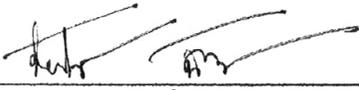
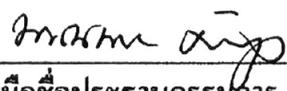


ชัยเรศน์ ฉลาดชัยญกิจ 2550: การวิเคราะห์เพื่อการจัดจำแนกมดสกุล *Phaidole* โดยอ้างอิงจากลักษณะภายนอกและลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ ITS2 ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (พันธุศาสตร์) สาขาวิชาพันธุศาสตร์ ภาควิชาพันธุศาสตร์ ภาชานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์พรรณณา ศักดิ์สูง, Ph.D. 118 หน้า

สกุล *Phaidole* เป็นมดกลุ่มใหญ่เป็นอันดับสองในตระกูล Formicidae มีบทบาทที่สำคัญในห่วงโซ่อาหาร เพราะเป็นทั้งผู้ล่าและผู้ทำลาย โครงการวิจัยนี้ได้ทำการสำรวจความหลากหลายของมดที่มีถิ่นอาศัยในบริเวณป่าสะแกราช โดยศึกษาความแตกต่างในด้านลักษณะภายนอกและความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ของส่วน ITS2 ของยีนที่สร้าง rRNA และจัดจำแนกกลุ่มโดยสร้างความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ

ผลการการศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์ของลักษณะเด่นสามารถนำมาสร้างเป็นคีย์เพื่อการจัดจำแนกชนิดของมดได้ปรากฏว่ามดสกุล *Phaidole* ที่สำรวจในรอบปี 2548 ณ ป่าสะแกราชมีทั้งสิ้น 13 ชนิดเป็นชนิดที่เคยมีการพบกันมาแล้ว 7 ชนิดและเป็นชนิดใหม่อีก 6 ชนิด เมื่อนำความแตกต่างทางพันธุศาสตร์มาสร้างเป็นความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการในรูปต้นไม้พันธุกรรมโดยโปรแกรม Pcord version 4 สามารถแยกชนิดมดได้เป็น 12 ชนิดเพราะไม่อาจแยกสปีชีส์ E และ F ออกจากกัน อย่างไรก็ตามทุกสปีชีส์มีวิวัฒนาการในส่วนของ ITS2 แตกต่างกันในด้านความยาวซึ่งแปรผันอยู่ระหว่าง 764 คู่เบสในมด *P. sp.C* จนถึง 1,117 คู่เบสในมด *P. sp.A* จากการเปรียบเทียบชนิดของนิวคลีโอไทด์พบว่ามดมีปริมาณเปอร์เซ็นต์ GC แปรผันน้อยคืออยู่ระหว่าง 64.8% - 67.6% และมีการเปลี่ยนแปลงของนิวคลีโอไทด์ทั้งในรูปแบบของ transversion, transition และ insertion/deletion ในสัดส่วนแตกต่างกัน เมื่อนำข้อแตกต่างนี้มาประมวลเป็นความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการโดยใช้โปรแกรม Mega version 3.1 ด้วยวิธีการ maximum parsimony และวิธีของ neighbour - joining ปรากฏให้ต้นไม้พันธุกรรมเหมือนกันทั้งสองวิธีกล่าวคือ จำแนกมดออกได้เป็น 10 ชนิด และมีรูปแบบความสัมพันธ์ภายในกลุ่มคล้ายกันมาก แต่เมื่อเปรียบเทียบต้นไม้พันธุกรรมระหว่างของฟีโนไทป์กับของลำดับนิวคลีโอไทด์ปรากฏว่าไม่สอดคล้องกัน แสดงว่าอัตราวิวัฒนาการในระดับโมเลกุลส่วนของ ITS2 ช้ากว่าอัตราวิวัฒนาการด้านพันธุศาสตร์


ลายมือชื่อนิติ


ลายมือชื่อประธานกรรมการ

๒๕๖ ๒๐๖/ ๕๐