

สุรชาติ สิบพลกรัง : ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผลในลูกผสม
ระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var.
cantalupensis) (GENETIC VARIABILITY OF FRUIT CHARACTERISTICS
BETWEEN THAI MELON (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) AND CANTALOUPE
(*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*) HYBRID) อาจารย์ที่ปรึกษา : ผู้ช่วยศาสตราจารย์
ดร. อารักษ์ ชีรอำพน, 80 หน้า.

ลักษณะรูปร่างผลของแตงไทยและแคนตาลูปเป็นลักษณะเชิงปริมาณที่สามารถใช้บ่งชี้
คุณภาพของผลผลิต มูลค่าทางการตลาด และช่วยในการวางแผนการบรรจุหีบห่อ การขนส่ง
การตลาด อีกทั้งยังเป็นลักษณะหนึ่งที่สามารถใช้ในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุ์ อย่างไรก็ตาม
การศึกษาเกี่ยวกับผลกระทบของยีนต่อลักษณะรูปร่างผลยังไม่มีข้อมูลชัดเจนนัก ดังนั้น การศึกษา
ทดลองครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล อัตรา
พันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของลูกผสมระหว่าง
แตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) 2 พันธุ์ กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var.
cantalupensis; P₂) 2 พันธุ์ จำนวน 4 คู่ผสม คือ RML1 x KML370, RML1 x PI148, LML1 x
KML370 และ LML1 x PI148 โดยปลูกทดลองที่มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ระหว่างเดือน
พฤษภาคมถึงเดือนกรกฎาคม พ.ศ. 2533 จากการศึกษาพบว่า (1) พันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้
เป็นพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุกลักษณะที่ศึกษา และมีความ
สม่ำเสมอภายในพันธุ์สูง (2) ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลใน 6 ประชากร (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁P₁ และ
BC₁P₂) จาก 4 คู่ผสม มีความแตกต่างระหว่างประชากรอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับ 0.01 ในลักษณะ
ต่าง ๆ ที่ศึกษา (3) การศึกษาปฏิกริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล โดยวิธีวิเคราะห์
ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ทั้ง 6 ประชากร จาก 4 คู่ผสม พบปฏิกริยาของยีน
แสดงผลในรูปแบบต่าง ๆ แปรปรวนไปในแต่ละลักษณะ โดยที่การแสดงผลของยีนแบบบวกมี
ความสำคัญในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผลในทั้ง 4 คู่ผสม และยังพบยีนแบบข่มและข่มข้ามคู่ใน
คู่ผสม LML1 x KML370 และ LML1 x PI148 ลักษณะความยาวผลถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก
แบบข่ม และข่มข้ามคู่ในทุกคู่ผสมยกเว้น RML1 x PI148 ความกว้างผลถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก
แบบข่ม และ ข่มข้ามคู่ แต่ไม่พบยีนแบบบวกในคู่ผสม LML1 x KML370 ดังนั้นรูปร่างผลถูกควบคุม
ด้วยยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ แต่ไม่พบในคู่ผสม RML1 x PI148 ขณะที่การแสดงผลของยีนแบบ
บวกควบคุมลักษณะความหนาเนื้อและความหวาน (4) อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์
ของแต่ละประชากรทั้ง 4 คู่ผสมพบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อมียีนอัตราพันธุกรรม
แนวกว้างค่อนข้างสูงระหว่าง 61.44-69.80, 43.09-75.94 และ 39.83-77.59 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (5)

การศึกษาความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (heterosis) พบว่า มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญใน ลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล และความหวาน 29.39-36.04, 11.85-37.31, 4.75-13.35 และ 6.82-24.08 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ นอกจากนี้ผลของลูกผสมที่มีความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) ทั้ง 4 คู่ผสมพบว่าทุกลักษณะมีความแปรปรวนไปในแต่ละคู่ผสม โดยลักษณะน้ำหนักผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 และ LML1 x KML370 (14.95 และ 17.99 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ) ความยาวผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 และ RML1 x PI148 (17.02 และ 35.67 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ) และดัชนีรูปร่างผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 (9.89 เปอร์เซ็นต์) และ (6) พบสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผลและความหนาเนื้อของทั้ง 4 คู่ผสมที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 แต่ในทางตรงกันข้ามพบว่า ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ทางลบกับดัชนีรูปร่างผล จากข้อมูลการศึกษาเหล่านี้จะเป็นข้อมูลที่สำคัญอย่างยิ่งสำหรับแนวทางการคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์แตงลูกผสมให้เป็นพืชที่มีศักยภาพทางเศรษฐกิจในอนาคต



SURACHAT SIBPONKRUNG : GENETIC VARIABILITY OF FRUIT CHARACTERISTICS BETWEEN THAI MELON (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) AND CANTALOUPE (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*) HYBRID. THESIS ADVISOR : ASST. PROF. ARAK TIRA-UMPHON, Ph.D., 80 PP.

THAI MELON/CANTALOUPE/GENERATION MEAN ANALYSIS/BROAD-SENSE HERITABILITY/HETEROSIS/HETEROBELTIOSIS/CORRELATION

Fruit shape is one of the key important quantitative traits closely related to the fruit quality in Thai melon and cantaloupe. It also can be used to evaluate the market value and also be helpful in packaging planning processes, transportation, marketing operation and in the breeding program selection step. However, the genetic effect of melon fruit shape has not been well studied. Therefore, four melon crossed between 2 varieties of Thai melon (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) and 2 varieties of cantaloupe (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*) including RML1 x KML370, RML1 x PI148, LML1 x KML370 and LML1 x PI148 were cultivated according to standard method at Suranaree University of Technology during May – July, 2010 and studied. The objectives of this study were 1) to examine the genetic effects on the fruit traits, 2) to determine the broad-sense heritability, 3) to assess and compare the ability of hybrid cultivars on heterosis and heterobeliosis, 4) to evaluate the correlation of fruit traits of the hybrid cultivars. The results indicated that the parent lines have high fruit traits varieties between lines ($P < 0.01$) and very high uniformity within the line. The average of fruit trait of six populations (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1P_1 and BC_1P_2) from four

melon crosses were highly significant ($P < 0.01$) among each population in term of all fruit traits and genetic variability between melon crosses and their parents. In addition, the generation mean analysis of the six populations showed variety of gene actions. The additive genes effects were the key regulator of fruit weight in all crosses. Moreover, this current study indicated that the dominant and epistasis gene effects were observed in LML1 x KML370 and LML1 x PI148. Furthermore, the fruit length and fruit diameter traits were regulated by additive, dominant and epistasis gene effects in all crosses except for the RML1 x PI148 and the LML1 x KML370, respectively in which no additive genes effects were found. The fruit shape index was controlled by dominant and epistasis gene effects in all crosses but not in the RML1 x PI148. The additive gene effect mainly regulated the fruit flesh thickness and the total soluble solids. Broad-sense heritability was also investigated based on the variance of different populations in all crosses. Relatively high percentages of fruit weight (61.44-69.80%), fruit length (43.09-75.94%) and fruit flesh thickness (39.83-77.59%) were shown. The heterosis of all crosses indicated that the fruit weight (29.39-36.04%), fruit length (11.85-37.31%), fruit diameter (4.75-13.35%) and total soluble solids (6.82-24.08%) were highly significant ($P < 0.01$). Moreover, the heterobeltiosis in all hybrid cultivars was observed. The variation of four crosses was found among fruit weight in RML1 x KML370 (14.95%) and LML1 x KML370 (17.99%) fruit length in RML1 x KML370 (17.02%) and RML1 x PI148 (35.67%) and fruit shape index in RML1 x KML370 (9.89%). Highly significant positive correlation in all crosses was detected for fruit weight, fruit length, fruit diameter, fruit shape index and fruit flesh thickness, but negative correlation between the fruit diameter and the fruit shape index was observed. These results together with the previous observation suggested that hybrid melon's fruit shape is polygenic and highly heritable. This information could be

used for the selection and improvement in the breeding program of potentially commercial cultivars in the near future.



School of Crop Production Technology

Student's Signature _____

Academic Year 2011

Advisor's Signature _____