

<b>Thesis Title</b>	Evolutionary Dynamics of <i>Oryza sativa</i> in Thailand	
<b>Author</b>	Miss Tonapha Pusadee	
<b>Degree</b>	Doctor of Philosophy (Agronomy)	
<b>Thesis Advisory Committee</b>	Assoc. Prof. Dr. Sansanee Jamjod	Chairperson
	Prof. Dr. Benjavan Rerkasem	Member
	Assoc. Prof. Dr. Dumnern Karladee	Member

### ABSTRACT

Thailand lies partly in the center of diversity and domestication of rice, the primary gene pool of which is composed of 3 sympatrical and interacting components, namely the common wild rice (*O. rufipogon* Griff.), the weedy form (*O. sativa* f *spontanea*) and the cultivated rice (*O. sativa* L.). The cultivated rice includes landraces or local varieties which are kept by indigenous farmers and grown in traditional agricultural systems mostly for family consumption, as well as modern elite varieties. All three components of the primary gene pool, namely the common wild rice, weedy form, and cultivated rice are covered in this study, which set out to examine the evolutionary and domestication process that still goes on in the rice gene pool of Thailand. The specific objectives of the study were (1) to assess genetic diversity and population structure of *Oryza sativa* primary gene pool in Thailand, (2) to demonstrate what evolutionary forces play an important rule in dynamics of the complex of *Oryza sativa* primary gene pool in its agricultural ecosystem, (3) to determine the origin of widespread invasive weedy rice in various areas in Thailand,

(4) to assess genetic diversity and population structure of landraces rice germplasm, and (5) to demonstrate how farmers' managements influenced genetic diversity and population structure of landraces rice germplasm. This thesis is in three main sets of studies.

The first set of studies on genetic diversity and population structure of the *Oryza sativa* primary gene pool covered 42 common wild rice populations, 37 pure line cultivated rice varieties and 12 weedy rice populations collected from different rice growing regions of Thailand with the use of 12 microsatellite markers. Population structure of each component was analyzed separately and then the three components were analyzed together by using STRUCTURE program. Cluster analysis was performed by using principal component analysis (PCA analysis) and Neighbor-joining clustering method (NJ method). The results indicated that common wild rice retained higher level of genetic variation both within and among populations than cultivated rice and weedy rice. Genetic variation within common wild rice populations varied from 0.219 to 0.759, variation among populations was 0.258 and the total variation was 0.827. Population structure of common wild rice was predominantly base on life-history trait types, perennial and annual types more than geography, indicated by higher genetic differentiation ( $F_{ST}$ ) between life-history traits types (0.049) than among geographical regions (0.027). Most total variation of common wild rice was apportioned to perennial type, therefore resulting in higher variation of perennial ( $H_T=0.815$ ) than annual ( $H_T=0.783$ ) types. The differentiations between perennial and annual types were clearly illustrated in their geographical distribution and habitat preferences. Perennial type was common in the Upper north, Lower-north, Central and Northeast while annual type mostly found in the Northeast

of Thailand. The perennial type is normally found in ditches, swamps or lakes, areas inundated with water throughout the year, while the annual type was usually found in abandoned fields, near rice fields, roadside ditches or shallow wet places that are parched in dry season. Molecular analysis based on the 12 microsatellite markers illustrated that perennial type maintained higher level of genetic diversity within population but displayed lower degree of genetic differentiation among populations than annual type. Considering mating system, perennial type is predominantly outcrossing, with estimated outcrossing rate of 73% and mostly propagated vegetatively. While the annual type is predominantly self-pollinated, with estimated selfing rate of 71% and propagates mainly by seed. The analysis by using PCA and NJ method based on C.S. chord genetic distance were consistent with population structure analysis that common wild rice in Thailand was separated into two groups; perennial group and annual group.

Thirty-seven pure line cultivated varieties, including 23 modern varieties and 14 improved traditional varieties, had total genetic diversity ( $H_T=0.8$ ) that was almost as high as the wild rice, but with no variation within individual varieties ( $h=0$  and  $H_S=0$ ). Varieties in the modern varieties group are clearly distinct from improved traditional varieties group, although the two groups had similar level of total gene diversity ( $H_T=0.751$  and  $0.778$ , respectively). However, total genetic diversity of cultivated rice was reduced by 20% from wild ancestors due to domestication bottleneck of genetic variation process. In addition, high degree of genetic differentiation was also observed among 37 pure line varieties where most variation was apportioned into among varieties (91%). The high variation was detected among the 37 cultivated varieties, high level of  $F_{ST}$  of 1 observed indicating that Thailand's

cultivated rice has a broad genetic base. In addition, 37 cultivated rice varieties were structured into 3 groups based on STRUCTURE analysis, PCA and NJ clustering method; 1) 12 modern varieties 2) 10 improved traditional varieties and 3) the remaining 15 varieties that overlap between modern and improved traditional varieties.

The weedy rice populations displayed high total genetic diversity ( $H_T=0.736$ ) and high degree of genetic differentiation ( $F_{ST}=0.524$ ). They revealed varying levels of genetic variation within populations, from as high as common wild rice to near zero as cultivated rice. Mating system of the weedy rice was predominantly outcrossing as in common wild rice, the outcrossing rate ( $t$ ) varied from 10% to 67%. The weedy rice populations in the present study were structured by their genetic similarity and differentiation into 2 clusters according to their associated cultivated rice varieties, whether they were modern variety or improved traditional variety. This was further supported by cluster analysis based on PCA and NJ method. The information on population structure of weedy rice provided evidence on which the origin of invasive weedy rice in various areas may be traced. The spread of invasive weedy rice in Thailand has been shown to be the consequence of hybridization and gene flow between native wild rice and local popular cultivated rice in the areas where they have been co-existing in the rice landscape. The predominance of outcrossing traits in the weedy rice, especially extruded stigma, enables backcrossing to crop rice, that in combination with pressure of rice crop management have made the weedy rice genetically closer to the cultivated rice, in a process called crop mimicry. The diversity analysis of the primary rice gene pool in Thailand established that this is a highly dynamic genetic system, with ongoing gene flow among its three

main components, between cultivated and wild rice that produced the weedy rice, which continues to hybridize with both the cultivated and wild rice. While the high level of genetic diversity is retained in weedy rice, how the weedy rice is becoming genetically closer to cultivated rice than wild rice should be closely monitored as this could have important implications for future sustainability of the gene pool.

In the second set of studies, genetic diversity and population structure of landrace rice populations were demonstrated in a landrace rice Bue Chomee, a variety belonging to the Karen ethnic group in Thailand, based on six microsatellite markers. Bue Chomee is genetically variable at all 6 microsatellite loci and diverse in all 33 seed lots representing 33 farmers' fields in 13 villages from Chiang Mai and Mae Hong Son in Northern Thailand. Total genetic diversity of the Bue Chomee landrace was apportioned into 3 components; genetic diversity among individuals ( $H_T=0.435$ ), among fields ( $H_S=0.332$ ) and among villages ( $D_{ST}=0.103$ ). UPGMA clustering based on the genetic distances among fields and villages showed a spatial pattern that corresponds to geographic location, indicating isolation by distance. Genetic isolation by distance structure reflected increasingly limited seed flow as distance between villages increases. Genetic similarity between fields in same villages and between nearby villages is associated with a tradition of seed sharing and seed exchange among farmers. These results from Bue Chomee have demonstrated that rice landraces can be a dynamic, evolving genetic system, rather than the static set of genotypes found in a modern variety. The landraces can respond to evolutionary forces, both natural (local adaptation) and those imposed by human (farmers' managements) and can be selected to meet changing local needs in both production and consumption.

The importance of farmers' management suggested by the second set of studies led to the third set of studies which examined the influence of farmers' managements on genetic variation of two Thai rice landraces, Bue Chomee (BC) and Muey Nawng (MN). Rice seed exchange networks were identified: BC1, BC2, BC3 and BC4 for Bue Chomee from 3 Karen village and MN1 Muey Nawng from a lowland Thai village and MN2 from a Karen village. Genetic diversity and population structure of the landraces were assessed with six microsatellite loci, and found Bue Chomee to be more genetically diverse than Muey Nawng, with different population genetic structure between the two landraces. All 4 Bue Chomee networks displayed similar level of genetic diversity within network. Lower genetic differentiation within network than between networks agrees with the idea that frequent seed exchange among farmers within the village led to genetic uniformity. In contrast, the 2 Muey Nawng networks displayed different level of genetic diversity. Muey Nawng of the Karen (MN2) had greater genetic variation than Muey Nawng of the Thai (MN1), which could have been the consequence of different managements of different ethnic groups. In addition, genetic differentiation was sometimes found as the seed changed hands from one farmer to another within the network. These results, in combination with findings of genetic variation within the rice seed kept by individual farmers found in the second set of studies, strongly indicate how genetic diversity of rice landraces can be influenced by farmers' management of their rice seed.

In conclusion, the present study has elucidated genetic diversity and population structure of rice in Thailand. The rice gene pool, which is composed of common wild rice, cultivated rice and weedy rice, has been shown to be (a) highly

diverse, (b) highly dynamic, with on-going genetic changes in response to evolutionary forces that include farmers' management, seed exchange (seed flow) and gene flow. Common wild rice carried high variation both within and between populations, with clear genetic differentiation between perennial and annual types. The presence of alleles from the cultivated genome in wild populations is indicative of gene flow from cultivated to wild populations. Modern elite varieties of cultivated rice in Thailand showed reduced genetic variation compared with the wild ancestors due to domestication process and intensive selection from breeding program, but still displaying high total genetic diversity indicative of the broad genetic base of Thailand's cultivated rice. Broad level genetic diversity and structure of weedy rice was the outcome of gene flow between native common wild rice and local popular cultivated rice. Level of genetic diversity and population structure of the 3 components of *Oryza sativa* primary gene pool were influenced by the ongoing gene flow process among the complex where they are co-existed. Landraces that are still grown where modern varieties have failed to meet local needs, however, still exhibit genetic structure of the wild rice in (a) high genetic diversity within fields that enable selection and genetic changes to occur, with the consequence of (b) genetic differentiation that correlates significantly ( $P < 0.005$ ) with separation by geographical distance. The genetic variation and population structure of rice populations of this thesis reflected the consequences of one or the combination of evolution processes. Understanding the evolutionary processes that influence population structure and genetic diversity of rice, which must encompass the wild ancestral species of *O. rufipogon*, both the elite modern varieties and landraces of cultivated rice, and the weedy rice which is the hybrid progeny of wild and cultivated rice, will help to inform

the decision for *ex situ* and *in situ* conservation how this valuable germplasm that feed more than half the world is best utilized.



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
Copyright© by Chiang Mai University  
All rights reserved



ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	พลวัตทางวิวัฒนาการของข้าวในประเทศไทย	
ผู้เขียน	นางสาวต่อนภา หุสดี	
ปริญญา	วิทยาศาสตร์คุษฎีบัณฑิต (พืชไร่)	
คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รศ.ดร.ศันสนีย์ จำจด	ประธานกรรมการ
	ศ.ดร.เบญจวรรณ ฤกษ์เกษม	กรรมการ
	รศ.ดร.ดำเนิน กาละดี	กรรมการ

### บทคัดย่อ

ประเทศไทยเป็นส่วนหนึ่งของศูนย์กลางความหลากหลายทางพันธุกรรมและแหล่งกำเนิดข้าว ซึ่งมีแหล่งยีนปฐมภูมิ (primary gene pool) ประกอบด้วย ข้าวป่าสามัญ (*O. rufipogon* Griff.) ข้าววัชพืช (*O. sativa f. spontanea*) และข้าวปลูก (*O. sativa* L.) ซึ่งรวมทั้งข้าวพื้นเมือง (landraces rice) และข้าวพันธุ์สมัยใหม่ ในระบบนิเวศเกษตรของประเทศไทยมักจะพบข้าวป่าสามัญ ข้าววัชพืช และข้าวปลูกขึ้นอยู่ร่วมกันในพื้นที่เดียวกัน ส่วนข้าวพันธุ์พื้นเมืองส่วนใหญ่เก็บรักษาและเพาะปลูกโดยเกษตรกรในท้องถิ่น (indigenous farmer) ในพื้นที่ที่ทำการเกษตรแบบดั้งเดิม (traditional agricultural system) ซึ่งส่วนใหญ่ปลูกเพื่อบริโภคในครัวเรือน วิทยานิพนธ์นี้ ทำการศึกษาพันธุกรรมในข้าวป่าสามัญ ข้าววัชพืช และข้าวปลูก เพื่อแจกแจงลักษณะโครงสร้างของความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร ที่จะบ่งชี้ถึงกระบวนการวิวัฒนาการที่กำลังดำเนินอยู่ในแหล่งพันธุกรรมสำคัญนี้ โดยมีวัตถุประสงค์เฉพาะของการศึกษาเพื่อ 1) ประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างของ primary gene pool ของข้าวในประเทศไทย 2) แสดงให้เห็นถึงพลวัตของความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากร ที่สะท้อนถึงกระบวนการทางวิวัฒนาการในแหล่งยีนปฐมภูมิของข้าวในประเทศไทย 3) บ่งบอกพลวัตในแหล่งพันธุกรรมที่เป็นสาเหตุการรุกรานของข้าววัชพืชในหลายพื้นที่ในประเทศไทย 4) ประเมินความหลากหลายและโครงสร้างประชากรข้าวพื้นเมือง และ 5) แสดงให้เห็นถึงอิทธิพลของการจัดการของเกษตรกรที่มีต่อความหลากหลายและโครงสร้างประชากรข้าวพื้นเมือง โดยแบ่งการศึกษาออกเป็น 3 ชุด

การศึกษาชุดที่ 1 ทำการประเมินความหลากหลายและโครงสร้างประชากรของ primary gene pool ของข้าวในประเทศไทย ในข้าวป่าสามัญ 42 ประชากร ข้าวปลูกสายพันธุ์แท้ 37 พันธุ์ และข้าววัชพืช 12 ประชากรโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล microsatellite marker จำนวน 12 ตำแหน่ง วิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของข้าวแต่ละกลุ่มแบบแยกวิเคราะห์และวิเคราะห์ร่วมกันโดยใช้โปรแกรม STRUCTURE วิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยวิธี PCA (principle component analysis) และ NJ method (Neighbor-joining method) พบว่าข้าวป่าสามัญมีความหลากหลายทั้งภายในและระหว่างประชากรสูงกว่าข้าวปลูกและข้าววัชพืช โดยข้าวป่าสามัญมีความหลากหลายภายในประชากร (gene diversity,  $h$ ) อยู่ระหว่าง 0.219 ถึง 0.756 ความหลากหลายระหว่างประชากร (gene diversity between populations,  $D_{ST}$ ) เท่ากับ 0.258 และความหลากหลายรวม (total gene diversity,  $H_T$ ) เท่ากับ 0.827 จากการวิเคราะห์โครงสร้างประชากรพบว่าข้าวป่าสามัญมีโครงสร้างประชากรแบ่งตามลักษณะการสืบพันธุ์ (life-history traits) ได้แก่ข้าวป่าชนิดข้ามปี และข้าวป่าชนิดปีเดียว มากกว่าที่จะแยกตามภูมิภาค โดยมีค่าดัชนีความแตกต่างทางพันธุกรรม (genetic differentiation) ระหว่างข้าวป่าชนิดข้ามปีและข้าวป่าชนิดปีเดียว ( $F_{ST}=0.049$ ) สูงกว่าค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างข้าวป่าสามัญจากต่างภูมิภาค ( $F_{ST}=0.027$ ) ข้าวป่าสามัญชนิดข้ามปีมีความหลากหลายรวม ( $H_T=0.815$ ) สูงกว่าข้าวป่าสามัญชนิดปีเดียว ( $H_T=0.783$ ) ข้าวป่าสามัญชนิดข้ามปีพบได้ทั่วไปในพื้นที่น้ำลึก อ่างเก็บน้ำ คลองส่งน้ำ และพื้นที่อื่นๆที่มีน้ำขังตลอดปี ทั่วภาคเหนือ ภาคเหนือตอนล่าง ภาคกลาง และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ส่วนข้าวป่าสามัญชนิดปีเดียวส่วนใหญ่พบในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ในแปลงนาร้าง บนคันนาหรือขอบแปลงนา คูน้ำหรือร่องน้ำ ชั่วคราวข้างถนนหรือข้างแปลงนา เมื่อวิเคราะห์ในระดับโมเลกุลพบว่าข้าวป่าสามัญชนิดข้ามปีมีความหลากหลายภายในประชากรสูงกว่า แต่มีค่าดัชนีความแตกต่างระหว่างประชากรต่ำกว่าข้าวป่าสามัญชนิดปีเดียว เมื่อพิจารณาระบบสืบพันธุ์ (mating system) พบว่าข้าวป่าสามัญชนิดข้ามปีมีระบบการสืบพันธุ์ส่วนใหญ่เป็นแบบผสมข้าม มีอัตราการผสมข้ามประมาณ 73% และส่วนใหญ่ขยายพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ (vegetative propagation) ส่วนข้าวป่าสามัญชนิดปีเดียวมีระบบการสืบพันธุ์ส่วนใหญ่เป็นแบบผสมตัวเอง มีอัตราการผสมตัวเองประมาณ 71% และขยายพันธุ์โดยอาศัยเมล็ด (seed propagation) เมื่อวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยวิธี PCA และ NJ method โดยใช้ค่าความห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) พบว่าข้าวป่าสามัญแยกออกเป็นสองกลุ่ม ซึ่งให้ผลตรงกันกับผลการวิเคราะห์โครงสร้างประชากรคือ กลุ่มข้าวป่าสามัญชนิดข้ามปี และกลุ่มข้าวป่าสามัญชนิดปีเดียว

ส่วนข้าวปลูกสายพันธุ์แท้ทั้ง 37 พันธุ์แบ่งเป็นข้าวปลูกพันธุ์สมัยใหม่ (modern variety) 23 พันธุ์ และพันธุ์ปรับปรุงจากพันธุ์พื้นเมือง (improved traditional variety) 14 พันธุ์ พบว่าข้าวปลูกทั้ง

37 พันธุ์มีความหลากหลายรวมสูง ( $H_T=0.8$ ) แต่ไม่พบความหลากหลายภายในแต่ละพันธุ์ ( $h=0$  and  $H_S=0$ ) เมื่อแยกพิจารณาระหว่างข้าวพันธุ์สมัยใหม่และพันธุ์ปรับปรุงจากพันธุ์พื้นเมือง พบว่ามีความหลากหลายรวมใกล้เคียงกัน ( $H_T=0.751$  และ  $0.778$  ตามลำดับ) อย่างไรก็ตามความหลากหลายในข้าวปลูกที่พบว่ามีค่าสูงแต่ก็ยังมีค่าน้อยกว่าข้าวป่าสามัญที่เป็นบรรพบุรุษเป็นผลเนื่องจากกระบวนการ domestication bottleneck ของความหลากหลายทางพันธุกรรม นอกจากนี้ยังพบว่าข้าวปลูกทั้ง 37 พันธุ์มีความแตกต่างทางพันธุกรรมสูง โดยความแตกต่างส่วนใหญ่ (91%) เป็นความแตกต่างระหว่างพันธุ์แสดงให้เห็นว่าข้าวปลูกของไทยมีฐานพันธุกรรมที่กว้าง จากการวิเคราะห์โครงสร้างของประชากรโดยใช้โปรแกรม STRUCTURE และวิเคราะห์การจัดกลุ่มโดยวิธี PCA และ NJ method พบว่าข้าวปลูกแบ่งได้เป็น 3 กลุ่มคือ 1) กลุ่มข้าวปลูกพันธุ์สมัยใหม่ (modern variety) จำนวน 12 พันธุ์ 2) กลุ่มข้าวพันธุ์ปรับปรุงจากพันธุ์พื้นเมือง (improved traditional variety) จำนวน 10 พันธุ์ และ 3) กลุ่มข้าวพันธุ์สมัยใหม่และพันธุ์ปรับปรุงจากพันธุ์พื้นเมืองที่เหลืออีก 15 พันธุ์

สำหรับประชากรข้าววัชพืช (weedy rice) พบว่ามีความหลากหลายรวมทั้ง 12 ประชากร ( $H_T=0.736$ ) และมีค่าดัชนีความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร ( $F_{ST}=0.524$ ) สูง แต่มีระดับความหลากหลายภายในประชากรแตกต่างกันมีตั้งแต่สูงใกล้เคียงกับข้าวป่าไปจนถึงน้อยเกือบเป็นศูนย์เหมือนข้าวปลูก เมื่อพิจารณาระบบการผสมพันธุ์พบว่าข้าววัชพืชมีลักษณะการผสมพันธุ์ส่วนใหญ่เป็นแบบผสมข้ามเหมือนข้าวป่าสามัญ โดยมีอัตราการผสมข้าม ( $t$ ) อยู่ระหว่าง 10% ถึง 67% โครงสร้างประชากรของข้าววัชพืชพบว่าแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มตามชนิดพันธุ์ของข้าวปลูกที่ขึ้นร่วม คือข้าวพันธุ์สมัยใหม่ (modern variety) และข้าวพันธุ์ปรับปรุง (improved traditional variety) ผลจากการจัดกลุ่มโดยวิธี PCA และ NJ method พบว่าให้ผลเช่นเดียวกันกับโครงสร้างประชากร จากข้อมูลโครงสร้างประชากรของข้าววัชพืชดังกล่าวนำมาใช้เป็นพื้นฐานในการศึกษาหาสาเหตุการรุกรานของข้าววัชพืชในหลายพื้นที่ในประเทศไทย พบว่าการแพร่กระจายของข้าววัชพืชเป็นผลจากการผสมข้าม (hybridization) และแลกเปลี่ยนยีน (gene flow) ระหว่างข้าวป่าสามัญและข้าวปลูกที่อาศัยร่วมกันในพื้นที่นา การที่ข้าววัชพืชมีระบบการผสมพันธุ์ส่วนใหญ่เป็นแบบผสมข้าม โดยเฉพาะมีเกสรตัวเมียที่โผล่ออกมานอกดอกเอื้อต่อการผสมกลับ (backcrossing) กับข้าวปลูก และรวมกับการจัดการระบบการทำนา ส่งผลทำให้ข้าววัชพืชมีพันธุกรรมเหมือนข้าวปลูกเรียกกระบวนการดังกล่าวนี้ว่า crop mimicry จากการวิเคราะห์ความหลากหลายแสดงให้เห็นว่า primary gene pool ของข้าวปลูกเอเชียในประเทศไทยเป็นพลวัตของระบบพันธุกรรม ที่มีแลกเปลี่ยนยีนเกิดขึ้นอยู่ตลอดเวลา ระหว่างข้าวป่า ข้าวปลูกและข้าววัชพืช โดยการผสมข้ามระหว่างข้าวปลูกและข้าวป่าสามัญก่อให้เกิดข้าววัชพืช ซึ่งข้าววัชพืชสามารถผสมข้ามได้กับทั้งข้าว

ปลูกและข้าวป่าสามัญ ส่วนการที่ข้าววัชพืชมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงและมีพันธุกรรมเหมือนกับข้าวปลูกมากกว่าข้าวป่านั้น เป็นสิ่งที่ควรเฝ้าติดตามสำหรับการดำรงรักษาแหล่งยีนปฐมภูมินี้ต่อไปในอนาคต

การศึกษาชุดที่ 2 เป็นการประเมินความหลากหลายและโครงสร้างประชากรข้าวพื้นเมืองของชาวกะเหรี่ยงในประเทศไทย พันธุ์บือชอมี โดยใช้ microsatellite marker จำนวน 6 ตำแหน่ง พบความหลากหลายใน microsatellite ทั้ง 6 ตำแหน่งและภายในตัวอย่างข้าวทั้ง 33 ตัวอย่างที่เก็บจากเกษตร 33 รายใน 13 หมู่บ้าน 2 จังหวัดภาคเหนือของประเทศไทย ความหลากหลายที่พบในข้าวพันธุ์บือชอมีแบ่งออกได้เป็น 3 ระดับได้แก่ ความหลากหลายระหว่างต้น ( $H_T=0.435$ ) ระหว่างเกษตรกร ( $H_S=0.332$ ) และระหว่างหมู่บ้าน ( $D_{ST}=0.103$ ) การจัดกลุ่มโดยวิธี UPGMA โดยใช้ความห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) ในระดับระหว่างเกษตรกร และระหว่างหมู่บ้าน พบแบบแผนโครงสร้างประชากรที่เกี่ยวข้องกับที่ภูมิศาสตร์ (geography) เรียกว่า isolation by distance คือ ตัวอย่างข้าวบือชอมีจากเกษตรกรที่อยู่ในหมู่บ้านเดียวกันหรือหมู่บ้านที่ใกล้กันจะมีความห่างทางพันธุกรรมน้อยกว่าตัวอย่างข้าวที่มาจากหมู่บ้านที่ห่างไกลกัน ซึ่งเป็นผลจากการจำกัดการแลกเปลี่ยนเมล็ดพันธุ์ (seed flow) จากผลการทดลองในข้าวพื้นเมืองพันธุ์บือชอมี แสดงให้เห็นว่าข้าวพื้นเมืองอยู่ภายใต้พลวัต คือมีการเปลี่ยนแปลงของระบบพันธุกรรมมากกว่าที่จะหยุดนิ่งเหมือนข้าวปลูกสมัยใหม่ ข้าวพื้นเมืองสามารถตอบสนองต่อแรงขับทางวิวัฒนาการ (evolutionary force) ทั้งแรงจากธรรมชาติคือการปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมแต่ละท้องถิ่น และแรงที่กำหนดโดยมนุษย์คือการจัดการของเกษตรกร และถูกคัดเลือกเพื่อให้ตรงตามความต้องการของท้องถิ่นที่เปลี่ยนไปทั้งในแง่การผลิตและการบริโภค

จากการศึกษาความสำคัญของการจัดการของเกษตรกรที่แสดงให้เห็นในการศึกษาชุดที่ 2 นำมาสู่การศึกษาในชุดที่ 3 ซึ่งจะแสดงให้เห็นถึงผลของอิทธิพลของการจัดการของเกษตรกรต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมของข้าวพื้นเมืองสองพันธุ์คือพันธุ์บือชอมี (BC) และพันธุ์หมยนอง (MN) โดยเครือข่ายแลกเปลี่ยนเมล็ดพันธุ์ของข้าวพันธุ์บือชอมี 4 เครือข่าย (BC1, BC2, BC3 และ BC4) จากหมู่บ้านชนเผ่ากะเหรี่ยง 3 หมู่บ้าน ส่วนข้าวพันธุ์หมยนอง 2 เครือข่าย จากหมู่บ้านคนเมือง (MN1) และชนเผ่ากะเหรี่ยง (MN2) ทำการประเมินความหลากหลายและโครงสร้างประชากรของข้าวพื้นเมืองโดยใช้ microsatellite marker จำนวน 6 ตำแหน่ง พบว่าตัวอย่างข้าวในทั้ง 6 เครือข่ายถูกเปลี่ยนมือ 32 ครั้ง มี 25 ครั้งที่มีพันธุกรรมแตกต่างกัน โดยข้าวพื้นเมืองพันธุ์บือชอมีมีความหลากหลายสูงกว่าพันธุ์หมยนอง และพบความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างข้าวพื้นเมืองพันธุ์บือชอมีและหมยนอง โดยตัวอย่างข้าวพื้นเมืองพันธุ์บือชอมีจากทั้ง 4 เครือข่ายมีความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับที่ใกล้เคียงกัน และความแตกต่างทางพันธุกรรมของ

ตัวอย่างภายในเครือข่ายเดียวกันมีค่าน้อยกว่าระหว่างเครือข่ายโดยเฉพาะตัวอย่างที่มาจากหมู่บ้านที่อยู่ห่างไกลกัน ซึ่งเป็นผลจากแบบแผนการแลกเปลี่ยนเมล็ดพันธุ์ที่ส่วนใหญ่จะแลกเปลี่ยนภายในหมู่บ้านมากกว่าแลกเปลี่ยนกับเกษตรกรจากนอกหมู่บ้าน ส่วนข้าวพื้นเมืองพันธุ์หมยนองพบความแตกต่างของระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างเครือข่ายแลกเปลี่ยนเมล็ดพันธุ์โดยเครือข่าย MN2 ที่ปลูกโดยคนเมืองมีความหลากหลายและความแตกต่างทางพันธุกรรมภายในเครือข่ายสูงกว่าเครือข่าย MN1 ที่ปลูกโดยชนเผ่ากะเหรี่ยง อาจเป็นผลจากการจัดการที่แตกต่างกันของแต่ละกลุ่มชาติพันธุ์ นอกจากนั้นความแตกต่างที่พบภายในเครือข่ายเกิดเนื่องจากการที่เมล็ดถูกเปลี่ยนมือจากเกษตรกรคนหนึ่งไปยังอีกคนหนึ่ง จากผลการทดลองดังกล่าวและผลการทดลองที่พบในการศึกษาชุดที่ 2 สามารถเป็นตัวบ่งชี้ให้เห็นถึงอิทธิพลของการจัดการเกี่ยวกับเมล็ดพันธุ์ของเกษตรกรต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมข้าวพื้นเมืองได้อย่างไร

โดยสรุปการศึกษานี้แสดงให้เห็นถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของข้าวในประเทศไทย แหล่งยีนปฐมภูมิของข้าว (rice gene pool) ซึ่งประกอบด้วย ข้าวป่าสามัญ ข้าวปลูก และข้าววัชพืช (1) มีความหลากหลายสูง (2) มีการเปลี่ยนแปลงตลอดเวลา (dynamics) ซึ่งเป็นผลจากแรงขับทางวิวัฒนาการ (evolutionary forces) ได้แก่ การจัดการของเกษตรกร การแลกเปลี่ยนเมล็ดพันธุ์ และการแลกเปลี่ยนยีน โดยข้าวป่าสามัญมีความหลากหลายสูงที่สุดทั้งภายในและระหว่างประชากร และมีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างชัดเจนระหว่างข้าวป่าสามัญชนิดข้ามปีและชนิดปีเดียว การที่พบว่า มี allele ของข้าวปลูกในประชากรข้าวป่าแสดงให้เห็นถึงกระบวนการแลกเปลี่ยนยีนจากข้าวปลูกไปสู่ข้าวป่า ข้าวปลูกพันธุ์สมัยใหม่ของประเทศไทยพบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมลดลงจากข้าวป่าที่เป็นบรรพบุรุษเป็นผลเนื่องจากกระบวนการ domestication และการคัดเลือกอย่างเข้มข้นในขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์ แต่ก็ยังพบว่ามีความหลากหลายรวมสูงแสดงให้เห็นว่าข้าวปลูกของไทยนั้นมีฐานพันธุกรรมที่กว้าง ส่วนข้าววัชพืชที่พบว่ามีระดับความหลากหลายภายในประชากรอยู่ในช่วงที่กว้างนั้นเป็นผลมาจากกระบวนการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างข้าวป่าและข้าวปลูกในพื้นที่ ความหลากหลายและโครงสร้างประชากรของแหล่งยีนปฐมภูมิเกิดจากอิทธิพลของกระบวนการแลกเปลี่ยนยีนที่ดำเนินอยู่ตลอดเวลา ระหว่างข้าวป่า ข้าวปลูก และข้าววัชพืช ที่อยู่รวมในพื้นที่เดียวกัน สำหรับข้าวพื้นเมืองยังคงมีความสำคัญสำหรับพื้นที่ที่ไม่สามารถปลูกข้าวพันธุ์สมัยใหม่ และพบว่ามีลักษณะ โครงสร้างประชากรเหมือนข้าวป่าให้เห็นคือ (1) มีความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในตัวอย่างสูง ทำให้สามารถถูกคัดเลือกและเกิดการเปลี่ยนแปลงของพันธุกรรมได้ส่งผลให้เกิด (2) ความแตกต่างทางพันธุกรรมที่มีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.005$ ) กับแบ่งแยกตามความห่างทางภูมิศาสตร์ การศึกษาความหลากหลายและโครงสร้างประชากรของข้าวของวิทยานิพนธ์นี้สะท้อนให้เห็นถึงผล

ที่เกิดจากกระบวนการทางวิวัฒนาการกระบวนการใดกระบวนการหนึ่งหรือร่วมกันหลายกระบวนการ การเข้าใจถึงกระบวนการทางวิวัฒนาการที่มีอิทธิพลต่อโครงสร้างประชากรและความหลากหลายของประชากรข้าว ซึ่งต้องรวมทั้งข้าวป่าที่เป็นบรรพบุรุษ คือ *Oryza rufipogon* ข้าวปลูก ทั้งข้าวพันธุ์สมัยใหม่และพันธุ์พื้นเมือง และข้าววัชพืชที่เป็นลูกผสมของข้าวป่าและข้าวปลูก จะช่วยให้ทราบข้อมูลในการตัดสินใจในการอนุรักษ์ในสภาพธรรมชาติ (*in situ*) และนอกสภาพธรรมชาติ (*ex situ*) รวมถึงการใช้ประโยชน์จากแหล่งพันธุกรรมที่เลี้ยงประชากรโลกมากกว่าครึ่งนี้ให้ได้ประโยชน์สูงสุด



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
Copyright© by Chiang Mai University  
All rights reserved