

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการทดลอง

การเปรียบเทียบความแตกต่างของพันธุ์แดงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ และวิเคราะห์ความสม่ำเสมอภายในพันธุ์

เมื่อวิเคราะห์ผลการทดลองเปรียบเทียบลักษณะจำเพาะของผลในพันธุ์แดงไทยและแคนตาลูปที่ใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่พบว่า พันธุ์แดงไทยและแคนตาลูป อย่างน้อยสองพันธุ์ให้ค่าเฉลี่ยค่าเฉลี่ย น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวานแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ (แสดงในตารางที่ 1) แสดงให้เห็นว่าพันธุ์ที่นำมาใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ในแต่ละลักษณะมีความแตกต่างกันซึ่งเหมาะสมที่จะใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ในการศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม และการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ นอกจากนี้พันธุ์แดงไทยและแคนตาลูปที่จะใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่ยังมีความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูงซึ่งจะเห็นได้จากค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error) ของทุกพันธุ์ และทุกลักษณะมีค่าต่ำมาก (แสดงในตารางที่ 1) แสดงให้เห็นความสม่ำเสมอภายในพันธุ์สูง จากข้อมูลดังกล่าวข้างต้นเป็นเหตุผลสำคัญที่แสดงว่าพันธุ์ที่นำมาใช้เป็นพันธุ์พ่อแม่มีความเหมาะสมที่จะนำมาศึกษาในครั้งนี้

การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะของผล ในลูกผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป

1 การวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร

จากผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลักษณะของผลในประชากรทั้ง 6 ประชากร พบว่า

กลุ่มสมที่ 1 RML1 x KML370 พบว่าค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อของประชากรทั้ง 6 ประชากร แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ โดย F_1 มีค่าเฉลี่ยลักษณะน้ำหนักผลสูงที่สุด (2.07 กิโลกรัม) มีค่าเฉลี่ยความยาวผลสูงที่สุด (17.32 เซนติเมตร) มีค่าเฉลี่ยความกว้างผลสูงที่สุด (15.88 เซนติเมตร) และมีค่าเฉลี่ยความหนาเนื้อสูง (3.51 เซนติเมตร) เซนติเมตร และค่าเฉลี่ยความหวานไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ จากผลการทดลองดังกล่าวแสดงให้เห็นว่ามีความดีเด่นของลูกผสมในกลุ่มสมระหว่าง RML1 x KML370 และแนวโน้มการแสดงออกของยีนแบบข้ามที่ทำให้ค่าเฉลี่ยของลูกผสม

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

กลุ่มผสมที่ 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 และพบค่าเฉลี่ยดัชนีรูปร่างผลซึ่งเป็นอัตราส่วนระหว่างความยาวผลกับความกว้างผลในประชากรลูกผสม มีค่ามากกว่า 1.00 แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในแต่ละประชากรของกลุ่มผสม RML1 x PI148 มีรูปร่างผลค่อนข้างรี เนื่องจากความยาวผลมีค่ามากกว่าความกว้างผล จึงทำให้ดัชนีรูปร่างผลมีค่ามากกว่า 1.00

กลุ่มผสมที่ 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 แสดงให้เห็นว่าประชากรในแต่ละชั่วของกลุ่มผสม LML1 x KML370 มีรูปร่างผลค่อนข้างรี เนื่องจากความยาวผลมีค่ามากกว่าความกว้างผล จึงทำให้ดัชนีรูปร่างผลมีค่ามากกว่า 1.00

กลุ่มผสมที่ 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 ทำให้สามารถศึกษารูปแบบการถ่ายทอดลักษณะ โดยศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะนั้น ๆ

2 การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล

จากผลการศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล โดยวิธีการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว พบว่า

กลุ่มสมที่ 1 RML1 x KML370 พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผลและความกว้างผล การแสดงออกของยีนแบบข่มมีผลในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล และพบการแสดงออกของยีนทั้งแบบบวกและแบบข่มในการควบคุมลักษณะความยาวผล นอกจากนี้ยังพบการแสดงออกของยีนแบบข่มข้ามคู่โดยพบปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบบวกในลักษณะความยาวผลและดัชนีรูปร่างผล ปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบบวกกับแบบข่มในลักษณะดัชนีรูปร่างผล และปฏิกิริยาระหว่างยีนแบบข่มกับแบบข่มในลักษณะความยาวผลและดัชนีรูปร่างผล

กลุ่มสมที่ 2 RML1 x PI148 พบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน แต่ไม่พบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน

กลุ่มสมที่ 3 LML1 x KML370 พบการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ และพบการแสดงออกของยีนแบบบวก และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวผล และความหวาน นอกจากนี้ยังพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะความกว้างผล

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 พบการแสดงออกของยีนทุกรูปแบบ คือแบบบวก แบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน และพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ในการควบคุมความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะดัชนีรูปร่างผล

เมื่อวิเคราะห์ผลการแสดงออกของยีนทั้ง 4 กลุ่มสม ในแต่ละลักษณะพบว่า

ลักษณะน้ำหนักรวมพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรมีความสำคัญในการควบคุมน้ำหนักผล
เนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกรทั้ง 4 คู่ผสม นอกจากนี้การแสดงออกของยีนแบบข่ม
และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผลเนื่องจากการแสดงออกของยีนแบบ
ข่ม และข่มข้ามคู่ในคู่ผสมที่ 3 และคู่ผสมที่ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา
และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าปฏิกิริยาของยีนแบบข่มแสดงผลในการควบคุมลักษณะ
น้ำหนักผล ของแตงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₂) กับสายพันธุ์ L-(S₂)

ลักษณะความยาวผลพบการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบเข้ม และเข้มข้ามคู่ มีแนวโน้มที่มึความสำคัญในการควบคุมลักษณะความยาวผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวก แบบเข้ม และเข้มข้ามคู่ ในคู่ผสมที่ 1, 3 และ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าผลของยีนแบบบวก และปฏิกริยาของยีนแบบเข้มแสดงผลในการควบคุมลักษณะความยาวผล ของแตงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₅) กับสายพันธุ์ L-(S₅) นอกจากนี้การศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา (2551) รายงานว่าพบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมลักษณะความยาวผล จากการผสมระหว่างแตงไทยสายพันธุ์ผลกลมกับสายพันธุ์ผลยาว

ลักษณะความกว้างผลการแสดงออกของยีนแบบบวกลักษณะความกว้างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกในกลุ่มสมที่ 1, 2 และ 4 ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา (2551) ที่รายงานว่าพบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมลักษณะความกว้างผล จากการผสมระหว่างแดงไทยสายพันธุ์ผลกลมกับสายพันธุ์ผลยาว นอกจากนี้การแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะความกว้างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในกลุ่มสมที่ 3 และกลุ่มสมที่ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าปฏิกริยาของยีนแบบข่มแสดงผลในการควบคุมลักษณะความกว้างผลของแดงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₁) กับสายพันธุ์ L-(S₂)

ลักษณะดัชนีรูปร่างผลพบการแสดงออกของยีนแบบเข้ม และเข้มข้ามคู่มีความสำคัญในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบเข้ม และเข้มข้ามคู่ในกลุ่มสมที่ 1, 3 และ 4 นอกจากนี้การแสดงผลของยีนแบบบวกยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผลเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบบวกในกลุ่มสมที่ 2 และ 3 ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของปราโมทย์ พรสุริยา และพรทิพย์ พรสุริยา (2551) ที่รายงานว่าพบการแสดงออกของยีนแบบบวกในการควบคุมลักษณะดัชนีรูปร่างผล จากการผสมระหว่างแดงไทยสายพันธุ์ผลกลมกับสายพันธุ์ผลยาว

ลักษณะความหนาเนื้อพบการแสดงออกของขึ้นแบบบวกมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อเนื่องจากพบการแสดงออกของขึ้นแบบบวกในกลุ่มผสมที่ 2, 3 และ 4 ซึ่งสอดคล้องกับผล

การศึกษาของ ปราโมทย์ พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาว่าปฏิกิริยาของยีนแบบบวกแสดงผลในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อ ของแดงไทยลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R-(S₅) กับสายพันธุ์ L-(S₅) นอกจากนี้การแสดงผลออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ยังมีแนวโน้มในการควบคุมลักษณะความหนาเนื้อเนื่องจากพบการแสดงออกของยีนแบบข่ม และข่มข้ามคู่ในกลุ่มผสมที่ 3 และ 4

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

การแสดงออกของยีนทุกรูปแบบมีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มผสมอาจเป็นผลจากการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ มีความเฉพาะเจาะจงในแต่ละกลุ่มผสม เนื่องจากมีความแตกต่างระหว่างกลุ่มพันธุ์ที่ใช้ในการทดลอง กล่าวคือแดงไทยที่ใช้ในการทดลองพันธุ์ที่หนึ่งมีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิง ในขณะที่เดียวกันแคนตาลูปพันธุ์ที่หนึ่งก็มีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิงเช่นกันซึ่งอาจเป็นปัจจัยสำคัญที่ทำให้การแสดงออกของยีนมีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มผสม 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) ที่ทำการผสมระหว่างแดงไทย 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 คัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูง ซึ่งจากผลการทดลอง กลุ่มสมที่ 2 RML1 x PI148 มีความขัดแย้งในลักษณะความหนาเนื้อที่มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูง และลักษณะความกว้างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแดงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้กลุ่มสมที่ 2 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนดาบูล ดังนั้นอัตราพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

กลุ่มสมที่ 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 คัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูง แต่การทดลองในกลุ่มสมที่ 3 พบว่าคัชนีรูปร่างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำและมีค่าติดลบคือ -88.59 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งไม่มีความสอดคล้องกันทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแดงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้กลุ่มสมที่ 3 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแดงไทยกับแคนดาบูล ดังนั้นอัตราพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป ค่าอัตราพันธุกรรมแนวกว้างเป็นค่าติดลบอาจเป็นผลมาจาก VF_2 มีค่าต่ำกว่า $(VP_1 + VP_2 + VF_1)/3$ หรือ V_E หมายความว่าลูกผสมชั่วที่ 2 มีการกระจายตัวในลักษณะคัชนีรูปร่างผลต่ำกว่าการกระจายตัวเฉลี่ยในลักษณะคัชนีรูปร่างผลระหว่างชั่วรุ่นพ่อแม่ และลูกผสมชั่วที่ 1 ซึ่งก็คือความคลาดเคลื่อนที่เกิดจากสภาพแวดล้อม หรืออีกความหมายหนึ่งก็คือสภาพแวดล้อมมีผลทำให้ลักษณะคัชนีรูปร่างผลในชั่วรุ่นพ่อแม่ และลูกผสมชั่วที่ 1 มีการกระจายตัวของข้อมูลมากกว่าการกระจายตัวของลูกผสมชั่วที่สอง

กลุ่มสมที่ 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 และคัชนีรูปร่างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำซึ่งมีค่าเท่ากับ 28.57 และ 25.05 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งไม่สอดคล้องกับรายงานการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่ทำการผสมระหว่างแดงไทย 2 สายพันธุ์ และรายงานว่าความกว้างผล ความยาวผล คัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูง แต่การ

ทดลองในกลุ่มที่ 4 พบว่าความกว้างผล และดัชนีรูปร่างผล มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างต่ำ อาจเป็นผลเนื่องมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแตงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้การทดลองในกลุ่มที่ 4 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแตงไทยกับแคนดาลูป ดังนั้นอัตราพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

เมื่อวิเคราะห์อัตราพันธุกรรมแนวกว้างจากกลุ่มที่ 4 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 กลุ่ม พบว่ากลุ่มส่วนใหญ่มีอัตราพันธุกรรมแนวกว้างสูงในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อ ซึ่งมีความสอดคล้องกับการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่ทำการผสมระหว่างแตงไทย 2 สายพันธุ์ และรายงานว่าความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลมีอัตราพันธุกรรมสูงที่ระดับ 0.60, 0.68, 0.55 และ 0.71 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าอัตราการศึกษาทอดลักษณะความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผลและน้ำหนักผลจากพ่อแม่ไปยังลูกหลานได้สูง และสอดคล้องกับผลการทดลองของ Lippert and Hall (1982) รายงานว่าความกว้างผล 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 มีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่ม ซึ่งอาจเป็นผลเนื่องจากการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรม มีความเฉพาะเจาะจงในแต่ละกลุ่ม เนื่องจากการทดลองในครั้งนี้มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มพันธุ์ที่ใช้ในการทดลอง กล่าวคือแตงไทยที่ใช้ในการทดลองพันธุ์ที่หนึ่งมีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิง ในขณะที่เดียวกันแคนดาลูปพันธุ์ที่หนึ่งก็มีความแตกต่างกับพันธุ์ที่สองโดยสิ้นเชิงเช่นกันซึ่งอาจเป็นปัจจัยสำคัญที่ทำให้อัตราพันธุกรรมมีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่ม และมีอัตราพันธุกรรมที่แตกต่างกันในแต่ละลักษณะ นอกจากนี้อายุในการเก็บผลการทดลองที่แตกต่างกันอาจมีผลทำให้อัตราพันธุกรรมแตกต่างกันหรืออาจเกิดจากการแสดงผลของสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้องบางส่วน

4 การศึกษาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผล การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis)

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่จากลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) พบว่า

กลุ่มผสมที่ 1 RML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่สูงในทุกลักษณะดังนี้ ลักษณะน้ำหนักผล (31.6 เปอร์เซ็นต์) ความยาวผล (22.64 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (11.23 เปอร์เซ็นต์) ดัชนีรูปร่างผล (10.03 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (6.86 เปอร์เซ็นต์) ซึ่งทุกลักษณะมีค่าเป็นบวก แตกต่างจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่รายงานว่า ความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผลมีค่าเท่ากับ -2.64, -25.28, -31.89 และ -17.26 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ลักษณะดังกล่าวมีค่าเป็นลบ จากความไม่สอดคล้องของผลการทดลองดังกล่าวอาจเป็นผลมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแตงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้การทดลองในกลุ่มผสมที่ 1 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 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) ที่รายงานว่า ความกว้างผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผลมีค่าเท่ากับ -2.64, -25.28, -31.89 และ -17.26 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ลักษณะดังกล่าวมีค่าเป็นลบ ซึ่งจากความไม่สอดคล้องของผลการทดลองดังกล่าวอาจเป็นผลมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลองในผลอ่อนของแตงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้การทดลองในกลุ่มผสมที่ 2 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแตงไทยกับแคนตาลูป 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

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

กลุ่มสมที่ 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 ทดลองสอดคล้องกับกลุ่มสมที่ 2 ที่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะ ความหนาเนื้อ และให้ผลการทดลองแตกต่างกับกลุ่มสมที่ 1 และ 3 ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากความ ดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่มีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละกลุ่มสม หรือพันธุ์พ่อแม่ที่ ใช้ในกลุ่มสมที่ 2 และ 4 มียีนที่ควบคุมลักษณะความหนาเนื้อเป็นยีนที่ต่างกลุ่มกัน หรือไม่เหมือนกัน เช่นพันธุ์พ่อแม่เป็นยีนเด่น พันธุ์แม่เป็นยีนด้อย เมื่อนำมาผสมพันธุ์กันลูกผสมที่ได้ จึงมียีนที่ควบคุม ลักษณะความหนาเนื้ออยู่ในสภาพพันธุ์ทาง (heterozygous) จึงพบความดีเด่นของลูกผสมเหนือ ค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ นอกจากนี้การทดลองในกลุ่มสมที่ 4 ยังแตกต่างจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) ที่รายงานว่าความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะความกว้าง ผล ความยาวผล ดัชนีรูปร่างผล และน้ำหนักผล มีค่าเป็นลบซึ่งจากความไม่สอดคล้องของผลการ ทดลองดังกล่าวอาจเป็นผลมาจากการทดลองของ Iathet and Piluek (2006) เก็บข้อมูลผลการทดลอง ในผลอ่อนของแตงไทย แต่การทดลองในครั้งนี้เก็บข้อมูลผลการทดลองเมื่อผลเริ่มสุกแก่ นอกจากนี้ การทดลองในกลุ่มสมที่ 4 เป็นการทดลองที่ใช้การผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างแตงไทยกับแคนดาลูป ดังนั้นความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในลักษณะต่างๆ จึงมีความผันแปรไป

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่จากกลุ่มสมทั้ง 4 กลุ่ม พบว่าความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความ กว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน มีค่าสูง แสดงให้เห็นว่าลูกผสมชั่วที่หนึ่งที่ได้มีลักษณะ น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน สูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ จากข้อมูลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแมดังกล่าวสามารถนำไปใช้

เป็นข้อมูลประกอบในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์แดงไทย และแกนตาอุปได้ย่อมมีประสิทธิภาพ ทั้งนี้การแสดงความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ในแต่ละลักษณะอาจมีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละคู่ผสมซึ่งจะต้องทำการศึกษาเพื่อการจับคู่ที่เหมาะสมที่จะใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะเหล่านั้น เพื่อช่วยให้โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

การวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis)

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าจากลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) พบว่า

คู่ผสมที่ 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 หรืออีกความหมายหนึ่งก็คือ ไม่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะ ความยาวผล (35.67 เปอร์เซ็นต์) ความกว้างผล (-14.67 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-19.79 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-21.90 เปอร์เซ็นต์) เมื่อวิเคราะห์ผลการทดลองในคู่ผสมที่ 2 จะเห็นว่าลักษณะความยาวผลเพียงลักษณะเดียวที่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าบวก แสดงให้เห็นว่าลักษณะความยาวผลในลูกผสมคู่ที่ 2 ให้ค่าเฉลี่ยความยาวผลที่สูงกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด ซึ่งสามารถนำลักษณะความยาวผลของลูกผสมคู่ที่ 2 ไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงลักษณะดังกล่าวในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป แต่ลักษณะความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าเป็นค่าลบอย่างมีนัยสำคัญ แสดงว่าลูกผสมที่ได้มีลักษณะดังกล่าวด้อยกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดอย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งก็คือ ไม่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

กลุ่มสมที่ 3 LML1 x KML370 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล (17.99 เปอร์เซ็นต์) ความหนาเนื้อ (-11.27 เปอร์เซ็นต์) และความหวาน (-7.29 เปอร์เซ็นต์) เมื่อวิเคราะห์ผลการทดลองในกลุ่มสมที่ 3 จะเห็นว่าลักษณะน้ำหนักผลเพียงลักษณะเดียวที่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าเป็นค่าบวก แสดงให้เห็นว่าลักษณะน้ำหนักผลในลูกผสมกลุ่มที่ 3 ให้ค่าเฉลี่ยน้ำหนักผลที่สูงกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด ซึ่งสามารถนำลักษณะน้ำหนักผลของลูกผสมกลุ่มที่ 3 ไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงลักษณะดังกล่าว ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป ในขณะที่ลักษณะความหนาเนื้อ และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าเป็นค่าลบอย่างมีนัยสำคัญ แสดงว่าลูกผสมที่ได้มีลักษณะดังกล่าวด้อยกว่าสายพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดอย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งก็คือไม่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

กลุ่มสมที่ 4 LML1 x PI148 ไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ในทุกลักษณะ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมกลุ่มที่ 4 ไม่มีค่าเฉลี่ยลักษณะใดๆ เลยที่มีสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุดนั่นเอง

จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าจากกลุ่มสมทั้ง 4 กลุ่ม พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่า ในลักษณะความยาวผล น้ำหนักผล และดัชนีรูปร่างผล ในกลุ่มสมที่ 1 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าในลักษณะความยาวผล ในกลุ่มสมที่ 2 พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่า ในลักษณะน้ำหนักผล ในกลุ่มสมที่ 3 และไม่พบความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าทุกลักษณะในกลุ่มสมที่ 4 เมื่อวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าจาก 4 กลุ่มสมจะพบว่าในแต่ละกลุ่มสมมีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าแตกต่างกันไปในแต่ละกลุ่มสม ถึงแม้ว่าจะเป็นลักษณะเดียวกันก็ตาม ดังนั้นการนำความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงลักษณะต่างๆ ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ควรเลือกจากข้อมูลที่มีการศึกษาข้างต้นเพื่อความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป จากการศึกษาความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่า ในหลายกลุ่มสมมีหลายลักษณะที่มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าเป็นค่าบวก แสดงให้เห็นถึงแนวโน้มการพัฒนาพันธุ์เป็นพันธุ์ลูกผสมในการปรับปรุงพันธุ์แตงไทย และแคนดาอุปได้เป็นอย่างดีมีประสิทธิภาพ ทั้งนี้การแสดงความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ต่ำกว่าอาจมีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละกลุ่มสมซึ่งจะต้องทำการศึกษาเพื่อการจัดกลุ่มที่เหมาะสมที่จะใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะเหล่านั้น เพื่อช่วยให้โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์มีประสิทธิภาพและมีโอกาสที่จะประสบความสำเร็จมากมากยิ่งขึ้น ซึ่งอาจจำเป็นต้องทำการศึกษาต่อไปกรณีที่มีการเปลี่ยนแปลงกลุ่มสม



5 การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล

จากผลการวิเคราะห์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะพบว่า

คู่ผสมที่ 1 RML1 x KML370

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับคัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ

คู่ผสมที่ 2 RML1 x PI148

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับคัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน

คู่ผสมที่ 3 LML1 x KML370

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับความหนาเนื้อ

คู่ผสมที่ 4 LML1 x PI148

น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์กับความยาวผล ความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์กับความกว้างผล คัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์กับคัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ

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

กัน เพราะการคัดเลือกบางลักษณะโดยตรงนั้นอาจทำได้ยาก เนื่องจากอาจจะมีอัตราพันธุกรรมต่ำ (ไพศาล เหล่าสุวรรณ และคณะ, 2546)

ตารางที่ 17 วิเคราะห์ผลการแสดงออกของยีน อัตราพันธุกรรมเนวกว้าง ความดีเด่นของลูกผสม ของลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และ ความหวาน จากคู่ผสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 คู่ผสม

ข้อมูลที่ศึกษา	ลักษณะ					
	น้ำหนักผล	ความยาวผล	ความกว้างผล	ดัชนีรูปร่างผล	ความหนาเนื้อ	ความหวาน
การแสดงผล ของยีน	บวก, ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก, ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก	ข่ม, ข่มข้ามคู่	บวก	บวก
อัตราพันธุกรรม						ค่อนข้าง
เนวกว้าง	สูง	สูง	สูง	ค่อนข้างสูง	สูง	สูง
ความดีเด่นเนื้อ						
ค่าเฉลี่ยของพันธุ์						
พ่อแม่	สูง	สูง	สูง	สูง	ต่ำ	สูง
ความดีเด่นเนื้อ	ผันแปรไป	ผันแปรไป	ผันแปรไปใน	ผันแปรไปใน	ผันแปรไปใน	ผันแปร
ค่าเฉลี่ยของพันธุ์	ในแต่ละ	ในแต่ละ	แต่ละคู่ผสม	แต่ละคู่ผสม	แต่ละคู่ผสม	ไปในแต่ละ
พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า	คู่ผสม	คู่ผสม				ละคู่ผสม

การปรับปรุงพันธุ์พืชในกลุ่มเมล่อน (*Cucumis melo* L.) ซึ่งเป็นพืชผสมข้าม สามารถกระทำ ได้ทั้งการผลิตสายพันธุ์แท้ (inbred line) เพื่อสร้างพันธุ์ลูกผสม (F_1 hybrid) และพันธุ์ผสมเปิด (open pollinate variety) จากการทดลองสามารถกล่าวได้ว่าการคัดเลือกสายพันธุ์แท้ เพื่อสร้างพันธุ์ลูกผสม หรือการสร้างพันธุ์ผสมเปิด สามารถใช้ประโยชน์ได้จากทุกลักษณะที่ทำการศึกษาได้แก่ น้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน เป็นมาตรฐานในการ คัดเลือก เพราะทุกลักษณะถูกควบคุมด้วยปฏิริยาของยีนแบบผลบวกเป็นหลัก ซึ่งสอดคล้องกับผล การศึกษาของ ปราโมทย์-พรสุริยา และคณะ (2553) ที่รายงานการศึกษาในปี 2553 ว่าปฏิริยาของยีน แบบบวกแสดงผลในการควบคุมลักษณะความยาวผล ความกว้างผล และความหนาเนื้อของแดงไทย ลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ R- (S_3) กับสายพันธุ์ L- (S_3) นอกจากนี้ในบางคู่ผสมอาจมีการแสดงออกของ ยีนแบบข่ม และแบบข่มข้ามคู่ที่มีแนวโน้มในการควบคุมการแสดงออกของยีนในหลายลักษณะเช่น ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล ซึ่งควรพิจารณาแนวทางการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการสร้างลูกผสม ต่อไป

เมื่อพิจารณาอัตราพันธุกรรมแนวกว้างจากกลุ่มสมทั้ง 4 กลุ่ม 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 (วิพันธุ์ กันแก้ว และสุทัศน์ จุลศรีไกวต์, 2554) ดังนั้นควรพิจารณาวิธีการคัดเลือกที่มีความซับซ้อนมากยิ่งขึ้น เช่น การทดสอบรุ่นลูกหรือวิธีการที่เรียกว่า progeny test นอกจากนี้ยังอาจจำเป็นต้องใช้วิธีการคัดเลือกในหลายวิธีการร่วมกัน ยิ่งไปกว่านั้นการศึกษาอัตราพันธุกรรมแนวกว้าง ยังพบที่มีความผันแปรไปในแต่ละกลุ่มสมซึ่งอาจเป็นผลเนื่องจากการถ่ายทอดอัตราพันธุกรรม มีความเฉพาะเจาะจงในแต่ละกลุ่มสม หรืออาจเกิดจากการแสดงผลของสภาพแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง

เมื่อพิจารณาความดีเด่นของลูกผสมที่เกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดลักษณะของผลพบว่า ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ จากกลุ่มสมทั้ง 4 กลุ่ม พบลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ค่อนข้างสูง นอกจากนี้ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ในทุกลักษณะของลูกผสมส่วนใหญ่มีค่าเป็นบวก แสดงให้เห็นว่า ลูกผสมชั่วที่ 1 ในทุกลักษณะมีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ จากผลการวิเคราะห์ความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า จากกลุ่มสมทั้ง 4 กลุ่ม พบว่าทุกลักษณะมีความแปรปรวนไปในแต่ละกลุ่มสม โดย..... พบว่ากลุ่มสม RML1 x KML370 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าในลักษณะความยาวผล น้ำหนักผล และ ดัชนีรูปร่างผล และกลุ่มสม RML1 x PI148 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า ในลักษณะความยาวผล แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่าในบางลักษณะและบางกลุ่มสมเท่านั้น ในขณะที่ความกว้างผล ความหนาเนื้อ และความหวาน มีความดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่ามีค่าเป็นลบ แสดงให้เห็นว่าลูกผสมในชั่วที่ 1 ให้ค่าเฉลี่ยในลักษณะนั้นๆ ต่ำกว่าพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีที่สุด จากการศึกษาเหล่านี้แสดงถึงแนวโน้มการพัฒนาพันธุ์เป็นพันธุ์ลูกผสมในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล และดัชนีรูปร่างผล ในกลุ่มสม RML1 x KML370

และลักษณะความยาวผลในกลุ่มผสม RML1 x PI148 ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์แตงไทย และแคนตาลูปได้อาจมีประสิทธิภาพ ทั้งนี้การแสดงความดีเด่นของลูกผสมอาจมีความเฉพาะเจาะจงกับแต่ละกลุ่มผสมซึ่งจะต้องทำการศึกษาต่อไป

จากการเปรียบเทียบผลการวิเคราะห์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะจากกลุ่มผสมทั้ง 4 กลุ่ม พบว่า น้ำหนักผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ความยาวผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ และความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความหนาเนื้อ ในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ เช่น ลักษณะ น้ำหนักผลที่มีสหสัมพันธ์ในทางบวกกับความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ อาจทำได้โดยคัดเลือกความยาวผล ความกว้างผล ดัชนีรูปร่างผล และความหนาเนื้อ ให้มีค่าสูงจะทำให้ให้น้ำหนักผลมีค่าสูงด้วย เนื่องจากมีสหสัมพันธ์กันในทางบวก ความกว้างผลมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับดัชนีรูปร่างผล ในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ เช่น ลักษณะความกว้างผลที่มีสหสัมพันธ์ในทางลบกับดัชนีรูปร่างผล อาจทำได้โดยคัดเลือกดัชนีรูปร่างผล ให้มีค่าต่ำจะทำให้ความกว้างผลมีค่าสูงขึ้น เนื่องจากมีสหสัมพันธ์ในทางลบ จากการศึกษาดังกล่าวอาจใช้ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะมาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์พืช คือสามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกทางอ้อม เพราะการคัดเลือกบางลักษณะ โดยตรงนั้นทำได้ยาก 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 กลุ่มพันธุ์ได้ อีกทั้งกลุ่มพันธุ์ในแต่ละกลุ่มพันธุ์ยังประกอบด้วยสายพันธุ์จำนวนมาก ซึ่งอาจจะมีบางสายพันธุ์ที่ใช้วิธีการผสมข้ามกลุ่มพันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์ จึงควรที่จะมีการศึกษาและจำแนกสายพันธุ์ให้มีความชัดเจนในระดับโมเลกุล เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในหลายๆ ด้าน รวมไปถึงใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์พืชต่อไปในอนาคต นอกจากนี้สายพันธุ์ที่นำมาใช้ในการทดลองในครั้งนี้อาจมีการ

พัฒนาสายพันธุ์มาจาก การผสมข้ามกลุ่มพันธุ์ที่ควรมีการศึกษาและจำแนกสายพันธุ์ให้มีความชัดเจน
ในระดับโมเลกุลเช่นกัน