

ประณิตา พรหมศรี 2555: การพัฒนาวิธีการคัดเลือกพันธุ์ด้านทานโรคราสนิมข้าวโพดในระยะกล้า
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) สาขาโรคพืช ภาควิชาโรคพืช อาจารย์ที่ปรึกษา
วิทยานิพนธ์หลัก: อาจารย์จินตนา อันอาดม้งาม, Ph.D 84 หน้า

โรคราสนิมข้าวโพด หรือ southern rust ในประเทศไทย เกิดจากเชื้อ *Puccinia polysora* เป็นโรคที่มีความสำคัญในการผลิตข้าวโพด นักปรับปรุงพันธุ์ข้าวโพดจึงได้พัฒนาสายพันธุ์ใหม่ๆ ขึ้นมาเพื่อมีความต้านทานต่อโรคราสนิม การพัฒนาวิธีการปลูกเชื้อและประเมินโรคราสนิมในระยะต้นกล้าจึงมีความสำคัญอย่างยิ่ง การเปรียบเทียบวิธีปลูกเชื้อราสนิมด้วยการวางกระดาษกรอง(Whatman No.1) และการหยดสารแขวนลอย urediospores บนต้นกล้าข้าวโพด หลังจากทำการปลูกเชื้อ 7-10 วัน พบว่า การปลูกเชื้อด้วยการวางกระดาษกรองมีอัตราการเกิดโรคสูงกว่าและระยะเวลาในการแสดงอาการบนต้นกล้า เกิดขึ้นเร็วกว่าการปลูกเชื้อโดยวิธีการหยดสารแขวนลอย urediospores จากนั้นปลูกข้าวโพดหวาน 10 สายพันธุ์ (SC01 - SC10) ที่ศูนย์วิจัยข้าวโพดและข้าวฟ่างแห่งชาติ จังหวัดนครราชสีมา ประเมินความรุนแรงของโรคราสนิมบนข้าวโพดแต่ละสายพันธุ์ จากนั้นนำข้าวโพดทั้ง 10 สายพันธุ์มาทดสอบโรคในโรงเรือนโดยการปลูกเชื้อราสนิมบนต้นกล้า ด้วยวิธีวางกระดาษกรอง พบว่า ข้าวโพดสายพันธุ์ SC03, SC04 และ SC05 มีเปอร์เซ็นต์ความรุนแรงของโรคในแปลงปลูก 84.66, 69.91 และ 70.00% ตามลำดับ เมื่อทดสอบโรคในระยะต้นกล้ามีจำนวนแผล 8-16 pustules และมีการพัฒนาของแผลเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง จึงจัดอยู่ในระดับอ่อนแอ ในขณะที่ข้าวโพดสายพันธุ์ SC02, SC06, SC07 และ SC09 มีเปอร์เซ็นต์ความรุนแรงของโรคในแปลงปลูก 38.41, 38.75, 36.41 และ 38.33 % ตามลำดับ เมื่อทดสอบโรคในระยะต้นกล้ามีจำนวนแผล 1-2 pustules แต่ไม่มีการพัฒนาของแผลเพิ่มขึ้น จึงจัดอยู่ในระดับต้านทานโรค จากผลการทดสอบโรคแสดงให้เห็นว่าการปลูกเชื้อในระยะต้นกล้าด้วยวิธีการวางกระดาษกรองสามารถนำมาใช้ในการคัดเลือกพันธุ์ด้านทานโรคในเบื้องต้นได้ นอกจากนี้มีการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ ITS ของ ribosomal DNA ของเชื้อรา *P. polysora* ที่เก็บรวบรวมจากแหล่งต่างๆ จำนวน 21 ไอโซเลท โดยใช้ไพรเมอร์ ITS1 และ ITS4 และวิเคราะห์ข้อมูลร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อรา *P. polysora* และ *P. sorghi* ที่ได้จากฐานข้อมูล GenBank (DDBJ) โดยใช้โปรแกรม CLC Main Workbench จากการจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้ง 21 ไอโซเลทนี้ จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของเชื้อรา *P. polysora* จากฐานข้อมูล GenBank และทุกไอโซเลท แยกกลุ่มกับเชื้อรา *P. sorghi* โดยมีค่า bootstrap สูงสุด 100% จากผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ในส่วนของ ITS นั้นสามารถนำมาใช้ในการแยกเชื้อรา *P. polysora* และ *P. sorghi* ออกจากกันได้ นอกจากนี้ได้คัดเลือกเอนไซม์ตัดจำเพาะสำหรับย่อยชิ้นส่วนบริเวณ ITS เพื่อใช้เป็นเครื่องหมายพันธุกรรมแยกความแตกต่างของเชื้อรา *P. polysora* ออกจากเชื้อรา *P. sorghi* โดยใช้โปรแกรม CLC Main Workbench จากการทดสอบเอนไซม์จำนวน 3 ชนิด พบว่า การย่อยด้วยเอนไซม์ *EcoRI*, *TaqI* และ *SaII* ไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างสปีชีส์ในเชื้อรา *P. polysora* และ *P. sorghi* ได้