บทที่ 4

ผลการวิจัยและการอภิปรายผลการวิจัย

4.1 ผลการวิจัย

4.1.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของตุ๊กแกบ้าน *Gekko gecko* จากข้อมูลไมโทรคอนเดรียลดีเอ็นเอ (Mityochondrial DNA)

ผลการวิเคราะห์ลำดับเบสของยีนไมโทรคอนเดรียลดีเอ็นเอ คือ cytochrome-*b* จำนวน 1,127 คู่เบส พบว่ามีตำแหน่ง variable sites มีจำนวน 198 ตำแหน่ง, ตำแหน่ง Singleton variable sites จำนวน 18 ตำแหน่งและจำนวน Parsimony informative sites เท่ากับ 180 ตำแหน่ง และเมื่อนำไปวิเคราะห์จัดรูปแบบแฮโพล์ไทป์ (haplotype) ได้จำนวน 44 รูปแบบแฮโพล์ไทป์ โดยมีความถี่และการกระจายของแฮโพล์ไทป์ในแต่ละพื้นที่ดังแสดงในตารางที่ 4 ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบจำนวนแฮโพล์ไทป์ในแต่ละประชากร (ตารางที่ 5) พบว่าประชากรจากพื้นที่จังหวัดสระบุรีมีจำนวนแฮโพล์ไทป์มากที่สุดคือจำนวน 9 รูปแบบและมีลำดับรองลงมาได้แก่ประชากรจากพื้นที่จังหวัดเลยที่มีแฮโพล์ไทป์จำนวน 6 รูปแบบ ซึ่งในการศึกษาครั้งนี้พบแฮโพล์ไทป์จำเพาะ (unique haplotype) จำนวน 28 รูปแบบคือ พบเพียง 1 ตัวอย่างต่อแฮโพล์ไทป์

การวิเคราะห์ค่าความหลากหลายของแฮโพล์ไทป์พบว่ามีค่าตั้งแต่ 0.00 (ประชากรจากขอนแก่นและประชากรระนอง) ถึง 1.00 (ประชากรจากพิษณุโลก ประชากรอุทัยธานีและประชากรสุราษฎร์ธานี) และสำหรับประชากรที่มีจำนวนตัวอย่างมากกว่า 3 ตัวอย่างขึ้นไปจะมีค่าความหลากหลายของแฮโพล์ไทป์สูงในเกือบทุกประชากรยกเว้นประจวบคีรีขันธ์ (0.242) และเพชรบุรี (0.464) เมื่อพิจารณาแฮโพล์ไทป์จำเพาะพบว่าประชากรตุ๊กแกบ้านไทยมีมากถึง 28 รูปแบบ จาก 44 รูปแบบ ส่วนค่าความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ (nucleotide diversity) พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 0.000-0.028 โดยประชากรที่มีความหลากหลายของนิ

วคลีโอไทด์มากที่สุดคือประชากรจากจังหวัดเลย ซึ่งในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรตุ๊กแกบ้าน *G. gecko* ที่อาศัยอยู่ทางตอนใต้ของประเทศจีน ลาวและเวียดนามจากข้อมูลไมโทรคอนเดรียล ดีเอ็น เอ (cytochrome-*b* และ COI; Qin *et al.*, 2012) โดยพบจำนวน variable sites 115 ตำแหน่ง และจัดรูปแบบแฮโพล์ไทป์ได้เพียงจำนวน 11 รูปแบบ ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบความหลากหลายของแฮโพล์ไทป์กับประชากรตุ๊กแกบ้านของประเทศไทยซึ่งใช้ข้อมูลจาก cytochrome-*b* เช่นเดียวกันแต่พบว่าประชากรตุ๊กแกบ้านในประเทศไทยมีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่าประชากรทางตอนใต้ของประเทศจีน ลาวและเวียดนาม

4.1.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของตุ๊กแกบ้าน *Gekko gecko* จากข้อมูลนิวเคลียร์ ดีเอ็น เอ (Nucelar DNA)

ในการศึกษาครั้งนี้ได้วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของนิวเคลียร์ดีเอ็นเอในเบื้องต้นคือ ยีน RAG-1 จำนวน 726 เบส พบว่ามีตำแหน่ง variable sites มีจำนวน 10 ตำแหน่ง, ตำแหน่ง Singleton variable sites จำนวน 2 ตำแหน่งและจำนวน Parsimony informative sites เท่ากับ 8 ตำแหน่ง ซึ่งจากผลการศึกษานี้จึงไม่ได้นำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการและความสัมพันธ์ระหว่างประชากรตุ๊กแกบ้านเหมือนในไมโทรคอนเดรียลดีเอ็นเอ

ตารางที่ 4 ความถี่ของแฮพโพลไทป์ (Haplotype frequency) ในพื้นที่เก็บตัวอย่าง 14 พื้นที่

Haplotype	n	อุทัยธานี	กาญจนบุรี	ราชบุรี	เพชรบุรี	ประจวบคีรีขันธ์	ชลบุรี	ระนอง	สุราษฎร์ธานี	เลย	ขอนแก่น	นครราชสีมา	สระบุรี	พิษณุโลก	จันทบุรี
H01	1													1	
H02	1														1
H03	3													1	2
H04	1														1
H05	3											3			
H06	3											3			
H07	1												1		
H08	8											7	1		
H09	4											4			
H10	5												5		
H11	1												1		
H12	1												1		
H13	1												1		
H14	5												5		

ตารางที่ 4 (ต่อ)

Haplotype	n	อุทัยธานี	กาญจนบุรี	ราชบุรี	เพชรบุรี	ประจวบคีรีขันธ์	ชลบุรี	ระนอง	สุราษฎร์ธานี	เลย	ขอนแก่น	นครราชสีมา	สระบุรี	พิษณุโลก	จันทบุรี
H15	1												1		
H16	1												1		
H17	1											1			
H18	9										9				
H19	1									1					
H20	4									4					
H21	1									1					
H22	1									1					
H23	1								1						
H24	1								1						
H25	1	1													
H26	1	1													
H27	1	1													
H28	1	1													

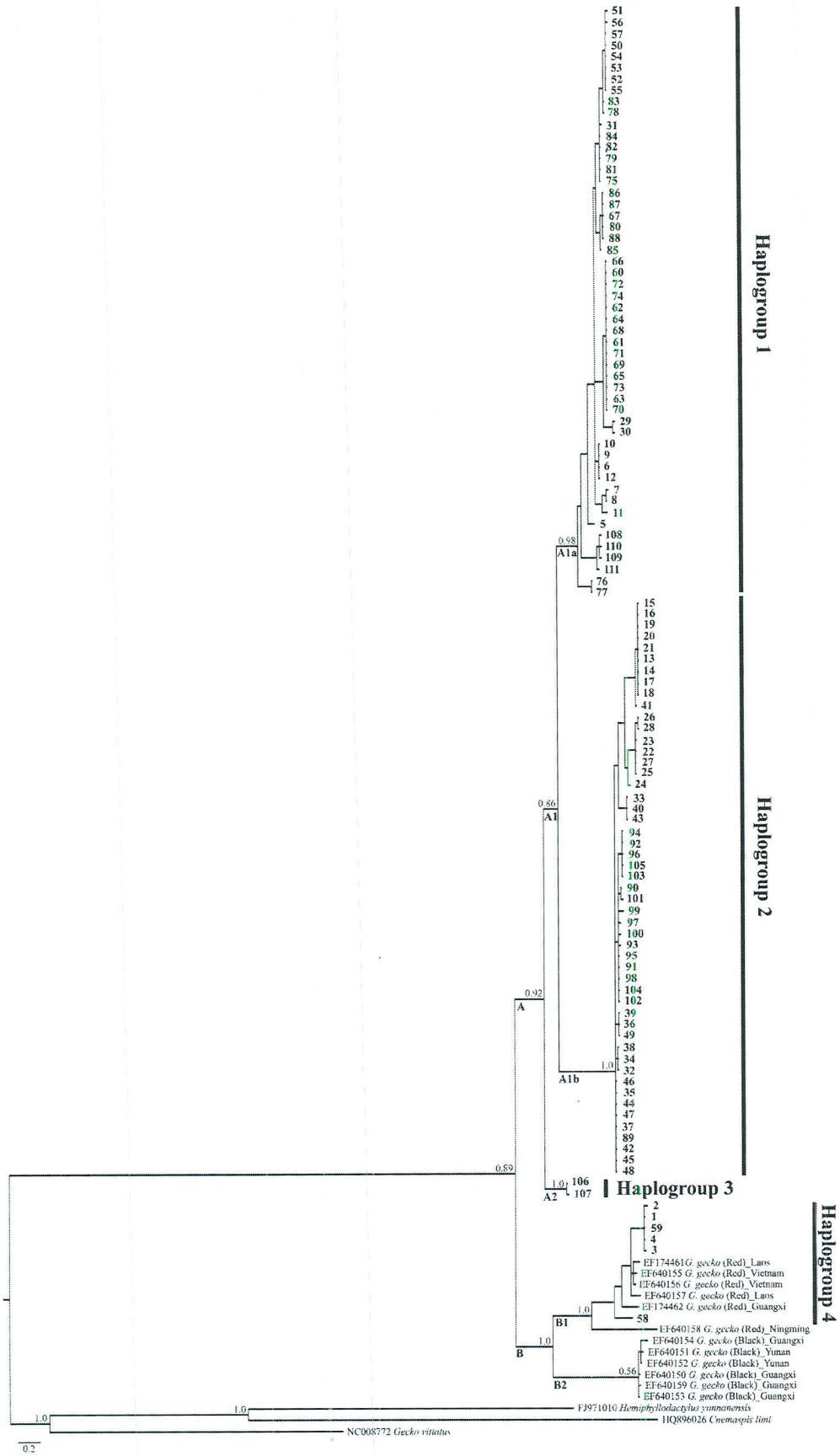
ตารางที่ 4 (ต่อ)

Haplotype	n	อุทัยธานี	กาญจนบุรี	ราชบุรี	เพชรบุรี	ประจวบคีรีขันธ์	ชลบุรี	ระนอง	สุราษฎร์ธานี	เลย	ขอนแก่น	นครราชสีมา	สระบุรี	พิษณุโลก	จันทบุรี
H29	2							2							
H30	15					15									
H31	1									1					
H32	1									1					
H33	2		2												
H34	1		1												
H35	7		1	5		1									
H36	1									1					
H37	5			4		1									
H38	1				1										
H39	1				1										
H40	2			2											
H41	6				6										
H42	1		1												
H43	1		1												
H44	1		1												

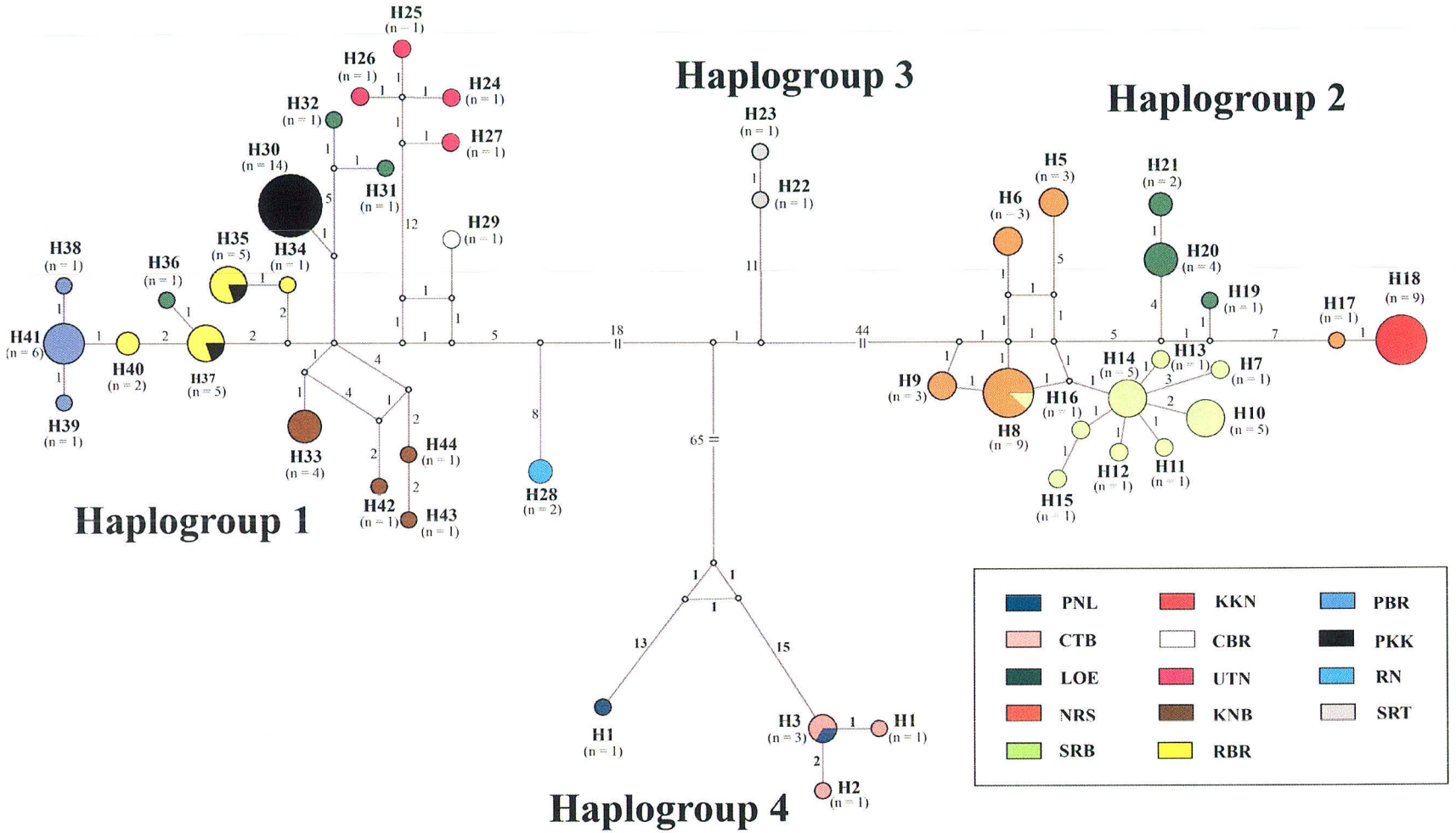
ตารางที่ 5 แสดงความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรตุ๊กแกบ้าน *G. gecko* ในประเทศไทยจากข้อมูล cytochrome-*b*

พื้นที่	จำนวนตัว (n)	*Nh*	*Nu*	Haplotype distribution	Haplotype diversity (*Hd* ± SD)	Nucleotide diversity (¶ ± SD)
อุทัยธานี	4	4	4	H24, H25, H26, H27	1.000 ± 0.177	0.00222 ± 0.00045
กาญจนบุรี	7	4	4	H32, H41, H42, H43	0.714 ± 0.181	0.00456 ± 0.00102
ราชบุรี	11	4	2	H33, H34, H36, H39	0.764 ± 0.083	0.00297 ± 0.00039
เพชรบุรี	8	3	3	H37, H38, H40	0.464 ± 0.200	0.00044 ± 0.00021
ประจวบคีรีขันธ์	16	3	1	H29, H34, H36	0.242 ± 0.135	0.00200 ± 0.00110
ระนอง	2	1	1	H28	0.000 ± 0.000	0.00000 ± 0.00000
สุราษฎร์ธานี	2	2	2	H22, H23	1.000 ± 0.500	0.00089 ± 0.00044
เลย	10	6	6	H19, H20, H21, H30, H31, H35	0.844 ± 0.103	0.02845 ± 0.00769
ขอนแก่น	9	1	1	H18	0.000 ± 0.000	0.00000 ± 0.00000
นครราชสีมา	18	5	4	H5, H6, H8, H9, H17	0.758 ± 0.076	0.00390 ± 0.00099
สระบุรี	17	9	8	H7, H8, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16	0.853 ± 0.064	0.00192 ± 0.00031
พิษณุโลก	2	2	1	H1, H3	1.000 ± 0.500	0.25730 ± 0.01287
จันทบุรี	4	3	2	H2, H3, H4	0.833 ± 0.222	0.00133 ± 0.00049
All	110				**0.959 ± 0.0008**	**0.03811 ± 0.00232**

haplogroup ที่ 3 เป็นประชากรตุ๊กแกบ้านจากสุราษฎร์ธานีเท่านั้น และ haplogroup ที่ 4 เป็นประชากรจากจันทบุรีและพิษณุโลกซึ่งทั้งสองประชากรมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับประชากรตุ๊กแกบ้านจากพื้นที่ของลาว เวียดนาม และจีนตามสายวิวัฒนาการที่พบในการศึกษาครั้งนี้ (ภาพที่ 3) โดยการแบ่งแยกประชากรออกเป็น 4 haplogroup แสดงให้เห็นว่าน่าจะเป็นผลจากปัจจัยปิดกั้นทางธรรมชาติที่ทำให้การแลกเปลี่ยนยีนเกิดขึ้นได้น้อยเนื่องจากพบมีแฮโพล์ไทป์ร่วมกันระหว่างพื้นที่จำนวนน้อย



ภาพที่ 3 สายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของประชากรตุ๊กแกบ้านจากข้อมูลยีน cytochrome-*b* โดยการวิเคราะห์ด้วย Bayesian Inference ซึ่งหมายเลขบนแขนแสดง posterior probability



ภาพที่ 4 Haplotype network แสดงรูปแบบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรตุ๊กแกบ้าน *Gekko gecko* ในประเทศไทย

4.1.4 รูปแบบโครงสร้างประชากรของตุ๊กแกบ้าน *Gekko gecko*

การวิเคราะห์ค่า genetic divergence (ตารางที่ 6) ของประชากรตุ๊กแกบ้านใน clade A และ B พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 8.1-9.9% ซึ่งเป็นค่าที่ค่อนข้างสูงมากเมื่อพิจารณาภายในประชากรสัตว์ชนิดเดียวกัน ส่วนค่า genetic divergence ภายใน Clade A พบว่า Clade A1a ซึ่งประกอบด้วยอุทัยธานี กาญจนบุรี ราชบุรี ประจวบคีรีขันธ์ เพชรบุรี ระนอง เลย มีค่า genetic divergence ระหว่าง 0.0-2.2% และภายในประชากร clade A1b ซึ่งประกอบด้วยประชากรจากสุราษฎร์ธานี ขอนแก่น นครราชสีมา สระบุรี ชลบุรี พบมีค่าระหว่าง 0.1-6.0 % ส่วนค่า genetic divergence ภายใน Clade B ซึ่งประกอบด้วยพิษณุโลก จันทบุรี มีค่าระหว่าง 0.0-2.8 %

ในการศึกษาครั้งนี้ได้ทำการวิเคราะห์โครงสร้างประชากรจากการวิเคราะห์ด้วย AMOVA (ตารางที่ 7) พบว่าค่า percentage of total variation ระหว่างกลุ่มประชากร Clade A และ Clade B มีค่าสูงมากคือมีค่า 74.71 และค่า percentage of total variation มีค่าน้อยภายในประชากรเดียวกันคือ 8.34 และเมื่อพิจารณาค่า pairwise F_{ST} ระหว่างประชากรตุ๊กแกบ้านในประเทศไทย (ตารางที่ 8) พบว่าส่วนใหญ่มีค่า genetic differentiation สูงคือ ค่ามากกว่า 0.8 ยกเว้นเมื่อเปรียบเทียบกับประชากรจากจังหวัดเลย ซึ่งประชากรใน Clade A1a มีค่า 0.38-0.78 ซึ่งค่า pairwise F_{ST} ที่สูงแสดงให้เห็นว่ามีการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรในระดับต่ำ

4.2 การอภิปรายผลการวิจัย

ไมโทรคอนเดรียล ดีเอ็นเอ (mtDNA) มักนิยมใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการในวงศ์ของตุ๊กแก (Family Gekkonidae) เนื่องจากมีความหลากหลายสูงซึ่ง John and Avise (1998) ได้รายงานว่าค่าความต่างทางพันธุกรรมระดับชนิด (species) ในสัตว์เลื้อยคลานบางกลุ่มจากข้อมูลยีน cytochrome-*b* มีค่าสูงถึง 12 เปอร์เซ็นต์ นอกจากนี้ยังมีรายงานค่าความต่างทางพันธุกรรมระหว่างชนิดพันธุ์ย่อยของจิ้งจก *Pachydactylus rugusus* มีค่า 19.1-26.8 ซึ่งมีประชากรจิ้งจกชนิดนี้ที่แพร่กระจายทางภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกันจึงได้มีการแยกทั้ง 3 ชนิดพันธุ์ย่อย (Subspecies) ออกเป็นชนิด (Specie) ที่แตกต่างกัน (Lamb & Bauer, 2000)

เมื่อพิจารณาค่าความต่างทางพันธุกรรม (genetic distance) ระหว่างประชากรตุ๊กแกบ้าน “Red type” (พื้นที่ Guanxi ประเทศจีน, Langson ประเทศเวียดนามและ Phonsavan ประเทศลาว) และประชากรตุ๊กแกบ้าน “Black type” (พื้นที่ Guangxi และ Yunnan ประเทศจีน) ในการศึกษาของ Qin *et al*. (2014) พบว่ามีค่าอยู่ระหว่าง 8.76-9.18 เปอร์เซนต์ แต่เมื่อพิจารณาค่าความต่างทางพันธุกรรม (genetic divergence) เฉพาะภายในประชากรตุ๊กแกบ้าน “Red type” ค่าอยู่ระหว่าง 0.12-0.47 เปอร์เซนต์ ในขณะที่ค่าความต่างทางพันธุกรรมเฉพาะประชากรตุ๊กแกบ้านในประเทศไทยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.00-9.9 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งในการศึกษาโครงสร้างประชากรตุ๊กแกบ้านจากข้อมูลไมโทรคอนเดรียลดีเอ็นเอครั้งนี้สามารถสรุปได้ว่าแบ่งประชากรตุ๊กแกบ้านในประเทศไทยแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มประชากรใหญ่คือ ประชากรตุ๊กแกบ้านส่วนใหญ่ในประเทศไทยจัดอยู่ใน Clade A และประชากรตุ๊กแกบ้านจากพิษณุโลกและจันทบุรีที่อยู่ใน clade B ร่วมกับประชากรในจีน ลาว และเวียดนาม โดยพบว่าภายใน Clade A นั้นประชากรจังหวัดเลยมีแฮโพลไทป์ที่อยู่ใน Clade A1a และ A1b ดังนั้นควรมีการศึกษาข้อมูลในตัวอย่างเหล่านี้เพิ่มเติมต่อไปทั้งข้อมูลด้านพันธุกรรมและลักษณะทางสัณฐานวิทยา ซึ่งโดยทั่วไปสัตว์เลื้อยคลานในกลุ่มจิ้งจก ตุ๊กแก มี

ความสามารถในการแพร่กระจายที่ค่อนข้างจำกัด แต่เนื่องจากตุ๊กแกบ้านเป็นสัตว์ที่มีการย้ายจากแหล่งที่อยู่อาศัยดั้งเดิมไปที่ใหม่ได้โดยมนุษย์เนื่องจากมีการนิยมนำไปใช้บริโภคหรือทำเป็นยารักษาโรค จึงอาจเป็นสาเหตุหนึ่งที่ทำให้ประชากรอาจถูกเคลื่อนย้ายไปในพื้นที่อื่นๆได้ ซึ่งยังจำเป็นต้องศึกษาต่อไปโดยการเพิ่มพื้นที่ศึกษา

ในการศึกษาสายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของประชากรสัตว์สะเทินน้ำสะเทินบกและสัตว์เลื้อยคลานในประเทศไทยยังมีค่อนข้างน้อยโดยมีรายงานการศึกษาในสัตว์สะเทินน้ำสะเทินบกเช่น ปาดจิ๋วสกุล *Chiromantis* (Aowphol *et al.*, 2013) และ *Hoplobatrachus rugurosus* (Pansook *et al.*, 2012) ที่มีการแบ่งแยกประชากรในประเทศไทยเป็นสายวิวัฒนาการที่ต่างกันโดยอาจเป็นผลจากปัจจัยทางกายภาพปิดกั้นการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างประชากรของสัตว์เหล่านี้ทำให้เกิดการแบ่งแยกประชากรออกจากกัน นอกจากนี้ในการศึกษาครั้งนี้พบเพียงประชากรตุ๊กแกบ้านในประเทศไทยที่มีตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาคือ “Red type” เพียงรูปแบบเดียวซึ่งแตกต่างจากประชากรในประเทศจีนที่แบ่งประชากรตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาออกเป็น “Red type” และ “Black type” แต่ประชากรจากพิษณุโลกและจันทบุรี มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ “Black gecko” มากกว่า “Red gecko” ของประเทศไทย ดังนั้นจึงควรมีการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาเพิ่มเติมในพื้นที่ดังกล่าวเปรียบเทียบกับประชากรของไทยและจีนร่วมกัน

สถานภาพทางอนุกรมวิธานของตุ๊กแกบ้าน *Gekko gecko* จากรายงานก่อนหน้านี้ ที่มีความคิดเห็นแตกต่างกันในการจัดจำแนกทางอนุกรมวิธานว่าประชากรตุ๊กแกบ้าน “Red type” และ “Black type” เป็นชนิดเดียวกัน (species) หรืออาจแบ่งชนิดพันธุ์ย่อย (subspecies) เนื่องจากความแตกต่างทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง (Qin *et al.*, 2012; Wang *et al.*, 2013) แต่ยังต้องการข้อมูลด้านสัณฐานวิทยา และการศึกษาทางพันธุกรรมในพื้นที่อื่นๆให้ครอบคลุมการแพร่กระจายต่อไปจึงจะสามารถระบุสถานภาพทางอนุกรมวิธานของตุ๊กแกบ้านได้แน่ชัด

ตารางที่ 6 แสดงค่า mean genetic divergence (%) ระหว่างประชากรตุ๊กแกบ้านในประเทศไทย

	อุทัยธานี	กาญจนบุรี	ราชบุรี	เพชรบุรี	ประจวบคีรีขันธ์	ชลบุรี	ระนอง	สุราษฎร์ธานี	เลย	ขอนแก่น	นครราชสีมา	สระบุรี	พิษณุโลก	จันทบุรี
อุทัยธานี	0.2—0.3 (0.2)													
กาญจนบุรี	1.7—2.2 (1.9)	0.0—0.8 (0.5)												
ราชบุรี	1.7—2.0 (1.8)	0.0—1.1 (0.7)	0.0—0.6 (0.3)											
เพชรบุรี	2.0—2.2 (2.1)	0.7—1.2 (0.9)	0.1—0.8 (0.5)	0.0—0.2 (0.04)										
ประจวบคีรีขันธ์	1.7—2.1 (2.1)	0.5—1.2 (0.9)	0.0—1.0 (0.8)	0.3—1.2 (1.0)	0.0—0.9 (0.2)									
ชลบุรี	1.5—1.6 (1.6)	0.9—1.3 (1.1)	1.0—1.2 (0.8)	1.2 (1.2)	1.0—1.2 (1.2)	0.0 (0.0)								
ระนอง	1.8—1.9 (1.8)	1.7—2.1 (1.9)	1.7—2.0 (1.8)	2.0—2.1 (2.1)	1.7—2.0 (1.9)	1.5 (1.5)	0.0 (0.0)							
สุราษฎร์ธานี	3.6—4.0 (3.8)	3.3—4.2 (3.6)	3.5—3.6 (3.6)	3.6—3.8 (3.7)	3.5—3.9 (3.8)	3.5—3.6 (3.5)	3.4—3.5 (3.4)	0.1 (0.1)						
เลย	1.9—5.8 (4.6)	0.4—6.0 (4.3)	0.1—5.7 (4.1)	0.4—5.7 (4.2)	0.1—6.0 (4.3)	1.1—5.4 (4.1)	1.9—5.3 (4.3)	3.5—5.8 (5.2)	0.0—6.0 (2.8)					
ขอนแก่น	5.8—6.0 (5.9)	5.6—6.0 (5.7)	5.7—5.8 (5.7)	5.8—5.9 (5.9)	5.7—6.0 (5.9)	5.4 (5.4)	5.3 (5.3)	6.0 (6.0)	0.8—6.0 (2.5)	0.0 (0.0)				
นครราชสีมา	5.0—5.9 (5.2)	4.8—6.0 (5.1)	4.9—5.7 (5.1)	5.0—5.8 (5.2)	5.0—5.9 (5.3)	4.6—5.3 (4.8)	4.7—5.2 (4.9)	5.0—6.0 (5.2)	0.7—6.0 (2.3)	0.1—1.3 (1.2)	0.0—1.2 (0.4)			
สระบุรี	5.1—5.6 (5.4)	4.9—5.7 (5.2)	5.0—5.3 (5.2)	5.1—5.4 (5.3)	5.0—5.6 (5.4)	4.7—5.1 (4.9)	4.8—5.2 (5.0)	5.1—5.5 (5.3)	0.8—5.7 (2.3)	1.1—1.3 (1.2)	0.0—1.2 (0.5)	0.0—0.4 (0.2)		
พิษณุโลก	8.7—9.4 (9.1)	8.7—9.2 (8.9)	8.7—9.2 (9.0)	9.0—9.3 (9.2)	8.7—9.3 (9.2)	8.9—9.1 (9.0)	9.0—9.3 (9.2)	8.1—8.4 (8.2)	8.9—9.5 (9.2)	9.2—9.8 (9.5)	8.5—9.7 (8.7)	8.5—9.3 (8.9)	2.6 (2.6)	
จันทบุรี	9.3—9.5 (9.4)	8.9—9.3 (9.0)	8.9—9.3 (9.1)	9.3—9.4 (9.3)	8.9—9.3 (9.2)	9.1—9.2 (9.1)	9.3—9.4 (9.4)	8.2—8.4 (8.3)	9.1—9.6 (9.4)	9.8—9.9 (9.8)	8.8—9.8 (9.0)	8.9—9.4 (9.0)	0.0—2.8 (1.4)	0.0—0.3 (0.1)

ตารางที่ 7 แสดงค่า Analysis of molecular variance (AMOVA)

Source of variation	d.f.	Variance component	Percentage of variation	Fixation indices	*P*-value
Among groups	2	25.10664	74.71	0.74713	0.00000 ± 0.00000
Among populations within groups	10	5.69578	16.95	0.67029	0.00000 ± 0.00000
Within populations	97	2.80173	8.34	0.91663	0.00000 ± 0.00000

ตารางที่ 8 แสดงค่า pairwise F_{ST} ระหว่างประชากรตุ๊กแกบ้านและค่า *P*-values

	อุทัยธานี	กาญจนบุรี	ราชบุรี	กาญจนบุรี	ประจวบคีรีขันธ์	ระนอง	สุราษฎร์	เลย	ขอนแก่น	นครราชสีมา	สระบุรี	พิษณุโลก	จันทบุรี
อุทัยธานี													
กาญจนบุรี	0.806												
ราชบุรี	0.849	0.468											
กาญจนบุรี	0.954	0.739	0.587										
ประจวบคีรีขันธ์	0.901	0.660	0.693	0.855									
ระนอง	0.911	0.798	0.853	0.981	0.904								
สุราษฎร์ธานี	0.951	0.888	0.923	0.987	0.950	0.987							
เลย	0.572	0.580	0.634	0.631	0.707	0.478	0.550						
ขอนแก่น	0.990	0.967	0.972	0.997	0.979	1.000	0.998	0.459					
นครราชสีมา	0.931	0.922	0.932	0.946	0.944	0.927	0.930	0.381	0.801				
สระบุรี	0.962	0.948	0.955	0.971	0.963	0.963	0.964	0.439	0.902	0.362			
พิษณุโลก	0.909	0.912	0.941	0.959	0.960	0.861	0.840	0.696	0.969	0.938	0.959		
จันทบุรี	0.981	0.962	0.972	0.992	0.980	0.989	0.985	0.780	0.996	0.961	0.979	0.339	

**หมายเหตุ: (1) ตัวอักษรเข้ม แสดงค่า significance ที่ P<0.05

ตารางที่ 9 รหัสตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาและแฮพโพลไทป์ของแต่ละตัว ซึ่งหมายเลขในช่องที่ 1 จะสัมพันธ์กับหมายเลขใน phylogenetic tree

หมายเลข	รหัสตัวอย่าง	พื้นที่	Haplotype ID
1	AA00434	จันทบุรี	H3
2	AA00435	จันทบุรี	H2
3	AA00436	จันทบุรี	H3
4	AA00437	จันทบุรี	H4
5	AA00433	ชลบุรี	H29
6	AA00847	กาญจนบุรี	H33
7	AA00851	กาญจนบุรี	H33
8	AA00852	กาญจนบุรี	H33
9	AA00855	กาญจนบุรี	H33
10	AA00856	กาญจนบุรี	H33
11	AA00857	กาญจนบุรี	H33
12	AA00858	กาญจนบุรี	H33
13	AA00987	ขอนแก่น	H18
14	AA00988	ขอนแก่น	H18
15	AA00989	ขอนแก่น	H18
16	AA00990	ขอนแก่น	H18
17	AA00991	ขอนแก่น	H18
18	AA00992	ขอนแก่น	H18
19	AA00993	ขอนแก่น	H18
20	AA00630	ขอนแก่น	H28
21	AA00709	ขอนแก่น	H18
22	AA01025	เลย	H20
23	AA01026	เลย	H20
24	AA01027	เลย	H19
25	AA01028	เลย	H20
26	AA01029	เลย	H21
27	AA01030	เลย	H20
28	AA01031	เลย	H21
29	AA01032	เลย	H31
30	AA01033	เลย	H32

ตารางที่ 9 (ต่อ)

หมายเลข	รหัสตัวอย่าง	พื้นที่	Haplotype ID
31	AA01034	เลย	H36
32	19915	นครราชสีมา	H9
33	20003	นครราชสีมา	H5
34	20004	นครราชสีมา	H9
35	20005	นครราชสีมา	H8
36	20006	นครราชสีมา	H6
37	20007	นครราชสีมา	H8
38	20008	นครราชสีมา	H9
39	20026	นครราชสีมา	H6
40	20027	นครราชสีมา	H5
41	20028	นครราชสีมา	H17
42	20030	นครราชสีมา	H8
43	20031	นครราชสีมา	H5
44	20033	นครราชสีมา	H8
45	20034	นครราชสีมา	H8
46	20041	นครราชสีมา	H8
47	20042	นครราชสีมา	H8
48	20043	นครราชสีมา	H8
49	20044	นครราชสีมา	H6
50	AA00966	เพชรบุรี	H41
51	AA00967	เพชรบุรี	H38
52	AA00968	เพชรบุรี	H41
53	AA00969	เพชรบุรี	H41
54	AA00970	เพชรบุรี	H41
55	AA00971	เพชรบุรี	H41
56	AA00972	เพชรบุรี	H39
57	AA00973	เพชรบุรี	H41
58	AA00700	พิษณุโลก	H1
59	AA00701	พิษณุโลก	H3
60	19872	ประจวบคีรีขันธ์	H14

ตารางที่ 9 (ต่อ)

หมายเลข	รหัสตัวอย่าง	พื้นที่	Haplotype ID
61	19878	ประจวบคีรีขันธ์	H14
62	19881	ประจวบคีรีขันธ์	H14
63	19885	ประจวบคีรีขันธ์	H14
64	19889	ประจวบคีรีขันธ์	H14
65	19891	ประจวบคีรีขันธ์	H14
66	19893	ประจวบคีรีขันธ์	H14
67	19874	ประจวบคีรีขันธ์	H35
68	19855	ประจวบคีรีขันธ์	H14
69	19877	ประจวบคีรีขันธ์	H14
70	19879	ประจวบคีรีขันธ์	H14
71	19883	ประจวบคีรีขันธ์	H14
72	19886	ประจวบคีรีขันธ์	H14
73	19890	ประจวบคีรีขันธ์	H14
74	19892	ประจวบคีรีขันธ์	H14
75	19873	ประจวบคีรีขันธ์	H37
76	AA00826	ระนอง	H28
77	AA00830	ระนอง	H28
78	AA00661	ราชบุรี	H40
79	19907	ราชบุรี	H37
80	19909	ราชบุรี	H35
81	19910	ราชบุรี	H37
82	19911	ราชบุรี	H37
83	19912	ราชบุรี	H40
84	19913	ราชบุรี	H37
85	19914	ราชบุรี	H34
86	AA00442	ราชบุรี	H35
87	AA00443	ราชบุรี	H35
88	AA00444	ราชบุรี	H35
89	AAH101	สระบุรี	H8
90	AAH102	สระบุรี	H16

ตารางที่ 9 (ต่อ)

หมายเลข	รหัสตัวอย่าง	พื้นที่	Haplotype ID
91	AAH103	สระบุรี	H14
92	AAH104	สระบุรี	H10
93	AAH105	สระบุรี	H13
94	AAH106	สระบุรี	H10
95	AAH107	สระบุรี	H14
96	AAH108	สระบุรี	H10
97	AAH109	สระบุรี	H11
98	AAH110	สระบุรี	H14
99	AAH111	สระบุรี	H7
100	AAH113	สระบุรี	H12
101	AAH114	สระบุรี	H15
102	AAH115	สระบุรี	H14
103	AAH116	สระบุรี	H10
104	AAH117	สระบุรี	H14
105	AAH118	สระบุรี	H10
106	AA00821	สุราษฎร์ธานี	H22
107	AA00822	สุราษฎร์ธานี	H23
108	AA00981	อุทัยธานี	H24
109	AA00982	อุทัยธานี	H26
110	AA00983	อุทัยธานี	H25
111	AA00980	อุทัยธานี	H27