

บทที่ 6

สรุปผลการค้นคว้า

จากการศึกษาความหลากหลายของสายพันธุ์ต้นพะยูนในเขตภาคตะวันออก และ ตะวันออกเฉียงเหนือด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ พบว่าไม่สามารถบอกความแตกต่างทางชีวภูมิศาสตร์ ของตัวอย่างพะยูนจากพื้นที่ 7 จังหวัดได้อย่างชัดเจนด้วยการใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอบริเวณ *trnL-trnL* และ *trnL-trnF* intergenic spacer ในคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอได้ เนื่องจากไม่มีความแตกต่างกันของ ลำดับนิวคลีโอไทด์ในทุกตัวอย่าง มีเพียงตัวอย่างพะยูนรหัส UB05 และ CC04 ที่พบการเปลี่ยนแปลง ลำดับนิวคลีโอไทด์แบบ transversion ในตำแหน่งที่ 138 โดยเป็นการแทนที่ของเบสอะดีนีนเป็น ไชโตซีน (A→C) จากการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสที่เกิดขึ้นนี้ยังไม่สามารถจัดกลุ่มประชากรของ พะยูนตามพื้นที่ทางภูมิศาสตร์ได้ อย่างไรก็ตามในการตรวจสอบระบุสายพันธุ์พืชกับฐานข้อมูล ออนไลน์ NCBI แสดงให้เห็นว่าสามารถแยกความแตกต่างของพืชตระกูล *Dalbergia* ในแต่ละสปีชีส์ ได้ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอบริเวณ *trnL-trnL* และ *trnL-trnF* intergenic spacer และจากแผนผัง วิวัฒนาการการจำแนกสายพันธุ์พะยูนพบว่าพะยูนที่ศึกษามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับสายพันธุ์ *D. nigra* *D. melanoxylon* *D. congestiflora* *D. miscolobium* และ *D. lanceolaria* ตามลำดับ

นอกจากนี้ลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณ *trnL-trnF* intergenic spacer ของตัวอย่างพะยูนที่ได้ ศึกษาในครั้งนี้ ถือเป็นข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณใหม่ที่ยังไม่มีการศึกษามาก่อนหน้านี้ และ สำหรับงานวิจัยในอนาคตเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจสอบสายพันธุ์ และจัดจำแนกกลุ่ม ประชากรพะยูนในเชิงภูมิศาสตร์ด้วยการใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรม ควรศึกษาความหลากหลาย ของคลอโรพลาสต์ดีเอ็นเอ หรือในโครโมโซมอลดีเอ็นเอในบริเวณอื่นต่อไป