



# ความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของเชื้อพันธุ์ข้าวพื้นเมือง ในภาคเหนือตอนล่างของประเทศไทย

อนุปงศ์ วงศ์ตามี<sup>1\*</sup>, พิชัย บุตรสีภูมิ<sup>2</sup> และต่อนภา พุสดี<sup>3</sup>

## Genetic Diversity and Population Structure of Local Rice Germplasm in Lower North of Thailand

Anupong Wongtamee<sup>1\*</sup>, Pichai Boodseepum<sup>2</sup> and Tonapha Pusadee<sup>3</sup>

<sup>1,2</sup> ภาควิชาวิทยาศาสตร์การเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ ทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม มหาวิทยาลัยนเรศวร จังหวัดพิษณุโลก 65000

<sup>3</sup> ภาควิชาพืชศาสตร์และปฐพีศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่ 50200

<sup>1,2</sup> Department of Agricultural Science, Faculty of Agriculture Natural Resources and Environment, Naresuan University, Phitsanulok Province, 65000

<sup>3</sup> Department of Plant Science and Soil Science, Faculty of Agriculture, Chiang Mai University, Chiang Mai Province, 50200

\*Corresponding author. E-mail: anupongw@nu.ac.th

### บทคัดย่อ

ข้าวพื้นเมือง (Oryza sativa L.) เป็นแหล่งพันธุกรรมที่สำคัญของข้าวปลูก การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของข้าวพื้นเมืองที่เก็บรวบรวมมาจากพื้นที่ต่าง ๆ ของภาคเหนือตอนล่าง โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล microsatellite 12 ตำแหน่ง คำนวณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม โครงสร้างทางพันธุกรรม โครงสร้างประชากร และการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองจำนวน 23 พันธุ์ เทียบกับข้าวปลูกพันธุ์มาตรฐาน พบว่าข้าวพื้นเมืองในการศึกษานี้ประกอบด้วยพันธุกรรมที่มีความหลากหลายทั้งภายในประชากร ( $H_S = 4.3\%$ ) และระหว่างประชากร ( $H_T = 49.3\%$ ) และพบความแตกต่างระหว่างประชากรสูง ( $F_{ST} = 91.2\%$ ) ข้าวพื้นเมืองสามารถจำแนกการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมได้ตามลักษณะชนิดของนิเวศวิทยาและโครงสร้างประชากรของข้าวพื้นเมืองแต่ละชนิด ได้แก่ กลุ่มข้าวไร่ และกลุ่มข้าวนาสวนและข้าวน้ำลึก ซึ่งความแตกต่างของโครงสร้างประชากรในข้าวพื้นเมืองในแต่ละท้องถิ่นอาจเกิดจากการผ่านการคัดเลือกทั้งโดยธรรมชาติและโดยการคัดเลือกโดยมนุษย์ ทำให้ข้าวพื้นเมืองสามารถปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมในท้องถิ่นที่มีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน

คำสำคัญ: ข้าวพื้นเมือง ภาคเหนือตอนล่าง ความหลากหลายทางพันธุกรรม โครงสร้างประชากร

### Abstract

Local rice variety (Oryza sativa L.) is the important genetic resource for cultivated rice. This study aims to evaluate genetic diversity and population structure of local rice varieties collected from many local areas in the lower north region of Thailand. Twenty microsatellite loci were used to determine genetic diversity, population structure and cluster analysis of 23 local rice varieties and compared with 3 pure line rice varieties. Both within ( $H_S = 4.3\%$ ) and between ( $H_T = 49.3\%$ ) population of genetic diversity with high degrees of genetic differentiation among populations ( $F_{ST} = 91.2\%$ ) were found in these 23 local rice varieties. Two clusters can be grouped according to agro-ecosystem and population structure of local rice varieties in this region, comprised; upland rice group and low land rice and floating rice group. The difference of population structure of local rice from different local areas may be resulted from natural election and selection by local farmers led to adaptive evolution for across varying environments in different local areas.

**Keywords:** Local rice, lower north, genetic diversity, population structure



## บทนำ

ข้าว (*Oryza sativa* L.) ถือว่าเป็นพืชที่มีความสำคัญต่อวิถีชีวิตชาวไทยมาตั้งแต่โบราณ ทั้งในด้านวัฒนธรรม ประเพณี ความเชื่อ และการดำรงชีวิต โดยเฉพาะข้าวพันธุ์พื้นเมือง เนื่องจากประเทศไทยตั้งอยู่ในพื้นที่ศูนย์กลางความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวปลูก และข้าวพันธุ์พื้นเมืองในแต่ละท้องถิ่นได้ผ่านการคัดเลือกทั้งโดยธรรมชาติ และการคัดเลือกโดยมนุษย์ (Harlan, 1992, p. 284) ทำให้ข้าวพื้นเมืองสามารถปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมในท้องถิ่นที่มีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมต่างๆ ได้ดี เช่น การทนทานและปรับตัวต่อสภาวะเครียดทางชีวภาพ (พจนีย์ สุภามงคล, 2549, น. 115; Oupkaew, et al., 2011, pp. 361-372) และกายภาพ (Phattarakul, 2008, p. 184) นอกจากนี้ข้าวพันธุ์พื้นเมืองยังพบว่ามีลักษณะพิเศษอื่นๆ ที่เป็นประโยชน์ เช่น มีสารอาหารทางโภชนาการสูง (Prom-uthai, Welch & Rerkasem, 2004, pp. 982-986; Pintasen, Prom-uthai, JamJod, YimYam & Rerkasem, 2007, pp. 27-34; Saenchai, Prom-uthai, Jamjod, Dell & Rerkasem, 2012, pp. 271-278) เป็นต้น ปัจจุบันแหล่งพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองมีแนวโน้มที่จะสูญหายมากขึ้น โดยตั้งแต่ฤดูนาปีของปี พ.ศ. 2539 พบว่าพื้นที่ปลูกข้าวพันธุ์พื้นเมืองมีแนวโน้มลดลงไม่ถึง 20% ของพื้นที่ปลูกข้าวทั้งหมด (Rerkasem & Rerkasem, 2002, pp. 129-148) ซึ่งอาจจะมีสาเหตุมาจากการเปลี่ยนแปลงระบบการปลูกข้าวจากการปลูกเพื่อเลี้ยงชีพเปลี่ยนมาปลูกเพื่อการค้า โดยเกษตรกรนิยมปลูกข้าวพันธุ์สมัยใหม่ซึ่งเป็นพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง อีกทั้งข้าวพันธุ์พื้นเมืองยังมีข้อจำกัดบางประการทำให้ไม่เป็นที่นิยมของเกษตรกร เช่น ผลผลิตต่ำ ลักษณะไวต่อช่วงแสงทำให้ปลูกได้หนึ่งครั้งต่อปี บางสายพันธุ์มีอายุเก็บเกี่ยวยาวนาน เป็นต้น

ปัจจุบันความเข้าใจในพื้นฐานความแปรปรวนทางพันธุกรรมของประชากรข้าวพื้นเมืองในท้องถิ่นโดยเฉพาะในภาคเหนือตอนล่างยังมีอยู่อย่างจำกัด การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมจึงเป็นแนวทางหนึ่งที่จะทำให้เข้าใจในพื้นฐานโครงสร้างความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรข้าวพันธุ์พื้นเมืองมากยิ่งขึ้น ประชากรข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงสามารถนำมาใช้ประโยชน์ เป็นแหล่งของความแปรปรวนทางพันธุกรรม เพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ข้าว อีกทั้งช่วยในการคัดเลือกและพัฒนาสายพันธุ์ข้าวพื้นเมืองที่มีลักษณะพิเศษที่เป็นประโยชน์ ให้เหมาะสมกับระบบปลูกข้าวในปัจจุบัน นอกจากนี้การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมข้าวพันธุ์พื้นเมืองยังใช้เป็นตัวตัดสินแนวทางในการอนุรักษ์พันธุ์ข้าวในท้องถิ่น หรือนอกท้องถิ่นได้อย่างเหมาะสม ดังนั้น วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัยนี้เพื่อประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรม โครงสร้างประชากร และจัดกลุ่มทางพันธุกรรม ของข้าวพันธุ์พื้นเมืองที่เก็บรวบรวมมาจากพื้นที่ต่างๆ ของจังหวัดพิษณุโลกและจังหวัดใกล้เคียง

## วัสดุอุปกรณ์และวิธีการ

### รวบรวมเชื้อพันธุ์ข้าวพื้นเมือง

เก็บรวบรวมเชื้อพันธุ์ข้าวพื้นเมืองจากท้องถิ่นต่างๆ ของภาคเหนือตอนล่าง จำนวน 23 พันธุ์ ประกอบด้วยข้าวนาสวน 17 พันธุ์ ข้าวนาวัลลือ 3 พันธุ์ และข้าวไร่ 3 พันธุ์ สุ่มตัวอย่างข้าวจากเกษตรกรเพื่อนำมาปลูกสำหรับเก็บใบแบบแยกต้นจำนวน 1-2 ใบต่อต้น เชื้อพันธุ์ละ 10 ต้น 3 ขั้ว พับใส่ถุงกระดาษและใส่ในภาชนะปิดที่มี silica gel เป็นตัวดูดความชื้น เพื่อนำไปสกัดและวิเคราะห์ดีเอ็นเอ ใช้ข้าวปลูกพันธุ์ข้าวดอกมะลิ 105 กข.6 และก่ำดอยสะเก็ด ที่นำมาจากเมล็ดพันธุ์หลักเป็นพันธุ์มาตรฐานเปรียบเทียบ

### การสกัดและวิเคราะห์ดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล Microsatellite marker

นำตัวอย่างใบข้าวทั้งหมดที่แห้งแล้วมาบดให้ละเอียด โดยแยกแต่ละตัวอย่างตัดให้เป็นชิ้นเล็ก ๆ บดด้วยไนโตรเจนเหลว จากนั้นนำไปสกัดดีเอ็นเอโดยวิธี CTAB นำดีเอ็นเอที่สกัดได้มาเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยา PCR โดยใช้ microsatellite primers จำนวน 12 ตำแหน่งที่ครอบคลุมทั้ง 12 โครโมโซมของข้าว ซึ่ง primer ที่ใช้มีการรายงานว่ามี polymorphism ในข้าวปลูก (*O. sativa* L.) (www.gramene.org) นำผลิตภัณฑ์ที่ได้จากการทำ PCR ไปตรวจสอบด้วย 10% polyacrylamide gel electrophoresis นำแผ่นเจลที่ได้ย้อมด้วยสาร Ethidium bromide เพื่อนำไปดูการเกิดลายพิมพ์



ดีเอ็นเอภายใต้แสงยูวีของเครื่อง UV transilluminator แล้วบันทึกภาพด้วยกล้อง digital เพื่อนำไปวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ใช้ข้าวปลูกพันธุ์ข้าวดอกมะลิ 105 กข.6 และก่ำดอยสะเก็ด เป็นพันธุ์มาตรฐานเปรียบเทียบ

### การวิเคราะห์ข้อมูล

#### ความหลากหลายทางพันธุกรรม

ประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลของน้ำหนักโมเลกุลที่ได้จากลายพิมพ์ดีเอ็นเอของประชากรข้าวพื้นเมือง โดยคำนวณค่า allele frequency (A), observed heterozygosity ( $H_o$ ) expected heterozygosity ( $H_e$ ) inbreeding coefficient ( $F_{IS}$ ) average gene diversity ( $H_s$ ) total gene diversity ( $H_T$ ) และ degree of genetic differentiation among populations ( $F_{ST}$ ) ใช้โปรแกรม PopGen เวอร์ชัน 32

#### โครงสร้างประชากรและการจัดกลุ่มทางพันธุกรรม

โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรข้าวพื้นเมืองทั้งภายในประชากรและระหว่างประชากรวิเคราะห์จากการจัดลำดับชั้นของ analysis of molecular variance (AMOVA) โดย GenAIEx เวอร์ชัน 6.1 การจัดกลุ่มทางพันธุกรรมของประชากรข้าวพื้นเมืองโดยใช้โปรแกรม Principal components analysis (PCA) โดย GenAIEx เวอร์ชัน 6.1 และ Neighbor-joining trees โดย POWERMARKER V3.25 และ MEGA5

### ผลการศึกษา

ในประชากรข้าวพื้นเมืองในเขตภาคเหนือตอนล่างจำนวน 23 พันธุ์ พบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในพันธุ์ค่อนข้างต่ำ ( $H_s = 4.3\%$ ) แต่พบความหลากหลายทางพันธุกรรมรวมในระดับปานกลาง ( $H_T = 49.3\%$ ) ความแตกต่างระหว่างพันธุกรรมสูง  $91.2\%$  ( $F_{ST} = 91.2\%$ ) หมายความว่าเกิดจากความแตกต่างระหว่าง 23 พันธุ์  $91.2\%$  ที่เหลืออีก  $8.8\%$  เป็นความแตกต่างระหว่าง 115 ต้นภายใน 23 พันธุ์ ในระบบการผสมพันธุ์พบว่าข้าวพื้นเมืองมีค่าสัมประสิทธิ์การผสมตัวเองสูง ( $F_{IS} = 92\%$ ) (ตารางที่ 1)

เมื่อจำแนกข้าวพื้นเมืองตามนิเวศวิทยา พบว่าข้าวนาสวนมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมรวมสูงที่สุด ( $H_T = 45.7\%$ ) ส่วนข้าวขึ้นน้ำมีค่าต่ำที่สุด ( $H_T = 38.4\%$ ) แต่ในประชากรข้าวไร่พบค่าความแตกต่างระหว่างพันธุ์สูงที่สุด ( $F_{ST} = 92.4\%$ ) ส่วนข้าวขึ้นน้ำมีค่าต่ำที่สุด ( $F_{ST} = 85.1\%$ ) (ตารางที่ 1)

**ตารางที่ 1** allele frequency (A), observed heterozygosity ( $H_o$ ) expected heterozygosity ( $H_e$ ) inbreeding coefficient ( $F_{IS}$ ) average gene diversity ( $H_s$ ) total gene diversity ( $H_T$ ) และ degree of genetic differentiation among populations ( $F_{ST}$ ) ของข้าวพื้นเมืองจำนวน 23 พันธุ์ เทียบกับข้าวพันธุ์มาตรฐาน 3 พันธุ์

Ecosystem type	n	A	$H_o$	$H_e$	$F_{IS}$	$H_s$	$H_T$	$F_{ST}$
Total local rice	23	1.117	0.999	0.521	0.920	0.043	0.493	0.912
Low land rice	17	1.118	1.000	0.521	0.919	0.043	0.457	0.907
Floating rice	3	1.154	0.995	0.524	0.898	0.057	0.384	0.851
Upland rice	3	1.077	1.000	0.516	0.936	0.033	0.431	0.924
Checks varieties	3	1.000	1.000	0.500	1.000	0.000	0.205	1.000
Overall	26	1.104	0.999	0.518	0.928	0.038	0.499	0.923



การวิเคราะห์ความผันแปรทางโมเลกุล (analysis of molecular variance; AMOVA) โดเนการแบ่งลำดับชั้นของความผันแปรรวม (ตารางที่ 2) ประมาณ 90% ของความผันแปรทั้งหมดจากความหลากหลายทางพันธุกรรมรวม ( $H_T = 0.493$  จากตารางที่ 1) จะกระจายตัวระหว่างประชากรข้าวพื้นเมือง 23 พันธุ์ ส่วนที่เหลือ 10% ความผันแปรจะกระจายตัวระหว่าง 115 ต้นภายใน 23 พันธุ์ ในระดับนิเวศวิทยาพบว่าความผันแปรกระจายตัวระหว่างข้าวแต่ละชนิดประมาณ 3% สำหรับในแต่ละชนิดข้าว พบการกระจายตัวของความผันแปรประมาณ 89% 91% และ 92% ภายในชนิดข้าวนาสวน ข้าวขึ้นน้ำ และข้าวไร่ตามลำดับ

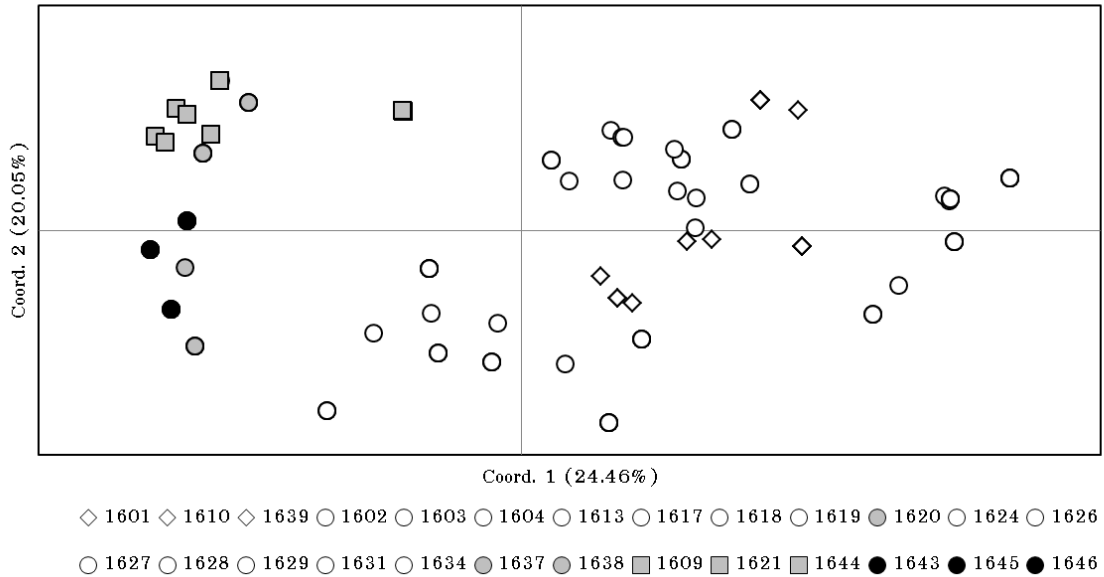
ตารางที่ 2 การจัดลำดับชั้น analysis of molecular variance (AMOVA) ของข้าวพื้นเมืองจำนวน 23 พันธุ์

Source	df	SS	Variance component	% of the total variance
Among populations	22	676.191	6.010	90%
Among Ecosystem types	2	70.211	0.199	3%
Populations/Ecosystems types	20	605.980	5.922	87%
Populations/Low land rice	16	460.647	5.619	89%
Populations/Floating rice	2	71.000	6.967	91%
Populations/Upland rice	2	74.333	7.300	92%
Individuals/Populations	92	63.200	0.687	10%

ในการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดย Principal components analysis (PCA) พบว่าในประชากรข้าวพื้นเมืองจำนวน 23 พันธุ์สามารถจำแนกออกได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ อย่างชัดเจน โดยกลุ่มแรกจะกระจายตัวอยู่ทางด้านซ้ายของกราฟ ประกอบด้วยข้าวไร่ 3 พันธุ์ ข้าวนาสวนที่มีแปงเป็นชนิดข้าวเหนียว 3 พันธุ์ และพันธุ์เปรียบเทียบมาตรฐาน 3 พันธุ์ ส่วนกลุ่มที่สองจะกระจายตัวอยู่ทางด้านขวามือของกราฟ ประกอบด้วยข้าวขึ้นน้ำ 3 พันธุ์ และข้าวนาสวนที่มีแปงเป็นชนิดข้าวเจ้า 14 พันธุ์ (ภาพที่ 1)



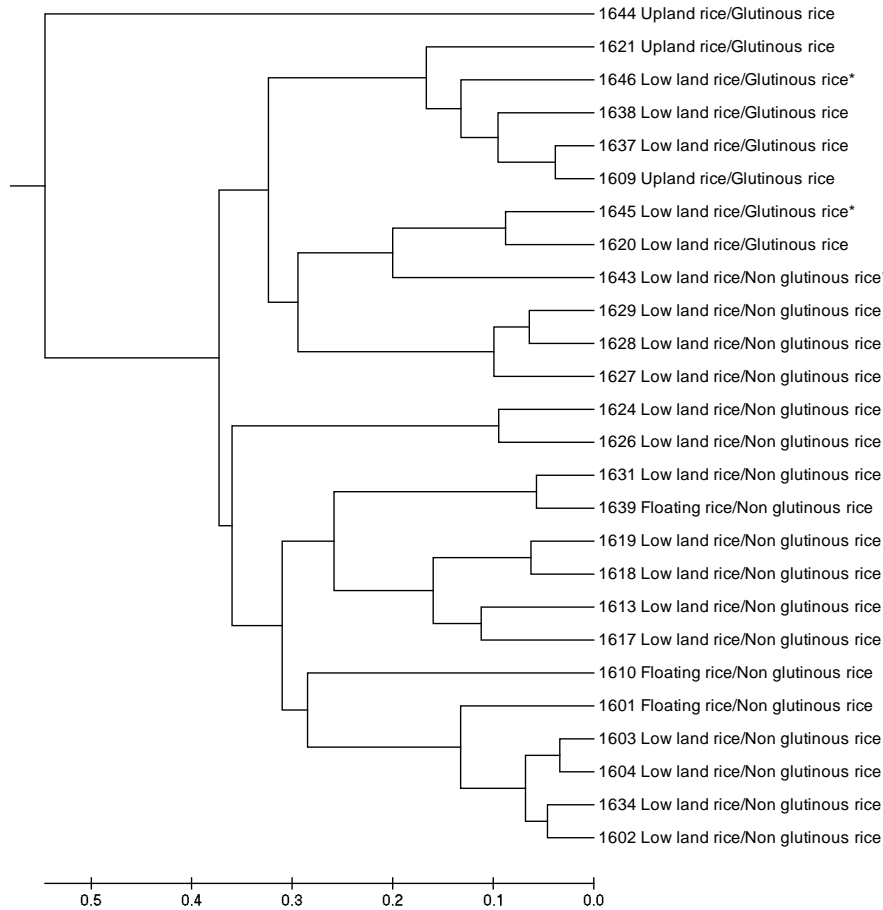
Principal Coordinates



ภาพที่ 1 การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดย Principal components analysis (PCA) ของข้าวพื้นเมือง

จำนวน 23 พันธุ์ เทียบกับข้าวพันธุ์มาตรฐาน 3 พันธุ์ โดยสัญลักษณ์ ○ ข้าวนาสวนชนิดข้าวเจ้า ● ข้าวนาสวนชนิดข้าวเหนียว ◇ ข้าวขึ้นน้ำชนิดข้าวเจ้า □ ข้าวไร่ชนิดข้าวเหนียว และ ● ข้าวพันธุ์เปรียบเทียบมาตรฐาน

ส่วนการจำกลุ่มโดยอาศัยระยะห่างทางพันธุกรรม Neighbor-joining trees (ภาพที่ 2) พบว่าสามารถแยกกลุ่มได้เป็น 3 กลุ่ม ที่ระยะค่า genetic distance ประมาณ 0.38 โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยข้าวพันธุ์ลิ้มผัว กลุ่มที่สองประกอบด้วยข้าวไร่ 3 พันธุ์ ข้าวนาสวนชนิดข้าวเหนียว 3 พันธุ์ ข้าวนาสวนชนิดข้าวเจ้า 3 พันธุ์ และข้าวพันธุ์เปรียบเทียบมาตรฐาน 3 พันธุ์ และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย ข้าวนาสวนชนิดข้าวเจ้า 11 พันธุ์ และข้าวขึ้นน้ำ 3 พันธุ์ (ภาพที่ 2)



ภาพที่ 2 การจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยอาศัยระยะห่างทางพันธุกรรม Neighbor-joining trees ของข้าวพื้นเมืองจำนวน 23 พันธุ์ เทียบกับข้าวพันธุ์มาตรฐาน 3 พันธุ์ โดยสัญลักษณ์ \* หมายถึงข้าวพันธุ์เปรียบเทียบมาตรฐาน

### อภิปรายผลการศึกษา

ประเทศไทยเป็นศูนย์กลางความหลากหลายทางพันธุกรรมข้าว (Harlan, 1992, p. 284) ดังนั้นจึงพบข้าวหลากหลายชนิดโดยเฉพาะข้าวพื้นเมือง เนื่องจากลักษณะภูมิประเทศของภาคเหนือตอนล่างมีความแตกต่างกัน เช่น เป็นภูเขาสูง ที่ราบลุ่ม หรือที่ตื้นน้ำท่วมขังลึก จึงทำให้ข้าวพื้นเมืองในแต่ละท้องถิ่นเกิดการปรับตัวต่อสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันไป โดยข้าวพื้นเมืองในการศึกษานี้ประกอบด้วยพันธุกรรมที่มีความหลากหลายทั้งภายในประชากร (พันธุ์) และระหว่างประชากร (ตารางที่ 1) สอดคล้องกับการศึกษาของ Pusadee, Oupkaew, Rerkasem, Jamjod & Schaal (2014, pp. 280–292); Pusadee, Jamjod, Chiang, Rerkasem & Schaal (2009, pp. 1–6) โดยลักษณะดังกล่าวมีประโยชน์ต่อการตอบสนองและปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมที่มีความแปรปรวนและแตกต่างกันได้ดี และสามารถเจริญเติบโตอยู่รอดและขยายพันธุ์ต่อไปได้ (Oka, 1988, p. 251) เนื่องจากการปรับตัวต่อสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันของข้าวพื้นเมือง ส่งผลให้ข้าวพื้นเมืองมีโครงสร้างประชากรที่แตกต่างกันในแต่ละชนิด (ตารางที่ 2) ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Pusadee et al., (2014, pp. 280–292); Pusadee et al., (2009, pp. 1–6) ที่สนับสนุนสาเหตุของความแตกต่างในโครงสร้างประชากรในข้าวพื้นเมือง ซึ่งเกิดจากการปรับตัวของข้าวพื้นเมืองต่อการคัดเลือกโดยธรรมชาติในสภาพแวดล้อมที่แตกต่าง และเป็นผลจากการคัดเลือกของเกษตรกรในแต่ละพื้นที่ นอกจากนี้ความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมยังสอดคล้องกับผลการจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองแต่ละชนิด (ภาพที่ 1 และภาพที่ 2) ในการศึกษาข้าวพื้นเมืองในอดีตของไทย เช่น พันธุ์บือชอมี (Pusadee et al., 2009, pp. 1–6) พันธุ์เหมยนอง (Pusadee et al., 2014, pp. 280–292) พบว่าข้าวพื้นเมืองแต่ละพันธุ์มีรายงานการปลูกในหลายพื้นที่ของภาคเหนือตอนบน ซึ่งลักษณะทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองในแต่ละท้องถิ่นมีโครงสร้างประชากรที่มีความแตกต่างกันในแต่ละ

กลุ่มวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี



ท้องถิ่นที่ปลูก ซึ่งเป็นผลมาจากการปรับตัวต่อสภาพแวดล้อมเกษตรที่แตกต่างกันในแต่ละพื้นที่แต่อย่างไรก็ตามในบางกลุ่มของเกษตรกรได้มีวัฒนธรรมการแลกเปลี่ยนเมล็ดพันธุ์เพื่อใช้ในการเพาะปลูก ซึ่งพฤติกรรมดังกล่าวจะส่งผลให้ชาวพื้นเมืองเหล่านี้ยังคงรักษาความหลากหลายทางพันธุกรรมไว้ (Pusadee et al., 2014, pp. 280–292; Pusadee et al., 2009, pp. 1–6) จากผลการศึกษานี้ใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการปรับปรุงพันธุ์ข้าว และใช้เป็นแนวทางในการตัดสินใจเลือกวิธีการอนุรักษ์ข้าวพื้นเมืองในภาคเหนือตอนล่างต่อไปในอนาคต

### สรุปผลการศึกษา

ข้าวพื้นเมืองในการศึกษานี้ประกอบด้วยพันธุ์กรรมที่มีความหลากหลายทั้งภายในประชากร ( $H_S = 4.3\%$ ) และระหว่างประชากร ( $H_T = 49.3\%$ ) และพบความแตกต่างระหว่างประชากรสูง ( $F_{ST} = 91.2\%$ ) ข้าวพื้นเมืองสามารถจำแนกการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมได้ตามลักษณะชนิดของนิเวศวิทยาและโครงสร้างประชากรของข้าวพื้นเมืองแต่ละชนิด ได้แก่ กลุ่มข้าวไร่ และกลุ่มข้าวนาสวนและข้าวน้ำลึก

### กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบพระคุณมหาวิทยาลัยนเรศวรที่ให้การสนับสนุนทุนอุดหนุนการวิจัยงบประมาณรายได้มหาวิทยาลัยนเรศวร ประจำปีงบประมาณ 2560 สำหรับงบประมาณในการทำวิจัย ขอขอบพระคุณ CMUPN/lab ภาควิชาพืชศาสตร์และปฐพีศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ที่ให้การสนับสนุนการวิเคราะห์ดีเอ็นเอข้าวพื้นเมือง ขอขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.ศันสนีย์ จำจด ศาสตราจารย์ ดร.เบญจวรรณ ฤกษ์เกษม และรองศาสตราจารย์ ดร.ชนากานต์ เทโบลต์ พรหมอุทัย ที่ให้คำปรึกษาในการทำวิจัยตลอดจนการให้คำแนะนำในการเขียนบทความ ขอขอบพระคุณศูนย์วิจัยข้าวจังหวัดพิษณุโลกที่อนุเคราะห์ข้อมูลข้าวพื้นเมืองในพื้นที่ภาคเหนือตอนล่าง และขอขอบพระคุณเกษตรกรในพื้นที่ภาคเหนือตอนล่างที่อนุเคราะห์เมล็ดพันธุ์ข้าวพื้นเมืองสำหรับการทำวิจัย

### เอกสารอ้างอิง

- พจนีย์ สุภามงคล. (2549). ความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองพันธุ์หมอยนง (*Genetic diversity of local rice cv. Muey Nawng*). วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบัณฑิตสาขาพืชไร่มหาวิทยาลัยเชียงใหม่. น. 115.
- Harlan, J.R. (1992). *Crop and Man. 2nd edition*. Madison, Wisconsin, USA. P. 248.
- Oka, H. (1988). *Origin of cultivated rice*. Japan Scientific Societies Press, Tokyo. P. 251.
- Oupkaew, P., Pusadee, T., Sirabanchongkran, A., Rerkasem, K. Jamjod, S. & B. Rerkasem. (2011). *Complexity and adaptability of a traditional agricultural system: case study of a gall midge resistant rice landrace from northern Thailand*. Genet Resour Crop Evol 58:361.372.
- Phattarakul, N. (2008). *Genotypic variation in tolerance to acid soil in local upland rice varieties*. Ph.D. Thesis, Graduate School, Chiang Mai University, Chiang Mai. p. 184.
- Pintasen, S., Prom-u-thai, C., JamJod, S., YimYam, N. & B. Rerkasem. (2007). *Variation of grain iron content in a local upland rice germplasm from the village of Huai Tee Cha in northern Thailand*. Euphytica 158(1):27–34 pp.
- Prom-u-thai, C., Glahn, R.P., Welch, R.M., & B. Rerkasem. (2004). *Genotypic variation in bioavailability of iron in unpolished and polished rice*. Food Chem. 112(4):982–986.
- Pusadee, T., Jamjod, S., Chiang, Y.C., Rerkasem, B. & B.A. Schaal. (2009). Genetic structure and isolation by distance in a landrace of Thai rice. Proc Natl. Acad. Sci. USA. pp. 1–6.



- Pusadee, T., Oupkaew, P., Rerkasem, B., Jamjod, S. & B.A. Schaal. (2014). *Natural and human-mediated selection in a landrace of Thai rice (Oryza sativa)*. Annals of Applied Biology ISSN 0003-4746. pp. 280-292.
- Rerkasem, B. & K. Rerkasem. (2002). *Agrodiversity for in situ conservation of Thailand's native rice germplasm*. ChiangMai Univ J 1:129-148
- Saenchai C., Prom-u-thai, C., Jamjod, S., Dell, B. & B. Rerkasem. (2012). *Genotypic variation in milling depression of iron and zinc concentration in rice grain*. Plant Soil 361:271-278.