

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	(1)
บทคัดย่อภาษาไทย	(2)
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	(3)
สารบัญ	(4)
สารบัญตาราง	(7)
สารบัญภาพ	(8)
บทที่ 1 บทนำ	1
ความสำคัญและที่มาของปัญหาที่ทำการวิจัย	1
วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย	2
ประโยชน์ของการวิจัย	2
ขอบเขตของการวิจัย	2
บทที่ 2 แนวคิด ทฤษฎี และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	3
แนวคิด ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง	3
ความหมายของสัตว์ป่า	3
ประโยชน์ของสัตว์ป่า	3
ปัญหาของทรัพยากรสัตว์ป่า	4
การจัดการและอนุรักษ์สัตว์ป่า	4
บทลงโทษแก่ผู้ล่าและผู้ค้าสัตว์ป่า	5
พื้นที่ที่ทำการศึกษา	5
สารพันธุกรรมหรือดีเอ็นเอ	6
ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ (Mitochondrial DNA; mtDNA)	6
การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ โดยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส	8
งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	9
บทที่ 3 วิธีการทดลอง	13
การเก็บตัวอย่าง	13
วัสดุอุปกรณ์ และสารเคมีในการทดลอง	14
วัสดุอุปกรณ์	14

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
สารเคมีในการทดลอง	15
การศึกษาในห้องปฏิบัติการ	15
ถ่ายรูปตัวอย่างชิ้นส่วน หรือชิ้นส่วนอวัยวะของสัตว์ป่า	15
เก็บตัวอย่างชิ้นเนื้อใส่หลอด	15
การสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างเนื้อเยื่อ	16
ตรวจสอบคุณภาพของดีเอ็นเอที่สกัดได้ด้วยวิธี Agarose Gel Electrohoresis	19
การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ โดยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส (Polymerase Chain Reaction; PCR)	19
ตรวจสอบผลของการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis	20
การทำ PCR product ให้บริสุทธิ์และการหาลำดับนิวคลีโอไทด์	20
การวิเคราะห์ข้อมูล	20
การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ เพื่อสร้างชิ้นดีเอ็นเอเป้าหมาย ที่สมบูรณ์	20
การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของตัวอย่างกับฐานข้อมูล พันธุกรรมสากล GenBank	20
การสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree)	21
บทที่ 4 ผลการทดลอง	23
ผลของการสกัดดีเอ็นเอ	23
ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของยีนไซโตโครม บี ด้วยเทคนิค PCR	24
ผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนไซโตโครม บี	28
ผลการสร้างแผนภูมิวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree)	30
บทที่ 5 สรุป อภิปรายผล และข้อเสนอแนะ	34
สรุปและอภิปรายผล	34
ข้อเสนอแนะ	36
บรรณานุกรม	37

สารบัญ (ต่อ)

ภาคผนวก

หน้า
40



ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
3.1	ข้อมูลการเก็บตัวอย่างชิ้นส่วน ชิ้นเนื้อ หรืออวัยวะของสัตว์ที่คาดว่า จะเป็นสัตว์ป่าในเขตพื้นที่ อำเภอเขาชะเมา จังหวัดระยอง	7
3.2	ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่นำมาจากฐานข้อมูลพันธุกรรมสากล GenBank	21
4.1	ผลการสกัดดีเอ็นเอ การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR และผลการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ (Sequencing)	23
4.2	ความยาวของลำดับนิวคลีโอไทด์ (bp) ในแต่ละตัวอย่าง	28
4.3	ผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนไซโตโครม บี ของตัวอย่าง ที่คาดว่าจะเป็นสัตว์ป่าจำนวน 19 ตัวอย่าง กับสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ ในฐานข้อมูลพันธุกรรมสากล GenBank	29

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
2.1 โครงสร้างของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ	7
3.1 ตัวอย่างชิ้นส่วน ชิ้นเนื้อ หรือ อวัยวะที่คาดว่าจะเป็นสัตว์ป่า จำนวน 19 ตัวอย่าง	16
4.1 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR และตรวจสอบผลด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis ของตัวอย่าง WL-01, WL-02, WL-03 และ WL-04	25
4.2 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR และตรวจสอบผลด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis ของตัวอย่าง WL-05, WL-06 และ WL-07	25
4.3 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR และตรวจสอบผลด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis ของตัวอย่าง WL-08 และ WL-09	26
4.4 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR และตรวจสอบผลด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis ของตัวอย่าง WL-10	26
4.5 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR และตรวจสอบผลด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis ของตัวอย่าง WL-11, WL-12, WL-13, WL-14 และ WL 15	27
4.6 ผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR และตรวจสอบผลด้วยวิธี Agarose Gel Electrophoresis ของตัวอย่าง WL-16, WL-17, WL-18 และ WL-19	27
4.7 ผลการสร้าง Phylogenetic tree เพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษากับตัวอย่างลำดับนิวคลีโอไทด์จากฐานข้อมูลพันธุกรรมสากล GenBank	32
4.8 ผลการสร้าง Phylogenetic tree เพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างหมูป่า (<i>Sus scrofa scrofa</i>) และหมูบ้าน (<i>Sus scrofa domesticus</i>)	33