စိုက်ပျိုးရေး၊မွေးမြူရေးနှင့်ဆည်မြောင်းဝန်ကြီးဌာန

စိုက်ပျိုးရေးသုတေသနဦးစီးဌာန

မျိုးစေ့ဘဏ်၊ဇီဝနည်းပညာနှင့်သီးနှံကာကွယ်ရေးသုတေသနဌာနခွဲ၊

ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစု

ရေဆင်း၊နေပြည်တော်

၂၀၂၂-၂၀၂၃ ခုနှစ်အတွင်းဆောင်ရွက်ခဲ့သော သုတေသနလုပ်ငန်းများနှင့်တွေ့ရှိချက်များ

၂၀၂၃ခုနှစ်၊ မတ်လ

မာတိကာ

စဉ်	အကြောင်းအရာ	စာမျက်နှာ
၁။	နိဒါန်း	၁
၂။	တည်နေရာ	၁
၃။	တာဝန်	၁
၄။	ရည်ရွယ်ချက်	၁
၅။	အဓိကသုတေသနပြုဆောင်ရွက်သည့်သီးနှံများ	၂
၆။	စိုက်ဧရိယာ	၂
၇။	ဝန်ထမ်းအင်အားစာရင်း	၃
၈။	၂၀၂၂-၂၀၂၃ ခုဘဏ္ဍာရေးနှစ်အတွင်းတွင်ဆောင်ရွက်ခဲ့သည့် Program, Project နှင့်သုတေသနလုပ်ငန်းများ	
	(၁) စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိထားသောထွန်းပုမျိုးနှင့် RGB72မျိုးလိုင်းတို့၏ Gametoclonal Variation ကိုမိဘနှင့် နှိုင်းယှဉ်ရွေးချယ်ခြင်း။	၄-၁၀
	(၂) တရုတ်မွေးစပါးအားစပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်မိဘထက်သာလွန်ကောင်းမွန်သောမျိုးရရှိစေရန်မွေးမြူခြင်း။	၁၀-၁၅
	(၃) ရာသီစပါးမျိုးဖြစ်သောဘုကျူ၃အားစပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့် ရာသီမရွေးစိုက်ပျိုးနိုင်သောမျိုးလိုင်းများရရှိရန်မွေးမြူခြင်း။	၁၅-၁၇
	(၄) အလားအလာကောင်းသောစပ်မျိုးပြောင်းများတွင်အထွက်နှင့်အစေ့တန်းအရေအတွက်တိုးပွားနိုင်သည့်ဗီဇနှင့်ချိတ်ဆက်လျှက်ရှိသောMolecular Marker များအားအသုံးပြု၍Backcrossသားဆက်လိုင်းများအားမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း။ (အခြားနှံစားသီးနှံသုတေသနဌာနစုနှင့်တပ်ကုန်းစိုက်ပျိုးရေး သုတေသနခြံတို့နှင့် ပူးပေါင်း)	၁၈-၂၂
	(၅) အသက်ရက်တိုသည့်ဆင်းသုခ Double Haploid စပါးမျိုးလိုင်းရရှိရန် ဆောင်ရွက်ခြင်း။	၂၂-၂၈
	(၆) ယိုင်လဲဒဏ်ခံနိုင်ပြီး သက်တမ်းတိုဧရာမင်းစပါးမျိုးမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း (Marker Assisted Selection) (စပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနနှင့်ပူးပေါင်း)	၂၈-၄၂
	(၇) ဖြုတ်ညှိုဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော ဆင်းသုခစပါးမျိုးလိုင်းမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း (Marker Assisted Backcrossing) (စပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနနှင့်ပူးပေါင်း)	၄၃-၄၄
	(၈) စပ်မျိုးစပါး Backcross သားဆက်လိုင်းများတွင်အဖိုမြုံဗီဇနှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇ ပါဝင်မှုကို MolecularMarker များအသုံးပြု၍ ခွဲခြားခြင်း။ (စပ်မျိုးစပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနနှင့်ပူးပေါင်း)	၄၄-၅၃

(၉) စပါးဗီဇမျိုးကွဲများ၏အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇနှင့်အဖိုဗီဇပေါ်ဝင်မှုကို Molecular markerများအသုံးပြု၍ခွဲခြားခြင်း။ (စပ်မျိုးစပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနနှင့်ပူးပေါင်း) ၅၄-၆၂
(၁၀) အလားအလာကောင်းသော Japonica စပါးမျိုးများ၏မျိုးရိုးဗီဇနှင့် ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာလက္ခဏာရပ်များကိုသင့်တော်သောနေရာဒေသများတွင် လေ့လာခြင်း။ ၆၃-၇၆
(၁၁) စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကိုအသုံးပြု၍ တုန့်ပြန်မှု(Culturability) များသော Indica စပါးမျိုးများကိုသိရှိရန်။ ၇၇-၈၁
(၁၂) အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့် ကော်ဖီအမြောက်အများပွားများနိုင်သည့် နည်းလမ်းရှာဖွေခြင်း။ ၈၁-၈၃
(၁၃) ဆေးဖက်ဝင်သောနနွင်းအမြောက်အများပွားများနိုင်သည့် နည်းလမ်းအား ရှာဖွေခြင်း။ ၈၄-၈၉
(၁၄) အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့်ထောပတ်အမြောက်အများပွားများနိုင်သည့် နည်းလမ်း ရှာဖွေခြင်း။ ၈၉-၉၂
(၁၅) အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့် ကြံအမြောက်အများပွားများခြင်း။ ၉၃-၉၅
(၁၆) အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့် ဆေးခါးကြီး အမြောက်အများပွားများနိုင်သည့် နည်းလမ်း ရှာဖွေခြင်း။ ၉၅-၉၇
(၁၇) ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ပြီး စားသုံးမှုကောင်းမွန်သောဈေးကွက်ဝင် ဆင်းသုခ မျိုးလိုင်းများ မွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း။ (Marker Assisted Back crossing) (စပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနနှင့်ပူးပေါင်း) ၉၈-၁၀၀
(၁၈) ရေမြုပ်ခံနိုင်သောပေါ်ဆန်းရင်စပါးမျိုးသစ်အား Marker Assisted Backcrossing နည်းဖြင့် မွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း။(စပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနနှင့်ပူးပေါင်း) ၁၀၀-၁၀၃
(၁၉) အရွက်ရောဂါ (Foliar-disease) ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇပေါ်ဝင်သောမြေပဲမျိုး လိုင်းများမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း။ (Marker Assisted Selection) ၁၀၃-၁၀၉
(၂၀) ရောဂါပိုးမွှားခံနိုင်၍အရည်အသွေးကောင်းအထွက်နှုန်းကောင်းမွန်သော စပါးမျိုးသစ်များရရှိရန်ဆောင်ရွက်ခြင်း(Green Super Rice-Phase 2) (အပင်ဇီဝကမ္မဗေဒသုတေသနဌာနစုနှင့်ပူးပေါင်း) ၁၁၀-၁၁၆
(၂၁) အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာနှင့်အပင်မျိုးထွန်းနည်းပညာတို့ပူးပေါင်း၍ Fusarium Wilt ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောငှက်ပျောမျိုးထွန်းမွေးမြူ ထုတ်လုပ်ခြင်း။ ၁၁၇-၁၁၉

(၂၂) စပါးသီးနှံ၏ဆားငံဒဏ်ခံရခြင်းအပေါ်တုန့်ပြန်နိုင်သောဗီဇဖော်ပြချက် ၁၁၉-၁၃၇
အားqRT-PCR နှင့် RT-PCR နည်း ပညာတို့ဖြင့်လေ့လာခြင်း။
(၂၃) ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောခရမ်းချဉ်မျိုးများနှင့်အရည်အသွေးကောင်း ၁၃၇-၁၄၅
ခရမ်းချဉ်မျိုးများကိုပတ်လည်မျိုးကူးစပ်ခြင်းဖြင့်စပ်မျိုးခရမ်းချဉ်မျိုးများ၏
ပေါင်းစပ်စွမ်းရည် ကိုလေ့လာခြင်း။(ဟင်းသီးဟင်းရွက်သုတေသနဌာနစု
နှင့်ပူးပေါင်း)
(၂၄) Heterotic grouping ပြုလုပ်ရန်အတွက်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများဗီဇကွဲပြား ၁၄၆-၁၅၄
မှုအားလေ့လာခြင်း။(တပ်ကုန်းစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံနှင့်ပူးပေါင်း)
၉။ ၂၀၂၂-၂၀၂၃ ခုနှစ်၊အသုံးစရိတ် ၁၅၅-၁၅၇
(က)၂၀၂၂-၂၃ ဘဏ္ဍာရေးနှစ်၊ငွေစာရင်းခေါင်းစဉ်အလိုက်သာမန်
အသုံးစရိတ်စာရင်း
(ခ) လအလိုက်ပံ့ပိုးပစ္စည်းသုံးစွဲမှုဒီဇယ်ရရှိသုံးစွဲမှု (ဂါလံ)
(ဂ)လအလိုက်ဓါတ်မြေသြဇာရရှိ/ သုံးစွဲမှု (အိတ်)
(ဃ)၂၀၂၂-၂၀၂၃၊ဘဏ္ဍာရေးနှစ်လအလိုက်(၀၃-၀၁)နှင့်(၀၃-၁၃)
သုံးစွဲမှုအခြေအနေ
(င) ကွင်းမြေပုံ
၁၀။ နိဂုံး ၁၅၉

၁။ နိဒါန်း

ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုသည် ပြောင်းလဲလာသော ရာသီဥတုကြောင့် ဖြစ်ပေါ်လာသည့် သဘာဝဘေးဒဏ်နှင့် ရောဂါပိုးမွှားဒဏ်တို့ကိုခံနိုင်ရည်ရှိသည့် သီးနှံမျိုးကောင်းမျိုးသစ်များ ထုတ်လုပ်ရာတွင် ဇီဝနည်းပညာရပ်များကို အသုံးချလျှက် သီးနှံသုတေသနဌာနစုများနှင့် ချိတ်ဆက်ကာ မျိုးမွေးမြူထုတ်လုပ်ရေးဆိုင်ရာ သုတေသနလုပ်ငန်းများကို အဓိကထား ဆောင်ရွက်လျှက်ရှိပါသည်။

၂။ တည်နေရာ

ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုသည်စိုက်ပျိုးရေးသုတေသနဦးစီးဌာန (ရုံးချုပ်)၊ရေဆင်း၊ နေပြည်တော်တွင်တည်ရှိပါသည်။

၃။ တာဝန်

အပင်ဇီဝနည်းပညာရပ်များကိုအသုံးချလျှက် အပင်မျိုးမွေးမြူရေးလုပ်ငန်းများ၊ သီးနှံအရင်းအမြစ်များတွင်မိမိရေမြေနှင့် ကိုက်ညီဖြစ်ထွန်းနိုင်မည့် မျိုးဗီဇလက္ခဏာရပ်များကို ရှာဖွေဖော်ထုတ်သည့်လုပ်ငန်းများနှင့် သီးနှံမျိုးများ၏မျိုးရိုးဗီဇဆိုင်ရာသတင်းအချက်အလက်များကို လေ့လာအသုံးချခြင်းလုပ်ငန်းများတွင် အထောက်အကူပြုဆောင်ရွက်ရန်

၄။ ရည်ရွယ်ချက်

(၁)သီးနှံမျိုးများဖွံ့ဖြိုးတိုးတက်ရေးနှင့် မျိုးဗီဇအရင်းအမြစ်များ ထိန်းသိမ်းကာကွယ်ရေးတွင် အပင်တစ်သျှူးမွေးမြူရေးနည်းနှင့် မော်လီကျူလာနည်းပညာအသုံးချမှုပိုမိုတိုးတက်လာစေရန်။

(၂)ရာသီဥတုပြောင်းလဲမှုကြောင့်ဖြစ်ပေါ်လာသောရောဂါပိုးမွှားများနှင့်သဘာဝဘေးဒဏ်များ ကျရောက်မှုကိုခံနိုင်ရည်ရှိပြီးအာဟာရပြည့်ဝသည့်သီးနှံမျိုးသစ်များဖော်ထုတ်ရန်။

(၃)သီးနှံမျိုးများ၏ ဗီဇသတင်းအချက်အလက်များ လေ့လာခြင်းနှင့် ဇီဝပြုပြင်ခြင်းဆိုင်ရာသုတေသနလုပ်ငန်းများ၊ဇီဝပြုပြင်သီးနှံများ၏ကျန်းမာရေးနှင့်သဘာဝပတ်ဝန်းကျင်ထိခိုက်စေနိုင်မှုများအားလေ့လာအကဲဖြတ်ခြင်းဆိုင်ရာသုတေသနများကိုနိုင်ငံတကာအဖွဲ့အစည်းများဖြင့်ပူးပေါင်း ချိတ်ဆက် ဆောင်ရွက်ရန်။

၅။အဓိကသုတေသနပြုဆောင်ရွက်သည့်သီးနှံများ

၂၀၂၁-၂၀၂၂ခုဘဏ္ဍာရေးနှစ်တွင်စပါး၊ စပ်မျိုးစပါး၊ အစေ့ထုတ်ပြောင်းဖူး၊ ငှက်ပျော၊ ကြံ၊ ထောပတ်၊ ကော်ဖီ၊ နနွင်း၊ မြေပဲနှင့် ခရမ်းချဉ် သီးနှံများကို အဓိကသုတေသနပြု ဆောင်ရွက် ခဲ့ပါသည်။

၆။ စိုက်ဧရိယာ

စဉ်	သီးနှံအမည်	စိုက်ပျိုးနိုင်သည့်ဧက	၂၀၂၂- ၂၀၂၃ (၂၀၂၂ခုနှစ် ဧပြီလမှ ၂၀၂၃ မတ်လ) အတွင်း ဆောင်ရွက်ခဲ့သည့်လုပ်ငန်းဧရိယာ (ဧက)											
			မိုး				မိုးနှောင်း				မိုးကြို			
			သု	ထုတ်	ဖွံ့	ပေါင်း	သု	ထုတ်	ဖွံ့	ပေါင်း	သု	ထုတ်	ဖွံ့	ပေါင်း
၁	စပါး		၁.၆၅			**၁.၆၅**					၁.၆၅			**၁.၆၅**
၂	သစ်စိမ်း								၁.၀၄	**၁.၀၄**				
	စုစုပေါင်း	**၂.၆၄**	**၁.၆၅**			**၁.၆၅**			၁.၀၄	**၁.၀၄**	**၁.၆၅**			**၁.၆၅**

၇။ ဝန်ထမ်းအင်အားစာရင်း

စဉ်	ရာထူး	ဦးရေ	မှတ်ချက်
၁။	သုတေသနမှူး	၁	
၂။	သုတေသနအရာရှိ	၁	RGBM Project တာဝန်(၁ဦး)
၃။	လက်ထောက်သုတေသနအရာရှိ	၁	ပြည်တွင်းပညာသင်(၁)ဦး
၄။	သုတေသနလက်ထောက်-၂	၂	
၅။	သုတေသနလက်ထောက်-၃	၅	ပြည်ပပညာသင်(၁)ဦး ပြည်တွင်းပညာသင်(၂)ဦး RGBM Project တာဝန်(၁ဦး)
၆။	သုတေသနလက်ထောက်-၄	၂	
၇။	အငယ်တန်းစာရေး	၁	
၈။	ဓါတ်ခွဲခန်းကျွမ်းကျင်-၄	၁	
၉။	လုပ်သားမှူး	၁	
	စုစုပေါင်း	**၁၅**	

(၁) စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိထားသောထွန်းပုနှင့် RGB-72 မျိုးလိုင်းများ၏ Gametoclonal Variation ကိုမိဘမျိုးနှင့်နှိုင်းယှဉ်ရွေးချယ်ခြင်း (P1/SP1/BTS/Rice/Pj-001)

နိဒါန်း

သမရိုးကျနည်းဖြင့် စပါးမျိုးများမွေးမြူရာတွင် သန္ဓေသန့်မျိုးဗီဇလိုင်းများရရှိရန် သားဆက်၆-၇ ဆက်ခန့်ကြာနိုင်သော်လည်း အဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကိုအသုံးပြုပါက သားဆက်တစ်ဆက်တည်းဖြင့် သန္ဓေသန့်မျိုးဗီဇလိုင်းရရှိနိုင်ပါသည်။ စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းတွင် အသုံးပြုသည့် အစာလွှာတွင်ပါဝင်သော ဓာတုပစ္စည်းများ၏ အကျိုးသက်ရောက်မှုများကြောင့် ရှိလာသည့် Doubled Haploid စပါးလိုင်းများတွင်ပန်းပွင့်ချိန်၊ အပင်အမြင့်၊ Protein ပါဝင်မှု ၊ လင်းတာ တုန့်ပြန်မှုများ၊အထွက်နှုန်း၊အသက်ရက်နှင့်အခြားဗီဇလက္ခဏာရပ်များထူးခြားပြောင်းလဲဖြစ်ပေါ်နိုင်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်ဖြင့် Gametoclonal Variation ရှိ၍မိဘမျိုးထက် အထွက်နှုန်းသာလွန်သောမျိုးလိုင်းများကို ရွေးချယ်ရန်ရည်ရွယ်၍ ဆောင်ရွက်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ(စတင်မှပြီးသည်အထိ)

၂၀၂၁-၂၀၂၂ မှ၂၀၂၆-၂၀၂၇

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ

၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ် မိုး

(ခ) တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း

ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊ ဒေါ်အေးအေးနိုင်နှင့် ဒေါ်သန်းသန်းအေး

(ဂ) စိုက်ရက် - ၁၁. ၇. ၂၀၂၂

(ဃ) စမ်းသပ်ကွက်ပုံစံ -Simple Trial

(င) စမ်းသပ်ကွက်အရွယ် -၀.၅ ဧက

(စ) စမ်းသပ်သည့်မျိုး - ထွန်းပု (AC) မျိုး- **၁၁**လိုင်း၊ RGB-72 (AC) မျိုး**- ၈**၆ လိုင်း

(ဆ) စိုက်နည်းစနစ်အသေးစိတ်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့် မွေးမြူရရှိလာသော ထွန်းပု(AC) မျိုး– 20 လိုင်း၊ RGB–72 (AC) မျိုး**–** ၂၄၆ လိုင်းများအား ၂၀၂၁ မိုးရာသီတွင် **မူလမျိုး**နှင့်နှိုင်းယှဉ်စိုက်ပျိုး၍ ပွားများလေ့လာခဲ့ ရာ အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာကောင်းသောထွန်းပုမျိုးလိုင်း(AC) မျိုး– ၁၅လိုင်း၊ RGB–72 (AC) မျိုး**–** ၂၀၀ လိုင်းပါသည်။ ရွေးချယ်ရရှိလာသည့်ထွန်းပု(AC) မျိုး–၁၅လိုင်း၊ RGB–72 (AC) မျိုး**–** ၂၀၀ လိုင်းတို့အား ၂၀၂၂ မိုးကြိုရာသီတွင် **မူလ**မျိုးတို့နှင့် Simple Trial စမ်းသပ်ကွက်အဖြစ် နှိုင်းယှဉ် စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် ၂၀၂၂ မိုးရာသီတွင်မှ အဆင့်ဆင့် ရွေးချယ်ရရှိလာသော ထွန်းပု(AC) မျိုး– **၁၁**လိုင်း၊ RGB–72 (AC) မျိုး**– ၈၆** လိုင်း**တို့ကိုထပ်မံ၍ စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။**

(ဇ) မြေသြဇာနှုန်းထား

Urea 168 lb/ac, TSuper 112 lb/ac, Potash 28 lb/ac, Gypsum 56 lb/ac

(ဈ) ကောက်ယူသည့်မှတ်တမ်း

၅၀%ပန်းပွင့်ရက်၊၁၀၀%ပန်းပွင့်ရက်၊ရိတ်သိမ်းချိန်တွင်အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက် လက္ခဏာ များကို မှတ်တမ်းကောက်ယူခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်မွေးမြူရရှိလာသောထွန်းပု (AC) မျိုး–**၁၁** လိုင်းနှင့် ထွန်းပု (မူလ)မျိုးတို့အား ၂၀၂၂ ခုနှစ် မိုးရာသီတွင် နှိုင်းယှဉ်လေ့လာစိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ ACမျိုးလိုင်း အားလုံးနှင့်မူလမျိုးတို့၏ အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများကို လေ့လာရာတွင် အပင် အမြင့် (PH)၊ တစ်နံ့ပါပင်ပွား (T) ၊အနံ့အရှည်(PL) နှင့် တစ်နံ့ပါအောင်စေ့(FG) တို့ကို လေ့လာရာ တွင် မူလမျိုးထက် သိသာစွာ သိသာစွာကွာခြားခြင်းမရှိသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ထို့ပြင် ထွန်းပု (AC) မျိုး– **၁၁** လိုင်း**တို့၏ အသက်ရက်ကိုလေ့လာရာတွင်လည်း မူလမျိုးထက် အသက်ရက် (၉၃–၉၈) ရက်အတွင်းရှိပြီး (၁–၄)ရက် နီးပါးသာငယ်သောကြောင့် သိသာထင်ရှားစွာ အသက်ရက်ငယ် သည်ကို မတွေ့ရှိရပါ။** တွေ့ရှိချက်များကိုဇယား (၁)တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

ထို့ပြင် RGB–72(AC) မျိုး**(၈၆)**လိုင်း **အားလုံးမှာ**RGB–72(မူလ)မျိုးထက် မျိုးလိုင်း (၃၀) လိုင်းမှာ အသက်ရက် အနည်းငယ်သာငယ်သည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပြီး အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်

လက္ခဏာများကို နှိုင်းယှဉ်လေ့လာခဲ့ရာ AC မျိုးလိုင်းများမှ မူလမျိုးထက်အပင်အမြင့် သာလွန်သောမျိုးလိုင်း (၈၁) လိုင်း၊ မူလမျိုးထက် အပင်အမြင့် နိမ့်သောမျိုးလိုင်း (၅) လိုင်းတို့ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ မျိုးလိုင်းများ၏ တစ်နှံ့ပါပင်ပွားကိုလေ့လာရာတွင် မူလမျိုးထက်သာလွန်သော မျိုးလိုင်း (၄) လိုင်း၊ မူလမျိုးထက်နည်းသောမျိုးလိုင်း (၇၇) လိုင်းတို့ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပြီး အနှံအရှည်ကို လေ့လာရာတွင် မူလမျိုးထက်သာလွန်သောမျိုးလိုင်း (၁၄) လိုင်းနှင့် မူလမျိုးထက်နည်းသော မျိုးလိုင်း (၇၂) လိုင်းတို့ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ထို့နောက် မျိုးလိုင်းများ၏ တစ်နှံ့ပါအောင်စေ့ကို လေ့လာရာတွင် မူလမျိုးထက်သာလွန်သောမျိုးလိုင်း(၆) လိုင်း၊ နည်းသောမျိုးလိုင်း(၈၀)လိုင်းတို့ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ တွေ့ရှိချက်များကိုဇယား(၂)တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။ သို့ဖြစ်ပါ၍ စပါးအဖိုဝတ်မှုန် အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသော ထွန်းပုစပါးမျိုးနှင့် RGB–72**မျိုးလိုင်းများ**တွင် Gametoclonal Variationမရှိသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

ဇယား (၁) – Anther Culture မှရရှိလာသော ထွန်းပု(AC)စပါးမျိုးလိုင်း(၁၁)လိုင်း နှင့် ထွန်းပု (မူလ)မျိုး၏အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ

No.	Line no.	Maturity	Plant height (cm)	Tiller no.	Panicle length(cm)	Filled grain
1	TP– 1	96	52.7	12	20	72
2	TP– 2	93	55.9	15	21	69
3	TP– 3	98	54	16	21	83
4	TP– 4	94	49.7	15	21	77
5	TP– 5	98	56	14	20.2	96
6	TP– 6	95	51.7	17	21	159
7	TP– 7	98	52	21	21.9	86
8	TP– 8	98	54.3	14	20.5	129
9	TP– 9	97	53.7	15	21.1	88
10	TP– 10	96	57	16	20.1	79
11	TP– 11	98	55.5	17	21	111
12	TP– မူလ	97	53.9	16	20.6	80
	Mean	**97**	**52.7**	**12**	**20.8**	**94**

ဇယား(၂) – Anther Culture မှရရှိလာသော RGB 72 (AC) စပါးမျိုးလိုင်း(၈၆)လိုင်းများ နှင့် RGB 72 မူလမျိုး၏အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ

No.	Line no.	Maturity	Plant height(cm)	Tiller no.	Panicle length(cm)	Filled grain
1	RGB 72– 1	122	71.7	19	21.5	75
2	RGB 72 –2	122	76	14	21.4	111
3	RGB 72–3	121	85.2	16	22.6	123
4	RGB 72–4	122	84.3	15	21.8	101
5	RGB 72–5	122	85.8	11	22	90
6	RGB 72–6	121	86.3	12	22	99
7	RGB 72–7	120	84.7	7	23.2	92
8	RGB 72–8	122	87.8	13	22.1	98
9	RGB 72–9	122	90.3	13	22	128
10	RGB 72–10	122	92.7	16	22.5	111
11	RGB 72–11	121	86	15	24.7	97
12	RGB 72–12	121	84	15	25.2	75
13	RGB 72–13	120	85	12	23.4	99
14	RGB 72–14	125	84.3	16	24.9	76
15	RGB 72–15	120	84	14	22.6	121
16	RGB 72–16	123	79	18	24	144
17	RGB 72–17	124	85.7	15	24.7	118
18	RGB 72–18	124	81.3	18	23	102
19	RGB 72–19	124	89.2	10	21.8	108
20	RGB 72–20	125	85.5	13	23.6	96
21	RGB 72–21	125	83.3	11	22.2	129
22	RGB 72–22	125	77.3	16	23.1	99
23	RGB 72–23	122	86.3	10	23.3	129
24	RGB 72–24	122	86.3	10	23.8	97
25	RGB 72–25	121	83.3	14	25.4	89
26	RGB 72–26	120	91.7	13	25	92
27	RGB 72–27	123	82.3	14	23.2	98
28	RGB 72–28	125	86	10	24.5	91
29	RGB 72–29	123	85.3	13	25.2	75
30	RGB 72–30	125	90.7	12	25.8	74
31	RGB 72–31	125	86.7	13	21.6	84

32	RGB 72–32	125	88	12	22.3	86
33	RGB 72–33	124	86	14	24.8	103
34	RGB 72–34	124	86	14	23.1	102
35	RGB 72–35	120	89.3	13	22.4	120
36	RGB 72–36	120	86.3	13	22.4	124
37	RGB 72–37	124	88.3	15	25.1	118
38	RGB 72–38	125	82.3	14	22.7	89
39	RGB 72–39	125	86.7	14	23.6	60
40	RGB 72–40	122	85.3	11	21.4	122
41	RGB 72–41	122	86.3	16	23.3	113
42	RGB 72–42	122	85.2	11	24.2	127
43	RGB 72–43	125	87.8	13	22.9	163
44	RGB 72–44	125	89.7	13	24.8	91
45	RGB 72–45	122	69	9	23.9	157
46	RGB 72–46	122	82.7	12	21.9	127
47	RGB 72–47	122	86	14	22.8	84
48	RGB 72–48	122	90	13	22.3	120
49	RGB 72–49	124	83	14	22.5	123
50	RGB 72–50	124	87.7	11	25.7	116
51	RGB 72–51	123	90	12	23.4	118
52	RGB 72–52	127	85.7	10	21.2	119
53	RGB 72–53	127	87.3	14	20.7	142
54	RGB 72–54	127	86	11	22.9	129
55	RGB 72–55	127	85	14	24.3	112
56	RGB 72–56	127	89.3	14	23.9	128
57	RGB 72–57	127	88.7	15	24	109
58	RGB 72–58	127	89.7	14	22.9	138
59	RGB 72–59	120	91	15	24.1	149
60	RGB 72–60	122	87.3	13	25.6	137
61	RGB 72–61	123	89.7	11	21.2	138
62	RGB 72–62	124	76.3	12	24.2	86
63	RGB 72–63	124	86.7	11	22.9	178
64	RGB 72–64	124	88	11	23.2	137
65	RGB 72–65	125	90	11	22.9	170
66	RGB 72–66	124	70.3	13	21.3	116
67	RGB 72–67	122	82.7	12	22.7	103

68	RGB 72–68	124	86	14	22.1	101
69	RGB 72–69	122	85.3	14	23.9	116
70	RGB 72–70	124	84	15	23.4	103
71	RGB 72–71	124	88	14	21.6	131
72	RGB 72–72	125	87	12	23.5	110
73	RGB 72–73	120	86.3	12	25.9	159
74	RGB 72–74	125	87.7	11	23	105
75	RGB 72–75	125	90	14	22.3	110
76	RGB 72–76	125	90.7	14	25.3	107
77	RGB 72–77	125	93	13	25	112
78	RGB 72–78	124	93.7	12	21.8	119
79	RGB 72–79	120	92	14	22.7	115
80	RGB 72–80	125	94.7	15	23.9	147
81	RGB 72–81	124	92.7	15	20.9	102
82	RGB 72–82	124	89.3	12	24.7	120
83	RGB 72–83	124	83.3	12	25.2	124
84	RGB 72–84	124	87.3	12	23.6	99
85	RGB 72–85	124	90	13	25.2	92
86	RGB 72–86	124	89.7	12	24.6	98
87	RGB72– မိဘ	124	92.5	16	25	143
	Mean		**86.2**	**13**	**23.3**	**113**

သုံးသပ်ချက်

တွေ့ရှိချက်များအရစပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသည့်ထွန်းပု(AC) မျိုး– **၁၁**လိုင်း ၊ RGB–72 (AC) မျိုး **(၈၆)** လိုင်းတို့တွင်အသက်ရက်နှင့် အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများကို မူလထွန်းပုမျိုးနှင့် မူလ RGB–72 မျိုးတို့နှင့် နှိုင်းယှဉ်လေ့လာရာတွင် အပင်အမြင့် (PH)၊ တစ်နံ့ပါပင်ပွား (T) ၊အနံ့အရှည်(PL) နှင့် တစ်နံ့ပါအောင်စေ့(FG)တို့မှာ သိသာထင်ရှားစွာကွာခြားမှုမရှိသည့်အတွက်ကြောင့် မျိုးလိုင်းများတွင် Gametoclonal Variationမရှိသည်ကို သုံးသပ်ရပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသည့်RGB–72 (AC) မျိုး**– ၈၆** လိုင်းတို့တွင် ရွေးချယ်ထားသောမူလမျိုးထက် အသက်ရက်အနည်းငယ်တိုသည့် စပါးဘက်တီးရီးယားရွက်

ခြောက်ရောဂါဒဏ်၊ စပါးရွက်လိပ်ရောဂါနှင့် ပိုးမွှားဖျက်ဆီးမှုဒဏ်တို့ ခံနိုင်ရည်ရှိသော RGB-72 (AC) မျိုး **(၃၀)** လိုင်း**အား** ၂၀၂၂ -၂၀၂၃ မိုးကြိုရာသီတွင်ဆက်လက်စိုက်ပျိုးပြီး ရောဂါကျရောက်မှုတို့အား molecular marker တို့ကို အသုံးပြု၍ စစ်ဆေးရွေးချယ်ပြီး မျိုးစပ်သည့်အခါတွင် အသုံးပြုနိုင်ရန်အတွက် ဆက်လက်လုပ်ဆောင်သွားမည်ဖြစ်ပါသည်။

(၂) စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့် ရရှိလာသောတရုတ်မွေးစပါးမျိုးလိုင်းများ၏ Gametoclonal Variationကိုလေ့လာခြင်း

(P1/SP1/BTS/Rice/Pj-002)

နိဒါန်း

သမရိုးကျနည်းဖြင့် စပါးမျိုးများမွေးမြူရာတွင် သန္ဓေသန့်ဗီဇလိုင်းများရရှိရန် သားဆက် ၆-၇ဆက် ခန့်ကြာနိုင်သော်လည်း အဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကိုအသုံးပြုပါက သားဆက်တစ်ဆက် တည်းဖြင့်သန္ဓေသန့်ဗီဇလိုင်းရရှိနိုင်ပါသည်။ စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းတွင် အသုံးပြုသည့် အစာလွှာတွင်ပါဝင်သော ဓာတုပစ္စည်းများ၏ အကျိုးသက်ရောက်မှုများကြောင့် ရှိလာသည့်Doubled Haploidစပါးလိုင်းများတွင်ပန်းပွင့်ချိန်၊ အပင်အမြင့်၊ Proteinပါဝင်မှု ၊ လင်းတာတုန့်ပြန်မှုများ၊ အထွက်နှုန်း၊ အသက်ရက်နှင့်အခြားဗီဇလက္ခဏာရပ်များ ထူးခြားပြောင်းလဲဖြစ်ပေါ်နိုင်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့် ရရှိလာသော တရုတ်မွေးမျိုးလိုင်းများ၏ Gametoclonal Variation ရှိမရှိသိရန် ဆောင်ရွက်ခြင်း။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ(စတင်မှုပြီးစီးသည်အထိ)

၂၀၁၉-၂၀မှ ၂၀၂၄-၂၅

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က)ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ

၂၀၂၁-၂၀၂၂ မိုးကြို နှင့် ၂၀၂၂-၂၀၂၃ မိုး

(ခ)တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း

ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်၊ ဒေါ်နီလာကျော်၊ ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး

(ဂ) **စိုက်ရက်**

မိုးကြို – ၂၅.၁.၂၀၂၂

မိုး – ၁၁.၇.၂၀၂၂

(ဃ) **စမ်းသပ်ကွက်ပုံစံ**

General Yield Trial (GYT) မိုးကြို

Advanced Yield Trial (AYT)မိုး

(င)**စမ်းသပ်ကွက်အရွယ်**

၀.၅၀ ဧက

(စ)**စမ်းသပ်သည့်မျိုး**

တရုတ်မွေး**(**Anther)–၁၄ လိုင်း၊တရုတ်မွေး(မူလမျိုး)

တရုတ်မွေး**(**Anther)–၁၂ လိုင်း၊တရုတ်မွေး(မူလမျိုး)

(ဆ)**စိုက်နည်းစနစ်အသေးစိတ်**

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်မွေးမြူရရှိလာသောတရုတ်မွေး စပါးမျိုးလိုင်း TYMDH (၂၁၄) လိုင်းနှင့် တရုတ်မွေး(မိဘ)မျိုး တို့ကို ၂၀၁၉–၂၀၂၀ မိုးကြိုတွင် နှိုင်းယှဉ်စိုက်ပျိုးလေ့လာခဲ့ပါသည်။ ၂၀၁၉–၂၀၂၀ မိုးကြိုရာသီတွင် စိုက်ပျိုးခဲ့သော(၂၁၄)လိုင်းမှ TDH မျိုးလိုင်း (၆၀)လိုင်းကို ရွေးချယ်ခဲ့ပြီး ၂၀၁၉–၂၀၂၀ မိုးရာသီတွင် တရုတ်မွေး(မိဘ) မျိုးနှင့် နှိုင်းယှဉ်၍ စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ ၂၀၁၉–၂၀၂၀ မိုးရာသီတွင် ရွေးချယ်စိုက်ပျိုးခဲ့သောTDH မျိုးလိုင်း (၆၀)လိုင်း မှ မိဘထက်သာလွန်ကောင်းမွန်သော မျိုးလိုင်း (၃၀) ကို ရွေးချယ်၍ ၂၀၂၀–၂၁ မိုးကြိုရာသီတွင် TDH မျိုးလိုင်း (၃၀)လိုင်းကို စမ်းသပ်စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ ယင်းမျိုးလိုင်း (၃၀)လိုင်း မှ မိဘထက်သက်တမ်းတို၍ အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက် လက္ခဏာများ သာလွန်ကောင်းမွန်သော မျိုးလိုင်း(၁၅)လိုင်းကို ရွေးချယ်၍ ၂၀၂၀–၂၁ မိုးရာသီသုတေသနအား (15x3)RCB ဖြင့်စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ ၂၀၂၁–၂၂ခုနှစ် မိုးကြိုရာသီတွင် မျိုးလိုင်း(၁၅)မှ မိဘထက်သက်တမ်းတို၍ အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက် လက္ခဏာများ သာလွန်ကောင်းမွန်သော မျိုးလိုင်း (၁၄)လိုင်း (14x3)RCB ဒုတိယအထွက်ယှဉ်ပြိုင် စမ်းသပ်ကွက်အဖြစ်ဖြင့်စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ မျိုးလိုင်း(၁၄)မှမိဘထက် သက်တမ်းတို၍ အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ သာလွန်ကောင်းမွန်သော မျိုးလိုင်း(၁၂)လိုင်းကို ရွေးချယ်၍ ၂၀၂၂–၂၃ခုနှစ် မိုးရာသီတွင် တရုတ်မွေး(မူလမျိုး) မျိုးနှင့် နှိုင်းယှဉ်၍ (13x3)RCB ဒုတိယအဆင့် အထွက်ယှဉ်ပြိုင် စမ်းသပ်ကွက်အဖြစ်ဖြင့်စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။

(ဇ) မြေဩဇာနှုန်းထား

Urea 168 lb/ac, T–Super 112lb/ac, Potash 28lb/ac, Gypsum 56lb/ac

(ဈ)ကောက်ယူသည့်မှတ်တမ်း

၅၀%ပန်းပွင့်ရက်၊

၁၀၀%ပန်းပွင့်ရက်

ရိတ်သိမ်းချိန်တွင်အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ ကိုမှတ်တမ်းကောက်ယူခြင်း

၂၀၂၁–၂၂ခုနှစ် မိုးကြိုရာသီ **တွေ့ရှိချက်**

၂၀၁၉–၂၀မိုးကြိုရာသီတွင် AC မျိုးလိုင်းပေါင်း (၂၁၄)လိုင်းမှစ၍ မူလမျိုးနှင့်နှိုင်းယှဉ်ပြီး စိုက်ပျိုး၍ အဆင့်ဆင့်ရွေးချယ်ခဲ့ပါသည်။ ယခု၂၀၂၁–၂၂ခုနှစ် မိုးကြိုရာသီတွင် TDH(၁၄)လိုင်း ကို မူလမျိုး(တရုတ်မွှေး)ဖြင့် နှိုင်းယှဉ်လေ့လာခဲ့ပါသည်။ မူလမျိုးထက်သက်တမ်း (၂၅ ရက်) ကွာသော TDH 201–19–54–24–5–13–12နှင့်TDH 205–8–56–26–5–14–13မျိုးလိုင်း(၂)လိုင်း တွေ့ရှိခဲ့ရပြီး ၎င်းမျိုးလိုင်းများမှာ မူလမျိုးထက်အပင်အမြင့်နိမ့်သည့်အပြင် အထွက်နှုန်းမှာ လည်း သာလွန်နေကြောင်းတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ကျန်ရှိသောမျိုးလိုင်းများမှာ မူလမျိုးထက် သက်တမ်း(၁၀ရက်)ကွာသော လိုင်း (၇ လိုင်း) တွေ့ရှိခဲ့ပြီး ယင်းမျိုးလိုင်းများသည် တရုတ်မွှေး မူလမျိုးထက် အထွက်နှုန်းမှာ တူညီသော်လည်း TDH 116–5–29–14–2–7–6နှင့် TDH 205–21–58–28–5–15–14 ဤမျိုးလိုင်း(၂လိုင်း)သည် မူလမျိုးထက် အထွက်နည်းသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ အပင်အမြင့်ကို နှိုင်းယှဉ်လေ့လာရာတွင် မူလမျိုးထက်မျိုးလိုင်း (၁၀ လိုင်း) သည် အရပ်မြင့်သည်ကိုတွေ့ရှိရပြီး ကျန်(၅ လိုင်း)မှာ မူလထက်အရပ်နိမ့်သည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ တစ်ရုံပါပင်ပွားမှာ မူလမျိုးနှင့် ကွာခြားမှုမရှိသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ အစေ့၁၀၀၀အလေးချိန် (1000GW)တွင် မျိုးလိုင်း (၅လိုင်း)သည် မူလမျိုးထက်သာလွန်နေသော်လည်းလိုင်း (၉လိုင်း) မှာ တူညီနေသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ အောင်စေ့ ပါဝင်မှု(FG)ကိုလေ့လာရာတွင် မျိုးလိုင်း (၂လိုင်း) သည် မူလမျိုးထက်နည်းသော်လည်း ကျန်လိုင်းအားလုံးသည် မူလမျိုးထက် သာလွန်နေသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ထို့အပြင် အနံ့အရှည်(PL)မှာလည်းမျိုးလိုင်း(၂လိုင်း)သည် မူလမျိုးထက်တို သော်လည်း ကျန်လိုင်းအားလုံးသည် မူလမျိုးထက်သာလွန်နေသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။နှိုင်းယှဉ်ချက်များကို ဇယား(၁)တွင် ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား (၁) Anther CultureမှရရှိလာသောTDHမျိုးလိုင်း(၁၄)လိုင်းနှင့်တရုတ်မွှေး(မူလမျိုး)တို့၏ အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ (မိုးကြိုရာသီ)

Line No.	Maturity	Plant Height	Tiller No.	Panicle length	Filled Grain	1000 grain weight	Yield
TDH 27-9-10-4-5-2-1	117	108.3	11	26.4	116	24.4	512
TDH -27-19-13-5-3-3-2	116	112.7	14	26.0	113	24.6	547
TDH 31-14-14-6-2-4-3	116	111.7	12	26.2	118	24	454
TDH 74-15-22-11-4-5-4	125	112.0	14	25.6	118	24	477
TDH 106-7-26-13-3-6-5	126	111.3	14	26.7	124	24	490
TDH 116-5-29-14-2-7-6	127	105.7	10	26.2	126	24.6	205
TDH 122-2-34-17-2-8-7	118	112.0	13	26.0	118	25.2	536
TDH 136-27-42-19-3-9-8	126	111.0	14	26.8	118	24.4	429
TDH 144-2-43-20-3-10-9	115	111.7	13	26.7	137	24.8	540
TDH 188-16-51-22-5-11-10	115	103.3	14	26.6	129	24.8	358
TDH 189-3-52-23-2-12-11	114	100.7	10	26.8	118	23.6	391
TDH 201-19-54-24-5-13-12	105	85.3	15	21.4	75	24.8	537
TDH 205-8-56-26-5-14-13	103	76.0	15	20.7	69	24.8	456
TDH 205-21-58-28-5-15-14	125	110	11	27.1	118	23.8	356
TYM (Parent)	129	104.7	10	24.6	102	24	447
Mean		**105.09**	**12.73**	**25.58**	**113.36**	**24.38**	**449.02**
F test		**	**ns**	**	**	**ns**	**ns**
CV%		**5.16**	**19.86**	**4.94**	**16.17**	**1.55**	**30.3**

၂၀၂၂-၂၃ခုနှစ် မိုးရာသီ**တွေ့ရှိချက်**

ထို့နောက် ၂၀၂၂-၂၃ မိုးရာသီတွင် တရုတ်မွှေးစပါးမျိုးလိုင်းTDH(၁၂)လိုင်းနှင့် မူလမျိုး (တရုတ်မွှေး)တို့၏ အသက်ရက်တို့ကို လေ့လာခဲ့ရာ TDH(၈)လိုင်းမှာ မူလမျိုးထက် အသက်ရက် (၁၆)ရက်ငယ်သည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ထို့ပြင် အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက် လက္ခဏာများ ဖြစ်သော အနှံအရှည်(PL)၊ ပင်ပွားအရေအတွက်၊ တစ်နှံပါအောင်စေ့(FG)၊ အစေ့၁၀၀၀ အလေးချိန် (1000GW)နှင့် အထွက်နှုန်း(Yield/plot)တို့ကို လေ့လာရာတွင် TDH မျိုးလိုင်းအားလုံးမှာ မူလမျိုးထက် အပင်အရပ်ပုသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပြီး အောင်စေ့ရာခိုင်နှုန်း ပိုမိုများသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ထို့ပြင် TDH(၅)လိုင်းမှာ ပင်ပွားအရေအတွက်အကောင်းဆုံး ဖြစ်သည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပြီး အစေ့၁၀၀၀အလေးချိန် (1000GW)တွင် မျိုးလိုင်း (၂)လိုင်းသည် မူလမျိုးထက် သာလွန်နေသော်လည်းလိုင်း (၁၀)လိုင်းမှာ မူလမျိုးနှင့်တူညီနေသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

ထို့နောက် အထွက်နှုန်းကိုလေ့လာရာတွင် မျိုးလိုင်း(၇)လိုင်းမှာ မူလမျိုးထက် အထွက်နှုန်းသာလွန်နေသော်လည်း ကျန်မျိုးလိုင်း (၅)လိုင်းမှာမူ အထွက်နည်းနေသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ တွေ့ရှိချက်များကို ဇယား(၂)တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား (၂) Anther CultureမှရရှိလာသောTDHမျိုးလိုင်း(၁၂)လိုင်းနှင့်တရုတ်မွှေး(မူလမျိုး)တို့၏ အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ (မိုးရာသီ)

Line No.	Maturity	Plant Height	Tiller No.	Panicle length	Filled Grain	1000 grain weight	Yield
TDH 27-9-10-4-5-2-1-1	121	109.5	11	23.9	123	30.2	176.4
TDH -27-19-13-5-3-3-2-2	115	106.3	13	24.7	148	30.7	183.3
TDH 31-14-14-6-2-4-3-3	121	110.6	11	24.2	134	29.8	180.4
TDH 74-15-22-11-4-5-4-4	115	109.3	11	24.1	140	28.3	189.7
TDH 106-7-26-13-3-6-5-5	121	110.0	11	24.9	135	28.5	178.2
TDH 122-2-34-17-2-8-7-6	115	111.9	11	25.1	140	31.2	143.4
TDH 136-27-42-19-3-9-8-7	123	104.8	11	24.3	143	24.7	152.6
TDH 144-2-43-20-3-10-9-8	116	111.5	11	23.6	122	27.7	143.6
TDH 188-16-51-22-5-11-10-9	115	111.7	13	24.3	142	26.3	172.3
TDH 189-3-52-23-2-12-11-10	116	107.5	13	24.2	151	28.5	165.6
TDH 201-19-54-24-5-13-12-11	105	90.4	13	22.1	153	27.0	171.1
TDH 205-8-56-26-5-14-13-12	105	82.9	13	22.0	128	25.3	161.6
TYM (Parent)	121	115.8	12	23.9	122	30.3	169.0
Mean	**116**	**106.3**	**11.8**	**23.9**	**137.0**	**28.3**	**168.2**
F test		**	**ns**	**	**ns**	**ns**	**ns**
CV%		**4.2**	**17.2**	**3.6**	**12.5**	**9.5**	**12.5**

သုံးသပ်ချက်

တွေ့ရှိချက်များအရ စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသည့် TDHမျိုးလိုင်းများတွင်Gametoclonal Variationကြောင့်လိုင်းအများစုသည် မူလမျိုး(တရုတ်မွှေး) ထက် အသက်ရက်တိုး၍ အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများဖြစ်ကြသည့် အနှံအရှည်(PL)၊ အောင်စေ့ပါဝင်မှု(FG) နှင့် အစေ့၁၀၀၀အလေးချိန်တွင်လည်း မူလမျိုး(တရုတ်မွှေး) ထက်ပိုမိုကောင်းမွန်သည့်အတွက် အထွက်နှုန်းပိုကြောင်းသုံးသပ်ရပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

ရွေးချယ်ထားသော မိဘမျိုးထက်အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ သာလွန်ကောင်းမွန်သည့် TDHမျိုးလိုင်း (၁၂)လိုင်းကိုရွေးချယ်၍ ၂၀၂၂-၂၃ မိုးရာသီတွင် မူလမျိုးတရုတ်မွေးဖြင့် နှိုင်းယှဉ်၍ (13x3)RCBဖြင့် စိုက်ပျိုးထားပါသည်။

(၃) စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကိုအသုံးပြု၍ရရှိလာသောစပါးမျိုးများတွင် Gametoclonal variation ရှိမရှိ လေ့လာခြင်း

P1/SP1/BTS/Rice/Pj–003

နိဒါန်း

မြန်မာနိုင်ငံ၏အဓိကစပါးစိုက်ပျိုးခြင်းကို မိုးရာသီတွင်အများဆုံးစိုက်ပျိုးပြီး ဆည်ရေသောက်ဒေသများတွင်လည်း နွေစပါးအဖြစ်စိုက်ပျိုးကြပါသည်။ ဒေသစပါးမျိုးများကို အများအားဖြင့် မိုးရာသီတွင်အဓိကစိုက်ပျိုးကြပါသည်။စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်း ကိုအသုံးပြု၍ရရှိလာသောသားဆက်လိုင်းများတွင် ဗီဇပြောင်းလဲမှုကြောင့်လည်းကောင်း၊ အစာလွှာတွင်ပါဝင်သည့် ဓါတုဆေးပစ္စည်းများ၏သက်ရောက်မှုကြောင့်လည်းကောင်း ဗီဇကွဲပြားမှုများ (Genetic variation) ဖြစ်ပေါ်နိုင်ပြီး၊ယင်းဗီဇကွဲမျိုးလိုင်းများမှာစပါးပင်၏ပန်းပွင့်ချိန်၊အပင်အမြင့်၊protein ပါဝင်မှုတို့အ ပေါ် အကျိုးသက်ရောက်မှုများရှိနိုင်ပါသည်။ စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသော Double Haploid လိုင်းများတွင် Gametoclonal variation ကြောင့်အထွက်နှုန်း၊ အသက်ရက်နှင့် အခြားဗီလက္ခဏာရပ်များထူးခြားပြောင်းလဲမှုများ ဖြစ်ပေါ်နိုင်ပါသည်။ ထိုသို့ပြောင်းလဲမှုများမှ လိုအပ်သောလက္ခဏာရပ်များကို ရွေးချယ်ရရှိနိုင်ပါသည်။ထို့ကြောင့် စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကို အသုံးပြု၍ရရှိလာသော Double Haploid ဗီဇကွဲမျိုးလိုင်းများအားလင်တာတုန့်ပြန်မှုမရှိ၍ ရာသီမရွေးစိုက်ပျိုးနိုင်သည့် မျိုးထွန်းလိုင်းများရရှိရန် ရည်ရွယ်၍ဆောင်ရွက်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသော ယာစပါးမျိုးများတွင် Gametoclonal Variation ရှိ၊မရှိနှင့် ဖြစ်ပေါ်လာနိုင်သည့်ထူးခြားမှုများကို လေ့လာရန်အတွက် ရည်ရွယ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ(စတင်မှပြီးသည်အထိ)

၂၀၂၁-၂၀၂၂မှ၂၀၂၆-၂၀၂၇

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ

၂၀၂၂-၂၀၂၃ ခုနှစ် မိုး

(ခ) တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း

ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်၊ဒေါ်အေးအေးနိုင်နှင့်ဒေါက်တာမျိုးသွင်

(ဂ) စိုက်ရက် - **၁၆.၇.၂၀၂၂**

(ဃ) စမ်းသပ်ကွက်ပုံစံ - Simple Trial

(င) စမ်းသပ်ကွက်အရွယ် - ၀.၁၈ ဧက

(စ) စမ်းသပ်သည့်မျိုး - ဘုကျူး-၃ နှင့် ဘုကျူး-၃ (မူလ)

(ဆ) စိုက်နည်းစနစ်အသေးစိတ်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့် ရရှိလာသော ဘုကျူး-၃ AC မျိုးလိုင်း (၅)လိုင်း များအား ၂၀၂၁-၂၀၂၂ ခုနှစ် မိုးရာသီတွင် Gametoclonal Variation ရှိမရှိလေ့လာရန်အတွက် စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ AC မျိုးလိုင်းတစ်လိုင်းလျှင် ပင်ကြား ၈ လက်မ နှင့် တန်းကြား ၈ လက်မကို အသုံးပြု၍ တစ်ပင်နှုန်း Simple Trialဖြင့် အသက်ရက်သာမက အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက် လက္ခဏာများပါ လေ့လာရန်အတွက် စမ်းသပ်စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။

(ဇ) မြေဩဇာနှုန်းထား

Urea 168 lb/ac, TSuper 112 lb/ac, Potash 28 lb/ac, Gypsum 56 lb/ac

(ဈ) ကောက်ယူသည့်မှတ်တမ်း

ပန်းစပွင့်ရက်၊၅၀%ပန်းပွင့်ရက်၊၁၀၀%ပန်းပွင့်ရက်၊ရိတ်သိမ်းချိန်တွင်အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများကိုကောက်ယူခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

၂၀၂၁-၂၂ မိုးရာသီတွင် စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့် ရရှိလာသော ဘုကျူး-၃ AC ယာစပါးမျိုးကို စိုက်ပျိုးခဲ့ရာမူလ ဘုကျူး-၃ နှင့် ACလိုင်းများတွင်အသက်ရက်၊ အပင်အမြင့်၊

အောင်စေ့ရာခိုင်နှုန်းနှင့်အစေ့၁၀၀၀ အလေးချိန်တို့မှာသိသာစွာကွာခြားခြင်းမရှိသည်ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ တွေ့ရှိချက်ကိုဇယား(၁)တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။သို့ဖြစ်ပါ၍ စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသော ဘုကျူ-၃ACလိုင်းစပါးမျိုးများတွင် Gametoclonal Variation မရှိသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

ဇယား(၁) ဘုကျူ-၃ AC လိုင်းများနှင့် ဘုကျူ-၃ (မူလ) စပါးမျိုး၏အသက်ရက်၊အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက် လက္ခဏာများ နှိုင်းယှဉ်ခြင်း

No.	Line no.	Maturity	Plant height (PH)	Tiller no.	Panicle length (PL)	Filled grain (FG)
1	BK (3) –1	123	85.1	10	17.9	97
2	BK (3) –2	122	87.5	9	18.6	93
3	BK (3) –3	120	88.4	11	19.2	80
4	BK (3) –4	121	91.5	11	20.1	130
5	BK (3) –5	121	89.7	9	19.2	93
6	BK (3) – Parent	122	85.3	11	18.7	119
	Mean		**87.9**	**10.2**	**19.0**	**102**

သုံးသပ်ချက်

တွေ့ရှိချက်များအရစပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့်ရရှိလာသည့်ဘုကျူ-၃ AC လိုင်းတို့ တွင် Gametoclonal Variation မရှိရခြင်းမှာAC လိုင်းအများစုသည် ဘုကျူ-၃ (မူလ)မျိုးနှင့် ယှဉ် လျှင် အသက်ရက်သိသာစွာကွာခြားမှုမရှိဘဲ မူလမျိုးနှင့် တူညီနေပါသည်။ ထို့ပြင်AC လိုင်းများ အားလုံးသည် အနှံအရှည် (PL)၊ပင်ပွားအရေအတွက်၊ အနှံစအရှည်နှင့်တစ်နှံပါအောင်စေ့ များတွင်မူ မူလမျိုးထက် သာလွန်မှုမရှိဘဲ အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက် လက္ခဏာများ ကွာခြားမှုမရှိသည်ကို သုံးသပ်ရပါသည်။

(၄) အလားအလာကောင်းသောစပ်မျိုးပြောင်းများတွင် အထွက်နှင့်အစေ့တန်းအရေအတွက် တိုးပွားနိုင်သည့် ဗီဇနှင့် ချိတ်ဆက်လျက်ရှိသော Molecular Marker များအသုံးပြု၍ Backcross သားဆက်လိုင်းများအားမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း

P1/SP1/BTS/Mz/Pj–004

နိဒါန်း

ပြောင်းသီးနှံထုတ်လုပ်မှုနှင့် အသုံးပြုမှုအခြေအနေသည် နှစ်စဉ်တိုးတက် မြင့်မားလာလျက် ရှိပြီးလာမည့် ၂၀၅၀ခုနှစ်ကာလတွင် ပြောင်းသီးနှံသုံးစွဲမှုနှုန်းနှစ်ဆတိုးတက်လာမည်ဟု CIMMYT 2021 Annual မှ ခန့်မှန်းဖော်ပြထားသည်။ မြန်မာနိုင်ငံ၏ ပြောင်းသီးနှံအထွက်နှုန်းသည် ကမ္ဘာ့အထွက်နှုန်းနှင့် နှိုင်းယှဉ်မည်ဆိုပါကလျော့နည်းလျက်ရှိပါသည်။ ဤသို့လျော့နည်းလာခြင်းသည် သီးနှံစိုက်ပျိုးနည်းစနစ်ကြောင့် သော်လည်းကောင်း ၊သီးနှံမျိုးကြောင့် သော်လည်းကောင်း ဖြစ်ပေါ်စေနိုင်ပါသည်။ ပြောင်းသီးနှံအထွက်နှုန်းသည် တစ်ပင်ပါအဖူးအရေ အတွက်၊ အစေ့အလေးချိန်၊ အစေ့တန်းအရေအတွက်၊ အစေ့တန်းတစ်တန်းတွင် ပါဝင်သောအစေ့ အရေအတွက်၊ အဖူးအရှည် ကဲ့သို့သောအထွက်နှုန်းတိုးတက်စေသည့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာ ရပ်များသည် multiple genes မှ လွှမ်းမိုးထားပါသည်။ အဆိုပါအရေးကြီးလက္ခဏာရပ် များတွင် အစေ့အရေအတွက် လက္ခဏာရပ်သည် အရေးကြီးဆုံးလက္ခဏာရပ်များတွင် တစ်ခုအပါအဝင် ဖြစ်ပါသည်။ ပြောင်းသီးနှံအထွက်နှုန်း ပိုမိုတိုးတက်မြင့်မားရေးအတွက် သုတေသနပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ရာတွင် အစေ့တန်းအရေအတွက် များသောအထွက်ကောင်းစပ်မျိုးများအား ထုတ်လုပ်ရန်အတွက် backcrossing နည်းပညာအား အသုံးပြုနိုင်ပါသည်။ မက္ကဆီကိုနိုင်ငံရှိCIMMYTတွင် ပြောင်းသီးနှံသုတေသနများ ကျယ်ကျယ်ပြန့်ပြန့် ဆောင်ရွက်လျှက်ရှိရာပြောင်းသီးနှံအထွက်နှုန်းနှင့် အရည်အသွေးလက္ခဏာရပ်များအား ပိုမိုကောင်းမွန်လာစေရန် backcross နည်းအား (Marker Assisted Selection) နည်းဖြင့် ပေါင်းစပ်၍ သုတေသနများပြုလုပ်လျက်ရှိပါသည်။ မြန်မာ့ပြောင်းသီးနှံစပ်မျိုးများမွေးမြူ ထုတ်လုပ်ရေးလုပ်ငန်းတွင် သုတေသန လုပ်ငန်းစဉ်များစဉ် ဆက်မပြတ်ဆောင်ရွက်လျက်ရှိရာအထွက်နှင့်အရည် အသွေးကောင်းသော မျိုးသစ်များနှစ်စဉ် ထုတ်လျက်ရှိပါသည်။ အဆိုပါမျိုးများမှ အချို့သောအလားအလာ ကောင်းစပ်မျိုးများသည် အထွက်နှုန်းမြင့်မားသော်လည်း CP–808 နှင့် နှိုင်းယှဉ်ပါကအနည်းငယ် လျော့နည်းနေပါသေးသည်။ အဆိုပါအလားအလာကောင်းစပ်မျိုးသစ်များအား backcross နည်းပညာအသုံးပြု၍ အစေ့တန်းအရေ

အတွက် ထပ်မံတိုးတက်အောင် ပြုလုပ်မည်ဆိုပါက CP-808 ထက် အထွက်နှုန်းများ ပိုမိုမြင့်မား လာနိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်။ အပင်မျိုးမွေးမြူသူများအနေဖြင့် အစေ့တန်းအရေအတွက် တိုးတက်အောင် သုတေသနပြုဆောင်ရွက်ရာတွင် အသုံးပြုလိုသည့် စပ်မျိုးမိဘလိုင်းများ၏ genetic background အားအခြေပြုရွေးချယ်ရန်လိုအပ်ပါသည်။ အထွက်ကောင်းစပ်မျိုးများ ထုတ်လုပ်ရာတွင် အဓိက အရေးကြီးလက္ခဏာရပ်များဖြစ်သည့် အဖူးအရှည်ကောင်းမွန်ခြင်း၊ အစေ့အရွယ်အစားနှင့် အလေး ချိန်ကောင်းမွန်သော မျိုးလိုင်းများအားအခြေခံရွေးချယ်၍ အစေ့တန်းအရေအတွက် ပိုမိုများပြားလာ အောင် ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခြင်းဖြင့် အထွက်နှင့်အရည်အသွေးကောင်း စပ်မျိုးသစ်များအား မွေးမြူထုတ်လုပ်နိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

စပ်မျိုးပြောင်းများတွင် အခြားလက္ခဏာများကိုအကျိုးသက်ရောက်မှုမရှိစေဘဲအထွက် နှင့် အစေ့တန်းအရေအတွက် တိုးပွားနိုင်သည့် ဗီဇကို Molecular marker များအသုံးပြု၍ ရှာဖွေရန် ဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ချက်

ယခုဆောင်ရွက်သည့် ခုနှစ်၊ ရာသီ – ၂၀၂၂-၂၀၂၃ခုနှစ်၊ မိုးနှောင်း

တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း – ဒေါ်အေးအေးနိုင်၊ ဦးနေအောင်၊ဒေါ်နီလာကျော်

တပ်ကုန်းစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံနှင့် အခြားနှံစားသီးနှံသုတေသနတို့မှ မျိုးကူးစပ် မွေးမြူ ရွေးချယ် ရရှိလာသောအလားအလာကောင်းစပ်မျိုးများအားအစေ့အတန်းအရေအတွက် ပိုမိုများပြား ၍ အထွက်နှုန်းမြင့်မားလာစေရန်အတွက် အဆိုပါ စပ်မျိုးများ၏ မိဘလိုင်းများကိုrecurrent လိုင်းအဖြစ် ထား၍ Backcrossပြုလုပ်မည် ဖြစ်ပါသည်။ အစေ့တန်းအရေအတွက်တိုးပွားစေသည့် ဗီဇပါဝင်သော Donor မိဘလိုင်းများအား Professor JiYunZuo, Yanshan, Yunnan Engineering Research Center, Yunnan Agricultrual University, China မှ ရရှိခဲ့ပါသည်။ အဆိုပါ Donor မိဘလိုင်းများအား အခြားနှံစားသီးနှံ သုတေသနဌာနစုစိုက်ကွင်းတွင် စိုက်ပျိုးပြီး ၎င်းလိုင်းများ၏ ရုပ်သွင်ပြင်လက္ခဏာများကိုလည်း လေ့လာခဲ့ပါသည်။ Donor နှင့် Recurrent မိဘလိုင်းများမှ DNAထုတ်ယူပြီးအထွက်နှင့် အစေ့တန်း အရေအတွက် တိုးပွားနိုင်သည့် ဗီဇပါဝင်သော မိဘလိုင်းများ အား အကဲဖြတ် လေ့လာခြင်းနှင့် မိဘများအကြား Polymorphism ဖြစ်ပေါ်မှုအခြေအနေအား SSR markerများအသုံးပြု၍ လေ့လာခဲ့ပါသည်။ ၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်တွင် မိဘလိုင်းများကို parallel

မျိုးကူးစပ်ခဲ့ပြီး ရရှိလာသော F_1 စပ်မျိုးတွဲများကို F_1 မှန် မမှန် markers များဖြင့်စစ်ဆေးခဲ့၍ backcrossing ပြုလုပ်ခဲ့ပြီးဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ပုံနည်းလမ်းအဆင့်ဆင့်

Genotyping ဆောင်ရွက်ခြင်း

(က) DNA ထုတ်ယူခြင်း၊ DNAအရည်အသွေးပမာဏကိုစစ်ဆေးခြင်း

Donor နှင့် recurrent မိဘလိုင်းများမျိုးစပ်၍ ရရှိလာသော F1သားဆက်လိုင်းများမှ အရွက်နမူနာများကို CTAB Method ဖြင့် bufferများအသုံးပြုကာအဆင့်ဆင့်ကြိတ်ချေ အနယ်ချပြီး DNAရရှိလာအောင် ထုတ်ယူခဲ့ပါသည်။ ရရှိလာသော DNA၏ အရည်အသွေးသန့်စင်မှုနှင့် ပါဝင်သောပမာဏကိုသိရှိရန် Nano drop machine အားအသုံးပြု၍ တိုင်းတာစစ်ဆေးခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် မိဘလိုင်းများ၏ DNA concentration ကိုတူညီစေရန်အတွက် 50ng/µl ရရှိစေရန် တွက်ချက်ကာ DNA dilution ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

(ခ) SSR Markers များအသုံးပြု၍ Polymerase Chain Reaction (PCR) ပြုလုပ်ခြင်း

Donor နှင့် recurrent မိဘလိုင်းများမျိုးကူးစပ်၍ ရရှိလာသော F_1သားဆက်လိုင်းများကို Polymorphic SSR Marker များ အသုံးပြု၍ Polymerase Chain Reaction (PCR)၊ ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။PCR ပြုလုပ်ဆောင်ရွက် ရာတွင် donorနှင့်recurrent မိဘလိုင်းများ၏ sample အသီးသီးမှ DNA 50 ng/µl, 10xPCR buffer with $MgCl_2$,dNTPS, DNA Markersများ၏ Forward and Reverse Primers, Taq Polymerase နှင့် ddH_2O တို့ကိုလိုအပ်သော ပမာဏများအသီးသီးထည့်သွင်းဖျော်စပ်ပြီး Polymerase Chain Reaction 35–40cycles ထိ ရောက်ရှိအောင် markerအမျိုးအစားအလိုက် သီးခြားစီ PCR စက်တွင် ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

(ဂ) **Gel Electrophorosisဆောင်ရွက်ခြင်း နှင့် မှတ်တမ်းဓာတ်ပုံရိုက်ကူးခြင်း**

Donor နှင့် recurrent မိဘလိုင်းများမျိုးကူးစပ်၍ ရရှိလာသော F1သားဆက်လိုင်းများကို Polymorphic SSR marker များ အသုံးပြုပြီး Polymerase chain reaction (PCR)ပြုလုပ်ပြီး Agarose Gel Electrophoresis ပြုလုပ်ကာ UV documentation ဖြင့် မှတ်တမ်းပြုလုပ်၍ မိဘလိုင်းများ၏ banding pattern များကို လေ့လာခဲ့ပါသည်။

(ဃ) **Band Scoring and data analysis**

မှတ်တမ်းရယူထားသောဓာတ်ပုံများမှ ရရှိလာသော SSR Markers များ၏ Band patternနှင့် base pair အရေအတွက်၊ allele အရေအတွက်ကို Quantity One Program ကိုအသုံးပြု၍ data ရယူခြင်း၊ score ပေးခြင်းတို့ကို ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

F_1 စပ်မျိုးတွဲများအား အစေ့တန်းအရေအတွက်နှင့် အထွက်နှုန်းအား အကဲဖြတ်လေ့လာရာတွင် ရုပ်သွင်ပြင်လက္ခဏာများအရ အစေ့တန်းအရေအတွက် အနည်းဆုံးမှာ ၁၆တန်းရှိပြီး အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဘက်လက္ခဏာရပ်များ ကောင်းမွန်သည်ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။ NT1 x C7 နှင့် NT2 x C7 ၏ F_1 သားဆက်လိုင်းများ၏ banding pattern များသည် UMC 2519 နှင့် UMC 2248 markers များတွင် F_1 ဖြစ်ကြောင်းတွေ့ရှိရပါသည်။

သုံးသပ်ချက်နှင့် အကြံပြုချက်

ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုတွင် genotyping ပြုလုပ်ရာတွင် အသုံးပြုသော F_1စပ်မျိုးတွဲများကို တပ်ကုန်းသုတေသနခြံတို့တွင် စပ်မျိုးများ၏ ရုပ်သွင်ပြင် လက္ခဏာရပ်များအား (အဓိကအားဖြင့် အထွက်နှင့် အစေ့တန်းအရေအတွက်များသော လိုင်းများ) ရွေးချယ်ခဲ့ပါသည်။ ထို့ပြင် genotype နှင့် ရုပ်သွင်ပြင်လက္ခဏာရပ်ရလဒ်များအား အခြေခံ၍လည်းကောင်း၊ စံထားမျိုးဖြစ်သော CP 808 နှင့် နှိုင်းယှဉ်၍ လည်းကောင်း အလားအလာကောင်းသော စပ်မျိုးတွဲများမှ စပ်မျိုးတွဲနှစ်တွဲ (NT1 x C7 နှင့် NT2 x C7)ကို ရွေးချယ်ခဲ့ပြီး backcrossing ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။ ဤကဲ့သို့ ပြုလုပ်ခြင်းဖြင့် အလားအလာကောင်း သောစပ်မျိုးပြောင်းများတွင် အထွက်နှင့် အစေ့တန်း အရေအတွက် များသော backcross သားဆက်လိုင်းများ (BC_1F_1) ကိုရရှိလာမည်ဖြစ်ပါသည်။ ရရှိလာသော backcross သားဆက်လိုင်းများ (BC_1F_1)တွင် အထွက်နှုန်းနှင့် အစေ့တန်း အရေအတွက်တိုးစေသည့် ဗီဇပါရှိသည့် သားဆက်လိုင်းများကို မိဘလိုင်းများတွင် polymorphism ဖြစ်ပေါ်မှုရှိသည့် polymorphic SSR marker များကို အသုံးပြု၍ ရွေးချယ်ပြီး အထွက်နှုန်းနှင့် အစေ့တန်းအရေအတွက်တိုးစေသည့် ဗီဇပါရှိသည့် သားဆက်လိုင်းများကို ရရှိလာမည် ဖြစ်ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုတွင်လည်းစပ်မျိုးလိုင်းများတွင် အထွက် နှင့် အစေ့တန်း အရေအတွက် တိုးပွားနိုင်သည့် ဗီဇပါဝင်မှုကို SSR marker များအသုံးပြု၍ ရွေးချယ် ဆောင်ရွက်သွား မည်ဖြစ်ပါသည်။ အထွက်နှင့် အစေ့တန်းအရေအတွက် တိုးပွားနိုင်သည့် ဗီဇပါဝင်သော စပ်မျိုးတွဲများအား တပ်ကုန်းစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံတွင် Backcrossing ပြုလုပ်ထားပြီး ဖြစ်ပါသည်။ အဆိုပါမျိုးများအား တပ်ကုန်းစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံတွင် BC_1F_1 သားဆက်များမွေးမြူခြင်းနှင့် အထွက်နှင့်အစေ့တန်းအရေအတွက် ကောင်းမွန်သော ပြောင်းမျိုးလိုင်းများ မွေးမြူရွေးချယ်ခြင်းသုတေသနကို ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုနှင့် ဆက်လက် ပူးပေါင်းဆောင်ရွက်သွားမည် ဖြစ်ပါသည်။

(၅)သက်တမ်းတိုဆင်းသုခ Double Haploid စပါးမျိုးလိုင်းရရှိရန် ဆောင်ရွက်ခြင်း P1/SP1/BTS/Rice/Pj-006

နိဒါန်း

စပါးသီးနှံ (*Oryza sativa L.*) သည် အရေးကြီးသောသီးနှံတစ်မျိုးဖြစ်ပြီး ဆင်းသုခစပါးမျိုးသည် မနောသုခစပါးမျိုးပြီးလျှင်မြန်မာနိုင်ငံတွင်ဒုတိယအများဆုံးစိုက်ပျိုးသောစပါးမျိုး ဖြစ်ပါသည်။ ပဲခူးတိုင်းဒေသကြီးတွင် ဆင်းသုခစပါးကိုအများဆုံးစိုက်ပျိုးခဲ့ပြီး ဧရာဝတီတိုင်းဒေသကြီးတွင်မူ ဒုတိယအများဆုံးစိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ *Xanthomonas oryzae pv.oryzae* (*Xoo*) သည် အာရှနိုင်ငံများတွင်ဆိုးဝါးစွာကျရောက်နေသော စပါးဘက်တီးရီးယားရွက်ခြောက်ရောဂါသည် စပါးပင်၏ပင်ပွားအများဆုံးထွက်ချိန်တွင် ရောဂါကျရောက်ပါက အထွက်ကျဆင်းမှု (၂၀%-၈၀%)ထိရှိပြီး မျိုးစေ့အရည်အသွေးကို ဆိုးဝါးစွာထိခိုက်စေနိုင်ပါသည်။ ယခုအခါတွင် ရာသီဥတုပြောင်းလဲလာမှုကြောင့် မိုးခေါင်ရေရှားပါးမှုဒဏ်၊ ရောဂါကျရောက်မှုဒဏ်များကြုံတွေ့နေရသဖြင့် ဆင်းသုခစပါးမျိုးနေရာတွင် သက်တမ်းတိုဆင်းသုခစပါးကို စိုက်ပျိုးနိုင်ခြင်းဖြင့် တစ်ခြားဝင်ငွေရသီးနှံများကို သီးထပ်သီးနှံအဖြစ် စိုက်ပျိုးလာနိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်။ Doubled haploid (DH) နည်းပညာသည် အပင်မျိုးမွေးမြူထုတ်လုပ်ရာတွင် သားဆက်တဆက်တည်းဖြင့် သန္ဓေသန့်ဗီဇငြိမ်လိုင်းများရရှိရန်အတွက် ဆောင်ရွက်သည့် နည်းလမ်းဖြစ်ပြီး ဇီဝနည်းပညာတစ်ရပ်ဖြစ်သော အဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူခြင်းကို

အသုံးပြု၍ ဆောင်ရွက်ခြင်းဖြစ်သောကြောင့် မျိုးမွေးမြူထုတ်လုပ်ခြင်းအတွက် အချိန်ကိုလျှော့ချနိုင်သောနည်းပညာတစ်ခုဖြစ်ပါသည်။

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းမှ ရရှိလာသောအပင်များသည် Haploid များဖြစ်သော်လည်း အများအားဖြင့်အဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မှထွက်ရှိလာသောကဲလပ်စ်များတွင် chromosome များဆဲလ်ကွဲပွား၍ ၂ဆဖြစ်လာခြင်းကြောင့် Double haploid များလည်း ဖြစ်ပေါ်လာရခြင်းဖြစ်ပါသည်။သမာရိုးကျမျိုးကူးစပ်ထုတ်လုပ်ခြင်းထက် Double haploid နည်းပညာ ဖြင့် မျိုးကူးစပ်ထုတ်လုပ်လျှင် အချိန်တိုအတွင်းဗီဇတည်ငြိမ်သောမျိုးလိုင်းများ (homozygous) ရရှိနိုင်ခြင်း၊ မျိုးထုတ်လုပ်မှု အဆင့်ဆင့်တိုတောင်းသောကြောင့် စိုက်ပျိုးထုတ်လုပ်မှုကုန်ကျစရိတ်သက်သာစေခြင်း နှင့် Double haploid လိုင်းများသည် သမာရိုးကျမျိုးကူးစပ်နည်းထက် မျိုးလိုင်းများ ပိုမိုဗီဇတည်ငြိမ်သောကြောင့် မျိုးကွဲများနှင့်ဗီဇတည်ငြိမ်မှုမရှိသောမျိုးလိုင်းများ မရှိနိုင်ခြင်းစသည့် အကျိုးကျေးဇူးများရရှိနိုင်ပါသည်။

ထို့ပြင်သန္ဓေသန့်ဗီဇလိုင်းရရှိရန်အတွက်မျိုးရွေးချယ်ရာတွင် Marker Assisted Selection နည်းပညာသည် အရေးကြီးသောအခန်းကဏ္ဍတခုတွင်ပါဝင်၍ ရရှိလာသောသားဆက်လိုင်းများတွင် လိုချင်သောဗီဇပါဝင်မှုရှိမရှိကို Molecular Markerများဖြင့်စစ်ဆေး၍ မျိုးရွေးချယ်ခြင်းများ ဆောင်ရွက်လာကြပါသည်။ သမားရိုးကျနည်းလမ်းဖြင့် မျိုးကူးစပ်ရွေးချယ်ရာတွင် အပင်ဦးရေများများစိုက်ပျိုး၍ Screening Test ပြုလုပ်ရွေးချယ်၍ရသော်လည်း Marker Assisted Selection နည်း၌ Marker များဖြင့် အစောပိုင်းသားဆက်လိုင်းများတွင် လိုလားသောဗီဇလက္ခဏာကို ပိုမိုတိကျမှန်ကန်စွာရွေးချယ်နိုင်၍ အပင်ဦးရေလျှော့ချနိုင်ပါသည်။ သမရိုးကျနည်းဖြင့်စပါးမျိုးများမွေးမြူရာတွင် သန္ဓေသန့်ဗီဇလိုင်းများရရှိရန် သားဆက်၆-၇ဆက်ခန့်ကြာနိုင်သော်လည်း အဖိုဖတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကို အသုံးပြုပါက သားဆက်တစ်ဆက်တည်းဖြင့် သန္ဓေသန့်ဗီဇလိုင်း ရရှိနိုင်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်း (Anther culture) နှင့် Marker Assisted Selection နည်းတို့ကိုအသုံးပြု၍စပါးဘက်တီးရီးယားရွက်ခြောက်ရောဂါဒဏ်ခံပြီးသက်တမ်းတိုသော ဆင်းသုခမျိုးလိုင်းသစ်ရရှိရန် ဆောင်ရွက်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ(စတင်မှပြီးသည်အထိ)

၂၀၁၅-၂၀၁၆မှ၂၀၂၂-၂၀၂၃

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ

၂၀၂၁-၂၀၂၂ခုနှစ် မိုးကြို + ၂၀၂၂-၂၀၂၃ ခုနှစ် မိုး

(ခ) တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း-ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊ ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်နှင့် ဒေါ်သန်းသန်းအေး

(ဂ) စိုက်ရက်

မိုးကြို - ၂၅.၁.၂၀၂၂

မိုး - ၁၆.၇.၂၀၂၂

(ဃ)စမ်းသပ်ကွက်ပုံစံ - တောင်သူ့အဆင့်အထွက်ယှဉ်ပြိုင်ခြင်း

(င) စမ်းသပ်ကွက်အရွယ် - ၀.၅၀ ဧက

(စ) စမ်းသပ်သည့်မျိုး

မိုးကြို -BB DH သားဆက်လိုင်း ၇ လိုင်း ၊ ဆင်းသုခ (မူလ)

မိုး -BB DH သားဆက်လိုင်း ၄ လိုင်း ၊ ဆင်းသုခ (မူလ)၊ ရွှေရီတိုး၊ YMR-20

(ဆ) စိုက်နည်းစနစ်အသေးစိတ်

၂၀၁၆-၁၇ခုနှစ်တွင်ဆင်းသုခစပါးမျိုးကိုစိုက်ပျိုးခဲ့ပြီး စပါးဖုံးတုံးလုံးတုံးအချိန်တွင် mid- to late-uninucleate အဆင့်ရောက်ရှိနေသောစပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ် (anther) များကိုကဲလပ်စ်ဖြစ်ပေါ်စေသည့်အစာလွှာ(၂)မျိုးဖြစ်သောN_6media (N_6 + 2 mgl^{-1}2,4-D+ mgl^{-1}NAA +0.5mgl^{-1} kinetin) နှင့် SK_1 media (Sk_1 + 0.75 mgl^{-1} 2,4-D + 2.5mgl^{-1} NAA + 0.75 mgl^{-1} kinetin)ပေါ်တွင်စတင်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ ကဲလပ်စ်မှထွက်ရှိလာသော Green spotများကို အစိမ်းပင်ဖြစ်ပေါ်စေရန်အတွက် အပင်အစာလွှာ(၃)မျိုး(MS_1 - MS+ 1.0mgl^{-1} NAA+1.0 mgl^{-1} BAP၊MS_2 - MS+1.0mgl^{-1} NAA + 1.0 mgl^{-1} BAP +0.5 mgl^{-1}kinetin၊MS_3 -MS+1.0 mgl^{-1} NAA+1.0 mgl^{-1}BAP+1.0 mgl^{-1} kinetin)ပေါ်သို့ပြောင်းရွှေ့မွေးမြူခဲ့ပြီး အပင်ဖြစ်ပေါ်မှု တို့ကို ဆက်လက်လေ့လာခဲ့ပါသည်။ အပင်ငယ်များကိုအမြစ်အစာလွှာတွင် အမြစ်ဖြစ်ပေါ်စေရန်အတွက် ထပ်မံမွေးမြူခဲ့ပြီးနောက် ရရှိလာသောအပင်များကိုပြင်ပအခြေအနေကို ခံနိုင်ရည်ရှိရန်အတွက် လေ့ကျင့်ပေးခဲ့ပြီး အိုးထဲသို့ ပြောင်းရွှေ့စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက်၂၀၁၈ခုနှစ်တွင် ဆင်းသုခမူလမျိုးကိုစံထား၍

ဆင်းသုခDHလိုင်းများကိုကွင်းအဆင့်တွင် Gametoclonal Variation ရှိမရှိကို လေ့လာခဲ့ပြီး သန္ဓေသန့်ဗီဇလိုင်းရရှိရန်အဆင့်ဆင့်ရွေးချယ်ခဲ့ပါသည်။ ထို့ပြင် ဘက်တီးရီးယားရွက်ခြောက်ရောဂါဒဏ်ခံဗီဇ (*Xa21 gene*) ပါဝင်မှုရှိမရှိကို PB 7–8 marker တို့ကို အသုံးပြု၍ စစ်ဆေးခြင်း၊ စပါးမျိုးလိုင်းများ၏ ဘက်တီးရွက်ခြောက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို ဘက်တီးရီးယားရွက်ခြောက်ရောဂါဖြစ်စေသက်ရှိကို စပါးရွက်တွင်ထိုးသွင်း စမ်းသပ်ခြင်းများဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ရောဂါထိုးသွင်းပြီး(၂၁)ရက် အကြာတွင်ရောဂါကျရောက်မှု (Lesion Length (LL) ကို Disease Scoring System အတိုင်းမှတ်တမ်းကောက်ယူခဲ့ပါသည်။

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူခြင်းနည်းဖြင့် မွေးမြူရရှိလာသည့် ဆင်းသုခDHမျိုးလိုင်းများအား ရွေးချယ်ခြင်းလုပ်ငန်းအဆင့်ဆင့်ကို ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် ၂၀၂၂ခုနှစ် မိုးကြိုရာသီတွင် သားဆက်လိုင်း(၁၅)လိုင်းထဲမှ ဆင်းသုခ(မူလ)ထက် အသက်ရက်နှင့် အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်များသာလွန်ကောင်းမွန်သော သားဆက်လိုင်း(၇)လိုင်းကို ထပ်မံရွေးချယ်ခဲ့ပြီး ၂၀၂၂ခုနှစ် မိုးရာသီတွင် သားဆက်လိုင်း(၄)လိုင်းကို တောင်သူအဆင့်အထွက်ယှဉ်ပြိုင်စမ်းသပ်ချက်အဖြစ်စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။

(ဈ) မြေဩဇာနှုန်းထား

Urea 168 lb/ac, TSuper 112 lb/ac, Potash 28 lb/ac, Gypsum 56 lb/ac

(ဈ) ကောက်ယူသည့်မှတ်တမ်း

၅၀%ပန်းပွင့်ရက်၊၁၀၀%ပန်းပွင့်ရက်၊ရိတ်သိမ်းချိန်တွင်အထွက်နှင့်အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများကိုကောက်ယူခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူခြင်းနည်းပညာမှ ရရှိလာသော ဆင်းသုခ DHမျိုးလိုင်းများကို ကွင်းထဲတွင် ဗီဇတည်ငြိမ်မှုအရှိဆုံးလိုင်းကို အဆင့်ဆင့် စိုက်ပျိုးရွေးချယ်ခဲ့ပြီး ၂၀၂၂မိုးကြိုရာသီတွင်စပါးဘက်တီးရီးယားရွက်ခြောက်ရောဂါဒဏ်ခံဗီဇပါဝင်သောဆင်းသုခ DHမျိုးလိုင်း(၇)လိုင်းကို အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများလေ့လာရာတွင် တစ်နှံပါပင်ပွား၊ အနှံအရှည်၊ အောင်စေ့ရာခိုင်နှုန်း၊ အစေ့၁၀၀၀အလေးချိန်နှင့်အထွက်နှုန်းများသည် မူလမျိုးထက်သာလွန်နေသည်ကို လေ့လာတွေ့ရှိခဲ့ရပြီး မျိုးလိုင်းအားလုံးအသက်ရက်ငယ်သည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

မျိုးလိုင်း (၇)လိုင်းများအနက် အနံ့အရှည်ဆုံးမှာ BBAC–38–6–13–3–3 , BBAC–38–6–20–4–4, BBAC–38–15–20–14–10 နှင့်BBAC–38–15–18–13–9 တို့ဖြစ်ပြီး အောင်စေ့ရာခိုင်နှုန်းအများဆုံး လိုင်းမှာမူ BBAC–38–15–4–11–8 နှင့် BBAC–38–15–18–13–9 တို့ဖြစ်ပါသည်။ ထို့နောက် အစေ့၁၀၀၀အလေးချိန် အများဆုံးလိုင်းမှာ BBAC–38–15–23–16–12 လိုင်းဖြစ်ပြီး အထွက်နှုန်း အမြင့်ဆုံးလိုင်းမှာ BBAC–38–6–13–3–3 လိုင်းဖြစ်ပါသည်။ ထို့ပြင် BBACမျိုးလိုင်းများအားလုံးသည် ဆင်းသုခ (မူလ)ထက်သိသာစွာ အပင်အရပ်ပုနေသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

ထို့နောက် ဆင်းသုခ DHမျိုးလိုင်း(၇)လိုင်းများထဲမှ ဗီဇတည်ငြိမ်မှုအရှိဆုံးနှင့် သက်တမ်းတိုပြီး အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများကောင်းသောလိုင်း(၄)လိုင်းကို ၂၀၂၂ ခုနှစ် မိုးရာသီတွင် ထပ်မံစိုက်ပျိုးခဲ့ပြီး စိုက်ပျိုးရေးသုတေသနဦးစီးဌာနမှ တာဝန်ရှိပုဂ္ဂိုလ်များနှင့် သုတေသီပညာရှင်များအားလည်းကောင်း၊ လယ်ဝေးမြို့နယ်ရှိ တောင်သူအယောက်(၅၀)ကျော်အား လည်းကောင်း ဖိတ်ကြား၍ ကွင်းသရုပ်ပြပွဲနှင့် မျိုးရွေးချယ်ခြင်းများပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။

ရွေးချယ်ရရှိထားသော ဆင်းသုခ DHမျိုးလိုင်း(၄)လိုင်းမှာ အသက်ရက် (၁၂၁–၁၂၂)ရက် အတွင်းရှိပြီး ဆင်းသုခ(မူလ)မျိုးထက် အသက်ရက် (၁၉–၂၅)ရက် ငယ်သည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ထို့ပြင် ဆင်းသုခDHမျိုးလိုင်းများအားလုံးသည် ဆင်းသုခ(မူလ)ထက်သိသာစွာ အပင်အရပ်ပုနေသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ဆင်းသုခDHမျိုးလိုင်းများ၏ အထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဖက်လက္ခဏာများကို လေ့လာရာတွင် တစ်နံ့ပါပင်ပွား၊ အနံ့အရှည်၊ အောင်စေ့ရာခိုင်နှုန်း၊ အစေ့(၁၀၀၀) အလေးချိန် နှင့် အထွက်နှုန်းများသည် ဆင်းသုခ(မူလ)မျိုးထက် သာလွန်နေသည်ကို လေ့လာ တွေ့ရှိခဲ့ ရပါသည် ဇယား (၂)။ ဆင်းသုခ DHမျိုးလိုင်းများအနက် အထွက်နှုန်းအမြင့်ဆုံးလိုင်းမှာ BBAC–38–6–13–3–3 ဖြစ်သည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

ဇယား(၁) ဆင်းသုခDHသားဆက်လိုင်း(၇)လိုင်းများနှင့် ဆင်းသုခ(မူလ)တို့၏ အထွက်နှင့် အထွက် မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ(၂၀၂၂မိုးကြို)

စဉ်	မျိုးလိုင်းများ	အသက်ရက်	အပင်မြင့် (စမ)	ပင်ပွား	အနံ့ရှည် (စမ)	အောင်စေ့ %	အစေ့၁၀၀၀ အလေးချိန် (ဂရမ်)	အထွက်နှုန်း (တင်း/ဧက)
၁	BBAC-38-6-13-3-3	၁၂၁	၇၇.၁	၁၉.၅	၂၂.၃	၉၅.၁	၂၃.၅	၁၂၈.၃
၂	BBAC-38-6-20-4-4	၁၂၂	၇၇.၆	၁၈.၃	၂၂.၂	၉၈.၇	၂၃.၉	၁၂၂.၅
၃	BBAC-38-15-4-11-8	၁၂၂	၇၇.၅	၁၉.၃	၂၂.၀	၉၉.၉	၂၃.၃	၁၂၃.၂
၄	BBAC-38-15-18-13-9	၁၂၁	၇၆.၉	၂၀.၂	၂၂.၆	၉၉.၃	၂၃.၃	၁၂၅.၈
၅	BBAC-38-15-20-14-10	၁၂၂	၇၆.၆	၁၈.၇	၂၂.၂	၉၂.၉	၂၃.၇	၁၂၅.၀
၆	BBAC-38-15-23-16-12	၁၂၂	၇၆.၀	၁၉.၈	၂၁.၈	၉၇.၄	၂၅.၅	၁၂၆.၉
၇	BBAC-38-15-37-19-14	၁၂၂	၇၆.၃	၁၉.၀	၂၁.၃	၉၆.၅	၂၄.၈	၁၂၇.၆
၈	ဆင်းသုခ	၁၄၁	၈၅.၂	၁၆.၂	၁၉.၃	၈၇.၃	၁၉.၅	၉၉.၅
	F စစ်တမ်း	*	*	*	*	*	*	*
	LSD value (5 %)	**၁.၇**	**၂.၈**	**၂.၅**	**၀.၂**	**၉.၅**	**၀.၉**	**၁၃.၉**

ဇယား(၂) ဆင်းသုခDHသားဆက်လိုင်း(၄)လိုင်းနှင့် ဆင်းသုခ(မူလ)တို့၏အထွက်နှင့်အထွက် မိတ်ဖက်လက္ခဏာများ(၂၀၂၂မိုး)

စဉ်	မျိုးလိုင်းများ	အသက် ရက်	အပင်မြင့် (စမ)	ပင်ပွား	အနံ့ ရှည် (စမ)	အောင်စေ့ %	အစေ့ ၁၀၀၀ အလေးချိန် (ဂရမ်)	အထွက်နှုန်း (တင်း/ဧက)
၁	BBAC-38-6-13-3-3	၁၂၁	၁၁၆	၂၂	၂၄.၈	၉၀.၃	၂၄.၅	၁၁၈.၀
၂	BBAC-38-15-4-11-8	၁၂၀	၁၁၇	၂၀	၂၅.၃	၈၅.၆	၂၅.၀	၁၁၅.၄
၃	BBAC-38-15-18-13-9	၁၁၈	၁၁၈	၁၈	၂၄.၈	၉၄.၄	၂၅.၅	၉၅.၆
၄	BBAC-38-15-20-14-10	၁၁၉	၁၀၉	၁၉	၂၃.၄	၉၅.၄	၂၃.၅	၁၁၆.၀
၅	ဆင်းသုခ	၁၄၀	၁၂၃	၁၉	၂၃.၀	၈၇.၀	၂၀.၃	၉၅.၅
	F စစ်တမ်း	*	*	*	*	*	ns	*
	LSD(5 %)	**၅.၇**	**၂.၉**	**၄.၂**	**၁.၅**	**၅.၅**	**၁.၂**	**၁၀.၃**

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

ဆင်းသုခစပါးမျိုးသည် Indica စပါးမျိုးဖြစ်သော်လည်း စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူခြင်း အပေါ်တုန့်ပြန်နိုင်စွမ်းရှိကြောင်းသုံးသပ်နိုင်ပါသည်။ တစ်သျှူးနည်းဖြင့်ရရှိထားသော ဆင်းသုခDH မျိုးလိုင်းများမှာဆင်းသုခ(မူလ)မျိုးထက်အသက်ရက် (၁၉-၂၅) ခန့်ငယ်သည်ကို တွေ့ရှိရခြင်းမှာ စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကိုအသုံးပြု၍ရရှိလာသောသားဆက်များတွင် Cellular Changes ကြောင့် Gametoclonal Variation ဖြစ်ပေါ်၍ ယင်းကွဲပြားမှုသည်စပါးပင်၏ ပန်းပွင့်ချိန်၊ အပင်အမြင့်၊ protein ပါဝင်မှု၊အထွက်နှုန်းနှင့်လင်းတာတုံ့ပြန်မှုတို့ အပေါ်အကျိုးသက်ရောက်မှုများရှိသောကြောင့်အသက်ရက်ငယ်ခြင်းဖြစ်ကြောင်းသုံးသပ်ရပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

၂၀၂၃ခုနှစ်မိုးကြိုရာသီတွင် DHမျိုးလိုင်း(၂)လိုင်းအား သရုပ်ပြစမ်းသပ်ကွက်အဖြစ်စိုက်ပျိုး၍ ဗီဇတည်ငြိမ်မှုရှိသောမျိုးလိုင်းအားရွေးချယ်ပြီး၂၀၂၃မိုးရာသီတွင်ဒေသသုတေသနဗဟိုဌာနမြောင်းမြ ခြံ၊ ကျောက်တံတားခြံနှင့် လက်ပံတန်းခြံတို့တွင်ပူးပေါင်းစိုက်ပျိုး၍ သက်တမ်းတို ဆင်းသုခမျိုးသစ် အဖြစ် ထုတ်လုပ်နိုင်သည်အထိ ဆက်လက်ဆောင်ရွက်သွားမည်ဖြစ်ပါသည်။

(၆)သက်တမ်းတိုပြီးယိုင်လဲမှုဒဏ်ခံနိုင်သော ဧရာမင်းစပါးမျိုးလိုင်းများအား (Pseudo Marker Assisted Backcrossing)နည်းလမ်းဖြင့် မွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း

P1/SP1/RS/Rice/ Pj-002-01

နိဒါန်း

မြန်မာနိုင်ငံတွင် စိုက်ပျိုးနေသော စပါးမျိုးများအနက် ဧရာမင်း (Machando) စပါးမျိုး သည် တစ်နိုင်ငံလုံး စိုက်ပျိုးနိုင်သော စပါးမျိုးဖြစ်ပြီး အထူးသဖြင့် (ကရင်၊ စစ်ကိုင်း၊ တနင်္သာရီ၊ ပဲခူး၊ မကွေး၊ မန္တလေး၊ မွန်၊ ရခိုင်၊ ရန်ကုန်၊ ဧရာဝတီ၊ ရှမ်း (မြောက်) တို့တွင် စိုက်ပျိုးပြီး စုစုပေါင်း စိုက်ဧက (၈၆၆,၉၈၆ ဧက)ခန့် စိုက်ပျိုးပြီးပျှမ်းမျှအထွက်နှုန်း (၇၀-၉၀ တင်း/ဧက) ခန့်ထွက်ရှိပြီး စားသုံးမှုအရည်အသွေး ကောင်းမွန်သော ဧည့်မထစပါးမျိုး ဖြစ်ပါသည်။ သို့ရာတွင် ဧရာမင်း စပါးမျိုး၏ အဓိပြဿနာသည် သက်ကြီးစပါးမျိုးဖြစ်ခြင်းနှင့် ယိုင်လဲဒါဏ် မခံနိုင်ခြင်းပင် ဖြစ်ပါသည်။ သို့ဖြစ်ပါ၍ သက်တမ်းတိုမျိုးရိုးဗီဇအား ရက်-၉၀ စပါးမျိုးမှလည်းကောင်း၊

ယိုင်လဲဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု မျိုးရိုးဗီဇအား ကေရီမွှေးစပါးမျိုးမှ လည်းကောင်း ရယူ၍ Marker Assisted Pseudo Backcrossing နည်းပညာကို အသုံးပြု၍ မျိုးသစ် ရရှိရန် ဆောင်ရွက်ခြင်း ဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

သက်တမ်းတိုပြီး ယိုင်လဲမှုဒဏ်ခံနိုင်သော ရောမင်းစပါးမျိုးလိုင်း (Pseudo Marker Assisted Backcrossing) နည်းလမ်းဖြင့် မွေးမြူရွေးချယ်ရန်အတွက် ဆောင်ရွက်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ချက်

ယခုဆောင်ရွက်သည့် ခုနှစ်၊ ရာသီ - ၂၀၂၁-၂၂ မိုးရာသီ
တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း - ဒေါ်သန်းသန်းအေး၊ ဒေါ်အေးအေးနိုင်၊ ဒေါ်နီလာကျော်နှင့်ဒေါက်တာသီတာ

သက်တမ်းတိုပြီး ယိုင်လဲမှုဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောရောမင်းစပါးရွေးချယ်ဆောင်ရွက်ရာ တွင် ၂၀၂၁-၂၀၂၂ နွေရာသီမှ ရွေးချယ်ခဲ့သောလိုင်းများကို ၂၀၂၂-၂၀၂၃ မိုးတွင် စပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနကွင်းတွင်ဆက်လက်စိုက်ပျိုးခဲ့ရာ (ရောမင်း x ရက်-၉၀) နှင့်(ရောမင်း x ကေရီမွှေး)တို့၏ (BC2F5) သားဆက်လိုင်း(၄၆၂)လိုင်း တို့ကို ဗီဇပါဝင်မှုကို ခွဲခြားပေးနိုင်ရန် စံထားမျိုး မိဘမျိုးလိုင်း(၁၂) လိုင်း စုစုပေါင်းလိုင်း (၄၇၄) လိုင်းတို့ကို အသုံးပြု၍ ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ဗီဇပါဝင်မှုကို ခွဲခြားပေးနိုင်ရန် သက်တမ်းတို အတွက် Heading Date Markers RM-25 နှင့် RM7110 ဖြင့်၎င်း ယိုင်လဲမှုအတွက် Lodging Markers (RM-297 နှင့် RM-20037) တို့ကို အသုံးပြု၍ လေ့လာဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ အသုံးပြုဆောင်ရွက် ခဲ့သောမျိုးလိုင်းများအား (ဇယား၁)တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား(၁) BC2F5 တွင်ဆောင်ရွက်ခဲ့သော သားဆက်လိုင်းများနှင့်မိဘမျိုးလိုင်းများ

Sr.	Source	No.of Line
၁	သားဆက်လိုင်းများ	၄၆၂
၂	ရောမင်း	၄
၃	ရက်-၉၀	၄
၄	ကေရီမွှေး	၄
	စုစုပေါင်း	**၄၇၄**

BC2F5 သားဆက်လိုင်းများ၏မီဇပါဝင်မှုကို သိရှိရန်အတွက် အရွက်နမူနာများကို CTAB Method ဖြင့် DNA ရရှိလာအောင်ထုတ်ယူပြီး ရရှိလာသော DNA၏ အရည်အသွေး သန့်စင်မှုနှင့် ပါဝင်သောပမာဏကို သိရှိစေရန် Nano Drop machine နှင့် တိုင်းတာ၍ မျိုးလိုင်းများအားလုံး၏ တူညီသော DNA Concentration 50ng/µl ရရှိစေရန် DNA dilution ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။ Polymerase Chain Reaction (PCR) ပြုလုပ်ရန် မီဇပါဝင်မှု ကိုဖော်ပြပေးနိုင်သော Marker များကိုအသုံးပြု၍ Marker အမျိုးအစားအလိုက် သီးခြားစီ PCR စက်တွင်ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

ရရှိလာသော PCR product များတွင် မျိုးလိုင်းများ၏ မီဇပါဝင်မှု ကွဲလွဲချက်များကို သိရှိစေရန်အတွက် Ethidium Bromide အသုံးပြု၍ Agrose Gel Electrophoresis System တွင် loading ပြုလုပ်ကာ UV light နှင့် ပုံရိပ်ဖမ်းစက်အောက်တွင် မှတ်တမ်း ဓာတ်ပုံ ရိုက်ကူးထားခဲ့ပါသည်။ Gel Electrophoresis ပြုလုပ်၍ ရရှိလာသော မှတ်တမ်း ဓာတ်ပုံ များမှ DNA Band များကို အသုံးပြု စံထားမျိုးများနှင့် နှိုင်းယှဉ်၍ score ပေးခြင်း တို့ကို ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

BC2F5 သားဆက်လိုင်းများတွင် မီဇပါဝင်မှုကို စံထားမျိုးများနှင့်နှိုင်းယှဉ်၍ Marker များကိုအသုံးပြု၍ လေ့လာခဲ့ပါသည်။ BC2F5 သားဆက်လိုင်းများတွင် မီဇပါဝင်မှုကို လေ့လာခဲ့ရာ Marker များ၏ ဖော်ပြချက်အရ သက်တမ်းတို အတွက် Heading Date Markers (RM-25,RM7110) နှင့် ယိုင်လဲမှုအတွက်Lodging Markers(RM-297,RM-20037) တို့တွင် မီဇပါဝင်သောလိုင်း (၂)လိုင်းကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ အသုံးပြု Markers (၄)ခုအနက် RM-297,RM-20037 (Lodging Marker)နှင့် RM-25 (Heading Date Markers) (၃)ခုတွင်သာ မီဇပါဝင်သောလိုင်း ၅၂လိုင်းပါဝင်ပြီး ၎င်းလိုင်းများတွင် Heterozygous ပါဝင်သောလိုင်း ၁၀လိုင်း ကိုတွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။ RM-297(Lodging Marker)နှင့် RM-25, RM7110 (Heading Markers) ၃ခု တွင် မီဇပါဝင်သောလိုင်း ၇၄ လိုင်းတွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။ BC2F5 သားဆက်လိုင်းများတွင် မီဇပါဝင်မှုကို ဇယား (၂)၊ ပုံ(၁)နှင့် ပုံ(၂) တွင် ဖော်ပြ ထားပါသည်။

ဇယား(၂) စံထားမျိုးများနှင့် BC2F5 သားဆက်လိုင်းများကိုနှိုင်းယှဉ်၍ ဗီဇပါဝင်မှုအခြေအနေ

No.	BC2F5 Line	Pedigree	Lodging Marker		Heading Marker	
			RM297	RM20037	RM25	RM7110
		ဧရာမင်း	3	3	3	3
		ဧကရီမွှေး	1	1	1	1
		ရက်၉၀	1	1	1	1
1	Yn3542-1-1-2	1-1-2-1	**1**	**1**	**1**	**3**
2		1-1-2-2	1	3	1	3
3		1-1-2-3	1	3	1	3
4		1-1-2-4	1	3	1	3
5		1-1-2-5	**H**	**1**	**1**	**3**
6		1-1-2-6	1	3	1	3
7	Yn3542-1-2-1	1-2-1-1	**1**	**1**	**1**	**3**
8		1-2-1-2	**1**	**1**	**1**	**3**
9		1-2-1-3	**1**	**1**	**1**	**3**
10		1-2-1-4	**1**	**1**	**1**	**3**
11		1-2-1-5	**1**	**1**	**1**	**3**
12		1-2-1-6	**1**	**1**	**1**	**3**
13	Yn3542-1-2-6	1-2-6-1	**1**	**1**	**1**	**3**
14		1-2-6-2	**1**	**1**	**1**	**3**
15		1-2-6-3	**1**	**1**	**1**	**3**
16		1-2-6-4	**1**	**1**	**1**	**3**
17		1-2-6-5	**1**	**1**	**1**	**3**
18		1-2-6-6	**1**	**1**	**1**	**3**
19	Yn3542-1-2-7	1-2-7-1	**1**	**1**	**1**	**3**
20		1-2-7-2	**1**	**1**	**1**	**3**
21		1-2-7-3	**1**	**1**	**1**	**3**
22		1-2-7-4	**1**	**1**	**1**	**3**
23		1-2-7-5	**1**	**1**	**1**	**3**
24		1-2-7-6	**1**	**1**	**1**	**3**
25	Yn3542-1-2-10	1-2-10-1	**1**	**1**	**1**	**3**
26		1-2-10-2	**1**	**1**	**1**	**3**
27		1-2-10-3	1	3	1	3
28		1-2-10-4	**1**	**1**	**1**	**3**
29		1-2-10-5	**1**	**1**	**1**	**3**
30		1-2-10-6	**1**	**1**	**1**	**3**
31		1-2-10-7	**1**	**1**	**1**	**3**
32		1-2-10-8	**1**	**1**	**1**	**3**
33		1-2-10-9	**1**	**1**	**1**	**3**
34		1-2-10-10	1	3	1	3
35	Yn3542-1-3-2	1-3-2-1	**1**	**1**	**1**	**3**
36		1-3-2-2	**1**	**1**	**1**	**3**

37		1-3-2-3	**1**	**1**	**1**	**3**
38		1-3-2-4	**1**	**1**	**1**	**3**
39		1-3-2-5	**1**	**1**	**1**	**3**
40		1-3-2-6	**1**	**1**	**1**	**3**
41		1-3-2-7	**1**	**1**	**1**	**3**
42		1-3-2-8	**1**	**1**	**1**	**3**
43		1-3-2-9	**1**	**1**	**1**	**3**
44		1-3-2-10	**1**	**1**	**1**	**3**
45	Yn3542-54-4-7	54-4-7-1	**1**	**3**	**1**	**1**
46		54-4-7-2	**1**	**3**	**1**	**1**
47		54-4-7-3	**1**	**3**	**1**	**1**
48		54-4-7-4	**1**	**3**	**1**	**1**
49		54-4-7-5	**1**	**3**	**1**	**1**
50		54-4-7-6	**1**	**3**	**1**	**1**
51		54-4-7-7	**1**	**3**	**1**	**1**
52		54-4-7-8	**1**	**3**	**1**	**1**
53	Yn3542-54-4-9	54-4-9-1	**1**	**3**	**1**	**1**
54		54-4-9-2	**1**	**3**	**1**	**1**
55		54-4-9-3	**1**	**3**	**1**	**1**
56		54-4-9-4	**1**	**3**	**1**	**1**
57		54-4-9-5	**1**	**3**	**1**	**1**
58		54-4-9-6	**1**	**3**	**1**	**1**
59		54-4-9-7	**1**	**3**	**1**	**1**
60		54-4-9-8	**1**	**3**	**1**	**1**
61	Yn3542-54-4-10	54-4-10-1	**1**	**3**	**1**	**1**
62		54-4-10-2	**1**	**3**	**1**	**1**
63		54-4-10-3	**1**	**3**	**1**	**1**
64		54-4-10-4	**1**	**3**	**1**	**1**
65		54-4-10-5	**1**	**3**	**1**	**1**
66		54-4-10-6	**1**	**3**	**1**	**1**
67		54-4-10-7	**1**	**3**	**1**	**1**
68		54-4-10-8	**1**	**3**	**1**	**1**
69	Yn3542-57-3-1	57-3-1-1	1	3	1	3
70		57-3-1-2	1	3	1	3
71		57-3-1-3	1	3	1	3
72		57-3-1-4	1	3	1	3
73		57-3-1-5	1	3	1	3
74		57-3-1-6	1	3	1	3
75		57-3-1-7	1	3	1	3
76		57-3-1-8	1	3	1	3
77	Yn3542-57-3-3	57-3-3-1	1	3	1	3
78		57-3-3-2	1	3	1	3
79		57-3-3-3	1	3	1	3
80		57-3-3-4	1	3	1	3

81		57–3–3–5	**1**	**1**	**1**	**3**
82		57–3–3–6	**1**	**1**	**1**	**3**
83		57–3–3–7	**1**	**1**	**1**	**3**
84		57–3–3–8	**1**	**1**	**1**	**3**
85	Yn3542–57–3–4	57–3–4–1	**1**	**1**	**1**	**3**
86		57–3–4–2	1	3	1	3
87		57–3–4–3	1	3	1	3
88		57–3–4–4	1	3	1	3
89		57–3–4–5	1	3	1	3
90		57–3–4–6	1	3	1	3
91		57–3–4–7	1	3	1	3
92		57–3–4–8	1	3	1	3
93	Yn3542–57–3–8	57–3–8–1	1	3	1	3
94		57–3–8–2	1	3	1	3
95		57–3–8–3	1	3	1	3
96		57–3–8–4	1	3	1	3
97		57–3–8–5	1	3	1	3
98		57–3–8–6	1	3	1	3
99		57–3–8–7	1	3	1	3
100		57–3–8–8	1	3	1	3
101		57–3–8–9	1	3	1	3
102		57–3–8–10	1	3	1	3
103	Yn3542–57–3–9	57–3–9–1	1	3	1	3
104		57–3–9–2	1	3	1	3
105		57–3–9–3	1	3	1	3
106		57–3–9–4	1	3	1	3
107		57–3–9–5	1	3	1	3
108		57–3–9–6	1	3	1	3
109		57–3–9–7	1	3	1	3
110		57–3–9–8	1	3	1	3
111		57–3–9–9	1	3	1	3
112		57–3–9–10	1	3	1	3
113	Yn3542–57–3–10	57–3–10–1	1	3	1	3
114		57–3–10–2	1	3	1	3
115		57–3–10–3	1	3	1	3
116		57–3–10–4	1	3	1	3
117		57–3–10–5	1	3	1	3
118		57–3–10–6	1	3	1	3
119		57–3–10–7	1	3	1	3
120		57–3–10–8	1	3	1	3
121		57–3–10–9	1	3	1	3
122		57–3–10–10	1	3	1	3
123	Yn3542–57–3–11	57–3–11–1	1	3	1	3
124		57–3–11–2	1	3	1	3

125		57-3-11-3	1	3	1	3
126		57-3-11-4	1	3	1	3
127		57-3-11-5	1	3	1	3
128		57-3-11-6	1	3	1	3
129		57-3-11-7	1	3	1	3
130		57-3-11-8	1	3	1	3
131		57-3-11-9	1	3	1	3
132		57-3-11-10	1	3	1	3
133	Yn3542-57-3-12	57-3-12-1	**1**	**1**	**1**	**H**
134		57-3-12-2	1	3	1	3
135		57-3-12-3	1	3	1	3
136		57-3-12-4	1	3	1	3
137		57-3-12-5	1	3	1	3
138		57-3-12-6	1	3	1	3
139		57-3-12-7	1	3	1	3
140		57-3-12-8	1	3	1	3
141		57-3-12-9	1	3	1	3
142		57-3-12-10	1	3	1	3
143	Yn3542-61-2-4	61-2-4-1	1	3	1	3
144		61-2-4-2	1	3	1	3
145		61-2-4-3	1	3	1	3
146		61-2-4-4	1	3	1	3
147		61-2-4-5	1	3	1	3
148		61-2-4-6	1	1	1	3
149		61-2-4-7	1	3	1	3
150		61-2-4-8	1	3	1	3
151	Yn3542-61-2-12	61-2-12-1	1	3	1	3
152		61-2-12-2	1	3	1	3
153		61-2-12-3	3	3	1	3
154		61-2-12-4	3	3	1	3
155		61-2-12-5	1	3	1	3
156		61-2-12-6	**1**	**3**	**1**	**1**
157		61-2-12-7	**1**	**3**	**1**	**1**
158		61-2-12-8	**1**	**3**	**1**	**1**
159	Yn3542-61-3-6	61-3-6-1	**1**	**3**	**1**	**1**
160		61-3-6-2	**1**	**3**	**1**	**1**
161		61-3-6-3	**1**	**3**	**1**	**1**
162		61-3-6-4	**1**	**3**	**1**	**1**
163		61-3-6-5	**1**	**3**	**1**	**1**
164		61-3-6-6	**1**	**3**	**1**	**1**
165		61-3-6-7	**1**	**3**	**1**	**1**
166		61-3-6-8	1	3	1	3
167	Yn3542-61-3-10	61-3-10-1	1	3	1	3
168		61-3-10-2	1	3	1	3

169		61–3–10–3	1	3	1	3
170		61–3–10–4	1	3	1	3
171		61–3–10–5	1	3	1	3
172		61–3–10–6	1	3	1	3
173		61–3–10–7	1	3	1	3
174		61–3–10–8	**1**	**1**	**1**	**1**
175	Yn3542–61–3–12	61–3–12–1	1	3	1	3
176		61–3–12–2	1	3	1	3
177		61–3–12–3	1	3	1	3
178		61–3–12–4	1	3	1	3
179		61–3–12–5	1	3	1	3
180		61–3–12–6	1	3	1	3
181		61–3–12–7	1	3	1	3
182		61–3–12–8	1	3	1	3
183	Yn3542–61–5–1	61–5–1–1	1	3	1	3
184		61–5–1–2	1	3	1	3
185		61–5–1–3	1	3	1	3
186		61–5–1–4	1	3	1	3
187		61–5–1–5	1	3	1	3
188		61–5–1–6	1	3	1	3
189		61–5–1–7	1	3	1	3
190		61–5–1–8	1	3	1	3
191	Yn3542–69–1–1	69–1–1–1	1	3	1	3
192		69–1–1–2	1	3	1	3
193		69–1–1–3	1	3	1	3
194		69–1–1–4	1	3	1	3
195		69–1–1–5	1	3	1	3
196		69–1–1–6	1	3	1	3
197		69–1–1–7	1	3	1	3
198		69–1–1–8	1	3	1	3
199		69–1–1–9	1	3	1	3
200		69–1–1–10	1	3	1	3
201	Yn3542–69–1–2	69–1–2–1	1	3	1	3
202		69–1–2–2	1	3	1	3
203		69–1–2–3	1	3	1	3
204		69–1–2–4	1	3	1	3
205		69–1–2–5	1	3	1	3
206		69–1–2–6	1	3	1	3
207	Yn3542–69–1–3	69–1–3–1	1	3	1	3
208		69–1–3–2	1	3	1	3
209		69–1–3–3	1	3	1	3
210		69–1–3–4	1	3	1	3
211		69–1–3–5	1	3	1	3
212		69–1–3–6	1	3	1	3

213	Yn3542-69-1-4	69-1-4-1	1	3	1	3
214		69-1-4-2	1	3	1	3
215		69-1-4-3	1	3	1	3
216		69-1-4-4	1	3	1	3
217		69-1-4-5	1	3	1	3
218		69-1-4-6	1	3	1	3
219		69-1-4-7	1	3	1	3
220		69-1-4-8	1	3	1	3
221		69-1-4-9	1	3	1	3
222		69-1-4-10	1	3	1	3
223	Yn3542-69-1-5	69-1-5-1	1	3	1	3
224		69-1-5-2	1	3	1	3
225		69-1-5-3	1	3	1	3
226		69-1-5-4	1	3	1	3
227		69-1-5-5	1	1	**H**	3
228		69-1-5-6	1	3	1	3
229		69-1-5-7	1	3	1	3
230		69-1-5-8	1	3	1	3
231	Yn3542-69-1-9	69-1-9-1	1	3	1	3
232		69-1-9-2	1	3	1	3
233		69-1-9-3	1	3	1	3
234		69-1-9-4	1	3	1	3
235		69-1-9-5	1	3	1	3
236		69-1-9-6	1	3	1	3
237		69-1-9-7	1	3	1	3
238		69-1-9-8	1	3	1	3
239	Yn3542-69-2-2	69-2-2-1	**1**	**1**	**1**	**H**
240		69-2-2-2	1	3	1	3
241		69-2-2-3	1	3	1	3
242		69-2-2-4	1	3	1	3
243		69-2-2-5	1	3	1	3
244		69-2-2-6	1	3	1	3
245		69-2-2-7	1	3	1	3
246		69-2-2-8	1	3	1	3
247	Yn3542-69-2-3	69-2-3-1	**1**	**1**	**1**	**H**
248		69-2-3-2	**1**	**1**	**1**	**H**
249		69-2-3-3	**1**	**3**	**1**	**1**
250		69-2-3-4	1	3	1	3
251		69-2-3-5	1	3	1	3
252		69-2-3-6	**1**	**3**	**1**	**1**
253		69-2-3-7	1	3	1	3
254		69-2-3-8	1	3	1	3
255	Yn3542-69-2-4	69-2-4-1	1	3	1	3
256		69-2-4-2	1	3	1	3

257		69–2–4–3	1	3	1	3
258		69–2–4–4	1	3	1	3
259		69–2–4–5	**1**	**3**	**1**	**1**
260		69–2–4–6	**1**	**3**	**1**	**1**
261		69–2–4–7	1	3	1	3
262		69–2–4–8	1	3	1	3
263	Yn3542–69–2–5	69–2–5–1	1	3	1	3
264		69–2–5–2	1	3	1	3
265		69–2–5–3	**1**	**3**	**1**	**1**
266		69–2–5–4	1	3	1	3
267		69–2–5–5	1	3	1	3
268		69–2–5–6	**1**	**3**	**1**	**1**
269		69–2–5–7	**1**	**3**	**1**	**1**
270		69–2–5–8	1	3	1	3
271	Yn3542–69–2–6	69–2–6–1	**1**	**3**	**1**	**1**
272		69–2–6–2	**1**	**3**	**1**	**1**
273		69–2–6–3	**1**	**3**	**1**	**1**
274		69–2–6–4	**1**	**3**	**1**	**1**
275		69–2–6–5	**1**	**3**	**1**	**1**
276		69–2–6–6	1	3	1	3
277		69–2–6–7	**1**	**3**	**1**	**1**
278		69–2–6–8	**1**	**3**	**1**	**1**
279		69–2–6–9	**1**	**3**	**1**	**1**
280		69–2–6–10	**1**	**3**	**1**	**1**
281	Yn3542–69–2–7	69–2–7–1	1	3	1	3
282		69–2–7–2	1	3	1	3
283		69–2–7–3	1	3	1	3
284		69–2–7–4	1	3	1	3
285		69–2–7–5	1	3	1	3
286		69–2–7–6	1	3	1	3
287		69–2–7–7	1	3	1	3
288		69–2–7–8	1	3	1	3
289		69–2–7–9	1	3	1	3
290		69–2–7–10	1	3	1	3
291	Yn3542–69–2–8	69–2–8–1	1	3	1	3
292		69–2–8–2	1	3	1	3
293		69–2–8–3	1	3	1	3
294		69–2–8–4	1	3	1	3
295		69–2–8–5	1	3	1	3
296		69–2–8–6	1	3	1	3
297		69–2–8–7	1	3	1	3
298		69–2–8–8	1	3	1	3
299		69–2–8–9	1	3	1	3
300		69–2–8–10	**1**	**3**	**1**	**1**

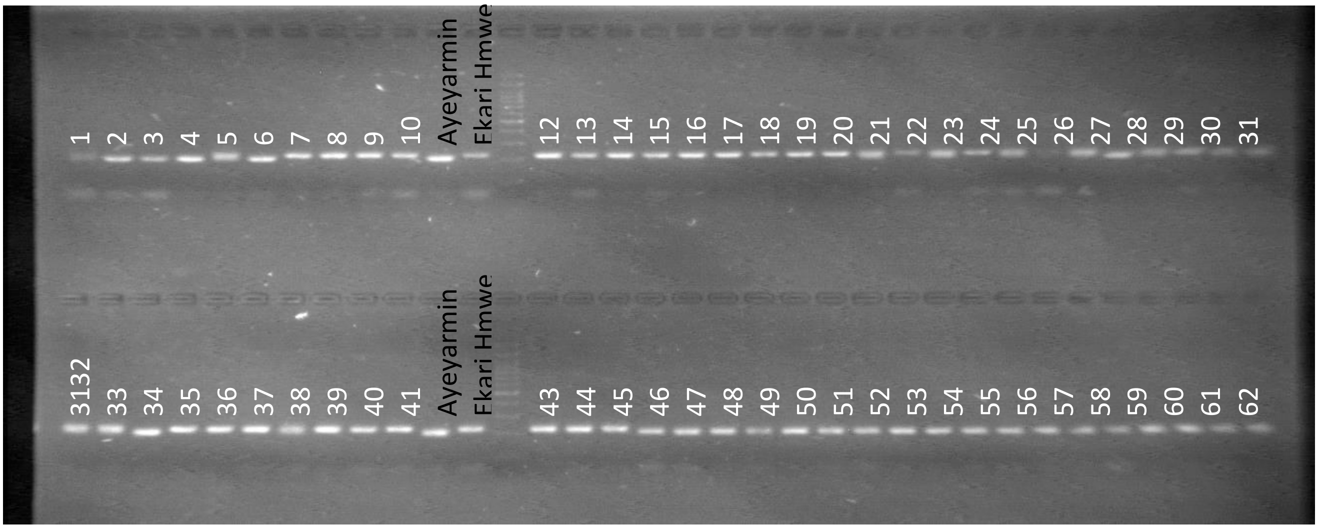
301	Yn3542-69-2-9	69-2-9-1	1	3	1	3
302		69-2-9-2	1	3	1	3
303		69-2-9-3	**1**	**3**	**1**	**1**
304		69-2-9-4	**1**	**3**	**1**	**1**
305		69-2-9-5	**1**	**3**	**1**	**1**
306		69-2-9-6	**1**	**3**	**1**	**1**
307		69-2-9-7	**1**	**3**	**1**	**1**
308		69-2-9-8	**1**	**3**	**1**	**1**
309		69-2-9-9	**1**	**3**	**1**	**1**
310		69-2-9-10	**1**	**3**	**1**	**1**
311	Yn3542-69-2-10	69-2-10-1	**1**	**3**	**1**	**1**
312		69-2-10-2	**1**	**3**	**1**	**1**
313		69-2-10-3	**1**	**3**	**1**	**1**
314		69-2-10-4	**1**	**3**	**1**	**1**
315		69-2-10-5	**1**	**3**	**1**	**1**
316		69-2-10-6	1	3	1	3
317		69-2-10-7	**1**	**1**	**1**	**1**
318		69-2-10-8	1	3	1	3
319		69-2-10-9	1	3	1	3
320		69-2-10-10	1	3	1	3
321	Yn3542-69-2-11	69-2-11-1	1	3	1	3
322		69-2-11-2	1	3	1	3
323		69-2-11-3	**1**	**3**	**1**	**1**
324		69-2-11-4	1	3	1	3
325		69-2-11-5	1	3	1	3
326		69-2-11-6	1	3	1	3
327		69-2-11-7	1	3	1	3
328		69-2-11-8	**1**	**3**	**1**	**1**
329		69-2-11-9	1	3	1	3
330		69-2-11-10	**1**	**3**	**1**	**1**
331	Yn3542-69-2-12	69-2-12-1	1	3	1	3
332		69-2-12-2	1	3	1	3
333		69-2-12-3	**1**	**1**	**1**	**H**
334		69-2-12-4	**1**	**1**	**1**	**H**
335		69-2-12-5	1	3	1	3
336		69-2-12-6	1	3	1	3
337		69-2-12-7	1	3	1	3
338		69-2-12-8	1	3	1	3
339		69-2-12-9	1	3	1	3
340		69-2-12-10	1	3	1	3
341	Yn3542-69-3-1	69-3-1-1	1	3	1	3
342		69-3-1-2	**1**	**3**	**1**	**1**
343		69-3-1-3	**1**	**3**	**1**	**1**
344		69-3-1-4	**1**	**3**	**1**	**1**

345		69–3–1–5	**1**	**3**	**1**	**1**
346		69–3–1–6	1	3	1	3
347		69–3–1–7	1	3	1	3
348		69–3–1–8	1	3	1	3
349		69–3–1–9	1	3	1	3
350		69–3–1–10	**1**	**3**	**1**	**1**
351	Yn3542–69–3–2	69–3–2–1	**1**	**1**	**1**	**H**
352		69–3–2–2	1	3	1	3
353		69–3–2–3	1	3	1	3
354		69–3–2–4	1	3	1	3
355		69–3–2–5	1	3	1	3
356		69–3–2–6	**1**	**1**	**1**	**H**
357		69–3–2–7	1	3	1	3
358		69–3–2–8	1	3	1	3
359		69–3–2–9	1	3	1	3
360		69–3–2–10	1	3	1	3
361	Yn3542–69–3–3	69–3–3–1	**1**	**1**	**1**	**H**
362		69–3–3–2	1	3	1	3
363		69–3–3–3	1	3	1	3
364		69–3–3–4	1	3	1	3
365		69–3–3–5	1	3	1	3
366		69–3–3–6	1	3	1	3
367		69–3–3–7	1	3	1	3
368		69–3–3–8	1	3	1	3
369		69–3–3–9	1	3	1	3
370		69–3–3–10	1	3	1	3
371	Yn3542–69–3–5	69–3–5–1	1	3	1	3
372		69–3–5–2	1	3	1	3
373		69–3–5–3	1	3	1	3
374		69–3–5–4	1	3	1	3
375		69–3–5–5	1	3	1	1
376		69–3–5–6	1	3	1	3
377		69–3–5–7	1	3	1	1
378		69–3–5–8	1	3	1	3
379	Yn3542–69–3–7	69–3–7–1	1	3	1	3
380		69–3–7–2	1	3	1	3
381		69–3–7–3	1	3	1	3
382		69–3–7–4	1	3	1	3
383		69–3–7–5	1	3	1	3
384		69–3–7–6	1	3	1	3
385		69–3–7–7	1	3	1	3
386		69–3–7–8	1	3	1	3
387	Yn3542–69–3–9	69–3–9–1	1	3	1	3
388		69–3–9–2	1	3	1	3

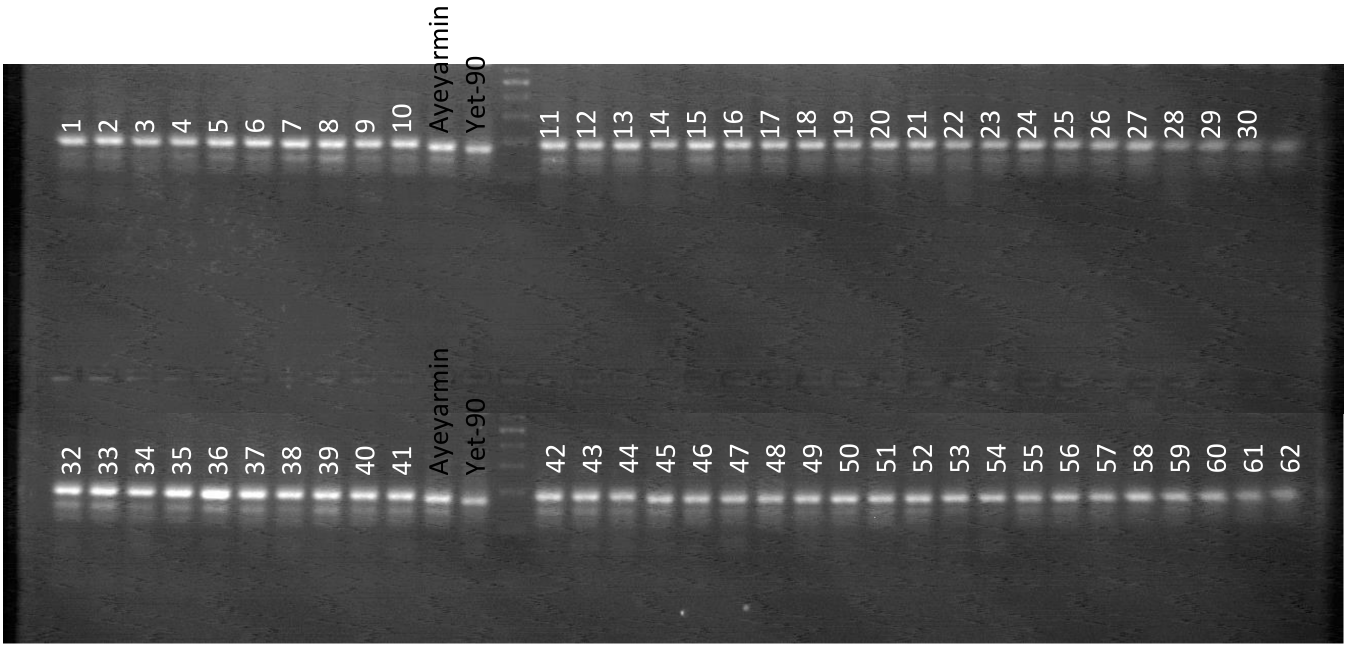
389		69–3–9–3	1	3	1	3
390		69–3–9–4	1	3	1	3
391		69–3–9–5	1	3	1	3
392		69–3–9–6	1	3	1	3
393		69–3–9–7	1	3	1	3
394		69–3–9–8	1	3	1	3
395	Yn3542–69–3–11	69–3–11–1	1	3	1	3
396		69–3–11–2	1	3	1	3
397		69–3–11–3	1	3	1	3
398		69–3–11–4	1	3	1	3
399		69–3–11–5	1	3	1	3
400		69–3–11–6	1	3	1	3
401		69–3–11–7	1	3	1	3
402		69–3–11–8	1	3	1	3
403	Yn3542–69–3–12	69–3–12–1	1	3	1	3
404		69–3–12–2	1	3	1	3
405		69–3–12–3	1	3	1	3
406		69–3–12–4	1	3	1	3
407		69–3–12–5	1	3	1	3
408		69–3–12–6	1	3	1	3
409		69–3–12–7	1	3	1	3
410		69–3–12–8	1	3	1	3
411	Yn3542–69–3–13	69–3–13–1	1	3	1	3
412		69–3–13–2	1	3	1	3
413		69–3–13–3	1	3	1	3
414		69–3–13–4	1	3	1	3
415		69–3–13–5	**1**	**1**	**1**	**H**
416		69–3–13–6	1	3	1	3
417		69–3–13–7	1	3	1	3
418		69–3–13–8	1	3	1	3
419	Yn3542–69–4–2	69–4–2–1	1	3	1	3
420		69–4–2–2	1	3	1	3
421		69–4–2–3	1	3	1	3
422		69–4–2–4	1	3	1	3
423		69–4–2–5	1	3	1	3
424		69–4–2–6	1	3	1	3
425		69–4–2–7	1	3	1	3
426		69–4–2–8	1	3	1	3
427	Yn3542–69–4–7	69–4–7–1	1	3	1	3
428		69–4–7–2	1	3	1	3
429		69–4–7–3	1	3	1	3
430		69–4–7–4	1	3	1	3
431		69–4–7–5	1	3	1	3
432		69–4–7–6	1	3	1	3

433		69–4–7–7	1	3	1	3
434		69–4–7–8	1	3	1	3
435		69–4–7–9	1	3	3	3
436		69–4–7–10	1	3	3	3
437	Yn3542–69–4–8	69–4–8–1	1	3	3	3
438		69–4–8–2	1	3	3	3
439		69–4–8–3	1	3	3	3
440		69–4–8–4	1	3	3	3
441		69–4–8–5	1	3	3	3
442		69–4–8–6	1	3	3	3
443		69–4–8–7	1	3	3	3
444		69–4–8–8	1	3	3	3
445		69–4–8–9	1	3	3	3
446		69–4–8–10	1	3	3	3
447	Yn3542–80–1–4	80–1–4–1	1	3	3	3
448		80–1–4–2	1	3	3	3
449		80–1–4–3	1	3	3	3
450		80–1–4–4	1	3	3	3
451		80–1–4–5	**1**	**3**	**1**	**1**
452		80–1–4–6	**1**	**3**	**1**	**1**
453		80–1–4–7	1	3	3	3
454		80–1–4–8	1	3	1	3
455	Yn3542–80–1–5	80–1–5–1	1	3	3	3
456		80–1–5–2	1	3	3	3
457		80–1–5–3	1	3	3	3
458		80–1–5–4	1	3	3	3
459		80–1–5–5	1	3	3	3
460		80–1–5–6	1	3	3	3
461		80–1–5–7	1	3	3	3
462		80–1–5–8	1	3	3	3

3 = Recurrent   1= Lodging and Heading   H= Heterozygous



ပုံ (၁) SSR Marker RM20037 တွင် BC2F5 သားဆက်လိုင်းများနှင့် စံထားမျိုးတို့၏ DNA band များ



ပုံ (၂) SSR Marker RM 7110 တွင် BC2F5 သားဆက်လိုင်းများနှင့် စံထားမျိုးတို့၏ DNA band များ

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

အသုံးပြု Marker များနှင့် BC2F5သားဆက်လိုင်းများ၏ ဗီဇဖော်ပြချက်အရ Marker ၄ခု လုံးတွင် ဗီဇပါဝင်သောလိုင်း ၂လိုင်းနှင့် Marker ၃ခုတွင်သာဗီဇပါဝင်သောလိုင်း ၁၂၆လိုင်း တွေ့ရှိခဲ့ရသဖြင့် ၎င်းလိုင်းများကို Phenotypic လက္ခဏာများနှင့်ချိတ်ဆက်၍ မျိုးလိုင်းမွေးမြူရွေး ချယ်ခြင်း လုပ်ငန်းကို ဆက်လက်ဆောင်ရွက်သင့်ပါသည်။

(၇) ဖြုတ်ညိုဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော ဆင်းသုခစပါးမျိုးလိုင်းများကို မွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း

(Marker Assisted Back Crossing)

P1/SP1/RS/Rice/Pj– 005–01 (2022)

နိဒါန်း

ရာသီဥတုပြောင်းလဲလာသည်နှင့်အမျှ ရောဂါပိုးမွှားဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော စပါးမျိုးလိုင်းများ မွေးမြူထုတ်လုပ်ခြင်းသည်ဆန်စပါးကဏ္ဍကိုများစွာ အထောက်အကူပြုလျက်ရှိပါသည်။ မြန်မာနိုင်ငံ တောင်သူလယ်သမားများ အဓိက စိုက်ပျိုးထုတ်လုပ်လျက်ရှိသော ဆင်းသုခစပါးမျိုးသည် ဖြုတ်ညို ပိုးဒဏ်ခံနိုင်ရည်မရှိခြင်းကြောင့် ခံနိုင်ရည်ရှိသော ဆင်းသုခ စပါးမျိုးလိုင်းများ မွေးမြူ ထုတ်လုပ်ရန် လိုအပ်လျက်ရှိပါသည်။ ဇီဝနည်းပညာသည် မျိုးသစ်များမွေးမြူရွေးချယ်ရာတွင် ဗီဇပါဝင်မှုကို တိကျစွာရွေးချယ်ပေးနိုင်ခြင်းဖြင့် အထောက်အကူပြုလျက်ရှိပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

Marker Assisted Back Crossing နည်းကို အသုံးပြု၍ ဖြုတ်ညိုရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော ဆင်းသုခစပါးမျိုးလိုင်းသစ်များမွေးမြူရန်အတွက် ဆောင်ရွက်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ချက်များ

ယခုဆောင်ရွက်သည့် ခုနှစ်၊ ရာသီ – ၂၀၂၂-၂၀၂၃ မိုးကြိုရာသီ

တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း – ဒေါက်တာမျိုးသွင်၊ ဒေါ်စုလှိုင်ဖြိုး၊ ဒေါ်နီလာကျော်

စပါးသီးနှံဇဟိုသုတေသနဌာနစုမှ ဆောင်ရွက်လျက်ရှိသော ဖြုတ်ညိုရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည် ရှိသော မိဘမျိုးလိုင်းများမွေးမြူရွေးချယ်နိုင်ရန် (ဇယား ၁) တွင် ဖော်ပြထားသော မျိုးလိုင်း (၉၂) လိုင်းကို မော်လီကျူလာမာကာများအသုံးပြု၍ မိဘမျိုးရွေးချယ်ရန် ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်မည် ဖြစ်ပါသည်။

ဇယား (၁) စပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနမှ ပေးပို့လာသောမျိုးလိုင်းအရေအတွက်

မျိုးလိုင်း	**အရေအတွက်**
ထုတ်ဝေပြီးမျိုးလိုင်း	၁၂
IRBHECO လိုင်း	၄၄
SV လိုင်း	၃၂
IR မျိုးလိုင်း	၂
အခြားမျိုးလိုင်း	၂
စုစုပေါင်း	**၉၂**

မျိုးလိုင်း (၉၂) လိုင်း၏ အရွက်နမူနာများကို CTAB methodဖြင့် DNA ထုတ်ယူ၍ ရရှိလာသော DNAကို Nanodrop machineဖြင့် အရည်အသွေးစစ်ဆေးပြီး၊ 50ng/µl Concentration ရရှိမှုတူညီစေရန် တွက်ချက်ကာ DNA dilution ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်သွားမည့်အစီအစဉ်

Molecular Marker များ အသုံးပြု၍ ဖြုတ်ညှိုရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့် ဗီဇပါဝင်မှု ရှိ/မရှိ ကိုလေ့လာ၍ သုတေသနပြုလုပ်ဆောင်ရွက် သွားမည်ဖြစ်ပါသည်။ ဖြုတ်ညှိုဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိ ဗီဇ ပါဝင်သော မျိုးလိုင်းများကို အကဲဖြတ်၍ စပါးသီးနှံသုတေသနဗဟိုဌာနမှ မျိုးစပ်ခြင်း လုပ်ငန်းများ ဆက်လက်ဆောင်ရွက်သွားမည်ဖြစ်ပါသည်။။

(၈) စပ်မျိုးစပါး Backcross သားဆက်လိုင်းများတွင် အဖိုမြုံဗီဇနှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇ (CMS gene) ပါဝင်မှုကို Molecular Marker များအသုံးပြု၍ လေ့လာခြင်း

P1/SP1/HRS/Hyrice/Pj- 001-6&7/ A-04

နိဒါန်း

စပ်မျိုးစပါးထုတ်လုပ်ရေးတွင် မိဘလိုင်းများသန့်စင်ရေးသည် တိကျသေချာရန် အရေးကြီး ပြီး “three-line” hybrids တွင် အဖိုမြုံလိုင်း (CMS) ပွားများရာ၌ တခါတရံ မျိုးထိန်းလိုင်းများနှင့် ရောနှောကာ မျိုးမသန့်ပဲဖြစ်တတ်၍ Wild Abortive (WA) CMS လိုင်းများ၏ mitochondrial DNA ကို ရှာဖွေဖော်ထုတ်နိုင်ခဲ့သော နိုင်ငံတကာမှ သုတေသနများစွာရှိပြီးဖြစ်ပါသည်။ Molecular

markers များသည် အဖိုမြုံလိုင်းများ နှင့် မျိုးထိန်းလိုင်း များ၏ရောနှောမှုကို ရွေးချယ်ရာတွင် များစွာအကျိုးပြုနိုင်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

စပ်မျိုးလိုင်းများ၏ အဖိုမြုံလိုင်း နှင့် မျိုးထိန်းလိုင်း များအား DNA marker များအသုံးပြု၍ သန့်စင်မှုကို ရွေးချယ်ရန်အတွက် ဆောင်ရွက်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ချက်များ

ယခုဆောင်ရွက်သည့် ခုနှစ်၊ ရာသီ – ၂၀၂၂ မိုးရာသီ

တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း – ဒေါ်သန်းသန်းအေး၊ ဒေါ်အေးအေးနိုင်၊ ဒေါ်နီလာကျော်

စပ်မျိုးစပါးသုတေသနဌာနစုမှ ဆောင်ရွက်လျက်ရှိသော Backcross စပ်မျိုးအတွဲ BC1(၁၆တွဲ) BC2(၉တွဲ) BC3(၆တွဲ) BC4(၄တွဲ) နှင့် BC8(၁၃တွဲ)၊ မိဘ (၄တွဲ) စုစုပေါင်းလိုင်း(၂၀၈)လိုင်းကို (ဇယား ၁) တွင် မော်လီကျူလာမာကာများအသုံးပြု၍ အဖိုမြုံဗီဇ နှင့် မျိုးထိန်းဗီဇ ပါဝင်မှုများအား ရွေးချယ်ခြင်း ကိုဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

ဇယား(၁) စပ်မျိုးစပါးသုတေသနဌာနစုမှပေးပို့လာသောသားဆက်လိုင်းအရေအတွက်

သားဆက်အဆင့်	အတွဲပေါင်း	ပေးပို့နမူနာလိုင်းပေါင်း	
		မိဘလိုင်း	သားဆက်လိုင်း
BC1	၁၆		၆၄
BC2	၉		၃၆
BC3	၆		၂၄
BC4	၄		၁၆
BC8	၁၃		၅၂
A/B	၄	၁၆	
စုစုပေါင်း	**၄၈**		**၂၀၈**

မျိုးလိုင်းများ၏ အရွက်နမူနာများကို CTAB methodဖြင့် DNA ထုတ်ယူ၍ ရရှိလာသော DNAကို Nanodrop machineဖြင့် အရည်အသွေးစစ်ဆေးပြီး၊ 50ng/µl Concentration ရရှိမှုတူညီစေရန် တွက်ချက်ကာ DNA dilution ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။ အသုံးပြုမည့် မိဘမျိုးလိုင်းများတွင် A/B သန့်စင်မှုကိုငှင်း သားဆက်မျိုးလိုင်းများတွင် CMS gene ပါဝင်မှုကို

သိရှိနိုင်စေရန်အတွက် DNA Marker များဖြစ်သည့် WA352, CMS , RG136, နှင့် drrcms markers များကို အသုံးပြု၍ Polymerase Chain Reaction (PCR) ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။

ဗီဇများပါဝင်မှုကွဲပြားခြားနားမှုကို Agarose Gel Electrophoresis တွင်ပြုလုပ်ပြီး IRRI မှ ထုတ်လုပ်ထားသော Wild Abortive (WA) CMS ဗီဇပါဝင်သော စံထားမျိုး IR58025A (wild abortive cytoplasm; WA) နှင့် IR58025B တို့ကို စမ်းသပ်မျိုးလိုင်းများနှင့် နှိုင်းယှဉ်ကာ ဗီဇပါဝင်မှုကိုသက်ဆိုင်ရာ molecular marker များအလိုက် ရွေးချယ်ပါသည်။ Agarose Gel Electrophoresis ပြုလုပ်ပြီးနောက် ရရှိလာသော Band pattern များကို Gel Documentation ပြုလုပ်၍ ရရှိလာသော မှတ်တမ်းဓာတ်ပုံမှ Band pattern များ၏ base pair များအလိုက် score ပေးသတ်မှတ်ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

သားဆက်စပ်မျိုးလိုင်းများနှင့် မိဘမျိုးတွဲများတွင် အဖိုမြုံဗီဇ CMS gene ပါဝင်မှုကို သိရှိနိုင်ရန် DNA Markers များဖြစ်သည့် WA352, CMS, RG136, နှင့် drrcms markers များကိုအသုံးပြု၍ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ သားဆက်လိုင်းများတွင်ဗီဇပါဝင်မှုကို သိရှိရန်အတွက် နှိုင်းယှဉ် အသုံးပြုမည့် မိဘမျိုးတွဲများသန့်စင်မှုကို Marker များအသုံးပြု၍ လေ့လာခဲ့ရာ မိဘအတွဲများ တွင်ဗီဇမသန့်စင်မှုကို လိုင်း(၁) လိုင်းသာတွေ့ရှိရပြီး BC အတွဲများအလိုက် သားဆက်လိုင်းများနှင့် မိဘမျိုးလိုင်းများသန့်စင်မှုလိုင်းအရေအတွက်ကို (ဇယား၂) တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား(၂) သားဆက်စပ်မျိုးလိုင်းများနှင့် မိဘမျိုးတွဲများ၏ ဗီဇများပါဝင်မှုတွေ့ရှိချက်

အတွဲအရေအတွက်	ဗီဇမသန့်လိုင်း		ဗီဇသန့်လိုင်း	
	မိဘ (P)	သားဆက်လိုင်း	မိဘ (P)	သားဆက်လိုင်း
BC_1 (၁၆)	၃	၈	၁၃	၄၀
BC_2 (၉)	၁	၇	၂	၂၆
BC_3 (၆)	-	-	၆	၁၈
BC_4 (၄)	-	-	၄	၁၂
BC_8 (၁၃)	-	၁	၁၃	၃၈
A/B (၄)	၁		၁၅	
၅၂	၅	၁၆	၅၃	၁၃၄

BC စပ်မျိုးတွဲများမှ BC_1အတွဲ (၁၆)တွဲတွင် ဗီဇမသန့်မိဘ လိုင်း(၃)လိုင်းပါဝင်ပြီး ကျန်မိဘလိုင်းများတွင် မျိုးထိန်းဗီဇကိုသယ်ဆောင်ထားသည့် ဗီဇသန့်စင်မှုကို တွေ့ရှိရပါသည်။ သားဆက်လိုင်းများတွင် CMS gene မသန့်စင်သောလိုင်း (၈)လိုင်း တို့ပါဝင်ပြီး ကျန်သားဆက်လိုင်းများတွင် ဗီဇသန့်စင်ကြောင်းပါဝင်မှုကို အသုံးပြုမော်လီကျူလာမာကာအားလုံးတွင် တွေ့ရှိရပါသည်။

BC_2 စပ်မျိုးအတွဲ(၉)တွဲတွင် မျိုးထိန်းဗီဇမသန့်မိဘ (၁)လိုင်းသာပါဝင်ပြီး ကျန်မိဘလိုင်းများသည် ဗီဇသန့်စင်မှုကို တွေ့ရှိရပါသည်။ သားဆက်လိုင်းများတွင် လိုင်း(၇)လိုင်းသည် CMS gene ဗီဇပါဝင်မှုမသန့်ဘဲ သားဆက်လိုင်း (၂၆)လိုင်းသာ ဗီဇသန့်စင်ကြောင်းတွေ့ရှိရပ ါသည်။

BC_3 နှင့် BC_4 စပ်မျိုးတွဲ နှစ်ခုစလုံးရှိ မိဘမျိုးလိုင်းများ နှင့် သားဆက်လိုင်းများအားလုံးသည် မျိုးထိန်းသန့်စင်မှု၊ CMS gene သန့်စင်မှုများ ပါဝင်မှုကို တွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။

BC_8 စပ်မျိုးတွဲများတွင် မိဘမျိုးလိုင်းများသည် မျိုးထိန်းဗီဇသန့်စင်ခြင်းကို တွေ့ရှိရသော်လည်း သားဆက်လိုင်းများတွင် လိုင်း(၁)လိုင်းတွင် CMS gene သန့်စင်မှုမရှိသည်ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ ကျန်သားဆက်လိုင်းများတွင် CMS gene သန့်စင်ခြင်းကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

အသုံးပြုမော်လီကျူလာမာကာများ၏ တွေ့ရှိချက်များအရ စပ်မျိုးတွဲများအားလုံးတွင် ဗီဇမသန့်မိဘ (၅)လိုင်း၊ ဗီဇမသန့် သားဆက်လိုင်း(၁၆)လိုင်း၊ ဗီဇသန့်မိဘ(၅၃)နှင့် ဗီဇသန့်သားဆက် လိုင်း(၁၃၄)လိုင်း တို့ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ သားဆက်စပ်မျိုးအတွဲများအလိုက် သားဆက်တစ်လိုင်း ချင်းစီ၏ ဗီဇပါဝင်မှုများကို ဇယား (၃) တွင်အသီးသီးဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား (၃) စပ်မျိုးလိုင်းတစ်လိုင်းချင်းစီ၏ ဗီဇများပါဝင်မှုတွေ့ရှိချက်

Sr. No	Backcross	Name	WA352	drrcms	CMS + RG136
1	BC_1	IR 58025 A x SVARN-017-9-1(1)	A	A	A
2		IR 58025 A x SVARN-017-9-1(2)	B	A	A
3		IR 58025 A x SVARN-017-9-1(3)	A	A	A
4		SVARN-017-9-1	B	B	B
5	BC_1	IR 58025 A x SVARN-017-9-6(1)	A	A	A
6		IR 58025 A x SVARN-017-9-6(2)	A	A	A
7		IR 58025 A x SVARN-017-9-6(3)	A	A	A
8		SVARN-017-9-6	A	B	B
9	BC_1	IR 58025 A x 7217-8-45-3-1-2-1(1)	A	A	A
10		IR 58025 A x 7217-8-45-3-1-2-1(2)	A	A	A
11		IR 58025 A x 7217-8-45-3-1-2-1(3)	A	A	A

12		7217–8–45–3–1–2–1	B	B	B
13	BC_1	IR 58025 A x 7217–8–45–3–1–2–2(1)	A	A	A
14		IR 58025 A x 7217–8–45–3–1–2–2(2)	A	A	A
15		IR 58025 A x 7217–8–45–3–1–2–2(3)	A	A	A
16		7217–8–45–3–1–2–2	B	B	B
17	BC_1	IR 58025 A x 7237–61–1–3–1–1–1(1)	A	A	A
18		IR 58025 A x 7237–61–1–3–1–1–1(2)	A	A	A
19		IR 58025 A x 7237–61–1–3–1–1–1(3)	A	A	A
20		7237–61–1–3–1–1–1	B	B	B
21	BC_1	IR 58025 A x 7237–61–1–3–1–1–2(1)	A	A	A
22		IR 58025 A x 7237–61–1–3–1–1–2(2)	A	A	A
23		IR 58025 A x 7237–61–1–3–1–1–2(3)	A	A	A
24		7237–61–1–3–1–1–2	B	B	B
25	BC_1	IR 58025 A x 7241–206–12–2–5–1–1(1)	B	A	A
26		IR 58025 A x 7241–206–12–2–5–1–1(2)	A	A	A
27		IR 58025 A x 7241–206–12–2–5–1–1(2)	A	A	A
28		7241–206–12–2–5–1–1	B	B	B
29	BC_1	IR 58025 A x 7241–206–12–2–5–1–2(1)	A	A	A
30		IR 58025 A x 7241–206–12–2–5–1–2(2)	A	A	A
31		IR 58025 A x 7241–206–12–2–5–1–2(3)	A	A	A
32		7241–206–12–2–5–1–2	B	B	B
33	BC_1	IR 75596A x SVARN–445–7–1(1)	B	A	B
34		IR 75596A x SVARN–445–7–1(2)	B	A	B
35		IR 75596A x SVARN–445–7–1(4)	B	A	B
36		SVARN–445–7–1	B	B	B
37	BC_1	IR 75596A x SVARN–445–7–2(1)	B	A	B
38		IR 75596A x SVARN–445–7–2(2)	B	A	B
39		IR 75596A x SVARN–445–7–2(4)	B	A	B
40		SVARN–445–7–2	A	A	B
41	BC_1	IR 75596A x 7217–8–45–3–1–1–3(1)	A	A	A
42		IR 75596A x 7217–8–45–3–1–1–3(2)	A	A	A
43		IR 75596A x 7217–8–45–3–1–1–3(3)	A	A	A
44		7217–8–45–3–1–1–3	B	B	B
45	BC_1	IR 75596A x 7217–8–45–3–1–1–4(2)	A	A	A
46		IR 75596A x 7217–8–45–3–1–1–4(3)	A	A	A
47		IR 75596A x 7217–8–45–3–1–1–4(4)	A	A	A
48		7217–8–45–3–1–1–4(P2)	A	B	B
49	BC_1	IR 75596A x 7226–10–60–3–4–1–13(1)	A	A	A
50		IR 75596A x 7226–10–60–3–4–1–13(2)	A	A	A

51		IR 75596A x 7226–10–60–3–4–1–13(3)	A	A	A
52		7226–10–60–3–4–1–13	B	B	B
53	BC_1	IR 75596A x 7226–10–60–3–4–1–14(1)	A	A	A
54		IR 75596A x 7226–10–60–3–4–1–14(2)	A	A	A
55		IR 75596A x 7226–10–60–3–4–1–14(3)	A	A	A
56		7226–10–60–3–4–1–14	B	B	B
57	BC_1	IR 75596A x 7243–28–1–3–3–2–1(1)	A	A	A
58		IR 75596A x 7243–28–1–3–3–2–1(2)	A	A	A
59		IR 75596A x 7243–28–1–3–3–2–131)	A	A	A
60		7243–28–1–3–3–2–1	B	B	B
61	BC_1	IR 75596A x 7243–28–1–3–3–2–2(1)	A	A	A
62		IR 75596A x 7243–28–1–3–3–2–2(2)	A	A	A
63		IR 75596A x 7243–28–1–3–3–2–2(3)	A	A	A
64		7243–28–1–3–3–2–2	B	B	B
65	BC_2	IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–1(1)	A	A	A
66		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–1(2)	A	A	A
67		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–1(3)	A	A	A
68		7272–161–8–39–2–5–1	B	B	B
69	BC_2	IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–3(1)	A	A	A
70		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–3(2)	A	A	A
71		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–3(3)	A	A	A
72		7272–161–8–39–2–5–3	B	B	B
73	BC_2	IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–5(1)	A	A	A
74		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–5(2)	A	A	A
75		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–5–5(3)	A	A	A
76		7272–161–8–39–2–5–5	B	A	B
77	BC_2	IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–1(1)	B	A	B
78		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–1(2)	A	A	A
79		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–1(3)	A	A	A
80		7272–161–8–39–2–1–1	B	A	B
81	BC_2	IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–2(1)	A	A	A
82		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–2(2)	A	A	A
83		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–2(3)	A	A	A
84		7272–161–8–39–2–1–2	B	A	B
85	BC_2	IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–3(1)	A	A	A
86		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–3(2)	A	A	A
87		IR 79125Ax 7272–161–8–39–2–1–3(3)	A	A	A
88		7272–161–8–39–2–1–3	B	A	B
89	BC_2	IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–2(1)	A	A	A

90		IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–2(2)	A	A	A
91		IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–2(3)	A	A	A
92		7288–2–180–94–3–2	B	A	B
93	BC_2	IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–4(1)	A	A	A
94		IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–4(2)	A	A	A
95		IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–4(3)	A	A	A
96		7288–2–180–94–3–2	B	A	B
97	BC_2	IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–7(1)	A	A	A
98		IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–7(2)	A	A	A
99		IR 58025Ax 7288–2–180–94–3–7(3)	A	A	A
100		7288–2–180–94–3–7	B	A	B
101	BC_3	IR 75596 A x Yaung Poon 8–1 (1)	A	A	A
102		IR 75596 A x Yaung Poon 8–1 (2)	A	A	A
103		IR 75596 A x Yaung Poon 8–1 (3)	A	A	A
104		Yaung Poon 8–1	B	B	B
105	BC_3	IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–5–3 (1)	A	A	A
106		IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–5–3 (2)	A	A	A
107		IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–5–3 (3)	A	A	A
108		7237–61–1–3–1–5–3	B	B	B
109	BC_3	IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–6–1 (1)	A	A	A
110		IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–6–1 (2)	A	A	A
111		IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–6–1 (3)	A	A	A
112		7237–61–1–3–1–6–1	B	B	B
113	BC_3	IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–11–1 (1)	A	A	A
114		IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–11–1 (2)	A	A	A
115		IR 75596 A x 7237–61–1–3–1–11–1 (3)	A	A	A
116		7237–61–1–3–1–11–1	B	B	B
117	BC_3	IR 75596 A x 7241–206-–12–2–5–1–1 (1)	A	A	A
118		IR 75596 A x 7241–206-–12–2–5–1–1 (2)	A	A	A
119		IR 75596 A x 7241–206-–12–2–5–1–1 (3)	A	A	A
120		7241–206-–12–2–5–1–1	B	B	B
121	BC_3	IR 75596 A x 7243–28–1–3–3–4–3 (1)	A	A	A
122		IR 75596 A x 7243–28–1–3–3–4–3 (2)	A	A	A
123		IR 75596 A x 7243–28–1–3–3–4–3 (3)	A	A	A
124		7243–28–1–3–3–4–3	B	B	B
125	BC_4	IR 75596 A x RP 2092–1–6–1–2 (1)	A	A	A
126		IR 75596 A x RP 2092–1–6–1–2 (2)	A	A	A
127		IR 75596 A x RP 2092–1–6–1–2 (3)	A	A	A
128		RP 2092–1–6–1–2	B	B	B

129	BC_4	IR 75596 A x RP 2092–1–6–1–4 (1)	A	A	A
130		IR 75596 A x RP 2092–1–6–1–4 (2)	A	A	A
131		IR 75596 A x RP 2092–1–6–1–4 (3)	A	A	A
132		RP 2092–1–6–1–4	B	B	B
133	BC_4	IR 75596 A x RP 2092–1–8–3–8 (1)	A	A	A
134		IR 75596 A x RP 2092–1–8–3–8 (2)	A	A	A
135		IR 75596 A x RP 2092–1–8–3–8 (3)	A	A	A
136		RP 2092–1–8–3–8	B	B	B
137	BC_4	IR 75596 A x RP 2092–1–8–3–15 (1)	A	A	A
138		IR 75596 A x RP 2092–1–8–3–15 (2)	A	A	A
139		IR 75596 A x RP 2092–1–8–3–15 (3)	A	A	A
140		RP 2092–1–8–3–15	B	B	B
141	BC_8	IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–1–1(1)	A	A	A
142		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–1–1(2)	A	A	A
143		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–1–1(3)	A	A	A
144		7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–1–1	B	B	B
145	BC_8	IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–2–2(1)	A	A	A
146		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–2–2(2)	A	A	A
147		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–2–2(3)	A	A	A
148		7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–2–2	B	B	B
149	BC_8	IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–3–1(1)	A	A	A
150		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–3–1(2)	A	A	A
151		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–3–1(3)	A	A	A
152		7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–3–1	B	B	B
153	BC_8	IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–4–1(1)	A	A	A
154		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–4–1(2)	A	A	A
155		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–4–1(3)	A	A	A
156		7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–4–1	B	B	B
157	BC_8	IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–5–3(1)	A	A	A
158		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–5–3(2)	A	A	A
159		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–5–3(3)	A	A	A
160		7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–5–3	B	B	B
161	BC_8	IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–6–5(1)	A	A	A
162		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–6–5(2)	A	A	A
163		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–6–5(3)	A	A	A
164		7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–6–5	B	B	B
165	BC_8	IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–9–1(1)	A	A	A
166		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–9–1(2)	A	A	A
167		IR 58025 A/ 7241–206–12–2–7–16–5–5–28–5–9–1(3)	A	A	A

168		7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-9-1	B	B	B
169	BC_8	IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-6-5-11-1(1)	A	A	A
170		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-6-5-11-1(2)	A	A	A
171		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-6-5-11-1(3)	A	A	B
172		7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-6-5-11-1	B	B	B
173	BC_8	IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-12-1(1)	A	A	A
174		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-12-1(2)	A	A	A
175		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-12-1(3)	A	A	A
176		7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-12-1	B	B	B
177	BC_8	IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-13-1(1)	A	A	A
178		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-13-1(2)	A	A	A
179		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-13-1(3)	A	A	A
180		7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-13-1	B	B	B
181	BC_8	IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-14-4(1)	A	A	A
182		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-14-4(2)	A	A	A
183		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-14-4(3)	A	A	A
184		7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-14-4	B	B	B
185	BC_8	IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-16-1(1)	A	A	A
186		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-16-1(2)	A	A	A
187		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-16-1(3)	A	A	A
188		7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-16-1	B	B	B
189	BC_8	IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-17-1(1)	A	A	A
190		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-17-1(2)	A	A	A
191		IR 58025 A/ 7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-17-1(3)	A	A	A
192		7241-206-12-2-7-16-5-5-28-5-17-1	B	B	B

A =CMS,   B = non CMS

အခြားမိဘ CMS source

မိဘ CMS source လိုင်းများတွင် အတွဲ(၃)တွဲ မျိုးလိုင်း (၁၆)လိုင်း ပါဝင်ခဲ့ပြီး A လိုင်းများအားလုံးသည် အသုံးပြုမော်လီကျူလာမာကာများအားလုံးတွင် CMS ဗီဇသန့်စင်မှုကို ဖော်ပြနိုင်ကြသော်လည်း B လိုင်း(၁)လိုင်းတွင် မျိုးထိန်းဗီဇ မသန့်စင်ကြောင်း တွေ့ရှိရပါသည်။ မိဘ CMS source လိုင်းများတွင် ဗီဇများပါဝင်မှုကို ဇယား(၄)တွင် ဖော်ပြ ထားပါသည်။

ဇယား(၄) အခြားမိဘ CMS source များတွင် ဗီဇများပါဝင်မှုတွေ့ရှိချက်

Sr.No	Name	WA352	drrcms	CMS + RG136
1	IR 75596 A (1)	A	A	A
2	IR 75596 A (2)	A	A	A

3	IR 75596 A (3)	A	A	A
4	IR 75596 B	B	B	B
5	IR 79125 A(1)	A	A	A
6	IR 79125 A(2)	A	A	A
7	IR 79125 A(3)	A	A	A
8	IR 79125 B	B	B	B
9	IR 58025 A(1)	A	A	A
10	IR 58025 A(2)	A	A	A
11	IR 58025 A(3)	A	A	A
12	IR 58025 B	B	B	B
13	IR 93560 A(1)	A	A	A
14	IR 93560 A(2)	A	A	A
15	IR 93560 A(3)	A	A	A
16	IR 93560 B	A	A	A

A =CMS,   B = non CMS

သုံးသပ်ချက် နှင့် အကြံပြုချက်

စပ်မျိုးလိုင်းများတွင် CMS gene ဗီဇပါဝင်မှုကို အများစုတွင်တွေ့ရှိရပါသဖြင့် Genotype အရ CMS gene ပါဝင်သော မျိုးလိုင်းများကို KI စမ်းသပ်ချက်ထပ်မံပြုလုပ်ကာ ရလာသောအဖြေနှင့် တိုက်ဆိုင်ပြီး အပင်ပုံစံလက္ခဏာရပ် ကောင်းမွန်သောလိုင်းများအား ဆက်လက်မွေးမြူသင့်ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

CMS gene ပါဝင်ကြောင်းတွေ့ရှိရသော စပ်မျိုးလိုင်းများကို ဆက်လက်ရွေးချယ် မွေးမြူပြီး နောက်သားဆက်လိုင်းများတွင်လည်း မော်လီကျူလာမာကာများဖြင့် ရွေးချယ်မှုကို ပူးပေါင်းဆောင်ရွက်ပေးသွားမည်ဖြစ်ပါသည်။

(၉) စပါးမိဇမျိုးကွဲများ၏ အဖိုမိဇနှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမိဇ ပါဝင်မှုကိုMolecular marker ခွဲခြားခြင်း

P1/SP1/HRS/Hyric/Pj–001–8 & 9/A–02

နိဒါန်း

ကမ္ဘာ့ဆန်စပါးရည်ရှည်ထုတ်လုပ်နိုင်မှုအတွက်အာရှနှင့်အမေရိကတွင်ကျယ်ပြန့်စွာလက်ခံအသုံးပြုလျက်ရှိသောစပ်မျိုးစပါးနည်းပညာသည်wild abortive (WA) cytoplasmic source မှအရင်းမြစ်ခံပြီးအဖိုမိဇ*Rf*genes (Restorer fertility genes) ပါဝင်မှသာလျှင်ပြည့်စုံနိုင်ကြောင်း ကျယ်ပြန့်စွာရှာဖွေဖော်ထုတ်ထားကြပြီးဖြစ်ပါသည်။သို့ဖြစ်ပါ၍ Elite မိဘများလိုင်းများတွင် အဖိုမိဇနှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမိဇပါဝင်မှုကို SSR markers များအသုံးပြု၍လေ့လာရှာဖွေနိုင်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ချက်များ

ယခုဆောင်ရွက်သည့် ခုနှစ်၊ ရာသီ – ၂၀၂၂ မိုးရာသီ

တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း – ဒေါ်သန်းသန်းအေး၊ ဒေါ်အေးအေးနိုင်၊ ဒေါ်နီလာကျော်

စပ်မျိုးစပါးသုတေသနဌာနစုမှ ဆောင်ရွက်လျက်ရှိသောမိဘလိုင်းများ မျိုးကူးစပ်မွေးမြူရွေးချယ်ခြင်းသုတေသနလုပ်ငန်းအတွက်မိဘမျိုးလိုင်း (၅၂)လိုင်းနှင့် စံထားမျိုး အဖိုမိဇ (R–restorer) (၂)လိုင်း နှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမိဇ (B–maintainer)(၂)လိုင်း စုစုပေါင်းလိုင်း ၅၆လိုင်း၏ အရွက်နမူနာများကိုအဖိုမိဇ*Rf* genes (Restorer fertility genes)နှင့်ဆက်စပ် လျက်ရှိသော မော်လီကျူလာမာကာများကို အသုံးပြု၍မိဘလိုင်းများ၏ အဖိုမိဇနှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမိဇ ပါဝင်မှုကို ရွေးချယ်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

စပ်မျိုးစပါးသုတေသနဌာနစုမှ ပေးပို့လာသောအရွက်နမူနာများကို CTAB Method နည်းကိုအသုံးပြု၍ DNA ရရှိလာအောင်ထုတ်ယူပြီးရရှိလာသော DNAများကို အရည်အသွေး သန့်စင်မှု နှင့်ပါဝင်သောပမာဏကိုသိရှိစေရန် NanoDrop နည်းပညာနှင့်တိုင်းတာခဲ့ပါသည်။ မျိုးလိုင်းများအားလုံး၏ DNA Concentration ကိုတူညီစေရန်အတွက် 50 ng/μl ရရှိစေရန်တွက်ချက်ကာ DNA dilution ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။

အဖိုမိဇ*Rf* genes (Restorer fertility genes)ပါဝင်မှုနှင့်ဆက်စပ်နေပြီး B, R လိုင်းများ အကြား Polymorphic ဖြစ်မှုကိုသိရှိစေရန် DNA Markers ၁၂ ခုကိုအသုံးပြုခဲ့ပါသည်။ အသုံးပြုမည့်

စံထားမျိုးများ JX5(R)၊SAT15(R)၊IR75596(B)၊IR58025(B) နှင့် Markers ၁၂ ခု တို့ဖြင့် ကွဲလွဲမှုကိုသိရှိစေရန် အသုံးပြုခဲ့ပါသည်။ Polymerase Chain Reaction (PCR) နှင့်Agarose Gel Electrophoresis ပြုလုပ်ပြီး အဖိုမီဇ(Restorer fertility genes) နှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမီဇ ပါဝင်မှုကို ခွဲခြားလေ့လာခဲ့ပါသည်။ Band pattern များ၏base pair များအလိုက်နှိုင်းယှဉ်ကာ score ပေးသတ်မှတ်ခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

မိဘစံထားမျိုးများ၏ခွဲခြားပေးမှုလေ့လာခဲ့ရာ JX5(R)နှင့် IR58025(B) ကိုခွဲခြားပေးနိုင် သော Polymorphic Markers (၁၀) ခုသာတွေ့ရှိ ခဲ့သဖြင့် ၎င်း Markerများအား Source Nursery လိုင်းများကို ခွဲခြားနိုင်ရန်အတွက်ဆက်လက် အသုံးပြုခဲ့ပါသည်။ စပ်မျိုးမိဘမျိုးလိုင်း (၅၂)လိုင်းနှင့်စံထားမျိုး တို့ကိုခွဲခြားပေးနိုင်သော အသုံးပြု Marker (၁၀)ခု RM288, RM6100, RM216, RM258, RM164, RM206, RM264, RM6344, RM5688 နှင့် RM510 တို့ဖြင့်မျိုးလိုင်းများ အလိုက် မီဇခွဲခြားပေးနိုင်မှုကို (ဇယား၁,၂,၃,၄) တို့တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

*Rf*4 မီဇ နှင့် ဆက်စပ်နေသော Marker များကို အသုံးပြုလေ့လာခြင်း

Chromosome 7ပေါ်ရှိ RM6344 တွင် JX5(R) နှင့် SAT15 (R) တို့သည် မတူညီသော နေရာတွင်ရှိပြီး JX5(R) ကဲ့သို့ အဖိုမီဇပါဝင်သော မိဘလိုင်း(၅၀)တွေ့ရှိရပြီး အဖိုမြုံမျိုးထိန်း မီဇ(B) ပါဝင်သော လိုင်း(၂)လိုင်းတွေ့ရှိရပါသည်။

Chromosome 9 ပေါ်ရှိ RM288 တွင်မူ JX5(R) နှင့် SAT15 (R) တို့သည် တူညီသော နေရာတွင်ရှိပြီး အဖိုမီဇ ပါဝင်သောမိဘလိုင်း (၂၀) နှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမီဇ(B) ပါဝင်သောမိဘ (၃၂)လိုင်း ကိုလေ့လာတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ မိဘလိုင်း (၅၂)လိုင်းအနက် လိုင်း(၂၀) သာလျှင် Rf4 မီဇ ပါဝင်ကြောင်းတွေ့ရှိရပါသည်။

Rf4 မီဇပါဝင်မှုနှင့်ဆက်စပ်နေသော Chromosome 10 ပေါ်ရှိ RM6100 တွင်စံထားမျိုး JX5(R)နှင့် SAT15(R) တို့သည် တူညီသောနေရာတွင်မတွေ့ရှိရဘဲ JX5(R)ကဲ့သို့ အဖိုမီဇ ပါဝင်သော မိဘလိုင်း (၂၇)၊ အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမီဇ(B)ပါဝင်သော မိဘ (၂၂)လိုင်းနှင့် Heterozygous မိဘ (၂) လိုင်းတို့ကို လေ့လာတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

RM216 တွင်စံထားမျိုး JX5(R) နှင့် SAT15 (R) တို့သည်တည်နေရာတူတွင်မတွေ့ရှိရဘဲ JX5(R)တူညီသော *Rf4* ဗီဇပါဝင်သည့် အဖိုဗီဇပါဝင်သော မိဘလိုင်း (၂၀) နှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်း ဗီဇ(B) ပါဝင်သောလိုင်း(၃၂) ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။

ဇယား(၁)Chromosome 7, 9 နှင့် 10 ပေါ်ရှိ*Rf4* ဗီဇပါဝင်မှုနှင့်ဆက်စပ်နေသော SSR Marker များအသုံးပြုပြီး Elite မိဘများလိုင်းများ၏ အဖိုဗီဇနှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇပါဝင်မှု လေ့လာတွေ့ ရှိချက်

Sr.No	Variety Name	RM6344	RM288	RM6100	RM216
	JX5	**JR**	**R**	**JR**	**JR**
	SAT15	**SR**	**R**	**B**	**B**
	IR75596	**B**	**B**	**B**	**B**
	IR58025	**B**	**B**	**B**	**B**
1	Yn 3370-4-3-5-UL 103	JR	B	B	B
2	Yn 3370-4-1-3-UL 106	JR	B	B	B
3	Yn 3370-4-3-3-UL 116	JR	R	JR	B
4	Yn 3370-1-1-4-UL 121	JR	R	B	B
5	Yn 3371-1-2-3-UL 126	JR	R	B	B
6	Yn 3371-1-2-2-UL 129	JR	R	JR	B
7	Yn 3371-1-2-3-UL 130	JR	R	B	B
8	Yn 3372-3-2-2-UL 148	JR	B	B	JR
9	Yn 3372-3-2-1-UL 160	JR	B	B	JR
10	Yn 3373-3-2-4-UL 161	JR	B	B	JR
11	Yn 3373-3-2-1-UL 187	JR	R	H	B
12	Yn 3373-3-2-2-UL 188	JR	R	JR	JR
13	Yn 3346-5-2-2-3-UL 2	JR	B	B	JR
14	Yn 3346-5-2-4-5-UL 5	JR	B	B	JR
15	Shwe Pyi Htay	JR	B	B	B
16	Yn 3473-4-2-4	JR	B	JR	B
17	Yn 3474-4-4-2	JR	B	JR	B
18	Yn 3474-4-2-1	JR	B	JR	B
19	Yn 3474-3-4-4	JR	B	JR	B
20	Yeanelo-7	JR	B	JR	B
21	IR 10A-436	JR	B	JR	B
22	Yn 3474-1-1b-4b	JR	B	JR	JR
23	Yn 3475-2-4-1b	JR	B	JR	B
24	Yn 3474-1-1b-4a	JR	B	JR	B

25	Yn 3474–3–1–4	JR	B	JR	B
26	Yn 3476–6–1–3a	JR	B	JR	B
27	Yn 3477–4–4–4	JR	B	JR	B
28	Yn 3479–4–3–4b	JR	B	JR	B
29	Yn 3479–2–1a–4	JR	B	JR	B
30	Yn 3479–5–4–2	JR	B	JR	JR
31	Yn 3479–4–4–1	JR	B	H	B
32	Sin Ekari–3	JR	R	B	JR
33	Yadanatoe	JR	R	H	JR
34	Hmawbi–2	JR	R	B	B
35	Yn 3479–4–2–4a	JR	R	B	JR
36	Yn 3479–7–1–4	JR	R	B	JR
37	Yn 3479–4–2–4b	JR	R	B	B
38	Yn 3382–4–4–3–UL 18	JR	R	JR	B
39	Yn 3382–4–4–3–UL 19	JR	R	JR	JR
40	Yadanatoe	JR	R	JR	JR
41	Hnan Kauk	JR	R	B	JR
42	IR 11C 112	JR	R	JR	B
43	BRRIDHAN – 48	JR	R	JR	JR
44	GAHJAY – ACC	JR	B	B	B
45	Pyi Taw Yin	JR	R	B	JR
46	Yet 90	JR	B	B	B
47	Thee Htat Yin	JR	B	JR	JR
48	HAYT –10	JR	B	B	B
49	HAYT –11	JR	B	JR	B
50	Shwe Pyi Hmwe	B	B	JR	B
51	Shwe Asean	B	B	JR	JR
52	N 22	JR	B	B	JR

JR= JX5 SR= SAT15 B= IR58025 R= JX5,SAT15

Rf 4, 5 နှင့် 6 ဗီဇများနှင့်ဆက်စပ်နေသော Marker များကိုအသုံးပြုလေ့လာခြင်း

Chromosome 10 ပေါ်ရှိ RM258 တွင်မူ JX5(R) နှင့် SAT15 (R) တို့သည်တည်နေရာ တူတွင်မတွေ့ရှိရဘဲ JX5(R)တူညီပြီး *Rf* 4, 5 နှင့် 6 ဗီဇများကို ဖော်ပြနိုင်သော အဖိုဗီဇပါဝင် သောမိဘလိုင်း (၁၂) လိုင်းနှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇ(B) ပါဝင်သောမိဘ (၃၉) လိုင်းကို တွေ့ရှိရပြီး Heterozygous မိဘ (၁) လိုင်း ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။

ဇယား(၂)Chromosome10 ပေါ်ရှိ *Rf* 4,5နှင့်6 ဗီဇများပါဝင်မှုနှင့်ဆက်စပ်နေသော SSR Marker အသုံးပြုပြီးEliteမိဘများလိုင်းများ၏အဖိုဗီဇနှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇပါဝင်မှု

Sr.No	Variety Name	RM258
	JX5	**JR**
	SAT15	**SR**
	IR75596	**B**
	IR58025	**B**
1	Yn 3370-4-3-5-UL 103	B
2	Yn 3370-4-1-3-UL 106	B
3	Yn 3370-4-3-3-UL 116	JR
4	Yn 3370-1-1-4-UL 121	B
5	Yn 3371-1-2-3-UL 126	B
6	Yn 3371-1-2-2-UL 129	JR
7	Yn 3371-1-2-3-UL 130	B
8	Yn 3372-3-2-2-UL 148	B
9	Yn 3372-3-2-1-UL 160	B
10	Yn 3373-3-2-4-UL 161	B
11	Yn 3373-3-2-1-UL 187	H
12	Yn 3373-3-2-2-UL 188	JR
13	Yn 3346-5-2-2-3-UL 2	JR
14	Yn 3346-5-2-4-5-UL 5	JR
15	Shwe Pyi Htay	B
16	Yn 3473-4-2-4	B
17	Yn 3474-4-4-2	B
18	Yn 3474-4-2-1	B
19	Yn 3474-3-4-4	B
20	Yeanelo-7	B
21	IR 10A-436	B
22	Yn 3474-1-1b-4b	B
23	Yn 3475-2-4-1b	B
24	Yn 3474-1-1b-4a	B
25	Yn 3474-3-1-4	B
26	Yn 3476-6-1-3a	B
27	Yn 3477-4-4-4	B
28	Yn 3479-4-3-4b	B
29	Yn 3479-2-1a-4	B
30	Yn 3479-5-4-2	B
31	Yn 3479-4-4-1	B
32	Sin Ekari-3	JR
33	Yadanatoe	JR
34	Hmawbi-2	B

35	Yn 3479-4-2-4a	B
36	Yn 3479-7-1-4	B
37	Yn 3479-4-2-4b	B
38	Yn 3382-4-4-3-UL 18	B
39	Yn 3382-4-4-3-UL 19	B
40	Yadanatoe	JR
41	Hnan Kauk	B
42	IR 11C 112	B
43	BRRIDHAN - 48	B
44	GAHJAY - ACC	JR
45	Pyi Taw Yin	JR
46	Yet 90	JR
47	Thee Htat Yin	B
48	HAYT -10	B
49	HAYT -11	B
50	Shwe Pyi Hmwe	B
51	Shwe Asean	JR
52	N 22	B

JR= JX5 SR= SAT15 B= IR58025

အဖိုမီဇ *(Rf*genes) နှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမီဇ (Maintainer (B) gene) ပါဝင်မှုနှင့်ဆက်စပ်နေ သော အခြား SSR markers များကိုလေ့လာခြင်း

RM164 တွင်စံထားမျိုး JX5(R), နှင့် SAT15 (R) တို့သည်တူညီသောတည်နေရာတွေ့ရှိပြီး *Rf* မီဇကိုဖော်ပြနိုင်ပြီး အဖိုမီဇပါဝင်သောမိဘလိုင်း (၁၇) လိုင်း နှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမီဇ(B) ပါဝင်သောမိဘ (၃၅) လိုင်းကို တွေ့ရှိရပါသည်။

RM510 တွင်လည်း စံထားမျိုး JX5(R) နှင့် SAT15 (R) တို့သည်တူညီသောတည်နေရာ တွင်ရှိပြီး အဖိုမီဇပါဝင်သောမိဘလိုင်း (၁၇) လိုင်းနှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းမီဇ(B) ပါဝင်သောမိဘ(၃၃) လိုင်း၊Heterozygous မိဘ(၂)လိုင်းကိုတွေ့ရှိရပါသည်။

RM264 တွင်စံထားမျိုး JX5(R), နှင့် SAT15 (R) တို့သည် တည်နေရာတူတွင်မတွေ့ရှိရဘဲ JX5(R)နှင့်တူညီပြီး Rf မီဇကိုဖော်ပြနိုင်ပြီး အဖိုမီဇပါဝင်သောမိဘလိုင်း (၄၈) လိုင်း၊ အဖိုမြုံ မျိုထိန်းမီဇ(B) ပါဝင်သောမိဘ (၄) လိုင်းကိုတွေ့ရှိရပါသည်။

RM5688 တွင်မူ JX5(R)နှင့် SAT15 (R) တို့သည်တည်နေရာတူတွင်တွေ့ရှိရပြီး *Rf* ဗီဇကို ဖော်ပြနိုင်ပြီး အဖိုဗီဇပါဝင်သောမိဘလိုင်း(၃၉)လိုင်း နှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇ(B) ပါဝင်သော မိဘမျိုး(၁၃) လိုင်းကို လေ့လာ တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

RM206 တွင်လည်း JX5(R)နှင့် SAT15 (R) တို့သည် မတူညီသောနေရာတွင် တွေ့ရှိရပြီး JX5(R)နှင့်တူညီပြီး အဖိုဗီဇပါဝင်သောမိဘလိုင်း (၄၃)လိုင်း နှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇ(B) ပါဝင်သောမိဘ (၉) လိုင်းကို လေ့လာ တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။

မိဘလိုင်း(၅၂)လိုင်းအနက်အသုံးပြု SSR Marker၅ခု လုံးတွင်*Rf* ဗီဇပါ စံထားမျိုးများနှင့် တူညီစွာဖော်ပြနိုင်ပြီးအဖိုဗီဇပါဝင်သောမိဘလိုင်း(၈)လိုင်းပါဝင်ကြောင်းလေ့လာတွေ့ရှိရပါသည်။

ဇယား(၃) **Chromosome 5,6,8,9,** 11 **ပေါ်ရှိ*Rf*ဗီဇပါဝင်မှုနှင့်ဆက်စပ်နေသော** SSR Marker **များကိုအသုံးပြုပြီး** Elite **မိဘလိုင်းများ၏အဖိုဗီဇနှင့်အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇ ပါဝင်မှု လေ့လာတွေ့ရှိချက်**

Sr.No	Variety Name	RM164	RM510	RM264	RM5688	RM206
	JX5	**R**	**R**	**JR**	**R**	**JR**
	SAT15	**R**	**R**	**B**	**R**	**SR**
	IR75596	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**
	IR58025	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**
1	Yn 3370-4-3-5-UL 103	B	B	JR	R	JR
2	Yn 3370-4-1-3-UL 106	B	B	JR	R	JR
3	Yn 3370-4-3-3-UL 116	B	B	JR	R	JR
4	Yn 3370-1-1-4-UL 121	B	B	JR	R	JR
5	Yn 3371-1-2-3-UL 126	B	B	JR	R	JR
6	Yn 3371-1-2-2-UL 129	B	B	JR	R	JR
7	Yn 3371-1-2-3-UL 130	B	B	JR	R	JR
8	Yn 3372-3-2-2-UL 148	B	B	JR	R	B
9	Yn 3372-3-2-1-UL 160	B	B	B	R	B
10	Yn 3373-3-2-4-UL 161	B	B	B	R	B
11	Yn 3373-3-2-1-UL 187	B	B	JR	B	JR
12	Yn 3373-3-2-2-UL 188	B	B	JR	R	JR
13	Yn 3346-5-2-2-3-UL 2	R	B	JR	B	B
14	Yn 3346-5-2-4-5-UL 5	R	B	JR	B	B
15	Shwe Pyi Htay	B	B	JR	R	JR
16	Yn 3473-4-2-4	R	R	JR	R	B
17	Yn 3474-4-4-2	B	B	JR	R	JR
18	Yn 3474-4-2-1	B	B	JR	R	JR
19	Yn 3474-3-4-4	B	B	JR	R	JR
20	Yeanelo-7	B	R	JR	B	JR

21	IR 10A-436	R	R	JR	R	JR
22	Yn 3474-1-1b-4b	B	R	JR	R	JR
23	Yn 3475-2-4-1b	B	B	JR	B	JR
24	Yn 3474-1-1b-4a	B	B	JR	R	JR
25	Yn 3474-3-1-4	B	H	JR	R	JR
26	Yn 3476-6-1-3a	R	R	JR	R	JR
27	Yn 3477-4-4-4	R	R	JR	R	JR
28	Yn 3479-4-3-4b	B	R	JR	R	JR
29	Yn 3479-2-1a-4	B	R	JR	R	B
30	Yn 3479-5-4-2	B	R	JR	R	JR
31	Yn 3479-4-4-1	B	B	JR	R	JR
32	Sin Ekari-3	B	B	B	R	B
33	Yadanatoe	B	B	JR	R	JR
34	Hmawbi-2	R	R	JR	R	JR
35	Yn 3479-4-2-4a	R	R	JR	R	JR
36	Yn 3479-7-1-4	R	H	JR	R	JR
37	Yn 3479-4-2-4b	R	R	JR	R	JR
38	Yn 3382-4-4-3-UL 18	R	R	JR	R	JR
39	Yn 3382-4-4-3-UL 19	R	R	JR	R	JR
40	Yadanatoe	B	B	JR	R	JR
41	Hnan Kauk	B	R	JR	R	JR
42	IR 11C 112	B	B	JR	B	JR
43	BRRIDHAN - 48	B	B	JR	R	JR
44	GAHJAY - ACC	R	R	JR	B	JR
45	Pyi Taw Yin	B	B	JR	R	JR
46	Yet 90	R	R	JR	B	JR
47	Thee Htat Yin	R	B	JR	B	JR
48	HAYT -10	B	B	JR	B	JR
49	HAYT -11	B	B	JR	R	JR
50	Shwe Pyi Hmwe	R	B	JR	B	JR
51	Shwe Asean	B	B	JR	B	JR
52	N 22	R	B	B	B	B

JR= JX5 SR= SAT15 B= IR58025 R= JX5,SAT15

Rf genesများနှင့် ဆက်စပ်နေသောအသုံးပြုSSR Marker အများစုတွင် အဖိုဗီဇရှိ စံထားမျိုးများကဲ့သို့ အဖိုဗီဇ (*Rf*genes) အများဆုံးပါဝင်သော Elite မိဘ(၁၅)လိုင်း သာတွေ့ ရှိရပါသည်။ (ဇယား၄)

ဇယား(၄) Chromosome အလိုက် *Rf* ဗီဇပါဝင်မှုနှင့်ဆက်စပ်နေသော SSR Marker များကို အသုံးပြုပြီး Elite မိဘများလိုင်းများ၏အဖိုဗီဇပါဝင်မှုလေ့လာတွေ့ရှိချက်

Sr.No	Variety Name	RM6344	RM288	RM6100	RM216	RM258	RM164	RM510	RM264	RM5688	RM206
	Rf gene	**4**				**4,5,6**					
	chr.	**7**	**9**	**10**	**10**	**10**	**5**	**6**	**8**	**9**	**11**
	JX5	**JR**	**R**	**JR**	**JR**	**JR**	**R**	**R**	**R**	**R**	**JR**
	SAT15	**SR**	**R**	**B**	**B**	**SR**	**R**	**R**	**B**	**R**	**SR**
	IR75596	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**
	IR58025	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**	**B**
1	Yn 3371-1-2-2-UL 129	JR	R	JR	B	JR	B	B	JR	R	JR
2	Yn 3373-3-2-2-UL 188	JR	JR	JR	JR	JR	B	B	JR	R	JR
3	Yn 3474-1-1b-4b	JR	B	JR	JR	B	B	R	JR	R	JR
4	Yn 3476-6-1-3a	JR	B	JR	B	B	R	R	JR	R	JR
5	Yn 3477-4-4-4	JR	B	JR	B	B	R	R	JR	R	JR
6	Yn 3479-5-4-2	JR	B	JR	JR	B	B	R	JR	R	JR
7	Hmawbi-2	JR	R	B	B	B	R	R	JR	R	JR
8	Yn 3479-4-2-4a	JR	R	B	JR	B	R	R	JR	R	JR
9	Yn 3479-4-2-4b	JR	R	B	B	B	R	R	JR	R	JR
10	Yn 3382-4-4-3-UL 18	JR	R	JR	B	B	R	R	JR	R	JR
11	Yn 3382-4-4-3-UL 19	JR	R	JR	JR	B	R	R	JR	R	JR
12	Yadanatoe	JR	R	JR	JR	JR	B	B	JR	R	JR
13	Hnan Kauk	JR	R	B	JR	B	B	R	JR	R	JR
14	BRRIDHAN - 48	JR	R	JR	JR	B	B	B	JR	R	JR
15	Pyi Taw Yin	JR	R	B	JR	JR	B	B	JR	R	JR

JR= JX5 SR= SAT15 B= IR58025 R= JX5,SAT15

သုံးသပ်ချက်

အဖိုဗီဇ (*Rf* genes) များသည် Chromosome များတွင် ပြန့်နှံ့စွာ တည်ရှိနေသောကြောင့် စမ်းသပ်မိဘလိုင်းများတွင် *Rf* genes ပါဝင်မှုသည် တူညီမှုမရှိသည်ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ တွေ့ရှိချက်များအရ စမ်းသပ်မျိုးများတွင် *Rf* အများဆုံးပါဝင်သော မိဘလိုင်း(၁၅)လိုင်းတွင်သာ *Rf* 4,5,6 genes များအားလုံးပါဝင်ကြောင်းကို ထိုဗီဇတို့နှင့် ဆက်စပ်နေသော အသုံးပြု SSR Marker အများစုတွင် အဖိုဗီဇရှိ စံထားမျိုးများနှင့် တူညီစွာဖော်ပြနိုင်ပါသည်။ Rf genes များနှင့် ဆက်စပ်နေသော အသုံးပြု SSR Marker များတွင် မိဘလိုင်းများ အလိုက် ဗီဇသယ်ဆောင်ထားမှုဖော်ပြချက် (Genotype) နှင့် 1% Potassium Iodide စမ်းသပ်ချက် (Phenotype) တို့ကို ပူးတွဲလေ့လာပြီး အဖိုဗီဇ(*Rf* genes) နှင့် အဖိုမြုံမျိုးထိန်းဗီဇ (Maintainer gene) ပါဝင်မှုကို ဆက်လက်လေ့လာ ရွေးချယ်သင့်ပါသည်။

(၁၀) အလားအလာကောင်းသော Japonica စပါးမျိုးများ၏ မျိုးရိုးဗီဇနှင့် ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာလက္ခဏာရပ်များကိုသင့်တော်သောနေရာဒေသများတွင်လေ့လာခြင်း။ P1/SP2/BTS/Rice/Pj–001 (2019)

နိဒါန်း

မြန်မာနိုင်ငံတွင် စပါးစိုက်ပျိုးနိုင်သော ရေမြေဒေသများသည် မြစ်ဝကျွန်းပေါ်မှ တောင်ပေါ်ဒေသအထိ ကွဲပြားစွာရှိသည့်အလျောက် ဒေသစပါးမျိုးကွဲပေါင်းများစွာလည်း ရှိနေပါသည် (Garcia et al., 2003; San San Yi et al., 2008) ။ မြစ်ဝကျွန်းပေါ်ဒေသတွင် ရေကြီးကွင်းရေနက်ကွင်းများတွင်၎င်း၊ မြေပြန့်ဒေသများတွင် မိုးကောင်းသောက်နှင့် ရေသွင်းစိုက်ပျိုးခြင်းဖြင့်၎င်း၊ တောင်ပေါ်ဒေသများတွင် တောခုတ် မီးရှို့ပြီးစိုက်ပျိုးခြင်း မှသည် လှေကားထစ်စနစ်များဖြင့်၎င်းစိုက်ပျိုးလုပ်ကိုင်လျက်ရှိပါသည်။ သို့သော်လည်း ၎င်းဒေသစပါးမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇများကိုစနစ်တကျ လေ့လာနိုင်မှုအားသည် အခက်အခဲ များစွာဖြင့် အလွန်နည်းပါးသေးလျက်ပင်ရှိပြီး သတင်းအချက်အလက်များဖော်ထုတ် လေ့လာရန်များစွာကျန်ရှိနေပါသည်။ ထို့အပြင် လက်ရှိအနေအထားအရ လူမှုစီးပွားရေးဖွံ့ဖြိုးဆဲနိုင်ငံများတွင် အထွက်ကောင်းစပါးများကို တင်သွင်းမိတ်ဆက်ပြီး ဒေသစပါးများနေရာတွင် အစားထိုးအသုံးများလာခြင်းသည်လည်း ဒေသမျိုးဗီဇများ တိမ်ကောရခြင်း အကြောင်းတရားတစ်ခုအဖြစ်ပါဝင်ပါသည်။ မြန်မာနိုင်ငံတွင်လည်း ခေတ်မီအထွက်ကောင်း မျိုးများနှင့် စပ်မျိုးစပါးများကို တင်သွင်းမိတ်ဆက်ခြင်းကြောင့်လည်း ဒေသစပါးများ နေရာတွင် အစားထိုးစိုက်ပျိုးလာကြခြင်းဖြစ်ပါသည် (Anonymous, 2001)။

များသောအားဖြင့် Indica စပါးမျိုးများကို အဓိကတွေ့ရှိရသည်မှာ အပူပိုင်းဇုံနှင့် အပူသမပိုင်းဇုံ(tropical and subtropical)၏ နိမ့်သောလတ္တီကျူဒေသရှိစပါးစိုက် ဧရိယာများဖြစ်ပြီး Japonica စပါးမျိုးများကိုမူ သမပိုင်းဇုံ(temperate)တွင် မြင့်သော လတ္တီတွဒ်ဒေသများတွင် အများဆုံးတွေ့ရှိရပါသည်။ အချို့သောနိမ့်သောလတ္တီတွဒ် ဒေသများ (ဥပမာတရုတ်နိုင်ငံ ယူနန်ပြည်နယ်၊ လာအို၊ မြန်မာနှင့် ဗီယက်နမ် စသော အရှေ့တောင်အာရှနိုင်ငံများ) တွင်လည်း Japonica စပါးမျိုးများကို တောင်တန်းဒေသ အမြင့်ပိုင်းများတွင်လည်း စိုက်ပျိုးသည်ကို တွေ့ရှိပါသည်။ Indicaနှင့် Japonicaစပါးမျိုး များသည် ရုပ်သွင်ပြင်လက္ခဏာများ(ဥပမာ အပင်အမြင့်)နှင့် သီးနှံလက္ခဏာများ (ဥပမာ သီးလုံးပုံစံ)နှင့် ဇီဝကမ္မနှင့် ဇီဝဓါတုပါဝင်မှုလက္ခဏာ (အစေ့မာကျောခြင်းနှင့် ကော်ဓာတ်ပါဝင်မှု) စသည်တို့သည် ကွဲပြားခြားနားကြပါသည်။ ထိုသို့ ကွဲပြားခြားသော လက္ခဏာ

များပါရှိသည့် Indicaနှင့် Japonicaစပါးမျိုးများကို စပါးပညာရှင်များက *Oryza sativa* subsp. indica Katoနှင့် *O. sativa* subsp. japonica Kato ဟုအမည်ပေးသတ်မှတ်ခဲ့ကြပါသည်(Vaughan et al.,2008, Wang et al.,1997) ။ ယေဘုယျ အားဖြင့် *Oryza sativa* ကို ရေမြေရာသီဥတု အခြေနေများပေါ် မူတည်၍ (၁) *Indica*, (၂)*Japonica* နှင့် (၃)*Javanica*တို့အဖြစ် ခွဲခြား သတ်မှတ်နိုင်ပါသည်။

Cheng et al.1984 က*Indica*နှင့်*Japonica* စပါးမျိုးများကို Cheng's Index'ဖြင့်ချက်ဖြင့် ခွဲခြားခဲ့ကြပါသည်။ အဆိုပါ Indexများမှာ(၁)plant height, (၂) plant type, (၃) status of pubescence of plants, (၄) type of grains,(၅)physiological features နှင့် (၆) biochemical features စသည်တို့ဖြစ်ပါသည်။ သို့သော်လည်း Cheng's Index'သည် ပတ်ဝန်းကျင်လွှမ်းမိုးမှု အကျိုးသက်ရောက်နိုင်ပြီး လုပ်ကိုင်ရခက်ခဲနိုင်ပါသည်။ ယေဘုယျ အားဖြင့် အစေ့များကိုကွင်းတွင် စိုက်ပြီးအနည်းဆုံး ၃-၄လကြာမှသာ မျိုးစေ့နမူနာမှာ အဆင်သင့်အနေအထား စတင်နိုင်မည် ဖြစ်သည့်အပြင် ရုပ်သွင်ပြင်လက္ခဏာများတိုင်းထွာရန်မှာလည်း လုံလောက်သော အပင်အရေ အတွက်ရှိရန် မျိုးစေ့များစွာလိုအပ်ပါမည်ဖြစ်သည်။ ထိုကဲ့သို့သောအခက်အခဲများကြောင့် Chen’s indexနည်းလမ်းကိုIndicaနှင့် Japonica စပါးများလေ့လာရန်ဆောင်ရွက်ခြင်းအတွက် အခက်အခဲ များအဖြစ် စဉ်းစားလာကြပါသည် (Cheng et al.1984, and Cheng,1993) ။

Lu.etal.,2009 အဖွဲ့က Indicaနှင့် Japonica စပါးများ ခွဲခြားလေ့လာရန် ဆောင်ရွက်ခြင်း အတွက် InDel molecular markersများ အကူအညီဖြင့် ၎င်းတို့၏ ဗီဇကိုခွဲခြားရန် အသုံးပြု ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ထို InDel molecular markersများသည် genetic diversity နှင့် genome-wide rice DNA polymorphism database များတည်ဆောက်ရာတွင်လည်း အကူအညီ ဖြစ်ကြောင်း Xingxing et al., 2007နှင့် အဖွဲ့ ကလည်း ဖော်ပြခဲ့ကြပါသည်။

Yamanaka et al. 2011အဆိုအရ ORF/ORF2 နှင့် CMN-A32 markers များသည် indica/japonicaစပါးများကို ခွဲခြားရန်အသုံးပြုနိုင်သည်ဟု ဆိုထားကြပါသည်။ molecular နည်းပညာ လျင်မြန်စွာ တိုးတက်ဖွံ့ဖြိုးလာပြီး အမျိုးမျိုးသောmolecular markers များဖြစ်သော RAPD, RFLPနှင့် SSRများသည် indica and japonicaမျိုးများခွဲခြားရန် အတွက်အသုံးပြု လာကြပါသည်(Lu et al.,2002, Liu et al.,1995, Long et al.,2002, Zhu et al.,2004 and Wang et al., 2006)။ Indicaနှင့် Japonicaစပါးများသည် ဗီဇအားဖြင့် သိသာစွာ ကွာခြားကြသော

ကြောင့် ၎င်းတို့အကြား inter-subspecies hybridization လုပ်ခြင်း အကျိုးအားဖြင့် သိသာထင်ရှားသော genetic recombination နှင့် variation များရရှိလာနိုင်သောကြောင့် စပါးမျိုးစပ်ပညာရှင်များ အတွက် ပိုမိုကောင်းမွန်သော ရွေးချယ်နိုင်ခြင်းအခွင့်အလမ်းများ ရရှိလာနိုင်ပါသည်။

သို့ပါသောကြောင့် indica/japonica စပါးမျိုးများ ခွဲခြားနိုင်ရန် အတွက် တိကျပြီး မြန်ဆန်သောနည်းလမ်းဖြစ်သည့် molecular technique ဖြင့် အသုံးပြုဆောင်ရွက် ပြီး ရရှိလာသော အလားအလာကောင်း japonica စပါးမျိုးများကိုရွေးချယ်နိုင်ရန် ဤသုတေသနကို အောက်ပါ ရည်ရွယ်ချက်များဖြင့် ဆောင်ရွက်ရခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

(၁) Phenol content ကို အခြေခံပြီး Japonicaအဖြစ် မျိုးစေ့ဘဏ်မှ သတ်မှတ်ထားသောစပါး germplasmများကို molecular markersများ အသုံးပြု၍ Indica/Japonica ခွဲခြားမှု သတ်မှတ်ရန်။

(၂) Japonica type အဖြစ်ဖော်ထုတ်ရရှိလာမည့် စပါး germplasmများကို Japonica စပါးများဖြစ်ထွန်းရာဒေသအမျိုးမျိုးတွင် စိုက်ပျိုးပြီး အလားအလာ ကောင်းJaponicaစပါး မျိုးများအဖြစ်ရွေးချယ်ရန်တို့ဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ -၂၀၁၉-၂၀မှ ၂၀၂၃-၂၄ ခုနှစ် ထိ

ဆောင်ရွက်ချက်

(က) ယခုဆောင်ရွက်သည့် ခုနှစ်၊ ရာသီ -၂၀၂၂ခုနှစ်၊ မိုးရာသီ

(ခ) တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်းအမည် - ဌာန/ခြံ

Dr.သီတာ၊ဒေါ်သန်းသန်းအေး	ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစု
ဒေါ်ယဉ်မာခိုင်	ကျိုင်းတုံစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံ။
ဒေါ်မေဇင်ထက်	တာယောစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံ၊ရွှေညောင်။

(ဂ) ဆောင်ရွက်ချက်

စိုက်ပျိုးရေးသုတေသနဦးစီးဌာနမျိုးစေ့ဘဏ်ရှိ Phenol content ကို အခြေခံပြီး Japonicaအဖြစ် သတ်မှတ်ထားသောစပါး germplasm (၁၈၈) မျိုးနှင့် အခြားစပါး(၂)မျိုး ၊ စုစုပေါင်းမျိုး(၁၉၀) အနက်မှ ပင်ပေါက်ရာခိုင်နှုန်းကောင်းမွန်သော မျိုး(၁၄၁)မျိုးအား InDels

markers (၂၃) မျိုး နှင့် SSRs markers (၃၇) မျိုး၊ စုစုပေါင်း (၆၀) မျိုး(Lu.etal.,2009, Chang et al., 2015) ကိုအသုံးပြုခဲ့ရာ ၎င်း markers များအနက်မှ Polymorphic marker (၅၁)ခုဖြင့် စမ်းသပ်မျိုးများ၏ ၂၀၁၉-၂၀၂၀ မှ ၂၀၂၀-၂၀၂၁ ခုနှစ်များတွင် Typical Japonica, Japonica, Close to Japonica, Intermediate type, Close to indica, Indica,နှင့် Typical Indica အုပ်စုများအဖြစ် ခွဲခြားသတ်မှတ်နိုင်ခဲ့ပါသည်။ ထိုအုပ်စုများထဲမှ Japonica, Close to Japonica, Intermediate type အုပ်စုအဖြစ်တွေ့ရှိရသော မြန်မာဒေသ germplasm (၃၅)မျိုးအား Japonica check များဖြစ်သော (Koshihikari , Nipponberae) နှင့် Indica Check (IR-64)တို့နှင့် နှိုင်းယှဉ် လေ့လာရန် ရှမ်းပြည်နယ်ရှိ စိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံများဖြစ်သော ကျိုင်းတုံ နှင့် တာယော ခြံများတွင် ၂၀၂၁ ခုနှစ်မိုးရာသီတွင် မျိုးစေ့ဘဏ်မှရရှိသော မျိုးစေ့များကို စတင်ပွားများပြီး ၂၀၂၂ မိုးရာသီတွင် (၃၈ မျိုး ၁လီ) ရိုးရိုးစမ်းသပ်ကွက်များအဖြစ် စိုက်ပျိုးလေ့လာခဲ့ပါသည်။

ကောက်ယူခဲ့သော မှတ်တမ်းများ

၅၀% ပန်းပွင့်ရန်ကြာရက်၊

ရိတ်သိမ်းရက်

အသက်ရက်

အပင်အမြင့်(စမ)

အောင်နှံပါပင်ပွား

အောင်စေ့

သီးလုံးပေါင်း

အောင်စေ့%

အစေ့ ၁၀၀၀ အလေးချိန်

ရိတ်သိမ်းနိုင်သောအပင်ဦးရေ

အကွက်ငယ်အထွက်(ကီလို)နှင့် အထွက်နှုန်း(တင်း/ဧက)

ဇယား(၁)   ၂၀၂၂ (မိုးရာသီ)တွင် စိုက်ပျိုးလေ့လာခဲ့သောမျိုးများ

No	Accession	Cultivar Name	J/I group by genotyping result	Township	State/Region
1	001852	Khun Ni Shay	Close to Japonica	Rice Section, DAR ,Yezin	Nay Pyi Taw
2	002105	Byat Kyi	Close to Japonica	Rice Section, DAR ,Yezin	Nay Pyi Taw
3	002154	Pa Laung Galay	Close to Japonica	Sittwe Farm	Rakhine State
4	002643	Lone Bu Chae	Japonica	Sittway	Rakhine State
5	002887	Kunt Lan	Close to Japonica	Rice Section, DAR ,Yezin	Nay Pyi Taw
6	006129	Manot	Close to Japonica	Tanai	Kachin State
7	007429	Bu Bell Du	Close to Japonica	Loikaw	Kayah State
8	007993	Myae Shay (A)	Japonica	Pindaya	Shan
9	008004	Ta Par Rekh	Close to Japonica	Mansi	Kachin
10	008007	Jin Ma Yin	Close to Japonica	Myitkyina	Kachin
11	008008	Khar Tee	Japonica	Myitkyina	Kachin
12	008599	San Ni (A)	Close to Japonica	Ywangan	Shan
13	008932	Bay De Nan Tha	Japonica	Paletwa	Chin
14	009204	Taung Yar Kauk Hnyin	Close to Japonica	Putao	Kachin
15	010201	Kalarsi (Kauk Kyi)	Close to Japonica	Pyinmana	Nay Pyi Taw
16	010227	Khu Hmwe	Close to Japonica	Pinlaung	Shan
17	011016	Thone San Pe	Close to Japonica	Maubin	Ayeyawady
18	011051	Bu Me Mine	Close to Japonica	Hsihseng	Shan
19	011653	Lakawng Mam Li	Close to Japonica	Sumprabum	Kachin
20	011664	Ja Lu Lu	Close to Japonica	Waingmaw	Kachin
21	011918	Pu Nan Pun(4)	Close to Japonica	Pinlaung	Shan
22	011927	Khao Khan Hwan (1)	Close to Japonica	Panglong	Shan
23	000555	Byat Shwe Wa	Intermediate	Rice Section, DAR ,Yezin	Nay Pyi Taw
24	001284	Lay Yin Maung	Intermediate	Rice Section, DAR, Yezin	Nay Pyi Taw
25	001512	Gyauk Ya She	Intermediate	Sittway	Rakhine State
26	002086	Ar Baung Ni	Intermediate	Rice Section, DAR, Yezin	Nay Pyi Taw
27	002173	Taung Phyu	Intermediate	Sittwe Farm	Rakhine State
28	003651	Long Gyi(A Pyauk)	Intermediate	Mindat	Chin
29	006183	PMN-167(Yn-92-25)	Intermediate	Rice Section, DAR, Yezin	Nay Pyi Taw
30	006191	Saba Ni	Intermediate	Yathedaung	Rakhine
31	006197	De Pu Zun	Intermediate	Yathedaung	Rakhine
32	011017	Gaung Shaw Ni	Close to Japonica	Lewe	Nay Pyi Taw
33	005780	Sang Bial	Close to Japonica	Haka	Chin
34	002672	Sa Sar	Close to Japonica	Kalewa	Sagaing
35	007028	Nepal	Japonica	Thantlang	Chin
36	011304	Koshihikari (check)	Japonica		
37	RGB 6-6	Nipponberae (Check)	Japonica		
38	RGB 15-4	IR-64 (Check)	Indica		

တွေ့ရှိချက်

(က) ကျိုင်းတုံစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံမှ တွေ့ရှိချက်

စပါးမျိုးများ၏ မျိုးရိုးဗီဇနှင့် ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာလက္ခဏာများကို သင့်တော်သော နေရာများဒေသတွင် လေ့လာခြင်း

ဒေသ	– ကျိုင်းတုံစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံ။
ရာသီ	– ၂၀၂၂(မိုး)
စမ်းသပ်ကွက်တာဝန်ခံ	– ဒေါ်ယဉ်မာခိုင်
စမ်းသပ်ကွက်ပုံစံ	– ၃၈မျိုး × ၁လီ(ရိုးရိုး)
ပျိုးထောင်ရက်	– ၂၂.၆.၂၀၂၂
စိုက်ရက်	– ၁၈.၇.၂၀၂၂
တန်းကြား × ပင်ကြား	– ၈လက်မ × ၈လက်မ
စိုက်တန်းအရှည်	– 4 ပင် မှ 20 ပင်
စိုက်တန်းအရေအတွက်	– 1 တန်းမှ3 တန်း

Table(2) Evaluation and Seed Multiplication of Japonica Rice for adaptation in Keng Tung (38 x 1)Simple trial , 2022Monsoon

No.	Variety	50 % days to flowering	days to maturity	Plant Height (cm)	Panicle per Hill	Total seeds per panicle	Unfilled seeds per panicle	Filled seeds per panicle	Filled seed %	Harvested Plants	1000 seeds weight (g)	Actual yield per plot (kg)	Yield per Acre (kg)	Yield per Acre (bsk)
1	Khun Ni Shay	136	166	122	8	103	12	91	88.35	60	25.88	1.13	1846.57	88.52
2	Byat Kyi	136	166	138	9	147	16	131	89.12	43	27	1.37	3119.95	149.57
3	Pa Laung Galay	113	143	150	7	290	24	266	91.72	30	8.87	0.50	1618.73	77.60
4	Lone Bu Chae	103	133	136	6	149	32	117	78.52	40	23	0.65	1582.47	75.86
5	Kunt Lan	113	143	155	11	123	24	99	80.49	60	27.12	1.77	2894.60	138.76
6	Manot	113	143	166	9	134	21	113	84.33	60	26.84	1.64	2675.31	128.25
7	BU Bell Du	90	120	109	10	149	20	129	86.58	10	26	0.34	3287.26	157.59
8	Myae Shay (A)	80	110	136	10	163	18	145	88.96	40	24.73	1.43	3514.49	168.48
9	Ta Pa Rekh	80	110	123	6	101	24	77	76.24	40	28	0.52	1267.86	60.78
10	Jin Ma Yin	88	118	120	8	199	8	191	95.98	40	18	1.10	2695.67	129.23
11	Khar Tee	93	123	143	8	110	26	84	76.36	60	25.9	1.04	1705.84	81.78
12	San Ni (A)	112	142	130	7	108	32	76	70.37	60	22.03	0.70	1148.67	55.07
13	Bay De Nan Tha	113	143	133	10	156	12	144	92.31	60	21	1.81	2963.82	142.08
14	Taung Ya Kauk Hnyin	86	116	124	6	193	12	181	93.78	60	26.34	1.72	2803.60	134.40
15	Kalars(Kauk Kyi)	113	143	122	7	209	13	196	93.78	48	22.18	1.46	2982.54	142.98
16	Khu Hmwe	113	143	151	7	162	16	146	90.12	20	29	0.59	2904.82	139.25
17	Thone San Pe	87	117	127	8	204	23	181	88.73	60	20	1.74	2838.37	136.07
18	Bu Me Mine	83	113	127	10	168	20	148	88.10	14	25.36	0.53	3678.59	176.35
19	Lakawng man Li	86	116	125	9	184	19	165	89.67	60	19	1.69	2765.35	132.57

20	Ja Lu Lu	93	123	113	7	253	22	231	91.30	60	14.33	1.39	2271.05	108.87
21	Pu Nan Pun–4	93	123	127	10	132	11	121	91.67	60	24.06	1.75	2853.33	136.78
22	Khao Khan Hwan 1	85	115	137	8	108	41	67	62.04	60	26.84	0.86	1410.00	67.59
23	Byat Shwe Wa	140	170	132	10	143	28	115	80.42	60	25.92	1.79	2921.48	140.05
24	Lay Yin Maung	122	152	150	11	320	25	295	92.19	60	8.68	1.69	2760.61	132.34
25	Gyauk Ya She	140	170	129	12	126	15	111	88.10	60	26	2.08	3394.28	162.72
26	Ar Baung Ni	140	170	154	10	138	20	118	85.51	80	23.98	2.26	2773.33	132.95
27	Taung Phyu	140	170	141	10	115	11	104	90.43	60	24.91	1.55	2539.09	121.72
28	Long Gyi (A Pyauk)	80	110	108	5	149	29	120	80.54	60	17.33	0.62	1019.11	48.85
29	PMN167(Yn92–25)	122	152	145	12	138	28	110	79.71	60	22.45	1.78	2904.43	139.23
30	Saba Ni	140	170	159	10	121	21	100	82.64	60	26	1.56	2548.26	122.16
31	De Pu Zun	140	170	148	11	120	16	104	86.67	60	25.11	1.72	2815.42	134.97
32	Gaung Shaw Ni	93	123	106	10	99	14	85	85.86	60	24.82	1.27	2067.72	99.12
33	Sang Bial	93	123	126	10	163	28	135	82.82	60	22	1.78	2910.90	139.54
34	Sa Sar	122	152	141	13	106	18	88	83.02	40	24.13	1.10	2705.54	129.70
35	Nepal	93	123	106	11	112	22	90	80.36	60	29.31	1.74	2843.95	136.33
36	Koshikari	93	123	85	10	140	12	128	91.43	60	22.84	1.75	2865.34	137.36
37	Nipponbera	74	104	64	5	45	30	15	33.33	4	25.82	0.01	189.80	9.10
38	IR–64	93	123	118	10	134	20	114	85.07	60	24.44	1.67	2730.72	130.91

တစ်ပင်ပါအထွက်အားအခြေခံပြီးတွက်ထားခြင်းဖြစ်ပါသည်။ တစ်ဧကအပင်ဦးရေ = ၉၈၀၁၀ ပင် (ပင်ကြားတန်းကြား၈လက်မ ပတ်လည်) တစ်တင်းရှိကီလိုဂရမ်=၂၀.၈၆။

စပါးမျိုးများ၏ မျိုးရိုးဗီဇနှင့် ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာလက္ခဏာများကို သင့်တော်သော နေရာများဒေသတွင် လေ့လာခြင်း

ဒေသ – တာယောစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံ၊ ရွှေညောင်။

ရာသီ – ၂၀၂၂(မိုး)

စမ်းသပ်ကွက်တာဝန်ခံ – ဒေါ်မေဇင်ထက်

စမ်းသပ်ကွက်ပုံစံ – ၃၉မျိုး × ၁လီ(ရိုးရိုး)

ပျိုးထောင်ရက် – ၂၃.၆.၂၀၂၂

စိုက်ရက် – ၈.၇.၂၀၂၂

တန်းကြား × ပင်ကြား – ၈လက်မ × ၈လက်မ

စိုက်တန်းအရှည် – ၂၀ပင်

စိုက်တန်းအရေအတွက် – ၄တန်း

အကွယ်ငယ်တစ်ကွက်ပါပင်အရေအတွက် – ၈၀ပင်

ဇယား(၃) စပါးမျိုးများ၏ မျိုးရိုးဗီဇနှင့် ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာလက္ခဏာများကို သင့်တော်သော နေရာများဒေသတွင် လေ့လာခြင်း(၃၉ မျိုး x ၁လီ)		
တာယောစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံ၊ရွှေညောင်		
ပျိုးထောင်ရက်– 23.6.2022	မိုးရွာရက်– 49 ရက်	အကွက်အရွယ် – ၄တန်း× ၂၀ပင်
စိုက်ရက် – 8.7.2022	မိုးရေချိန် – 29.31လက်မ	တန်းကြား×ပင်ကြား – ၈" × ၈"

စဉ်	Accession	မျိုးအမည်	50% ပန်းပွင့်ရန်ကြာရက်	ရိတ်သိမ်းရက်	အသက်ရက်	ပင်မြင့်(စမ) (အနံ့ထိ)	အောင်နှံ့ပါပင်ပွား	နှံ့စ (စမ)	အောင်စေ့	သီးလုံးပေါင်း	အောင်စေ့%	အစေ့ ၁၀၀၀ အလေးချိန်(ဂရမ်)	ရိတ်သိမ်းပင်ဦးရေ	အကွက်င ယ်အထွက် (ကီလို)	အထွက်နှုန်း (တင်း/ဧက)	PA cp
1	1852	Khun Ni Shay	136	5.12.2022	166	122	10	23.14	108	115	94	25.12	50	1.01	59	5
2	2105	Byat Kyi	136	5.12.2022	166	138	8	25	142	157	90	26.2	24	0.6	35	7
3	2154	Pa Laung Galay	113	12.12.2022	143	150	10	27.4	269	282	95	9.12	30	1.12	66	5
4	2643	Lone Bu Chae	103	2.11.2022	133	136	8	25.6	125	150	83	22.7	48	1.53	90	3
5	2887	Kunt Lan	113	12.11.2022	143	155	10	26.1	149	155	96	28	80	1.28	75	3
6	6129	Manot	113	12.11.2022	143	166	8	25.3	156	165	95	36.21	74	1.05	61	5
7	7429	BU Bell Du	90	30.10.2022	120	109	10	24.3	171	183	93	26.75	18	1.69	99	3
8	7993	Myae Shay (A)	86	16.10.2022	116	136	11	24.1	122	177	69	24.71	46	0.94	55	5
9	8004	Ta Pa Rekh	86	16.10.2022	116	123	8	24.9	87	126	69	27.5	40	1	59	5
10	8007	Jin Ma Yin	88	18.10.2022	118	120	8	25.9	209	248	84	18.28	55	0.79	46	5
11	8008	Khar Tee	93	23.10.2022	123	143	10	27.8	162	212	76	26.22	62	0.68	40	5
12	8599	San Ni (A)	112	12.11.2022	142	130	9	23.5	85	117	73	22	80	0.63	37	5
13	8932	Bay De Nan Tha	113	12.11.2022	143	133	12	21.5	108	145	74	20.93	80	1.33	78	3
14	9204	Taung Ya Kauk Hnyin	86	16.10.2022	116	124	7	23.3	213	248	86	16.17	80	1.42	83	3
15	10201	Kalars(Kauk Kyi)	113	12.11.2022	143	122	8	22.3	167	203	82	22.13	45	0.91	53	5
16	10227	Khu Hmwe	113	12.11.2022	143	151	9	26.1	125	158	79	31.7	22	0.76	45	5
17	11016	Thone San Pe	87	17.10.2022	117	127	9	23.1	225	240	94	19.37	65	1.46	86	3

18	11051	Bu Me Mine	83	2.11.2022	113	127	12	28.7	154	161	96	25.36	30	1.09	64	5
19	11653	Lakawng man Li	86	16.10.2022	116	125	12	23.8	186	203	92	18.12	71	1.27	75	3
20	11664	Ja Lu Lu	93	23.10.2022	123	113	10	25.2	260	323	80	17.48	59	1.03	60	5
21	11918	Pu Nan Pun–4	93	23.10.2022	123	127	12	23.3	133	148	90	23.73	67	0.55	32	5
22	11927	Khao Khan Hwan 1	85	15.10.2022	115	137	6	23.1	123	134	92	27.37	78	1.25	73	3
23	555	Byat Shwe Wa	140	9.12.2022	170	132	13	21.4	136	157	87	25.71	80	0.99	58	5
24	1284	Lay Yin Maung	122	21.11.2022	152	150	16	26.4	321	339	95	8.7	80	1.22	71	3
25	1512	Gyauk Ya She	140	9.11.2022	170	129	15	23.2	129	173	75	25.22	77	0.82	48	5
26	2086	Ar Baung Ni	83	13.10.2022	113	154	11	28	152	179	85	24.11	80	1.55	91	3
27	2173	Taung Phyu	143	12.12.2022	173	141	13	25.5	158	183	86	24.91	80	1.42	83	3
28	3651	Long Gyi (A Pyauk)	80	10.10.2022	110	108	5	22.1	130	147	88	17.33	80	1.34	79	3
29	6183	PMN167(Yn92–25)	122	21.11.2022	152	145	17	28.7	136	153	89	22.45	80	1.33	78	3
30	6191	Saba Ni	143	12.12.2022	173	159	12	26.6	161	185	87	26.2	80	1.87	110	3
31	6197	De Pu Zun	143	12.12.2022	173	148	11	25.4	133	156	85	25	80	1.45	85	3
32	11017	Gaung Shaw Ni	93	23.10.2022	123	106	17	19.2	101	103	98	24.8	74	0.77	45	5
33	5780	Sang Bial	93	23.10.2022	123	126	10	24.5	149	154	97	25.13	68	1.26	74	5
34	2672	Sa Sar	122	21.11.2022	152	141	11	27.3	379	395	96	**8.2**	56	0.76	44	5
35	7028	Nepal	93	28.10.2022	123	106	18	22.9	157	162	97	30.38	79	0.62	36	5
36	11304	Koshikari	93	23.10.2022	123	85	10	21.7	212	244	87	22.64	80	1.33	78	3
37	RGB 6-6	Nipponbera	62	22.9.2022	92	64	19	16.4	60	66	91	26.71	46	0.37	21	7
38	RGB 15-4	IR–64	93	23.10.2022	123	118	10	24.6	168	194	87	24.45	44	1.35	79	3
39		Shwe Yin Aye	103	2.11.2022	133	129	16	28.9	222	243	91	29.16	80	2.11	124	3

ဇယား(၄) ခြံ (၂)ခြံ၏တွေ့ရှိချက်များ နှိုင်းယှဉ်ခြင်း

စမ်းသပ်မျိုး ၃၅ လိုင်း ပျမ်းမျှ		50% ပန်းပွင့်ရန် ကြာရက်	အသက် ရက်	ပင်မြင့် (စမ) (အနှံထိ)	အောင်နှံ ပါ ပင်ပွား	နှံ့စ (စမ)	အောင်စေ့	သီးလုံး ပေါင်း	အောင်စေ့ %	အစေ့ ၁၀၀၀ အလေးချိန် (ဂရမ်)	ရိတ်သိမ်း ပင် ဦးရေ	အကွက် ငယ် အထွက် (ကီလို)	အထွက် နှုန်း (တင်း/ ဧက)
	တာယော	107	137	133.1	11	24.7	163	187	87.1	23.0	63	1.1	64.9
	ကျိုင်းတုံ	108	138	133.1	9		134	154	85.3	23.2	52	1.3	121.9
အနိမ့်ဆုံး	တာယော	80	110	106	5	19.2	85	103	69.00	8.2	18	0.55	32
	ကျိုင်းတုံ	80	110	106	5		67	99	62.04	8.68	10	0.34	48.85
အမြင့်ဆုံး	တာယော	143	173	166	18	28.7	379	395	98.00	36.21	80	1.87	110
	ကျိုင်းတုံ	140	170	166	13		295	320	95.98	29.31	80	2.26	176.35
Koshikari	တာယော	93	123	85	10	21.7	212	244	87	22.64	80	1.33	78
	ကျိုင်းတုံ	93	123	85	10	–	128	140	91.43	22.84	60	1.75	137.36
Nipponbera	တာယော	74	104	64	19	16.4	60	66	91	26.71	46	0.37	21
	ကျိုင်းတုံ	74	104	64	5	–	15	45	33.33	25.82	4	0.01	9.1
IR-64	တာယော	93	123	118	10	4.6	168	194	87	24.45	44	1.35	79
	ကျိုင်းတုံ	93	123	118	10	–	114	134	85.07	24.44	60	1.67	130.91
Shwe Yin Aye	တာယော	103	133	129	16	28.9	222	243	91	29.16	80	2.11	124

ခြံ(၂)ခြံ၏ တွေ့ရှိချက်များအား နှိုင်းယှဉ်ချက်

ဇယား(၄)တွင် ဖော်ပြထားသကဲ့သို့ စမ်းသပ်မျိုး(၃၅မျိုး)နှင့် စံထားမျိုးများ၏ ပျမ်းမျှ၊ အနိမ့်ဆုံး နှင့်အမြင့်ဆုံး မှတ်တမ်းများအရ 50%ပန်းပွင့်ရန်ကြာရက်၊ အသက်ရက်နှင့် အနှံထိအပင်အမြင့် စသော အချက်များသည် ခြံ(၂)ခြံတွင် ကွာခြားမှုများစွာမရှိကြောင်းကိုတွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။ အောင်နှံ့ပါပင်ပွား၊ အောင်စေ့သီးလုံးပေါင်း၊ အောင်စေ့ရာခိုင်နှုန်း စသောအချက်များတွင် တာယောခြံသည် ကျိုင်းတုံခြံထက် အနည်းငယ် သာလွန်ကြောင်းတွေ့ရှိရပြီး ပျမ်းမျှအစေ့၁၀၀၀ အလေးချိန်မှာမူ တူညီနေကြောင်း တွေ့ရှိပါသော်လည်း တာယောခြံတွင် အနိမ့်ဆုံးအစေ့၁၀၀၀ အလေးချိန် (၈.၂) ဂရမ် ရရှိသော Sa Sar မျိုးသည် အစေ့အလွန်သေးငယ်နေသောကြောင့် အလေးချိန်နည်းကြောင်း နှင့် ၎င်းမျိုးသည် ကျိုင်းတုံခြံတွင် (၂၄.၁၃ ဂရမ်)ထိ ရရှိနေခြင်းမှာ အစေ့ပုံမှန်အရွယ်ရှိကြောင်း ဖော်ပြနေခြင်း နှင့် တာယောခြံတွင်အမြင့်ဆုံး အစေ့၁၀၀၀ အလေးချိန်(၃၆.၂၁ ဂရမ်) အဖြစ် တွေ့ရှိရသော Manot မျိုးသည် ကျိုင်းတုံခြံတွင် (၂၆.၈၄ ဂရမ်)သာရှိကြောင်းတို့ကို တွေ့ရှိရပါသဖြင့် မျိုးများမှန်ကန်မှု ရှိစေရန်အတွက် ပြန်လည်၍ တိုက်ဆိုင်စစ်ဆေးရန် လိုအပ် မည်ဖြစ်ပါသည်။ ယခင်နှစ်မှ ပွားများရရှိသော မျိုးစေ့များကို ၂၀၂၂-၂၀၂၃ မိုးရာသီတွင် စိုက်ပျိုးခဲ့ကြခြင်းဖြစ်သည့်အတွက် ရိတ်သိမ်းပင်အရေအတွက်မှာလည်း အနည်းအများကွာခြားနေပြီး အနည်းဆုံး ၄ ပင်မှ အများဆုံး အပင်၈၀ ရိတ်သိမ်းထားနိုင်ခဲ့ပါသည်။ အကွက်ငယ်အထွက်နှင့် တဧကအထွက်များမှာ တပင်ပါအထွက်အား အခြေခံ တွက်ချက်ထားကြောင်း ကျိုင်းတုံခြံမှဖော်ပြထားပါသည်။ စမ်းသပ်မျိုးများ၏ အထွက်နှုန်းသည် တာယောခြံတွင် စံထားမျိုးအဖြစ်အသုံးပြုထားသည့် ရွှေရင်အေးစပါးမျိုးအား ကျော်လွန်သော မျိုးကို ယခုနှစ် မှတ်တမ်းများအရ သာလွန်သောမျိုးကို မတွေ့ရှိရသေးသော်လည်း ကောင်းမွန်သော အထွက်ကိုပေးနိုင်သည့် ဒေသနှင့် သင့်တော်သော Japonica မျိုးများပါဝင်နေကြောင်းကို ခြံ(၂)ခြံ လုံးတွင် တွေ့ရှိရပါသည်။

သုံးသပ်ချက်နှင့် အကြံပြုချက်

ခြံ(၂)ခြံမှ ကောက်ယူထားသော မှတ်တမ်းများအကြား တိုက်ဆိုင်တူညီနေသော အချက်များရှိသကဲ့သို့ ကွဲလွဲနေသော အချက်အလက်များတွေ့ရှိရပါသဖြင့် မျိုးများကို မှန်ကန်မှုရှိစေရန် တိုက်ဆိုင်စစ်ဆေးခြင်း ပြုလုပ်သင့်ကြောင်း နှင့် ကောင်းမွန်သော အထွက်ကိုပေးနိုင်သည့် ဒေသနှင့်

သင့်တော်သော Japonica မျိုးများပါဝင်နေကြောင်းကို ခြံ(၂)ခြံ လုံးတွင် တွေ့ရှိရပါသဖြင့် ဆက်လက်၍ မျိုးများကို ရွေးချယ်နိုင်သည်အထိ ထပ်ပြုကြိမ်ဖြင့် စမ်းသပ်စိုက်ပျိုးခြင်းကို ဆောင်ရွက်သင့်ပါသည်။

Indica/japonica စပါးမျိုးများ ခွဲခြားနိုင်ရန်အတွက် တိကျပြီးမြန်ဆန်သော နည်းလမ်း ဖြစ်သည့် molecular technique ကို အသုံးပြုဆောင်ရွက်ခဲ့ခြင်းဖြင့် မြန်မာနိုင်ငံတွင် Japonica စပါးမျိုးသစ်များ ထုတ်လုပ်စိုက်ပျိုးလာနိုင်စေမည်ဖြစ်ခြင်း၊ Japonica ဆန်စားသုံးသော နိုင်ငံများ သို့တင်ပို့ရောင်းချလာနိုင်မည်ဖြစ်သောကြောင့် နိုင်ငံစီးပွားရေး ပိုမိုတိုးတက်ကောင်းမွန်လာစေ နိုင်ရန်အတွက် နိုင်ငံ၏စိုက်ပျိုးရေးကဏ္ဍအား တဖက်တလမ်းမှ အထောက်အကူပြုနိုင်သော သုတေသနတစ်ခုဖြစ်ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

၂၀၂၃ မိုးရာသီတွင် ထပ်ပြုကြိမ်ဖြင့် ဆောင်ရွက်မည့် သုတေသနစမ်းသပ်ချက်များကို တာယောနှင့် ကျိုင်းတုံခြံများတွင် ယခုပွားများရရှိသော စမ်းသပ်မျိုးများကို အသုံးပြုကာ အထွက်နှင့် စားသုံးမှုအရည်အသွေး ကောင်းမွန်မှုအား အကဲဖြတ် လေ့လာခြင်း သုတေသန၊ ဒေသရေမြေရာသီဥတုအပေါ် ကောင်းမွန်စွာတုန့်ပြန်မှုရှိနိုင်သည့် အလားလာကောင်း Japonica စပါးမျိုးသစ်များ အကဲဖြတ်လေ့လာခြင်းသုတေသနများကို စိုက်ပျိုးရေးသုတေသနဦးစီးဌာန အောက်ရှိ တာယောနှင့် ကျိုင်းတုံခြံတို့တွင် ဆက်လက်လုပ် ဆောင်သွားမည်ဖြစ်ပါသည်။ ထို့အပြင် စမ်းသပ်မျိုးများအား Japonica/ Indicaမျိုးများအဖြစ် ဖော်ထုတ်၍ စပါးမျိုးကူးစပ်မွေးမြူ ရွေးချယ်ခြင်းလုပ်ငန်းတွင်လည်း မျိုးကူးစပ်သူများ၏ ရည်ရွယ်ချက်များအလိုက်အကျိုးရှိစွာ အသုံးပြု သွားမည်ဖြစ်ပါသည်။

(၁၁)စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကိုအသုံးပြု၍တုန့်ပြန်မှု Culturability ကောင်းသော Indicaစပါးမျိုးများကိုသိရှိရန်ဆောင်ရွက်ခြင်း

P1/SP2/ BTS /Rice/Pj-002

နိဒါန်း

စပါးသီးနှံ (*Oryza sativa L.*) သည်ကမ္ဘာ့လူသားအားလုံးအတွက်အရေးကြီးသောသီးနှံတစ်မျိုးဖြစ်ပါသည်။ထို့ပြင်လူသားတို့၏အစာအာဟာရနှင့်စားသုံးမှုတို့အတွက်အကြီးမားဆုံးသောကယ်လိုရီအရင်းအမြစ်တစ်ခုဖြစ်ပါသည်။ မြန်မာ့စီးပွားရေးအတွက်အရေးပါသော သီးနှံတစ်မျိုးလည်းဖြစ်ပါသည်။စပါးသီးနှံကိုသမရိုးကျနည်းလမ်းဖြင့်မွေးမြူထုတ်လုပ်ရာတွင်သန္ဓေသန့် မျိုးဗီဇလိုင်းများရရှိရန်အတွက်သားဆက်၆-၇ဆက်ခန့်ကြာနိုင်သော်လည်း အဖိုဝတ်မှုန်အိတ် မွေးမြူနည်း (anther culture) ကိုအသုံးပြုပါက သားဆက်တစ်ဆက်တည်းဖြင့် သန္ဓေသန့် မျိုးဗီဇလိုင်းကိုရရှိနိုင်သဖြင့် အဆိုပါနည်းပညာကိုဖွံ့ဖြိုးပြီးနိုင်ငံတွင်သာမကဖွံ့ဖြိုးဆဲနိုင်ငံများတွင်လည်း တွင်တွင်ကျယ်ကျယ် အသုံးပြုလာကြပါသည်။ အဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းဖြင့် anther များမွေးမြူရာတွင် Indica အုပ်စုဝင် စပါးမျိုးများသည် Japonica အုပ်စုဝင်စပါးမျိုးများနှင့် နှိုင်းယှဉ်ရာတွင် တုံ့ပြန်မှုနည်းသည်ကိုတွေ့ရပါသည်။ထို့ကြောင့် indica အုပ်စုဝင်စပါးမျိုးများကို Breeding Program ၌ကျယ်ကျယ်ပြန့်ပြန့်အသုံးပြုလိုပါကစပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းအပေါ်တုန့်ပြန်မှုကောင်းေ ောမိဘမျိုးများကိုသေသေချာချာရွေးချယ်ရန်လိုအပ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်နည်းပညာကိုအသုံးပြု၍ တုန့်ပြန်မှု Culturability ကောင်းသော Indica စပါးမျိုးများကိုသိရှိရန်ရည်ရွယ်၍သုတေသနပြုဆောင်ရွက်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ

၂၀၂၁ခုနှစ် မှ ၂၀၂၂ခုနှစ်ထိ

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ

၂၀၂၂-၂၀၂၃ခုနှစ်၊ တစ်နှစ်ပတ်လုံး

(ခ)တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း-ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်၊ဒေါ်အိအိစိုး၊ ဒေါ်သန်းသန်းအေး နှင့် ဒေါ်နီလာကျော်

(ဂ) စတင်ဆောင်ရွက်သည့်အချိန်

၂၀၂၂-၂၀၂၃ မိုးရာသီ

သုတေသနစမ်းသပ်ချက်များ

သုတေသနစမ်းသပ်ရန်အတွက် မျိုးစေ့ဘဏ်မှရရှိလာသောယာစပါးမျိုး (၃)မျိုးဖြစ်သည့် Pha Kanh ၊ Kyae Ni နှင့် Fesen မျိုးတို့နှင့်ကရင်မထိပ်စောင်း ၊ ဆင်းကေရီ(၃)မျိုးတို့၏ anther များကိုစပါးပင်ဖုံးတုံးလုံးအဆင့်တွင်ခူးယူ၍ အလျူမီနီယမ်သတ္တုလွှာဖြင့် သေချာစွာထုတ်ပိုးသန့်စင်ပြီး ±4°C ရှိသောအအေးခန်းထဲတွင်၈–၁၀ရက်ခန့်ထား၍အဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူရန် cold-treatment အနေဖြင့်ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။ အဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းပြုလုပ်မှုမတိုင်မီ စပါးမျိုး(၅) မျိုး၏ အနှံများကိုအအေးခန်း ±4°C ထဲမှယူ၍ Hypo ၂၀% နှင့် Water ၈၀% တို့ကိုရောစပ်၍ ၃၀မိနစ်ခန့်စိမ်ခဲ့ပါသည်။ထို့ပြင်စိမ်ထားသော စပါးနှံများကို ပေါင်းခံရည်ဖြင့်၃–၅ကြိမ်ခန့်သန့်စင်ခဲ့ပါသည်။ သန့်စင်ပြီးသောစပါးနှံများကိုcallus ဖြစ်ပေါ်စေသည့်အစာလွှာ (၂) မျိုး ဖြစ်သော N_6 + 2.0 mgl^{-1} 2,4D+ 1.0 mgl^{-1} NAA+ 0.5 mgl^{-1} Kinetin နှင့် SK_1 + 0.75 mgl^{-1} 2,4D+ 2.5 mgl^{-1} NAA+ 0.75 mgl^{-1}Kinetin ပေါ်တွင်စတင်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ရရှိလာသော callus များကိုတူညီသော အရည်အစာလွှာ၌ callus proliferation အတွက် (၃)ပတ်ကြာမွေးမြူ၍ အပင်ရရှိစေရန် အပင်အစာလွှာဖြစ်သော M_1 = MS + 1.0 mgl^{-1} NAA + 1.0 mgl^{-1} BAP + 0.5 mgl^{-1} Kinetin နှင့် M_2 = MS + 1.0 mgl^{-1} NAA + 1.0 mgl^{-1} BAP + 1.0 mgl^{-1} Kinetin သို့ပြောင်းရွှေ့မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ ထို့ပြင် ရရှိလာသော အစိမ်းပင်များကို root media ပြောင်းရွှေ့မွေးမြူခဲ့ပြီး အပင်ငယ်လေးများအား ပြင်ပအခြေအနေသို့ ပြောင်းရွှေ့စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။

ကောက်ယူမည့်မှတ်တမ်း

Callus Induction ၊ Green Spot % ၊ Albino plant % ၊ အစိမ်းပင်ဖြစ်ပေါ်မှု၊ Hardening နှင့် အပင်ရှင်သန်မှု

တွေ့ရှိချက်

မွေးမြူပြီးတစ်လခွဲခန့်အကြာ၌စမ်းသပ်ယာစပါးမျိုး(၃)မျိုးဖြစ်သောPha Kanh ၊ Kyae Ni နှင့် Fesen မျိုးများမှာ callus ဖြစ်ပေါ်လာသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရသော်လည်းကရင်မထိပ်စောင်းမျိုးနှင့်

ဆင်းကောရီ(၃)မျိုးတို့မှာcallus ဖြစ်ပေါ်လာသည်ကိုမတွေ့ရှိခဲ့ပါ။စမ်းသပ်ထားသောမျိုး (၅) မျိုးများ၏ Callus ဖြစ်ပေါ်မှုတွင် Callus media ၂မျိုး (N_6 နှင့် SK_1)အနက် N_6 media သည် SK_1 media ထက် callus induction ပိုမိုများသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။Callus ဖြစ်ပေါ်မှု့တွင် မျိုးမှာ ကျန်စပါးမျိုးများထက် Callus ဖြစ်ပေါ်မှု (၈၁.၁%) အကောင်းဆုံးဖြစ်ပြီး Callus မှ Green Spot ဖြစ်ပေါ်မှု့တွင်မူ M_1 media နှင့် M_2 media နှစ်မျိုး၌ M_1 media တစ်မျိုးသာ Green Spot ဖြစ်ပေါ် လာသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ စမ်းသပ်စပါးမျိုး(၅)မျိုးများအနက် Pha Kanh မျိုးနှင့် Kyae Ni မျိုးတို့မှာ Green Spotဖြစ်ပေါ်လာသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ တွေ့ရှိချက်များကိုဇယား(၁) နှင့်(၂) တွင် ဖော်ပြထားပါသည်။

စမ်းသပ်စပါးမျိုး (၅)မျိုးတွင် Pha Kanh စပါးမျိုးသည် Callus ဖြစ်ပေါ်မှုနှင့် အစိမ်းပင် ဖြစ်ပေါ်ရန် တုန့်ပြန်မှုအကောင်းဆုံးဖြစ်သည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပြီး Kyae Ni မျိုးမှာ ဒုတိယအကောင်းဆုံး ဖြစ်သည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ စမ်းသပ်တွေ့ရှိချက်အရ Pha Kanh စပါးမျိုးသည်ကျန်စပါးမျိုး (၄)မျိုးထက် Callusဖြစ်ပေါ်မှု၊ Green Spot ဖြစ်ပေါ်မှုနှင့်အစိမ်းပင်ရရှိစေရန် တုန့်ပြန်မှု့ အများဆုံး ဖြစ်ပြီး ကျန်စပါးမျိုး(၃)မျိုးမှာ Green Spot နှင့် အစိမ်းပင်ရရှိခြင်းမရှိသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ တွေ့ရှိချက်ကို ဇယား (၃) တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

စမ်းသပ်မျိုး(၅)မျိုး အနက်MS_1 media တွင်ရွှေရင်အေး(၂) နှင့်RGB 72 မျိုးတို့green spot ဖြစ်ပေါ်လာသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပြီး MS_2 mediaတွင်မူရွှေရင်အေး(၂) နှင့်ထွန်းပုမျိုးတို့မှာ greenspots ဖြစ်ပေါ်လာသည်ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။ ကျန်စပါးမျိုးမှာ green spot ဖြစ်ပေါ်လာခြင်းမရှိပါ။ အစိမ်းပင် ဖြစ်ပေါ်မှုများတွင် ရွှေရင်အေး(၂)၊RGB 72 နှင့် ထွန်းပုမျိုးတို့ မှာ အစိမ်းပင်ဖြစ်ပေါ်မှု တုန့်ပြန်မှုအများဆုံးဖြစ်ပေါ်ပြီး ရွှေရင်အေး(၁)နှင့် ဆင်းကောရီ(၃)မျိုးတို့မှာ အစိမ်းပင်ရရှိခြင်းမရှိ သည်ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ တွေ့ရှိချက်ကို ဇယား (၃) နှင့် (၄)တို့တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား(၁) စပါးမျိုးများအလိုက်Callus ဖြစ်ပေါ်မှု

No	Variety	N_6			SK_1		
		No.of Anther	Callus Induction		No.of Anther	Callus Induction	
			Number	Percentage		Number	Percentage
၁	Pha Kanh	၂၉၆၀	၆၀	၈၁.၁	၂၆၀၀	၂၂	၃၃.၈
၂	Kyae Ni	၇၉၂၈	၅၀	၂၅.၃	၈၅၆၀	၁၀	၄.၇
၃	ဆင်းကေရီ-၃	၄၈၀၀	၅	၄.၁၆	၄၈၀၀	၀	၀
၄	Fesen	၄၀၄၀	၁၅	၁၄.၉	၃၀၈၀	၀	၀
၅	ကရင်မထိပ်စောင်း	၃၂၀၀	၀	၀	၄၀၀၀	၀	၀

ဇယား(၂) စပါးမျိုးများအလိုက်အစာလွှာ (၂) မျိုးတွင်Green Spotဖြစ်ပေါ်မှု

No	Variety	MS_1		MS_2	
		Green Spot %	Albino Plant %	Green Spot %	Albino Plant %
၁	Pha Kanh	၆၇.၀၇	၇.၃၁	၀.၀၀	၆.၀၉
၂	Kyae Ni	၅၈.၃၃	၅.၀၀	၀.၀၀	၁.၆၇
၃	ဆင်းကေရီ-၃	၀.၀၀	၀.၀၀	၀.၀၀	၀.၀၀
၄	Fesen	၀.၀၀	၀.၀၀	၀.၀၀	၀.၀၀
၅	ကရင်မထိပ်စောင်း	၀.၀၀	၀.၀၀	၀.၀၀	၀.၀၀

ဇယား(၃)စပါးမျိုးများအလိုက်အစိမ်းပင်ဖြစ်ပေါ်မှု

High Response	Medium Response	Low Response	No Response
Pha Kanh	-	-	ဆင်းကေရီ-၃
Kyae Ni	-	-	Fesen
			ကရင်မထိပ်စောင်း
>5.0%	<5.0 % – 1.0%>	<1.0%	-

ဇယား(၄) စပါးမျိုးများအလိုက် Hardening အပင်ရှင်သန်မှု

စဉ်	Variety	Hardening	Survival Plant	Survival Percentage (%)
၁။	Pha Kanh	၄၆	၄၂	၉၁.၃
၂။	Kyae Ni	၂၀	၁၄	၇၀.၀

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

စမ်းသပ်မျိုးယာစပါးမျိုး(၃)မျိုးတို့တွင် Pha Kanh နှင့် Kyae Ni မျိုးတို့တွင်သာ callus ဖြစ်ပေါ်မှုနှင့် green spots ဖြစ်ပေါ်မှုအကောင်းဆုံးဖြစ်ပါသည်။သို့သော် စပါးမျိုးစပ်မွေးမြူရေး သုတေသနလုပ်ငန်း၌မျိုးစပ်၍ Anther culture ပြုလုပ်ရာတွင်Pha Kanh နှင့် Kyae Ni စပါး မျိုးတို့ကို မိဘမျိုးအဖြစ်အသုံးပြုနိုင်ပါသည်။ သို့ဖြစ်ပါ၍ စပါးအဖိုဝတ်မှုန်အိတ်မွေးမြူနည်းကို အသုံးပြုရာတွင်စပါးမျိုးများအလိုက် အသုံးပြုသည့် အစာလွှာအမျိုးအစားပေါ်မူတည်၍ Culturability ကွာခြားမှုရှိကြောင်းကိုလည်း သုံးသပ်ရပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့် အစီအစဉ်

၂၀၂၂-၂၀၂၃ ခုနှစ်တွင် ရရှိလာသောPha Kanh နှင့် Kyae Ni စပါးမျိုးတို့၏ AC ပင်များကိုကွင်းတွင်ပွားများပြီးမူလမျိုးများနှင့်နှိုင်းယှဉ်စိုက်ပျိုး၍ Gametoclonal Variation ရှိမရှိကို ဆက်လက်လေ့လာသွားပါမည်။

(၁၂) အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့်ကော်ဖီအမြောက်အများပွားများနိုင်သည့်နည်းလမ်းအားရှာဖွေခြင်း

P1/SP2/BTS/COF/Pj–003 (2017)

နိဒါန်း

ကော်ဖီပင်ကိုအစေ့မှသာမကကိုင်းဖြတ်၍လည်းစိုက်ပျိုးကြပါသည်။ အစေ့မှစိုက်ပျိုးပါက မျိုးညှောင့်ပေါက်ရှင်သန်နိုင်စွမ်းအား တိုတောင်းခြင်း နှင့် ကိုင်းဖြတ်၍ စိုက်ပျိုးပါက မျိုးကိုင်း ပမာဏလုံလောက်စွာ မရရှိနိုင်ခြင်းစသည့် ပြဿနာများကို ကြုံတွေ့ရပါသည်။ ထိုကြောင့် ကော်ဖီကို Tissue Cultureနည်း ဖြင့် အရွက်များပွားများခြင်းဖြင့်မိခင်အပင်နှင့်တူသော ကော်ဖီပင် ငယ်များကို အချိန်တို အတွင်းအမြောက်အမြားထုတ်လုပ်နိုင်သည့်အပြင် ကော်ဖီ Robusta ကို မြန်မာနိုင်ငံတွင်ကျယ်ကျယ် ပြန့်ပြန့်စိုက်ပျိုးနိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့်ကော်ဖီအမြောက်အများပွားများ ထုတ်လုပ်နိုင်ရန် အတွက်သင့် တော်သည့်အစာလွှာများကိုရှာဖွေရန်ဆောင်ရွက်ခြင်း။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ (စတင်မှပြီးစီးသည့်အထိ)– ၂၀၁၇–၁၈ မှ ၂၀၂၂–၂၃ ခုနှစ်ထိ

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ –၂၀၂၂–၂၃ခုနှစ်၊ တနှစ်ပတ်လုံး

(ခ) တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း – ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်၊ ဒေါ်အေးအေးနိုင် ၊ဒေါ်နီလာကျော် နှင့် ဒေါ်သန်းသန်းအေး

(ဂ) စတင်ဆောင်ရွက်သည့်အချိန် –၂၀၂၀ အောက်တိုဘာလ

(ဃ) ဆောင်ရွက်ချက်

ကော်ဖီအရွက်ကို ပိုးသန့်စင်ပြီး Initial အဆင့်တင်ထားခဲ့ပါသည်။ ကော်ဖီအရွက်မှ ရရှိလာသော Embroidများကို Embroidပွားများစေသည့် အစာလွှာ တွင်ဆက်လက် မွေးမြူထားခဲ့ပါသည်။ Embroid မှတဆင့် အစိမ်းရောင်စတင် ပြောင်းလဲကာကော်ဖီအရွက်လေးများ ၂ ရွက်ထွက်ရှိနေသောအပင်ငယ်လေးများကို အညွန့်စတင်ပွားများစေသည့် အစာလွှာတွင် မွေးမြူထားခဲ့ပါသည်။ ၂၀၂၁–၂၂ ခုနှစ် တွင် အညွန့် နှင့် အမြစ်စဉ်အင်အား ပိုမိုကောင်းမွန်လာသည့် အပင်ငယ်များ ရရှိစေရန်အတွက် IBA နှင့်BAP ဟော်မုန်းနှစ်မျိုးကို MS + 0.1 mg/L IBA + 0.1mg/L BAP နှင့် MS + 1.0 mg/L IBA + 0.1mg/L BAP နှုန်းထားအမျိုးမျိုးအသုံးပြု၍ အညွန့် နှင့် အမြစ်စဉ်အင်အား ကောင်းမွန်သော အပင်ငယ်များရရှိအောင်မွေးမြူခဲ့ပါသော်လည်း အမြစ်ဖြစ်ပေါ်လာသော်လည်း အညွန့်ထွက်ရှိမှုမရှိခဲ့ပါ။ ဆက်လက်၍ ၂၀၂၂–၂၃ ခုနှစ်တွင် အညွန့် နှင့် အမြစ်စဉ်အင်အားပိုမိုကောင်းမွန်လာသည့် အပင်ငယ်များရရှိ စေရန်အတွက် WPM + 1.0 mg/L IBA နှင့် MS + 1.0 mg/L IBA နှုန်းထား အမျိုးမျိုးအသုံးပြု၍ အညွန့် နှင့် အမြစ်စဉ် အင်အားကောင်းမွန်သောအပင်ငယ်များရရှိအောင် မွေးမြူခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

ကော်ဖီအရွက်မှရရှိလာသော EmbroidများကိုEmbroidပွားများစေသည့် အစာလွှာ တွင် ဆက်လက် မွေးမြူထားခဲ့ပါသည်။ Embroidမှတဆင့် အစိမ်းရောင်စတင် ပြောင်းလဲကာ ကော်ဖီအရွက်လေးများ ၂ ရွက်ထွက်ရှိနေသော အပင်ငယ်လေးများ ကို အညွန့် စတင်ပွားများ စေသည့် အစာလွှာတွင် မွေးမြူထားခဲ့ပါသည်။ ယခင်ကလည်းဤကဲ့သို့ အဆင့်ဆင့် ဆောင်ရွက်လာသော အခါ အညွန့် နှင့် အမြစ်များရရှိလာပြီးမြစ်စဉ်အင်အားမကောင်းသောကြောင့် မြစ်စဉ်အင်အားကောင်းမွန်ရန် အတွက်စမ်းသပ်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ သို့သော် ရရှိလာသောအပင်များမှ အမြစ်များ

ထွက်ရှိလာသော်လည်း အရွက်လေးများမှာမူ ပုံသဏ္ဍာန်မမှန်သော ပုံစံများ ထွက်ရှိနေသော ကြောင့် ကော်ဖီအပင်ငယ်များမှာ Pre-Hardening အဆင့်သို့ရောက်ရှိနိုင် ခြင်းမရှိသေးသဖြင့် စပ်းသပ်နေဆဲ ဖြစ်ပါသည်။

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

ကော်ဖီကို အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာ အသုံးပြု၍ မိခင်အပင်နှင့်တူသောအပင်ငယ်များကို အချိန်တိုအတွင်း အမြောက်အမြားထုတ်လုပ်နိုင်သည့် အစာလွှာကို ရှာဖွေရရှိခြင်းဖြင့် စီးပွားရေး အရ စိုက်ပျိုးနေသော ကော်ဖီစိုက်ပျိုးသူများကို တစ်ဖက်တစ်လမ်းမှ အထောက်အကူပြုနိုင်မည် ဖြစ်ပြီး မြန်မာနိုင်ငံတွင်လည်းကျယ်ကျယ်ပြန့်ပြန့် စိုက်ပျိုးနိုင်မည်ဖြစ်ကြောင်း သုံးသပ် တင်ပြ ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်မှ ကော်ဖီအရွက်ကို အစာလွှာပေါ်တွင် initial အဆင့် မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် ကော်ဖီအရွက်မှ ကဲလပ်စ် အဆင့်ထိ ရရှိပြီး ကဲလပ်စ်မှ Embroidအဆင့်သို့ မွေးမြူခဲ့ ပါသည်။ ယခုအခါတွင် Embroidလေးများ အညွန့် လောင်းပုံစံလေးများဖြစ်ပေါ်လာပါသည်။ ထို့ကြောင့် အညွန့် ငယ်လေးများ အစာလွှာပေါ်တွင် မွေးမြူထားပြီးဖြစ်ပါသည်။ ဆက်လက်၍ ၂၀၂၃-၂၄ ခုနှစ်တွင် အညွန့် နှင့် အမြစ်စဉ်အင်အားပိုမိုကောင်းမွန်လာသည့် အပင်ငယ် များ ရရှိစေရန်အတွက် ဟော်မုန်းများကို နှုန်းထားအမျိုးမျိုးအသုံးပြု၍ အမြစ် အစာလွှာရှာဖွေ ခြင်း နှင့် အညွန့် နှင့်အမြစ်စဉ်အင်အား ကောင်းမွန်သော အပင်ငယ်များရရှိအောင် ဆက်လက် သုတေသနပြု ဆောင်ရွက်သွားမည့်အပြင် pre-hardening ပြုလုပ်ခြင်းများကို ဆက်လက် ဆောင်ရွက်သွားမည် ဖြစ်ပါသည်။

(၁၃) ဆေးဖက်ဝင်သောနနွင်းအမြောက်အများပွားများနိုင်သည့်နည်းလမ်းအား ရှာဖွေခြင်း

P1/SP2/BTS/TU/Pj-004

နိဒါန်း

နနွင်းနက်နှင့်နနွင်းဝါမျိုးတို့သည် မြန်မာနိုင်ငံ၏ ရှားပါးပြီးဆေးဖက်ဝင်သည့် အပင်ဗီဇ အရင်းအမြစ်များ ဖြစ်ပါသည်။ ၎င်းမျိုးများသည် ဆေးဖက်ဝင်၍ ရှားပါးသော အပင် မျိုးများဖြစ်သည့် အတွက်အပင်တစ်သျှူး နည်းပညာကိုအသုံးပြု၍ အမြောက်အများ ပွားနိုင်သည့် နည်းလမ်းများ ရှာဖွေ ဖော်ထုတ်ရန်လိုအပ်သည်။

ရည်ရွယ်ချက်

အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာဖြင့် မိခင်ပင်နှင့်တူညီသော အပင်အမြောက်အများပွားများ နိုင်သည့် နည်းလမ်းကိုရှာဖွေရန် ဆောင်ရွက်ခြင်း။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ (စတင် မှ ပြီးစီးသည် အထိ) -၂၀၁၈-၁၉ မှ ၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်ထိ

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ-၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်၊ တနှစ်ပတ်လုံး

(ခ) တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း- ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်၊ ဒေါ်အိအိစိုး၊ ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊ ဒေါ်နီလာကျော် နှင့် ဒေါ်သန်းသန်းအေး

(ဂ) စတင်ဆောင်ရွက်သည့်အချိန် - ၂၀၂၀ ခုနှစ်

(ဃ) ဆောင်ရွက်ချက်

(က) ပိုးသန့်စင်သည့်နည်းလမ်း

နနွင်းအတက်ကို Net House အခြေအနေ၌ ၂၀၁၉ မိုးရာသီတွင် အိုးဖြင့်ပျိုး၍ တစ်လအကြာ တွင် အရွယ်အစား 6±0.5 စင်တီမီတာရှိသည့် Rhizome buds ကို အိုးထဲမှ တူးယူ၍ အမြစ် များကို လှီးဖြတ်ပြီး Running tap water အောက်တွင် မြေကြီးများ ပြောင်စင်စေရန် အတွက် တစ်နာရီကြာစိမ်ထားခဲ့ပါသည်။ Rhizome buds ကိုပိုးသန့်စင်ရန် မှိုသတ်ဆေး (Homoi) 1.0 gL^{-1}၊ အီသနော (70%) တွင် ဆိုဒီယမ်ဟိုက်ပိုကလိုရိုဒ် (Sodium Hypochloride – 1.2, 1.5, 1.8 % w/w, NaOCl) နှုန်းထားအမျိုးမျိုး ကိုအသုံးပြု၍ မိနစ် ၃၀ အကြာစိမ်ပြီးနောက် ပိုးသန့်စင်ထားသောရေ (Sterilized Distilled Water) ဖြင့် သုံးကြိမ် မှ ငါးကြိမ် Laminar Air Flow Cabinet ထဲတွင်

ဆေးကြောခဲ့ပါသည် ဇယား(၁) ။ ထို့နောက် 70% (v/v) အီသနောတွင် ၃ မိနစ် ခန့် နှစ်မြှုပ်စေပြီး သုံးကြိမ် မှ ငါးကြိမ် ပိုးသန့်စင်ထားသော ရေကို အသုံးပြု၍ ဆေးကြောခဲ့ပါသည်။

ဇယား (၁) ပိုးသန့်စင်ရန်အတွက် ဆိုဒီယမ်ဟိုက်ပိုကလိုရိုဒ် နှုန်းထားများ

	Treatment	Sodium Hypochloride Concentration
Sterilization Method	S1	1.0 gL^{-1}Homai + 70% Ethanol + 1.2% NaOCl
	S2	1.0 gL^{-1}Homai + 70% Ethanol + 1.5% NaOCl
	S3	1.0 gL^{-1} Homai + 70% Ethanol + 1.8% NaOCl

T= Treatment, NaOCl= Sodium Hypochloride

(ခ) အစာလွှာပြင်ဆင်ခြင်း

Rhizome buds ကို မွေးမြူရန်အတွက် Sucrose (30 gL^{-1}) နှင့် Agar (3.5 gL^{-1}) ပါရှိသော MS (Murashige and Skoog 1962) အစာလွှာကိုပြင်ဆင်ရာတွင် အစာလွှာ၏ ချဉ်ငံဓာတ် pH 5.8 ရရှိရန် 1N NaOH နှင့် 1N HCl ကို အသုံးပြု၍ ချိန်ညှိပါသည်။ ထိုအစာလွှာ များအား ပိုးသန့်ထားသော container များတွင်ထည့်ပြီး အစာလွှာ ပိုးသန့် အခြေအနေ ရောက်ရှိစေရန် အတွက် ပေါင်းအိုး (autoclave) တွင် 121°C , 15 psi ဖိအားတို့ဖြင့် 15 မိနစ်ကြာ ပိုးသန့်စင်ရန် ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

(ဂ) အညွန့်စတင်ဖြစ်ပေါ်ခြင်း နှင့် အညွန့်ပွားများခြင်း ၊ အမြစ်မွေးမြူခြင်း

ပိုးသန့်စင်ထားသည့် နနွင်း Rhizome buds အား Laminar Air Flow Cabinet တွင် 2±0.2 စင်တီမီတာအရွယ်အစား ရရှိရန် ဓာတ်ခွဲခန်းသုံးဓားကို အသုံးပြု၍ ဖြတ်တောက်ပြီး အညွန့်စတင် ဖြစ်ပေါ်ရန်အတွက် ဟော်မုန်း မပါဝင်သည့် (Without Hormone) MS အစာလွှာ (Murashige and Skoog, 1962) တွင် စတင်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ Rhizome buds အားလုံး ကို အပူချိန် 25±2°C၊ စိုထိုင်းဆ (RH) 60±5% ဖြင့် 16 နာရီ အလင်း၊ 8 နာရီအမှောင် (Photoperiod) အခြေအနေရှိသော Incubation Room တွင်ထားရှိမွေးမြူခဲ့ပါသည်။

စတင်မွေးမြူထားပြီး တစ်လအကြာတွင် Rhizome buds မှ အညွန့်နှင့် အမြစ်အသစ် များထွက်ရှိ လာသောကြောင့် အညွန့်ပွားများစေရန်အတွက် MS အစာလွှာ အခြေခံ၍ 6-Benzylaminopurine (BAP) နှုန်းထားအမျိုးမျိုး နှင့် MS (Without Hormone) စသည့်

အစာလွှာပေါ်တွင် မွေးမြူခဲ့ပါသည် (ဇယား-၂) ။ မွေးမြူရရှိထားသော အညွှန့်များ၏ ရှင်သန်မှု နှင့် ဘက်တီးရီးယား၊ မှိုဝင်ရောက်မှုကို အပတ်စဉ် မှတ်တမ်းကောက်ယူ၍ စစ်ဆေးခဲ့ပါသည်။ အပင်ရှင်သန်မှုရာခိုင်နှုန်း နှင့် အညွှန့်အရေအတွက် စသည့် အချက်အလက်များကို တစ်လခွဲ အကြာတွင် မှတ်တမ်းကောက်ယူခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် Sub-cultured ကို သုံးကြိမ်ပြုလုပ် ပါသည်။

ဇယား (၂) အညွှန့်ပွားများရန် အတွက် ဟော်မုန်းနှုန်းထားများ

Growth stage	Treatment	Hormone Concentration
Shoot Multiplication	T1	MS + 2.0 mgL^{-1} BAP
	T2	MS + 2.5 mgL^{-1} BAP
	T3	MS + 3.0 mgL^{-1} BAP
	T4	MS Only (Without Hormone)

T= Treatment, BAP= 6-Benzylaminopurine

(ဃ) အပင်ငယ်စိုက်ပျိုးခြင်း

အရွက် ၄-၆ ရွက်ပါသော နနွင်းအပင်ငယ်များကို သဘာဝပတ်ဝန်းကျင် အခြေအနေ သို့ပြောင်းရွှေ့ ရန်အတွက် မြေဆွေး+ဖွဲပြာ (၁:၁)၊ မြေဆွေး+ဖွဲပြာ+ သဲ (၁:၁:၁) နှင့် သဲ+ဖွဲပြာ (၁:၁) သုံးမျိုးရောစပ်၍ ပလပ်စတစ်အိတ်များထဲတွင်စိုက်ပျိုးခဲ့ပါသည်။ ၎င်းတို့ကို Net House ထဲတွင် ထားရှိ၍နေ့စဉ် ရေလောင်းပေးခဲ့ပါသည်။ တစ်လအကြာတွင် အသက်ရှင်ကျန်ခဲ့သော အပင်ငယ်များကို သဘာဝပတ်ဝန်းကျင် အခြေအနေ၌ထားရှိ၍ ရှင်သန်မှုကို မှတ်တမ်း ကောက်ယူခဲ့သည်။

(င) ကောက်ယူသည့်မှတ်တမ်းများ

Number of explant, Contamination (%), Number of shoot per explant and Shoot length.

တွေ့ရှိချက် နှင့် ဆွေးနွေးတင်ပြချက်

6±0.5 စင်တီမီတာရှိသည့် နနွင်းRhizome buds ကို ပိုးသန့်စင်ရာတွင် မှိုသတ်ဆေး(Homoi) (1.0 gL^{-1}) ၊ အီသနော (70%) တွင် ဆိုဒီယမ်ဟိုက်ပိုကလိုရိုဒ် (Sodium Hypochloride – 1.2, 1.5, 1.8 % w/w (NaOCl)) နှုန်းထား အမျိုးမျိုးအသုံးပြု၍ ပိုးသန့်စင်ခဲ့ပါသည်။ ၎င်းနည်းလမ်းများ အနက် S1 နှုန်းထား နှင့် S3 နှုန်းထားများတွင် Contamination ကင်းစင်မှုမရှိပဲ အညွန့်များဖြစ်ပေါ်လာ ခြင်းမရှိခဲ့ပါ။ S2 (Homoi 1.0 gL^{-1} ၊ အီသနော (70%) နှင့် Sodium Hypochloride – 1.5 % w/w (NaOCl) နှုန်းထားတွင် နစ်မြှုပ်ခြင်းသည် ဘက်တီးရီးယားကင်းစင်သည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည် ဇယား(၃)။ အလားတူ ရလဒ်များကို Tyagi et.al., (2011) ပညာရှင်များမှလည်း တွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။

ဇယား (၃) ပိုးသန့်စင်ရန်အတွက် ဆိုဒီယမ်ဟိုက်ပိုကလိုရိုဒ်နှုန်းထားများ၏ အကျိုးသက်ရောက်မှု

Sterilization Method	Treatment	Number of explant	Contamination %
1.0g/LHomai+70%Ethanol+1.2%NaOCl	S1	10	100 %
1.0g/LHomai+70%Ethanol+1.5%NaOCl	S2	10	0 %
1.0g/LHomai+70%Ethanol+1.8%NaOCl	S3	10	100 %

စတင်မွေးမြူပြီး ၄ ပတ် အကြာတွင် Contamination ကင်းစင်ပြီး ကျန်းမာသန်စွမ်း သည့် အညွန့်များကို အစာလွှာ (၄) မျိုး T1 (MS + 2.0 mgL^{-1} BAP) ၊ T2 (MS + 2.5 mgL^{-1} BAP) ၊ T3 (MS + 3.0 mgL^{-1} BAP) နှင့် T4 (MS Only (Without Hormone)) တွင် Sub–culturing ပြုလုပ်ခဲ့ရာတွင် T3 အစာလွှာတွင် အညွန့် နှင့် အမြစ် ဖြစ်ပေါ်မှုနှုန်းထားမှာ အမြင့်ဆုံးဖြစ်ကြောင့်တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ (Balachandran et.al., 1990) သုတေသနပညာရှင်များမှလည်း 3 mgL^{-1} BAP ထည့်၍ အသုံးပြုခြင်းသည် အကောင်းဆုံး ဖြစ်ကြောင်း ရှာဖွေတွေ့ ရှိထားပါသည်။ သုတေသနပြု လုပ်ရာတွင် အညွန့်ပွားများခြင်းအတွက် ဟော်မုန်းနှုန်းထား များ၏ အကျိုးသက်ရောက်မှုတွေ့ရှိချက်များကို ဇယား (၄) တွင် ဖော်ပြထား ပါသည်။

ဇယား (၄) အညွှန့်ပွားများခြင်း အတွက် ဟော်မုန်းနှုန်းထားများ၏ အကျိုးသက်ရောက်မှု

Hormone Concentration	Treatment	Shoot length (cm)	Number of shoots per explant
MS + 2.0 mgL^{-1} BAP	T1	10.56±0.15	4.07± 0.05
MS + 2.5 mgL^{-1} BAP	T2	10.39±0.18	4.50± 0.21
MS + 3.0 mgL^{-1} BAP	T3	14.74±0.17	6.90± 0.16
MS Only (Without Hormone)	T4	8.18±0.05	3.83± 0.09

The values are mean± SE

အစာလွှာ T3 တွင် အညွှန့်အရှည်မှာ အကောင်းဆုံး (14.74 cm) ဖြစ်ပြီး အညွှန့်ပွား များမှုနှုန်းထားမှာလည်း အကောင်းဆုံး (6.90 shoots) ပွားများကြောင်း တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ T1 အစာလွှာ (10.56 cm) နှင့် T2 အစာလွှာ (10.39 cm) တွင် အညွှန့်အရှည်မှာ T3 အစာလွှာ ထက် အနည်းငယ်လျော့သော်လည်း T4 အစာလွှာတွင်ထက် သာလွန်ကြောင်း တွေ့ရှိခဲ့ရပါ သည်။ အညွှန့်ပွားများမှုနှုန်းမှာလည်း T1 အစာလွှာ (4.07 shoots) နှင့် T2 အစာလွှာ (4.50 shoots) ၌ T4 အစာလွှာထက်များသော်လည်း T3 အစာလွှာတွင်မူ လျော့နည်းကြောင်း တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ T4 အစာလွှာသည် အညွှန့်အရှည် (8.18 cm) နှင့် အညွှန့်ပွား များနှုန်း (3.83 shoots) မှာ အခြားသော စမ်းသပ်ချက်များထက် အနည်းဆုံး ဖြစ်ကြောင်း တွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။

နနွင်းပင်၏ထူးခြားချက်မှာ အညွှန့်မွေးမြူသည့် အစာလွှာတွင် အညွှန့်နှင့်အမြစ် တစ်ပြိုင်တည်း ထွက်ရှိသောကြောင့် အမြစ်အစာလွှာအတွက် ဟော်မုန်းကုန်ကျစရိတ်ကို လျှော့ချပေးနိုင်ကြောင်း တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ၎င်းတွေ့ရှိချက်ကိုလည်း (Goyal et.al., 2010) စသည့် ပညာရှင်များကလည်း နနွင်းအပင်သည် အညွှန့်ပွား များသည့် အစာလွှာတွင် အမြစ် တစ်ပြိုင်ထဲ ထွက်ရှိကြောင်း သုတေသနပြု၍ တွေ့ရှိထား ပါသည်။

နနွင်းအရွက် ၄-၆ ရွက်ပါသော အပင်ငယ်များကို (မြေဆွေး:ဖွဲပြာ:သဲ) အချိုးအစား သုံးမျိုးတွင် ဓာတ်ခွဲခန်းအခြေအနေ မှ သဘာဝပတ်ဝန်းကျင်အခြေအနေသို့ ပြောင်းရွှေ့ပြီး ရှင်သန်မှုရာခိုင်နှုန်းကို စမ်းသပ်လေ့လာခဲ့ရာ (၃)မျိုးလုံးတွင် ရှင်သန်မှုရှိသော်လည်း မြေဆွေး+ဖွဲပြာ (၁:၁) တွင် ကြီးထွားမှုမှာ အကောင်းဆုံးဖြစ်သည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည် ။

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

နနွင်းမျိုးတို့သည် မြန်မာနိုင်ငံ၏ရှားပါးပြီး ဆေးဖက်ဝင်သည့် အပင်ဗီဇအရင်းအမြစ်များ ဖြစ်သောကြောင့် အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာကိုအသုံးပြု၍ မိခင်အပင်နှင့်တူပြီး အချိန်တိုအတွင်း အမြောက်အမြားထုတ်လုပ်နိုင်သည့် အစာလွှာကို ရှာဖွေရရှိခြင်းဖြင့် စီးပွားရေးအရ စိုက်ပျိုးနေ သော တောင်သူများအတွက် တဖက်တလမ်းမှ အထောက်အကူပြုနိုင်မည် ဖြစ်ကြောင်း သုံးသပ် တင်ပြပါသည်။

(၁၄) အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာဖြင့်ထောပတ်ပင်အမြောက်အများပွားများနိုင်သော အစာလွှာအားရှာဖွေခြင်း

P1/SP2/BTS/AVO/Pj-005

နိဒါန်း

ထောပတ်သီးကိုကမ္ဘာအနှံ့တွင် တန်ချိန်၅သန်းလောက နှစ်စဉ်စိုက်ပျိုးရောင်းချလျှက် ရှိပါသည်။ ထောပတ်သည် အအေးပိုင်းနှင့် သမပိုင်းဒေသတို့တွင် အဓိကစိုက်ပျိုးသော သီးနှံဖြစ်**ပြီး** ထောပတ်သီးတွင်ဗီတာမင်(A,B,C,D,E နှင့် K) **,** အသားဓါတ်နှင့်ကာဗွန်ဟိုက်ဒြိတ်ဓာတ်**စသည့်** အာဟာဓါတ်များစွာပါဝင်သောကြောင့် စီးပွားရေးဈေးကွက်တွင် အဓိကအရေးပါသောသီးနှံ တစ်ခု ဖြစ်ပါသည်။ ထောပတ်သီးကိုစားသုံးခြင်းဖြင့်အသားအရေစိုပြေခြင်း၊ အဆစ်ရောင်ဝေဒနာသက်သာ စေခြင်း ၊ ကင်ဆာရောဂါကာကွယ်ခြင်း၊ ကိုယ်အလေးချိန်လျော့ကျစေခြင်း၊ အမြင်အာရုံကောင်းမွန် စေခြင်းစသည့်အကျိုးကျေးဇူးများကို ရရှိစေပါသည်။ ထို့အပြင် အလှကုန်ပစ္စည်းများ ထုတ်လုပ် ရာတွင်လည်းအသုံးပြုနိုင်ပါသည်။ ထို့ကြောင့်ထောပတ်ပင်များအမြောက်အများ ထုတ်လုပ်ရန် လိုအပ်ပါသည်။

ထောပတ်ပင်အားအစေ့မှသော်လည်းကောင်း၊ ကိုင်းဆက်နည်းအားဖြင့်သော် လည်းကောင်း မျိုးပွားနိုင်ပါသော်လည်း အစေ့မှတိုက်ရိုက်စိုက်ပျိုးပါက အသီးသီးချိန်ကြာမြင့်ခြင်းနှင့် ကိုင်းဆက် စိုက်ပျိုးပါကအပင်အမြောက်အများထုတ်လုပ်ရာတွင်အကန့်အသတ်နှင့်သာရရှိနိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်။ အရည်အသွေးကောင်း၍ အထွက်နှုန်းကောင်းသော ထောပတ်သီးများထုတ်လုပ်နိုင်ရန် အတွက် အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာဖြင့် ထောပတ်ပင်အမြောက်အများပွားများရန် လိုအပ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့်ထောပတ်ပင် အမြောက်အများ ပွားများထုတ်လုပ်နိုင်ရန်အတွက် သင့်တော်သည့် အစာလွှာများကို ရှာဖွေရန်ဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ (**စတင်မှပြီးစီးသည်အထိ**) – ၂၀၁၉–၂၀ မှ ၂၀၂၄–၂၅ ခုနှစ်ထိ

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က)ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ – ၂၀၂၁–၂၂ခုနှစ်၊တနှစ်ပတ်လုံး

(ခ)တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း– ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊ ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်နှင့် ဒေါ်သန်းသန်းအေး

(ဂ) စတင်ဆောင်ရွက်သည့်အချိန် – ၂၀၂၀ အောက်တိုဘာလ

(ဃ) ဆောင်ရွက်ချက်

Hass ထောပတ်ပင်မျိုးများ၏ Apical buds နှင့်Axillary budsတို့ကို၂၀၂၀ ခုနှစ် ဇန္နဝါရီလတွင် အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာဖြင့်စမ်းသပ်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ အပင်တစ်သျှူးမွေးမြူရာတွင် Explants များ၏ ပိုးသန့်စင်မှုသည် လွန်စွာအရေးကြီးလှပါသည်။ထို့ကြောင့် Explantsများကို sterilization method **အမျိုးမျိုး**ဖြင့်စမ်းသပ်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ Apical buds နှင့် Axillary buds **တို့**ကိုမွေးမြူရန် အတွက် Sucrose (30 gL^{-1}) နှင့် Agar (3.5 gL^{-1}) ပါရှိသော MS (Murashige and Skoog 1962) အစာလွှာကိုပြင်ဆင်ရာတွင်အစာလွှာ၏ချဉ်ငံဓာတ် pH 5.8 ရရှိရန် 1N NaOH နှင့် 1N HCl ကိုအသုံးပြု၍ချိန်ညှိပါသည်။ထိုအစာလွှာများအားပိုးသန့်ထားသော container များတွင်ထည့်ပြီး အစာလွှာပိုးသန့်အခြေအနေရောက်ရှိစေရန်အတွက်ပေါင်းအိုး (autoclave) တွင် 121°C, 15 psi ဖိအားတို့ဖြင့် 15 မိနစ်ကြာပိုးသန့်စင်ရန်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

Contamination ကင်းစင်ပြီးအညွန့်များကို အညွန့်များကြီးထွားဖွံ့ဖြိုးပြီး ပွါးများစေရန် အတွက် အညွန့်ကောင်းစွာပွားများစေသည့်အစာလွှာများဖြစ်သည့် Murashing and Skoog media (1) MS + 0.5 mgl^{-1} TDZ(2) MS + 1 mgl^{-1} TDZ (3) MS + 1.5 mgl^{-1} TDZတွင် မွေးမြူခဲ့ရာ အညွန့်များရှင်သန်မှုမရှိသည်ကိုတွေ့ရှိရသဖြင့် Woody Plant Media ၊ (1) WPM + 1 mgl^{-1} BAP (2) WPM + 0.5 mgl^{-1} BAP + 1 mgl^{-1} GA_3(3) WPM + 1.5 mgl^{-1} BAPတွင်ပြောင်းလဲ စမ်းသပ်မွေးမြူထားပါသည်။ **ထို့နောက်**Hass **မျိုးနှင့်** Pinkerton **မျိုး** (၂)**မျိုးလုံး၏အရွက်များကို အရွက်**

အစာလွှာ(၁) WPM + without hormone (2) WPM + 0.5 mgl^{-1} BAP + 0.5 mgl^{-1} 2,4D(3) WPM + 1 mgl^{-1} BAP + 1 mgl^{-1} 2,4D**ပေါ်တွင်စမ်းသပ်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။**

(င) ကောက်ယူသည့်မှတ်တမ်းများ

Number of explant ၊ Survival (%) ၊ Number of shoot formation

တွေ့ရှိချက်

Hassထောပတ်မျိုးများ၏Apical buds နှင့်Axillary budsတို့၏Contamination ကင်းစင်ပြီး အညွန့်များကိုအညွန့်များကြီးထွားဖွံ့ဖြိုးပြီး **ဖြစ်ပေါ်**စေရန်အတွက် အညွန့်ကောင်းစွာပွားများစေသည့်(1) WPM + 1 mgl^{-1} BAP (2) WPM + 0.5 mgl^{-1} BAP + 1 mgl^{-1} GA_3(3) WPM + 1.5 mgl^{-1} BAPတို့တွင် စမ်းသပ်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ စမ်းသပ်မွေးမြူခဲ့ရာတွင် အညွန့်အစာလွှာရှင်သန်မှုများကို ဇယား(၁)တွင် ဖော်ပြထားပါသည်။ **ထို့နောက်** အဆင့်ဆင့်ဆောင်ရွက်လာသောအခါအညွန့်များကို အညွန့်များပွားများ ကောင်းမွန်ရန်အတွက် တူညီသောအစာလွှာတွင် စမ်းသပ်မွေးမြူခဲ့ရာ ရွှေ့ပြောင်းခဲ့သောအညွန့်များမှာ ဆက်လက်ကြီးထွားလာမှုမရှိသည်ကို တွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ထို့ကြောင့် Chemical နှင့် ဟော်မုန်းအချိုးအစားများကို ပြန်ချိန်ညှိ၍ အညွန့်ပွားများမှုကောင်းသော အစာလွှာရရှိပြီး အပင်ငယ်ဖြစ်ပေါ်လာစေရန် စမ်းသပ်လေ့လာသွားရန် လိုအပ်ပါသည်။

ထို့ပြင် Hass **မျိုးနှင့်**Pinkerton **မျိုးတို့၏အရွက်များကိုအရွက်အစာလွှာ**(၁) WPM + without hormone (2) WPM + 0.5 mgl^{-1} BAP + 0.5 mgl^{-1} 2,4D(3) WPM + 1 mgl^{-1} BAP + 1 mgl^{-1} 2,4D**ပေါ်တွင်မွေးမြူခဲ့ရာရက်** (၆၀) **အကြာတွင်** WPM + 0.5 mgl^{-1} BAP + 0.5 mgl^{-1} 2,4D **အစာလွှာနှင့်** WPM + 1 mgl^{-1} BAP + 1 mgl^{-1} 2,4D **အစာလွှာမှ**callus **များထွက်ရှိလာသည်ကိုတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ သို့သော်** Callus **ရရှိသော်လည်း** Green spot **ရရှိမှုမရှိပါ။**

ဇယား (၁) ထောပတ်မျိုးများ၏ Apical buds နှင့် Axillary buds တို့၏ အညွန့်ရှင်သန်မှု

No.	Shoot Media	Number of explant	No. of shoot formation	Survival (%)
1	WPM + 1 mgl^{-1} BAP	40	28	70%
2	WPM + 0.5 mgl^{-1} BAP + 1 mgl^{-1} GA_3	40	27	67.5%
3	WPM + 1.5 mgl^{-1} BAP	40	28	70%

ဇယား (၂) ထောပတ်မျိုးများ၏ အရွက်များအား အရွက်အစာလွှာတွင် မွေးမြူ၍ callus ဖြစ်ပေါ်မှု အခြေအနေအား လေ့လာခြင်း

No.	Leaf Media	Number of explant	No. of Callus formation	Survival (%)
1	WPM + without hormone	60	28	0
2	WPM + 0.5 mgl^{-1} BAP + 0.5 mgl^{-1} 2,4D	60	27	0
3	WPM + 1 mgl^{-1} BAP + 1 mgl^{-1} 2,4D	60	28	0

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

ထောပတ်မျိုးကိုTissue Cultureနည်း အသုံးပြု၍ မိခင်အပင်နှင့်တူသော ထောပတ်ပင်ငယ်များကို အချိန်တိုအတွင်းအမြောက်အမြားထုတ်လုပ်နိုင်သည့် အစာလွှာကို ရှာဖွေရရှိခြင်းဖြင့် စီးပွားရေးအရ စိုက်ပျိုးနေသော ထောပတ်စိုက်ပျိုးသူများ ကိုတဖက်တလမ်းမှ အထောက်အကူပြုမည်ဖြစ်ပြီး မြန်မာနိုင်ငံတွင်လည်းကျယ်ကျယ်ပြန့်ပြန့်စိုက်ပျိုးနိုင်မည်ဖြစ်ကြောင်း သုံးသပ်တင်ပြပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

Hassထောပတ်မျိုးများ၏Contamination ကင်းစင်သည့်အညွှန့်များကို မွေးမြူရာတွင် ကြုံတွေ့နေရသောအညွှန့်ပွားများစေသည့်အစာလွှာ၊**အမြစ်မွေးမြူသည့်အစာလွှာနှင့်ပြင်ပအခြေအနေတွင်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုတို့**ကိုဆက်လက်ရှာဖွေစမ်းသပ်ဆောင်ရွက်သွားပါမည်။

(၁၅) အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာဖြင့်ကြံအမြောက်အများပွားများခြင်း

P1/SP2/BTS/SUG/Pj-006

နိဒါန်း

ကြံသီးနှံသည်ကမ္ဘာပေါ်တွင်အဓိကအရေးကြီးသောစက်မှုကုန်ကြမ်းသီးနှံတစ်ခု ဖြစ်ပါ သည်။ သကြားအထွက်နှုန်းမှာ၇၀% အထိထွက်ရှိ၍ နိုင်ငံခြားဝင်ငွေကောင်းပြီးစီးပွားရေးဈေး ကွက်ဝင်သော သီးနှံတစ်မျိုးဖြစ်ပါသည်။ မြန်မာနိုင်ငံတွင်အပူပိုင်းဒေသများ၌ ကြံအများဆုံး စိုက်ပျိုးလျှက်ရှိပါသည်။အဓိကအားဖြင့်ပဲခူးတိုင်းဒေသကြီး၊စစ်ကိုင်းတိုင်းဒေသကြီး၊ မန္တလေးတိုင်းဒေသကြီး၊ ရှမ်းပြည်နယ်၊ ရခိုင်ပြည်နယ်၊ မွန်ပြည်နယ်နှင့် ကချင်ပြည်နယ် တို့တွင်အဓိက ထားစိုက်ပျိုးလျှက်ရှိပါသည်။၂၀၁၄-၁၅ခုနှစ်တွင်ကြံသီးနှံကိုမြန်မာနိုင်ငံတွင် ၁၈၁၀၀၀၈ဧက စိုက်ပျိုးခဲ့ရာ၁၁-၃သန်းတန် အထွက်ရရှိခဲ့ပါသည်။သို့သော်၂၀၁၈ခုနှစ်တွင်တစ်ဟက်တာလျှင်၆၁.၅၄တန်အထိထွက်ရှိခဲ့ပါသည်။

မြန်မာနိုင်ငံသည် တခြားနိုင်ငံများနှင့်နှိုင်းယှဉ်ပါက ကြံသီးနှံစိုက်ပျိုးထုတ်လုပ်မှုတွင် အားနည်းချက်များရှိသည်ကိုတွေ့ရှိရပြီး အဓိကအချက်များမှာ အရည်အသွေး နှင့် အထွက်နှုန်းကောင်းသော မျိုးများအား အသုံးမပြုနိုင်ခြင်း နှင့် အရည်အသွေးကောင်းသောမျိုး ရွေးချယ်မှုများတွင် အခက်အခဲများ ရှိနေခြင်းအပါအဝင်ဖြစ်ပါသည်။ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာနည်းဖြင့် မျိုးပွားသော ကြံသီးနှံ၏ မျိုးပွားနှုန်းမှာ တစ်နှစ်လျှင်၈-၁၀ဆခန့်သာရှိသဖြင့် ကြံမျိုးသစ်တစ်မျိုးကို အချိန်တိုအတွင်း ဧရိယာများများတိုးချဲ့စိုက်ပျိုးရန်အတွက် အပင်တစ်သျှူးနည်းဖြင့် မျိုးပွားဆောင်ရွက်ရန် လိုအပ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

အပင်တစ်သျှူးနည်း ဖြင့် ကြံမျိုးအမြောက်အများပွားများရန်။

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) **ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်** -၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်

(ခ)**တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း** - ဒေါ်အေးအေးနိုင်၊ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်၊ဒေါ်အိအိစိုး၊ ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊နှင့် ဒေါ်သန်းသန်းအေး

(ဂ) **စတင်ဆောင်ရွက်သည့်အချိန်** -၂၀၂၀အောက်တိုဘာလ

(ဃ) ဆောင်ရွက်ချက်

၂၀၂၁-၂၂ ခုနှစ်တွင် သုတေသနပြုလုပ်ရန်အတွက် DAR-5 ကြံမျိုးကိုစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနဦးစီးဌာန၊ ကြံနှင့်သကြားထွက်သုတေသနဌာနစုမှစုဆောင်းရရှိခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက်ရွက်နုလိပ်ကို ၅မီလီမီတာ အရွယ်အစားဖြတ်၍ Callus ဖြစ်ပေါ်စေသည့်အစာလွှာဖြစ်သည့် Murashige and Skoog (MS)+3.0mg/l2,4-D+ 10.2mg/l Thiamine + 10%(vw) Coconut water + 20g/l Sucrose Media အတွဲဖြစ်သော Initial Media ပေါ်တွင် ၄၅ ရက်ခန့်ကြာမွေးမြူခဲ့ပါသည်။ မွေးမြူရရှိလာသော Callus များကိုတူညီသောအစာလွှာတွင် subculture ကိုပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် Callus မှ green plantlets လေးများကိုအညွန့်ဖြစ်ပေါ်စေရန်အတွက် MS+ 1.0mg/l NAA + 1.0mg/l Kinetin + Sucrose 30g/l အစာလွှာတွင် မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ အညွန့်များကို တူညီသော အစာလွှာတွင် subculture (၃) ကြိမ်ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။ ဆက်လက်၍ မွေးမြူရရှိလာသော အညွန့်များကို အမြစ်ဖြစ်ပေါ်စေရန်အတွက် MS+ 5mg/l NAA + Sucrose 30g/l အစာလွှာတွင် မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ ရရှိလာသော အပင်ငယ် များကို Green house တွင် (Hardening) အဆင့်ပြုလုပ် ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ရှင်သန်နေသော ကြံအပင်ငယ်များကို ကြံနှင့်သကြားထွက်သုတေသန ဌာနစုသို့ ပေးပို့မည်ဖြစ်ပါသည်။

၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်တွင်လည်း အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာဖြင့် ကြံအမြောက်အများပွားများရန်အတွက် DAR-5 ကြံမျိုးကိုစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနဦးစီးဌာန၊ ကြံနှင့်သကြားထွက်သုတေသနဌာနစုမှ စုဆောင်းရရှိခဲ့ပါသည်။ ပထမအဆင့်အနေဖြင့် DAR-5 ကြံမျိုး ၏ ၃၀စင်တီမီတာခန့်အရွယ်ရှိသားတက်များကိုယူ၍ Ethanol ဖြင့်ပိုးသန့်စင်ပါသည်။ထို့နောက်ရွက်နုလိပ်ကို ၅ မီလီမီတာအရွယ်အစားဖြတ်၍ Callus ဖြစ်ပေါ်စေသည့်အစာလွှာဖြစ်သည့် Murashige and Skoog (MS)+3.0mg/l2,4-D+ 10.2mg/l Thiamine + 10%(vw) Coconut water + 20g/l Sucrose Media အတွဲဖြစ်သော Initial Media ပေါ်တွင် မွေးမြူထားပါသည်။

သုံးသပ်ချက်

ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာနည်းဖြင့် မျိုးပွားသော ကြံသီးနှံ၏မျိုးပွားနှုန်းမှာ တစ်နှစ်လျှင် ၈-၁၀ ဆခန့်သာရှိသည့်အတွက် ကြံမျိုးသစ်တစ်မျိုးကိုပွားများ၍ တောင်သူများထံသို့ ဖြန့်ဖြူးရာတွင်မျိုးလုံလောက်စွာဖြန့်ဝေရန် အခက်အခဲရှိပါသည်။ သို့ဖြစ်ပါ၍ တစ်သျှူးနည်းပညာ ကိုအသုံးပြု ၍

မျိုးပွားဆောင်ရွက်ပြီးပါက (၂-၃)နှစ်အတွင်းတောင်သူများ အသုံးပြုနိုင်သည့် မျိုးများအဖြစ် ဖြန့်ဖြူးပေးနိုင်မည် ဖြစ်ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

Initial အစာလွှာမှ မွေးမြူရရှိလာသော Callus များကိုတူညီသောအစာလွှာတွင် subculture ပြုလုပ်ပါမည်။ ထို့နောက် Callus မှ green plantlets လေးများကို အညွှန့်ဖြစ်ပေါ်စေရန်အတွက် MS+ 1.0mg/l NAA + 1.0mg/l Kinetin + Sucrose 30g/l အစာလွှာတွင် မွေးမြူပါမည်။ ရရှိလာသောအပင်ငယ် များကို အမြစ်များအထွက်ပေါ်လာစေရန် အမြစ် Media တွင်မွေးမြူခြင်း၊ (Hardening) ပြုလုပ်ခြင်းတို့ကို ဆောင်ရွက်မည်ဖြစ်ပြီး အမြစ်ရှင်သန်သော အပင်ငယ်များကို ကြံနှင့်သကြားထွက်သုတေသနဌာနစုကွင်း သို့ ပေးပို့မည် ဖြစ်ပါသည်။

(၁၆) အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာဖြင့်ဆေးဖက်ဝင်ဆေးခါးကြီးပင်အမြောက်အများပွားများခြင်း

P1/SP2/BTS/KB/Pj–007

နိဒါန်း

ဆေးခါးကြီးပင် (King of Bitter) ၏သိပ္ပံအမည်မှာ*Andrographis paniculata* (Burm.F.) Nees ဖြစ်၍နိုင်ငံအလိုက်အမည်အမျိုးမျိုးဖြင့်ခေါ်ကြပါသည်။ ဆေးခါးကြီးပင်၏ မူရင်းဒေသမှာ ထိုင်ဝမ်၊တရုတ်နှင့်အိန္ဒိယတို့ဖြစ်ကြောင်းသိရှိရပြီးတောင်အာဖရိက၊နိုင်ဂျီးရီးယား၊အနောက်အင်ဒီးစ်၊ ခရစ္စမတ်ကျွန်း၊တောင်အာရှပါကစ္စတန်၊အရှေ့တောင်အာရှနိုင်ငံများ၊မြန်မာ၊ထိုင်း၊လာအို၊အင်ဒိုနီးရှား တို့တွင်အများအပြားပျံ့နှံ့ဖြစ်ထွန်းနေသည်ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။ ဆေးခါး ကြီးပင်သည်တစ်နှစ်ခံ ပင်ပျော့ annual herbs ဖြစ်၍အပင်အမြင့်မှာ(၂-၃) ပေခန့်ရှိ ပါသည်။ မြန်မာနိုင်ငံတွင် သဘာဝအလေ့ကျပေါက်ပင်အနေဖြင့် နေရာအနှံ့တွင်တွေ့ရှိပြီးယခုအခါ အချို့နေရာဒေသများတွင် မိသားစုအိမ်သုံးတိုင်းရင်းဆေးအနေဖြင့် အသုံးပြုရန်အတွက် စိုက်ပျိုးကြပါသည်။

ဆေးခါးကြီးပင်တွင်Terpenoids, flavonoids, steroids, alkaloids, tannins, cardiac, glycoside, phenol and saponinစသည့်ဆေးဖက်ဝင်ဓါတ်ပစ္စည်းများပါဝင်ပါသည် (Kumat and Lahare,2.20)။ ငှက်ဖျား၊ ဆီးချို၊ သွေးတိုး၊ သွေးမသန့်ရောဂါ၊ အဆုတ်အအေးမိ၍ ဖျားသော ရောဂါများ၊အကြောမသန်၍လေဖြတ်ခြင်း၊ယားနာဝဲနာ၊ရာသီဖျား၊တုပ်ကွေးဖျား၊အူလမ်းကြောင်း တစ်လျှောက်ရောင်သောရောဂါများ၊ဆီးချုပ်ရောဂါ၊လေချုပ်ရောဂါများ၊ကိုယ်ခံအားနည်းခြင်း၊

အိတ်ချ်အိုင်ဗီ၊ကာလဝမ်းရောဂါ၊မြွေဆိပ်ဖြေဆေး၊အသဲရောင်ရောဂါ၊လိပ်ခေါင်း၊သွေးဝမ်းရောဂါ၊အစာမကြေ၊ခေါင်းကိုက်၊ဝမ်းကိုက်ရောဂါများ၊သွေးကင်ဆာရောဂါ၊အသည်းရောဂါစသည့်ရောဂါများကိုပျောက်ကင်းစေပါသည်။ဆေးခါးကြီးကိုပုံမှန်မှီဝဲသောက်သုံးပါက လူကိုဝစေ၍အပူဒဏ်၊ အအေးဒဏ်ခံနိုင်ပြီး ကိုယ်ခံအားကိုကောင်းစေပါသည်။

ဆေးခါးကြီးပင်သည် တိုင်းရင်းဆေးဝါးထုတ်လုပ်ရာတွင် တန်ဖိုးရှိသည့်အပြင် ယခုအချိန်ထိလည်းစီးပွားဖြစ်စိုက်ပျိုးနိုင်ခြင်းနှင့် တစ်သျှူးနည်းပညာ သုတေသနလုပ်ငန်းများ ဆောင်ရွက်နိုင်ခြင်းမရှိသေးပါ။ ထို့ကြောင့်ဆေးဖက်ဝင်ဆေးခါးကြီးပင်နှင့်ပတ်သက်၍ တိုင်းရင်းဆေးထုတ်လုပ်ရာတွင် တစ်ဖက်တစ်လမ်းမှ အထောက်အကူပြုနိုင်မည့် သုတေသနလုပ်ငန်းများ ကိုဆောင်ရွက်ရမည်ဖြစ်ပါသည်။ ဆေးခါးကြီးပင်ကို မျိုးစေ့ဖြင့်စိုက်ပျိုးခြင်း၊ ကိုင်းဖြတ်စိုက်ပျိုး ခြင်းတို့ဖြင့် မျိုးပွားနိုင်ပါသည်။ သို့သော်လည်းမျိုးစေ့ဖြင့်မျိုးပွားစိုက်ပျိုး နိုင်သော်လည်းအပင်ပေါက် စွမ်းအားကျဆင်းခြင်း၊ ကိုင်းဖြတ်စိုက်ပျိုးမည်ဆိုပါက မျိုးကိုင်းမလုံလောက် သည့်ပြသနာများကြုံတွေ့ရနိုင်ပါသည်။ထို့ကြောင့်အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာကို အသုံးပြုအားဖြင့်မျိုးပွားမည် ဆိုပါကအချိန်တိုအတွင်းမိခင်ပင်နှင့်တူပြီး ရောဂါကင်းစင်သော ဆေးဖက်ဝင် ဆေးခါးကြီးအမြောက်အများပွားများနိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

ဆေးဖက်ဝင်ဆေးခါးကြီးပင် အမြောက်အများပွားများထုတ်လုပ်နိုင်ရန် အတွက်အစာလွှာရှာဖွေရန်။

ဆောင်ရွက်ချက်များ

(က) ယ္ခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်– ၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်၊တနှစ်ပါတ်လုံး

(ခ) တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း – ဒေါ်နီလာကျော်၊ ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး

(ဂ) စတင်ဆောင်ရွက်သည့်အချိန် – ၂၀၂၁ အောက်တိုဘာလ

ဆောင်ရွက်ချက်များ

၂၀၂၁-၂၂ ခုနှစ်တွင် ဆောင်ရွက်၍ရရှိလာသော အကောင်းဆုံးပိုးသန့်စင်မှုနည်းလမ်းကိုအသုံးပြု၍ ဆေးခါးကြီးပင်၏ အဆစ် (Nodal Segment) နှင့် အစေ့များကိုယူ၍ running water တွင် (၁၅) မိနစ်ဆေးကြောသန့်စင်၍ ၇၀% Ethanol ဖြင့် (၁) မိနစ် ဆေးကြော သန့်စင်ပါသည်။ ထို့ပြင် မှိုသတ်ဆေး (1g/L) ဖြင့် စိမ်၍ ပိုးသန့်စင်ထားသောရေဖြင့် ၃-၅ ကြိမ်ဆေးကြောခဲ့ပါသည်။

ထို့နောက် 20% Sodium Hypochloride နှုန်းဖြင့် ကြာချိန် (၁၅) မိနစ်ထား၍ ပိုးသန့်စင်ခြင်းလုပ်ငန်းစဉ်ကို ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပြီး explant များကို ပိုးသန့်စင် ထားသောရေဖြင့် ၃-၅ ကြိမ် ထပ်မံဆေးကြောခဲ့ပါသည်။ ပိုးသန့်စင်သော အဆစ် များနှင့် အစေ့မှထွက်ရှိလာသော အညွန့်များကိုအညွန့်စတင်မွေးမြူခြင်းကို အစာလွှာ(၃)မျိုး MS + 1mg/L BAP + 1.5mg/L NAA, 1mg/L BAP +2.0mg/L NAA နှင့် 1mg/L BAP +2.5mg/L NAA တို့ကိုအသုံးပြု၍ မွေးမြူခဲ့ရာ အညွန့်ဖြစ်ပေါ်မှု မရှိသည်ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။

ထို့ကြောင့်၂၀၂၂-၂၃ တွင် အစေ့များကို ဟော်မုန်းမပါဝင်သည့် MS အစာလွှာ ကိုအသုံးပြု၍ အစေ့များကို ၁လခန့်အကြာ အညှောက်ပေါက်၍ အညွန့် ဖြစ်ပေါ်စေရန် မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ ၁လကြာပြီးနောက် အစေ့မှရရှိ လာသော အပင်ငယ်များကို အညွန့်ကြီးထွားစေရန်အတွက် အစာလွှာ (၃)မျိုး (MS + 1 mg/L BAP, MS + 1.5 mg/L , MS + 2 mg/L BAP) တွင်ဟော်မုန်းနှုန်းထားအမျိုးမျိုးကိုအသုံးပြု၍ မွေးမြူထားဆဲဖြစ်ပါသည်။

ကောက်ယူမည့်မှတ်တမ်းများ

Shoot formation (%)

No. of shoots/explant

Shoot Length

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

အညွန့်ကြီးထွားစေသော အစာလွှာတွင်မွေးမြူထားသော အညွန့်များကို မှတ်တမ်းကောက်ယူ၍ အညွန့်ပွားများစေသော အစာလွှာကိုရရှိရန်ဆောင်ရွက်သွားပါမည်။ ထို့အပြင် အမြစ်မွေးမြူမည့် အစာလွှာ နှင့်Hardening ပြုလုပ်ခြင်းတို့ ကို ဆက်လက်ရှာ ဖွေဆောင်ရွက်သွားပါမည်။

(၁၇) ဆားငန်ခံနိုင်ပြီးစားသုံးမှုကောင်းမွန်းသော ဈေးကွက်ဝင် ဆင်းသုခ စပါးမျိုးများမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း (Marker Assisted Backcrossing)

P2/SP1/RS/Rice/Pj-005-01

နိဒါန်း

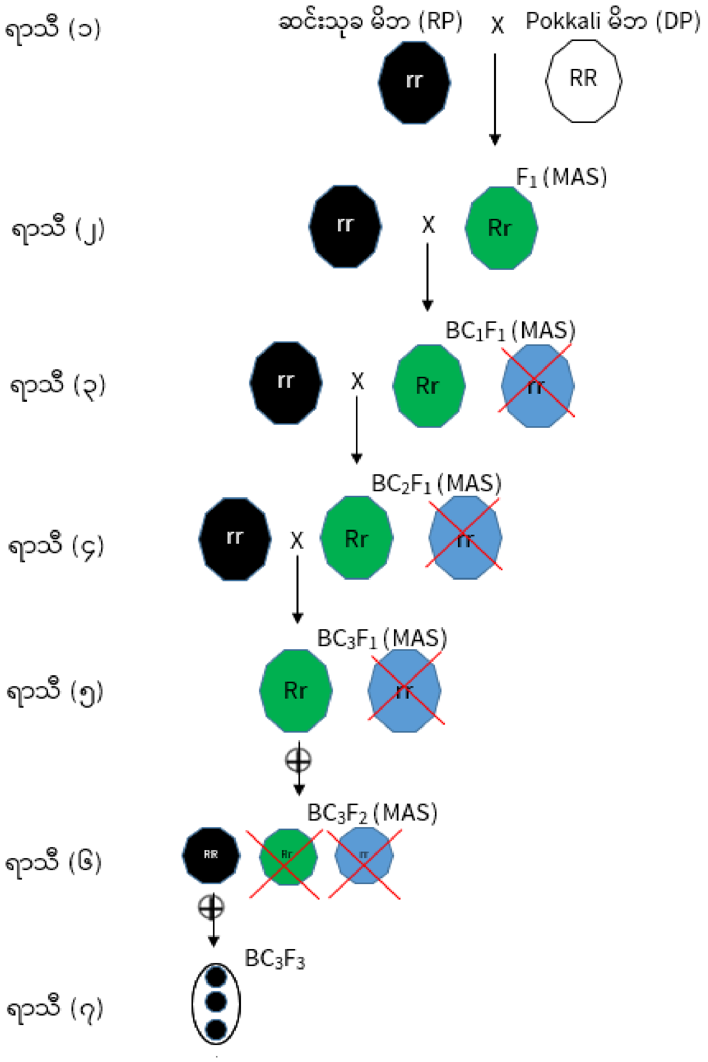
ဆားပေါက်မြေသည် ပင်ပိုင်းဆိုင်ရာ ကြီးထွားဖွံ့ဖြိုးမှုကို ထိခိုက်စေသည့် အရေးကြီးသော ပြဿနာရပ်တစ်ခုဖြစ်ပါသည်။ စပါးသီးနှံတွင် ပျိုးပင်အဆင့်နှင့် မျိုးပွားပိုင်းဆိုင်ရာအဆင့်များ ဖြစ်သည့် အနှံသန္ဓေတည်စနှင့် ပန်းပွင့်ခြင်းအဆင့်များသည် ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု အနိမ့်ဆုံး အဆင့်များဖြစ်ပါသည်။ ဆားပေါက်သည့်ပြဿနာသည် စပါးစိုက်ပျိုးသည့် နိုင်ငံများတွင် ဒုတိယ အကြီးမားဆုံးသော မြေပြဿနာတစ်ရပ်ဖြစ်ပါသည်။

မြန်မာနိုင်ငံတွင် စပါးစိုက်ပျိုးဧရိယာစုစုပေါင်း ၇.၁၆ ဟက်တာသန်းရှိနေသည့်အနက် ဆားပေါက် မြေဧရိယာ (၃) ရာခိုင်နှုန်းခန့်ရှိပါသည်။ ဆားပေါက်မြေဒေသများတွင် အဆိုပါ ဒေသနှင့် သင့်လျော်သည့် ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်သော ဒေသစပါးမျိုးများရှိသော်လည်း စားသုံးမှု အရည်အသွေး မကောင်းမွန်ခြင်း၊ အပင်ယိုင်လဲခြင်းအပြင် ၎င်းဒေသများရှိ တောင်သူများမှာ အထွက်နှုန်း လျော့နည်း နေသည့်ပြဿနာနှင့် ရင်ဆိုင်နေရပါသည်။ ဆားပေါက်မြေဒေသများ ၏ တစ်ဧက စပါးအထွက်နှုန်းသည် တင်း (၂၀) မှ (၃၀) အထိသာ ထွက်ရှိနိုင်ပါသည်။ သို့ဖြစ်ပါ ၍ ဆားငန်ဒဏ်ခံ နိုင်ပြီး စားသုံးမှု ကောင်းမွန်သော စပါးမျိုးများ မွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း သုတေသနသည် ဆားပေါက် ဒေသရှိ စပါးစိုက်ပျိုးသော တောင်သူများ၏ ဒေသဝမ်းစာ ဖူလုံနိုင်စေရန် အတွက်သာမက နိုင်ငံ၏ မျှော်မှန်းစပါးစိုက်ပျိုးတိုးတက်ထုတ်လုပ်မှု ပြည့်မီစေရန်အတွက် အထောက်အပံ့ဖြစ်စေသော အလွန်အရေးကြီးသည့် သုတေသနဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

Marker Assisted Back Crossing (MABC) နည်းပညာအား အသုံးပြု၍ ပင်လယ် ဆားငန်ရေဝင်သော ဒေသများအတွက် သင့်လျော်သော ဆားငန်ဒဏ်ခံ စားသုံးမှုအရည်အသွေး ကောင်း ဆင်းသုခစပါးမျိုးသစ် မွေးမြူရွေးချယ်ရန် ဖြစ်ပါသည်။

သုတေသနလုပ်ငန်းစဉ်များ



ဇယား (၁) သုတေသနတွင် အသုံးပြုမည့် မိဘစပါးမျိုးများ

စဉ်	စပါးမျိုးအမည်	ရှင်းလင်းချက်
၁	ဆင်းသုခ	မိခင်စပါးမျိုး (Recurrent Parent)
၂	Pokkali	ဖခင်စပါးမျိုး (Donor Parent)

တွေ့ရှိချက်များ

၂၀၂၂ ခုနှစ်၊ မိုးရာသီတွင် မိဘမျိုးလိုင်းများကို စိုက်ပျိုးထားပြီး၊ မျိုးစပ်ခြင်းလုပ်ငန်းတို့ ကို ဆောင်ရွက်ထားပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

၂၀၂၂ ခုနှစ်၊ မိုးရာသီတွင် မျိုးစပ်၍ရရှိလာသော F1 သားဆက်များကို MAS နည်းဖြင့် ရွေးချယ်ပြီး၊ အဆိုပါ F1 သားဆက်များကို မိခင်ဆင်းသုခစပါးမျိုးနှင့် Backcross မျိုးစပ်ခြင်း ကို ဆောင်ရွက်သွားပါမည်။ ထို့နောက် Backcross မျိုးစပ်ခြင်းနှင့် Backcross သားဆက် အဆင့်ဆင့်ရွေးချယ်ခြင်းတို့ကို ဆက်လက်ဆောင်ရွက်သွားပါမည်။

(၁၈) ရေမြုပ်ဒဏ်ခံနိုင်သောပေါ်ဆန်းရင်စပါးမျိုးသစ်အား Marker-assisted Backcross နည်းဖြင့်မွေးမြူ ရွေးချယ်ခြင်း

P2/SP1/RS/Rice/Pj- -010-01

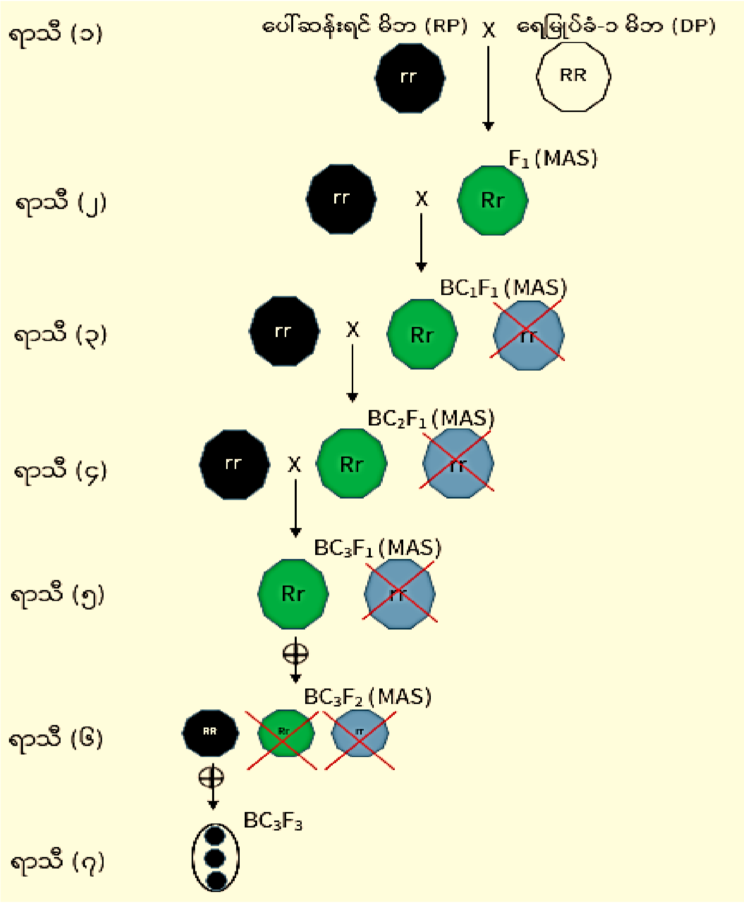
နိဒါန်း

မြန်မာနိုင်ငံတွင် စပါးစိုက်ဧရိယာစုစုပေါင်း၏ ၁၄% သည် ရေကြီးကွင်း၊ ရေနက်ကွင်း ဧရိယာ ဖြစ်ပြီး၊ ရေကြီးကွင်းသည် ၉% ရှိပြီး၊ ရေနက်ကွင်းသည် ၅% ရှိပါသည်။ ပေါ်ဆန်းစပါး သည် စားသုံးရာတွင် နူးညံ့မှုရှိခြင်း၊ အမွှေးရနံ့သင်းပျံ့ခြင်း၊ ထမင်းရည်ထွက်နိုင်သည့် စွမ်းအားမြင့်မားခြင်း၊ စသည့် အရည်အချင်းများနှင့်ပြည့်စုံသော အရည်အသွေးအလွန်ကောင်းမွန်သည့် စပါးမျိုးဖြစ်ပါ သည်။ မြန်မာနိုင်ငံအပါအဝင် အာရှနိုင်ငံအများစုတွင် စားသုံးမှု အရည်အသွေးကောင်းမွန်သော ဆန်များကို ကြိုက်နှစ်သက်မှု များပြားလာခြင်းကြောင့် ပြည်တွင်း/ ပြည်ပဈေးကွက်များတွင် အရည်အသွေးကောင်းဆန်များ၏ ဝယ်လိုအား မြင့်တက်လျက် ရှိပါသည်။ ထို့ကြောင့် အရည်အသွေး ကောင်းမွန်သောစပါးမျိုးသစ်များ မွေးမြူထုတ်လုပ်ခြင်း သည် ကမ္ဘာ့နိုင်ငံအသီးသီး၏ စပါးမျိုး မွေးမြူခြင်းလုပ်ငန်းများတွင် အဓိကပန်းတိုင်တစ်ခု ဖြစ်လာခဲ့ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

ဒေသနှင့်ကိုက်ညီပြီး ရေမြုပ်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့် အထွက်နှုန်းအသင့်အတင့်ကောင်း၍ စားသုံးမှု အရည်အသွေးကောင်းမွန်သော ရေမြုပ်ဒဏ်ခံစပါးမျိုးသစ် ရရှိရန်။

သုတေသနလုပ်ငန်းစဉ်များ



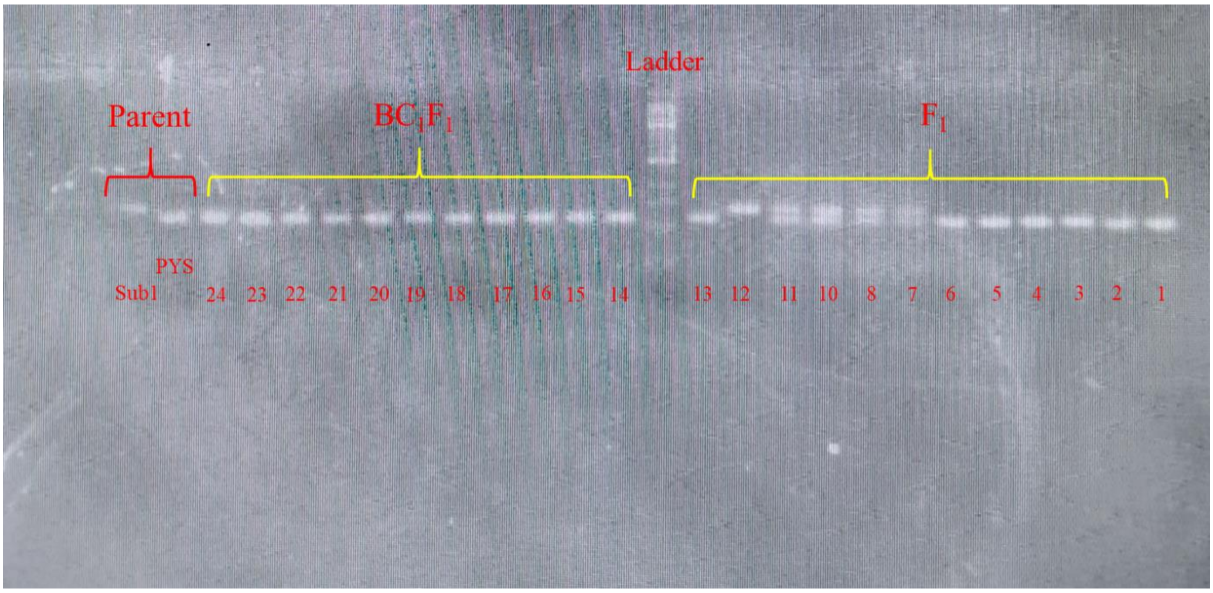
ဇယား (၁) သုတေသနတွင် အသုံးပြုသည့် မိဘစပါးမျိုးများ

စဉ်	စပါးမျိုးအမည်	ရှင်းလင်းချက်
၁	ပေါ်ဆန်းရင်	မိခင်စပါးမျိုး (Recurrent Parent)
၂	ရေမြုပ်ခံ-၁	ဖခင်စပါးမျိုး (Donor Parent)

တွေ့ရှိချက်များ

၂၀၂၁ ခုနှစ်တွင် မိခင်ဖြစ်သောပေါ်ဆန်းရင်စပါးမျိုး (Recurrent parent) နှင့် ဖခင်ဖြစ်သောရေမြုပ်ခံ-၁ စပါးမျိုး (Donor parent) ကို မျိုးစပ်ခဲ့ပြီး၊ ပထမသားဆက် (F1) အပင် (၁၂) ပင်နှင့် Backcross ပထမသားဆက် (BC1F1) အပင် (၁၁) ပင်တို့ကို ၂၀၂၂ ခုနှစ်၊ မိုးရာသီတွင် ရရှိပါသည်။ စစ်မှန်သော ပထမသားဆက်အပင်များနှင့် Backcross ပထမသား ဆက်အပင်များကို

ရရှိစေရန် RM23887 molecular marker ကို အသုံးပြု၍ F1 အပင်များတွင် မိခင်နှင့် ဖခင်မျိုးဗီဇများ ပါဝင်မှုကို စစ်ဆေးခဲ့ပါသည်။ F1 အပင် (၁၂) ပင်အနက်မှ အပင်နံ ပတ် ၇၊ ၈၊ ၁၀၊ နှင့် ၁၁ တို့သည် မိခင်နှင့်ဖခင်မျိုးဗီဇနှစ်မျိုးလုံးပါဝင်သည့် စစ်မှန်သော F1 အပင်များ ဖြစ်ကြပြီး၊ ကျန်အပင်များသည် စစ်မှန်သော F1 အပင်များ မဟုတ်သည်ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ BC1F1 အပင် (၁၁) ပင်သည် ဖခင်ရေမြုပ်ခံ-၁ ၏ Sub-1 မျိုးဗီဇကို မတွေ့ရပေ။



ပုံ (၁) RM23887 molecular marker ကို အသုံးပြု၍ မိခင်နှင့်ဖခင်မျိုးဗီဇနှစ်မျိုးလုံးပါဝင်သည့် စစ်မှန်သော F1 အပင်များနှင့် BC1F1 အပင်များကို Gel electrophoresis ဖြင့် ရွေးချယ်ထားခြင်း

သုံးသပ်ချက်

Gel electrophoresis တွေ့ရှိချက်များအရ F1 အပင် (၁၂) အနက် (၄) ပင် (၇၊ ၈၊ ၁၀၊ နှင့် ၁၁) သည် မိခင်နှင့်ဖခင်မျိုးဗီဇနှစ်မျိုးလုံးပါဝင်သည့် စစ်မှန်သော F1 အပင်များ ဖြစ်သည် ကို တွေ့ရပါသည်။ ကျန် (၈) ပင်သည် Selfing (Self-pollination) ကြောင့်သော်လည်း ကောင်း၊ မျိုးစပ်ချိန်တွင် အခြားအပင်များမှ ဝတ်မှုန်များ ဝင်ရောက်ခြင်းကြောင့်သော်လည်း ကောင်း၊ မိခင်နှင့်ဖခင်မျိုးဗီဇ နှစ်မျိုးလုံးပါဝင်သည့် စစ်မှန်သော F1 အပင်များ ဖြစ်မလာကြခြင်း ဖြစ်နိုင် ပါသည်။ အလားတူ BC1F1 အပင် (၁၁) ပင်သည် ဖခင်ရေမြုပ်ခံ-၁ ၏ Sub-1 မျိုးဗီဇကို မတွေ့ရခြင်းမှာ မျိုးစပ်ချိန်တွင် Selfing (Self-pollination) ဖြစ်သွားခြင်းကြောင့် ဖြစ်နိုင်ပါသည်။ Molecular marker ကို အသုံးပြု၍ စစ်မှန်သော F1 အပင်များကို ထိရောက်စွာ ရွေးချယ်နိုင်ခဲ့

သောကြောင့် ဤသုတေသနသည် ရည်ရွယ်ချက်ဖြစ်သည့် ဒေသနှင့်ကိုက်ညီပြီး ရေမြုပ်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့် အထွက်နှုန်းအသင့်အတင့်ကောင်း၍၊ စားသုံးမှုအရည်အသွေး ကောင်းမွန်သော ရေမြုပ်ဒဏ်ခံစပါးမျိုးသစ် မွေးမြူထုတ်လုပ်ခြင်းလုပ်ငန်းကို များစွာအထောက်အကူ ဖြစ်စေပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

မိခင်နှင့်ဖခင်မျိုးဗီဇနှစ်မျိုးလုံးပါဝင်သည့် စစ်မှန်သော F1 အပင်နံပါတ် ၇၊ ၈၊ ၁၀၊ နှင့် ၁၁ တို့ကို မိခင်ဖြစ်သောပေါ်ဆန်းရင်စပါးမျိုး (Recurrent parent) နှင့်မျိုးစပ်ပြီး၊ BC1F1 သားဆက်ရရှိစေရန် ဆက်လက်ဆောင်ရွက်ပြီး၊ BC1F1 သားဆက်များမှ စစ်မှန်သော BC1F1 အပင်များကို Marker-assisted selection နည်းဖြင့် ဆက်လက်ရွေးချယ်သွားပါမည်။

(၁၉) MASနည်းဖြင့်မြေပဲသီးနှံတွင်အရွက်ရောဂါ (foliar disease) ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇများ ပါဝင်သောမျိုးလိုင်းသစ်မွေးမြူခြင်း

P2/SP1/OSS/Gn/Pj-001-06

နိဒါန်း

မြေပဲသီးနှံသည်အရေးကြီးသော ဆီထွက်သီးနှံတစ်မျိုးဖြစ်ပြီး မြန်မာနိုင်ငံတွင် စိုက်ဧရိယာ ၁,၀၅၈,၀၀၀ဟက်တာ စိုက်ပျိုးလျက်ရှိပါသည်(MoALI, 2019)။ မြေပဲသီးနှံတွင် မြေပဲအရွက်ရောဂါ (ရွက်ပြောက်ရောဂါနှင့်သံချေးမှိုရောဂါ)သည် အထွက်နှုန်းကို ၅၀%နှင့် အထက်အထိကျ ဆင်းသွားစေနိုင်(Waliyar, 1991)ပြီး ထိုရောဂါများသည် မြေပဲအထွက်ကို သာမကအရည်အသွေးကိုပါကျဆင်းစေနိုင်ပါသည်(Prabhu*et al.*, 2015)။

အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမျိုးများထုတ်လုပ်နိုင်ခြင်းသည်ရောဂါကျရောက်မှုကိုထိန်းချုပ်နိုင်ယုံသာမကမြေပဲအရည်အသွေးပိုမိုကောင်းမွန်လာစေနိုင်ပြီးဓာတုဆေးသုံးစွဲမှုကိုလည်းလျော့ကျလာစေနိုင်ခြင်းဖြင့်ပတ်ဝန်းကျင်ဂေဟစနစ်ကိုပိုမိုကောင်းမွန်လာစေနိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်(Shoba et al., 2012) ။

သမားရိုးကျနည်းအားဖြင့်အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကိုခွဲခြားရန်ခက်ခဲပြီးမျိုးဗီဇအရရှုပ်ထွေးကြောင်းကို၂၀၀၉ခုနှစ်တွင် Leal-Bertioliနှင့်အဖွဲ့ကတင်ပြခဲ့ကြပါသည်။ မြေပဲ ရိုင်းများတွင်

အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိခြင်းအား DNA အဆင့်၌ခွဲခြားလေ့လာခြင်းကို Herselman, 2003 , He and Parkash,2001 အဖွဲ့များကလေ့လာဖော်ပြခဲ့ကြပါသည်။

ရွက်ပြောက်ရောဂါနှင့်သံချေးမှိုရောဂါတို့နှင့်ဆက်စပ်လျက်ရှိသော QTL DNA markers များစွာကိုသုတေသီအဖွဲ့များစွာကလေ့လာဖော်ထုတ်ခဲ့ကြပြီး ၎င်းmarkers ကိုအသုံးပြုပြီး မျိုးသစ်များ မွေးမြူရန် Molecular Breeding နည်းများဖြင့်ဆောင်ရွက် နိုင်ကြောင်း Sujay et al., 2012 ကဖော်ထုတ်ခဲ့ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

ဆင်းပဒေသာ(၇)နှင့်ဆင်းပဒေသာ(၂)မျိုးများကို အရွက်ရောဂါဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိမျိုးများဖြစ်သော ICGV06151 နှင့် ICGV06143တို့နှင့် မျိုးစပ်မွေးမြူပြီး Marker Assisted Selection နည်းဖြင့် မြေပဲအရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်သောမျိုးသစ်များ မွေးမြူရန်ရည်ရွယ်၍ ဆောင်ရွက်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ချက်များ

ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ် – ၂၀၂၂ ခုနှစ်မိုးရာသီ

တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း – ဒေါ်သန်းသန်းအေး၊အေးအေးနိုင်၊ဒေါ်နီလာကျော်၊ဒေါက်တာသီတာ

ဆီထွက်သီးနှံသုတေသနဌာနစုကွင်းတွင် ဆင်းပဒေသာ(၂) နှင့် ICGV06143၊ ဆင်းပဒေသာ(၇)နှင့် ICGV06151 တို့၏ F_6 သားဆက်လိုင်းများတွင် အတွဲပေါင်း(၄၈)တွဲ နှင့် မိဘမျိုးလိုင်းများအပါအဝင် စုစုပေါင်းလိုင်း (၁၁၆)လိုင်းကို (ဇယား၁) အရွက်ရောဂါဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိသော ဗီဇပါဝင်မှု ရှိမရှိကို လေ့လာရန်အတွက် ၂၀၂၂ မိုးရာသီတွင် DNA ထုတ်ယူပြီး QTL DNA markers များကိုအသုံးပြု၍ လေ့လာခဲ့ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ဇယား(၁) ပေးပို့လာသော F_6သားဆက်လိုင်းများနှင့်မိဘမျိုးလိုင်းများ

Sr.	Source	အတွဲပေါင်း	No. of Line
1	Sin2xICGV06143 F_6	၄၁	၉၀
2	Sin2		၃
3	ICGV06143		၁၃
4	Sin7xICGV06151 F_6	၇	၁၄
5	Sin7		၃
6	ICGV06151		၃
	Total	**၄၈**	**၁၁၆**

ဆီထွက်သီးနှံသုတေသနဌာနစုမှရရှိလာသော မြေပဲအရွက်နမူနာများကို CTAB Method နည်းကို အသုံးပြု၍ DNA ရရှိလာအောင်ထုတ်ယူပြီး ရရှိလာသော DNAများကို အရည်အသွေးသန့်စင်မှုနှင့် ပါဝင်သောပမာဏကိုသိရှိစေရန် NanoDrop နည်းပညာနှင့် တိုင်းတာခဲ့ပါသည်။ မျိုးလိုင်းများအားလုံး၏ DNA Concentration ကိုတူညီစေရန်အတွက် 50 ng/µl ရရှိစေရန် တွက်ချက်ကာ DNA dilution ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။

အရွက်ရောဂါဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇများပါဝင်မှုကို Polymorphic ဖြစ်မှုကို ပြသသော DNA Markers ၄ ခုကိုအသုံးပြုခဲ့ပါသည်။ Polymorphic Markers (၄) ခုဖြင့် ဗီဇများပါဝင်မှုကို သိရှိစေရန် သားဆက်လိုင်းများအား စံထားမျိုးများနှင့် နှိုင်းယှဉ်ကာ Polymerase Chain Reaction (PCR) နှင့် Agarose Gel Electrophoresis ပြုလုပ်ပြီး ဗီဇပါဝင်မှုကို ခွဲခြားလေ့လာခဲ့ပါသည်။ Band pattern များ၏ base pair များအလိုက်နှိုင်းယှဉ်ကာ သားဆက်လိုင်းများနှင့် စံထားမျိုးများကို score ပေးသတ်မှတ်ခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

(က) ဆင်းပဒေသာ(၂) X ICGV06143

ဆင်းပဒေသာ(၂) X ICGV06143 **အတွဲမှ**F6 **သားဆက်လိုင်း** (၉၀)**လိုင်းအား** Marker PMc588, pPGPseq5D5, PM375,17F6 (၄)ခုဖြင့် အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင် ရည်ရှိသော ဗီဇများပါဝင်မှုကိုလေ့လာခဲ့ပါသည်။ ဆင်းပဒေသာ(၂)အတွဲရှိ အတွဲပေါင်း(၄၁)တွဲကိုလေ့လာခဲ့ရာ ICGV06143 ကဲ့သို့ အတွဲ(၃၂)တွဲ လိုင်းပေါင်း(၇၆)လိုင်းသည် အသုံးပြုMarker (၄)ခုလုံးတွင် အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့်လိုင်းများအဖြစ် တွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။ ကျန်သားဆက်တွဲ(၉)တွဲရှိ လိုင်းများသည် အသုံးပြုMarker အချို့တွင် ဗီဇပါဝင်မှုကိုဖော်ပြသော်လည်း အချို့Marker များတွင် မိခင်ဗီဇသာပါဝင်နေသောလိုင်း (၁၄လိုင်း)တို့ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ ဆင်းပဒေသာ(၂) X ICGV06143 အတွဲမှF_6 သားဆက်လိုင်းများ၏ ဗီဇပါဝင်မှုအခြေအနေကို (ဇယား၂)တွင် အသေးစိတ်ဖော်ပြ ထားပါသည်။

ဇယား(၂) ဆင်းပဒေသာ(၂) X ICGV06151 (F_6)အတွဲမှ သားဆက်လိုင်းများအား marker များဖြင့်အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိ ဗီဇပါဝင်မှုအခြေအနေဖော်ပြချက်

No.	F6 Lines No.	Pedigree	PMc588	5D5	PM375	17F6
	Sin2 x ICGV 06143	Female Parent	3	3	3	3
		Male Parent	1	1	1	1
1	17-2-1-1-8-15	17-2-1-1-8-15-1	1	1	1	1
2		17-2-1-1-8-15-2	1	1	1	1
3		17-2-1-1-8-15-3	1	1	1	1
4	17-2-1-1-12-23	17-2-1-1-12-23-1	1	1	1	1
5		17-2-1-1-12-23-2	1	1	1	1
6	17-2-1-5-2-5	17-2-1-5-2-5-1	1	1	1	1
7		17-2-1-5-2-5-2	1	1	1	1
8		17-2-1-5-2-5-3	1	1	1	1
9	17-2-1-1-10-2	17-2-1-1-10-2-1	1	1	1	1
10		17-2-1-1-10-2-2	1	1	1	1
11		17-2-1-1-10-2-3	1	1	1	1
12	17-2-1-5-5-2	17-2-1-5-5-2-1	1	1	1	1
13	17-2-1-5-5-5	17-2-1-5-5-5-1	1	1	1	1
14		17-2-1-5-5-5-2	1	1	1	1
15	17-2-1-1-3-7	17-2-1-1-3-7-1	1	1	1	1
16		17-2-1-1-3-7-2	1	1	1	1
17	17-2-1-1-2-14	17-2-1-2-14-1	1	1	1	1
18		17-2-1-2-14-2	1	1	1	1
19		17-2-1-2-14-3	1	1	1	1
20	17-2-1-1-3-4	17-2-1-1-3-4-1	1	1	1	1
21		17-2-1-1-3-4-2	1	1	1	1
22		17-2-1-1-3-4-3	1	1	1	1
23		17-2-1-1-3-4-4	1	1	1	1
24		17-2-1-1-3-4-5	1	1	1	1
25		17-2-1-1-3-4-6	1	1	1	1
26		17-2-1-1-3-4-7	1	1	1	1
27	17-2-1-1-2-1	17-2-1-1-2-1-1	1	1	1	1
28		17-2-1-1-2-1-2	1	1	1	1
29		17-2-1-1-2-1-3	1	1	1	1
30		17-2-1-1-2-1-4	1	1	1	1
31		17-2-1-1-2-1-5	1	1	1	1
32	17-2-1-5-5-1	17-2-1-5-5-1-1	1	1	1	1

33		17–2–1–5–5–1–2	1	1	1	1
34		17–2–1–5–5–1–3	1	1	1	1
35	17–2–1–1–5–4	17–2–1–1–5–4–1	1	1	1	1
36		17–2–1–1–5–4–2	1	1	1	1
37		17–2–1–1–5–4–3	1	1	1	1
38		17–2–1–1–5–4–4	1	1	1	1
39		17–2–1–1–5–4–5	1	1	1	1
40	17–2–1–1–8–14	17–2–1–1–8–14–1	1	1	1	1
41		17–2–1–1–8–14–2	1	1	1	1
42		17–2–1–1–8–14–3	1	1	1	1
43	17–2–1–6–2–3	17–2–1–6–2–3–1	1	1	3	1
44	17–2–1–1–11–10	17–2–1–1–11–10–1	1	1	1	1
45	17–2–1–5–5–6	17–2–1–5–5–6–1	1	1	1	1
46		17–2–1–5–5–6–2	1	1	1	1
47	17–2–1–6–2–5	17–2–1–6–2–5–1	1	1	3	1
48	17–2–1–1–8–5	17–2–1–1–8–5–1	1	3	3	3
49		17–2–1–1–8–5–2	1	3	3	3
50		17–2–1–1–8–5–3	1	3	3	3
51	17–2–1–5–5–3	17–2–1–5–5–3–1	1	1	1	1
52		17–2–1–5–5–3–2	1	1	1	1
53	19–2–1–2–9–10	19–2–1–2–9–10–1	1	1	1	1
54	17–2–1–1–3–18	17–2–1–1–3–18–1	1	1	1	1
55		17–2–1–1–3–18–2	1	1	1	1
56	17–2–1–6–2–12	17–2–1–6–2–12–1	1	1	3	1
57		17–2–1–6–2–12–2	1	1	3	1
58	17–2–1–1–3–17	17–2–1–1–3–17–1	1	1	1	1
59	17–2–1–1–4–13	17–2–1–1–4–13–1	1	1	1	1
60		17–2–1–1–4–13–2	1	1	1	1
61		17–2–1–1–4–13–3	1	1	1	1
62	17–2–1–1–9–1	17–2–1–1–9–1–1	1	1	1	1
63		17–2–1–1–9–1–2	1	1	1	1
64	17–2–1–5–5–20	17–2–1–5–5–20–1	1	1	1	1
65		17–2–1–5–5–20–2	1	1	1	1
66	17–2–1–1–8–16	17–2–1–1–8–16–1	1	1	1	1
67		17–2–1–1–8–16–2	1	1	1	1
68		17–2–1–1–8–16–3	1	1	1	1
69	17–2–1–1–9–7	17–2–1–1–9–7–1	1	1	1	1
70		17–2–1–1–9–7–2	1	1	1	1
71	17–2–1–1–12–5	17–2–1–1–12–5–1	1	1	1	1

72		17–2–1–1–12–5–2	1	1	1	1
73	17–2–1–6–2–1	17–2–1–6–2–1–1	1	1	3	1
74	17–2–1–6–2–11	17–2–1–6–2–11	1	1	3	1
75	17–2–1–1–8–3	17–2–1–1–8–3–1	1	1	1	1
76		17–2–1–1–8–3–2	1	1	1	1
77		17–2–1–1–8–3–3	1	1	1	1
78	17–2–1–5–5–4	17–2–1–5–5–4–1	1	1	1	1
79		17–2–1–5–5–4–2	1	1	1	1
80		17–2–1–5–5–4–3	1	1	1	1
81	3–2–2–6–1	3–2–2–6–1–1	1	1	1	1
82	11–7–2–1	11–7–2–1	1	1	1	1
83	11–16–2–3	11–6–2–3–1	3	1	1	3
84		11–6–2–3–2	3	1	1	3
85	17–2–1–2–5	17–2–1–2–5	1	1	1	3
86	11–16–9–1	11–16–9–1–1	3	1	1	3
87		11–16–9–1–2	3	1	1	3
88	17–2–1–5–4–2	17–2–1–5–4–2–1	1	1	1	1
89	17–2–1–1–8–22	17–2–1–1–8–22–1	1	1	1	1
90	17–2–1–1–4–29	17–2–1–1–4–29–1	1	1	1	1

Score 3 = Susceptible Parent band Score 1 = Resistant Parent band

ဆင်းပဒေသာ(၇) X ICGV06151

ဆင်းပဒေသာ(၇) X ICGV06151 အတွဲမှF_6သားဆက်လိုင်း(၁၄)လိုင်းအား Marker PMc588, pPGPseq5D5, PM375, 17F6 (၄)ခုဖြင့် အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောဗီဇပါဝင်မှုကို လေ့လာခဲ့ရာ ဆင်းပဒေသာ(၇)အတွဲရှိ အတွဲပေါင်း(၇)တွဲကို လေ့လာခဲ့ရာ အသုံးပြုMarker (၄)ခုလုံးတွင် ICGV06143 ကဲ့သို့ အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့် လိုင်းများအဖြင့် အတွဲ(၅)တွဲ လိုင်းပေါင်း(၁၀)လိုင်းကိုတွေ့ရှိခဲ့ပါသည်။ ကျန်သားဆက်တွဲ(၂)တွဲရှိ လိုင်း(၄)လိုင်း တွင် အသုံးပြု Marker (၄)ခုအနက် PMc588 တွင် လိုင်း (၂)လိုင်းသည် မိခင်ဗီဇ နှင့်သာတူညီနေပြီး pPGPseq5D5, PM375 နှင့်17F6 Marker (၃)ခု တွင် ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိ ဗီဇပါဝင်နေသည်ကို အသီးသီးတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ သို့သော် ကျန်လိုင်း(၂)လိုင်းသည် အသုံးပြု Marker (၄)ခုလုံးတွင် အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံရည်ရှိဗီဇပါဝင်နေကြောင်းတွေ့ရှိရပါသည်။ ဆင်းပဒေသာ(၇) X ICGV06151 အတွဲမှ F_6 သားဆက်လိုင်းများ၏ ဗီဇပါဝင်မှုအခြေအနေကို(ဇယား–၃)တွင် အသေးစိတ်ဖော်ပြ ထားပါသည်။

ဇယား(၃) ဆင်းပဒေသာ(၇) X ICGV06151 (F_6)အတွဲမှ သားဆက်လိုင်းများအား marker များဖြင့်အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိ ဗီဇပါဝင်မှုအခြေအနေဖော်ပြချက်

No.	F6 Lines No.	Pedigree	PMc588	5D5	PM375	17F6
	Sin7 x ICGV 06151	Female Parent	3	3	3	3
		Male Parent	1	1	1	1
91	13-6-6-2-4	13-6-6-2-4-1	1	1	1	1
92		13-6-6-2-4-2	1	1	1	1
93		13-6-6-2-4-3	1	1	1	1
94		13-6-6-2-4-4	1	1	1	1
95		13-6-6-2-4-5	1	1	1	1
96	13-6-6-6-2-5	13-6-6-6-2-5-1	1	1	1	1
97		13-6-6-6-2-5-2	1	1	1	1
98	13-6-6-6-2-3	13-6-6-6-2-3-1	1	1	1	1
99		13-6-6-6-2-3-2	3	1	1	1
100	13-6-1-3-6-16	13-6-1-3-6-16-1	3	1	1	1
101		13-6-1-3-6-16-2	1	1	1	1
102	13-6-1-3-6-3	13-6-1-3-6-3-1	1	1	1	1
103	13-6-1-3-6-18	13-6-1-3-6-18-1	1	1	1	1
104	13-6-6-10-5-3	13-6-6-10-5-3-1	1	1	1	1

Score 3= Susceptible Parent band   Score 1= Resistant Parent band

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

တွေ့ရှိချက်များအရ F_6 သားဆက်လိုင်းများတွင် အရွက်ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်သော မျိုးလိုင်းများကို သားဆက်လိုင်းများအဖြစ် မျိုးမွေးမြူခြင်း အစီအစဉ်အတိုင်းဆောင်ရွက်သွားသင့်ပါသည်။

(၂၀) ရောဂါပိုးမွှားခံနိုင်၍အရည် အသွေးကောင်းအထွက်နှုန်းကောင်းမွန် သော စပ◌ါးမျိုးသစ်များရရှိရန်ဆောင်ရွက်ခြင်း (Green Super Rice–Phase 2) P2/SP1/PPhyS/Rice/Pj–004

နိဒါန်း

မြန်မာတောင်သူများသည် အခြားအိမ်နီးချင်းနိုင်ငံရှိ တောင်သူလယ်သမားများ၏ ဝင်ငွေနှင့် နှိုင်းယှဉ်ပါက နည်းပါးသည်ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ စပါးစိုက်ပျိုးသောတောင်သူများသည် အထွက်နှုန်း ကောင်းမွန်စေရန်အတွက် သွင်းအားစုများကို ပိုမိုသုံးစွဲလာခြင်းနှင့် ရာသီဥတုပြောင်းလဲခြင်းကြောင့် ရောဂါပိုးမွှားများ ပိုမိုကျရောက်လာသောကြောင့် ပိုးသတ်ဆေးများ ပိုမိုသုံးစွဲလာခြင်းဖြင့် သဘာဝပတ် ဝန်းကျင်ကို ထိခိုက်ပျက်စီးမှုများဖြစ်လာခြင်း၊ သီးနှံများ၏ အရည်အသွေးကျဆင်း လာခြင်း၊ စိုက်ပျိုးထုတ်လုပ်မှုကုန်ကျစရိတ် မြင့်မားခြင်းတို့ ဖြစ်ပေါ်လာပါသည်။ သို့ဖြစ်ပါ၍ သဘာဝပါတ်ဝန်းကျင်ကို ထိခိုက်ပျက်စီးမှုလျှော့ချနိုင်စေရန်နှင့် စပါးစိုက်ပျိုးထုတ်လုပ်မှုဖွံ့ဖြိုး တိုးတက်စေရန်အတွက် ရာသီဥတုပြောင်းလဲမှုဒဏ်၊ ရောဂါပိုးမွှားဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိ၍ သွင်းအားစု အနည်းဆုံးနှင့် အထွက်နှုန်းကောင်းသော စပါးမျိုးသစ်များ ရရှိစေရန်အတွက် သုတေသနများပြုလုပ် ဆောင်ရွက်ရမည် ဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

Molecular Assisted Breeding နည်းပညာဖြင့် ပိုးမွှားရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော၊ သွင်းအားစုအနည်းဆုံးနှင့် အထွက်နှုန်းကောင်းသော စပါးမျိုးသစ် (Green Super Rice) ရရှိရန်။

ဇယား (၁) သုတေသနတွင် အသုံးပြုမည့် စပါးမျိုးများ

No.	Variety	Background information
1	JP–37868 (V1)	Brown plant hoppers resistance
2	JP–37869 (V2)	Brown plant hoppers resistance
3	JP–14569 (V3)	Bacterial blight resistance
4	JP–14615 (V4)	Bacterial blight resistance
5	JP–14169 (V5)	Bacterial blight resistance
6	JP–86066 (V6)	Bacterial blight resistance
7	JP–14703 (V7)	Bacterial blight resistance
8	JP–12502 (V8)	Bacterial blight resistance

9	JP–54128 (V9)	Bacterial blight resistance
10	JP–242706 (V10)	Bacterial blight resistance
11	JP–11490 (V11)	Bacterial blight resistance
12	JP–85327 (V12)	Bacterial blight resistance
13	JP–11500 (V13)	Bacterial blight resistance
14	Hmaw B–2 (V14)	

ဇယား (၂) သုတေသနတွင် အသုံးပြုသည့် **BPH Molecular markers**

No	QTL–linked gene	QTL	Marker name	Trait	Chrom	Forward sequence	Reverse sequence
1	BPH25	qBPH6	MSSR1	BPH	6	CTAGCTGCTCTGCTCTGCTG	CGGCAATCTCTCCGAATC
2	BPH26	qBPH12	MSSR2	BPH	12	CATGTCGAAGAGGTTGCAGA	GGTTTCATCCAAGTCCACGA
3	BPH25	qBPH6	RM589	BPH	6	ATCATGGTCGGTGGCTTAAC	CAGGTTCCAACCAGACACTG
4	BPH25	qBPH6	RM6273	BPH	6	TGCCTTCGCACTCCAGTC	GACGAGAAGATCCTTGTCGG
5	BPH25	qBPH6	RM6775	BPH	6	GCAGATCAAGTATGCCTGCC	TCGCTAGATAGGGGATGTGG
6	BPH26	qBPH12	RM309	BPH	12	GTAGATCACGCACCTTTCTGG	AGAAGGCCTCCGGTGAAG
7	BPH25	qBPH6	S00310	BPH	6	CAACAAGATGGACGGCAAGG	TTGGAAGAAAAGGCAGGCAC
8	BPH25	qBPH6	P493ATc (RM8101)	BPH	6	CACTGACATAGCTAAGGTCTC ATGTCTTAT	TGGTTAACTCGCTATTATAAT GAGTTCG
9	BPH25	qBPH6	RM204	BPH	6	GTGACTGACTTGGTCATAGGG	GCTAGCCATGCTCTCGTACC
10	BPH26	qBPH12	RM5479	BPH	12	CTAAGCTCACCATAGCAATC	ATACACTTCTCCCCTCTCTG
11	BPH26	qBPH12	S20103	BPH	12	GTTCGAGGGTAACCCGAAGG	TCATCGCCTCGATCACACAC
12	BPH25	qBPH6	RM588	BPH	6	GTTGCTCTGCCTCACTCTTG	AACGAGCCAACGAAGCAG

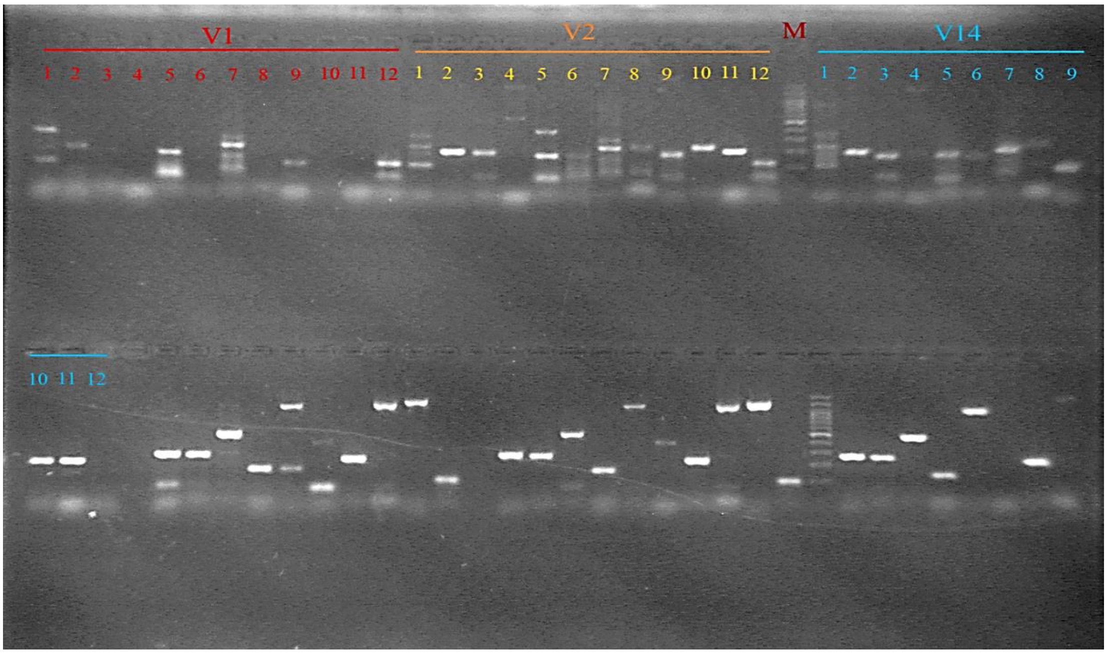
ဇယား (၃) သုတေသနတွင် အသုံးပြုသည့် **BB Molecular markers**

No	Specific gene	Marker name	Trait	Chrom	Forward sequence	Reverse sequence
1	xa13	xa13–prom	BB	8	GGCCATGGCTCAGTGTTTAT	GAGCTCCAGCTCTCCAAATG
2	xa13	RM7243	BB	8		
3	Xa26	Xa26_indica	BB	11	TTCTCTTCATCCTCAACCTCACC	TATTACCAGGGATAGGGCCAGTT
4	Xa4	MP1/MP2	BB	11	ATCGATCGATCTTCACGAGG	TCGTATAAAAGGCATTCGGG
5	xa13	RGI36	BB	8	TCCCAGAAAGCTACTACAGC	GCAGACTCCAGTTTGACTTC
6	Xa21	pTA248	BB	11	AGACGCGGAAGGGTGGTTCCCGGA	CGTTCCATCGATCCGTATGG
7	xa5	RM122	BB	5	GAGTCGATGTAATGTCATCAGTC	GAAGGAGGTATCGCTTTGTTGGAC
8	Xa7	M5	BB	6	CGATCTTACTGGCTCTGCAACTCTGT	GCATGTCTGTGTCGATTCGTCCGT ACGA
9	Xa21	21	BB	11	ATAGCAACTGATTGCTTGG	GATCGGTATAACAGCAAAAC
10	Xa27	RMXa27	BB	6	ACGCTCCACCTACGCATGTCCT	TCACACGGATTTTGAATGGTTCGGA

တွေ့ရှိချက်များ

(က) JP-37868 (V1) ၊ JP-37869 (V2) နှင့် Hmaw B-2 (V14) တို့၏ မျိုးဗီဇအခြေအနေကို BPH Molecular markers များနှင့် စစ်ဆေးခြင်း

ဤသုတေသနတွင်အသုံးပြုသော BPH marker များအားလုံးသည် QTL marker များဖြစ်ကြပါသည်။ MSSR1 ၊ RM589 ၊ RM6273 ၊ RM6775 ၊ S00310 ၊ P493ATc (RM8101) ၊ RM204 နှင့် RM588 marker တို့သည် QTL qBPH6 တွင်ရှိကြပြီး၊ BPH ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသော BPH25 မျိုးဗီဇနှင့် ချိတ်ဆက်နေပါသည်။ ကျန် Marker များဖြစ်ကြသည့် BPH26 ၊ BPH26 ၊ BPH26 နှင့် BPH26 တို့သည် QTL qBPH12 တွင်ရှိကြပြီး၊ BPH ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသော BPH26 မျိုးဗီဇနှင့် ချိတ်ဆက်နေပါသည်။ အဆိုပါ Marker များ၏ Polymorphism Information Content (PIC) ကို တွက်ချက်လိုက်သောအခါ PIC တန်ဖိုးမှာ ၀ မှ ၀.၈၉ ထိ ရှိပြီး၊ ပျမ်းမျှတန်ဖိုးမှာ ၀.၅ ရှိပါသည်။ ဤသုတေသနတွင် တွေ့ရှိရသော Alleles အရေအတွက် ၂၈ ဖြစ်ပြီး၊ Marker တစ်ခုချင်းစီအတွက် ပျမ်းမျှအရေအတွက်မှာ ၂.၃၃ ဖြစ်ပါသည်။



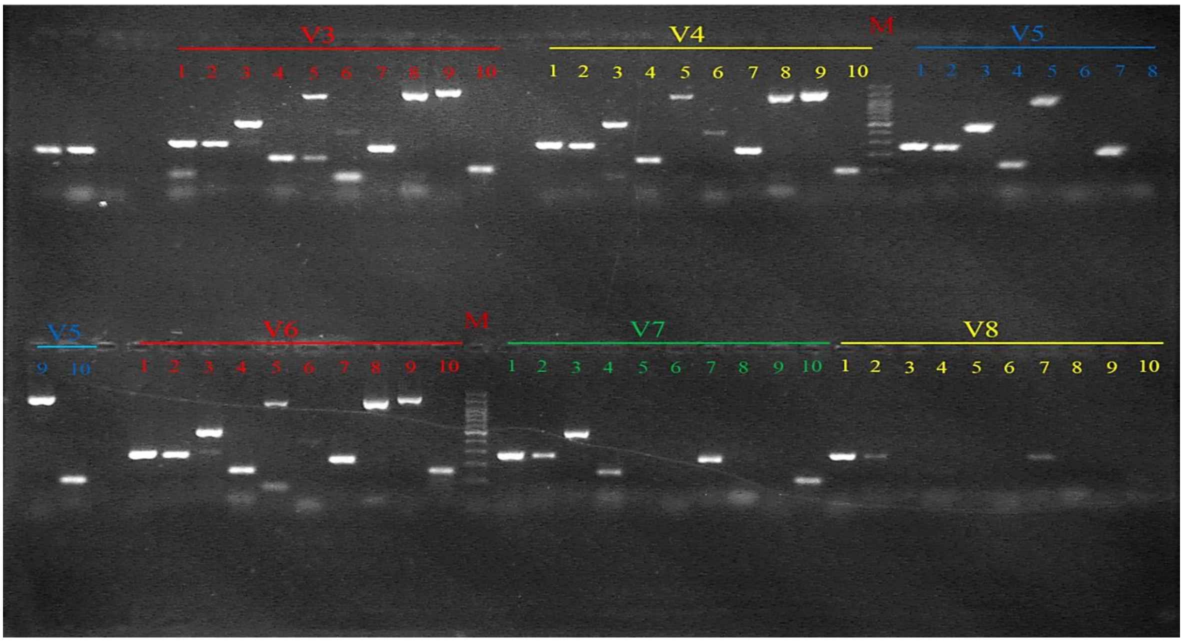
ပုံ ၁ BPH molecular marker များကို အသုံးပြု၍ စမ်းသပ်မျိုးများ၏ BPH ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့် ဗီဇအခြေအနေ M = 100 bp DNA ladder ၊ V1 = JP-37868 ၊ V2 = JP-37869 ၊ V14 = Hmaw B-2 ၊ 1 = MSSR1 ၊ 2 = MSSR2 ၊ 3 = RM589 ၊ 4 = RM6273 ၊ 5 = RM6775 ၊ 6 = RM309 ၊ 7 = S00310 ၊ 8 = P493ATc (RM8101) ၊ 9 = RM204 ၊ 10 = RM5479 ၊ 11 = S20103 ၊ 12 = RM588

ဇယား (၄) သုတေသနတွင် အသုံးပြုသည့် BPH Molecular markers တို့၏ Alleles အရေအတွက် နှင့် Polymorphism Information Content (PIC)

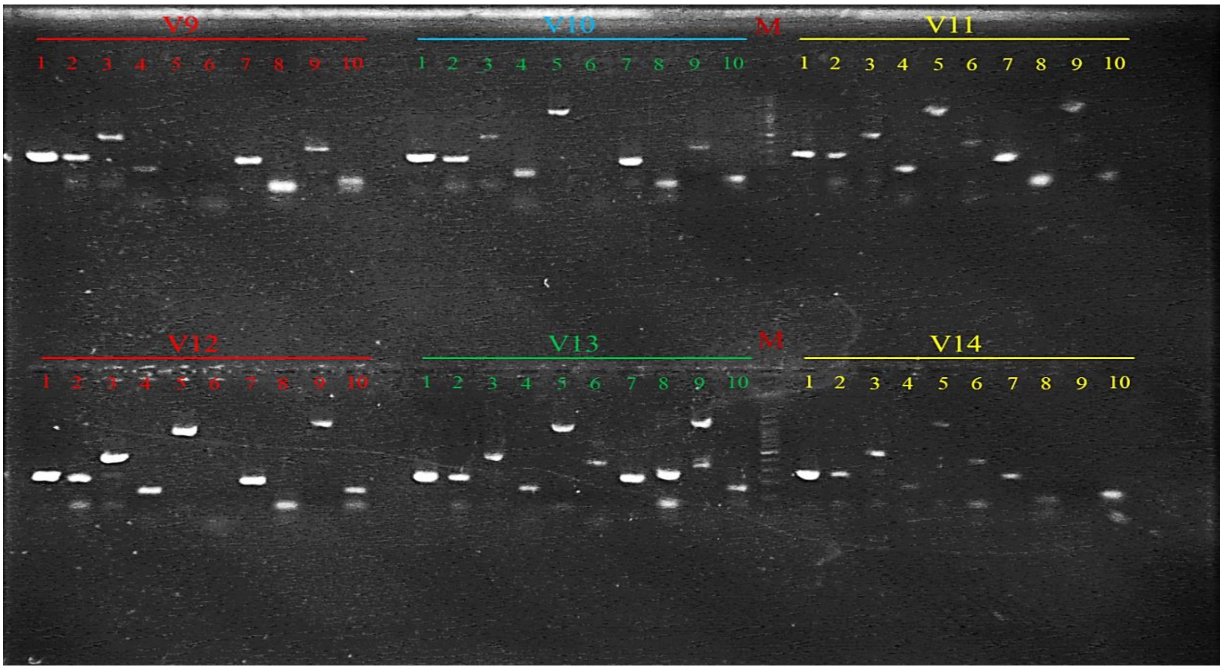
No.	Marker	Allele number	PIC
1	MSSR1	5	0.356
2	MSSR2	1	0.000
3	RM589	2	0.556
4	RM6273	2	0.722
5	RM6775	3	0.278
6	RM309	2	0.722
7	S00310	4	0.278
8	P493ATc (RM8101)	2	0.722
9	RM204	2	0.444
10	RM5479	1	0.556
11	S20103	2	0.889
12	RM588	2	0.556
	Mean	**2.333**	**0.506**

(ခ) BB စမ်းသပ်ချက်အတွက် စမ်းသပ်မျိုးများ (V3 မှ V14 ထိ) ၏ မျိုးဗီဇအခြေအနေကို BB Molecular markers များနှင့် စစ်ဆေးခြင်း

ဤသုတေသနတွင်အသုံးပြုသော BB marker များအားလုံးသည် Gene specific marker များ ဖြစ်ကြပါသည်။ ဇယား ၅ တွင် Marker များ၏ Specific gene များကိုဖော်ပြထားပါသည်။ BB marker များသည် Gene specific marker များဖြစ်ကြသော်လည်း အချို့ marker များသည် Allele အရေအတွက် တစ်ခုတည်းရှိပြီး၊ အချို့ marker များသည် Allele အရေအတွက် တစ်ခုထက်ပိုရှိကြသည်။ ထို့အပြင် အချို့ Marker များသည် Monomorphic များဖြစ်ကြပြီး၊ အချို့ Marker များသည် Polymorphic များ ဖြစ်ကြပါသည်။ JP–14569 (V3) ၊ JP–14615 (V4) ၊ JP–86066 (V6) ၊ JP–11490 (V11) နှင့် JP–11500 (V13) စမ်းသပ်မျိုးများသည် Resistant gene ပါဝင်မှု အများဆုံးရှိသော မျိုးများဖြစ်ကြပြီး၊ JP–12502 (V8) သည် Resistant gene ပါဝင်မှု အနည်းဆုံးရှိသော မျိုးဖြစ်သည်ကို တွေ့ရပါသည်။



ပုံ ၂- BB molecular marker များကို အသုံးပြု၍ စမ်းသပ်မျိုးများ၏ BB ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့် ဗီဇအခြေအနေ M = 100 bp DNA ladder ၊ V3 = JP-14569 ၊ V4 = JP-14615 ၊ V5 = JP-14169 ၊ V6 = JP-86066 ၊ V7 = JP-14703 ၊ V8 = JP-12502 ၊ 1 = xa13-prom ၊ 2 = RM7243 ၊ 3 = Xa26_indica ၊ 4 = MP1/MP2 ၊ 5 = RGI36 ၊ 6 = pTA248 ၊ 7 = RM122 ၊ 8 = M5 ၊ 9 = 21 ၊ 10 = RMXa27



ပုံ ၃ BB molecular marker များကို အသုံးပြု၍ စမ်းသပ်မျိုးများ၏ BB ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည့် ဗီဇအခြေအနေ M = 100 bp DNA ladder ၊ V9 = JP-54128 ၊ V10 = JP-242706 ၊ V11 = JP-11490 ၊ V12 = JP-85327 ၊ V13 = JP-11500 ၊ V14 = Hmaw B-2 ၊ 1 = xa13-prom ၊ 2 = RM7243 ၊ 3 = Xa26_indica ၊ 4 = MP1/MP2 ၊ 5 = RGI36 ၊ 6 = pTA248 ၊ 7 = RM122 ၊ 8 = M5 ၊ 9 = 21 ၊ 10 = RMXa27

ဇယား ၅ သုတေသနတွင် အသုံးပြုသည့် စမ်းသပ်မျိုးများ၏ **BB** ရောဂါကို ခံနိုင်ရည်ရှိသောမျိုး ဗီဇပေါ်ဝင်မှု

No.	Variety	Markers	Specific gene	Gel results expressing resistant genes
1	JP-14569 (V3)	xa13-prom	xa13	Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, Xa21, xa5, Xa7, Xa21b, Xa27
2	JP-14615 (V4)	RM7243	xa13	Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, Xa21, xa5, Xa7, Xa21b, Xa27
3	JP-14169 (V5)	Xa26_indica	Xa26	Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, xa5, Xa21b, Xa27
4	JP-86066 (V6)	MP1/MP2	Xa4	Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, Xa21, xa5, Xa7, Xa21b, Xa27
5	JP-14703 (V7)	RGI36	xa13b (xa13b)	Xa13, Xa26, Xa4, xa5, Xa27
6	JP-12502 (V8)	pTA248	Xa21	Xa13, Xa26, Xa4, xa5
7	JP-54128 (V9)	RM122	xa5	Xa13, Xa26, Xa4, xa5, Xa7, Xa27
8	JP-242706 (V10)	M5	Xa7	Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, xa5, Xa7, Xa27
9	JP-11490 (V11)	21	Xa21 (Xa21b)	Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, Xa21, xa5, Xa7, Xa21b, Xa27
10	JP-85327 (V12)	RMXa27	Xa27	Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, xa5, Xa7, Xa21b, Xa27
11	JP-11500 (V13)			Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, Xa21, xa5, Xa7, Xa21b, Xa27
12	Hmaw B-2 (V14)			Xa13, Xa26, Xa4, xa13b, Xa21, xa5, Xa7, Xa27

သုံးသပ်ချက်

ဤသုတေသနတွင် အသုံးပြုသော BPH marker များအနက်မှ RM589 ၊ RM6273 ၊ RM309 ၊ P493ATc (RM8101) ၊ RM5479 ၊ S20103 နှင့် RM588 သာ PIC တန်ဖိုး ၀.၅ ထက်ကျော်လွန်သောကြောင့် အဆိုပါ Marker များကိုသာ ဆက်လက်လုပ်ဆောင်မည့် MAS နည်းဖြင့် မျိုးမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်း လုပ်ငန်းများအတွက် အသုံးပြုရပါမည်။ Allele အရေအတွက်အများဆုံး ကိုဖော်ပြသော MSSR1 marker ၏ PIC တန်ဖိုးမှာ ၀.၃၅ ဖြစ်ပြီး၊ Allele အရေအတွက် အနည်းဆုံးကို ဖော်ပြသော Marker တစ်ခုဖြစ်သည့် RM5479 ၏ PIC တန်ဖိုးမှာ ၀.၅၆ ဖြစ်ခြင်းကြောင့် Marker တစ်ခု၏ Allele အရေအတွက်သည် အဆိုပါ Marker ၏ Polymorphism ဖြစ်ခြင်းနှင့် ဆက်စပ်မှုမရှိပါ။ ဤသုတေသနတွင် အသုံးပြုသော စမ်းသပ် စပါးမျိုးများ၏ BPH ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုမျိုးဗီဇအခြေအနေကို နှိုင်းယှဉ်လေ့လာရန် BPH နှင့်ပတ်သက်သည့် နိုင်ငံတကာစံထားစပါးမျိုးများ မပါရှိသောကြောင့် ဤသုတေသနတွင် အဆိုပါစမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ BPH ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို စံထားမျိုးနှင့် နှိုင်းယှဉ် လေ့လာနိုင်ခြင်းမရှိပါ။ သို့ဖြစ်၍ နောင်လာမည့် သုတေသနများတွင် BPH နှင့်ပတ်သက်သည့် နိုင်ငံတကာစံထားစပါးမျိုးများ ထည့်သွင်းရမည် ဖြစ်ပါသည်။

ဤသုတေသနတွင်အသုံးပြုသော BB marker များသည် Gene specific marker များ ဖြစ်ကြသော်လည်း အချို့ Marker များသည် Monomorphic များဖြစ်ကြပြီး၊ အချို့ Marker များသည် Polymorphic များဖြစ်ကြခြင်းကြောင့်၊ စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ BB ဒဏ်ခံ နိုင်ရည်ရှိသော မျိုးဗီဇအခြေအနေကို BB resistant စံထားမျိုး နှင့် BB susceptible စံထားမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇ အခြေအနေနှင့် နှိုင်းယှဉ် လေ့လာရပါမည်။ သို့သော် ဤသုတေသနတွင် စံထားစပါးမျိုးများ မပါရှိ ခြင်းကြောင့် နောင်လာမည့် သုတေသနများတွင် BB နှင့်ပတ်သက်သည့် နိုင်ငံတကာစံထား စပါး မျိုးများ ထည့်သွင်းရမည် ဖြစ်ပါသည်။

ဤသုတေသနရလဒ်တွင် လိုအပ်ချက်အချို့ရှိနေသော်လည်း စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ BPH ၊ BB တို့နှင့်သက်ဆိုင်သည့် မျိုးဗီဇအခြေအနေကို ဖော်ပြနိုင်ခြင်း၊ BPH ၊ BB molecular marker တို့နှင့် သက်ဆိုင်သည့် သတင်းအချက်အလက်များကို ဖော်ပြနိုင်ခြင်းတို့ကြောင့် နောင်လာမည့် သုတေသနများတွက် အလွန်အရေးပါသည့် အခြေခံသတင်းအချက်အလက် များကို ရှာဖွေဖော်ထုတ် ပေးနိုင်သည့် သုတေသနဖြစ်ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

BB နှင့် BPH ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော စပါးမျိုးများကို MAS နည်းဖြင့်ရွေးချယ်ပြီး၊ Hmaw B–2 စပါးမျိုးနှင့် မျိုးစပ်သွားပါမည်။ ထိုမှ F1 သားဆက်ကို MAS နည်းဖြင့်ရွေးချယ်ပြီး၊ Hmaw B–2 စပါးမျိုး နှင့် Backcross မျိုးစပ်ခြင်းကို ဆောင်ရွက်သွားပါမည်။ ထို့နောက် Backcross မျိုးစပ်ခြင်းနှင့် Backcross သားဆက် အဆင့်ဆင့်ရွေးချယ်ခြင်းကို ဆက်လက်ဆောင်ရွက် သွားပါမည်။

(၂၁) အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာနှင့်မျိုးထွန်းနည်း ပညာတို့ ပူးပေါင်း၍ Fusarium Wilt ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောငှက်ပျောမျိုးထွန်း မွေးမြူ ထုတ်လုပ်ခြင်း

P2/SP2/BTS/Banana/Pj–001

နိဒါန်း

ကမ္ဘာပေါ်တွင် ငှက်ပျောသီးနှံသည် စပါး၊ ဂျုံ နှင့်ပြောင်းသီးနှံများပြီးလျှင် စတုတ္ထ အရေးကြီးသော သီးနှံဖြစ်ပါသည်။ ဖွံ့ဖြိုးဆဲနိုင်ငံများသည် ငှက်ပျောသီးနှံကို သမပိုင်းဒေသ များတွင် စိုက်ပျိုးပြီး စီးပွားရေးအရလည်း အရေးပါသောသီးနှံ တစ်မျိုးဖြစ်ပါသည်။ ဒါ့အပြင် ငှက်ပျောသီးနှံကို တင်ပို့ထုတ်လုပ်မှုမှာလည်းများပြားလှပါသည်။ ငှက်ပျောသီးနှံ ကို နိုင်ငံပေါင်း ၁၅၀ နှင့် အထက်စိုက်ပျိုးကြပါသည်။ အာရှတိုက်တွင် တရုတ်နိုင်ငံသည် ငှက်ပျောတင်သွင်းမှု အများဆုံး ဖြစ်ပါသည်။

ငှက်ပျောသီးနှံကို မြန်မာနိုင်ငံတွင် အလယ်ပိုင်းဒေသ နှင့် အထက်ပိုင်းဒေသများတွင် စိုက်ပျိုးကြပါသည်။ ငှက်ပျောသီးနှံသည် အာဟာရများစွာပါဝင်ပြီး ကျန်းမာရေးအတွက်အထူး သင့်လျော်ပြီး ကလေးငယ်များတွက် အကောင်းဆုံးဖြည့်စွက် အစားအစာသီးနှံဖြစ်ပါသည်။ ထို့အပြင် ငှက်ပျောသည် ဘာသာရေးပွဲများ၊ သာသနာရေးပွဲအခမ်းအနားများတွင်လည်း မရှိမဖြစ် အသုံးဝင် သော သီးနှံဖြစ်ပါသည်။

ယခုအခါ ငှက်ပျောသီးနှံ ထုတ်လုပ်မှုလျော့နည်းခြင်း နှင့် ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်မရှိခြင်း စသည့် အခက်အခဲများစွာကို တောင်သူများကြုံတွေ့လာရပါသည်။ ငှက်ပျောသီးနှံတွင် Rhizome soft rot, Banana leaf rust, Anthranose နှင့် Fusarium Wilt စသည့်ရောဂါများစွာ ကျရောက်သောကြောင့် အထွက်နှုန်းလျော့နည်းမှုများဖြစ်ပေါ်နေပါသည်။ Fusarium Wilt ရောဂါ သည် ငှက်ပျောသီးနှံတွင် ဆိုးဆိုးရွားရွား ကျရောက်ဖျက်ဆီးပါသည်။ Fusarium Wilt ရောဂါသည် *Fusarium oxysporum* ကြောင့်ဖြစ်ပေါ်စေပါသည်။ Fusarium Wilt သည် မြေဆောင်ရောဂါ ဖြစ်ပြီး ဤရောဂါသည် ငှက်ပျောပင်၏ အစာရေကြောစည်းကိုဝင်ရောက်တိုက်ခိုက်ပြီး အပင်ညှိုး ကျလာကာ နောက်ပိုင်းတွင် အပင်သေသွားသည်အထိဖြစ်လာပါသည်။ ထို့ကြောင့်ဤပြဿနာကို ဖြေရှင်းရန်အတွက် ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောမျိုးများထုတ်လုပ်နိုင်ရန် လိုအပ်လာပါသည်။

အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာသည် အချိန်တိုအတွင်း အပင်အမြောက်အများပွားများနိုင် ပါသည်။ အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာကို အသုံးပြု၍ စီးပွားဖြစ်သီးနှံများထုတ်လုပ်မှုမှာ တွင်တွင်

ကျယ်ကျယ်အသုံးပြုလာကြပါသည်။ မျိုးထွန်းနည်းပညာကို အသုံးပြုခြင်းဖြင့် မျိုးရိုးဗီဇပြောင်းလဲစေသော လက္ခဏာများကို ရရှိစေနိုင်ပါသည်။ ထို့ကြောင့် အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာ နှင့် မျိုးထွန်းနည်းပညာကို အသုံးပြု၍ Fusarium ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်သော ငှက်ပျောမျိုး ထုတ်လုပ်ရန် အသင့်တော်ဆုံးနည်းလမ်းဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

အပင်တစ်သျှူးနည်းပညာနှင့် မျိုးထွန်းနည်းပညာတို့ ပူးပေါင်း၍ Fusarium Wilt ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော ငှက်ပျောမျိုးထွန်းမွေးမြူထုတ်လုပ်ရန်။

ဆောင်ရွက်ချက်များ

ယှဉ်ဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ် -၂၀၂၂-၂၃ ခုနှစ်

တာဝန်ယူဆောင်ရွက်သည့်ဝန်ထမ်း - ဒေါ်မျိုးမြတ်မြတ်ကျော်၊ ဒေါ်ခင်ရတနာသိန်းဦး၊ ဒေါ်အိအိစိုး နှင့် ဒေါ်သန်းသန်းအေး

ဖီးကြမ်းငှက်ပျောသားတက် အရွယ်အစား (30cm) ကို Running water တွင် (၁၅) မိနစ်ဆေးကြော သန့်စင်၍ မှိုသတ်ဆေး (1g/L) ဖြင့် စိမ်၍ ပိုးသန့်စင်ထားသောရေဖြင့် ၃-၅ ကြိမ်ဆေးကြောခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် 20% Sodium Hypochloride နှုန်းဖြင့် ကြာချိန် (၃၀) မိနစ်ထား၍ ပိုးသန့်စင်ခြင်းလုပ်ငန်းစဉ်ကိုပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပြီး ပိုးသန့်စင်ထားသောရေဖြင့် ၃-၅ ကြိမ် ထပ်မံဆေးကြောခဲ့ပါသည်။ 70% Ethanol ဖြင့် (၅) မိနစ် ဆေးကြော သန့်စင်၍ ပိုးသန့်စင်ထားသောရေဖြင့်၃-၅ ကြိမ် ထပ်မံဆေးကြောခဲ့ပါသည်။ ပိုးသန့်စင်သောဖီးကြမ်းငှက်ပျော Shoot tips များကို လိုချင်သောအရွယ်အစားရရန်ဖြတ်တောက်၍ MS, 5mg/l BA အစာလွှာတွင် စတင်မွေးမြူခဲ့ပါသည်။ ၁လခွဲသားလောက်တွင် Shoot tips များကို တူညီသော အစာလွှာတွင် ထပ်မံလဲလှယ်ခဲ့ပါသည်။ Response ပြသော ဖီးကြမ်းငှက်ပျော Shoot tips များကို တစ်လတစ်ကြိမ် ပုံမှန် တူညီသောအစာလွှာ MS, 5mg/l BA တွင်မွေးမြူ၍ အညွန့်ပွားများသည့်အဆင့်ရအောင် ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။ ရှင်သန်လာသော Shoot tips များကို စမ်းသပ်ချက်များပြုလုပ်ရန်အတွက် ပွားများမွေးမြူထားပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

ဖီးကြမ်းငှက်ပျော Shoot tips လေးများကို EMS (0.3%, 0.6%, 0.9% and 1.2%) နှုန်းထားများဖြင့် စမ်းသပ်မှုများပြုလုပ်ပြီး ၎င်းငှက်ပျော Shoot tips များကို Shoot multiplication

ဖြစ်သော MS, 5mg/l BA အစာလွှာတွင် ဆက်လက် မွေးမြူသွားပါမည်။ ရှင်သန်လာသော အပင်ငယ်များကို အမြစ်ဖြစ်ပေါ်စေသော MS အပါအဝင် IBA နှုန်းထားအမျိုးမျိုးတွင် စမ်းသပ် မွေးမြူခြင်းကို ဆက်လက်သုတေသန ပြုလုပ်သွားမည် ဖြစ်ပါသည်။

(၂၂) စပါးသီးနှံ၏ ဆားငံဒဏ်ခံရခြင်းအပေါ် တုန့်ပြန်နိုင်သောဗီဇဖော်ပြချက်အား qRT-PCR နှင့် RT-PCR နည်းပညာတို့ဖြင့် လေ့လာခြင်း

P2/SP2/BTS/Rice/Pj-002

နိဒါန်း

မြန်မာနိုင်ငံ၏ စပါးစိုက်ပျိုးမြေစုစုပေါင်း၏ ၃% သည် ဆားပေါက်မြေများဖြစ်ကြပါသည်။ ဆားပေါက်မြေဖြစ်ရခြင်း၏ အဓိကအကြောင်းရင်းမှာ မြေကြီးတွင် NaCl ပါဝင်မှု များခြင်းကြောင့် ဖြစ်ပါသည်။ စပါးပင်တွင် NaCl ကို သယ်ဆောင်သော မျိုးဗီဇများ ရှိကြသည်။ Bioinformatics နှင့် Molecular နည်း ပညာများသည် အပင်တို့၏ မည်သည့် အစိတ်အပိုင်းကို မဆို Molecular level အထိ လေ့လာနိုင်သောကြောင့် ဆားငန်ဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိသော မျိုးဗီဇများကို ရှာဖွေဖော်ထုတ်နိုင်ပြီး၊ အဆိုပါမျိုးဗီဇတစ်ခုချင်းစီ၏ အစွမ်းသတ္တိနှင့် လုပ်ငန်း ဆောင်တာများကို အသေးစိတ် လေ့လာနိုင်ပါသည်။ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသော စပါးမျိုးသစ်များ အချိန်တိုအတွင်း ထုတ်လုပ်နိုင်ရန်မှာ လက်ရှိအသုံးပြုနေသည့် အပင်မျိုးသစ်များ မွေးမြူထုတ်လုပ်သော နည်းပညာများကို Molecular နှင့် Bioinformatics နည်းပညာ ပေါင်းစပ်အသုံးပြုရမည် ဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

၁။ စပါးပင်တွင် NaCl ကို သယ်ဆောင်သော မျိုးဗီဇတို့၏ တုံ့ပြန်မှုကို qRT-PCR နှင့် RT-PCR နည်းပညာများကို အသုံးပြု၍ လေ့လာရန်။

၂။ qRT-PCR နည်းပညာသည် စပါးမျိုးသစ်များ မွေးမြူထုတ်လုပ်ခြင်းလုပ်ငန်းကို အထောက် အကူပြုသည့် နည်းပညာအဖြစ် အသုံးပြုလာနိုင်ရန်။

၃။ qRT-PCR နည်းပညာကို အစပြု၍ အဆင့်မြင့် RNA နည်းပညာများ စိုက်ပျိုးရေးသုတေသန ဦးစီးဌာနတွင် ဖွံ့ဖြိုးတိုးတက်လာစေရန်။

သုတေသနလုပ်ငန်းစဉ်များ

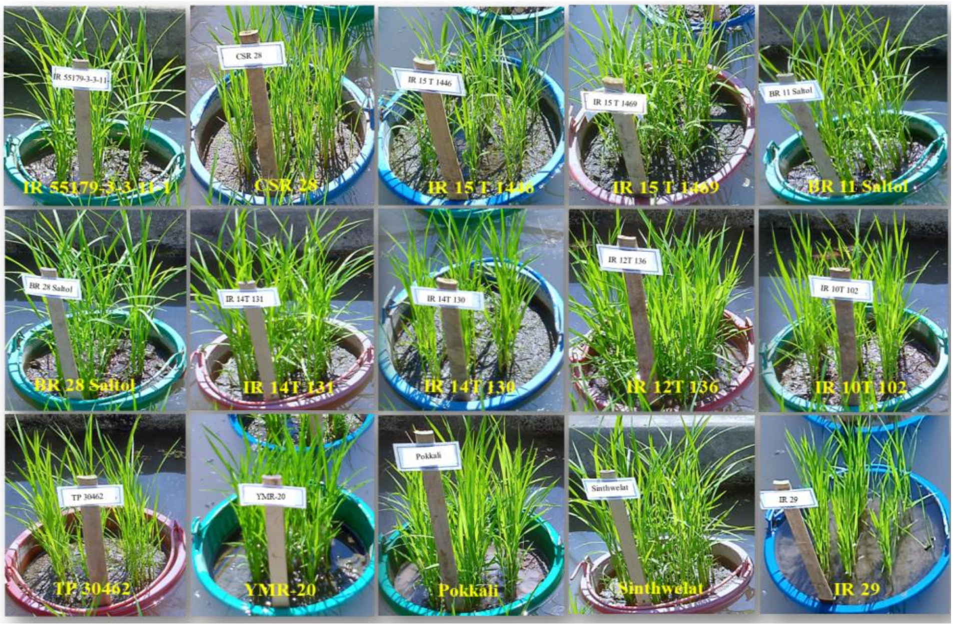
ဇယား (၁) သုတေသနတွင် စမ်းသပ်သည့် စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ

စဉ်	စပါးမျိုးအမည်	ရှင်းလင်းချက်
၁	IR 55179–3–3–11–1	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၂	CSR 28	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၃	IR 15 T 1446	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၄	IR 15 T 1469	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၅	BR 11 Saltol	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၆	BR 28 Saltol	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၇	IR 14T 131	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၈	IR 14T 130	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၉	IR 12T 136	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၁၀	IR 10T 102	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၁၁	TP 30462	အလားအလာကောင်းသောမျိုးလိုင်း
၁၂	YMR–20	ထုတ်ဝေပြီးစပါးမျိုး
၁၃	Sarngankhan Sinthwelat	ထုတ်ဝေပြီးစပါးမျိုး
၁၄	Pokkali	ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိခြင်း စံထားမျိုး
၁၅	IR 29	ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်မဲ့ခြင်း စံထားမျိုး

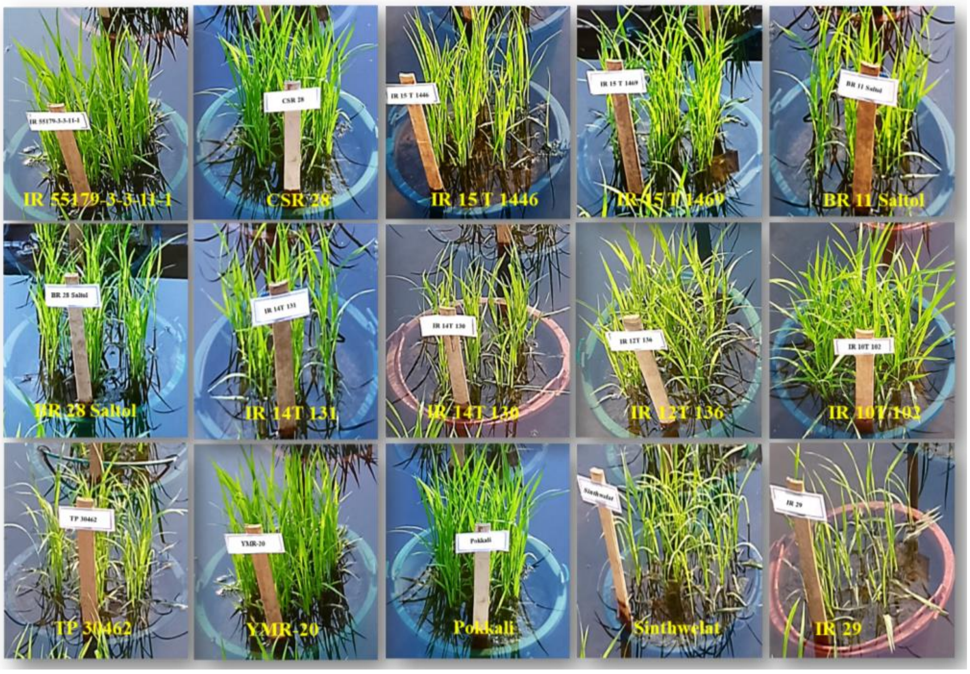
တွေ့ရှိချက်များ

(က) Phenotype ကိုအခြေခံ၍ စမ်းသပ်စပါမျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို ပျိုးပင်အဆင့်တွင် စစ်ဆေးခြင်း

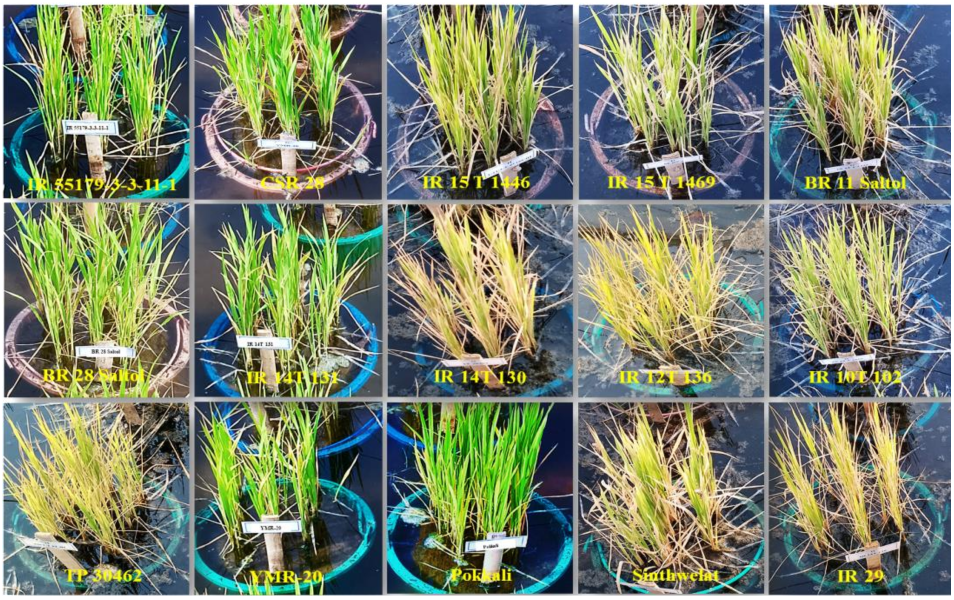
ဆား Treatment မပေးထားသော ပုံမှန်စိုက်ပျိုးမှုအခြေအနေတွင် စမ်းသပ်မျိုးများအားလုံးသည် တူညီစွာဖြင့် ပုံမှန်ကြီးထွားဖွံ့ဖြိုးကြပါသည်။ သို့သော် ဆား Treatment ပေးလိုက်သောအခါ စမ်းသပ်မျိုးများသည် Score ၁ (ခံနိုင်ရည်အလွန်ရှိသော) မှ Score ၉ (ခံနိုင်ရည်အလွန်မဲ့သော) အထိ ကွဲပြားခြားနားမှုရှိကြသည်ကိုတွေ့ရပါသည် (ပုံ ၁-၅)။ ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၄ (EC 4 dS/m) စမ်းသပ်ချက်တွင် မျိုး ၃ မျိုး (IR 55179-3-3-11-1၊ CSR 28 နှင့် YMR-20) သည် Pokkali (ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောစံထားမျိုး) ကဲ့သို့ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင် ရည်ရှိသည်ကို တွေ့ရပါသည် (Score ၁)။ မျိုး ၂ မျိုး (IR 14T 131 နှင့် BR 28 Saltol) သည် Pokkali နီးပါး ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသည်ကိုတွေ့ရပါသည် (Score ၃)။ ကျန်မျိုး ၈ မျိုး (IR 15 T 1446၊ IR 15 T 1469၊ BR 11 Saltol၊ IR 10T 102၊ IR 14T 130၊ IR 12T 136၊ TP 30462 နှင့် Sarngankhan Sinthwelat) သည် ဆားငန်ဒဏ်အသင့်တင့် ခံနိုင်ရည်ရှိသည်ကို တွေ့ရပါ သည် (Score ၅)။ ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၈ (EC 8 dS/m) စမ်းသပ်ချက်တွင် စမ်းသပ်မျိုး များ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင် ရည်ရှိမှုသည် လျော့ချသွားသည်ကိုတွေ့ရပါသည်။ ထို့နောက် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၁၂ (EC 12 dS/m) စမ်းသပ်ချက်တွင် စမ်းသပ်မျိုးအားလုံးသည် ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်မရှိသည်ကိုတွေ့ရပါသည်။ စမ်းသပ်မျိုးတစ်ခုချင်းစီ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု အသေးစိတ်ကို ပုံ ၁-၅ တို့တွင် ဖော်ပြထားပါသည်။ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု Score ပေး သည့်စနစ်သည် နိုင်ငံတကာဆန်စပါး သုတေသန အဖွဲ့အစည်း (IRRI) ၏ Standard Evaluation System (SES) ကို အခြေခံထားခြင်း ဖြစ်ပါသည်။



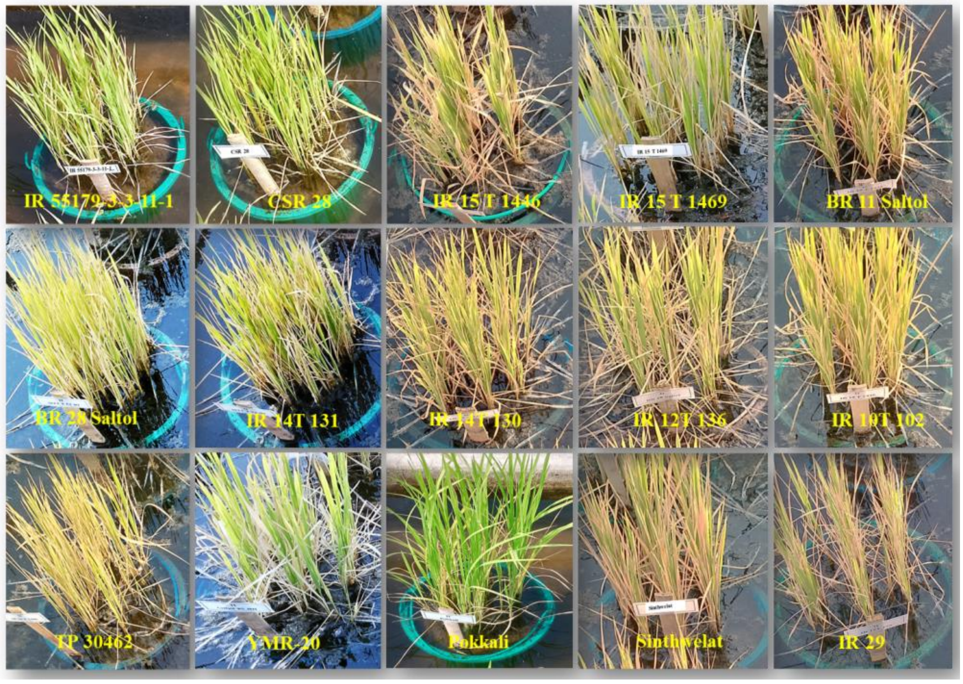
ပုံ (၁) ဗလာစမ်းသပ်ချက်တွင် စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ ပျိုးပင်များကြီးထွားနေမှု



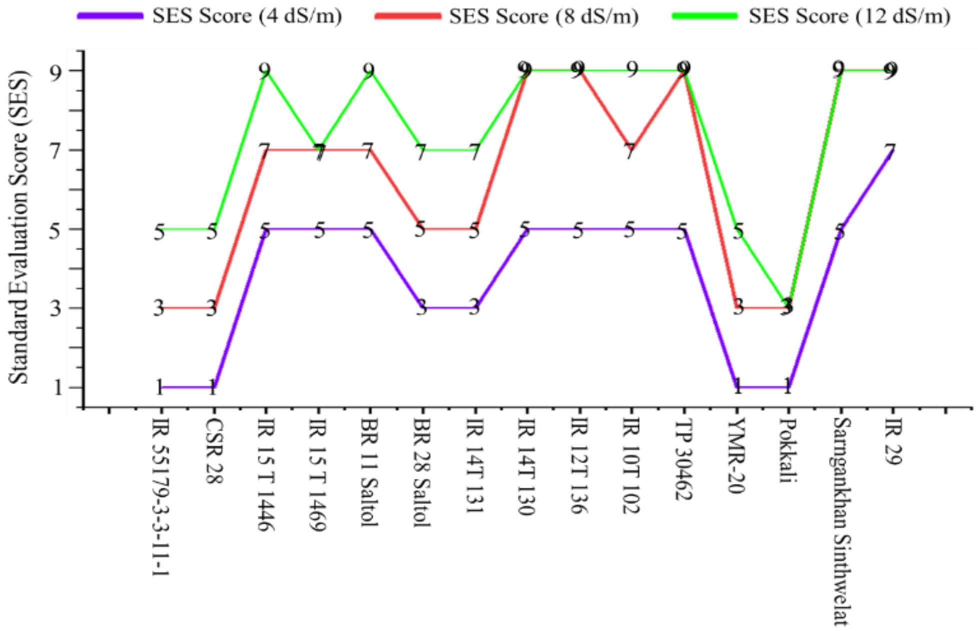
ပုံ (၂) ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၄ (EC 4 dS/m) စမ်းသပ်ချက်တွင် စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု



ပုံ (၃) ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၈ (EC 8 dS/m) စမ်းသပ်ချက်တွင် စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု



ပုံ (၄) ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၁၂ (EC 12 dS/m) စမ်းသပ်ချက်တွင် စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု



ပုံ (၅) ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၄၊ ၈ နှင့် ၁၂ (EC 4, 8 and 12 dS/m) စမ်းသပ်ချက်တို့တွင် စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို ဖော်ပြသောပုံ ဖြစ်ပါသည်။ လိုင်းအပြာသည် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၄ ကိုကိုယ်စားပြု၍၊ လိုင်းအနီသည် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ၈ ကိုကိုယ်စားပြုပြီး၊ လိုင်းအစိမ်းသည် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၁၂ ကိုကိုယ်စားပြုပါသည်။ အပြည်ပြည်ဆိုင်ရာ ဆန်စပါးသုတေသနအဖွဲ့အစည်း (IRRI) ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု စံသတ်မှတ်ချက် (SES) တွင် Score ၁ သည် ဆားငန်ဒဏ်ကို အပြည့်အဝခံနိုင်ရည်ရှိသည်၊ Score ၃ သည် ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံနိုင်ရည်ရှိသည်၊ Score ၅ သည် ဆားငန်ဒဏ်ကို အသင့်တင့်ခံနိုင်ရည်ရှိသည်၊ Score ၇ သည် ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံနိုင်ရည်မရှိပါ၊ Score ၉ သည် ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင်ရည်မရှိပါ။

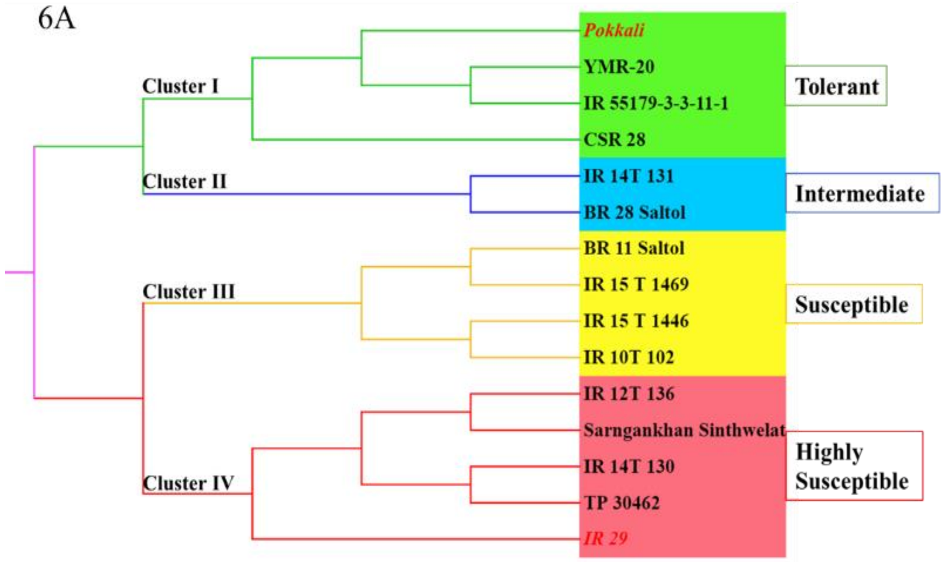
(ခ) SSR Marker များကိုအသုံးပြု၍ စမ်းသပ်မျိုးများ၏ မျိုးဗီဇပုံစံကွဲများကိုလေ့လာခြင်း

SSR markers ၁၇ ခုဖြင့် စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ မျိုးဗီဇပုံစံကွဲများကိုလေ့လာသောအခါ မျိုးဗီဇပုံစံကွဲစုစုပေါင်း ၄၅ မျိုး (45 alleles) ကိုတွေ့ရပြီး၊ SSR markers ၁၇ ဖြင့်ဖော်ထုတ်ခဲ့သော စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ မျိုးဗီဇပုံစံကွဲများနှင့်ပတ်သက်သော အသေးစိတ်အချက်အလက်များကို ဇယား ၂ တွင် ဖော်ပြထားပါသည်။ SSR markers များဖြင့်ဖော်ထုတ်ခဲ့သော မျိုးဗီဇပုံစံကွဲပြားမှုပေါ်အခြေခံပြီး စမ်းသပ်စပါးမျိုးများကို အဓိကအားဖြင့် ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု၊ ဆားငန်ဒဏ်ကို အသင့်အတင့်ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု၊ ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုနှင့်

ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုဟူ၍ အုပ်စု (၄) စုခွဲခြားနိုင်ပါသည်။ ထို့အပြင် SSR marker များဖြင့်ဖော်ထုတ်ရရှိခဲ့သော အချက်အလက်များကိုအခြေခံပြီး စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ အကြား တစ်မျိုးနှင့်တစ်မျိုး မျိုးဗီဇနီးစပ်မှုကို လေ့လာကြည့်သောအခါ အုပ်စုတစ်ခုအတွင်းတွင် ကျရောက်နေသော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇများသည် နီးစပ်မှုရှိနေသည်ကိုတွေ့ရပါသည် (ဥပမာ– ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု အတွင်းတွင်ရှိကြသော စပါးမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇများ သည် နီးစပ်မှုရှိနေကြပါသည်)။ ထို့ကြောင့် SSR markers ကိုအသုံးပြုပြီး စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇများကို ခွဲခြမ်းစိတ်ဖြာလေ့လာနိုင်သည်ဆိုသည့် အချက်ကိုတွေ့ရှိရပြီး၊ ရရှိလာသော ရလဒ် များသည် Phenotype ကိုအခြေခံ၍ စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို လေ့လာခြင်း သုတေသနရလဒ်များ နှင့်ကိုက်ညီမှုရှိသည်ကိုလည်း တွေ့ရှိရပါသည်။ အဆိုပါ သုတေသနရလဒ်များနှင့်ပတ်သက်သည့် အချက်အလက်အသေးစိတ်ကို ဇယား ၂ နှင့် ပုံ ၆ တို့တွင် ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား (၂) SSR markers ၁၇ ခုဖြင့် စမ်းသပ်စပါးမျိုး ၁၅ မျိုး၏ မျိုးဗီဇပုံစံကွဲများကိုလေ့လာခြင်း

No.	Marker	Chrom no.	Total allele no.	Polymorphic allele no.	Major allele frequency	Gene diversity	PIC	Allele size (bp)
1	RM8094	1	3.000	3.000	0.203	0.852	0.806	100–220
2	AP3206	1	5.000	5.000	0.319	0.801	0.724	200–1250
3	RM10745	1	2.000	2.000	0.447	0.621	0.544	290–390
4	RM10764	1	3.000	3.000	0.201	0.911	0.849	150–230
5	RM10748	1	2.000	2.000	0.581	0.568	0.491	100–150
6	RM140	1	1.000	0.000	1.000	0.000	0.000	260
7	RM10825	1	3.000	2.000	0.422	0.705	0.628	50–260
8	RM10793	1	2.000	1.000	0.851	0.198	0.129	140–160
9	RM1287	1	3.000	3.000	0.239	0.901	0.837	150–180
10	RM10694	1	2.000	2.000	0.201	0.911	0.849	180–200
11	RM518	4	2.000	1.000	0.314	0.792	0.716	185–200
12	RM178	5	6.000	5.000	0.292	0.831	0.755	50–700
13	RM122	5	1.000	1.000	0.851	0.198	0.129	240–260
14	RM340	6	4.000	3.000	0.298	0.820	0.743	50–1000
15	RM336	7	2.000	2.000	0.180	0.962	0.960	160–200
16	RM24330	9	2.000	1.000	0.489	0.585	0.509	100–800
17	RM453	12	2.000	2.000	0.308	0.805	0.729	180–1100
	Total	–	45.000	38.000	7.196	11.461	10.398	–
	Mean	–	2.647	2.235	0.423	0.674	0.612	–



ပုံ (၆)A စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ်အခြေခံပြီး အုပ်စုခွဲခြားခြင်းကို MEGA 11 ဆော့ဖ်ဝဲလ်ကို အသုံးပြု၍ Weighted–Neighbor Joining method ဖြင့် Phylogenetic tree

6B

	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	V11	V12	V13	V14	V15
V1	1.000														
V2	0.953	1.000													
V3	0.302	0.349	1.000												
V4	0.349	0.395	0.953	1.000											
V5	0.349	0.395	0.953	0.953	1.000										
V6	0.767	0.814	0.535	0.581	0.535	1.000									
V7	0.744	0.791	0.535	0.581	0.535	0.907	1.000								
V8	0.186	0.233	0.837	0.837	0.837	0.419	0.419	1.000							
V9	0.163	0.209	0.814	0.814	0.814	0.395	0.395	0.977	1.000						
V10	0.349	0.395	0.953	0.953	0.953	0.581	0.581	0.837	0.814	1.000					
V11	0.186	0.233	0.837	0.837	0.837	0.419	0.419	1.000	0.977	0.837	1.000				
V12	0.977	0.977	0.326	0.372	0.372	0.791	0.767	0.209	0.186	0.372	0.209	1.000			
V13	0.953	0.953	0.349	0.395	0.395	0.814	0.791	0.233	0.209	0.395	0.233	0.977	1.000		
V14	0.186	0.233	0.791	0.791	0.791	0.372	0.395	0.953	0.977	0.791	0.953	0.209	0.233	1.000	
V15	0.186	0.233	0.791	0.791	0.791	0.372	0.395	0.953	0.930	0.791	0.953	0.209	0.233	0.953	1.000

ပုံ (၆)B စမ်းသပ်စပါးမျိုးများအကြား တစ်မျိုး နှင့်တစ်မျိုး မျိုးဗီဇနီးစပ်မှုကို NTSYS–pc ဆော့ဖ်ဝဲလ်ကို အသုံးပြု၍ Nei genetic distance–based analysis နည်းဖြင့် လေ့လာထားသောပုံ

(ဂ) စပါးပင်၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ၏တုံ့ပြန်မှုကို qRT–PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်း

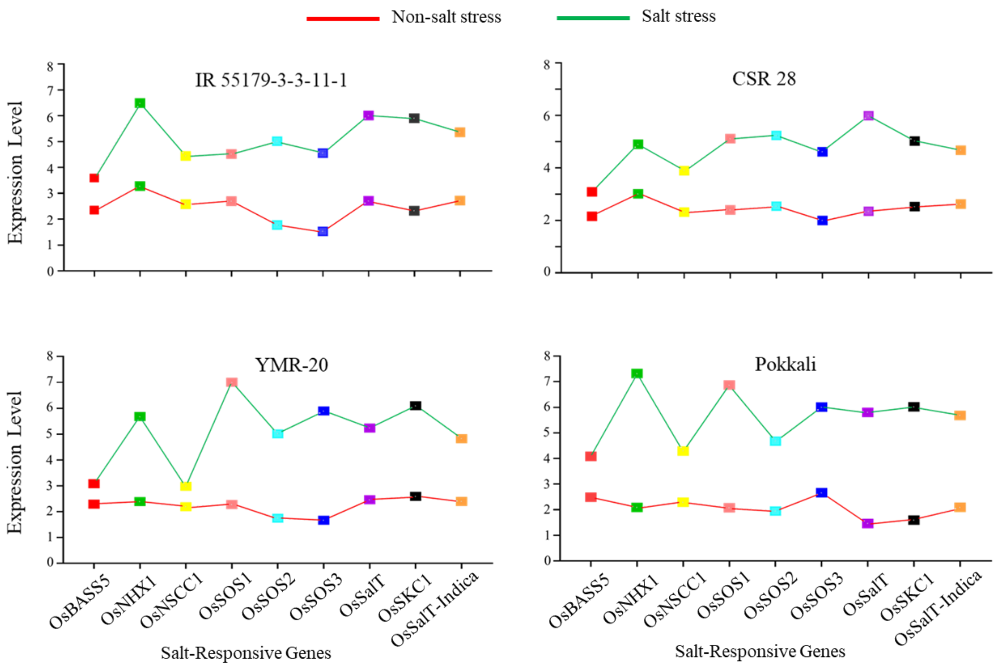
စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ (Salt–responsive genes) ၏တုံ့ပြန်မှုကို qRT–PCR နည်းပညာဖြင့်လေ့လာကြည့်လျှင်ဆား Treatment ပေးလိုက်သောအခါ အဆိုပါ မျိုးဗီဇများ၏တုံ့ပြန်မှုသည် ဗလာသုတေသန

စမ်းသပ်ချက်မှ တုံ့ပြန်မှုနှင့် နှိုင်းယှဉ်လျှင် တုံ့ပြန်မှုမြင့်မားနေသည်ကို တွေ့ရပါသည် (ပုံ ၇-၁၀)။ ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၄ (EC 4 dS/m) treatment ပေးလိုက်သောအခါ ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် စပါးပင်၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို တိုးတက်စေသောမျိုးဗီဇများ (Positively regulated genes, i.e., OsNHX1, OsSOS1, OsSOS2, OsSOS3, OsSalT, OsSKC1 and OsSalT–Indica) ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် မြင့်မားနေပြီး၊ စပါးပင်၏ ဆားငန်ဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို လျော့ကျစေသောမျိုးဗီဇများ (Negatively regulated genes, i.e., OsBASS5 and OsNSCC1) များ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် နိမ့်ကျနေ သည်ကိုတွေ့ရပါသည်။ သို့သော် ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုနှင့် ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Positively regulated genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် နိမ့်ကျနေပြီး၊ Negatively regulated genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် မြင့်မားနေသည် ကိုတွေ့ရပါသည်။ ဆားငန်ဒဏ်ကို အသင့်အတင့်ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု တွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Positively regulated genes များနှင့် Negatively regulated genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် ရှင်းလင်းမှုမရှိသည်ကို တွေ့ရပါသည်။

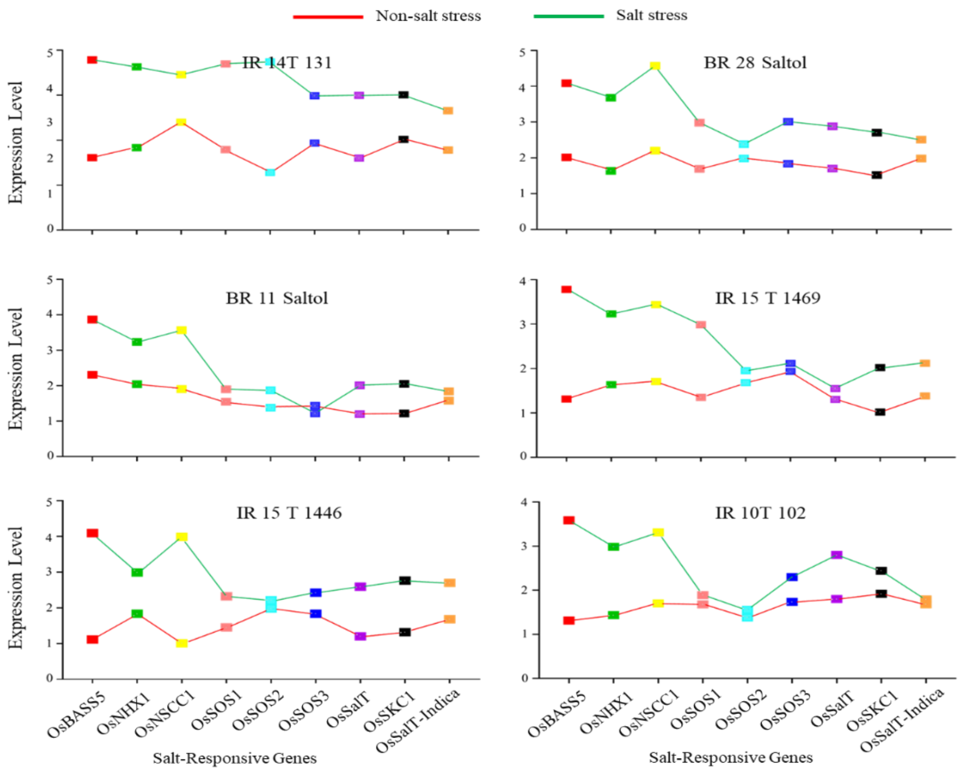
ထို့နောက် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၈ (EC 8 dS/m) treatment ပေးလိုက်သောအခါ ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု၊ ဆားငန်ဒဏ်ကို အသင့်တင့်ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု၊ ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုနှင့် ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စု စသည်ဖြင့် အုပ်စုအသီးသီးတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Positively regulated genes များနှင့် Negatively regulated genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၄ (EC 4 dS/m) treatment တွင်ကဲ့သို့ တုံ့ပြန်မှုပုံစံများဆင်တူကြသော်လည်း တုံ့ပြန်မှုအတိုင်းအတာသည် နိမ့်ကျနေပါသည်။

ထို့နောက် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၁၂ (EC 12 dS/m) treatment ပေးလိုက်သောအခါ အုပ်စုအသီးသီးတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Positively regulated genes များနှင့် Negatively regulated genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် သိသိသာသာကျဆင်းသွားသည် ကိုတွေ့ရပါသည်။အချုပ်အားဖြင့် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၄ (EC 4 dS/m) treatment တွင် Salt–responsive genes များ၏တုံ့ပြန်မှုသည် အမြင့်မားဆုံးဖြစ်ပြီး၊ ထို့နောက်တွင် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၈ (EC 8 dS/m) treatment ၊ ထို့နောက်တွင် ဆား (NaCl) ပါဝင်မှု အီးစီ ၁၂ (EC 12 dS/m)

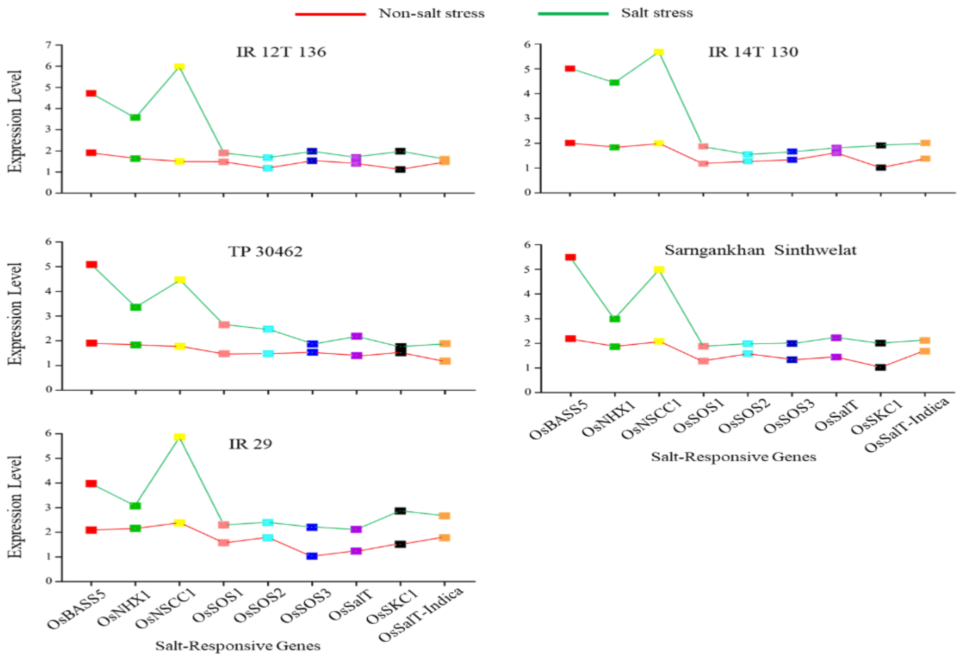
treatment ဖြစ်ပါသည်။ ဆား (NaCl) treatment ပေးလိုက်သောအခါ ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသော အုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Positively regulated genes များ၏တုံ့ပြန်မှုသည် မြင့်မားပြီး၊ ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စု နှင့် ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Negatively regulated genes များ၏တုံ့ပြန်မှုသည် မြင့်မားသည်ကို တွေ့ရှိရပါသည်။



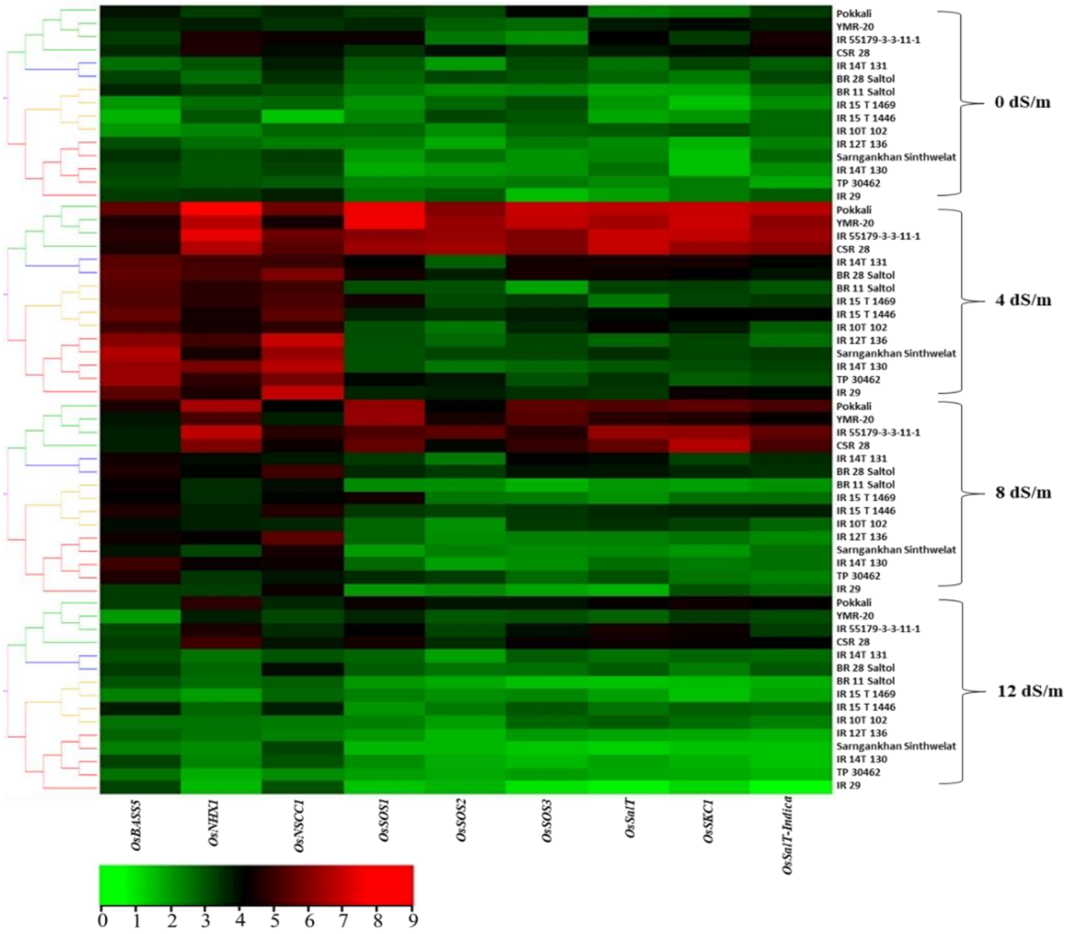
ပုံ (၇) ဆား treatment မပေးမီနှင့် ဆား treatment (EC 4 dS/m) ပေးပြီးအခြေအနေတို့တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် ဆားငန်ဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ (Salt–responsive genes) ၏တုံ့ပြန်မှု ကို qRT–PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်းပုံဖြစ်ပါသည်။ အနီမျဉ်းသည် ဆား treatment မပေး မီ Salt–responsive genes ၏တုံ့ပြန်မှုဖြစ်ပြီး၊ အစိမ်းမျဉ်းသည် ဆား treatment ပေးပြီး Salt–responsive genes ၏တုံ့ပြန်မှုဖြစ်ပါသည်။



ပုံ (၈) ဆား treatment မပေးမီနှင့် ဆား treatment (EC 4 dS/m) ပေးပြီးအခြေအနေတို့တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကို အသင့်တင့်ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စုနှင့် ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ (Salt-responsive genes) ၏တုံ့ပြန်မှုကို qRT-PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်းပုံဖြစ်ပါသည်။ အနီမျဉ်းသည် ဆား treatment မပေးမီ Salt-responsive genes ၏တုံ့ ပြန်မှုဖြစ်ပြီး၊ အစိမ်းမျဉ်းသည် ဆား treatment ပေးပြီး Salt-responsive genes ၏တုံ့ပြန် မှုဖြစ်ပါသည်။



ပုံ (၉) ဆား treatment မပေးမီနှင့် ဆား treatment (EC 4 dS/m) ပေးပြီးအခြေအနေတို့တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင်ရည်မရှိသော အုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ (Salt–responsive genes) ၏ တုံ့ပြန်မှုကို qRT–PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်းပုံ ဖြစ်ပါသည်။ အနီမျဉ်းသည် ဆား treatment မပေးမီ Salt–responsive genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုဖြစ်ပြီး၊ အစိမ်းမျဉ်းသည် ဆား treatment ပေးပြီး Salt–responsive genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုဖြစ်ပါသည်။

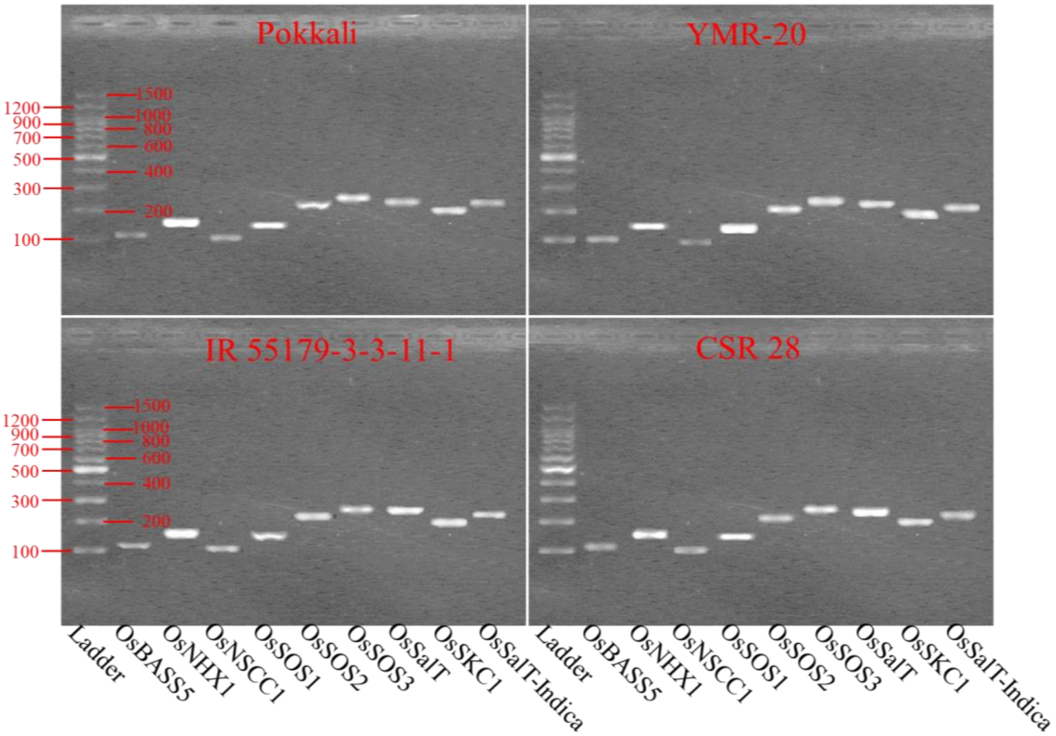


ပုံ (၁၀) ဆား treatment မပေးမီနှင့် ဆား treatment (4 dS/m, 8 dS/m and 12 dS/m) ပေးပြီးအခြေအနေတို့တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု၊ ဆားငန်ဒဏ်ကို အသင့်တင့်ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စု၊ ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုနှင့် ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင် ရည်မရှိသောအုပ်စု စသည်ဖြင့် အုပ်စုအသီးသီးတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Salt–responsive genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုကို qRT–PCR နည်းပညာဖြင့်လေ့လာခြင်းကို Heatmap

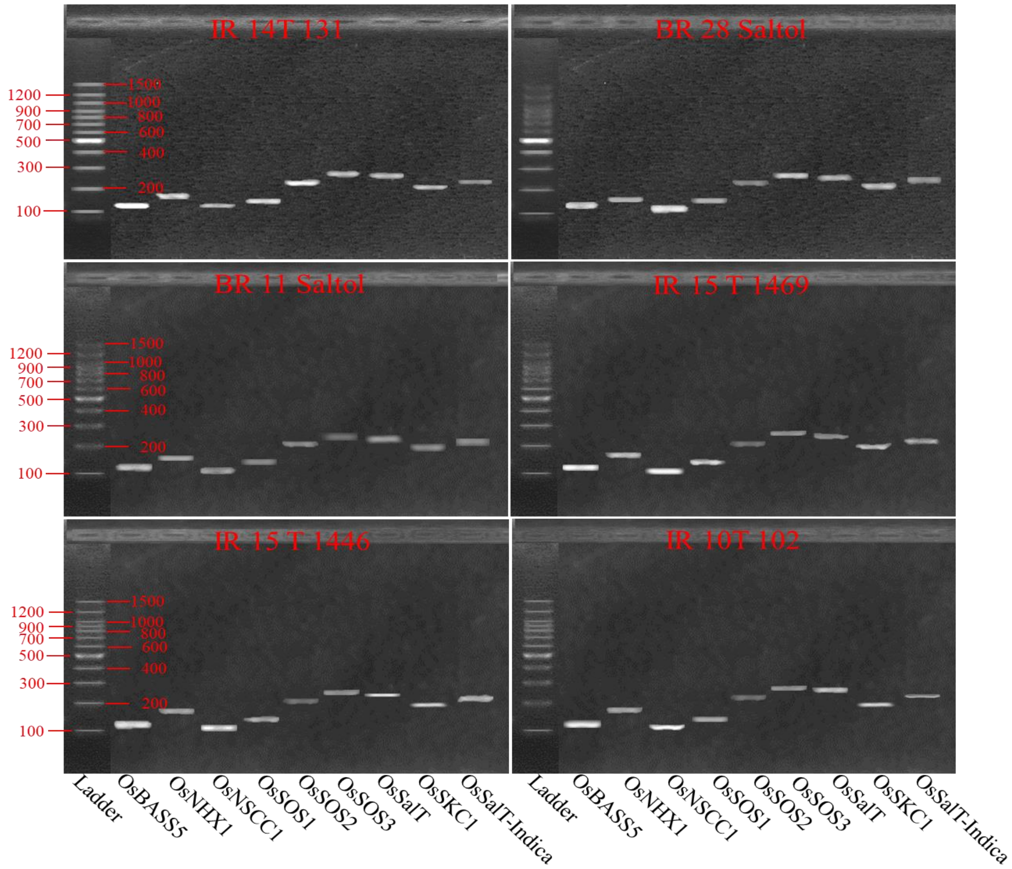
(ဃ) စပါးပင်၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ၏တုံ့ပြန်မှု ကို RT–PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်း

Reverse transcriptase PCR (RT–PCR) နည်းပညာတွင် mRNA ကို Reverse transcriptase အင်ဇိုင်း (Enzyme) ဖြင့် cDNA အဖြစ်သို့ပြောင်းလဲလိုက်ပြီး၊ PCR စနစ်ဖြင့် မျိုး ဗီဇပမာဏကို လေ့လာတွက်ချက်ခြင်းဖြစ်ပါသည်။ RT–PCR နည်းပညာကိုအသုံးပြု၍ စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Salt–responsive genes များ၏တုံ့ပြန်မှုကိုလေ့လာခြင်း သုတေသနမှရလဒ်များသည် qRT–PCR နည်းပညာကိုအသုံးပြု၍ စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Salt–responsive genes များ၏တုံ့ပြန်မှုကို

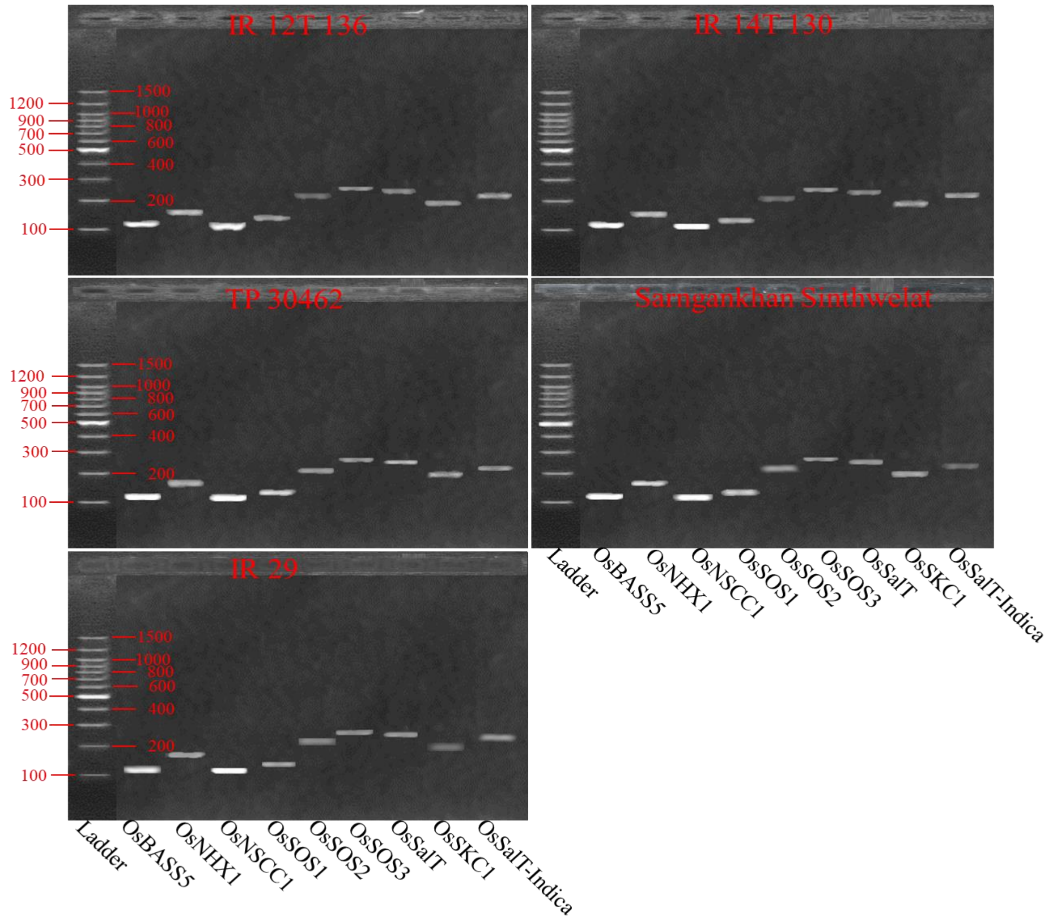
လေ့လာခြင်း သုတေသနမှရလဒ်များနှင့် ဆင်တူနေသည် (ပုံ ၁၁-၁၃)။ ကောက်ချက်ဆွဲရလျှင် qRT-PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်းရလဒ်သည် ခိုင်မာမှုရှိသည်ကို RT-PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်း ရလဒ်က အတည်ပြုနေသည်ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။



ပုံ (၁၁) ဆား treatment မပေးမီနှင့် ဆား treatment (EC 4 dS/m) ပေးပြီးအခြေအနေတို့တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် ဆားငန်ဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ (Salt-responsive genes) ၏တုံ့ပြန်မှုကို RT-PCR နည်းပညာဖြင့် လေ့လာခြင်း



ပုံ (၁၂) ဆား treatment မပေးမီနှင့် ဆား treatment (EC 4 dS/m) ပေးပြီးအခြေအနေတို့တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကို အသင့်အတင့်ခံနိုင်ရည်ရှိသောအုပ်စုနှင့် ဆားငန်ဒဏ်ကို ခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိ သော မျိုးဗီဇများ (Salt–responsive genes) ၏တုံ့ပြန်မှုကို RT–PCR နည်းပညာဖြင့်လေ့လာခြင်း



ပုံ (၁၃) ဆား treatment မပေးမီနှင့် ဆား treatment (EC 4 dS/m) ပေးပြီးအခြေအနေတို့တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကို လုံးဝခံနိုင်ရည်မရှိသောအုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် ဆား ငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုအပေါ် သက်ရောက်မှုရှိသော မျိုးဗီဇများ (Salt-responsive genes) ၏တုံ့ပြန်မှုကို RT-PCR နည်းပညာဖြင့်လေ့လာခြင်း

သုံးသပ်ချက်

Phenotype ကိုအခြေခံသည့်စမ်းသပ်ချက်အရ စမ်းသပ်မျိုးများအားလုံးသည် ဆားပါဝင်မှု EC 4 dS/m ကို ခံနိုင်ရည်ရှိသောကြောင့် ပြင်းအားပျော့သော ဆားပေါက်မြေတွင် စိုက်ပျိုးဖြစ်ထွန်း နိုင်သည်။ သို့သော် ပြင်းအား အသင့်အတင့်နှင့် ပြင်းအားများသော ဆားပေါက်မြေတွင်မူ စမ်းသပ်မျိုး ၃ မျိုး (IR 55179-3-3-11-1၊ CSR 28 နှင့် YMR-20) သာ အသင့်အတင့်ဖြစ်ထွန်းနိုင်သည်။ ပြင်းထန်ဆိုးရွားသော ရေမြေပတ်ဝန်းကျင်အခြေအနေတွင် အပင်တို့သည် Phenotypic plasticity ကို လုပ်ဆောင်လေ့ရှိသောကြောင့် စမ်းသပ်မျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံ နိုင်ရည်ရှိမှုကို Phenotype တစ်မျိုးတည်းအပေါ်အခြေခံ၍ အကဲဖြတ်ခြင်းသည် လုံလောက်မှုမရှိပါ။

ထို့ကြောင့် စမ်းသပ်မျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုနှင့် ဆက်နွယ်နေသော မျိုးဗီဇ အခြေအနေကို SSR markers များဖြင့် လေ့လာဆန်းစစ်ခဲ့ပါသည်။ RM140 ၊ RM10748 ၊ RM10793 နှင့် RM122 Marker များမှလွဲ၍ ကျန် Marker များ သည် PIC တန်ဖိုး ၀.၅ အထက် တွင်ရှိသော ကြောင့် စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇလက္ခဏာဖွဲ့စည်းမှု လေ့လာခြင်းတွင် ကောင်းစွာအသုံးပြု နိုင်သည့် Marker များဖြစ်သည်ဟု သုံးသပ်နိုင်ပါသည်။ အဆိုပါ SSR Marker များဖြင့် ရှာဖွေ ဖော်ထုတ်ခဲ့သည့် မျိုးဗီဇလက္ခဏာဖွဲ့စည်းမှုအပေါ်အခြေခံပြီး စမ်းသပ်စပါးမျိုးများကို အုပ်စု (၄) စု ခွဲခြားနိုင်ခဲ့ပါသည်။ စမ်းသပ်စပါးမျိုးများအကြား တစ်မျိုးနှင့်တစ်မျိုး မျိုးဗီဇနီးစပ်မှုကို လေ့လာ ကြည့်သောအခါ အုပ်စုတစ်ခုအတွင်းတွင် ကျရောက်နေသော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇများ နီးစပ်မှုရှိနေသည်ကိုလေ့လာနိုင်ခြင်းကြောင့် SSR markers များကိုအသုံးပြုပြီး စမ်းသပ်စပါးမျိုး များ၏ မျိုးဗီဇများကို ခွဲခြမ်းစိတ် ဖြာလေ့လာနိုင်သည်ဟု သုံးသပ်နိုင်ပါသည်။ ထို့အပြင် ရရှိလာသော ရလဒ်များသည် Phenotype ကိုအခြေခံ၍ စမ်းသပ် စပါးမျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှု ကိုလေ့လာခြင်း သုတေသနရလဒ်များနှင့် ကိုက်ညီမှုရှိ သည်ကိုလည်း တွေ့ရှိရပါသည်။

Salt-responsive genes များ၏တုံ့ပြန်မှုကို qRT-PCR နှင့် RT-PCR နည်းပညာများဖြင့် လေ့လာခြင်းသုတေသနတွင် ဆား Treatment မပေးလျှင် Salt-responsive genes များ၏ တုံ့ပြန်မှု သည် စမ်းသပ်စပါးမျိုးများအားလုံးတွင် ထူးခြားစွာကွာခြားမှုမရှိသော်လည်း ဆား Treatment ပေးလိုက်သောအခါ စမ်းသပ်စပါးမျိုးအုပ်စုအလိုက် Salt-responsive genes များ ၏တုံ့ပြန်မှုသည် ကွဲပြားခြားနားကြပါသည်။ Salt-responsive genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုအနည်း အများကိုလေ့လာ ကြည့်လျှင်လည်း အဆိုပါ Genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုသည် ဆား Treatment ပေးပြီးသည့်နောက်တွင် သိသာထင်ရှားစွာမြင့်မားသည်ကိုတွေ့ရပါသည်။ ဤအချက်အလက်များကိုကြည့်ခြင်းအားဖြင့် အဆိုပါ Genes များသည် စစ်မှန်သော Salt-responsive genes များဖြစ်သည်ဆိုသည့်အချက်ကို ဖော်ပြနေပါသည်။

Salt-responsive gene ဆိုသည်မှာ Na^+ ကိုသယ်ဆောင်သော Gene များဖြစ်ကြ၍၊ Salt-responsive genes များတွင် အချို့ Genes များသည် စပါးပင်၏ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို တိုးတက်ကောင်းမွန်စေသော Gene များ (Positively regulated genes, i.e., OsNHX1, OsSOS1, OsSOS2, OsSOS3, OsSalT, OsSKC1 and OsSalT-Indica) ဖြစ်ကြပြီး၊ အချို့ Gene များသည် စပါးပင်၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို လျော့နည်းကျဆင်းစေသော Genes များ (Negatively

regulated genes, i.e., OsBASS5 and OsNSCC1) ဖြစ်ကြသည်။ Positively regulated genes များသည် စပါးပင်၏ ဆားဝင်ရောက်မှုကို တွန်းလှန်သောစနစ် (Defense mechanism) တွင်ပါဝင်ကြသည်။ ဥပမာ– SOS genes များသည် စပါးပင်၏ SOS path way defense mechanism တွင်ပါဝင်ပြီး၊ Na^+ များကို စပါးပင်၏အမြစ်ဆဲလ်များထဲမှ အမြစ်ဖုံရှိမြေကြီးထဲသို့ တွန်းပို့ကြသည်။ Negatively regulated genes များသည် Na^+ များ ကို စပါးပင်၏ အမြစ်ဆဲလ်များ ထဲသို့ သယ်ဝင်ကြသောကြောင့် ဆဲလ်များအတွင်း၌ Na^+ များစုပုံလာပြီး ဆဲလ်များပျက်စီးကာ နောက်ဆုံးတွင် စပါးပင်များသေဆုံးသည်အထိ ဖြစ်စေသည်။ ဥပမာ– BASS5 သည် Na^+ များကို စပါးပင်၏ အစာချက်လုပ်သောအစိတ်အပိုင်း (Chloroplasts) ထဲသို့သယ်ဆောင်သောကြောင့် Chloroplasts များပျက်စီးပြီး ၎င်း၏လုပ်ငန်းဆောင်တာများကို မလုပ်ဆောင်နိုင်တော့ပေ။ ထို့ကြောင့် ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံနိုင်ရည်ရှိသော အုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများတွင် Positively regulated genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုမြင့်မားခြင်းသည် စပါးပင်၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင် ရည်ရှိမှုကို တိုးတက်ကောင်းမွန်စေသောကြောင့် ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံနိုင်ရည်ရှိရခြင်းဖြစ်ပါသည်။ အခြားတဘက်တွင် ဆားငန်ဒဏ်ကိုခံ နိုင်ရည်မရှိသော အုပ်စုတွင်ပါဝင်သော စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ တွင် Negatively regulated genes များ၏ တုံ့ပြန်မှုမြင့်မားခြင်းသည် စပါးပင်၏ ဆားငန် ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို လျှော့နည်းကျဆင်းစေသောကြောင့် ဆားငန်ဒဏ်ကိုမခံနိုင်ရခြင်းဖြစ်ပါသည်။

နိဂုံးချုပ်အနေဖြင့် ဤသုတေသနတွင် Phenotype ကိုအခြေခံသည့် မျက်မြင်အားဖြင့် စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုကို စစ်ဆေးခြင်း၊ ထိုမှ SSR markers များ ဖြင့် စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ မျိုးဗီဇပုံစံကွဲပြားခြားနားမှုများကိုလေ့လာခြင်း၊ ၎င်းနောက် qRT–PCR နှင့် RT–PCR နည်းပညာများဖြင့် စမ်းသပ်စပါးမျိုးများ၏ ဆားငန်ဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိမှုမတူ ညီရခြင်းကို ဖြစ်စေသော Salt–responsive genes များ၏တုံ့ပြန်မှုများကိုလေ့လာခြင်း၊ အစရှိသည်ဖြင့် ယေဘူယျ ဆန်ဆန်လေ့လာခြင်းမှ အသေးစိတ်ထဲထဲဝင်ဝင်လေ့လာခြင်းအထိ ဆောင်ရွက်ခဲ့သော သုတေသနဖြစ်ပါသည်။ သုတေသနရလဒ်များမှာလည်း တစ်ခုနှင့်တစ်ခုအချိတ်အဆက်ရှိပြီး၊ လိုက်လျောညီထွေမှုရှိသည်ကိုတွေ့ရပါသည်။ ရည်ရွယ်ချက်တွင် ဖော်ပြထားသကဲ့သို့ Salt–responsive genes များ၏တုံ့ပြန်မှုကို qRT–PCR နှင့် RT–PCR နည်းပညာများဖြင့် လေ့လာနိုင်ခဲ့ခြင်းကြောင့် ၎င်းနည်းပညာများသည် စပါးမျိုးသစ်များ မွေးမြူထုတ်လုပ် ခြင်းလုပ်ငန်းကို အထောက်အကူပြုသည့် နည်းပညာအဖြစ် အသုံးပြုနိုင်သည်ဟု သက်သေပြ

နိုင်ခဲ့သည့်အပြင် စိုက်ပျိုးရေး သုတေသနဦးစီးဌာနတွင် အဆင့်မြင့် RNA နည်းပညာများ ဖွံ့ဖြိုးလာစေရန်အတွက်လည်း အထောက်အကူပြုပါသည်။

(၂၃) ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိသောခရမ်းချဉ်မျိုးများနှင့်အရည်အသွေးကောင်းခရမ်းချဉ်မျိုးများကိုပတ်လည်မျိုးကူးစပ်ခြင်းဖြင့်စပ်မျိုးခရမ်းချဉ်မျိုးများ၏ပေါင်းစပ်စွမ်းရည်ကိုလေ့လာခြင်း P5/SP1/HS/AFACI/Pj–001

နိဒါန်း

ခရမ်းချဉ်သီးနှံသည် မြန်မာနိုင်ငံတွင်သာမက ကမ္ဘာ့နိုင်ငံအများစုတွင် ကျယ်ကျယ် ပြန့်ပြန့် စိုက်ပျိုးသော ဟင်းသီးဟင်းရွက်တစ်မျိုးဖြစ်ပါသည်။ ခရမ်းချဉ်တွင် ကျန်းမာရေးအတွက် အရေးပါသည့် ဗီတာမင် A၊ C နှင့်အတူ တခြားသတ္တုဓာတ်များလည်း ပါဝင်သောကြောင့် စားသုံးသူများ ကြိုက်နှစ်သက်သည့် သီးနှံ ဖြစ်ပါသည်။

မြန်မာနိုင်ငံတွင် ခရမ်းချဉ်စိုက်ပျိုးသည့် ဧရိယာ မှာ ၂၀၂၀ ခုနှစ်တွင် ၉၉၅၀၃ ဟက်တာ စိုက်ပျိုးခဲ့၍ တစ်ဟက်တာ အထွက်နှုန်းမှာ ၁၀.၇၉ မက်ထရစ်တန် ထုတ်လုပ် နိုင်ခဲ့ပါသည်။ မြန်မာနိုင်ငံတွင် မြေပြန့်ဒေသ၊ ကုန်းမြေမြင့်ဒေသ စသည့် ပထဝီအနေ အထားအရ သက်ဆိုင်ရာ ဒေသအသီးသီးအတွက် ဒေသအလိုက် အထွက်နှုန်း အကောင်းဆုံး ရရှိနိုင်ပြီး ရောဂါနှင့် ပိုးမွှားဒဏ် ခံနိုင်ရည်ရှိမည့် ခရမ်းချဉ်မျိုးများကို ရှာဖွေဖော်ထုတ်နိုင်မည့် သုတေသန လိုအပ်နေပါသည်။ ထို့ကြောင့် မြန်မာနိုင်ငံ အလယ်ပိုင်း ရေဆင်းဒေသ၊ ပဲခူးတိုင်းဒေသကြီး အနောက်ခြမ်း သဲကုန်းဒေသ နှင့် ရှမ်းပြည်နယ်တောင်ပိုင်း ရွှေညောင်မြို့နယ် တို့တွင် အလားအလာကောင်းသည့် ခရမ်းချဉ်မျိုးများကို မျိုးယှဉ်ပြိုင် စမ်းသပ်ခြင်းဖြင့် အပူပိုင်းမြေပြန့်ဒေသ၊ အအေးပိုင်း ကုန်းမြင့်ဒေသတို့တွင် ဖြစ်ထွန်းနိုင်မည့် ခရမ်းချဉ် မျိုးသစ်များကို ရှာဖွေ ဖော်ထုတ် နိုင်ပါမည်။

မော်လီကျူလာအထောက်အပံ့ဖြင့်ရွေးချယ်ခြင်းသည် မျိုးစပ်မွေးမြူခြင်းကို အချိန်တို အတွင်းတိုးတက်စေပါသည်။ မော်လီကျူလာမာကာများကိုအသုံးပြုခြင်းအားဖြင့် လိုလား အပ်သော လက္ခဏာကို ထိရောက်စွာ ရရှိနိုင်ပါသည်။ မျိုးစပ်မွေးမြူခြင်းလုပ်ငန်းတွင် ရောဂါခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇ ပါဝင်မှုကို မော်လီကျူလာ နည်းပညာကိုအသုံးပြု၍ သီးနှံများတွင် များစွာအသုံးပြုလျက်ရှိပါသည်။

ထို့ကြောင့် မော်လီကျူလာနည်းပညာသည် မျိုးစပ် မွေးမြူရေး ရွေးချယ်မှုအတွက် မရှိမဖြစ် လိုအပ်လာပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

ခရမ်းချဉ် အဝါရောင်ရွက်တွန့်ဗိုင်းရပ်စ်(TYLCV)ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇ ပါဝင်သော မျိုးများကို Molecular Marker များအသုံးပြု၍ ဗီဇပါဝင်မှု ရှိမရှိခွဲခြားပေးရန်ဖြစ်ပါသည်။

ဆောင်ရွက်ချက်

အဝါရောင်ရွက်တွန့်ဗိုင်းရပ်စ် (TYLCV)ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိ ဗီဇပါဝင်မှုကို သိရှိရန် အတွက် ဟင်းသီးဟင်းရွက်သုတေသနဌာနစုမှ ခရမ်းချဉ်မျိုး (၅၀)၏ လိုင်းပေါင်း ၁၇၁ မျိုး ကို ခံနိုင်ရည်ရှိ စံထားမျိုးများနှင့် နှိုင်းယှဉ်၍ လေ့လာဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

ဗီဇပါဝင်မှုကိုသိရှိနိုင်ရန် ခရမ်းချဉ်အရွက်များကို CTAB method အသုံးပြု၍ DNA ထုတ်ယူခဲ့ပါသည်။ ရရှိလာသော DNAကို Nanodrop machine ဖြင့် အရည်အသွေး စစ်ဆေးပြီး၊ DNA dilution ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။ ပါဝင်မှုကို သိရှိနိုင်စေရန်အတွက် DNA Marker များဖြစ်သည့် Ty1/Ty3 ဗီဇအတွက် M2 marker နှင့် Ty2 ဗီဇအတွက် T0302 marker များကို အသုံးပြု၍ Polymerase Chain Reaction (PCR) ပြုလုပ်ခဲ့ပါသည်။

ဗီဇများပါဝင်မှုကွဲပြားခြား နားမှုကို Agarose Gel Electrophoresis တွင်ပြုလုပ်ပြီး DNA Band pattern များ၏ ခွဲခြားနိုင်မှုကို မျက်စိဖြင့်မြင်နိုင်စေရန် Ethidium Bromide ဆေးစိုး၍ UV light အောက်တွင် Gel Documentation ပြုလုပ်၍ Band pattern အလိုက် score ပေး သတ်မှတ်ခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

ပတ်လည်မျိုးကူးစပ်ခြင်းမှရရှိလာသော စပ်မျိုးခရမ်းချဉ်မျိုးများတွင် အဝါရောင်ရွက်တွန့် ဗိုင်းရပ်စ် ရောဂါဒဏ်ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇပါဝင်မှုကို အကဲဖြတ်လေ့လာရန် မျိုးလိုင်း ၁၇၁လိုင်း ကို ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇပါဝင်သော စံထားမျိုး (AVTO1409 နှင့် AVTO1829)၂ မျိုးဖြင့် နှိုင်းယှဉ်၍ ခရမ်းချဉ်ရောဂါခွဲခြားပေးနိုင် သော Marker (M2, T0302) ၂မျိုးကိုအသုံးပြု၍ လေ့လာခဲ့ပါသည်။ စပ်မျိုးခရမ်းချဉ် ၁၇၁ လိုင်း တွင် အသုံးပြု Marker ၂ခု လုံး၌ ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇပါဝင်မှုကိုဖော်ပြနိုင်သော

လိုင်း ၁၇ လိုင်းသာ တွေ့ရှိရပါသည်။ Ty1/Ty3 ဗီဇပါဝင်မှုကိုဖော်ပြပေးနိုင်သော Marker M2 တွင် ၁၇၁လိုင်းတွင် ၃၄လိုင်း ကိုတွေ့ရှိရပါသည်။Ty2 ဗီဇကိုဖော်ပြပေးနိုင်သော Marker T0302 တွင် ခရမ်းချဉ်စပ်မျိုးလိုင်းများတွင် ၂၀ လိုင်း နှင့် Heterozygous ပါသောလိုင်း ၂ လိုင်းတို့ကို တွေ့ရှိရပါသည်။ စပ်မျိုးခရမ်းချဉ် ၁၇၁ လိုင်းတွင် Marker ၂၃ လုံး၌ ခံနိုင်ရည်ရှိဗီဇပါဝင်မှုမရှိသော လိုင်း ၁၃၃ လိုင်းကိုလည်းတွေ့ရှိခဲ့ရပါသည်။ ခရမ်းချဉ်မျိုးများ ၏ ဗီဇပါဝင်မှု အခြေအနေများကို ဇယား ၁၊ ပုံ ၁ နှင့်ပုံ ၂တို့တွင်ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား (၁) စပ်မျိုးခရမ်းချဉ်မျိုးများနှင့် စံထားမျိုးတို့တွင် ဗီဇပါဝင်မှု

DNA No.	Variety No.	Variety Name	M2	T0302
			Ty1/Ty3	Ty2
		AVTO1409	–	–
		AVTO1829	+	+
1	1	AVTO1003 R	+	+
2	2	AVTO1008 R	+	+
3	3	AVTO1219 R	+	+
4			+	+
5	4	AVTO1288	+	–
6			+	–
7	5	AVTO1306	+	–
8			+	–
9			+	–
10			+	–
11			+	–
12	6	AVTO1314 S	–	–
13	7	AVTO1315	+	+
14	8	AVTO1409 S	–	–
15			–	–
16			–	–
17			–	–
18	9	AVTO1424	+	+
19	10	AVTO1429	+	+
20			+	+
21	11	AVTO1464	+	+
22	12	AVTO1702	–	–
23			–	–

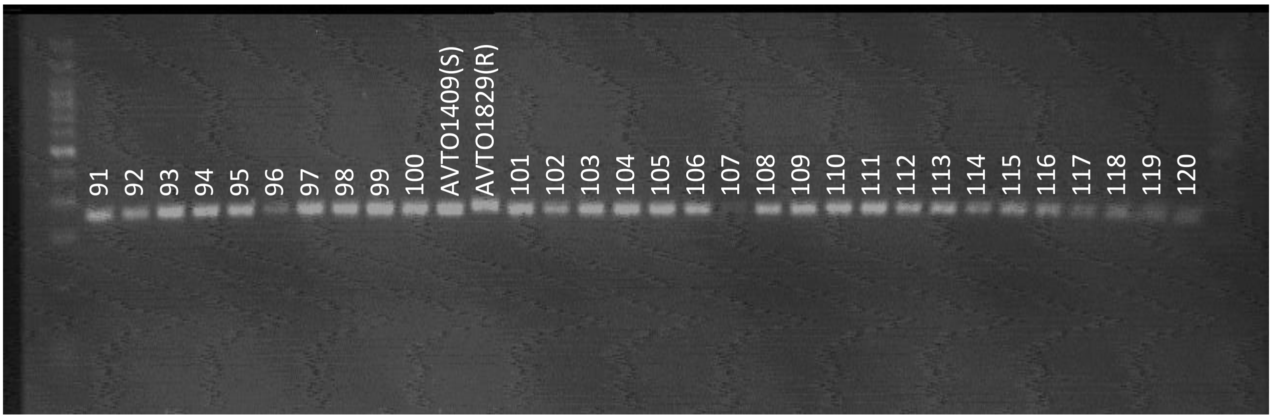
24	14	AVTO1706	+	+
25			+	+
26			+	+
27			+	+
28	15	AVTO1711	–	–
29			–	–
30			–	–
31	16	AVTO1720	+	–
32			+	–
33			+	–
34			–	–
35			+	–
36	17	AVTO1828 R	+	+
37	18	AVTO1829 R	+	+
38			+	+
39	19	AVTO1912 R	–	–
40			+	+
41	20	AVTO1919	+	–
42	21	AVTO1920 R	+	–
43			+	–
44			+	–
45			+	–
46	22	MMG1	–	–
47			–	–
48			–	–
49			–	–
50			–	–
51	23	MMG4	–	–
52			–	–
53	24	MMG6	–	–
54			–	–
55			–	–
56			–	–
57	25	MMG10	–	–
58			–	–
59			–	–
60			–	–
61			–	–

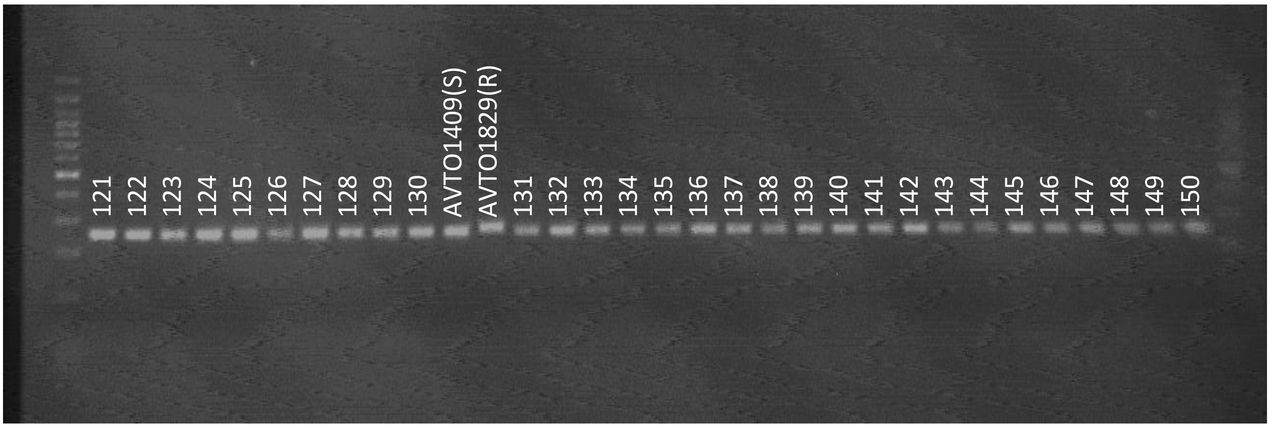
62	26	MMG15	–	–
63			–	–
64			–	–
65			–	–
66	27	MMG16	–	–
67			–	–
68			–	–
69			–	–
70			–	–
71	28	MMG17	–	–
72	29	MMG20	–	–
73			–	–
74			–	–
75			–	–
76	30	MMG21	–	–
77			–	–
78			–	–
79			–	–
80	31	MMG23	–	–
81			–	–
82			–	–
83			–	–
84			–	–
85	32	MMG24	–	–
86			–	–
87			–	–
88			+	+
89	33	MMD31	–	–
90			–	–
91			–	–
92			–	–
93			–	–
94	34	MMD32	–	–
95			–	–
96			–	–
97			–	–
98			–	–
99	35	MMD33	–	–

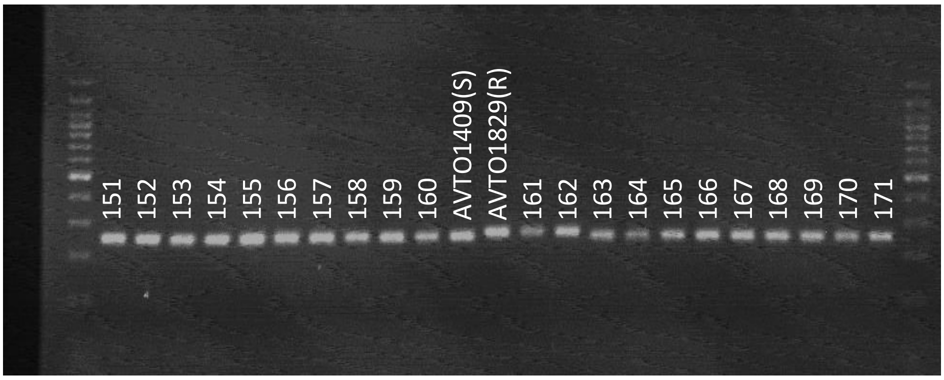
100			–	–
101			–	–
102			–	–
103			–	–
104	36	MMD34	–	–
105			–	–
106			–	–
107			–	–
108			–	–
109	37	MMD35	–	–
110			–	–
111			–	–
112			–	–
113			–	–
114	38	MMD36	–	–
115			–	–
116			–	–
117			–	–
118			–	–
119	39	MMD38	–	–
120			–	–
121			–	–
122			–	–
123			–	–
124	40	MMD42	–	–
125			–	–
126			–	–
127			–	–
128	41	MSG44	–	–
129			–	–
130			–	–
131			–	–
132			–	–
133	42	MSG45	–	–
134			–	–
135			–	–
136			–	–
137			–	–

138	43	MSG46	–	–
139			–	–
140			–	–
141			–	–
142			–	–
143	44	MSG49	–	–
144			–	–
145			–	–
146			–	–
147			–	–
148	45	MCH43	–	–
149			–	–
150			–	–
151			–	–
152			–	–
153	46	Pyinma Yo	–	–
154			–	–
155			–	+
156			–	+
157			–	–
158	47	Sin Tomato 2	–	–
159			–	–
160			–	–
161	48	Sin Tomato 5	+	H
162			+	H
163	49	Platinum 701 F1	–	–
164			–	–
165			–	–
166			–	–
167			–	–
168	50	Lora 909 F1	–	–
169			–	–
170			–	–
171			–	–

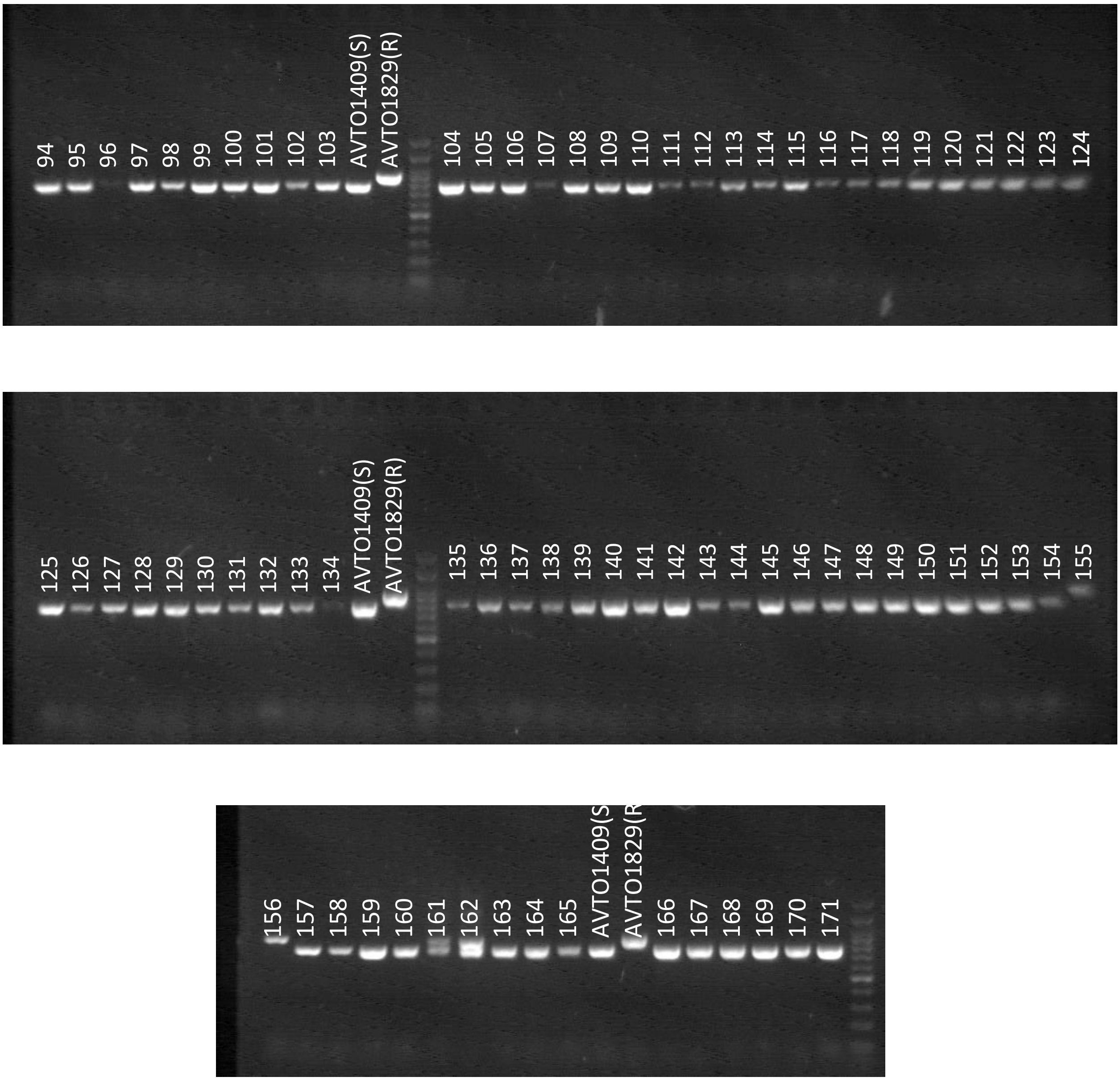
– Susceptible + Resistant H Heterozygous







ပုံ (၁) M2 Marker ပေါ်ရှိ စပ်မျိုးခရမ်းချဉ်မျိုးများနှင့် စံထားမျိုးတို့၏ DNA band pattern များ



ပုံ (၂) T0302 Marker ပေါ်ရှိ စပ်မျိုးခရမ်းချဉ်မျိုးများနှင့် စံထားမျိုးတို့၏ DNA band pattern များ

သုံးသပ်အကြံပြုချက်

စပ်မျိုးခရမ်းချဉ်မျိုးများတွင် အဝါရောင်ရွက်တွန့်ဗိုင်းရပ်စ်ရောဂါဒဏ်ခံဗီဇပါဝင်မှုကို Marker များအသုံးပြု၍လေ့လာရာတွင် တွေ့ရှိချက်များအရ ဗီဇပါဝင်သောလိုင်းများနှင့် ဗီဇမပါဝင်သော လိုင်းများလည်းတွေ့ရှိရသဖြင့် Phenotypic လက္ခဏာတွေ့ရှိချက်များနှင့် ချိတ်ဆက်၍ မွေးမြူရွေးချယ်သင့်ပါသည်။

(၂၄) Heterotic grouping ပြုလုပ်၍ ပြောင်းမျိုးလိုင်းများ၏ ဗီဇကွဲပြားမှုကို လေ့လာခြင်း

Program V. Plant Genetic and Natural Resources Conservation

P5/MCS/Mz/Pj 001

နိဒါန်း

အထွက်နှင့်အရည်အသွေးကောင်းစပ်မျိုးပြောင်းမျိုးသစ်များမွေးမြူထုတ်လုပ်ခြင်းသုတေသနပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ရာတွင် စပ်မျိုးစွမ်းရည် (Heterosis)သည် အလွန်အရေးကြီး၍ အခြေခံကျသော ပညာရပ်ဖြစ်ပါသည်။ အပင်မျိုးမွေးမြူသူများသည် သီးနှံအထွက်နှင့် အထွက်မိတ်ဘက်လက္ခဏာရပ်များ၊ အထွက်နှုန်းအပေါ်Positive Correlation နှင့် Negative Correlation တုန့်ပြန်ချက်၊ ပြောင်းလဲလာသော ရာသီဥတုနှင့် လိုက်လျောညီထွေမှုရှိခြင်း (Climate Adaptation)၊ ပြောင်းစိုက်ပျိုးထုတ်လုပ်သူများ၏ ကြိုက်နှစ်သက်သောလက္ခဏာရပ်များ(Farmer's Preferences)၊ အကျိုးတူပူးပေါင်းဆောင်ရွက်နေသူများ၏ ကြိုက်နှစ်သက်သော လက္ခဏာရပ် များ(Partnership's Preferences) နှင့် ဈေးကွက်ဝင် အရည်အသွေးများ ရရှိစေရန် အခြေပြု၍စပ်မျိုးစွမ်းရည် (Heterosis) ၏Positive Heterosisနှင့် Negative Heterosisဆိုင်ရာပညာရပ်နှစ်မျိုးအား စနစ်တကျကိုင်တွယ်မျိုးကူးစပ်ခြင်းဖြင့်အထွက်နှင့်အရည်အသွေးကောင်းစပ်မျိုးပြောင်းမျိုးသစ်များ မွေးမြူထုတ်လုပ်လျှက်ရှိပါသည်။

စပ်မျိုးစွမ်းရည် (Heterosis) အမြင့်မားဆုံးရရှိစေရန်အတွက် ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်လိုင်းများ၏ မျိုးရိုးဗီဇ လက္ခဏာရပ်များ နှင့် အရည်အသွေးများ အပေါ်အခြေပြု၍ အုပ်စုခွဲခြားခြင်း (Heterotic Grouping) ပြုလုပ်ပေး၍ မျိုးလိုင်းများ၏ ပေါင်းစပ်စွမ်းရည် (Combining Ability) စမ်းသပ်မျိုးထုတ်လုပ်ရန် အလွန်အရေးကြီးပါသည်။ ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်လိုင်းများအား (Heterotic Grouping) ပြုလုပ်မည်ဆိုပါက (၁) မျိုးလိုင်းများ၏ ထူးခြားချက်များ (Characterization Based on Phenotype) မှတ်တမ်းကောက်ယူ၍ Heterotic Grouping ပြုလုပ်ခြင်း၊ (၂) အနည်းဆုံး Tester ၂လိုင်းအားအသုံးပြု၍ ရရှိလာသော အစမ်းစပ်စပ်မျိုးတွဲများ(Top Cross Hybrids) ကို အကဲဖြတ်လေ့လာ၍ Heterotic Grouping ပြုလုပ်ခြင်း နှင့် (၃) SSR Markerများဖြင့်Genotyping ပြုလုပ်၍ Heterotic Grouping ပြုလုပ်ခြင်းဟူ၍ သုတေသနလုပ်ငန်းစဉ် သုံးရပ်အား အခြေခံ၍အထွက်နှင့် အရည်အသွေးကောင်း စပ်မျိုးပြောင်းမျိုးသစ်များ ထုတ်လုပ်နိုင်ပါသည်။ အထက်ဖော်ပြပါ Heterotic Grouping ပြုလုပ်ခြင်း လုပ်ငန်းစဉ်သုံးရပ်

အနက် လုပ်ငန်းစဉ်(၁) နှင့် (၂) ကို အခြားနှံစားသီးနှံသုတေသနဌာနစုတွင် သုတေသနပြုလုပ်ဆောင်ရွက်လျှက်ရှိပြီး လုပ်ငန်းစဉ် (၃)ကို ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုတွင် သုတေသနပြုလုပ်ဆောင်ရွက်လျှက်ရှိပါသည်။SSR Marker များဖြင့် Genotyping ပြုလုပ်၍ Heterotic Grouping ပြုလုပ်ခြင်းသည် ကာလရှည်သုတေသနအမျိုးအစားဖြစ်ပြီး နှစ်စဉ် မျိုးကူးစပ်၍ရရှိလာသော ဗီဇတည်ငြိမ်မျိုးသန့်လိုင်းများ၏ ဗီဇအချက်အလက်များကွဲပြားမှုအား အသေးစိတ် လေ့လာနိုင်မည်ဖြစ်ပြီးအထွက်နှင့် အရည်အသွေးကောင်း စပ်မျိုးပြောင်း မွေးမြူ ထုတ်လုပ်ရေး သုတေသနလုပ်ငန်းများ အောင်မြင်စွာ အကောင်အထည် ဖော်ဆောင် ရွက်နိုင်မည်ဖြစ်ပါသည်။

ရည်ရွယ်ချက်

ဗီဇတည်ငြိမ်မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများ၏ ဗီဇအချက်အလက်များကွဲပြားမှုကို အသေးစိတ်လေ့လာကာ(Heterotic Grouping)ပြုလုပ်၍မျိုးကူးစပ်ခြင်းဖြင့်အထွက်နှင့် အရည်အသွေးကောင်း စပ်မျိုးပြောင်း မျိုးသစ်များ မွေးမြူထုတ်လုပ်နိုင်ရန်။

ဆောင်ရွက်မည့်ကာလ -၂၀၂၀-၂၁မှ၂၀၂၄-၂၅ခုနှစ်ထိ

ဆောင်ရွက်ချက်

(က)ယခုဆောင်ရွက်သည့်ခုနှစ်၊ရာသီ -၂၀၂၁-၂၂ခုနှစ်၊တစ်နှစ်ပတ်လုံး

(ခ)တာဝန်ယူသည့်ဝန်ထမ်း -ဒေါ်နီလာကျော်၊ ဒေါ်အေးအေးနိုင်၊ဦးနေအောင်

အခြားနှံစားသီးနှံဌာနစုနှင့် တပ်ကုန်းစိုက်ပျိုးရေးသုတေသနခြံတို့မှ မျိုးကူးစပ်၍ ရရှိလာသော ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်း(၉၆)လိုင်းအား C7, B73 နှင့် အခြား Referent lines ၁၂ လိုင်းတို့နှင့် နှိုင်းယှဉ်ကာ SSR Marker များအသုံးပြု၍ HeteroticGrouping ပြုလုပ်ခြင်းသုတေသနကို ၂၀၂၀ခုနှစ်အောင်တိုဘာလမှ ၂၀၂၁ ခုနှစ် စက်တင်ဘာလထိတစ်နှစ်ပတ်လုံး ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများကို ဇယား (၁) ဖြင့် အသေးစိတ်ဖော်ပြထားပါသည်။ DNA ထုတ်ယူပြီး ပြောင်းသီးနှံ၏ Chromosomes ၁၀ခု ကိုယ်စားပြု ရွေးချယ်ထားသည့်Polymorphic SSR markerများအားအသုံးပြု၍ သုတေသနပြုလုပ်ခဲ့ခြင်းဖြစ်ပါသည်။

ဇယား (၁)ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများအားဖော်ပြချက်

Sr. No.	DNA Code	Inbred Code	Sr. No.	DNA Code	Inbred Code	Sr. No.	DNA Code	Inbred Code
1	1	YZSI22-001	**22**	22	YZSI22-18	**43**	43	YZSI-22-35
2	2	YZSI22-002	**23**	23	YZSI22-19	**44**	44	YZSI-22-36
3	3	YZSI22-003	**24**	24	YZSI22-20	**45**	45	YZSI-22-37
4	4	YZSI22-004	**25**	25	YZSI22-21	**46**	46	YZSI-22-38
5	5	YZSI22-005	**26**	26	YZSI22-22	**47**	47	YZSI-22-39
6	6	YZSI22-006	**27**	27	YZSI22-23	**48**	48	YZSI-22-40
7	7	YZSI22-007	**28**	28	YZSI22-24	**49**	49	YZSI-22-41
8	8	YZSI22-008	**29**	29	YZSI22-25	**50**	50	YZSI-22-42
9	9	YZSI22-009	**30**	30	YZSI22-26	**51**	51	YZSI-22-43
10	10	YZSI22-010	**31**	31	YZSI22-27	**52**	52	YZSI-22-44
11	11	M31	**32**	32	YZSI22-28	**53**	53	YZSI-22-45
12	12	YZSI14-033	**33**	33	YZSI22-29	**54**	54	YZSI-22-46
13	13	YI19	**34**	34	YZSI22-30	**55**	55	YZSI-22-47
14	14	YSCI16-033	**35**	35	YZCI16-037	**56**	56	YZSI-22-48
15	15	YZSI22-11	**36**	36	Y16	**57**	57	YZSI-22-49
16	16	YZSI22-12	**37**	37	KICF-12-017	**58**	58	YZSI-22-50
17	17	YZSI22-13	**38**	38	M66	**59**	59	M22
18	18	YZSI22-14	**39**	39	YZSI-22-31	**60**	60	M33
19	19	YZSI22-15	**40**	40	YZSI-22-32	**61**	61	B73
20	20	YZSI22-16	**41**	41	YZSI-22-33	**62**	62	C7
21	21	YZSI22-17	**42**	42	YZSI-22-34	63	63	YZSI-22-51
64	64	L20	**76**	76	YZSI.21.010	88	88	YZSI.21.022
65	65	L14	**77**	77	YZSI.21.011	89	89	YZSI.21.023
66	66	L24	**78**	78	YZSI.21.012	90	90	YZSI.21.024
67	67	YZSI.21.001	**79**	79	YZSI.21.013	91	91	YZSI.21.025
68	68	YZSI.21.002	**80**	80	YZSI.21.014	92	92	YZSI.21.026
69	69	YZSI.21.003	**81**	81	YZSI.21.015	93	93	YZSI.21.027
70	70	YZSI.21.004	**82**	82	YZSI.21.0016	94	94	YZSI.21.028
71	71	YZSI.21.005	**83**	83	YZSI.21.0017	95	95	YZSI.21.029
72	72	YZSI.21.006	**84**	84	YZSI.21.0018	96	96	YZSI.21.030
73	73	YZSI.21.007	**85**	85	YZSI.21.0019			
74	74	YZSI.21.008	**86**	86	YZSI.21.020			
75	75	YZSI.21.009	**87**	87	YZSI.21.021			

YZSI= Yezin Inbred Developed by Standard Method, YZCI= Yezin Inbred Developed by Composite Line Selection Method

ဆောင်ရွက်ပုံနည်းလမ်းအဆင့်ဆင့်

Genotypingဆောင်ရွက်ခြင်း

(က) DNA ထုတ်ယူခြင်းDNA အရည်အသွေးနှင့်ပမာဏကိုစစ်ဆေးခြင်း

ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်း (**၉၆**)လိုင်း၊**C7,** B73 နှင့် အခြား Reference lines ၁၀ လိုင်းတို့မှ အရွက်နမူနာများကို CTAB Method ဖြင့် buffer များအသုံးပြုကာ အဆင့်ဆင့် ကြိတ်ချေအနယ်ချပြီး DNAရရှိလာအောင်ထုတ်ယူခဲ့ပါသည်။ ရရှိလာသောDNA၏ အရည်အသွေးသန့်စင်မှုနှင့်ပါဝင်သောပမာဏကိုသိရှိစေရန် NanoDrop Machine အားအသုံးပြု၍ တိုင်းတာစစ်ဆေးခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းအားလုံး၏ DNA Concentration ကိုတူညီစေရန်အတွက် 50ng/μl ရရှိစေရန်တွက်ချက်ကာ DNA dilution ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

(ခ) SSR Markers များအသုံးပြုပြီး Polymerase Chain Reaction (PCR)ပြုလုပ်ခြင်း

ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းအားHeterotic Grouping ပြုလုပ်ရန် အသုံးပြုနိုင်သည့်Polymorphic SSR Marker (၂၀)မျိုးကိုအသုံးပြု၍ Polymerase Chain Reaction (PCR)၊ ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။Heterotic Grouping ပြုလုပ်ရန် အသုံးပြုခဲ့သည့် Polymorphic SSR Marker(၂၀) မျိုးအားဇယား(၂) ဖြင့် အသေးစိတ်ဖော်ပြထားပါသည်။

ဇယား (၂) Heterotic Grouping ပြုလုပ်ရန် အသုံးပြုသောPolymorphic SSR Markerများကို အသေးစိတ်ဖော်ပြချက်။

Sr. No.	Marker	Forward Sequence	Reverse Sequence	Chr. No.
1	bnlg1614	CCAACCCACCCAGAGGAGA	AGCGGGCGAGATCTTCAT	1
2	bnlg1297	TCTCGATCGCTCCGATCTAT	GACTCAACTCCAAAAGGCGA	2
3	umc2372	ACCCCTTGCGTTCTCTTCTGTT	CACCAGGCGTAGTGAGACAGC	2
4	umc0271	CGTAATGCGTAGCAACATAG	CAACATCCTTTCCACCG	2
5	bnlg1160	AATACTGGACCACCAGGCAC	CGTGGGTCACCAGGAGTC	3
6	umc1501	CCACATTTGGCTGAATTTGTTGTA	CTTGTTGGCTAGAAATTTGCCTTG	3
7	bnlg1940	CCTTTTGTTTCAGGCCGTTA	CAGCAGCCTGATGATGAACA	4
8	umc1101	GCTGAAAAACGGAGTTCATATGGT	AAGCTTATCCACCTCGAGGAAAAC	4
9	umc1847	GCCCAAGGTAGATTTTTACTCTCCA	AAGTCGTAGAGCTCGTCGTGATG	4
10	umc2061	GTCTGGAGAACTCCCTACCCATTC	TAGCTTGAGAGACCGGAACAGC	4

11	phi331888	TTGCGCAAGTTTGTAGCTG	ACTGAACCGCATGCCAAC	5
12	umc1350	GACAGAAGAGGATCAGCCGAAAT	GAGATCTACGGGAAGCCCACTT	6
13	umc1671	AGCGGAGGAGAGGGAGGTTAT	AAGTCCAGGTACCTCAGCTTCG	7
14	bnlg1812	CGAGAAGACTTGCGTGAACA	TTACGTGCGTCGTCAGAATC	8
15	bnlg1065	TGATGCTCGTTGCTTACCTG	TTGCCTCTCGTCTTCCAACT	8
16	umc1157	AACTCGCTATCGAAAAACCACAAG	TCGGATTTTAGCTGAGCTTGTACC	8
17	bnlg 2190	TCCTCCTTCATCCCCTTCTT	CCCAGTATCATTGCCCAATC	10
18	bnlg1028	AGGAAACGAACACAGCAGCT	TGCATAGACAAAACCGACGT	10
19	umc1432	GGCCATGATACAGCAAGAAATGAT	TACTAGATGATGACTGACCCAGCG	10
20	bnlg1083	ACAGTCTGTTGGGGAACAGG	CAACGCTGGTTTGTCGTTTA	1

PCRပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ရာတွင်ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများ၏ sample အသီးသီးမှ DNA 50 ng/µl, 10xPCR buffer with $MgCl_2$, dNTPS, DNA Markersများ၏ Forward and Reverse Primers, Taq Polymerase နှင့် ddH_2O တို့ကိုလိုအပ်သော ပမာဏများ အသီးသီးထည့်သွင်းဖျော်စပ်ပြီး Polymerase Chain Reaction 35–40cycles ထိရောက်ရှိအောင် markerအမျိုးအစားအလိုက်သီးခြားစီ PCR စက်တွင်ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။

(ဂ) Gel Electrophorosisဆောင်ရွက်ခြင်းနှင့်မှတ်တမ်းဓာတ်ပုံရိုက်ကူးခြင်း

ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများအား Heterotic Grouping ပြုလုပ်ရန် ပြောင်းသီးနှံ၏ Chromosomes ၁၀ခု ကိုယ်စားပြု ရွေးချယ်ထားသည့် Polymorphic SSR marker (၂၃)မျိုးကို အသုံးပြုပြီး စမ်းသပ်မျိုးလိုင်း(၉၆)လိုင်းအား Polymerase chain reaction (PCR)ပြုလုပ်ပြီး Agarose GelElectrophoresis ပြုလုပ်ကာUV documentationဖြင့် မှတ်တမ်းပြုလုပ်၍မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်း များအား၏ banding pattern များကိုလေ့လာခဲ့ပါသည်။

(ဃ) Band Scoring and data analysis

မှတ်တမ်းရယူထားသောဓာတ်ပုံများမှရရှိလာသောSSR Markers များ၏ Band pattern နှင့် base pair ပမာဏ၊ allele အရေအတွက်ကို Quantity One Program ကိုအသုံးပြု၍ data ရယူခြင်း၊ score ပေးခြင်းတို့ကို ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ပါသည်။ ထို့နောက် ရရှိလာသော dataများကို Power Marker (V 3.25) Software Program ဖြင့် တွက်ချက်ခဲ့ပါသည်။

တွေ့ရှိချက်

ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများအား မျိုးရိုးဗီဇလက္ခဏာရပ်များ နှင့် အရည်အသွေးများ အပေါ်အခြေပြု၍ အုပ်စုခွဲခြားခြင်း (Heterotic Grouping)ပြုလုပ်ရန် Polymorphic SSR marker (၂၃) မျိုးကိုအသုံးပြုပြီး သုတေသနပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ခဲ့ရာ ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများသည်Heterotic Grouping ပြုလုပ်ရန် ပြီးပြည့်စုံသော ဗီဇကွဲပြားမှုများ ရှိကြောင်း တွေ့ရှိရပါသည်။

Polymorphic SSR Marker များ၏ ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုး လိုင်းများ အပေါ်အကျိုးသက်ရောက်မှုအခြေအနေအား လေ့လာရာတွင် bnlg1065နှင့် umc1671တို့သည် major allele frquencyအများဆုံးmarker များအဖြစ်တွေ့ရှိရပြီးumc1614umc1101နှင့်bnlg1940တို့သည် Genotype Number နှင့်Allele Number အများဆုံး Markerများအဖြစ်လည်းကောင်း၊ bnlg16142၊ umc1432၊ umc1501 ၊bnlg2061၊ Phi333188 umc1101bnlg1083တို့သည် Gene Deversityနှင့် Polymorphic Information Content မြင့်မား၍ Heterotic Groupingဖော်ဆောင်ရာတွင် အကျိုးသက်ရောက်မှုအရှိဆုံး Marker များအဖြစ်တွေ့ရှိရပါသည်။သုတေသနပြုလုပ်ရာတွင် အသုံးပြုသော SSR Marker အားလုံး၏ (80.64%) သည် Average F Value (0.75) အထက်တွင် တွေ့ရှိရပါသည်။ အသေးစိတ်ကို ဇယား (၃) ဖြင့် ဖော်ပြထားပါသည်။

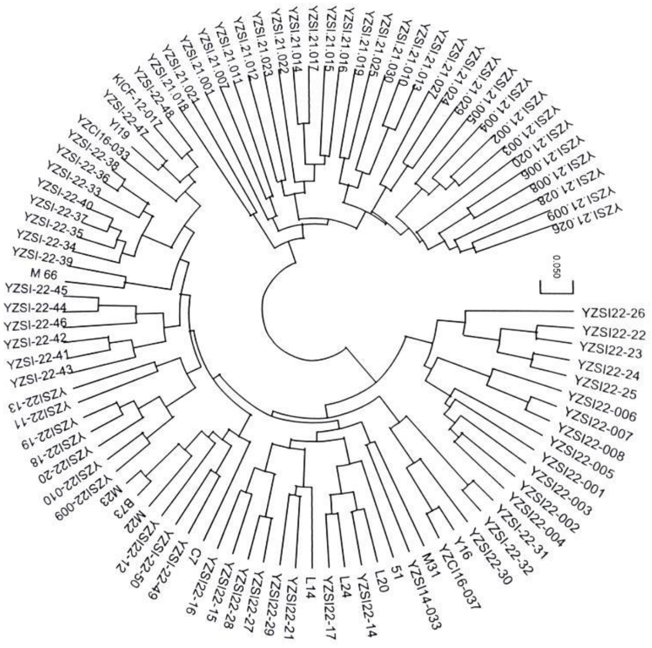
ဇယား(၃)Polymorphic SSR Marker များ၏ ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများအပေါ် အကျိုးသက်ရောက်မှုအခြေအနေ ဖော်ပြချက်

No	Marker	MAF	GN	SS	NOB	AN	A	GD	H	PIC
1	Bnlg1297	0.60	5	96	91	3	0.94	0.52	0.12	0.44
2	Umc1501	0.56	5	96	96	3	1	0.57	0.02	0.50
3	Umc1847	0.58	5	96	92	3	0.44	0.53	0.086	0.44
4	Umc2372	0.52	3	96	96	2	0.37	0.49	0.22	0.37
5	Bnlg1160	0.63	5	96	94	3	0.44	0.5	0.20	0.44
6	Bnlg1614	0.55	32	96	95	31	0.4	0.61	0.4	0.57
7	Bnlg1812	0.5	6	96	92	4	0.09	0.56	0.09	0.46
8	Bnlg2190	0.60	6	96	94	4	0.13	0.55	0.13	0.49
9	Phi3331888	0.57	5	96	91	4	0.54	0.58	0.010	0.52
10	Bnlg1940	0.45	6	96	82	4	0.12	0.69	0.12	0.64
11	Umc1671	0.64	4	96	95	3	0.05	0.64	0.052	0.36
12	Bnlg1065	0.66	3	96	94	2	0.07	0.44	0.07	0.34
13	Umc1157	0.55	2	96	94	2	0	0.49	0	0.37
14	Bnlg2061	0.57	6	96	96	4	0.072	0.57	0.07	0.61

15	Bnlg1028	0.56	3	96	96	2	0.06	0.49	0.062	0.37
16	Umc1140	0.58	2	96	96	2	0	0.48	0	0.36
17	Umc1101	0.58	8	96	96	6	0.06	0.58	0.52	0.53
18	Umc1350	0.15	5	96	96	3	0.013	0.57	0.031	0.01
19	Bnlg1083	0.54	3	96	91	3	3	0.54	0.08	0.54
20	Umc1432	0.54	8	96	91	5	1	0.58	0.02	0.49
21	Mean	0.57	6.16	96	93.6	4.72	0.97	0.54	0.09	0.46

MAF=Major Allele Frquency, GN= Genotype Number, SS= SampleSize,NOB= No. of observation, , AN= AlleleNo., A= Availability, GD= GeneDiversity, H= Heterozygosity, PIC= Polymorphic Information Content, F= Probability value

ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများအား မျိုးရိုးဗီဇကွဲပြားခြားနားမှုကို လေ့လာရာတွင် Polymorphic SSR marker များကိုအသုံးပြုပြီး အုပ်စုခွဲခြားခြင်း (Heterotic Grouping) ပြုလုပ်ခဲ့ရာ Main Group (၃)ခုအနေဖြင့် လေ့လာတွေ့ရှိရပါသည်။ အဆိုပါ Main Group (၃)ခု အား အသေးစိတ်ထပ်မံ အုပ်စုခွဲ လေ့လာရာတွင် Sub Group (၇) ခု အနေဖြင့် စမ်းသပ်မျိုးများ၏ ဗီဇကွဲပြားခြားနားမှုကိုတွေ့ရှိရပါသည်။ အသေးစိတ်ကို ပုံ (၁) နှင့် ဇယား (၄)တွင်ဖော်ပြထား ပါသည်။



ပုံ (၁) Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) နည်းဖြင့် ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများအား အုပ်စုခွဲခြားခြင်း

ဇယား (၄) ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းများအား ဗီဇကွဲပြားမှုအပေါ်အခြေခံ၍ Heterotic Grouping ပြုလုပ် ဖော်ပြချက်။

Main Group	Sub Group	Inbred
1	1	YZSI2I-011,YZSI21-007 YZSI21-001,YZSI21-021 ,YZSI21- 018
	2	YZSI21-012,YZSI21- 023, YZSI21- 022, YZSI21- 014, YZSI21- 017, YZSI21- 015, YZSI21- 016, YZSI21- 019, YZSI21- 025, YZSI21- 030, YZSI21- 010, YZSI21- 013, YZSI21- 027, YZSI21- 024, YZSI21- 029, YZSI21-005, YZSI21- 004, YZSI21-002, YZSI21- 003, YZSI21- 017, YZSI21- 020, YZSI21- 006 ,YZSI21- 008, YZSI21- 009, YZSI21- 026
2	1	YZSI22-22, YZSI22- 23, YZSI22- 24, YZSI22- 25,
	2	YZSI22-006, YZSI22-008, YZSI22-005, YZSI22-001, YZSI22-003, YZSI22-002, YZSI22-004
3	1	YZSI22-31, YZSI22-32, YZSI22-30,Y16,YZCI16-037
	2	M31,YZSI14-033,YZSI22-51,L20, YZSI22-14, YZSI22-21, YZSI22-29, YZSI22-27, YZSI22-28, YZSI22-15, YZSI22-16
	3	C7, YZSI22-49, YZSI22-50, YZSI22-12,M22,B73,M23, YZSI22-009, YZSI22-010, YZSI22-20, YZSI22-18, YZSI22-19, YZSI22-11, YZSI22-13, YZSI22-43, YZSI22-41, YZSI22-42, YZSI22-46, YZSI22-44, YZSI22-45, M66, YZSI22-39, YZSI22-34, YZSI22-35, YZSI22-37, YZSI22-40, YZSI22-33, YZSI22-36, YZSI22-38, YZSI22-33,Y19, YZSI22-47, YZSI22-017, YZSI22-48

YZSI= Yezin Inbred Developed by Standard Method, YZCI= Yezin Inbred Developed by Composite Line Selection Method

သုံးသပ်ချက်နှင့်အကြံပြုချက်

သုတေသနပြုလုပ်ရာတွင် အသုံးပြုသော ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်း (**၉၆**) **လိုင်းအား** C7, B**73 နှင့် အခြား** Referent lines **၁၀ လိုင်းတို့နှင့် နှိုင်းယှဉ်ကာ** PolymorphicSSR Marker များအသုံးပြု၍ Heterotic Grouping ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်ပါသည်။ပတ်လည်မျိုးကူးစပ်ရန် Main Group တစ်ခုချင်းစီမှ ကိုယ်စားပြု လိုင်းသန့်လိုင်းများအား ရွေးချယ်ချိန်တွင် အဆိုပါ မျိုးလိုင်းများ၏ ထူးခြားချက်များ (Characterization Based on Phenotype)၊ အစမ်းစပ်စပ်မျိုးတွဲများအား အကဲဖြတ်လေ့လာခြင်းသုတေသန (Top Cross Hybrid Yield Trial) မှရလဒ်များဖြစ်သည့် အထွေထွေပေါင်းစပ်စွမ်းရည် (+/-effect ofGeneral Combining Ability) တို့ကိုလည်း အသေးစိတ် ထည့်သွင်းစဉ်းစား၍ ရွေးချယ်ပေးရန်လိုအပ်ပါသည်။

ဆက်လက်ဆောင်ရွက်မည့်အစီအစဉ်

အခြားနှံစားသီးနှံသုတေသနဌာနစု နှင့် တပ်ကုန်းစိုက်ပျိုးရေးသုတေနသနခြံတို့တွင် ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးသန့်ပြောင်းမျိုးလိုင်းမွေးမြူရွေးချယ်ခြင်းသုတေသနကို နှစ်စဉ်ပြုလုပ်ဆောင်ရွက်လျှက်ရှိရာ အဆိုပါ ဗီဇတည်ငြိမ် မျိုးလိုင်းသစ်များကိုHeterotic Groupingပြုလုပ်နိုင်ရန် အတွက် ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုတွင် (Genotyping) ပြုလုပ်ခြင်းကိုလည်း နှစ်စဉ်ဆောင်ရွက်မည်ဖြစ်ပါသည်။

၉။ ၂၀၂၂-၂၀၂၃ ခုနှစ်၊ အသုံးစရိတ်

(က)၂၀၂၂-၂၀၂၃၊ ဘဏ္ဍာရေးနှစ် ငွေစာရင်းခေါင်းစဉ်အလိုက် သာမန်အသုံး စရိတ်စာရင်း

စဉ်		ငွေစာရင်းခေါင်းစဉ်	အသုံးစရိတ် (ကျပ်)
၁	၀၁-၀၁	လစာငွေ	၃၉၂၆၉၉၈၇.၅၈
၂	၀၃-၀၁	လုပ်အားခ	၄၇၁၂၁၈၄
၃	၀၃-၀၅	ရုံးအသုံးအဆောင်	၂၅၀၀၀၀
၄	၀၃-၁၂	၀တ်စုံများ	၄၂၀၀၀၀
၅	၀၃-၁၃	လုပ်ငန်းသုံးပစ္စည်း	၁၃၃၉၇၆၀၀
၆	၀၃-၂၀	ပုံနှိပ်ခ၊စာအုပ်စာတမ်းထုတ်ဝေ	၅၀၀၀၀
၇	၀၃-၂၅	ပြပွဲ၊ပြိုင်ပွဲနှင့်ဘွဲ့နှင်းသဘင်	၂၀၀၀၀၀
၈	၀၄-၀၁	စက်ကရိယာပြင်	၁၂၅၀၀၀၀
		စုစုပေါင်း	**၅၉၅၄၉၇၇၁.၅၈**

(ခ) လအလိုက် ပံ့ပိုးပစ္စည်းသုံးစွဲမှုဒီဇယ်ရရှိသုံးစွဲမှု (ဂါလံ)

စဉ်	လအမည်	ဒီဇယ်သုံးစွဲမှု (ဂါလံ)	မှတ်ချက်
၁	ဧပြီ	၁၅	
၂	မေ	၈	
၃	ဇွန်	-	
၄	ဇူလိုင်	-	
၅	ဩဂုတ်	၄	
၆	စက်တင်ဘာ	၅	
၇	အောက်တိုဘာ	-	
၈	နိုဝင်ဘာ	၅	
၉	ဒီဇင်ဘာ	-	
၁၀	ဇန်နဝါရီ	-	
၁၁	ဖေဖော်ဝါရီ	၁၁.၅၀	
၁၂	မတ်	-	
	စုစုပေါင်း	**၄၈.၅၀**	

(ဂ) လအလိုက် ဓါတ်မြေသြဇာရရှိ/ သုံးစွဲမှု (အိတ်)

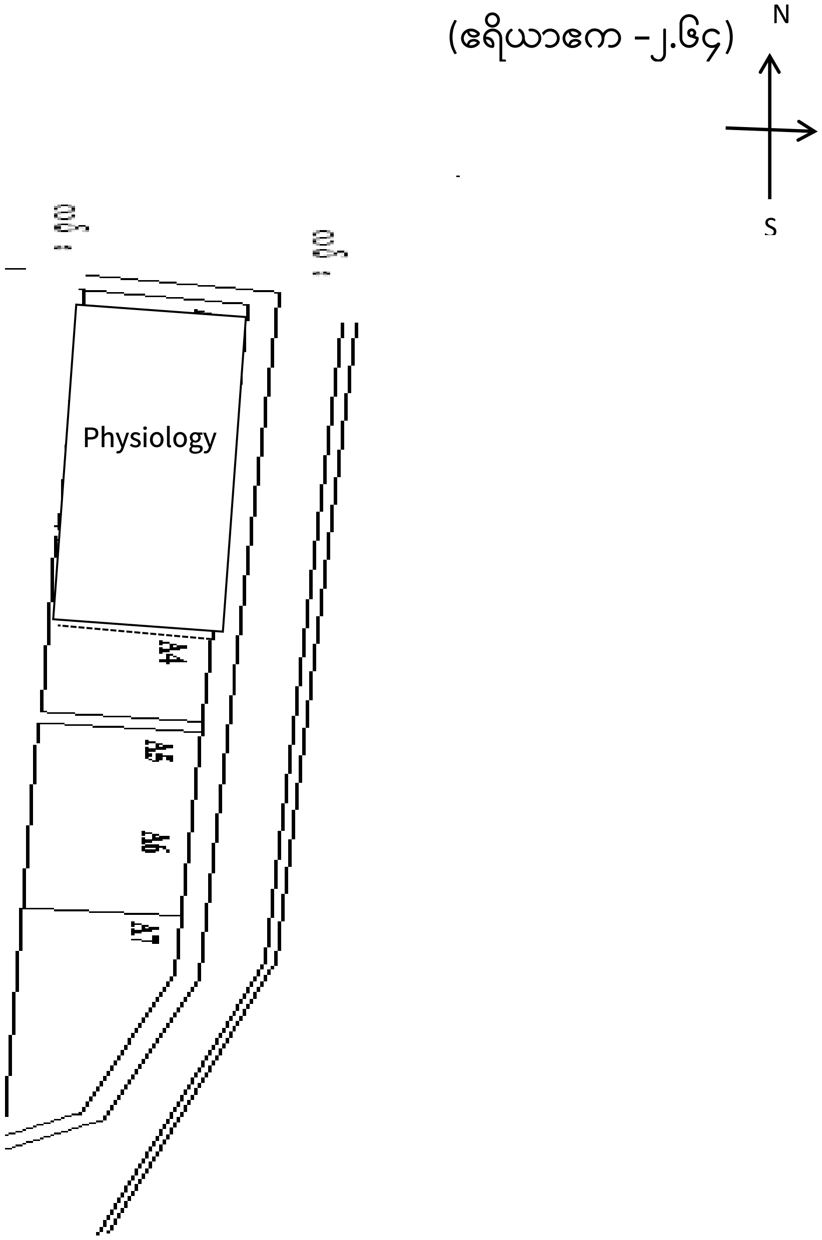
စဉ်	**လအမည်**	**Urea**	**Tsuper**	**Potash**	**Gypsum**	**Complete (ထုပ်)**
၁	ဧပြီ	–	–	–	–	–
၂	မေ	–	–	–	–	–
၃	ဇွန်	၁	၁	၀.၅၀	၁	၅.၀
၄	ဇူလိုင်	–	–	–	–	–
၅	သြဂုတ်	၁	၀.၅၀	၁.၅၀	–	၃
၆	စက်တင်ဘာ	–	–	–	–	–
၇	အောက်တိုဘာ	–	–	–	–	–
၈	နိုဝင်ဘာ	–	–	–	–	–
၉	ဒီဇင်ဘာ	–	–	–	–	–
၁၀	ဇန်နဝါရီ	–	–	–	–	–
၁၁	ဖေဖော်ဝါရီ	၂	၁.၅၀	၀.၅၀	၁.၅၀	၈
၁၂	မတ်					
	စုစုပေါင်း	**၄**	**၃.၀**	**၂.၅၀**	**၂.၅၀**	**၁၆**

(ဃ) ၂၀၂၂-၂၀၂၃၊ ဘဏ္ဍာရေးနှစ် လအလိုက် (၀၃ - ၀၁) နှင့် (၀၃ - ၁၃) သုံးစွဲမှု အခြေအနေ

စဉ်	လအမည်	၀၃-၀၁ လုပ်အားခ (ကျပ်)	၀၃-၁၃ လုပ်ငန်းသုံးပစ္စည်း (ကျပ်)
၁	ဧပြီ	၁၅၃၆၀၀	-
၂	မေ	၄၆၂၀၀၀	၈၉၈၇၀၀
၃	ဇွန်	၃၂၆၅၉၀	၄၁၇၄၀၀၀
၄	ဇူလိုင်	၄၁၈၀၀၀	၁၅၇၀၅၀၀
၅	ဩဂုတ်	၄၆၄၈၉၅	-
၆	စက်တင်ဘာ	၄၄၄၇၀၀	၆၁၄၇၀၀
၇	အောက်တိုဘာ	၂၆၂၂၀၀	၄၅၀၀၀၀
၈	နိုဝင်ဘာ	၃၉၄၈၀၀	၆၄၂၀၀၀
၉	ဒီဇင်ဘာ	၃၃၈၄၀၀	-
၁၀	ဇန်နဝါရီ	၂၆၄၆၀၀	၃၀၅၄၁၀၀
၁၁	ဖေဖော်ဝါရီ	၃၆၂၄၀၀	၇၈၀၀၀၀
၁၂	မတ်	၈၁၉၉၉၉	၁၂၁၃၆၀၀
	စုစုပေါင်း	**၄၇၁၂၁၈၄**	**၁၃၃၉၇၆၀၀**

ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုကွင်းမြေပုံ

(ဧရိယာဧက –၂.၆၄)



၁၀။နိဂုံး

ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုသည်သီးနှံသုတေသနဌာနစုများနှင့်ပူးပေါင်းကာရာသီဥတုကြောင့်ဖြစ်ပေါ်လာသည့်သဘာဝဘေးဒဏ်နှင့်ရောဂါပိုးမွှားဒဏ်တို့ကိုခံနိုင်ရည်ရှိသည့်သီးနှံမျိုးကောင်းမျိုးသစ်များထုတ်လုပ်ရာတွင်ထည့်သွင်းမျိုးကူးစပ်လိုသောဗီဇများပါဝင်မှုကိုတိကျစွာသိရှိနိုင်ရေရန်အတွက်ဆောင်ရွက်ရာတွင်အပင်အစိပ်အပိုင်းများမှ DNA ကိုထုတ်ယူပြီး PCR နည်းပညာဖြင့်ဗီဇပါဝင်မှုကိုသိရှိရန်လေ့လာဆောင်ရွက်လျှက်ရှိပါသည်။

ဗီဇပါဝင်မှုလေ့လာရာတွင်ပိုမိုတိကျမြန်ဆန်စေရန်အတွက်အပင်အစိပ်အပိုင်းများမှ RNA ကိုထုတ်ယူရန်နှင့် RTPCR နည်းပညာရပ်ကိုတိုးတက်အသုံးချဆောင်ရွက်လာနိုင်စေရေးအတွက ဇီဝနည်းပညာသုတေသနဌာနစုမှသုတေသီများကကြိုးစားဆောင်ရွက်လျှက်ရှိပါသည်။