

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในการอนุรักษ์พืช



นภัสพร พันธุ์ทอง

สวนพฤกษศาสตร์สมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์

องค์การสวนพฤกษศาสตร์ กระทรวงทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม

ความสำคัญ



การอนุรักษ์พันธุกรรมของพืช มีความสำคัญต่อชีวิตและความเป็นอยู่ของประชากรในอนาคตเป็นอย่างมาก เพราะพันธุกรรมพืชถือเป็นทรัพยากรที่มีค่าและมีความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์พืชในอนาคต ความหลากหลายทางพันธุกรรมของทรัพยากรเหล่านี้อาจสูญหายไป เนื่องจากความไม่รู้ของมนุษย์ในการใช้ทรัพยากรเหล่านี้ วิทยาการในการจัดจำแนกและการอนุรักษ์พันธุกรรมพืชจึงมีบทบาทสำคัญที่จะดำรงทรัพยากรนี้ให้ยั่งยืนและถูกต้องตามหลักทางวิชาการ



ความหลากหลายทางพันธุกรรม

ความหลากหลายทางพันธุกรรม หมายถึง ความหลากหลายของยีนที่มีอยู่ในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด สิ่งมีชีวิตชนิดเดียวกันมีถิ่นแตกต่างกันไปตามสายพันธุ์ ซึ่งในระบบนิเวศหนึ่งๆ จะประกอบด้วยกลุ่มสิ่งมีชีวิตหลากหลายชนิด แม้ในสิ่งมีชีวิตเดียวกันก็ยังมี ความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ทำให้เกิดสายพันธุ์ต่างๆ ขึ้น อันเป็นรากฐานสำคัญที่เอื้ออำนวยให้สิ่งมีชีวิตสามารถดำรงชีวิตให้สอดคล้องกับสภาพการเปลี่ยนแปลงของสิ่งแวดล้อมรอบๆ ตัวได้อย่างมีประสิทธิภาพ และสามารถดำรงเผ่าพันธุ์ได้ต่อไป

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืช



ภาพที่ 1 กล้วยไม้พันธุ์ต่างๆ

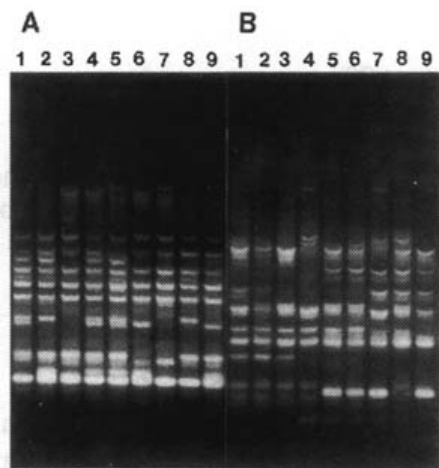
ภาพจาก : <http://bee00002.wordpress.com/2010/07/15>

การศึกษาพันธุกรรมของพืชเพื่อเก็บรวบรวมเป็นฐานข้อมูลและการใช้ประโยชน์ในอนาคตและการจำแนกกลุ่มพืช สามารถทำได้โดยอาศัยความแตกต่างของลักษณะทางพันธุกรรมที่ปรากฏอยู่ แต่อย่างไรก็ตามการอาศัยลักษณะดังกล่าวมีข้อจำกัด

มากมาย โดยเฉพาะอย่างยิ่งถ้าพืชเหล่านั้นมีลักษณะที่ใกล้เคียงกัน การเลือกใช้เทคนิคทางด้านชีวโมเลกุลจะเป็นเครื่องมือที่มีประสิทธิภาพในการศึกษาเรื่องดังกล่าว ตัวอย่างเช่น

- **RAPD** (Random Amplified Polymorphic DNA) เป็นการตรวจสอบความแตกต่างหรือความหลากหลายของจีนดีเอ็นเอ ซึ่งถูกทำให้เพิ่มปริมาณโดยปฏิกิริยาลูกโซ่จำลองตัว (Polymerase Chain Reaction; PCR) แบบสุ่ม เราสามารถทำให้สารพันธุกรรมจำลองตัวเองได้ในหลอดทดลอง (in vitro) โดยมีองค์ประกอบสำคัญคือ เอนไซม์จำลองตัวชนิดทนความร้อน (Taq DNA polymerase), สารพันธุกรรมต้นแบบ (DNA template), จีนดีเอ็นเอรหัสเริ่มต้นจำลองตัว (primer), และองค์ประกอบย่อยของดีเอ็นเอ (deoxynucleotide; dNTPs) เนื่องจากจีนดีเอ็นเอที่ใช้เป็นรหัสเริ่มต้นมีขนาดที่สั้น (ประมาณ 10 เบส) จึงสามารถเข้าคู่กับสารพันธุกรรมต้นแบบได้หลายตำแหน่งโดยสุ่ม หากการเข้าคู่นั้นเกิดขึ้นในทิศทางที่เหมาะสมก็จะทำให้เกิดการจำลองตัวของจีนดีเอ็นเอ ซึ่งความแตกต่างของสารพันธุกรรมนี้ได้นำให้เกิด

ความแตกต่างในความสามารถของการเกิดการจำลองตัว และขนาดจีนดีเอ็นเอที่ถูกจำลองตัว



ภาพที่ 2 ลายพิมพ์ดีเอ็นเอขององุ่นจากการทำเทคนิค RAPD

ภาพจาก : www.hort.cornell.edu/.../longprime.htm

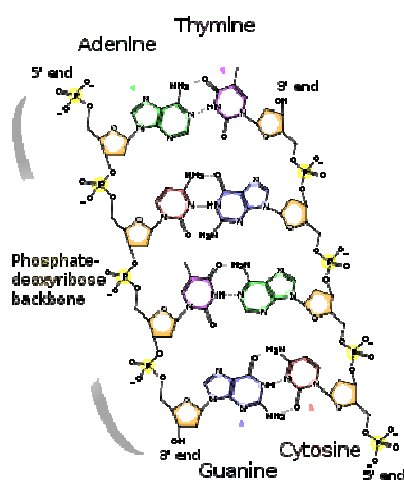
- **RFLP** (Restriction Fragment Length Polymorphism) หมายถึง การตรวจสอบความแตกต่างหรือความหลากหลายของจีนดีเอ็นเอหลังจากถูกย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ (restriction enzyme) สารพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตต่างสายพันธุ์กันย่อมมีลำดับเบสที่แตกต่างกันไม่มากนัก ความแตกต่างนี้อาจเกิดจากการกลายพันธุ์ (mutation) ตามธรรมชาติ ซึ่งมีผลให้ตำแหน่งจดจำ (recognition site) ของเอนไซม์เปลี่ยนแปลงไป โดยหลักการเข้าคู่ (hybridization) ของเส้นดีเอ็นเอคู่สม (complementary) โดยอาศัยจีนดีเอ็นเอตรวจสอบ (probe) เราสามารถตรวจพบความเปลี่ยนแปลงนั้นได้

- **AFLP** (Amplified Fragment Length Polymorphism) หมายถึง การตรวจสอบความแตกต่างหรือความหลากหลายของจีนดีเอ็นเอที่ได้จากการย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ ซึ่งตรวจสอบได้โดยปฏิกิริยา ลูกโซ่จำลองตัว เป็นการรวมหลักการของ RFLP และ RAPD เข้าด้วยกัน สารพันธุกรรมจะถูกย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะสองชนิดที่มีตำแหน่งจดจำที่แตกต่างกัน จีนดีเอ็นเอที่ได้จะถูกต่อเข้ากับจีนดีเอ็นเอสังเคราะห์ทราบรหัส (adapter) 2 ชนิด จากนั้นปฏิกิริยาลูกโซ่จำลองตัวจะเพิ่มปริมาณจีนดีเอ็นเอบางชิ้น โดยอาศัยจีนดีเอ็นเอรหัสเริ่มต้นจำลองตัวที่จำเพาะกับจีนดีเอ็นเอสังเคราะห์ทราบรหัสและเบสคัดเลือก (N) ในจีนดีเอ็นเอเป้าหมาย ข้อดีของ AFLP คือ มีความแน่นอนของผลการตรวจสอบสูงเหมือน RFLP และสามารถตรวจสอบความหลากหลายได้หลายตำแหน่งภายในสารพันธุกรรมเหมือน RAPD

- **SSLP (Simple Sequence Length Polymorphism)** หมายถึง การตรวจสอบความแตกต่างของขนาดชิ้นดีเอ็นเอจำลองที่เกิดจากความแตกต่างของจำนวนชุดของลำดับเบสซ้ำ (simple sequence repeat) ผลจากปฏิกิริยาถูกใช้จำลองตัวเพื่อเพิ่มปริมาณของลำดับเบสซ้ำเหล่านั้น คือ ชิ้นดีเอ็นเอขนาดต่างๆ ซึ่งแสดงถึงความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ได้ SSLP จึงนับเป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่ได้รับการพัฒนานำมาสามารถตรวจสอบความหลากหลายได้มากกว่า RFLP ทั้งยังตรวจสอบผลได้ง่าย และใช้สารพันธุกรรมเริ่มต้นเพียงปริมาณน้อย

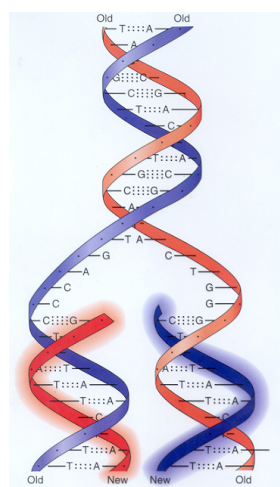
เครื่องหมายโมเลกุลและการใช้ประโยชน์

ยีน (gene) คือ หน่วยพันธุกรรม หรือหน่วยควบคุมลักษณะ เป็นส่วนของดีเอ็นเอที่มีการเรียงตัวแบบเฉพาะตั้งอยู่บนโครโมโซม ประกอบด้วยส่วนที่ควบคุมการแสดงออก (promoter) และส่วนโครงสร้าง (structural) ความแตกต่างของยีนเกิดขึ้นจากการเรียงตัวของลำดับของนิวคลีโอไทด์ (nucleotide) ที่แตกต่างกัน การแสดงออกของยีนจะแสดงออกในรูปของลักษณะทางฟีโนไทป์ (phenotype) ข้อมูลทางพันธุกรรมเหล่านี้มีการแสดงออกผ่านทาง อาร์เอ็นเอ (RNA) ซึ่งเกี่ยวข้องกับกระบวนการสร้างโปรตีนที่มีความจำเพาะต่อลำดับนิวคลีโอไทด์นั้นๆ ลักษณะต่างๆ ที่ปรากฏในสิ่งมีชีวิต เกิดจากผลรวมของการทำงานร่วมกันของโปรตีนต่าง ๆ นั้นเอง



ภาพที่ 3 โครงสร้างของดีเอ็นเอ

ภาพจาก : <http://en.wikipedia.org/wiki/DNA>



ภาพที่ 4 การจำลองตัวของดีเอ็นเอ

ภาพจาก : [www.dna6-5kks.ob.tc/การจำลอง ...](http://www.dna6-5kks.ob.tc/การจำลอง...)

เครื่องหมายโมเลกุล หรือเครื่องหมายดีเอ็นเอ (Molecular markers) คือ ลำดับเบสช่วงหนึ่งบนโครโมโซมซึ่งสามารถบ่งบอกตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งบนโครโมโซมที่ตรวจสอบได้ และมีการถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกได้ นำมาใช้เป็นเครื่องหมายในการตรวจสอบถึงความแตกต่างในระดับของยีน หรือดีเอ็นเอในพืชที่เราทำการศึกษา ซึ่งมีความถูกต้องแม่นยำ และมีความจำเพาะมากกว่าเครื่องหมายชนิดอื่น



พันธุศาสตร์อนุรักษ์ (Conservation Genetics)

พันธุศาสตร์อนุรักษ์ เป็นอีกทฤษฎีหนึ่งทางด้านพันธุกรรม ที่จะช่วยลดความเสี่ยงของการสูญพันธุ์ของสิ่งมีชีวิตได้ในระยะยาว ซึ่งหลักของพันธุศาสตร์อนุรักษ์ มีดังนี้

1. ความหลากหลายทางชีวภาพของพืชที่กำลังลดลงอย่างรวดเร็ว ทั้งโดยทางตรงและทางอ้อมจากน้ำมือมนุษย์ (การทำลายแหล่งที่อยู่อาศัย การใช้ทรัพยากรอย่างฟุ่มเฟือย มลภาวะ และการแพร่กระจายพันธุ์จากต่างถิ่นเข้าไปในแหล่งที่อยู่ใหม่) การลดจำนวนประชากรเป็นการเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ อันเนื่องมาจากเหตุการณ์เปลี่ยนแปลงต่างๆ อาทิเช่น การเปลี่ยนแปลงของประชากร สิ่งแวดล้อม พันธุกรรม และภัยธรรมชาติ

2. ประเด็นด้านพันธุศาสตร์ของชีววิทยานุรักษ์นั้น เกิดขึ้นจากการที่สิ่งมีชีวิตที่ถูกคุกคาม มีประชากรจำนวนน้อย ซึ่งมีผลเสียอย่างร้ายแรง

3. ประเด็นสำคัญทางพันธุศาสตร์ คือ การขาดความหลากหลายทางพันธุกรรม ผลเสียของการเกิดการผสมพันธุ์แบบเลือดชิด (inbreeding) ที่มีต่อการขยายพันธุ์และความสามารถในการรอดชีวิต โดยเฉพาะอย่างยิ่ง การเกิดการคัดเลือกพันธุ์ และการปรับตัวทางพันธุกรรม เพื่อให้เข้ากับการถูกกักขังเพาะเลี้ยง



ภาพที่ 5 พืชที่เจริญเติบโตจากการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อในห้องปฏิบัติการ

ภาพจาก : www.tissiam.com/archives/121

4. การวิเคราะห์ทางพันธุกรรมระดับโมเลกุลสามารถช่วยงานทางอนุรักษ์ได้ โดยใช้เป็นเครื่องมือตรวจสอบ การล่าและการค้าผิดกฎหมาย โดยการหาข้อสรุปทางอนุกรมวิธานในกรณีที่ไม่แน่ใจ และสามารถให้ข้อมูลทางชีววิทยาของแต่ละชนิดพันธุ์ด้วย

5. สายพันธุ์ที่มีประชากรขนาดเล็กและ/หรือมีการลดจำนวนลง นั้นเรียกว่า ชนิดพันธุ์ที่ถูกคุกคาม (Threatened) ซึ่งจะเกิดการสืบพันธุ์แบบเลือดชิด และการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมอย่างไม่สามารถหลีกเลี่ยงได้

6. การสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรม เป็นการลดความสามารถของกลุ่มประชากรที่จะปรับตัวเข้ากับสิ่งแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไป ซึ่งหมายถึงลดศักยภาพในการวิวัฒนาการนั่นเอง ลักษณะ

ความแตกต่างหลากหลายเชิงปริมาณ จึงเป็นส่วนประกอบหลักของความหลากหลายทางพันธุกรรม ซึ่งมีผลต่อสมรรถภาพของการสืบพันธุ์เป็นอย่างยิ่ง

7. จากการศึกษาในสิ่งมีชีวิตที่การสืบพันธุ์โดยธรรมชาติแล้ว จะไม่มีการสืบพันธุ์ในสายเลือดใกล้เคียงกัน หากมีการสืบพันธุ์แบบเลือดชิดกันแล้ว จะเกิดผลเสียร้ายแรงต่อการสืบพันธุ์และการรอดชีวิต คือ เกิดการเสื่อมถอยของลักษณะบางลักษณะ และอาจจะทำให้สูญเสียยีนที่ดีไปจากประชากรได้ (Inbreed depression)

8. โดยทั่วไปแล้วปัจจัยทางพันธุกรรม จะช่วยเพิ่มความเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ และในหลายครั้งที่เป็นตัวการสำคัญที่มีผลต่อความทนทานต่อการสูญพันธุ์

9. การสืบพันธุ์แบบเลือดชิดและการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมนั้น จะขึ้นอยู่กับขนาดของประชากรที่มีผลกับพันธุกรรม มากกว่าจำนวนประชากรจากการสำรวจ

ภาพที่ 6 พุ่มดอกกระเจียว จังหวัดชัยภูมิ

ภาพจาก : www.howdy-thaihotel.com/.../



10. ในกลุ่มประชากรที่ไม่ได้มีการจัดการนั้น ขนาดประชากรที่มีศักยภาพทางพันธุกรรมมักจะมีจำนวนน้อยกว่าจำนวนประชากรจากการสำรวจมาก ซึ่งบ่อยครั้งที่จะมีจำนวนเพียง 1 ใน 10 เท่านั้น

11. เพื่อหลีกเลี่ยงผลจาก Inbreed depression นั้น จำเป็นที่จะต้องมิขนาดประชากรที่มีศักยภาพทางพันธุกรรมมากกว่า 50 ($N > 500$) มีกลุ่มประชากรหลายกลุ่มของสิ่งมีชีวิตที่อยู่ในป่า และในที่กักขังเพาะเลี้ยงนั้น มิขนาดประชากรที่เล็ก และเสี่ยงต่อการเกิดการสืบพันธุ์แบบเลือดชิดและการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมในช่วงระยะเวลาหนึ่ง

12. วัตถุประสงค์ของการจัดการทางพันธุกรรม คือ เพื่ออนุรักษ์ชนิดพันธุ์ที่ถูกคุกคามให้เป็นสิ่งที่มีการเปลี่ยนแปลงได้ มีความสามารถที่จะปรับตัวเพื่อเข้ากับสิ่งแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไป

13. การจัดการอนุรักษ์สิ่งมีชีวิตที่หายากโดยไม่สนใจต่อประเด็นทางด้านพันธุกรรมนั้น บ่อยครั้งที่นำไปสู่การจัดการที่ด้อยคุณภาพ และในหลายกรณีที่กลายเป็นการตัดสินใจที่ผิดพลาดและเกิดผลเสียตามมาอย่างมาก

14. ขั้นตอนแรกของการจัดการสิ่งมีชีวิตใกล้สูญพันธุ์ คือ การหาข้อสรุปในการจัดหมวดหมู่สิ่งมีชีวิตที่ยังคลุมเครืออยู่ เพื่อที่จะจัดการแยกหน่วยทางพันธุกรรมย่อยในชนิดพันธุ์อย่างเหมาะสม ซึ่งการวิเคราะห์ทางพันธุศาสตร์นั้นสามารถช่วยแก้ไขข้อสงสัยนี้ได้

15. การจัดการข้อมูลทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตที่ใกล้สูญพันธุ์ในธรรมชาตินั้น ยังอยู่ในช่วงเริ่มต้น

16. สิ่งที่ทำหายของพันธุศาสตร์อนุรักษ์ คือ การจัดการกลุ่มประชากรส่วนน้อย (fragmented populations) เพื่อลดการสืบพันธุ์แบบเลือดชิดและการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรม ทั้งนี้การลดความเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ จำเป็นต้องมีการเคลื่อนย้ายสมาชิกระหว่างประชากรส่วนน้อย หรือสร้างทางเชื่อมประชากรเพื่อให้เกิดการถ่ายเทยีน แต่เป็นวิธีที่ยังถูกนำไปใช้น้อยมาก และสิ่งที่จะต้องคำนึงถึง คือ การผสมนอกสายเลือด (outbreeding) อาจมีผลเสียต่ออัตราการสืบพันธุ์และอัตราการรอดชีวิตได้

17. ปัจจัยทางพันธุกรรมเป็นเพียงส่วนหนึ่งของความเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ เราสามารถประเมินความอยู่รอดของประชากร โดยใช้ปัจจัยทั้งทางพันธุกรรมและอื่นๆมาประกอบการพิจารณา ซึ่งช่วยในประเมินการจัดการสิ่งมีชีวิตที่ใกล้สูญพันธุ์ได้



ภาพที่ 7 กล้วยไม้ฟ้ามูย (*Vanda coerulea*) ที่เจริญตามธรรมชาติ

ภาพโดย : นภัสพร พันธุ์ทอง

18. การกักขังเพาะเลี้ยงช่วยเก็บรักษาชนิดพันธุ์หายากที่ไม่สามารถดำรงอยู่ในแหล่งอาศัยตามธรรมชาติได้นั้น จะเลือกสมาชิกของประชากรที่ไม่ใช่เครือญาติใกล้ชิดกันมาเพาะพันธุ์ เพื่อรักษาความ

หลากหลายทางพันธุกรรมไว้ให้ได้ ร้อยละ 90 ในระยะเวลา 100 ปี โดยที่เราสามารถปล่อยสมาชิกบางตัว กลับคืนสู่ป่าหรือแหล่งกำเนิดได้

19. การเชื่อมต่อทางพันธุกรรมในการกักขังเพาะเลี้ยงเกิดขึ้นจากการสืบพันธุ์แบบเลือดชิด การสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรม และการปรับตัวทางพันธุกรรมเพื่อที่จะเข้าสู่การเพาะเลี้ยง จะทำให้ลดโอกาสของความสำเร็จในการนำสิ่งมีชีวิตกลับคืนสู่ป่าหรือแหล่งกำเนิดของมัน

กลไกทางพันธุกรรมของพืชที่ขึ้นอยู่กับพฤติกรรมของยีนนั้น ทำให้เกิดความหลากหลายในพืชในระดับต่างๆ และความแตกต่างทางพันธุกรรมจะมีปฏิสัมพันธ์กับสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกันด้วย ลักษณะที่เห็นของพืชจึงเกิดจากอิทธิพลร่วมของทั้งพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม และเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่มีการเปลี่ยนแปลงอย่างต่อเนื่อง ทำให้พืชบางชนิดถูกทำลายและสูญหายในที่สุด ความหลากหลายทางชีวภาพจึงลดน้อยลงไปด้วย ดังนั้นการศึกษาทางด้านความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืช เพื่อเป็นข้อมูลในการนำมาใช้ประโยชน์ในการรวบรวมสายพันธุ์และอนุรักษ์พันธุ์พืชนั้นับว่ามีความสำคัญและจำเป็นอย่างยิ่ง

เอกสารอ้างอิง



วิสุทธิ ใบไม้. 2532. ความหลากหลายทางชีวภาพในประเทศไทย. บริษัท ประชาชน จำกัด. หน้า 1-13.

วิสุทธิ ใบไม้. 2538. สถานภาพความหลากหลายทางชีวภาพในประเทศไทย. สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.). หน้า 27 - 50.

ศูนย์วิทยาศาสตร์ข้าว มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน. 2009 – 2011. เครื่องหมายโมเลกุลและการใช้ประโยชน์ (Molecular Markers and the Applications).

http://dna.kps.ku.ac.th/dnalecture/Chapter2_DNA_markers.html .

Frankham, R., Ballou, J. D. and Briscoe D. A. 2004. A Primer of Conservation Genetics. Cambridge University Press. p. 6 - 10.

Paphmania. Conservation Genetics. <http://www.bloggang.com/viewblog.php?id=paphmania&group=15> . 21 มกราคม 2549.

Ponnuswami, V., Jagadeesan, R., Kumar, A. R., Prabhu, M. and Makesh, S. 2008. Genetic relationship and diversity in Palmyrah accessions based on RAPD markers. *Am.-Eurasian J. Sustain. Agric.* 2(2) : 165 - 171.