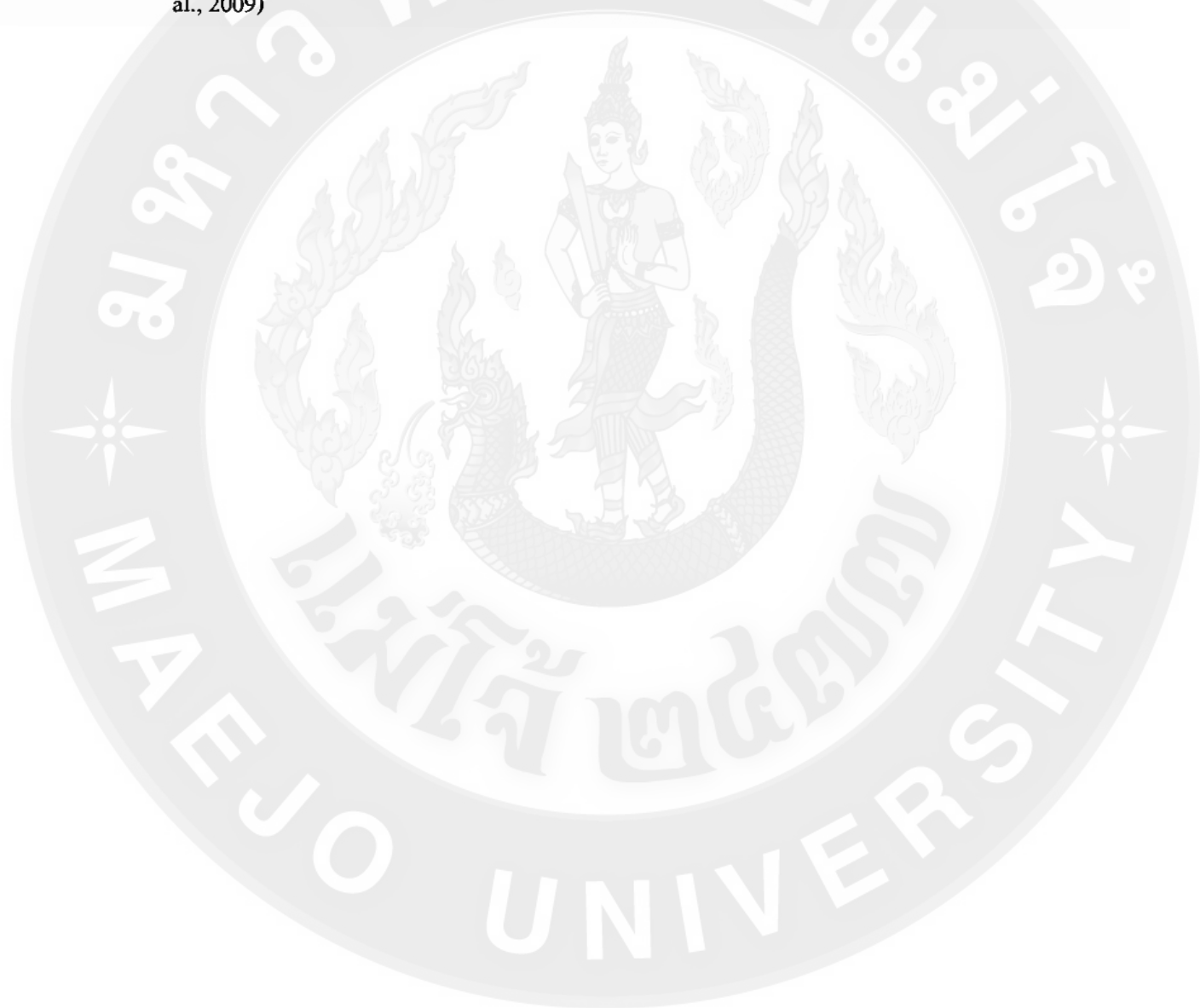
การปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบ กาบใบ ลิ้นใบ และเขียวใบในพันธุ์พ่อแม่และประชากร F_2 มีความสัมพันธ์ทางบวกซึ่งกันและกัน ($p < 0.001$) โดยการปรากฏสีม่วงบนแผ่นใบกับกาบใบ และลิ้นใบกับเขียวใบ ของกลุ่มผสม F_2 ส่วนใหญ่มีค่า r สูงกว่าลักษณะอื่น (ตาราง 10) ซึ่งสอดคล้องกับ Takahashi (1957) ที่รายงานว่า ลักษณะดังกล่าวมีความสัมพันธ์กัน ($r = 0.74$ และ $0.96, p < 0.01$) และเกี่ยวข้องกับยีน *Pla* ที่กระจายรงควัตถุสีม่วงไปยังแผ่นใบและกาบใบ (Hsieh, 1993) ในขณะที่ Chang (1964) สรุปไว้ว่า ยีน 3 อัลลีล ได้แก่ Pl , Pl^+ และ Pl^+ มีบทบาทควบคุมการกระจายรงควัตถุไปยังส่วนแผ่นใบ กาบใบ ลิ้นใบ เขียวใบ ข้อ ปล้อง และระแนง ดังนั้น จึงเป็นไปได้

ได้ที่การปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบเกี่ยวข้องกับยีนเดียวกันที่มีผลต่อการปรากฏสีของหลายลักษณะ (pleiotropic effect) หรือเกี่ยวข้องกับหลายยีนที่แสดงปฏิสัมพันธ์กัน ดังการสรุปของ Chang (1960) เกี่ยวกับรงควัตถุในส่วนต่างๆ ของต้นข้าวว่า เกี่ยวข้องกับระบบยีนที่ซับซ้อนซึ่งแสดงผลตั้งแต่แบบปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งจนถึงยีนที่มีผลต่อหลายลักษณะ

การปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบในประชากร F_1 และ F_2 ในคู่ผสมที่แม่และพ่อไม่ปรากฏสีม่วง เป็นหลักฐานว่ารุ่นพ่อแม่มีทั้งยีนควบคุมการปรากฏและไม่ปรากฏสีม่วง แต่ยีนควบคุมการปรากฏสีม่วงอยู่ในสภาพที่ไม่แสดงออก สอดคล้องกับ Chang (1964) ที่อธิบายว่าการปรากฏสีม่วงในข้าวเกิดจากการทำงานร่วมกันของยีนพื้นฐาน 2 ยีน ซึ่งเป็นยีนโครงสร้าง คือ ยีน C และ A โดยยีน C (Chromogen) เกี่ยวข้องกับการสร้างสาร chromogen ซึ่งเป็นสารตั้งต้นในการผลิตรงควัตถุ ส่วนยีน A (Activator) มีบทบาทควบคุมการเปลี่ยนสาร chromogen ให้เป็นรงควัตถุ แต่หากยีนโครงสร้างดังกล่าวไม่สามารถแสดงลักษณะได้ ส่งผลให้ในรุ่นพ่อแม่ไม่ปรากฏสีม่วง ซึ่งอาจเกิดจากการทำงานของยีนอื่น เช่น ยีนที่แสดงผลยับยั้งการเกิดสี (Kinoshita, 1995) หรือยีนที่แสดงผลแบบยับยั้งการแสดงออกของยีนอื่น โดย Kinoshita and Maekawa (1986) พบว่า ยีน $I-PI-1$, $I-PI-2$ และ $I-PI-3$ ยับยั้งการแสดงออกของยีน PI และ PI^* ส่วน $I-PI-6$ ยับยั้งยีน PI^* ซึ่งยีนในกลุ่ม PI ควบคุมการแสดงออกของลักษณะสีม่วงในส่วนต่างๆ ของต้นข้าว (Kinoshita and Maekawa, 1985; Reddy, 1996) ในขณะที่ $I-PI-4$ และ $I-PI-5$ ยับยั้งยีน Prp และยีน Ilb ยับยั้งการเกิดสีของแผ่นใบ (Reddy, 1996) แต่เมื่อมีการผสมพันธุ์ทำให้ประชากรในรุ่นลูกมีโครงสร้างทางพันธุกรรมเปลี่ยนไปเนื่องจากยีนมีการจัดเรียงตัวใหม่ และในกรณีที่ยีนในกลุ่มแสดงผลแบบยับยั้ง (inhibitory gene) อยู่ในสภาพที่ไม่แสดงออก ส่งผลให้ยีนควบคุมลักษณะการปรากฏสีม่วงสามารถทำงานได้ตามปกติ การพิจารณาเฉพาะลักษณะที่ปรากฏ (phenotype) ในการศึกษาเกี่ยวกับพฤติกรรมของยีนควบคุมลักษณะการเกิดสีดังกล่าวจึงอาจนำไปสู่ข้อสรุปที่คลาดเคลื่อนและไม่สอดคล้องกับการพิจารณาแบบองค์รวมตั้งแต่ลักษณะปรากฏไปจนถึงการแสดงออกของยีน (gene expression)

หากพิจารณาลักษณะการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบ พบว่า มีลักษณะเจดสีและระดับความเข้มของสีม่วงที่แตกต่างกัน เนื่องจากยีนโครงสร้างมีลักษณะเป็น Multiple alleles โดยยีน C มี 6 อัลลีล ($C^B > C^{Bp} > C^{Bt} > C^{Br} > C^{Bm} > C^+$ หรือ c) ส่วนยีน A มี 4 อัลลีล ($A^E > A > A^d > A^+$ หรือ a) (Chang, 1964) ทำนองเดียวกับสีของขอดดอกที่ Takahashi (1957) รายงานว่า ถูกควบคุมด้วยยีน C จำนวน 5 อัลลีล ($C^B > C^{Bp} > C^{Bt} > C^{Br} > C^+$) และยีน Sp อีก 3 อัลลีล ($Sp > Sp^d > Sp^+$) ซึ่งทำให้จีโนไทป์มีอัลลีลแตกต่างกันมีการแสดงออกของเจดสีตั้งแต่สีขาวจนถึงสีม่วง สอดคล้องกับ Reddy (1996) สรุปว่า การปรากฏสีในข้าวมีระดับสีตั้งแต่สีน้ำตาลจนถึงสีม่วงดำ

แตกต่างกันตามสายพันธุ์ ทั้งนี้เกิดจากการกระจายหรือการสะสมสารแอนโทไซยานินในเนื้อเยื่อส่วนต่างๆ มีความจำเพาะและแตกต่างกันในข้าวแต่ละพันธุ์ นอกจากนี้ สภาพแวดล้อมเป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่มีผลต่อการปรากฏสี เช่น ระยะเวลาเจริญเติบโต (Schmitzer et al, 2010) ค่าความเป็นกรด-ด่าง (Schmitzer and Stampar, 2010) อุณหภูมิ (Chae et al., 2004) และความชื้น (Hiemori et al., 2009)



บทที่ 8

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

สรุปผลการวิจัย

ปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องงอกในข้าว 13 พันธุ์ มีค่าระหว่าง 9.86-24.17 มิลลิกรัม/100 กรัม โดยพันธุ์ HN และ MJ3 มีค่ามากที่สุด (24.17 และ 23.80 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ) ส่วนในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกของประชากร F_2 มีปริมาณสาร GABA 0.144-0.320 และ 0.149-43.179 ไมโครกรัม/กรัม ตามลำดับ ปริมาณกรดกลูตามิก 65.93-71.82 และ 75.04-99.16 มิลลิกรัม/100 กรัม ตามลำดับ ปริมาณสาร GABA ไม่มีสหสัมพันธ์กับลักษณะเมล็ด ปริมาณโปรตีน และปริมาณกรดกลูตามิกในทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ทั้งในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอก ในขณะที่ลักษณะการงอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับขนาดคัพภะ ($r = 0.554, p = 0.049$) อย่างไรก็ตาม พบสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างปริมาณสาร GABA กับประสิทธิภาพการงอกและค่าดัชนีสีม่วงของเมล็ดข้าวในประชากร F_2 ($r = 0.614, p = 0.034$) การประเมินสัดส่วนความแปรปรวนทางพันธุกรรมกับความแปรปรวนทั้งหมดของปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าวกล้องและข้าวกล้องงอกมีค่า 92.68 และ 97.26% ตามลำดับ ส่วนปริมาณกรดกลูตามิกมีค่า 77.67 และ 72.29% ตามลำดับ

ลักษณะทางการเกษตรของข้าว 8 พันธุ์ คือ ความสูง จำนวนต้นต่อกอ และอายุวันออกดอก มีความแตกต่างกันในทางสถิติ ($p < 0.001-0.006$) มีค่าเฉลี่ย 66.22-89.41 เซนติเมตร, 7.27-19.76 ต้นต่อกอ และ 72.76-91.37 วัน ตามลำดับ ส่วนประชากร F_2 จำนวน 7 กลุ่ม มีค่าเฉลี่ยระหว่าง 73.68-93.34 เซนติเมตร, 11.81-16.45 ต้นต่อกอ และ 72.02-78.93 วัน ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมกับความแปรปรวนทั้งหมดมีค่าระหว่าง 69.90-88.70, 14.04-54.46 และ 47.46-82.26% ตามลำดับ ส่วนการปรากฏสีม่วงบนส่วนลำต้นและใบสอดคล้องกับรูปแบบการแสดงออกของยีน 6 ยีน โดยเป็นยีนหลัก 2 ยีน และยีนคัดแปลง 4 ยีน

ลักษณะเมล็ดของข้าว 15 พันธุ์ ได้แก่ ขนาดและรูปร่างเมล็ด และขนาดคัพภะแตกต่างกันในทางสถิติ ($p < 0.001$) โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวนาส่วนใหญ่เมล็ดยาวและแคบ รูปร่างเรียวกกลุ่มพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นเมล็ดสั้น กว้าง และหนา รูปร่างป้อม ส่วนกลุ่มพันธุ์ข้าวไร่มีทั้งพันธุ์รูปร่างปานกลางและป้อม ขนาดและรูปร่างเมล็ดไม่มีความสัมพันธ์กับขนาดคัพภะ ($p > 0.05$) ปฏิสัมพันธ์ระหว่างฤดูและพันธุ์ข้าวมีอิทธิพลต่อการงอกอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.001$) โดย HN มีประสิทธิภาพการงอกสูงทั้งในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว ส่วน GW42 มีประสิทธิภาพการงอก

ต่ำที่สุด ลักษณะการงอกมีความสัมพันธ์กับขนาดเมล็ดและขนาดคัพทะ โดยสัดส่วนการงอกมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับพื้นที่เมล็ด ($r = 0.559, p = 0.047$) สัดส่วนเมล็ดที่รากยาว 0.5-2.0 มิลลิเมตร และความยาวรากมีสหสัมพันธ์ทางบวกกับพื้นที่คัพทะ ($r = 0.554, p = 0.049$ และ $r = 0.752, p = 0.003$ ตามลำดับ)

ข้อเสนอแนะ

1. ข้าวแต่ละพันธุ์ที่ใช้ทดสอบต้องการเวลาและสภาพที่เหมาะสมในการงอกที่แตกต่างกัน ในการส่งเสริมการผลิตข้าวกล้องงอก จึงควรคำนึงถึงเรื่องสภาพการงอกของเมล็ด โดยเฉพาะอย่างยิ่งในการผลิตข้าวกล้องงอกในระดับชุมชนที่มีความแตกต่างของพันธุ์ข้าวและวิธีการ นอกจากนั้นยังควรนำมาพิจารณาประกอบการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มปริมาณสาร GABA ในเมล็ดข้าว
2. ผลการทดสอบที่พบสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างปริมาณสาร GABA กับค่าดัชนีสีม่วงในเมล็ดข้าวกล้องของกลุ่มประชากร F_2 เป็นการประเมินในคู่ผสมที่พันธุ์แม่ซึ่งเมล็ดสีม่วงมีปริมาณสาร GABA สูงกว่าพันธุ์พ่อซึ่งเมล็ดไม่มีสีม่วง ดังนั้น การใช้ประโยชน์จากความสัมพันธ์ที่พบนี้ ต้องนำไปประยุกต์ใช้ภายในขอบเขตของตัวแปรในประชากรที่ทดสอบตามข้อสันนิษฐานเบื้องต้นของหลักการในการวิเคราะห์สหสัมพันธ์เท่านั้น
3. ผลการทดสอบ χ^2 ที่สอดคล้องกับอัตราส่วนตามค่าคาดหวังของยีนควบคุมลักษณะในทางสถิติ อาจไม่สะท้อนถึงจำนวนและพฤติกรรมการแสดงออกของยีนที่เกี่ยวข้องอย่างแท้จริง ดังเช่นในกรณีของพันธุ์ที่ไม่แสดงลักษณะสีม่วงบนส่วนต่างๆ ของส่วนลำต้นและใบที่มียีนควบคุมการเกิดสีม่วงแต่อยู่ในสภาพที่ไม่สามารถแสดงออก การประเมินลักษณะปรากฏจึงควรตระหนักถึงการแสดงออกของยีน (gene expression) โดยดำเนินการทดสอบกับประชากรหลายกลุ่มที่พันธุ์พ่อและแม่แสดงความหลากหลายในลักษณะที่สนใจ

บรรณานุกรม

- กรมการข้าว. 2551. การจัดการข้าววัชพืชแบบผสมผสาน ในระบบการผลิตแบบเกษตรดีที่เหมาะสม. พิมพ์ครั้งที่ 1. นครนายก: กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 32 น.
- กฤษฎา สัมพันธ์รักษ์. 2544. ปรับปรุงพันธุ์พืช: ความหลากหลายของแนวคิด. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 272 น.
- _____. 2546. ปรับปรุงพันธุ์พืช: พื้นฐาน วิธีการ และแนวคิด. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 237 น.
- งามชื่น คงเสรี. 2546. ข้าวและผลิตภัณฑ์ข้าว. กรุงเทพฯ: กรมวิชาการเกษตร. 167 น.
- จารุรัตน์ สันเต วรณัฐ ศรีเจษฎารักษ์ และรัชฎา ตั้งวงศ์ไชย. 2550. ผลของการแช่และกระบวนการงอกของข้าวกล้อง (หอมมะลิ 105) ต่อปริมาณสารแกมมาอะมิโนบิวเทอริกเอซิดในข้าวกล้องงอก. วารสารวิทยาศาสตร์การเกษตร 38(6): 103-106.
- จรัส โปร่งวัฒนา. 2534. ความรู้เรื่องข้าว. สถาบันวิจัยข้าว กรมวิชาการเกษตร. 267 น. (พิมพ์คัด)
- ซัด จำเริญม. 2551. การป้องกันและกำจัดศัตรูข้าวโดยวิธีผสมผสาน. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา <http://gotoknow.org/blog/chud02/175765> (15 กุมภาพันธ์ 2553).
- ดาวรุ่ง กังวานพงศ์ ทิพย์มณี ภัระตะศิลป์ ปรีศนา จริยวิทย์วัฒน์ ศรีสุลักษณ์ ชีรานุพัฒนา หัตยา กาวิวงศ์ และ Rer Nat. 2546. พันธุศาสตร์. เชียงใหม่: เชียงใหม่บิสเนสเซ็นเตอร์ แอนด์ สตูดิโอ. 518 น.
- ดำเนิน กาละดี. 2544. เทคโนโลยีการปรับปรุงพันธุ์พืช. เชียงใหม่: มหาวิทยาลัยเชียงใหม่. 212 น.
- ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ. 2550. พันธุศาสตร์ประชากรและปริมาณ. พิมพ์ครั้งที่ 1. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 215 น.
- พัชรि ตั้งตระกูล. 2549. การใช้ประโยชน์จากคัพพะข้าวและข้าวกล้องงอกเป็นอาหารสุขภาพเพื่อเพิ่มมูลค่า. น. 75-77. ใน ทำเนียบผลการวิจัย. ปีที่ 14 ฉบับที่ 14 พ.ศ. 2549. สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ.
- พิระศักดิ์ ศรีนิเวศน์. 2525. พันธุศาสตร์ปริมาณที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืช. กรุงเทพฯ: คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 179 น.
- เพ็ญภา จักรสมศักดิ์ เบญจวรรณ ฤกษ์เกษม และ ศันสนีย์ จำจด. 2549. การควบคุมทางพันธุกรรมของปริมาณธาตุเหล็กในเมล็ดข้าว. วารสารเกษตร 22(1): 1-5.

- ไพบูรณ์ เปรียบยัง และ วิลาวรรณ ศิริพนวิวัฒน์. 2549. คำนีค่าระดับสีเพื่อการคัดเลือกข้าวที่มีเชื้อหุ้มเมล็ดสีม่วง. วารสารวิจัยและส่งเสริมวิชาการเกษตร. 23(2): 1-9.
- ไพศาล เหล่าสุวรรณ. 2527. หลักการปรับปรุงพันธุ์พืช. พิมพ์ครั้งที่ 4. สงขลา: มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ คณะทรัพยากรธรรมชาติ. 320 น.
- วรวิทย์ พาณิชพัฒน์. 2546. การปรับปรุงพันธุ์และขยายพันธุ์ข้าว. กรุงเทพฯ: สถาบันวิจัยข้าว กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 613. น.
- วัฒนา วัชรอาภาไพบูรณ์ ัญญา เลากุลจิตต์ อรพิน เกิดชูชื่น และ ทรงศิลป์ พงษ์ชนะชัย. 2550. ผลของพีเอช อุณหภูมิ และเวลาการแช่ข้าวต่อคุณภาพของข้าวกล้องงอก. วารสารวิทยาศาสตร์การเกษตร 38(6)(พิเศษ): 169-172.
- วิชุดา ต๊ะใจ และ ดำเนิน กาละดี. 2549. การใช้ลักษณะเมล็ดเพื่อแยกพันธุ์กรรมของเมล็ดข้าวไร่ ก่อนปลูกที่บ้านอาโยะใหม่ อำเภอแม่ฟ้าหลวง จังหวัดเชียงราย. วารสารวิทยาศาสตร์การเกษตร 37(5) (พิเศษ): 183-186.
- สุเมธ นีรันตรายกุล และ ดำเนิน กาละดี. 2546. พฤติกรรมของยีนที่ควบคุมการสังเคราะห์สีม่วงในข้าวเหนียวดำ. วารสารวิชาการเกษตร 21(1): 34-44.
- สงวน ชูวิสิฐกุล. 2547. ข้อควรระวังในการปลูกข้าว. กรุงเทพฯ: กรมวิชาการเกษตร สถาบันวิจัยข้าว. 103 น.
- อรอนงค์ นัยวิกุล. 2547. ข้าว : วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี. พิมพ์ครั้งที่ 1. กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 366 น.
- Abdou, A.M., S. Higashiguchi, K. Horie, M. Kim, H. Hatta and H. Yokogoshi. 2006. Relaxation and immunity enhancement effect of γ -aminobutyric acid (GABA) administration in humans. **BioFactors** 26: 201-208.
- Ahangar, L., G.A. Ranjbar and M. Nouroozi. 2007. Estimation of combining ability for yield and yield components in rice (*Oryza sativa* L.) cultivars using diallel cross. **Pakistan Journal of Biological Science** 11(9): 1278-1281.
- Akama, K. and F. Takaiwa. 2007. C-terminal extension of rice glutamate decarboxylase (OsGAD2) functions as an autoinhibitory domain and overexpression of truncated mutant results in the accumulation of extremely high level of GABA in plant cells. **Journal of Experimental Botany**. [Online]. Available <http://jxb.oxfordjournals.org/cgi/reprint/erm120v1> (18 January 2009)

- Akram, M., S.U. Ajmal, and M. Munir. 2007. Inheritance of traits related to seedling vigor and grain yield in rice (*Oryza sativa* L.). **Pakistan Journal of Botany** 39(1): 37–45.
- Ali, M.G., R.E.L. Naylor and S. Matthews. 2003. Effect of a range of constant temperature on germination of fifteen Bangladeshi rice (*Oryza sativa* L.) cultivars. **Pakistan Journal of Biological Science** 6(12): 1070–1076.
- Allan, W.L. and B.J. Shelp. 2006. Fluctuations of γ -aminobutyrate, γ -hydroxybutyrate, and related amino acids in *Arabidopsis* leaves as a function of the light-dark cycle, leaf age, and N stress. **Canadian Journal of Botany** 84: 1339–1346.
- Ansari, M.I. and S.G. Chen. 2009. Biochemical characterization of gamma-aminobutyric acid (GABA): pyruvate transaminase during rice leaf senescence. **International Journal of Integrative Biology** 6(1): 27–32.
- Arshad, M., A. Ghafoor and A.S. Qureshi. 2005. Inheritance of quantitative traits and their linkage in blackgram (*Vigna mungo* (L.) Hepper). **Pakistan Journal of Botany** 37(1): 41–46.
- Ayoola, A.O. and J.O. Faluyi. 2007. Inheritance of caryopsis/ripened-hull colour in a selection from land races of rice *Oryza sativa* (Linn). **Agricultural Journal** 2(3): 412–414.
- Berger, F., J. N. Fitz Gerald and M. Ingouff. 2006a. *Arabidopsis* as a model for understanding the basics of endosperm development. pp. 91–110. In O.-A. Olsen. **Endosperm**. Plant Cell Monographs (8). New York: Springer Berlin Heidelberg.
- Berger, F., P.E. Grini and A. Schnittger. 2006b. Endosperm: an integrator of seed growth and development. **Current Opinion in Plant Biology** 9:664–670.
- Beutler, H.O. 1990. L-glutamic, colorimetric method with glutamate dehydrogenase and diaphorase. 369–376 pp. In Bergmeyer, H.U.(ed.). **Method of enzymatic analysis**. Vol. VIII. 3rd ed. Cambridge: VCH publishers (UK) Ltd.
- Beuve, N., N. Rispail., P. Laine., J.B. Cliquet., A. Ourry. and E. Le Deunff. 2004. Putative role of γ -aminobutyric acid (GABA) as a long distance signal in up-regulation of nitrate uptake in *Brassica napus* L. **Plant Cell and Environment**. 27: 1035–1046.
- Blakeney, A.B. 1996. Rice. pp. 55–76. In Henry, R.J. and P.S. Kettlewell. **Cereal grain quality**. 1st ed. London: Chapman & Hall.

- Bnejdi, F and M. E. Gazzah. 2010. Epistasis and genotype-by-environment interaction of grain protein content in durum wheat. **Genetic and Molecular Biology** 33(1): 125-130.
- Bown, A.W. and B.J. Shelp. 1997. The metabolism and functions of γ -aminobutyric acid. **Plant Physiology** 115: 1-5.
- Bown, A.W., D.E. Hall and K.B. MacGregor. 2002. Insect footsteps on leaves stimulate the accumulation of 4-aminobutyrate and can be visualized through increased chlorophyll fluorescence and superoxide production. **Plant Physiology** 129: 1430-1434.
- Carroll, A.W., G.G. Fox, S. Laurie., R. Phillips, R.G. Ratcliffe and G.R. Stewart. 1994. Ammonium assimilation and the role of γ -aminobutyric acid in pH homeostasis in carrot cell suspensions. **Plant Physiology** 106: 501-520.
- Chae, J.C., D.J. Lee, D.K. Jun, S.N. Ryu and J.C. Shin. 2004. **Changes of anthocyanin pigment cyanidin-3-glucoside, oryzanol content and antioxidant activity as affected by ripening temperature in rice varieties.** [Online]. Available http://www.regional.org.au/au/asa/2004/poster/5/1/1/914_chaejc.htm (29 December 2012).
- Chai, Q.H., M.T. Shi and R.C. Yang. 1995. Genetic analysis of the protein content and the composition of amino acid in early *indica* rice. **Journal Fujian Agriculture University** 24: 149-153.
- Chang, T. 1960. Characteristic of X-ray induced mutation and their inheritance in rice. **Journal of Agricultural Association of China** 29: 53-58.
- Chang, T.T. 1964. **Present knowledge of rice genetics and cytogenetics.** Philippines: International Rice Research Institute, 96 p.
- Chang, T. and B.S. Vergara. 1975. Varietal diversity and morpho-agronomic characteristics of upland rice. pp. 71-90. **In Major research in upland rice.** Manila, Philippines: International Rice Research Institute.
- Chung, I., A.W. Bown and B.J. Shelp. 1992. The production and efflux of 4-aminobutyrate in isolated mesophyll cells. **Plant Physiology** 99: 659-664.
- Cisse, N.D. and G. Ejeta. 2003. Genetic variation and relationships among seedling vigor traits in sorghum. **Crop Science** 43: 824-828.

- Crawford, L.A., A.W. Bown, K.E. Breitkreuz and F.C. Guinel. 1994. The synthesis of γ -aminobutyric acid in response to treatments reducing cytosolic pH. **Plant Physiology** 104: 865-871.
- Cruz, R. and S.C.K. Milach. 2004. Cold tolerance at the germination stage of rice: methods of evaluation and characterization of genotype. **Scientia Agricola** 61(1): 1-8.
- Deb, A.C. and M.A. Khaleque. 2009. Nature of gene action of some quantitative traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). **World Journal of Agricultural Sciences** 5(3): 361-368.
- Desmaison, A.M. and M. Tixier. 1986. Amino acid content in germinating seeds and seedling from *Castanea sativa* L. **Plant Physiology** 81: 692-695.
- Dong, Y., E. Tsuzuki, H. Kamiunten, H. Terao and D. Lin. 2003. Mapping of QTL for embryo size in rice. **Crop Science** 43:1068-1071.
- Doolittle, D.P. 1987. **Population genetic: Basic principle**. Germany: Springer-Verlag Berlin Heidelberg. 264 p.
- El-Bramawy, M.A.S. and W.I. Shaban. 2007. Natural of gene action for yield, yield components and major diseases resistance in sesame (*Sesamum indicum* L.). **Research Journal of Agriculture and Biological Science** 3(6): 821-826.
- Falconer, D.S. 1989. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. Hong Kong: Longman Group (FE) Ltd. 438 p.
- Fan, C., Y. Xing., H. Mao., T. Lu., B. Han., C. Xu ., X. Li and Q. Zhang. 2006. GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein. **Theoretical and Applied Genetics** 112: 1164-1171.
- Food and Agriculture Organization (FAO). 2003. **Food energy-methods of analysis and conversion factors**. Report of a technical workshop 3-6 December 2002. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations. 93 p.
- _____. 2004. **The state of food insecurity in the world 2004**. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations. 43 p.
- Fehr, W.R. 1987. **Principles of cultivar development**. Vol. 1: Theory and technique. New York: Macmillan. 536 p.

- Fernandez, G.C.J. and J.C. Miller, Jr. 1985. Estimation of heritability by parent-offspring regression. **Theoretical and Applied Genetics** 70: 650-654.
- Furukawa, S., M. Itou, T. Masumura, K. Tanaka, Y. Kiyokawa and Y. Wakai. 2007a. Ultrastructure of low-glutelin rice endosperm. **Plant Biotechnology** 24: 227–229.
- Furukawa, T., M. Maekawa, T. Oki, I. Suda, S. Iida, H. Shimada, I. Takamure and K. Kadowaki. 2007b. The *Rc* and *Rd* genes are involved in proanthocyanidin synthesis in rice pericarp. **The Plant Journal** 49: 91-102.
- Ghose, R. L. M., W.T. Butany and R. Seetharaman. 1963. Inheritance of anthocyanin pigmentation in leaf blade of rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Genetics** 58: 413-428.
- Gregorio, G.B., D. Senadhira, H. Htut and R.D. Graham. 2000. Breeding for trace mineral density in rice. **Food and Nutrition Bulletin** 21(4): 382-386.
- Grist, D. H. 1975. **Rice**. 5th ed. London: Longman. 601 p.
- Hartl, D.L. and A.G. Clark. 2007. **Principles of population genetics**. 4th ed. Massachusetts: Sinauer Associates, Inc. 652 p.
- Haryanto, T.A.D., T.Shon and T. Yoshida. 1998. Effect of selection for yield components on grain yield in pearl millet (*Pennisetum Typhoideum* Rich.). **Plant Production Science** 1(1): 52-55.
- Hayawaka, K., M. Kimura, K. Kasaha, K. Matsumoto, H. Sansawa and Y. Yamori. 2004. Effect of a gamma-aminobutyric acid-enriched dairy product on the blood pressure of spontaneously hypertensive and normotensive Wistar-Kyoto rats. **British Journal of Nutrition** 92: 411-417.
- Hayward, M.D., N.O. Bosemark and I. Romagosa. 1993. **Plant breeding**. 1st ed. London: Chapman & Hall. 550 p.
- Herbert, P., P. Barros, N. Ratola and A. Alves. 2000. HPLC Determination of Amino Acid in Musts and Port Wine Using OPA/FMOC Derivatives. **Journal of Food Science** 65(7): 1130-1133.
- Hiemori, M, E. Koh and A.E. Mitchell. 2009. Influence of cooking on anthocyanins in black rice (*Oryza sativa* L. *japonica* var. SBR). **Journal of Agricultural and Food Chemistry** 57 (5): 1908–1914

- Hirunpong, P and W. Tungjarechai. 2008. Effect of germination on contents of bioactive components in germinated brown rice of three rice cultivars. pp. 1-5. In **Proceeding of the 34th Congress on Science and Technology of Thailand**. 31 October-2 November 2008, Queen Sirikit National Convention Center, Bangkok, Thailand: Kasetsart University.
- Holton, T.A. and E.C. Cornish. 1995. Genetics and biochemistry of anthocyanin biosynthesis. **Plant Cell** 7: 1071-1083.
- Hong, S.K., H. Kitano, H. Satoh and Y. Nagato. 1996. How is embryo size genetically regulated in rice. **Development** 122: 2051-2058.
- Hsieh, S.C. 1993. Genic analysis of anthocyanin pigmentation in rice plant. Recent advances in botany. pp. 257. In **Commemoration of the 30th anniversary of the restoration of the institute of botany**. 7-11 December 1992. Taipei: Academia Sinica.
- Ibrahim, A.M.H. and J.S. Quick. 2001. Heritability of heat tolerance in winter and spring wheat. **Crop Science** 41: 1401-1405.
- Ichii, M. and M. Ishikawa. 1997. Genetic analysis of newly induced short-root mutants in rice (*Oryza sativa* L.). **Breeding Science** 47: 121-125.
- IRRI. 1985. Rice grain quality and marketing. pp. 74. In **Rice research conference**. 1-5 June 1985. Manila: International Rice Research Institute.
- Iwaki, K. and Y. Kitada. 2007. Availability of partially milled rice as a daily source of γ -aminobutyric acid. **Food Science and Technology Research** 13(1): 41-44.
- Jannoey, P., H. Niamsup, S. Lumyong, S. Tajima, M. Nomura and G. Chairote. 2010. γ -aminobutyric acid (GABA) accumulations in rice during germination. **Chiang Mai Journal Science** 37(1): 124-133.
- Jenning, P.R., W.R. Coffman and H.H.E. Kauffman. 1979. **Rice improvement**. Philippines: International Rice Research Institute. 186 p.
- Jensen, K.B., J.G. Robins, L. Waldron and M. D. Peel. 2006. Genetic variation in dry matter partitioning and nutritional characteristics of meadow bromegrass under repeated defoliation. **Crop Science** 46:1948-1954.

- Jia, H. 2007. Scientists find rice gene for grain size and yield. **Chinese Academy of Sciences** [Online] Available <http://english.cas.ac.cn/eng2003/news/detailnewsb.asp?InfoNo=26498> (23 October 2008).
- Juliano, B.O., G.M. Bautista, J.C. Lugay and A.C. Reyes. 1964. Studies on the physicochemical properties of rice. **Journal of Agricultural and Food Chemistry** 12(2): 131-138.
- Karim, D., U. Sarkar., M.N.A. Siddique., M.A. Khaleque Miah and A.Z. Hasnat. 2007. Variability and genetic parameter analysis in aromatic rice. **International Journal of Sustainable Crop Production** 2(5): 15-18.
- Karladee, S. and S. Suriyong. 2012. γ -Aminobutyric acid (GABA) content in different varieties of brown rice during germination. **ScienceAsia** 38: 13-17.
- Kathiresan, A., P. Tung., C.C. Chinnappa and D.M. Reid. 1997. γ -aminobutyric acid stimulates ethylene biosynthesis in sunflower. **Plant Physiology** 115: 129-135.
- Kato, T. 1989. Diallel analysis of grain size of rice (*Oryza sativa* L.). **Japanese Journal of Breeding** 39: 39-45.
- Kato, T. 1990. Heritability for grain size of rice (*Oryza sativa* L.) estimated from parent-offspring correlation and selection response. **Japanese Journal of Breeding** 40: 313-320.
- Kato-Noguchi, H. and H. Ohashi. 2006. Effect of anoxia on amino acid levels in rice coleoptiles. **Plant Production Science** 9(4): 383-387.
- Khan, A.S., I. Salim and Z. Ali. 2003. Heritability of Various morphological traits in wheat. **International Journal of Agriculture & Biology** 5(2): 138-140.
- Khanam, M., M. Al-Yeasa, M.S. Rahman, A.A. Mahbub and A.R. Gomosta. 2007. Effects of different factors on the growth efficiency of rice seedlings. **Bangladesh Journal Botany** 36(2): 171-176.
- Khizzah, B.W., F.R. Miller and R.J. Newton. 1993. Inheritance and heritability of heat tolerance in several sorghum cultivars during the reproductive phase. **African Crop Science Journal** 1(1): 81-85.
- Kihara, M., Y. Okada, T. Imure and K. Ito. 2007. Accumulation and degradation of two functional constituents, GABA and β -glucan, and their varietal differences in germinated

- Kim, H.Y., T. Yokozawa, T. Nakagawa and S. Sasaki. 2004. Protective effect of γ -aminobutyric acid against glycerol-induced acute renal failure in rats. **Food and Chemical Toxicology** 42: 2009-2014.
- Kim, J.K., S.Y. Lee, S.M. Chu, S.H. Lim, S. Suh, Y. Lee, H.S. Cho and S. Ha. 2010. Variation and Correlation analysis of flavonoids and carotenoids in Korean pigmented rice (*Oryza sativa* L.) cultivars. **Journal of Agriculture and Food Chemistry** 58: 12804-12809
- Kinoshita, T. 1995. Report of committee on gene symbolization, nomenclature and linkage groups. **Rice Genetics Newsletter** 12: 9-153.
- Kinoshita, T. and M. Maekawa. 1985. Inheritance of purple leaf color found in indica rice. **Journal of the Faculty of Agriculture, Hokkaido University** 62(4): 453-466.
- Kinnersley, A. 1995. **Method for stimulating plant growth using GABA**. [Online]. Available <http://www.patentstorm.us/patents/5439873-description.html> (14 January 2551).
- Kishimani, I. 1987. Accumulation of γ -aminobutyric acid due to ammonium in various cultured plant cells. **Plant and Cell Physiology** 28(8): 1459-1364.
- Kitano, H., Y. Tamura, H. Satoh and Y. Nagato. 1993. Hierarchical regulation of organ differentiation during embryogenesis in rice. **The Plant Journal** 3(4): 607– 610.
- Komastuzaki, N., K. Tsukahara and H. Toyoshima. 2007. Effect of soaking and gaseous treatment on GABA content in germinated brown rice. **Journal of Food Engineering** 78: 556-560.
- Kondou, H., H. Ooka., H. Yamada., K. Satoh., S. Kikuchi., Y. Takahara and K. Yamamoto. 2006. Microarray analysis of gene expression at initial stages of rice seed development. **Breeding Science** 56: 235-242.
- Lang, N.T. and B.C. Buu. 2007. Rice breeding and inheritance of herbicide resistance in Clearfield rice (*Oryza sativa* L.). **Omonrice** 15: 36-45.
- Lásztity, R. 1996. **The chemistry of cereal proteins**. 2nd ed. Florida: CRC Press, Inc. 328 p.
- Lightbourn, G.J., R.J. Griesebach, J.A. Novotny, B.A. Clevidence, D.D. Rao and J.R. Stommel. 2008. Effects of anthocyanin and carotenoid combinations on foliage and immature fruit color of *Capsicum annuum* L. **Journal of Heredity** 99(2):105–111.

- Ling-Long, L., J. Ling, L. Shi-Jia, Z. Shi-Rong, Z. Wen-Wei, W. Chun-Ming, C. Liang-Ming, Z. Hu-Qu and W. Jian-Min. 2005. Accumulation of the γ -aminobutyric acid in brown rice- A new rice strain W025 with giant-embryo during water soaking. **Acta Agromomy Sinica** 31(10): 1265-1270.
- Ludewig, F., A. Hüser., H. Fromm., L. Beauclair and N. Bouché. 2008. Mutants of GABA transminase (POP2) suppress the severe phenotype of *succinic semialdehyde dehydrogenase (ssadh)* mutants in Arabidopsis. **PLoS ONE** 3(10): e3383.
- Ma, H. 2003. Plant reproduction: GABA gradient, guidance and growth. **Current Biology** 13: 834-836.
- Maeda, H., H. Nemato, S. Iida, T. Ishii, N. Nakagawa, T. Hoshino, M. Sakai, M. Okamoto, H. Shinoda and T. Yoshida. 2001. A new rice variety with giant embryos "Haiminori". **Breeding Science** 51: 211-213.
- Maeda, S., H. Shinmura, K. Nakagawa, T. Asai and A. Morita. 2007. Comparison of the three amino acid content and certain other agronomical traits of germinated and non-germinated brown rice in monocultured and mixed planting. **SABRAO Journal Breeding and Genetics** 39(2): 107-115.
- Mahmud, I. and H.H. Kramer. 1951. Segregation of yield, height and maturity following soybean crosses. **Agronomy Journal** 43: 605-606.
- Manickavelu, A., N. Nadarajan., S.K. Ganesh and R.P. Gnanamalar. 2006. Genetic analysis of biparental progenies in rice (*Oryza sativa* L.). **Asian Journal of Plant Science** 5(1): 33-36.
- Mather, K. 1949. **Biometrical genetics**. Dover Publication, Inc., New York. 158 p.
- Mather, K. and J.L. Jinks. 1982. **Biometrical genetics**. Chapman and Hall Ltd., London. 396 p.
- Mayer, A.M. and A.P. Mayer. 1989. **The germination of seed**. 4th ed. England: Pergamon Press. 270 p.
- Mayer, R.R., J.H. Cherry and D. Rhodes. 1990. Effects of heat shock on amino acid metabolism of cowpea cells. **Plant Physiology** 94: 796-810.
- Mazzucotelli, E., A. Tratarì, L. Cattivelli and G. Forlani. 2006. Metabolism of γ -aminobutyric acid during cold acclimation and freezing and its relationship to frost tolerance in barley and wheat. **Journal of Experimental Botany** 57(14): 3755-3766.

- McLean, M.D., D.P. Yevtushenko, A. Deschene, O.R.V. Cauwenberghe, A. Makhmoudova, J.W. Potter, A.W. Bown and B.J. Shelp. 2003. Overexpression of glutamate decarboxylase in transgenic tobacco plants confers resistance to the northern root-knot nematode. **Molecular Breeding** 11: 277-285.
- Mody, I., Y. Dekoninck, T.S. Otis and I. Scoltesz. 1994. Bringing the cleft at GABA synapses in the brain. **Trends in Neurosciences** 17: 517-525.
- Morita, S., J. Yonemaru and J. Takanashi. 2005. Grain growth and endosperm cell size under high night temperature in rice (*Oryza sativa* L.). **Annals of Botany** 95: 695-701.
- Nishizawa, N., N. Kurosawa, M. Kan, H. Itabashi and S. Hareyama. 1990. Protein quality of high-yielding rice and its improvement by supplementation of lysine and threonine. **Agricultural and Biological Chemistry** 54(2): 399-406.
- Oh, C.H. and S.H. Oh. 2004. Effect of germinated brown rice extracts with enhanced levels of GABA on cancer cell proliferation and apoptosis. **Journal of Medicinal Food** 7(1): 19-23.
- Oh, S. 2003. Stimulation of γ -aminobutyric acid synthesis activity in brown rice by a chitosan/glutamic acid germination solution and calcium/calmodulin. **Journal of Biochemistry and Molecular Biology** 36(3): 319-325.
- Oh, S.H. and W. Choi. 2001. Changes in the Levels of γ -aminobutyric acid and glutamate decarboxylase in developing soybean seedling. **Journal of Plant Research** 114:309-313.
- Ohtsubo, S., S. Asano, K. Sato and S. Matsumoto. 2000. Enzymatic production of γ -aminobutyric acid using rice (*Oryza sativa*) germ. **Food Science and Technology Research** 6(3): 208-211.
- Omoigui, L.O., M.F. Ishiyaku, A.Y. Kamara, S.O Alabi and S.G. Mohammed. 2006. Genetic variability and heritability studies of some reproductive traits in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **African Journal of Biotechnology** 5(13): 1191-1195.
- Palanivelu, R., L. Brass., A.F. Edlund and D. Preuss. 2003. Pollen tube growth and guidance is regulated by POP2, an Arabidopsis gene that controls GABA levels. **Cell** 114: 47-59.
- Palmino, E.P. and B.O. Juliano. 1972. Biochemical change in the rice grain during germination. **Plant Physiology** 49: 751-756.

- Phudenpa, A., S. Jogloy, B. Toomsan, S. Wongkaew, T. Kesmala and A. Patanothai. 2004. Heritability and phenotypic correlation of traits related to N_2 -fixation and agronomic traits in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Songklanakarin Journal of Science and Technology** 26(3): 317-325.
- Poehlman, J.M and D.A. Sleper. 1995. **Breeding field crops**. 4th ed. Iowa: Iowa State University Press. 494 p.
- Poochinya, P., O. Naivikul, Y. Poapun and P. Umrung. 2008. Morphological changes of rice starch during grain development. **Journal of Microscopy Society of Thailand** 22: 76-79.
- Prell, J., B. Boesten, P. Poole and U.B. Priefer. 2002. The *Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae* VF39 γ -aminobutyric acid (GABA) aminotransferase gene (*gabT*) is induced by GABA and highly expressed in bacteroids. **Microbiology** 148: 615-623.
- Ramputh, A and A.W. Bown. 1996. Rapid γ -aminobutyric acid synthesis and inhibition of the growth and development of oblique-banded leaf-roller larvae. **Plant Physiology** 111: 1349-1352.
- Reddy, A.R. 1996. Genetic and molecular analysis of the anthocyanin pigmentation pathway in rice. pp. 341-352. **In Rice Genetics III**. Proceedings of the Third International Rice Genetics Symposium 1996. Manila: International Rice Research Institute.
- Roohinejad, S., H. Mirhosseini, N. Saari, S. Mustafa, I. Alias, A.S.M. Hussin, A. Hamid. and M.Y. Manap. 2009. Evaluation of GABA, crude protein and amino acid composition from different varieties of Malaysian's brown rice. **Australian Journal of Crop Science** 3(4): 184-190.
- Saeed, M.T. and M. Saleem. 2000. Estimates of gene effects for some important qualitative plant traits in maize diallel crosses. **Pakistan Journal of Biological Science** 3(12): 1989-1990.
- Sahu, G. R., A. K. Sarawgi, B. Sharma and M. Parikh. 2010. Inheritance of anthocyanin pigmentation in rice. **Journal of Rice Research** 3(1): 19-22.
- Saikusa, T., T. Horino and Y. Mori. 1994. Accumulation of γ -aminobutyric acid (GABA) in rice germ during water soaking. **Bioscience Biotechnology and Biochemistry** 58(12): 2291-2292.

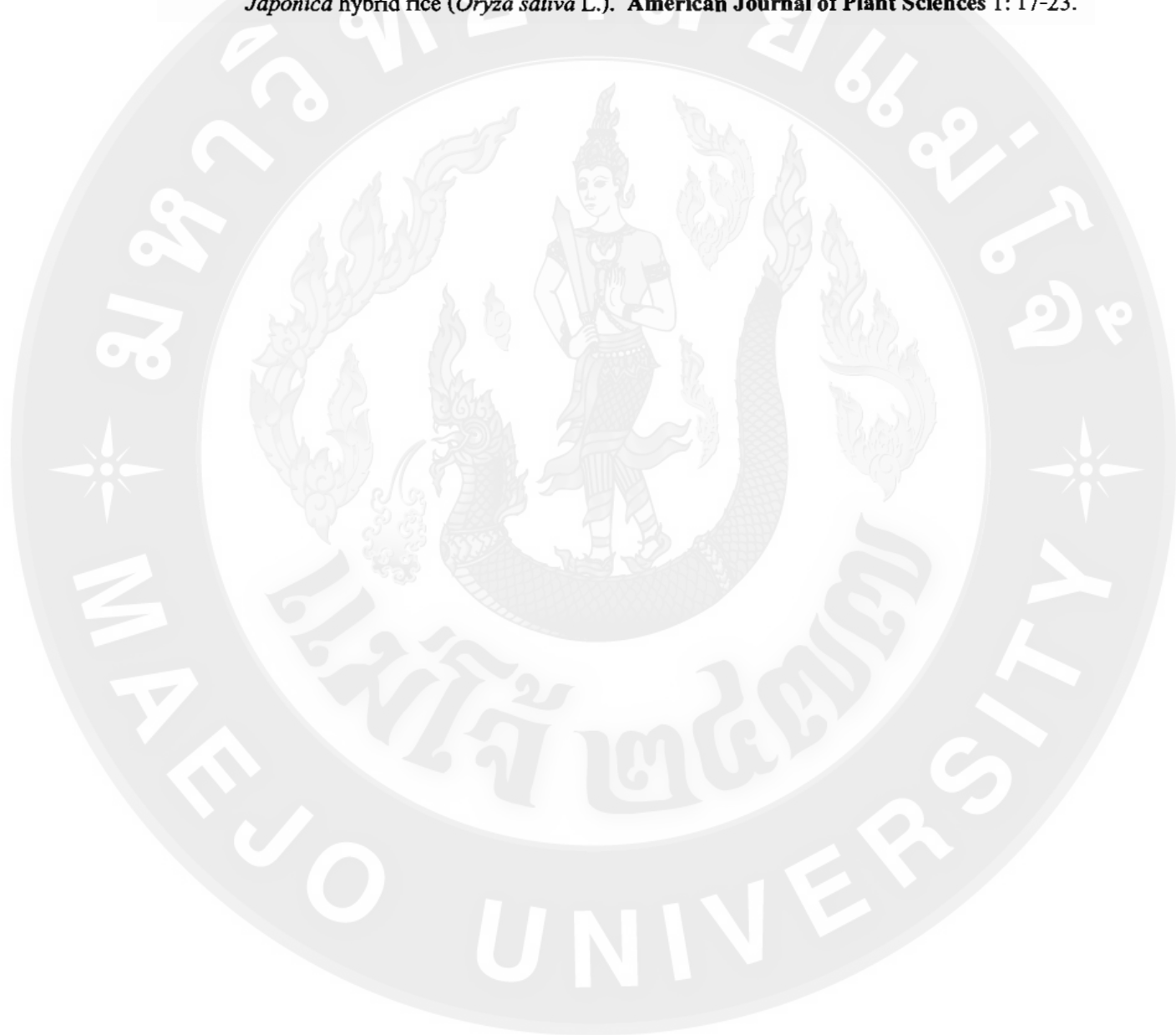
- Saito, T., C. Mutsukura, M. Sugiyama, A. Watahiki, I. Ohshima, C. Konishi, S. Inai, N. Fukuda, S. Nishimura and H. Ezura. 2008. Screening for γ -aminobutyric acid (GABA)-rich tomato varieties. **Journal of the Japanese Society for Horticultural Science** 77(3): 242-250.
- Saleem, M., K. Shahzad., M. Javid and A. Ahmed. 2002. Genetic analysis for various quantitative traits in maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Agriculture & Biology** 4(3): 379-382.
- Saleem, M.Y., B.M. Atta, A.A. Cheema and M.A. Haq. 2005. Genetics of panicle-related traits of agronomic importance in rice through triple test cross analysis. **Spanish Journal of Agricultural Research** 3(4): 402-409.
- Saleem, M.Y., J.L.Mirza and M.A.Hag. 2008. Heritability, genetic advance and heterosis in line x tester crosses of basmati rice. **Journal Agriculture Research** 46(1): 15-27.
- Schmitzer, V and F. Stampar. 2010. Substrate pH level effects on anthocyanins and selected phenolics in *Rosa* $\times$ *hybrida* L. 'KORcrisett'. **Acta agriculturae Slovenica** 95: 5-11.
- Shelp, B.J., A.W. Bown and M.D. McLean. 1999. Metabolism and functions of gamma-aminobutyric acid. **Trends in Plant Science** 4(11): 446-452.
- Shi, C., J. Zhu., J. Wu and L. Fan. 2000. Genetic and genotype x environment interaction effects from embryo, endosperm, cytoplasm and maternal plant for rice grain shape traits of *indica* rice. **Field Crops Research** 68: 191-198.
- Shi, C., J. Zhu., X. Yang., Y. Yu and J. Wu. 1999. Genetic analysis for protein content in *indica* rice. **Euphytica** 107: 135-140.
- Shi, C.H., J.M. Xue., Y.G. Yu., X.E. Yang and J. Zhu. 1996. Analysis of genetic effects on nutrient quality traits in *indica* rice. **Theoretical Applied Genetics** 92(8): 1099-1102.
- Shoichi, I. 2004. Marketing of value-added rice productions in Japan: Germinated brown rice and rice bread, pp. 1-10. **In FAO International Rice Year**. 12-13 February 2004. Italy: Food and agriculture organization of the united nation.
- Siddiqui, S., T. Kamamaru and H. Satoh. 2007. Pakistan rice genetic resources-I: Grain morphological diversity and its distribution. **Pakistan Journal of Botany** 39(3): 841-848.

- Smith, J.D. and M.L. Kinman. 1965. The use of parent-offspring regression as an estimate of heritability. **Crop Science** 5:595-596.
- Sriphadet, S., C.J. Lambrides and P. Srinives. 2007. Inheritance of agronomic traits and their interrelationship in mungbean (*Vigna radiate* (L). Wilczek). **Crop Science and Biotechnology** 10(4): 249-256.
- Stayanarayan, V. and P.M. Nair. 1990. Metabolism, cnzymology and possible roles of 4- amimobutyrate in higher plants. **Phytochem** 29:367-375.
- Sthapit, B.R., P.M. Pradhanang and J.R. Witcombe. 1995. Inheritance and selection of field resistance to sheath brown rot disease in rice. **Plant Disease** 79(11): 1140-1144.
- Sunday, O.F., A.M. Ayodele, K.O.I. Babatunde and A. M. Oluwole. 2007. Genotypic and phenotypic variability for seed vigour traits and seed yield in west african rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. **Journal of American Science** 3(3): 34-41.
- Sürex, H. and N. Beşer. 2005. Selection for grain yield and it components in early generation in rice (*Oryza sativa* L.). **Trakya University Journal of Science** 6(1): 51-58.
- Takahashi, M.E. 1957. Analysis on apiculus color gene essential to rice. **Journal of Faculty of Agriculture Hokkaido University** 50(3): 266-326.
- Takeda, K. 2008. Inheritance of grain size and its implications for rice breeding. **Rice Genetic II** [Online]. Available http://e proceedings.worldscinet.com/9789812814272/9789812814272_0018.html (3 August 2008).
- Takita, T. and N. Takahashi. 1998. A rice line with very large grain obtained by pyramiding genetic effects. **Rice Genetics Newsletter** [Online] Available <http://.shign.nig.ac.jp/rice/rgn/vol5/v5V133.html> (3 May 2009).
- Toklu, F and T. Yagbasanlar. 2007. Genetic analysis of kernel size and kernel weight in bread wheat (*T. aestivum* L.). **Asian Journal of Plant Science** 6(5): 844-848.
- Tongmin, M., L. Chunhai, Y. Guocai and L. Xinggui. 1995. Genetical studies on seedling leaf color in purple rice. **Chinese Journal of Rice Science** 9(1): 45-48.
- Tsukatani, T., T. Higuchi and K. Matsumoto. 2005. Enzyme-based microtiter plate assay for γ -aminobutyric acid: Application to the screening of γ -aminobutyric acid-producing lactic acid bacteria. **Analytica Chimica Acta** 540: 293-297.

- Tungtrakul, P., W. Varayanond, V. Surojanametakul and L. Wattanasiritham. 2004. Accumulation of gamma-aminobutyric acid (GABA) in non-waxy and waxy rice germ during water soaking. **30th Congress on Science & Technology of Thailand**. [Online]. Available <http://www.aseanfood.info/view.asp?ResID=22445> (13 November 2009).
- Turano, F.S. and T.K. Fang. 1998. Characterization of two glutamate decarboxylase cDNA clones from Arabidopsis. **Plant Physiology** 117: 1411-1421.
- Upadhyaya, H D and S.N. Nigam. 1999. **Detection of epistasis for protein and oil contents and oil quality parameters in peanut**. [Online]. Available <http://oar.icrisat.org/1251/> (4 January 2010)
- Vanaja, T. and L.C. Babu. 2006. Variability in grain quality attributes of high yieldings (*Oryza sativa* L.) of diverse origin. **Journal of Tropical Agriculture** 44(1-2): 61-63.
- Varayanond, W., P. Tungtrakul, V. Surojanametakul, L. Wattanasiritham and W. Luxiang. 2005. Effect of water soaking on gamma-aminobutyric acid (GABA) in germ of different thai rice varieties. **Kasetsart Journal (Natural Science)** 39: 411-415.
- Warner, J.N. 1952. A method of estimating heritability. **Agronomy Journal** 44: 427-430.
- Watanabe, M., T. Maeda, K. Tsukahara, H. Kayahara and N. Morita. 2004. Application of pregerminated brown rice for breadmaking. **Cereal Chemistry** 81(4): 450-455.
- Won, J.G., T. Yoshida and Y. Uchimura. 2002. Genetic effect on amylose and protein contents in the crossed rice seeds. **Plant Production Science** 5(1): 17-21.
- Wu, J.G., C.H. Shi., X.M. Zhang and T. Katsura. 2004a. Genetic analysis of non-essential amino acid contents in rice (*Oryza sativa* L.) across environments. **Hereditas** 141: 128-134.
- Wu, J.G., C.H. Shi., X.M. Zhang and T. Katsura. 2004b. Genetic and genotype x environment interaction effect for the content of seven essential amino acids in *indica* rice. **Journal of Genetics** 83(2): 171-178.
- Xiao-e, Y., P. Hong-yun and T. Sheng-ke. 2005. Gamma-aminobutyric acid accumulation in *Elsholtzia splendens* in response to copper toxicity. **Journal of Zhejiang University Science** 6B(2): 96-99.
- Yoshida, S., M. Iketami, J. Kuze, K. Sawada, Z. Hashimoto, T. Ishii, C. Nakamura and O. Kamijima. 2002. QTL analysis for plant and grain characters of Sake-brewing rice using a doubled haploid population. **Breeding Science** 52: 309-317.

Zhang, H., H. Yao and F. Chen. 2006. Accumulation of γ -aminobutyric acid in rice germ using protease. **Bioscience Biotechnology and Biochemistry** 70(5): 1160-1165.

Zhang, X., C. Shi, J. Wu, S. Ye and G. Bao. 2010. Genetic analysis of leucine content in *Indica-Japonica* hybrid rice (*Oryza sativa* L.). **American Journal of Plant Sciences** 1: 17-23.





ภาคผนวก



ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ-สกุล	นางพัชรี ปัญญานาค
เกิดเมื่อ	25 กุมภาพันธ์ 2511
ประวัติการศึกษา	พ.ศ. 2532 ปริญญาตรี มหาวิทยาลัยราชภัฏเชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่
	พ.ศ. 2542 ปริญญาโท มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่
ประวัติการทำงาน	พ.ศ. 2532-2534 ครูอาสาสมัคร กรมการศึกษานอกโรงเรียน จังหวัดลำปาง
	พ.ศ. 2535-2536 ครูอาสาสมัคร กรมการศึกษานอกโรงเรียน จังหวัดพิจิตร
	พ.ศ. 2536-2550 อาจารย์ มหาวิทยาลัยราชภัฏเลย
	พ.ศ. 2551-ปัจจุบัน อาจารย์ มหาวิทยาลัยราชภัฏลำปาง