219347

แสงชัย ศรีประโคน 2552: การจำแนกและจัดกลุ่มเชื้อแบคทีเรียสาเหตุโรคขอบใบแห้ง (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) และการบ่งชี้ตำแหน่งยีนต้านทานในข้าวพื้นเมืองพันธุ์เชียงรุ้ง (*Oryza sativa* L.) ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิจัยและพัฒนาการเกษตร) สาขาวิชาวิจัยและพัฒนาการเกษตร โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: อาจารย์พัชรินทร์ ตัญญะ, ปร.ด. 127 หน้า

รวบรวมและจำแนกเชื้อพันธุ์แบคทีเรีย *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* สาเหตุโรคขอบใบแห้งจากพื้นที่ปลูกข้าวในภาคกลาง เหนือและอิสานจำนวน 150 สายพันธุ์ (isolate) โดยคัดเลือกเชื้อสาเหตุจำนวน 90 สายพันธุ์ เพื่อประเมินความรุนแรงของการเกิดโรคในข้าวสายพันธุ์คู่แฝด (near isogenic lines-NILs) จำนวน 9 สายพันธุ์ที่มียีนต้านทานโรคขอบใบแห้ง *Xa3 Xa4 xa5 Xa7 xa8 Xa10 xa13 Xa14* และ *Xa21* พบว่าสามารถแบ่งกลุ่มเชื้อได้ 25 กลุ่ม ตามปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่างยีนต้านทานต่อกลุ่มเชื้อสาเหตุ ผลการทดลองพบว่ายีนต้านทาน *xa5* ให้ค่าเปอร์เซ็นต์ดัชนีความต้านทานแบบกว้าง (broad spectrum resistance, BSR) เท่ากับ 100 เปอร์เซ็นต์ สามารถแสดงความต้านทานกับทุกกลุ่มเชื้อในการทดสอบ และยีนต้านทาน *Xa4 Xa7* และ *Xa21* ให้ค่า BSR เท่ากับ 65.6, 66.7, 44.4 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ทำการคัดเลือก 13 สายพันธุ์ของเชื้อสาเหตุที่เป็นตัวแทนของกลุ่มเพื่อนำมาใช้ในการประเมินความต้านทานโรคขอบใบแห้งในข้าวพื้นเมืองจำนวน 182 สายพันธุ์ พบว่าข้าวพื้นเมืองส่วนใหญ่อ่อนแอต่อเชื้อสาเหตุ อย่างไรก็ตามมีข้าวพื้นเมืองจำนวน 13 สายพันธุ์ให้ค่า BSR สูงระหว่าง 53.8 ถึง 83.3 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ ข้าวพันธุ์ บือเปรอมือ เบือนอมู เชียงรุ้ง 502 ยากู่ เชียงรุ้ง นาปรัง พวงนาค 16 เหลือง 52 กข.6 (เมล็ดยาว) ดอกพะยอม น้ำสะกุย 19 เก้ารวง 88 และเสมอใจ โดยมีระดับความต้านทานใกล้เคียงกับข้าวสายพันธุ์คู่แฝดซึ่งมียีนต้านทานโรคขอบใบแห้ง ข้าวพื้นเมืองพันธุ์เชียงรุ้ง 502 ให้ค่าดัชนีความต้านทานโรคขอบใบแห้งสูงสุดเท่ากับ 83.3 เปอร์เซ็นต์ เมื่อตรวจสอบการถ่ายทอดลักษณะต้านทานต่อโรคขอบใบแห้งของข้าวสายพันธุ์ดังกล่าวจากคู่ผสมระหว่างเชียงรุ้ง 502/กข.6*Blast โดย chi-square test ในประชากรชั่วที่ 2 พบว่ามีการกระจายตัวของลักษณะต้านทานต่ออ่อนแอ เท่ากับ 3 ต่อ 1 บ่งชี้ว่าลักษณะต้านทานโรคขอบใบแห้งในข้าวพันธุ์เชียงรุ้ง 502 ควบคุมด้วยยีนเด่นจำนวน 1 คู่ เมื่อใช้เครื่องหมายโมเลกุล microsattelite จำนวน 96 ตำแหน่ง ตรวจสอบเพื่อสืบหาตำแหน่งของยีน โดยวิธีการรวมดีเอ็นเอ (pool DNA) 2 กลุ่ม ที่ต้านทานและอ่อนแอจากประชากรชั่วที่ 2 พบว่าเครื่องหมายโมเลกุล RM144 และ RM254 สามารถแยกความแตกต่างระหว่างกลุ่มต้านทานและอ่อนแอได้ โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอทั้งสองสามารถอธิบายความแปรปรวนในลักษณะความต้านทานได้ 53.3 และ 60.5 เปอร์เซ็นต์ และแสดงความสัมพันธ์กับลักษณะดังกล่าวอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง เครื่องหมายโมเลกุลทั้งสองวางตัวอยู่บนโครโมโซม 11 และอยู่ใกล้กับตำแหน่งยีนต้านทาน *Xa3 Xa4 Xa(t)* และ *Xa22*

Saengchai Sriprakhon 2009: Identification and Geographical Distribution of Bacterial Leaf Blight Isolates (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) and Tagging Resistance Genes in a Landrace Rice cv. Chiang Rung (*Oryza sativa* L.). Master of Science (Agricultural Research and Development), Major Field: Agricultural Research and Development, Interdisciplinary Graduate Program. Thesis Advisor: Ms. Patcharin Tanya, Ph.D. 127 pages.

Ninety isolates of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) were collected from three major rice growing regions of Thailand and used for the genetic diversity and their distribution studies. Twenty-five pathogenic groups were classified based on pathogenicity against 9 near-isogenic lines that carried a series of known resistance gene: *Xa3, Xa4, xa5, Xa7, xa8, Xa10, xa13, Xa14* and *Xa21*. The recessive resistance gene *xa5* showed the broadest spectrum of BB resistance. Resistant genes *Xa4, Xa7* and *Xa21* were shown 65.6, 66.7 and 44.4 % BSR respectively. Thirteen BLB isolates were used to evaluate BB resistance in 182 landrace rice cultivars. Thirteen landrace cultivars, Beu Reu Meu, Beun Umeu, Chiang Rung 502, Yaa Gou, Chiang Rung, Na Prang, Puang Nak 16, Leung 52, KorKoh 6 (Maled Yaw), Dok Payom, Nam Sugui 19, Gao Ruang 88 and Sameu Gai, shown high level of BB resistance against broad spectrum of isolates. BSR percentage of these cultivars ranged from 53.8 to 83.3 % in which their resistance levels are similar to some of from the near-isogenic lines. Chiang Rung 502 (CR502) showed the highest BB resistance. The inheritance of BB resistance of CR502 was determined using a F_2 population derived from a cross between CR502 and RD6-blast. Phenotypic ratio of resistant : susceptible plants were 3 : 1 indicated a single dominant gene underlying the BB resistance in CR502. Ninety-six polymorphic microsattelite markers were screened two DNA pools (resistant and susceptible) to identify genomic location of BB resistant gene. Two markers, RM144 and RM254 clearly discriminated the resistant and susceptible phenotypes and explained 53.3 and 60.5 % of BB resistance reaction in the F_2 population. These markers were located on chromosome 11 where *Xa3*, *Xa4*, *Xa(t)* and *Xa22* were previously reported.