



รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

การตรวจค้นจีโนมข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยเพื่อหาเชิงต้านทานโรคเชื้อรำไบไหม้
และปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มีเชิงต้านทานต่อเชื้อรำไบไหม้
สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย

Genome scan for rice blast resistance genes in landrace Thai rice
and disease spectrum of rice blast resistance genes to
Magnaporthe grisea strains in Thailand

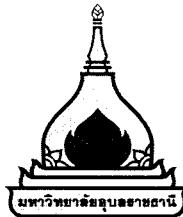
โดย

ผศ. ดร. สุรีพร เกตุงาม

ผศ. ดร. ชัชวาล จันทรารัตน์

คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

กันยายน พ.ศ. 2555



รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

การตรวจค้นจีโนมข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยเพื่อหาเชิงต้านทานโรคเชื้อร้าใบใหม้
และปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มีเชิงต้านทานต่อเชื้อร้าใบใหม้
สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย

Genome scan for rice blast resistance genes in landrace Thai rice
and disease spectrum of rice blast resistance genes to
Magnaporthe grisea strains in Thailand

คณะผู้วิจัย

ผศ. ดร. สุรีพร เกตุงาม
คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

ผศ. ดร. ชัชวาล จันทรารุสิยารัตน์
คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

โครงการวิจัยนี้ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
ประจำปีงบประมาณ พ.ศ. 2552 - 2553

(ความเห็นในรายงานนี้เป็นของผู้วิจัย ม.อ.บ. ไม่จำเป็นต้องเห็นด้วยเสมอไป)

บทสรุปผู้บริหาร

โรคใบไบเม็ข้าว (Rice blast) จัดเป็นปัญหาสำคัญหนึ่งของการผลิตข้าวทั่วโลก มีสาเหตุมาจากการเข้าร้าย *Magnaporthe grisea* ซึ่งมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง สามารถทำลายต้นข้าวได้ทุกระยะของการเจริญเติบโต ประเทศไทยตั้งอยู่ในบริเวณความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าว การได้มาและการเก็บรักษาพันธุ์ข้าวป่าและข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มียืนสำคัญทางเศรษฐกิจโดยเฉพาะยืนต้นทานโรคใหม่ถือได้ว่าเป็นการรักษาแหล่งพันธุกรรมข้าวที่สำคัญ ดังนั้นวัตถุประสงค์ของงานวิจัยนี้ เพื่อ 1) สำรวจและค้นหายืนที่ควบคุมลักษณะความต้านทานต่อโรคเชื้อร้าใบไบเม็ข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย เพื่อใช้เป็นแหล่งของยืนชนิดใหม่ๆที่สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวของประเทศ 2) ศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองทางโรคพืชของข้าวที่มียืนต้นทานโรค (*Pi9*) กับเชื้อร้าโรคใบไบเม็สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย และ 3) ศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองทางโรคพืชของข้าวพื้นเมืองไทยที่มียืนต้นทานโรคใหม่ต่อเชื้อร้าโรคใบเม็สายพันธุ์ ต่าง ๆ ในประเทศไทย

จากการตรวจค้นจีโนมข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยเพื่อหา>yínต้นทานโรคใหม่จำนวน 10 ยืน ประกอบด้วยยืน *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi1(t)*, *Pid3*, *Pi2(t)*, *Pi54*, และ *Pigm(t)* ในข้าวพื้นเมืองไทย รวม 201 พันธุ์ ประกอบด้วย พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 19 พันธุ์ พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 38 พันธุ์ พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 144 พันธุ์ (ข้าวนานาชนิด 99 และข้าวป่า 45 พันธุ์ ตามลำดับ) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนาตรงตำแหน่งยืน (gene specific markers) จำนวน 8 เครื่องหมาย ได้แก่ *pB8-Pi9(Pi9)*, *NBS2-Pi9(Pi9)*, *Pi-d2*, *Pi-ta*, *Pibdom (Pib)*, *Pi-d3Cap1 (Pi-d3)*, *Pi-d3Cap2 (Pi-d3)*, และ *Pi54indel (Pi54)* และเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับยืนต้นทานโรคใหม่ จำนวน 6 เครื่องหมาย ได้แก่ *R36STS (Pi36)*, *RM1233 [Pi1(t)]*, *SSR140 [Pi2(t)]*, *Pi54SSR (Pi54)*, *Pigm(t)C5483*, และ *Pigm(t)S29742 [Pigm(t)]* พบว่า

1. ยืนต้นทานโรคใหม่ *Pi9* ซึ่งมีตำแหน่งอยู่ใกล้กับบริเวณเซนโทรเมียร์ของโครโมโซมคู่ที่ 6 และได้รับการถ่ายทอดมาจากข้าวป่า (*Oryza minuta*) เป็นยืนที่สามารถต้านทานต่อเชื้อร้าโรคใหม่ได้หลากหลายสายพันธุ์ (broad-spectrum resistance) จากการค้นหายืน *Pi9* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *NBS2-Pi9-195-1* ซึ่งเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ตรงตำแหน่งยืน *Pi9* พบร้อย่างข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้นทานโรคใหม่ *Pi9* จำนวน 57 พันธุ์ คิดเป็น 28.36 เปอร์เซ็นต์ของข้าวพื้นเมืองที่ศึกษาทั้งหมด พบมากในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 47 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 10 พันธุ์ และไม่พบยืนต้นทานโรคใหม่ *Pi9* ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ที่ทำการศึกษาครั้งนี้



2. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2* มีตำแหน่งอยู่บน centromere ของโครโมโซมคู่ที่ 6 มีโครงสร้างของโปรตีนเป็นน้ำตาลmannose สักขั้งกับแลคตินอยู่ภายนอกเซลล์ (a bulb-type mannose specific binding lectin, B-lectin) และในส่วนภายในเซลล์มีโครงสร้าง serine-threonine kinase domain โดยข้าวที่มีแอล ลีลต้านทานและข้าวที่แอลลีลไม่ต้านทานมีลำดับกรดอะมิโนแตกต่างกันเพียงหนึ่งตำแหน่งคือ ตำแหน่ง 441 จากการศึกษาพบว่ามีข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2* จำนวน 137 พันธุ์ คิดเป็น 68.16 เปอร์เซ็นต์ ของข้าวพื้นเมืองที่ใช้ศึกษาทั้งหมด โดยพบมากในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 96 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 37 พันธุ์ และข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 4 พันธุ์ และเมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาเปรียบเทียบ (BLAST) กับฐานข้อมูล NCBI ได้ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ตรงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืน *Pi-d2* ซึ่งเป็นส่วนของโปรตีน B-lectin receptor kinase ในฐานข้อมูล

3. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi36* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง สามารถต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ในประเทศไทยได้หลายสายพันธุ์ มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 8 อยู่ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS มีโครงสร้างโปรตีนของยืนต้านทานโรคเป็นแบบ nucleotide binding site (NBS) และ leucine rich repeat (LRR) จากการค้นหา yืนต้านทานโรคใหม่ *Pi36* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS พบข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทาน จำนวน 120 พันธุ์ เป็นแอลลีล A จำนวน 18 พันธุ์ และอัลลีล B จำนวน 102 พันธุ์ คิดเป็น 59.70 เปอร์เซ็นต์ของข้าวที่ศึกษา และพบ yืนต้านทานโรคใหม่ *Pi36* ในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 74 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 28 พันธุ์ และ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 18 พันธุ์

4. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 12 ใกล้ชิดกับตำแหน่งเซนโทรเมียร์ มีถิ่นกำเนิดในข้าวอินเดีย มีโครงสร้างโปรตีนของยืนต้านทานโรคแบบ nucleotide binding site (NBS) และ leucine rich repeat (LRR) จากการค้นหา yืน *Pi-ta* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ตรงตำแหน่ง yืน พบแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวที่ใช้ศึกษาจำนวน 57 พันธุ์ คิดเป็น 28.36 เปอร์เซ็นต์ของข้าวพื้นเมืองที่ศึกษาทั้งหมด โดยพบในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 38 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 19 พันธุ์ แต่ไม่พบ yืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ

5. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-b* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 2 สามารถต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในญี่ปุ่นได้หลายสายพันธุ์ และเป็นยืนต้านทานโรคใหม่ยืนแรกที่ได้รับการโคลนยืน ต่อมามีพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pibdom เพื่อใช้ประโยชน์ในการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-b* โดยพบ yืน *Pi-b* ในข้าวที่ใช้ศึกษาจำนวน 75 พันธุ์ คิดเป็น 37.31 เปอร์เซ็นต์ของข้าวที่ใช้ศึกษาทั้งหมด พบมากในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 61 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ 8 พันธุ์ และ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ 6 พันธุ์

6. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-1(t)* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum resistance) มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 11 ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 จากการศึกษาพบพันธุ์ข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-1(t)* จำนวน 10 พันธุ์ คิดเป็น 5 เปอร์เซ็นต์ของข้าวพื้นเมืองที่ศึกษาทั้งหมด พบมากในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 6 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 2 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคใต้ 2 พันธุ์

7. ยืน *Pid3* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง พบมากในข้าวอินดิเก่า มีโครงสร้างโปรตีนต้านทานโรคเป็นแบบ Nucleotide-binding site – Leucine rich repeat (NBS-LRR) ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pid3-dCAPS-1* และ *Pid3-dCAPS-2* จากการค้นหา>yin *Pi-d3* โดยใช้ *Pid3-dCAPS-1* และ *Pid3-dCAPS-2* พบข้าวพื้นเมืองมียืน *Pi-d3* จำนวน 155 พันธุ์ และ 184 พันธุ์ ตามลำดับ คิดเป็น 77.11 เปอร์เซ็นต์ และ 91.54 เปอร์เซ็นต์ ของข้าวพื้นเมืองที่ศึกษาทั้งหมด ตามลำดับ โดยพบในข้าวพื้นเมืองอีสานมากที่สุด จำนวน 107 พันธุ์ และ 137 พันธุ์ ตามลำดับ ที่น่าสนใจ คือ ตรวจพบ>yin *Pid3* ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ที่ทำการศึกษารังน้ำทุกพันธุ์ จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* บนฐานข้อมูล NCBI ระหว่างข้าวที่มีแอลลีลต้านทานและไม่ต้านทาน พบว่ามีความแตกต่างกัน 1 ตำแหน่ง โดยพบลำดับนิวคลีโอไทด์ C ในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* และพบลำดับนิวคลีโอไทด์ T ในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน เมื่อนำมาลำดับนิวคลีโอไทด์มาเปลี่ยนเป็นกรดอะมิโน และเปรียบเทียบกับลำดับกรดอะมิโนของ>yin *Pi-d3* บนฐานข้อมูล NCBI (FJ773285 (*Pid3-9311*)) พบว่า การเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์จาก C เป็น T ในข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน (*pi-d3*) ส่งผลให้เกิดการกลายพันธุ์เป็นรหัสหยุดก่อนกำหนด (nonsense mutation) ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Shang et al., (2009) และ Chen et al., (2011) ซึ่งรายงานว่า ปกติยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* จะสังเคราะห์กรดอะมิโนทั้งสิ้น 924 ตัว ซึ่งจะพบในข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของ>yin *Pi-d3* แต่ในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทานจะสามารถสังเคราะห์กรดอะมิโนได้เพียง 737 ตัว เนื่องจากเกิดการกลายพันธุ์เป็นรหัสหยุดก่อนกำหนด อีกทั้งการกลายพันธุ์ดังกล่าวยังเกิดขึ้นที่บริเวณ Leucine-rich repeats ทำให้การสร้าง Leucine-rich repeats โปรตีนไม่สมบูรณ์จึงทำให้ข้าวสูญเสียความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่

8. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-2(t)* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum blast resistance) ขนาดข้าง (flanking markers) ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 และ RFLP JSH12 โดยมีตำแหน่งห่างจากเครื่องหมาย SSR140 ประมาณ 0.9 cM เมื่อนำมาค้นหา>yin *Pi-2(t)* ในข้าวพื้นเมืองโดยใช้เครื่องหมาย SSR140 พบข้าวพื้นเมืองที่มี>yin *Pi-2(t)* จำนวน 131 พันธุ์ คิดเป็น 65.17 เปอร์เซ็นต์ของข้าวพื้นเมืองที่ศึกษาทั้งหมด โดยพบมากในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 122 พันธุ์ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 8 พันธุ์ และ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 1 พันธุ์



9. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* (*Pi-k^h*) มีตำแหน่งอยู่บนแขนงข้างขวาของโครโนมโซมคู่ที่ 11 มีโครงสร้างโปรตีนเป็นแบบ Nucleotide-binding site leucine rich repeat (NBS-LRR) สามารถต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุของโรคใบไหม้ได้หลายสายพันธุ์ มีตำแหน่งใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM206 และ *Pi54-indel* (MAS) จากการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54-indel(MAS)* ซึ่งเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนาจากยืน *Pi54* โดยตรวจสอบหายืน *Pi54* ในข้าวพื้นเมือง พบพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มียืน *Pi54* จำนวน 10 พันธุ์ ซึ่งเป็นข้าวไร่พื้นเมืองจากภาคเหนือ และไม่พบยืน *Pi54* ในข้าวพื้นเมืองอีสาน และข้าวพื้นเมืองภาคใต้ที่ทำการศึกษาครั้งนี้

10. ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* พบครั้งแรกในข้าวสายพันธุ์ Gumei 4 ของประเทศไทย เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง อยู่ระหว่างเครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 และ C0428 บนโครโนมโซม 6 จัดอยู่ในกลุ่มของยืนต้านทานโรคชนิด Nucleotide-binding site – Leucine rich repeat (NBS-LRR) จากการค้นหา>yืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* ในข้าวพื้นเมืองโดยใช้เครื่องหมาย C5483 พบแลลี ลด้านหนาของยืน *Pigm(t)* ในข้าวจำนวน 198 พันธุ์ คิดเป็น 98.51 เปอร์เซ็นต์ของข้าวพื้นเมืองที่ตรวจสอบทั้งหมด พบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* มากในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 144 พันธุ์ และเมื่อตรวจสอบโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ S29742 พบพันธุ์ข้าวมียืน *Pigm(t)* จำนวน 146 พันธุ์ คิดเป็นร้อยละ 72.64 ของข้าวพื้นเมืองที่ตรวจสอบทั้งหมด พบมากในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 100 พันธุ์

เมื่อศึกษาการกระจายตัวของยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองภาคต่างๆ พบว่าข้าวพื้นเมืองที่นำมาตรวจสอบมียืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* มากที่สุด จำนวน 198 พันธุ์ คิดเป็นร้อยละ 98.51 ของข้าวพื้นเมืองทั้งหมด รองลงมา ได้แก่ ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pid3*, *Pi-d2*, *Pi-2(t)*, *Pi36*, *Pib*, *Pi9*, *Pi-ta*, *Pi-1(t)* และ *Pi54* ในพันธุ์ข้าวพื้นเมือง จำนวน 155, 137, 131, 120, 75, 57, 57, 36 และ 10 พันธุ์ ตามลำดับ คิดเป็นร้อยละ 77.11, 68.16, 65.17, 59.70, 37.31, 28.36, 28.36, 17.91 และ 4.98 ของข้าวพื้นเมืองที่ทำการศึกษาทั้งหมด ตามลำดับ และจะพบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)*, *Pi36*, *Pi9* และ *Pi54* ในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือมากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 94.74, 84.21, 52.63, และ 52.63 ของข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือที่ทำการศึกษา ตามลำดับ ส่วนข้าวพื้นเมืองในภาคตะวันออกเฉียงเหนือจะพบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)*, *Pi2* และ *Pib*มากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 100, 84.72 และ 42.36 ของข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือที่ทำการศึกษาตามลำดับ และในข้าวพื้นเมืองภาคใต้พบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pid3* และ *Pigm(t)* ในทุกพันธุ์ที่ทำการตรวจสอบ และพบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2* และ *Pita* รองลงมา คิดเป็นร้อยละ 97.37 และ 50.00 ของข้าวพื้นเมืองภาคใต้ที่ทำการศึกษา ตามลำดับ



จากการตรวจค้นยืนต้านทานโรคใหม่ในจังหวัดพื้นเมืองไทยจำนวน 10 จังหวัดในการศึกษาครั้งนี้ พบว่า ข้าวพื้นเมืองพันธุ์อีปิง (Gs.3372) ซึ่งเป็นข้าวนานาส่วนพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือมียืนต้านทานโรคใหม่มากที่สุด จำนวน 9 จังหวัด ได้แก่ Pi1(t), Pi2(t), Pi9, Pi36, Pi-d2, Pi-d3, Pi-ta, Pib และ Pigm(t) รองลงมาคือ พันธุ์หอมมะลิ (Gs.18419; L97) มียืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 8 จังหวัด ได้แก่ Pi1(t), Pi2(t), Pi9, Pi-d2, Pi-d3, Pi-ta, Pib และ Pigm(t) และ พันธุ์หัววยแล้ง (U50) พันธุ์ขี้ต้ม ข้าว 222-42-5 (Gs.598; L30) พันธุ์พานทอง (Gs.3375; L55) พันธุ์ข้าวหอม (Gs.4829; L81) และ พันธุ์กะทิ (Gs.5565; L89) ซึ่งมียืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 7 จังหวัด แตกต่างกันไป ตามลำดับ

การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ *Magnaporthe grisea* จำนวน 8 ไอโซเลท ที่เก็บรวบรวมมาจากพื้นที่ต่างๆ ในประเทศไทย ได้แก่ BAG1.4, BAG2.4, BAG3.5, BAG4.4, BAG5.4, BAG7.2, BAG8.5 และ BAG9.2 โดยศึกษาในข้าว 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์นิบปอนบาร์ พันธุ์นิบปอนบาร์ที่มียืน Pi9 และพันธุ์ข้าวดอกมะลิ 105 พบว่าข้าวพันธุ์นิบปอนบาร์ที่มียืน Pi9 สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ได้ทั้ง 8 ไอโซเลท ข้าวนิบปอนบาร์ที่เป็นข้าวพันธุ์เปรียบเทียบมาตรฐานที่ไม่มียืนต้านทานโรค Pi9 สามารถต้านทานได้ 7 ไอโซเลท ยกเว้น ไอโซเลท BA8.5 ส่วนพันธุ์ข้าวข้าวดอกมะลิ 105 สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ระดับปานกลางได้ 3 ไอโซเลท คือ BAG2.4, BAG3.5 และ BAG4.4 ที่เหลืออีก 4 ไอโซเลท ไม่สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ได้ ซึ่งอาจเป็นไปได้ว่าเชื้อ *M. grisea* แต่ละไอโซเลทในประเทศไทยมีความจำเพาะเจาะจงในการเข้าทำลายข้าวอินดิกา (พันธุ์ข้าวดอกมะลิ 105) มากกว่าข้าวขาวปอนบาร์ (พันธุ์นิบปอนบาร์) จากผลการศึกษาสามารถสรุปได้ว่าเชื้อราโรคใหม่ในประเทศไทยที่ทำการศึกษาระดับนี้ไม่สามารถเข้าทำลายข้าวขาวปอนบาร์ที่มียืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ซึ่งเป็นยืนต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่แบบกว้างได้

การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 28 พันธุ์ โดยใช้เชื้อ *M. grisea* จำนวน 10 ไอโซเลท ที่เก็บรวบรวมจากท้องที่ปลูกข้าวต่างๆ ในประเทศไทย พบว่าข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่สามารถต้านทานโรคใหม่ในระดับสูง (R) ได้จำนวน 14 พันธุ์ ประกอบด้วยข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ ข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 10 พันธุ์ และ 3 พันธุ์ และ 1 พันธุ์ ตามลำดับ และข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ สามารถต้านทานโรคใหม่ในระดับปานกลาง (MR) ได้จำนวน 5 พันธุ์ ซึ่งเป็นข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ ทั้งหมด และ ไม่ต้านทาน (S) จำนวน 7 พันธุ์ ประกอบด้วยข้าวพื้นเมืองภาคใต้และข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 5 พันธุ์ และ 2 พันธุ์ ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์การลดด้อยเชิงเส้นพหุคุณ (multiple regression analysis) ของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่และปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อ *M. grisea* พบว่า ลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่เกิดขึ้นเป็นผลมาจากการทำงานเสริมกันของยืนต้านทานโรคใหม่หลายรายชื่อ โดยยืน Pi9 และ Pi54 มีอิทธิพลต่อลักษณะการต้านทานโรคใหม่มากที่สุด

และเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54SSR และ NBS2Pi9 มีความสัมพันธ์กับลักษณะต้านทานโรคใหม่อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ (R^2) เท่ากับ 20.86 และ 20.33 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ เมื่อนำข้อมูลมาจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่โดยอาศัยค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมของ Dice พบร่วงสามารถจัดกลุ่มพันธุกรรมได้ 6 กลุ่ม โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวที่ต้านทานโรคใหม่ส่วนใหญ่จะมียืน Pi9 และ Pi54

ผลการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพของการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอในการสืบค้นยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองไทย ซึ่งผลจากการศึกษาแสดงให้เห็นถึงคุณค่าของข้าวพื้นเมือง ซึ่งเป็นแหล่งพันธุกรรมที่สำคัญของยืนต้านทานโรคใหม่ ดังนั้นจึงควรมีการเก็บรักษา และอนุรักษ์ข้าวพื้นเมืองเหล่านี้เอาไว้เพื่อไม่ให้สูญหายไปจากประเทศไทย เพื่อใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมสำหรับปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ได้อย่างยั่งยืนต่อไปในอนาคต

คำสำคัญ: ยืนต้านทานโรคใหม่ ข้าวพื้นเมือง การตรวจค้นจีโนมข้าว เครื่องหมายดีเอ็นเอ



กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบคุณมหาวิทยาลัยอุบลราชธานีที่ให้การสนับสนุนทุนอุดหนุนการวิจัย งบประมาณ แผ่นดิน ปี 2552 และ 2553 ภายใต้แผนงานสนับสนุนด้านวิทยาศาสตร์ เทคโนโลยี วิจัย และ นวัตกรรม งานวิจัยเพื่อสร้างองค์ความรู้ รหัส 14706 ขอขอบคุณศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี กรมการ ข้าว ที่ให้ความอนุเคราะห์พันธุ์ข้าวพื้นเมือง และข้าวพันธุ์ปรับปรุง ส่วนใหญ่ที่ใช้ในงานวิจัยครั้งนี้ ขอขอบคุณหน่วยปฏิบัติการค้นหาและใช้ประโยชน์จากยืนข้าว ศูนย์พันธุ์วิศวกรรมและ เทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ ที่ให้ความอนุเคราะห์พันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ ขอขอบคุณ ดร. รานี ศรีวงศ์ชัย ที่ให้ความอนุเคราะห์เชื้อสาเหตุโรคใหม่ (*Magnaporthe griseae*) บางส่วน ขอขอบคุณ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี ที่ให้การสนับสนุนสถานที่วิจัย อุปกรณ์ และ เครื่องมือที่ใช้ในงานวิจัย ท้ายสุด ขอขอบคุณทุกท่านที่มีส่วนร่วมช่วยให้งานวิจัยนี้ สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี



บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อสำรวจและค้นหาสิ่งที่ควบคุมลักษณะความต้านทานต่อโรคไข้แม่ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย เพื่อศึกษาปฏิกิริยาการตอบสนองทางโรคพืชของข้าวที่มียืนต้านทานโรคไข้แม่ *Pi9* ต่อเชื้อราโรคไข้สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย และเพื่อเพิ่มศึกษาปฏิกิริยาการตอบสนองทางโรคพืชของข้าวพื้นเมืองไทยที่มียืนต้านทานโรคไข้แม่ต่อเชื้อราโรคไข้สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย ดำเนินการตรวจค้นจีโนมข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยเพื่อหายใจต้านทานโรคไข้แม่จำนวน 10 ยืน ประกอบด้วย ยืน *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi1(t)*, *Pid3*, *Pi2(t)*, *Pi54*, และ *Pigm(t)* ในข้าวพื้นเมืองไทย รวม 201 พันธุ์ ประกอบด้วย พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 19 พันธุ์ พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 38 พันธุ์ พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 144 พันธุ์ (ขawnaswanพื้นเมือง และข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง จำนวน 99 และ 45 พันธุ์ ตามลำดับ) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนาตรงตำแหน่งยืน (gene specific markers) จำนวน 8 เครื่องหมาย ได้แก่ *pB8-Pi9* (*Pi9*), *NBS2-Pi9* (*Pi9*), *Pi-d2*, *Pi-d3Cap1* (*Pid3*), *Pi-d3Cap2* (*Pid3*), *Pi-ta* (*Pita*), *Pibdom* (*Pib*) และ *Pi54indel* (*Pi54*) และ เครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับยืนต้านทานโรคไข้แม่ จำนวน 6 เครื่องหมาย ได้แก่ *R36STS* (*Pi36*), *RM1233* [*Pi1(t)*], *SSR140* [*Pi2(t)*], *Pi54SSR* (*Pi54*), *Pigm(t)C5483* [*Pigm(t)*] และ *Pigm(t)S2974* [*Pigm(t)*] พบร่องรอยของยืนต้านทานโรคไข้แม่ *Pigm(t)* โดยพบในข้าวพื้นเมือง จำนวน 198 พันธุ์ คิดเป็นร้อยละ 98.51 ของข้าวพื้นเมืองทั้งหมด รองลงมา ได้แก่ ยืนต้านทานโรคไข้แม่ *Pid3*, *Pi-d2*, *Pi-2(t)*, *Pi36*, *Pib*, *Pi9*, *Pi-ta*, *Pi-1(t)* และ *Pi54* ในพันธุ์ข้าวพื้นเมือง จำนวน 155, 137, 131, 120, 75, 57, 57, 36 และ 10 พันธุ์ ตามลำดับ คิดเป็นร้อยละ 77.11, 68.16, 65.17, 59.70, 37.31, 28.36, 28.36, 17.91 และ 4.98 ของข้าวพื้นเมืองที่ทำการศึกษาทั้งหมด ตามลำดับ และจะพบยืนต้านทานโรคไข้แม่ *Pi1(t)*, *Pi36*, *Pi9* และ *Pi54* ในในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือมากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 94.74, 84.21, 52.63 และ 52.63 ของข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือที่ทำการศึกษาตามลำดับ ส่วนข้าวพื้นเมืองในภาคตะวันออกเฉียงเหนือจะพบยืนต้านทานโรคไข้แม่ *Pigm(t)*, *Pi2(t)* และ *Pib* มากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 100, 84.72 และ 42.36 ของข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือที่ทำการศึกษาตามลำดับ และในข้าวพื้นเมืองภาคใต้พบยืนต้านทานโรคไข้แม่ *Pid3* และ *Pigm(t)* ในทุกพันธุ์ที่ทำการตรวจสอบ และพบยืนต้านทานโรคไข้แม่ *Pi-d2* และ *Pita* รองลงมา คิดเป็นร้อยละ 97.37 และ 50.00 ของข้าวพื้นเมืองภาคใต้ที่ทำการศึกษา ตามลำดับ จากการตรวจค้นจีโนมยืนต้านทานโรคไข้แม่ในข้าวพื้นเมืองไทยจำนวน 10 ยืน ในการศึกษารังนี้ พบร่องรอยของข้าวพื้นเมืองพันธุ์อีปิง (Gs.3372) ซึ่งเป็นขawnaswanพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือมียืนต้านทานโรคไข้แม่มากที่สุด จำนวน 9 ยืน ได้แก่ *Pi1(t)*, *Pi2(t)*, *Pi9*, *Pi36*, *Pi-d2*, *Pi-d3*, *Pi-ta*, *Pib* และ *Pigm(t)*



การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียีนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* ต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ *Magnaporthe grisea* จำนวน 8 ไอโซเลท ที่เก็บรวบรวมมาจากพื้นที่ต่างๆ ในประเทศไทย ได้แก่ BAG1.4, BAG2.4, BAG3.5, BAG4.4, BAG5.4, BAG7.2, BAG8.5 และ BAG9.2 โดยศึกษาในข้าว 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์นิบปอนบาร์ พันธุ์นิบปอนบาร์ที่มียีน *Pi9* และพันธุ์ข้าวคอกมะลิ 105 พบว่าข้าวพันธุ์นิบปอนบาร์ที่มียีน *Pi9* สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ได้ทั้ง 8 ไอโซเลท จากผลการศึกษาสามารถสรุปได้ว่าเชื้อราโรคใหม่ในประเทศไทยที่ทำการศึกษาครั้งนี้ไม่สามารถเข้าทำลายข้าวข้าวจากอนิการพันธุ์นิบปอนบาร์ที่มียีนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* ซึ่งเป็นยีนต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่แบบกว้างได้

การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มียีนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 28 พันธุ์ โดยใช้เชื้อ *M. grisea* จำนวน 10 ไอโซเลท ที่เก็บรวบรวมจากห้องท่องที่ปลูกข้าวต่างๆ ในประเทศไทย พบว่าข้าวพื้นเมืองที่มียีนต้านทานโรคใหม่สามารถต้านทานโรคใหม่ในระดับสูง (R) ได้จำนวน 14 พันธุ์ ประกอบด้วยข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ ข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 10 พันธุ์ และ 3 พันธุ์ และ 1 พันธุ์ ตามลำดับ และข้าวพื้นเมืองที่มียีนต้านทานโรคใหม่สามารถต้านทานโรคใหม่ในระดับปานกลาง (MR) ได้จำนวน 5 พันธุ์ ซึ่งเป็นข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ ทั้งหมด และ ไม่ต้านทาน (S) จำนวน 7 พันธุ์ ประกอบด้วยข้าวพื้นเมืองภาคใต้และข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 5 พันธุ์ และ 2 พันธุ์ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์การถดถอยเชิงเส้นพหุคุณ (multiple regression analysis) ของข้าวพื้นเมืองที่มียีนต้านทานโรคใหม่และปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อ *M. grisea* พบว่า ลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่เกิดขึ้นเป็นผลมาจากการทำงานเสริมกันของยีนต้านทานโรคใหม่หลายยีน โดยยีน *Pi9* และ *Pi54* มีอิทธิพลต่อลักษณะการต้านทานโรคใหม่มากที่สุด และเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54SSR* และ *NBS2Pi9* มีความสัมพันธ์กับลักษณะต้านทานโรคใหม่อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยมีค่า R^2 เท่ากับ 20.86 และ 20.33 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ เมื่อนำข้อมูลมาจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีนต้านทานโรคใหม่โดยอาศัยค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมของ Dice พบว่าสามารถจัดกลุ่มพันธุกรรมได้ 6 กลุ่ม โดยกลุ่มพันธุ์ข้าวที่ต้านทานโรคใหม่ ส่วนใหญ่จะมียีน *Pi9* และ *Pi54*

ผลการศึกษาระบบนี้แสดงให้เห็นว่า ข้าวพื้นเมืองไทยเป็นแหล่งพันธุกรรมของยีนต้านทานโรคใหม่ที่สำคัญ เหมาะสมที่จะนำมาใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ ต่อไป ดังนั้นจึงควรอนุรักษ์ข้าวพื้นเมืองเหล่านี้เอาไว้เพื่อไม่ให้สูญหายไปจากประเทศไทย

คำสำคัญ: ยีนต้านทานโรคใหม่ ข้าวพื้นเมือง การตรวจคัดวินิมข้าว เครื่องหมายดีเอ็นเอ



Abstract

The objectives of this research were to investigate and to identify rice blast resistant genes in landrace Thai rice varieties as well as to evaluate disease spectrum of rice varieties containing *Pi9* resistant gene to rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*, isolates in Thailand and also to evaluate the disease spectrum of landrace Thai rice varieties containing blast resistant genes to rice blast fungus isolates in Thailand. Ten rice blast resistant genes including *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi(t)*, *Pid3*, *Pi2(t)*, *Pi54*, and *Pigm(t)* were screened in 201 landrace Thai rice varieties: 19 from the North, 38 from the South and 144 from the Northeast regions of Thailand (consisted 99 rainfed lowland and 45 floating rice varieties) using 8 gene specific markers (pB8-Pi9, NBS2-Pi9, Pi54indel, Pi-d2, Pi-d3Cap1, Pi-d3Cap2, Pi-ta and Pibdom) and 6 linked DNA markers (R36STS (*Pi36*), RM1233 [*Pi1(t)*], SSR140 [*Pi2(t)*], Pi54SSR (*Pi54*), *Pigm(t)C5483* [*Pigm(t)*] และ *Pigm(t)S2974* [*Pigm(t)*]).

The results showed that the majority of landrace Thai rice varieties, 198 from 201 (98.51%), contain rice blast resistant gene, *Pigm(t)*. Besides that 155 (77.11%), 137 (68.16%), 131 (65.17%), 120 (59.70%), 75 (37.31%), 57 (28.36%), 57 (28.36%), 36 (17.91%) and 10 (4.98%) varieties contain rice blast resistant gene *Pid3*, *Pi-d2*, *Pi-2(t)*, *Pi36*, *Pib*, *Pi9*, *Pi-ta*, *Pi-1(t)* and *Pi54* respectively. Our results also showed that 94.74%, 84.21%, 52.63%, and 52.63% of landrace Thai rice varieties from the North contain rice blast resistant genes, *Pi1(t)*, *Pi36*, *Pi9*, and *Pi54*, respectively. 100%, 84.72% and 42.36% of landrace Thai rice varieties from the Northeast contain rice blast resistant genes, *Pigm(t)*, *Pi2*, and *Pib*, respectively. *Pid3* and *Pigm(t)* were found in all of landrace rice varieties from the South in this study and *Pi-d2* and *Pita* were found accounted for 97.37% and 50% respectively. Our screening showed that E-pong rice variety (Gs.3372) from the Northeast is the landrace Thai rice variety containing the most rice blast resistant genes (9 genes) including *Pi1(t)*, *Pi2(t)*, *Pi9*, *Pi36*, *Pi-d2*, *Pi-d3*, *Pi-ta*, *Pib* and *Pigm(t)* in this study.

Three rice varieties: Nipponbare, Nipponbare with rice blast resistant gene, *Pi9*, and KDM105 were screened for rice blast disease reaction using 8 blast isolates collected from Thailand (BAG1.4, BAG2.4, BAG3.5, BAG4.4, BAG5.4, BAG7.2, BAG8.5 and



BAG9.2). Nipponbare with *Pi9* gene showed resistant reaction to all 8 blast isolates tested. From the results, it is suggested that rice blast resistant gene, *Pi9*, has a broad spectrum resistant to Thai blast isolates and is appropriated for rice blast resistant breeding program in Thailand.

Twenty-eight landrace Thai rice varieties containing several blast resistant genes (identified from DNA marker screening) were used for blast disease reaction rating with mixed 10 blast isolates collected in Thailand. The results revealed that 14 landrace Thai rice varieties showed resistant reaction (R). Ten, three and one varieties from the total of 14 varieties are from the North, the Northeast and the South respectively. Five landrace Thai rice varieties showed moderate resistant reaction (MR) which all comes from the North and 7 landrace Thai rice varieties showed susceptible reaction (S), 5 varieties from the South and 2 varieties from the Northeast. Multiple regression analysis between the rice blast resistant genes containing and the blast disease reaction revealed that the resistant reaction was the additive effect of several resistant genes which *Pi9* and *Pi54* have the most effect on blast resistant phenotype. DNA markers, *Pi54SSR* and *NBS2Pi9*, were statistically significant correlate with the disease reaction with R^2 equal to 20.86 and 20.33 percent respectively. The phylogenetic tree, constructed using genetic similarity calculated by DICE, showed 6 groups of landrace rice varieties which the resistant groups contain blast resistant genes, *Pi9* and *Pi54*.

The results from this study showed that landrace Thai rice varieties are an important source of blast resistant genes and they can be used in blast resistant breeding program. We should protect and preserve these valuable landrace Thai rice varieties for our sustainable rice production in Thailand.

Key words: blast resistant gene; landrace rice; rice genome screening;

DNA markers



สารบัญเรื่อง

	หน้า
บทสรุปผู้บริหาร.....	ก
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ช
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ณ
กิตติกรรมประกาศ.....	ภ
สารบัญตาราง.....	ภ
สารบัญภาพ.....	ณ
บทนำ.....	๑
ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	๑
วัตถุประสงค์ของงานวิจัย.....	๒
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการวิจัย.....	๓
การตรวจเอกสาร.....	๔
วิธีการวิจัย.....	๒๖
ผลการวิจัยและวิจารณ์.....	๔๑
พันธุ์ข้าวที่ใช้ในการศึกษา.....	๔๑
การสกัดดีเอ็นเอ.....	๕๐
การตรวจสอบยืนต้านทานโรคเชื้อรำไบไหมในข้าวพื้นเมืองโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ.....	๕๑
การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อรากาเดตุโรคใหม่..	๑๑๕
การศึกษาสหสัมพันธ์ระหว่างยืนต้านทานโรคใหม่และปฏิกริยาการตอบสนองของข้าว พื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อรากาเดตุโรคใหม่.....	๑๓๓
การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่.....	๑๓๗
สรุป.....	๑๔๓
เอกสารอ้างอิง.....	๑๔๕
ภาคผนวก.....	๑๕๔
การนำเสนอผลงานวิจัย.....	๑๖๓

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1 ยืนต้านทานโรคใหม่ และเครื่องหมายดีอี็นเอที่ใช้ในการคัดเลือก.....	20
2 พันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่จาก IRRI	21
3 ยืนต้านทานโรคใหม่ที่ได้รับการโคลนยืน และโปรตีนต้านทานโรค.....	23
4 การใช้เครื่องหมายดีอี็นเอช่วยในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่...	26
5 แสดงไฟรเมอร์ที่ใช้ในการศึกษาหา>yinที่ควบคุมลักษณะความต้านทาน โรคใหม่.....	30
6 การตรวจปริมาณการเกิดโรคเชื้อราไปใหม่ในข้าว.....	38
7 พันธุ์ข้าวที่ใช้ในการตรวจหา>yinต้านทานโรคเชื้อราไปใหม่	41
8 รายชื่อพันธุ์ข้าวที่ใช้ศึกษาและแหล่งที่มา.....	42
9 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคไปใหม่ Pi-d2 ในข้าวพันธุ์ พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอ Pi-d2 Con2F/Con2R..	52
10 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคไปใหม่ Pi9 ในข้าวพันธุ์ พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอ pb8	55
11 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคไปใหม่ Pi9 ในข้าวพันธุ์ พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมาย NBS2-Pi9-195-1.....	57
12 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคใหม่ Pi36 ในข้าวพันธุ์ พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอ R36STS	60
13 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคไปใหม่ Pi-ta ในข้าวพันธุ์ พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอที่จำเพาะกับ>yin Pi-ta...	62
14 รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมาวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ>yinต้านทานโรคใหม่ Pi-ta.....	64
15 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคไปใหม่ Pib ในข้าวพันธุ์ พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอที่จำเพาะกับ>yin Pib.....	68
16 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคไปใหม่ Pi1(t) ในข้าวพันธุ์ พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอ RM1233	71
17 การกระจายตัวของแอลลีลของ>yinต้านทานโรคไปใหม่ Pi-d3 ในข้าวพันธุ์ พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอที่จำเพาะกับ>yin Pi-d3..	75



สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
18	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม้ <i>Pi-d3</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ <i>Pid3-dCAPS-2</i>	76
19	รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมาวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-d3</i>	78
20	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม้ <i>Pi2(t)</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ <i>SSR140</i>	81
21	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม่ <i>Pi54</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ <i>Pi54SSR</i>	83
22	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม่ <i>Pi54</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ <i>Pi54-indel</i> (<i>Pi54MAS</i>).....	84
23	รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมาวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi54</i>	85
24	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม้ <i>Pigm(t)</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ <i>CAP marker-C5483</i>	91
25	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม้ <i>Pigm(t)</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ <i>Indel S29742</i>	94
26	รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมาวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ <i>Pigm(t)</i>	92
27	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi9, Pi-d2, Pi36, Pi-ta, Pib, Pi1(t), Pi2(t), Pi-d3, Pi54</i> และ <i>Pigm(t)</i> ที่พบในข้าวพื้นเมืองจากภาคเหนือ ภาคอีสาน และภาคใต้.....	94
28	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta, Pib, Pi1(t), Pi9</i> และ <i>Pi2(t)</i> ที่พบในข้าวป่า.....	106
29	การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta, Pib, Pi1(t), Pi2(t), Pi-d3, Pi54, Pi9</i> และ <i>Pigm(t)</i> ที่พบในข้าวพันธุ์ปรับปรุงต้านทานโรคใหม่....	108



สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
30 สรุปการตรวจค้นจีโนมข้าวพื้นเมืองเพื่อยืนยันต้านทานโรคใหม่ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ แสดงจำนวนพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi9, Pi-d2, Pi36, Pi-ta, Pib, Pi1(t), Pid3, Pi2(t), Pi54,</i> และ <i>Pigm(t)</i> แยกตามแหล่งที่มาของข้าวพื้นเมืองจากภาคต่างๆของไทย และ เปรียบเทียบเป็นเปอร์เซ็นต์ของข้าวพื้นเมืองจากภาคต่างๆที่มียืนดังกล่าว	114
31 แสดงสายพันธุ์ของเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ที่เก็บรวบรวมจากห้องท่องปลูกข้าวต่างๆในประเทศไทย พ.ศ. 2553 จำนวน 10 ไอโซเลท.....	115
32 รายชื่อเชื้อราโรคใบใหม่ <i>M. grisea</i> ที่ได้รับการอนุเคราะห์ จาก ดร.รานี ศรีวงศ์ชัย ที่เก็บรวบรวมจากแหล่งปลูกข้าวต่างๆในประเทศไทยในปี 2553.....	116
33 ปฏิกริยาการตอบสนองต่อโรคของข้าวพันธุ์นิบปอนบาร์ที่มียืนต้านทานโรคใบใหม่ <i>Pi9</i> ต่อเชื้อราโรคใบใหม่ในประเทศไทยจำนวน 8 ไอโซเลท.....	119
34 แสดงจีโนไทป์ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi9, Pi54, Pi-d2, Pi-d3, Pi-ta, Pib, Pigm(t), Pi1(t), Pi2(t)</i> และ <i>Pi36</i> และปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่รวม 10 ไอโซเลท.....	122
35 แสดงระดับความรุนแรงของโรคใบใหม่ในข้าว จำนวน 29 พันธุ์.....	124
36 แสดงกระจายตัวของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองต้านทานโรคใหม่ในแต่ละภาคของประเทศไทยตามระดับความรุนแรงของการเกิดโรคใหม่จากเชื้อสาเหตุ จำนวน 10 ไอโซเลท.....	132
37 แสดงค่าสัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ และ P-value จากการวิเคราะห์การถดถอยอย่างง่าย (single regression analysis) โดยใช้ข้อมูลจีโนไทป์ (เครื่องหมายดีเอ็นเอของยืนต้านทานโรคใหม่ 14 เครื่องหมาย) กับระดับต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง.....	134
38 แสดงค่าการ วิเคราะห์การถดถอยเชิงเส้นพหุคูณ (multiple regression analysis) ของยืนต้านทานโรคใหม่แบบต่างๆ สูงสุด 3 อันดับแรก	135



สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางผนวกที่	หน้า
1 แสดงพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีในต้านทานโรคใหม่ จำนวน 29 พันธุ์ และปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ที่ศึกษา จำนวน 10 ไอโซเลท	155
2 แสดงจำนวนข้าวพื้นเมืองต้านทานโรคใหม่ในแต่ละภาคของประเทศไทยตามระดับความต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ จำนวน 10 ไอโซเลท.....	156
3 แสดงค่าสัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ (Coefficient of determination) หรือ R^2 ค่า P value ค่า Correlation coefficient และ สมการที่ได้จากการวิเคราะห์การถดถอยเชิงเส้นพหุคุณ (multiple regression analysis) ของยืนต้านทานโรคใหม่ต่อความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง	157
4 แสดงค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรม (genetic similarity) ของข้าวพื้นเมือง จำนวน 26 พันธุ์ และข้าวพันธุ์ตรวจสอบต้านทานโรคใหม่ (B15; พันธุ์ชัยนาท และ B16; IR64) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอของยืนต้านทานโรคใหม่ (10 ยืน) จำนวน 14 เครื่องหมาย	162



สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
1 เชื้อสาเหตุ และอาการของโรคใหม้ (a) <i>Pyricularia grisea</i> (b) leaf blast (c) node blast.....	7
2 ตำแหน่งของยีนต้านทานโรคใหม้ในข้าวที่มีการรายงานเมื่อปี 2008.....	19
3 เกณฑ์การวัดระดับความรุนแรงของโรคใช้การแยกลักษณะของผลเป็น 7 ระดับ.....	37
4 ของการสเจโลเล็กโถรฟอร์ซิสแสดงจีโนมิกดีเอ็นเอของตัวอย่างพันธุ์ข้าวที่ศึกษา.....	50
5 ของการสเจโลเล็กโถรฟอร์ซิสแสดงผลการตรวจสอบดีเอ็นเอของข้าวพันธุ์พื้นเมืองแต่ละสายพันธุ์โดยใช้ไฟรเมอร์ที่จำเพาะกับยีน <i>Pi-d2</i> (<i>Pi-d2</i> Con2F/Con2R) หลังตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>Mlu</i> I M =DNA marker, NIP = Nipponbare , Lane 1-5 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลีตไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi-d2</i> และ Lane 6-10 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลีตต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi-d2</i>	52
6 แสดง sequence alignments ของข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มีแอลลีตต้านทานโรคใหม้ (R) <i>Pi-d2</i> (U55= พันธุ์เหลืองลีซอ, E132= พันธุ์เหนียวบางสี, และ E144= พันธุ์พวงเงิน) กับ พันธุ์นิพปอนบาร์ที่ไม่มีแอลลีตต้านทานโรคใหม้ (S) ของยีน <i>Pi-d2</i> แสดง A/G SNP ในตำแหน่งของเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>Mlu</i> I (ลูกศรแสดงตำแหน่งตัดจำกับเพาะของเอนไซม์ <i>Mlu</i> I ในตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มีแอลลีตต้านทานโรคใหม้ ของยีน <i>Pi-d2</i>	53
7 ของการสเจโลเล็กโถรฟอร์ซิสแสดงแบบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไฟรเมอร์ pB8 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย Lane P = ข้าว Nipponbare ที่มียีนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi9</i> (positive control), Lane 2-22 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย, M คือ 1Kb DNA ladder. ลูกศร แสดงแบบดีเอ็นเอขนาด 500 คู่เบส Lane 2, 4, 5, 6, 9 และ 20 แสดงตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลีตของยีนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi9</i>	55
8 เจโลเล็กโถรฟอร์ซิสแสดงแบบดีเอ็นเอที่มีแอลลีตต้านทานโรคใหม้ของยีน <i>Pi9</i> หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไฟรเมอร์ <i>NBS2-Pi9-195-1</i>	57



สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
9	อาการโรคเจลอิเล็กโทรฟอร์ซิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi9</i> ในข้าวป่า (A) ข้าวขึ้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน (B) และข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน (C) หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ NBS2-Pi9-195-1.....	58
10	อาการโรคเจลอิเล็กโทรฟอร์ซิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi36</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองโดยใช้ไพรเมอร์ R36STS หลังนำ PCR product มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>HinfI</i> [M =DNA marker, NIP = Nipponbare (Negative control), Lane 1-15 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย.....	59
11	อาการโรคเจลอิเล็กโทรฟอร์ซิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta</i> ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยืน <i>Pi-ta</i> พันธุ์ข้าวที่มีแอลลีล์ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta</i> จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 1,042 bp.....	61
12	อาการโรคเจลอิเล็กโทรฟอร์ซิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta</i> ในข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน (L20-L38) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยืน <i>Pi-ta</i>	62
13	อาการโรคเจลอิเล็กโทรฟอร์ซิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta</i> ในข้าวขึ้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน (A) ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ (B) ข้าวป่า (C) และพันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ (D) โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยืน <i>Pi-ta</i>	63
14	แสดงความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุ์ข้าวที่นำไปวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta</i>	65
15	แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ (sequence alignments) ชุด reverse โดยใช้โปรแกรม clustalW ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีล์ไม่ต้านทาน <i>pi-ta</i> และข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มีแอลลีล์ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta</i> , ในการอบสีเหลืองคือตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ 1 ตำแหน่ง คือ G/C polymorphism	66



สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
16	การเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของแอลลีลต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-ta</i> และ แอลลีลไม่ต้านทาน (<i>pi-ta</i>) A บริเวณที่เกิดการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลี โอล์ C/G ส่งผลให้กรดอะมิโนเปลี่ยน และเป็นส่วนของ intron	66
17	อาการโรสเจโลอิเล็กโทรฟอร์ชิส แสดงแบบดีเอ็นเอที่มีแอลลีลต้านทานต่อโรค ใหม่ของยืน <i>Pib</i> หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ที่จำเพาะกับ ยืน <i>Pib</i> ทำให้ได้ PCR product ที่มีแถบดีเอ็นเอขนาด 365 bp.....	67
18	อาการโรสเจโลอิเล็กโทรฟอร์ชิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pib</i> โดยใช้เครื่องหมาย <i>Pibdom</i> ใน (A) พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ (B) พันธุ์ข้าวไร่ พื้นเมืองภาคเหนือ (C) พันธุ์ข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน (D) พันธุ์ขี้นน้ำ พื้นเมืองภาคอีสาน และ (E) พันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่	69
19	อาการโรสเจโลอิเล็กโทรฟอร์ชิส แสดงผลการค้นหา>yínต้านทานโรคใหม่ <i>Pi1(t)</i> ในพันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ และข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ ด้วยเครื่องหมาย ดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีลต้าน ทานของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล A) และสายพันธุ์ข้าว C101A51 ที่มีแอลลีลไม่ ต้านทานของยืน <i>Pi1(t)</i> (พันธุ์อ่อนแอ) (แอลลีล B-175 bp).....	71
20	อาการโรสเจโลอิเล็กโทรฟอร์ชิส แสดงผลการค้นหา>yínต้านทานโรคใหม่ <i>Pi1(t)</i> ในพันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบ กับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีลต้านทาน ของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล A) และ ข้าวสายพันธุ์ C101A51 ซึ่งมีแอลลีลไม่ต้านทานของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล B-175 bp).....	72
21	อาการโรสเจโลอิเล็กโทรฟอร์ชิส แสดงผลการค้นหา>yínต้านทานโรคใหม่ <i>Pi1(t)</i> ในพันธุ์ข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดย เปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีลต้านทาน ของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล A) และสายพันธุ์ข้าว C101A51 ซึ่งมีแอลลีลไม่ต้านทานของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล B-175 bp).....	72



สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
22	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์ซิส แสดงผลการค้นหาในต้านทานโรคใหม่ <i>Pi1(t)</i> ในข้าวป่าด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีลต้านทานของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล A) และสายพันธุ์ข้าว C101A51 ซึ่งมีแอลลีลไม่ต้านทานของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล B-175 bp).....	73
23	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์ซิส แสดงผลการค้นหาในต้านทานโรคใหม่ <i>Pi1(t)</i> ในพันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีลต้านทาน ของยืน <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล A) และข้าวสายพันธุ์ C101A51 ซึ่งมีแอลลีลไม่ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi1(t)</i> (แอลลีล B-175 bp).....	73
24	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์ซิสแสดงผลการค้นหาในต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-d3</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองแต่ละสายพันธุ์โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-1 หลังตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>XbaI</i>	75
25	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์ซิสแสดงผลการค้นหาในต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-d3</i> ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองแต่ละสายพันธุ์โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-2 หลังจากตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>BamHI</i>	77
26	แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานและแอลลีลไม่ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-d3</i> โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-2.....	78
27	ผลการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ <i>Pi-d3</i> (E111= พญาชม, E112=เขียว, L56=อีปีด (Gs.3376), L17=ดอกมะลิ 109-1-119 (Gs.569), และ U38=งอเพื่อน) และข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน (U49=ปือ แม่ละ, U45=เหลืองหอม, NPB=Nipponbare, U42=ปือเกษตร และ U39=ดยาหลี) กับข้อมูลลำดับกรดอะมิโนจากฐานข้อมูล NCBI (Pid3-9311).....	79
28	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์ซิสแสดงผลการค้นหาในต้านทานโรคใหม่ <i>Pi2(t)</i> ในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 ที่ใกล้ชิดกับยืน <i>Pi2(t)</i> (A) ข้าวนานาสวนพื้นเมือง (B) ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง.....	80



สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
29	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์เซสแสดงผลการค้นหาycinต้านทานโรคใหม้ <i>Pi54</i> ในข้าวนาสวนพื้นเมืองอีสานโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ RM206 ที่ใกล้ชิดกับยืน <i>Pi54</i>	83
30	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์เซสแสดงແບດดีเอ็นเอที่มีแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi54</i> หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ <i>Pi54-indel</i>	85
31	แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานและแอลลีลไม่ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi54</i> โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ <i>Pi54 MAS</i> และข้อมูลของยืน <i>Pi54</i> จากฐานข้อมูล NCBI	87
32	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์เซสแสดงผลการค้นหาycinต้านทานโรคใหม้ <i>Pigm(t)</i> ของข้าวโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ CAP marker-C5483 หลังจากตัด PCR product ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ <i>EcoRI</i>	89
33	อะก้าโรสเจโลอิเล็กโโทรฟอร์เซสแสดงผลการค้นหาycinต้านทานโรคใหม้ <i>Pigm(t)</i> ของข้าวโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Indel marker C29742 ใน (A) ข้าวพื้นเมืองภาคใต้, และ (B) ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน.....	90
34	แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทาน และแอลลีลไม่ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม้ <i>Pigm(t)</i> โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Indel marker S29742.....	92
35	แสดงการกระจายตัวของจำนวนยืนต้านทานโรคใหม้ที่พบในข้าวพื้นเมือง แยกตามแหล่งที่มาของข้าวพื้นเมือง ประกอบด้วยยืนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi9, Pi-d2, Pi36, Pi-ta, Pib, Pi1(t), Pid3, Pi2(t), Pi54</i> , และ <i>Pigm(t)</i>	113
36	แสดงการกระจายตัวของยืนต้านทานโรคใหม้ (เปรียบเทียบเป็นร้อยละจากจำนวนพันธุ์ข้าวพื้นเมืองจากภาคต่างๆ) แยกตามแหล่งที่มาของข้าวพื้นเมือง ประกอบด้วยยืนต้านทานโรคใหม้ <i>Pi9, Pi-d2, Pi36, Pi-ta, Pib, Pi1(t), Pid3, Pi2(t), Pi54</i> และ <i>Pigm(t)</i>	113
37	ตัวอย่างเชื้อราสาเหตุโรคใหม้ที่ใช้ทดสอบ.....	116



สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
38 ต้นกล้าข้าวที่มีอายุ 3 สัปดาห์ก่อนการปลูกเชื้อ (inoculation).....	117
39 A) ขันตอนฉีดสารละลายสปอร์เชื้อราโรคใบใหม่ลงบนต้นกล้าข้าวที่มีอายุ 3 สัปดาห์ B) หลังจากการปลูกเชื้อ (inoculation) โรคใบใหม่ลงบนต้นกล้าข้าว เพื่อทำการเก็บไว้ในห้องมีดเป็นเวลา 24 ชั่วโมง เพื่อให้มีสภาพแวดล้อมที่เหมาะสมต่อการเข้าทำลายต้นข้าวของสปอร์เชื้อรา.....	117
40 แสดงผลจากการปลูกเชื้อด้วยเชื้อราโรคใหม่จำนวนทั้ง 8 ไอโซเลทของเชื้อรา <i>M. grisea</i> โดยพันธุ์ต้านทานคือ Nipponbare-Pi9 และพันธุ์ไม่ต้านทานคือ ข้าวขาวดอกมะลิ 105 (KDM105) เป็นตัวควบคุม (1= Nipponbare, 2 = Nipponbare-Pi9, 3 = ข้าวขาวดอกมะลิ 105).....	120
41 แสดงการกระจายตัวของข้าวพื้นเมืองต้านทานโรคใหม่ในแต่ละภาคของประเทศไทยตามระดับความต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่สมรรวม จำนวน 10 isolate	133
42 การจัดกลุ่มทางพันธุกรรม UPGMA ของข้าวพื้นเมืองและข้าวพันธุ์ตรวจสอบ รวมจำนวน 28 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายตีอิเน็งของยืนต้านทานโรคใหม่ (10 ปีน) จำนวน 14 เครื่องหมาย.....	139
43 แสดง Principal coordinate analysis (PCO) ในพันธุ์ข้าวพื้นเมือง 26 พันธุ์ และข้าวพันธุ์ตรวจสอบ 2 พันธุ์ รวมจำนวน 28 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายตีอิเน็งของยืนต้านทานโรคใหม่ (10 ปีน) จำนวน 14 เครื่องหมาย.....	140



บทนำ

ความสำคัญและที่มาของปัญหาที่ทำการวิจัย

ข้าวมีความสำคัญอย่างยิ่งต่อคนไทย และประเทศไทย พื้นที่ประมาณ 60 ล้านไร่ หรือครึ่งหนึ่งของพื้นที่ทำการเกษตรของประเทศไทยเป็นพื้นที่ปลูกข้าว ประชากรไทยจำนวนประมาณ 15 ล้านคน หรือเกือบหนึ่งในสี่ของประเทศไทยมีอาชีพทำนา ข้าวไทยส่งออกไปขายต่างประเทศมากที่สุด เป็นอันดับหนึ่งของโลกติดต่อกันมากกว่า 20 ปี นำเงินตราเข้าประเทศปีละ 100,000 ล้านบาท ยิ่งกว่านั้นข้าวยังมีความสำคัญในด้านสังคม ประเพณี วิถีชีวิตและวัฒนธรรม อย่างมากที่จะมีพิธีชนิดใดเสมอเมื่อไอน์ อย่างไรก็ตาม การผลิตข้าวของไทย ยังมีปัญหาหลายอย่าง โดยเฉพาะปัญหาการระบาดของโรค และแมลงศัตรุข้าวต่างๆเพิ่มสูงขึ้นโดยเฉพาะโรคใหม่

โรคเชื้อรำไบไหเมในข้าว (Rice blast) เป็นปัญหาสำคัญปัญหาหนึ่งของการผลิตข้าวทั่วโลก มีสาเหตุมาจากเชื้อรา *Pericularia grisea* Sacc. ซึ่งในระยะ perfect stage จะเรียกว่า *Magnaporthe grisea* ในแต่ละปีโรคใบไหเมในข้าวทำให้ผลผลิตของนาข้าวต้องสูญเสียไปมีมูลค่าหลายพันล้านบาท การระบาดของโรคใบไหเมในข้าวที่มักเกิดในพื้นที่ปลูกข้าวในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย ในปี พ.ศ. 2535 มีการรายงานการระบาดของโรคใบไหเมในข้าว ทำความเสียหายแก่เกษตรกร โดยทำให้ผลผลิตข้าวลดลงประมาณ 650,000 ตัน คิดเป็นมูลค่าประมาณ 3,000 ล้านบาท (Noenplab et al., 2006) วิธีการที่เหมาะสมที่สุดที่จะประสบความสำเร็จคือการลดความเสี่ยงของการระบาดของโรค โดยเร่งรัดการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้มีความสามารถในการต้านทานต่อโรค ในช่วง 3-4 ปีที่ผ่านมา นักวิทยาศาสตร์ได้ทำการคอลัมน์ต้านทานโรคใบไหเมในข้าวและนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้สามารถต้านทานต่อโรคใบไหเมได้ผลเป็นอย่างดี แต่ปัญหาที่สำคัญอีกอย่างหนึ่งคือยืนต้านทานโรคเหล่านี้ เป็นยืนที่มีความจำเพาะเจาะจงต่อเชื้อรำโรคใบไหเมเพียงไม่กี่สายพันธุ์ (narrow spectrum) จึงทำให้พันธุ์ข้าวที่ได้รับยืนต้านทานโรคนั้นๆ จะสูญเสียความสามารถในการต้านทานต่อโรคใบไหเมในระยะเวลาเพียงไม่กี่ปีเนื่องจากการปรับตัวของสายพันธุ์เชื้อรำโรคใบไหเมให้สามารถทนทานต่อยืนต้านทานโรคนั้นได้ ดังนั้น การค้นหา_yinstant_tan_than_tow_in_may_เพื่อนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวจึงมีความสำคัญอย่างมากต่อการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้สามารถต้านทานต่อเชื้อรำโรคใหม่ได้

ประเทศไทยนับว่ามีความหลากหลายทางชีวภาพข้าวมากที่สุดประเทศไทยหนึ่งของโลก การได้มาและการเก็บรักษายืนจากแหล่งพันธุกรรมข้าว ข้าวป่าและข้าวพันธุ์พื้นเมือง (landrace rice) ถือได้ว่าเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพในการรักษาแหล่งพันธุกรรมข้าวที่สำคัญ และถือเป็นการปกป้องและคุ้มครองผลประโยชน์ทางชีวภาพของประเทศไทยด้วย พันธุ์ข้าวพื้นเมืองเป็นพันธุ์ข้าวที่เกษตรกรมีการคัดเลือกและเก็บรักษาสืบทอด

กันมาหลายชั่วอายุ มีลักษณะเด่นคือมีความสามารถในการต้านทานโรคและแมลง และ/หรือสามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี (resistance to biotic and abiotic stress) อย่างไรก็ตามพันธุ์เหล่านี้มักจะให้ผลผลิตต่ำ ดังนั้นจึงมักถูกแทนที่ด้วยข้าวพันธุ์รับรองใหม่ๆที่มีการแนะนำส่งเสริมให้เกษตรกรปลูกกันอย่างแพร่หลายต่อเนื่องมาเป็นระยะเวลานาน นับวันพันธุ์ข้าวพื้นเมืองซึ่งถือเป็นแหล่งพันธุกรรมที่มีอิทธิพลอย่างมากต่อการเพาะปลูกในประเทศไทย

อย่างไรก็ตามยังไม่มีการจัดทำข้อมูลทางพันธุกรรมในระดับยีนที่ควบคุมลักษณะที่สำคัญดังกล่าว ในพันธุ์ข้าวพื้นเมืองไทย ผู้วิจัยได้เล็งเห็นถึงความสำคัญของข้อมูลทางพันธุกรรมในระดับยีน (genotype) ของสายพันธุ์ข้าวพื้นเมืองไทย ก่อรปกบข้อมูลที่ได้มีการศึกษาเกี่ยวกับจีโนมข้าวของนักวิทยาศาสตร์ทั่วโลกสามารถสืบค้นและทราบตำแหน่งที่แน่นอนของยีนที่ควบคุมลักษณะที่สำคัญบนแผนที่ยีนข้าว (genetic map) ทำให้มีการพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอมาใช้ประโยชน์ช่วยในการคัดเลือก ทำให้สามารถปรับปรุงพันธุ์ข้าวได้อย่างมีประสิทธิภาพมากขึ้น

จากข้อมูลเครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีการพัฒนาและเผยแพร่สาธารณะนั้น สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการสืบค้นหา_yeinที่ควบคุมลักษณะความต้านทานต่อโรคเชื้อร่าใบใหม่ในพันธุ์ข้าวพื้นเมืองของไทย องค์ความรู้ที่ได้จากการสืบค้น_yeinที่ควบคุมลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจในพันธุ์ข้าวพื้นเมืองของไทย จะเป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์ข้าวไทยให้เหมาะสมกับสภาพท้องถิ่นต่อไปได้ในอนาคต ตลอดจนใช้เป็นข้อมูลทางพันธุกรรมในระดับยีนในการอนุรักษ์และเก็บรักษาสายพันธุ์ข้าวพื้นเมือง

วัตถุประสงค์ของการวิจัย :

- เพื่อสำรวจและค้นหา_yeinที่ควบคุมลักษณะความต้านทานต่อโรคเชื้อร่าใบใหม่ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย เพื่อใช้เป็นแหล่งของยีนชนิดใหม่ๆที่สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวของประเทศไทย
- เพื่อศึกษาปฏิกิริยาการตอบสนองทางโรคพืชของข้าวที่มี_yeinต้านทานโรค (Pi9) กับเชื้อร่าโรคใบใหม่สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย และ
- เพื่อศึกษาปฏิกิริยาการตอบสนองทางโรคพืชของข้าวพื้นเมืองไทยที่มี_yeinต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อร่าโรคใบใหม่สายพันธุ์ต่าง ๆ ในประเทศไทย

ประโยชน์ที่ได้รับจากการวิจัย

- 1 ทำให้ทราบแหล่งพันธุกรรมในระดับยีนที่ควบคุมยีนต้านทานต่อโรคใบใหม่ในสายพันธุ์ข้าวพื้นเมืองไทยในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
- 2 สามารถนำข้อมูลมาใช้ประโยชน์ในการเลือกสายพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่จะใช้เป็นคู่ผสมในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวไทยให้เหมาะสมกับสภาพท้องถิ่นต่อไป
- 3 สามารถใช้เป็นข้อมูลทางพันธุกรรมในระดับยีนในการอนุรักษ์และเก็บรักษาสายพันธุ์ข้าวพื้นเมืองไทย
- 4 นำเสนอผลงานวิชาการในระดับประเทศ/ นานาชาติ จำนวน 3 เรื่อง
- 5 ตีพิมพ์ผลงานวิจัยในการสารวิชาการในระดับประเทศ/นานาชาติ จำนวน 4 เรื่อง

การตรวจเอกสาร

ข้าวเป็นพืชที่มีความสำคัญต่อเศรษฐกิจ และการดำรงชีวิตของคนไทยเป็นอย่างมาก เพราะคนไทยบริโภคข้าวเป็นอาหารหลัก อีกทั้งข้าวยังเป็นสินค้าส่งออกที่สำคัญของประเทศไทย ประเทศไทยมีพื้นที่ปลูกข้าวทั่วทั้งประเทศในฤดูนาปีและฤดูนาปรังรวมกันจำนวน 69.35 ล้านไร่ มีข้าวนาประจำ 3.7 ล้านครัวเรือน มีผลผลิตข้าวจำนวน 31.28 ล้านตันข้าวเปลือก หรือประจำ 19.89 ล้านตันข้าวสาร มีการบริโภคภายในประเทศไทยจำนวน 11.29 ล้านตันข้าวสาร และส่งออก 8.60 ล้านตัน คิดเป็นมูลค่า 170,000 ล้านบาท อีกทั้งประเทศไทยยังคงเป็นประเทศที่มีการส่งออกข้าวเป็นอันดับหนึ่งของโลก (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2553)

แหล่งพันธุกรรมข้าว (Rice genetic resources)

ข้าว (*Oryza spp.*) ที่แพร่กระจายไปทั่วโลกนั้น พบร่วมอยู่ใน genus *Oryza spp.* ประกอบไปด้วย ข้าวป่า (wild species) จำนวน 22 species และข้าวปลูก (cultivated rice) จำนวน 2 species ได้แก่ ข้าวอเมซีย (Oryza sativa Linn.) และ ข้าวแอฟริกา (*O. glaberrima* Steud.) ในประเทศไทยพบข้าวป่า 5 ชนิด (species) ได้แก่ *O. rufipogon*, *O. nivara*, *O. officinalis*, *O. granulata* และ *O. ridleyi* (สงกรานต์ และคณะ, 2538) ประเทศไทยนอกจากจะมีความหลากหลายในชนิดของข้าวแล้วยังมีความหลากหลายในพันธุ์ข้าวปลูกอีกด้วย ความหลากหลายทางพันธุกรรมที่พบในข้าวปลูกนี้ เป็นผลมาจากการปรับตัวของสายพันธุ์ข้าวให้เหมาะสมกับสภาพแวดล้อมของท้องถิ่นนั้นๆ ตลอดจนการคัดเลือกของเกษตรกรซึ่งเป็นผลมาจากการความชอบ และขนบธรรมเนียม ประเพณี วัฒนธรรมความเป็นอยู่ของท้องถิ่นนั้นๆ

ข้าวพื้นเมือง (Local varieties)

พันธุ์ข้าวพื้นเมือง (Local varieties or landrace varieties or traditional varieties) หมายถึง พันธุ์ข้าวที่มีการคัดเลือกและเก็บรักษาโดยเกษตรกร สืบทอดกันมาหลายชั่วอายุ พันธุ์ข้าวพื้นเมืองจะมีลักษณะเด่น คือ มีความสามารถในการต้านทานโรคและแมลง และ / หรือ สามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี (resistance to biotic and abiotic stress) อย่างไรก็ตาม พันธุ์เหล่านี้มักจะให้ผลผลิตต่ำ ดังนั้นพันธุ์ข้าวพื้นเมือง จึงมักถูกแทนที่ด้วยข้าวพันธุ์รับรองใหม่ๆ ที่มีการแนะนำ และส่งเสริมให้เกษตรกรปลูกกันอย่างแพร่หลาย ต่อเนื่องมาเป็นระยะเวลานาน นับวันพันธุ์ข้าวพื้นเมืองซึ่งถือเป็นแหล่งพันธุกรรมที่มีอิทธิพลอย่างมากต่อเศรษฐกิจ โดยเฉพาะยืนที่ต้านทานโรค แมลง ตลอดจน ยืนที่ต้านทานต่อ

สภาพเครียดต่างๆ เช่น ยืนที่ด้านหน้าต่อความแห้งแล้ง (drought stress) และ ยืนที่ด้านหน้าต่อความเค็ม (salt stress) ยืนเหล่านี้จะสูญหายไปอย่างต่อเนื่อง ทำให้ส่งผลกระทบต่อแหล่งพันธุกรรมข้าวในที่สุด

ข้าวพันธุ์พื้นเมืองนับเป็นแหล่งพันธุกรรมที่ดี มีความหลากหลายโดยเฉพาะพันธุ์ข้าวพื้นเมืองของไทยได้มีการพัฒนามากว่าาน จึงมีการเจริญเติบโตเหมาะสมในพื้นที่ต่างๆ ของประเทศไทย นอกจากนี้ยังมีคุณสมบัติที่เป็นเอกลักษณ์เฉพาะเมืองที่จะนำมาใช้ปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้พันธุ์ใหม่ๆ ตามต้องการ

การสูญหายทางพันธุกรรมเกิดขึ้นเนื่องจากการเปลี่ยนแปลงของสภาพแวดล้อม ภัยธรรมชาติ และการกระทำของมนุษย์ ในอดีตเราเคยมีพันธุ์ข้าวพื้นเมืองอยู่มากมายในทุกภาคของประเทศไทย ปัจจุบันพันธุ์ข้าวพื้นเมืองส่วนหนึ่งสูญหายไปเนื่องจากภัยธรรมชาติ เช่น น้ำท่วม ความแห้งแล้ง ฯลฯ แต่ที่สำคัญคือความนิยมของเกษตรกรในการเลือกปลูกข้าวพันธุ์ใหม่ที่ให้ผลผลิตสูง ทำให้ความหลากหลายของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองลดลงอย่างรวดเร็ว พันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่เกษตรกรเลือกปลูกแล้วนั้นอาจมีลักษณะทางพันธุกรรมหรือคุณสมบัติที่ดีบางประการ เช่น ความต้านทานโรค ต้านทานแมลง คุณค่าทางอาหาร คุณค่าทางเภสัชกรรม เป็นต้น จึงจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องช่วยกันรักษาพันธุกรรมข้าวไว้ให้ได้มากที่สุดเพื่อเป็นแหล่งพันธุกรรมที่สามารถนำไปใช้ประโยชน์ได้ในอนาคต อย่างไรก็ตามยังมีพันธุ์ข้าวจำนวนมากถูกเก็บอนุรักษ์ไว้ในธนาคารเชื้อพันธุ์พืชและยังมีการอนุรักษ์ไว้ในแหล่งต่างๆ ทั้งนี้เนื่องจากนักปรับปรุงพันธุ์ข้าวในสมัยก่อนได้เดินถึงความสำคัญของเชื้อพันธุ์ข้าว จึงมีการดำเนินงานสำรวจ รวบรวม และอนุรักษ์เชื้อพันธุ์ข้าวมาอย่างต่อเนื่อง ปัจจุบันธนาคารเชื้อพันธุ์พืชได้รวบรวมและอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมข้าวไว้ไม่น้อยกว่า 23,903 ตัวอย่างเชื้อพันธุ์ (genetic stock number) แบ่งเป็นข้าวพื้นเมือง 17,093 ตัวอย่าง, ข้าวสายพันธุ์ดี 2,335 ตัวอย่าง, ข้าวสายพันธุ์ต่างประเทศ 3,391 ตัวอย่าง, ข้าวป่า (*Oryza spp.*) 1,065 ตัวอย่าง และข้าวอื่นๆ (*Oryza glaberrima*) 19 ตัวอย่าง โดยสามารถจำแนกเชื้อข้าวพื้นเมืองที่ไม่ซ้ำกันได้ประมาณ 5,928 ชื่อพันธุ์ (ฉบับรุ่น, 2543)

การจำแนกประเภทของพันธุ์ข้าว (Classification of rice cultivar)

ข้าวเป็นพืชที่มีการปลูกอย่างแพร่หลาย และปลูกมากในทวีปเอเชีย โดยมีพื้นที่การปลูกข้าวมากกว่าร้อยละ 80 ของพื้นที่ปลูกข้าวทั่วโลก ในการจำแนกประเภทของข้าวตามระบบนิเวศการปลูกข้าว (rice ecosystems) ซึ่งยึดเอาสภาพของน้ำบนผิวดินเป็นเกณฑ์ สามารถจำแนกประเภทของข้าวได้เป็น 4 ประเภท (วีไลลักษณ์, 2544) คือ

1. **ข้าวน้ำ湛ประทาน (irrigated rice)** หมายถึง ข้าวน้ำสน หรือข้าวที่ปลูกในสภาพนาที่มีน้ำ ซึ่งที่มีระดับน้ำลึกไม่เกิน 50 เซนติเมตร มีการทำคันนาเพื่อกักเก็บน้ำ และมีการนำน้ำโดยระบบคลประทานภายใต้สภาพน้ำ湛ประทานจะมีการเตรียมดินเมื่อมีน้ำขังนา มีการปรับดินให้เรียบก่อนปลูก

เสมอ วิธีการปลูกส่วนมากใช้วิธีปักดำ หรือหัวน้ำต้ม โดยปกตินาขลประทานจะไม่มีปัญหาการควบคุมน้ำ และจะรักษาระดับน้ำไว้ประมาณ 5-15 เซนติเมตร

2. **ข้าวน้ำผึ่ง (rainfed lowland rice)** หมายถึง ข้าวนานาชนิดปลูกในสภาพนาที่มีน้ำขัง มีการทำคันนาเพื่อกักเก็บน้ำ และอาศัยน้ำผึ่งตามธรรมชาติ โดยคันนาที่สร้างขึ้นมีเป้าหมายเพื่อกักเก็บน้ำผึ่งให้พอหล่อเลี้ยงต้นข้าวตามความต้องการ ในนาที่อาศัยน้ำผึ่งจะมีน้ำขังตลอดฤดูกาลปลูก ระดับน้ำโดยทั่วไปไม่เกิน 50 เซนติเมตร แต่บางครั้งน้ำในนาอาจจะแห้ง หรือมีระดับน้ำสูงกว่านั้นทั้งนี้ขึ้นอยู่กับสภาพการกระจายตัวของน้ำผึ่ง ข้าวน้ำผึ่งจึงไม่มีระบบชลประทานช่วยเมื่อขาดน้ำ แต่น้ำผึ่งอาจอาศัยน้ำจากบ่อเล็กๆในนาได้

3. **ข้าวน้ำลึกและข้าวขึ้นน้ำ (deepwater rice and floating rice)** หมายถึงข้าวที่ปลูกในพื้นที่ซึ่งภายนอกจะมีระดับน้ำท่วมขังลึก ตั้งแต่ 1 ถึง 5 เมตร ในระหว่างฤดูฝนข้าวน้ำลึกและข้าวขึ้นน้ำ ส่วนใหญ่จะปลูกโดยวิธีหัวน้ำผึ่งในนา เมื่อได้รับน้ำผึ่งต้นข้าวจะเจริญเติบโตอยู่ในสภาพน้ำตื้นในระยะ 1-3 เดือนแรก และหลังจากนั้นระดับน้ำจะเริ่มสูงขึ้นเรื่อยๆตามลำดับ ข้าวน้ำลึก (deepwater rice) หมายถึงข้าวซึ่งปลูกในแหล่งที่มีระดับน้ำลึกไม่เกิน 1 เมตร และน้ำท่วมขังในแปลงนาอย่างน้อย 1 เดือน ลักษณะประจำพื้นที่ของข้าวชนิดนี้คือ ความสามารถทนน้ำท่วม หรือทนอยู่ใต้น้ำได้อย่างน้อย 7-10 วัน หลังจากน้ำลดแล้วสามารถฟื้นตัวได้ดี พัฒนาการการเจริญเติบโตจนถึงเก็บเกี่ยวเป็นปกติ แต่ถ้าระดับน้ำสูงเกิน 1 เมตร ขังนานอย่างน้อย 1 เดือน ต้นข้าวสามารถยึดตัวได้ดีตามการเพิ่มระดับของน้ำ เรียกว่า ข้าวขึ้นน้ำ (floating rice)

4. **ข้าวไร่ (upland rice)** เป็นข้าวที่ปลูกในสภาพพื้นที่อาศัยน้ำผึ่งตามธรรมชาติในพื้นที่สภาพไร่ หรือที่ดินซึ่งไม่มีการทำคันนาคั่นเพื่อกักเก็บน้ำ พื้นที่ปลูกข้าวไร่จะอยู่ในสภาพที่ไม่มีน้ำขัง ส่วนใหญ่จะปลูกโดยวิธีหยดหรือโรยเมล็ดข้าวแห้ง

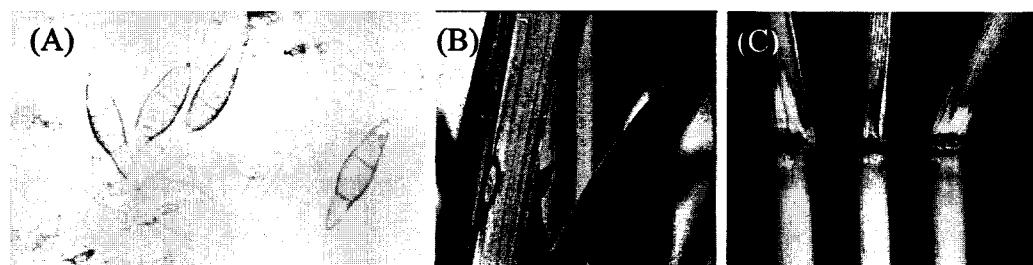
โรคใหม่ (blast disease)

โรคใหม่ (blast disease) จัดเป็นปัญหาสำคัญของการผลิตข้าวทั่วโลก สามารถทำลายต้นข้าวในทุกรายยะของการเจริญเติบโต ตั้งแต่ระยะกล้าถึงระยะออกใบ กรณีเกิดการระบาดรุนแรงต้นกล้าจะแห้งและพุบตาย (ทัศนีย์, 2540; พุนศักดิ์ และคณะ, 2550) มีสาเหตุมาจากการเชื้อราก Pyricularia grisea Sacc. ซึ่งเป็นเชื้อรากที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง มีความสามารถในการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมที่ต่างกันได้ดี จึงพบการแพร่ระบาดของโรคอย่างแพร่หลายในหลายประเทศทั่วโลก สร้างความเสียหายต่อผลผลิตข้าวได้ตั้งแต่ 11 เปอร์เซ็นต์ จนสูงถึง 90 เปอร์เซ็นต์ (Zeigler et al., 1994)

สาเหตุของโรคใหม้

โรคใหม้มีสาเหตุมาจากการเชื้อรา *Pyricularia grisea* (ภาพที่ 1A) ซึ่งเป็นเชื้อราที่มีการสืบพันธุ์แบบไม่ออาศัยเพศ แต่มีสภาพแวดล้อมเหมาะสมเชื้อรากจะสร้างแอกสโคสปอร์ ซึ่งเป็นการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ และเรียกเชื้อราชนิดนี้ว่า *Magnaporthe grisea* เชื้อสาเหตุโรคใหม่นี้จัดอยู่ในกลุ่ม ascomycete มีจำนวนโครโมโซม $2n=14$ ขนาดจีโนมประมาณ 40 เมกะเบส เป็นเชื้อราที่สามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมที่ต่างกันได้ดี มีความหลากหลายทางสายพันธุ์สูง และพบการแพร่กระจายของโรคมากกว่า 85 ประเทศทั่วโลก (ชัชวาล และสุริพร, 2552, Babujee and Gnanamanickam, 2000)

พูนศักดิ์ และคณะ (2550) ได้รายงานถึงความหลากหลายของเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในประเทศไทย โดยเก็บรวบรวมเชื้อสาเหตุโรคใหม่ที่พบในประเทศไทยระหว่างปี 2545-2548 พบร่องทั้งหมด 2,476 ไอโซเลต สามารถจำแนกเชื้อออกได้ 623 สายพันธุ์ แบ่งออกได้เป็น สายพันธุ์ที่พบประจำ จำนวน 145 สายพันธุ์ และสายพันธุ์หายาก นานาพบครั้ง จำนวน 340 สายพันธุ์ และเชื้อสาเหตุโรคใหม่ที่พบในครั้งนี้มีความหลากหลายของเชื้อสาเหตุโรคใหม่สูงถึงร้อยละ 83 โดยพบเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือมากที่สุด จำนวน 313 สายพันธุ์



ภาพที่ 1 เชื้อสาเหตุ และอาการของโรคใหม้ (A) *Pyricularia grisea* (B) leaf blast (C) node blast

ลักษณะอาการและความเสียหาย

เชื้อ *P. grisea* สามารถเข้าทำลายต้นข้าวได้ในทุกระยะของการเจริญเติบโต โดยเชื้อจะเข้าทำลายต้นข้าวในส่วนที่อยู่เหนือดิน หากเชื้อเข้าทำลายบริเวณใบ จะเรียกว่า “โรคใบใหม้” (leaf blast) (ภาพที่ 1B) เมื่อเชื้อเข้าทำลายที่ใบจะทำให้ใบข้าวเป็นจุดฉี่น้ำ ต่อมาแผลจะเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาลเป็นรูปคล้ายตาหรือรูปกระสุน ขอบแผลมีสีน้ำตาล ตรงกลางแผลมีสีเทา หากมีสภาพแวดล้อมที่เหมาะสม แผลจะขยาย

ใหญ่ร่วมกันเป็นแพลเดีย กรณีเกิดโรคขึ้นบริเวณรอยต่อระหว่างกาบใบและแผ่นใบ (collar) เรียกว่า “collar blast” จะทำให้แผ่นใบเสียหาย ถ้าเกิดขึ้นที่ข้อ เรียกว่า “node blast” (ภาพที่ 1C) จะทำให้ข้อลำต้นมีสีดำ เปราะ และหักง่าย หากเชื้อเข้าทำลายที่บริเวณคอรวงข้าว เรียกว่า “โรคใหม็คอรวง” (neck blast) ซึ่งจะพบแพลสิน้ำตาลเทารอบๆ คอรวงข้าว หากเชื้อเข้าทำลายรวงข้าวก่อนระยะน้ำนม จะทำให้รวงข้าวเสียหายทั้งหมด แต่ถ้าเกิดหลังระยะน้ำนม จะทำให้เมล็ดข้าวไม่สมบูรณ์ และทำให้คุณภาพข้าวเสียหายได้ (ทศนิย์, 2540; พุนศักดิ์ และคณะ, 2550; ชัชวาล และสุริพร, 2552) ในปี 2535 พบรการระบาดของโรคใหม่ในระยะข้าวอกรวง บริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย ทำให้พื้นที่ปลูกข้าวได้รับความเสียหายประมาณ 1.2 ล้านไร่ (Noenplab et al., 2006) ต่อมามีการรายงานการระบาดของโรคในปี 2544 มีพื้นที่ได้รับความเสียหายประมาณ 78,778 ไร่ (กรมวิชาการเกษตร, 2546) และในปี 2553 พบรการระบาดในจังหวัดมหาสารคาม อุบลราชธานี และบุรีรัมย์ ช่วงเดือนกันยายน ถึงเดือนธันวาคม มีพื้นที่ได้รับความเสียหายมากกว่า 793,200 ไร่ (กรมส่งเสริมการเกษตร, 2553; สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2553)

การป้องกันและกำจัดโรคใหม่ของข้าว

การควบคุมและป้องกันโรคใหม่ เพื่อลดความเสียหายของผลผลิตข้าว สามารถทำได้หลายวิธี เช่น การใช้สารเคมี การใช้วิธีเขตกรรม และการใช้พันธุ์ต้านทาน เป็นต้น การใช้สารเคมีจะเป็นวิธีที่ง่าย และสามารถควบคุมการระบาดของโรคได้ในระดับหนึ่ง โดยสารเคมีที่ใช้ ได้แก่ สารเคมีพอกบีโนมิล, เบนเลท คลุกเมล็ดก่อนปลูกและฉีดพ่นสารเคมีพอกการเบนดาซิมเมื่อมีการระบาดรุนแรง แต่การใช้สารเคมีทำให้เกิดสารตกค้างในสภาพแวดล้อม และเป็นอันตรายต่อผู้ใช้ อีกทั้งยังเป็นการเพิ่มต้นทุนการผลิตให้กับเกษตรกรอีกด้วย นอกจากนี้ยังสร้างแรงกดดันทำให้เชื้อมีการปรับตัวเพื่อการอยู่รอด (selection pressure) และทำให้ต้านทานต่สารเคมี จนไม่สามารถควบคุมการระบาดของโรคได้ (ชาญณรงค์, 2553)

ส่วนวิธีเขตกรรมเป็นวิธีที่มีความยุ่งยาก เกษตรกรต้องมีประสบการณ์ในการจัดการแปลง เช่น แปลงกล้าต้องเป็นพื้นที่ที่อากาศถ่ายเทได้ดี การใส่ปุ๋ยในโตรเจนไม่ควรใส่ในอัตราสูงเกินไป เป็นต้น การใช้พันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ เป็นวิธีการที่เหมาะสมในการป้องกันกำจัดโรคใหม่ เนื่องจากเป็นวิธีที่สะดวก และมีความปลอดภัยต่อกেษตรกรและผู้บริโภค (ทศนิย์, 2540; Babujee and Gnanamanickam, 2000; พุนศักดิ์ และคณะ, 2550)

ยืนต้านทานโรคพืช

การที่พืชเป็นโรคหรือแสดงอาการผิดปกตินั้น เป็นผลเนื่องมาจากการเข้าทำลายของเชื้อสาเหตุในเนื้อเยื่อพืชส่วนต่าง ๆ หรือเกิดการขักนำให้เกิดการผันแปรทางสรีรวิทยาของพืชที่ผิดปกติไปจนส่งผลให้เกิดอาการของโรคในลักษณะต่าง ๆ พืชทุกชนิดมีความสามารถในการต้านทานโรคอันเป็นคุณสมบัติที่ถูกควบคุมด้วยกลไกทางพันธุกรรม ในสภาพแวดล้อมที่เหมาะสมพืชต้นหนึ่งอาจเป็นโรคเมื่อถูกเชื้อสาเหตุเข้าทำลาย ถ้าพืชดังกล่าวปราศจากกลไกทางพันธุกรรม คือยืนต้านทาน (resistance gene) ต่อเชื้อสาเหตุที่มีความรุนแรง (virulence) ระดับความต้านทานของพืชมีความแตกต่างกันออกไป ในพืชแต่ละต้น แต่ละพันธุ์ แต่ละชนิด ในการตอบสนองต่อการเข้าทำลายของเชื้อสาเหตุชนิดหนึ่ง ๆ ตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างพืชและเชื้อสาเหตุโรคพืช

โครงสร้างของโปรตีนยืนต้านทานโรค

ปัจจุบันมียืนต้านทานจำนวนมากที่ได้รับการโคลนจากพืชชนิดต่าง ๆ ทั้งที่เป็นต้านทานต่อเชื้อแบคทีเรีย เชื้อรา เชื้อไวรัส และไส้เดือนฟอย ซึ่งพบว่า ยืนเหล่านี้มีโครงสร้างที่คล้ายกัน ในระดับการส่งสัญญาณโดยพบว่าโปรตีนจากยืนต้านทาน สามารถจัดเป็น 5 กลุ่ม โดยมีโครงสร้างที่มีส่วนคล้ายกันในส่วนของ Leucine-rich repeat (LRR) motif หรือ serine-threonine kinase domain ดังนี้

กลุ่มที่ 1 เป็น cytoplasmic receptor-like proteins ที่ประกอบด้วย LRR domain และ nucleotide binding site (NBS) ตัวอย่างยืนต้านทานที่เป็น LRR-NBS motif ในกลุ่มนี้คือ *RPS2* และ *RPM1* จาก *Arabidopsis* (ที่ต้านทานต่อเชื้อแบคทีเรีย *P. syringae* ที่มียืน *avrRpt2* และ *avrRpm1* ตามลำดับ) ยืนต้านทาน *Pf* จากมะเขือเทศ (ที่ต้านทานต่อเชื้อ *P. syringae* pv. *tomato*) ยืนต้านทาน *N* จากมะเขือ (ที่ต้านทานต่อเชื้อรหاثายสายพันธุ์ของเชื้อ tobacco mosaic virus) ยืนต้านทาน *L6* และ ยืนต้านทาน *M* จาก *flax* (ที่ต้านทานต่อเชื้อรหاثายสายพันธุ์ของเชื้อ *Melampsoralini*) ยืนต้านทาน *RPP5* จาก *Arabidopsis* (ที่ต้านทานต่อเชื้อ *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersicon*) ในขณะที่ LRR และ NBS domain ที่ประกอบด้วยยืน *N* *L6* และ *RPP5* ที่แปลรหัส NH₂-terminal domains ที่มี homology กับ cytoplasmic domains ของ *Drosophila developmental gene Toll* และ mammalian immune response gene ที่แปลรหัสเป็น interleukin-1 receptor (IL-1R) (ที่เป็น TIR: Toll-IL-1R homologous region) โดย *RPS2* *RPM1* และ *Pf* แปลรหัสเป็นโปรตีนที่ประกอบด้วย putative leucine zipper motif ที่ NH₂-terminus

กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยยีน *Pto* ที่ต้านทานต่อเชื้อแบคทีเรีย *P. syringae* pv. Tomato ที่มียีน *avrPto* โดยยีน *Pto* แปลงรหัสได้เป็น serine-threonine kinase ที่มี homology ต่อ mammalian Raf, IRAK และ *Drosophila Pelle kinases*

กลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย *Cf-2* และ *Cf-9* จากมะเขือเทศ และยีน *HSlpro-1* จาก sugar beet โดยยีน *Cf-2* และ *Cf-9* แปลงรหัสได้เป็น putative transmembrane receptors ที่ส่วนใหญ่เป็น extracytoplasmic LRR domains และเป็นยีนที่ต้านทานต่อเชื้อ *Cladosporium fulvum* หลายสายพันธุ์ ส่วนยีน *HSlpro-1* แปลงรหัสเป็น transmembrane LRR protein ที่ต้านทานต่อ beet cyst nematode *Heterodera schachtii*.

กลุ่มที่ 4 ประกอบด้วยยีน *Xa21* จากข้าวที่ต้านทานต่อเชื้อแบคทีเรีย *Xantomonas oryzae* pv. *Oryzae* โดยยีน *Xa21* แปลงรหัสได้เป็น putative transmembrane receptor ที่มีส่วน extracellular LRR domain และ intracellular serine-threonine kinase domain โดยโครงสร้างของ *Xa21* แสดงให้เห็นถึงการรวมระหว่าง LRR protein (*Cf*) และ *Pto* kinase

กลุ่มที่ 5 ประกอบด้วยยีน *HM1* ที่ต้านทานต่อเชื้อรา *Cochilibolus carbonum* race 1 โดย *HM1* แปลงรหัสเป็น reduced from ของ nicotinamide adenine dinucleotide phosphate (NADPH)-dependent reductase ที่เข้าทำปฏิกิริยา กับสารพิษที่สร้างขึ้นจากเชื้อ *C. carbonum* race 1 ที่ยีน *HM1* มีความแตกต่างจากกลุ่มยีนต้านทานอื่น เพราะว่า Avr component ไม่ได้มีส่วนเกี่ยวข้องกับการทำลายพิษโดย *HM1*

การจัดจำแนกโปรตีนจากยีนต้านทานของพืช กับยีน Avirulence ของเชื้อโรค

การเกิดปฏิกิริยาสัมพันธ์ระหว่าง Pathogen Avr proteins และ plant R proteins โดยเชื้อโรคนั้นสมมุติให้ hypothetical pathogen เข้ามาผูกตัวกับเซลล์พืช และได้มีการปล่อยชุดของ Virulence Proteins โดยโปรตีนเหล่านี้จะถูกส่งเข้าสู่เซลล์เป้าหมายของ Host proteins ที่จะทำหน้าที่เกี่ยวกับการเปลี่ยนแปลงหรือดัดแปลงเซลล์พืช อาศัยให้เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของเชื้อและควบคุมการต่อต้านการลุกลามของพืช โดยใช้เมตาโบลิซึม (metabolism) หรือ ขบวนการอื่นของพืช ที่มีผลต่อความรุนแรงของเชื้อโรคซึ่งทำให้ Virulence Proteins เหล่านี้ ถูกเป็นเป้าหมายต่อไปของ Extracellular proteins พืชที่ใช้ในการจัดจำแนกการเข้าทำลายของเชื้อโรคโดยเซลล์พืชที่ไม่ได้มีการแสดงออกของ R protein ที่จะสามารถจะจำต่อ Virulence Proteins ได้ได้จะส่งผลให้พืชไม่สามารถตรวจพบเชื้อโรคและต้านทานการรุกรานได้ ส่วนพืชที่ต้านทานนั้น จะเกิดการจัดจำแนกได้เกิดขึ้นบนพื้นฐานของ receptor-elicitor hypothesis ที่ R protein มีการจับกันโดยตรงกับ Virulence Proteins ที่เป็นเป้าหมายโดยเหตุการณ์นี้

จะกระตุ้นระบบการส่งสัญญาณที่ซับซ้อน (complex signal transduction network) ที่จะเปิดกลไกการต่อต้านผู้รุกราน นอกจากนี้ รูปแบบการจัดจำแนก Guard hypothesis ที่ R protein (guard) มีการตรวจพบ modified host protein และจึงกระตุ้นระบบการส่งสัญญาณเพื่อเปิดการทำงานของระบบกลไกการต่อต้านเชื้อโรคก็เป็นอีกแนวคิดหนึ่งที่มีการนำเสนอเมื่อไม่นานมานี้

โครงสร้างและหน้าที่ยืนต้านทานโรคใหม่

ยืนต้านทานโรคใหม่ (*bast resistance gene*)

ลักษณะต้านทานโรคใหม่ถูกควบคุมโดยยืนหลัก (major gene) และยืนรอง (minor gene) ลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่ถูกควบคุมด้วยยืนหลัก จะมีความต้านทานที่จำเพาะกับสายพันธุ์ของเชื้อร้า *P. grisea* โดยยืนจะไปยับยั้งการแสดงออกของเชื้อได้อย่างสมบูรณ์ (complete resistance) ทำให้พืชไม่แสดงอาการของโรค ส่วนลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่ถูกควบคุมด้วยยืนรอง เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยืนหลายคู่ หรือลักษณะทางปริมาณ (quantitative trait loci: QTLs) ทำให้มีความต้านทานต่อเชื้อร้าสาเหตุโรคใหม่แบบไม่จำเพาะ เรียกว่า “ลักษณะต้านทานแบบบางส่วน” (partial resistance) ซึ่งเป็นลักษณะต้านทานที่ไม่สมบูรณ์ ส่งผลให้พืชมีความต้านทานต่อเชื้อในระดับต่ำ จนถึงปานกลาง และลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่ถูกควบคุมด้วยยืนดังกล่าว จะแปรเปลี่ยนไปตามอิทธิพลของสภาพแวดล้อม (Babujee and Gnanamanickam, 2000; Ballini et al., 2008; Koide et al., 2009)

จากการก้าวหน้าทางอณูพันธุศาสตร์ ทำให้มีการค้นพบยืนต้านทานโรคใหม่ไม่ต่ำกว่า 70 ยืน (ตารางที่ 1) และมีการวางแผน QTLs ที่ควบคุมลักษณะความต้านทานโรคใหม่ไม่น้อยกว่า 347 ตำแหน่ง (Koide et al., 2009) ยืนต้านทานโรคใหม่ส่วนใหญ่มีลักษณะเป็นยืนเด่น ยกเว้นยืน *pi21* ที่เป็นยืนด้อย แหล่งพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่ส่วนใหญ่ได้มาจากข้าวพื้นเมือง (landrace rice) มีเพียงยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9*, *Pi33* และ *Pi40(t)* ที่มีแหล่งกำเนิดมาจากการข้าวป่า *Oryza minuta*, *O. rufipogon* และ *O. australiensis* ตามลำดับ (ชัชวาล และสุรีพร, 2552; Koide et al., 2009) ยืนต้านทานโรคใหม่ส่วนใหญ่มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6, 11 และ 12 (ภาพที่ 2) ปัจจุบันมีรายงานการคอลนยืนต้านทานโรคใหม่สำเร็จแล้ว 17 ยืน ได้แก่ *Pib*, *Pita*, *Pi9*, *Pi2*, *Pizt*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi37*, *Pi-km*, *Pi-d3*, *Pi5*, *pi21*, *Pit*, *Pi54 (Pi-k^h)*, *Pigm*, *Pia* และ *Pi25* (ศรีสวัสดิ์ และคณะ, 2553; Chen et al., 2011)

ความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อร้าโรคใหม่จำแนกได้เป็น 2 กลุ่ม คือยืนต้านทานโรคใหม่แบบแคบ (narrow spectrum resistance gene) และยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum

resistance gene) โดยยืนต้านทานโรคใหม่แบบแคบ เป็นยืนที่มีความต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้น้อยสายพันธุ์ ตัวอย่างเช่น ยืน *Pif*, *pi21*, *Pb1* และ *Pi34* (Ballini et al., 2008) ส่วนยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง เป็นยืนที่มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้หลายสายพันธุ์ (Ballini et al., 2008) ตัวอย่างเช่น ยืน *Pi2*, *Pi5(t)*, *Pi-z*, *Piz-5*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi54 (Pi-k^h)*, *Pigm*, *Pi1(t)*, *Pi6*, *Pi9* และ *Pi33* (ชัชวาล และสุริพร, 2552; Deng et al., 2009; Fujita et al., 2009; Joshi et al., 2009; Sharma et al., 2010) Chen et al (1996; 1999) รายงานว่า ยืน *Pi2* สามารถต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในประเทศไทยเป็นปีสแลปและปีเจนได้ 445 และ 792 ไอโซเลท ตามลำดับ ในประเทศไทยรายงานว่า ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)*, *Pi-k*, *Pi-kp*, *Pi-kh*, *Pi5* และ *Pi9* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่ที่มีศักยภาพแสดงความต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในประเทศไทยได้ดี และคู่ของยืน *Pi1(t)*, *Pi9* และ *Pi1(t)*, *Pi-ta*² แสดงความต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้ดีที่สุด โดยเชื้อสามารถเข้าทำลายได้เพียง ร้อยละ 0.5 จากเชื้อที่ทดสอบหั้งหมดจำนวน 2,476 ไอโซเลท (พูนศักดิ์ และคณะ, 2550) นอกจากนี้อัตราพร และ พูนศักดิ์ (2552) ได้รายงานการประเมินยืนต้านทานโรคใหม่ที่สามารถต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้หลายสายพันธุ์และคงทนในภาคเหนือตอนล่าง โดยใช้หั้งหมด 80 ไอโซเลท พบว่า ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-4a(t)*, *Pi-ta*² และ *Pi1(t)* มีประสิทธิภาพในการต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้ดี โดยแสดงความต้านทานต่อเชื้อได้ร้อยละ 33.33, 31.15 และ 29.03 ตามลำดับ อย่างไรก็ตาม ยังเป็นที่ถกเถียงกันอยู่ว่ายืนต้านทานโรคใหม่ จะสามารถควบคุมเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้เป็นจำนวนมาก และหลากหลายในพื้นที่ต่างๆ ได้ยากวนานหรือไม่ (Qu et al., 2006)

การวางแผนยืนต้านทานโรคใหม่

การวางแผนของยืนเป็นวิธีการหนึ่ง ในการหาความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมายดีเอ็นเอกับลักษณะที่สนใจ ซึ่งสามารถจะบอกถึงจำนวน ตำแหน่ง และ ผลกระทบของแต่ละยืนที่ควบคุมลักษณะนั้นๆ การทราบตำแหน่งของยืนจะเป็นประโยชน์ต่อการคอลนยืน ศึกษาการแสดงออกของยืน และการปรับปรุงพันธุ์พืช โดยเฉพาะการปรับปรุงพันธุ์โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอช่วยในการคัดเลือก (marker assisted selection) ซึ่งช่วยให้การคัดเลือกลักษณะที่สนใจมีความแม่นยำยิ่งขึ้น ปัจจุบันมีการวางแผนยืนควบคุมลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจในข้าวอย่างแพร่หลาย และยืนต้านทานโรคใหม่ก็เป็นยืนหนึ่งที่ได้รับการวางแผนยืน การสร้างแผนที่ยืนเพื่อค้นหาตำแหน่งยืนที่ควบคุมลักษณะต้านทานโรคใหม่ โดยจะทำในประชากรที่มีการกระจายตัวทางพันธุกรรมสูง (segregating population) เช่น ประชากรของลูกผสมช่วงที่ 2 (F_2 population) ประชากรของลูกผสมกลับ (backcross population) และประชากร recombinant inbred line (RIL population) เป็นต้น จากนั้นตรวจสอบโดยใช้หลักการวิเคราะห์ทางสถิติ เพื่อจัดวางเครื่องหมายดีเอ็นเอบนแผนที่พันธุกรรมของข้าว โดยนำข้อมูลความต้านทานโรคใหม่ของ

ประชากรแต่ละต้น มีวิเคราะห์หาความสัมพันธ์กับตัวแหน่งของเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ได้ มีการจัดวางไว้บนโครโนโซมต่างๆ บนแผนที่พันธุกรรม ตัวอย่างเช่น Prasad et al. (2009) รายงานการวางแผนระห่วงยืน *Pi1(t)* ในข้าวอินดิกา (indica) สายพันธุ์ Samba mahsuri โดยใช้ประชากร F_2 ซึ่งเกิดจากการผสมระหว่าง ข้าวพันธุ์ C101LAC กับ Samba mahsuri และทดสอบความต้านทานโดยใช้เชื้อ *P. grisea* สายพันธุ์ DRR 001 พบร่วมกับ *Pi1(t)* มีตำแหน่งอยู่บนโครโนโซมคู่ที่ 11 และอยู่ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM224

ในประเทศไทย Noenplab et al. (2006) ได้รายงานการศึกษาตำแหน่งยืนต้านทานโรคใหม่ของ ข้าวพันธุ์เจ้าหอมนิล โดยใช้ประชากร RIL ของคู่ผสมระหว่างข้าวพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 กับข้าวเจ้าหอมนิล และใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ 111 เครื่องหมายในการศึกษาหาความสัมพันธ์ระหว่างตำแหน่งของ เครื่องหมายดีเอ็นเอ และลักษณะต้านทานโรคใหม่ในข้าวเจ้าหอมนิล โดยทดสอบระดับความต้านทานต่อ โรคใหม่ครองวงกับเชื้อ *P. grisea* จำนวน 3 ไอโซเลท ได้แก่ THL191, THL318 และ THL899 ในประชากร RIL จำนวน 587 ตัวอย่าง พบร่วม ข้าวเจ้าหอมนิลมี QTLs ควบคุมลักษณะต้านทานโรคใหม่จำนวน 3 QTLs มีตำแหน่งอยู่บนโครโนโซมคู่ที่ 1, 11 และ 12 โดยมีเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับ QTLs ตั้งกล่าว 14 เครื่องหมาย ซึ่งเครื่องหมายดีเอ็นเอดังกล่าว สามารถนำมาใช้เพื่อช่วยในการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์ ข้าวของไทยให้ต้านทานโรคใหม่ได้ต่อไป

ตัวอย่างยืนต้านทานโรคใหม่มีการศึกษาวิจัยในระดับจีโนมิก

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum resistance) มีตำแหน่งอยู่บนโครโนโซมคู่ที่ 11 และมีเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* จำนวน 2 เครื่องหมาย คือ เครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 และ RM224 โดยทั้ง 2 เครื่องหมายมีตำแหน่ง ห่างจากยืน *Pi1(t)* 0.0 cM (Fuentes et al., 2008) และมีข้าวสายพันธุ์ C101LAC เป็น near isogenic line ที่ใช้ในการตรวจสอบยืน *Pi1(t)*

ในประเทศไทยมีรายงานว่า ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อ สาเหตุโรคใหม่ได้หลายสายพันธุ์ จากรายงานของ พูนศักดิ์ และคณะ (2550) ที่รายงานว่า ยืนต้านทานโรค ใหม่ *Pi1(t)* มีศักยภาพแสดงความต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในประเทศไทยได้ดี โดยเชื้อสาเหตุโรค ใหม่สามารถเข้าทำลายข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* ได้เพียงร้อยละ 10 และคู่ของยืน *Pi1(t)*, *Pi9* และ *Pi1(t)*, *Pi-ta²* ยังแสดงความต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้ดีที่สุด โดยเชื้อสามารถเข้าทำลายได้ เพียง ร้อยละ 0.5 จากเชื้อที่ทดสอบทั้งหมดจำนวน 2,476 ไอโซเลท (พูนศักดิ์ และคณะ, 2550) นอกจากนี้อัจฉราพร และ พูนศักดิ์ (2552) ได้รายงานการประเมินยืนต้านทานโรคใหม่ที่สามารถต้านทาน

ต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้หลายสายพันธุ์และคงทนในภาคเหนือตอนล่าง โดยใช้เชื้อทั้งหมด 80 ไอโซเลท พบว่า ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* มีประสิทธิภาพในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้ โดยแสดง ความต้านทานต่อเชื้อไวรัสอยู่ละ 29.03 ของเชื้อทั้งหมด

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* มีตำแหน่งอยู่บนโครโนมชุดที่ 6 เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum blast resistance) สามารถต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ที่พบในประเทศไทยได้ 455 isolates และต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ที่พบในประเทศจีนได้ 792 ไอโซเลท (Chen et al., 1996, 1999) แอลลิลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* มีขนาดประมาณ 118 kb ขนาดข้าง (flanking markers) ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 และ RFLP JSH12 โดยห่างจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 ประมาณ 0.9 cM และห่างจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ RFLP JSH12 ประมาณ 0.9 cM โดยข้าวสายพันธุ์ C101A51 (near-isogenic line) จะมียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* (Jiang and Wang, 2002)

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* มีตำแหน่งอยู่ที่บริเวณ周恩โตรเมียร์ของโครโนมชุดที่ 6 (Liu et al., 2002) โดยยืน *Pi9* ถูกถ่ายทอดมาจากข้าวป่า (*Oryza minuta*: $2n=4x=48$) (Amante-Bordeos et al., 1992) ยืนต้านทาน *Pi9* นี้ สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆ ได้อย่างกว้างขวาง (broad-spectrum resistance) ตัวอย่างเช่น ยืนต้านทาน *Pi9* ในข้าวสายพันธุ์ 127-1-75 ได้รับการทดสอบกับเชื้อราสาเหตุโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆ กว่า 100 สายพันธุ์ของประเทศไทยสหพันธ์สถาบันวิจัยข้าวนานาชาติ (The International Rice Research Institute, IRRI) โดยไม่พบสายพันธุ์เชื้อราโรคใหม่ที่สามารถก่อโรคได้ นอกจากนี้ Liu et al. (2002) ได้ทำการทดสอบสายพันธุ์เชื้อราโรคใหม่อีก 43 สายพันธุ์ จาก 13 ประเทศ ที่ไม่พบสายพันธุ์เชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ใดที่สามารถก่อโรคกับข้าวสายพันธุ์ 12-1-75 ที่มียืนต้านทาน *Pi9* ได้ ยืน *Pi9* นี้ถูกโคลนปี ค.ศ 2006 (Qu et al., 2006; Zhou et al., 2006) มีโครงสร้างที่เป็น nuclear binding site (NBS) และ leucine rich repeat motif (LRR) ซึ่งโครงสร้างนี้ของยืนนี้มีความคล้ายคลึงกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2*, *Piz-t*, และ *Piz* มาถึง 96% ในระดับของกรดอะมิโน โดยบริเวณที่มีความแตกต่างกันคือ บริเวณ LRR motif จากการทดลองสลับเปลี่ยน motif ระหว่างยืนต้านทาน *Pi2* และ *Pi9* (*Pi2/Pi 9 chimeras*) พบว่าส่วน LRR motif เป็นส่วนสำคัญในการกำหนดความเฉพาะเจาะจงต่อปฏิกิริยาตอบสนองของยืนต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆ

ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi36

ข้าวอินดิการายพันธุ์ Kasalath รหัส Q61 มียืนต้านทานต่อเชื้อรากโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆ ในประเทศไทยได้ดี โดยมีตำแหน่งของยืนต้านทานอยู่บนโครโนโซมขั้วคู่ที่ 8 จากการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมข้าวจากปอนกิการายพันธุ์ Nipponbare เป็นตัวอ้างอิงในการทำนายยืนต้านทาน Pi36 พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งสาม มีโครงสร้าง ที่เป็น NBS และ LRR motif โปรตีนของ ยืน Pi36 ประกอบไปด้วย 1056 กรดอะมิโน มีเพียงหนึ่งกรดอะมิโนเท่านั้นที่ถูกแทนที่จาก Asp เป็น Ser ที่ตำแหน่ง 590 ซึ่งมีความสัมพันธ์กับลักษณะของพืชโนไทร์ที่ต้านทานโรค Pi36 เป็น single copy gene ในข้าว และมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับยืน Mla1 และ Mla6 ซึ่งเป็นยืนต้านทานโรคราแป้งในข้าวบาร์เลีย์มากกว่ายืนต้านทาน Pi-ta, Pib, Pi9 และ Piz-t ในข้าว (Liu et al., 2007)

ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54 (Pi-k^h)

ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54 พบรั้งแรกในข้าวสายพันธุ์ Tetep เดิมชื่อ Pi-k^h ต่อมานำไปเปลี่ยนชื่อเป็น Pi54 (Sharma et al. 2010) มีตำแหน่งอยู่บนแขนงข้างขวาของโครโนโซมคู่ที่ 11 เป็น Single Dominant gene ยืน Pi54 มีโครงสร้างโปรตีนต้านทานโรคชนิด Nucleotide-binding site lecine rich repeat (NBS-LRR) (Sharma et al. 2003, 2005) มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อรากโรคเดตุของโรคใบใหม่ *Magnaporthe grisea* ได้หลายสายพันธุ์ ยืน Pi54 อยู่ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ TRS26, TRS33, S129, และ RM206 โดยอยู่ห่างจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ S129₇₀₀ 4.5cM และห่างจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM206 0.7cM (Sharma et al. 2005)

ต่อมานำไปใช้เป็นเครื่องหมายช่วยในการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ Pi54 เพื่อใช้เป็นเครื่องหมายช่วยในการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอตั้งกล่าวเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด 144bp insertion / deletion (InDel) เป็น codominant marker ในข้าวที่มีแอลลีลต้านทานจะมีขนาดความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ 216 bp และข้าวที่มีแอลลีลอ่อนและมีขนาดความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ 359 bp ซึ่งสามารถตรวจสอบได้โดยใช้ agarose gel electrophorisis ทำให้ง่ายต่อการตรวจสอบ และมีความถูกต้องแม่นยำกว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด SSR (Ramkumar et al. 2011)

ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-ta

ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-ta มีตำแหน่งอยู่บนโครโนโซมคู่ที่ 12 ใกล้ๆ กับเซนโทรเมียร์ มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้หลายสายพันธุ์ แสดงความต้านทานต่อเชื้อราก

ขท 104/๑
ข้อมูลท่องถิน



สาเหตุโรคใหม่แบบยืนต่ออีน (gene-for-gene) และเป็นยืนที่มีเพียงตำแหน่งเดียวในจีโนมของข้าว (single-copy gene) พันธุ์ข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* มีหลายพันธุ์ เช่น Katy, Drew, Kaybonnet, IR64, C101 PKT และ C105 TTP 4-1-23 เป็นต้น (Fujita et al., 2009, Berruyer et al., 2003, Jia et al., 2002; Hittalmani et al., 2000)

มีรายงานการประสบความสำเร็จในการโคลนยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* เมื่อปี ค.ศ. 2000 โดย Bryan และคณะ (2000) ซึ่งรายงานว่ายืน *Pi-ta* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่ในกลุ่ม Nucleotide binding site and leucine-rich repeats (NBS-LRR) สร้างกรดอะมิโนทั้งหมดจำนวน 928 ตัว และพบว่ามีการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเพียงกรดอะมิโนเดียว ส่งผลให้เกิดความแตกต่างระหว่างข้าวที่มีแอลลีลต้านทาน และข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน โดยความแตกต่างดังกล่าวเกิดจากการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนเพียงกรดอะมิโนเดียวบริเวณตำแหน่งที่ 918 โดยแอลลีลอ่อนอาจจะมีกรดอะมิโน serine แทนที่ตำแหน่งของกรดอะมิโน alanine ของแอลลีลต้านทาน (Bryan et al. 2000) ต่อมาได้พัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ตรงตำแหน่งยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* เพื่อใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอช่วยในการคัดเลือก (Jia et al., 2002) นอกจากนี้ยังพบว่ายืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* มีศักยภาพในการต้านทานต่อเชื้อรากโรคใหม่ที่พบในประเทศไทยได้หลายสายพันธุ์ (broad spectrum blast resistance) (พุนศักดิ์ และคณะ, 2550)

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* มีลักษณะเป็นยืนเด่น (dominant gene) มีตำแหน่งอยู่บริเวณปลายด้านยาวของโครโมโซมคู่ที่ 2 สามารถต้านทานต่อเชื้อรากโรคใหม่ในญี่ปุ่นได้หลายสายพันธุ์ (Wang et al., 1999) ในปี ค.ศ. 1999 Wang และคณะ (1999) ได้ประสบความสำเร็จในการโคลนยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* โดยยืน *Pib* ถูกจัดอยู่ในกลุ่มของยืนต้านทานโรคที่มีโครงสร้างโปรตีนแบบ Nucleotide binding site and leucine-rich repeats (NBS-LRR) สร้างโปรตีนที่ประกอบด้วยกรดอะมิโนทั้งหมด 1,251 ตัว และเป็นยืนต้านทานโรคใหม่มีนแรกที่ได้รับการโคลนยืน

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* มีลักษณะเป็นครอบครัวยืนขนาดเล็ก (small gene family) ปัจจัยจากสภาพแวดล้อม เช่น อุณหภูมิ และความชื้น มีผลต่อการแสดงออกของยืน (Wang et al., 1999) ต่อมา Wang และคณะ (2001) ได้รายงานว่า อุณหภูมิ แสง น้ำ และสารเคมี (jasmonic acid, salicylic acid, ethylene และ probenazole) มีผลต่อการแสดงออกของยืนในกลุ่มนี้ (*Pib*, *PibH8*, *HPibH8-1* และ *HPibH8-2*) ด้วยเช่นกัน

ต่อมา Fjellstrom และคณะ. (2004) ได้ทำการพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pibdom* ที่มีความจำเพาะเจาะจงกับยืน *Pib* และเป็น dominant marker เพื่อใช้ประโยชน์ในการตรวจสอบยืน

ต้านทานโรคใหม่ และใช้เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอช่วยคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่นอกจากนี้ยังมีเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM208 ที่มีตำแหน่งใกล้ชิดกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* โดยมีการวางแผนห่างจากยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* ประมาณ 0.0 cM (Fjellstrom et al., 2004)

ในประเทศไทย มีรายงานว่าในต้านทานโรคใหม่ *Pib* มีประสิทธิภาพในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ที่พบในภาคเหนือตอนล่างได้ร้อยละ 23.08 จากเชื้อที่ใช้ทดสอบทั้งหมด 80 ไอโซเลท (อัจฉราพร และ พนศักดิ์, 2552)

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2*

ข้าวสายพันธุ์ Digu ของประเทศไทย สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆ จำนวน 156 สายพันธุ์ จากประเทศไทยและประเทศญี่ปุ่น และถูกนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวในประเทศไทยอย่างแพร่หลาย จากการศึกษาทางพันธุศาสตร์พบว่า ข้าวสายพันธุ์ Digu มียีนต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่อยู่สองยีนด้วยกัน คือ ยีน *Pi-d(t)1* และ *Pi-d2* โดยยีนต้านทาน *Pi-d(t)1* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 2 และยีนต้านทาน *Pi-d2* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมข้าวคู่ที่ 6 (Chen et al., 2006) ซึ่งต่อมายีนต้านทาน *Pi-d2* ได้ถูกโคลนในปี ค.ศ. 2006 โดย Chen และคณะ ยีนต้านทาน *Pi-d2* นี้มีโครงสร้างของโปรตีนที่แตกต่างจากยีนต้านทานตัวอื่นๆ คือ มีส่วนของน้ำตาลmannose ในส่วนที่สามารถจับกับแลคตินได้อย่างภายนอกเซลล์ (a bulb-type mannose specific binding lectin, B-lectin) และในส่วนภายในเซลล์มีโครงสร้าง serine-threonine kinase domain ซึ่งโปรตีนจากยีนต้านทาน *Pi-d2* นี้จะมีตำแหน่งอยู่ที่เยื่อหุ้มเซลล์ โดยข้าวที่สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่มียีนต้านทาน *Pi-d2* แตกต่างจากข้าวที่ไม่สามารถต้านทานเพียงแค่กรดอะมิโนหนึ่งตัวที่ตำแหน่ง 441 ของโปรตีนยีนต้านทานเท่านั้น

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3*

ยืนยัน Pi-d3 ได้ถูกค้นพบโดย Shang และคณะ ในปี 2009 ด้วยการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ของข้าว ชนิด Nucleotide-binding site – Leucine rich repeat (NBS-LRR) ระหว่างจีโนมของข้าว 2 สายพันธุ์ คือ ข้าวอินดิเกา 93-11 และข้าว japonica Nipponbare จากนั้นทำการศึกษาการกระจายตัวของยีนในกลุ่มดังกล่าวในประชากรของข้าวที่เกิดจากการผสมระหว่างพ่อแม่พันธุ์ที่มีความแตกต่างกันในด้านความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ โดย Shang และคณะ ค้นพบยืนยัน Pi-d3 ข้าวสายพันธุ์ Digu จากประเทศจีน โดยแอลลีลของยีน Pi-d3 ที่ไม่สามารถต้านทานต่อโรคใหม่ได้นั้นเกิดจากการกลายแบบ nonsense mutation ที่ตำแหน่งลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ 2208 จากตำแหน่งเริ่มต้นของการสังเคราะห์โปรตีน ทำให้สังเคราะห์ได้โปรตีนที่มีขนาดสั้นลง เนื่องจากการกลายดังกล่าวเกิดเป็น

stop codon นั้นเอง โดยการกลایในลักษณะนี้พบได้โดยมากในข้าวอินดิกา (29 สายพันธุ์จากการตรวจสอบ 32 สายพันธุ์ข้าวอินดิกา) แต่มักไม่พบในข้าวจากอนิกา (จากการตรวจสอบข้าวจากอนิกา 32 สายพันธุ์) กล่าวคือ ยืน *Pi-d3* เป็นยืนที่มีการแสดงออกอยู่ในทั้งข้าวสายพันธุ์ที่ต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ และในสายพันธุ์ที่ไม่ต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ แต่จะแสดงออกในรูปของ pseudogene เนื่องจากการกลایพันธุ์ดังที่ได้กล่าวมาข้างต้น ปัจจุบันมีรายงานว่า yein *Pi25* และ yein *Pid3* เป็นยืนตัวเดียวที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์เหมือนกัน 100 เปอร์เซ็นต์ (Okuyama et al., 2011)

นอกจากนี้ Shang และคณะ (2009) ได้พัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด derived cleaved amplified polymorphic sequences (dCAPS) จำนวน 2 เครื่องหมาย สำหรับใช้ในการตรวจสอบแอลลีล ของยืน *Pi-d3* ในข้าวสายพันธุ์ต่างๆ ดังนี้

- เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pid3-dCAPS-1* มีลำดับนิวคลีโอไทด์ของคู่ไฟรเมอร์ดังนี้ F-TACTACTCATGGAAGCTAGTTCTC และ R-GCAGCACCTCTTGACTACTGTCTGT โดยจะเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอขนาด 178 คู่เบส และเมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะชนิด *XbaI* แอลลีลไม่ต้านทานของยืน *Pi-d3* จะถูกตัดชิ้นดีเอ็นเอออกประมาณ 20 คู่เบส ส่วนแอลลีล ต้านทานของยืน *Pi-d3* จะไม่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ดังกล่าวจึงมีชิ้นดีเอ็นเอขนาดเท่าเดิม

- เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pid3-dCAPS-2* มีลำดับนิวคลีโอไทด์ของคู่ไฟรเมอร์ดังนี้ F- TACTACTCATGGAAGCTAGTTCTC และ R- AGCACTTCTTGACTACTGTCTGCCT โดยจะเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอขนาด 178 คู่เบส และเมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะชนิด *BamHI* แอลลีลไม่ต้านทานของยืน *Pi-d3* จะถูกตัดชิ้นดีเอ็นเอออกประมาณ 20 คู่เบส ส่วนแอลลีล ต้านทานของยืน *Pi-d3* จะไม่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ดังกล่าวจึงมีชิ้นดีเอ็นเอขนาดเท่าเดิม

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)*

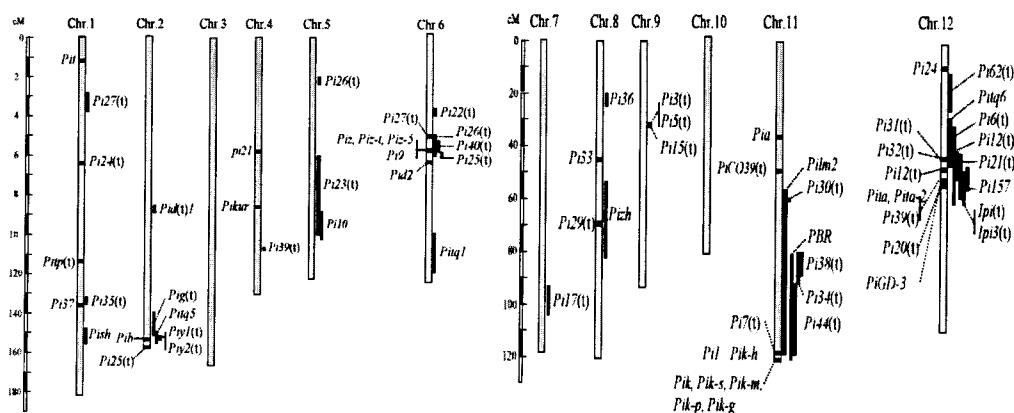
ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* พบริบในข้าวสายพันธุ์ Guomei 4 ของประเทศไทย เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง โดยพบว่า yein ดังกล่าวมีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้ดีกว่ายืน *Pi1(t)*, *Pi2*, และ *Pi3* มีขนาดประมาณ 70 kb ซึ่งอยู่ระหว่างเครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 และ C0428 บนโครโมโซมที่ 6 ซึ่งประกอบด้วย yein ต้านทานโรคใหม่ของข้าว ชนิด Nucleotide-binding site– Leucine rich repeat (NBS-LRR) 5 ชนิด (Deng et al., 2006) ต่อมามีการคอลน yein ต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* สำเร็จและพบว่า yein ดังกล่าวจัดอยู่ในกลุ่มของ yein ต้านทานโรคชนิด Nucleotide-binding site– Leucine rich repeat (NBS-LRR) (Deng et al., 2009) มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ดีกว่า

Pi2, *Pi9*, *Piz* และ *Pizt* การตรวจสอบแลลีของยีน *Pigm(t)* ในข้าวสามารถทำได้โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 และ Indel marker S29742

- เครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด CAPS marker โดยมีลำดับนิวคลีอไทด์ของคู่พرمอร์ดังนี้ F-5' TTAGGCTGCTTGTCTTGG-3' และ R-5'GGGAGGGAGGAATGGTAGGAA-3' โดยจะเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอขนาด 468 คู่เบส และเมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะชนิด EcoRI แลอลลีส์ไม่ต้านทานของยีน *Pigm(t)* จะมีตำแหน่งตัดจำเพาะของเอนไซม์ EcoRI ทำให้สามารถตัดชิ้นดีเอ็นเอได้ส่วนแลอลลีส์ต้านทานของยีน *Pigm(t)* ไม่มีตำแหน่งตัดจำเพาะของเอนไซม์ EcoRI ไม่สามารถถูกตัดด้วยเอนไซม์ดังกล่าวทำให้มีชิ้นดีเอ็นเอขนาดเท่าเดิม

- เครื่องหมายดีเอ็นเอ Indel marker S29742 มีลำดับนิวคลีโอไทด์ของคู่เพรเมอร์ดังนี้ F- 5’CAGTGAAACGAAACGCTATG-3’ และ R- 5’AATAGGAAGGGTTGATGTTG-3’ โดยแอลลีล์ต้านทานจะปรากฏแบบดีเอ็นเอขนาด 555 bp ส่วนแอลลีล์ไม่ต้านทานของยีน *Pigm(t)* จะปรากฏแบบดีเอ็นเอขนาด 461 bp

ปัจจุบันมีรายงานการวางแผนยึดต้านทานโรคใหม่ในจีโนมข้าวอย่างแพร่หลาย (ตารางที่ 1 และ ภาพที่ 2) และพัฒนาข้าวที่มียึดต้านทานโรคใหม่ (ตารางที่ 2) และซึ่งข้อมูลคำแนะนำยึดต้านทานโรคใหม่นี้เป็นข้อมูลที่ได้จากการข้อมูลสารสนเทศ (Oryzabase และ Gramene) โดยพบรการกระจายตัวของยึดต้านทานโรคใหม่เกือบทุกโครงโมโนซิม ยกเว้นโครงโมโนซิมคู่ที่ 3 และ 10



ภาพที่ 2 ตำแหน่งของยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวที่มีการรายงานเมื่อปี 2008 (Koide et al., 2009).

ตารางที่ 1 ยีนต้านทานโรคใหม่ และเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ในการคัดเลือก

Target gene	Chromosome	Distance	Marker
<i>Pi27(t)</i>	1	11.9	RM151
		9.7	RM259
<i>Pi35(t)</i>	1	3.5	RM1216
		3.5	RM1003
<i>Pid1</i>	2	14.5	RM262
<i>Pib</i>	2	0	RM208, Pibdom
<i>pi21</i>	4	0	P702D03#79
<i>Pigm (t)</i>	6	2	C26348
		-	<i>Pigm (t)-C5483</i>
		-	<i>Pigm (t)-S29742</i>
<i>Pi-d2</i>	6	0	<i>Pi-d2</i>
<i>Pi9</i>	6	-	pB8 <i>Pi9</i>
		0	NBS2- <i>Pi9</i> -195-1
<i>Pid3</i>	6	0	<i>Pid3-d CAPS-1</i> , <i>Pid3-d CAPS-2</i>
<i>Pi5</i>	9	0	76B14f, 40N23r
<i>Pi38</i>	11	4	RM206
		16	RM21
<i>Pik</i>	11	0	k8823, K8824
<i>Pik-s</i>	11	0	RM224, RM1233
<i>Pi54 (Pi-k^h)</i>	11	0.7	Pi54 SSR
		0	Pi54 MAS
<i>Pi1(t)</i>	11	0	RM1233
		-	RM224
<i>Pi2(t)</i>	11	0.9	SSR140
<i>Pi-ta</i>	12	0	Pi-ta 440, Pi-ta 1042, Pi-ta 403
<i>Pi20(t)</i>	12	0	RM1337
		-	RM5364
<i>Pi39(t)</i>	12	0	39M6

ที่มา: ดัดแปลงมาจาก Koide et al., 2009

ตารางที่ 2 พันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่จาก IRRI

ลำดับ	พันธุ์ข้าว	ยืนต้านทาน	อ้างอิง
1	CT9933	No information	
2	C101 LAC	<i>Pi1(t)</i>	Ram et al., 2007
3	C101TPP	<i>Pi4a</i>	พูนศักดิ์ และคณะ, 2550
4	C104 LAC	<i>Pi1(t)</i>	Berruyer et al., 2003
5	C104 PKT	<i>Pi3,</i>	Ram et al., 2007
6	C105 TPP 4-1-23	<i>Pi4b, Pi-ta</i>	Ram et al., 2007; Berruyer et al., 2003
7	C101 PKT	<i>Pi4a, Pi-ta,</i>	Ram et al., 2007; Hittalmani et al., 2000
8	IR64	<i>Pi-ta, Pib, Pi20</i>	Fujita et al., 2009; Sridhar et al., 1999
9	CO39*	<i>Pia,</i>	Ram et al., 2007
10	C102PKT	<i>Pi4a,</i>	Ram et al., 2007
11	AZUCENA	<i>Piz, Piz-t, Pik-m,</i> <i>Pik-p, Pit</i>	Kim et al., 2010
12	C103TPP	<i>Pi1(t)</i>	Berruyer et al., 2003
13	C101A51	<i>Pi2, Piz-5</i>	Ram et al. 2005; Hittalmani et al., 2000

หมายเหตุ * CO39 เป็นพันธุ์ข้าวที่แสดงลักษณะอ่อนแอก่อโรคใหม่ อย่างไรก็ตาม มีการรายงานว่า CO39 มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pia* (Telebano-Yanoria et al., 2010)

ด้วยความก้าวหน้าทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพในปัจจุบัน ส่งผลให้มีการคอลนยีนที่เกี่ยวข้องกับการต้านทานโรคใหม่สำเร็จแล้วจำนวน 18 ยีน ได้แก่ *Pib, Pi-ta, Pi54 (Pi-kh), Pi9, Pi2, Pizt, Pi-d2, Pi36, Pi37, Pi-km, Pi-d3, Pi5, pi21, Pit, Pigm(t), Pb1, Pi25* และ *Pia* (ตารางที่ 3) โดยยืนต้านทานโรคใหม่จำนวน 16 ยีนที่มีปรตีนต้านทานอยู่ในกลุ่มที่ 1 คือ Nucleotide binding site -Leucine-rich repeats (NBS-LRR) ได้แก่ ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่ตัวแรกที่ได้รับการคอลนยีน (Wang et al., 1999) ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ซึ่งข้าวที่มียืนต้านทาน *Pi-ta* สามารถต้านทานต่อเชื้อรากโรคใหม่

ตารางที่ 3 ยีนต้านทานโรคใหม่ที่ได้รับการโคลนยืน และโปรตีนต้านทานโรค

ยีน	โครโมโซม	โปรตีน	อ้างอิง
<i>Pib</i>	2	NBS-LRR	Wang et al., 1999
<i>Pi-ta</i>	12	NBS-LRR	Bryan et al., 2000
<i>Pi54 (Pi-kh)</i>	11	NBS-LRR	Sharma et al., 2005
<i>Pi9</i>	6	NBS-LRR	Qu et al., 2006
<i>Pi2</i>	6	NBS-LRR	Zhou et al., 2006
<i>Pizt</i>	6	NBS-LRR	Zhou et al., 2006
<i>Pi-d2</i>	6	B-lectin	Chen et al., 2006
<i>Pi36</i>	8	CC-NBS-LRR	Liu et al., 2007
<i>Pi37</i>	1	NBS-LRR	Lin et al., 2007
<i>Pi-km</i>	11	NBS-LRR	Ashikawa et al. 2008
<i>Pi-d3</i>	6	NBS-LRR	Shang et al., 2009
<i>Pi5</i>	9	CC-NBS-LRR	Lee et al., 2009
<i>pi21</i>	4	Proline-rich protein	Fukuoka et al., 2009
<i>Pit</i>	1	NBS-LRR	Hayashi and Yoshida, 2009
<i>Pigm(t)</i>	6	NBS-LRR	Deng et al., 2009
<i>Pb1</i>	11	CC-NBS-LRR	Hayashi et al., 2010
<i>Pi25</i>	6	NBS-LRR	Chen et al., 2011
<i>Pia</i>	11	NBS-LRR	Okuyama et al., 2011

(*Magnaporthe grisea*) ที่มียีน AVR-*Pi-ta* ตามความสัมพันธ์ยืน-ต่อ-ยืน (Gene for gene concept) โดย *Pi-ta* จัดเป็นโปรตีนยืนต้านทานในกลุ่มที่ 1 ที่แปลรหัสได้เป็น Putative cytoplasmic receptor ที่มีส่วนกลางเป็น nucleotide-binding site และ leucine rich domain (LRD) ที่บริเวณ C-terminus การเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนเพียงตัวเดียวใน *Pi-ta* บริเวณ LRD จะทำให้เกิดการสูญเสียความสามารถต้านทานของข้าว โดยจะทำให้เกิดปฏิกิริยาสัมพันธ์กับโปรตีนจาก AVR – *Pi-ta* เสียไป (Bryan et al., 2000) ยีน *Pi-kh* สร้างโปรตีนต้านทานชนิด NBS-LRR (Sharma et al., 2005) ต่อมาเปลี่ยนชื่อเป็นยีน *Pi54* (Sharma et al., 2010) ยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi2*, *Pi9* และ *Pizt* เป็นยีนต้านทานโรคใหม่ที่มีลักษณะคล้ายกันมาก และ

มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 เช่นเดียวกันกับยีน *Pigm(t)* ซึ่งมีโปรตีนต้านทานโรคเป็นแบบ NBS-LRR เหมือนกัน (Qu et al., 2006; Zhou et al., 2006; Deng et al., 2009) ต่อมาเมื่อการโคลนยืนต้านทานโรคใหม่เพิ่มเติมอีก คือ *Pi37*, *Pi-km*, *Pid3* และ *Pit* ซึ่งมีโปรตีนของยีนต้านทานโรคเป็นแบบ NBS-LRR (Lin et al., 2007; Ashikawa et al. 2008; Hayashi and Yoshida, 2009; Shang et al., 2009)

ส่วนยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi36*, *Pi5* และ *Pb1* มีโปรตีนของยีนต้านทานโรคใหม่ เป็นแบบ CC-NBS-LRR ซึ่งจัดอยู่ในกลุ่มของยีนต้านทานชนิด NBS-LRR (Liu et al., 2007; Lee et al., 2009; Hayashi et al., 2010) ล่าสุดมีการโคลนยืนต้านทานโรคใหม่สำเร็จเพิ่มเติมอีก 2 ยีน คือ ยีน *Pia* และ *Pi25* ซึ่งยืนดังกล่าวสร้างโปรตีนต้านทานโรคชนิด NBS-LRR (Chen et al., 2011; Okuyama et al., 2011)

นอกจากโปรตีนต้านทานโรคชนิด NBS-LRR แล้ว ยังพบว่า yin-t้านทานโรคใหม่มีโปรตีนต้านทานโรคแบบอื่นอีก เช่น ยีน *Pi-d2* ซึ่งเป็นยีนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 มีโครงสร้างของโปรตีนที่แตกต่างจากยีนต้านทานตัวอื่นๆ คือ มีส่วนของน้ำตาลmannoseที่สามารถจับกับแลคตินได้อยู่ภายนอกเซลล์ (a bulb-type mannose specific binding lectin, B-lectin) และในส่วนภายในเซลล์มีโครงสร้าง serine-threonine kinase domain ซึ่งโปรตีนจากยีนต้านทาน *Pi-d2* นี้จะมีตำแหน่งอยู่ที่เยื่อหุ้มเซลล์ (Chen et al., 2006) ยีนต้านทานโรคใหม่ที่กล่าวมาทั้งหมดนี้มีลักษณะเป็นยีนเด่นและมีความจำเพาะกับเชื้อสาเหตุโรคใหม่ แต่ยังมียีนต้านทานโรคใหม่อีกยีนหนึ่ง ที่ได้รับการโคลนยืนและมีลักษณะเป็นยีนด้อย คือ ยีนต้านทานโรคใหม่ *pi21* ซึ่งเป็นยีนที่ไม่มีความจำเพาะกับเชื้อ สามารถต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้หลายสายพันธุ์ โดยยืนดังกล่าวมีเพียงตำแหน่งเดียว (single copy gene) มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 4 สร้างโปรตีนต้านทานโรคชนิด Proline-rich protein (Fukuoka et al., 2009)

ยีนต้านทานโรคใหม่เหล่านี้จะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการควบคุมการเข้าทำลายของเชื้อสาเหตุ โรคใหม่ และลดความเสียหายของผลผลิตข้าวอันเป็นผลมาจากการระบาดของโรคใหม่ การใช้พันธุ์ต้านทานนับเป็นวิธีควบคุมโรคใหม่ที่มีประสิทธิภาพที่สุด โดยลดความเสียหายจากการระบาดของโรคได้เป็นอย่างดี แต่การใช้ยีนต้านทานโรคใหม่แบบแครบที่จำเพาะกับเชื้อเพียงไม่กี่สายพันธุ์ จะส่งผลให้พันธุ์ข้าวสูญเสียความต้านทานต่อโรคได้ในระยะเวลาเพียงไม่กี่ปี เนื่องจากเชื้อมีการปรับตัวและมีวิวัฒนาการให้สามารถเข้าทำลายข้าวได้ (ชาญณรงค์, 2553; Sreewongchai et al., 2010) ดังนั้นการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่โดยใช้ยีนต้านทานแบบกว้าง หรือ การปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ โดยการรวมยีนต้านทานโรคใหม่โดยใช้ยีนต้านทานแบบกว้าง หรือ การปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่โดยการรวมยีนต้านทานโรคใหม่หลายๆ ยีน (gene pyramiding) จึงเป็นแนวทางในการปรับปรุงพันธุ์ข้าว ให้ต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้อย่างยั่งยืน

ยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวป่า และข้าวพื้นเมือง

ยืนความคุ้มลักษณะต้านทานโรคใหม่ส่วนใหญ่พบในข้าวพื้นเมือง และข้าวป่า เช่น ยืน $Pi1(t)$ จากข้าวสายพันธุ์ LAC23, $Pi2(t)$ จากข้าวสายพันธุ์ 5173, $Pi-3(t)$ และ $Pi-4^o(t)$ จากข้าวสายพันธุ์ Pai-kan-tao และยืน $Pi-4^b(t)$ จากข้าวสายพันธุ์ Tetep เป็นต้น พันธุ์ข้าวเหล่านี้เป็นข้าวพื้นเมืองที่ได้รับการเก็บรวบรวมไว้ที่สถาบันวิจัยข้าวนานาชาติ (IRRI) (Mackill and Bonman, 1992) ต่อมามีการใช้ประโยชน์จากยืนต้านทานโรคใหม่ที่พบรูปในข้าวป่าและข้าวพื้นเมืองอย่างกว้างขวาง เพื่อนำมาปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ เช่น การพัฒนาข้าวสายพันธุ์คล้าย CO39 (near-isogenic lines) ที่มีลักษณะต้านทานโรคใหม่จากยืนต้านทานโรคใหม่ $Pi1(t)$, $Pi2(t)$, $Pi-3(t)$, $Pi-4^o(t)$ และยืน $Pi-4^b(t)$ โดยมีข้าวสายพันธุ์ LAC23, 5173, Pai-kan-tao และ Tetep เป็นสายพันธุ์ให้ยืนต้านทานโรคใหม่ ตามลำดับ และมีข้าวสายพันธุ์ CO39 ซึ่งอ่อนแอต่อโรคใหม่เป็นสายพันธุ์รับ ทำการผสมกลับจนถึงประชากร BC_6F_3 จนได้ข้าวสายพันธุ์คล้าย CO39 ที่มียืนต้านทานโรคใหม่ ได้แก่ C101LAC ($Pi1(t)$), C101A51 ($Pi2(t)$), C104PKT ($Pi-3(t)$), C101PKT ($Pi-4^o(t)$) และ C105TPP ($Pi-4^b(t)$) (Mackill and Bonman, 1992) ต่อมาราชวัสดุคล้าย CO39 เหล่านี้ถูกนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่อย่างแพร่หลาย เช่น Hittamani et al. (2000) เป็นต้น (ตารางที่ 4)

ข้าวพันธุ์ Digu ของประเทศไทย เป็นแหล่งพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้างจำนวน 3 ยืนได้แก่ $Pi-d(t)1$, $Pi-d2$, และ $Pi-d3$ ได้รับการปรับปรุงพันธุ์มาจากข้าวพื้นเมืองอินดิการาสายพันธุ์ Gunong 13 และใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ในประเทศไทย (Chen et al., 2004a; Chen et al., 2009) เช่น การปรับปรุงพันธุ์ข้าวพันธุ์ G46B ให้ต้านทานโรคใหม่ โดยการรวมยืนต้านทานโรคใหม่จำนวน 3 ยืน ได้แก่ ยืน $Pi-d(t)1$, Pib , และ $Pi-ta2$ โดยมีข้าวพันธุ์ Digu, BL-1, และ $Pi-4$ เป็นแหล่งพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่ ตามลำดับ โดยใช้เครื่องหมายเดียวกันในการคัดเลือก (Chen et al., 2004b)

ข้าวพันธุ์ Tetep เป็นข้าวพื้นเมืองของประเทศไทย เวียดนาม มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่อย่างกว้างขวาง และเป็นแหล่งพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่ $Pi-ta$ ในข้าวพันธุ์ปรับปรุง Katy, Madison, Kaybonnet, และ Drew นอกจากนี้ ข้าวพื้นเมืองพันธุ์ Tetep ยังเป็นแหล่งพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่ $Pi54$ และถูกนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าว Basmati ให้ต้านทานโรคใหม่ โดยใช้เครื่องหมายเดียวกัน RM206 ช่วยในการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวแบบผสมกลับ และได้มีการผนวกยืนต้านทานโรคใหม่อื่นๆ ได้แก่ $Pi1(t)$, $Pi-ta$, $Pi-z5$, Pib , $Pi5$ และ $Pi9$ เข้าไปในประชากรชั่วที่ BC_4F_1 ต่อไป (Sing et al., 2011)

ตารางที่ 4 การใช้เครื่องหมายดีเย็นเอช่วยในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่

Gene	Donor	Ch.	Markers	Crosses	References
<i>Pi1(t)</i>	C101LAC	11	Npb181, RZ536	C101LAC / C101A51 // C101LAC / C101PKT	Hittalmar et al., 2000
<i>Piz-5</i>	C101A51	6	RZ64, RZ612, RG456, RG64-SAP		
<i>Pi-ta</i>	C101PKT	12	RG869, RZ397, RG241		
<i>Pi54</i>	Tetep	11	RM206	Tetep /Basmati	Sing et al., 2011
<i>Pi-d(t)1</i>	Digu,	2	-	Digu/ G46B// BL-1/	
<i>Pib</i>	BL-1,	2	-	G46B/// Pi-4/ G46B	Chen et al., 2004b
<i>Pi-ta2</i>	Pi-4	12	-		
<i>Pish</i>	IRBLsh-S[CO]	1	RM7419, RM1268, RM6648, RM5811	IRBLsh-S[CO] / IRBLb-W[CO]	Koide et al., 2010
<i>Pib</i>	IRBLb-W[CO]	2	RM208, Pibdom		
QTLs	IR64	2	RM208		
		12	RM179	IR64 / Jao Hom Nin	Sreewongchai et al., 2010
QTLs	Jao Hom Nin	1	RM212, RM319		
		11	RM144, RM139		
QTLs	Jao Hom Nin	1	RM319, RM212	RD6/Jao Hom Nin	Wongsaprom et al., 2010
		11	RM224, RM114		
QTLs	RD6 / P0489	2	RM48, RM207		
		12	RM313, RM277	RD6 / P0489 //	Suwannual et al.,
QTLs	RD6/ Jao Hom	1	RM319, RM212	RD6/ Jao Hom Nin	2009
	Nin	11	RM224, RM114		

ที่มา: ตัดแปลงจาก ศรีสวัสดิ์ แคลคณะ, 2553

นอกจากข้าวพื้นเมืองแล้ว ข้าวป่าก็ถูกนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ด้วย เช่นกัน Ram et al, 2005 ได้ทำการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่แบบกว้างด้วยวิธีการปรับปรุง พันธุ์แบบมาตรฐาน โดยผสมระหว่างข้าวพันธุ์ปลูก B 32-sel-4 ที่ให้ผลผลิตสูงแต่ไม่ต้านทานโรคใหม่ กับข้าวป่าสายพันธุ์ *O. rufipogon* ของประเทศไทยเดียว แล้วนำต้น F_1 ที่ได้มาผสมกับข้าวพันธุ์ B29-6 ซึ่ง เป็นข้าวทนเค็ม จากนั้นทำการคัดเลือกต่อโดยใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์แบบสืบประวัติ (pedigree selection) จนถึงประชากรชั้วที่ 5 (F_5) และทดสอบความต้านทานโรคใหม่ จนได้ข้าวสายพันธุ์ปรับปรุง B 90-15 (IET 15420) ที่ให้ผลผลิตสูงและต้านทานโรคใหม่

วิธีการวิจัย

1. การเก็บรวบรวมพัณฑุข้าว

1. รวบรวมพัณฑุข้าวพื้นเมืองจากแปลงปลูกของเกษตรกรในจังหวัดอุบลราชธานี จากแหล่งปลูกข้าวในภาคเหนือ ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี หน่วยค้นหาและใช้ประโยชน์จากยืนข้าว และธนาคารเชื้อพันธุ์พืช ประกอบด้วย พัณฑุข้าวพื้นเมืองจากภาคเหนือ, ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ หรือภาคอีสาน (ข้าวขี้นน้ำ และ ข้าวนานาสวน) และ ภาคใต้ ข้าวป่า และข้าวพันธุ์ปรับปรุงต้านทานโรคใหม่

2. เก็บรวบรวมสายพันธุ์ข้าวที่มีเย็นต้านทานโรค *Pi9* โดยดำเนินการขอสายพันธุ์ข้าวที่มีเย็นต้านทานโรคใหม่ *Pi9* จาก ดร. Guo-liang Wang มหาวิทยาลัยแห่งรัฐโอไฮโอ เพื่อทำการเพิ่มปริมาณข้าวที่มีเย็นต้านทานโรคเชื้อราใบไหม้ (*Pi9*) ณ. เรือนแพททดลองของภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

2. การสกัดดีเอ็นเอ

การสกัดดีเอ็นเอจากข้าว โดยประยุกต์จาก CTAB extraction procedure ของ Doyle and Doyle (1990) ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

นำตัวอย่างใบข้าวสดอายุ 4-5 สัปดาห์ จำนวน 1-2 กรัม มาบดให้ละเอียดในโกร่งโดยใช้ไมโครเจนเหลว จากนั้นนำส่วนผสมไปที่บดละเอียดใส่ในหลอดทดลอง ขนาด 2 ml เติม warm 2% CTAB extraction buffer [2 % (W/V) CTAB, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA (pH 8.0), 100 mM Tris- HCl (pH 8.0) และ 2 % B – mercaptoethanol] ปริมาตร 700 μ l ผสมให้เข้ากันอย่างดี จากนั้นนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 65°C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง นำหลอดทดลองมาวางให้เย็นที่อุณหภูมิห้อง เติม Chloroform : isoamyl alcohol (24 : 1) 840 μ l ผสมเบาๆ ให้เข้ากัน และนำไปปั่นให้วุ่นที่ความเร็วรอบ 12,000 rpm ที่อุณหภูมิ 4°C นาน 30 นาที จากนั้นนำไปเปตเอกสารละลายส่วนใส่ส่วนหลอดทดลองใหม่ เติม isopropanol เย็นจัด ปริมาตร 1 volume ของสารละลายที่ไปเปตได้ ผสมเบาๆ ให้เข้ากัน นำไปแช่เย็นที่อุณหภูมิ 4°C ประมาณ 30 นาที และนำไปปั่นให้วุ่นที่ความเร็วรอบ 12,000 rpm ที่อุณหภูมิ 4°C นาน 20 นาที และเทสารละลายส่วนใส่ทิ้ง ล้างตะกอนดีเอ็นเอด้วย 70% ethanol เย็นจัด 2 ครั้ง ตากตะกอน ดีเอ็นเอให้แห้ง ละลายตะกอนดีเอ็นเอด้วย TE buffer และ กำจัดโปรตีนด้วย RNase A (10 mg / ml) บ่มที่ 37 °C นาน 1 ชั่วโมง หลังจากนั้นเติม phenol: chloroform: isoamyl alcohol (25:24 :1 ; pH 8.0) ปริมาตร 1 volume ผสมและนำไปปั่นให้วุ่นที่ความเร็ว 10,000 rpm นาน 15 นาที ไปเปต supernatant ใส่หลอดใหม่แล้วเติม Chloroform : Isoamyl alcohol (24 : 1) 1 volume

นำไปเหวี่งที่ความเร็ว 10,000 rpm ที่อุณหภูมิห้อง นาน 15 นาที ไปเปตส่วนใส่หลอดใหม่ เติม 3M Sodium acetate ปริมาตร 1/10 volume ผสมเบาๆ แล้วนำไปปั่นเหวี่งที่ 12,000 rpm ที่อุณหภูมิ 4 °C นาน 30 นาที แล้วเทสารส่วนใส่ด้านบนทิ้ง ล้างตะกอนด้วย 75 % ethanol 2 ครั้ง ตะกอนให้แห้ง ละลายตะกอนดีอี็นเอด้วย TE buffer ปริมาณ 65 μl เก็บไว้ที่อุณหภูมิ -20 °C

การตรวจสอบปริมาณและคุณภาพดีอี็นเอ

ตรวจสอบปริมาณและคุณภาพดีอี็นเออย่างคร่าวๆ โดยวิธี Agarose gel electrophoresis โดยใช้ agarose ความเข้มข้น 1% ในสารละลาย TBE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้าที่ 100 วัตต์ นานประมาณ 45 นาที ตรวจดูแถบดีอี็นเอ ภายใต้แสงอุլต拉ไวโอลेट เพื่อประมาณความเข้มข้นและคุณภาพของดีอี็นเออย่างคร่าวๆ เปรียบเทียบกับแถบดีอี็นเอมาตรฐาน

3. สืบค้นไพรเมอร์ของยีนที่ควบคุมลักษณะการต้านทานโรคเชื้อราในเมล็ด

สืบค้นและตรวจสอบข้อมูลของ primer sequences ของเครื่องหมายดีอี็นเอของยีนที่ควบคุมลักษณะต้านทานโรคใหม่ เน้นการใช้ gene specific markers และ microsatellite markers เพราะมีความจำเพาะเจาะจงกับยีนที่ควบคุมลักษณะที่ศึกษา จากการสืบค้นและรวบรวมข้อมูลของ primer sequences ที่ควบคุมลักษณะการต้านทานโรคใหม่ในข้าว สามารถสืบค้นเครื่องหมายดีอี็นเอของยีนต้านทานโรคใหม่ ได้จำนวน 10 ยีน แบ่งเป็นเครื่องหมายดีอี็นเอที่ตรงตำแหน่งยีน (gene specific markers) จำนวน 6 ยีนได้แก่ Pi9, Pi54, Pi-d2, Pi-d3, Pi-ta และ Pib และเครื่องหมายดีอี็นเอที่ใกล้ชิดกับยีนต้านทานโรคใหม่จำนวน 4 ยีน ได้แก่ ยีน Pigm(t), Pi1(t), Pi2 และ Pi36 ดังแสดงในตารางที่ 5

4. การตรวจสอบยีนควบคุมลักษณะต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง โดยใช้เครื่องหมายดีอี็นเอ

4.1 การตรวจสอบหา_yein_ต้านทานโรคใหม่ Pi-d2

นำดีอี็นเอของตัวอย่างข้าวพื้นเมืองมาตรวจสอบหา_yein_ต้านทานโรคใหม่ Pi-d2 ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้เครื่องหมายดีอี็นเอที่เฉพาะกับยีนต้านทานโรคใหม่ Pi-d2 (Pi-d2Con2F/Con2R) (Chen et al., 2006) โดย PCR reaction ประกอบด้วย ดีอี็นเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), MgCl₂ 1.25 มิลลิโมลาร์, dNTPs 0.1 มิลลิโมลาร์, primer 0.25 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต ปรับปริมาตรด้วย dH₂O ให้ได้ 20 ไมโครลิตร ใช้อุณหภูมิในการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ ดังนี้ อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วย 30 รอบ ของ denature ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 40 วินาที annealing ที่อุณหภูมิ 58 องศาเซลเซียสนาน 40 วินาที และ extension ที่

อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที และ Final extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที

หลังจากนั้นนำ PCR product มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Mlu*I เพื่อถูกความแตกต่างระหว่างตัวอย่างข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีน *Pi-d2* และพันธุ์ข้าวที่ไม่มีแอลลีลไม่ต้านของยีน *Pi-d2* โดยพันธุ์ข้าวที่มียีน *Pi-d2* นั้นจะมีลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ตรงกับ recognition site ของ *Mlu*I ทำให้ถูกตัดด้วยเอนไซม์ดังกล่าวได้ ทำให้ได้ขนาดดีเอ็นเอ 400 และ 700 bp ทำการแยกขนาดดีเอ็นเอ ด้วยวิธี 2% agarose gel electrophorasis ทำการทดลองซ้ำสองครั้ง

4.2 การตรวจสอบ hairy ต้านทานโรคใหม่ *Pi9*

การตรวจสอบยีน *Pi9* โดยใช้ไพรเมอร์ *pB8*

ตรวจสอบ hairy ต้านทานโรคใหม่ *Pi9* ในข้าวพื้นเมืองไทยด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่เฉพาะกับยีนต้านทาน *Pi9* (*pB8*) F-5'CCCAATCTCCAATGACCCATAAC -3' และ R-5' CCGGACTAAGTA CTGGCTTCGATA-3' (Liu et al., 2002) โดย PCR reaction มีองค์ประกอบดังนี้ ดีเอ็นเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream *Taq* buffer), MgCl₂ 1.25 มิลลิโมลาร์, dNTPs 0.1 มิลลิโมลาร์, primer 0.25 ไมโครโมลาร์ และ *Taq* DNA polymerase 1 ยูนิต ปรับปริมาตรด้วย dH₂O จนได้ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ใช้อุณหภูมิในการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ดังนี้ อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วย 30 รอบ ของ Denature ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที annealing ที่อุณหภูมิ 55 องศาเซลเซียสนาน 45 วินาที และ extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที และ Final extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที หลังจากนั้นนำ PCR product มาทำการแยกขนาดดีเอ็นเอ ด้วยวิธี 1.5% agarose gel electrophorasis ทำการทดลองซ้ำสองครั้ง

การตรวจสอบยีน *Pi9* โดยใช้ไพรเมอร์ NBS2-*Pi9-195-1*

การตรวจสอบยีน *Pi9* ในข้าวพื้นเมืองไทยด้วยไพรเมอร์ NBS2-*Pi9-195-1* โดย PCR reaction ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream *Taq* buffer), MgCl₂ 1.5 มิลลิโมลาร์, dNTPs 0.2 มิลลิโมลาร์, primer 0.2 ไมโครโมลาร์ และ *Taq* DNA polymerase 1 ยูนิต โดยมี PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส นาน 3 นาที 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ annealing 57 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที และอุณหภูมิ extension 72 องศาเซลเซียส นาน 2 นาที จำนวน 35 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที 1 รอบ นำ PCR product มาตรวจสอบผลโดยนำมาแยก

ขนาดใน 1% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 90 โวลต์ เป็นเวลานาน 1 ชั่วโมง และบันทึกภาพภายใต้แสง UV โดยพันธุ์ข้าวที่มีแอลลิล ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 จะปรากฏແບດีเอ็นเอขนาด 2,000 bp

4.3 การตรวจสอบหายืนต้านทานโรคใหม่ Pi36

ตรวจสอบหายืนต้านทานโรคใหม่ Pi36 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS ที่จำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ Pi36 ซึ่งมีองค์ประกอบของ PCR ดังนี้ คือ ดีเอ็นเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), MgCl₂ 1.25 มิลลิโมลาร์, dNTPs 0.1 มิลลิโมลาร์, R36STS primer 0.25 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต ปรับปริมาณตัวด้วย dH₂O จนได้ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ใช้อุณหภูมิในการทำปฏิกิริยาพิชีอาร์ ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วย 30 รอบ ของ Denature ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที annealing ที่ อุณหภูมิ 64 องศาเซลเซียสนาน 45 วินาที และ extension ที่ อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที และ Final extension ที่ อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที

หลังจากนั้นนำ PCR product มาตัดด้วยอินไซเม็ตตัดจำเพาะ HinfI เพื่อถูกความแตกต่างระหว่างตัวอย่างข้าวที่มีแอลลิลของยืน Pi36 ที่ต้านทานต่อโรคและพันธุ์ข้าวที่ไม่มีแอลลิลของยืน Pi36 ที่ไม่ต้านทานโรคใหม่นี้ ทำการแยกขนาดดีเอ็นเอ ด้วยวิธี 2% agarose gel electrophoresis ทำการทดลองซ้ำสองครั้งเพื่อยืนยันผล

4.4 การตรวจสอบหายืนต้านทานโรคใหม่ Pi-ta

ตรวจสอบยืน Pi-ta ในข้าวพื้นเมืองไทยโดยใช้เพรเมอร์ที่จำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-ta โดย PCR reaction ประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), 0.2 มิลลิโมลาร์ MgCl₂, dNTPs 0.1 มิลลิโมลาร์, Pi-ta primer 0.2 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต โดยมี PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส นาน 3 นาที 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ annealing Pi-ta 57 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที และอุณหภูมิ extension 72 องศาเซลเซียส นาน 1.30 นาที จำนวน 35 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที 1 รอบ นำ PCR product มาตรวจสอบผลโดยนำมาแยกขนาดใน 1% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 90 โวลต์ เป็นเวลานาน 80 นาที บันทึกภาพโดยใช้เครื่องถ่ายภาพ Gel document (Gel Documentation System, Wealtec Dolpin) ทำการทดลองสองซ้ำ เพื่อยืนยันผล

ตารางที่ 5 แสดงไพรเมอร์ที่ใช้ในการศึกษาหานยีที่ควบคุมลักษณะความต้านทานโรคใหม่

Gene	Ch.	Marker	Primer sequence (5' >>> 3')	References.
1. <i>Pigm (t)</i>	6	<i>Pigm (t)-C5483</i>	F-TTAGGCTGTTGTCTGGG R-GGGAGGAGGAATGGTAGGAA	Deng et al, 2006
		<i>Pigm (t)-S29742</i>	F- CAGTGAAACGAACGCTATG R-AATAGGAAGGGTTGATGTTG	
2. <i>Pi54</i> (<i>Pi-k^h</i>)	11	<i>Pi54 SSR</i>	F- GGAGAGCAAATCTGATAAGCA R-CAACAAGAGAGGCAAATTCTCA	Sharma et al., 2005
	11	<i>Pi54 indel</i>	F- CAATCTCAAAGTTTCAGG R- GCTTCAATCACTGCTAGACC	Ramkumar et al. 2011
3. <i>Pi1(t)</i>	11	<i>RM1233</i>	F-GTGTAAATCATGGCACGTG R-ATTGGCTCCTGAAGAAGG	Fuentes et al., 2008
4. <i>Pi2(t)</i>	11	<i>SSR140</i>	F-AAGGTGTGAAACAAGCTAGCAA R-TTCTAGGGGAGGGGTGTAGAA	Jiang and Wang, 2002
5. <i>Pi36(t)</i>	8	<i>R36STS</i>	F- CAGAGACCACAGAGCATTCC R-GCTCCAATGAAACAACAGGGC	Liu et al., 2005
6. <i>Pi-d2</i>	6	<i>Pi-d2</i>	F-TTGGCTATCATAGGCGTCC R-ATTGAAGGCCTTGCCTAGA	Chen et al., 2006
7. <i>Pi9</i>	6	<i>pB8Pi9</i>	F-CCCAATCTCAAATGACCCATAAC R-CCGGACTAAGTACTGGCTTCGATA	Liu et al., 2002
	6	NBS2-Pi9-195-1	F-ATACAGACCAGAGAAAGAAAA R-ATGGTCCTTATCTTATTG	Qu et al., 2006
8. <i>Pid3</i>	6	<i>Pid3-d CAPS-1</i>	F- TACTACTCATGGAAGCTAGTTCTC R- GCAGCACTTCTGACTACTGTCTGT	Shang et al., 2009
		<i>Pid3-d CAPS-2</i>	F- TACTACTCATGGAAGCTAGTTCTC R- AGCACTTCTGACTACTGTCTGCCT	
9. <i>Pi-ta</i>	12	<i>Pi-ta</i>	F-AGCAGGTATAAGCTAGGCC R- CTACCAACAAGTTCATAAA	Jia et al. 2002
10. <i>Pib</i>	2	<i>Pibdom</i>	F-GAACAAATGCCAAACTTGAGA R-GGGTCCACATGTCAGTGAGC	Fjellstrom et al., 2004

4.5 การค้นหาบีนต้านทานโรคใหม่ Pib

ตรวจสอบยืน Pib ในข้าวพื้นเมืองไทยโดยใช้เพรเมอร์ที่จำเพาะกับบีนต้านทานโรคใหม่ Pib โดย PCR reaction ประกอบด้วย ตีอีนเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), MgCl₂ 0.2 มิลลิโมลาร์, dNTPs 0.1 มิลลิโมลาร์, Pibdom primer 0.2 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต โดยมี PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส นาน 3 นาที 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ annealing 62 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที และอุณหภูมิ extension 72 องศาเซลเซียส นาน 1.30 นาที จำนวน 35 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที 1 รอบ นำ PCR product มาตรวจสอบโดยนำมาแยกขนาดใน 1% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 90 โวลต์ เป็นเวลานาน 80 นาที บันทึกภาพโดยใช้เครื่องถ่ายภาพ Gel document (Gel Documentation System, Wealtec Dolpin)

4.6 การค้นหาบีนต้านทานโรคใหม่ Pi1(t)

ตรวจสอบยืน Pi1(t) ในข้าวพื้นเมืองไทยโดยใช้เพรเมอร์ RM1233 โดย PCR reaction ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วย ตีอีนเอ 20-50 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), MgCl₂ 0.2 มิลลิโมลาร์, dNTPs 0.2 มิลลิโมลาร์, RM1233 primer 0.5 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต โดยมี PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ annealing 55 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที และอุณหภูมิ extension 72 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที จำนวน 40 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที 1 รอบ นำ PCR product มาตรวจสอบผลโดยนำมาแยกขนาดใน 3% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 90 โวลต์ เป็นเวลานาน 1 ชั่วโมง 20 นาที บันทึกภาพภายใต้แสง UV ทำการทดลองสองชั้น เพื่อยืนยันผล

4.7 การค้นหาบีนต้านทานโรคใหม่ Pi-d3

การตรวจสอบบีนต้านทานโรคใหม่ Pi-d3 โดยใช้เครื่องหมายตีอีนเอ Pid3-dCAPS-1

ตรวจสอบยืน Pi-d3 ในข้าวพื้นเมืองไทย โดยใช้เครื่องหมายตีอีนเอที่เฉพาะกับบีนต้านทาน Pi-d3 (Pid3-dCAPS-1) (Shang et al., 2009) ซึ่งมีองค์ประกอบของพีซีอาร์ ดังนี้ คือ ตีอีนเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), dNTPs 0.1 มิลลิโมลาร์, primer 0.25 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต ปรับปริมาตรด้วย dH₂O จนได้ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ใช้อุณหภูมิในการทำ

ปฏิกริยาพีซีอาร์ ดังนี้ Pre-denaturation ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที 1 รอบ ตามด้วย 30 รอบ ของ Denature ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 40 วินาที annealing ที่อุณหภูมิ 58 องศาเซลเซียสนาน 40 วินาที และ extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที และ Final extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที

หลังจากนั้นนำ PCR product มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Xba*I เพื่อดูความแตกต่างระหว่างตัวอย่างข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีน *Pi-d3* และพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทานของยีน *Pi-d3* โดยพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* นั้น จะไม่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ *Xba*I ทำให้ได้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาดเท่าเดิม คือ 178 คู่เบส ส่วนพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทานของยีน *Pi-d3* จะถูกตัดด้วยเอนไซม์ *Xba*I ได้ ทำให้ได้ขนาดดีเอ็นเอ 158 และ 20 คู่เบส ตามลำดับ ทำการแยกขนาดดีเอ็นเอโดยใช้ 3% agarose gel electrophorasis และทำการทดลองข้าวย่างน้อยสองครั้ง

การตรวจสอบหา yinต้านทานโรคใหม่ Pi-d3 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-2

ตรวจสอบยีน *Pi-d3* ในข้าวพื้นเมืองไทยโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่เฉพาะกับยีนต้านทาน *Pi-d3* (Pid3-dCAPS-2) (Shang et al., 2009) ซึ่งมีองค์ประกอบของพีซีอาร์ ดังนี้ คือ ดีเอ็นเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream *Taq* buffer), dNTPs 0.1 มิลลิโมลาร์, primer 0.25 ไมโครโมลาร์ และ *Taq* DNA polymerase 1 ยูนิต ปรับปริมาตรด้วย dH₂O จนได้ปริมาตร 20 ไมโครลิตร จากนั้นใช้อุณหภูมิในการทำปฏิกริยาพีซีอาร์ ดังนี้ Pre-denaturation ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที ตามด้วย 30 รอบ ของ Denature ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 40 วินาที annealing ที่อุณหภูมิ 58 องศาเซลเซียสนาน 40 วินาที และ extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที และ Final extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที

หลังจากนั้นนำ PCR product มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bam*H I เพื่อดูความแตกต่างระหว่างพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* และพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน โดยมีองค์ประกอบของปฏิกริยาดังนี้ 10X buffer 1.5 ไมโครลิตร, PCR product 10 ไมโครลิตร เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bam*H I 0.5 ไมโครลิตร แล้วปรับปริมาตรด้วย dH₂O จนได้ปริมาตรสุดท้าย 15 ไมโครลิตร จากนั้นนำไปบ่มในอุณหภูมิห้อง (25 องศาเซลเซียส) เป็นเวลา 1 คืน แล้วนำมายุดปฏิกริยาของเอนไซม์ (inactivate) ที่ 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 นาที แล้วจึงแยกชั้นส่วนดีเอ็นเอใน 2% agarose gel electrophorasis โดยพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* จะไม่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ *Bam*H I ทำให้ได้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาด 178 bp ส่วนพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทานจะถูกตัดด้วยเอนไซม์ *Bam*H I ทำให้ได้ดีเอ็นเอขนาด 153 bp ตามลำดับ

4.8 การตรวจสอบ hairy เต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)*

ตรวจสอบยืน *Pi2(t)* ในข้าวพื้นเมืองไทยโดยใช้เพรเมอร์ SSR140 โดย PCR reaction ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 20-50 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), MgCl₂ 2.5 มิลลิโมลาร์, dNTPs 0.2 มิลลิโมลาร์, primer 0.5 ไมโครโมลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต โดยมี PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation ที่อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส นาน 3 นาที 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ annealing 55 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที และอุณหภูมิ extension 72 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที จำนวน 40 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที 1 รอบ

นำ PCR product มาตรวจสอบโดยนำมายกขนาดใน 3% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 80 โวลต์ เป็นเวลานาน 80 นาที บันทึกภาพภายใต้แสง UV โดยพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีต้านทานของยืนเต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดเท่ากับแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์ต้านทาน near isogenic line C101A51 กำหนดให้เป็น แอลลีล A ส่วนพันธุ์ข้าวที่ไม่มีแอลลีต้านทานจะปรากฏแถบดีเอ็นเอเท่ากับ 115 bp เปรียบเทียบกับขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในสายพันธุ์อ่อนแอก CO39 กำหนดให้เป็นแอลลีล B

4.9 การตรวจสอบ hairy เต้านทานโรคใหม่ *Pi54 (Pi-k^h)*

การตรวจสอบ hairy เต้านทานโรคใหม่ *Pi54* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54 SSR (RM206)*

ตรวจสอบยืน *Pi54* ในข้าวพื้นเมืองไทยโดยใช้เพรเมอร์ RM206 โดย PCR reaction ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 60 นาโนกรัม, 1X PCR buffer, dNTPs 1 มิลลิโมลาร์, primer 0.25 ไมโครโมลาร์ และ *i-Taq* DNA polymerase 1.5 ยูนิต โดยมี PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ annealing 56 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที และอุณหภูมิ extension 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที จำนวน 30 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที 1 รอบ นำ PCR product มาตรวจสอบโดยนำมายกขนาดใน 1.5% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer ใช้ความต่างศักย์ไฟฟ้า 100 โวลต์ บันทึกภาพภายใต้แสง UV โดยพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีต้านทานของยืนเต้านทานโรคใหม่ *Pi54* จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 300 bp กำหนดให้เป็นแอลลีล R ส่วนพันธุ์ข้าวที่ไม่มีแอลลีต้านทานจะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 400 bp กำหนดให้เป็นแอลลีล S (Sharma et al. 2005)

การตรวจสอบหายีนต้านทานโรคใหม่ Pi54 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54 indel (Pi54 MAS)

ตรวจสอบยืน Pi54 ในข้าวพื้นเมืองไทยด้วยไพรเมอร์ Pi54-indel ซึ่งมีองค์ประกอบของ PCR ดังนี้ ดีเอ็นเอ 20 นาโนกรัม, 1X PCR buffer (Dream Taq buffer), dNTPs 0.1 มิลลิโตรลาร์, primer 0.25 ไมโครโตรลาร์ และ Taq DNA polymerase 1 ยูนิต ปรับปริมาณด้วย dH₂O จนได้ปริมาตร 20 ไมโครลิตร โดยมี PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 4 นาที จำนวน 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที อุณหภูมิ annealing 55 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที และอุณหภูมิ extension ที่ 72 องศาเซลเซียส นาน 1 นาที จำนวน 35 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 7 นาที 1 รอบ นำ PCR product มาตรวจสอบโดยนำมายิง UV โดยพันธุ์ข้าวที่มีแออลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54 จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 216 bp และพันธุ์ข้าวที่มีแออลลีลไม่ต้านทานจะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 359 bp

4.10 การตรวจสอบหายีนต้านทานโรคใหม่ Pigm (t)

การตรวจสอบหายีนต้านทานโรคใหม่ Pigm(t) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483

ตรวจสอบยืน Pigm(t) ในข้าวพื้นเมืองไทยด้วยเครื่องหมาย C5483 ซึ่งเป็น CAPS marker โดย PCR reaction ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 60 นาโนกรัม, 1X PCR buffer, dNTPs 1 มิลลิโตรลาร์, primer 0.25 ไมโครโตรลาร์ และ i-Taq DNA polymerase 1.5 ยูนิต โดยใช้ PCR profile ดังนี้ Pre-denaturation อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 4 นาที 1 รอบ อุณหภูมิ denature 94 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที อุณหภูมิ annealing 56 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที และอุณหภูมิ extension 72 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที จำนวน 35 รอบ และอุณหภูมิ long extension 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที 1 รอบ จะได้ชั้นดีเอ็นเอขนาด 468 bp

นำ PCR product ที่ได้มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ EcoRI และตรวจสอบโดยนำมายิง UV ใน 2% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer และบันทึกภาพภายใต้แสง UV โดยมีข้าวพันธุ์ Nipponbare เป็น negative control และมีข้าวพันธุ์ TP 309 เป็น positive control พันธุ์ข้าวที่มีแออลลีล ต้านทานจะไม่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ ทำให้ได้ชั้นดีเอ็นเอขนาด 468 bp ส่วนพันธุ์ข้าวที่มีแออลลีลไม่ต้านทานของยืน Pigm(t) จะถูกตัดเอนไซม์ EcoRI

การตรวจสอบหา yin-taun ท่านโรคใหม่ Pigm(t) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ S29742

ตรวจสอบหา yin-taun ท่านโรคใหม่ *Pigm(t)* โดยใช้ *Indel marker S29742* ทำการเพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอโดยใช้ PCR reaction ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ซึ่งประกอบด้วย ดีเอ็นเอ 60 นาโนกรัม, 1X PCR buffer, dNTPs 1 มิลลิโมลาร์, primer 0.25 ไมโครโมลาร์ และ *i-Taq DNA polymerase* 1.5 ยูนิต และใช้อุณหภูมิในการทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ ดังนี้ อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 4 นาที จำนวน 1 รอบ ตามด้วย 35 รอบ ของ Denature ที่อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที annealing ที่ อุณหภูมิ 56 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที และ extension ที่ อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที และ Final extension ที่ อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส นาน 10 นาที

นำ PCR product ที่ได้มาตรวจสอบโดยนำมายกขนาดใน 2% agarose gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer แล้วบันทึกภาพภายใต้แสง UV พันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของ yin-taun ท่านโรคใหม่ *Pigm(t)* จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 555 bp ตรงกับข้าวพันธุ์ TP 309 ที่เป็น positive control ส่วนพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทานจะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 461 bp ตรงกับข้าวพันธุ์ Nipponbare ที่เป็น negative control

5. การหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ yin-taun ท่านโรคใหม่ (DNA Sequencing)

ยืนยันผลการสืบค้น yin-taun ท่านโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองโดยการสุมตัวอย่างพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานโรคใหม่ และแอลลีลไม่ต้านทานมาหาลำดับนิวคลีโอไทด์ (sequencing) ของยีน *Pi-d2*, *Pi-d3*, *Pi-ta*, *Pi-gm(t)*, และ *Pi54* โดยมีขั้นตอนต่างๆ ดังนี้

1. นำ PCR product มาทำให้บริสุทธิ์ (purification) โดยใช้ QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN Inc, Valencia, CA) แล้วส่งไปค้นหาลำดับนิวคลีโอไทด์ โดย บริษัท Pacific Science
2. นำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาค้นหาจุดเชื่อมต่อ กันของลำดับนิวคลีโอไทด์ โดยใช้โปรแกรม CAP3
3. นำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนที่ศึกษา (BLAST) ในฐานข้อมูล NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) เพื่อยืนยันผลการทดลอง
4. วิเคราะห์และเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ระหว่างแอลลีลต้านทานและแอลลีลไม่ต้านทานโดยใช้โปรแกรม clustal W (http://www.ebi.ac.uk/Tools/services/web_clustalw2/toolform.ebi?tool=clustalw2)

6 ศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองยืนต้านทานโรคใหม่และเชื้อราโรคใหม่ Pi9

6.1. รวมรวมสายพันธุ์เชื้อราโรคใบใหม่สายพันธุ์ต่าง ๆ ที่พบในประเทศไทย

ทำการรวบรวมเชื้อราโรคใบใหม่จากสถานที่ต่างๆ ในประเทศไทยเพื่อนำมาแยกสายพันธุ์และเก็บตัวอย่างแบบแห้งไว้ใช้ในการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของโรคต่อไป โดยเชื้อราโรคใบใหม่ที่จะใช้ในการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองทางโรคนี้ เป็นสายพันธุ์ตัวแทนจากภูมิภาคต่างๆ ของประเทศไทยที่มีความรุนแรงและก่อให้เกิดโรคใบใหม่ในข้าวในประเทศไทยอย่างกว้างขวาง

6.2. ศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียืนต้านทานโรคเชื้อราใบใหม่ Pi9

การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียืนต้านทานโรคใบใหม่ Pi9 ต่อเชื้อราโรคใบใหม่สายพันธุ์ต่าง ๆ ที่พบในประเทศไทย โดยการ inoculation ต้นกล้าข้าวระยะ 3 สัปดาห์ด้วยสปอร์ของเชื้อราใบใหม่ และ เก็บข้อมูลการเกิดโรคโดยใช้ standard scale 0-6 (6 คือ เกิดโรคอย่างรุนแรง และ 0 คือ สามารถต้านทานต่อโรค)

การเตรียมสปอร์ของเชื้อราโรคใบใหม่เพื่อการ inoculation

นำตัวอย่างเชื้อราโรคใบใหม่ที่ได้มาในรูปของกระดาษกรองมาวางลงบนอาหารเลี้ยงเชื้อที่ทำจากข้าวโอ๊ต และเลี้ยงในที่มีดีเป็นเวลา 7 วันเพื่อให้เชื้อราเริ่มสร้างเส้นใย หลังจากนั้นย้ายอาหารจากที่มีดีมาเลี้ยงในที่มีแสงสว่างเพื่อชักนำให้เกิดการสร้างสปอร์เป็นเวลา 7 วัน เมื่อพร้อมที่จะทำการ inoculation เติมน้ำกลั่นปลอดเชื้อประมาณ 5 มิลลิลิตร ลงในจานอาหารเลี้ยงเชื้อราแต่ละจานแล้วใช้ช้อนปลายแบบปลอดเชื้อชุดที่ผ่านน้ำของจานอาหารเลี้ยงเชื้อราเบา ๆ เพื่อเก็บเกี่ยวสปอร์ของเชื้อรามาใช้ในการทดลอง จากนั้นนำสารละลายสปอร์ของเชื้อราที่เก็บได้มาผ่านผ้ากรองเพื่อกำจัดเศษอาหารร่วนและเศษเส้นใยของเชื้อราที่ไม่ต้องการออก ปริมาณสปอร์ของเชื้อราจะถูกนับภายใต้กล้องจุลทรรศน์ด้วย hemacytometer และปรับให้มีความเข้มข้นเท่ากับ 1×10^4 สปอร์ต่อ มิลลิลิตรก่อนการใช้งาน

การเตรียมต้นข้าวเพื่อการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองทางโรค

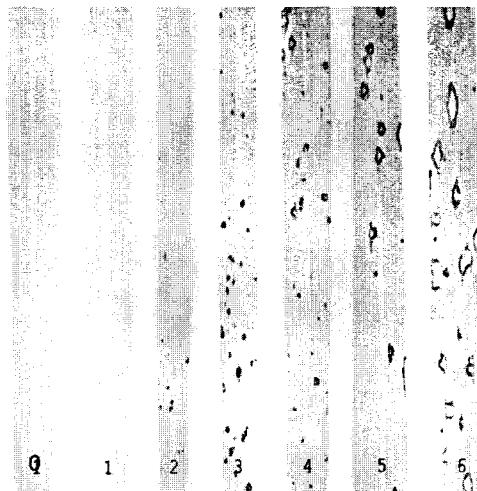
เม็ดพันธุ์ข้าวสายพันธุ์ที่มียืนต้านทานโรคต่าง ๆ จะถูกนำมาล้างมา เชื้อที่ผิวของเม็ดพันธุ์ภายใต้สภาพปลอดเชื้อด้วยสารละลาย 40% ไฮโดรเจนไนเต้ เป็นเวลา 30 นาที เขย่าเป็นครั้งคราว แล้วล้างด้วยน้ำกลั่นบริสุทธิ์ 3 ครั้ง จากนั้นวางเม็ดที่ผ่านการล้างเข้าบนกระดาษกรองและปล่อยให้แห้งหมด ๆ ประมาณ 2-3 นาที ย้ายเม็ดที่ผ่านการล้างเข้าแล้วมาใส่ในจานเพาะเชื้อที่มีน้ำกลั่นบริสุทธิ์อยู่ จากนั้นเก็บในชั้นเพาะเม็ดที่อุณหภูมิห้องประมาณ 3-4 วัน จนเม็ดคงอกร ย้ายเม็ดที่งอกที่มีขนาดเท่าๆ กันมาใส่ลงในกระถางพลาสติก (โดยทั่วไปใช้ต้นกล้า 10 ต้นต่อเชื้อราโรคใบใหม่ 1 สายพันธุ์) จนต้นกล้ามีอายุครบ 3 สัปดาห์จึงพร้อมสำหรับการ inoculation ด้วยสปอร์ของเชื้อราโรคใบใหม่ที่เตรียมมากจากขั้นตอนข้างต้น

การศึกษาปฏิวิธิยาการตอบสนองทางโรคของข้าวต่อเชื้อราโรคใบใหม้

นำสารละลายน้ำที่มีความเข้มข้น 0.05% ของเชื้อราโรคใบใหม่ที่เตรียมได้ข้างต้นมาบรรจุลงในขวดแก้วฉีดพันที่ติดอยู่กับเครื่อง Vacuum pump และฉีดลงบนต้นกล้าข้าวที่มีอายุ 3 สัปดาห์ให้ทั่ว โดยผู้ทดสอบจำนวน 25 มิลลิลิตรต่อต้นกล้าข้าว 1 กระถาง หลังจากนั้นนำกระถางต้นกล้าที่ผ่านการฉีดด้วยสปอร์ของเชื้อราแล้วมาเก็บไว้ในถุงพลาสติกที่บรรจุน้ำไว้ภายใน ทำการมัดปากถุงแล้วเก็บไว้ในกล่องพลาสติกมีดเพื่อให้มีสภาพแวดล้อมที่เหมาะสมต่อการเข้าทำลายต้นข้าวของสปอร์เชื้อรา (โดยทั่วไปเชื้อราโรคใบใหม่ในข้าวต้องการความชื้นสัมพัสเป็น 100% เพื่อการเข้าโจมตีเนื้อเยื่อของต้นข้าว) หลังจากเก็บไว้ในกล่องพลาสติกมีดเป็นเวลา 24 ชั่วโมง ย้ายเอตันกล้าออกจากถุงพลาสติกมาเลี้ยงที่โรงเพาะพันธุ์ต่อไป

การตรวจวัดปริมาณการเกิดโรคใบใหม่ในข้าว

การวัดความรุนแรงของโรคใบใหม่ในข้าวจะทำการวัด 7 วันหลังจากผ่านการฉีดด้วยสปอร์ของเชื้อรา เกณฑ์การวัดระดับความรุนแรงของโรค ใช้การแยกลักษณะของแผลเป็น 7 ระดับ ตามที่ได้อธิบายไว้โดย Roumen และคณะในปี ค.ศ. 1997 ที่ระดับความรุนแรงเท่ากับ 0-2 แสดงว่าข้าวมีความต้านทานต่อโรคได้ดี ที่ระดับความรุนแรงเท่ากับ 3-4 แสดงว่าข้าวมีความต้านทานต่อโรคระดับปานกลาง และที่ระดับความรุนแรงเท่ากับ 5-6 แสดงว่าข้าวไม่มีความต้านทานต่อโรค ตั้งภาพที่ 3 และตารางที่ 6



ภาพที่ 3 เกณฑ์การวัดระดับความรุนแรงของโรคใช้การแยกลักษณะของแผลเป็น 7 ระดับ

ตารางที่ 6 การตรวจวัดปริมาณการเกิดโรคเชื้อราใบใหม่ในข้าว

ระดับความรุนแรงของ โรคใบใหม่	ลักษณะของผลบนใบข้าว	การประเมิน ความรุนแรง
0	ไม่มีการเข้าทำลายด้วยเชื้อราโรคใบใหม่	R
1	จุดสีน้ำตาลขนาดเล็กกว่า 0.5 มม. ไม่มีการสร้างสปอร์	
2	จุดสีน้ำตาลขนาด 0.5 – 1.0 มม. ไม่มีการสร้างสปอร์	
3	แผลรูปร่างกลมถึงเรียวยาวขนาด 1-3 มม. มีเสี้ยთรังกลา และ มีสีน้ำตาลตามขอบ ไม่มีการสร้างสปอร์	MR
4	มีแผลเป็นรูปร่างหลายที่สามารถสร้างสปอร์ได้ ขนาดตั้งแต่ 3 มม. ขึ้นไป แผลมีเสี้ยთรังกลาและสีน้ำตาลแดงโดยรอบ	
5	มีแผลเหมือนระดับ 4 แต่ใบข้าวเริ่มมีการแห้งเที่ยว	S
6	ใบข้าวแห้งเที่ยวและมีลักษณะของสปอร์ของเชื้อรากามาย	
หมายเหตุ	R = ข้าวมีความต้านทานต่อโรคใบใหม่ได้ดี MR = ข้าวมีความต้านทานต่อโรคใบใหม่ระดับปานกลาง S = ข้าวไม่มีความต้านทานต่อโรคใบใหม่	

7. การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่

ศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่ตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอว่ามียืนต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ เพื่อยืนยันประสิทธิภาพของเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ในการคัดเลือกยืนต้านทานโรคใหม่ในพันธุ์ข้าวพื้นเมือง (DNA marker validation) โดยคัดเลือกข้าวพื้นเมืองที่มีการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่อยู่ใกล้ชิด หรือ พัฒนามาจากยืนต้านทานโรคใหม่ ได้แก่ ยืน $Pi1(t)$, $Pi2$, $Pi9$, $Pi36$, $Pi54$, $Pi-d2$, $Pi-d3$, $Pi-ta$, Pib , และ $Pigm(t)$ ประมาณ 40 พันธุ์ จากนั้นเตรียมเมล็ดข้าว และเชื้อตามขั้นตอนที่ 7.2 โดยใช้เชื้อราสาเหตุโรคใหม่ที่เก็บรวบรวมมาจากสถานที่ต่างๆ ในประเทศไทย รวม 10 isolate

8. วิเคราะห์ข้อมูล (Data analysis)

ทำการวิเคราะห์ข้อมูลของยืนต้านทานโรคใหม่โดยการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง ด้วยการจัดกลุ่มทางพันธุกรรม และการหาความสัมพันธ์ระหว่างยืนต้านทานโรคใหม่และปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่

8.1. การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ โดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ NYSYS-pc version 2.2 (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System) (Rohlf, 2004) โดยคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมของ Dice (Dice's Similarity coefficient) อาศัยข้อมูลจินต他人ของข้าวพื้นเมือง (จากการตรวจสอบตัวอย่างเครื่องหมายตีเข็นเอของยืนต้านทานโรคใหม่) จากนั้นนำข้อมูลค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมมาจัดกลุ่ม (Cluster analysis) ด้วยวิธี Unweighted pair group method based on arithmetic average (UPGMA) เพื่อสร้าง Dendrogram และวิเคราะห์ Principle coordinate analysis: PCO)

8.2. การวิเคราะห์ปฏิกิริยาการตอบสนองของข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่

วิเคราะห์เกรดชั้นของยืนต้านทานโรคใหม่ (genotype) และลักษณะการเกิดโรคใหม่ของข้าวพื้นเมือง (phenotype) โดยใช้โปรแกรม STATGRAPHICS plus 3.0 โดยใช้ single regression และ multiple regression ดังสมการ

$$Y = C + bX$$

เมื่อ Y คือ ลักษณะการเกิดโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง โดยกำหนดให้ Resistance (R)

$= 3$, Moderate resistance (MR) $= 2$ และ Susceptible (S) $= 1$

C คือ ค่าคงที่

b คือ สัมประสิทธิ์ของเส้นตรง

X คือ ยืนต้านทานโรคใหม่ โดยกำหนดให้ $R=3$, $H=2$, และ $S=1$

9. ระยะเวลาที่ทำการวิจัย

เดือนตุลาคม 2551 ถึง เดือนกันยายน 2553

10. สถานที่ทำการวิจัย:

- ดำเนินการปลูกข้าวพันธุ์ข้าวพื้นเมืองเพื่อศึกษาวิจัยที่โรงเรือนทดลอง สำนักงานไร่ฝึกทดลอง คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี
- ดำเนินการค้นหาycinโรมในข้าวพื้นเมืองที่ห้องปฏิบัติการเทคโนโลยีชีวภาพ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี และที่ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
- ทดสอบปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มีสีน้ำตาลหันโตกับเชื้อราก่อโรคในข้าวที่ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์



ผลการวิจัยและวิจารณ์

1. พันธุ์ข้าวที่ใช้ในการศึกษา

สายพันธุ์ข้าวพื้นเมือง ข้าวป่า และพันธุ์ข้าวปรับปรุงที่มีลักษณะต้านทานโรคใหม่ ที่ใช้ในการสืบค้นหายืนต้านทานโรคใหม่ มีจำนวนทั้งสิ้น 241 พันธุ์ ประกอบด้วย พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 19 พันธุ์, พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 38 พันธุ์, พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (อีสาน) จำนวน 144 พันธุ์ แบ่งเป็น ข้าวนานาชนิดพื้นเมือง และข้าวขึ้นน้ำพื้นเมือง จำนวน 99 และ 45 พันธุ์ ตามลำดับ, ข้าวป่า จำนวน 16 พันธุ์ แบ่งเป็น *O. nivara* และ *O. rufipogon* จำนวน 12 และ 4 สายพันธุ์ ตามลำดับ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ แบ่งเป็น พันธุ์ข้าวปรับปรุงที่มีลักษณะต้านทานโรคใหม่ของกรมการข้าว จำนวน 10 พันธุ์ และข้าวสายพันธุ์ปรับปรุงต้านทานโรคใหม่จาก IRRI จำนวน 12 พันธุ์ (ตารางที่ 7 และ 8)

ตารางที่ 7 พันธุ์ข้าวที่ใช้ในการตรวจหาภัยต้านทานโรคเชื้อรำไบใหม่

ประเภทของข้าว	จำนวน (พันธุ์)	แหล่งที่มา
1 ข้าวนานาชนิดพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ	99	ธนาคารเชื้อพันธุ์พืช*
2 ข้าวขึ้นน้ำพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ	45	ธนาคารเชื้อพันธุ์พืช*
3 ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	ธนาคารเชื้อพันธุ์พืช*
4 ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
5 ข้าวป่า	16	ศูนย์วิจัยข้าวสกลนคร
6 ข้าวพันธุ์ปรับปรุง	24	หน่วยปฏิบัติการค้นหาและ ใช้ประโยชน์จากยืนข้าว/ ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
รวม	241	

หมายเหตุ * ได้รับความอนุเคราะห์จากศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี

ตารางที่ 8 รายชื่อพันธุ์ข้าวที่ใช้ศึกษาและแหล่งที่มา

ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
1	หมานหนัก	S71	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
2	นางมา	S72	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
3	เหนียวนาคราช	S73	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
4	แมะແย়	S75	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
5	ดอกพวง	S76	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
6	ขีนดิน	S77	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
7	ดอกพิกุล	S78	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
8	คำชาง	S79	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
9	สายบัว	S80	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
10	ซ่อนมิต	S81	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
11	ไร่ไทร	S82	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
12	เบาะมะวง	S83	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
13	ลูกขอ	S84	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
14	ชูกิกุดอง	S85	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
15	หลายอต	S86	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
16	ลาเก็งงอ	S87	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
17	นางทอง	S88	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
18	ลูกหวาย (จุด)	S89	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
19	ลูกดำ	S90	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
20	เชียงใหม่	S91	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
21	ลูกแดง	S92	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
22	เล็บนกเปา	S93	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
23	ซ่อ	S94	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
24	ซ่อแดง	S95	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
25	กุนิง	S96	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
26	ดอกไม้ไทร	S97	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
27	รวงทอง	S98	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
28	ลูกปลา	S99	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
29	นางกล้ายแดง	S100	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
30	ลา กอ	S101	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง

ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
31	กุนิ	S102	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
32	มีอจรเข้	S103	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
33	ตุลาถั่ว	S104	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
34	หอม	S105	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
35	กือแซะคำ	S106	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
36	ลือบูมماชาะ	S107	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
37	นางรอง	S108	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
38	อีกุ้ 3	S109	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ศูนย์วิจัยข้าวพัทลุง
39	งอกเพื่อน	U38	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
40	ดယาหลี	U39	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
41	ปือก่อ	U41	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
42	ปือเกษตร	U42	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
43	เหนี่ยวแสงมูเวอ	U43	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
44	กะหรี่ยงข้าว	U44	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
45	เหลืองหอม	U45	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
46	จะนอยใหญ่	U46	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
47	ลายชาน	U48	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
48	ปือ แม่ลະ	U49	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
49	หัวยแลง	U50	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
50	ปือ ชูแม่ฟาง	U51	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
51	ข้าวก่อแผ่น	U52	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
52	บือขอพอ	U53	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
53	เหลืองสีซอ	U55	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
54	ข้าวแดง (TRI)	U56	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
55	ข้าวมันหมู	U57	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
56	งอเชระ	U60	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
57	เหనี่ยกล่ำหอมแสง	U61	ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี
58	พวงทอง	E100	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
59	พวงมาลัย 31-5-6	E101	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
60	พวงมาลัย 35-10-8	E102	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
61	โพนล่อง 31-34-20	E103	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
62	จำปาจีน 84-8-16	E104	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว

ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
63	จำปาจีน 84-8-22	E105	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
64	สว่างอารมณ์ 84-4-118	E106	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
65	ข้าวเบ้าที่หนึ่ง 95-1-80	E107	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
66	ไข่แมงดา 59-2-73	E108	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
67	ลอยใหญ่ 62-40-140	E109	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
68	เม็ดแล็กหนัก	E110	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
69	พญาชุม	E111	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
70	เขียว	E112	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
71	ขาวปราจีน	E113	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
72	เจ็กระโดด	E114	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
73	รวมเดียว	E115	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
74	เจ้าลอย	E116	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
75	เหลืองกล้วย	E117	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
76	คุณแม่	E118	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
77	ขาวยาวคลี	E119	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
78	ขาวเสมอ	E120	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
79	เหลืองพวงทอง	E121	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
80	เหลืองอนันต์	E122	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
81	ขาวลี	E123	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
82	ขาวตาหยัด	E124	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
83	นางเขียว	E125	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
84	ลอยสายบัว	E126	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
85	นางเขียว	E127	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
86	นางเขียว	E128	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
87	เกวียนหัก	E129	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
88	ขาวโพธิ์	E130	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
89	สามพราน	E131	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
90	เหนียวbalance	E132	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
91	เหลืองบังใบ	E133	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
92	ขาวครวยครี	E134	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
93	เจ้าลอย	E135	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
94	ขาวลอย	E136	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว

ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
95	ทานตะวัน	E137	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
96	ขาวเศรษฐี	E138	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
97	สามรวง	E139	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
98	หอมทุ่ง	E140	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
99	หอมทุ่ง	E141	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
100	ໄວ่เมือง	E142	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
101	พวงหนัก	E143	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
102	พวงเงิน	E144	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
103	เก้าราช 17-2-106	L1	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
104	กุ้มเมือง	L2	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
105	ขาวดอกมะลิ 41-1-173	L3	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
106	ขาวตาแห้ง 55-5-55	L4	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
107	ขาวใหญ่ 33-22-61	L5	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
108	ขาวปากหม้อ 74	L6	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
109	หลุดหนึ้น 75-3-2	L7	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
110	เม็ดใหญ่ 94-4-87	L8	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
111	ขาวพวง 74-3-38	L9	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
112	เจ้าทางหมูใหญ่ 32-7	L10	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
113	เจ้าทางหมูใหญ่ 32-7	L11	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
114	เจ้าห้อม 32-18-69	L12	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
115	ใบลด 36-10-90	L13	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
116	เจ้าเหลือง 27-3-19	L14	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
117	เจ้าเหลือง 27-3-91	L15	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
118	เจ้าแฟ 31-28-1	L16	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
119	ดอกมะลิ 109-1-119	L17	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
120	ใบลด 36-10-40	L18	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
121	ใบลด 36-27-29	L19	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
122	รวมเดียว 68-10-85	L20	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
123	เหลืองใหญ่	L21	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
124	เหลืองเล็ก 30-1-57	L22	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
125	เหลืองนน 6-4-102	L23	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
126	บีเค 289	L24	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว

ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
127	บีเค 563	L25	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
128	ดี 569	L26	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
129	ขี้ตม 222-24-72	L27	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
130	ขี้ตมใหญ่ 35-16-45	L28	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
131	ขี้ตมขาว 222-42-3	L29	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
132	ขี้ตมขาว 222-42-5	L30	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
133	จันดง 34-3-95	L31	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
134	ดอตอกพร้าว 48-3-123	L32	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
135	ขี้ตมหอม	L33	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
136	เหนียวดำ	L34	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
137	ดอปังแอล้อ	L35	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
138	ดอกดู่	L36	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
139	ทอง	L37	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
140	มันเป็ด	L38	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
141	ขาว	L39	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
142	นางนวล	L40	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
143	ขาวกรุง	L41	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
144	เหนียวดแตง	L42	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
145	ขาว	L43	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
146	ดอกขาว	L44	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
147	เหลืองบุญมา	L45	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
148	หมากแข็ง	L46	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
149	RD6 (dummy)	L47	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
150	เหนียวนางนวล	L48	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
151	ดอต่อง	L49	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
152	ข้าวกำ	L50	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
153	ป้องแอล้อ	L51	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
154	อีปง	L52	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
155	นางนวล	L53	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
156	แม่ห้าง	L54	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
157	พานทอง	L55	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
158	อีปีด	L56	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว

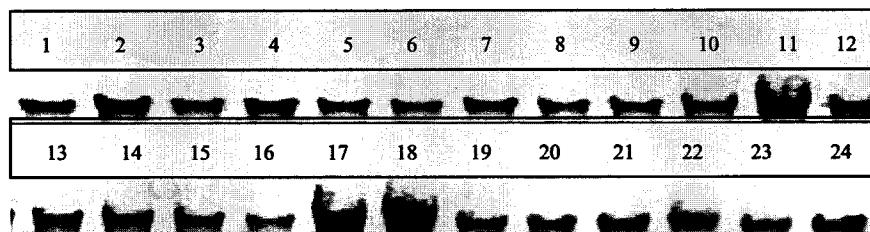
ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
191	กะทิ	L89	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
192	ข้าวดอ	L90	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
193	ดอเหลือง	L91	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
194	เจ้าขาว	L92	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
195	ขาวใหญ่	L93	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
196	เหลือง	L94	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
197	กระดูกเสือ	L95	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
198	หอมมะลิ (GS. 18418)	L96	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
199	หอมมะลิ (GS. 18419)	L97	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
200	หอมมะลิ (GS. 18420)	L98	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
201	หอมมะลิ (GS. 18498)	L99	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	ธนาคารเชื้อพันธุ์ข้าว
202	<i>O. nivara</i> (No.2)	W2	ข้าวป่า	บ.นาโพธิ์ อ.กุสุมารல จ.สกลนคร
203	<i>O. nivara</i> (No.3)	W3	ข้าวป่า	บ.โนนชุมภู ต.กรรค อ.เมือง จ.สกลนคร
204	<i>O. nivara</i> (No.4)	W4	ข้าวป่า	บ.โนนทา ต.กุดตาไก อ.ปลาปากจ.นครพนม
205	<i>O. nivara</i> (No.5)	W5	ข้าวป่า	บ.นาขาม ต.ปลาปาก อ.ปลาปาก จ.นครพนม
206	<i>O. nivara</i> (No.6)	W6	ข้าวป่า	บ.หนองชี ต.หนองชี อ.ปลาปาก จ.นครพนม
207	<i>O. nivara</i> (No.7)	W7	ข้าวป่า	บ.ทุ่งตะวัน ต.นาเดียง อ.นาแก จ.นครพนม
208	<i>O. nivara</i> (No.8)	W8	ข้าวป่า	บ.นาเหนือ ต.พระซอง อ.นาแก จ.นครพนม
209	<i>O. nivara</i> (No.9)	W9	ข้าวป่า	บ.หนองบ่อ ต.หนองบ่อ อ.นาแก จ.นครพนม
210	<i>O. nivara</i> (No.10)	W10	ข้าวป่า	บ.นาอ้อย ต.จี้วัด่อน อ.เมือง จ.สกลนคร
211	<i>O. rufipogon</i> (No.11)	W11	ข้าวป่า	บ.ป่าหว้า ต.เชียงเครือ อ.เมือง จ.สกลนคร

ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
212	<i>O. rufipogon</i> (No.12)	W13	ข้าวป่า	บ.หนองเบ็น ต.ไชยห้อง อ.พังโคน จ.สกลนคร
213	<i>O. rufipogon</i> (No.14)	W14	ข้าวป่า	บ.แร่ ต.แร่ อ.พังโคน จ.สกลนคร
214	<i>O. nivara</i> (No.15)	W15	ข้าวป่า	บ.ปลาไหล อ.วาริชภูมิ จ.สกลนคร
215	<i>O. nivara</i> (No.16)	W16	ข้าวป่า	บ.หนองพุกาม ต.คำบ่อ อ.วาริชภูมิ จ.สกลนคร
216	<i>O. nivara</i> (No.17)	W17	ข้าวป่า	บ.หนองบัว ต.ราชดึงชุม อ.เมือง จ.สกลนคร
217	<i>O. rufipogon</i> (No.18)	W18	ข้าวป่า	แปลงอนุรักษ์ศูนย์วิจัยข้าว สกลนคร
218	สันป่าตอง 1	B1	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
219	สุพรรณบุรี 60	B2	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
220	เหนียวอุบล 2	B3	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
221	กข 10	B4	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
222	สุพรรณบุรี 1	B5	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
223	ชัยนาท 1	B6	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
224	ปราจีน 2	B7	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
225	ปทุมธานี 1	B8	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
226	กข 33	B9	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
227	JHN	B10	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	Rice Gene Discovery Unit
228	HY 71	B11	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	ศูนย์วิจัยข้าวชุมแพ
229	CT9933	B12	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
230	C101 LAC	B13	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
231	C101TTP	B14	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
232	C104 LAC	B15	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
233	C104 PKT	B16	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
234	C105 TTP 4-1-23	B17	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
235	C101 PKT	B18	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
236	IR64	B19	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย
237	CO39*	B20	พันธุ์ต้านทานโรคใหม้	IRRI ประเทศไทย

ลำดับที่	พันธุ์ข้าว	รหัส	ประเภทข้าว	แหล่งที่มา
238	C102PKT	B21	พันธุ์ต้านทานโรคใหม่	IRRI ประเทศไทย
239	AZUCENA	B22	พันธุ์ต้านทานโรคใหม่	IRRI ประเทศไทย
240	C103TPP	B23	พันธุ์ต้านทานโรคใหม่	IRRI ประเทศไทย
241	C101A51	B24	พันธุ์ต้านทานโรคใหม่	IRRI ประเทศไทย

2. การสกัดดีเอ็นเอ

เมื่อข้าวอายุได้ประมาณ 4 สัปดาห์ เก็บใบอ่อนข้าว นำมาสกัดดีเอ็นเอ (total genomic DNA) โดยใช้วิธี CTAB extraction procedure (Doyle and Doyle, 1990) ตรวจสอบปริมาณความเข้มข้นของดีเอ็นเอโดยวิธี Agarose gel electrophoresis เปรียบเทียบกับปริมาณความเข้มข้นของดีเอ็นเอมาตรฐาน (ภาพที่ 4)



ภาพที่ 4 อะกราโนเจลอิเล็กโทรฟอริซิสแสดงจีโนมิกดีเอ็นเอของตัวอย่างพันธุ์ข้าวที่นำมาศึกษา
 1= งอเพื่อน 2 = ดယาหลี 3= จะชี 4=ปือก่อ 5= ปือเกษตร 6= เหนียวแสงมูเรอ 7= กะหรี่ยงขาว
 8= เหลืองหอม 9= จะนอไหน 10= เหลืองหอมแดง 11= ลายชาบ 12 = ปือ แม่ละ 13 = หัวยแล้ง⁺
 14= ปือซูแม่ฟาง 15= ข้าวกอแผ่ 16= ปือขอพอ 17= ปือ พะໂດ' 18= เหลืองลีซอ 19= ข้าวแดง
 (TRI 8409149) 20= ข้าวมันหมู 21= ป่าเบาะ 22= ตอซีจ่า 23= งอเซระ 24= เหนียวกล้ำหอม
 แสงลีซอ

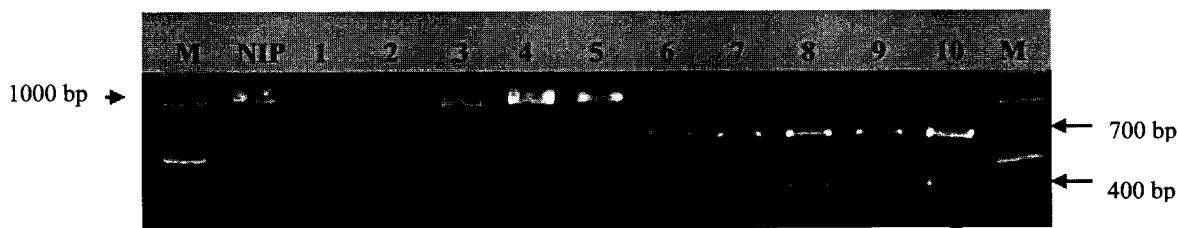
3. การตรวจสอบยืนต้านทานโรคเชื้อราใบใหม่ในข้าวพื้นเมืองโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ

3.1 การตรวจสอบหา yin-t้านทานโรคใหม่ Pi-d2

ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d2 มีตำแหน่งอยู่ centromere บนโครโมโซมคู่ที่ 6 ถูกค้นพบในข้าวสายพันธุ์ Digub ของประเทศไทย ซึ่งต่อมาได้มีรายงานการโคลนยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d2 สำเร็จในปี ค.ศ. 2006 โดย Chen และคณะ ยืนต้านทาน Pi-d2 นี้มีโครงสร้างของโปรตีนที่แตกต่างจากยืนต้านทานตัวอื่นๆ คือ มีส่วนของน้ำตาลmannoseที่สามารถจับกับแลคตินได้อย่างภายใต้กลีบเซอร์ริน/ทreonine kinase domain ซึ่งโปรตีนจากยืนต้านทาน Pi-d2 นี้จะมีตำแหน่งอยู่ที่เยื่อหุ้มเซลล์ โดยข้าวที่สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่มียืนต้านทาน Pi-d2 แตกต่างจากข้าวที่ไม่สามารถต้านทานเพียงแค่กรดอะมิโนหนึ่งตัวที่ตำแหน่ง 441 ของโปรตีนยืนต้านทานเท่านั้น

จากการตรวจหา yin-t้านทานโรคใหม่ Pi-d2 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจำนวน 201 ตัวอย่างโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอจำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d2 พบร้า สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ จำนวน 190 พันธุ์ แบ่งเป็น เป็นข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ 15 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ 38 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 137 พันธุ์ (ประกอบด้วยข้าวขี้นน้ำ 45 พันธุ์ และข้าวนานาชน 92 พันธุ์) โดยชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้นี้มีขนาดประมาณ 1,100 คู่เบส หลังจากนั้นเมื่อทำการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *MluI* สามารถจำแนกรูปแบบของแอบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นได้ 2 รูปแบบหรือ 2 แอลลีล คือ แอลลีล S (Susceptible) ซึ่งมีแอบดีเอ็นเอขนาด 1,100 คู่เบส และแอลลีล R (Resistance) มีแอบดีเอ็นเอ 2 แอบขนาด 700 และ 400 คู่เบส (ภาพที่ 5) โดยพบว่ามีข้าวพื้นเมืองจำนวน 137 พันธุ์ ที่มียืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d2 ประกอบด้วย ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ 4 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ 37 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 98 พันธุ์ (ประกอบด้วยข้าวขี้นน้ำ 32 พันธุ์ และข้าวนานาชน 64 พันธุ์) (ตารางที่ 9 และ 27)

ข้าวสายพันธุ์ต้านทานที่มียืน Pi-d2 นั้นจะเป็นแอลลีล R ที่มีแอบดีเอ็นเอกลังจากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *MluI* จำนวน 2 แอบ แสดงว่าแอบดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้นั้น สามารถถูกตัดได้ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *MluI* ยืนยันผลการทดลอง โดยส่ง PCR product ของพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีล R (ที่มียืนต้านทาน Pi-d2) และพันธุ์นิพปอนบาร์ที่แอลลีลไม่ต้านทานของยืน Pi-d2 ไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ แล้วนำลำดับนิวคลีโอไทด์ไปทำการ เปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d2 ในฐานข้อมูล NCBI (Sequence alignment) (ภาพที่ 6)



ภาพที่ 5 ของการสเจลอิเล็ก trophoforesisแสดงผลการตรวจสอบดีเอ็นเอของข้าวพันธุ์พื้นเมืองแต่ละสายพันธุ์โดยใช้เพรเมอร์ที่จำเพาะกับยีน *Pi-d2* (*Pi-d2 Con2F/Con2R*) หลังตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *MluI*
M =DNA marker, NIP = Nipponbare , Lane 1-5 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลีสไม่
ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2* และ Lane 6-10 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลีส
ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2*

ตารางที่ 9 การกระจายตัวของแอลลีสของยีนต้านทานโรคใบใหม่ *Pi-d2* ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการ
ตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi-d2 Con2F/Con2R*

ข้าวพื้นเมือง	จำนวนพันธุ์ที่ตรวจสอบ	จำนวนพันธุ์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ	จำนวนพันธุ์ที่มีแอลลีส S*	จำนวนพันธุ์ที่มีแอลลีส R**
ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	19	15	10	4
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	38	1	37
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	137	41	96
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	45	45	13	32
- ข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	99	92	28	64
รวม	201	190	52	137

หมายเหตุ

S* หมายถึงแอลลีส S ของยีน *Pi-d2* ที่ไม่ต้านทานต่อโรคใบใหม่ ซึ่งเอนไซม์ตัดจำเพาะ *MluI* ไม่สามารถตัดลำดับนิวคลีโอทีดของ PCR product ของตัวอย่างพันธุ์ข้าว ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-d2* ทำให้ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 1,100 bp

R** หมายถึงแอลลีส R ของยีน *Pi-d2* ที่ต้านทานต่อโรคใบใหม่ ซึ่งเอนไซม์ตัดจำเพาะ *MluI* สามารถตัดลำดับนิวคลีโอทีดของ PCR product ของตัวอย่างพันธุ์ข้าวได้ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-d2* ทำให้ได้ชิ้นดีเอ็นเอขนาด 700 และ 400 bp

ผลจากการทำ sequence alignment เปรียบเทียบกับฐานข้อมูลใน NCBI ได้ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ตรงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *Pi-d2* ซึ่งเป็นส่วนของโปรตีน B-lectin receptor kinase ในฐานข้อมูลโดยยีน *Pi-d2* นี้มีโครงสร้างของโปรตีนที่แตกต่างกันระหว่างข้าวที่สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ที่มียีนต้านทาน *Pi-d2* กับ ข้าวที่ไม่สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่ โดยข้าวที่ต้านทานโรคใหม่จะมีบริเวณที่เป็น substitution site ของกรดอะมิโน Isoleucine ที่ตำแหน่ง 441 ของโปรตีนยีนต้านทาน *Pi-d2* (Chen et al., 2006) เมื่อเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณนี้จะพบ A/G single nucleotide polymorphism (SNP) ในส่วน recognition site ของ *MluI* โดยพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มียีน *Pi-d2* ต้านทานโรคใหม่จะมีลำดับนิวคลีโอไทด์ – A'CGCGT- ดังนั้นเมื่อนำ PCR product ที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีความเฉพาะเจาะจงต่อยีนต้านทาน *Pi-d2* (*Pi-d2* Con2F/Con2R) มาตัดด้วยเอนไซม์ *MluI* ทำให้ได้ชิ้นดีเอ็นເອขนาด 700 และ 400 bp ส่วนในข้าวพันธุ์นิพปอนบาระซึ่งเป็นพันธุ์ข้าวที่ไม่ต้านทานต่อโรคใหม่ จะมีลำดับนิวคลีโอไทด์ 5'- G'CGCGT-3' ซึ่งทำให้เอนไซม์ *MluI* ไม่สามารถตัดได้ ทำให้ได้ชิ้นส่วนดีเอ็นເອขนาด 1,100 bp ข้อมูลการหาลำดับนิวคลีโอไทด์สามารถยืนยันประสิทธิภาพของการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi-d2*Con2F/ Con 2R ในการค้นหา yīnต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2* ในข้าวพื้นเมืองไทย

การเปลี่ยนแปลงของโปรตีนในตำแหน่งที่ 441 จาก Isoleucine เป็น methionine ส่งผลให้ข้าวสูญเสียความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคไขมัน เมื่อจากการทดลองที่เกิดการเปลี่ยนแปลงดังกล่าวเป็นส่วน lle-rich motif ของ transmembrane (TM) domain ซึ่งเป็นส่วนที่จำเป็นต่อการกำหนดตำแหน่ง TM (TM region) การเปลี่ยนแปลงดังกล่าวส่งผลให้ข้าวไม่มีตำแหน่งของ lle-rich motif หากไม่มีตำแหน่ง lle-rich motif ก็จะทำให้การกำหนดตำแหน่ง TM ขาดประสิทธิภาพส่งผลต่อการทำงานของยีน *Pi-d2* จึงทำให้ข้าวสูญเสียความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคไขมัน (Chen et al., 2006)

Nipponbare	CCACT --- CAGGT GCA AGGT A CC CCG G	GCCTCT GA CGCTA GTGAAAACATGGCTCTG	391
U55	CCACT --- CAGGT GCA AGGT A CC CCG G	GCCTCT GA CGCTA GTGAAAACATGGCTCTG	391
E132	CCACT --- CAGGT GCA AGGT A CC CCG G	GCCTCT GA CGCTA GTGAAAACATGGCTCTG	391
E144	CCACT --- CAGGT GCA AGGT A CC CCG G	GCCTCT GA CGCTA GTGAAAACATGGCTCTG	380

ภาพที่ 6 แสดง sequence alignments ของข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มีแอลลิสต้านทานโรคไข้หวัดใหญ่ (R) *Pi-d2* (U55=พันธุ์เหลืองลีซอ, E132= พันธุ์เหนียวบายสี, และ E144= พันธุ์พวงเงิน) กับ พันธุ์นิพปอนบาร์ที่ไม่มีแอลลิสต้านทานโรคไข้หวัด (S) ของยีน *Pi-d2* แสดง A/G SNP ในตำแหน่งของเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ *MluI* (ลูกศรแสดงตำแหน่งตัดจำกับเพาะของเอ็นไซม์ *MluI* ในตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มีแอลลิสต้านทานโรคไข้หวัดใหญ่ ของยีน *Pi-d2*

3.2 การตรวจสอบหยินต้านทานโรคใหม่ *Pi9*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* มีตำแหน่งอยู่ใกล้กับบริเวณโตรเมียร์ของโครโนโมซิมข้าวคู่ที่ 6 (Liu et al., 2002) โดยยืน *Pi9* ถูกถ่ายทอดมาจากข้าวป่า (*Oryza minuta*: $2n=4x=48$) (Amante-Bordeos et al., 1992) ยืนต้านทาน *Pi9* นี้ สามารถต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆได้อย่างกว้างขวาง (broad-spectrum resistance) ตัวอย่างเช่น ยืนต้านทาน *Pi9* ในข้าวสายพันธุ์ 127-1-75 ได้รับการทดสอบกับเชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆ กว่า 100 สายพันธุ์ของประเทศไทย (The International Rice Research Institute, IRRI) โดยไม่พบสายพันธุ์เชื้อราโรคใหม่ที่สามารถก่อโรคได้ นอกจากนี้ Liu et al. (2002) ได้ทำการทดสอบ สายพันธุ์เชื้อราโรคใหม่มีอีก 43 สายพันธุ์ จาก 13 ประเทศ ที่ไม่พบสายพันธุ์เชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ใดที่สามารถก่อโรคกับข้าวสายพันธุ์ 12-1-75 ที่มียืนต้านทาน *Pi9* ได้ ยืน *Pi9* นี้ถูกโคลนปี ค.ศ 2006 (Qu et al., 2006; Zhou et al., 2006) มีโครงสร้าง ที่เป็น nucleotide binding site (NBS) และ leucine rich repeat motif (LRR) ซึ่งโครงสร้างของยืนนี้มีความคล้ายคลึงกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2*, *Piz-t*, และ *Piz* มากถึง 96% ในระดับของกรดอะมิโน โดยบริเวณที่มีความแตกต่างกันคือ บริเวณ LRR motif จากการทดลองสลับเปลี่ยน motif ระหว่างยืนต้านทาน *Pi2* และ *Pi9* (*Pi2/Pi 9 chimeras*) พบร่วงส่วน LRR motif เป็นส่วนสำคัญในการกำหนดความเฉพาะเจาะจงต่อปฏิกิริยาตอบสนองของยืนต้านทานต่อเชื้อราโรคใหม่สายพันธุ์ต่างๆ

3.2.1 การตรวจสอบยืน *Pi9* โดยใช้เครื่องหมายตีเอ็นเอ *pB8*

จากการตรวจสอบยืน *Pi9* โดยใช้เครื่องหมายตีเอ็นเอ *pB8* ในข้าวพื้นเมืองทั้งหมด 201 ตัวอย่าง พบว่ามีพันธุ์ข้าวพื้นเมืองจำนวน 64 พันธุ์ ที่สามารถเพิ่มปริมาณให้ແບดีเอ็นเอขนาดประมาณ 500 bp เท่ากับ positive control (Nippon bare) ที่มียืนต้านทานโรคโคโรบีใหม่ *Pi9* ซึ่งให้ແບดีเอ็นเอขนาด 500 bp (ภาพที่ 7 และ ตารางที่ 10) โดยเป็นข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ 16 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ 1 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 47 พันธุ์ (ประกอบด้วยข้าวขี้นน้ำ 14 พันธุ์ และข้าวนานาสวน 33 พันธุ์) จากผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* โดยใช้เพรเมอร์ *pB8* แสดงให้เห็นว่าข้าวพื้นเมืองในภาคเหนือและภาคอีสานส่วนใหญ่ มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* ในขณะที่ข้าวพื้นเมืองจากภาคใต้ พบร่วง ข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* เพียง 1 พันธุ์ จากพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่ตรวจสอบทั้งหมด จำนวน 38 พันธุ์



ภาพที่ 7 อะก้าโรสเจลอิเล็กโทรฟอร์ซิสแสดงแบบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ pB8 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย Lane P = ข้าว Nipponbare ที่มียีนต้านทานโรคใหม่ Pi9 (positive control), Lane 2-22 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย, M คือ 1Kb DNA ladder. สูกศร แสดงแบบ ดีเอ็นเอขนาด 500 คู่เบส Lane 2, 4, 5, 6, 9 และ 20 แสดงตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลิลของยีนต้านทานโรคใหม่ Pi9

ตารางที่ 10 การกระจายตัวของแอลลิลของยีนต้านทานโรคใบไหม้ Pi9 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ pB8

ข้าวพื้นเมือง	จำนวนพันธุ์ที่ตรวจสอบ	จำนวนพันธุ์ที่มีแอลลิล R *	จำนวนพันธุ์ที่มีแอลลิล S **
ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	19	16	3
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	1	37
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	47	97
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	45	14	31
- ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	99	33	66
รวม	201	64	137

หมายเหตุ * หมายถึงแอลลิล R (resistance) ของยีน Pi9 ที่ต้านทานต่อโรคใบไหม้ ของพันธุ์ข้าวพื้นเมือง ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ pB8 ที่จำเพาะกับยีน Pi9 ทำให้ได้ชั้นดีเอ็นเอขนาด 500 bp

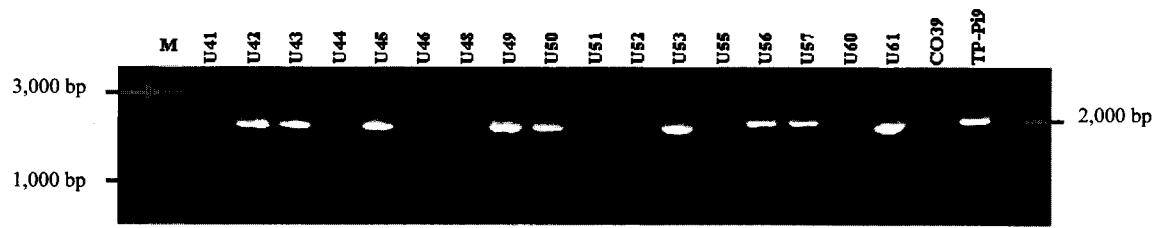
** หมายถึง แอลลิล S (susceptible) ของพันธุ์ข้าวพื้นเมือง ที่ไม่มียีนต้านทาน Pi9 ต่อโรคใบไหม้

3.2.2 การตรวจสอบยืน Pi9 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ NBS2-Pi9-195-1

ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 มีความสามารถต้านทานต่อเชื้อราเหตุโรคใหม่ได้หลายสายพันธุ์ ต่อมาก Qu et al. (2006) ได้พัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอจากตำแหน่งของ NBS-LRR จำนวน 6 เครื่องหมาย เพื่อใช้ในการตรวจสอบยืน Pi9 ในต้นข้าวที่ได้รับการถ่ายยืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 และพบว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอ NBS2-Pi9-195-1 คือตำแหน่งของยืน Pi9 (NBS2-Pi9 is the Pi9 gene) เครื่องหมายดีเอ็นเอ NBS2-Pi9-195-1 มีลักษณะเป็น dominance marker และมีขนาด 2,000 bp

จากการค้นหา yืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ในข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์ ข้าวป่าจำนวน 16 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในข้าวพื้นเมือง ข้าวป่า และข้าวต้านทานโรคใหม่ได้จำนวน 57, 4 และ 3 พันธุ์ ตามลำดับ พบว่าพันธุ์ข้าวที่สามารถเพิ่มปริมาณได้ดังกล่าว ประกอบแบบดีเอ็นเอตรงกับข้าวพันธุ์ต้านทาน TP-Pi9 ที่เป็น positive control แสดงว่าพันธุ์ข้าวเหล่านี้มี yืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 พันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานของ yืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ประกอบด้วย ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 10 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 47 พันธุ์ (ข้าวขึ้นน้ำพื้นเมือง 14 พันธุ์ และข้าวนานาสวนพื้นเมือง 33 พันธุ์) แต่ไม่พบ yืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ และพบข้าวป่าที่มี yืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 จำนวน 4สายพันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่ 3 พันธุ์ (ภาพที่ 8 และ 9 และ ตารางที่ 11)

เนื่องจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ NBS2-Pi9-195-1 เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด dominance marker จึงทำให้ไม่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทานได้ อย่างไรก็ตามมีการนำเครื่องหมายดีเอ็นเอ NBS2-Pi9-195-1 มาใช้ในการค้นหา yืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ในเชื้อพันธุกรรมข้าวสายพันธุ์ดีจากประเทศไทย จำนวน 98 พันธุ์ พบว่ามีข้าวจำนวน 1 พันธุ์ที่มีแอลลีลต้านทานของ yืน Pi9 (Cho et al., 2007) แต่จากการค้นหา yืนต้านทานโรคใหม่ในครั้งนี้ พบว่าข้าวพื้นเมืองไทยมีแอลลีลต้านทานของ yืน Pi9 มากกว่าเชื้อพันธุกรรมข้าวสายพันธุ์ดีจากประเทศไทย ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการที่ประเทศไทยตั้งอยู่ในเขตที่มีความหลากหลายของพันธุ์ข้าวและมีความหลากหลายของเชื้อราสาเหตุโรคใหม่สูง จึงทำให้พบแอลลีลต้านทานของ yืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ในข้าวพื้นเมืองไทยเป็นจำนวนมาก ซึ่งแสดงให้เห็นว่าข้าวพันธุ์พื้นเมืองของไทยเป็นแหล่งพันธุกรรมที่สำคัญของ yืนต้านทานโรคใหม่ ซึ่งสามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต และพันธุ์ข้าวพื้นเมืองเหล่านี้ควรมีการอนุรักษ์ไว้ให้สูญหายไป

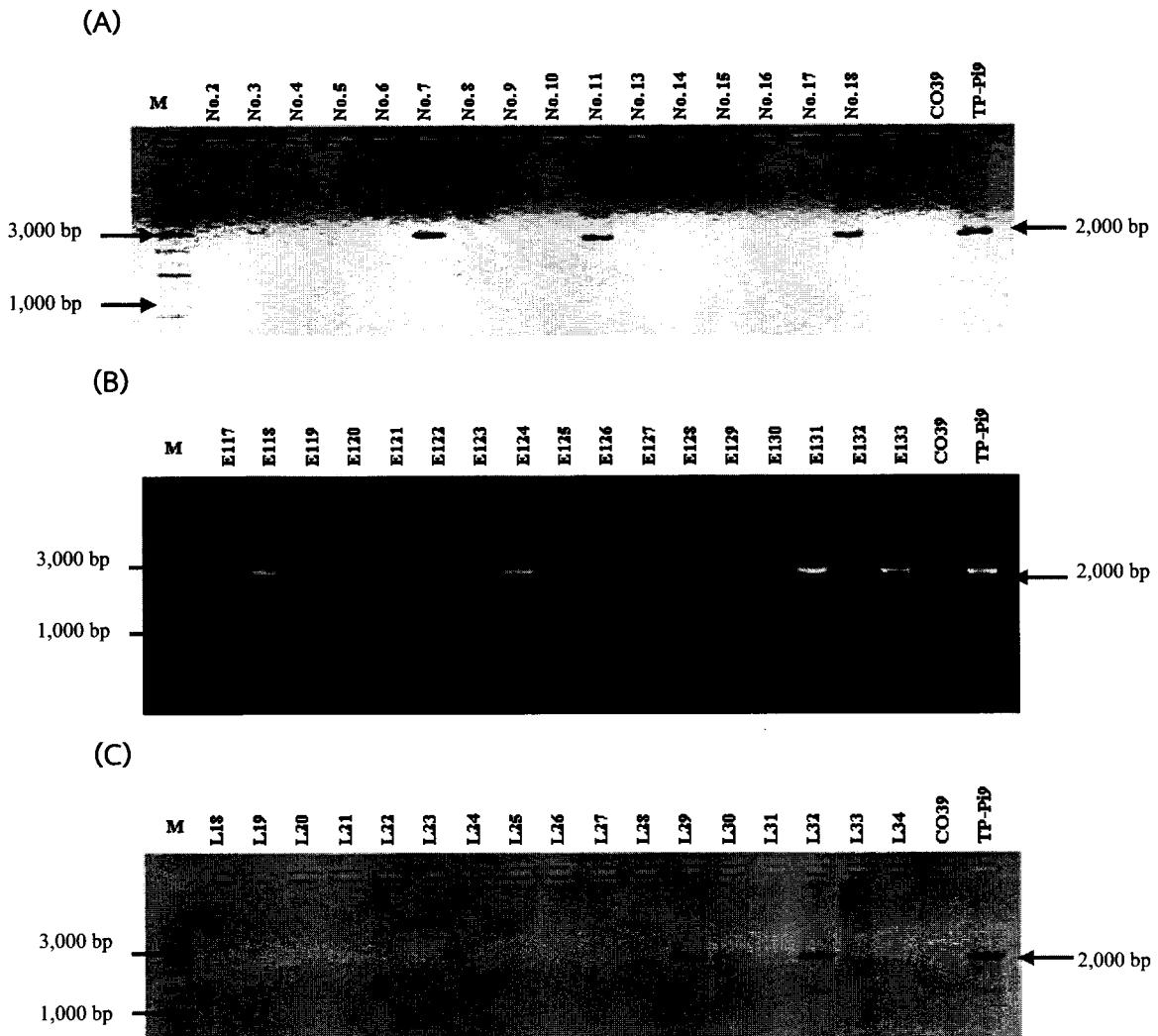


ภาพที่ 8 เจลอิเล็ก trophore แสดงแถบดีเอ็นเอที่มีแอลลีลต้านทานโรคใหม่ของยีน Pi9 หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ NBS2-Pi9-195-1

ตารางที่ 11 การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคไปใหม่ Pi9 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมาย NBS2-Pi9-195-1

พันธุ์ข้าว	จำนวน	ยีนต้านทานโรคใหม่ Pi9	
		Resistance (R)	Susceptible (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	0	38
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	10	9
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	47	97
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	45	14	31
- ข้าวนานาชนิดพื้นเมืองภาคอีสาน	99	33	66
ข้าวป่า	16	4	12
ข้าวต้านทานโรคใหม่	24	3	21
รวม	241	64	177

หมายเหตุ R หมายถึง แอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ในข้าว หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย NBS2-Pi9-195-1 ที่จำเพาะกับยีน Pi9 ทำให้ได้ PCR product ที่มีแถบดีเอ็นเอขนาด 2,000 bp
S หมายถึง แอลลีลอ่อนแอต่อโรคใหม่ของยีน Pi9 โดยไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 2,000 bp

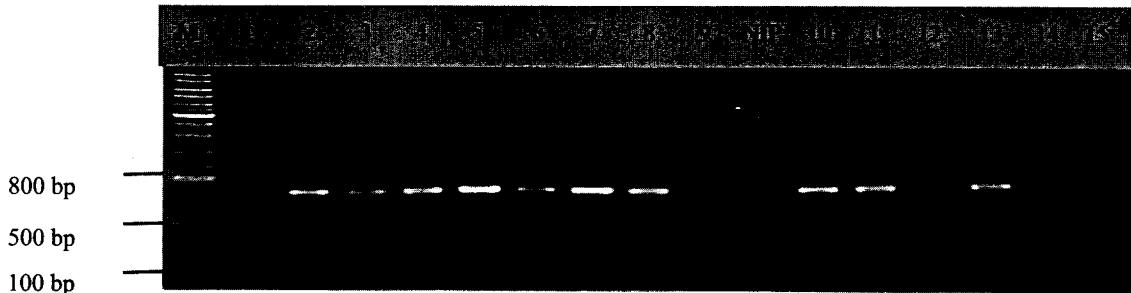


ภาพที่ 9 ของการสเจลอิเล็ก trophor ชิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคไขม้า Pi9 ใน (A)
ข้าวปา (B) ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน และ(C) ข้าวนานาพื้นเมืองภาคอีสาน หลังจากการ
เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ NBS2-Pi9-195-1

3.3 การตรวจสอบหาอินต้านทานโรคใหม่ Pi36

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi36* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง สามารถต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุ โรคใหม่ ในประเทศไทยได้หลายสายพันธุ์ มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 8 ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS มีโครงสร้างโปรตีนของยืนต้านทานโรคเป็นแบบ nucleotide binding site (NBS) และ leucine rich repeat (LRR) ประกอบไปด้วยกรดอะมิโนทั้งหมด 1056 ตัว เป็น single copy gene การแทนที่ของกรดอะมิโนในตำแหน่งที่ 590 จาก Asp เป็น Ser ส่งผลให้ข้าวแสดงความต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ (Liu et al., 2007)

จากการตรวจสอบยืน *Pi36* โดยใช้ไพรเมอร์ R36STS ในข้าวพื้นเมืองทั้งหมด 201 ตัวอย่าง พบว่า สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ จำนวน 178 พันธุ์ เมื่อทำการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HinfI* จะให้ແບບดีเอ็นเอที่ขนาดแตกต่างกันสามรูปแบบ คือ แอลลีลที่หนึ่ง (A) จะมีขนาดແບບดีเอ็นเอ 100, 400 และ 500 คู่เบส จำนวน 18 พันธุ์ แอลลีลที่สอง (B) จะมีขนาดແບບดีเอ็นเอ 100, 200 และ 800 คู่เบส จำนวน 102 พันธุ์ และ แอลลีลที่สาม (C) หรือ S allele จะมีขนาดແບບดีเอ็นเอ 100 และ 800 คู่เบส จำนวน 58 พันธุ์ โดยเปรียบเทียบกับ negative control (Nipponbare) ที่ไม่มีแอลลีลของยืนต้านทานโรคใบใหม่ *Pi36* ซึ่งให้ແບບดีเอ็นเอกซ่าด 100 และ 800 คู่เบส (ภาพที่ 10)



ภาพที่ 10 อะการโสเจโลเล็ก trophor แสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi36* ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองโดยใช้ไพรเมอร์ R36STS หลังนำ PCR product มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HinfI* [M =DNA marker, NIP = Nipponbare (Negative control), Lane 1-15 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทย]

ตารางที่ 12 การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใหม่ Pi36 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS

ข้าวพื้นเมือง	จำนวนพันธุ์ที่ตรวจสอบ	จำนวนพันธุ์ที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS	จำนวนพันธุ์ที่มีแอลลีล A [†]	จำนวนพันธุ์ที่มีแอลลีล B ^{††}	จำนวนพันธุ์ที่มีแอลลีล C [‡]
ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	19	18	-	18	-
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	33	13	15	5
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	127	5	69	53
-ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองอีสาน	45	42	1	23	18
-ข้าวนานาสวนพื้นเมืองอีสาน	99	85	4	46	35
รวม	201	178	18	102	58

หมายเหตุ:

Pi36 A[†] หมายถึง แอลลีล A ของยีน Pi36 ซึ่งเป็นผลมาจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS สำหรับยีนต้านทาน Pi36 แล้วตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HinfI* ได้ขั้นส่วนดีเอ็นเอขนาด 100 400 และ 800 bp

B^{††} หมายถึง แอลลีล B ของยีน Pi36 ซึ่งเป็นผลมาจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS สำหรับยีนต้านทาน Pi36 แล้วตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HinfI* ได้ขั้นส่วนดีเอ็นเอขนาด 100 200 และ 800 bp

C[‡] หมายถึง แอลลีล S (susceptible) ของยีน Pi36 ซึ่งเป็นผลมาจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ R36STS สำหรับยีนต้านทาน Pi36 แล้วตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HinfI* ได้ขั้นส่วนดีเอ็นเอขนาด 100 และ 800 bp

ในข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์ พบแอลลีล A ในข้าวพื้นเมือง จำนวน 18 พันธุ์ ประกอบด้วย ข้าวพื้นเมืองจากภาคใต้จำนวน 13 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองจากภาคอีสานจำนวน 5 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 1 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองนานาสวนภาคอีสานจำนวน 4 พันธุ์ แต่ไม่พบในข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ ส่วนแอลลีล B พบในข้าวพื้นเมืองจำนวน 102 พันธุ์ ประกอบด้วยข้าวพื้นเมืองภาคใต้จำนวน 15 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 69 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 23 พันธุ์ และข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 46 พันธุ์ และข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 18 พันธุ์ (ตารางที่ 12 และ 27)

3.4 การตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 12 ใกล้ๆ กับตำแหน่งเซนโทรเมียร์ ยืนนี้ มีถิ่นกำเนิดในข้าวอินดิกา เป็นยืนที่มีความสำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานต่อโรคใหม่ Jia et al. (2002) ได้พัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีความจำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* และเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด Dominant marker จากการค้นหา yinstantiantanthonroktai *Pi-ta* ในข้าวตัวอย่างจำนวน 241 พันธุ์ ประกอบด้วย ข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์, ข้าวต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* จำนวน 24 พันธุ์ และข้าวป่าจำนวน 16 สายพันธุ์ พบว่าสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ได้จำนวน 69 พันธุ์ ซึ่งให้แอบดีเอ็นเอขนาด 1,042 bp (ภาพที่ 11) แสดงว่ามีแอลลีตต้านทานโรคใหม่ของยืน *Pi-ta* โดยพบแอลลีตต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวพื้นเมือง จำนวน 57 พันธุ์ (ตารางที่ 13 และ 27) ประกอบด้วยข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 19 พันธุ์ และ ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 38 พันธุ์ (แบ่งเป็น ข้าวนานสุวนพื้นเมือง จำนวน 29 พันธุ์ และ ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง จำนวน 9 พันธุ์) ข้าวป่า 1 สายพันธุ์ (ตารางที่ 28) และพันธุ์ข้าวปรับปรุงต้านทานโรคใหม้อีก จำนวน 11 พันธุ์ (ตารางที่ 29) แต้มเม่พบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ (ภาพที่ 11-13)



ภาพที่ 11 ဓิลกรีสเจลอะลีกโพรฟอร์ซิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยืน *Pi-ta* พันธุ์ข้าวที่มีแอลลีตต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* จะปรากฏแอบดีเอ็นเอขนาด 1,042 bp

M= 100 bp marker (Gene RulerTM DNA Ladder Mix, Fermentas)

1 = ลูกคำ	6 = ช่อแดง	11 = นางกลายแดง	16 = ตุลาถั่ว
2 = เชียงใหม่	7 = ภูนิ	12 = ลา gó	17 = ห้อม
3 = ลูกแดง	8 = ดอกไม้ไทร	13 = ภูนิ	18 = กือแซะคำ
4 = เล็บนกเงา	9 = วงทอง	14 = มือจะระเข้	19 = ชัยนาท1
5 = ช่อ	10 = ลูกปลา	15 = นางรอง	

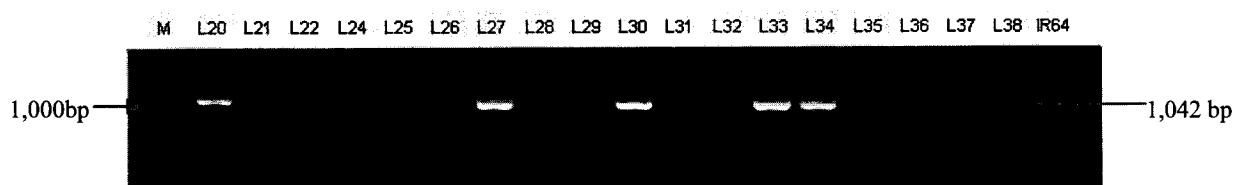
ตารางที่ 13 การกระจายตัวของแอลลิลของยีนต้านทานโรคใบใหม้ *Pi-ta* ในข้าวพันธุ์พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-ta*

พันธุ์ข้าว	จำนวนพันธุ์	ยีนต้านทานโรคใบใหม้ <i>Pi-ta</i>	
		Resistance (R)	Susceptible (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	19	19
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	0	19
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	38	106
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองอีสาน	45	9	36
- ข้าวนานาสวนพื้นเมืองอีสาน	99	29	70
ข้าวป่า	16	1	15
ข้าวต้านทานโรคใบใหม้	24	11	13
รวม	241	69	173

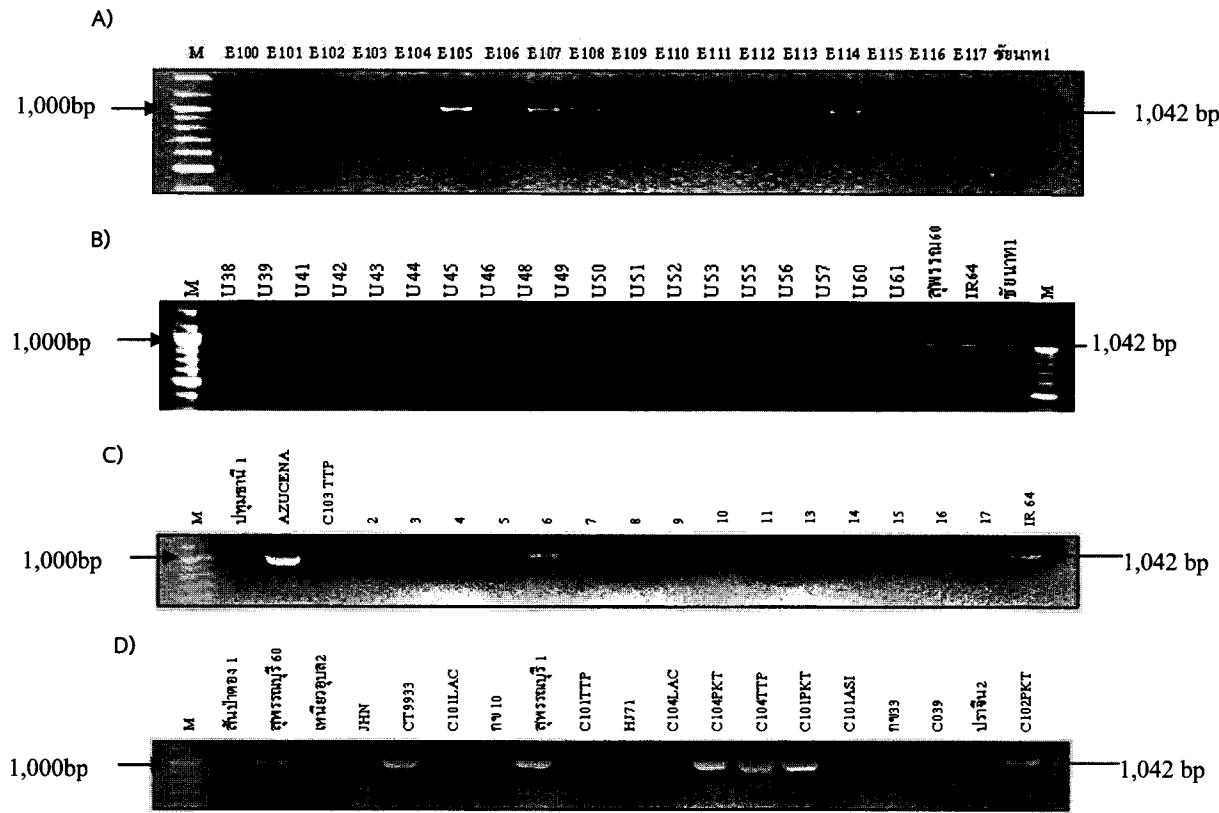
หมายเหตุ

R หมายถึง แอลลิลต้านทาน (resistance allele) ของยีน *Pi-ta* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-ta* ทำให้ได้ PCR product ที่มีແນบดีเอ็นเอขนาด 1,042 bp

S หมายถึง แอลลิลไม่ต้านทาน (susceptible allele) ของยีน *Pi-ta* โดยไม่ปราศจากແນบดีเอ็นเอขนาด 1,042 bp



ภาพที่ 12 ဓิgamma รูสเจลอิเล็ก trophoresis แสดงผลการตรวจสอบยีนต้านทานโรคใบใหม่ *Pi-ta* ในข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน (L20-L38) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-ta*



ภาพที่ 13 อะกาโรสเจลอลีเด็กโทรอฟอร์ชิสแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองอีสาน (A) ข้าวไร้พื้นเมืองภาคเหนือ (B) ข้าวป่า (C) และพันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ (D) โดยใช้เครื่อง量หมายดี-อี็นเอที่จำเพาะกับยืน *Pi-ta*

ผลจากการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวพื้นเมืองนี้ สอดคล้องกับการศึกษาของ เมทินี และคณะ (2009) ที่รายงานการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองไทย โดยพันธุ์ข้าวที่มี ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* จะมีแเกบดีเอ็นเอขนาด 1,042 bp นอกจากนี้ Fujita et al. (2009) ได้รายงาน ถึงการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอเพื่อวิเคราะห์หายืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในพันธุ์ข้าวจาก IRRI (IRRI-bred rice) จำนวน 42 พันธุ์ ด้วยการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ไฟรเมอร์ที่จำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* จำนวน 3 ไฟรเมอร์ คือ *Pi-ta₄₀₃*, *Pi-ta₄₄₀* และ *Pi-ta₁₀₄₂* พบร่วมมีแเกบดีเอ็นเอของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* ในข้าวจำนวน 27, 28 และ 28 พันธุ์ตามลำดับ และมีข้าวจำนวน 14, 15 และ 15 พันธุ์ตามลำดับ ที่ไม่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta*

ยืนยันผลการตรวจสอบพันธุ์ข้าวที่มียีน *Pi-ta* โดยนำ PCR product ของของการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* จำนวน 6 พันธุ์ และพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน จำนวน 7 พันธุ์ (ตารางที่ 14) ส่งไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ ทั้ง forward และ reverse รวมทั้งสิ้น 26 sequences เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ มา assembly เพื่อค้นหาจุดเชื่อมต่อ กันของลำดับนิวคลีโอไทด์ โดยใช้โปรแกรม CAP3 พบร่วม ทั้ง 26 sequences ไม่มีจุดที่เชื่อมต่อ กัน จานนี้ทำการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์โดยใช้โปรแกรม clustalW โดยแยกลำดับนิวคลีโอไทด์ออกเป็น 2 ชุด คือ ชุด forward จำนวน 13 sequences และชุด reverse จำนวน 13 sequences (ภาพที่ 14)

ตารางที่ 14 รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมารวเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta*

ลำดับที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	แหล่งที่มา	แอลลีล
1	S72	นางมา (GS.no 7414)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
2	S77	ขันดิน (GS.no 4290)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
3	S80	สายบัว (GS.no 10346)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
4	S81	ขอนนิมิต (GS.no 10354)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
5	B6	ข้ายนาท1	ข้าวต้านทานโรคใหม่	ต้านทาน
6	B19	IR64	ข้าวต้านทานโรคใหม่	ต้านทาน
7	S73	เหเนี่ยวนานครราช (GS.no 9982)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ไม่ต้านทาน
8	S75	แมะແຍງ (GS.no 10060)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ไม่ต้านทาน
9	S85	ขุก麒麟 (GS.no 12704)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ไม่ต้านทาน
10	L4	ขาวตาแห้ง 55-5-55(Gs.546)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองอีสาน	ไม่ต้านทาน
11	L5	ขาวใหญ่ 33-22-61 (Gs.547)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองอีสาน	ไม่ต้านทาน
12	L6	ขาวปากหม้อ 74 (Gs.548)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองอีสาน	ไม่ต้านทาน
13		ขาวดอกมะลิ 105	ข้าวสายพันธุ์ตรวจสอบ	ไม่ต้านทาน

Sequence format is Pearson Sequences assumed to be DNA	
Sequence 1:	KDML_RGGGGGGGATAATCCGTGCTAGCTAC
Sequence 2:	Mae yang_RCCGTCCCTCCTCATGACITTAIT
Sequence 3:	Neungkharat_RCGGTCTCTCTCATGACTT
Sequence 4:	Sukikulong_RCCGTACCTTCCTCATGAC
Sequence 5:	Khauvahang_RGGGGGTTAACGTCCTCTG
Sequence 6:	Khauyai_RGGGTAAACTCTATGACTTTA
Sequence 7:	Khauvapaknor_RGGGTACCTCTCTGACTTT
Sequence 8:	LR64_RTGGGCCAGACACCGTGCTTIAATT
Sequence 9:	CHAI NAD1_RGGGCACCTATAACGCTGTCIT
Sequence 10:	Choninid_RGGCGTTTACTCCTCTGACTT
Sequence 11:	Saihoa_RGGCTTTTACTCCTCTGACTT
Sequence 12:	Kauddin_RGGGGAGACTACTCCTCTGACT
Sequence 13:	Nangma_RGGCGCTACTCCCTCTGACITTA

ภาพที่ 14 แสดงความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุ์ข้าวที่นำไปวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta*

จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่โดยใช้โปรแกรม Clustal W พบว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์ของชุด forward ไม่มีความแตกต่าง แต่พบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในชุด reverse (ภาพที่ 15) โดยมีลำดับนิวคลีโอไทด์แตกต่างกันหนึ่งตำแหน่งระหว่างพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานโรคใหม่ (*Pi-ta*) และข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน (*pi-ta*) ซึ่งพบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส C และ G โดยพบลำดับเบส G ในข้าวที่มีแอลลีลต้านทาน และพบลำดับเบส C ในข้าวพันธุ์ที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน (ภาพที่ 16) จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาถอดรหัสเป็นกรดอะมิโน (translation) เพื่อตรวจสอบกรดอะมิโนบริเวณที่เกิดการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์ และเปรียบเทียบกับฐานข้อมูล NCBI พบร่วมการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์จาก C และ G ส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน แต่ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่เกิดการเปลี่ยนแปลงนั้นเป็นส่วนของ intron ซึ่งไม่เกี่ยวข้องกับการสร้างกรดอะมิโนแต่อย่างใด ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Jai et al., 2004

Newnakkarat	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	393
Khawpakmor	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	431
Maeyang	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	407
Sukikulong	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	390
Khawtahang	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	429
Khawayai	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	411
IR64	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	391
CHAINAD1	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	430
giTetep	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	3413
Saiboa	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	399
Chornimid	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	426
Nangma	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	408
Kauddin	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	386
KDML105	ATGATTTATTTTCGTACATTACAGTTTAATGTTTACGAAGTACTAAATGTTCTGCAG	429

ภาพที่ 15 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ (sequence alignments) ชุด reverse โดยใช้โปรแกรม clustal W ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีสไม่ต้านทาน Pi-ta (KDML = ขาวดอกมะลิ 105, Sukikulong = ชุกิกูลอง (GS.no 12704), Maeyang = แมะແຍງ (GS.no 10060), Newnakkarat = เหนี่ยวนาคราช (GS.no 9982), Khawtahang = ขาวตาแห้ง 55-5-55(Gs.546), Khawayai = ขาวใหญ่ 33-22-61 (Gs.547) และ Khawpakmor = ขาวปากหม้อ 74 (Gs.548)) และข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มีแอลลีส ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-ta (IR64, Chainad1= ชัยนาท1, Saiboa= สายบัว (GS.no 10346), Kauddin= จีนดิน (GS.no 4290), Nangma = นางมา (GS.no 7414), และ Chornimid = ชอนนิมิต (GS.no 10354), ในกรอบสี่เหลี่ยม คือตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์หนึ่งตำแหน่ง คือ G/C polymorphism

Maeyang	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITSLMFTKY-----	MFC 126
Newnakkarat	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITSLMFTKY-----	MFC 119
Sukikulong	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITSLMFTKY-----	MFC 118
Khawtahang	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITSLMFTKY-----	MFC 131
Khawayai	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITSLMFTKY-----	MFC 124
Khawpakmor	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITSLMFTKY-----	MFC 132
KDML105	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITSLMFTKY-----	MFC 128
Chornimid	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITRSLMFTKY-----	MFC 130
Saiboa	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITRSLMFTKY-----	MFC 121
IR64	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITRSLMFTKY-----	MFC 118
CHAINAD1	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITRSLMFTKY-----	MFC 130
Kauddin	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITRSLMFTKY-----	MFC 117
Nangma	--IQHAIPIRAF-----I-FIFSYITRSLMFTKY-----	MFC 124
giTetep	RRLDAFPDCRAFVRTPRKPDMTKILTDMSQLRPQHQSSDVWEVDRLLETIRTHLQDK	300
	:: .. ** : *:: : * : ..:	

ภาพที่ 16 การเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของแอลลีสต้านทานโรคใหม่ Pi-ta และแอลลีสไม่ต้านทาน (pi-ta)
A) บริเวณที่เกิดการเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์ C / G ส่งผลให้กรดอะมิโนเปลี่ยน และเป็นส่วนของ intron

3.5 การค้นหาเชิงต้านทานโรคใหม่ *Pib*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 2 บริเวณปลายของโครโมโซม (end of the long arm of chromosome 2) เป็น dominant gene สามารถต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในญี่ปุ่นได้หลายสายพันธุ์ อิกัทั้งยังเป็นยืนต้านทานโรคใหม่ยืนแรกที่ได้รับการโคลนยืน ต่อมาก็มีพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pibdom* ซึ่งเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* เพื่อใช้ประโยชน์ในการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ และเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอช่วยในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ (Wang et al., 1999; Fjellstrom et al., 2004) เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pibdom* เป็น Dominant marker เมื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจะได้แอบดีเอ็นเอกขนาด 365 bp จำเพาะกับแอลลีล ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* (Fjellstrom et al., 2004)

จากการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pibdom* ซึ่งจำเพาะกับยืน *Pib* ในข้าวป่าและข้าวพื้นเมืองจำนวน 241 พันธุ์ แบ่งออกเป็นข้าวพื้นเมือง 201 พันธุ์ ข้าวป่าจำนวน 16 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ พบร่วมข้าวที่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ได้จำนวน 81 พันธุ์ โดยให้แอบดีเอ็นเอกขนาด 365 bp (ภาพที่ 17 และ 18) ซึ่งตรงกับแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib*



ภาพที่ 17 อะการ์สเจลオリเด็กไทรฟอร์เซิล แสดงแอบดีเอ็นเอที่มีแอลลีลต้านทานต่อโรคใหม่ของยืน *Pib* หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ที่จำเพาะกับยืน *Pib* ทำให้ได้ PCR product ที่มีแอบดีเอ็นเอกขนาด 365 bp (M = 100 bp marker (Gene RulerTM DNA Ladder Mix, Fermentas) 1 = นางเขียว 2 = เกวียนหัก 3 = ข้าวโพด 4 = สามพรา 5 = เหนียวบាយสี 6 = เหลืองบังใบ 7 = ข้าวนครไชยศรี 8 = เจ้า洛阳 9 = ข้าวโลย 10 = ท่านตะวัน 11 = ข้าวเศรษฐี 12 = สามรวง 13 = ขี้ยนาท 1

พันธุ์ข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* จำนวน 81 พันธุ์ ประกอบด้วย ข้าวพื้นเมืองจำนวน 75 พันธุ์ ได้แก่ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้จำนวน 8 พันธุ์ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 6 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 61 พันธุ์ (แบ่งเป็น ข้าวนานาสวนพื้นเมือง จำนวน 42 พันธุ์ และข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง จำนวน 19 พันธุ์) (ตารางที่ 15 และ 27, ภาพที่ 18) และข้าวต้านทานโรคใหม่ จำนวน 6 พันธุ์ แต่ไม่พบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* ในข้าวป่า (ตารางที่ 15, 28 และ 29)

ผลจากการค้นหาข้อมูลในข้าวพื้นเมืองนี้ สอดคล้องกับรายงานของ เมทินี และคณะ (2009) ที่รายงานถึงการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองไทยโดยพันธุ์ข้าวที่มีแอลลิสต์ต้านทาน จะปรากฏแบบดีเอ็นเอขนาด 365 bp อีกทั้งยังสอดคล้องกับรายงานของ Fujita et al (2009) ที่ได้รายงานถึงการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอเพื่อวิเคราะห์ทายข้อมูลต้านทานโรคใหม่ *Pib* ในพันธุ์ข้าวจาก IRRI จำนวน 42 พันธุ์ โดยใช้เพรเมอร์ที่จำเพาะกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* พบว่ามีข้าวจำนวน 40 พันธุ์ ที่มียืนต้านทานโรคใหม่ และมีข้าวจำนวน 2 พันธุ์ที่ไม่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pib*

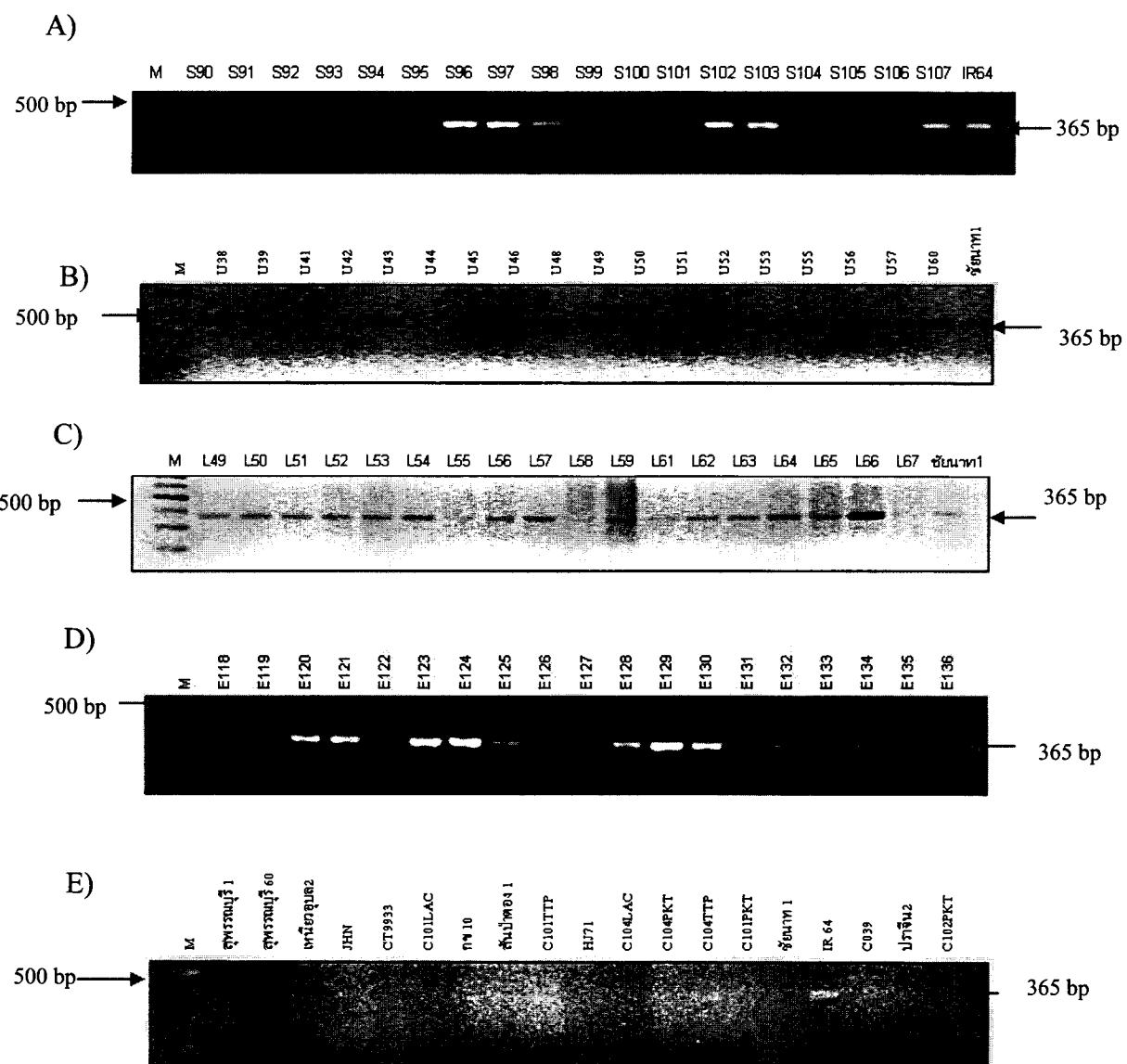
ตารางที่ 15 การกระจายตัวของแอลลิสต์ของยืนต้านทานโรคใบใหม่ *Pib* ในข้าวพันธุ์พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยืน *Pib*

พันธุ์ข้าว	จำนวน	ยืนต้านทานโรคใบใหม่ <i>Pib</i>	
		Resistance (R)	Susceptible (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	8	30
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	6	13
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	61	83
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองอีสาน	45	19	26
- ข้าวนานาสวนพื้นเมืองอีสาน	99	42	57
ข้าวป่า	16	0	16
ข้าวต้านทานโรคใหม่	24	6	16
รวม	241	81	159

หมายเหตุ

R หมายถึง แอลลิสต์ต้านทานของยืน *Pib* ที่ต้านทานต่อโรคใบใหม่ในข้าว หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pibdom ที่จำเพาะกับยืน *Pib* ทำให้ได้ PCR product ที่มีแบบดีเอ็นเอขนาด 365 bp

S หมายถึง แอลลิสต์อ่อนแอต่อโรคใบใหม่ของยืน *Pib* โดยไม่ปรากฏแบบดีเอ็นเอขนาด 365 bp



ภาพที่ 18 ของการสเจลอิเล็กโทรฟอริซแสดงผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* โดยใช้เครื่องหมาย Pibdom ใน (A) พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ (B) พันธุ์ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ (C) พันธุ์ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน (D) พันธุ์ขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน และ (E) พันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่

3.6 การค้นหาสีน้ำตาลท่านโรคใหม่ *Pi1(t)*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum resistance) มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 11 ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 และ RM224 (Fuentes et al. 2008)

เครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 เป็น codominant marker มีตำแหน่งบนโครโมโซมคู่ที่ 11 ตำแหน่งเดียวกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* (0.0 cM) โดยแอลลีลต้านทานของยืน *Pi1(t)* จะมีขนาดของแอลลีลอ่อนและมีขนาดของแอลลีดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์ต้านทาน near isogenic line C101LAC ส่วนแอลลีลอ่อนจะมีขนาดของแอลลีดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวพันธุ์ Nipponbare ซึ่งเป็นพันธุ์ข้าวที่อ่อนแอต่อโรคใบไหม้ โดยปรากฏแอลลีดีเอ็นเอขนาด 175 bp (www.gramene.org) เท่ากับขนาดของแอลลีดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์อ่อนแอกลุ่ม C101A51

จากการค้นหาสีน้ำตาลท่านโรคใหม่ *Pi1(t)* ในข้าวป่าและข้าวพื้นเมืองจำนวน 241 พันธุ์ แบ่งออกเป็นข้าวพื้นเมือง 201 พันธุ์ ข้าวป่าจำนวน 16 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 พบร่วมสามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้จำนวน 236 พันธุ์ พบร่วมกับข้าวที่มีแอลลีลต้านทาน (ในที่นี้กำหนดเป็นแอลลีล A) จำนวน 15 พันธุ์ โดยเปรียบเทียบกับข้าวพันธุ์ต้านทาน C101LAC (positive control) ซึ่งได้รับรายงานว่ามีแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* (Fuentes et al. 2008) (ตารางที่ 16) โดยพบในข้าวพื้นเมืองภาคใต้จำนวน 2 พันธุ์ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 6 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 2 พันธุ์ และข้าวพันธุ์ปรับปรุงต้านทานโรคใหม่จำนวน 5 พันธุ์ แต่ไม่พบแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* ในข้าวป่าที่นำมาศึกษารังนี้ (ภาพที่ 19 -23 และตารางที่ 27, 28 และ 29) ส่วนแอลลีล B ซึ่งปรากฏแอลลีดีเอ็นเอตรงกับข้าวสายพันธุ์อ่อนแอกลุ่ม C101A51 นั้นพบในข้าวจำนวน 183 พันธุ์

ตารางที่ 16 การกระจายตัวของแอลลีซของยืนต้านทานโรคใบใหม้ *Pi1(t)* ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233

พันธุ์ข้าว	จำนวน	ปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยืนต้านทานโรคใบใหม้ <i>Pi1(t)</i>		
			Resistance allele (A)	Susceptible allele (B)	Heterozygous (H)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	38	2	27	9
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	19	6	3	10
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	142	2	133	7
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง	45	45	1	43	1
- ข้าวนานาสวนพื้นเมือง	99	97	1	90	6
ข้าวป่า	16	15	0	12	3
ข้าวต้านทานโรคใบใหม้	24	22	5	8	9
รวม	241	236	15	183	38

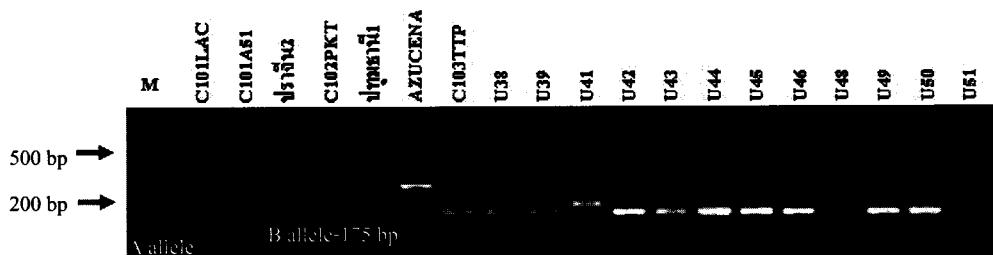
หมายเหตุ A หมายถึง แอลลีซต้านทานของยืน *Pi1(t)* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย RM1233 จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดเท่ากับแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์ต้านทาน near isogenic line C101LAC

B หมายถึง แอลลีซไม่ต้านทานของยืน *Pi1(t)* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย RM1233 จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดเท่ากับแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์อ่อนแอ C101A51 (175 bp)

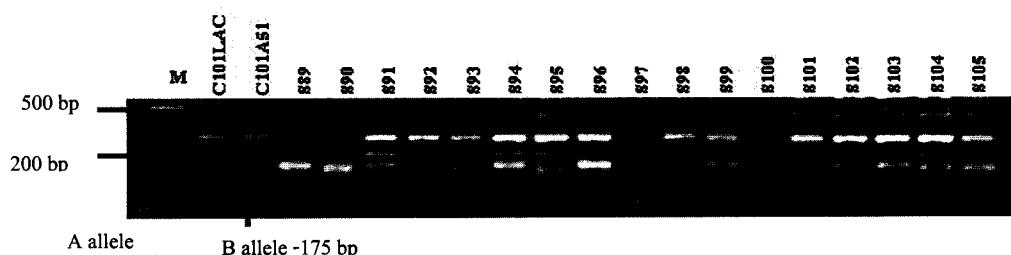
H หมายถึง heterozygous alleles ของยืน *Pi1(t)* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย RM1233 ได้แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏแอลลีซ A และ B



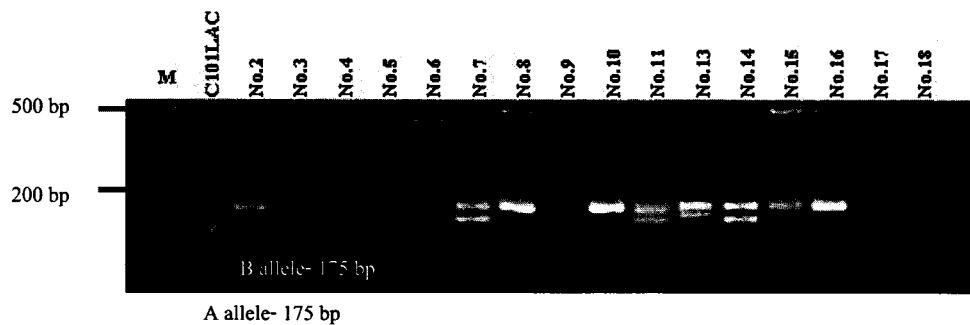
ภาพที่ 19 อะการอยส์เจลอิเล็กโทรฟอริซิส แสดงผลการค้นหา yinstantian โรคใบใหม่ *Pi1(t)* ในพันธุ์ข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีซต้านทานของยืน *Pi1(t)* (แอลลีซ A) และสายพันธุ์ข้าว C101A51 ซึ่งมีแอลลีซไม่ต้านทานของยืน *Pi1(t)* (แอลลีซ B-175 bp)



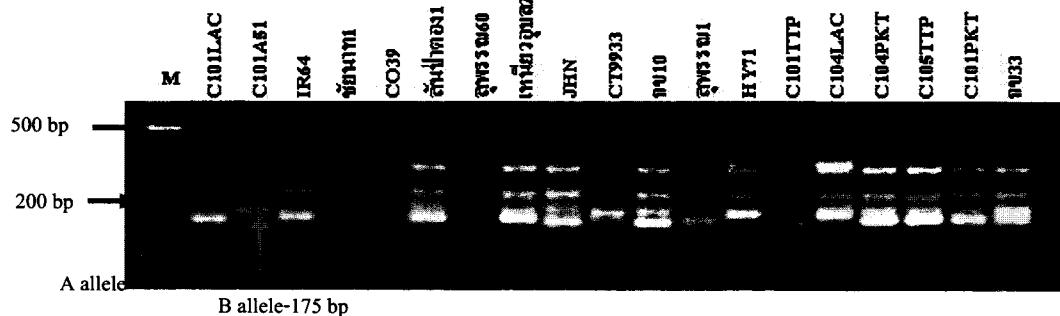
ภาพที่ 20 ของการสแกโลเล็ก trofporchis แสดงผลการค้นหาบินต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* ในพันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ และข้าวไร้พื้นเมืองภาคเหนือ ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลิลต้านทานของยีน *Pi1(t)* (แอลลิล A) และสายพันธุ์ข้าว C101A51 ที่มีแอลลิลไม่ต้านทานของยีน *Pi1(t)* (พันธุ์อ่อนแอ) (แอลลิล B-175 bp) (M = 100 bp marker (Gene Ruler™ DNA Ladder Mix, Fermentas) U38 = งอเพื่อน U39 = ดยาหลี U41 = ปือก่อ U42 = ปือเกษตร U43 = เหนี้ยวแสงมูวง U44 = กะเหรี่ยงขาว U45 = เหลืองหอม U46 = จันอ่อน U48 = ลายชาบ U49 = ปือ แม่ลະ U50 = หัวยแลง และ U51 = ปือ ชูแม่ฟาง)



ภาพที่ 21 ของการสแกโลเล็ก trofporchis แสดงผลการค้นหาบินต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* ในพันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลิลต้านทานของยีน *Pi1(t)* (แอลลิล A) และข้าวสายพันธุ์ C101A51 ซึ่งมีแอลลิลไม่ต้านทานของยีน *Pi1(t)* (แอลลิล B-175 bp)



ภาพที่ 22 ของการสเจโลอิเล็กโกรฟอร์ซิส แสดงผลการค้นหายีนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* ในพันธุ์ข้าวป้าด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีลต้านทานของยีน *Pi1(t)* (แอลลีด A)



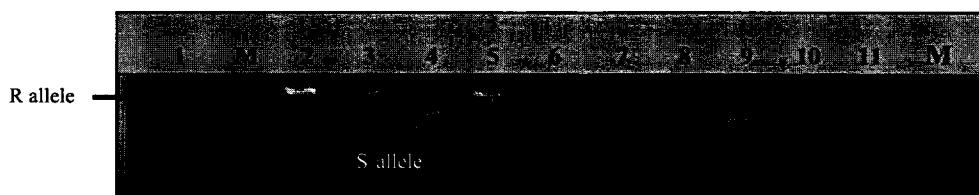
ภาพที่ 23 ของการสเจโลอิเล็กโกรฟอร์ซิส แสดงผลการค้นหายีนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* ในพันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM1233 โดยเปรียบเทียบกับพันธุ์ข้าว C101LAC ที่มีแอลลีลต้านทานของยีน *Pi1(t)* (แอลลีด A) และข้าวสายพันธุ์ C101A51 ซึ่งมีแอลลีลไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* (แอลลีด B-175 bp)

3.7 การค้นหาycinต้านทานโรคใหม่ Pi-d3

ยืน Pi-d3 ถูกค้นพบโดย Shang และคณะ ในปี ค.ศ. 2009 ด้วยการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ของข้าว ชนิด Nucleotide-binding site – Leucine rich repeat (NBS-LRR) ระหว่างจีโนมของข้าว 2 สายพันธุ์ คือ ข้าวอินดิกา 93-11 และข้าวจาปอนิกา Nipponbare จากนั้นทำการศึกษาการกระจายตัวของยืนในกลุ่มตั้งกล่าวในประชากรของข้าวที่เกิดจากการผสมระหว่างพ่อแม่พันธุ์ที่มีความแตกต่างกันในด้านความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ โดย Shang และคณะ ค้นพบยืน Pi-d3 ข้าวสายพันธุ์ Digoen จากประเทศจีน โดยแอลลีลไม่ต้านทานของยืน Pi-d3 เกิดจากการกลายแบบ nonsense mutation ของลำดับนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่งที่ 2208 จากตำแหน่งเริ่มต้นของการสังเคราะห์โปรตีน ทำให้โปรตีนที่สังเคราะห์ได้มีขนาดสั้นลง เนื่องจากการกลายพันธุ์บริเวณตั้งกล่าวส่งผลให้เกิดเป็น stop codon

การตรวจสอบหาycinต้านทานโรคใหม่ Pi-d3 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-1

จากการค้นหาycinต้านทานโรคใหม่ Pi-d3 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-1 ในข้าวจำนวน 225 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในข้าวได้จำนวน 197 พันธุ์ ให้ແບดีเอ็นเอขนาด 178 bp เมื่อนำ PCR product มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ XbaI เพื่อศึกษาความแตกต่าง พบว่ามีข้าวจำนวน 166 พันธุ์ ที่มีแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d3 ซึ่งปราศจากแอลลีลขนาด 178 bp โดยพบในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 38 พันธุ์ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 10 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 107 พันธุ์ (ตารางที่ 17 และ 27) และข้าวพันธุ์ปรับปรุงต้านทานโรคใหม่ จำนวน 11 พันธุ์ (ตารางที่ 17 และ 29) และมีพันธุ์ข้าวจำนวน 31 พันธุ์ ที่มีแอลลีลไม่ต้านทานของยืน Pi-d3 โดยจะถูกตัดด้วยเอนไซม์ XbaI ทำให้ได้ແບดีเอ็นเอขนาด 158 และ 20 bp (ภาพที่ 24) สอดคล้องกับรายงานของ Shang et al. (2009) ที่รายงานเกี่ยวกับการโคลนยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d3 และพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-1 เพื่อใช้ในการตรวจสอบยืน Pi-d3 โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอดังกล่าว สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ได้ชั้นส่วนดีเอ็นเอขนาดประมาณ 178 คู่เบส และเมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะชนิด XbaI แอลลีลไม่ต้านทานของยืน Pi-d3 จะถูกตัดชั้นดีเอ็นเอออกประมาณ 20 คู่เบส ส่วนแอลลีลต้านทานของยืน Pi-d3 จะไม่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ตัดกล่าวจึงมีชั้นดีเอ็นเอขนาดเท่าเดิม



ภาพที่ 24 อะก้าโรสเจลอิเล็กโทรฟอร์ซิสแสดงผลการค้นหายีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองแต่ละสายพันธุ์โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pid3-dCAPS-1* หลังตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *XbaI* (*M* =DNA marker, 1 = ดีเอ็นเอก่อนตัดด้วยเอนไซม์, Lane 2, 3, 5 และ 7 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* และ Lane 4, 6, 8, 9, 10 และ 11 เป็นตัวอย่างข้าวพันธุ์พื้นเมืองไทยที่มีแอลลีลไม่ต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3*)

ตารางที่ 17 การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม่ *Pi-d3* ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-d3*

พันธุ์ข้าว	จำนวน	เพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยีนต้านทานโรคใบใหม่ <i>Pi-d3</i>	
			Resistance allele (R)	Susceptible allele (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	38	38	0
ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	19	19	10	9
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	120	107	13
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง	45	26	21	5
- ข้าวนานาชนิดพื้นเมือง	99	94	86	8
ข้าวต้านทานโรคใบใหม่	24	20	11	9
รวม	225	197	166	31

หมายเหตุ R หมายถึง แอลลีลต้านทานของยีน *Pi-d3* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-d3* และตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *XbaI* จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 178 bp S หมายถึง แอลลีลไม่ต้านทานของยีน *Pi-d3* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่จำเพาะกับยีน *Pi-d3* และตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *XbaI* จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 158 และ 20 bp

การตรวจสอบพยานตัวน้ำหนักโรคใหม่ Pi-d3 โดยใช้เครื่องหมาย Pid3-dCAPS-2

จากการค้นหาพยานตัวน้ำหนักโรคใหม่ Pi-d3 ในข้าวจำนวน 225 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์ และข้าวตัวน้ำหนักโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-2 สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในข้าวได้จำนวน 225 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์ และข้าวตัวน้ำหนักโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ ซึ่งให้แอบดีเอ็นเอขนาด 178 bp เมื่อนำ PCR product มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ BamHI เพื่อถูกความแตกต่าง พบว่ามีข้าวจำนวน 199 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองจำนวน 184 พันธุ์ และข้าวตัวน้ำหนักโรคใหม่จำนวน 15 พันธุ์ ที่มีแอลลิสตัวน้ำหนักของยืนตัวน้ำหนักโรคใหม่ Pi-d3 ซึ่งปรากฏแอบดีเอ็นเอขนาด 178 bp (ตารางที่ 18, 27 และ 29, ภาพที่ 25)

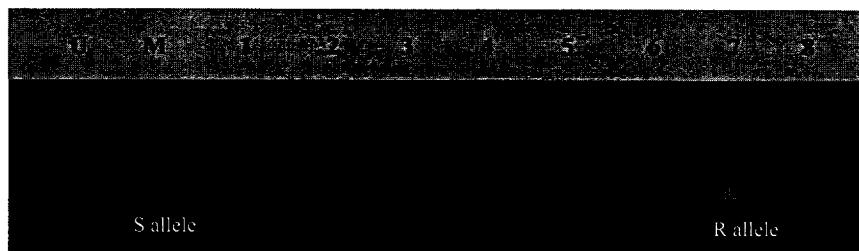
จากข้าวพื้นเมืองที่มียืนตัวน้ำหนักโรคใหม่ Pi-d3 จำนวน 184 พันธุ์ สามารถแยกออกได้เป็น ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 38 พันธุ์, ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 9 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 137 พันธุ์ (ข้าวนาสวนพื้นเมืองจำนวน 94 พันธุ์ และข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองจำนวน 43 พันธุ์) ดังแสดงในตารางที่ 18 และ 27 สอดคล้องกับรายงานของ Shang et al. (2009) ซึ่งรายงานว่า ยืน Pi-d3 พบมากในข้าวอินดิกา

ตารางที่ 18 การกระจายตัวของแอลลิสของยืนตัวน้ำหนักโรคไปใหม่ Pi-d3 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-2

พันธุ์ข้าว	จำนวน	เพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยืนตัวน้ำหนักโรคใหม่ Pi-d3	
			Resistance allele (R)	Susceptible allele (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	38	38	0
ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือ	19	19	9	10
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	144	137	7
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง	45	45	43	2
- ข้าวนาสวนพื้นเมือง	99	99	94	5
ข้าวตัวน้ำหนักโรคใหม่	24	24	15	6
รวม	225	225	199	23

หมายเหตุ R หมายถึง แอลลิสตัวน้ำหนักของยืน Pi-d3 ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-2 และตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ BamHI จะปรากฏแอบดีเอ็นเอขนาด 178 bp

S หมายถึง แอลลิสไม่ตัวน้ำหนักของยืน Pi-d3 ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pid3-dCAPS-2 และตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ BamHI จะปรากฏแอบดีเอ็นเอขนาด 153 bp



ภาพที่ 25 อะการ์สเจลอิเล็กโทรฟอรีซิสแสดงผลการค้นหายีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pid3-dCAPS-2* หลังจากตัดด้วยอีนไซม์ตัดจำเพาะ *BamHI*

เพื่อเป็นการยืนยันผลการตรวจสอบข้าวพื้นเมืองที่มียีน *Pi-d3* โดยนำ PCR product ของของ การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* จำนวน 5 พันธุ์ และพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน จำนวน 5 พันธุ์ รวมทั้งสิ้น จำนวน 10 พันธุ์ (ตารางที่ 19) ส่งไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ แล้วนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาเปรียบเทียบ (BLAST) กับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* ในฐานข้อมูล NCBI และเปรียบเทียบระหว่างข้าวที่มีแอลลีลต้านทานและไม่ต้านทานโดยใช้โปรแกรม clustal W

จากการเปรียบเทียบบนฐานข้อมูล NCBI พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ดังกล่าวตรงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน *Pi-d3* และเมื่อเปรียบเทียบโดยใช้โปรแกรม clustal W พบว่าพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานและไม่ต้านทานของยีน *Pi-d3* มีลำดับนิวคลีโอไทด์แตกต่างกัน 1 ตำแหน่ง โดยพบลำดับนิวคลีโอไทด์ C ในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* และพบลำดับนิวคลีโอไทด์ T ในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน (ภาพที่ 26) เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์มาเปลี่ยนเป็นกรดอะมิโน และเปรียบเทียบกับลำดับกรดอะมิโนของยีน *Pi-d3* บนฐานข้อมูล NCBI (FJ773285 (Pid3-9311)) พบว่า การเปลี่ยนแปลงของลำดับนิวคลีโอไทด์จาก C เป็น T ในข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน (*pi-d3*) ส่งผลให้เกิดการกลายพันธุ์เป็นรหัสหยุดก่อนกำหนด (nonsense mutation) (ภาพที่ 27) ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Shang et al., (2009) และ Chen et al., (2011) ซึ่งรายงานว่า ปกติยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* จะสังเคราะห์กรดอะมิโนทั้งสิ้น 924 ตัว ซึ่งจะพบในข้าวที่มีแอลลีลต้านทานของยีน *Pi-d3* แต่ในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทาน จะสามารถสังเคราะห์กรดอะมิโนได้เพียง 737 ตัว เนื่องจากเกิดการกลายพันธุ์เป็นรหัสหยุดก่อนกำหนด อีกทั้งการกลายพันธุ์ดังกล่าวยังเกิดขึ้นที่บริเวณ Leucine-rich repeats ทำให้การสร้าง Leucine-rich repeats โปรตีนไม่สมบูรณ์จึงทำให้ข้าวสูญเสียความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่

ตารางที่ 19 รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมาวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d3

ลำดับที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	แหล่งที่มา	แหล่งลีล
1	NPB	Nipponbare	สายพันธุ์ตรวจสอบ	ไม่ต้านทาน
2	U42	ปือเกษตร	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ไม่ต้านทาน
3	U45	เหลืองหอม	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ไม่ต้านทาน
4	U49	ปือ แม่ละ	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ไม่ต้านทาน
5	U39	ดยาหลี	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ไม่ต้านทาน
6	U38	งอเพื่อน	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ต้านทาน
7	L17	ดอกมะลิ 109-1-119 (Gs.569)	ข้าวนานส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	ต้านทาน
8	L56	อีปีด (Gs.3376)	ข้าวนานส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	ต้านทาน
9	E111	พญาชม	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ต้านทาน
10	E112	เขียว	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ต้านทาน

1NPBS	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	116
2U42S	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	116
3U45S	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	116
4U49S	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	117
5U39S	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	120
6U38R	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	117
7L17R	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	117
8L56R	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	117
9E111R	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	117
10E112R	GTTGCCATTGTGAGCAGTTGTTCATGGCCATCACTAATAAGATTCACTTACCCGTCCTTG	116

1NPBS	GGATCTAAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	149
2U42S	GGATCTAAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	149
3U45S	GGATCTAAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	149
4U49S	GGATCTAAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	150
5U39S	GGATCTAAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAAAGG	155
6U38R	GGATCCAGCAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	150
7L17R	GGATCCAGCAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	150
8L56R	GGATCCAGCAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	150
9E111R	GGATCCAGCAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	150
10E112R	GGATCCAGCAGCAGTACTGCAAGGAAGTGCTAA--	149

ภาพที่ 26 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแหล่งลีลต้านทานและแหล่งลีลไม่ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi-d3 โดยใช้เครื่องหมายตีอิ้นเงา Pid3-dCAPS-2

E111	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
E112	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
L56	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
L17	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
U38	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
Pid3-9311	VSKQFVPSVGVPAPLRICSMTTIQTILLMEASSQMHHILGSVELRTFRISKVRSCHCEQ	720	
U49	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
U45	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
NPB	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
U42	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15
U39	-----	-RTFRISKVRSCHCEQ	15

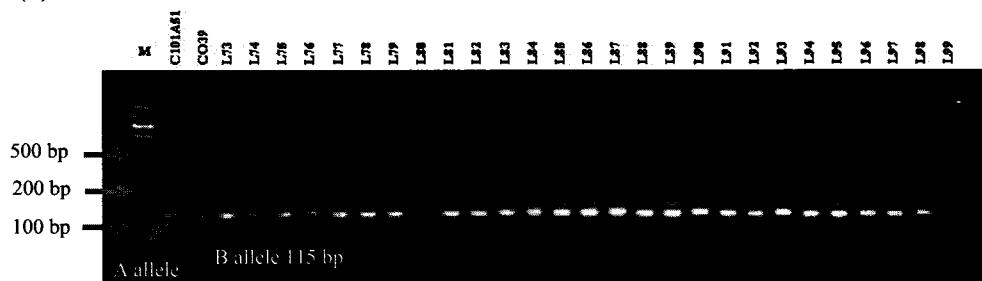
E111	LFMAITNNMICHITRLG QACSSQEVL-----	40	
E112	LFMAITNNMICHITRLG QACSSQEVL-----	40	
L56	LFMAITNNMICHITRLG QACSSQEVL-----	40	
L17	LFMAITNNMICHITRLG QACSSQEVL-----	40	
U38	LFMAITNNMICHITRLG QACSSQEVL-----	40	
Pid3-9311	LFMAITNNMICHITRLG QACSSQEVVHLESIKPPPLIQKLFQGTLSHESLPHFVSVSNLN	720	
U49	LFMAITNNMICHITRLG -ACSSQEVL-----	39	
U45	LFMAITNNMICHITRLG -ACSSQEVL-----	39	
NPB	LFMAITNNMICHITRLG -ACSSQEVL-----	39	
U42	LFMAITNNMICHITRLG -ACSSQEVL-----	39	
U39	LFMAITNNMICHITRLG -ACSSQEVLR-----	40	

ภาพที่ 27 ผลการเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของข้าวที่มีแอลลีต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d3* (E111= พญาชม, E112= เจี้ยว, L56= อี้ปีด (Gs.3376), L17= ดอกมะลิ 109-1-119 (Gs.569), และ U38= งอเพื่อน) และข้าวที่มีแอลลีไม่ต้านทาน (U49= บิอิ แม่ละ, U45= เหลืองหอม, NPB= Nipponbare, U42= ปือเกษตร และ U39= ดยาหลี) กับข้อมูลลำดับกรดอะมิโนจากฐานข้อมูล NCBI (Pid3-9311)

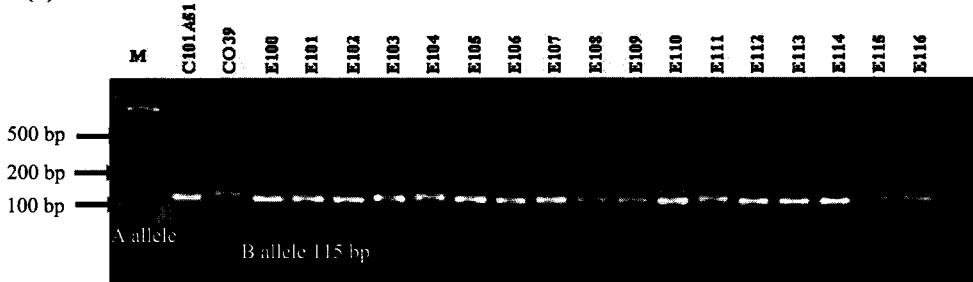
3.8 การตรวจสอบหาเชิงต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)*

ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum blast resistance) ขนาดข้าง (flanking markers) ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 และ RFLP JSH12 โดยห่างจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 ประมาณ 0.9 cM และห่างจาก เครื่องหมายดีเอ็นเอ RFLP JSH12 ประมาณ 0.9 cM มีรายงานว่าข้าวสายพันธุ์ C101A51 (near-isogenic line) มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* (Jiang and Wang, 2002) เมื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย เครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 พันธุ์ข้าวที่มีแอลลีต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* จะปรากฏแถบ ดีเอ็นเอขนาดเท่ากับแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์ต้านทาน near isogenic line C101A51 กำหนดให้เป็น แอลลีต A ส่วนพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีไม่ต้านทานจะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 115 bp (www.gramene.org) เท่ากับขนาดของแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในสายพันธุ์อ่อนแอ CO39 กำหนดให้เป็น แอลลีต B (ภาพที่ 28)

(A)



(B)



ภาพที่ 28 อะก่าโรสเจลオリ์ก็อตฟอร์ชิสแสดงผลการค้นหาเชิงต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* ในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 ที่ใกล้ชิดกับยีน *Pi2(t)* (A) ข้าวนานาชนิดพื้นเมือง (B) ข้าวขึ้นน้ำพื้นเมือง

จากการค้นหาเชิงต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* ในข้าวจำนวน 241 สายพันธุ์ แบ่งเป็น ข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์ ข้าวต้านทานโรคใหม่ จำนวน 24 พันธุ์ และข้าวป่า จำนวน 16 สายพันธุ์ สามารถเพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอได้จำนวน 193, 24 และ 15 สายพันธุ์ตามลำดับ รวมเป็น 232 สายพันธุ์ พบว่ามีข้าวจำนวน 153 สายพันธุ์ที่มียีนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* ซึ่งปรากฏแถบดีเอ็นเอตรงกับข้าวพันธุ์ต้านทาน C101A51 ที่เป็น positive control (แอลลีสต์ A) แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองและข้าวต้านทานโรคใหม่ จำนวน 131 และ 12 พันธุ์ตามลำดับ และพบยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* ในข้าวป่า จำนวน 10 สายพันธุ์ และมีข้าวจำนวน 78 พันธุ์ปรากฏแถบดีเอ็นเอตรงกับข้าวพันธุ์อ่อนแอ CO39 ที่เป็น negative control ซึ่งมีแอลลีสต์ไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* (แอลลีสต์ B) (ตารางที่ 20, 27, 28 และ 29, ภาพที่ 28) และมีข้าวจำนวน 2 สายพันธุ์ ที่เป็น heterozygous ซึ่งปรากฏแถบดีเอ็นเอของแอลลีสต์ A และ B แบ่งเป็นข้าวพื้นเมือง 1 พันธุ์ และข้าวป่า 1 สายพันธุ์

ตารางที่ 20 การกระจายตัวของแอลลีลของยีนต้านทานโรคใบใหม่ $Pi2(t)$ ในข้าวพันธุ์พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140

พันธุ์ข้าว	จำนวน	เพิ่ม ปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยีนต้านทานโรคใบใหม่ $Pi2(t)$		
			Resistance	Susceptible	Heterozygous
			allele (A)	allele (B)	(H)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	38	1	37	-
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	18	8	10	-
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	137	122	15	-
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง	45	45	41	4	-
- ข้าวนานาสวนพื้นเมือง	99	92	81	11	-
ข้าวปา	16	15	10	4	1
ข้าวต้านทานโรคใบใหม่	24	24	12	12	-
รวม	241	232	153	78	1

หมายเหตุ

- A หมายถึง แอลลีลต้านทานของยีน $Pi2(t)$ ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 จะปรากฏแบบดีเอ็นเอขนาดเท่ากับแบบดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์ต้านทาน near isogenic line C101A51
- B หมายถึง แอลลีลไม่ต้านทานของยีน $Pi2(t)$ ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 จะปรากฏแบบดีเอ็นเอขนาดเท่ากับ 115 bp เท่ากับขนาดของแบบดีเอ็นเอที่ปรากฏในข้าวสายพันธุ์อ่อนแอ CO39
- H หมายถึง heterozygous allele ของยีน $Pi2(t)$ ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ SSR140 ได้แบบดีเอ็นเอที่ปรากฏแอลลีล A และ B

พันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานของยีนต้านทานโรคใบใหม่ $Pi2(t)$ ประกอบด้วย ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 8 พันธุ์, ข้าวพื้นเมืองภาคใต้จำนวน 1 พันธุ์, ข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 122 พันธุ์ (ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง 41 พันธุ์ และข้าวนานาสวนพื้นเมือง 81 พันธุ์)

3.9 การตรวจสอบหา yin-tān-than โรคใหม่ Pi54 ($Pi-K^h$)

ยินต้านทานโรคใหม่ Pi54 พบรังสรรคในข้าวสายพันธุ์ Tetep เดิมชื่อ $Pi-K^h$ ต่อมาได้เปลี่ยนชื่อเป็น Pi54 (Sharma et al. 2010) มีตำแหน่งอยู่บนแขนงข้างขวาของโครโมโซมคู่ที่ 11 เป็น Single Dominant gene ยืน Pi54 เป็นยินต้านทานโรคที่สร้างโปรตีนต้านทานชนิด Nucleotide-binding site lecine rich repeat (NBS-LRR) (Sharma et al. 2003, 2005) มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อรากษาเหตุของโรคใบใหม่ *Magnaporthe grisea* ได้หลายสายพันธุ์ ยืน Pi54 อยู่ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ TRS26, TRS33, S129, และ RM206 โดยอยู่ห่างจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ S129₇₀₀ 4.5cM และห่างจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ RM206 ประมาณ 0.7cM (Sharma et al. 2005)

ต่อมาได้มีการพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54MAS ที่ตรงตำแหน่งของยินต้านทานโรคใหม่ Pi54 เพื่อใช้เป็นเครื่องหมายช่วยในการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอดังกล่าวเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด 144bp insertion / deletion (InDel) เป็น codominant marker ในข้าวที่มีแอลลีลต้านทานจะมีขนาดความยาวของลำดับนิวคลีอไทด์ 216 bp และข้าวที่มีแอลลีลไม่ต้านทานจะมีขนาดความยาวของลำดับนิวคลีอไทด์ 359 bp ซึ่งสามารถตรวจสอบได้โดยใช้ agarose gel electrophorisis ทำให้ง่ายต่อการตรวจสอบ และมีความถูกต้องแม่นยำกว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด SSR (Ramkumar et al. 2011)

การตรวจสอบหา yin-tān-than โรคใหม่ Pi54 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54 SSR

เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54SSR (RM206) เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับยินต้านทานโรคใหม่ Pi54 และอยู่ห่างจากยินตังกล่าวประมาณ 0.7 cM จากการค้นหา yin-tān-than โรคใหม่ Pi54 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54SSR (RM206) ในข้าวจำนวน 225 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองและข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 201 และ 24 พันธุ์ตามลำดับ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้จำนวน 114 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองจำนวน 109 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 5 พันธุ์ พบว่ามีข้าวพื้นเมืองและข้าวต้านทานโรคใหม่ ที่มีแอลลีลต้านทานของยินต้านทานโรคใหม่ Pi54 ซึ่งปรากฏแถบดีเอ็นเอกวนัดประมาณ 300 bp จำนวน 68 และ 4 พันธุ์ตามลำดับ (ภาพที่ 29) และพบแอลลีลไม่ต้านทานของยินต้านทานโรคใหม่ Pi54 จำนวน 42 พันธุ์ ซึ่งจะปรากฏแถบดีเอ็นเอกวนัด 400 bp แบ่งเป็นข้าวพื้นเมือง 41 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่ 1 พันธุ์ (ตารางที่ 21 และ 27)

พันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานของยินต้านทาน Pi54 ประกอบด้วย ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 14 พันธุ์, ข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 54 พันธุ์ แบ่งเป็น ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองจำนวน 6 พันธุ์ และข้าวนาสวนพื้นเมือง จำนวน 48 พันธุ์ แต่ไม่พบแอลลีลต้านทานในข้าวพื้นเมืองภาคใต้

ตารางที่ 21 การกระจายตัวของแอลลิลของยีนต้านทานโรคใบใหม้ *Pi54* ในข้าวพันธุ์พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54SSR*

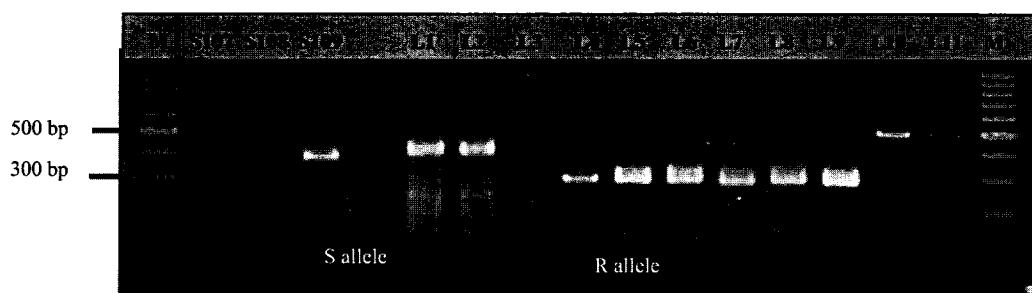
พันธุ์ข้าว	จำนวน	เพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยีนต้านทานโรคใบใหม้ <i>Pi54</i>	
			แอลลิลต้านทาน (R) แอลลิลไม่ต้านทาน(S)	
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	18	0	18
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	17	14	3
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	74	54	20
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง	45	10	6	4
- ข้าวนาสวนพื้นเมือง	99	64	48	16
ข้าวต้านทานโรคใบใหม้	24	5	4	1
รวม	225	144	72	42

หมายเหตุ R หมายถึง แอลลิลต้านทานของยีนต้านทานโรคใบใหม้ *Pi54* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมาย

ดีเอ็นเอ RM206 และจะปราศจากแอลลิลต้านทานขนาด 300 bp

S หมายถึง แอลลิลไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใบใหม้ *Pi54* หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ

RM206 และจะปราศจากแอลลิลต้านทานขนาด 400 bp



ภาพที่ 29 อะการ์สเจลオリเย็กไทรฟอร์ซิสแสดงผลการค้นหา yinต้านทานโรคใบใหม้ *Pi54* ในข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสานโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ RM206 ที่ใกล้ชิดกับยีน *Pi54*

การตรวจสอบหาเชิงต้านทานโรคใหม่ Pi54 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54 indel

จากการค้นหาเชิงต้านทานโรคใหม่ Pi54 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54 indel (Pi54MAS) ในข้าวจำนวน 225 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมือง และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 201 และ 24 พันธุ์ตามลำดับ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ 222 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 21 พันธุ์ พบร่วมกับข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54 จำนวน 10 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 6 พันธุ์ ซึ่งปรากฏแบบดีเอ็นเอขนาด 216 bp (ภาพที่ 30)

พันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54 ประกอบด้วยข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ 10 พันธุ์ แต่ไม่พบแอลลีลต้านทานในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ และข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (ตารางที่ 22 และ 27)

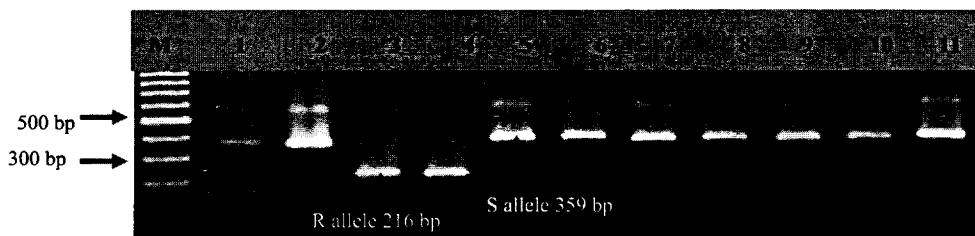
ตารางที่ 22 การกระจายตัวของแอลลีลของยืนต้านทานโรคไปใหม่ Pi54 ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54-indel (Pi54MAS)

พันธุ์ข้าว	จำนวน	สามารถเพิ่ม ปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54	
			Resistance (R)	Susceptible (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	38	0	38
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	19	10	9
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	144	0	144
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองอีสาน	45	45	0	45
- ข้าวนานาสวนพื้นเมืองอีสาน	99	99	0	99
ข้าวต้านทานโรคใหม่	24	21	6	15
รวม	225	222	16	206

หมายเหตุ R หมายถึง แอลลีลต้านทานของยืน Pi54 ที่ต้านทานต่อโรคใหม่ในข้าว หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์

Pi54 indel ที่จำเพาะกับยืน Pi54 ทำให้ได้ PCR product ที่มีแบบดีเอ็นเอขนาด 216 bp

S หมายถึง แอลลีลอ่อนแอกต่อโรคใหม่ของยืน Pi54 หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ Pi54 indel ที่จำเพาะกับยืน Pi54 ทำให้ได้ PCR product ที่มีแบบดีเอ็นเอขนาด 359 bp



ภาพที่ 30 อะก้าโรสเจลอิเล็กโทรโฟเรซแสดงแบบดีเอ็นเอที่มีแอลลีตต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ *Pi54*-indel (M=marker, 1=สุพรรณบุรี 1, 2=C101TPP, 3=C105 TTP 4-1-23, 4=C101 PKT, 5=ชัยนาท 1, 6=IR64, 7=ปทุมธานี 1, 8=AZUCENA, 9=C103TPP, 10=C101A51 และ 11=กข 33)

ยืนยันผลการตรวจสอบพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* โดยการ นำ PCR product ของการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีตต้านทานและแอลลีตไม่ต้านของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* ที่เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54* indel จำนวน 10 พันธุ์ ประกอบด้วยพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีตต้านทานโรคใหม่ *Pi54* จำนวน 5 พันธุ์ และพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีตไม่ต้านทาน จำนวน 5 พันธุ์ (ตารางที่ 23) มาหาลำดับนิวคลีโอไทด์ จากนั้นนำลำดับนิวคลีโอไทด์มาเบรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* ในฐานข้อมูล NCBI โดยใช้โปรแกรม clustal W

ตารางที่ 23 รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมายกเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54*

ลำดับที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	แหล่งที่มา	แอลลีต
1	U38	งอเพื่อน	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ต้านทาน
2	U42	ปือเกษตร	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ต้านทาน
3	U46	จะนอไหน	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ต้านทาน
4	U48	ลายชาบ	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ต้านทาน
5	U52	ข้าวกอแฟ่	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ต้านทาน
6	E144	เจ็กระโดด	ข้าวขี้นน้ำพื้นเมืองภาคอีสาน	ไม่ต้านทาน
7	S72	นางมา(GS.no 7414)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ไม่ต้านทาน
8	S78	คงพิกุล (GS.no 9754)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ไม่ต้านทาน
9	S87	ลาเกี้ยงอ (GS.no 12717)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ไม่ต้านทาน
10	NPB	Nipponbare	ข้าวพันธุ์ตรวจสอบ	ไม่ต้านทาน

จากการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ระหว่างพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีตต้านทานโรคใหม่ *Pi54* กับพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีไม่ต้านทานกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* ในฐานข้อมูล NCBI (gi 63103205 gb AY914077.1 *Oryza sativa* (indica cultivar-group) cultivar Tetep NBS-LRR (*Pik^h*) gene, partial cds) พบว่า ในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีต้านทานมีการขาดหายของลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 143 bp ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Ramkumar et al. (2011) ที่ได้พัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอจากตำแหน่งที่มีการขาดหายของลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 144 bp ของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* และลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54* ตรงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยืน *Pi54* จากฐานข้อมูล NCBI แสดงในภาพที่ 31

เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาเปลี่ยนเป็นลำดับของกรดอะมิโน (translation) พบว่าในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีไม่ต้านทานมีการเพิ่มเข้ามาของลำดับเบส (insertion) จำนวน 144 bp แต่ไม่พบการเปลี่ยนแปลงดังกล่าวในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลีต้านทาน

การศึกษาในครั้งนี้แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพของเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54* MAS ที่ใช้ในการตรวจสอบหากยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* (*Pi-K^h*) โดยเครื่องหมายดีเอ็นเอดังกล่าวมีประสิทธิภาพในการค้นหาใน *Pi54* มากกว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54SSR* (RM206) เนื่องจากมีความจำเพาะกับยืน *Pi54* ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของ Ramkumar et al. (2011) ที่รายงานว่า เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54MAS* มีความจำเพาะกับยืน *Pi54* มากกว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54SSR* ซึ่งจะเห็นได้ว่าในข้าวพันธุ์ IR64 เมื่อตรวจสอบโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54SSR* จะปรากฏแถบดีเอ็นเอของแอลลีต้านทาน แต่ตรวจสอบโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ *Pi54MAS* จะปรากฏแถบดีเอ็นของแอลลีไม่ต้านทาน โดยข้าวพันธุ์ IR64 จะมียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-ta* และ *Pib* แต่ไม่มียืน *Pi54* ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Ramkumar et al. (2011)

S77_S	-----GCTTCATCCCGTCTAGACCTCGATAGATTATGGC	35
S83_S	-----GCTTCAAAACACTGCTAGACCTCGATAGATTATGGC	35
S92_S	-----GCTTCATCACTGCTAGACCTCGATAGATTATGGC	35
L9_S	-----GCTTCATCACTGCTAGACCTCGATAGATTATGGC	35
NPB_S	-----GCTTCAAAACACTGCTAGACCTCAATAGACTATGGC	35
U50_R	-----GCTTCATCACTGCTAGACCTCAATAGA-----	28
U52_R	-----GCTTCATCACTGCTAGACCTCAATAGA-----	28
U42_R	-----GCTTCATCACTGCTAGACCTCAATAGA-----	28
U38_R	-----GCTTCATCACTGCTAGACCTCAATAGA-----	28
U48_R	-----TTCATCACTGCTAGACCTCAATAGA-----	26
Tetep_Pi54	ACATTGGTAGTAGTGCATGCAATGTCAGAGCTTCATCACTGCCAGACCTCAATAGA-----	53
	***** * ***** *****	
S77_S	TGTGTTAGATCCAAGTTGGATCCAAACTCCGTCCTTTCCATCACATCAACATGTC	95
S83_S	TGTGTTAGATCCAAGTTGGATCCAAACTCCGTCCTTTCCATCACATCAACATGTC	95
S92_S	TGTGTTAGATCCAAGTTGGATCCAAACTCCGTCCTTTCCATCACATCAACATGTC	95
L9_S	TGTGTTAGATCCAAGTTGGATCCAAACTCCGTCCTTTCCATCACATCAACATGTC	95
NPB_S	TGTGTTAGATCCAAGTTGGATCTAAACTCCGTCCTTTCCATCACATCAACATGTT	95
U50_R	-----	
U52_R	-----	
U42_R	-----	
U38_R	-----	
U48_R	-----	
Tetep_Pi54	-----	
S77_S	ATATACACATAACTTTCAGTCACATCATCTCTAATTTAACCTTTCAAACCTTGCG	155
S83_S	ATATACACATAACTTTCAGTCACATCATCTCTAATTTAACCTTTCAAACCTTGCG	155
S92_S	ATACACACATAACTTTCAGTCACATCATCTCTAATTTAACCTTTCAAACCTTGCG	155
L9_S	ATACACACATAACTTTCAGTCACATCATCTCTAATTTAACCTTTCAAACCTTGCG	155
NPB_S	ATACACACACAACCTTCAGTCACATCATCTCTAATTTAACCTTTCAAACCTTGCG	155
U50_R	-----	
U52_R	-----	
U42_R	-----	
U38_R	-----	
U48_R	-----	
Tetep_Pi54	-----	
S77_S	CTGAACTAACATAGCCTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	215
S83_S	CTGAACTAACATAGCCTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	215
S92_S	CTGAACTAACATAGCCTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	215
L9_S	CTGAACTAACATAGCCTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	215
NPB_S	CTGAACTAACACAGCCTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	215
U50_R	-----CTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	72
U52_R	-----CTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	72
U42_R	-----CTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	72
U38_R	-----CTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	72
U48_R	-----CTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	70
Tetep_Pi54	-----CTATCACTAGTGAACCTGAAAAGGTTTCAGACACTGAAGATGC	97

ภาพที่ 31 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแหล่งถิ่นต้านทานและแหล่งถิ่นไม่ต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54 โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54MAS และข้อมูลของ ยืน Pi54 จากฐานข้อมูล NCBI

3.10 การตรวจสอบหายนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)*

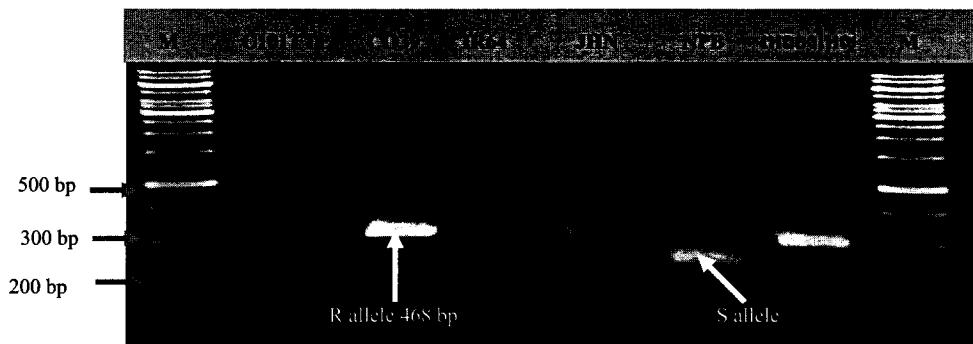
ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* พับในข้าวสายพันธุ์ Gumei 4 ของประเทศไทย เป็นยืนต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง โดยพบว่ายืนดังกล่าวมีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้ดีกว่ายืน *Pi1(t)*, *Pi2*, และ *Pi3* มีขนาดประมาณ 70 kb ซึ่งอยู่ระหว่างเครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 และ C0428 บนโครโมโซมที่ 6 ซึ่งประกอบด้วยยืนต้านทานโรคใหม่ของข้าว ชนิด Nucleotide-binding site – Leucine rich repeat (NBS-LRR) 5 ยืน (Deng et al., 2006) ต่อมาเมื่อการคอลนยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* สำเร็จ และพบว่ายืนดังกล่าว จัดอยู่ในกลุ่มของยืนต้านทานโรคชนิด Nucleotide-binding site – Leucine rich repeat (NBS-LRR) (Deng et al., 2009) มีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุ โรคใหม่ดีกว่า *Pi2*, *Pi9*, *Piz* และ *Pizt* การตรวจสอบแอลลีลของยืน *Pigm(t)* ในข้าวสามารถทำได้โดยใช้ เครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 และ Indel marker S29742

การตรวจสอบหายนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483

เครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด CAPS marker จะต้องใช้อเอนไซม์ตัด จำเพาะ *EcoRI* ในการแยกความแตกต่าง โดยจะเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอขนาด 468 คูเบส และเมื่อตัดด้วย อเอนไซม์ตัดจำเพาะชนิด *EcoRI* แอลลีลไม่ต้านทานของยืน *Pigm(t)* จะมีตำแหน่งตัดจำเพาะของอเอนไซม์ *EcoRI* ทำให้สามารถตัดชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้ ส่วนแอลลีลต้านทานของยืน *Pigm(t)* ไม่มีตำแหน่งตัดจำเพาะ ของอเอนไซม์ *EcoRI* จึงไม่ถูกตัดด้วยอเอนไซม์ดังกล่าว ทำให้มีชิ้นส่วนดีเอ็นเอขนาดเท่าเดิม

จากการค้นหา>yืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* ในข้าวจำนวน 225 พันธุ์ ประกอบด้วยข้าวพื้นเมือง จำนวน 201 พันธุ์ และ ข้าวต้านทานโรคใหม่ จำนวน 24 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ C5483 สามารถ เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้จำนวน 216 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมือง 200 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่ 16 พันธุ์ ซึ่งปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด 468 bp เมื่อนำ PCR product ที่ได้มาตัดด้วยอเอนไซม์ตัดจำเพาะ *EcoRI* พบร่วมีข้าวจำนวน 213 พันธุ์ ที่มีแอลลีลต้านทานของยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* โดยจะปรากฏ แถบดีเอ็นเอขนาด 468 bp ซึ่งตรงกับข้าวพันธุ์ TP 309 (positive control) แบ่งเป็นข้าวพื้นเมือง จำนวน 198 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 15 พันธุ์ และมีข้าวจำนวน 3 พันธุ์ ปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาด ประมาณ 300 และ 200 bp ซึ่งตรงกับข้าวพันธุ์ Nipponbare ที่เป็น negative control (ภาพที่ 32)

พันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* จำนวน 198 พันธุ์ ประกอบด้วย ข้าวพื้นเมือง ภาคเหนือ จำนวน 16 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้จำนวน 38 พันธุ์ ข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 144 พันธุ์ (แบ่งเป็นข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง จำนวน 45 พันธุ์ และข้าวนานาสวนพื้นเมือง จำนวน 99 พันธุ์) (ตารางที่ 24 และ 27)



ภาพที่ 32 おかげ稻茎黙立病の PCR 産物を示すゲル電気泳動結果。PCR 産物をエコリナーゼで処理して得られた R アレル (468 bp) と S アレル (300 bp, 100 bp) のバンドが示されています。M: DNA マーカー、C5483: CAP marker-C5483、NPB: Nipponbare など、異なる品種が検査されています。

ตารางที่ 24 การกระจายตัวของแอลลิสของยีนต้านทานโรคใบใหม่ *Pigm(t)* ในข้าวพันธุ์พื้นเมืองจากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ CAP marker-C5483

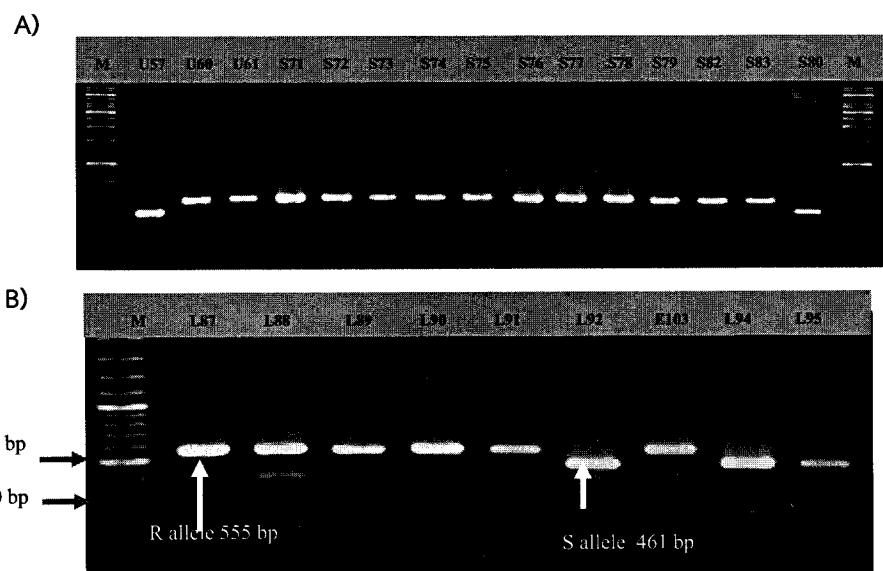
พันธุ์ข้าว	จำนวน	เพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยีนต้านทานโรคใบใหม่ <i>Pigm(t)</i> -C5483	
			Resistance allele (R)	Susceptible allele (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	38	38	0
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	18	16	2
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	144	144	0
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง	45	45	45	0
- ข้าวนานาชนิดพื้นเมือง	99	99	99	0
ข้าวต้านทานโรคใบใหม่	24	16	15	1
รวม	225	216	213	3

หมายเหตุ R หมายถึง แอลลิสต้านทานของยีนต้านทานโรคใบใหม่ *Pigm(t)* ภายหลังจากการนำ PCR product มาตัดด้วย เอนไซม์ดัดจำเพาะ EcoRI จะได้แถบดีเอ็นเอขนาดเท่าเดิม คือ ประมาณ 468 bp
 S หมายถึง แอลลิสไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใบใหม่ *Pigm(t)* ภายหลังจากการนำ PCR product มาตัดด้วย เอนไซม์ดัดจำเพาะ EcoRI จะได้แถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 300 และ 100 bp

การตรวจสอบ hairy ต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ S29742

เครื่องหมายดีเอ็นเอ S29742 เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ประกอบด้วยตัวอักษรพยัญชนะต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* และเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอชนิด Indel marker โดยจะ pragmatically เอ็นเอขนาดประมาณ 555 bp ตรงกับชิ้นพันธุ์ TP 309 (positive control) ส่วนพันธุ์ชิ้นที่ไม่มีแลลลีตต้านทานจะ pragmatically เอ็นเอขนาดประมาณ 461 bp ตรงกับชิ้นพันธุ์ Nipponbare (negative control) (ภาพที่ 33)

จากการค้นหา hairy ต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ S29742 ในตัวอย่างข้าวจำนวน 225 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองจำนวน 201 พันธุ์ และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 24 พันธุ์ สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้จำนวน 198 พันธุ์ แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองและข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 180 และ 18 พันธุ์ตามลำดับ เมื่อนำ PCR product ที่ได้มาตรวจสอบใน 2% agarose gel electrophoresis พบว่ามีข้าวพื้นเมืองจำนวน 146 พันธุ์ ที่มีแลลลีตต้านทานของ hairy ต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* แบ่งเป็น ข้าวพื้นเมืองภาคใต้จำนวน 31 พันธุ์ ข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 15 พันธุ์ และข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 100 พันธุ์ (ข้าวขึ้นน้ำพื้นเมืองจำนวน 36 พันธุ์ และข้าวนานาสวนพื้นเมืองจำนวน 64 พันธุ์) (ตารางที่ 25 และ 27) และข้าวต้านทานโรคใหม่จำนวน 9 พันธุ์



ภาพที่ 33 อะการาสเจลอิเล็กโทรฟอริซิสแสดงผลการค้นหา hairy ต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* ของข้าวโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Indel marker C29742 ใน (A) ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ และ (B) ข้าวนานาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน

ตารางที่ 25 การกระจายตัวของแอลลิลของยีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* ในข้าวพันธุ์พื้นเมือง จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ Indel S29742

พันธุ์ข้าว	จำนวน	เพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอได้	ยีนต้านทานโรคใบเพ้ม <i>Pigm(t)</i> -Indel S29742	
			Resistance (R)	Susceptible (S)
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	38	33	31	2
ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ	19	19	15	4
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	144	128	100	28
- ข้าวขี้นน้ำพื้นเมือง	45	43	36	7
- ข้าวนาสวนพื้นเมือง	99	85	64	21
ข้าวต้านทานโรคใบเพ้ม	24	18	9	9
รวม	225	198	155	43

หมายเหตุ R หมายถึง แอลลิลต้านทานของยีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* ภายหลังจากเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดย Indel marker S29742 จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 555 bp

S หมายถึง แอลลิลไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* ภายหลังจากเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ Indel marker S29742 จะปรากฏแถบดีเอ็นเอขนาดประมาณ 461 bp

จากค้นหา yin-taanthan-roc-thai *Pigm(t)* ในข้าวพื้นเมือง และข้าวต้านทานโรคใบเพ้มพบว่าข้าวพื้นเมืองส่วนใหญ่มียีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* แต่ผลลัพธ์ที่ได้จากเครื่องหมายดีเอ็นเอหั้งสองนั้นแตกต่างกันมาก อย่างไรก็ตามเครื่องหมายดีเอ็นเอหั้งสองเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับยีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* เท่านั้น ไม่ใช่เครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนามาจากตรงตำแหน่งยีน จึงทำให้ผลที่ได้มีความแตกต่างกัน ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการ เครื่องหมายดีเอ็นเอหั้งสองเครื่องหมายมีระยะห่างจากยีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* แตกต่างกันจากรายงานของ Dang et al., (2006)

จากนั้นยืนยันผลการตรวจสอบข้าวพื้นเมืองที่มียีน *Pigm(t)* โดยนำ PCR product ของการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในพันธุ์ข้าวที่มีแอลลิลต้านทานของยีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* จำนวน 5 พันธุ์ และพันธุ์ข้าวที่มีแอลลิลไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใบเพ้ม *Pigm(t)* จำนวน 5 พันธุ์ รวมทั้งสิ้น จำนวน 10 พันธุ์ (ตารางที่ 26) มาค้นหาลำดับนิวคลีโอไทด์ แล้วนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มาเปรียบเทียบกับข้อมูลบนฐานข้อมูล NCBI และเปรียบเทียบระหว่างพันธุ์ข้าวที่มีแอลลิลต้านทานและไม่ต้านทานของยีน *Pigm(t)* โดยใช้โปรแกรม clustalW

ตารางที่ 26 รายชื่อพันธุ์ข้าวที่นำมายังเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pigm* (*t*)

ลำดับที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	แหล่งที่มา	แหล่งลีล
1	S91	เชียงใหม่ (GS.no 12739)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
2	S92	ลูกแดง (GS.no 12740)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
3	S93	เล็บนกเบา (GS.no 12743)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
4	S94	ซ่อ (GS.no 12749)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
5	S95	ซ่อแดง(GS.no 12751)	ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	ต้านทาน
6	U51	ปิอิ ชูแม่ฟาง	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	ไม่ต้านทาน
7	L52	อีปง (Gs.3372)	ข้าวนานาพื้นเมืองภาคอีสาน	ไม่ต้านทาน
8	L53	นางนวล (Gs.3373)	ข้าวนานาพื้นเมืองภาคอีสาน	ไม่ต้านทาน
9	L57	ดอสามเดือน (Gs.3377)	ข้าวนานาพื้นเมืองภาคอีสาน	ไม่ต้านทาน
10	NPB	Nipponbare	ข้าวสายพันธุ์ตรวจสอบ	ไม่ต้านทาน

จากการนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการสืบค้นยีนต้านทานโรคใหม่ *Pigm* (*t*) ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ S29742 เปรียบเทียบกับยีนต้านทานโรคใหม่ *Pigm* (*t*) ในฐานข้อมูล NCBI พบร่วมกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของ PAC AP005659 ซึ่งเป็นชิ้นส่วนดีเอ็นเอจากโครโมโซมที่ 6 ของข้าวที่ได้รับการโคลนยืน สอดคล้องกับ Deng et al., (2010) ที่รายงานว่ายีน *Pigm(t)* มีตำแหน่งอยู่บน PAC AP005659 ใกล้ชิดกับเครื่องหมายดีเอ็นเอ S29742 เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ของพันธุ์ข้าวที่มีแหล่งลีลต้านทานและข้าวที่มีแหล่งลีลไม่ต้านทานของยีน *Pigm(t)* มาเปรียบเทียบกันโดยใช้โปรแกรม clustal W พบร่วมกับข้าวที่มีแหล่งลีลไม่ต้านทานมีการขาดหายของลำดับนิวคลีโอไทด์ประมาณ 101 เบส (ภาพที่ 34)

S91_R	TCTTTTTAAATTAAGAATAAAAACCCGGACTTGTATCCATAAAGTGGAAATAACACAGTCAA
S92_R	TCTTTTTAAATTAAGAATAAAAACCCGGACTTGTATCCATAAAGTGGAAATAACACAGTCAA
S93_R	TCTTTTTAAATTAAGAATAAAAACCCGGACTTGTATCCATAAAGTGGAAATAACACAGTCAA
S94_R	TCTTTTTAAATTAAGAATAAAAACCCGGACTTGTATCCATAAAGTGGAAATAACACAGTCAA
S95_R	TCTTTTTAAATTAAGAATAAAAACCCGGACTTGTATCCATAAAGTGGAAATAACACAGTCAA
U51_S	-----
L52_S	-----
L53_S	-----
L57_S	-----
NPB_S	-----

ภาพที่ 34 แสดงผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีแหล่งลีลต้านทาน และแหล่งลีลไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ Indel marker S29742

ฐานข้อมูลทางพันธุกรรมเบื้องต้นของยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง

จากการสืบค้นยืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 10 ปีน (ได้แก่ *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi1(t)*, *Pi2(t)*, *Pi-d3*, *Pi54* และ *Pigm(t)*) ในข้าวพื้นเมืองไทย จำนวน 201 พันธุ์ (accessions) ด้วยเครื่องหมายตีอิ้นเอ สามารถจัดทำ Genotypic profile ของยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองของไทย ข้าวป่า และพันธุ์ข้าวต้านทานโรคใหม่ ดังแสดงในตารางที่ 27 28 และ 29 ตามลำดับ ข้อมูลดังกล่าวเป็นประโยชน์ต่อการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมข้าวพื้นเมือง และเป็นแหล่งพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวต่อไปในอนาคต



พารากราฟ 27 การร่องรอยตัวองค์กรและภูมิทัศน์ตามหน้าโนร์คใหม่ P_{i9} , P_{i-d2} , P_{i36} , P_{i-ta} , P_{i6} , $P_{i1(t)}$, $P_{i2(t)}$, P_{i-d3} และ $P_{igm(t)}$ ที่พบในบุญพันธุ์เมืองจังหวัด

ภาคเหนือ ภาคอีสาน และภาคใต้

ลำดับ ที่	รหัส	พัฒนาช้า	ประเมินช้า	$pBB-$ P_{i9}^+	$NBS2-$ P_{i9}^*	P_{i-d2}^s	P_{i36}^s	P_{i-ta} $P_{i1(t)}$ ††	P_{i-d3} $P_{i2(t)}$ †††	P_{i-d3} $P_{i1(t)}$ †††	P_{i54} P_{i54} †††	$P_{igm(t)}$ SSR^{**} †††	$P_{igm(t)}$ $C5483$ †††	$P_{igm(t)}$ $S29742$ ****	
1	S71	หนองหนัก (GS.no 10284)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	C	R	S	S	R	R	S	R	R
2	S72	นางนาก(GS.no 7414)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	C	R	S	S	R	R	S	R	R
3	S73	เหงียนวนคราช (GS.no 9982)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	A	S	S	H	R	R	S	ns	R
4	S75	แมะແຍງ (GS.no 10060)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	ns	S	S	S	R	R	S	R	R
5	S76	ตอกพวง (GS.no10062)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	A	S	S	H	S	R	S	R	R
6	S77	ขึ้นดิน(GS.no 4290)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	C	R	S	S	R	R	S	ns	R
7	S78	ตอกพิกุล (GS.no9754)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	B	S	S	S	R	R	S	ns	R
8	S79	คำชาง (GS.no 10243)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	B	S	S	S	R	R	S	R	R
9	S80	สายบัว (GS.no 10346)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	A	R	S	S	R	R	S	R	S
10	S81	ซ่อนมีตา (GS.no 10354)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	R	S	S	C	R	S	S	R	R	S	R	S
11	S82	ໄเรທ (GS.no 11185)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	A	R	S	S	R	R	S	R	R
12	S83	ເມະນວງ (GS.no 11211)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	B	S	S	R	R	R	S	R	R
13	S84	ถูกขข (GS.no 11148)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	ns	S	S	S	R	R	S	R	R
14	S85	ຫຼົກໂຄສ (GS.no 12704)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	ns	S	S	S	R	R	S	R	R
15	S86	หลาຍອດ (GS.no 12716)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	B	S	S	S	R	R	S	R	R
16	S87	ລາກິ່ງອງ (GS.no 12717)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	C	S	S	R	R	R	S	R	R
17	S88	ນາທອອ (GS.no 12731)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	A	S	S	R	S	R	ns	R	ns
18	S89	ຖົກຫາຍຸດ(GS.no12736)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	A	R	S	S	R	R	S	R	ns
19	S90	ຖົກຕໍາ (GS.no 12737)	ข้าวพัฒนามีองค์กรคื้อ	S	S	R	A	S	S	R	R	S	S	R	R

ลำดับ ที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	ประณथุ้ว่า	pBB- NBS2- Pi ^g Pi ^g				Pi-ta Pi ^b Pi ^b				Pi1(t) Pi2(t))				Pi-d3 Pi-d3				Pi54 Pi54				Pigm(t) Pigm(t)					
				Pi36 ¹	Pi-d2 ⁵	Pi36 ¹	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††	††
64	E106	ส่วนกลาง	84-4-118	ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	S	S	R	ns	R	S	ns	R	S	ns	R	S	ns	R	S	ns	R	S	R	S
65	E107	ข้าวเหนียวหนึ่ง	95-1-80	ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R
66	E108	ไข่เมฆคาด	59-2-73	ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	R	S	H	R	ns	R	S	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	R	
67	E109	ต้อยใหญ่	62-40-140	ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	R	
68	E110	เม็ดเล็กหนัก		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	R	
69	E111	พญาชน		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
70	E112	ເຫຼິຍາ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	S	S	B	R	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
71	E113	หาปราราม		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	S	C	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
72	E114	ເຈົກກະບົດ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	R	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	ns			
73	E115	วงเตียง		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
74	E116	ເຈົ້າລອຍ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
75	E117	ເຫຼືອອາກລວຍ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
76	E118	គຸມແມ່		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	R	R	B	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S		
77	E119	ຫາຍາຍເຈົ້າ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	S	R	B	S	S	R	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
78	E120	ຂາວສົມອ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	S	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
79	E121	ເຫຼືອພວພອ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
80	E122	ເຫຼືອອານັ້ນຕີ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
81	E123	ຫາວີ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
82	E124	ຫາວາຫບັດ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	R	R	C	S	R	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
83	E125	ນາງເທິຍ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
84	E126	ລອຍສາຍປ້າ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		
85	E127	ນາງເຈົ້າ		ข้าวเข็มนำพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	ns	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	R		

ลำดับ ที่	รหัส	พัฒนา	ประเมินข้าว												Pigmt(t) ****	Pigmt(t) C5483	Pigmt(t) S29742
			Pi-B8 Pi9 ^t	NBS2- Pi9 [#]	Pi-d2 ^s	Pi36 ^a	Pi-ta	Pi-b **	Pi-d3 ††	Pi-d3 Cap1	Pi54 indell	Pi54 SSR ^{¶¶}	Pi-d3 Cap2	Pi-d3 †††			
86	E128	นางเขียว	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R
87	E129	เกี้ยวน้ำ	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R
88	E130	ขาวโพลี	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R
89	E131	สามพราน	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	S	R	R	R	R	S	ns	R	S
90	E132	เห็นยาสี	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	R	S	S	R	R	S	ns	R	R
91	E133	เหลืองบัวใบ	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	S	R	R	R	R	S	ns	R	S
92	E134	ขาวครุฑ์	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R
93	E135	เจ้าถอย	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R
94	E136	ข้าวลดย	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R
95	E137	หวานตะวัน	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R
96	E138	ขาวสารชีรี	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	ns	S	S	S	R	R	R	S	ns	R	S
97	E139	สามรัก	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	ns	R	S	S	S	R	R	R	S	ns	R	S
98	E140	หอมหุ่ง	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	ns	R	R	S	S	R	R	S	ns	R	R
99	E141	หอมหุ่ง	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	S	S	B	S	S	S	R	S	R	S	ns	R	R
100	E142	ไห่ฟ่ง	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	B	S	S	S	R	R	R	S	ns	R	R
101	E143	พวงหนัก	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	B	S	S	R	S	S	R	S	ns	R	R
102	E144	พวงเงิน	ข้าวเขียวต้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	A	S	S	R	S	S	S	S	ns	R	S
103	L1	เก้าวงศ 17-2-106 (Gs.536)	ข้าวสาลพันเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	S	R	S	R	R	S	S	R	R
104	L2	ก้มอง (Gs.539)	ข้าวสาลพันเมืองภาคอีสาน	R	S	B	R	S	S	R	S	R	R	S	S	R	R
105	L3	ขาวครอกະสี 41-1-173 (Gs.542)	ข้าวสาลพันเมืองภาคอีสาน	S	R	A	R	S	S	R	S	R	R	S	ns	R	S
106	L4	ขาวตาเหลือง 55-5-55	ข้าวสาลพันเมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	S	R	S	R	R	S	S	R	S

ลำดับ ที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	บรรเทาข้าว	pBB- Pi9 ^t	NBS2- Pi9 ^t	Pi36 ^q	Pi-ta	Pi-b	Pi1(t) ↓ ss	Pi2(t) ↓ ss	Cap1	Cap2	indell sss	Pi54 +++	Pi-d3 sss	Pi-d3 +++	Pi54 +++	Pigm(t) C5483 +++	Pigm(t) SSR ¹¹¹ +++	Pigm(t) S29742 +++
107	L5	ขาวใหญ่ 33-22-61 (Gs.547)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	S	B	S	S	S	R	R	S	R	R	R	R	R	R	
108	L6	ขาวป่าหม้อ 74 (Gs.548)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	S	B	S	S	S	R	R	S	R	R	R	R	S	S	
109	L7	หลุดหนี้ 75-3-2 (Gs.549)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	R	S	R	R	R	R	ns	ns	
110	L8	เม็ดให้บู่ 94-4-87 (Gs.550)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	R	S	S	R	R	S	R	R	R	R	R	ns	
111	L9	ขาวพวง 74-3-38 (Gs.551)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	S	S	R	R	S	R	R	R	R	R	S	
112	L10	เจ้าหาดหน่อย 32-27 (Gs.554)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	S	S	R	R	S	R	ns	R	R	R	R	
113	L11	เจ้าหาดหน่อย 32-27 (Gs.555)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	C	S	S	S	R	R	S	ns	R	ns	R	ns	ns	
114	L12	เจ้าห้อม 32-18-69 (Gs.556)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	C	S	R	S	R	R	S	ns	R	ns	R	R	ns	
115	L13	ปลด 36-10-90 (Gs.559)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	C	S	R	S	R	R	S	ns	R	ns	R	R	R	
116	L14	เจ้าเหลือง 27-3-19 (Gs.563)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	C	S	R	S	R	R	S	ns	R	ns	R	R	R	
117	L15	เจ้าเหลือง 27-3-91 (Gs.564)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	S	S	R	R	S	R	ns	R	R	R	R	
118	L16	เจ้าแผ่น 31-28-1 (Gs.566)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	ns	S	S	S	R	R	S	ns	R	ns	R	R	R	
119	L17	ตะกน怕ต 109-1-119 (Gs.569)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	ns	S	S	S	R	R	S	ns	R	ns	R	R	R	
120	L18	ปลด 36-19-40 (Gs.572)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	R	S	S	R	R	S	R	ns	R	R	R	R	
121	L19	ปลด 36-27-29 (Gs.573)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	S	S	R	R	S	R	ns	R	R	R	R	
122	L20	ราชเตี้ยฯ 68-10-85 (Gs.582)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	S	ns	R	R	S	R	R	S	ns	R	ns	R	R	R	
123	L21	เหลือใจใหญ่ (Gs.584)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	S	R	R	R	S	ns	R	ns	R	ns	ns	
124	L22	เหลือใจลึก 30-1-57 (Gs.586)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	ns	S	S	S	S	R	R	S	ns	R	ns	R	ns	ns	
125	L23	เหลือใจนุ่ม 6-4-102 (Gs.589)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	ns	B	S	S	S	ns	R	S	R	S	R	R	R	R	
126	L24	ปีศา 289 (Gs.591)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	B	S	S	R	R	R	S	S	S	S	R	R	R	
127	L25	ปีศา 563 (Gs.592)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	R	C	S	S	R	R	R	S	S	S	S	R	R	R	
128	L26	ตี 569 (Gs.593)	ข้าวนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	R	S	S	R	R	S	R	S	R	R	R	ns	

ลำดับ ที่	รหัส	พืชชื่อ	บรรเทาพืช	<i>pBB-</i> <i>P19^t</i>	<i>NBS2-</i> <i>P19[*]</i>	<i>Pi-d2^s</i>	<i>Pi36^t</i>	<i>Pi-ta</i>	<i>PiB</i>	<i>Pi1(t)</i> ↓ §§	<i>Pi2(t)</i> ↓ ¶¶	<i>Cap1</i>	<i>Cap2</i>	<i>indell</i> +++ §§§	<i>Pi54</i>	<i>Pigm(t)</i> **** SSR ^{¶¶¶}	<i>Pi54</i>	<i>Pigm(t)</i> **** C5483	<i>Pigm(t)</i> **** S29742
151	L49	ต่อร่อง (Gs.3368)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	ns	S	R	S	R	S	R	S	R	ns	R	R	R	
152	L50	ข้าวกำ (Gs.3369)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	C	R	R	S	R	R	R	S	S	S	R	S	S	
153	L51	ป้อมอ้อ (Gs.3370)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	B	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
154	L52	ลีปง (Gs.3372)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	B	R	H	R	R	R	R	S	ns	R	R	S	S	
155	L53	นางนวล (Gs.3373)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	ns	R	S	R	ns	R	S	R	ns	R	R	S	S	
156	L54	แมแห้ง (Gs.3374)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	C	R	S	R	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
157	L55	พานทอง (Gs.3375)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	B	R	S	R	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
158	L56	ธัญ (Gs.3376)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	S	C	S	S	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
159	L57	ตอยสามเตือน (Gs.3377)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	B	S	R	S	R	R	R	S	ns	R	S	S	S	
160	L58	ข้าวปัน (Gs.3378)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	B	S	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	
161	L59	ธิตน (Gs.3379)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	B	S	S	S	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
162	L60	นางนวล (Gs.3380)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	ns	R	B	S	S	ns	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
163	L61	ตราจันทร์ (Gs.3382)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	B	S	R	S	R	S	R	S	ns	R	R	R	R	
164	L62	ปลαιซึ่ง (Gs.3384)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	B	S	S	R	S	R	R	S	R	S	R	R	R	
165	L63	เป็ดน้ำ (Gs.3385)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	B	S	S	R	S	R	R	S	R	S	R	R	R	
166	L64	พันธุ์หลัง (Gs.3386)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	B	S	S	R	S	R	R	S	ns	R	R	R	R	
167	L65	ข้าวหาด (Gs.3387)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	C	S	R	R	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
168	L66	สามเตือน (Gs.33892)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	ns	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	
169	L67	ป้อมอ้อ 1(Gs.3893)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	C	R	S	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	
170	L68	ป้อมอ้อ 2 (Gs.3894)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	B	S	R	S	R	R	R	S	S	R	R	S	ns	
171	L69	ป้อมอ้อ (Gs.3895)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	A	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	S	
172	L70	มะปราง (Gs.3897)	ชั่วนาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	C	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	

ลำดับ ที่	รหัส	พื้นที่ทึ่ง	ประเททช์ว่า	pBB- Pi9 [†]	NBS2- Pi9 [*]	Pi-d2 [§]	Pi36 [¶]	Pi-ta	Pi/b	Pi/tt	Pi2(t)	¶¶	Cap1	Cap2	indell	Pi54	Pi-d3	Pi-d3	Pi54	Pi-gmt	Pi-gmt
												ss	¶¶	¶¶	¶¶	SSR ^{¶¶¶}	SSR ^{¶¶¶}	SSR ^{¶¶¶}	C5483	S29742	
173	L71	นาคำใหญ่ (Gs.4373)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	R	R	R	S	ns	R	R	R	R	
174	L72	ขาวใหญ่ (Gs.4375)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	S	B	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	
175	L73	โอล่อน (Gs.4377)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	S	
176	L74	ช้างห้อม (Gs.4809)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	R	R	S	R	ns	R	S	S	S	R	R	R	R	
177	L75	ช้างห้อม (Gs.4810)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	ns	
178	L76	ช้างห้อม (Gs.4814)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	ns	B	S	R	S	S	R	R	S	R	S	R	R	R	R	
179	L77	ช้างห้อม (Gs.4815)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	B	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	ns	
180	L78	ช้างห้อม (Gs.4816)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	R	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	ns	
181	L79	ช้างห้อม (Gs.4817)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	ns	C	R	S	R	R	R	R	S	R	S	R	R	R	ns	
182	L80	ช้างห้อม (Gs.4818)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	S	C	S	R	S	R	ns	R	R	S	S	R	S	R	R	
183	L81	ช้างห้อม (Gs.4829)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	R	B	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	
184	L82	ช้างห้อม (Gs.4831)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	S	
185	L83	ช้างห้อม (Gs.4832)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	ns	C	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	
186	L84	ช้างห้อม (Gs.4833)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	ns	C	R	S	H	S	R	R	S	R	ns	R	R	R	R	
187	L85	ช้างห้อม (Gs.4834)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	S	B	S	R	S	R	R	R	S	S	S	R	R	R	R	
188	L86	ช้างห้อม (Gs.4835)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	R	C	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	
189	L87	ช้างห้อม (Gs.4869)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	ns	S	S	R	S	S	R	S	R	S	ns	R	R	R	R	
190	L88	ช้างห้อม (Gs.4870)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	S	C	S	S	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	
191	L89	กะพี (Gs.5565)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	S	B	R	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	
192	L90	ช้างาด (Gs.5566)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	S	ns	B	R	R	S	R	R	R	S	S	S	R	R	R	R	
193	L91	ตระเหลือง (Gs.5567)	ช้างาส่วนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	R	B	S	R	S	R	R	R	S	R	ns	R	R	R	R	

ลำดับ ที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	ประเภทข้าว	<i>PiB8- Pi9^t</i>	<i>NBS2- Pi9[#]</i>	<i>Pi-d2^s</i>	<i>Pi36¹</i>	<i>Pi-ta</i>	<i>PiB</i>	<i>PiI(t)</i>	<i>Pi2(t)</i>	<i>Pi-d3</i>	<i>Pi54</i>	<i>Pi54 SSR¹¹</i>	<i>Pi54 SSR¹¹¹</i>	<i>Pigm(t)</i>	<i>Pigm(t)</i>
194	L92	เจ้าขาด (Gs.5572)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	S	B	S	S	S	R	R	S	ns	R	S	S
195	L93	ขาวใหญ่ (Gs.5573)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	R	ns	S	S	S	R	R	S	S	R	S	R
196	L94	เหลือง (Gs.13232)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	B	S	S	S	S	R	R	S	R	R	R	S
197	L95	กระตุกเสือ (Gs.13233)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	S	B	S	R	S	R	R	S	R	R	R	S
198	L96	หอมมะลิ (Gs.18418)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	R	C	R	S	H	R	R	S	S	R	S	R	ns
199	L97	หอมมะลิ (Gs.18419)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	S	R	C	R	R	H	R	R	S	S	R	S	R	ns
200	L98	หอมมะลิ (Gs.18420)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	R	C	S	R	R	R	S	ns	R	S	R	R
201	L99	หอมมะลิ (Gs.19398)	ข้าวนาสวนพื้นเมืองภาคอีสาน	R	S	R	C	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S

ଶ୍ରୀମଦ୍ଭଗବତ

NBS2-P19[#] R หมายถึง แอลกอเลต์ต้านทานของยีนต้านทานการโรคในเชื้อรา P19 หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอชดีเอ็มดีตัวอย่างเชิงพาณิชย์ NBS2-P19-195-1 ที่จำเพาะกับเชื้อรา P19 ทำให้ได้ PCR product ที่มีแนวปฏิเสธเมื่อขนาด 2,000 bps

R หมายถึง แหล่งต้นกำเนินของเชื้อพัฒนาพาร์คท์ที่มี $Pi-d2$ เสื่อมเสียต่อจัดจำพวก M/bi สามารถผลิตลำดับนิวคลีโอทีดของ PCR product ของตัวอย่างพัฒนาพาร์คที่ได้จากหลังจากการเพิ่มน้ำยาในตู้อบ

ห หมายถึง แอ็คซ์เพลส์เมตเตอร์ทางชีวภาพของยูโนทามาเทนรัครีบิวม $P-2d2$ ซึ่งเป็นเคมีติดตัวเพื่อ M_{12} เมสส์มาร์กท์ติดต่อตามปกติของ PCR product ของดีเอชเอพีเอชซีว การเพิ่มจังการพูนรัรุ่มเมื่อเริ่มต้น

۱۰۰۰ متریک

200 1146 800 bp

และตัวต่อตัวอย่างอิมเมจ์ต่อไปนี้ที่ Hingk ได้พัฒนาขึ้นมา P136

ເອງນາດ 100 ແລະ 800 bp

๕ หมายเหตุ ๑) กรณีไม่ต้องตรวจสอบ Bi-to โดยวิธีการที่คุณภาพ ๑๐๔๒ บด

Pib^{##} R หมายถึง แหล่งศักยภาพทางชีวภาพของเชื้อ *Pib* ภาระหลังจาก การเพิ่มปริมาณดีเอ็นดีของพัฒนาการต่อเดือนของบุตรที่รับเชื้อ *Pib* มากกว่าบุตรที่รับเชื้อ *Pib* น้อยกว่า 365 bp

5 หมายถึง แหล่งศักดิ์ไม่ต่างจากงานของอื่น $P_1(t)$ โดยมีปริมาณคงที่เรียกชาน 365 bp
R หมายถึง แหล่งศักดิ์ต่างงานของอื่น $P_2(t)$ ภายนอกสังคมการเพิ่มปริมาณตัวอย่างที่อื่นๆ หรือ RM1233 จะปรับแก้แบบตัวอื่นๆ ให้เข้ามาพัฒนาตาม RM1233 จึงปรับแก้แบบตัวอื่นๆ ให้เข้ามาพัฒนาตาม RM1233 จึงปรับแก้แบบตัวอื่นๆ ให้เข้ามาพัฒนาตาม RM1233

C101A51 (175 bp)

H หมายถึง แหล่งต้น heterozygous ของเชื้อ P1(t) ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณด้วยการคัดเลือกที่อัตราความผันแปร RM1233 ได้แล้วซึ่งอนุพันธ์ของเชื้อ A และ B

P2(t) ๑ ฟังมาด้วย แหล่งต้นที่มาของเรื่องคือ “เด็กหน้าไม่รู้” ไม่ใช่ “เด็กหน้าไม่รู้” แต่เป็น “เด็กหน้าไม่รู้” ที่มีความสามารถทางภาษาตัวเอง SSR 140 แล้วจะไปรับภาระและต้องรับภาระต่อไปในชั้นสามัญปั้นเตี้ย

ต้นพันธุ์ near isogenic line C101A51

115 bp

กระบวนการพิจารณาคดีอุทธรณ์

ପ୍ରକାଶନ କମିଶନ ଅଧୀକାରୀ ପତ୍ର ପରିଚୟ 179

卷之三

卷之三

卷之三

卷之三

P154 indel *** R หมายถึง แอลทรีส์ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ P154 หลังจากการเพิ่มปริมาณ ที่อีนเมลต์ด้วยเครื่องปรับปรุง P154MAS ที่จำเพาะกับยีน P154 ทำให้ตัว PCR product ที่มีขนาดเดิมอ่อน化

216 bp

R หมายถึง แอลทรีส์ไม่ต้านทานของยีน P154 โดยปรกฏแลบที่อีนของขนาด 359 bp

P154 SSR ** R หมายถึง แอลทรีส์ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ P154 ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณที่อีนของ RM206 แล้วจะประภากฎแยกตัวยีนมาต่อ RM206 อีกครั้งหน้าต่อไปอีกครั้งหน้าต่อ RM206 300 bp

R หมายถึง แอลทรีส์ไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ P154 หลังจากการเพิ่มปริมาณที่อีนของ RM206 และจะประภากฎตัวยีนของ RM206 ประมาณ 500 bp

H หมายถึง แอลทรีส์ที่เป็น Heterozygous ของยีนต้านทานโรคใหม่ P154 หลังจากการเพิ่มปริมาณที่อีนของ RM206 ได้ PCR product ที่เป็นแอลทรีส์ A และ B กว่าหมายถึง “ไม่สามารถเพิ่มปริมาณได้อ่อน化”

Pigm(t) C5483 **** R หมายถึง แอลทรีส์ต้านทานของยีน *Pigm(t)* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณที่อีนโดยใช้ CAP marker C5483 แล้วนำ PCR product มาตัดตัวยีนของที่ดัดจ้าไฟฟ้า ECORI จะได้แอลทรีส์เดิมอ่อน化

ประมาณ 468 bp

R หมายถึง แอลทรีส์ไม่ต้านทานของยีน *Pigm(t)* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณที่อีนโดยใช้ CAP marker C5483 แล้วนำ PCR product มาตัดตัวยีนของที่ดัดจ้าไฟฟ้า ECORI จะได้แอลทรีส์เดิมอ่อน化

ประมาณ 300 และ 100 bp

R หมายถึง “ไม่สามารถเพิ่มปริมาณได้อ่อน化”

Pigm(t) S29742 **** R หมายถึง แอลทรีส์ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณที่อีนโดยใช้ Indel marker S29742 จะประภากฎแยกตัวยีนมาต่อ RM29742 555 bp

R หมายถึง แอลทรีส์ไม่ต้านทานของยีนต้านทานโรคใหม่ P154 ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณที่อีนโดยใช้ Indel marker S29742 จะประภากฎตัวยีนของ RM29742 ประมาณ 461 bp

R หมายถึง “ไม่สามารถเพิ่มปริมาณที่อีน”

ตารางที่ 28 การรระหว่างตัวของออกสิลูโอลย์ในต้านทานโรคให้ Pi-ta , Pi-b , Pi(t) , Pi9 และ Pi2(t) ที่พืบเป็นข้าวปา

ลำดับ	พื้นที่ข้าว	แหล่งที่มา	Pi-ta [¶]	Pi-b ^{††}	Pi1(t) ^{‡‡}	Pi2(t) ^{§§}	NBS2-Pi9 ^{¶¶}
1	<i>O. nivara</i> (No.2)	บ.นาโพธิ์ อ.กุศมาร์ย์ จ.สกลนคร	S	S	S	S	S
2	<i>O. nivara</i> (No.3)	บ.โนนชุมภู ต.กุดคุต อ.เมือง จ.สกลนคร	S	S	S	R	S
3	<i>O. nivara</i> (No.4)	บ.โนนหรา ต.กรุดตาไก่ อ.ป่าลาปา จ.นครพนม	S	S	S	R	S
4	<i>O. nivara</i> (No.5)	บ.นาเขาม ต.ป่าลาปา อ.ป่าลาปา จ.นครพนม	S	S	S	R	S
5	<i>O. nivara</i> (No.6)	บ.หนองอี๊ต หมู่ที่ 6 บ.ป่าลาปา จ.นครพนม	R	S	S	R	S
6	<i>O. nivara</i> (No.7)	บ.ทุ่งตะวัน ต.นาเลี้ยง อ.นาแหก จ.นครพนม	S	S	H	R	R
7	<i>O. nivara</i> (No.8)	บ.นาหนองอ้อ ต.พระธาตุทอง อ.นาแหก จ.นครพนม	S	S	S	R	S
8	<i>O. nivara</i> (No.9)	บ.หนองบ่อ ต.หนองบ่อ อ.นาแหก จ.นครพนม	S	S	S	H	S
9	<i>O. nivara</i> (No.10)	บ.นาอ้อ ต.รั้งค่อน อ.เมือง จ.สกลนคร	S	S	S	R	S
10	<i>O. rufipogon</i> (No.11)	บ.ป่าหว้า ต.เชียงเครือ อ.เมือง จ.สกลนคร	S	S	H	R	R
11	<i>O. rufipogon</i> (No.12)	บ.หนองเบ็ง ต.ไถ夷่่อง อ.พังโคน จ.สกลนคร	S	S	S	S	S
12	<i>O. rufipogon</i> (No.14)	บ.แม่ร. ต.แม่ร. อ.พังโคน จ.สกลนคร	S	S	H	S	R
13	<i>O. nivara</i> (No.15)	บ.ป่าใหญ่ อ.วารีภูมิ จ.สกลนคร	S	S	S	R	S
14	<i>O. nivara</i> (No.16)	บ.หนองพากาม ต.คำบ่อ อ.วารีภูมิ จ.สกลนคร	S	S	S	S	S
15	<i>O. nivara</i> (No.17)	บ.หนองบัว ต.ราชดูซึงชุม อ.เมือง จ.สกลนคร	S	S	ns	ns	S
16	<i>O. rufipogon</i> (No.18)	แปลงอนุรักษ์ศูนย์วิจัยข้าวสกลนคร	S	S	S	R	R

หมายเหตุ

Pi-ta[¶] R หมายถึง ออกสิลูโอลย์ในต้านทานของยืน Pi-ta ภายนอกจากการเพาะปริมาณต่ำ ($\leq 1\%$) ของมาตรฐานที่กำหนดไว้ในที่พิจารณา Pi-ta ทำให้ต้อง PCR product ที่รักษาตัวอยู่มาก 1,042 bp

§ หมายถึง แสดงถึงไม่ต้านทานพานขอของ Pi-ta โดยปริมาณของยืน Pi-ta ให้ต้อง PCR product ที่รักษาตัวอยู่น้อย 1,042 bp

- Pi6^{††}* R หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi6* ภายนหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอที่ทำพากันยืน *Pi6* ทำให้ตัว PCR product ที่มีแบบตีเร้นอ่อนนadt 365 bp 5 หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi6* โดยไม่ปรุงภูထ์อีกต่อไป 365 bp
- Pi1(t)^{**}* R หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi1(t)* ภายนหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *RMi1233* จะปรุงภูထ์อีกครั้งเพื่อทำบแกบตีเร้นอีกครั้งในช่วงสาระพัฟช์ 5 หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi1(t)* ภายนหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *RMi1233* จะปรุงภูထ์อีกครั้งเพื่อทำบแกบตีเร้นอีกครั้งในช่วงสาระพัฟช์ 5 หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi1(t)* ภายนหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอที่รีเอ็นเอที่ *RMi1233* ได้แปลตีเร้นอีกครั้งที่ปรุงภูထ์ A และ B 5 หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi1(t)* ภายนหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอที่รีเอ็นเอที่ *RMi1233* ได้แปลตีเร้นอีกครั้งที่ปรุงภูထ์ A และ B 5 หมายถึง ไม่สามารถเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอี้ได้
- Pi2(t)^{**}* R หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีนต้านทานโนร็อกใหม่ *Pi2(t)* ภัยหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *SSR140* แล้วจะปรุงภูထ์อีกครั้งเพื่อทำบแกบตีเร้นอ่อนนadt ที่ *Pi2(t)* ภัยหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *SSR140* แล้วจะปรุงภูထ์อีกครั้งเพื่อทำบแกบตีเร้นอ่อนนadt ที่ *Pi2(t)* ภัยหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *SSR140* และจะปรุงภูထ์อีกครั้งเพื่อทำบแกบตีเร้นอ่อนนadt ที่ *Pi2(t)* ภัยหลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *CO39* ซึ่งมี 5 หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีนต้านทานโนร็อกใหม่ *Pi2(t)* หลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *SSR140* ได้ PCR product ที่เป็นแอลล์สตัตท์ A และ B 5 หมายถึง แอลล์สตัตท์ heterozygous ของยีนต้านทานโนร็อกใหม่ *Pi2(t)* หลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอ *SSR140* ได้ PCR product ที่เป็นแอลล์สตัตท์ A และ B 5 หมายถึง ไม่สามารถเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอี้ได้
- NBS2-Pi9^{**}* R หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi9* หลังจากการเพิ่มปริมาณเพื่อเข้มอัตราเชื้อริษฐ์ของหมายดีเอ็นเอที่รีเอ็นเอที่ *NBS2-Pi9-195-1* ที่ทำพากันยืน *Pi9* ทำให้ตัว PCR product ที่มีแบบตีเร้นอ่อนนadt 2,000 bp 5 หมายถึง แอลล์สตัตทันทานของยีน *Pi9* โดยไม่ปรุงภูထ์อีกต่อไป 2,000 bp

ตารางที่ 29 การกรองจัดแบ่งตัวอย่างโดยค่าคงตัวทางโนรอกไนโตรมีน $Pi-t\alpha$, Pi^b , $Pi1(t)$, $Pi2$, $Pi-d3$, $Pi54$, $Pi9$ และ $Pigm(t)$ ที่พบในข้าวพันธุ์ปรับปรุงต้นทางน้ำดื่มน้ำ

โรคใหม่

ลำดับที่	รหัส	พันธุ์ข้าว	$Pi-t\alpha^+$	Pi^b^*	$Pi1(t)^{\ddagger}$	$Pi2(t)^{\ddagger}$	$Pi-d3^{\dagger}$	$Pi-d3$	$Pi54$	$Pi54$	$Pigm(t)$	$Pigm(t)$	$NBS2-Pi9^{**}$
							$Cap1^{\dagger\dagger}$	$Cap2^{*\#}$	$indel^{**\$}$	$SSR^{*\$}$	$C5483^{†††}$	$S29742^{***}$	$Pi9^{\$\$\$}$
1	B1	สีน้ำเงิน 1	S	R	H	R	R	R	S	ns	ns	S	S
2	B2	สีฟ้าอมม่วง 60	R	S	ns	R	S	S	S	ns	ns	S	S
3	B3	เหลืองอุบล 2	S	R	ns	R	R	S	S	ns	ns	R	R
4	B4	JHN	S	S	H	R	S	S	R	R	ns	S	S
5	B5	CT9933	R	S	S	S	S	S	ns	S	ns	S	S
6	B6	C101 LAC	S	S	R	S	ns	ns	ns	ns	ns	S	S
7	B7	กษ 10	S	R	H	R	R	R	ns	ns	R	R	S
8	B8	สีฟ้าอมม่วง 1	R	S	H	R	S	R	S	ns	S	S	S
9	B9	C101 TTP	S	S	R	S	R	R	S	ns	R	R	S
10	B10	HY 71	S	S	R	ns	ns	ns	ns	ns	ns	S	S
11	B11	C104 LAC	S	S	S	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	R
12	B12	C104 PKT	R	S	S	R	R	S	ns	ns	R	S	S
13	B13	C105 TTP	R	S	S	S	S	R	ns	ns	R	S	S
14	B14	C101 PKT	R	S	S	R	R	R	ns	ns	R	S	S
15	B15	ขี้นก 1	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	R
16	B16	IR64	R	R	R	S	S	R	S	R	R	R	S
17	B17	C039	S	S	R	S	S	R	S	R	S	S	S

គោតប័ណ្ណ	ទម្រង់	ផែនក្នុងខ្សោយ	<i>Pi-ta</i> [†]	<i>Pib</i> [*]	<i>Pi1(t)</i> [§]	<i>Pi2(t)</i> [¶]	<i>Pi-d3</i>	<i>Cap1</i> ^{††}	<i>Cap2</i> ^{‡‡}	<i>indel</i> ^{§§}	<i>SSR</i> ^{¶¶}	<i>Pi54</i>	<i>Pi54</i>	<i>Pi54</i>	<i>C5483</i> ^{†††}	<i>Pigm(t)</i>	<i>Pigm(t)</i>	<i>NBS2-</i> <i>Pi9</i> ^{§§§}
18	B18	ប្រជើងបុរី 2	S	S	H	R	R	R	R	ns	R	R	R	R	R	R	S	
19	B19	C102PKT	R	S	H	S	R	R	R	ns	R	R	R	S	S	S	S	
20	B20	ឃុំនាន់ 1	S	S	S	R	R	S	S	ns	ns	R	R	R	S	S	S	
21	B21	AZUCENA	R	S	H	S	S	S	S	ns	R	R	ns	ns	S	S	S	
22	B22	C103TTP	S	S	H	S	ns	R	S	R	R	R	R	R	S	S	S	
23	B23	C101ASI	S	S	S	R	R	S	S	ns	R	R	R	R	S	S	S	
24	B24	លេ 33	R	S	H	R	R	S	ns	ns	R	R	R	R	R	R	S	

หน้าที่

Pi-ta⁺ R หมายความว่าตัวอย่างที่มีเชื้อ Pi-ta ภายนอกตัวอย่างที่ไม่มีเชื้อ Pi-ta หมายความว่าตัวอย่างที่ไม่มีเชื้อ Pi-ta ทำให้ได้ PCR product ที่มีขนาด 1,042 bp

*Pitb** R หมายถึง แอกซิสต์ทั่วทุกพื้นที่ใน Pitb กายหลักจะทำการเพิ่มปริมาณตัวอย่างที่จำเป็นที่จะทำให้ PCR product ที่มีขนาดเดียวกันของ坑 365 bp

B หมายความว่าการพิริมภ์ตามที่อยู่ใน $P(t)$ ภายหลังจากที่อั่นนอนแบบที่กำหนดไว้ในข้อ 1233 จะประยุกต์อีกครั้งหนทาง RM1233

H หมายถึง แสดง heterozygous allele ของยีน $Pi(t)$ กายหลักจะทำการเพิ่มปริมาณเดือนละ 1 เอนโตรพีของหมาย RM1233 ได้แตกต่างกันที่ปริมาณเฉลี่ย RM1233 และ B

$P_1(2t)$ R หมายถึง แหล่งที่มาของเชื้อต้นทางพยาธิในร่างกาย ที่มีชื่อว่า $P_2(t)$ ภายนอกสู่จุลทรรศน์ของหมา SSR140 แล้วจะประยุกต์แก้ไขในร่างกาย

ก่อนแล้ว CO39

H หมายถึง แมลงศึก heterozygous ซึ่งเป็นตัวพยาธิใน PCR ที่หลังจาก การเพิ่มปริมาณด้วยเอนไซม์扩增 DNA SSR140 “ดี” PCR product ที่เป็นแมลงศึก A และ B

ก หมายถึง “ไม่มีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้”

Pi-d3 Cap1^{††} R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธิใน PCR ที่หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแล้วตัวพยาธิถูกฆ่าตายด้วยเอนไซม์ Pi-d3 แต่ตัวเยื่อในตัวพยาธิยัง不死 Pi-d3 จะปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Pi-d3 แคบตัวลงมากกว่า Pi-d2 จึงปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Pi-d3 แคบตัวลงมากกว่า Pi-d2

ขนาด 178 bp
S หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธิของยีน Pi-d3 ภายนอกตัวพยาธิเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแล้วตัวพยาธิถูกฆ่าตายด้วยเอนไซม์ Pi-d3 แต่ตัวเยื่อในตัวพยาธิยัง不死 Pi-d3 แคบตัวลงมากกว่า Pi-d2 จึงปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Pi-d3 แคบตัวลงมากกว่า Pi-d2

158 และ 20 bp
ก หมายถึง “ไม่มีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้”

Pi-d3 Cap2^{‡‡} R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธิของยีน Pi-d3 ภายนอกตัวพยาธิเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแล้วตัวพยาธิถูกฆ่าตายด้วยเอนไซม์ Pi-d3-dCAPS-2 และตัวเยื่อในตัวพยาธิ不死 Pi-d3-dCAPS-2 แคบตัวลงมากกว่า Bam HI จะปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Bam HI จึงปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Bam HI 178 bp
S หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธิของยีน Pi-d3 ภายนอกตัวพยาธิเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแล้วตัวพยาธิถูกฆ่าตายด้วยเอนไซม์ Pi-d3-dCAPS-2 แคบตัวลงมากกว่า Bam HI จะปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Bam HI จึงปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Bam HI 153 bp
Pi54 indel^{***} R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธิของยีนตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแล้วตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54MAS ทำให้ตัว PCR product ที่มีแมลงศึกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54MAS แคบตัวลงมากกว่า Pi54 จึงปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Pi54MAS 216 bp
R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 โดยปริภูมิภายนอกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 แคบตัวลงมากกว่า Pi54 จึงปรากฏแถบตื้นๆ เนื่องจาก Pi54 359 bp

Pi54 SSR^{††} R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธิของยีนตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแล้วตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 แคบตัวลงมากกว่า RM206 แล้วจะประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 แคบตัวลงมากกว่า RM206 และตัวเยื่อในตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 แคบตัวลงมากกว่า RM206 จึงประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 แคบตัวลงมากกว่า RM206 300 bp

S หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธิของยีนตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแล้วตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 แคบตัวลงมากกว่า RM206 จึงประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54 แคบตัวลงมากกว่า RM206 500 bp

ก หมายถึง “ไม่มีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้”
Pi54(t) C5483^{†††} R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) ภายหลังจากเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ CAP marker C5483 และตัว PCR product มาตัดด้วย酵素ที่ตัวจำพวก EcoRI จะตัดแต่ตัวเดียวที่ตัวจำพวก EcoRI จึงได้แถบตื้นๆ เนื่องจาก C5483 แคบตัวลงมากกว่า Pi54(t) CAP marker C5483 และตัว PCR product มาตัดด้วย酵素ที่ตัวจำพวก EcoRI จะตัดแต่ตัวเดียวที่ตัวจำพวก EcoRI จึงได้แถบตื้นๆ เนื่องจาก C5483

ขนาด 468 bp
S หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) หลังจากเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ CAP marker C5483 แล้วนำ PCR product มาตัดด้วย酵素ที่ตัวจำพวก EcoRI จึงได้แถบตื้นๆ เนื่องจาก C5483 แคบตัวลงมากกว่า Pi54(t) CAP marker C5483 และตัว PCR product มาตัดด้วย酵素ที่ตัวจำพวก EcoRI จึงได้แถบตื้นๆ เนื่องจาก C5483

300 และ 100 bp
ก หมายถึง “ไม่มีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้”
Pi54(t) S29742^{†††} R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ Indel marker S29742 จะประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) แคบตัวลงมากกว่า Pi54(t) จึงประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) แคบตัวลงมากกว่า Pi54(t) จึงประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) แคบตัวลงมากกว่า Pi54(t) 555 bp

S หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) ภายหลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ Indel marker S29742 จะประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) แคบตัวลงมากกว่า Pi54(t) จึงประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi54(t) แคบตัวลงมากกว่า Pi54(t) 461 bp
ก หมายถึง “ไม่มีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้”
NBS2-Pi9^{****} R หมายถึง แมลงศึกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi9 หลังจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้ NBS2-Pi9-195-1 ที่จำพวกกับยีน Pi9 ทำให้ตัว PCR product ที่มีแถบตื้นๆ เนื่องจาก NBS2-Pi9 แคบตัวลงมากกว่า Pi9 โดยปริภูมิภายนอกตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi9 จึงประยุกต์ตัวพยาธินรค์ใหญ่ Pi9 แคบตัวลงมากกว่า Pi9 2,000 bp

จากการตรวจค้นจีโนมข้าวพื้นเมืองไทย 201 พันธุ์ เพื่อค้นหาภัยต้านทานโรคใหม่ จำนวน 10 ปีน ประกอบด้วยยืน *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi1(t)*, *Pid3*, *Pi2(t)*, *Pi54*, และ *Pigm(t)* ในพันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 38 พันธุ์ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 19 พันธุ์ และ พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 144 พันธุ์ พบยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองไทยจำนวนมาก (ตารางที่ 30 และ ภาพที่ 35 และ 36) จากการศึกษา พบว่า ข้าวพื้นเมืองส่วนใหญ่มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* มากที่สุด จำนวน 198 พันธุ์ คิดเป็นร้อยละ 98.51 ของข้าวพื้นเมืองทั้งหมด รองลงมาคือยืนต้านทานโรคใหม่ *Pid3*, *Pi-d2*, *Pi2(t)*, *Pi36*, *Pib*, *Pi9*, *Pi-ta*, *Pi1(t)* และ *Pi54* จำนวน 155, 137, 131, 120, 75, 57, 57, 36 และ 10 พันธุ์ ตามลำดับ คิดเป็นร้อยละ 77.11, 68.16, 65.17, 59.70, 37.31, 28.36, 28.36, 17.91 และ 4.98 ของข้าวพื้นเมืองที่ทำการศึกษาทั้งหมด ตามลำดับ

เมื่อศึกษาการกระจายตัวของยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองภาคต่างๆ เปรียบเทียบเป็นร้อยละ กับจำนวนพันธุ์ข้าวพื้นเมืองจากแต่ละภาคของประเทศไทยที่นำมารวจสอบ พบว่า ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือมี ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)*, *Pi36*, *Pi9*, และ *Pi54* มากที่สุดคิดเป็นร้อยละ 94.74, 84.21, 52.63, และ 52.63 ของข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือที่ทำการศึกษา ตามลำดับ ส่วนข้าวพื้นเมืองภาคอีสานพบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)*, *Pi2Pib*, และ มากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 100.00, 84.72, และ 42.36 ของข้าวพื้นเมืองภาคอีสานที่ทำการศึกษาตามลำดับ และ ข้าวพื้นเมืองภาคใต้พบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pid3*, และ *Pigm(t)* ในทุกพันธุ์ที่ทำการตรวจสอบ และพบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2* และ *Pita* รองลงมา คิดเป็นร้อยละ 97.37 และ 50.00 ของข้าวพื้นเมืองภาคใต้ที่ทำการศึกษา ตามลำดับ

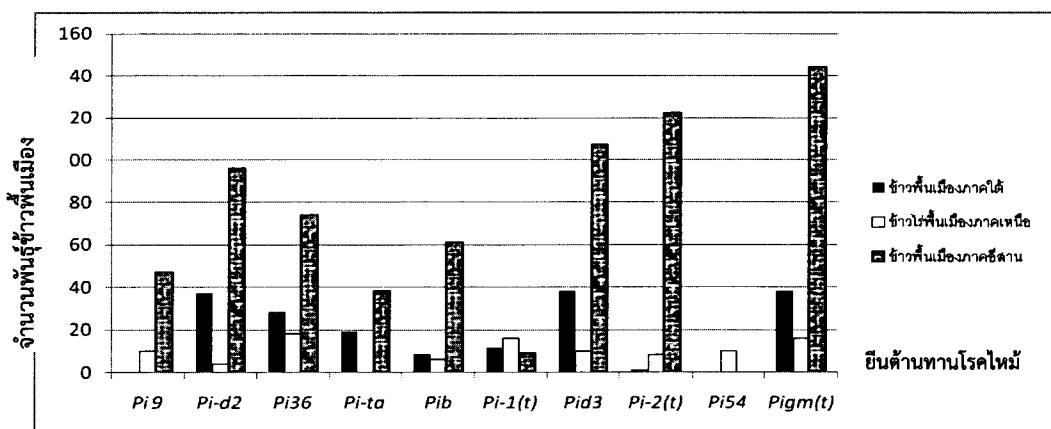
เมื่อพิจารณาแต่ละยืน เช่น การค้นหาภัยต้านทานโรคใหม่ *Pi9* ในข้าวพื้นเมือง 201 พันธุ์ พบว่า ข้าวพื้นเมืองมียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* จำนวน 57 พันธุ์ คิดเป็นร้อยละ 28.36 ของข้าวพื้นเมืองที่ทดสอบทั้งหมด 201 พันธุ์ (ตารางที่ 30) โดยพบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* มากในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน จำนวน 47 พันธุ์ รองลงมาคือข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 10 พันธุ์ แต่ไม่พบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ อย่างไรก็ตาม เนื่องจากพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่นำมาตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่จากแต่ละภาคของประเทศไทยจำนวนไม่เท่ากัน ดังนั้นจึงพิจารณาเปรียบเทียบยืนต้านทานโรคใหม่ที่พบในภาคต่างๆ เป็นร้อยละของยืนต้านทานโรคใหม่ที่ตรวจพบจากจำนวนข้าวพื้นเมืองที่ทำการตรวจสอบจากภาคนั้นๆ พบว่า ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* พบมากที่สุดในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ คิดเป็นร้อยละ 52.63 (จากการตรวจสอบข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ 19 พันธุ์ พบว่า ข้าวไร่ 10 พันธุ์ มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9*) รองลงมาคือข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน คิดเป็นร้อยละ 32.64 (ข้าวพื้นเมืองอีสาน 144 พันธุ์ พบยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง จำนวน 47 พันธุ์) จากการศึกษาครั้งนี้ ไม่พบยืน *Pi9* ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ (ตารางที่ 30)

ในภาพรวมของผลการตรวจสอบยืนต้านทานโรคใหม่ 10 ปีน ในข้าวพื้นเมืองครั้งนี้ พบว่า ข้าวพื้นเมืองอีสาน พันธุ์อีปง (Gs.3372) เป็นพันธุ์ที่มียืนต้านทานโรคใหม่ที่ทำการตรวจค้นมากที่สุด โดยพบยืนต้านทานโรคใหม่จำนวน 9 ปีน ได้แก่ *Pi1(t)*, *Pi2*, *Pi9*, *Pi36*, *Pi-d2*, *Pi-d3*, *Pi-ta*, *Pib* และ *Pigm(t)* รองลงมาได้แก่พันธุ์ หอมมะลิ (Gs.18419; L97) มียืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 8 ปีน ได้แก่ *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi1(t)*, *Pi2(t)*, *Pi-d3* และ *Pigm(t)* และมีพันธุ์ข้าวพื้นเมืองอีกหลายพันธุ์ที่พบยืนต้านทานโรคใหม่ที่ตรวจสอบครั้งนี้ถึง 7 ปีน ได้แก่ พันธุ์หวยแล้ง (U50) [ยืน *Pi1(t)*, *Pi9*, *Pi36*, *Pi-d2*, *Pi-d3*, *Pi54* และ *Pigm(t)*] พันธุ์ขิตมหา 222-42-5 (Gs.598; L30) [ยืน *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pi2(t)*, *Pi-d3* และ *Pigm(t)*] , พันธุ์พานทอง (Gs.3375; L55) [ยืน *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi2(t)*, *Pi-d3* และ *Pigm(t)*] , พันธุ์ข้าวหอม (Gs.4829; L81) [ยืน *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pib*, *Pi2(t)*, *Pi-d3* และ *Pigm(t)*] และ พันธุ์กะทิ (Gs.5565; L89) [ยืน *Pi9*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi2(t)*, *Pi-d3* และ *Pigm(t)*] เป็นต้น ซึ่งพันธุ์พื้นเมืองดังกล่าวเป็นข้าวพื้นเมืองจากภาคอีสาน

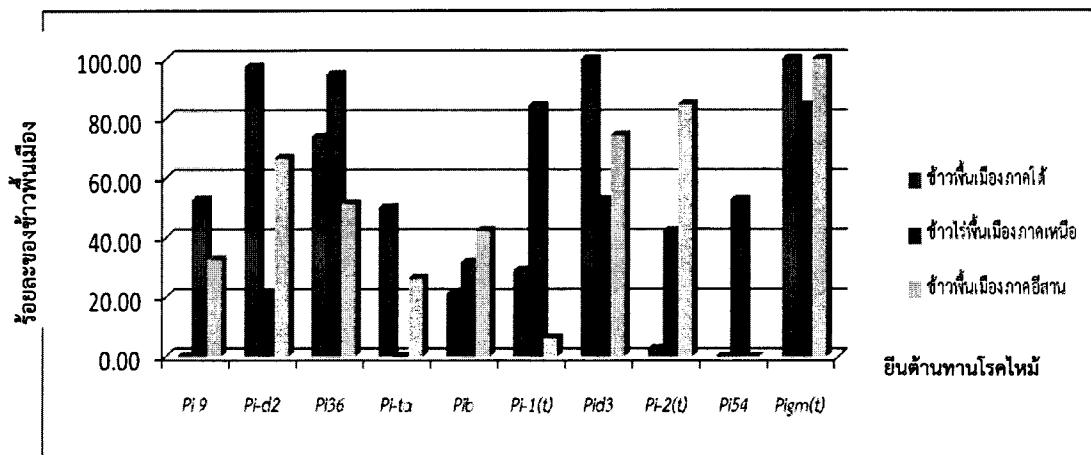
อย่างไรก็ตาม จากการตรวจสอบจีโนมข้าวพื้นเมืองครั้งนี้ ไม่พบยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* และ ยืน *Pi54* ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ ส่วนในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือที่นำมาตรวจสอบนั้นไม่พบยืน *Pita* และ ไม่พบยืน *Pi54* ในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานที่นำมาตรวจสอบ

ผลจากการตรวจค้นจีโนมข้าวพื้นเมือง 201 พันธุ์ พบยืนต้านทานโรคใหม่แต่ละยืนในข้าวพื้นเมืองมากที่สุด ดังนี้

- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองอีสาน (47 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pid2* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (96 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pita* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (38 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pib* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (61 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pid3* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (107 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi54* พbmมากที่สุดในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ (10 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (144 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi36* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (74 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)* พbmมากที่สุดในข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือ (16 พันธุ์)
- ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2(t)* พbmมากที่สุดในข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน (122 พันธุ์)



ภาพที่ 35 แสดงการกระจายตัวของจำนวนยืนต้านทานโรคใหม่ที่พับในข้าวพื้นเมือง แยกตามแหล่งที่มาของข้าวพื้นเมือง ประกอบด้วยยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi1(t)*, *Pid3*, *Pi2(t)*, *Pi54*, และ *Pigm(t)*



ภาพที่ 36 แสดงการกระจายตัวของยืนต้านทานโรคใหม่ (เปรียบเทียบเป็นร้อยละจากจำนวนพันธุ์ข้าวพื้นเมืองจากภาคต่างๆ) แยกตามแหล่งที่มาของข้าวพื้นเมือง ประกอบด้วยยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi-ta*, *Pib*, *Pi1(t)*, *Pid3*, *Pi2(t)*, *Pi54* และ *Pigm(t)*

ตารางที่ 30 สรุปการตรวจสอบจำนวนช่วงพื้นเมืองเพื่อหาค่าพื้นเมืองที่มีอยู่ในตัวน้ำหนานโนร์โคใหม่ *Pi9*, *Pi-d2*, *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi6*, *Pi1(t)*, *Pi3(t)* และ *Pi54* แต่ละช่วงหมายความว่าพื้นดินที่มีอยู่ในตัวน้ำหนานโนร์โคใหม่ ประกอบด้วยตัวอย่างช่วงพื้นเมืองจากภาคต่างๆของไทย และ เปรียบเทียบเป็นไปรือเรือนต่อของช่วงพื้นเมืองจากภาคต่างๆที่มีอยู่ตั้งแต่กรุงสังฆ (ตัวเลขในวงเล็บ)

ประเภท	จำนวน	<i>Pi 9</i>	<i>Pi-d2</i>	<i>Pi36</i>	<i>Pi-ta</i>	<i>Pibdom</i>	<i>Pi1(t)</i>	<i>Pid3</i>	<i>Pi2(t)</i>	<i>Pi54</i>	<i>Pigm(t)</i>
ช่วงพื้นเมือง	0	37	28	19	8	11	38	1	0	0	38
ภาคใต้	38 (0.00%)	(97.37%)	(73.68%)	(50.00%)	(21.05%)	(28.95%)	(100.00%)	(2.63%)	(0.00%)	(0.00%)	(100%)
ช่วงไร่พื้นเมือง	10 (52.63%)	4 (21.05%)	18 (94.74%)	0 (0.00%)	6 (31.58%)	16 (84.21%)	10 (52.63%)	8 (42.11%)	8 (52.63%)	0 (84.21%)	10 (100%)
ภาคเหนือ	19 (32.64%)	47 (66.67%)	96 (51.39%)	74 (26.39%)	38 (42.36%)	61 (6.25%)	9 (74.31%)	107 (84.72%)	122 (0.00%)	0 (0.00%)	16 (100%)
ภาคอีสาน	144 (32.36%)	57 (68.16%)	137 (59.70%)	120 (28.36%)	57 (37.31%)	75 (17.91%)	36 (77.11%)	155 (65.17%)	131 (4.98%)	10 (4.98%)	198 (98.51%)
รวม	201	(28.36%)	(68.16%)	(59.70%)	(28.36%)	(37.31%)	(17.91%)	(77.11%)	(65.17%)	(4.98%)	(98.51%)

4. การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียีนต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่

4.1. รวบรวมสายพันธุ์เชื้อราโรคใบใหม่สายพันธุ์ต่างๆ ที่พบในประเทศไทย

รวบรวมตัวอย่างเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ *M. grisea* จากห้องที่ปลูกข้าวบริเวณต่างๆ ในประเทศไทย ได้ จำนวน 10 ไอโซเลท (ตารางที่ 31) และได้รับการอนุเคราะห์เชื้อราโรคใหม่ จาก ดร. ชานี ศรีวงศ์ชัย ภาควิชาพืชเรือน มหาวิทยาเกษตรศาสตร์ เป็นสายพันธุ์ที่มีความรุนแรงและก่อให้เกิดโรคใหม่ในข้าวในประเทศไทย จำนวน 8 ไอโซเลท (ตารางที่ 32)

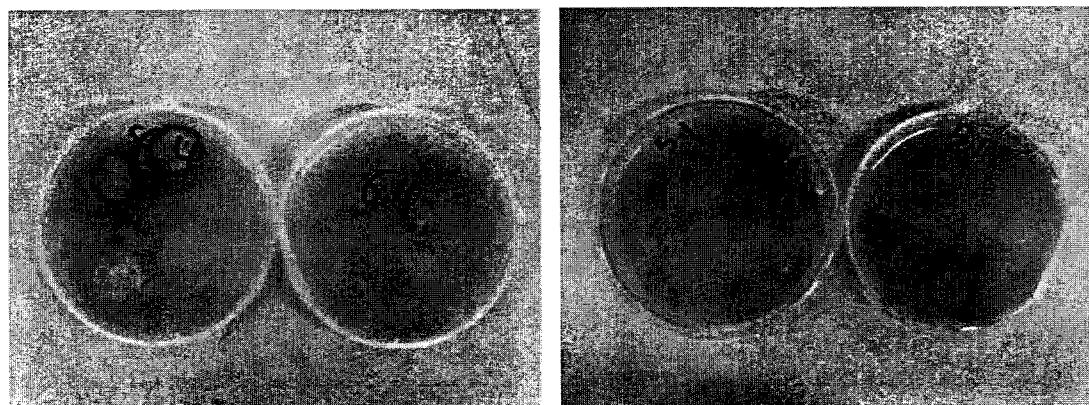
ตารางที่ 31 แสดงสายพันธุ์ของเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ที่เก็บรวบรวมจากห้องที่ปลูกข้าวต่างๆ ในประเทศไทย

พ.ศ. 2553 จำนวน 10 ไอโซเลท

ลำดับที่	รหัส	แหล่งที่มา
1	3.2	จ.พิษณุโลก
2	5.1	จ.ขอนแก่น
3	8.4	จ.อุบลราชธานี
4	9.4	จ.เชียงราย
5	12.5	จ.หนองคาย
6	14.3	จ.หนองคาย
7	16.2	จ.อุดรธานี
8	22.1	จ.อุดรธานี
9	17.2	จ.ชัยภูมิ
10	29.2	จ.อุดรธานี

ตารางที่ 32 รายชื่อเชื้อราโรคใบใหม่ *M.grisea* ที่ได้รับการอนุเคราะห์ จาก ดร.ธนี ศรีวงศ์ชัย ที่เก็บ
รวบรวมจากแหล่งปลูกข้าวต่างๆ ในประเทศไทยในปี 2553

ลำดับที่	ชื่อสายพันธุ์เชื้อรา	สถานที่เก็บ
1	BAG1.4	จ.พิษณุโลก
2	BAG2.4	จ.อุบลราชธานี
3	BAG3.5	จ.พิษณุโลก
4	BAG4.4	บ.น้ำคำ จ.พิษณุโลก
5	BAG5.4	อ.เมือง จ.ขอนแก่น
6	BAG7.2	บ.น้ำคำ จ.พิษณุโลก
7	BAG8.5	จ.อุบลราชธานี
8	BAG9.2	จ.เชียงราย



ภาพที่ 37 ตัวอย่างเชื้อราสาเหตุโรคใบใหม่ที่ใช้ทดสอบ

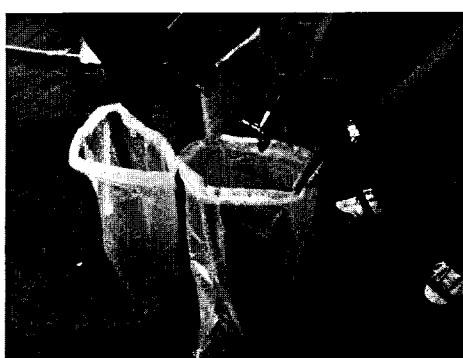
4.2. ศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียืนต้านทานโรคเชื้อร้าใบใหม้ Pi9

ทำการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวที่มียืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ โดยมีพันธุ์ข้าวที่ใช้ทดสอบจำนวน 3 สายพันธุ์ คือ ข้าวนิบปอนบาร์ (Nipponbare) ที่มีพันธุกรรมของยืน Pi9, ข้าวนิบปอนบาร์ และข้าวขาวดอกมะลิ 105 มาทดสอบปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ โดยใช้เชื้อร้าสาเหตุโรคใหม่ *M. grisea* จำนวน 8 ไอโซเลท (ตารางที่ 32) ที่มีความรุนแรงในการก่อโรคใหม่ในแต่ละบริเวณของการเพาะปลูกข้าวในประเทศไทย



ภาพที่ 38 ต้นกล้าข้าวที่มีอายุ 3 สัปดาห์ก่อนการปลูกเชื้อ (inoculation)

A)



B)



ภาพที่ 39 A) ขั้นตอนฉีดสารละลายสปอร์เชื้อร้าโรคใบใหม่ลงบนกระเบศต้นกล้าข้าวที่มีอายุ 3 สัปดาห์ B) หลังจากการปลูกเชื้อ (inoculation) โรคใบใหม่ลงบนต้นกล้าข้าวเพื่อทำการเก็บไว้ในห้องมีดเป็นเวลา 24 ชั่วโมง เพื่อให้มีสภาพแวดล้อมที่เหมาะสมต่อการเข้าทำลายต้นข้าวของสปอร์เชื้อร้า

จากการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองทางโรคใบใหม่ของข้าวพันธุ์นิบปอนบาระที่มีในต้านทานโรคใบใหม่ Pi9 ข้านิบปอนบาร และข้าวขาวดอกมะลิ 105 ต่อเชื้อร่าใบโรคใหม่ในประเทศไทยจำนวน 8 ไอโซเลทที่เก็บตัวอย่างมาจากแต่ละพื้นที่ในประเทศไทย พบร้าข้าวพันธุ์นิบปอนบาระที่มีในต้านทานโรคใบใหม่ Pi9 สามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ได้ทั้ง 8 ไอโซเลท ข้านิบปอนบารที่เป็นข้าวพันธุ์เบรียบเทียบมาตรฐานที่ไม่ต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ (susceptible check variety) พบร้าสามารถต้านทานได้ 7 ไอโซเลท ยกเว้นไอโซเลท BA8.5 ที่ไม่ต้านทาน เป็นที่น่าสนใจว่าข้านิบปอนบารที่เป็นข้าวพันธุ์เบรียบเทียบมาตรฐานที่ไม่ต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่สามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ในประเทศไทยได้ถึง 7 ไอโซเลท จาก 8 ไอโซเลท ซึ่งจากการที่ศึกษาที่ผ่านมากจะใช้ข้านิบปอนบารเป็นตัวเบรียบเทียบการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองทางโรคใบใหม่และให้ผลไม่ต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใบใหม่นอกจากนี้เพื่อการยืนยันผลการศึกษาว่าเชื้อร่าโรคใบใหม่ทั้ง 8 ไอโซเลท สามารถก่อโรคได้จริงหรือไม่ จึงได้ทดสอบเชื้อร่าโรคใบใหม่กับข้าวขาวดอกมะลิ 105 ในครัวเดียวกัน เป็นที่ทราบกันดีว่าข้าวขาวดอกมะลิ 105 ของไทยนั้นไม่ต้านทานโรคใบใหม่ (กรมวิชาการเกษตร, 2535) โดยใช้เป็นสายพันธุ์เบรียบเทียบท่อการไม่ต้านทานโรคใบใหม่และเชื้อร่าโรคใบใหม่ทั้ง 8 ไอโซเลทได้เก็บตัวอย่างที่ก่อโรคจากข้าวขาวดอกมะลิ 105 ทั้งหมด จึงยืนยันได้ว่าขั้นตอนการศึกษาทุกขั้นตอนไม่มีการผิดพลาด

โดยผลจากการทดสอบการเกิดโรคใบใหม่พบว่า ข้าวขาวดอกมะลิ 105 สามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใบใหม่ระดับปานกลาง ได้ 3 ไอโซเลท คือ BAG2.4, BAG3.5 และ BAG4.4 ที่เหลืออีก 4 ไอโซเลท ไม่สามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ได้ ดังแสดงในตารางที่ 33 และ ภาพที่ 40

การทดลองนี้ มีวัตถุประสงค์ต้องการที่จะทราบว่า ยืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 ที่สามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ได้อย่างกว้างขวางอย่างที่ได้ศึกษามาก่อนหน้านี้ในต่างประเทศนั้นสามารถที่จะต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ในประเทศไทยได้หรือไม่ ซึ่งผลก็สอดคล้องกับการศึกษาที่ผ่านมา คือข้านิบปอนบาร ที่มีในต้านทานโรคใหม่ Pi9 สามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ได้ทั้ง 8 ไอโซเลท แต่ข้านิบปอนบารที่เป็นข้าวพันธุ์เบรียบเทียบมาตรฐานที่ไม่ต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ พบร้าสามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ได้ 7 ไอโซเลทเหมือนกัน ซึ่งผลที่คาดว่าจะเป็นคือข้านิบปอนบารที่เป็นข้าวพันธุ์เบรียบเทียบมาตรฐานที่ไม่ต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่นั้นจะต้องไม่สามารถต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ได้ จากการศึกษาของ Ribot และคณะ (2007) ข้านิบปอนบารซึ่งเป็นข้าวจาปอนนิยันไม่ต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ ไอโซเลท FR13 และข้าวสายพันธุ์ IR64 ซึ่งเป็นข้าวอินดิการะไม่ต้านทานต่อเชื้อร่าโรคใหม่ ไอโซเลท HP14 สำหรับ M. grisea ไอโซเลท CL26 สามารถก่อโรคใหม่ได้ทั้งข้านิบปอนบารและข้าวสายพันธุ์ IR64 จากการศึกษา ก่อนหน้านี้ทำให้ทราบว่า เชื้อ M. grisea แต่ละไอโซเลทมีความจำเพาะเจาะจงในการเข้าทำลายข้าว ซึ่งอาจจะเป็น ข้าวอินดิการ หรือ ข้าวจาปอนนิยกา บางไอโซเลท สามารถเข้าทำลายได้ทั้งข้าวอินดิการะและข้าวจา

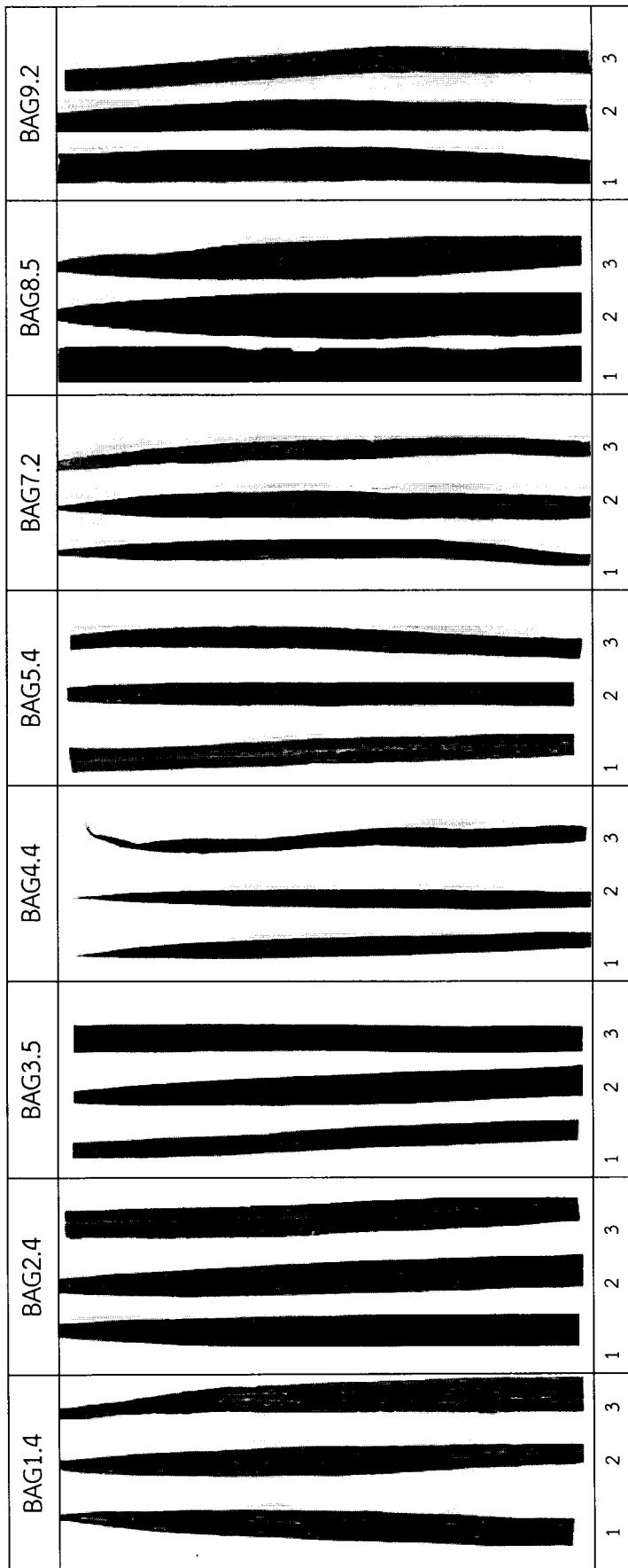
ปอนิกา แต่การศึกษาในครั้งนี้เชือก่อโรคใหม่ทั้ง 8 ไอโซเลทเป็นเชือก่อให้เกิดโรคใบไหม้ในข้าวขาวดอกมะลิ 105 ซึ่งเป็นข้าวอินดิกา อาจจะต้องมีการทดสอบปฏิกริยาการเกิดโรคใหม่กับเชือก่อโรคใหม่ที่สามารถก่อโรคใหม่ได้ทั้งข้าวอินดิกาและข้าปอนิกา เช่น *M. grisea* ไอโซเลท CL26 ต่อไป เพื่อให้ได้ข้อมูลที่ชัดเจนมากขึ้น

ตารางที่ 33 ปฏิกริยาการตอบสนองต่อโรคของข้าวพันธุ์นิบปอนบารีเมียนต้านทานโรคใบไหม้ *Pi9* ต่อเชือก่อโรคใบไหม้ในประเทศไทยจำนวน 8 ไอโซเลท

พันธุ์ข้าว	ไอโซเลಥเชือก่อโรคใบไหม้ (<i>M.grisea</i>)							
	BAG1.4	BAG2.4	BAG3.5	BAG4.4	BAG5.4	BAG7.2	BA8.5	BAG9.2
นิบปอนบารี	R	R	R	R	R	R	S	R
นิบปอนบารี- <i>Pi9</i>	R	R	R	R	R	R	R	R
ข้าวขาวดอกมะลิ	S	MR	MR	MR	S	S	S	S

หมายเหตุ

- R = ข้าวมีความต้านทานต่อโรคได้ดี
- MR = ข้าวมีความต้านทานต่อโรคระดับปานกลาง
- S = ข้าวไม่มีความต้านทานต่อโรค



ภาพที่ 40 แสดงผลจากการปนเปื้อนตัวเยื่อโรครากในจำนวนห้อง 8 โถอะลูมิเนียมชื่อร้า *Magnaporthe grisea* โดยพ่นต้านทานคือ Nipponbare-Pi9 และพ่นรู莽ต้านทานคือ ข้าวขาวอุดมดี 105 (KDM1_105) เป็นตัวควบคุม (1 = Nipponbare, 2 = Nipponbare-Pi9, 3 = ข้าวขาวอุดมดี 105)

4.3. การศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มีภัยต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่

ทดสอบประสิทธิภาพของเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใช้ตรวจสอบจินมข้าพื้นเมืองว่ามียืนต้านทานโรคใหม่แบบต่างๆ แล้วนำพันธุ์ข้าพื้นเมืองดังกล่าวมาศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ หรือ ทดสอบความสามารถในการต้านทานโรคใหม่โดยใช้เชื้อราสาเหตุโรคใหม่ที่เก็บรวมมาจากสถานที่ต่างๆ ในประเทศไทยจำนวน 10 ไอโซเลท (ตารางที่ 31)

จากการคัดเลือกข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านโรคใหม่แบบต่างๆ สามารถคัดเลือกพันธุ์ข้าวพื้นเมืองได้จำนวน จำนวน 41 พันธุ์ โดยพันธุ์ที่ผ่านการคัดเลือกเหล่านี้จะมีการกระจายตัวของยืนต้านทานโรคใหม่ในแบบต่างๆ ดังตารางที่ 34 จากนั้นนำเมล็ดของข้าวที่ผ่านการคัดเลือกมาเพาะในเพลทแก้วที่รองด้วยกระดาษ เพาะเป็นเวลาหนึ่งสัปดาห์ หลังจากนั้นค่อยย้ายลงในกระถาง พบว่าสามารถเพาะกล้าได้ทั้งสิ้น 26 พันธุ์ (ตารางที่ 33) แบ่งเป็นข้าวพื้นเมืองภาคเหนือจำนวน 15 พันธุ์ ได้แก่ งอเพื่อน, ปือก่อ, ปือเกชตร, เหนียวแสงมูเรอ, กะเหรียงขาว, เหลืองหอม, จะน้อใหญ่, ลายชาบ, หัวยแล้ง, ปือ ชูแม่ฟาง, ข้าวกอแผ่, เหลืองลีซอ, ข้าวแดง (TRI 8409149), ข้าวมันหมู, และงอเซระ, ข้าวพื้นเมืองภาคใต้จำนวน 6 พันธุ์ ได้แก่ หนานหนัก (GS.no 10284), นางมา (GS. 7414), เหนียนนครราช (GS. 9982), แมะແຍງ (GS. 10060), ดอกพวง (GS.10062), ขีนดิน (GS.no 4290) และข้าวพื้นเมืองภาคอีสานจำนวน 5 พันธุ์ ได้แก่ ห้อมทุ่ง (Gs.20990), แม่ห้าง (Gs.3374), พานทอง (Gs.3375), อีปีด (Gs.3376) และ ป้องแอ้อ 2 (Gs.3894) และ ใช้พันธุ์ ซัยนาท 1 และ IR64 เป็นพันธุ์ตรวจสอบต้านทานโรคใหม่ และพันธุ์ข้าวขาวดอกมะลิ 105 (KDM105) เป็นพันธุ์ตรวจสอบไม่ต้านทานโรคใหม่ โดยพันธุ์ที่เพาะไม่ออกส่วนใหญ่จะมีลักษณะของเมล็ดไม่สมบูรณ์

การตรวจวัดปริมาณการเกิดโรคใหม่ในข้าวใช้เกณฑ์การวัดระดับความรุนแรงของโรค ตามวิธีการของ Roumen et al. (1997) ซึ่งแบ่งเป็น 7 ระดับ (ตารางที่ 6) คือที่ระดับความรุนแรงเท่ากับ 0-2 แสดงว่าข้าวมีความต้านทานต่อโรคได้ดี (R) ที่ระดับความรุนแรงเท่ากับ 3-4 แสดงว่าข้าวมีความต้านทานต่อโรคระดับปานกลาง (MR) และที่ระดับความรุนแรงเท่ากับ 5-6 แสดงว่าข้าวไม่มีความต้านทานต่อโรค (S) จากการศึกษาพบว่า มีข้าวพื้นเมืองจำนวน 14 พันธุ์ ที่มีความต้านทานต่อการเข้าทำลายของเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้ดี (มีระดับความรุนแรงเท่ากับ 0-2) ได้แก่ งอเพื่อน, ปือก่อ, เหนียวแสงมูเวอ, กะหรี่ยงขาว, เหลืองหอม, งอเซระ, แม่ห้าง, อีปีด ข้าวมันหมู, พานทอง, ปือเกษตร, หัวยแล้ง, ข้าวกอแฝ, ดอกพวง และ อีปีด มีข้าวจำนวน 6 พันธุ์ ที่มีความต้านทานต่อโรคใหม่ในระดับปานกลาง (ระดับความรุนแรงเท่ากับ 3-4) ได้แก่ ปือ ชูแม่ฟาง, ข้าวแดง (TRI 8409149), จะนอไน, ลaiyathan, เหลืองลีซอ และชัยนาท 1 และมีข้าวจำนวน 10 พันธุ์ ที่ไม่ต้านทานต่อโรคใหม่ (มีระดับความรุนแรงเท่ากับ 5-6) ได้แก่ หมานหนัก, เหนียนวนคราช, แมะແຍງ, ขืนดิน, ป้องแอ้อ 2, หอมทุ่ง 20990, IR64, นางมา และ KDM1105 ซึ่งใช้เป็นพันธุ์เบรียบเที่ยบ (ตารางที่ 34 และ 35)

ตารางที่ 34 แสดงจีโนไทป์ของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีสัญญาณทางการค้าใหม่ Pi9, Pi54, Pi-d3, Pi-ta, Pi6, Pigm(t), Pi1(t), Pi2(t) และ Pi36 และ
ปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่รวม 10 โภชนา

ลำดับ ที่	พันธุ์ข้าว	ประเทชชา	PB8- Pi9	NBS2- Pi9	Pi- d2	Pi36- ta	Pi6- ta	Pi1(t)- ta	Pi2(t)- ta	Pi-d3	Pi54	Pi-gm(t)	Pi1(t)	Pi2(t)	Pi36	SSR	C5483	S2974
			R	S	**	S	R	H	R	R	R	**	R	R	R	R	R	
1	งอยพ่อน	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	**	S	R	H	R	R	R	S	S	R	R	R	R	
2	ตยก้าสี	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	S	S	R	S	R	H	R	S	S	S	S	R	R	R	R	
3	ปือก้า	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	S	R	**	B	S	S	R	R	S	R	S	R	R	R	R	
4	ปือกษาคร	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	R	**	B	S	S	H	R	S	S	R	R	R	R	R	
5	เหลี่ยมแสลงบูร	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	R	**	B	S	S	H	S	R	S	S	R	R	R	R	
6	กงพรี่ยะชา	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	R	B	S	S	H	R	R	S	R	R	R	R	R	
7	เหลืองหอม	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	R	S	B	S	S	H	S	S	R	S	R	**	R	R	
8	จะบอนหน	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	S	B	S	R	H	S	S	R	S	R	S	S	S	
9	ล่ายนา	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	S	B	S	R	S	S	S	R	S	R	S	R	R	
10	ปือ แม่ตะ	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	R	S	B	S	R	H	S	S	R	S	R	S	R	R	
11	ห้วยเส้ง	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	R	R	B	S	S	H	S	S	R	S	R	S	R	R	
12	ปือ ฉลามพาง	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	S	B	S	S	R	S	S	R	S	R	S	S	S	
13	ข้าวกลอยเฝ	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	R	B	S	S	R	S	R	S	R	R	R	R	R	
14	ปือข้อขอ	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	R	**	B	S	R	R	R	S	S	R	S	R	R	R	
15	เหลืองลีซูก	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	R	B	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	R	
16	ข้าวแดง(TRI 8409149)	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	S	B	S	S	R	R	S	R	S	R	R	S	S	
17	ข้าวแม่หมู	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	R	S	R	S	B	S	S	R	R	R	S	R	S	**	S	
18	เอชระ	ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	S	R	**	R	R	S	R	S	S	R	S	R	R	R	R	
19	หอมทุ่ง (Gs.20988)	ข้าวพื้นเมืองอีสาน	R	R	S	B	S	S	R	S	S	R	S	R	**	R	R	
20	หอมทุ่ง (Gs.20990)	ข้าวซึ่งพันเมืองอีสาน	S	S	S	B	S	S	R	S	S	R	S	R	**	R	R	
21	ข้าว (Gs.3361)	ข้าวพื้นเมืองอีสาน	S	R	B	S	S	R	R	S	R	R	S	R	R	R	R	
22	ข้าวกำ (Gs.3369)	ข้าวพื้นเมืองอีสาน	R	R	S	R	R	S	R	R	S	R	S	S	R	S	S	

ลำดับ ที่	พันธุ์ข้าว	ประเภทข้าว	กรรมพันธุ์	<i>PiB8-</i>	<i>NBS2-</i>	<i>Pi-</i>	<i>Pi36</i>	<i>Pi-</i>	<i>Pi1(t</i>	<i>Pi2(t</i>	<i>Pi-d3</i>	<i>Pi-d3</i>	<i>Pi54</i>	<i>Pi54</i>	<i>Pigm(t)</i>	<i>Pigm(t)</i>		
#				<i>Pi9</i>	<i>Pi9</i>	<i>d2</i>		<i>ta</i>	<i>PiB</i>		<i>)</i>	<i>)</i>	<i>Cap1</i>	<i>Cap2</i>	<i>indel</i>	<i>SSR</i>	<i>C5483</i>	<i>S2974</i>
23	อีปัง (Gs.3372)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	R	R	R	R	B	R	R	H	R	R	S	**	R	R	S	
24	นางนวล (Gs.3373)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	R	R	R	**	R	R	S	R	**	R	S	**	R	S	
25	แม่ห้าง (Gs.3374)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	S	S	R	C	R	R	S	R	R	S	S	**	R	R	R	
26	พานาหอม (Gs.3375)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	S	S	R	B	R	R	S	R	S	S	S	**	R	R	R	
27	อี้ปีด (Gs.3376)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	S	R	S	C	S	S	R	S	R	R	S	**	R	R	R	
28	ปู่จ้อเอ็ง 2 (Gs.3394)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	S	R	B	S	R	S	R	S	R	S	**	R	R	R	
29	นาเจ้าพะย (Gs.4373)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคอีสาน	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	**	R	R	R	
30	ข้าวหอม (Gs.4809)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	S	R	B	R	S	R	S	R	R	R	S	S	R	R	R	
31	ข้าวหอม (Gs.4816)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	S	R	C	R	S	R	S	R	S	S	R	R	**	R	R	
32	กงที (Gs.5565)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	R	S	B	R	R	S	R	S	S	R	R	R	R	R	
33	ตองเหลือง (Gs.5567)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคอีสาน	R	S	R	B	S	R	S	R	S	R	S	**	R	R	R	
34	หนองมะระ (Gs.18418)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	R	R	R	C	R	S	H	R	S	S	S	S	R	R	R	
35	หนองมะระ (Gs.18419)	ข้าวนาลูนพื้นเมืองอีสาน	S	R	R	C	R	R	H	R	R	S	S	S	R	R	**	
36	หนองนา蕨 (Gs.10284)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคใต้	S	S	R	C	R	S	S	R	S	S	S	S	S	S	R	
37	นางาม (Gs. 7414)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคใต้	S	S	R	C	R	R	S	S	R	R	S	S	S	R	R	
38	หนองบัวมีราษ (Gs. 9982)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคใต้	S	S	R	A	S	S	H	R	S	S	S	S	**	R	R	
39	แมะเบง (Gs. 10060)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคใต้	S	S	R	**	S	S	S	R	R	R	S	S	R	R	R	
40	ตองหวง (Gs.10062)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคใต้	S	S	R	A	S	S	H	S	R	R	S	S	R	R	R	
41	ซึ่งเดิน(GS.ko 4290)	ข้าวพันธุ์เมืองภาคใต้	S	S	R	C	R	S	S	R	R	R	R	S	**	R	R	
42	ซึ่งนาพ 1	พันธุ์ข้าวต้นนาโค่น	**	R	**	R	R	R	R	S	R	S	R	S	R	R	S	
43	IR64	พันธุ์ข้าวต้นนาโค่น	**	S	**	S	**	S	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
44	ขาวทองนะสี 105	พันธุ์ข้าวพันธุ์ครองสอป	**															

ตารางที่ 35 แสดงรรดตัวแปรในรูปแบบโครงสร้างแบบไปรษณีย์ ประจำวัน 29 พฤศจิกายน 2558

ลำดับ ที่	พัฒนา	รากส์	ลักษณะใบเข้าว่าเกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ยืนต้นทางโรค ใหญ่	ความต้านทาน
1	ขอเพ่อน	U38 (เข้าไว้พมแม่อง ภาคเหนือ)	[REDACTED]	0	$Pi'b, Pi1(t), Pi\bar{2},$ $Pi-d3, Pi54,$ $Pigm(t)$	R
2	ปีกอ	U41 (เข้าไว้พมแม่อง ภาคเหนือ)	[REDACTED]	0	$Pi9, Pi36, Pi2, Pi-$ $d3, Pigm(t)$	R
3	ปีกอชัตร	U42 (เข้าไว้พมแม่อง ภาคเหนือ)	[REDACTED]	2	$Pi9, Pi36, Pi1(t),$ $Pi54, Pigm(t)$	R

ลำดับ ที่	พันธุ์	รหัส	ลักษณะใบช้าวที่เกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ยืนตัวทางการค้า ใหม่	ความต้านทาน
4	เหงียว แสงมูราอ	U43 (ช้าวไปร์ฟัลเมือง ภาคเหนือ)		0	$Pi9, Pi36, Pi1(t),$ $Pi-d3, Pigm(t)$	R
5	กงเหลียง บาง	U44 (ช้าวไปร์ฟัลเมือง ภาคเหนือ)		0	$Pi2, Pi-d3,$ $Pigm(t)$	R
6	เหลือง หอย	U45 (ช้าวไปร์ฟัลเมือง ภาคเหนือ)		0	$Pi9, Pi36, Pi1(t),$ $Pi54, Pigm(t)$	R
7	จะน้อยหน	U46 (ช้าวไปร์ฟัลเมือง ภาคเหนือ)		4	$Pi36, Pi6, Pi1(t),$ $Pi54$	MR

ลำดับ ที่	พัฒร์	รหัส	ลักษณะใบปูขาวที่เกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ยืนยันทางโรค ไฟฟ์	ความต้านทาน
8	ลายชาน	U48	(ข้าวไร้พัฒนา ภาคเหนือ)	4	$Pi36, Pi6, Pi1(t),$ $Pi54, Pigm(t)$	MR
9	หวยแดง	U50	(ข้าวไร้พัฒนา ภาคเหนือ)	2	$Pi9, Pi-d2, Pi36,$ $Pi1(t), Pi-d3,$ $Pigm(t)$	R
10	บิ๊ก ชูแม่	U51	(ข้าวไร้พัฒนา ภาคเหนือ)	3	$Pi36, Pi1(t), Pi54$	MR
11	ข้าวกลอง	U 52	(ข้าวไร้พัฒนา ภาคเหนือ)	2	$Pid2, Pi36, Pi1(t),$ $Pi-d3, Pi54,$ $Pigm(t)$	R

ลำดับ ที่	พันธุ์	รหัส	ลักษณะใบเขียวที่เกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ยืนยันทางโรค ใบ	ความต้านทาน
12	เหลือง ตี稷	U55	(ช้าไวรั่นเมือง ภาคเหนือ)	4	$Pi-d2, Pi36, Pi1(t),$ $Pi-d3, Pigm(t)$	R
13	ข้าวแดง (TRI 8409149)	U56	(ช้าไวรั่นเมือง ภาคเหนือ)	3	$Pi9, Pi36, Pi2, Pi-d3$	MR
14	ข้าวมันหมู	U57	(ช้าไวรั่นเมือง ภาคเหนือ)	1	$Pi9, Pi36, Pi2,$ $Pi-d3$	R
15	งาเชรະ	U60	(ช้าไวรั่นเมือง ภาคเหนือ)	0	$Pi-d2, Pi36, Pi1(t),$ $Pi-d3, Pi54,$ $Pigm(t)$	R

ลำดับ ที่	พื้นที่	ราก	ลักษณะใบช่ำงที่เกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ยืนยันทางโภค ไฟฟ้า	ความต้านทาน
16	หมานบึก	S71 (ข้าวพื้นเมือง ภาคใต้)		5 <i>Pid2, Pita, Pigm(t)</i>		S
17	นางามา	S72 (ข้าวพื้นเมือง ภาคใต้)		6 <i>Pid2, Pita, Pi-d3, Pigm(t)</i>	.	S
18	หนองยา นาคราช	S73 (ข้าวพื้นเมือง ภาคใต้)		5 <i>Pid2, Pi36, Pi1(t), Pi2, Pigm(t)</i>	.	S
19	แมะเบง	S75 (ข้าวพื้นเมือง ภาคใต้)		5 <i>Pid2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		S

ลำดับ ที่	พื้นที่	รหัส	ลักษณะใบปูร์วะที่เกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ยืนยันทางโรค ใหม่	ความต้านทาน
20	ดอยหลวง	S76 (ช้าพัฒนาเมือง ภาคใต้)		2	$Pid2, Pi36, Pi1(t),$ $Pi-d3, Pigm(t)$	R
21	ขันติน	S77 (ช้าพัฒนาเมือง ภาคใต้)		5	$Pid2, Pita, Pi-d3,$ $Pigm(t)$	S
22	แม่แห้ง	L54 (ช้าพัฒนา พัฒนาเมืองอีสาน)		0	$Pid2, Pita, Pib,$ $Pi2, Pi-d3,$ $Pigm(t)$	R
23	พานทอง	L55 (ช้าพัฒนา พัฒนาเมืองอีสาน)		1	$Pid2, Pi36, Pita,$ $Pib, Pi2, Pigm(t)$	R

ลำดับ ที่	พันธุ์	รหัส	ลักษณะใบเข้าว่าเกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ยืนยันทางโนร็อก ให้แม่	ความต้านทาน
24	ปีกด	L56 (ข้าวนาส่วน พื้นเมืองอีสาน)		0 <i>Pi9, Pi2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		R
25	ป่องแอล 2	L68 (ข้าวนาส่วน พื้นเมืองอีสาน)		5 <i>Pi-d2, Pi36, Pi6, Pi2, Pigm(t)</i>		S
26	หอมหู่ 20990	E141 (ข้าวเข็มน้ำพัฟเมือง อีสาน)		5 <i>Pi36, Pi2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		S

ลำดับ ที่	พัฒร์	รุ้งส	ลักษณะใบเข้าว่าเกิดโรคใหม่	ระดับความ รุนแรง	ปัจจัยทางโรค ใหม่	ความต้านทาน
27	เยนนา 1	B15	[REDACTED]	4	$Pi9, Pi9, Pi9,$ $Pi1(t), Pi2$	
28	IR64	B16	[REDACTED]	5	$Pi9, Pi9, Pi9(t),$ $Pi9m(t)$	
29	KDML105	C1	[REDACTED]	6	S	

หมายเหตุ ใบเข้าว่าแต่ละใบ มาจากภารททดลองแต่ละชุด

จากการทดสอบในครั้งนี้แสดงให้เห็นถึงความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ของข้าวพื้นเมืองแต่ละภาคของประเทศไทย โดยข้าวพื้นเมืองภาคเหนือแสดงความต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ที่ทำการทดสอบรวม 10 ไอโซเลทได้ดีที่สุด (ตารางที่ 36 และภาพที่ 41) โดยมีปฏิกริยาตอบสนองต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ (ความต้านทาน) ในระดับต้านทานปานกลาง (MR) จนถึงต้านทาน (R) และข้าวพื้นเมืองภาคใต้แสดงความแสดงความอ่อนแอก่อ (S) ต่อเชื้อที่ทดสอบมากที่สุด (ตารางผนวกที่ 1 และ 2)

ผลจากการศึกษาพบว่า มีข้าวพื้นเมืองหลายพันธุ์ที่สามารถต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้ทั้ง 10 ไอโซเลท ซึ่งแสดงให้เห็นว่า ข้าวพื้นเมืองเป็นแหล่งยืนต้านทานโรคใหม่ที่สำคัญ เหมาะสมที่จะนำมาใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ต่อไป

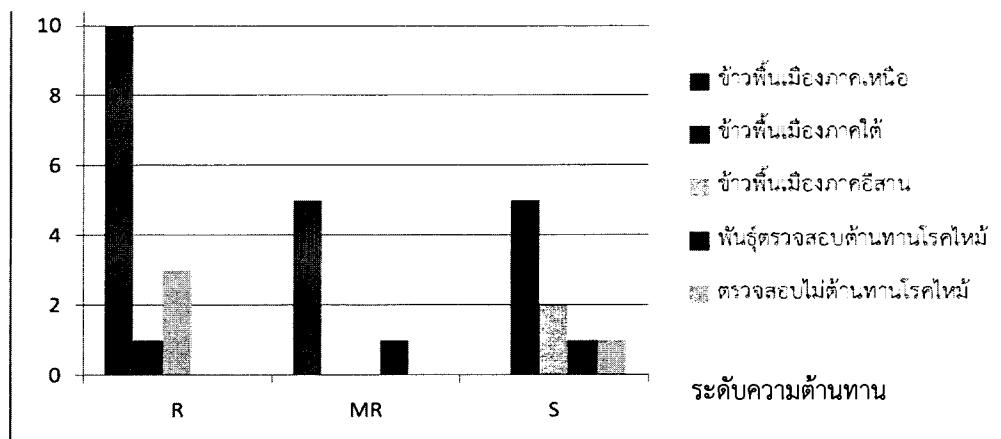
ตารางที่ 36 แสดงกระจายตัวของพันธุ์ข้าวพื้นเมืองต้านทานโรคใหม่ในแต่ละภาคของประเทศไทยตามระดับความรุนแรงของการเกิดโรคใหม่จากเชื้อสาเหตุ จำนวน 10 ไอโซเลท

ประเภทข้าว	จำนวนพันธุ์แยกตามระดับความรุนแรง							รวม (พันธุ์)	
	R		MR		S				
	0	1	2	3	4	5	6		
ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	6	1	3	2	3	-	-	15	
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	-	-	1	-	-	4	1	6	
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	2	1	-	-	-	2	-	5	
พันธุ์ตรวจสอบต้านทานโรคใหม่*	-	-	-	-	1	1	-	2	
พันธุ์ตรวจสอบไม่ต้านทานโรคใหม่**	-	-	-	-	-	-	1	1	
รวม	8	2	4	2	4	7	2	29	
			14		6		9		

หมายเหตุ * พันธุ์ตรวจสอบต้านทานโรคใหม่ - พันธุ์ชัยนาท และ IR64

** พันธุ์ตรวจสอบไม่ต้านทานโรคใหม่ - พันธุ์ขาวดอกมะลิ 105

จำนวนพันธุ์ข้าว



ภาพที่ 41 แสดงการกระจายตัวของข้าวพื้นเมืองต้านทานโรคใหม่ในแต่ละภาคของประเทศไทยตามระดับความต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ผสมรวม จำนวน 10 ไอโซเลท

5. การศึกษาสหสัมพันธ์ระหว่างยืนต้านทานโรคใหม่และปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่

จากการวิเคราะห์การถดถอย (regression analysis) ระหว่างยืนต้านทานโรคใหม่และปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ พบว่า ลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่เกิดขึ้นเป็นผลมาจากการทำงานเสริมกันของยืนต้านทานโรคใหม่หลายอย่างยืน (additive effect) โดยยืน Pi9 มีอิทธิพลต่อลักษณะการต้านทานโรคใหม่มากที่สุด รองลงมาเป็น ยืน Pi54 และ Pi-ta (ตารางที่ 37 และ 38) จากการวิเคราะห์การถดถอยอย่างง่าย (simple regression analysis) ระหว่างยืนต้านทานโรคใหม่และปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 26 พันธุ์ ต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ จำนวน 10 ไอโซเลท พบว่าเครื่องหมายดีอี็นเอ Pi54SSR และ NBS2Pi9 มีความสัมพันธ์กับลักษณะต้านทานโรคใหม่ของข้าวพื้นเมืองอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยมีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ (r) หรือ สัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ (Coefficient of determination) เท่ากับ 0.2086 และ 0.2033 ตามลำดับ ซึ่งหมายความว่า 20.86 และ 20.33 เปอร์เซ็นต์ ของความแปรปรวนในปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองต่อการเกิดโรคใหม่สามารถอธิบายหรือทำนายได้ด้วยยืนต้านทานโรคใหม่ Pi54 และ Pi9 ตามลำดับ (ตารางที่ 37)

ตารางที่ 37 แสดงค่าสัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ และ P-value จากการวิเคราะห์การคาดถอยอย่างง่าย (single regression analysis) โดยใช้ข้อมูลจีโนไทป์ (เครื่องหมายดีเอ็นเอของยีนต้านทานโรคใหม่ 14 เครื่องหมาย) กับ ระดับต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมือง

marker	r (%)	P-value
NBS2Pi9	20.3307	*
pB8Pi9	8.4507	ns
Pi1(t)	3.11818	ns
Pi2	3.39876	ns
Pi36	9.00297	ns
Pi54indel	13.1034	ns
Pi54SSR	20.8621	*
Pib	2.94011	ns
Pid2	2.17157	ns
Pid3Cap1	2.48276	ns
Pid3Cap2	3.0094	ns
Pigm(t) C5483	0.369004	ns
Pigm(t) S2974	0.11232	ns
Pi-ta	11.2644	ns

อย่างไรก็ตามพบว่า เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54SSR (RM206) มีอิทธิพลต่อลักษณะต้านทานโรคใหม่สูงกว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54 MAS ซึ่งเป็นเครื่องหมายที่พัฒนามาจากตำแหน่งยีนต้านทานโรคใหม่ Pi54 ทั้งนี้อาจเป็นไปได้ว่า ความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ของเครื่องหมาย Pi54SSR เป็นอิทธิพลเนื่องมาจากการยืนยัน ที่นักเรียนต้องการ Pi54 เนื่องจาก เครื่องหมายดีเอ็นเอ Pi54SSR เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับยีนต้านทานโรคใหม่ Pi54 อยู่ห่างจากยีนดังกล่าวประมาณ 0.7 cM และมีความจำเพาะกับยีน Pi54 ประมาณ 80% (Ramkumar et al. 2011) และมีการรายงานว่า เครื่องหมายดีเอ็นเอ RM206 ใกล้ชิดกับยีนต้านทานโรคใหม่อนุ่น ได้แก่ ยีน Pi38, (Koide et al., 2009) และยีน Pi47 (t) (Huang e t al., 2011) ซึ่งอาจเป็นไปได้ว่าลักษณะความต้านทานที่เกิดขึ้นเป็นผลเนื่องมาจากการอิทธิพลของยีน Pi38 และ Pi47(t) ซึ่งควรจะมีการศึกษาปฏิกริยาความต้านทานดังกล่าวต่อไป

ตารางที่ 38 แสดงค่าสัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ และ P-value จากการวิเคราะห์การถดถอยพหุคุณ (multiple regression analysis) ของยืนต้านทานโรคใหม่แบบต่าง ๆ สูงสุด 3 อันดับแรก

marker	จำนวนยืน	R ² (%)	P-value
NBS2Pi9, Pi54indel	2	27.5013	**
NBS2Pi9, <i>Pi36</i>	2	22.7075	*
NBS2Pi9, <i>Pita</i>	2	20.2851	*
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1	3	39.7917	**
NBS2Pi9, <i>Pi1(t)</i> , Pid3C1	3	29.7039	**
NBS2Pi9, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pi36</i>	3	29.2997	*
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi36</i>	4	30.9675	*
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pi2</i>	4	26.3429	*
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pi36</i>	4	26.3116	*
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pi2</i>	5	44.6842	**
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pib</i>	5	38.0017	**
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>PigmS2</i>	5	36.1424	*
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pita</i> , <i>Pi2</i>	6	42.0639	**
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pita</i> , <i>Pib</i>	6	35.7143	**
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pita</i> , <i>PigmS2</i>	6	33.5876	*
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pita</i> , <i>Pi2</i> , <i>PigmS2</i>	7	42.3659	**
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pita</i> , <i>Pi2</i> , <i>Pib</i>	7	39.1761	**
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, <i>Pi1(t)</i> , <i>Pita</i> , <i>Pib</i> , <i>PigmS2</i>	7	37.14	*

นอกจากวิเคราะห์ยืนต้านทานโรคใหม่แต่ละยืนที่มีผลต่อความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ของข้าวพื้นเมืองแล้ว ได้ทำการวิเคราะห์ยืนต้านทานโรคใหม่ที่พบในข้าวพื้นเมืองหลายยืนรวมกันว่ามีผลต่อความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ได้มากน้อยเพียงใด โดยการวิเคราะห์การถดถอยพหุคุณ (multiple regression) ของลักษณะการเกิดโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองและ จีโนไทป์ของยืนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพันธุ์พื้นเมือง โดยการรวมยืนต้านทานโรคใหม่จำนวน 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 และ 10 ยืน พบว่า ลักษณะต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองที่เกิดขึ้นเป็นผลมาจากการทำงานร่วมกันของยืนต้านทานโรคใหม่มากกว่า 1 ยืน และมีการแสดงออกของยืนเป็นแบบส่งเสริม (additive effect) โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ (R^2) ของการรวมยืนต่างๆ ดังนี้ (ตารางที่ 38)

- ยืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 2 ยืน พบร่วมคุ้สหสมพันธ์ระหว่างยืนต้านทานโรคใหม่ Pi9 (NBS2Pi9) และ ยืน Pi54 (Pi54 indel) มีค่า R^2 สูงสุด คือ 27.5013 เปอร์เซ็นต์ และรองลงมาคุ้สหสมพันธ์ระหว่างยืน Pi9 และ Pi36 โดยมีเปอร์เซ็นต์ค่า R^2 เป็น 22.7075 เปอร์เซ็นต์

- ยืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 3 ยืน พบร่วมคุ้สหสมพันธ์ระหว่างยืน Pi9, Pi54, Pi-d3 มีอิทธิพลต่อลักษณะต้านทานโรคใหม่มากที่สุด รองลงมาเป็นคุ้สหสมพันธ์ของยืน Pi9, Pi1(t), Pi-d3 และคุ้ยืน Pi9, Pi1(t), Pi36 คิดเป็น 39.7917, 29.7039 และ 29.2997 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

- ยืนต้านทานโรคใหม่ที่ทำงานร่วมกัน จำนวน 4 ยืนพบว่า ยืน Pi9, Pi54, Pi-d3 และ Pi2 มีค่า R^2 สูงสุดคิดเป็น 41.92 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาเป็นคุ้สหสมพันธ์ของ Pi9, Pi54, Pi-d3 และ Pi1(t) และคุ้ยืน Pi9, Pi54, Pi-d3 และ Pi-ta มีค่า r สูงสุดคิดเป็น 39.99 และ 37.36 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

- ยืนต้านทานโรคใหม่ที่ทำงานร่วมกัน จำนวน 5 ยืนพบว่า ยืน Pi9, Pi54, Pi-d3, Pi1(t) และ Pi2 มีค่า R^2 สูงสุด คิดเป็น 44.68 เปอร์เซ็นต์

- ยืนต้านทานโรคใหม่ที่ทำงานร่วมกัน จำนวน 6 ยืน พบร่วมค่า R^2 สูงสุด คิดเป็น 42.06 เปอร์เซ็นต์

- ยืนต้านทานโรคใหม่ที่ทำงานร่วมกัน จำนวน 7 ยืน พบร่วมค่า R^2 สูงสุด คิดเป็น 42.36 เปอร์เซ็นต์

อย่างไรก็ตาม พบร่วมค่า R^2 จะมีค่าสูงสุดเมื่อยืนต้านทานโรคใหม่ที่ทำงานร่วมกัน 5 ยืน และไม่พบความแตกต่างทางสถิติของค่า R^2 ในข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 8, 9 และ 10 ยืน แสดงว่าลักษณะต้านทานโรคใหม่จากการศึกษาในครั้งนี้เป็นอิทธิพลของการทำงานแบบส่งเสริมกัน ของยืนต้านทานโรคใหม่จำนวน 7 ยืน คือ ยืน Pi9, Pi54, Pi-d3, Pi1(t), Pi-ta, Pigm(t) และ Pi2 ซึ่งไม่มีอิทธิพลของยืน Pi6, Pi2 และ Pi36 แต่การรวมยืน Pi9, Pi54, Pi-d3, Pi1(t) และ Pi2 มีอิทธิพลต่อการแสดงออกของยืนมากที่สุด คิดเป็น 44.68 เปอร์เซ็นต์ของปัจจัยทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะต้านทานโรคใหม่

6. การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่

วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 26 พันธุ์ (ตารางที่ 33) โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ 14 เครื่องหมาย จากยืนต้านทานโรคใหม่จำนวน 10 ยืน ประกอบด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ตรงตำแหน่งยืน (gene specific markers) จำนวน 6 ยืนได้แก่ pB8-Pi9, NBS2-Pi9 (*Pi9*), *Pi54indel*, *Pi54SSR* (*Pi54*) , *Pi-d2*, *Pi-d3Cap1*, *Pi-d3Cap2* (*Pi-d3*), *Pi-ta* และ *Pibdom* (*Pib*) และเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับยืนต้านทานโรคใหม่จำนวน 4 ยืน ได้แก่ *Pigm(t)C5483*, *Pigm(t)S2974* [*Pigm(t)*] , *RM1233* (*Pi1(t)*), *RM140* (*Pi2*) และ *R36STS* (*Pi36*) (ตารางที่ 33) โดยคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของ Dice (Dice's Similarity coefficient) (Dice, 1945) จากนั้นนำข้อมูลมาจัดกลุ่มทางพันธุกรรม (Cluster analysis) ด้วยวิธี Unweighted pair group method based on arithmetic average (UPGMA) เพื่อสร้าง dendrogram ของข้าวพื้นเมืองที่มียืนต้านทานโรคใหม่

การจัดกลุ่มทางพันธุกรรมโดย UPGMA cluster analysis

จากการวิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของ Dice พบว่า มีค่าตั้งแต่ 0.14 – 1.00 โดยพันธุ์ข้าวแดง TRI 8409149 (U56) และ พันธุ์ข้าวมันหมู (U57) มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่มากที่สุด (1.00) โดยมียืนต้านทานโรคใหม่เหมือนกัน คือ *Pi9*, *Pi36*, *Pi2* และ *Pi-d3* (ตารางผนวกที่ 4) จากการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมโดย UPGMA (UPGMA cluster analysis) พบว่าสามารถแบ่งออกได้เป็น 6 กลุ่ม (ภาพที่ 42)

กลุ่มที่ 1 (Cluster I) ประกอบด้วยข้าวพื้นเมือง จำนวน 6 พันธุ์ ภายในกลุ่มนี้สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย ได้แก่

Sub-Cluster I-I มีจำนวนสมาชิก 3 พันธุ์ได้แก่ ปือเกษตร (U42), เหลืองหอม (U45) และเหนียงแสงมูเวอ (U43) กลุ่มนี้มีปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อ 10 ไวโอลेट ในระดับต้านทานต่อโรคได้ดี (R) เมื่อพิจารณาที่ยืนต้านทานโรคใหม่พบว่าข้าวพันธุ์ดังกล่าวมียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9*, *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi54*, และ *Pigm(t)* เมื่อนอกัน

Sub-Cluster I-II มีจำนวนสมาชิก 3 พันธุ์ ได้แก่ จนอ่อน (U46), ปือ ซูแม่ฟาง (U51), และลายชาบ (U48) กลุ่มนี้มีปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อ 10 ไวโอลेट ในระดับต้านทานต่อโรคได้ปานกลาง (MR) เมื่อพิจารณาที่ตำแหน่งยืนต้านทานโรคใหม่พบว่าข้าวพันธุ์ดังกล่าวมียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi36*, *Pi1(t)* และ, *Pi54*, เมื่อนอกัน แต่ต่างจาก Sub-Cluster I-I ที่ตำแหน่งยืน *Pi9* และ *Pigm(t)* เมื่อทำการวิเคราะห์การถดถอยพหุคุณ (multiple regression analysis) ของยืน *Pi36*, *Pi1(t)* และ, *Pi54* พบว่ายืนดังกล่าวมีอิทธิพลต่อความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ 12.42 เปอร์เซ็นต์ แต่หากพิจารณาที่เพียงตำแหน่งเดียวจะพบว่ายืน *Pi54* มีอิทธิพลต่อความสามารถต้านทานมากที่สุด โดยยืน *Pi54* มีอิทธิพลต่อการต้านทานโรคใหม่สูงถึง 13.10 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งอาจเป็นไปได้ว่า

ลักษณะต้านทานที่เกิดขึ้นเป็นอิทธิพลมาจากยีน *Pi54* ตามทฤษฎี gene for gene ของ Flor (1972) และข้าวใน Sub-Cluster I-I ที่มียีน *Pigm* และ *Pi9* เพิ่มเข้ามา เมื่อวิเคราะห์ multiple regression ของยีน *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi54*, *Pigm* และ *Pi9*; *Pi54*, *Pigm* และ *Pi9* และ *Pi54*, *Pi9* พบร่วมอิทธิพลต่อ ความสามารถในการต้านทานโรคใหม่เป็น 20.00, 24.64 และ 27.50 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ดังนั้นอาจ เป็นได้ว่าการทำางานร่วมกันระหว่างยีน *Pi9* และ *Pi54* ส่งเสริมให้ข้าวใน Sub-Cluster I-I มีปฏิกริยา การตอบสนองต่อเชื้อ 10 ไอโซเลท ในระดับต้านทานต่อโรคได้ดี (R)

กลุ่มที่ 2 (Cluster II) มีสมาชิก 2 พันธุ์ ได้แก่ ข้าวต้านทานโรคใหม่ ชั้นนาท 1 (B15) และ IR64 (B16) มียีนต้านทานโรคใหม่ *Pita*, *Pib*, และ *Pi1(t)* เมื่อถูกกัด แต่ข้าวพันธุ์ชั้นนาท 1 มียีน *Pi9* และ *Pi2* เพิ่มเติมมากกว่าข้าวพันธุ์ IR64 และข้าวพันธุ์ชั้นนาท 1 มีปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อ สาเหตุโรคใหม่ในระดับต้านทาน (R) แต่ข้าว IR64 มีปฏิกริยาการตอบสนองในระดับอ่อนแอก (S)

กลุ่มที่ 3 (Cluster III) มีสมาชิก 5 พันธุ์ ได้แก่ ปีก่อ (U41), ข้าวแดง TRI 8409149 (U56), ข้าวมันหมู (U57), อีปีด Gs.3376 (L56), และหอมทุ่ง Gs.20990 (E141) กลุ่มนี้ส่วนใหญ่แสดง ปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อในระดับต้านทาน ยกเว้นข้าวพันธุ์หอมทุ่ง Gs.20990 (E141) ที่ไม่ ต้านทาน เมื่อพิจารณาที่ยืนต้านทานโรคใหม่พบว่ากลุ่มที่ต้านทานมียีน *Pi9* แต่ข้าวหอมทุ่งไม่มียีน *Pi9*

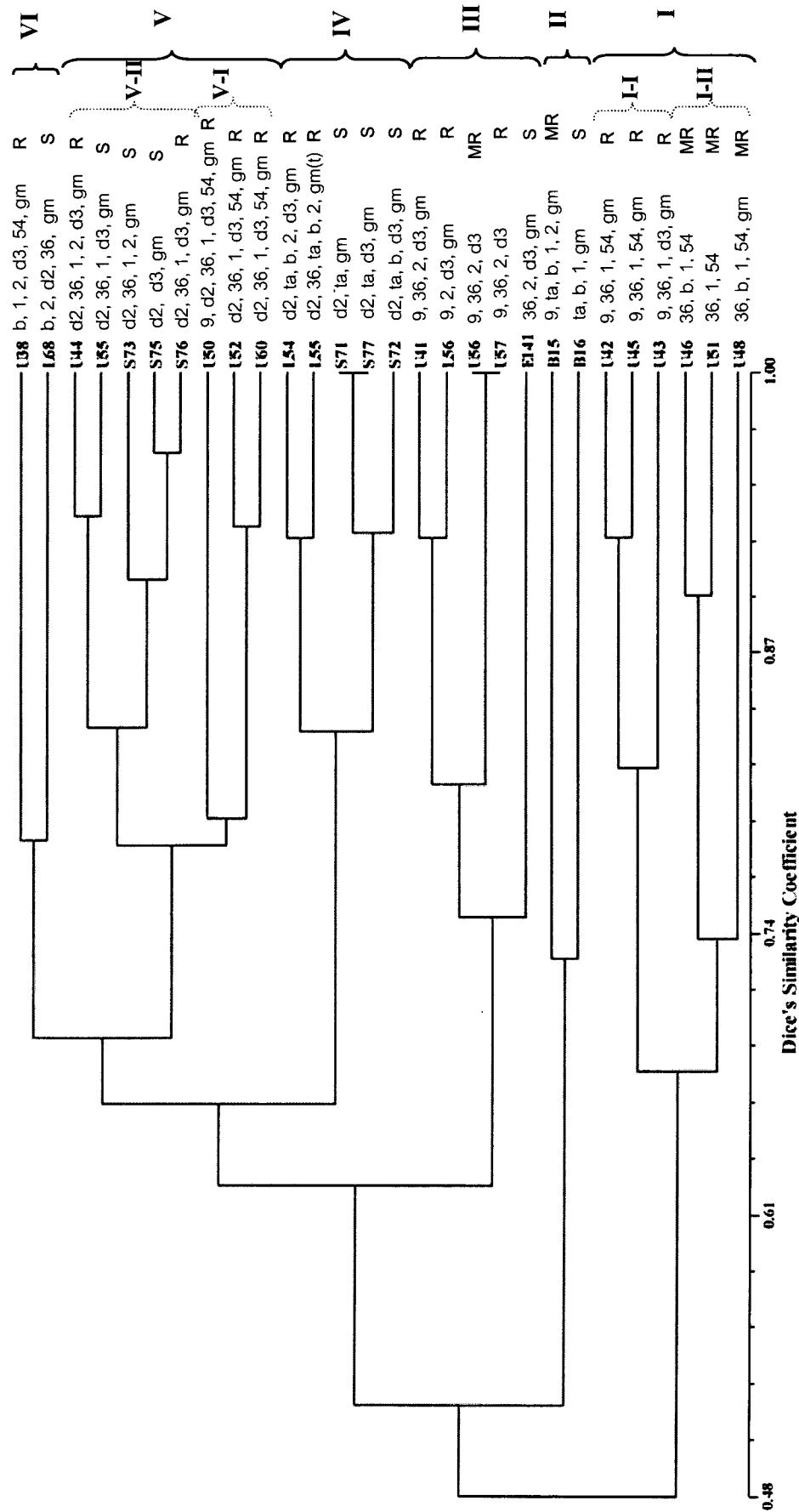
กลุ่มที่ 4 (Cluster IV) มี สมาชิก 5 พันธุ์ ได้แก่ แม่ห้าง Gs.3374 (L54), พานทอง Gs.3375 (L55), หนานหนัก GS.no 10284 (S71), ขีนดิน GS.no 4290 (S77), และ นางมา GS. 7414 (S72) กลุ่มนี้ส่วนใหญ่แสดงปฏิกริยาการตอบสนองต่อโรคใหม่ในระดับอ่อนแอก ยกเว้นแม่ห้าง Gs.3374 (L54) และ พานทอง Gs.3375 (L55) ที่ตอบสนองต่อโรคใหม่ในระดับต้านทาน

กลุ่มที่ 5 (Cluster V) ประกอบด้วยข้าวพื้นเมือง จำนวน 8 พันธุ์ ภายในกลุ่มนี้สามารถ แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย ได้แก่

Sub-Cluster V-I มี สมาชิก 3 พันธุ์ ได้แก่ ข้าว กอแพร (U52), งอเชระ (U60) และ หัวยแลง (U50) กลุ่มนี้แสดงปฏิกริยาการตอบสนองต่อโรคใหม่ในระดับต้านทาน โดยในกลุ่มนี้มียีน ต้านทานโรคใหม่ *Pid2*, *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi-d3*, *Pi54*, *Pigm(t)* เมื่อถูกกัด

Sub-Cluster V-II มี สมาชิก 5 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์กะหรี่ยงขาว (U44), เหลืองลีซอ (U55), เนียงวนาราช GS. 9982 (S73), มะແยง GS. 10060 (S75), และ ดอกพวง GS.10062 (S76) กลุ่มนี้แสดงปฏิกริยาการตอบสนองต่อโรคใหม่ในระดับอ่อนแอก ยกเว้น ข้าวพันธุ์กะหรี่ยงขาว (U44) และดอกพวง GS.10062 (S76) ที่มีปฏิกริยาการตอบสนองในระดับต้านทาน

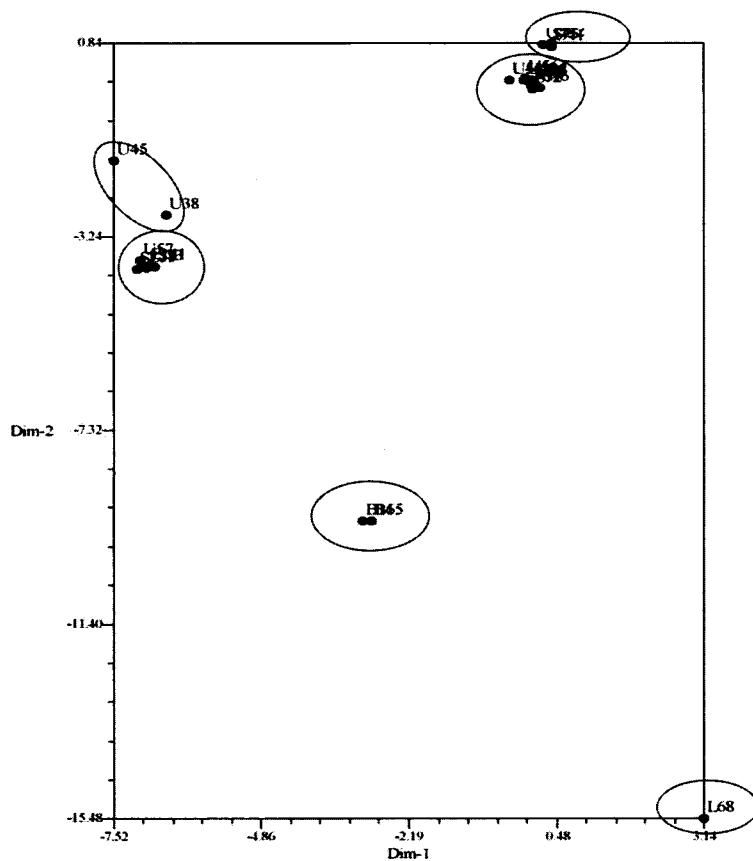
กลุ่มที่ 6 (Cluster VI) ประกอบด้วยข้าวพื้นเมืองจำนวน 2 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์อเพื่อน (U38), และป่องแอ้อ้ว 2 Gs.3894 (L68) มีปฏิกริยาการตอบสนองต่อโรคในระดับต้านทานและอ่อนแอก โดยข้าวพันธุ์ พันธุ์อเพื่อน (U38) แสดงปฏิกริยาการตอบสนองในระดับต้านทาน (R) และ ป่องแอ้อ้ว 2 Gs.3894 (L68) แสดงปฏิกริยาการตอบสนองในระดับอ่อนแอก (S)



ภาพที่ 42 การจัดตั้งหม่างพื้นผิวกรรรม UPGMA ของข้าพื้นเมืองและซ้ำพันธุ์ตรวจสอบ รวมจำนวน 28 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายตัวอักษรของเย็นต้านทานโรคใหม่ (10 ปีน) จำนวน 14 เครื่องหมาย

การวิเคราะห์ (Principal Coordinate Analysis : PCO)

การจัดกลุ่มทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองและข้าวพันธุ์ตรวจสอบ จำนวน 28 พันธุ์ โดยการวิเคราะห์ Principal Coordinate (PCO) พบว่า ให้ผลสอดคล้องกับการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมแบบ UPGMA (ภาพที่ 43) โดยค่าวิเคราะห์ปัจจัยหลัก 3 ปัจจัยสามารถอธิบายความผันแปรทั้งหมดของการประเมินความใกล้ชิดทางพันธุกรรมได้ 49.94 เปอร์เซ็นต์



ภาพที่ 43 แสดง Principal coordinate analysis (PCO) ในพันธุ์ข้าวพื้นเมือง 26 พันธุ์ และข้าวพันธุ์ตรวจสอบ 2 พันธุ์ รวมจำนวน 28 พันธุ์ โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอของยืนต้านทานโรคใหม่ (10 ยืน) จำนวน 14 เครื่องหมาย

จากการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่พบว่ามีข้าวพื้นเมืองบางพันธุ์มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนของ Dice ใกล้ชิดกันมาก แต่มีความสามารถในการต้านทานโรคใหม่แตกต่างกัน เช่น ข้าวพันธุ์กะหรี่ยงขาว (U44: *Pid2*, *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi2*, *Pi-d3*, *Pigm(t)*) และ พันธุ์เหลืองลีซอ (U55 *Pid2*, *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi-d3*, *Pigm(t)*) มีความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ใกล้ชิดกันที่ระดับ 0.93 แต่การตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ของข้าวพันธุ์เหลืองลีซอ อยู่ในระดับอ่อนแอ แต่ข้าวพันธุ์กะหรี่ยงขาว อยู่ในระดับต้านทาน หากพิจารณาที่ยืนต้านทานโรคใหม่จะพบว่าข้าวพันธุ์กะหรี่ยงขาวมียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi2* เพิ่มขึ้นมา เมื่อวิเคราะห์ multiple regression ของยืน *Pid2*, *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi-d3*, *Pigm(t)* และ *Pid2*, *Pi36*, *Pi1(t)*, *Pi2*, *Pi-d3*, *Pigm(t)* พบว่ามีค่า R^2 เท่ากับ 4.58% และ 19.51% ตามลำดับ แสดงว่า yืน *Pi2* มีอิทธิพลช่วยส่งเสริมให้ความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ข้าวพันธุ์กะหรี่ยงขาวเพิ่มขึ้น ข้าวพันธุ์อ่อนเพื่อน (U38: *Pib*, *Pi1(t)*, *Pi 2*, *Pi-d3*, *Pi54*, *Pigm(t)*), และป้องแข็ง 2 Gs.3894 (L68: *Pi-d2*, *Pi36*, *Pib*, *Pi2*, *Pigm(t)*) มีความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ที่ระดับต้านทาน (R) แต่ข้าวพันธุ์ป้องแข็ง 2 Gs.3894 (L68) มีการตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในระดับต้านทาน (R) แต่ข้าวพันธุ์ป้องแข็ง 2 Gs.3894 (L68) มีการตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในระดับอ่อนแอ (S) เมื่อพิจารณาที่ยืนต้านทานโรคใหม่ของข้าวพันธุ์อ่อนเพื่อน (U38), และป้องแข็ง 2 Gs.3894 (L68) พบว่าข้าวพันธุ์อ่อนเพื่อนที่ต้านทานโรคใหม่ในระดับ R มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)*, *Pi-d3* และ *Pi54* ที่แตกต่างจากข้าวพันธุ์ป้องแข็ง 2 Gs.3894 ซึ่งจากการวิเคราะห์ multiples regression ของยืน *Pi-d2*, *Pi36*, *Pib*, *Pi2*, *Pigm(t)* และ *Pib*, *Pi1(t)*, *Pi 2*, *Pi-d3*, *Pi54*, *Pigm(t)* พบว่ามีอิทธิพลต่อความสามารถในการต้านทานโรคใหม่เป็น 0.00 และ 27.01 ตามลำดับ ซึ่งจะเห็นได้ว่ายืน *Pi1(t)*, *Pi-d3* และ *Pi54* มีอิทธิพลต่อความสามารถต้านทานโรคใหม่สูงขึ้นจาก 0.00 เปอร์เซ็นต์ เป็น 27.01 เปอร์เซ็นต์

จากการจัดกลุ่มทางพันธุกรรม แบบ Principal Coordinated Analysis (PCO) (ภาพที่ 41) พบว่า ข้าวพันธุ์อ่อนเพื่อน (U38) และพันธุ์เหลืองหอม (U45) จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน แต่ข้าวทั้งสองพันธุ์มีความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ที่ระดับ 0.58 แต่มีการตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่อยู่ในระดับต้านทาน (R) เมื่อกัน เมื่อเปรียบเทียบยืนต้านทานโรคใหม่ที่พบในข้าวทั้งสองพันธุ์ จะพบว่า ข้าวพันธุ์อ่อนเพื่อน (U38) และพันธุ์เหลืองหอม (U45) มียืนต้านทานโรคใหม่ *Pib*, *Pi1(t)*, *Pi54*, และ *Pigm* เมื่อกัน เมื่อทำการวิเคราะห์ multiple regression ของยืน *Pib*, *Pi1(t)*, *Pi54*, และ *Pigm* พบร้อย *Pib*, *Pi1(t)*, *Pi54*, และ *Pigm* มีอิทธิพลต่อการต้านทานโรคใหม่ 3.71 เปอร์เซ็นต์ แต่หากพิจารณา yืนเพียงตัวเดียวจะพบว่า yืน *Pi54* มีอิทธิพลต่อความสามารถต้านทานมากที่สุด โดย yืน *Pi54* มีอิทธิพลต่อการต้านทานโรคใหม่สูงถึง 13.10 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งอาจเป็นไปได้ว่าลักษณะต้านทานที่เกิดขึ้น เป็นอิทธิพลมาจากการ yืน คือ *Pi54*,

นอกจากนี้ยังพบอีกว่า ข้าวแดง TRI 8409149 (U56: *Pi9*, *Pi36*, *Pi2*, *Pi-d3*) กับ ข้าวมันหมู (U57: *Pi9*, *Pi36*, *Pi2*, *Pi-d3*) มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยืนต้านทานโรคใหม่เหมือนกัน 100 เปอร์เซ็นต์ แต่ข้าวแดง TRI 8409149 (U56) มีความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ในระดับปานกลาง (MR) และ ข้าวมันหมู (U57) มีความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ในระดับต้านทาน (R) โดย ข้าวทั้งสองพันธุ์มียืนต้านทานโรคใหม่เหมือนกันคือ *Pi9*, *Pi36*, *Pi2* และ *Pi-d3* เมื่อนำมาวิเคราะห์ ความสัมพันธ์ของยืนต้านทานโรคใหม่ดังกล่าวต่อลักษณะต้านทานโรคใหม่ (multiple regression analysis) พบว่ายืนต้านทานโรคใหม่ทั้ง 4 ตำแหน่ง มีอิทธิพลต่อความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ 18.40 เปอร์เซ็นต์ ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากข้าวพื้นเมืองเหล่านี้มีพื้นฐานพันธุกรรม (genetic background) ที่ต่างกัน ซึ่งอาจมียืนต้านทานโรคใหม่ชนิดอื่นที่แตกต่างกัน จึงทำให้ระดับความสามารถต้านทานของข้าวเหล่านี้แตกต่างกันด้วย โดยในปัจจุบันมีการค้นพบยืนต้านทานโรคใหม่แล้วไม่ต่ำกว่า 70 ยืน (Koide et al., 2009) แต่การวิจัยในครั้งนี้ได้ทำการศึกษาเพียง 10 ยืน ซึ่งอาจไม่ครอบคลุมยืนต้านทานโรคใหม่ทั้งหมด หากต้องการทราบปัจจัยที่มีผลต่อความสามารถต้านทานที่ต่างกันดังกล่าว ควรมีการทำการศึกษาเพิ่มเติม เนื่องจากลักษณะความต้านทานที่พบในข้าวทั้งสองพันธุ์นี้เป็นอิทธิพลมาจากยืนต้านทานที่ทำการศึกษาในครั้งนี้เพียง 18.40 เปอร์เซ็นต์ แต่ที่เหลืออีก 81.60 เปอร์เซ็นต์เป็นอิทธิพลมาจากปัจจัยอื่นซึ่งต้องทำการศึกษาต่อไป

จากข้อมูลในข้างต้นแสดงให้เห็นว่ายืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* และ *Pi54* (*Pi-k^h*) มีอิทธิพลต่อความสามารถในการต้านทานโรคใหม่ในระดับสูง และลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่พบส่วนใหญ่เกิดจากอิทธิพลของยืนต้านทานโรคใหม่เพียงไม่กี่ยืน ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากการตอบสนองของยืนกับเชื้อสาเหตุโรคใหม่ที่ใช้ทำการทดสอบ ตามทฤษฎี gene for gene ของ Flor (1972) และสอดคล้องกับงานทดลองของ พูนศักดิ์ และคณะ (2550) ซึ่งรายงานว่า ยืนต้านทานโรคใหม่ที่มีศักยภาพแสดงความสามารถต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ที่พบในประเทศไทยทั่วประเทศได้ดีที่สุด คือยืน *Pi1(t)* และ *Pi-k^h* และยืนต้านทานโรคใหม่ที่ดี คือ ยืน *Pi9*, *Pi5* และ *Pi-ta²*

ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ในประเทศไทยนั้น ควรมีการรวมยืนต้านทานโรคใหม่มulty ยืน เพื่อให้ข้าวมีความสามารถในการต้านทานต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ได้เพิ่มขึ้น อันจะส่งผลให้ข้าวมีความสามารถในการต้านทานโรคใหม่อย่างยั่งยืน ซึ่ง *Pi9* และ *Pi54* เป็นยืนต้านทานโรคใหม่ที่น่าสนใจ เนื่องจากสามารถต้านทานโรคใหม่แบบกว้าง (broad spectrum blast resistance) ปัจจุบันยังไม่มีรายงานการใช้ยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* และ *Pi54* ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวของไทยให้ต้านทานโรคใหม่ ตลอดจนยังไม่มีรายงานเกี่ยวกับการค้นพบยืนดังกล่าวในข้าวจากประเทศไทย จากข้อมูลเบื้องต้น จึงควรมีการศึกษาวิจัยเกี่ยวกับยืนต้านทานโรคใหม่ *Pi9* และ *Pi54* ต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในประเทศไทยเพิ่มเติม เพื่อจะได้นำมาใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ต้านทานโรคใหม่ได้อย่างยั่งยืน

สรุป

จากการตรวจจันจีโนมข้าวพื้นเมืองเพื่อค้นหาภัยต้านทานโรคใหม่ จำนวน 10 ยีน ได้แก่ *Pigm(t)*, *Pi1(t)*, *Pi2*, *Pi9*, *Pi36*, *Pi54 (Pi-kh)*, *Pi-d2*, *Pi-d3*, *Pi-ta* และ *Pib* โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอที่พัฒนา ตรงตำแหน่งยีน (gene specific markers) [ได้แก่ pB8-Pi9, NBS2-Pi9 (*Pi9*), *Pi54indel* (*Pi54*) , *Pi-d2*, *Pi-d3Cap1*, *Pi-d3Cap2* (*Pi-d3*), *Pi-ta* และ *Pibdom* (*Pib*)] และเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ใกล้ชิดกับ ยีนต้านทานโรคใหม่ [ได้แก่ *Pi54SSR* (*Pi54*), *Pigm(t)C5483*, *Pigm(t)S2974* [*Pigm(t)*] , *RM1233* (*Pi1(t)*), *SSR140* (*Pi2*) และ *R36STS* (*Pi36*)] ในข้าวพื้นเมือง รวม 201 พันธุ์ ประกอบด้วย พันธุ์ข้าว พื้นเมืองภาคเหนือ จำนวน 19 พันธุ์, พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาคใต้ จำนวน 38 พันธุ์, พันธุ์ข้าวพื้นเมืองภาค ตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 144 พันธุ์ แบ่งเป็น ข้าวนานาพื้นเมือง และข้าวขึ้นน้ำพื้นเมือง จำนวน 99 และ 45 พันธุ์ตามลำดับ พบรการกระจายตัวของยีนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองภาคต่างๆ โดยยีน ต้านทานโรคใหม่ *Pigm(t)* มากที่สุด คือ 198 พันธุ์ คิดเป็นร้อยละ 98.51 ของข้าวพื้นเมืองทั้งหมด (201พันธุ์) รองลงมา ได้แก่ ยีนต้านทานโรคใหม่ *Pid3*, *Pi-d2*, *Pi2(t)*, *Pi36*, *Pib*, *Pi9*, *Pi-ta*, *Pi1(t)*, และ *Pi54* จำนวน 155, 137, 131, 120, 75, 57, 57, 36, และ 10 พันธุ์ ตามลำดับ คิดเป็นร้อยละ 77.11, 68.16, 65.17, 59.70, 37.31, 28.36, 28.36, 17.91 และ 4.98 ของข้าวพื้นเมืองที่ทำการศึกษาทั้งหมด ตามลำดับ

ยีนต้านทานโรคใหม่ที่พบมากในข้าวพื้นเมืองแต่ละภาคมีดังนี้ ข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือมียีน ต้านทานโรคใหม่ *Pi1(t)*, *Pi36*, *Pi9*, และ *Pi54* มากที่สุดคิดเป็นร้อยละ 94.74, 84.21, 52.63, และ 52.63 ของข้าวไร่พื้นเมืองภาคเหนือที่ทำการศึกษา ตามลำดับ ยีนต้านทานโรคใหม่ที่พบมากในข้าว พื้นเมืองภาคอีสาน คือ ยีน *Pigm(t)*, *Pi2*, และ *Pib*, คิดเป็นร้อยละ 100.00, 84.72 และ 42.36 ของข้าว พื้นเมืองภาคอีสานที่ทำการศึกษาตามลำดับ และในข้าวพื้นเมืองภาคใต้พบยีนต้านทานโรคใหม่ *Pid3* และ *Pigm(t)* ในทุกพันธุ์ที่ทำการตรวจสอบ และพบยีนต้านทานโรคใหม่ *Pi-d2* และ *Pita* รองลงมา คิดเป็น ร้อยละ 97.37 และ 50.00 ของข้าวพื้นเมืองภาคใต้ที่ทำการศึกษา ตามลำดับ

ผลจากการตรวจสอบยีนต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองไทย พบร่วมกับข้าวพื้นเมืองพันธุ์อีปง (Gs.3372) (ข้าวนานาพื้นเมืองภาคอีสาน) มียีนต้านทานโรคใหม่มากที่สุด จำนวน 9 ยีน ได้แก่ *Pi1(t)*, *Pi2*, *Pi9*, *Pi36*, *Pi-d2*, *Pi-d3*, *Pi-ta*, *Pib* และ *Pigm(t)* รองลงมาคือ พันธุ์หอมมะลิ (Gs.18419; L97) (8 ยีน) และ พันธุ์หัวยแล้ง (U50) พันธุ์ขีดมข้าว 222-42-5 (Gs.598; L30) พันธุ์พานทอง (Gs.3375; L55) พันธุ์ข้าวหอม (Gs.4829; L81) และ พันธุ์กะทิ (Gs.5565; L89) ซึ่งมียีนต้านทานโรคใหม่ จำนวน 7 ยีน ตามลำดับ

อย่างไรก็ตาม จากการตรวจสอบจีโนมข้าวพื้นเมืองครั้งนี้ ไม่พบยีนต้านทานโรคใหม่ Pi9 และ ยีน Pi54 ในข้าวพื้นเมืองภาคใต้ ส่วนในข้าวไรพื้นเมืองภาคเหนือนั้นที่นำมาตรวจสอบนั้นไม่พบยีน Pita และ ในข้าวพื้นเมืองภาคอีสานที่นำมาตรวจสอบนั้นไม่พบยีน Pi54

จากการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของเชื้อสาเหตุโรคใหม่ 8 ไอโซเลท ในข้าวที่มียีนต้านทานโรคใหม่ Pi9 พบว่าเชื้อ *M. griseae* จำนวน 8 isolate ไม่สามารถเข้าทำลายข้าวนิปอนบารีที่มียีน Pi9 และ ข้าวนิปอนบารีได้

จากการศึกษาปฏิกริยาการตอบสนองของข้าวพื้นเมืองที่มีการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายดีอี็นเอว่า มียีนต้านทานโรคใหม่จำนวน 28 พันธุ์ ต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่รวม จำนวน 10 ไอโซเลท พบว่าข้าวพื้นเมือง ส่วนใหญ่มีปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อสาเหตุโรคใหม่ในระดับปานกลาง (MR) จนถึงต้านทาน (R) คิด เป็นร้อยละ 66.67 ของข้าวที่ทดสอบทั้งหมด และข้าวพื้นเมืองภาคเหนือแสดงความต้านทานต่อเชื้อ *M. griseae* รวม 10 isolate ที่ทดสอบดีที่สุด เมื่อนำมาวิเคราะห์เกรสรชัน พบว่า ลักษณะต้านทานโรคใหม่ที่ เกิดขึ้นเป็นผลมาจากการทำงานเสริมกันของยีนต้านทานโรคใหม่หลายยีน โดยยีน Pi9 และ Pi54 มี อิทธิพลต่อลักษณะการต้านทานโรคใหม่มากที่สุด

เมื่อนำข้อมูลมาจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีนต้านทานโรคใหม่โดยอาศัยค่า สัมประสิทธิ์ความเหมือนทางพันธุกรรมของ Dice พบว่าสามารถจัดกลุ่มพันธุกรรมได้ 6 กลุ่ม โดยพันธุ์ข้าว แดง TRI 8409149 (U56) และ พันธุ์ข้าวมันหมู (U57) จากภาคใต้มีค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือนทาง พันธุกรรมของยีนต้านทานโรคใหม่เท่ากับ 1.00 (100 เปอร์เซ็นต์) โดยมียีนต้านทานโรคใหม่ Pi9, Pi36, Pi2 และ Pi-d3 เหมือนกัน และกลุ่มพันธุ์ข้าวที่ต้านทานโรคใหม่ส่วนใหญ่มียีน Pi9 และ Pi54 ซึ่งยีน Pi9 และ Pi54 สามารถต้านทานเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ได้ 20.33 % และ 20.86 % ตามลำดับ

จากการวิจัยในครั้งนี้แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพของการใช้เครื่องหมายดีอี็นในการสืบค้นยีน ต้านทานโรคใหม่ในข้าวพื้นเมืองไทย ซึ่งผลจากการศึกษาแสดงให้เห็นถึงคุณค่าของข้าวพื้นเมือง ซึ่งเป็น แหล่งพันธุกรรมที่สำคัญของยีนต้านทานโรคใหม่ ดังนั้นจึงควรมีการเก็บรักษา และอนุรักษ์ข้าวพื้นเมือง เหล่านี้เอาไว้เพื่อไม่ให้สูญหายไปจากประเทศไทย เพื่อใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมสำหรับปรับปรุงพันธุ์ข้าวให้ ต้านทานโรคใหม่ได้อย่างยั่งยืน และแม้จะสูญหายไปจากประเทศไทย และเพื่อให้ข้อมูลที่ได้จากการศึกษา ในครั้งนี้สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการเลือกสายพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่จะใช้เป็นคู่ผสมในการปรับปรุงพันธุ์ ข้าวไทยให้เหมาะสมกับสภาพท้องถิ่นต่อไป

ภาคผนวก



ตารางผนวกที่ 1 แสดงพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีศูนย์ต้นทางโรคใหม่ จำนวน 29 พันธุ์ และปฏิกริยาการตอบสนองต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ที่ศึกษา จำนวน 10 ไอโซเลท

พันธุ์	ยืน	ระดับความต้านทาน	
		รุนแรง	ต้านทาน
งอเพื่อน	<i>Pib, Pi1(t), Pi2, Pi-d3, Pi54, Pigm(t)</i>	0	R
ปือก่อ	<i>Pi9, Pi36, Pi2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		
เหนียวแสงนูเວอ	<i>Pi9, Pi36, Pi1(t), Pi-d3, Pigm(t)</i>		
กะเหรี้ยงขาว	<i>Pid2, Pi36, Pi1(t), Pi2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		
เหลืองหอม	<i>Pi9, Pi36, Pi1(t), Pi54, Pigm(t)</i>		
งอเซระ	<i>Pid2, Pi36, Pi1(t), Pi-d3, Pi54, Pigm(t)</i>		
แม่ห้าง (Gs.3374)	<i>Pid2, Pita, Pib, Pi2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		
อีปีด (Gs.3376)	<i>Pi9, Pi2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		
ข้าวมันหมู	<i>Pi9, Pi36, Pi2, Pi-d3</i>	1	
พานทอง (Gs.3375)	<i>Pid2, Pi36, Pita, Pib, Pi2, Pigm(t)</i>		
ปือเกษตร	<i>Pi9, Pi36, Pi1(t), Pi54, Pigm(t)</i>	2	
หัวยแล้ง	<i>Pi9, Pi-d2, Pi36, Pi1(t), Pi-d3, Pigm(t)</i>		
ข้าวอกแฝ	<i>Pid2, Pi36, Pi1(t), Pi-d3, Pi54, Pigm(t)</i>		
ดอกพวง (GS.10062)	<i>Pid2, Pi36, Pi1(t), Pi-d3, Pigm(t)</i>		
ปือ ชูแม่ฟาง	<i>Pi36, Pi1(t), Pi54</i>	3	MR
ข้าวแดง(TRI 8409149)	<i>Pi9, Pi36, Pi2, Pi-d3</i>		
จะนอไหหน	<i>Pi36, Pib, Pi1(t), Pi54</i>	4	
ลายชาบ	<i>Pi36, Pib, Pi1(t), Pi54, Pigm(t)</i>		
เหลืองลีซอ	<i>Pid2, Pi36, Pi1(t), Pi-d3, Pigm(t)</i>		
ขั้ยนาท 1	<i>Pi9, Pita, Pib, Pi1(t), Pi2</i>		
หอมทุ่ง (Gs.20990)	<i>Pi36, Pi2, Pi-d3, Pigm(t)</i>	5	S
ป้องแอ้อ 2 Gs.3894)	<i>Pi-d2, Pi36, Pib, Pi2, Pigm(t)</i>		
หนานหนัก (GS.no 10284)	<i>Pid2, Pita, Pigm(t)</i>		
เหนียววนาราช (GS. 9982)	<i>Pid2, Pi36, Pi1(t), Pi2, Pigm(t)</i>		
แมะແຍງ (GS. 10060)	<i>Pid2, Pi-d3, Pigm(t)</i>		
ขีนดิน(GS.no 4290)	<i>Pid2, Pita, Pi-d3, Pigm(t)</i>		
IR64	<i>Pita, Pib, Pi1(t), Pigm(t)</i>		
นางมา (GS. 7414)	<i>Pid2, Pita, Pib, Pi-d3, Pigm(t)</i>	6	
ข้าวอ กมะลิ 105			

ตารางผนวกที่ 2 แสดงจำนวนข้าวพื้นเมืองต้านทานโรคใหม่ในแต่ละภาคของประเทศไทยตามระดับความต้านทานต่อเชื้อราสาเหตุโรคใหม่ จำนวน 10 ไอโซเลท

ประเภทข้าว	จำนวนพันธุ์แยกตามระดับความต้านทาน			รวม (พันธุ์)
	R	MR	S	
ข้าวพื้นเมืองภาคเหนือ	10	5	0	15
ข้าวพื้นเมืองภาคใต้	1	0	5	6
ข้าวพื้นเมืองภาคอีสาน	3	0	2	5
พันธุ์ตรวจสอบต้านทานโรคใหม่ (ชัยนาท และ IR64)		1	1	2
พันธุ์ตรวจสอบป้องกันโรคใหม่ (พันธุ์ข้าวดอกมะลิ 105)			1	1
รวม	14	6	9	29

ตารางผนวกที่ 3 แสดงงําสัมประสิทธิ์ของการตัดสินใจ (Coefficient of determination) หรือ R^2 ค่า P value ค่า Correlation coefficient และ สีการ ที่ต่างๆ ในการวิเคราะห์โดยพหุคุณ (multiple regression analysis) ของปัจจัยทาง生物ที่มีความส่วนร่วมในการต้านทานโรคในเข้าพื้นเมือง

Marker	R^2 (%)	R^2 adjusted (%)	P-value	Correlation Coefficient	Equation
NBS2Pi9	20.3307	*	0.450896	resistant = 1.53216 +0.415205*NBS2Pi9	
pB8Pi9	8.4507	ns	0.290701	resistant = 1.75 +0.25*pB8Pi9	
Pi1(t)	3.11818	ns	0.176584	resistant = 1.86325 +0.196581*Pi1(t)	
Pi2	3.39876	ns	0.184357	resistant = 1.90769 +0.158974*Pi2	
Pi36	9.00297	ns	0.30005	resistant = 1.48947 +0.310526*Pi36	
Pi54indel	13.1034	ns	0.361987	resistant = 1.66667 +0.3333333*Pi54indel	
Pi54SSR	20.8621	*	0.45675	resistant = 1.32143 +0.392857*Pi54SSR	
Pi6	2.94011	ns	-0.171467	resistant = 2.47368 -0.157895*Pi6	
Pid2	2.17157	ns	-0.147363	resistant = 2.46429 -0.130952*Pid2	
Pid3Cap1	2.48276	ns	0.157568	resistant = 1.85 +0.15*Pid3_Cap1	
Pid3Cap2	3.0094	ns	-0.173476	resistant = 2.68182 -0.181818*Pid3_Cap2	
Pigm(t) C5483	0.369004	ns	0.0607457	resistant = 1.9 +0.1*Pigm(t) C5	
Pigm(t) S2974	0.11232	ns	0.0335142	resistant = 2.16364 +0.0363636*Pigm(t) S2	
Pi-ta	11.2644	ns	-0.335624	resistant = 2.71429 -0.333333*Pi-ta	
NBS2Pi9, Pi1(t)	25.4235	19.4574	*	resistant = 1.04459 +0.437367*NBS2Pi9 +0.252654*Pi1(t)	
NBS2Pi9, Pi36	29.4285	22.7075	*	resistant = 0.987903 +0.407258*NBS2Pi9 +0.241935*Pi36	
NBS2Pi9, Pi54indel	32.8716	27.5013	**	resistant = 1.00575 +0.409483*NBS2Pi9 +0.326149*Pi54indel	
NBS2Pi9, Pid3C1	23.9705	17.8881	*	resistant = 1.06893 +0.427984*NBS2_Pi9 +0.182099*Pid3_Cap1	
NBS2Pi9, Pid3C2	21.0559	14.7403	*	resistant = 1.79264 +0.399225*NBS2_Pi9 -0.0910853*Pid3_Cap2	
NBS2Pi9, Pi-ta	26.1899	20.2851	*	resistant = 1.98478 +0.364754*NBS2Pi9 -0.246487*Pi-ta	

Marker	R ² (%)	R ² adjusted (%)	P-value	Correlation Coefficient	Equation
<i>Pi2, Pi54indel</i>	23.5936	17.4811	*		resistant = 0.92155 + 0.439036*Pi54indel + 0.296314*Pi2
<i>Pi54indel, Pid3C1</i>	24.3995	18.3515	*		resistant = 0.584975 + 0.350985*Pid3_Cap1 + 0.472906*Pi54_indel
<i>NBS2Pi9, Pi1(t), Pi54indel</i>	32.9111	24.5249	*		resistant = 0.974208 + 0.412137*NBS2Pi9 + 0.027577*Pi1(t) + 0.312718*Pi54indel
<i>NBS2Pi9, Pi1(t), Pi2</i>	27.9165	18.9061	*		resistant = 0.684928 + 0.39802*NBS2Pi9 + 0.324846*Pi1(t) + 0.153164*Pi2
<i>NBS2Pi9, Pi1(t), Pi36</i>	38.5215	29.2997	*		resistant = 0.644999 + 0.49794*NBS2Pi9 + 0.418402*Pi1(t) + 0.0394827*Pi36
<i>NBS2Pi9, Pi1(t), Pid2</i>	35.0276	24.7687	*		resistant = 0.175352 + 0.564502*NBS2Pi9 + 0.548484*Pi1(t) + 0.116617*Pid2
<i>NBS2Pi9, Pi1(t), Pid3C1</i>	37.5145	29.7039	**		resistant = - 0.353595 + 0.381764*Pid3_Cap1 + 0.483568*NBS2_Pi9 + 0.473931*Pi1(t)
<i>NBS2Pi9, Pi1(t), Pi-ta</i>	29.5452	20.7383	*		resistant = 1.51573 + 0.390432*NBS2Pi9 + 0.208848*Pi1(t) - 0.210538*Pi-ta
<i>NBS2Pi9, Pi2, Pi54indel</i>	36.8185	28.9208	**		resistant = 0.619973 + 0.351397*NBS2Pi9 + 0.190695*Pi2 + 0.395194*Pi54indel
<i>NBS2Pi9, Pi36, Pi54indel</i>	32.6424	22.5388	*		resistant = 0.890727 + 0.405529*NBS2Pi9 + 0.170004*Pi36 + 0.171528*Pi54indel
<i>NBS2Pi9, Pi36, Pid3C1</i>	32.0707	21.8813	*		resistant = 0.447835 + 0.400591*NBS2_Pi9 + 0.295276*Pi36 + 0.165354*Pid3_Cap1
<i>NBS2Pi9, Pi36, Pigm(t) S2</i>	34.0657	23.6551	*		resistant = 0.291667 + 0.383191*NBS2Pi9 + 0.325499*Pi36 + 0.215456*Pigm(t) S2
<i>NBS2Pi9, Pi54indel, Pib</i>	33.0474	24.6783	*		resistant = 1.09167 + 0.396875*NBS2Pi9 + 0.327083*Pi54indel - 0.040625*Pib
<i>NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1</i>	46.4815	39.7917	**		resistant = - 0.224047 + 0.433901*NBS2_Pi9 + 0.479319*Pi54_indel + 0.386253*Pid3_Cap1
<i>NBS2Pi9, Pi54indel, Pigm(t) S2</i>	33.8741	25.249	*		resistant = 0.469622 + 0.434319*NBS2Pi9 + 0.316913*Pi54indel + 0.204433*Pigm(t) S2
<i>NBS2Pi9, Pi54indel, Pi-ta</i>	34.0462	25.802	*		resistant = 1.29828 + 0.385567*NBS2Pi9 + 0.091753*Piib - 0.289894*Pi-ta
<i>NBS2Pi9, Pigm(t) S2, Pi-ta</i>	26.9057	17.7689	*		resistant = 1.86702 + 0.384309*NBS2Pi9 + 0.091753*Piib - 0.289894*Pi-ta
<i>Pi1(t), Pi2, Pid3C1</i>	29.5984	20.4155	*		resistant = 1.61832 + 0.364973*NBS2Pi9 + 0.176471*Pigm(t) S2 - 0.284091*Pi-ta
<i>Pi2, Pi54indel, Pid2</i>	32.8314	22.2258	*		resistant = 0.442933 + 0.613892*Pi2 + 0.459854*Pid2 + 0.666556*Pid3_Cap1
<i>Pi2, Pi54indel, Pib</i>	28.6725	19.7565	*		resistant = 1.18664 + 0.325438*Pi2 + 0.453103*Pi54indel - 0.209616*Pib
<i>Pi2, Pi54indel, Pid3C1</i>	35.5181	27.4578	*		resistant = - 0.21255 + 0.305179*Pi2 + 0.585567*Pi54_indel + 0.360757*Pid3_Cap1
<i>Pi2, Pi54indel, Pigm(t) S2</i>	27.996	18.6041	*		resistant = 0.476665 + 0.363529*Pi2 + 0.434583*Pi54indel + 0.141321*Pigm(t) S2
<i>Pi54indel, Pid2, Pid3C1</i>	33.4846	22.9822	*		resistant = 2.95521 + 0.516453*Pi54indel - 0.3320841*Pid2 - 0.659049*Pid3C1

Marker	R ²	R ² adjusted (%)	P-value	Correlation Coefficient	Equation
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t)	48.8878	39.9987	**		resistant = - 0.674098 + 0.459702*NBS2_Pi9 + 0.391038*Pi54_indel + 0.445246*Pid3_Cap1 + 0.229279*Pi1(t)
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi2	50.5273	41.9234	**		resistant = - 0.61912 + 0.37518*NBS2_Pi9 + 0.549784*Pi54_indel + 0.387662*Pid3_Cap1 + 0.193074*Pi2
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi36	42.9732	30.9675	*		resistant = - 0.52763 + 0.387363*NBS2_Pi9 + 0.383987*Pi54_indel + 0.39741*Pid3_Cap1 + 0.209105*Pi36
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi6	46.9714	37.749	**		resistant = -0.446144 + 0.457354*NBS2_Pi9 + 0.486657*Pi54_indel + 0.408871*Pid3_Cap1 + 0.0709628*Pi6
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pigm(t) S2	46.622	36.9169	**		resistant = - 0.314761 + 0.425904*NBS2_Pi9 + 0.457148*Pi54_indel + 0.379571*Pid3_Cap1 + 0.0716773*Pigm(t)_S2974
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi-ta	46.5624	37.2689	**		resistant = - 0.124134 + 0.427047*NBS2_Pi9 + 0.464835*Pi54_indel + 0.379583*pid3_Cap1 - 0.0324404*Pi-ta
NBS2Pi9, Pi54indel, Pi1(t), Pi2	37.2551	26.3429	*		resistant = 0.48273 + 0.35602*NBS2Pi9 + 0.354599*Pi54indel + 0.094192*Pi1(t) + 0.205286*Pi2
NBS2Pi9, Pi54indel, Pi1(t), Pi36	39.127	26.3116	*		resistant = 0.606075 + 0.526607*NBS2Pi9 - 0.114905*Pi54indel + 0.545326*Pi1(t) + 0.0262538*Pi36
NBS2Pi9, Pi54indel, Pi1(t), Pi6	33.0976	21.4624	*		resistant = 1.05877 + 0.399472*NBS2Pi9 + 0.311932*Pi54indel + 0.0311688*Pi1(t) - 0.0419237*Pi6
NBS2Pi9, Pi54indel, Pi1(t), Pigm(t) S2	33.9039	21.8864	*		resistant = 0.432111 + 0.43758*NBS2Pi9 + 0.305904*Pi54indel + 0.0236486*Pi1(t) + 0.207288*Pigm(t) S2
NBS2Pi9, Pi54indel, Pi1(t), Pi-ta	34.1203	22.6629	*		resistant = 1.25991 + 0.388809*NBS2Pi9 + 0.26293*Pi54indel + 0.0378892*Pi1(t) - 0.122663*Pi-ta
NBS2Pi9, Pi54indel, Pi-ta, Pi2	37.4773	26.6038	*		resistant = 0.86372 + 0.336688*NBS2Pi9 + 0.357877*Pi54indel - 0.0912418*Pi-ta +

Marker	R ² (%)	R ² adjusted (%)	P-value	Correlation Coefficient	Equation
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi-ta</i> , <i>Pib</i>	34.0672	22.6007	*	0.179593*Pi2	resistant = 1.28667 + 0.38875*NBS2Pi9 + 0.278333*Pi54indel - 0.13*Pi-ta + 0.01625*Pi b
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi-ta</i> , <i>Pigm(t) S2</i>	36.0852	24.4643	*	0.198803*Pigm(t) S2	resistant = 0.901321 + 0.39678*NBS2Pi9 + 0.253097*Pi54indel - 0.163295*Pi-ta + 0.322561*Pid2
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi2</i> , <i>Pib</i>	37.7489	26.9226	*	0.322561*Pid2	resistant = 0.77452 + 0.313848*NBS2Pi9 + 0.40637*Pi54indel + 0.21542*Pi2 - 0.096724*Pi b
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi2</i> , <i>Pid2</i>	42.197	29.3518	*	0.322561*Pid2	resistant = - 0.943293 + 0.446951*NBS2Pi9 + 0.619512*Pi54indel + 0.379878*Pi2 + 0.235075*Pigm(t) S2
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi2</i> , <i>Pigm(t) S2</i>	41.2697	30.5915	*	0.235075*Pigm(t) S2	resistant = - 0.114687 + 0.354737*NBS2Pi9 + 0.405006*Pi54indel + 0.259173*Pi2 + 0.213195*Pigm(t) S2
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pib</i> , <i>Pigm(t) S2</i>	34.0218	22.0258	*	0.213195*Pigm(t) S2	resistant = 0.368243 + 0.446777*NBS2Pi9 + 0.315297*Pi54indel + 0.0378423*Pi b + 0.319471*P11(t) + 0.243069*Pi2
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi03C1</i> , <i>Pi1(t)</i> , <i>Pi2</i>	54.9278	44.6842	**	0.319471*P11(t) + 0.243069*Pi2	resistant = - 1.34851 + 0.395925*NBS2_Pi9 + 0.445022*Pi54_indel + 0.470227*Pid3_Cap1 + 0.356475*Pi1(t) + 0.10843*Pi36
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi03C1</i> , <i>Pi1(t)</i> , <i>Pi36</i>	45.4402	30.2847	*	0.356475*Pi1(t) + 0.10843*Pi36	resistant = - 0.470437 + 0.469626*NBS2_Pi9 + 0.160309*Pi54_indel + 0.329249*Pid3_Cap1 + 0.193449*Pi1(t) + 0.0788067*Pigm(t)_S2974
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi03C1</i> , <i>Pi1(t)</i> , <i>Pigm(t) S2</i>	48.4427	36.1424	*	0.193449*Pi1(t) + 0.0788067*Pigm(t)_S2974	resistant = - 0.717434 + 0.451559*NBS2_Pi9 + 0.384226*Pi54_indel + 0.42594*Pid3_Cap1 + 0.234483*Pi1(t) + 0.0782963*Pi b
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi03C1</i> , <i>Pi1(t)</i> , <i>Pib</i>	49.4829	38.0017	**	0.234483*Pi1(t) + 0.0782963*Pi b	resistant = - 0.929361 + 0.486164*NBS2_Pi9 + 0.397131*Pi54_indel + 0.471541*Pid3_Cap1 + 0.487342*Pi1(t) - 0.170886*Pid2
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi03C1</i> , <i>Pi1(t)</i> , <i>Pid2</i>	43.7838	27.2496	ns	0.487342*Pi1(t) - 0.170886*Pid2	resistant = - 1.39003 + 0.398054*NBS2_Pi9 + 0.450674*Pi54_indel + 0.496835*Pid3_Cap1 + 0.3220181*Pi1(t) + 0.0119779*Pi-ta + 0.2444652*Pi2
NBS2Pi9, Pi54indel, <i>Pi03C1</i> , <i>Pi1(t),Pi-ta</i> , <i>Pi2</i>	54.9386	42.0639	**	0.3220181*Pi1(t) + 0.0119779*Pi-ta + 0.2444652*Pi2	resistant = - 1.39003 + 0.398054*NBS2_Pi9 + 0.450674*Pi54_indel + 0.496835*Pid3_Cap1 + 0.3220181*Pi1(t) + 0.0119779*Pi-ta + 0.2444652*Pi2

Marker	R ²	R ² adjusted (%)	P-value	Correlation Coefficient	Equation
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, P36	48.1822	29.8936	*		resistant = -1.56072 + 0.588439*NBS2_Pi9 + 0.0538962*Pi54_indel + 0.274154*Pid3_Cap1 + 0.557146*Pi1(t) + 0.321847*Pi-ta + 0.266552*P36
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, Pigm(t) S2	48.9135	33.5876	*		resistant = - 0.467626 + 0.433265*NBS2_Pi9 + 0.349088*Pi54_indel + 0.408958*Pid3_Cap1 + 0.18934*Pi1(t) - 0.0787521*Pi-ta + 0.0815348*Pigm(t) _S2974
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, Pib	50	35.7143	**		resistant = - 0.768018 + 0.479561*NBS2_Pi9 + 0.359036*Pi54_indel + 0.465244*Pid3_Cap1 + 0.236112*Pi1(t) - 0.0929201*Pi-ta + 0.117162*Pib
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, Pid2	46.0259	25.7856	ns		resistant = - 0.920653 + 0.445965*NBS2_Pi9 + 0.0975024*Pi54_indel + 0.518492*Pid3_Cap1 + 0.705572*Pi1(t) + 0.223727*Pi-ta - 0.251681*Pid2
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, P36	47.1468	22.4819	ns		resistant = -1.29405 + 0.433624*NBS2_Pi9 + 0.233072*Pi54_indel + 0.348182*Pid3_Cap1 + 0.183537*Pi1(t) + 0.120462*Pi-ta + 0.313163*P36 + 0.133152*Pigm(t) _S2974
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, P36, P12	54.3384	34.3614	*		resistant = -2.64771 + 0.601877*NBS2_Pi9 + 0.0934221*Pi54_indel + 0.287469*Pid3_Cap1 + 0.846675*Pi1(t) + 0.424302*Pi-ta + 0.177575*P12 + 0.289898*P12
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, P12, Pigm(t) S2	57.8827	42.3659	**		resistant = -1.444895 + 0.364719*NBS2_Pi9 + 0.428206*Pi54_indel + 0.437488*Pid3_Cap1 + 0.288944*Pi1(t) - 0.040691*Pi-ta + 0.294409*P12 + 0.119697*Pigm(t) _S2974
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, P12, Pib	54.9452	39.1761	**		resistant = -1.3952 + 0.401117*NBS2_Pi9 + 0.448066*Pi54_indel + 0.474704*Pid3_Cap1 + 0.319529*Pi1(t) + 0.00600919*Pi-ta + 0.241238*P12 + 0.0101644*Pib
NBS2Pi9, Pi54indel, Pid3C1, Pi1(t),Pi-ta, Pib, Pigm(t) S2	54.0639	37.14	*		resistant = - 0.843677 + 0.483649*NBS2_Pi9 + 0.288052*Pi54_indel + 0.457141*Pid3_Cap1 + 0.181907*Pi1(t) - 0.258235*Pi-ta + 0.284721*Pib + 0.123517*Pigm(t) _S2974



ตามรายงานว่าที่ 4 เสนอต่อสำนักประดิษฐ์คึกคัก ไม่เหมือนหมายพัฒนธุรกิจรวม (genetic similarity) ของช่วงเพิ่มน้ำอ่อง จำนวน 26 พันรุ่น และช่วงเพิ่มน้ำอ่องครอบคลุมในครึ่งหนึ่ง (B15; พัฒน์ชัยนาท ผล B16: [B64] โตรตี้ที่มีเครื่องหมายติดคันชาติอยู่ในตัวมากที่สุด ประมาณ 10 ปีๆ จำนวน 14 ตัวร่วมหมาย

	U38	U41	U42	U43	U44	U45	U46	U48	U50	U51	U52	U55	U56	U57	U60	E141	L54	L55	L56	S71	S72	S73	S75	S76	S77	B15	B16	
U41	1.00																											
U42	0.61	1.00																										
U43	0.67	0.67	1.00																									
U44	0.58	0.74	0.79	1.00																								
U45	0.77	0.81	0.71	0.79	1.00																							
U46	0.58	0.56	0.92	0.85	0.57	1.00																						
U48	0.62	0.30	0.64	0.57	0.47	0.79	1.00																					
U49	0.72	0.31	0.67	0.59	0.48	0.74	0.76	1.00																				
U50	0.69	0.67	0.71	0.79	0.73	0.71	0.47	0.62	1.00																			
U51	0.48	0.31	0.67	0.59	0.48	0.81	0.90	0.71	0.48	1.00																		
U52	0.72	0.62	0.67	0.74	0.83	0.67	0.55	0.64	0.83	0.64	1.00																	
U55	0.69	0.74	0.64	0.86	0.93	0.64	0.53	0.55	0.80	0.55	0.90	1.00																
U56	0.64	0.85	0.67	0.74	0.76	0.59	0.48	0.36	0.62	0.50	0.57	0.69	1.00															
U57	0.64	0.83	0.64	0.72	0.74	0.56	0.44	0.38	0.67	0.46	0.54	0.67	1.00															
U60	0.64	0.69	0.59	0.67	0.76	0.59	0.48	0.57	0.76	0.57	0.93	0.83	0.50	0.46	1.00													
E141	0.64	0.83	0.64	0.56	0.74	0.56	0.44	0.54	0.52	0.46	0.54	0.67	0.69	0.69	0.62	1.00												
L54	0.64	0.67	0.32	0.40	0.67	0.16	0.22	0.31	0.44	0.08	0.46	0.59	0.46	0.46	0.54	0.62	1.00											
L55	0.64	0.75	0.40	0.48	0.74	0.24	0.30	0.38	0.52	0.15	0.54	0.67	0.54	0.54	0.62	0.69	0.92	1.00										
L56	0.64	0.59	0.67	0.69	0.52	0.28	0.29	0.55	0.29	0.50	0.62	0.79	0.77	0.77	0.77	0.69	0.62	1.00										
L68	0.78	0.67	0.48	0.56	0.81	0.32	0.44	0.54	0.67	0.31	0.62	0.74	0.69	0.75	0.54	0.67	0.75	0.83	0.54	1.00								
S71	0.48	0.62	0.30	0.52	0.62	0.30	0.21	0.36	0.62	0.21	0.57	0.69	0.43	0.46	0.64	0.62	0.85	0.77	0.64	0.62	1.00							
S72	0.56	0.22	0.44	0.44	0.55	0.22	0.28	0.43	0.55	0.14	0.50	0.62	0.36	0.38	0.57	0.54	0.92	0.85	0.57	0.69	0.93	1.00						
S73	0.56	0.75	0.40	0.64	0.74	0.40	0.30	0.46	0.74	0.31	0.69	0.81	0.54	0.58	0.77	0.75	0.75	0.69	0.75	0.92	0.85	0.88	1.00					
S76	0.62	0.74	0.50	0.71	0.80	0.50	0.40	0.55	0.80	0.41	0.76	0.87	0.55	0.59	0.83	0.74	0.67	0.74	0.62	0.74	0.83	0.76	0.93	0.96	1.00			
S77	0.48	0.67	0.32	0.56	0.67	0.32	0.22	0.31	0.59	0.23	0.62	0.74	0.46	0.46	0.69	0.62	0.85	0.77	0.69	0.58	1.00	0.92	0.74	0.81	1.00			
B15	0.48	0.55	0.52	0.43	0.52	0.38	0.43	0.36	0.35	0.36	0.36	0.43	0.64	0.60	0.36	0.50	0.60	0.55	0.50	0.36	0.45	0.48	0.27	0.35	0.40	1.00		
B16	0.57	0.45	0.43	0.52	0.61	0.48	0.52	0.64	0.43	0.45	0.64	0.70	0.36	0.30	0.64	0.60	0.70	0.70	0.45	0.50	0.64	0.73	0.57	0.55	0.61	0.70	0.73	

การนำเสนอผลงานทางวิชาการ

การนำเสนอผลงานวิจัย

ผลงานตีพิมพ์เผยแพร่

- Jantasuriyarat, C and S. Katengam. 2009. Rice blast disease and current status of rice blast disease resistance genes research in rice. Khon Kaen Agriculture Journal. 37: 69-78.
- Khanthong, S; C. Jantasuriyarat and S. Katengam. 2010. Blast disease and rice breeding for blast disease resistance through marker-assisted selection. Thai Journal of genetics. 3 (2) : 106-119.
- Srikeaw, E; C. Jantasuriyarat and S. Katengam. 2010. Screening landrace Thai rice in North and Northeast regions of Thailand for rice blast resistance gene, *Pi-d2*, with DNA marker. Khon Kaen University Research Journal 5 (2): 123-131
- Phaitreejit, K., E. Srikaew, C. Jantasuriyarat, T. Sriwongchai, and S. Katengam. 2011. Screening Thai landrace rice for blast resistance gene Pi9, Pi36, Pigm(t) using DNA markers. Thai Journal of Genetics. 4(1): 52-62.

Posters and Proceedings

- Khanthong, S; C. Jantasuriyarat and S. Katengam. 2010. The use of DNA marker to investigate rice blast resistant gene, *Pita*, in wild and local Thai rice in Northeast of Thailand. In Proceeding of the 4th Ubon Ratchathani University Research Conference. 9-10 August 2010, Laithong Hotel, Ubon Ratchathani. 132-140.
- Jantasuriyarat, C., S. Kate-ngam. 2010. Identification of rice blast disease resistance gene, *Pi-d2*, in local Thai rice cultivars. In 3rd International rice congress. 8-12 November 2010, Hanoi Vietnam. pp.3816.
- Khanthong, S; C. Jantasuriyarat and S. Katengam. 2010. Searching for the presence of a broad spectrum blast resistance gene *Pib* in local Thai rice using DNA marker. In: The 1st National rice research conference “Moving rice research towards innovation”. 15-17 December 2010, Kasetsart University, Bangkok.

