

การวิเคราะห์ไดอัลลิลของลักษณะองค์ประกอบผลผลิตในมะเขือเทศ Diallel Analysis of Yield Component Characters in Tomato

นิราณี บือราเฮง¹ วินิก เสรีประเสริฐ¹

บทคัดย่อ

ศึกษาอิทธิพลของยีนที่ควบคุมลักษณะองค์ประกอบผลผลิตในมะเขือเทศ โดยใช้พันธุ์มะเขือเทศ 7 พันธุ์ นำมาผสมแบบ half diallel โดยใช้แผนการทดลองแบบสุ่มในบล็อกสมบูรณ์ จำนวน 4 ซ้ำ ปลูกทดสอบที่ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ ระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2553 ถึงเดือน พฤษภาคม พ.ศ. 2554 จากการวิเคราะห์ไดอัลลิล โดยวิธีกราฟ พบว่า ลักษณะองค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศ ส่วนใหญ่ควบคุมด้วยยีนที่แสดงแบบบวกสะสมและแบบข่ม โดยไม่มีอิทธิพลของยีนชนิดข่มข้ามคู่ โดยพิจารณาจากการทำ รีเกรสชันของค่าโควาเรียนซ์ (W_r) บนค่า วาเรียนซ์ (V_r) ได้ค่าสัมประสิทธิ์ของการถดถอยไม่แตกต่างจาก 1.0 อัตราการข่มเมื่อพิจารณาจากกราฟ W_r/V_r พบว่า ลักษณะความหนาเนื้อและ จำนวนช่องว่างภายในผล แสดงอัตราการข่มของยีนที่ควบคุมแบบข่มสมบูรณ์ ส่วนลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ น้ำหนักต่อผล ความยาวผล และ ปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำได้ พบว่าแสดงอัตราการข่มของยีนที่ควบคุมแบบข่มไม่สมบูรณ์ สำหรับลักษณะอายุ ดอกแรกบาน, จำนวนผลต่อต้น, ความกว้างของผลและความสูงต้น พบว่าแสดงอัตราการข่มของยีนที่ควบคุมแบบข่มเกิน ค่าสหสัมพันธ์ระหว่าง W_r+V_r กับ ค่าเฉลี่ยของพันธุ์ (\bar{Y}_r) มีค่าเป็นลบ สำหรับลักษณะจำนวนผลต่อต้น, น้ำหนักผลมาก, ความหนาเนื้อ, ความกว้างของผลและจำนวนช่องว่างภายในผล แสดงว่า ทิศทางการข่มเป็นไปในทิศทางบวกคือ ทำให้ค่าของลักษณะเหล่านี้สูงขึ้น

คำสำคัญ : มะเขือเทศ องค์ประกอบผลผลิต ไดอัลลิล อิทธิพลของยีน

Abstract

To study gene effects control yield components of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) seven tomato genotypes were crossed by using half diallel crossing design 21 F_1 's crosses were evaluated. Parental cultivars and using randomized complete block design with four replications during December 2010-May 2011 at Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University. The graphical analysis of the diallel cross revealed that most yield component characters were controlled by both additive and dominance effects. No epistasis was detected because the regression coefficients of the W_r/V_r graphs were not significantly different from unity. Degree of dominance as revealed by W_r/V_r graph was complete dominance for thickness of pericarp and number of locules, number of flowers per inflorescence and number of fruit set per inflorescence, whereas fruit weight and fruit length showed partial dominance. The characters exhibited overdominance were number of fruits per plan and fruit width. Correlation coefficient between (W_r+V_r) and parental value (\bar{Y}_r) was negative for number of fruits per plant, fruit weight, thickness of pericarp, fruit width and number of locules, indicating that the direction of dominance is positive for these traits.

Key words: *Solanum lycopersicum* L., yield component, diallel, gene action

¹ภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ จ. สงขลา 90112

คำนำ

มะเขือเทศ (*Solanum lycopersicum* L.) เป็นพืชผักชนิดหนึ่งที่อุดมไปด้วยคุณค่าทางโภชนาการ และยังมี lycopene ซึ่งเป็นสาร anti-oxidant ที่มีคุณสมบัติในการป้องกันโรคมะเร็ง (Jones, 1999) ความต้องการบริโภคมะเขือเทศมีทั้งผลสดและส่งโรงงานอุตสาหกรรมแปรรูป จากข้อมูลของสำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร ในปี 2552 มีเนื้อที่เพาะปลูกมะเขือเทศ 38,714 ไร่ ปริมาณผลผลิต 145,000 ตัน มูลค่า 1,532 ล้านบาท แหล่งผลิตที่สำคัญของประเทศไทย คือ ภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ส่วนที่ผลิตในภาคอื่นๆ นั้นเป็นการผลิตเพื่อการบริโภคในท้องถิ่นเป็นส่วนใหญ่ (มณีฉัตร, 2538) สำหรับในประเทศไทยนั้น มะเขือเทศสามารถเจริญเติบโตได้ดีและให้ผลผลิตในช่วงฤดูหนาว ส่วนการปลูกในฤดูฝนนั้นเป็นการปลูกนอกฤดู จึงมักประสบปัญหาหลายอย่าง เช่น โรคและแมลงศัตรูพืชรบกวน ทำให้ได้ผลผลิตต่ำ อุณหภูมิเป็นปัจจัยสำคัญที่จำกัดการปลูกมะเขือเทศในเขตร้อน

ไพศาล (2527) กล่าวว่าหากพบว่ามี ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ควรศึกษาถึงลักษณะการแสดงออกของยีนที่เกี่ยวข้องกับความแปรปรวนนั้นๆ ในการศึกษาเพื่อหาข้อมูลต่างๆ เหล่านี้ทำได้โดยการผสมพันธุ์พืช โดยใช้แผนการผสมพันธุ์ (mating design) แบบต่างๆ เช่น การผสมแบบนอร์ธคาโรไลนา แผน 1, 2 และ 3 (North Carolina Design I, II and III) หรือ การผสมแบบพบบกันหมด (diallel cross) การผสมแบบพบบกันหมดนั้นเมื่อนำลูกผสมที่ได้จากการปลูกทดสอบร่วมกับพ่อแม่และวิเคราะห์ข้อมูลที่ได้ เราเรียกว่า การวิเคราะห์ไดอัลเลล การวิเคราะห์ไดอัลเลลโดยวิธีการของ Hayman (1954) จะได้ข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับอิทธิพลของยีนที่ควบคุมลักษณะที่ศึกษาการวิเคราะห์ไดอัลเลลในมะเขือเทศ มีการใช้กันมากเช่น Ahmad *et al.* (2010) ศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมในมะเขือเทศหรือ วิเคราะห์ไดอัลเลลโดยวิธีการกราฟ Wr/Vr ผลจากการทดลองพบว่า จำนวนดอกต่อช่อ, เบอร์เซ็นต์การติดผล, น้ำหนักผล, ความยาวผล, จำนวนช่อดอกต่อต้น และเบอร์เซ็นต์การมีชีวิตของละอองเกสร ถูกควบคุมด้วยอิทธิพลของยีนแบบซ่มไม่สมบูรณ์ ขณะที่ Đorđević *et al.* (2010) ใช้วิธีการวิเคราะห์ไดอัลเลลเพื่อศึกษาพันธุกรรมของลักษณะองค์ประกอบผลผลิตในมะเขือเทศ Hanson *et al.* (1998) ศึกษาพันธุกรรมมะเขือเทศในลักษณะต้านทานโรคเหี่ยวเหี่ยว ด้วยวิธีวิเคราะห์ไดอัลเลล การวิเคราะห์ไดอัลเลลในพืชอื่นๆ ก็มีทั้งในพืชผสมตัวเอง และในพืชผสมข้าม เช่น การศึกษาการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมในข้าว (Akram *et al.*, 2007), ข้าวบาร์เลย์ (Takeda and Hori, 2007), การศึกษาพันธุกรรมของการตอบสนองต่อแสงในข้าวโพด (Rood and Major, 1981), ขณะที่ Khattak *et al.* (2001) ใช้วิธีการนี้เพื่อศึกษาพันธุกรรมของการสุกแก่ของฝักถั่วเขียว และวินิจและคณะ (2544) วิเคราะห์ไดอัลเลลของลักษณะผลผลิตและอายุถึงวันเก็บฝักแรกของข้าวโพดฝักอ่อน เป็นต้น

การศึกษานี้วิเคราะห์ไดอัลเลลของลักษณะองค์ประกอบผลผลิตในมะเขือเทศในครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรม และปฏิกริยาของยีนที่ควบคุมลักษณะต่างๆ ในลูกผสมชั่วรุ่นที่ 1 จากการผสมแบบ half diallel ระหว่างพันธุ์พ่อ แม่ 7 พันธุ์ ซึ่งนักปรับปรุงพันธุ์พืชอาจใช้ข้อมูลเหล่านี้เป็นแนวทางในการตัดสินใจเพื่อเลือกวิธีการการปรับปรุงพันธุ์ ให้เหมาะสมต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการ

ทำการศึกษาในมะเขือเทศ 7 พันธุ์ คือ สีดาทิพย์ 1 สีดาทิพย์ 3 สีดาทิพย์ 4, LE-092(CLN5915-223D₄-2-1-0), LE-107(CLN5915-206D₄-2-5-0), LE-209(CLN399BC₂F₂-2-6-0) และ CLN2116B ผสมแบบ half diallel ได้ลูกผสม 21 คู่ นำลูกผสมและพ่อแม่พันธุ์ ทำการทดสอบที่คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ โดยใช้แผนการทดลองแบบ RCBD (randomized complete block design) มี 4 ซ้ำ ปลูกในกระถางขนาด 12 นิ้ว 4 กระถางต่อซ้ำ จัดวางกระถางไว้กลางแจ้ง ระยะห่างระหว่างกระถาง 50 x 50 ซม. ทำการบันทึกข้อมูลลักษณะต่างๆ ดังนี้ จำนวนดอกต่อช่อ (10 ช่อต่อต้น), จำนวนผลต่อช่อ (10 ช่อต่อต้น), จำนวนผลต่อต้น (ทุกต้น), น้ำหนักต่อผล (ทุกต้น), ความหนาเนื้อ (วัดส่วนของเนื้อถึงเปลือก 2 จุด ตรงข้าม 10 ผลต่อต้น), ความยาวผล (10

ผลต่อต้น) ความกว้างผล (10 ผลต่อต้น) และ จำนวนช่องว่างภายในผล (นับจำนวนช่องว่างภายในผล โดยทำการผ่าผลตามขวาง 10 ผลต่อต้น) นำข้อมูลมาวิเคราะห์ความแปรปรวน เพื่อทดสอบความแตกต่างทางพันธุกรรม ลักษณะที่พบว่ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรม จะนำวิเคราะห์ไดอัลลล โดยวิธีสร้างกราฟ Wr/Vr ตามวิธีการของ Hayman (1954) และ Singh and Chaudhary (1979) และเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยด้วยวิธีการ Duncan's New Multiple Range Test (DMRT)

1. การวิเคราะห์ไดอัลลล โดยสร้างกราฟ Wr/Vr

ในการวิเคราะห์ไดอัลลล (Diallel analysis) โดยวิธีการของ Hayman (1954) เมื่อมีข้อมูลของพ่อ-แม่พันธุ์ และลูกผสมในชั่วที่ 1 ที่ได้ทำการปลูกทดสอบ เราก็จะหาค่า Vr ซึ่งคือ วาเรียนซ์ของแต่ละอะเรย์ (array), 1 อะเรย์ คือ พันธุ์ 1 พันธุ์ กับลูกผสม F₁'s ที่มีพันธุ์นั้นเป็นพ่อแม่ และค่า Wr ซึ่งเป็นค่าความแปรปรวนร่วม (covariance) ระหว่าง พันธุ์ในอะเรย์ กับพันธุ์พ่อแม่ ที่ไม่เป็นพ่อแม่ร่วมกัน (non-common parents) การวิเคราะห์ ตามวิธีของ Hayman (1954) จะมีข้อสมมุติฐานเบื้องต้น 6 ข้อ ดังนี้

1. พันธุ์นั้นเป็นดิพพลอยด์หรือมีพฤติกรรมของการแบ่งเซลล์แบบดิพพลอยด์
2. ไม่มีความแตกต่างระหว่างการผสมกลับข้าง (reciprocal cross)
3. ไม่มีปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งกัน
4. ไม่มี multiple allelism
5. พ่อแม่เป็นสายพันธุ์แท้
6. ยีนอยู่กระจายในพ่อแม่อย่างเป็นอิสระต่อกัน

การทดสอบความสอดคล้องกับสมมุติฐานทำได้โดยดูจากค่าสัมประสิทธิ์ของการถดถอย (b) เมื่อวิเคราะห์ การถดถอยของค่า Wr บนค่า Vr ถ้าข้อสมมุติถูกต้อง ค่าสัมประสิทธิ์ของการถดถอยควรจะต่างจากศูนย์ แต่ไม่ต่างจาก 1.0 อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ นอกจากนี้ยังสามารถทดสอบได้โดยดูจากค่า t² ซึ่งค่า t² และค่าสัมประสิทธิ์ของการ ถดถอย (b) หาได้จากสูตรดังนี้

$$t^2 = \frac{(n-2)}{4} \left[\frac{(\text{Var}(V_r) - \text{Var}(W_r))^2}{\text{Var}(V_r)\text{Var}(W_r) - \text{Cov}^2(V_r, W_r)} \right]$$

$$b = \frac{\text{Cov}(W_r \cdot V_r)}{\text{Var}(V_r)} \quad \text{เมื่อ } n \text{ คือ จำนวนพันธุ์ที่ใช้เป็นพ่อแม่}$$

$$\text{Var}(V_r) \text{ คือ ค่าวาเรียนซ์ของ } V_r \quad \text{Var}(V_r) = \frac{1}{n-1} \left[\sum V_r^2 - \frac{(\sum V_r)^2}{n} \right]$$

$$\text{Var}(W_r) \text{ คือ ค่าวาเรียนซ์ของ } W_r \quad \text{Var}(W_r) = \frac{1}{n-1} \left[\sum W_r^2 - \frac{(\sum W_r)^2}{n} \right]$$

$$\text{Cov}(W_r, V_r) \text{ คือ ค่ากำลังสองของความแปรปรวนร่วม (Wr, Vr) } \quad \text{Cov}(W_r, V_r) = \frac{1}{n-1} \left[\sum V_r W_r - \frac{\sum V_r \sum W_r}{n} \right]$$

การทดสอบสมมุติฐานของค่าสัมประสิทธิ์ของการถดถอย (b) ใช้ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (Standard error) ของ b (S.E_b) เป็นตัวทดสอบ

การประมาณค่าทิศทางการข่ม (Direction of dominance) โดยหาค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่าง Wr+Vr กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ \bar{V}_r เครื่องหมายของค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์จะเป็นตัวชี้วัดว่าการข่มไปในทิศทางใด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เช่นถ้าค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์มีค่าลบ แสดงว่ายีนที่มีส่งผลในทางเพิ่มเป็นค่าอื่นชม (การชมไปในทิศทางของค่ามาก) ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์คำนวณได้จากสูตรดังนี้ Singh and Chaudhary (1979)

$$r_{\bar{Y}_r(Wr+Vr)} = \frac{Cov_{\bar{Y}_r(Wr+Vr)}}{\sigma_{\bar{Y}_r} \cdot \sigma_{Wr+Vr}}$$

การสร้างกราฟ Wr/Vr คำนวณค่าคาดหวังของ W_r , $\hat{W}r_{ei}$

$$\hat{W}r_{ei} = a + bVr_i \quad \text{โดยที่} \quad a = \bar{W}r - b\bar{V}r$$

สำหรับค่า Parabola limit ซึ่งเป็นเส้นโค้ง หาค่าแนวขอบเขตได้โดย

$$W'_{ri} = (V_{ri} \cdot V_{0Lo})^{1/2}$$

เมื่อ V_{0Lo} คือ วาเรียนซ์ของพ่อแม่พันธุ์ (V_p)

V_{ri} คือ วาเรียนซ์ของอะเรย์ที่ i^{th}

ผลและวิจารณ์ผลการทดลอง

มะเขือเทศพันธุ์ต่างๆ และ F_1 's ที่นำมาปลูกทดสอบ ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวน พบว่ามีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติระหว่างพันธุ์ ใน 11 ลักษณะดังนี้ आयुดอกแรกบาน จำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ น้ำหนักต่อผล ความหนาเนื้อ ความยาวผล ความกว้างผล จำนวนช่องว่างภายในผล ปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำได้ และความสูงต้น ในขณะที่ผลผลิตต่อต้น และความแน่นเนื้อ ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ

ค่าเฉลี่ยของลักษณะต่างๆ ขององค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศ ทั้ง 13 ลักษณะแสดงไว้ใน Table 1 โดยจัดกลุ่มลักษณะเป็น 3 กลุ่ม ลักษณะคือ

1. ลักษณะด้านการเจริญเติบโตพันธุ์ที่มีอายุดอกแรกบานช้า คือพันธุ์ CLN 2116B (84.23 วัน) รองลงมาคือพันธุ์ LE-209 (83.13 วัน) และลูกผสม LE-107xCLN2116B (82.92 วัน) ตามลำดับ พันธุ์ที่จำนวนดอกต่อช่อมากที่สุดคือลูกผสม LE-107xCLN2116B (7.30 ช่อ) รองลงมาคือพันธุ์ CLN 2116B (7.06 ช่อ) และพันธุ์ LE-107 (6.55 ช่อ) ตามลำดับ พันธุ์ที่มีความสูงต้นสูงสุดคือลูกผสม SD4xLE-107 (151.06 cm) รองลงมาคือลูกผสม SD1xLE-209 (135.27 cm) และ SD3xLE-107 (130.33 cm) ตามลำดับ

2. ลักษณะด้านองค์ประกอบผลผลิตพบว่าพันธุ์ที่จำนวนผลต่อช่อมากที่สุด คือพันธุ์ลูกผสม LE-107xCLN2116B (6.79 ช่อ) รองลงมาคือพันธุ์ CLN 2116B (6.50 ช่อ) และลูกผสม LE-092xLE-107 (5.89 ช่อ) ตามลำดับ พันธุ์ที่จำนวนผลต่อต้นสูงสุด คือลูกผสม SD1xSD4 (40.16 ผล) รองลงมาคือลูกผสม SD1xCLN2116B (37.75 ผล) และลูกผสม SD3xSD4 (35.54 ผล) ตามลำดับ พันธุ์ที่ให้ผลผลิตต่อต้นสูงสุด คือลูกผสม LE-107xCLN2116B (1038.1 g) รองลงมาคือลูกผสม SD1xLE-209 (917.65 g) และลูกผสม SD3xLE-209 (835.22 g) ตามลำดับ พบว่าพันธุ์ที่น้ำหนักต่อผลสูงสุด คือลูกผสม SD3xLE-092 (33.27 g) รองลงมาคือลูกผสม LE-107xCLN2116B (32.96 g) และพันธุ์ LE-209 (32.48 g) ตามลำดับ

3. ลักษณะที่เกี่ยวข้องกับรูปทรงของผลและลักษณะของผลพบว่าพันธุ์ที่ความแน่นเนื้อสูงสุด คือลูกผสม LE-107xCLN2116B (7.75 N) รองลงมาคือลูกผสม LE-107xLE-209 (7.65 N) และลูกผสม LE-209xCLN2116B (7.26

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

N) ตามลำดับ พันธุ์ที่ให้ความหนาเนื้อสูงสุด คือลูกผสม LE-107xCLN2116B (5.29 mm) รองลงมาคือลูกผสม SD3xCLN2116B (5.09 mm) และลูกผสม LE-092xLE-209 (5.00 mm) ตามลำดับ พันธุ์ที่มีความยาวผลสูงสุด คือลูกผสม LE-107xCLN2116B (49.20 mm) รองลงมาคือพันธุ์ LE-107 (47.59 mm) และลูกผสม LE-107xLE-209 (47.18 mm) ตามลำดับ พันธุ์ที่มีความกว้างผลสูงสุด คือลูกผสม LE-107xLE-209 (49.20 mm) รองลงมาคือลูกผสม SD4xLE-107 (48.46 mm) และพันธุ์ LE-107 (48.33 mm) ตามลำดับ พันธุ์ที่จำนวนช่องว่างภายในผลมากที่สุด คือลูกผสม LE-092x LE-107 (3.51) รองลงมาคือลูกผสม LE-107xLE-209 (3.40) และ พันธุ์LE-107 (3.28) ตามลำดับ พันธุ์ที่ปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำได้สูงสุด คือลูกผสม SD4xLE-107 (5.25 °Brix) รองลงมาคือลูกผสม SD3x LE-107 (5.19 °Brix) และลูกผสม SD1xLE-107 (5.17 °Brix) ตามลำดับ

จากการทดสอบความสอดคล้องของสมมติฐาน ในกรณีวิเคราะห์ไดอัลลลล์ พบว่าค่า χ^2 ของทุกลักษณะ ไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ยกเว้นผลผลิตต่อต้น และจากการวิเคราะห์การถดถอยของค่า W_r บน V_r ค่าสัมประสิทธิ์ของการถดถอย (b) ของลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ, จำนวนผลต่อต้น, น้ำหนักต่อผล, ความหนาเนื้อ, ความกว้างผล และจำนวนช่องว่างภายในผล แตกต่างจากศูนย์อย่างมีนัยสำคัญ แต่ไม่แตกต่างจาก 1.0 เป็นการยืนยันว่าสมมติฐานที่กำหนดไว้มีความถูกต้อง ส่วนลักษณะที่ ค่าสัมประสิทธิ์ของการถดถอย(b) ไม่ต่างจากศูนย์หรือแตกต่างจาก 1.0 ได้แก่ จำนวนอายุดอกแรกบาน, ผลผลิตต่อต้น, ปริมาณของแข็งที่ละลายน้ำและความสูงต้น ลักษณะเหล่านี้ จะไม่นำมาอ่านค่าอิทธิพลของยีนด้วยกราฟ เนื่องจากเป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลแบบซ่มข้ามคู่ (epistasis) หรือมี linkage ผลการทดสอบความสอดคล้องกับสมมติฐานในกรณีวิเคราะห์ และค่าสหสัมพันธ์ระหว่าง W_r+V_r กับ \bar{Y}_r ซึ่งเป็นค่าเฉลี่ยของพันธุ์พ่อแม่ ได้แสดงไว้ใน Table 2

1. การวิเคราะห์ด้วยกราฟ ค่า W_r และ V_r

จำนวนดอกต่อช่อ จากเส้นกราฟของการถดถอยของ W_r บน V_r ตัดแกน W_r ที่ใกล้จุดกำเนิด ($a = 0.02262$) ซึ่งแสดงว่า อัตราการซ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบซ่มสมบูรณณ์ ขณะที่ Ahmad *et al.* (2010) พบว่า อัตราการซ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะจำนวนดอกต่อช่อเป็นแบบซ่มไม่สมบูรณณ์ การกระจายตัวของอะเรย์บนกราฟ W_r/V_r แสดงความแตกต่างของสายพันธุ์พ่อแม่ว่า สายพันธุ์ที่อยู่ส่วนปลายของเส้นกราฟของการถดถอย เป็นกลุ่มที่มียีนด้อยอยู่ส่วนใหญ่ ในขณะที่สายพันธุ์ที่อยู่ส่วนใกล้จุดกำเนิด ของเส้นกราฟของการถดถอย เป็นกลุ่มที่มียีนซ่มอยู่ส่วนใหญ่ (Fig.1) ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ระหว่าง W_r+V_r กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{Y}_r) มีค่าเป็นบวก 0.63 สอดคล้องกับที่รายงานโดย Hazra and Ansary (2008) แสดงว่า จำนวนดอกต่อช่อน้อยเป็นลักษณะซ่มจำนวนดอกต่อช่อมาก

จำนวนผลต่อช่อ เส้นกราฟของการถดถอย W_r บน V_r ตัดแกน W_r ที่ใกล้จุดกำเนิด ($a = 0.03054$) ซึ่งแสดงว่า อัตราการซ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบซ่มสมบูรณณ์ (Fig.2) ขณะที่ Ahmad *et al.* (2010) พบว่า อัตราการซ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะจำนวนผลต่อช่อเป็นแบบซ่มไม่สมบูรณณ์ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่าง W_r+V_r กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{Y}_r) มีค่าเป็นบวก 0.57 สอดคล้องกับที่รายงานโดย Hazra and Ansary (2008) แสดงว่า พันธุ์ที่มีจำนวนผลต่อช่อมากเป็นพันธุ์ที่มียีนด้อยอยู่มากและอยู่ส่วนปลายของเส้นกราฟของการถดถอย ห่างจากจุดกำเนิด

จำนวนผลต่อต้น เส้นกราฟของการถดถอย W_r บน V_r ตัดแกน W_r ที่ใต้จุดกำเนิด ($a = -14.01868$) ซึ่งแสดงว่า อัตราการซ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบซ่มเกิน (Fig.3) ซึ่งต่างจากที่รายงานโดย Ahmad *et al.* (2010) พบว่า จำนวนผลต่อต้นนั้นมีอัตราการซ่มของยีนที่ควบคุมเป็นแบบซ่มสมบูรณณ์ ส่วน Đorđević *et al.* (2010) พบว่า อัตราการซ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบซ่มไม่สมบูรณณ์ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ระหว่าง W_r+V_r กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{Y}_r) มีค่า -0.55 สอดคล้องกับที่รายงานโดย Hazra and Ansary (2008) แสดงว่า จำนวนผลต่อต้นมากเป็นพันธุ์ที่มียีนซ่มอยู่มาก และจะอยู่ใกล้จุดกำเนิด

Table1 Mean of Fruit yield and yield components of 21 F1-hybrids and 7 parental varieties

Characters/Genotype	No. of days to flowering (Day)	No. of flowers/ inflorescence	Plant height (cm)	No. of fruit set /inflorescence	No. of fruits/plant	Fruit yield (plant (g)	Fruit weight (g)	Fruit firmness (N)	Thickness of pericarp (mm)	Fruit Length (mm)	Fruit Width (mm)	NO. of locules	Soluble Solids (° Brix)
SD1	75.50b-c	5.25cd	97.31b-g	5.01d-f	33.00ef	571.4	21.60h	4.71	3.72h-f	36.69g-i	31.35j	2.04h	4.34c-e
SD3	81.65a-c	6.22a-d	90.06d-h	5.31c-f	24.88k	284.6	18.42h	5.3	3.09f	34.64i	27.96j	2.10h	4.88a-e
SD4	78.63a-d	5.33cd	85.96e-h	5.03f-i	30.27g	470.8	21.74h	6.57	3.56ef	39.14c-i	30.59j	2.08h	4.46c-e
LE-092	82.88ab	5.19cd	86.88e-h	4.85ef	21.66m	586.7	23.99b-h	5.98	4.18b-e	37.77e-i	38.55c-g	2.98a-f	4.32c-e
LE-107	81.67a-c	6.55a-c	113.80b-f	5.46e-e	14.50s	374.4	31.32a-d	6.67	4.81a-c	47.59a	48.33ab	3.30a-c	5.00a-c
LE-209	83.13ab	5.63cd	74.38gh	5.95e-f	13.50s	285.5	32.48ab	6.18	4.79a-c	43.14bc	41.82cd	3.07a-d	4.85a-d
CLN2116B	84.23a	7.06ab	54.37h	6.50ab	18.60o	400.8	26.17e-h	6.37	4.81a-e	40.79c-g	37.24d-h	2.04h	4.15e
SD1XSD3	82.08a-c	5.97a-d	82.81fh	5.55c-e	24.81k	383.9	19.37gh	5.69	3.86c-f	38.03e-i	30.26j	2.01h	4.43c-e
SD1XSD4	78.25a-d	5.49cd	96.92c-g	4.98d-f	40.16a	788.2	23.93d-h	5.2	4.09b-e	39.88c-h	32.32h-j	2.02h	4.10e
SD1XLE-092	80.25a-c	5.25cd	108.94b-g	5.08c-f	28.44h	720.5	23.50e-h	5.88	4.16b-e	37.09H	38.07c-g	2.41d-h	4.41c-e
SD1XLE-107	81.92a-c	5.72b-d	117.98a-f	5.57c-e	25.08k	559.4	23.94c-h	6.08	4.17b-e	39.95c-h	39.80c-f	2.63c-h	5.17ab
SD1XLE-209	76.16b-d	5.93a-d	135.27ab	5.63c-e	34.81cd	917.7	31.93a-c	5.79	4.40a-e	39.71c-h	38.63c-g	2.83b-f	4.61a-e
SD1XCLN2116B	73.17d	5.97a-d	85.63c-g	5.70cd	37.75b	752.4	26.53a-h	4.81	4.44a-e	38.46c-i	35.29e-i	2.05h	4.65a-e
SD3xSD4	77.21a-d	5.85b-d	104.10b-g	5.34c-f	35.54c	639.3	28.52f-f	5.59	4.03f-f	38.56c-i	34.48H	2.38e-h	4.52b-e
SD3xLE-092	75.88b-d	5.84b-d	102.52b-g	5.31c-f	27.62j	622.3	33.27a	5.79	4.15b-e	36.67g-i	38.28c-g	3.01a-e	4.74e
SD3xLE-107	78.48a-d	5.73b-d	130.33a-e	5.27e-f	30.37g	577.2	30.72a-e	5.79	4.27a-e	39.88c-h	40.45c-e	3.09a-c	5.19ab
SD3xLE-209	76.75a-d	5.41cd	118.25a-f	5.06c-f	28.66h	855.2	29.19a-f	6.47	4.29a-e	37.42f-i	40.17c-e	3.19a-c	4.92a-c
SD3xCLN2116B	75.94b-d	6.27a-d	86.33e-h	5.20b-d	31.93f	753.8	26.15e-h	5.49	5.09ab	36.51g-i	34.07g-i	2.13gh	4.88a-e
SD4xLE-092	76.63a-d	4.90d	92.08c-g	4.61f	17.87op	467.1	26.88a-h	5.88	4.19b-e	36.82g-i	38.38c-g	2.61c-h	4.40c-e
SD4xLE-107	79.08a-d	5.27cd	151.06a	4.86c-f	33.87de	587.5	28.58a-f	6.86	4.80a-c	41.78c-f	48.46ab	3.24a-c	5.25a
SD4xLE-209	75.08cd	5.81b-d	102.81b-g	5.81c-d	29.50gh	747.1	25.90a-h	7.16	4.37a-e	38.22d-i	40.22c-e	2.78b-g	4.32c-e
SD4xCLN2116B	77.77a-d	5.66b-d	82.58f-h	5.40c-f	23.37i	442.8	27.30a-g	6.86	4.42e-e	35.52hi	34.18H	2.31f-h	4.81a-e
LE-092xLE-107	81.33a-c	6.34a-d	128.42a-d	5.89de	24.93k	576.8	27.31a-g	5.3	4.34a-e	42.28c-e	43.45bc	3.51a	4.73a-e
LE-092xLE-209	81.25a-c	5.17cd	96.79e-g	5.15c-f	19.63n	482.7	32.01a-c	5.79	5.00ab	42.65cd	41.50cd	2.83b-f	4.53a-e
LE-092xCLN2116B	82.66a-c	5.75b-d	93.50c-g	5.42c-f	15.75r	370.4	26.02a-h	6.67	4.60a-e	38.74c-i	38.74c-g	2.67c-h	4.61a-e
LE-107xLE-209	82.27a-c	5.93a-d	129.92a-c	5.61c-e	17.27pq	482.3	29.88a-f	7.65	4.91a-c	47.18ab	49.20a	3.40ab	4.77a-e
LE-107xCLN2116B	82.92ab	7.30a	124.29a-e	6.79a	27.16j	1038.1	32.96a	7.75	5.29a	49.20a	47.81ab	3.28a-c	4.89a-d
LE-209xCLN2116B	81.46a-c	5.77b-d	86.48e-h	5.52c-e	16.56qr	397.0	27.06a-g	7.26	4.63a-d	41.08c-g	39.63c-g	2.78b-g	4.22a-e
F-Test	**	**	**	**	*	ns	**	ns	**	**	**	**	**
CV%	4.16	10.7	16.53	10.26	42.85	50.84	13.8	22.24	10.53	5.35	6.56	11.25	6.51

Means in the same column followed by a common letter are not significantly different at 0.05 (or 0.01) level by DMRT, ^{ns} not significant, ^{**} significantly different at 0.05 and 0.01 probability levels respectively

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Table 2 Correlation coefficients between (Wr+Vr) and \bar{Y}_r (r) and tests of adequacy of additive-dominance model in 7 x 7 half diallel analysis for 13 characters

Characters	r	b \pm S.E _b	Test of t ²	Test for b=0	Test for b=1
No. of flowers / inflorescence	0.63	b=0.862 \pm 0.147	0.00002 ^{ns}	5.85 ^{**}	0.93 ^{ns}
No. of fruit set / inflorescence	0.57	b=0.616 \pm 0.091	0.00019 ^{ns}	6.74 ^{**}	4.21 [*]
No. of fruits/plant	-0.55	b=0.870 \pm 0.233	0.00390 ^{ns}	3.73 [*]	0.55 ^{ns}
Fruit weight(g)	-0.67	b=0.551 \pm 0.199	1.54804 ^{ns}	2.76 [*]	2.25 ^{ns}
Thickness of pericarp(mm.)	-0.71	b=0.798 \pm 0.263	0.00089 ^{ns}	3.02 [*]	0.76 ^{ns}
Fruit Length(mm.)	0.70	b=0.735 \pm 0.095	4.68866 ^{ns}	7.69 ^{**}	2.78 [*]
Fruit Width(mm.)	-0.58	b=0.835 \pm 0.145	0.45153 ^{ns}	5.73 ^{**}	1.13 ^{ns}
No. of locules	-0.82	b=0.991 \pm 0.107	0.03746 ^{ns}	9.24 ^{**}	0.08 ^{ns}

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

น้ำหนักต่อผลเส้นกราฟของการถดถอย Wr บน Vr ตัดแกน Wr เหนือจุดกำเนิด ($a = 1.18402$) ซึ่งแสดงว่า อัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบข้ามไม่สมบูรณ์ (Fig.4) สอดคล้องกับที่รายงานโดย Ahmad *et al.* (2010) และ Đorđević *et al.* (2010) ที่พบว่าอัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมลักษณะน้ำหนักต่อผลเป็นแบบข้ามไม่สมบูรณ์ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ระหว่าง Wr+Vr กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{Y}_r) มีค่า -0.68 สอดคล้องกับที่รายงานโดยศุภลักษณ์ (2551) ที่รายงานว่า ลักษณะน้ำหนักต่อผลมากเป็นลักษณะข้ามน้ำหนักต่อผลน้อย ขณะที่ Hazra and Ansary (2008) และ Maluf *et al.* (1989) พบว่าพันธุ์ที่มีน้ำหนักต่อผลน้อยเป็นพันธุ์ที่มียีนข้ามอยู่มาก

ความหนาเนื้อ เส้นกราฟของการถดถอย Wr บน Vr ตัดแกน Wr ที่ใกล้จุดกำเนิด ($a = 0.04618$) ซึ่งอาจถือได้ว่า อัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบข้ามสมบูรณ์ (Fig.5) ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ระหว่าง Wr+Vr กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{Y}_r) มีค่า -0.71 แสดงว่า พันธุ์ที่มีความหนาเนื้อมากมียีนข้ามอยู่มาก และอยู่ในตำแหน่งใกล้จุดกำเนิดในกราฟ

ความยาวผล เส้นกราฟของการถดถอย Wr บน Vr ตัดแกน Wr เหนือจุดกำเนิด ($a = 3.00517$) ซึ่งแสดงว่า อัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบข้ามไม่สมบูรณ์ (Fig.6) สอดคล้องกับที่รายงานโดย Ahmad *et al.* (2010) ที่พบว่า อัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมลักษณะความยาวผลเป็นแบบข้ามไม่สมบูรณ์ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ระหว่าง Wr+Vr กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{Y}_r) มีค่าเป็นบวก 0.71 สอดคล้องกับที่รายงานโดย Maluf *et al.* (1989) แสดงว่า พันธุ์ที่มีลักษณะผลยาวเป็นพันธุ์ที่มียีนด้อยอยู่มากและอยู่ส่วนปลายของเส้นกราฟ ห่างจากจุดกำเนิด

ความกว้างผล เส้นกราฟของการถดถอย Wr บน Vr ตัดแกน Wr ที่จุดกำเนิด ($a = 10.25611$) ซึ่งแสดงว่า อัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบข้ามเกิน (Fig.7) ซึ่งไม่สอดคล้องกับที่รายงานโดย Ahmad *et al.* (2010) พบว่า อัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบข้ามสมบูรณ์ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ระหว่าง Wr+Vr กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{Y}_r) มีค่า -0.58 แสดงว่า พันธุ์ที่มีลักษณะผลกว้างเป็นพันธุ์ที่มียีนข้ามอยู่มาก และอยู่ในตำแหน่งใกล้จุดกำเนิดในกราฟ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

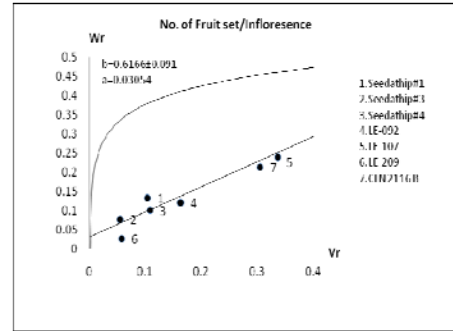
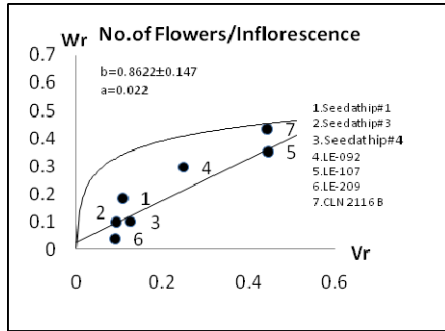


Figure 1 Wv/Vr graph of no. of flowers/inflorescence Figure 2 Wv/Vr graph of no. of fruit set/inflorescence

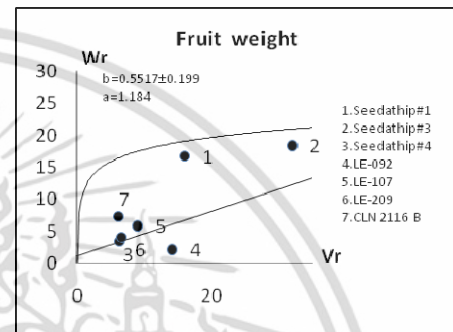
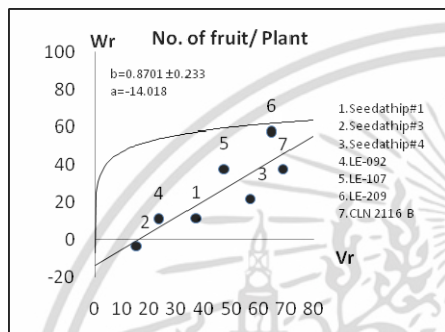


Figure 3 Wv/Vr graph of no. of fruits/plant

Figure 4 Wv/Vr graph of fruit weight

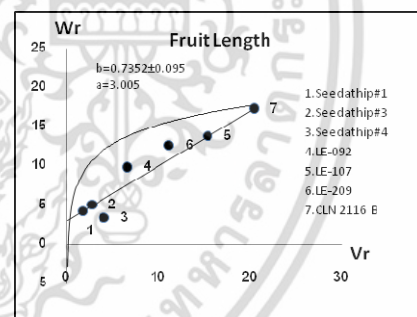
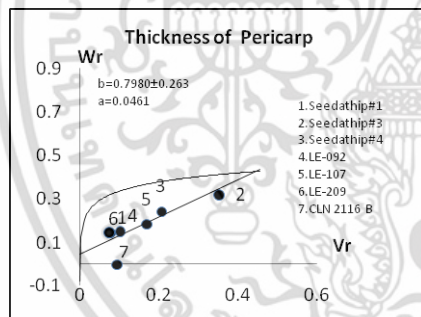


Figure 5 Wv/Vr graph of thickness of pericarp

Figure 6 Wv/Vr graph of fruit length

จำนวนช่องว่างภายในผล เส้นกราฟของการถดถอย W_v บน V_r ตัดแกน W_v ที่ใกล้จุดกำเนิด ($a = 0.0326$) ซึ่งอาจกล่าวได้ว่า อัตราการข่มของยีนที่ควบคุมลักษณะนี้เป็นแบบข่มสมบูรณ์ (Fig.8) ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่าง W_v+V_r กับค่าเฉลี่ยของพ่อหรือแม่ (\bar{y}) มีค่า -0.82 แสดงว่า พันธุ์ที่มีจำนวนช่องว่างภายในผลมากเป็นพันธุ์ที่มียีนข่มอยู่มาก และอยู่ในตำแหน่งใกล้จุดกำเนิดในกราฟ ขณะที่ Maluf *et al.* (1989) พบว่าพันธุ์ที่มีจำนวนช่องว่างภายในผลน้อยเป็นพันธุ์ที่มียีนข่มอยู่มาก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

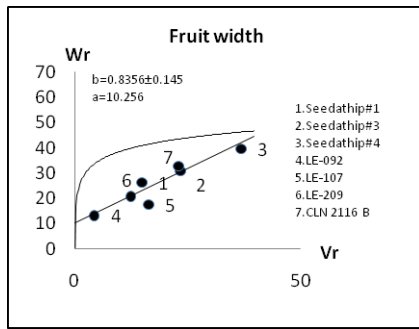


Figure 7 Wv/Vr graph of fruit width

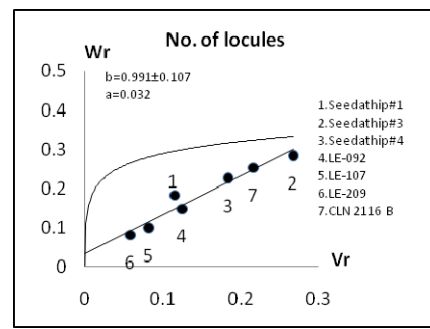


Figure 8 Wv/Vr graph of no. of locules

สรุป

การวิเคราะห์ลักษณะของผลผลิตโดยดูจากกราฟของการถดถอย W_r บน V_r พบว่า ลักษณะจำนวนดอกต่อช่อ จำนวนผลต่อช่อ ความหนาเนื้อและจำนวนช่องว่างภายในผล แสดงอัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมแบบข้ามสมบูรณ์ ส่วนน้ำหนักต่อผลและความยาวผล แสดงอัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมเป็นแบบข้ามไม่สมบูรณ์ สำหรับลักษณะจำนวนผลต่อต้นและความกว้างผล พบว่าแสดงอัตราการข้ามของยีนที่ควบคุมเป็นแบบข้ามเกิน สำหรับทิศทางการข้าม ดูจากค่าสหสัมพันธ์ระหว่าง W_r+V_r กับ \bar{Y}_r จะเห็นได้ว่า ทิศทางการข้าม คือ จำนวนผลต่อต้นมาก น้ำหนักผลมาก ความหนาเนื้อมาก ความกว้างของผลมากและจำนวนช่องว่างภายในผลมาก

จากการศึกษาโดยพิจารณาลักษณะองค์ประกอบผลผลิตจากค่าเฉลี่ยและทิศทางการข้าม จะเห็นได้ว่าพันธุ์สดาทิพย์ 1 และ 3 เหมาะที่จะใช้เป็นพ่อแม่ในการปรับปรุงพันธุ์ในด้านการเพิ่มจำนวนผลต่อต้น ในขณะที่พันธุ์ กลุ่ม LE และ CLN นั้นเหมาะที่จะใช้เป็นพ่อแม่ในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มขนาดผล การผลิตสายพันธุ์แท้โดยคัดเลือกจากคู่ผสมที่ดีน่าจะเป็นวิธีการที่สะดวกกว่าการผลิตลูกผสม ซึ่งจะต้องอาศัยยีนที่ก่อให้เกิดเกสรตัวผู้เป็นหมัน

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ ที่ให้ทุนอุดหนุนการวิจัยเพื่อวิทยานิพนธ์ และขอขอบพระคุณ ศูนย์วิจัยและพัฒนาพืชผักเขตร้อน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ที่ได้อนุเคราะห์เมล็ดพันธุ์มะเขือเทศ มาใช้ในการทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- ไพศาล เหล่าสุวรรณ. 2527. หลักการปรับปรุงพันธุ์พืช. สงขลา : มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ มณีฉัตร นิกรพันธุ์. 2538. มะเขือเทศ. กรุงเทพฯ : โอเดียนสโตร์.
- วินิจ เสรีประเสริฐ วชิรพันธ์ ชื่นสุวรรณ ธีระ เอกสมทราเมษฐ์ และประสาทร กอวยชัย. 2544. การวิเคราะห์ไดอัลลลของลักษณะผลผลิตและอายุถึงวันเก็บผักแรกของข้าวโพดฝักอ่อน. ว.สงขลานครินทร์. วทท. 23 : 487-498.
- ศุภลักษณ์ ทองทิพย์. 2551. การศึกษาพันธุกรรมลักษณะผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตมะเขือเทศโดยวิธีการทริบเบิลเทสครอส. วิทยานิพนธ์ วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์.
- Ahmad, S., Rahman, M.M., Quamruzzaman, A.K.M. and Uddin, M.N. 2010. Genetic analysis of quantitative characters of in heat tolerant tomato (*Solanum lycopersicum* L.). J. Innov. Dev. Strategy 4 : 27-33.
- Akram, M., Ajmal, S.U. and Munir, A.M. 2007. Inheritance of traits related to seedling vigor and grain yield in rice (*Oryza sativa* L.). J.Bot. 39 (1) : 37-45.
- Đorđević, R., Zečević, B., Zdravković, J., Živanović, T. and Todorović, G. 2010. Inheritance of yield components in tomato. Genetika 42 : 575-583.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- Hanson, P.M, Licardo, O., Hanudin, Mah,S., Wang,J.F. and Chen, J.T. 1998. Diallel analysis of bacterial wilt resistance in tomato derived from different sources. *Plant Disease* 82 (1) : 74-78.
- 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(2) : 117-125.
- Jones, J.B. 1999. *Tomato Plant Culture in Field, Greenhouse, and Home Garden*. Florida: CRC Press.
- Khattak, G.S.S., Haq, M.A., Ashraf, M. and Tahir, G.R. 2001. Genetic basis of synchrony in pod maturity in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). *Kasetsart J. (Nat. Sci.)* 35 : 1-7.
- Maluf, W.R., Miranda, J.E.C. and Ferreira-Rossi, P.E. 1989. Genetic analysis of components of fruit size and shape in a diallel cross of tomato cultivars. *Brasil. Genet* 12 : 819-831.
- Rood, S.B. and Major, D.J. 1981. Diallel analysis of the photoperiodic response of maize. *Crop Science*. 21 : 875-878.
- Singh, R.K. and Chaudhary, B.D. 1979. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. New Delhi: Kalyani Publishers.
- Takeda, K and Hori, K. 2007. Geographical differentiation and diallel analysis of seed dormancy in barley. *Euphytica*153 : 249-256.



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้