บทที่ 1
บทนำ

ข้าวโพดเป็นพืชเศรษฐกิจสำคัญของประเทศไทย มีการปลูกมานานกว่า 40 ปี ความต้องการใช้ข้าวโพดเพื่ออุตสาหกรรมมีเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ ตั้งแต่ปี พ.ศ.2551 โดยมีพื้นที่ปลูกกระจายอยู่ทั่วทุกภูมิภาคประมาณ 5.9 ล้านไร่ (สำนักส่งเสริมการค้าสินค้าเกษตร , 2553) การบริโภคและอุตสาหกรรมข้าวโพดภายในประเทศได้ขยายตัวอย่างรวดเร็วในช่วง 5 ปีที่ผ่านมา และมีแนวโน้มที่จะขยายตัวเพิ่มขึ้นอีก (โชคชัย และเกตุอร , 2556) ในปีเพาะปลูก 2553/54 ปริมาณความต้องการข้าวโพดขยายขึ้นถึงปีละ 4.1 ล้านตัน ขณะที่ผลผลิตภายในประเทศเฉลี่ย 4. 2 ล้านตัน จากพื้นที่ปลูก 7.8 ล้านไร่ มีการนำเข้า 0.1 ล้านตัน และส่งออกเพียง 0.2 ล้านตัน จากข้อมูลสำนักเศรษฐกิจการเกษตร (2555) ในปัจจุบันปริมาณผลผลิตข้าวโพดลดลง สาเหตุอาจเนื่องมาจากสภาพเครียดต่างๆ และการเข้าทำลายของโรคศัตรูหลายชนิดทั้งที่เกิดจาเชื้อรา แบคทีเรีย ไวรัส และแมลง โรคข้าวโพดที่สำคัญ ส่งผลกระทบต่อการผลิต และเศรษฐกิจ คือ โรคใบไหม้แผลใหญ่ (Northern Corn Leaf Blight: NCLB) ที่เกิดจากเชื้อรา *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs ทำให้ผลผลิตลดลงถึงร้อยละ 30 - 40 ซึ่งขึ้นอยู่กับความรุนแรงของเชื้อและระยะการเจริญเติบโตของข้าวโพด การป้องกันกำจัดโรคใบไหม้แผลใหญ่ในข้าวโพดเลี้ยงสัตว์ที่มีประสิทธิภาพมากที่สุดคือการใช้พันธุ์ต้านทานต่อโรคสามารถลดความเสียหายจากการทำลายของโรค (เบญจพรรณ และคณะ , 2546) ดังนั้น การปรับปรุงพันธุ์ข้าวโพดเพื่อให้ได้ข้าวโพดพันธุ์ดีโดยการเพิ่มผลผลิต เพิ่มคุณภาพหรือเพิ่มความต้านทานโรคแมลงนั้น อาศัยวิธีการปรับปรุงพันธุ์ ผสมคัดเลือก และทดสอบพันธุ์ที่เหมาะสม ในการปรับปรุงพันธุ์ด้วยวิธีการดังกล่าวใช้ระยะเวลานาน และประสิทธิภาพไม่สูงนัก โดยเฉพาะกับลักษณะ ที่มียีนเกี่ยวข้องจำนวนมากหรือลักษณะทางปริมาณ ปัจจุบันเครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) หรือโมเลกุลเครื่องหมาย (molecular marker) ได้เข้ามามีบทบาทในงานด้านพันธุศาสตร์ และการปรับปรุงพันธุ์พืชอย่างมาก การใช้โมเลกุลเครื่องหมายช่วยในการบ่งชี้ความแตกต่างของสายพันธุ์พืช (varietal identification) ได้เข้ามาช่วยให้การจำแนกความแตกต่างของสายพันธุ์ มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น (สุรีพร , 2546) นอกจากนั้น โมเลกุลเครื่องหมายยังใช้ในการประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต (genetic diversity) (Mondini *et al*., 2009) การประยุกต์ใช้โมเลกุลเครื่องหมายในงานปรับปรุงพันธุ์ส่วนใหญ่มีจุดประสงค์เพื่อการคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีลักษณะดีตามที่ต้องการ ซึ่งเป็นวิธีการคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพมากกว่าการคัดเลือกจากฟีโนไทป์ เนื่องจากเป็นการคัดเลือกจากจีโนไทป์โดยตรง (สุรีพร, 2546) โมเลกุลเครื่องหมายสามารถตรวจสอบได้ในทุกระยะการเจริญเติบโตของสิ่งมีชีวิต จึงมีส่วนช่วย

สำนักหอสมุด มหาวิทยาลัยแม่โจ้ (watermark)

ประหยัดเวลา ลดแรงงาน ลดต้นทุน และพื้นที่ในการเพาะปลูกได้ ดังนั้น งานปรับปรุงพันธุ์พืชซึ่งถือเป็นหัวใจสำคัญในการสร้างพืชสายพันธุ์ใหม่ให้ได้ผลผลิตสูง ต้านทานต่อโรค และเป็นที่ต้องการของเกษตรกร จึงมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องใช้เครื่องมือที่มีความแม่นยำในการคัดเลือกและแยกความแตกต่างของลักษณะเหล่านั้นจึงทำให้โมเลกุลเครื่องหมายเข้ามามีบทบาทและเพิ่มความสำคัญมากขึ้น (สรพงศ์, 2554)

วัตถุประสงค์การวิจัย

1. คัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่เพื่อสร้างประชากรข้าวโพดสำหรับการจำแนก Quantitative Trait Locus (QTL) mapping

2. จำแนก Simple Sequence Repeats (SSR) Marker สำหรับการจำแนกพันธุกรรมประชากรข้าวโพด

3. จำแนกตำแหน่งยีนต้านทานโรคใบไหม้แผลใหญ่ในประชากรข้าวโพด

ขอบเขตการวิจัย

การวิจัยในครั้งนี้ได้ศึกษา การประเมินการทดสอบโรคใบไหม้แผลใหญ่ในข้าวโพด โดยคัดเลือกและประเมินความต้านทานโรคด้วยการทดสอบในโรงเรือนและในสภาพแปลง จากนั้นจำแนกพันธุกรรมข้าวโพดที่มีความต้านทานต่อโรคใบไหม้แผลใหญ่ โดยการใช้ SSR Marker และทำการ Quantitative Trait Locus (QTL) Mapping เพื่อศึกษาตำแหน่งยีนที่เข้าไปควบคุมลักษณะความต้านทานโรคใบไหม้แผลใหญ่ของข้าวโพด

คำสำคัญ

โมเลกุลเครื่องหมาย, ตำแหน่งยีนต้านทานโรคใบไหม้แผลใหญ่, เชื้อรา *Exserohilum turcicum*, ข้าวโพด

Molecular Marker, Resistance Genes for Northern Corn Leaf Blight, *Exserohilum turcicum*, Maize

สถาบันวิจัยเทคโนโลยีเกษตร