การศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของความต้านทานโรคใบไหม้แผล ใหญ่ในข้าวโพดหวาน (เชื้อสาเหตุ : Exserohilum turcicum) เริ่มจากการสกัดสายพันธุ์ผสมตัวเอง ชั่วที่ 1 - 3 (S_1-S_2) ในปี 2549 ทำการปลูกเชื้อสาเหตุในปี 2550 โดยวิธีเจาะใบ ใช้ความเข้มข้นสปอร์ 10^{5} และ 10^{9} คอนนิเคีย/มล. ในระยะต้นอ่อน (V_{s} ; อายุ 14 วันหลังปลูก) และหาความสัมพันธ์ของ ความต้านทานโรคโดยการประเมินที่ระยะ 14 วันหลังปลูกเชื้อและช่วงก่อนออกคอก (V18 ; อายุ 55 วันหลังปลูก) และในปี 2551 คัดเลือกสายพันฐ์ข้าวโพคหวานที่ต้านทาน (R), ต่ำนทานปานกลาง (MR), อ่อนแอปานกลาง (MS) และอ่อนแอ (S) จำนวน 6 สายพันธุ์ ใช้เป็นสายพันธุ์พ่อแม่ในการ สร้างพันธุ์ลูกผสมชั่วที่ 1 แบบ Diallel cross, Method I นำมาเปรียบเทียบคุณภาพ ผลผลิตและความ ต้านทานโรคเบื้องต้นร่วมกับพันธุ์เปรียบเทียบมาตรฐานในปี 2552 ฤดูแล้ง โดยวางแผนการทคลอง แบบ 7 x 7 double lattice จำนวน 2 ซ้ำ ผลการทคลองพบว่า ความเข้มข้นของสารแขวนลอยสปอร์ 10^5 และ 10^2 คอนนิเคีย/มล. ให้ระคับคะแนนการเกิดโรคใบไหม้แผลใหญ่ไม่แตกต่างกัน ส่วนค่า สัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของคะแนนการเป็นโรคระหว่างอายุ 28 กับ 55 วันหลังปลูก เท่ากับ 0.9529** และได้สมการรีเกรสชั่น y = 0.47 + 0.79x, $R^2 = 0.91$ ดังนั้น จึงใช้วิธีการปลูกเชื้อสาเหตุ โดยวิธีเจาะใบที่ระยะ V3 ด้วยความเข้มข้นของสารแขวนลอยสปอร์ 10⁵ คอนนิเคีย/มล. เพื่อ ประเมินและคัดเลือกสายพันธ์ข้าวโพดหวานต้านทานโรค ส่วนการเปรียบผลผลิตและความ ต้านทานโรค พบว่า พันธุ์ลูกผสม (BJ#1357 S₅-1-1#1-1-1 x Sugar73 S₃-11-1-2) F₁ ให้ผลผลิต น้ำหนักฝักสดปอกเปลือก เท่ากับ 2,559 กิโลกรัมต่อไร่ และมีระดับความต้านทานต่อโรคใบไหม้ แผลใหญ่เท่ากับ 1.18 คะแนน สูงกว่าพันธุ์เปรียบเทียบมาตรฐาน พันธุ์ NT58 ซึ่งมีผลผลิตเท่ากับ 2,064 กิโลกรัมต่อไร่ และความต้านทาน 4.51 คะแนน นอกจากนี้ ยังทำการประเมินค่าสมรรถนะ การผสมทั่วไป (GCA) พบว่า สายพันธุ์ Hibrix3 S_3 -3-2-1 และ NTW58 S_4 #4-1 ให้ค่า GCA ของ ผลผลิตฝึกสดทั้งเปลือก เป็นบวกสูง เท่ากับ +66.30 และ +34.49 ส่วนการถ่ายทอดลักษณะทาง พันธกรรมของความต้านทานโรคใบไหม้แผลใหญ่ในข้าวโพคหวานพบว่าถูกควบคุมด้วยอิทธิพล ของยืนแบบผลบวกสะสมมากกว่ายืนแบบข่ม โดยวาเรียนซ์พันธุกรรมเนื่องจากยืนแบบผลบวก $(\sigma^2 A)$ เท่ากับ 0.736 มีมากกว่าวาเรียนซ์พันธุกรรมเนื่องจากยืนแบบผลข่ม ($\sigma^2 D$) เท่ากับ 0.171 ตามลำคับ และอัตราพันธุกรรมแบบแคบของลักษณะความต้านทานโรคใบ ใหม้แผลใหญ่ใน ข้าวโพคหวาน เท่ากับ 79.70 เปอร์เซ็นต์

Inheritance of North Corn Leaf Blight (NCLB) (caused by fungus, Exserohilum turcicum) resistance on sweet corn was started with an extraction of self-pollinated S₁-S₂ lines in 2006. In 2007, an artificial inoculation was conducted with 10⁵ and 10⁹ conidia/ml spore suspension through leaf puncturing at the V3 growth stage (14 days after planting), and then followed by estimation of resistant score correlation and regression between V3 and V18 growth stages (55 days after planting). Later in 2008, the inoculation technique was used for selecting 6 resistant and susceptible parents to develop F, hybrids by diallel cross method I. The resulting 30 hybrids, 6 parent lines and 13 check varieties were then preliminary tested for disease resistance and fresh ear yield in 2009 dry season using a 7 x 7 double lattice in Maejo University. Results indicated that spore suspension of 10^5 and 10^9 conidia/ml indicated disease resistant scores of 2.79 and 2.75 which were not significantly different. The correlation coefficient (r = 0.9529**)between 28 and 55 days after planting was highly significant with regression equation of y = 0.47+0.79x, $R^2 = 0.91$. The resulting hybrid (BJ#1357 S₅-1-1#1-1-1 x Sugar73 S₃-11-1-2) F₁ gave the highest yellow yield (ear without husk) of 2,559 kg/rai and NCLB resistant score as low as 1.18 which was much higher than the 2,064 kg/rai and 4.51 of standard check variety NT58. It was also found that the inbred testers: Hibrix3 S₃-3-2-1 and NTW58 S₄#4-1, had positively high GCA for green yields of +66.30 and +34.49, respectively. The inheritance of NCLB resistance was found to be controlled by a greater additive gene effect than dominant gene effect with additive genetic variance ($\mathbf{G}^2\mathbf{A}$) and dominance genetic variance ($\mathbf{G}^2\mathbf{D}$) equal to 0.736 and 0.171 with the narrow sense heritability of the NCLB resistance equal to 79.70 %.