

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม และความสัมพันธ์ทางไฟโลเจเนติกจากลำดับเบสของยีน 16S ribosomal RNA (16S rDNA) ลำดับเบสของดีเอ็นเอบริเวณ 16S-23S internal transcribed spacer (16S-23S ITS) และ intergenic spacer (PC-IGS) ของไฟโคไซยานินโอเปอรอนจากไซยาโนแบคทีเรียในน้ำพุร้อนจำนวน 11 สายพันธุ์ ได้แก่ *Synechococcus* sp. SK70, *Synechococcus* sp. SK50, *Synechococcus* sp. PD55, *Phormidium* sp. SK45, *Phormidium* sp. PD40, *Phormidium* sp. PR40, *Scytonema* sp. TP40, *Scytonema* sp. TP40-1, *Leptolyngbya* sp. PR40, *Chroococcidiopsis* sp. PR45 และ *Oscillatoria* sp. KC45 พบว่าไซยาโนแบคทีเรียในน้ำพุร้อนในประเทศไทย มีความหลากหลายทางพันธุกรรมแตกต่างจากไซยาโนแบคทีเรียที่พบจากแหล่งอื่นๆ โดยเมื่อเปรียบเทียบกับลำดับเบสของ 16S rDNA ที่ได้กับฐานข้อมูลใน Genbank พบว่ามีเพียง *Synechococcus* spp. ที่เหมือนกับลำดับเบสในฐานข้อมูลสูงสุดที่ 98-99% ในขณะที่จีนัสอื่นมีความเหมือนกับข้อมูลใน Genbank ระหว่าง 83-96% ในส่วนของการศึกษาความสัมพันธ์ทางไฟโลเจเนติกจากลำดับเบสของดีเอ็นเอพบว่า แผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางไฟโลเจเนติก (Phylogenetic tree) ของยีน 16S rRNA และ PC-IGS มีความสอดคล้องกับการจัดกลุ่มตามลักษณะทางสัณฐานวิทยา ส่วนแผนภูมิที่ได้จากลำดับเบสของ 16S-23S ITS แสดงความสัมพันธ์ของกลุ่มยังไม่ชัดเจนเนื่องจากเป็นบริเวณที่มีความผันแปรสูง และมีแนวโน้มที่จะมีความเหมาะสมกับไซยาโนแบคทีเรียที่อยู่ในจีนัสเดียวกัน

Abstract

203154

The study of genetic diversity and phylogenetic relationship of 16S ribosomal RNA (16S rDNA), 16S-23S internal transcribed spacer (16S-23S ITS) and intergenic spacer of phycocyanin operon (PC-IGS) from 11 hot spring cyanobacteria strains: *Synechococcus* sp. SK70, *Synechococcus* sp. SK50, *Synechococcus* sp. PD55, *Phormidium* sp. SK45, *Phormidium* sp. PD40, *Phormidium* sp. PR40, *Scytonema* sp. TP40, *Scytonema* sp. TP40-1, *Leptolyngbya* sp. PR40, *Chroococcidiopsis* sp. PR45 and *Oscillatoria* sp. KC45. It was found that, the genetic of Thai hot spring cyanobacteria differs from cyanobacteria from other sources. The comparison of 16S rDNA sequences with Genbank showed only *Synechococcus* spp. to have high similarities, 98-99% to the database. While other genus showed similarity ranging between 83-96%. Phylogenetic relationship study showed that the phylogenetic tree of 16S rDNA and PC-IGS related with the morphological classification. On the other hand, the tree from 16S-23S ITS showed an unclear grouping because this region has high degree of variation. This marker may be suitable to classify cyanobacteria within the same genera.