

ผลการทดลอง

การทดลองที่ 1 การคัดเลือกรมะเขือเทศพันธุ์ต้านทานโรคเหี่ยวเฉาโดยใช้แผนที่ละเอียดระดับโมเลกุล

สร้างประชากรลูกผสมชั่วที่ 2 โดยการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์สีดาทิพย์ 3 ซึ่งเป็นพันธุ์อ่อนแอต่อโรคเหี่ยวเฉา และมีรูปร่างผลเป็นรูปไข่เป็นต้นแม่ กับพันธุ์ L285 ซึ่งเป็นพันธุ์ต้านทานต่อโรคเหี่ยวเฉาและมีรูปร่างผลเป็นผลแบนเป็นต้นพ่อ ตรวจสอบความเป็นลูกผสมของ F_1 โดยใช้ดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG48 และ TG332 จากนั้นปล่อยให้ผสมตัวเองเพื่อให้ได้เมล็ดรุ่น F_2 นำเมล็ด F_2 ออกปลูกได้จำนวนต้น 350 ต้น คัดต้นที่มีการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนโครโมโซมระหว่างดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG48 กับ TG332 (เรียกว่าต้นรีคอมบิแนนท์) เก็บเมล็ดต้นรีคอมบิแนนท์จากประชากรในรุ่น F_2 นำไปเพาะเมล็ดคัดเลือkdต้นมะเขือเทศรุ่น F_3 ที่เป็นต้นโฮโมไซโกตสำหรับดีเอ็นเอเครื่องหมายทั้ง 2 (homozygous recombinant, โฮโมไซกัสรีคอมบิแนนท์) โดยทำการตรวจสอบทั้งหมด 1,200 ต้น ได้ต้นที่มีการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วน 240 ต้น คิดเป็นระยะห่างทางพันธุกรรม 20 cM และเนื่องจากเกิดโรคไวรัสเข้าทำลายเหลือต้นที่สามารถเก็บเมล็ดและทำการทดลองต่อจำนวน 70 ต้น หลังจากนั้นทำการศึกษาลักษณะต่าง ๆ ดังต่อไปนี้

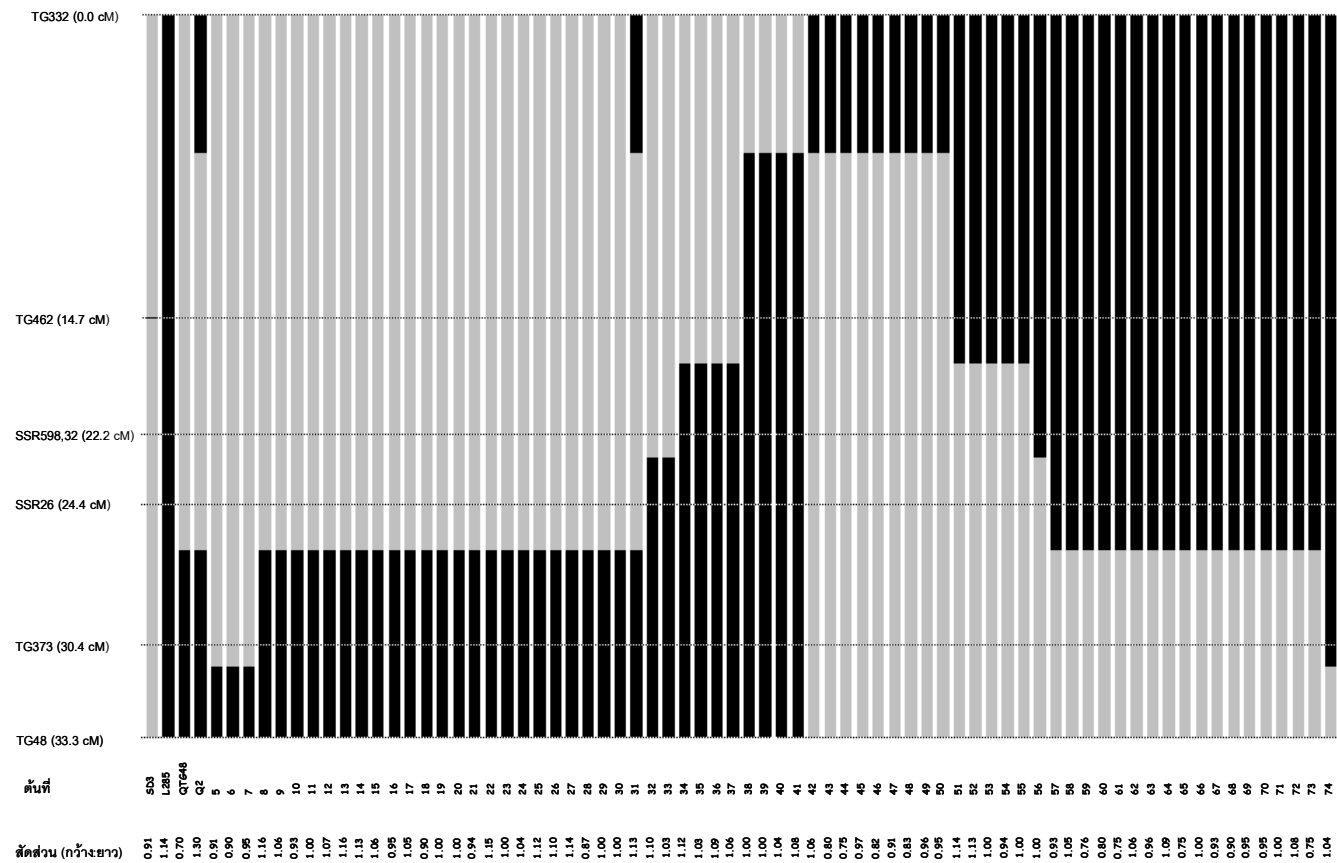
1. การศึกษา graphical genotype

นำดีเอ็นเอเครื่องหมาย 5 ตำแหน่งที่วางตัวอยู่ระหว่างดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG48 และ TG332 คือ TG462, SSR32, SSR598, SSR26 และ TG373 มาตรวจสอบจีโนไทป์ของต้นรีคอมบิแนนท์ที่เป็นโฮโมไซโกตจำนวน 70 ต้น เพื่อศึกษาดำเนินการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนโครโมโซมนั้น พบต้นรีคอมบิแนนท์ระหว่าง TG332 กับ TG462 จำนวน 14 ต้น คิดเป็นระยะห่างทางพันธุกรรม 4.0 cM ระหว่าง TG462 กับ SSR32 จำนวน 9 ต้น คิดเป็นระยะห่างทางพันธุกรรม 2.5 cM ซึ่งไม่พบต้นรีคอมบิแนนท์ระหว่าง SSR32 กับ SSR598 และระหว่าง SSR598 กับ SSR26 พบว่ามีรีคอมบิแนนท์ 3 ต้น คิดเป็นระยะห่างทางพันธุกรรม 0.9 cM ระหว่าง SSR26 กับ TG373 จำนวน 41 ต้น คิดเป็นระยะห่างทางพันธุกรรม 11.7 cM และ ระหว่างดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG373 กับ TG48 จำนวน 4 ต้น คิดเป็นระยะห่างทางพันธุกรรม 1.1 cM ดังตารางที่ 3

จากการนำดีเอ็นเอเครื่องหมายทั้ง 5 ตำแหน่งไปตรวจสอบในต้นรีคอมบิแนนท์ที่เป็นไฮโมไซโกตทั้ง 70 ต้น และแสดงเป็นภาพของสัดส่วนโครโมโซม (graphical genotype) ที่ได้รับจากพ่อและแม่ในต้นรีคอมบิแนนท์แต่ละต้น ดังภาพที่ 2 ศึกษาสัดส่วนของความกว้างต่อความยาวของผล เพื่อแสดงถึงรูปร่างผลของมะเขือเทศกับต้นรีคอมบิแนนท์ โดยการวัดความกว้างความยาวผลในต้นมะเขือเทศที่มีผลลูกสีแดงโดยวัดต้นละ 5 ผลแล้วนำมาหาค่าเฉลี่ย พบว่าได้ต้นที่มีสัดส่วนความกว้างต่อความยาวต่ำที่สุดคือ 0.75 และสูงที่สุดคือ 1.16 พบว่าสัดส่วนของพันธุ์สิดาทิพย์ 3 เท่ากับ 0.91 พันธุ์ L285 มีสัดส่วน 1.14 สายพันธุ์คู่แฝด QTL2 มีสัดส่วน 1.30 และสายพันธุ์คู่แฝด QTLTG48 มีสัดส่วน 0.70 ดังนั้นจึงใช้สัดส่วนความกว้างต่อความยาวที่น้อยกว่า 1 จัดเป็นลักษณะรูปร่างผลไข่ที่เหมือนกับพันธุ์สิดาทิพย์ 3 และสัดส่วนที่มากกว่าหรือเท่ากับ 1 จัดเป็นผลเป็นเพื่อนำข้อมูลของสัดส่วนความกว้างต่อความยาวที่ใช้บ่งบอกรูปร่างผลมาเปรียบเทียบกับ graphical genotype ที่ได้ (ภาพที่ 6) พบว่ายีนที่ควบคุมรูปร่างผลเป็นมีตำแหน่งอยู่ระหว่างดีเอ็นเอเครื่องหมาย SSR26 และ TG373 เนื่องจากในต้นรีคอมบิแนนท์ที่มีจีโนไทป์ในส่วนดีเอ็นเอเครื่องหมายทั้ง 2 เหมือนกับพันธุ์สิดาทิพย์ 3 นั้นให้ลักษณะรูปร่างผลเป็นแบบรูปไข่ ในขณะที่ต้นรีคอมบิแนนท์ที่มีจีโนไทป์ในบริเวณนี้ที่เหมือนพันธุ์ L285 ให้ลักษณะรูปร่างผลเป็นแบบผลเป็น พบว่ามีต้นรีคอมบิแนนท์ที่มีลักษณะรูปร่างผลเป็นแบบผลไข่ไม่สอดคล้องกับจีโนไทป์ตามที่แสดงได้แก่ต้นที่ 42, 51, 52, 53, 55 และ 56 ซึ่งอาจเป็นผลมาจากระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างดีเอ็นเอเครื่องหมาย SSR26 กับ TG373 นี้ยังมีระยะห่างทางพันธุกรรมค่อนข้างมากคือ 11.7 cM ทำให้มีโอกาสเกิด double recombination ส่วนต้นรีคอมบิแนนท์ที่ 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 29, 30, 31, 58, 62, 64, 66, 71 และ 72 มี recombination break point ระหว่าง SSR26 และ TG373 (ภาพที่ 6)

ทดสอบหาดีเอ็นเอเครื่องหมาย ที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะรูปร่างผล single point analysis ของดีเอ็นเอเครื่องหมาย 6 ตำแหน่ง คือ TG332, TG462, SSR598, SSR26, TG373 และ TG48 โดยการจัดกลุ่มต้นรีคอมบิแนนท์ที่มีจีโนไทป์ในตำแหน่งของดีเอ็นเอเครื่องหมายแต่ละตำแหน่ง ที่แตกต่างกันเป็น 2 กลุ่มคือ กลุ่มที่มีจีโนไทป์เหมือนพันธุ์สิดาทิพย์ 3 (ผลไข่) และกลุ่มที่มีจีโนไทป์เหมือนพันธุ์ L285 (ผลเป็น) แล้วนำค่าเฉลี่ยความกว้างต่อความยาวผลของต้นรีคอมบิแนนท์ 2 กลุ่มนั้นมาวิเคราะห์ความแตกต่างทางสถิติโดยวิธี t-test ส่วนค่าเฉลี่ยการเกิดโรคและเปอร์เซ็นต์การรอดชีวิตวิเคราะห์ความแตกต่างทางสถิติโดยวิธี wilcoxon rank-sum test หากพบว่า ต้นรีคอมบิแนนท์ทั้ง 2 กลุ่มนั้นมีรูปร่างผล ค่าเฉลี่ยการเกิดโรค และเปอร์เซ็นต์การเกิดโรคที่แตกต่างกันทางสถิติ แสดงว่าตำแหน่งดีเอ็นเอตำแหน่งนั้นมีความสัมพันธ์กับลักษณะดังกล่าวจากการศึกษาพบว่า ดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG332 TG373 และ TG48 มีความแตกต่างกันทางสถิติโดยมีความน่าจะเป็น

0.0013, 0.0001 และ 0.0004 ตามลำดับ ส่วนในดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG462, SSR598 และ SSR26 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ (ถ้ามีความแตกต่างทางสถิติแสดงว่าดีเอ็นเอเครื่องหมายมีความสัมพันธ์กับลักษณะนั้น ๆ) ดังตารางที่ 4



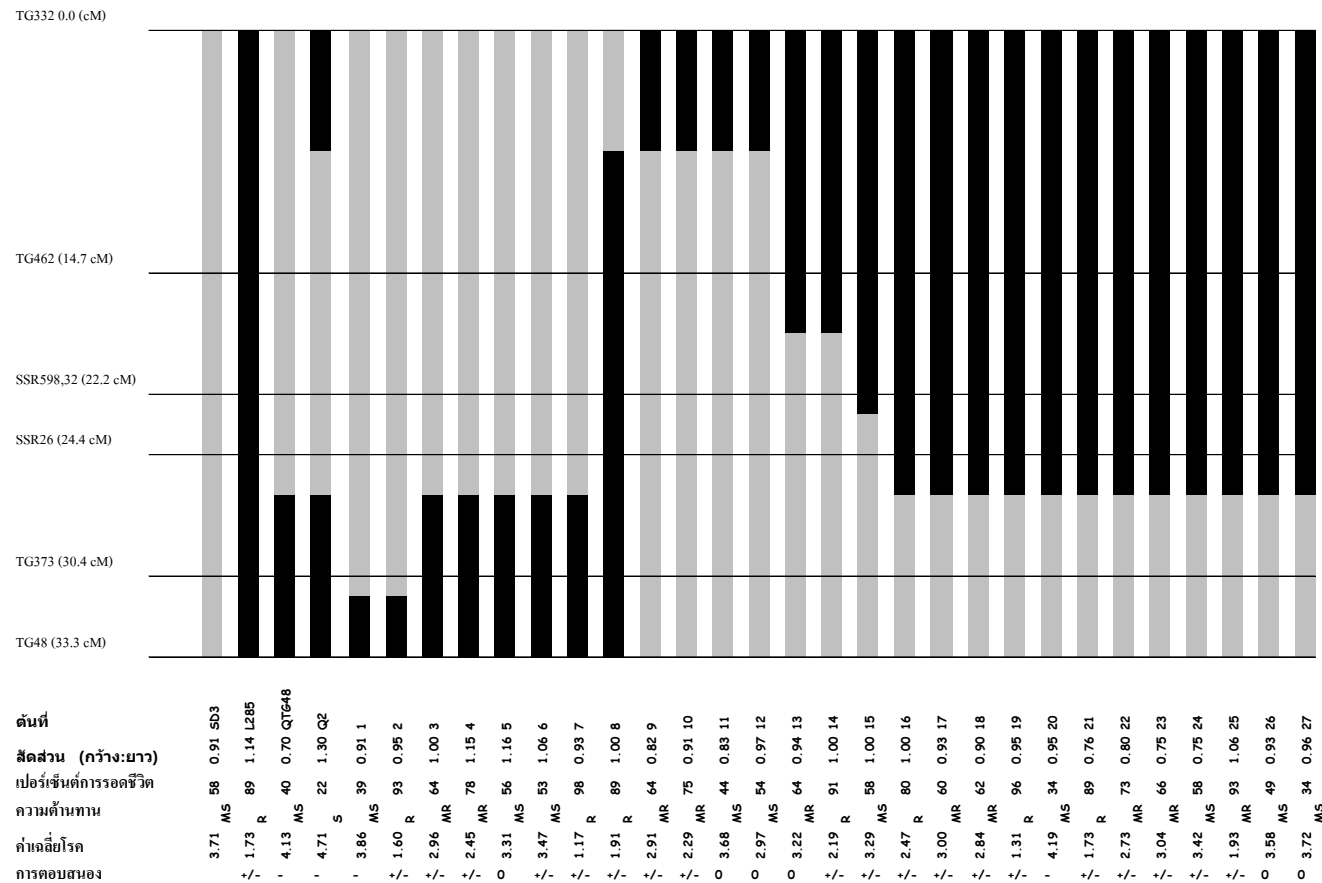
ภาพที่ 6 Graphical genotype ของมะเขือเทศพันธุ์สิดาทิพย์ 3, L285, NIL-QTLTG48, NIL-QTL2 และต้นรีคอมบิแนนท์ที่เป็นไฮโมไซโกตทั้ง 70 ต้นแถบสีเทา แทนลักษณะจีโนไทป์ของ สิดาทิพย์ 3 และแถบสีดำแทน L285

2. ระดับความต้านทานโรคของต้นรีคอมบิแนนท์

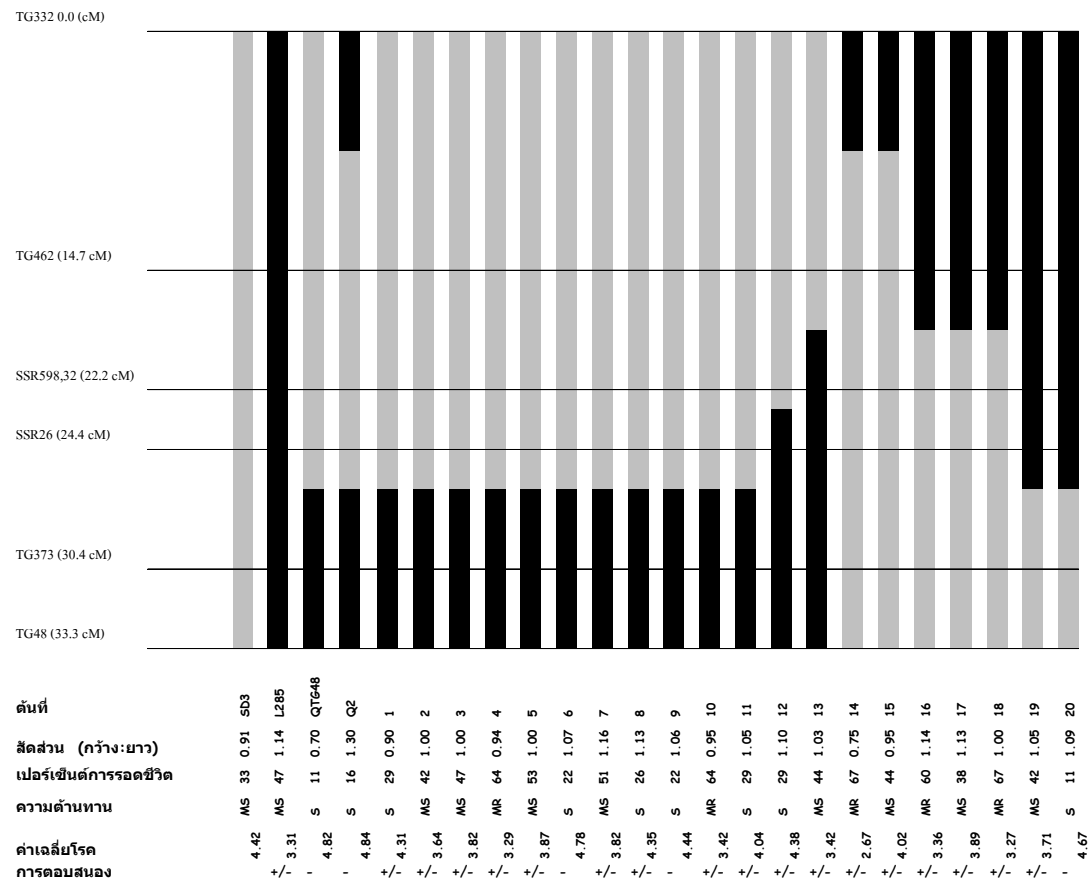
จากการตรวจสอบความสัมพันธ์ของดีเอ็นเอเครื่องหมายแต่ละตำแหน่งกับค่าเฉลี่ยโรคและเปอร์เซ็นต์การรอดชีวิตที่ทดสอบด้วยเชื้อสายพันธุ์ RS160 ด้วยการวิเคราะห์สถิติโดยใช้ t-test ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยการเกิดโรค และเปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต จากต้นรีคอมบิแนนท์ 47 ต้นกลุ่มจีโนไทป์ที่เหมือนกับ L285 และ สีดาทิพย์ 3 โดยการทำให้ single point analysis ด้วยการวิเคราะห์ wilcoxon rank sum test ผลของการทดสอบความสัมพันธ์ค่าเฉลี่ยการเกิดโรคกับดีเอ็นเอเครื่องหมาย พบว่าดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG332, TG373 และ TG48 มีความแตกต่างกันทางสถิติโดยมีความน่าจะเป็น 0.0328, 0.0197 และ 0.0328 ตามลำดับ ส่วน TG462, SSR598 และ SSR26 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ส่วนเปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต พบว่า TG373 มีความแตกต่างกันทางสถิติด้วยความน่าจะเป็น 0.0403 ส่วนดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG332, TG462, SSR598, SSR26 และ TG48 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ดังตารางที่ 4

ตารางที่ 3 การแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนโครโมโซมที่เกิดขึ้นระหว่างดีเอ็นเอเครื่องหมาย TG48 และ TG332 และจำนวนต้นรีคอมบิแนนท์ในแต่ละช่วงของดีเอ็นเอเครื่องหมาย

ระหว่างดีเอ็นเอเครื่องหมาย		จำนวนต้นที่มีการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนโครโมโซม	ระยะห่างทางพันธุกรรม
TG332	TG462	14	4.0
TG462	SSR32/SSR598	9	2.5
SSR598	SSR26	3	0.9
SSR26	TG373	41	11.7
TG373	TG48	4	1.1



ภาพที่ 7 Graphical genotype สัดส่วนความกว้างต่อความยาว เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต ความต้านทาน ค่าเฉลี่ยโรค การตอบสนอง ของต้นรีคอมบิแนนท์ในการปลูกเชื้อชุดที่ 1



ภาพที่ 8 Graphical genotype สัดส่วนความกว้างต่อความยาว เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต ความต้านทาน ค่าเฉลี่ยโรค การตอบสนอง ของต้นรีคอมบิแนนท์ในการปลูกเชื้อชุดที่ 2

ตารางที่ 4 การวิเคราะห์สถิติโดยใช้ t-test ดูความสัมพันธ์ระหว่างสัดส่วนความกว้างต่อยาวของ
ผล (ต้นรีคอมบิแนนท์ 70 ต้น) ในแต่ละกลุ่มจีโนไทป์ ได้แก่ กลุ่มจีโนไทป์ที่เหมือนกับ
L285 (L) และสีกาพิพ์ 3 (S) ค่าเฉลี่ยโรค และ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต
(ต้นรีคอมบิแนนท์ 47 ต้น) วิเคราะห์สถิติโดยใช้ wilcoxon rank-sum test ต่อเชื้อสาย
พันธุ์ RS160 ต่อดีเอ็นเอเครื่องหมายแต่ละตำแหน่ง

ดีเอ็นเอ เครื่องหมาย	สัดส่วนความกว้างต่อยาวเฉลี่ย			wilcoxon rank การเกิดโรคเฉลี่ย			wilcoxon rank การรอดชีวิต (%)		
	L	S	P	L	S	P	L	S	P
TG332	0.954	1.032	0.0013**	20.67	28.11	0.0328*	26.82	20.50	0.0589 ^{ns}
TG462	0.967	1.005	0.1054 ^{ns}	21.02	26.62	0.0829 ^{ns}	27.15	21.22	0.0704 ^{ns}
SSR589	0.969	1.003	0.1786 ^{ns}	21.13	25.77	0.1321 ^{ns}	25.91	22.81	0.2282 ^{ns}
SSR26	0.975	1.000	0.2961 ^{ns}	23.02	24.60	0.3549 ^{ns}	24.02	23.98	0.5000 ^{ns}
TG373	1.044	0.935	0.0001**	29.02	20.58	0.0197*	29.73	26.89	0.0403*
TG48	1.034	0.940	0.0004**	28.11	20.67	0.0328*	20.50	26.82	0.0589 ^{ns}

หมายเหตุ

**	=	แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99 %
*	=	แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%
ns	=	ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

การทดลองที่ 2 การสร้างมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่มียืนควบคุมความต้านทานโรคเหี่ยวเป็น 1, 2 และ 3 ตำแหน่ง

จากการนำสายพันธุ์คู่แฝดที่มียืนควบคุมความต้านทานโรคเหี่ยวเพียง 1 ตำแหน่ง จากที่ ฉัญญา (2547) (ได้สร้างสายพันธุ์คู่แฝดขึ้นมาอีก 2 สายพันธุ์คือ NIL-QTL10 และ NIL-QTLTG285) ได้สร้างขึ้นมาจับคู่ผสมและให้ได้สายพันธุ์คู่แฝดที่มียืนต้านทานโรคเป็น 2 และ 3 ตำแหน่งที่แตกต่างกันในแต่ละสายพันธุ์นั้น ได้สายพันธุ์คู่แฝดที่มียืนควบคุมความต้านทานโรคเป็น 2 ตำแหน่งจำนวน 4 สายพันธุ์ และ สายพันธุ์คู่แฝดที่มียืนต้านทานโรคเป็น 3 ตำแหน่ง อีก 1 สายพันธุ์ ดังนี้ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL2/10, NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2/6.1 และ NIL-QTL2/6.2/10

1. การทดสอบสภาพแวดล้อมและวิธีการปลูกเชื้อต่อระดับการเกิดโรคในสายพันธุ์บริสุทธิ์

การทดสอบสภาพแวดล้อม และวิธีการปลูกเชื้อที่ต่างกันใช้การทดสอบโรคของมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 ด้วยการปลูกเชื้อที่ต่างกัน 2 วิธี คือวิธีการตัดใบ และวิธีการราดดิน ที่ต่างช่วงเวลากัน 4 ครั้ง โดยแต่ละครั้งใช้เชื้อ 4 สายพันธุ์คือ RS27, RS140, RS145 และ RS160 เพื่อตรวจสอบว่าสภาพแวดล้อมที่ทดสอบโรคแต่ละครั้งมีผลต่อระดับการเกิดโรคหรือไม่ เนื่องจาก มะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3, L285 และ H7996 เป็นพันธุ์บริสุทธิ์ (pure line) ดังนั้น ทุกต้นจึงมีพันธุกรรมที่เหมือนกัน (Homozygous)

ซึ่งจากการทดสอบระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 ที่ต่างช่วงเวลากันในการทดสอบในปี 2547 และ 2548 และวิธีการทดสอบโรคที่ต่างกัน 4 ครั้ง คือการทดสอบโรคแบบตัดใบครั้งที่ 1 (มิถุนายน-สิงหาคม 2547) แบบตัดใบครั้งที่ 2 (กรกฎาคม-กันยายน 2547) แบบราดดินครั้งที่ 1 (มกราคม-มีนาคม 2548) แบบราดดินครั้งที่ 2 (พฤษภาคม-สิงหาคม 2548) พบว่าในมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 มีระดับการเกิดโรคที่แตกต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ โดยการทดสอบโรคด้วยเชื้อสาเหตุทั้ง 4 สายพันธุ์ คือ RS27, RS140, RS145 และ RS160 มีความน่าจะเป็น 0.0425, 0.0001, 0.0006 และ 0.0001 ตามลำดับ และในพันธุ์ L285 มีระดับการเกิดโรคแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติในเชื้อสายพันธุ์ RS160 ด้วยความน่าจะเป็น 0.0291 ส่วนในเชื้อสายพันธุ์ RS27, RS140 และ RS145 ไม่แตกต่างกันทางสถิติ และในพันธุ์ H7996 มีระดับการเกิดโรคแตกต่างกันทางสถิติในเชื้อสายพันธุ์ RS145 ด้วยความน่าจะเป็น 0.0076 ส่วนในเชื้อสายพันธุ์ RS27 RS140 และ RS160 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ แสดงให้เห็นว่าสภาพแวดล้อมที่

แตกต่างกันและวิธีการปลูกเชื้อที่ต่างกันทั้ง 2 แบบจากการปลูกเชื้อ 4 ครั้ง มีผลต่อระดับการเกิดโรคในพันธุ์สัดาทิพย์ 3 ในเชื้อทั้ง 4 สายพันธุ์ ส่วนในมะเขือเทศพันธุ์ L285 พบว่ามีความแตกต่างกันเฉพาะเชื้อสายพันธุ์ RS160 และในพันธุ์ H7996 พบว่า มีความแตกต่างกันเฉพาะเชื้อสายพันธุ์ RS145 เท่านั้น แสดงว่าสภาพแวดล้อมและวิธีการปลูกเชื้อที่ต่างกันมีผลต่อการตอบสนองโรคในมะเขือเทศพันธุ์สัดาทิพย์ 3 ส่วนในพันธุ์ L285 และ H7996 ขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ของเชื้อที่ใช้ในการปลูกทดสอบ ดังตารางที่ 5

ตารางที่ 5 การเปรียบเทียบความแตกต่างของสภาพแวดล้อมที่ทดสอบโรคด้วยเชื้อ

R. solanacearum ที่ต่างสายพันธุ์ ในมะเขือเทศพันธุ์สัดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 ในการปลูกเชื้อทั้ง 4 ครั้ง

พันธุ์	RS27		RS140		RS145		RS160	
	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น
สัดาทิพย์ 3	3.5	0.0425*	2.9	0.0001**	3.9	0.0006**	4.6	0.0001**
L285	1.5	0.0944 ^{ns}	1.0	1.000 ^{ns}	2.6	0.2387 ^{ns}	2.2	0.0291*
H7996	1.0	1.000 ^{ns}	1.1	0.2725 ^{ns}	2.2	0.0076**	1.0	1.000 ^{ns}

หมายเหตุ ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99%
 * แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 %
 ns ไม่แตกต่างกันทางสถิติ
 (จากการเปรียบเทียบระดับการเกิดโรคด้วยสถิติ kruskall-wallis)

1.1 การเปรียบเทียบความแตกต่างของสภาพแวดล้อมที่ต่างกันในการปลูกเชื้อแบบตัดใบในปี 2547

จากการทดสอบระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศพันธุ์สัดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 ที่ต่างช่วงเวลาดำเนินการทดสอบโรคแบบตัดใบในปี 2547 พบว่าการทดสอบโรคทั้ง 2 ครั้ง คือ การทดสอบโรคครั้งที่ 1 (มิถุนายน-สิงหาคม) ครั้งที่ 2 (กรกฎาคม-กันยายน) พบว่าในมะเขือเทศพันธุ์สัดาทิพย์ 3 มีระดับการเกิดโรคที่ต่างกันทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ในการทดสอบโรคด้วยเชื้อ 2 สายพันธุ์ คือ RS27 และ RS140 ด้วยค่าความน่าจะเป็น 0.0057 และ 0.0035 ตามลำดับ ส่วน

ในเชื้อสายพันธุ์ RS145 และ RS160 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ส่วนในพันธุ์ L285 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติในเชื้อทั้ง 4 สายพันธุ์ และในพันธุ์ H7996 ก็ให้ผลเช่นเดียวกันกับพันธุ์ L285 คือไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติในเชื้อทั้ง 4 สายพันธุ์ แสดงว่าในการปลูกถ่ายเชื้อแบบตัดใบในมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 สภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันมีผลต่อการตอบสนองของเชื้อสายพันธุ์ RS27 และ RS140 ส่วนในเชื้อสายพันธุ์ RS145 และ RS160 สภาพแวดล้อมไม่มีผลต่อการทดสอบโรคทั้ง 2 ครั้ง ส่วนในพันธุ์ L285 และ H7996 พบว่า สภาพแวดล้อมไม่มีผลต่อการทดสอบโรคแบบตัดใบทั้ง 2 ครั้ง ดังตารางที่ 6

ตารางที่ 6 การเปรียบเทียบความแตกต่างของสภาพแวดล้อมที่ทดสอบโรคด้วยวิธีการตัดใบ 2 ครั้ง ด้วยเชื้อ *R. solanacearum* ที่ต่างสายพันธุ์ ในมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996

พันธุ์	RS27		RS140		RS145		RS160	
	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น
สีดาทิพย์ 3	3.4	0.0057**	3.9	0.0035**	4.8	0.0647 ^{ns}	5	1.000 ^{ns}
L285	1.4	0.0896 ^{ns}	1.0	1.000 ^{ns}	3.0	0.2663 ^{ns}	1.7	0.8859 ^{ns}
H7996	1.0	1.000 ^{ns}	1.0	1.000 ^{ns}	3.0	0.9298 ^{ns}	1.0	1.000 ^{ns}

หมายเหตุ ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99%

* แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 %

ns ไม่แตกต่างกันทางสถิติ

(จากการเปรียบเทียบระดับการเกิดโรคด้วยสถิติ kruskal-wallis)

1.2. การเปรียบเทียบความแตกต่างของสภาพแวดล้อมที่ต่างกันในการปลูกเชื้อแบบราดดินในปี 2548

จากการทดสอบระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 ที่ต่างช่วงเวลากันของการทดสอบโรคแบบราดดินในปี 2548 พบว่าการทดสอบโรค 2 ครั้ง คือ แบบราดดินครั้งที่ 1 (มกราคม-มีนาคม) ครั้งที่ 2 (พฤษภาคม-สิงหาคม) พบว่าในมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติในเชื้อทั้ง 4 สายพันธุ์ ส่วนในพันธุ์ L285 มีความแตกต่างกัน

ทางสถิติในเชื้อสายพันธุ์ RS160 ด้วยความน่าจะเป็น 0.0396 ส่วนในเชื้อสายพันธุ์ RS27, RS140 และ RS145 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ และในพันธุ์ H7996 มีความแตกต่างกันทางสถิติเฉพาะในเชื้อ RS145 ด้วยความน่าจะเป็น 0.0471 ส่วนในเชื้อสายพันธุ์ RS27, RS140 และ RS160 ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ แสดงว่าในการปลูกเชื้อแบบราดดินในมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 สภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันไม่มีผลต่อการทดสอบโรคทั้ง 2 ครั้ง ส่วนในมะเขือเทศพันธุ์ L285 พบว่า สภาพแวดล้อมมีผลต่อการทดสอบโรคในเชื้อสายพันธุ์ RS160 เท่านั้น ส่วนในเชื้อสายพันธุ์ RS27, RS140 และ RS145 สภาพแวดล้อมไม่มีผลต่อการทดสอบโรคแบบราดดินทั้ง 2 ครั้ง และ ในพันธุ์ H7996 พบว่า สภาพแวดล้อมมีผลต่อการทดสอบโรคในเชื้อสายพันธุ์ RS145 เท่านั้น ในเชื้อสายพันธุ์ RS27, RS140 และ RS160 ไม่มีผลต่อการทดสอบโรคแบบราดดินทั้ง 2 ครั้ง ดังตารางที่ 7

ตารางที่ 7 การเปรียบเทียบความแตกต่างของสภาพแวดล้อมที่ทดสอบโรคโดยวิธีการราดดิน 2 ครั้ง ด้วยเชื้อ *R. solanacearum* ที่ต่างสายพันธุ์ ในมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996

พันธุ์	RS27		RS140		RS145		RS160	
	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ความน่าจะเป็น
สีดาทิพย์ 3	3.7	0.8862 ^{ns}	1.9	0.8862 ^{ns}	3.1	0.1166 ^{ns}	4.1	0.5839 ^{ns}
L285	1.5	0.1153 ^{ns}	1.0	0.1153 ^{ns}	2.3	0.3175 ^{ns}	2.6	0.0396*
H7996	1.0	1.000 ^{ns}	1.2	1.000 ^{ns}	1.5	0.0471*	1.0	1.000 ^{ns}

หมายเหตุ ** แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99 %
 * แตกต่างกันทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 %
 ns ไม่แตกต่างกันทางสถิติ
 (จากการเปรียบเทียบระดับการเกิดโรคด้วยสถิติ kruskall-wallis)

2. การทดสอบโรคด้วยเชื้อ *R. solanacearum* ที่ต่างสายพันธุ์

จากการเปรียบเทียบความแตกต่างกันของเชื้อ *R. solanacearum* ที่ต่างสายพันธุ์ในการทดสอบโรคทั้ง 4 ครั้งของมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 โดยใช้เชื้อทั้ง 4 สายพันธุ์ในการทดสอบ 4 ครั้ง พบว่าเชื้อที่ต่างสายพันธุ์กันมีผลให้ระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศพันธุ์สีดา

ทิพย์ 3 L285 และ H7996 มีความแตกต่างกันทางสถิติในการทดสอบโรคถึง 3 ครั้ง (ตารางผนวกที่ 1) โดยการทดสอบโรคแบบราดดินครั้งที่ 2 เท่านั้นที่ความแตกต่างของสายพันธุ์ของเชื้อไม่มีผลต่อระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 โดยพบว่าเชื้อ RS145 มีความรุนแรงในการก่อโรคได้สูงที่สุด เนื่องจากการทดสอบโรคด้วยเชื้อสายพันธุ์นี้มีผลทำให้ระดับการเกิดโรคสูงที่สุด รองลงมาคือ เชื้อสายพันธุ์ RS160, RS140 และ RS27 ตามลำดับ

3. การตรวจสอบการตอบสนองในเชิงบวกของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่สร้างขึ้น

ทดสอบระดับความต้านทานโรคเหี่ยวเฉาของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่ได้รวมยีนต้านทานเป็น 2 และ 3 ตำแหน่งเปรียบเทียบกับมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่มียีนควบคุมความต้านทานโรคเป็นเหี่ยวเฉา 1 ตำแหน่ง พร้อมกับสายพันธุ์คู่ต้านทานและอ่อนแอที่เป็นสายพันธุ์ พ่อและ แม่

3.1 การตอบสนองของเชื้อแต่ละสายพันธุ์

จากการเปรียบเทียบการเกิดโรคของสายพันธุ์คู่แฝดที่สร้างขึ้นเทียบกับมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคทั้ง 4 ครั้ง พบว่า การทดสอบโรคที่ต่างช่วงเวลากันมีผลทำให้ความรุนแรงในการเกิดโรคมีความแตกต่างกันทางสถิติ ในการทดลองแบบตัดใบครั้งที่ 1 แบบตัดครั้งที่ 2 ส่วนแบบราดดินครั้งที่ 1 และราดดินครั้งที่ 2 ไม่มีความแตกต่างกัน ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสภาพแวดล้อมในการทดสอบโรคแต่ละครั้งแตกต่างกัน ส่งผลให้การทดสอบโรคแต่ละครั้งมีระยะเวลาในการแสดงอาการของโรคและความรุนแรงแตกต่างกันในมะเขือเทศพันธุ์สีดาทิพย์ 3 L285 และ H7996 รวมทั้งสามารถตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกได้แตกต่างกันในการทดสอบโรคแต่ละครั้ง ดังนี้

การทดลองแบบตัดใบครั้งที่ 1 พบว่า มะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด 9 สายพันธุ์คือ NIL-QTL2, NIL-QTL6.1, NIL-QTL6.2, NIL-QTL10, NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL2/10, NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2/6.1 และ NIL-QTL2/6.2/10 มีความแตกต่างกันทางสถิติ หลังจากปลูกเชื้อสายพันธุ์ RS27 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อโดยสายพันธุ์คู่แฝด 9 สายพันธุ์มีการตอบสนองแบบต้านทาน ส่วนพันธุ์สีดาทิพย์ 3 มีการตอบสนองค่อนข้างอ่อนแอ นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 ในมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด 5 สายพันธุ์คือ NIL-QTL2, NIL-QTL6.1, NIL-QTL6.2, NIL-QTL2/6.2 และ NIL-QTL2/10 มีความแตกต่างกันทางสถิติ หลังจากปลูกเชื้อสายพันธุ์ RS140 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ โดย

NIL-QTL2, NIL-QTL6.1, NIL-QTL6.2 และ NIL-QTL2/6.2 มีการตอบสนองแบบต้านทานส่วน ใน NIL-QTL2/10 มีการตอบสนองค่อนข้างต้านทาน นอกจากนี้ในพันธุ์สิดาทิพย์ 3 มีการตอบสนองแบบอ่อนแอ แต่ไม่สามารถตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดต่อเชื้อสายพันธุ์ RS145 ส่วนใน RS160 ตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกของสายพันธุ์คู่แฝด จำนวน 8 สายพันธุ์ คือ NIL-QTLTG48, NIL-QTL2, NIL-QTL6.1, NIL-QTLTG285/CT234, NIL-QTL6.2, NIL-QTL2/10, NIL-QTL2/6.2 และ NIL-QTL2/6.1 หลังจากปลูกเชื้อ 11 วัน โดย NIL-QTLTG48, NIL-QTL6.1 และ NIL-QTL2/6.2 มีการตอบสนองแบบต้านทาน ส่วน NIL-QTL2, NIL-QTLTG285/CT234, NIL-QTL6.2, NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL2/6.1 มีการตอบสนองค่อนข้างต้านทาน และในพันธุ์สิดาทิพย์ 3 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบอ่อนแอ ดังตารางที่ 8 และ 9

การทดลองแบบตัดใบครั้งที่ 2 พบว่ามะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด 1 สายพันธุ์คือ NIL-QTLTG48 มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS27 ในเชิงบวก คือมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 อย่างมีนัยสำคัญ หลังจากปลูกเชื้อ 21 วัน โดยมีการตอบสนองแบบต้านทาน ส่วนพันธุ์สิดาทิพย์ 3 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบค่อนข้างอ่อนแอ นอกจากนี้การตอบสนองของสายพันธุ์คู่แฝด 5 สายพันธุ์คือ NIL-QTL6.1, NIL-QTLTG285/CT234, NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกในเชื้อสายพันธุ์ RS140 ที่ 21 วันหลังปลูกเชื้อ โดย NIL-QTL6.1, NIL-QTL6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบต้านทาน ส่วน NIL-QTLTG285/CT234 และ NIL-QTL2/10 มีการตอบสนองแบบค่อนข้างต้านทาน ในขณะที่พันธุ์สิดาทิพย์ 3 แสดงความอ่อนแอ นอกจากนี้ยังพบว่ามะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTLTG48, NIL-QTL2/6.2 และ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS145 คือมีระดับการเกิดโรคต่ำกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 อย่างมีนัยสำคัญ ที่ 11 วันหลังจากปลูกเชื้อ โดย NIL-QTLTG48 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบต้านทานและในมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2/6.2 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบอ่อนแอ และ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบค่อนข้างอ่อนแอ ส่วนพันธุ์สิดาทิพย์ 3 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบอ่อนแอ สำหรับ ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 พบว่าสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTLTG48, NIL-QTL6.1, NIL-QTL10, NIL-QTLTG285/CT234, NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL2/6.2 มีการตอบสนองในเชิงบวก คือมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 อย่างมีนัยสำคัญ หลังจากปลูกเชื้อ 14 วัน โดยพบว่า NIL-QTLTG48, NIL-QTL6.1, NIL-QTL10, NIL-QTLTG285/CT234, NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL2/6.2 มีการตอบสนองต่อเชื้อแบบต้านทาน ส่วนพันธุ์สิดาทิพย์ 3 มีการตอบสนองแบบอ่อนแอ ดังตารางที่ 10 และ 11

ตารางที่ 8 ค่าเฉลี่ยระดับอาการโรค และความน่าจะเป็นในการเปรียบเทียบระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996
เทียบกับพันธุ์สืดาพิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบตัดใบ ครั้งที่ 1

พันธุ์	RS27 (14 Dai)			RS140 (14 Dai)			RS145 (14 Dai)			RS160 (11 Dai)		
มะเขือเทศ	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น
SD3	4.3			4.5			4.7			4.8		
L285	1.0	+	0.0001**	1.0	+	0.0001**	2.5	+	0.0071**	1.4	+	0.0001**
H7996	1.0	+	0.0001**	1.0	+	0.0001**	3.0	+	0.0001**	1.0	+	0.0001**
QTLTG48	3.9	+/-	0.0916 ^{ns}	4.3	+/-	0.8875 ^{ns}	5.0	-	0.0175**	4.1	+	0.0004**
QTL2	2.2	+	0.0003**	3.1	+	0.0014**	4.8	-	0.4326 ^{ns}	4.3	+	0.0043**
QTL6.1	1.0	+	0.0001**	1.7	+	0.0001**	5.0	-	0.0175*	4.1	+	0.0001**
QTL10	3.1	+	0.0072**	4.6	-	0.7353 ^{ns}	4.9	-	0.0932 ^{ns}	4.5	+/-	0.0611 ^{ns}
QTLTG285	4.0	+/-	0.166 ^{ns}	4.6	-	0.5947 ^{ns}	4.9	-	0.2132 ^{ns}	4.4	+	0.0297*
QTL6.2	1.8	+	0.0001**	3.1	+	0.0094**	4.1	+/-	0.7268 ^{ns}	4.1	+	0.0163*
QTL6.2/10	2.4	+	0.0006**	4.8	-	0.1342 ^{ns}	4.8	-	0.2719 ^{ns}	4.7	+/-	0.4326 ^{ns}
QTL2/10	3.4	+	0.0061**	3.4	+/-	0.1489 ^{ns}	4.9	-	0.2132 ^{ns}	4.3	+	0.0120*
QTL2/6.2	2.6	+	0.0001**	3.7	+	0.0039**	5.0	-	0.0175*	4.1	+	0.0004**
QTL2/6.1	3.6	+	0.0088**	4.1	+	0.0239*	4.9	-	0.0775 ^{ns}	4.3	+	0.0120*
QTL2/6.2/10	3.2	+	0.0004**	3.9	+/-	0.6426 ^{ns}	4.9	-	0.2512 ^{ns}	4.5	+/-	0.0661 ^{ns}

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาพิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สืดาพิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาพิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สืดาพิพย์ 3

ตารางที่ 9 เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิตและระดับความต้านทานของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996 เทียบกับพันธุ์สีดำทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบตัดใบ ครั้งที่ 1

พันธุ์	RS27 (14 Dai)		RS140 (14 Dai)		RS145 (14 Dai)		RS160 (11 Dai)	
มะเขือเทศ	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน
SD3	53	MS	53	S	33	MS	20	S
L285	100	R	100	R	67	MR	100	R
H7996	100	R	100	R	100	R	100	R
QTLTG48	87	R	47	MS	0	S	87	R
QTL2	100	R	93	R	20	S	73	MR
QTL6.1	100	R	93	R	0	S	93	R
QTL10	100	R	40	MS	7	S	3	S
QTLTG285	100	R	33	MS	13	S	60	MR
QTL6.2	100	R	87	R	33	MS	64	MR
QTL6.2/10	100	R	20	S	13	S	33	MS
QTL2/10	100	S	60	MR	13	S	67	MR
QTL2/6.2	100	R	93	MR	0	S	87	R
QTL2/6.1	100	R	87	R	7	S	67	MR
QTL2/6.2/10	100	R	47	MS	14	S	3	S

R = ต้านทาน เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 80-100 เปอร์เซ็นต์
MR = ก่อนข้างต้านทาน เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 60-79 เปอร์เซ็นต์
MS = ก่อนข้างอ่อนแอ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 30-59 เปอร์เซ็นต์
S = อ่อนแอ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 0-29 เปอร์เซ็นต์

ตารางที่ 10 ค่าเฉลี่ยระดับอาการโรค และความน่าจะเป็นในการเปรียบเทียบระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996
เทียบกับพันธุ์สืดาทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบตัดใบ ครั้งที่ 2

พันธุ์	RS27 (21 Dai)			RS140 (21 Dai)			RS145 (11 Dai)			RS160 (14 Dai)		
มะเขือเทศ	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น
SD3	3.2			4.0			4.8			5.0		
L285	1.8	+	0.0284*	1.0	+	0.0001**	2.7	+	0.0001**	1.8	+	0.0001**
H7996	1.0	+	0.0001**	1.0	+	0.0001**	2.1	+	0.0001**	1.0	+	0.0001**
QTLTG48	1.6	+	0.0155*	3.8	+/-	0.1012 ^{ns}	2.5	+	0.0001**	3.8	+	0.0001**
QTL2	5.0	-	0.0015**	4.5	0	1.000 ^{ns}	4.9	0	1.000 ^{ns}	4.9	+/-	0.1637 ^{ns}
QTL6.1	3.9	-	0.5236 ^{ns}	1.5	+	0.0005**	4.8	+/-	0.3580 ^{ns}	4.7	+	0.0180*
QTL10	4.1	-	0.2100 ^{ns}	3.3	+/-	0.1476 ^{ns}	4.3	+/-	0.0934 ^{ns}	4.2	+	0.0002**
QTLTG285	3.3	-	0.7027 ^{ns}	3.0	+	0.0465*	4.9	0	1.000 ^{ns}	4.7	+	0.0180*
QTL6.2	4.2	-	0.1383 ^{ns}	3.6	+/-	0.1348 ^{ns}	4.9	+/-	0.6280 ^{ns}	5.0	0	1.000 ^{ns}
QTL6.2/10	2.7	+/-	0.4846 ^{ns}	2.1	+	0.0043**	4.6	+/-	0.0564 ^{ns}	4.9	+/-	0.1637 ^{ns}
QTL2/10	2.3	+/-	0.0744 ^{ns}	3.3	+	0.0422*	4.7	+/-	0.1070 ^{ns}	2.9	+	0.0001**
QTL2/6.2	4.8	-	0.0249*	4.4	-	0.7998 ^{ns}	4.0	+	0.0004**	4.8	+	0.0383*
QTL2/6.1	3.3	0	1.000 ^{ns}	3.8	+/-	0.1586 ^{ns}	4.8	+/-	0.3584 ^{ns}	5.0	0	1.000 ^{ns}
QTL2/6.2/10	3.5	-	0.8256 ^{ns}	2.1	+	0.0007**	4.3	+	0.0141*	4.9	+/-	0.3485 ^{ns}

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สืดาทิพย์ 3

ตารางที่ 11 เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิตและระดับความต้านทานของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996 เทียบกับพันธุ์สีดำทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบตัดใบ ครั้งที่ 2

พันธุ์	RS27 (21 Dai)		RS140 (21 Dai)		RS145 (11 Dai)		RS160 (11 Dai)	
มะเขือเทศ	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน
SD3	50	MS	25	S	6	S	19	S
L285	81	R	100	R	100	R	76	MR
H7996	100	R	100	R	100	R	100	R
QTLTG48	94	R	69	MR	81	R	100	R
QTL2	0	S	31	MS	6	S	44	MS
QTL6.1	50	MS	88	R	19	S	100	R
QTL10	31	MS	56	MS	31	MS	100	R
QTLTG285	75	MR	69	MR	6	S	81	R
QTL6.2	25	S	63	MR	13	S	6	S
QTL6.2/10	63	MR	81	R	38	MS	44	MS
QTL2/10	100	R	75	MR	31	MS	100	R
QTL2/6.2	19	S	38	MS	7	S	100	R
QTL2/6.1	56	MS	63	MR	19	S	19	S
QTL2/6.2/10	75	MR	100	R	50	MS	25	S

R = ต้านทาน เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 80-100 เปอร์เซ็นต์
MR = ก่อนข้างต้านทาน เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 60-79 เปอร์เซ็นต์
MS = ก่อนข้างอ่อนแอ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 30-59 เปอร์เซ็นต์
S = อ่อนแอ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 0-29 เปอร์เซ็นต์

การทดสอบแบบราดดินครั้งที่ 1 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ พบว่ามะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดจำนวน 3 สายพันธุ์ คือ NIL-QTL10, NIL-QTL6.2/10 และ NIL-QTL2/10 ที่มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS27 ในทางบวก โดยทั้ง 3 สายพันธุ์แสดงความต้านทานเป็นแบบต้านทาน ส่วนในพันธุ์สิดาทิพย์ 3 แสดงความต้านทานเป็นแบบค่อนข้างอ่อนแอ นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 ที่ 22 วันหลังปลูกเชื้อ ไม่สามารถตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกในมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด ซึ่งรวมทั้งพันธุ์ L285 และ H7996 ก็ไม่พบการตอบสนองในเชิงบวกเช่นเดียวกัน แต่พบว่าสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL6.2 เพียงสายพันธุ์เดียวที่มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS145 ในทางบวก ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ โดยแสดงความต้านทานเป็นแบบต้านทาน ในขณะที่พันธุ์สิดาทิพย์ 3 แสดงความต้านทานแบบค่อนข้างอ่อนแอ นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 ไม่สามารถตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่ใช้ในทดสอบครั้งนี้ ดังตารางที่ 12 และ 13

การทดสอบแบบราดดินครั้งที่ 2 จากการทดสอบโรคที่ 21 วันหลังปลูกในเชื้อสายพันธุ์ RS27 พบว่ามะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดจำนวน 9 สายพันธุ์คือ NIL-QTLTG48, NIL-QTL2, NIL-QTL6.1, NIL-QTL10, NIL-QTLTG285/CT234, NIL-QTL6.2, NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL2/6.1 โดยสายพันธุ์คู่แฝดทุกสายพันธุ์มีการตอบสนองในเชิงบวกและแสดงความต้านทานต่อเชื้อ ยกเว้น NIL-QTL2/10 แสดงความต้านทานต่อเชื้อแบบค่อนข้างต้านทาน ส่วนพันธุ์สิดาทิพย์ 3 แสดงความต้านทานแบบค่อนข้างอ่อนแอ และการทดสอบโรคที่ 21 วันหลังปลูกเชื้อเชื้อสายพันธุ์ RS140 พบว่าสายพันธุ์คู่แฝด 2 สายพันธุ์คือ NIL-QTL2/6.1 และ NIL-QTL2/6.2/10 ที่แสดงการตอบสนองในเชิงบวก โดยแสดงความต้านทานต่อเชื้อ ส่วนพันธุ์สิดาทิพย์ 3 แสดงความต้านทานแบบค่อนข้างต้านทาน ไม่สามารถตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่ใช้ในการทดสอบครั้งนี้ต่อเชื้อสายพันธุ์ RS145 นอกจากนี้ในสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2, NIL-QTL10, NIL-QTLTG285/CT234, NIL-QTL6.2, NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS160 ที่ 21 วันหลังปลูกเชื้อ โดยพบว่าสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL10 และ NIL-QTL6.2 แสดงความต้านทานต่อเชื้อแบบต้านทาน ส่วนในสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2, NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL2/6.2/10 แสดงความต้านทานแบบค่อนข้างต้านทาน ในขณะที่ NIL-QTLTG285/CT234 แสดงความต้านทานแบบค่อนข้างอ่อนแอ ส่วนในพันธุ์สิดาทิพย์ 3 อ่อนแอต่อเชื้อสายพันธุ์ RS160 ดังตารางที่ 14 และ 15

ตารางที่ 12 ค่าเฉลี่ยระดับอาการโรค และความน่าจะเป็นในการเปรียบเทียบระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996
เทียบกับพันธุ์สืคาทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบবাদิน ครั้งที่ 1

พันธุ์	RS27 (14 Dai)			RS140 (22 Dai)			RS145 (18 Dai)			RS160 (28 Dai)		
มะเขือเทศ	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ	ความน่าจะเป็น
SD3	3.4			2.3			4.5			5.0		
L285	1.0	+	0.012*	1.0	+/-	0.076 ^{ns}	2.0	+	0.014*	3.5	+/-	0.075 ^{ns}
H7996	1.0	+	0.012*	1.0	+/-	0.076 ^{ns}	1.8	+	0.002**	1.5	+	0.001**
QTLTG48	3.8	-	0.912 ^{ns}	1.8	+/-	0.561 ^{ns}	4.8	-	0.561 ^{ns}	4.5	+/-	0.382 ^{ns}
QTL2	2.3	+/-	0.208 ^{ns}	2.8	+/-	0.598 ^{ns}	4.9	-	0.267 ^{ns}	5.0	0	1.000 ^{ns}
QTL6.1	2.0	+/-	0.112 ^{ns}	1.8	+/-	0.561 ^{ns}	4.1	+/-	0.680 ^{ns}	4.8	+/-	0.170 ^{ns}
QTL10	1.4	+	0.033*	2.6	-	0.723 ^{ns}	4.5	+/-	0.858 ^{ns}	4.8	+/-	0.170 ^{ns}
QTLTG285	3.1	+/-	0.615 ^{ns}	2.0	+/-	0.847 ^{ns}	4.6	-	0.902 ^{ns}	4.8	+/-	0.170 ^{ns}
QTL6.2	2.5	+/-	0.288 ^{ns}	2.5	-	0.760 ^{ns}	1.3	+	0.002**	4.8	+/-	0.170 ^{ns}
QTL6.2/10	1.0	+	0.012*	1.0	+/-	0.076 ^{ns}	3.3	+/-	0.212 ^{ns}	4.3	+/-	0.076 ^{ns}
QTL2/10	1.4	+	0.033*	1.9	+/-	0.700 ^{ns}	4.3	0	1.000 ^{ns}	4.9	+/-	0.382 ^{ns}
QTL2/6.2	2.5	+/-	0.196 ^{ns}	2.3	0	1.000 ^{ns}	4.0	-	0.949 ^{ns}	4.4	+/-	0.171 ^{ns}
QTL2/6.1	2.4	+/-	0.397 ^{ns}	1.4	+/-	0.267 ^{ns}	4.8	-	0.416 ^{ns}	5.0	0	1.000 ^{ns}
QTL2/6.2/10	2.8	+/-	0.462 ^{ns}	2.1	+/-	0.902 ^{ns}	3.8	+/-	0.520 ^{ns}	4.8	+/-	0.170 ^{ns}

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืคาทิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สืคาทิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืคาทิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สืคาทิพย์ 3

ตารางที่ 13 เปรอร์เซ็นต์การรอดชีวิตและระดับความต้านทานของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996 เทียบกับพันธุ์สืคาทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบবাদดิน ครั้งที่ 1

พันธุ์	RS27 (14 Dai)		RS140 (22 Dai)		RS145 (18 Dai)		RS160 (28 Dai)	
มะเขือเทศ	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน
SD3	50	MS	88	R	38	S	0	S
L285	100	R	100	R	86	MR	38	MS
H7996	100	R	100	R	100	MR	88	R
QTLTG48	75	MR	75	MR	25	S	13	S
QTL2	88	R	50	MS	13	S	0	S
QTL6.1	100	R	88	R	50	S	38	MS
QTL10	100	R	63	MR	50	S	28	S
QTLTG285	75	MR	75	MR	38	S	25	S
QTL6.2	88	R	88	R	100	R	25	S
QTL6.2/10	100	R	88	R	63	MS	38	MS
QTL2/10	100	R	75	MR	38	S	13	S
QTL2/6.2	100	R	88	R	25	S	25	S
QTL2/6.1	75	MR	63	MR	17	S	0	S
QTL2/6.2/10	75	MR	100	R	50	MS	25	S

R = ต้านทาน เปรอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 80-100 เปรอร์เซ็นต์
MR = ก่อนข้างต้านทาน เปรอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 60-79 เปรอร์เซ็นต์
MS = ก่อนข้างอ่อนแอ เปรอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 30-59 เปรอร์เซ็นต์
S = อ่อนแอ เปรอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 0-29 เปรอร์เซ็นต์

ตารางที่ 14 ค่าเฉลี่ยระดับอาการโรค และความน่าจะเป็นในการเปรียบเทียบระดับการเกิดโรคของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996
เทียบกับพันธุ์สืคาทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบবাদิน ครั้งที่ 2

พันธุ์ มะเขือเทศ	RS27 (21 Dai)			RS140 (21 Dai)			RS145 (21 Dai)			RS160 (21 Dai)		
	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น	ค่าเฉลี่ย	ตอบ สนอง	ความน่า จะเป็น
SD3	4.5			2.9			2.5			4.9		
L285	1.4	+	0.0007**	1.0	+	0.0143*	2.8	-	0.8005	2.0	+	0.0004**
H7996	1.6	+	0.0001**	1.4	+/-	0.0732 ^{ns}	1.0	+	0.0344*	1.3	+	0.0001**
QTLTG48	1.6	+	0.0003**	4.1	-	0.1741 ^{ns}	3.8	-	0.1248 ^{ns}	1.3	+	0.0001**
QTL2	2.3	+	0.0055**	3.7	-	0.6306 ^{ns}	3.1	-	0.5923 ^{ns}	4.3	+	0.0087**
QTL6.1	2.2	+	0.0014**	1.6	+/-	0.0983 ^{ns}	3.5	-	0.3280 ^{ns}	4.3	+/-	0.1336 ^{ns}
QTL10	2.1	+	0.0008**	2.7	+/-	0.7109 ^{ns}	3.1	-	0.5923 ^{ns}	3.6	+	0.0003**
QTLTG285	2.2	+	0.0014**	2.1	+/-	0.3619 ^{ns}	2.5	0	1.000 ^{ns}	3.7	+	0.0081**
QTL6.2	1.7	+	0.0015**	1.7	+/-	0.1513 ^{ns}	2.3	+/-	0.7630 ^{ns}	2.7	+	0.0019**
QTL6.2/10	1.5	+	0.0002**	1.6	+/-	0.0983 ^{ns}	3.8	-	0.2116 ^{ns}	4.7	+/-	0.3006 ^{ns}
QTL2/10	2.2	+	0.0295*	1.8	+/-	0.2226 ^{ns}	2.0	+/-	0.5317 ^{ns}	4.4	+	0.0253*
QTL2/6.2	3.2	+/-	0.2376 ^{ns}	1.6	+/-	0.0983 ^{ns}	2.7	-	0.9331 ^{ns}	4.4	+/-	0.1224 ^{ns}
QTL2/6.1	3.0	+	0.0458*	1.3	+	0.0438*	2.0	+/-	0.5317 ^{ns}	4.3	+/-	0.1336 ^{ns}
QTL2/6.2/10	3.6	+/-	0.5616 ^{ns}	1.3	+	0.0438*	3.5	-	0.3280 ^{ns}	3.8	+	0.0222*

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืคาทิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สืคาทิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืคาทิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สืคาทิพย์ 3

ตารางที่ 15 เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิตและระดับความต้านทานของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝด L285 และ H7996 เทียบกับพันธุ์สีดำทิพย์ 3 ในการทดสอบโรคแบบবাদดิน ครั้งที่ 2

พันธุ์	RS27 (21 Dai)		RS140 (21 Dai)		RS145 (21 Dai)		RS160 (21 Dai)	
มะเขือเทศ	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน	เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต	ระดับความต้านทาน
SD3	50	MS	60	MR	70	MR	10	S
L285	90	R	100	R	70	MR	90	R
H7996	100	R	90	R	100	R	100	R
QTLTG48	80	R	30	MS	30	MS	0	S
QTL2	90	R	70	MR	70	MR	70	MR
QTL6.1	100	R	100	R	60	MR	40	MS
QTL10	100	R	80	R	70	MR	80	R
QTLTG285	100	R	80	R	70	MR	58	MS
QTL6.2	90	R	90	R	90	R	80	R
QTL6.2/10	100	R	100	R	60	MR	30	MS
QTL2/10	70	MR	80	R	90	R	60	MR
QTL2/6.2	60	MR	100	R	80	R	40	MS
QTL2/6.1	80	R	100	R	90	R	40	MS
QTL2/6.2/10	50	MS	100	R	60	MR	60	MR

R = ต้านทาน เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 80-100 เปอร์เซ็นต์
MR = ก่อนข้างต้านทาน เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 60-79 เปอร์เซ็นต์
MS = ก่อนข้างอ่อนแอ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 30-59 เปอร์เซ็นต์
S = อ่อนแอ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิต 0-29 เปอร์เซ็นต์

3.2 การเปรียบเทียบความต้านทานเป็นเปอร์เซ็นต์เทียบกับพันธุ์สิดาทิพย์ 3

ในเชื้อ RS27 พบว่ายีนในตำแหน่งที่เพิ่มเข้ามามีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานโรคที่ดีกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 ในการปลูกเชื้อแบบตัดใบครั้งที่ 1 ระบาดครั้งที่ 1 และ 2 ยกเว้นการปลูกเชื้อแบบตัดใบครั้งที่ 2 มีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานที่น้อยกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 ทั้งหมดยกเว้นตำแหน่ง QTLTG48, QTL2/10 และ QTL6.2/10 ที่มีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานมากกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 และในตำแหน่ง QTLTG48 ในการปลูกเชื้อแบบระบาดครั้งที่ 1

ในเชื้อ RS140 พบว่าส่วนมากมีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานที่มากกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 ยกเว้น QTLTG48 ในการปลูกเชื้อแบบระบาดครั้งที่ 2 และ QTL2 ในการปลูกเชื้อแบบตัดใบครั้งที่ 1, 2 และแบบระบาดครั้งที่ 1 ที่มีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานน้อยกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3

ในเชื้อ RS145 จะพบว่าการตอบสนองมีความแปรปรวนมากเพราะว่าเชื้อ RS145 เป็นเชื้อที่แรงมาก แต่ก็ยังพบว่าส่วนมากก็มีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานโรคมกกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 ส่วนในการปลูกเชื้อแบบระบาดครั้งที่ 2 ส่วนมากมีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานโรคที่น้อยกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3

ในเชื้อ RS160 จะพบว่ามีเปอร์เซ็นต์ความต้านทานโรคที่มากกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 ในทุกตำแหน่ง (ดังภาพที่ 9)

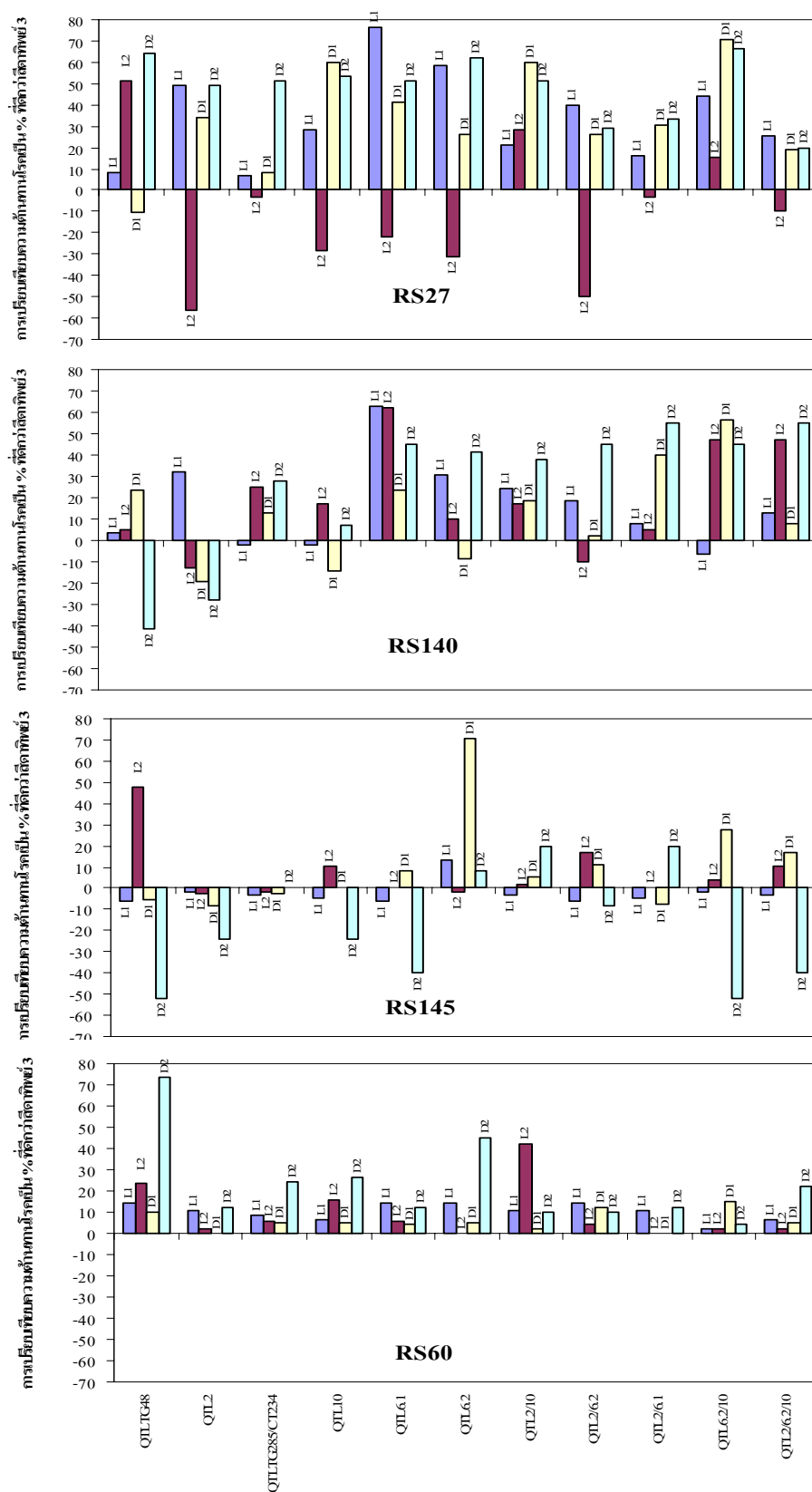
3.3 ความถี่ในการตอบสนองของยีนแต่ละตำแหน่ง

ตำแหน่งยีนควบคุมความต้านทานโรค QTLTG48 พบว่ามีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS27 ทั้งแบบตัดใบและแบบระบาดด้วยความถี่เท่ากันคือ 50% ไม่มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS140 ทั้งแบบตัดใบและแบบระบาด มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS145 ด้วยความถี่ 50% ในการปลูกเชื้อแบบตัดใบและไม่มีการตอบสนองในการปลูกเชื้อแบบระบาด นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 มีการตอบสนองด้วยความถี่ 100% ในการปลูกเชื้อแบบตัดใบและไม่มีการตอบสนองในการปลูกเชื้อแบบระบาด

ตำแหน่งยีนควบคุมความต้านทานโรค QTL10 ไม่มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS27 ในการปลูกแบบตัดใบและมีการตอบสนองด้วยความถี่ 100% ในการปลูกเชื้อแบบราดดิน ไม่มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS140 และ RS145 ในการปลูกเชื้อทั้ง 2 แบบ นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 มีความถี่ในการตอบสนอง 50% ในการปลูกเชื้อทั้ง 2 แบบ

ตำแหน่งยีนควบคุมความต้านทานโรค QTLTG285/CT234 พบว่ามีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS27 ด้วยความถี่ 50% ในการปลูกเชื้อทั้ง 2 แบบ ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 มีการตอบสนองด้วยความถี่ 50% ในการปลูกเชื้อแบบตัดใบ และไม่มีการตอบสนองในการปลูกเชื้อแบบราดดิน ในเชื้อสายพันธุ์ RS145 ไม่มีการตอบสนองในการปลูกเชื้อทั้ง 2 แบบ นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 มีการตอบสนองด้วยความถี่ 100% ในการปลูกเชื้อแบบตัดใบ และมีการตอบสนองด้วยความถี่ 50% ในการปลูกเชื้อแบบราดดิน

ตำแหน่งยีนควบคุมความต้านทานโรค QTL6.2 มีการตอบสนองต่อเชื้อสายพันธุ์ RS27 ด้วยความถี่ 50 % ในการปลูกเชื้อทั้ง 2 แบบ ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 มีการตอบสนองด้วยความถี่ 50% ในการปลูกเชื้อแบบตัดใบและไม่มี การตอบสนองในการปลูกเชื้อแบบราดดิน ในเชื้อสายพันธุ์ RS145 ไม่มีการตอบสนองในวิธีการปลูกเชื้อแบบตัดใบ แต่มีการตอบสนองด้วยความถี่ 50% ใน



ภาพที่ 9 การเปรียบเทียบความต้านทานโรคเป็นเปอร์เซ็นต์ ที่ต่ำกว่าสิดาทิพย์ 3 ใน เชื้อทั้ง 4 สายพันธุ์ ในการปลูกเชื้อ 4 ครั้ง โดยให้ระดับความต้านทานของสิดาทิพย์ 3 เป็น 0

ตารางที่ 16 จำนวนครั้งที่ตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่สร้างขึ้นต่อเชื้อที่แตกต่างกัน 4 สายพันธุ์ ที่ทดสอบในช่วงเวลาต่าง ๆ กันเป็นจำนวน 4 ครั้ง

โครโมโซม	จำนวนครั้งและเปอร์เซ็นต์ความถี่ในการตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวก							
	RS27		RS140		RS145		RS160	
	ตัดใบ	รากดิน	ตัดใบ	รากดิน	ตัดใบ	รากดิน	ตัดใบ	รากดิน
L285	2/2 = 100%	2/2 = 100%	2/2 = 100%	1/2 = 50%	2/2 = 100%	1/2 = 50%	2/2 = 100%	1/2 = 50%
H7996	2/2 = 100%	2/2 = 100%	2/2 = 100%	0/2 = 0%	2/2 = 100%	1/2 = 50%	2/2 = 100%	2/2 = 100%
QTLTG48	1/2 = 50%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	2/2 = 100%	0/2 = 0%
QTL2	1/2 = 50%	2/2 = 100%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	1/2 = 50%	1/2 = 50%
QTL6.1	1/2 = 50%	2/2 = 100%	2/2 = 100%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	2/2 = 100%	0/2 = 0%
QTL10	0/2 = 0%	2/2 = 100%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	1/2 = 50%	1/2 = 50%
QTLTG285	1/2 = 50%	1/2 = 50%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	2/2 = 100%	1/2 = 50%
QTL6.2	1/2 = 50%	1/2 = 50%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	1/2 = 50%	1/2 = 50%	1/2 = 50%
QTL6.2/10	1/2 = 50%	2/2 = 100%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%
QTL 2/10	1/2 = 50%	2/2 = 100%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	2/2 = 100%	1/2 = 50%
QTL2/6.2	1/2 = 50%	0/2 = 0%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	2/2 = 100%	0/2 = 0%
QTL2/6.1	1/2 = 50%	1/2 = 50%	1/2 = 50%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	1/2 = 50%	0/2 = 0%
QTL2/6.2/10	1/2 = 50%	0/2 = 0%	2/2 = 100%	1/2 = 50%	1/2 = 50%	0/2 = 0%	0/2 = 0%	1/2 = 50%

4. การเปรียบเทียบการตอบสนองของการเพิ่มเข้ามาของตำแหน่งต้านทานของสายพันธุ์คู่แข่ง

จากการผสมกลับจนถึงประชากรชั่วที่ 6 จนมีอินด้านทาน 1 ตำแหน่งแล้วทำการรวมตำแหน่งของยีนแต่ละตำแหน่งเข้าด้วยกันให้เป็น 1 2 และ 3 ตำแหน่ง ตามลำดับ แล้วทำการเปรียบเทียบความต้านทานของยีนระหว่างอินด้านทาน 1 2 และ 3 ตำแหน่ง โดยนำมาเชื้อทดสอบสายพันธุ์คู่แข่งที่มีอินด้านทานที่เพิ่มมาทำการเปรียบเทียบความต้านทานจะทำให้ทราบประสิทธิภาพการตอบสนองของยีน 2 และ 3 ตำแหน่งที่รวมเข้าด้วยกันในสายพันธุ์คู่แข่ง

4.1 การตอบสนองในการทดลองแต่ละครั้ง

4.1.1 การทดสอบแบบตัดใบครั้งที่ 1

ในเชื้อสายพันธุ์ RS27 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวกระหว่างสายพันธุ์คู่แข่ง NIL-QTLTG48 กับ NIL-QTL2 โดยมีความแตกต่างกันทางสถิติ ส่วนสายพันธุ์คู่แข่ง NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 พบว่ามีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ พบว่ามีการตอบสนองในเชิงบวกระหว่างสายพันธุ์คู่แข่ง NIL-QTLTG48 กับ NIL-QTL2 โดยมีความแตกต่างกันทางสถิติ ส่วนสายพันธุ์คู่แข่ง NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL6.2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกเช่นเดียวกันแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS145 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ พบว่าไม่มีคู่ใดที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ แต่พบว่าสายพันธุ์คู่แข่ง NIL-QTLTG48 กับ NIL-QTL2, NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.1 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ ก็เช่นเดียวกันกับเชื้อสายพันธุ์ RS145 คือ ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ แต่พบว่าสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL6.2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ดังตารางที่ 17

4.1.2 การทดลองแบบตัดใบครั้งที่ 2

ในเชื้อสายพันธุ์ RS27 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวก และมีความแตกต่างกันทางสถิติจำนวน 8 คู่ ดังต่อไปนี้ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 ส่วนอีก 3 คู่ คือ NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL6.1 กับ NIL-QTL2/6.1 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวก และมีความแตกต่างกันทางสถิติจำนวน 7 คู่ ดังต่อไปนี้ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL6.2 กับ NIL6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 อีก 5 คู่ คือ NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL6.2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS145 ที่ 11 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวก และมีความแตกต่างกันทางสถิติจำนวน 4 คู่ ดังต่อไปนี้ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2 และ NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และในอีก 10 คู่ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.1 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL6.2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10

และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวก และมีความแตกต่างกันทางสถิติจำนวน 3 คู่ ดังนี้คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2 ส่วนอีก 3 คู่คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10 และ NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ดังตารางที่ 18

ตารางที่ 17 การเปรียบเทียบการตอบสนองในเชิงบวกของสายพันธุ์คู่แฝดที่เพิ่มขึ้นด้านทานเข้ามาในการทดลองแบบตัดใบ ครั้งที่ 1

โครโมโซม	RS27 (14 Dai)		RS140 (14 Dai)		RS145 (21 Dai)		RS160 (21 Dai)	
	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น
QTLTG48 VS QTL2	+	0.0020**	+	0.0047**	+/-	0.0792 ^{ns}	-	0.3856 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/10	-	0.0279*	-	0.2759 ^{ns}	-	0.6530 ^{ns}	-	0.7147 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.2	-	0.4867 ^{ns}	-	0.2896 ^{ns}	-	0.0792 ^{ns}	+/-	0.3856 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.1	-	0.0098**	-	0.0345*	-	0.3073 ^{ns}	-	0.7147 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.2/10	-	0.0739 ^{ns}	-	0.0314*	-	0.7139 ^{ns}	-	0.2745 ^{ns}
QTLTG285 VS QTL10	+/-	0.4704 ^{ns}	+/-	0.8439 ^{ns}	-	0.6198 ^{ns}	+/-	0.7353 ^{ns}
QTL10 VS QTL6.2/10	+/-	0.1953 ^{ns}	-	0.2505 ^{ns}	+/-	0.5914 ^{ns}	-	0.2880 ^{ns}
QTL10 VS QTL2/10	+/-	0.9628 ^{ns}	+/-	0.0928 ^{ns}	+/-	0.6198 ^{ns}	+/-	0.4787 ^{ns}
QTL10 VS QTL2/6.2/10	+/-	0.7645 ^{ns}	+/-	0.4526 ^{ns}	+/-	0.5774 ^{ns}	0	1.000 ^{ns}
QTL6.1 VS QTL2/6.1	-	0.0001**	-	0.0001**	+/-	0.3506 ^{ns}	-	0.0775 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL6.2/10	-	0.2745 ^{ns}	-	0.0002**	-	0.1787 ^{ns}	-	0.0867 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL2/6.2	-	0.1495 ^{ns}	-	0.4847 ^{ns}	-	0.0179*	+/-	0.3553 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL2/6.2/10	-	0.0128*	-	0.0604 ^{ns}	-	0.1896 ^{ns}	-	0.4533 ^{ns}
QTL6.2/10 VS QTL2/6.2/10	-	0.1495 ^{ns}	+/-	0.0897 ^{ns}	0	1.000 ^{ns}	+/-	0.2880 ^{ns}
QTL2/10 VS QTL2/6.2/10	+/-	0.6920 ^{ns}	-	0.4084 ^{ns}	+/-	0.9709 ^{ns}	-	0.4787 ^{ns}
QTL2/6.2 VS QTL2/6.2/10	-	0.2745 ^{ns}	-	0.0813 ^{ns}	+/-	0.1496 ^{ns}	-	0.0533 ^{ns}

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สิดาทิพย์ 3

ตารางที่ 18 การเปรียบเทียบการตอบสนองในเชิงบวกของสายพันธุ์คู่แฝดที่เพิ่มขึ้นด้านทานเข้ามาในการทดลองแบบตัดใบ ครั้งที่ 2

โครโมโซม	RS27 (14 Dai)		RS140 (14 Dai)		RS145 (11 Dai)		RS160 (14 Dai)	
	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น
QTLTG48 VS QTL2	-	0.0001**	-	0.0395*	-	0.0001**	-	0.0001**
QTL2 VS QTL2/10	+	0.0001**	+	0.0113*	+/-	0.0792 ^{ns}	+	0.0001**
QTL2 VS QTL2/6.2	+/-	0.0795 ^{ns}	+/-	0.7518 ^{ns}	+	0.0001**	+/-	0.3878 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.1	+	0.0006**	+/-	0.0783 ^{ns}	+/-	0.2935 ^{ns}	-	0.1637 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.2/10	+	0.0001**	+	0.0001**	+	0.0064**	-	0.5757 ^{ns}
QTLTG285 VS QTL10	-	0.0421*	-	0.5717 ^{ns}	+/-	0.0715 ^{ns}	+/-	0.0707 ^{ns}
QTL10 VS QTL6.2/10	+	0.0473*	+/-	0.0798 ^{ns}	+/-	0.8927 ^{ns}	-	0.0041**
QTL10 VS QTL2/10	+	0.0006**	+/-	0.6894 ^{ns}	-	0.8346 ^{ns}	+	0.0029*
QTL10 VS QTL2/6.2/10	+/-	0.0531 ^{ns}	+	0.0312*	+/-	0.3918 ^{ns}	-	0.0011**
QTL6.1 VS QTL2/6.1	+/-	0.4644 ^{ns}	-	0.0008**	+/-	0.9557 ^{ns}	-	0.0180*
QTL6.2 VS QTL6.2/10	+	0.0301*	+	0.0329*	+/-	0.1042 ^{ns}	+/-	0.1637 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL2/6.2	-	0.5309 ^{ns}	-	0.1115 ^{ns}	+	0.0005**	+	0.0383*
QTL6.2 VS QTL2/6.2/10	+	0.0281*	+	0.0077**	+	0.0195*	+/-	0.3485 ^{ns}
QTL6.2/10 VS QTL2/6.2/10	-	0.4823 ^{ns}	+/-	0.9821 ^{ns}	+/-	0.3848 ^{ns}	-	0.5757 ^{ns}
QTL2/10 VS QTL2/6.2/10	-	0.0268*	+	0.0330*	+/-	0.1802 ^{ns}	-	0.0001**
QTL2/6.2 VS QTL2/6.2/10	+	0.0012**	+	0.0001**	-	0.3451 ^{ns}	-	0.1592 ^{ns}

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สืดาทิพย์ 3

4.1.3 การทดลองแบบবাদคินครั้งที่ 1

ในเชื้อสายพันธุ์ RS27 ที่ 14 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวก และมีความแตกต่างกันทางสถิติจำนวน 2 คู่ ดังต่อไปนี้ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10 และ NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10 ส่วนอีก 3 คู่ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTLTG48 กับ NIL-QTL2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10 และ NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 ที่ 22 วันหลังปลูกเชื้อมีเพียงสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกและมีความแตกต่างกันทางสถิติจำนวน และอีก 11 คู่ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.1 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS145 ที่ 18 วันหลังปลูกเชื้อ ไม่มีการตอบสนองในเชิงบวก ที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ แต่มีจำนวน 9 คู่มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติดังต่อไปนี้ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.1 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10

นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 ที่ 28 วันหลังปลูกเชื้อ เช่นเดียวกันคือ ไม่มีการตอบสนองในเชิงบวกที่มีความแตกต่างกันทางสถิติ แต่มีจำนวน 7 คู่ ดังนี้คือ สายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2 และ NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ดังตารางที่ 19

4.1.4 การทดลองแบบราดดินครั้งที่ 2

ในเชื้อสายพันธุ์ RS27 ที่ 21 วันหลังปลูกเชื้อ ไม่สามารถตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกที่มีความแตกต่างกันทางสถิติแต่พบว่าสายพันธุ์คู่แฝดจำนวน 4 คู่คือ NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10 และ NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันในทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS140 ที่ 21 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวกและมีความแตกต่างกันทางสถิติจำนวน 4 คู่ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.1 และ NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และอีก 11 คู่ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTLTG48 กับ NIL-QTL2, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.1 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL6.2/10, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2, NIL-QTL6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

ในเชื้อสายพันธุ์ RS145 ที่ 21 วันหลังปลูกเชื้อ มีการตอบสนองในเชิงบวกและมีความแตกต่างกันทางสถิติเพียง 1 คู่ คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL6.2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 แต่มีจำนวนอีก 9 คู่ที่มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติดังต่อไปนี้คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTLTG48 กับ NIL-QTL2, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/10, NIL-QTL10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL6.1 กับ NIL-QTL2/6.1, NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10

นอกจากนี้ในเชื้อสายพันธุ์ RS160 ที่ 21 วันหลังปลูกเชื้อ ไม่มีการตอบสนองในเชิงบวกและมีความแตกต่างกันทางสถิติ แต่มีจำนวน 5 คู่ ดังนี้คือสายพันธุ์คู่แฝด NIL-QTL2 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTLTG285/CT234 กับ NIL-QTL10, NIL-QTL6.2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10, NIL-QTL2/10 กับ NIL-QTL2/6.2/10 และ NIL-QTL2/6.2 กับ NIL-QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวกแต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ดังตารางที่ 20

ตารางที่ 19 การเปรียบเทียบการตอบสนองในเชิงบวกของสายพันธุ์คู่แฝดที่เพิ่มขึ้นด้านทานเข้ามาในการทดลองแบบราดดิน ครั้งที่ 1

โครโมโซม	RS27 (14 Dai)		RS140 (22 Dai)		RS145 (18 Dai)		RS160 (28 Dai)	
	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น
QTLTG48 VS QTL2	+/-	0.1194 ^{ns}	-	0.2465 ^{ns}	-	0.5874 ^{ns}	-	0.3816 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/10	+/-	0.2673 ^{ns}	+/-	0.3617 ^{ns}	+/-	0.2673 ^{ns}	+/-	0.3816 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.2	-	0.8577 ^{ns}	+/-	0.5979 ^{ns}	+/-	0.4875 ^{ns}	+/-	0.1709 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.1	-	0.7713 ^{ns}	+/-	0.1085 ^{ns}	+/-	0.9154 ^{ns}	0	1.000 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.2/10	-	0.5979 ^{ns}	+/-	0.4432 ^{ns}	+/-	0.1085 ^{ns}	+/-	0.170 ^{ns}
QTLTG285 VS QTL10	+	0.0441*	-	0.5842 ^{ns}	+/-	0.6694 ^{ns}	0	1.000 ^{ns}
QTL10 VS QTL6.2/10	+/-	0.3816 ^{ns}	+	0.0316*	+/-	0.2821 ^{ns}	+/-	0.5613 ^{ns}
QTL10 VS QTL2/10	0	1.000 ^{ns}	+/-	0.4278 ^{ns}	-	0.8577 ^{ns}	-	0.5874 ^{ns}
QTL10 VS QTL2/6.2/10	-	0.1085 ^{ns}	+/-	0.5501 ^{ns}	+/-	0.6854 ^{ns}	0	1.000 ^{ns}
QTL6.1 VS QTL2/6.1	-	0.6425 ^{ns}	+/-	0.5874 ^{ns}	-	0.2217 ^{ns}	-	0.0760 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL6.2/10	+	0.0323*	+/-	0.0746 ^{ns}	-	0.0613 ^{ns}	+/-	0.5613 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL2/6.2	0	1.000 ^{ns}	+/-	0.7604 ^{ns}	-	0.0172*	+/-	0.9447 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL2/6.2/10	-	0.7766 ^{ns}	+/-	0.6266 ^{ns}	-	0.0211*	0	1.000 ^{ns}
QTL6.2/10 VS QTL2/6.2/10	-	0.0320*	-	0.0746 ^{ns}	-	0.6131 ^{ns}	-	0.5613 ^{ns}
QTL2/10 VS QTL2/6.2/10	-	0.1085 ^{ns}	-	0.7963 ^{ns}	+/-	0.5979 ^{ns}	+/-	0.5874 ^{ns}
QTL2/6.2 VS QTL2/6.2/10	-	0.6854 ^{ns}	+/-	0.9020 ^{ns}	+/-	0.5023 ^{ns}	-	0.9447 ^{ns}

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สืดาทิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สืดาทิพย์ 3

ตารางที่ 20 การเปรียบเทียบการตอบสนองในเชิงบวกของสายพันธุ์คู่แฝดที่เพิ่มขึ้นด้านทานเข้ามาในการทดลองแบบราดดิน ครั้งที่ 2

โครโมโซม	RS27 (21 Dai)		RS140 (21 Dai)		RS145 (21 Dai)		RS160 (21 Dai)	
	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น	ตอบสนอง	ความน่าจะเป็น
QTLTG48 VS QTL2	-	0.3222 ^{ns}	+/-	0.2017 ^{ns}	+/-	0.2135 ^{ns}	-	0.0002**
QTL2 VS QTL2/10	0	1.000 ^{ns}	+	0.0440*	+/-	0.1795 ^{ns}	-	0.6809 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.2	-	0.2333 ^{ns}	+	0.0070*	+/-	0.6265 ^{ns}	-	0.5310 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.1	-	0.3839 ^{ns}	+	0.0024*	+/-	0.1795 ^{ns}	-	0.3482 ^{ns}
QTL2 VS QTL2/6.2/10	-	0.0885 ^{ns}	+	0.0024*	-	0.6306 ^{ns}	+/-	0.8986 ^{ns}
QTLTG285 VS QTL10	+/-	0.8953 ^{ns}	-	0.5182 ^{ns}	-	0.5923 ^{ns}	+/-	0.7691 ^{ns}
QTL10 VS QTL6.2/10	+/-	0.3247 ^{ns}	+/-	0.1390 ^{ns}	+/-	0.1795 ^{ns}	-	0.0216*
QTL10 VS QTL2/10	-	0.9645 ^{ns}	+/-	0.3042 ^{ns}	-	0.6306 ^{ns}	-	0.1783 ^{ns}
QTL10 VS QTL2/6.2/10	-	0.0399*	+/-	0.0545 ^{ns}	-	0.0528 ^{ns}	-	0.5367 ^{ns}
QTL6.1 VS QTL2/6.1	-	0.2574 ^{ns}	+/-	0.5828 ^{ns}	+/-	0.0706 ^{ns}	0	1.000 ^{ns}
QTL6.2 VS QTL6.2/10	+/-	0.9138 ^{ns}	+/-	0.9567 ^{ns}	-	0.0582 ^{ns}	-	0.0094**
QTL6.2 VS QTL2/6.2	-	0.0768 ^{ns}	+/-	0.9567 ^{ns}	-	0.6133 ^{ns}	-	0.0353*
QTL6.2 VS QTL2/6.2/10	-	0.0285*	+/-	0.5428 ^{ns}	-	0.1233 ^{ns}	-	0.1860 ^{ns}
QTL6.2/10 VS QTL2/6.2/10	-	0.0107*	+/-	0.5828 ^{ns}	+/-	0.8403 ^{ns}	+/-	0.1371 ^{ns}
QTL2/10 VS QTL2/6.2/10	-	0.1663 ^{ns}	+/-	0.5032 ^{ns}	-	0.0706 ^{ns}	+/-	0.6445 ^{ns}
QTL2/6.2 VS QTL2/6.2/10	-	0.6539 ^{ns}	+/-	0.5828 ^{ns}	-	0.3150 ^{ns}	+/-	0.4355 ^{ns}

+ = การตอบสนองในเชิงบวกโดยมีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 อย่างแตกต่างทางสถิติ

- = การตอบสนองในเชิงลบโดยมีระดับการเกิดโรคที่มากกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3

+/- = มีระดับการเกิดโรคที่ต่ำกว่าพันธุ์สิดาทิพย์ 3 แต่ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

** = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 99% * = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95%

ns = ไม่แตกต่างกันทางสถิติ 0 = มีระดับการเกิดโรคเท่ากับพันธุ์สิดาทิพย์ 3

4.2 โดยเปรียบเทียบการตอบสนองของเชื้อต่อมะเชื้อเพศสายพันธุ์คู่แฝดที่มียืนด้านทาน 1 เพิ่มเข้ามาเป็น 2 และ 3 ตำแหน่งตามลำดับ

เชื้อสายพันธุ์ RS27 พบว่าการเพิ่มยืนควบคุมความต้านทานโรคระหว่างตำแหน่ง QTLTG285/CT234 กับ QTL10 มีความถี่ในการตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกต่อเชื้อสายพันธุ์นี้สูงถึง 75% ใน QTL10 กับ QTL6.2/10 มีความถี่ในการตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวก 100% นอกจากนี้ยังตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกระหว่าง QTL10 กับ QTL2/10 โดยมีความถี่ 75% และระหว่างตำแหน่ง QTL6.2 กับ QTL6.2/10 มีความถี่ในการตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวก 75%

เชื้อสายพันธุ์ RS140 พบว่าการเพิ่มยืนควบคุมความต้านทานโรคระหว่างตำแหน่ง QTL2 กับ QTL2/10 และ QTL2 กับ QTL2/6.2/10 มีความถี่ในการตอบสนองในเชิงบวก 75% และยืนระหว่างตำแหน่ง QTL10 กับ QTL2/10 มีความถี่ในการตอบสนองในเชิงบวก 100% นอกจากนี้ยืนตำแหน่ง QTL10 กับ QTL2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวก 100%

เชื้อสายพันธุ์ RS145 พบว่าการเพิ่มยืนควบคุมความต้านทานระหว่างตำแหน่ง QTL2 กับ QTL2/6.2/10 มีความถี่ในการตอบสนองในเชิงบวก 75% นอกจากนี้ยืนด้านทานระหว่างตำแหน่ง QTL10 กับ QTL2/6.2/10, QTL6.1 กับ QTL2/6.1 และ QTL2/6.2 กับ QTL2/6.2/10 มีการตอบสนองในเชิงบวก 100%

เชื้อสายพันธุ์ RS160 พบว่าการเพิ่มยืนด้านทานระหว่างตำแหน่ง QTL2 กับ QTL2/10 และ QTL10 กับ QTL2/10 มีความถี่ในการตอบสนองในเชิงบวก 50% นอกจากนี้ยืนด้านทานระหว่างตำแหน่ง QTL6.2 กับ QTL2/6.2 มีความถี่ในการตอบสนองในเชิงบวก 75% ดังตารางที่ 21

ตารางที่ 21 จำนวนครั้งที่ตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวกของของมะเขือเทศสายพันธุ์คู่แฝดที่สร้างขึ้น โดยเปรียบเทียบระหว่างมีนิตานาน 1 2 และ 3 ตำแหน่ง ต่อเชื้อที่แตกต่างกัน 4 สายพันธุ์ ที่ทดสอบในช่วงเวลาต่าง ๆ กัน เป็น 4 ครั้ง

โครโมโซม	จำนวนครั้งและเปอร์เซ็นต์ความถี่ในการตรวจพบการตอบสนองในเชิงบวก			
	RS27	RS140	RS145	RS160
QTLTG48 VS QTL2	2/4 = 50%	2/4 = 50%	2/4 = 50%	0/4 = 0%
QTL2 VS QTL2/10	2/4 = 50%	3/4 = 75%	3/4 = 75%	2/4 = 50%
QTL2 VS QTL2/6.2	1/4 = 25%	3/4 = 75%	2/4 = 50%	2/4 = 50%
QTL2 VS QTL2/6.1	1/4 = 25%	3/4 = 75%	2/4 = 50%	0/4 = 0%
QTL2 VS QTL2/6.2/10	1/4 = 25%	3/4 = 75%	3/4 = 75%	2/4 = 50%
QTLTG285 VS QTL10	3/4 = 75%	1/4 = 25%	3/4 = 75%	2/4 = 50%
QTL10 VS QTL6.2/10	4/4 = 100%	3/4 = 75%	3/4 = 75%	1/4 = 25%
QTL10 VS QTL2/10	3/4 = 75%	4/4 = 100%	2/4 = 50%	2/4 = 50%
QTL10 VS QTL2/6.2/10	2/4 = 50%	4/4 = 100%	4/4 = 100%	0/4 = 0%
QTL6.1 VS QTL2/6.1	1/4 = 25%	2/4 = 50%	4/4 = 100%	0/4 = 0%
QTL6.2 VS QTL6.2/10	3/4 = 75%	3/4 = 75%	1/4 = 25%	2/4 = 50%
QTL6.2 VS QTL2/6.2	0/4 = 0%	2/4 = 50%	1/4 = 25%	3/4 = 75%
QTL6.2 VS QTL2/6.2/10	1/4 = 25%	3/4 = 75%	2/4 = 50%	1/4 = 25%
QTL6.2/10 VS QTL2/6.2/10	0/4 = 0%	3/4 = 75%	2/4 = 50%	2/4 = 50%
QTL2/10 VS QTL2/6.2/10	2/4 = 50%	2/4 = 50%	3/4 = 75%	2/4 = 50%
QTL2/6.2 VS QTL2/6.2/10	1/4 = 25%	3/4 = 75%	4/4 = 100%	2/4 = 50%

