



การประเมินความทนทานต่อโรครากขาว (*Rigidoporus microporus*) และการวิเคราะห์
ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม
โดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์

**Evaluation for the White Root Rot Disease (*Rigidoporus microporus*) Tolerance
and Genetic Diversity Assessment of Early Introduced Rubber Clones
using SSR Markers**

พันธ์ทิพย์ เสนอินทร์

Panthip San-in

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญา
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชศาสตร์
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

**A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the
Degree of Master of Science in Plant Science
Prince of Songkla University**

2561

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์



การประเมินความทนทานต่อโรครากขาว (*Rigidoporus microporus*) และการวิเคราะห์
ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม
โดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์

**Evaluation for the White Root Rot Disease (*Rigidoporus microporus*) Tolerance
and Genetic Diversity Assessment of Early Introduced Rubber Clones
using SSR Markers**

พันธ์ทิพย์ เสนอินทร์

Panthip San-in

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญา
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชศาสตร์
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

**A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the
Degree of Master of Science in Plant Science
Prince of Songkla University**

2561

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

ชื่อวิทยานิพนธ์ การประเมินความทนทานต่อโรครากขาว (*Rigidoporus microporus*) และการ
วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโดยใช้
เครื่องหมายเอสเอสอาร์

ผู้เขียน นางสาวพันธ์ทิพย์ เสนอินทร์

สาขาวิชา พืชศาสตร์

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	คณะกรรมการสอบ
..... (รองศาสตราจารย์ ดร.จรัสศรี นวลศรี)ประธานกรรมการ (ดร.วิทยา พรหมมี)
.....กรรมการ (รองศาสตราจารย์ ดร.จรัสศรี นวลศรี)
.....กรรมการ (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.กรกช นาคคณอง)
.....กรรมการ (ดร.เสาวภา ค้างปาน)
.....กรรมการ (ดร.ปฎิมาพร ปลอดภัย)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อนุมัติให้รับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้
เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา ตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาพืชศาสตร์

.....
(ศาสตราจารย์ ดร.ดำรงศักดิ์ ฟ้ารุ่งสว่าง)
คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

ขอรับรองว่า ผลงานวิจัยนี้มาจากการศึกษาวิจัยของนักศึกษาเอง และได้แสดงความขอบคุณบุคคลที่มีส่วนช่วยเหลือแล้ว

ลงชื่อ.....

(รองศาสตราจารย์ ดร.จรัสศรี นวลศรี)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

ลงชื่อ.....

(นางสาวพันธุ์ทิพย์ เสนอินทร์)

นักศึกษา

ข้าพเจ้าขอรับรองว่า ผลงานวิจัยนี้ไม่เคยเป็นส่วนหนึ่งในการอนุมัติปริญญาในระดับใดมาก่อน และไม่ได้ถูกใช้ในการยื่นขออนุมัติปริญญาในขณะนี้

ลงชื่อ.....

(นางสาวพันธุ์ทิพย์ เสนอินทร์)

นักศึกษา

ชื่อวิทยานิพนธ์	การประเมินความทนทานต่อโรครากขาว (<i>Rigidoporus microporus</i>) และการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์
ผู้เขียน	นางสาวพันธ์ทิพย์ เสนอินทร์
สาขาวิชา	พืชศาสตร์
ปีการศึกษา	2560

บทคัดย่อ

ภาคใต้เป็นแหล่งที่พบความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพารา โดยเฉพาะพันธุ์ดั้งเดิมที่ปลูกจากเมล็ดในยุคแรกๆ เมล็ดที่ได้จากพันธุ์เหล่านี้เหมาะสำหรับทำเป็นต้นต่อเพื่อความแข็งแรง และทนทานต่อโรครากของยางพารา วัตถุประสงค์ของงานวิจัยนี้เพื่อประเมินความทนทานต่อโรครากขาว และศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม ในการประเมินความทนทานต่อโรครากขาวทำการเพาะเมล็ดยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่เก็บจากพื้นที่ จ.ตรัง และ จ.สงขลา จำนวน 16 โคลน เปรียบเทียบกับยางพาราพันธุ์ RRIM 600 วางแผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ (Completely Randomized Design: CRD) 3 ซ้ำ ซ้ำละ 6 ต้น ทำการปลูกเชื้อ *Rigidoporus microporus* ไอโซเลท RIG 56 บนต้นกล้าอายุ 12 เดือน หลังปลูกเชื้อประเมินอาการที่เกิดจากการเข้าทำลายของโรครากขาว โดยการให้เป็นระดับคะแนน 1-5 ทุกเดือน เดือนละ 1 ครั้ง เป็นเวลา 13 เดือน จัดบันทึกข้อมูลการเจริญเติบโต โดยวัดขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้น ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอด และความยาวยอด ทุกๆ 1 เดือน ผลการประเมินความทนทานต่อโรครากขาวพบว่า หลังปลูกเชื้อ 13 เดือน ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 16 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความทนทานต่อโรคสูงที่สุด โดยมีดัชนีการเกิดโรคต่ำที่สุด (31.11%) และมีจำนวนต้นรอดตายสูงที่สุด (94.44%) ในขณะที่ต้นกล้าพันธุ์ RRIM 600 มีความอ่อนแอมากที่สุด มีดัชนีการเกิดโรค 60% จำนวนต้นรอดตาย 55.55% สำหรับการเจริญเติบโตพบว่า ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจากโคลน C 16 มีการเจริญเติบโตเฉลี่ยดีที่สุดในช่วง 13 เดือน หลังปลูกเชื้อ โดยมีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเฉลี่ย 2.72 มิลลิเมตร ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดเฉลี่ย 3.58 มิลลิเมตรเมตร และความยาวยอดเฉลี่ย 60.30 เซนติเมตร ในขณะที่ต้นกล้าพันธุ์ RRIM 600 มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเฉลี่ย 2.06 มิลลิเมตร ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดเฉลี่ย 2.62 มิลลิเมตรเมตร และความยาวยอดเฉลี่ย 37.84 เซนติเมตร จากการศึกษาคความหลากหลายทางพันธุกรรมของต้นกล้ายางพาราจำนวน 85 ต้น จากยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์

RRIM 600 ด้วยเครื่องหมายเอสเอสอาร์จำนวน 6 ไพรมอร์ พบว่าทั้ง 6 ไพรมอร์ ให้จำนวนแถบ ดีเอ็นเอทั้งสิ้น 26 แถบ (อัลลีล) เฉลี่ย 4 อัลลีล/ไพรมอร์ เป็นอัลลีลที่มีขนาดแตกต่างกัน 22 อัลลีล คิด เป็น 85% เมื่อนำมาทำการวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรม โดยวิธี UPGMA cluster analysis พบว่ามีค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.38-1.00 และสามารถจัดกลุ่มตาม ความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมได้ 3 กลุ่ม จากการศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าต้นกล้าโคลน C 16 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีศักยภาพในการใช้ทำเป็นต้นตอที่ ทนทานต่อโรครากขาว

Thesis Title	Evaluation for the White Root Rot Disease (<i>Rigidoporus microporus</i>) Tolerance and Genetic Diversity Assessment of Early Introduced Rubber Clones using SSR Markers
Author	Miss Panthip San-in
Major Program	Plant Science
Academic Year	2017

ABSTRACT

Southern Thailand is a source of rubber tree genetic diversity, particularly, open pollinated seedlings derived from early introduced clones. These seedlings can be used as good sources for rootstock tolerant to root diseases. Objectives of the present study are to evaluation for the white root disease tolerance and assess genetic diversity of seedlings from early introduced rubber clones. Seed of 16 early introduced clones and RRIM 600 collected from Trang and Songkhla provinces were germinated and 12 month old seedling were used as planting materials. The experiment was designed as Completely Randomized Design: CRD with 3 replications, 6 plants per replication. All seedlings were inoculated by *Rigidoporus microporus* isolate RIG 56. The symptoms of the white root rot disease were scored monthly with 1-5 levels for 13 months. Stem diameter, shoot diameter and shoot length of seedlings were recorded once a month during 13 months after inoculation. The results form the white root rot disease evaluation indicated that clone C 16 from Hat Yai district, Songkhla province had the highest tolerance with disease index and survival percentage of 31.11% and 94.44%, respectively, whereas RRIM 600 was found to be the most susceptible clone with disease index and survival percentage of 60% and 55.55%, respectively. Seedlings from clone C 16 also showed high growth and development over 13 months period after inoculation. The average stem diameter, shoot diameter and shoot length of C 16 were 2.72 mm., 3.58 mm. and 60.30 cm., respectively. Whereas RRIM 600 showed stem diameter 2.06 mm., shoot diameter 2.62 mm. and shoot length 37.84 cm. Results from genetically analysis using 6 SSR markers, total 26 fragments (alleles) were generated and 22 alleles or 85% were polymorphism. Based on dendrogram constructed using UPGMA cluster analysis, eighty-five seedlings could be clustered into 3 groups with similarity coefficient ranging

from 0.38 to 1.00. Results from the present experiment imply that seedlings of clone C 16 from Hat Yai district, Songkhla province have high potential to use for rubber rootstock tolerance to the white root rot disease.

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงสมบูรณ์ได้ด้วยความกรุณาจาก รองศาสตราจารย์ ดร.จรัสศรี นวลศรี อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก และ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.กรกช นาคคอง อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ที่กรุณาให้ความรู้ คำปรึกษา ข้อชี้แนะในการทำวิจัย การตรวจสอบเนื้อหาและแก้ไขวิทยานิพนธ์ฉบับนี้จนสมบูรณ์

ขอขอบพระคุณ ดร.วิทยา พรหมมี ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ดร.ปฎิมาพร ปลอดภัย และ ดร.เสาวภา ดั่งปาน กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ที่กรุณาให้คำปรึกษา คำแนะนำ ตลอดจนตรวจสอบแก้ไขข้อบกพร่องของเล่มวิทยานิพนธ์

ขอขอบพระคุณคณาจารย์ภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ทุกท่าน ที่กรุณาชี้แนะ อบรมสั่งสอน และให้ความรู้ทางด้านต่างๆ รวมถึงเจ้าหน้าที่ภาควิชาพืชศาสตร์ทุกท่านที่คอยสนับสนุน และให้คำปรึกษาในส่วนองงาน เอกสารต่างๆ

ขอขอบคุณสถานความเป็นเลิศเทคโนโลยีชีวภาพเกษตรและทรัพยากรธรรมชาติ ระยะที่ 2 คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ ที่ให้การสนับสนุนทุนการศึกษาในการทำวิจัยในครั้งนี้

ขอขอบคุณนางสาววศินี อินตุงการ และพี่ๆจากภาควิชาการจัดการศัตรูพืช ทุกคนที่ได้ให้ความช่วยเหลือ และให้ความรู้ทางด้านโรครากขาวในการทำงานวิจัยครั้งนี้

ขอขอบคุณสมาชิกห้องปฏิบัติการเทคโนโลยีชีวภาพพืชปลูกทางชีวโมเลกุลทุกคน ที่คอยให้ความช่วยเหลือในทุกๆขั้นตอนของงานวิจัย คอยให้คำปรึกษา ชี้แนะและช่วยแก้ไขทุกปัญหาที่เกิดขึ้นจนทำให้งานวิจัยสำเร็จลุล่วงได้ด้วยดี

และสุดท้ายนี้ที่ขาดไม่ได้ ขอขอบพระคุณสมาชิกในครอบครัวทุกคน ที่คอยห่วงใย ให้ความรัก กำลังใจ สนับสนุน และรอคอยความสำเร็จของข้าพเจ้า ซึ่งเป็นเบื้องหลังอันสำคัญยิ่ง

พันธ์ทิพย์ เสนอินทร์

สารบัญ

เรื่อง	หน้า
บทคัดย่อ	(5)
Abstract	(7)
กิตติกรรมประกาศ	(9)
สารบัญ	(10)
รายการตาราง	(11)
รายการภาพประกอบ	(12)
บทที่ 1 บทนำ	1
บทนำต้นเรื่อง	1
การตรวจเอกสาร	2
วัตถุประสงค์	9
บทที่ 2 วิธีการวิจัย	10
วิธีดำเนินการ	10
วัสดุและอุปกรณ์	15
บทที่ 3 ผลการศึกษา	18
บทที่ 4 วิจัย	42
บทที่ 5 สรุปและข้อเสนอแนะ	47
เอกสารอ้างอิง	48
ภาคผนวก	56
ประวัติผู้เขียน	94

รายการตาราง

ตารางที่		หน้า
1	ตัวอย่างยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600 ที่เก็บจากสถานที่ต่างๆ สำหรับใช้ในการศึกษา	10
2	ระดับความรุนแรงของโรครากขาวในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600	28
3	ชนิดของไฟรเมอร์ ลำดับเบส จำนวนแถบทั้งหมด และจำนวนแถบที่ต่างกัน จากการใช้เทคนิคเอสเอสอาร์ในยางพารา	33
4	ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายในกลุ่มต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600	38
5	ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600	39

รายการภาพประกอบ

ภาพที่		หน้า
1	(A) Rhizomorph ที่ราก (B) ดอกเห็ดบริเวณ โคนต้นยางที่ตายจากโรครากขาว	5
2	เชื้อ <i>R. microporus</i> RIG 56	19
3	ลักษณะอาการของต้นยางพาราที่ได้รับการเข้าทำลายของโรครากขาว ที่ระดับการให้คะแนน 1-5	20
4	ผลการประเมินต้นกล้ายางพาราที่แสดงอาการ โดยให้เป็นระดับคะแนน การเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวในช่วงระยะเวลาต่าง ๆ กัน	21
5	ผลการประเมินต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ที่แสดงอาการ โดยให้เป็นระดับคะแนนการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาว ในช่วงระยะเวลาต่าง ๆ กัน	23
6	ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600	30
7	ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600	30
8	ความยาวยอดที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600	31
9	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเทคนิคเอสเอสอาร์ เมื่อใช้ไพรเมอร์ hmac4	34
10	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเทคนิคเอสเอสอาร์ เมื่อใช้ไพรเมอร์ hmac5	34
11	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเทคนิคเอสเอสอาร์ เมื่อใช้ไพรเมอร์ hmct1	35
12	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเทคนิคเอสเอสอาร์ เมื่อใช้ไพรเมอร์ HB105	35
13	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเทคนิคเอสเอสอาร์ เมื่อใช้ไพรเมอร์ HB135	36
14	รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเทคนิคเอสเอสอาร์ เมื่อใช้ไพรเมอร์ HB197	36

รายการภาพประกอบ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
15	เดนโตแกรมแสดงความสัมพันธ์ของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 19 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 จากการใช้เทคนิคเอสเอสอาร์ ด้วยไพรเมอร์ จำนวน 6 ไพรเมอร์	41

บทที่ 1

บทนำ

บทนำต้นเรื่อง

ยางพารา *Hevea brasiliensis* Mull Arg. เป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศไทย โดยเฉพาะทางภาคใต้ พื้นที่ปลูกยางพาราในประเทศไทยทั้งหมด 23.34 ล้านไร่ ส่วนใหญ่เป็นพื้นที่ในภาคใต้ (14.58 ล้านไร่) (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2559) ในอดีตการคัดเลือก และปรับปรุงพันธุ์ยางพาราจะให้ความสำคัญกับเรื่องของพันธุ์ดี ที่จะนำมาติดตามต้นตอ ไม่ว่าจะเป็นการคัดเลือกพันธุ์ที่ให้ผลผลิตน้ำยางหรือเนื้อไม้สูง รวมไปถึงลักษณะอื่นๆ ที่เป็นเป้าหมายของนักปรับปรุงพันธุ์ ต้นยางพันธุ์พื้นเมืองหรือพันธุ์ดั้งเดิมที่เคยใช้เป็นต้นตอค่อยๆ หายไปเพราะถูกโค่นเกือบหมด เหลืออยู่บ้างเฉพาะในบางพื้นที่เท่านั้น ประโยชน์ที่ชัดเจนของการใช้ยางพื้นเมืองหรือพันธุ์ดั้งเดิมเป็นต้นตอ เพราะพันธุ์เหล่านั้นเป็นพันธุ์ผสมเปิด มีฐานพันธุกรรมกว้าง ระบบรากมีความแข็งแรง ทนทานต่อโรครากได้ดี แต่ปัจจุบันต้นตอส่วนใหญ่ได้มาจากเมล็ดของต้นยางพันธุ์ดีคือ RRIM 600 เนื่องจากมีพื้นที่ปลูกมาก ปัญหาสำคัญคือส่วนใหญ่ระบบรากของยางพันธุ์ดีรวมทั้งพันธุ์ RRIM 600 จะมีความแข็งแรงน้อยกว่าพันธุ์พื้นเมืองมาก หากเกิดมีการระบาดของโรคราก ต้นตอพันธุ์ดีทั้งหมดอาจถูกทำลายได้เนื่องจากมีพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกัน จากการศึกษาเกี่ยวกับการเข้าทำลายของโรครากขาว (white root rot disease) อูโร และคณะ (2538) รายงานว่าไม่มียางพันธุ์ดีหรือพันธุ์แนะนำใดที่ต้านทานต่อการเข้าทำลายของเชื้อสาเหตุโรครากขาว โดยเฉพาะอย่างยิ่งพันธุ์ RRIM 600 มีความอ่อนแอมาก โรครากขาวเกิดจากเชื้อ *Rigidoporus microporus* เชื้อราชนิดนี้จะอาศัยอยู่ในดินได้นาน และมีพืชอาศัยหลายชนิด ในหลายปีที่ผ่านมา สวนยางเริ่มได้รับความเสียหายจากโรครากขาวมากขึ้น โดยมีรายงานการระบาดของโรครากขาวในประเทศไทย โดยเฉพาะในเขตภาคใต้ที่พบการระบาดอยู่ในหลายจังหวัด ได้แก่ ชุมพร สุราษฎร์ธานี ระนอง นครศรีธรรมราช สงขลา กระบี่ และสตูล (อยุทธิ์ และเสมอใจ, 2554) ซึ่งสร้างความเสียหายสำหรับการปลูกสร้างสวนยางพาราเป็นอย่างมาก ดังนั้น การศึกษาพันธุ์ทนทานต่อโรครากขาวของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่ยังเหลืออยู่ เพื่อนำมาใช้ในการทำเป็นต้นตอสำหรับขยายพันธุ์ยางพารา จะเป็นข้อมูลที่นำมาใช้ในการคัดเลือกต้นตอซึ่งมีผลช่วยลดความรุนแรงของโรครากขาวในยางพาราได้ ซึ่งจะทำให้การปลูกสร้างสวนยางมีความยั่งยืนมากยิ่งขึ้น

ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่ปลูกในปัจจุบันส่วนมากปลูกร่วมกับยางพาราพันธุ์แนะนำและการขยายพันธุ์ส่วนใหญ่ใช้การขยายพันธุ์ด้วยเมล็ด จึงส่งผลให้มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง เนื่องจากยางพาราเป็นพืชผสมข้าม ในปัจจุบันมีการนำเครื่องหมายโมเลกุลมาใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม และการจำแนกพันธุ์ของยางพารา เช่น เทคนิค Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) (ยศินทร์ และปรียา, 2550) เทคนิค Random Amplification of Polymorphic DNA (RAPD) และ Microsatellites หรือ Simple Sequence Repeat (SSR) (นภาพรรณและคณะ, 2551) ซึ่งเป็นเทคนิคที่มีความจำเพาะเจาะจงกับตำแหน่งของดีเอ็นเอ การใช้เครื่องหมายโมเลกุลเป็นวิธีที่รวดเร็วและแม่นยำกว่าการใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา ข้อมูลทางพันธุกรรมของยางพาราจึงมีความจำเป็นอย่างมากต่อการนำไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ และการเก็บรวบรวมพันธุ์ยางพารา

การตรวจเอกสาร

ยางพารา (*Hevea brasiliensis* Mull. Arg.) อยู่ในตระกูล Euphorbiaceae มีถิ่นกำเนิดในทวีปอเมริกาใต้ แถบลุ่มน้ำอะเมซอน ยางพาราเป็นพืชยืนต้นขนาดใหญ่ มีอายุยืนยาวหลายสิบปี เป็นพืชใบเลี้ยงคู่ พันธุ์ยางที่แนะนำสำหรับเกษตรกรทั่วไป แบ่งเป็น 2 ชั้นคือ พันธุ์ยางชั้น 1 แนะนำให้ปลูกโดยไม่จำกัดเนื้อที่ปลูก พันธุ์ยางในชั้นนี้ได้ผ่านการทดลองและศึกษาลักษณะต่างๆ อย่างละเอียด พันธุ์ยางชั้น 2 แนะนำให้ปลูกโดยจำกัดเนื้อที่ปลูก ปลูกได้ไม่เกินร้อยละ 30 ของเนื้อที่ปลูกยางที่ถือครอง แต่ละพันธุ์ควรปลูกไม่น้อยกว่า 7 ไร่ พันธุ์ยางชั้นนี้อยู่ในระหว่างการศึกษาลักษณะบางประการเพิ่มเติม เกษตรกรที่มีความประสงค์จะเลือกปลูกพันธุ์ยางชั้นนี้ควรรับคำแนะนำจากสถาบันวิจัยยาง (การยางแห่งประเทศไทย, 2559) ลักษณะของพันธุ์ยางที่ดี ให้น้ำยางมาก ต้านทานโรค ต้านทานลม เจริญเติบโตเร็วและสม่ำเสมอทั้งก่อนกรีดและหลังกรีด เป็นโรคเปลือกแห้งน้อย เปลือกที่กรีดแล้วออกเร็วและหนาใกล้เคียงกับเปลือกเดิม และหากใช้สารเคมีเร่งน้ำยางร่วมด้วยจะได้ผลผลิตเพิ่มมากขึ้น (การยางแห่งประเทศไทย, 2556) ยางพาราสามารถทำการขยายพันธุ์ได้หลายวิธี เช่น การขยายพันธุ์โดยใช้เมล็ด ใช้วิธีการติดตาเขียว ตาสีน้ำตาล เป็นต้น แต่การขยายด้วยเมล็ดโดยตรงสำหรับการปลูกสร้างสวนยางไม่เป็นที่นิยม เพราะเมล็ดยางพาราที่นำไปปลูกจะไม่ตรงตามพันธุ์ การใช้เมล็ดขยายพันธุ์ มักจะใช้เพาะต้นกล้าเพื่อใช้ทำเป็นต้นตอสำหรับติดตาเป็นส่วนใหญ่ (เอกชัย, 2547) โดยทั่วไปการปลูกสร้างสวนยางมักใช้ต้นตอตา (budded stump) แล้วไปใช้เป็นยางชำถุง ซึ่งได้จากการนำเมล็ดยางพันธุ์ดั้งเดิมมาเพาะ และติดตาโดยใช้กิ่งตาจากต้นพันธุ์ดี หลังจากนั้นจึงย้ายลงถุง และเลี้ยงจนได้ระยะที่เหมาะสม ต้นตอที่ขยายพันธุ์จากเมล็ด

มีระบบรากที่ยังเล็ก สามารถจะยึดเกาะได้แข็งแรง จึงได้รับความนิยมใช้เป็นต้นตอของไม้ยืนต้น เช่น มะม่วง ทูเรียน มะขาม เป็นต้น (สารานุกรมไทยสำหรับเยาวชน, 2556)

ในอดีตยางพาราที่ปลูกมีต้นตอเป็นเมล็ดจากต้นยางพาราที่นำเข้ามาปลูกในประเทศไทยในช่วงแรกๆ หรือที่เรียกว่าพันธุ์ดั้งเดิม เป็นการปลูกจากเมล็ดที่ไม่ทราบพ่อแม่พันธุ์ ต้นมีความแข็งแรงตามธรรมชาติ และสามารถทนทานต่อเชื้อสาเหตุของการเกิดโรคที่รากได้ดี กษมา (2555) คัดเลือกพันธุ์ยางที่เหมาะสมสำหรับใช้เป็นต้นตอ โดยวิธีการศึกษาการเจริญเติบโตของระบบรากยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่เก็บจากแหล่งต่างๆ ภายใน จ. สงขลา ตรัง สุราษฎร์ธานี และระนอง เปรียบเทียบกับยางพาราพันธุ์ RRIM 600 โดยใช้เทคนิคไรโซตรอน พบว่าต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจาก ต.บางรัก อ.เมือง จ.ตรัง และสวนสาธารณะหาดใหญ่ จ.สงขลา ระบบรากเจริญเติบโตดีกว่าโคลนอื่นๆ และดีกว่ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมนอกจากมีการเจริญเติบโตของรากที่ดีแล้ว ยังมีความทนทานต่อโรครากได้ดีอีกด้วย จากการรายงานของ สุณิรัตน์ และคณะ (2554) ที่ได้ทำการปลูกเชื้อ *R. microporus* กับต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และให้คะแนนระดับความรุนแรงของการเกิดโรคของต้นยางพาราเป็นระดับ 1-5 พบว่าต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่เก็บจากตำบลน้ำน้อย อำเภอหาดใหญ่ มีความทนทานต่อโรครากขาวมากกว่าต้นกล้าพันธุ์อื่นๆ ที่ทำการทดสอบ เช่นเดียวกับการรายงานของ Wattanasilakorn และคณะ (2012) ที่รายงานว่า ต้นกล้าจาก โคลน PSU1, PSU2, Sakraphangsurin และ Bangrak ซึ่งเป็นยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจากจังหวัดสงขลาและจังหวัดตรัง มีความทนทานต่อโรครากขาว ในขณะที่ยางพาราพันธุ์ RRIM 600 และ GT 1 มีความอ่อนแอต่อโรครากขาวสูง

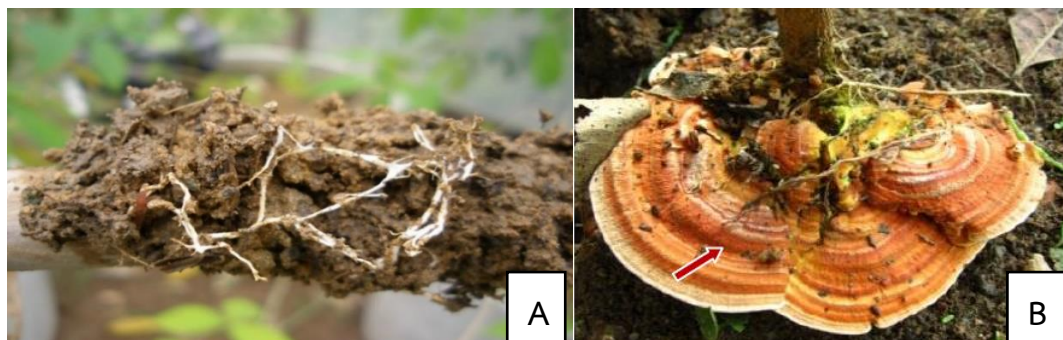
1. โรครากขาวของยางพารา

โรครากขาวเกิดจากเชื้อรา *Rigidoporus microporus* (Sw) Overeem เชื้อราโรครากขาวสามารถเข้าทำลายรากยางพาราได้ทุกระยะการเจริญเติบโต Nandris และคณะ (1988) พบว่าการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวจะรุนแรงในช่วงต้นยางพาราอายุ 2-5 ปีหลังปลูก ในระยะเริ่มแรกจะไม่เห็นลักษณะผิดปกติของต้นยางพาราส่วนที่อยู่เหนือพื้นดิน เมื่อส่วนรากถูกทำลายเสียหายจนไม่สามารถดูดน้ำและธาตุอาหารได้ จึงแสดงอาการที่ปรากฏคือ ใบมีขนาดเล็กลง สีเหลือง ทรงพุ่มมีขนาดเล็ก ต่อมาต้นตาย เมื่อขุดดูรากจะปรากฏเส้นใยสีขาวเจริญแนบกับราก จึงมีชื่อเรียกโรครากขาวตามสีของเชื้อสาเหตุ (Kaewchai *et al.*, 2010)

2. การเข้าทำลายของโรครากขาว

กลไกการเข้าทำลายโดยเส้นใยของเชื้อราสาเหตุโรครากขาวจะแทงเข้าทำลายรากไม้ ซึ่งเชื้อพัฒนาเส้นใยเป็นสองประเภทที่มีความแตกต่างกันทางรูปร่างและเมตาบอลิซึม รวมถึงการผลิตเอนไซม์ เส้นใย rhizomorph (ภาพที่ 1A) ทำหน้าที่ที่สำคัญคือ การแพร่กระจายของเชื้อ โดยเส้นใยของเชื้อเจริญที่เนื้อเยื่อชั้นนอกสุดของราก การแทงเข้าทำลายเนื้อไม้ของเชื้อเกิดร่วมกันระหว่างวิถีกลและปฏิกิริยาของเอนไซม์ เอนไซม์ที่ผลิตเพื่อย่อยส่วนประกอบสำคัญของผนังเซลล์ เช่น cellulose hemicelluloses และ lignin ในเนื้อเยื่อที่เป็นโรคจะพบเอนไซม์ laccase ปริมาณมาก (สายทอง, 2556) เชื้อโรคจะแทรกซึมเข้าสู่ระบบราก และทำลายเนื้อเยื่อ เมื่อโครงสร้างของเซลล์พืชถูกทำลาย เชื้อก็จะสามารถกระจายและเข้าทำลายต้นได้ (Omorusi, 2012) เส้นใย rhizomorphs จะเจริญเติบโตอย่างรวดเร็ว และอาจขยายออกไปได้หลายเมตรผ่านดิน โดยที่ไม่ต้องอาศัยชิ้นส่วนของรากพืช ดังนั้นต้นยางปกคิสามารถติดเชื้อ โดยเส้นใย rhizomorphs จากตอไม้หรือเศษไม้ที่ติดเชื้อซึ่งฝังอยู่ในพื้นดิน (Nandris *et al.*, 1987) เมื่อพืชแสดงอาการของโรคระยะหนึ่งก่อนหรือหลังพืชตาย จะพบดอกเห็ดเกิดขึ้นบริเวณโคนต้นในฤดูฝน ไปจนถึงฤดูร้อน ลักษณะของดอกเห็ด จะแบน กว้าง (อาจกว้างถึง 20 เซนติเมตร) บางครั้งมีลักษณะบาง ไม่มีก้านดอก เป็นกลุ่มก้อน ด้านบนมีสีเหลืองแดงปนน้ำตาล มีรอยย่น เมื่อแก่จะเรียบ สีจะจางลง เหี่ยว ด้านล่างสีน้ำตาลส้มสด เมื่อแก่สีจะซีด มีรูขนาดเล็ก ประมาณ 6-9 รูต่อมิลลิเมตร เมื่อผ่าตามขวางมีสีซีด เส้นใยเป็นแบบ monomitic ผนังบาง มี septa เส้นใยไม่มีสี สปอร์มีรูปร่างกึ่งกลมจนถึงกลม (sub-globose to globose) ผิวเรียบ มีขนาด 3.5-4.5 x 3.5-4 ไมโครเมตร จะผลิตสปอร์จำนวนมากที่รูด้านล่างของดอกเห็ด (สายทอง, 2556)

Ogbebor และคณะ (2013) ได้ทำการศึกษาเกี่ยวกับวัสดุที่เหมาะสม หรือไวต่อกรเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาว โดยทำการทดลองในวัสดุจากยางพารา ได้แก่ กิ่งยางสดและแห้ง ลำต้น ราก จี้เลื่อยยางแห้ง ใบยาง และเปลือกหุ้มเมล็ดยางพารา พบว่าเชื้อโรครากขาวเข้าทำลาย หรือเจริญเติบโตได้ดีที่สุดในเปลือกหุ้มเมล็ด (83.75%) รองลงมาคือ ลำต้นยางแห้ง และใบยางแห้ง 10.25% และ 5.50% ตามลำดับ



ภาพที่ 1 (A) Rhizomorph ที่ราก (B) ดอกเห็ดบริเวณ โคนต้นยางที่ตายจากโรครากขาว
ที่มา : จรัสศรี และคณะ (2557), Wattanasilakorn *et al.* (2012)

3. การป้องกันกำจัดโรครากขาว

ปัจจุบันการป้องกันกำจัดโรครากขาวของยางพารา จะใช้วิธีผสมผสาน ระหว่างวิธี
เขตกรรมและสารเคมี โดยมีหลักการป้องกันกำจัดที่สำคัญ คือ การป้องกันการแพร่กระจายจากต้นที่
เป็นโรคไปยังต้นปกติ ทำในระยะแรกๆ หรือเมื่อต้นยางพาราอายุประมาณ 1 ปี และทำอย่างต่อเนื่อง
ถ้าโรคนี้ปรากฏควรกำจัดต้นที่เป็น โรคทิ้ง กำจัดเศษซากไม้ให้หมดจากพื้นที่ก่อนปลูกยางพารา เพื่อ
ลดแหล่งเชื้อสาเหตุโรคในแหล่งที่มีการระบาด หรือใช้สารเคมี กำมะถันผง หรือ PCNB
(pentachloronitrobenzene) ก่อนปลูกยางพารา (สายทอง, 2556) อารมณ และคณะ (2554) ได้
ทำการศึกษาเกี่ยวกับศักยภาพของแม่ปุ๋ยบางชนิดต่อการยับยั้งและป้องกันการเกิดโรครากขาวของ
ยางพาราสาเหตุจากเชื้อรา *R. microporus* ในยางปลูกใหม่พบว่า การใช้ปุ๋ยแอมโมเนียมซัลเฟต และ
ปุ๋ยยูเรีย อัตรา 100, 200 และ 300 กรัม/หลุมปลูก มีประสิทธิภาพในการป้องกันการติดเชื้อราโรค
รากขาวของยางพาราปลูกใหม่ สามารถป้องกันการติดเชื้อราโรครากได้ 92-100% นอกจากนี้มี
รายงานการใช้ชีววิธี หรือการใช้จุลินทรีย์ปฏิปักษ์ (Antagonistic microorganism) ป้องกันการ
แพร่กระจายโรครากขาว โดยสุภาภรณ์ และมารีนา (2557) ศึกษาประสิทธิภาพของเชื้อราปฏิปักษ์
Trichoderma spp. จำนวน 11 ไอโซเลท พบว่า *Trichoderma* spp. ทุกไอโซเลทมีประสิทธิภาพใน
การยับยั้งการเจริญเติบโตของเส้นใยเชื้อรา *R. microporus* ได้ อีกวิธีที่สามารถป้องกัน โรครากขาว
ได้อย่างยั่งยืนคือ การใช้พืชที่ทนทานหรือต้านทานต่อโรครากขาว

4. การใช้พืชที่ทนทานหรือต้านทานโรค

การใช้พืชทนทานหรือต้านทานต่อโรคได้จากการคัดเลือกพันธุ์หรือผสมพันธุ์ (selection and breeding for resistance) โดยการเลือกพืชที่มีคุณสมบัติหรือสร้างพืชให้มีลักษณะพิเศษที่ทนทาน หรือต้านทานการเข้าทำลายของเชื้อโรค ความต้านทานอาจเกิดขึ้นในลักษณะใดลักษณะหนึ่ง ทั้งในทางสรีรวิทยา (physiological resistance) และทางโครงสร้างหรือรูปร่างลักษณะของพืช (morphological resistance หรือ mechanical resistance) ความต้านทานโรคที่เกิดขึ้นในพืช สามารถจำแนกตามการเหนี่ยวนำและกลไกของความต้านทานได้ 2 ประเภท คือ ความต้านทานที่มีอยู่แล้วในพืช (pre-formed resistance) และความต้านทานที่พืชถูกเหนี่ยวนำให้สร้างขึ้น (induced resistance) (นงลักษณ์, 2558)

1) ความต้านทานที่มีอยู่แล้วในพืช หรือที่เรียกว่าลักษณะประจำพันธุ์ ประกอบด้วยโครงสร้างของพืชที่มีลักษณะพิเศษ เช่น ความหนาและความแข็งแรงของผนังเซลล์ ชั้นของแวกซ์ (wax) และคิวติเคิล (cuticle) ที่ปกคลุมบริเวณลำต้นและผิวใบช่วยขัดขวางเชื้อราบางชนิดในการแทงเข้าสู่เซลล์พืช เป็นต้น

2) ความต้านทานที่พืชถูกเหนี่ยวนำให้สร้างขึ้น เป็นลักษณะความต้านทานที่พืชถูกกระตุ้นให้สร้างขึ้นมาเพื่อป้องกันตัวเองภายหลังเชื้อสาเหตุโรคเข้าทำลาย การรับรู้ของพืชส่งผลให้เกิดการตอบสนองในแบบต่าง ๆ ทั้งในลักษณะเพื่อป้องกันพืชและเพื่อกำจัดเชื้อสาเหตุที่เข้าทำลายพืช โดยพืชสังเคราะห์สารบางชนิดให้มีปริมาณเพิ่มขึ้นและเพียงพอที่จะกำจัดเชื้อสาเหตุโรคได้ทันเวลาภายหลังจากถูกเชื้อสาเหตุโรคเข้าทำลาย การชักนำให้พืชสร้างภูมิคุ้มกันเพื่อต่อต้านการเข้าทำลายของเชื้อโรค สามารถทำได้ในทำนองเดียวกับมนุษย์และสัตว์เมื่อได้รับการกระตุ้นโดยการฉีดวัคซีน ซึ่งจะทำให้ร่างกายสร้างภูมิคุ้มกันเกิดขึ้น โดยการสร้างสารแอนติบอดี สำหรับพืชก็มีกลไกในการต่อต้านการเข้าทำลายของเชื้อโรคได้เช่นกันเมื่อได้รับการกระตุ้นที่เหมาะสม ซึ่งพบได้หากทำการปลูกเชื้อที่มีความรุนแรงน้อย (mild strain) หรือเชื้อต่างสายพันธุ์หรือเชื้อที่ไม่ใช่สาเหตุโรคของพืชชนิดนั้น จะทำให้พืชมีความต้านทานต่อโรคได้ดีกว่าพืชที่ไม่ได้รับการปลูกเชื้อกระตุ้น นอกจากนี้ การใช้สารเคมีบางประเภทที่เป็นองค์ประกอบของผนังเซลล์เชื้อ หรือสารอนินทรีย์บางชนิดกระตุ้นให้พืชต้านทานโรคเพิ่มขึ้น และพืชที่ได้รับการกระตุ้นนี้มักจะมี ความต้านทานต่อโรคหลายโรคไม่เฉพาะเจาะจงต่อโรคใดโรคหนึ่ง (พรทิพย์, 2532)

สำหรับในบางพาราไม่มีรายงานว่ามีพันธุ์ใดที่ต้านทานต่อโรครากขาว จากการศึกษาของ อุไร และคณะ (2538) ที่ได้ทำการคัดพันธุ์ต้านทานโรครากขาวจากยางพันธุ์แนะนำชั้น 1 จำนวน 5 พันธุ์ ได้แก่ RRIM 600, GT 1, PR 255, PR 26 และ KRS 156 พบว่าพันธุ์แนะนำทั้ง

5 พันธุ์ อ่อนแอต่อโรครากขาว (ตายมากกว่า 50%) จรัสศรีและคณะ (2557) ทำการปลูกเชื้อสาเหตุโรครากขาว *R. microporus* ในยางพาราพันธุ์พื้นเมืองจำนวน 14 โคลน พันธุ์ RRIM 600 และพันธุ์ GT 1 รายงานว่ายางพาราพันธุ์พันธุ์ RRIM 600 และ GT 1 อ่อนแอต่อโรค และยางพาราพันธุ์พื้นเมืองในพื้นที่บ้านน้ำน้อย อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความทนทานต่อโรครากขาวที่สุด Wattanasilakorn และคณะ (2012) ทดสอบการทนทานต่อโรครากขาวในพันธุ์แนะนำและพันธุ์ดั้งเดิมพบว่า GT 1 และ RRIM 600 อ่อนแอต่อการเข้าทำลายของโรค ส่วนพันธุ์ดั้งเดิมที่เป็นต้นกล้าจากการผสมตามธรรมชาติ (PSU1, PSU2) มีความทนทานต่อโรครากขาวมากกว่า นอกจากนี้การศึกษาในประเทศไนจีเรียโดย Omurusi (2012) ทำการทดลองเปรียบเทียบดัชนีการเข้าทำลายของเชื้อสาเหตุโรครากขาวในยางพารา 4 พันธุ์ คือ GT 1, PR 107, RRIM 107 และพันธุ์พื้นเมืองของไนจีเรียอีก 3 โคลน พบว่า GT 1 มีดัชนีการเกิดโรคน้อยที่สุด (14.71%)

5. การศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของยางพารา โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล

การศึกษาเครื่องหมาย หรือ marker มีวัตถุประสงค์เพื่อบ่งชี้ความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) ของสิ่งมีชีวิตทั้งปริมาณและคุณภาพ เครื่องหมายโมเลกุลมี 2 ระดับ คือ ระดับโปรตีน และระดับดีเอ็นเอ การตรวจสอบในระดับดีเอ็นเอมีข้อดีว่าการตรวจสอบโปรตีนคือ โมเลกุลของดีเอ็นเอมีความเสถียรกว่าจึงเก็บไว้ได้นาน เนื่องจากดีเอ็นเอเป็นองค์ประกอบที่มีอยู่ในเซลล์เกือบทุกเซลล์ในปริมาณเท่ากัน จึงสามารถตรวจสอบดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อใดๆ ระยะการเจริญเติบโต หรือ สภาพทางสรีรวิทยาใดก็ได้ โดยไม่ขึ้นกับสภาพแวดล้อม มีการพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อนำมาใช้ประโยชน์ในการจำแนกพันธุ์อย่างต่อเนื่อง เครื่องหมายโมเลกุลที่นิยมใช้ได้แก่ Random amplified polymorphic DNA (RAPD), Amplified fragment length polymorphism (AFLP), ไมโครแซทเทลไลท์ (Microsatellite) หรือ SSR (Simple sequence repeat) เป็นต้น

เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ หมายถึง ลำดับเบสที่มีลักษณะซ้ำกันเรียงอยู่ต่อเนื่องกันที่ตำแหน่งต่างๆ ในจีโนม แต่ละชุดซ้ำประกอบด้วยเบส 1-6 เบส พบในสิ่งมีชีวิตทุกชนิด ลำดับเบสแบบไมโครแซทเทลไลท์มีการกระจายตัวทั้งจีโนม แต่การกระจายไม่สม่ำเสมอ บางบริเวณก็พบมาก บางบริเวณก็พบน้อย หน้าที่ของลำดับเบสแบบไมโครแซทเทลไลท์ยังไม่ทราบแน่ชัด มีไมโครแซทเทลไลท์บางส่วนที่มีการอนุรักษ์ (conserved) โดยพบอยู่ที่ตำแหน่งเดียวกันในสิ่งมีชีวิตหลายชนิด บางส่วนทำหน้าที่ได้เนื่องจากอยู่ในส่วนนำรหัสของยีน การตรวจสอบดีเอ็นเอส่วนที่เป็นไมโครแซทเทลไลท์ทำได้หลายวิธี เช่น การทำ Southern blot hybridization แต่ที่นิยมใช้ในปัจจุบัน เป็นการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์ชนิดหนึ่งที่ตำแหน่งจำเพาะครั้งละ 1 ตำแหน่ง

โดยอาศัยเทคนิค PCR จึงต้องการไพรเมอร์ 2 ชนิดที่มีลำดับเบสคู่สมกับลำดับเบสที่อยู่ขนาบข้างของไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่งดังกล่าว และจำเป็นต้องมีข้อมูลลำดับเบสที่ต้องการ (สุรินทร์, 2552) เครื่องหมายโมเลกุลที่อาศัยเทคนิค PCR เป็นพื้นฐานเช่น เทคนิค RAPD, AFLP และไมโครแซทเทลไลท์ มีรายงานความสำเร็จในการใช้เทคนิค RAPD ในยางพาราสำหรับการตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม Bicalho และคณะ (2008) ใช้เทคนิค RAPD ประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราในเมือง Lavras และ Campinas ประเทศบราซิล พบว่า ยางพาราพันธุ์ RRIM600, GT1, PB235, PLPIM และ FX2261 ในเมือง Lavras และ Campinas ของประเทศบราซิล มีลักษณะเหมือนกัน Oktavia และคณะ (2011) ใช้เทคนิค RAPD จำแนกยางพาราจำนวน 45 โคลน ออกได้เป็น 2 กลุ่ม พบยางพาราพันธุ์ IRR 41 และ IRR 42 มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมสูงที่สุดสำหรับเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ Roy และคณะ (2004) ทำการพัฒนาเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ในยางพารา พบว่าจีโนมของยางพารามีการซ้ำกันของเบส CT/GA ตามด้วย TG/CA เบส GA มีการซ้ำกันยาวสูงสุดถึง 20 ซ้ำ เฉลี่ยยาว 11.78 ซ้ำ ความถี่ของการซ้ำกันของเบส GA มีความคล้ายคลึงกับการรายงานการศึกษาไมโครแซทเทลไลท์ในพืชหลายชนิด จากการศึกษาวิเคราะห์พันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์แนะนำ โดยใช้เครื่องหมายอาร์เอพีดี และไมโครแซทเทลไลท์ โดย กรกช (2550) พบว่า เทคนิคอาร์เอพีดี และไมโครแซทเทลไลท์ สามารถใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยางพาราได้ดี แต่เทคนิคไมโครแซทเทลไลท์มีประสิทธิภาพมากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับเทคนิคอาร์เอพีดี เพราะเทคนิคอาร์เอพีดีมีข้อจำกัดหลายประการ เช่น เป็นเครื่องหมายแบบ dominant จึงไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างโฮโมโลกัส และเฮเทอโรไซกัสได้ อีกทั้งยังมีปัญหาเรื่องการทำซ้ำ หากควบคุมสถานะของการทำพีซีอาร์ไม่ดีพอ ส่วนไมโครแซทเทลไลท์หรือเอสเอสอาร์เป็นเครื่องหมายที่สามารถแยกลักษณะการข่มร่วมกัน (co-dominance) ได้ และมีการกระจายตัวสม่ำเสมอในจีโนมพืชเป็นข้อดีของเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ที่ทำให้สามารถแยกความหลากหลายทางพันธุกรรมได้อย่างมีประสิทธิภาพ (Souza *et. al.*, 2009) Mantello และคณะ (2012) รายงานว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์สามารถใช้ประโยชน์ในด้านต่างๆ ได้หลากหลาย เช่น การทำแผนที่ genetic linkage, แผนที่ QTL (quantitative trait loci) และใช้เป็นเครื่องหมายในการคัดเลือก (MAS: marker assisted selection) สำหรับยางพารานั้นมีการนำเครื่องหมายเอสเอสอาร์ ใช้ในการตรวจสอบความถูกต้องของพันธุ์ยางพาราชำถุง RRIM 600 โดยปิ่นพร และคณะ (2560) รายงานว่าการตรวจจีโนไทป์ของพันธุ์ยางพาราชำถุง RRIM 600 ด้วยเครื่องหมายเอสเอสอาร์ ให้ผลสอดคล้องกับการตรวจสอบด้วยลักษณะทางสัณฐานวิทยาของใบ อีกทั้ง Royani และคณะ (2017) ได้รายงานความสำเร็จในการใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์ ตรวจสอบพันธุ์ยางพารา PB 260 ในพื้นที่ปลูกของเกษตรกรในประเทศอินโดนีเซีย ซึ่งทำให้ทราบว่ายางพารา

พันธุ์ PB 260 ที่เกษตรกรปลูกเป็นพันธุ์แท้ แสดงให้เห็นว่าเครื่องหมายเอสเอสอาร์ เป็นเครื่องหมายที่มีประสิทธิภาพเหมาะสำหรับการตรวจสอบความถูกต้องของพันธุ์กรรม ในการศึกษาครั้งนี้จึงเลือกใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์ เพื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของต้นกล้วยพาราที่เก็บเมล็ดมาจากแหล่งต่างๆ เพื่อดูความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของต้นกล้าที่นำมาศึกษากับพันธุ์แนะนำ

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

เพื่อคัดเลือกต้นตอของพาราจากพันธุ์ดั้งเดิมที่มีศักยภาพในการทนทานต่อโรครากขาว และวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพาราโดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์ (SSR marker) เพื่อการคัดเลือกพันธุ์ไว้สำหรับเป็นต้นตอ

บทที่ 2

วิธีการวิจัย

วิธีดำเนินการ

1. การเก็บรวบรวมเมล็ดพันธุ์ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600

ทำการเก็บรวบรวมเมล็ดยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจากแหล่งต่างๆ ในพื้นที่จังหวัดสงขลา และตรัง จำนวน 16 โคลน และใช้ RRIM 600 เป็นพันธุ์เปรียบเทียบ (control) (ตารางที่ 1) นำเมล็ดมาเพาะ เมื่ออายุ 3 เดือนจึงย้ายลงปลูกในถุงขนาด 4x12 นิ้ว อนุบาลต้นในถุงต่อจนอายุประมาณ 9 เดือน ย้ายลงปลูกในกระบะพลาสติก และตัดยอดต้นกล้าเพื่อให้แตกยอดใหม่ โดยวางแผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ (Completely Randomized Design: CRD) จำนวน 3 ซ้ำ ซ้ำละ 6 ต้น

ตารางที่ 1 ตัวอย่างยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600 ที่เก็บจากสถานที่ต่างๆ สำหรับใช้ในการศึกษา

ชนิด	โคลน	แหล่งที่มา
ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม	C 1	อ.เมือง จ.ตรัง
	C 2	อ.กันตัง จ.ตรัง
	C 3	อ.เมือง จ.ตรัง
	C 4	อ.ปะเหลียน จ.ตรัง
	C 5	อ.ปะเหลียน จ.ตรัง
	C 6	อ.กันตัง จ.ตรัง
	C 7	อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา
	C 8	อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา
	C 9	อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา
	C 10	อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา
	C 11	อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา
	C 12	อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา

ตารางที่ 1 (ต่อ) ตัวอย่างยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600 ที่เก็บจากสถานที่ต่างๆ สำหรับใช้ในการศึกษา

ชนิด	โคลน	แหล่งที่มา
ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม	C 13	อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา
	C 14	อ.นาหม่อม จ.สงขลา
	C 15	อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา
	C 16	อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา
ยางพาราพันธุ์แนะนำ	RRIM 600	อ.นาหม่อม จ.สงขลา

2. การประเมินความทนทานของต้นกล้ายางพาราต่อเชื้อสาเหตุโรครากขาว

2.1 การปลูกเชื้อบนต้นกล้ายาง

2.1.1 การเตรียมดินสำหรับย้ายปลูกต้นกล้ายางพาราเพื่อเตรียมปลูกเชื้อ โดยใช้หน้าดินผสมกับดินปลูกสำเร็จรูป อัตรา 1:1 ผสมดินให้เนื้อดินมีความสม่ำเสมอ บรรจุดินในกระบะพลาสติกขนาดกว้าง 43 เซนติเมตร ยาว 62 เซนติเมตร ลึก 38 เซนติเมตร เพาะเมล็ดข้างทั้งหมด และบำรุงรักษาโดยการรดน้ำทุกวันๆ ละ 1 ครั้ง

2.1.2 การเตรียม Inoculum ของเชื้อสาเหตุโรครากขาว (*Rigidoporus microporus* RIG 56) ทำการเลี้ยงเชื้อ *R. microporus* RIG 56 บนอาหาร Potato dextrose agar (PDA) ที่อุณหภูมิห้อง (25°C) เป็นเวลา 5 วัน ย้ายเชื้อลงเลี้ยงในข้าวฟ่างผสมจีเลื่อยที่นิ่งมาเชื้อแล้ว บ่มที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 15 วัน จากนั้นย้ายเลี้ยงลงก้อนเชื้อ บ่มเลี้ยงเชื้อที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 1 เดือน

2.1.3 การปลูกเชื้อบนต้นยาง ทำการปลูกเชื้อ *R. microporus* RIG 56 บนต้นกล้ายางพารา อายุ 12 เดือน โดยตัดก้อนเชื้อที่ติดเชื้อ *R. microporus* แบ่งเป็น 4 ชิ้นต่อก่อน แล้ววางก้อนเชื้อจำนวน 1 ชิ้นต่อต้น ลึก 5 เซนติเมตร ให้สัมผัสกับราก แล้วคลุมด้วยดินปลูก โดยทำการทดสอบในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์เปรียบเทียบ RRIM 600 วางแผนการทดลองแบบสุ่มสมบูรณ์ (Completely randomized design: CRD) จำนวน 3 ซ้ำ ซ้ำละ 6 ต้น

2.2 การประเมินความทนทานโรค: หลังจากปลูกเชื้อ 30 วัน ทำการประเมินความต้านทานโรคครั้งแรก และประเมินทุกๆ 1 เดือน เป็นเวลา 13 เดือน โดยการให้คะแนนตามวิธีการที่ดัดแปลงจาก Nandris และคณะ (1983) ดังนี้

ระดับที่ 1 ต้นปกติ

ระดับที่ 2 ใบเหลือง
 ระดับที่ 3 ใบและต้นเหี่ยว
 ระดับที่ 4 ใบร่วง
 ระดับที่ 5 ตันตาย

การประเมินความทนทานหรือต้านทาน

High tolerance	(ระดับ 1)
Moderate tolerance	(ระดับ 2-3)
Susceptible	(ระดับ 4-5)

2.3 กำหนดดัชนีการเกิดโรค ตามค่าจากการประเมินความต้านทานโรคจากสูตรดัชนีการเกิดโรคดังนี้

$$\text{ดัชนีการเกิดโรค (\%)} = \frac{\text{ผลรวมการเป็นโรคแต่ละระดับ}}{(\text{จำนวนต้นยาง} \times \text{ระดับการเกิดโรคสูงสุด})} \times 100$$

2.4 ทดสอบการรอดตาย นับจำนวนต้นรอดตาย คิดเป็นเปอร์เซ็นต์ต้นที่รอดตายจากต้นที่ทำการทดลองปลูกเชื่อทั้งหมด

3. การศึกษาการเจริญเติบโตของต้นกล้ายางพารา หลังการปลูกเชื้อสาเหตุโรครากขาว

เมื่อต้นกล้ายางพาราอายุประมาณ 8 เดือน ทำการตัดยอดต้นกล้ายางพาราเหนือจากพื้นดิน 80 เซนติเมตร เพื่อให้ต้นกล้ายางพาราทุกต้นแตกยอดใหม่พร้อมกัน ทำการจดบันทึกข้อมูลการเจริญเติบโต ได้แก่ ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้น วัดเหนือพื้นดิน 10 เซนติเมตร ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดใหม่ วัดห่างจากลำต้นหลัก 5 เซนติเมตร และความยาวยอด ก่อนการปลูกเชื้อ *R. microporus* 1 เดือน แลหลังจากปลูกเชื้อแล้วทุก 1 เดือน เป็นระยะเวลา 13 เดือน

4. การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราโดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์

4.1 การสกัดดีเอ็นเอ

เก็บตัวอย่างใบจากต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่รวบรวมจากแหล่งปลูกต่างๆ จำนวน 16 โคลน โคลนละ 5 ต้น และจากพันธุ์ RRIM 600 5 ต้น รวมทั้งหมด 85 ต้น โดยเลือกเก็บใบในระยะเฟสลาด 1-2 ใบต่อต้น นำมาสกัดดีเอ็นเอ โดยใช้สารละลาย CTAB (hexadecyl trimethyl ammonium bromide) ซึ่งดัดแปลงมาจาก Doyle และ Doyle (1990) โดยใช้ใบยางพารา 200 มิลลิกรัม ล้างทำความสะอาด ซับให้แห้ง ตัดเป็นชิ้นเล็กๆ ใส่ CTAB buffer (PVP, NaCl, 0.5 M EDTA pH 8.0, 2% CTAB) ร่วมกับ β -Mercaptoethanol เข้มข้น 2% ปริมาตร 700 ไมโครลิตร ลงในโกร่ง แล้วบดให้ละเอียด จากนั้นใส่ในหลอดไมโครเซนตริฟิวจ์ บ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 60 นาที กลับหลอดไปมาเบาๆ ทุก 15 นาที หลังจากนั้นเติม Chloroform 700 ไมโครลิตร กลับหลอดไปมาเบาๆ บั่นเหวี่ยงตกตะกอนความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 15 นาที จะได้สารละลายที่แยกชั้น คูดสารละลายส่วนใสใส่หลอดไมโครเซนตริฟิวจ์ใหม่ เติม Isopropanol 700 ไมโครลิตร กลับหลอดไปมาเบาๆ เพื่อตกตะกอนดีเอ็นเอ เติสารละลายส่วนใสทิ้งระวังไม่ให้ตะกอนดีเอ็นเอหลุดออกมาด้วย ล้างตะกอนดีเอ็นเอด้วย Ethanol ความเข้มข้น 70% ที่ผ่านการแช่เย็น ปริมาตร 700 ไมโครลิตร จำนวน 2 ครั้ง เท Ethanol ทิ้ง ให้เหลือตะกอนดีเอ็นเอในหลอด จากนั้นตากตะกอนดีเอ็นเอให้แห้งที่อุณหภูมิห้อง ละลายตะกอนดีเอ็นเอด้วย TE buffer 30 ไมโครลิตร ที่ประกอบด้วย Tris-HCl pH 7.5 ความเข้มข้น 10 มิลลิโมลาร์ และ Na₂EDTA pH 7.0 ความเข้มข้น 1 มิลลิโมลาร์ ที่อุณหภูมิห้อง (25 องศาเซลเซียส) เก็บรักษาดีเอ็นเอที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส จนกว่าจะนำมาใช้

4.2 การตรวจสอบปริมาณดีเอ็นเอ

ตรวจสอบปริมาณ และคุณภาพของดีเอ็นเอที่สกัดได้ ด้วยการเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอมาตรฐาน โดยการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสบน LE agarose เข้มข้น 1% ในสารละลาย TAE buffer (Tris Base, Glacial acetic acid, 0.5 M EDTA pH 8.0) ใช้แรงเคลื่อนไฟฟ้า 100 โวลต์ 20 นาที แล้วย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยเอธิเดียมโบรไมด์เข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร 15 นาที และล้างด้วยน้ำกลั่น 15 นาที แล้วจึงนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่องถ่ายภาพเจล (Gel Documentation system) ภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต 260 นาโนเมตร และนำดีเอ็นเอที่สกัดได้จำนวน 1 ไมโครลิตร มาวัดปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องวัดปริมาณสารพันธุกรรม (Biodrop Duo Micro Volume

Spectrophotometer) โดยอาศัยคุณสมบัติการดูดกลืนคลื่นแสงอัลตราไวโอเล็ตของเบสที่เป็นองค์ประกอบของดีเอ็นเอ ที่ความยาวคลื่น 260 นาโนเมตร

4.3 การวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรม

คัดเลือกไพรเมอร์สำหรับเทคนิคเอสเอสอาร์ จำนวน 6 ไพรเมอร์ ที่มีการศึกษามาก่อนหน้า และมีค่า polymorphism information content (PIC) มากกว่า 0.7 คือ hmc4, hmc5 และ hmct1 จากการศึกษาของ Saha และคณะ (2005) อ้าง โดย กรกช (2550) HB105, HB135 และ HB197 จากการศึกษาของ Mantello และคณะ (2012) นำตัวอย่างดีเอ็นเอมาเพิ่มปริมาณโดยใช้ไพรเมอร์จำนวน 2 ชนิด ซึ่งเป็น forward และ reverse โดยทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแบบสุ่มด้วยปฏิกิริยาพีซีอาร์ จากปฏิกิริยารวม 10 ไมโครลิตร ซึ่งประกอบด้วย ดีเอ็นเอแม่พิมพ์ 20 นาโนกรัม ไพรเมอร์แต่ละชนิด เข้มข้น 0.5 ไมโครโมลาร์ เอนไซม์ *Taq* DNA polymerase เข้มข้น 0.7 ยูนิต 10X *Taq* บัฟเฟอร์ 2.5 ไมโครลิตร dNTP เข้มข้น 10 ไมโครโมลาร์ ตั้งอุณหภูมิเป็น 3 ระดับ คือ

อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส	30 วินาที	1 รอบ
อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส	15 วินาที	} 30 รอบ
อุณหภูมิ 45 องศาเซลเซียส	15 วินาที	
อุณหภูมิ 68 องศาเซลเซียส	1 นาที	
อุณหภูมิ 68 องศาเซลเซียส	5 นาที	1 รอบ

เมื่อทำพีซีอาร์เสร็จนำสารละลายดีเอ็นเอดังกล่าวจำนวนตัวอย่างละ 5 ไมโครลิตร มาตรวจสอบขนาดของชิ้นดีเอ็นเอ โดยผสมกับ loading buffer ปริมาณ 1 ไมโครลิตร จากนั้นนำมาแยกความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอด้วยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิสบน LE agarose ความเข้มข้น 3% ในสารละลาย TBE buffer (Tris Base, Boric acid, 0.5 M EDTA pH 8.0) ใช้แรงเคลื่อนไฟฟ้า 100 โวลต์ 90 นาที แล้วย้อมแถบดีเอ็นเอด้วยเอธิเดียมโบรไมด์เข้มข้น 0.5 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตรเป็นเวลา 15 นาที และล้างด้วยน้ำกลั่นเป็นเวลา 15 นาที แล้วจึงนำไปตรวจดูแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่องถ่ายภาพเจล (Gel Documentation system) ภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต 260 นาโนเมตร แล้วทำการวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมด้วยการวิเคราะห์ UPGMA cluster analysis หาค่า Similarity coefficient ของ Jaccard (1908) โดยโปรแกรม Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1 (NTSYSpc, ver. 2.1)

วัสดุและอุปกรณ์

1. ตัวอย่างพืช และเชื้อโรครากขาว

ต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์เปรียบเทียบ RRIM 600 เพาะจากเมล็ดที่รวบรวมในพื้นที่จังหวัดสงขลา และจังหวัดตรัง ใช้เชื้อรา *R. microporus* ไอโซเลท RIG 56 จากภาควิชาการจัดการศัตรูพืช คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ (วสินี และปฏิมาพร, 2559)

2. สารเคมี

2.1 สารเคมีที่ใช้ในการสกัดดีเอ็นเอใบยางพารา และเลี้ยงเชื้อโรครากขาว

- 1) CTAB (hexadecyl trimethyl ammonium bromide)
- 2) β -mercaptoethanol
- 3) PVP-40 (Polyvinyl pyrrolidone)
- 4) NaCl (Sodium chloride)
- 5) Na₂EDTA (Disodium ethylene diaminetetraacetate)
- 6) Tris-HCl, pH 8.0
- 7) Chloroform
- 8) Isopropanol
- 9) TE buffer
- 10) Ethanol
- 11) อาหารเลี้ยงเชื้อ Potato dextrose agar (PDA)

2.2 สารเคมีสำหรับใช้ทำอิเล็กโทรโฟริซิส และย้อมสีแถบดีเอ็นเอ

- 1) LE agarose (FMC Bioproduct, USA)
- 2) Tris-base
- 3) Glacial acetic acid
- 4) Boric-base
- 5) Ethidium bromide
- 6) Loading buffer
- 7) Lamda DNA
- 8) 100 bp DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific)

2.3 สารเคมีที่ใช้สำหรับทำพีซีอาร์

- 1) dNTP (dATP, dTTP, dGTP, dCTP)
- 2) SSR primer
- 3) *Taq* DNA Polymerase

3. อุปกรณ์สำหรับการทำวิจัย

3.1 อุปกรณ์ที่ใช้ในการเก็บตัวอย่างใบพืช และเพาะเมล็ด

- 1) ถุงพลาสติก
- 2) กรรไกร
- 3) ปากกาเขียนเครื่องแก้ว
- 4) กล่องโฟม
- 5) กระบะพลาสติก
- 6) ดินปลูก

3.2 อุปกรณ์ที่ใช้สกัดดีเอ็นเอ ทำอิเล็กโทรโฟริซิส พีซีอาร์ และอื่นๆ

- 1) โกร่งบดตัวอย่าง
- 2) ชุดอิเล็กโทรโฟริซิส และเครื่องจ่ายกระแสไฟ
- 3) ขวดแก้ว
- 4) หลอดไมโครเซนตริฟิวจ์

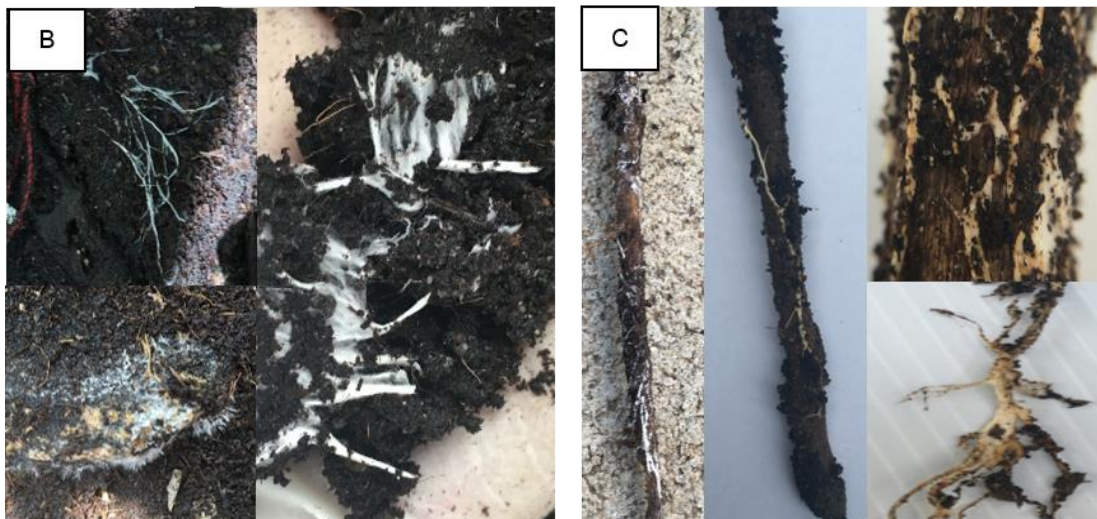
- 5) ภู่นอะกาโรส
- 6) เครื่อง thermocycler
- 7) ขวดพลาสติก
- 8) ไมโครปิเปต และ Tip
- 9) Gel Documentation system
- 10) เครื่องปั่นเหวี่ยง
- 11) ตู้เย็น และตู้แช่แข็ง
- 12) เครื่องชั่งสาร
- 13) เครื่องพีซีอาร์

บทที่ 3

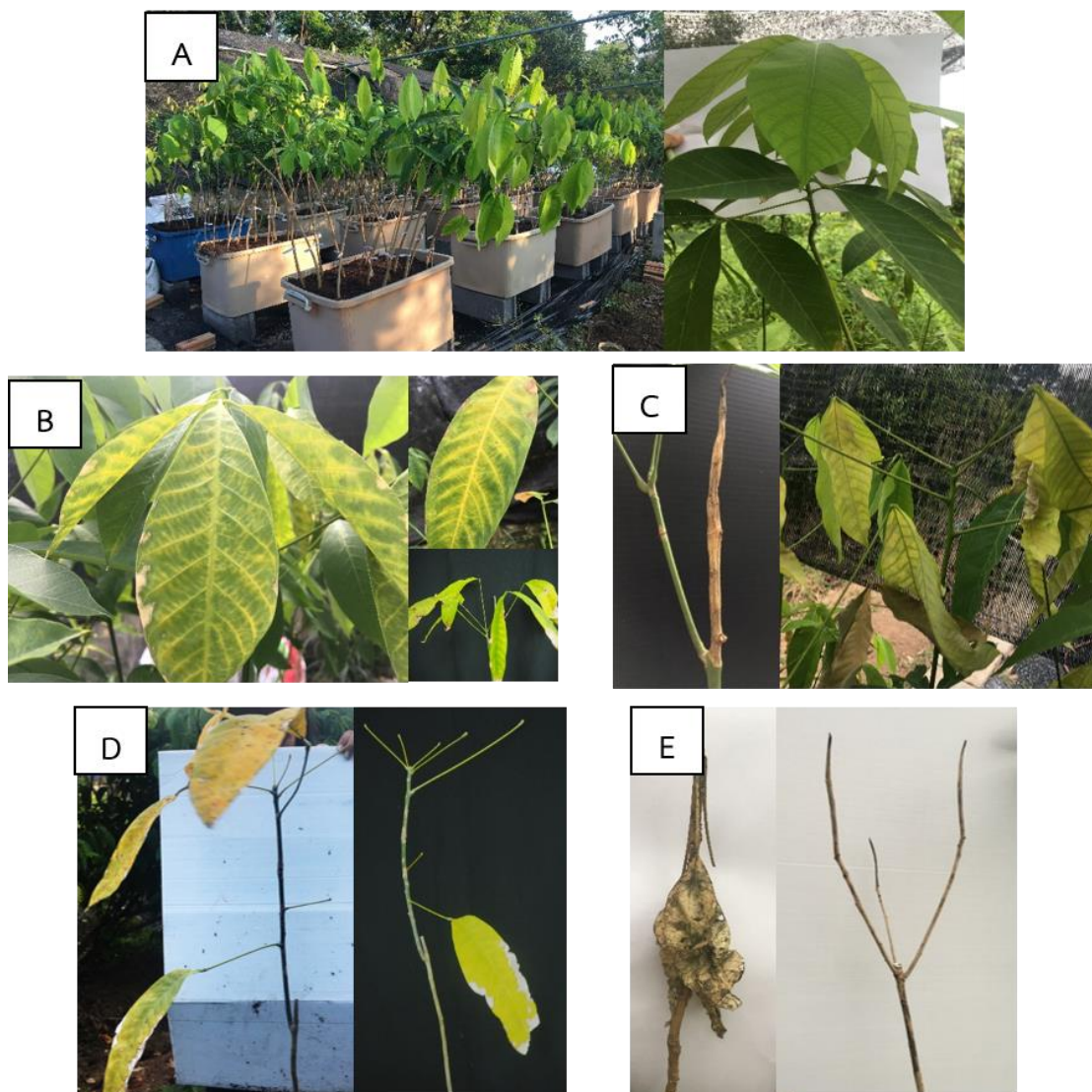
ผลการศึกษา

1. การประเมินความทนทานของยางพาราต่อเชื้อสาเหตุโรครากขาว

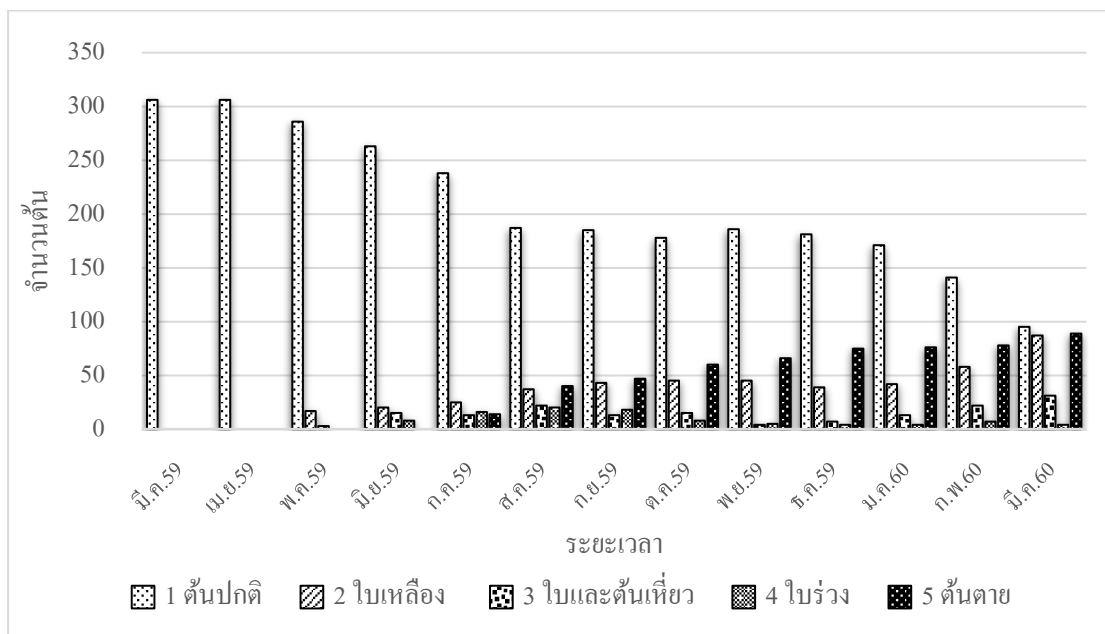
จากการปลูกเชื้อโรครากขาวลงในบริเวณรากของต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โคลนละ 18 ต้น (ปลูก 3 ซ้ำ ซ้ำละ 6 ต้น) โดยใช้เชื้อ *R. microporus* RIG 56 (ภาพที่ 2 A) แล้วทำการประเมินการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาว โดยการประเมินความรุนแรงเป็น 5 ระดับ (ภาพที่ 3) ในภาพรวมทุกโคลนหลังทำการปลูกเชื้อช่วง 1-2 เดือนแรก ต้นกล้ายางพาราทั้งหมดรวมทั้งพันธุ์ RRIM 600 จำนวน 306 ต้น ยังไม่แสดงอาการผิดปกติ โดยต้นปกติอยู่ในระดับที่ 1 หลังจากปลูกเชื้อประมาณ 3 เดือน จะเริ่มพบว่าต้นกล้ายางพาราแสดงอาการในระดับที่ 2 คือใบเหลืองจำนวน 17 ต้นและระดับที่ 3 ใบและต้นเหี่ยวจำนวน 3 ต้น (ภาพที่ 4) และเมื่อสังเกตดินบริเวณโคนต้นจะพบการแพร่กระจายของเส้นใยสีขาวของเชื้อโรครากขาวได้อย่างชัดเจน (ภาพที่ 2 B) หลังการปลูกเชื้อ 4 เดือนต้นยางพาราเริ่มแสดงอาการรุนแรงมากขึ้น โดยพบต้นยางพาราแสดงอาการถึงระดับที่ 4 ใบร่วงจำนวน 8 ต้น ในโคลน C 1, C 4, C 6, C 7, C 8, C 10 และ C 12 เริ่มแสดงอาการระดับที่ 5 ต้นตายจำนวน 14 ต้น หลังการปลูกเชื้อเป็นเวลา 5 เดือน จากโคลน C 1, C 4, C 5, C 6, C 7, C 8, C 9, C 10, C 12, C 15 และ RRIM 600 และมีจำนวนต้นตายเพิ่มขึ้นเรื่อยๆในเดือนถัดไป เมื่อถอนต้นยางพาราที่ตายแล้วขึ้นมาจากดิน พบเส้นใยสีขาวของเชื้อโรครากขาวบริเวณรากของต้นยางพารา (ภาพที่ 2 C)



ภาพที่ 2 เชื้อ *R. microporus* RIG 56, A: เชื้อสำหรับปลูกลงในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600, B: เส้นใยที่พบบริเวณแปลงปลูก, C: เส้นใยบริเวณรากของต้นยางพารา



ภาพที่ 3 ลักษณะอาการของต้นยางพาราที่ได้รับการเข้าทำลายของโรครากขาวที่ระดับการให้คะแนน 1-5, A: ระดับที่ 1 ต้นปกติ, B: ระดับที่ 2 ใบเหลือง, C: ระดับที่ 3 ใบและต้นเหี่ยว, D: ระดับที่ 4 ใบร่วง และ E: ระดับที่ 5 ต้นตาย

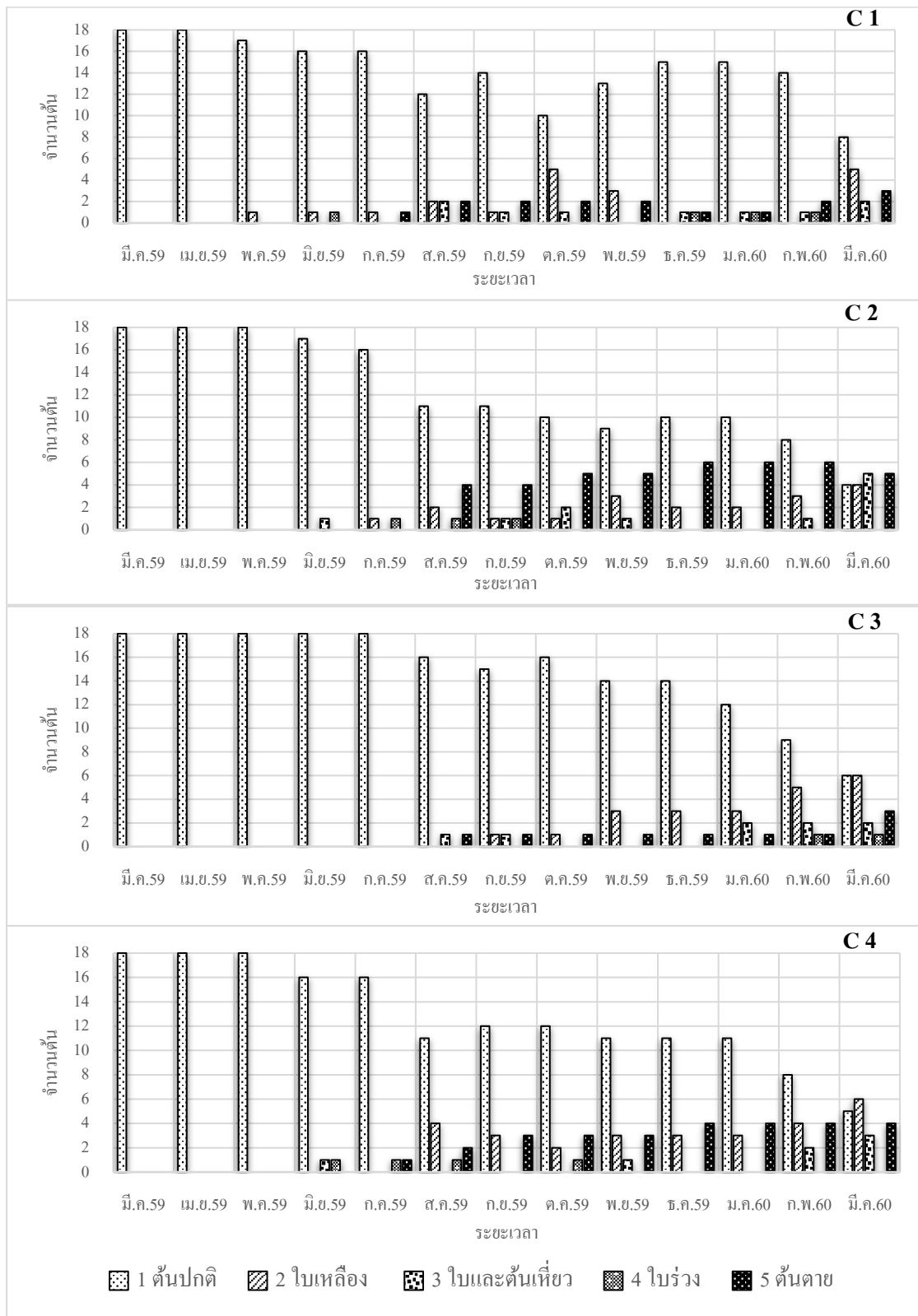


ภาพที่ 4 ผลการประเมินต้นกล้าขางพาราทั้งหมดที่แสดงอาการ โดยให้เป็นระดับคะแนนการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวในช่วงระยะเวลาต่างๆ กัน

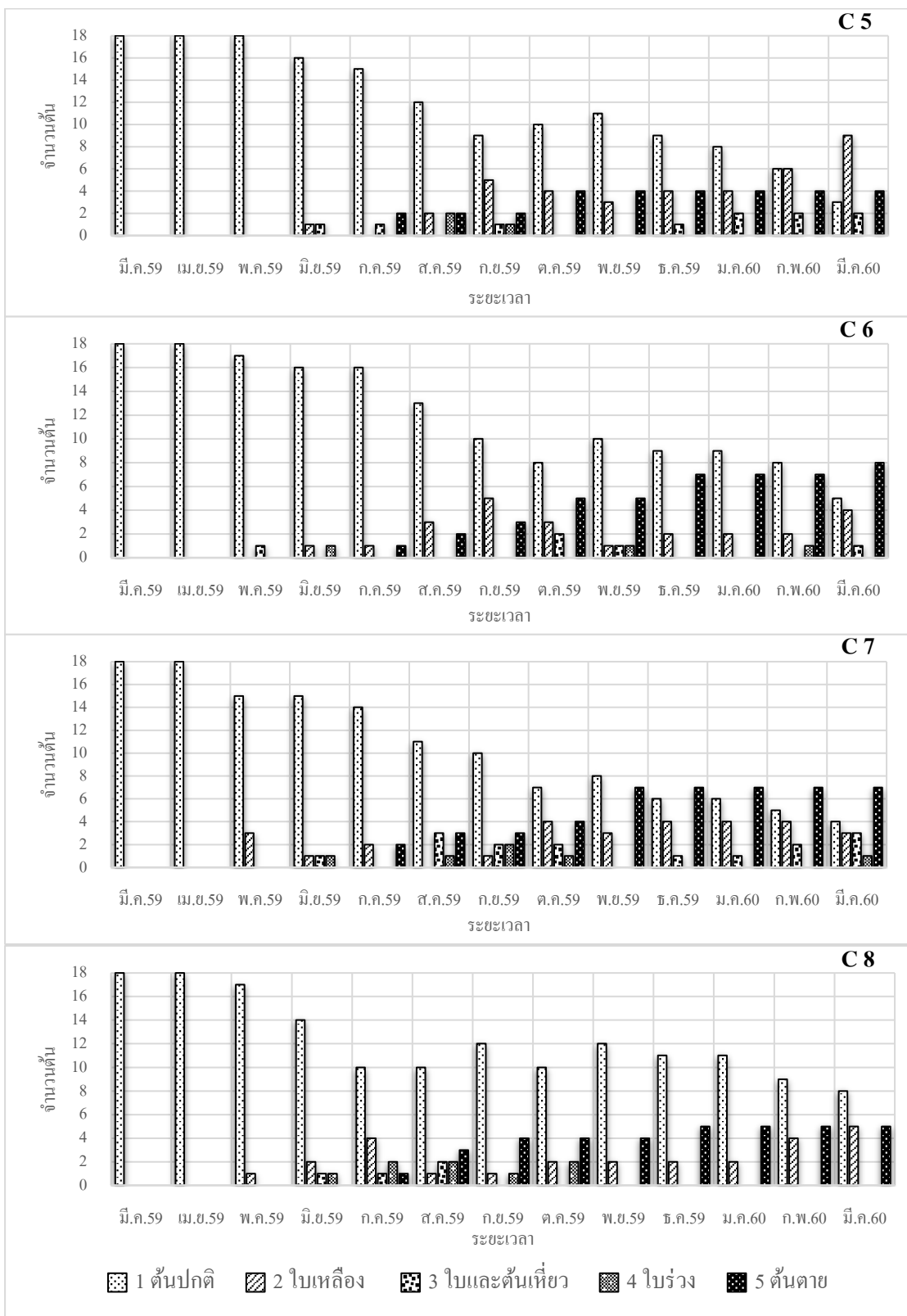
เมื่อพิจารณาการเข้าทำลายของโรครากขาวในแต่ละโคลนพบว่ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 10 โคลน ได้แก่ โคลน C 1, C 7, C 8, C 9, C 10, C 11, C 12, C 13, C 15 และพันธุ์ RRIM 600 เริ่มแสดงอาการในระดับที่ 2 คือใบเหลือง ในช่วงเดือนที่ 3 หลังการปลูกเชื้อ ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 3 และ C 16 แสดงอาการเข้าที่สุด ซึ่งเริ่มพบในเดือนที่ 6 หลังการปลูกเชื้อ และในยางพาราโคลน C 16 มีการเข้าทำลายของโรคน้อยที่สุด พบมีต้นแสดงอาการรุนแรงถึงระดับที่ 5 ต้นตายในเดือนที่ 12 หลังการปลูกเชื้อ ในขณะที่ โคลนอื่นๆ รวมทั้งพันธุ์ RRIM 600 มีต้นตายตั้งแต่เดือนที่ 5-6 หลังการปลูกเชื้อ และหลังปลูกเชื้อ 13 เดือน พบว่ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 6, C 15 และพันธุ์ RRIM 600 มีต้นตายจำนวน 8 ต้น จากทั้งหมด 18 ต้น (ภาพที่ 5)

จากข้อมูลการประเมินระดับการเกิดโรคหลังการปลูกเชื้อไปแล้ว 13 เดือน เมื่อนำมาวิเคราะห์ทางสถิติ คิดเป็นค่าเฉลี่ยระดับการเกิดโรค ดัชนีการเกิดโรค และเปอร์เซ็นต์ต้นรอดตาย พบว่ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 16 มีระดับการเกิดโรคเฉลี่ยต่ำที่สุด เท่ากับ 1.56 ในขณะที่ โคลน C 7 มีระดับการเกิดโรคสูงที่สุด (3.22) สูงกว่าพันธุ์เปรียบเทียบคือ RRIM 600 ซึ่งมีระดับการเกิดโรคเฉลี่ยเท่ากับ 3.00 โคลนที่มีระดับการเกิดโรคเฉลี่ยตั้งแต่ 2.00-2.99 มีจำนวน 10 โคลน คือ โคลน C 1, C 2, C 3, C 4, C 5, C 8, C 10, C 11, C 12 และ C 14 และมีจำนวน 5 โคลน ที่มีระดับการเกิดโรคอยู่ในช่วง 3.00-3.99 ได้แก่ โคลน C 6, C 7, C 9, C 13 และ C 15 ซึ่งระดับการเกิดโรคระดับที่ 2-3 ถือว่าเป็นระดับที่ทนทานต่อโรคลปานกลาง (Moderate tolerance) ไม่พบยางพาราโคลนใดที่มีค่าเฉลี่ยอยู่ในระดับที่ 4-5 ซึ่งถือเป็นระดับที่อ่อนแอต่อโรค (Susceptible) เมื่อวิเคราะห์ดัชนีการเกิดโรค พบว่ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 16 มีดัชนีการเกิดโรคต่ำที่สุด 31.11% รองลงมาคือ โคลน C 1 (43.33%) และ C 3 (45.55%) ส่วนยางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีดัชนีการเกิดโรค 60% ต้นกล้ายางพาราที่มีค่าดัชนีการเกิดโรคสูงที่สุดคือ โคลน C 7 มีดัชนีการเกิดโรค 64.44%

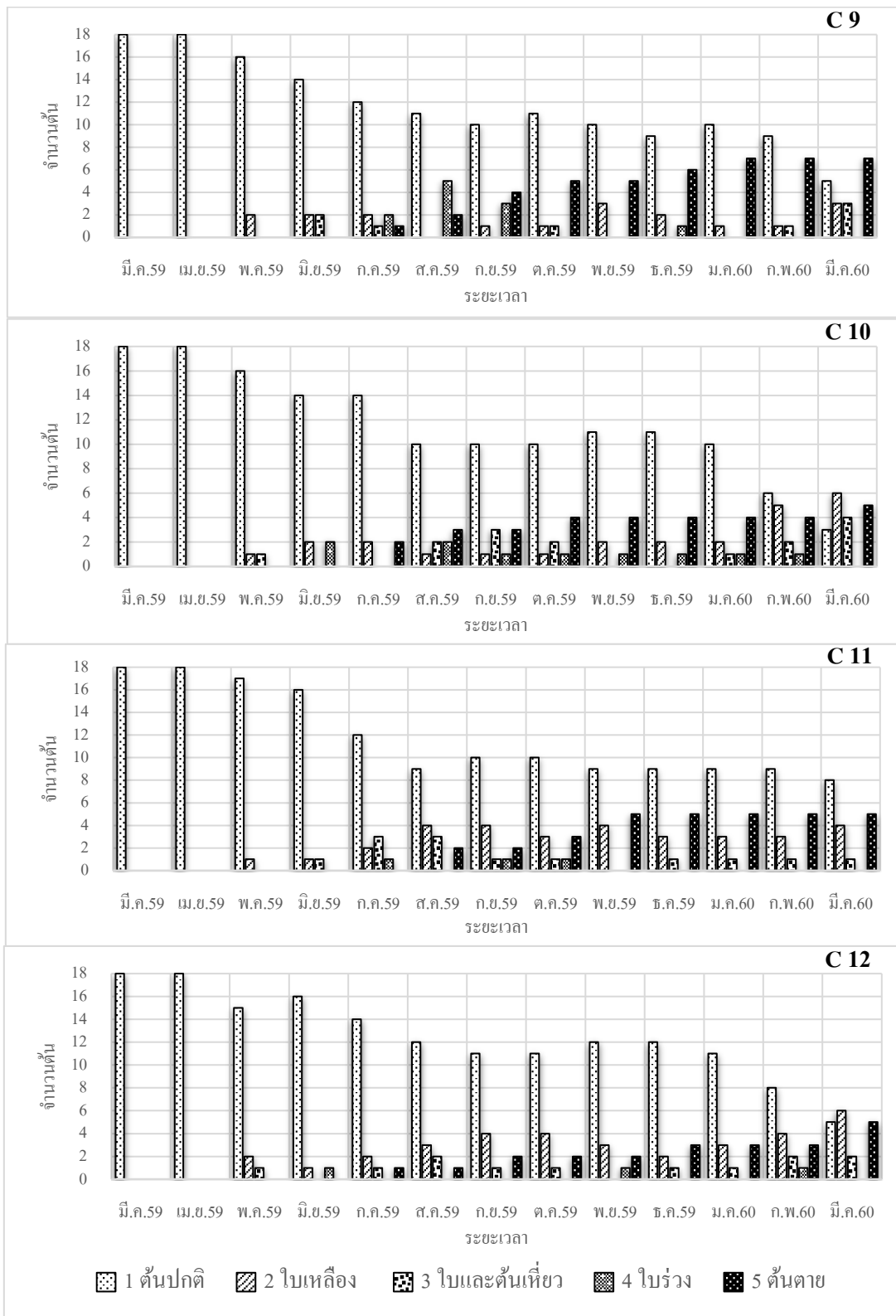
ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 16 นอกจากจะมีดัชนีการเกิดโรคต่ำที่สุดแล้ว ยังมีจำนวนต้นรอดตายเฉลี่ยสูงที่สุด 5.67 ต้น และเปอร์เซ็นต์จำนวนต้นรอดตายสูงที่สุดคือ 94.44% รองลงมาคือ โคลน C 1 และ โคลน C 3 มีจำนวนต้นรอดตายเฉลี่ยเท่ากัน 5 ต้น และเปอร์เซ็นต์จำนวนต้นรอดตายเท่ากันคือ 83.33% ในขณะที่ยางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีจำนวนต้นรอดตายเฉลี่ย 3.33 ต้น และเปอร์เซ็นต์จำนวนต้นรอดตายเพียง 55.55% ซึ่งทำการวัดเปอร์เซ็นต์ต้นรอดตายหลังการปลูกเชื้อไปแล้ว 13 เดือน (ตารางที่ 2)



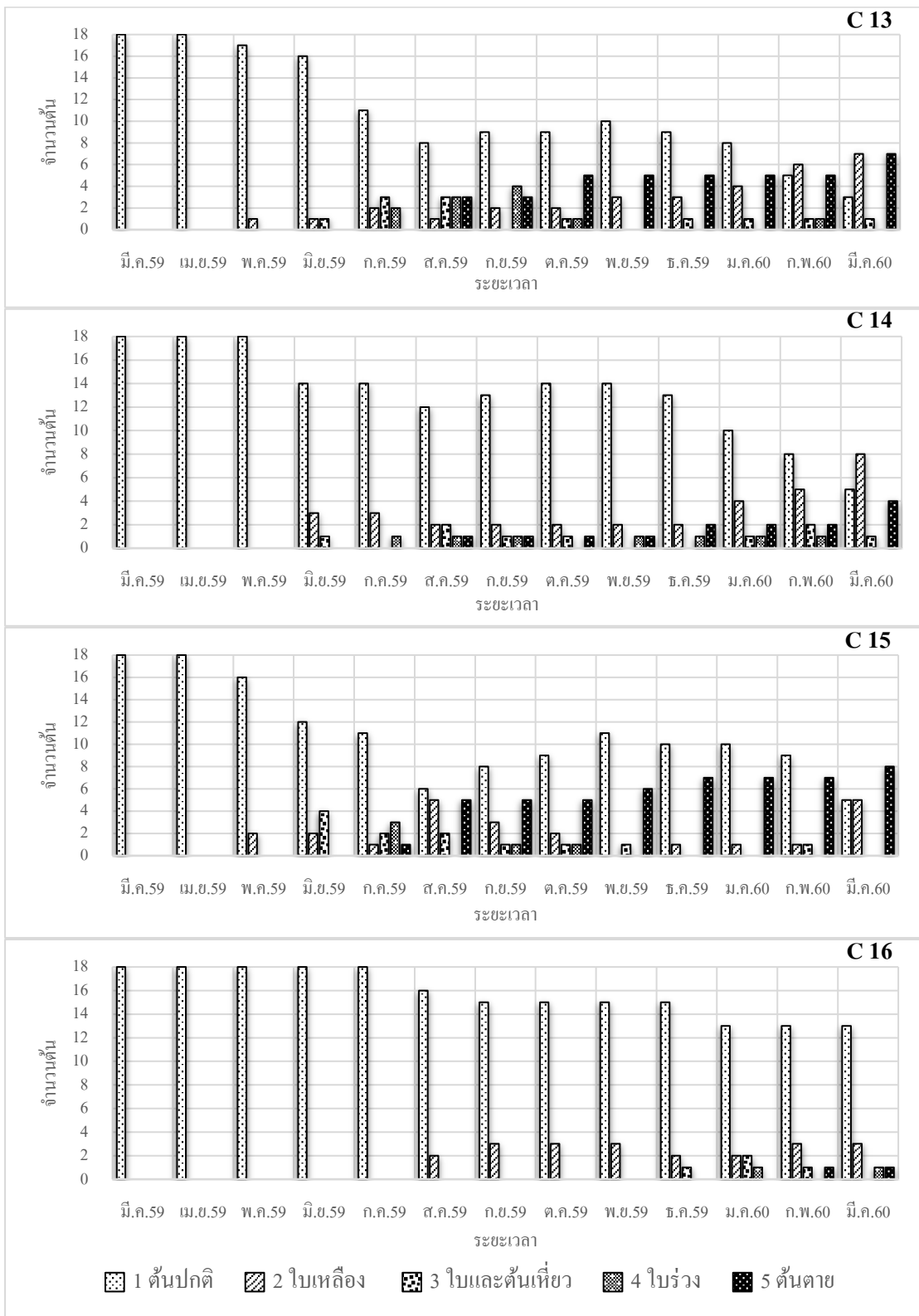
ภาพที่ 5 ผลการประเมินต้นกล้าของพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ที่แสดงอาการ โดยให้เป็นระดับคะแนนการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวในช่วงระยะเวลาต่างๆ กัน



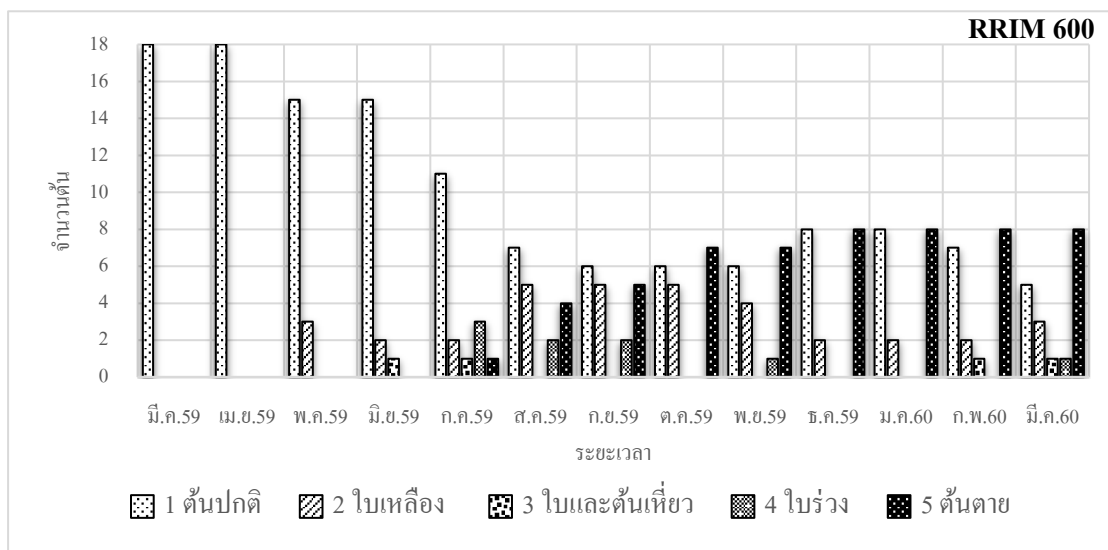
ภาพที่ 5 (ต่อ) ผลการประเมินต้นกล้าของพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ที่แสดงอาการโดยให้เป็นระดับคะแนนการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวในช่วงระยะเวลาต่างๆ กัน



ภาพที่ 5 (ต่อ) ผลการประเมินต้นกล้าข่างพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ที่แสดงอาการโดยให้เป็นระดับคะแนนการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวในช่วงระยะเวลาต่างๆ กัน



ภาพที่ 5 (ต่อ) ผลการประเมินต้นกล้าข่างพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ที่แสดงอาการโดยให้เป็นระดับคะแนนการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวในช่วงระยะเวลาต่างๆ กัน



ภาพที่ 5 (ต่อ) ผลการประเมินต้นกล้าของพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ที่แสดงอาการ โดยให้เป็นระดับคะแนนการเข้าทำลายของเชื้อโรครากขาวในช่วงระยะเวลาต่างๆ กัน

ตารางที่ 2 ระดับความรุนแรงของโรครากขาวในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

โคลน	ระดับการเกิดโรค	ดัชนีการเกิดโรค (%)	จำนวนต้นรอดตาย	ต้นรอดตาย (%)
C 1	2.17±0.44 ab	43.33±8.12 ab	5.00±0.58 ab	83.33±9.62 ab
C 2	2.89±0.67 a	57.78±13.52 a	4.33±0.88 ab	72.22±14.70 ab
C 3	2.28±0.66 ab	45.55±13.10 ab	5.00±0.58 ab	83.33±9.62 ab
C 4	2.56±0.24 ab	51.11±4.84 ab	4.67±0.33 ab	77.78±5.55 ab
C 5	2.61±0.71 ab	52.22±14.19 ab	4.67±1.33 ab	77.78±22.22 ab
C 6	3.11±0.24 a	62.22±4.84 a	3.33±0.33 b	55.56±5.56 b
C 7	3.22±0.36 a	64.44±7.29 a	3.67±0.33 b	61.11±5.57 b
C 8	2.39±0.28 ab	47.78±5.55 ab	4.33±0.33 ab	72.22±5.55 ab
C 9	3.06±0.24 a	61.11±4.84 a	3.67±0.33 b	61.11±5.56 b
C 10	2.89±0.29 a	57.78±5.88 a	4.33±0.67 ab	72.22±11.11 ab
C 11	2.44±0.31 ab	48.89±6.19 ab	4.33±0.33 ab	72.22±5.55 ab
C 12	2.67±0.25 ab	53.33±5.09 ab	4.33±0.33 ab	72.22±5.55 ab
C 13	3.06±0.58 a	61.11±11.76 a	3.67±0.88 b	61.11±14.70 b
C 14	2.44±0.24 ab	48.89±4.84 ab	4.67±0.33 ab	77.78±5.55 ab
C 15	3.06±0.53 a	61.11±10.60 a	3.33±0.88 b	55.55±14.70 b
C 16	1.56±0.24 b	31.11±4.84 b	5.67±0.33 a	94.44±5.56 a
RRIM 600	3.00±0.54 a	60.00±10.72 a	3.33±0.88 b	55.55±14.70 b
F-test	*	*	*	*
C.V. (%)	28.34	28.35	26.12	26.12

* = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์

ค่า ± = Standard error

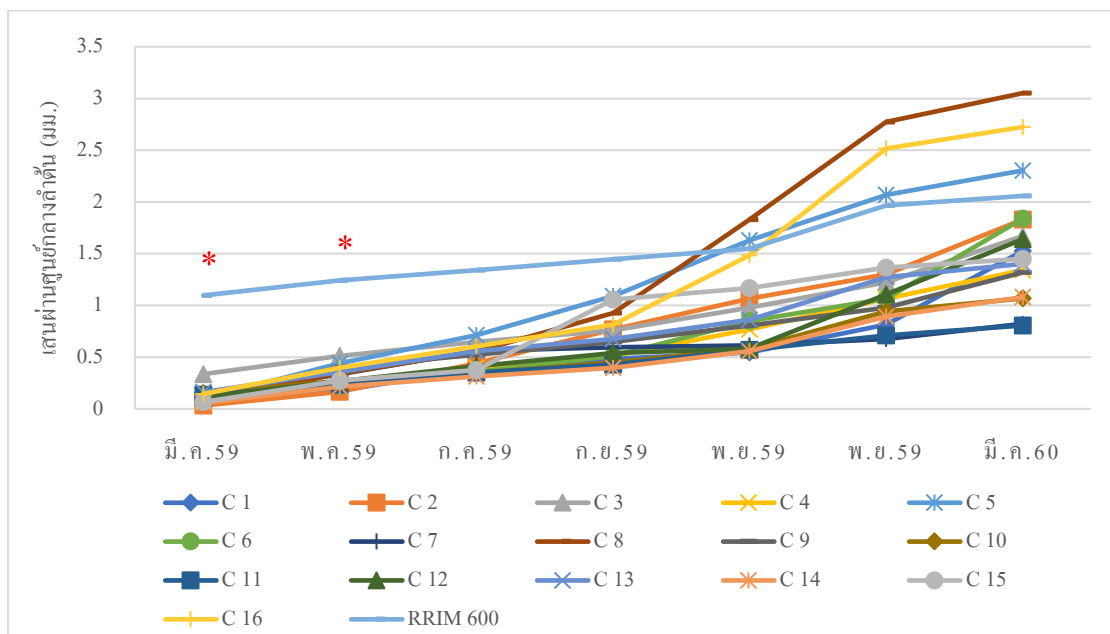
เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยด้วยวิธี Least Significant Difference (LSD) โดยค่าเฉลี่ยที่มีอักษรต่างกัน แสดงว่ามีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ

2. การศึกษาการเจริญเติบโตของยางพาราหลังการปลูกเชื้อโรครากขาว

ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นที่เพิ่มขึ้น : จากภาพที่ 6 เดือนที่ 1-3 หลังปลูกเชื้อ ต้นกล้ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเพิ่มขึ้นสูงที่สุด มีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ ส่วนต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมทั้ง 16 โคลน มีอัตราการเพิ่มขึ้นใกล้เคียงกัน จนกระทั่งเดือนกันยายน หรือเดือนที่ 7 หลังการปลูกเชื้อ ต้นกล้ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีอัตราการเพิ่มขึ้นน้อยลง ในขณะที่ต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 4, C 5, และ C 8 มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเพิ่มสูงขึ้น โดยในเดือนที่ 13 หลังการปลูกเชื้อ ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นยางพาราเพิ่มขึ้นสูงที่สุดในพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 8 จาก อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา รองลงมาคือ โคลน C 16 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา และ โคลน C 5 จาก อ.ปะเหลียน จ.ตรัง มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 3.05, 2.72 และ 2.30 มิลลิเมตร ตามลำดับ ในขณะที่ยางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเพิ่มขึ้น 2.06 มิลลิเมตร

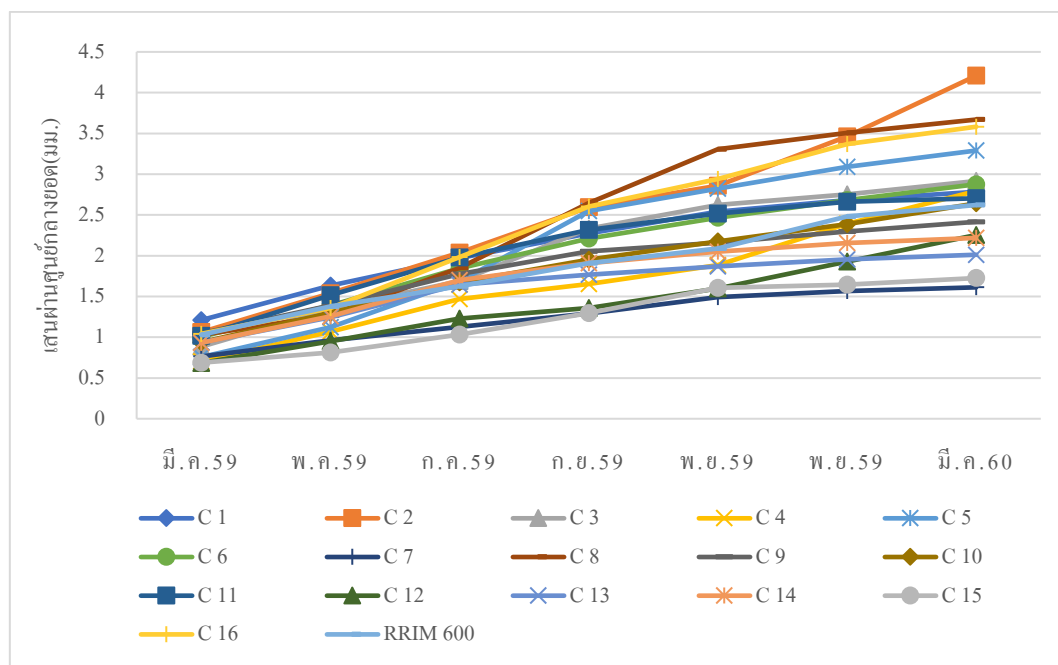
ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดที่เพิ่มขึ้น : จากภาพที่ 7 ต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม ทั้ง 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 มีอัตราการเพิ่มขึ้นของขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดใกล้เคียงกัน ในทุกเดือนหลังการปลูกเชื้อ โดยไม่มีความแตกต่างทางสถิติ 13 เดือนหลังการปลูกเชื้อ ต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 2 จาก อ.กันตัง จ.ตรัง มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดแตกใหม่สูงที่สุด รองลงมาคือ โคลน C 8 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา และ โคลน C 16 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 4.21, 3.67 และ 3.58 มิลลิเมตร ตามลำดับ และยางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดแตกใหม่เพียง 2.62 มิลลิเมตร

ความยาวยอดที่เพิ่มขึ้น : จากภาพที่ 8 เดือนที่ 1-3 หลังปลูกเชื้อ ต้นกล้ายางพารา โคลน C 1 มีความยาวยอดเพิ่มขึ้นสูงที่สุด แตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญ เดือนที่ 5 หลังการปลูกเชื้อ ต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมทั้ง 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 มีความยาวยอดเพิ่มสูงขึ้นใกล้เคียงกัน โดยไม่มีความแตกต่างทางสถิติ 13 เดือนหลังการปลูกเชื้อ ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 16 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความยาวของยอดแตกใหม่สูงที่สุด รองลงมาคือ โคลน C 8 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา และ โคลน C 11 จาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 60.30, 51.50 และ 50.21 เซนติเมตร ตามลำดับ และยางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีความยาวของยอดแตกใหม่เพียง 37.84 เซนติเมตร

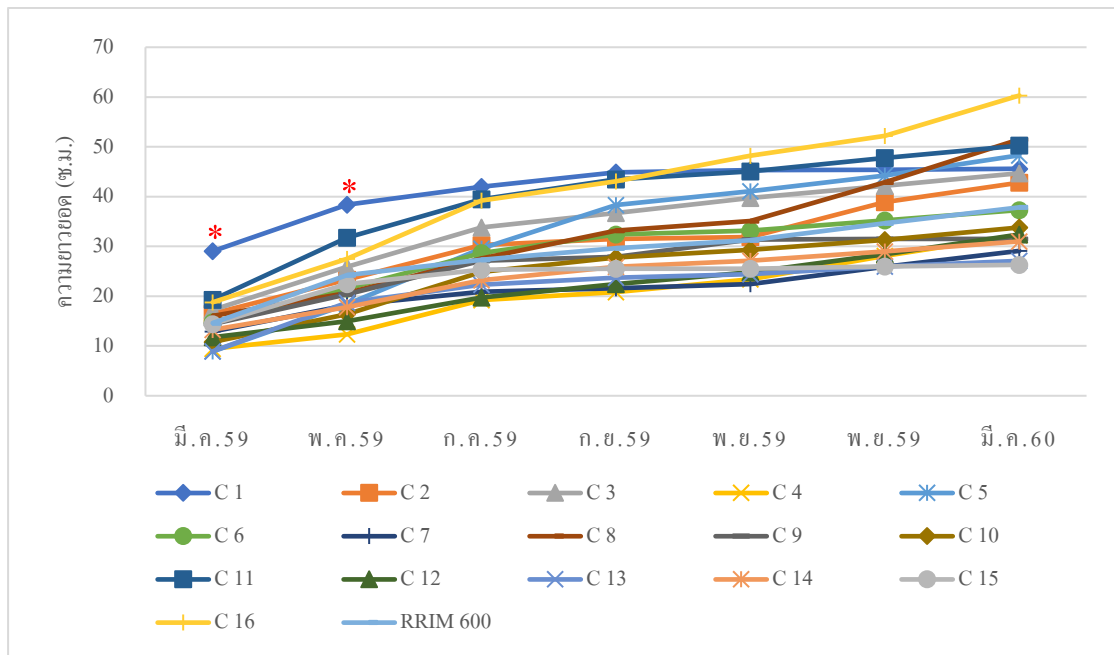


ภาพที่ 6 ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

* = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความสำคัญ 0.05



ภาพที่ 7 ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600



ภาพที่ 8 ความยาวยอดที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRM 600

* = มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความสำคัญ 0.05

3. การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพารา โดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์

2.1 ผลการทดสอบเครื่องหมายเอสเอสอาร์จากไพรเมอร์ 6 ไพรเมอร์ในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600

จากการศึกษาพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน โคลนละ 5 ต้น และพันธุ์ RRIM 600 5 ต้น รวมเป็น 85 ต้น โดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์จากการใช้ไพรเมอร์ 6 ไพรเมอร์ ได้แก่ hmc4, hmc5, hmct1 (Saha และคณะ, 2005 อ้างโดย กรกช, 2550), HB105, HB135 และ HB197 (Mantello และคณะ, 2012) นำมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาพีซีอาร์ พบว่าทั้ง 6 คู่ไพรเมอร์ให้อัลลีลทั้งหมด 26 แแถบ (อัลลีล) เฉลี่ยเป็น 4 แแถบต่อไพรเมอร์ โดยเป็นแแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกัน (polymorphism) 22 แแถบ (85%) และ เป็นแแถบดีเอ็นเอที่ไม่มีขนาดแตกต่างกัน (monomorphism) 4 แแถบ (15%) โดยไพรเมอร์ hmc5 ให้แแถบดีเอ็นเอสูงสุดจำนวน 6 แแถบ รองลงมาคือ ไพรเมอร์ hmct1 และ HB197 ให้แแถบดีเอ็นเอจำนวน 5 แแถบ ไพรเมอร์ HB135 ให้แแถบดีเอ็นเอจำนวน 4 แแถบ ไพรเมอร์ hmc4 และ HB105 ให้แแถบดีเอ็นเอน้อยที่สุดจำนวน 3 แแถบ ไพรเมอร์ HB135 มีค่า PIC สูงที่สุดเท่ากับ 0.8564 ในขณะที่ไพรเมอร์ hmc4 มีค่า PIC ต่ำที่สุด 0.4418 (ตารางที่ 3)

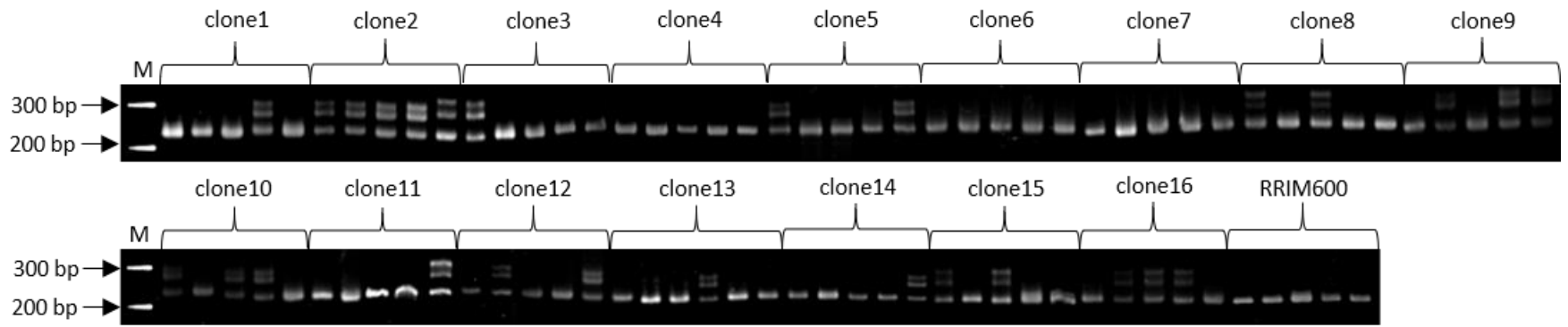
การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอจากปฏิกิริยาพีซีอาร์ ด้วยเทคนิคเอสเอสอาร์ แต่ละไพรเมอร์มีรูปแบบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600 โดยไพรเมอร์ hmc4 ให้แแถบดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้ทั้งหมด 3 แแถบ เป็นแแถบที่แตกต่างกัน 2 แแถบ (66.67%) (ภาพที่ 9) ไพรเมอร์ hmc5 ให้แแถบดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้ทั้งหมด 6 แแถบ เป็นแแถบที่แตกต่างกัน 5 แแถบ (83.33%) (ภาพที่ 10) ไพรเมอร์ hmct1 ให้แแถบดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้ทั้งหมด 5 แแถบ เป็นแแถบที่แตกต่างกัน 3 แแถบ (60%) (ภาพที่ 11) ไพรเมอร์ HB105 ให้แแถบดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้ทั้งหมด 3 แแถบ เป็นแแถบที่แตกต่างกัน 3 แแถบ (100%) (ภาพที่ 12) ไพรเมอร์ HB135 ให้แแถบดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้ทั้งหมด 4 แแถบ เป็นแแถบที่แตกต่างกัน 4 แแถบ (100%) (ภาพที่ 13) และไพรเมอร์ HB197 ให้แแถบดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้ทั้งหมด 5 แแถบ เป็นแแถบที่แตกต่างกัน 5 แแถบ (100%) (ภาพที่ 14)

ตารางที่ 3 ชนิดของไพรเมอร์ ลำดับเบส จำนวนแถบทั้งหมด และจำนวนแถบที่ต่างกัน จากการใช้เทคนิคเอสเอสอาร์ในยางพารา

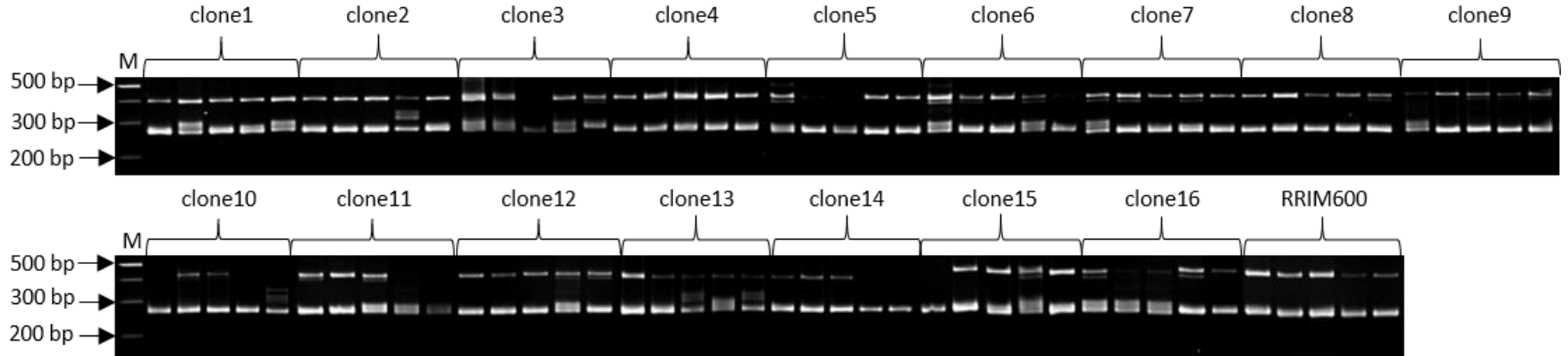
Primer	Primer sequence (5'-3')	Amplified fragments (alleles)	Polymorphic fragments	Polymorphism (%)	PIC
hmac4	GTTTCCTCCGCAGACTCAG (F) ATCCACCAAATAAGGCATGA (R)	3	2 (280, 250 bp)	66.67	0.4418
hmac5	TCGGTTGGTTTACCATGACA (F) ACATCACATGAGTGTATCTGATCTC (R)	6	5 (450, 400, 350, 320, 300 bp)	83.33	0.7369
hmct1	AACCAGAAGGGTGTTCATGCT (F) GGAATCCCATGACAATCCAC (R)	5	3 (300, 260, 230 bp)	60.00	0.6655
HB105	CTACGGTGGGCATTGGTAAT (F) GCCAAGTATTTGCATCTTCG (R)	3	3 (270, 240, 200 bp)	100	0.6289
HB135	CAACTCTCCACCCTTCTTTCTA (F) AATCGCTGTTTCATCTGTCAA (R)	4	4 (300, 280, 250, 220 bp)	100	0.8564
HB197	GGAGGGTGAATGTTCCACA (F) TAGGCTCCATTTGCTTCGAT (R)	5	5 (280, 250, 230, 210, 200 bp)	100	0.7939
Total		26	22		

*F=Forward primer, R=Reverse primer

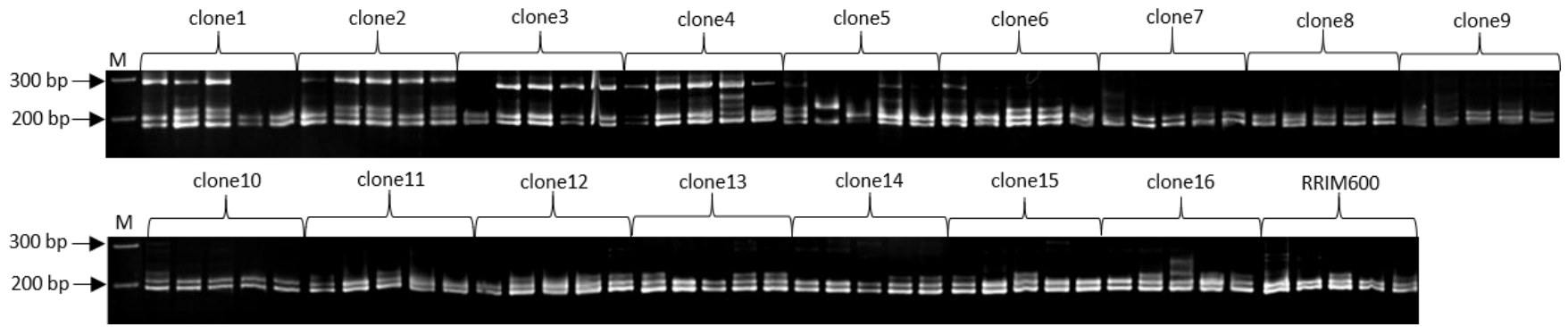
PIC = Polymorphism Information Content



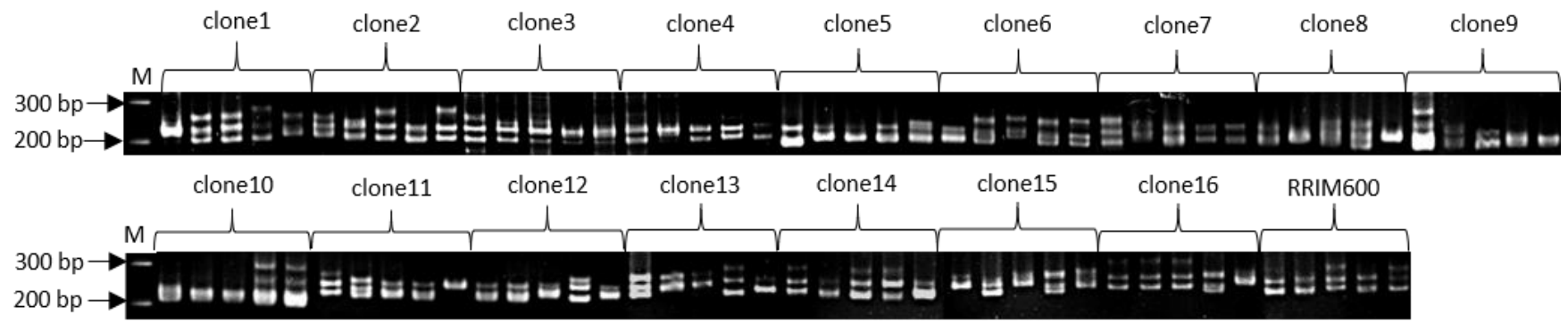
ภาพที่ 9 รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเครื่องหมายเอสเอสอาร์
เมื่อใช้ไพรเมอร์ hmac4, M คือ DNA Ladder 100 คู่เบส



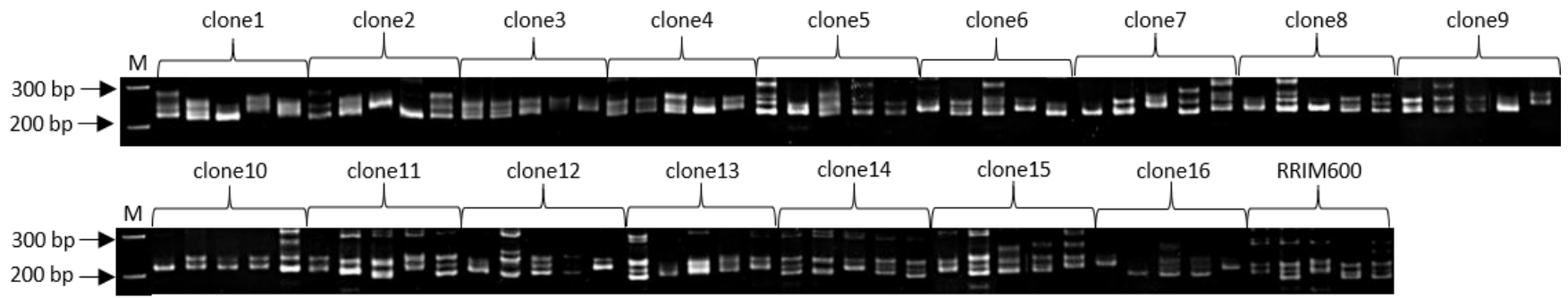
ภาพที่ 10 รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเครื่องหมายเอสเอสอาร์
เมื่อใช้ไพรเมอร์ hmac5, M คือ DNA Ladder 100 คู่เบส



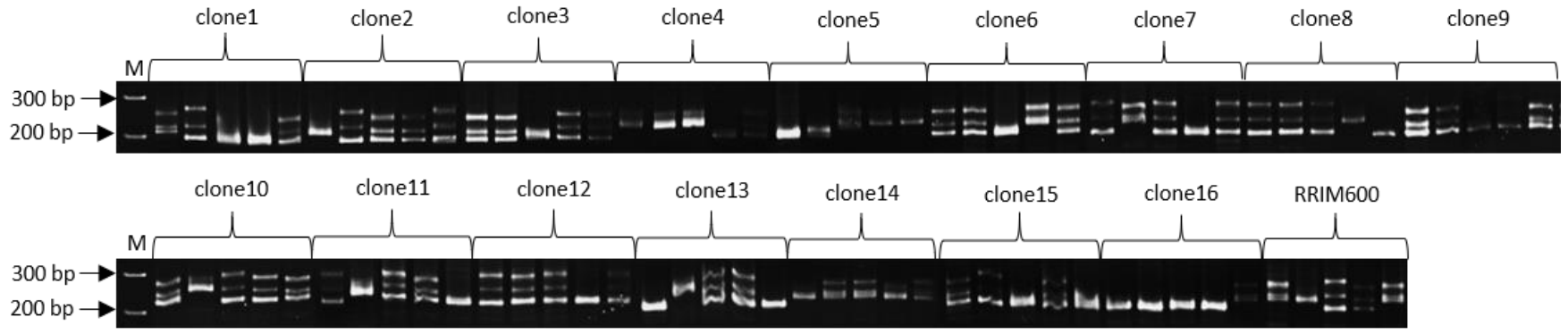
ภาพที่ 11 รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเครื่องหมายเอสเอสอาร์
เมื่อใช้ไพรเมอร์ hmct1, M คือ DNA Ladder 100 คู่เบส



ภาพที่ 12 รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเครื่องหมายเอสเอสอาร์
เมื่อใช้ไพรเมอร์ HB105, M คือ DNA Ladder 100 คู่เบส



ภาพที่ 13 รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเครื่องหมายเอสเอสอาร์
 เมื่อใช้ไพรเมอร์ HB135, M คือ DNA Ladder 100 คู่เบส



ภาพที่ 14 รูปแบบของแถบดีเอ็นเอในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 โดยเครื่องหมายเอสเอสอาร์
 เมื่อใช้ไพรเมอร์ HB197, M คือ DNA Ladder 100 คู่เบส

2.2 ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600

ผลการวิเคราะห์ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของตัวแทนยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 มีค่าอยู่ในช่วง 0.38-1.00 คู่ที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมน้อยที่สุดคือ ต้นกล้าโคลน C 10 ต้นที่ 1 กับต้นกล้าโคลน C 13 ต้นที่ 3 (0.38) ในขณะที่ค่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงที่สุดคือ ต้นกล้าโคลน C 4 ต้นที่ 1 กับต้นกล้าโคลน C 4 ต้นที่ 2 (1.00) ค่าเฉลี่ยความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของทั้ง 16 โคลน เท่ากับ 0.71 เมื่อพิจารณาความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของกลุ่มต้นกล้าจากต้นแม่เดียวกัน พบว่า ต้นกล้าของโคลน C 4 มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายในกลุ่มต้นกล้าสูงที่สุด (0.84) รองลงมาคือ ต้นกล้าของ โคลน C 14 (0.82) กลุ่มต้นกล้าจากโคลน C 10 มีความหลากหลายสูงที่สุด โดยมีค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.65 กลุ่มต้นกล้าจากพันธุ์ RRIM 600 มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงกว่าโคลนอื่นๆ โดยมีค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรม 0.85 (ตารางที่ 4) เมื่อพิจารณาความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเฉลี่ยระหว่างยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมทั้ง 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 พบว่า ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 9 และ C 13 มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงที่สุด มีดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 0.86 และยางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 14 มากที่สุด มีดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเฉลี่ยเท่ากับ 0.78 ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 2 และ C 12 มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับพันธุ์ RRIM 600 น้อยที่สุด เท่ากับ 0.64 (ตารางที่ 5)

ตารางที่ 4 ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายในกลุ่มต้นกล้าข่างพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน
และพันธุ์ RRIM 600

โคลน	ช่วงค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรม ภายในกลุ่มต้นกล้าแต่ละ โคลน	ค่าเฉลี่ยดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรม ภายในกลุ่มต้นกล้าแต่ละ โคลน
C 1	0.62-0.81	0.70
C 2	0.62-0.92	0.76
C 3	0.65-0.92	0.81
C 4	0.73-1.00	0.84
C 5	0.62-0.88	0.75
C 6	0.58-0.88	0.73
C 7	0.73-0.88	0.79
C 8	0.65-0.96	0.74
C 9	0.69-0.88	0.80
C 10	0.46-0.88	0.65
C 11	0.54-0.81	0.68
C 12	0.65-0.92	0.78
C 13	0.62-0.85	0.74
C 14	0.73-0.88	0.82
C 15	0.54-0.85	0.70
C 16	0.58-0.88	0.73
RRIM 600	0.81-0.92	0.85

ตารางที่ 5 ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเฉลี่ยระหว่างกลุ่มต้นกล้าอย่างพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

โคลน	C 1	C 2	C 3	C 4	C 5	C 6	C 7	C 8	C 9	C 10	C 11	C 12	C 13	C 14	C 15	C 16
C 2	0.72															
C 3	0.74	0.69														
C 4	0.76	0.70	0.78													
C 5	0.73	0.71	0.71	0.77												
C 6	0.73	0.65	0.73	0.70	0.71											
C 7	0.73	0.65	0.70	0.75	0.76	0.73										
C 8	0.72	0.69	0.66	0.71	0.76	0.69	0.78									
C 9	0.72	0.71	0.75	0.70	0.74	0.75	0.74	0.72								
C 10	0.67	0.64	0.65	0.65	0.70	0.68	0.71	0.70	0.72							
C 11	0.68	0.60	0.69	0.69	0.68	0.67	0.73	0.69	0.67	0.65						
C 12	0.71	0.70	0.67	0.71	0.73	0.66	0.78	0.78	0.71	0.68	0.72					
C 13	0.71	0.67	0.69	0.74	0.71	0.67	0.75	0.73	0.86	0.66	0.71	0.76				
C 14	0.74	0.67	0.72	0.77	0.77	0.72	0.74	0.72	0.70	0.69	0.71	0.70	0.73			
C 15	0.72	0.68	0.63	0.71	0.71	0.70	0.72	0.71	0.74	0.67	0.71	0.73	0.73	0.72		
C 16	0.71	0.70	0.70	0.67	0.71	0.72	0.71	0.71	0.76	0.66	0.67	0.72	0.70	0.68	0.72	
RRIM 600	0.69	0.64	0.74	0.71	0.71	0.70	0.67	0.65	0.71	0.67	0.71	0.64	0.68	0.78	0.74	0.66

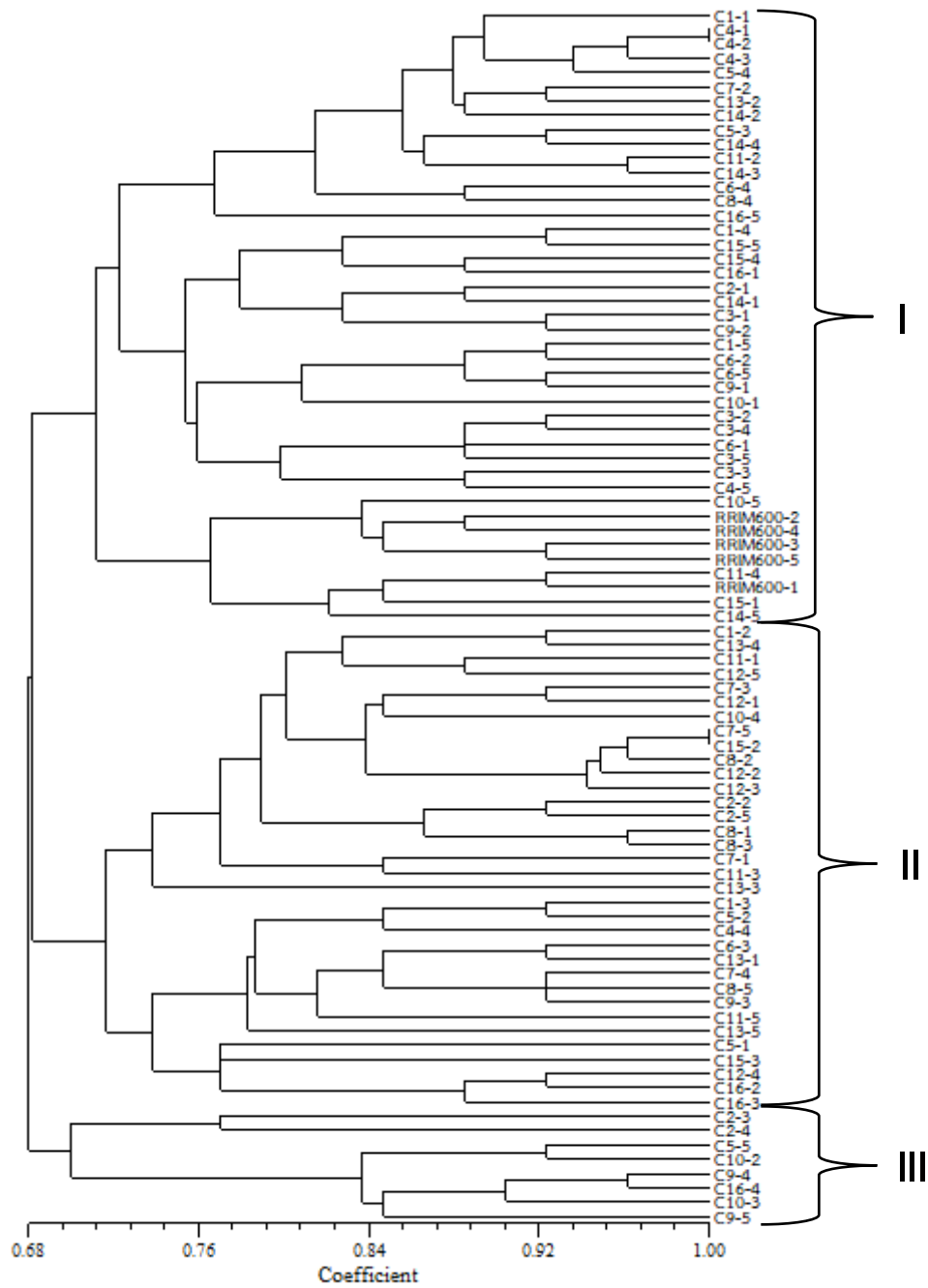
จากการใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์ศึกษาความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ใช้แถบดีเอ็นเอจำนวน 26 แถบ จาก 6 คู่ไพรเมอร์ นำไปวิเคราะห์หาความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรม ด้วยการวิเคราะห์ UPGMA cluster analysis หาค่า Similarity coefficient ของ Jaccard (1908) โดยโปรแกรม NTSYS

ผลการวิเคราะห์หาดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมยางพาราจำนวน 85 ต้น (ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน โคลนละ 5 ต้น และพันธุ์ RRIM 600 5 ต้น) จากเดนโดแกรม (ภาพที่ 15) สามารถจัดกลุ่มตามความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมได้เป็น 3 กลุ่ม ดังนี้

กลุ่มที่ 1 ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 1 อ.เมือง จ.ตรัง จำนวน 3 ต้น โคลน C 2 อ.กันตัง จ.ตรัง จำนวน 1 ต้น โคลน C 3 อ.เมือง จ.ตรัง ทั้ง 5 ต้น โคลน C 4 อ.ปะเหลียน จ.ตรัง จำนวน 4 ต้น โคลน C 5 อ.ปะเหลียน จ.ตรัง จำนวน 2 ต้น โคลน C 6 อ.กันตัง จ.ตรัง จำนวน 4 ต้น โคลน C 7 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 1 ต้น โคลน C 8 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 1 ต้น โคลน C 9 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น โคลน C 10 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น โคลน C 11 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น โคลน C 13 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 3 ต้น โคลน C 14 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา ทั้ง 5 ต้น โคลน C 15 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 3 ต้น โคลน C 16 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น และพันธุ์ RRIM 600 ทั้ง 5 ต้น

กลุ่มที่ 2 ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 1 อ.เมือง จ.ตรัง จำนวน 2 ต้น โคลน C 2 อ.กันตัง จ.ตรัง จำนวน 2 ต้น โคลน C 4 ปะเหลียน จ.ตรัง จำนวน 1 ต้น โคลน C 5 อ.ปะเหลียน จ.ตรัง จำนวน 2 ต้น โคลน C 6 อ.กันตัง จ.ตรัง จำนวน 1 ต้น โคลน C 7 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 4 ต้น โคลน C 8 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 4 ต้น โคลน C 9 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 1 ต้น โคลน C 10 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 1 ต้น โคลน C 11 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 3 ต้น โคลน C 12 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา ทั้ง 5 ตัวอย่าง โคลน C 13 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 4 ต้น โคลน C 15 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น และ โคลน C 16 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น

กลุ่มที่ 3 ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 2 อ.กันตัง จ.ตรัง จำนวน 2 ต้น โคลน C 5 อ.ปะเหลียน จ.ตรัง จำนวน 1 ต้น โคลน C 9 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น โคลน C 10 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา จำนวน 2 ต้น และ โคลน C 16 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา จำนวน 1 ต้น



ภาพที่ 15 เดนโดแกรมแสดงความสัมพันธ์และความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยุงพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRM 600 จากการใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์ด้วยไพรเมอร์ จำนวน 6 ไพรเมอร์ (วิเคราะห์ด้วย UPGMA cluster analysis โดยโปรแกรม NTSYS)

บทที่ 4

บทวิจารณ์

โรครากขาวเกิดจากเชื้อ *R. microporus* เป็นเชื้อก่อโรคและทำลายต้นไม้ในเขตร้อน สร้างความเสียหายทางเศรษฐกิจในพืชหลายชนิดเช่น โกโก้ ชา ผลไม้ (Farid *et al.*, 2009) และเป็นโรคที่มีความสำคัญในสวนยางพารา พบมากในประเทศ มาเลเซีย อินโดนีเซีย อินเดีย ศรีลังกา แอฟริกาตะวันออก แอฟริกาตะวันตก รวมทั้งในประเทศไทยด้วย ในพื้นที่ปลูกยางพารา การตรวจสอบการเข้าทำลายของโรครากขาวในช่วงระยะเริ่มแรกของการติดเชื้อทำได้ยากเนื่องจากโรคเกิดกับระบบรากใต้ดิน และมีค่าใช้จ่ายที่ค่อนข้างสูง (Guyot and Flori, 2002) พื้นที่ปลูกยางพาราในภาคใต้ของประเทศไทย ซึ่งเป็นบริเวณที่ได้รับผลกระทบจากการเข้าทำลายของโรครากขาวส่วนใหญ่เป็นพื้นที่ราบ โครงสร้างดินเป็นดินร่วนเหนียวซึ่งเป็นลักษณะที่เหมาะสมกับการระบาดของโรครากขาว เนื่องจากลักษณะพื้นที่และ โครงสร้างของดินที่เหมาะสมกับการระบาดของโรครากขาวมากที่สุดคือ ลักษณะพื้นที่ที่เป็นที่ราบ และดินเป็นดินร่วนทราย มีระดับ pH 5-7 มีสภาพผืนค่อนข้างสูง อีกทั้งพื้นที่ส่วนใหญ่เป็นพื้นที่ปลูกแทนยางพาราเดิม โดยบางพื้นที่มีประวัติการเป็นโรครากขาวมาก่อน การระบาดจึงเกิดขึ้นได้ง่าย (อารมณ และคณะ, 2558) การป้องกันกำจัดโรครากขาวส่วนใหญ่จะใช้ชีววิธี หรือการใช้จุลินทรีย์ปฏิปักษ์ เช่น เชื้อ *Trichoderma* spp. ซึ่งมีประสิทธิภาพในการใช้เป็นตัวควบคุมทางชีวภาพได้ดีในระดับหนึ่ง (Vizcaino *et al.*, 2005) มีการรายงานว่าการใช้ Volatile organic compounds (VOCs) จาก *Muscodor heveae* ควบคุมการเจริญเติบโตของโรครากขาวในสถานะห้องปฏิบัติการได้ (Siri-Udom *et al.*, 2017)

ยางชำถุงเป็นวัสดุสำคัญในการปลูกสร้างสวนยางพารา ซึ่งต้องอาศัยดินตอที่ดี โดยดินตอที่ดีควรมีคุณสมบัติดังนี้ มีระบบรากแข็งแรง ทนต่อสภาพดินเค็ม ดินกรด และสภาพน้ำท่วมขัง (Reynolds and Wardle, 1995 อ้างโดย กษมา และคณะ, 2555) และควรทนทานต่อโรครากด้วยในอดีตดินตอของพารามักได้จากการเพาะเมล็ดของยางพันธุ์พื้นบ้าน หรือพันธุ์ผสมเปิดในธรรมชาติ เพราะมีระบบรากแข็งแรง ดังนั้นการใช้ดินตอที่แข็งแรง ทนทานต่อโรคราก จึงเป็นหนทางหนึ่งในการป้องกันการระบาดของโรครากขาวได้ การปรับปรุงพันธุ์ดินตอให้ต้านทานโรคจึงเป็นเป้าหมายหนึ่งในการปรับปรุงพันธุ์พืช ตัวอย่างเช่น ในแอปเปิ้ล (Seemuller *et al.*, 2010) (Cornell university, 2016) องุ่น (Baumgartner and Rizzo, 2006) พลัม (Polák and Komínek, 2013)

การศึกษาผลของต้นตอเมล็ด่อนที่ต้านทานโรคเหี่ยว (fusarium wilt) ของ Nisini และคณะ (2002) พบว่า PGM 96-05 และ P360 เป็นพันธุ์ที่ต้านทานต่อเชื้อ fusarium ทำให้ต้นพันธุ์มีความแข็งแรง และสามารถเพิ่มผลผลิตให้กับกิ่งพันธุ์ได้อีกด้วย อย่างไรก็ตามการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีมาตรฐาน จะใช้เวลาค่อนข้างยาวนาน โดยเฉพาะพืชที่มีวงจรชีวิตยาวเช่น ยางพารา ดังนั้นการคัดเลือกต้นตอทนทานโรครากขาวจากต้นที่มีการผสมข้ามในธรรมชาติจึงเป็นหนทางหนึ่งที่จะทำต้นตอทนทานโรคได้

จากการศึกษาการปลูกเชื้อ *R. microsporus* ไอโซเลท RIG56 ซึ่งมีการรายงานว่าเป็น ไอโซเลทที่ก่อโรคค่อนข้างรุนแรง (จรัสศรี และคณะ 2558) ในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมทั้ง 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 พบว่าหลังปลูกเชื้อประมาณ 2-3 เดือนจะพบเส้นใยสีขาวจำนวนมากเกิดขึ้นบริเวณรากของต้นยางพารา แสดงให้เห็นถึงการแพร่กระจายของเชื้อ *R. microsporus* เมื่อเส้นใยสีขาวเกาะบริเวณราก hyphae จะเจาะเข้าสู่ระบบราก แพร่กระจายเป็นวงกว้าง แล้วเริ่มย่อยสลายเนื้อเยื่อพืชสร้างความเสียหายให้แก่ต้นพืช (Nandris *et al.*, 1987) จะเริ่มสังเกตเห็นอาการใบเหลืองของต้นยางพาราบางต้น เมื่อเชื้อเข้าสู่ระบบรากมากขึ้นก็จะแสดงอาการรุนแรงขึ้น ซึ่งหลังการปลูกเชื้อเป็นระยะเวลา 13 เดือน จะพบว่าต้นกล้าของยางพาราได้รับความเสียหายจากการเข้าทำลายของเชื้อ *R. microsporus* โดยจากการประเมินพบว่าต้นกล้าของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมบางโคลนเท่านั้นที่มีความทนทานต่อโรครากขาว โดยพบอย่างน้อย 5 โคลน ที่มีคะแนนการเกิดโรคและดัชนีการเกิดโรคมกกว่าพันธุ์ RRIM 600 (C 6, C 7, C 9, C 13 และ C 15) อย่างไรก็ตามโคลนเหล่านี้ยังมีเปอร์เซ็นต์รอดชีวิตสูงกว่าพันธุ์ RRIM 600 ส่วน โคลน C 16 ซึ่งเก็บเมล็ดจาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความทนทานต่อโรคสูง (High tolerance) โดยมีระดับการเกิดโรคเท่ากับ 1.56 มีดัชนีการเกิดโรคต่ำที่สุด 31.11% และมีจำนวนต้นรอดตายสูงที่สุด 94.44% ซึ่งแสดงให้เห็นว่ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 16 มีความทนทานต่อโรครากขาวดีกว่าโคลนอื่นๆ และดีกว่ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 ซึ่งมีดัชนีการเกิดโรค 60% และมีจำนวนต้นรอดตายน้อยที่สุด 55.55% อย่างไรก็ตามระยะเวลาการปลูกเชื้อมีผลต่อการเข้าทำลายของเชื้อบนต้นพืช ดังนั้นการที่จะสรุปว่าพืชทนทานหรือต้านทานโรคต้องใช้เวลาที่เหมาะสม เช่น การทดลองของ Baumgartner และ Rizzo (2006) ที่ปลูกเชื้อ *Armillaria mellea* เชื้อก่อโรค Armillaria root ในองุ่น พบว่าหลังปลูกเชื้อเป็นเวลา 12 เดือน โดยไม่ได้มีการสร้างบาดแผลให้ราก ยังไม่เพียงพอต่อการประเมินการต้านทานโรคของต้นตอ ต้องใช้เวลาอย่างน้อย 24 เดือน สำหรับเชื้อสาเหตุโรครากขาว *R. microsporus* Kaewchai และ Soyong (2010) ปลูกเชื้อโรครากขาวในต้นกล้ายางพาราอายุ 5 เดือน โดยใช้เชื้อโรครากขาวที่เลี้ยงในก้อนเลี้ยงเชื้อ (ขี้เลื่อย รำข้าว และน้ำตาล) วางใกล้กับรากต้นกล้ายางพารา พบต้นกล้าแสดงอาการ

ใบเหลือง 70 วันหลังการปลูกเชื้อ วคินี และปฏิมาพร (2559) ปลูกเชื้อโรครากขาวโดยใช้เปลือกหุ้มเมล็ดขางพาราที่ได้รับการ inoculum เชื้อโรครากขาว วงบริเวณ โคนต้นกล้าขางพาราอายุ 2 เดือน หลังการปลูกเชื้อ 3 เดือน พบต้นกล้าขางพาราแสดงอาการใบเหลือง ใบร่วง และยืนต้นตาย การปลูกเชื้อในต้นกล้าขางพาราอายุ 12 เดือนในครั้งนี้ใช้วิธีการเลี้ยงเชื้อในก้อนเชื้อที่มีส่วนประกอบของขี้เถ้าขางพาราบริเวณรากของต้นขางพารา โดยเริ่มพบต้นกล้าขางพาราแสดงอาการใบเหลือง 3 เดือน หลังการปลูกเชื้อ และเริ่มมีต้นกล้าตายในเดือนที่ 5 หลังการปลูกเชื้อ นอกจากนี้แล้วอายุของต้นพืชยังมีผลต่อการเข้าทำลายของเชื้อต่อต้นพืชอีกด้วย เช่น ในกรณีของสน (conifer) ต้นอายุน้อยจะถูกเข้าทำลายเร็วกว่าต้นอายุมาก (Sinclair *et al.*, 1987) สุณีรัตน์ และคณะ (2554) รายงานว่าต้นกล้าขางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่เก็บจากตำบลน้ำน้อย อำเภอหาดใหญ่ มีความทนทานต่อโรครากขาวสูงกว่าพันธุ์ RRIM 600 และจากการคัดเลือกต้นตอขางพาราที่ต้านทานต่อโรครากขาวของ Wattanasilakorn และคณะ (2012) พบว่า clone PSU1, PSU2, Sakraphangsurin และ Bangrak ซึ่งเป็นขางพาราพันธุ์ดั้งเดิมมีความทนทานต่อโรครากขาวมากกว่าโคลนอื่นๆ ในขณะที่ขางพาราพันธุ์ RRIM 600 และ GT 1 มีความอ่อนแอต่อโรครากขาว นอกจากนี้โรครากขาวแล้วมีรายงานความทนทานต่อการเข้าทำลายของ nematode ในต้นกล้าจากการผสมข้ามระหว่างต้นพันธุ์ Tjir 1 x Tjir 16 เปรียบเทียบกับพันธุ์ RRIM 600 และ GT 1 (Bernardes and Martins, 2015) ผลการทดลองนี้ยืนยันความทนทานของพันธุ์ขางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่ใช้เป็นต้นตอเพราะพันธุ์ Tjir 1 เป็นหนึ่งในพันธุ์ขางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่นำเข้ามาปลูกในประเทศไทยระยะแรกๆ จรัสศรีและคณะ (2558) ทดสอบความทนทานของต้นกล้าขางพาราพันธุ์แนะนำ จำนวน 9 พันธุ์ พบว่าพันธุ์ที่มีความทนทานต่อโรครากขาวมากที่สุดคือ PB 5/51 ตามด้วย PB 235 โดยพบว่าในระยะเวลา 6 เดือน หลังปลูกเชื้อมีเปอร์เซ็นต์รอดตาย 92.50 และ 83.75 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนพันธุ์ที่อ่อนแอต่อการเข้าทำลายของเชื้อมากที่สุดคือ BPM 24 มีเปอร์เซ็นต์ต้นรอดตายเพียง 25 เปอร์เซ็นต์ อย่างไรก็ตามสถาบันวิจัยยาง (2547) รายงานว่าขางพาราพันธุ์ RRIM 600 มีความอ่อนแอต่อโรครากขาวมากกว่าพันธุ์ BPM 24 Worraathasin และคณะ (2017) ที่รายงานว่ายางพาราพันธุ์ PB5/51 มีความทนทานต่อโรครากขาว สอดคล้องกับการแสดงออกของยีน *HbPR-2*, *HbPR-4* และ *HbPR-5* ซึ่งเป็น Pathogenesis-related (PR) proteins ที่พืชสร้างขึ้นเมื่อถูกเชื้อโรคเข้าทำลาย มีความสำคัญในกลไกการป้องกันตนเองของพืชแบบ systemic acquired resistance (SAR) โดยมี Salicylic acid เป็น โมเลกุลส่งสัญญาณ เนื่องจากการสังเกตอาการที่แสดงออกทางใบเป็นวิธีแรกในการระบุว่าพืชได้รับการเข้าทำลายของเชื้อจะเหมาะสำหรับพืชที่อายุน้อย แต่หากจะใช้การสังเกตการเปลี่ยนสีในพืชที่อายุมาก จะสามารถบ่งบอกได้ในระยะที่พืชได้รับการทำลายของเชื้อขั้นรุนแรงแล้ว ซึ่งจะล่าช้าเกินไป และยากในการที่จะควบคุมหรือกำจัด การใช้วิธีที่สามารถตรวจสอบตั้งแต่การเข้าทำลายของโรคในระยะแรกได้ จะทำให้การ

ควบคุมและกำจัดโรคทำได้ง่ายขึ้น Dalimunthe และคณะ (2017) ได้พัฒนาการตรวจจับโรครากขาวในดินด้วยเทคนิค Serology โดยการใช้ polyclonal antibody สามารถตรวจพบการพัฒนาเส้นใยของโรครากขาวในดินชนิดต่างๆ ได้อย่างเหมาะสม เป็นอีกวิธีหนึ่งที่สามารถตรวจสอบการเข้าทำลายของโรครากขาวได้อย่างรวดเร็ว

จากการศึกษาการเจริญเติบโตของต้นยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600 หลังการปลูกเชื้อ *R. microporus* 13 เดือน พบว่าทั้งขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้น ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอด และความยาวของยอดที่เพิ่มขึ้นในแต่ละโคลนไม่มีความแตกต่างทางสถิติ การเจริญเติบโตสูงที่สุดในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โดยยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 8 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเพิ่มขึ้นสูงที่สุด 3.05 มิลลิเมตร ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 2 อ.กันตัง จ.ตรัง มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดแตกใหม่เพิ่มขึ้นสูงที่สุด 4.21 มิลลิเมตร และยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 16 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความยาวของยอดแตกใหม่สูงที่สุด 60.30 เซนติเมตร ในขณะที่ยางพาราพันธุ์ RRIM 600 ก่อนข้างมีการเจริญเติบโตที่ต่ำกว่ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม ซึ่งสอดคล้องกับการทดลองของ กษมา (2555) ที่ศึกษาการเจริญเติบโตของระบบรากยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม เปรียบเทียบกับยางพาราพันธุ์ RRIM 600 โดยใช้เทคนิคไรโซทรอน พบว่าต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจาก ต.บางรัก อ.เมือง จ.ตรัง และสวนสาธารณะหาดใหญ่ จ.สงขลา มีการเจริญเติบโตของรากที่ดีที่สุด และดีกว่ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 Khotcharat และคณะ (2016) ทำการทดสอบการเจริญเติบโตและความเข้ากันได้ของต้นตอยางพาราจากพันธุ์ดั้งเดิมกับพันธุ์ RRIM 600 ก็พบว่ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิมมีการเจริญเติบโตและความหนาแน่นของรากสูง จากการทดลองในต้นสน (pine) โดยศึกษาผลของโรครากเน่าที่เกิดจากเชื้อ *Armillaria* ต่อการเจริญเติบโตของต้น พบว่าการเข้าทำลายของโรครากเน่ามีผลต่อเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นมากกว่าความสูงของต้น (Mallett and Volney, 1999)

ในอดีตต้นตอมักได้จากเมล็ดพันธุ์ดั้งเดิมหรือพันธุ์พื้นเมืองที่ปลูกมาตั้งแต่เริ่มมีการนำเมล็ดยางพารามาปลูกในประเทศไทยเป็นครั้งแรก จึงทำให้ไม่สามารถระบุพันธุ์ได้ชัดเจน ดังนั้นจึงต้องใช้เครื่องหมายโมเลกุลสำหรับการตรวจสอบพันธุ์กรรมของพืช กรกข (2550) รายงานว่าเทคนิคเอสเอสอาร์มีประสิทธิภาพในการใช้จำแนกพันธุ์ และศึกษาความใกล้ชิดทางพันธุกรรม นอกจากนั้นเอสเอสอาร์ ยังสามารถใช้ประโยชน์สำหรับการทำ genetic linkage mapping, quantitative trait loci identification และใช้เป็นเครื่องหมายในการคัดเลือกพันธุ์ในยางพารา (Mantello *et al.*, 2012) จากการศึกษาพันธุกรรมของต้นกล้า โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลเอสเอสอาร์ เปรียบเทียบระหว่างโคลน และพันธุ์ RRIM 600 ซึ่งพบว่าเมล็ดจากต้นเดียวกันยังมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง เนื่องจากโดยธรรมชาติยางพาราเป็นพืชผสมข้าม ไม่สามารถบอกได้ว่า

ละอองเกสรที่ปลิวมาผสมจนเกิดเป็นเมล็ดมาจากต้นใด ขึ้นอยู่กับสภาพโดยรอบต้นนั้น ซึ่งพบว่าความแปรปรวนที่เกิดขึ้นระหว่างต้นกล้ามากที่สุดในโคลน C 10 มีค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.65 ในขณะที่พันธุ์ RRIM 600 ต้นกล้ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมน้อยที่สุด (0.85) การที่ต้นกล้าพันธุ์ RRIM 600 มีความแปรปรวนทางพันธุกรรมน้อยที่สุด เพราะพันธุ์ RRIM 600 ปลูกเป็นแปลงใหญ่ เมล็ดจึงได้จากการผสมกันเองระหว่างพันธุ์ RRIM 600 และเมื่อเปรียบเทียบความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างพันธุ์ RRIM 600 กับพันธุ์ดั้งเดิมทั้ง 16 โคลน พบว่า ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมที่มีความใกล้ชิดกับพันธุ์ RRIM 600 มากที่สุดคือ โคลน C 14 จาก อ.นาหม่อม จ.สงขลา โดยมีค่าเฉลี่ยดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.78 ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 2 และ C 12 มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับพันธุ์ RRIM 600 น้อยที่สุด เท่ากับ 0.64 เมื่อพบว่าต้นกล้าจากต้นใดมีความทนทานต่อโรครากขาวมากที่สุด ในการนำมาใช้ประโยชน์เพื่อเป็นต้นตอในการผลิตยางชำถุง หรือต้นตอตาข่าย ต้องให้ได้ตรงตามพันธุ์ ซึ่งถ้าเพาะเมล็ดก็จะไม่เหมือนกันทุกต้น ดังนั้นการที่จะได้ต้นตอที่ตรงตามพันธุ์ไม่มีความแปรปรวน จะต้องใช้เทคนิคการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อเพิ่มปริมาณต้นเท่านั้น และหนึ่งในวิธีการได้ต้นตอที่ตรงตามพันธุ์คือ การทำ microcutting (Carron *et al.*, 2009) อย่างไรก็ตาม การขยายพันธุ์โดยวิธีดังกล่าวยังไม่ประสบความสำเร็จเท่าที่ควร สำหรับการศึกษาในครั้งนี้สามารถใช้ประโยชน์ในการผลิตเมล็ดพันธุ์สังเคราะห์ โดยการคัดเลือกยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลนที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงและทนทานต่อโรครากขาวมาปลูกไว้เป็นต้นพ่อแม่พันธุ์ในแปลงผสมเปิด เพื่อใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมที่จะนำไปใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ และผลิตเป็นเมล็ดยางพาราพันธุ์สังเคราะห์ในอนาคตได้ ซึ่งพืชพันธุ์สังเคราะห์ (synthetic variety) ในพืช ผสมข้าม เช่น ข้าวโพด ทานตะวัน ฯลฯ ได้จากการนำสายพันธุ์มาผสมกันเป็นคู่ๆ แล้วนำเมล็ดมารวมกัน แล้วปลูกเพื่อให้ผสมกันอย่างสุ่ม (ภาคภูมิ และไพศาล, 2551) ได้เป็นเมล็ดพันธุ์สังเคราะห์ รัชณี (2560) ศึกษาการผลิตเมล็ดพันธุ์สังเคราะห์ในยางพารา 6 พันธุ์ พบว่ายางพาราพันธุ์ AVROS 2037 และ PB 260 เหมาะที่จะนำมาใช้เป็นพันธุ์แม่ และพันธุ์พ่อในการสร้างลูกผสมมากที่สุด เนื่องจากลูกผสมมีค่าเฉลี่ยของขนาดเส้นรอบลำต้นสูงที่สุด เมล็ดพันธุ์ยางสังเคราะห์ที่ได้สามารถนำไปปลูกได้โดยตรงหรือใช้เป็นต้นตอ โดยใช้ต้นทุนในการปลูกน้อยกว่าการใช้ต้นตอตาข่าย

เนื่องจากการศึกษาครั้งนี้ไม่มีต้นในแต่ละโคลนที่ไม่มีการปลูกเชื่อเป็นต้นเปรียบเทียบกับต้นที่ปลูกเชื่อ จึงไม่สามารถเปรียบเทียบผลของการเข้าทำลายของเชื้อต่อการเจริญเติบโตของต้นกล้ายางได้ชัดเจน เป็นเพียงการเปรียบเทียบระหว่างโคลนและพันธุ์ RRIM 600 เท่านั้น หากมีการทดลองเพิ่มเติมในครั้งต่อไปควรมีชุดควบคุมที่ไม่ได้รับการปลูกเชื่อ เพื่อให้การทดลองเห็นผลที่ชัดเจนมากยิ่งขึ้น

บทที่ 5

บทสรุปและข้อเสนอแนะ

ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 16 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความทนทานต่อโรคสูง (High tolerance) มีดัชนีการเกิดโรคต่ำที่สุด 31.11% และมีจำนวนต้นรอดตายสูงที่สุด 94.44% รองลงมาคือ โคลน C 1 มีดัชนีการเกิดโรค 43.33% และมีจำนวนต้นรอดตาย 83.33% และโคลน C 3 มีดัชนีการเกิดโรค 45.55% และมีจำนวนต้นรอดตาย 83.33% ซึ่งทั้ง 2 โคลนเก็บเมล็ดจาก อ.เมือง จ.ตรัง มีความทนทานต่อโรครากขาวดีกว่าโคลนอื่นๆ และดีกว่ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 ซึ่งมีดัชนีการเกิดโรค 60% และมีจำนวนต้นรอดตายน้อยที่สุด 55.55%

ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมมีการเจริญเติบโตที่ดีกว่ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 โดยยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 8 อ.คลองหอยโข่ง จ.สงขลา มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นเพิ่มขึ้นสูงที่สุด 3.05 มิลลิเมตร ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 2 อ.กันตัง จ.ตรัง มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดแตกใหม่เพิ่มขึ้นสูงที่สุด 4.21 มิลลิเมตร และยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโคลน C 16 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความยาวของยอดแตกใหม่เพิ่มขึ้นสูงที่สุด 60.30 เซนติเมตร

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์ RRIM 600 ด้วยเครื่องหมายเอสเอสอาร์จำนวน 6 ไพรเมอร์ พบว่ามีค่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.38-1.00 สามารถแบ่งกลุ่มย่อยได้ 3 กลุ่ม ต้นกล้าจากพันธุ์ดั้งเดิมมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงกว่าต้นกล้าพันธุ์ RRIM 600

จากการศึกษาครั้งนี้พบว่า ยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม โคลน C 16 ซึ่งเก็บเมล็ดจาก อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา มีความเหมาะสมในการใช้ทำเป็นต้นตออย่างมากที่สุด เนื่องจากมีการเจริญเติบโตในระดับที่ดี และมีความทนทานต่อโรครากขาวสูงกว่าโคลนอื่นๆ และสูงกว่ายางพาราพันธุ์ RRIM 600 รองลงมาคือ โคลน C 1 และ C 3 ซึ่งเก็บเมล็ดจาก อ.เมือง จ.ตรัง

เอกสารอ้างอิง

กรกช นาคคณอง. 2550. การวิเคราะห์พันธุกรรมของยางพารา (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) พันธุ์ดั้งเดิม และพันธุ์แนะนำโดยใช้เครื่องหมายอาร์เอพีดี และไมโครแซทเทลไลท์. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์.

กษมา เชิงฉลาด. 2555. การคัดเลือกพันธุ์ยางพาราที่เหมาะสมสำหรับใช้เป็นต้นตอ และการวิเคราะห์ทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์.

การยางแห่งประเทศไทย. 2556. พันธุ์ยาง. <http://www.reothai.co.th/content--4-6825-94002-1.html>. (สืบค้นเมื่อ 30 พฤศจิกายน 2556).

การยางแห่งประเทศไทย. 2559. คำแนะนำยางพันธุ์ดี 2504-2559. http://sc.raot.co.th/rdu/#il_14_131_137. (สืบค้นเมื่อ 25 มิถุนายน 2561).

จรัสศรี นวลศรี, ปฏิมาพร ปลอดภัย และ กรกช นาคคณอง. 2558. รายงานฉบับสมบูรณ์ โครงการคัดเลือกต้นตอยางพาราที่มีความทนทานต่อโรครากขาว. สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ (วช.) และสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.).

จรัสศรี นวลศรี, สายันท์ สดุดี, อิบรอเฮม ชีดา, กษมา เชิงฉลาด และสุณีรัตน์ วัฒนาศิลาลาภรณ์. 2557. การวิเคราะห์พันธุกรรมยางพันธุ์พื้นเมืองโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ และการคัดเลือกต้นตอโดยใช้เทคนิคมินิไรโซตรอน. รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ 89 หน้า.

นงลักษณ์ เกรินทวงศ์. 2558. กลไกการต้านทานโรคของพืช. วารสารเกษตรพระจอมเกล้า 31: 76-82.

นภาพรรณ เลขะวิวัฒน์, กัลยา ประพาน และกรรณิการ์ ชีระวัฒนสุข. 2551. การสร้างเอกลักษณ์พันธุกรรมยางพารา การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอของพันธุ์ยางแนะนำ และพันธุ์ยาง จาก

แหล่งกำเนิดเดิมโดยเทคนิค microsatellite และ RAPD. รายงานผลงานวิจัยและพัฒนา ปี 2551 กรมวิชาการเกษตร หน้า 164-165.

ปิ่นนพร เชื้อป๋อง, ปรียา พวงสำลี หวังสมนึก, สุภัทรอิศรางกูร ณ อยุธยา และ พิณี หวังสมนึก. 2560. การวิเคราะห์จีโนมไทป์ของกล้ายางพารา RRIM 600 จากเนอซเซอริกกล้ายาง ในจังหวัดขอนแก่น และหนองคาย โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล. การประชุมวิชาการเสนอผลงานวิจัยบัณฑิตศึกษา ระดับชาติและนานาชาติ 2560 ณ อาคารพจน์ สารสิน มหาวิทยาลัยขอนแก่น 10 มีนาคม 2560 หน้า 435-444.

พรทิพย์ วงศ์แก้ว. 2532. การชักนำให้พืชสร้างภูมิคุ้มกันโรค. วารสารวิชาการเกษตร 7: 84-91.

ภาคภูมิ ศรีหมื่น ไวย และไพศาล เหล่าสุวรรณ. 2551. การใช้สหสัมพันธ์และสัมประสิทธิ์เส้นทางในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงผลผลิต ของทานตะวันพันธุ์สังเคราะห์. วารสารหาดใหญ่ วิชาการ 6(1): 1-8.

ยศินทร์ กิตจันทโรภาส และปรียา พวงสำลี หวังสมนึก. 2550. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพารา (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) สิบสามสายพันธุ์ในประเทศไทย. วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร 38(6)(พิเศษ): 19-24.

รัชณี รัตนวงศ์. 2560. การผลิตเมล็ดพันธุ์สังเคราะห์ชุดที่ 2. ใน รายงานผลการวิจัยเรื่องเต็ม ประจำปี 2560 (กองวิจัยและพัฒนาการผลิตยาง สถาบันวิจัยยาง การยางแห่งประเทศไทย) หน้า 61-76. กรุงเทพฯ: บริษัท นิวัชรธรรมดาการพิมพ์ (ประเทศไทย) จำกัด.

วศินี อินตุงการ และปฏิมาพร ปลอดภัย. 2559. การใช้เชื้อ *Streptomyces griseus* subsp. *formicus* เพื่อลดการเกิดโรครากขาวของยางพารา. วารสารพืชศาสตร์สงขลานครินทร์ ปีที่ 3 ฉบับพิเศษ (I): M09/1-8.

สถาบันวิจัยยาง กรมวิชาการเกษตร. 2547. ผลงานวิจัย และพัฒนายางพาราปี 2537-2546. กรุงเทพฯ: กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.

สายทอง แก้วฉาย. 2556. โครราขาวของยางพารา และการป้องกันกำจัด. วารสารมหาวิทยาลัย
นราธิวาสราชนครินทร์ 5: 118-131.

สารานุกรมไทยสำหรับเยาวชน . 2556. การติดตาต่อกิ่ง (Propagation by grafting).
http://kanchanapisek.or.th/kp6/Ebook/BOOK5/book5_6/Default.html. (สืบค้นเมื่อ
20 กรกฎาคม 2558)

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2559. ยางพารา ใน สถิติการเกษตรของประเทศไทย ปี 2559, หน้า
94-99.

สุธีรัตน์ วัฒนาศิลากรณ์, สายพันธ์ สดุดิ, เสมอใจ ชื่นจิตต์ และจรัสศรี นวลศรี. 2554. การทดสอบ
เบื้องต้นความทนทาน โครราขาวของต้นกล้ายางพาราพันธุ์ดั้งเดิม. วารสารวิทยาศาสตร์
เกษตร 42: 311-314.

สุภาพรณ์ เอี่ยมแข่ง และมารีนา หารง. 2557. การควบคุมเชื้อรา *Rigidoporus lignosus* สาเหตุโรค
ราขาวในยางพารา (*Havea brasiliensis* Muell. Arg). วารสารแก่นเกษตร 42 (ฉบับพิเศษ
3): 689-692.

สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2552. เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์. กรุงเทพฯ:
สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

อุยर्थ นิสสกา และเสมอใจ ชื่นจิตต์. 2554. การประเมินความสูญเสียทางเศรษฐกิจจากโครราขาว
ในยางพาราในพื้นที่ภาคใต้ของประเทศไทย. รายงานการวิจัย คณะทรัพยากรธรรมชาติ
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ 277 หน้า.

อารมณั์ โรจน์สุจิตร์, สโรชา กริธาพล, วันเพ็ญ พุกษ์วิวัฒน์, วลัยพร ศศิประภา, ประภา พงษ์
อุทธา และ ปราโมทย์ คำพุทธ. 2558. ประเมินความสูญเสียทางเศรษฐกิจของยางพาราที่
มีสาเหตุ จากโครราขาวในพื้นที่ปลูกยางภาคใต้ตอนบนของประเทศไทย. วารสาร
ยางพาราฉบับอิเล็กทรอนิกส์ 23 ตุลาคม-ธันวาคม 2558, หน้า 3-15.

อารมณั้ โรจนั้สุจิตร, สายใจ สุชาติกุล, บุญปิยะธิดา แคล้วคล่อง, สมคิด คำน้อย, ปราโมทย์ คำพุทธ และชูศักดิ์ สมนมาตร. 2554. ศักยภาพของแม่ปุ๋ยบางชนิดต่อการยับยั้งและป้องกันการเกิดโรครากขาวของยางพาราสาเหตุจากเชื้อรา *Rigidoporus microporus* ในยางปลูกใหม่. ในการประชุมวิชาการระบบการเกษตรแห่งชาติ ครั้งที่ 7 โรงแรมตักศิลา จังหวัดมหาสารคาม 8-10 สิงหาคม 2554, หน้า 510-519.

อารมณั้ โรจนั้สุจิตร, สายใจ สุชาติกุล, วสันต์ เพชรรัตน์ และเสมอใจ ชื่นจิตต์. 2552. ลักษณะทางสรีรวิทยาและแนวทางควบคุมเชื้อราโรครากขาวยางพารา. รายงานการวิจัย สถาบันวิจัยยาง กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, หน้า 202-121.

อุไร จันทรประทีน, บัญญัติ สิทธิผล, ประภา พัฒนากุล, นริสา จันทรเรือง และประสาน สุขผล. 2538. การคัดพันธุ์ต้านทานโรครากขาว. รายงานการวิจัย สถาบันวิจัยยาง กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์, หน้า 1-13.

เอกชัย พฤษชัยอำไพ. 2547. คู่มือยางพารา. กรุงเทพฯ: เพ็ท-แพล้น พับลิชชิ่ง.

Baumgartner, K. and Rizzo, D. M. 2006. Relative Resistance of Grapevine Rootstocks to Armillaria Root Disease. American Journal of Enology and Viticulture 57: 408-414.

Bernardes, M. S. and Martins, A. N. 2015. Pathogenicity of *Pratylenchus brachyurus* to rubber rootstocks. Summa Phytopathologica 41: 31-34.

Bicalho, K. C., Oliveira, L. E. M., Santos, J. B., Mesquita, A. C. and Mendonça, E. G. 2008. Genetic similarity among rubber tree (*Hevea brasiliensis*) clones using RAPD markers. Ciênc agrotec 32: 1510-1515.

Carron, M. P., Nurhaimi, H., Sumaryono, Sumarmadji, Granet, F., Kéli, J. and Montoro, P. 2009. The Rootstock clones in rubber tree: a new varietal type toward the rejuvenated bi-clone. Proceedings of the International Workshop on Rubber Planting Materials, Medan, Indonesia, 28-29 October 2008, pp. 89-95.

- Cornell university, 2016. Geneva® Apple rootstocks comparison chart v.3. Center for Technology Licensing.
- Dalimunthe, C. I., Tistama, R. and Wahyuni, S. 2017. Detection of white root disease (*Rigidoporus microporus*) in various soil types in the rubber plantations based on the Serological reaction. *Earth and Environmental Science* 97: 1-4.
- Doyle, J. J. and Doyle, J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15.
- Farid, A. M., Lee, S. S., Maziah, Z. and Patahayah, M. 2009. Pathogenicity of *Rigidoporus microporus* and *Phellinus noxius* against four major plantation tree species in Peninsular Malaysia. *Tropical Forest Science* 21(4): 289–298.
- Guyot, A. and Flori, A. 2002. Comparative study for detecting *Rigidoporus lignosus* on rubber tree. *Crop Protection* 21(6): 461-466.
- Jaccard, P. 1980. Nouvelliers. Recherches sur la distribution florale. *Bulletin de la Société vaudoise des sciences naturelles* 44: 223-270.
- Kaewchai, S. and Soythong, K. 2010. Application of biofungicides against *Rigidoporus microporus* causing white root disease of rubber trees. *Journal of Agricultural Technology* 6 (2): 349-363.
- Kaewchai, S., Lin, F. C., Wang, H. K. and Soythong, K. 2010. Charcterization of *Rigidoporus microporus* isolated from rubber tree based on morphology and ITS sequencing. *Agricultural Technology* 2: 289-298.

- Khotcharat, N., Sdoodee, S. and Meesawat, U. 2016. Growth performance of clonal rubber rootstocks and combining ability test with the scion of clone RRIM 600. *Agriculture and Natural Resources* 50: 98-103.
- Mallett, K. I. and Volney, W. J. A. 1999. The effect of *Armillaria* root disease on lodgepole pine tree growth. *Natural Resources Canada* 29: 252-259.
- Mantello, C. C., Suzuki, F. I., Souza, L. M. Goncalves, P. S. and Souza, A. P. 2012. Microsatellite marker development for the rubber tree (*Hevea brasiliensis*): characterization and cross-amplification in wild *Hevea* species. *BMC Research Notes* 5: 329-336.
- Nandris, D., Nicole, M., and Geiger, J. P. 1987. Root rot diseases of rubber. *Plant Disease* 71: 298-306.
- Nandris, D., Nicole, M., and Geiger, J. P. 1988. Root-rot diseases of the rubber tree in the Ivory Coast. 1. Severity, dynamics, and characterization of epidemics. *Canadian Journal of Forest Research* 18: 1248-1254.
- Nandris, D., Nicole, M., Geiger, J. P., and Mallet, B. 1983. Root rot diseases in the forests and plantations of the Ivory Coast. *Proceedings of the 6th International Conference on Root and Butt Rot of Forest Trees*, Melbourne and Queensland, Australia, 25-31 August 1983, pp. 286-295.
- Nisini, P. T., Colla, G., Granati, E., Temperini, O., Crinò, P. and Saccardo, F. 2002. Rootstock resistance to fusarium wilt and effect on fruit yield and quality of two muskmelon cultivars. *Scientia Horticulturae* 93: 281-288.
- Ogbebor, O. N., Omorusi, V. I., Adekunle, A. T., Orumwense, K. and Ijeh, K. 2013. Fast method for the detection of *Rigidoporus lignosus* (Klotzsch) Imaz in *Hevea* plantation. *International Journal of Science and Nature* 4: 109-111.

- Oktavia, F., Lasminingsih, M. and Anhadi, K. 2011. Selection of parent trees for rubber (*Hevea brasiliensis*) breeding based on RAPD analysis. *Nusantara Bioscience* 3 (3): 124-129.
- Omorusi, V. I. 2012 . Effects of white root rot disease on *Hevea brasiliensis* (Muell. Arg.) – challenges and control approach. *In Agricultural and Biological Sciences » “Plant Science”*. (eds. Dhal, N. K. and Sahu, S. C.) pp. 139-152.
- Polák, J. and Komínek, P. 2013. Response of Plum cultivars grafted on hypersensitive rootstocks under field natural infection with *Plum Pox virus*. *Acta Horticulturae* 1063: 99-104.
- Roy, C. B., Nazeer, M. A. and Saha, T. 2004. Identification of simple sequence repeats in rubber (*Hevea brasiliensis*). *Current Science* 87: 807-811.
- Royani, J. I., Safarrida, A., Rachmawati, I., Khairiyah, H., Mustika, I. P., Suyono, A., Rudiyan, Y., Kubil, Nurjaya, and Arianto, A. 2017. Genomic validation of PB 260 clone of rubber (*Hevea brasiliensis*) at Cikumpay Plantation by SSR marker. *Physics: Conference Series* 835: 1-5.
- Seemüller, E., Bisognin, C., Grando, M. S., Schneider, B., Velasco, R. and Jarausch, W. 2010. Breeding of rootstocks resistant to apple proliferation disease. *The 21st International Conference on Virus and other Graft Transmissible Diseases of Fruit Crops*. pp. 183-185.
- Sinclair, W. A., Lyon, H. H. and Johnson, W. T. 1987. *Diseases of trees and shrubs*. Comstock Pub. Assoc., Cornell Univ. Press, Ithaca, N.Y.
- Siri-Udom, S., Suwannarach, N. and Lumyong, S. 2017. Applications of volatile compounds acquired from *Muscodor heveae* against white root rot disease in rubber trees (*Hevea brasiliensis* Müll. Arg.) and relevant allelopathy effects. *Fungal Biology* 121: 573-581.

- Souza, L. M., Mantello, C. C., Santos M. O., Gonçalves, P. S., and Souza, A. P. 2009. Microsatellites from rubber tree (*Hevea brasiliensis*) for genetic diversity analysis and cross-amplification in six *Hevea* wild species. Conservation Genetics Resources 1: 75-79.
- Vizcaino, J.A., Sanz, L., Basilio, A., Vicente, F., Gutierrez, S., Hermosa, R.M. and Monte, E. 2005. Screening of antimicrobial activities in *Trichoderma* isolates representing three *Trichoderma* sections. Mycological Research 109(12): 1397-140.
- Wattanasilakorn, S., Sdoodee, S., Nualsri, C. and Chuenchit, S. 2012. Screening of rubber (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) rootstocks for the white root disease resistance. Journal of Agricultural Technology 8: 2385-2395.
- Woraathasin, N., Nakkanong, K. and Nualsri, C. 2017. Expression responses of pathogenesis-related proteins in tolerant and susceptible *Hevea brasiliensis* clones to the white root disease. Pakistan Journal of Biotechnology 14(2): 141-148.
- Yu, F., Wang, B. H., Feng, S. P., Wang, J. Y., Li, W. G. and Wu, Y. T. 2011. Development, characterization, and cross-species/genera transferability of SSR markers for rubber tree (*Hevea brasiliensis*). Plant Cell Reports 30: 335-334.

ภาคผนวก

สารเคมีที่ใช้ในการสกัดดีเอ็นเอจากพืช

1) CTAB buffer ปริมาตร 100 มิลลิลิตร

PVP-40	1.0	กรัม
NaCl ₂	8.12	กรัม
0.5 M Na ₂ EDTA (pH 8.0)	4.0	มิลลิลิตร
1.0 M Tris-HCl (pH 8.0)	10.0	มิลลิลิตร

ปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นจนครบ 100 มิลลิลิตร แล้วเติม CTAB ปริมาณ 2 กรัม

บ่มที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส จนละลาย หนึ่งชั่วโมงที่อุณหภูมิ 121 องศาเซลเซียส 20 นาที ก่อนนำมาใช้เติม β -mercaptoethanol ความเข้มข้น 2%

2) TE buffer 500 มิลลิลิตร

1.0 M Tris-HCl (pH 7.5)	500	ไมโครลิตร
0.25 M Na ₂ EDTA (pH 7.0)	200	ไมโครลิตร

ปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นจนครบ 500 มิลลิลิตร แล้วหนึ่งชั่วโมงที่อุณหภูมิ 121

องศาเซลเซียส 20 นาที

สารเคมีที่ใช้ในการทำ Agarose gel electrophoresis

1) TAE buffer เข้มข้น 5 เท่า ปริมาตร 500 มิลลิลิตร

Tris Base	121.1	กรัม
Acetic acid	28.5	กรัม
0.5 M Na ₂ EDTA (pH 8.0)	50.0	มิลลิลิตร

ปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นจนครบ 500 มิลลิลิตร ก่อนนำมาใช้เจือจางความเข้มข้น

เป็น 0.5 เท่า แล้วหนึ่งชั่วโมงที่อุณหภูมิ 121 องศาเซลเซียส 20 นาที

2) TBE buffer เข้มข้น 5 เท่า ปริมาตร 500 มิลลิลิตร

Tris Base	216.0	กรัม
Boric acid	110.0	กรัม
0.5 M Na ₂ EDTA (pH 8.0)	80.0	มิลลิลิตร

ปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นจนครบ 500 มิลลิลิตร ก่อนนำมาใช้เจือจางความเข้มข้น

เป็น 0.5 เท่า แล้วหนึ่งชั่วโมงที่อุณหภูมิ 121 องศาเซลเซียส 20 นาที

3) DNA gel loading dye ปริมาตร 50 มิลลิลิตร

Bromophenol blue	125.0	มิลลิกรัม
Xylene cyanol FF	125.0	มิลลิกรัม
Glycerol	15.0	มิลลิลิตร

ปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นจนครบ 50 มิลลิลิตร แล้วนำมาเชื่อมด้วยอุณหภูมิ 121

องศาเซลเซียส 20 นาที

4) Ethidium bromide 10 มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร

Ethidium bromide 10 ไมโครลิตร เติมน้ำกลั่น 100 มิลลิลิตร

5) 100 bp DNA ladder ปริมาตร 30 ไมโครลิตร

DNA ladder (0.5-1 µg)	10	ไมโครลิตร
6x DNA loading dye	5	ไมโครลิตร
น้ำกลั่นนำมาเชื่อม	15	ไมโครลิตร

ตารางภาคผนวกที่ 1 จำนวนต้นไม้ที่แสดงอาการในระดับต่างๆ ของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

ระดับ การเกิดโรค	โคลน	มี.ค.	เม.ย.	พ.ค.	มิ.ย.	ก.ค.	ส.ค.	ก.ย.	ต.ค.	พ.ย.	ธ.ค.	ม.ค.	ก.พ.	มี.ค.
		59	59	59	59	59	59	59	59	59	59	60	60	60
1 ต้นปกติ	C 1	18	18	17	16	16	12	14	10	13	15	15	14	8
	C 2	18	18	18	17	16	11	11	10	9	10	10	8	4
	C 3	18	18	18	18	18	16	15	16	14	14	12	9	6
	C 4	18	18	18	16	16	11	12	12	11	11	11	8	5
	C 5	18	18	18	16	15	12	9	10	11	9	8	6	3
	C 6	18	18	17	16	16	13	10	8	10	9	9	8	5
	C 7	18	18	15	15	14	11	10	7	8	6	6	5	4
	C 8	18	18	17	14	10	10	12	10	12	11	11	9	8
	C 9	18	18	16	14	12	11	10	11	10	9	10	9	5
	C 10	18	18	16	14	14	10	10	10	11	11	10	6	3
	C 11	18	18	17	16	12	9	10	10	9	9	9	9	8
	C 12	18	18	15	16	14	12	11	11	12	12	11	8	5
	C 13	18	18	17	16	11	8	9	9	10	9	8	5	3
	C 14	18	18	18	14	14	12	13	14	14	13	10	8	5
	C 15	18	18	16	12	11	6	8	9	11	10	10	9	5
	C 16	18	18	18	18	18	16	15	15	15	15	13	13	13
	RRIM 600	18	18	15	15	11	7	6	6	6	8	8	7	5
	รวม	306	306	286	263	238	187	185	178	186	181	171	141	95

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) จำนวนต้นไม้ที่แสดงอาการในระดับต่างๆ ของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

ระดับ การเกิดโรค	โคลน	มี.ค. 59	เม.ย. 59	พ.ค. 59	มิ.ย. 59	ก.ค. 59	ส.ค. 59	ก.ย. 59	ต.ค. 59	พ.ย. 59	ธ.ค. 59	ม.ค. 60	ก.พ. 60	มี.ค. 60
2 ใบเหลือง	C 1	0	0	1	1	1	2	1	5	3	0	0	0	5
	C 2	0	0	0	0	1	2	1	1	3	2	2	3	4
	C 3	0	0	0	0	0	0	1	1	3	3	3	5	6
	C 4	0	0	0	0	0	4	3	2	3	3	3	4	6
	C 5	0	0	0	1	0	2	5	4	3	4	4	6	9
	C 6	0	0	0	1	1	3	5	3	1	2	2	2	4
	C 7	0	0	3	1	2	0	1	4	3	4	4	4	3
	C 8	0	0	1	2	4	1	1	2	2	2	2	4	5
	C 9	0	0	2	2	2	0	1	1	3	2	1	1	3
	C 10	0	0	1	2	2	1	1	1	2	2	2	5	6
	C 11	0	0	1	1	2	4	4	3	4	3	3	3	4
	C 12	0	0	2	1	2	3	4	4	3	2	3	4	6
	C 13	0	0	1	1	2	1	2	2	3	3	4	6	7
	C 14	0	0	0	3	3	2	2	2	2	2	4	5	8
	C 15	0	0	2	2	1	5	3	2	0	1	1	1	5
	C 16	0	0	0	0	0	2	3	3	3	2	2	3	3
	RRIM 600	0	0	3	2	2	5	5	5	4	2	2	2	3
	รวม	0	0	17	20	25	37	43	45	45	39	42	58	87

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) จำนวนต้นไม้แสดงอาการในระดับต่างๆ ของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

ระดับ การเกิดโรค	โคลน	มี.ค. 59	เม.ย. 59	พ.ค. 59	มิ.ย. 59	ก.ค. 59	ส.ค. 59	ก.ย. 59	ต.ค. 59	พ.ย. 59	ธ.ค. 59	ม.ค. 60	ก.พ. 60	มี.ค. 60
3 ใบ และต้นเหี่ยว	C 1	0	0	0	0	0	2	1	1	0	1	1	1	2
	C 2	0	0	0	1	0	0	1	2	1	0	0	1	5
	C 3	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	2	2	2
	C 4	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	2	3
	C 5	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	2	2	2
	C 6	0	0	1	0	0	0	0	2	1	0	0	0	1
	C 7	0	0	0	1	0	3	2	2	0	1	1	2	3
	C 8	0	0	0	1	1	2	0	0	0	0	0	0	0
	C 9	0	0	0	2	1	0	0	1	0	0	0	1	3
	C 10	0	0	1	0	0	2	3	2	0	0	1	2	4
	C 11	0	0	0	1	3	3	1	1	0	1	1	1	1
	C 12	0	0	1	0	1	2	1	1	0	1	1	2	2
	C 13	0	0	0	1	3	3	0	1	0	1	1	1	1
	C 14	0	0	0	1	0	2	1	1	0	0	1	2	1
	C 15	0	0	0	4	2	2	1	1	1	0	0	1	0
	C 16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1
	RRIM 600	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1
	รวม	0	0	3	15	13	22	13	15	4	7	13	22	31

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) จำนวนต้นไม้แสดงอาการในระดับต่างๆ ของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

ระดับ การเกิดโรค	โคลน	มี.ค. 59	เม.ย. 59	พ.ค. 59	มิ.ย. 59	ก.ค. 59	ส.ค. 59	ก.ย. 59	ต.ค. 59	พ.ย. 59	ธ.ค. 59	ม.ค. 60	ก.พ. 60	มี.ค. 60
4 ใบร่วง	C 1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0
	C 2	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
	C 3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	C 4	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
	C 5	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0
	C 6	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0
	C 7	0	0	0	1	0	1	2	1	0	0	0	0	1
	C 8	0	0	0	1	2	2	1	2	0	0	0	0	0
	C 9	0	0	0	0	2	5	3	0	0	1	0	0	0
	C 10	0	0	0	2	0	2	1	1	1	1	1	1	0
	C 11	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0
	C 12	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0
	C 13	0	0	0	0	2	3	4	1	0	0	0	1	0
	C 14	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0
	C 15	0	0	0	0	3	0	1	1	0	0	0	0	0
	C 16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
	RRIM 600	0	0	0	0	3	2	2	0	1	0	0	0	1
	รวม	0	0	0	8	16	20	18	8	5	4	4	7	4

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) จำนวนต้นไม้แสดงอาการในระดับต่างๆ ของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

ระดับ การเกิดโรค	โคลน	มี.ค. 59	เม.ย. 59	พ.ค. 59	มิ.ย. 59	ก.ค. 59	ส.ค. 59	ก.ย. 59	ต.ค. 59	พ.ย. 59	ธ.ค. 59	ม.ค. 60	ก.พ. 60	มี.ค. 60
5 ต้นตาย	C 1	0	0	0	0	1	2	2	2	2	1	1	2	3
	C 2	0	0	0	0	0	4	4	5	5	6	6	6	5
	C 3	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	3
	C 4	0	0	0	0	1	2	3	3	3	4	4	4	4
	C 5	0	0	0	0	2	2	2	4	4	4	4	4	4
	C 6	0	0	0	0	1	2	3	5	5	7	7	7	8
	C 7	0	0	0	0	2	3	3	4	7	7	7	7	7
	C 8	0	0	0	0	1	3	4	4	4	5	5	5	5
	C 9	0	0	0	0	1	2	4	5	5	6	7	7	7
	C 10	0	0	0	0	2	3	3	4	4	4	4	4	5
	C 11	0	0	0	0	0	2	2	3	5	5	5	5	5
	C 12	0	0	0	0	1	1	2	2	2	3	3	3	5
	C 13	0	0	0	0	0	3	3	5	5	5	5	5	7
	C 14	0	0	0	0	0	1	1	1	1	2	2	2	4
	C 15	0	0	0	0	1	5	5	5	6	7	7	7	8
	C 16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	RRIM 600	0	0	0	0	1	4	5	7	7	8	8	8	8
	รวม	0	0	0	0	14	40	47	60	66	75	76	78	89

ตารางภาคผนวกที่ 2 ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางลำต้นที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน
และพันธุ์ RRIM 600

สายพันธุ์ ยางพารา	มีนาคม 59	พฤษภาคม 59	กรกฎาคม 59	กันยายน 59	พฤศจิกายน 59	มกราคม 60	มีนาคม 60
C 1	0.08 b	0.18 b	0.38	0.48	0.55	0.81	1.53
C 2	0.03 b	0.17 b	0.44	0.77	1.07	1.3	1.83
C 3	0.34 b	0.51 b	0.65	0.76	0.98	1.22	1.67
C 4	0.08 b	0.25 b	0.40	0.51	0.77	1.06	1.34
C 5	0.10 b	0.44 b	0.71	1.09	1.63	2.07	2.30
C 6	0.07 b	0.22 b	0.36	0.51	0.85	1.06	1.84
C 7	0.11 b	0.34 b	0.56	0.59	0.61	0.68	0.82
C 8	0.09 b	0.34 b	0.55	0.93	1.83	2.77	3.05
C 9	0.12 b	0.40 b	0.52	0.65	0.81	0.98	1.32
C 10	0.15 b	0.27 b	0.35	0.45	0.58	0.94	1.07
C 11	0.14 b	0.23 b	0.35	0.43	0.57	0.71	0.81
C 12	0.12 b	0.27 b	0.41	0.54	0.58	1.11	1.64
C 13	0.16 b	0.36 b	0.56	0.67	0.86	1.27	1.40
C 14	0.06 b	0.21 b	0.31	0.40	0.56	0.89	1.08
C 15	0.07 b	0.27 b	0.38	1.06	1.17	1.36	1.45
C 16	0.14 b	0.40 b	0.60	0.81	1.48	2.52	2.72
RRIM 600	1.10 a	1.24 a	1.34	1.45	1.55	1.96	2.06
F-test	*	*	ns	ns	ns	ns	ns
C.V. (%)	120.15	117.05	92.86	95.75	104.14	87.48	88.51

* = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความสำคัญ 0.05

ns = ไม่แตกต่างทางสถิติ

ตารางภาคผนวกที่ 3 ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางยอดที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

สายพันธุ์ ยางพารา	มีนาคม 59	พฤษภาคม 59	กรกฎาคม 59	กันยายน 59	พฤศจิกายน 59	มกราคม 60	มีนาคม 60
C 1	1.21	1.632	1.97	2.272	2.54	2.68	2.784
C 2	1.06	1.54	2.04	2.60	2.86	3.46	4.21
C 3	0.88	1.35	1.67	2.33	2.62	2.75	2.92
C 4	0.70	1.07	1.47	1.65	1.88	2.39	2.79
C 5	0.76	1.12	1.69	2.55	2.82	3.09	3.29
C 6	1.01	1.39	1.85	2.21	2.47	2.68	2.88
C 7	0.76	0.96	1.13	1.29	1.49	1.57	1.61
C 8	1.03	1.27	1.85	2.65	3.31	3.51	3.67
C 9	1.05	1.39	1.78	2.05	2.16	2.30	2.42
C 10	0.94	1.30	1.67	1.95	2.18	2.39	2.64
C 11	1.02	1.52	1.98	2.32	2.52	2.66	2.70
C 12	0.68	0.95	1.23	1.36	1.60	1.93	2.25
C 13	0.93	1.24	1.65	1.77	1.87	1.96	2.01
C 14	0.93	1.26	1.70	1.91	2.05	2.15	2.22
C 15	0.69	0.81	1.03	1.29	1.60	1.65	1.73
C 16	1.04	1.36	1.98	2.60	2.94	3.37	3.58
RRIM 600	1.03	1.38	1.63	1.91	2.09	2.48	2.62
F-test	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
C.V. (%)	46.44	44.75	46.18	44.67	46.79	49.31	52.75

* = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความสำคัญ 0.05

ns = ไม่แตกต่างทางสถิติ

ตารางภาคผนวกที่ 4 ความยาวยอดที่เพิ่มขึ้นของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM

600

สายพันธุ์ ยางพารา	มีนาคม 59	พฤษภาคม 59	กรกฎาคม 59	กันยายน 59	พฤศจิกายน 59	มกราคม 60	มีนาคม 60
C 1	29.04 a	38.40 a	42.00	44.90	45.30	45.40	45.60
C 2	16.50 bc	23.30 bcd	30.30	31.50	31.90	38.90	42.80
C 3	17.24 bc	25.90 abc	33.80	36.70	39.70	42.20	44.70
C 4	9.44 bc	12.36 d	19.20	20.80	23.40	28.10	32.30
C 5	8.90 c	18.36 cd	29.60	38.30	41.10	44.20	48.30
C 6	14.80 bc	21.52 bcd	28.70	32.40	33.20	35.20	37.30
C 7	12.90 bc	18.20 cd	20.90	21.60	22.40	25.90	29.10
C 8	16.04 bc	20.60 bcd	27.60	33.20	35.10	42.90	51.50
C 9	14.40 bc	20.40 bcd	27.10	27.90	31.40	31.50	31.50
C 10	10.80 bc	16.40 cd	24.90	27.80	29.30	31.30	33.80
C 11	19.28 ab	31.74 ab	39.44	43.44	45.04	47.74	50.24
C 12	11.76 bc	15.00 cd	19.70	22.40	24.80	28.40	32.40
C 13	8.94 c	18.70 bcd	22.30	23.70	24.40	26.00	27.10
C 14	13.26 bc	17.80 cd	23.20	25.90	27.10	29.00	31.00
C 15	14.40 bc	22.40 bcd	25.30	25.50	25.50	26.00	26.30
C 16	18.78 bc	27.50 abc	39.20	43.10	48.20	52.20	60.30
RRIM 600	14.60 bc	24.24 bcd	27.34	29.64	31.24	34.64	37.84
F-test	*	*	ns	ns	ns	ns	ns
C.V. (%)	53.45	48.25	47.96	49.13	48.85	51.4	57.01

* = แตกต่างทางสถิติที่ระดับความสำคัญ 0.05

ns = ไม่แตกต่างทางสถิติ

ตารางภาคผนวกที่ 5 แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ด้วยเทคนิคเอสเอสอาร์

Primer	Fragment size (bp)	DNA fragment																													
		C 1					C 2					C 3					C 4					C 5					C 6				
		1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
hmac4	280	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-		
	250	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-		
	220	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		
hmac5	450	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+		
	400	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	+	-	+	-	
	350	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
	320	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
	300	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	
	280	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
hmct1	300	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	
	260	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	230	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	180	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

หมายเหตุ: - หมายถึง ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, + หมายถึง ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

ตารางภาคผนวกที่ 5 (ต่อ) แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ด้วยเทคนิคเอสเอสอาร์

Primer	fragment size (bp)	DNA fragment																													
		C 7					C 8					C 9					C 10					C 11					C 12				
		1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
hmac4	280	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	+
	250	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	+
	220	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
hmac5	450	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+
	400	+	+	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	+	+
	350	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	320	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	300	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	+	-
	280	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
hmct1	300	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	260	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	230	-	-	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	+	-	+	+
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	180	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

หมายเหตุ: - หมายถึง ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, + หมายถึง ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

ตารางภาคผนวกที่ 5 (ต่อ) แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในยาลูกอมพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ด้วยเทคนิคเอสเอสอาร์

Primer	fragment size (bp)	DNA fragment																								
		C 13					C 14					C 15					C 16					RRIM 600				
		1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
hmac4	280	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-	
	250	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-	
	220	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		
hmac5	450	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-		
	400	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-		
	350	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
	320	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
	300	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-		
	280	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		
hmct1	300	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
	260	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-		
	230	+	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	+	-	-	+		
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		
	180	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		

หมายเหตุ: - หมายถึง ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, + หมายถึง ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

ตารางภาคผนวกที่ 5 (ต่อ) แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ด้วยเทคนิคเอสเอสอาร์

Primer	fragment size (bp)	DNA fragment																														
		C 1					C 2					C 3					C 4					C 5					C 6					
		1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	
HB105	270	-	+	+	+	-	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	
	240	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	
	200	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	
HB135	300	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	
	280	+	+	-	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	
	250	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	-	
	220	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
HB197	280	-	+	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	250	+	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	
	230	+	+	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	+	-	
	210	+	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+
	200	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+

หมายเหตุ: - หมายถึง ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, + หมายถึง ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

ตารางภาคผนวกที่ 5 (ต่อ) แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในยางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ด้วยเทคนิคเอสเอสอาร์

Primer	fragment size (bp)	DNA fragment																																
		C 7					C 8					C 9					C 10					C 11					C 12							
		1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5			
HB105	270	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
	240	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+		
HB135	300	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-		
	280	-	-	-	+	+	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+		
	250	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+		
	220	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	-	+	-	+	+	+	-		
HB197	280	+	-	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	-	+	+	+	-	+	+			
	250	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	+	+	-	-	+	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-		
	230	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	-	+	+			
	210	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-		
	200	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+		

หมายเหตุ: - หมายถึง ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, + หมายถึง ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

ตารางภาคผนวกที่ 5 (ต่อ) แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏในบางพาราพันธุ์ดั้งเดิม 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600 ด้วยเทคนิคเอสเอสอาร์

Primer	fragment size (bp)	DNA fragment																								
		C 13					C 14					C 15					C 16					RRIM 600				
		1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
HB105	270	-	-	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+
	240	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
HB135	300	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	
	280	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	
	250	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	
	220	+	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	-	-	+	-	+	
HB197	280	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	250	-	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	
	230	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	210	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	
	200	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	

หมายเหตุ: - หมายถึง ไม่ปรากฏแถบดีเอ็นเอ, + หมายถึง ปรากฏแถบดีเอ็นเอ

ตารางภาคผนวกที่ 6 ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 1	C 1	C 1	C 1	C 1	C 2	C 2	C 2	C 2	C 2	C 3	C 3	C 3	C 3	C 3	
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	
C 1-1	1.00															
C 1-2	0.69	1.00														
C 1-3	0.65	0.81	1.00													
C 1-4	0.62	0.69	0.73	1.00												
C 1-5	0.77	0.62	0.73	0.69	1.00											
C 2-1	0.77	0.69	0.73	0.85	0.69	1.00										
C 2-2	0.65	0.81	0.77	0.73	0.65	0.73	1.00									
C 2-3	0.65	0.65	0.77	0.81	0.73	0.81	0.77	1.00								
C 2-4	0.65	0.50	0.69	0.65	0.73	0.73	0.69	0.77	1.00							
C 2-5	0.65	0.88	0.77	0.81	0.58	0.81	0.92	0.77	0.62	1.00						
C 3-1	0.69	0.69	0.65	0.85	0.77	0.85	0.65	0.81	0.73	0.73	1.00					
C 3-2	0.85	0.77	0.73	0.69	0.85	0.77	0.65	0.73	0.73	0.65	0.85	1.00				
C 3-3	0.73	0.73	0.77	0.81	0.73	0.73	0.69	0.69	0.62	0.69	0.65	0.81	1.00			
C 3-4	0.77	0.69	0.73	0.69	0.77	0.69	0.58	0.73	0.73	0.58	0.77	0.92	0.81	1.00		
C 3-5	0.77	0.62	0.73	0.69	0.77	0.69	0.58	0.73	0.73	0.58	0.69	0.85	0.81	0.92	1.00	

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 1	C 1	C 1	C 1	C 1	C 2	C 2	C 2	C 2	C 2	C 3	C 3	C 3	C 3	C 3
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 4-1	0.88	0.73	0.69	0.73	0.73	0.73	0.69	0.69	0.62	0.69	0.65	0.81	0.85	0.81	0.81
C 4-2	0.88	0.73	0.69	0.73	0.73	0.73	0.69	0.69	0.62	0.69	0.65	0.81	0.85	0.81	0.81
C 4-3	0.92	0.77	0.73	0.69	0.77	0.77	0.73	0.65	0.65	0.73	0.69	0.85	0.81	0.77	0.77
C 4-4	0.65	0.73	0.85	0.73	0.73	0.65	0.77	0.77	0.62	0.69	0.58	0.73	0.85	0.73	0.73
C 4-5	0.77	0.77	0.73	0.77	0.77	0.77	0.73	0.73	0.65	0.73	0.69	0.85	0.88	0.85	0.85
C 5-1	0.62	0.69	0.73	0.77	0.62	0.77	0.81	0.73	0.65	0.81	0.69	0.69	0.73	0.62	0.69
C 5-2	0.65	0.73	0.92	0.73	0.81	0.65	0.77	0.69	0.69	0.69	0.65	0.73	0.77	0.73	0.73
C 5-3	0.85	0.69	0.65	0.69	0.77	0.69	0.65	0.58	0.58	0.65	0.69	0.77	0.81	0.69	0.69
C 5-4	0.88	0.73	0.77	0.65	0.81	0.73	0.77	0.69	0.69	0.69	0.65	0.81	0.77	0.73	0.73
C 5-5	0.77	0.62	0.65	0.77	0.77	0.77	0.81	0.73	0.73	0.73	0.77	0.69	0.65	0.62	0.62
C 6-1	0.73	0.65	0.77	0.58	0.81	0.65	0.62	0.69	0.77	0.54	0.73	0.88	0.69	0.88	0.88
C 6-2	0.69	0.62	0.73	0.69	0.92	0.69	0.58	0.73	0.65	0.58	0.77	0.77	0.65	0.69	0.77
C 6-3	0.69	0.77	0.81	0.77	0.69	0.69	0.65	0.65	0.50	0.73	0.69	0.69	0.73	0.62	0.62
C 6-4	0.65	0.73	0.69	0.65	0.65	0.58	0.62	0.69	0.46	0.62	0.65	0.65	0.62	0.65	0.65
C 6-5	0.73	0.65	0.85	0.73	0.88	0.73	0.62	0.77	0.77	0.62	0.81	0.81	0.69	0.81	0.81

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 1	C 1	C 1	C 1	C 1	C 2	C 2	C 2	C 2	C 2	C 3	C 3	C 3	C 3	C 3
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 7-1	0.58	0.81	0.77	0.65	0.65	0.58	0.69	0.54	0.54	0.69	0.65	0.65	0.62	0.65	0.65
C 7-2	0.81	0.65	0.69	0.65	0.81	0.65	0.69	0.62	0.62	0.62	0.65	0.73	0.69	0.65	0.73
C 7-3	0.69	0.77	0.73	0.77	0.77	0.62	0.81	0.65	0.58	0.73	0.62	0.69	0.81	0.69	0.69
C 7-4	0.69	0.77	0.81	0.77	0.77	0.69	0.73	0.65	0.58	0.73	0.69	0.77	0.81	0.69	0.77
C 7-5	0.73	0.81	0.69	0.73	0.73	0.65	0.77	0.54	0.54	0.77	0.65	0.73	0.77	0.65	0.65
C 8-1	0.62	0.69	0.73	0.77	0.69	0.69	0.88	0.65	0.73	0.81	0.69	0.62	0.65	0.62	0.62
C 8-2	0.69	0.77	0.65	0.69	0.77	0.62	0.73	0.50	0.50	0.73	0.62	0.69	0.73	0.62	0.62
C 8-3	0.58	0.73	0.77	0.73	0.65	0.65	0.92	0.69	0.69	0.85	0.65	0.58	0.62	0.58	0.58
C 8-4	0.77	0.77	0.81	0.69	0.77	0.69	0.73	0.73	0.58	0.73	0.69	0.69	0.65	0.62	0.62
C 8-5	0.77	0.69	0.73	0.77	0.77	0.69	0.65	0.58	0.58	0.65	0.69	0.77	0.81	0.69	0.77
C 9-1	0.73	0.73	0.77	0.73	0.88	0.73	0.62	0.77	0.69	0.62	0.88	0.88	0.69	0.81	0.73
C 9-2	0.77	0.62	0.65	0.85	0.85	0.85	0.73	0.81	0.81	0.73	0.92	0.85	0.73	0.77	0.77
C 9-3	0.69	0.69	0.81	0.77	0.85	0.69	0.73	0.65	0.65	0.65	0.69	0.77	0.81	0.69	0.77
C 9-4	0.58	0.58	0.69	0.81	0.81	0.73	0.77	0.69	0.69	0.69	0.73	0.65	0.69	0.58	0.65
C 9-5	0.62	0.46	0.58	0.77	0.85	0.69	0.65	0.81	0.73	0.58	0.77	0.69	0.65	0.69	0.77

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 1	C 1	C 1	C 1	C 1	C 2	C 2	C 2	C 2	C 2	C 3	C 3	C 3	C 3	C 3
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 10-1	0.62	0.62	0.73	0.54	0.85	0.54	0.58	0.65	0.65	0.50	0.69	0.77	0.65	0.77	0.69
C 10-2	0.69	0.54	0.58	0.69	0.77	0.69	0.73	0.65	0.65	0.65	0.69	0.62	0.58	0.54	0.62
C 10-3	0.58	0.65	0.62	0.73	0.73	0.65	0.85	0.62	0.62	0.77	0.65	0.58	0.62	0.50	0.58
C 10-4	0.65	0.81	0.77	0.73	0.73	0.65	0.77	0.62	0.54	0.77	0.65	0.65	0.77	0.58	0.58
C 10-5	0.65	0.58	0.62	0.65	0.73	0.65	0.46	0.62	0.69	0.54	0.73	0.73	0.69	0.65	0.65
C 11-1	0.62	0.85	0.73	0.77	0.62	0.62	0.73	0.65	0.42	0.81	0.62	0.62	0.73	0.62	0.69
C 11-2	0.77	0.69	0.65	0.77	0.69	0.69	0.58	0.65	0.50	0.65	0.69	0.69	0.73	0.69	0.69
C 11-3	0.58	0.81	0.69	0.58	0.58	0.50	0.69	0.46	0.46	0.69	0.58	0.65	0.62	0.65	0.65
C 11-4	0.62	0.54	0.50	0.77	0.69	0.69	0.58	0.73	0.65	0.58	0.85	0.77	0.73	0.77	0.69
C 11-5	0.69	0.69	0.65	0.69	0.69	0.62	0.58	0.50	0.50	0.58	0.69	0.77	0.81	0.69	0.62
C 12-1	0.62	0.69	0.65	0.85	0.69	0.69	0.88	0.73	0.65	0.81	0.69	0.62	0.73	0.62	0.62
C 12-2	0.69	0.85	0.73	0.69	0.69	0.62	0.81	0.58	0.50	0.81	0.62	0.69	0.73	0.62	0.62
C 12-3	0.77	0.85	0.73	0.77	0.77	0.69	0.81	0.58	0.58	0.81	0.69	0.77	0.81	0.69	0.69
C 12-4	0.50	0.73	0.77	0.81	0.58	0.73	0.69	0.69	0.62	0.77	0.81	0.65	0.62	0.65	0.65
C 12-5	0.58	0.73	0.62	0.81	0.58	0.65	0.85	0.69	0.54	0.85	0.65	0.58	0.69	0.58	0.65

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 1	C 1	C 1	C 1	C 1	C 2	C 2	C 2	C 2	C 2	C 3	C 3	C 3	C 3	C 3
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 13-1	0.69	0.77	0.81	0.77	0.77	0.69	0.73	0.65	0.58	0.73	0.69	0.77	0.81	0.69	0.69
C 13-2	0.81	0.65	0.69	0.73	0.81	0.65	0.69	0.69	0.62	0.62	0.65	0.73	0.77	0.73	0.73
C 13-3	0.54	0.69	0.58	0.85	0.54	0.69	0.73	0.65	0.65	0.81	0.69	0.54	0.65	0.54	0.54
C 13-4	0.62	0.92	0.73	0.77	0.62	0.62	0.73	0.65	0.42	0.81	0.69	0.69	0.73	0.69	0.62
C 13-5	0.62	0.69	0.73	0.77	0.69	0.62	0.65	0.65	0.65	0.65	0.62	0.69	0.81	0.69	0.69
C 14-1	0.81	0.73	0.77	0.81	0.81	0.88	0.62	0.69	0.62	0.69	0.81	0.81	0.77	0.73	0.73
C 14-2	0.85	0.69	0.73	0.69	0.77	0.69	0.65	0.58	0.65	0.65	0.69	0.77	0.73	0.77	0.77
C 14-3	0.81	0.73	0.69	0.81	0.73	0.73	0.62	0.69	0.54	0.69	0.73	0.73	0.77	0.73	0.73
C 14-4	0.77	0.77	0.73	0.69	0.69	0.69	0.65	0.65	0.50	0.73	0.69	0.69	0.73	0.62	0.62
C 14-5	0.77	0.62	0.58	0.69	0.69	0.77	0.73	0.73	0.65	0.73	0.77	0.69	0.65	0.62	0.62
C 15-1	0.69	0.54	0.58	0.77	0.69	0.69	0.65	0.81	0.65	0.65	0.77	0.69	0.73	0.69	0.69
C 15-2	0.73	0.81	0.69	0.73	0.73	0.65	0.77	0.54	0.54	0.77	0.65	0.73	0.77	0.65	0.65
C 15-3	0.62	0.62	0.73	0.77	0.69	0.69	0.81	0.73	0.65	0.73	0.69	0.62	0.73	0.54	0.54
C 15-4	0.69	0.69	0.65	0.77	0.77	0.69	0.50	0.73	0.58	0.58	0.85	0.85	0.73	0.85	0.85
C 15-5	0.69	0.77	0.81	0.92	0.77	0.77	0.65	0.73	0.58	0.73	0.77	0.77	0.88	0.77	0.77

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 1	C 1	C 1	C 1	C 1	C 2	C 2	C 2	C 2	C 2	C 3	C 3	C 3	C 3	C 3
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 16-1	0.58	0.73	0.77	0.81	0.73	0.65	0.62	0.69	0.54	0.62	0.73	0.73	0.77	0.73	0.73
C 16-2	0.50	0.73	0.85	0.81	0.65	0.73	0.77	0.77	0.69	0.77	0.81	0.65	0.62	0.65	0.58
C 16-3	0.54	0.77	0.73	0.85	0.62	0.77	0.73	0.73	0.58	0.81	0.85	0.69	0.65	0.62	0.54
C 16-4	0.62	0.62	0.73	0.85	0.77	0.77	0.81	0.73	0.73	0.73	0.77	0.69	0.73	0.62	0.69
C 16-5	0.81	0.58	0.69	0.65	0.81	0.65	0.62	0.77	0.62	0.54	0.65	0.73	0.69	0.73	0.73
RRIM 600-1	0.69	0.46	0.50	0.77	0.69	0.77	0.58	0.73	0.65	0.58	0.77	0.69	0.73	0.69	0.69
RRIM 600-2	0.77	0.62	0.65	0.69	0.77	0.77	0.58	0.58	0.58	0.58	0.69	0.77	0.81	0.69	0.69
RRIM 600-3	0.65	0.65	0.69	0.73	0.73	0.65	0.54	0.77	0.54	0.62	0.73	0.73	0.77	0.73	0.73
RRIM 600-4	0.81	0.65	0.69	0.73	0.88	0.73	0.62	0.69	0.69	0.62	0.81	0.88	0.85	0.81	0.81
RRIM 600-5	0.73	0.65	0.69	0.65	0.73	0.73	0.54	0.69	0.54	0.62	0.73	0.73	0.69	0.65	0.65

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 4	C 4	C 4	C 4	C 4	C 5	C 5	C 5	C 5	C 5	C 6	C 6	C 6	C 6	C 6	
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	
C 4-1	1.00															
C 4-2	1.00	1.00														
C 4-3	0.96	0.96	1.00													
C 4-4	0.77	0.77	0.73	1.00												
C 4-5	0.81	0.81	0.77	0.81	1.00											
C 5-1	0.65	0.65	0.69	0.73	0.69	1.00										
C 5-2	0.69	0.69	0.73	0.85	0.73	0.73	1.00									
C 5-3	0.88	0.88	0.92	0.65	0.69	0.62	0.73	1.00								
C 5-4	0.92	0.92	0.96	0.77	0.73	0.65	0.77	0.88	1.00							
C 5-5	0.81	0.81	0.85	0.65	0.62	0.69	0.73	0.85	0.88	1.00						
C 6-1	0.69	0.69	0.73	0.69	0.73	0.65	0.77	0.65	0.77	0.65	1.00					
C 6-2	0.65	0.65	0.69	0.65	0.69	0.62	0.73	0.69	0.73	0.69	0.81	1.00				
C 6-3	0.65	0.65	0.69	0.73	0.69	0.77	0.81	0.69	0.65	0.62	0.58	0.69	1.00			
C 6-4	0.77	0.77	0.73	0.69	0.58	0.58	0.69	0.73	0.77	0.73	0.69	0.73	0.65	1.00		
C 6-5	0.69	0.69	0.73	0.69	0.73	0.58	0.85	0.73	0.77	0.73	0.85	0.88	0.73	0.69	1.00	

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 4	C 4	C 4	C 4	C 4	C 5	C 5	C 5	C 5	C 5	C 6	C 6	C 6	C 6	C 6
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 7-1	0.62	0.62	0.65	0.62	0.65	0.58	0.77	0.65	0.69	0.65	0.77	0.73	0.65	0.77	0.77
C 7-2	0.85	0.85	0.88	0.69	0.65	0.65	0.77	0.88	0.92	0.88	0.77	0.81	0.65	0.85	0.77
C 7-3	0.81	0.81	0.77	0.81	0.85	0.62	0.81	0.77	0.81	0.77	0.65	0.69	0.69	0.73	0.73
C 7-4	0.73	0.73	0.77	0.81	0.77	0.85	0.88	0.77	0.73	0.69	0.73	0.77	0.85	0.73	0.73
C 7-5	0.77	0.77	0.81	0.69	0.81	0.73	0.77	0.81	0.77	0.73	0.62	0.65	0.81	0.62	0.69
C 8-1	0.65	0.65	0.69	0.65	0.69	0.69	0.81	0.69	0.73	0.85	0.65	0.62	0.62	0.58	0.73
C 8-2	0.73	0.73	0.77	0.65	0.77	0.69	0.73	0.77	0.73	0.69	0.58	0.69	0.77	0.58	0.65
C 8-3	0.62	0.62	0.65	0.69	0.65	0.73	0.85	0.65	0.69	0.81	0.62	0.58	0.65	0.62	0.69
C 8-4	0.81	0.81	0.85	0.73	0.62	0.62	0.81	0.85	0.88	0.85	0.65	0.77	0.77	0.88	0.81
C 8-5	0.73	0.73	0.77	0.73	0.77	0.77	0.81	0.77	0.73	0.69	0.73	0.77	0.85	0.65	0.73
C 9-1	0.69	0.69	0.73	0.69	0.73	0.58	0.77	0.73	0.77	0.73	0.85	0.88	0.73	0.77	0.92
C 9-2	0.73	0.73	0.77	0.65	0.77	0.77	0.73	0.77	0.73	0.85	0.73	0.77	0.69	0.58	0.81
C 9-3	0.73	0.73	0.77	0.81	0.77	0.77	0.88	0.77	0.81	0.77	0.81	0.85	0.77	0.73	0.81
C 9-4	0.62	0.62	0.65	0.69	0.65	0.81	0.77	0.65	0.69	0.81	0.69	0.81	0.65	0.62	0.69
C 9-5	0.65	0.65	0.62	0.65	0.69	0.69	0.65	0.62	0.65	0.77	0.73	0.85	0.54	0.65	0.73

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 4	C 4	C 4	C 4	C 4	C 5	C 5	C 5	C 5	C 5	C 6	C 6	C 6	C 6	C 6
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 10-1	0.58	0.58	0.62	0.65	0.62	0.54	0.81	0.69	0.65	0.62	0.81	0.77	0.62	0.65	0.81
C 10-2	0.73	0.73	0.77	0.58	0.54	0.69	0.65	0.77	0.81	0.92	0.65	0.77	0.54	0.73	0.65
C 10-3	0.62	0.62	0.65	0.62	0.65	0.73	0.69	0.65	0.69	0.81	0.62	0.73	0.58	0.62	0.62
C 10-4	0.69	0.69	0.73	0.69	0.73	0.58	0.77	0.81	0.77	0.73	0.62	0.73	0.73	0.69	0.77
C 10-5	0.62	0.62	0.65	0.54	0.65	0.58	0.62	0.73	0.62	0.58	0.62	0.73	0.73	0.54	0.77
C 11-1	0.73	0.73	0.69	0.73	0.77	0.69	0.73	0.69	0.65	0.62	0.58	0.69	0.77	0.81	0.65
C 11-2	0.88	0.88	0.85	0.65	0.69	0.62	0.65	0.85	0.81	0.77	0.58	0.69	0.77	0.81	0.73
C 11-3	0.62	0.62	0.65	0.62	0.65	0.73	0.77	0.65	0.62	0.58	0.69	0.58	0.73	0.69	0.62
C 11-4	0.65	0.65	0.62	0.58	0.69	0.69	0.58	0.69	0.58	0.69	0.65	0.62	0.62	0.58	0.65
C 11-5	0.65	0.65	0.69	0.65	0.69	0.69	0.73	0.77	0.65	0.62	0.65	0.62	0.85	0.58	0.65
C 12-1	0.73	0.73	0.69	0.73	0.77	0.69	0.73	0.69	0.73	0.85	0.58	0.62	0.62	0.65	0.65
C 12-2	0.73	0.73	0.77	0.73	0.77	0.77	0.81	0.77	0.73	0.69	0.58	0.62	0.85	0.65	0.65
C 12-3	0.81	0.81	0.85	0.73	0.85	0.69	0.81	0.85	0.81	0.77	0.65	0.69	0.77	0.65	0.73
C 12-4	0.54	0.54	0.58	0.62	0.58	0.81	0.77	0.58	0.54	0.65	0.69	0.65	0.73	0.69	0.69
C 12-5	0.69	0.69	0.65	0.69	0.73	0.81	0.69	0.65	0.62	0.73	0.54	0.58	0.65	0.69	0.54

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 4	C 4	C 4	C 4	C 4	C 5	C 5	C 5	C 5	C 5	C 6	C 6	C 6	C 6	C 6
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 13-1	0.73	0.73	0.77	0.81	0.77	0.85	0.88	0.77	0.73	0.69	0.65	0.69	0.92	0.65	0.73
C 13-2	0.92	0.92	0.88	0.77	0.73	0.58	0.77	0.88	0.92	0.88	0.69	0.73	0.65	0.85	0.77
C 13-3	0.65	0.65	0.62	0.58	0.69	0.62	0.58	0.62	0.58	0.69	0.42	0.54	0.62	0.58	0.58
C 13-4	0.73	0.73	0.69	0.73	0.77	0.62	0.73	0.69	0.65	0.62	0.58	0.62	0.77	0.81	0.65
C 13-5	0.73	0.73	0.69	0.81	0.77	0.69	0.81	0.69	0.65	0.62	0.58	0.62	0.77	0.65	0.65
C 14-1	0.77	0.77	0.81	0.69	0.81	0.65	0.77	0.81	0.77	0.73	0.69	0.81	0.81	0.69	0.85
C 14-2	0.88	0.88	0.92	0.65	0.69	0.62	0.81	0.92	0.88	0.85	0.73	0.69	0.69	0.73	0.81
C 14-3	0.92	0.92	0.88	0.69	0.73	0.58	0.69	0.88	0.85	0.81	0.62	0.73	0.73	0.85	0.77
C 14-4	0.81	0.81	0.85	0.65	0.62	0.62	0.73	0.92	0.81	0.77	0.58	0.69	0.77	0.81	0.73
C 14-5	0.73	0.73	0.77	0.58	0.62	0.69	0.65	0.85	0.73	0.85	0.58	0.62	0.62	0.65	0.65
C 15-1	0.65	0.65	0.62	0.65	0.69	0.69	0.65	0.69	0.58	0.69	0.58	0.62	0.69	0.58	0.65
C 15-2	0.77	0.77	0.81	0.69	0.81	0.73	0.77	0.81	0.77	0.73	0.62	0.65	0.81	0.62	0.69
C 15-3	0.58	0.58	0.62	0.73	0.62	0.77	0.81	0.69	0.65	0.77	0.58	0.62	0.77	0.58	0.65
C 15-4	0.73	0.73	0.69	0.65	0.77	0.62	0.65	0.69	0.65	0.62	0.81	0.85	0.69	0.81	0.81
C 15-5	0.81	0.81	0.77	0.81	0.85	0.69	0.81	0.77	0.73	0.69	0.65	0.77	0.85	0.73	0.81

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 4	C 4	C 4	C 4	C 4	C 5	C 5	C 5	C 5	C 5	C 6	C 6	C 6	C 6	C 6
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 16-1	0.69	0.69	0.65	0.77	0.73	0.65	0.77	0.65	0.69	0.65	0.77	0.81	0.73	0.85	0.77
C 16-2	0.54	0.54	0.58	0.69	0.58	0.73	0.85	0.58	0.62	0.73	0.69	0.65	0.73	0.69	0.77
C 16-3	0.58	0.58	0.62	0.73	0.62	0.77	0.73	0.62	0.58	0.69	0.58	0.62	0.77	0.65	0.65
C 16-4	0.65	0.65	0.69	0.73	0.69	0.85	0.81	0.69	0.73	0.85	0.73	0.77	0.69	0.65	0.73
C 16-5	0.77	0.77	0.73	0.77	0.73	0.58	0.77	0.73	0.77	0.73	0.69	0.73	0.73	0.77	0.77
RRIM 600-1	0.73	0.73	0.69	0.58	0.69	0.69	0.58	0.77	0.65	0.77	0.58	0.62	0.62	0.58	0.65
RRIM 600-2	0.73	0.73	0.77	0.65	0.77	0.69	0.73	0.85	0.73	0.69	0.65	0.69	0.77	0.58	0.73
RRIM 600-3	0.69	0.69	0.65	0.69	0.73	0.65	0.69	0.73	0.62	0.58	0.62	0.73	0.81	0.69	0.77
RRIM 600-4	0.77	0.77	0.81	0.69	0.81	0.65	0.77	0.88	0.77	0.73	0.77	0.81	0.73	0.62	0.85
RRIM 600-5	0.69	0.69	0.73	0.62	0.65	0.65	0.69	0.81	0.69	0.65	0.62	0.73	0.81	0.69	0.77

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้เคียงทิศทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 7	C 7	C 7	C 7	C 7	C 8	C 8	C 8	C 8	C 8	C 9	C 9	C 9	C 9	C 9	
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	
C 7-1	1.00															
C 7-2	0.77	1.00														
C 7-3	0.81	0.81	1.00													
C 7-4	0.73	0.81	0.77	1.00												
C 7-5	0.77	0.77	0.88	0.81	1.00											
C 8-1	0.81	0.73	0.85	0.69	0.81	1.00										
C 8-2	0.73	0.73	0.85	0.77	0.96	0.77	1.00									
C 8-3	0.77	0.69	0.81	0.73	0.77	0.96	0.73	1.00								
C 8-4	0.73	0.88	0.77	0.77	0.73	0.69	0.69	0.73	1.00							
C 8-5	0.73	0.81	0.77	0.92	0.81	0.69	0.77	0.65	0.69	1.00						
C 9-1	0.77	0.77	0.73	0.73	0.69	0.65	0.65	0.62	0.81	0.73	1.00					
C 9-2	0.58	0.73	0.69	0.77	0.73	0.77	0.69	0.73	0.69	0.77	0.81	1.00				
C 9-3	0.81	0.88	0.85	0.92	0.81	0.77	0.77	0.73	0.77	0.92	0.81	0.77	1.00			
C 9-4	0.69	0.77	0.73	0.81	0.69	0.81	0.73	0.77	0.65	0.81	0.69	0.81	0.88	1.00		
C 9-5	0.58	0.73	0.69	0.69	0.58	0.69	0.62	0.65	0.62	0.69	0.73	0.85	0.77	0.88	1.00	

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 7	C 7	C 7	C 7	C 7	C 8	C 8	C 8	C 8	C 8	C 9	C 9	C 9	C 9	C 9
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 10-1	0.65	0.65	0.62	0.69	0.58	0.62	0.62	0.65	0.69	0.62	0.81	0.69	0.69	0.65	0.69
C 10-2	0.65	0.88	0.69	0.69	0.65	0.77	0.69	0.73	0.77	0.69	0.65	0.77	0.77	0.88	0.85
C 10-3	0.77	0.77	0.81	0.73	0.77	0.88	0.81	0.85	0.65	0.73	0.62	0.73	0.81	0.92	0.81
C 10-4	0.85	0.77	0.88	0.73	0.85	0.81	0.81	0.77	0.81	0.73	0.77	0.65	0.81	0.69	0.58
C 10-5	0.54	0.62	0.58	0.65	0.69	0.50	0.65	0.46	0.65	0.65	0.77	0.73	0.65	0.54	0.58
C 11-1	0.81	0.73	0.85	0.85	0.81	0.69	0.77	0.73	0.77	0.77	0.65	0.62	0.77	0.65	0.62
C 11-2	0.65	0.81	0.77	0.69	0.81	0.62	0.77	0.58	0.85	0.69	0.73	0.69	0.69	0.58	0.62
C 11-3	0.85	0.69	0.73	0.81	0.85	0.73	0.81	0.77	0.65	0.73	0.62	0.58	0.73	0.62	0.50
C 11-4	0.50	0.58	0.62	0.62	0.65	0.62	0.62	0.58	0.54	0.62	0.73	0.85	0.62	0.65	0.77
C 11-5	0.65	0.65	0.69	0.77	0.81	0.62	0.77	0.58	0.62	0.85	0.73	0.69	0.77	0.65	0.54
C 12-1	0.73	0.73	0.92	0.69	0.81	0.92	0.77	0.88	0.69	0.69	0.65	0.77	0.77	0.81	0.77
C 12-2	0.73	0.73	0.85	0.85	0.96	0.77	0.92	0.81	0.77	0.77	0.65	0.69	0.77	0.65	0.54
C 12-3	0.81	0.81	0.92	0.85	0.96	0.85	0.92	0.81	0.77	0.85	0.73	0.77	0.85	0.73	0.62
C 12-4	0.77	0.62	0.58	0.81	0.62	0.73	0.58	0.77	0.65	0.73	0.69	0.73	0.73	0.77	0.65
C 12-5	0.69	0.69	0.81	0.81	0.77	0.81	0.73	0.85	0.65	0.73	0.54	0.73	0.73	0.77	0.73

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 7	C 7	C 7	C 7	C 7	C 8	C 8	C 8	C 8	C 8	C 9	C 9	C 9	C 9	C 9
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 13-1	0.65	0.73	0.77	0.92	0.88	0.69	0.85	0.73	0.77	0.85	0.73	0.77	0.85	0.73	0.62
C 13-2	0.69	0.92	0.88	0.73	0.77	0.73	0.73	0.69	0.88	0.73	0.77	0.73	0.81	0.69	0.73
C 13-3	0.65	0.58	0.77	0.62	0.73	0.77	0.69	0.73	0.62	0.62	0.58	0.69	0.62	0.65	0.62
C 13-4	0.81	0.65	0.85	0.77	0.81	0.69	0.77	0.73	0.77	0.69	0.73	0.62	0.69	0.58	0.54
C 13-5	0.58	0.65	0.77	0.85	0.73	0.62	0.69	0.65	0.69	0.77	0.65	0.69	0.77	0.65	0.62
C 14-1	0.69	0.77	0.73	0.81	0.77	0.65	0.73	0.62	0.81	0.81	0.85	0.81	0.81	0.69	0.65
C 14-2	0.73	0.88	0.77	0.77	0.81	0.77	0.77	0.73	0.85	0.77	0.73	0.77	0.77	0.65	0.62
C 14-3	0.69	0.85	0.81	0.73	0.77	0.65	0.73	0.62	0.88	0.73	0.77	0.73	0.73	0.62	0.65
C 14-4	0.65	0.81	0.69	0.77	0.73	0.62	0.69	0.65	0.92	0.69	0.73	0.69	0.69	0.58	0.54
C 14-5	0.50	0.73	0.62	0.69	0.65	0.69	0.62	0.73	0.77	0.62	0.65	0.85	0.62	0.65	0.69
C 15-1	0.42	0.58	0.62	0.69	0.58	0.62	0.54	0.65	0.62	0.69	0.65	0.85	0.62	0.65	0.77
C 15-2	0.77	0.77	0.88	0.81	1.00	0.81	0.96	0.77	0.73	0.81	0.69	0.73	0.81	0.69	0.58
C 15-3	0.58	0.65	0.69	0.77	0.65	0.77	0.62	0.81	0.69	0.77	0.65	0.77	0.77	0.81	0.69
C 15-4	0.73	0.73	0.69	0.77	0.65	0.54	0.62	0.50	0.69	0.77	0.88	0.77	0.77	0.65	0.77
C 15-5	0.73	0.73	0.85	0.85	0.81	0.69	0.77	0.65	0.77	0.85	0.81	0.77	0.85	0.73	0.69

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 7	C 7	C 7	C 7	C 7	C 8	C 8	C 8	C 8	C 8	C 9	C 9	C 9	C 9	C 9
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 16-1	0.85	0.77	0.81	0.81	0.69	0.65	0.65	0.62	0.73	0.81	0.85	0.65	0.88	0.77	0.73
C 16-2	0.77	0.62	0.65	0.73	0.62	0.81	0.58	0.85	0.73	0.65	0.77	0.73	0.73	0.77	0.65
C 16-3	0.65	0.58	0.62	0.77	0.65	0.69	0.62	0.73	0.69	0.69	0.73	0.77	0.69	0.73	0.62
C 16-4	0.73	0.81	0.77	0.85	0.73	0.85	0.69	0.81	0.69	0.85	0.73	0.85	0.92	0.96	0.85
C 16-5	0.54	0.77	0.73	0.73	0.62	0.58	0.58	0.62	0.81	0.73	0.77	0.73	0.73	0.62	0.73
RRIM 600-1	0.42	0.65	0.62	0.62	0.65	0.62	0.62	0.58	0.62	0.62	0.65	0.85	0.62	0.65	0.77
RRIM 600-2	0.58	0.73	0.69	0.77	0.81	0.62	0.77	0.58	0.69	0.77	0.73	0.77	0.77	0.65	0.62
RRIM 600-3	0.54	0.62	0.65	0.73	0.69	0.50	0.65	0.54	0.73	0.65	0.77	0.73	0.65	0.54	0.65
RRIM 600-4	0.62	0.77	0.73	0.81	0.77	0.65	0.73	0.62	0.73	0.81	0.85	0.88	0.81	0.69	0.73
RRIM 600-5	0.54	0.69	0.58	0.73	0.69	0.50	0.65	0.54	0.81	0.65	0.77	0.73	0.65	0.54	0.58

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้เคียงทิศทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 10	C 10	C 10	C 10	C 10	C 11	C 11	C 11	C 11	C 11	C 12	C 12	C 12	C 12	C 12	
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	
C 10-1	1.00															
C 10-2	0.62	1.00														
C 10-3	0.58	0.88	1.00													
C 10-4	0.65	0.65	0.77	1.00												
C 10-5	0.65	0.50	0.46	0.69	1.00											
C 11-1	0.54	0.62	0.73	0.81	0.58	1.00										
C 11-2	0.54	0.69	0.58	0.73	0.73	0.77	1.00									
C 11-3	0.65	0.58	0.69	0.69	0.54	0.81	0.65	1.00								
C 11-4	0.69	0.62	0.58	0.58	0.73	0.54	0.69	0.58	1.00							
C 11-5	0.69	0.54	0.58	0.73	0.73	0.62	0.69	0.73	0.77	1.00						
C 12-1	0.54	0.77	0.88	0.81	0.50	0.77	0.69	0.65	0.69	0.62	1.00					
C 12-2	0.62	0.62	0.73	0.81	0.65	0.85	0.77	0.88	0.62	0.77	0.77	1.00				
C 12-3	0.62	0.69	0.81	0.88	0.65	0.85	0.77	0.81	0.62	0.77	0.85	0.92	1.00			
C 12-4	0.65	0.65	0.69	0.62	0.54	0.73	0.58	0.77	0.65	0.65	0.65	0.65	0.65	1.00		
C 12-5	0.50	0.73	0.85	0.69	0.46	0.88	0.65	0.77	0.65	0.58	0.88	0.81	0.81	0.77	1.00	

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 10	C 10	C 10	C 10	C 10	C 11	C 11	C 11	C 11	C 11	C 12	C 12	C 12	C 12	C 12
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 13-1	0.69	0.62	0.65	0.73	0.73	0.77	0.77	0.81	0.69	0.85	0.69	0.92	0.85	0.73	0.73
C 13-2	0.65	0.81	0.69	0.77	0.62	0.73	0.88	0.62	0.65	0.65	0.81	0.73	0.81	0.54	0.69
C 13-3	0.38	0.62	0.73	0.73	0.65	0.77	0.69	0.58	0.62	0.54	0.85	0.69	0.77	0.65	0.81
C 13-4	0.62	0.54	0.65	0.81	0.58	0.92	0.77	0.81	0.62	0.69	0.77	0.85	0.85	0.73	0.81
C 13-5	0.62	0.54	0.58	0.65	0.73	0.77	0.69	0.65	0.62	0.69	0.69	0.77	0.77	0.65	0.73
C 14-1	0.65	0.65	0.62	0.77	0.77	0.73	0.81	0.62	0.65	0.73	0.65	0.73	0.81	0.69	0.62
C 14-2	0.69	0.77	0.65	0.73	0.65	0.69	0.85	0.73	0.62	0.69	0.69	0.77	0.85	0.65	0.65
C 14-3	0.58	0.73	0.62	0.77	0.69	0.81	0.96	0.62	0.65	0.65	0.73	0.73	0.81	0.62	0.69
C 14-4	0.69	0.69	0.58	0.81	0.73	0.77	0.85	0.65	0.62	0.69	0.62	0.77	0.77	0.65	0.65
C 14-5	0.69	0.77	0.65	0.65	0.65	0.62	0.69	0.58	0.77	0.62	0.69	0.69	0.69	0.65	0.73
C 15-1	0.69	0.62	0.58	0.58	0.65	0.62	0.62	0.50	0.85	0.69	0.69	0.62	0.62	0.65	0.73
C 15-2	0.58	0.65	0.77	0.85	0.69	0.81	0.81	0.85	0.65	0.81	0.81	0.96	0.96	0.62	0.77
C 15-3	0.69	0.69	0.73	0.73	0.58	0.62	0.54	0.58	0.69	0.77	0.77	0.69	0.69	0.73	0.73
C 15-4	0.69	0.62	0.58	0.65	0.73	0.77	0.77	0.65	0.77	0.69	0.62	0.62	0.69	0.73	0.65
C 15-5	0.62	0.62	0.65	0.81	0.73	0.85	0.85	0.65	0.69	0.77	0.77	0.77	0.85	0.73	0.73

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 10	C 10	C 10	C 10	C 10	C 11	C 11	C 11	C 11	C 11	C 12	C 12	C 12	C 12	C 12
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 16-1	0.65	0.65	0.69	0.77	0.62	0.81	0.73	0.69	0.65	0.73	0.73	0.65	0.73	0.77	0.69
C 16-2	0.73	0.65	0.69	0.69	0.54	0.65	0.58	0.69	0.65	0.65	0.73	0.65	0.65	0.92	0.69
C 16-3	0.62	0.62	0.65	0.65	0.58	0.69	0.62	0.65	0.69	0.69	0.69	0.69	0.69	0.88	0.73
C 16-4	0.62	0.85	0.88	0.73	0.58	0.69	0.62	0.65	0.69	0.69	0.85	0.69	0.77	0.81	0.81
C 16-5	0.73	0.65	0.54	0.62	0.62	0.65	0.73	0.54	0.65	0.65	0.65	0.65	0.65	0.54	0.62
RRIM 600-1	0.62	0.69	0.58	0.58	0.73	0.54	0.77	0.50	0.92	0.69	0.69	0.62	0.62	0.58	0.65
RRIM 600-2	0.69	0.62	0.58	0.73	0.81	0.62	0.77	0.65	0.77	0.85	0.62	0.77	0.77	0.58	0.58
RRIM 600-3	0.73	0.50	0.46	0.69	0.85	0.73	0.81	0.62	0.81	0.73	0.58	0.73	0.65	0.62	0.62
RRIM 600-4	0.81	0.65	0.62	0.77	0.85	0.65	0.73	0.62	0.81	0.81	0.65	0.73	0.81	0.62	0.62
RRIM 600-5	0.73	0.58	0.46	0.69	0.85	0.65	0.81	0.62	0.73	0.73	0.50	0.73	0.65	0.62	0.54

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 13	C 13	C 13	C 13	C 13	C 14	C 14	C 14	C 14	C 14	C 15	C 15	C 15	C 15	C 15	
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	
C 13-1	1.00															
C 13-2	0.73	1.00														
C 13-3	0.62	0.65	1.00													
C 13-4	0.77	0.73	0.77	1.00												
C 13-5	0.85	0.73	0.77	0.77	1.00											
C 14-1	0.81	0.77	0.65	0.73	0.73	1.00										
C 14-2	0.77	0.88	0.62	0.69	0.69	0.81	1.00									
C 14-3	0.73	0.92	0.73	0.81	0.73	0.85	0.88	1.00								
C 14-4	0.77	0.81	0.62	0.77	0.69	0.81	0.85	0.88	1.00							
C 14-5	0.69	0.73	0.62	0.62	0.62	0.73	0.77	0.73	0.85	1.00						
C 15-1	0.69	0.65	0.62	0.62	0.69	0.65	0.62	0.65	0.69	0.85	1.00					
C 15-2	0.88	0.77	0.73	0.81	0.73	0.77	0.81	0.77	0.73	0.65	0.58	1.00				
C 15-3	0.77	0.65	0.62	0.62	0.69	0.65	0.62	0.58	0.69	0.77	0.85	0.65	1.00			
C 15-4	0.69	0.73	0.62	0.77	0.69	0.81	0.69	0.81	0.69	0.62	0.69	0.65	0.54	1.00		
C 15-5	0.85	0.81	0.77	0.85	0.85	0.88	0.77	0.88	0.77	0.62	0.69	0.81	0.69	0.85	1.00	

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 13	C 13	C 13	C 13	C 13	C 14	C 14	C 14	C 14	C 14	C 15	C 15	C 15	C 15	C 15
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C 16-1	0.73	0.77	0.65	0.81	0.73	0.77	0.65	0.77	0.65	0.50	0.58	0.69	0.65	0.88	0.88
C 16-2	0.73	0.62	0.65	0.73	0.65	0.69	0.65	0.62	0.65	0.65	0.65	0.62	0.81	0.65	0.73
C 16-3	0.77	0.58	0.69	0.77	0.69	0.73	0.62	0.65	0.69	0.69	0.69	0.65	0.77	0.69	0.77
C 16-4	0.77	0.73	0.69	0.62	0.69	0.73	0.69	0.65	0.62	0.69	0.69	0.73	0.85	0.69	0.77
C 16-5	0.73	0.85	0.50	0.65	0.73	0.77	0.73	0.77	0.73	0.73	0.81	0.62	0.73	0.73	0.73
RRIM 600-1	0.69	0.73	0.62	0.54	0.62	0.73	0.69	0.73	0.69	0.85	0.85	0.65	0.69	0.69	0.69
RRIM 600-2	0.85	0.73	0.54	0.62	0.69	0.88	0.77	0.73	0.77	0.77	0.69	0.81	0.69	0.69	0.77
RRIM 600-3	0.81	0.69	0.58	0.73	0.73	0.77	0.65	0.77	0.81	0.73	0.81	0.69	0.65	0.81	0.81
RRIM 600-4	0.81	0.77	0.58	0.65	0.73	0.85	0.81	0.77	0.81	0.81	0.81	0.77	0.73	0.81	0.81
RRIM 600-5	0.81	0.69	0.50	0.65	0.65	0.85	0.73	0.77	0.88	0.81	0.73	0.69	0.65	0.73	0.73

ตารางภาคผนวกที่ 6 (ต่อ) ค่าดัชนีความใกล้เคียงทิศทางพันธกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมจำนวน 16 โคลน และพันธุ์ RRIM 600

	C 16	C 16	C 16	C 16	C 16	RRIM	RRIM	RRIM	RRIM	RRIM
	1	2	3	4	5	600-1	600-2	600-3	600-4	600-5
C 16-1	1.00									
C 16-2	0.77	1.00								
C 16-3	0.73	0.88	1.00							
C 16-4	0.81	0.81	0.77	1.00						
C 16-5	0.69	0.62	0.58	0.65	1.00					
RRIM 600-1	0.58	0.58	0.62	0.69	0.73	1.00				
RRIM 600-2	0.65	0.58	0.62	0.69	0.73	0.85	1.00			
RRIM 600-3	0.69	0.62	0.65	0.58	0.77	0.81	0.81	1.00		
RRIM 600-4	0.69	0.62	0.65	0.73	0.77	0.81	0.88	0.85	1.00	
RRIM 600-5	0.62	0.62	0.65	0.58	0.77	0.81	0.88	0.92	0.85	1.00

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ สกุล	นางสาวพันธ์ทิพย์ เสนอินทร์		
รหัสประจำตัวนักศึกษา	5710620036		
วุฒิการศึกษา			
วุฒิ	ชื่อสถาบัน	ปีที่สำเร็จการศึกษา	
วิทยาศาสตร์บัณฑิต (เกษตรศาสตร์)	มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์	2556	

ทุนการศึกษา (ที่ได้รับในระหว่างการศึกษา)

1. สถานวิจัยความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตรและทรัพยากรธรรมชาติ ระยะที่ 2
2. ทุนอุดหนุนวิจัยเพื่อวิทยานิพนธ์ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่

การตีพิมพ์เผยแพร่ผลงาน

พันธ์ทิพย์ เสนอินทร์, กรกช นาคคนอง และจรัสศรี นวลศรี. 2561. การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยางพาราพันธุ์ดั้งเดิมโดยใช้เครื่องหมายเอสเอสอาร์ และประเมินความทนทานต่อโรครากขาว. วารสารพืชศาสตร์สงขลานครินทร์ ปีที่ 5 ฉบับที่ 3 (กรกฎาคม-กันยายน 2561)