การประเมินการแพร่กระจายยีนของเต็ง (Dipterocarpaceae) พืชดัชนีสำคัญในป่าเต็งรัง

Estimation of Gene Flow of *Shorea obtusa* (Dipterocarpaceae), a Plant Keystone Species in Deciduous Dipterocarp Forest

ชฎาพร เสนาคุณ[1]*, **สุจิตรา จางตระกูล**[4], **ไพโรจน์ ประมวล**[2] **และ ปรีชา ประเทพา**[3]

Chadaporn Senakun[1]*, Suchitra Changtragoon[2], Pairot Pramual[3] and Preecha Prathepha[4]

[1]สถาบันวิจัยวลัยรุกขเวช; [2]ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์; [3]ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยมหาสารคาม จังหวัดมหาสารคาม 44150; [4]กลุ่มงานวิจัยอนุรักษ์พันธุกรรมไม้ป่าและเทคโนโลยีชีวภาพ สำนักวิจัยการอนุรักษ์ป่าไม้และพันธุ์พืช กรมอุทยานแห่งชาติสัตว์ป่าและพันธุ์พืช กรุงเทพฯ 10900

[1]Walai Rukhavej Botanical Research Institute; [2]Department of Biology, Faculty of Science; [3]Department of Biotechnology, Faculty of Technology, Mahasarakham University, Maha Sarakham 44150; [4]Forest Genetic Conservation and Biotechnology Research Division, Forest and Plant Conservation Research office, National Park, Wildlife and Plant Conservation Department, Bangkok 10900

**Corresponding author: crotonii@hotmail.com*

บทคัดย่อ

การตรวจสอบขนาดโครงสร้างทางพันธุกรรมของเต็ง (*Shorea obtusa* Wall. ex Blume) พืชดัชนีสำคัญของป่าเต็งรังในป่าสถาบันวิจัยวลัยรุกขเวช (WRBRI) จังหวัดมหาสารคาม ประเทศไทย จำนวนจีโนไทป์ 208 ตัวอย่าง ประกอบด้วย candidate parent 29 ต้น และต้นกล้า 179 ต้น ด้วยเครื่องหมายโมเลกุลไมโครแซทเทิลไลท์ จำนวน 5 ตำแหน่ง ผลการศึกษาพบความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงทั้งในประชากรของพ่อแม่ (H_e = 0.674) และลูก (H_e = 0.547) ความสัมพันธ์ระหว่าง genetic relatedness และ spatial distance ของ candidate parent จำนวน 29 ต้น ภายในประชากรมีความสัมพันธ์เชิงลบอย่างมีนัยสำคัญ (r = -0.129, p <0.05) นั่นหมายความว่าโครงสร้างทางพันธุกรรมในบริเวณนี้อยู่ในระดับต่ำ การวิเคราะห์ Parentage analysis ของต้นกล้าภายในแปลงศึกษาขนาด 100 เฮกแตร์ พบว่า 10.9% ของอัลลีลที่ตรวจพบอาจจะมาจากต้นเต็งนอกเขตสถาบันวิจัยวลัยรุกขเวช การวิเคราะห์ค่า effective distance of pollen dispersal (δ) ของต้นแม่ มีค่าเฉลี่ย 626.7 เมตร ค่า effective number of pollen donor (*Nep*) ของแต่ละต้นแม่ เท่ากับ 3 ถึง 12 มีค่าเฉลี่ยของ *Nep เท่ากับ* 6 เราตั้งสมมติฐานว่า long distance gene flow และ low density มีผลให้โครงสร้างทางพันธุกรรมของเต็งต่ำ ในป่าสถาบันวิจัยวลัยรุกขเวช

ABSTRACT

We investigated the fine-scale genetic structure of Teng *(Shorea obtusa* Wall. ex Blume*)* a keystone species in a deciduous dipterocarp forest, in Walai Rukhavaj Botanical Research Institute (WRBRI), Maha Sarakham, Thailand. The genotypes for 208 individuals, including 29 candidate parent trees and 179 seedlings of mother trees were tested based on five polymorphic microsatellite markers. The results showed high genetic diversity in populations of both parents (H_e = 0.674) and offspring (H_e = 0.547). The correlation between genetic relatedness and spatial distance among the 29 candidate parents within the population was significantly negatively correlated (r = -0.129, P<0.05). This implies that genetic structure in this area was low. Parentage analysis of seedlings within a 100-ha study site found that 10.9 % of the alleles detected probably originated from adult trees outside the WRBRI. The average effective distance of pollen dispersal (δ) of maternal tree was 626.7 m. The effective number of pollen donor (*Nep*) for each maternal tree ranges from 3 to 12, with an average *Nep* of 6. We hypothesized that long distance gene flow and low density are responsible for the low genetic structuring of Teng in WRBRI.

คำสำคัญ: ไมโครแซทเทิลไลท์, การแพร่กระจายยีน, genetic relatedness, ป่าเต็งรัง, ประเทศไทย

Keywords: microsatellite, gene flow, genetic relatedness, deciduous dipterocarp forest, Thailand