

บุบผา ใจเที่ยง : การถ่ายทอดลักษณะความต้านทานโรคราแป้งในถั่วเขียวและการพัฒนา  
ดีเอ็นเอเครื่องหมายสำหรับการคัดเลือก (INHERITANCE OF POWDERY MILDEW  
RESISTANCE IN MUNGBEAN AND DEVELOPMENT OF MOLECULAR  
MARKERS FOR MARKER-ASSISTED SELECTION)

อาจารย์ที่ปรึกษา: ศ. ดร. ไพศาล เหล่าสุวรรณ, 72 หน้า ISBN 974 – 533 – 081 - 7

โรคราแป้งเป็นโรคที่มีความสำคัญของถั่วเขียว ซึ่งระบาดในฤดูที่มีอากาศเย็น และความชื้น  
ต่ำ ทำให้ผลผลิตเสียหาย จึงได้ทำการศึกษาลักษณะการถ่ายทอดของโรคเพื่อเป็นข้อมูลในการปรับ  
ปรุงพันธุ์ถั่วเขียวให้ต้านทานต่อโรคราแป้งรวมถึงการพัฒนาดีเอ็นเอเครื่องหมายมาช่วยในการคัด  
เลือกพันธุ์ ในการศึกษาลักษณะการถ่ายทอดของโรคราแป้งนี้ ได้ทำการศึกษาจากประชากรหกชนิด  
ที่ได้จากการผสมระหว่างพันธุ์ต้านทานกับพันธุ์อ่อนแอต่อโรคราแป้ง ได้แก่ สายพันธุ์อ่อนแอ (P<sub>1</sub>)  
พันธุ์ต้านทาน (P<sub>2</sub>) ลูกผสมชั่วที่หนึ่ง (F<sub>1</sub>) ลูกผสมชั่วที่สอง (F<sub>2</sub>) ลูกผสมชั่วที่หนึ่งผสมกลับกับพันธุ์  
อ่อนแอ (BC<sub>1</sub>) และ ลูกผสมชั่วที่หนึ่งผสมกลับกับพันธุ์ต้านทาน (BC<sub>2</sub>) ทำการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของ  
ประชากรเหล่านี้ จากการศึกษาพบว่าการแสดงออกของยีนทั้งแบบบวกและแบบข่ม ซึ่งมีผลต่อ  
ลักษณะการต้านทานโรคในระดับเดียวกัน และไม่พบลักษณะการข่มข้ามคู่ของยีน และจากการ  
วิเคราะห์ลักษณะการต้านทานโรคราแป้งควบคุมด้วยยีนเด่นหนึ่งคู่

การปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีผสมกลับเป็นการย้ายยีนที่สนใจจากพันธุ์ให้ไปสู่พันธุ์รับ ในการศึกษา  
ครั้งนี้ได้ทำการปรับปรุงพันธุ์ชันนาท 36 ซึ่งเป็นพันธุ์อ่อนแอให้ต้านทานต่อโรคราแป้ง โดยทำ  
การผสมกับพันธุ์ต้านทานสองพันธุ์ คือ พันธุ์ มทส4 และ VC1210A และทำการผสมกลับกับพันธุ์  
ชันนาท 36 สามครั้ง เมล็ด BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub> ที่ได้ถูกนำมาปลูกและคัดลักษณะที่ต้องการ สายพันธุ์ที่ได้รับการ  
คัดเลือกห้าสายพันธุ์ ประกอบด้วยสายพันธุ์ 105 111 132 140 และ 142 ซึ่งได้ยีนต้านทานโรคจาก  
พันธุ์ มทส4. จะนำไปใช้ในการศึกษาต่อไป

ได้นำดีเอ็นเอจากประชากรชั่วที่สอง (F<sub>2</sub>) ที่เกิดจากการผสมระหว่างสายพันธุ์ต้านทาน  
(VC1210A) และ สายพันธุ์ที่อ่อนแอ(TC1966) มาทำการไฮบริโดเซชัน โดยใช้ดีเอ็นเอติดตาม จาก  
ห้องสมุดดีเอ็นเอ ของถั่วเขียว 42 ตัว ถั่วเหลือง 29 ตัว และ common bean 27 ตัว นอกจากนี้ยังมี ดี  
เอ็นเอติดตามที่ได้จากวิธี amplified fragment length polymorphism: AFLP (Mac; Mungbean AFLP  
clone) 4 ตัว จากการศึกษาวิเคราะห์ความแปรปรวน และ การทำแผนที่ยีน พบว่า QTL ที่ตรวจพบโดย ดี  
เอ็นเอติดตาม Mac 71a และ Mac114 ให้ค่า LOD ที่ ระดับ 20.22 อยู่บน linkage group กลุ่มใหม่  
และ สามารถอธิบายความแปรปรวนของลักษณะการเกิดโรคราแป้งของประชากรนี้ได้ถึง 64.9 % ยีน  
ต้านทานแสดงออกในลักษณะข่มบางส่วน และพบว่า ดีเอ็นเอติดตามที่พัฒนาจากการศึกษาครั้งนี้มี  
ศักยภาพในการนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเขียวเพื่อให้ต้านทานต่อโรคราแป้ง

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช

ปีการศึกษา 2545

ลายมือชื่อนักศึกษา.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....

**BUBPA CHAITIENG : INHERITANCE OF POWDERY MILDEW RESISTANCE  
IN MUNGBEAN AND DEVELOPMENT OF MOLECULAR MARKERS FOR  
MARKER-ASSISTED SELECTION**

**THESIS ADVISOR : PROF. PAISAN LAOSUWAN, Ph.D. 72 PP. ISBN 974-533-081-7**

Powdery mildew (*Erysiphe polygoni* DC.) is a serious disease of mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]. It is one of the major constraints of mungbean production. This experiment was conducted to study the inheritance of the disease, to improve mungbean varieties for resistance and to use RFLP to facilitate the selection for resistance. The inheritance of powdery mildew resistance was studied in four crosses between resistant and susceptible lines and varieties of mungbean. Six generations including P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, BC<sub>1</sub> and BC<sub>2</sub>, of each cross were subjected to generation mean analysis. Significant additive and dominant gene effects of similar magnitude were observed indicating that these two gene effects are responsible for the inheritance of the character. Interaction of genes was not found in all four crosses. Powdery mildew resistant reaction of all four crosses was found to control by single dominant gene.

Backcross breeding method is a plant breeding procedure used to transfer favorable genes from donor to recurrent parents. This study was conducted to improve susceptible cultivar, CN36, for resistant to powdery mildew. The susceptible recurrent parent, CN36, was crossed with two resistant cultivar/line, SUT4 and VC1210A, and backcrossed three times to obtained BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub>. The BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub> seeds were planted and selected to produce BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> and BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub>. Five lines of no. 105, 111, 132, 140 and 142 were selected from BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub> population of SUT4 donor parent for further study.

DNA from 96 F<sub>2</sub> progenies from a cross between resistant line, VC1210A, and susceptible line, TC1966, were used to hybridized with 42, 29, 27 probes from libraries of mungbean, soybean and common bean and four new probes (Mac; Mungbean AFLP clone), respectively. Analysis of variance and interval mapping were used to identify QTLs associated with powdery mildew resistance. A major resistant QTL was detected at markers Mac71a and Mac114 which had a LOD score of 20.22. The new RFLP loci detected by two cloned probes from the AFLP bands associated with resistance constitute a new linkage group. A major resistance QTL was found on a new linkage group that accounted for 64.9% of the total variation for plant reaction to the disease. The resistant parent allele enhances powdery mildew resistance with partially dominant effect. One of probes developed in this study has the potential to assist in breeding for powdery mildew resistance in mungbean.

School of Crop Production Technology

Student.....

Academic Year

Advisor.....