

ปิยะนันท์ ลิแก้ว 2550: การจัดจำแนกและศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของเป็ด  
พื้นเมืองไทยในระดับโมเลกุล ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (สรีรวิทยาทางสัตว์)  
สาขาสรีรวิทยาทางสัตว์ ภาควิชาสรีรวิทยา ปรชานกรรมการที่ปรึกษา :  
ผู้ช่วยศาสตราจารย์อุคเดช บุญประกอบ, Ph.D. 93 หน้า

การศึกษานี้ เพื่อหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างเป็ดพื้นเมืองไทยสองสายพันธุ์  
(เป็ดปากน้ำ (PN), n = 5 ตัว และ เป็ดนครปฐม (NP), n = 5 ตัว) โดยการศึกษาลำดับเบสบริเวณ  
D-loop control ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ และการระบุตำแหน่งของไมโครแซทเทลไลท์  
ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ การวิเคราะห์ลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณ control  
ขนาด 667 bp พบว่า เป็ดทั้งสองสายพันธุ์มีลักษณะทางพันธุกรรมเหมือนกัน ในเป็ดทุกตัวที่ใช้ใน  
การศึกษานี้ ผลการวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ สนับสนุนข้อมูลก่อนหน้านี  
ที่ว่า เป็ดพื้นเมืองทั้งสองสายพันธุ์จัดอยู่ในสายพันธุ์เดียวกันกับเป็ดป่าหัวเขียว (Mallard,  
*Anas platyrhynchos*) และแผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ได้จากการวิเคราะห์  
ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอครั้งนี้ยังแสดงให้เห็นว่า เป็ดพื้นเมืองไทยจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับ  
เป็ดป่าหัวเขียว haplotype A ตามรายงานการจำแนกของ Kulikova และคณะ (2005) นอกจากนี้  
การใช้ไมโครแซทเทลไลท์ไพโรมอร์ 3 คู่ (APH23 CAUD013 และ CAUD019) ร่วมกับพีซีอาร์  
เพื่อหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างเป็ดพื้นเมือง 10 ตัว และเป็ดพันธุ์แคมเบลล์ 4 ตัว  
พบผลผลิตพีซีอาร์ที่มีขนาดเท่ากัน (200 bp) จากคู่ไพโรมอร์ APH23 ในทุกตัวอย่าง ยกเว้นเป็ด  
พันธุ์แคมเบลล์ อย่างไรก็ตาม พบว่าแถบผลผลิตพีซีอาร์มีความหลากหลายสูงในคู่ไพโรมอร์  
CAUD019 ในขณะที่พบแถบของผลผลิตพีซีอาร์ไม่ชัดเจนในคู่ไพโรมอร์ CAUD013 นอกจากนี้  
การศึกษายังแสดงผลสำเร็จของการสกัดดีเอ็นเอ และเพิ่มปริมาณไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอจากขน  
เป็ดเพียงหนึ่งเส้น โดยใช้วิธีการย่อยด้วยค้าง ซึ่งเป็นวิธีที่ง่าย รวดเร็ว และประหยัด ปราศจาก  
ขั้นตอนที่อันตราย เพื่อให้เตรียมไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ สำหรับนำมาใช้ในการศึกษาความ  
หลากหลายทางพันธุกรรมของสายพันธุ์เป็ด

ปิยะนันท์ ลิแก้ว

ลายมือชื่อนิติ

ลายมือชื่อประธานกรรมการ

24 / พ.ค. / 2550