

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ : MRG 5480249

ชื่อโครงการ : โครงการความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชวงศ์มณีเทวาในประเทศไทย และน้ำตกตาดลึก เขตป่าสงวนแห่งชาติภูเขาควาย สาธารณรัฐประชาธิปไตยประชาชนลาว

ชื่อนักวิจัย : นางอมรรัตน์ ประจักษ์สูตร และ นางปรียา หวังสมนึก

อีเมลล์ : amopra@kku.ac.th, prepua@kku.ac.th

ระยะเวลาโครงการ : ตั้งแต่วันที่ 15 มิถุนายน 2554 ถึงวันที่ 31 พฤษภาคม 2560 (5 ปี 11 เดือน)

บทคัดย่อ:

โครงการนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากรพืชวงศ์มณีเทวาชนิดที่มีการกระจายพันธุ์กว้างขวางมากที่สุด ในพื้นที่ต่าง ๆ ของประเทศไทย และน้ำตกตาดลึก เขตป่าสงวนแห่งชาติภูเขาควาย สาธารณรัฐประชาธิปไตยประชาชนลาว (สปป. ลาว) พบพืชวงศ์มณีเทวาในประเทศไทย และ สปป.ลาว เพียงสกุลเดียว คือ สกุล *Eriocaulon* L. การเก็บตัวอย่างใบสดหรือก้านช่อดอกสดของพืชวงศ์มณีเทวาทำในช่วงฤดูกาลออกดอก คือ เดือนตุลาคม พ.ศ. 2554 ถึงเดือนธันวาคม พ.ศ. 2555 โดยเก็บตัวอย่างพืชจาก 4 ภูมิภาค คือ ภาคตะวันออก ภาคใต้ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย และ เส้นทางจากเวียงจันทน์ไปน้ำตกตาดลึก เขตป่าสงวนแห่งชาติภูเขาควาย สปป. ลาว โดยเก็บรักษาตัวอย่างไว้ในซิลิกาเจล การระบุพืชทุกชนิดที่เก็บตัวอย่างได้ทำในห้องปฏิบัติการภายใต้กล้องจุลทรรศน์แบบสเตอริโออย่างรอบคอบ พบทั้งสิ้น 26 ชนิด จาก 29 พื้นที่ โดยมีกระดุมหนามเป็นชนิดที่มีการกระจายพันธุ์กว้างขวางมากที่สุด คือ พบทั้ง 4 ภูมิภาค และมีจำนวนประชากรมากที่สุดถึง 19 ประชากร พบว่าวิธีที่ดีที่สุดในการสกัดดีเอ็นเอของตัวอย่างก้านช่อดอกของกระดุมหนาม คือ วิธี CTAB ดัดแปลงจาก Doyle and Doyle (1987) จากการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของกระดุมหนามจำนวน 114 ตัวอย่างโดยใช้เทคนิค ISSR-PCR พบว่า ไพรเมอร์จำนวน 10 ชนิด ใน 36 ชนิด สามารถสังเคราะห์ดีเอ็นเอทั้งหมด 139 แถบ ซึ่งเป็นแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันถึง 137 แถบ (98.56%) จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางโมเลกุล (AMOVA) พบว่า ประชากรกระดุมหนามมีความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประเทศไทยและ สปป. ลาว น้อยมาก (18%) และมีความแตกต่างทางพันธุกรรมภายในประชากรน้อย (37%) แสดงว่าหากเกิดการเปลี่ยนแปลงของถิ่นอาศัย โอกาสที่จะเกิดการสูญพันธุ์ของประชากรกระดุมหนามจะน้อยมาก และมีการผสมพันธุ์ภายในประชากรเกิดขึ้น จากการวิเคราะห์จัดกลุ่มความคล้ายคลึงกันทั้งวิธี UPGMA และวิธี Neighbor-Joining ให้ผลที่สอดคล้องกัน คือ ประชากรกระดุมหนามจาก สปป. ลาว มีพันธุกรรมที่คล้ายคลึงกับประชากรจากภาคตะวันออกของประเทศไทยมากกว่าภูมิภาคอื่น แสดงว่าจุดกำเนิดของการกระจายพันธุ์ของกระดุมหนามเกิดขึ้นทั้งสองประเทศ โดยที่แม่น้ำโขงไม่ได้เป็นสิ่งขัดขวางการกระจายพันธุ์ นอกจากนี้ยังพบว่าประชากรที่ห่างกันเพียง 1 กิโลเมตรมีการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมกัน

คำหลัก: ความหลากหลายทางพันธุกรรม พืชวงศ์มณีเทวา กระดุมหนาม เทคนิค ISSR-PCR

Abstract

Project Code : MRG 5480249

Project Title : Genetic Diversity of Eriocaulaceae in Thailand and Tad Leuk Waterfall, Phou Khao Khuay National Protected Area, Lao PDR

Investigator : Mrs. Amornrat Prajaksood and Mrs. Preeya Wangsomnuk

E-mail Address : amopra@kku.ac.th, prepua@kku.ac.th

Project Period : 5 years and 11 months

Abstract:

The project aimed to analyse the genetic diversity between population of the most widespread species of Eriocaulaceae from the various locations in Thailand and from Tad Leuk Waterfall, Phou Khao Khuay National Protected Area in Lao PDR. There was only the genus *Eriocaulon* L. of Eriocaulaceae found in Thailand and Lao PDR. According to the flowering period, the collections of fresh scapes and/or leaves of *Eriocaulon* spp. were carried out between October 2011 and December 2012 from four regions: east, south and northeast of Thailand and along the way from Vientiane to Phou Khao Khuay National Protected Area, Lao PDR. The samples were kept in silica gel during the field collection. The identification of all specimens was done carefully under the stereomicroscope in the laboratory. A total of 26 species were collected from 29 sites. *Eriocaulon echinulatum* Mart. was the most widespread species. It was found in all four regions and having the highest number of population, 19 populations. The modified version of CTAB (Doyle and Doyle, 1987) was found to be the most appropriate for extracting the total genomic DNA of fresh scapes of this species. The analysis of genetic diversity within 114 accessions of *E. echinulatum* was done using ISSR-PCR technique. It revealed that ten of 36 primers produced a total of 139 DNA fragments. 137 of which were polymorphic (98.56%). Analysis of Molecular Variance (AMOVA) showed low genetic differentiation between Thailand and Lao PDR (18%) and also showed low the genetic variation within populations (37%). It was suggested that there were outcrossing within population and if the habitat loss occurs in one region the risk of species loss will be very low. The results from cluster analyses using both UPGMA and Neighbor-Joining methods were congruent to show that the genetic of Lao's population was closely related to the east of Thailand population. It proved that the origin of the species occurred in both countries and Mekong River was not the barrier of the species distribution. Moreover, the gene flow occurred between the nearby populations (1 kilometer).

Keywords : Genetic diversity, Eriocaulaceae, *Eriocaulon echinulatum* Mart., ISSR-PCR technique