บทที่ 2

ปริทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ความสำคัญของแคนตาลูป แตงไทย และลักษณะทางพฤกษศาสตร์

ความสำคัญ

แคนตาลูปมีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Cucumis melo* L. var. *cantalpensis* เป็นพืชอยู่ในตระกูลคิวเคอร์บิตาซิอี้ (cucurbitaceae) ซึ่งเป็นพืชกลุ่มใหญ่มีประมาณ 90 จีนัส (genus) และมีมากกว่า 700 ชนิด (species) (Daryono *et al*, 2003) เป็นพืชตระกูลเดียวกันกับแตงไทย (คำนึง คำอุดม, มปป.) จัดอยู่ในประเภทผัก อายุปลูกจนถึงเก็บเกี่ยวประมาณ 80 ถึง 130 วัน (เมืองทอง ทวนทวี และสุรีรัตน์ ปัญญาโตนะ, 2532) แคนตาลูป (cantaloupe) เป็นชื่อแตงพันธุ์หนึ่ง (ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) มีถิ่นกำเนิดในประเทศอินเดีย (คำนึง คำอุดม, มปป.; เมืองทอง ทวนทวี และสุรีรัตน์ ปัญญาโตนะ, 2532; ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) และในแถบกึ่งอบอุ่น และเขตร้อนทางทิศตะวันตกของทวีปแอฟริกา (จานุ ลักษ์ณ์ ขนบดี, 2541) ชื่อเดิมเรียกอย่างไรไม่ปรากฏ ต่อมาได้มีการนำเข้าไปปลูกในประเทศอิตาลี ที่เมืองแคนตาลูโป้ (Cantalupo) จึงได้รับการตั้งชื่อใหม่ตามชื่อเมืองในท้องถิ่นนั้นว่า แคนตาลูป (cantaloupe) (คำนึง 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 (คำนึง คำอุดม, มปป.)

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

ใต้ (ยุพยงษ์ สุทธิธรรม, 2542) แตงไทยมีรสจืดทำให้ไม่นิยมบริโภคสด ดังนั้นจึงควรทำการปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้มีรสชาติเป็นที่ต้องการของผู้บริโภค ปัญหาในการปรับปรุงพันธุ์แตงไทย คือ พื้นฐานทางพันธุกรรมแคบ หรือความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อย ดังนั้น โอกาสในการปรับปรุงพันธุ์ใหม่จึงทำได้ยาก

ลักษณะทางพฤกษศาสตร์

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

ใบแคนตาลูปมีลักษณะคล้ายใบฟักทอง หรือใบแตงกวา ฐานใบเว้า ขอบใบหยักเป็นคลื่น ผิวใบขรุขระ ใบอ่อนมีขนขนาดเล็กขึ้นที่ริมขอบใบ ใต้ใบมีขนขนาดเล็กขึ้นอยู่อย่างหนาแน่น เมื่อใบมีอายุมากขึ้นขนใต้ใบจะลดลง การเรียงตัวของใบเป็นแบบสลับ ใบจะเกิดตรงข้อ ข้อละ 1 ใบ ก้านใบกลวง ยาว 5-10 เซนติเมตร มีขนขนาดเล็กที่ก้านใบ ก้านใบมีขนาดเล็กกว่าลำต้นเล็กน้อย (คำนึง คำอุดม, มปป.)

ลักษณะการออกดอกของแคนตาลูปเป็นได้ทั้งแบบที่มีดอกเพศผู้และดอกสมบูรณ์เพศอยู่บนต้นเดียวกัน (andromonoecious) และแบบที่มีทั้งดอกเพศผู้และดอกเพศเมียอยู่บนต้นเดียวกัน (monoecious) ส่วนใหญ่จะออกดอกแบบมีดอกเพศผู้และดอกสมบูรณ์เพศอยู่บนต้นเดียวกัน ดอกเพศผู้เกิดตรงบริเวณซอกใบตำแหน่งเดียวกับแขนงย่อย ออกดอกหลังจากแตกแขนงย่อยไม่นาน ดอกมีสีเหลืองลักษณะคล้ายดอกแตงทั่วไป (คำนึง คำอุดม, มปป.) ดอกเพศผู้มีกลีบเลี้ยงและกลีบดอก 5 กลีบ อับละอองเกสรตัวผู้ 3 อับ มีก้านชูเกสรสั้น ออกดอกอย่างต่อเนื่อง (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) ส่วนดอกเพศเมียและดอกสมบูรณ์เพศจะเกิดบนแขนงย่อยข้อแรก (คำนึง 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 (คำนึง คำอุดม, มปป.)

ผลของแคนตาลูปจะเกิดอยู่บนแขนงย่อย ผลจะมีลักษณะแตกต่างกัน บางพันธุ์มีตาข่ายร่างแหปกคลุมอยู่ทั่วผล บางพันธุ์ไม่มีตาข่ายร่างแหปกคลุม บางพันธุ์มีร่องเป็นทางยาวตลอดแนวของผล

รูปทรงของผลมีลักษณะค่อนข้างกลมและรี สีของเนื้อแตกต่างกันตามลักษณะของพันธุ์ (คำนึง คำอุดม, มปป.) ขนาดผลเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 13 ถึง 15 เซนติเมตร น้ำหนักประมาณ 0.7 ถึง 1.8 กิโลกรัม (เมืองทอง ทวนทวี และสุรีรัตน์ ปัญญาโตนะ, 2532) เมล็ดมีสีน้ำตาลเหลือง (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541)

แตงไทย (pickling melon) มีจำนวนโครโมโซม 2n = 2x = 24 เป็นพืชผสมข้ามโดยแมลง และลม (จานุลักษณ์ ขนบดี, 2541) ลักษณะโดยทั่วไปของแตงไทยใกล้เคียงกับแคนตาลูป (วรนุช เชี่ยวชาญพานิช, 2536) ดอกมีลักษณะเป็นดอกเดี่ยวสีเหลือง ใบเป็นใบเดี่ยวทรงเหลี่ยมมีเว้าเล็กน้อย (เพ็ญนภา ทรัพย์เจริญ, 2547) ผลค่อนข้างยาว และกลมรี มีลาย (strip) ตามความยาวของผล ผลสุกมีเปลือกบาง มีกลิ่นหอม มีรสจืดทำให้ไม่นิยมรับประทานสด พันธุ์แตงไทยที่ใช้ปลูกส่วนใหญ่จะมีการติดผลระหว่าง 1-4 ผลต่อต้น (วรนุช เชี่ยวชาญพานิช, 2536)

ในปัจจุบันการศึกษาและจำแนกกลุ่มของ *Cucumis melo* นั้นสามารถจำแนกได้ 6 กลุ่มดังนี้

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

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

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

Conomon Group (pickling melon) เป็นกลุ่มที่มีผลขนาดเล็ก ผิวเรียบ ผลนิ่มเมื่อสุก สีของเนื้อในผลเป็นสีขาว 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 มีรสจืดจนถึงเปรี้ยว 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) ผิวขรุขระมีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนเด่น ผิวเรียบไม่มีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนด้อย 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) ผิวขรุขระมีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนเด่น ผิวเรียบไม่มีตาข่ายร่างแหควบคุมด้วยยีนด้อย ขนาดของผล (size of fruit) ผลขนาดใหญ่ควบคุมด้วยยีนเด่น ผลขนาดเล็กควบคุมด้วยยีนด้อย

พันธุศาสตร์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช

ขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์พืช

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

วิธีการปรับปรุงพันธุ์พืช

การปรับปรุงพันธุ์พืชมีหลายวิธี มีทั้งวิธีการที่ง่าย เช่นการคัดเลือกพันธุ์บริสุทธิ์ในพืชผสมตัวเอง และการคัดเลือกรวมในพืชผสมข้าม ไปจนถึงวิธีการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการผสมพันธุ์แล้วนำเทคโนโลยีที่ทันสมัยมาช่วยในการดำเนินงาน เช่น การตัดต่อยีนและการใช้เครื่องหมายโมเลกุลช่วย

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

การเลือกใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์พืชที่เหมาะสม

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

การผสมพันธุ์ในพืชชนิดเดียวกัน (intraspecific cross) หรือการผสมข้ามสายพันธุ์

การผสมพันธุ์ในพืชชนิดเดียวกัน (intraspecific cross) เป็นสิ่งสำคัญในการสร้างฐานพันธุกรรมให้กับนักปรับปรุงพันธุ์ เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในแผนงานปรับปรุงพันธุ์ ตัวอย่างเช่น การถ่ายยีน S-alleles ซึ่งเป็นยีนเด่นจากคะน้าเข้าสู่กะหล่ำดาว การคัดเลือกสายพันธุ์ที่ผสมตัวเองติด (self-compatible) ของลูกผสมกะหล่ำดอก การสร้างลูกผสมสายพันธุ์ใหม่ “Calabrese-like line” ซึ่งเกิดจากการผสมข้ามระหว่างกะหล่ำดอกกับบร็อคโคลี (Inner, 1983) การถ่ายทอดลักษณะความยาวปล้อง รูปทรงใบ และลักษณะความเป็นพืชฤดูเดียว ในการผสมระหว่างกะหล่ำปลีกับบร็อคโคลี (Pelofske and Baggett, 1980) การศึกษาลักษณะทางพฤกษศาสตร์ของลูกผสมในกลุ่ม *Brassica oleracea* ประกอบด้วยกะหล่ำปลี กะหล่ำดอก กะหล่ำปม กะหล่ำดาว คะน้าฝรั่ง และบร็อคโคลี (Yeager, 1943) สำหรับการศึกษาและการใช้ประโยชน์ในประเทศไทย เช่น การศึกษาความปรวนแปรทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและลักษณะฝักในการผสมระหว่างถั่วฝักยาวกับถั่วพุ่ม (สุภาพร รัตนพิทักษ์, 2535) การศึกษาความปรวนแปรทางพันธุกรรมในลักษณะผลและองค์ประกอบในผลผลิตของมะระ (พรรณเพ็ญ แสงใส, 2532) การศึกษาการถ่ายทอดทางพันธุกรรมบางประการของมะเขือจาน 4 สายพันธุ์ (จรัสศรี นวลศรี, 2527) จากตัวอย่างข้างต้นสายพันธุ์พ่อแม่ที่ใช้เป็นสาย

พันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) หรือสายพันธุ์แท้ (inbred line) และใช้วิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยประชากร (generation mean analysis) ซึ่งทำให้ทราบถึงปฏิกิริยาการทำงานของยีน ที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ตลอดจนใช้วิธีวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสม อัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่าง ๆ เพื่อเป็นข้อมูลในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป สำหรับการทดลองที่ใช้พันธุ์พ่อแม่เป็นพันธุ์ผสมเปิด (open pollinated variety) เช่น การถ่ายทอดลักษณะรากและใบในลูกผสมระหว่างผักกาดหัวกับผักขี้หูด (กมล เลิศรัตน์, 2521) ความปรวนแปรทางพันธุกรรมของการเจริญเติบโตและผลผลิต ในการผสมระหว่างบร๊อคโคลีกับคะน้าจีน (อารักษ์ ธีรอำพน, 2538) ซึ่งใช้วิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ที่สามารถอธิบายปฏิกิริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะต่าง ๆ ได้เช่นเดียวกัน

การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis; GMA)

ในการปรับปรุงลักษณะปริมาณนั้น ข้อมูลพื้นฐานเบื้องต้นที่ต้องทราบ คือวิธีการแสดงออกของยีน (gene action) ที่ควบคุมลักษณะนั้น ๆ ว่าเป็นแบบบวก แบบข่ม หรือข่มข้ามคู่มากน้อยเพียงใด ทั้งนี้เพราะวิธีการแสดงออกของยีนจะเป็นตัวกำหนดวิธีการปรับปรุงลักษณะนั้นๆ วิธีการศึกษาการแสดงออกของยีนที่นิยมกันวิธีหนึ่งคือการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (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 การศึกษาการแสดงออกของยีนต้านทานต่อ gummy stem blight ในใบและลำต้นของแตง (cucumber) (St. Amand and Wehner, 2001) การศึกษาการแสดงออกของยีนต้านทานต่อ yellow mottle virus ในข้าว (Paul *et al*, 2003) การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของผลผลิตและลักษณะที่เกี่ยวข้องกับผลผลิตในถั่วเขียว (mungbean) (Khattak *et al*, 2004) การศึกษาผลของยีนที่ควบคุมลักษณะทางการเจริญเติบโตและผลผลิตในเมล่อน (Zalapa *et al*, 2006) การศึกษาการแสดงออกของยีนทนความเค็มในข้าวบาร์เลย์ (Farshadfar *et al*, 2008) การศึกษาการแสดงออกของยีนทนความเค็มในข้าว (Saha Ray and Islam, 2008) การศึกษาผลของยีนที่ควบคุมองค์ประกอบของน้ำตาลในข้าวโพดข้าวเหนียว (waxy corn) (Simla *et al*, 2009) การศึกษาการแสดงออกของยีนต้านทานต่อราน้ำค้างใน

muskmelon (Shashikumar *et al*, 2010) การศึกษาการแสดงออกของยีนควบคุมขนาดเมล็ดถั่วอะซูกิภายใต้การเพาะปลูกบนพื้นที่สูง (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 และยังแสดงผลที่คงที่ในสภาพแวดล้อมต่าง ๆ อีกด้วย (วีรพันธ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวัล, 2554)

แบบไม่เป็นผลบวก (non-additive gene action)

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

แบบข่ม (dominance)

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

อัตราพันธุกรรม

อัตราพันธุกรรม (heritability) หมายถึงอัตราส่วนของความปรวนแปรหรืออัตราส่วนของวาเรียนซ์ที่เกิดจากผลของยีน จัดเป็นค่าทางสถิติชนิดหนึ่ง และมีการใช้ประโยชน์อย่างกว้างขวางในการปรับปรุงพันธุ์พืช เป็นค่าที่ชี้ให้เห็นถึงความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์ อัตราพันธุกรรมสามารถแบ่งได้ 2 ชนิดดังนี้

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

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

จากรายงานของ Iathet and Piluek (2006) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่างแตงไทย 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 เจริญเติบโต ให้ผลผลิต 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 เฮตเตอโรเบลไตโอซิส (heterobeltiosis) (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546)

จากรายงานของ Iathet and Piluek (2006) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่างแตงไทย 2 สายพันธุ์ คือ RM1 และ LM2 เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของลักษณะผลกับผลผลิต พบว่าจำนวนผลต่อต้นให้ค่าเฮตเตอโรเบลไตโอซิสเท่ากับ 12.71% และผลผลิตรวมต่อต้นให้ค่าเฮตเตอโรซิสเท่ากับ 8.20% แสดงให้เห็นว่าลูกผสมระหว่างแตงไทย 2 สายพันธุ์ให้จำนวนผลต่อต้นสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือพันธุ์แม่ที่ดีกว่า และให้ผลผลิตรวมต่อต้นสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่

ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ

ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ (correlation) หมายถึงลักษณะต่าง ๆ ของพืชที่สัมพันธ์กัน ความสัมพันธ์อาจเป็นไปในทางบวกหรือลบ คือ ลักษณะที่สัมพันธ์เพิ่มหรือลดด้วยกัน หรือลักษณะหนึ่งเพิ่มอีกลักษณะหนึ่งลด ความสัมพันธ์นี้อาจเกิดจากการที่ลักษณะเหล่านี้ควบคุมโดยยีนกลุ่มเดียวกัน หรือการพัฒนาของลักษณะหนึ่งขึ้นอยู่กับการพัฒนาของอีกลักษณะหนึ่ง อาจใช้ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะมาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์พืช คือสามารถคัดเลือกทางอ้อม เช่น ถ้าผลผลิตสัมพันธ์กับจำนวนเมล็ดต่อต้น ก็ทำการคัดเลือกต้นที่มีเมล็ดมาก 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) ซึ่งได้ทำการผสมระหว่างแตงไทย 2 สายพันธุ์ คือ RM1 และ LM2 เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรม ความดีเด่นของลูกผสม และสหสัมพันธ์ของ

ลักษณะผลกับผลผลิต พบว่าความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับความยาวผลและดัชนีรูปร่างผล รูปร่างผลและขนาดผลไม่มีสหสัมพันธ์กับจำนวนผลต่อต้นและผลผลิต ในขณะที่จำนวนผลต่อต้นมีสหสัมพันธ์ในทางบวกสูงกับผลผลิตต่อต้น แสดงให้เห็นว่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะสามารถนำมาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์พืช โดยการคัดเลือกทางอ้อมอาจจะทำการคัดเลือกทีละลักษณะ หรือทำการคัดเลือกทีละหลายลักษณะพร้อมกัน โดยใช้ข้อมูลจากการศึกษาสหสัมพันธ์

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ
ห้องสมุดงานวิจัย
วันที่ 05 ต.ค. 2555
เลขทะเบียน 249163
เลขเรียกหนังสือ