

ธีระพงศ์ เกษตรสมบูรณ์ 2555: ความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ยีนก่อโรคในเชื้อราโรคไหม้ของข้าวในประเทศไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พันธุวิศวกรรม)
สาขาพันธุวิศวกรรม โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์ชัชวาล จันทราสุริยารัตน์, Ph.D.
134 หน้า

การเกิดความต้านทานต่อโรคไหม้ในข้าวที่เกิดจากเชื้อรา *Magnaporthe oryzae* เป็นผลจากการทำงานร่วมกันระหว่างยีนต้านทาน (*R* gene) ในข้าว และยีนก่อโรค (*AVR* gene) ในเชื้อก่อโรค ซึ่งปฏิสัมพันธ์ที่เกิดขึ้นเป็นไปตาม gene-for-gene concept การใช้พันธุ์ข้าวที่มียีนต้านทานต่อเชื้อราโรคไหม้เป็นวิธีการป้องกันการเกิดโรคไหม้ที่มีประสิทธิภาพ แต่เมื่อระยะเวลาผ่านไปความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราโรคไหม้ค่อย ๆ สูญเสียไป อันเนื่องมาจากเชื้อรา มีการเปลี่ยนแปลงจนเกิดเชื้อราสายพันธุ์ใหม่ๆ ขึ้น วัตถุประสงค์ของการวิจัยในครั้งนี้เพื่อศึกษาความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนก่อโรคในเชื้อราโรคไหม้ *AVR-Pita1* *AVR-Pik* และ *AVR-Pii* ที่มีผลต่อการปรับตัวของสายพันธุ์เชื้อราให้สามารถก่อโรคไหม้ในข้าวได้ และศึกษารูปแบบของการเกิดวิวัฒนาการของยีนก่อโรคในเชื้อราโรคไหม้ ตัวอย่างเชื้อราโรคไหม้ถูกคัดแยกมาจากข้าวปลูกที่แสดงลักษณะอาการของโรคไหม้จากภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย ซึ่งได้เก็บรวบรวมไว้เมื่อปี 2549 และปี 2553 จำนวน 78 isolated ตรวจสอบหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนก่อโรคเพื่อวิเคราะห์หาความหลากหลายและการทดสอบสมมูลประชากรด้วยโปรแกรม DnaSP 5.0 และศึกษารูปแบบความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้วยโปรแกรม MEGA 5.0 ผลจากการวิจัยพบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนก่อโรคในเชื้อราโรคไหม้มีความหลากหลายมากน้อยแตกต่างกันในแต่ละยีนและยังแสดงให้เห็นถึงกลไกในการคัดเลือกรูปแบบทางวิวัฒนาการของตัวอย่างเชื้อราโรคไหม้ในประเทศไทย รายละเอียดของการวิเคราะห์ได้อธิบายไว้ในบทความนี้ ข้อมูลที่ได้จากการวิจัยในครั้งนี้สามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานต่อการเข้าทำลายของเชื้อราโรคไหม้