

เทียนซิง เจิน : ความหลากหลายของยีนต้านทาน โรคราสนิมลายของข้าวสาลีในภาค ตะวันตกเฉียงใต้ของประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีนและการค้นหาคำแหน่งควบคุมความ ต้านทานใหม่ด้วยวิธีทำแผนที่ความสัมพันธ์ (DIVERSITY OF STRIPE RUST RESISTANCE GENES IN SOUTHWESTERN CHINA WHEAT AND DISCOVERY OF NEW RESISTANCE LOCI BY ASSOCIATION MAPPING) อาจารย์ที่ปรึกษา : ศาสตราจารย์ ดร.ปิยะดา อภิวัฒน์ ต้นตอสวัสดิ์, 170 หน้า.

งานนี้ทำการทดสอบความต้านทาน โรคราสนิมลายในข้าวสาลีสายพันธุ์ดีที่รวบรวมไว้ จำนวน 140 accessions ซึ่งเหมาะสมสำหรับทำแผนที่ความสัมพันธ์ (association mapping; AM) ใน ระยะต้นกล้าและในสภาพไร่ (ระยะต้น โตเต็มวัย) เพื่อประเมินความต้านทานโรคราสนิมลายของ ข้าวสาลีในภาคตะวันตกเฉียงใต้ของประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน และค้นหายีนต้านทานใหม่ สำหรับปรับปรุงพันธุ์ข้าวสาลี และทำการศึกษารูปแบบดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมาย DArT-seq จำนวน 30,485 เครื่องหมาย และเครื่องหมายโมเลกุลสำหรับตรวจสอบยีนต้านทานโรคราสนิมลาย (*Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr18*, *Yr26* และ *Yr29*) จำนวน 7 เครื่องหมาย วิเคราะห์ความหลากหลายทาง พันธุกรรมของข้าวสาลี 140 accessions โดยใช้ข้อมูลจีโนมไทป์จากเครื่องหมาย DArT-seq ด้วยวิธี principal coordinate analysis (PCoA) และ cluster analysis นอกจากนี้ ศึกษา linkage disequilibrium (LD) ของแต่ละโครโมโซม และทำแผนที่ความสัมพันธ์โดยใช้โมเดลที่พิจารณาโครงสร้าง ประชากรต่างกัน 2 โมเดลคือ single factor analysis (SFA) model และ Q model ผลการทดลอง แสดงว่าระดับความต้านทานโรคราสนิมลายในพันธุ์จากกุ้ยโจวสูงกว่าพันธุ์จากซีฉวนและพันธุ์จาก แหล่งอื่นทั้งที่ระยะต้นกล้าและต้นโตเต็มวัย พันธุ์ส่วนใหญ่มียีนต้านทาน *Yr26* และส่วนน้อยมียีน *Yr29*, *Yr10*, *Yr18* และ *Yr15* ยีน *Yr26* มีสหสัมพันธ์เชิงบวกกับความต้านทานที่กุ้ยโจว แต่ไม่มี สหสัมพันธ์ที่ซีฉวน (เมียนมา) โดยพบข้าวสาลีจำนวน 29 พันธุ์ที่มียีนต้านทานโรคราสนิมลาย มากกว่า 1 ยีน การวิเคราะห์ PCoA ในระดับทั้งจีโนมและระดับโครโมโซม 6 AS ทำให้แบ่งข้าวสาลี ออกได้เป็น 2 กลุ่ม กลุ่ม I ประกอบด้วย สายพันธุ์ non-T6VS/6AL จากแหล่งต่าง ๆ ในขณะที่กลุ่ม II ประกอบด้วย สายพันธุ์ T6VS/6AL ซึ่งส่วนใหญ่มียีน *Yr26* และ *Pm21* ผลจากเดนโดแกรม (dendrogram) แสดงการแบ่งกลุ่มประชากรข้าวสาลีในภาคตะวันตกเฉียงใต้ของประเทศสาธารณรัฐ ประชาชนจีนที่ไม่ชัดเจน แต่พบมีการจัดกลุ่มของ accessions ตามประวัติพันธุ์หรือแหล่งที่มา ส่วน LD analysis พบ LD ส่วนใหญ่บนโครโมโซม 6A และ 1B นอกจากนี้ AM พบเครื่องหมายที่ สัมพันธ์กับความต้านทานโรคราสนิมลายด้วย SFA model จำนวนมากกว่า Q model โดยสรุปผล การทดลองเหล่านี้บ่งชี้ว่า พบยีนต้านทาน *Yr26* มากที่สุดในข้าวสาลีในภาคตะวันตกเฉียงใต้ ของประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน แต่ยีนนี้เริ่มสูญเสียความต้านทานในซีฉวน และยีนต้านทาน

โรคราสนิมลายจากการศึกษานี้มีความหลากหลายต่ำ อย่างไรก็ตามข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมและความต้านทานโรคของข้าวสาลีในภาคตะวันออกเฉียงใต้ของประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีนที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้จะสามารถช่วยในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์สำหรับการผสมพันธุ์ข้าวสาลีในอนาคต



TIANQING CHEN : DIVERSITY OF STRIPE RUST RESISTANCE GENES
IN SOUTHWESTERN CHINA WHEAT AND DISCOVERY OF NEW
RESISTANCE LOCI BY ASSOCIATION MAPPING. THESIS ADVISOR :
PROF. PIYADA ALISHA TANTASAWAT, Ph.D., 170 PP.

COMMON WHEAT/STRIPE RUST/MOLECULAR DETECTION/
GENETIC DIVERSITY/ASSOCIATION MAPPING

To evaluate stripe rust resistance of Southwestern China wheat and discover new resistance genes for wheat breeding, a collection of 140 elite wheat accessions suitable for association mapping (AM) has been tested for stripe rust resistance at the seedling stage and under field conditions (adult plant stage). The collection was also profiled with 30,485 DArT-seq markers and 7 molecular markers for detection of stripe rust resistance genes (*Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr18*, *Yr26* and *Yr29*). Genetic diversity of 140 wheat accessions were also analyzed with genotype data from DArT-seq profiling by principal coordinate analysis (PCoA) and cluster analysis. Furthermore, linkage disequilibrium (LD) was studied for each chromosome. Finally, AM was conducted with two models based on population structure considerations, a single factor analysis (SFA) model and a Q model. The results showed that the stripe rust resistance levels of Guizhou cultivars were higher than those of Sichuan cultivars and other regional cultivars at both the seedling stage and the adult plant stage. Most cultivars carried the resistance gene *Yr26*, and fewer cultivars carried *Yr29*, *Yr10*, *Yr18* and *Yr15*. *Yr26* was positively correlated with the resistance of accessions evaluated in Guizhou but not in Sichuan (Mianyang). There were 29 cultivars that carried more than one stripe rust resistance gene. PCoA at

both the whole-genome level and the chromosome 6AS level identified two groups of wheat varieties. Group I was composed of non-T6VS/6AL lines of different origins, while Group II was composed of T6VS/6AL lines and most of these carried the *Yr26* and *Pm21* genes. A dendrogram revealed that the population stratification of Southwestern China wheat was not obvious, but accessions were clustered together based on their pedigree or origin. LD analysis showed that a large extent of LD was observed on 6A and 1B. Finally, AM detected more markers associated with stripe rust resistance using the SFA model than using the Q model. In conclusion, these results indicate that all stage resistance gene *Yr26* is prevalent in Southwestern China wheat, while it begins to lose its resistance in Sichuan. In addition, stripe rust resistance genes screened in this study are not diverse. However, the information on the genetic diversity and disease resistance of Southwestern China wheat obtained from this study will facilitate the selection of parents for future hybridization.

