

จารุวี ค่ายม้น 2554: ความหลากหลายทางพันธุกรรมในตำแหน่ง Cytochrome b และ Control Region บนไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอในหมาใน (*Cuon alpinus*) ปรินญาวิทยาสาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร) สาขาเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: อาจารย์สิทธิวีร์ ทองทิพย์ศิริเดช, Ph.D. 82 หน้า

หมาในจัดเป็นหมาป่าขนาดปานกลาง มีประชากรทั่วโลกประมาณ 2,500 ตัว ปัจจุบันถูกจัดอยู่ในระดับใกล้สูญพันธุ์ (Endangered species) โดยสหภาพนานาชาติเพื่อการอนุรักษ์ธรรมชาติและทรัพยากรธรรมชาติ (International Union for the Conservation of Nature and Natural Resources [IUCN] Species Survival Commission, 2009) สำหรับในประเทศไทยนั้นจำนวนประชากรหมาในมีแนวโน้มลดลง เนื่องจากพื้นที่อาศัยถูกทำลาย พื้นที่ป่าถูกตัด แยกออกเป็นหย่อม ๆ ส่วนกรงเลี้ยงนั้นมีจำนวนหมาในเพียง 8 ตัว ทำให้หมาในทั้งในพื้นที่ป่าและในกรงเลี้ยงมีโอกาสนในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมระหว่างฝูงลดลง ทำให้เกิดปัญหาประชากรรุ่นลูกไม่แข็งแรงจากการผสมเลือดชิดและความหลากหลายทางพันธุกรรมลดลงส่งผลให้มีความเสี่ยงสูงต่อการสูญพันธุ์ ข้อมูลทางพันธุกรรมเป็นปัจจัยสำคัญในการอนุรักษ์สัตว์ป่า แต่สำหรับในประเทศไทยนั้นข้อมูลเกี่ยวกับความหลากหลายทางพันธุกรรมของสัตว์ป่าที่ใกล้สูญพันธุ์รวมถึงหมาในด้วยนั้นยังมีอยู่น้อย ดังนั้นจึงได้ทำการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในบางส่วนของ cytochrome b ความยาว 407 คู่เบสและ control region ความยาว 246 คู่เบส บนไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอของหมาในจากตัวอย่างมูลที่ได้จากเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าเขาอ่างฤๅไน จังหวัดฉะเชิงเทราและหมาในในกรงเลี้ยง จังหวัดเชียงใหม่ โดยทำการเปรียบเทียบกับลำดับเบสในส่วนไมโทคอนเดรียของหมาในที่มีรายงานใน GenBank accession number NC013445 และเปรียบเทียบกับรายงานของ Iyengar *et al.* (2005) ผลการศึกษาลำดับเบสที่ได้จากตัวอย่างมูล พบว่าสามารถแบ่งรูปแบบของลำดับเบสในส่วน cytochrome b ได้เป็น 2 haplotypes (1 และ 2) และ ส่วน control region แบ่งได้เป็น 3 haplotypes (R, T และ U) โดยสองในสามเป็นกลุ่มใหม่ คือ haplotype T จากมูล 23 ตัวอย่างที่ได้จากเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าเขาอ่างฤๅไนและ haplotype U จากมูลหมาใน 4 ตัวอย่างที่ได้จากกรงเลี้ยงในจังหวัดเชียงใหม่ ซึ่งข้อมูลเกี่ยวกับความหลากหลายทางพันธุกรรมของหมาในสามารถนำไปใช้ในการจัดการการผสมพันธุ์ เพื่อเลือกกลุ่มผสมที่เหมาะสม และเพื่อจัดการในการอนุรักษ์ต่อไป