

รหัสโครงการ SUT3-302-53-12-29



รายงานการวิจัย

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิต
ในการผสมระหว่างแตงไทยกับแตงแคนตาลูป

**Genetic Variation in Growth and Yield of Crosses
Between Snake melon (*Cucumis melo* var. *conomon*)
and Cantaloupe (*Cucumis melo* Lin. var. *reticularis*)**

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจาก
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว



รายงานการวิจัย

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิต
ในการผสมระหว่างแตงไทยกับแตงแคนตาลูป

**Genetic Variation in Growth and Yield of Crosses
Between Snake melon (*Cucumis melo* var. *conomon*)
and Cantaloupe (*Cucumis melo* Lin. var. *reticularis*)**

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. อารักษ์ ชีรอำพน

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช

สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ปีงบประมาณ 2553

ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว

กุมภาพันธ์ 2555

กิตติกรรมประกาศ

การวิจัยครั้งนี้ ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ปีงบประมาณ 2553 แต่มีเหตุให้ปิดโครงการล่าช้ากว่าแผนที่วางไว้ เนื่องจากความจำเป็นที่จะต้องเพิ่มจำนวนรุ่นปลูกเพื่อผลิตเมล็ดพันธุ์ตั้งต้นให้เพียงพอที่จะดำเนินกิจกรรมวิจัยในลำดับขั้นต่อไป อย่างไรก็ตาม การดำเนินงานของโครงการวิจัย ประสบผลสำเร็จ สมบูรณ์ สร้างความพึงพอใจแก่ผู้วิจัย ก็ด้วยความร่วมมือจากทุกคน ทุกหน่วยงานที่เกี่ยวข้อง ผู้วิจัยจึงประสงค์จะขอกราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร.กมล เลิศรัตน์ อาจารย์ประจำคณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ที่ได้ประสิทธิ์ประสาทวิชาความรู้ด้านการปรับปรุงพันธุ์ผักและเป็นบุคคลต้นแบบแก่ผู้วิจัย ขอขอบคุณคุณสมพงษ์ ไหมล์หรือ ที่ได้กรุณาสับสนุนเมล็ดพันธุ์แดงเทศเพื่องานวิจัย ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ฟาร์มมหาวิทยาลัยที่เกี่ยวข้องทุกท่านที่อำนวยความสะดวก ขอขอบคุณ คุณวันดี ชีรอำพน ซึ่งมีส่วนร่วมในโครงการฯ เป็นผู้ช่วยวิจัยเกี่ยวกับงานด้านเอกสารทั้งหมด ขอขอบคุณและขอยกย่อง นายสุรชาติ สิบลพลกรัง บัณฑิตปริญญาโทในความดูแล ซึ่งมีส่วนร่วมในโครงการฯ เป็นผู้ช่วยวิจัยภาคสนาม ที่ได้บากบั่นเก็บรายละเอียดของทุกข้อมูลด้านการปรับปรุงพันธุ์ด้วยทักษะ ความรู้ ความสามารถ และความรับผิดชอบอย่างสูง จนทำให้ได้งานตามที่ผู้วิจัยมอบหมาย ขอขอบคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุเวทย์ ینگสานนท์ ที่ให้คำปรึกษา แนะนำ ทำให้รายงานวิจัยมีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น ท้ายที่สุด ขอขอบคุณครอบครัวชีรอำพนทุกคนที่เป็นกำลังใจเสมอมา

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

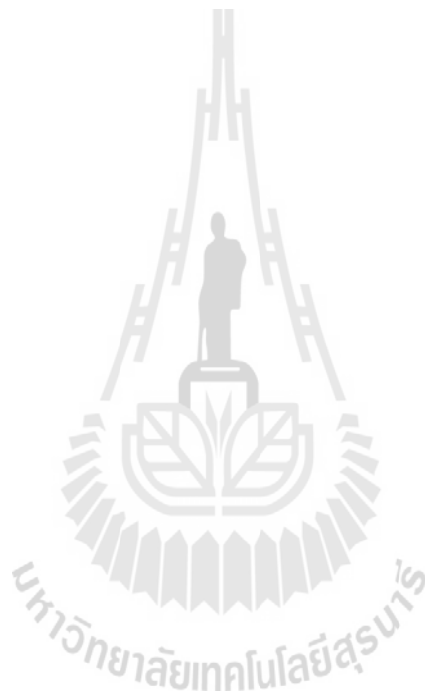
อารักษ์ ชีรอำพน

กุมภาพันธ์ 2555

บทคัดย่อ

ลักษณะรูปร่างผลของแตงไทยและแคนตาลูปเป็นลักษณะเชิงปริมาณที่สามารถใช้บ่งชี้คุณภาพของผลผลิต มูลค่าทางการตลาด และช่วยในการวางแผนการบรรจุหีบห่อ การขนส่ง การตลาด อีกทั้งยังเป็นลักษณะหนึ่งที่สามารถใช้ในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุ์ อย่างไรก็ตาม การศึกษาเกี่ยวกับผลกระทบของยีนต่อลักษณะรูปร่างผลยังไม่มีข้อมูลชัดเจนนัก ดังนั้น การศึกษาทดลองครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของลูกผสมระหว่างแตงไทย (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) 2 พันธุ์ กับแคนตาลูป (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂) 2 พันธุ์ จำนวน 4 คู่ผสม คือ RML1 x KML370, RML1 x PI148, LML1 x KML370 และ LML1 x PI148 โดยปลูกทดลองที่มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ระหว่างเดือนพฤษภาคมถึงเดือนกรกฎาคม พ.ศ. 2553 จากการศึกษาพบว่า (1) พันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติในทุกลักษณะที่ศึกษา และมีความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูง (2) ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลใน 6 ประชากร (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁P₁ และ BC₁P₂) จาก 4 คู่ผสม มีความแตกต่างระหว่างประชากรอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับ 0.01 ในลักษณะต่างๆ ที่ศึกษา (3) การศึกษาปฏิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล โดยวิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ทั้ง 6 ประชากร จาก 4 คู่ผสม พบปฏิริยาของยีนแสดงผลในรูปแบบต่างๆ แปรปรวนไปในแต่ละลักษณะ โดยที่การแสดงผลของยีนแบบบวกมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผลในทั้ง 4 คู่ผสม และยังพบยีนแบบข่มและข่มข้ามคู่ในคู่ผสม LML1 x KML370 และ LML1 x PI148 ลักษณะความยาวผลถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก แบบข่ม และข่มข้ามคู่ในทุกคู่ผสมยกเว้น RML1 x PI148 ความกว้างผลถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวก แบบข่ม และ ข่มข้ามคู่ แต่ไม่พบยีนแบบบวกในคู่ผสม LML1 x KML370 ดังนั้นรูปร่างผลถูกควบคุมด้วยยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ แต่ไม่พบในคู่ผสม RML1 x PI148 ขณะที่การแสดงผลของยีนแบบบวกควบคุมลักษณะความหนาเนื้อและความหวาน (4) อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากรทั้ง 4 คู่ผสมพบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างสูงระหว่าง 61.44-69.80, 43.09-75.94 และ 39.83-77.59 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (5) การศึกษาความดีเด่นเนื้อค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (heterosis) พบว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล และความหวาน 29.39-36.04, 11.85-37.31, 4.75-13.35 และ 6.82-24.08 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ นอกจากนี้ผลของลูกผสมที่มีความดีเด่นเนื้อค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ที่ดึกว่า (heterobeltiosis) ทั้ง 4 คู่ผสมพบว่าทุกลักษณะมีความแปรปรวนไปในแต่ละคู่ผสม โดยลักษณะน้ำหนักผลพบในคู่ผสม RML1 x KML370 และ LML1 x KML370 (14.95 และ 17.99 เปอร์เซ็นต์

ตามลำดับ) ความยาวผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 และ RML1 x PI148 (17.02 และ 35.67 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ) และดัชนีรูปร่างผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 (9.89 เปอร์เซ็นต์) และ (6) พบสหสัมพันธ์ทางบวกระหว่างน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผลและความหนาเนื้อของทั้ง 4 กลุ่มผสมที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 แต่ในทางตรงกันข้ามพบว่าความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ทางลบกับดัชนีรูปร่างผล จากข้อมูลการศึกษาเหล่านี้จะเป็นข้อมูลที่สำคัญอย่างยิ่งสำหรับแนวทางการคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์แตงลูกผสมให้เป็นพืชที่มีศักยภาพทางเศรษฐกิจในอนาคต

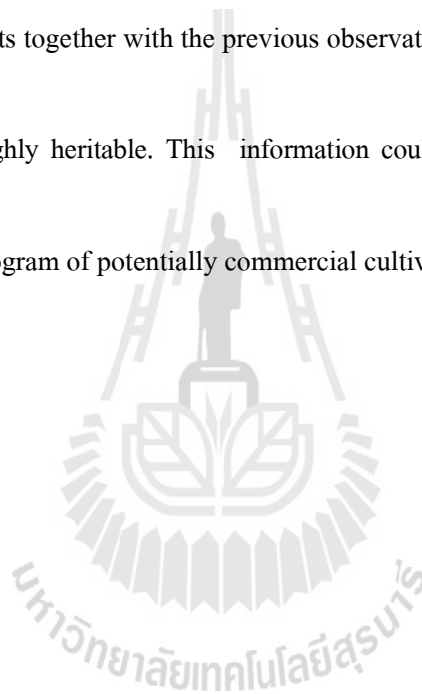


Abstract

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

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

KML370 (14.95%) and LML1 x KML370 (17.99%) fruit length in RML1 x KML370 (17.02%) and RML1 x PI148 (35.67%) and fruit shape index in RML1 x KML370 (9.89%). Highly significant positive correlation in all crosses was detected for fruit weight, fruit length, fruit diameter, fruit shape index and fruit flesh thickness, but negative correlation between the fruit diameter and the fruit shape index was observed. These results together with the previous observation suggested that hybrid melon's fruit shape is polygenic and highly heritable. This information could be used for the selection and improvement in the breeding program of potentially commercial cultivars in the near future.



สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ (ภาษาไทย)	ก
บทคัดย่อ (ภาษาอังกฤษ).....	ค
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ณ
บทที่ 1 บทนำ	1
บทที่ 2 ปรัชญ่วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	4
บทที่ 3 วัสดุ อุปกรณ์ และวิธีดำเนินงานวิจัย.....	14
บทที่ 4 ผลการทดลอง.....	24
บทที่ 5 วิเคราะห์ผลการทดลอง	42
บทที่ 6 สรุปผลการทดลอง.....	58
บรรณานุกรม	60
ภาคผนวก	63
ประวัติผู้วิจัย.....	82

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูป ที่ใช้ในการทดลอง.....25
2	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 1 RML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ KML370 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂)28
3	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 2 RML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ PI148 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂).....28
4	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 3 LML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ KML370 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂).....29
5	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 4 LML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ PI148 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂).....29
6	ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , BC ₁ P ₁ and BC ₁ P ₂) ในกลุ่มผสมที่ 1 RML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ KML370 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂)30
7	ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , BC ₁ P ₁ and BC ₁ P ₂) ในกลุ่มผสมที่ 2 RML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ PI148 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂)31
8	ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , BC ₁ P ₁ and BC ₁ P ₂) ในกลุ่มผสมที่ 3 LML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ KML370 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂)33

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
9 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , BC ₁ P ₁ and BC ₁ P ₂) ในกลุ่มผสมที่ 4 LML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ PI148 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂)	34
10 อัตราพันธุกรรมของลักษณะของผล ในกลุ่มผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่มผสม โดยคำนวณจากวาเรียนซ์ของประชากร	35
11 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis) ของลักษณะของผล ในกลุ่มผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่มผสม	36
12 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) ของลักษณะของผล ในกลุ่มผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่มผสม	37
13 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F ₂ ในกลุ่มผสมที่ 1 RML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ KML370 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂).....	39
14 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F ₂ ในกลุ่มผสมที่ 2 RML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ PI148 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂).....	39
15 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F ₂ ในกลุ่มผสมที่ 3 LML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ KML370 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂).....	40
16 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F ₂ ในกลุ่มผสมที่ 4 LML1 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>conomon</i> ; P ₁) กับ PI148 (<i>Cucumis melo</i> L. var. <i>cantalupensis</i> ; P ₂).....	41
17 วิเคราะห์ผลการแสดงออกของยีน อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสมของลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อและความหวาน จากกลุ่มผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่มผสม	54

บทที่ 1

บทนำ

ความสำคัญของปัญหา

แคนตาลูป (cantaloupe) มีถิ่นกำเนิดในแถบกิ่งอบอุ่น และเขตร้อนทางทิศตะวันตกของทวีปแอฟริกา (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *cantalupensis* เป็นพืชอยู่ในตระกูลคิวเคอร์บิตาซีอี (cucurbitaceae) ซึ่งเป็นพืชตระกูลเดียวกันกับแตงไทย มีจำนวนโครโมโซม $2n = 24$ เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลงและลม แต่มีการผสมตัวเองสูงในพันธุ์ที่มีดอกสมบูรณ์เพศ (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) แคนตาลูปเป็นพืชเถาเลื้อย ความยาวช่วงข้อประมาณ 15-20 เซนติเมตร ลำต้นมีลักษณะกลม มีขนรอบลำต้น บริเวณข้อแต่ละข้อจะแตกกิ่งแขนงย่อยระหว่างลำต้นและซอกใบ กิ่งแขนงย่อยเหล่านั้นจะเป็นที่เกิดของดอก และที่ซอกใบจะเป็นที่เกิดของมือเกาะ ใบแคนตาลูปมีลักษณะฐานใบเว้า ขอบใบมีลักษณะหยักเป็นคลื่น ผิวใบไม่เรียบ การเรียงตัวของใบเป็นแบบสลับ ใบจะเกิดตรงข้อ ข้อละ 1 ใบ ก้านใบกลมยาว 5 - 10 เซนติเมตร มีขนขนาดเล็กที่ก้านใบ ลักษณะการออกดอกของ แคนตาลูปเป็นได้ทั้งแบบที่มีดอกเพศผู้และดอกสมบูรณ์เพศ อยู่บนต้นเดียวกัน (andromonoecious) และแบบที่มีทั้งดอกเพศผู้และดอกเพศเมียอยู่บนต้นเดียวกัน (monoecious) ดอกเพศผู้เกิดตรงบริเวณซอกใบตำแหน่งเดียวกับแขนงย่อย ดอกมีสีเหลืองลักษณะคล้ายดอกแตงทั่วไป ส่วนดอกเพศเมียและดอกสมบูรณ์เพศจะเกิดบนแขนงย่อยข้อแรก ดอกสมบูรณ์เพศ ที่ฐานดอกจะมีรังไข่เป็นที่เกิดของผล การเกิดดอกมักเกิดเกือบทุกแขนงย่อย ผลของแคนตาลูปจะเกิดอยู่บนแขนงย่อย ผลจะมีลักษณะแตกต่างกัน บางพันธุ์มีตาข่ายร่างแหปกคลุมอยู่ทั่วผล บางพันธุ์ไม่มีตาข่ายร่างแหปกคลุม บางพันธุ์มีร่องเป็นทางยาวตลอดแนวของผล รูปทรงของผลมีลักษณะค่อนข้างกลมและรี สีของเนื้อแตกต่างกันตามลักษณะของพันธุ์ (คำนิง คำอุดม, มปป.)

แตงไทย (pickling melon) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *conomon* เป็นพืชอยู่ในตระกูลคิวเคอร์บิตาซีอี (cucurbitaceae) (Nath, 1976) เช่นเดียวกับแตงกวา แคนตาลูป และฟักทอง (Purseglove, 1968) มีจำนวนโครโมโซม $2n = 24$ เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลงและลม (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) ลักษณะโดยทั่วไปของแตงไทยใกล้เคียงกับแคนตาลูป (วรรณุช เชี่ยวชาญพานิช, 2536) ออกดอกเดี่ยวสีเหลือง ใบเดี่ยวทรงเหลี่ยมมีเว้าเล็กน้อย (เพ็ญนภา ทรัพย์เจริญ, 2547) ผลค่อนข้างยาวและกลมรี มีลาย (strip) ตามความยาวของผล ผลสุกมีเปลือกบาง มีกลิ่นหอม มีรสจืด

ทำให้ไม่นิยมรับประทานสด พันธุ์แดงไทยที่ใช้ปลูกส่วนใหญ่จะมีการติดผลระหว่าง 1-4 ผลต่อต้น (วรรณช เชี่ยวชาญพานิช, 2536)

สำหรับการปรับปรุงพันธุ์แคนตาลูป และแดงไทยในประเทศไทยยังมีไม่มากนัก ทั้งนี้เนื่องจากแคนตาลูปเป็นพืชในเขตกึ่งอบอุ่น เมื่อนำมาปลูกในประเทศไทยซึ่งเป็นเมืองร้อน จึงมีข้อจำกัดเรื่องสภาพแวดล้อมที่ไม่เหมาะสม ทั้งการผลิตผลสดและการผลิตเมล็ดพันธุ์ ส่วนปัญหาในการปรับปรุงพันธุ์แดงไทย คือ พื้นฐานทางพันธุกรรมแคบ หรือความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อย ดังนั้น โอกาสในการปรับปรุงพันธุ์ใหม่จึงทำได้ยาก อย่างไรก็ตาม แแดงไทยมีข้อดี คือมีการปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี การผลิตเมล็ดพันธุ์ทำได้ง่าย เนื่องจากแดงไทยเป็นพืชเมืองร้อนมีปลูกอยู่ในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) จากข้อมูลข้างต้นทำให้เกิดแนวความคิดที่จะสร้างพืชลูกผสมสายพันธุ์ใหม่ และสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการคัดเลือกหรือเป็นเชื้อพันธุกรรม โดยทำการผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป เพื่อสร้างฐานพันธุกรรมให้กว้างขึ้น ด้วยวิธีสร้างความแปรปรวนทางพันธุกรรมของสายพันธุ์พืชทั้งสองชนิด ศึกษาข้อมูลเกี่ยวกับจำนวนคู่ของยีนที่ควบคุมลักษณะทางฟีโนไทป์ ศึกษาข้อมูลเกี่ยวกับปฏิกิริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะทางการเจริญเติบโตและผลผลิต อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และความสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ ซึ่งนำไปสู่การคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์ต่อไป

วัตถุประสงค์การวิจัย

เพื่อศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะของผลในลูกผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของลักษณะต่าง ๆ ของลูกผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป

สมมติฐานการวิจัย

การแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล ในแต่ละลักษณะอาจมีการแสดงออกของยีนหลากหลายรูปแบบ ที่สามารถพิสูจน์ได้จากการเก็บรวบรวมข้อมูล จากการปลูกประชากรต่างๆ คือ F_1 , F_2 , Backcross กลับไปยังพ่อและแม่ เพื่อศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีน อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของลักษณะที่ทำการศึกษา

ขอบเขตการวิจัย

ปลูกแคนตาลูปพันธุ์ผสมเปิด 2 พันธุ์ และแดงไทยพันธุ์ผสมเปิด 2 พันธุ์ เพื่อผสมข้าม และผลิตประชากรต่าง ๆ คือ F_1 , F_2 , Backcross กลับไปยังพ่อและแม่

ปลูกประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1P_1 และ BC_1P_2) เพื่อศึกษาปฏิบัติการทำงานของยีน อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของลักษณะของผล

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการศึกษาการแสดงออกของยีน ที่ควบคุมลักษณะของผล อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของลักษณะต่าง ๆ ของลูกผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป คือได้ข้อมูลพื้นฐานที่สามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกพันธุ์ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์พืช นำคู่ผสมที่ได้ไปคัดเลือกต่อเพื่อให้ได้เมล็ดพันธุ์ที่มีลักษณะที่ต้องการ ใช้คัดเลือกสายพันธุ์เพื่อเป็นเชื้อพันธุกรรมจากการผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป เพื่อสร้างฐานพันธุกรรมให้กว้างขึ้น ด้วยวิธีสร้างความแปรปรวนทางพันธุกรรมของสายพันธุ์พืชทั้งสองชนิด เพื่อการคัดเลือกและพัฒนาพันธุ์ต่อไป



บทที่ 2

ปรัทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ความสำคัญของแคนตาลูป แดงไทย และลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ความสำคัญ

แคนตาลูปมีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *cantalpensis* เป็นพืชอยู่ในตระกูลคิวเคอร์บิตาซีอี (cucurbitaceae) ซึ่งเป็นพืชกลุ่มใหญ่มีประมาณ 90 จีนัส (genus) และมีมากกว่า 700 ชนิด (species) (Daryono *et al*, 2003) เป็นพืชตระกูลเดียวกันกับแตงไทย (ค่านึง คำอุดม, มปป.) จัดอยู่ในประเภทผัก อายุปลูกจนถึงเก็บเกี่ยวประมาณ 80 ถึง 130 วัน (เมืองทอง ทวนทวี และสุรรัตน์ ปัญญาโตนะ, 2532) แคนตาลูป (cantaloupe) เป็นชื่อแตงพันธุ์หนึ่ง (ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) มีถิ่นกำเนิดในประเทศอินเดีย (ค่านึง คำอุดม, มปป.; เมืองทอง ทวนทวี และสุรรัตน์ ปัญญาโตนะ, 2532; ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) และในแถบกิ่งอบอุ่น และเขตร้อนทางทิศตะวันตกของทวีปแอฟริกา (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) ชื่อเดิมเรียกอย่างไรไม่ปรากฏ ต่อมาได้มีการนำเข้าปลูกในประเทศอิตาลี ที่เมืองแคนตาลูโป้ (Cantalupo) จึงได้รับการตั้งชื่อใหม่ตามชื่อเมืองในท้องถิ่นนั้นว่า แคนตาลูป (cantaloupe) (ค่านึง คำอุดม, มปป.; ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) สำหรับประเทศไทยมีการนำแคนตาลูปเข้ามาปลูกครั้งแรก เมื่อปีพุทธศักราช 2478 โดยทำการทดลองปลูกที่จังหวัดเชียงใหม่ แต่ไม่ประสบผลสำเร็จ ต่อมาปีพุทธศักราช 2493 ได้นำมาทดลองปลูกที่เกษตรกลางบางเขน แต่ไม่ประสบผลสำเร็จเท่าที่ควร แต่จากการวิเคราะห์ของนักวิชาการสรุปได้ว่า แคนตาลูปสามารถปลูกได้ในสภาพภูมิอากาศของประเทศไทย ทั้งนี้ต้องขึ้นอยู่กับสภาพดินและสภาพอากาศ (ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) ปัจจุบันประเทศไทยมีเกษตรกรที่เพาะปลูกแคนตาลูปจำนวนน้อย เนื่องจากเป็นพืชที่ลงทุนสูง อ่อนแอต่อโรค แมลงและสภาพแวดล้อม ในขณะที่ความต้องการของผู้บริโภคมีมากขึ้น จึงทำให้แคนตาลูปมีราคาแพง (หนึ่งฤทัย เดโช, 2543) ในอนาคตหากมีศักยภาพการผลิตเพียงพออาจเป็นพืชส่งออก ทำรายได้เข้าประเทศอีกชนิดหนึ่ง (ค่านึง คำอุดม, มปป.)

แตงไทย (pickling melon) มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *conomon* เป็นพืชอยู่ในตระกูลคิวเคอร์บิตาซีอี (cucurbitaceae) (Nath, 1976) เช่นเดียวกับแตงกวา แคนตาลูป และฟักทอง (Purseglove, 1968) แตงไทยเป็นพืชที่การปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี การผลิตเมล็ดพันธุ์ทำได้ง่าย เนื่องจากแตงไทยเป็นพืชเมืองร้อนมีปลูกอยู่ในแถบเอเชียตะวันออกเฉียง

ได้ (ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) แดงไทยมีรสจืดทำให้ไม่นิยมบริโภคสด ดังนั้นจึงควรทำการปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้มีรสชาติเป็นที่ต้องการของผู้บริโภค ปัญหาในการปรับปรุงพันธุ์แดงไทย คือ พื้นฐานทางพันธุกรรมแคบ หรือความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อย ดังนั้น โอกาสในการปรับปรุงพันธุ์ใหม่จึงทำได้ยาก

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

แคนตาลูปมีจำนวนโครโมโซม $2n = 2x = 24$ เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลงและลม แต่มีการผสมตัวเองสูงในพันธุ์ที่มีดอกสมบูรณ์เพศ (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) แคนตาลูปเป็นพืชเถาเลื้อย ลำต้นมีลักษณะกลม (ค่านิ่ง คำอุดม, มปป.) ยาวประมาณ 2 ถึง 3 เมตร (เมืองทอง ทวนทวี และสุริรัตน์ ปัญญาโตนะ, 2532) บริเวณลำต้นมีหนามขนาดเล็กคล้ายขนรอบลำต้น ความยาวช่วงข้อประมาณ 15 - 20 เซนติเมตร บริเวณข้อแต่ละข้อจะแตกกิ่งแขนงย่อยระหว่างลำต้นและซอกใบ กิ่งแขนงย่อยเหล่านั้นจะเป็นที่เกิดของดอก และที่ซอกใบเป็นที่เกิดของมือเกาะ หรือที่เรียกว่า “หนวด” หนวดของแคนตาลูปค่อนข้างแข็ง มีประสิทธิภาพในการยึดเกาะต่ำ (ค่านิ่ง คำอุดม, มปป.)

ใบแคนตาลูปมีลักษณะคล้ายใบผักทอง หรือใบเตยกวา ฐานใบเว้า ขอบใบหยักเป็นคลื่น ผิวใบขรุขระ ใบอ่อนมีขนขนาดเล็กขึ้นที่ริมขอบใบ ได้ใบมีขนขนาดเล็กขึ้นอยู่อย่างหนาแน่น เมื่อใบมีอายุมากขึ้นขนได้ใบจะลดลง การเรียงตัวของใบเป็นแบบสลับ ใบจะเกิดตรงข้อ ข้อละ 1 ใบ ก้านใบกลวงยาว 5-10 เซนติเมตร มีขนขนาดเล็กที่ก้านใบ ก้านใบมีขนาดเล็กกว่าลำต้นเล็กน้อย (ค่านิ่ง คำอุดม, มปป.)

ลักษณะการออกดอกของแคนตาลูปเป็นได้ทั้งแบบที่มีดอกเพศผู้และดอกสมบูรณ์เพศอยู่บนต้นเดียวกัน (andromonoecious) และแบบที่มีทั้งดอกเพศผู้และดอกเพศเมียอยู่บนต้นเดียวกัน (monoecious) ส่วนใหญ่จะออกดอกแบบมีดอกเพศผู้และดอกสมบูรณ์เพศอยู่บนต้นเดียวกัน ดอกเพศผู้เกิดตรงบริเวณซอกใบตำแหน่งเดียวกับแขนงย่อย ออกดอกหลังจากแตกแขนงย่อยไม่นาน ดอกมีสีเหลืองลักษณะคล้ายดอกแตงทั่วไป (ค่านิ่ง คำอุดม, มปป.) ดอกเพศผู้มีกลีบเลี้ยงและกลีบดอก 5 กลีบ อับละอองเกสรตัวผู้ 3 อับ มีก้านชูเกสรสั้น ออกดอกอย่างต่อเนื่อง (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) ส่วนดอกเพศเมียและดอกสมบูรณ์เพศจะเกิดบนแขนงย่อยข้อแรก (ค่านิ่ง คำอุดม, มปป.) ดอกสมบูรณ์เพศมีกลีบเลี้ยงสีเขียวและกลีบดอกสีเหลือง 5 กลีบ อับละอองเกสรตัวผู้ 3 อับล้อมรอบยอดเกสรตัวเมียที่แยกเป็น 3-5 แฉก รังไข่มีลักษณะกลม ยาว 2-4 เซนติเมตร และมี 3-5 ห้อง (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) การเกิดดอกสมบูรณ์เพศมักเกิดเกือบทุกแขนงย่อย ที่ฐานดอกสมบูรณ์เพศจะมีรังไข่เป็นที่เกิดของผล (ค่านิ่ง คำอุดม, มปป.)

ผลของแคนตาลูปจะเกิดอยู่บนแขนงย่อย ผลจะมีลักษณะแตกต่างกัน บางพันธุ์มีตาข่ายร่างแหปกคลุมอยู่ทั่วผล บางพันธุ์ไม่มีตาข่ายร่างแหปกคลุม บางพันธุ์มีร่องเป็นทางยาวตลอดแนวของผล

รูปทรงของผลมีลักษณะค่อนข้างกลมและรี สีของเนื้อแตกต่างกันตามลักษณะของพันธุ์ (คานิง คำอุดม, มปป.) ขนาดผลเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 13 ถึง 15 เซนติเมตร น้ำหนักประมาณ 0.7 ถึง 1.8 กิโลกรัม (เมืองทอง ทวนทวี และสุรรัตน์ ปัญญา โคนะ, 2532) เมล็ดมีสีน้ำตาลเหลือง (จานุกฤษณ์ ขนบดี, 2541)

แตงไทย (pickling melon) มีจำนวนโครโมโซม $2n = 2x = 24$ เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลง และลม (จานุกฤษณ์ ขนบดี, 2541) ลักษณะโดยทั่วไปของแตงไทยใกล้เคียงกับแคนตาลูป (วรนุช เชี่ยวชาญพานิช, 2536) ดอกมีลักษณะเป็นดอกเดี่ยวสีเหลือง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงห่อหุ้มมีเว้าเล็กน้อย (เพ็ญญา ทรัพย์เจริญ, 2547) ผลค่อนข้างยาว และกลมรี มีลาย (strip) ตามความยาวของผล ผลสุกมีเปลือกบาง มีกลิ่นหอม มีรสจัดทำให้ไม่นิยมรับประทานสด พันธุ์แตงไทยที่ใช้ปลูกส่วนใหญ่จะมีการติดผลระหว่าง 1-4 ผลต่อต้น (วรนุช เชี่ยวชาญพานิช, 2536)

ในปัจจุบันการศึกษาและจำแนกกลุ่มของ *Cucumis melo* นั้นสามารถจำแนกได้ 6 กลุ่มดังนี้

Cantalupensis Group (cantaloupe and muskmelon) เป็นกลุ่มที่มีผลขนาดปานกลาง ผิวขรุขระ มีตาข่าย (net) เป็นร่างแหบนขึ้นมา สีของเนื้อในผลโดยทั่วไปเป็นสีส้ม หรือสีเขียว มีกลิ่นหอม พืชกลุ่มนี้ส่วนใหญ่ออกดอกแบบ andromonoecious (Robinson and Decker-Walters, 1997)

Inodorus Group (winter melon) เป็นกลุ่มที่มีผลขนาดใหญ่ ผิวเรียบ ไม่มีตาข่าย (net) เป็นร่างแหบนขึ้นมา การสุกแก่และเก็บเกี่ยวช้ากว่า Cantalupensis Group สีของเนื้อในผลโดยทั่วไปเป็นสีขาว หรือสีเขียว มีกลิ่นหอมเล็กน้อย พืชกลุ่มนี้ส่วนใหญ่ออกดอกแบบ andromonoecious (Robinson and Decker-Walters, 1997)

Flexuosus Group (snake melon) เป็นกลุ่มที่มีผลเรียวยาวและยาว ส่วนใหญ่เก็บผลผลิตเมื่อยังไม่สุกแก่ พืชกลุ่มนี้ออกดอกแบบ monoecious เช่นเดียวกับแตงกวา (cucumber) (Robinson and Decker-Walters, 1997)

Conomon Group (pickling melon) เป็นกลุ่มที่มีผลขนาดเล็ก ผิวเรียบ ผลนี้เมื่อสุกสีของเนื้อในผลเป็นสีขาว มีกลิ่นหอมเล็กน้อย พืชกลุ่มนี้ส่วนใหญ่ออกดอกแบบ andromonoecious (Robinson and Decker-Walters, 1997)

Dudaim Group (pomegranate melon, Queen Anne's pocket melon) เป็นกลุ่มที่มีผลขนาดเล็กและกลม ผิวเรียบและบาง สีของเนื้อในผลเป็นสีขาว มีกลิ่นหอมเล็กน้อย พืชกลุ่มนี้ส่วนใหญ่ออกดอกแบบ andromonoecious (Robinson and Decker-Walters, 1997)

Momordica Group (phoot, snap melon) เป็นกลุ่มที่มีผลเป็นรูปไข่ ผิวเรียบ สีของเนื้อในผลเป็นสีขาว หรือสีส้มอ่อน มีรสจัดจนถึงเปรี้ยว พืชกลุ่มนี้ออกดอกแบบ monoecious ทั้งหมด (Robinson and Decker-Walters, 1997)

ลักษณะทางพันธุกรรมบางประการของ *Cucumis melo*

จากการรายงานของ Sagaret (1826) (อ้างถึงใน Nonnecke, 1922) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่าง muskmelon เพื่อศึกษาการแสดงออกของลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1) พบว่าสีผิวของผล (skin color) สีเหลืองควบคุมด้วยยีนเด่น สีขาวควบคุมด้วยยีนด้อย ผิวเปลือกของผล (epidermis) ผิวขรุขระมีตาข่าย ร้างแหควบคุมด้วยยีนเด่น ผิวเรียบไม่มีตาข่ายร้างแหควบคุมด้วยยีนด้อย ร่องที่ผล (sutures) ร่องลึกควบคุมด้วยยีนเด่น ร่องตื้นควบคุมด้วยยีนด้อย รสชาติ (flavor) รสเปรี้ยวควบคุมด้วยยีนเด่น รสหวานควบคุมด้วยยีนด้อย

จากการรายงานของ Lumsden (1914) (อ้างถึงใน Nonnecke, 1922) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่าง muskmelon เพื่อศึกษาการแสดงออกของลูกผสมชั่วที่สอง (F_2) พบว่าสีผิวของผล (skin color) สีเหลืองควบคุมด้วยยีนเด่น สีเขียวควบคุมด้วยยีนด้อย รูปร่างผล (fruit shape) รูปร่างกลมควบคุมด้วยยีนเด่น รูปร่างกลมรีและรูปไข่ควบคุมด้วยยีนด้อย ขนาดเมล็ด (seed size) เมล็ดขนาดใหญ่ควบคุมด้วยยีนเด่น เมล็ดขนาดเล็กควบคุมด้วยยีนด้อย ผิวเปลือกของผล (epidermis) ผิวขรุขระมีตาข่าย ร้างแหควบคุมด้วยยีนเด่น ผิวเรียบไม่มีตาข่ายร้างแหควบคุมด้วยยีนด้อย ขนาดของผล (size of fruit) ผลขนาดใหญ่ควบคุมด้วยยีนเด่น ผลขนาดเล็กควบคุมด้วยยีนด้อย

พันธุศาสตร์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช

ขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์พืช

การปรับปรุงพันธุ์พืชให้ประสบความสำเร็จนั้น นักปรับปรุงพันธุ์พืชต้องมีการวางแผนการวิจัยเพื่อปรับปรุงพันธุ์พืชโดยตั้งวัตถุประสงค์หรือเป้าหมายของการปรับปรุงพันธุ์ จากนั้นจึงทำการศึกษาข้อมูลที่เกี่ยวข้อง เช่น ธรรมชาติของพืชที่จะปรับปรุงพันธุ์ การขยายพันธุ์ ลักษณะการผสมพันธุ์ ความหลากหลายทางพันธุกรรม ลักษณะทางการเจริญทั้งทางลำต้นและการเจริญในช่วงระยะเวลาสืบพันธุ์ การออกดอกกรติดผลและการเจริญเติบโตของผล การติดเมล็ด ข้อมูลทางพันธุศาสตร์ที่เกี่ยวข้อง เช่น เป็นลักษณะคุณภาพหรือลักษณะปริมาณ มียีนควบคุมกี่คู่ การแสดงออกของยีน ค่าเสตเทอโรซีส อัตราพันธุกรรม ข้อมูลต่าง ๆ เหล่านี้จะเป็นประโยชน์ต่อการตัดสินใจในการปรับปรุงพันธุ์พืชได้อย่างเหมาะสมและมีประสิทธิภาพ ทำให้ประสบผลสำเร็จตามวัตถุประสงค์ (วิพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัด, 2554)

วิธีการปรับปรุงพันธุ์พืช

การปรับปรุงพันธุ์พืชมีหลายวิธี มีทั้งวิธีการที่ง่าย เช่น การคัดเลือกพันธุ์บริสุทธิ์ในพืชผสมตัวเอง และการคัดเลือกกรรมในพืชผสมข้าม ไปจนถึงวิธีการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการผสมพันธุ์แล้วนำเทคโนโลยีที่ทันสมัยมาช่วยในการดำเนินงาน เช่น การตัดต่อยีนและการใช้เครื่องหมายโมเลกุลช่วย

ในการคัดเลือก (molecular marker assisted selection; MAS) ซึ่งแต่ละวิธีการต่างมีจุดมุ่งหมายเดียวกัน คือการพัฒนาหรือปรับปรุงพันธุ์พืช เพื่อให้พืชมีพันธุกรรมที่แสดงออกในลักษณะที่ต้องการอย่างมีประสิทธิภาพ หรือแสดงลักษณะที่ต้องการได้สูงที่สุด (วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัด, 2554)

การเลือกใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์พืชที่เหมาะสม

เมื่อการปรับปรุงพันธุ์พืชมีขั้นตอนของงานปรับปรุงพันธุ์ที่ชัดเจน มีข้อมูลที่เป็นครบถ้วน ขั้นตอนต่อไปที่มีความสำคัญมากเช่นกัน คือการเลือกใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์ให้มีความเหมาะสมกับพืชและระยะเวลา ดังนั้นการเลือกใช้วิธีการคัดเลือกจะต้องพิจารณาให้รอบคอบ ในกรณีของพืชผสมตัวเองต้องการพันธุ์ที่มีความคงตัวของยีน จึงมักสร้างพันธุ์แท้ (pure line) โดยการปรับปรุงพันธุ์ให้บริสุทธิ์ จึงเลือกใช้วิธีการที่เหมาะสม เช่น การคัดเลือกแบบบันทึกประวัติ การคัดเลือกแบบต้นต่อแถว รวงต่อแถว ผักต่อแถว หรือใช้การผสมกลับเพื่อปรับปรุงบางลักษณะ ดังนั้นนักปรับปรุงพันธุ์พืชผสมตัวเองจึงให้ความสำคัญกับพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วยยีนแบบผลบวก (additive gene) มากกว่าแบบอื่น ส่วนการปรับปรุงพันธุ์พืชผสมข้ามมักใช้ประโยชน์ของยีนทั้งแบบผลบวกและไม่เป็นผลบวก (non-additive gene) ในการปรับปรุงพันธุ์แบบคัดรวม (bulk) การสร้างพันธุ์ผสม (composite) การสร้างพันธุ์สังเคราะห์ (synthetic) และการสร้างพันธุ์ลูกผสม (hybrid) (วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัด, 2554)

การผสมพันธุ์ในพืชชนิดเดียวกัน (intraspecific cross) หรือการผสมข้ามสายพันธุ์

การผสมพันธุ์ในพืชชนิดเดียวกัน (intraspecific cross) เป็นสิ่งสำคัญในการสร้างฐานพันธุกรรมให้กับนักปรับปรุงพันธุ์ เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในแผนงานปรับปรุงพันธุ์ ตัวอย่างเช่น การถ่ายยีน S-alleles ซึ่งเป็นยีนเด่นจากคะน้าเข้าสู่กะหล่ำดาว การคัดเลือกสายพันธุ์ที่ผสมตัวเองดี (self-compatible) ของลูกผสมกะหล่ำดอก การสร้างลูกผสมสายพันธุ์ใหม่ “Calabrese-like line” ซึ่งเกิดจากการผสมข้ามระหว่างกะหล่ำดอกกับบร็อคโคลี่ (Immer, 1983) การถ่ายทอดลักษณะความยาวปล้อง รูปทรงใบ และลักษณะความเป็นพืชฤดูเดียว ในการผสมระหว่างกะหล่ำปลีกับบร็อคโคลี่ (Pelofske and Baggett, 1980) การศึกษาลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของลูกผสมในกลุ่ม *Brassica oleracea* ประกอบด้วยกะหล่ำปลี กะหล่ำดอก กะหล่ำปลม กะหล่ำดาว คะน้าฝรั่ง และบร็อคโคลี่ (Yeager, 1943) สำหรับการศึกษและการใช้ประโยชน์ในประเทศไทย เช่น การศึกษาความแปรปรวนแปรทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและลักษณะผักในการผสมระหว่างถั่วฝักยาวกับถั่วพุ่ม (สุภาพร รัตนพิทักษ์, 2535) การศึกษาความแปรปรวนแปรทางพันธุกรรมในลักษณะผลและองค์ประกอบในผลผลิตของมะระ (พรรณเพ็ญ แสงใส, 2532) การศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรมบางประการของมะเขือจาน 4 สายพันธุ์ (จรัสศรี นวลศรี, 2527) จากตัวอย่างข้างต้นสายพันธุ์พ่อแม่ที่ใช้เป็นสาย

พันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) หรือสายพันธุ์แท้ (inbred line) และใช้วิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร (generation mean analysis) ซึ่งทำให้ทราบถึงปฏิกริยาการทำงานของยีน ที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ตลอดจนใช้วิธีวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสม อัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่าง ๆ เพื่อเป็นข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป สำหรับการทดลองที่ใช้พันธุ์พ่อแม่เป็นพันธุ์ผสมเปิด (open pollinated variety) เช่น การถ่ายทอดลักษณะรากและใบในลูกผสมระหว่างผักกาดหัวกับผักขี้หูด (กมล เลิศรัตน์, 2521) ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิต ในการผสมระหว่างบร็อกโคลีกับคะน้าจีน (อารักษ์ ชีรอำพน, 2538) ซึ่งใช้วิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ที่สามารถอธิบายปฏิกริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะต่าง ๆ ได้เช่นเดียวกัน

การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis; GMA)

ในการปรับปรุงลักษณะปริมาณนั้น ข้อมูลพื้นฐานเบื้องต้นที่ต้องทราบ คือวิธีการแสดงออกของยีน (gene action) ที่ควบคุมลักษณะนั้น ๆ ว่าเป็นแบบบวก แบบข่ม หรือข่มข้ามกลุ่มเล็กน้อยเพียงใด ทั้งนี้เพราะวิธีการแสดงออกของยีนจะเป็นตัวกำหนดวิธีการปรับปรุงลักษณะนั้นๆ วิธีการศึกษาการแสดงผลของยีนที่นิยมกันวิธีหนึ่งคือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (ไพศาล เหล่าสุวรรณ 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 ในทางสถิติได้อย่างเหมาะสม และมีความน่าเชื่อถือมากขึ้น จากรายงานการวิจัยการใช้ประโยชน์จากการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว เช่น การศึกษาการแสดงผลของยีนด้านทานต่อ gummy stem blight ในใบและลำต้นของแตง (cucumber) (St. Amand and Wehner, 2001) การศึกษาการแสดงผลของยีนด้านทานต่อ yellow mottle virus ในข้าว (Paul *et al*, 2003) การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของผลผลิตและลักษณะที่เกี่ยวข้องกับผลผลิตในถั่วเขียว (mungbean) (Khattak *et al*, 2004) การศึกษาผลของยีนที่ควบคุมลักษณะทางการเจริญเติบโตและผลผลิตในเมล่อน (Zalapa *et al*, 2006) การศึกษาการแสดงผลของยีนทนความเค็มในข้าวบาร์เลย์ (Farshadfar *et al*, 2008) การศึกษาการแสดงผลของยีนทนความเค็มในข้าว (Saha Ray and Islam, 2008) การศึกษาผลของยีนที่ควบคุมองค์ประกอบของน้ำตาลในข้าวโพดข้าวเหนียว (waxy corn) (Simla *et al*, 2009) การศึกษาการแสดงผลของยีนด้านทานต่อราน้ำค้างใน

muskmelon (Shashikumar *et al*, 2010) การศึกษาการแสดงออกของยีนควบคุมขนาดเมล็ดด้วยอะซูกิ ภายใต้การเพาะปลูกบนพื้นที่สูง (Kunkaew *et al*, 2010)

การกระทำของยีน (gene action)

แบบผลบวก (additive gene action)

การกระทำของยีนแบบผลบวกเป็นการกระทำที่เกิดจากยีนเด่นแบบบวกสะสม (cumulative) ทำให้เกิดความดีเด่นของลูกผสมที่อยู่เหนือขอบเขตของพ่อหรือแม่หรือทั้งพ่อและแม่ หรือเรียกว่าเกิด Transgressive segregation ในประชากรชั่ว F_2 ทำให้นักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถคัดเลือกสายพันธุ์ที่ดีเด่นได้ตั้งแต่ชั่วแรก ๆ ทำให้เกิดความก้าวหน้าในการคัดเลือก และพันธุกรรมจะเข้าสู่ความสมดุล (equilibrium) หรือมีความคงตัว (fixed) ได้อย่างรวดเร็ว จึงมีความเหมาะสมสำหรับการคัดเลือกพืชที่ผสมตัวเองที่ต้องการพันธุ์แท้ซึ่งจะมีความคงตัวของยีนในตำแหน่งต่าง ๆ จากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่ง และยังคงแสดงผลที่คงที่ในสภาพแวดล้อมต่าง ๆ อีกด้วย (วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกว้ล, 2554)

แบบไม่เป็นผลบวก (non-additive gene action)

เป็นการแสดงออกของยีนที่ไม่มีความต่อเนื่องกันเหมือนการแสดงออกของยีนแบบบวกสะสม การแสดงออกของรุ่นลูกจะมีความโดดเด่นแตกต่างจากรุ่นพ่อแม่อย่างชัดเจน โดยเฉพาะชั่วรุ่นแรก ๆ (early generation) ซึ่งเป็นการยากที่จะคาดการณ์ความก้าวหน้าจากผลการคัดเลือก เนื่องจากในชั่วรุ่นหลัง ๆ (late generation) ลักษณะเด่นเหล่านี้จะหายไปในช่วงชั่วที่มีการคัดเลือก เช่น การคัดเลือกสายพันธุ์ให้มียีนเด่นพันธุ์เบา (early variety) ลักษณะพันธุ์เบาจะแสดงออกมากในชั่วแรกๆ เมื่อคัดเลือกต่อในชั่วหลังๆ ลักษณะพันธุ์เบาจะค่อย ๆ หายไป ได้ลักษณะพันธุ์หนัก (late variety) แทนเป็นต้น การกระทำของยีนแบบไม่เป็นผลบวกมีทั้งการกระทำของยีนในตำแหน่งเดียวกัน (dominance) และการกระทำของยีนที่ต่างตำแหน่งกัน (epistasis) (วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกว้ล, 2554)

แบบข่ม (dominance)

เกิดจากอิทธิพลของยีนเด่น (dominance gene) ไปข่มการแสดงออกของยีนด้อย (recessive gene) ทำให้การแสดงออกของลักษณะเป็นการแสดงออกของยีนเด่นเพียงอย่างเดียว และจะไม่คงที่จากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูก ถ้าพบลักษณะเช่นนี้นักปรับปรุงพันธุ์จะต้องใช้ความระมัดระวังในการคัดเลือก โดยชะลอการคัดเลือกไปในชั่วหลังๆ เพื่อให้พันธุกรรมที่ควบคุมมีการคงตัวก่อน นอกจากนี้การกระทำของยีนแบบข่มมีโอกาที่จะเกิดความดีเด่นของลูกผสม ซึ่งนักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถใช้ประโยชน์โดยการสร้างลูกผสม (วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกว้ล, 2554)

แบบข่มข้ามคู่ (epistasis)

เกิดจากอิทธิพลของยีนต่างตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะเดียวกันมากกว่า 1 คู่ โดยยีนคู่หนึ่งไปมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของยีนคู่อื่นอีกคู่หนึ่งในลักษณะเดียวกันหรือตำแหน่งเดียวกัน ทำให้สิ่งมีชีวิตแสดงลักษณะทาง Phenotype ที่แตกต่างจากการอธิบายแบบอื่น ๆ การกระทำของยีนแบบ Epistasis ของยีน 2 คู่ มี 3 รูปแบบคือ additive x additive (i), additive x dominance (j) และ dominance x dominance ผลจากการแสดงออกแบบข่มข้ามคู่นี้ทำให้ค่าเฉลี่ยของประชากรชั่วต่าง ๆ ไม่สามารถอธิบายได้ด้วยการประมาณค่าจาก additive dominance model ได้ (วีรพันธ์ กันแก้ว และ สุทัศน์ จุลศรีโกวิท, 2554)

อัตราพันธุกรรม

อัตราพันธุกรรม (heritability) หมายถึงอัตราส่วนของความแปรปรวนหรืออัตราส่วนของวาเรียนซ์ที่เกิดจากผลของยีน จัดเป็นค่าทางสถิติชนิดหนึ่ง และมีการใช้ประโยชน์อย่างกว้างขวางในการปรับปรุงพันธุ์พืช เป็นค่าที่ชี้ให้เห็นถึงความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์ อัตราพันธุกรรมสามารถแบ่งได้ 2 ชนิดดังนี้

อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง (broad sense heritability) คือ อัตราส่วนของความแปรปรวนที่เกิดมาจากการแสดงผลของยีนทุกรูปแบบ (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546)

อัตราพันธุกรรมแนวแคบ (narrow sense heritability) คืออัตราส่วนของความแปรปรวนที่เกิดจากยีนที่แสดงผลในแบบบวก อัตราพันธุกรรมอย่างแคบนี้จะชี้ให้เห็นถึงอัตราการถ่ายทอดลักษณะจากพ่อ-แม่ไปยังลูกหลาน (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546)

จากรายงานของ Iathet and Piluek (2006) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ คือ RM1 และ LM2 เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของลักษณะผลกับผลผลิต พบว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลในลูกผสมมีอัตราพันธุกรรมแนวแคบสูงที่ระดับ 0.60, 0.68, 0.55 และ 0.71 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าอัตราการถ่ายทอดลักษณะความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลจากพ่อ-แม่ไปยังลูกหลานได้สูง

ความดีเด่นของลักษณะ

ความดีเด่นของลักษณะ หมายถึงปรากฏการณ์ที่ลูกผสมมีความแข็งแรง เจริญเติบโตให้ผลผลิต ต้านทานต่อโรคและแมลง ทนแล้ง และให้ลักษณะอื่น ๆ ดีกว่า หรือสูงกว่าลักษณะนั้นในพันธุ์พ่อแม่ ความดีเด่นของลักษณะอาจเกิดจากการที่พืชอยู่ในสภาพพันธุ์ทางหรือ

เฮตเตอโรไซกัส (heterozygous) ดังนั้นจึงพบความดีเด่นระดับสูงในลูกผสม F_1 ของลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ของพืชผสมข้าม ความดีเด่นของลูกผสมในพืชชนิดเดียวกัน อาจมีระดับแตกต่างกัน ถ้าพันธุ์หรือสายพันธุ์ที่นำมาผสมแตกต่างกัน ยิ่งกว่านั้น แม้เป็นลูกผสมชุดเดียวกัน แต่อัตราความดีเด่นในชั่วรุ่นต่าง ๆ จะแตกต่างกัน การวัดความดีเด่นของลูกผสมอาจวัดได้ 2 วิธีคือ

วัดโดยเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ คือวัดเป็นเปอร์เซ็นต์ของลูกต่อค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ การวัดวิธีนี้เรียกว่า ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ หรือที่เรียกว่า เฮตเตอโรซิส (heterosis) การวัดโดยวิธีนี้แสดงให้เห็นว่าลักษณะดังกล่าวมีการแสดงออกของยีนในลักษณะข่ม (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546)

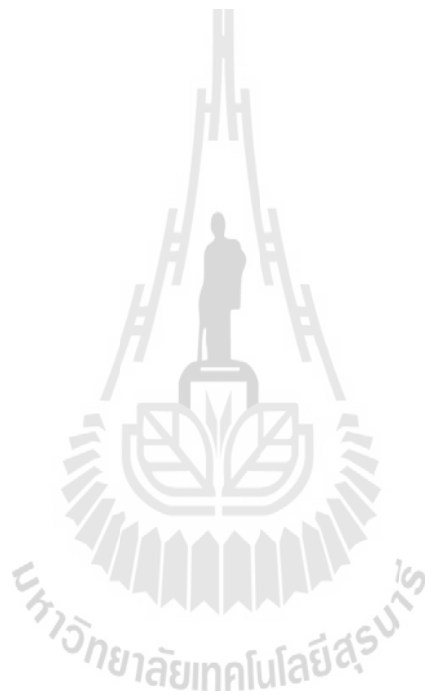
วัดโดยเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ที่ดีกว่า การวัดวิธีนี้เป็นการวัดคุณสมบัติในด้านการใช้ประโยชน์ คือนำค่าเฉลี่ยของลูกไปเปรียบเทียบกับพันธุ์พ่อแม่ที่ให้ลักษณะที่ดี เรียกวิธีการวัดแบบนี้ว่า เฮตเตอโรเบลติโอซิส (heterobeltiosis) (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546)

จากรายงานของ Iathet and Piluek (2006) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ คือ RM1 และ LM2 เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของลักษณะผลกับผลผลิต พบว่าจำนวนผลต่อต้นให้ค่าเฮตเตอโรเบลติโอซิสเท่ากับ 12.71% และผลผลิตรวมต่อต้นให้ค่าเฮตเตอโรซิสเท่ากับ 8.20% แสดงให้เห็นว่าลูกผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ให้จำนวนผลต่อต้นสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า และให้ผลผลิตรวมต่อต้นสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ

ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ (correlation) หมายถึงลักษณะต่าง ๆ ของพืชที่สัมพันธ์กัน ความสัมพันธ์อาจเป็นไปในทางบวกหรือลบ คือ ลักษณะที่สัมพันธ์เพิ่มหรือลดด้วยกัน หรือลักษณะหนึ่งเพิ่มอีกลักษณะหนึ่งลด ความสัมพันธ์นี้อาจเกิดจากการที่ลักษณะเหล่านี้ควบคุมโดยยีนกลุ่มเดียวกัน หรือการพัฒนาของลักษณะหนึ่งขึ้นอยู่กับพัฒนาของอีกลักษณะหนึ่ง อาจใช้ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะมาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์พืช คือสามารถคัดเลือกทางอ้อม เช่น ถ้าผลผลิตสัมพันธ์กับจำนวนเมล็ดต่อต้น ก็ทำการคัดเลือกลักษณะที่มีเมล็ดมาก ๆ เพราะการคัดเลือกผลผลิตโดยตรงนั้นทำได้ยาก เนื่องจากมีอัตราพันธุกรรมต่ำ ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของพืชวัดได้โดยใช้ค่าที่เรียกว่า สหสัมพันธ์ ซึ่งแบ่งออกได้เป็น 3 ชนิด คือ ความสัมพันธ์ทางลักษณะภายนอก (phenotypic correlation) ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) และความสัมพันธ์ทางสภาพแวดล้อม (environmental correlation) (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546) จากรายงานของ Iathet and Piluek (2006) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ คือ RM1 และ LM2 เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของ

ลักษณะผลกับผลผลิต พบว่าความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับความยาวผลและดัชนีรูปร่างผล รูปร่างผลและขนาดผลไม่มีสหสัมพันธ์กับจำนวนผลต่อต้นและผลผลิต ในขณะที่จำนวนผลต่อต้นมี สหสัมพันธ์ในทางบวกสูงกับผลผลิตต่อต้น แสดงให้เห็นว่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะสามารถ นำมาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์พืช โดยการคัดเลือกทางอ้อมอาจจะทำการคัดเลือกที่ละลักษณะ หรือ ทำการคัดเลือกที่หลายลักษณะพร้อมกัน โดยใช้ข้อมูลจากการศึกษาสหสัมพันธ์



บทที่ 3

วัสดุ อุปกรณ์ และวิธีดำเนินงานวิจัย

การศึกษาในครั้งนี้แบ่งการทดลองเป็น 2 ส่วน คือ

1. การเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์
2. การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผล ในลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป ประกอบด้วย
 - 2.1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร
 - 2.2 การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล
 - 2.3 การศึกษาอัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล
 - 2.4 การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล
 - 2.5 การศึกษาสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล

วัสดุ อุปกรณ์ และเครื่องมือที่ใช้ในการทดลอง

1. เมล็ดพันธุ์แตงไทยพันธุ์ผสมเปิด 2 พันธุ์
แตงไทยพันธุ์ที่ 1 คือ RML1 เป็นพันธุ์ที่มีลักษณะผลกลม มีลายตามความยาวของผล สีผิวเมื่อแก่มีสีเหลืองเข้ม สีเนื้อในผลมีสีเขียวอมส้ม
แตงไทยพันธุ์ที่ 2 คือ LML1 เป็นพันธุ์ที่มีลักษณะผลกลมรี มีลายตามความยาวของผล สีผิวเมื่อแก่มีสีเหลืองอ่อน สีเนื้อในผลมีสีเหลืองอมขาว
2. เมล็ดพันธุ์แคนตาลูปพันธุ์ผสมเปิด 2 พันธุ์
แคนตาลูปพันธุ์ที่ 1 คือ KML370 เป็นพันธุ์ที่มีลักษณะผลกลม มีลายเป็นตาข่ายร่างแหที่ผิวของผล สีผิวเมื่อแก่มีสีเขียวอ่อน สีเนื้อในผลมีสีเขียวอมเหลือง
แคนตาลูปพันธุ์ที่ 2 คือ PI148 เป็นพันธุ์ที่มีลักษณะผลกลมรี มีลายตามความยาวของผล สีผิวเมื่อแก่มีสีเหลืองส้ม สีเนื้อในผลมีสีส้ม
3. ปุ๋ยเคมี
4. ปุ๋ยคอก
5. สารป้องกันกำจัดศัตรูพืช
6. พลาสติกคลุมแปลง

7. เชือกฟาง
8. สายน้ำหยดระยะน้ำหยด 20 เซนติเมตร
9. ลวดสำหรับทำค้ำเตียง
10. ไม้ทำค้ำเตียง
11. อุปกรณ์สำหรับวางระบบน้ำและการให้ปุ๋ยทางน้ำ
12. ถังคลุมคอก
13. คลิปหนีบกระดาษ
14. เครื่องวัดความหวาน (hand refractometer)
15. เครื่องชั่ง

สถานที่ทำการทดลอง

ฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ระยะเวลาการทดลอง

พฤษภาคม 2551 – ธันวาคม 2553

วิธีการทดลอง

การทดลองที่ 1: การเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แตงไทย และแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์

ก. แผนการทดลอง

วางแผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ภายในบล็อก (Randomized Complete Block Design; RCBD) มี 4 พันธุ์ คือ พันธุ์แตงไทย 2 พันธุ์ ประกอบด้วย RML1 และ LML1 พันธุ์แคนตาลูป 2 พันธุ์ ประกอบด้วย KML370 และ PI148 ปลูกจำนวน 5 ซ้ำ ซ้ำละ 20 ต้น แล้วนำมาหาค่าเฉลี่ยในแต่ละซ้ำ เพื่อวิเคราะห์ผลการทดลองทางสถิติ

ข. การปลูกและการดูแลรักษา

ชนิดดินในพื้นที่ทำการทดลองเป็นแปลงดินเหนียว มีการเตรียมดินโดยการไถพรวนด้วยรถไถผาน 4 และผาน 7 ยกร่องกว้าง 60 เซนติเมตร ระยะห่างระหว่างร่อง 1 เมตร วางระบบน้ำหยดกลางร่อง ระยะน้ำหยด 20 เซนติเมตร คลุมด้วยพลาสติกคลุมแปลง และใช้ระยะปลูก 50 เซนติเมตร หลังย้ายกล้า 10 วันใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 46-0-0 อัตรา 2 กรัมต่อต้น หลังย้ายกล้า 25 วันใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 อัตรา 2 กรัมต่อต้น หลังย้ายกล้า 45 วันใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 อัตรา 2 กรัมต่อต้น เลือกว่าผลที่สมบูรณ์ 1 ผลต่อต้น กำจัดแมลงศัตรูพืช และโรคพืชตามการระบาด และอาการของโรค

การบันทึกข้อมูล

ทำการบันทึกข้อมูลดังนี้

1. น้ำหนักผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต ซึ่งน้ำหนักผลโดยใช้เครื่องชั่ง หน่วยวัดเป็น กิโลกรัม
2. ความกว้างผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต วัดเส้นผ่าศูนย์กลางผลโดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร
3. ความยาวผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต วัดความยาวผลโดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร
4. ดัชนีรูปร่างผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยนำความยาวผลหารกับความกว้างผล
5. ความหนาเนื้อ บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต วัดความหนาเนื้อที่จุดเดียวกับการวัดความกว้างผล โดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร
6. ความหวาน บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยนำน้ำคั้นจากเนื้อผลมาวัดค่า Brix ด้วย hand refractometer หน่วยวัดเป็น %

การวิเคราะห์ข้อมูล

นำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์ค่าเฉลี่ย เพื่อศึกษาความแตกต่างของพันธุ์แดงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสัมพันธ์ภายในพันธุ์ โดยใช้โปรแกรมสถิติ SPSS v. 13.0

การทดลองที่ 2: การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผล ในลูกผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป

ก. การสร้างประชากรชั่วต่างๆ

1 การสร้างลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F₁)

ทำการปลูกแคนตาลูป 2 พันธุ์ และแดงไทย 2 พันธุ์ (ใช้วิธีการปลูกและการดูแลรักษาเช่นเดียวกับการทดลองที่ 1) เพื่อผสมข้ามและผลิตประชากรลูกผสมชั่วที่ 1 (F₁) จำนวน 4 คู่ผสม ดังนี้

พันธุ์แม่			พันธุ์พ่อ	
คู่ที่ 1	แดงไทยพันธุ์ที่ 1	X	แคนตาลูปพันธุ์ที่ 1	
คู่ที่ 2	แดงไทยพันธุ์ที่ 1	X	แคนตาลูปพันธุ์ที่ 2	
คู่ที่ 3	แดงไทยพันธุ์ที่ 2	X	แคนตาลูปพันธุ์ที่ 1	
คู่ที่ 4	แดงไทยพันธุ์ที่ 2	X	แคนตาลูปพันธุ์ที่ 2	

เมื่อผลแก่ทำการเก็บเกี่ยว และเก็บเมล็ดได้เมล็ดลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F₁)

2 การสร้างลูกผสมชั่วที่สอง (F_2) และลูกผสมกลับ

ทำการปลูกเมล็ดลูกผสม F_1 และพันธุ์พ่อแม่จำนวน 4 พันธุ์ (ใช้วิธีการปลูกและการดูแลรักษาเช่นเดียวกับการทดลองที่ 1) เมื่อดอกบาน ทำการผสมตัวเองในต้นลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1) ได้ลูกผสมชั่วที่สอง (F_2) พร้อมกันนั้นผสมกลับไปยังพันธุ์แม่ และพันธุ์พ่อ โดยใช้ละอองเกสรจากต้นลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1) ได้ลูกผสมกลับ BC_1P_1 และ BC_1P_2 ในกลุ่มผสมแต่ละคู่

ข. การปลูกทดสอบ 6 ประชากร

1 แผนการทดลอง

วางแผนการทดลองแบบ Completely Randomized Design (CRD) โดยนำเมล็ดพันธุ์จากพันธุ์แม่ พันธุ์พ่อ ลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1) ลูกผสมชั่วที่สอง (F_2) ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่ และลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ ไปปลูกดังนี้

พันธุ์แม่	ปลูกพันธุ์ละ 4 แปลงย่อย รวม 80 ต้น
พันธุ์พ่อ	ปลูกพันธุ์ละ 4 แปลงย่อย รวม 80 ต้น
ลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F_1)	ปลูกลูกผสมละ 8 แปลงย่อย รวม 320 ต้น
ลูกผสมชั่วที่สอง (F_2)	ปลูกลูกผสมละ 16 แปลงย่อย รวม 640 ต้น
ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่	ปลูกชนิดละ 8 แปลงย่อย รวม 320 ต้น
ลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ	ปลูกชนิดละ 8 แปลงย่อย รวม 320 ต้น

โดยแต่ละแปลงย่อยมีจำนวนต้นทั้งหมด 10 ต้น รวมจำนวนต้นที่ใช้เก็บข้อมูลทั้งหมด 1,760 ต้น

2 การปลูกและการดูแลรักษา

ชนิดดินในพื้นที่ทำการทดลองเป็นแปลงดินร่วนปนทราย มีการเตรียมดินโดยการไถพรวนด้วยรถไถพาน 4 และพาน 7 ขากร่องกว้าง 60 เซนติเมตร ระยะห่างระหว่างร่อง 1 เมตร วางระบบน้ำหยดกลางร่อง ระยะน้ำหยด 20 เซนติเมตร คลุมด้วยพลาสติกคลุมแปลง และใช้ระยะปลูก 50 เซนติเมตร หลังย้ายกล้า 10 วัน ใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 46-0-0 อัตรา 2 กรัมต่อต้น หลังย้ายกล้า 25 วัน ใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 อัตรา 2 กรัมต่อต้น หลังย้ายกล้า 45 วัน ใส่ปุ๋ยเคมีสูตร 15-15-15 อัตรา 2 กรัมต่อต้น เลือกไว้ผลที่สมบูรณ์ 1 ผลต่อต้น กำจัดแมลงศัตรูพืช และโรคพืชตามการระบาด และอาการของโรค

3 การบันทึกข้อมูล

ทำการบันทึกข้อมูลดังนี้

1. น้ำหนักผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต ชั่งน้ำหนักผลโดยใช้เครื่องชั่ง หน่วยวัดเป็น กิโลกรัม

2. ความกว้างผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต วัดเส้นผ่าศูนย์กลางผลโดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร

3. ความยาวผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต วัดความยาวผลโดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร

4. ดัชนีรูปร่างผล บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยนำความยาวผลหารกับความกว้างผล

5. ความหนาเนื้อ บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต วัดความหนาเนื้อที่จุดเดียวกับการวัดความกว้างผล โดยใช้ไม้บรรทัด หน่วยวัดเป็นเซนติเมตร

6. ความหวาน บันทึกข้อมูลเมื่อเก็บเกี่ยวผลผลิต โดยนำน้ำครั้นจากเนื้อผลมาวัดค่า Brix ด้วย hand refractometer หน่วยวัดเป็น %

4 การวิเคราะห์ข้อมูล

1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร

นำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยในแต่ละประชากร เพื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม ระหว่างประชากรในแต่ละกลุ่มผสม โดยใช้โปรแกรมสถิติ SPSS v. 13.0

2 การศึกษาปฏิบัติการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล

นำข้อมูลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรที่ได้ไปวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) เพื่อศึกษาปฏิบัติการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ตามวิธีที่เสนอโดย Mather and Jinks (1971) ดังนี้

$$m = \frac{1}{2} \bar{P}_1 + \frac{1}{2} \bar{P}_2 + 4\bar{F}_2 - 2\overline{BC_1P_1} - 2\overline{BC_1P_2}$$

$$d = \frac{1}{2} \bar{P}_1 - \frac{1}{2} \bar{P}_2$$

$$h = 6\overline{BC_1P_1} + 6\overline{BC_1P_2} - \bar{F}_1 - 8\bar{F}_2 - \frac{3}{2} \bar{P}_1 - \frac{3}{2} \bar{P}_2$$

$$i = 2\overline{BC_1P_1} + 2\overline{BC_1P_2} - 4\bar{F}_2$$

$$j = 2\overline{BC_1P_1} - 2\overline{BC_1P_2} - \frac{1}{2} \bar{P}_1 + \frac{1}{2} \bar{P}_2$$

$$l = \bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\bar{F}_1 + 4\bar{F}_2 - 4\overline{BC_1P_1} - 4\overline{BC_1P_2}$$

เมื่อ m คือค่ากึ่งกลางระหว่าง homozygous recessive กับ homozygous dominance

d คือการแสดงผลของยีนแบบบวก (additive gene effects)

h คือการแสดงผลของยีนแบบข่ม (dominance gene effects)

i คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก (additive x additive interaction)

- j คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่ม (additive x dominance interaction)
 l คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม (dominance x dominance interaction)

โดยที่ \bar{P}_1 คือค่าเฉลี่ยของพันธุ์แม่
 \bar{P}_2 คือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อ
 \bar{F}_1 คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมชั่วที่หนึ่ง
 \bar{F}_2 คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมชั่วที่สอง
 $\overline{BC_1P_1}$ คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมกลับไปยังพันธุ์แม่
 $\overline{BC_1P_2}$ คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมกลับไปยังพันธุ์พ่อ

การทดสอบนัยสำคัญของอิทธิพลของยีนที่ได้โดยใช้ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error) ในการเปรียบเทียบค่า t-statistics เช่น การทดสอบนัยสำคัญของปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก (i) ซึ่งคำนวณจาก

$$S.E_{(i)} = \sqrt{\text{variance}_{(i)}}$$

$$\text{Variance}_{(i)} = \left(\frac{4V_{BC_1P_1}}{n_{BC_1P_1}} + \frac{4V_{BC_1P_2}}{n_{BC_1P_2}} + \frac{16V_{F_2}}{n_{F_2}} \right)$$

เมื่อทดสอบสมมติฐานเกี่ยวกับผลของยีนดังกล่าวใช้สมการ

$$t_{(i)} = \frac{i}{S.E_{(i)}}$$

โดยเปิดตาราง t ที่ $df = (n_{BC_1P_1} + n_{BC_1P_2} + n_{F_2}) - 3$

การหาค่า mean square (MS) ได้จากการวิเคราะห์ความแปรปรวน ดังต่อไปนี้

$$CF \text{ รวม} = \frac{(\sum X_{ijk})^2}{N}$$

เมื่อ $i = 1, 2, 3, \dots, a$ ($a =$ จำนวนชั่วรุ่น)

$j = 1, 2, 3, \dots, b$ ($b =$ จำนวนแปลงทดลองหรือซ้ำ)

$k = 1, 2, 3, \dots, a$ ($a =$ จำนวนตัวอย่างย่อย)

$N =$ จำนวนข้อมูล

คำนวณค่า sum square (SS) ต่าง ๆ ดังนี้

$$\text{a. Total SS} = \sum (X_{ijk})^2 - \text{CF รวม}$$

$$\begin{aligned} \text{b. Generation SS} &= \left[\frac{(\sum \text{Generation}_i)^2}{n_i} \right] - \text{CF รวม} \\ &= \left[\frac{(\sum X_{P_1})^2}{n_{P_1}} + \frac{(\sum X_{P_2})^2}{n_{P_2}} + \frac{(\sum X_{F_1})^2}{n_{F_1}} + \right. \\ &\quad \left. \frac{(\sum X_{F_2})^2}{n_{F_2}} + \frac{(\sum X_{BC_1P_1})^2}{n_{BC_1P_1}} + \frac{(\sum X_{BC_1P_2})^2}{n_{BC_1P_2}} \right] \\ &\quad - \text{CF รวม} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{c. Plots/Generation SS} &= \frac{(\sum \text{Plot}_j)^2}{n_j} - \text{CF รวม} \\ &= \left[\frac{(\sum X_{\text{Plot}1(r)})^2}{n_{\text{Plot}1(r)}} + \frac{(\sum X_{\text{Plot}2(r)})^2}{n_{\text{Plot}2(r)}} + \dots + \right. \\ &\quad \left. \frac{(\sum X_{\text{Plot}48(BC_1P_2)})^2}{n_{\text{Plot}48(BC_1P_2)}} \right] - \text{CF รวม} - \text{Generation SS} \end{aligned}$$

เมื่อคิดแยกย่อยจะได้ว่า Plots/ P_1 SS

$$\begin{aligned} &= \left[\frac{(\sum X_{\text{Plot}1(r)})^2}{n_{\text{Plot}1(r)}} + \frac{(\sum X_{\text{Plot}2(r)})^2}{n_{\text{Plot}2(r)}} + \frac{(\sum X_{\text{Plot}3(r)})^2}{n_{\text{Plot}3(r)}} \right. \\ &\quad \left. + \frac{(\sum X_{\text{Plot}4(r)})^2}{n_{\text{Plot}4(r)}} \right] - \text{CF ของ } P_1 \end{aligned}$$

Plots/ชั่วอื่นๆ SS และ CF ของชั่วอื่นๆ สามารถทำได้ในทำนองเดียวกัน เมื่อรวม Plots/ชั่ว SS ทุกชั่วจะได้เท่ากับ Plots/Generation SS

d. Plants/Plots/Generation SS

$$= \text{Total SS} - \text{Generation SS} - \text{Plots/Generation SS}$$

เมื่อคิดแยกย่อยจะได้ Plants/Plots/ P_1 SS หรือ Plants/ P_1 SS

$$= \sum (X_{P_1})^2 - \text{CF ของ } P_1 - \text{Plots}/P_1 \text{ SS}$$

Plants/ชั่วอื่นๆ SS สามารถทำได้ในทำนองเดียวกัน เมื่อรวม Plants/ชั่ว SS ทุกชั่วจะได้เท่ากับ Plants/Plots/Generation SS

$$\text{mean square (MS)} = \frac{\text{sum square (SS)}}{\text{degree of freedom (df)}}$$

การศึกษาอัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

นำข้อมูลการเรียนรู้ของพันธุ์พ่อ พันธุ์แม่ ลูกผสมชั่วที่ 1 และลูกผสมชั่วที่ 2 ที่ได้ไปวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง (broad sense heritability) เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ตามวิธีที่เสนอโดย Burton (1951) ดังนี้

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

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

การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

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

ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

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

เมื่อ \bar{F}_1 คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมชั่วที่ 1

\overline{MP} คือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

การทดสอบนัยสำคัญ โดยการเปรียบเทียบค่า t-statistics ดังนี้

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

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

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

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

เมื่อ \bar{F}_1 คือค่าเฉลี่ยของลูกผสมชั่วที่ 1
 \overline{HP} คือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า
 การทดสอบนัยสำคัญโดยการเปรียบเทียบค่า t-statistics ดังนี้

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

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

เมื่อ MS_{F_1} คือค่า mean square ของลูกผสมชั่วที่ 1
 MS_{HP} คือค่า mean square ของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า
 n คือจำนวนต้นในชั่วนั้น ๆ

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล

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

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

โดยที่ X_i คือค่าสังเกตของลักษณะ X ที่ i

Y_i คือค่าสังเกตของลักษณะ Y ที่ i

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

บทที่ 4

ผลการทดลอง

การเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แดงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์

เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในพันธุ์แดงไทยและแคนตาลูป (แสดงในตารางที่ 1) พบว่า ค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{3,12} = 48.582; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 1) โดยที่พันธุ์ RML1, LML1 และ PI148 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูงที่สุด (0.83, 0.83 และ 0.80 กิโลกรัม ตามลำดับ) พันธุ์ KML370 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลต่ำที่สุด (0.57 กิโลกรัม) ค่าเฉลี่ยความยาวผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{3,12} = 215.247; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 1) โดยพันธุ์ LML1 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงที่สุด (16.77 เซนติเมตร) พันธุ์ KML370 และ RML1 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลต่ำที่สุด (10.39 และ 10.46 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความกว้างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{3,12} = 61.759; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 1) โดยที่พันธุ์ RML1 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงที่สุด (11.63 เซนติเมตร) พันธุ์ PI148, LML1 และ KML370 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลต่ำที่สุด (9.80, 9.94 และ 10.02 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{3,12} = 397.362; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 1) โดยพันธุ์ LML1 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูงที่สุด (1.68) พันธุ์ RML1 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลต่ำที่สุด (0.90) ค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{3,12} = 50.256; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 1) โดยพันธุ์ RML1 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูงที่สุด (2.88 เซนติเมตร) พันธุ์ PI148 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อต่ำที่สุด (2.25 เซนติเมตร) และค่าเฉลี่ยความหวานแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{3,12} = 80.638; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 1) โดยพันธุ์ KML370 มีค่าเฉลี่ยความหวานสูงที่สุด (8.17 เปอร์เซ็นต์บริกซ์) พันธุ์ PI148 และ LML1 มีค่าเฉลี่ยความหวานต่ำที่สุด (5.48 และ 5.62 เปอร์เซ็นต์บริกซ์ ตามลำดับ)

ตารางที่ 1 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้ในการทดลอง

พันธุ์	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนี	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
	(kg)	(cm)	(cm)	รูปร่างผล	(cm)	(%Brix)
	$\bar{x} \pm SE$	$\bar{x} \pm SE$	$\bar{x} \pm SE$	$\bar{x} \pm SE$	$\bar{x} \pm SE$	$\bar{x} \pm SE$
RML1	0.83±0.05 ^{a1}	10.46±0.37 ^c	11.63±0.41 ^a	0.90±0.02 ^d	2.89±0.10 ^a	7.23±0.29 ^b
LML1	0.83±0.05 ^a	16.77±0.61 ^a	9.95±0.04 ^b	1.68±0.06 ^a	2.45±0.06 ^b	5.62±0.16 ^c
KML370	0.57±0.04 ^b	10.39±0.33 ^c	10.02±0.25 ^b	1.03±0.01 ^c	2.59±0.07 ^b	8.17±0.33 ^a
PI148	0.80±0.05 ^a	15.32±0.72 ^b	9.80±0.15 ^b	1.56±0.05 ^b	2.25±0.07 ^c	5.48±0.40 ^c
CV (%)	5.92	3.79	2.37	56.45	28.44	11.26

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

การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผล ในลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป

1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร

เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร พบว่า

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 (แสดงในตารางที่ 2) พบว่าค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,450} = 8.13; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 2) โดย F_1, P_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูงที่สุด (2.07, 1.82 และ 1.81 กิโลกรัม ตามลำดับ) P_2 และ BC_1P_2 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลต่ำที่สุด (1.32 และ 1.51 กิโลกรัม ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความยาวผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,450} = 12.63; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 2) โดย F_1 และ F_2 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงที่สุด (17.32 และ 17.17 เซนติเมตร ตามลำดับ) P_2, BC_1P_1, P_1 และ BC_1P_2 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลต่ำที่สุด (13.44, 14.63, 14.80 และ 14.83 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความกว้างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,450} = 13.83; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 2) โดย F_1, P_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงที่สุด (15.88, 15.39 และ 15.35 เซนติเมตร ตามลำดับ) P_2, BC_1P_2 และ F_2 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลต่ำที่สุด (13.15, 13.53 และ 14.06 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,450} = 17.50; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 2) โดย F_2 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูงที่สุด (1.24) BC_1P_1, P_1 และ P_2 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลต่ำที่สุด (0.95, 0.97 และ 1.03 ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,450} = 5.09; P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 2) โดย P_1, P_2, F_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูงที่สุด (3.79, 3.71, 3.51 และ 3.50 เซนติเมตร ตามลำดับ) F_2 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อต่ำที่สุด (3.24 เซนติเมตร) และค่าเฉลี่ยความหวานไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($F_{5,450} = 1.11; P > 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 2)

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 3) พบว่าค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,438} = 25.10$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 3) โดย P_1 , BC_1P_1 , F_1 และ F_2 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูงสุด (1.82, 1.71, 1.66 และ 1.66 กิโลกรัม ตามลำดับ) P_2 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลต่ำที่สุด (0.72 กิโลกรัม) ค่าเฉลี่ยความยาวผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,438} = 15.86$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 3) โดย F_1 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงสุด (20.62 เซนติเมตร) P_1 , P_2 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลต่ำที่สุด (14.80, 15.24 และ 16.69 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความกว้างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,438} = 46.36$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 3) โดย P_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงสุด (15.39 และ 14.54 เซนติเมตร ตามลำดับ) P_2 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลต่ำที่สุด (9.33 เซนติเมตร) ค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,438} = 7.02$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 3) โดย P_2 , F_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูงสุด (1.64, 1.58 และ 1.51 ตามลำดับ) P_1 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลต่ำที่สุด (0.97) ค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,438} = 25.74$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 3) โดย P_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูงที่สุด (3.79 และ 3.54 เซนติเมตร ตามลำดับ) P_2 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อต่ำที่สุด (1.90 เซนติเมตร) และค่าเฉลี่ยความหวานแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,438} = 40.74$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 3) โดย P_1 มีค่าเฉลี่ยความหวานสูงที่สุด (10.21 เปอร์เซ็นต์บริกซ์) P_2 มีค่าเฉลี่ยความหวานต่ำที่สุด (4.04 เปอร์เซ็นต์บริกซ์)

คู่ผสมที่ 3 LML1 x KML370 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 4) พบว่าค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,394} = 14.97$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 4) โดย BC_1P_1 , F_1 , F_2 และ P_1 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูงสุด (1.90, 1.89, 1.71 และ 1.60 กิโลกรัม ตามลำดับ) BC_1P_2 และ P_2 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลต่ำที่สุด (1.05 และ 1.32 กิโลกรัม ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความยาวผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,394} = 50.69$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 4) โดย BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงสุด (23.76 เซนติเมตร) P_2 และ BC_1P_2 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลต่ำที่สุด (13.44 และ 14.54 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความกว้างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,394} = 5.94$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 4) โดย F_2 , F_1 , P_2 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงสุด (13.51, 13.46, 13.15 และ 12.96 เซนติเมตร ตามลำดับ) BC_1P_2 และ P_1 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลต่ำที่สุด (11.74 และ 12.56 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,394} = 50.94$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 4) โดย BC_1P_1 และ P_1 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูงสุด (1.84 และ 1.74 ตามลำดับ) P_2 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลต่ำที่สุด (1.03) ค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,394} = 14.93$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 4) โดย P_2 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูงที่สุด (3.71

เซนติเมตร) BC_1P_2 , P_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อต่ำที่สุด (2.72, 2.96 และ 3.02 เซนติเมตร ตามลำดับ) และค่าเฉลี่ยความหวานแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,394} = 17.76$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 4) โดย P_2 , BC_1P_2 และ F_1 มีค่าเฉลี่ยความหวานสูงที่สุด (10.07, 9.85 และ 9.36 เปอร์เซ็นต์บริกซ์ ตามลำดับ) P_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความหวานต่ำที่สุด (7.46 และ 7.61 เปอร์เซ็นต์บริกซ์ ตามลำดับ)

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 5) พบว่าค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,402} = 39.10$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 5) โดย F_2 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูงที่สุด (2.38 กิโลกรัม) P_2 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลต่ำที่สุด (0.72 กิโลกรัม) ค่าเฉลี่ยความยาวผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,402} = 29.12$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 5) โดย F_2 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงที่สุด (26.18 เซนติเมตร) P_2 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลต่ำที่สุด (15.24 เซนติเมตร) ค่าเฉลี่ยความกว้างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,402} = 25.43$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 5) โดย F_2 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงที่สุด (13.90 เซนติเมตร) P_2 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลต่ำที่สุด (9.33 เซนติเมตร) ค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,402} = 5.66$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 5) โดย F_2 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูงที่สุด (1.90) BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลต่ำที่สุด (1.61) ค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,402} = 22.61$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 5) โดย F_2 , P_1 , F_1 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูงที่สุด (3.20, 3.02, 2.94 และ 2.88 เซนติเมตร ตามลำดับ) P_2 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อต่ำที่สุด (1.90 เซนติเมตร) และค่าเฉลี่ยความหวานแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5,402} = 16.77$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 5) โดย BC_1P_1 , P_1 , F_1 , BC_1P_2 และ F_2 มีค่าเฉลี่ยความหวานสูงที่สุด (7.57, 7.46, 7.14, 7.12 และ 6.90 เปอร์เซ็นต์บริกซ์ ตามลำดับ) P_2 มีค่าเฉลี่ยความหวานต่ำที่สุด (4.04 เปอร์เซ็นต์บริกซ์)

ตารางที่ 2 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

ชั่วรุ่น	n	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนี	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
		(kg)	(cm)	(cm)	รูปร่างผล	(cm)	(%Brix)
		$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$
P ₁	38	1.82±0.08 ^{ab1}	14.80±0.33 ^b	15.39±0.32 ^a	0.97±0.03 ^c	3.79±0.11 ^a	10.21±0.30
P ₂	39	1.32±0.04 ^c	13.44±0.38 ^b	13.15±0.29 ^b	1.03±0.02 ^{bc}	3.71±0.07 ^a	10.07±0.28
F ₁	84	2.07±0.05 ^a	17.32±0.23 ^a	15.88±0.20 ^a	1.10±0.02 ^b	3.51±0.04 ^{ab}	10.84±0.25
F ₂	142	1.73±0.06 ^b	17.17±0.37 ^a	14.06±0.21 ^b	1.24±0.03 ^a	3.24±0.05 ^b	10.69±0.18
BC ₁ P ₁	83	1.81±0.08 ^{ab}	14.63±0.37 ^b	15.35±0.25 ^a	0.95±0.02 ^c	3.50±0.07 ^{ab}	10.44±0.22
BC ₁ P ₂	70	1.51±0.08 ^{bc}	14.83±0.42 ^b	13.53±0.32 ^b	1.11±0.03 ^b	3.27±0.08 ^b	10.92±0.35
F-test		**	**	**	**	**	ns

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

** แตกต่างทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$, ns ไม่แตกต่างทางสถิติ

ตารางที่ 3 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

ชั่วรุ่น	n	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนี	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
		(kg)	(cm)	(cm)	รูปร่างผล	(cm)	(%Brix)
		$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$
P ₁	38	1.82±0.08 ^{a1}	14.80±0.33 ^c	15.39±0.32 ^a	0.97±0.03 ^c	3.79±0.11 ^a	10.21±0.30 ^a
P ₂	37	0.72±0.04 ^c	15.24±0.40 ^c	9.33±0.23 ^c	1.64±0.04 ^a	1.90±0.11 ^c	4.04±0.23 ^c
F ₁	77	1.66±0.04 ^a	20.62±0.35 ^a	13.14±0.17 ^c	1.58±0.03 ^{ab}	3.05±0.04 ^{cd}	7.97±0.21 ^c
F ₂	141	1.66±0.05 ^a	17.71±0.39 ^b	13.64±0.17 ^{bc}	1.31±0.03 ^b	3.29±0.09 ^{bc}	7.83±0.19 ^c
BC ₁ P ₁	75	1.71±0.07 ^a	16.69±0.43 ^{bc}	14.54±0.31 ^{ab}	1.31±0.16 ^b	3.54±0.07 ^{ab}	9.18±0.25 ^b
BC ₁ P ₂	76	1.25±0.05 ^b	17.96±0.44 ^b	12.02±0.20 ^d	1.51±0.04 ^{ab}	2.70±0.06 ^d	6.59±0.25 ^d
F-test		**	**	**	**	**	**

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

** แตกต่างทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 4 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

ชั่วรุ่น	n	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนี	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
		(kg)	(cm)	(cm)	รูปร่างผล	(cm)	(%Brix)
		$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$
P ₁	40	1.60±0.10 ^{ab1}	21.75±0.71 ^b	12.56±0.28 ^b	1.74±0.04 ^{ab}	3.02±0.08 ^{abc}	7.46±0.26 ^c
P ₂	39	1.32±0.04 ^{bc}	13.44±0.38 ^d	13.15±0.29 ^a	1.03±0.02 ^d	3.71±0.07 ^a	10.07±0.28 ^a
F ₁	82	1.89±0.07 ^a	21.13±0.38 ^b	13.46±0.22 ^a	1.61±0.06 ^b	3.28±0.05 ^b	9.36±0.18 ^{ab}
F ₂	99	1.71±0.09 ^a	18.17±0.49 ^c	13.51±0.26 ^a	1.35±0.03 ^c	3.19±0.09 ^{bc}	8.80±0.23 ^b
BC ₁ P ₁	82	1.90±0.07 ^a	23.76±0.50 ^a	12.96±0.21 ^a	1.84±0.04 ^a	2.96±0.05 ^{cd}	7.61±0.20 ^c
BC ₁ P ₂	58	1.05±0.05 ^c	14.54±0.44 ^d	11.74±0.22 ^b	1.24±0.03 ^c	2.72±0.06 ^d	9.85±0.30 ^a
F-test		**	**	**	**	**	**

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

** แตกต่างทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 5 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในกลุ่มผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

ชั่วรุ่น	n	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนี	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
		(kg)	(cm)	(cm)	รูปร่างผล	(cm)	(%Brix)
		$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$	$\bar{X} \pm SE$
P ₁	40	1.60±0.10 ^{b1}	21.75±0.71 ^b	12.56±0.28 ^b	1.74±0.04 ^{abc}	3.02±0.08 ^a	7.46±0.26 ^a
P ₂	37	0.72±0.04 ^c	15.24±0.40 ^c	9.33±0.23 ^c	1.64±0.04 ^{bc}	1.90±0.11 ^c	4.04±0.23 ^b
F ₁	87	1.58±0.05 ^b	20.69±0.51 ^b	12.40±0.23 ^b	1.70±0.05 ^{abc}	2.94±0.06 ^{ab}	7.14±0.20 ^a
F ₂	105	2.38±0.08 ^a	26.18±0.52 ^a	13.90±0.21 ^a	1.90±0.04 ^a	3.20±0.07 ^a	6.90±0.22 ^a
BC ₁ P ₁	63	1.59±0.08 ^b	22.09±0.59 ^b	12.64±0.24 ^b	1.61±0.05 ^c	2.88±0.08 ^{ab}	7.57±0.21 ^a
BC ₁ P ₂	76	1.39±0.07 ^b	21.04±0.54 ^b	11.71±0.30 ^b	1.85±0.06 ^{ab}	2.67±0.07 ^b	7.12±0.29 ^a
F-test		**	**	**	**	**	**

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

** แตกต่างทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วจากประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 6) พบการแสดงออกของยีนแบบบวก ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลและไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ ในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผล ลักษณะความยาวผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวผล แต่ไม่พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่มในการควบคุมลักษณะความยาวผล ลักษณะความกว้างผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม หรือข่มข้ามคู่ ในการควบคุมลักษณะความกว้างผล ลักษณะดัชนีรูปร่างผล พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล ลักษณะความหนาเนื้อ และความหวาน ไม่พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ

ตารางที่ 6 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาระบบพันธุกรรมทั้ง 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)

ผลของยีน	น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
[m]	1.86 ± 0.34**	23.87 ± 1.87**	12.73 ± 1.20**	1.85 ± 0.14**	3.17 ± 0.32**	10.17 ± 1.13**
[d]	0.25 ± 0.05**	0.68 ± 0.85**	1.12 ± 0.22**	-0.03 ± 0.02	0.04 ± 0.06	0.07 ± 0.21
[h]	-0.72 ± 0.86	-20.26 ± 4.53**	2.16 ± 3.04	-1.67 ± 0.32**	-0.06 ± 0.82	1.45 ± 2.96
[i]	-0.29 ± 0.34	-9.75 ± 1.86**	1.54 ± 1.18	-0.85 ± 0.13**	0.58 ± 0.31	-0.03 ± 1.11
[j]	0.09 ± 0.25	-1.76 ± 1.22	1.39 ± 0.91	-0.27 ± 0.08**	0.38 ± 0.26	-1.11 ± 0.92
[l]	0.92 ± 0.54	13.71 ± 2.76**	0.99 ± 1.91	0.92 ± 0.19**	0.39 ± 0.52	-0.82 ± 1.92

** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

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

กลุ่มสมที่ 2 RML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วจากประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 7) พบการแสดงออกของยีนแบบบวก ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ ในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผล ลักษณะความยาวผล ไม่พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ ลักษณะความกว้างผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล แต่ไม่พบแสดงออกของยีนแบบข่ม หรือข่มข้ามคู่ ในการควบคุมลักษณะความกว้างผล ลักษณะดัชนีรูปร่างผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม หรือข่มข้ามคู่ ในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล ลักษณะความหนาเนื้อ พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความหนาเนื้อ แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม หรือข่มข้ามคู่ ในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อ และลักษณะความหวาน พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความหวาน แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม หรือข่มข้ามคู่ ในการควบคุมความลักษณะความหวาน

ตารางที่ 7 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1P_1 and BC_1P_2) ในกลุ่มสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ผลของยีน	น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
[m]	1.97±0.27**	16.56±2.00**	13.80±1.02**	0.92±0.35**	3.55±0.40**	6.92±1.40**
[d]	0.55±0.05**	-0.22±0.26	3.03±0.20**	-0.34±0.03**	0.95±0.08**	3.08±0.19**
[h]	-0.96±0.67	0.53±4.90	0.03±2.66	0.90±1.02	-0.52±0.91	2.62±2.65
[i]	-0.70±0.27	-1.54±1.99	-1.43±1.01	0.38±0.35	-0.70±0.39	0.21±1.03
[j]	-0.17±0.19	-2.09±1.33	-1.02±0.83	0.27±0.33	-0.22±0.24	-0.97±0.79
[l]	0.65±0.41	3.53±3.04	-0.69±1.69	-0.24±0.67	0.02±0.53	-1.57±1.68

** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$ และ $P < 0.05$ ตามลำดับ

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

กลุ่มสมที่ 3 LML1 x KML370 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วจากประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 8) พบการแสดงออกของยีนแบบบวก ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 พบการแสดงออกของยีน

แบบข่มอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05 และพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวกที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ลักษณะความยาวผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวก และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวผล แต่ไม่พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบข่มกับแบบข่ม และ ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่มในการควบคุมลักษณะความยาวผล ลักษณะความกว้างผล พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบบวก ในการควบคุมลักษณะความกว้างผล ลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่ม ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ลักษณะความหวาน พบการแสดงออกของยีนแบบบวกที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 แต่ไม่พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบข่มกับแบบข่ม และ ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่มในการควบคุมลักษณะความหวาน

ตารางที่ 8 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1P_1 and BC_1P_2) ในกลุ่มผสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ผลของยีน	น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
[m]	2.39±0.40**	13.69±2.40**	17.51±1.22**	0.61±0.14**	4.76±0.40**	9.05±1.18**
[d]	0.14±0.05**	4.15±0.41**	-0.30±0.20	0.35±0.20**	-0.35±0.06**	-1.31±0.19**
[h]	-2.23±0.89*	10.49±5.73	-11.94±2.84**	1.94±0.35**	-4.81±0.89**	-1.32±2.88
[i]	-0.93±0.39*	3.91±2.36	-4.65±1.20**	0.76±0.14**	-1.40±0.40**	-0.29±1.16
[j]	1.42±0.20**	10.13±1.56**	3.03±0.73**	0.51±0.10**	1.17±0.19**	-1.86±0.81*
[l]	1.73±0.52**	-3.05±3.49	7.90±1.71**	-0.95±0.24**	3.34±0.51**	1.63±1.77

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

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

กลุ่มผสมที่ 4 LML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วจากประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 9) พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบข่มกับแบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 และปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่ม ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ลักษณะความยาวผล พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่ม ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวผล ลักษณะความกว้างผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล แต่ไม่พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่มในการควบคุมลักษณะความกว้างผล ลักษณะดัชนีรูปร่างผล พบการแสดงออกของยีนแบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และแบบข่มข้ามคู่ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล แต่ไม่พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม และไม่พบการแสดงออกของยีนแบบบวก ในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออก

ของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวกับแบบบวค แบบบวคกับแบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 และปฏิกริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความหนาเนื้อที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และลักษณะความหวาน พบการแสดงออกของยีนแบบบวค แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวคกับแบบข่ม แบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความหวาน แต่ไม่พบปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวคกับแบบบวคในการควบคุมลักษณะความหวาน

ตารางที่ 9 ผลของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรทั้ง 6 ประชากร (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1P_1 and BC_1P_2) ในคู่ผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ผลของยีน	น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
[m]	4.71±0.39**	40.96±2.67**	17.85±1.14**	2.37±0.22**	4.15±0.37**	3.97±1.14**
[d]	0.44±0.05**	3.26±0.41**	1.61±0.18**	0.05±0.03	0.56±0.07**	1.71±0.17**
[h]	-6.21±0.91**	-38.84±6.54**	-10.35±2.88**	-1.21±0.55*	-2.60±0.90**	8.56±2.81**
[i]	-3.55±0.39**	-22.46±2.64**	-6.91±1.13**	-0.68±0.21**	-1.69±0.36**	1.78±1.13
[j]	-0.48±0.23*	-8.42±1.82**	-1.37±0.85	-0.56±0.16**	-0.69±0.25**	-2.52±0.79**
[l]	3.08±0.55**	18.57±4.07**	4.91±1.83**	0.54±0.36	1.38±0.55*	-5.39±1.75**

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

[m], [d], [h], [i], [j] และ [l] คือ ค่ากึ่งกลางระหว่าง homozygous recessive กับ homozygous dominance, การแสดงผลของยีนแบบบวค, แสดงผลของยีนแบบข่ม, ปฏิกริยาระหว่างยีนแบบบวคกับแบบบวค, แบบบวคกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

การศึกษาอัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากร (แสดงในตารางที่

10) พบว่า

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างคือ 65.28, 75.94, 47.32, 74.26, 39.83 และ 18.61 เปอร์เซนต์ ตามลำดับ

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากร พบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความ

หวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างคือ 61.44, 69.52, 36.73, 56.82, 69.48 และ 41.21 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

กลุ่มสมที่ 3 LML1 x KML370 เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากร พบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างคือ 66.11, 45.90, 47.38, -88.59, 77.59 และ 46.84 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากร พบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างคือ 69.80, 43.09, 28.57, 25.05, 42.57 และ 46.71 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

ตารางที่ 10 อัตราพันธุกรรมของลักษณะของผล ในกลุ่มสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่มสม โดยคำนวณจากวาเรียนซ์ของประชากร

กลุ่มสม	อัตราพันธุกรรม (%)					
	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
RML1 x KML370	65.28	75.94	47.32	74.26	39.83	18.61
RML1 x PI148	61.44	69.52	36.73	56.82	69.48	41.21
LML1 x KML370	66.11	45.90	47.38	-88.59	77.59	46.84
LML1 x PI148	69.80	43.09	28.57	25.05	42.57	46.71

การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis)

จากการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่จากลูกผสมชั่วที่ 1 (F₁) (แสดงในตารางที่ 11) พบว่า

กลุ่มสมที่ 1 RML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะน้ำหนักผล (31.61 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (22.64 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (11.23 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (10.03 เปอร์เซ็นต์) และความหนาเนื้อ (-6.47 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะความหวาน (6.86 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05

กลุ่มสมที่ 2 RML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล (30.48 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (37.31 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (6.28

เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (21.02 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (11.82 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 และพบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในความหนาเนื้อ (7.05 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05

กลุ่มสมที่ 3 LML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะความยาวผล (20.07 เปอร์เซ็นต์) และดัชนีรูปร่างผล (16.49 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล (29.39 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (4.75 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (6.82 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05 และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะความหนาเนื้อ (-2.33 เปอร์เซ็นต์)

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล (36.04 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (11.85 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (13.35 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (19.46 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (24.08 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะดัชนีรูปร่างผล (0.63 เปอร์เซ็นต์)

ตารางที่ 11 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis) ของลักษณะของผล ในกลุ่มสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่มสม

กลุ่มสม	ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (%)					
	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
RML1 x KML370	31.61**	22.64**	11.23**	10.03**	-6.47**	6.86*
RML1 x PI148	30.48**	37.31**	6.28**	21.02**	7.05*	11.82**
LML1 x KML370	29.39*	20.07**	4.75*	16.49**	-2.33	6.82*
LML1 x PI148	36.04**	11.85**	13.35**	0.63	19.46**	24.08**

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

การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis)

จากการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าจากลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) (แสดงในตารางที่ 12) พบว่า

กลุ่มสมที่ 1 RML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความยาวผล (17.02 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล (14.95 เปอร์เซ็นต์)

ดัชนีรูปร่างผล (9.89 เปอร์เซ็นต์) และความหนาเนื้อ (-7.68 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05 และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความกว้างผล (3.10 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (6.21 เปอร์เซ็นต์)

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความยาวผล (35.67 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (-14.67 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-19.79 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-21.90 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในน้ำหนักผล (-7.65 เปอร์เซ็นต์) และดัชนีรูปร่างผล (-1.14 เปอร์เซ็นต์)

คู่ผสมที่ 3 LML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความหนาเนื้อ (-11.27 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าในลักษณะน้ำหนักผล (17.99 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-7.29 เปอร์เซ็นต์) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05 และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในความยาวผล (-3.08 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (2.00 เปอร์เซ็นต์) และดัชนีรูปร่างผล (-5.42 เปอร์เซ็นต์)

คู่ผสมที่ 4 LML1 x PI148 ไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล (-1.29 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (-5.11 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (-1.55 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (-0.04 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-2.79 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-4.84 เปอร์เซ็นต์)

ตารางที่ 12 ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiliosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 คู่ผสม

คู่ผสม	ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (%)					
	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
RML1 x KML370	14.95*	17.02**	3.10	9.89*	-7.68*	6.21
RML1 x PI148	-7.65	35.67**	-14.67**	-1.14	-19.79**	-21.90**
LML1 x KML370	17.99*	-3.08	2.00	-5.42	-11.27**	-7.29*
LML1 x PI148	-1.29	-5.11	-1.55	-0.04	-2.79	-4.84

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

5 การศึกษาสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล

จากการวิเคราะห์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะพบว่า

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 (แสดงในตารางที่ 13)

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ($r = 0.677$) ความกว้างผล ($r = 0.745$) คัชนีรูปร่างผล ($r = 0.222$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.763$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = -0.121$)

ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ($r = 0.295$) คัชนีรูปร่างผล ($r = 0.750$) ความหนาเนื้อ ($r = 0.383$) และความหวาน ($r = -0.197$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01

ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับคัชนีรูปร่างผล ($r = -0.357$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.613$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = -0.091$)

คัชนีรูปร่างผลไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ ($r = 0.010$) และความหวาน ($r = -0.111$)

ความหนาเนื้อไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = -0.060$)

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 (แสดงในตารางที่ 14)

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ($r = 0.697$) ความกว้างผล ($r = 0.701$) คัชนีรูปร่างผล ($r = 0.298$) ความหนาเนื้อ ($r = 0.273$) และความหวาน ($r = 0.210$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01

ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ($r = 0.345$) และคัชนีรูปร่างผล ($r = 0.825$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 และความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ ($r = 0.147$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = 0.052$)

ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับคัชนีรูปร่างผล ($r = -0.227$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.253$) ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = 0.159$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05

คัชนีรูปร่างผลไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ ($r = -0.008$) และความหวาน ($r = -0.048$)

ความหนาเนื้อไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = -0.040$)

ตารางที่ 13 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F_2 ในกลุ่มผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ลักษณะของผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
น้ำหนักผล	0.677**	0.745**	0.222**	0.763**	-0.121
ความยาวผล		0.295**	0.750**	0.383**	-0.197**
ความกว้างผล			-0.357**	0.613**	-0.091
ดัชนีรูปร่างผล				0.010	-0.111
ความหนาเนื้อ					-0.060

** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 14 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F_2 ในกลุ่มผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ลักษณะของผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
น้ำหนักผล	0.697**	0.701**	-0.298**	0.273**	0.210**
ความยาวผล		0.345**	0.825**	0.147*	0.052
ความกว้างผล			-0.227**	0.253**	0.159*
ดัชนีรูปร่างผล				-0.008	-0.048
ความหนาเนื้อ					-0.040

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

กลุ่มผสมที่ 3 LML1 x KML370 (แสดงในตารางที่ 15)

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ($r = 0.844$) ความกว้างผล ($r = 0.841$) ดัชนีรูปร่างผล ($r = 0.315$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.735$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = -0.056$)

ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ($r = 0.676$) ดัชนีรูปร่างผล ($r = 0.679$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.562$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = 0.036$)

ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ ($r = 0.722$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับดัชนีรูปร่างผล ($r = -0.065$) และความหวาน ($r = 0.091$)

ดัชนีรูปร่างผลไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ ($r = 0.049$) และความหวาน ($r = -0.080$)
ความหนาเนื้อไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = -0.005$)

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 (แสดงในตารางที่ 16)

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ($r = 0.791$) ความกว้างผล ($r = 0.799$) ดัชนีรูปร่างผล ($r = 0.248$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.637$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = -0.010$)

ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ($r = 0.447$) และดัชนีรูปร่างผล ($r = 0.731$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.508$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = 0.036$)

ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับดัชนีรูปร่างผล ($r = -0.267$) และความหนาเนื้อ ($r = 0.548$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = 0.094$)

ดัชนีรูปร่างผลไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ ($r = 0.131$) และความหวาน ($r = 0.010$)

ความหนาเนื้อไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน ($r = 0.087$)

ตารางที่ 15 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F_2 ในกลุ่มสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

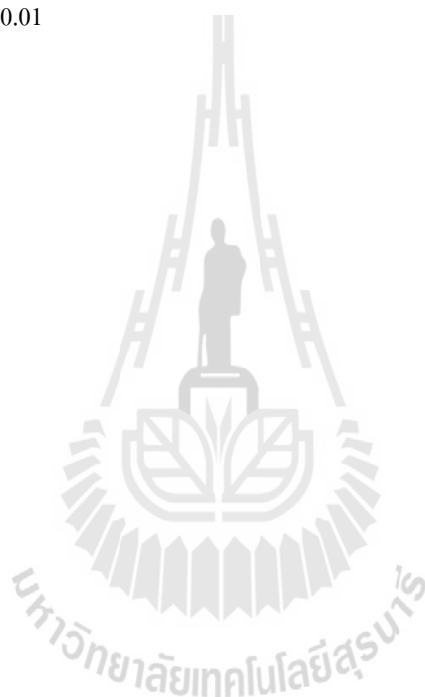
ลักษณะของผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
น้ำหนักผล	0.844**	0.841**	0.315**	0.735**	-0.056
ความยาวผล		0.676**	0.679**	0.562**	0.036
ความกว้างผล			-0.065	0.722**	0.091
ดัชนีรูปร่างผล				0.049	-0.080
ความหนาเนื้อ					-0.005

** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 16 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F_2 ในกลุ่มผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ลักษณะของผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
น้ำหนักผล	0.791**	0.799**	0.248**	0.637**	-0.010
ความยาวผล		0.447**	0.731**	0.508**	0.075
ความกว้างผล			-0.267**	0.548**	0.094
ดัชนีรูปร่างผล				0.131	0.010
ความหนาเนื้อ					0.087

** มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$



บทที่ 5

วิจารณ์ผลการทดลอง

การเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์

เมื่อวิเคราะห์ผลการทดลองเปรียบเทียบลักษณะจำเพาะของผลในพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่พบว่า พันธุ์แตงไทยและแคนตาลูป อย่างน้อยสองพันธุ์ให้ค่าเฉลี่ยค่าเฉลี่ยน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (แสดงในตารางที่ 1) แสดงให้เห็นว่าพันธุ์ที่นำมาใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ในแต่ละลักษณะมีความแตกต่างกันซึ่งเหมาะสมที่จะใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ในการศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม และการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ นอกจากนี้พันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่จะใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ยังมีความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูงซึ่งจะเห็นได้จากค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error) ของทุกพันธุ์ และทุกลักษณะมีค่าต่ำมาก (แสดงในตารางที่ 1) แสดงให้เห็นความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูง จากข้อมูลดังกล่าวข้างต้นเป็นเหตุผลสำคัญที่แสดงว่าพันธุ์ที่นำมาใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่มีความเหมาะสมที่จะนำมาศึกษาในครั้งนี้

การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผล ในลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป

1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร

จากผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร พบว่า

กลุ่มสมที่ 1 RML1 x KML370 พบว่าค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อของประชากรทั้ง 6 ประชากร แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดย F_1 มีค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผลสูงสุด (2.07 กิโลกรัม) มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงสุด (17.32 เซนติเมตร) มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงสุด (15.88 เซนติเมตร) และมีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูง (3.51 เซนติเมตร) เซนติเมตร) และค่าเฉลี่ยความหวานไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ จากผลการทดลองดังกล่าวแสดงให้เห็นว่ามีความดีเด่นของลูกผสมในกลุ่มผสมระหว่าง RML1 x KML370 และแนวโน้มการแสดงออกของยีนแบบข่มที่ทำให้ค่าเฉลี่ยของลูกผสม

มีค่าสูงในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล และความหนาเนื้อ นอกจากนี้ยังพบว่า ค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลซึ่งเป็นอัตราส่วนระหว่างความยาวผลกับความกว้างผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร มีค่าใกล้เคียงกับ 1.00 แสดงให้เห็นว่าในแต่ละประชากรของกลุ่มผสม RML1 x KML370 มีรูปร่างผลค่อนข้างกลม เนื่องจากความยาวผลกับความกว้างผลมีค่าใกล้เคียงกันจึงทำให้ดัชนีรูปร่างผลมีค่าใกล้เคียงกับ 1.00

กลุ่มสมที่ 2 RML1 x PI148 พบว่าค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ประชากร แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ โดย F_1 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงที่สุด (20.62 เซนติเมตร) มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูง (1.66 กิโลกรัม) และมีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูง (1.58) จากผลการทดลองดังกล่าวแสดงให้เห็นว่ามีความดีเด่นของลูกผสมคู่ RML1 x PI148 และแนวโน้มการแสดงออกของยีนแบบข่มที่ทำให้ค่าเฉลี่ยของลูกผสมมีค่าสูงในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล และพบว่าค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลซึ่งเป็นอัตราส่วนระหว่างความยาวผลกับความกว้างผลในประชากรลูกผสม มีค่ามากกว่า 1.00 แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในแต่ละประชากรของกลุ่มผสม RML1 x PI148 มีรูปร่างผลค่อนข้างรี เนื่องจากความยาวผลมีค่ามากกว่าความกว้างผล จึงทำให้ดัชนีรูปร่างผลมีค่ามากกว่า 1.00

กลุ่มสมที่ 3 LML1 x KML370 พบว่าค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานในประชากรทั้ง 6 ประชากร แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ โดย F_1 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูง (1.89 กิโลกรัม) มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงที่สุด (13.46 เซนติเมตร) มีค่าเฉลี่ยความหวานสูง (9.36 เปอร์เซ็นต์บริกซ์) จากผลการทดลองดังกล่าวแสดงให้เห็นว่ามีความดีเด่นของลูกผสมคู่ LML1 x KML370 และแนวโน้มการแสดงออกของยีนแบบข่มที่ทำให้ค่าเฉลี่ยของลูกผสมมีค่าสูงในลักษณะน้ำหนักผล ความกว้างผล และความหวาน นอกจากนี้ยังพบว่าค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลในประชากรลูกผสม มีค่ามากกว่า 1.00 แสดงให้เห็นว่าประชากรในแต่ละช่วงของกลุ่มผสม LML1 x KML370 มีรูปร่างผลค่อนข้างรี เนื่องจากความยาวผลมีค่ามากกว่าความกว้างผล จึงทำให้ดัชนีรูปร่างผลมีค่ามากกว่า 1.00

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 พบว่าค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานในประชากรทั้ง 6 ประชากร แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ โดย F_1 มีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูง (2.94 เซนติเมตร) มีค่าเฉลี่ยความหวานสูง (7.14 เปอร์เซ็นต์บริกซ์) จากผลการทดลองดังกล่าวแสดงให้เห็นว่ามีความดีเด่นของลูกผสมคู่ LML1 x PI148 และแนวโน้มการแสดงออกของยีนแบบข่มที่ทำให้ค่าเฉลี่ยของลูกผสมมีค่าสูงในลักษณะความหนาเนื้อ และความหวาน นอกจากนี้ยังพบว่าค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลในประชากรลูกผสมทั้ง 6 ประชากร มีค่าใกล้เคียง 2.00 แสดงให้เห็นว่าประชากรลูกผสมทั้ง 6 ประชากร ของกลุ่มผสม LML1 x

PI148 มีรูปร่างผลรี เนื่องจากความยาวผลมีค่ามากกว่าความกว้างผลเกือบ 2 เท่า จึงทำให้ดัชนีรูปร่างผลมีค่าใกล้เคียง 2.00

จากข้อมูลผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร แสดงให้เห็นถึงความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างลูกผสมแต่ละประชากรกับพันธุ์พ่อแม่ ซึ่งเกิดจากการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูกผสมถัดไป ทำให้สามารถศึกษารูปแบบการถ่ายทอดลักษณะโดยศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะนั้น ๆ

2 การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล

จากผลการศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผลโดยวิธีการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว พบว่า

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 พบการแสดงออกของยีนแบบบวกลงในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลและความกว้างผล การแสดงออกของยีนแบบข่มมีผลในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล และพบการแสดงออกของยีนทั้งแบบบวกลงและแบบข่มในการควบคุมลักษณะความยาวผล นอกจากนี้ยังพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่โดยพบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกลงกับแบบบวกลงในลักษณะความยาวผลและดัชนีรูปร่างผล ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกลงกับแบบข่มในลักษณะดัชนีรูปร่างผล และปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่มในลักษณะความยาวผลและดัชนีรูปร่างผล

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 พบการแสดงออกของยีนแบบบวกลงในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน

คู่ผสมที่ 3 LML1 x KML370 พบการแสดงออกของยีนแบบบวกลง แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ และพบการแสดงออกของยีนแบบบวกลง และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวผล และความหวาน นอกจากนี้ยังพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล

คู่ผสมที่ 4 LML1 x PI148 พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวกลง แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน และพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล

เมื่อวิเคราะห์ผลการแสดงออกของยีนทั้ง 4 คู่ผสม ในแต่ละลักษณะพบว่า

ลักษณะน้ำหนักรวมพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรมีความสำคัญในการควบคุมน้ำหนักผล เนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรทั้ง 4 กลุ่ม นอกจากการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะน้ำหนักรวมเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในกลุ่มสมที่ 3 และกลุ่มสมที่ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าปฏิกิริยาของยีนแบบข่มแสดงผลในการควบคุมลักษณะน้ำหนักรวม ของแตงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₂) กับสายพันธุ์ L-(S₂)

ลักษณะความยาวผลพบการแสดงออกของยีนแบบบวกร แบบข่ม และข่มข้ามคู่ มีแนวโน้มที่มีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความยาวผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกร แบบข่ม และข่มข้ามคู่ ในกลุ่มสมที่ 1, 3 และ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าผลของยีนแบบบวกร และปฏิกิริยาของยีนแบบข่มแสดงผลในการควบคุมลักษณะความยาวผล ของแตงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₂) กับสายพันธุ์ L-(S₂) นอกจากนี้การศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา (2551) รายงานว่าพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรในการควบคุมลักษณะความยาวผล จากการผสมระหว่างแตงไทยสายพันธุ์ผลกลมกับสายพันธุ์ผลยาว

ลักษณะความกว้างผลพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความกว้างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรในกลุ่มสมที่ 1, 2 และ 4 ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา (2551) ที่รายงานพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรในการควบคุมลักษณะความกว้างผล จากการผสมระหว่างแตงไทยสายพันธุ์ผลกลมกับสายพันธุ์ผลยาว นอกจากนี้การแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะความกว้างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในกลุ่มสมที่ 3 และกลุ่มสมที่ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าปฏิกิริยาของยีนแบบข่มแสดงผลในการควบคุมลักษณะความกว้างผลของแตงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₂) กับสายพันธุ์ L-(S₂)

ลักษณะดัชนีรูปร่างผลพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่มีความสำคัญในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในกลุ่มสมที่ 1, 3 และ 4 นอกจากนี้การแสดงออกของยีนแบบบวกรยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรในกลุ่มสมที่ 2 และ 3 ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา (2551) ที่รายงานพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล จากการผสมระหว่างแตงไทยสายพันธุ์ผลกลมกับสายพันธุ์ผลยาว

ลักษณะความหนาเนื้อพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรในกลุ่มสมที่ 2, 3 และ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผล

การศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าปฏิกริยาของยีนแบบบวก แสดงผลในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อ ของแตงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₅) กับสายพันธุ์ L-(S₅) นอกจากนี้การแสดงผลออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในกลุ่มผสมที่ 3 และ 4

ลักษณะความหวานพบการแสดงออกของยีนแบบบวกมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความหวานเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกในกลุ่มผสมที่ 2, 3 และ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าปฏิกริยาของยีนแบบบวก แสดงผลในการควบคุมลักษณะความหวาน ของแตงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₅) กับสายพันธุ์ L-(S₅) นอกจากนี้การแสดงผลออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะความหวานเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในกลุ่มผสมที่ 3 และ 4

การแสดงออกของยีนทุกรูปแบบมีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มผสมอาจเป็นผลจากการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ มีความเฉพาะเจาะจงในแต่ละกลุ่มผสม เนื่องจากมีความแตกต่างระหว่างกลุ่มพันธุ์ที่ใช้ในการทดลอง กล่าวคือแตงไทยที่ใช้ในการทดลองพันธุ์ที่หนึ่งมีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิง ในขณะที่ยีนกันแคนตาลูปพันธุ์ที่หนึ่งก็มีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิงเช่นกันซึ่งอาจเป็นปัจจัยสำคัญที่ทำให้การแสดงออกของยีนมีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มผสม หรืออาจเกิดจากการแสดงผลของสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง

3 การศึกษาอัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

จากผลการวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากร พบว่า

กลุ่มผสมที่ 1 RML1 x KML370 มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูงในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล ซึ่งมีค่าเท่ากับ 65.28, 75.94 และ 74.26 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ และพบว่าความกว้างผลมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างสูงซึ่งมีค่าเท่ากับ 47.32 เปอร์เซ็นต์ จากผลการทดลองดังกล่าวมีความสอดคล้องกับการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่ทำการผสมระหว่างแตงไทย 2 สายพันธุ์ คือ RM1 และ LM2 และรายงานว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูงที่ระดับ 0.60, 0.68, 0.55 และ 0.71 ตามลำดับ นอกจากนี้การทดลองในครั้งนี้ยังพบว่าความหนาเนื้อ และความหวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำซึ่งมีค่าเท่ากับ 39.83 และ 18.61 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

กลุ่มผสมที่ 2 RML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละชั่ว พบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อ มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง ซึ่งมีค่าเท่ากับ 61.44, 69.52 และ 69.48 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ และพบว่าดัชนีรูปร่างผล และความหวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างสูงซึ่งมีค่าเท่ากับ 56.82 และ 41.21 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

นอกจากนี้ยังพบว่าความกว้างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำคือ 36.73 เปอร์เซ็นต์ แต่จากรายงานการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ พบว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูง ซึ่งจากผลการทดลอง คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 มีความขัดแย้งในลักษณะความหนาเนื้อที่มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง และลักษณะความกว้างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแดงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้คู่ผสมที่ 2 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป ดังนั้นอัตราพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

คู่ผสมที่ 3 LML1 x KML370 เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละชั่ว พบว่า น้ำหนักผล และความหนาเนื้อ มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง ซึ่งมีค่าเท่ากับ 66.11 และ 77.59 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ และพบว่าความยาวผล ความกว้างผล และความหวาน มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างสูงซึ่งมีค่าเท่ากับ 45.90, 47.38 และ 46.84 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ จากรายงานการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ พบว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูง แต่การทดลองในคู่ผสมที่ 3 พบว่าดัชนีรูปร่างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำและมีค่าคิดลบคือ -88.59 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งไม่มีความสอดคล้องกันทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแดงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้คู่ผสมที่ 3 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป ดังนั้นอัตราพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป ค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างเป็นค่าคิดลบอาจเป็นผลมาจาก VF_2 มีค่าต่ำกว่า $(VP_1+VP_2+VF_1)/3$ หรือ V_E หมายความว่าลูกผสมชั่วที่ 2 มีการกระจายตัวในลักษณะดัชนีรูปร่างผลต่ำกว่าการกระจายตัวเฉลี่ยในลักษณะดัชนีรูปร่างผลระหว่างชั่วรุ่นพ่อแม่ และลูกผสมชั่วที่ 1 ซึ่งก็คือความคลาดเคลื่อนที่เกิดจากสภาพแวดล้อม หรืออีกความหมายหนึ่งก็คือสภาพแวดล้อมมีผลทำให้ลักษณะดัชนีรูปร่างผลในชั่วรุ่นพ่อแม่ และลูกผสมชั่วที่ 1 มีการกระจายตัวของข้อมูลมากกว่าการกระจายตัวของลูกผสมชั่วที่สอง

คู่ผสมที่ 4 LML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละชั่ว พบว่า น้ำหนักผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง ซึ่งมีค่าเท่ากับ 69.80 เปอร์เซ็นต์ และพบว่าความยาวผล ความหนาเนื้อ และความหวานมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างสูงซึ่งมีค่าเท่ากับ 43.09, 42.57 และ 46.71 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบว่า ความกว้างผล และดัชนีรูปร่างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำซึ่งมีค่าเท่ากับ 28.57 และ 25.05 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งไม่สอดคล้องกับรายงานการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ และรายงานว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูง แต่การ

ทดลองในกลุ่มสมที่ 4 พบว่าความกว้างผล และดัชนีรูปร่างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ อาจเป็นผลเนื่องมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแดงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้การทดลองในกลุ่มสมที่ 4 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป ดังนั้นอัตราพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างจากกลุ่มสมทั้ง 4 กลุ่ม พบว่าน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ระหว่าง 61.44 ถึง 69.80 เปอร์เซ็นต์ ความยาวผลมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ระหว่าง 43.09 ถึง 75.94 เปอร์เซ็นต์ ความกว้างผลมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ระหว่าง 28.57 ถึง 47.38 เปอร์เซ็นต์ ดัชนีรูปร่างผลมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ระหว่าง -88.59 ถึง 74.26 เปอร์เซ็นต์ ความหนาเนื้อ มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ระหว่าง 39.83 ถึง 77.59 เปอร์เซ็นต์ และความหวานมีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างอยู่ระหว่าง 18.61 ถึง 41.21 เปอร์เซ็นต์ จากอัตราพันธุกรรมแนวกว้างใน 4 กลุ่มสม พบว่ากลุ่มสมส่วนใหญ่มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูงในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อ ซึ่งมีความสอดคล้องกับการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ และรายงานว่าคุณภาพผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูงที่ระดับ 0.60, 0.68, 0.55 และ 0.71 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าอัตราการถ่ายทอดลักษณะความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลจากพ่อ-แม่ไปยังลูกหลานได้สูง และสอดคล้องกับผลการทดลองของ Lippert and Hall (1982) รายงานว่าคุณภาพผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผล ใน muskmelon มีอัตราพันธุกรรมสูงในช่วงระหว่าง 53-71 เปอร์เซ็นต์ และจากผลการทดลองของ Kalb and Davis (1984) รายงานว่าน้ำหนักผล และดัชนีรูปร่างผล ใน bush muskmelon มีอัตราพันธุกรรมปานกลางคือมีค่าเท่ากับ (23 และ 36 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ) จากผลการศึกษาอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง พบว่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง มีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มสมซึ่งอาจเป็นผลเนื่องจากการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรม มีความเฉพาะเจาะจงในแต่ละกลุ่มสมเนื่องจากการทดลองในครั้งนี้มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มพันธุ์ที่ใช้ในการทดลอง กล่าวคือแดงไทยที่ใช้ในการทดลองพันธุ์ที่หนึ่งมีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิง ในขณะที่เดียวกันแคนตาลูปพันธุ์ที่หนึ่งก็มีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิงเช่นกันซึ่งอาจเป็นปัจจัยสำคัญที่ทำให้อัตราพันธุกรรมมีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มสม และมีอัตราพันธุกรรมที่แตกต่างกันในแต่ละลักษณะ นอกจากนี้อายุในการเก็บผลการทดลองที่แตกต่างกันอาจมีผลทำให้อัตราพันธุกรรมแตกต่างกันหรืออาจเกิดจากการแสดงผลของสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้องบางส่วน

4 การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis)

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่จากลูกผสมชั่วที่ 1 (F₁) พบว่า

กลุ่มผสมที่ 1 RML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่สูงในทุกลักษณะดังนี้ ลักษณะน้ำหนักผล (31.6เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (22.64 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (11.23 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (10.03 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (6.86 เปอร์เซ็นต์) ซึ่งทุกลักษณะมีค่าเป็นบวก แตกต่างจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่รายงานไว้ว่า ความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผลมีค่าเท่ากับ -2.64, -25.28, -31.89 และ -17.26 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ลักษณะดังกล่าวมีค่าเป็นลบ จากความไม่สอดคล้องของผลการทดลองดังกล่าว อาจเป็นผลมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแดงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้การทดลองในกลุ่มผสมที่ 1 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป ดังนั้นความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

กลุ่มผสมที่ 2 RML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่สูงในทุกลักษณะดังนี้ ลักษณะน้ำหนักผล (30.48 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (37.31 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (6.28 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (21.02 เปอร์เซ็นต์) ความหวาน (11.82 เปอร์เซ็นต์) และความหนาเนื้อ (7.05 เปอร์เซ็นต์) ซึ่งทุกลักษณะมีค่าเป็นบวก แตกต่างจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่รายงานไว้ว่า ความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผลมีค่าเท่ากับ -2.64, -25.28, -31.89 และ -17.26 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ลักษณะดังกล่าวมีค่าเป็นลบ ซึ่งจากความไม่สอดคล้องของผลการทดลองดังกล่าวอาจเป็นผลมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแดงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้การทดลองในกลุ่มผสมที่ 2 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป ดังนั้นความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

กลุ่มผสมที่ 3 LML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล (29.39 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (20.07 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (4.75 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (16.49 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (6.82 เปอร์เซ็นต์) ซึ่งให้ผลการทดลองสอดคล้องกับกลุ่มผสมที่ 1 ที่ไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะความหนาเนื้อ และให้ผลการทดลองแตกต่างกับกลุ่มผสมที่ 2 ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่มีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละกลุ่มผสม หรือพันธุ์พ่อแม่ที่

ใช้ในคู่ผสมที่ 1 และ 3 มียีนที่ควบคุมลักษณะความหนาเนื้อเป็นยีนในกลุ่มเดียวกัน หรือเหมือนกัน เช่นเป็นยีนเด่น หรือยีนด้อยเหมือนกันทั้งสองพันธุ์เมื่อนำมาผสมพันธุ์กันจึงไม่พบความดีเด่นของ ลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ นอกจากนี้การทดลองในคู่ผสมที่ 3 ยังแตกต่างจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่รายงานว่าความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ใน ลักษณะความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผล มีค่าเป็นลบซึ่งจากความไม่ สอดคล้องของผลการทดลองดังกล่าวอาจเป็นผลมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บ ข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแตงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผล เริ่มสุกแก่ นอกจากนี้การทดลองในคู่ผสมที่ 3 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่าง แตงไทยกับแคนตาลูป ดังนั้นความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะต่างๆ จึง มีความผันแปรไป

คู่ผสมที่ 4 LML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ใน ลักษณะน้ำหนักผล (36.04 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (11.85 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (13.35 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (19.46 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (24.08 เปอร์เซ็นต์) ซึ่งให้ผลการ ทดลองสอดคล้องกับคู่ผสมที่ 2 ที่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะ ความหนาเนื้อ และให้ผลการทดลองแตกต่างกับคู่ผสมที่ 1 และ 3 ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากความ ดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่มีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละคู่ผสม หรือพันธุ์พ่อแม่ที่ ใช้ในคู่ผสมที่ 2 และ 4 มียีนที่ควบคุมลักษณะความหนาเนื้อเป็นยีนที่ต่างกลุ่มกัน หรือไม่เหมือนกัน เช่นพันธุ์พ่อแม่เป็นยีนเด่น พันธุ์แม่เป็นยีนด้อย เมื่อนำมาผสมพันธุ์กันลูกผสมที่ได้ จึงมียีนที่ควบคุม ลักษณะความหนาเนื้ออยู่ในสภาพพันธุ์ทาง (heterozygous) จึงพบความดีเด่นของลูกผสมเหนือ ค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ นอกจากนี้การทดลองในคู่ผสมที่ 4 ยังแตกต่างจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่รายงานว่าความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะความกว้าง ผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผล มีค่าเป็นลบซึ่งจากความไม่สอดคล้องของผลการ ทดลองดังกล่าวอาจเป็นผลมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลอง ในผลอ่อนของแตงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้ การทดลองในคู่ผสมที่ 4 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป ดังนั้นความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่จากคู่ผสมทั้ง 4 คู่ พบว่าความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความ กว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน มีค่าสูง แสดงให้เห็นว่าลูกผสมชั่วที่หนึ่งที่ได้มีลักษณะ น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน สูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ จากข้อมูลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ดังกล่าวสามารถนำไปใช้

เป็นข้อมูลประกอบในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์แดงไทย และแคนตาลูปได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทั้งนี้การแสดงความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในแต่ละลักษณะอาจมีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละกลุ่มผสมซึ่งจะต้องทำการศึกษาเพื่อการจัดคู่ที่เหมาะสมที่จะใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะเหล่านั้น เพื่อช่วยให้โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis)

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าจากลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) พบว่า

กลุ่มผสมที่ 1 RML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความยาวผล (17.02 เปอร์เซ็นต์) น้ำหนักผล (14.95 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-7.68 เปอร์เซ็นต์) และดัชนีรูปร่างผล (9.89 เปอร์เซ็นต์) จะเห็นได้ว่าลักษณะความยาวผล น้ำหนักผล และดัชนีรูปร่างผล มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าบวก แสดงให้เห็นว่าลูกผสมที่ได้มีลักษณะดังกล่าวทั้ง 3 ลักษณะสูงกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด ซึ่งสามารถนำลักษณะดังกล่าวทั้ง 3 ลักษณะของลูกผสมคู่ที่ 1 ไปใช้ประโยชน์ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป แต่ลักษณะความหนาเนื้อ มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าลบอย่างมีนัยสำคัญ แสดงว่าลูกผสมที่ได้มีลักษณะความหนาเนื้อต่ำกว่าหรือด้อยกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด หรืออีกความหมายหนึ่งก็คือไม่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

กลุ่มผสมที่ 2 RML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะ ความยาวผล (35.67 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (-14.67 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-19.79 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-21.90 เปอร์เซ็นต์) เมื่อวิเคราะห์ผลการทดลองในกลุ่มผสมที่ 2 จะเห็นว่าลักษณะความยาวผลเพียงลักษณะเดียวที่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าบวก แสดงให้เห็นว่าลักษณะความยาวผลในลูกผสมคู่ที่ 2 ให้ค่าเฉลี่ยความยาวผลที่สูงกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด ซึ่งสามารถนำลักษณะความยาวผลของลูกผสมคู่ที่ 2 ไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงลักษณะดังกล่าวในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป แต่ลักษณะความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าลบอย่างมีนัยสำคัญ แสดงว่าลูกผสมที่ได้มีลักษณะดังกล่าวด้อยกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดอย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งก็คือไม่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

กลุ่มสมที่ 3 LML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ ดีกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล (17.99 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-11.27 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-7.29 เปอร์เซ็นต์) เมื่อวิเคราะห์ผลการทดลองในกลุ่มสมที่ 3 จะเห็นว่าลักษณะน้ำหนักผลเพียง ลักษณะเดียวที่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าบวก แสดงให้ เห็นว่าลักษณะน้ำหนักผลในลูกผสมคู่ที่ 3 ให้ค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลที่สูงกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด ซึ่งสามารถนำลักษณะน้ำหนักผลของลูกผสมคู่ที่ 3 ไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงลักษณะดังกล่าว ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป ในขณะที่ลักษณะความหนาเนื้อ และความหวาน มีความดีเด่น ของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าลบอย่างมีนัยสำคัญ แสดงว่าลูกผสมที่ได้ มีลักษณะดังกล่าวด้อยกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดอย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งก็คือไม่มีความดีเด่นของ ลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 ไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ ดีกว่าอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ในทุกลักษณะ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมคู่ที่ 4 ไม่มีค่าเฉลี่ยลักษณะใดๆ เลยที่มีสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าจาก กลุ่มสมทั้ง 4 กลุ่ม พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความ ยาวผล น้ำหนักผล และดัชนีรูปร่างผล ในกลุ่มสมที่ 1 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของ พันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าในลักษณะความยาวผล ในกลุ่มสมที่ 2 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ย ของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล ในกลุ่มสมที่ 3 และไม่พบความดีเด่นของลูกผสม เหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าทุกลักษณะในกลุ่มสมที่ 4 เมื่อวิเคราะห์ความดีเด่นของ ลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าจาก 4 กลุ่มสมจะพบว่าในแต่ละกลุ่มสมมีความดีเด่น ของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าแตกต่างกันไปในแต่ละกลุ่มสม ถึงแม้ว่าจะเป็น ลักษณะเดียวกันก็ตาม ดังนั้นการนำความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงลักษณะต่างๆ ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ควรเลือกจากข้อมูลที่มี การศึกษาข้างต้นเพื่อความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป จากการศึกษาความดีเด่นของลูกผสม เหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในหลายกลุ่มสมมีหลายลักษณะที่มีความดีเด่นของลูกผสม เหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าบวก แสดงให้เห็นถึงแนวโน้มการพัฒนาพันธุ์เป็น พันธุ์ลูกผสมในการปรับปรุงพันธุ์แตงไทย และแคนตาลูปได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทั้งนี้การแสดงความ ดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าอาจมีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละ กลุ่มสมซึ่งจะต้องทำการศึกษาเพื่อการจัดคู่ที่เหมาะสมที่จะใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะเหล่านั้น เพื่อช่วยให้โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์มีประสิทธิภาพและมีโอกาสที่จะประสบความสำเร็จมากมามาก ยิ่งขึ้น ซึ่งอาจจำเป็นต้องทำการศึกษาต่อไปกรณีที่มีการเปลี่ยนแปลงกลุ่มสม

5 การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล

จากผลการวิเคราะห์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะพบว่า

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน

คู่ผสมที่ 3 LML1 x KML370

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ

คู่ผสมที่ 4 LML1 x PI148

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ

จากการเปรียบเทียบผลการวิเคราะห์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะจากคู่ผสมทั้ง 4 คู่ พบสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทั้ง 4 คู่ผสมดังนี้คือ น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความยาวผล น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความกว้างผล น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับดัชนีรูปร่างผล น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความกว้างผล ความยาวผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับดัชนีรูปร่างผล ความยาวผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความหนาเนื้อ และความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความหนาเนื้อ พบสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะใน 3 คู่ผสมดังนี้คือ ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับดัชนีรูปร่างผล โดยพบในคู่ผสม RML1 x KML370, RML1 x PI148 และ LML1 x PI148 เมื่อเราทราบถึงความสัมพันธ์ของลักษณะจากการศึกษาดังกล่าว อาจใช้ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะมาช่วยประกอบในการคัดเลือกลักษณะต่างๆ ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์พืช คือสามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกทางอ้อม ซึ่งอาจจะทำการคัดเลือกทีละลักษณะ หรือทำการคัดเลือกทีละหลายลักษณะพร้อม

กัน เพราะการคัดเลือกบางลักษณะ โดยตรงนั้นอาจทำได้ยาก เนื่องจากอาจจะมีอัตราพันธุกรรมต่ำ (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546)

ตารางที่ 17 วิเคราะห์ผลการแสดงออกของยีน อัตราพันธุกรรมเนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม ของลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน จากกลุ่มผสมระหว่างแดงไทยกับแคนดาลูป 4 กลุ่มผสม

ข้อมูลการศึกษา	ลักษณะ					
	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
การ แสดงออก ของยีน	บวก, ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก, ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก	ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก	บวก
อัตราพันธุกรรม						ค่อนข้าง
เนวกว้าง	สูง	สูง	สูง	ค่อนข้างสูง	สูง	สูง
ความดีเด่นเนื้อ						
ค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่	สูง	สูง	สูง	สูง	ต่ำ	สูง
ความดีเด่นเนื้อ	ผันแปรไป	ผันแปรไป	ผันแปรไปใน	ผันแปรไปใน	ผันแปรไปใน	ผันแปร
ค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่หรือแม่ที่ต่ำกว่า	ในแต่ละกลุ่มผสม	ในแต่ละกลุ่มผสม	ในแต่ละกลุ่มผสม	ในแต่ละกลุ่มผสม	ในแต่ละกลุ่มผสม	ไปในแต่ละกลุ่มผสม

การปรับปรุงพันธุ์พืชในกลุ่มเมล่อน (*Cucumis melo* L.) ซึ่งเป็นพืชผสมข้าม สามารถกระทำ ได้ทั้งการผลิตสายพันธุ์แท้ (inbred line) เพื่อสร้างพันธุ์ลูกผสม (F_1 hybrid) และพันธุ์ผสมเปิด (open pollinate variety) จากการทดลองสามารถกล่าวได้ว่าการคัดเลือกสายพันธุ์แท้ เพื่อสร้างพันธุ์ลูกผสม หรือการสร้างพันธุ์ผสมเปิด สามารถใช้ประโยชน์ได้จากทุกลักษณะที่ทำการศึกษได้แก่ น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน เป็นมาตรฐานในการ คัดเลือก เพราะทุกลักษณะถูกควบคุมด้วยปฏิกิริยาของยีนแบบผลบวกเป็นหลัก ซึ่งสอดคล้องกับผล การศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาในปี 2553 ว่าปฏิกิริยาของยีน แบบบวกแสดงผลในการควบคุมลักษณะความยาวผล ความกว้างผล และความหนาเนื้อของแดงไทย ลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S_2) กับสายพันธุ์ L-(S_2) นอกจากนี้ในบางกลุ่มผสมอาจมีการแสดงออกของ ยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ที่มีแนวโน้มในการควบคุมการแสดงออกของยีนในหลายลักษณะเช่น ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล ซึ่งควรพิจารณาแนวทางการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการสร้างลูกผสม ต่อไป

เมื่อพิจารณาอัตราพันธุกรรมแนวกว้างจากคู่ผสมทั้ง 4 คู่ พบว่าลักษณะที่แสดงอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างสูง คือ น้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อ ซึ่งมีความสอดคล้องกับการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่รายงานว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูงที่ระดับ 0.60, 0.68, 0.55 และ 0.71 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าอัตราการถ่ายทอดลักษณะความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลจากพ่อ-แม่ไปยังลูกหลานได้สูง ดังนั้นอาจใช้วิธีการคัดเลือกที่ง่ายในการปรับปรุงพันธุ์ เช่น วิธีการที่เรียกว่า mass selection ส่วนลักษณะที่แสดงอัตราพันธุกรรมแนวกว้างค่อนข้างต่ำ คือ ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน แสดงให้เห็นว่าอัตราการถ่ายทอดลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหวานจากพ่อ-แม่ไปยังลูกหลานได้ต่ำ วิธีการคัดเลือกจึงทำได้ค่อนข้างยาก เนื่องจากในช่วงรุ่นหลังๆ (late generation) ลักษณะเด่นเหล่านี้จะหายไปในช่วงที่มีการคัดเลือก (วิวัฒนาการ ก้นแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไคววัล, 2554) ดังนั้นควรพิจารณาวิธีการคัดเลือกที่มีความซับซ้อนมากยิ่งขึ้น เช่น การทดสอบรุ่นลูกหรือวิธีการที่เรียกว่า progeny test นอกจากนี้ยังอาจจำเป็นต้องใช้วิธีการคัดเลือกในหลายวิธีการร่วมกัน ยิ่งไปกว่านั้นการศึกษาอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ยังพบว่ามีความผันแปรไปในแต่ละคู่ผสมซึ่งอาจเป็นผลเนื่องจากการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรม มีความเฉพาะเจาะจงในแต่ละคู่ผสม หรืออาจเกิดจากการแสดงผลของสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง

เมื่อพิจารณาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผลพบว่า ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ จากคู่ผสมทั้ง 4 คู่ พบลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ค่อนข้างสูง นอกจากนี้ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในทุกลักษณะของลูกผสมส่วนใหญ่มีค่าเป็นบวก แสดงให้เห็นว่า ลูกผสมชั่วที่ 1 ในทุกลักษณะมีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า จากคู่ผสมทั้ง 4 คู่ พบว่าทุกลักษณะมีความแปรปรวนไปในแต่ละคู่ผสม โดยพบว่าคู่ผสม RML1 x KML370 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าในลักษณะความยาวผล น้ำหนักผล และ ดัชนีรูปร่างผล และคู่ผสม RML1 x PI148 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความยาวผล แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าในบางลักษณะและบางคู่ผสมเท่านั้น ในขณะที่ความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีค่าเป็นลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 ให้ค่าเฉลี่ยในลักษณะนั้นๆ ต่ำกว่าพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด จากการศึกษาเหล่านี้แสดงถึงแนวโน้มการพัฒนาพันธุ์เป็นพันธุ์ลูกผสมในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล ในคู่ผสม RML1 x KML370

และลักษณะความยาวผลในกลุ่มผสม RML1 x PI148 ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์แตงไทย และแคนตาลูปได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทั้งนี้การแสดงความดีเด่นของลูกผสมอาจมีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละกลุ่มผสมซึ่งจะต้องทำการศึกษาต่อไป

จากการเปรียบเทียบผลการวิเคราะห์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะจากกลุ่มผสมทั้ง 4 กลุ่มพบว่า น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ และความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความหนาเนื้อ ในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ เช่น ลักษณะน้ำหนักผลที่มีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ อาจทำได้โดยคัดเลือกความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ให้มีค่าสูงจะทำให้ให้น้ำหนักผลมีค่าสูงด้วย เนื่องจากมีสหสัมพันธ์กันในทางบวก ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับดัชนีรูปร่างผล ในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ เช่น ลักษณะความกว้างผลที่มีสหสัมพันธ์ในทางลบกับดัชนีรูปร่างผล อาจทำได้โดยคัดเลือกดัชนีรูปร่างผล ให้มีค่าต่ำจะทำให้ความกว้างผลมีค่าสูงขึ้น เนื่องจากมีสหสัมพันธ์ในทางลบ จากการศึกษาดังกล่าวอาจใช้ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะมาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์พืช คือสามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกทางอ้อม เพราะการคัดเลือกบางลักษณะโดยตรงนั้นทำได้ยาก เนื่องจากอาจมีอัตราพันธุกรรมต่ำ

จากการศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะจำเพาะของผลแตงไทยและแคนตาลูป อัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่างๆ เป็นข้อมูลที่มีประโยชน์อย่างยิ่งสำหรับการคัดเลือก และการเลือกแนวทางการพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์แตงไทย แคนตาลูปและแตงลูกผสม ให้เป็นพืชที่มีศักยภาพทางเศรษฐกิจในอนาคต ทั้งนี้ในการศึกษาและทดลองในครั้งนี้ได้เลือก กลุ่มพันธุ์ของ *Cucumis melo*. เพียง 2 กลุ่มพันธุ์ จาก 7 กลุ่มพันธุ์ มาทำการศึกษาทดลอง คือ Conomon Group ที่ประกอบด้วยพันธุ์ RML1 และ LML1 และ Cantalupensis Group ที่ประกอบด้วยพันธุ์ KML370 และ PI148 เนื่องจากเป็นพืชที่มีการเพาะปลูกในประเทศไทย (ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) จึงเหมาะสมที่จะทำการศึกษาทดลอง แต่ศึกษาทดลองในครั้งนี้ไม่อาจอ้างอิงผลการทดลองครอบคลุมไปยังกลุ่มพันธุ์ของ *Cucumis melo*. ทั้ง 7 กลุ่มพันธุ์ได้อีก ทั้งกลุ่มพันธุ์ในแต่ละกลุ่มพันธุ์ยังประกอบด้วยสายพันธุ์จำนวนมาก ซึ่งอาจจะมีบางสายพันธุ์ที่ใช้วิธีการผสมข้ามกลุ่มพันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์ จึงควรที่จะมีการศึกษาและจำแนกสายพันธุ์ให้มีความชัดเจนในระดับโมเลกุล เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในหลายๆ ด้าน รวมไปถึงใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์พืชต่อไปในอนาคต นอกจากนี้สายพันธุ์ที่นำมาใช้ในการทดลองในครั้งนี้ อาจมีการ

พัฒนาสายพันธุ์มาจาก การผสมข้ามกลุ่มพันธุ์ที่ควรมีการศึกษาและจำแนกสายพันธุ์ให้มีความชัดเจน
ในระดับโมเลกุลเช่นกัน



บทที่ 6

สรุปผลการทดลอง

จากการศึกษาการเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์ การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผล ของประชากร ทั้ง 6 ประชากร ปฏิบัติการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล อัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของ ลูกผสม และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะที่ศึกษาในลูกผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป พบว่า

1. พันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกัน แต่มีความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูง

2. การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลของประชากรทั้ง 6 ประชากร ใน 4 กลุ่มผสม พบความแตกต่างระหว่างชั่วรุ่นทุกลักษณะที่ศึกษา แสดงถึงความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างลูกผสมกับพันธุ์พ่อแม่ ซึ่งเกิดจากการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูก

3. การศึกษาปฏิบัติการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล

3.1 การแสดงออกของยีนแบบบวกร มีความสำคัญในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผล การแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่มีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผล

3.2 การแสดงออกของยีนแบบบวกร แบบข่ม และข่มข้ามคู่ มีแนวโน้มที่มีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความยาวผล

3.3 การแสดงออกของยีนแบบบวกร มีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความกว้างผล การแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่มีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะความกว้างผล

3.4 การแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่มีความสำคัญ ในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล

3.5 การแสดงออกของยีนแบบบวกรมีความสำคัญ ในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อ การแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อ 3.6

การแสดงออกของยีนแบบบวกรมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความหวาน

4. การศึกษาอัตราพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

ลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง ได้แก่ น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผลและความหนาเนื้อลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ ได้แก่ ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน

5. การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล

พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่สูงในน้ำหนักรผล ความยาวผล และความหนาเนื้อ ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในทุกลักษณะมีค่าเป็นบวก แสดงว่า ลูกผสมชั่วที่ 1 ในทุกลักษณะมีค่าเฉลี่ยแต่ละลักษณะมากกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

พบว่าความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มผสม โดยลักษณะน้ำหนักรผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 และ LML1 x KML370 ความยาวผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 และ RML1 x PI148 และดัชนีรูปร่างผลพบในกลุ่มผสม RML1 x KML370 และความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีค่าเป็นบวก แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในขณะที่ความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีค่าเป็นลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 ให้ค่าเฉลี่ยในลักษณะ นั้น ๆ ต่ำกว่าพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด

6. การศึกษาสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล

น้ำหนักรผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ

ความยาวผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ
ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความหนาเนื้อ
ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับดัชนีรูปร่างผล

บรรณานุกรม

- กมล เลิศรัตน์. (2521). การถ่ายทอดลักษณะรากและใบในลูกผสมระหว่างฝักกาดหัวกับฝักขี้หูด.
วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- คำนึ่ง คำอุดม. (มปป). แดงแคนตาลูป. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์ฐานเกษตรกรรม.
- จรัสศรี นวลศรี. (2527). การศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรมบางประการของมะเขือจาน 4 สายพันธุ์. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- จานุลักษณ์ ขนบดี. (2541). การผลิตเมล็ดพันธุ์ฝัก. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์โอเดียนสโตร์.
- ปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา. (2551). การศึกษาผลทางพันธุกรรมในลักษณะรูปร่างผลของแดงไทย. ว. วิทย. กษ. 39(3) (พิเศษ): 322-325.
- ปราโมทย์ พรสุริยา, พรทิพย์ พรสุริยา และปฎิยุทธ์ ขวัญอ่อน. (2553). การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของช่วงรุ่นในลักษณะทางพืชสวนของแดงไทย. 36th Congress on science and technology of Thailand. 2 p.
- พรรณเพ็ญ แสงใส. (2532). การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมในลักษณะผลและองค์ประกอบในผลผลิตของมะระ. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- เพ็ญภา ททรัพย์เจริญ. (2547). ฝักพื้นบ้านภาคกลาง. กรุงเทพฯ: บริษัท สามเจริญพาณิชย์ (กรุงเทพ) จำกัด.
- ไพศาล เหล่าสุวรรณ, อริย์ วรรณวัฒน์ และปิยะดา ทิพย์ผ่อง. (2546). หลักการปรับปรุงพันธุ์พืช. มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี. นครราชสีมา
- เมืองทอง ทวนทวี และสุธีรัตน์ ปัญญาโตนะ. (2532). สวนฝัก. กรุงเทพฯ: โรงพิมพ์หังฮั่วชิน.
- ยุพยงษ์ สุทธิธรรม. (2542). การปลูกแดงแคนตาลูป. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์โอเดียนสโตร์.
- วรนุช เชี่ยวชาญพานิช. (2536). การศึกษาพันธุ์และทดสอบผลผลิตของแดงไทย. ปัญหาพิเศษปริญญาตรี. ภาควิชาพืชสวน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัส จุลศรีไกว้ล. (2554). คู่มือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร. เชียงใหม่: สำนักพิมพ์ บริษัทเชียงใหม่พรีนติ้ง จำกัด.
- ศุภาพร รัตนพิทักษ์. (2535). การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและลักษณะฝักในการผสมระหว่างถั่วฝักยาวกับถั่วพุ่ม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- หนึ่งฤทัย เดโช. (2543). เยี่ยมชมเมล่อน พืชทำทายฝีมือที่ปากช่อง. ว. เกษะเกษตร. ปีที่ 24. ฉบับที่ 5. หน้า 84-89.
- อารักษ์ ชีร์อำพน. (2538). ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิตในการ

- ผสมระหว่างบร็อกโคลีกับคะน้าจีน. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- 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*). In: Agron. J. 43: 409-417.
- Daryono, B.S., Somowiyarjo, S. and Natsuaki K.T. (2003). New source of resistance to cucumber mosaic virus in melon. In: SABRAO J. of breeding and genetics 35(1): 19-26.
- Falconer, D.S. (1981). Introduction to Quantitative Genetics. 2nd (ed). Longman, London.
- Farshadfar, E., Sarbarzeh, M.A., Sharifi, M. and Yaghotipoor, A. (2008). Assessment of salt tolerance inheritance in barley via generation mean analysis. In: J. Biological Sci. 8(2): 461-465.
- Iathet, C. and Piluek, K. (2006). Heritability, Heterosis and Correlations of Fruit Characters and Yield in Thai Slicing Melon (*Cucumis melo* L. var. conomon Makino). In: 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.
- Kalb, T.J. and Davis D.W. (1984). Evaluation of combining ability, heterosis, and genetic variance for fruit quality characteristics in Bush Muskmelon. In: J. Amer. Soc. Hort. Sci. 109(3): 411-415.
- Khattak, G.S.S., Ashraf, M. and Khan, M.S. (2004). Assessment of genetic variation for yield and yield components in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) using generation mean analysis. In: Pak. J. Bot. 36(3): 583-588.
- Kunkaew, W., Julsrigival, S., Senthong, C. and Karladee, D. (2010). Generation mean analysis of seed yield and pod per plant in Azuki bean growing on highland areas. In: CMU. J. Nat. Sci. 9(1): 125-132.
- Lippert, L.F. and Hall, M.O. (1982). Heritability and correlations in muskmelon from parent-Offspring regression analyses. In: J. Amer. Soc. Hort. Sci. 107(2): 217-221.
- Mather, K. and Jinks, J.L. (1971). Biometrical Genetics. Cornell University Press, New York.
- 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.
- Pelofske, P.J. and Baggett, J.R. (1980). Inheritance of internode length, plant form and annual habit in a cross of cabbage and broccoli (*Brassica oleracea* var. *capitata* L. and var. *italica* Plenck.). In: Euphytica 16: 29-32.
- Purseglove, J.W. (1968). Tropical Crops: Dicotyledons. Longman Group Ltd., London.
- Robinson, R.W. and Decker-Walters, D.S. (1997). Cucurbits. Solidus (Bristol) Limited, London.
- Saharay, P.K. and Islam, M.A. (2008). Genetic analysis of salinity tolerance in rice. In: Bangladesh J. Agril. Res. 33(3): 519-529.
- Shashikumar, K.T., Pitchaimuthu, M. and Rawal, R.D. (2010). Generation mean analysis of resistance to downy mildew in adult muskmelon plants. In: Euphytica 173: 121-127.
- Simla, S., Lertrat, K. and Suriharn, B. (2009). Gene effects of sugar composition in waxy corn. In: Asian J. of Plant Sci.: 1-8.
- St. Amand, P.C. and Wehner, T.C. (2001). Generation means analysis of leaf and stem resistance to gummy stem blight in cucumber. In: J. Amer. Hort. Sci. 126(1): 95-99.
- Yeager, A.F. (1943). The Characteristics of crosses between botanical varieties of cabbage *Brassica oleracea*. In: Proc. Amer. Soc. Hort. Sci. 43: 199-200.
- Zalapa, J.E., Staub, J.E. and McCreight J.D. (2006). Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. In: Plant Breeding 125: 482-487.

ภาคผนวก



ตารางภาคผนวกที่ 1 ค่าการวิเคราะห์ห่าเวียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของพันธุ์แดงไทย และแคนตาลูปที่ใช้ในการทดลอง

- น้ำหนักผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Variety	3	0.245	0.082	48.582 **	0.0001
Block	4	0.018	0.004	2.613 ns	0.088
Error	12	0.020	0.002		
Corrected Total	19	0.283			

** , ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

- ความยาวผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Variety	3	163.049	54.350	215.247 **	0.0001
Block	4	1.487	0.372	1.472 ns	0.271
Error	12	3.030	0.252		
Corrected Total	19	167.566			

** , ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

- ความกว้างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Variety	3	11.093	3.698	61.759 **	0.0001
Block	4	0.323	0.081	1.350 ns	0.308
Error	12	0.718	0.060		
Corrected Total	19	12.135			

** , ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

ตารางภาคผนวกที่ 1 ค่าการวิเคราะห์ห่าเวียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของพันธุ์แดงไทย และแคนตาลูปที่ใช้ในการทดลอง (ต่อ)

- ดัชนีรูปร่างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Variety	3	2.239	0.746	397.362 **	0.0001
Block	4	0.004	0.001	0.535 ns	0.713
Error	12	0.023	0.002		
Corrected Total	19	2.266			

** , ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

- ความหนาเนื้อ

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Variety	3	1.072	0.357	50.256 **	0.0001
Block	4	0.015	0.004	0.524 ns	0.720
Error	12	0.085	0.007		
Corrected Total	19	1.172			

** , ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

- ความหวาน

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Variety	3	25.346	8.449	80.638 **	0.0001
Block	4	0.234	0.058	0.557 ns	0.698
Error	12	1.257	0.105		
Corrected Total	19	26.837			

** , ns = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01 และไม่แตกต่างทางสถิติ ตามลำดับ

ตารางภาคผนวกที่ 2 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

- น้ำหนักผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	20.22	4.04	8.13 **	0.0001
Error	450	223.96	0.50		
Corrected Total	455	244.18			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความยาวผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	891.58	178.32	12.63 **	0.0001
Error	450	6354.30	14.12		
Total	455	7245.88			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความกว้างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	410.66	82.13	13.83 **	0.0001
Error	450	2673.44	5.94		
Total	455	3084.10			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 2 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

- ดัชนีรูปร่างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	5.63	1.13	17.50 **	0.0001
Error	450	28.97	0.06		
Total	455	34.60			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหนาเนื้อ

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	15.80	3.16	5.09 **	0.0001
Error	450	279.36	0.62		
Total	455	295.16			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหวาน

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	30.82	6.16	1.11 ^{ns}	0.0001
Error	450	2496.14	5.55		
Total	455	2526.95			

ns = ไม่แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 3 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในกลุ่มผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

- น้ำหนักผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	39.41	7.88	25.10 **	0.0001
Error	438	137.54	0.31		
Corrected Total	443	176.95			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความยาวผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	1280.67	256.13	15.86 **	0.0001
Error	438	7073.08	16.15		
Total	443	8358.75			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความกว้างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	1004.47	200.89	46.36 **	0.0001
Error	438	1897.85	4.33		
Total	443	2902.32			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 3 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

- ดัชนีรูปร่างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	14.32	2.86	7.02 **	0.0001
Error	438	178.64	0.41		
Total	443	192.96			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหนาเนื้อ

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	103.37	20.67	25.74 **	0.0001
Error	438	351.78	0.80		
Total	443	455.15			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหวาน

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	998.76	199.75	40.74 **	0.0001
Error	438	2147.55	4.90		
Total	443	3146.30			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 4 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในกลุ่มผสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

- น้ำหนักผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	35.15	7.03	14.97 **	0.0001
Error	394	185.06	0.47		
Corrected Total	399	220.21			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความยาวผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	4920.04	984.01	50.69 **	0.0001
Error	394	7648.30	19.41		
Total	399	12568.34			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความกว้างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	144.79	28.96	5.94 **	0.0001
Error	394	1920.27	4.87		
Total	399	2065.06			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 4 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

- ดัชนีรูปร่างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	27.84	5.57	50.94 **	0.0001
Error	394	43.07	0.11		
Total	399	70.91			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหนาเนื้อ

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	28.10	5.62	14.93 **	0.0001
Error	394	148.33	0.38		
Total	399	176.43			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหวาน

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	340.56	68.11	17.76 **	0.0001
Error	394	1510.70	3.83		
Total	399	1851.26			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 5 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

- น้ำหนักผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	92.66	18.53	39.10 **	0.0001
Error	402	190.53	0.47		
Corrected Total	407	283.19			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความยาวผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	3938.98	787.80	29.12 **	0.0001
Error	402	10875.84	27.05		
Total	407	14814.82			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความกว้างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	624.61	124.92	25.43 **	0.0001
Error	402	1974.56	4.91		
Total	407	2599.17			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 5 ค่าการวิเคราะห์ห่าเรียนซ์ของลักษณะผล ประกอบด้วย น้ำหนักผล ความยาว ผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานของประชากรทั้ง 6 ชั่วในคู่ผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

- ดัชนีรูปร่างผล

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	4.87	0.97	5.66 **	0.0001
Error	402	69.17	0.17		
Total	407	74.04			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหนาเนื้อ

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	50.21	10.04	22.61 **	0.0001
Error	402	178.53	0.44		
Total	407	228.74			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

- ความหวาน

Source of variance	df	Sum of squares	Mean squares	F-value	Pr >
Generation	5	351.56	70.31	16.77 **	0.0001
Error	402	1685.82	4.19		
Total	407	2037.39			

** = แตกต่างทางสถิติในระดับ 0.01

ตารางภาคผนวกที่ 6 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล ใน
 คู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis*
melo L. var. *cantalupensis*; P₂)

Source of variance	df	Mean square		
		น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล
Generation	5	4.04	178.32	82.13
Plots/Generation	42	2.68	31.79	22.80
Plants/Plots/Generation	432	0.41	11.62	5.24
Plants/P ₁	36	0.25	4.19	3.84
Plants/P ₂	37	0.07	5.68	3.31
Plants/F ₁	80	0.25	4.32	3.21
Plants/F ₂	134	0.54	19.66	6.55
Plants/BC ₁ P ₁	79	0.50	11.14	5.16
Plants/ BC ₁ P ₂	66	0.49	12.10	6.97
Total	479			

ตารางภาคผนวกที่ 6 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล ใน
 คู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis*
melo L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

Source of variance	df	Mean square		
		ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
Generation	5	1.13	2.18	6.16
Plots/Generation	42	0.15	0.88	16.66
Plants/Plots/Generation	432	0.06	0.36	5.08
Plants/P ₁	36	0.04	0.43	3.41
Plants/P ₂	37	0.02	0.21	3.14
Plants/F ₁	80	0.03	0.14	5.30
Plants/F ₂	134	0.11	0.43	4.85
Plants/BC ₁ P ₁	79	0.02	0.41	4.05
Plants/ BC ₁ P ₂	66	0.07	0.50	8.54
Total	479			

ตารางภาคผนวกที่ 7 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล
ในกลุ่มผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148
(*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂)

Source of variance	df	Mean square		
		น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล
Generation	5	7.88	256.13	200.89
Plots/Generation	42	1.59	62.04	14.05
Plants/Plots/Generation	420	0.26	14.18	3.92
Plants/P ₁	36	0.25	4.19	3.84
Plants/P ₂	35	0.06	5.95	1.99
Plants/F ₁	73	0.13	9.59	2.25
Plants/F ₂	133	0.38	21.58	4.25
Plants/BC ₁ P ₁	71	0.32	13.61	7.01
Plants/ BC ₁ P ₂	72	0.20	14.73	2.91
Total	467			

ตารางภาคผนวกที่ 7 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล
ในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148
(*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

Source of variance	df	Mean square		
		ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
Generation	5	2.86	18.44	199.75
Plots/Generation	42	0.55	1.03	21.69
Plants/Plots/Generation	420	0.40	0.54	4.18
Plants/P ₁	36	0.04	0.43	3.41
Plants/P ₂	35	0.05	0.41	1.93
Plants/F ₁	73	0.07	0.14	3.41
Plants/F ₂	133	0.13	1.07	4.97
Plants/BC ₁ P ₁	71	1.92	0.38	4.58
Plants/ BC ₁ P ₂	72	0.10	0.24	4.61
Total	467			

ตารางภาคผนวกที่ 8 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล ใน
 คู่ผสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis*
melo L. var. *cantalupensis*; P₂)

Source of variance	df	Mean square		
		น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล
Generation	5	7.03	984.01	29.12
Plots/Generation	42	1.85	75.37	17.51
Plants/Plots/Generation	376	0.40	16.73	4.27
Plants/P ₁	38	0.36	20.41	3.17
Plants/P ₂	37	0.07	5.68	3.31
Plants/F ₁	78	0.37	12.10	4.12
Plants/F ₂	91	0.78	23.54	6.71
Plants/BC ₁ P ₁	78	0.36	20.75	3.64
Plants/ BC ₁ P ₂	54	0.15	11.13	2.72
Total	423			

ตารางภาคผนวกที่ 8 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล ใน
 คู่ผสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ KML370 (*Cucumis*
melo L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

Source of variance	df	Mean square		
		ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
Generation	5	5.58	5.62	68.11
Plots/Generation	42	0.13	0.73	5.22
Plants/Plots/Generation	376	0.11	0.36	3.77
Plants/P ₁	38	0.07	0.27	2.66
Plants/P ₂	37	0.02	0.21	3.14
Plants/F ₁	78	0.27	0.20	2.57
Plants/F ₂	91	0.06	0.81	5.25
Plants/BC ₁ P ₁	78	0.10	0.20	3.19
Plants/ BC ₁ P ₂	54	0.05	0.23	5.05
Total	423			

ตารางภาคผนวกที่ 9 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล ใน
 คู่ผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis*
melo L. var. *cantalupensis*; P₂)

Source of variance	df	Mean square		
		น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล
Generation	5	18.53	787.80	124.92
Plots/Generation	42	2.37	128.75	15.71
Plants/Plots/Generation	384	0.38	22.29	4.41
Plants/P ₁	38	0.36	20.41	3.18
Plants/P ₂	35	0.06	5.95	1.99
Plants/F ₁	83	0.20	22.28	4.48
Plants/F ₂	97	0.69	28.49	4.50
Plants/BC ₁ P ₁	59	0.38	22.49	3.62
Plants/ BC ₁ P ₂	72	0.35	22.70	6.65
Total	431			

ตารางภาคผนวกที่ 9 ค่าการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำเพาะของผล ใน
 คู่ผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P₁) กับ PI148 (*Cucumis*
melo L. var. *cantalupensis*; P₂) (ต่อ)

Source of variance	df	Mean square		
		ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
Generation	5	0.98	10.05	70.31
Plots/Generation	42	0.26	1.21	7.35
Plants/Plots/Generation	384	0.17	0.41	4.05
Plants/P ₁	38	0.07	0.27	2.66
Plants/P ₂	35	0.05	0.41	1.93
Plants/F ₁	83	0.22	0.30	3.43
Plants/F ₂	97	0.16	0.57	5.02
Plants/BC ₁ P ₁	59	0.15	0.39	2.73
Plants/ BC ₁ P ₂	72	0.24	0.41	6.27
Total	431			