วิจารณ์ผล

การตรวจสอบความแตกต่างของเชื้อพันธุ์มีความสำคัญเป็นอย่างยิ่งต่อการอนุรักษ์และการจัดการเชื้อพันธุ์หรือการปรับปรุงพันธุ์ มีการใช้เทคนิคอาร์เอพีดีเพื่อทำเครื่องหมายดีเอ็นเอโดยเฉพาะในพืชที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจหลายชนิด เช่น ข้าวบาร์เลย์ (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) (Cavalli-Molina and Selbach, 2000) ข้าวสาลี (Parker *et al.*, 2002) พืชสกุลลางสาดมีแหล่งกำเนิดแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้บริเวณประเทศไทย มาเลเซีย ฟิลิปปินส์ และอินโดนีเซีย ส่วนใหญ่ใช้ลักษณะสัณฐานโดยเฉพาะอย่างยิ่งลักษณะผลเป็นเกณฑ์ในการจำแนกพันธุ์ มีรายงานเฉพาะประเทศไทยและมาเลเซียที่นำเอาเทคนิคทางชีวโมเลกุลมาใช้ในการศึกษาพืชสกุลนี้ จากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชสกุลลางสาดในภาคใต้ของประเทศไทยด้วยเทคนิคอาร์เอพีดี จากตัวอย่างทั้งหมด 101 ต้น ซึ่งเก็บจากแหล่งปลูกสำคัญต่างๆ พบว่า ได้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด 116 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่างกัน 109 แถบ คิดเป็น 93.96 เปอร์เซ็นต์ มีค่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.28-1.00 ซึ่งถือว่ามีฐานพันธุกรรมค่อนข้างกว้าง ใกล้เคียงกับการศึกษาในประเทศมาเลเซียซึ่งศึกษาความสัมพันธ์ของพืชสกุล *Lansium* โดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดีเช่นกัน ได้แถบดีเอ็นเอทั้งหมด113 แถบ เป็นแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่างกัน 107 แถบ คิดเป็น 94.7 เปอร์เซ็นต์ และมีค่าความใกล้ชิดทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.25-1.00 (Song *et al.*, 2000)

จากรูปแบบดีเอ็นเอที่ได้พบว่า มีความแปรปรวนเกิดขึ้นทั้งความแปรปรวนที่เกิดขึ้นภายในกลุ่มและระหว่างกลุ่ม โดยในกลุ่มของลางสาดและดูกูมีความแปรปรวนสูงกว่ากลุ่มของลองกอง ในกลุ่มลองกองนั้นมีการแยกการเก็บตัวอย่างได้เป็น 2 ส่วน คือ ส่วนที่ 1 เป็นลองกองที่เก็บรวบรวมจากสวนเกษตรกรที่ปลูกเป็นการค้า คือ จังหวัดสงขลา ปัตตานี และนราธิวาส (ต้นที่ 8-19) และส่วนที่ 2 เป็นลองกองที่ปลูกเพื่อใช้บริโภคในครัวเรือนซึ่งปลูก 2-3 ต้น เป็นสวนหลังบ้าน โดยปลูกปะปนกับพืชชนิดอื่นๆ เช่น มังคุด ทุเรียน แหล่งที่มาของตัวอย่าง คือ จังหวัดระนอง ชุมพร (ต้นที่ 20-23) ลองกองน้ำจากจังหวัดนครศรีธรรมราช (ต้นที่ 6) ลองกองมัวร์จากจังหวัดนราธิวาส (ต้นที่ 7) และลองกองที่เก็บจากแหล่งรวบรวมพันธุ์ของศูนย์วิจัยพืชสวนสุราษฎร์ธานี จังหวัดสุราษฎร์ธานี (ต้นที่ 1-5) ซึ่งรวบรวมพันธุ์มาจากแหล่งต่างๆ ทั่วภาคใต้ และมีการเรียกชื่อต่างๆกันตามท้องถิ่นนั้นๆ ซึ่งจากรูปแบบดีเอ็นเอที่ได้ พบว่า ลองกอง 2 ส่วนนี้มีรูปแบบดีเอ็นเอแตกต่างกันและแยกกลุ่มจากกันอย่างชัดเจน ลองกองในส่วนที่ 1 นั้นมีพันธุกรรมเหมือนกันทุกต้น ส่วนที่ 2 มีรูปแบบดีเอ็นเอแตกต่างกันไปในแต่ละต้น และต่างจากลองกองในกลุ่มแรก ทั้งนี้อาจเนื่องจากลองกองกลุ่มที่ 1 เมื่อมีการปลูกเป็นการค้า เกษตรกรผู้ปลูกมีความรู้เรื่องพันธุ์และมีการคัดเลือกต้นพันธุ์ก่อนปลูกเพื่อให้ได้ลองกองที่ตรงตามพันธุ์ ทั้งนี้เนื่องจากลองกองเป็นพืชดั้งเดิมของจังหวัด

ชายแดนภาคใต้เช่นนราธิวาส ปัตตานี การขยายพันธุ์มักใช้วิธีการเสียบยอดโดยใช้ดูกูเป็นต้นตอ จึงทำให้ได้ต้นที่มีพันธุกรรมเหมือนกับต้นแม่เดิม นอกจากนี้แล้วสาเหตุหนึ่งที่ทำให้ลองกองมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมค่อนข้างน้อย เพราะลองกองมีลักษณะอะโพมิกซีส (apomixis) คือ เมล็ดที่พัฒนาไม่ได้เกิดจากการผสมข้ามระหว่างไข่และละอองเกสร แต่พัฒนามาจากเซลล์เนื้อเยื่อร่างกายเช่น นิวเซลลัส เป็นต้น (Bernado *et al.*, 1961; Prakash *et al.*, 1977) ซึ่งลักษณะดังกล่าวนี้ทำให้ลองกองไม่กลายพันธุ์แม้จะปลูกหรือขยายพันธุ์โดยเมล็ดก็ตาม สนับสนุนด้วยงานทดลองของจรัสศรี และคณะ (2544) ที่รายงานว่าไม่พบความแตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอของต้นกล้าที่ได้จากการเพาะเมล็ดกับต้นแม่ลองกอง และลายพิมพ์ดีเอ็นเอของต้นลูกทุกต้นไม่มีความแตกต่างกัน แสดงว่าลองกองมีลักษณะอะโพมิกซีสจริง สำหรับกรณีของลองกองในส่วนที่ 2 ซึ่งไม่ใช่แหล่งดั้งเดิม ผู้ปลูกอาจไม่มีความพิถีพิถันในการคัดเลือกต้นพันธุ์ทั้งยังมีความรู้เรื่องพันธุ์น้อย และมักใช้รสชาติเป็นหลักในการคัดเลือก ดังนั้นต้นไหนที่มีรสชาติคล้ายลองกองชาวบ้านจึงมักเรียกรวมๆว่าเป็นลองกอง ทั้งที่ความเป็นจริงแล้วอาจจะไม่ใช่ลองกองแท้ จึงทำให้พบความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ เช่นใบ และผล รวมไปถึงความแตกต่างของรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคอาร์เอพีดี ตัวอย่าง เช่น ในกรณีของลองกองมัวร์ แม้ลักษณะผลภายนอกและรสชาติคล้ายลองกอง แต่ผลมีขนาดผลใหญ่และเปลือกผลหนากว่าลองกองมาก จากการสอบถามเจ้าของสวนพบว่ามีการนำพันธุ์ดังกล่าวมาจากรัฐยะโฮร์ ประเทศมาเลเซีย และเมื่อพิจารณารูปแบบของแถบดีเอ็นเอพบว่ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับดูกูมากกว่าลองกอง หรือในกรณีของลองกองน้ำที่มีผลและรสชาติคล้ายลองกองแต่ฉ่ำน้ำและเปลือกบางกว่าก็มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับดูกูมากกว่าลองกองเช่นเดียวกัน สำหรับลองกองเปลือกบางและลองกองกาแลแม ที่มีลักษณะผลคล้ายลางสาด คือ เปลือกบาง มียางเล็กน้อย แต่รสชาติดีกว่า เมื่อพิจารณาจากเดนโดรแกรมก็พบว่ามีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับลางสาดเขา และลางสุกมากกว่าลองกอง จากการศึกษาของ Song และคณะ (2000) รายงานว่า Dokong (โดก็อง) หรือลองกอง ซึ่งมีแหล่งกำเนิดทางภาคใต้ของประเทศไทย แต่มีการนำมาปลูกในประเทศมาเซียเป็นเวลานานพอสมควรก็มีลักษณะที่แตกต่างกัน และพบว่าสามารถแบ่ง Dokong หรือลองกอง เป็น 3 กลุ่มด้วยกันคือ Dokong kering, Dokong butir และ Dokong air โดยพบว่า Dokong air มีลักษณะคล้ายลางสาด คือมีเปลือกบางและมียาง และเมื่อพิจารณารูปแบบของแถบดีเอ็นเอจากเทคนิคอาร์เอพีดีก็พบว่ามีพันธุกรรมใกล้ชิดกับลางสาดมากกว่าลองกอง ในขณะที่ Dokong butir มีความใกล้ชิดกับ Duku Dewan ซึ่งเปลือกผลมียางเช่นกัน

กลุ่มลางสาดจากจังหวัดนราธิวาส ปัตตานี และสงขลา มีพันธุกรรมใกล้เคียงกันและใกล้เคียงกับกลุ่มลองกองและดูกูที่เก็บรวบรวมจากแหล่งเดียวกัน ลางสาดจากจังหวัดพัทลุงมีพันธุกรรมเหมือนกันและใกล้เคียงกับลางสาดสมุย ลางสาดสมุยเป็นลางสาดที่ปลูกกันมากแถบ

เกาะสมุย จังหวัดสุราษฎร์ธานี โดยพันธุกรรมถูกแยกออกจากกลุ่มอื่นอย่างชัดเจนตามสภาพพื้นที่ปลูกที่เป็นเกาะ ดังนั้นแม้จะเกิดความแปรปรวนทางพันธุกรรมแต่ความใกล้ชิดก็ยังคงมีกับกลุ่มลางสาดสมุยเองมากกว่าจะข้ามไปใกล้ชิดกับกลุ่มอื่น อย่างไรก็ตามมีบางต้นที่มีพันธุกรรมห่างออกไปบ้าง ซึ่งก็สามารถเป็นไปได้เพราะในระยะหลังเริ่มมีการนำเอาพืชสกุลลางสาดชนิดอื่นเข้าไปปลูกเพิ่มขึ้น กลุ่มของลางสาดเขาและลางสุกจากจังหวัดนครศรีธรรมราชมีพันธุกรรมค่อนข้างใกล้ชิดกัน โดยทั่วไปลางสาดสองกลุ่มนี้มีลักษณะสัณฐานบางอย่างใกล้เคียงกันอยู่แล้ว ได้แก่ ลักษณะผลมีเปลือกหนาคล้ายลองกอง รสชาติผลหวาน บางต้นมีกลิ่นหอมหรือมีขนสั้นๆรอบผล เวลาแกะเปลือกจะไม่ล่อน มีเยื่อบางๆติดกับเปลือกและเนื้อผล โดยรูปร่างผลทั้งลางสาดเขาและลางสุกมีความแตกต่างกันบ้าง จึงอาจเป็นไปได้ว่าสองชนิดนี้อาจเป็นกลุ่มเดียวกันแต่เรียกต่างกันในแต่ละท้องถิ่น เพราะในกลุ่มลางสาดเขาบางครั้งชาวบ้านเรียกเป็นลางสาดป่าก็มี เป็นที่น่าสังเกตว่าลางสาดเขาจากจังหวัดกระบี่มีลักษณะพันธุกรรมแตกต่างจากลางสาดเขาจากจังหวัดนครศรีธรรมราชค่อนข้างมาก ทั้งนี้สอดคล้องกับลักษณะทางสัณฐานกล่าวคือ ผลของลางสาดเขาจากจังหวัดกระบี่มีเมล็ดมาก เนื้อผลมีน้อย รสชาติค่อนข้างเปรี้ยว ไม่นิยมบริโภค มีพันธุกรรมใกล้เคียงกับดูกูบางต้นจากศูนย์พืชสวนสุราษฎร์ธานีมากกว่า กลุ่มของดูกูจากจังหวัดนราธิวาส ปัตตานี และสงขลา มีพันธุกรรมใกล้ชิดกัน และใกล้เคียงกับลองกองและลางสาดจากแหล่งเดียวกันมากกว่าดูกูจากแหล่งอื่น โดยดูกู 2 ต้น จากจังหวัดปัตตานี (ต้นที่ 32 และ 35) มีพันธุกรรมเหมือนกัน ซึ่งพบได้น้อยเพราะส่วนใหญ่แต่ละต้นจะมีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอต่างกัน แต่ก็มีความเป็นไปได้ เพราะจากงานทดลองของจรัสศรี และคณะ (2544) รายงานว่าต้นกล้าที่ได้จากการเพาะเมล็ดดูกู มีบางส่วนที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอเหมือนต้นแม่ แสดงว่าดูกูก็มีลักษณะอะโพมิกซีสเช่นเดียวกับลองกอง แต่เป็นบางส่วนเท่านั้นเมล็ดดูกูอีกส่วนหนึ่งจะเป็นเมล็ดปกติที่เกิดจากการผสมระหว่างไข่และละอองเกสร จึงมีผลทำให้ลูกที่ได้ส่วนใหญ่มีความแตกต่างจากต้นแม่ นอกจากนี้ยังมีกลุ่มของมะละกะ และมะลูกู ซึ่งปลูกแถบจังหวัดพังงา ลักษณะพันธุกรรมสองกลุ่มนี้ใกล้เคียงกัน ในขณะเดียวกันก็ใกล้เคียงกับลองกองมัวร์ด้วย โดยลักษณะสัณฐานทั่วไปของมะละกะและมะลูกูมีส่วนคล้ายลองกองมัวร์อยู่บ้าง กล่าวคือ ผลมีขนาดใหญ่ เปลือกหนา รสชาติหวาน จากเดนโดรแกรมทั้งมะละกะและมะลูกูน่าจะถูกจัดอยู่ในกลุ่มดูกู

ผลโดยรวมของรูปแบบดีเอ็นเอและเดนโดรแกรมที่ได้ สามารถแยกกลุ่มของพืชสกุลลางสาดที่ทำการศึกษาในครั้งนี้ออกเป็น 3 กลุ่มใหญ่ คือ กลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มลองกอง ลางสาด และดูกูจากจังหวัดสงขลา ปัตตานี และนราธิวาส กลุ่มที่ 2 เป็นลองกอง ลางสาด ดูกู มะละกะ มะลูกู ลางสุก และลางแสดจากจังหวัดทางตอนเหนือของสงขลาขึ้นไป เช่น นครศรีธรรมราช สุราษฎร์ธานี ชุมพร กระบี่ พังงา ระนอง เป็นต้น และกลุ่มที่ 3 เป็นลองกองต้นที่ 22 จากจังหวัดระนอง เมื่อพิจารณาเฉพาะในกลุ่มที่ 1 และ 2 ความแปรปรวนที่พบมีแนวโน้มการกระจายตามพื้นที่แหล่งปลูกจากการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของฝรั่งที่ปลูกมากทางตอนเหนือและตอนใต้ของ

ประเทศอินเดีย เมื่อพิจารณาจากเดนโดรแกรมสามารถแบ่งกลุ่มหลักเป็น 2 กลุ่มที่สอดคล้องกับแหล่งปลูก นั่นคือฝรั่งที่ปลูกแถบตอนใต้และตอนเหนือ ซึ่งมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกันภายในกลุ่มมากกว่าต่างกลุ่ม (Prakash *et al.*, 2002) เทคนิคอาร์เอพีดีเป็นเทคนิคที่มีความรวดเร็วและมีประสิทธิภาพในการใช้วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรม แต่เนื่องจากเป็นเทคนิคที่ทำพีซีอาร์โดยใช้ไพรเมอร์เพียงชนิดเดียวและมีขนาดสั้น ทำให้ความมีเสถียรภาพของผลผลิตพีซีอาร์มีน้อยกว่าเทคนิคอื่นๆ เช่น เทคนิค AFLP หรือ RFLP จึงอาจทำให้ความแม่นยำในการแปลผลเพื่อหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมอาจมีความคลาดเคลื่อนบ้าง แต่จากการศึกษาในพืชหลายชนิดสรุปว่าเทคนิคดังกล่าวมีประสิทธิภาพสูงพอที่จะใช้ในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืช เช่น พืชสกุลลางสาด (Song *et al.*, 2000) แอปเปิล (Oraguzie *et al.*, 2001) *Arachis* spp. (Gimenes *et al.*, 2000) *Pyrus* (Teng et al., 2002) มันสำปะหลัง (Asante and Offei, 2003) เกรฟฟรุต และส้มโอ (Corazza-Nunes *et al.*, 2002: จรัสศรี และคณะ, 2546) *Lithocerasus* (Shimada *et al.*, 2001) เป็นต้น อย่างไรก็ตามในการวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอที่ได้จากการทำพีซีอาร์ จะคิดเฉพาะแถบดีเอ็นเอที่มีความเข้มชัดเจนเพียงพอ และสามารถเพิ่มปริมาณได้อย่างสม่ำเสมอในการทำพีซีอาร์แต่ละครั้ง โดยจำนวนแถบดีเอ็นเอที่ได้ทั้งหมดและจำนวนแถบดีเอ็นเอที่มีน้ำหนักโมเลกุลแตกต่างกันเป็นตัวบ่งชี้ถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชนั้นๆ ในขณะเดียวกันค่าความคลาดเคลื่อนจะมีค่าลดลงตามจำนวนแถบดีเอ็นเอที่เพิ่มขึ้น (Fanizza *et al.*, 1999) การศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมของพืชสกุลลางสาดโดยใช้เทคนิคอาร์เอพีดีในครั้งนี้ มีการแบ่งการทดลองในขั้นตอนของการทำพีซีอาร์ออกเป็นสองส่วน คือ ส่วนที่หนึ่งเป็นส่วนที่มีข้อมูลของรูปแบบดีเอ็นเออยู่แล้ว คือ ลองกองการค้า ลางสาด และดูกูจากสวนเกษตรกรจังหวัดปัตตานี นราธิวาส และจากภาควิชาพืชศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิยาลัยสงขลานครินทร์ จังหวัดสงขลา และในส่วนที่สองเป็นส่วนที่เก็บตัวอย่างในจังหวัดทางภาคใต้ตอนบนจากแหล่งต่างๆตามตารางที่ 1 โดยสองส่วนนี้ในขั้นตอนการทำพีอาร์เพื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอมีการใช้เครื่องพีซีอาร์คนละเครื่องกัน ซึ่ง Penner และคณะ อ้างโดย Weising และคณะ (2000) ได้รายงานไว้ว่า ในการทดลองทำพีซีอาร์จากแหล่งต่างกัน 6 ห้องปฏิบัติการ โดยใช้ความเข้มข้นของสารที่เป็นองค์ประกอบในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเหมือนกัน แต่ใช้เครื่องพีซีอาร์ต่างกัน พบว่าผลการทดลองที่ได้มีความแปรปรวนเกิดขึ้น ดังนั้นจึงมีความเป็นไปได้ที่รูปแบบดีเอ็นเอของพืชสกุลลางสาดที่ได้จากสองการทดลองดังกล่าวข้างต้นอาจมีความเบี่ยงเบนอยู่บ้าง เพราะจากเดนโดรแกรมที่ได้พบว่ากลุ่มลองกอง ลางสาด และดูกูในส่วนแรก (ตัวอย่างจากจังหวัดสงขลา ปัตตานี นราธิวาส) และส่วนที่สองแยกกลุ่มค่อนข้างชัดเจน คือ ไม่มีต้นใดต้นหนึ่งจากต่างแหล่งแทรกในเดนโดรแกรมแสดงความสัมพันธ์ อย่างไรก็ตามความสัมพันธ์ภายในของพืชสกุล

ลางสาดในส่วนที่หนึ่งเองก็แยกกันค่อนข้างชัดเจนระหว่างกลุ่มลองกอง ลางสาดและกลุ่มดูกู ซึ่งทำให้เชื่อมั่นได้ว่าค่าความเบี่ยงเบนที่อาจเกิดขึ้นไม่ได้สูงเกินไป

ผลโดยรวมของรูปแบบดีเอ็นเอและเดนโดรแกรมที่ได้ เมื่อพิจารณาความสัมพันธ์ไม่ว่าจะพิจารณาแยกย่อยระหว่างเดนโดรแกรมในกลุ่มแรก หรือเดนโดรแกรมในกลุ่มที่ 2 ระหว่างกลุ่มพืช 3 ชนิดนี้ พบว่าลองกองเกือบทั้งหมดจะมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับลางสาดมากกว่าดูกู ยกเว้นลองกองมัวร์ ที่ใกล้ชิดกับดูกูมากกว่าลางสาด ลางสุก ลางแสดน่าจะจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับลางสาด ส่วนมะละกะ มะลูกูอยู่ในกลุ่มดูกูเพราะรูปแบบของแถบดีเอ็นเอใกล้เคียงกันมากที่สุด

ความแปรปรวนที่เกิดขึ้นกับพืชสกุลลางสาด อาจเกิดจากสาเหตุ 2 ประการ คือ ประการแรก อาจเกิดจากการผสมข้ามพันธุ์หรือข้ามชนิด ซึ่งโดยทั่วไปพืชที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสามารถผสมข้ามกันได้ง่ายหากละอองเกสรและไข่ของคู่ผสมปกติ ในกรณีของพืชสกุลลางสาดนั้นมีการศึกษาถึงความมีชีวิตของละอองเกสร พบว่าลองกองไม่มีการสร้างละอองเกสร (สมพร, 2538) หรือสร้างละอองเกสรน้อยมากโดยละอองเกสรทั้งหมดที่สร้างเป็นหมัน ส่วนลางสาดและดูกูพบการสร้างละอองเกสรแต่ละอองเกสรส่วนใหญ่เป็นหมันเช่นกัน มีส่วนน้อยที่ปกติ อย่างไรก็ตามพบว่าดูกูบางต้นมีการติดดอกเป็นจำนวนมากแต่ไม่เคยติดผลแม้จะมีการติดดอกอย่างต่อเนื่องทุกปี เมื่อนำดอกดูกูตัวผู้เหล่านั้นมาศึกษาในห้องปฏิบัติการ พบว่ามีการสร้างละอองเกสรเป็นจำนวนมากและเกสรเหล่านั้นสามารถงอกได้ 3-4 เปอร์เซ็นต์ (อุไรวรรณ, 2543) ดังนั้นจึงเป็นไปได้ว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมที่พบอาจเกิดจากการผสมข้ามของละอองเกสรเหล่านี้ ประการที่สอง ความแปรปรวนที่เกิดขึ้นอาจเกิดจากการกลายพันธุ์ ซึ่งแม้จะไม่มีรายงานยืนยันการกลายพันธุ์ในพืชสกุลลางสาดแต่เชื่อว่ามีโอกาสเกิดขึ้นได้ ดังรายงานในพืชสกุลส้ม (*Citrus*) เช่น *C. paradisi* และ *C. sinensis* ที่แม้จะมีการขยายพันธุ์ที่ไม่ใช้เพศแต่มีความแปรปรวนเกิดขึ้นได้ ซึ่งความแปรปรวนของลักษระดังกล่าวเกิดจากการกลายพันธุ์ของเซลล์ร่างกาย (somatic mutation) (Vardi, 1988)

สรุป

จากการศึกษาเกี่ยวกับความหลากหลายและการจำแนกพันธุ์ ไม่ว่าจะเป็นการศึกษาโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานหรือโดยการใช้เทคนิคทางดีเอ็นเอก็ตาม พอจะยืนยันได้ว่าพืชสกุลลางสาดในประเทศไทยมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูงโดยเฉพาะในดูกูและลางสาด ซึ่งน่าจะเป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์ในอนาคต อย่างไรก็ตามเนื่องจากลักษณะทางพันธุกรรมของลองกองค่อนข้างโดดเด่นและเป็นที่ต้องการของตลาดผู้บริโภคมากกว่าชนิดอื่น ทำให้พื้นที่ในการปลูกลองกองเพิ่มขึ้นทุกปี ในขณะที่พื้นที่และความต้องการปลูกลางสาดและดูกูคงที่หรือลดลง โดยเฉพาะดูกูสามารถพบต้นพันธุ์ได้เฉพาะจากสวนดั้งเดิมหรือบริเวณสวนหลังบ้านจำนวนไม่มากนักเท่านั้น ซึ่งจากสาเหตุดังกล่าวนี้ในอนาคตอาจทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของพืชสกุลนี้ลดลงได้ ดังนั้นการอนุรักษ์พันธุ์พืชในกลุ่มนี้จึงมีความสำคัญอย่างยิ่ง