

ช่อลัดดา แซ่อึ้ง 2555: การวิเคราะห์รูปแบบการเติมหมู่เมธิลให้กับดีเอ็นเอต่อลักษณะเพศของปรงสกุล *Cycas* ในประเทศไทยโดยเทคนิค Methylation-Sensitive Amplification Polymorphism (MSAP) ปรินญาวิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (พันธุศาสตร์) สาขาพันธุศาสตร์ ภาควิชาพันธุศาสตร์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์ภา หงษ์ตระกูล, Ph.D. 99 หน้า

การศึกษาการเติมหมู่เมธิลให้กับดีเอ็นเอของปรงซึ่งมีแหล่งกำเนิดอยู่ในประเทศไทยจำนวน 10 ชนิด และ 1 ชนิดย่อย โดยใช้เทคนิค methylation sensitive amplification polymorphism (MSAP) จำนวน 11 คู่ โพรเมอร์ ได้เครื่องหมาย MSAP จำนวน 720 เครื่องหมาย นำแถบดีเอ็นเอที่ได้มาคำนวณเปอร์เซ็นต์ของการเติมหมู่เมธิล พบว่าปรงที่นำมาศึกษามีเปอร์เซ็นต์ของการเติมหมู่เมธิลอยู่ระหว่าง 36.95 - 57.44 เปอร์เซ็นต์ นำลายพิมพ์ ดีเอ็นเอจากเทคนิค MSAP ไปใช้สร้างแผนภาพทางพันธุกรรมและวิเคราะห์ principal component analysis (PCA) โดยอาศัยความแตกต่างในระดับของนิวคลีโอไทด์และความแตกต่างของการเติมหมู่เมธิล ค่าความเหมือนทางพันธุกรรมคำนวณจากความแตกต่างในระดับนิวคลีโอไทด์อยู่ในช่วง 0.86 - 0.92 ในขณะที่ความเหมือนทางพันธุกรรมของข้อมูลความแตกต่างของการเติมหมู่เมธิล เมื่อคำนวณจากชุดข้อมูล *EcoRI-MspI* และ *EcoRI-HpaII* มีค่าเท่ากับ 0.78 - 0.94 และ 0.79 - 0.95 ตามลำดับ ผลการจัดกลุ่มโดยอาศัยความแตกต่างในระดับของนิวคลีโอไทด์ และระดับของการเติมหมู่เมธิลพบความแตกต่างของการจัดกลุ่มในปรงบางชนิด จากผลการทดลองแสดงให้เห็นว่า ภาวะพหุสัณฐานของปรงในประเทศไทยไม่ได้มาจากความแตกต่างในระดับของนิวคลีโอไทด์เพียงอย่างเดียว แต่ยังมี ความแตกต่างของรูปแบบของการเติมหมู่เมธิลด้วย โดยเปอร์เซ็นต์และรูปแบบของการเติมหมู่เมธิลให้ดีเอ็นเอ รวมทั้งความแตกต่างในระดับนิวคลีโอไทด์อาจมีส่วนสำคัญในการเกิดความผันแปรทางพันธุกรรมและลักษณะปรงสกุล *Cycas* เครื่องหมาย MSAP จำนวน 720 เครื่องหมายข้างต้นยังได้นำมาใช้ศึกษาเปรียบเทียบการเติมหมู่เมธิลในปรงทั้งสองเพศ เมื่อเปรียบเทียบเปอร์เซ็นต์ของการเติมหมู่เมธิลให้ดีเอ็นเอ พบว่าไม่แตกต่างกันในปรงทั้งสองเพศ เมื่อเปรียบเทียบรูปแบบของการเติมหมู่เมธิลให้ดีเอ็นเอในปรงทั้งสองเพศโดยการคำนวณค่าความเหมือนทางพันธุกรรมพบมีค่าประมาณ 60 - 70 เปอร์เซ็นต์ แสดงว่ารูปแบบของการเติมหมู่เมธิลประมาณ 30 - 40 เปอร์เซ็นต์มีความแตกต่างกันในปรงทั้งสองเพศ เมื่อตัดแถบดีเอ็นเอที่แสดงรูปแบบของการเติมหมู่เมธิลที่มีความจำเพาะกับเพศจากลายพิมพ์ MSAP จำนวน 19 แถบ ไปโคลนเพื่อหาลำดับนิวคลีโอไทด์ และเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลพบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วนใหญ่ไม่มีความเหมือนกับยีนในฐานข้อมูล แต่พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์บางส่วนแสดง ความเหมือนกับยีนซึ่งมีความเกี่ยวข้องกับการพัฒนาของส่วนสืบพันธุ์ ผลการศึกษาครั้งนี้พบความแตกต่างของการเติมหมู่เมธิลให้กับดีเอ็นเอในปรงทั้งสองเพศ ซึ่งอาจมีผลต่อการกำหนดเพศในปรง อย่างไรก็ตามยังต้องการการศึกษาเพิ่มเติมเพื่อให้เข้าใจกลไกดังกล่าวและนำไปสู่ข้อสรุปที่ชัดเจนมากขึ้น