# บทที่ 5
# อภิปรายผลการวิจัย

## 5.1 การค้นหาเครื่องหมายโมเลกุลด้วยเทคนิค AFLP

การวิจัยในครั้งนี้ใช้เทคนิค AFLP เพื่อค้นหาเครื่องหมายโมเลกุลของมะเดื่อหอมและมะเดื่อปล้อง ตามวิธีการของ Vos *et al.* (1995) โดยมีการดัดแปลงวิธีการเล็กน้อย ในทดลองครั้งแรก ใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Eco*RI และ *Taq*I แต่จากผลการทดลองพบว่าการใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Eco*RI ร่วมกับ *Taq*I ไม่เหมาะสมกับการวิจัยในครั้งนี้ เนื่องจากผลการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค 6% polyacrylamide gel electrophoresis พบว่าแถบดีเอ็นเอมีปริมาณน้อยและมีขนาดใหญ่ ซึ่งเกิดจากการตัดดีเอ็นเอที่ไม่สมบูรณ์ จึงเปลี่ยนมาใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Eco*RI ร่วมกับ *Mse*I ซึ่งพบว่าได้แถบดีเอ็นเอจำนวนมากและชัดเจนกว่า แม้ว่าโดยวิธีการทั่วไปจะใช้ *Eco*RI ที่บ่มไว้ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส และ *Mse*I บ่มไว้ที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส ตามคำแนะนำในการใช้เอ็นไซม์ตัดจำเพาะ แต่กลับพบว่าชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ได้เมื่อวิเคราะห์ด้วย 6% polyacrylamide gel electrophoresis ได้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาดใหญ่ และเกิดการตัดที่ไม่สมบูรณ์เกิดเป็นพื้นหลังสีดำในลายพิมพ์ดีเอ็นเอจำนวนมาก จึงทำการทดลองโดยตัดดีเอ็นเอด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะพร้อมกันทั้ง 2 ชนิดที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส พบว่าได้ขนาดชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลคือ ได้ชิ้นส่วนขนาดประมาณ 100-1,700 คู่เบส การที่ใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Eco*RI และ *Mse*I ในการสร้างลายพิมพ์ดีเอ็นเอ AFLP ได้ผลดี เพราะว่าในดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตจำพวกยูคาริโอตทั่วไปจะมีองค์ประกอบของเบส A และ T จำนวนมาก เอนไซม์ *Mse*I ซึ่งมีตำแหน่งจดจำ 5'-T^TAA-3' จึงตัดชิ้นส่วนดีเอ็นเอได้ขนาดเล็กและพอเหมาะสำหรับการเพิ่มปริมาณโดยวิธี PCR (สุรินทร์, 2545) ส่วนเอ็นไซม์ *Taq*I เนื่องจากมีบริเวณจดจำของเอนไซม์คือ 5'-T^CGA-3' ชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณได้มักมีขนาดไม่สม่ำเสมอ จึงมักปรากฏเป็นแถบขนาดใหญ่ซึ่งอยู่ส่วนบนของเจล ส่วนเอ็นไซม์ *Eco*RI ซึ่งมีบริเวณจดจำเป็น 5'-G^AATTC-3' สามารถตัดดีเอ็นเอได้อย่างมีประสิทธิภาพดีและเป็นที่นิยมใช้โดยทั่วไป

**5.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะเดื่อหอมโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด Amplified fragment length polymorphism (AFLP)**

จากการศึกษาโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด AFLP ซึ่งเป็นชนิด Dominance markers เพื่อศึกษาความแปรผันทางพันธุกรรมและการกระจายความแปรผันทางพันธุกรรมภายในประชากรและระหว่างประชากรของมะเดื่อหอม แม้ว่าเทคนิคนี้จะมีข้อด้อยกว่าเครื่องหมายโมเลกุลชนิด Co-dominance markers โดย Dominance markers ไม่สามารถตรวจสอบหน่วยชีวิตของสิ่งมีชีวิตที่เป็นเฮเทอโรไซกัสได้ ทำให้ไม่สามารถคำนวณค่ามาตรฐานต่าง ๆ ที่ใช้ในการอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรม ซึ่งค่าต่าง ๆ เหล่านั้น ได้แก่ allele per locus (A), observed heterozygosity ($H_o$) และ expected heterozygosity ($H_e$) แต่อย่างไรก็ตามค่าต่าง ๆ เหล่านี้สามารถคำนวณได้ โดยสมมติว่าประชากรที่ศึกษานี้อยู่ในสภาวะสมดุลตามกฎของฮาร์ดี-ไวเบิร์ก (ปรีชา, 2551) และลายพิมพ์ของดีเอ็นเอได้จากการนับแถบของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นในแต่ละประชากรจะมี 2 ลักษณะ คือในลักษณะการเกิด (presence) และไม่เกิดแถบดีเอ็นเอ (absence) บนเจลที่ตำแหน่งเดียวกัน ตำแหน่งแถบดีเอ็นเอเทียบได้กับตำแหน่งยีน 1 ตำแหน่ง โดยกำหนดสัญลักษณ์ "1" เมื่อเกิดแถบดีเอ็นเอ และ "0" เมื่อไม่เกิดแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งเดียวกัน แถบ AFLP แต่ละแถบจะถูกสมมติว่าเป็นยีนตำแหน่งใด ๆ (AFLP loci) ภายใต้ข้อตกลงตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ความถี่ของ null allele คือรากกำลังสองของความถี่จีโนไทป์แบบนี้ ($\sqrt{aa}$ = q) และความถี่ของแบน allele (p) = 1-q และเมื่อมีการคำนวณค่าความถี่เกิดขึ้นจึงสามารถคำนวณค่าต่าง ๆ เพื่ออธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมได้ จากการศึกษาของ Guillot and Santos (2010) พบว่าสถิติที่ใช้ในการคำนวณค่าต่าง ๆ ของข้อมูลที่เป็นชนิด Dominance markers ควรมีจำนวนหน่วยสิ่งมีชีวิตไม่น้อยกว่า 100 หน่วย และมีค่าความถี่ของ loci ไม่น้อยกว่า 200 loci ตัวอย่างในโปรแกรม POPGENE เวอร์ชั่น 1.32 (Yeh *et al.*, 2000) และโปรแกรม AFLP-SURV เวอร์ชั่น 1.0 (Vekemans, 2002) ที่สามารถใช้อธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตที่นำมาใช้ในการศึกษาได้ ตัวอย่างเช่น Yang *et al.* (2009) ที่ศึกษาพืชชนิด *Scirpus mariqueter* โดยใช้โปรแกรม AFLP-SURV เวอร์ชั่น 1.0 และ Chen *et al.* (2009) ที่ศึกษาพืชชนิด *Caragana microphylla* โดยใช้โปรแกรม POPGENE เวอร์ชั่น 1.32

จากการศึกษาความแปรผันทางพันธุกรรมและการกระจายความแปรผันทางพันธุกรรมภายในประชากรและระหว่างประชากรของมะเดื่อหอมโดยใช้คู่ไพรเมอร์ AFLP จำนวน 7 คู่ มาวิเคราะห์ AFLP ทำให้ได้ข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอจำนวนมาก สามารถคัดเลือกตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่างกัน (Polymorphism) ได้ทั้งสิ้น 204 loci เมื่อสมมติให้ประชากรอยู่ในสภาวะสมดุลตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ผลการวิเคราะห์ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity) จากการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม POPGENE เวอร์ชั่น 1.32 พบว่าในมะเดื่อหอม

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ห้องสมุดงานวิจัย

ทั้ง 5 แหล่งมีค่าเปอร์เซ็นต์ polymorphism อยู่ในช่วง 43.14-97.06% โดยแปลงปลูกปี 1998 มีค่าเปอร์เซ็นต์ polymorphism สูงที่สุด มีค่าสูงถึง 97.06 แปลงปลูกปี 2002 และแปลงควบคุมก็มีค่าเปอร์เซ็นต์ polymorphism ที่สูงกว่าป่าธรรมชาติดงเซ่งทั้งเส้นบนและเส้นล่าง ในขณะที่ค่าความหลากหลายของยีน(Gene diversity), Observed number of alleles ($N_a$), Effective number of alleles ($N_e$) และค่า Shannon's Information index ของแปลงปลูกปี 1998 แปลงปลูกปี 2002 และแปลงควบคุมล้วนมีค่าที่สูงกว่าป่าธรรมชาติดงเซ่งทั้งเส้นบนและเส้นล่าง อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาแล้วพบว่าในป่าธรรมชาติดงเซ่งทั้งเส้นบนและเส้นล่างที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ต่ำกว่าแปลงปลูกป่าทั้ง 3 แปลง อาจมีสาเหตุมาจากปัจจัยทางการกระจายตัวของมะเดื่อหอม เนื่องจากตัวอย่างที่นำมาใช้ในการทดลองของกลุ่มประชากรป่าธรรมชาติดงเซ่งเส้นบนนั้นเก็บมาจากบริเวณที่สูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางประมาณ 1,300 เมตร ทั้งนี้รายงานของ Berg and Corner (2005) ระบุว่ามะเดื่อหอมจะมีการกระจายตัวอยู่ที่ระดับความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางไม่เกิน 1,100 เมตร และการเก็บตัวอย่างของป่าธรรมชาติดงเซ่งเส้นบนจะเก็บมะเดื่อหอมได้ในบริเวณที่มีการกระจายตัวที่แคบที่ระดับความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางประมาณ 1,100 เมตรโดยตัวอย่างที่เก็บได้แม้จะมีปริมาณมาก แต่อยู่ในบริเวณใกล้เคียงกัน ทำให้ไม่ได้ตัวอย่างที่มีการกระจายตัวที่หลากหลายเหมือนที่พบในแปลงปลูกป่าทั้ง 3 แปลง

ความแตกต่างระหว่างประชากรในการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมและความหลากหลายทางพันธุกรรมเมื่อเทียบกับมาตรฐานของค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F-coefficient) เป็นวิธีที่ใช้ในการเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างประชากร คือ ค่า F โดยเปรียบเทียบระหว่างประชากรย่อยที่รวมเป็นกันประชากรใหญ่ ซึ่งค่า F ใช้วัดความเบี่ยงเบน หรือการลดลงของ heterozygosity หรืออาจเรียกว่าเป็นค่าการผสมเลือดชิด (Inbreeding coefficient) ซึ่งในการศึกษาการเปลี่ยนแปลง หรือความแตกต่างของประชากรย่อย ค่า F สามารถแบ่งได้เป็น 3 ค่า เพื่อวัดความผันแปรทางพันธุกรรมภายในและระหว่างประชากรย่อย แต่เนื่องจากการศึกษาครั้งนี้ใช้เครื่องหมาย AFLP ซึ่งเป็นชนิด Dominance markers จึงไม่ทราบค่า F*is* (inbreeding coefficient) โดยตรง จึงถูกสมมติว่าประชากรที่ศึกษานี้อยู่ในสภาวะสมดุลตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก สมมติว่าค่า F*is* = 0 (inbreeding coefficient = 0) ดังนั้นค่า F*s* ของประชากรรวมของมะเดื่อหอมจากการศึกษาโดยใช้คู่ไพรเมอร์จำนวน 7 คู่มีค่าเฉลี่ย 0.1412 ซึ่งจากการวิเคราะห์ผลพบว่าค่าเฉลี่ย F*st* ที่มีค่าอยู่ระหว่าง 0.05-0.25 แสดงว่าเกิดการเปลี่ยนแปลงของประชากรแต่ละประชากรย่อยปานกลาง คือ การแบ่ง เป็นประชากรย่อยยังไม่เด่นชัดและมีความแตกต่างของความถี่ระหว่างประชากรย่อยไม่มากนัก (สุรินทร์, 2551)

ความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรมะเดื่อหอม มีค่ามากกว่ามะเดื่อชนิด *F. pumila* ในประเทศจีน (F*st* มีค่าอยู่ระหว่าง 0.047-0.081) (Chen *et al.*, 2008) ซึ่งมีการผสมข้ามต้น

(dioecious) เช่นเดียวกันกับมะเดื่อหอม ซึ่งแสดงว่า *F. pumila* มีการเปลี่ยนแปลงของแต่ละประชากรย่อยที่ค่อนข้างน้อย ประชากรย่อยยังไม่มีการแบ่งเป็นกลุ่มที่ชัดเจน นอกจากนี้ Wang *et al.* (2009) ศึกษาพบว่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากร *F. pumila* ในประเทศจีน *Fst* มีค่าเพียง 0.060 ซึ่งแสดงว่า *F. pumila* มีการเปลี่ยนแปลงของแต่ละประชากรย่อยที่ค่อนข้างน้อย ประชากรย่อยยังไม่มีการแบ่งเป็นกลุ่มที่ชัดเจน เช่นเดียวกับการศึกษาของ Aradhya *et al.* (2010) ศึกษาพบว่าความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากร *F. carica* มีค่า *Fst* เพียง 0.020 ซึ่งแสดงว่า *F. carica* มีการเปลี่ยนแปลงของแต่ละประชากรย่อยที่ค่อนข้างน้อย ประชากรย่อยยังไม่มีการแบ่งเป็นกลุ่มที่ชัดเจนเช่นกัน แต่อย่างไรก็ตามค่า *Fst* จากการศึกษาต่าง ๆ ไม่สามารถนำมาเปรียบเทียบกันได้โดยตรง เนื่องจากชนิดของสิ่งมีชีวิตที่ทำการศึกษาตลอดถึงสภาพภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกันอาจทำให้ผลการศึกษาแตกต่างกันออกไป

ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (Genetic distance, D) ของประชากรมะเดื่อหอมทั้ง 5 ประชากร มีค่าระหว่าง 0.6896-0.9294 ซึ่งพบว่าระหว่างต้นกล้าในแปลงปลูกปี 1998 กับป่าธรรมชาติดงเซ่งเส้นบนมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุดเท่ากับ 0.6896 ต้นกล้าในแปลงปลูกปี 2002 กับต้นกล้าในแปลงควบคุมมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมากที่สุด 0.9294 การมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมค่อนข้างมาก ซึ่งหมายถึงการมีความถี่ และปริมาณการถ่ายเทยีนค่อนข้างน้อย โดยอาจเกิดจากการ ที่มีสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ เช่น พื้นที่ป่าที่มีการกระจายเป็นพื้นที่ขนาดเล็กหลายพื้นที่และขาดแนวเชื่อมต่อระหว่างกันทำให้เป็นอุปสรรคในการถ่ายเทยีนระหว่างประชากร ทำให้ค่า D สูงขึ้น ส่วนต้นกล้าในป่าธรรมชาติดงเซ่งเส้นบนและเส้นล่าง มีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยกว่าจึงมีความคล้ายคลึงกันของอัลลีลมาก มีการศึกษาค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของมะเดื่อชนิด *F. carica* (Chatti *et al.*, 2007) ในประเทศตูนิเซีย ที่มีค่าอยู่ระหว่าง 0-0.7400 ซึ่งเป็นการศึกษาในมะเดื่อ *F. carica* ที่แตกต่างสายพันธุ์กันจำนวน 17 สายพันธุ์ พบว่ามีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ไม่มากนัก และ Baraket *et al.* (2009) ศึกษาค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของมะเดื่อชนิด *F. carica* ในประเทศตูนิเซียที่มีค่าอยู่ระหว่าง 0.0008-0.1093 ซึ่งเป็นการศึกษาในมะเดื่อชนิด *F. carica* ที่แตกต่างสายพันธุ์กันจำนวน 40 สายพันธุ์ พบว่ามีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่น้อยมาก อาจเนื่องมาจากการที่มะเดื่อชนิด *F. carica* เป็นพืชเศรษฐกิจที่มีการเพาะปลูกในการค้าขายกันเป็นจำนวนมากอยู่แล้วทำให้มีความแตกต่างทางพันธุกรรมที่ค่อนข้างน้อย แม้จะเป็นในระดับสายพันธุ์ที่แตกต่างกัน และการศึกษาของ Chen *et al.* (2008) ในมะเดื่อชนิด *F. pumila* ในประเทศจีน พบค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมีค่าอยู่ระหว่าง 0.0080-0.2060 ซึ่งถือว่าอยู่ในระดับที่ค่อนข้างน้อยเช่นกัน ความแตกต่างที่พบอาจเนื่องมาจากการศึกษาที่ใช้วิธีแตกต่างกัน เทคนิคที่ใช้ในการตรวจสอบ และจำนวนประชากรในแต่ละกลุ่มก็ถือว่ามีความสำคัญเช่นกัน (Voigt *et al.*, 2009)

*เมื่อนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมจากการคำนวณโดยใช้ค่า Genetic distance มาสร้างแผนผังค่าระยะห่างทางพันธุกรรมด้วยเทคนิค Unweigthed Pair Group Method of Arithmetic* Average (UPGMA) โดยใช้โปรแกรม TFPGA (Tool for Population Genetic Analysis ) เวอร์ชั่น 1.3 (Miller, 1997) พบว่าดัชนีความเหมือนอยู่ในช่วงระหว่าง 0.0418-0.1408 และสามารถจัดกลุ่มของประชากรมะเดื่อหอมทั้ง 5 แหล่งตามความสัมพันธ์กัน โดยพบว่าทั้ง 5 กลุ่มประชากรสามารถแบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 แปลงปลูกปี 2002 และแปลงควบคุม กลุ่มที่ 2 ป่าธรรมชาติดงเซ่งเส้นล่าง และป่าดงเซ่งเส้นบน และกลุ่มที่ 3 แปลงปลูกปี 1998 ซึ่งทั้ง 5 กลุ่มประชากรมีระยะห่างทางพันธุกรรมไม่แตกต่างกันมากนัก Sadder and Ateyyeh (2006) กล่าวว่าการประมาณและการคาดคะเน Genetic distance ระหว่างประชากรจะมีค่าต่ำมาก หากอยู่ในชนิดเดียวกัน และจะมีค่าสูงมากหากเป็นสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกัน ซึ่งในการศึกษานี้เป็นการหาความสัมพันธ์ระหว่างประชากรในมะเดื่อชนิดเดียวกัน จึงมีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกัน อย่างไรก็ตามจากการศึกษานี้สามารถวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มประชากรได้เป็น 3 กลุ่มจากมะเดื่อหอมทั้งหมด 5 กลุ่มประชากร

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมภายในประชากรด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้ามะเดื่อหอมทั้ง 5 ประชากร มีการจัดกลุ่มที่ยังไม่สอดคล้องกับข้อมูลการกระจายตัวในแผนที่พิกัดทางภูมิศาสตร์ ทำให้ไม่สามารถระบุความสัมพันธ์ว่าเป็นเครือญาติกันหรือไม่ อาจเนื่องมาจากเครื่องหมายโมเลกุลชนิด AFLP ที่นำมาใช้ในครั้งนี้ยังมีจำนวนตำแหน่ง loci ไม่เพียงพอในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ดังกล่าว

## 5.3 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะเดื่อปล้องโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลชนิด Amplified fragment length polymorphism (AFLP)

สำหรับมะเดื่อปล้องเนื่องจากตัวอย่างที่เก็บได้มีปริมาณตัวอย่างที่น้อย โดยพบในแปลงปลูกปี 1998 เพียง 15 ตัวอย่าง และในป่าธรรมชาติจำนวน 17 ตัวอย่าง เมื่อใช้คู่ไพรเมอร์ AFLP จำนวน 7 คู่ มาวิเคราะห์ AFLP ทำให้ได้ข้อมูลลายพิมพ์ดีเอ็นเอจำนวนมากและชัดเจน สามารถคัดเลือกตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอที่มีความแตกต่าง (Polymorphism) ได้ทั้งสิ้น 202 loci เมื่อสมมติให้ประชากรอยู่ในสภาวะสมดุลตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ผลการวิเคราะห์ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity) จากการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม POPGENE เวอร์ชั่น 1.32 พบว่าในมะเดื่อปล้องทั้ง 2 แหล่งมีค่าเปอร์เซ็นต์ polymorphism อยู่ในช่วง 81.19-88.12% และค่าความหลากหลายของยีน(Gene diversity), Observed number of alleles ($N_a$), Effective number of alleles ($N_e$) และค่า Shannon's Information index ทั้ง 2 ประชากรมีค่าที่ใกล้เคียงกัน โดยพบค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของมะเดื่อปล้องในป่าธรรมชาติมีค่าน้อยกว่าแปลง 1998 เล็กน้อย

เนื่องจากตัวอย่างที่เก็บได้จากป่าธรรมชาติของมะเดื่อปล้องมีปริมาณที่น้อยกว่าเมื่อเทียบกับมะเดื่อหอม และมีการเก็บตัวอย่างที่กระจายตัวในบริเวณที่กว้างกว่า เมื่อนำมาวิเคราะห์ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity) จึงทำให้มะเดื่อปล้องมีความแตกต่างระหว่างป่าธรรมชาติกับแปลงปลูกไม่มากนัก

ความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรมะเดื่อปล้องมีค่ามากกว่ามะเดื่อชนิด *F. pumila* ในประเทศจีน (*Fst* มีค่าอยู่ระหว่าง 0.047-0.081) (Chen *et al.*, 2008) ซึ่งมีการผสมข้ามต้น (dioecious) เช่นเดียวกัน และพบว่าค่า *Fst* ของมะเดื่อปล้องมีค่าน้อยกว่ามะเดื่อหอมเล็กน้อย โดยในมะเดื่อปล้องมีค่า *Fst* ที่ได้จากการศึกษาโดยใช้คู่ไพรเมอร์จำนวน 7 คู่มีค่าเฉลี่ย 0.1191 ซึ่งค่าเฉลี่ย *Fst* ที่มีค่าอยู่ระหว่าง 0.05-0.25 แสดงว่ามีการเปลี่ยนแปลงของแต่ละประชากรย่อยปานกลาง (สุรินทร์, 2551) คือ การแบ่งเป็นประชากรย่อยยังไม่เด่นชัดและมีความแตกต่างของความถี่ระหว่างประชากรย่อยไม่มากนัก

สำหรับมะเดื่อปล้องเนื่องจากมีประชากรเพียง 2 ประชากร จึงไม่สามารถสร้างแผนผังค่าระยะห่างทางพันธุกรรมด้วยเทคนิค Unweigthed Pair Group Method of Arithmetic Average (UPGMA) และการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมภายในประชากรด้วยวิธี UPGMA พบว่าประชากรต้นกล้ามะเดื่อปล้องทั้ง 2 ประชากร มีการจัดกลุ่มที่ยังไม่สอดคล้องกับข้อมูลการกระจายตัวในแผนที่พิกัดทางภูมิศาสตร์ ทำให้ไม่สามารถระบุความสัมพันธ์ว่าเป็นเครือญาติกันหรือไม่ อาจเนื่องมาจากเครื่องหมายโมเลกุลชนิด AFLP ที่นำมาใช้ในครั้งนี้ยังมีจำนวนตำแหน่ง loci ไม่เพียงพอในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ดังกล่าว

### 5.4 กลไกการถ่ายทอดยีนในมะเดื่อทั้งสองชนิด

สำหรับกลไกสำคัญสองประการในการเคลื่อนย้ายยีนของพืชดอกคือการกระจายเมล็ดและการถ่ายละอองเกสร การกระจายพันธุ์ของมะเดื่อที่มีทั้งทางกระจายเมล็ดและการถ่ายละอองเกสรซึ่งเป็นหลักสำคัญของการเคลื่อนย้ายยีนในประชากรและระหว่างประชากรซึ่งทำให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรม เนื่องจากมะเดื่อหอมและมะเดื่อปล้องเป็นชนิดผสมข้ามต้น (dioecious) ที่อาศัยแตนมะเดื่อในการถ่ายละอองเกสร ทำให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรมากกว่าพืชผสมตัวเอง (monoecious) (ปรีชา, 2551) การกระจายเมล็ดของมะเดื่อทั้งสองชนิดอาศัยสัตว์ในการช่วยกระจายเมล็ดโดยเฉพาะนก (Wydhayagarn *et al.*, 2009) ซึ่งเป็นตัวกระจายเมล็ดจากป่าธรรมชาติเข้ามาในพื้นที่ฟื้นฟูป่า ทำให้ต้นกล้าที่เกิดขึ้นมีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สูง แต่อย่างไรก็ตามจากการศึกษาวิจัยในครั้งนี้ยังไม่สามารถระบุระยะทางในการกระจายเมล็ดจากป่าธรรมชาติเข้ามาในพื้นที่ฟื้นฟูป่าได้ เนื่องจากเครื่องหมายโมเลกุลชนิด AFLP ที่นำมาใช้ในครั้งนี้ยัง

มีจำนวนตำแหน่ง loci ในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ระหว่างต้นแม่และลูกไม่เพียงพอ (Voigt *et al.*, 2009)

แม้ว่าความหลากหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรมะเดื่อหอมและมะเดื่อปล้องในพื้นที่ฟื้นฟูป่าจะขึ้นอยู่การเคลื่อนย้ายยีนทั้งสองกระบวนการ แต่การถ่ายละอองเกสรในพืชสกุลมะเดื่อพบว่ามีระยะทางที่ไกลกว่าการกระจายเมล็ดโดยสัตว์ Ahmed *et al.* (2009) พบว่าการถ่ายละอองเกสรของพืชสกุลมะเดื่อชนิด *F. sycomorus* โดยแตนมะเดื่อชนิด *Ceratosolen arabicus* มีระยะทางได้ถึง 160 กิโลเมตร ซึ่งเป็นกลไกที่สำคัญในการเคลื่อนย้ายยีนของประชากรของพืชสกุลนี้ การถ่ายละอองเกสรที่เกิดขึ้นได้ในระยะทางที่ไกลมากน่าจะเป็นสาเหตุหนึ่งที่ทำให้ต้นกล้าของมะเดื่อภายในพื้นที่ฟื้นฟูป่ามีการเคลื่อนย้ายยีนจากแหล่งพันธุกรรมภายนอกเข้ามาในพื้นที่ แหล่งพันธุกรรมรอบพื้นที่ฟื้นฟูป่าเป็นปัจจัยสำคัญที่จะเกิดการถ่ายทอดยีน เพื่อทำให้การอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรมะเดื่อหอมและมะเดื่อปล้องประสบความสำเร็จ