สถานภาพปัจจุบันของการพัฒนาพันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลในประเทศไทย

The Current Status of Marker-Assisted Breeding for Brown Planthopper Resistance in Thailand

จิรพงศ์ ใจรินทร์ [1)]

Jirapong Jairin[1)]

Abstract

Brown planthopper (BPH) is one of the most significant factors leading to substantial decrease in rice yield in irrigated areas of lower north, central and northeast regions. Continuous rice cultivation, inapprehensive and excessive use of insecticides are major causes of BPH outbreak in the rice fields. The concept of utilizing resistant genes has been considered as an outstanding approach to deal with the BPH problem. Recent advances in rice genomics research have enabled scientists to identify various BPH resistant genes and provided DNA markers for marker-assisted selection (MAS). Marker-assisted breeding for BPH resistance has been started in Thailand since 2000. Recently, several promising lines with similar grain quality standards with KDML105 and Chainat 1 have been developed. The improved lines can be directly developed into varieties, which will have an impact on the yield stability in BPH outbreak-risk areas and serve as immediate sources of BPH resistance to improve good grain quality in breeding programs. This review gives an overview on marker-assisted breeding in Thailand and reveals that the MAS is a powerful breeding tool to improve BPH resistance and shorten the period of varietal improvement in rice.

Keywords : brown planthopper, DNA markers, marker-assisted breeding, biotype, resistant variety

บทคัดย่อ

เพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลเป็นแมลงศัตรูข้าวที่สำคัญ ทำให้ผลผลิตข้าวในพื้นที่ปลูกนาชลประทานภาคเหนือตอนล่าง ภาคกลาง และภาคตะวันออกเฉียงเหนือเสียหายอย่างมาก การปลูกข้าวอย่างต่อเนื่องและการใช้สารฆ่าแมลงที่ไม่ถูกต้องและเกินความจำเป็น คือสาเหตุสำคัญที่ก่อให้เกิดการแพร่ระบาดของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในนาข้าว การใช้พันธุ์ต้านทานนับเป็นวิธีที่ดีสำหรับการแก้ไขปัญหานี้ ความก้าวหน้างานวิจัยด้านจีโนมข้าว นักวิจัยสามารถค้นพบยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลและเครื่องหมายโมเลกุล ที่สามารถนำมาใช้พัฒนาพันธุ์ข้าวจำนวนมาก ประเทศไทยเริ่มมีการศึกษาและพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อปรับปรุงพันธุ์ต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ประมาณ ปี 2543 จนพัฒนาได้สายพันธุ์ดีเด่นที่มีคุณภาพเมล็ดเหมือนขาวดอกมะลิ 105 และชัยนาท 1 สายพันธุ์ดังกล่าวสามารถพัฒนาเป็นพันธุ์ต้านทานเพื่อรักษาผลผลิตข้าวในพื้นที่เสี่ยง และสามารถใช้เป็นฐานพันธุกรรมความต้านทาน เพื่อพัฒนาพันธุ์ข้าวคุณภาพดีในโครงการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป บทความนี้ได้กล่าวถึงทัศนคติการปรับปรุงพันธุ์ข้าวต้านทานโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล และแสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายโมเลกุลเป็นเครื่องมือที่ดี สำหรับการพัฒนาพันธุ์ต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล และเป็นแนวทางการลดระยะเวลาการปรับปรุงพันธุ์ข้าวในอนาคต

คำสำคัญ : เพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล เครื่องหมายโมเลกุล การผนวกยีน ชีวชนิด พันธุ์ต้านทาน

1) ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี ตู้ปณ. 65 อ.เมือง จ.อุบลราชธานี 34000 โทรศัพท์ 0-4534-4103-4

Ubon Ratchathani Rice Research Center P.O. Box 65, Mueang, Ubon Ratchathani 34000 Tel. 0-4534-4103-4

Bureau of Rice Research and Development

คำนำ

เพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล (brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Stål)) เป็นแมลงศัตรูที่สำคัญของระบบการผลิตข้าวในประเทศไทย ในอดีตพบว่าทุกๆ ช่วง 10 ปี จะเกิดการระบาดทำลายข้าวอย่างรุนแรงในภาคกลาง ภาคเหนือตอนล่าง และบางจังหวัดในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดยเกิดการระบาดใหญ่ครั้งแรกเมื่อปี 2532 พื้นที่เสียหายเกือบสี่ล้านไร่ จากนั้นในปี 2541 เกิดการระบาดขั้นรุนแรงอีกครั้ง ทำให้พื้นที่ปลูกข้าวร่วมสามล้านไร่เสียหาย และเมื่อปี 2552 เกิดการระบาดครั้งใหญ่อีกครั้ง ทำให้พื้นที่ปลูกข้าวเกือบสองล้านไร่เสียหาย นอกจากการทำลายข้าวโดยตรงเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลยังเป็นพาหะนำเชื้อไวรัสที่ก่อให้เกิดโรคใบหงิกและโรคเขี้ยวเตี้ยซ้ำเติมเกษตรกรผู้ปลูกข้าวเกือบทุกครั้งที่เกิดการระบาด เป็นที่ยอมรับกันว่าการใช้พันธุ์ต้านทานสามารถลดความเสียหายของผลผลิตข้าวจากการเข้าทำลายของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ปลอดภัยต่อเกษตรกรและสภาพแวดล้อม อีกทั้งยังส่งเสริมให้ศัตรูธรรมชาติสามารถควบคุมปริมาณเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลไม่ให้เกินระดับเศรษฐกิจ (Senguttuvan and Gopalan, 1990) ด้วยเหตุนี้ การใช้พันธุ์ข้าวต้านทานจึงเป็นที่ยอมรับ เพื่อรักษาเสถียรภาพของผลผลิตข้าวในหลายประเทศที่ประสบปัญหาการระบาดทำลายข้าวของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล

สิ่งสำคัญของการพัฒนาสายพันธุ์ต้านทาน คือ การเลือกใช้แหล่งพันธุกรรมที่ดี สามารถต้านทานครอบคลุมความหลากหลายของประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่พบในสภาพธรรมชาติ และมีความคงทนของลักษณะความต้านทาน (durable resistance) จำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องศึกษาความหลากหลายของประชากรแมลงที่พบในประเทศไทย รวมถึงประชากรที่พบในประเทศข้างเคียง ซึ่งอาจมีการอพยพเคลื่อนย้ายในฤดูมรสุม ควบคู่ไปกับการค้นหาแหล่งพันธุกรรมต้านทานใหม่ๆ นอกจากนั้นความเข้าใจเรื่องการปรับตัวของเพลี้ยกระโดดต่อกลไกความต้านทานในพันธุ์ข้าว เป็นสิ่งสำคัญที่จะนำไปสู่การเลือกใช้ยีนต้านทาน และการจัดการการใช้ประโยชน์ยีนต้านทานที่มีอยู่อย่างจำกัดให้มีประสิทธิภาพสูงสุด

ปัจจุบันความก้าวหน้าของเทคโนโลยีชีวภาพ ได้มีส่วนช่วยค้นหายีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะที่สำคัญในข้าวมากกว่า 1,500 ยีน (http://www.gramene.org/) มียีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลมากกว่า 30 ยีน และมีการค้นพบ quantitative trait loci (QTLs) ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะความต้านทานกระจายทั่วทั้งจีโนมข้าว ซึ่งจะนำไปสู่การพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลที่แม่นยำในการตรวจจับยีนที่สนใจ และเปิดโอกาสให้นักวิจัยสามารถนำไปใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าว ไม่ว่าจะเป็นหน่วยงานของภาครัฐ เช่น กรมการข้าว หรือมหาวิทยาลัย หรือสถาบันวิจัยอื่นๆ รวมทั้งองค์กรภาคเอกชน

การศึกษาและค้นหาตำแหน่งยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล เพื่อนำมาใช้ในโครงการปรับปรุงพันธุ์ข้าวในประเทศไทย เริ่มขึ้นประมาณ ปี 2543 ซึ่งอยู่ในช่วงที่ประเทศไทยเริ่มเข้าร่วมโครงการความร่วมมือนานาชาติ Rice Genome Project (RGP) เพื่อถอดรหัสพันธุกรรมข้าว ในขณะนั้นมีการค้นพบตำแหน่งของ QTLs ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล และมีการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อใช้คัดเลือกสายพันธุ์ต้านทาน (Jairin *et al.*, 2005) หลังจากนั้นเริ่มมีการศึกษาและค้นหาตำแหน่งยีนต้านทานจากแหล่งพันธุกรรมต่างๆ และการพัฒนาสายพันธุ์ต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลแพร่หลายมากขึ้น หลายหน่วยงานทั้งภาครัฐและเอกชนเริ่มมองเห็นความจำเป็นของการพัฒนาพันธุ์ต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล หลังเกิดความสูญเสียนับพันล้านบาทจากการระบาดทำลายข้าวช่วงปี 2552-2553 คาดว่าในอนาคตจะมีพันธุ์ข้าวที่ได้จากการใช้เครื่องหมายโมเลกุลส่งเสริมให้เกษตรกรปลูกอย่างต่อเนื่อง

ในบทความนี้จะกล่าวถึงความหลากหลายของประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล พันธุกรรมความต้านทานของพันธุ์ข้าว ความก้าวหน้าของการศึกษาค้นหาตำแหน่งยีนต้านทาน การใช้ประโยชน์จากเครื่องหมายโมเลกุลพัฒนาสายพันธุ์ข้าวต้านทาน เพื่อลดระยะเวลาการปรับปรุงพันธุ์ข้าว และแนวทางการวิจัยเพื่อสนับสนุนการพัฒนาพันธุ์ข้าวให้ต้านทานครอบคลุมความหลากหลายของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อการพัฒนาพันธุ์ข้าวต่อไป

Bureau of Rice Research and Development

1. ความหลากหลายของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล

เพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลสามารถปรับตัวเพื่อความอยู่รอดได้ดีในหลากหลายสภาพแวดล้อม สามารถอพยพเคลื่อนย้ายได้ไกลโดยอาศัยกระแสลมกรด (low-level jet stream) หรือลมมรสุม (monsoon wind) (Wada *et al.*, 2009; Watanabe *et al.*, 2009) นอกจากนั้นยังมีความหลากหลายในการเข้าทำลายพันธุ์ข้าวที่มียีนต้านทานแตกต่างกัน หรือเรียกความแตกต่างนั้นว่า "ชีวชนิด" หรือ "biotype" (Claridge and Hollander, 1980) มีความพยายามที่จะแยกความแตกต่างของชีวชนิดเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล โดยดูจากความรุนแรงของการเข้าทำลายพันธุ์ข้าว รูปร่างลักษณะ หรือการศึกษาความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอและโปรตีน (Claridge *et al.*, 1984; Latif *et al.*, 2009; Shufran and Whalon, 1995) แต่ยังไม่มีความชัดเจนที่จะอธิบายความแตกต่างของชีวชนิดในระดับพันธุกรรม และการถ่ายทอดลักษณะจากรุ่นหนึ่งไปสู่อีกรุ่นหนึ่งได้ มีการค้นพบเมื่อไม่นานมานี้ว่าแต่ละชีวชนิด (ชีวชนิด 1-3) มีชนิดของแบคทีเรียที่พึ่งพาอาศัยกันในตัวเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลแตกต่างกัน แบคทีเรียเหล่านี้จะสร้างกรดอะมิโนที่จำเป็นให้แก่เพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ซึ่งมีความเป็นไปได้ที่จะใช้จำแนกความแตกต่างของแมลงได้อีกทางหนึ่ง (Tang *et al.*, 2010)

เนื่องจากความหลากหลายที่กล่าวมา ทำให้การป้องกันกำจัดเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลทำได้ยาก นับว่าเป็นความท้าทายของนักกีฏวิทยาและนักปรับปรุงพันธุ์พืช ที่ต้องพัฒนาพันธุ์ให้ต้านทานจรอดกลุ่มความหลากหลายเหล่านั้น เพราะฉะนั้นข้อมูลความหลากหลายและการจัดกลุ่มแมลงตามความรุนแรงการเข้าทำลายพันธุ์ข้าว จะมีประโยชน์อย่างมากในการคัดเลือกแหล่งพันธุกรรมความต้านทาน และการใช้ประโยชน์จากยีนต้านทาน จึงจำเป็นต้องมีงานวิจัยเพื่อจัดกลุ่มประชากร อย่างน้อยให้ได้ตัวแทนในประเทศไทยสำหรับการทดสอบ และคัดเลือกหาแหล่งพันธุกรรมความต้านทานในพันธุ์ข้าว ใช้เป็นตัวแทนประชากรสำหรับการศึกษาการปรับตัวบนพันธุ์ข้าว เพื่อตอบคำถามว่าประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลพัฒนาเอาชนะพันธุ์ต้านทานได้อย่างไร

การศึกษาความรุนแรงในการเข้าทำลายพันธุ์ข้าวของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่พบในประเทศไทย โดยใช้พันธุ์ข้าว 10 พันธุ์/สายพันธุ์ ที่มียีนต้านทานแตกต่างกัน (*Bph1 bph2 Bph3 bph4 bph5 Bph6 bph7 bph8 Bph9* และ *Bph10*) สามารถจัดกลุ่มเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลได้อย่างน้อย 4-6 กลุ่มใหญ่ๆ (Chaiyawat *et al.*, 2009; Jairin *et al.*, 2007a) และเมื่อนำเอาประชากรเพียงแห่งเดียวมาแยกเพื่อหาความหลากหลายภายในประชากร พบว่า สามารถแยกความแตกต่างของแมลงตามความรุนแรงการเข้าทำลายพันธุ์ข้าวได้ถึง 7 กลุ่ม (Thanyasiriwat *et al.*, 2009) แสดงว่าประชากรแมลงตามสภาพธรรมชาติมีความหลายหลายปะปนกัน

2. แหล่งพันธุกรรมความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล

เริ่มมีการศึกษาการถ่ายทอดลักษณะความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในพันธุ์ข้าว ตั้งแต่ปี 2510 (Pathak *et al.*, 1969) และมีการค้นพบยีนต้านทาน *Bph1* และ *bph2* ในปี 2513 (Athwal *et al.*, 1971) ยีนทั้งสองถูกนำมาใช้ในโครงการปรับปรุงพันธุ์ และมีการพัฒนาจนได้พันธุ์ข้าวต้านทาน IR26 IR36 IR38 และ IR42 กระจายให้เกษตรกรปลูกในหลายประเทศ ต่อมาได้มีการค้นพบยีนต้านทานเพิ่มเติม ได้แก่ *Bph3* และ *bph4* (Lakshminarayana and Khush, 1977) และถูกนำไปใช้พัฒนาพันธุ์ข้าวจนได้พันธุ์ IR56 IR60 IR66 IR68 IR70 และ IR72 เพื่อมาทดแทนพันธุ์ที่มียีน *Bph1* และ *bph2* ที่เริ่มอ่อนแอต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่เปลี่ยนแปลงไป Khush และคณะ (1985) รายงานการค้นพบยีนด้อย *bph5* ในพันธุ์ ARC10550 ซึ่งต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ชีวชนิด 4 ในเอเชียใต้ แต่อ่อนแอต่อแมลงในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (ชีวชนิด 1 2 และ 3) Kabir และ Khush (1988) ค้นพบยีนต้านทาน *Bph6* และ *bph7* ในพันธุ์ข้าว Swarnalata และ T12 ตามลำดับ ต่อมามีการค้นพบยีนต้านทานในพันธุ์ข้าวไทย Col. 5 และ Col. 11 ซึ่งเป็นยีนด้อย และถูกตั้งชื่อว่า *bph8* (Nemoto *et al.*, 1989) นอกจากนั้นยังพบยีนเด่น Bph9 ในพันธุ์ Kaharmana Balamawee และ Pokkali (Murata *et al.*, 2001)

ยีนต้านทานตั้งแต่ *Bph1* ถึง *Bph9* ถูกค้นพบโดย

Bureau of Rice Research and Development

Table 1 Brown planthopper resistant genes reported in the literature

Gene/QTL	Chromosome	Marker/Putative gene	Source of resistance	Reference
Bph1	12	G148, XNpb248	Mudgo, IR28	Hirabayashi and Ogawa, 1995
	12	OPD-7	Gayabyeo	Jeon *et al.*, 1999
	12	em5814N, em2802N	Norin-PL3	Sharma *et al.*, 2003
	12	BpE18-3, RG413	TKM 6	Kim *et al.*, 2004
	12	pBPH4-pBPH14	Cheongcheongbyeo	Cha *et al.*, 2008
	12	OsBphi252	Samgangbyeo	Park *et al.*, 2008
bph2	12	G2140	Norin-PL4	Murata *et al.*, 1998
	12	KAM3-KAM4	Norin-PL4	Murai *et al.*, 2001
	12	RM463-RM7102	ASD7	Sun *et al.*, 2006a
Bph3	6	RM589	Rathu Heenati	Jairin *et al.*, 2007a
	6	RM19291-RM8072	Rathu Heenati	Jairin *et al.*, 2007c
	4	RZ69	Line 1589	Yan *et al.*, 2002
	3	RM3766-RM14687	PTB33	Santhanalakshmi *et al.*, 2010
	3	RM3180, RM2453	Rathu Heenati	Kumari *et al.*, 2010
bph4	6	RM225	Babawee	Kawaguchi *et al.*, 2001
	6	RM589	Babawee	Jairin *et al.*, 2010
bph8	6	RM510-RM314	Col.5 Thailand	Sun *et al.*, 2006b
Bph9	12	OPR04, S2545	Pokkali	Murata *et al.*, 2001
	12	RM463	Kaharamana	Su *et al.*, 2006
Bph10	12	RG457	IR65482-4-136-2-2 (*O. australiensis*)	Ishii *et al.*, 1994
	12	RG457FL/RL	IR 54742 (*O. officinalis*)	Lang and Buu, 2003
bph11	3	G1318	IR742-23-19-12-3-54	Hirabayashi *et al.*, 1998
Bph12(t)	4	RM216	B14 (*O. latifolia*)	Yang *et al.*, 2002
	4	RLPP	*O. latifolia*	He, 2007
Bph13(t)	2	RM240, RM260	*O. eichingeri*	Liu *et al.*, 2001
	3	AJ09230b	IR54745-2-21-12-17-6 (*O. officinalis*)	Renganayaki *et al.*, 2002
Bph14	3	R1925-R2443	B5 (*O. officinalis*)	Huang *et al.*, 2001
	3	Os03g0848700	B5 (*O. officinalis*)	Du *et al.*, 2009
Bph15	4	C820-R288	B5 (*O. officinalis*)	Huang *et al.*, 2001
	4	RG1-RG2	RI93 (*O. officinalis*)	Yan *et al.*, 2004
	4	BAC 20M14, 6409	*O. glaberrima*, *O. officinalis*, *O. latifolia*	Lan *et al.*, 2007
Bph17	4	RM8213-RM5953	Rathu Heenati	Sun *et al.*, 2005
Bph18	12	7312.T4A	IR65482-7-216-1-2 (*O. australiensis*)	Jena *et al.*, 2006
bph 8(t)	4	RM273	2183 (*O. rufipogon*)	Li *et al.*, 2006b
Bph19	3	RM6308-RM3134	AS20-1	Chen *et al.*, 2006
Bph19(t)	12	RM17	2183 (*O. rufipogon*)	Li *et al.*, 2006b
Bph20	4	MS10-RM5953	IR71033-121-15 (*O. minuta*)	Rahman *et al.*, 2009
Bph21	12	RM3726-RM5479	IR71033-121-15	Rahman *et al.*, 2009
bph25	6	RM6775	ASD52	Phi *et al.*, 2009

Bureau of Rice Research and Development

Table 1 (Continued)

Gene/QTL	Chromosome	Marker/Putative gene	Source of resistance	Reference
Bph26	12	RM5479	ASD52	Phi *et al.*, 2009
Qbph11	11	C1172	DV85	Su *et al.*, 2005
Bph(t)	4	RM16655-RM3317	852T034 (*O. nivara*)	Wu *et al.*, 2009
	11	OPA16, RM209	IR54741-3-21-22	Jena *et al.*, 2003
	6	RM589	IR71033-121-15	Jairin *et al.*, 2007b
	6	RM589	BPH54 (*O. rufipogon*)	Yang *et al.*, 2005
	10	RM311	BPH54 (*O. rufipogon*)	Yang *et al.*, 2005
	2	5529-1358	Yagyaw	Liu *et al.*, 2009

Table 2 Number of QTL associated with resistance to brown planthopper reported in the literature

Source of resistance	Number of QTL	Chromosome	Reference
Col.5 Thailand	2	2, 6	Sun *et al.*, 2006b
ADR52	2	6, 12	Sonoda *et al.*, 2003
IR71033-121-15	2	4, 12	Rahman *et al.*, 2009
Abhaya	3	6, 10, 12	Jairin *et al.*, 2005
Rathu Heenati	3	3, 4, 10	Sun *et al.*, 2005
Kasalath	3	2, 10, 12	Su *et al.*, 2002
B5 (*O. officinalis*)	4	2, 3, 4, 9	Ren *et al.*, 2004
O. eichingeri	5	1, 2, 6, 10	Liu *et al.*, 2001
IR64	6	1, 2, 6, 7	Soundararajan *et al.*, 2004
Teqing	7	1, 3, 5, 8, 11	Xu *et al.*, 2002
Chainat 1	5	1, 3, 8, 9, 12	Kothcharerk, 2010
IR64	8	1, 2, 3, 4, 6, 8	Alam and Cohen, 1998a

การศึกษาการกระจายตัวของประชากรข้าวจากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ต้านทานด้วยกัน แต่การศึกษาดังกล่าวเริ่มลดลงจนเกือบจะไม่มีในปัจจุบัน เนื่องจากมีการค้นพบยีนใหม่ๆ มากขึ้น ทำให้ยากต่อการศึกษา อีกทั้งเมื่อเทคโนโลยีชีวภาพและงานวิจัยด้านจีโนมข้าวก้าวหน้าอย่างรวดเร็ว จึงเริ่มมีรายงานการค้นพบยีนต้านทานใหม่ๆ พร้อมกับตำแหน่งบนโครโมโซมเพิ่มขึ้น ยีนต้านทาน *Bph10* ในสายพันธุ์ข้าว IR65482-4-136-2-2 ซึ่งได้รับยีนต้านทานมาจากข้าวป่า *Oryza australiensis* คือยีนกลุ่มแรกๆ ที่มีการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอในการค้นหาตำแหน่งบนโครโมโซม หลังจากนั้นก็เริ่มมีการค้นพบตำแหน่งยีนต้านทานอื่นๆ เพิ่มมากขึ้นอย่างรวดเร็ว ทำให้มีเครื่องหมายโมเลกุลจำนวนมากที่อยู่ใกล้ยีนเหล่านั้น สามารถนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าวได้ จนกระทั่งปัจจุบันมีการค้นพบตำแหน่งของยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลบนโครโมโซมข้าวไม่น้อยกว่า 30 ยีน (Table 1) และค้นพบ QTLs ที่เกี่ยวข้องกับความต้านทานกระจายทั่วทั้ง 12 โครโมโซม (Table 2)

เนื่องจากปัจจุบันไม่มีการรายงานการค้นพบยีนต่อคณะกรรมการตั้งชื่อยีน (Committee on Gene Symbolization, Nomenclature and Linkage Groups) (Kinoshita, 1985) ทำให้มีการตั้งชื่อยีนซ้ำกัน ถึงแม้ว่ายีนเหล่านั้นมา

Bureau of Rice Research and Development

จากแหล่งพันธุกรรมและมีตำแหน่งบนโครโมโซมที่แตกต่างกัน ก่อให้เกิดความสับสนอย่างมากในการเรียกชื่อ นอกจากนั้นยังพบว่ามีการค้นพบยีนต้านทานจากพันธุ์ข้าวพันธุ์เดียวกันแต่มีตำแหน่งบนโครโมโซมที่แตกต่างกัน (Jairin *et al.*, 2007a; Kothcharerk, 2010; Phi *et al.*, 2009; Rahman *et al.*, 2009; Sun *et al.*, 2005) หรือลักษณะการกระจายตัวของบางยีนอาจจะแสดงออกเป็นยีนเด่นหรือยีนด้อย ทั้งๆ ที่ใช้แหล่งพันธุกรรมต้านทานพันธุ์เดียวกัน ซึ่งขึ้นอยู่กับพื้นฐานทางพันธุกรรมของคู่ผสม (Jairin *et al.*, 2010) และประชากรแมลงที่ใช้ทดสอบ (Kothcharerk, 2010; Murai *et al.*, 2001; Murata *et al.* 1998) อย่างไรก็ตาม ข้อมูลและความรู้ที่ได้จากการค้นพบมีประโยชน์อย่างมากในการพัฒนาพันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลในอนาคต

3. พันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในประเทศไทย

ในประเทศไทยเริ่มมีการศึกษาพันธุกรรมความต้านทานของพันธุ์ข้าวจากประเทศอินเดีย เช่น W1252 W1259 และ W1263 ตั้งแต่ปี 2518 โดยผสมกับพันธุ์ข้าวของไทย พบว่า พันธุ์ข้าวทั้งสามพันธุ์มียีนเด่นควบคุมลักษณะต้านทาน และต่อมาพันธุ์ W1252 ได้ถูกนำมาใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลและแมลงบั่วของพันธุ์ กข4 และแนะนำให้เกษตรกรปลูกในปี 2516 แต่ไม่เป็นที่นิยมของเกษตรกร ถึงแม้ว่าผลผลิตค่อนข้างสูงกว่าพันธุ์พื้นเมืองเมื่อเกิดการระบาดของแมลงบั่วก็ตาม ต่อมาพันธุ์ กข9 ซึ่งได้รับยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลจาก W1256 มีการแนะนำให้เกษตรกรปลูกในปี 2518 ต่อมาในปี 2524 พันธุ์ข้าว กข21 ได้รับการรับรองพันธุ์และแนะนำแก่เกษตรกรเพื่อแก้ปัญหาการระบาดของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในภาคกลาง พันธุ์ กข21 คาดว่าจะมียีนต้านทาน *Bph1* จากพันธุ์ IR26 จากนั้นในปี 2524 พันธุ์ กข23 ซึ่งคาดว่ามียีนต้านทาน *bph2* จากพันธุ์ IR32 ถูกส่งเสริมให้เกษตรกรปลูก พันธุ์ข้าวสุพรรณบุรี 60 รับรองพันธุ์เมื่อปี 2530 ซึ่งต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลระดับปานกลาง และคาดว่าน่าจะได้รับยีนต้านทาน *bph2* จาก IR48 เนื่องจากเป็นพันธุ์ที่มีคุณภาพค่อนข้างดี เกษตรกรจึงนิยมปลูกกันอย่างแพร่หลาย และในปี 2532 พันธุ์สุพรรณบุรี 60 ก็ถูกเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลเข้าทำลาย นอกจากนั้นยังมีพันธุ์ข้าวต้านทานอื่นๆ ที่ได้มีการแนะนำเพื่อแก้ไขปัญหาและลดความเสียหายจากการเข้าทำลายของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล เช่น ชัยนาท 1 สุพรรณบุรี 1 และ สุพรรณบุรี 2 เป็นต้น ตั้งแต่ปี 2518 จนถึงปัจจุบัน มีพันธุ์ข้าวต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลแนะนำให้เกษตรกรปลูกไม่น้อยกว่า 25 พันธุ์ ส่วนใหญ่มีการใช้แหล่งพันธุกรรมจากพันธุ์ข้าวของสถาบันวิจัยข้าวนานาชาติ (Khush and Virk, 2005) ที่คาดว่าจะมียีนต้านทาน *Bph1* (กข21 สุพรรณบุรี 90 ชัยนาท 1 และ กข31) *bph2* (กข23 สุพรรณบุรี 60 ปทุมธานี 1 พิษณุโลก 1 กข41 และ กข31) และ *Bph3* (พิษณุโลก 2 กข29 และชัยนาท 2)

เนื่องจากประชากรแมลงมีการอพยพเคลื่อนย้ายและปรับเปลี่ยนชีวชนิดให้สามารถเข้าทำลายพันธุ์ข้าวที่มียีนต้านทานอย่างต่อเนื่อง ประกอบกับฐานพันธุกรรมความต้านทานที่ใช้ในโครงการปรับปรุงพันธุ์ข้าวที่ผ่านมาค่อนข้างแคบ มีเพียงยีนต้านทานจำนวนน้อย (*Bph1 bph2* และ *Bph3*) พบว่า เริ่มมีประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลบางประชากรสามารถปรับตัวบนพันธุ์เหล่านั้นได้แล้ว จากการทดสอบปฏิกิริยาความต้านทานของพันธุ์ข้าวต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในประเทศไทย จำนวน 75 ประชากร พบว่า ร้อยละ 89 75 4 และ 48 สามารถทำลายพันธุ์ข้าวที่มียีนต้านทาน *Bph1 bph2 Bph3* และ *bph4* ได้ตามลำดับ ดังนั้น จำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องหาแหล่งยีนต้านทานใหม่ๆ มาใช้ในโครงการปรับปรุงพันธุ์อย่างเร่งด่วน โดยเฉพาะแหล่งพันธุกรรมความต้านทานในข้าวป่า หรือจากความร่วมมือภายใต้โครงการ International Rice Brown Planthopper Nursery (IRBPHN) ซึ่งในปี 2552 พบสายพันธุ์ที่ต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลได้ดี เช่น IR76489-12-3-3-1-3 IR78126-1-2-1 IR79534-122-2-5-5-1 และ IR79216-141-1-3-3 เป็นต้น

4. ความก้าวหน้าการศึกษาพันธุกรรมความต้านทานในประเทศไทย

ปัจจุบันมีการค้นพบตำแหน่งยีนและ QTLs ที่เกี่ยวข้องกับความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลทั่วทั้งจีโนมข้าว เครื่องหมายโมเลกุลที่ได้จากการศึกษาเหล่านั้นมี

Bureau of Rice Research and Development

ประโยชน์อย่างมากในงานปรับปรุงพันธุ์ข้าว ในประเทศไทยมีการศึกษาและค้นพบตำแหน่งยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ทั้งที่เป็นลักษณะที่ควบคุมโดยยีนหลัก (major gene) ทั้งที่เป็นยีนเด่นและยีนด้อย หรือลักษณะที่ควบคุมโดยยีนจำนวนมาก โดยมีการค้นพบตำแหน่งยีนต้านทานในพันธุ์ข้าว Rathu Heenati PTB33 Babawee IR71033-121-15 Abhaya Swarnalata และ ชัยนาท 1 เช่น ยีนต้านทาน *Bph3 bph4* และ QTLs เป็นต้น (Jairin *et al.*, 2005; 2007a; 2007b; 2010; Kothcharerk, 2010)

4.1 ยีนต้านทาน *Bph3*

ยีนต้านทาน *Bph3* ถูกค้นพบครั้งแรกในข้าวพันธุ์ Rathu Heenati และ PTB33 (Lakshminarayana and Khush, 1977) ข้าวทั้งสองพันธุ์สามารถต้านทานต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลไม่เฉพาะในประเทศไทย แต่ยังต้านทานต่อประชากรแมลงที่พบในประเทศลาว เวียดนาม จีน ญี่ปุ่น เกาหลี ฟิลิปปินส์ บังคลาเทศ และบางประชากรในอินเดีย (Angeles, *et al.*, 1986; Jairin *et al.*, 2007a; Khush, 1984; Li *et al.*, 2002; Soundararajan *et al.*, 2004; Velusamy *et al.*, 1995) การศึกษาและวิเคราะห์หาตำแหน่งของยีนต้านทาน *Bph3* บนโครโมโซม ในระยะแรกมีรายงานว่ายีน *Bph3* มีตำแหน่งบนโครโมโซม 7 จากการศึกษาโดยใช้สายพันธุ์ข้าว trisomic (Ikeda and Kaneda, 1981) เมื่อไม่นานมานี้ได้มีการค้นพบตำแหน่งของยีนต้านทานหลักในพันธุ์ข้าว Rathu Heenati บนโครโมโซม 4 (Sun *et al.*, 2005) และโครโมโซม 3 (Kumari *et al.*, 2010) จึงได้พยายามที่จะใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด simple sequence repeat (SSR) เพื่อสืบหาตำแหน่งยีน *Bph3* บนโครโมโซม 3 และ 4 แต่ไม่พบว่ามีเครื่องหมายโมเลกุลในบริเวณที่มีการรายงาน เกี่ยวข้องกับลักษณะความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล

จากผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของข้อมูลฟีโนไทป์กับจีโนไทป์ ของประชากรข้าว BC_3F_2 จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ Rathu Heenati และขาวดอกมะลิ 105 สามารถยืนยันตำแหน่งของยีนต้านทาน *Bph3* บนโครโมโซม 6 ระหว่างเครื่องหมายโมเลกุล RM588 และ RM589 โดยมีตำแหน่งอยู่ใกล้กับเครื่องหมายโมเลกุล RM589 ซึ่งสามารถอธิบายลักษณะต้านทานได้ร้อยละ 60.7 (Jairin *et al.*, 2007a) นอกจากนั้นยังพบว่ายีนต้านทานเพลี้ยกระโดดหลังขาวในพันธุ์ข้าว Rathu Heenati วางตัวอยู่ตำแหน่งเดียวกัน จากข้อมูลการวิจัยที่ผ่านมา มีการค้นพบตำแหน่งของยีนต้านทานในพันธุ์ข้าว Rathu Heenati บนโครโมโซม 3 4 และ 6 (Jairin *et al.*, 2007a; Kumari *et al.*, 2010; Sun *et al.*, 2005) แสดงว่าลักษณะต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในพันธุ์นี้ ถูกควบคุมโดยยีนมากกว่า 1 ยีน หรือถูกควบคุมโดย QTLs และพบว่าพื้นฐานพันธุกรรมของคู่ผสมที่ใช้ในการสร้างแผนที่และประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่ใช้ทดสอบความต้านทานมีผลต่อการแสดงออกของยีน

4.2 ยีนต้านทาน *bph4*

ยีน *bph4* ถูกค้นพบครั้งแรกในพันธุ์ Babawee ซึ่งเป็นพันธุ์ข้าวพื้นเมืองของประเทศศรีลังกา (Sidhu and Khush, 1979) ยีนดังกล่าวสามารถต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลชีวชนิด 1-4 และคาดว่าจะมีตำแหน่งบนโครโมโซมอยู่ใกล้กับยีนต้านทาน *Bph3* ในพันธุ์ข้าว Rathu Heenati และ PTB33 (Ikeda and Kaneda, 1981; Sidhu and Khush, 1979) เนื่องจากจากการศึกษาการกระจายตัวของลูกชั่วอายุที่สองและสาม ของคู่ผสมระหว่างพันธุ์ที่มียีน *Bph3* และ *bph4* จำนวนมากกว่า 1,200 ต้น ไม่พบต้นที่อ่อนแอหรือไม่พบต้นที่สามารถแยกยีนทั้งสองออกจากกัน แสดงว่ายีนทั้งสองอยู่ใกล้กันมาก หลังจากนั้นมีงานวิจัยที่ยืนยันว่ายีนทั้งสองมีตำแหน่งอยู่ใกล้กันจริง (Angeles *et al.*, 1986) ต่อมาตำแหน่งคร่าวๆ ของยีน *bph4* ถูกค้นพบจากการวิเคราะห์โดยใช้ประชากรข้าวสองประชากรบนโครโมโซม 6 (Kawaguchi *et al.*, 2001) แต่การศึกษาดังกล่าวไม่สามารถระบุตำแหน่งที่ชัดเจน จึงยากที่จะนำข้อมูลมาใช้ในงานปรับปรุงพันธุ์ข้าวโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลโดยตรง เพื่อหาตำแหน่งของยีนควบคุมลักษณะต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในพันธุ์ข้าว Babawee

จากการทดสอบดีเอ็นเอของต้นข้าวต้านทานและอ่อนแอ โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 15 ตำแหน่งบนโครโมโซม 6 เพื่อค้นหาตำแหน่งที่มีความสัมพันธ์กับกลุ่มต้านทานและอ่อนแอ พบว่า เครื่องหมายโมเลกุล RM586 สามารถแยกกลุ่มต้านทานและอ่อนแอได้อย่างชัดเจน จากข้อมูลแผนที่พันธุกรรมพบว่ายีนต้าน

Bureau of Rice Research and Development

ทานในพันธุ์ Babawee มีตำแหน่งอยู่ระหว่างเครื่องหมายโมเลกุล RM589 และ RM586 บนโครโมโซม 6 ซึ่งสามารถอธิบายลักษณะความต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลได้ร้อยละ 58.8 และ 70.1 ของคู่ผสม TN1/Babawee และ Babawee/KDML105 ตามลำดับ (Jairin *et al.*, 2010) การวิเคราะห์การกระจายตัวของประชากรข้าวชั่วอายุที่สองยืนยันได้ว่ายีนต้านทาน *bph4* อาจจะแสดงออกเป็นยีนด้อยหรือยีนเด่นขึ้นอยู่กับพื้นฐานทางพันธุกรรมของคู่ผสม เนื่องจากยีน *bph4* มีตำแหน่งอยู่บริเวณเดียวกันกับยีน *Bph3* บนส่วนปลายสั้นของโครโมโซม 6 มีความเป็นไปได้ว่ายีนทั้งสองอาจจะเป็นยีนเดียวกันแต่มีอัลลีลแตกต่างกัน หรือมีกลไกความต้านทานเหมือนกัน หรือยีนทั้งสองมีตำแหน่งอยู่ใกล้กันมากจนไม่สามารถที่จะแยกออกจากกันได้โดยการศึกษาการกระจายตัวของลูก จึงจำเป็นที่จะต้องมีงานวิจัยเพื่อพิสูจน์สมมุติฐานนี้ต่อไป

4.3 ลักษณะความต้านทานที่ควบคุมโดย QTLs

พันธุ์ข้าวที่มีลักษณะความต้านทานถูกควบคุมโดย QTLs มักจะต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดในระดับปานกลางและต้านทานได้ยาวนานหรือยั่งยืนกว่าพันธุ์ที่มียีนหลักเพียงยีนเดียว (Alam and Cohen, 1998b; Cohen *et al.*, 1997) พันธุ์ข้าว Abhaya ซึ่งเป็นพันธุ์ต้านทานแมลงบั่วของประเทศอินเดีย พบว่า มีความต้านทานระดับปานกลางต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลและเพลี้ยกระโดดหลังขาวบางประชากรในประเทศไทย ได้ถูกนำมาใช้ในการศึกษาเพื่อค้นหา QTLs ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะต้านทาน นับเป็นงานวิจัยในระยะแรกของประเทศไทย เพื่อหาตำแหน่งยีนต้านทานและการพัฒนาสายพันธุ์ข้าวต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล เริ่มจากสืบหาตำแหน่งของยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในพันธุ์ข้าว Abhaya จากประชากรผสมกลับ BC_4F_4 ที่ได้จากคู่ผสมระหว่างพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 และ Abhaya โดยใช้เทคนิคเครื่องหมายโมเลกุล Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) และ SSR ร่วมกับเทคนิค Bulked Segregant Analysis (BSA)

จากการวิเคราะห์กลุ่มสายพันธุ์ข้าวต้านทานและอ่อนแอ พบเครื่องหมายโมเลกุลที่ได้จากเทคนิค AFLP จำนวน 18 อัลลิล วิเคราะห์หาลำดับเบสของแต่ละอัลลิลและค้นหาตำแหน่งอัลลิลทั้งหมดโดยใช้ข้อมูลลำดับเบสของจีโนมพันธุ์ข้าว Nipponbare จากฐานข้อมูลของ Gramene (http://www.gramene.org/) การวิเคราะห์ตำแหน่งเครื่องหมายโมเลกุลทั้งหมด พบว่า กระจายอยู่บนโครโมโซม 1 3 4 6 7 8 9 10 11 และ 12 ซึ่งบางส่วนได้วิเคราะห์และรายงานไปบ้างแล้ว (Jairin *et al.*, 2005) จากการวิเคราะห์ประชากรข้าวจำนวน 123 สายพันธุ์ (พัฒนาโดยหน่วยปฏิบัติการค้นหาและใช้ประโยชน์ยีนข้าว) โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 45 ตำแหน่ง กระจายทั่วทั้ง 12 โครโมโซม สามารถตรวจพบเครื่องหมายโมเลกุล RM3285 RM341 RM257 และ RM277 บนโครโมโซม 1 2 9 และ 12 ตามลำดับ ที่สัมพันธ์กับความต้านทานต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลจากจังหวัดอุบลราชธานีและกำแพงเพชร นอกจากนั้น สามารถตรวจพบเครื่องหมายโมเลกุล RM261 RM170 RM105 และ RM224 บนโครโมโซม 4 6 9 และ 11 ตามลำดับ ที่เกี่ยวข้องกับความต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดหลังขาวจากจังหวัดอุบลราชธานี เครื่องหมายโมเลกุลที่ค้นพบสามารถนำไปศึกษาและใช้ประโยชน์ในโครงการปรับปรุงพันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลต่อไป

สายพันธุ์ข้าว IR71033-121-5 ต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลระดับปานกลาง ได้มาจากการคู่ผสมระหว่างสายพันธุ์ IR31917-45-3-2 กับข้าวป่า *O. minuta* สายพันธุ์ข้าวดังกล่าวแสดงปฏิกิริยาต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในประเทศไทยและเกาหลีใต้ ซึ่งคาดว่าได้รับยีนต้านทานมาจากข้าวป่า *O. minuta* (Rahman *et al.*, 2009) เพื่อวิเคราะห์หาตำแหน่งยีนต้านทาน จึงได้สร้างลูกผสม F_2 จำนวน 400 ต้น เพื่อทำการสืบหาตำแหน่งยีนต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล หลังจากได้ประชากรข้าวระหว่างคู่ผสม IR71033-121-5 กับ ขาวดอกมะลิ 105 ทำการสกัดดีเอ็นเอจากใบข้าวของประชากร F_2 และทดสอบความต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลทั้ง 400 สายพันธุ์ โดยใช้วิธี Modified Mass Tiller Screening Test (Jairin *et al.*, 2007a) และได้คัดเลือกสายพันธุ์ที่ต้านทานและอ่อนแอ สืบหาเครื่องหมายโมเลกุลที่สัมพันธ์กับความต้านทานโดยใช้วิธี BSA ร่วมกับ SSR

Bureau of Rice Research and Development

จากการสืบหาเบื้องต้น พบเครื่องหมายโมเลกุลบนโครโมโซม 6 ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะต้านทาน แต่สามารถอธิบายลักษณะความต้านทานได้เพียง 28.2% (Jairin *et al.*, 2005) คาดว่ายังมียีนต้านทานอยู่ในตำแหน่งอื่นบนโครโมโซม ซึ่งจะต้องมีการศึกษาค้นคว้าต่อไป ในขณะเดียวกันได้มีการค้นพบตำแหน่งยีนควบคุมความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในสายพันธุ์ IR71033-121-5 ที่ได้รับชิ้นส่วนดีเอ็นเอจากข้าวป่า *O. minuta* บริเวณตำแหน่ง 193.4-kb (*Bph20*) บนโครโมโซม 4 และตำแหน่ง 194.0-kb (*Bph21*) บนโครโมโซม 12 ซึ่งสามารถอธิบายลักษณะความต้านทานได้ 26.6 และ 14.5% ตามลำดับ (Rahman *et al.*, 2009) เครื่องหมายโมเลกุลที่ค้นพบจากทั้งสองการทดลองจะมีประโยชน์อย่างมากในการพัฒนาพันธุ์ข้าวโดยใช้สายพันธุ์ IR71033-121-5 เป็นแหล่งพันธุกรรมต้านทาน

5. การพัฒนาสายพันธุ์ข้าวต้านทานโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล

ถึงแม้ว่ามีการค้นพบตำแหน่งยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ควบคู่กับการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลที่อยู่ใกล้ยีนต้านทานจำนวนมาก แต่มีรายงานความสำเร็จของการพัฒนาพันธุ์/สายพันธุ์ข้าวโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเผยแพร่สู่สาธารณะค่อนข้างน้อย มีรายงานความสำเร็จในการผนวกยีนต้านทาน *Bph1* และ *bph2* จากข้าว indica เข้าสู่ข้าว japonica โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล (Sharma *et al.* 2004) ทำให้ได้สายพันธุ์ข้าวที่ต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลได้ดีขึ้น Li และคณะ (2006a) พัฒนาสายพันธุ์พ่อแม่ของข้าวลูกผสมให้มียีน *Bph14* และ *Bph15* สายพันธุ์ที่มียีนต้านทานทั้งสองยีนแสดงลักษณะต้านทานได้ดีกว่าสายพันธุ์ที่มีเพียงยีนเดียว Jena และคณะ (2006) พัฒนาสายพันธุ์ข้าวต้านทานที่มียีน *Bph18* โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล คัดเลือกประชากรข้าวผสมกลับ จนได้สายพันธุ์ที่มีฐานพันธุกรรมเหมือนพันธุ์ Junambyeo ซึ่งเป็นพันธุ์รับ (recurrent parent) Myint และคณะ (2009) ทดสอบความต้านทานของสายพันธุ์ข้าวที่มียีน *bph25* และ *Bph26* จากพันธุ์ข้าว ADR52 พบว่า ต้านทานได้ดีกว่าสายพันธุ์ที่มีเพียงยีนใดยีนหนึ่ง แสดงให้เห็นว่าการผนวกยีนต้านทานมากกว่า 1 ยีน เข้าไปในสายพันธุ์ข้าวทำให้ต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดได้ดีขึ้น

ประเทศไทยนับเป็นประเทศหนึ่งที่มีความก้าวหน้าของการพัฒนาสายพันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล ในระยะแรกของการพัฒนาได้ใช้พันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 เป็นฐานพันธุกรรมเพื่อพัฒนาสายพันธุ์ให้มีคุณภาพเมล็ดทั้งด้านกายภาพและการหุงต้มเหมือนขาวดอกมะลิ 105 ที่มีปริมาณแอมิโลสต่ำ และต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล โดยใช้แหล่งพันธุกรรมความต้านทานจากพันธุ์ข้าว Rathu Heenati PTB33 และ Abhaya ในระยะต่อมามีการพัฒนาสายพันธุ์ข้าวโดยใช้พันธุ์ข้าวที่เกษตรกรนิยมปลูก เช่น ชัยนาท 1 และปทุมธานี 1 เป็นฐานพันธุกรรมโดยใช้การผสมกลับ

5.1 การพัฒนาสายพันธุ์ต้านทานในฐานพันธุกรรมขาวดอกมะลิ 105

การพัฒนาพันธุ์ข้าวให้ต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล และมีคุณภาพทางกายภาพและการหุงต้มดีเป็นเป้าหมายสำคัญของโครงการปรับปรุงพันธุ์ข้าว จากการศึกษาพบว่ายีนต้านทาน *Bph3* ในพันธุ์ข้าว Rathu Heenati มีตำแหน่งใกล้กับยีน *waxy* (*Wx*) ที่สร้าง granule-bound starch synthase (GBSS) ซึ่งจำเป็นสำหรับการสังเคราะห์แอมิโลส (Wang *et al.*, 1995) บนโครโมโซม 6 ซึ่งมีระยะห่างระหว่างทั้งสองยีนประมาณ 380 kb ยีน *Wx* ในพันธุ์ Rathu Heenati มีอัลลีลเป็น Wx^a ซึ่งทำให้เมล็ดมีปริมาณอมิโลสค่อนข้างสูง (Isshiki *et al.*, 1998; Sano *et al.*, 1986) ดังนั้นการพัฒนาสายพันธุ์ข้าวในช่วงแรก จึงได้สายพันธุ์ที่มีมีอัลลีล Wx^a ติดมาด้วย สายพันธุ์ดังกล่าวได้ถูกนำไปใช้เพื่อเพิ่มความต้านทานให้พันธุ์ข้าวชัยนาท 1 จนได้สายพันธุ์ที่มีความต้านทานที่ดีกว่า (Kothcharerk, 2010; Palawisut *et al.*, 2005) ขณะนี้อยู่ระหว่างการทดสอบในแปลงเปรียบเทียบผลผลิต

การพัฒนาสายพันธุ์ระยะต่อมา คือการขจัดอัลลีล Wx^a ของ Rathu Heenati ออกไปจากสายพันธุ์ข้าวเพื่อพัฒนาสายพันธุ์ข้าวให้มีคุณภาพการหุงต้มดีเหมือนขาวดอกมะลิ 105 โดยการผสมผสานระหว่างการคัดเลือกลักษณะความต้านทานในโรงเรือนและการใช้เครื่องหมายโมเลกุล ขั้นแรกทดสอบความต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลของประชากรข้าว BC_3F_2 จำนวนทั้งหมด 2,343 ต้น คัดเลือกต้นที่ต้านทานจำนวน 200 ต้น จากนั้น

Bureau of Rice Research and Development

แยก linkage drag ระหว่างยีนต้านทานและยีนควบคุมการสร้างแอมิโลสออกจากกันโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลคัดเลือกต้นที่ต้านทานและมีอัลลีลตรงตำแหน่งยีน *Wx* เหมือนพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 (*Wx*^{b}) และคัดเลือกต้นข้าวโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลที่เกี่ยวข้องกับลักษณะความหอม ค่าการสลายตัวในด่าง และปริมาณแอมิโลสไปพร้อมกัน คัดเลือกได้ต้นที่ต้องการ 1 ต้น พัฒนาและคัดเลือกจนได้สายพันธุ์ข้าวจำนวน 5 สายพันธุ์ที่มีคุณภาพทางกายภาพและการหุงต้มคล้ายพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 ต้านทานต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่พบในประเทศไทย และมีแนวโน้มที่ให้ผลผลิตที่สูงกว่า สายพันธุ์ดังกล่าวสามารถนำไปใช้เป็นแหล่งพันธุ์กรรมความต้านทานเพลี้ยกระโดดที่มีคุณภาพเมล็ดดีและปริมาณแอมิโลสต่ำ ซึ่งบางสายพันธุ์ถูกนำไปเพิ่มความต้านทานให้กับพันธุ์ปทุมธานี 1 หรือสามารถพัฒนาเป็นพันธุ์ต้านทานปลูกในพื้นที่ปลูกข้าวขาวดอกมะลิ 105 ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ที่เสี่ยงต่อการระบาดทำลายข้าวของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลและเพลี้ยกระโดดหลังขาว

ผลการทดลองแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพของการใช้เครื่องหมายโมเลกุลในกรณีที่เกิด linkage drag ที่ไม่คาดคิดมาก่อน (Jairin *et al*., 2009) วิธีการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิม (conventional breeding) อาจต้องใช้ระยะเวลานานและจำนวนของประชากรข้าวค่อนข้างมาก เพื่อจะขจัดยีนที่ไม่ต้องการออกจากยีนที่ควบคุมลักษณะที่สนใจ โอกาสที่จะได้สายพันธุ์ที่ต้องการก็น้อยลง ในกรณีนี้การคัดเลือกโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลมีข้อได้เปรียบและเพิ่มโอกาสที่จะได้สายพันธุ์ที่ต้องการ อีกทั้งยังลดระยะเวลา เนื่องจากสามารถคัดเลือกหลายลักษณะ รวมทั้งลักษณะที่เกี่ยวข้องกับคุณภาพของเมล็ดในระยะกล้าไปพร้อมๆ กัน

พันธุ์ข้าว Aohaya ถูกนำมาใช้เพิ่มความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลให้ขาวดอกมะลิ 105 โดยการผสมกลับสองครั้ง และคัดเลือกต้นที่มียีนต้านทานทุกชั่ว (BC_1F_1-BC_4F_1) จากนั้นคัดเลือกต้น homozygous ในตำแหน่งที่ต้องการจาก BC_4F_2 จนได้สายพันธุ์ต้านทานในฐานพันธุกรรมขาวดอกมะลิ 105 (Toojinda *et al*., 2005) พบว่าลักษณะความต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดของลูกบางสายพันธุ์ดีเด่นกว่าพ่อแม่ (Jairin *et al*., 2005) สายพันธุ์ที่พัฒนาจากการใช้เครื่องหมายโมเลกุล ได้นำไปใช้เพื่อผนวกยีนที่มีความสำคัญอื่น เช่น ลักษณะทนน้ำท่วมเพิ่มเข้าไป โดยการผสมกับสายพันธุ์ที่พัฒนาให้ทนทานน้ำท่วมเช่นเดียวกับสายพันธุ์ต้านทานเพลี้ยกระโดด จากนั้นคัดเลือกลักษณะทางกายภาพ คือ ลักษณะทรงต้นและรูปร่างเมล็ด ในรุ่น F_4 แล้วปล่อยให้ผสมตัวเองได้เมล็ดรุ่น F_5 จากนั้นทดสอบความต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลและน้ำท่วมฉับพลัน และคัดเลือกสายพันธุ์ต้านทานและปล่อยให้ผสมตัวเองได้เมล็ดรุ่น F_6 ขณะนี้มีหลายสายพันธุ์ถูกส่งเข้าทดสอบในแปลงปรับเทียบผลผลิตในโครงการนาน้ำฝนบ้างแล้ว

5.2 การพัฒนาสายพันธุ์ต้านทานในฐานพันธุกรรมชัยนาท 1 และปทุมธานี 1

พันธุ์ข้าวชัยนาท 1 เป็นที่นิยมปลูกมากในภาคกลางและภาคเหนือตอนล่าง รวมทั้งนาปรังในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ลักษณะความต้านทานของพันธุ์ข้าวชัยนาท 1 คาดว่าถูกควบคุมโดยหลายยีน ซึ่งได้รับยีนต้านทานจากพันธุ์ IR34 (*Bph1* และ *Glh9*) และ IR46 (*Bph1*) จากการวิเคราะห์โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR พบตำแหน่งที่สัมพันธ์กับความต้านทานในพันธุ์ชัยนาท 1 บนโครโมโซม 1 3 8 9 และ 12 (Kothcharerk, 2010) พบว่า มีบาง QTL มีตำแหน่งใกล้กับยีน *Bph1* บนโครโมโซม 12 ซึ่งมีความเป็นไปได้สูงที่ชัยนาท 1 จะได้รับยีน *Bph1* จาก IR34 หรือ IR46 จากการประเมินความต้านทานต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในภาคเหนือตอนล่าง ภาคกลางตอนบน ภาคกลาง ภาคตะวันออก และภาคตะวันตก พบว่าประชากรแมลงกว่าร้อยละ 33 สามารถเข้าทำลายพันธุ์ชัยนาท 1 ได้ (Chaiyawat *et al*., 2009) การเพิ่มความต้านทานให้กับพันธุ์ชัยนาท 1 ได้เริ่มดำเนินการตั้งแต่ปี 2548 (Kothcharerk, 2010; Palawisut *et al*., 2005) จนสามารถคัดเลือกได้สายพันธุ์ดีเด่นเข้าสู่ขั้นตอนการทดสอบในแปลงเปรียบเทียบผลผลิต

จากการวิเคราะห์จีโนมของสายพันธุ์ข้าว พบว่าลักษณะความต้านทานของสายพันธุ์เกิดจากยีนต้านทาน *Bph3* ที่ได้จากพันธุ์ Rathu Heenati และ QTLs จำนวนหนึ่งจากพันธุ์ชัยนาท 1 (Kothcharerk, 2010) จึงทำให้บางสายพันธุ์ต้านทานได้ดีกว่าพ่อแม่ (transgressive) อันเนื่องมาจากการทำงานร่วมกันของยีน ซึ่งยังไม่มีข้อมูล

Bureau of Rice Research and Development

เพียงพอที่จะอธิบายว่าเกิดขึ้นได้อย่างไร และยีนเหล่านั้นทำงานร่วมกันอย่างไร เป็นที่น่าสังเกตว่ามักจะเกิด transgressive กับประชากรที่ได้จากคู่ผสมที่มีขาวดอกมะลิ 105 เป็นฐานพันธุกรรม หรือคู่ผสมที่มี QTLs ควบคุมลักษณะต้านทาน (Jairin *et al.*, 2005; Kothcharerk, 2010) เป็นประเด็นวิจัยที่จะต้องมีการศึกษาเพื่อประโยชน์ต่อการพัฒนาพันธุ์ต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในอนาคตต่อไป

ปทุมธานี 1 เป็นพันธุ์ข้าวหอมคุณภาพใกล้เคียงขาวดอกมะลิ 105 รับรองพันธุ์เมื่อปี 2543 เกษตรกรนิยมปลูกมากจนกระทั่งถึงปัจจุบันถึงแม้จะทราบว่าเริ่มอ่อนแอต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลบางประชากรแล้ว พันธุ์ปทุมธานี 1 คาดว่าได้รับยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดมาจาก IR28 (*Bph1* และ *Glh9*) IR36 (*bph2* และ *Glh10*) และ IR50 (*bph2* และ *Glh9*) มีความเป็นไปได้สูงที่ลักษณะความต้านทานในปทุมธานี 1 จะถูกควบคุมโดย QTLs ซึ่งเริ่มอ่อนแอต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่พบในเขตภาคกลางและภาคเหนือตอนล่าง พบว่า เพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในภาคเหนือตอนล่าง ภาคกลางตอนบน ภาคกลาง ภาคตะวันออก และภาคตะวันตก กว่าร้อยละ 28 สามารถเข้าทำลายพันธุ์ปทุมธานี 1 ได้ (Chaiyawat *et al.*, 2009) และเมื่อปี 2552-2553 เกิดความเสียหายจากการระบาดทำลายข้าวของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในพื้นที่ที่ปลูกพันธุ์ปทุมธานี 1 สำนักวิจัยและพัฒนาข้าว กรมการข้าว จึงมีแผนที่จะเพิ่มความต้านทานให้พันธุ์ปทุมธานี 1 ให้ต้านทานต่อชีวชนิดของเพลี้ยกระโดดที่พบในปัจจุบัน โดยการใช้สายพันธุ์ข้าวต้านทานที่พื้นฐานพันธุกรรมของขาวดอกมะลิ 105 ที่ได้พัฒนามาก่อนหน้านี้

5.3 การผนวกยีนต้านทาน

การผนวก (pyramiding) ยีนต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลมากกว่า 1 ยีนเข้าไปในพันธุ์ข้าว ทำให้เพิ่มความต้านทานได้ดีกว่าพันธุ์ที่มีเพียงยีนเดียว (Li *et al.*, 2006a; Myint *et al.*, 2009; Sharma *et al.*, 2004) แต่ยังไม่มีรายงานว่าการผนวกยีนต้านทานหลายๆ ยีน จะมีความคงทนของลักษณะต้านทานยาวนานกว่าเดิมหรือไม่ แนวความคิดที่จะผนวกยีนที่มีกลไกความต้านทานแตกต่างกัน หรือการผนวกยีนหลักเข้าไปในฐานพันธุกรรมที่มี QTLs ควบคุมลักษณะต้านทานอยู่แล้ว เป็นอีกแนวทางหนึ่งที่จะพัฒนาข้าวให้ต้านทานต่อความหลากหลายและต้านทานได้ยาวนานขึ้น ขณะนี้ได้มีการนำเอาสายพันธุ์ข้าวที่มีฐานพันธุกรรมของขาวดอกมะลิ 105 ที่ได้รับยีนต้านทานจากพันธุ์ Rathu Heenati Babawee และ Ahyaya มาผนวกรวมกัน ซึ่งคาดว่าจะได้สายพันธุ์ข้าวที่ต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล เพื่อต่อสู้กับการพัฒนาชีวชนิดและความหลากหลายของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่พบในประเทศไทย

6. อนาคตของการพัฒนาพันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล

การใช้พันธุ์ต้านทานเป็นวิธีที่จะรักษาเสถียรภาพของผลผลิตข้าวไม่ให้สูญเสียจากการแพร่ระบาดของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ปัจจุบันการพัฒนาพันธุ์ต้านทานในประเทศไทยอาศัยแหล่งพันธุกรรมจาก IRRI ที่มีการใช้ยีนต้านทานเพียงไม่กี่ยีน เช่น *Bph1* (IR26 IR28 IR29 IR30 IR34 IR44 IR45 IR46 และ IR64) *bph2* (IR32, IR36 IR38 IR40 IR42 IR48 IR50 IR52 IR54 และ IR65) และ *Bph3* (IR56 IR58 IR60 IR62 IR66 IR68 IR70 IR72 และ IR74) (Brar *et al.*, 2009) โดยยีนต้านทาน *Bph1* และ *bph2* ไม่ต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลส่วนใหญ่ในประเทศไทย และยีน *Bph3* เริ่มมีรายงานไม่ต้านทานต่อแมลงบางประชากรแล้ว (Chaiyawat *et al.*, 2009) ดังนั้น จำเป็นต้องค้นหาแหล่งพันธุกรรมต้านทานใหม่ๆ ร่วมกับมุ่งเน้นการจัดการใช้ประโยชน์จากยีนต้านทานที่มีอยู่ เพื่อให้ทันกับการเปลี่ยนแปลงชีวชนิดของแมลง โดยเฉพาะในสภาวะการเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศ ซึ่งอาจกระตุ้นให้เกิดการเปลี่ยนแปลงชีวชนิดเร็วขึ้น หรือเกิดการเปลี่ยนแปลงความถี่และเส้นทางการอพยพของประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล นอกจากนั้น ควรคำนึงถึงวิธีการประเมินความต้านทาน เนื่องจากวิธีการคัดเลือกพันธุ์/สายพันธุ์ข้าวต้านทานต่อเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่นิยมใช้อยู่ในปัจจุบัน คือการประเมินความต้านทานในระยะกล้าโดยวิธี Standard Seedbox Screening Test ซึ่งมีความเป็นไปได้ว่าทำให้คัดเลือกได้พันธุ์ต้านทานที่มีกลไกความต้านทานเหมือนเดิม จึงมีความจำเป็นที่จะต้องพัฒนาวิธีการประเมินความ

Bureau of Rice Research and Development

ต้านทาน เพื่อคัดเลือกกลไกความต้านทานที่หลากหลายและต้านทานได้ดีในสภาพจริงในแปลงนา (Chen, 2009; Horgan, 2009)

ความก้าวหน้าทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพ เปิดโอกาสให้การค้นพบและโคลนยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะความต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในจีโนมข้าว ทำให้สามารถเรียนรู้การทำงานของยีนและการใช้ประโยชน์เพื่อเพิ่มผลผลิตและลดความเสียหายที่เกิดจากการระบาดทำลายข้าว อย่างไรก็ตาม การศึกษาลักษณะที่ควบคุมด้วยหลายยีนหรือ QTLs ยังคงเป็นสิ่งที่ท้าทายต่อนักปรับปรุงพันธุ์ เนื่องจากลักษณะเหล่านี้ไม่ง่ายที่จะศึกษาลักษณะทางฟีโนไทป์ที่แม่นยำได้ เครื่องหมายโมเลกุลจะเข้ามามีบทบาทอย่างมาก เพื่อการพัฒนาพันธุ์ข้าวในอนาคตในแง่ของประสิทธิภาพ ต้นทุน และระยะเวลาในการพัฒนาสายพันธุ์ข้าว อย่างไรก็ตาม ยังขาดความรู้ความเข้าใจเกี่ยวกับความต้านทาน และการปรับตัวของแมลงบนพันธุ์ต้านทาน ยังมีความจำเป็นที่จะต้องดำเนินงานวิจัย เพื่อสนับสนุนการพัฒนาพันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในอนาคต หัวข้อวิจัยดังกล่าว เช่น

1) พัฒนาวิธีการประเมินความต้านทาน เพื่อคัดเลือกพันธุ์ข้าวที่มีกลไกความต้านทานหลากหลาย และมีความต้านทานในสภาพแปลงนา

2) การศึกษากลไกความต้านทานของพันธุ์ต้านทาน และการปรับตัวของเพลี้ยกระโดดบนพันธุ์ต้านทานในระดับจีโนม

3) การศึกษาความหลากหลาย และความสัมพันธ์ระหว่างเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลกับแบคทีเรียที่พึ่งพาอาศัยกัน ต่อการปรับตัวบนพันธุ์ต้านทาน

4) การจัดกลุ่มความรุนแรงของการเข้าทำลายพันธุ์ข้าวของประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่พบในประเทศไทย

5) การค้นหาแหล่งพันธุกรรมต้านทานใหม่ๆ

6) การพัฒนาพันธุ์ข้าวที่มีความต้านทานครอบคลุมความหลากหลายของประชากรแมลง และความยั่งยืนของพันธุ์ต้านทานโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล

7) การพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลชนิด SNPs สำหรับการคัดเลือกหลายลักษณะ รวมทั้งลักษณะที่ควบคุมโดย QTLs

สรุป

ประเทศไทยเริ่มพัฒนาพันธุ์ข้าวต้านทานเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลตั้งแต่ปี 2518 จนถึงปัจจุบันมีพันธุ์ข้าวต้านทานจำนวนมากได้รับการรับรองและส่งเสริมให้เกษตรกรปลูก เนื่องจากแหล่งพันธุกรรมที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ค่อนข้างแคบในแง่ของยีนต้านทาน ทำให้พันธุ์ข้าวส่วนใหญ่อ่อนแอต่อประชากรเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลที่พบในปัจจุบัน เทคโนโลยีชีวภาพเริ่มมีบทบาทสำคัญในงานปรับปรุงพันธุ์ข้าวของไทย ปัจจุบันมีความก้าวหน้าของการปรับปรุงพันธุ์ต้านทานโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลอย่างต่อเนื่อง ทำให้มีการสร้างสายพันธุ์ข้าวต้านทานที่มีพื้นฐานพันธุกรรมของข้าวคุณภาพดีและผลผลิตสูง เช่น ขาวดอกมะลิ 105 ชัยนาท 1 และปทุมธานี 1 เป็นต้น คาดว่าเครื่องหมายโมเลกุลจะเป็นเครื่องมือสำคัญของนักปรับปรุงพันธุ์ข้าว สำหรับการพัฒนาพันธุ์ข้าวในอนาคต และช่วยลดระยะเวลาการพัฒนาพันธุ์ ให้ทันกับการเปลี่ยนแปลงประชากรของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลในสภาพภูมิอากาศของโลกที่เปลี่ยนแปลงไป

อย่างไรก็ตาม ดูเหมือนจะถึงทางตันของการพัฒนาพันธุ์ต้านทาน เพื่อให้ครอบคลุมความหลากหลายและความยั่งยืนของการใช้พันธุ์ต้านทาน เนื่องจากยังขาดความรู้พื้นฐานหลายๆ ด้าน ที่ต้องตอบคำถามดังต่อไปนี้ 1) ในประเทศไทยมีความหลากหลายของชีวชนิดเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลมากน้อยเพียงใด และความหลากหลายนั้นเกิดจากอะไร 2) กลไกความต้านทานของพันธุ์ข้าวต่อเพลี้ยกระโดดที่แท้จริงเกิดจากการทำงานร่วมกันของยีนอย่างไร ซึ่งอาจเกี่ยวข้องกับคุณภาพของสารอาหาร (กรดอะมิโน) ในต้นข้าว หรือสารที่ข้าวสร้างขึ้นเพื่อต่อต้าน และเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลเอาชนะกลไกเหล่านั้นได้อย่างไร และ 3) การเคลื่อนย้ายประชากรเพลี้ยกระโดดภายในประเทศและประเทศเพื่อนบ้านเป็นอย่างไร คำตอบที่ได้จะเป็นข้อมูลที่มีประโยชน์อย่างมากเพื่อสนับสนุนแนวทางการพัฒนาพันธุ์ต้านทาน รวมถึงการจัดการใช้ประโยชน์จากยีนต้านทานที่เหลือน้อยลงไปทุกที อย่างไรก็ตาม ยังคงมีความหวังที่จะเห็นความก้าวหน้าของงานวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพ ทั้งทางด้านจีโนมของข้าวและจีโนมของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาล ซึ่งจะช่วยให้ได้คำตอบในอนาคตอันใกล้

Bureau of Rice Research and Development

เอกสารอ้างอิง

Alam, S.N. and M.B. Cohen. 1998a. Detection and analysis of QTLs for resistance to the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*, in a doubled-haploid rice population. Theor. Appl. Genet. 97 : 1370-1379.

Alam, S.N. and M.B. Cohen. 1998b. Durability of brown planthopper, *Nilaparvata lugens*, resistance in rice variety IR64 in greenhouse selection studies. Entomol. Exp. Appl. 89 : 71-78.

Angeles, E.R., G.S. Khush and E.A. Heinrichs. 1986. Inheritance of resistance to planthoppers and leafhopper in rice. pp. 537-549. *In:* Rice Genetics. IRRI, Los Baños, Philippines.

Athwal, D.S., M.D. Pathak, E.H. Bacalangco and C.D. Pura. 1971. Genetics of resistance to brown planthopper and green leafhoppers in *Oryza sativa* L. Crop Sci. 11 : 747-750.

Brar, D.S., P.S. Virk, K.K. Jena and G.S. Khush. 2009. Breeding for resistance to planthoppers in rice. pp. 401-428 *In* : Heong, K.L. and B. Hardy (eds.), Planthoppers: New Threats to the Sustainability of Intensive Rice Production Systems in Asia. IRRI, Los Baños, Philippines.

Cha, Y.S., H. Ji, D.W. Yun, B.O. Ahn, M.C. Lee, S.C. Suh, C.S. Lee, E.K. Ahn, Y.H. Jeon, I.D. Jin, J.K. Sohn, H.J. Koh and M.Y. Eun. 2008. Fine mapping of the rice *Bph1* gene, which confers resistance to the brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål), and development of STS markers for marker-assisted selection. Mol. Cells 26 : 146-151.

Chaiyawat, P., W. Sriratanasak, N. Chiengwattana, A. Lawanprasert, W. Jaqnlapa, S. Tayapatchara, C. Channoo and P. Pattawatang. 2009. Virulence of brown planthopper (*Nilaparvata lugen* Stål) on differential resistant varieties and certified rice varieties. pp. 243-254. *In* : Proceeding of the Annual Meeting of Rice and Temperate Cereals in 2009. Pattaya, Thailand.

Chen, J.W., L. Wang, X.F. Pang and Q.H. Pan. 2006. Genetic analysis and fine mapping of a rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene *bph19*(t). Mol. Gen. Genomics 275: 321-329.

Chen, Y.H. 2009. Variation in planthopper-rice interactions: possible interactions among three species?. pp. 315-326 *In* : Heong KL, B. Hardy (eds), Planthoppers: New Threats to the Sustainability of Intensive Rice Production Systems in Asia. Los Baños, Philippines.

Claridge, M.F. and J.D. Hollander. 1980. The "biotypes" of the rice brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. Entomol. Exp. Appl. 27 : 23-30.

Claridge, M.F., J.D. Hollander and D. Hasiam. 1984. The significance of morphometric and fecundity differences between the "biotypes" of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. Entomol. Exp. Appl. 36 : 107-114.

Cohen, M.B., S.N. Alam, E.B. Medina and C.C. Bernal. 1997. Brown planthopper, *Nilaparvata lugens*, resistance in rice cultivar IR64: mechanism and role in successful *N. lugens* management in central Luzon, Philippines. Entomol. Exp. Appl. 85 : 221-229.

Du, B., W. Zhang, B. Liu, J. Hua, Z. Wei, Z. Shi, R. He, L. Zhu, R. Chen, B. Han and G. He. 2009. Identification and characterization of *Bph14*, a gene conferring resistance to brown planthopper in rice. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 106 : 22163-22168.

He, G.C. 2007. Brown planthopper resistance genes in rice: from germplasm to breeding. Mol. Plant Breed. 5 : 175-176.

Hirabayashi, H. and T. Ogawa. 1995. RFLP mapping of *Bph-1* (Brown planthopper resistance gene) in rice. Breed. Sci. 45 : 369-371.

Hirabayashi, H., E.R. Angeles, R. Kaji, T. Ogawa, D.S. Brar and G.S. Khush. 1998. Identification of the brown planthopper resistance gene derived from *O. officinalis* using molecular markers in rice. Breed. Sci. 48 (Suppl. 1) : 82.

Horgan, F. 2009. Mechanisms of resistance: a major gap in understanding planthopper-rice interactions. pp. 281-302 *In* : Heong KL, B. Hardy (eds),

Bureau of Rice Research and Development

Planthoppers: New Threats to the Sustainability of Intensive Rice Production Systems in Asia. Los Baños, Philippines.

Huang, Z., L. Shu, X. Li and Q. Zhang. 2001. Identification and mapping of two brown planthopper resistance genes in rice. Theor. Appl. Genet. 102 : 929-934.

Ikeda, R. and C. Kaneda. 1981. Genetic analysis of resistance to brown planthopper, *Nilaparvata lugens* Stål, in rice. Jpn. J. Breed. 31 : 279-285.

Ishii T., D.S. Brar, D.S. Multani and G.S. Khush. 1994. Molecular tagging of genes for brown planthopper resistance and earliness introgressed from *Oryza australiensis* into cultivated rice, *O. sativa*. Genome 37 : 217-221.

Isshiki, M., K. Morino, M. Nakajima, R.J. Okagaki, S.R. Wessler, T. Izawa and K. Shimamoto. 1998. A naturally occurring functional allele of the rice waxy locus has a GT to TT mutation at the 5' splice site of the first intron. Plant J. 15 : 133-138.

Jairin, J., K. Phengrat, S. Teangdeerith, A. Vanavichit and T. Toojinda. 2007a. Mapping of a broad-spectrum brown planthopper resistance gene, *Bph3*, on rice chromosome 6. Mol. Breed. 19 : 35-44.

Jairin, J., K. Sansen, W. Wongboon and J. Kothcharerk. 2010. Detection of a brown planthopper resistance gene *bph4* at the same chromosomal position of *Bph3* using two different genetic backgrounds of rice. Breed. Sci. 60 : 71-75.

Jairin, J., S. Teangdeerith, P. Leelagud, J. Kothcharerk, K. Sansen, M. Yi, A. Vanavichit and T. Toojinda. 2009. Development of rice introgression lines with brown planthopper resistance and KDML105 grain quality characteristics through marker-assisted selection. Field Crop Res. 110 : 263-271.

Jairin, J., S. Teangdeerith, P. Leelagud, K. Phengrat, A. Vanavichit and T. Toojinda. 2007b. Detection of brown planthopper resistance genes from different rice mapping populations in the same genomic location. Sci. Asia. 33 : 347-352.

Jairin, J., S. Teangdeerith, P. Leelagud, K. Phengrat, A. Vanavichit and T. Toojinda. 2007c. Physical mapping of *Bph3*, a brown planthopper resistance locus in rice. Mj. Int. J. Sci. Tech. 1 : 166-177.

Jairin, J., T. Toojinda, S. Tragoonrung, S. Tayapat and A. Vanavichit. 2005. Multiple genes determining brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance in backcross introgressed lines of Thai jasmine rice 'KDML105'. Sci. Asia. 31 : 129-135.

Jena, K.K., I.C. Pasalu, Y.K. Rao, Y. Varalaxmi, K. Krishnaiah, G.S. Khush and G. Kochert. 2003. Molecular tagging of a gene for resistance to brown planthopper in rice (*Oryza sativa* L.). Euphytica 129 : 81-88.

Jena, K.K., J.U. Jeung, J.H. Lee, H.C. Choi and D.S. Brar. 2006. High-resolution mapping of a new brown planthopper (BPH) resistance gene, *Bph18*(t), and marker-assisted selection for BPH resistance in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 112 : 288-297.

Jeon, Y.H., S.N. Ahn, H.C. Choi, T.R. Hahn and H.P. Moon. 1999. Identification of a RAPD marker linked to a brown planthopper resistance gene in rice. Euphytica 107 : 23-28.

Kabir, M.A. and G.S. Khush. 1988. Genetic analysis of resistance to brown planthopper in rice, *Oryza sativa* L. Plant Breed. 100 : 54-58.

Kawaguchi, M., K. Murata, T. Ishii, S. Takumi, N. Mori and C. Nakamura. 2001. Assignment of a brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene *bph4* to the rice chromosome 6. Breed. Sci. 51 : 13-18.

Khush, G.S. 1984. Breeding for resistance to insects. Prot. Ecol. 7 : 147-165.

Khush, G.S. and P.S. Virk. 2005. IR Varieties and Their Impact. International Rice Research Institute. Los Baños Philippines. 163 p.

Khush, G.S., A.R. Karim and E.R. Angeles. 1985. Genetics of resistance of rice cultivar ARC10550 to Bangladesh brown planthopper biotype. J. Genet. 64 : 121-125.

Kim, S.M., U.S. Yeo and J.K. Sohn. 2004. Classification

Bureau of Rice Research and Development

of cultivars resistant to brown planthopper using DNA markers in rice. Korean J. Breed. 36 : 290-294.

Kinoshita, T. 1985. Report of the committee on gene symbolization, nomenclature and linkage groups. Rice Genet. Newsl. 2 : 17.

Kothcharerk, J. 2010. Development of Brown Planthopper Resistance in Rice CV. Chai Nat 1 Using Marker Assisted Selection. M.S. thesis, Naresuan University.

Kumari, S., J. M. Sheba, M. Marappan, S. Ponnuswamy, S, Seetharaman, N. Pothi, M. Subbarayalu, R. Muthurajan and S. Natesan. 2010. Screening of IR50 x Rathu Heenati F7 RILs and identification of SSR markers linked to brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance in rice (*Oryza sativa* L.) Mol. Biotechnol. DOI 10.1007/s12033-010-9279-0.

Lakshminarayana, A. and G.S. Khush. 1977. New genes for resistance to the brown planthopper in rice. Crop Sci. 17 : 96-100.

Lan, W., Z. Liu, G. Li and R. Qin. 2007. Comparative physical mapping of Bph15 with BAC-FISH in *O. glaberrima, O. officinalis,* and *O. latifolia.* Acta Agronomica Sinica 33 : 560-565.

Lang, N.T. and B.C. Buu. 2003. Genetic and physical maps of gene *Bph-10* controlling brown planthopper resistance in rice (*Oryza sativa* L.). Omonrice 11 : 35-41.

Latif, M. A., M. Y. Omar, S. G. Wan, S. S. Siraj and A. R. Ismail. 2009. Interpopulation crosses, inheritance study, and genetic variability in the brown planthopper complex, *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae). Biochem. Genet. 48 : 266-280.

Li, L.B., M.Y. Xia, H.X. Q, G.C. He, B.L. Wan and Z.P. Zha. 2006a. Marker-assisted selection for brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance genes *Bph14* and *Bph15* in rice. Sci. Agric. Sin. 39 : 2132-2137.

Li, R., L. Li, S. Wei, Y. Wei Y. Chen, D. Bai, L. Yang, F. Huang, W. Lu, X. Zhang, X. Li, X. Yang and Y. Wei. 2006b. The evaluation and utilization of new genes for brown planthopper resistance in common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). Mol. Plant Breed. 4 : 365-371.

Li, R.B., X.Y. Qin, S.M. Wei, F.K. Huang, Q. Li and S.Y. Luo. 2002. Identification and genetics of resistance against brown planthopper in a derivative of wild rice, *Oryza rufipogon* Griff. J. Genet. Breed. 56 : 29-36.

Liu, G.Q., H.H. Yan, Q. Fu, Q. Qian, Z.T. Zhang, W.X. Zhai and L.H. Zhu. 2001. Mapping of a new gene for brown planthopper resistance in cultivated rice introgressed from *Oryza eichingeri.* Chinese Sci. Bull. 46 : 1459-1462.

Liu, Y., C. Su, L. Jiang, J. He, H. Wu, C. Peng and J. Wan. 2009. The distribution and identification of brown planthopper resistance genes in rice. Hereditas 146 : 67-73.

Murai, H., Z. Hashimoto, P.N. Sharma, T. Shimizu, K. Murata, S. Takumi, N. Mori, S. Kawasaki and C. Nakamura. 2001. Construction of a high-resolution linkage map of rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene *bph2.* Theor. Appl. Genet. 103 : 526-532.

Murata, K., M. Fujiwara, C. Kaneda, S. Takumi, N. Mori and C. Nakamura. 1998. RFLP mapping of a brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene *bph2* of indica rice introgressed into a japonica breeding line "Norin-PL4". Genes Genet. Syst. 73 : 359-364.

Murata, K., M. Fujiwara, H. Murai, S. Takumi, N. Mori and C. Nakamura. 2001. Mapping of a brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene *Bph9* on the long arm of chromosome 12. Cereal Res. Commun. 29 : 245-250.

Myint, K.K.M., M. Matsumura, M. Takagi and H. Yasui. 2009. Demographic parameters of long-term laboratory strains of the brown planthopper *Nilaparvata lugens* Stål (Homoptera: Delphacidae) on resistance genes *bph20*(t) and *Bph21*(t) in rice.

Bureau of Rice Research and Development

J. Fac. Agr., Kyushu Univ. 54 : 159-164.

Nemoto, H., R. Ikeda and C. Kaneda. 1989. New genes for resistance to brown planthopper *Nilaparvata lugens* Stål in rice. Jpn. J. Breed. 39 : 23-28.

Palawisut, S., W. Pongprasert, S. Korintrsak and T. Srivongchai. 2005. Screening SSR markers for brown planthopper resistant genes, *Bph3*, on rice (*Oryza indica* L.) introgression lines and Chai Nat 1. J. Agric. 21 : 269-276.

Park, D.S., M.Y. Song, S.K. Park, S.K. Lee, J.H. Lee, S.Y. Song, M.Y. Eun, T.R. Hahn, J.K. Sohn, G. Yi, M.H. Nam and J.S. Jeon. 2008. Molecular tagging of the *Bph1* locus for resistance to brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) through representational difference analysis. Mol. Genet. Genomics 208 : 163-172.

Pathak, M.D. C.H. Cheng and M.E. Furtono. 1969. Resistance to *Nephotettix cincticeps* and *Nilaparvata lugens* in varieties of rice. Nature 223 : 502-504.

Phi, C.N., A. Yara, M. Matsumura, A. Yoshimura and H. Yasui. 2009. Development of near isogenic lines for *bph25*(t) and *Bph26*(t), conferring resistance to brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Stål) in the indica rice cultivar ADR52. (abstract) In : 6th International Rice Genetics Symposium. Manila, Philippines.

Rahman, M.L., W. Jiang, S.H. Chu, Y. Qiao, T.H. Ham, M.K. Woo, J. Lee, M.S. Khanam, J.H. Chin, J.U. Jeung, D.S. Brar, K.K. Jena and H.J. Koh. 2009. High-resolution mapping of two brown planthopper resistance genes, *Bph20*(t) and *Bph21*(t), originating from *Oryza minuta*. Theor. Appl. Genet. 119 : 1237-1246.

Ren, X., X. Wang, H. Yuan, Q. Weng, L. Zhu and G. He. 2004. Mapping quantitative trait loci and expressed sequence tags related to brown planthopper resistance in rice. Plant Breed. 123 : 342-348.

Renganayaki, K., A.K. Fritz, S. Sadasivam, S. Pammi, S.E. Harrington, S.R. McCouch, S.M. Kumar and A.S. Reddy. 2002. Mapping and progress toward map-based cloning of brown planthopper biotype-4 resistance gene introgressed from *Oryza officinalis* into cultivated rice, *O. sativa*. Crop Sci. 42 : 2112-2117.

Sano, Y., M. Katsumata and K. Okuno. 1986. Genetic studies of speciation in cultivated rice. 5. Inter-and intra-specific differentiation in the wx gene expression of rice. Euphytica 35 : 1-9.

Santhanalakshmi, S., S. Saikumar, S. Rao, A. Saikhanni, P. Khera, H.E. Shashidhar and P. Kadiyal. 2010. Mapping genetic locus linked to brown planthopper resistance in rice *Oryza sativa* L. Int. J. Plant Breed. Gene 4 : 13-22.

Senguttuvan, T. and M. Gopalan. 1990. Predatory efficiency of mirid bug (*Cyrtorhinus lividipennis*) on eggs and nymphs of brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) in resistant and susceptible varieties of rice (*Oryza sativa*). Indian J. Agric. Sci. 60 : 285-287.

Sharma, P.N., A. Torii, S. Takumi, N. Mori and C. Nakamura. 2004. Marker-assisted pyramiding of brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance genes *Bph1* and *bph2* on rice chromosome 12. Hereditas 140 : 61-69.

Sharma, P.N., Y. Ketipearachchi, K. Murata, A. Torii, S. Takumi, N. Mori and C. Nakamura. 2003. RFLP/AFLP mapping of a brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene *Bph1* in rice. Euphytica 129 : 109-117.

Shufran, K.A., and M.E. Whalon. 1995. Genetic analysis of brown planthopper biotypes using random amplified polymorphic DNA polymerase chain reaction (RAPD-PCR). Insect Sci. Appl. 16 : 27-33.

Sidhu, G.S. and G.S. Khush. 1979. Linkage relationships of some genes for disease and insect resistance and semidwarf stature in rice. Euphytica 28 : 233-237.

Sonoda, T., A. Yoshimura and H. Yasui. 2003. Detection of QTLs for antibiosis to brown planthopper,

Bureau of Rice Research and Development

Nilaparvata lugens Stål, in rice, *Oryza sativa* L. Rice Genet. Newsl. 20 : 85-87.

Soundararajan, R.P., P. Kadirvel, K. Gunathilagaraj and M. Maheswaran. 2004. Mapping of quantitative trait loci associated with resistance to brown planthopper in rice by means of a doubled haploid population. Crop Sci. 44 : 2214-2220.

Su, C.C., H.Q. Zhai, X.N. Cheng and J.M. Wan. 2002. Detection and analysis of QTLs for resistance to brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Stål), in rice (*Oryza sativa* L.), using backcross in bred lines. Acta Gentica Sinica 29 : 332-338.

Su, C.C., J. Wan, H.Q. Zhai, C.M. Wang, L.H. Sun, H. Yasui and A. Yoshimura. 2005. A new locus for resistance to brown planthopper identified in indica rice variety DV85. Plant Breed. 124 : 93-95.

Su, C.C., H.Q. Zhai, C.M. Wang, L.H. Sun and J.M. Wan. 2006. SSR mapping of brown planthopper resistance gene *Bph9* in Kaharamana, an indica rice (*Oryza sativa* L.). Acta Genet. Sin. 33 : 262-268.

Sun, L., C. Wang, C. Su, Y. Liu, H. Zhai and J. Wan. 2006a. Mapping and marker-assisted selection of a brown planthopper resistance gene *bph2* in rice (*Oryza sativa* L.). Acta Genetica Sinica 33 : 717-723.

Sun, L., Y. Liu, L. Jiang, C. Su and C. Wan. 2006b. Identification of quantitative trait loci associated with resistance to brown planthopper in the indica rice cultivar Col. 5 Thailand. Hereditas 144 : 48-52.

Sun, L., C. Su, C. Wang, H. Zhai and J. Wan. 2005. Mapping of a major resistance gene to the brown planthopper in the rice cultivar Rathu Heenati. Breed. Sci. 55 : 391-396.

Tang, M., L. Lv, S. Jing, L. Zhu and G. He. 2010. Bacterial symbionts of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae). Appl. Environ. Microb. 76 : 1740-1745.

Thanyasiriwat, T., P. Pattawatang and E.R. Angeles. 2009. New biotypes of brown planthopper in Thailand. (abstract), *In* : 6th International IPM Symposium. Oregon, USA.

Toojinda, T., S. Tragoonrung, A. Vanavichit, J.L. Siangliw, N. Pa-In, J. Jantaboon, M. Siangliw and S. Fukai. 2005. Molecular breeding for rainfed lowland rice in the Mekong region. Plant Prod. Sci. 8 : 330-333.

Velusamy, R., M. Ganesh Kumar and Y.S. Johnson Thangaraj Edward. 1995. Mechanisms of resistance to brown planthopper *Nilaparvata lugens* in wild rice (*Oryza* spp.) cultivars. Entomol. Exp. Appl. 74 : 245-251.

Wada, T., K. Ito, A. Takahashi and J. Tang. 2009. Starvation tolerance of macropter brown planthopper, *Nilaparvata lugens*, from temperate, subtropical, and tropical populations in East and South-East Asia. Entomol. Exp. Appli. 130 : 73-80.

Wang, Z.Y., F.Q. Zheng, G.Z. Shen, J.P. Gao, D.P. Snustad, M.G. Li, J.L. Zhang and M.M. Hong. 1995. The amylose content in rice endosperm is related to the post-transcriptional regulation of the waxy gene. Plant J. 7 : 613-622.

Watanabe, T., M. Matsumura and A. Otuka. 2009. Recent occurrences of long-distance migratory planthoppers and factors causing outbreaks in Japan. pp. 179-190. *In* : Heong KL, B. Hardy (eds), Planthoppers: New Threats to the Sustainability of Intensive Rice Production Systems in Asia. Los Baños, Philippines.

Wu, M., C. Li, J. Chen, S. Huang and H. Ku. 2009. Mapping of brown planthopper resistance gene introgressed from *Oryza nivara* into cultivated rice, *O. sativa*. pp. 56-65. *In*: M. Wu, J. Chen and D. Liu (eds), Proceeding of the International Symposium on Rice Research in the Era of Global Warming, TARI, Taichung, Taiwan.

Xu, X., H. Mei, L. Luo, X. Cheng and Z. Li. 2002. RFLP-facilitated investigation of the quantitative resistance of rice to brown planthopper (*Nilaparvata lugens*). Theor. Appl. Genet., 104 : 248-253.

Bureau of Rice Research and Development

Yan, H.M., R. Qin, W.W. Jin, G.C. He and Y.C. Song. 2002. Comparative physical mapping of *Bph3* with BAC-FISH in *Oryza officinalis* and *O. sativa*. Acta Botanica Sinica 44 : 583-587.

Yang, H, A. You, Z. Yang, F. Zhang, R. He, L. Zhu and G. He. 2004. High-resolution genetic mapping at the *Bph15* locus for brown planthopper resistance in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 110 : 182-91.

Yang, H., X. Ren, Q. Weng, L. Zhu and G. He. 2002. Molecular mapping and genetic analysis of a rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene. Hereditas 136 : 39-43.

Yang, L., R. Li and Y. Li. 2005. Preliminary mapping the genes conferring resistant to brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) in rice. Mol. Plant Breed. 3 : 807-809.

Bureau of Rice Research and Development