อุมาพร ใหม่แก้ว 2550: การศึกษาการจัดเรียงตัวของลำดับเบสและความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอในช้างไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร) สาขาเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รองศาสตราจารย์อนุชัย ภิญโญภูมิมินทร์, D.Vet.Med.Sc. 61 หน้า

การลดจำนวนลงอย่างต่อเนื่องของช้างในประเทศไทยส่งผลให้เกิดการเพิ่มโอกาสในการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรม การศึกษาพันธุกรรมทางสายแม่โดยการวิเคราะห์การจัดเรียงตัวของลำดับเบสของไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอ (Mitochondrial DNA; mtDNA) สามารถนำมาใช้ศึกษาความสัมพันธ์และความหลากหลายทางพันธุกรรมเพื่อเป็นแนวทางในการอนุรักษ์ การศึกษานี้ได้ทำการศึกษาลำดับเบสของ mtDNA ในช้าง ของศูนย์อนุรักษ์ช้างไทย จ.ลำปาง โดยสกัดดีเอ็นเอจากเลือด แล้วนำมาหาลำดับเบสด้วยเทคนิค PCR ผลการศึกษาลำดับเบสของ mtDNA ทั้งหมดของช้าง 1 เชือก พบว่ามี 16847 bp จากการใช้ Primers 20 คู่ (accession number EF588275) และพบว่าช้างไทยซึ่งเป็นช้างเอเชียมีความใกล้ชิดกับช้างแมมมอทมากกว่าช้างแอฟริกา การหาลำดับเบสเพื่อจัดกลุ่ม (haplotype) ของช้าง 11 เชือก โดยวิเคราะห์ส่วนของ 5' cytochrome b ร่วมกับส่วน 3' cytochrome b ถึง left domain ของ control region พบว่าสามารถจัดช้างได้ 6 haplotypes จากความแตกต่างกัน 9 และ 30 ตำแหน่ง บนความยาว 250 bp และ 927 bp ตามลำดับ การศึกษาครั้งนี้เป็นการยืนยันถึงความใกล้ชิดของสายวิวัฒนาการระหว่างช้างเอเชียกับช้างแมมมอทและข้อมูลที่ได้รับจากการจัดกลุ่ม haplotype ยังสามารถใช้เป็นแนวทางในการวางแผนอนุรักษ์ช้างไทยในอนาคต

ลายมือชื่อนิสิต ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก