



ถือรวมทั้งหมด 836 แอลลีล เฉลี่ย 6.53 แอลลีลต่อ 1 เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ ค่า PIC มีค่าระหว่าง 0.2 ถึง 0.86 มีค่าเฉลี่ย 0.57 และค่าความหลากหลายของยีนมีค่าระหว่าง 0.23 ถึง 0.87 มีค่าเฉลี่ย 0.62 ข้อมูลผลผลิตและการเจริญเติบโตรอบลำต้นจำนวน 23 ลักษณะได้ถูกนำมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ร่วมกันกับเครื่องหมายโมเลกุล พบความสัมพันธ์กับเครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 54 เครื่องหมาย เป็นความสัมพันธ์กับผลผลิตจำนวน 26 เครื่องหมาย และความสัมพันธ์กับการเจริญเติบโต จำนวน 33 เครื่องหมาย มีจำนวน 5 เครื่องหมาย ได้แก่ EHB012 hbe4 M692 mA2388 และ mt460 ซึ่งมีความสัมพันธ์ร่วมกันระหว่างผลผลิตและการเจริญเติบโต ผลการศึกษาครั้งนี้เป็นประโยชน์ในการนำเครื่องหมายโมเลกุลมาใช้ในการคัดเลือกพันธุ์อย่างที่มีการเจริญเติบโตดี และให้ผลผลิตสูงในโครงการการปรับปรุงพันธุ์อย่างต่อเนื่อง

### Abstract

Rubber is economically important which brought highly income to Thailand every years. In order to maintain production and exports, breeding for good growth and high yield of new rubber tree varieties is important. To reduce the duration of breeding program, using molecular techniques is one way to increase the efficiency of conventional breeding. In this study, the relationship between molecular marker with expression to control the growth and yield of rubber tree were evaluated by association mapping. Ninety seven of *Hevea* clones were genotyped with 128 microsatellites (SSR) markers. A total of 836 alleles were detected for the 128 SSR markers, with an average 6.53 alleles; the corresponding PIC values ranged from 0.2 to 0.86, with an average 0.57. The genetic diversity of each SSR markers ranged from 0.23 to 0.87, with an average 0.62. A total of 54 SSR markers were identified for 23 traits. Twenty six SSR markers are associated with yield and 33 SSR markers are associated with growth. There are five SSR markers, EHB012 hbe4 M692 mA2388 and mt460, are associated with both yield and growth. The results of this study are useful in the molecular markers used in the selection for good growth and high yield in breeding program.

## 5. คำนำ

ยางพาราเป็นพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ สามารถนำรายได้เข้าสู่ประเทศได้มากพืชหนึ่ง และเพื่อเป็นการรักษาสภาพการผลิตและการส่งออกไม่ให้ลดต่ำกว่าที่เป็นอยู่ในปัจจุบัน พันธุ์ยางใหม่ที่มีการเจริญเติบโตดีและมีผลผลิตสูงจึงเป็นสิ่งที่สำคัญ นอกจากนี้ยังเป็นการเพิ่มรายได้ให้แก่เกษตรกรผู้ปลูกยาง ปัจจุบันนี้การปรับปรุงพันธุ์ยางพาราส่วนใหญ่ยังใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีดั้งเดิม (Conventional Breeding) ซึ่งใช้เวลาประมาณ 25 -30 ปี เพื่อเป็นการลดระยะเวลาในการปรับปรุงพันธุ์ การใช้เทคนิคทางเครื่องหมายโมเลกุล (Molecular Marker) จึงเป็นวิธีการหนึ่งที่จะเพิ่มประสิทธิภาพของการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิม โดยสามารถนำมาใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลในการคัดเลือกลักษณะของต้นพืชตามที่ต้องการได้ โดยไม่ต้องรอการแสดงออกของลักษณะที่จะนำมาใช้ในการคัดเลือก เพราะเครื่องหมายโมเลกุลจะไม่ถูกควบคุมการแสดงออกโดยสภาพแวดล้อม ไม่ขึ้นกับระยะการเจริญเติบโตของพืช จึงสามารถตรวจสอบได้ตั้งแต่ในระยะแรกของการเจริญเติบโต ทำให้ลดระยะเวลาและค่าใช้จ่ายในการจัดการ ดังนั้นการหาโมเลกุลเครื่องหมายที่สัมพันธ์กับการแสดงออกของการเจริญเติบโตและผลผลิต จะเป็นการช่วยลดระยะเวลาในการคัดเลือกพันธุ์ยางพาราที่มีคุณสมบัติของการเจริญเติบโตที่ดีและผลผลิตสูง ในโครงการปรับปรุงพันธุ์ได้

การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA fingerprint) คือรูปแบบของแถบซันดีเอ็นเอ ที่ถูกแยกจากกันบนตัวกลางตามโครงสร้างของดีเอ็นเอของพืช ซึ่งเป็นเอกลักษณ์เฉพาะต้น ยกเว้นฝาแฝดที่เกิดจากไข่ใบเดียว (monozygotic twin) หรือพืชโคลนเดียวกันหรือสายพันธุ์บริสุทธิ์ หรือลูกผสมเดียวกัน ซึ่งลายพิมพ์ดีเอ็นเอดังกล่าวในพืชแต่ละต้นจะสามารถตรวจสอบซ้ำและให้ผลที่เหมือนกันตลอด ดังนั้นข้อดีของการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอ คือสามารถตรวจสอบหาลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่เป็นเอกลักษณ์ของพืชแต่ละต้นได้ สามารถทำซ้ำๆกัน และได้ผลเหมือนเดิมทุกครั้ง (Beckmann and Soller 1986) การแยกความแตกต่างของสายพันธุ์ โดยอาศัยลักษณะทางกายภาพหรือลักษณะทางสัณฐานวิทยาของพืช นั้น อาจมีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง

ในปัจจุบันได้มีการใช้เทคนิคต่างๆในการหาความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต โดยอาศัยความแตกต่างในระดับยีนหรือดีเอ็นเอ ได้แก่ RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) (Beckmann and Soller 1986) RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (Williams et al. 1990) , AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism DNA) (Vos et al. 1995) และ SSR (simple sequence repeats or microsatellites) (Cregan 1992) เทคนิคเหล่านี้ทำให้เกิด

ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอซึ่งใช้ในการบ่งชี้และจัดจำแนกสิ่งมีชีวิตได้ ซีนดีเอ็นเอที่ถูกนำมาใช้เป็นตัวแทนหรือเครื่องหมายของลักษณะใดลักษณะหนึ่งที่เรียกว่า molecular marker ซึ่งหมายถึงการใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายในการตรวจและใช้ประโยชน์จากการเกิดความแตกต่างหรือ polymorphism ของลำดับดีเอ็นเอที่แสดงให้เห็นถึงการพัฒนาทางชีวโมเลกุล

กัลยาและคณะ (2545) ได้มีการศึกษาแผนที่พันธุกรรมยางพาราของประชากรลูกผสมระหว่าง RRIM600 และ PB217 จำนวน 334 สายพันธุ์ด้วย microsatellite markers รวมทั้งหมด 229 markers และ AFLP 198 markers สามารถแบ่งออกได้เป็น 18 linkage groups ซึ่งตรงกับจำนวน haploid genome ของยางพารา ( $2n = 28$ ) โดยแผนที่พันธุกรรมมีระยะรวมทั้งสิ้น 2075 cM ระยะห่างแต่ละ marker อยู่ในช่วง 3.14 ถึง 7.12 cM การศึกษาลักษณะเชิงปริมาณที่ควบคุมลักษณะการเจริญเติบโตและการให้ผลผลิตของยางพารา ที่ผ่านมาจะเป็นการทำ QTL (Quantitative Trait Loci) Mapping (Rattanawong *et al.* 2009) ข้อจำกัดของ QTL Mapping คือ QTL ที่ได้จะมีความเฉพาะเจาะจงกับเฉพาะประชากรที่ทำการทดสอบ ซึ่งบางครั้งอาจไม่แสดงออกในประชากรกลุ่มอื่น และการสร้างประชากรเพื่อทำ QTL Mapping มีค่าใช้จ่ายที่สูงเนื่องจากต้องสร้างประชากรที่เป็น biparental และใช้เวลานานสำหรับพืชที่เป็นไม้ยืนต้น ถึงแม้จะได้ยีนที่ควบคุมลักษณะการให้ผลผลิตยาง (Hbg16a131) ที่อยู่บนตำแหน่งโครโมโซมคู่ที่ 16 แล้ว แต่ก็ได้เพียงตำแหน่งเดียว เนื่องจากยีนที่ควบคุมการแสดงออกทั้งสองลักษณะเป็นกลุ่มของยีน จึงมีความจำเป็นต้องตรวจสอบว่ายังมียีนที่ควบคุมการเจริญเติบโตและผลผลิตที่ตำแหน่งอื่นอีกหรือไม่ ดังนั้นการทำ Association mapping อาจจะเป็นวิธีหนึ่งในการค้นหายีนควบคุมการเจริญเติบโตและการให้ผลผลิต Association mapping เป็นการศึกษความสัมพันธ์ของลักษณะทางกายภาพกับพันธุกรรม โดยไม่ต้องอาศัยการสร้างประชากร ซึ่งสามารถใช้ข้อมูลของยีนตรวจสอบลักษณะเป้าหมายได้โดยตรง และสามารถตรวจสอบ alleles per locus ได้หลาย alleles ในเวลาเดียวกัน (Buckler and Thornsberry, 2002; Flint-Garcia *et al.* 2003) เป็นการศึกษาที่เหมาะสมกับพืชไม้ยืนต้นและมีการผสมพันธุ์แบบผสมข้าม ที่ต้องใช้ระยะเวลาในการสร้างลูกผสม งานวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อค้นหายีนที่สัมพันธ์กับการแสดงออกในการควบคุมการเจริญเติบโตและการให้ผลผลิตในยางพารา โดยวิธี Association Mapping และสามารถนำมาใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลในโปรแกรม Marker Assisted Selection เพื่อใช้เป็นตัวคัดเลือกในโครงการปรับปรุงพันธุ์ จะเป็นการช่วยลดระยะเวลาในการคัดเลือกพันธุ์ยางพาราที่มีผลผลิตสูงและการเจริญเติบโตดีในโครงการปรับปรุงพันธุ์ได้

## 6. วิธีดำเนินการ

### - อุปกรณ์

1. พันธุ์ยางพาราลูกผสมจำนวน 100 พันธุ์ (ตารางที่ 1)
2. เครื่องมือสำหรับทำ PCR (polymerase chain reaction) และ เครื่องมือสำหรับทำ Electrophoresis

### - วิธีการ

#### 1. ตรวจสอบความถูกต้องของพันธุ์ลูกผสม

พันธุ์ลูกผสมที่ใช้ในการทดลองนี้เป็นพันธุ์ลูกผสมชั้นต้น ที่ปลูกในแปลงทดสอบอย่างน้อย 2 พื้นที่เพื่อความถูกต้องของพันธุ์ที่นำมาใช้ในการทดลอง ต้องตรวจสอบความถูกต้องของพันธุ์ที่จะนำมาใช้ เปรียบเทียบกับแปลงกิ่งตา โดยใช้โมเลกุลเครื่องหมายชนิด Simple sequence repeats (SSRs) ในการตรวจสอบ มีขั้นตอนดังนี้

- 1.1 เก็บใบของพันธุ์ลูกผสมจากพื้นที่ที่ปลูกทดสอบและจากแปลงกิ่งตา โดยแยกตัวอย่างในแต่ละพื้นที่
- 1.2 สกัดดีเอ็นเอจากใบยางพารา โดยดัดแปลงวิธีของ Doyle และ Doyle (1990 )
- 1.3 ทำลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยใช้วิธีการทำปฏิกิริยา SSRs ใช้ไพรเมอร์ 4 ไพรเมอร์ (ตารางที่ 2) ในการตรวจสอบ และการตรวจผลปฏิกิริยา SSRs โดยวิธี electrophoresis และนำมาย้อมสีด้วยวิธี Silver staining
- 1.4 ตรวจสอบแถบดีเอ็นเอของลูกผสมแต่ละพันธุ์เปรียบเทียบในแต่ละพื้นที่และจากแปลงกิ่งตา โดยแถบดีเอ็นเอจะต้องเหมือนกันทั้งหมด

#### 2. ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของพันธุ์ลูกผสม

- 2.1. เก็บรวบรวมสายพันธุ์ลูกผสมของยางพารา โดยเก็บเฉพาะส่วนของใบ
- 2.2. สกัดดีเอ็นเอจากใบยางพาราโดยดัดแปลงวิธีของ Doyle และ Doyle (1990)
- 2.3. ทำลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยใช้วิธีการทำปฏิกิริยา SSRs ใช้ไพรเมอร์ประมาณ 150 ไพรเมอร์ และการตรวจผลปฏิกิริยา SSRs โดยวิธี electrophoresis และนำมาย้อมสีด้วยวิธี Silver staining
- 2.4. วิเคราะห์ข้อมูลโดยเลือกแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างกัน (Polymorphic bands) นำไปหาค่า Similarity coefficient และจัดกลุ่มโดยวิธี NJ (Nabour Joining) โดยใช้โปรแกรม Power marker version 3.25 (Lui and Muse 2005)

3. การทำ Association Mapping เพื่อค้นหายีนควบคุมการเจริญเติบโตและการให้ผลผลิต

3.1 เก็บข้อมูลทาง Phenotyping ลักษณะการเจริญเติบโตและผลผลิต ตามขั้นตอนต่อไปนี้

3.1.1 บันทึกข้อมูลการเจริญเติบโตของต้นยางหลังเปิดกรีด โดยวัดขนาดรอบลำต้นที่ระดับ 170 ซม. จากพื้นดินทุกๆ 6 เดือน

3.1.2 ผลผลิต เก็บผลผลิตของยางแต่ละต้นในรูปร่างก้อนถ้วย โดยผสมกรดฟอร์มิกเข้มข้น 2 % ลงในน้ำยาง คนน้ำยางจนจับตัวเป็นก้อน ลดความชื้นในยางก้อนโดยตากยางก้อนทิ้งไว้ 21 วัน จากนั้นชั่งน้ำหนักยางก้อนที่ได้แล้วนำมาคำนวณผลผลิต

3.1.3 นำข้อมูลแถบดีเอ็นเอจากความหลากหลายทางพันธุกรรม ในการทดลองที่ 2 มาวิเคราะห์ population structure โดยใช้โปรแกรม STRUCTURE 2.1 (Pritchard *et al*, 2000)

3.1.4 คำนวณหาความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลทางพันธุกรรมกับลักษณะทางกายภาพ ในลักษณะการเจริญเติบโต และการให้ผลผลิต

3.2 Linkage Disequilibrium (LD) ใช้โปรแกรม TASSEL (<http://www.maizegenetics.net>) ในการประเมินค่า LD parameter  $r^2$  ระหว่าง loci และ คำนวณค่า comparison – wise significance โดย 1000 permutations

3.3 Association analysis การหาความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะการเจริญเติบโตและการให้ผลผลิต สามารถตรวจสอบได้โดยใช้ linear mixed-effect model โดยให้เครื่องหมายโมเลกุล เป็น fixed-effects factor และ ให้ subpopulation เป็น random-effects factor

- เวลาและสถานที่

ตุลาคม พ.ศ. 2553 – กันยายน พ.ศ. 2557

สถานที่ทำการทดลอง สถาบันวิจัยยาง ศูนย์วิจัยยาง

ฉะเชิงเทรา และ ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรสุ

ราษฎร์ธานี

## 7. ผลการทดลองและวิจารณ์

### 7.1 การตรวจสอบความถูกต้องของลูกผสม

#### 7.1.1 การตรวจสอบความถูกต้องของยางพาราพันธุ์ลูกผสมโดยใช้ Bulk

จากการใช้ไพรเมอร์สำหรับเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 4 คู่ไพรเมอร์ (ตารางที่ 1) ในการตรวจสอบยางพาราพันธุ์ปลูกจำนวน 100 พันธุ์ 3 ซ้ำ ที่ปลูกภายในศูนย์วิจัยยางสุราษฎร์ธานี พบว่าไพรเมอร์ M574 (Hb4) Ma179(Hb34) mT65(Hb82) และ mA17(Hb89) ทั้ง 4 คู่ไพรเมอร์

เป็นไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างกัน และสามารถนำมาใช้ในการตรวจสอบความถูกต้องของยารักษาพันธุ์ลูกผสมได้ โดยพบลักษณะของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างไปจากพ่อ-แม่พันธุ์จำนวน 29 พันธุ์ จากการทดสอบพบว่าไพรเมอร์ที่สามารถตรวจสอบความถูกต้องของพันธุ์ได้ดีที่สุดคือ ไพรเมอร์ Ma179 (Hb34) สามารถตรวจพบพันธุ์ยารักษาผสมที่ปลอมปนจำนวน 28 พันธุ์ รองลงมาคือ ไพรเมอร์ M574 (Hb4) สามารถตรวจพบพันธุ์ยารักษาผสมที่ปลอมปนจำนวน 27 พันธุ์ และ mT65 (Hb82) สามารถตรวจพบพันธุ์ยารักษาผสมที่ปลอมปนจำนวน 26 พันธุ์ ส่วนไพรเมอร์ mA17(Hb89) พบพันธุ์ยารักษาผสมที่ปลอมปนจำนวน 17 พันธุ์ (รูปที่ 1 -4) จากผลการทดลองนี้เป็นเพียงการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพ่อ-แม่พันธุ์ กับยารักษาผสมในแต่ละพันธุ์เบื้องต้น จากนั้นจะนำยารักษาที่มีการตรวจสอบพบการปลอมปนของพันธุ์มาตรวจสอบให้ละเอียดยิ่งขึ้น โดยจะนำต้นเดี่ยว (Single plant) ของแต่ละพันธุ์มาทำการตรวจสอบเพื่อหาว่าต้นใดที่มีแถบดีเอ็นเอต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์เพื่อทำการคัดออกจากแปลงที่ปลูก

ตารางที่ 1 พันธุ์กรรมยางลูกผสม 100 สายพันธุ์

Clone	Genealogy	Clone	Genealogy	Clone	Genealogy
BPM24		RRI-CH-35-1113	RRIT21XRRIM707	RRI-CH-35-1446	PB5/51XRRIC110
RRI-CH-35-59	31-45XRRIM600	RRI-CH-35-1156	RRIT21X(2557-28)	RRI-CH-35-1457	PB5/51XRRIC100
RRI-CH-35-142	Haiken1X93-114	RRI-CH-35-1183	RRIM600 ill.	RRI-CH-35-1458	PB5/51XRRIC100
RRI-CH-35-149	Haiken1XRRIC52	RRI-CH-35-1192	PB5/51XRRIC101	RRI-CH-35-1461	PB5/51XRRIC100
RRI-CH-35-158	Haiken1XPB5/51	RRI-CH-35-1211	PB5/51XRRIC101	RRI-CH-35-1747	RRII203XB1
RRI-CH-35-210	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1212	PB5/51XRRIC101	RRI-CH-35-1757	RRII203XRRII118
RRI-CH-35-212	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1223	PB5/51XRRIC101	RRI-CH-35-1782	PB310 ill.
RRIT251	-	RRI-CH-35-1257	PB5/51XRRIC101	RRI-CH-35-1785	PB310 ill.
PB260	PB5/51XPB49	RRI-CH-35-1259	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1815	RRIM600 ill.
RRI-CH-35-356	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1265	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1886	HAIKEN1 ill.
RRI-CH-35-400	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1268	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1887	HAIKEN1 ill.
RRI-CH-35-429	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1269	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1942	RRIC52 ill.
RRI-CH-35-437	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1270	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1951	BPM24 ill.
RRI-CH-35-449	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1290	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1958	BPM24 ill.
RRI-CH-35-470	93-114XRRIM600	RRI-CH-35-1292	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1959	BPM24 ill.
RRI-CH-35-487	93-114XRRIC7	RRI-CH-35-1295	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-1975	RRIC100 ill.
RRI-CH-35-499	93-114XRRIC101	RRI-CH-35-1299	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2002	RRIC110 ill.
RRI-CH-35-508	93-114XRRIC101	RRI-CH-35-1301	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2010	RRIC110 ill.
RRI-CH-35-544	93-114XRRIC110	RRI-CH-35-1302	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2019	RRIC110 ill.
RRI-CH-35-546	93-114XRRIC110	RRI-CH-35-1308	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2042	RRIC111 ill.
RRI-CH-35-562	93-114XRRIC707	RRI-CH-35-1311	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2072	PB5/51 ill.
RRIM600	TJIR-1XPB86	RRI-CH-35-1313	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2086	PB5/51 ill.
RRI-CH-35-650	RRIC100XHAIKEN1	RRI-CH-35-1330	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2090	PB5/51 ill.
RRI-CH-35-669	RRIC100XPB5/51	RRI-CH-35-1341	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2092	PB5/51 ill.
RRI-CH-35-682	RRIC101XPB5/51	RRI-CH-35-1352	PB5/51XRRIC101	OP-CH-35-2180	PB235 ill.
RRI-CH-35-686	RRIC101XPB5/51	RRI-CH-35-1363	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-700	RRIC101XRRIC121	RRI-CH-35-1372	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-753	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1373	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-775	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1374	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-787	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1385	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-788	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1396	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-790	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1397	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-850	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1403	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-860	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1424	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-895	RRIM600XRRIC7	RRI-CH-35-1425	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-962	RRIM600XPB235	RRI-CH-35-1428	PB5/51XRRIC101		
RRI-CH-35-1029	RRIM600XPB235	RRI-CH-35-1442	PB5/51XRRIC101		



ตารางที่ 2 ชนิดของคู่ไพรเมอร์ที่คัดเลือก และลำดับเบสของไพรเมอร์ จากการใช้เทคนิคไมโครแซทเทลไลท์

Primer	Sequence (5' to 3')
M574(Hb4)	( F ) TGT GTC CTC TACTTG TCT TCA TTT G ( R ) GCC TCT ACT TTT CTT TCT CCT TTA T
M197(Hb19)	( F ) ACA AGA GAT GCG AGA AGA AAT ACC C ( R ) CAT AAC AGC TGA ATG AAA ATA AAA C
Ma179(Hb34)	( F ) CAA AGT TGA AAA TGT TAA AGG GAA ( R ) CAT ATC AAG AAA CAC AGC AAA AAA
mt65(Hb82)	( F ) ATA ATT CCA GGC CAG TTC AAA G ( R ) GCT CAA AGC AAC GAA AAC AAG
mA17(Hb89)	( F ) AAA CAT GCA CAC ACA CAA ACC T ( R ) CTT GCT CTT ACC CCT TCC TG

### 7.1.2 การตรวจสอบการปลอมปนพันธุ์ของยางพาราลูกผสมโดยใช้ Single Plant

โมเลกุลเครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) สามารถใช้เป็นเครื่องมือในการตรวจสอบการปลอมปน และคัดเลือกพันธุ์กรรมของยางพาราได้แม่นยำกว่าลักษณะทางกายภาพ ซึ่งมีการเปลี่ยนแปลงตามสภาพแวดล้อม ด้วยเหตุที่อิทธิพลของสภาพแวดล้อมไม่มีผลต่อดีเอ็นเอทำให้การคัดเลือกในระดับดีเอ็นเอมีประสิทธิภาพสูงทั้งในแง่ลักษณะคุณภาพ และปริมาณ ดังนั้นจึงทำการตรวจสอบดีเอ็นเอด้วยโมเลกุลเครื่องหมาย โดยใช้เทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ มาตรวจสอบการปลอมปนของพันธุ์ยางพาราลูกผสม พบว่าไพรเมอร์ทั้ง 4 คู่ไพรเมอร์ เป็น ไพรเมอร์ที่ให้แถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างกัน จึงนำมาตรวจสอบพันธุ์ยางพาราลูกผสมจำนวน 100 พันธุ์ 3 ซ้ำ พบยางพาราที่มีการปลอมปนจำนวน 26 พันธุ์ 44 ต้น โดยพบว่าไพรเมอร์ที่สามารถตรวจสอบพบการปลอมปนของยางพาราพันธุ์ลูกผสมได้มากที่สุดคือไพรเมอร์ Ma179 (Hb34) พบต้นยางที่ปลอมปนจำนวน 37 ต้น (25 พันธุ์) รองลงมาคือ ไพรเมอร์ mt65 (Hb82) พบต้นยางที่ปลอมปนจำนวน 35 ต้น (23 พันธุ์) ไพรเมอร์ M574 (Hb4) พบต้นยางที่ปลอมปนจำนวน 34 ต้น (24 พันธุ์) ส่วนไพรเมอร์ Ma17 (Hb89) พบต้นยางที่ปลอมปนจำนวน 26 ต้น (17 พันธุ์) (ตารางที่ 3) โดยมีรายละเอียดดังนี้ (รูปที่ 5 - 8)

ตารางที่ 3 พันธุ์ยางพาราถูกผสมจำนวน 100 พันธุ์ 3 ซ้ำ ที่ตรวจพบการปลอมปน และชนิดไพรเมอร์ที่ใช้ในการตรวจพบ

No	Varieties	Rep.1 No. Tree	Rep.2 No. Tree	Rep.3 No. Tree	Primer			
					M574(Hb4)	Ma179(Hb34)	mT65(Hb82)	mA17(Hb89)
1	BPM24	-	-	-	-	-	-	-
2	RRI-CH-35-59	-	-	-	-	-	-	-
3	RRI-CH-35-142	-	ต.3	-	Done	Done	Done	-
4	RRI-CH-35-149	-	ต.5	-	Done	Done	Done	-
5	RRI-CH-35-158	ต.2	-	-	Done	Done	Done	-
6	RRI-CH-35-210	-	-	-	-	-	-	-
7	RRI-CH-35-212	-	-	-	-	-	-	-
8	RRIT251	-	-	-	-	-	-	-
9	PB260	-	-	-	-	-	-	-
10	RRI-CH-35-356	-	-	-	-	-	-	-
11	RRI-CH-35-400	-	-	-	-	-	-	-
12	RRI-CH-35-429	-	-	-	-	-	-	-
13	RRI-CH-35-437	-	-	-	-	-	-	-
14	RRI-CH-35-449	-	-	-	-	-	-	-
15	RRI-CH-35-470	-	-	-	-	-	-	-
16	RRI-CH-35-487	-	-	-	-	-	-	-
17	RRI-CH-35-499	-	-	-	-	-	-	-
18	RRI-CH-35-508	-	-	-	-	-	-	-
19	RRI-CH-35-544	-	-	-	-	-	-	-
20	RRI-CH-35-546	-	-	-	-	-	-	-
21	RRI-CH-35-562	-	-	ต.5	Done	Done	Done	-
22	RRIM600	-	-	-	-	-	-	-
23	RRI-CH-35-650	-	-	-	-	-	-	-
24	RRI-CH-35-669	-	-	-	-	-	-	-
25	RRI-CH-35-682	-	-	-	-	-	-	-
26	RRI-CH-35-686	-	ต.6	ต.7,8	Done	Done	Done (Rep.2)	-
27	RRI-CH-35-700	-	-	-	-	-	-	-
28	RRI-CH-35-753	-	-	-	-	-	-	-
29	RRI-CH-35-775	-	-	ต.3	Done	Done	-	Done
30	RRI-CH-35-787	-	-	-	-	-	-	-
31	RRI-CH-35-788	ต.2	-	-	Done	Done	Done	-
32	RRI-CH-35-790	-	-	-	-	-	-	-
33	RRI-CH-35-850	-	-	-	-	-	-	-
34	RRI-CH-35-860	-	-	ต.5	Done	Done	Done	Done
35	RRI-CH-35-895	-	-	-	-	-	-	-

ตารางที่ 2 (ต่อ) พันธุ์ยางพาราลูกผสมจำนวน 100 พันธุ์ 3 ซ้ำ ที่ตรวจพบการปลอมปน และชนิดไพรเมอร์ที่ใช้  
ในการตรวจพบ

No	Varieties	Rep.1 No. Tree	Rep.2 No. Tree	Rep.3 No. Tree	Primer			
					M574(Hb4)	Ma179(Hb34)	mT65(Hb82)	mA17(Hb89)
36	RRI-CH-35-962	ต.1, 2, 3, 5 และ 6	-	-	-	Done	Done	Done
37	RRI-CH-35-1029	-	-	-	-	-	-	-
38	RRI-CH-35-1113	-	-	-	-	-	-	-
39	RRI-CH-35-1156	-	ต.8	-	Done	Done	-	Done
40	RRI-CH-35-1183	ต.1	-	-	Done	Done	Done	Done
41	RRI-CH-35-1192	-	-	-	-	-	-	-
42	RRI-CH-35-1211	-	-	-	-	-	-	-
43	RRI-CH-35-1212	-	-	-	-	-	-	-
44	RRI-CH-35-1223	-	-	ต.1,7	Done	Done	Done	Done
45	RRI-CH-35-1257	-	-	-	-	-	-	-
46	RRI-CH-35-1259	-	-	-	-	-	-	-
47	RRI-CH-35-1265	-	-	-	-	-	-	-
48	RRI-CH-35-1268	-	-	-	-	-	-	-
49	RRI-CH-35-1269	-	-	ต.6,8	Done	Done	Done	Done
50	RRI-CH-35-1270	-	-	-	-	-	-	-
51	RRI-CH-35-1290	-	-	ต.4	Done	Done	Done	Done
52	RRI-CH-35-1292	-	-	-	-	-	-	-
53	RRI-CH-35-1295	ต.5	-	ต.6	Done	Done (Rep.1)	Done	Done (Rep.1)
54	RRI-CH-35-1299	ต.3	-	ต.1,8	Done	Done (Rep.3)	Done	Done
55	RRI-CH-35-1301	-	-	-	-	-	-	-
56	RRI-CH-35-1302	-	-	-	-	-	-	-
57	RRI-CH-35-1308	-	-	-	-	-	-	-
58	RRI-CH-35-1311	-	-	-	-	-	-	-
59	RRI-CH-35-1313	-	-	-	-	-	-	-
60	RRI-CH-35-1330	-	-	-	-	-	-	-
61	RRI-CH-35-1341	-	-	-	-	-	-	-
62	RRI-CH-35-1352	-	-	-	-	-	-	-
63	RRI-CH-35-1363	-	-	-	-	-	-	-
64	RRI-CH-35-1372	-	-	-	-	-	-	-
65	RRI-CH-35-1373	ต.3	-	-	Done	Done	Done	Done
66	RRI-CH-35-1374	-	-	ต.1	Done	Done	Done	-
67	RRI-CH-35-1385	ต.1	-	-	Done	Done	-	-
68	RRI-CH-35-1396	-	ต.2	-	Done	-	Done	-
69	RRI-CH-35-1397	-	-	-	-	-	-	-
70	RRI-CH-35-1403	-	-	-	-	-	-	-

ตารางที่ 2 (ต่อ) พันธุ์ยางพาราถูกผสมจำนวน 100 พันธุ์ 3 ซ้ำ ที่ตรวจพบการปลอมปน และชนิดไพรเมอร์ที่ใช้  
ในการตรวจพบ

No	Varieties	Rep.1	Rep.2	Rep.3	Primer			
		No. Tree	No. Tree	No. Tree	M574(Hb4)	Ma179(Hb34)	mT65(Hb82)	mA17(Hb89)
71	RRI-CH-35-1424	-	ต.3	-	Done	Done	-	-
72	RRI-CH-35-1425	-	-	-	-	-	-	-
73	RRI-CH-35-1428	-	-	-	-	-	-	-
74	RRI-CH-35-1442	ต.6,8	-	-	Done	Done	Done(ต.6)	-
75	RRI-CH-35-1446	-	-	-	-	-	-	-
76	RRI-CH-35-1457	-	-	-	-	-	-	-
77	RRI-CH-35-1458	-	-	-	-	-	-	-
78	RRI-CH-35-1461	-	-	-	-	-	-	-
79	RRI-CH-35-1747	-	-	-	-	-	-	-
80	RRI-CH-35-1757	-	-	-	-	-	-	-
81	RRI-CH-35-1782	-	-	-	-	-	-	-
82	RRI-CH-35-1785	-	-	-	-	-	-	-
83	OP-CH-35-1815	-	-	-	-	-	-	-
84	OP-CH-35-1817	ต.2,4	ต.3	-	Done	Done	Done	Done (Rep.1)
85	OP-CH-35-1886	-	ต.7	-	Done	Done	Done	Done
86	OP-CH-35-1887	-	-	ต.6,7	-	Done	Done	Done
87	OP-CH-35-1942	-	-	-	-	-	-	-
88	OP-CH-35-1951	ต.1	ต.1	-	Done	Done	Done	Done
89	OP-CH-35-1958	-	-	-	-	-	-	-
90	OP-CH-35-1959	-	-	-	-	-	-	-
91	OP-CH-35-1975	ต.5	-	-	Done	Done	Done	Done
92	OP-CH-35-2002	-	ต.1,2	-	Done	Done(ต.1)	Done(ต.1)	Done
93	OP-CH-35-2010	-	-	-	-	-	-	-
94	OP-CH-35-2019	-	-	-	-	-	-	-
95	OP-CH-35-2042	-	-	-	-	-	-	-
96	OP-CH-35-2072	-	-	-	-	-	-	-
97	OP-CH-35-2086	-	-	-	-	-	-	-
98	OP-CH-35-2090	ต.5	-	-	Done	Done	Done	Done
99	OP-CH-35-2092	-	-	-	-	-	-	-
100	OP-CH-35-2180	-	-	-	-	-	-	-
Total					39 ต้น	42 ต้น	38 ต้น	26 ต้น
					27 พันธุ์	28 พันธุ์	26 พันธุ์	17 พันธุ์

ต. = ต้นที่ Done = ตรวจเจอต้นที่ปน

Done (ต.1) = ตรวจเจอเฉพาะต้นที่ 1, Done (ต.6) = ตรวจเจอเฉพาะต้นที่ 6

Done (Rep.1) = ตรวจเจอเฉพาะ Rep.1, Done (Rep.2) = ตรวจเจอเฉพาะ Rep.2, Done (Rep.3) = ตรวจเจอเฉพาะ Rep.3

**พันธุ์ที่ 3 R2:** ต้นที่ 3 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (H-1×93-114) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง H-1 กับ RRIC 101

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีลักษณะแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (H-1×93-114) เช่นเดียวกัน แต่มีลักษณะแถบดีเอ็นเอคล้ายกับยางพาราพันธุ์ RRIM600

**พันธุ์ที่ 4 R2:** ต้นที่ 5 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (H-1×RRIC52) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง H-1 กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (H-1×RRIC52) เช่นเดียวกันจากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51 หรือ RRIM600 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 5 R1:** ต้นที่ 2 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (H-1×PB5/51) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีลักษณะคล้ายกับยางพาราพันธุ์ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของยางพาราพันธุ์ H-1 กับ PB5/51

**พันธุ์ที่ 21 R3:** ต้นที่ 5 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (93-114×RRIM707) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง 93-114 กับ RRIC110

ส่วนต้นที่เหลือนี้อมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (93-114×RRIM707) เช่นเดียวกันจากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง 93-114 กับ RRIC7 หรือ RRIM600 กับ RRIM707

**พันธุ์ที่ 26 R2:** ต้นที่ 6 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIC101×PB5/51) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง PB5/51 กับ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลือนี้อมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIC101×PB5/51) เช่นเดียวกันจากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIC110 กับ RRIM600

**พันธุ์ที่ 26 R3:** ต้นที่ 7 และ 8 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIC101×PB5/51) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIC110 กับ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ RRIC101 กับ PB5/51

**พันธุ์ที่ 29 R3:** ต้นที่ 3 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600×RRIC7) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIC7 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ RRIM600 กับ RRIC7

**พันธุ์ที่ 31 R1:** ต้นที่ 2 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600×RRIC7) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 1, 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบ พบแถบดีเอ็นเอเพียง 1 แถบ ซึ่งไม่ตรงกับพ่อ-แม่พันธุ์ใดเลย จึงไม่สามารถคาดคะเนได้ว่าเป็นลูกผสมระหว่าง พันธุ์ใด

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ RRIM600 กับ RRIC7

**พันธุ์ที่ 34 R3:** ต้นที่ 5 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600×RRIC7) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็น ลูกผสมระหว่าง PB235 กับ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ RRIM600 กับ RRIC7

**พันธุ์ที่ 36 R1** ต้นที่ 1,2,3,5 และ6 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจาก พ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600×PB235) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบ มีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลือ ไพธเมอร์ Ma179 (Hb34) ได้ตรวจพบว่าเป็นลูกผสมของยางพาราพันธุ์ RRIM600 กับ PB235 และมีลักษณะแถบดีเอ็นเอเหมือนกันกับสุราษฎร์ธานี ข้าที่ 2, 3 และบุรีรัมย์

**พันธุ์ที่ 39 R2:** ต้นที่ 8 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIT21×2557-28) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIC101 กับ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIT21×2557-28) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIC101 กับ RRIT21

**พันธุ์ที่ 40 R1:** ต้นที่ 1 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600 ⊗ : ⊗ = การผสมตัวเอง) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 44 R3:** มีเพียง 2 ต้นคือ ต้นที่ 1 และ 7 โดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่ พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบของต้นที่ 1 มีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง PB5/51 กับ RRIM600 ส่วนต้นที่ 7 มีลักษณะแถบดีเอ็นเอคล้ายกับ ยางพาราพันธุ์ RRIM600

**พันธุ์ที่ 49 R3:** ต้นที่ 6 และ 8 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIT21×2557-28) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 51 R3:** ต้นที่ 4 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลือพบว่า มีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 53 R1:** ต้นที่ 5 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIM707 หรือคล้ายกับยางพาราพันธุ์ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลืองพบว่ามีแถบตีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 53 R3:** ต้นที่ 6 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบตีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบตีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลืองพบว่ามีแถบตีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 54 R1:** ต้นที่ 6 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบตีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบตีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลืองพบว่ามีแถบตีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 54 R3:** ต้นที่ 1 และ 8 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบตีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบตีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลืองพบว่ามีแถบตีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 65 R1:** ต้นที่ 3 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบตีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบตีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลืองพบว่ามีแถบตีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 66 R3:** ต้นที่ 1 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบตีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบตีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลืองพบว่ามีแถบตีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101



**พันธุ์ที่ 67 R1:** ต้นที่ 1 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIC101 กับ BPM24

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 68 R2:** ต้นที่ 2 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 71 R2:** ต้นที่ 3 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 74 R1:** ต้นที่ 6 และ 8 เป็นต้นที่ปลอมปน โดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51×RRIC101) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบของต้นที่ 6 มีลักษณะแถบดีเอ็นเอคล้ายกับยางพาราพันธุ์ RRIM600 ส่วนต้นที่ 8 มีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง PB5/51 กับ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลือพบว่ามีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 84 R1:** ต้นที่ 2 และ 4 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600⊗) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์(RRIM600⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIM203 หรือ RRIM600 กับ BPM24

**พันธุ์ที่ 84 R2:** ต้นที่ 3 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIM600⊗) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIC100 กับ RRIM600

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์(RRIM600⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRII203 หรือ RRIM600 กับ BPM24

**พันธุ์ที่ 85 R2:** ต้นที่ 7 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (H-1⊗) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 1, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง H-1 กับ PB5/51

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์(H-1⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง H-1 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 86 R3:** ต้นที่ 7 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (H-1⊗) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 1, 2 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง H-1 กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์(H-1⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง H-1 กับ PB5/51

**พันธุ์ที่ 88 R1:** ต้นที่ 1 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (BPM24⊗) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง PB5/51กับ RRIC101

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์(H-1⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง BPM24 กับ PB5/51

**พันธุ์ที่ 88 R2:** ต้นที่ 1 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (BPM24⊗) สุราษฎร์ธานี ข้าที่ 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC100 หรือ RRIM600 กับ BPM24

ส่วนต้นที่เหลือพบว่าไม่มีแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ BPM24⊗

**พันธุ์ที่ 91 R1:** ต้นที่ 5 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIC100⊗) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ H-1

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIC100⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ RRIC100 หรือ PB5/51กับ RRIC101 หรือ PB5/51กับ RRIC100

**พันธุ์ที่ 92 R2:** ต้นที่ 1 และ 2 เป็นต้นที่ปลอมปน โดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIC110⊗) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 1, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอของทั้ง 2 ต้น ไม่สามารถคาดคะเนได้ว่าเป็นลูกผสมระหว่างพันธุ์ใด เนื่องจากแถบดีเอ็นเอที่พบไม่ตรงกับพ่อ-แม่พันธุ์ใดเลย

ส่วนต้นที่เหลือมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (RRIC110⊗) เช่นเดียวกัน จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง PB5/51 กับ RRIC101

**พันธุ์ที่ 98 R1:** ต้นที่ 5 เป็นต้นที่ปลอมปนโดยมีแถบดีเอ็นเอแตกต่างจากพ่อ-แม่พันธุ์ (PB5/51⊗) สุราษฎร์ธานี ซ้ำที่ 2, 3 และบุรีรัมย์ จากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่พบมีความน่าจะเป็นลูกผสมระหว่าง RRIM600 กับ BPM24

ส่วนต้นที่เหลือพบว่าแถบดีเอ็นเอคล้ายคลึงกับพ่อ-แม่พันธุ์ ซึ่งแสดงว่าเป็นลูกผสมของ ยางพาราพันธุ์ PB5/51⊗

จากผลการทดลองพบว่าต้นที่ตรวจพบว่ามี การปลอมปน ไม่สามารถสรุปได้แน่นอนว่าเป็นลูกผสมระหว่างพันธุ์ใด เป็นเพียงการคาดคะเนจากลักษณะแถบดีเอ็นเอที่มีความคล้ายคลึงกันในระหว่างพ่อ-แม่พันธุ์ กับลูกผสมที่นำมาตรวจสอบทั้งหมด และยังพบอีกว่ามียางพาราลูกผสมจำนวน 13 พันธุ์ ไม่ใช่ลูกผสมที่แท้จริงโดยพบว่าแถบดีเอ็นเอของยางพาราลูกผสม แตกต่างกับพ่อ-แม่พันธุ์ หากต้องการตรวจสอบความเป็นพ่อ-แม่-ลูก ของยางพาราลูกผสม และต้นที่ตรวจพบว่ามี การปลอมปนนั้น ควรนำข้อมูลแถบดีเอ็นเอที่ได้ไปวิเคราะห์หาความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรม ด้วยการวิเคราะห์ UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average) cluster analysis หาค่า Similarity coefficient ของ Jaccard ด้วยโปรแกรม NTSYS pc-2.1 หรือนำไปวิเคราะห์เปรียบเทียบพ่อ-แม่-ลูก ด้วยโปรแกรม Gene Map per version 3.7 หรือตรวจสอบด้วยวิธีอื่นๆ นอกเหนือจากนี้ เพื่อยืนยันผลให้มีความแม่นยำมากขึ้น เนื่องจากผลที่ได้เป็นเพียงข้อมูลเบื้องต้นที่ได้จากการตรวจการปลอมปนและตรวจสอบความถูกต้องของพันธุ์ยางพาราลูกผสมเท่านั้น

## 7.2 การหาความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมาย SSR กับการให้ผลผลิตและการเจริญเติบโต

### 7.2.1 ความหลากหลายของแอลลีลไมโครแซทเทลไลต์ (SSR)

จากการวิเคราะห์ความหลากหลายของแอลลีลของเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ จำนวน 128 เครื่องหมาย (รูปที่ 12 – 13, ตารางที่ 4) ในยางพาราลูกผสมจำนวน 97 สายพันธุ์ พบว่ามีจำนวนแอลลีลรวมทั้ง 836 แอลลีล มีจำนวนแอลลีลระหว่าง 2-18 แอลลีล เฉลี่ย 6.53 แอลลีลต่อ 1 เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลต์ มีจำนวนจีโนไทป์ระหว่าง 1-34 จีโนไทป์เฉลี่ย 11.72 จีโนไทป์ ค่า PIC มีค่าระหว่าง 0.2 ถึง 0.86 มีค่าเฉลี่ย 0.57 และค่าความหลากหลายของยีน (gene diversity) มีค่าระหว่าง 0.23 ถึง 0.87 มีค่าเฉลี่ย 0.62

**ตารางที่ 4** ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายของแอลลีลไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 128 เครื่องหมาย

Marker	MAF	GN	AN	GD	H	PIC
M574	0.31	24	11	0.80	0.97	0.77
ma17	0.45	16	8	0.70	0.47	0.65
Ma17	0.30	24	10	0.81	0.97	0.78
M197	0.60	7	4	0.54	0.61	0.47
Ma179	0.31	16	7	0.76	0.84	0.72
mt548	0.22	15	7	0.82	0.97	0.80
ma156	0.63	10	8	0.50	0.32	0.42
A131	0.50	12	8	0.69	0.74	0.65
mt615	0.38	14	7	0.74	0.81	0.69
gT2542	0.47	16	9	0.65	0.65	0.59
mtas2464	0.36	9	6	0.68	0.80	0.61
ga2436	0.41	17	8	0.73	0.73	0.70
mT65	0.48	12	7	0.64	0.59	0.57
hbe4	0.82	4	3	0.31	0.32	0.28
hbe23	0.74	3	2	0.39	0.32	0.31
hbe46	0.64	3	2	0.46	0.45	0.35
hmac4	0.60	10	6	0.57	0.61	0.52
hmac5	0.49	9	6	0.63	0.69	0.57
hmct1	0.66	8	6	0.47	0.38	0.38
hmct5	0.29	17	8	0.78	0.90	0.74
M264	0.66	4	3	0.45	0.59	0.36
M613	0.31	11	5	0.74	0.75	0.69
M692	0.60	8	4	0.57	0.60	0.52
Ma105	0.60	19	10	0.60	0.46	0.57
Ma170	0.46	22	9	0.70	0.69	0.67
Ma173	0.37	16	7	0.72	0.81	0.67
Ma188	0.46	21	8	0.72	0.70	0.69
Ma214	0.30	13	9	0.75	0.93	0.71
Ma215	0.42	19	8	0.73	0.86	0.69
M124	0.57	8	5	0.59	0.65	0.54
M425	0.44	10	7	0.63	0.72	0.56
Ma31	0.47	13	7	0.70	0.84	0.66
M340	0.34	12	7	0.73	0.82	0.68
M127	0.57	13	6	0.62	0.57	0.58
M256	0.86	4	3	0.24	0.26	0.22

**ตารางที่ 4 (ต่อ) ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายของแอลลีลไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 128 เครื่องหมาย**

Marker	MAF	GN	AN	GD	H	PIC
ma87	0.51	12	5	0.65	0.72	0.60
gA2521	0.36	16	9	0.75	0.91	0.71
mt460	0.43	13	7	0.70	0.76	0.65
gA2689	0.74	10	7	0.43	0.47	0.41
mt728	0.40	11	7	0.67	0.64	0.60
mA2388	0.50	13	7	0.65	0.84	0.60
gA2508	0.30	17	8	0.81	0.84	0.78
gA2511	0.47	18	9	0.71	0.77	0.68
mA2405	0.66	7	5	0.48	0.58	0.41
mTAS2216	0.66	12	7	0.50	0.54	0.44
mTAS2186	0.40	17	9	0.72	0.77	0.68
mA2418	0.37	13	7	0.69	0.79	0.64
mTAS2456	0.28	15	6	0.78	0.80	0.75
mA2394	0.57	10	7	0.60	0.55	0.54
mTA2252	0.60	9	6	0.56	0.62	0.51
m340	0.34	12	6	0.73	0.82	0.68
mTAS2227	0.52	10	6	0.56	0.57	0.47
m197	0.59	8	5	0.56	0.61	0.50
gA2682	0.41	16	6	0.72	0.75	0.67
ma140	0.41	14	8	0.73	0.77	0.69
Ga2715	0.38	14	7	0.73	0.93	0.69
gA2749	0.47	14	8	0.66	0.82	0.61
ma179	0.32	15	6	0.75	0.82	0.71
gA2695	0.35	17	8	0.74	0.92	0.70
mTAS2196	0.62	13	8	0.57	0.45	0.53
mA2433	0.26	19	8	0.81	0.93	0.78
mT2113	0.30	18	8	0.78	0.88	0.75
mA301	0.46	13	6	0.71	0.71	0.67
m124	0.57	7	4	0.59	0.64	0.54
hbe36	0.63	5	4	0.52	0.07	0.46
hbe41	0.51	14	7	0.66	0.69	0.62
FJ919780	0.68	16	7	0.51	0.38	0.49
FJ919782	0.87	5	4	0.24	0.24	0.23
a87	0.52	12	5	0.65	0.73	0.60
EHB001	0.45	6	4	0.63	0.64	0.55

ตารางที่ 4 (ต่อ) ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายของแอลลีลไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 128 เครื่องหมาย

Marker	MAF	GN	AN	GD	H	PIC
EHB003	0.79	3	2	0.33	0.24	0.28
EHB004	0.41	11	5	0.69	0.21	0.64
EHB006	0.55	6	3	0.58	0.69	0.50
EHB007	0.54	7	5	0.57	0.85	0.48
EHB012	0.52	7	4	0.58	0.64	0.49
EHB013	0.70	7	4	0.47	0.56	0.43
EHB014	0.75	3	2	0.38	0.44	0.31
EHB015	0.49	16	10	0.69	0.85	0.66
EHB017	0.70	8	6	0.48	0.53	0.45
EHB020	0.63	5	3	0.53	0.51	0.47
EHB021	0.69	6	5	0.45	0.44	0.37
EHB022	0.40	13	6	0.70	0.69	0.64
EHB026	0.64	9	6	0.54	0.67	0.50
EHB028	0.73	3	2	0.39	0.52	0.32
EHB031	0.52	5	4	0.56	0.66	0.47
EHB033	0.38	21	9	0.70	0.71	0.66
EHB034	0.64	5	4	0.52	0.55	0.46
EHB035	0.74	5	4	0.39	0.39	0.33
EHB051	0.87	5	4	0.23	0.23	0.21
EHB052	0.54	7	4	0.58	0.66	0.50
EHB058	0.84	4	3	0.27	0.27	0.24
EHB062	0.38	20	8	0.76	0.49	0.73
EHB041	0.84	6	3	0.28	0.24	0.26
EHB042	0.73	3	2	0.40	0.53	0.32
EHB063	0.48	9	6	0.58	0.11	0.49
EHB094	0.80	6	4	0.34	0.30	0.31
EHB156	0.50	1	2	0.50	1.00	0.38
EHB064	0.33	11	6	0.71	0.37	0.66
EHB075	0.31	15	6	0.78	0.46	0.75
EHB086	0.61	8	5	0.55	0.52	0.49
EHB100	0.52	8	6	0.61	0.93	0.55
EHB160	0.41	8	4	0.64	0.39	0.57
EHB162	0.28	23	9	0.81	0.78	0.78
EHB151	0.62	11	6	0.57	0.66	0.53
EHB152	0.45	13	6	0.67	0.93	0.62

**ตารางที่ 4 (ต่อ)** ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายของแอลลีลไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 128 เครื่องหมาย

Marker	MAF	GN	AN	GD	H	PIC
EHB154	0.69	8	4	0.48	0.44	0.43
EHB155	0.87	2	2	0.23	0.26	0.20
Mt9	0.54	12	5	0.62	0.27	0.56
FJ919781	0.54	6	3	0.57	0.52	0.49
emHbDOA152	0.52	11	7	0.67	0.48	0.63
emHbDOA155	0.65	6	6	0.53	0.00	0.48
emHbDOA153	0.36	18	10	0.76	0.47	0.72
emHbDOA123	0.65	10	7	0.56	0.30	0.53
emHbDOA128	0.38	19	14	0.81	0.98	0.79
emHbDOA150	0.61	5	5	0.58	0.00	0.55
emHbDOA113	0.54	7	7	0.66	0.00	0.63
emHbDOA119	0.31	16	10	0.83	0.49	0.81
emHbDOA126	0.49	7	6	0.68	0.01	0.64
emHbDOA109	0.24	20	11	0.83	0.56	0.81
emHbDOA101	0.27	24	12	0.85	0.54	0.84
emHbDOA114	0.57	7	7	0.62	0.02	0.59
emHbDOA115	0.25	23	13	0.85	0.49	0.83
emHbDOA87	0.22	34	18	0.87	0.45	0.86
emHbDOA82	0.33	15	10	0.78	0.47	0.74
emHbDOA63	0.69	15	13	0.51	0.44	0.49
emHbDOA78	0.74	6	7	0.41	0.02	0.37
emHbDOA62	0.18	29	18	0.87	0.36	0.86
emHbDOA94	0.29	22	11	0.82	0.69	0.80
Mean	0.51	11.72	6.53	0.62	0.58	0.57

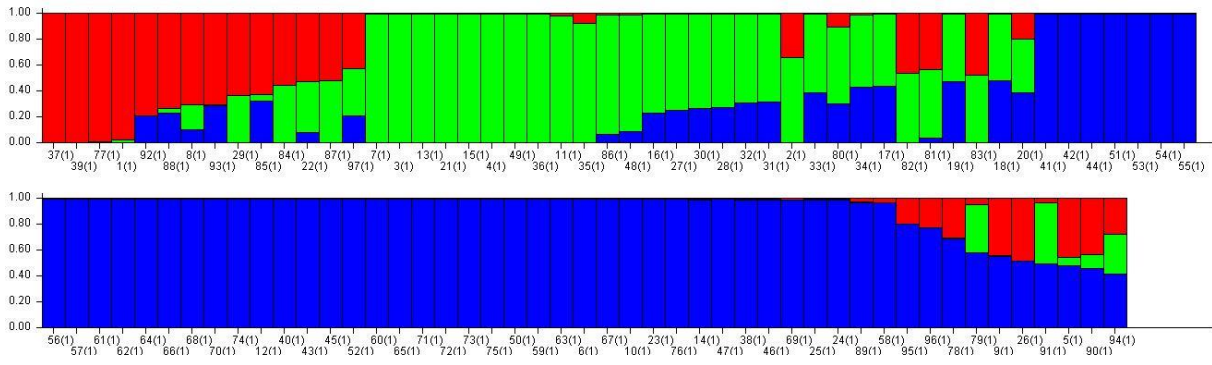
หมายเหตุ: MAF = Major Allele Frequency; GN = Genotype number; AN = Allele number; GD = Gene Diversity; H = Heterozygosity; PIC = polymorphism information content

### 7.2.2 การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากร

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยการสร้างเดนโดรแกรมโดยวิธี neighbour-joining เพื่อจัดกลุ่มพันธุ์ยางลูกผสม 97 สายพันธุ์ ใช้ Nei's genetic distance พบว่าพันธุ์ยางลูกผสมมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง (รูปที่ 9) สามารถแบ่งได้เป็น 3 กลุ่ม ให้ผลที่สอดคล้องกับผลที่ได้จากการวิเคราะห์โครงสร้างประชากร โดยใช้ Likelihood ของการเกิดโครงสร้างประชากรย่อย (K) พบว่าจุดสูงสุดของ Delta K ( $\Delta K$ ) เป็นที่ตำแหน่ง K= 3 ซึ่งแสดงถึง ประชากรธรรมชาติของตัวอย่างยางที่ศึกษามีโครงสร้างประชากรย่อย 3







รูปที่ 11 โครงสร้างของกลุ่มประชากรที่อนุমানได้ โดยใช้  $K = 3$  ความสูงแท่งสีแดง เขียว และน้ำเงิน แสดงโอกาส (Q) ที่ต้นยางแต่ละต้นจะตกอยู่ในประชากรย่อย ที่ 1 2 และ 3 ตามลำดับ

### 7.2.3 การวิเคราะห์ association mapping

การวิเคราะห์ association mapping ใช้ 2 วิธีคือ general linear model (GLM) โดยใช้โครงสร้างประชากร 2 ประชากรย่อย และ Mixed linear model (MLM) โดยใช้โครงสร้างประชากร 2 ประชากรย่อยและค่าความเป็นเครือญาติ (kinship) ผลการวิเคราะห์พบว่า การวิเคราะห์ association ทั้งสองวิธีให้ผลที่คล้ายคลึงกัน จากการทดสอบเครื่องหมายทั้งหมดจำนวน 128 พบความสัมพันธ์ทั้งหมด 54 ความสัมพันธ์ เป็น GLM จำนวน 41 ความสัมพันธ์ และ MLM จำนวน 53 ความสัมพันธ์ ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$  (ตารางที่ 5 และ 6) ความสัมพันธ์ MLM จะครอบคลุม GLM ทั้งหมด ยกเว้น เครื่องหมาย emHbDOA87 จากความสัมพันธ์จำนวน 54 ความสัมพันธ์ เป็นความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมาย SSR กับผลผลิตจำนวน 26 ความสัมพันธ์ และความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมาย SSR กับ การเจริญเติบโต จำนวน 33 ความสัมพันธ์ มีจำนวน 5 เครื่องหมาย SSR ได้แก่ EHB012 hbe4 M692 mA2388 และ mt460 ซึ่งมีความสัมพันธ์ร่วมกันระหว่างผลผลิตและการเจริญเติบโต

จากความสัมพันธ์ของเครื่องหมาย SSR กับผลผลิตจำนวน 26 ความสัมพันธ์ พบ SSR ที่สัมพันธ์กับผลผลิตในปี 1 – 9 และผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี จำนวน 9, 17, 8, 9, 13, 11, 2, 1, 1 และ 6 ความสัมพันธ์ ตามลำดับ ในจำนวนความสัมพันธ์นี้ เครื่องหมาย EHB017 EHB051 M613 Ma105 Ma170 แสดงความสัมพันธ์กับผลผลิตในช่วงปีที่ 1 – 6 รวมทั้งผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี เครื่องหมาย m340 mt615 และ EHB017 แสดงความสัมพันธ์กับผลผลิตปีที่ 7 8 และ 9 ตามลำดับ จากความสัมพันธ์ของเครื่องหมาย SSR กับ การเจริญเติบโต จำนวน 33 ความสัมพันธ์ พบ SSR ที่สัมพันธ์กับการเจริญเติบโต ปีที่ 2 – 13 จำนวน 22, 23, 21, 15, 8, 9, 7, 6, 9, 8, 8 และ 8 ความสัมพันธ์ ตามลำดับ ในจำนวนความสัมพันธ์นี้ เครื่องหมาย gA2682 แสดงความสัมพันธ์กับการเจริญเติบโตทุกช่วงปี ยกเว้น ปีที่ 9 ความสัมพันธ์ของเครื่องหมายที่เหลือจะสัมพันธ์กับช่วงการเจริญเติบโต 2 ช่วงคือ 2 -5 ปี และ 4 – 13 ปี

ค่า  $R^2$  แสดงถึงขนาดอิทธิพลของเครื่องหมายต่อลักษณะ จากความสัมพันธ์ของเครื่องหมาย SSR กับผลผลิตและการเจริญเติบโต จำนวน 54 ความสัมพันธ์ มีค่า  $R^2$  ของ model อยู่ระหว่าง 0.2655 ถึง 0.8827 และ

มีค่า  $R^2$  ของเครื่องหมายอยู่ระหว่าง 0.0423 ถึง 0.3817 เครื่องหมายที่แสดงค่า  $R^2$  ของ model สูงที่สุดคือ mA2388 ส่วนเครื่องหมายที่แสดงค่า  $R^2$  ของเครื่องหมายสูงที่สุดคือ Ma170

**ตารางที่ 5** การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี GLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_Model	Rsq_Marker
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB015	4.2067	1.23E-05	0.5248	0.3796
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB026	7.9056	6.45E-08	0.5074	0.3622
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB064	4.3342	7.15E-05	0.4395	0.2962
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB086	7.515	4.62E-07	0.4673	0.3221
การเจริญเติบโตปีที่ 2	emHbDOA109	2.6967	0.0013	0.5025	0.359
การเจริญเติบโตปีที่ 2	emHbDOA87	2.6126	7.11E-04	0.6614	0.5122
การเจริญเติบโตปีที่ 2	FJ919780	3.3699	2.17E-04	0.4787	0.3335
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2508	3.4867	1.11E-04	0.5016	0.3564
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2511	3.2926	1.78E-04	0.505	0.3598
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2521	3.5912	1.00E-04	0.4917	0.3466
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2682	4.8724	1.36E-06	0.556	0.4108
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2749	4.2981	1.93E-05	0.4941	0.349
การเจริญเติบโตปีที่ 2	hbe4	5.2427	0.0022	0.2711	0.126
การเจริญเติบโตปีที่ 2	hbe41	4.5886	7.80E-06	0.5077	0.3625
การเจริญเติบโตปีที่ 2	M574	3.0214	1.93E-04	0.568	0.4228
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mA2388	4.9876	3.79E-06	0.5059	0.3607
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mA301	3.0084	0.0016	0.4065	0.2613
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mT2113	3.8364	2.44E-05	0.5372	0.392
การเจริญเติบโตปีที่ 2	Mt9	5.8345	8.15E-07	0.5369	0.3811
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mTAS2172	3.3988	0.0019	0.3505	0.2053
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mTAS2172	3.1992	0.0032	0.3412	0.1961
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB015	5.6362	1.21E-07	0.6955	0.3259
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB026	10.0966	7.95E-10	0.6749	0.3053
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB064	3.6561	4.59E-04	0.5625	0.1951
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB086	9.1579	1.95E-08	0.637	0.2675
การเจริญเติบโตปีที่ 3	emHbDOA109	3.7493	2.52E-05	0.6779	0.3231
การเจริญเติบโตปีที่ 3	emHbDOA87	3.1476	7.09E-05	0.7782	0.4043
การเจริญเติบโตปีที่ 3	FJ919780	5.0791	6.99E-07	0.6791	0.3095
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2508	4.9634	6.83E-07	0.6876	0.318
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2511	4.6401	1.43E-06	0.6886	0.319

**ตารางที่ 5** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี GLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_Model	Rsq_Marker
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2521	5.3276	3.17E-07	0.6866	0.317
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2682	6.0275	3.66E-08	0.706	0.3364
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2749	6.6777	1.72E-08	0.6957	0.3261
การเจริญเติบโตปีที่ 3	hbe41	6.3742	3.99E-08	0.6884	0.3188
การเจริญเติบโตปีที่ 3	M574	3.5761	1.96E-05	0.7079	0.3383
การเจริญเติบโตปีที่ 3	Ma188	2.3486	0.0043	0.6144	0.2448
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mA2388	7.4392	4.53E-09	0.6982	0.3286
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mT2113	5.2897	1.60E-07	0.7092	0.3396
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mt460	2.7386	0.0036	0.5499	0.1804
การเจริญเติบโตปีที่ 3	Mt9	6.1021	4.06E-07	0.6685	0.2853
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mTAS2172	4.6773	8.91E-05	0.5607	0.1911
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mTAS2172	4.6573	9.35E-05	0.5601	0.1906
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB015	3.2596	3.18E-04	0.6191	0.2357
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB026	4.9421	4.76E-05	0.5776	0.1942
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB026	4.8237	6.30E-05	0.5584	0.1981
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB034	4.3364	0.003	0.483	0.0996
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB034	4.2577	0.0033	0.4621	0.1018
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB075	2.7174	0.0026	0.5665	0.2062
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB075	2.6911	0.0028	0.5808	0.1974
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB086	4.3678	3.43E-04	0.5437	0.1603
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB086	3.8989	9.69E-04	0.513	0.1528
การเจริญเติบโตปีที่ 4	FJ919780	3.0274	7.18E-04	0.5938	0.2335
การเจริญเติบโตปีที่ 4	FJ919780	2.915	0.0011	0.6031	0.2197
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2508	2.8853	9.74E-04	0.5981	0.2378
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2508	2.8226	0.0012	0.6095	0.2261
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2511	2.7044	0.0016	0.6139	0.2305
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2511	2.5053	0.0033	0.5881	0.2278
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2521	2.8837	0.0012	0.5866	0.2263
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2521	2.8514	0.0013	0.6	0.2166
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2682	3.7037	6.81E-05	0.638	0.2546
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2682	3.6626	7.85E-05	0.6227	0.2624
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2749	3.7183	1.22E-04	0.6138	0.2304
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2749	3.5186	2.32E-04	0.5912	0.2309

**ตารางที่ 5** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี GLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_Model	Rsq_Marker
การเจริญเติบโตปีที่ 4	hbe41	3.7385	1.14E-04	0.6146	0.2312
การเจริญเติบโตปีที่ 4	hbe41	3.5145	2.35E-04	0.591	0.2307
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mA2388	4.4789	1.71E-05	0.6275	0.2441
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mA2388	4.2486	3.42E-05	0.6055	0.2453
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mT2113	3.2241	2.30E-04	0.6263	0.266
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mT2113	3.1514	3.01E-04	0.6364	0.253
การเจริญเติบโตปีที่ 4	Mt9	2.7997	0.004	0.5726	0.1688
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mTAS2216	3.266	9.51E-04	0.5535	0.1933
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mTAS2216	3.0183	0.002	0.5596	0.1762
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB015	2.7201	0.0021	0.5798	0.217
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB026	4.001	4.51E-04	0.5357	0.1728
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB034	4.5698	0.0021	0.4704	0.1076
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB075	2.7379	0.0024	0.5692	0.2064
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB086	3.2311	0.0043	0.4943	0.1315
การเจริญเติบโตปีที่ 5	FJ919780	2.6565	0.0026	0.5765	0.2136
การเจริญเติบโตปีที่ 5	gA2508	2.488	0.0041	0.5781	0.2153
การเจริญเติบโตปีที่ 5	gA2521	2.5481	0.0039	0.5706	0.2078
การเจริญเติบโตปีที่ 5	gA2682	3.3871	2.04E-04	0.6122	0.2494
การเจริญเติบโตปีที่ 5	gA2749	3.0746	9.79E-04	0.5734	0.2105
การเจริญเติบโตปีที่ 5	hbe41	3.0099	0.0012	0.5704	0.2075
การเจริญเติบโตปีที่ 5	mA2388	3.6169	2.36E-04	0.5834	0.2205
การเจริญเติบโตปีที่ 5	mT2113	2.7667	0.0013	0.6045	0.2416
การเจริญเติบโตปีที่ 5	mTAS2216	3.3444	7.54E-04	0.5585	0.1957
การเจริญเติบโตปีที่ 6	EHB062	2.5128	0.0025	0.5555	0.283
การเจริญเติบโตปีที่ 6	EHB075	2.9004	0.0014	0.5174	0.2449
การเจริญเติบโตปีที่ 6	gA2682	2.5971	0.0033	0.5128	0.2403
การเจริญเติบโตปีที่ 6	mTAS2216	3.1297	0.0014	0.4858	0.2133
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB020	4.3804	0.0028	0.3769	0.1213
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB034	3.9944	0.005	0.3678	0.1122
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB062	2.6888	0.0013	0.5572	0.3016
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB075	2.7912	0.002	0.4999	0.2443
การเจริญเติบโตปีที่ 7	gA2682	2.554	0.0038	0.4987	0.2431
การเจริญเติบโตปีที่ 7	mTAS2216	3.2723	9.33E-04	0.4808	0.2252

**ตารางที่ 5** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี GLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_Model	Rsq_Marker
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB020	4.1821	0.0038	0.3322	0.1241
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB034	3.9985	0.005	0.3275	0.1195
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB062	2.9947	3.80E-04	0.5497	0.3416
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB075	2.7273	0.0025	0.4639	0.2559
การเจริญเติบโตปีที่ 8	mTAS2216	3.1386	0.0014	0.4407	0.2326
การเจริญเติบโตปีที่ 9	EHB062	3.0748	2.78E-04	0.5358	0.3616
การเจริญเติบโตปีที่ 9	EHB075	2.6498	0.0032	0.4359	0.2616
การเจริญเติบโตปีที่ 9	mTAS2216	2.8695	0.0031	0.4018	0.2275
การเจริญเติบโตปีที่ 10	EHB062	3.25	1.41E-04	0.5234	0.3924
การเจริญเติบโตปีที่ 10	EHB075	2.7239	0.0025	0.4116	0.2805
การเจริญเติบโตปีที่ 10	mTAS2216	3.1168	0.0015	0.3851	0.254
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB020	4.4501	0.0025	0.2621	0.1459
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB033	2.6438	0.0013	0.4845	0.3683
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB062	3.3854	8.33E-05	0.5242	0.4081
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB075	2.7109	0.0026	0.4005	0.2844
การเจริญเติบโตปีที่ 11	mTAS2216	3.25	9.97E-04	0.3822	0.2661
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB020	4.3449	0.0029	0.2287	0.1489
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB033	2.6461	0.0013	0.4635	0.3837
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB062	3.1607	1.99E-04	0.489	0.4092
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB075	2.7695	0.0022	0.3802	0.3004
การเจริญเติบโตปีที่ 12	Ma188	2.3495	0.0043	0.4372	0.3574
การเจริญเติบโตปีที่ 12	mTAS2216	3.0232	0.002	0.343	0.2632
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB020	4.2212	0.0035	0.2197	0.1464
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB033	2.8078	6.84E-04	0.4731	0.3998
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB062	3.1909	1.77E-04	0.4876	0.4142
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB075	2.8546	0.0016	0.382	0.3087
การเจริญเติบโตปีที่ 13	Ma188	2.4423	0.003	0.4418	0.3685
การเจริญเติบโตปีที่ 13	mTAS2216	3.1583	0.0013	0.3467	0.2734
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	EHB017	3.6865	0.0016	0.2965	0.2087
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	EHB051	5.521	5.08E-04	0.2676	0.1797
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	M613	3.0916	0.0021	0.3333	0.2454
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	Ma170	2.3598	0.0037	0.4567	0.3688
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	mt460	2.9069	0.0021	0.3601	0.2722

**ตารางที่ 5** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี GLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait		Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_Model	Rsq_Marker
ผลผลิตปีที่ 1	1	EHB051	4.8894	0.0013	0.3901	0.1325
ผลผลิตปีที่ 1	1	gT2542	2.7127	0.0022	0.5099	0.2524
ผลผลิตปีที่ 1	1	M613	3.0515	0.0024	0.4554	0.1979
ผลผลิตปีที่ 1	1	M692	4.1785	5.21E-04	0.4443	0.1868
ผลผลิตปีที่ 1	1	Ma105	3.0269	3.98E-04	0.5675	0.31
ผลผลิตปีที่ 1	1	Ma170	2.8471	5.10E-04	0.5918	0.3343
ผลผลิตปีที่ 2	2	EHB012	3.4112	0.0045	0.277	0.1682
ผลผลิตปีที่ 2	2	EHB017	3.6391	0.0017	0.3107	0.2018
ผลผลิตปีที่ 2	2	EHB051	5.7472	3.64E-04	0.2902	0.1813
ผลผลิตปีที่ 2	2	gT2542	2.5188	0.0043	0.3972	0.2883
ผลผลิตปีที่ 2	2	M613	3.6873	4.06E-04	0.3807	0.2718
ผลผลิตปีที่ 2	2	M692	3.395	0.003	0.3001	0.1912
ผลผลิตปีที่ 2	2	Ma105	3.4203	8.93E-05	0.5077	0.3988
ผลผลิตปีที่ 2	2	ma140	3.1946	6.62E-04	0.4109	0.302
ผลผลิตปีที่ 2	2	Ma170	2.9765	3.02E-04	0.5199	0.4111
ผลผลิตปีที่ 2	2	Ma215	2.6931	0.0014	0.4559	0.347
ผลผลิตปีที่ 2	2	mt460	2.8125	0.0029	0.3687	0.2598
ผลผลิตปีที่ 2	2	mTAS2456	2.8212	0.0018	0.4034	0.2945
ผลผลิตปีที่ 3	3	EHB051	4.9788	0.0011	0.317	0.1511
ผลผลิตปีที่ 3	3	M613	3.0298	0.0026	0.3869	0.2211
ผลผลิตปีที่ 3	3	Ma105	2.6816	0.0015	0.4898	0.324
ผลผลิตปีที่ 3	3	Ma170	3.1541	1.47E-04	0.5626	0.3968
ผลผลิตปีที่ 3	3	Ma215	2.8632	7.44E-04	0.5029	0.3371
ผลผลิตปีที่ 4	4	M340	2.7521	0.0044	0.3772	0.2272
ผลผลิตปีที่ 4	4	m340	2.7455	0.0044	0.3768	0.2268
ผลผลิตปีที่ 4	4	M692	3.3182	0.0035	0.3292	0.1791
ผลผลิตปีที่ 4	4	Ma105	2.5023	0.003	0.4663	0.3163
ผลผลิตปีที่ 4	4	Ma170	3.0832	1.96E-04	0.5496	0.3995
ผลผลิตปีที่ 4	4	mt460	2.9055	0.0022	0.4036	0.2536
ผลผลิตปีที่ 5	5	EHB017	3.3142	0.0036	0.2965	0.1876
ผลผลิตปีที่ 5	5	EHB051	7.0182	5.79E-05	0.3208	0.2119
ผลผลิตปีที่ 5	5	hbe4	4.8626	0.0035	0.2321	0.1231
ผลผลิตปีที่ 5	5	M264	4.6493	0.0045	0.2274	0.1184

**ตารางที่ 5 (ต่อ)** การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี GLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_Model	Rsq_Marker
ผลผลิตปีที่ 5	M613	2.8919	0.0038	0.3372	0.2282
ผลผลิตปีที่ 5	Ma105	2.4515	0.0036	0.4363	0.3273
ผลผลิตปีที่ 5	ma140	2.7875	0.0025	0.3844	0.2754
ผลผลิตปีที่ 5	Ma170	2.4947	0.0022	0.4812	0.3723
ผลผลิตปีที่ 6	EHB003	6.8447	0.0017	0.1821	0.1217
ผลผลิตปีที่ 6	EHB017	3.8633	0.001	0.2832	0.2228
ผลผลิตปีที่ 6	EHB051	6.2352	1.78E-04	0.2643	0.2039
ผลผลิตปีที่ 6	EHB151	2.9273	0.0034	0.3032	0.2428
ผลผลิตปีที่ 6	hbe4	4.9543	0.0031	0.1923	0.1319
ผลผลิตปีที่ 6	M613	2.9158	0.0035	0.3025	0.2421
ผลผลิตปีที่ 7	m340	2.816	0.0036	0.2881	0.2657
ผลผลิตปีที่ 7	M340	2.7501	0.0044	0.2835	0.2611



**ตารางที่ 6** การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
การเจริญเติบโตปีที่ 2	hbe4	6.2026	7.00E-04	0.7523	0.0506
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB041	3.8345	0.0034	0.7546	0.0529
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mTAS2172	3.0965	0.0041	0.7684	0.0667
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mTAS2172	3.332	0.0023	0.7723	0.0706
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mt460	2.5099	0.0073	0.7818	0.0801
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mA301	3.1467	0.001	0.7958	0.0941
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB064	3.435	8.46E-04	0.757	0.1018
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2508	3.2067	3.93E-04	0.824	0.1085
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB086	7.1238	1.01E-06	0.8104	0.1087
การเจริญเติบโตปีที่ 2	FJ919780	3.4616	2.13E-04	0.8202	0.1103
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB026	7.3296	2.19E-07	0.8226	0.1209
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB015	4.6089	5.00E-06	0.8437	0.1276
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2521	3.6187	1.30E-04	0.8014	0.129
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mA2388	5.2809	1.62E-06	0.8317	0.13
การเจริญเติบโตปีที่ 2	emHbDOA109	2.5405	0.0028	0.7863	0.1376
การเจริญเติบโตปีที่ 2	EHB162	2.2166	0.0071	0.7946	0.1386
การเจริญเติบโตปีที่ 2	hbe41	5.1231	2.67E-06	0.8112	0.1433
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2749	4.9863	4.14E-06	0.8067	0.1446
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2511	3.5071	1.07E-04	0.7991	0.1464
การเจริญเติบโตปีที่ 2	Mt9	6.1995	3.16E-07	0.8266	0.1516
การเจริญเติบโตปีที่ 2	gA2682	5.4532	5.34E-07	0.8469	0.1601
การเจริญเติบโตปีที่ 2	M574	2.8741	5.04E-04	0.8126	0.1616
การเจริญเติบโตปีที่ 2	mT2113	4.2923	6.89E-06	0.8164	0.1637
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB041	3.5038	0.0062	0.7851	0.0423
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB012	3.0618	0.0091	0.7873	0.0444
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mA2405	3.1839	0.0071	0.7887	0.0459
การเจริญเติบโตปีที่ 3	M692	3.4014	0.0029	0.7981	0.0553
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mTAS2172	3.8072	7.21E-04	0.8101	0.0673
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mTAS2172	3.8424	6.62E-04	0.8106	0.0677

**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mt460	2.7513	0.0035	0.8167	0.0738
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB064	3.2033	0.0016	0.7942	0.0804
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB075	2.966	0.0014	0.8224	0.0856
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB086	7.8273	2.49E-07	0.8422	0.0994
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2508	4.1384	1.61E-05	0.8654	0.1071
การเจริญเติบโตปีที่ 3	Mt9	5.2402	3.96E-06	0.8445	0.1149
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB026	9.0205	6.55E-09	0.8602	0.1173
การเจริญเติบโตปีที่ 3	FJ919780	5.0685	1.18E-06	0.8654	0.1209
การเจริญเติบโตปีที่ 3	EHB015	5.6055	2.29E-07	0.8746	0.1246
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2511	3.9887	1.96E-05	0.8456	0.1279
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2521	5.5347	3.02E-07	0.8683	0.1308
การเจริญเติบโตปีที่ 3	emHbDOA109	3.8991	1.92E-05	0.8633	0.1351
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mA2388	8.1475	7.62E-10	0.8827	0.1399
การเจริญเติบโตปีที่ 3	hbe41	7.2903	7.19E-09	0.8691	0.1414
การเจริญเติบโตปีที่ 3	M574	3.3626	7.29E-05	0.8565	0.1448
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2749	7.661	3.05E-09	0.8711	0.1482
การเจริญเติบโตปีที่ 3	mT2113	5.4455	1.53E-07	0.8675	0.1499
การเจริญเติบโตปีที่ 3	gA2682	7.2414	3.87E-09	0.8823	0.1635
การเจริญเติบโตปีที่ 4	FJ919782	3.5511	0.0098	0.644	0.0562
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB034	3.7307	0.0074	0.6465	0.0586
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB034	3.7801	0.0069	0.595	0.068
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB020	4.1283	0.0041	0.6003	0.0733
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mA2405	3.2895	0.0057	0.6633	0.0755
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB086	3.9588	8.48E-04	0.6874	0.0996
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB086	3.6515	0.0017	0.6344	0.1074
การเจริญเติบโตปีที่ 4	Mt9	2.6787	0.0057	0.7003	0.1132
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mTAS2216	2.8631	0.0031	0.7012	0.1134
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2508	2.4139	0.0062	0.7278	0.1264
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB026	4.7836	6.93E-05	0.7148	0.1269

**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mTAS2216	3.2075	0.0011	0.668	0.1411
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB075	3.2696	5.30E-04	0.7302	0.1434
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2508	2.4281	0.0059	0.6925	0.1436
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB026	4.7092	8.26E-05	0.671	0.1441
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2511	2.4246	0.0052	0.7115	0.1453
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2521	3.0685	8.14E-04	0.7339	0.1465
การเจริญเติบโตปีที่ 4	FJ919780	3.1234	6.63E-04	0.7316	0.1486
การเจริญเติบโตปีที่ 4	hbe41	3.9835	7.86E-05	0.745	0.1505
การเจริญเติบโตปีที่ 4	emHbDOA109	2.199	0.01	0.7274	0.152
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB015	3.4057	2.57E-04	0.7442	0.1544
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB075	3.2494	5.66E-04	0.6917	0.1628
การเจริญเติบโตปีที่ 4	hbe41	3.7676	1.52E-04	0.7038	0.1653
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2749	4.3057	3.06E-05	0.743	0.166
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2521	3.0816	7.79E-04	0.6969	0.1677
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mT2113	3.1834	3.40E-04	0.7389	0.1727
การเจริญเติบโตปีที่ 4	EHB015	3.3152	3.48E-04	0.7026	0.1747
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mA2388	5.0423	3.23E-06	0.7628	0.175
การเจริญเติบโตปีที่ 4	FJ919780	3.311	3.53E-04	0.6992	0.1765
การเจริญเติบโตปีที่ 4	Ma188	2.2923	0.006	0.696	0.1789
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2749	4.026	7.10E-05	0.7015	0.1803
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mA2388	4.7911	6.75E-06	0.7219	0.195
การเจริญเติบโตปีที่ 4	mT2113	3.1677	3.60E-04	0.7026	0.1958
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2682	4.5849	7.18E-06	0.7717	0.2007
การเจริญเติบโตปีที่ 4	gA2682	4.4946	9.49E-06	0.7374	0.2264
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB020	3.7602	0.0071	0.5203	0.0802
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB034	4.329	0.003	0.5305	0.0903
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB086	3.1582	0.0051	0.5536	0.1134
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB026	3.9719	4.84E-04	0.5912	0.151
การเจริญเติบโตปีที่ 5	mTAS2216	3.3079	8.40E-04	0.6108	0.1706

**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
การเจริญเติบโตปีที่ 5	hbe41	3.2322	7.92E-04	0.6319	0.1763
การเจริญเติบโตปีที่ 5	gA2521	2.6839	0.003	0.6253	0.1805
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB075	3.1949	6.75E-04	0.6343	0.1899
การเจริญเติบโตปีที่ 5	gA2749	3.4333	4.34E-04	0.6302	0.1905
การเจริญเติบโตปีที่ 5	EHB015	2.9147	0.0013	0.6302	0.191
การเจริญเติบโตปีที่ 5	FJ919780	2.9204	0.0013	0.6295	0.1917
การเจริญเติบโตปีที่ 5	mA2388	3.8809	1.05E-04	0.6429	0.2028
การเจริญเติบโตปีที่ 5	Ma188	2.2071	0.0084	0.639	0.2046
การเจริญเติบโตปีที่ 5	mT2113	2.6744	0.0021	0.6308	0.2052
การเจริญเติบโตปีที่ 5	gA2682	4.005	4.39E-05	0.6813	0.2448
การเจริญเติบโตปีที่ 6	EHB034	3.742	0.0073	0.419	0.0966
การเจริญเติบโตปีที่ 6	EHB020	3.8244	0.0064	0.4208	0.0984
การเจริญเติบโตปีที่ 6	hbe41	2.4155	0.0099	0.5113	0.1749
การเจริญเติบโตปีที่ 6	mA2388	2.5431	0.0066	0.5061	0.1838
การเจริญเติบโตปีที่ 6	mTAS2216	3.0779	0.0017	0.5187	0.1963
การเจริญเติบโตปีที่ 6	EHB075	3.3144	4.58E-04	0.5623	0.2357
การเจริญเติบโตปีที่ 6	gA2682	2.9506	0.0013	0.564	0.2467
การเจริญเติบโตปีที่ 6	EHB062	2.7634	0.0011	0.5999	0.2689
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB034	3.6407	0.0085	0.5467	0.0733
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB020	4.5775	0.0021	0.5624	0.089
การเจริญเติบโตปีที่ 7	hbe41	2.5032	0.0076	0.6291	0.1375
การเจริญเติบโตปีที่ 7	mTAS2216	3.0244	0.0019	0.624	0.1507
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB075	3.3917	3.57E-04	0.6736	0.1799
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB033	2.1865	0.0091	0.6582	0.1919
การเจริญเติบโตปีที่ 7	Ma188	2.2219	0.0079	0.659	0.1945
การเจริญเติบโตปีที่ 7	gA2682	3.1969	5.96E-04	0.6671	0.2041
การเจริญเติบโตปีที่ 7	EHB062	2.9374	5.91E-04	0.7008	0.2138
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB034	3.6796	0.008	0.5171	0.079
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB020	4.3888	0.0027	0.5298	0.0917

**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
การเจริญเติบโตปีที่ 8	mTAS2216	2.9081	0.0027	0.5944	0.1563
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB075	3.3626	3.92E-04	0.6519	0.1902
การเจริญเติบโตปีที่ 8	gA2682	2.8071	0.0021	0.6287	0.1999
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB033	2.2564	0.0069	0.6398	0.2087
การเจริญเติบโตปีที่ 8	EHB062	3.211	2.11E-04	0.6928	0.24
การเจริญเติบโตปีที่ 9	EHB020	3.8462	0.0062	0.3081	0.1183
การเจริญเติบโตปีที่ 9	EHB034	3.8608	0.0061	0.3085	0.1187
การเจริญเติบโตปีที่ 9	mTAS2216	2.856	0.0032	0.4123	0.2225
การเจริญเติบโตปีที่ 9	EHB075	2.9148	0.0017	0.4509	0.2601
การเจริญเติบโตปีที่ 9	EHB033	2.2008	0.0086	0.4745	0.297
การเจริญเติบโตปีที่ 9	EHB062	3.2272	1.98E-04	0.548	0.3548
การเจริญเติบโตปีที่ 10	EHB034	3.6283	0.0087	0.4673	0.0859
การเจริญเติบโตปีที่ 10	EHB020	4.1424	0.004	0.4776	0.0962
การเจริญเติบโตปีที่ 10	mTAS2216	2.8841	0.0029	0.5525	0.1711
การเจริญเติบโตปีที่ 10	gA2682	2.5601	0.0048	0.5822	0.2051
การเจริญเติบโตปีที่ 10	mA2433	2.2664	0.0082	0.5859	0.2099
การเจริญเติบโตปีที่ 10	EHB075	3.4177	3.28E-04	0.6187	0.2117
การเจริญเติบโตปีที่ 10	Ma188	2.176	0.0094	0.5967	0.2253
การเจริญเติบโตปีที่ 10	EHB033	2.4065	0.0039	0.6197	0.235
การเจริญเติบโตปีที่ 10	EHB062	3.3017	1.50E-04	0.6667	0.2677
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB034	3.6758	0.0081	0.4598	0.0883
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB020	4.7088	0.0017	0.4803	0.1088
การเจริญเติบโตปีที่ 11	mTAS2216	3.0683	0.0017	0.5532	0.1817
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB075	3.3653	3.89E-04	0.611	0.2128
การเจริญเติบโตปีที่ 11	gA2682	2.6219	0.0039	0.5732	0.2146
การเจริญเติบโตปีที่ 11	Ma188	2.365	0.0045	0.6027	0.2413
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB033	2.8408	7.12E-04	0.6356	0.2658
การเจริญเติบโตปีที่ 11	EHB062	3.443	8.85E-05	0.6644	0.2811
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB020	4.6709	0.0018	0.4526	0.1136

**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
การเจริญเติบโตปีที่ 12	mTAS2216	2.8262	0.0035	0.5191	0.1801
การเจริญเติบโตปีที่ 12	gA2682	2.4269	0.0074	0.5447	0.2119
การเจริญเติบโตปีที่ 12	mA2433	2.2207	0.0097	0.5573	0.2199
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB075	3.4507	2.95E-04	0.5937	0.2278
การเจริญเติบโตปีที่ 12	Ma188	2.4004	0.004	0.5841	0.2563
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB033	2.8637	6.52E-04	0.622	0.278
การเจริญเติบโตปีที่ 12	EHB062	3.17	2.46E-04	0.6365	0.2803
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB020	4.5832	0.0021	0.4478	0.1125
การเจริญเติบโตปีที่ 13	mTAS2216	2.9524	0.0024	0.5222	0.1869
การเจริญเติบโตปีที่ 13	gA2682	2.3582	0.0093	0.5374	0.2092
การเจริญเติบโตปีที่ 13	mA2433	2.2622	0.0083	0.5582	0.2236
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB075	3.5305	2.28E-04	0.5937	0.2331
การเจริญเติบโตปีที่ 13	Ma188	2.4876	0.0028	0.5881	0.2631
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB062	3.2023	2.18E-04	0.636	0.2836
การเจริญเติบโตปีที่ 13	EHB033	3.041	3.27E-04	0.6304	0.2885
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	EHB051	5.4991	5.24E-04	0.2848	0.1748
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	EHB017	3.6629	0.0016	0.3126	0.2026
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	M340	2.663	0.0057	0.3422	0.2322
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	M613	3.0479	0.0024	0.347	0.2369
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	mt460	2.8756	0.0024	0.3736	0.2636
ผลผลิตเฉลี่ย 9 ปี	Ma170	2.4561	0.0029	0.472	0.3602
ผลผลิตปีที่ 1	EHB051	4.7184	0.0017	0.5632	0.0916
ผลผลิตปีที่ 1	EHB013	3.1744	0.0072	0.5657	0.094
ผลผลิตปีที่ 1	EHB017	2.9276	0.0085	0.5724	0.1007
ผลผลิตปีที่ 1	M692	3.8862	9.97E-04	0.5975	0.1259
ผลผลิตปีที่ 1	M613	2.9644	0.0031	0.6095	0.1378
ผลผลิตปีที่ 1	mt460	2.6091	0.0054	0.6176	0.146
ผลผลิตปีที่ 1	gT2542	2.7442	0.0024	0.6585	0.1661
ผลผลิตปีที่ 1	Ma105	2.9129	7.49E-04	0.6783	0.2096

**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
ผลผลิตปีที่ 1	Ma170	2.8865	5.31E-04	0.7289	0.2174
ผลผลิตปีที่ 2	EHB021	3.3481	0.0081	0.4661	0.1004
ผลผลิตปีที่ 2	EHB051	4.921	0.0012	0.4795	0.1138
ผลผลิตปีที่ 2	hmct1	2.9885	0.0074	0.4886	0.123
ผลผลิตปีที่ 2	EHB012	3.6197	0.003	0.4912	0.1256
ผลผลิตปีที่ 2	M692	3.2208	0.0044	0.4962	0.1306
ผลผลิตปีที่ 2	EHB017	3.5516	0.0021	0.5066	0.141
ผลผลิตปีที่ 2	mA2388	2.5385	0.0067	0.5375	0.1718
ผลผลิตปีที่ 2	mt460	2.8945	0.0022	0.5544	0.1888
ผลผลิตปีที่ 2	M613	3.6328	4.72E-04	0.5572	0.1915
ผลผลิตปีที่ 2	mTAS2456	2.8367	0.0022	0.5694	0.1985
ผลผลิตปีที่ 2	gT2542	2.6188	0.0036	0.5673	0.2008
ผลผลิตปีที่ 2	ma140	3.0956	0.0012	0.5605	0.2016
ผลผลิตปีที่ 2	gA2682	2.7956	0.0022	0.615	0.2064
ผลผลิตปีที่ 2	Ma215	2.4357	0.0044	0.5989	0.2185
ผลผลิตปีที่ 2	EHB162	2.1477	0.0094	0.6384	0.2364
ผลผลิตปีที่ 2	Ma105	3.4195	1.16E-04	0.6413	0.2744
ผลผลิตปีที่ 2	Ma170	3.0002	3.39E-04	0.6681	0.2766
ผลผลิตปีที่ 3	EHB051	4.9648	0.0012	0.338	0.1461
ผลผลิตปีที่ 3	M692	3.0759	0.0061	0.3522	0.1603
ผลผลิตปีที่ 3	M613	2.9823	0.0029	0.4036	0.2117
ผลผลิตปีที่ 3	mt460	2.5411	0.0067	0.4109	0.2191
ผลผลิตปีที่ 3	mT2113	2.3355	0.0072	0.4533	0.2653
ผลผลิตปีที่ 3	Ma215	2.5165	0.0033	0.5026	0.28
ผลผลิตปีที่ 3	Ma105	2.6452	0.002	0.4898	0.3019
ผลผลิตปีที่ 3	Ma170	3.2777	1.14E-04	0.5808	0.3817
ผลผลิตปีที่ 4	EHB014	5.1973	0.0073	0.4587	0.0612
ผลผลิตปีที่ 4	M692	2.9039	0.0089	0.5116	0.1141
ผลผลิตปีที่ 4	mA2394	2.7123	0.0079	0.5319	0.1344

**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
ผลผลิตปีที่ 4	M340	2.7807	0.004	0.5597	0.1622
ผลผลิตปีที่ 4	mTAS2456	2.4053	0.0087	0.5738	0.1666
ผลผลิตปีที่ 4	m340	2.9412	0.0025	0.5665	0.169
ผลผลิตปีที่ 4	mt460	2.8532	0.0025	0.575	0.1775
ผลผลิตปีที่ 4	Ma105	2.3709	0.0056	0.6062	0.2089
ผลผลิตปีที่ 4	Ma170	3.1642	1.78E-04	0.6907	0.2718
ผลผลิตปีที่ 5	M256	4.141	0.0085	0.3026	0.0952
ผลผลิตปีที่ 5	M264	4.2649	0.0073	0.3051	0.0977
ผลผลิตปีที่ 5	hbe4	4.5374	0.0052	0.3105	0.1031
ผลผลิตปีที่ 5	EHB021	3.4575	0.0067	0.3363	0.1289
ผลผลิตปีที่ 5	hmct1	2.9178	0.0086	0.3581	0.1507
ผลผลิตปีที่ 5	EHB017	3.1876	0.0047	0.3692	0.1618
ผลผลิตปีที่ 5	EHB051	6.5942	1.06E-04	0.387	0.1796
ผลผลิตปีที่ 5	M613	2.739	0.0057	0.4023	0.1949
ผลผลิตปีที่ 5	ma140	2.6963	0.0042	0.4226	0.2307
ผลผลิตปีที่ 5	gT2542	2.3544	0.0088	0.4367	0.235
ผลผลิตปีที่ 5	mTAS2456	2.647	0.004	0.4446	0.2389
ผลผลิตปีที่ 5	Ma105	2.3779	0.0054	0.4829	0.275
ผลผลิตปีที่ 5	Ma170	2.5329	0.0022	0.5276	0.3324
ผลผลิตปีที่ 6	EHB003	6.2462	0.0029	0.2655	0.0997
ผลผลิตปีที่ 6	hbe4	4.5527	0.0051	0.2747	0.1089
ผลผลิตปีที่ 6	EHB021	3.4557	0.0067	0.3014	0.1356
ผลผลิตปีที่ 6	EHB051	5.9624	2.66E-04	0.3406	0.1747
ผลผลิตปีที่ 6	EHB017	3.772	0.0013	0.36	0.1942
ผลผลิตปีที่ 6	M613	2.7329	0.0058	0.3706	0.2048
ผลผลิตปีที่ 6	EHB151	2.8689	0.004	0.3782	0.2124
ผลผลิตปีที่ 6	gT2542	2.6104	0.0037	0.4254	0.2658
ผลผลิตปีที่ 6	Ma105	2.2429	0.0089	0.4392	0.2813
ผลผลิตปีที่ 6	Ma215	2.3537	0.006	0.4559	0.2865



**ตารางที่ 6** (ต่อ) การวิเคราะห์ Association mapping โดยวิธี MLM ของเครื่องหมาย SSR จำนวน 128 เครื่องหมาย กับลักษณะผลผลิต และ girth ที่ระดับนัยสำคัญ  $p < 0.01$

Trait	Locus	F_Marker	p_Marker	Rsq_model	Rsq_marker
ผลผลิตปีที่ 6	EHB162	2.1682	0.0086	0.5071	0.3253
ผลผลิตปีที่ 7	M340	2.792	0.0039	0.3273	0.2489
ผลผลิตปีที่ 7	m340	2.8721	0.0031	0.3324	0.2541
ผลผลิตปีที่ 8	mt615	2.4325	0.0094	0.4915	0.1833
ผลผลิตปีที่ 9	EHB017	3.0789	0.006	0.3536	0.1601

## 8. สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

จากผลการวิเคราะห์ association mapping โดยใช้โปรแกรม TASSEL ในการคำนวณ Linkage Disequilibrium และ Association Analysis หาความสัมพันธ์ของเครื่องหมาย SSR ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะการให้ผลผลิตและการเจริญเติบโต พบเครื่องหมายโมเลกุลที่มีความสัมพันธ์รวมทั้งหมด 53 เครื่องหมาย โดยเฉพาะเครื่องหมาย gA2682 ที่แสดงความสัมพันธ์กับการเจริญเติบโตทุกช่วงปี และเครื่องหมาย EHB017 EHB051 M613 Ma105 Ma170 แสดงความสัมพันธ์กับผลผลิต ดังนั้นจึงน่าจะเป็นเครื่องหมายที่มีศักยภาพในการนำไปใช้ใน MAS ในการปรับปรุงพันธุ์ยางพาราเพื่อเพิ่มผลผลิตและมีการเจริญเติบโตได้ดี โดยจะสามารถลดขั้นตอนในการปลูกทดสอบพันธุ์ขึ้นต้นลงได้อย่างน้อย 10 ปี อย่างไรก็ตามเครื่องหมาย SSR ที่แสดงความสัมพันธ์กับลักษณะผลผลิตในการทดลองนี้สมควรที่จะได้รับการยืนยันความสัมพันธ์ อาจทำโดยนำไปศึกษา association mapping ในประชากรอื่น หรือนำไปวิเคราะห์ QTL ใน mapping population ที่มีข้อมูลแผนที่พันธุกรรมและข้อมูลผลผลิตและการเจริญเติบโตแล้ว

## 9. การนำผลงานวิจัยไปใช้ประโยชน์

ได้เครื่องหมายโมเลกุลที่สามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกพันธุ์ยางพาราที่มีผลผลิตสูงและเจริญเติบโตดี เพื่อคัดเลือกพันธุ์สำหรับการปรับปรุงพันธุ์ยาง โดยจะสามารถลดขั้นตอนในการปลูกทดสอบพันธุ์ขึ้นต้นลงได้อย่างน้อย 10 ปี สามารถออกยางพาราพันธุ์ใหม่ได้เร็วขึ้น

## 10. คำขอบคุณ

ขอขอบคุณ นางสาวนงลักษณ์ คงศิริ นางสาวจวีร์ภรณ์ ศรีใหม่ และ นางสาวสุพัตินี นาคสูตร ผู้ช่วยนักวิจัย ในการดำเนินงานในห้องทดลอง เจ้าหน้าที่ทุกท่านของศูนย์วิจัยและพัฒนาการเกษตรสุราษฎร์ธานี และศูนย์วิจัย

ยางฉะเชิงเทรา ที่ได้ให้ความช่วยเหลือด้านต่างๆ รวมทั้งการอำนวยความสะดวกในการเก็บตัวอย่างใบเพื่อสกัดดีเอ็นเอ

## 11. เอกสารอ้างอิง

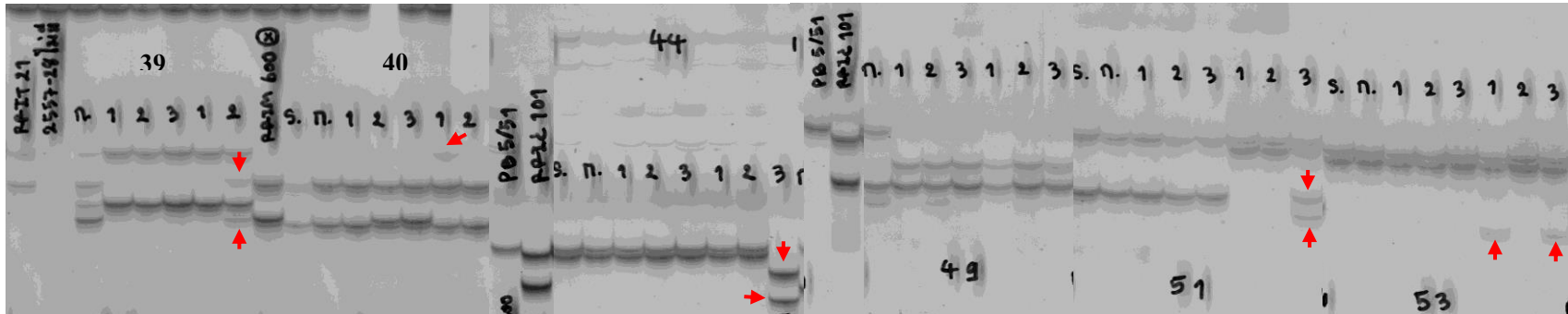
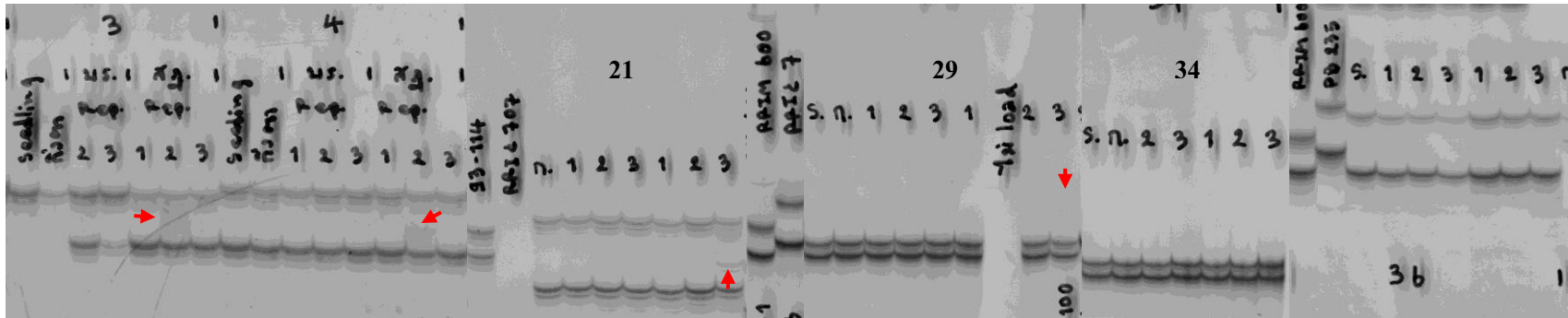
- กัลยา ประพาน 2545. รายงานการฝึกอบรมและปฏิบัติงานวิจัย: การทำแผนที่ยีนของยางพาราในโครงการ Genmap โดยทุน Agropolis. ธันวาคม 2544 ถึง พฤศจิกายน 2545. ณ ห้องปฏิบัติการ CIRAD เมือง Montperllier ประเทศสาธารณรัฐฝรั่งเศส.
- Beckmann, J.S. and Soller, M. 1986. Restriction fragment length polymorphisms and genetic improvement of agricultural species. *Euphytica*, 35: 111-124.
- Buckler, E.S. and Thornsberry, J.M., 2002 Plant molecular diversity and applications to genomics. *Curr. Opin. Plant Biol.* 5, 107–111.
- Cregan, P.B. 1992. Simple sequence repeat DNA length polymorphisms. *Probe*, 2: 18-22.
- Flint-Garcia, S.A., Thornsberry, J.M. and Buckler, E.S., 2003 Structure of linkage disequilibrium in plants. *Ann. Rev. Plant Biol.* 54, 357–374.
- Doyle, J.J., and Doyle, J.L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 19: 11-15.
- Liu, K. and S. Muse (2005) Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21: 2128-2129
- Pritchard, J.K., and N.A. Rosenberg, 1999: Use of Unlinked Genetic Markers to Detect Population Stratification in Association Studies. *The American Journal of Human Genetics* 65, 220-228.
- Rattanawong R., Prapan K., Lekawipat N., Teerawatanasuk K., Kasemsap P., Bonfils F., Char C., Delpuech E., Seguin M., Clément-Demange A.. 2009. Detection of QTLs associated with growth, latex production and quality for the development of Marker assisted selection (*Hevea brasiliensis*). 3rd IRRDB Workshop on the Hevea Genome and Transcriptome (Book of abstracts), 3-5 June 2009, Montpellier, France.

Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., and Kuiper, M. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucl. Acids Res.* 23: 4407-4414.

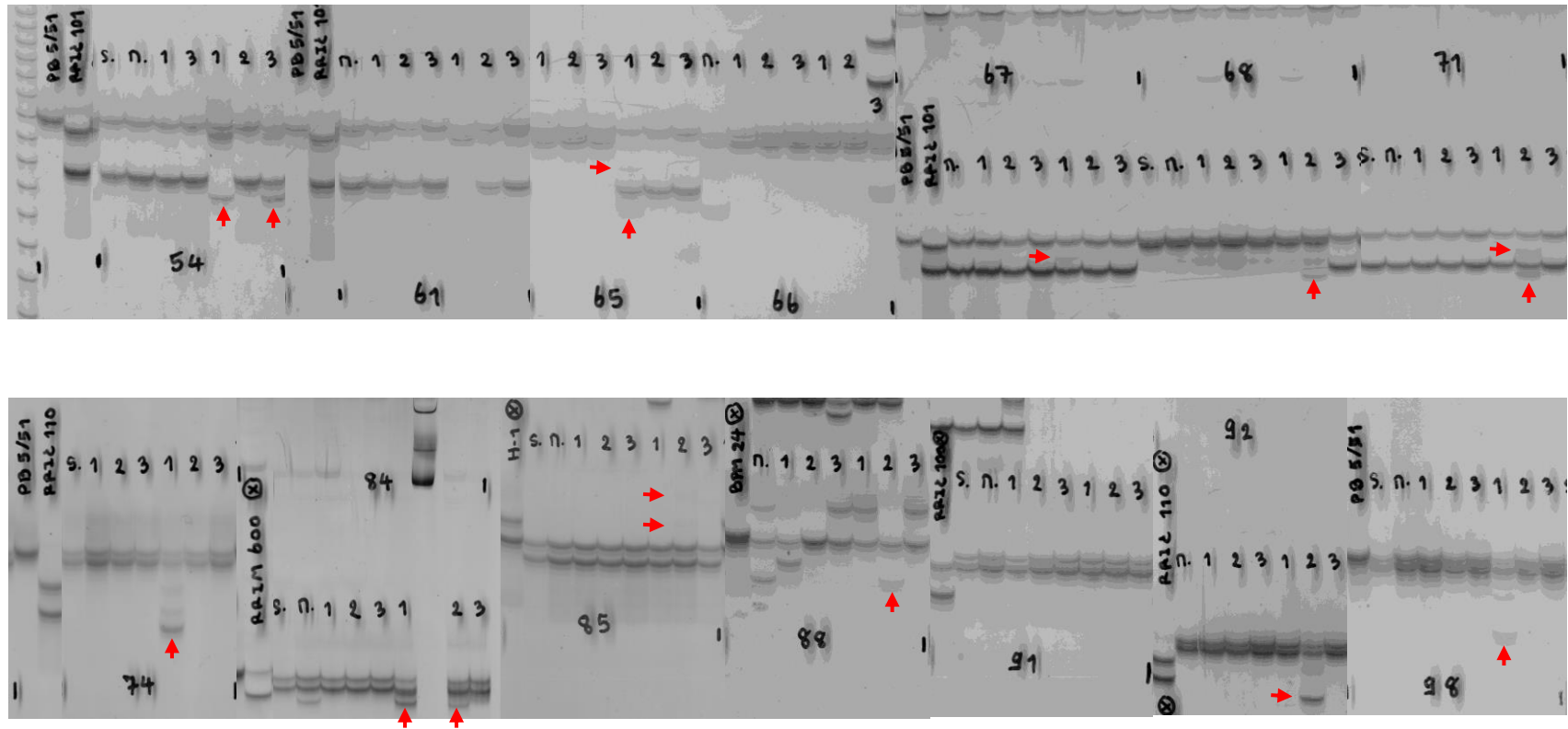
Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A., and Tingey, S.V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.* 18: 6531-6535.

ภาคผนวก

ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer M574: Hb 4

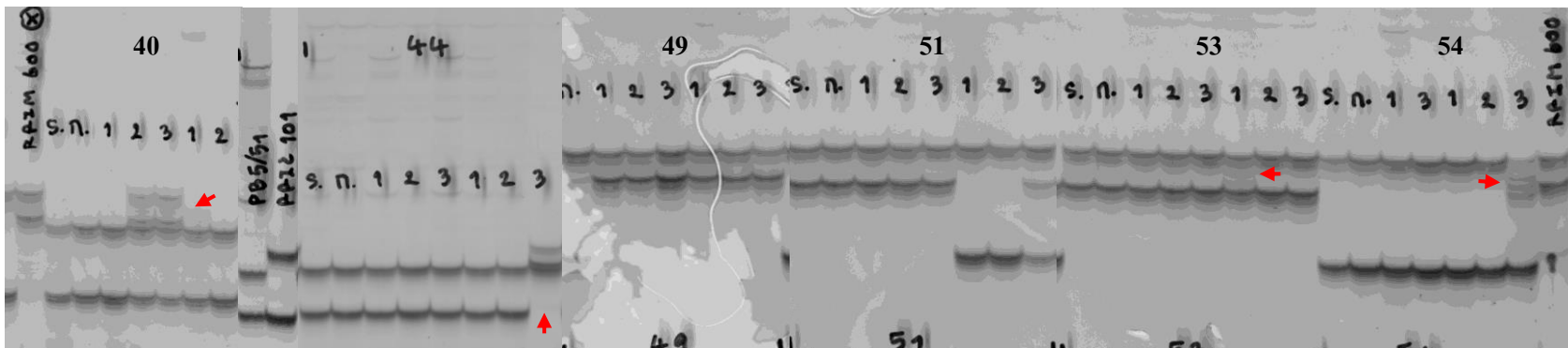
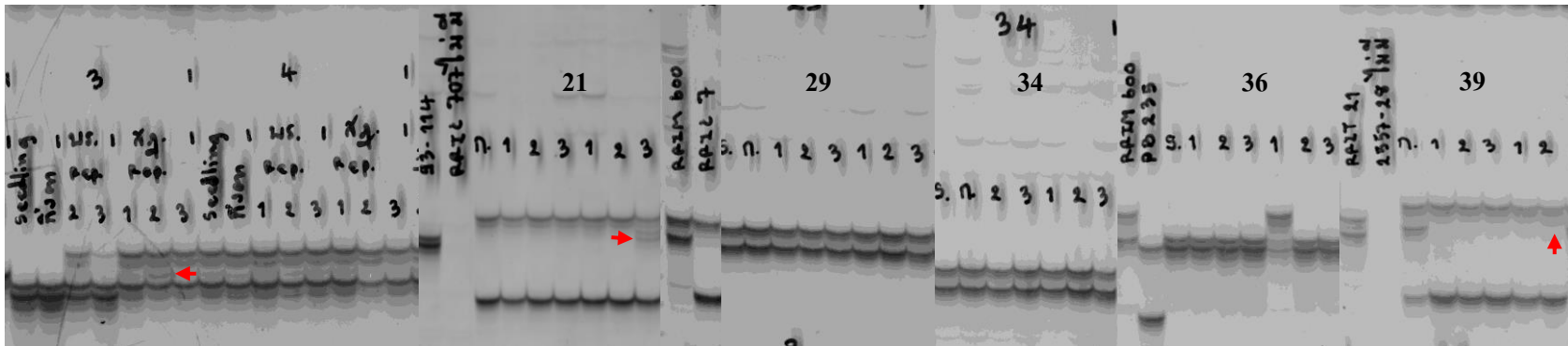


ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer M574: Hb 4 (ต่อ)

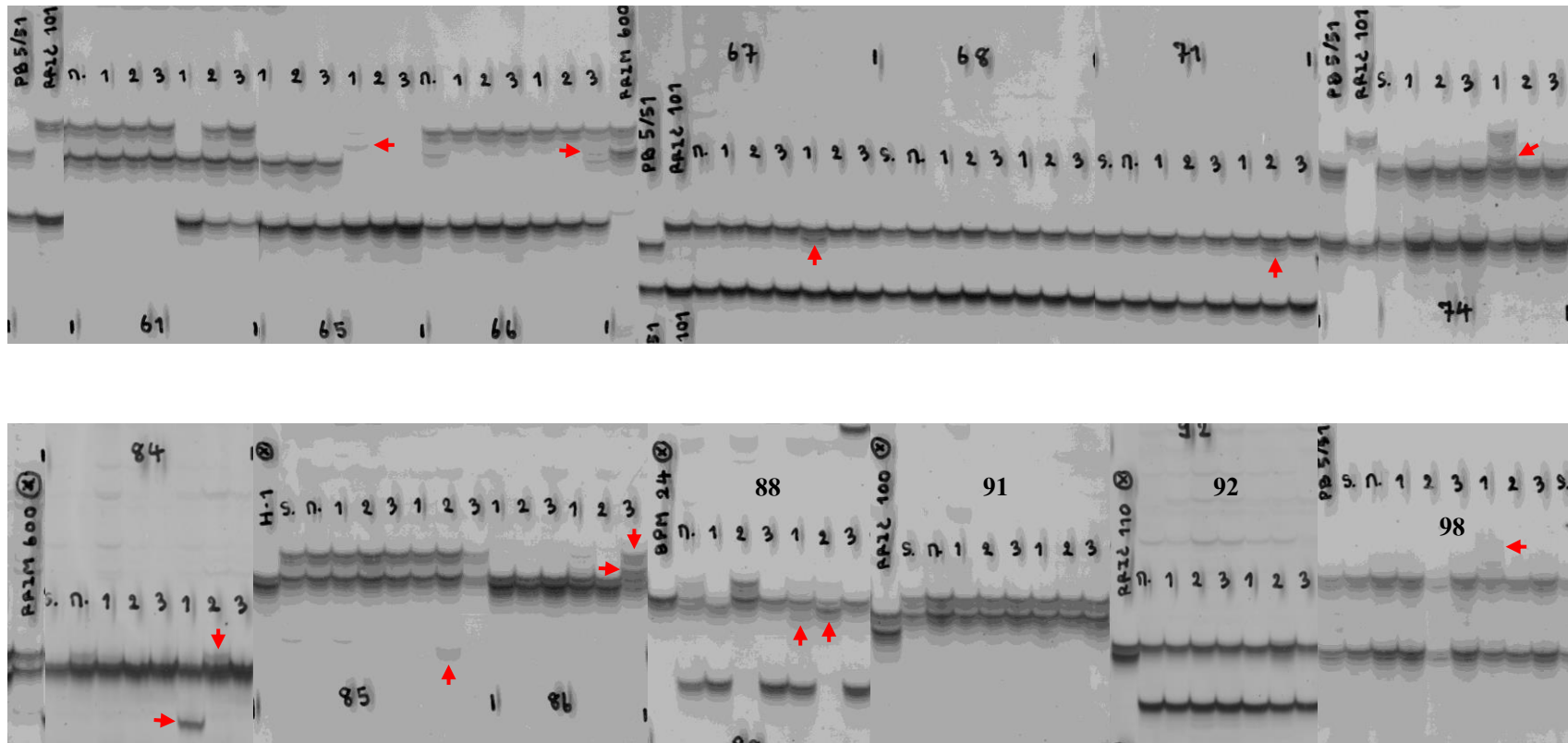


รูปที่ 1 แถบดีเอ็นเอของยางพาราพันธุ์ลูกผสม(โดยใช้Bulk) เปรียบเทียบกับพ่อ-แม่พันธุ์ จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่อิมเมอร์ M574 (Hb4)

ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer Ma179: Hb 34

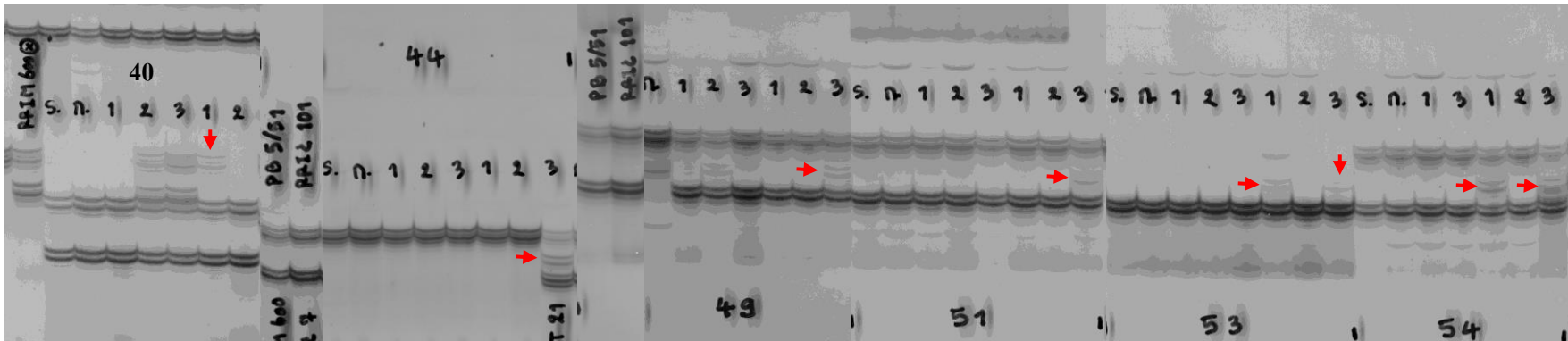
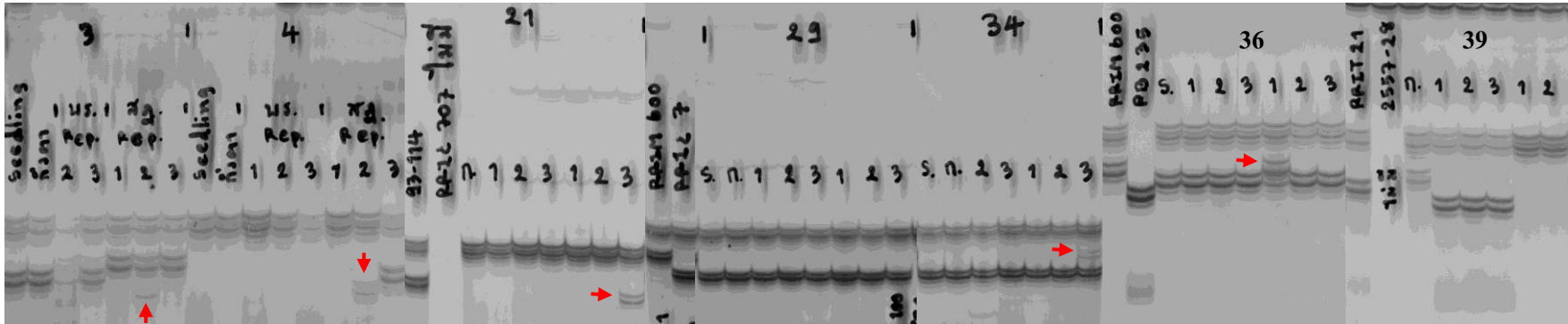


ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer Ma179: Hb 34 (ต่อ)



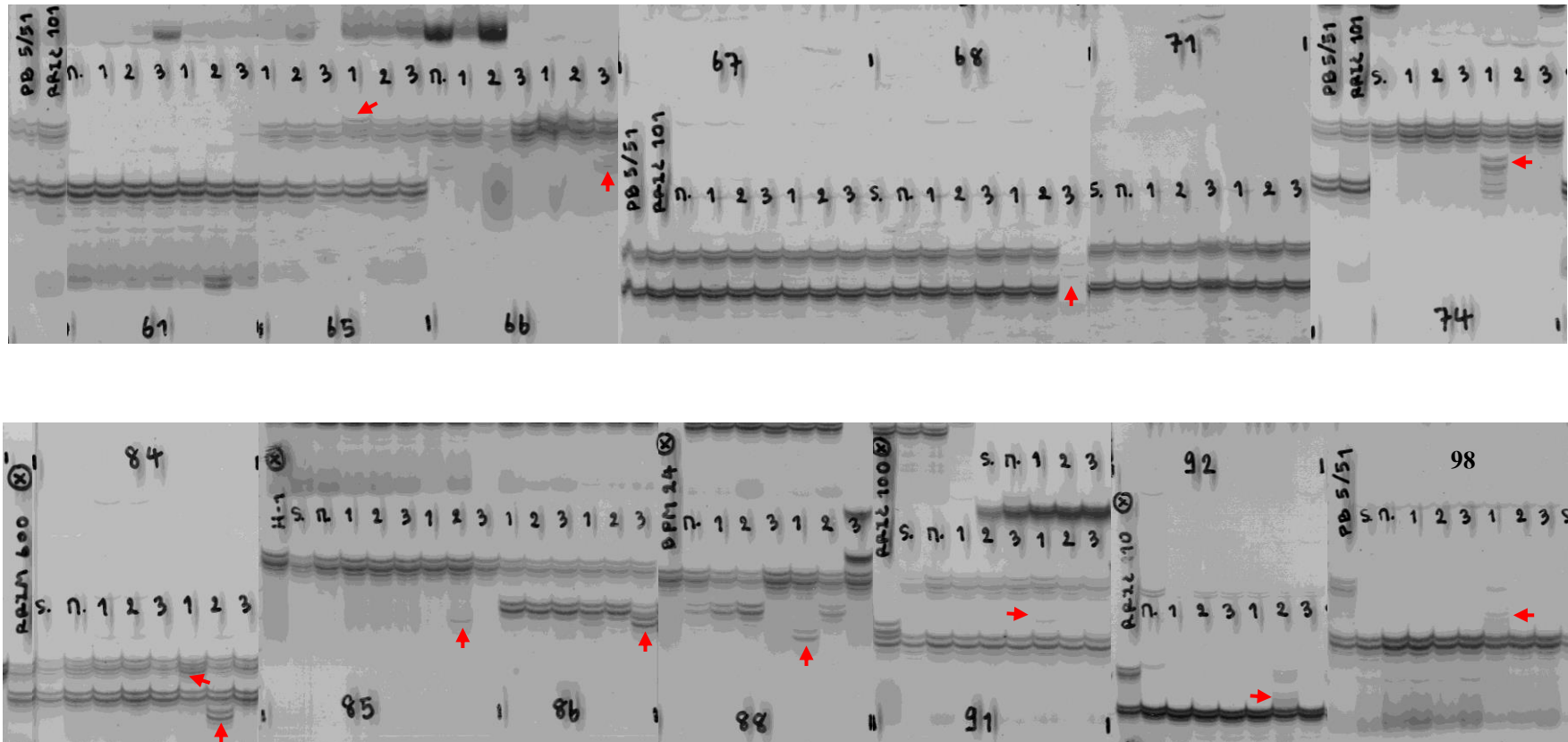
รูปที่ 2 แถบดีเอ็นเอของยางพาราพันธุ์ลูกผสม(โดยใช้Bulk) เปรียบเทียบกับพ่อ-แม่พันธุ์ จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่อพรเมอร์ Ma179 (Hb34)

ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer mT65: Hb 82



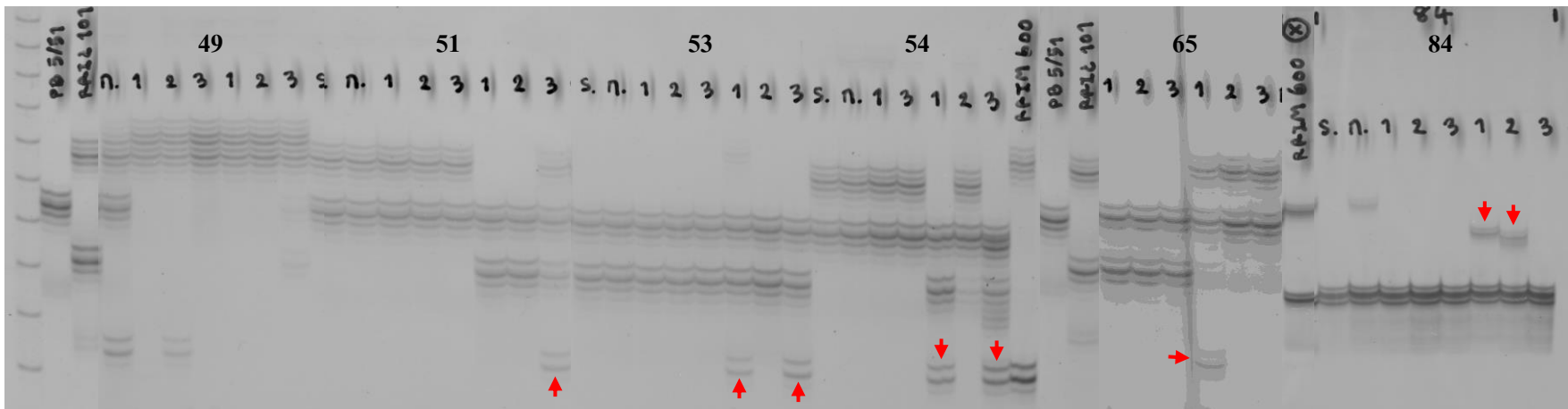
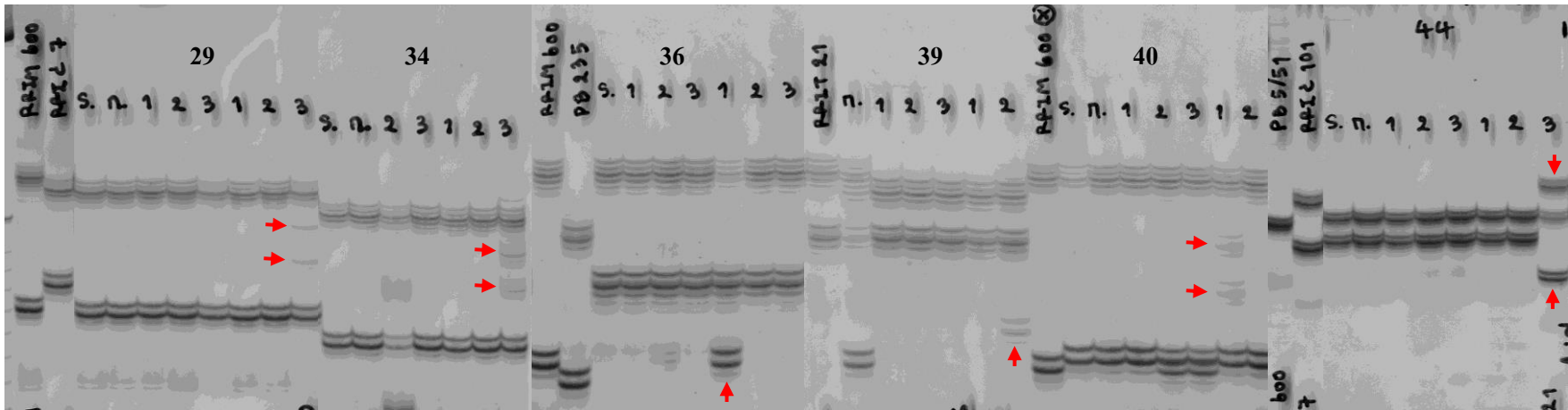


ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer mT65: Hb 82 (ต่อ)

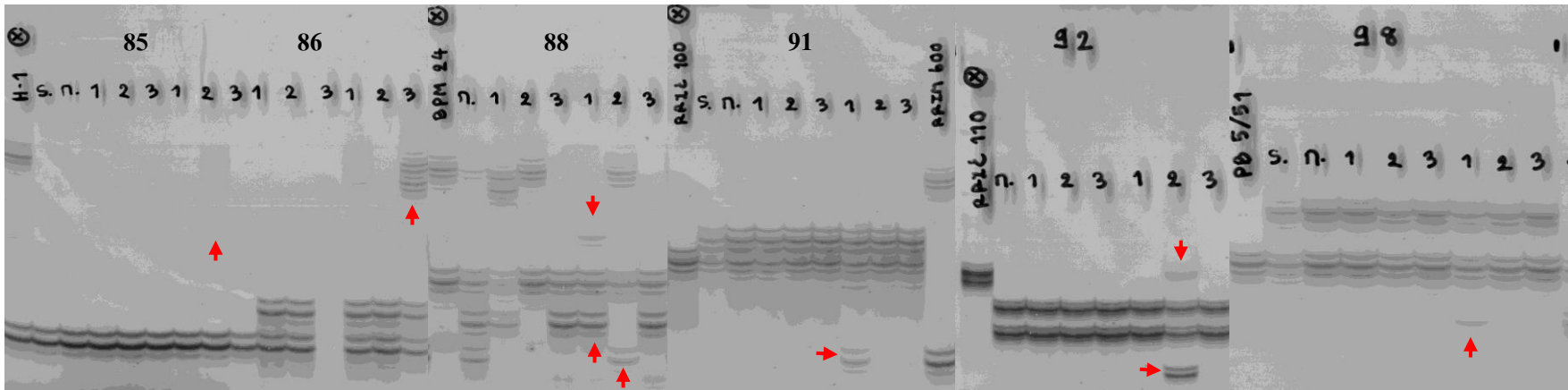


รูปที่ 3 แถบดีเอ็นเอของยางพาราพันธุ์ลูกผสม(โดยใช้Bulk) เปรียบเทียบกับพ่อ-แม่พันธุ์ จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่มือไพรเมอร์ mt65 (Hb82)

ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer Ma17: Hb 89



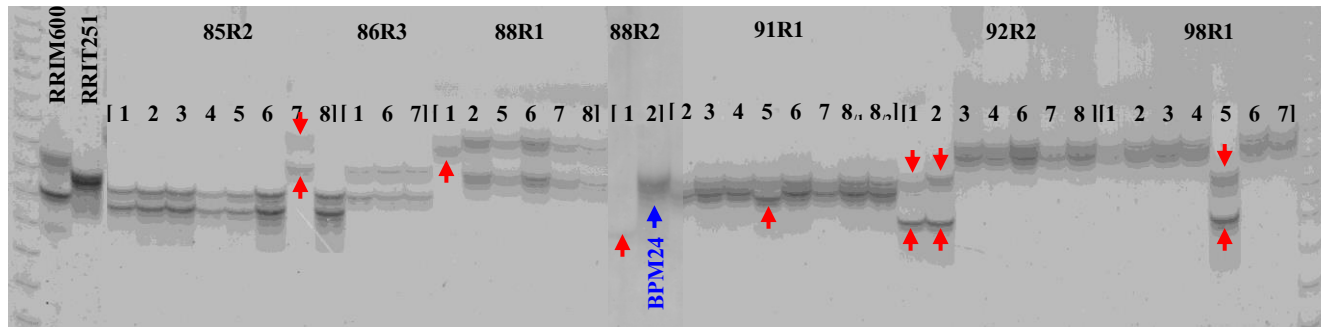
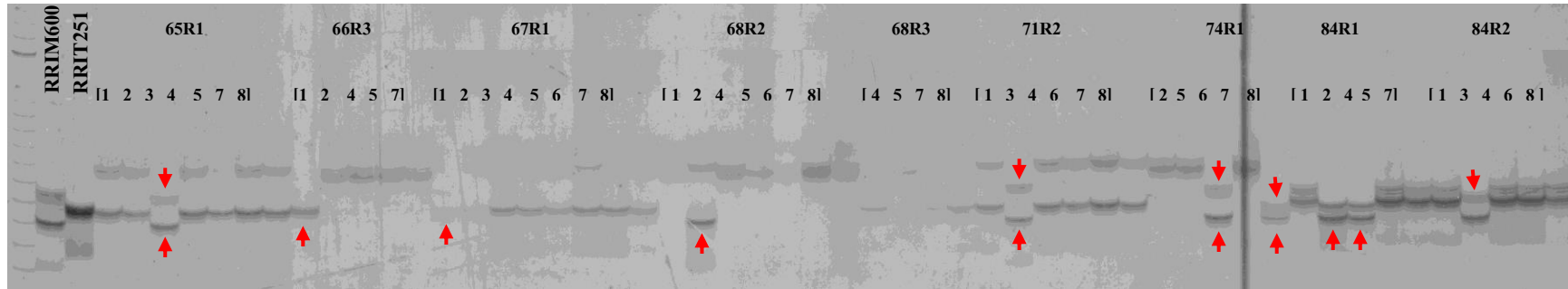
ยางพาราพันธุ์ลูกผสมปี 2535 (ศวย.สุราษฎร์ธานี) Primer Ma17: Hb 89 (ต่อ)



รูปที่ 4 แถบดีเอ็นเอของยางพาราพันธุ์ลูกผสม(โดยใช้Bulk) เปรียบเทียบกับพ่อ-แม่พันธุ์ จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่ไพรเมอร์ Ma17 (Hb89)



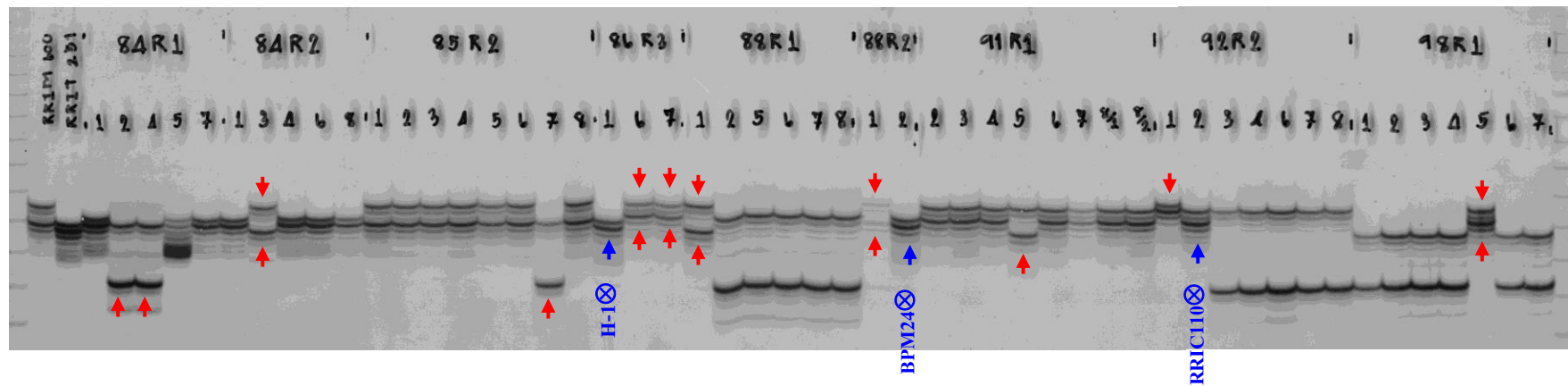
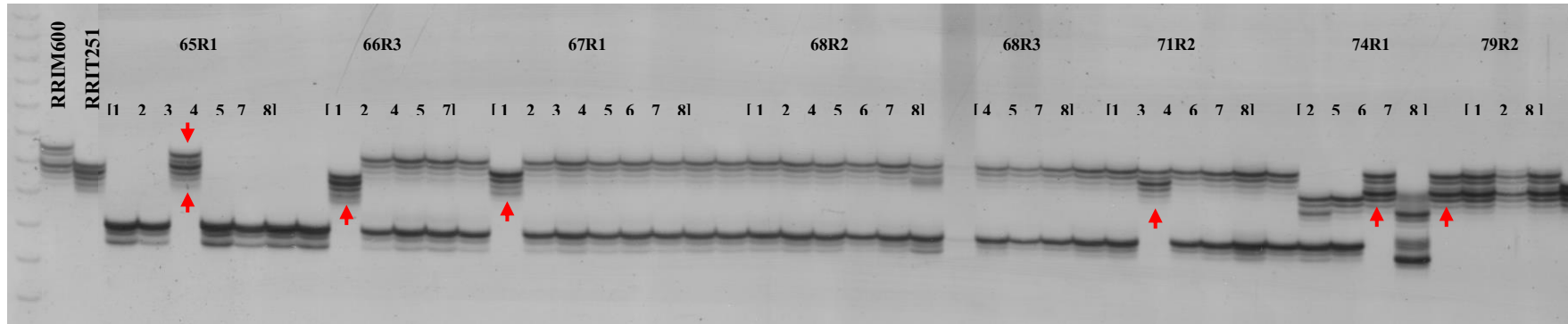
Single plant (Primer M574:4) (ต่อ)



รูปที่ 5 แถบดีเอ็นเอของยางพาราพันธุ์ลูกผสม (Single plant) จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่ไพรเมอร์ M574:4

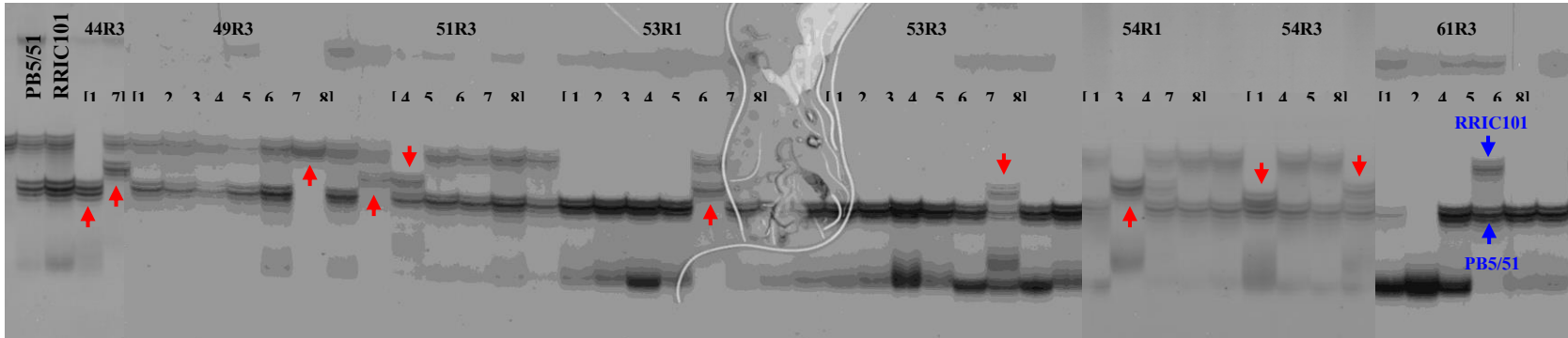
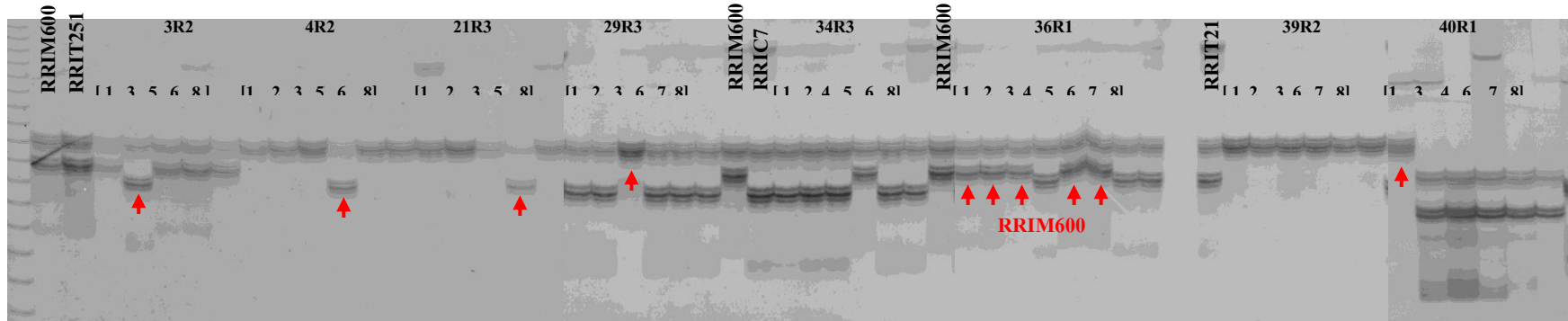


Primer Ma179:34 (ต่อ)



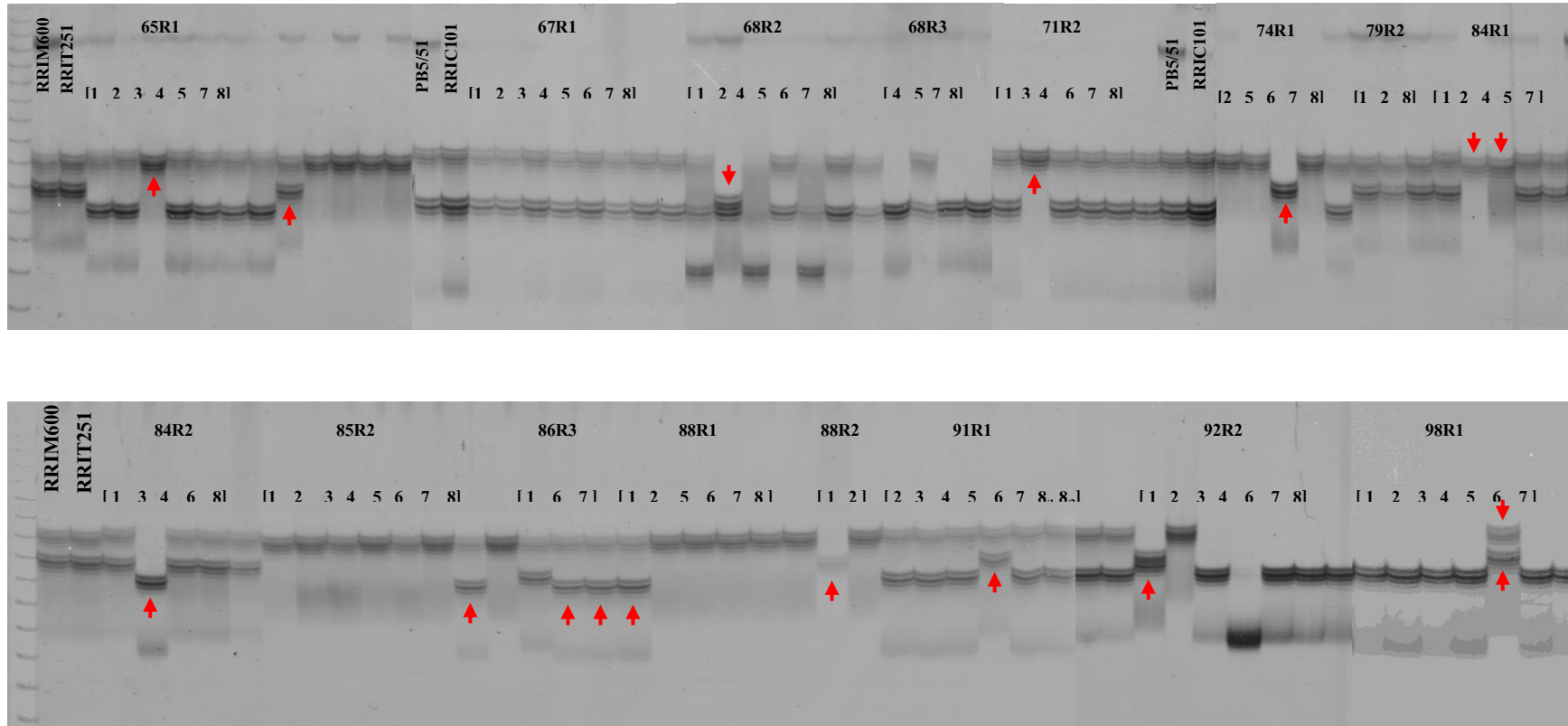
รูปที่ 6 แถบดีเอ็นเอของยางพาราพันธุ์ลูกผสม (Single plant) จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่ไพรเมอร์ Ma179:34

Primer mT65:Hb82



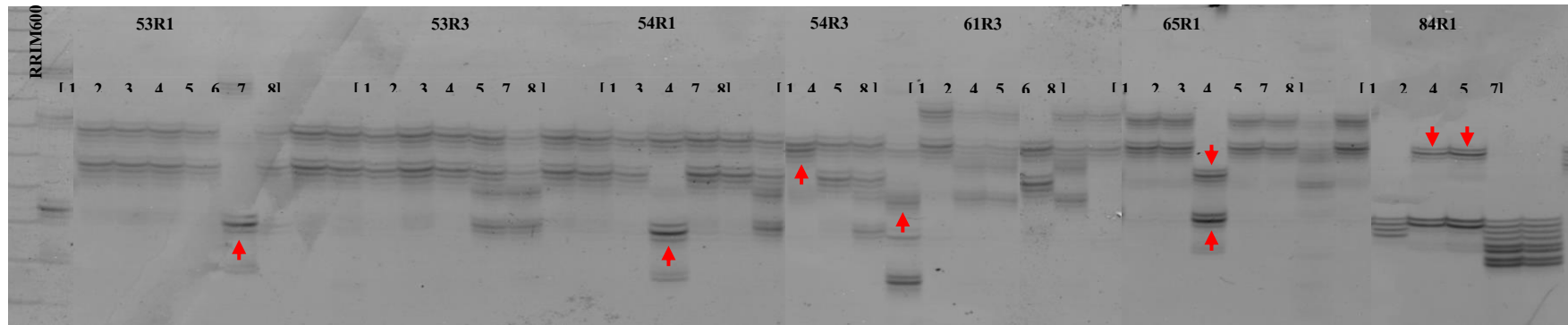
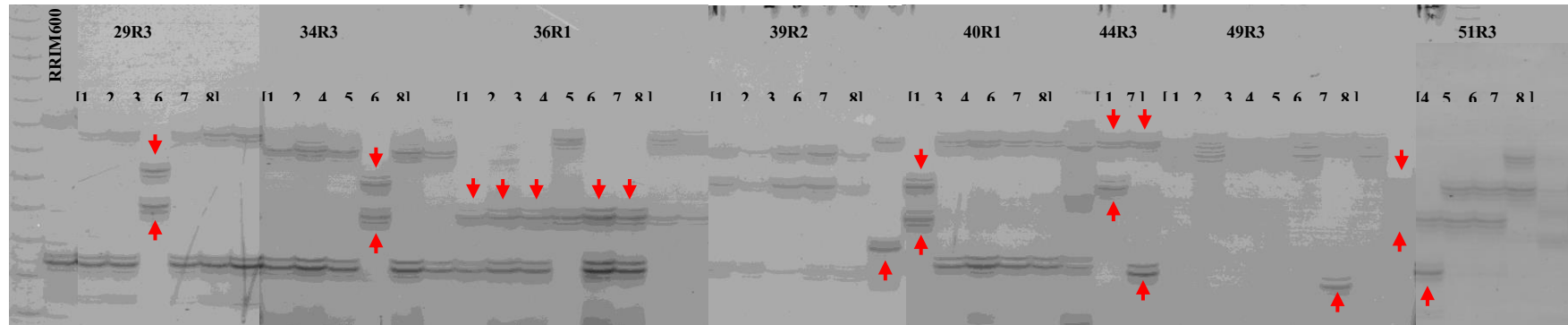


Primer mT65:Hb82 (ต่อ)

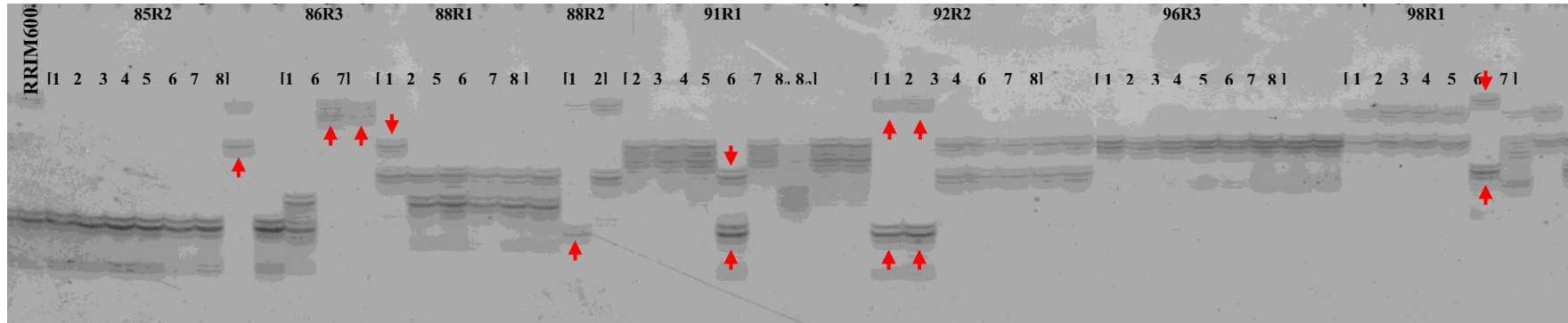


รูปที่ 7 แถบดีเอ็นเอของยางพาราสุกผสม จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่ไพรเมอร์ mT65:Hb82

Primer Ma17:Hb89



Primer Ma17:Hb89 (ต่อ)



รูปที่ 8 แถบดีเอ็นเอของยางพาราปลูกผสม (Single plant) จากเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ เมื่อใช้คู่ไพรมเมอร์ Primer Ma17:Hb89