239051

ยางพาราเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญในอุตสาหกรรมการผลิตน้ำยางธรรมชาติ ซึ่งประเทศไทยเป็นผู้ผลิตและผู้ส่งออกยางพาราเป็นรายใหญ่ของโลก การศึกษานี้ได้วิเคราะห์พันธุกรรมของโคลนยางพาราที่ปลูกในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยด้วยเทคนิค arbitrarily primed-polymerase chain reaction (AP-PCR) จำนวน 75 โคลน นำความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอที่สังเคราะห์ได้จากไพรเมอร์จำนวน 11 ชนิด มาจัดกลุ่มด้วย UPGMA และ principal coordinate analysis และจากการศึกษาสภาวะที่เหมาะสมในการแยกแถบดีเอ็นเอของยีน *Hb rubber elongation factor (Elo), Hb putative C3HC4-type RING zinc finger protein (RING), Hb translationally controlled tumor protein (TCTP) และ HbTOM20 (TOM20)* ซึ่งมีรายงานว่ามีการแสดงออกของ mRNA ที่ต่างกันในต้นยางพาราปกติกับยางพาราที่แสดงอาการเปลือกแห้ง (Tapping Panel Dryness, TPD) ด้วย single-strand conformation polymorphism (SSCP) ร่วมกับโพลิอะคริลาไมด์เจลอิเล็กโตรโฟริซิส พบว่าสามารถแยกแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดตั้งแต่ 117 จนถึง 1,004 คู่เบส ของดีเอ็นเอที่มีปริมาณ GC ที่แตกต่างกันได้ ทำให้ทราบเครื่องหมายโมเลกุลที่จำเพาะต่อยีน *Elo, TCTP และ TOM20* ในโคลนยางพาราที่เป็นพันธุ์การค้า 6 พันธุ์ ได้แก่ RRIT251, BPM24, PB255, PB260, RRIC110 และ RRIM600 จากศูนย์วิจัยยางฉะเชิงเทรา ในการตรวจสอบโคลนยางพาราจากแปลงของเกษตรกรพบเครื่องหมายดีเอ็นเอจากยีน *HbTOM20* ที่ต่างจากโคลน RRIM600 ซึ่งเป็นพันธุ์ที่ได้รับความนิยมมากที่สุดและยังพบว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอดังกล่าวมีความแตกต่างกันระหว่างดีเอ็นเอจากส่วนกิ่งพันธุ์ (scion) กับต้นตอ (rootstock) ของยางพาราที่แสดงอาการเปลือกแห้ง

239051

Rubber tree (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) is an industrial crop for natural latex product that is very important in many industries. Thailand has been able to retain its top position in producing and exporting rubber. In this study, we have investigated the use of arbitrarily primed-polymerase chain reaction (AP-PCR) in revealing genetic diversity of seventy-five clones from the northeastern, Thailand. Using 11 arbitrary primers, both UPGMA cluster analysis and principal coordinate analysis based on genetic distance were created. We report the optimization of single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis together with polyacrylamide gel electrophoresis. The protocol developed seperates single-strand conformers from 117 to 1,004 bp of DNA containing different percentages of GC content. Novel SSCP markers specific to *Hb rubber elongation factor (Elo), Hb putative C3HC4-type RING zinc finger protein (RING), Hb translationally controlled tumor protein (TCTP)* and *HbTOM20 (TOM20)* regions, whose mRNA transcript levels were differentially expressed in latex of healthy and Tapping Panel Dryness (TPD) trees (Venkatachalam et al., 2007 and Li et al., 2010), were found in RRIT251, BPM24, PB255, PB260, RRIC110 amd RRIM600 rubber tree from Chacheongsao Rubber Research Center. The EST-PCR SSCP markers from *HbTOM20* could distinguish Para rubber clones planted in the farmer field from RRIM600 which is the most popular Para variety. The same markers also were able to identify the genetic differentiation among scion and stock of TPD clone.