บทที่ 4

ผลการทดลอง

การเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์

เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในพันธุ์แตงไทยและแคนตาลูป (แสดงในตารางที่1) 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 (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±SE	$\bar{X}$ ±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) ค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อแตกต่าง กันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ($F_{5,450} = 5.09$; $P < 0.01$; 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 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูงที่สุด (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 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงที่สุด (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 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงที่สุด (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 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูงที่สุด (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 มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลสูงที่สุด (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 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงที่สุด (23.76 เซนติเมตร) P_2 และ BC_1P_2 มีค่าเฉลี่ยความยาวผลต่ำที่สุด (13.44 และ 14.54 เซนติเมตร ตามลำดับ) ค่าเฉลี่ยความกว้วงผลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($F_{5, 394} = 5.94$; $P < 0.01$; ตารางภาคผนวกที่ 4) โดย F_2, F_1, P_2 และ BC_1P_1 มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงที่สุด (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 มีค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลสูงที่สุด (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)

คู่ผสมที่ 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 ประชากรในคู่ผสมที่ 1 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ชั่วรุ่น		น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
	n	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±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_1P_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_1P_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)

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$, ns ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

ตารางที่ 3 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในคู่ผสมที่ 2 RML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ชั่วรุ่น		น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
	n	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±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^{e}	1.64±0.04^{a}	1.90±0.11^{e}	4.04±0.23^{e}
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_1P_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_1P_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)

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 4 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในคู่ผสมที่ 3 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ KML370 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ชั่วรุ่น		น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
	n	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±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_1P_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_1P_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)

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

ตารางที่ 5 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลักษณะของผลจากประชากรทั้ง 6 ประชากรในคู่ผสมที่ 4 LML1 (*Cucumis melo* L. var. *conomon*; P_1) กับ PI148 (*Cucumis melo* L. var. *cantalupensis*; P_2)

ชั่วรุ่น		น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ (cm)	ความหวาน (%Brix)
	n	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±SE	$\bar{x}$ ±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_1P_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_1P_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)

** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับ $P < 0.01$

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ห้องสมุดงานวิจัย

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

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 ค่ากึ่งกลางระหว่าง homozygous recessive กับ homozygous dominance, การแสดงผลของยีนแบบบวก, แสดงผลของยีนแบบข่ม, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

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

ผล ของยีน	น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนี รูปร่างผล	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, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

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

แบบข่มอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.05 และพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวกที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 ลักษณะความยาวผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวก และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบแบบบวกกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวผล แต่ไม่พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบข่มกับแบบข่ม และ ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่มในการควบคุมลักษณะความยาวผล ลักษณะความกว้างผล พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบบวก ในการควบคุมลักษณะความกว้างผล ลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่ม ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ลักษณะความหวาน พบการแสดงออกของยีนแบบบวกที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 แต่ไม่พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบข่มกับแบบข่ม และไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่มในการควบคุมลักษณะความหวาน

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

ผล ของยีน	น้ำหนักผล (kg)	ความยาวผล (cm)	ความกว้างผล (cm)	ดัชนี รูปร่างผล	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, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม และ แบบข่มกับแบบข่ม ตามลำดับ

คู่ผสมที่ 4 LML1 x PI148 เมื่อวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่วจากประชากรทั้ง 6 ประชากร (แสดงในตารางที่ 9) พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบข่มกับแบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 และปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่ม ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ลักษณะความยาวผล พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่ม และแบบข่มกับแบบข่ม ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวผล ลักษณะความกว้างผล พบการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก และแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล แต่ไม่พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่มในการควบคุมลักษณะความกว้างผล ลักษณะดัชนีรูปร่างผล พบการแสดงออกของยีน แบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และแบบข่มข้ามคู่ที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล แต่ไม่พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่ม และไม่พบการแสดงออกของยีนแบบบวก ในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยพบการแสดงออก

ของยีนแบบข่มข้ามคู่ทั้ง 3 แบบ คือปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก แบบบวกกับแบบข่มที่ระดับนัยสำคัญ 0.01 และปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความหนาเนื้อที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และลักษณะความหวาน พบการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ โดยการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่ พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่ม แบบข่มกับแบบข่มในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความหวาน แต่ไม่พบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวกในการควบคุมลักษณะความหวาน

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, การแสดงผลของยีนแบบบวก, แสดงผลของยีนแบบข่ม, ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวก, แบบบวกกับแบบข่ม 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 เปอร์เซ็นต์ 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 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

คู่ผสมที่ 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 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

คู่ผสมที่ 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 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

ตารางที่ 10 อัตราพันธุกรรมของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 4 คู่ผสม โดยคำนวณจากวาเรียนซ์ของประชากร

คู่ผสม	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 (F_1) (แสดงในตารางที่ 11) พบว่า

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล (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

คู่ผสมที่ 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

คู่ผสมที่ 3 LML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะความยาวผล (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)

คู่ผสมที่ 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 ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 4 คู่ผสม

คู่ผสม	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

คู่ผสมที่ 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 (heterobeltiosis) ของลักษณะของผล ในคู่ผสมระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 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) ดัชนีรูปร่างผล (r = 0.222) และความหนาเนื้อ (r = 0.763) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01 แต่ไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน (r = -0.121)

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

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

ดัชนีรูปร่างผลไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ (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) ดัชนีรูปร่างผล (r = 0.298) ความหนาเนื้อ (r = 0.273) และความหวาน (r = 0.210) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ 0.01

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

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

ดัชนีรูปร่างผลไม่มีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ (r = -0.008) และความหวาน (r = -0.048)

ความหนาเนื้อไม่มีสหสัมพันธ์กับความหวาน (r = -0.040)

ตารางที่ 13 สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F_2 ในคู่ผสมที่ 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 ในคู่ผสมที่ 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

คู่ผสมที่ 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)

คู่ผสมที่ 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 ในคู่ผสมที่ 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 ในคู่ผสมที่ 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 $P < 0.01$