

## บทที่ 6

### สรุปผลการศึกษา

#### 1. การศึกษาคาร์ิโอไทป์ของชะนีจากการย้อมโครโมโซมแบบธรรมดาและแบบแถบสีจี

ผลการศึกษาโครโมโซมที่ได้จากการย้อมสีแบบธรรมดาพบว่าชะนีทั้ง 3 สกุลย่อย 5 ชนิดมีจำนวนโครโมโซม(2n) ค่าโครโมโซมพื้นฐาน (FN) ชนิดและรูปร่างของโครโมโซม (ตารางที่ 6.1) และสามารถเขียนสูตรคาร์ิโอไทป์ได้ดังนี้

##### 1. ชะนีมือขาว

$$\text{เพศผู้} \quad 2n (44) = L_{12}^m + M_4^m + M_5^{sm} + M_2^a + S_6^m + S_{14}^{sm} + S_1^l$$

$$\text{เพศเมีย} \quad 2n (44) = L_{12}^m + M_4^m + M_6^{sm} + M_2^a + S_6^m + S_{14}^{sm}$$

##### 2. ชะนีมงกุฎ หรือชะนีเอี่ยมดำ

$$\text{เพศผู้} \quad 2n (44) = L_{12}^m + M_4^m + M_5^{sm} + M_2^a + S_6^m + S_{14}^{sm} + S_1^l$$

$$\text{เพศเมีย} \quad 2n (44) = L_{12}^m + M_4^m + M_6^{sm} + M_2^a + S_6^m + S_{14}^{sm}$$

##### 3. ชะนีมือดำ

$$\text{เพศผู้} \quad 2n (44) = L_{12}^m + M_4^m + M_5^{sm} + M_2^a + S_6^m + S_{14}^{sm} + S_1^l$$

$$\text{เพศเมีย} \quad 2n (44) = L_{12}^m + M_4^m + M_6^{sm} + M_2^a + S_6^m + S_{14}^{sm}$$

##### 4. ชะนีแก้มขาว

$$\text{เพศผู้} \quad 2n (52) = L_{16}^m + L_9^{sm} + M_{14}^m + M_6^{sm} + S_7^a$$

$$\text{เพศเมีย} \quad 2n (52) = L_{16}^m + L_{10}^{sm} + M_{14}^m + M_2^a + S_6^a$$

##### 5. ชะนีเขี้ยวมั่งคั่ง

$$\text{เพศเมีย} \quad 2n (50) = L_{18}^m + L_2^{sm} + M_{16}^m + M_2^{sm} + M_2^l + S_{10}^m$$

ตารางที่ 6.1 จำนวนโครโมโซม (2n) ค่าโครโมโซมพื้นฐาน (FN) ชนิดและรูปร่างโครโมโซมของระยะนี้ทั้ง 5 ชนิดในประเทศไทย

ชนิดสัตว์	2n	FN <sup>1</sup> M/F	ชนิดและรูปร่างของโครโมโซม <sup>2</sup>					
			รูปร่าง				เพศ	
			m	sm	a	t	X	Y
<u>สกุลย่อย Hylobates</u>								
1. ระยะนี้มีมือขาว ( <i>Hylobates lar</i> )	44	85/86	30	10* <sup>q</sup>	2	-	sm	t
2. ระยะนี้มีมงกุฎ ( <i>Hylobates pileatus</i> )	44	85/86	30	10* <sup>q</sup>	2	-	sm	t
3. ระยะนี้มีมือดำ ( <i>Hylobates agilis</i> )	44	85/86	30	10* <sup>q</sup>	2	-	sm	t
<u>สกุลย่อย Nomascus</u>								
4. ระยะนี้แก้มขาว ( <i>Nomascus leucogenys</i> )	52	97/98	34	10	6	-	sm	a
<u>สกุลย่อย Symphalungus</u>								
5. ระยะนี้เขี้ยวมั่งคั่ง ( <i>Symphalungus syndactylus</i> )	50	-/98	44	4	-	2	-	-

#### หมายเหตุ

1. ค่าโครโมโซมพื้นฐานแยกตามเพศของระยะนี้

M คือ เพศผู้

F คือ เพศเมีย

2. ชนิดและรูปร่างของโครโมโซม กำหนดอักษรย่อดังนี้

m คือ เมตาเซนตริกโครโมโซม

sm คือ ซับเมตาเซนตริกโครโมโซม

a คือ อโครเซนตริกโครโมโซม

t คือ เทโลเซนตริกโครโมโซม

X คือ โครโมโซมเอ็กซ์

Y คือ โครโมโซมวาย

\*q คือโครโมโซมรูปร่างที่พบ satellite บนแขนข้างยาว

ส่วนการศึกษาคาริโอไทป์ด้วยวิธีการย้อมสีแบบแถบสีจันนั้น สามารถทำการย้อมสีได้ 4 ชนิดใน 2 สกุลย่อย ได้แก่ในสกุลย่อย *Hylobates* ทั้ง 3 ชนิดและสกุลย่อย *Nomascus* อีก 1 ชนิด

สำหรับชะนีในสกุลย่อย *Symphalangus* นั้นไม่สามารถย้อมโครโมโซมแบบแถบสีจีได้ เนื่องจากจำนวนเซลล์ที่ได้จากการเพาะเลี้ยงเซลล์เม็ดเลือดขาวน้อยมาก เมื่อพิจารณาภายในสกุลย่อย *Hylobates* พบรูปแบบของแถบสีจีไม่แตกต่างกัน และเมื่อเปรียบเทียบกับรายงานของ Stayon และคณะ (1987) รูปแบบโครโมโซมคู่ที่ 8 ของชะนีทั้งสามชนิดในสกุลย่อย *Hylobates* ของประเทศไทยเป็นแบบ 8b ทั้งหมด อย่างไรก็ตามยังไม่อาจสรุปแน่นอนได้ว่าชะนีในสกุลย่อย *Hylobates* ในประเทศไทยจะมีรูปแบบโครโมโซมคู่ที่ 8 เพียงแบบเดียวเนื่องจากกลุ่มตัวอย่างยังน้อยอยู่ ส่วนชะนีสกุลย่อย *Nomascus* มีรูปแบบของแถบสีบนโครโมโซมแต่ละแท่งแตกต่างกันกับแถบสีบนโครโมโซมของสกุลย่อย *Hylobates* จึงทำให้คาร์ิโอไทป์แถบสีจีบนโครโมโซมของชะนีทั้งสองสกุลย่อยมีเอกลักษณ์เป็นของตัวเอง

## 2. การศึกษาความแปรผันของนิวคลีโอไทด์บริเวณ D-loop ของยีน Phe-tRNA ในไมโตรคอนเดรียดีเอ็นเอ

ความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการของชะนีที่วิเคราะห์โดยใช้ลำดับเบสบริเวณ D-loop ของ Phe-tRNA พบว่าสายวิวัฒนาการสกุลย่อย *Nomascus* เป็นสายวิวัฒนาการแรกที่แยกออกมาจากชะนีอื่นๆ ซึ่งต่อมาสายวิวัฒนาการสกุลย่อย *Hylobates* จึงได้แยกออกมาจากสายวิวัฒนาการร่วมสกุลย่อย *Symphalangus* และสกุลย่อย *Bunopithecus* ผลการวิเคราะห์ยังชี้ให้เห็นว่าสกุลย่อย *Nomascus* และ *Symphalangus* มีได้มีความใกล้ชิดทางวิวัฒนาการ ซึ่งความขัดแย้งกันกับ ผลการวิเคราะห์โครโมโซมที่ได้จากค่าโครโมโซมพื้นฐาน แต่เมื่อพิจารณาโดยรวมแล้ว ผลการวิเคราะห์ลำดับเบส น่าจะมีความน่าเชื่อถือมากกว่าผลการวิเคราะห์โครโมโซม

ผลการศึกษานี้ยังไม่สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการแยกชะนีลูกผสมที่เกิดขึ้น โดยเฉพาะลูกผสมที่เกิดจากพ่อแม่ที่อยู่ในสกุลย่อยเดียวกันทั้งนี้เพราะมีทั้งรูปแบบคาร์ิโอไทป์ที่เหมือนกันแต่สามารถระบุได้ว่าชะนีชนิดใดเป็นแม่จากลำดับเบสบริเวณ D-loop ของยีน Phe-tRNA แต่สามารถนำไปใช้ในการพิจารณาประกอบการวางแผนและการอนุรักษ์ชะนีที่มีอยู่ได้