

ศึกษาระดับความทนเค็มของข้าว 30 พันธุ์ ซึ่งเป็นข้าวพันธุ์แนะนำและพันธุ์พื้นเมืองของไทย 21 พันธุ์ ซึ่งในจำนวนนี้เป็นข้าวที่มีกลิ่นหอม 10 พันธุ์ มีข้าวพันธุ์ปรับปรุงจากสถาบันวิจัยข้าว นานาชาติ 8 พันธุ์ และพันธุ์ข้าวทนเค็มจากประเทศอินเดีย 1 พันธุ์ โดยปลูกข้าวในสารละลาย ธาตุอาหารจนต้นอ่อนมีอายุได้ 14 วัน แล้วให้ข้าวได้รับความเครียดเกลือโดยเติมโซเดียมคลอไรด์ให้ สารละลายมีค่าการนำไฟฟ้า  $12 \text{ dS m}^{-1}$  เป็นเวลา 10 วัน แล้วทำการประเมินระดับความทนเค็มโดยดูจาก ลักษณะอาการผิดปกติที่ปรากฏเมื่อเทียบกับต้นอ่อนที่ไม่ได้รับความเครียด โดยให้ค่าคะแนนระดับ ความทนเค็มระหว่าง 3 ถึง 9 พบว่า สามารถแบ่งข้าวออกเป็น 5 กลุ่ม คือ ทนเค็ม (3.00-3.99), ทนเค็ม ปานกลาง (4.00-4.99), ทนเค็มน้อย (5.00-5.99), ค่อนข้างอ่อนแอ (6.00-6.99) และอ่อนแอมาก (7.00-9.00) เมื่อศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยาพบว่า ค่าอัตราส่วนระหว่างไอออนของโซเดียมกับโพแทสเซียม และค่าปริมาณโปรตีนในเนื้อเยื่อข้าวในสภาพเครียดมีความสัมพันธ์เชิงลบกับระดับความทนเค็มและ เปอร์เซ็นต์การรอดชีวิตนั่นคือพันธุ์ที่อ่อนแอและมีเปอร์เซ็นต์การรอดชีวิตต่ำกว่าจะมีค่า  $\text{Na}^+/\text{K}^+$  และ ปริมาณโปรตีนสูงกว่าพันธุ์ที่ทนเค็มกว่า ส่วนปริมาณคลอโรฟิลล์ไม่มีความสัมพันธ์กับระดับความทน เค็ม ข้าวที่ทนเค็มมากที่สุดคือ พันธุ์พอกกาลิจากประเทศอินเดีย พันธุ์ข้าวที่ทนเค็มรองลงมา ได้แก่ พันธุ์น้ำสะกุย 19, กข 23 และสุพรรณบุรี 90 ข้าวขาวดอกมะลิ 105 เป็นพันธุ์ที่ทนเค็มน้อย ข้าวไทยที่มี กลิ่นหอมส่วนใหญ่จะทนเค็มน้อย ค่อนข้างอ่อนแอ หรือ อ่อนแอมาก จากการศึกษาความสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมของข้าว 30 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR พบอัลลีลทั้งหมด 188 อัลลีลที่ 20 โลกัส จำนวนอัลลีลต่อโลกัสอยู่ระหว่าง 5 (RM7 กับ RM261) ถึง 18 (RM1) ขนาดของอัลลีลอยู่ระหว่าง 73 (RM3) กับ 480 (RM189) คู่เบส ค่าดัชนีพอลิมอร์ฟิซึมอยู่ระหว่าง 0 (RM11) กับ 0.91 (RM206) การจัด กลุ่มโดยใช้ค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายคลึงทางพันธุกรรมจากข้อมูลแบบแผนของเครื่องหมายโมเลกุล SSR ที่ 20 โลกัส สามารถแบ่งข้าวที่ศึกษาออกเป็น 6 กลุ่ม ข้าวที่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกันจะถูกจัดอยู่ใน กลุ่มเดียวกัน แต่การจัดกลุ่มโดยวิธีนี้ไม่มีความสัมพันธ์กับการจัดกลุ่มตามระดับความทนเค็ม

Salt tolerance ability was evaluated in 30 rice genotypes which included 21 Thai commercial cultivars and local varieties of which 10 are fragrant rice, 8 cultivars from International Rice Research Institute and one salt-tolerant cultivar from India. Fourteen-day-old rice seedlings grown in hydroponic culture were stressed for 10 days in culture solution containing NaCl having an electrical conductivity at 12 dS m<sup>-1</sup>. Salt tolerance was evaluated based on the visual symptoms of salt injury, and salinity tolerance scores were assigned between 3 to 9 from the most tolerant to the most sensitive ones. The 30 rice cultivars were divided into 5 groups based on salinity tolerance scores: tolerant (3.00-3.99), moderately tolerant (4.00-4.99), slightly tolerant (5.00-5.99), sensitive (6.00-6.99) and highly sensitive (7.00-9.00). Physiological parameters which are negatively correlated with salt tolerance ability and plant survival included the ratio between Na<sup>+</sup> and K<sup>+</sup> (Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>) and proline content in stressed plants. These physiological parameters may be useful as indicators for salt tolerance ability in rice. However, chlorophyll content did not show any correlation with salt tolerance. The most tolerant cultivar (score of 3.16) with lowest Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup> and proline content was Pokkali. Three Thai cultivars with slightly lower level of salt tolerance were Nam-Sa-Kui19, RD23 and Supanburi90. KDML105 was scored as slightly salt tolerant with the score of 5.97. Most of Thai fragrant rice showed relatively low level of tolerance and were classified as slightly tolerant, sensitive or highly sensitive. The 30 rice genotypes were analyzed for allelic diversity over 20 SSR loci to assess their genetic relatedness. A total of 188 alleles were detected at 20 SSR loci. The number of alleles per locus varied from 5 (RM7 and RM261) to 18 (RM1). The smallest allele was 73 bp (RM3) and the largest 480 bp (RM189). The polymorphic information content (PIC) values ranged between 0 (RM11) to 0.91 (RM206). Rice genotypes were divided into six groups as determined by UPGMA cluster analysis based on similarity coefficient. This grouping based on genetic relatedness did not correspond to the groups based on salt tolerance ability.