บทที่ 5

สรุปผลและข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาและวิเคราะห์ไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอ ที่สกัดแยกจากเซลล์เม็ดเลือดขาวของกระบือปลักและกระบือมูราห์ภายหลังการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ โดยใช้อะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟรีซีส เพื่อเปรียบเทียบหาความแตกต่างหรือเหมือนกันของรูปแบบการเรียงตัวของไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอภายในสายพันธุ์เดียวกันของกระบือปลัก และเปรียบเทียบต่างสายพันธุ์กับกระบือมูราห์ จากผลการศึกษาสรุปได้ดังนี้

1. ไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอที่แยกสกัดได้จากเซลล์เม็ดเลือดขาว พบว่ามีปริมาณโดยเฉลี่ย 4.09±0.32 ไมโครกรัม (3.79-4.49) และ 3.80±0.36 ไมโครกรัม (3.19-4.17) ต่อ 100 มล. ของเซลล์เม็ดเลือดขาวของกระบือปลักและกระบือมูราห์ตามลำดับ

2. ในการใช้เอนไซมตัดจำเพาะ *Bam*H I, *Bgl* I, *Eco*R I และ *Pst* I ตัดไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอของกระบือปลักและกระบือมูราห์ พบว่าเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bam*H I, *Eco*R I และ *Bgl* I สามารถทำการตัดดีเอ็นเอของกระบือทั้งสองสายพันธุ์ได้ดี ยกเว้นเอนไซม์ *Pst* I ที่ไม่เหมาะในการตัดไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอของกระบือทั้งสองสายพันธุ์

3. การเปรียบเทียบรูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอ ที่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะภายหลังการทำอะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟรีซีส พบว่าภาวะที่เหมาะสมใช้ปริมาณเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bam*H I 6 หน่วยต่อดีเอ็นเอ 0.5 ไมโครกรัมและความเข้มข้นเจล 1 เปอร์เซนต์ความต่างศักย์คงที่ที่ 5 โวลท์ต่อความยาวเจลหนึ่งเซนติเมตรใช้เวลานาน 3 ชม. 30 นาทีจะให้รูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ชัดเจน ซึ่งพบว่ารูปแบบการเรียงตัวของไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอของกระบือปลักกลุ่มสายพันธุ์เดียวกันจะแตกต่างกันและสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 กลุ่ม และแถบไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอที่

สามารถใช้บอกความแตกต่างระหว่างกระบือปลักทั้ง 3 กลุ่มคือแถบไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอขนาด 3.8, 4.3, 4.5 และ 5.3 กิโลเบส

4. การเปรียบเทียบรูปแบบการเรียงตัวของชิ้นส่วนดีเอ็นเอ ที่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะภายหลังการทำอะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟรีซีส พบว่าภาวะที่เหมาะสมใช้ปริมาณเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Eco*R I 6 หน่วยต่อดีเอ็นเอ 0.5 ไมโครกรัมและความเข้มข้นเจล 1 เปอร์เซนต์ ความต่างศักย์คงที่ที่ 5 โวลท์ต่อความยาวเจลหนึ่งเซนติเมตร ใช้เวลานาน 3 ชม. 30 นาทีจะ ให้รูปแบบการเรียงตัวของแถบชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ชัดเจนทั้งของกระบือปลักและกระบือมูราห์ จะพบว่ามีความแตกต่างกัน โดยเฉพาะแถบดีเอ็นเอขนาด 2.1 กิโลเบสที่พบเฉพาะในไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอของกระบือปลักเท่านั้น

ข้อดี ข้อเสีย ในการศึกษารูปแบบการเรียงตัวของแถบไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอของกระบือปลัก และกระบือมูราห์

ข้อดี

1. วิธีการเตรียมตัวอย่าง (การเจาะเลือด) ทำได้ง่ายไม่ยุ่งยาก สามารถใช้ทดลองได้กับสัตว์ที่ยังมีชีวิตอยู่

2. วิธีการแยกไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอทำได้ง่าย ไม่จำเป็นต้องใช้เครื่องมือพิเศษราคาแพง เช่นเครื่องปั่น Ultracentrifuge

ข้อเสีย

1. ปริมาณความเข้มข้นของไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอที่สกัดแยกได้จากเซลล์เม็ดเลือดขาวมีปริมาณน้อยมาก ดังนั้นจึงจำเป็นต้องใช้เลือด (whole blood) เป็นจำนวนมาก

2. ไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอที่สกัดได้มีความบริสุทธิ์ไม่เพียงพอ เนื่องจากมีการปนเปื้อนของดีเอ็นเอจากนิวเคลียส

จากการที่งานวิจัยนี้ ได้เริ่มต้นนำเอาเทคนิคทางพันธุวิศวกรรมมาใช้ประโยชน์ในการศึกษาลักษณะพันธุกรรมของกระบือปลักและกระบือมูราห์ แต่ก็มีอุปสรรคและข้อควรแก้ไขอีกหลายประการเช่น

1.ปริมาณไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอที่สกัดแยกจากเซลล์เม็ดเลือดขาวมีน้อยไม่เพียงพอต่อการทดลองน่าจะมีการศึกษาไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอจากแหล่งอื่นเปรียบเทียบ เช่นจากเซลล์ตับ หรือดีเอ็นเอจากโครโมโซม

2.การนำดีเอ็นเอโพรบ (DNA probe) มาใช้ในการตรวจสอบเพื่อให้ผลการทดลองที่ได้มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น

3.จากการศึกษาพบว่ากระบือปลักกลุ่มสายพันธุ์เดียวกัน มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมดังนั้นจึงควรศึกษาเพิ่มเติม โดยใช้กระบือปลักทดลองจากแหล่งต่าง ๆของประเทศเช่น จากภาคเหนือ หรือจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือ เป็นต้น

4.จากการที่กระบือปลักมีลักษณะเป็นกระบืองาน ในขณะที่กระบือมูราห์เป็นกระบือนมย่อมมีความแตกต่างทางด้านการผลิตนม และจากผลของงานวิจัยนี้ยังไม่สามารถหาข้อสรุปความแตกต่างทางพันธุกรรมของกระบือมูราห์ได้อย่างชัดเจน ดังนั้นน่าที่จะมีการศึกษาต่อไปในการที่จะหาตัวบ่งชี้ทางพันธุกรรม (genetic marker) โดยเฉพาะยีนทางด้านการผลิตนม เพื่อหาความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์กระบือปลักกับกระบือมูราห์

5.ควรจะมีการศึกษาลักษณะพันธุกรรมของลูกผสมระหว่างกระบือปลักและกระบือมูราห์เพื่อหาความแตกต่างทางพันธุกรรม และเป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงและคัดเลือกพันธุ์กระบือในอนาคต

6.การทดลองใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะชนิดอื่นมาตัดดีเอ็นเอเช่นเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bgl* II (A/GATCT), *BstE* II (G/GTNACC) หรือ *Hae* III (GG/CC) เป็นต้น

ซึ่งจากการศึกษาครั้งนี้ข้อมูลที่ได้จะเป็นพื้นฐานในการนำเอาเทคนิคทางพันธุวิศวกรรมมาใช้ประโยชน์ในกิจการกระบือ โดยเฉพาะในด้านการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์กระบือต่อไปในอนาคต