

อัตราพันธุกรรมของลักษณะต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่วของถั่วฝักยาว และถั่วพุ่มในชั่วรุ่นต่างๆ
Heritability of Resistance to Cowpea Aphid (*Aphis craccivora* Koch)
in Yard Long Bean and Cowpea.

สรพงษ์ เบนจาศรี^{1/}

จรัสศรี นวลศรี^{2/}

Sorapong Benchasri^{1/}

Charassri Nualsri^{2/}

ABSTRACT

An experiment was conducted to investigate mean population of aphids, damaged scores, heritability and generation mean analysis of aphid resistance in yard long bean and cowpea. Six generations including P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 and BC_2 from 4 crosses were evaluated in RCB under a screenhouse condition at the Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University, Hat Yai, Songkhla province during February and May 2007. Five adult aphids (*Aphis craccivora*) were released on each plant at the 3rd week after germination. Genetic analysis using generation means revealed significant difference among generation. Significant additive and dominant gene effects on aphid damages were observed only in one cross (Selected – PSU x IT82E – 16). The epistasis interaction of additive x additive also responded for the interaction of this trait. The highest heritability of damaged score (55.941 %) was found in Selected – PSU x IT82E – 16 cross.

Key words: yard long bean, cowpea, aphid (*Aphis craccivora*), heritability, insect resistance

บทคัดย่อ

ศึกษาจำนวนเพลี้ยอ่อนถั่ว ระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนถั่ว อัตราพันธุกรรมของการต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว และค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่นต่างๆ ที่เกี่ยวข้อง กับลักษณะต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่วในถั่วฝักยาวและถั่วพุ่ม โดยแต่ละคู่ผสมประกอบด้วย 6 กลุ่มประชากรคือ พันธุ์แม่ (P_1) พันธุ์พ่อ (P_2)

^{1/} สาขาวิชาเทคโนโลยีการเกษตร คณะเทคโนโลยีและการพัฒนาชุมชน มหาวิทยาลัยทักษิณ อ.ป่าพะยอม จ.พัทลุง 93110

^{1/} Department of Agricultural Technology, Faculty of Technology and Community Development, Thaksin University, Pa Phayom district, Phatthalung province 93110

^{2/} ภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา 90112

^{2/} Department of Plant Science, Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University, Hat Yai district, SongKhla province 90112

ลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) ลูกผสมชั่วที่ 2 (F_2) ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่ (BC_1) และลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ (BC_2) จากถั่ว 4 คู่ผสม วางแผนการทดลองแบบ RCB ในโรงเรือนตาข่ายปิดที่แปลงทดลอง คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ. หาดใหญ่ จ. สงขลา ระหว่างเดือนกุมภาพันธ์ - เมษายน พ.ศ. 2550 โดยทำการปล่อยเพลี้ยอ่อนถั่วจำนวน 5 ตัว/ต้น เมื่อต้นถั่วมีอายุ 3 สัปดาห์หลังปลูก พบความแตกต่างของการแสดงออกของยีน และอัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรมในแต่ละชั่วรุ่น โดยอิทธิพลของยีนแบบผลบวกมีบทบาทสำคัญในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนถั่วเฉพาะคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 เท่านั้น เช่นเดียวกับการแสดงออกของปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวกของลักษณะระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนถั่ว ส่วนอัตราพันธุกรรมของความต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว พบว่าคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 มีค่าสูงสุดคือ 55.94 %

คำหลัก: ถั่วฝักยาว ถั่วพุ่ม เพลี้ยอ่อนถั่ว อัตราพันธุกรรม การต้านทานแมลง

คำนำ

ถั่วฝักยาว (yard long bean, *Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedalis*) สามารถปลูกได้หลายพื้นที่ทั่วโลก เช่น ทวีปอเมริกา ทวีป

อัฟริกา ทะเลคาริบเบียน รวมทั้งบางประเทศของทวีปเอเชีย เช่น ฟิลิปปินส์ ไต้หวัน จีนและไทย (Splittstoesser, 1979; Tindall,1983) ถั่วฝักยาวเป็นพืชผักที่มีความสำคัญทางด้านเศรษฐกิจและโภชนาการ โดยความสำคัญทางเศรษฐกิจพบว่าประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกถั่วฝักยาว 130,836.50 ไร่ ให้ผลผลิต 124,002.73 ตัน โดยจังหวัดที่มีการปลูกถั่วฝักยาวมากที่สุดคือ จ.ราชบุรี มีพื้นที่ปลูก 18,996.00 ไร่ ให้ผลผลิต 26,584.65 ตัน รองลงมาคือ จ. เพชรบุรี และนครราชสีมา มีพื้นที่ปลูก 7,517.00 และ 3,067.00 ไร่ โดยให้ผลผลิต 4,625.00 และ 3,067.00 ตันตามลำดับ สำหรับภาคใต้ จ.นครศรีธรรมราช มีพื้นที่ปลูกมากที่สุด 2,758.00 ไร่ (นิรนาม, 2550) ความสำคัญทางด้านคุณค่าทางโภชนาการ พบว่าถั่วฝักยาวประกอบด้วยสารอาหารที่จำเป็นต่อร่างกายหลายชนิด (Knott and Deanon,1967) ส่วนถั่วพุ่มเป็นพืชสกุลถั่วที่มีความสำคัญชนิดหนึ่ง โดยมีพื้นที่ปลูกทั่วโลก 12.5 ล้านไร่ และให้ผลผลิตประมาณ 3 ล้านตัน/ปี (Alabi et al., 2004) พื้นที่ปลูกส่วนใหญ่อยู่ในเขตร้อน และเขตกึ่งร้อน สำหรับประเทศไทยการผลิตถั่วพุ่มผลิตเพื่อการบริโภคภายในครัวเรือน และบางครั้งสามารถส่งออกสร้างรายได้เข้าประเทศปีละ 35 ล้านบาท (สมใจและคณะ, 2543) จากความสำคัญดังกล่าวถั่วฝักยาว และถั่วพุ่มจึงเป็นพืชผักที่มีการผลิต และบริโภคอย่างแพร่หลาย (กรรณิการ์, 2542)

อย่างไรก็ตามการผลิตถั่วฝักยาวและ

ถั่วพุ่ม ประสบปัญหาการระบาดของแมลงมีผลให้ผลผลิตลดลง (ขวัญจิตรและวัลลภ, 2535; Karungi et al., 2000a) โดยเฉพาะการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนถั่วทำให้ถั่วฝักยาว และถั่วพุ่มไม่สามารถติดฝักหรือติดฝักน้อย (พิสุทธิ, 2550; Ofuya, 1995; Karungi et al., 2000b) ส่งผลให้ผลผลิตลดลงประมาณ 20 – 30 % (อรุณและคณะ, 2546) สร้างความเสียหายแก่เกษตรกรเป็นอย่างมาก การใช้สารเคมีสามารถควบคุมการเข้าทำลายของแมลงได้อย่างมีประสิทธิภาพ แต่สารเคมีที่ใช้ส่วนใหญ่มีพิษตกค้างในผลผลิต ซึ่งเป็นอันตรายต่อเกษตรกรและผู้บริโภค (เกรียงไกร, 2545) การลดการใช้สารเคมี โดยการปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้ต้านทานแมลงจึงมีความสำคัญ (Ogbaji and Obasi, 2006) แต่การปรับปรุงพันธุ์ลักษณะดังกล่าวจำเป็นต้องสร้างประชากร ด้วยการผสมข้ามระหว่างพันธุ์อ่อนแอกับพันธุ์ต้านทาน และศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรม รวมทั้งการแสดงออกของยีนต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว เพื่อคัดเลือกลักษณะที่ต้องการ ซึ่งเป็นวิธีการที่ปลอดภัยกับมนุษย์และสิ่งแวดล้อม (Ouedraogo et al., 2002) ส่วนการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่น (generation mean analysis) เป็นวิธีการศึกษาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว และเป็นวิธีการที่ไม่ยุ่งยากแต่มีประสิทธิภาพในการประเมินผลของยีน โดยเฉพาะลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายคู่ สามารถประเมินผลการทำงานของยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) ได้ ดังนั้นวัตถุประสงค์ของการทดลองครั้งนี้ คือ

ผสมข้ามระหว่างถั่วฝักยาวพันธุ์คัด – มอ. (P_1) กับถั่วพุ่มพันธุ์ต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว 4 พันธุ์ (P_2) หลังจากนั้นศึกษาค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่น และอัตราพันธุกรรมของการต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว เพื่อใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการปรับปรุงพันธุ์พืชสกุลถั่วให้ต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่วต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการ

1. การสร้างประชากรกลุ่มต่างๆ

นำถั่วฝักยาวพันธุ์คัด – มอ. ซึ่งอ่อนแอต่อเพลี้ยอ่อนถั่ว ผสมข้ามกับถั่วพุ่มพันธุ์ต้านทาน 4 พันธุ์ประกอบด้วย IT82E – 16, SR₀₀ – 863 เขาหินซ้อนและสุรนารี 1 (สรพงศ์และคณะ, 2548) เพื่อสร้างลูกผสมชั่วที่ 1 ที่แปลงทดลองคณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ จ. สงขลา ทำการดูแลบำรุงรักษา โดยใส่ปุ๋ยคอก 400 กก./ไร่ และปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 (N-P₂-K₂O) ทุก 2 สัปดาห์ หลังจากนั้นปลูกถั่วพันธุ์พ่อ – แม่ และลูกผสมชั่วที่ 1 เพื่อสร้างลูกผสมชั่วที่ 2 (F_2) ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่ (BC_1) และลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ (BC_2) ทุกคู่ผสม

2. การทดสอบประชากรแต่ละคู่ผสม

ปลูกพันธุ์พ่อ – แม่ และลูกผสมทั้งหมด (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 และ BC_2) ของถั่วฝักยาว และถั่วพุ่ม ระหว่างเดือน กุมภาพันธ์ - เมษายน พ.ศ. 2550 เพื่อทดสอบประชากรกลุ่มต่างๆ ในโรงเรือนตาข่ายปิดขนาด 20 x 22 ม. ที่แปลงทดลอง คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัย

สงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ โดยปลูก แยกคู่ผสม และแต่ละคู่ผสมประกอบด้วยพันธุ์ พ่อ พันธุ์แม่ และลูกผสมชั่วที่ 1 กลุ่มละ 4 ชั่ว ผสมลูกกลับไปยังพันธุ์แม่และพันธุ์พ่อ กลุ่มละ 6 ชั่ว และลูกผสมชั่วที่ 2 ปลูก 25 ชั่ว โดยแต่ละชั่ว ปลูกแถวเดี่ยวจำนวน 6 ต้น ระยะปลูก 70 x 70 ซม. และแต่ละชั้วกว้าง 0.75 ม. ยาว 4 ม. วางแผน การทดลองแบบ RCB เมื่อถั่วมีอายุ 3 สัปดาห์ หลังปลูก ปล่อยเพ็ลี่ยอ่อนถั่วตัวเต็มวัย ลงบนใบจริงจำนวน 5 ตัว/ต้น (Annan *et al.*, 1995)

3. การบันทึกและการวิเคราะห์ข้อมูล

บันทึกจำนวนเพ็ลี่ยอ่อนถั่วต่อต้นด้วยการประเมินแบบสัมบูรณ์ (absolute estimate) และแบบสัมพัทธ์ (relative estimate) (ชาณ ณรงค์, 2549) และประเมินระดับความรุนแรง การเข้าทำลายของเพ็ลี่ยอ่อนถั่วที่อายุ 3 สัปดาห์ หลังปล่อยเพ็ลี่ยอ่อนถั่ว โดยการประเมินระดับ ความรุนแรงการเข้าทำลายแบ่งออก 5 ระดับ (Jayappa and Lingappa, 1988; อรุณี, 2530) ดังนี้คือ

- 0 = บริเวณใบและยอดถูกเพ็ลี่ยอ่อน ทำลายน้อยกว่า 10%
- 1 = บริเวณใบและยอดถูกเพ็ลี่ยอ่อน ทำลาย 10 – 25%
- 2 = บริเวณใบและยอดถูกเพ็ลี่ยอ่อน ทำลาย 26 – 50%
- 3 = บริเวณใบและยอดถูกเพ็ลี่ยอ่อน ทำลาย 51 – 75%

4 = บริเวณใบและยอดถูกเพ็ลี่ยอ่อนถั่ว ทำลายมากกว่า 75%

ศึกษาการแสดงออกของยีน โดยการ ประเมินพารามิเตอร์ตามวิธีของ Mather และ Jinks (1977) และวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของ ประชากร รวมทั้งศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรม (genetic effect) ตามวิธีของ Hayman (1958) โดยวิเคราะห์ตามสัมประสิทธิ์การแสดงออกของ ยีนที่ปรากฏในพันธุ์พ่อ แม่และลูกผสมกลุ่มต่างๆ ดังนี้

$$m = \frac{1}{2}P_1 + \frac{1}{2}P_2 + 4F_2 - 2BC_1 - 2BC_2$$

$$d = \frac{1}{2}P_1 - \frac{1}{2}P_2$$

$$h = -\frac{3}{2}P_1 - \frac{3}{2}P_2 - F_1 - 8F_2 + 6BC_1 + 6BC_2$$

$$i = -4F_2 + 2BC_1 + 2BC_2$$

$$j = -P_1 + P_2 + 2BC_1 - 2BC_2$$

$$l = P_1 + P_2 + 2F_1 + 4F_2 - 4BC_1 - 4BC_2$$

เมื่อ P_1 = พันธุ์แม่

P_2 = พันธุ์พ่อ

F_1 = ลูกผสมชั่วที่ 1

F_2 = ลูกผสมชั่วที่ 2

BC_1 = ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่

BC_2 = ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ

m = ค่ากึ่งกลางระหว่าง

homozygous recessive กับ homozygous dominance

d = อิทธิพลของยีนแบบผลบวก (additive gene effects)

h = อิทธิพลของยีนแบบข่ม (dominance gene effects)

i = ปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวก (additive x additive gene effects)

j = ปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบข่ม (additive x dominance gene effects)

และ l = ปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม (dominance x dominance gene effects)

โดย P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 และ BC_2 คือค่าเฉลี่ยของทั้ง 6 กลุ่มประชากร

4. การประเมินอัตราพันธุกรรมของการต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว

ศึกษาอัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad – sense heritability) เพื่อประเมินความเป็นไป

ได้ในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนถั่ว จากสูตร

$$h^2(\%) = \frac{V_{F_2} - (V_{P_1} + V_{P_2} + V_{F_1})/3}{V_{F_2}}$$

เมื่อ V_{P_1} , V_{P_2} , V_{F_1} , V_{F_2} คือค่าเฉลี่ยความเบี่ยงเบนกำลังสอง (mean square) ของ P_1 , P_2 , F_1 และ F_2 ตามลำดับ (Burton, 1951)

ผลการทดลองและวิจารณ์

ค่าเฉลี่ยของประชากร

จำนวนเพลี้ยอ่อนถั่วและระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนถั่วในประชากรกลุ่มต่างๆ ที่อายุ 3 สัปดาห์หลังปล่อยเพลี้ยอ่อนถั่ว พบว่าพันธุ์คัด – มอ. ซึ่งอ่อนแอต่อเพลี้ยอ่อนถั่วมีจำนวนเพลี้ยอ่อนถั่วต่อต้นสูงที่สุดคือ จำนวน 5,042.70 ตัว/ต้น ส่วนพันธุ์พ่อ ซึ่งต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่ว และลูกผสมกลุ่มต่างๆ

Table 1. Population of aphids on parental lines of yard long bean, cowpea and their hybrids at the 3rd week after aphids were released under screenhouse condition.

Crosses	Mean population of aphids						C V (%)
	P_1	P_2	F_1	F_2	BC_1	BC_2	
Selected – PSU x IT82E – 16	3959.0 a	1517.0 c	1651.2 b	2259.0 b	2531.8 b	2145.3 b	24.22
Selected – PSU x SR ₀₀ – 863	4897.0 a	2958.5 b	3081.8 b	3115.6 b	2696.7 b	2375.0 c	28.42
Selected – PSU x Khao – hinson	5042.7 a	3125.8 b	2969.2 b	3302.6 b	3272.0 b	3251.3 b	26.82
Selected – PSU x Suranaree 1	4329.0 a	3529.3 c	2225.3 c	3796.2 b	3905.7 b	2660.7 c	25.34

Means in the same row followed by a common letter are not significantly different at the 5% level by LSD.

P_1 = maternal (selected yard long bean variety), P_2 = paternal aphid resistant cowpea variety, F_1 = cross, F_2 = cross x cross, BC_1 = F_1 x maternal and BC_2 = F_1 x paternal

Table 2. Mean of damaged scores on parental lines of yard long bean, cowpea and their hybrids at the 3rd week after aphids were released under greenhouse condition.

Crosses	Mean of damaged score						CV (%)
	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	BC ₁	BC ₂	
Selected – PSU x IT82E – 16	3.25±1.3 a	1.75±0.09 b	2.24±0.01 b	2.11±0.01 b	2.06±0.09 b	2.17±0.11 b	20.93
Selected – PSU x SR ₀₀ – 863	3.40±0.22 a	2.10±0.12 b	2.13±0.12 b	2.36±0.22 b	2.41±0.18 b	2.25±0.18 b	18.47
Selected – PSU x Khao – hinson	3.38±0.21 a	2.14±0.02 b	2.40±0.15 b	2.30±0.27 b	2.45±0.27 b	2.29±0.19 b	24.12
Selected – PSU x Suranaree 1	3.32±0.42 a	1.93±0.02 b	2.58±0.09 ab	2.40±0.26 b	2.03±0.21 b	2.45±0.14 ab	20.48

Means in the same row followed by a common letter are not significantly different at the 5% level by LSD.

P₁ = maternal (selected yard long bean variety), P₂ = paternal aphid resistant cowpea variety, F₁ = cross, F₂ = cross x cross, BC₁ = F₁ x maternal and BC₂ = F₁ x paternal

Table 3. Estimation of gene effect controlling population of aphids in 4 crosses of yard long bean and cowpea at the 3rd week after aphids were released under greenhouse condition.

Crosses	Parameter					
	m	d	h	i	j	l
Selected-PSU x IT82E-16	1042.8±313.55 b	451.46±3.14 b	-411.281±37.35 b	-43.44±13.54 a	-615.61±6.18 b	-95.62±24.74 b
Selected-PSU x SR ₀₀ -863	1711.47±12.23 a	771.37±4.13 a	-2,934.22±34.76 a	-315.45±11.95 a	-1,185.81±6.44 a	1,948.18±23.66 a
Selected-PSU x Khao-hinson	1467.12±14.14 b	478.34±4.11 a	-65.091±1.86 b	-222.44±14.31 a	-1,022.54±7.45 a	-1,373.55±27.31 a
Selected-PSU x Suranaree 1	-2152.74±21.54 a	205.03±4.52 c	7674.50±52.84 a	3696.11±14.33 a	302.04±7.59 b	-4,029.54±33.47 a

Means in the same row followed by a common letter are not significantly different at the 5% level by LSD.

m = mean between homozygous recessive and homozygous dominance, d = additive gene effects, h = dominance gene effects, i = additive x additive gene effects, j = additive x dominance gene effects and l = dominance x dominance gene effects

พบว่ามีความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวน้อยกว่า โดยเฉพาะอย่างยิ่งพันธุ์ IT82E - 16 มีความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวเพียง 1,517.00 ตัวต่อต้น (Table 1)

ระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวในถั่วฝักยาว และถั่วพุ่มกลุ่มต่างๆ พบว่าระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ย

อ่อนตัว มีแนวโน้มสอดคล้องกับจำนวนเพลี้ยอ่อนตัวในทุกกลุ่มประชากร โดยพันธุ์คัด - มอ. มีระดับความรุนแรงสูงสุด (3.25 – 3.40 คะแนน) ในขณะที่พันธุ์พ่อทุกพันธุ์มีระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวระหว่าง 1.75 – 2.14 คะแนน ส่วนลูกผสมชั่วที่ 1

ลูกผสมชั่วที่ 2 ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่ และ ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อทุกคู่ผสมมีระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวระหว่างพันธุ์พ่อ - แม่ แต่มีแนวโน้มใกล้เคียงกับพันธุ์พ่อ (Table 2) จากการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของจำนวนเพลี้ยอ่อนตัว และระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวของตัว 4 คู่ผสม ซึ่งพบว่าทุกคู่ผสมมีค่าเฉลี่ยของจำนวนเพลี้ยอ่อนตัว และระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยพันธุ์คัด - มอ. ซึ่งอ่อนแอต่อเพลี้ยอ่อนตัวมีจำนวนเพลี้ยอ่อนตัว และระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวสูงสุด ส่วนพันธุ์พ่อ และลูกผสมต่างๆ สามารถต้านทานเพลี้ยอ่อนตัวได้ดีกว่า (Fery and Cuthbert, 1975) สอดคล้องกับการรายงานของ Atiri และ Thottappilly (1985) และ Alabi (2003) ที่เปรียบเทียบการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวในถั่วพุ่มระหว่างพันธุ์อ่อนแอต่อเพลี้ยอ่อนตัว (aphid - susceptible) และพันธุ์ต้านทานเพลี้ยอ่อนตัว (aphid - resistant) พบว่าถั่วพุ่มพันธุ์อ่อนแอมีจำนวนเพลี้ยอ่อนตัวสูงกว่าพันธุ์ต้านทาน ส่วนระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัว ให้ผลในลักษณะเดียวกัน คือพันธุ์อ่อนแอมีระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวสูงกว่าพันธุ์ต้านทาน (Jayappa and Lingappa, 1988)

ปฏิกริยาการทำงานของยีน และอัตราพันธุกรรม

การทดสอบจำนวนเพลี้ยอ่อนตัว และ

ระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัว เพื่อวิเคราะห์อิทธิพลของยีน พบว่าอิทธิพลของยีนแบบผลบวกมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนเพลี้ยอ่อนตัวในคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 เท่านั้น (Table 3) ในขณะที่อิทธิพลของยีนแบบข่มมีความสำคัญใน 2 คู่ผสมคือ คู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 และคู่ผสมคัด - มอ. x เขาทินซอน ปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) มีความสำคัญในปฏิกริยาระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบข่มมีความสำคัญในคู่ผสมคัด - มอ. x SR₀₀ - 863 และคู่ผสมคัด - มอ. x เขาทินซอน ส่วนปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่มมีความสำคัญเฉพาะคู่ผสม คัด - มอ. x IT82E - 16 เท่านั้น และปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวกไม่แสดงอิทธิพลทั้ง 4 คู่ผสม

ปฏิกริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัว พบว่า มีปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนแบบผลบวกเพียงคู่ผสมเดียว คือคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 ขณะที่ปฏิกริยาอิทธิพลของยีนข่มมีความสำคัญใน 2 คู่ผสม คือคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 และคู่ผสมคัด - มอ. x เขาทินซอน ปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งมีความสำคัญระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวกในคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 และคู่ผสมคัด - มอ. x สุรนารี 1 และมีปฏิกริยาสัมพันธ์แบบข่มกับแบบข่มในคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16

Table 4. Estimation of gene effects controlling damaged scores in 4 crosses of yard long bean and cowpea at the 3rd week after aphids were released under screenhouse condition.

Crosses	Parameter					
	m	d	h	i	j	l
Selected – PSU x IT82E – 16	2.13±1.65 b	0.75±0.12 a	0.73±0.73 a	0.36±0.23 a	-1.36±1.11 a	-0.04±0.00 b
Selected – PSU x SR ₀₀ – 863	2.862±0.52 a	0.65±0.13 b	-1.27±1.16 b	-0.11±0.00 b	-0.98±0.25 a	0.54±0.49 a
Selected – PSU x Khao – hinson	2.452±0.56 b	0.61±0.17 b	-0.74±0.57 a	0.70±0.53 b	-1.46±0.29 a	0.74±0.08 a
Selected – PSU x Suranaree 1	3.26±0.54 a	0.69±0.15 b	-2.76±1.43 b	-0.64±0.35 b	-2.22±0.25 a	2.09±0.96 a

Means in the same row followed by a common letter are not significantly different at the 5% level by LSD.

m = mean between homozygous recessive and homozygous dominance, d = additive gene effects, h = dominance gene effects, i = additive x additive gene effects, j = additive x dominance gene effects and l = dominance x dominance gene effects

Table 5. Board – sense heritability of damaged scores at the 3rd week after aphids were released under screenhouse condition.

Crosses	Heritability (% h ²) of damaged score
Selected – PSU x IT82E – 16	55.941
Selected – PSU x SR ₀₀ – 863	28.898
Selected – PSU x Khao – hinson	36.733
Selected – PSU x Suranaree 1	22.209

เท่านั้น ส่วนคู่ผสมคัด - มอ. x เขาหินซ้อน คู่ผสมคัด - มอ. x SR₀₀ - 863 และคู่ผสมคัด - มอ. x สุรนารี 1 ไม่มีปฏิกริยาสัมพันธ์แบบข่มกับแบบข่ม ในขณะที่ปฏิกริยาสัมพันธ์แบบผลบวกกับแบบข่มไม่แสดงอิทธิพลทั้ง 4 คู่ผสม (Table 4)

สอดคล้องกับ Ogbaji และ Obasi (2006) ศึกษาพันธุกรรมของการต้านทานหนอนเจาะฝักในถั่วฝักยาว พบว่าการแสดงออกของยีนเป็นแบบผลบวก และแบบข่มทุกคู่ผสม โกศลและพีระศักดิ์ (2530) ศึกษาการถ่ายทอดลักษณะการต้านทานหนอนเจาะฝักในถั่วเหลือง 11 คู่ผสม พบว่ามีถั่วเหลือง 3 คู่ผสมที่แสดงลักษณะของยีนแบบผลบวก และปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งแบบผลบวกกับแบบผลบวก ซึ่งผลจากการแสดงออกของยีนในลักษณะนี้ควรมีการปรับปรุงพันธุ์โดยการคัดเลือกแบบหมู่ (mass selection) แบบบันทึกประวัติ (pedigree method) หรือแบบหนึ่งเมล็ดต่อต้น (single seed descent) (พีระศักดิ์, 2526) ส่วนคู่ผสมที่ไม่แสดงลักษณะของยีนแบบผลบวก หรือไม่มีปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่งแบบผลบวกกับแบบผลบวก ไม่สามารถนำมาคัดเลือกเพื่อเพิ่มความต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่วได้ในช่วงแรก

เพราะไม่พบความแปรปรวนทางพันธุกรรม ระหว่างข้าวต่างๆ หรือความแปรปรวนเกิดขึ้นแบบไม่เป็นผลบวก (Distabanjong and Srinives, 1985)

การวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแบบกว้าง เพื่อประเมินความเป็นไปได้ในการถ่ายทอดทางพันธุกรรม พบว่าค่าการถ่ายทอดทางพันธุกรรมของระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวดำในตัว 3 คู่ผสมคือ คู่ผสมคัด - มอ. x SR₀₀ - 863 คู่ผสมคัด - มอ. x เขาหินซ้อน และ คู่ผสมคัด - มอ. x สุรนารี 1 (Table 5) โดย คู่ผสมคัด - มอ. x สุรนารี 1 มีอัตราพันธุกรรมต่ำที่สุด คือ 22.21 % รองลงมาคือคู่ผสมคัด - มอ. x SR₀₀ - 863 และคู่ผสมคัด - มอ. x เขาหินซ้อน มีอัตราพันธุกรรม 28.89 และ 36.73 % ตามลำดับ ส่วนคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 พบว่ามีอัตราพันธุกรรมสูงสุดคือ 55.94 % อย่างไรก็ตามการปลูกทดสอบครั้งนี้ดำเนินการภายใต้สภาพแวดล้อมเดียวกัน ความแปรปรวนอันเนื่องมาจากสิ่งแวดล้อมที่ส่งผลต่อการแสดงออกในแต่ละพันธุ์จึงเท่ากัน ดังนั้นอัตราพันธุกรรมที่วัดได้จากคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 ที่มีค่าสูงกว่า แสดงว่ามีความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมดีกว่าคู่ผสมคู่อื่นๆ

สรุปผลการทดลอง

การศึกษาระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวดำ การแสดงออกของยีนและอัตราพันธุกรรม ในประชากรของตัวฝักยาว

และตัวพุ่มคู่ผสมต่างๆ พบว่าพันธุ์คัด - มอ. มีระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวดำสูงสุด ส่วนปฏิกริยาการทำงานของยีนและอัตราพันธุกรรม พบว่าอิทธิพลของยีนแบบผลบวก มีบทบาทสำคัญในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรม ของระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวดำเฉพาะคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 ปฏิกริยาอิทธิพลของยีนเข้มที่ควบคุมระดับความรุนแรงการเข้าทำลายของเพลี้ยอ่อนตัวดำมีความสำคัญใน 2 คู่ผสม คือ คู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 และ คู่ผสมคัด - มอ. x เขาหินซ้อน ปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง มีความสำคัญระหว่างยีนแบบผลบวกกับแบบผลบวกในคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 และคู่ผสมคัด - มอ. x สุรนารี 1 และปฏิกริยาสัมพันธ์แบบเข้มกับแบบเข้มในคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 ส่วนอัตราพันธุกรรมแบบกว้าง พบว่าคู่ผสมคัด - มอ. x IT82E - 16 มีค่าสูงสุดคือ 55.94 %

คำขอบคุณ

คณะผู้วิจัยขอขอบพระคุณ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ และคณะเทคโนโลยีและการพัฒนาชุมชน มหาวิทยาลัยทักษิณ วิทยาเขตพัทลุง ที่สนับสนุนทุนวิจัยในการทดลองครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

กรรณิการ์ หุตะแพทย์. 2542. 12 ผักในดวงใจของผู้บริโภค. เกษตรกรรมธรรมชาติ 10

- : 10 - 39.
- เกรียงไกร จำเริญมา. 2545. มาตรฐานการทดสอบสารฆ่าแมลง. ว. *กีฏ.สัตว.* 24 : 48 - 54.
- โกศล ชัยมณี และพีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์. 2530. การถ่ายทอดลักษณะความต้านทานต่อหนอนเจาะฝัก (*Heliothis armigera*) ในถั่วเหลือง. ว. *วิชาการเกษตร* 5 : 32 - 37.
- ขวัญจิตร์ สันติประชา และวัลลภ สันติประชา. 2535. การทดสอบพันธุ์ถั่วฝักยาวในฤดูฝนในจังหวัดสงขลา. ว. *สงขลานครินทร์*. 14 : 373 - 378.
- ชาญณรงค์ ดวงสะอาด. 2549. *การจัดการแมลงศัตรูพืช*. หจก. ดีพรีนธ์ เชียงใหม่. 231 หน้า.
- นิรนาม. 2550. *เอกสารรายงานสถิติการผลิตการเกษตรตามชนิดพืชเลือกตามกลุ่มพืชผักปีเพาะปลูก 2548/2549 ทั้งประเทศ*. กรมส่งเสริมการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ กรุงเทพฯ. 132 หน้า.
- พิสุทธิ เอกอำนวยการ. 2550. *โรคและแมลงของพืชเศรษฐกิจที่สำคัญ*. สายธุรกิจโรงพิมพ์ เชียงใหม่. 379 หน้า.
- พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์. 2526. พันธุศาสตร์ปริมาณที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์พืช. ว. *วิทย์. กษ.* 16 : 409 - 422.
- สมใจ ไควสุรัตน์ พเยาว์ พรหมพันธุ์ใจ พรพรรณ สุทธิแย้ม นฤทัย วรสถิตย์ จำลอง กรัมย์ อ่างร เชื้อกิตติศักดิ์ และสรศักดิ์ มณีขาว. 2543. *ถั่วพุ่ม*. โรงพิมพ์ศิริธรรมออฟเซต อุบลราชธานี. 38 หน้า.
- สรพงศ์ เบญจศรี จรัสศรี นวลศรี ขวัญจิตร์ สันติประชา และอรัญ งามพ่องใส. 2548. การประเมินลักษณะการต้านทานเพลี้ยอ่อนถั่วและผลผลิตในถั่วพุ่มและถั่วฝักยาว. ว. *วิทย์. กษ.* 36 : 207 - 210.
- อรัญ งามพ่องใส, สุนทร พิพิธแสงจันทร์ และวิภาวดี ชำนาญ. 2546. การใช้สารฆ่าแมลงและสารสกัดจากพืชบางชนิดควบคุมแมลงศัตรูถั่วฝักยาว. ว. *สงขลานครินทร์* 25 : 307 - 316.
- อรุณี วงษ์กอบรัชฎ์. 2530. การประเมินความเสียหายด้านผลผลิตและคุณภาพของยาสูบเตอร์กิชเนื่องจากเพลี้ยอ่อนถั่ว. ว. *กีฏ.สัตว.* 9 : 187 - 193.
- Alabi, O. Y., J. A., Odebiyi and L. E. N. Jackai. 2003. Field evaluation of cowpea cultivars (*Vigna unguiculata* L. Walp.) for resistance to flower bud thrips (*Megalurothrips sjostedti* Trybom) (Thysanoptera : Thripidae). *Int. J. Pest Manage.* 49 : 287 - 291.
- Alabi, O. Y., J. A. Odebiyi and M. Tamo. 2004. Effect of host plant resistance in some cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) cultivars on growth and developmental parameters of the flower bud thrips, *Megalurothrips sjostedti* (Trybom). *Crop Prot.* 23 : 83 - 88.

- Annan, I. B., G. A., Schaefer and W. M. Tingey. 1995. Influence of duration of infestation by cowpea aphid (Aphididae) on growth and yield of resistant and susceptible cowpeas. *Crop Prot.* 14 : 533 - 538.
- Atiri, G. I. and G. Thottappilly. 1985. *Aphis craccivora* setting behaviour and acquisition of cowpea aphid - borne mosaic virus in aphid - resistance cowpea lines. *Entomol. Exp. Appl.* 39 : 241 - 245.
- Burton, G. W. 1951. Quantitative inheritance in pearl millet (*Pennisetum glaucum*). *Agron.* 43 : 409 - 417.
- Distabanjong, K. and P. Srinives. 1985. Inheritance beanfly resistance in mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek). *Kasetsart J. (Nat. Sci.)* 19 : 75 - 84.
- Fery, R. L. and F. P. Cuthbert. 1975. Inheritance of pod resistance to cowpea curculio infestation in southern peas. *J. of Heredity* 66 : 43 - 44.
- Jayappa, B. G. and S. Lingappa. 1988. Screening of cowpea germplasm for resistance to *Aphis craccivora* Koch. in India. *Trop. Pest Manage.* 34 : 62 - 64.
- Hayman, B. I. 1958. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation mean. *Heredity* 12: 371 - 390.
- Karungi, J., E., Adipala M. W., Ogenga - Latigo, S., Kyamanywa and N. Oyobo. 2000a. Pest management in cowpea. Part 1. Influence of planting time and pest density on cowpea field pests infestation in Eastern Uganda. *Crop Prot.* 19 : 231 - 236.
- Karungi, J., E., Adipala, M. W., Ogenga - Latigo, S., Kyamanywa, N., Oyobo and L. E. N. Jackai. 2000b. Pest management in cowpea part 2. Integrating planting time, plant density and insecticide application for management of cowpea field insect pests in Eastern Uganda. *Crop Prot.* 19 : 237 - 245.
- Knott, J. E. and J. R. Deanon. 1967. *Vegetable Production in Southeast Asia*. University of the Philippines, Laguna, Los Banos, Philippines. 366 p.
- Mather, K. and J. L. Jinks. 1977. *Introduction to Biometrical Genetics*. Cornell University Press, Cambridge.

61 p.

- Ofuya, T. I. 1995. Studies on the capability of *Cheilomenes lunata* (Fabricius) (Coleoptera: Coccinellidae) to prey on the cowpea aphid, *Aphis craccivora* Koch (Homoptera: Aphididae) in Nigeria. *Agric. Ecosystems and Environ.* 52 : 35 - 38.
- Ogbaji, M. I. and M. O. Obasi. 2006. Heritability and gene action of cowpea (*Vigna unguiculata*) resistance to pod sucking bug (*Clavigralla tomentosicollis*). *Indian J. Agr. Sci.* 76 : 607 - 610.
- Ouedraogo, J. T., B. S., Gowda, M., Jean, T. J., Close, J. D., Ehlers, A. E., Hall, A. G., Gillaspie, P. A., Roberts, A. M., Ismail, G., Bruening, P., Gepts, M. P., Timko and F. J. Belzile. 2002. An improved genetic linkage map for cowpea (*Vigna unguiculata* L.) combining AFLP, RFLP, RAPD, biochemical markers, and biological resistance traits. *Genome* 45 : 175 - 188.
- Splittstoesser, W. E. 1979. *Vegetable Growing Handbook*. AVI Publishing Company Inc, West Port. 299 p.
- Tindall, H. D. 1983. *Vegetables in the Tropics*. Macmillan Education Ltd, Hong Kong. 533 p.