

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ : ความหลากหลายเชิงพันธุกรรมของนกขุนทองในประเทศไทย

ชื่อผู้เขียน : นายเพชร ศรีสุรเมธีกร

ชื่อปริญญา : วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต

สาขาวิชา : ชีววิทยา

ปีการศึกษา : 2545

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์:

1. รองศาสตราจารย์ ดร. มณี อัครานนท์ ประธานกรรมการ
2. อาจารย์ ดร. ธิดารัตน์ เอกสิทธิกุล
3. ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นวลฉวี เวชประสิทธิ์

จากการพบความแตกต่างแปรผันเชิงสัณฐานวิทยาของนกขุนทอง (*Gracula religiosa*) ในประเทศไทย และได้จำแนกนกขุนทองเป็น 5 กลุ่ม ได้แก่ นกขุนทองเหนือ นกขุนทองเหนือกลาง นกขุนทองกลุ่มผสม นกขุนทองใต้กลาง และ นกขุนทองใต้ จึงทำให้เกิดสมมติฐานการวิจัยว่า ความแตกต่างดังกล่าว มีความแตกต่างแปรผันหรือความหลากหลายเชิงพันธุกรรมเข้ามาเกี่ยวข้องด้วยหรือไม่

การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจสอบสมมติฐานดังกล่าว โดย (1) หาแหล่งตัวอย่างเนื้อเยื่อที่เหมาะสมในการสกัดดีเอ็นเอ ออกมาศึกษาจาก กล้ามเนื้อ เลือด โคนขน และปลายขน (2) ใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ของนกขุนทองทั้ง 5 กลุ่ม จากผลผลิตปฏิกิริยาถูโซ ของยีนไซโตโครมออกซิเดสบี ในไมโทคอนเดรียลจีโนม

จากการศึกษาพบว่า (1) กล้ามเนื้อเป็นแหล่งที่มีความเหมาะสมในการสกัดดีเอ็นเอออกมาศึกษา (2) มีเอนไซม์ตัดจำเพาะ 3 ชนิดจากทั้งหมด 12 ชนิดที่ใช้ตรวจสอบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ให้รูปแบบที่ปรากฏเป็นแถบลายพิมพ์ชัดเจนที่สุด ได้แก่ เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bsa* II, *Bst* YI, และ *Pst* I ซึ่งเอนไซม์ตัดจำเพาะทั้ง 3 ชนิดให้รูปแบบ

ที่เหมือนกันคือ รูปแบบ A ยกเว้น เอนไซม์ *Bsa* II ให้รูปแบบที่แตกต่างกันออกไปคือ รูปแบบ B

การศึกษาในครั้งนี้ พบว่า รูปแบบที่เป็นแถบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ มีความแตกต่างกัน ไม่ชัดเจน และยังไม่พบความสัมพันธ์กับความแตกต่างแปรผันเชิงสัณฐานวิทยาที่จำแนกนกขุนทองเป็น 5 กลุ่ม แต่ทำให้ทราบข้อมูลพื้นฐานเบื้องต้นที่สามารถจำแนกนกขุนทองเป็น 2 กลุ่มโดยไม่ยึดแบบแผนทางสัณฐานวิทยา ซึ่งมีค่าความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ภายในประชากร และระหว่างประชากร โดยเฉลี่ยเท่ากับ 0.0028 และ 0.0061 ตามลำดับ ส่วนความห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร โดยเฉลี่ยมีค่าเท่ากับ 0.0034 และสามารถสร้างแนวโน้มของความสัมพันธ์เชิงพันธุกรรมได้

อย่างไรก็ตาม ควรเพิ่มจำนวนยีนชนิดต่าง ๆ ทั้งไมโทคอนเดรียลจีโนม และนิวเคลียร์จีโนม และ เอนไซม์ตัดจำเพาะชนิดต่าง ๆ รวมทั้ง ตัวอย่างนกขุนทองที่ใช้ในการศึกษาให้มากขึ้น ซึ่งจะทำให้สามารถทดสอบนัยสำคัญทางสถิติได้ว่า มีความแตกต่างแปรผัน หรือความหลากหลายเชิงพันธุกรรมเกิดขึ้นกับกลุ่มประชากรของนกขุนทองในประเทศไทย

The study of morphological measurements of Hill Mynahs (*Gracula religiosa*) in Thailand showed that there were five different groups of morphological variation: northern, modified northern, intermediate, modified southern, and southern groups. A hypothesis that genetic diversity got involve in their morphological variation was raised.

The objective of this study was to test the above-mentioned hypothesis by (1) examining the most available tissue for DNA extraction from muscle, blood, and feather and (2) employing PCR-RFLP technique (cytochrome oxidase b gene) to study genetic diversity among five groups of Hill Mynahs.

The study showed that (1) muscle tissue was the most suitable for DNA extraction and (2) the haplotypes from restriction enzyme (*Bsa* II, *Bst* YI, and *Pst* I) gave obvious patterns, of which these patterns had similarity (A haplotype) except *Bsa* II gave a different pattern (B haplotype).

Although the results from this study have not been concluded that these haplotypes among five different Hill Mynah groups were obviously different or any relationships with their morphological variation, it could be classified Hill Mynahs into two groups. The estimated average nucleotide diversity within and among populations were 0.0028 and 0.0061, respectively. The estimated average nucleotide distance among populations was 0.0034. The tendency of phylogenetic tree was shown.

However, The further study on the number and various types of genes in mitochondrial and nuclear genomes, different restriction enzymes and more specimens are taken into consideration in order to indicate if there is, more or less, genetic diversity among various Hill Mynah phenotypes in Thailand.