

249163

ห้องสมุดงานวิจัย สำนักงานคณะกรรมการการวิจัยแห่งชาติ



249163

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



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*)

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. อารักษ์ ชีระอำพน

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 ขอบขอบคุณสมพงษ์ ไมล์หรือ ที่ได้กรุณาสับสนุนเมล็ดพันธุ์แดงเทศเพื่องานวิจัย ขอบขอบคุณเจ้าหน้าที่ฟาร์มมหาวิทยาลัยที่เกี่ยวข้องทุกท่านที่อำนวยความสะดวก ขอบขอบคุณ คุณวันดี ชีรอำพน ซึ่งมีส่วนร่วมในโครงการฯ เป็นผู้ช่วยวิจัยเกี่ยวกับงานด้านเอกสารทั้งหมด ขอบขอบคุณและขอยกย่อง นายสุรชาติ สิบพลกรัง บัณฑิตปริญญาโทในความดูแล ซึ่งมีส่วนร่วมในโครงการฯ เป็นผู้ช่วยวิจัยภาคสนาม ที่ได้บากบั่นเก็บรายละเอียดของทุกข้อมูลด้านการปรับปรุงพันธุ์ด้วยทักษะ ความรู้ ความสามารถ และความรับผิดชอบอย่างสูง จนทำให้ได้งานตามที่คุณวิจัยมอบหมาย ขอบขอบคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุเวทย์ นิงสานนท์ ที่ให้คำปรึกษา แนะนำ ทำให้รายงานวิจัยมีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น ท้ายที่สุด ขอบขอบคุณครอบครัวชีรอำพนทุกคนที่เป็นกำลังใจเสมอมา

อารักษ์ ชีรอำพน

กุมภาพันธ์ 2555

ลักษณะรูปร่างผลของแตงไทยและแคนตาลูปเป็นลักษณะเชิงปริมาณที่สามารถใช้บ่งชี้คุณภาพของผลผลิต มูลค่าทางการตลาด และช่วยในการวางแผนการบรรจุหีบห่อ การขนส่ง การตลาด อีกทั้งยังเป็นลักษณะหนึ่งที่สามารถใช้ในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุ์ อย่างไรก็ตาม การศึกษาเกี่ยวกับผลกระทบของยีนต่อลักษณะรูปร่างผลยังไม่มีข้อมูลชัดเจนนัก ดังนั้น การศึกษาทดลองครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะของผล อัตราพันธุกรรมเนวกว้าง 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) การศึกษาปฏิกิริยาการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะของผลโดยวิธีวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของชั่ว (generation mean analysis) ทั้ง 6 ประชากร จาก 4 คู่ผสม พบปฏิกิริยาของยีนแสดงผลในรูปแบบต่าง ๆ แปรปรวนไปในแต่ละลักษณะโดยที่การแสดงผลของยีนแบบบวกมีความสำคัญในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผลในทั้ง 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) อัตราพันธุกรรมเนวกว้างที่ได้จากวาเรียนซ์ของแต่ละประชากรทั้ง 4 คู่ผสมพบว่า น้ำหนักผล ความยาวผล และความหนาเนื้อมียัตราพันธุกรรมเนวกว้างค่อนข้างสูงระหว่าง 61.44-69.80, 43.09-75.94 และ 39.83-77.59 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (5) การศึกษาความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (heterosis) พบว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญในลักษณะน้ำหนักผล ความยาวผล ความกว้างผล และความหวาน 29.39-36.04, 11.85-37.31, 4.75-13.35 และ 6.82-24.08 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ นอกจากนี้ผลของลูกผสมที่มีความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อแม่หรือแม่ที่ดีกว่า (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

249163

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 crossed 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 controled 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

249163

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	ฅ
สารบัญ	ซ
สารบัญตาราง	ฌ
บทที่ 1 บทนำ	1
บทที่ 2 ปรัชญาวรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	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 ประชากรในกลุ่มสมที่ 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 ประชากรในกลุ่มสมที่ 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 ประชากรในกลุ่มสมที่ 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 ประชากรในกลุ่มสมที่ 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 จากการศึกษานี้ประชากรทั้ง 6 ประชากร (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , BC ₁ P ₁ and BC ₁ P ₂) ในกลุ่มสมที่ 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 จากการศึกษานี้ประชากรทั้ง 6 ประชากร (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , BC ₁ P ₁ and BC ₁ P ₂) ในกลุ่มสมที่ 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 จากการศึกษานี้ประชากรทั้ง 6 ประชากร (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , BC ₁ P ₁ and BC ₁ P ₂) ในกลุ่มสมที่ 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) ในกลุ่มสมที่ 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 ในกลุ่มสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่ม โดยคำนวณจากวาเรียนซ์ของประชากร 35
11	ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ (heterosis) ของลักษณะของผล ในกลุ่มสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่ม 36
12	ความดีเด่นเหนือค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อหรือแม่ที่ดีกว่า (heterobeltiosis) ของลักษณะของผล ในกลุ่มสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่ม 37
13	สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของผล จากการศึกษาประชากรชั่ว F ₂ ในกลุ่มสมที่ 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 ในกลุ่มสมที่ 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 ในกลุ่มสมที่ 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 ในกลุ่มสมที่ 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 จากกลุ่มสมระหว่างแดงไทยกับแคนตาลูป 4 กลุ่ม 54