

ศึกษาความหลากหลายจากลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ (chloroplast DNA: cpDNA) ของพืชสกุล *Ficus* โดยใช้ตำแหน่ง *trnL* (UAA) intron เป็นเครื่องหมายโมเลกุลในการหาความสัมพันธ์ระหว่างมะเดื่อฝรั่ง (*Ficus carica*) สายพันธุ์ต่างๆ จากพระตำหนักสวนปทุมที่เก็บรวบรวมมาจากสถานที่ต่างๆ และมะเดื่ออุทุมพร (*Ficus racemosa*) จำนวน 1 สายพันธุ์ จากการใช้คู่ไพร์เมอร์ c และ d พบว่าทุกตัวอย่างของ *F. carica* มีขนาดชิ้นของดีเอ็นเอประมาณ 550 คู่เบส อย่างไรก็ตาม *F. racemosa* ไม่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอได้ด้วยคู่ไพร์เมอร์นี้ได้ เมื่อนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของตัวอย่างทั้งหมด 32 ตัวอย่างมาวิเคราะห์เปรียบเทียบโดยใช้โปรแกรม ClustalX กับลำดับนิวคลีโอไทด์ของ *F. carica* จำนวน 6 ตัวอย่างจากฐานข้อมูล GenBank เพื่อหา phylogenetic tree โดยวิธี Neighbor-joining ในโปรแกรม Phylip ผลจากการศึกษาสามารถแบ่งตัวอย่างออกเป็น 2 กลุ่มหลัก โดยในกลุ่มแรกแสดงลักษณะ monophyletic คือ สายพันธุ์ Khalt (EU191024) สำหรับสายพันธุ์ที่เหลือจะอยู่ในกลุ่มที่สองซึ่งแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย ซึ่งสายพันธุ์ส่วนใหญ่แสดงให้เห็นถึงความหลากหลายในระดับสปีชีส์ต่ำ จากการศึกษาในครั้งนี้แสดงให้เห็นว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ในตำแหน่ง *trnL* (UAA) intron มีความหลากหลายไม่เพียงพอกับการนำมาใช้หาความสัมพันธ์ในระดับสปีชีส์

## ABSTRACT

*Ficus* sp. was analyzed for DNA sequence diversity in the non-coding region of chloroplast DNA. The *trnL* (UAA) intron sequences was used as genetic markers and establishing refined genetic relationships for differentiating *Ficus carica* collected from Phratamnak Suan Pathum originating from diverse geographical areas as well as only one *Ficus racemosa*. Using the c and d primers, a single DNA band of approximately 550 bp was amplified from each fig cultivars. However, those primers failed to amplify reproducible products from *F. racemosa*. Thirty-two sequences were aligned using the ClustalX program and compared with 6 public sequences of *F. carica* available in the GenBank database. Phylogenetic tree was constructed using the Neighbor-joining algorithm in the Phylip package. Phylogram from 38 sequences were revealed the presence of 2 main groups. The first group is monophyletic branch composed by Khalt (EU191024). All the remaining cultivars are ranged in the second cluster that comprises two sub-groups. Most of them were revealed a very low genetic diversity. The result was suggest that direct sequencing of the *trnL* (UAA) intron regions do not evolve rapidly enough to resolve relationships at these lower taxonomic levels.