

โรคยอดไหม้ที่เกิดจากเชื้อ Tospovirus serogroup IV มีผลกระทบต่อการผลิตถั่วลิสงในประเทศไทย มีวิธีป้องกันกำจัดโรคนี้อย่างไร แต่การใช้พันธุ์ต้านทานนับเป็นวิธีที่เหมาะสมที่สุด โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ที่มีวัตถุประสงค์เพื่อปรับปรุงพันธุ์ต้านทานต่อโรคยอดไหม้ในถั่วลิสงเมล็ดโต ข้อมูลอัตราพันธุกรรมที่บ่งบอกความแปรปรวนทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะความต้านทานต่อโรคกับลักษณะทางการเกษตร มีความสำคัญอย่างมากในการเลือกวิธีการปรับปรุงพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพ การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) ศึกษาความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะต้านทานต่อโรคยอดไหม้และลักษณะทางการเกษตร 2) ศึกษาสหสัมพันธ์ของลักษณะที่ปรากฏและลักษณะพันธุกรรมต้านทานต่อโรคยอดไหม้ กับลักษณะทางการเกษตร

การศึกษาประกอบด้วย 2 การทดลอง การทดลองที่ 1 ปลุกทดสอบและประเมินความต้านทานต่อโรคยอดไหม้ ใช้ถั่วลิสงพันธุ์พ่อแม่ต้านทานต่อโรคยอดไหม้ 4 พันธุ์ ได้แก่ IC 10, IC 34, ICGV 86031 และ ICGV 86388 พันธุ์แม่เมล็ดโต 4 พันธุ์ ได้แก่ KK 60-3, KKKU 72-1, KKKU 72-2 และ Luhua 11 และถั่วลิสงลูกผสมชั่วที่ 5 และ 6 ที่ได้จากการผสมของพันธุ์พ่อแม่ 8 พันธุ์ จำนวน 16 คู่ผสม ๆ ละ 12 สายพันธุ์ ณ บ้านนาเรียง อำเภอกมลาไสย ในระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2546-พฤษภาคม พ.ศ. 2547 และบ้านโพรงงาม อำเภอร่องคำ จังหวัดกาฬสินธุ์ ในระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2547-พฤษภาคม พ.ศ. 2548 ในสภาพไร่ ภายใต้พื้นที่นาชลประทานและมีการแพร่ระบาดของโรคยอดไหม้ตามธรรมชาติ วางแผนการทดลองแบบ Randomized Complete Block Design (RCBD) มี 6 ซ้ำ แปลงย่อยมีขนาดยาว 3 เมตร ปลุก 2 แถว ใช้ระยะปลุก 50x30 เซนติเมตร บันทึกข้อมูลเปอร์เซ็นต์ต้นที่เป็นโรคและความรุนแรงของโรค เมื่อถั่วลิสงอายุ 50 60 และ 70 วันหลังปลุก และตรวจสอบการติดเชื้อ Tospovirus ด้วยวิธี direct antigen coating indirect ELISA (DAC-indirect ELISA) เมื่อถั่วลิสงอายุ 70 วันหลังปลุก การทดลองที่ 2 ปลุกทดสอบและประเมินลักษณะทางการเกษตร ใช้พันธุ์และสายพันธุ์ถั่วลิสงเช่นเดียวกับการทดลองที่ 1 ณ บ้านโพรงงาม อำเภอร่องคำ จังหวัดกาฬสินธุ์ และแปลงทดลอง หมวดพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ในระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2547-พฤษภาคม พ.ศ. 2548 ในสภาพไร่ ให้น้ำระบบสปริงเกอร์และอยู่ภายใต้สภาพที่ไม่มี

การระบาดของโรคยอดไหม้ วางแผนการทดลองแบบ RCBD มี 4 ซ้ำ แปลงย่อยมีขนาดยาว 5 เมตร ปลุก 1 แถว ใช้ระยะปลุก 50x20 เซนติเมตร เก็บเกี่ยวถั่วลิสงแต่ละพันธุ์และสายพันธุ์เมื่อแก่ บันทึกข้อมูลลักษณะทางการเกษตร 8 ลักษณะ ได้แก่ น้ำหนักต้นแห้งต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น น้ำหนักฝักต่อต้น จำนวนเมล็ดต่อฝัก น้ำหนักเมล็ดต่อต้น น้ำหนัก 100 เมล็ด เปอร์เซ็นต์กะเทาะ และดัชนีเก็บเกี่ยว

ผลการทดลอง พบว่าพันธุ์พ่อแม่มีความแตกต่างกันทางสถิติทั้งในลักษณะความต้านทานโรคและลักษณะทางการเกษตร โดยพันธุ์ที่มีความต้านทานโรค คือพันธุ์ IC 10, IC 34, ICGV 86031 และ ICGV 86388 ส่วนพันธุ์ Luhua 11 มีความอ่อนแอต่อโรค และเวลาที่เหมาะสมในการประเมินความต้านทานโรค คือ 60 วันหลังปลุก ตรวจสอบการติดเชื้อ *Tospovirus* ด้วยวิธี DAC-indirect ELISA พบว่าถั่วลิสงที่แสดงอาการของโรคยอดไหม้มีการติดเชื้อจริง ผลการประเมินความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะแบบกว้างของลักษณะความต้านทานโรคที่ถั่วลิสงอายุ 60 และ 70 วันหลังปลุก พบว่าส่วนใหญ่มีค่าประมาณความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะสูง ผลการประเมินความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางการเกษตร พบว่ามีค่าประมาณความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะต่ำถึงปานกลาง ยกเว้นลักษณะน้ำหนัก 100 เมล็ดมีค่าประมาณความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะปานกลางถึงสูง ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ต้นที่เป็นโรคและความรุนแรงของโรคมีค่าสหสัมพันธ์สูง ( $r=0.94-r=1.00$ ) สามารถเลือกลักษณะที่จะปรับปรุงได้ ในการทดลองนี้แนะนำการปรับปรุงในลักษณะเปอร์เซ็นต์ต้นที่เป็นโรค เพราะทำได้ง่าย รวดเร็ว และมีค่าประมาณความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะสูงกว่าลักษณะความรุนแรงของโรค ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะความต้านทานโรคกับลักษณะทางการเกษตรมีความสัมพันธ์กันน้อยมาก ( $r=-0.39-r=0.32$ ) แสดงว่าการคัดเลือกระหว่างลักษณะความต้านทานโรคกับลักษณะทางการเกษตรสามารถที่จะทำการคัดเลือกแยกจากกันได้ อย่างไรก็ตาม เปอร์เซ็นต์ต้นที่เป็นโรคและความรุนแรงของโรค กับน้ำหนัก 100 เมล็ดมีความสัมพันธ์กันปานกลาง ( $r=0.42-r=0.60$ ) แสดงว่าการคัดเลือกให้เปอร์เซ็นต์ต้นที่เป็นโรคและความรุนแรงของโรคน้อยจะทำให้ลักษณะน้ำหนัก 100 เมล็ดลดลงด้วย

Peanut bud necrosis disease (PBND) caused by *Tospovirus* serogroup IV is a major constrain of the production of large-seeded peanut in Thailand. Although there are many ways to control the disease, they are not practical for peanut growers. A more appropriate alternative is using of resistant cultivars which is the main interest in this study. For a practical breeding program aimed at improving resistant cultivars to the PBND in large-seeded peanut, information of the heritability that indicated genetic variance and correlations between disease resistance and agronomic traits are of great importance to formulate effective and appropriate breeding strategies. The objectives of this study were 1) to evaluate broad sense heritability for PBND resistance and agronomic traits and 2) to evaluate phenotypic and genotypic correlations between PBND resistance and agronomic traits.

The study consisted of two experiments. The first experiment determined PBND resistance of 4 PBND resistant male parents (IC 10, IC 34, ICGV 86031, and ICGV 86388), 4 large-seeded female parents (KK 60-3, KKU 72-1, KKU 72-2, and Luhua 11), and their progenies of 16 crosses, 12 lines for each cross. The experiment was conducted under field condition with furrow irrigation and natural infestation of bud necrosis during December 2003 to May 2004 in Ban-Na-Rieng, Kamalasai district, Kalasin province and during December 2004 to May 2005 in Ban-Phon-Ngam, Rongkham district, Kalasin province. A Randomized Complete Block Design (RCBD) with 6 replications was used. The entries were planted in two row plots with 3 m in length and spacing of 50x30 cm. PBND incidences (percentage of infected plants) and PBND scores (disease severity rating) at 50, 60, and 70 days after planting were recorded. *Tospovirus* infection was verified by using direct antigen coating indirect ELISA (DAC-indirect ELISA) at 70 days after planting. The second experiment determined agronomic traits of

the corresponding cultivars and lines as in the first experiment. The experiment was conducted during December 2004 to May 2005 at Khon Kaen University's Agronomic Farm under field condition using sprinkler irrigation and without infestation of bud necrosis. A RCBD with 4 replications was used. The entries were planted in single row plots with 5 m in length and spacing of 50x20 cm. The collected data were shoot dry weight/plant, number of pods/plant, pod dry weight/plant, number of seeds/pod, seed dry weight/plant, 100 seed weight at harvest, shelling percentage, and harvest index. The similar data were also collected from plots in Ban-Phon-Ngam, Rongkham district, Kalasin province.

The results showed significant differences between groups of parental lines. IC 10, IC 34, ICGV 86031, and ICGV 86388 were identified as good genotypes for resistance to PBND, while Luhua 11 was identified as susceptible genotype. The most appropriate time for evaluation of PBND incidences and PBND scores was at 60 days after planting. *Tospovirus* infection verification using DAC-indirect ELISA confirmed that the infected samples tended to show the visual PBND damage. Broad sense heritability estimates for disease resistance based on family were evaluated at 60, and at 70 days after planting. Most estimated heritability for disease resistance were high. Estimates of broad sense heritability for agronomic traits were varied from low to moderate over crosses and traits, except the heritability of 100 seed weight which varied from medium to high. Correlations between PBND incidence and PBND scores were highly significant and positive ( $r=0.94$ – $r=1.00$ ). This suggests that both traits were closely associated. Selection would be effective for either PBND incidences or PBND scores. However selection of PBND incidences was preferred because of its practicalness and its high heritability. Most correlations between disease resistance and agronomic traits were low ( $r=-0.39$ – $r=0.32$ ). This indicates that the disease resistance selection can be done independently to the agronomic traits. However, there was one exception. That was the correlation between disease resistance and 100 seed weight at harvest. This correlation was moderately positive ( $r=0.42$ – $r=0.60$ ). It means that selecting for lower PBND incidences and PBND scores will lead to lower 100 seed weight at harvest too.