

รังสัน หล้าพรหม 2549: การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของไผ่บางชนิดในประเทศไทย โดยใช้เครื่องหมายเออฟแอลพีและไมโครแซทเทลไลท์ ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

(พันธุวิเคราะห์) สาขานักวิศวกรรม โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา ประธานกรรมการ
ที่ปรึกษา: อาจารย์สุจิตรา จางตะภูกล, D.F. 97 หน้า

ISBN 974-16-2361-5

การศึกษาความหลากหลาย ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของไผ่ทั้ง 26 ชนิด ด้วยเครื่องหมายเออฟแอลพี พบริเพรเมอร์ 14 คู่ ที่สามารถเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอได้ดี ให้ແບນดีเอ็นเอที่ชัดเจน และแสดงความแตกต่างของไผ่แต่ละชนิด โดยพบจำนวนแอบดีเอ็นเอทั้งหมด 642 ແຄນ เป็นແບນดีเอ็นเอ ที่เหมือนกัน 12 ແຄນ และແບນดีเอ็นที่แตกต่างกัน 630 ແຄນ จำนวนແບນดีเอ็นเอเฉลี่ยต่อคู่ไฟริเพรเมอร์มีค่าเท่ากับ 45.86 ແຄນ เมื่อคิดเป็นสัดส่วนค่าโพลิมอร์ฟิกซึ่งที่เกิดขึ้นมีค่าเท่ากับ 98.13 ເປົ່ອຮັ້ງຕົວ แสดงว่ากลุ่มไผ่ที่ศึกษา มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง เมื่อนำเข้ามูลແບນดีเอ็นเอมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและจัดกลุ่ม ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA สามารถแบ่งกลุ่มของไผ่ที่ศึกษาได้ 5 กลุ่ม สามารถอธิบาย ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่าง ไผ่ปล้องยาว ไผ่นันหมู ไผ่เลี้ยงมัน และไผ่กระแสน ซึ่งยังไม่มีการกำหนด ชื่อวิทยาศาสตร์ โดยทั้งสี่ชนิดมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับไผ่ราก (*Thyrsostachys siamensis*) ไผ่ชางนวล (*Dendrocalamus membranaceus*) ไผ่เลี้ยง (*Bambusa multiplex*) และไผ่ข้าวหลาม (*Cephalostachyum pergracile*) และเมื่อวิเคราะห์หาจำนวนแอบดีเอ็นเอจำเพาะ ที่ปรากฎในแต่ละคู่ไฟริเพรเมอร์ของไผ่แต่ละชนิด พบร่วมคู่ไฟริเพรเมอร์ E-AAC/M-CAA E-ACC/M-CTT และ E-AGG/M-CTC ปรากฎແບນดีเอ็นเอจำเพาะมากที่สุด โดยไผ่ที่ให้ແບນดีเอ็นเอ จำเพาะมากที่สุด คือไผ่ไร่ (*Gigantochloa albociliata*) ซึ่งมีมูลดังกล่าวสามารถนำมาระบบเป็นข้อมูลสนับสนุนและ พัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล เพื่อช่วยในการจัดจำแนกชนิดพันธุ์ไผ่ต่อไป

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรไผ่ป่า (*Bambusa bambos*) 9 ประชากร โดยใช้ เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 9 ตำแหน่ง พบร่วมจำนวนอัลลีลทั้งหมด 55 รูปแบบ ที่ให้ความแตกต่าง ทางพันธุกรรม จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตัวตำแหน่งทั้งหมดเท่ากับ 6.11 ค่าເຊເທໂຣໃໂໂກຊີຕີຈາກກາຮັງເກຕ (H_u) ແລະ ค่าເຊເທໂຣໃໂໂກຊີຕີຈາກຄ່າຄາດໝາຍ (H_s) ເລື່ອຖຸກປະຫຍາມມີค่าเท่ากับ 0.294 ແລະ 0.369 ຕາມລຳດັບ ໂດຍປະຫາກ ໄປປ່າຈັງຫວັດສະແດງມີຄ່າເຊເທໂຣໃໂໂກຊີຕີຈາກກາຮັງເກຕ ແລະ คາເຊເທໂຣໃໂໂກຊີຕີຈາກຄ່າຄາດໝາຍມາກທີ່ສຸດ (0.333 ແລະ 0.440) ຄ່າເປົ່ອຮັ້ງຕົວໂພລິມອຣິຟິກເລື່ອທຸກປະຫາກ ແລະ ຄ່າຄວາມແຕກຕ່າງทางพันธุกรรมระหว่างປະຫາກ (F_{st}) ພບວ່າມີຄ່າเท่ากับ 76.54 ແລະ 0.2432 ແສດໃຫ້ເຫັນວ່າປະຫາກໄປປ່າທີ່ศຶກຂາມມີຄວາມหลากหลายทางพันธุกรรมและ ຄວາມແຕກຕ່າງทางพันธุกรรมຄ່ອນຂັງສູງ ຈາກຜລກກາຮັງຕົກຂາດັ່ງກ່າວ ສາມາດນຳໄປໃຫ້ເປັນແນວທາງໃນການພິຈາລະນາ ດັດເລືອກວິທີກາຮັງຕົກທີ່ເໜາະສົມຕ່ອກອຸນຸກຍັງແລ້ວພັນຫຼຸກຮົມຂອງໄປປ່າທີ່ໃນລື່ນແລະນອກລື່ນກຳນົດໄດ້

Rungsun Laphom 2006: Evaluation of Genetic Diversity of Some Bamboos in Thailand
Using AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) and Microsatellite Markers.
Master of Science (Genetic Engineering), Major Field: Genetic Engineering, Interdisciplinary
Graduate Program. Thesis Advisor: Ms. Suchitra Changtragoon, D.F. 97 pages.
ISBN 974-16-2361-5

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.

Student's signature

Thesis Advisor's signature