

องค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะองค์ประกอบผลผลิตในมะเขือเทศ Genetical Variance Components of Yield Component Characters in Tomato

นิราณี บือราเฮง¹ วินิจ เสรีประเสริฐ¹

บทคัดย่อ

ทำการศึกษากิจกรรมของยีนที่ควบคุมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในมะเขือเทศ โดยใช้พันธุ์มะเขือเทศ 7 พันธุ์ นำมาผสมแบบ half diallel ได้ลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) 21 คู่ผสม ปลูกทดสอบพ่อแม่พันธุ์และลูกผสมชั่วที่ 1 (F_1) โดยใช้แผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์จำนวน 4 ซ้ำ ที่คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ ระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2553 ถึงเดือนพฤษภาคม พ.ศ. 2554 จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนพบว่า ลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตส่วนใหญ่ มีความแตกต่างระหว่างพันธุ์อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ การประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าสัดส่วนพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม พบว่าอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (D) และอิทธิพลของยีนแบบข่ม (H_1 และ H_2) มีนัยสำคัญเกือบทุกลักษณะ แสดงว่าถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลทั้งแบบบวกสะสมและยีนที่แสดงแบบข่ม ยกเว้น ลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อและความยาวผล ถูกควบคุมโดยอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเท่านั้น อัตราการข่ม (H_1/D)^{1/2} ของลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ ความหนาเนื้อและความยาวผล เป็นแบบข่มสมบูรณ์ ลักษณะความกว้างผล และจำนวนช่องว่างภายในผล เป็นแบบข่มไม่สมบูรณ์ ในขณะที่ลักษณะ จำนวนผลต่อช่อ จำนวนผลต่อต้นและน้ำหนักต่อผล เป็นแบบข่มเกิน อัตราพันธุกรรมอย่างแคบของลักษณะต่างๆ ขององค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศ พบว่า h^2_{ns} มีค่าอยู่ระหว่าง 0.40 - 0.84 และค่าอัตราพันธุกรรมอย่างกว้าง h^2_{bs} มีค่าอยู่ระหว่าง 0.94-0.99 เนื่องจากสภาพแวดล้อมภายนอกมีอิทธิพลเพียงเล็กน้อยต่อความแปรปรวนของลักษณะที่ศึกษา

คำสำคัญ : มะเขือเทศ ผสมแบบพบกันหมด ความแปรปรวนทางพันธุกรรม อิทธิพลของยีน

Abstract

To study gene effects control yield and yield components of tomato (*Solanum lycopersicum* L) seven tomato varieties were crossed by using half diallel crossing design. Parental varieties and 21 (F_1) crosses were evaluated using randomized complete block design with four replications during December 2010 - May 2011 at Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University. Analysis of variance showed highly significant difference among genotypes for most yield component characters. Additive and dominance components of variance were significance for all traits. Average degree of dominance of number of fruit set per inflorescence, number of fruits per plant and fruit weight exhibited overdominance. Fruit width and number of locules showed partial dominance. The traits exhibited complete dominance was number of flower per inflorescence, thickness of pericarp and fruit length. Narrow-sense heritabilities estimated for all characters ranged from 0.40 - 0.84. Broad-sense heritabilities of traits ranged from 0.94-0.99 due to small environmental effect on these traits.

Key words: Tomato, half diallel, genetic components of variance, gene action

¹ภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ จ. สงขลา 90112

คำนำ

มะเขือเทศ *Solanum lycopersicum* L. มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทย บริโภคกันอย่างแพร่หลายทั่วโลก จากข้อมูลของสำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร ในปี 2552 มีเนื้อที่เพาะปลูกมะเขือเทศ 38,714 ไร่ ปริมาณผลผลิต 145,000 ตัน มูลค่า 1,532 ล้านบาท อย่างไรก็ตามการปลูกมะเขือเทศของประเทศไทยให้ผลผลิตเพียง 3-4 ตัน/ไร่ ซึ่งต่ำเมื่อเทียบกับประเทศอื่นๆ เนื่องจากประสบปัญหาหลายอย่าง เช่น โรคและแมลงศัตรูพืชรบกวน ทำให้ได้ผลผลิตต่ำ คุณภาพเป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่จำกัดการปลูกมะเขือเทศในเขตร้อน โดยเฉพาะในภาคใต้ของประเทศไทยที่มีอุณหภูมิและความชื้นค่อนข้างสูงและยังไม่มีพันธุ์ที่เหมาะสมเพื่อปลูกในภูมิภาคนี้ (ขวัญจิตร, 2537)

แนวทางในการปรับปรุงพันธุ์มะเขือเทศให้มีความปลอดภัยทางด้านผลผลิตหรือองค์ประกอบของผลผลิตมีความสามารถต้านทานโรค และปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี อาจทำได้โดยการคัดเลือกพันธุ์ที่มีลักษณะทางการเกษตรแตกต่างกันมาผสมระหว่างพันธุ์ เพื่อสร้างความแปรปรวนทางพันธุกรรมให้เกิดขึ้นในประชากร เปิดโอกาสให้สามารถคัดเลือกลักษณะที่ต้องการในชั่วรุ่นต่อไป Roy (2000) กล่าวว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม จะได้ทราบว่าการทำงานของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ นั้น มีการควบคุมการแสดงออกของยีนอย่างไรบ้างในแต่ละลักษณะ จึงสามารถใช้เป็นแนวทางในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไปได้ ศุภลักษณ์ (2551), จันทิมา (2549) และอรวิณี (2546) ศึกษาพฤติกรรมการแสดงออกของยีนของมะเขือเทศ พบว่ามียีนแบบบวกละสมและแบบข่มมีอิทธิพลในการควบคุมลักษณะต่างๆ ขององค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศ Shueher *et al.* (2000) วิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรมของลักษณะหลังการเก็บเกี่ยวในมะเขือเทศ พบว่า อายุการเก็บรักษาและปริมาณกรดที่ได้จากการไตเตรต ถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวกละสม Hazra and Ansary (2008) ศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมของมะเขือเทศ เพื่อคัดเลือกและประเมินสายพันธุ์ทนต่ออุณหภูมิสูง พบว่า ลักษณะผลผลิตต่อต้นและองค์ประกอบผลผลิตอื่นๆ ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลทั้งแบบบวกละสมและยีนที่แสดงแบบข่ม Ahmad *et al.* (2010) พบว่าลักษณะอายุดอกแรกบาน 50 %, จำนวนช่อผลต่อต้น, จำนวนผลต่อต้น, ผลผลิตต่อต้น, ความกว้างผล, ความสูง, เมล็ดต่อผล และเปอร์เซ็นต์บริคต์ ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบข่มสมบูรณ Dorđević *et al.* (2010) ศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมขององค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศ พบว่า ลักษณะจำนวนผลต่อต้นและน้ำหนักต่อผล ถูกควบคุมโดยยีนแบบบวกละสม ส่วนยีนแบบข่มมีอิทธิพลในการควบคุมลักษณะจำนวนผลต่อต้น

สำหรับการศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม และปฏิกิริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ที่เป็นองค์ประกอบของผลผลิต ซึ่งนักปรับปรุงพันธุ์พืชอาจใช้ข้อมูลเหล่านี้เป็นแนวทางในการตัดสินใจเพื่อเลือกวิธีการการปรับปรุงพันธุ์ที่เหมาะสมต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการ

พันธุ์มะเขือเทศที่ใช้เป็นพ่อแม่ในการผสม คือ สีดาทิพย์1, สีดาทิพย์3, สีดาทิพย์4, LE-092(CLN5915-223D₄-2-1-0), LE-107(CLN5915-206D₄-2-5-0), LE-209(CLN399BC₁F₂-2-6-0) และ CLN2116B ทำการผสมระหว่างพันธุ์ผสมแบบ half diallel ได้ลูกผสม 21 คู่ (ไม่รวมลูกผสมกลับ) นำลูกผสมและพ่อแม่พันธุ์ ปลูกทดสอบ ที่คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ ใช้แผนการทดลองแบบ RCBD (Randomized Complete Block Design) มี 4 ซ้ำๆ แต่ละจีโนไทป์จะปลูก 4 กระถางต่อซ้ำ วิธีการปลูกจะเริ่มด้วยการเพาะกล้าในกระบะเพาะ จนต้นกล้าอายุประมาณ 25-30 วัน จึงย้ายลงปลูกในกระถางขนาด 12 นิ้ว วางไว้กลางแจ้ง ซึ่งมีดินผสมมีการให้น้ำแบบระบบน้ำหยด ทำการบันทึกข้อมูลลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตในมะเขือเทศ นำมาวิเคราะห์ไดอัลลล โดยวิธีสร้างกราฟ Wr/Vr และประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม ตามวิธีการของ Hayman (1954) รายละเอียดของวิธีการกล่าวไว้ใน Singh and Chaudhary (1979) ในรายงานนี้เสนอการหาค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมเฉพาะลักษณะที่ตรวจสอบว่ามีความสอดคล้องกับข้อมูลมูติฐานเบื้องต้น

จึงมีเพียง 8 ลักษณะ คือ จำนวนดอกต่อข้อ, จำนวนผลต่อข้อ, จำนวนผลต่อต้น, ผลผลิตต่อต้น, น้ำหนักต่อผล, ความแน่นเนื้อ, ความหนาเนื้อ, ความยาวผล, ความกว้างผลและจำนวนช่องว่างภายใน

1. การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรม

เมื่อทดสอบข้อมูลพบว่า ลักษณะองค์ประกอบของผลผลิตมีความแตกต่างระหว่างจีโนไทป์ เราสามารถดำเนินการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมตามวิธีการที่เสนอโดย Hayman (1954) องค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่ประมาณค่า ได้แก่

- D : องค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวก
 H_1 : องค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบข่ม
 H_2 : เป็นผลของอิทธิพลของยีนแบบข่ม ซึ่งเกิดเนื่องด้วยมีความแตกต่างระหว่างยีนที่มีผลทางบวก กับยีนที่มีผลทางลบ
 h^2 : เป็นผลของอิทธิพลของยีนแบบข่ม ซึ่งรวมทุกตำแหน่งของยีน ถ้ามีนัยสำคัญของ h^2 แสดงว่า การข่มเป็นไปในทิศทางเดียวกัน
F : เป็นค่าที่บอกให้ทราบว่า ยีนชนิดใดมีอยู่มากในพันธุ์ที่นำมาใช้เป็นพ่อแม่ในการผสมแบบไดอัลเลล ถ้า F มีค่าเป็นบวก แสดงว่ามีอัลลีลชนิดข่มอยู่มากกว่า ถ้า F มีค่าเป็นลบ แสดงว่ามีอัลลีลชนิดด้อยอยู่มากกว่า ถ้า F = 0 แสดงว่า อัลลีลชนิดข่มและอัลลีลชนิดด้อยจะจัดกระจายอยู่ในพ่อแม่เท่ากัน
E : องค์ประกอบของความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อม

ค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมเหล่านี้จะทดสอบว่า มีนัยสำคัญหรือไม่โดยเปรียบเทียบกับค่ามาตรฐานความคลาดเคลื่อน (Standard error) ของค่าประมาณนั้นๆ โดยใช้สถิติ t โดยมีระดับชั้นความเสรีเท่ากับ $n-2$ เมื่อ n เป็นจำนวนพันธุ์พ่อแม่ที่ใช้ในการผสมแบบไดอัลเลล

2. ค่าสัดส่วนพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

เมื่อค่าพารามิเตอร์ดังกล่าวในข้างต้น มีนัยสำคัญทางสถิติ อาจนำค่าพารามิเตอร์เหล่านั้นมา หาค่าสัดส่วนเพื่อเป็นข้อมูลทางพันธุกรรม ค่าสัดส่วนพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่หา ได้แก่

- $(H_1/D)^{1/2}$: เป็นค่าวัดระดับของการข่ม เมื่อเฉลี่ยรวมทุกตำแหน่งของยีนถ้าอัตราส่วนนี้ เท่ากับ 0 แสดงว่า ไม่มีการข่ม ถ้าค่าใกล้เคียง 1.0 แสดงถึงการข่มสมบูรณ์และค่าอัตราส่วนนี้สูงกว่า 1.0 แสดงถึงการข่มเกิน ถ้าค่านี้อยู่ระหว่าง 0 และ 1 แสดงว่า การข่มเป็นแบบข่มไม่สมบูรณ์
 $H_2/4H_1$: เป็นค่าประมาณความถี่เฉลี่ยของอัลลีลที่ให้ค่าลบต่ออัลลีลที่ให้ค่าบวกที่ตำแหน่งของยีน ซึ่งแสดงผลแบบข่ม อัตราส่วนนี้จะมีค่าสูงสุดตามทฤษฎีเท่ากับ 0.25 ซึ่งจะเกิดขึ้นเมื่อความถี่ของอัลลีลทั้งสองชนิดมีค่าเท่ากัน เท่ากับ 0.5

K_D/K_R หรือ $[(4DH_1)^{1/2}+F]/[(4DH_1)^{1/2}-F]$: เป็นอัตราส่วนระหว่างยีนข่มต่อยีนด้อยทั้งหมดที่มีในพันธุ์พ่อแม่
 h^2/H_2 : จำนวนกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะและแสดงปฏิกิริยาแบบข่ม

3. ค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (h_{ns}^2) และค่าอัตราพันธุกรรมอย่างกว้าง (h_{bs}^2)

คำนวณจากสูตรของ Mather and Jinks (1982)

$$h_{ns}^2 = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{2}H_2 - \frac{1}{2}F}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F + E}$$

$$h_{bs}^2 = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F + E}$$

ผลและวิจารณ์

มะเขือเทศพันธุ์ต่างๆ ที่นำมาปลูกทดสอบ ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวน พบว่ามีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติระหว่างจีโนไทป์ ใน 11 ลักษณะดังนี้ อายุดอกแรกบาน จำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ น้ำหนักต่อผล ความหนาเนื้อ ความยาวผล ความกว้างผล จำนวนช่องว่างภายในผล ปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำได้ และความสูงต้น ส่วนจำนวนผลต่อต้น มีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมในลักษณะดังกล่าว ในขณะที่ผลผลิตต่อต้น และความแน่นเนื้อ ไม่มีนัยสำคัญทางสถิติระหว่างจีโนไทป์ (Table 1)

Table 1 Mean squares from analysis of variance for 13 traits in 28 tomato genotypes

Traits	Mean square			
	Block	Genotypes	Error	CV (%)
No. of days to flowering(Day)	42.24 *	36.40 **	4.16	4.16
No. of flowers / inflorescence	1.16 *	1.17 **	10.70	10.7
No. of fruit set / inflorescence	0.91 *	0.82 **	10.26	10.26
No. of fruits/plant	79.92 ^{ns}	204.32 *	42.85	42.85
Fruit yield /plant(g)	268427.00 *	137529.00 ^{ns}	50.84	50.84
Fruit weight(g)	57.41 **	63.12 **	13.80	13.8
Fruit firmness(kg./2mm ²)	0.02 ^{ns}	0.03 ^{ns}	22.24	22.24
Thickness of pericarp(mm.)	0.39 ^{ns}	0.90 **	10.53	10.53
Fruit Length(mm.)	22.32 ^{ns}	48.90 **	5.35	5.35
Fruit Width(mm.)	30.01 **	121.93 **	6.56	6.56
NO. of locules	0.08 ^{ns}	0.92 **	11.25	11.25
Soluble Solids(°Brix)	0.21 ^{ns}	0.35 **	6.51	6.51
Plant height(cm.)	3303.68 **	1809.66 **	16.53	16.53

^{ns} not significant, * ** Significantly different at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively

2. การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรม

การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ และความยาวผล พบว่าค่า D, H₁, H₂ มีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ส่วนค่า h² พบว่าไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ส่วนลักษณะความกว้างผล จำนวนช่องว่างภายในผล พบว่าค่า D มีค่าสูงกว่า ค่า H₁, H₂ และ h² มีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ (Table 2) แสดงว่าถูกควบคุมโดยอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม สอดคล้องกับที่รายงานโดย สกุกานต์ (2548) และอรวิรินทร์ (2546) พบว่าลักษณะจำนวนดอกต่อช่อถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวกสะสม คู่ลักษณะ (2551) จันทิมา (2549) และสกุก

กานต์ (2548) พบว่าลักษณะจำนวนผลต่อต้นถูกควบคุมด้วยยีนแบบบวกสะสม ซึ่งต่างกับที่รายงานโดย Dorđević และคณะ (2010) และอนุสรฯ (2544) พบว่ายีนแบบข่มมีอิทธิพลในการควบคุมลักษณะจำนวนผลต่อต้น การทดลองนี้พบว่าจำนวนผลต่อต้น ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลทั้งแบบบวกสะสมและยีนที่แสดงแบบข่ม ความแตกต่างของการทดลองเรื่องอิทธิพลของยีน อาจเนื่องจากการเลือกใช้พันธุ์ที่วิเคราะห์ และใช้วิธีการศึกษาต่างกัน สำหรับความหนาเนื้อ ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลทั้งแบบบวกสะสมและยีนที่แสดงแบบข่ม ขนาดขององค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งสองชนิดมีขนาดใกล้เคียงกัน (เปรียบเทียบ D กับ H_1) สอดคล้องกับที่รายงานโดยจันทิมา (2549) ลักษณะจำนวนผลต่อต้น และน้ำหนักต่อผล พบว่าค่า D, H_1 , H_2 และ h^2 มีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ แสดงว่าเป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลทั้งแบบบวกสะสมและยีนที่แสดงแบบข่มเช่นเดียวกับที่รายงานโดย Hazra และ Ansary (2008) และ อนุสรฯ (2544) ที่พบว่าลูกผสมระหว่างต้นแม่ลาดกระบัง 1 x สีดาทิพย์ 2 พบว่าการทำงานของยีนแบบผลบวกและแบบข่มมีอิทธิพลในการควบคุมลักษณะน้ำหนักผล ในขณะที่ Dorđević *et al.* (2010) พบว่าลักษณะน้ำหนักต่อผล ถูกควบคุมโดยยีนแบบบวกสะสมเพียงอย่างเดียว (Table 2)

ในการศึกษาองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม ค่าความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของยีนทั้งแบบบวกสะสม และแบบข่ม อาจมีนัยสำคัญทั้งคู่ หรือพบว่าอิทธิพลของยีนเพียงชนิดเดียวมีนัยสำคัญ ถ้าอิทธิพลของยีนทั้งสองชนิดมีความสำคัญ ก็จะมีพิจารณาต่อไปว่าอิทธิพลของยีนชนิดใดมีความสำคัญมากกว่า ในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มลักษณะที่มีการแสดงออกของยีนแบบบวกนี้ จะต้องทำการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่ที่มีค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ต้องการปรับปรุงสูงมาใช้ ส่วนลักษณะที่มีการแสดงออกของยีนที่ไม่เป็นแบบบวก การจะปรับปรุงเพื่อเพิ่มลักษณะนี้เกิดเนื่องมาจากปฏิกริยาที่ยีนตัวหนึ่งไปข่มยีนอีกตัวหนึ่งไว้ซึ่งระดับของการข่มนั้น จะมากขึ้นน้อยแตกต่างกันไป ดังนั้นในส่วนของคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่ที่ใช้งานปรับปรุงพันธุ์ ควรคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่ที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันมากๆ มาจากคนละแหล่งกัน เพื่อให้เมื่อนำมาผสมข้ามกันแล้ว ทำให้เกิดความดีเด่นเหนือพ่อแม่ในลูกผสม

3. ค่าสัดส่วนพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

ผลจากค่าสัดส่วนพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ซึ่งคำนวณจากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม พบว่า ค่าเฉลี่ยของอัตราการข่ม (H_1/D)^{1/2} ของลักษณะจำนวนผลต่อช่อ จำนวนผลต่อต้นและน้ำหนักต่อผล มีค่าสูงกว่า 1 แสดงถึงการข่มเกิน ลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ ความหนาเนื้อและความยาวผล มีการข่มแบบสมบูรณ โดยค่าเฉลี่ยของอัตราการข่ม (H_1/D)^{1/2} มีค่าใกล้เคียงกับ 1 ส่วนลักษณะความกว้างผล และจำนวนช่องว่างภายในผล มีค่าน้อยกว่า 1 แต่มากกว่า 0 แสดงถึงการข่มไม่สมบูรณ (Table 2)

ค่าอัตราส่วน $H_2/4H_1$ ซึ่งวัดอัตราส่วนของอัลลีลที่แสดงผลในทิศทางบวกต่ออัลลีลที่แสดงผลในทิศทางลบของทุกลักษณะพบว่า ให้ค่าอยู่ระหว่าง 0.02-0.23 ค่าความถี่ของอัลลีลบวกและอัลลีลลบไม่เท่ากัน ถ้าความถี่ของอัลลีลบวกและอัลลีลลบใกล้เคียงกัน ค่าอัตราส่วนนี้จะมีค่า 0.25 ซึ่งจะเกิดขึ้นเมื่อความถี่ของอัลลีลทั้งสองชนิดมีค่าเท่ากัน เท่ากับ 0.5 (Table 2)

ค่า K_D/K_R หรือ $[(4DH_1)^{1/2}+F]/[(4DH_1)^{1/2}-F]$ เป็นอัตราส่วนระหว่างยีนข่มต่อยีนด้อย พบว่าลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ จำนวนผลต่อต้น น้ำหนักต่อผลและความหนาเนื้อ มีอัตราส่วนระหว่างยีนชนิดข่มมีมากกว่ายีนชนิดด้อยในพันธุ์ที่ใช้เป็นพ่อแม่ ยกเว้นลักษณะความยาวผล ความกว้างผล และจำนวนช่องว่างภายในผล ที่มีอัตราส่วนระหว่างยีนชนิดด้อยมีมากกว่ายีนชนิดข่มในพันธุ์ที่ใช้เป็นพ่อแม่ (Table 2)

สัดส่วนความสำคัญระหว่างอิทธิพลของพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมอาจอธิบายด้วยค่าอัตราพันธุกรรมอัตราพันธุกรรมอย่างแคบของลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ ความหนาเนื้อ ความยาวผล ความกว้างผล และจำนวนช่องว่างภายในผล มีค่าเท่ากับ 0.57, 0.58, 0.64, 0.71, 0.84 และ 0.84 ตามลำดับ เป็นค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบมีค่าค่อนข้างสูง แสดงว่าลักษณะเหล่านี้ ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลแบบบวก

สะสมมากกว่ายีนที่แสดงผลแบบซ่ม สามารถคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุ์ได้ง่าย สำหรับลักษณะจำนวนผลต่อต้นและน้ำหนักต่อผล ค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบมีค่าปานกลาง มีค่าเท่ากับ 0.48 และ 0.40 ค่าอัตราพันธุกรรมอย่างกว้างของทุกลักษณะมีค่าสูง เนื่องจากสภาพแวดล้อมมีผลกระทบต่อลักษณะต่างๆ ขององค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศเพียงเล็กน้อย (Table 2)

Table 2 Estimates of genetic components of variation, ratios of genetic components and heritability estimates for 8 traits from a 7 x 7 diallel of tomato

Genetic Components of Variance	Traits							
	No. of flowers /inflorescence	No. of fruit set inflorescence	No. of fruits/plant	Fruit weight (g)	Thickness of pericarp (mm.)	Fruit Length (mm.)	Fruit Width (mm.)	NO. of locules
D (additive effect)	0.5411 ^{**}	0.2989 ^{**}	55.1665 ^{**}	26.3143 ^{**}	0.4541 ^{**}	18.8756 ^{**}	51.2351 ^{**}	0.3238 ^{**}
H (dominance effect)								
H ₁	0.5687 ^{**}	0.4202 ^{**}	133.1472 ^{**}	42.9600 ^{**}	0.3907 ^{**}	16.1793 ^{**}	22.4378 ^{**}	0.1970 ^{**}
H ₂	0.5262 ^{**}	0.3746 ^{**}	118.7793 ^{**}	35.8038 ^{**}	0.3150 ^{**}	15.4812 ^{**}	9.5833 ^{**}	0.1624 ^{**}
h ²	0.0435 ^{ns}	0.0184 ^{ns}	69.8469 ^{**}	18.5998 ^{**}	0.3848 ^{**}	0.0917 ^{ns}	20.7875 ^{**}	0.1282 ^{**}
F Gene distribution	0.2265 [*]	0.0793 ^{ns}	11.3081 ^{ns}	20.0837 ^{ns}	0.2353 [*]	-0.2998 ^{ns}	-1.0945 ^{ns}	-0.0779 ^{**}
E Environmental effect	0.0026 ^{ns}	0.0021 ^{ns}	0.7667 ^{ns}	0.9706 ^{ns}	0.0014 ^{ns}	0.0326 ^{ns}	0.0459 ^{ns}	0.0006 ^{ns}
Genetic parameter								
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.0252	1.1857	1.5536	1.2777	0.9276	0.9258	0.6618	0.7800
H ₂ /4H ₁	0.2313	0.2229	0.2230	0.2084	0.2016	0.2392	0.2182	0.2060
K _D /K _R	1.5129	1.2520	1.1413	1.8517	1.7753	0.9830	0.9682	0.7329
h ² _{ns}	0.5710	0.5807	0.4887	0.4029	0.6476	0.7180	0.8481	0.8413
h ² _{bs}	0.9917	0.9909	0.9871	0.9416	0.9940	0.9977	0.9986	0.9978

^{ns} not significant, ^{*} Significantly different at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively

สรุปผล

ผลการศึกษางานของยีนที่ควบคุม ลักษณะ จำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ ความยาวผล ความกว้างผลและจำนวนช่องว่างภายในผล พบว่าถูกควบคุมโดยอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเป็นส่วนใหญ่การปรับปรุงลักษณะเหล่านี้สามารถทำการคัดเลือกได้ตามวิธีการสำหรับพืชผสมตัวเองจนได้สายพันธุ์แท้ การคัดเลือกเพื่อเพิ่มลักษณะดังกล่าว จะมีประสิทธิภาพสูงและมีความก้าวหน้าในการคัดเลือก สำหรับความหนาเนื้อ ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลทั้งแบบบวกสะสมและยีนที่แสดงแบบซ่มเพราะขนาดขององค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งสองชนิดมีขนาดใกล้เคียงกัน (เปรียบเทียบ D กับ H₁) ลักษณะนี้การตอบสนองต่อการคัดเลือกจะช้ากว่า ลักษณะกลุ่มแรก ส่วนจำนวนผลต่อต้นและน้ำหนักต่อผล ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลทั้งแบบบวกสะสมและยีนที่แสดงแบบซ่ม แต่ขนาดอิทธิพลของยีนแบบซ่มมีค่ามากกว่าในลักษณะเหล่านี้ แนวทางในการปรับปรุงพันธุ์ควรจะเป็นการผลิตเป็นพันธุ์ลูกผสม ทั้งนี้จะต้องเพิ่มลักษณะความเป็นหมันในเพศผู้ให้กับ พันธุ์ ที่จะทำการปรับปรุงด้วย ซึ่งจำเป็นต้องหาพันธุ์กรรมของความเป็นหมันในเพศผู้มาใช้ เพื่อสะดวกในการผสมข้ามระหว่างพันธุ์

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ ที่ให้ทุนอุดหนุนการวิจัยเพื่อวิทยานิพนธ์ และขอขอบพระคุณ ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ที่ได้อนุเคราะห์เมล็ดพันธุ์มะเขือเทศเพื่อใช้ในการทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- ขวัญจิตร สันติประชา. 2537. การทดสอบมะเขือเทศรับประทานสดทนร้อนของจังหวัดสงขลา. ว.แก่นเกษตร 22: 60-65.
- จันทิมา เจริญศรี. 2549. การถ่ายทอดลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบของผลผลิตในมะเขือเทศ. วิทยานิพนธ์ วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์.
- ศุภลักษณ์ ทองทิพย์. 2551. การศึกษาพันธุกรรมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศโดยวิธีการหริบเปิดทดสอบ. วิทยานิพนธ์ วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์.
- สกุลกานต์ สิมลา. 2548. การประเมินสมรรถนะการรวมตัว ความตื่นตัวของลูกผสม และความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะทางด้านคุณภาพและต้นมะเขือเทศ. วิทยานิพนธ์ วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- อนุสรฯ แสนสุทธิ. 2544. การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมบางลักษณะในมะเขือเทศ. วิทยานิพนธ์ วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง.
- อรวิณิณี ชูศรี. 2546. สมรรถนะการรวมตัวและการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของมะเขือเทศ 5 พันธุ์. วิทยานิพนธ์ วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- Ahmad, S., Rahman, M.M., Quamruzzaman, A.K.M. and Uddin, M.N. 2010. Genetic analysis of quantitative characters of heat tolerant tomato (*Solanum lycopersicum* L.). J. Innov. Dev. Strategy. 4: 27-33.
- Đorđević, R., Zečević, B., Zdravković, J., Živanović, T. and Todorović, G. 2010. Inheritance of yield components in tomato. Genetika 42: 575-583.
- Hayman, B.I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics 39: 789-809.
- Hazra, P. and Ansary, S.H. 2008. Genetics of heat tolerance for floral and fruit set to high temperature stress in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). SABRAO. 40: 117-125.
- Mather, K. and Jinks, J. L. 1982. Biometrical Genetics : The study of continuous variation (3rd edition). London: Chapman and Hall.
- Roy, D. 2000. Plant Breeding Analysis and Exploitation of Variation. Pangbourne : Alpha Science International.
- Shueher, A.R., Casali, V.W.D., Silva, D.J.H., Cruz, C.D. and Finger, F.L. 2000. Genetic analysis of tomato accessions whit pleiotropic affecting post-harvest attributer. A cta Scientiarum 22: 861-868.
- Singh, R.K. and Chaudhary, B.D. 1979. Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. New Delhi : Kalyani Publishers