การศึกษาความหลากหลาย ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของไผ่ทั้ง 26 ชนิด ด้วยเครื่องหมายเอเอฟแอลพี พบไพรเมอร์ 14 คู่ ที่สามารถเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอได้ดี ให้แถบดีเอ็นเอที่ชัดเจน และแสดงความแตกต่างของไผ่แต่ละชนิด โดยพบจำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 642 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่เหมือนกัน 12 แถบ และแถบดีเอ็นที่แตกต่างกัน 630 แถบ จำนวนแถบดีเอ็นเอเฉลี่ยต่อคู่ไพรเมอร์มีค่าเท่ากับ 45.86 แถบ เมื่อคิดเป็นสัดส่วนค่าโพลิมอร์ฟิซึมที่เกิดขึ้นมีค่าเท่ากับ 98.13 เปอร์เซ็นต์ แสดงว่ากลุ่มไผ่ที่ศึกษามีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง เมื่อนำข้อมูลแถบดีเอ็นเอมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA สามารถแบ่งกลุ่มของไผ่ที่ศึกษาได้ 5 กลุ่ม สามารถอธิบายความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่าง ไผ่ปล้องยาว ไผ่มันหมู ไผ่เลี้ยงมัน และไผ่กระแสน ซึ่งยังไม่มีการกำหนดชื่อวิทยาศาสตร์ โดยทั้งสี่ชนิดมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับไผ่รวก (*Thyrsostachys siamensis*) ไผ่ชางนวล (*Dendrocalamus membranaceus*) ไผ่เลี้ยง (*Bambusa multiplex*) และไผ่ซ้าวหลาม (*Cephalostachyum pergracile*) และเมื่อวิเคราะห์หาจำนวนแถบดีเอ็นเอจำเพาะ ที่ปรากฏในแต่ละคู่ไพรเมอร์ของไผ่แต่ละชนิด พบว่าคู่ไพรเมอร์ E-AAC/M-CAA E-ACC/M-CTT และ E-AGG/M-CTC ปรากฏแถบดีเอ็นเอจำเพาะมากที่สุด โดยไผ่ที่ให้แถบดีเอ็นเอจำเพาะมากที่สุด คือไผ่ไร่ (*Gigantochloa albociliata*) ซึ่งข้อมูลดังกล่าวสามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลสนับสนุนและพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล เพื่อช่วยในการจัดจำแนกชนิดพันธุ์ไผ่ต่อไป

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรไผ่ป่า (*Bambusa bambos*) 9 ประชากร โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 9 ตำแหน่ง พบว่ามีจำนวนอัลลีลทั้งหมด 55 รูปแบบ ที่ให้ความแตกต่างทางพันธุกรรม จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตำแหน่งทั้งหมดเท่ากับ 6.11 ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกต (H_o) และค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากค่าคาดหมาย (H_e) เฉลี่ยทุกประชากรมีค่าเท่ากับ 0.294 และ 0.369 ตามลำดับ โดยประชากรไผ่ป่าจังหวัดสระแก้วมีค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกตและค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากค่าคาดหมายมากที่สุด (0.333 และ 0.440) ค่าเปอร์เซ็นต์โพลีมอร์ฟิกเฉลี่ยทุกประชากรและค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (F_{st}) พบว่ามีค่าเท่ากับ 76.54 และ 0.2432 แสดงให้เห็นว่าประชากรไผ่ป่าที่ศึกษามีความหลากหลายทางพันธุกรรมและความแตกต่างทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง จากผลการศึกษาดังกล่าว สามารถนำไปใช้เป็นแนวทางในการพิจารณาคัดเลือกวิธีการที่เหมาะสมต่อการอนุรักษ์แหล่งพันธุกรรมของไผ่ป่าทั้งในถิ่นและนอกถิ่นกำเนิดได้

The genetic diversity, relationship and DNA fingerprinting of 25 species of bamboos were investigated using AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) markers. After preliminary screening of 64 primer pairs, 14 primer pairs were selected as the suitable primer pairs for successful DNA amplification. In total 642 putative loci were scored. The percentage of polymorphic loci was 98.13, which indicates a high level of genetic diversity among the investigated species. The average number of DNA bands per primer pair was 45.86. The following primer combinations: E-AAC/M-CAA, E-ACC/M-CTT and E-AGG/ M-CTC produced the highest number of unique DNA banding patterns. The similarity index and cluster analysis (UPGMA) of the investigated bamboo species were carried out using NTSYS-pc version 2.01e program. The results showed that investigated species were clustered into five groups. The four unknown species, which were named as Paipongyoa, Paimanmoo, Paileangman and Paikrasan were closely associated with Pairuak (*Thyrsostachys siamensis*), Paishangnuan (*Dendrocalamus membranaceus*), Paileang (*Bambusa multiplex*) and Paikhaolam (*Cephalostachyum pergracile*), respectively. Eighteen species displayed some unique banding patterns. Pairai (*Gigantochloa albociliata*) had the highest number of unique DNA bands. These results indicate that AFLP markers may be a useful for identification of the bamboo species in the future.

Genetic diversity of nine natural populations of Paipa (*Bambusa bambos*) in Thailand was estimated using nine microsatellite loci. High level of polymorphism was observed across all populations. The average number of alleles per locus, observed heterozygosity and expected heterozygosity at all loci were 6.11, 0.294 and 0.369, respectively. Sa Kaeo province population had the highest observed and expected heterozygosity (0.333 and 0.440). Population differentiation estimate (F_{st}) was rather high (0.2432.). Based on the obtained results, the criteria for *in situ* and *ex situ* gene conservation of *B. bambos* were suggested.