

ในงานวิจัยนี้ได้ศึกษาระบบการผสมพันธุ์และอินคอมแพททิบิลิตี อัลลีลของเห็ดตีนแรด โดยเก็บรวบรวมและคัดแยกสปอร์เดี่ยวจากดอกเห็ดทั้งหมด 10 ดอก จาก 6 จังหวัด ได้แก่ จังหวัดปทุมธานี นครปฐม อุบลราชธานี สกลนคร มหาสารคามและศรีสะเกษ และได้ศึกษาสภาวะที่เหมาะสมต่อการเจริญของเส้นใยโมนาคาริออน พบว่าเส้นใยโมนาคาริออนเจริญเติบโตได้ดีที่สุดเมื่อเพาะเลี้ยงบนอาหารเอ็มอีเอ พีเอช 7 และบ่มที่อุณหภูมิ 30 องศาเซลเซียส ซึ่งจะใช้เส้นใยโมนาคาริออนที่มีอัตราการเจริญเติบโตดีที่สุดอย่างน้อย 12 ไอโซเลทจากแต่ละดอกในการศึกษาระบบการผสมพันธุ์

ในการศึกษาระบบการผสมพันธุ์ของเห็ดตีนแรด ได้นำเส้นใยโมนาคาริออนที่คัดเลือกไว้ผสมภายในดอกเดียวกันที่ละคู่แบบพบกันหมด ภายหลังการผสมพันธุ์ตรวจการเกิดแคลมป์ คอนเนกชัน พบว่ามีอัตราส่วนของจำนวนคู่ผสมพันธุ์กันได้ต่อจำนวนคู่ผสมพันธุ์กันทั้งหมดเท่ากับ 1 : 4 แสดงว่าเห็ดตีนแรดที่เก็บรวบรวมได้มีระบบการผสมพันธุ์แบบไบแฟกทอเรียล เฮเทอโรทัลลิก (เทพะโพลาร์)

นอกจากนี้ได้ตรวจสอบจำนวนอินคอมแพททิบิลิตี อัลลีลของเห็ดตีนแรด โดยนำเส้นใยโมนาคาริออนผสมข้ามดอกที่ละคู่แบบพบกันหมด ผลการศึกษาพบว่าดอกเห็ดตีนแรดที่เก็บรวบรวมได้มีการกระจายตัวของอัลลีล โดยยื่นควบคุมคู่ผสมพันธุ์ที่โลกัส A และโลกัส B มี 16 อัลลีลที่แตกต่างกัน

Mating system and incompatibility alleles of *Tricholoma crassum* were studied. Single spores isolates in this study were obtained from ten sporocarp collections in six provinces i.e. Patumthani, Nakhonphatom, Ubonratchathani, Sakonnakorn, Mahasarakham and Srisaket. Suitable growth conditions for cultivation of the monokaryotic mycelia from basidiospore isolates were MEA media at pH 7 and 30 °C of incubation. The best growth rate of 12 monokaryotic mycelia were used for mating.

Mating system were determined by pairing the monokaryotic mycelia for each collection in all pairwise combinations. The presence of clamp connections after mating indicates sexual compatibility. The rates of compatible to all combination crosses were 1 : 4 which indicated bifactorial or tetrapolar heterothallism in *T. crassum*

In addition, multiple incompatibility alleles among the monokaryons for each sporocarp of six provinces were examined on the basis of their mating interactions. The distribution of alleles from 6 areas possessed 16 different A and 16 different B factors.