

สรุป

1. การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไผ่ชนิดต่าง ๆ

การศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม โดยเครื่องหมายเอเอฟแอฟพี พบไพรเมอร์ที่เหมาะสมจำนวน 14 คู่ ให้แถบดีเอ็นเอจำนวนทั้งหมด 642 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่เหมือนกัน 12 แถบ และแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันจำนวน 630 แถบ จำนวนแถบดีเอ็นเอเฉลี่ยต่อคู่ไพรเมอร์มีค่าเท่ากับ 45.86 แถบ เมื่อคิดเป็นสัดส่วนค่าโพลิมอร์ฟิซึมที่เกิดขึ้นมีค่าสูงถึง 93.13 เปอร์เซ็นต์ แสดงว่ากลุ่มไผ่ที่ทำการศึกษามีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง

รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้จากไพรเมอร์ 14 คู่ มีรูปแบบที่แตกต่างกัน เมื่อวิเคราะห์หาจำนวนแถบดีเอ็นเอจำเพาะที่ปรากฏในแต่ละคู่ไพรเมอร์ของไผ่แต่ละชนิดจากทั้งหมด 26 ชนิด โดยพบว่าคู่ไพรเมอร์ที่ปรากฏแถบดีเอ็นเอจำเพาะมากที่สุดได้แก่คู่ไพรเมอร์ E-AAC/M-CAA, E-ACC/M-CTT และ E-AGC/M-CTC ให้จำนวนแถบดีเอ็นเอจำเพาะจำนวน 4 แถบ และไผ่ที่ปรากฏแถบดีเอ็นเอจำเพาะมีจำนวน 18 ชนิด และไม่ปรากฏ 8 ชนิด โดยชนิดไผ่ที่ให้แถบดีเอ็นเอจำเพาะมากที่สุด คือไผ่ไร่ (*Gigantochloa albociliata*) พบจำนวน 4 แถบ ข้อมูลดังกล่าวสามารถนำมาช่วยสนับสนุนการจัดจำแนกชนิดพันธุ์ไผ่ได้ในอนาคต

อย่างไรก็ตาม ในการศึกษาแถบดีเอ็นเอจำเพาะต่อชนิดพันธุ์สำหรับไผ่แต่ละชนิดนั้น จะต้องมีการศึกษาและทดลอง โดยใช้ตัวอย่างต่อชนิดพันธุ์ไผ่ในจำนวนที่มากขึ้น ซึ่งตัวอย่างที่นำมาศึกษาจะต้องมาจากแหล่งกระจายพันธุ์หลาย ๆ แหล่ง แล้วนำแถบดีเอ็นเอจำเพาะนั้นมาหาลำดับเบสเพื่อพัฒนาแถบดีเอ็นเอที่จำเพาะที่สัมพันธ์กับชนิดพันธุ์ไผ่แต่ละชนิดและมีประสิทธิภาพต่อการใช้ประโยชน์อย่างแท้จริง และในการศึกษาความใกล้ชิดทางพันธุกรรมที่มีประสิทธิภาพนั้น ควรมีการศึกษาทางด้านพฤกษศาสตร์ควบคู่กันไป

การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยวิธี UPGMA แสดงผลในรูปแบบของ phylogenetic tree พบว่า สามารถแบ่งกลุ่มของไผ่ออกเป็น 5 กลุ่ม ตามความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ปรากฏ ดังนี้ กลุ่มแรกประกอบไปด้วย (1) ไผ่บงดำ (*Bambusa tulda*) (9) ไผ่หวาน (*B. sp.*) (17) ไผ่หลอด (*Neohouzeaua mekongensis*) (4) ไผ่ป่า (*B. bambos*) (7) ไผ่สีทอง (*Schizostachyum brachycladum*) (23) ไผ่น้ำเต้า (*B. vulgaris* Shrader cv. Wamin (Brandis)) (12) ไผ่กำยาน (*B. vulgaris* (Green variety)) (24) ไผ่ผาก (*Gigantochloa densa*) (16) ไผ่เพ็ก (*Vietnamosasa pusilla*) และ (20) ไผ่สีสุก (*B. blumeana*)

กลุ่มที่สองประกอบด้วย (2) ไผ่รวกดำ (*Thyrsostachys oliveri*) (5) ไผ่รวก (*T. siamensis*) (14) ไผ่ปล้องยาว (11) ไผ่ชางนวล (*Dendrocalamus membranaceus*) (19) ไผ่มันหมู (15) ไผ่เลี้ยง (*Bambusa multiplex*) (21) ไผ่เลี้ยงมัน (22) ไผ่ไร่ (*Gigantochloa albociliata*) (6) ไผ่ตง (*D. asper*) (13) ไผ่ตงพันธุ์ศรีปราชญ์ (*D. asper*) และ (10) ไผ่บงใหญ่ (*D. brandisii*) กลุ่มที่สามประกอบด้วย (25) ไผ่ล้ามะลอก (*Bambusa longispiculata*) กลุ่มที่สี่ในกลุ่มนี้ประกอบไปด้วย (3) ไผ่ข้าวหลาม (*Cephalostachyum pergracile*) และ (26) ไผ่กระแสน และกลุ่มที่ห้าในกลุ่มนี้ประกอบไปด้วย (8) ไผ่เหลือง (*Bambusa vulgaris* Shrader ex. H. Wendland) และ (18) ไผ่หก (*Dendrocalamus hamiltonii*)

จากการศึกษาแสดงให้เห็นว่าเทคนิคเอเอฟแอลพีมีศักยภาพที่จะนำมาใช้เป็นเครื่องหมายในการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างไผ่แต่ละชนิดและจากข้อมูลดังกล่าวยังสามารถนำมาประยุกต์ใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานเพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไผ่แต่ละชนิด รวมทั้งการวางแผนอนุรักษ์และพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ไผ่ชนิดต่าง ๆ ได้ในอนาคต

2. ความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรไผ่ป่า

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรไผ่ป่า 9 ประชากร โดยเครื่องหมาย ไมโครแซทเทลไลท์ 9 ตำแหน่ง พบว่ามีจำนวนอัลลีลทั้งหมด 55 รูปแบบ ที่ให้ความแตกต่างทางพันธุกรรม แสดงรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่เป็นทั้งแบบโมโนมอร์ฟิกและโพลิมอร์ฟิกมีค่าจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตำแหน่ง 6.11 ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกตและค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากค่าคาดหวังของประชากรไผ่ป่ามีค่าใกล้เคียงกัน โดยประชากรไผ่ป่าจังหวัดสระแก้ว กาญจนบุรี 1 (อ. บ่อพลอย) และ สุราษฎร์ธานี มีค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกตมากที่สุด (0.333 0.332 และ 0.318 ตามลำดับ) และประชากรจังหวัดกาญจนบุรี 3 (อ. ทองผาภูมิ) มีค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกตต่ำที่สุด (0.263) ค่าเฉลี่ยทุกประชากรมีค่าเท่ากับ 0.294 ส่วนค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากค่าคาดหวัง ซึ่งเป็นค่าที่แสดงถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมพบที่ประชากรไผ่ป่าจังหวัดสระแก้วมีค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากค่าคาดหวังมากที่สุด (0.440) และประชากรไผ่ป่าจังหวัดกาญจนบุรี 3 (อ. ทองผาภูมิ) มีค่าเฮเทอโรไซโกซิตีจากค่าคาดหวังต่ำที่สุด (0.314) ค่าเฉลี่ยทุกประชากรมีค่าเท่ากับ 0.369 โดยประชากรส่วนใหญ่มีแนวโน้มที่มีความถี่จีโนไทป์อยู่ในสมดุสฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก และทุกประชากรมีค่าเปอร์เซ็นต์โพลิมอร์ฟิกสูง (66.67-88.89%) โดยเฉลี่ยทุกประชากรเท่ากับ 76.54% แสดงให้เห็นว่าประชากรไผ่ป่าที่ศึกษามีความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรค่อนข้างสูง ดังนั้นประชากรไผ่ป่าในพื้นที่จังหวัดสระแก้ว เป็นพื้นที่ที่ควรทำการอนุรักษ์ทั้งในถิ่นกำเนิด (*in situ* conservation) ส่วนประชากรไผ่ป่าในพื้นที่จังหวัดลำปาง กาญจนบุรี 1 (อ. บ่อพลอย) และสุราษฎร์ธานี เป็นพื้นที่ที่ควรทำการอนุรักษ์ ทั้งในถิ่น

กำเนิด (*in situ* conservation) และนอกถิ่นกำเนิด (*ex situ* conservation) เพื่อใช้เป็นแหล่งพันธุกรรมของไผ่ป่า สำหรับการใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืนต่อไป

จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรไผ่ป่า 9 ประชากร เมื่อนำมาจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรของไผ่ป่าที่นำมาศึกษาสามารถแบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยประชากรจังหวัดกาญจนบุรี 1 (อ. บ่อพลอย) จังหวัดกาญจนบุรี 2 (อ. ไทรโยค) จังหวัดกาญจนบุรี 3 (อ. ทองผาภูมิ) และจังหวัดสุราษฎร์ธานี ส่วนกลุ่มที่สองประกอบไปด้วยประชากรจังหวัดเชียงใหม่และจังหวัดลำปาง กลุ่มที่สามประกอบด้วยจังหวัดอุบลราชธานี และกลุ่มที่สี่ประกอบไปด้วยจังหวัดเลยและจังหวัดสระแก้ว ซึ่งผลการจัดกลุ่มที่ได้มีบางประชากรที่ไม่สอดคล้องกับถิ่นกำเนิดและสภาพภูมิศาสตร์

ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมภายในประชากร (F_{is}) ค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรทั้งหมด (F_{it}) และค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (F_{st}) ของไผ่ป่าเฉลี่ยทุกตำแหน่งมีค่าเท่ากับ 0.2060 0.4007 และ 0.2432 ตามลำดับ เมื่อพิจารณาค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (F_{st}) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.2432 แสดงให้เห็นว่าประชากรแต่ละแหล่งมีความแตกต่างทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง