บทคัดย่อ

171031

โรคยอดไหม้ถั่วลิสง (Peanut Bud Necrosis Disease: PBND) สาเหตุเกิดจากเชื้อ Peanut Bud Necrosis Virus (PBNV) และมีเพลี้ยไฟ (*Thrips palmi* Karny) เป็นพาหะในการถ่ายทอดโรคในขณะที่ถั่วลิสง (*Arachis hypogaea* L.) สายพันธุ์ IC 10, ICGV 86031 และ ICGV 86388 มีพันธุกรรมที่ต้านทานต่อโรคยอดไหม้ สายพันธุ์ JL 24 และวังน้ำเย็นมีพันธุกรรมที่อ่อนแอต่อโรคยอดไหม้ เพื่อตรวจสอบดีเอ็นเอของถั่วลิสง 5 สายพันธุ์เหล่านี้ การศึกษานี้จึงมีวัตถุประสงค์ใช้เทคนิคอาร์เอพีดี (Random Amplified Polymorphic DNA: RAPD) สร้างและตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของถั่วลิสง 5 สายพันธุ์ดังกล่าว เมื่อใช้ไพรเมอร์ของอาร์เอพีดีจำนวน 10 เส้น เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของถั่วลิสงและพืชนอกกลุ่มหญ้าซิกแนล (*Brachiaria decumbens* Stapf) ได้จำนวนชิ้นดีเอ็นรวม 287 ชิ้น เฉลี่ย 29 ชิ้น/ไพรเมอร์ และมีชิ้นดีเอ็นเอที่แตกต่างระหว่างสายพันธุ์ของถั่วลิสงจำนวน 114 ชิ้น เฉลี่ย 11 ชิ้น/ไพรเมอร์ มีค่า polymorphic information content (PIC) อยู่ระหว่าง 0.06-0.96 และค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรม (similarity coefficient: D) อยู่ระหว่าง 0.42-0.99 นอกจากนี้ยังพบไพรเมอร์จำนวน 4 เส้น คือ ไพรเมอร์ OP1-04, OP1-05, OP7-10 และ OP12-07 ให้ชิ้นดีเอ็นเอที่ปรากฏเฉพาะในถั่วลิสงสายพันธุ์ที่ต้านทานต่อโรคยอดไหม้จำนวนรวม 18 ชิ้น และไพรเมอร์จำนวน 3 เส้น คือ ไพรเมอร์ OP1-04, OP1-05 และ OP1-12 ให้ชิ้นดีเอ็นเอที่ปรากฏเฉพาะในถั่วลิสงสายพันธุ์ที่อ่อนแอต่อโรคยอดไหม้จำนวนรวม 13 ชิ้น บ่งชี้ว่าถั่วลิสงสายพันธุ์ที่ต้านทานมีพันธุกรรมที่แตกต่างจากสายพันธุ์ที่อ่อนแอต่อโรคยอดไหม้ เมื่อหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจากค่าความห่างทางพันธุกรรม (genetic distances) และจัดกลุ่มของถั่วลิสงและหญ้าซิกแนลด้วยวิธี Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA) ทำให้แบ่งถั่วลิสงและหญ้าซิกแนลออกเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 หญ้าซิกแนล กลุ่มที่ 2 ถั่วลิสงสายพันธุ์ JL 24 และวังน้ำเย็น และกลุ่มที่ 3 ถั่วลิสงสายพันธุ์ IC 10, ICGV 86031 และ ICGV 86388

ABSTRACT

171031

Peanut bud necrosis virus (PBNV) is the cause of peanut bud necrosis (PBND) and has thrips as a vector. Three peanut varieties: IC 10, ICGV 86031 and ICGV 86388, are genetically resistant to PBND and two varieties: JL 24 and Wang-Nam-Yen, are sensitive to the disease. DNA polymorphisms may occur in these peanut varieties. The objective of this study was to use Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) technique to generate DNA fingerprints of these 5 peanut varieties and detect polymorphism of peanut DNA. Ten primers of RAPD were used to amplify DNA from the peanut varieties and from signal grass (*Brachiaria decunbens* Stapf). The RAPD primers generated 287 DNA fragments from DNA of the peanut varieties giving an average of 29 DNA fragments/primer. There were 114 different DNA fragments detected among peanut varieties giving an average of 11 DNA fragment/primer, polymorphic information content (PIC) of 0.06-0.96 and similarity coefficient (D) of 0.42-0.99. Four RAPD primers: OP1-04, OP1-05, OP7-10 and OP12-07 generated 18 DNA fragments that were specific to PBNV resistant varieties only. Three RAPD primers: OP1-4, OP1-05 and OP1-12, generated 13 DNA fragments that were specific to PBNV sensitive varieties only. Genetic relationship using value of genetic distance and grouping of peanut and signal grass using Unweighted Pair Group with Arithmetic mean (UPGMA) were analyzed. Three distinct groups were identified; group 1 containing only signal grass, group 2 having 2 peanut varieties, JL 24 and Wang-Nam-Yen, and group 3 having varieties IC 10, ICGV 86031 and ICGV 86388.