

| | | |
|--------------------------|--|---------------|
| ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ | ความหลากหลายทางชีวภาพและความสามารถในการทำให้เกิดโรคของเชื้อราโรคใบไหม้ของข้าว ในจังหวัดเชียงใหม่ | |
| ชื่อผู้เขียน | นางสาววาสนา พุ่มสถิตย์ | |
| วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต | สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ | |
| คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ | รศ. ดร. ประสาทพร สมิตะมาน | ประธานกรรมการ |
| | อ. ดร. ชวนพิศ บุญชิตศิริกุล | กรรมการ |
| | ดร. ปัทมา ศิริธัญญา | กรรมการ |

บทคัดย่อ

ความหลากหลายทางชีวภาพของตัวอย่างเชื้อรา *Pyricularia grisea* สาเหตุโรคใบไหม้ของข้าว ที่เก็บรวบรวมจาก 7 อำเภอในจังหวัดเชียงใหม่ระหว่างปี พ.ศ. 2540-2541 เมื่อนำมาวิเคราะห์ด้วย *Pot2* rep-PCR พบว่าตัวอย่างเชื้อราจำนวน 344 ตัวอย่างที่แยกได้จากข้าว 5 พันธุ์ ข้าวบาร์เลย์ 1 พันธุ์ ข้าวไร่ 2 พันธุ์ ข้าวพันธุ์พื้นเมือง 1 พันธุ์รวม 218 ตัวอย่าง และวัชพืช 6 ชนิดรวม 126 ตัวอย่าง สามารถจัดแบ่งกลุ่มได้ 156 กลุ่มที่ระดับความเหมือน 90% แต่ละกลุ่มประกอบด้วยตัวอย่างเชื้อราที่ได้จากจุดสำรวจหลายๆ อำเภอที่แตกต่างกัน โดยกลุ่มเชื้อรา 4 กลุ่มใหญ่ (กลุ่มที่ 85 87 89 และ 104) เป็นกลุ่มที่ประกอบด้วยตัวอย่างเชื้อราจำนวนมากคิดเป็น 26.77% ของตัวอย่างเชื้อราทั้งหมด และกลุ่มเชื้อราอีก 41 กลุ่มประกอบด้วยตัวอย่างเชื้อราเฉพาะกลุ่มเชื้อราที่แยกได้จากข้าวหรือวัชพืชเพียงชนิดเดียว ส่วนกลุ่มเชื้อราที่เหลือจะประกอบด้วยตัวอย่างเชื้อราเพียง 1 หรือ 2 ตัวอย่างเท่านั้น การใช้ *Pot2* rep-PCR ทำให้เกิดแถบปฏิกริยากับตัวอย่างเชื้อราที่แยกได้จากข้าวได้มากกว่าตัวอย่างเชื้อราที่แยกได้จากวัชพืช จากการทดลองอาจสรุปได้ว่าตัวอย่างเชื้อราโรคใบไหม้บางกลุ่มมีพัฒนาการร่วมกัน ในส่วนของการทดสอบความรุนแรงของตัวอย่างเชื้อราจำนวน 118 ตัวอย่างด้วยวิธีการหยด crude extract toxin (CET)

บนาบข้าวหุดข้าวทศอบ international differential series host ที่เบบ japonica lines (JL) จำนวน 24 สายพันธุ์ และ indica lines (IL) จำนวน 10 สายพันธุ์ ที่ประกอบด้วยยีนด้านทานโรคใบไหม้ของข้าว จำนวน 21 ยีน พบว่าตัวอย่างเชื้อรา 11 ตัวอย่างมีความรุนแรงต่อยีนด้านทาน *Pi a Pi l Pi k-s Pi 3 Pi 5(t)* และ *Pi ta-2* หุดข้าวทศอบแต่ละสายพันธุ์แสดงระดับความต้านทานที่แตกต่างกัน จากการทดลองไม่พบความสัมพันธ์ระหว่างการจัดกลุ่มและความรุนแรงของเชื้อ แต่ทำให้ทราบว่าการรุนแรงของ เชื้อรามีการกระจายอย่างอิสระภายในกลุ่มประชากรของเชื้อรา การศึกษานี้อาจมีประโยชน์ในการ คัดเลือกแหล่งของเชื้อราในการคัดพันธุ์ข้าวด้านทาน โรคใบไหม้เพื่อปรับปรุงพันธุ์ข้าว

| | | |
|----------------------------|---|-----------------|
| Thesis Title | Biodiversity and Pathogenicity of Rice Blast Pathogen in Chiang Mai Valley | |
| Author | Miss Wasana Phumsathit | |
| M.S. | Biotechnology | |
| Examining Committee | Assoc. Prof. Dr. Prasartporn Smitamana | Chairman |
| | Lect. Dr. Chuanpit Boonchitsirikul | Member |
| | Dr. Pattama Sirithunya | Member |

Abstract

Genetic diversity of rice blast fungus, *Pyricularia grisea* collected from 7 sites in Chiang Mai valley during 1997-1998 was analyzed by using *Pot2* rep-PCR. DNA fingerprinting of 344 blast isolates from 5 rices cultivars, 1 barley cultivar, 2 upland rice cultivars, 1 indigenous rice cultivar (218 isolates) and 6 weed hosts (126 isolates) revealed 156 lineages at 90% similarity. Most lineages had distinct population. Four lineages (85, 87, 89 and 104) were predominant group representing 26.77% of blast isolates. Another forty-one lineages were associated with a specific subset of each rice cultivar and weeds, and others containing one or few blast sample for each. *Pot2* rep-PCR showed high number of hybridizing bands for rice-infected isolates and low number of hybridizing bands for non-rice-infected isolates. The result presented that some blast isolates have common development origins. Pathogenicity of 118 blast isolates were tested on international differential series host by using crude extract toxins (CET). International lines consist of 24 japonica lines (JL) and 10 indica lines (IL), and 21 resistance genes. Eleven blast isolates were virulent on rice-carrying

Pi a, Pi 1, Pi k-s, Pi 3, Pi 5(t) and Pi ta-2 resistance genes. Individual cultivars showed different spectra of resistance. Although there was no obvious relationship between lineage and virulence type, the distribution of virulence was random between population of rice blast isolates. This study may be particularly useful for selecting germplasm sources for more durable blast-resistance breeding.

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Chiang Mai University