ในการศึกษานี้ได้ใช้วิธี marker-assisted backcrossing โดยใช้ข้าวเจ้าพันธุ์ขาว ดอกมะลิ 105 ที่มีอัลลีล *Wx* เป็น "พันธุ์รับ" และข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 ที่มีอัลลีล *wx* เป็น "พันธุ์ให้" และใช้ Glu-23 เป็น target marker เพื่อคัดเลือกและจำแนกยีโนไทป์ของยีน *Wx* โดยที่อัลลีล *Wx* จะให้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาด 212 คู่เบส ส่วนในอัลลีล *wx* จะให้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาด 196 คู่เบส และใช้ SSR marker ที่ให้ความแตกต่างระหว่าง ข้าวเจ้าพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 กับข้าวเหนียวพันธุ์ กข 6 จำนวน 8 และ 14 ตำแหน่ง เป็น background marker เพื่อการคัดเลือกหาต้นที่มีจีโนมพันธุ์รับมากที่สุดในการผสมกลับครั้งแรกและครั้งที่สอง ตามลำดับ พบว่าสามารถคัดเลือกต้นที่เปอร์เซ็นต์จีโนมของพันธุ์รับที่มากที่สุดในการผสมกลับครั้งแรกได้จำนวน 1 ต้น เท่ากับ 75 เปอร์เซ็นต์ จาก 10 ต้น และในการ ผสมกลับครั้งที่สองได้จำนวน 1 ต้น เท่ากับ 93 เปอร์เซ็นต์ จาก 10 ต้น ซึ่งในการผสมกลับครั้งที่สองนี้ ยังเหลือ background marker อีก 1 ตำแหน่ง ซึ่งก็คือ SSR marker ตำแหน่ง RM 496 ที่ยังไม่เหมือนกับข้าวเจ้าพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 (พันธุ์รับ) ดังนั้น จึงใช้ SSR marker ตำแหน่งนี้ คัดเลือกหาต้นข้าวในรุ่น BC_2F_2 ที่มียีโนไทป์ของยีน *Wx* เป็น WxWx และ wxwx และมียีโนไทป์ในตำแหน่ง RM 496 เหมือนกับ ข้าวเจ้าพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 พบว่า สามารถสร้างสายพันธุ์ข้าวเจ้า WxWx และสายพันธุ์ข้าวเหนียว wxwx จากต้น BC_2F_2-88(2)-25(21)-18(4) ซึ่งเป็นข้าวสายพันธุ์คู่แฝดที่มีจีโนมในส่วนอื่นเหมือนกับข้าวเจ้าพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 ทั้งหมด ของการคัดเลือกด้วย background marker จำนวน 14 ตำแหน่ง

จากการทดสอบผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตระหว่างข้าวสายพันธุ์ WxWx และ wxwx ซึ่งเป็นสายพันธุ์คู่แฝดใน 2 สภาพแวดล้อม พบว่า ลักษณะค่าเฉลี่ยของผลผลิตและลักษณะองค์ประกอบผลผลิตในแต่ละสภาพแวดล้อมรวมทั้งความแปรปรวนรวมที่วิเคราะห์จากทั้ง 2 สภาพแวดล้อม ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ แสดงให้เห็นว่าอัลลีล *Wx* และอัลลีล *wx* ที่มีอยู่ในข้าวสายพันธุ์คู่แฝด ไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะผลผลิตของข้าว ดังนั้น วิธีการนี้จึงสามารถที่จะนำมาประยุกต์ใช้ในการผสมกลับเพื่อถ่ายทอดอัลลีล *wx* ไปยังข้าวเจ้าพันธุ์ต่างๆ ซึ่งให้ผลผลิตสูงเพื่อสร้างข้าวเหนียวพันธุ์ใหม่ๆ ที่ให้ผลผลิตสูงได้ในระยะเวลาอันสั้น

In this study, marker-assisted backcrossing method was used with KDML105 that carried *Wx* allele as 'recipient' parent and RD6, a glutinous rice variety that had *wx* allele as 'donor ' parent. Glu-23 was utilized as a target marker to select and classify genotype of *Wx* gene with *Wx* allele giving DNA banding size of 212 bp while for *wx* allele, DNA banding a size of 196 bp. In addition, SSR markers that provided differences between KDML 105 and RD6 at 8 and 14 loci served as background marker to allow the selection of plant with highest genome of donor plant in the first and second backcrossing, respectively. Results showed that one plant (out of ten plants) was observed to have the highest genome percentage of donor parent during the first backcrossing, as equivalent to 75% s. In the second backcrossing, another plant was selected from ten plants (93%). Meanwhile, since 1 locus of background marker (RM 496) was found to be different from KDML105 (donor), thus SSR marker at this locus was then used for selecting plants in the BC_2F_2 generation that had genotype of gene *Wx* as WxWx and wxwx and genotype of RM 496 similar to KDML105. Further results showed that this gene was capable of creating non-glutinous (WxWx) and glutinous (wxwx) lines from BC_2F_2-88(2)-25(21)-18(4), a rice plant which was found to be similarly isogenic with KDML105 in all the selection process of 14 loci as background marker.

In test comparison of the yield and yield components between WxWx and wxwx lines, which were isogenic lines in two types of environmental conditions, results showed that average yield and yield components in each environmental condition were not significantly different from each other thus indicating that *Wx* and *wx* alleles in isogenic lines had no effect towards rice yield. In conclusion therefore, this method can be used in backcrossing for *wx* allelle inheritance to other lines in order to produce new line of glutinous rice with higher yield at a shorter period of time than in conventional backcrossing.