บทที่ 2
การตรวจเอกสาร

2.1 ประวัติความเป็นมาของไก่ไทย

ตามทฤษฎีวิวัฒนาการสัตว์ปีกหรือนกมาจากสัตว์เลื้อยคลาน เนื่องจาก *Archaeopteryx* มีลักษณะผสมผสานระหว่างสัตว์เลื้อยคลานและสัตว์ปีก (พัฒนี, 2547) จาก *Archaeopteryx* ได้วิวัฒนาการสืบทอดต่อกันมาจนกลายเป็นนกที่มีขนาดรูปร่าง สี และอุปนิสัยที่แตกต่างกันออก ในปัจจุบันพบนกที่ยังคงมีชีวิตอยู่เพียง 9,600 ชนิด (นิตยา, 2539) สามารถจัดกลุ่มใหญ่ ๆ ได้ 27 อันดับ และ 1 ใน 27 อันดับ คือ Galliformes ซึ่งเป็นอันดับของไก่ป่า ไก่งวง ไก่ตั๊อก ไก่ฟ้า รวมถึงไก่บ้านที่เลี้ยงในปัจจุบันและหากแยกย่อยเป็นวงศ์จะจัดกลุ่มไก่ป่าและไก่ฟ้าอยู่ในวงศ์ Phasianidae (สจี, 2548) การจัดลำดับวงศ์ของสัตว์ปีก เป็นดังนี้

Class	**Order**	**Family**	**Genus**	**Species**	**ชื่อสามัญ**
Aves	Galliforms	Phasianidac	Phasianus	colchious	Pheasant (ไก่ฟ้า)
			Gallus	domesticus	Chicken (ไก่บ้าน)
			Gallus	gallus	Red jungle Fowl (ไก่ป่า)
		Meleagrididae	Meleagris	gallopavo	Turkey (ไก่งวง)

ประวัติความเป็นมาของไก่ไทยที่มีบันทึกเป็นลายลักษณ์อักษรจริงๆ นั้น ไม่สามารถหามาอ้างอิงได้ แต่เชื่อกันว่า ไก่บ้านที่พบในปัจจุบันมีการพัฒนามาจากไก่ป่า โดยเฉพาะอย่างยิ่งไก่ป่าแดงของไทย (อะกิมิฉิโนะ, 2550) ซึ่งนำมาเลี้ยงเป็นอาหารและเพื่อประโยชน์อื่นๆ ต่อมามีการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ออกเป็นไก่บ้านสายพันธุ์ต่างๆ ดังเช่นในปัจจุบัน ไก่ป่ามีแหล่งกำเนิดในแถบทวีปเอเชีย (Hillel et al., 2003) เช่น อินเดีย ศรีลังกา พม่า จีน ไทย ลาว ญวน เขมร มลายู ฟิลิปปินส์ ชวา และสุมาตรา ไก่ป่ามีทั้งหมด 4 ชนิด (มัทนา, 2527) ได้แก่

1. ไก่ป่าศรีลังกา (*Gallus lafayettii*)

ไก่ป่าศรีลังกา มีชื่อเรียกอย่างอื่นอีก เช่น Ceylon Jungle fowl และ Cingalese jungle fowl มีถิ่นกำเนิดในประเทศศรีลังกา อาศัยอยู่ในภูมิประเทศทุกชนิด ทั้งป่าชื้นบนภูเขาและป่าแห้งที่มีพุ่มไม้เตี้ย ๆ ตามชายฝั่ง

2. ไก่ป่าอินเดีย (*Gallus Sonneratii*)

มีชื่อเรียกอย่างอื่นอีก เช่น ไก่ป่าสีเทา เป็นไก่ป่าที่มีหงอนบางและมีส่วนสร้อยคอแปลกกว่าชนิดอื่น มีถิ่นกำเนิดทางตะวันตกและทางใต้ของประเทศอินเดียเรื่อยไปจนถึงแม่น้ำโคธาวารี ตลอดจนในอินเดียตอนกลาง แต่พบมากคือ ทางตะวันตก

3. ไก่ป่าชวา (*Gallus varius*)

มีชื่อเรียกอย่างอื่นอีก เช่น ไก่ป่าเขียว มีถิ่นกำเนิดอยู่ในเกาะชวาและบริเวณเกาะใกล้เคียง ชอบอาศัยอยู่บริเวณป่าต่ำใกล้ชายฝั่งมากๆ และจะพบทางตะวันตกของเกาะชวามากกว่าทางด้านตะวันออก

4. ไก่ป่าแดง (*Gallus gallus*)

ไก่ป่าแดง แบ่งออกเป็นชนิดย่อยได้ 5 ชนิด คือ

4.1 *Gallus gallus gallus* มีตุ้มหูสีขาว โคนหางมีขนปุยสีขาว พบในภาคตะวันออกของประเทศไทย กัมพูชา

4.2 *Gallus gallus spadiceus* ลักษณะเหมือนชนิดแรก แต่มีตุ้มหูสีแดง พบในประเทศไทย พม่า และสุมาตราตอนเหนือ

4.3 *Gallus gallus jabouillei* มีสร้อยคอสีแดง หงอนและตุ้มหูแดง พบในเวียดนามเหนือ จีนใต้ และเกาะไหหลำ

4.4 *Gallus gallus murghi* มีขนคอสีเหลือง ตุ้มหูขาว พบทางเหนือและตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศอินเดีย และบริเวณเชิงเขาหิมาลัยตอนใต้

4.5 *Gallus gallus bankiva* มีสร้อยคอที่ปลายหู้จนกลมมนผิดไปจากไก่ป่าชนิดอื่นๆ พบในเกาะสุมาตราตอนใต้ ชวา และบาหลี

2.2 ลักษณะทั่วไปของไก่ป่าที่พบในไทย

ประเทศไทยมีไก่ป่าแดงเพียงชนิดเดียว แต่แบ่งออกเป็น 2 ชนิดย่อย คือ ไก่ป่าตุ้มหูแดงหรือ ไก่ป่าพันธุ์พม่า (*Gallus gallus spadiceus*, Bonnaterre) มีตุ้มหูสีแดง โคนหางมีขนปุยสีขาว (ดังภาพที่ 2.1 ก, ข) พบมากทางภาคใต้ ภาคตะวันออก เรื่อยไปจนถึงภาคเหนือของไทย และไก่ป่าตุ้มหูขาว (*Gallus gallus gallus*, Linnaeus) ลักษณะเหมือนชนิดแรก แต่มีตุ้มหูสีขาว (ดังภาพที่ 2.1 ค, ง) พบทั่วไปทางภาคอีสานและภาคตะวันออกตั้งแต่ระยองเลียบชายแดนเขมรไปจนถึงอุบลราชธานี

ไก่ป่าไทยมีลักษณะคล้ายไก่แจ้ (Collias and Saichuae, 1967 อ้างโดย มัทนา, 2527) แต่มีลำตัวสูงโปร่งกว่า สำหรับความแตกต่างระหว่างไก่ป่าและไก่บ้านแสดงดังตาราง 2.1 ไก่ป่ามีความปราดเปรียวว่องไวและมีสัญชาตญาณในการระวังภัยสูงกว่าไก่บ้าน ประกอบกับลักษณะที่สวยเด่น ได้แก่ หางที่แบนบางสนิท ขนเรียงเป็นระเบียบคล้ายพัด ตัวผู้มีขนปุยสีขาวที่โคนหาง (Meckvichai et al., 2006) โดยปกติแล้วไก่ป่าเมืองไทย ตัวผู้มีสีพื้นตามลำตัวเป็นสีดำ สร้อยคอสีแดงสดหรือเหลืองอมแดง หลังสีน้ำตาลเข้มจัดและปลายปีกด้านนอกสีกาบไผ่ แข้งมีเดือยข้างละอัน ส่วนตัวเมียลำตัวมีสีน้ำตาลคล้ายสีกระดานหรือคล้ายสีของนกกระทา ตรงกลางขนมีขีดสีทองเส้นเล็กๆ สร้อยคอสีทอง แข้งไม่มีเดือย หงอนและเหนียงเล็กแทบไม่มี แม้ว่าสีของไก่ป่าจะใกล้กับไก่บ้าน แต่สีของไก่ป่าจะเข้มและจัดจ้านกว่าไก่บ้าน ไก่ป่าไม่ว่าจะเป็นตัวผู้หรือตัวเมียมีขาสีดำหรือสีเทายาวเรียบคล้ายตะเกียบ

โดยปกติไก่ป่าอาศัยอยู่ในสภาพป่าหลายแบบ เช่น ป่าดงดิบ ป่าผลัดใบ หรือบริเวณชายป่าใกล้ที่เกษตรกรรม โดยเฉพาะป่าเบญจพรรณที่มีไผ่ขึ้นกันอย่างหนาแน่น หรือป่าละเมาะเล็กๆ ที่มีแหล่งน้ำหรือแม้แต่นาข้าวที่ติดกับป่า อาหารของไก่ป่าตามธรรมชาติมีหลากหลายชนิดทั้งพืชและแมลงต่างๆ (Takada, 2006) เช่น เมล็ด

หญ้า ขุยไผ่ เมล็ดเป้า แมลงเล็กๆ ตั๊กแตน ปลวก มด หอย ไก่ป่าชอบอาศัยอยู่รวมกันเป็นฝูงเล็ก ๆ มักพบไก่ป่าตัวผู้ 1 ตัว อยู่กับตัวเมีย 2-4 ตัว บางครั้งอาจพบไก่อยู่ตัวเดียว หรือบางครั้งก็อาจพบไก่อยู่ฝูงใหญ่ 7-8 ตัว แต่ก็มีตัวผู้ตัวเดียวเท่านั้นที่คุมฝูง

ก.

ข.

ค.

ง.

ภาพที่ 2.1 ไก่ป่าตุ้มหูแดงเพศผู้ (ก) และเพศเมีย (ข) และไก่ป่าตุ้มหูขาวเพศผู้ (ค) และเพศเมีย (ง)
ที่มา: ภาพ ก University of Michigan Museum of Zoology, 2006

ภาพ ข Kanchanasut, 2009b

ภาพ ค Kanchanasut, 2009a

ภาพ ง Oriental birds images, a database of the oriental birds, 2003

ไก่ป่ามีฤดูผสมพันธุ์และฤดูพักหรือผลัดขน โดยปกติไก่จะเริ่มผลัดขนในฤดูฝนหรือประมาณเดือนมิถุนายนถึงกันยายน ไก่ตัวผู้จะผลัดขนเหลือแต่เพียงขนสีดำ ขนหางเส้นที่ยาวที่สุด 2 เส้น (หรือเรียกอีกอย่างว่าขนชัย) ก็หลุดไปด้วย หงอนจะเล็กลง และหยุดขัน หลังจากผลัดขนและรอจนขนไก่ชุดใหม่งอกเต็มตัวแล้วไก่จะสวยงามและดึกดักอีกครั้ง (Tadaka, 2006) ในเดือนธันวาคม ขนที่งอกออกมาใหม่จะมีสีสันสดใสงดงาม ไก่ป่าจะเริ่มจับคู่หากินและวางไข่มากที่สุด ในเดือนมกราคม

ธงชัย (2543) กล่าวว่าสำหรับประเทศไทยในปัจจุบันนี้ ยังพอมีไก่ป่าหลงเหลืออยู่บ้างตามดงลึก ๆ ทั้งสองพันธุ์ เสน่ห์ของไก่ป่านอกจากจะมีสีสันสวยงามแล้ว ยังมีเสียงขันที่เจื้อยแจ้วจับใจ จนมีผู้หลงใหล และอยากที่จะเลี้ยงไก่ป่าจึงได้เข้าป่าเก็บไข่มาฟัก แต่การเลี้ยงไก่ป่าตัวเล็กๆ นั้นยากมากต้องหัดให้ลูกไก่รู้จักการกินอาหาร พอลูกไก่โตขึ้นมันก็ยังมีนิสัยรักป่า เมื่อปล่อยให้หาอาหารกินตามอิสระ มันมักจะค่อย ๆ ห่างบ้านออกไปทุกทีจน

หายไป นอกจากนี้ยังมีการนำไก่แจ้ตัวเมียไปเลี้ยงไว้ตามชายป่าปล่อยให้ไก่ตัวผู้มาผสมพันธุ์ ทั้งนี้เนื่องจากไก่แจ้มีลักษณะใกล้เคียงกับไก่ป่า พอผสมพันธุ์ไปได้ 2-3 ชั่วรุ่น ลักษณะของลูกไก่ที่ได้จะเหมือนไก่ป่ามาก

2.3 ลักษณะของไก่พื้นเมืองไทยที่ใช้ในการศึกษา

ไก่บ้าน ไก่พื้นเมือง ไก่ไทย มีความหมายเดียวกัน ไก่พื้นเมืองมีหลากหลายสายพันธุ์ ในปัจจุบันมีการผสมพันธุ์ระหว่างไก่พื้นเมืองกับไก่ต่างๆ มากมาย ทำให้เกิดเป็นไก่ลูกผสมหรือไก่กลายพันธุ์ สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.) จึงได้ร่วมมือกับกรมปศุสัตว์พัฒนาฝูงไก่พื้นเมือง 4 สายพันธุ์ขึ้น ระหว่างปี 2545-2553 เพื่ออนุรักษ์ไก่พื้นเมืองไว้ ซึ่งไก่แต่ละสายพันธุ์มีลักษณะดังนี้ (กองบำรุงพันธุ์สัตว์, 2546)

1. ไก่ประดู่หางดำ

เพศผู้ พื้นตัวสีดำตลอด บริเวณคอถึงหน้าอกจะมองเห็นสีแดง มีขนสร้อยคอ สร้อยปีก สร้อยหลัง ขนหูเป็นสีประดู่แบบมะขามแห้ง หางพัดและหางกระรวยสีดำสนิท ปาก แข้ง เดือยและเล็บ เป็นสีน้ำตาล (ดังภาพที่ 2.2 ก) ส่วนเพศเมียขนพื้นตัวสีดำอมน้ำตาลเล็กน้อย ขนคอมีสีประดู่แซมปลายเล็กน้อย หางยาวดำสนิท ส่วนปาก แข้ง เล็บ มีสีน้ำตาลเช่นเดียวกับตัวผู้ (ดังภาพที่ 2.2ข)

2. ไก่เหลืองหางขาว

เพศผู้ รูปร่างสูงระหง ปั้นขาใหญ่ยาวแข็งแรง หางยาวตกเป็นฟ้อน ปลายปากงุ้มแบบปากนกแก้ว มีร่องปากลึกทั้งสองข้าง สีปากขาวอมเหลืองรับกับสีแข้ง เล็บและเดือย บริเวณหน้าคอถึงอกมองเห็นหนังสีแดง ขนสร้อยคอ สร้อยหลัง สร้อยปีกและระย้าเป็นขนละเอียด ปลายแหลม เส้นเล็ก เป็นแผงสีเหลืองสดใส ขนหางพัดสีดำ ขนกระรวยสีขาว (ดังภาพที่ 2.2 ค) สำหรับเพศเมียขนพื้นตัวเป็นสีดำตลอดตัวหรือมีจุดกระสีขาวปลายขนบ้างเล็กน้อย บางตัวอาจมีจุดขาวอยู่ 5 หย่อม คือ หัวหนึ่ง หัวปีกสอง และข้อขาสอง ปาก แข้ง ปุ่มเดือย เล็บ เกล็ด มีสีเหลืองตลอด (ดังภาพที่ 2.2 ง)

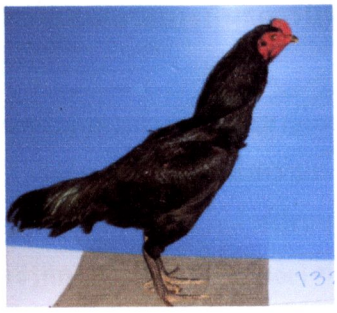
3. ไก่แดง

เพศผู้ ขนลำตัว หน้าสร้อย ขนพัดและขนหางกระรวยมีสีแดงสีเดียวกันทั้งตัว ปาก แข้ง เล็บ เดือยมีสีเหลืองอมแดง (ดังภาพที่ 2.2 จ) เพศเมียลำตัวเป็นสีแดงทั้งหมด ปาก แข้งและเล็บมีสีขาวหรือเหลือง ขนหางสีแดงปลายขนพัดดำ (ดังภาพที่ 2.2 ฉ)

4. ไก่ชี

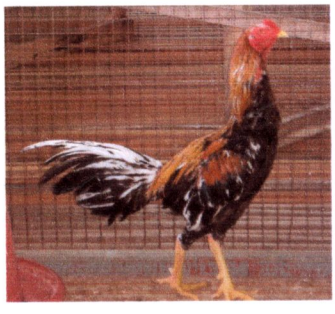
เพศผู้ สีขาวปลอดทั้งตัว หางพัดยาว หางระรวยยาวพุ่งปลายโค้งลงเล็กน้อยจรดพื้นรับกับพวงหาง ปาก แข้ง สีขาวอมเหลือง (ดังภาพที่ 2.2 ช) ส่วนเพศเมีย ขนสีขาวตลอดทั้งลำตัว (ดังภาพที่ 2.2 ซ)

ก.



ข.

ค.



ง.

จ.

ฉ.

ช.

ซ.

ภาพที่ 2.2 ไก่ประดู่หางดำเพศผู้ (ก) เพศเมีย (ข), ไก่เหลืองหางขาวเพศผู้ (ค) เพศเมีย (ง), ไก่แดงเพศผู้ (จ) เพศเมีย (ฉ) และไก่ชีเพศผู้ (ช) และเพศเมีย (ซ) ที่ใช้ในการศึกษา

2.4 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร

ความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) หมายถึงความหลากหลายในระดับดีเอ็นเอทั้งที่เป็นยีนและส่วนที่ไม่ใช่ยีน ซึ่งอาจหมายถึงความหลากหลายของสิ่งมีชีวิตแต่ละหน่วย (individual) ภายในประชากร หรือความหลากหลายของสิ่งมีชีวิตต่างประชากร (ปรีชา, 2551) ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอนี้เกิดจากการมิวเทชัน (mutation) ของลำดับนิวคลีโอไทด์ นอกจากนี้ยังองค์ประกอบอื่นๆ เช่น ยีนรีคอมบิเนชัน (genetic recombination) และการแยกตัวเป็นอิสระของโครโมโซมในกระบวนการสืบพันธุ์ (อมรา, 2546)

2.4.1 ระดับความหลากหลายทางพันธุกรรม

การบ่งชี้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตทั้งทางด้านปริมาณและคุณภาพ อาจเป็นการจำแนกความแตกต่างในระหว่างและภายในสปีชีส์ (between and within species) ระหว่างและภายในประชากร (between and within populations) หรือระหว่างแต่ละตัว (between individuals) ระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมสามารถแบ่งได้เป็น 3 ระดับ คือ

1. ระดับสัณฐานวิทยา (Morphological level)

การบอกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิต โดยเปรียบเทียบลักษณะภายนอกทางสัณฐานวิทยาหรือทางสรีรวิทยา ซึ่งเป็นลักษณะที่มักขึ้นกับสภาพแวดล้อม ทำให้ตรวจสอบผลผิดพลาดได้ บางครั้งต้องอาศัยผู้ที่มีความชำนาญเป็นพิเศษ และต้องมีวิธีบอกจีโนไทป์ที่ถูกต้องจากฟีโนไทป์ที่ตรวจสอบได้ แต่อย่างไรก็ตามการตรวจสอบลักษณะทางสัณฐานวิทยายังมีความจำเป็นต้องทำเป็นอันดับแรก แล้วจึงใช้วิธีอื่นประกอบเพื่อให้ได้ข้อมูลที่สมบูรณ์ขึ้น (สุรินทร์, 2552)

2. ระดับโปรตีน(Protein level)

การตรวจสอบสิ่งมีชีวิตโดยใช้ความแตกต่างของโมเลกุลของโปรตีน ใช้วิธีแยกโมเลกุลของโปรตีนด้วยเทคนิคอิเลกโทรโฟเรซีส แล้วจึงย้อมดูแถบของโปรตีนจำเพาะโดยใช้สารที่เหมาะสม เช่น การตรวจสอบรูปแบบของโปรตีนในเลือด รูปแบบของเอนไซม์บางชนิด เป็นต้น ข้อดีของการตรวจสอบโปรตีน คือ สามารถตรวจสอบได้หลายตำแหน่ง และแถบของโปรตีนมีการข่มร่วมกันแบบ co-dominant (สุรินทร์, 2552) แต่ยังมีข้อจำกัด คือ จำนวนยีนที่ตรวจสอบยังมีไม่มากนัก ไม่กระจายครอบคลุมทั้งจีโนม และต้องมีการแสดงออกของยีนที่ศึกษา จึงต้องเลือกเนื้อเยื่อและระยะเวลาที่เหมาะสมในการวิเคราะห์

3. ระดับนิวคลีโอไทด์ (Nucleotide level)

การตรวจสอบความหลากหลายในระดับดีเอ็นเอมีข้อดีกว่าการตรวจสอบโปรตีน เนื่องจากโมเลกุลของดีเอ็นเอมีความเสถียรกว่าจึงเก็บไว้ได้นาน และเนื่องจากดีเอ็นเอเป็นองค์ประกอบที่มีอยู่ในเซลล์ทุกเซลล์ในปริมาณที่เท่ากัน จึงสามารถตรวจสอบได้จากเนื้อเยื่อใดๆ ระยะการเจริญเติบโต หรือสภาพทางสรีรวิทยาใดก็ได้ ตรวจสอบดีเอ็นเอจากส่วนที่เป็นยีนหรือไม่ใช่ยีนก็ได้ ประกอบกับมีวิธีการตรวจสอบเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบต่างๆ มากมาย ทำให้การใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายประยุกต์ใช้ในด้านต่างๆ มากมาย (สุรินทร์, 2552)

ตารางที่ 2.1 ความแตกต่างระหว่างไก่บ้านและไก่ป่า

ลักษณะ	ไก่บ้าน	ไก่ป่า
1. อุปนิสัย	เชื่องและคุ้นเคยกับคน	มีสัญชาตญาณการระวังภัยสูง ไม่ชอบอยู่ใกล้บ้าน ไม่เชื่อง ไม่ยอมให้จับ
2. สีสัน	เพศผู้สีตามลำตัวมีสีดำหรือน้ำตาล มักมีลายข้าวตอกหยาบ	เพศผู้ สีสันสวยงาม สร้อยคอสีแดงประดู่
	เพศเมียมักมีสีดำ	เพศเมีย ลำตัวมีลายละเอียด กลางขนมีขีดสีทอง เส้นเล็กๆ หัวมีสีส้มอมแดง
3. หัว	หัวใหญ่ ปากสีเหลือง	หัวเล็ก เพศผู้จงอยปากสีดำ ปากล่างสีขาวอมเหลือง
		เพศเมีย ปากสีน้ำตาลอ่อน
4. หาง	เพศผู้ไม่มีขนปุยที่โคนหาง หากมีจะมีน้อย	เพศผู้หางแบน มีขนชัย 2 เส้น โคนหางมีขนปุยสีขาว
	เพศเมีย หางไม่แบน	เพศเมีย หางแบนสนิทเป็นพัด
5. ขนสร้อยคอ	ขนสร้อยคอมักสั้น ไม่สามารถปกคลุมหัวปีกได้สนิท	บอบบาง รัดรูป ปีกแนบสนิทกับลำตัว ขนสร้อยคอปกคลุมหัวไหล่ได้อย่างสนิท
6. ขา	ขาสีเทา เหลือง ขาสั้น มีแนวเส้นเลือดตามลำแข้ง	ขาสีดำ บอบบาง คล้ายตะเกียบ ขายาว ไม่มีแนวเส้นเลือด ตามลำแข้ง
7. หลังและโคนหาง	แผ่นหลังเป็นกระดาน และโคนหางกว้าง	หลังและโคนหางเล็ก
8. ตุ้มหู	ตุ้มหูขาว ใหญ่ อวบนูนออกมา	ตุ้มหูแบนและเว้าเข้าด้านใน
9. หงอน	เพศผู้มีหงอนเป็นหงอนหิน	เพศผู้โตเต็มที่ มีหงอนจักร เพศเมีย มีหงอนเล็กมากแทบมองไม่เห็น
10. เสียงขัน	ขันบ่อย เสียงไม่ชัดเจน	ขันน้อยกว่าไก่บ้าน เสียงมีความชัดเจน
11. ไข่	ไข่มักมีสีน้ำตาล ใช้เวลาฟักไข่ 21 วัน	ไข่มีสีขาว ใช้เวลาฟัก 19 วัน
12. ลูกไก่	มีลายขวางที่ปีกชัดเจน	สีปีกเป็นสีน้ำตาลคล้ายสีกระดานแห้ง ลายขวางที่ปีกไม่ชัดเจน

(ดัดแปลงจาก ธงชัย, 2543)

2.4.2 ความสำคัญของความหลากหลายทางพันธุกรรม

สาเหตุที่นักอนุรักษ์และปรับปรุงพันธุ์ให้ความสนใจศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรที่มีอยู่ในธรรมชาตินั้น อาจมีคำตอบที่มีความชัดเจนอยู่ 2 ประการ คือ ความผันแปรทางพันธุกรรมนั้น เป็นแหล่งที่จำเป็นสำหรับสิ่งมีชีวิตชนิดใดๆ ที่จะมีชีวิตอยู่รอดและมีการเปลี่ยนแปลงวิวัฒนาการต่อไป และประการที่สอง คือ ยีนต่างๆ ที่มีอยู่ในประชากรมีความจำเป็นหรือมีโอกาสนำไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงผลผลิตของสัตว์ในประชากรหรือต่างประชากร

ความหลากหลายทางพันธุกรรมมีความสำคัญต่อประชากรสิ่งมีชีวิต โดยเป็นคุณสมบัติอย่างหนึ่งที่ต้องมีในประชากรสิ่งมีชีวิตทุกชนิด ความสำคัญของความหลากหลายทางพันธุกรรมสามารถสรุปได้ 2 ประเด็นหลัก ดังนี้

1. เป็นปัจจัยสำคัญให้เกิดวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต (อมรา, 2546)

ความผันแปรทางพันธุกรรมเป็นพื้นฐานอันสำคัญสำหรับกระบวนการคัดเลือกตามธรรมชาติ สิ่งมีชีวิตแต่ละตัวอาจมีความแตกต่างกันทางด้านความสามารถในการสืบพันธุ์และการอยู่รอด การเปลี่ยนแปลงของโลกทางด้านชีวภาพ อาทิเช่น การเกิดการเปลี่ยนแปลงในสปีชีส์ทำให้สูญพันธุ์ไปหรือเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิประเทศที่เป็นที่อยู่อาศัยทำให้ได้ประสบกับสิ่งมีชีวิตใหม่ การเปลี่ยนแปลงที่เห็นได้ชัดเจนในระยะสิบปีที่ผ่านมา คือ ประชากรมนุษย์ได้เข้ามามีบทบาททำให้การเปลี่ยนแปลงทางชีวภาพเกิดขึ้นอย่างมาก รวมทั้งการเจริญเติบโตของเทคโนโลยีที่นับวันจะมีมากขึ้นเรื่อยๆ สปีชีส์ใดก็ตามที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงกว่า ดูเหมือนว่าจะมีความสามารถในการเกิดวิวัฒนาการ เมื่อเกิดมีสภาวะแวดล้อมเปลี่ยนแปลงไปได้ดีกว่าสปีชีส์ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อยกว่า

2. ทรัพยากรทางพันธุกรรมมีคุณค่าต่อวิถีชีวิตมนุษย์

ความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นแหล่งที่ประชากรมนุษย์ใช้ประโยชน์ในด้านเศรษฐกิจ สังคมและวัฒนธรรม ซึ่งมีความสำคัญในแง่เป็นแหล่งของปัจจัยสี่ของมนุษย์ เป็นจุดกำเนิดของวัฒนธรรมท้องถิ่นที่หลากหลาย มนุษย์ได้พัฒนาเทคโนโลยีเพื่อเสาะหาสิ่งต่างๆ ที่มีอยู่ในทรัพยากรชีวภาพ เพื่อใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์พืช สัตว์ (ปรีชา, 2551)

2.4.3 กระบวนการที่ทำให้ระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมลดลง

ความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรธรรมชาติคงอยู่โดยอาศัยกลไกการแลกเปลี่ยนและสลับที่กันของยีน (ไพศาล, 2542) เพื่อสร้างประชากรรุ่นใหม่ที่เรียกว่า ยีนรีคอมบิเนชัน (gene recombination) โดยกระบวนการนี้มีประสิทธิภาพสูงในการรักษาความหลากหลายให้คงอยู่ในประชากรนั้นๆ ได้ก็ต่อเมื่อประชากรนั้นมีขนาดใหญ่ และสามารถติดต่อแลกเปลี่ยนยีนซึ่งกันและกันทั้งระหว่างประชากรหรือภายในประชากร ซึ่งเหตุการณ์นี้มักพบในอดีต แต่ในปัจจุบันประชากรได้ถูกแบ่งแยกออกเป็นกลุ่มย่อยที่มีขนาดเล็กและไม่มีการติดต่อปฏิสัมพันธ์กันระหว่างประชากรเหล่านี้ ส่งผลให้เกิดการลดลงของระดับความหลากหลายทางพันธุกรรม กระบวนการธรรมชาติเหล่านี้ (ปรีชา, 2551) ได้แก่

1. สภาวะคอขวด (bottlenecks)

ในประชากรหนึ่งมีมวลสมาชิกอยู่ค่อนข้างมากและมีการปฏิสัมพันธ์ระหว่างกันและกันเสมอ ทำให้มีการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างมวลสมาชิกที่มีจำนวนมากเหล่านี้ แต่ต่อมาได้มีภัยพิบัติเกิดขึ้นกับประชากร ทำให้

ประชากรจำนวนหนึ่งถูกย้ายไปยังพื้นที่แห่งใหม่และได้ก่อตั้งประชากรใหม่ ซึ่งดูเหมือนว่าจะมีความหลากหลายทางพันธุกรรมเริ่มต้นลดลง เมื่อเปรียบเทียบกับประชากรเดิมก่อนที่จะถูกอพยพมา เราเรียกปรากฏการณ์นี้ว่า สภาวะคอขวด เหตุการณ์ที่เกิดตามมา คือ มีการสูญหายของอัลลีลบางอัลลีลจากจำนวนอัลลีลของ gene pool อีกทั้งยังมีผลลดจำนวนของลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีน อาทิเช่น ในประชากรหนึ่งที่ประกอบด้วยโคขนสีดำและสีขาว ต่อมาเมื่อเกิดปรากฏการณ์สภาวะคอขวด จะเหลือประชากรที่มีเฉพาะโคขนสีดำ หรือสีขาวอย่างใดอย่างหนึ่งเท่านั้น

2. ความผกผันทางพันธุกรรม (random genetic drift)

กระบวนการนี้มีความคล้ายคลึงกับ genetic bottlenecks ซึ่งเกิดขึ้นกับประชากรที่มีขนาดเล็ก มีผลให้ยีนมีโอกาสหายไปจากประชากรในอัตราสูง และมีผลให้ค่าความถี่ยีนเปลี่ยนแปลงตลอดเวลา (ประดิษฐ์, 2550) เกิดในทิศทางและขนาดที่ไม่แน่นอน ขึ้นอยู่กับการสุ่มได้รับยีนตัวใดตัวหนึ่งมากกว่าปกติในระหว่างการแยกตัวของยีนจากการแบ่งเซลล์ และขึ้นอยู่กับโอกาสในการผสมพันธุ์เพื่อถ่ายทอดยีนแต่ละตัว ตัวอย่างเช่น สัตว์ตัวใดตัวหนึ่งไม่มีโอกาสในการผสมพันธุ์กับตัวอื่นๆ ทำให้ยีนทั้งหลายในสัตว์ตัวนี้ไม่มีโอกาสถ่ายทอดไปสู่รุ่นหลังได้

3. effective population size; Ne

คือ จำนวนของสิ่งมีชีวิตในประชากรอุดมคติตามทฤษฎี ซึ่งมีคุณสมบัติดังนี้ คือ สืบพันธุ์โดยอาศัยเพศ, ประชากรรุ่นหลังไม่เหลื่อมกัน (non overlapping generation), มีการผสมพันธุ์โดยสุ่ม, ไม่มีการอพยพ และไม่มีการคัดเลือกตามธรรมชาติเกิดขึ้น ค่า EPS นี้จะมีจำนวนน้อยกว่าจำนวนที่มีอยู่ในประชากรหนึ่งๆ ตัวอย่างเช่น ประชากรควายปลัก 100 ตัว แบ่งออกเป็นอายุเยาว์ 30 ตัว เป็นหมัน 15 ตัว และที่เหลือ 55 ตัวเป็นตัวเต็มวัยสามารถสืบพันธุ์ได้ ดังนั้น ค่า EPS จึงเท่ากับ 55 ตัว

4. การผสมเลือดชิด (inbreeding)

การผสมเลือดชิด คือ การแลกเปลี่ยนยีนหรือการผสมพันธุ์กันระหว่างสิ่งมีชีวิตที่มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม ซึ่งจะส่งผลให้รุ่นลูกเสียความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยจะมีการลดสัดส่วนของจำนวนลูกที่มีสภาพยีนแบบเฮทเทอโรไซกัส แต่เพิ่มสัดส่วนของจำนวนลูกที่มีสภาพเป็นโฮโมไซกัส (วุฒิพงษ์ และคณะ, 2543; ประดิษฐ์, 2550) ซึ่งอาจมีผลกระทบเชิงลบต่อการอยู่รอดของประชากร แต่กระบวนการธรรมชาติทางพันธุกรรมนี้มักไม่ส่งผลกระทบต่อประชากรขนาดใหญ่ และมีปฏิสัมพันธ์กันโดยการแลกเปลี่ยนยีนซึ่งกันและกัน

2.5 การอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรม

ในอดีตประเทศไทยเคยมีสัตว์ป่าอาศัยอยู่มาก (ปิยบุตร, 2546) ต่อมาได้มีการล่าสัตว์กันเป็นจำนวนมาก ทำให้จำนวนสัตว์ลดลง จึงได้มีการออกกฎหมายเกี่ยวกับการคุ้มครองสัตว์ป่าขึ้น อีกทั้งพื้นที่ป่าและทุ่งหญ้าที่เคยเป็นแหล่งน้ำแหล่งอาหาร ที่อยู่ของสัตว์ป่าถูกทำลายจนเกือบหมดสิ้น ทำให้สัตว์ป่าหลายชนิดไม่สามารถดำรงชีวิตและขยายพันธุ์ต่อไปได้ภายใต้สภาพแวดล้อมที่ไม่เหมาะสม จึงทำให้เกิดการล้มตายและลดจำนวนลง และบางชนิดสูญพันธุ์ไป จึงจำเป็นต้องมีการคุ้มครองรักษาสัตว์ป่าให้ดำรงชีวิตอยู่ได้และไม่สูญพันธุ์ไป

ปรีชา (2551) กล่าวว่า การอนุรักษ์แหล่งยีน (gene conservation) หรือการอนุรักษ์แหล่งพันธุกรรมนั้นต้องคิดตามการอนุรักษ์ความแปรผันทางพันธุกรรม (genetic variation) ในสิ่งมีชีวิตใดๆ ที่เป็นสิ่งมีชีวิต

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ห้องสมุดงานวิจัย

เป้าหมายของการอนุรักษ์แหล่งยีนของสิ่งมีชีวิตนั้น รวมถึงต้องอนุรักษ์ความสามารถในการปรับตัวของประชากรต่างๆ (the adaptation capacities of population) โดยต้องศึกษาและอธิบายคุณสมบัติทางพันธุกรรม (genetic characteristic) ซึ่งคุณสมบัตินี้จะระบุถึงความสามารถในการอยู่รอดและความสามารถในการสืบพันธุ์เมื่อสภาพแวดล้อมที่สิ่งมีชีวิตนั้นๆ อาศัยอยู่เปลี่ยนแปลงไป ดังนั้นการอนุรักษ์พันธุกรรมหรือยีน ก่อนที่จะตัดสินใจเลือกแหล่งพันธุกรรมหรือแหล่งของยีนใดๆ จำเป็นต้องศึกษาถึงโครงสร้างทางพันธุกรรม (genetic structure) ของทุกๆ ประชากรที่ถูกจัดว่าเป็นแหล่งที่จะทำการอนุรักษ์ยีนไว้ แนวคิดของการอนุรักษ์นั้นสามารถทำได้ 2 วิธี คือ ถ้าประชากรแต่ละประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันสูง มีความจำเป็นที่จะต้องทำให้ประชากรที่มีอยู่ทุกๆ ประชากรคงไว้เพื่อรักษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต และอีกวิธี คือ หากประชากรแต่ละประชากรมีความเหมือนทางพันธุกรรมกันสูง จึงไม่มีความจำเป็นที่จะเก็บรักษาประชากรแต่ละแห่งเอาไว้ทั้งหมด โดยประชากรที่มีความแตกต่างกันน้อยอาจจะรวมไว้ด้วยกันได้

2.6 ผลกระทบของการปรับปรุงพันธุ์ต่อการอนุรักษ์

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเป็นสิ่งจำเป็นในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ตัวอย่างเช่น การคัดเลือกและการผสมข้ามพันธุ์ บางครั้งการเปลี่ยนความสนใจในลักษณะที่ต้องการ หรือเน้นลักษณะใหม่ในวัตถุประสงค์ของการผสมพันธุ์ ก็เป็นเหตุผลของการอนุรักษ์ที่อาจเกิดขึ้นได้

วุฒิพงษ์ และคณะ (2543) กล่าวว่า การนำพันธุ์สัตว์พื้นเมืองมาใช้ประโยชน์ ควรจะนำมาพิจารณาร่วมในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เช่น การผสมข้ามพันธุ์เพื่อจะได้ heterosis โดยเฉพาะในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ หรือมี heterozygosity หรือมีปฏิกิริยาร่วมของ epistasis ลักษณะเหล่านี้มีความสำคัญในการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดีกว่าลักษณะที่เกิดจากอิทธิพลของยีนบวกสะสม (additive genes) ทั้งนี้คุณลักษณะสำคัญของสัตว์พื้นเมือง ได้แก่ ความสามารถในการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี ถึงแม้ว่าการคัดเลือกจะทำให้ฐานทางพันธุกรรมของประชากรแคบลง ซึ่งเกิดจากการคัดเลือกลักษณะต่างๆ ก็ตาม แต่การที่เราสามารถแสดงตำแหน่งของยีน ด้วยวิธีการตรวจสอบต่างๆ นั้น จะช่วยในการป้องกันการสูญเสียความแปรปรวนทางพันธุกรรมได้ ขนาดของประชากรที่มีขนาดเล็กเป็นสาเหตุให้เกิดการสูญหายทางพันธุกรรมและเกิดอัตราการผสมเลือดชิดในประชากรขนาดเล็กเราสามารถจะรักษาพันธุกรรมไว้ได้โดยการควบคุมวางแผนการผสมพันธุ์ โดยใช้ข้อมูลทางอณูพันธุศาสตร์และนำมาร่วมกับโปรแกรมการผสมพันธุ์

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ
ห้องสมุดงานวิจัย
วันที่ 12 มี.ค. 2556
เลขทะเบียน 209113
เลขเรียกหนังสือ

2.7 ลักษณะจีโนมของไก่

จีโนม มีความหมายกล่าวถึงจำนวนโครโมโซมหรือดีเอ็นเอทั้งหมดที่มีในชุดหนึ่งๆ ซึ่งมีความจำเพาะในสิ่งมีชีวิตหนึ่งๆ สิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันย่อมมีจีโนมที่แตกต่างกัน ขนาดจีโนมไก่มีรายงานว่ามีดีเอ็นเอบรรจุอยู่ประมาณ 2.5 พิโคกรัมต่อดิพลอยด์เซลล์ และมีขนาดจีโนมเท่ากับ $2.4X10^9$ คู่เบส/ดิพลอยด์ สำหรับจีโนมไก่นั้นประกอบด้วย โครโมโซมทั้งหมด 39 คู่ (78 แท่ง) ได้แก่ โครโมโซมร่างกาย 38 คู่ และโครโมโซมเพศ 1 คู่ คือ โครโมโซม Z และโครโมโซม W โดย Smith and Burt (1998) ได้แบ่งโครโมโซมร่างกายของไก่ออกเป็น 2 กลุ่ม คือ macrochromosome จำนวน 8 คู่ และ microchromosome จำนวน 30 คู่ ในสัตว์ปีกเพศเมียโครโมโซมเพศจะเป็นการเข้าคู่กันของโครโมโซมชนิด Z และ W เรียกการเข้าคู่กันของโครโมโซมเพศ (ZW) สภาพนี้ว่า heterogametic sex ส่วนเพศผู้โครโมโซมเพศเป็นชนิด Z เข้าคู่กัน (ZZ) เรียกการเข้าคู่สภาพนี้ว่า homogametic sex ทำให้การกำหนดเพศในสัตว์ปีกแตกต่างจากสัตว์เลี้ยงลูกด้วยน้ำนม คือในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยน้ำนมการกำหนดเพศลูกจะถูกกำหนดโดยเซลล์สืบพันธุ์ที่ถ่ายทอดมาจากเพศผู้ แต่ในสัตว์ปีกการกำหนดเพศจะถูกกำหนดโดยเซลล์สืบพันธุ์ที่ถ่ายทอดมาจากเพศเมีย

จีโนมของไก่มีลำดับดีเอ็นเอที่ประกอบด้วยส่วนที่เป็น unique และ repetitive sequence ในปริมาณ 87% และ 13% ตามลำดับ (Eden and Hendrick, 1978 อ้างโดย ปรัชญาพร, 2550) โดย repetitive sequence สามารถแบ่งได้เป็น 2 กลุ่มคือ non-coding repetitive และ coding repetitive ซึ่ง coding repetitive ประกอบด้วย ส่วนของ ribosomal ribonucleic acid (rRNA) gene, transfer RNA gene และ multigene families ส่วน non-coding repetitive แบ่งได้เป็น 2 แบบ คือ dispersed elements และ tandem repeat ซึ่ง dispersed elements ประกอบด้วย long interspersed element (LINEs) และ short interspersed elelments ส่วน tandem repeat นั้น วิชัย และคณะ (2545) รายงานว่า สามารถแบ่ง tandem repeat ตามจำนวนซ้ำและความยาวของหน่วยซ้ำได้ดังนี้

- Satellites คือดีเอ็นเอที่มีเบสซ้ำยาวขนาดหลายร้อยเบส โดยมีจำนวนซ้ำแต่ละตำแหน่งตั้งแต่ 10^3-10^7 ครั้ง ซึ่งจัดเป็นพวกที่มีการซ้ำของเบสเป็นจำนวนมาก (highly repetitive DNA) satellite แต่ละแบบจะพบเพียง 1 หรือ 2 ตำแหน่งต่อโครโมโซม และมักพบบริเวณเซนโตรเมียร์ของโครโมโซม

- Minisatelllites คือเบสซ้ำกันขนาด 9-100 เบส ที่มีจำนวนซ้ำตั้งแต่ 10 และไม่เกินพันครั้ง ซึ่งจัดอยู่ในกลุ่มที่มีการซ้ำของเบสในระดับปานกลาง (moderately repetitive DNA) minisatelllite จำนวนมากมีความคล้ายคลึงกันของลำดับเบส หรือมีลำดับเบสแกน (core sequence) เดียวกัน ดีเอ็นเอในบริเวณนี้มีความหลากหลายสูง เนื่องจากความแตกต่างในจำนวนซ้ำ บางทีเรียกว่า Variable number of tandem repeat หรือ VNTR

- Microsatellites คือเบสซ้ำขนาด 1-6 เบส เช่น (A)n, (CA)n, (TAA)n, (GATA)n เมื่อ n เป็นจำนวนซ้ำแต่ละตำแหน่งไม่เกิน 100 ครั้ง บางครั้งอาจเรียกเบสซ้ำชนิดนี้ว่า simple sequence repeats (SSR) หรือ short tandem repeats (STR) เบสซ้ำชนิดนี้พบกระจายอยู่ในบริเวณต่างๆ ของจีโนมประมาณ 10^4-10^5 โลกัส ความหลากหลายของจำนวนซ้ำที่พบในบริเวณนี้สามารถนำมาใช้ประยุกต์ในการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอได้ และเนื่องจาก microsatellite จำนวนมากถูกพบกระจายอยู่ทั่วไปในโครโมโซมทำให้มีการนำมาใช้ในการสร้างแผนที่จีโนม

2.8 เครื่องหมายโมเลกุล (Molecular marker)

อมรา (2546) กล่าวว่า เครื่องหมายโมเลกุล เป็นเครื่องหมายที่เกิดจากชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่ไม่ส่งผลให้เห็นเป็นลักษณะปรากฏ ส่วนใหญ่เป็นดีเอ็นเอส่วนที่ไม่ใช่ยีน (non-coding DNA) ต้องตรวจทางเทคนิคระดับโมเลกุล จึงจะจำแนกได้ชัดเจนว่าชิ้นส่วนดีเอ็นเอดังกล่าวมีความแตกต่างกันในสัตว์แต่ละตัว และยังคงเรียกแต่ละรูปแบบความแตกต่างของชิ้นส่วนดีเอ็เอที่ตำแหน่งเดียวกันว่า อัลลีล ข้อดีของเครื่องหมายโมเลกุล คือ ทุกอัลลีลสามารถถูกตรวจได้โดยไม่มีผลของปฏิกิริยาร่วมกันระหว่างยีนมาเกี่ยวข้อง และไม่มีผลของความเป็นยีนเด่นยีนด้อย ส่วนใหญ่แสดงผลแบบ co-dominant (ยกเว้น RAPDs marker ซึ่งแสดงผลแบบ dominant) ชนิดของเครื่องหมายโมเลกุล เช่น Restriction fragment length polymorphism (RFLPs), Random amplification of polymorphic DNA (RAPDs), และ Micosatellites (STR)

- RFLPs ชิ้นส่วนของดีเอ็นเอขนาดแตกต่างกันในประชากรถูกเรียกว่า restriction fragment length polymorphism ชิ้นส่วนนี้ถูกตัดโดยเอนไซม์ตัดจำเพาะที่จุดตัดจำเพาะของดีเอ็นเอในจีโนม หากมีความหลากหลายของดีเอ็นเอบนจีโนมแล้วบริเวณที่หลากหลายนี้อาจอยู่ในส่วนที่เป็นจุดตัดจำเพาะ ทำให้เอนไซม์สามารถตัดดีเอ็นเอบริเวณดังกล่าวได้หรือไม่ได้แตกต่างกัน ส่งผลให้ขนาดของชิ้นส่วน RFLP เป็นขนาดที่หลากหลายกัน แต่อย่างไรก็ตามการศึกษาด้วย RFLP นั้นอัลลีลที่พบในโลกัสหนึ่งๆ มีเพียง 2 อัลลีลเท่านั้น (bi-allelic polymorphism) จึงไม่นิยมนำมาศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต

- RAPDs เป็นลำดับเบสของดีเอ็นเอที่ถูกสุ่มนำออกมาจากจีโนม มีขนาดสั้นมากและมีจำนวนชุดของเบสซ้ำกันในลักษณะ inverse repeat สามารถใช้ตรวจหาความเป็นเอกลักษณ์ทางพันธุกรรมของบุคคลได้ แต่พบว่า RAPDs นี้ ให้ค่าการตรวจสอบซ้ำที่ต่ำ จึงไม่เป็นที่นิยมนัก

- Microsatellite ที่ตำแหน่งหนึ่งบนโครโมโซมสามารถพบได้หลายอัลลีล อัลลีลที่ต่างกันนี้เกิดจากความแตกต่างของจำนวนซ้ำ ทำให้เกิดความหลากหลายในความยาวของท่อน STR และสามารถเพิ่มปริมาณของท่อน STR ได้โดยใช้เทคนิค PCR ซึ่ง STR นี้ พบกระจายตัวทั้งจีโนมแต่กระจายตัวไม่สม่ำเสมอ (สุรินทร์, 2552) ทั้งในบริเวณ coding และ non-coding ความหลากหลายของ microsatellite สูง (high polymorphism) จึงถูกนำมาประยุกต์ใช้เพื่อจำแนกสายพันธุ์หรือชนิดของสัตว์ ตรวจสอบความความสัมพันธ์ทางสายเลือด ใช้สร้างพันธุ์ประวัติในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์สัตว์ และการที่พบ microsatellite อยู่ทั่วไปในโครโมโซมจึงมีการนำมาใช้ในการสร้าง genome mapping เพื่อหาตำแหน่งของยีนต่างๆ และใช้เพื่อศึกษารายละเอียดความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตในระดับดีเอ็นเอในประชากรได้ (ปรีชา, 2551)

2.9 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ

การศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตทำกันมานานแล้ว โดยใช้หลักฐานทางโบราณคดี ซึ่งทำได้ไม่สมบูรณ์ เพราะสิ่งมีชีวิตบางกลุ่มไม่สามารถสืบค้นหาหลักฐานได้ การใช้หลักฐานทางโมเลกุลสามารถใช้ได้ดีกว่า เพราะไม่มีการลำเอียง และมีความแม่นยำมากกว่า อีกทั้งตัวอย่างที่นำมาศึกษายังหาได้ง่ายกว่า โดย

ใช้ได้ทั้งข้อมูลของโปรตีนและดีเอ็นเอ (สุรินทร์, 2552) ในส่วนของดีเอ็นเอนั้นสามารถใช้ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ตรวจสอบโดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอแบบต่างๆ ได้

Phylogenetics เป็นการศึกษาประวัติหรือวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต โดยใช้แผนภาพคล้ายต้นไม้ กิ่งที่แยกออกแต่ละกิ่งแสดงการแยกตัวออกจากกัน เรียกอีกอย่างว่า phylogeny หรือ evolutionary tree รูปแบบของ tree มี 2 แบบคือ phylogram เป็น tree ที่มีความยาวของกิ่งไม่เท่ากัน ซึ่งแสดงระยะเวลาในการเกิดวิวัฒนาการที่ต่างกัน ส่วน cladogram จะบอกเพียงลำดับของสิ่งมีชีวิต แต่ไม่ได้แสดงระยะเวลาในการเกิดวิวัฒนาการ

การสร้าง tree (Tree construction)

การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมหรือความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ โดยใช้หลักฐานทางโมเลกุลนั้น ข้อมูลได้แก่ ลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนหรือส่วนของดีเอ็นเอที่นำมาตรวจสอบ หรือแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายต่างๆ แล้วต้องนำข้อมูลที่ได้มาเปรียบเทียบกัน ถ้าข้อมูลมีจำนวน node น้อยก็สามารถสรุปผลได้ง่าย แต่ถ้ามีข้อมูลจำนวน node มาก การที่จะระบุว่าตัวอย่างใดมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับตัวอย่างใดมากกว่ากันเป็นเรื่องยาก โอกาสที่จะสรุปผิดพลาดย่อมมีค่อนข้างสูง จึงต้องมีการนำข้อมูลดิบมาแปลงเป็นแผนภูมิในรูปของ tree เพื่อให้สามารถสรุปผลได้ถูกต้อง รูปแบบข้อมูลที่นำไปสร้าง tree มี 2 แบบหลัก (วสันต์และวีระพงศ์, 2544) คือ อาศัยลักษณะที่แตกต่างกัน (discrete characters) ใช้กับลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโน โดยเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์เป็นคู่ๆ ส่วนอีกวิธีคือ อาศัยระยะความห่างไกลกัน (genetic distance)

วิธี Genetic distance ข้อมูลแบบนี้ได้มาจาก RFLPs, VNTR, STR, AFLP, DNA fingerprints และ RAPD (วสันต์และวีระพงศ์, 2544) การสร้าง tree ด้วยวิธีนี้เริ่มจากเปลี่ยนข้อมูลทางโมเลกุลให้เป็นค่า distance ก่อน โดยคำนวณค่า distance ระหว่างแต่ละตัวอย่างเป็นคู่ๆ นำมาเป็นเมตริกซ์ แล้วจึงสร้าง tree ซึ่งค่า distance คำนวณจากรูปแบบของแถบดีเอ็นเอหรือโปรตีนที่ได้จากการตรวจสอบด้วยเครื่องหมายต่างๆ การสร้าง tree ด้วย genetic distance นี้มี 2 ระบบคือ optimality based method ระบบนี้จะสร้าง tree เพียง 1 tree เท่านั้น ไม่มีตัวเลือก โดยจะสุ่มจับคู่ตัวอย่างแล้วสร้าง tree หลายๆ แบบ แล้วจึงเลือกแบบที่เหมาะสมที่สุด และระบบที่สอง คือ clustering based method

Clustering based method จาก distance matrix แล้วเริ่มจับคู่ตัวอย่างที่เหมือนกันมากที่สุด คือมีค่า distance น้อยที่สุดก่อน แล้วดำเนินการต่อไปเรื่อยๆ การสร้าง tree ที่ใช้กันมี 2 วิธี (สุรินทร์, 2552) ได้แก่

1. วิธี UPGMA (unweighted pair group method using arithmetic average) การสร้าง tree จะดูจากเมตริกซ์และจับคู่ตัวอย่างที่มีค่า distance น้อยที่สุด โดย node คือจุดกึ่งกลางระหว่าง distance ของ 2 ตัวอย่าง ลดขนาดของเมตริกซ์ลง โดยจัดกลุ่มตัวอย่างที่จัดแล้วเป็นกลุ่มเดียวกัน คำนวณ distance ระหว่างกลุ่มตัวอย่างใหม่กับตัวอย่างที่เหลือ สร้างเมตริกซ์ใหม่ที่ลดจำนวนตัวอย่างลง จับคู่กลุ่มตัวอย่างใหม่ ทำซ้ำไปเรื่อยๆ ตัวสุดท้ายคือ outgroup สมมุติฐานของ UPGMA คือ ทุกตัวอย่างมีการเปลี่ยนแปลงด้วยอัตราคงที่ ซึ่งไม่ถูกต้องเสมอไป จึงอาจมีความคลาดเคลื่อนได้ แต่ข้อดีของวิธีนี้คือ ทำได้รวดเร็ว

2. วิธี neighbor joining (NJ) คล้ายกับวิธี UPGMA คือ ค่อยๆ ลดขนาดเมตริกซ์ลง แต่ไม่ได้คิดว่าทุกๆ ตัวอย่างมีอัตราการวิวัฒนาการที่คงที่เหมือนวิธี UPGMA ซึ่งมักไม่เป็นจริง ดังนั้น อาจอยู่ห่างจากต้นกำเนิดไม่เท่ากัน เพื่อให้อัตราการวิวัฒนาการถูกต้องจะมีการปรับค่า distance ใหม่ วิธี NJ ปัจจุบันได้รับความนิยมกันมาก

2.10 การประยุกต์ใช้ไมโครแซทเทิลไลท์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในสัตว์ปีก

ไมโครแซทเทิลไลท์เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีการแสดงผลแบบ co-dominant (Hillel et al., 2003) จึงสามารถนำมาใช้แยกสัตว์ที่เป็น homozygous หรือ heterozygous ได้ นอกจากนี้ไมโครแซทเทิลไลท์ได้รับการพิสูจน์แล้วว่า สามารถใช้ประเมินความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไก่ได้ดี (Tanado et al., 2007a) โดยสามารถจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมได้แม้ว่าสัตว์นั้นจะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมสูงก็ตาม

การศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรโดยใช้ข้อมูลไมโครแซทเทิลไลท์นั้นขนาดของตัวอย่าง (sample size) ต้องมีมากในระดับที่สามารถทดสอบทางสถิติได้ ขนาดตัวอย่างอยู่ระหว่าง 25-100 ตัวอย่าง ในแต่ละประชากร และตำแหน่งของไมโครแซทเทิลไลท์ไม่น้อยกว่า 10 โลไซ (ปรีชา, 2551) ซึ่งแตกต่างกับ Tadano et al. (2007a) แนะนำให้ใช้ตัวอย่างจำนวน 24 ตัวอย่าง และไมโครแซทเทิลไลท์ 20 โลไซ จึงจะเพียงพอต่อการศึกษาสภาพโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรไก่ และการประเมินสภาพความหลากหลายของไก่โดยใช้ไมโครแซทเทิลไลท์ที่ดีควรให้จำนวนอัลลีลในแต่ละโลกัสไม่ต่ำกว่า 4 อัลลีล (Wimmers et al., 2000) และ Olowofeso et al. (2005) กล่าวว่าโดยทั่วไปจำนวนอัลลีลที่ได้จากการศึกษาด้วยไมโครแซทเทิลไลท์ ควรอยู่ระหว่าง 4-16 อัลลีล

ในปัจจุบันมีการนำไมโครแซทเทิลไลท์มาใช้ศึกษาสภาพความหลากหลายและโครงสร้างทางพันธุกรรมในสัตว์ปีกอย่างมากมาย ดังแสดงในตารางที่ 2.2 จากตารางจะเห็นได้ว่า มีการใช้ไมโครแซทเทิลไลท์ศึกษาความหลากหลายและสภาพโครงสร้างทางพันธุกรรมในไก่ต่างชนิดกัน ทั้งในไก่ป่า ไก่พื้นเมืองและไก่สายพันธุ์ทางการค้า และใช้ไมโครแซทเทิลไลท์ในจำนวนที่แตกต่างกันด้วย โดยอยู่ระหว่าง 5-40 โลไซ อีกทั้งชนิดของไมโครแซทเทิลไลท์ที่ใช้ในการตรวจสอบความหลากหลายและสภาพโครงสร้างทางพันธุกรรมของไก่เหล่านี้ยังแตกต่างกันในแต่ละรายงาน จึงทำให้ได้จำนวนอัลลีลเฉลี่ย ค่าเฮทเทอโรไซโกซิตี้คาดหมาย (H_E) และค่า F_{ST} ที่ได้จากแต่ละรายงานมีค่าที่แตกต่างกันไปด้วย

จากตารางที่ 2.2 นั้น จะเห็นว่าค่าเฮทเทอโรไซโกซิตี้คาดหมายมีค่าอยู่ในช่วง 0.3710-0.6862 ซึ่งจะพบว่าไก่ Italian chickens และ commercial broiler ของอิตาลี (Zanetti et al., 2007) มีค่าเฮทเทอโรไซโกซิตี้คาดหมายต่ำที่สุด (0.3710) และ ไก่ Haimen ของจีน (Olowofeso et al., 2005) มีค่าเฮทเทอโรไซโกซิตี้คาดหมายสูงที่สุด (0.6862) โดยส่วนใหญ่ไก่ป่าและไก่พื้นเมืองจะมีค่าเฮทเทอโรไซโกซิตี้คาดหมายสูงกว่าไก่สายพันธุ์ทางการค้า (commercial breeds) ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่า ไก่ป่าและไก่พื้นเมืองมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงกว่าไก่สายพันธุ์ทางการค้า และค่า F_{ST} ที่แสดงถึงอิทธิพลของการเกิดประชากรกลุ่มย่อยของไก่แต่ละสายพันธุ์นั้นพบว่า ไก่แต่ละสายพันธุ์มีอิทธิพลของการเกิดประชากรกลุ่มย่อยที่แตกต่างกัน และสามารถจัดระดับการเกิดประชากรกลุ่มย่อยได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มที่มีอิทธิพลการเกิดประชากรกลุ่มย่อยสูง ได้แก่ long tail chickens ของญี่ปุ่น (Tadano et al., 2007a) และ commercial breeds (Tadano et al., 2007b) โดยมีค่า F_{ST} เท่ากับ 0.383 และ 0.298 ตามลำดับ ส่วนที่สองเป็นกลุ่มที่มีอิทธิพลการเกิดประชากรกลุ่มย่อยปานกลาง คือ ไก่ป่าและไก่พื้นเมืองของจีน(RJF and Chinese domestic fowls) มีค่า F_{ST} เท่ากับ 0.167 (Bao et al., 2008) และกลุ่มสุดท้าย

เป็นกลุ่มที่มีอิทธิพลการเกิดประชากรกลุ่มย่อยต่ำ ได้แก่ ไก่พื้นเมืองไทย (Thai Native Chickens) (ปรัชญาพร, 2550) และไก่ H'mong ของเวียดนาม (Cuc et al., 2006) มีค่า F_{ST} เท่ากับ 0.088 และ 0.026 ตามลำดับ

สำหรับวิธีการสร้างแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) พบว่า วิธี Neighbor-joining (NJ) ได้รับความนิยมในการนำมาใช้สร้างแผนภาพแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของไก่มากกว่าวิธี UPGMA ทั้งนี้เนื่องจากวิธี NJ มีการปรับค่า distance ใหม่ เมื่อมีการเปลี่ยนคู่ตัวอย่างที่นำมาเปรียบเทียบ ทำให้ได้อัตราการวิวัฒนาการที่มีความถูกต้องมากกว่า

ตารางที่ 2.2 การประยุกต์ใช้ไมโครแซทเทิลไลท์ในไก่

สายพันธุ์	จำนวน Marker	จำนวนสัตว์ (ตัว)	จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลกัส	ค่า H_E	ค่า F_{ST}	วิธีสร้าง tree	อ้างอิง
1. Isfahan chicken ของ Iran	10	150	3.60	0.5632	-	-	Nassiri et al., (2007a)
2. Mazandaran chicken ของ Iran	20	90	3.45	0.5578	-	-	Nassiri et al., (2007b)
3. Thai Native Chickens	15	353	4.87	0.6410	0.088	UPGMA	ปรัชญาพร, (2550)
4. long tailed chickens ของญี่ปุ่น	40	480 (9 breeds)	3.17	0.4320	0.383	NJ	Tadano et al., (2007a)
5. commercial breeds	40	536 (12 breeds)	6.70	0.4990	0.298	NJ	Tadano et al., (2007b)
6. H'mong chicken ของเวียดนาม	29	36	6.42	0.6500	0.026	NJ	Cuc et al., (2006)
7. Haimen chicken ของจีน	15	240	5.88	0.6828	-	NJ	Olowofeso et al., (2005)
8. RJF and Domestic chicken	14	224 (20 breeds)	11.20	-	-	NJ	Romanov and Weigend (2001)
9. commercial breeds	9	207 (9 breeds)	3.75	0.5010	-	NJ	Vanhala et al., (1998)
10. Italian chickens and commercial broiler	20	190 (5 breeds)	5	0.3710	-	NJ	Zanetti et al., (2007)
11. Bantam, Bantamise white Leghorn and White Leghorn chicken	5	148	6	0.6048	-	NJ	Palalia, (2008)
12. Idian Chickens	8	98	6	0.6600	-	-	Pirany et al., (2007)
13. Yangzhou chickens	20	360	3.78	0.5170	-	-	Lui et al., (2008)
14. RJF and Chinese domestic fowls	29	568	9.86	0.7608	0.167	NJ	Bao et al., (2008)