

ราตรี อยู่ยืน 2556: การประเมินความหลากหลายและโครงสร้างทางพันธุกรรมของไม้พะยุง (*Dalbergia cochinchinensis* Pierre) โดยใช้ข้อมูลดีเอ็นเอของคลอโรพลาสต์จีโนม ปรินญาวิทยา ศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาศาสตร์ชีวภาพป่าไม้) สาขาวิทยาศาสตร์ชีวภาพป่าไม้ ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: อาจารย์สุธีร์ ดวงใจ, Dr.rer.nat. 100 หน้า

พะยุง (*Dalbergia cochinchinensis* Pierre) เป็นไม้ยืนต้นที่มีคุณค่าทางเศรษฐกิจของไทย ซึ่งปัจจุบันถูกลักลอบตัดอย่างผิดกฎหมาย ทำให้มีโอกาสเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความหลากหลายและโครงสร้างทางพันธุกรรมของไม้พะยุง โดยใช้ข้อมูลดีเอ็นเอของคลอโรพลาสต์จีโนม และทดสอบวิธีสกัดดีเอ็นเอที่เหมาะสมจากส่วนของเปลือกไม้ เนื้อไม้ และใบของต้นพะยุง ผลการศึกษาพบว่าวิธีการสกัดดีเอ็นเอที่เหมาะสมคือ วิธีประยุกต์ของ Sharma *et al.* (2002) จากการตรวจสอบส่วนต่างๆของคลอโรพลาสต์จีโนมที่เป็น non-coding region จำนวน 8 ส่วน พบว่ามี 3 ส่วน ได้แก่ *trnS-trnG trnV-trnM* และ *trnC-ycf6* ที่มีความผันแปร สามารถใช้ในการประเมินความหลากหลายและโครงสร้างทางพันธุกรรม ส่วนของดีเอ็นเอที่ศึกษาทั้ง 3 ส่วน มีความยาวรวม 1,841 นิวคลีโอไทด์ ในจำนวนดังกล่าวมีตำแหน่งที่มีความผันแปร รวม 10 ตำแหน่ง โดยเป็น SNP 8 ตำแหน่ง และ INDEL 2 ตำแหน่ง ผลการศึกษาความหลากหลายและโครงสร้างทางพันธุกรรมของไม้พะยุงรวม 108 ตัวอย่าง จำนวน 10 ประชากรที่อยู่ทางภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และภาคกลางของไทย รวมถึงประเทศลาว มีความหลากหลายทางพันธุกรรมอยู่ในระดับต่ำ โดยมีค่า haplotype diversity (h) และค่า nucleotide diversity (π) เท่ากับ 0.608 และ 0.00033 ตามลำดับ และพบรูปแบบดีเอ็นเอรวม 11 haplotype ซึ่งแต่ละ haplotype มีการปรากฏในสัดส่วนที่แตกต่างกัน จำนวน haplotype ที่พบในแต่ละประชากรอยู่ระหว่าง 1-4 haplotype โดย haplotype ที่พบมากที่สุดได้แก่ H1 ซึ่งพบใน 9 ประชากรจากทั้งหมด 10 ประชากร โดยคิดเป็นร้อยละ 61 ของตัวอย่างที่ศึกษา และมี 7 haplotype ที่พบเฉพาะประชากรใดประชากรหนึ่ง ผลการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรไม้พะยุงที่ศึกษาในครั้งนี้ พบว่าไม่ปรากฏโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ชัดเจนหรือไม่แบ่งออกเป็นกลุ่มย่อยๆ ทั้งนี้เนื่องมาจากประชากรส่วนใหญ่มีการปรากฏของ haplotype H1 ยกเว้นแต่ประชากร อุทยานแห่งชาติเขาใหญ่ จ.สระบุรี ซึ่งสอดคล้องกับการวิเคราะห์ AMOVA ที่แสดงความผันแปรทางพันธุกรรมภายในประชากรมากกว่าความผันแปรระหว่างประชากร ส่วนการทดสอบสมมติฐานวิวัฒนาการของประชากร “Neutral theory” ด้วยค่าสถิติ Tajima’s D และ Fu and Li’s D* and F* พบว่าประชากรไม้พะยุงยังอยู่ภายใต้สมดุล แสดงว่าความผันแปรทางพันธุกรรมในประชากรไม้พะยุงที่ศึกษาได้รับอิทธิพลจากสมดุลระหว่าง mutation และ genetic drift

การศึกษานี้สามารถนำข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมไปใช้ประกอบการพิจารณาคัดเลือกแหล่งพันธุกรรมเพื่อใช้ในการอนุรักษ์ภายนอกถิ่นกำเนิด (*ex situ*) ได้ รวมถึงสามารถนำข้อมูล haplotype ที่มีความจำเพาะต่อประชากรไปใช้เป็นแนวทางในการพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอเพื่อใช้ประโยชน์ในการบ่งชี้แหล่งที่มาของไม้พะยุงภายนอก

ลายมือชื่อนิสิต

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก