ปิยะนันท์ ลีแก้ว 2550: การจัดจำแนกและศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของเป็ดพื้นเมืองไทยในระดับโมเลกุล ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (สรีรวิทยาทางสัตว์) สาขาสรีรวิทยาทางสัตว์ ภาควิชาสรีรวิทยา ประธานกรรมการที่ปรึกษา : ผู้ช่วยศาสตราจารย์อุคเดช บุญประกอบ, Ph.D. 93 หน้า

การศึกษานี้ เพื่อหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างเป็ดพื้นเมืองไทยสองสายพันธุ์ (เป็ดปากน้ำ (PN), n = 5 ตัว และ เป็ดนครปฐม (NP), n = 5 ตัว) โดยการศึกษาลำดับเบสบริเวณ D-loop control ของไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอ และการระบุหาตำแหน่งของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคพีซีอาร์ การวิเคราะห์ลำดับเบสของไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณ control ขนาด 667 bp พบว่า เป็ดทั้งสองสายพันธุ์มีลักษณะทางพันธุกรรมเหมือนกันในเป็ดทุกตัวที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ ผลการวิเคราะห์แผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ สนับสนุนข้อมูลก่อนหน้านี้ที่ว่า เป็ดพื้นเมืองทั้งสองสายพันธุ์จัดอยู่ในสายพันธุ์เดียวกันกับเป็ดป่าหัวเขียว (Mallard, *Anas platyrhynchos*) และแผนภูมิความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการที่ได้จากการวิเคราะห์ไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอครั้งนี้ยังแสดงให้เห็นว่า เป็ดพื้นเมืองไทยจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับเป็ดป่าหัวเขียว haplotype A ตามรายงานการจำแนกของ Kulikova และคณะ (2005) นอกจากนี้การใช้คู่ไมโครแซทเทลไลท์ไพรเมอร์ 3 คู่ (APH23 CAUD013 และ CAUD019) ร่วมกับพีซีอาร์เพื่อหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างเป็ดพื้นเมือง 10 ตัว และเป็ดพันธุ์แคมเบลล์ 4 ตัว พบผลผลิตพีซีอาร์ที่มีขนาดเท่ากัน (200 bp) จากคู่ไพรเมอร์ APH23 ในทุกตัวอย่าง ยกเว้นเป็ดพันธุ์แคมเบลล์ อย่างไรก็ตาม พบว่าแถบผลผลิตพีซีอาร์มีความหลากหลายสูงในคู่ไพรเมอร์ CAUD019 ในขณะที่พบแถบของผลผลิตพีซีอาร์ไม่ชัดเจนในคู่ไพรเมอร์ CAUD013 นอกจากนี้การศึกษายังแสดงผลสำเร็จของการสกัดดีเอ็นเอ และเพิ่มปริมาณไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอจากขนเป็ดเพียงหนึ่งเส้น โดยใช้วิธีการย่อยด้วยด่าง ซึ่งเป็นวิธีที่ง่าย รวดเร็ว และประหยัด ปราศจากขั้นตอนที่อันตราย เพื่อใช้เตรียมไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอ สำหรับนำมาใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสายพันธุ์เป็ด

________________ ________________ ___ / ___ / ___

ลายมือชื่อนิสิต ลายมือชื่อประธานกรรมการ