เพลี้ยไฟเป็นแมลงศัตรูที่สำคัญของถั่วลิสง เพราะนอกจากสร้างความเสียหายให้กับถั่วลิสงโดยตรงแล้วยังเป็นพาหะนำโรคยอดไหม้ในถั่วลิสง การใช้ถั่วลิสงพันธุ์ต้านทานต่อเพลี้ยไฟเป็นแนวทางที่ดีในการลดปัญหาจากเพลี้ยไฟแต่การปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสงจำเป็นต้องอาศัยข้อมูลทางด้านพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับความต้านทานเพลี้ยไฟของถั่วลิสง เพื่อใช้ในการตัดสินใจ กำหนดวิธีการปรับปรุงพันธุ์ที่เหมาะสม การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ ศึกษาพันธุกรรมที่ควบคุมความต้านทานเพลี้ยไฟในถั่วลิสง และ ค้นหาเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมอยู่กับความต้านทานเพลี้ยไฟในถั่วลิสง การศึกษาประกอบด้วย 2 การทดลอง การทดลองที่ 1 ได้ปลูกทดสอบและประเมินความต้านทานเพลี้ยไฟ และความต้านทานต่อโรคยอดไหม้ในถั่วลิสงลูกผสมชั่วที่ 2 และชั่วที่ 3 ที่ได้จากการผสมของถั่วลิสงพันธุ์ IC 34 เป็นพันธุ์พ่อ และถั่วลิสงพันธุ์ขอนแก่น 60-1 เป็นพันธุ์แม่ ปลูกและประเมิน ณ อำเภอกุดจับ จังหวัดอุดรธานี ระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2549 – พฤษภาคม พ.ศ. 2550 และที่หมวดพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ระหว่างเดือนธันวาคม พ.ศ. 2550 – พฤษภาคม พ.ศ. 2551 โดยอาศัยการระบาดของเพลี้ยไฟตามธรรมชาติ บันทึกข้อมูล จำนวนเพลี้ยไฟ เปอร์เซ็นต์ใบถูกทำลาย ค่าคะแนนความเสียหาย เปอร์เซ็นต์ต้นเป็นโรคยอดไหม้ และความรุนแรงของโรคยอดไหม้ เมื่อถั่วลิสงอายุ 40, 50, 60, 70 และ 80 วันหลังปลูก และบันทึกข้อมูล น้ำหนักแห้งรวมต่อต้น จำนวนฝักต่อต้น น้ำหนักฝักต่อต้น น้ำหนักเมล็ดต่อต้น น้ำหนัก 100 เมล็ด และเปอร์เซ็นต์กะเทาะในระยะเก็บเกี่ยว การทดลองที่ 2 ศึกษาเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมอยู่กับความต้านทานเพลี้ยไฟในถั่วลิสง ได้ทดลองที่ห้องปฏิบัติการปรับปรุงพันธุ์พืช สาขาวิชาพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ระหว่างเดือนมิถุนายน พ.ศ. 2548 ถึง ธันวาคม พ.ศ. 2550 โดยสกัดดีเอ็นเอของถั่วลิสงพันธุ์พ่อแม่และลูกผสมในชั่วที่ 2 แล้วนำมาทดสอบกับเครื่องหมาย

อาร์เอพีดีจำนวน 140 ไพรเมอร์ และเครื่องหมายเอเอฟแอลพี จำนวน 40 คู่ไพรเมอร์ โดยศึกษาร่วมกับเทคนิค Bulked Segregant Analysis (BSA) เพื่อติดตามยีนที่ควบคุมความต้านทานเพลี้ยไฟในถั่วลิสง บันทึกข้อมูลของแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏ

ผลการทดลองพบว่าพันธุกรรมที่ควบคุมความต้านทานเพลี้ยไฟถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ และระยะเวลาที่เหมาะสมในการเข้าประเมินความต้านทานเพลี้ยไฟ และโรคยอดไหม้ คือ 50-60 วันหลังปลูก ความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมแบบกว้างของความต้านทานเพลี้ยไฟ ความต้านทานโรคยอดไหม้ และลักษณะทางการเกษตรมีค่าปานกลางถึงสูง ส่วนค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมแบบแคบมีค่าต่ำทุกลักษณะที่ประเมิน แสดงว่าการปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสงให้มีความต้านทานต่อเพลี้ยไฟและโรคยอดไหม้ในคู่ผสมที่ศึกษาครั้งนี้มีโอกาสประสบความสำเร็จน้อยหากทำการการคัดเลือกในชั่วต้นๆ สหสัมพันธ์ระหว่างคะแนนความเสียหายกับจำนวนเพลี้ยไฟ คะแนนความเสียหายกับเปอร์เซ็นต์ใบถูกเพลี้ยไฟทำลาย และเปอร์เซ็นต์ต้นเป็นโรคยอดไหม้กับระดับคะแนนความรุนแรงของโรคมีสหสัมพันธ์สูง สหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต้านทานเพลี้ยไฟกับลักษณะต้านทานโรคยอดไหม้มีสหสัมพันธ์ปานกลาง ดังนั้นการคัดเลือกพันธุ์ถั่วลิสงให้มีความต้านทานเพลี้ยไฟ ทำให้มีความต้านทานต่อโรคยอดไหม้ด้วย การคัดเลือกลักษณะต้านทานเพลี้ยไฟ และลักษณะต้านทานโรคยอดไหม้ไม่มีผลกระทบกับผลผลิต เนื่องจากมีสหสัมพันธ์ต่ำ ยกเว้นการคัดเลือกลักษณะจำนวนเพลี้ยไฟ ซึ่งมีผลกระทบกับน้ำหนักฝักต่อต้น น้ำหนักเมล็ดต่อต้น และน้ำหนัก 100 เมล็ด เพราะมีสหสัมพันธ์ปานกลาง

การตรวจสอบดีเอ็นเอของถั่วลิสงพันธุ์พ่อแม่กับเครื่องหมายอาร์เอพีดีพบว่ามีเพียงหนึ่งไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเอแตกต่างระหว่างพันธุ์ ส่วนการตรวจสอบดีเอ็นเอของพันธุ์พ่อแม่กับเครื่องหมายเอเอฟแอลพี พบว่ามี 12 คู่ไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเอแตกต่างระหว่างพันธุ์ แต่เมื่อนำไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเอแตกต่างระหว่างถั่วลิสงพันธุ์พ่อแม่ไปทดสอบกับถั่วลิสงลูกผสมพบว่าไม่มีไพรเมอร์ใดที่ใช้แยกความแตกต่างระหว่างกลุ่มต้านทานและกลุ่มอ่อนแอในถั่วลิสงลูกผสมได้ เนื่องจากการปรากฏของแถบดีเอ็นเอไม่สอดคล้องกับข้อมูลความต้านทานเพลี้ยไฟที่ได้จากการประเมินในสภาพไร่ แต่อย่างไรก็ตามยังมีความเป็นไปได้ในการค้นพบเครื่องหมายโมเลกุลที่เชื่อมอยู่กับความต้านทานเพลี้ยไฟในถั่วลิสงโดยการเพิ่มจำนวนไพรเมอร์เพื่อใช้คัดเลือกให้มากขึ้น

ABSTRACT

217043

Thrips (*Thysanoptera: Thripidae*) are important insect pests of peanut production. It can cause direct damage in peanut and also be an important insect vector of *Peanut bud necrosis virus* (PBNV). The use of cultivars with resistance to thrips is one of the most promising alternative control since it is economically and environmentally safe and can be easily integrated with other control. To achieve breeding goals, the information on genetic basis is required. Unfortunately, this information is very limited in the literature. The objectives of this study were to study genetic of resistance to thrips in peanut and to find out molecular marker linked to thrips resistance in peanut.

Two experiments were carried out. The first experiment was set up in order to determine thrips resistance and PBNV resistance and agronomic traits of a male parent (IC 34), a female parent (KK60-1), and their F_2 and F_3 progenies. Their of experiment were conducted under field and natural infection of thrips population during December 2006 to May 2007 in Kudjub district, Udon Thani province and during December 2007 to May 2008 at Khon Kaen University's Agronomic Farm. Data were recorded for thrips number, percentage of leaves showing thrips feeding scars, thrips damage visual rating (1-9), percentage of infected plant (PBND) and PBND scores (disease severity rating) at 40, 50, 60, 70 and 80 days after planting. Agronomic traits were recorded for total dry weight per plant, number of pods per plant, pod dry weight per plant, seed dry weight per plant, 100 seed weight at harvest and shelling percentage. The second experiment was conducted during April 2006 to December 2007 at Khon Kaen University's Agronomic laboratory. DNA of plant was extraction. One hundred and forty of RAPD primers, forty of AFLP

primer combinations and bulked segregant analysis (BSA) were used to identify molecular markers linked to thrips resistance in peanut.

Thrips resistance traits were controlled by multiple genes and the most appropriate times for evaluation of thrips resistance traits and disease resistance traits were between 50-60 days after planting. Broad sense heritability estimates for all thrips resistance parameters, disease resistance and agronomic traits varied from moderate to high but narrow sense heritability estimates were low for all characters, this indicates that breeding program for thrips resistance and disease resistance for this population can not to succeed by early generation selection. Correlation between thrips damage visual rating and thrips number, thrips damage visual rating and percentage of leaves showing thrips feeding scars and PBND incidence and PBND score were highly significant and positive. Moderate correlations were observed between thrips resistance traits and disease resistance traits. Correlations between thrips resistance parameters and agronomic traits and disease resistance parameters and agronomic traits were generally low except for correlations between thrips number and pod dry weight per plant, seed dry weight per plant and 100 seed weight at harvest that showed rather moderate and positive correlations. The moderate association of these traits indicates that selection for lower thrips number will result in lower pod dry weight per plant, seed dry weight per plant and 100 seed weight at harvest. Out of 140 RAPD primers, the primer $OPG16_{850}$ was polymorphic between resistant and susceptible parents, and out of 40 AFLP primer combinations, twelve primers were polymorphic. The polymorphic primers were tested with bulked segregating F_2 populations and the results did not show any linkage between the primers with thrips resistance traits. However, possible to find out molecular marker linked to thrips resistance more primer should be performed for selection.