ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะผล และเครื่องหมายโมเลกุล ในลูกผสมระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin)

นางสาวธีราพร ทองดีนอก

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาพืชศาสตร์
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี
ปีการศึกษา 2559

GENETIC VARIABILITY OF FRUIT CHARACTERS AND MOLECULAR MARKERS IN CROSSES BETWEEN THAI MELON (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) AND CANTALOUPE (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin)

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

Teeraporn Tongdeenok

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the Degree of Master of Science Program in Crop Science

Suranaree University of Technology

Academic Year 2016

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะผล และเครื่องหมายโมเลกุลในลูกผสมระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin)

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี อนุมัติให้นับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญามหาบัณฑิต

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

____

(ศ. ดร.ปิยะดา อลิฌาณ์ ตันตสวัสดิ์)

ประธานกรรมการ

____

(ผศ. ดร.อารักษ์ ธีรอำพน)

กรรมการ (อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์)

____

(รศ. ดร.มารินา เกตุทัต-คาร์นส์)

กรรมการ

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

____

(ศ. ดร.สันติ แม้นศิริ)

รองอธิการบดีฝ่ายวิชาการและพัฒนาความเป็นสากล

____

(ศ. ดร.หนึ่ง เตียอำรุง)

คณบดีสำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

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

ในปัจจุบันแตงไทยเป็นพืชที่ได้รับความนิยมต่ำ เนื่องจากมีเปลือกบาง เนื้อนิ่ม กลิ่นไม่หอม รสจืด และอายุการเก็บรักษาสั้น ทำให้ไม่เป็นที่นิยมบริโภค ขณะที่แคนตาลูปเป็นที่นิยมในตลาดสูงกว่า เพราะมีรสหวาน กรอบ และเก็บรักษาได้นานกว่า ซึ่งลักษณะของผลมีผลต่อคุณภาพผลผลิต ดังนั้น การศึกษาทดลองครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาปฏิกิริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ และหาความเชื่อมโยงลักษณะทางฟีโนไทป์ระหว่างลักษณะของลูกผสมระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) 1 พันธุ์ กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin; P_2) 2 พันธุ์ จำนวน 2 คู่ผสม คือ RML1 x KML370 และ RML1 x PI148 ทำการปลูกทดลองที่ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ระหว่างเดือนตุลาคม พ.ศ. 2556 ถึงเดือนพฤศจิกายน พ.ศ. 2559 จากการศึกษาพบว่า (1) พันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุกลักษณะที่ศึกษา และมีความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูง (2) ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลใน 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 และ BC_1P_2) จาก 2 คู่ผสม มีความแตกต่างระหว่างประชากรอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับ 0.01 ในลักษณะต่าง ๆ ที่ศึกษา (3) การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผลโดยวิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ทั้ง 6 ประชากร จาก 2 คู่ผสม พบปฏิกิริยาของยีนแสดงผลในรูปแบบต่างๆ แปรปรวนไปในแต่ละลักษณะ โดยที่ลักษณะน้ำหนักผล คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีการแสดงปฏิกิริยาของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ แต่คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีการแสดงปฏิกิริยาแบบบวก และข่มข้ามคู่ แต่ในขณะเดียวกันทั้ง 2 คู่ผสมมีการแสดงปฏิกิริยาแบบบวก ข่ม และข่มข้ามคู่ในลักษณะความหนาเนื้อ ความกว้างผล และเปอร์เซ็นต์เนื้อ (4) อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากรทั้ง 2 คู่ผสมพบว่า ลักษณะน้ำหนักผล ความแน่นเนื้อ และความหวานสูง ลักษณะความหนาไส้ เปอร์เซ็นต์เนื้อ และดัชนีรูปร่างผลต่ำ ลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก และความยาวผล คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ และลักษณะความหนาเนื้อ และความกว้างผล คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ (5) การศึกษาความดีเด่นเหนือ

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

จากข้อมูลการศึกษาเหล่านี้จะเป็นข้อมูลที่สำคัญอย่างยิ่งสำหรับแนวทางการคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์แตงลูกผสมให้เป็นพืชที่มีคุณภาพทางเศรษฐกิจในอนาคต

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช	ลายมือชื่อนักศึกษา ______________
ปีการศึกษา 2559	ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา ______________

TEERAPORN TONGDEENOK : GENETIC VARIABILITY OF FRUIT CHARACTERS AND MOLECULAR MARKERS IN CROSSES BETWEEN THAI MELON (*Cucimis melo* L. var. *conomon*) AND CANTALOUPE (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* 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 the between fruit traits and hybrid melon's fruit traits for Thai Melon (*Cucimis melo* L. var. *conomon;* P_1) and Cantaloupe (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin; P_2) 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 (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) 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

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

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 maker 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 — Student's Signature Teerapong

Academic Year 2016 — Advisor's Signature Arak Tira-umphon

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงได้ด้วยดี เนื่องจาก “ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยระดับบัณฑิตศึกษาจากสำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ประจำปี 2559” ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อารักษ์ ธีรอำพน อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ และรองศาสตราจารย์ ดร.มารินา เกตุทัต-คาร์นส์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ผู้ให้คำปรึกษา คำแนะนำ ความช่วยเหลือและความเอาใจใส่อย่างดียิ่งทั้งด้านการเรียน งานวิจัย ตลอดจนตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์ตั้งแต่เริ่มต้นจนสำเร็จเสร็จสมบูรณ์ได้ด้วยดี

ข้าพเจ้าขอขอบพระคุณผู้ที่มีส่วนช่วยให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดีอีกหลายท่าน ดังนี้

ศาสตราจารย์ ดร.ปิยดา อลิฌาณ์ ตันตสวัสดิ์ ประธานคณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ คุณขนิษฐา กู่โบราณ เจ้าหน้าที่ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ที่กรุณาอำนวยความสะดวก ทั้งทางด้านจัดเตรียมวัสดุอุปกรณ์ และแรงงานในการปลูก คุณเอกวัฒน์ ธาราพฤกษพงศ์ และคุณอรทัย นาชิน เจ้าหน้าที่ศูนย์เครื่องมือวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี 3 มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ที่กรุณาอำนวยความสะดวก และให้คำปรึกษาในการใช้เครื่องมือที่เกี่ยวข้องในการดำเนินการวิจัย

ขอขอบคุณศูนย์เครื่องมือวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี 3, 10 และฟาร์มมหาวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ที่เอื้อเฟื้อสถานที่ในการดำเนินการทดลอง ตลอดจนสถาบันวิจัยและพัฒนา ที่สนับสนุนงบประมาณการวิจัยบางส่วน

ขอขอบคุณ เพื่อน พี่ น้อง ทุกคนที่ให้ความช่วยเหลือและเป็นกำลังใจอย่างดีเสมอมา

ในที่สุดนี้ ขอกราบขอบพระคุณบิดา และมารดา ที่อบรมเลี้ยงดู เอาใจใส่ เป็นกำลังใจส่งเสริมและสนับสนุนด้านการศึกษาเป็นอย่างดีตลอดเสมอมา

ท้ายนี้ คุณประโยชน์อันพึงมีจากวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ผู้วิจัยขอมอบแด่ บิดา มารดา ครูอาจารย์และผู้มีพระคุณทุกท่าน

ธีราพร ทองดีนอก

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ (ภาษาไทย) .... ก
บทคัดย่อ (ภาษาอังกฤษ) .... ค
กิตติกรรมประกาศ .... จ
สารบัญ .... ฉ
สารบัญตาราง .... ซ
สารบัญภาพ .... ญ
บทที่

1 บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา 1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย 2
1.3 สมมติฐานการวิจัย 3
1.4 ขอบเขตการวิจัย 3
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ 3

2 ปริทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ความสำคัญของแตงไทย และแคนตาลูป 4
2.2 ลักษณะทั่วไปและลักษณะทางทางพฤกษศาสตร์ 5
2.3 พันธุกรรมและลักษณะการแสดงออกของยีน 7
2.4 พันธุศาสตร์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช 10
2.5 การใช้เครื่องหมายโมเลกุล 13

3 วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 วัสดุอุปกรณ์ 17
3.2 ระยะเวลาการทดลอง 18
3.3 สถานที่ทำการทดลอง 18
3.4 วิธีการทดลอง 18
3.5 การบันทึกข้อมูล 19

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

3.6 การวิเคราะห์ข้อมูล 20

4 ผลการการทดลองและวิจารณ์

4.1 การเปรียบเทียบความแตกต่างของแตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์ 28

4.2 การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผลในลูกผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูป 29

4.3 การศึกษาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อเชื่อมโยงลักษณะทางฟีโนไทป์ ของผลในลูกผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูป 45

5 สรุปผลการทดลอง 49

เอกสารอ้างอิง 51

ภาคผนวก.... 56

ประวัติผู้เขียน 66

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

สารบัญตาราง

ตารางที่ **หน้า**

3.1 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์ และอุณหภูมิแอนเนลลิง (Annealing temperature) ที่ใช้.....27

4.1 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะผลของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูป.....28

4.2 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากร คู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2).....30

4.3 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2).....31

4.4 Scaling test ของลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2).....33

4.5 Scaling test ของลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2).....33

4.6 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2).....35

4.7 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2).....36

4.8 อัตราพันธุกรรมของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม โดยคำนวณจากวาเรียนซ์ของประชากร.....37

4.9 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม.....38

4.10 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม.....39

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่ **หน้า**

4.11 วิเคราะห์ปฏิกิริยาการแสดงออกของยีน อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง และความดีเด่นของลูกผสมของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทย กับแคนตาลูป 2 คู่ ผสม 41
4.12 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่วที่ F_2 คู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2) 44
4.13 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่วที่ F_2 คู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2) 45

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

สารบัญภาพ

ภาพที่ หน้า

4.1 ดีเอนเอแตงไทยพันธุ์ RML1 แคนตาลูปพันธุ์ PI148 แคนตาลูปพันธุ์ KML370 คู่ผสมที่ 1 RML1 x PI148 และคู่ผสมที่ 2 RML x KML370 ที่ถูกนำไปเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอนเอด้วยไพรเมอร์ ISSR_$(GA)_8$YG ใน 3% agarose gel 46

4.2 ดีเอนเอแตงไทยพันธุ์ RML1 แคนตาลูปพันธุ์ PI148 แคนตาลูปพันธุ์ KML370 คู่ผสมที่ 1 RML1 x PI148 และคู่ผสมที่ 2 RML x KML370 ที่ถูกนำไปเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอนเอด้วยไพรเมอร์ ISSR_$(ATG)_6$ ใน 3% agarose gel 47

4.3 ดีเอนเอแตงไทยพันธุ์ RML1 แคนตาลูปพันธุ์ PI148 แคนตาลูปพันธุ์ KML370 คู่ผสมที่ 1 RML1 x PI148 และคู่ผสมที่ 2 RML x KML370 ที่ถูกนำไปเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอนเอด้วยไพรเมอร์ RAPD_OPL07 ใน 3% agarose gel 48

บทที่ 1
บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

แคนตาลูป (Cantaloupe) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *cantalupensis* อยู่ในตระกูล คิวเคอร์บิตาซิอี้ (cucurbitaceae) ซึ่งเป็นพืชตระกูลเดียวกันกับแตงกวา ฟักทอง และแตงไทย มีจำนวนโครโมโซม 2n = 24 เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลงและลม แต่มีการผสมตัวเองสูงในพันธุ์ที่มีดอกสมบูรณ์เพศ (จานุลักษณ์, 2541) เป็นพืชเถาเลื้อย ลำต้นมีลักษณะกลม มีขนรอบลำต้น บริเวณข้อแต่ละข้อจะแตกกิ่งแขนงย่อยระหว่างลำต้นและซอกใบ กิ่งแขนงย่อยเหล่านั้นเป็นที่เกิดของดอกและที่ซอกใบจะเป็นที่เกิดของมือเกาะ ใบแคนตาลูปมีลักษณะฐานใบเว้า ขอบใบมีลักษณะหยักเป็นคลื่น ผิวใบไม่เรียบ การเรียงตัวของใบเป็นแบบสลับ ใบเกิดตรงข้อ ข้อละ 1 ใบ ก้านใบกลวง มีขนขนาดเล็กที่ก้านใบ ลักษณะการออกดอกเป็นได้ทั้งแบบที่มีดอกเพศผู้และดอกสมบูรณ์เพศอยู่บนต้นเดียวกัน (andromonoecious) และแบบที่มีทั้งดอกเพศผู้และดอกเพศเมียอยู่บนต้นเดียวกัน (monoecious) ดอกเพศผู้เกิดตรงบริเวณซอกใบตำแหน่งเดียวกับแขนงย่อย ดอกมีสีเหลืองลักษณะคล้ายดอกแตงทั่วไป ส่วนดอกเพศเมียและดอกสมบูรณ์เพศจะเกิดบนแขนงย่อยข้อแรก ดอกมักเกิดเกือบทุกแขนงย่อย ผลเกิดอยู่บนแขนงย่อย ผลมีลักษณะแตกต่างกัน บางพันธุ์มีตาข่ายร่างแหปกคลุมอยู่ทั่วผล บางพันธุ์ไม่มีตาข่ายร่างแหปกคลุม บางพันธุ์มีร่องเป็นทางยาวตลอดแนวของผล รูปทรงของผลมีลักษณะค่อนข้างกลมและรี สีของเนื้อแตกต่างกันตามลักษณะของพันธุ์ (คำนึง, มปป.)

แตงไทย (pickling melon) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *conomon* อยู่ในตระกูลคิวเคอร์บิตาซิอี้ (cucurbitaceae) (Nath, 1976) เช่นเดียวกับแตงกวา แคนตาลูป และฟักทอง (Purseglove, 1968) มีจำนวนโครโมโซม 2n = 24 เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลงและลม (จานุลักษณ์, 2541) ลักษณะโดยทั่วไปของแตงไทยใกล้เคียงกับแคนตาลูป (วรนุช, 2536) ออกดอกเดี่ยวสีเหลือง ใบเดี่ยวทรงเหลี่ยมมีเว้าเล็กน้อย (เพ็ญนภา, 2547) ผลค่อนข้างยาวและกลมรี มีลาย (strip) ตามความยาวของผล ผลสุกมีเปลือกบาง มีกลิ่นหอม มีรสจืด ทำให้ไม่นิยมรับประทานสด พันธุ์แตงไทยที่ใช้ปลูกส่วนใหญ่จะมีการติดผลระหว่าง 1-4 ผลต่อต้น (วรนุช, 2536)

จากการศึกษาเบื้องต้นพบรายงานวิจัย ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิตในการผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูป โดย อารักษ์ (2555) พบว่ามีการศึกษาการแสดงออกของยีนลักษณะผลในแตงไทยกับแคนตาลูป อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และ

ค่าสหสมพันธ์ จากแตงไทย 2 พันธุ์ และแคนตาลูป 2 พันธุ์ ซึ่งมีฐานพันธุกรรมเบื้องต้นอยู่ และรายงานวิจัย ความสัมพันธ์ระหว่างความแปรปรวนทางพันธุกรรมกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาของแตงไทยและแตงเทศ จากเทคนิค ISSR โดย อารักษ์ (2558) พบว่ามีการศึกษาข้อมูลทางสัณฐานวิทยา และสรีรวิทยาร่วมกับเครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกความแตกต่าง และวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของพันธุ์แตงไทย และแตงเทศ 25 สายพันธุ์ จากรายงานวิจัยทั้ง 2 มีความต้องการนำพันธุ์แตงไทย แคนตาลูป และลูกผสมมาศึกษาการแสดงออกของยีนลักษณะผล อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และค่าสหสมพันธ์ พร้อมทั้งใช้เครื่องหมายโมเลกุลเชื่อมโยงลักษณะแตงไทย และแคนตาลูปต่อไป

การปรับปรุงพันธุ์แคนตาลูปและแตงไทยในประเทศไทยยังมีไม่มากนัก ปัญหาของการปรับปรุงพันธุ์แคนตาลูปในประเทศไทย ส่วนใหญ่ดำเนินการ โดยทั้งภาคเอกชน รวมถึงเกษตรกรหัวก้าวหน้าที่มีความรู้ด้านการปรับปรุงพันธุ์ ทำการคัดเลือกพันธุ์ของตนเอง เพื่อปลูกจำหน่ายผลผลิตสดและผลิตเมล็ดพันธุ์ลูกผสมจำหน่ายเองโดยตรง มีแหล่งข้อมูลที่น่าเชื่อถือระบุว่า บ่อยครั้งที่เมล็ดพันธุ์ที่จำหน่ายโดยสวนเกษตรกรขนาดใหญ่เป็นแคนตาลูปสายพันธุ์เดียวกัน มาจากแหล่งเดียวกัน แต่ถูกนำไปตั้งชื่อให้แตกต่างกัน บ่อยครั้งจะพบเชื้อโรคติดมากับเมล็ดพันธุ์ เมล็ดพันธุ์แตงเทศที่จำหน่ายในท้องตลาดอย่างแพร่หลายในปัจจุบันเป็นสายพันธุ์ลูกผสม เกษตรกรไม่สามารถเก็บเมล็ดพันธุ์ไว้ใช้ต่อได้ และราคาเมล็ดพันธุ์แตงเทศมีราคาแพง ส่วนปัญหาในการปรับปรุงพันธุ์แตงไทย คือ พื้นฐานทางพันธุกรรมแคบ หรือความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อย ดังนั้น โอกาสในการปรับปรุงพันธุ์ใหม่จึงทำได้ยาก อย่างไรก็ตาม แตงไทยมีข้อดี คือ มีการปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี การผลิตเมล็ดพันธุ์ทำได้ง่าย เนื่องจากแตงไทยเป็นพืชเมืองร้อนมีปลูกอยู่ในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (ยุพยงค์, 2542) ผู้วิจัยจึงสนใจศึกษาการผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป เพื่อศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมการถ่ายทอดลักษณะผล อัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ ของลูกผสม และการศึกษาเครื่องหมายโมเลกุลที่เหมาะสมสำหรับการติดตามยีนที่สนใจได้ ซึ่งผลที่ได้จะเป็นองค์ความรู้ใหม่เกี่ยวกับพันธุกรรมของแคนตาลูปที่สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในโครงการปรับปรุงพันธุ์และการศึกษาต่อเนื่องในอนาคตต่อไป

1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1.2.1 เพื่อศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะผล อัตราพันธุกรรม และความสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ ของลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป

1.2.2 เพื่อศึกษาเครื่องหมายโมเลกุล RAPD และ ISSR เชื่อมโยงกับลักษณะผลบางลักษณะอย่างน้อย 1 ลักษณะ

1.3 สมมติฐานการวิจัย

1.3.1 ทราบปฏิกิริยาการทำงานของยีน อัตราพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลูกผสมระหว่างแตงไทย และแคนตาลูป

1.3.2 ใช้เครื่องหมายโมเลกุล RAPD และ ISSR เชื่อมโยงกับลักษณะผลบางลักษณะอย่างน้อย 1 ลักษณะ

1.4 ขอบเขตการวิจัย

1.4.1 ปลูกประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 และ BC_1P_2) เพื่อศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีน อัตราพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลักษณะของผล

1.4.2 วิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุล RAPD และ ISSR ที่สามารถหาความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะผลบางลักษณะอย่างน้อย 1 ลักษณะ

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1.5.1 มีฐานข้อมูลจากการศึกษาปฏิกิริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะผลอัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของแต่ละลักษณะ เพื่อใช้ในการคัดเลือกพันธุ์หรือเป็นเชื้อพันธุกรรม โดยการผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป เพื่อสร้างฐานพันธุกรรมให้กว้างขึ้นด้วยวิธีสร้างความแปรปรวนทางพันธุกรรมของสายพันธุ์พืชทั้งสองชนิด เพื่อการคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์ในอนาคต

1.5.2 สามารถได้เครื่องหมายโมเลกุลที่จำเพาะและมีความสอดคล้องกับลักษณะที่ปรากฏทางฟีโนไทป์ เพื่อจำแนกลักษณะเด่นทางฟีโนไทป์ และใช้เป็นแนวทางในการปรับปรุงพันธุ์แตงไทย และแคนตาลูปต่อไป

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

บทที่ 2
ปริทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ความสำคัญของแตงไทย และแคนตาลูป

แคนตาลูปหรือแตงเทศ (melon, *Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*) และแตงไทย (pickling melon, *Cucumis melo* L. var. *conomon*) จัดอยู่ในประเภทผัก อายุปลูกจนถึงเก็บเกี่ยวประมาณ 80 ถึง 130 วัน (เมืองทอง และสุรีรัตน์, 2532) มีจำนวนโครโมโซม 2n = 24 เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลงและลม (จานุลักษณ์, 2541) แต่แคนตาลูปมีการผสมตัวเองสูงในพันธุ์ที่มีดอกสมบูรณ์เพศ (จานุลักษณ์, 2541) ลักษณะการออกดอกเป็นได้ทั้งแบบที่มีดอกเพศผู้และดอกสมบูรณ์เพศอยู่บนต้นเดียวกัน (andromonoecious) และแบบที่มีทั้งดอกเพศผู้และดอกเพศเมียอยู่บนต้นเดียวกัน (monoecious) ผลของแคนตาลูปมีลักษณะแตกต่างกัน บางพันธุ์มีตาข่ายร่างแหปกคลุมอยู่ทั่วผล บางพันธุ์ไม่มีตาข่ายร่างแหปกคลุม บางพันธุ์มีร่องเป็นทางยาวตลอดแนวของผล รูปทรงของผลมีลักษณะค่อนข้างกลมและรี สีของเนื้อแตกต่างกันตามลักษณะของพันธุ์ (คำนึง, 2536) ขณะที่ลักษณะโดยทั่วไปของแตงไทย (Thai Melon, pickling melon) ใกล้เคียงกับแตงแคนตาลูป รูปทรงของผลค่อนข้างยาวและกลมรี มีลาย (strip) ตามความยาวของผล พันธุ์แตงไทยที่ใช้ปลูกส่วนใหญ่จะมีการติดผลระหว่าง 1-4 ผลต่อต้น (วรนุช, 2536) อายุการเก็บเกี่ยวเก็บเกี่ยวหลังปลูก 55-60 วัน (ยุพยงษ์, 2524) แตงไทยมีความทนทานต่อการเข้าทำลายของโรคและแมลงค่อนข้างสูงเมื่อเปรียบเทียบกับแตงเศรษฐกิจอื่นๆ การผลิตเมล็ดพันธุ์ทำได้ง่าย (แสงเดือน, 2555) เนื่องจากแตงไทยเป็นพืชเมืองร้อนมีการปลูกมากในแถบเอเชียตะวันเฉียงใต้ แตงไทยเมื่อเทียบกับแคนตาลูปพบว่า มีลักษณะที่ด้อยกว่าหลายอย่าง เช่นเปลือกบาง เนื้อนิ่ม กลิ่นไม่หอม รสจืด และอายุการเก็บรักษาสั้น ทำให้ไม่เป็นที่นิยมบริโภค ในปี พ.ศ.2559 ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกแตงไทยประมาณ 2,210 ไร่ ผลผลิตที่เก็บเกี่ยวได้ประมาณ 3,410,610 กิโลกรัม ผลผลิตเฉลี่ยประมาณ 2,099 กิโลกรัมต่อไร่ ราคาขายเฉลี่ยกิโลกรัมละ 10.39 บาท พื้นที่ปลูกส่วนใหญ่อยู่ในจังหวัดชัยภูมิ พิจิตร และนครพนม (กรมส่งเสริมการเกษตร, 2559)

แคนตาลูปเป็นพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทย มีการนำแคนตาลูปเข้ามาปลูกครั้งแรกตั้งแต่ปี พ.ศ. 2478 การทดลองปลูกในระยะแรกไม่ประสบผลสำเร็จเท่าที่ควรเนื่องจากมีถิ่นกำเนิดต่างประเทศ ในแถบกึ่งอบอุ่นและเขตร้อนทางทิศตะวันตกของประเทศแอฟริกา (จานุลักษณ์, 2541) แคนตาลูปสามารถปรับตัวเจริญเติบโตได้ดีในเขตที่มีอากาศร้อนและแห้ง มีแสงแดดเต็มที่ตลอดวัน และด้วยรสชาติหวาน หอม และราคาแพง จึงเป็นที่ต้องการของตลาด ในปี

2558 มีปริมาณการส่งออกเมล็ดพันธุ์แตงเทศจำนวน 31.98 ตัน คิดเป็นมูลค่า 99.63 ล้านบาท (สำนักควบคุมพืชและวัสดุเกษตร, 2558) และ ในปี พ.ศ.2559 ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกแคนตาลูปประมาณ 6,040 ไร่ ผลผลิตที่เก็บเกี่ยวได้ประมาณ 9,387,710 กิโลกรัม ผลผลิตเฉลี่ยประมาณ 2,035 กิโลกรัมต่อไร่ พื้นที่ปลูกส่วนใหญ่อยู่ในพระนครศรีอยุธยา นนทบุรี จันทบุรี และนครราชสีมา (กรมส่งเสริมการเกษตร, 2559) ราคาขายเฉลี่ยกิโลกรัมละ 30 บาท (ตลาดไทย, 2560) แม้ว่าแคนตาลูปสามารถปลูกได้ในสภาพภูมิอากาศของประเทศไทย แต่การปลูกแคนตาลูปให้ได้คุณภาพ และปลอดภัยต่อผู้บริโภคไม่เป็นเรื่องง่าย เพราะแคนตาลูปอ่อนแอต่อโรค-แมลงศัตรูพืช และสภาพแวดล้อม จึงมีวิธีการปลูก ดูแลรักษา ซึ่งต่างกับพืชอื่นอยู่หลายขั้นตอน และยังต้องการการดูแลเอาใจใส่มากกว่าพืชอีกหลายชนิด (อารักษ์, 2559)

2.2 ลักษณะทั่วไปและลักษณะทางพฤษศาสตร์ของแตงไทย และแคนตาลูป

แคนตาลูป (Cantaloupe) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *cantaloupensis* อยู่ในตระกูลคิวเคอร์บิตาซิอี้ (Cucurbitaceae) (Nath, 1976) ซึ่งเป็นพืชกลุ่มใหญ่มีประมาณ 90 จีนัส (genus) และมีมากกว่า 700 ชนิด (species) (Daryono et al, 2003) เป็นพืชตระกูลเดียวกับแตงไทย (pickling melon) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *conomon* ลักษณะโดยทั่วไปของแตงไทยใกล้เคียงกับแคนตาลูป (วรนุช, 2536) มีจำนวนโครโมโซม 2n = 24 เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลงและลม (จานุลักษณ์, 2541)

ลำต้น มีลักษณะกลม เป็นเถาเลื้อยยาวประมาณ 3 เมตร ความยาวช่วงข้อประมาณ 15-20 เซนติเมตร มีหนามขนาดเล็กคล้ายขนรอบลำต้น ข้อแต่ละข้อจะแตกกิ่งแขนงย่อยระหว่างลำต้นและซอกใบ กิ่งแขนงย่อยจะเป็นที่เกิดของดอก และที่ซอกใบจะเป็นที่เกิดของมือเกาะ หรือที่เรียกว่า “หนวด” หนวดของแคนตาลูปค่อนข้างแข็ง มีประสิทธิภาพในการยึดเกาะต่ำ (คำนึง, 2536)

ใบ มีลักษณะคล้ายใบฟักทอง หรือใบแตงกวา ฐานใบเว้า ขอบใบหยักเป็นคลื่น ผิวใบหยาบ ใบมีขนขนาดเล็กขึ้นที่ริมขอบใบ ใต้ใบมีขนขนาดเล็กขึ้นอยู่อย่างหนาแน่น เมื่อใบมีอายุมากขึ้นขนใต้ใบจะลดลง การเรียงตัวของใบเป็นแบบสลับ ใบจะเกิดตรงข้อ ข้อละ 1 ใบก้านใบกลวง ยาว 5-10 เซนติเมตร มีขนขนาดเล็กที่ก้านใบ ก้านใบมีขนาดเล็กกว่าลำต้นเล็กน้อย (คำนึง, 2536)

ดอก เป็นได้ทั้งแบบที่มีดอกเพศผู้ และดอกสมบูรณ์เพศอยู่บนต้นเดียวกัน (andromonoecious) และแบบที่มีทั้งดอกเพศผู้ และดอกเพศเมียอยู่บนต้นเดียวกัน (monoecious) ส่วนใหญ่จะออกดอกแบบ andromonoecious ดอกเพศผู้เกิดตรงบริเวณซอกใบตำแหน่งเดียวกับแขนงย่อย ออกดอกหลังจากแตกแขนงย่อย ดอกมีสีเหลืองลักษณะคล้ายดอกแตงทั่วไป ดอกเพศผู้มีกลีบเลี้ยงและกลีบดอก 5 กลีบ อับละอองเกสรตัวผู้ 3 อับ มีก้านชูเกสรสั้น ออกดอกอย่างต่อเนื่องเมื่อมีอายุประมาณ 28 วันขึ้นไป ดอกเพศเมีย และดอกสมบูรณ์เพศจะเกิดบนแขนงย่อยข้อแรก ดอก

สมบูรณ์เพศมีกลีบเลี้ยงสีเขียว และกลีบดอกสีเหลือง 5 กลีบ อับละอองเกสรตัวผู้ 3 อับ ล้อมรอบยอดเกสรตัวเมียที่แยกเป็น 3-5 แฉก รังไข่มีลักษณะกลม ยาว 2-4 เซนติเมตร และมี 3-5 ห้อง การเกิดดอกสมบูรณ์เพศมักเกิดเกือบทุกแขนงย่อย เมื่ออายุ 30 วันขึ้นไป ที่ฐานดอกสมบูรณ์เพศจะมีรังไข่เป็นที่เกิดของผล (คำนึง, 2536)

ละอองเกสรของแตงเทศจะเหนียว ไม่สามารถแพร่กระจายด้วยลมหรือผสมตัวเอง จำเป็นต้องใช้แมลงช่วยผสม ในฤดูฝนหรือในช่วงที่อุณหภูมิและช่วงแสงต่ำ จะมีปัญหาในการผสมด้วยแมลง จึงควรใช้คนช่วยผสมเกสร โดยใช้ดอกตัวผู้ และแกะกลีบดอกออก นำไปแตะบนยอดเกสรตัวเมีย การช่วยผสมจะช่วยให้สามารถติดดอกในข้อที่ต้องการสม่ำเสมอ ซึ่งจะสะดวกในการดูแลรักษา อุณหภูมิที่เหมาะสำหรับการเปิดของอับละอองเกสรอยู่ระหว่าง 17-18 องศาเซลเซียส หลังการผสม 5-7 วัน เลือกผลที่มีการเจริญเติบโตดี 1 ผลต่อเถา (นิพนธ์, 2550)

ผล จะเกิดอยู่บนแขนงย่อย มีลักษณะทรงกลมหรือกลมยาว (รูปไข่) ผิวเรียบ หรือรอยแตกขรุขระ หรือมีลายนูนแบบร่างแห ผิวสีเหลือง น้ำตาลหรือเขียวปนเหลือง เนื้อจะมีสีส้ม สีเขียวหรือขาว เนื้อมีทั้งนิ่มและกรอบ กลิ่นมีทั้งชนิดที่มีกลิ่นหอมและไม่มีกลิ่น ตามลักษณะของพันธุ์ (คำนึง, 2536) ขนาดผลเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 13 ถึง 15 เซนติเมตร เมล็ดมีสีน้ำตาลเหลือง (จานุลักษณ์, 2541)

การจำแนกกลุ่มของ Cucumis melo ตามที่ Naudin เสนอไว้มีดังนี้ (นิพนธ์, 2550)

1. กลุ่ม reticulates เรียกกันในภาษาอังกฤษว่า musk melon, netted melon หรือ nutmeg melon เปลือกผิวสีฟาง มีลายตาข่ายสานกันแน่น ผลมีขนาดปานกลาง กลิ่นหอม เนื้อแตงละเอียด สีส้ม รสหวาน

2. กลุ่ม cantaloupensis เรียกกันในภาษาอังกฤษว่า cantaloupe เปลือกผิวสีฟางหรือสีน้ำตาลแข็งและหยาบ มีลายตาข่ายห่างมากหรือแทบไม่มีเลย มีร่องตามความยาวของผลคล้ายฟักทอง ผลขนาดปานกลาง กลิ่นหอม เนื้อหยาบ มีเส้นใยมาก สีส้ม รสค่อนข้างหวาน

3. กลุ่ม inodorous บางครั้งเรียกว่า winter melon หรือ casaba melon เปลือกผิวสีขาวสีเขียวอ่อน สีครีม ผิวเรียบไม่มีลายตาข่าย ไม่มีร่องตามความยาวของผล ผลมีขนาดปานกลางถึงขนาดใหญ่ ไม่ค่อยมีกลิ่นหอม เนื้อแข็ง กรอบ แต่ละเอียด สีเขียว รสหวาน เป็นแตงพันธุ์หนัก

4. กลุ่ม flexosus บางครั้งเรียก snake melon ผลยาวเรียว กว้าง 1-3 นิ้ว ยาว 18-36 นิ้ว ส่วนมากแล้วผลจะโค้ง หงิกงอ

5. กลุ่ม dudaim ผลมีขนาดเล็กเท่าผลส้มเกลี้ยง เส้นผ่าศูนย์กลาง 2 นิ้ว ลักษณะผลกลมหรือรูปไข่ อายุเก็บเกี่ยวสั้น ผิวเปลือกมีลายสีน้ำตาลคล้ายหินอ่อน มีกลิ่นมาก

6. กลุ่ม chito บางครั้งเรียก mango melon หรือ lemon cucumber ผลมีขนาดเล็กเท่าผลมะนาว ผิวเรียบ มีหลายสี เนื้อมีรสเปรี้ยว นิยมใช้ดอง

7. กลุ่ม conomon บางครั้งเรียก oriental pickling melon ผลขนาดใหญ่ รูปร่างต่างๆ กัน ผิวเรียบ อาจมีร่องตามความยาวของผล เปลือกผิวสีเขียวซีด สีส้มแดง สีเหลือง สีเขียว สีขาวเทาอมเขียว สีน้ำตาลเขียวปนเหลือง เนื้อแตงซุยและสีส้มจาง กลิ่นหอมปานกลางถึงกลิ่นฉุนแบบแตงไทยพันธุ์พื้นเมือง รสจืดออกเปรี้ยว

2.3 พันธุกรรมและลักษณะการแสดงออกของยีน

ลักษณะของสิ่งมีชีวิตสามารถแบ่งตามพื้นฐานทางพันธุศาสตร์ได้เป็น 2 ลักษณะ คือ ลักษณะทางคุณภาพ (Qualitative traits) เป็นลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนน้อยคู่โดยแต่ละคู่จะแสดงออกอย่างเด่นชัด การกระจายตัวของยีนในรุ่นลูกชั่วต่างๆ สามารถจัดเป็นกลุ่มได้อย่างชัดเจนโดยสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อการแสดงออกน้อย เช่น ลักษณะสีเนื้อ สีผลและความต้านทานโรค เป็นต้น และลักษณะทางปริมาณ (Quantitative traits) เป็นลักษณะที่ควบคุมด้วยยีนหลายตัว โดยแต่ละตัวจะแสดงลักษณะออกไม่เด่นชัด การกระจายตัวของยีนในรุ่นลูกชั่วต่างๆ ไม่สามารถจัดเป็นกลุ่มได้อย่างชัดเจน ซึ่งสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อการแสดงออกมาก เช่น น้ำหนักผล ปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำได้ และความหนาเนื้อผลของแคนตาลูป เป็นต้น (บุญหงษ์, 2548) (อ้างอิงใน คเชนทร์, 2551)

แคนตาลูปมีการแสดงออกของเพศดอกแตกต่างกันไป ซึ่งเพศดอกที่แสดงออกถูกควบคุมด้วยยีนสองคู่ ได้แก่ ยีน *A* และยีน *G* ซึ่งจีโนไทป์แบบ *A_ G_*, *aa G_*, *A_ gg* และ *aa gg* ให้ดอกแบบ monoecious, andromonoecious, gynomonoecious และ hermaphrodite ตามลำดับ (Kalloo and Bergh, 1993) Wall (1967) ซึ่งศึกษาพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะรูปร่างผลของแคนตาลูป พบว่าลักษณะผลรูปไข่ควบคุมด้วยยีนข่ม (*O*) ต่อลักษณะผลกลม Lumsden (1914) (อ้างอิงใน คเชนทร์, 2551) พบว่า ลักษณะผลกลมแบบผลส้ม (spherical) ถูกควบคุมด้วยยีน *sp* ซึ่งข่มไม่สมบูรณ์ต่อลักษณะผลกลมป้าน (obtuse) ในด้านสีของผล Hagiwara and Kamimura (1936) (อ้างอิงใน คเชนทร์, 2551) รายงานว่า มียีน *Y* ที่ควบคุมลักษณะผิวเปลือกสีเหลืองซึ่งข่มต่อลักษณะผิวเปลือกสีขาว ส่วน Hughes (1948) รายงานว่า ในพันธุ์ Honeydew และพันธุ์ Smith's Perfect มียีน *w* ที่ควบคุมลักษณะผิวเปลือกสีขาวซึ่งเป็นลักษณะด้อยต่อลักษณะผิวเปลือกสีเขียวเข้ม พบว่ายีน 2 ยีนที่ควบคุมตาข่ายร่างแหบนเปลือกผล ได้แก่ ยีน N ควบคุมผลที่มีตาข่ายร่างแห และยีน n ควบคุมผลที่มีผิวเรียบ (Ramaswamy *et al.*, 1997) จากการทดลองของ Kubicki (1962) พบว่า เมื่อผลยังไม่สุกสีผิวเปลือกจะถูกควบคุมด้วยยีน *Wi* ทำให้เปลือกผลมีสีขาว ซึ่งข่มต่อลักษณะผิวเปลือกสีเขียวนอกจากนี้ที่ผิวเปลือกยังมีการแสดงออกของแถบ (striped epicarp) ซึ่งเป็นลักษณะด้อยและถูกควบคุมด้วยยีน *st* (Hagiwara and Kamimura, 1936) (อ้างอิงใน คเชนทร์, 2551) และลักษณะผิวเป็นร่องตื้นๆ ของแคนตาลูปถูกควบคุมด้วยยีน *ri* ซึ่งเป็นยีนด้อย (Takada *et al.*, 1975) (อ้างอิงใน คเชนทร์, 2551) จากการ

ทดลองของ Hughes (1948) (อ้างอิงใน คเชนทร์, 2551) รายงานว่า ยีนที่ควบคุมลักษณะเนื้อสีเขียว (*gf*) ถูกข่มด้วยยีนที่ควบคุม ลักษณะเนื้อสีส้ม (*gf*+) ใน Honeydew พันธุ์ Smith's Perfect ส่วน Clayberg (1992) พบว่า มียีนที่ควบคุมลักษณะเนื้อสีขาว (*wf*) ซึ่งเป็นลักษณะด้อยต่อลักษณะเนื้อสีส้ม (*wf*+) ขณะที่ Ganesan (1988) รายงานว่า ยีนที่ควบคุมลักษณะเนื้อละเอียด (*Me*+) ข่มต่อลักษณะเนื้อกรอบ (*Me*) ส่วนกลิ่นและรสชาติของแคนตาลูปมียีนที่ควบคุมกลิ่นหอมซึ่งข่มต่อกลิ่นที่ไม่หอม (*Mu*) ส่วนยีนที่ควบคุมความเปรี้ยว (*So*+) ข่มต่อยีนควบคุมปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำได้ (*So*) (Kubicki, 1962) และจากรายงานของ Zheng and Wolff (2000) พบว่า เมล่อนกลุ่มเนื้อสีส้มมีการผลิตเอทิลีนมากและอัตราการเน่าเสียมากกว่าเมล่อนกลุ่มเนื้อสีเขียวหรือขาว

2.3.1 ความดีเด่นของลักษณะ

ความดีเด่นของลักษณะคือ ลักษณะที่ลูกผสมมีความแข็งแรง ให้ผลผลิต ต้านทานต่อโรคและแมลง และให้ลักษณะอื่นๆ ดีกว่า หรือสูงกว่าลักษณะนั้นของพันธุ์พ่อแม่ ความดีเด่นของลักษณะอาจเกิดจากการที่พืชอยู่ในสภาพลูกผสมหรือเฮตเตอโรไซกัส (heterozygous) จึงพบความดีเด่นระดับสูงในลูกผสม F_1 ของลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ของพืชผสมข้าม ความดีเด่นของลูกผสมในพืชชนิดเดียวกันนั้น อาจมีความแตกต่างกัน ถ้าพันธุ์หรือสายพันธุ์ที่นำมาผสมมีความแตกต่างกันยิ่งกว่านั้นแม้เป็นลูกผสมชุดเดียวกัน แต่อัตราความดีเด่นในชั่วรุ่นต่างๆ จะแตกต่างกัน การวัดความดีเด่นของลูกผสมอาจวัดได้ 2 วิธีคือ 1) ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อแม่หรือที่เรียกว่า เฮตเตอโรซิส (heterosis) วัดโดยเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ คือวัดเป็นเปอร์เซ็นต์ของลูกต่อค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ การวัดโดยวิธีนี้แสดงให้เห็นว่าลักษณะดังกล่าวมีการแสดงออกของยีนในลักษณะข่ม และ 2) วัดโดยเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า การวัดวิธีนี้เป็นการวัดคุณสมบัติในด้านการใช้ประโยชน์ คือนำค่าเฉลี่ยของลูกไปเปรียบเทียบกับพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ให้ลักษณะที่ดี เรียกวิธีการวัดแบบนี้ว่า เฮตเตอโรเบลไตโอซิส (heterobeltiosis) (ไพศาล และคณะ, 2546)

จากรายงานของสุรชาติ (2554) และอารักษ์ (2555) ศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผลในลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป พบว่า ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีความผันแปรไปในแต่ละคู่ผสมโดยลักษณะน้ำหนักผลพบในคู่ผสม RML1 x KML370 และ LML1 x KML370 ความยาวผลพบในคู่ผสม RML1 x KML370 และ RML1 x PI148 และดัชนีรูปร่างผลพบในคู่ผสม RML1 x KML370 และความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีค่าเป็นบวก แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในขณะที่ความกว้างผล ความหนาเนื้อและความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีค่าเป็นลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 ให้ค่าเฉลี่ยในลักษณะนั้นๆ ต่ำกว่าพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด และจาก

รายงานของ Casals *et al.* (2012) พบว่า การประเมินความแตกต่าง (heterogeneity) ของมะเขือเทศกลุ่ม Penjar อาจเป็นผลมาจากอัลลีล *alc* ในพันธุ์พื้นเมืองที่แตกต่างกัน พันธุกรรมของอายุการเก็บรักษาประกอบด้วยยีนการกลายพันธุ์ *alc* มีความสัมพันธ์เชิงลบกับขนาดของผล ได้แก่ น้ำหนัก ความกว้าง ความยาว ดังนั้นลักษณะผลที่เล็กภายในสายพันธุ์ที่น่าจะใช้คัดเลือกอายุการเก็บรักษาให้ยาวนาน ส่วนของ Ayub *et al.* (1996) ได้ศึกษาการลดระดับการแสดงออกของเอทิลีนโดยใช้ยีนสัมพันธ์กับการสังเคราะห์ของเอทิลีน และการลดความไวต่อแสงของเอทิลีน ซึ่งยีนที่เกี่ยวข้องดังกล่าวจะทำการลดการส่งสัญญาณของเอทิลีน โดยเปลี่ยนจากยีนตัวรับที่มีอยู่เดิม *ETR1* และ *ERS1* เป็น *CM- ETR1* และ *CM -ERS1* จากธนาคารยีน ทำให้เมล่อนมีอายุการเก็บรักษาผลผลิตได้นานขึ้น

2.3.2 ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ

ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ (correlation) คือลักษณะต่างๆ ของพืชที่สัมพันธ์กัน ความสัมพันธ์อาจเป็นไปในทิศทางบวกหรือลบ ความสัมพันธ์นี้อาจเกิดจากการที่ลักษณะเหล่านี้ควบคุมโดยยีนกลุ่มเดียวกัน หรือการพัฒนาของลักษณะหนึ่งขึ้นอยู่กับการพัฒนาของอีกลักษณะหนึ่ง คือ ลักษณะที่สัมพันธ์เพิ่มหรือลดด้วยกัน หรือลักษณะหนึ่งเพิ่มอีกลักษณะหนึ่งลด อาจเลือกความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะมาเป็นตัวช่วยในการคัดเลือกการปรับปรุงพันธุ์พืช ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของพืช วัดได้โดยใช้ค่าที่เรียกว่า สหสัมพันธ์ ซึ่งแบ่งออกได้เป็น 3 ชนิด คือ ความสัมพันธ์ทางลักษณะภายนอก (phenotypic correlation) ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) และความสัมพันธ์ทางสภาพแวดล้อม (environmental correlation) (ไพศาล และคณะ, 2546)

จากรายงานของ Liu *et al.* (2004) พบว่า อายุการเก็บรักษาของผลเมล่อนมีความสัมพันธ์กับคุณภาพของเนื้อ ขนาดของเมล็ดและผล การหลุดร่วงของก้านดอก ระยะเวลาการพัฒนาของพืชและผล การเปลี่ยนสีเหลืองอย่างรวดเร็วของผิวที่ระยะการสุกแก่ ความหวาน สีของเนื้อ และผิวผล ซึ่งลักษณะเหล่านี้สังเกตเห็นโดยทั่วไปในกลุ่ม saccharinus และ inodorus ส่วนรายงานของ Koli and Murthy (2013) พบว่า เมล่อนกลุ่ม acidulus และ momordica มีรูปร่างผล น้ำหนักผล สีเนื้อ คุณภาพของเนื้อ ความแน่นเนื้อ มีความสัมพันธ์อย่างมากกับอายุการเก็บรักษา ขณะที่ Manohar and Murthy (2012) พบว่า อายุการเก็บรักษาของผลในกลุ่ม acidulous มีความสัมพันธ์กันกับคุณภาพของเนื้อ ความแน่นเนื้อ รูปร่างผล ความหนาเนื้อ สีเนื้อและความแข็งเปลือก ผลในกลุ่ม momordica และสำหรับสมเกียรติ และอารักษ์ (2558) พบว่า ค่าสหสัมพันธ์ของน้ำหนักผล และความกว้างผล มีผลทางลบกับอายุการเก็บรักษาผลผลิตหลังการเก็บเกี่ยวระหว่างลูกผสมแตงไทยกับแคนตาลูป ซึ่งถ้าใช้ลักษณะทั้งสองในการคัดเลือกจะทำให้มีอายุการเก็บรักษาสั้นลง

2.4 พันธุศาสตร์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช

2.4.1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (Generation mean analysis; GMA)

ในการปรับปรุงลักษณะปริมาณนั้น ข้อมูลพื้นฐานเบื้องต้นที่ต้องทราบ คือวิธีการแสดงออกของยีน (gene action) ที่ควบคุมลักษณะนั้นๆ ว่าเป็นแบบบวก แบบข่ม หรือข่มข้ามคู่มากน้อยเพียงใด ทั้งนี้เพราะวิธีการแสดงออกของยีนจะเป็นตัวกำหนดวิธีการปรับปรุงลักษณะนั้นๆ วิธีการศึกษาการแสดงออกของยีนที่นิยมกันวิธีหนึ่งคือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (ไพศาล และคณะ, 2546) เป็นการประมาณค่าการกระทำของยีนแบบต่างๆ 6 ค่า ได้แก่ mean (m), additive (d), dominance (h), additive x additive (i), additive x dominance (j) และ dominance x dominance (l) โดยคำนวณจากค่าเฉลี่ยของประชากรอย่างน้อย 6 ประชากร (population) ได้แก่ ประชากรรุ่นแม่ (P_1), รุ่นพ่อ (P_2), รุ่นลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1), รุ่นลูกผสมชั่วที่ 2 (F_2), รุ่นลูกผสมชั่วแรกกลับไปหาแม่ (BC_1P_1) และรุ่นลูกผสมชั่วแรกกลับไปหาพ่อ (BC_1P_2) หรืออาจเพิ่มประชากรอื่น ๆ อีกเช่น F_3, BC_1P_1s, BC_1P_2s เพื่อให้มีการทดสอบ perfect fitted model ในทางสถิติได้อย่างเหมาะสมและมีความน่าเชื่อถือมากขึ้น

สุรชาติ (2554) และอารักษ์ (2555) ได้รายงานการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลของประชากรทั้ง 6 ประชากร ใน 4 คู่ผสม พบว่ามีความแตกต่างระหว่างชั่วรุ่นทุกลักษณะที่ศึกษา แสดงถึงความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างลูกผสมกับพันธุ์พ่อแม่ ซึ่งเกิดจากการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูก ส่วนรายงานของ สมเกียรติ (2557) ซึ่งได้ทำการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลของประชากรทั้ง 6 ในคู่ผสมระหว่างแตงไทย RML1 กับ แคนตาลูป KML370 พบว่า น้ำหนักผล ความกว้างผล ความยาวผล และเปอร์เซ็นต์ความหวานสูงในลูกผสมชั่วที่ 1 ขณะที่ผลการรายงานของ คเชนทร์ (2551) พบว่า ประชากรลูกชั่วที่ 1 และ 2 ของ Apple Melon พันธุ์กรีนเฟิร์ส มีค่าเฉลี่ยของลักษณะปรากฏที่สำคัญต่างๆ ใกล้เคียงกัน และมีค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏที่สำคัญต่างๆ ที่ต่ำและใกล้เคียงกัน และมีรายงานของสุกัญญา (2553) พบว่าประชากรลูกชั่วที่ 2 ของพันธุ์ Red sweet และ Bauh belwen มีค่าความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ที่ศึกษาสูงที่สุด ดัชนีผล ลักษณะเปลือก ความแน่นเนื้อ ความหนาเนื้อ และปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำได้

2.4.2 การกระทำของยีน (gene action)

2.4.2.1 แบบผลบวก (additive gene action)

ปฏิกิริยาของยีนแบบผลบวก นั้นเป็นการเกิดจากยีนเด่นแบบบวกสะสม (cumulative) ทำให้เกิดความดีเด่นของลูกผสมที่อยู่เหนือขอบเขตของพ่อหรือแม่ หรือทั้งพ่อและแม่ เรียกว่า เกิด transgressive segregation ในประชากรชั่ว F_2 ซึ่งทำให้นักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถทำการคัดเลือกสายพันธุ์ที่ดีเด่นได้ตั้งแต่ในชั่วแรกๆ ทำให้เกิดความก้าวหน้าในการคัดเลือก และ

พันธุกรรมจะเข้าสู่ความสมดุล (equilibrium) หรือมีความคงตัว (fixed) ได้อย่างรวดเร็ว จึงเหมาะสำหรับการคัดเลือกพืชผสมตัวเองที่ต้องการพันธุ์แท้ซึ่งจะมีความคงตัวของยีนในตำแหน่งต่างๆ จากรุ่นสู่รุ่น และยังแสดงผลที่คงที่ในสภาพแวดล้อมต่างๆ อีกด้วย (วีรพันธ์ และสุทัศ, 2554)

จากรายงานของ Rodriguez *et al.* (2010) พบว่า อายุการเก็บรักษาผลพบความแปรปรวนของยีนแบบบวกแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ เช่นเดียวกันกับลักษณะคุณภาพอื่นๆ ในแต่ละการผสม ส่วนรายงานของสมเกียรติ (2557) เรื่องการศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลที่สัมพันธ์กับอายุการเก็บรักษาผลหลังการเก็บเกี่ยว พบว่า การแสดงออกของยีนแบบบวกและแบบข่มควบคุมลักษณะน้ำหนักผลที่ลดลง ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบบวกกับแบบบวกควบคุมลักษณะน้ำหนักผลผลที่ลดลง และการแสดงออกของยีนแบบบวกกับแบบบวกมีแนวโน้มที่ควบคุมลักษณะความแน่นเนื้อผล สำหรับปราโมทย์ และพรทิพย์ (2551) ได้ทำการศึกษาผลทางพันธุกรรมในลักษณะรูปร่างผลของแตงไทย พบว่า รูปร่างผลแบบ กลม:กลมรี:ยาว ของแตงไทยควบคุมโดยยีน 1 ตำแหน่ง และมีปฏิกิริยาของยีนในแบบบวก

2.4.2.2 แบบไม่เป็นผลบวก (non-additive gene action)

ปฏิกิริยาของยีนแบบไม่เป็นผลบวกเป็นปฏิกิริยาของยีนที่ไม่มีความต่อเนื่องกันต่างจากปฏิกิริยาของยีนแบบบวกสะสม ซึ่งรุ่นลูกจะมีความโดดเด่นแตกต่างจากรุ่นพ่อแม่อย่างชัดเจน โดยเฉพาะชั่วรุ่นแรกๆ (early generation) จึงเป็นการยากที่จะคาดการณ์ความก้าวหน้าจากผลการคัดเลือก เนื่องจากในชั่วรุ่นถัดไป (late generation) ลักษณะเด่นเหล่านี้จะค่อยๆ หายไปในระหว่างการคัดเลือก เช่น การคัดเลือกสายพันธุ์ให้มีลักษณะพันธุ์เบา (early variety) ลักษณะพันธุ์เบาจะแสดงออกมากในชั่วแรกๆ เมื่อคัดเลือกต่อในชั่วหลังๆ ลักษณะพันธุ์เบาจะค่อยๆ หายไป ทำให้ได้ได้ลักษณะพันธุ์หนัก (late variety) แทนเป็นต้น ปฏิกิริยาของยีนแบบไม่เป็นผลบวกมีทั้งการกระทำของยีนในตำแหน่งเดียวกัน (dominance) และการกระทำของยีนที่ต่างตำแหน่งกัน (epistasis) (วีรพันธ์ และสุทัศ, 2554)

2.4.2.3 แบบข่ม (dominance)

ปฏิกิริยาของยีนแบบข่ม เกิดจากยีนเด่น (dominance gene) ไปข่มการแสดงออกของยีนด้อย (recessive gene) ทำให้เกิดการแสดงออกของยีนเด่นเพียงอย่างเดียว และจะไม่คงที่จากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูก ถ้าพบปฏิกิริยาของยีนเช่นนี้นักปรับปรุงพันธุ์จะต้องใช้ความระมัดระวังในการคัดเลือก โดยไปในชั่วหลังๆ เพื่อให้พันธุกรรมที่ควบคุมมีการคงตัวก่อน นอกจากนี้การกระทำของยีนแบบข่มมีโอกาสที่จะเกิดความดีเด่นของลูกผสม ซึ่งนักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถใช้ประโยชน์โดยการสร้างลูกผสม (วีรพันธ์ และสุทัศ, 2554)

จากรายงานของปราโมทย์ และคณะ (2555) ได้ประเมินการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะผลของแตงไทย 2 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์ 'R-(S5)' ผลทรงกลม กับสายพันธุ์ 'S-(S5)' ผล

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ทรงกระบอก พบว่า ยีนแบบข่มมีอิทธิพลในลักษณะอายุออกดอกตัวผู้ อายุเก็บเกี่ยวผลแรก ความยาวผล ความยาวโพรงผล และความหนาเนื้อผล และมีอิทธิพลมากกว่ายีนแบบบวก (additive) ส่วนรายงานของ Sagaret (1826) (อ้างถึงใน Nonnecke, 1922) ได้ทำการผสมระหว่าง muskmelon เพื่อศึกษาการแสดงออกของลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1) พบว่า ลักษณะสีผิวของผล (skin color) สีเหลืองควบคุมด้วยยีนเด่น สีขาวควบคุมด้วยยีนด้อย ลักษณะผิวเปลือกของผล (epidermis) ผิวขรุขระมีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนเด่น ผิวเรียบไม่มีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนด้อย ลักษณะร่องที่ผล (sutures) ร่องลึกควบคุมด้วยยีนเด่น ร่องตื้นควบคุมด้วยยีนด้อย รสชาติ (flavor) รสเปรี้ยวควบคุมด้วยยีนเด่น รสหวานควบคุมด้วยยีนด้อย และจากรายงานของ Lumsden (1914) (อ้างถึงใน Nonnecke, 1922) ได้ทำการผสมระหว่าง muskmelon เพื่อศึกษาการแสดงออกของลูกผสมชั่วที่สอง (F_2) พบว่า ลักษณะสีผิวของผล (skin color) สีเหลืองควบคุมด้วยยีนเด่น สีเขียวควบคุมด้วยยีนด้อย ลักษณะผิวเปลือกของผล (epidermis) ผิวขรุขระมีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนเด่น ผิวเรียบไม่มีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนด้อย ลักษณะรูปร่างผล (fruit shape) รูปร่างกลมควบคุมด้วยยีนเด่น รูปร่างกลมรีและรูปไข่ควบคุมด้วยยีนด้อย ขนาดของผล (size of fruit) ผลขนาดใหญ่ควบคุมด้วยยีนเด่น ผลขนาดเล็กควบคุมด้วยยีนด้อย และขนาดเมล็ด (seed size) เมล็ดขนาดใหญ่ควบคุมด้วยยีนเด่น เมล็ดขนาดเล็กควบคุมด้วยยีนด้อย

2.4.2.4 แบบข่มข้ามคู่ (epistasis)

ปฏิกิริยาของยีนแบบข่มข้ามคู่ เกิดจากอิทธิพลของยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะเดียวกันมากกว่า 1 คู่ ยีนคู่หนึ่งไปมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของยีนคู่อื่นอีกคู่หนึ่งในลักษณะเดียวกันหรือตำแหน่งเดียวกัน ทำให้สิ่งมีชีวิตแสดงลักษณะทางฟีโนไทป์ ที่แตกต่างจากการอธิบายแบบอื่นๆ ปฏิกิริยาของยีนแบบข่มข้ามคู่ ของยีน 2 คู่ มี 3 รูปแบบคือ แบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ผลจากปฏิกิริยาของยีนแบบข่มข้ามคู่นี้ทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรชั่วต่างๆ ไม่สามารถอธิบายได้ด้วยการประมาณค่าจาก additive dominance model ได้ (วีรพันธ์ และสุทัศ, 2554)

จากรายงานของ ปราโมทย์ และคณะ (2555) พบว่า ปฏิกิริยาร่วมระหว่างยีนต่างตำแหน่งในลักษณะความกว้างผล ความยาวผล ความยาวโพรงผลและความหนาเนื้อผล โดยผลของปฏิกิริยาของยีนแบบข่ม x แบบข่ม มีอิทธิพล มากที่สุดในการควบคุมลักษณะดังกล่าว

2.4.3 อัตราพันธุกรรม

อัตราพันธุกรรม (heritability) คือ อัตราส่วนของวาเรียนซ์ที่เกิดจากผลของยีนหรืออัตราส่วนของความปรวนแปร จัดเป็นค่าทางสถิติชนิดหนึ่ง และมีการใช้ประโยชน์อย่างกว้างขวางเป็นค่าที่ชี้ให้เห็นถึงความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์ อัตราพันธุกรรมสามารถแบ่งได้ 2 ชนิดดังนี้ อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง (broad sense heritability) คือ อัตราส่วนของความปรวนแปร ที่เกิดมาจาก

การแสดงผลของยีนทุกรูปแบบ และอัตราพันธุกรรมแนวแคบ (narrow sense heritability) คือ อัตราส่วนของความปรวนแปร ที่เกิดจากยีนที่แสดงผลในแบบบวก อัตราพันธุกรรมอย่างแคบนี้จะชี้ให้เห็นถึงอัตราการถ่ายทอดลักษณะจากพ่อ-แม่ไปยังลูกหลาน (ไพศาล และคณะ, 2546)

จากรายงานของ Iathet and Piluek (2006) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่างแตงไทย 2 สายพันธุ์ คือ RM1 และ LM2 เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรม พบว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลในลูกผสมมีอัตราพันธุกรรมแนวแคบสูงที่ระดับ 0.60, 0.68, 0.55 และ 0.71 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าอัตราการถ่ายทอดลักษณะความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลจากพ่อ-แม่ไปยังลูกหลานได้สูง ส่วนสุรชาติ (2554) ได้ศึกษา อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ ของแต่ละประชากรทั้ง 4 คู่ผสม พบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อ มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างสูงระหว่าง 61.44-69.80, 43.09-75.94 และ 39.83-77.59 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

2.5 การใช้เครื่องหมายโมเลกุล (molecular marker)

ลักษณะบางลักษณะของพืช เช่นสีดอกอาจถูกควบคุมด้วยยีนเพียงยีนเดียวแต่ลักษณะอื่นๆ ที่มีความซับซ้อนเช่น ความสูง ความหวาน เปอร์เซ็นต์เนื้อหรือความหนาเนื้อ อาจควบคุมด้วยยีนหลายยีน ซึ่งนักปรับปรุงพันธุ์จะต้องคัดเลือกจากลักษณะภายนอกเพื่อนำมาวิเคราะห์ เรียกว่า ฟีโนไทป์ (phenotype) โดยการคัดเลือกลักษณะที่มีความซับซ้อนนั้นค่อนข้างมีความยุ่งยาก ใช้เวลานาน มีค่าใช้จ่ายสูง และยังมีผลของสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง

ในปัจจุบันเครื่องหมายโมเลกุลได้ถูกนำมาวิเคราะห์ตรวจสอบความแตกต่างของลำดับที่จำเพาะของสิ่งมีชีวิต การวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลถือว่าเป็นเครื่องมือที่มีประสิทธิภาพสูงสุด การจำแนกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต ภายในชนิด (species) ประชากร (population) และพันธุ์ (varieties) ได้อย่างถูกต้องแม่นยำ และสามารถคัดเลือกลักษณะที่ต้องการได้โดยตรง ซึ่งเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้ในปัจจุบันมีหลายชนิดในการปรับปรุงพันธุ์พืช เครื่องหมายโมเลกุล (Molecular marker) แบ่งเป็น 2 ระดับ ดังนี้

2.4.1 เครื่องหมายโมเลกุลระดับโปรตีนหรือที่เรียกว่า เครื่องหมายโปรตีน (protein marker) เช่น โปรตีนที่สะสมในเมล็ด (seed storage protein) ซึ่งอาจตรวจสอบความแตกต่างโดยใช้วิธีอีเล็กโตโฟเรซิส (electrophoresis) หรือไอโซไซม์ (isozyme) ซึ่งหมายถึงเอ็นไซม์ (enzyme) ที่ทำปฏิกิริยาเดียวกันแต่มีหลายรูปแบบ แต่ละรูปแบบอาจมีขนาดหรือประจุต่างกัน ซึ่งสามารถแยกออกจากกันได้ด้วยวิธีอิเล็กโตโฟเรซิส และมักตรวจสอบโดยใช้ substrate ที่เปลี่ยนสีเมื่อเร่งปฏิกิริยาโดยเอ็นไซม์ (ไพศาล และคณะ, 2546)

2.4.2 เครื่องหมายโมเลกุลระดับดีเอ็นเอหรือที่เรียกว่า เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) ซึ่งเป็นดีเอ็นเอที่อยู่บนตำแหน่งเฉพาะในจีโนม (genome) โดยไม่จำเป็นต้องเป็นส่วนหนึ่งของยีน เนื่องจากดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตแต่ละหน่วยอาจมีความแตกต่างกันของลำดับเบส จากการแทนที่ของเบส (base substitution) การขาดหายไปของดีเอ็นเอ (deletion) การเพิ่มขึ้นของดีเอ็นเอ (insertion) การเปลี่ยนแปลงกลับทิศทางของดีเอ็นเอ (inversion) หรือการย้ายสลับที่ของดีเอ็นเอระหว่างโครโมโซมที่ต่างคู่กัน (translocation) จึงทำให้เกิดความหลากหลายหรือความแตกต่าง (polymorphism) (ไพศาล และคณะ, 2546)

การตรวจสอบในระดับดีเอ็นเอทำได้โดยใช้ 2 วิธีการหลักคือ

1) วิธีการที่อาศัยหลัก nucleic acid hybridization

Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) หมายถึงความแตกต่างของขนาดท่อนดีเอ็นเอที่เกิดจากการตัดโดยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ (restriction enzyme) เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิดแรกที่ค้นพบและยังนิยมใช้อยู่แพร่หลาย การตัดโมเลกุลดีเอ็นเอของจีโนมด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ เช่น EcoRI จะให้กลุ่มของท่อนดีเอ็นเอที่มีขนาดต่าง ๆ กันจำนวนมาก หลังจากแยกท่อนดีเอ็นเอโดยวิธีอิเล็กโตโฟเรซิส จะเห็นเป็นปื้นยาว (smear) ของท่อนดีเอ็นเอที่มีความยาวต่อเนื่อง จากนั้นจะสามารถตรวจหาเฉพาะท่อนดีเอ็นเอที่ต้องการศึกษาที่ตำแหน่งเฉพาะในจีโนมได้โดยใช้ southern blot analysis และโพรบที่ต้องการ ในสิ่งมีชีวิตแต่ละหน่วยอาจมีความแตกต่างของลำดับเบสที่บริเวณหรือรอบบริเวณที่โพรบจับตัว ซึ่งอาจทำให้เกิดความแตกต่าง (polymorphism) ของขนาดท่อนดีเอ็นเอที่ตรวจสอบ (ไพศาล และคณะ, 2546)

Single Nucleotide Polymorphism (SNP) หมายถึงความแตกต่างของดีเอ็นเอที่ 1 นิวคลีโอไทด์ที่เกิดจากการกลายพันธุ์แบบ point mutation พบ SNPs จำนวนมากกระจายอยู่ทั่วจีโนม ซึ่งสามารถใช้โพรบดีเอ็นเอ (DNA probe) ที่เฉพาะเจาะจงกับอัลลีล (allele-specific oligonucleotides; ASO) เพื่อตรวจสอบความแตกต่างนี้ ภายใต้สภาวะที่เหมาะสม ASO จะ hybridize กับดีเอ็นเอที่มีลำดับเบสเป็นคู่สมกับ ASO ทุกเบสเท่านั้น จะไม่ hybridize กับดีเอ็นเอที่มีนิวคลีโอไทด์ต่างไปแม้เพียง 1 นิวคลีโอไทด์ ดังนั้นการนำ ASO ของแต่ละอัลลีลมาตรวจสอบ จะทำให้ทราบว่าดีเอ็นเอตัวอย่างประกอบด้วยอัลลีลใดบ้าง (ไพศาล และคณะ, 2546)

2) วิธีการที่อาศัยหลักปฏิกิกิริยาลูกโซ่ (polymerase chain reaction; PCR)

Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) ใช้หลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของจีโนมด้วยวิธี PCR โดยใช้ไพรเมอร์ความยาวประมาณ 10 คู่เบส ที่มีลำดับเบสตามที่กำหนดขึ้นมาไม่จำเพาะเจาะจงกับดีเอ็นเอบริเวณใด (arbitrary primer) เนื่องจากไพรเมอร์มีขนาดสั้น โอกาสเกิดลำดับเบสที่เป็นคู่สมกับไพรเมอร์มีประมาณ (1/4)10 จึงทำให้เกิดการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเออย่างสุ่มพร้อมกันที่หลายตำแหน่งในจีโนม (multi locus) ทำให้ได้ท่อนดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกัน ซึ่งแยก

ขนาดดีเอ็นเอได้โดยวิธีอิเล็กโตรโฟเรซิส สิ่งมีชีวิตต่างยีโนไทป์ สปีชีส์ จีนัส ซึ่งมีความแตกต่างกันที่ระดับดีเอ็นเอ อาจให้รูปแบบของแถบดีเอ็นเอ (จำนวนและขนาด) ที่ต่างกัน (ไพศาล และคณะ, 2546)

Sequence Characterized Amplified Region (SCAR) หมายถึงท่อนดีเอ็นเอที่ตำแหน่งหนึ่งในจีโนม ซึ่งได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยวิธี PCR ด้วยไพรเมอร์ที่จำเพาะเจาะจง SCAR อาจได้รับการดัดแปลงมาจาก RAPD โดยการตัดแถบ RAPD ที่สนใจเพียง 1 แถบจากเจล นำมาหาลำดับเบสจากท่อนดีเอ็นเอนั้น แล้วจึงนำลำดับเบสที่ได้มาสร้างเป็นไพรเมอร์ขนาดยาวขึ้น เพื่อให้เฉพาะเจาะจงขึ้น จึงใช้เพิ่มปริมาณปริมาณดีเอ็นเอที่เพียงตำแหน่งเดียวในจีโนม (single locus) ได้ให้แถบดีเอ็นเอเพียงแถบเดียว สังเกตความแตกต่างได้ที่การมีหรือไม่มีแถบดีเอ็นเอ และขนาดของแถบดีเอ็นเอ ทำให้สามารถอ่านและแปลผลง่ายขึ้น (ไพศาล และคณะ, 2546)

Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) อาศัยหลักการตรวจสอบความแตกต่างของท่อนดีเอ็นเอที่เกิดจากการตัดโดยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะเช่นเดียวกับ RFLP แต่มีการประยุกต์นำเทคนิค PCR มาใช้ ทำให้ไม่จำเป็นต้องใช้โพรบในการตรวจสอบ และสามารถตรวจสอบความแตกต่างที่หลายตำแหน่งในจีโนม (multilocus) เป็นวิธีการที่ไม่จำเป็นต้องมีข้อมูลเกี่ยวกับลำดับเบสและใช้ไพรเมอร์จำนวนจำกัด แต่ได้ผลที่เชื่อถือได้ (ไพศาล และคณะ, 2546)

Simple Sequence Repeat (SSR) หมายถึง ดีเอ็นเอขนาด 1 ถึง 6 นิวคลีโอไทป์ ที่เรียงตัวซ้ำๆ ต่อกัน (tandem repeats) พบได้ทั่วไปในจีโนมของพืช โดยเฉพาะส่วนที่เป็น intron และ 5, flanking region ของยีน บางครั้งเรียก SSR ว่า STR (short tandem repeats) หรือ microsatellite SSR มีวิวัฒนาการเร็วกว่าดีเอ็นเอที่อยู่ใกล้เคียง เนื่องจากไม่มีแรงกดดันจากการคัดเลือก ทำให้มีความแตกต่างกันมาก (highly polymorphic) โดยเฉพาะที่จำนวนซ้ำของ repeats ในขณะที่ดีเอ็นเอที่อยู่ด้านข้างทั้ง 2 ด้านของ SSR ในแต่ละตำแหน่งนั้นมีลำดับเบสคงเดิม (conserved) ทำให้สามารถนำมาใช้สร้างไพรเมอร์ ที่มีลำดับเบสเป็นคู่สมกับบริเวณปลายทั้ง 2 ด้านของ repeats นั้นได้ หลังจากทำปฏิกิริยา PCR จะให้ท่อนดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกันตามจำนวน repeats และแยกขนาดได้โดยวิธีอิเล็กโตรโฟเรซิส (ไพศาล และคณะ, 2546)

Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) ใช้หลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง SSR โดยใช้ไพรเมอร์ที่เป็นคู่สมกับลำดับเบสของ SSR เนื่องจากมี SSR ที่มีลำดับเบสเหมือนกันอยู่หลายแห่ง จึงเพิ่มปริมาณพร้อมกันที่หลายตำแหน่งในจีโนม ได้ท่อนดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกันตามระยะห่างระหว่าง SSR นั้นๆ เมื่อนำมาแยกขนาดโดยวิธีอิเล็กโตรโฟเรซิส จะพบจำนวนและขนาดแถบดีเอ็นเอที่ต่างกัน วิธีนี้ไพรเมอร์ที่ใช้แต่ละคู่สามารถตรวจสอบความแตกต่างที่หลายตำแหน่งในจีโนม (multilocus) (ไพศาล และคณะ, 2546)

ซึ่งเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่ใช้จำแนกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตได้ดี เนื่องจากความปรวนแปรของจำนวนซ้ำสูง หรือมีความหลากหลายของจำนวนอัลลีลและมีอยู่มากมายหลายตำแหน่งในจีโนม (Weising *et al.*, 1998) inter-simple sequence repeat (ISSR) จึงเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่มีระดับความแตกต่างสูง เทคนิค ISSR วิธีการนี้ได้นำมาใช้ทำการทดลองและมีรายงานการทดลองกับพืชหลากหลายชนิด เช่นใช้ในการจำแนกความหลากหลายทางของสายพันธุ์ชา (Mondal, 2002) ใช้ในการจำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรมของสายพันธุ์ถั่ว (Ajibade *et al.*, 2000) ใช้ในการจำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรมของสายพันธุ์แอปเปิ้ล (Goulao and Oliveira, 2001) ใช้ในการจำแนกความหลากหลายทางพันธุกรรมของสายพันธุ์มะเขือเทศ (Tikunov *et al.*, 2003) นอกจากนี้ยังมีการใช้เทคนิค ISSR ในการหาเครื่องหมายโมเลกุลของยีนความหอมในข้าว (สุกัญญา และปรียา, 2547) จากรายงานของ Behera *et al.* (2008) ซึ่งได้ทำการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมใน Indian bitter gourd (Momordica charantia L.) จำนวน 38 พันธุ์ โดยใช้เทคนิค ISSR-PCR พบว่าเทคนิค ISSR-PCR มีประสิทธิภาพสูงในการจำแนกและวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมพืช จากรายงานของ Stepansky *et al.* (1999) ซึ่งได้ทำการศึกษาการจำแนกและจัดกลุ่ม melon (Cucumis melo L.) จำนวน 54 พันธุ์ จาก 23 ประเทศ โดยใช้ลักษณะที่ปรากฏทางฟีโนไทป์ (phenotypic) และลักษณะที่ปรากฏในระดับโมเลกุล (molecular) โดยใช้เทคนิค ISSR-PCR พบว่าเทคนิค ISSR-PCR มีประสิทธิภาพในการจำแนกและวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของแตงเทศ และรายงานของ อารักษ์ (2558) ได้ทำการศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมและลักษณะสัณฐานวิทยาโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลของแตงเทศและแตงไทย จำนวน 25 พันธุ์ เป็นแตงเทศ 22 พันธุ์ และแตงไทย 3 พันธุ์ พบว่า เมื่อนำข้อมูลทางสัณฐานวิทยามาวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของแตงเทศและแตงไทย สามารถจัดได้ 9 กลุ่ม แต่ยังไม่สามารถแบ่งกลุ่มของแตงได้อย่างชัดเจน แต่เมื่อใช้เครื่องหมายโมเลกุล ISSR และ RAPD มาวิเคราะห์ข้อมูล สามารถจำแนกแตงได้เพียง 2 กลุ่มคือ กลุ่มของแตงเทศ และกลุ่มแตงไทย ซึ่งพบว่ามีเพียง 3 ไพรเมอร์ คือ ISSR_$(GA)_8$YG ISSR_$(ATG)_6$ และ RAPD_OPL07 จากทั้งหมด 13 ไพรเมอร์ เนื่องจากการจำแนกโดยใช้ลักษณะที่ปรากฏทางฟีโนไทป์อาจจะมีความคลาดเคลื่อน ในกรณีที่แตงเทศมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงการใช้เครื่องหมายโมเลกุลเข้ามาเป็นตัวช่วยในการจำแนกหรือบ่งบอกความใกล้ชิดทางพันธุกรรมจึงทำให้งานทดลองมีประสิทธิภาพ และรวดเร็วยิ่งขึ้น

บทที่ 3
วิธีดำเนินการวิจัย

การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล และศึกษาเครื่องหมายโมเลกุล ที่สามารถแยกความแตกต่างของลักษณะผล แตงไทย และแคนตาลูป

3.1 วัสดุอุปกรณ์

1. เมล็ดพันธุ์แตงไทยพันธุ์ผสมเปิด คือ

พันธุ์ RML1 เป็นพันธุ์ที่มีลักษณะผลกลม มีลายตามความยาวของผล สีผลเมื่อแก่มีสีเหลืองเข้ม สีเนื้อในผลมีสีเขียวอมส้ม

2. เมล็ดพันธุ์แคนตาลูปพันธุ์ผสมเปิด 2 พันธุ์ คือ

2.1 พันธุ์ KML370 เป็นพันธุ์ที่มีลักษณะผลกลม มีลายเป็นตาข่ายร่างแหที่ผิวของผล สีผิวเมื่อแก่มีสีเขียวอ่อน สีเนื้อในผลมีสีเขียวอมเหลือง

2.2 พันธุ์ PI148 เป็นพันธุ์ที่มีลักษณะผลรี มีลายตามความยาวของผล สีผลเมื่อแก่มีสีเหลืองส้ม สีเนื้อในผลมีสีส้ม รวมไปถึงประชากร F_1, F_2, BC_1 และ BC_2 จาก 2 คู่ผสมคือ RML1 x KML370 และ RML1 x PI148 (สนับสนุนเมล็ดพันธุ์จากโครงการวิจัยความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิตในการผสมระหว่างแตงไทยกับแตงแคนตาลูป, 2553)

3. ปุ๋ยไฮโดรโปรนิกส์
4. สารป้องกันกำจัดศัตรูพืช
5. เชือกฟาง
6. สายน้ำหยดระยะน้ำหยด 20 เซนติเมตร
7. ลวดสำหรับทำค้างแตง
8. อุปกรณ์สำหรับวางระบบน้ำและการให้ปุ๋ยทางน้ำ
9. สมุดเทียบมาตรฐานสีของตัวอย่างพืช (Munsell Plant Tissue Colour Chart)
10. เครื่องดูดสารละลายปรับปริมาตร (Adjustable pipette)
11. เครื่องเขย่าสาร (Shaker)
12. เครื่องปั่นเหวี่ยง (Centrifuge)
13. เครื่องผสมสารละลาย (Vortex mixer)
14. เครื่องชั่ง 2 ตำแหน่ง และ 4 ตำแหน่ง

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

15. เครื่องส่องดูเจลภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต (Ultraviolet transiluminator) พร้อมเครื่องบันทึกภาพลงแผ่นดิสก์

16. เครื่องแยกขนาดดีเอ็นเอแนวนอน (Horizontal gel electrophoresis apparatus)

17. เครื่องแยกขนาดดีเอ็นเอแนวตั้ง (Vertical/sequencing gel electrophoresis apparatus)

18. เครื่องเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ (Thermal cycler)

19. อุปกรณ์ในห้องปฏิบัติการ

3.2 ระยะเวลาการทดลอง

ตุลาคม พ.ศ. 2556- พฤศจิกายน พ.ศ. 2559

3.3 สถานที่ทำการทดลอง

ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

อาคารเครื่องมือ 3 (F3) และ 10 (F10) มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

3.4 วิธีการทดลอง

การทดลองที่ 1 : การเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แตงไทย และแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อ แม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์

ก. แผนการทดลอง

การปลูกทดสอบ 6 ประชากร วางแผนการทดลองแบบ Completely Randomized Design (CRD) โดยนำเมล็ดพันธุ์จากพันธุ์แม่ พันธุ์พ่อ ลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1) ลูกผสมชั่วที่สอง (F_2) ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่ (BC_1) และลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ (BC_2) ไปปลูกดังนี้

พันธุ์แม่	ปลูก	4	แปลงย่อย รวม	40	ต้น
พันธุ์พ่อ	ปลูก	4	แปลงย่อย รวม	40	ต้น
ลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1)	ปลูก	8	แปลงย่อย รวม	80	ต้น
ลูกผสมชั่วที่สอง (F_2)	ปลูก	20	แปลงย่อย รวม	200	ต้น
ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่ (BC_1)	ปลูก	6	แปลงย่อย รวม	60	ต้น
ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ (BC_2)	ปลูก	6	แปลงย่อย รวม	60	ต้น

โดยแต่ละแปลงย่อยมีจำนวนต้นทั้งหมด 10 ต้น รวมจำนวนต้นที่ใช้เก็บข้อมูลทั้งหมด 960 ต้น

ข. การปลูกและการดูแลรักษา

การปลูกและการดูแลรักษา เตรียมวัสดุปลูก แกลบ :ขุยมะพร้าว:ทราย ที่อัตราส่วน 2:1:1 โดยปริมาตร วางระบบน้ำหยดกลางร่อง ระยะน้ำหยด 20 เซนติเมตร และใช้ระยะปลูก 50 เซนติเมตร หลังย้ายกล้า 14 วัน โดยสารละลายธาตุอาหารสูตร SUT NS5 (ภาคผนวก) หลังย้ายกล้า 45 วัน เลือกไว้ผลที่สมบูรณ์ 1 ผลต่อต้น กำจัดแมลงศัตรูพืช และโรคพืชตามการระบาด และอาการของโรค

3.5 การบันทึกข้อมูล ทำการบันทึกข้อมูลดังนี้

3.5.1 น้ำหนักผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต ชั่งน้ำหนักผล โดยใช้เครื่องชั่งหน่วยวัดเป็น กิโลกรัม

3.5.2 เส้นรอบวงผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยใช้สายวัดวัดรอบผล หน่วยวัดเป็น เซนติเมตร

3.5.3 ความหนาเปลือก บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยใช้เวอร์เนียร์คาลิปเปอร์ หน่วยวัดเป็น เซนติเมตร

3.5.4 ความหนาเนื้อ บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยใช้เวอร์เนียร์คาลิปเปอร์ หน่วยวัดเป็น เซนติเมตร

3.5.5 ความหนาไส้ บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยใช้เวอร์เนียร์คาลิปเปอร์ หน่วยวัดเป็น เซนติเมตร

3.5.6 ความกว้างผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร

3.5.7 เปอร์เซ็นต์เนื้อ = ((ความกว้างผล-ความหนาเปลือก-ความหนาไส้)/ความกว้างผล) x100 หน่วยเป็น เปอร์เซ็นต์

3.5.8 ความยาวผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร

3.5.9 ดัชนีรูปร่างผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยนำความยาวผลหารกับความกว้างผล

3.5.10 ความแน่นเนื้อ บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยใช้เครื่องวัดความแน่นเนื้อผลไม้หน่วยวัดเป็น กิโลกรัมต่อลูกบาศก์เซนติเมตร

3.5.11 ความหวาน บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยนำน้ำคั้นจากเนื้อผลมาวัดค่า Brix ด้วย hand refractometer หน่วยวัดเป็นเปอร์เซ็นต์

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

3.6 การวิเคราะห์ข้อมูล

3.6.1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะผลของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูป โดยใช้โปรแกรมสถิติ SPSS v. 13.0

3.6.2 การวิเคราะห์ผลทางพันธุกรรม

3.6.2.1 การทำ scaling test เพื่อตรวจสอบว่าลักษณะนั้นๆ มีปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งหรือไม่ Mather and Jinks (1982) ได้กำหนดตัวทดสอบไว้ 3 ตัว (A, B, C) โดยใช้ "ค่าเฉลี่ย" ของประชากรแต่ละชั่วรุ่นมาวิเคราะห์

1. คำนวณค่าตัวทดสอบ

$$A = 2\overline{B_1} + \overline{P_1} + \overline{F_1}$$

$$B = 2\overline{B_2} + \overline{P_2} + \overline{F_1}$$

$$C = 4\overline{F_2} + 2\overline{F_1} + \overline{P_1} + \overline{P_2}$$

โดยหากว่าผลของยีนเป็นแบบบวกและแบบข่ม และไม่มีการยึดเกาะของยีน (linkage) และไม่มีปฏิกิริยากันระหว่างยีนต่างตำแหน่ง ค่าทั้ง 3 จะได้เท่ากับ 0 หากทดสอบแล้วว่าค่าของทั้ง A, B และ C มีค่าเท่ากับ 0 ก็จะวิเคราะห์ผลทางพันธุกรรมเฉพาะผลของยีนแบบบวกและข่มเท่านั้น (additive-dominance model) แต่หากว่ามีเพียงตัวใดตัวหนึ่งแตกต่างจาก 0 จะวิเคราะห์ผลทางพันธุกรรมของทั้งผลของยีนแบบบวก แบบข่ม และปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนทั้ง 2 แบบ (non-allelic interaction model) โดยที่การทดสอบว่า A, B และ C มีค่าเท่ากับ 0 หรือไม่ ทดสอบโดยใช้ t-test

2. คำนวณค่าความแปรปรวนและค่า S.E. ของ A, B และ C

$$V_A = 4V(\overline{B_1}) + V(\overline{P_1}) + V\overline{F_1}$$

$$V_B = 4V(\overline{B_2}) + V(\overline{P_2}) + V(\overline{F_1})$$

$$V_C = 16V\overline{F_2} + 4V\overline{F_1} + V\overline{P_1} + V\overline{P_2}$$

ดังนั้น

$$S.E._{(A)} = (V_A)^{1/2}$$

$$S.E._{(B)} = (V_B)^{1/2}$$

$$S.E._{(C)} = (V_C)^{1/2}$$

3. การคำนวณค่า t และการทดสอบนัยสำคัญ

$$t_{(A)} = A/S.E._{(A)}$$

$$t_{(B)} = B/S.E._{(B)}$$

$$t_{(C)} = C/S.E._{(C)}$$

นำค่า t ที่คำนวณมาเปรียบเทียบกับค่า t ตาราง โดยที่ค่า df ในการทดสอบ ค่า A, B และ C ได้มาจากผลรวมของ df ของความแปรปรวนของประชากรและชั่วรุ่นที่นำมาใช้ในการคำนวณค่า A, B และ C ตามลำดับ

3.6.2.2 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่นกรณีที่เป็น additive-dominance model วิเคราะห์ตามวิธีการของ Mather and Jinks (1982) โดยใช้วิธีการถ่วงน้ำหนัก (weighted least square method) และใช้เมทริกซ์แอลจีบรา (algera matrix) ในการแก้สมการเพื่อหาค่าพารามิเตอร์ของ additive-dominance model โดยมีการให้สัญญาลักษณ์ ดังนี้

m = ค่าเฉลี่ยประชากร

d = ผลของยีนแบบบวก (additive effect)

h = ผลของยีนแบบข่ม (dominance effect)

และค่าความแปรปรวนของพารามิเตอร์ดังกล่าวโดยมีสมการอยู่ในรูปของเมทริกซ์ ดังนี้

$$M = [B_1' \times B]^{-1} \times [B_1' \times C]^{-1}$$

$$V = D \times V_1$$

โดยที่ M คือ เมทริกซ์ของพารามิเตอร์

B คือ เมทริกซ์ของสัมประสิทธิ์ของพารามิเตอร์

B_1 คือ เมทริกซ์ของค่าถ่วงน้ำหนัก (weighted)

B_1' คือ transpose ของเมทริกซ์ B_1

C คือ เมทริกซ์ของค่าเฉลี่ยของประชากรทั้ง 6 ชั่วรุ่น

V คือ เมทริกซ์ของค่าความแปรปรวน (variance) ของพารามิเตอร์

V_1 คือ เมทริกซ์ของค่าความแปรปรวน (variance) ของประชากรทั้ง 6 ชั่วรุ่น

D คือ เมทริกซ์ของค่ายกกำลังสองแต่ละค่าในเมทริกซ์

$$[B_1' \times B]^{-1} \times B_1']$$

ซึ่งใช้โปรแกรมสถิติ SPSS v. 13.0 คำนวณวิธีการถ่วงน้ำหนัก (weighted least square method) และใช้เมทริกซ์แอลจีบรา (matrix algebra) ในการแก้สมการเพื่อหาค่าพารามิเตอร์ของ additive-dominance model (m, d, h) และค่าค่าวามแปรปรวนของพารามิเตอร์ (V_m, V_d, V_h) ดังนั้น

$$S.E._{(m)} = (V_m)^{1/2}$$

$$S.E._{(d)} = (V_d)^{1/2}$$

$$S.E._{(h)} = (V_h)^{1/2}$$

การคำนวณค่า t และการทดสอบนัยสำคัญ

$$t_{(m)} = m/S.E._{(m)}$$

$$t_{(d)} = d/S.E._{(d)}$$

$$t_{(h)} = h/S.E._{(h)}$$

ค่า t จากตารางที่ df = ∞ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และ 0.01 = 1.960 และ 2.576 ตามลำดับ

3.6.2.3 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่นกรณีที่เป็น non-allelic interaction model ในกรณีนี้อิทธิพลของยีนที่มีผลต่อลักษณะนอกจากจะมีอิทธิพลของยีนแบบบวกและแบบข่มแล้ว ยังมีอิทธิพลร่วมระหว่างยีนต่างตำแหน่งของยีนแบบบวกและแบบข่มดังกล่าว โดยมีการให้สัญลักษณ์ของอิทธิพลหรือผลของยีนรูปแบบต่างๆ ดังนี้

m = ค่าเฉลี่ยประชากร

d = ผลของยีนแบบบวก (additive effect)

h = ผลของยีนแบบข่ม (dominance effect)

i = ผลร่วมกันระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก (additive x additive type of gene interaction)

j = ผลร่วมกันระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่ม (additive x dominance type of gene interaction)

l = ผลร่วมกันระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม (dominance x dominance type of gene interaction)

วิเคราะห์ตามวิธีการของ Mather and Jinks (1982) โดยใช้เมทริกซ์ แอลจีบรา (algera matrix) ในการแก้สมการเพื่อหาค่าพารามิเตอร์ของ non-allelic interaction model (m, d, h, i, j, l) และค่าความแปรปรวนของพารามิเตอร์ดังกล่างโดยมีสมการที่อยู่ในรูปของเมทริกซ์ดังนี้

$$M = B^{-1} \times C$$

$$V = E \times V_1$$

โดยที่ M คือเมทริกซ์ของพารามิเตอร์

B คือ เมทริกซ์ของสัมประสิทธิ์ของพารามิเตอร์

B^{-1} คือ inverse ของเมทริกซ์ B

C คือ เมทริกซ์ของค่าเฉลี่ยของประชากรทั้ง 6 ชั่วรุ่น

V คือ เมทริกซ์ของค่าความแปรปรวน (variance) ของพารามิเตอร์

V_1 คือ เมทริกซ์ของค่าความแปรปรวน (variance) ของประชากรทั้ง 6 ชั่วรุ่น

E คือ เมทริกซ์ของค่ายกกำลังสองแต่ละค่าในเมทริกซ์ B^{-1}

ซึ่งใช้โปรแกรมสถิติ SPSS v. 13.0 คำนวณวิธีการถ่วงน้ำหนัก (weighted least square method) และใช้เมทริกซ์แอลจีบรา (algebra matrix) ในการแก้สมการเพื่อหาค่าพารามิเตอร์ของ non-allelic interaction model (m, d, h, i, j, l) และค่าค่าความแปรปรวนของพารามิเตอร์ (V_m, V_d, V_h, V_i, V_j, V_l) ดังนั้น

$$S.E._{(m)} = (V_m)^{1/2}$$

$$S.E._{(d)} = (V_d)^{1/2}$$

$$S.E._{(h)} = (V_h)^{1/2}$$

$$S.E._{(i)} = (V_i)^{1/2}$$

$$S.E._{(j)} = (V_j)^{1/2}$$

$$S.E._{(l)} = (V_l)^{1/2}$$

การคำนวณค่า t และการทดสอบนัยสำคัญ

$$t_{(m)} = m/S.E._{(m)}$$

$$t_{(d)} = d/S.E._{(d)}$$

$$t_{(h)} = h/S.E._{(h)}$$

$$t_{(i)} = m/S.E._{(i)}$$

$$t_{(j)} = d/S.E._{(j)}$$

$$t_{(l)} = h/S.E._{(l)}$$

ค่า t จากตารางที่ df = ∞ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และ 0.01 = 1.960 และ 2.576 ตามลำดับ

3.6.3 การศึกษาอัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล นำข้อมูลวาเรียนซ์ของพันธุ์พ่อ พันธุ์แม่ ลูกผสมชั่วที่ 1 และลูกผสมชั่วที่ 2 ที่ได้ไปวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง (broad sense heritability) เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ตามวิธีที่เสนอโดย Burton (1951)

$$h_b^2 = \left[\frac{V_{F_2} - \left(\frac{V_{P_1} + V_{P_2} + V_{F_1}}{3}\right)}{V_{F_2}}\right] \times 100$$

เมื่อ V_{P_1} คือค่า mean square ของ P_1

V_{P_2} คือค่า mean square ของ P_2

V_{F_1} คือค่า mean square ของ F_1

V_{F_2} คือค่า mean square ของ F_2

3.6.4 การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล นำข้อมูลพันธุ์พ่อ พันธุ์แม่ และลูกผสมชั่วที่ 1 ที่ได้ไปวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis) และวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) เพื่อศึกษาความดีเด่นของลูกผสม ตามวิธีที่เสนอโดย Falcorner (1981)

ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

$$\text{Heterosis (\%)} = \left(\frac{\overline{F}_1 - \overline{MP}}{\overline{MP}}\right) \times 100$$

เมื่อ $\overline{F}_1$ คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมชั่วที่ 1

$\overline{MP}$ คือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

การทดสอบนัยสำคัญโดยการเปรียบเทียบค่า t-statistics ดังนี้

$$t_{(MP)} = \frac{\overline{F}_1 - \overline{MP}}{S_1}$$

$$S_1 = \sqrt{\frac{(n_{P_1}-1)MS_{P_1} + (n_{P_2}-1)MS_{P_2}}{(n_{P_1}+n_{P_2})[(n_{P_1}-1)+(n_{P_2}-1)]} + \frac{MS_{F_1}}{n_{F_1}}}$$

โดยที่ MS_{P_1} คือค่า mean square ของพันธุ์แม่

MS_{P_2} คือค่า mean square ของพันธุ์พ่อ

MS_{F_1} คือค่า mean square ของลูกผสมชั่วที่ 1

n คือจำนวนต้นในชั่วนั้น ๆ

ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า

$$\text{Heterobeltiosis (\%)} = \left(\frac{\overline{F}_1 - \overline{HP}}{\overline{HP}}\right) \times 100$$

เมื่อ $\overline{F}_1$ คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมชั่วที่ 1

$\overline{HP}$ คือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า

การทดสอบนัยสำคัญโดยการเปรียบเทียบค่า t-statistics ดังนี้

$$t_{(HP)} = \frac{\overline{F}_1 - \overline{HP}}{S_2}$$

$$S_2 = \sqrt{\frac{MS_{F_1}}{n_{F_1}} + \frac{MS_{HP}}{n_{HP}}}$$

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

เมื่อ MS_{F_1} คือค่า mean square ของลูกผสมชั่วที่ 1

MS_{HP} คือค่า mean square ของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า

n คือจำนวนต้นในชั่วนั้นๆ

3.6.5 การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล นำข้อมูลลูกผสมชั่วที่ 2 ที่ได้ไปวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ (phenotypic correlation) เพื่อศึกษาค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ ตามวิธีที่เสนอโดย Briggs and Knowles (1967)

$$r = \sqrt{\frac{\sum X_i Y_i - \frac{(\sum X_i)(\sum Y_i)}{n}}{\left[\sum X_i^2 - \frac{(\sum X_i)^2}{n}\right]\left[\sum Y_i^2 - \frac{(\sum Y_i)^2}{n}\right]}}$$

โดยที่ X_i คือค่าสังเกตของลักษณะ X ที่ i

Y_i คือค่าสังเกตของลักษณะ Y ที่ i

เมื่อ i = 1, 2, 3,…., n (n = จำนวนค่าสังเกต)

3.6.6 การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล วิเคราะห์ตามวิธีการ Chi–square (Mather, 1957) เพื่อหาความสอดคล้องระหว่างสัดส่วนของค่าคาดหมายกับค่าจริงที่ได้

<u>การหาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อแยกลักษณะเด่นทางฟีโนไทป์ ของประชากรในแต่ละชั่ว</u>

การสกัดสารพันธุกรรมดีเอนเอจากใบแตง เก็บตัวอย่างใบแตงประชากรทั้ง 6 (P_1, P_2, F_1 และ F_2) อายุ 14 วัน จำนวน 4-6 ใบ จากนั้นทำการบดใบแตงให้เป็นผงละเอียดในไนโตรเจนเหลว 3 รอบ แล้วนำไปเก็บที่อุณหภูมิ -80 องศาเซลเซียส ในหลอดโพลีเอธิลีน

การเตรียมสารสกัดบัฟเฟอร์ (extraction buffer) ทำการเตรียมสารสกัดบัฟเฟอร์ในหลอดโพลีโพพิลีนขนาด 50 มิลลิลิตร โดยตวงสารละลายสารสกัด (extraction solution; 0.1 M Tris-HCl pH 8.5, 0.5% sarcosil, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, 2.5% CTAB) ปริมาตร 25 มิลลิลิตร ลงในหลอด จากนั้นเติมโพลีไวนิลโพลีไพร์โรลิโดน (polyvinyl-polypyrrolidone; PVPP) ปริมาณ 250 มิลลิกรัม แล้วนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10-15 นาที ผสมให้เข้ากัน หลังจากนั้นเติม 2 เปอร์เซ็นต์ เบต้าเมอร์แคปโตเอธานอล (β-mercaptoethanol) แล้วนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส ก่อนนำไปใช้

การสกัดดีเอนเอ ทำการสกัดดีเอนเอตามวิธีการของ Gusmini *et al.*, 2004 แต่มีการปรับแต่งวิธีการเล็กน้อย โดยเริ่มจากการนำผงตัวอย่าง ปริมาณ 50-100 มิลลิกรัม ใส่ในหลอดแต่ละหลอดไมโครเซนติฟิวก์ขนาด 1.5 มิลลิลิตร แล้วเติมสารสกัดบัฟเฟอร์ปริมาตร 700 ไมโครลิตร และผสมให้เข้ากัน จากนั้นนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที โดยเขย่าหลอดทดลองทุก ๆ 10 นาที หลังจากนั้นเติมสารละลายคลอโรฟอร์ม:ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (24:1) ปริมาตร 500

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ไมโครลิตร เขย่าให้เข้ากันจนสีของสารละลายกลายเป็นเนื้อเดียวกัน (สีเขียวอ่อน) แล้วเปิดฝาหลอดทดลองเพื่อให้แก๊สระเหยออกไป จากนั้นนำไปปั่นเหวี่ยงเป็นเวลา 5 นาที ที่ความเร็ว 12,500 รอบต่อนาที ดูดสารละลายชั้นบนใส่ในหลอดไมโครเซนติฟิวก์หลอดใหม่ จากนั้นเติมไอโซโพรพานอลแช่เย็นลงไปเท่ากับปริมาตรสารละลายที่ดูดมาแล้วผสมให้เข้ากันด้วยการพลิกหลอดไปมาและนำไปแช่ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 นาที จากนั้นนำมาปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,500 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที เทสารละลายใสทิ้งแล้วล้างตะกอนด้วย 70% เอทานอล ปริมาตร 500 ไมโครลิตร แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,500 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที จากนั้นเทส่วนใสทิ้งแล้วปล่อยให้แห้งที่อุณหภูมิห้องแล้วค่อยละลายตะกอนด้วยบัฟเฟอร์ 1X TE ปริมาตร 100 ไมโครลิตร เก็บตัวอย่างดีเอนเอไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส สำหรับใช้เป็นแม่แบบในการทำพีซีอาร์เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอนเอต่อไป

การเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอนเอด้วยวิธีพีซีอาร์ นำตัวอย่างดีเอนเอมาทำการเจือจางให้ได้ 20 เท่า จากนั้นนำดีเอนเอที่ได้ไปใช้เป็นดี-เอนเอแม่แบบในการเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอนเอด้วยไพรเมอร์ดังตารางที่ 1 ตามสภาวะพีซีอาร์ต่างๆ โดยภายในแต่ละหลอดพีซีอาร์จะมีปริมาตรสุดท้าย 50 ไมโครลิตร ประกอบด้วยดีเอนเอแม่แบบ, 0.4 ไมโครโมลาร์ สำหรับ ISSR และ RAPD ไพรเมอร์, 0.2 ไมโครโมลาร์ dNTPs, 2 ไมโครโมลาร์ $MgCl_2$, 1x บัฟเฟอร์ที่ไม่มี $MgCl_2$ (promega) และ 1.0 ไมโครลิตร Taq DNA polymerase โดยมีสภาวะพีซีอาร์ของขั้นตอนต่างๆ ดังนี้

ขั้นตอนที่ 1: 1 รอบ ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เวลา 5 นาที

ขั้นตอนที่ 2: 35 รอบ ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เวลา 30 วินาที, 37 องศาเซลเซียส (ขึ้นอยู่กับแต่ละไพรเมอร์ดังตารางที่ 1) เวลา 45 วินาที และ 72 องศาเซลเซียส เวลา 2 นาที

ขั้นตอนที่ 3: 1 รอบ ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เวลา 5 นาที

จากนั้นนำมาวิเคราะห์บน 3 เปอร์เซ็นต์ เจลอะกาโรส ในสารละลายบัฟเฟอร์ 1x TAE และเปรียบเทียบขนาดกับดีเอนเอมาตรฐาน (DNA mass ladder 100 bp, Promega) แล้วย้อมด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ (EtBr) ความเข้มข้น 0.1 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เป็นเวลา 5 นาที และล้างด้วยน้ำ 20 นาที

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางที่ 3.1 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์ และอุณหภูมิแอนเนลลิง (Annealing temperature) ที่ใช้

Reference	**Primer name***	**Sequence (3'---->5')**	**Annealing Temp. (^{o}C)**
Stepansky *et al*., 1999	ISSR_$(GA)_8$YG	GAGAGAGAGAGAGAGAYG	47.9
	ISSR_$(ATG)_6$	ATGATGATGATGATGATG	46.9
UBC primer set	RAPD_OPL07	AGGCGGGAAC	37.0

การให้คะแนนแถบดีเอ็นเอ ให้คะแนน "1" เมื่อปรากฏแถบดีเอ็นเอเหมือนพันธุ์พ่อ และให้คะแนน "0" เมื่อปรากฏแถบดีเอ็นเอเหมือนพันธุ์แม่ ในพันธุ์พ่อแม่และระหว่างกลุ่มของดีเอ็นเอที่ทำการเปรียบเทียบ

3.6.7 การวิเคราะห์ข้อมูล นำข้อมูลสัดส่วนของการปรากฏหรือไม่ปรากฏของแถบดีเอ็นเอไปวิเคราะห์ตามวิธีการ Chi-square เพื่อหาความสอดคล้องระหว่างสัดส่วนของค่าคาดหมายกับค่าจริงที่ได้ โดยเทียบกับสัดส่วน 3:1 เมื่อเป็น dominant marker

3.6.8 หาความเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะสีเปลือก สีเนื้อ และรูปร่างผล โดยการวิเคราะห์ single regression ระหว่างแต่ละเครื่องหมายโมเลกุลบน lingkage group กับลักษณะที่สนใจ หากเครื่องหมายโมเลกุลใดแสดงนัยสำคัญทางสถิติแสดงว่ามีความเชื่อมโยงกับพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะนั้น และวิเคราะห์ multiple regression เพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะแสดงออกที่สนใจ โดยใช้โปรแกรม โปรแกรมสถิติ SPSS v. 13.0 ในการวิเคราะห์ทั้ง 2 ขั้นตอน

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

บทที่ 4
ผลการทดลองและวิจารณ์

4.1 การเปรียบเทียบความแตกต่างของแตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์

พบว่า การเปรียบเทียบความแตกต่างของแตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ทุกลักษณะที่ทำการศึกษามีอย่างน้อยสองพันธุ์ที่ให้ค่าเฉลี่ยแตกต่างกันอย่างมีนัยยิ่งทางสถิติ (ตารางภาพผนวกที่ 1) โดยแตงไทยพันธุ์ RML1 ให้ค่าเฉลี่ยของลักษณะน้ำหนักเนื้อ ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล และเปอร์เซ็นต์เนื้อ สูงกว่าแคนตาลูปทั้ง 2 พันธุ์ แตงไทยพันธุ์ RML1 และแคนตาลูปพันธุ์ KML370 ให้ค่าเฉลี่ยของลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก และความแน่นเนื้อใกล้เคียงกัน และสูงกว่าแคนตาลูปพันธุ์ PI148 ในขณะที่แคนตาลูปพันธุ์ PI148 ให้ค่าเฉลี่ยของลักษณะความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล สูงกว่าแตงไทยพันธุ์ RML1 และแคนตาลูปพันธุ์ KML370 ในขณะที่แคนตาลูปพันธุ์ KML370 ให้ค่าเฉลี่ยของลักษณะความหวานสูงสุด ซึ่งเหมาะต่อการศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม และปฏิกิริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ จากค่าความคลาดเคลื่อนมาตราฐานในแต่ละพันธุ์ มีค่าต่ำทุกลักษณะแสดงให้เห็นถึงความสม่ำเสมอภายในพันธุ์ (แสดงในตารางที่ 4.1)

ตารางที่ 4.1 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะผลของพันธุ์แตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) และแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.)

พันธุ์	น้ำหนักผล (kg) $\bar{X}$ ±SE	เส้นรอบวงผล (cm) $\bar{X}$ ±SE	ความหนาเปลือก (cm) $\bar{X}$ ±SE	ความหนาเนื้อ (cm) $\bar{X}$ ±SE	ความหนาไส้ (cm) $\bar{X}$ ±SE
RML1	1.05±0.03[a1]	39.19±0.59[a]	0.50±0.01[a]	2.46±0.08[a]	6.43±0.17[a]
KML370	0.61±0.03[b]	31.55±0.49[a]	0.50±0.00[a]	1.73±0.05[b]	5.52±0.11[b]
PI148	0.82±0.04[b]	30.51±0.59[b]	0.42±0.02[b]	1.61±0.08[b]	5.70±0.08[b]
CV (%)	27.65	10.49	13.39	22.62	13.53

[1] ค่าเฉลี่ยในแนวตั้งที่ตามด้วยอักษรที่ต่างกันมีความแตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 จากการเปรียบเทียบโดยวิธี Duncan’s New Multiple Range Test (DMRT)

ตารางที่ 4.1 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะผลของพันธุ์แตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) และแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.) (ต่อ)

พันธุ์	ความกว้างผล (cm)	%เนื้อ (%)	ความยาวผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ (kg/cm^3)	ความหวาน (%Brix)
	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE
RML1	12.37±0.17[a1]	43.97±1.11[a]	12.81±0.37[b]	1.05±0.04[c]	1.05±0.08[a]	5.82±0.25[b]
KML370	9.92±0.17[b]	39.50±0.67[b]	11.98±0.51[b]	1.21±0.05[b]	1.04±0.12[a]	8.49±0.57[a]
PI148	9.74±0.20[b]	36.79±0.97[c]	15.99±0.29[a]	1.67±0.04[a]	0.64±0.05[b]	5.32±0.20[b]
CV (%)	10.53	14.80	18.77	21.75	62.78	35.57

[1] ค่าเฉลี่ยในแนวตั้งที่ตามด้วยอักษรที่ต่างกันมีความแตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 จากการเปรียบเทียบโดยวิธี Duncan's New Multiple Range Test (DMRT)

4.2 การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผลในลูกผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูป

1. การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 (แสดงในตารางที่ 4.2) พบว่า ค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล ความแน่นเนื้อ และความหวาน มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ และค่าเฉลี่ยของลักษณะความหนาเปลือกไม่แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ซึ่งพบค่าเฉลี่ย F_1 ที่มีค่าสูงกว่าพันธุ์พ่อและแม่ในลักษณะน้ำหนักผล (1.07 กิโลกรัม) เปอร์เซ็นต์เนื้อ (43.86%) ความยาวผล (14.22 เซนติเมตร) และดัชนีรูปร่างผล (1.23) จากผลการทดลองแสดงให้เห็นแนวโน้มของปฏิกิริยาของยีนแบบบวกจากค่าเฉลี่ยของ F_1 ที่มีค่าเฉลี่ยใกล้เคียงกับค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาไส้ ความกว้างผล และความหวาน และมีแนวโน้มของปฏิกิริยาของยีนแบบข่มจากค่าเฉลี่ยที่มากกว่า หรือน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล ความหนาเนื้อ เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 (แสดงในตารางที่ 4.3) พบว่า ค่าเฉลี่ยน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล ความแน่นเนื้อ และความหวาน มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ โดยค่าเฉลี่ยของ F_1 มีค่าต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในทุกลักษณะ จากผลการทดลองแสดงให้เห็นแนวโน้มของปฏิกิริยาของยีนแบบบวกจากค่าเฉลี่ยของ F_1 ที่มีค่าเฉลี่ยใกล้เคียงกับค่าเฉลี่ยของพันธุ์

พ่อแม่ ในลักษณะความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล และมีแนวโน้มของปฏิกิริยาของยีนแบบข่ม จากค่าเฉลี่ยที่น้อยกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก ความแน่นเนื้อ และความหวาน

ตารางที่ 4.2 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากร คู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon* ; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin. ; P_2)

พันธุ์	**น้ำหนักผล (kg)** $\overline{X}$ **±SE**	**เส้นรอบวงผล (cm)** $\overline{X}$ **±SE**	**ความหนาเปลือก (cm)** $\overline{X}$ **±SE**	**ความหนาเนื้อ (cm)** $\overline{X}$ **±SE**	**ความหนาไส้ (cm)** $\overline{X}$ **±SE**
$\mathbf{P_1}$	1.05 ± 0.05^{a1}	39.19 ± 0.75^{a}	0.50±0.01	2.46 ± 0.08^{a}	6.43 ± 0.15^{a}
$\mathbf{P_2}$	0.61 ± 0.05^{c}	31.55 ± 0.75^{d}	0.50±0.01	1.73 ± 0.08^{c}	5.52 ± 0.15^{c}
$\mathbf{F_1}$	1.07 ± 0.03^{a}	36.42 ± 0.53^{b}	0.50±0.00	2.38 ± 0.05^{a}	6.09 ± 0.11^{ab}
$\mathbf{F_2}$	0.77 ± 0.02^{b}	34.35 ± 0.34^{c}	0.50±0.00	2.00 ± 0.03^{b}	5.94 ± 0.07^{b}
$\mathbf{BC_1P_1}$	0.97 ± 0.03^{a}	37.16 ± 0.53^{b}	0.50±0.00	2.47 ± 0.05^{a}	6.03 ± 0.11^{b}
$\mathbf{BC_1P_2}$	1.02 ± 0.05^{a}	35.49 ± 0.75^{bc}	0.49±0.01	2.18 ± 0.08^{b}	5.99 ± 0.15^{b}
F-test	**	**	ns	**	**

[1] ค่าเฉลี่ยในแนวตั้งที่ตามด้วยอักษรที่ต่างกันมีความแตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 จากการเปรียบเทียบโดยวิธี Duncan's New Multiple Range Test (DMRT), ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$ และ ns ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ตารางที่ 4.2 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon* ; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin. ; P_2) (ต่อ)

พันธุ์	ความกว้างผล (cm) $\bar{X}\pm$SE	%เนื้อ (%) $\bar{X}\pm$SE	ความยาวผล (cm) $\bar{X}\pm$SE	ดัชนีรูปร่างผล $\bar{X}\pm$SE	ความแน่นเนื้อ (kg/cm^3) $\bar{X}\pm$SE	ความหวาน (%Brix) $\bar{X}\pm$SE
P_1	12.33 ± 0.21^{a1}	43.80 ± 0.92^{a}	12.88 ± 0.48^{cd}	1.06 ± 0.04^{c}	$1.05\pm0.14^{a-c}$	5.82 ± 0.36^{c}
P_2	9.96 ± 0.22^{d}	39.14 ± 0.96^{c}	11.93 ± 0.50^{d}	1.20 ± 0.05^{b}	1.12 ± 0.15^{ab}	8.49 ± 0.37^{a}
F_1	11.69 ± 0.15^{b}	43.86 ± 0.66^{a}	14.22 ± 0.35^{b}	1.23 ± 0.03^{b}	0.82 ± 0.10^{bc}	6.84 ± 0.25^{b}
F_2	10.97 ± 0.10^{c}	41.10 ± 0.42^{bc}	12.42 ± 0.22^{cd}	1.14 ± 0.02^{bc}	1.14 ± 0.06^{ab}	7.47 ± 0.16^{b}
BC_1P_1	11.85 ± 0.15^{ab}	44.90 ± 0.66^{a}	13.50 ± 0.35^{bc}	1.15 ± 0.03^{bc}	0.75 ± 0.10^{c}	6.85 ± 0.26^{b}
BC_1P_2	11.37 ± 0.21^{cd}	42.61 ± 0.92^{ab}	16.16 ± 0.48^{a}	1.45 ± 0.04^{a}	1.23 ± 0.14^{a}	5.90 ± 0.36^{c}
F-test	**	**	**	**	**	**

[1] ค่าเฉลี่ยในแนวตั้งที่ตามด้วยอักษรที่ต่างกันมีความแตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 จากการเปรียบเทียบโดยวิธี Duncan's New Multiple Range Test (DMRT), ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 4.3 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon* ; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2)

พันธุ์	น้ำหนักผล (kg) $\bar{X}\pm$SE	เส้นรอบวงผล (cm) $\bar{X}\pm$SE	ความหนาเปลือก (cm) $\bar{X}\pm$SE	ความหนาเนื้อ (cm) $\bar{X}\pm$SE	ความหนาไส้ (cm) $\bar{X}\pm$SE
P_1	1.05 ± 0.04^{a1}	39.19 ± 0.63^{a}	0.50 ± 0.01^{a}	2.46 ± 0.07^{a}	6.43 ± 0.13^{a}
P_2	0.82 ± 0.04^{bc}	30.51 ± 0.63^{d}	0.42 ± 0.01^{b}	1.61 ± 0.07^{d}	5.70 ± 0.13^{b}
F_1	0.85 ± 0.03^{b}	32.48 ± 0.45^{c}	0.50 ± 0.01^{a}	1.87 ± 0.05^{c}	5.99 ± 0.09^{b}
F_2	0.87 ± 0.02^{b}	33.26 ± 0.28^{c}	0.48 ± 0.00^{a}	1.97 ± 0.03^{c}	5.76 ± 0.06^{b}
BC_1P_1	0.96 ± 0.03^{a}	37.37 ± 0.45^{b}	0.49 ± 0.01^{a}	2.23 ± 0.05^{b}	6.30 ± 0.09^{a}
BC_2P_2	0.74 ± 0.03^{c}	30.94 ± 0.45^{d}	0.49 ± 0.01^{a}	1.53 ± 0.05^{d}	5.84 ± 0.09^{b}
F-test	**	**	**	**	**

[1] ค่าเฉลี่ยในแนวตั้งที่ตามด้วยอักษรที่ต่างกันมีความแตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 จากการเปรียบเทียบโดยวิธี Duncan's New Multiple Range Test (DMRT), ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางที่ 4.3 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2) (ต่อ)

พันธุ์	ความกว้างผล (cm) $\bar{X}$ ±SE	%เนื้อ (%) $\bar{X}$ ±SE	ความยาวผล (cm) $\bar{X}$ ±SE	ดัชนีรูปร่างผล $\bar{X}$ ±SE	ความแน่นเนื้อ (kg/cm^3) $\bar{X}$ ±SE	ความหวาน (%Brix) $\bar{X}$ ±SE
P_1	12.37±0.20^{a1}	43.97±0.92^{a}	12.81±0.40^{c}	1.05±0.05^{d}	1.05±0.08^{a}	5.88±0.27^{bc}
P_2	9.74±0.20^{d}	36.79±0.92^{d}	15.99±0.40^{a}	1.67±0.05^{a}	0.64±0.08^{b}	5.40±0.27^{c}
F_1	10.70±0.14^{c}	39.13±0.65^{c}	14.04±0.28^{b}	1.33±0.03^{c}	0.58±0.05^{b}	7.08±0.19^{a}
F_2	10.66±0.09^{c}	41.21±0.41^{b}	14.74±0.18^{b}	1.39±0.02^{bc}	0.62±0.03^{b}	6.43±0.12^{b}
BC_1P_1	11.73±0.14^{b}	41.90±0.65^{b}	13.12±0.28^{c}	1.13±0.03^{d}	0.67±0.05^{b}	6.03±0.19^{bc}
BC_2P_2	9.87±0.14^{d}	35.80±0.65^{d}	14.44±0.28^{b}	1.47±0.03^{b}	0.89±0.05^{a}	5.74±0.19^{c}
F-test	**	**	**	**	**	**

[1] ค่าเฉลี่ยในแนวตั้งที่ตามด้วยอักษรที่ต่างกันมีความแตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 จากการเปรียบเทียบโดยวิธี Duncan's New Multiple Range Test (DMRT), ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

2. การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล

การตรวจสอบปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีน

การทดสอบ scaling test ตามวิธีของ Mather (1949) ซึ่งเป็นการวิเคราะห์ความเหมาะสมของ additive-dominance model ในการตรวจสอบลักษณะของผล ว่ามีปฏิกิริยาสัมพันธ์ของยีนต่างตำแหน่งหรือไม่ จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 และ BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 1 RML1 กับ KML370 และคู่ผสมที่ 2 RML1 กับ PI148 พบว่าค่า A, B และC ของทั้ง 2 คู่ผสมในทุกลักษณะผลนั้นมีค่า A B และC มากกว่า 0 และมีค่า t ของ A, B และC อย่างน้อย 1 ค่าที่ให้ความแตกต่างทางสถิติ (P<0.01; ตารางที่ 4.4 และ 4.5) ผลทางพันธุกรรมของยีนเป็นแบบบวก แบบข่มและปฏิกิริยาสัมพันธ์ของทั้ง 2 แบบ (non-allelic interaction model) โดยสังเกตจากค่าใดค่าหนึ่งมีนัยสำคัญทางสถิติ หรือมีนัยสำคัญทางสถิติทั้ง 3 ค่า แสดงว่าเป็น non-allelic interaction model

ตารางที่ 4.4 Scaling test ของลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon* ; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin. ; P_2)

Scaling test	น้ำหนักผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้
A	-0.18±0.00	-1.29±1.08	-0.001±0.00	0.11±0.01**	-0.46±0.04
B	0.35±0.00**	3.01±1.09**	-0.03±0.00	0.24±0.01**	0.37±0.06**
C	3.57±0.01**	139.49±1.59**	1.99±0.00**	8.59±0.02**	23.96±0.08**

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 4.4 Scaling test ของลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon* ; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin. ; P_2) (ต่อ)

Scaling test	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
A	-0.38±0.07	2.67±2.63	-0.30±0.38	-0.01±0.00	-0.41±0.02	1.05±0.14**
B	0.94±0.15**	1.42±1.78	5.67±0.54**	0.44±0.01**	0.60±0.03**	-3.58±0.36
C	44.90±0.13**	170.10±3.67**	53.27±0.85**	4.73±0.01**	3.87±0.06**	29.56±0.47**

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 4.5 Scaling test ของลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon* ; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin. ; P_2)

Scaling test	น้ำหนักผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้
A	0.03±0.00**	3.08±0.56**	-0.02±0.00	0.13±0.01**	0.18±0.03**
B	-0.19±0.00	-1.10±0.69	0.06±0.00**	-0.43±0.01	-0.01±0.03
C	3.32±0.00**	128.32±1.33**	2.02±0.00**	7.52±0.02**	22.91±0.06**

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 4.5 Scaling test ของลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2) (ต่อ)

Scaling test	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
A	0.39±0.06**	0.69±1.48	-0.60±0.21	-0.12±0.00	-0.29±0.01	-0.89±0.11
B	-0.69±0.07	-4.31±1.26	-1.14±0.22	-0.06±0.00	0.56±0.01**	-1.00±0.12
C	41.94±0.13**	162.34±2.84**	58.24±0.47**	5.50±0.01**	1.96±0.02**	28.60±0.22**

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

3. การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล

คู่ผสมที่ 1 RML1 กับ KML370 พบว่าค่าเฉลี่ยของชั่วจากประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 4.6) ในลักษณะน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความกว้างผล ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล มีการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก ลักษณะความหนาเนื้อ และเปอร์เซ็นต์เนื้อ มีการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบข่ม และข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก ลักษณะความหวาน มีการแสดงออกของยีนแบบบวก และข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกและแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่ม ส่วนความหนาเปลือก ความหนาไส้ และความแน่นเนื้อไม่พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ

คู่ผสมที่ 2 RML1 กับ PI148 พบว่า ค่าเฉลี่ยของชั่วจากประชากรทั้ง 6 ประชากร(แสดงในตารางที่ 4.7) ในลักษณะน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความหนาเนื้อ และความกว้างผล มีการแสดงออกของยีนแบบบวก และข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่ม ลักษณะความหนาไส้ มีการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบข่ม และข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก ลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อ มีการแสดงออกของยีนแบบบวก และข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่ม ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน มีการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม ความแน่นเนื้อ มีการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ ในการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก ส่วนความหนาเปลือก ไม่พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ

ตารางที่ 4.6 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2)

ผล ของยีน	น้ำหนักผล (kg)	เส้นรอบวงผล (cm)	ความหนาเปลือก (cm)	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหนาไส้ (cm)
[m]	0.77±0.03**	34.35±0.38**	0.50±0.00**	2.00±0.05**	5.93±0.09**
[d]	-0.05±0.05	1.67±0.93	0.01±0.01	0.30±0.10*	0.04±0.19
[h]	1.11±0.15**	8.94±2.41**	-0.03±0.02	1.58±0.25**	0.40±0.49
[i]	0.87±0.14**	7.90±2.33**	-0.03±0.02	1.29±0.24**	0.29±0.47
[j]	-0.27±0.06	-2.15±1.00	0.01±0.01	-0.07±0.11	-0.41±0.22
[l]	-1.03±0.25	-9.62±4.11	0.06±0.04	-1.65±0.45	-0.19±0.86

*, ** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.05$, $P < 0.01$

[m], [d], [h], [i], [j] และ [l] คือ ค่ากึ่งกลางระหว่าง homozygous recessive กับ homozygous dominance, การแสดงผลของยีนแบบบวก, แสดงผลของยีนแบบข่ม, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

ตารางที่ 4.6 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2) (ต่อ)

ผล ของยีน	ความกว้างผล (cm)	%เนื้อ (%)	ความยาวผล (cm)	ดัชนี รูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ (kg/cm3)	ความหวาน (%Brix)
[m]	10.92±0.13**	41.10±0.84**	12.26±0.37**	1.13±0.03**	1.09±0.08**	7.62±0.21**
[d]	0.56±0.29	2.86±1.19*	-2.57±0.59	-0.30±0.05	-0.50±0.12	0.89±0.36*
[h]	3.24±0.72*	15.14±3.13**	12.29±1.62**	0.76±0.14**	-0.75±0.39	-5.14±1.05
[i]	2.64±0.69**	12.30±2.92**	10.17±1.53**	0.66±0.13**	-0.50±0.37	-4.69±0.94
[j]	-0.66±0.32	0.63±1.36	-2.99±0.66	-0.22±0.06	-0.51±0.14	2.31±0.47**
[l]	-3.20±1.28	-16.39±5.49	-15.54±2.72	-1.09±0.24	0.32±0.59	7.21±1.72**

*, ** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.05$, $P < 0.01$

[m], [d], [h], [i], [j] และ [l] คือ ค่ากึ่งกลางระหว่าง homozygous recessive กับ homozygous dominance, การแสดงผลของยีนแบบบวก, แสดงผลของยีนแบบข่ม, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

ตารางที่ 4.7 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2)

ผลของยีน	น้ำหนักผล (kg)	เส้นรอบวงผล (cm)	ความหนาเปลือก (cm)	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหนาไส้ (cm)
[m]	0.87±0.03**	33.26±0.40**	0.48±0.00**	1.97±0.05**	5.76±0.10**
[d]	0.23±0.03**	6.43±0.61**	0.00±0.01	0.70±0.06**	0.46±0.13**
[h]	-0.16±0.10	1.22±1.79	0.05±0.03	-0.52±0.18	1.16±0.37**
[i]	-0.08±0.09	3.59±1.66	0.01±0.02	-0.35±0.17	1.23±0.34**
[j]	0.11±0.04*	2.09±0.74*	-0.04±0.01	0.28±0.08**	0.09±0.16
[l]	0.24±0.16	-5.56±2.92	-0.05±0.04	0.65±0.31	-1.40±0.62

*, ** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.05$, $P < 0.01$

[m], [d], [h], [i], [j] และ [l] คือ ค่ากึ่งกลางระหว่าง homozygous recessive กับ homozygous dominance, การแสดงผลของยีนแบบบวก, แสดงผลของยีนแบบข่ม, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

ตารางที่ 4.7 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2) (ต่อ)

ผลของยีน	ความกว้างผล (cm)	%เนื้อ (%)	ความยาวผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ (kg/cm3)	ความหวาน (%Brix)
[m]	10.66±0.16**	41.21±0.49**	14.74±0.25**	1.39±0.03**	0.62±0.03**	6.43±0.14**
[d]	1.85±0.18**	6.10±0.84**	-1.32±0.36	-0.34±0.05	-0.22±0.08	0.29±0.28
[h]	0.19±0.53	-10.68±2.52	-4.18±1.07	-0.40±0.13	0.35±0.22	-0.74±0.79
[i]	0.54±0.48	-9.44±2.30	-3.83±1.00	-0.37±0.13	0.62±0.21*	-2.18±0.75
[j]	0.54±0.23*	2.50±1.12*	0.27±0.43	-0.03±0.06	-0.42±0.10	0.06±0.32
[l]	-0.24±0.90	13.05±4.11**	5.57±1.74**	0.55±0.22*	-0.88±0.38	4.07±1.31**

*, ** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.05$, $P < 0.01$

[m], [d], [h], [i], [j] และ [l] คือ ค่ากึ่งกลางระหว่าง homozygous recessive กับ homozygous dominance, การแสดงผลของยีนแบบบวก, แสดงผลของยีนแบบข่ม, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

4. การศึกษาอัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

พบว่า อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากร (แสดงในตารางที่ 4.8) พบว่า ทั้ง 2 คู่ผสมมีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างของลักษณะน้ำหนักผล ความแน่นเนื้อ และความหนาวสูง ลักษณะความหนาไส้ เปอร์เซ็นต์เนื้อ และดัชนีรูปร่างผลต่ำ ลักษณะเส้นรอบวงผล คววามหนาเปลือก และความยาวผล คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ และลักษณะความหนาเนื้อ และความกว้างผล คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ

ตารางที่ 4.8 อัตราพันธุกรรมของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม โดยคำนวณจากวาเรียนซ์ของประชากร

คู่ผสม	อัตราพันธุกรรม (%)				
	น้ำหนักผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้
RML1 x KML370	45.12	52.28	79.66	0.67	18.56
RML1 x PI148	54.22	13.95	11.70	52.54	8.51

ตารางที่ 4.8 อัตราพันธุกรรมของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม โดยคำนวณจากวาเรียนซ์ของประชากร (ต่อ)

คู่ผสม	อัตราพันธุกรรม (%)					
	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
RML1 x KML370	25.49	17.05	30.54	15.71	53.65	37.77
RML1 x PI148	40.98	14.48	22.45	17.77	33.16	40.53

5. การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis)

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 (แสดงในตารางที่ 4.9) พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ใน ลักษณะความหนาเปลือก มีค่าเฉลี่ยแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาไส้ ดัชนีรูปร่างผล ความแน่นเนื้อ และความหวาน มีค่าเฉลี่ยแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ซึ่งลักษณะความหนาเปลือก (-0.25 เปอร์เซ็นต์) ความแน่นเนื้อ (-23.65 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-6.16 เปอร์เซ็นต์) มีค่าติดลบแสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะมี

ค่าเฉลี่ยต่ำหรือด้อยกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ แตกต่างจากลักษณะดัชนีรูปร่างผล (9.54 เปอร์เซ็นต์) มีค่าเป็นบวกแสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะมีค่าเฉลี่ยสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักผล (28.84 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (13.84 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (5.40 เปอร์เซ็นต์) เปอร์เซ็นต์เนื้อ (6.81 เปอร์เซ็นต์) และความยาวผล (17.15 เปอร์เซ็นต์)

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 (แสดงในตารางที่ 4.9) พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ มีค่าเฉลี่ยแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ซึ่งลักษณะน้ำหนักผล (-8.56 เปอร์เซ็นต์) เส้นรอบวงผล (-6.78 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-8.31 เปอร์เซ็นต์) ความหนาไส้ (-1.16 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (-3.19 เปอร์เซ็นต์) เปอร์เซ็นต์เนื้อ (-3.09 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (-2.49 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (-2.08 เปอร์เซ็นต์) และความแน่นเนื้อ (-31.59 เปอร์เซ็นต์) มีค่าติดลบแสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะมีค่าเฉลี่ยต่ำหรือด้อยกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะความหนาเปลือก (-8.72 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (25.50 เปอร์เซ็นต์)

ตารางที่ 4.9 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม

คู่ผสม	**ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (%)**				
	น้ำหนักผล	**เส้นรอบวงผล**	**ความหนาเปลือก**	**ความหนาเนื้อ**	**ความหนาไส้**
RML1 x KML370	28.84	2.96*	-0.25**	13.84	1.83*
RML1 x PI148	-8.56**	-6.78**	8.72	-8.31**	-1.16**

* แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ P < 0.05, ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ P < 0.01

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางที่ 4.9 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม (ต่อ)

คู่ผสม	**ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (%)**					
	ความกว้างผล	**%เนื้อ**	**ความยาวผล**	**ดัชนีรูปร่างผล**	**ความแน่นเนื้อ**	**ความหวาน**
RML1 x KML370	5.40	6.81	17.15	9.54*	-23.65*	-6.16*
RML1 x PI148	-3.19**	-3.09**	-2.49**	-2.08**	-31.59**	25.50

* แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ P < 0.05, ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ P < 0.01

6. การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis)

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะเส้นรอบวงผล (-7.07 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเปลือก (-0.05 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-3.09 เปอร์เซ็นต์) ความหนาไส้ (-5.38 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (-5.01 เปอร์เซ็นต์) และความแน่นเนื้อ (-24.16 เปอร์เซ็นต์) แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิต ซึ่งในทุกลักษณะมีค่าติดลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะให้ค่าเฉลี่ยต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล (1.97 เปอร์เซ็นต์) เปอร์เซ็นต์เนื้อ (1.38 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (13.34 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (2.35 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-21.49 เปอร์เซ็นต์)

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล (-18.67 เปอร์เซ็นต์) เส้นรอบวงผล (-17.11 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-24.05 เปอร์เซ็นต์) ความหนาไส้ (-6.82 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (-13.48 เปอร์เซ็นต์) เปอร์เซ็นต์เนื้อ (-11.01 เปอร์เซ็นต์) และความแน่นเนื้อ (-45.02 เปอร์เซ็นต์) แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิต ซึ่งในทุกลักษณะมีค่าติดลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้จะให้ค่าเฉลี่ยต่ำกว่าพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความหนาเปลือก (0.25 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (-12.20 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (-20.19 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (20.43 เปอร์เซ็นต์)

ตารางที่ 4.10 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม

คู่ผสม	ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (%)				
	น้ำหนักผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้
RML1 x KML370	1.97	-7.07**	-0.50**	-3.09**	-5.38**
RML1 x PI148	-18.67**	-17.11**	0.25	-24.05**	-6.82**

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ P < 0.01

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางที่ 4.10 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม (ต่อ)

คู่ผสม	ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (%)					
	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
RML1 x KML370	-5.01**	1.38	13.34	2.35	-24.16**	-21.49
RML1 x PI148	-13.48**	-11.01**	-12.20	-20.19	-45.02**	20.43

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ในการปรับปรุงพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปสามารถทำได้หลายวิธี เช่น การผลิตสายพันธุ์แท้ (inbred line) ของแตงไทย และแคนตาลูปเพื่อสร้างลูกผสม (F_1 hybrid) ของแตงไทย แคนตาลูป หรือลูกผสมของแตงไทยระหว่างแคนตาลูป นอกจากนั้นยังสามารถสร้างลูกผสมเปิด (open pollinate variety) จากการทดลองพบว่าการศึกษาปฏิกิริยาของยีนในลูกผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูป สามารถนำมาเป็นประโยชน์ได้ในทุกลักษณะ โดยในลักษณะน้ำหนักผล ความหนาเนื้อ ความกว้างผล และเปอร์เซ็นต์เนื้อ มีปฏิกิริยาของยีนแบบบวก ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ สุรชาติ (2554) และอารักษ์ (2555) รายงานว่า ปฏิกิริยาของยีนแบบบวกที่ควบคุมลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน และยังสอดคล้องกับผลของ ปราโมทย์ และคณะ (2553) ที่รายงานว่าปฏิกิริยาของยีนแบบบวก ควบคุมลักษณะความยาวผล ความกว้างผล และความหนาเนื้อของแตงไทย สายพันธุ์ R-(S_5) และสายพันธุ์ L-(S_5) ในขณะที่บางคู่ผสมมีปฏิกิริยาของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ที่มีแนวโน้มการควบคุมปฏิกิริยาของยีนหลายรูปแบบ เช่นความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ ซึ่งจะเป็นข้อมูลพื้นฐานในการวางแผนโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางที่ 4.11 วิเคราะห์ปฏิกิริยาการแสดงออกของยีน อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง และความดีเด่นของลูกผสมของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 2 คู่ผสม

ข้อมูลศึกษา	คู่ผสม	ลักษณะ										
		น้ำหนักผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
การแสดงออกของยีน	**RML1 x KML370**	ข่ม, ข่มข้ามคู่	ข่ม, ข่มข้ามคู่	-	บวก, ข่ม, ข่มข้ามคู่	-	ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก, ข่ม, ข่มข้ามคู่	ข่ม, ข่มข้ามคู่	ข่ม, ข่มข้ามคู่	-	บวก, ข่มข้ามคู่
	RML1 x PI148	บวก, ข่มข้ามคู่	บวก, ข่มข้ามคู่	-	บวก, ข่มข้ามคู่	บวก, ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก, ข่มข้ามคู่	บวก, ข่มข้ามคู่	ข่มข้ามคู่	ข่มข้ามคู่	ข่มข้ามคู่	ข่มข้ามคู่
อัตราพันธุ์กรรมแนวกว้าง	**RML1 x KML370**	สูง	สูง	สูง	ต่ำ	ต่ำ	ต่ำ	ต่ำ	ค่อนข้างสูง	ต่ำ	สูง	ค่อนข้างสูง
	RML1 x PI148	สูง	ต่ำ	ต่ำ	สูง	ต่ำ	สูง	ต่ำ	ต่ำ	ต่ำ	ค่อนข้างสูง	สูง
ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่	**RML1 x KML370**	-	ค่าบวก	ค่าลบ	-	-	-	-	-	ค่าบวก	ค่าลบ	ค่าลบ
	RML1 x PI148	ค่าลบ	ค่าลบ	-	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	-
ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า	**RML1 x KML370**	-	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	-	-	-	ค่าลบ	-
	RML1 x PI148	ค่าลบ	ค่าลบ	-	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	ค่าลบ	-	-	ค่าลบ	-

- ไม่แสดงความแตกต่างกันทางสถิติ

อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง พบว่าลักษณะน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก ความหนาเนื้อ ความกว้างผล ความยาวผล ความแน่นเนื้อ และความหวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง ซึ่งมีความสอดคล้องกับรายงานของสุรชาติ (2554) และอารักษ์ (2555) ที่รายงานว่าพบลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง คือ น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ความหนาเนื้อ และดัชนีรูปร่างผล ซึ่งลักษณะดังกล่าวที่มีอัตราพันธุกรรมสูงอาจเลือกใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์อย่างง่ายเช่น mass selection และลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมต่ำ เช่น ความหนาไส้ เปอร์เซ็นต์เนื้อ และดัชนีรูปร่างผล วิธีการคัดเลือกอาจทำได้ค่อนข้างยาก ซึ่งลักษณะเด่นเหล่านี้อาจหายไปในระหว่างการคัดเลือก ทำให้การคัดเลือกต้องมีความซับซ้อนยิ่งขึ้น และอาจใช้การทดสอบรุ่นลูกในการคัดเลือก และจากการทดลองพบว่า มีความผันแปรในแต่ละคู่ผสมซึ่งอาจเป็นผลจากการถ่ายทอดทางพันธุกรรม หรือจากเกิดจากสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง

ความดีเด่นของลูกผสมพบว่าความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในทั้ง 2 คู่ผสม ลักษณะน้ำหนักผล เส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล ความแน่นเนื้อ และความหวาน ในทุกลักษณะของลูกผสมมีค่าเป็นลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมชั่วที่ 1 มีความดีเด่นของลูกผสมต่ำค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ หรือให้ค่าเฉลี่ยที่ด้อยกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ เช่นเดียวทุกลักษณะให้ผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่เป็นค่าลบ แสดงว่าลูกผสมชั่วที่ 1 ให้ค่าเฉลี่ยในลักษณะดังกล่าวต่ำกว่าพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด ซึ่งผลการทดลองมีความขัดแย้งกับรายงานของสุรชาติ (2554) และอารักษ์ (2555) ที่รายงานว่าพบลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ค่อนข้างสูงในคู่ผสมเดียวกัน ซึ่งผลที่แตกต่างกันอาจเกิดจากสภาพแวดล้อม ซึ่งในรายงานของสุรชาติ (2554) และอารักษ์ (2555) ทำการทดลองในสภาพไร่หรือปลูกกลางแจ้งแต่ในงานทดลองนี้ปลูกในสภาพโรงเรือน และการให้ปุ๋ยที่แตกต่างกันเช่นการให้ปุ๋ยเมล็ด และการให้ปุ๋ยแบบสารละลายธาตุอาหาร รวมทั้งสภาพพื้นที่ปลูกเช่นปลูกในดิน และวัสดุปลูก ทั้งนี้การเลือกลักษณะที่ต้องการปรับปรุงพันธุ์อาจต้องมีการศึกษาเพิ่มเติมเนื่องจากลูกผสมที่ได้อาจมีความจำเพาะ เพื่อให้ประสิทธิภาพในการปรับปรุงพันธุ์มีประโยชน์สูงสุด

จากการศึกษาปฏิกิริยาที่ควบคุมการแสดงออกของยีนระหว่างแตงไทยและแคนตาลูปอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสมอาจใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ และพัฒนาพันธุ์แตงไทย พันธุ์แคนตาลูป และลูกผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูป ให้เหมาะสมตรงตามความต้องการของตลาด และเกษตรกรผู้ปลูก รวมไปถึงการใช้ประโยชน์ในอนาคตต่อไป

7. **การศึกษาสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล**

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 (แสดงในตารางที่ 4.11)

ลักษณะน้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความหวาน แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเปลือก และความแน่นเนื้อ ลักษณะเส้น รอบวงผลมีสหสัมพันธ์กับลักษณะความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล และความยาวผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหวาน แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเปลือก เปอร์เซ็นต์เนื้อ และความแน่นเนื้อ ลักษณะความหนาเปลือกไม่มีสหสัมพันธ์กับทุกลักษณะ ลักษณะความหนาเนื้อมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ และความยาวผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความแน่นเนื้อ และความหวาน แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับลักษณะความหนาไส้ และดัชนีรูปร่างผล ลักษณะความหนาไส้มีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความกว้างผล ความยาวผล และความแน่นเนื้อ และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อ ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน ลักษณะความกว้างผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อ และความยาวผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหวาน แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับลักษณะความแน่นเนื้อ ลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความแน่นเนื้อ แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับลักษณะความหวาน ลักษณะความยาวผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความหวาน ลักษณะดัชนีรูปร่างผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความแน่นเนื้อ และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความหวาน และลักษณะความแน่นเนื้อมีสหสัมพันธ์แบบลบกับลักษณะความหวาน

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 (แสดงในตารางที่ 4.12)

ลักษณะน้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ และความยาวผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความหวาน แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ ลักษณะเส้นรอบวงผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความหนาเปลือก ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้าง และเปอร์เซ็นต์เนื้อ และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความแน่นเนื้อ และความหวาน ลักษณะความหนาเปลือกมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความหนาเนื้อ ความกว้างไส้ ความกว้างผล และความหวาน และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับเปอร์เซ็นต์เนื้อ และความแน่นเนื้อ ลักษณะความหนาเนื้อมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความหนาไส้ ความกว้างผล

เปอร์เซ็นต์เนื้อ และความหวาน และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ลักษณะความหนาไส้มีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความกว้างผล และความแน่นเนื้อ และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน ลักษณะความกว้างผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อ และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความแน่นเนื้อ และความหวาน ลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความยาวผล และความหวาน และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ ลักษณะความยาวผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับดัชนีรูปร่างผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความแน่นเนื้อ และความหวาน ลักษณะดัชนีรูปร่างผลมีสหสัมพันธ์แบบลบกับลักษณะความหวาน แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับลักษณะความแน่นเนื้อ ลักษณะความแน่นเนื้อมีสหสัมพันธ์แบบลบกับความหวาน

จากการทดลองพบว่ามีความสอดคล้องกับรายงานของ อารักษ์ (2555) ในหลายลักษณะ เช่นลักษณะน้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความยาวผล และความกว้างผล มีสหสัมพันธ์แบบลบกับดัชนีรูปร่างผล ดังนั้นการศึกษาสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่างๆจะทำให้สามารถเลือกลักษณะที่ต้องการปรับปรุงพันธุ์โดยการใช้ค่าสหสัมพันธ์ที่มีค่าสัมพันธ์กันในการคัดเลือกในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์หรือการคัดเลือกทางอ้อม ซึ่งอาจคัดเลือกเพียงลักษณะเดียวหรือหลายลักษณะหลายลักษณะ ทั้งนี้การคัดเลือกลักษณะที่ต้องการอาจทำได้ยากหรือต้องใช้เวลาในการคัดเลือกการใช้ประโยชน์จากค่าสหสัมพันธ์จึงเป็นทางเลือกที่เหมาะสมในการปรับปรุงลักษณะบางลักษณะที่ทำการคัดเลือกโดยตรงยาก หรือต้องใช้เวลานานในการคัดเลือก

ตารางที่ 4.12 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่วที่ F_2 คู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon* ; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2)

ลักษณะของผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
น้ำหนักผล	0.622**	-0.006	0.555**	0.448**	0.728**	0.206**	0.624**	0.262**	0.081	-0.406**
เส้นรอบวงผล		-0.003	0.520**	0.646**	0.816**	0.088	0.223**	-0.188**	0.042	-0.320**
ความหนาเปลือก			-0.025	0.039	0.061	-0.033	-0.041	-0.075	-0.004	-0.009
ความหนาเนื้อ				0.061	0.675**	0.811**	0.300**	-0.039	-0.106*	-0.231**
ความหนาไส้					0.722**	-0.469**	0.102*	-0.262**	0.153**	-0.329**
ความกว้างผล						0.172**	0.309**	-0.192**	0.033	-0.403**
%เนื้อ							0.180**	0.096*	-0.165**	0.006
ความยาวผล								0.868**	0.152**	-0.380**
ดัชนีรูปร่างผล									0.158**	-0.198**
ความแน่นเนื้อ										-0.352**

* แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.05$, ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

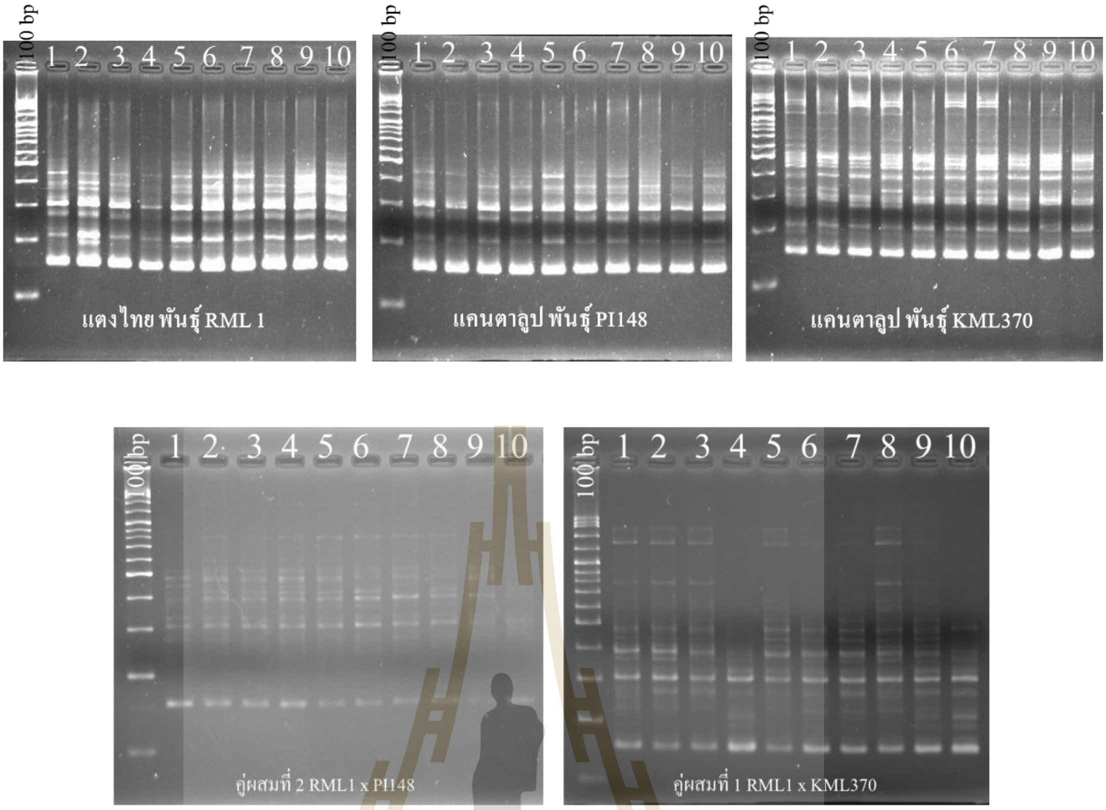
ตารางที่ 4.13 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่วที่ F_2 คู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.; P_2)

ลักษณะของผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
น้ำหนักผล	0.680**	0.111*	0.657**	0.520**	0.782**	0.353**	0.477**	-0.067	-0.035	-0.106*
เส้นรอบวงผล		0.206**	0.653**	0.634**	0.856**	0.304**	-0.083	-0.545**	0.023	-0.01
ความหนาเปลือก			0.087*	0.110*	0.209**	0.055	-0.127**	-0.215**	0.08	0.108*
ความหนาเนื้อ				0.141**	0.797**	0.860**	0.043	-0.423**	-0.147**	0.118**
ความหนาไส้					0.701**	-0.364**	-0.091*	-0.441**	0.137**	-0.088*
ความกว้างผล						0.398**	-0.033	-0.579**	-0.012	0.041
%เนื้อ							0.089*	-0.176**	-0.210**	0.172**
ความยาวผล								0.784**	-0.114**	-0.224**
ดัชนีรูปร่างผล									-0.054	-0.216**
ความแน่นเนื้อ										-0.409**

* แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.05$, ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

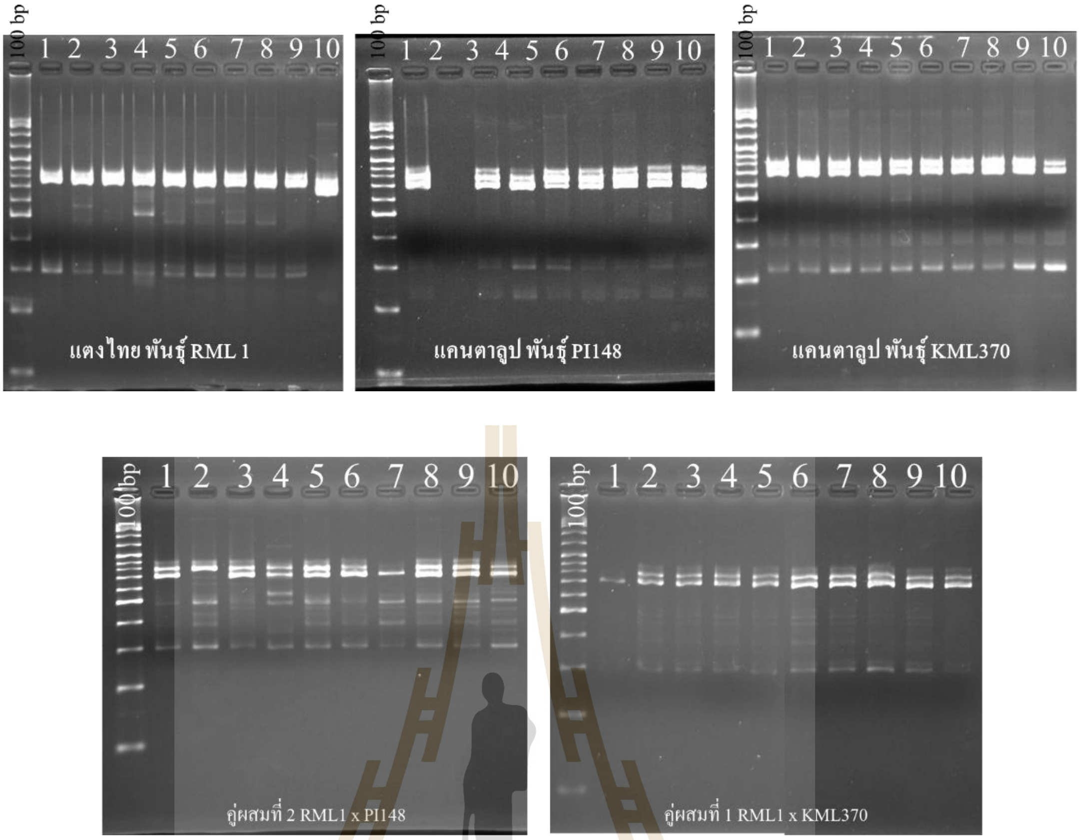
4.3 การศึกษาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อเชื่อมโยงลักษณะทางฟีโนไทป์ ของผลในลูกผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูป

จากการทดลองพบว่าการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอในการเชื่อมโยงลักษณะทางฟีโนไทป์ของผลในลูกผสมระหว่างแตงไทยและแคนตาลูปนั้นไม่สามารถทำการวิเคราะห์ได้เนื่องจากไพรเมอร์ทั้ง 3 ไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างพันธุ์พ่อ และพันธุ์แม่ของแตงไทยและแคนตาลูปได้ เห็นได้จากแถบดีเอ็นเอของแตงไทยทั้ง 2 พันธุ์ และแคนตาลูปนั้นยังมีการกระจายตัวของแถบดีเอ็นเออย่างเห็นได้ชัด ซึ่งเกิดจากการนำพันธุ์ผสมเปิดมาใช้ในการศึกษา ซึ่งพันธุ์ผสมเปิดยังมีความบริสุทธิ์ภายในสายพันธุ์ไม่เพียงพอ จึงทำให้เกิดการกระจายของแถบดีเอ็นเอของทั้งพันธุ์พ่อ แม่ และลูก F_1 ในทั้ง 3 ไพรเมอร์ที่ได้ทำการทดลอง ทำให้ไม่สามารถแยกความแตกต่างของ แถบในลูกผสม F_1 ได้ (แสดงในภาพที่ 4.1-4.3) จึงทำให้ไม่สามารถนำข้อมูลดังกล่าวมาวิเคราะห์หาความเชื่อมโยงต่อไปได้ จากข้อมูลดังกล่าวมาข้างต้น อาจมีการแก้ไขปัญหาโดยการใช้แตงไทย และแคนตาลูปสายพันธุ์แท้มาผลิตลูกผสมเพื่อนำมาหาความเชื่อมโยง หรืออาจผลิตลูกผสมจากพ่อแม่เพียงต้นเดียว เพื่อลดการเกิดความแตกต่างภายในพันธุ์หากต้องการใช้พันธุ์ผสมเปิดในการทดลองต่อไป



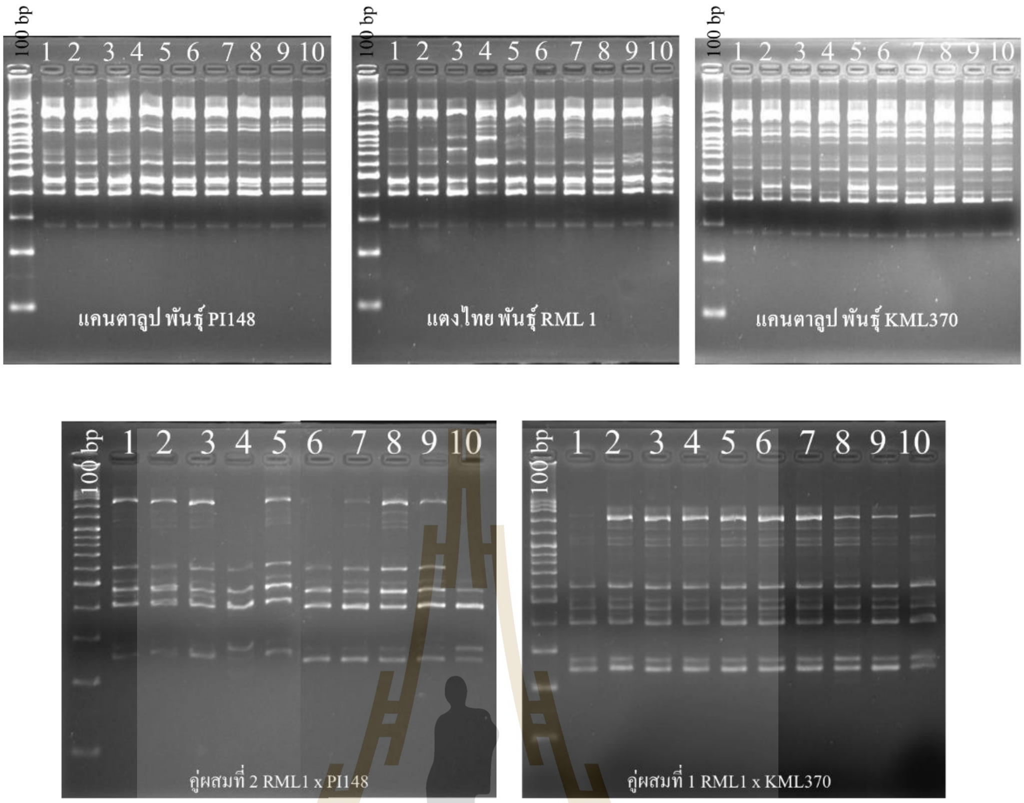
ภาพที่ 4.1 ดีเอ็นเอแตงไทยพันธุ์ RML1 แคนตาลูปพันธุ์ PI148 แคนตาลูปพันธุ์ KML370 คู่ผสมที่ 1 RML1 x PI148 และคู่ผสมที่ 2 RML1 x KML370 ที่ถูกนำไปเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ ISSR_(GA)$_8$YG ใน 3% agarose gel

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี



ภาพที่ 4.2 ดีเอ็นเอแตงไทยพันธุ์ RML1 แคนตาลูปพันธุ์ PI148 แคนตาลูปพันธุ์ KML370 คู่ผสมที่ 1 RML1 x PI148 และคู่ผสมที่ 2 RML1 x KML370 ที่ถูกนำไปเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ ISSR_(ATG)$_6$ ใน 3% agarose gel

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี



ภาพที่ 4.3 ดีเอ็นเอแตงไทยพันธุ์ RML1 แคนตาลูปพันธุ์ PI148 แคนตาลูปพันธุ์ KML370 คู่ผสมที่ 1 RML1 x PI148 และคู่ผสมที่ 2 RML1 x KML370 ที่ถูกนำไปเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ RAPD_OPL07 ใน 3% agarose gel

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

บทที่ 5
สรุปผลการทดลอง

จากการศึกษาการเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์ การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผล ของประชากรทั้ง 6 ประชากร ปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะในลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป พบว่า

1. พันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปในทุกลักษณะมีความแตกต่างกัน ซึ่งในบางลักษณะแตงไทยอาจมีค่าใกล้เคียงกับแคนตาลูป เช่นลักษณะเส้นรอบวงผล และในทุกลักษณะมีความสม่ำเสมอภายในพันธุ์เหมาะแก่การนำมาศึกษาปฏิกิริยาของยีนระหว่างลูกผสมแตงไทยและแคนตาลูปต่อไป

2. การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยทั้ง 6 ประชากร ทั้ง 2 คู่ผสม พบค่าเฉลี่ยของลูกผสมที่แสดงแนวโน้มปฏิกิริยาของยีนแบบบวกในลักษณะความหนาไส้ และความกว้างผล แสดงแนวโน้มปฏิกิริยาของยีนแบบข่มในลักษณะน้ำหนักผล และความแน่นเนื้อ ซึ่งเกิดจากการถ่ายทอดลักษณะไปยังรุ่นลูก

3. ปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะผลนั้นมีความแตกต่างกันทั้ง 2 คู่ผสม เช่นในลักษณะน้ำหนักผล คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีการแสดงปฏิกิริยาของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ แต่คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีการแสดงปฏิกิริยาแบบบวก และข่มข้ามคู่ แต่ในขณะเดียวกันทั้ง 2 คู่ผสมมีการแสดงปฏิกิริยาแบบบวก ข่ม และข่มข้ามคู่ในลักษณะความหนาเนื้อ ความกว้างผล และเปอร์เซ็นต์เนื้อ

4. อัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล ทั้ง 2 คู่ผสมมีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างของลักษณะน้ำหนักผล ความแน่นเนื้อ และความหวานสูง ลักษณะความหนาไส้ เปอร์เซ็นต์เนื้อ และดัชนีรูปร่างผลต่ำ ลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาเปลือก และความยาวผล คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ และลักษณะความหนาเนื้อ และความกว้างผล คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง แต่คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ

5. ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะในทั้ง 2 คู่ผสม แต่ละลักษณะมีความคล้ายคลึงกันลักษณะน้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับลักษณะเส้นรอบวงผล ความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความ

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

กว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความหวาน ลักษณะเส้นรอบวงผลมีสหสัมพันธ์กับลักษณะความหนาเนื้อ ความหนาไส้ ความกว้างผล และความยาวผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหวาน ลักษณะความหนาเนื้อมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความกว้างผล เปอร์เซ็นต์เนื้อ และความยาวผล ลักษณะความกว้างผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อ และความยาวผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหวาน ลักษณะเปอร์เซ็นต์เนื้อมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความแน่นเนื้อ ลักษณะความยาวผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความแน่นเนื้อ ลักษณะดัชนีรูปร่างผลมีสหสัมพันธ์แบบบวกกับลักษณะความแน่นเนื้อ และมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความหวาน และลักษณะความแน่นเนื้อมีสหสัมพันธ์แบบลบกับลักษณะความหวาน

6. การใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการเชื่อมโยงลักษณะทางฟีโนไทป์นั้นไม่สามารถทำได้ในการทดลองนี้เนื่องจากพันธุ์พ่อแม่เป็นพันธุ์ผสมเปิด พันธุ์ยังไม่บริสุทธิ์ทำให้ไม่สามารถนำมาวิเคราะห์ข้อมูลได้ ดังนั้นควรเลือกใช้พันธุ์ที่เป็นพันธุ์แท้ หรือทำการทดสอบจากการผสมพันธุ์พืชต้นใดต้นหนึ่งเพื่อนำลักษณะนั้นๆ มาวิเคราะห์

จากการศึกษาปฏิกิริยาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะผลของแตงไทยและแคนตาลูป อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ และการเชื่อมโยงลักษณะภายนอกโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล จัดเป็นฐานข้อมูลที่เป็นประโยชน์ในการวางแผนการคัดเลือก การวางแผนการปรับปรุง และพัฒนาการปรับปรุงพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูป ให้มีคุณภาพเป็นที่ต้องการ และตรงตามความต้องการของเกษตรกร และตลาดต่อไป ในการศึกษาครั้งนี้ได้มีการคัดเลือกแตงไทย 1 พันธุ์ RML1 และแคนตาลูป 2 พันธุ์ KML370 และ PI148 ซึ่งเป็นแตงเพียง 2 กลุ่ม จากที่มีการจำแนกแตงทั้งหมด 7 กลุ่มพันธุ์ ซึ่งในแต่ละกลุ่มยังประกอบด้วยแตงหลายสายพันธุ์ และอาจมีหลายสายพันธุ์ที่สามารถผสมข้ามสายพันธุ์ ดังนั้นจึงควรมีการศึกษาและจำแนกสายพันธุ์เพื่อนำมาใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไปในอนาคต

เอกสารอ้างอิง

กรมส่งเสริมการเกษตร. (2559). สถิติการผลิต [ออนไลน์]. ได้จาก: http://production.doae.go.th/ report/ report_main_plant_01_A_new.php?

กมล เลิศรัตน์. (2521). การถ่ายทอดลักษณะรากและใบในลูกผสมระหว่างผักกาดหัวกับผักขี้หูต. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

คเชนทร์ ม้าทอง. (2551). ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏในประชากรลูกชั่วที่ 1 และ 2 ของแคนตาลูปพันธุ์ ‘Apple Melon’ และลูกผสมข้ามพันธุ์. ปัญหาพิเศษปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, นครปฐม. 59 น.

คำนึง คำอุดม. (มปป). แตงแคนตาลูป. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์ฐานเกษตรกรรม.

คำนึง คำอุดม. (2543). แตงแคนตาลูป. สำนักพิมพ์ฐานเกษตรกรรม, นนทบุรี. 70 น.

จรัสศรี นวลศรี. (2527). การศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรมบางประการของมะเขือจาน 4 สายพันธุ์. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

จานุลักษณ์ ขนบดี. (2541). การผลิตเมล็ดพันธุ์ผัก. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์โอเดียนสโตร์.

ตลาดไท. (2560). เมล่อนไทย [ออนไลน์]. ได้จาก: http://talaadthai.com/price_page/thai/P900

นิพนธ์ ไชยมงคล.(2550).แตงหอม[ออนไลน์]. ได้จาก: http://www.vegetweb.com/wp-content/download/melon.pdf

ปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา. (2551). การศึกษาผลทางพันธุกรรมในลักษณะรูปร่างผลของแตงไทย. ว. วิทย์. กษ. 39(3) (พิเศษ): 322-325.

ปราโมทย์ พรสุริยา, พรทิพย์ พรสุริยา และปฏิยุทธ์ ขวัญอ่อน. (2553). การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วรุ่นในลักษณะทางพืชสวนของแตงไทย. 36th Congress on scienceand technology of Thailand.

ปราโมทย์ พรสุริยา, พรทิพย์ พรสุริยาและปฏิยุทธ์ ขวัญอ่อน. (2555). การประเมินการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะผลของแตงไทย 2 สายพันธุ์. แก่นเกษตร 40 ฉบับพิเศษ 4: 91-96.

พรรณเพ็ญ แสงใส. (2532). การศึกษาความปรวนแปรทางพันธุกรรมในลักษณะผลและองค์ประกอบในผลผลิตของมะระ. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

เพ็ญนภา ทรัพย์เจริญ. (2547). ผักพื้นบ้านภาคกลาง. กรุงเทพฯ: บริษัท สามเจริญพาณิชย์ (กรุงเทพ) จำกัด.

ไพศาล เหล่าสุวรรณ, อารีย์ วรัญญูวัฒก์ และ ปิยะดา ทิพยผ่อง. (2546). หลักการปรับปรุงพันธุ์พืช. มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี. นครราชสีมา.

เมืองทอง ทวนทวี และสุรีรัตน์ ปัญญาโตนะ. (2532). สวนผัก. กรุงเทพฯ: โรงพิมพ์ทั่งฮั่วซิน.

ยุพยงษ์ สุทธิธรรม. (2542). การปลูกแตงแคนตาลูป. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์โอเดียนสโตร์.

วรนุช เชี่ยวชาญพานิช. (2536). การศึกษาพันธุ์และทดสอบผลผลิตของแตงไทย. ปัญหาพิเศษปริญญาตรี. ภาควิชาพืชสวน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศ จุลศรีไกวัล. (2554). คู่มือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร. เชียงใหม่: สำนักพิมพ์ บริษัทเชียงใหม่พริ้นติ้ง จำกัด.

แสงเดือน อินชนบท. (2555). การรวบรวมและศึกษาลักษณะประจำพันธุ์ของแตงไทยในเขตภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย (ปีที่ 2). รายงานการวิจัย. มหาวิทยาลัยแม่โจ้.

สุกัญญา บุญทา. (2553). การกระจายตัวของประชากรลูกชั่วที่ 2 ของแคนตาลูปจากประเทศอินโดนีเซีย 4 ประชากร. ปัญหาพิเศษ ปริญญาตรี. ภาควิชาพืชสวน คณะเกษตรกำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน.

สุภาพร รัตนพิทักษ์. (2535). การศึกษาความปรวนแปรทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและลักษณะฝักในการผสมระหว่างถั่วฝักยาวกับถั่วพุ่ม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

สุรชาติ สิบพลกรัง. (2554). ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผลในลูกผสม ระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*) กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*). วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.

สมเกียรติ ศรีพงษ์ประไพ. (2557). ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะผลที่เกี่ยวข้องกับอายุการเก็บรักษาของลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี. นครราชสีมา. 94 หน้า.

สำนักควบคุมพืชและวัสดุการเกษตร. (2558). ข้อมูลการส่งออกเมล็ดพันธุ์ผักควบคุม [ออนไลน์]. ได้จาก: http://www.oae.go.th/download/FactorOfProduct/ValueExportSeed4752.html.

หนึ่งฤทัย เดโช. (2543). เยี่ยมสวนเมล่อน พืชท้าทายฝีมือที่ปากช่อง. ว. เคหะเกษตร. ปีที่ 24. ฉบับที่ 5. หน้า 8489.

อารักษ์ ธีรอำพน. (2538). ความปรวนแปรทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิตในการผสมระหว่างบร๊อคโคลีกับคะน้าจีน. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

อารักษ์ ธีรอำพน. (2555). ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิตในการผสมระหว่างแตงไทยกับแตงแคนตาลูป. รายงานการวิจัย. สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.

อารักษ์ ธีรอำพน. (2558). ความสัมพันธ์ระหว่างความแปรปรวนทางพันธุกรรมกับลักษณะ ทางสัณฐานวิทยาของแตงเทศและแตงไทย จากเทคนิค ISSR. รายงานการวิจัย. สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.

อารักษ์ ธีรอำพน. (2559). ระบบผู้เชี่ยวชาญเพื่อสนับสนุนการตัดสินใจ สำหรับการปลูกแตงเทศเป็นการค้า.รายงานการวิจัย, สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช สำนักวิชาเทคโนโลยี การเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.

Ajibade, S.R., Weeden, N.F. and Chite, S.M. (2000). Inter simple sequence repeat analysis of genetic relationships in the genus *Vigna*. **Euphytica** 111: pp 47-55. Netherlands.

Behera, T. K., Singh, A. K. and Stauba, J. E. (2008). Comparative analysis of genetic diversity in Indian bitter gourd (*Momordica charatia* L.) using RAPD and ISSR markers for developing crop improvement strategies. **Scientia Horticulture**. Vol 115. pp. 209-217. India.

Briggs, F.N. and Knowles, P.E. (1967). Introduction to Plant Breeding. Reinhold Publ. **Crop**, New York.

Burton, C.W. (1951). Quantitative inheritance in pearl millet (*Pennisetum glaucum*). **Agron**. J. 43: 409-417.

Ganesan, J. (1988). Genetic studies on certain characters of economic importance in muskmelon (Cucumis melo L.). Ph.D. Thesis, Annamalai Univ.

Goulao, L. and Oliveira, C.M. (2001). Molecular characterization of cultivars of apple (*Malus* X *domestica* Borkh) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. **Euphytica** 122: pp 81-89. Netherlands.

Gusmini, G., T.C. Wehner and R.L. Jarlet, 2004. Inheritance of Egusi melon seed type in watermelon. **J. Heredity**, 95: 268-270.

Iathet, C. and Piluek, K. (2006). Heritability, Heterosis and Correlations of Fruit Characters andYield in Thai Slicing Melon (*Cucumis melo* L. var. conomon Makino). **Kasetsart J.** (Nat. Sci.) 40: 20-25. Thailand.

Inner, N.L. (1983). Breeding Field Vegetables. Asia Vegetable Research and Development Center, 10th Anniversary Monograph Series. Shanhua, Taiwan, Republic of China.

Kalloo, G., and B.O. Bergh. (1993). Genetic improvement of vegetable crops. **Pergamon Press**, Oxford, UK.

Kosambi, D.D. 1994. The estimation of map distances from recombination values. *Ann.* Of ***Eugenics***. 12: 175-175

Kubicki (1962). Inheritance of some characters in muskmelon (Cucumis melo L.). **Genet**. Polonica 3: 265-274.

Lander, E.S., P. Green, J. Abrahamson, A. Barlow, M.J. Daly, S.E. Lincoin and L. newburg. 1987. Mapmaker of Aninteractive computer package for constructing primary genetic linkage map of experimental and natural population. ***Genomics*** 1: 174-181

Liu, L., Kakihara, F. & Kato, M. Euphytica. (2004). Characterization of six varieties of Cucumis melo L. based on morphological and physiological characters, including shelf-life of fruit. **Euphytica**, 135: 305-313.

Manohar, S.H. and Murthy, H.N. (2012). Estimation of phenotypic divergence in a collection of Cucumis melo, including shelf-life of fruit. **Scientia Horticulturae**, 148, 74-82.

Mather, K. (1957). The measurement of linkage in heredity. **Methuem**, London. 365 p.

Mather, K. and Jinks, J.L. (1982). Biometrical Genetics. Cornell University Press, New York.

Mondal, T.K. (2002). Assessment of genetic diversity of tea (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze) by inter-simple sequence repeat polymerase chain reaction. **Euphytica** 128: pp 307-315. Netherlands.

Nath, P. (1976). Vegetables for Tropical Region. Private Limited, Delhi.

Nonnecke, Ib L. (1922). Vegetable Production. Van Nostrand Reinhold, New York.

Paul, P.C., Ng, N.Q. and Ladeinde, T.A.O. (2003). Mode of gene action of Inheritance for resistance to rice yellow mottle virus. In: **African Crop Sci. J**. 11(3):143-150.

Purseglove, J.W. (1968). Tropical Crops: Dicotylendons. Longman Group Ltd., London.

Robinson, R.W. and Decker-Walters, D.S. (1997). **Cucurbits**. Solidus (Bristol) Limited, London.

Stepansky, A., Kovalski, I. and Perl-Treves, R. (1999). Intraspecific classification of melon (*Cucumis melo* L.) inview of their phenotypic and molecular variation. **Plant Systematics & Evolution**. Vol. 217. pp. 313-333. Israel.

Tongdeenok, T., Tira-umphon, A. and Ketudat-Cairns, M. (2016). Intraspecific classification of Cantaloupe (*Cucumis melo* L. var. *recticularis* Naudin.) and Thai melon (*Cucimis melo* L. var. *conomon*) in molecular variation. **In Proceedings of Third International Conference on Agriculture and Forestry 2016**. pp.167-170. Philippines.

Tikunov, Y.M., Khrustaleva, L.I. and Karlov, G.I. (2003). Application of ISSR markers in the genus *Lycopersicon*. **Euphytica**. 131: pp 71-80. Netherlands.

Wall JR. (1967). Correlated inheritance of sex expression and fruit shape in Cucumis. **Euphytica** 16: 199-208.

Weising, K., Winter, P., Huttel, B. and Kahl, G. (1998). Microsatellite Marker for Molecular Breeding. In: Crop Science: Recent Advance. Basra, **A.S.(Ed)**. pp. 113-143. The Food Products Press, New York

Yeager, A.F. (1943). The Characteristics of crosses between botanical varieties of cabbage *Brassica oleracea*. In: Proc. Amer. Soc**. Hort. Sci**. 43: 199-200.

Zheng, X.Y. and Wolff, D.W. (2000). Ethylene production, shelf-life and evidence of RFLP polymorphisms linked to ethylene genes in melon (Cucumis melo L.). **Theor Appl Genet**. 101: 613-624.

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ภาคผนวก

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

สูตรปุ๋ย SUT-NS 5 สำหรับใช้ในการทดลอง อัตรา 1 : 200

EC 2.4-3.0, pH 5.2-6.5

Stock A 50 ลิตร

1. แคลเซียมไนเตรท	11	กก.
2. เหล็ก 6 %	20	กรัม
3. เหล็ก 13.2 %	400	กรัม

Stock B 50 ลิตร

1. โปแตสเซียมไนเตรท	5.9	กก.
2. แมกนีเซียมซัลเฟต	5.9	กก.
3. โมโนโปแตสเซียมฟอสเฟต	2.65	กก.
4. จุลธาตุ (Nicspray)	250	กรัม

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 1 ค่าการวิเคราะห์วาเรียนซ์ของลักษณะผลของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้ในการทดลอง

Source	**Dependent Variable**	**Sum of Squares**	**df**	**Mean Square**	**F-value**	**Sig.**
Variety	น้ำหนักผล	3.352	2	1.676	31.823	0.00
	เส้นรอบวงผล	1619.334	2	809.667	64.746	0.00
	ความหนาเปลือก	0.127	2	0.063	18.281	0.00
	ความหนาเนื้อ	16.023	2	8.012	42.08	0.00
	ความหนาไส้	16.421	2	8.21	12.058	0.00
Error	น้ำหนักผล	5.478	104	0.053		
	เส้นรอบวงผล	1300.555	104	12.505		
	ความหนาเปลือก	0.36	104	0.003		
	ความหนาเนื้อ	19.8	104	0.19		
	ความหนาไส้	70.815	104	0.681		
Corrected Total	น้ำหนักผล	8.83	106			
	เส้นรอบวงผล	2919.889	106			
	ความหนาเปลือก	0.487	106			
	ความหนาเนื้อ	35.824	106			
	ความหนาไส้	87.236	106			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 1 ค่าการวิเคราะห์วาเรียนซ์ของลักษณะผลของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้ในการทดลอง (ต่อ)

Source	Dependent Variable	Sum of Squares	df	Mean Square	F-value	Sig.
Variety	ความกว้างผล	151.192	2	75.596	60.254	0.00
	%เนื้อ	987.206	2	493.603	13.913	0.00
	ความยาวผล	295.869	2	147.934	25.689	0.00
	ดัชนีรูปร่างผล	6.613	2	3.306	48.524	0.00
	ความแน่นเนื้อ	4.329	2	2.164	6.398	0.002
	ความหวาน	202.741	2	101.37	17.692	0.00
Error	ความกว้างผล	130.48	104	1.255		
	%เนื้อ	3689.631	104	35.477		
	ความยาวผล	598.903	104	5.759		
	ดัชนีรูปร่างผล	7.086	104	0.068		
	ความแน่นเนื้อ	35.179	104	0.338		
	ความหวาน	595.895	104	5.73		
Corrected Total	ความกว้างผล	281.672	106			
	%เนื้อ	4676.837	106			
	ความยาวผล	894.772	106			
	ดัชนีรูปร่างผล	13.699	106			
	ความแน่นเนื้อ	39.507	106			
	ความหวาน	798.636	106			

**, ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 2 ค่าการวิเคราะห์วาเรียนซ์ของลักษณะผลของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

Source	Dependent Variable	Sum of Squares	df	Mean Square	F-value	Sig.
Generation	น้ำหนักผล	10.428	5	2.0860	22.1670**	0.00
	เส้นรอบวงผล	1716.089	5	343.2180	15.2180**	0.00
	ความหนาเปลือก	0.006	5	0.0010	0.9070^{ns}	0.48
	ความหนาเนื้อ	27.831	5	5.5660	24.2500**	0.00
	ความหนาไส้	18.068	5	3.6140	3.9760**	0.00
Error	น้ำหนักผล	44.595	474	0.0940		
	เส้นรอบวงผล	10690.422	474	22.5540		
	ความหนาเปลือก	0.661	474	0.0010		
	ความหนาเนื้อ	108.797	474	0.2300		
	ความหนาไส้	430.852	474	0.9090		
Corrected Total	น้ำหนักผล	55.023	479			
	เส้นรอบวงผล	12406.511	479			
	ความหนาเปลือก	0.667	479			
	ความหนาเนื้อ	136.627	479			
	ความหนาไส้	448.92	479			

ns = ไม่แตกต่างทางสถิติ และ ** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 2 ค่าการวิเคราะห์วาเรียนซ์ของลักษณะผลของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2) (ต่อ)

Source	Dependent Variable	Sum of Squares	df	Mean Square	F-value	Sig.
Generation	ความกว้างผล	190.789	5	38.1580	22.6410**	0.00
	%เนื้อ	1944.649	5	388.9300	8.9450**	0.00
	ความยาวผล	723.29	5	144.6580	15.5140**	0.00
	ดัชนีรูปร่างผล	4.405	5	0.8810	11.9930**	0.00
	ความแน่นเนื้อ	13.227	5	2.6450	3.7780**	0.00
	ความหวาน	272.699	5	54.5400	11.5420**	0.00
Error	ความกว้างผล	798.842	474	1.6850		
	%เนื้อ	20609.744	474	43.4800		
	ความยาวผล	4419.756	474	9.3240		
	ดัชนีรูปร่างผล	34.817	474	0.0730		
	ความแน่นเนื้อ	331.935	474	0.7000		
	ความหวาน	2239.892	474	4.7260		
Corrected Total	ความกว้างผล	989.631	479			
	%เนื้อ	22554.394	479			
	ความยาวผล	5143.046	479			
	ดัชนีรูปร่างผล	39.222	479			
	ความแน่นเนื้อ	345.162	479			
	ความหวาน	2512.592	479			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 3 ค่าการวิเคราะห์วาเรียนซ์ของลักษณะผลของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

Source	Dependent Variable	Sum of Squares	df	Mean Square	F-value	Sig.
Generation	น้ำหนักผล	3.513	5	0.703	10.906	0.00
	เส้นรอบวงผล	3455.54	5	691.108	43.169	0.00
	ความหนาเปลือก	0.19	5	0.038	11.596	0.00
	ความหนาเนื้อ	35.556	5	7.111	35.296	0.00
	ความหนาไส้	29.618	5	5.924	8.414	0.00
Error	น้ำหนักผล	33.11	514	0.064		
	เส้นรอบวงผล	8228.841	514	16.009		
	ความหนาเปลือก	1.687	514	0.003		
	ความหนาเนื้อ	103.558	514	0.201		
	ความหนาไส้	361.873	514	0.704		
Corrected Total	น้ำหนักผล	36.623	519			
	เส้นรอบวงผล	11684.381	519			
	ความหนาเปลือก	1.878	519			
	ความหนาเนื้อ	139.114	519			
	ความหนาไส้	391.49	519			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 3 ค่าการวิเคราะห์วาเรียนซ์ของลักษณะผลของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2) (ต่อ)

Source	Dependent Variable	Sum of Squares	df	Mean Square	F-value	Sig.
Generation	ความกว้างผล	284.724	5	56.945	34.98	0.00
	%เนื้อ	3093.453	5	618.691	18.319	0.00
	ความยาวผล	359.704	5	71.941	11.427	0.00
	ดัชนีรูปร่างผล	12.992	5	2.598	31.308	0.00
	ความแน่นเนื้อ	10.201	5	2.04	8.809	0.00
	ความหวาน	120.237	5	24.047	8.193	0.00
Error	ความกว้างผล	836.76	514	1.628		
	%เนื้อ	17359.414	514	33.773		
	ความยาวผล	3235.897	514	6.296		
	ดัชนีรูปร่างผล	42.659	514	0.083		
	ความแน่นเนื้อ	119.041	514	0.232		
	ความหวาน	1508.704	514	2.935		
Corrected Total	ความกว้างผล	1121.484	519			
	%เนื้อ	20452.867	519			
	ความยาวผล	3595.602	519			
	ดัชนีรูปร่างผล	55.651	519			
	ความแน่นเนื้อ	129.241	519			
	ความหวาน	1628.942	519			

**, ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 4 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทงพันธุกรรมของลักษระจำเพาะของผล ในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

Source of variance	df	Mean square										
		น้ำหนักผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
Generation	5	2.09	6135.85	1.33	17.38	190.80	605.01	7608.89	829.85	7.78	11.43	382.25
Plots/Generation	18	0.25	9156.94	1.66	39.84	248.28	941.70	13556.43	1332.39	9.48	4.68	323.57
Plants/Plots/Generation	456	0.09	21.35	0.001	0.22	0.88	1.61	42.74	9.11	0.07	0.70	4.67
Plants/P_1	38	0.04	14.20	0.001	0.23	1.20	1.19	50.77	5.35	0.07	0.26	2.43
Plants/P_2	38	0.05	9.80	0.000	0.12	0.47	1.13	17.84	10.88	0.10	0.61	13.06
Plants/F_1	76	0.09	11.73	0.001	0.21	0.70	1.38	55.79	12.16	0.07	0.54	3.66
Plants/F_2	190	0.11	24.97	0.001	0.18	0.97	1.66	35.43	8.63	0.07	1.01	4.63
Plants/BC_1P_1	76	0.09	32.98	0.003	0.37	0.81	1.70	65.71	9.52	0.06	0.53	3.34
Plants/ BC_1P_2	38	0.07	17.88	0.004	0.24	1.04	2.62	24.17	6.60	0.08	0.29	3.38
Total	479											

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ตารางภาคผนวกที่ 5 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะประจำเพาะของผล ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

Source of variance	df	Mean square										
		น้ำหนักผล	เส้นรอบวงผล	ความหนาเปลือก	ความหนาเนื้อ	ความหนาไส้	ความกว้างผล	%เนื้อ	ความยาวผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความแน่นเนื้อ	ความหวาน
Generation	5	0.70	7332.68	1.40	29.55	197.34	729.67	11885.69	1505.18	15.55	3.91	252.31
Plots/Generation	18	0.54	11151.35	2.41	35.35	360.00	1140.72	15161.87	1927.20	17.62	5.62	406.98
Plants/Plots/Generation	494	0.05	14.91	0.003	0.17	0.68	1.40	30.43	5.30	0.08	0.21	2.75
Plants/P_1	38	0.04	14.20	0.001	0.23	1.20	1.19	50.77	5.35	0.07	0.26	2.43
Plants/P_2	38	0.07	14.47	0.010	0.22	0.27	1.52	37.49	3.48	0.07	0.09	1.57
Plants/F_1	76	0.07	12.96	0.000	0.19	0.73	2.16	19.36	4.83	0.06	0.09	1.64
Plants/F_2	190	0.04	16.13	0.004	0.14	0.68	1.15	31.34	5.87	0.08	0.22	3.15
Plants/BC_1P_1	76	0.05	12.04	0.002	0.19	0.47	1.16	29.13	4.68	0.05	0.20	2.79
Plants/ BC_1P_2	76	0.04	17.28	0.002	0.13	0.79	1.53	26.85	5.88	0.13	0.38	3.56
Total	517											

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ประวัติผู้เขียน

นางสาวธีราพร ทองดีนอก เกิดเมื่อวันที่ 16 กรกฎาคม พ.ศ. 2532 อำเภอเมือง จังหวัดนครราชสีมา ปี พ.ศ. 2545 สำเร็จการศึกษาระดับประถมศึกษาจากโรงเรียนวัดสระแก้ว อำเภอเมือง จังหวัดนครราชสีมา จากนั้นเข้าศึกษาต่อระดับมัธยมต้นและปลายที่โรงเรียนบุญเหลือวิทยานุสรณ์ อำเภอเมือง จังหวัดนครราชสีมา และสำเร็จการศึกษาระดับมัธยมปลายในปี พ.ศ. 2551

ต่อมาในปี พ.ศ. 2551 ได้เข้าศึกษาต่อระดับปริญญาตรีใน สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี โดยขณะศึกษาได้ปฏิบัติงานสหกิจศึกษา ณ ศูนย์วิจัยเกษตรหลวง (ขุนวาง) อำเภอแม่วาง จังหวัดเชียงใหม่ และในปี พ.ศ. 2555 ได้เข้าศึกษาต่อระดับปริญญาโท สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช สำนักเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี