

ธีราพร ทองคีนอก : ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะผล และเครื่องหมายโมเลกุลใน
ลูกผสมระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var.
reticularis Naudin) (Genetic Variability of Fruit Characters and Molecular Markers in
Crosses between Thai Melon (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) and Cantaloupe (*Cucumis melo*
L. var. *reticularis* Naudin) อาจารย์ที่ปรึกษา : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อารักษ์ ธีรอำพน, 66
หน้า.

ในปัจจุบันแตงไทยเป็นพืชที่ได้รับความนิยมต่ำ เนื่องจากมีเปลือกบาง เนื้อนุ่ม กลิ่นไม่หอม
รสจืด และอายุการเก็บรักษาสั้น ทำให้ไม่เป็นที่นิยมบริโภค ขณะที่แคนตาลูปเป็นที่นิยมในตลาดสูง
กว่า เพราะมีรสหวาน กรอบ และเก็บรักษาได้นานกว่า ซึ่งลักษณะของผลมีผลต่อคุณภาพผลผลิต
ดังนั้น การศึกษาทดลองครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาปฏิกิริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล
อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ และหาความเชื่อมโยงลักษณะ
ทางฟีโนไทป์ระหว่างลักษณะของลูกผสมระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁)
1 พันธุ์ กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *reticularis* Naudin; P₂) 2 พันธุ์ จำนวน 2 คู่ผสม คือ
RML1 x KML370 และ RML1 x PI148 ทำการปลูกทดลองที่ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี
ระหว่างเดือนตุลาคม พ.ศ. 2556 ถึงเดือนพฤศจิกายน พ.ศ. 2559 จากการศึกษาพบว่า (1) พันธุ์
แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุก
ลักษณะที่ศึกษา และมีความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูง (2) ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลใน 6 ประชากร
(P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁P₁ และ BC₁P₂) จาก 2 คู่ผสม มีความแตกต่างระหว่างประชากรอย่างมีนัยสำคัญที่
ระดับ 0.01 ในลักษณะต่าง ๆ ที่ศึกษา (3) การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของ
ผลโดยวิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ทั้ง 6 ประชากร จาก 2 คู่ผสม พบ
ปฏิกิริยาของยีนแสดงผลในรูปแบบต่างๆ แปรปรวนไปในแต่ละลักษณะ โดยที่ลักษณะน้ำหนักผล
คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีการแสดงปฏิกิริยาของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ แต่คู่ผสมที่ 2 RML1
x PI148 มีการแสดงปฏิกิริยาแบบบวก และข่มข้ามคู่ แต่ในขณะเดียวกันทั้ง 2 คู่ผสมมีการแสดง
ปฏิกิริยาแบบบวก ข่ม และข่มข้ามคู่ในลักษณะความหนาเนื้อ ความกว้างผล และเปอร์เซ็นต์เนื้อ (4)
อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากควาเรียนซ์ของแต่ละประชากรทั้ง 2 คู่ผสมพบว่า ลักษณะน้ำหนัก
ผล ความแน่นเนื้อ และความหวานสูง ลักษณะความหนาเนื้อ เปอร์เซ็นต์เนื้อ และดัชนีรูปร่างผลต่ำ
ลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก และความยาวผล คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตรา
พันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ และลักษณะ
ความหนาเนื้อ และความกว้างผล คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่
คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ (5) การศึกษาความดีเด่นเหนือ

ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (heterosis) ลักษณะความหนาเปลือก ความแน่นเนื้อ และความหวาน มีค่าติดลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะมีค่าเฉลี่ยต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ แตกต่างจากลักษณะดัชนีรูปร่างผล มีค่าเป็นบวกแสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะมีค่าเฉลี่ยสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ นอกจากนี้ผลของลูกผสมที่มีความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) ทั้ง 2 กลุ่มพบว่าทุกลักษณะมีความแปรปรวนไปในแต่ละกลุ่มผสม โดยในทุกลักษณะ มีค่าติดลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะมีค่าเฉลี่ยต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (6) ลักษณะน้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับเส้นรอบวงผล ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ และความยาวผล ของทั้ง 2 กลุ่มผสมที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 แต่ในทางตรงกันข้ามพบว่าทุกลักษณะมีสหสัมพันธ์ทางลบกับดัชนีรูปร่างผล และ (7) จากการศึกษาโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อเชื่อมโยงลักษณะผลนั้น พบว่าไม่สามารถทำการเชื่อมโยงได้เนื่องจากพันธุ์พ่อแม่ที่นำมาใช้ในการทดลองเป็นพันธุ์ผสมเปิด ความบริสุทธิ์ของสายพันธุ์ต่ำ และมีแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันภายในพันธุ์แดงไทยและพันธุ์แคนตาลูปที่ใช้เป็นพ่อแม่ ดังนั้นอาจต้องมีการคัดเลือกพันธุ์พ่อแม่ที่เป็นพันธุ์แท้ในการศึกษา และเพิ่มจำนวนไพรเมอร์เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการทดลอง

จากข้อมูลการศึกษาเหล่านี้จะเป็นข้อมูลที่สำคัญอย่างยิ่งสำหรับแนวทางการคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์แดงลูกผสมให้เป็นพืชที่มีคุณภาพทางเศรษฐกิจในอนาคต

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช
ปีการศึกษา 2559

ลายมือชื่อนักศึกษา ธำพร งามนอก
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา

TEERAPORN TONGDEENOK : GENETIC VARIABILITY OF FRUIT
CHARACTERS AND MOLECULAR MARKERS IN CROSSES BETWEEN
THAI MELON (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) AND CANTALOUPE
(*Cucumis melo* L. var. *reticularis* Naudin). THESIS ADVISOR : ASST.
PROF. ARAK TEERAAUMPON, Ph.D., 66 PP.

THAI MELON/CANTALOUPE/MOLECULAR MARKER

At present, Thai Melon is not popular because it has a soft shell, no smell, no taste, and a short shelf life, making it unpopular. While cantaloupe is more popular in the market because it has a sweet taste and has a longer shelf life, which affects the nature of the quality of the output. The objectives of this study were to 1) examine the genetic effects on the fruit traits, 2) determine the broad-sense heritability, 3) assess and compare the ability of hybrid cultivars on heterosis and heterobeltiosis, 4) evaluate the correlation of fruit traits of the hybrid cultivars, and 5) study the link between fruit traits and hybrid melon's fruit traits for Thai Melon (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) and Cantaloupe (*Cucumis melo* L. var. *reticularis* Naudin; P₂) including RML1 x KML370 and RML1 x PI148 were cultivated according to standard method at Farm Suranaree University of Technology during October, 2013-November, 2016 and studied. The results indicated the following. 1) The parent lines have high fruit traits varieties between lines and very high uniformity within the line; 2) The average of the fruit trait six populations (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁P₁ and BC₁P₂) from two melon crosses were highly significant ($P < 0.01$) for all fruit traits; 3) The generation mean analysis of the six populations showed a variety of gene actions. The dominant

and epistasis genes effects were the key regulator of fruit weight in RML1 x KML370, but the additive and epistasis genes effects in RML1 x PI148 were the key regulator of fruit weight. Furthermore, the fruit flesh thickness, fruit diameter and pulp percentage traits were regulated by additive, dominant and epistasis gene effects in all crosses; 4) Broad-sense heritability was also investigated based on the variance of different populations in all crosses. Relatively high percentages of fruit weight, fruit firmness and fruit thickness, but low percentages of the areola width, pulp percentage and fruit shape index were found in all crosses. The fruit perimeter, peel thickness and fruit length showed high percentages in RML1 x KML370 but fruit thickness and fruit width in RML1 x KML370 showed low percentages. 5) The heterosis of all crosses of the peel thickness, fruit firmness and total soluble solid were highly significant ($P < 0.01$). Moreover, the heterobeltiosis in all hybrid cultivars was observed. The variation of the two crosses showed all fruit traits were highly significant ($P < 0.01$); 6) A fruit weight positive correlation was detected for the fruit diameter, fruit thickness, areola width, fruit width, pulp percentage and fruit length, but a negative correlation between the fruit shape index was observed; and 7) Based on a molecular marker study to obtain results not analysis using morphological traits because an open pollinated variety low pure and DNA band parent line is different in Thai melon and cantaloupe. 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

Academic Year 2016

Student's Signature

Advisor's Signature

Tee Saporn

Asak Tisa-umphan