

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

1. การหาลำดับเบสไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอทั้งหมดของช้างไทยหมายเลข 96 จากการใช้ primer 20 คู่ พบว่ามีลำดับเบสทั้งหมด 16847 bp ซึ่งได้รายงานไว้ใน GenBank โดยมี accession number EF588275 และเมื่อลำดับเบสทั้งหมดที่ได้มาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ของสายวิวัฒนาการ พันธุกรรม (Phylogenetic tree) ของช้างไทย เปรียบเทียบกับลำดับเบสของช้างเอเชีย ช้างแอฟริกา และช้างแมมมอธที่มีรายงานใน GenBank โดยใช้พญู่นเป็นสัตว์นอกกลุ่ม (outgroup) พบว่าช้างไทย ซึ่งเป็นช้างเอเชียมีความใกล้ชิดกับช้างแมมมอธมากกว่าช้างแอฟริกา และเมื่อนำลำดับเบสที่ได้ทำการเปรียบเทียบกับที่มีรายงานใน GenBank พบว่าลำดับเบสมีความคล้ายคลึงประมาณ 99 % โดยถ้าแยกเปรียบเทียบเป็นส่วนๆ ทั้ง 13 ยีน พบว่าบริเวณ cytochrome b และ D-loop จะมีความแตกต่างของลำดับเบสมากกว่าส่วนอื่นๆ ส่วนกรดอะมิโน มีความเหมือนกัน 100%

2. การหาความหลากหลายทางพันธุกรรมของลำดับเบสไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอในช้างไทยจำนวน 11 เชือก (No.96-106) โดยใช้ 2 ส่วนในการพิจารณา ส่วนแรกเป็นบริเวณ 5'end cytochrome b ขนาด 250 bp สามารถจัดกลุ่ม (haplotype) ได้ 3 haplotypes (A: 100, 101, 104, 105 B: 96, 97, 98, 99, 103, 106 และ C: 102) บนความแตกต่างของลำดับเบส 9 ตำแหน่ง และอีกส่วนเป็นบริเวณ 3'end cytochrome b ถึง left domain ของ control region ขนาด 927 bp สามารถจัดกลุ่ม (haplotype) ได้ 6 haplotypes (BV: 96, 98 BN: 97, 99, 103, 106 AD1: 100 AD2: 105 BH: 102 และ AE: 101, 104) บนความแตกต่างของลำดับเบส 30 ตำแหน่ง

ข้อเสนอแนะ

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างไทยพบว่า โดยใช้ส่วนของ 3'end cytochrome b ถึง left domain ของ control region มาจัดกลุ่ม (haplotype) จะสามารถจัดกลุ่มของช้างได้ 6 haplotypes ซึ่งมากกว่าการใช้ส่วน 5'end cytochrome b (3 haplotypes) มาจัดกลุ่ม แต่ทั้งนี้ ขนาดของลำดับเบสช่วง 3'end cytochrome b ถึง left domain ของ control region มีขนาดค่อนข้างยาว (1078 bp) จึงเหมาะสมกับการใช้ดีเอ็นเอต้นแบบที่คุณภาพค่อนข้างดี แต่ในกรณีที่ดีเอ็นเอ

ต้นแบบคุณภาพไม่ค่อยดี เช่น ดีเอ็นเอที่สกัดจากมูล การใช้ลำดับเบสในส่วน 5'end cytochrome b (324 bp) มาจัดกลุ่มจึงน่าจะเหมาะสมกว่า