

บทที่ 4
ผลการวิจัย

4.1 การสำรวจพืชสกุลมะเดื่อบริเวณป่าธรรมชาติและพื้นที่ฟื้นฟูป่าบ้านแม่สาใหม่ จังหวัดเชียงใหม่

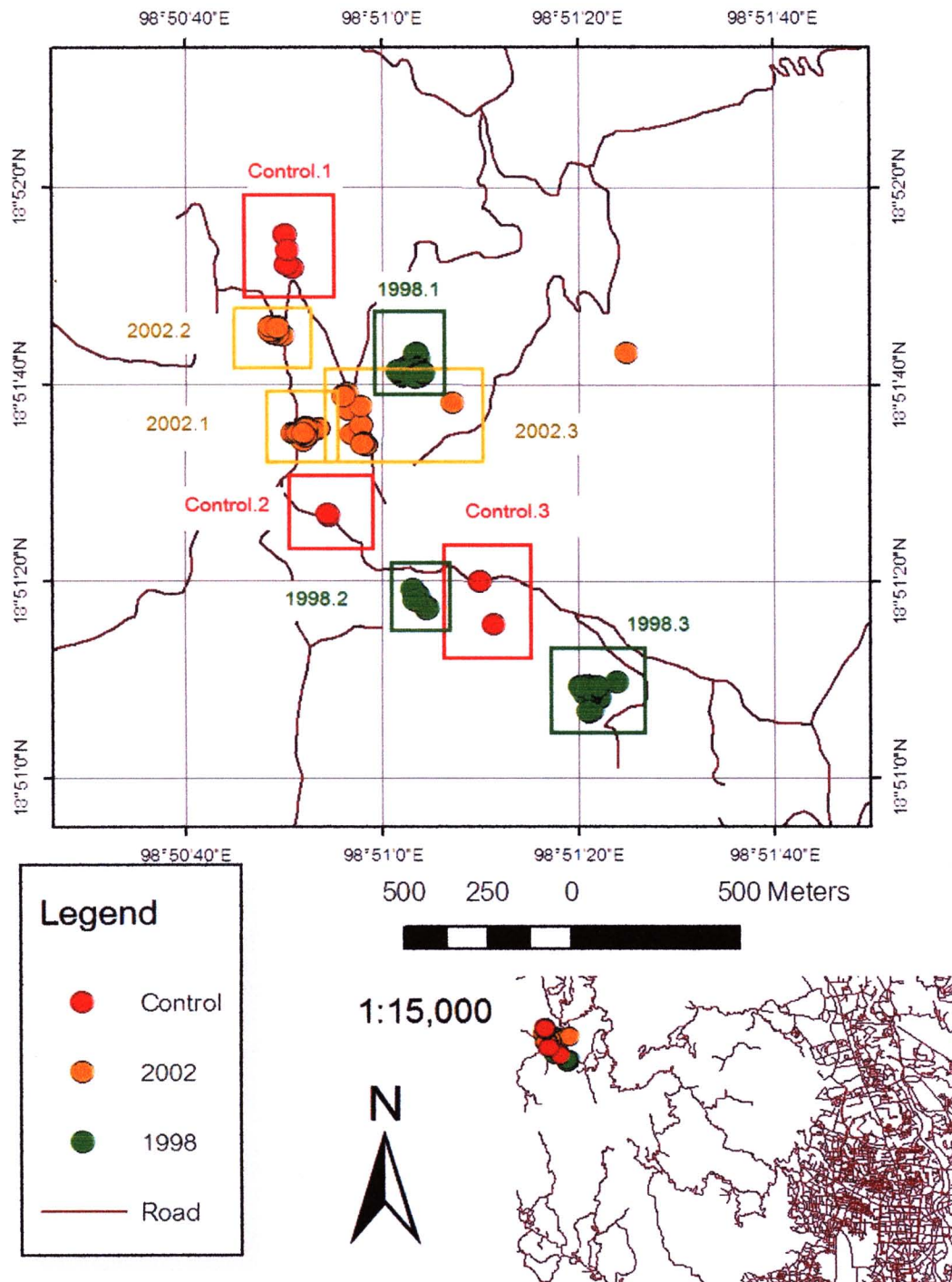
จากการสำรวจชนิด และจำนวนพืชสกุลมะเดื่อชนิดมะเดื่อหอม (*Ficus hirta* Vahl.) และมะเดื่อปล้อง (*Ficus hispida* L.f.) ในพื้นที่ป่าธรรมชาติรอบหมู่บ้านแม่สาใหม่ ป่าธรรมชาติดงแข่ง และพื้นที่ฟื้นฟูป่าบ้านแม่สาใหม่ โดยทำการติดหมายเลข วัดค่าพิกัด (GPS) ของแต่ละต้น (ตาราง 2 และภาพ 6) เก็บตัวอย่างใบอ่อนมาทำการทดลองในขั้นตอนการสกัดดีเอ็นเอ ซึ่งพิกัดของแต่ละต้นที่ทำการเก็บข้อมูลได้นำมาทำเป็นแผนที่ ใช้ประกอบกับข้อมูลการใช้เทคนิค AFLP ในการตรวจสอบโครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างต้นพ่อแม่ และต้นกล้า (Seedling) ในพื้นที่ฟื้นฟูป่า

ตาราง 2 ชนิดและจำนวนตัวอย่างพืชสกุลมะเดื่อที่เก็บได้จากป่าธรรมชาติ และพื้นที่ฟื้นฟูป่า

ชนิด	ป่าธรรมชาติ ดงแข่งเส้นบน (18° 49' N, 95° 50' E)		ป่าธรรมชาติ ดงแข่งเส้นล่าง (18° 51' N, 95° 50' E)		พื้นที่ฟื้นฟูป่าบ้านแม่สาใหม่		
					แปลง ควบคุม (18° 51' N, 98° 50' E)	แปลง 1998 (อายุ 12 ปี) (18° 48' N, 98° 51' E)	แปลง 2002 (อายุ 8 ปี) (18° 40' N, 98° 48' E)
	ต้น ไม้	ต้นกล้า	ต้น ไม้	ต้นกล้า	ต้นกล้า	ต้นกล้า	ต้นกล้า
<i>F. hirta</i>	3	50 (15)	11	33 (25)	11 (11)	80 (22)	77 (28)
<i>F. hispida</i>	4 (4)	3 (3)	4 (4)	6 (6)	0	15 (15)	0

*ตัวเลขนอกวงเล็บ คือ จำนวนตัวอย่างที่เก็บได้
ตัวเลขในวงเล็บ คือ จำนวนตัวอย่างที่ใช้ในการทดลอง

พื้นที่ฟื้นฟูป่า หมู่บ้านแม่สาใหม่ อุทยานแห่งชาติดอยสุเทพปุย



ภาพ 6 พืชสกุลมะเดื่อที่พบบริเวณพื้นที่ฟื้นฟูป่า บริเวณบ้านแม่สาใหม่ อ.แมริม จ.เชียงใหม่

4.2 การสกัดดีเอ็นเอ และวัดปริมาณดีเอ็นเอ

ตาราง 3 ค่าความบริสุทธิ์ และปริมาณดีเอ็นเอที่สกัดได้ของพืชสกุลมะเดื่อบางตัวอย่าง

หมายเลข อ้างอิง	ชนิด	ค่าความบริสุทธิ์ (OD _{260/280})	ปริมาณดีเอ็นเอ (ng/μl)	หมายเลข อ้างอิง	ชนิด	ค่าความบริสุทธิ์ (OD _{260/280})	ปริมาณดีเอ็นเอ (ng/μl)
8 070	<i>F. hirta</i>	1.1979	2270	8 163	<i>F. hispida</i>	1.3009	2930
8 071	<i>F. hirta</i>	1.2222	910	8 164	<i>F. hispida</i>	1.1957	1690
8 072	<i>F. hirta</i>	1.3994	1720	8 165	<i>F. hispida</i>	1.1039	2610
8 182	<i>F. hirta</i>	1.4630	560	8 180	<i>F. hispida</i>	1.2135	2650
8 183	<i>F. hirta</i>	1.2623	910	8 095	<i>F. hispida</i>	1.2518	830
8 184	<i>F. hirta</i>	1.2567	860	8 096	<i>F. hispida</i>	1.2008	1090
8 354	<i>F. hirta</i>	1.2179	680	8 339	<i>F. hispida</i>	1.2813	1370
8 355	<i>F. hirta</i>	1.3067	500	8 350	<i>F. hispida</i>	1.3440	1130

จากการสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธีมาตรฐานฟีนอลและคลอโรฟอร์ม จากตัวอย่างของ *F. hirta* และ *F. hispida* จำนวน 102 และ 32 ตัวอย่างตามลำดับ พบว่าดีเอ็นเอที่สกัดได้มีค่าความบริสุทธิ์ประมาณ 1.1-1.4 แสดงว่าดีเอ็นเอที่ได้นั้นมีความบริสุทธิ์น้อย ค่าที่ได้ต่ำแสดงว่ามีการปนเปื้อนของโปรตีนค่อนข้างมาก เนื่องจากขั้นตอนการสกัดดีเอ็นเอในครั้งไม่ได้ใช้เอ็นไซม์ในการย่อยโปรตีน (Protease) ทำให้ตัวอย่างที่ได้มีปริมาณโปรตีนที่สูง ซึ่งสารละลายดีเอ็นเอควรมีค่าความบริสุทธิ์ประมาณ 1.6-1.8 (สุรินทร์, 2545)



ภาพ 7 การตรวจสอบปริมาณดีเอ็นเอของ *F. hirta* ด้วย 1 % Agarose gel electrophoresis

4.3 การคัดเลือกคู่ไพรเมอร์ AFLP เพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างมะเดื่อ

ผลการคัดเลือกคู่ไพรเมอร์ที่เหมาะสม จากการคัดเลือกคู่ไพรเมอร์คอมบินเนชันทั้งสิ้น 64 คู่ โดยสุ่มตัวอย่าง *F. hirta* 5 แหล่งดั้งที่กล่าวมาแล้วจำนวนแหล่งละ 5 ตัวอย่าง พบว่ามีคู่ไพรเมอร์ที่เหมาะสมต่อ *F. hirta* และ *F. hispida* ทั้งสิ้นชนิดละจำนวน 7 คู่ไพรเมอร์ (ตาราง 4 และ 5) โดยสามารถทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอจำนวนมาก มีความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งเดียวกัน (Polymorphism) ในสัดส่วนที่สูง และทำให้เกิดแถบดีเอ็นเอที่มีความคมชัด (ภาพ 8 และ 9)

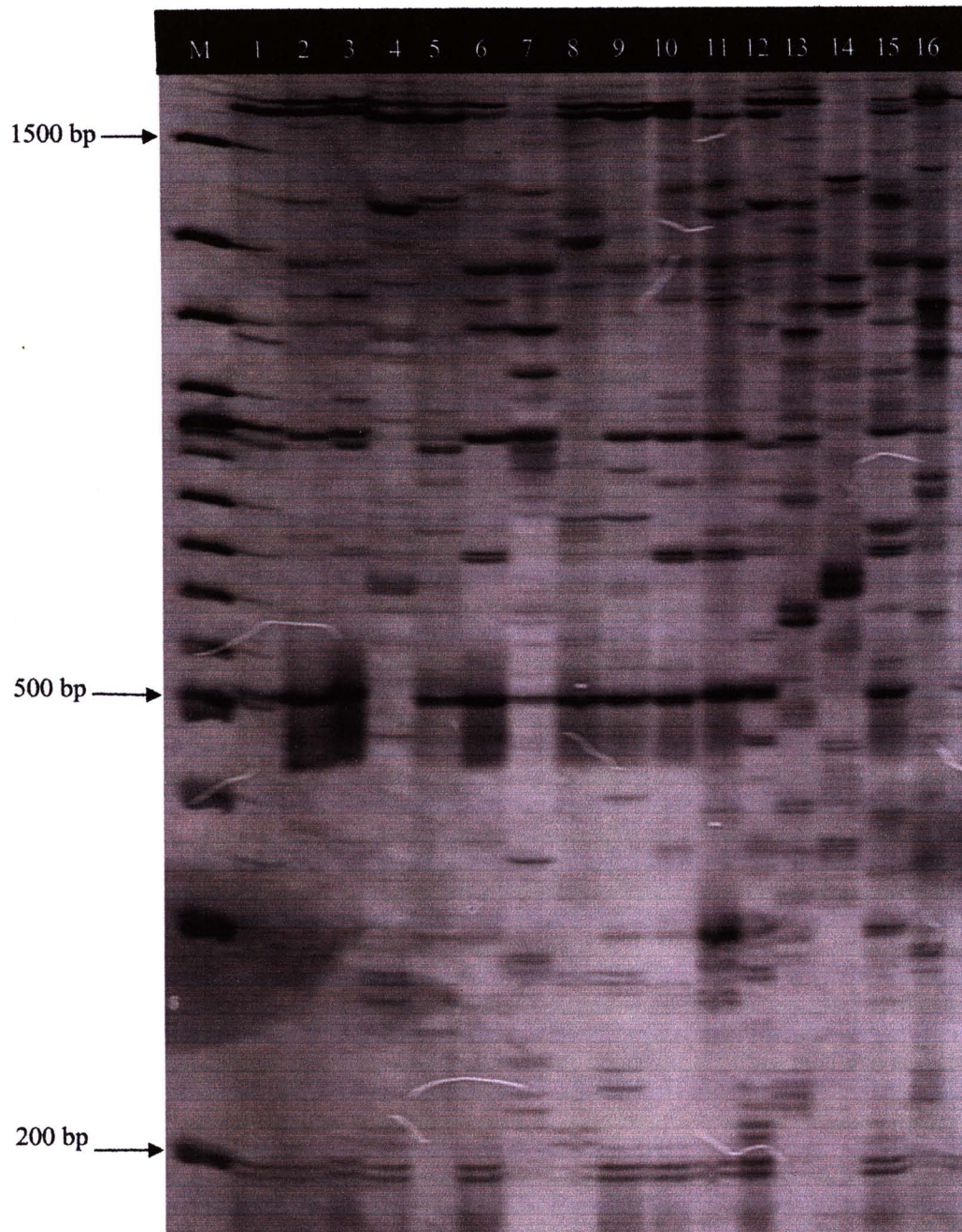
ตาราง 4 คู่ไพรเมอร์จำนวน 7 คู่ ที่คัดเลือกได้จากจำนวนคู่ไพรเมอร์ทั้งหมด 64 คู่ ของมะเดื่อหอม

คู่ไพรเมอร์	M-CAC	M-CAT	M-CCA	M-CCG	M-CGC	M-CGG	M-CTA	M-CTG
E-AAC			*	*		*		
E-AAG		*			*			
E-ACA								
E-ACG								
E-ACT								
E-AGA						*		*
E-AGC								
E-AGG								

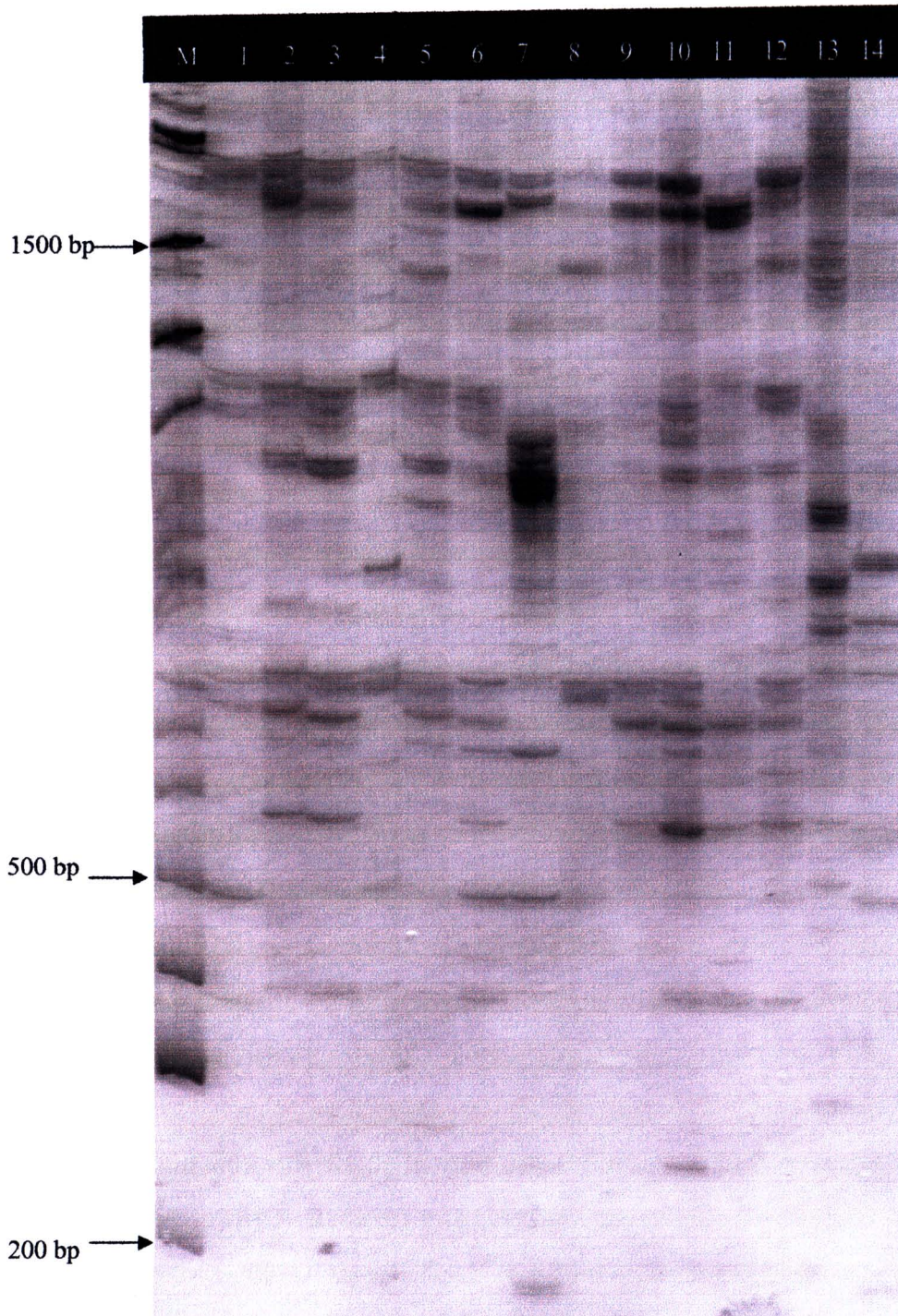
ตาราง 5 คู่ไพรเมอร์จำนวน 7 คู่ ที่คัดเลือกได้จากจำนวนคู่ไพรเมอร์ทั้งหมด 64 คู่ ของมะเดื่อปด้อย

คู่ไพรเมอร์	M-CAC	M-CAT	M-CCA	M-CCG	M-CGC	M-CGG	M-CTA	M-CTG
E-AAC			*	*				
E-AAG	*		*					
E-ACA								
E-ACG								
E-ACT								
E-AGA			*			*		*
E-AGC								
E-AGG								

หมายเหตุ เครื่องหมาย (*) หมายถึงคู่ไพรเมอร์ที่คัดเลือก



ภาพ 8 ภาพถ่ายพิมพ์ AFLP ของ *F. hirta* ที่ได้จากการทำ electrophoresis จากการใช้ไพรเมอร์ E-AAC / M-CCA จากตัวอย่างแปลงปลูกปี 1998



ภาพ 9 ภาพลายพิมพ์ AFLP ของ *F. hispida* ที่ได้จากการทำ electrophoresis จากการใช้คู่ไพรเมอร์ E-AAC / M-CCA จากตัวอย่างแปลงปลูกปี 1998 และป่าธรรมชาติคงเข่ง

ตาราง 6 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะเดื่อหอมใน 5 กลุ่มประชากร

ประชากร	จำนวน	N_a	N_e	H	I	PL %
FA	22	1.9706±0.1694	1.7295±0.3011	0.3996±0.1304	0.5778±0.1643	97.06 %
FB	28	1.9216±0.2695	1.7073±0.3006	0.3901±0.1412	0.5627±0.1901	92.16 %
FC	11	1.9118±0.2843	1.7448±0.2898	0.4037±0.1426	0.5766±0.1954	91.18 %
FD	15	1.4314±0.4956	1.3283±0.4132	0.1800±0.2184	0.2597±0.3099	43.14 %
FE	26	1.8333±0.3736	1.5580±0.3006	0.3283±0.1588	0.4843±0.2265	83.33 %

FA : แปลง 1998, FB : แปลง 2002, FC : แปลงควบคุม,

FD : ป่าดงเข่งเส้นบน, FE : ป่าดงเข่งเส้นล่าง

ตาราง 7 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะเดื่อปล้องใน 2 กลุ่มประชากร

ประชากร	จำนวน	N_a	N_e	H	I	PL %
FG	15	1.8119±0.3918	1.5216±0.3345	0.3050±0.1760	0.4514±0.2475	81.19 %
FH	17	1.8812±0.3244	1.6112±0.3052	0.3511±0.1535	0.5142±0.2128	88.12 %

FG : แปลงป่าธรรมชาติ, FH : แปลง 1998

N_a = Observed number of alleles

N_e = Effective number of alleles (Kimura and Crow, 1964)

H = Gene diversity (Nei, 1978)

I = Shannon's Information index

PL = Polymorphic loci %

ผลการศึกษาของมะเดื่อหอมที่ได้จากคู่ไพรเมอร์ AFLP จำนวน 7 คู่ พบความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะเดื่อหอมทั้ง 5 ประชากร แสดงได้จากค่า Polymorphic loci ที่อยู่ระหว่าง 43.14-97.06%, Gene diversity อยู่ระหว่าง 0.1800-0.5778, Observed number of alleles (N_a) อยู่ระหว่าง 1.4314-1.9706, Effective number of alleles (N_e) อยู่ระหว่าง 1.3283-1.7448 และค่า Shannon's Information index อยู่ระหว่าง 0.2597-0.5778 (ตาราง 6) โดยพบความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สูงใกล้เคียงกันในแปลงปลูกปี 1998, 2002 และควบคุม และมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำในป่าธรรมชาติดงเข่งทั้งเส้นบนและล่าง และผลการศึกษาของมะเดื่อปล้องที่ได้จากคู่ไพรเมอร์ AFLP จำนวน 7 คู่ พบความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะเดื่อปล้องทั้ง 2 ประชากร

แสดงได้จากค่า Polymorphic loci ที่อยู่ระหว่าง 81.19-88.12%, Gene diversity อยู่ระหว่าง 0.3050-0.3511, Observed number of alleles (N_o) อยู่ระหว่าง 1.8119-1.8812 Effective number of alleles (N_e) อยู่ระหว่าง 1.5216-1.6112 และค่า Shannon's Information index อยู่ระหว่าง 0.4514-0.5142 (ตาราง 7) โดยพบความหลากหลายทางพันธุกรรมของป่าธรรมชาติมีค่าน้อยกว่าแปลง 1998 เล็กน้อย

ตาราง 8 ค่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรม (Genetic identity, I) และระยะห่างทางพันธุกรรม (Genetic distance, D) ระหว่างประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมทั้ง 5 กลุ่ม

Pop ID	FA	FB	FC	FD	FE
FA	****	0.8819	0.8409	0.6896	0.7222
FB	0.1257	****	0.9294	0.8845	0.8624
FC	0.1733	0.0732	****	0.8840	0.8995
FD	0.3717	0.1228	0.1233	****	0.8962
FE	0.3255	0.1480	0.1059	0.1096	****

FA : แปลง 1998, FB : แปลง 2002, FC : แปลงควบคุม,

FD : ป่าดงแข่งเส้นบน, FE : ป่าดงแข่งเส้นล่าง

จากการศึกษาค่า Genetic identity (I) ในประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมทั้ง 5 กลุ่ม (ตาราง 8) มีค่าระหว่าง 0.0732-0.3717 และจากข้อมูลแสดงว่าระหว่างต้นกล้ามะเดื่อหอมในแปลงปลูกปี 1998 กับป่าธรรมชาติดงแข่งเส้นบนมีความคล้ายคลึงกันของอัลลีลมากที่สุดมีค่า 0.3717 ในแปลงปลูกปี 2002 กับต้นกล้ามะเดื่อหอมในแปลงควบคุมมีความคล้ายคลึงกันของอัลลีลน้อยที่สุดมีค่า 0.0732 (ค่า I เข้าใกล้ 0) ค่า Genetic distance (D) ในประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอม 5 กลุ่ม มีค่าระหว่าง 0.6896-0.9294 ซึ่งพบว่าระหว่างต้นกล้าในแปลงปลูกปี 1998 กับป่าธรรมชาติดงแข่งเส้นบนมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด 0.6896 ต้นกล้าในแปลงปลูกปี 2002 กับต้นกล้าในแปลงควบคุมมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมากที่สุด 0.9294

ตาราง 9 ค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F-coefficient) ของมะเคือหอม

Primer pairs	Sample size	Ht	Hw	Hb	Fst
E-AAC/M-CCA	102	0.4483	0.4049	0.0435	0.0962
E-AAC/M-CGC	102	0.4728	0.4467	0.0261	0.0552
E-AAC/M-CGG	102	0.4726	0.3108	0.1617	0.3395
E-AAG/M-CCA	102	0.4430	0.3929	0.0501	0.1122
E-AAG/M-CGC	102	0.4607	0.4289	0.0317	0.0676
E-AGA/M-CGG	102	0.4607	0.4289	0.0317	0.0676
E/AGA/M-CTG	102	0.4876	0.3661	0.1215	0.2502
Mean	102	0.4637	0.3970	0.0666	0.1412

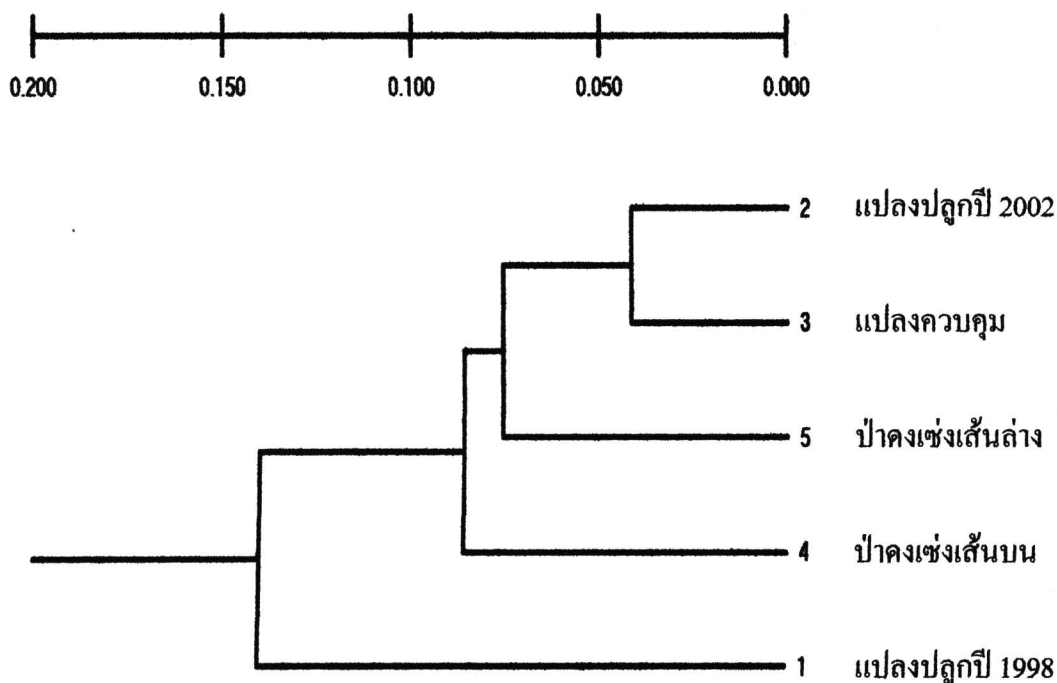
ตาราง 10 ค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F-coefficient) ของมะเคือปด้อย

Primer pairs	Sample size	Ht	Hw	Hb	Fst
E-AAC/M-CCA	32	0.3917	0.3681	0.0256	0.0646
E-AAC/M-CCG	32	0.4698	0.4720	0.0222	0.0480
E-AAG/M-CAC	32	0.3735	0.2808	0.0927	0.2480
E-AAG/M-CCA	32	0.4179	0.3217	0.0963	0.2225
E-AGA/M-CCA	32	0.4645	0.4538	0.0070	0.0160
E-AGA/M-CGG	32	0.4482	0.4495	0.0120	0.0280
E/AGA/M-CTG	32	0.4403	0.3492	0.0911	0.2067
Mean	32	0.4294	0.3850	0.0496	0.1191

Ht = the total gene diversity
Hw = the mean gene diversity within populations (analogous to Nei's Hs)
Hb = genetic differentiation among populations
Fst = Wright's fixation index

จากการศึกษาค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F-coefficient) ของมะเคือหอมโดยการประเมินความแปรผันทางพันธุกรรมของข้อมูลที่อยู่ในลักษณะ Dominance markers จะถูกสมมติว่าประชากรที่ศึกษานี้อยู่ในสภาวะสมดุลตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กจึงถูกสมมติว่าค่า inbreeding coefficient = 0

($F_{is} = 0$) และค่า F_s ของประชากรรวมของทั้งมะเดื่อหอมและมะเดื่อปล้องมีค่าเฉลี่ยที่ได้จากการศึกษาโดยใช้คู่ไพรเมอร์จำนวน 7 คู่มีค่า 0.1412 และ 0.1191 ตามลำดับ (ตาราง 9 และ 10)



ภาพ 10 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมทั้ง 5 แหล่ง

ผลการวิเคราะห์ความใกล้ชิดทางพันธุกรรมระหว่างประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมทั้ง 5 กลุ่มจากการวิเคราะห์ค่าการกระจายตัวทางพันธุกรรมด้วยเทคนิค Unweighted PairGroup Method of Arithmetic Average (UPGMA) โดยใช้โปรแกรม TFPGA พบว่าดัชนีความเหมือนอยู่ในช่วงระหว่าง 0.0418-0.1408 และสามารถจัดกลุ่มของประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมทั้ง 5 แหล่งตามลำดับความสัมพันธ์กัน คือมะเดื่อหอมในแปลงปลูกปี 2002 มีความสัมพันธ์กับแปลงควบคุมมากที่สุด โดยมีค่า genetic distance รวมเท่ากับ 0.0418 ลำดับถัดมาคือป่าดงเชิงเส้นล่างซึ่งมีความสัมพันธ์ห่างออกมาโดยมีค่า genetic distance รวมกับ 2 แหล่งแรกเท่ากับ 0.0759 ลำดับถัดมาคือป่าดงเชิงเส้นบนซึ่งมีความสัมพันธ์ห่างออกมาโดยมีค่า genetic distance รวมกับ 3 แหล่งแรกเท่ากับ 0.0862 และลำดับสุดท้ายซึ่งเป็นแหล่งที่มีความสัมพันธ์กับแหล่งอื่น ๆ น้อยที่สุดคือ แปลงปลูกปี 1998 มีค่า genetic distance รวมทั้งหมดเท่ากับ 0.1408

4.3 ข้อมูลแผนที่และแผนผังแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของต้นกล้ามะเดื่อหอมและมะเดื่อปล้อง

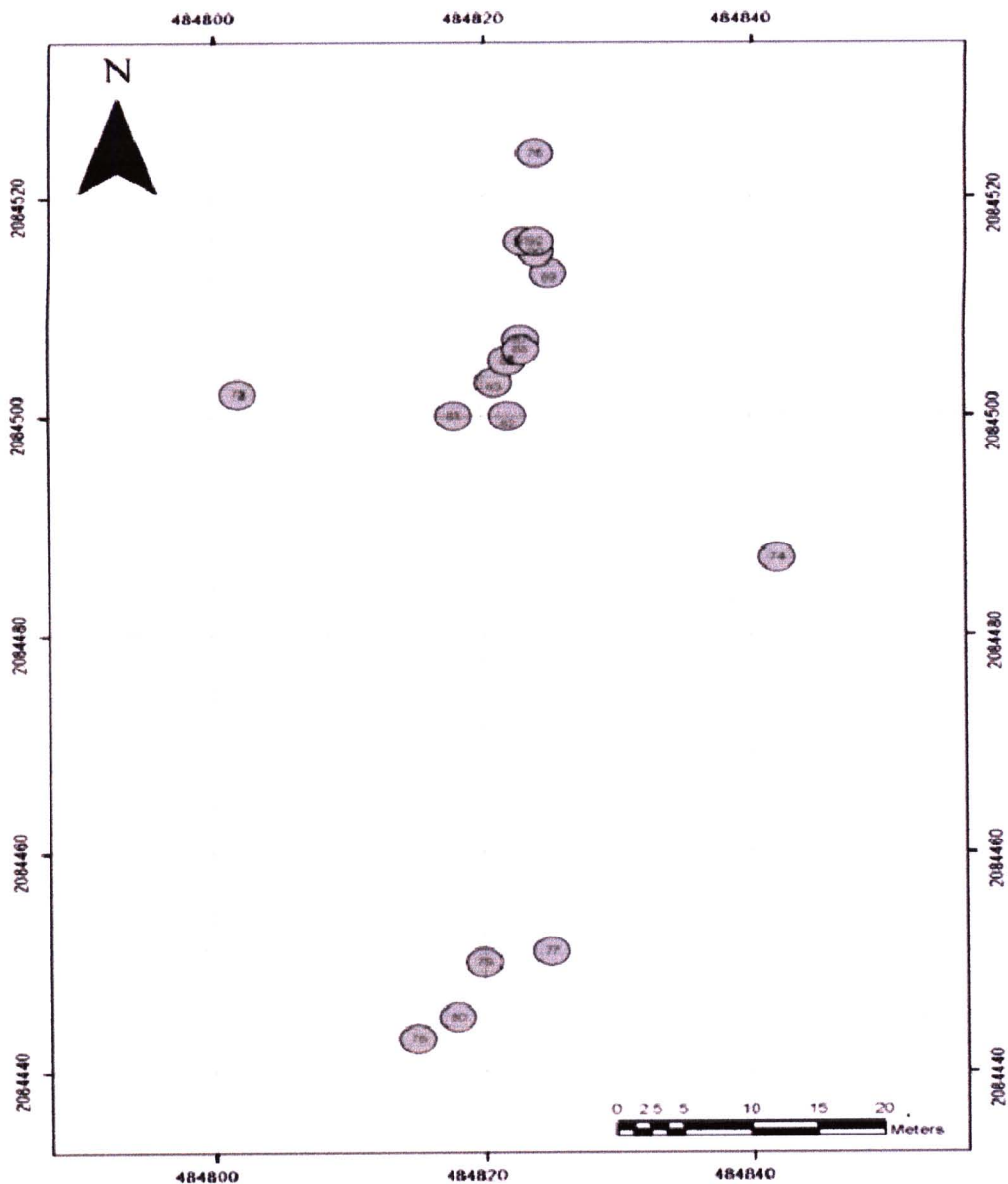
จากข้อมูลพิกัดทางภูมิศาสตร์ของทั้งมะเดื่อหอมและมะเดื่อปล้อง (ตาราง 11-17) ได้นำมาสร้างแผนที่แสดงระยะห่างของการกระจายของมะเดื่อทั้งสองชนิด และนำข้อมูลจากลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ได้มาสร้างแผนผังระยะห่างทางพันธุกรรมด้วยเทคนิค UPGMA โดยใช้โปรแกรม TFPGA (ภาพ 11-24)

ตาราง 11 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าปี 1998

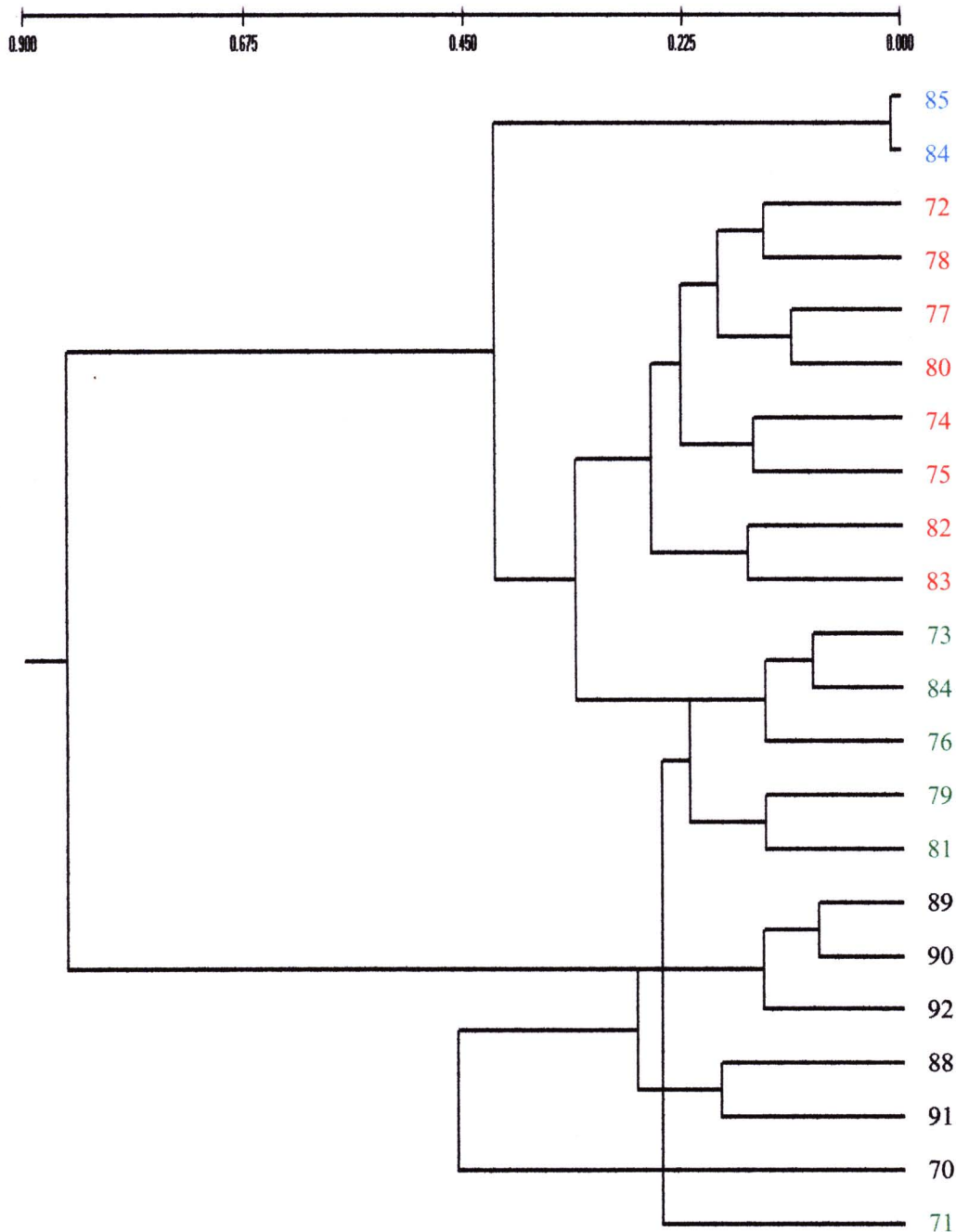
หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
แปลงฟื้นฟูป่าปี 1998	มะเดื่อหอม	47.Q	UTM
8 070	<i>Ficus hirta</i>	484802	2084502
8 071	<i>Ficus hirta</i>	484802	2084502
8 072	<i>Ficus hirta</i>	484802	2084502
8 073	<i>Ficus hirta</i>	484842	2084487
8 074	<i>Ficus hirta</i>	484824	2084524
8 075	<i>Ficus hirta</i>	484824	2084524
8 076	<i>Ficus hirta</i>	484825	2084451
8 077	<i>Ficus hirta</i>	484815	2084443
8 078	<i>Ficus hirta</i>	484820	2084450
8 079	<i>Ficus hirta</i>	484818	2084445
8 080	<i>Ficus hirta</i>	484818	2084500
8 081	<i>Ficus hirta</i>	484822	2084500
8 082	<i>Ficus hirta</i>	484821	2084503
8 083	<i>Ficus hirta</i>	484822	2084505
8 084	<i>Ficus hirta</i>	484822	2084505
8 085	<i>Ficus hirta</i>	484822	2084505
8 087	<i>Ficus hirta</i>	484823	2084507
8 088	<i>Ficus hirta</i>	484823	2084506

ตาราง 11 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าปี 1998 (ต่อ)

หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
8 090	<i>Ficus hirta</i>	484824	2084515
8 091	<i>Ficus hirta</i>	484823	2084516
8 092	<i>Ficus hirta</i>	484824	2084516



ภาพ 11 แผนที่ประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมที่พบบริเวณแปลงฟื้นฟูป่าปี 1998



ภาพ 12 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าปี 1998

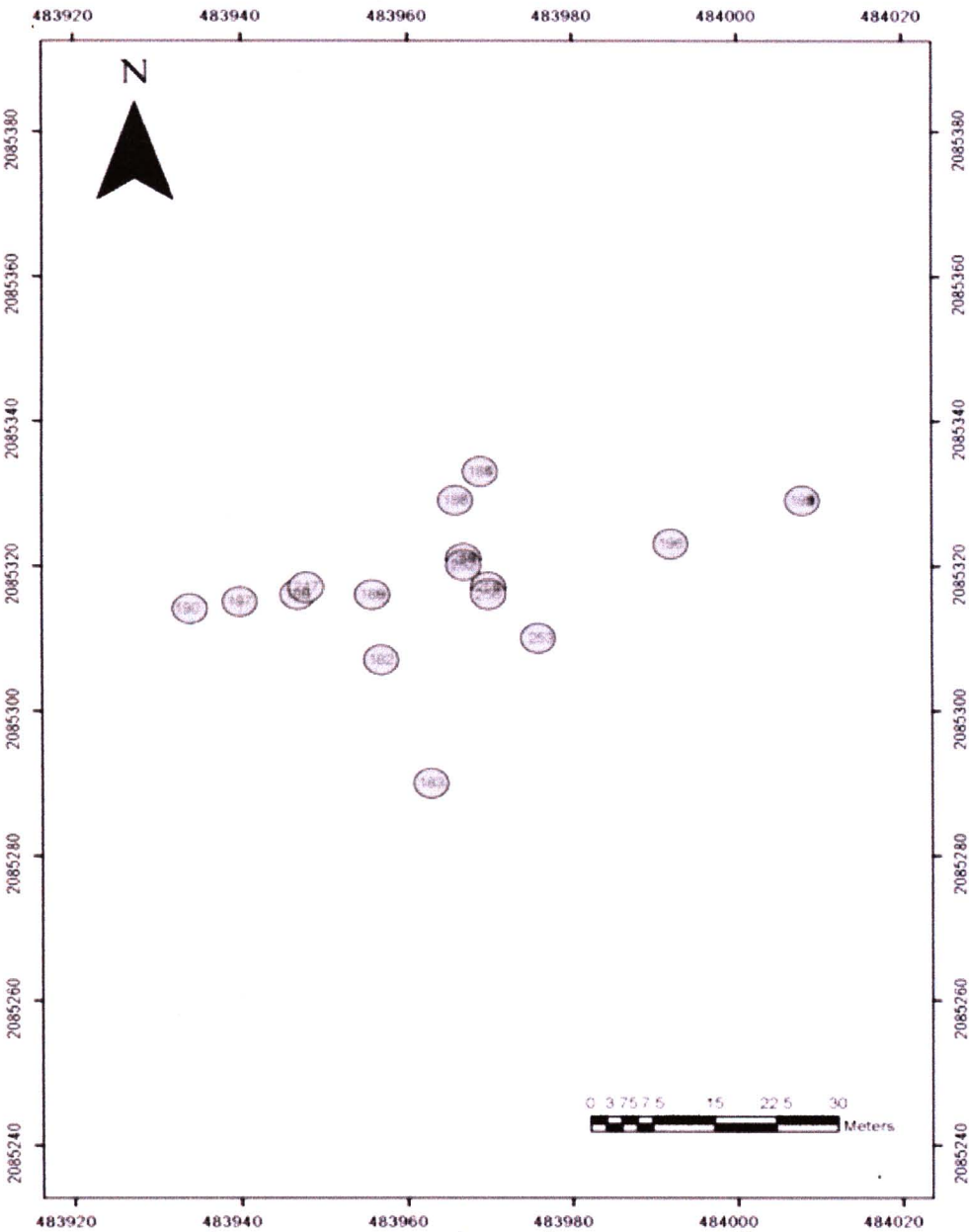
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าปี 1998 ทั้ง 22 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อหอม 6 ตัวอย่าง และกลุ่มที่สองประกอบด้วย 3 กลุ่มย่อย ซึ่งประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อหอม 2 8 และ 6 ตัวอย่างตามลำดับ

ตาราง 12 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าปี 2002

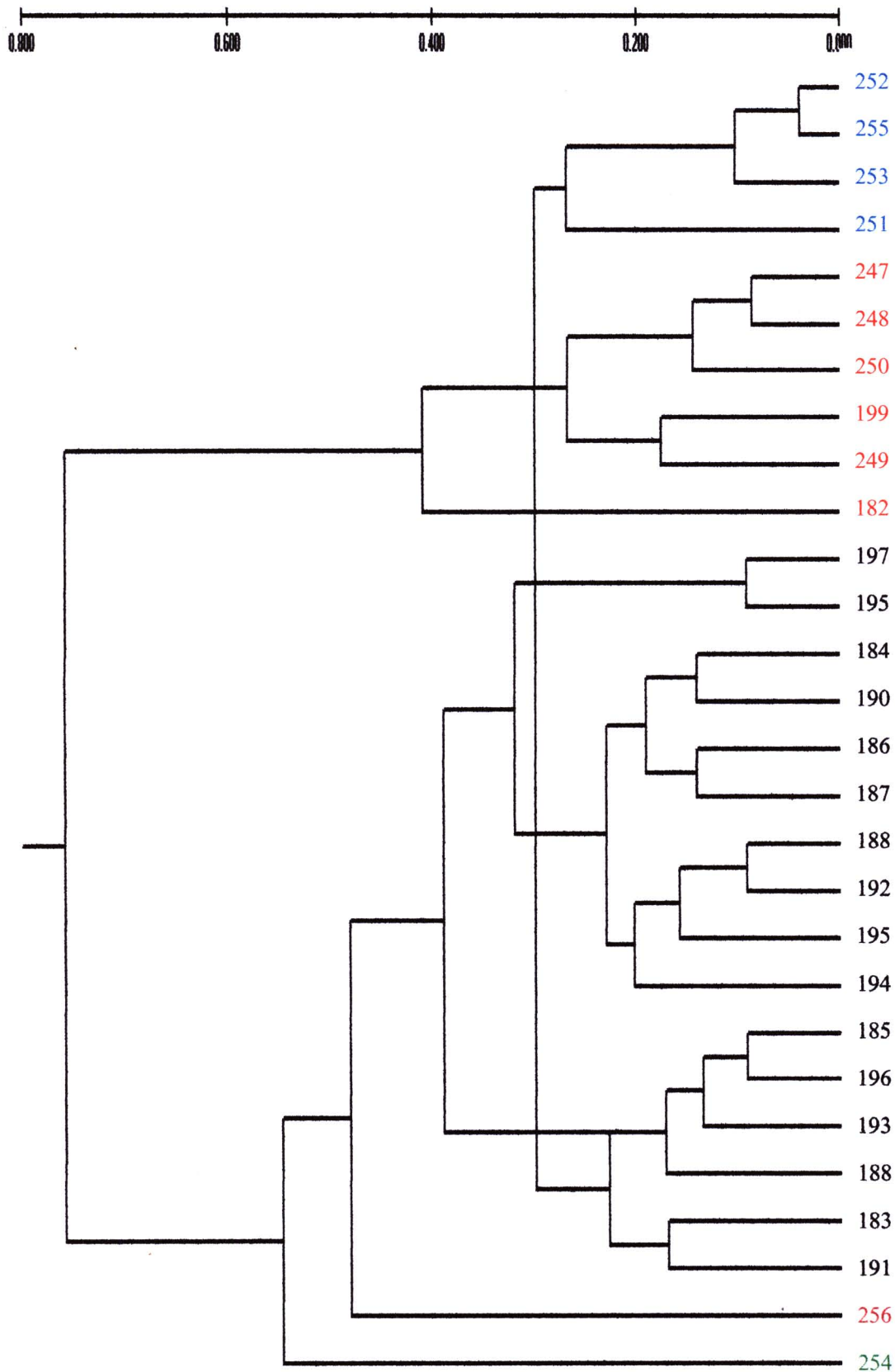
หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
แปลงฟื้นฟูป่าปี 2002	มะเดื่อหอม	47.Q	UTM
8 182	<i>Ficus hirta</i>	483957	2085307
8 183	<i>Ficus hirta</i>	483963	2085290
8 184	<i>Ficus hirta</i>	483969	2085333
8 185	<i>Ficus hirta</i>	483969	2085333
8 186	<i>Ficus hirta</i>	483966	2085329
8 187	<i>Ficus hirta</i>	483966	2085329
8 188	<i>Ficus hirta</i>	483956	2085316
8 189	<i>Ficus hirta</i>	583956	2085316
8 190	<i>Ficus hirta</i>	483934	2085314
8 191	<i>Ficus hirta</i>	484008	2085329
8 192	<i>Ficus hirta</i>	484008	2085329
8 193	<i>Ficus hirta</i>	484008	2085329
8 194	<i>Ficus hirta</i>	484008	2085329
8 195	<i>Ficus hirta</i>	484008	2085329
8 196	<i>Ficus hirta</i>	483992	2085323
8 197	<i>Ficus hirta</i>	483940	2085315
8 198	<i>Ficus hirta</i>	483947	2085316
8 199	<i>Ficus hirta</i>	483947	2085316
8 247	<i>Ficus hirta</i>	483948	2085317
8 248	<i>Ficus hirta</i>	483967	2085321
8 249	<i>Ficus hirta</i>	483967	2085321
8 250	<i>Ficus hirta</i>	483967	2085321
8 251	<i>Ficus hirta</i>	483967	2085321
8 252	<i>Ficus hirta</i>	483967	2085320

ตาราง 12 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าปี 2002 (ต่อ)

หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
8 254	<i>Ficus hirta</i>	483970	2085317
8 255	<i>Ficus hirta</i>	483970	2085317
8 256	<i>Ficus hirta</i>	483970	2085316



ภาพ 13 แผนที่ประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมที่พบบริเวณแปลงฟื้นฟูป่าปี 2002

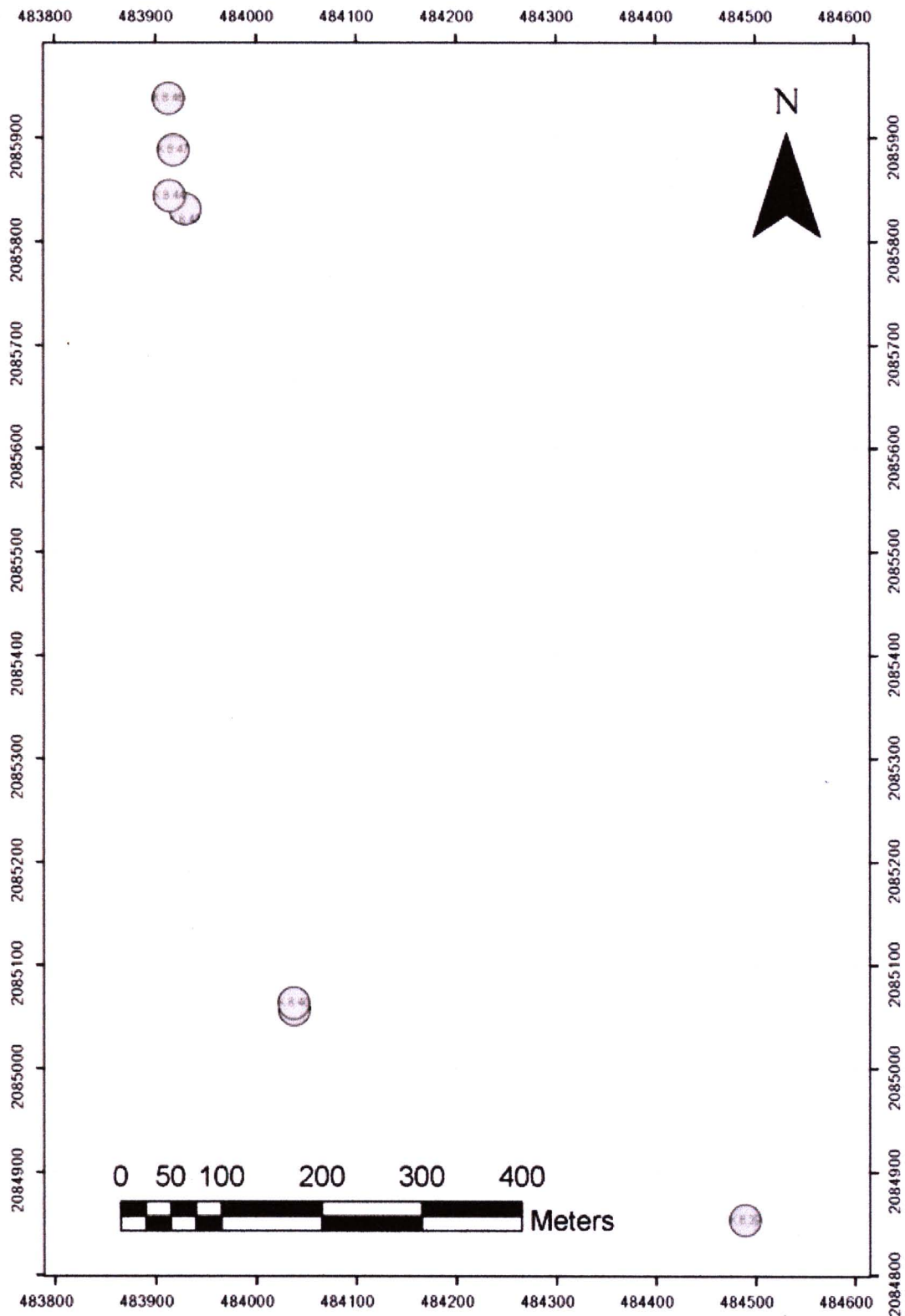


ภาพ 14 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมแปลงพื้นฟูป่าปี 2002

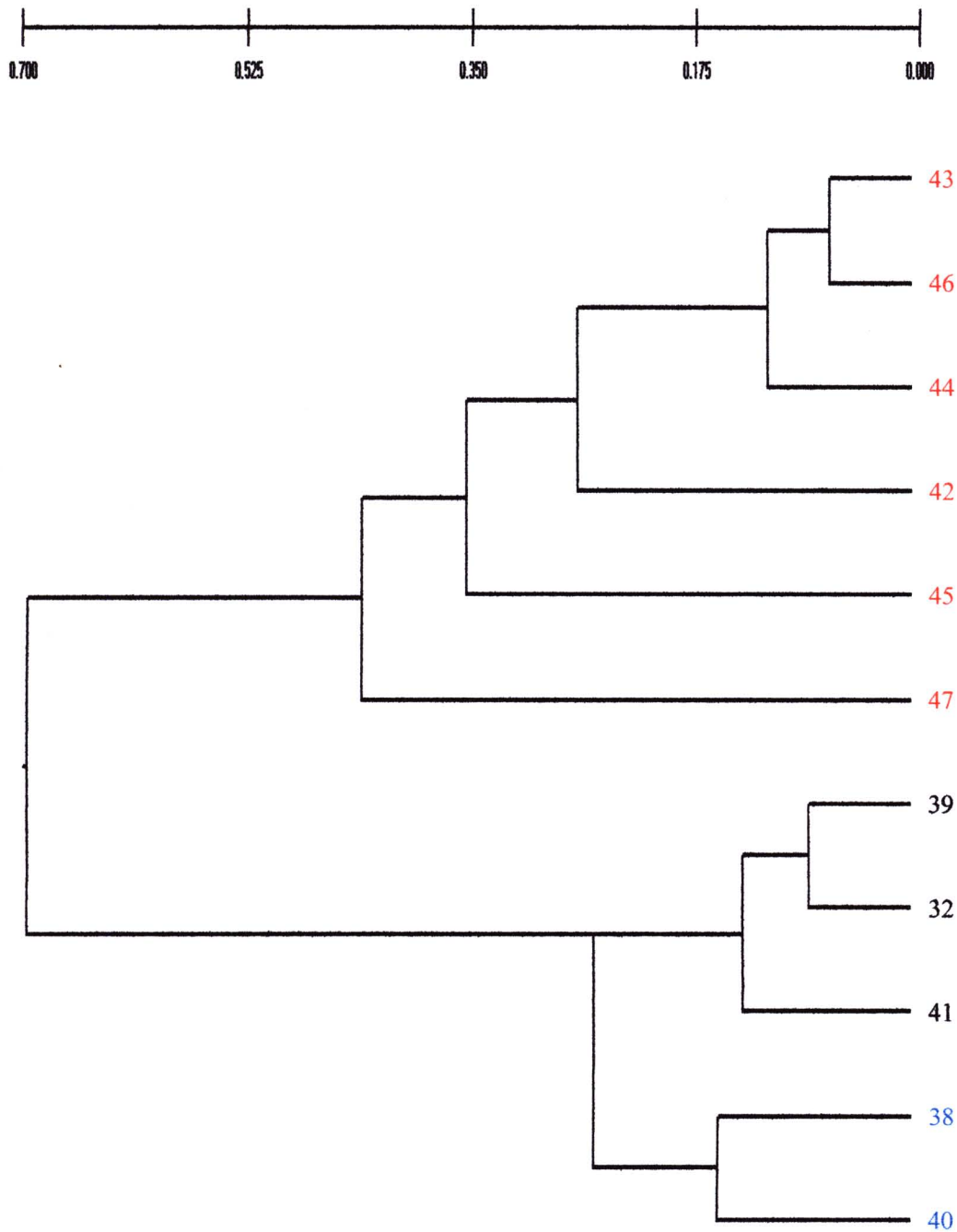
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้ายมะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าปี 2002 ทั้ง 28 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยต้นกล้ายมะเดื่อหอม 6 ตัวอย่าง และกลุ่มที่สองประกอบด้วย 4 กลุ่มย่อย ซึ่งประกอบด้วยต้นกล้ายมะเดื่อหอม 1 1 16 และ 4 ตัวอย่างตามลำดับ

ตาราง 13 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ายมะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าควบคุม

หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
แปลงควบคุม	มะเดื่อหอม	47.Q	UTM
K 8 38	<i>Ficus hirta</i>	484489	2084450
K 8 39	<i>Ficus hirta</i>	484040	2084558
K 8 32	<i>Ficus hirta</i>	484038	2084558
K 8 40	<i>Ficus hirta</i>	484038	2084558
K 8 41	<i>Ficus hirta</i>	483920	2085820
K 8 42	<i>Ficus hirta</i>	483920	2085820
K 8 43	<i>Ficus hirta</i>	483920	2085820
K 8 44	<i>Ficus hirta</i>	483912	2085829
K 8 45	<i>Ficus hirta</i>	483912	2085830
K 8 46	<i>Ficus hirta</i>	483911	2085950
K 8 47	<i>Ficus hirta</i>	483914	2085900



ภาพ 15 แผนที่ประชากรต้นกล้านะเคื่อหอมที่พบบริเวณแปลงฟื้นฟูป่าควมคุม

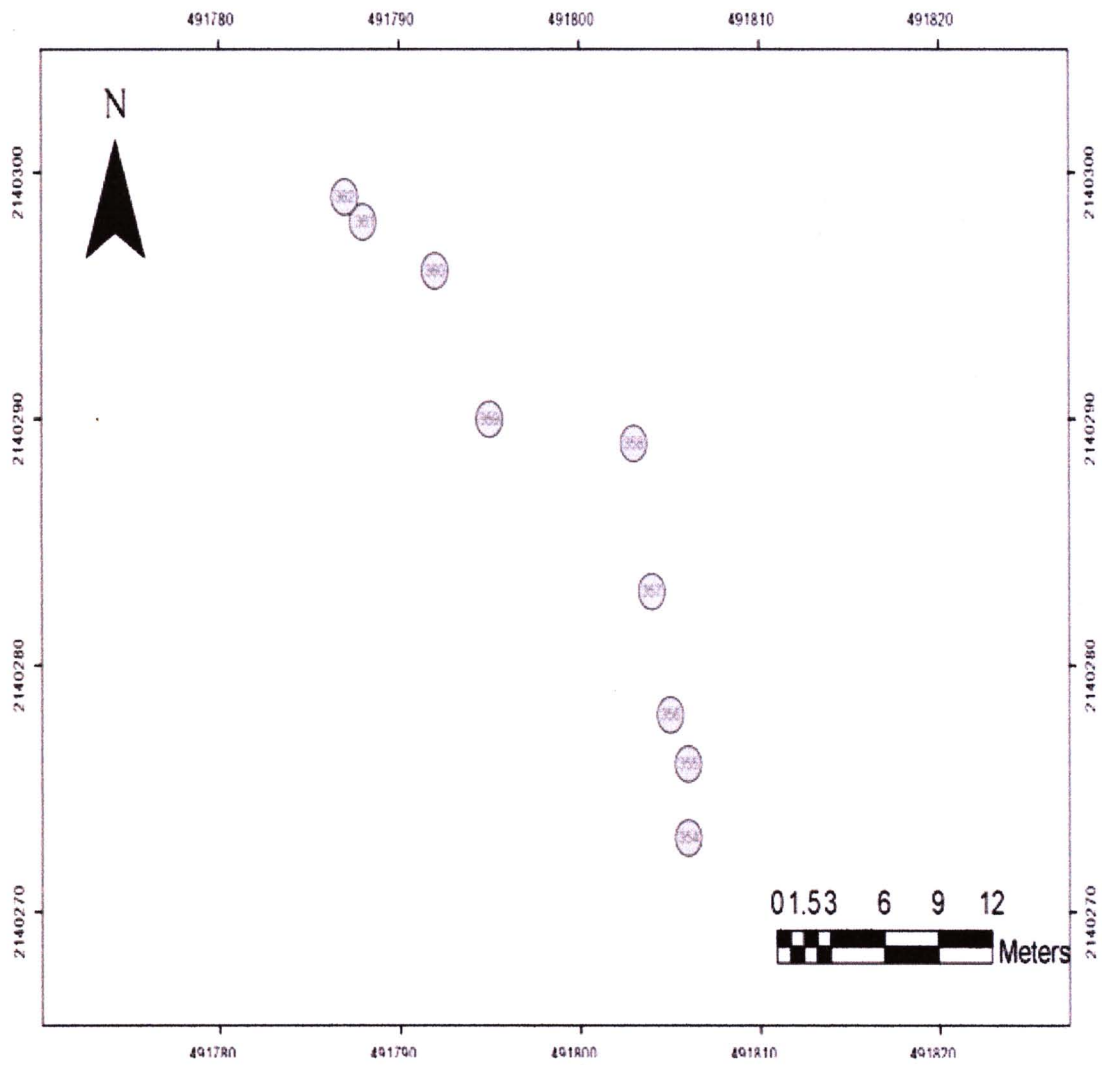


ภาพ 16 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมแปลงฟื้นฟูป่าควบคุม

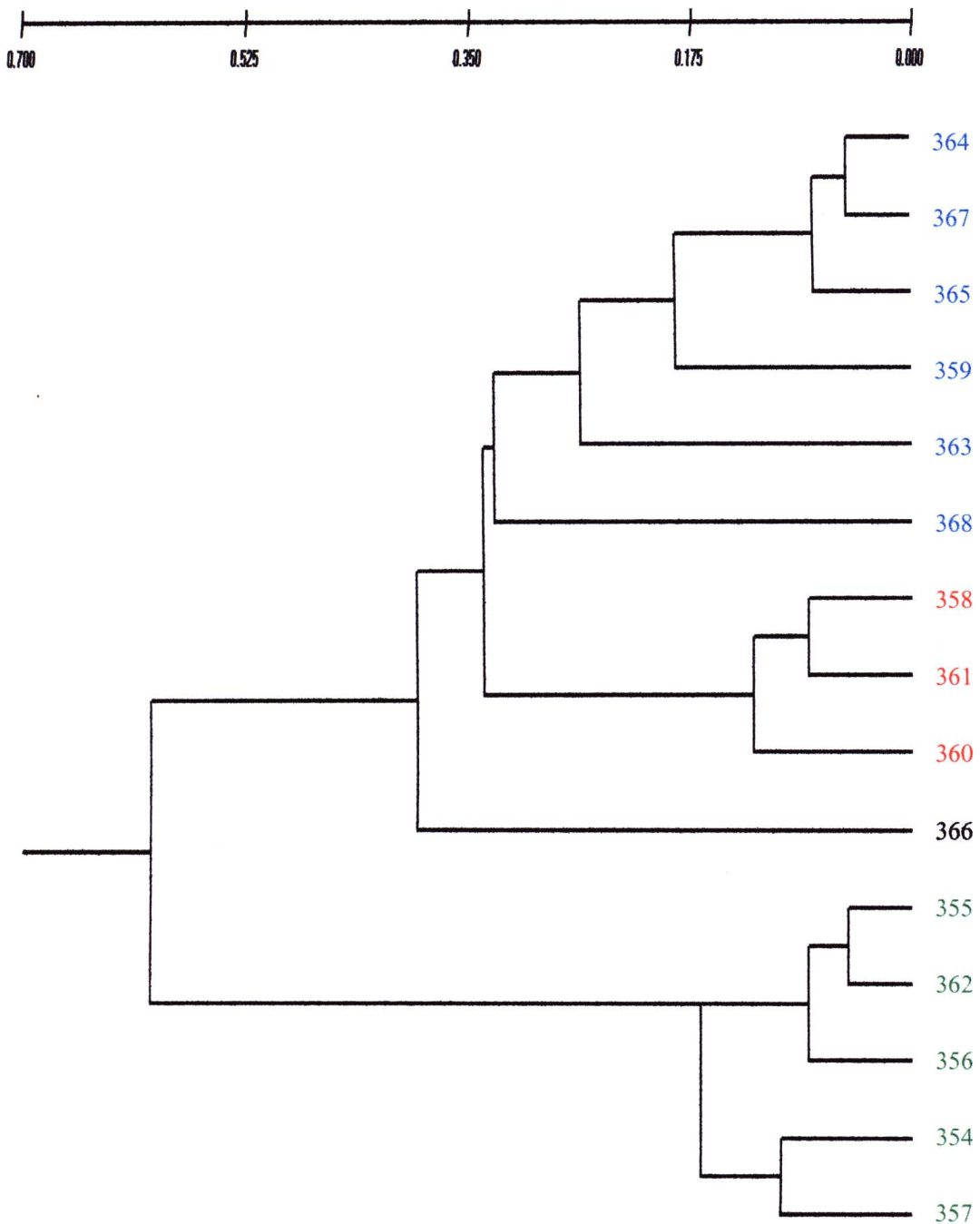
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมแปลงควบคุม ทั้ง 11 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อหอม 6 ตัวอย่าง และกลุ่มที่สองประกอบด้วย 2 กลุ่มย่อย ซึ่งประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อหอม 3 และ 2 ตัวอย่างตามลำดับ

ตาราง 14 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อหอมป่าธรรมชาติดงเข่งเส้นบน

หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
ป่าธรรมชาติดงเข่งเส้นบน	มะเดื่อหอม	47.Q	UTM
8 354	<i>Ficus hirta</i>	491806	2140273
8 355	<i>Ficus hirta</i>	491806	2140276
8 356	<i>Ficus hirta</i>	491805	2140278
8 357	<i>Ficus hirta</i>	491804	2140283
8 358	<i>Ficus hirta</i>	491803	2140289
8 359	<i>Ficus hirta</i>	491795	2140290
8 360	<i>Ficus hirta</i>	491792	2140296
8 361	<i>Ficus hirta</i>	491788	2140298
8 362	<i>Ficus hirta</i>	491787	2140299
8 363	<i>Ficus hirta</i>	485785	2085368
8 364	<i>Ficus hirta</i>	485763	2085285
8 365	<i>Ficus hirta</i>	485768	2085285
8 366	<i>Ficus hirta</i>	485807	2085307
8 367	<i>Ficus hirta</i>	485807	2085307
8 368	<i>Ficus hirta</i>	485469	2085947



ภาพ 17 แผนที่ประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมที่พบบริเวณป่าธรรมชาติเชิงเส้นบน



ภาพ 18 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมป่าธรรมชาติดงเข่งเส้นบน

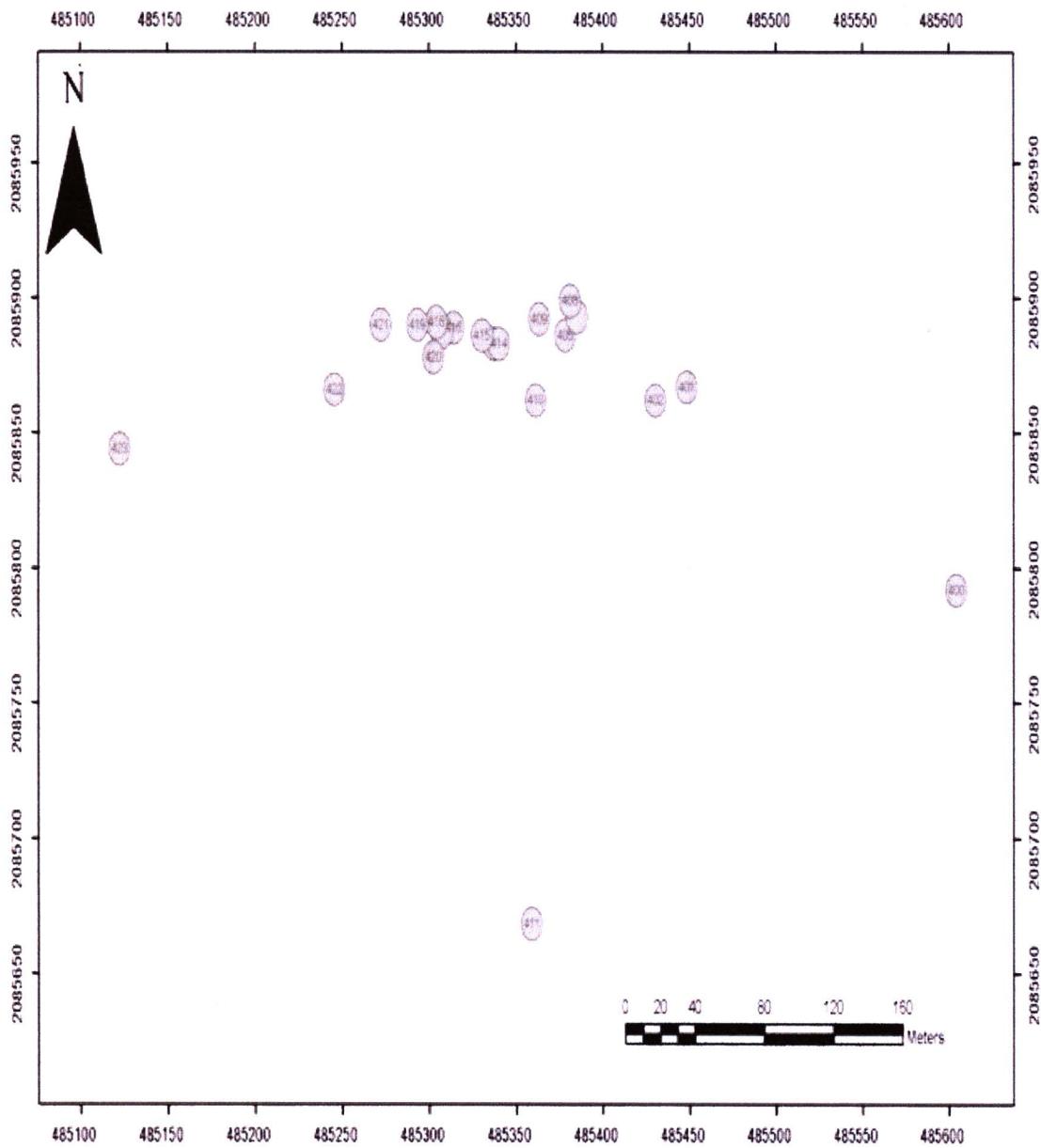
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมป่าธรรมชาติดงเข่งเส้นบนทั้ง 15 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อหอม 10 ตัวอย่าง และแบ่งเป็นกลุ่มย่อย 3 กลุ่ม ซึ่งประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อหอม 1 3 และ 6 ตัวอย่างตามลำดับ และกลุ่มที่สองประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อหอม 5 ตัวอย่าง

ตาราง 15 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อหอมป่าธรรมชาติดงเซ่งเฒ่า

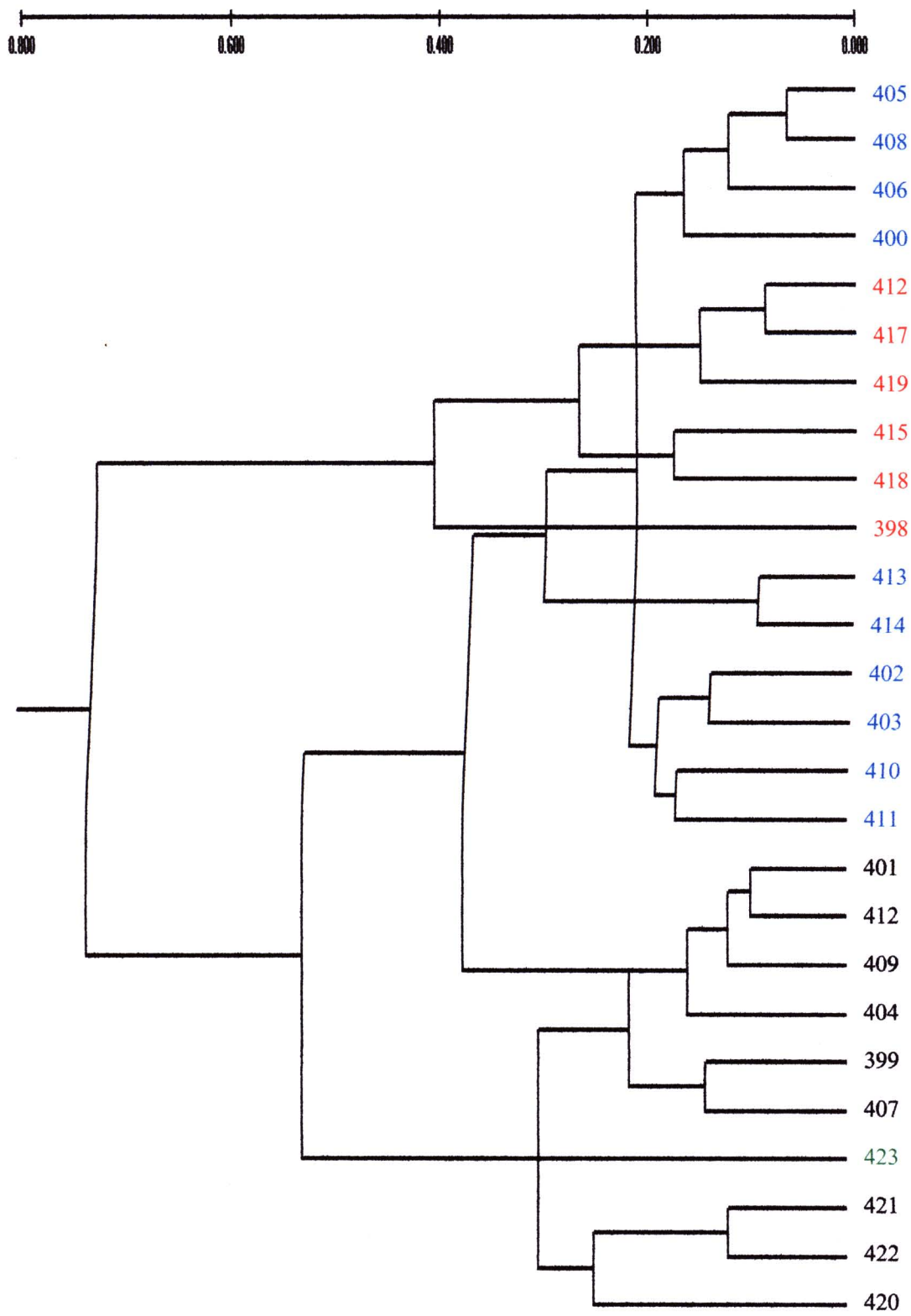
หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
ป่าธรรมชาติดงเซ่งเฒ่า	มะเดื่อหอม	47.Q	UTM
8 398	<i>Ficus hirta</i>	485647	285383
8 399	<i>Ficus hirta</i>	485647	2085383
8 400	<i>Ficus hirta</i>	485604	2085792
8 401	<i>Ficus hirta</i>	485448	2085867
8 402	<i>Ficus hirta</i>	485430	2085862
8 403	<i>Ficus hirta</i>	485378	2085886
8 404	<i>Ficus hirta</i>	485378	2085886
8 405	<i>Ficus hirta</i>	485378	2085886
8 406	<i>Ficus hirta</i>	485385	2085893
8 407	<i>Ficus hirta</i>	485381	2085899
8 408	<i>Ficus hirta</i>	485381	2085899
8 409	<i>Ficus hirta</i>	485363	2085892
8 410	<i>Ficus hirta</i>	485361	2085862
8 411	<i>Ficus hirta</i>	485359	2085668
8 412	<i>Ficus hirta</i>	485337	2085883
8 413	<i>Ficus hirta</i>	485337	2085883
8 414	<i>Ficus hirta</i>	485340	2085883
8 415	<i>Ficus hirta</i>	485330	2085886
8 416	<i>Ficus hirta</i>	485314	2085889
8 417	<i>Ficus hirta</i>	485307	2085887
8 418	<i>Ficus hirta</i>	485304	2085891
8 419	<i>Ficus hirta</i>	485293	2085890
8 420	<i>Ficus hirta</i>	485302	2085878
8 421	<i>Ficus hirta</i>	485272	2085890

ตาราง 15 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้วยมะเดื่อหอมป่าธรรมชาติดงเข่งเส้นล่าง (ต่อ)

หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
8 422	<i>Ficus hirta</i>	485245	2085866
8 423	<i>Ficus hirta</i>	485122	2085844



ภาพ 19 แผนที่ประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมที่พบบริเวณป่าธรรมชาติดงเข่งเส้นล่าง

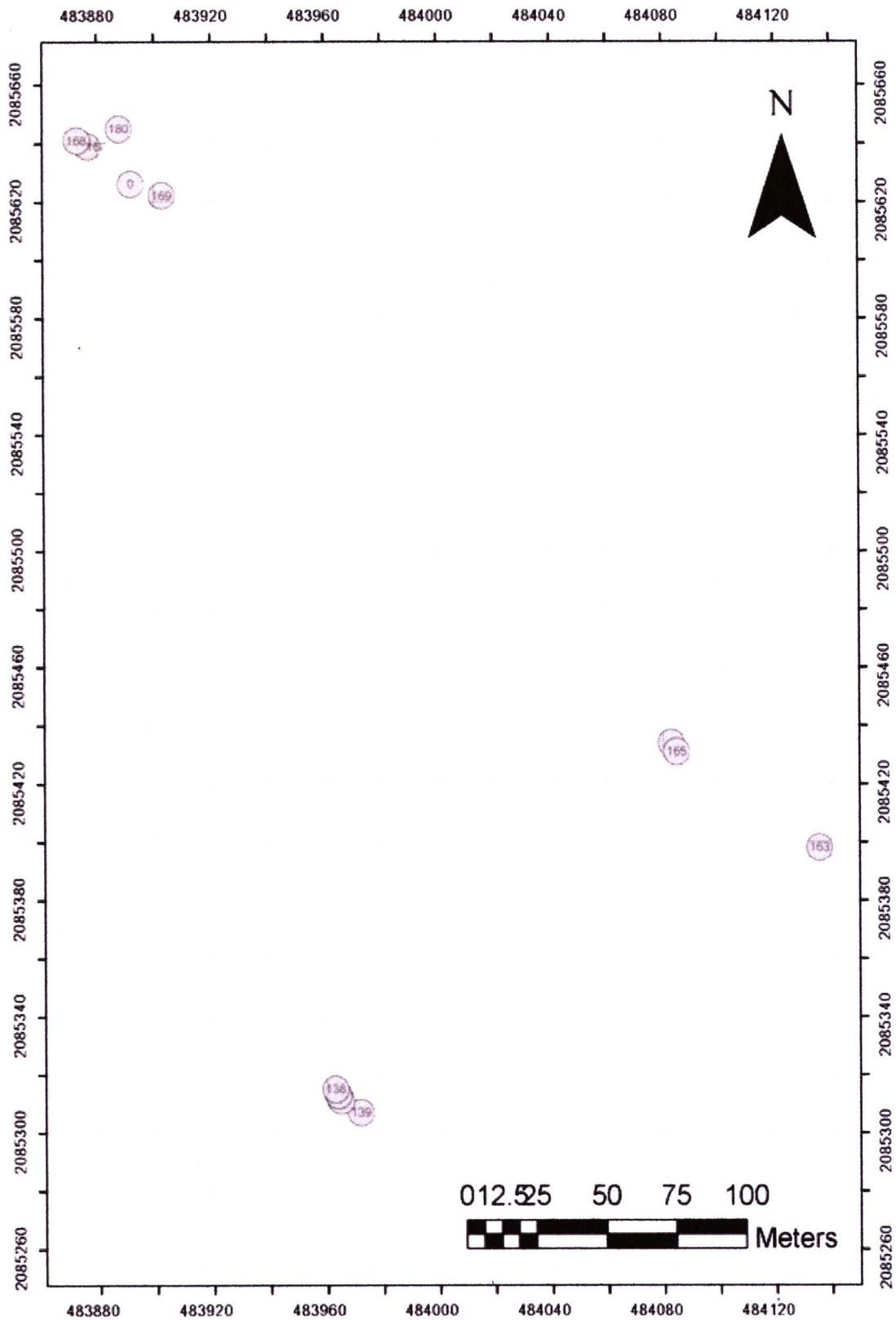


ภาพ 20 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้วยมะเดื่อหอมป่าธรรมชาติงเซ่งถันล่าง

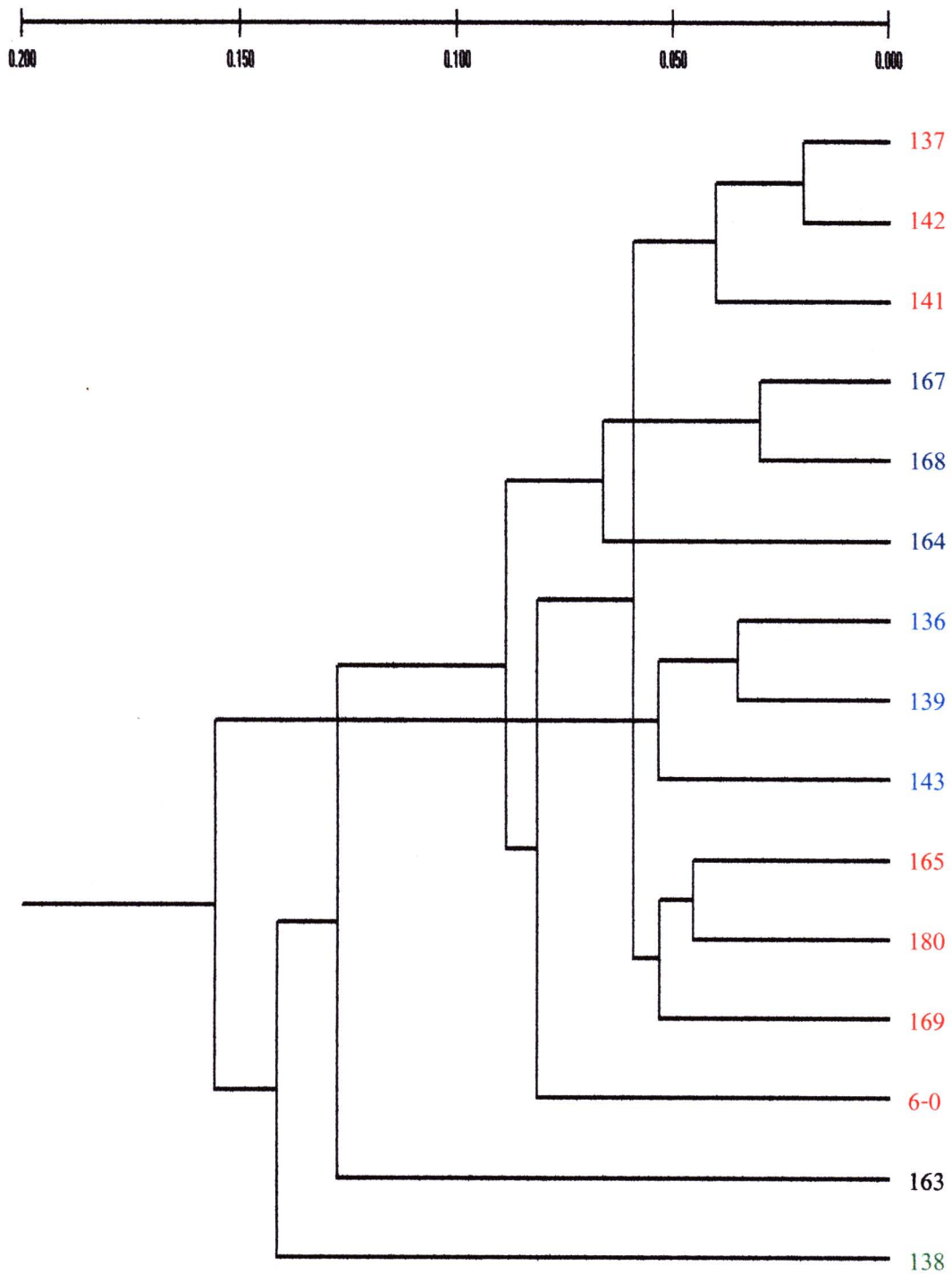
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมป่าธรรมชาติคงเข่งเส้นล่างทั้ง 26 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยต้นกล้ามะเดื่อหอม 6 ตัวอย่าง และกลุ่มที่สองประกอบด้วย 3 กลุ่มย่อย ซึ่งประกอบด้วยต้นกล้ามะเดื่อหอม 10 9 และ 1 ตัวอย่างตามลำดับ

ตาราง 16 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อปล้องแปลงพื้นฟูป่าปี 1998

หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
แปลงพื้นฟูป่าปี 1998	มะเคื่อปล้อง	47.Q	UTM
8 163	<i>Ficus hispida</i>	484136	2085398
8 164	<i>Ficus hispida</i>	484083	2085434
8 165	<i>Ficus hispida</i>	484085	2085431
8 180	<i>Ficus hispida</i>	483888	2085645
P 143	<i>Ficus hispida</i>	483972	2085307
P 136	<i>Ficus hispida</i>	483972	2085307
P 137	<i>Ficus hispida</i>	483972	2085307
P 139	<i>Ficus hispida</i>	483972	2085307
P 142	<i>Ficus hispida</i>	483965	2085311
P 141	<i>Ficus hispida</i>	483964	2085313
P 138	<i>Ficus hispida</i>	483963	2085315
8 167	<i>Ficus hispida</i>	483877	2085639
8 168	<i>Ficus hispida</i>	483873	2085641
8 169	<i>Ficus hispida</i>	483903	2085622
6-0	<i>Ficus hispida</i>	483892	2085626



ภาพ 21 แผนที่ประชากรต้นกล้วยมะเดื่อปล้องที่พบบริเวณแปลงพื้นที่ฟูปีปี 1998

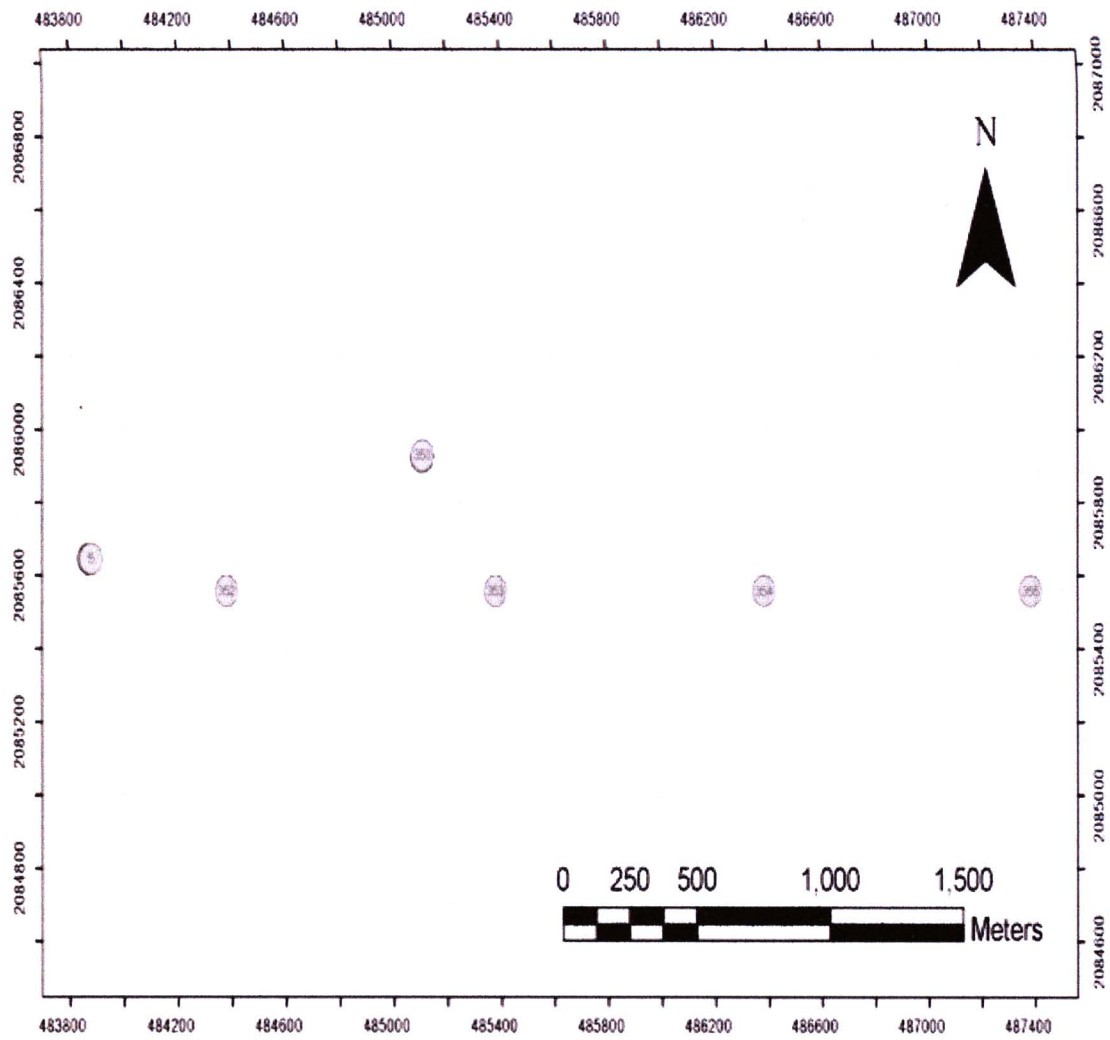


ภาพ 22 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้วยมะเดื่อปล้องแปลงฟื้นฟูป่าปี 1998

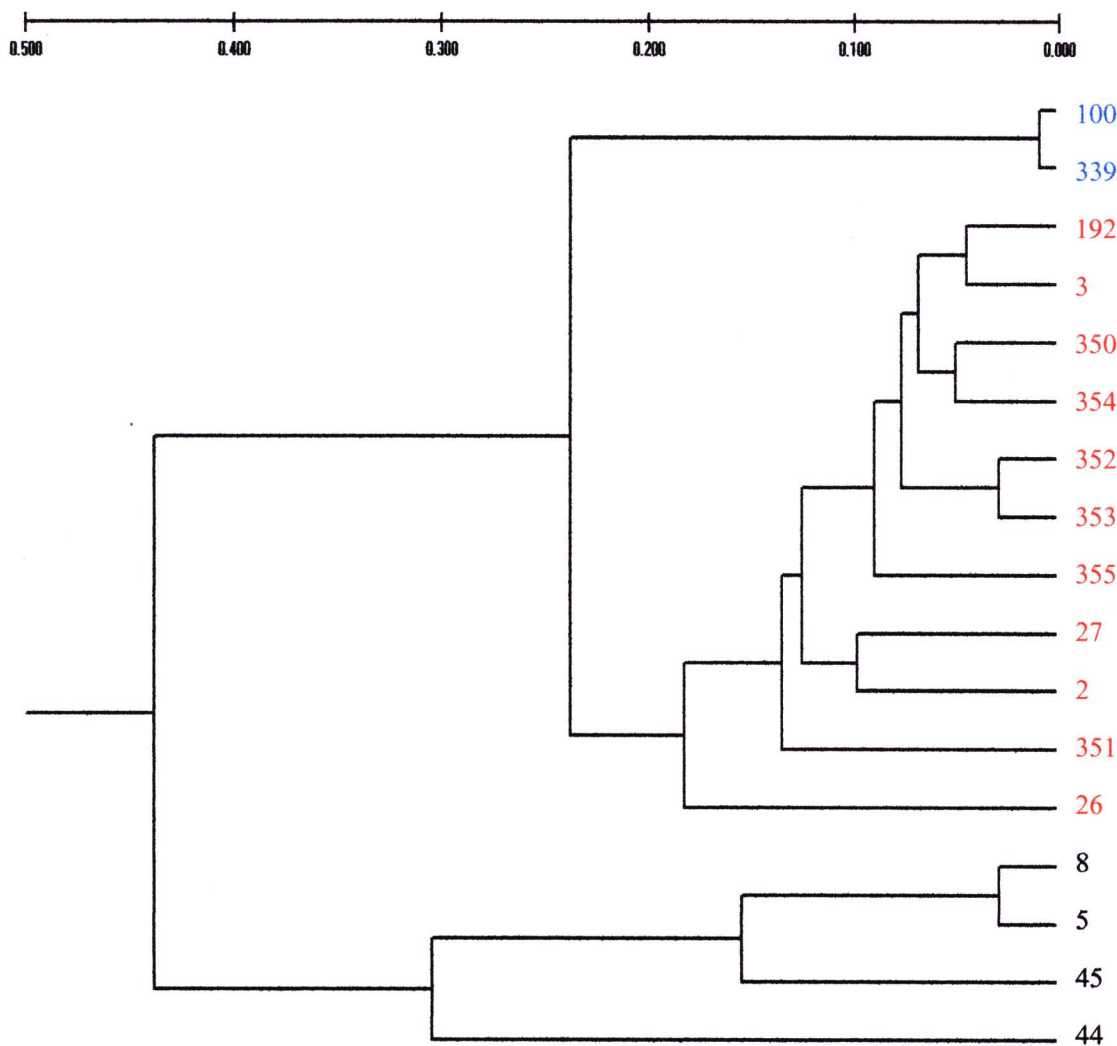
การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้วยมะเดื่อปล้องแปลงฟื้นฟูป่าปี 1998 ทั้ง 15 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อปล้อง 3 ตัวอย่าง และกลุ่มที่สองประกอบด้วย 3 กลุ่มย่อย ซึ่งประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อปล้อง 11 และ 10 ตัวอย่างตามลำดับ

ตาราง 17 ข้อมูลพิกัด GPS ของต้นกล้ามะเดื่อปล้องป่าธรรมชาติ

หมายเลขประจำต้น	ชนิด	พิกัด	พิกัด
ป่าธรรมชาติ	มะเดื่อปล้อง	47.Q	UTM
380 27	<i>Ficus hispida</i>	483873	2085645
8 002	<i>Ficus hispida</i>	483874	2085645
192	<i>Ficus hispida</i>	483875	2085645
8 003	<i>Ficus hispida</i>	483875	2085645
380 26	<i>Ficus hispida</i>	483875	2085645
8 008	<i>Ficus hispida</i>	483880	2085645
380 100	<i>Ficus hispida</i>	483880	2085645
MS 38 05	<i>Ficus hispida</i>	483880	2085645
MS 044	<i>Ficus hispida</i>	483880	2085645
MS 045	<i>Ficus hispida</i>	483880	2085645
8 339	<i>Ficus hispida</i>	485107	2085923
8 350	<i>Ficus hispida</i>	485109	2085929
8 351	<i>Ficus hispida</i>	484382	2085557
8 352	<i>Ficus hispida</i>	484382	2085557
8 353	<i>Ficus hispida</i>	485382	2085557
9 354	<i>Ficus hispida</i>	486383	2085558
9 355	<i>Ficus hispida</i>	487383	2085558



ภาพ 23 แผนที่ประชากรต้นกล้ามะเดื่อปล้องที่พบบริเวณป่าธรรมชาติ



ภาพ 24 ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรต้นกล้วยมะเดื่อปล้องป่าธรรมชาติ

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้วยมะเดื่อปล้องป่าธรรมชาติ ทั้ง 17 ตัวอย่าง สามารถจัดกลุ่มความสัมพันธ์ได้ 2 กลุ่มใหญ่ โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อปล้อง 4 ตัวอย่าง และกลุ่มที่สองประกอบด้วย 2 กลุ่มย่อย ซึ่งประกอบด้วยต้นกล้วยมะเดื่อปล้อง 2 และ 11 ตัวอย่างตามลำดับ