บทคัดย่อ

179922

ประเทศไทยเป็นส่วนหนึ่งของศูนย์กลางความหลากหลายของข้าวปลูก ในประเทศไทยพบข้าวป่าสามัญ (common wild rice, *Oryza rufipogon* Griff.) ซึ่งเป็นบรรพบุรุษของข้าวปลูกเอเชีย (*O. sativa* L.) และถือว่าเป็นแหล่งพันธุกรรมสำคัญในงานปรับปรุงพันธุ์ข้าว การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมทั้งภายในและระหว่างประชากรข้าวป่าสามัญ และศึกษาความสัมพันธ์ของประชากรข้าวป่าสามัญโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและในระดับโมเลกุล เก็บตัวอย่างประชากรข้าวป่าจากสภาพธรรมชาติ และตามบริเวณขอบแปลงข้าวปลูก จำนวน 12 ประชากร จากภาคเหนือ ภาคกลาง และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดยนำมาปลูกในกระถาง ที่ภาควิชาพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ระหว่างเดือนมีนาคม 2547 ถึงเดือน ธันวาคม 2548 บันทึกลักษณะทางคุณภาพและลักษณะทางปริมาณในระยะการเจริญเติบโตต่างๆ และเก็บตัวอย่างใบมาวิเคราะห์ความหลากหลายด้วยเทคนิคเครื่องหมายโมเลกุลโดยใช้ microsatellite markers จำนวน 7 ตำแหน่ง

จากการศึกษาความหลากหลายระหว่างประชากร 12 ประชากรในลักษณะสัณฐานวิทยา พบว่าแบ่งข้าวป่าสามัญออกเป็น 3 ชนิดคือ 1. ข้าวป่าชนิดข้ามปีประกอบด้วยประชากรจากจังหวัดเชียงใหม่ ลำพูน ตาก พิษณุโลก สุโขทัย พิจิตร ชัยนาท และสกลนคร ซึ่งมีลักษณะแตกกอมาก รวงใหญ่ เกสรตัวผู้ขนาดใหญ่ ติดเมล็ดน้อย หลังจากออกดอกสามารถเจริญเติบโตต่อไปได้ ชนิดที่ 2.

179922

ข้าวป่าชนิดปีเดียว ประกอบไปด้วยประชากรจากเพชรบูรณ์ และกาญจนบุรี มีลักษณะลำต้นเล็ก แตกกอน้อย ออกดอกเร็วกว่าชนิดแรก เกสรตัวผู้ขนาดเล็ก ติดเมล็ดมาก เมื่อออกดอกแล้วต้นจะตาย และ 3. ข้าวป่าชนิด spontanea form ประกอบด้วยประชากรจากนครนายก 1 และ 2 พบบางรวงเมล็ดไม่ร่วง และบางเมล็ดไม่หางหรือมีหางสั้น ลักษณะส่วนใหญ่เหมือนกับข้าวปลูกไปจนถึงเหมือนข้าวป่า

ส่วนในระดับโมเลกุลพบความหลากหลายระหว่างประชากรพบโดยมีค่า H_T = 0.225, H_S = 0.128 และมีค่าความแตกต่างระหว่างประชากร (G_{ST}) รวมทั้ง 12 ประชากรมีค่าเท่ากับ 0.430 ซึ่งหมายถึงข้าวป่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมระในดับ DNA โดยเฉลี่ยความแตกต่างที่เกิดขึ้นทั้งหมดเป็นผลมาจากความแตกต่างระหว่างต้นภายในประชากร (57%) มากกว่าความแตกต่างระหว่างประชากร (43%) นอกจากนี้เมื่อนำเอาลักษณะทางคุณภาพทั้งหมดมาวิเคราะห์รวมกันในแต่ละประชากรพบว่าดัชนีความหลากหลาย (Shannon-Weaver Index, *H'*) มีค่าอยู่ระหว่าง 1.310 – 2.844 ประชากรจากกาญจนบุรีมีค่าดัชนีความหลากหลายน้อยที่สุด และประชากรนครนายก 2 มีค่าดัชนีความหลากหลายสูงที่สุด เช่นเดียวกับการศึกษาในระดับโมเลกุลพบว่าประชากรจากจังหวัดตากมีความหลากหลายภายในประชากรต่ำที่สุด (h = 0.081 และ %p = 25.81) และสูงที่สุดคือประชากรจากจังหวัดนครนายก 1 (h = 0.157 และ %p = 59.40) ส่วนความสัมพันธ์ของประชากรในระดับโมเลกุลพบว่าแบ่งออกได้เป็น 2 กลุ่ม โดยกลุ่มแรกได้แก่ประชากรข้าวป่าจากจังหวัดเชียงใหม่ ลำพูน สกลนคร พิษณุโลก พิจิตร ชัยนาท สุโขทัย เพชรบูรณ์ นครนายก กาญจนบุรี ซึ่งมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูง มีค่าระหว่าง 0.04-0.15 และจังหวัดตากมีความห่างทางพันธุกรรมจากประชากรข้าวป่าข้างต้น มีค่าระหว่าง 0.14-0.28

จากการศึกษาพบข้าวป่ามีความหลากหลายทั้งภายในและระหว่างประชากร จากข้อมูลด้านความหลากหลายใช้เป็นแนวทางในการตัดสินใจเลือกพื้นที่อนุรักษ์ไว้ในสภาพธรรมชาติ (*in situ*) อีกทั้งเป็นเครื่องมือช่วยในการพิจารณาจำนวนตัวอย่างที่จะเก็บมาอนุรักษ์นอกสภาพธรรมชาติ (*ex situ*) เพื่อใช้เป็นแหล่งของความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สามารถนำไปใช้ในงานปรับปรุงพันธุ์ข้าวในอนาคต

Thailand lies in the center of diversity for cultivated rice (*Oryza sativa* L.). Common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) is wild ancestor of cultivated rice and plays an important role as genetic sources for rice breeding. The objective of this study was to assess genetic diversity within and among common wild rice populations and relationship among them. Twelve common wild rice populations were collected from natural habitats and near rice fields. Each population was separately grown in clay pots. Experiment was carried out at Agronomy Department, Faculty of Agriculture, Chiang Mai University during March 2004 to December 2005.

Morphological characters were recorded at tillering, flowering and maturity stages. At tillering, leaf samples were collected individually for DNA analysis using 7 microsatellite markers. The results show that common wild rice populations were separated into three groups by using morphological characters. The first type was perennial type, consisted of common wild rice collected from Chiang Mai, Lumphun, Tak, Phitsanulok, Sukhothai, Phichit, Chainat and Sakhon Nakhon provinces with more tillers, open panicle, large anther, more seed sterility and higher regeneration ability. The second type was annual – intermediate type consisted of common wild rice collected from Phetchabun and Kanchanaburi. They had small tiller, early flowering, small anther, higher seed set and less regeneration ability than the first type. The third type was spontanea form consisted of populations collected from Nakhonnayok 1 and 2. Their morphological characters varied between crop rice and wild rice. Molecular analysis using 7 microsatellite loci showed that genetic diversity among common wild rice populations for all populations were $H_T = 0.225$, $H_S = 0.128$ and genetic differentiation among populations (G_{ST}) was 0.424 indicated that 57% of genetic variability existed among individual in population and 43% was among populations. Morphological diversity were analyzed for each individual populations, the results show that Shannon-Weaver Index (H') was between 1.310 to 2.844. The highest variation was found in Nakhonnayok 2 population and the lowest in Kanchanaburi population. Molecular analysis indicated that the lowest genetic diversity within population was Tak province population (h = 0.081 and %p = 25.81) and the highest was Nakhonnayok 1 (h = 0.157 and %p = 59.40). Genetic relationship among 12 common wild rice populations was separated into two groups. The first group consisted of common wild rice collected from Chiang Mai, Lumphun, Phitsanulok, Sukhothai, Phichit, Phetchabun, Chainat Nakhonnayok 1, Nakhonnayok 2, Sakhon Nakhon and Kanchanaburi genetic distance among these populations ranged from 0.04 to 0.15. The second group was common wild rice collected from Tak province, genetic distance was 0.14-0.28 from other populations in the previous group.

Common wild rice populations show high genetic diversity both within and among populations. Information of genetic diversity found in this study can inform decisions to conserve populations in natural habitat (*in situ*) and determine how sampling may be made for conservation out of natural habitat (*ex situ*) for genetic resource in rice breeding program in the future.