



บทที่ 4

ผลการศึกษา

1. การศึกษาคาไรโอไทป์ของชะนีจากการย้อมโครโมโซมแบบธรรมดาและแบบแถบสีจี

1.1 ชะนีมือขาว

จากการย้อมโครโมโซมแบบธรรมดาของชะนีมือขาว เพศผู้และเพศเมีย พบว่าชะนีมือขาว มีจำนวนโครโมโซม $2n = 44$ แสดงไว้ดังภาพที่ 4.1 จำนวนโครโมโซมพื้นฐาน (FN) เท่ากับ 85 ในเพศผู้และ 86 ในเพศเมีย การจัดคาไรโอไทป์จะใช้ค่าเฉลี่ย Ls, LI, LT, RL และ CI ของโครโมโซมแต่ละแท่ง (ตารางที่ 4.1) เพื่อจัดขนาดและรูปร่างของโครโมโซมจากตารางโครโมโซมร่างกาย 21 คู่ ประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ 12 แท่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดกลาง 4 แท่ง โครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง 4 แท่ง โครโมโซมชนิดออโครเซนตริกขนาดกลาง 2 แท่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดเล็ก 6 แท่ง และโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดเล็ก 14 แท่ง นอกจากนี้ยังพบ satellite บนโครโมโซมร่างกายคู่ที่ 13 บนแขนข้างยาว ส่วนโครโมโซมเพศพบว่า โครโมโซม X เป็นชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง และโครโมโซม Y คาดว่าน่าจะเป็นชนิดเทโลเซนตริกขนาดเล็กที่สุดแสดงไว้ดังภาพที่ 4.1

ดังนั้นสามารถเขียนสูตรคาไรโอไทป์ของชะนีมือขาวได้ดังนี้

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

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

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

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

สำหรับการจัดคาไรโอไทป์จากการย้อมสีโครโมโซมแบบแถบสีจีได้ดังภาพที่ 4.2 ส่วนอิดิโอแกรมแสดงไว้ในภาพที่ 4.3

ตารางที่ 4.1 ค่า Ls, LI, LT, RL, CI และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานขนาดและรูปร่างของโครโมโซมของ
 ชะนีมือขาว (2n = 44) จากจำนวนเซลล์ 60 เซลล์

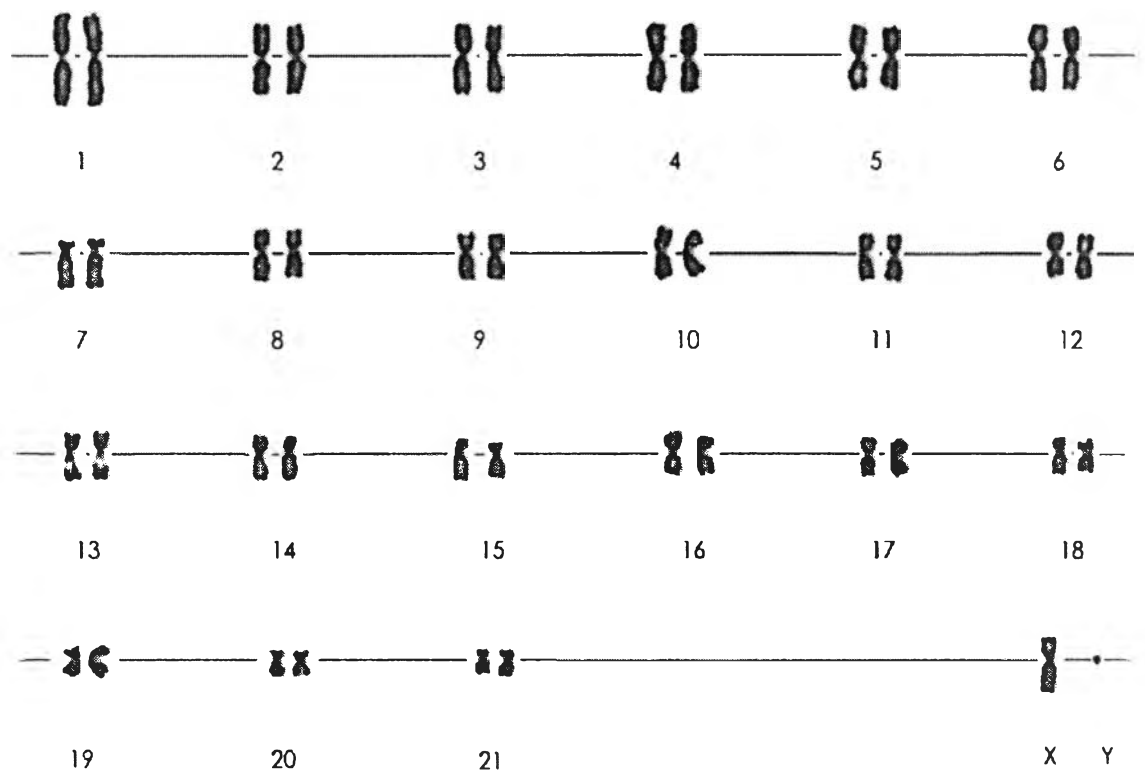
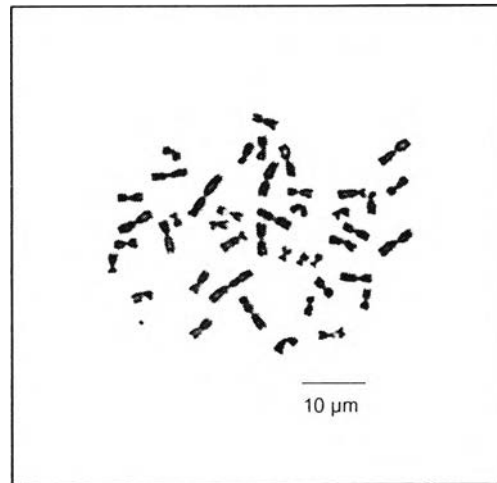
โครโมโซม	Ls	LI	LT	RL ± SD	CI ± SD	ขนาด	รูปร่าง
1	0.60	0.70	1.30	0.081 ± 0.0025	0.538 ± 0.0142	L	m
2	0.54	0.56	1.10	0.068 ± 0.0028	0.509 ± 0.0177	L	m
3	0.50	0.56	1.06	0.066 ± 0.0023	0.528 ± 0.0193	L	m
4	0.50	0.52	1.02	0.063 ± 0.0025	0.510 ± 0.0207	L	m
5	0.48	0.50	0.98	0.061 ± 0.0022	0.510 ± 0.0208	L	m
6	0.46	0.48	0.94	0.058 ± 0.0022	0.511 ± 0.0205	L	m
7	0.18	0.60	0.78	0.048 ± 0.0017	0.769 ± 0.0246	M	a
8	0.30	0.46	0.76	0.047 ± 0.0023	0.609 ± 0.0230	M	sm
9	0.28	0.42	0.70	0.043 ± 0.0019	0.600 ± 0.0209	M	sm
10	0.30	0.40	0.70	0.043 ± 0.0024	0.571 ± 0.0244	M	m
11	0.30	0.40	0.70	0.043 ± 0.0018	0.571 ± 0.0206	M	m
12	0.26	0.36	0.62	0.038 ± 0.0012	0.581 ± 0.0216	S	m
13	0.24	0.36	0.60	0.037 ± 0.0019	0.600 ± 0.0341	S	sm ^{*q}
14	0.24	0.36	0.60	0.037 ± 0.0021	0.600 ± 0.0176	S	sm
15	0.22	0.34	0.56	0.035 ± 0.0024	0.607 ± 0.0302	S	sm
16	0.22	0.32	0.54	0.033 ± 0.0026	0.593 ± 0.0200	S	m
17	0.20	0.30	0.50	0.031 ± 0.0020	0.600 ± 0.0397	S	sm
18	0.20	0.28	0.48	0.030 ± 0.0023	0.583 ± 0.0441	S	m
19	0.18	0.30	0.48	0.030 ± 0.0028	0.625 ± 0.0338	S	sm
20	0.14	0.22	0.36	0.022 ± 0.0016	0.626 ± 0.0258	S	sm
21	0.12	0.20	0.32	0.020 ± 0.0023	0.626 ± 0.0219	S	sm
X	0.30	0.52	0.82	0.051 ± 0.0020	0.634 ± 0.0301	M	sm
Y	0.00	0.05	0.05	0.006 ± 0.0000	1.000 ± 0.0000	S	t

หมายเหตุ

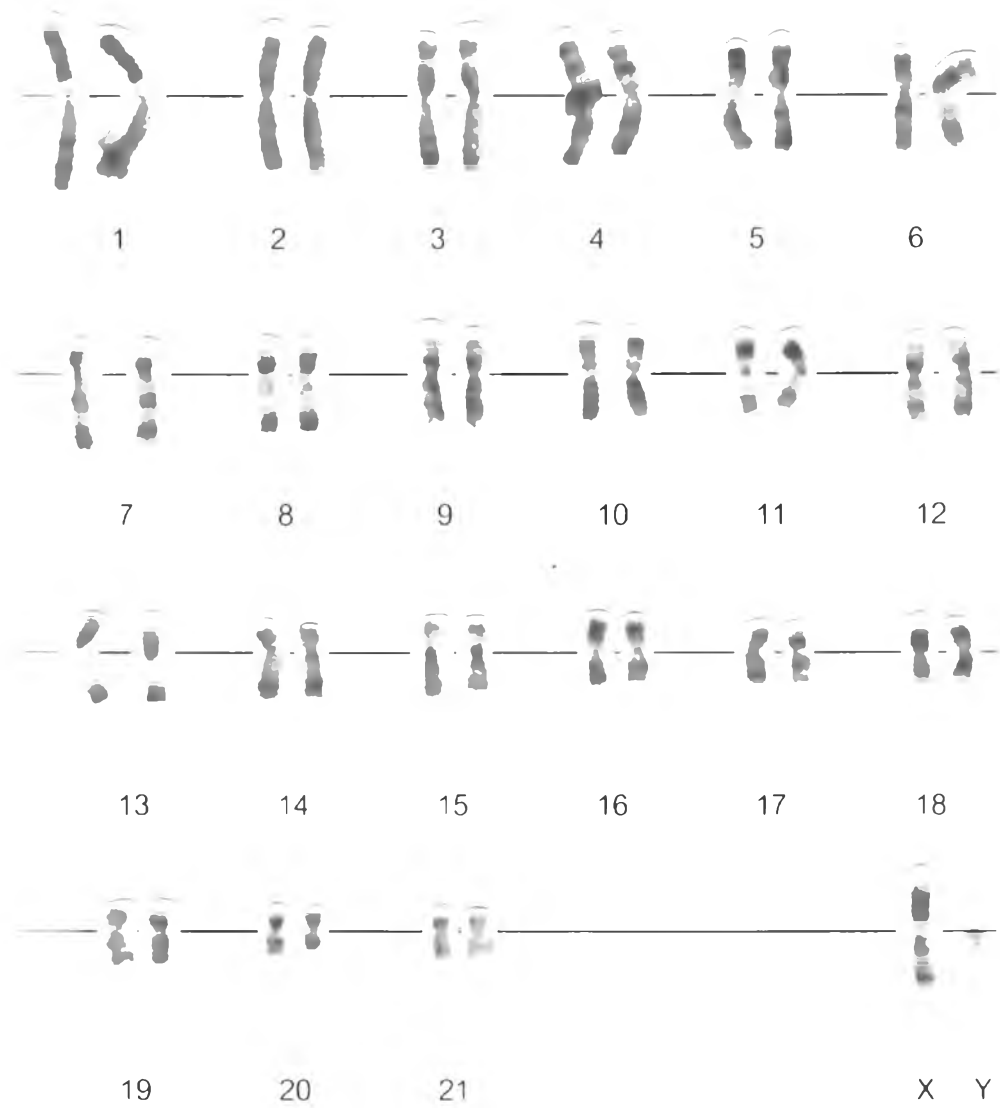
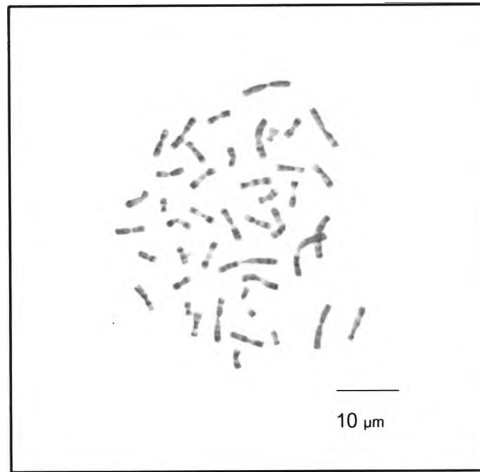
L คือโครโมโซมขนาดใหญ่ M คือโครโมโซมขนาดกลาง S คือโครโมโซมขนาดเล็ก

m คือโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริก sm คือโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริก

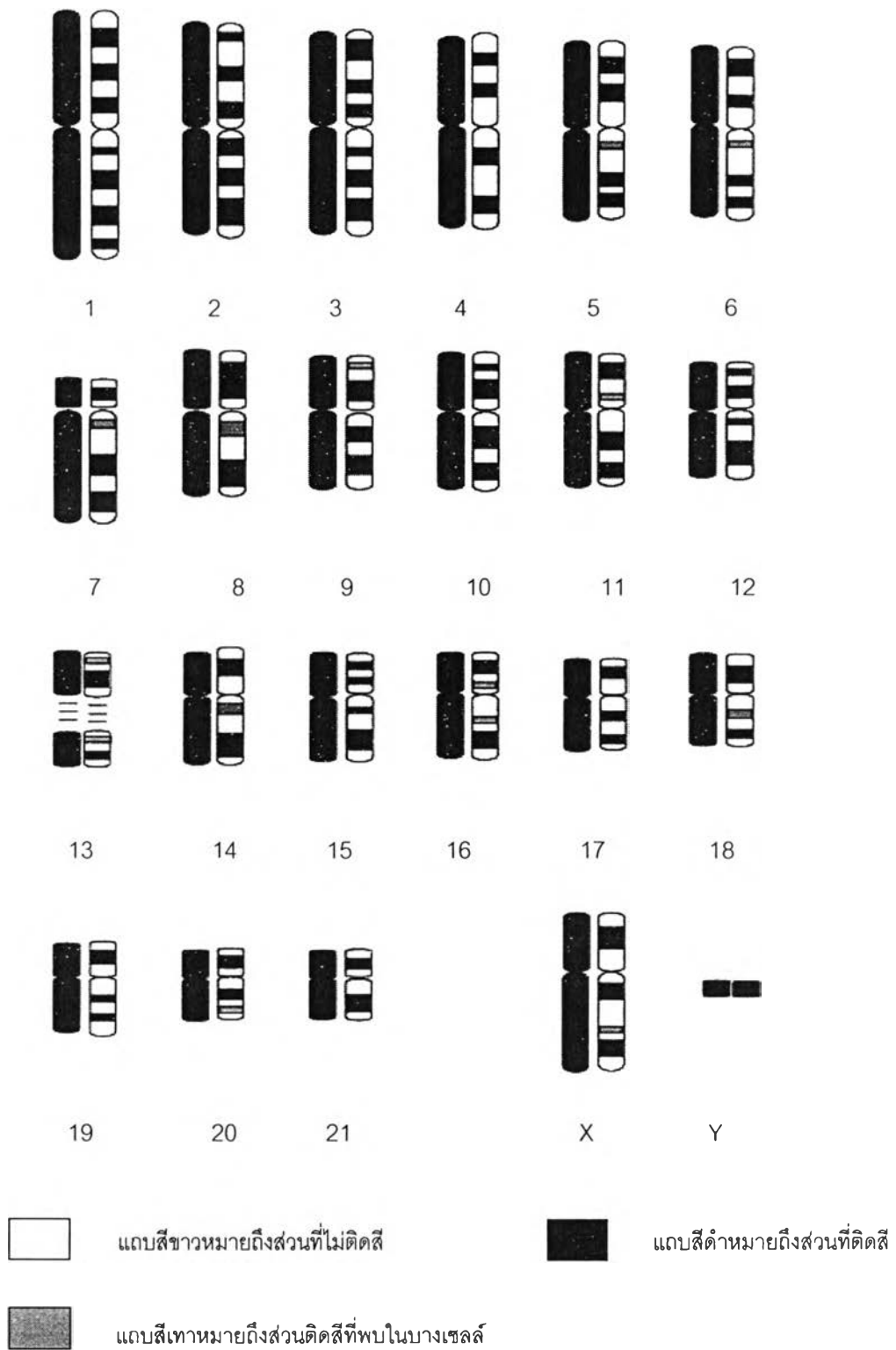
a คือโครโมโซมชนิดอโครเซนตริก *q คือโครโมโซมที่พบ satellites บนแขนข้างยาว



ภาพที่ 4.1 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชะนีมือขาวเพศผู้จากการย้อมสีแบบธรรมดา



ภาพที่ 4.2 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชะนีมือขาวเพศผู้จากการย้อมสีแบบแถบสีจี



ภาพที่ 4.3 อิดิโอแกรมจากการย้อมสีแบบธรรมดา (แท่งซ้าย) และแถบสีจี (แท่งขวา) ของชะนีมือขาว

1.2 ชะนีมังกู

จากการย้อมสีโครโมโซมแบบธรรมดาของชะนีมังกูเพศผู้และเพศเมีย พบว่าชะนีมังกูมีจำนวนโครโมโซม $2n = 44$ แสดงไว้ดังภาพที่ 4.4 จำนวนโครโมโซมพื้นฐาน (FN) เท่ากับ 85 ในเพศผู้และ 86 ในเพศเมีย การจัดการไอโทปีจะใช้ค่าเฉลี่ย Ls, Li, Lt, Rl และ Ci ของโครโมโซมแต่ละแท่ง (ตารางที่ 4.2) เพื่อจัดขนาดและรูปร่างของโครโมโซมจากตารางโครโมโซมร่างกาย 21 คู่ ประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ 12 แท่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดกลาง 4 แท่ง โครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง 4 แท่ง โครโมโซมชนิดอโครเซนตริกขนาดกลาง 2 แท่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดเล็ก 6 แท่ง และโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดเล็ก 14 แท่ง นอกจากนี้ยังพบ satellite บนโครโมโซมร่างกายคู่ที่ 13 บนแขนข้างยาว ส่วนโครโมโซมเพศพบว่า โครโมโซม X เป็นชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง และโครโมโซม Y คาดว่าน่าจะเป็นชนิดเทโลเซนตริกขนาดเล็กที่สุดแสดงไว้ดังภาพที่ 4.4

ดังนั้นสามารถเขียนสูตรคาริโอไทป์ของชะนีมังกูได้ดังนี้

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

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

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

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

สำหรับการจัดการไอโทปีจากการย้อมสีโครโมโซมแบบแถบสีก็ได้ดังภาพที่ 4.5 ส่วนอิดิโอแกรมแสดงไว้ในภาพที่ 4.6

ตารางที่ 4.2 ค่า Ls, LI, LT, RL, CI และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานขนาดและรูปร่างของโครโมโซมของ
ชะนีระนีมังกู (2n = 44) จากจำนวนเซลล์ 60 เซลล์

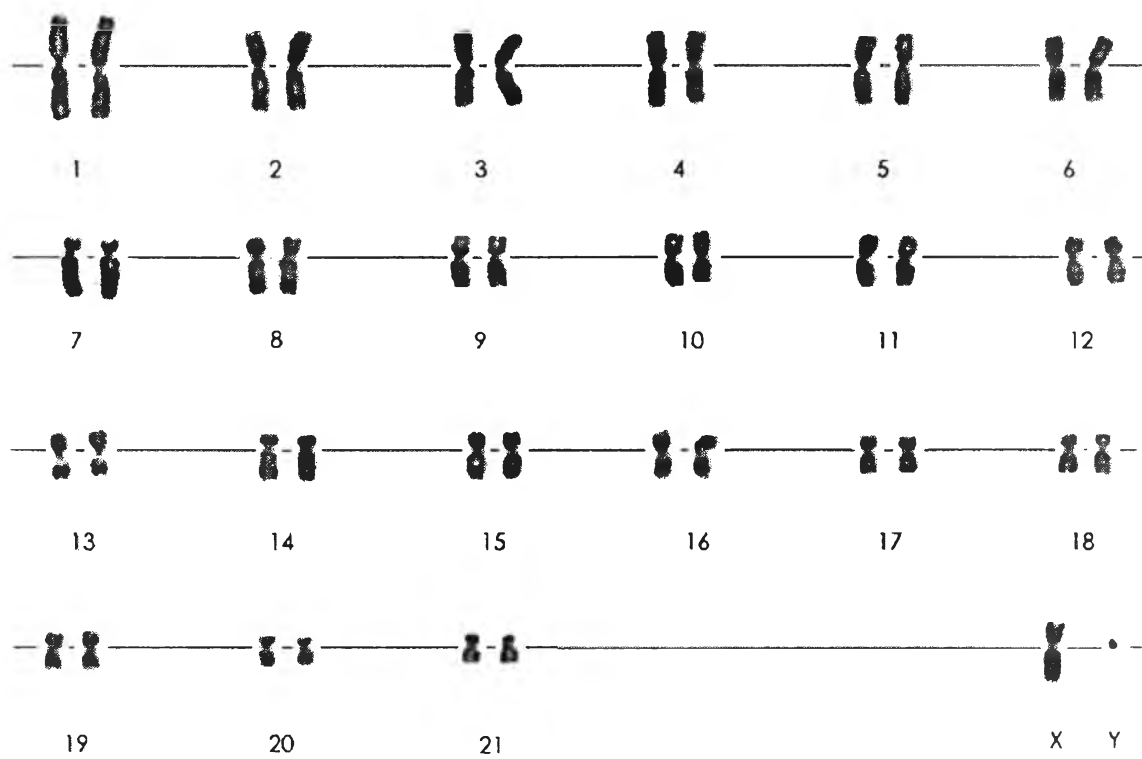
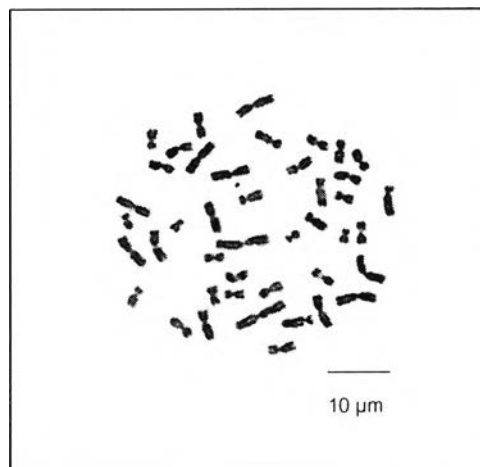
โครโมโซม	Ls	LI	LT	RL ± SD	CI ± SD	ขนาด	รูปร่าง
1	0.76	0.86	1.62	0.084 ± 0.0024	0.531 ± 0.0117	L	m
2	0.56	0.72	1.28	0.066 ± 0.0020	0.563 ± 0.0265	L	m
3	0.54	0.60	1.14	0.059 ± 0.0018	0.526 ± 0.0262	L	m
4	0.50	0.60	1.10	0.057 ± 0.0015	0.545 ± 0.0289	L	m
5	0.50	0.56	1.06	0.055 ± 0.0018	0.528 ± 0.0113	L	m
6	0.50	0.54	1.04	0.054 ± 0.0017	0.519 ± 0.0146	L	m
7	0.20	0.80	1.00	0.052 ± 0.0015	0.800 ± 0.0172	M	a
8	0.40	0.60	1.00	0.052 ± 0.0016	0.600 ± 0.0224	M	sm
9	0.38	0.58	0.96	0.049 ± 0.0010	0.604 ± 0.0169	M	sm
10	0.36	0.50	0.86	0.044 ± 0.0013	0.581 ± 0.0368	M	m
11	0.36	0.46	0.82	0.042 ± 0.0020	0.561 ± 0.0246	M	m
12	0.36	0.44	0.80	0.041 ± 0.0023	0.550 ± 0.0243	S	m
13	0.30	0.46	0.76	0.039 ± 0.0016	0.605 ± 0.0173	S	sm ^{*q}
14	0.30	0.46	0.76	0.039 ± 0.0017	0.605 ± 0.0262	S	sm
15	0.28	0.44	0.74	0.037 ± 0.0018	0.611 ± 0.0269	S	sm
16	0.32	0.40	0.72	0.037 ± 0.0023	0.556 ± 0.0291	S	m
17	0.24	0.40	0.64	0.038 ± 0.0017	0.625 ± 0.0266	S	sm
18	0.24	0.32	0.56	0.029 ± 0.0023	0.571 ± 0.0236	S	m
19	0.22	0.34	0.56	0.029 ± 0.0031	0.607 ± 0.0190	S	sm
20	0.16	0.24	0.40	0.021 ± 0.0018	0.600 ± 0.0272	S	sm
21	0.16	0.24	0.40	0.021 ± 0.0022	0.600 ± 0.0231	S	sm
X	0.38	0.58	0.96	0.049 ± 0.0011	0.604 ± 0.0274	M	sm
Y	0.00	0.05	0.05	0.005 ± 0.0000	1.000 ± 0.0000	S	t

หมายเหตุ

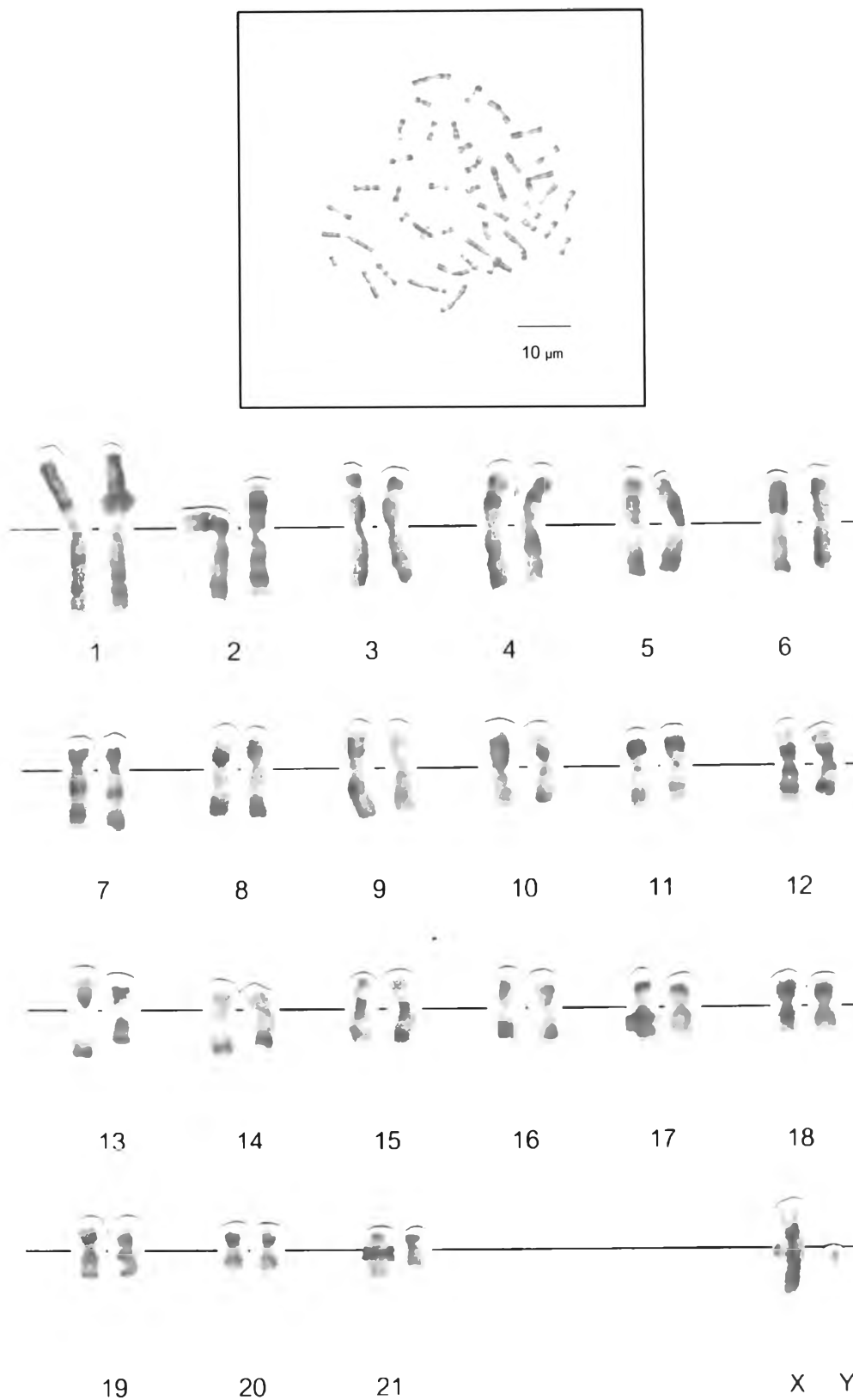
L คือโครโมโซมขนาดใหญ่ M คือโครโมโซมขนาดกลาง S คือโครโมโซมขนาดเล็ก

m คือโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริก sm คือโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริก

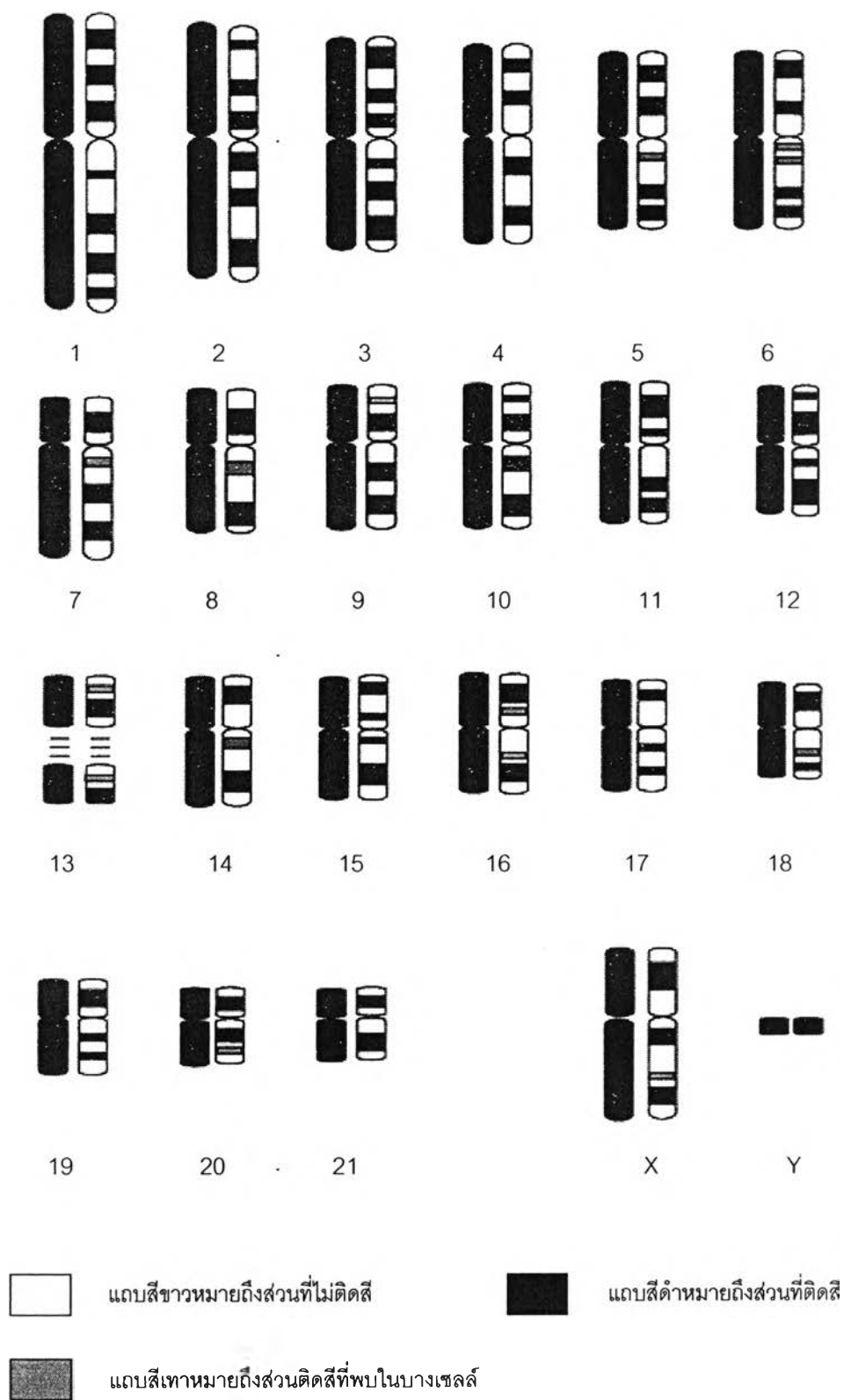
a คือโครโมโซมชนิดอโครเซนตริก *q คือโครโมโซมที่พบ satellites บนแขนข้างยาว



ภาพที่ 4.4 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชะนีมังกูเพศผู้จากการย้อมสีแบบธรรมดา



ภาพที่ 4.5 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชะนีมรกตเพศผู้จากการย้อมสีแบบแถบสีจี



ภาพที่ 4.6 อิติโอแกรมจากการย้อมสีแบบธรรมดา (แท่งซ้าย) และแบบแถบสีจี (แท่งขวา) ของชะนีมิงกุฏ

1.3 ชะนีมือดำ

จากการย้อมสีโครโมโซมแบบธรรมดาของชะนีมือดำเพศผู้และเพศเมีย พบว่าชะนีมือดำมีจำนวนโครโมโซม $2n = 44$ แสดงไว้ดังภาพที่ 4.7 จำนวนโครโมโซมพื้นฐาน (FN) เท่ากับ 85 ในเพศผู้และ 86 ในเพศเมีย การจัดการไโอโทปีจะใช้ค่าเฉลี่ย L_s , L_l , L_t , R_L และ C_l ของโครโมโซมแต่ละแท่ง (ตารางที่ 4.3) เพื่อจัดขนาดและรูปร่างของโครโมโซมจากตารางโครโมโซมร่างกาย 21 คู่ ประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ 12 แท่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดกลาง 4 แท่ง โครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง 4 แท่ง โครโมโซมชนิดอโครเซนตริกขนาดกลาง 2 แท่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดเล็ก 6 แท่ง และโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดเล็ก 14 แท่ง นอกจากนี้ยังพบ satellite บนโครโมโซมร่างกายคู่ที่ 13 บนแขนข้างยาว ส่วนโครโมโซมเพศพบว่า โครโมโซม X เป็นชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง และโครโมโซม Y คาดว่าน่าจะเป็นชนิดเทโลเซนตริกขนาดเล็กที่สุดแสดงไว้ดังภาพที่ 4.7

ดังนั้นสามารถเขียนสูตรคาร์ิโอไทป์ของชะนีมือดำได้ดังนี้

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

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

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

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

สำหรับการจัดการไโอโทปีจากการย้อมสีโครโมโซมแบบแถบสีก็ได้ดังภาพที่ 4.8 ส่วนอิดิโอแกรมแสดงไว้ในภาพที่ 4.9

ตารางที่ 4.3 ค่า Ls, LI, LT, RL, CI และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานขนาดและรูปร่างของโครโมโซมของชะนีมือดำ (2n = 44) จากจำนวนเซลล์ 40 เซลล์

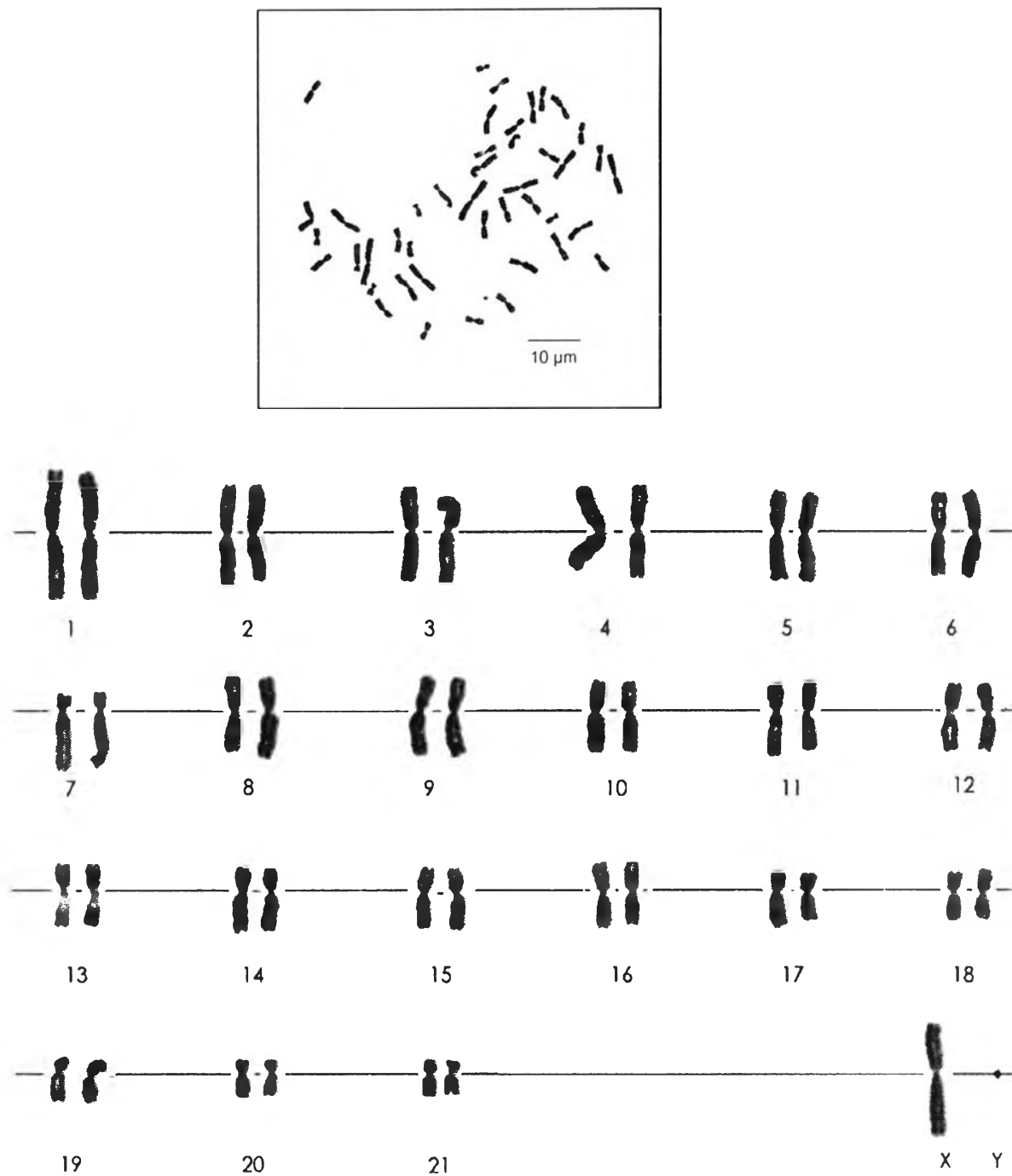
โครโมโซม	Ls	LI	LT	RL ± SD	CI ± SD	ขนาด	รูปร่าง
1	0.68	0.76	1.44	0.086 ± 0.0026	0.528 ± 0.0191	L	m
2	0.52	0.61	1.13	0.067 ± 0.0024	0.540 ± 0.0139	L	m
3	0.51	0.57	1.08	0.064 ± 0.0026	0.528 ± 0.0293	L	m
4	0.46	0.54	1.00	0.060 ± 0.0024	0.540 ± 0.0233	L	m
5	0.46	0.48	0.94	0.056 ± 0.0018	0.511 ± 0.0181	L	m
6	0.42	0.48	0.90	0.054 ± 0.0018	0.533 ± 0.0162	L	m
7	0.22	0.56	0.78	0.047 ± 0.0011	0.718 ± 0.0241	M	a
8	0.28	0.46	0.74	0.044 ± 0.0010	0.622 ± 0.0280	M	sm
9	0.29	0.44	0.73	0.044 ± 0.0017	0.603 ± 0.0156	M	sm
10	0.30	0.42	0.72	0.043 ± 0.0016	0.583 ± 0.0161	M	m
11	0.32	0.40	0.72	0.043 ± 0.0019	0.556 ± 0.0247	M	m
12	0.30	0.38	0.68	0.041 ± 0.0020	0.559 ± 0.0262	S	m
13	0.24	0.42	0.66	0.039 ± 0.0013	0.636 ± 0.0463	S	sm ^{*q}
14	0.24	0.40	0.64	0.038 ± 0.0015	0.625 ± 0.0459	S	sm
15	0.24	0.38	0.62	0.037 ± 0.0021	0.613 ± 0.0483	S	sm
16	0.28	0.34	0.62	0.037 ± 0.0012	0.548 ± 0.0236	S	m
17	0.22	0.34	0.56	0.033 ± 0.0013	0.607 ± 0.0395	S	sm
18	0.22	0.28	0.50	0.030 ± 0.0012	0.560 ± 0.0461	S	m
19	0.18	0.30	0.48	0.029 ± 0.0023	0.625 ± 0.0346	S	sm
20	0.14	0.22	0.36	0.021 ± 0.0014	0.611 ± 0.0366	S	sm
21	0.14	0.21	0.35	0.021 ± 0.0021	0.600 ± 0.0506	S	sm
X	0.34	0.52	0.86	0.051 ± 0.0022	0.605 ± 0.0411	M	sm
Y	0.00	0.05	0.05	0.006 ± 0.0000	1.000 ± 0.0000	S	t

หมายเหตุ

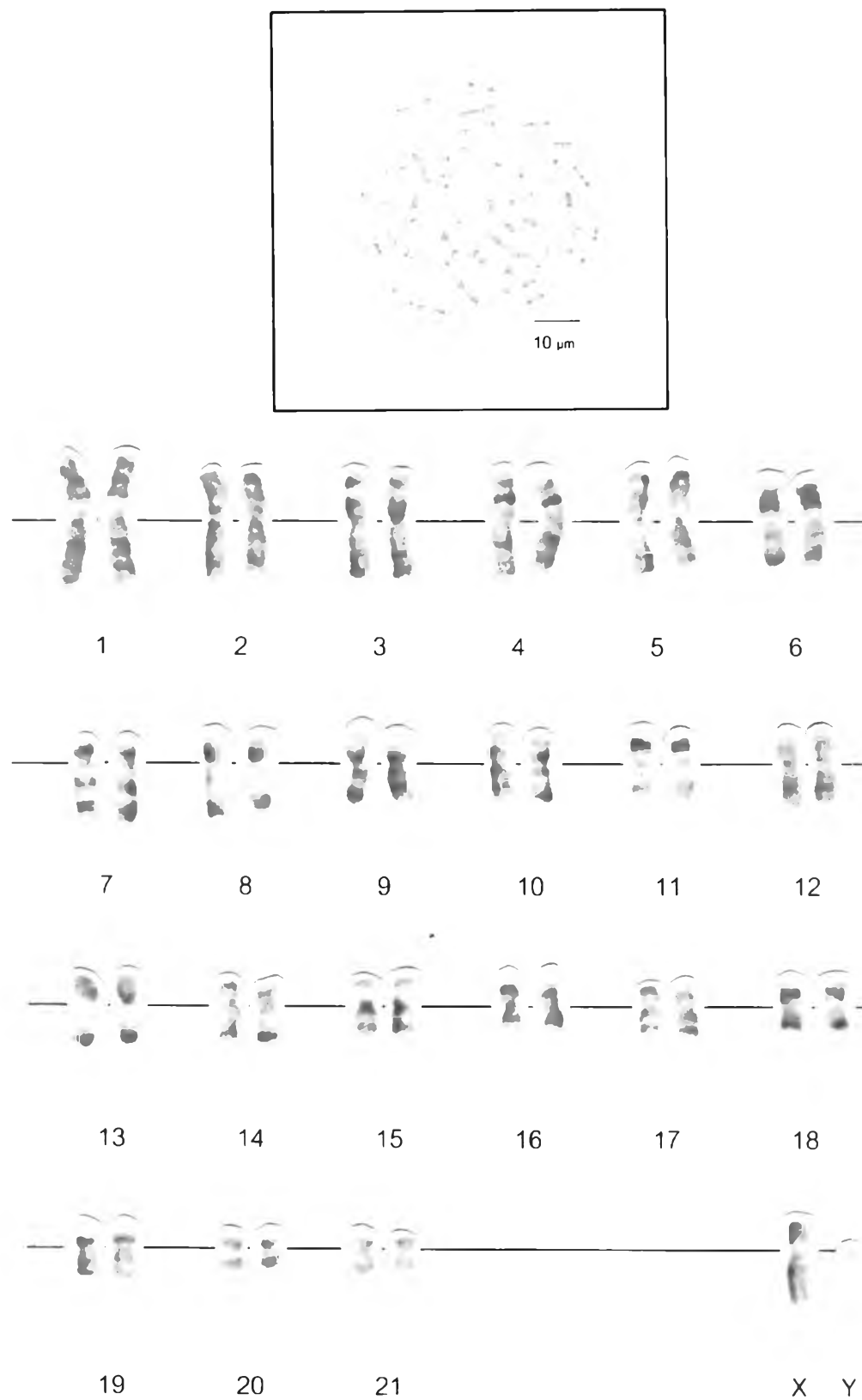
L คือโครโมโซมขนาดใหญ่ M คือโครโมโซมขนาดกลาง S คือโครโมโซมขนาดเล็ก

m คือโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริก sm คือโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริก

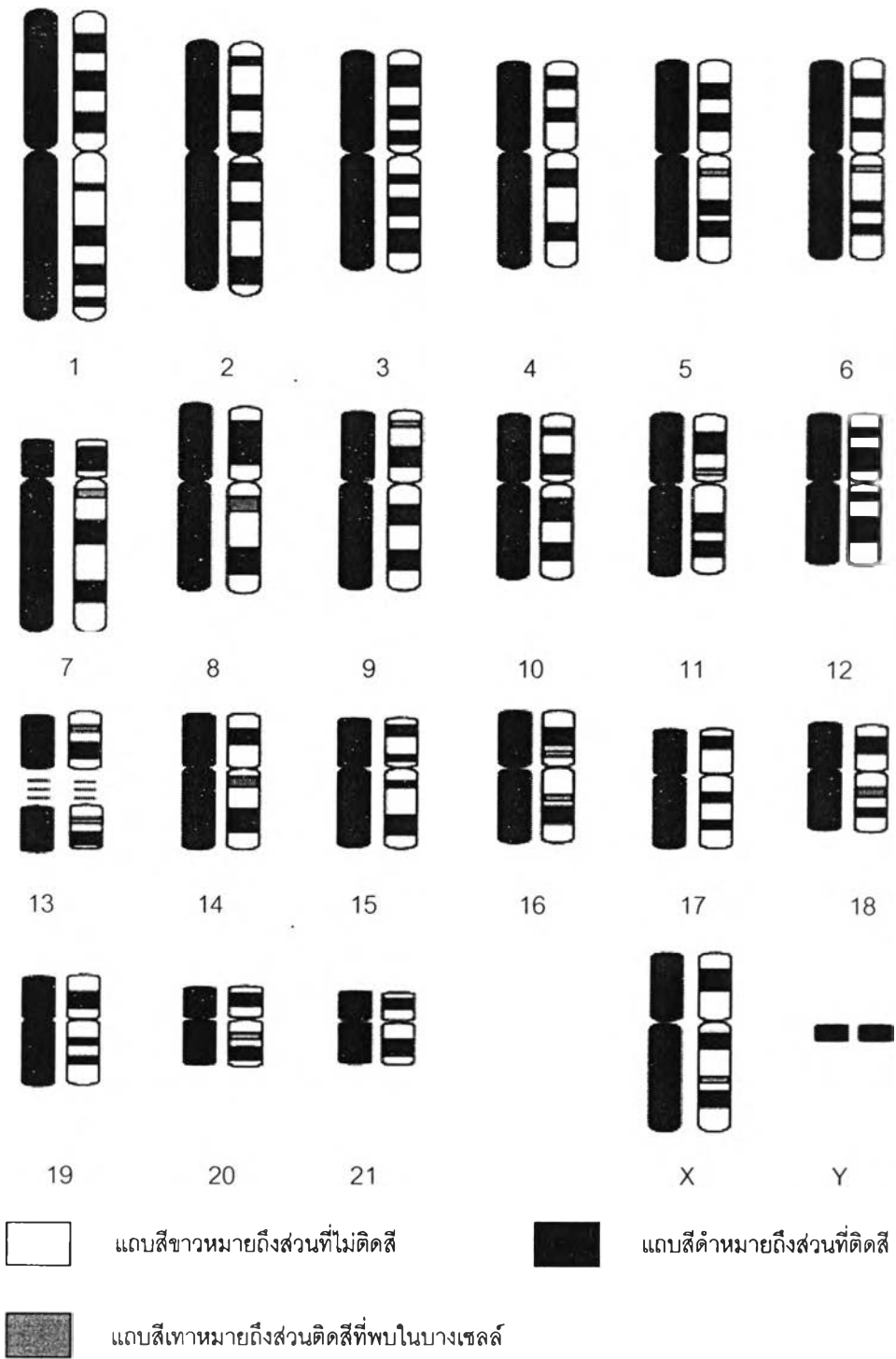
a คือโครโมโซมชนิดอโครเซนตริก *q คือโครโมโซมที่พบ satellites บนแขนข้างยาว



ภาพที่ 4.7 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชนีนีมือดำเพศผู้จากการย้อมสีแบบธรรมดา

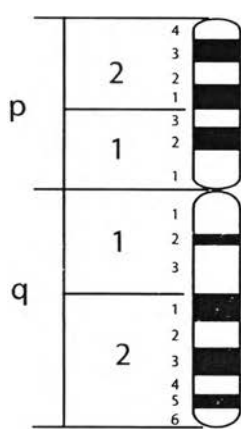


ภาพที่ 4.8 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชะนีมือดำเพศผู้จากการย้อมสีแบบแถบสีจี



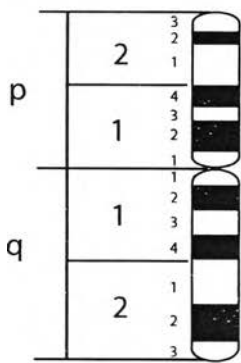
ภาพที่ 4.9 อิดิโอแกรมจากการย้อมสีแบบธรรมดา (แท่งซ้าย) และแบบแถบสีจี (แท่งขวา) ของชะนีมือดำ

จากการศึกษาคาริโอไทป์ เพื่อนำมาเขียนแผนภาพอิดิโอแกรมจากการย้อมสีแบบแถบจี ทั้ง 3 ชนิดในสกุลย่อย *Hylobates* พบว่ามีรูปแบบไม่แตกต่างกัน โดยมีรายละเอียดดังนี้



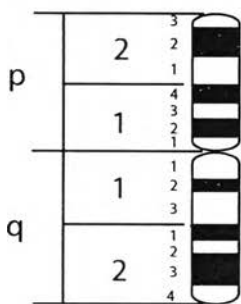
โครโมโซมคู่ที่ 1 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band p12 p21 และ p23 ติดสีเข้มทั้ง 3 bands สำหรับแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 9 bands ซึ่ง band q21, q23 และ q25 จะติดสีเข้มชัดเจนกว่า band q12

1



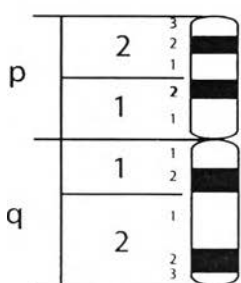
โครโมโซมคู่ที่ 2 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ใน band p12 และ p14 นั้นติดสีเข้มเด่นชัดกว่า p22 ซึ่งใกล้เคียงโลเมีย ส่วน band p13 ซึ่งไม่ติดสีและมีขนาดเล็กบางครั้งไม่สามารถมองเห็นได้ในโครโมโซมที่มีการหดตัวสั้น แขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ใน band q22 จะติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่กว่า band q12 และ q14

2



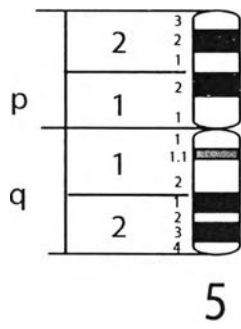
โครโมโซมคู่ที่ 3 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ใน band p12, p14 และ p22 ติดสีเข้ม แขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ใน band q21 และ q23 ติดสีเข้มชัดเจนกว่า q12

3



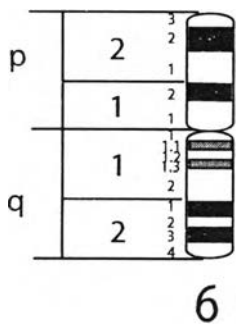
โครโมโซมคู่ที่ 4 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ใน band p12 และ p22 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ติดสีเข้มใน band q12 และ q22

4



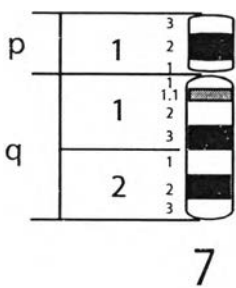
โครโมโซมคู่ที่ 5 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ติดสีเข้มที่ band p12 และที่ band p22 แขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 6 bands พบ subband q11.1 ในบางเซลล์ที่โครโมโซมมีการยืดตัวยาว สำหรับ band q21 และ q23 ที่บางเซลล์โครโมโซมมีการหดตัวสั้นมากจะมองเห็นเป็น band เดียวที่ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่

5



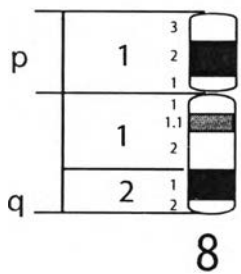
โครโมโซมคู่ที่ 6 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ติดสีเข้มใน band p12 และ p22 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 6 bands พบ subband ถึง 3 subband คือ q11.1, q11.2 และ q11.3 เฉพาะในเซลล์ที่โครโมโซมมีการยืดตัวยาว ส่วนใน band q21, q23 ติดสีเข้มเด่นชัด บางเซลล์ที่โครโมโซมมีการหดตัวสั้นนั้นจะมองเห็นเป็น band เดียว

6



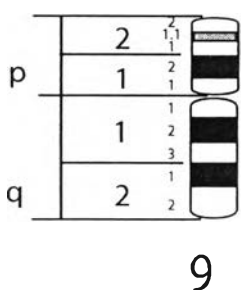
โครโมโซมคู่ที่ 7 โครโมโซมแท่งนี้เด่นชัดโดยแขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ใน band p12 ติดสีเข้มจนเกือบถึงบริเวณเซนโทรเมีย ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 6 bands พบ subband (q11.1) ในบางเซลล์ที่โครโมโซมเซลล์ที่โครโมโซมมีการยืดตัวยาว ส่วนใน band q21 และ q23 ติดสีจาง มีขนาดใหญ่

7



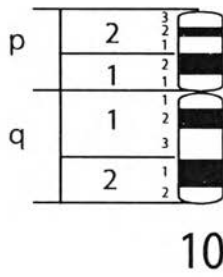
โครโมโซมคู่ที่ 8 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands บริเวณ band p12 ติดสีเข้มขนาดใหญ่เด่นชัดมาก ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 4 bands โดยพบ subband q11.1 ซึ่งมีการติดสีจาง พบเฉพาะในโครโมโซมที่มีการยืดตัวยาว ส่วนใน q21 ซึ่งมีตำแหน่งอยู่ใกล้กับบริเวณเทโลเมียนั้นเด่นชัด เนื่องจากติดสีเข้มและband มีขนาดใหญ่

8

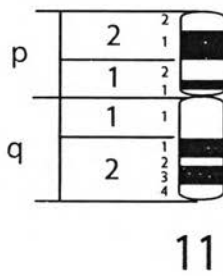


โครโมโซมคู่ที่ 9 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 4 bands ใน band p12 ติดสีเข้มเด่นชัด พบ subband p21.1 เฉพาะในโครโมโซมที่มีการยืดตัวยาว ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ใน band q12 และ q21 เป็นบริเวณที่เด่นชัดเนื่องจากติดสีเข้มและ band มีขนาดใหญ่

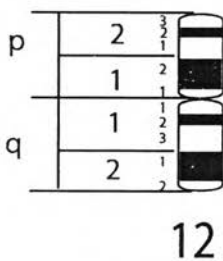
9



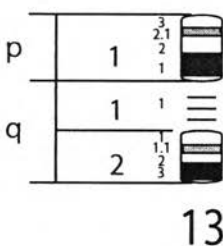
โครโมโซมคู่ที่ 10 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band p12 และ p22 เป็นบริเวณติดสี ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands นั้น บริเวณ band q12 ติดสีจางกว่าบริเวณ band q21



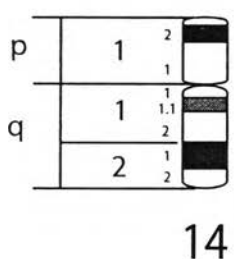
โครโมโซมคู่ที่ 11 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ใน band p11 ติดสีเข้มเด่นชัดอยู่บริเวณใกล้กับเซนโทรเมียร์เช่นเดียวกับใน band p21 ซึ่งอยู่บริเวณใกล้กับเทโลเมียร์ ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ใน band q11 ซึ่งไม่ติดสีนั้นมีขนาดของ band ค่อนข้างใหญ่ ประมาณครึ่งหนึ่งของความยาวของแขนข้างยาว ส่วนบริเวณ band q21 และ q23 ซึ่งเป็นบริเวณติดสีเข้มนั้นหากโครโมโซมมีการหดตัวสั้นมากจะมองเห็นเป็น band เดียว



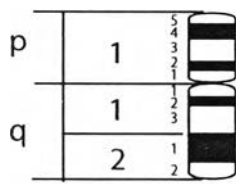
โครโมโซมคู่ที่ 12 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands บริเวณ band p12 เป็นบริเวณที่ติดสีเข้มและband มีขนาดใหญ่ นั้นจะเด่นชัดมากกว่าบริเวณที่ติดสีใน band p22 แขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 และ q21 ติดสีเข้มเด่นชัดทั้งสอง band



โครโมโซมคู่ที่ 13 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 2 bands ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 2 bands บริเวณ band p11 และ q23 ติดสีเข้มและ band มีขนาดใหญ่ ส่วน band q11 เป็นส่วนของ satellite โดยบริเวณนี้จะมีการยึดเหนี่ยวไม่แน่นอน ส่วนในเซลล์ที่มีการยึดตัวยาวจะพบ subband p12.1 และ q21.1

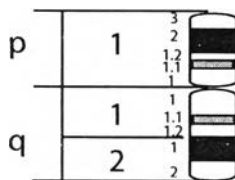


โครโมโซมคู่ที่ 14 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 2 bands ใน band p11 ซึ่งไม่ติดสี band มีขนาดใหญ่เด่นชัดกว่า band p12 ซึ่งมีตำแหน่งใกล้กับบริเวณเทโลเมียร์ติดสีจาง ส่วนในแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 3 bands พบ 1 subband q11.1 ในเซลล์ที่มีการยึดตัวของโครโมโซมมาก ส่วนในband q21 เด่นชัดมากเนื่องจากเป็นบริเวณที่มีการติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่



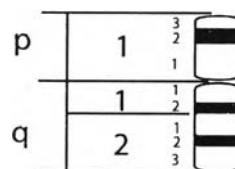
15

โครโมโซมคู่ที่ 15 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 5 bands ใน band p12 ติดสีเข้มกว่าใน p14 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ติดสีเข้มบริเวณ band q 12 และ q21



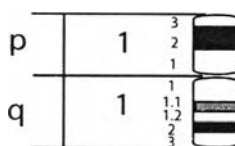
16

โครโมโซมคู่ที่ 16 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 3 bands ติดสีเข้มบริเวณ p12 และ q21 พบ subband p11.1 และ q11.1 เฉพาะโครโมโซมที่มีการยี่ดัวมาก



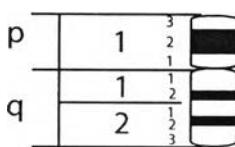
17

โครโมโซมคู่ที่ 17 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ติดสีเข้มเด่นชัดใน band ที่ p12 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ติดสีเข้มบริเวณ band q12 และ q22



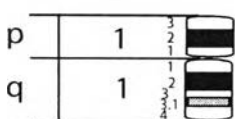
18

โครโมโซมคู่ที่ 18 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands โดย band p12 เด่นชัดเนื่องจากติดสีเข้มและขนาดของ band มีขนาดใหญ่ แขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 3 bands โดยพบ subband q11.1 เฉพาะในโครโมโซมที่มีการยี่ดัวยาว ส่วน band q22 ติดสีเข้มเด่นชัด



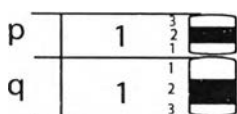
19

โครโมโซมคู่ที่ 19 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands โดย band p12 ติดสีเข้มแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 4 bands ส่วน band p12 ติดสีเข้มและพบ subband p23.1 เฉพาะในโครโมโซมที่มีการยี่ดัวยาว



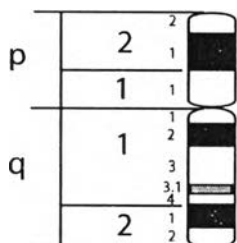
20

โครโมโซมคู่ที่ 20 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands โดย band p12 ติดสีเข้มเด่นชัด แขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 4 bands โดย band q12 ติดสีเข้มเด่นชัดพบ subband q13.1 เฉพาะในโครโมโซมที่มีการยี่ดัวยาว



21

โครโมโซมคู่ที่ 21 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands โดย band p12 ติดสีเข้ม แขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 3 bands โดย band q12 ติดสีเข้ม



X

โครโมโซมเอ็กซ์ แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 3 bands โดย band p21 ติดสีเข้ม แขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands โดย band q12 และ q21 ติดสีเข้มพบ subband q13.1 เฉพาะในโครโมโซมที่มีการยัดตัวมาก



Y

โครโมโซมวายเนื่องจากโครโมโซมมีขนาดเล็กมาก จึงไม่สามารถวิเคราะห์ผล band ได้

1.4 ชะนีแก้มขาว

จากการย้อมสีโครโมโซมแบบธรรมดาของชะนีแก้มขาวเพศผู้และเพศเมีย พบว่าชะนีแก้มขาวมีจำนวนโครโมโซม $2n = 52$ แสดงไว้ดังภาพที่ 4.10 จำนวนโครโมโซมพื้นฐาน (FN) เท่ากับ 97 ในเพศผู้และ 98 ในเพศเมีย การจัดการโครโมโซมจะใช้ค่าเฉลี่ย L_s , L_l , L_t , R_L และ C_l ของโครโมโซมแต่ละแท่ง (ตารางที่ 4.4) เพื่อจัดขนาดและรูปร่างของโครโมโซม จากตารางโครโมโซมร่างกาย 25 คู่ ประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ 16 แท่ง โครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ 8 แท่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดกลาง 14 แท่ง โครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง 6 แท่ง และโครโมโซมชนิดอโครเซนตริกขนาดเล็ก 6 แท่ง ส่วนโครโมโซมเพศพบว่าโครโมโซม X เป็นชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ และโครโมโซม Y เป็นชนิดอโครเซนตริกขนาดเล็กที่สุด ซึ่งสามารถจัดการโครโมโซมของชะนีแก้มขาวเพศผู้และเพศเมีย แสดงไว้ดังภาพที่ 4.10

ดังนั้นสามารถเขียนสูตรโครโมโซมของชะนีแก้มขาวได้ดังนี้

$$\text{เพศผู้ } 2n (52) = L_{16}^m + L_8^{sm} + M_{14}^m + M_6^{sm} + S_6^a + XY$$

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

$$\text{เพศเมีย } 2n (52) = L_{16}^m + L_8^{sm} + M_{14}^m + M_6^{sm} + S_6^a + XX$$

$$\text{หรือ } 2n (52) = L_{16}^m + L_{10}^{sm} + M_{14}^m + M_6^{sm} + S_6^a$$

สำหรับการจัดการโครโมโซมจากโครโมโซมแบบแถบสีจีได้ดังภาพที่ 4.11 ส่วนอิดิโอแกรมแสดงไว้ในภาพที่ 4.12

ตารางที่ 4.4 ค่า Ls, LI, LT, RL, CI และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานขนาดและรูปร่างของโครโมโซมของ
 ชะนีแก้มขาว (2n = 52) จากจำนวนเซลล์ 60 เซลล์

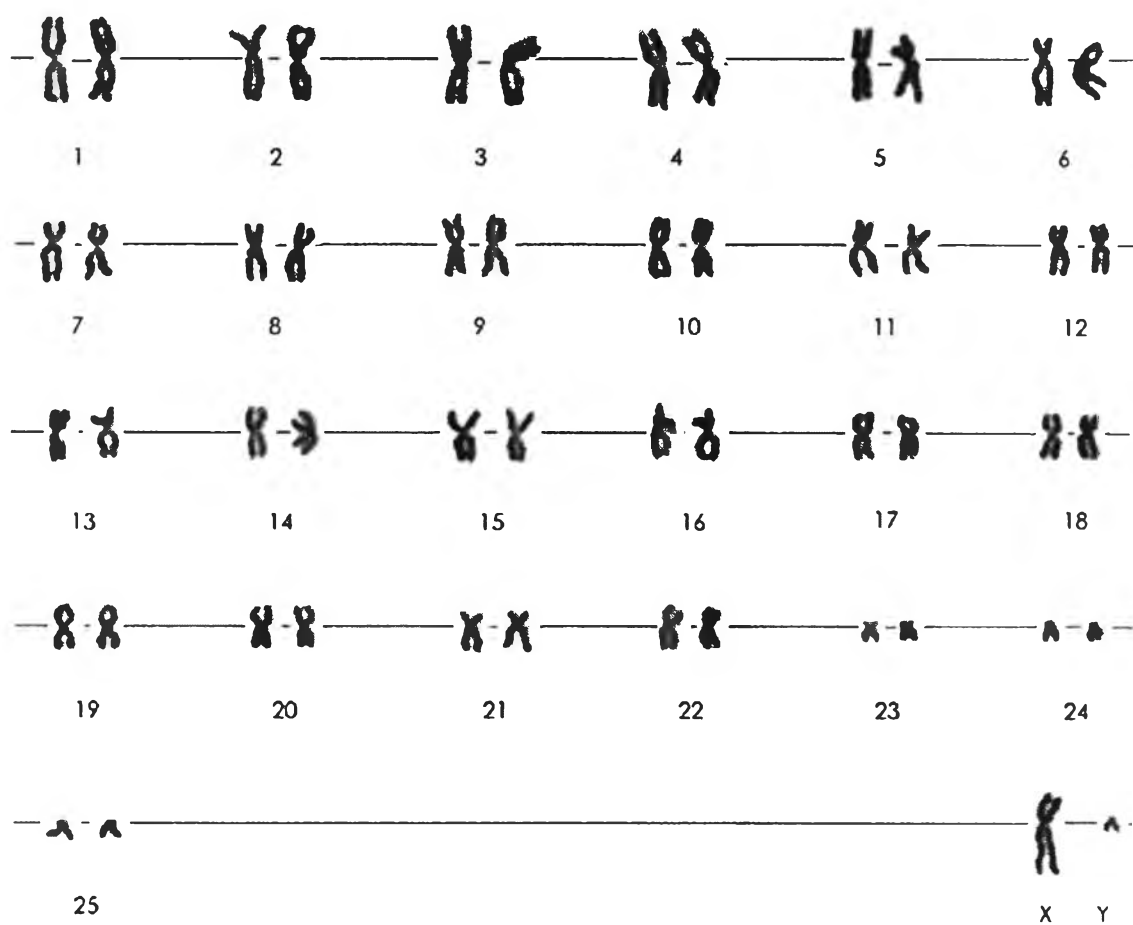
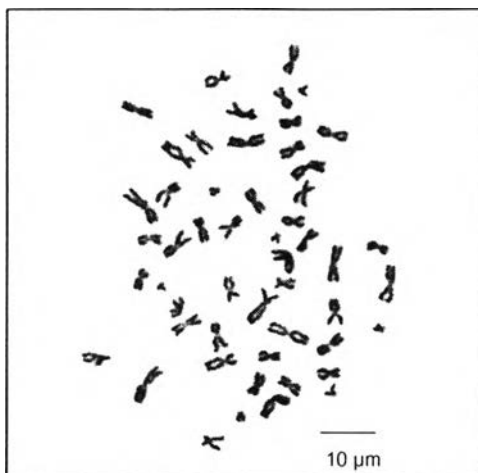
โครโมโซม	Ls	LI	LT	RL ± SD	CI ± SD	ขนาด	รูปร่าง
1	0.54	0.72	1.26	0.057 ± 0.0032	0.571 ± 0.0310	L	m
2	0.54	0.62	1.16	0.053 ± 0.0037	0.534 ± 0.0542	L	m
3	0.52	0.62	1.14	0.052 ± 0.0018	0.544 ± 0.0420	L	m
4	0.52	0.60	1.12	0.051 ± 0.0017	0.536 ± 0.0296	L	m
5	0.50	0.60	1.10	0.050 ± 0.0020	0.545 ± 0.0399	L	m
6	0.32	0.64	0.96	0.045 ± 0.0017	0.667 ± 0.0345	L	sm
7	0.38	0.58	0.96	0.044 ± 0.0011	0.604 ± 0.0448	L	sm
8	0.38	0.57	0.95	0.043 ± 0.0014	0.600 ± 0.0385	L	sm
9	0.42	0.50	0.92	0.042 ± 0.0011	0.543 ± 0.0430	L	m
10	0.40	0.50	0.90	0.041 ± 0.0008	0.556 ± 0.0445	L	m
11	0.32	0.50	0.82	0.037 ± 0.0022	0.610 ± 0.0399	L	sm
12	0.40	0.42	0.82	0.037 ± 0.0017	0.512 ± 0.0536	L	m
13	0.32	0.48	0.80	0.036 ± 0.0010	0.600 ± 0.0573	M	sm
14	0.36	0.44	0.80	0.036 ± 0.0021	0.550 ± 0.0555	M	m
15	0.30	0.46	0.76	0.035 ± 0.0019	0.605 ± 0.0461	M	sm
16	0.34	0.40	0.74	0.034 ± 0.0021	0.541 ± 0.0431	M	m
17	0.34	0.38	0.72	0.033 ± 0.0013	0.528 ± 0.0377	M	m
18	0.34	0.36	0.70	0.032 ± 0.0011	0.514 ± 0.0229	M	m
19	0.34	0.36	0.70	0.032 ± 0.0024	0.514 ± 0.0545	M	m
20	0.34	0.36	0.70	0.032 ± 0.0020	0.514 ± 0.0397	M	m
21	0.26	0.44	0.70	0.032 ± 0.0019	0.629 ± 0.0509	M	sm
22	0.30	0.34	0.64	0.029 ± 0.0019	0.531 ± 0.0455	M	m
23	0.10	0.30	0.40	0.018 ± 0.0010	0.750 ± 0.0146	S	a
24	0.10	0.28	0.38	0.017 ± 0.0013	0.737 ± 0.0255	S	a
25	0.10	0.26	0.36	0.016 ± 0.0016	0.722 ± 0.0196	S	a
X	0.34	0.80	1.14	0.052 ± 0.0018	0.635 ± 0.0223	L	a
Y	0.10	0.24	0.34	0.015 ± 0.0002	0.706 ± 0.0010	S	a

หมายเหตุ

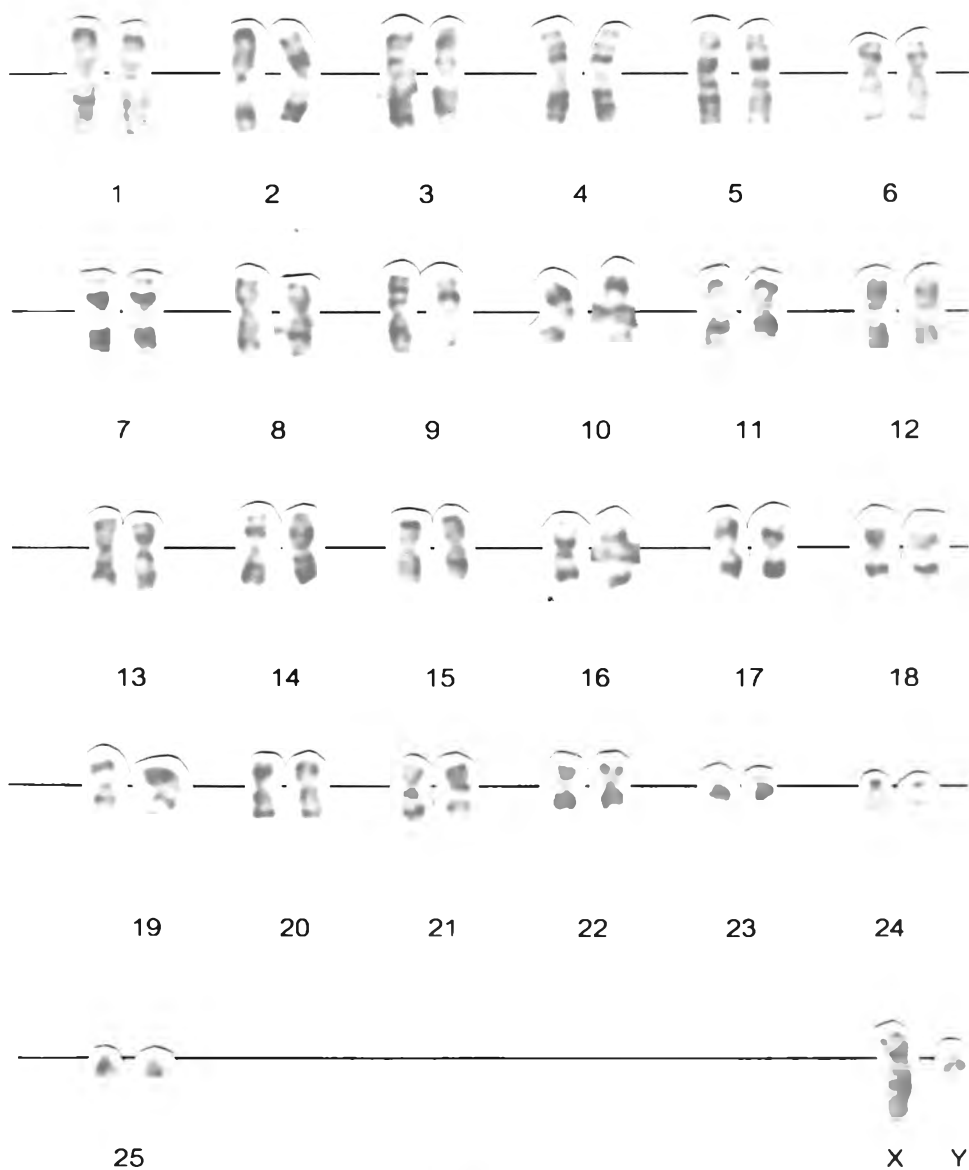
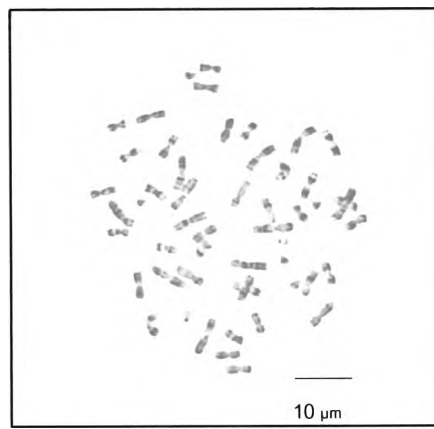
L คือโครโมโซมขนาดใหญ่ M คือโครโมโซมขนาดกลาง S คือโครโมโซมขนาดเล็ก

m คือโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริก sm คือโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริก

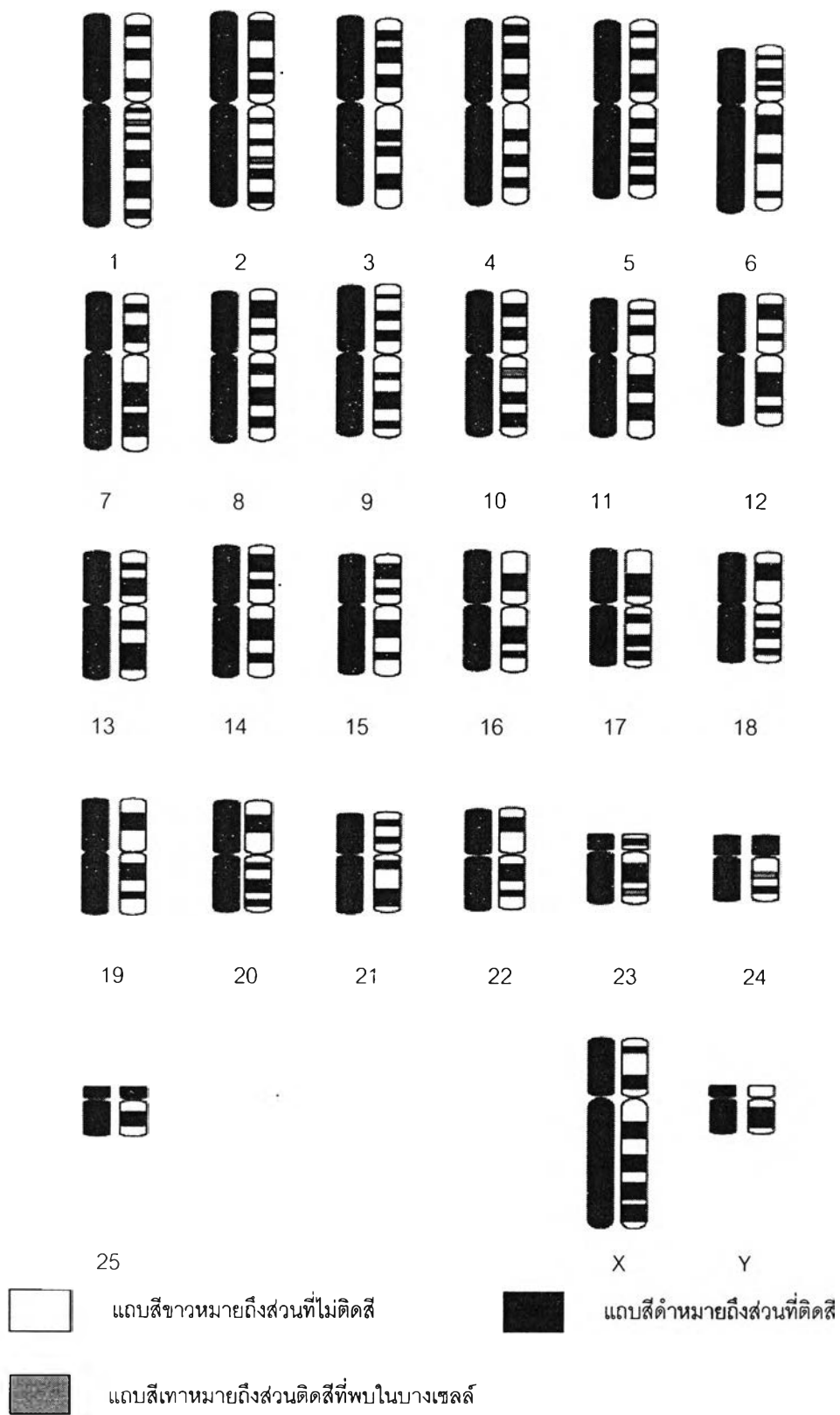
a คือโครโมโซมชนิดอโครเซนตริก *q คือโครโมโซมที่พบ satellites บนแขนข้างยาว



ภาพที่ 4.10 โครโมโซมระยะเมทาเฟสคาริโอไทป์ของชะนีแก้มขาวเพศผู้จากการย้อมสีแบบธรรมดา

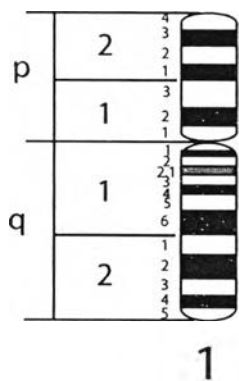


ภาพที่ 4.11 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชะนีแก้มขาวเพศผู้จากการย้อมสีแบบแถบสีจี



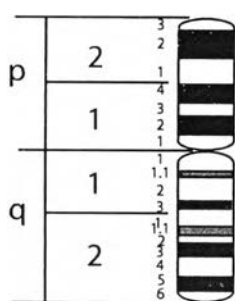
ภาพที่ 4.12 อิติโอแกรมจากการย้อมสีแบบธรรมดา (แท่งชาย) และแถบสีจี (แท่งขวา) ของขณะนี้ แก้มขาว

จากการศึกษาคาริโอไทป์ เพื่อนำมาเขียนแผนภาพอิดิโอแกรมจากการย้อมสีแบบแถบจี ของชะนีแก้มขาวในสกุลย่อย *Nomascus* มีรายละเอียดดังนี้



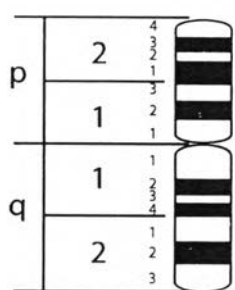
โครโมโซมคู่ที่ 1 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band p12 และ p12 ติดสีจางกว่า band p23 สำหรับแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 11 bands ติดสีเข้มบริเวณ q11, q14, q16, q22 และ q24 พบ subband q2.1 เฉพาะในเซลล์ที่โครโมโซมมีการยี่ดตัวยาว

1



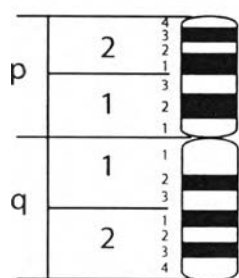
โครโมโซมคู่ที่ 2 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band p12, p14 และ p22 ติดสีเข้ม สำหรับแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 9 bands ซึ่ง band q13, q23 และ q25 ติดสีเข้ม พบ subband q11.1 และ q21.1 เฉพาะในเซลล์ที่โครโมโซมมีการยี่ดตัว

2



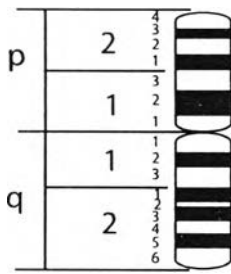
โครโมโซมคู่ที่ 3 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band p23 และ p21 ติดสีเข้มกว่า band q12 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ติดสีเข้ม band q12, q14 และ q23

3



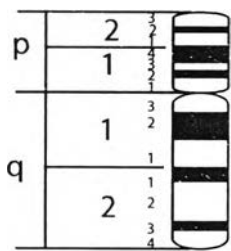
โครโมโซมคู่ที่ 4 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มกว่า band p21 และ p23 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ติดสีเข้มบริเวณ band q12, q21 และ q23

4



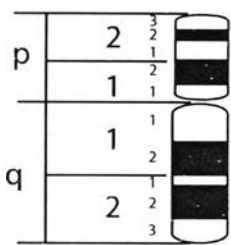
5

โครโมโซมคู่ที่ 5 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มกว่า band p21 และ p23 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 9 bands ติดสีเข้มบริเวณ q12, q21, q23 และ q25 ในบางเซลล์ที่มีการหดตัวสั้นจะมองเห็นบริเวณ q21 และ q23 เป็น band เดียว



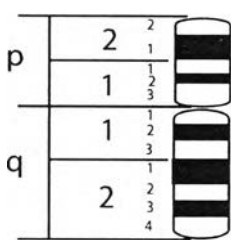
6

โครโมโซมคู่ที่ 6 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band p22 และ p14 ติดสีเข้มกว่า band p12 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ติดสีเข้มบริเวณ q23 มากกว่าบริเวณ q12 และ q21



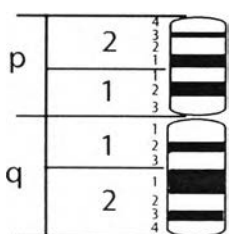
7

โครโมโซมคู่ที่ 7 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มกว่า p22 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง bands q22 ติดสีเข้มมากกว่า q12



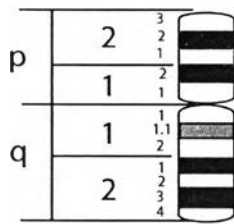
8

โครโมโซมคู่ที่ 8 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่งติดสีบริเวณ p12 และ p21 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band q12 และ q23 ติดสีจางกว่าบริเวณ q21



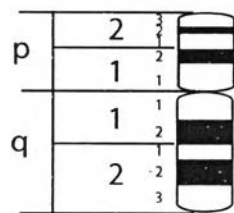
9

โครโมโซมคู่ที่ 9 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่งติดสีบริเวณ p12, p21 และ p23 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 region 7 bands ซึ่ง band q12 และ q23 ติดสีจางกว่า q21



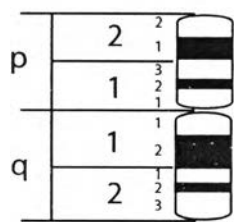
10

โครโมโซมคู่ที่ 10 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band p12 และ p 22 ติดสีเข้ม แขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 6 bands พบ subband q11.1 ในเซลล์ที่มีการยึดตัวของโครโมโซมมาก ติดสีเข้มบริเวณ band q21 และ q23



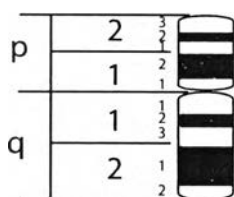
11

โครโมโซมคู่ที่ 11 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band p12 ติดสีจางกว่า p22 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 ติดสีเข้มกว่า q22



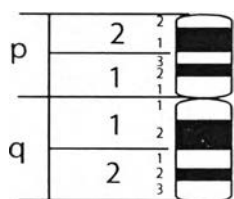
12

โครโมโซมคู่ที่ 12 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band p12 ติดสีจางกว่า p21 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 และ q22 ติดสีเข้ม



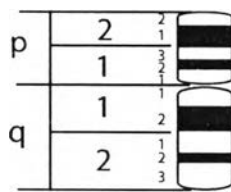
13

โครโมโซมคู่ที่ 13 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 region 5 bands ซึ่ง band p12 และ p22 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 และ q21 ติดสีเข้ม



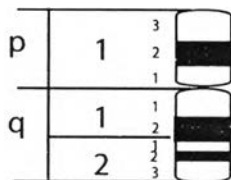
14

โครโมโซมคู่ที่ 14 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 5 bands ซึ่ง band p12 ติดสีจางกว่า p21 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 ติดสีเข้มกว่า q22



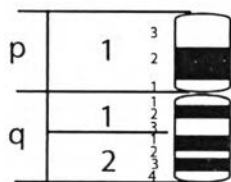
15

โครโมโซมคู่ที่ 15 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band ที่ p12 และ p21 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 ติดสีเข้มเด่นชัดกว่า band q22



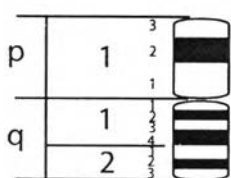
16

โครโมโซมคู่ที่ 16 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่ ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 และ q22 ติดสีเข้ม



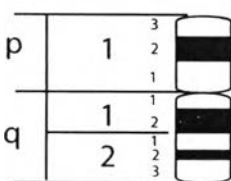
17

โครโมโซมคู่ที่ 17 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่ ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ติดสีเข้ม บริเวณ band q12, q21 และ q23 บางเซลล์ที่โครโมโซมมีการหดตัวสั้นมากจะมองเห็น band q21 และ q23 เป็น band เดียว



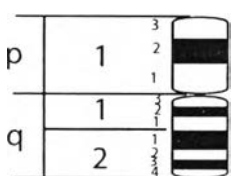
18

โครโมโซมคู่ที่ 18 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่ ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ติดสีเข้มบริเวณ q12, q14 และ q22



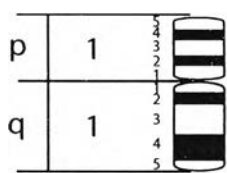
19

โครโมโซมคู่ที่ 19 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่ ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands ซึ่ง band q12 ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่กว่า band q22



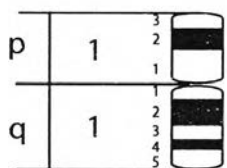
20

โครโมโซมคู่ที่ 20 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่ ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 7 bands ซึ่ง band q21 ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่กว่า band q12 และ q23



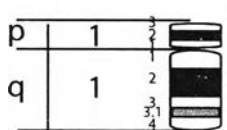
21

โครโมโซมคู่ที่ 21 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 5 bands ซึ่งติดสีบริเวณ band p12 และ p14 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 5 bands ซึ่ง band q14 และ q12 ติดสีเข้ม



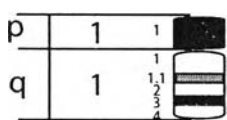
22

โครโมโซมคู่ที่ 22 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ติดสีเข้มบริเวณ p12 ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 2 bands ซึ่ง band q12 ติดสีเข้มกว่า q14



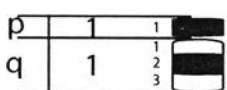
23

โครโมโซมคู่ที่ 23 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band p12 ติดสี ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 4 bands ติดสีเข้มและมีขนาดใหญ่บริเวณ band q12 พบ subband p13.1 ในเซลล์ที่มีการยีสต์ตัวของโครโมโซมมาก



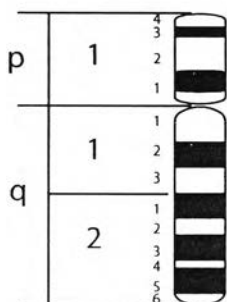
24

โครโมโซมคู่ที่ 24 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 1 band คือ band p11 ติดสีเข้มเด่นชัดมาก ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 4 bands พบ subband q11.1 ในเซลล์ที่มีการยีสต์ตัวของโครโมโซมมากและ band q13 ติดสี



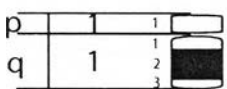
25

โครโมโซมคู่ที่ 25 แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 1 band คือ band p11 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 3 bands ติดสีเข้มบริเวณ band q12



X

โครโมโซมเอ็กซ์ แขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 4 bands ซึ่ง band p11 และ p13 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 9 bands ซึ่ง band q12, q23 และ q26 ติดสีจางกว่า q21 บางเซลล์ที่มีการหดตัวโครโมโซมสั้นมากจะมองเห็น q23 และ q26 เป็น band เดียว



Y

โครโมโซมวาย แขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 1 band คือ p11 ซึ่งไม่ติดสี ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band q12 ติดสีเข้มเด่นชัด

1.5 ชะนีเขี้ยวมังก์ (*Symphalungus syndactylus*)

จากการย้อมสีโครโมโซมแบบธรรมดาของชะนีเขี้ยวมังก์เพศผู้และเพศเมีย พบว่าชะนีเขี้ยวมังก์มีจำนวนโครโมโซม $2n = 50$ แสดงไว้ดังภาพที่ 4.13 จำนวนโครโมโซมพื้นฐาน (FN) เท่ากับ 98 ในเพศเมีย การจัดการโครโมโซมจะใช้ค่าเฉลี่ย L_s , L_l , L_t , R_L และ C_l เพื่อจัดขนาดและรูปร่างของโครโมโซม (ตารางที่ 4.5) จากตารางโครโมโซมร่างกาย 24 คู่ ประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ 18 แห่ง โครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดใหญ่ 2 แห่ง โครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดกลาง 16 แห่ง โครโมโซมชนิดเทโลเซนตริกขนาดกลาง 2 แห่ง โครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริกขนาดกลาง 2 แห่งและโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริกขนาดเล็ก 10 แห่ง ส่วนโครโมโซมเพศนั้นไม่สามารถบอกได้ว่าโครโมโซมคู่ใดเป็นโครโมโซมเพศ เนื่องจากไม่มีคู่ของโครโมโซมใดแตกต่างกันให้เห็นชัดเจน ซึ่งสามารถจัดการโครโมโซมของชะนีเขี้ยวมังก์เพศเมีย แสดงไว้ดังภาพที่ 4.13 ส่วนอิดิโอแกรมแสดงไว้ดังภาพที่ 4.14

ดังนั้นสามารถเขียนสูตรโครโมโซมของชะนีเขี้ยวมังก์ได้ดังนี้

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

ตารางที่ 4.5 ค่า Ls, LI, LT, RL, CI และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานขนาดและรูปร่างของโครโมโซมของ
ชะนีเขี้ยว (2n = 50) จากจำนวนเซลล์ 20 เซลล์

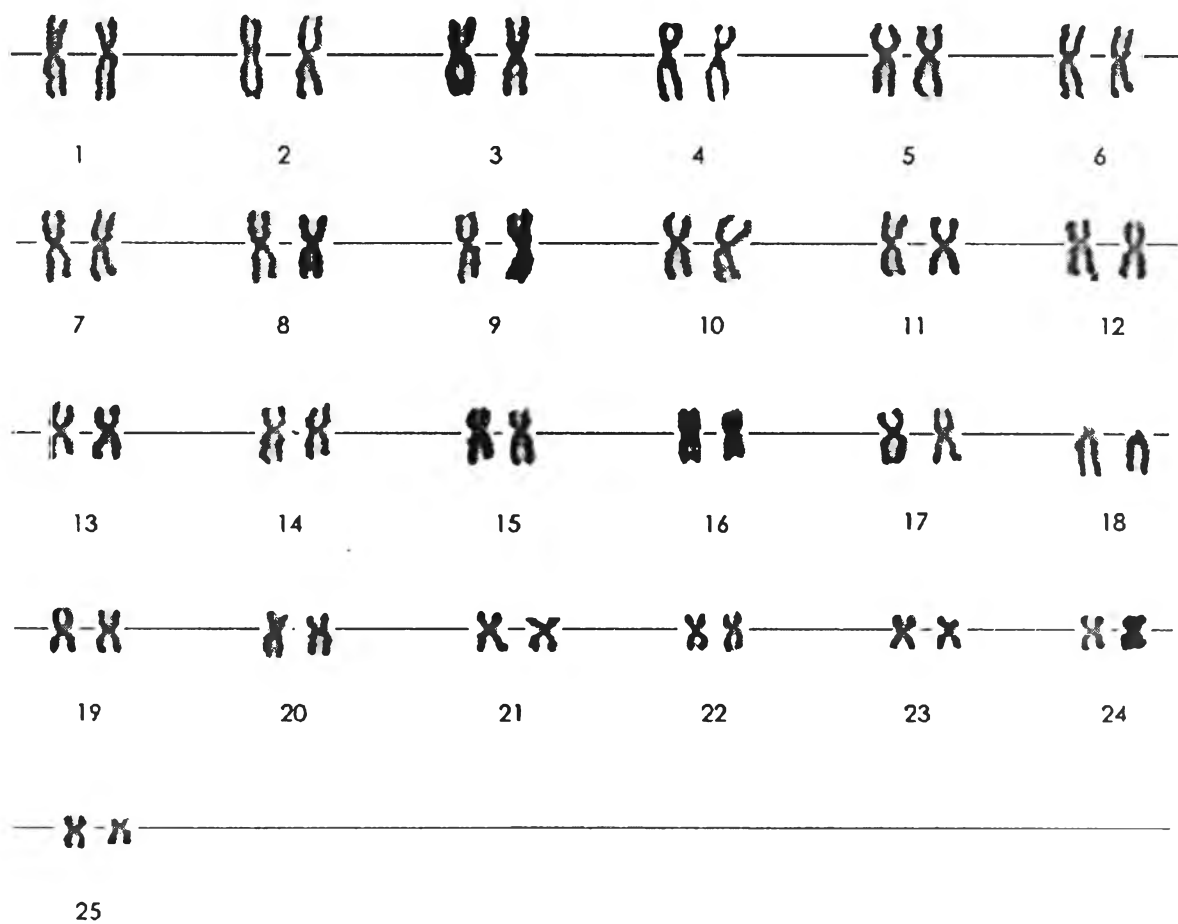
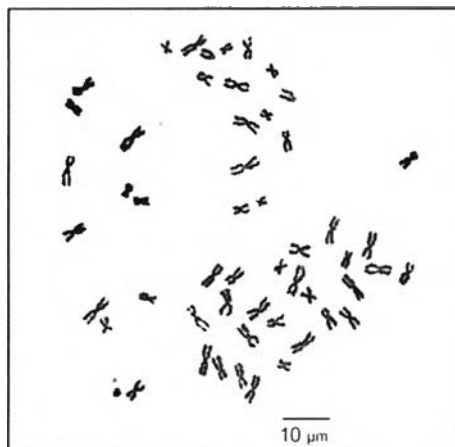
โครโมโซม	Ls	LI	LT	RL \pm SD	CI \pm SD	ขนาด	รูปร่าง
1	0.40	0.58	0.98	0.059 \pm 0.0032	0.583 \pm 0.0310	L	m
2	0.42	0.54	0.96	0.060 \pm 0.0037	0.551 \pm 0.0542	L	m
3	0.40	0.50	0.90	0.055 \pm 0.0018	0.556 \pm 0.0420	L	m
4	0.36	0.50	0.90	0.055 \pm 0.0018	0.600 \pm 0.0160	L	sm
5	0.34	0.50	0.84	0.055 \pm 0.0017	0.595 \pm 0.0296	L	m
6	0.40	0.44	0.84	0.052 \pm 0.0020	0.524 \pm 0.0399	L	m
7	0.40	0.42	0.82	0.050 \pm 0.0017	0.512 \pm 0.0345	L	m
8	0.40	0.40	0.80	0.049 \pm 0.0011	0.500 \pm 0.0448	L	m
9	0.34	0.40	0.74	0.045 \pm 0.0014	0.541 \pm 0.0385	L	m
10	0.32	0.40	0.72	0.044 \pm 0.0011	0.556 \pm 0.0430	L	m
11	0.32	0.36	0.68	0.042 \pm 0.0022	0.529 \pm 0.0445	M	m
12	0.30	0.36	0.66	0.041 \pm 0.0017	0.545 \pm 0.0399	M	m
13	0.30	0.30	0.60	0.037 \pm 0.0010	0.500 \pm 0.0536	M	m
14	0.30	0.30	0.60	0.037 \pm 0.0021	0.500 \pm 0.0573	M	m
15	0.26	0.34	0.60	0.037 \pm 0.0019	0.567 \pm 0.0555	M	m
16	0.26	0.32	0.58	0.036 \pm 0.0021	0.552 \pm 0.0461	M	m
17	0.22	0.34	0.56	0.034 \pm 0.0013	0.607 \pm 0.0431	M	sm
18	0.05	0.50	0.55	0.034 \pm 0.0011	0.909 \pm 0.0377	M	t
19	0.26	0.28	0.54	0.033 \pm 0.0024	0.519 \pm 0.0229	M	m
20	0.24	0.30	0.54	0.033 \pm 0.0020	0.556 \pm 0.0545	M	m
21	0.20	0.26	0.46	0.028 \pm 0.0019	0.565 \pm 0.0397	S	m
22	0.20	0.20	0.40	0.025 \pm 0.0019	0.500 \pm 0.0509	S	m
23	0.18	0.18	0.36	0.022 \pm 0.0010	0.500 \pm 0.0455	S	m
24	0.18	0.18	0.36	0.022 \pm 0.0013	0.500 \pm 0.0146	S	m
25	0.16	0.16	0.32	0.020 \pm 0.0016	0.500 \pm 0.0255	S	m

หมายเหตุ

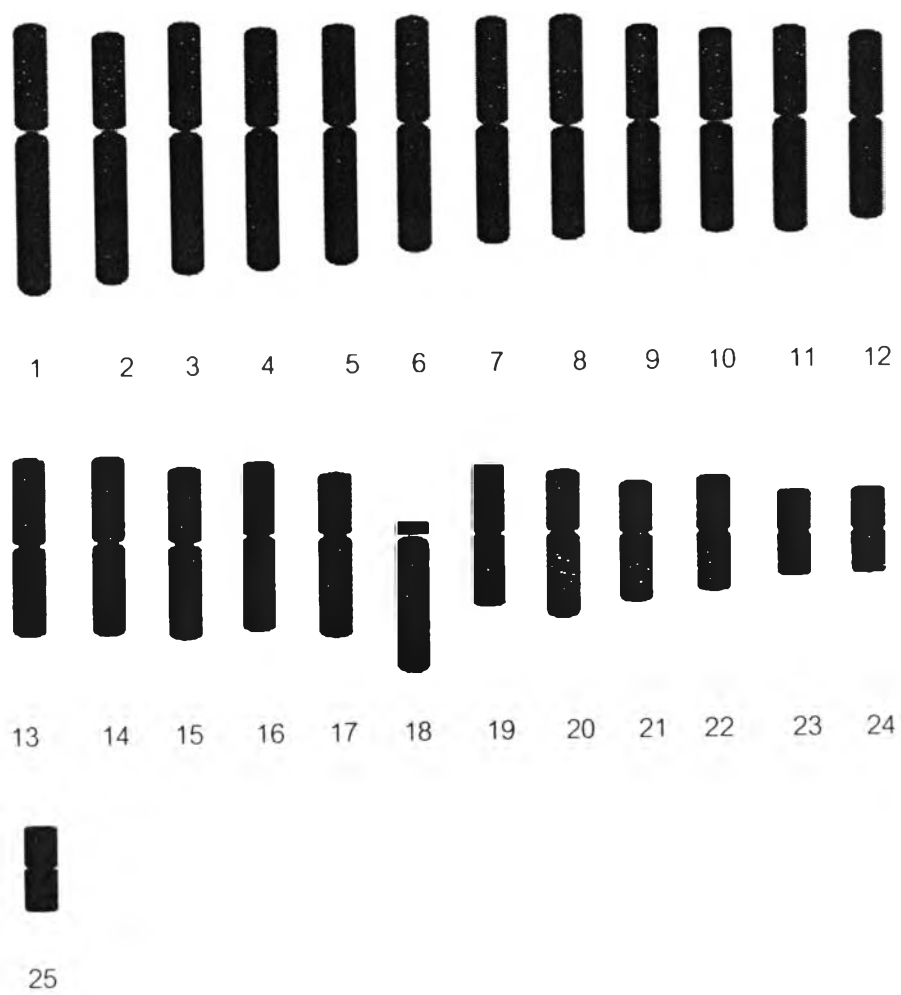
L คือโครโมโซมขนาดใหญ่ M คือโครโมโซมขนาดกลาง S คือโครโมโซมขนาดเล็ก

m คือโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริก sm คือโครโมโซมชนิดซับเมตาเซนตริก

a คือโครโมโซมชนิดอโครเซนตริก *q คือโครโมโซมที่พบ satellites บนแขนข้างยาว



ภาพที่ 4.13 โครโมโซมระยะเมทาเฟสและคาริโอไทป์ของชะนีเขี้ยวคังคังเพศเมียจากการย้อมสีแบบธรรมดา



ภาพที่ 4.14 อิติโอแกรมจากการย้อมสีแบบธรรมดาของชะนีเซียมังค์

2. การศึกษาความแปรผันของนิวคลีโอไทด์บริเวณ D-loop ของยีน Phe-tRNA ใน โมโตคอนเดรียดีเอ็นเอ

จำนวนเบสทั้งหมดในบริเวณ D-loop ของ Phe-tRNA ก่อนการจัดเรียงมีขนาด 1,100 bp (*Hylobates lar*) ถึง 1,134 bp (*Symphalangus syndactylus*) เมื่อนำมาจัดเรียงร่วมกับลำดับเบสบริเวณเดียวกันของชะนี *Bunopithecus hoolock*, *Nomascus gabriellae*, มนุษย์และชิมแปนซีอีก 2 ชนิดคือ *Pan paniscus* และ *Pan troglodytes* ทำให้มีความยาวทั้งสิ้น 1,410 bp (ดังภาพที่ 4.15) แต่ในการวิเคราะห์ข้อมูลจำเป็นต้องตัดบริเวณ gap ที่ไม่สามารถจัดเรียงได้อย่างมั่นใจ จึงเหลือจำนวนเบสที่ใช้ในการวิเคราะห์ 1,231 bp จากการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสพบว่ามีจำนวนเบสที่ไม่เปลี่ยนแปลง 966 ตำแหน่ง จำนวนเบสที่มีการแทนที่ 438 ตำแหน่ง อัตราส่วนการแทนที่เบสแบบ transition: transversion เท่ากับ 1.3 ค่าแทนที่เบสตามแบบจำลองการแทนที่เบสของ Tamura-Nei ดัง(ตารางที่ 4.6) ระหว่างสกุลย่อยทั้งสาม (*Symphalangus*, *Hylobates* และ *Nomascus*) มีค่าใกล้เคียงกัน แต่เมื่อพิจารณาถึงค่าการแทนที่เบสระหว่างสกุลย่อย *Bunopithecus* กับสามสกุลย่อยนี้ พบว่าการแทนที่เบสระหว่างสกุลย่อย *Bunopithecus* กับสกุลย่อย *Hylobates* และระหว่างสกุลย่อย *Bunopithecus* กับสกุลย่อย *Symphalangus* นั้นมีค่าต่ำกว่าค่าการแทนที่เบสระหว่าง *Bunopithecus* กับสกุลย่อย *Nomascus*

ผลการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการ โดยใช้ค่าการแทนที่เบสแสดงดังภาพที่ 4.25 ผลการวิเคราะห์พบว่าสายวิวัฒนาการสกุลย่อย *Nomascus* เป็นกิ่งแรกที่แยกออกมาจากสายวิวัฒนาการสกุลย่อยอื่น จากนั้นสายวิวัฒนาการสกุลย่อย *Hylobates* จึงแยกออกจากสายวิวัฒนาการร่วมระหว่างสกุลย่อย *Symphalangus* และ *Bunopithecus* ซึ่งสายวิวัฒนาการสองสกุลย่อยนี้ ต่อมาภายหลังจึงแยกออกมาจากกัน ภายในสกุลย่อย *Hylobates* ชะนีทั้งสามชนิด (*H. lar*, *H. pileatus* และ *H. agilis*) มีความใกล้ชิดกันมากและอยู่ในกิ่งเดียวกัน

```

[           10           20           30           40           50]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      TATTCT--CGTGTGGAAGTAATTTTGGGTACAACCCAGTATCG----AT
H_lar          TATTCT--CATGTGGAAGCCATTTTGGGTACAACCCAGTACTAACCCA-
H_Pileatus     TATTCT--CATGTGGAAGCCATTTTGGGTACAACCCAGTACTAACCCA-
H_agilis       TATTCT--CATGTGGAAGCCATTTTGGGTACAACCCAGTACTAACTCA-
S_syndactylus  TATTCT--CATGTGGAAGCTGTTTTGAGTACAACCCTAGTAC-AACCCAT
N_leucogenys   TATTCT--CATGTGGAAGCCATTTTAAGTACAACCCAGTACTAGCCCG-
N_gabriellae   CATTCT--CATGTGGAAGCCATTTTAAGTACAACCCAGTACTAGCCCA-
Human          CATTCTTTCATGGGGAAGCAGATTTGGGTACCACCCAAGTATTGACTCAC
Pan_paniscus   CATTCTTTCATGGGGAAGCAAATTTAAGTGCCACCCAAGTATTGGCTCAT
Pan_troglodytes CATTCTTTCATGGGGAAGCAAATTTAAGTACCACCTAAGTACTGGCTCAT
.....*

[           60           70           80           90           100]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      CTATCCCCTAT----AA---TTT-TATGTACTTCGTACATTACTGCTAGC
H_lar          CT--CC--TC-CA-CAAC--TC--TATGTACTTCGTACATTACTGCCAGT
H_Pileatus     CT--CC--TC-CA-CAAC--TC--TATGTACTTCGTACATTACTGCCAGT
H_agilis       CT--CC--TC-CA-CAAC--TC--TATGTACTTCGTACATTACTGCCAGT
S_syndactylus  TTT-CC-----CATGACC--T---TATGTACTTCGTACATTACTGCTAGT
N_leucogenys   ----CCCC---CA---ACGATTT-TATGTACTTCGTACATTAATGCCAGC
N_gabriellae   ----CCC----C--CA-CGATTTCTATGTATTTTCGTACATTAATGCTAGT
Human          CCATC----ATCAACAACCGC---TATGTATTTTCGTACAT-ACTGCCAGC
Pan_paniscus   TCA-C---TATAA----CCGC---TATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGC
Pan_troglodytes TCA-C---TATAA----CCGC---TATGTATTTTCGTACATTACTGCCAGC
*****.....

[           110          120          130          140          150]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      CCCCATGGATATTGTACAGTACTTTAAT--C-ACTTAACTAAGTGTAGTA
H_lar          CCCCATGCATATTGTACAGTACTATAAT--C-ACTTAAATAACTGTAGTA
H_Pileatus     CCCCATGCATATTGTACAGTACTATAAT--C-ACTTAAATAACTGTAGTA
H_agilis       CCCCATGCATATTGTACAGTACTATAAT--C-ACTTAAATAACTGTAGTA
S_syndactylus  CCCCATGAATATTGTACAGCACTATAAT--T-GCATAACTAACTATAGAA
N_leucogenys   CCCCATGAATATTGTACGGTACTAAAATATT-ACTTAACTAACTATAGAA
N_gabriellae   CCCCATGGATATTGTACGGTACTAGAAAATT-ACTTAACTAACTATAGAA
Human          CACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTACTTAGCTACCTGTAGTA
Pan_paniscus   CACCATGAATATTACATAGTACTATAAT--C-ATTTAACCACCTATAACA
Pan_troglodytes CACCATGAATGTTACATAGTATTACAAT--C-ACCCAACCACCTATAGCA
.....

[           160          170          180          190          200]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      CA-TAAAC--CCA-CAATCGT-----ACATACCAAGCAATCCAACCGC
H_lar          CA-TTAC---CCACCAACCGT-----ACATACAAACGACCCCAACATGC
H_Pileatus     CA-TTAC---CCATCAAACGT-----ACATACAAACGACCCCAACATGC
H_agilis       CA-TTAC---CCATCAAACGT-----ACATACAAACGACCCCAACATGC
S_syndactylus  CA-TAAC---CCATCAACCGT-----ACATATCAAGCAAGCCAACAAGC
N_leucogenys   CA-TACACTGC---CAAACGC-----ACATATTAAGTAACGCAACATGC
N_gabriellae   CAGTACA---CCACCAACCGT-----ACATACCAAGTAAGACAACATGC
Human          CATTAAAA--CC--CAACC-----CACATCAAAATCCTACCCCATGC
Pan_paniscus   CA-TAA-----AACC-TACATCCACATTAACCCCAACCCCATGC
Pan_troglodytes CA-TAG-----AATCCTACATCCACATTAACCCCTTCCCCCATGC
.....*****.....

```

ภาพที่ 4.15 ลำดับดีเอ็นเอของชะนีและ outgroup ที่ใช้ในการจัดเรียง (alignment) ตัวเลขและจุด (.) ใน [] คือตำแหน่งเบส * ใต้ตำแหน่งเบสคือเบสตำแหน่งนั้นไม่ได้ใช้ในการวิเคราะห์ และจุด (.) ใต้ตำแหน่งเบสคือเบสที่ใช้ในการวิเคราะห์

```

[           210           220           230           240           250]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      TTACAAGCAAGCAC--CAAAATAC--CTTAACCAATGTAGAACATCCA-
H_lar          TTACAAGCAAGCAC--CAGC--ACATCTTGACTAACTGTAGAGCATCCA-
H_pileatus     TTACAAGCAAGCAC--CAGC--ACATCTTGACTAACTGTAGAGCATCCA-
H_agilis       TTACAAGCAAGCAC--CAAC--ACACCTTGACTAACTGTAGAGCATCCA-
S_syndactylus TTATAAGCAAGCAC--TAGAATCC--CTTAACTAACTGTAAAACATTCA-
N_leucogenys   TTACAAGCAGGAAC--CAGCATA--CTCCGACAACGTGCAAGACATCCA-
N_gabriellae   TTACAAGCAAGAAC--CAGCATA--CTCCAACAATAAAAACATCCAC
Human          TTACAAGCAAGTACAGCAATCAAC--CTT---CAACTGTCACACATCAAC
Pan_paniscus   ATATAAGCACGAACAATAATCGAC--CT---CCAAGTTCGAACATAAAC
Pan_troglodytes TTACAAGCACGCACAACAATCAAC--CT---CCAAGTTCGAACATAAAC
.....*.....*.....*

[           260           270           280           290           300]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      --CTCCAA-CCCC-AC---TAC--A-ATCCTCCCCAACATGCTTACCAAC
H_lar          --CTTCA--CTCTCAC---GAC--ATA-----AACA-G-----CAAC
H_pileatus     --CTTCA--CTCTCAC---GAC--ATA-----AACA-G-----CAAC
H_agilis       --TTTCA--CTCTCAC---GAC--ATA-----AACA-G-----CAAC
S_syndactylus --TCCCAA--TCCCACCAT--CAAATT--CTTACTAACATGCGTATCAAC
N_leucogenys   --TCCT-A-CTCCAAC-AT-CCCAA--CCCAATCAACACGCGTATCAAC
N_gabriellae   CA-TT--A-CT-CCAACAT--TCCAAG-CCCAGTAAACACGCGTATCAAC
Human          TG---CAA-CTCCAAA---GCCAC---CCCTCACCCTAGGATACCAAC
Pan_paniscus   TGC--CAACCC-CAA---GACAC---TCCCCCCCACCCCGATACCAAC
Pan_troglodytes TGC--CAACCC-CAA---GACAC---TCCCCCCCACCCCTAATACCAAC
.....*.....*.....*

[           310           320           330           340           350]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      C---AG-----CAAGACCATCCATCATT--GGACA
H_lar          C---AG-----TAAAGATAGTCCA-TCTAAAGGGCA
H_pileatus     C---AG-----TAAAGATAGTCCA-TCTAAAGGGCA
H_agilis       C---AG-----TAAAGATAGTCCA-TCTAAAGGGCA
S_syndactylus CGATAGGCTCCTTCC-----ATAACGTAATCCACTCGTAGGGCA
N_leucogenys   CGAT-----AAAGATAATCCATCCT---GGGCA
N_gabriellae   CGAC-----AAAGATAGTCCACTCC---GGACA
Human          AAA-----CCTACCCACCCTTAAACAGTA-----CA
Pan_paniscus   AAA-----CCTGACCGTCTTAAACAGTA-----CA
Pan_troglodytes AAA-----CCTACCCGTCTTAAACAGTA-----CA
.....*.....*.....*

[           360           370           380           390           400]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      T--GGCACATTTCGTTTATTAC--CGT-----ACATGC-AGACCTTTC-
H_lar          TAATG--CACTCATTCATTCAC--CGC-----ACATACAAACTCCCTA-
H_pileatus     TAATG--CACTCATTCATTCAC--CGC-----ACATACAAACTCCCTA-
H_agilis       TAATG--CACTCATTCATTCAC--CGC-----ACATACAAACTCCCTA-
S_syndactylus T--GGCACATACGTTTATTAT--CGT-----ACATACTAAACCCAAT-
N_leucogenys   T--AGCACATTAATCGTTTATTGCG-----CATAACACGCCATCT-
N_gabriellae   T--GGCACATTAACGTTCAT--CGT-----ACATA--A---CATGTT
Human          T--AGGACAT-AAGTCATTTCC--CGT-----ACATAGCA---CATTAC
Pan_paniscus   T--AGGACATA---CAATTA---CAATTATATACATAGCA---CATTAC
Pan_troglodytes TAA--GACATA---CAATTA---CAATTATATACATAGCA---CATTAC
.....*.....*.....*

```

ภาพที่ 4.15 (ต่อ)

```

[           410           420           430           440           450]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      ----CCACAATCAA-CTCACACTCCATACGAGTAATCTATT-TCAGATAG
H_lar          ----CCACACTCAA-CTCACAATCCATACAC--AACCTATT-TCACATGG
H_Pileatus     ----CCACACTCAA-CTCACAATCCATACAC--AACCTATT-TCACATGG
H_agilis       ----CCACACTCAA-CTCACAATCCATACAC--AACCTATT-TCACATGG
S_syndactylus ----CCACAATCTA-CTCACATTCATACGAGTAATCTATT-TCAGATAG
N_leucogenys   ----CCAAAATCAA-CTCACACTCCATACAAGTAATCTATT-TCAGATAG
N_gabriellae   ACATCCAAAATCAA-CTCACACTCCATACGAGTAATCTATT-TCAGATAG
Human          AGT-C-AAATCCCTTCGTC-CCCAT--GGATGACCCCC-TCAGATAG
Pan_paniscus   AGT-C-A-AATCCC-CTC-TCGCCCC-CACGGATGCCCCCCTCAGATAG
Pan_troglodytes AGT-C-A-AATCCC-CTC-TCGCCCC-CACGGCCGCCCCCCTCAGATGG
****

[           460           470           480           490           500]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      AAGTCCCTTGCCAGCATCCTCCGTGAAATCAACATCCCGCACAAGAGTA
H_lar          AAGTTTCCCGCCAGCATCCTCCGTGAAATCAGCAACCCGCACAAGAGTA
H_Pileatus     AAGTTTCCCGTCCAGCATCCTCCGTGAAATCAGCAACCCGCACAAGAGTA
H_agilis       AAGTTTCCCGCCAGCATCCTCCGTGAAATCAGCAACCCGCACAAGAGTA
S_syndactylus GAGTCCCTCGTCCAGCATCCTCCGTGAAAGCAACATCCCGCACAAGAGTA
N_leucogenys   GGGTCCCTTGCCAGCATCCTCCGTGAAATCACCAACCCGCTCAGAAATG
N_gabriellae   GGGTCCCTTGCCAGCATC-TCCGTGAAATCACCAACCCGCTCAGAAATG
Human          GGGTCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAGAGTG
Pan_paniscus   GAATCCCTTGCCAGCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAGAGTG
Pan_troglodytes GAATCCCTTGACCACCATCCTCCGTGAAATCAATATCCCGCACAAGAGTG
.....

[           510           520           530           540           550]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      CTAACCTCCCTCGCTCCGGGCCTACAACACCTGGGGGTAGCTATAGTGAG
H_lar          CTAACCTCCCTCGCTCCGGGCCTACAACACCTGGGGGTAGCTACAGTGAG
H_Pileatus     CTAACCTCCCTCGCTCCGGGCCTACAACACCTGGGGGTAGCTACAGTGAG
H_agilis       CTAACCTCCCTCGCTCCGGGCCTACAACACCTGGGGGTAGCTACAGTGAG
S_syndactylus CTGATTATCTTCGCTCCGGGCCTACAACACCTGGGGGTAGCTATAGTGAG
N_leucogenys   CTAATTAACCTCGCTCCGGGCCTACAACACTTGGGGGTAGCTATAGTGAG
N_gabriellae   CTAATTCACCTCGCTCCGGGCCTACAACACTTGGGGGTAGCTATAGTGAG
Human          CTAATTCACCTCGCTCCGGGCCTACAACACTTGGGGGTAGCTAAAGTGAA
Pan_paniscus   -TACTCT-CCTCGCTCCGGGCCATAACACTTGGGGGTAGCTAAAGTGAA
Pan_troglodytes -TACTCT-CCTCGCTCCGGGCCATAACATTTGGGGGTAGCTAAAGTGAA
.....

[           560           570           580           590           600]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      CTGTATCCGGCATCTGGTTCCTACCTCTCGGCCATATAGCTAAAAATCG-
H_lar          CTGTATCCGGCATCTGGTTCCTACCTCTCGGCCATAAAGTCTAAAAATCG-
H_Pileatus     CTGTATCCGGCATCTGGTTCCTACCTCTCGGCCATAAAGTCTAAAAATCG-
H_agilis       CTGTATCCGGCATCTGGTTCCTACCTCTCGGCCATAAAGTCTAAAAATCG-
S_syndactylus CTGTATCCGGCATCTGGTTCCTACCTCTCGGCCATAACCTAAAAATCG-
N_leucogenys   CTGTATCCGGCATCTGGTTCCTACCTCAGGGCCATAGAATCTAAAAATCG-
N_gabriellae   CTGTATCCGGCATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGTCTAAAAATCG-
Human          CTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATAAAGCTAAA-TAG-
Pan_paniscus   CTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATGAAGTTCAA---GG
Pan_troglodytes CTGTATCCGACATCTGGTTCCTACTTCAGGGCCATGAAGTTCAA---GG
.....

```

ภาพที่ 4.15 (ต่อ)

```

[           610           620           630           640           650]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      ----CCCATACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
H_lar          ----CCCATACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
H_Pileatus     ----CCCATACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
H_agilis       ----CCCATACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
S_syndactylus ----CCCATACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
N_leucogenys   ----CCCACACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
N_gabriellae   ----CCCACACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
Human          ----CCCACACGTTCCCCTTAAATAAGACA-TCACGATGGATCACGGGTC
Pan_paniscus   AACTCCCACACGTTCCCCTTAAATAAGGCATTACGATGGATCACAGGTC
Pan_troglodytes TACTCCCACACGTTCCCCTTAAATAAGACATTACGATGGATCACAGGTC
.....

[           660           670           680           690           700]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      TATCACCCATTAAACCAGTCACGGGAGCTTCCATGCATTTGGTATTTTT
H_lar          TATCACCCATTAAACCAGTCACGGGAGCTCTCCATGCATTTGGTATCTTT
H_Pileatus     TATCACCCATTAAACCAGTCACGGGAGCTCTCCATGCATTTGGTATTTTT
H_agilis       TATCACCCATTAAACCAGTCACGGGAGCTCTCCATGCATTTGGTATCTTT
S_syndactylus TATCACCCATTAAACCAGTCACGGGAGCTTCCATGCATTTGGTATTTTT
N_leucogenys   TATCTCCCTATTAAACCAGTCACGGGAGCTATCCATGCATTTGGTATTTTT
N_gabriellae   TATCTCCCTATTAAACCAGTCACGGGAGCTCTCCATGCATTTGGTATTTTT
Human          TATCACCCATTAAACCACTACGGGAGCTCTCCATGCATTTGGTATTTTC
Pan_paniscus   TATCACCCATTAAACCACTACGGGAGCTCTCCATGCATTTGGTATTTTC
Pan_troglodytes TATCACCCATTAAACCACTACGGGAGCTCTGCATGCATTTGGTATTTTC
.....

[           710           720           730           740           750]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      TATAAGGGGGTGTGCACGCGATAGCATTGCGAGACGCTGGAGCCGGAGCA
H_lar          TTACGGGGGC-GTGCACGCGATAGCATTGCGAAACGCTGGAGCCGGAGCA
H_Pileatus     TTACGGGGGC-GTGCACGCGATAGCATTGCGAAACGCTGGAGCCGGAGCA
H_agilis       TTACGGGGGC-GTGCACGCGATAGCATTGCGAAACGCTGGAGCCGGAGCA
S_syndactylus TATAGGGGGGTGTGCACGCGATAGCATTGCGAGACGCTGGAGCCGGAGCA
N_leucogenys   ATAAGGGGG-TGTGCACGCGATAGCATTGCGAAACGCTGGAGCCGGAGCA
N_gabriellae   ATAAGGGGG-TGTGCACGCGATAGCATTGCGAAACGCTGGAGCCGGAGCA
Human          GTTTGGGGGTATGCACGCGATAGCATCGCGGGCCGCTGGAGCCGGAGCA
Pan_paniscus   GTTCGGGGGTATGCACGCGATAGCATTGCGAAACGCTGGAGCCGGAGCA
Pan_troglodytes GTTCGGGGGTGTGCACGCGATAGCATTGCGAAACGCTGGAGCCGGAGCA
.....

[           760           770           780           790           800]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      CCTTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATACCTAACCCATTCCATTA-----
H_lar          CCCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATACCTACCTCATCCATTG-----
H_Pileatus     CCCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATACCTACCTCATCCATTG-----
H_agilis       CCCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATACCTACCTCATCCATTG-----
S_syndactylus CCCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATTCTAACCCATCTCATTA-----
N_leucogenys   ACCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATTCTGACCCATCCATTA-----
N_gabriellae   ACCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATTCTGACCCATCCATTG-----
Human          CCCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGATTCTGACCCATCCATTA-----
Pan_paniscus   CCCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGGTTCTGCCCCATCCATTACGTTA
Pan_troglodytes CCCTATGTCGCAGTATCTGTCTTTGGTTCTGCCCCATCCATTACGTTA
.....*****

```

ภาพที่ 4.15 (ต่อ)

```

[           810           820           830           840           850]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      TTAATCGCACCTACGTTCAATATCCCAGTCGAGCATAAT--CCTACTAAA
H_lar          TTGATCGCGCCTACATTCCATATTCAGCCGAGCAT-CTAACCCTACTAAA
H_Pileatus     TTGATCGCGCCTACATTCCATATTCAGCCGAGCAT-CTAACCCTACTAAA
H_agilis       TTGATCGCGCCTACATTCCATATTCAGCCGAGCAT-CTAACCCTACTAAA
S_syndactylus TTGATCGCGCCTACGTTCAATATCCTAGCCGAGCATA---ACCTACCAAAA
N_leucogenys   TTGATCGCGCCTACGTTCAATATCCCAGCCGAGCATACTTAC--ACTA-A
N_gabriellae  TTGATCGCGCCTACGTTCAATATCCCAGCCGAGCATAATTTAC--ACTA-A
Human          TTTATCGCACCTACATTCAATATTACAGGCGAGCATACT--T--ACTAAA
Pan_paniscus   TTTATCGCACCTACATTCAATATTACAGGCGAGCATGTT--T--ACTAAA
Pan_troglodytes TTTATCGCACCTACATTCAATATTACAGGCGAGCATGAT--T-TACTAGA
.....*****

[           860           870           880           890           900]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      G-GTGTTAATTAATTCATGCTTGTAGGACATAACAACAACCAATACAC--
H_lar          G-GTGTTAATTAATTCATGCTTGTGGACATAGCAATAACCAA--CCAAC
H_Pileatus     G-GTGTTAATTAATTCATGCTTGTGGACATAGCAATAACCAA--CCAAC
H_agilis       G-GTGTTAATTAATTCATGCTTGTGGACATAGCAATAACCAA--CCAAC
S_syndactylus G-GTGTTAATTAATCCATGCTTGTAGACATAACGATAATCAA--CCAAC
N_leucogenys   G-GTGTTAATTAATTCATGCTTGTGGACATAACAATAACCAA--CC--C
N_gabriellae  G-GTGTTAATTAATTCATGCTTGTGGACATAACAATAACCAA-TCCA-C
Human          GTGTGTTAATTAATTAATGCTTGTAGGACATAACAATAA-CAATTAATG
Pan_paniscus   GCGTGTTAATTAATTCATGCTTGTAGGACATAACAGCAA--AATACCA--
Pan_troglodytes GCGTGTTAATTAATTCATGCTTGTAGGACATAACAGCAA--AATACCA--
***.....*****

[           910           920           930           940           950]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      -----CG-----CA-ACAGAGTG---GAAAATCCACTCCA
H_lar          GTAACCCCGAACCACACTCCCTCA-ACGGAATG--AGAAAATTCACTCCG
H_Pileatus     GTAACCCCGAACCACACTCCCTCA-ACGGAATG--AGAAAATTCACTCCG
H_agilis       GTAACCCCGAACCACACTCCCTCA-ACGGAATG--AGAAAATTCACTCCG
S_syndactylus ATATCCCAAACCGCACTCCCTCA-ACGGAATG--AAAAAATTCACTCCA
N_leucogenys   ACACACCCAACC-----CA-ACGGAATG-AAAAAATTCACTCCG
N_gabriellae  ACGCCCC-AACC-----CA-ACGGAATG--AAAAAATTCACTCCG
Human          TCTGCACAGCCGCTTCCACA-CAGACATCATAACAAAAAATT---TCCA
Pan_paniscus   ---CGTAACTGCTTCCACACCA-ACATCATAACAAAAAATT---TCCG
Pan_troglodytes ---CGTAAACCGCTTCCACACCA-ACATCATAACAAAAAATT---TCCG
*****.....*****

[           960           970           980           990           1000]
[           .           .           .           .           .]

H_hoолоck      CAAACCCCCCTTCCCCCA-----CATCTTTG
H_lar          CAAACCCCCACACCCCCCC-----CACCTTTG
H_Pileatus     CAAACCCCCACACCCCCCC-----CACCTTTG
H_agilis       CAAACCCCCACACCCCCCC-----CACCTTTG
S_syndactylus CAAACCCCCCTCCCCCAA-----CATCTTTG
N_leucogenys   CAAATCCCCCTTCCCC-----CATCTCTG
N_gabriellae  CAAATCCCCCTTCCCC-----CATCTCTG
Human          CCAAACCCCCCTCCCCCGTCTGGCCACAGCACTTAAACACATCTCTG
Pan_paniscus   CCAAACCCCCCTCCCCCACTTCTGGCTACAGCACTCAATCACATCTCTG
Pan_troglodytes CCAAACCCCCCTCCCCCACTTCTGGCTACAGCACTCAATCACATCTCTG
.....*****

```

ภาพที่ 4.15 (ต่อ)


```

[           1010      1020      1030      1040      1050]
[           .         .         .         .         .]

H_hoolock      CCAAACCCC---AAAAACAAAGAA---CTCCGCC-----CAACTA
H_lar          CCAAACCCC---AAAAACAAAGTA--GCTCCCCCAG-T--GAGCCAG-A
H_Pileatus     CCAAACCCC---AAAAACAAAGTA--GCTCCCCCAG-T--GAGCCAG-A
H_agilis       CCAAACCCC---AAAAACAAAGTA--GCTCCCCCAG-T--GAGCCAG-A
S_syndactylus  CCAAACCCC---CAAAA-CAAAGAA--CCTCGCCCA-----A-CCA--A
N_leucogenys   CCAAACCCCCCAAAA-CAAAGAATTCGGAACCC-----C-G--
N_gabriellae   CCAAACCCCCCAAAA-CAAAGAAT-CCC-----A---AG--
Human          CCAAACCCC---AAAAACAAAGAA--CCC-----TAAC-A-CCAG--
Pan_paniscus   CCAAACCCC---AAAAACAAAGAA--CCC-----AGATA----CCAG--
Pan_troglodytes CCAAACCCC---AAAAACAAAGAA--CCC-----AGATA----CCAG--
.....***.....

[           1060      1070      1080      1090      1100]
[           .         .         .         .         .]

H_hoolock      TCC-----CGCTAAAATCCAAATT-----
H_lar          -CC-----
H_Pileatus     -CC-----
H_agilis       -CC-----
S_syndactylus  TCC-----CACTAAAATCCAAACT-----
N_leucogenys   -CC-----TTGACAACCCTAA
N_gabriellae   -CC-----
Human          -CCTAACCAGATTTCAAATTT-----
Pan_paniscus   -CCTAACCAGACCTCAAATTT-----
Pan_troglodytes -CCTAACCAGACCTCAAATTT-----
*****

[           1110      1120      1130      1140      1150]
[           .         .         .         .         .]

H_hoolock      ---CATCTTTTGGCGGTATACGCCTTTAACAGCCACCCCTCAACTAGCA
H_lar          ---CATCTTTTGGCGGTACACGCCTTTAACAGCCACCCCTCAACTA---
H_Pileatus     ---CATCTTTTGGCGGTACACGCCTTTAACAGCCACCCCTCAACTA---
H_agilis       ---CATCTTTTGGCGGTACACGCCTTTAACAGCCACCCCTCAACTA---
S_syndactylus ---CATCTTTTGGCGGTACACACCTTTAACAGCCACCCCTCAACTAGC-
N_leucogenys   GCCCATCTTTTGGCGGTACACGCCTTTAACAGCTACCCCTCAACTA---
N_gabriellae   ---CATCTTTTGGCGGTATACGCCTTTAACAGCTACCCCTCAACTA---
Human          ---TATCTTTTGGCGGTATGCACCTTTAACAGTCACCCC-CAACTA---
Pan_paniscus   ---CATCTTTTGGCGGTATGCACCTTTAACAGTCACCCC-TCAACTA---
Pan_troglodytes ---CATCTTTAGGCGGTATGCACCTTTAACAGTCACCCC-TCAACTA---
***.....***

[           1160      1170      1180      1190      1200]
[           .         .         .         .         .]

H_hoolock      TACA--TTA-----CACTTTAA---CAGCCACCGCCTC
H_lar          -ACACAT-ATTTTTTTTCTTCTTT-----CCCCTCCC--
H_Pileatus     -ACACAT-ATTTTTTTTCTTCTTT-----CCCCTCCC--
H_agilis       -ACACAT-ATTTTTTTTCTTCTTT-----CCCCTCCC--
S_syndactylus -ACACAT-----TCTT-----CCCCTCC--
N_leucogenys   -ACA-----TAAA-----C-TCTCCC--
N_gabriellae   -ACA-----TATA-----C-TCTCCC--
Human          -ACACATTATTT-----CCCCTCCC--
Pan_paniscus   -ACA-----TGTCTTCCCCTCCC--
Pan_troglodytes -ACA-----TGTCTTCCCCTCCC--
*****

```

ภาพที่ 4.15 (ต่อ)

```

[           1210           1220           1230           1240           1250]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      AACTAGCACACATTCTTCCCCCACTCATCCA-----
H_lar          -----ACCTA-----
H_Pileatus     -----ACCTA-----
H_agilis       -----ACCTA-----
S_syndactylus -----TCCCCACCCA-----
N_leucogenys   -----TCCTCCCACCCA-----
N_gabriellae   -----TCCTCCCACCCA-----
Human          -AC-----TCCCATACTAC-----TAATCTCATCAATACAAC
Pan_paniscus   -AC-----TCCCATAACCAC-----TAGCCTTACCAATACAAC
Pan_troglodytes -AC-----TCCCATAACCAC-----TAGCCTTACCAATACAAC
*****
[           1260           1270           1280           1290           1300]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      -----CTACTAATCTCCTACCT
H_lar          -----CTACTACTCCCTTACCT
H_Pileatus     -----CTACTACTCCCTTACCT
H_agilis       -----CTACTACTCCCTTACCT
S_syndactylus -----TTACTAACCCTTACCC
N_leucogenys   -----CTACTAATTCCTTACCT
N_gabriellae   -----CTACTAATTCCTTACCT
Human          CCCC-GCCCATCCTACCCAGCACACACACCCTGCTAACCCCATACCC
Pan_paniscus   CCCCTGCCACCCCACTCAG--CACATATACCGCTGCTAACCCCATACCC
Pan_troglodytes CCCCTGCCACCCCACTCAG--CACATATACCGCTGCTAACCCCATACCC
.....
[           1310           1320           1330           1340           1350]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      TGAGCCAACCTAACCCCAAAGAGT-CCCC-----GTTTATGTAGCTTA
H_lar          CAAACCAGCCTATCCCCAAAGAGT-CCCC-----GTTTATGTAGCTTA
H_Pileatus     CAAACCAGCCTATCCCCAAAGAGT-CCCC-----GTTTATGTAGCTTA
H_agilis       CAAACCAGCCTATCCCCAAAGAGT-CCCC-----GTTTATGTAGCTTA
S_syndactylus TGAACCAACCCAACCCCAAAGAGTTCC-----AGTTTATGTAGCTTA
N_leucogenys   TAAACCAACCCAACCCCAAAG-GAGCCC-----GTTTATGTAGCTTA
N_gabriellae   TAAACCAACCCAACCCCAAAG-GA-CCCC-----GTTTATGTAGCTTA
Human          CGAACCAACCCAACCCCAAAGACA-CCCCCCAC--AGTTTATGTAGCTTA
Pan_paniscus   CAAGCCAGCCAAACCCCAAAGATA-CCCCCCACACAGTTTATGTAGCTTA
Pan_troglodytes CAAGCCAGCCAAACCCCAAAGATA-CCCCCCACACAGTTTATGTAGCTTA
*****
[           1360           1370           1380           1390           1400]
[           .           .           .           .           .]

H_hoolock      ACCACCCAAAGCAAAACACTGAAAATGTCGAGACGGGCCACCCG----C
H_lar          ACTACCCAAAGCAAAACACTGAAAATGTCGAGAC-GGCTCACCCG----C
H_Pileatus     ACTACCCAAAGCAAAACACTGAAAATGTCGAGACGGG-TCACCCG----C
H_agilis       ACCACCCAAAGCAAAACACTGAAAATGTCGAGACGGG-TCACCCG----C
S_syndactylus ACTACCCAAAGCAAAACACTGAAAATGTCGAGACGGGCTACTCG----C
N_leucogenys   ACTGCCTAAAGCAAAACACTGAAAATGTAAAGATGGGCTCGCCCG----C
N_gabriellae   ACCGCCTAAAGCAAAACACTGAAAATGTAAAGATGGGCTCGCCCG----C
Human          CCTCCTCAAAGCAATACACTGAAAATGTTTAGACGGGCTCAC---ATCAC
Pan_paniscus   CCTCCTCAAAGCAATACACTGAAAATGTTTAGACGGGCTCAC---ATCAC
Pan_troglodytes CCTCCTCAAAGCAATACACTGAAAATGTTTAGACGGGCTCAC---ATCAC
*****

```

ภาพที่ 4.15 (ต่อ)

```

[           1410           1420           1430           1440           1450]
[           .           .           .           .           .]
H_hoolock   CCCATAAACA
H_lar       CCCATAAACA
H_Pileatus  CCCATAAACA
H_agilis    CCCATAAACA
S_syndactylus CCCATAAACA
N_leucogenys CCCATAAACA
N_gabriellae CCCGTAACA
Human       CCCATAAACA
Pan_paniscus CCCATAAACA
Pan_troglodytes CCCATAAACA
.....

```

ภาพที่ 4.15 (ต่อ)

ตารางที่ 4.6 ค่าการแทนที่เบส คำนวณจากแบบจำลองแทนที่เบส Tamura-Nei ในขณะนี้สกุลย่อยต่างๆ

	outgroup	<i>Bunopithecus</i>	<i>Hylobates</i>	<i>Symphalangus</i>	<i>Nomascus</i>
Outgroup ¹	—				
<i>Bunopithecus</i> ²	0.2097	—			
<i>Hylobates</i> ³	0.2081	0.1061	—		
<i>Symphalangus</i> ⁴	0.2169	0.1060	0.1262	—	
<i>Nomascus</i> ⁵	0.2015	0.1275	0.1282	0.1274	—

หมายเหตุ

¹ outgroup ประกอบด้วย *Homo sapiens*, *Pan paniscus* และ *Pan troglodytes*

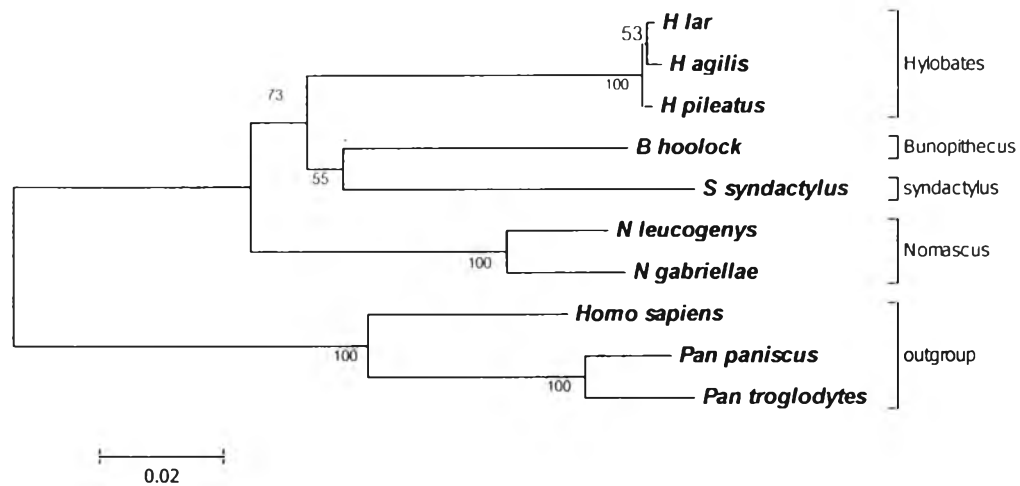
² *Bunopithecus* ประกอบด้วย *B. hoolock*

³ *Hylobates* ประกอบด้วย *H. lar*, *H. pileatus* และ *H. agilis*

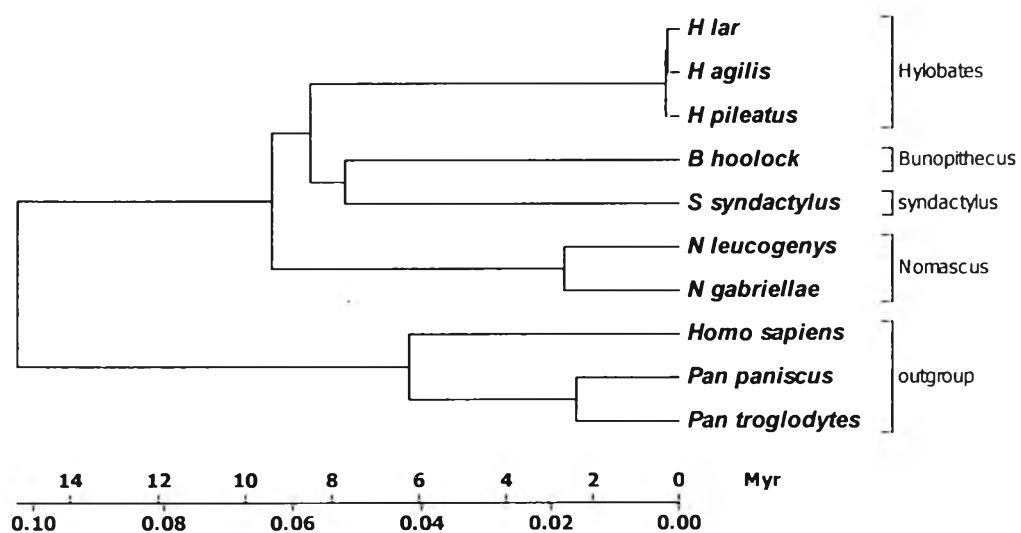
⁴ *Symphalangus* ประกอบด้วย *S. syndactylus*

⁵ *Nomascus* ประกอบด้วย *N. leucogenys* และ *N. gabrillae*

ในการประมาณอายุของชะนีในสายวิวัฒนาการต่างๆ โดยใช้อัตราการแทนที่ 0.0067 เบส ต่อตำแหน่งต่อล้านปีซึ่งคำนวณจาก [ค่าเฉลี่ยการแทนที่เบสระหว่างสกุล *Pan* ทั้งสองชนิดและสกุลย่อย *Hylobates* ทั้งสามชนิด/ (2x16 ล้านปี)] ได้ผลดังแสดงในภาพ 4.26 จะเห็นได้ว่าชะนีทั้ง 4 สกุลแยกออกจากกันเริ่มแรกเมื่อประมาณ 9.4 ล้านปีที่ผ่านมา โดยสายวิวัฒนาการย่อย *Nomascus* แยกออกมาก่อนแล้วจึงมีการแยกกันของ 2 สายวิวัฒนาการเมื่อ 8.5 ล้านปีที่ผ่านมาระหว่างสายวิวัฒนาการสกุลย่อย *Hylobates* และสายวิวัฒนาการร่วมสกุลย่อย *Bunopithecus* กับ *Symphalangus* ซึ่งเพียง 8 แสนปีต่อมาสกุลย่อย *Bunopithecus* ก็แยกออกจากสกุลย่อย *Symphalangus* ในสายวิวัฒนาการสกุลย่อย *Nomascus* นั้น *N. leucogenys* และ *N. gabrillae* แยกจากกันเมื่อ 2.6 ล้านปีที่ผ่านมา ซึ่งเกิดก่อนการแยกของชะนีทั้งสามชนิดในสกุลย่อย *Hylobates* ที่เพิ่งเกิดขึ้นเพียงประมาณ 315,000 ปีที่ผ่านมา



ภาพที่ 4.16 ความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการของชะนีทั้ง 4 สกุลย่อย ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor-joining โดยใช้ค่าการแทนที่เบสตามแบบจำลองของ Tamura-Nei ตัวเลขในแต่ละกิ่งระบุค่า bootstrap และสเกลแสดงค่าการแทนที่เบสต่อ 1 ตำแหน่ง



ภาพที่ 4.17 อายุของสายวิวัฒนาการสกุลย่อยทั้งสี่ของชะนี ตัวเลขใต้เส้นสเกลคือ ค่าการแทนที่เบสตามแบบจำลองของ Tamura-Nei ตัวเลขเหนือเส้นคือเวลาเป็นล้านปี