

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองไทยจำนวน 7 สายพันธุ์ ได้แก่ ไก่เหลืองหางขาว ไก่ประดู่หางดำ ไก่ชี่ ไก่แจ้ ไก่เบตง ไก่คอเปลือย และไก่ชนหยอง ทำโดยการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ ซึ่งในการศึกษานี้ไก่เนื้อลูกผสมพันธุ์อาร์เบอร์เอเคอร์ ไก่ไข่ลูกผสมพันธุ์อีซ่าบราวน์ และไก่ป่าสีแดงคัมพูขาว จะรวมอยู่ในการศึกษาด้วย เมื่อทำการสกัดดีเอ็นเอจากเลือดไก่แต่ละตัว นำดีเอ็นเอที่สกัดได้มาเพิ่มปริมาณไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอจำนวน 20 โกลไคด้วยเทคนิคพีซีอาร์ ทำการแยกและตรวจสอบแถบดีเอ็นเอแล้ว นำข้อมูลมาทำการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรและความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากรโดยใช้โปรแกรม POPGENE version 1.32 พบว่าไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอทุกโกลไคเป็นโพลิมอร์ฟิก จำนวนของอัลลีลในแต่ละโลคัสสำหรับทุกประชากรมีความผันแปรอยู่ระหว่าง 3-15 จำนวนของอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสสำหรับทุกประชากร คือ 7.7 ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยของไก่พื้นเมืองไทยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.400-0.510 โดยไก่แจ้มีค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยต่ำที่สุด และไก่ชี่มีค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยสูงที่สุด ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยของไก่พื้นเมืองไทยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.531-0.638 โดยไก่ชนหยองมีค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยต่ำที่สุด และไก่ชี่มีค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยสูงที่สุด จาก 10 ประชากรที่ศึกษา พบว่าระยะห่างทางพันธุกรรมจากการคำนวณโดยใช้ Nei's genetic distance ระหว่างไก่เหลืองหางขาวและไก่ประดู่หางดำมีค่าน้อยที่สุด คือ 0.1120 และระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างไก่แจ้และไก่ไข่ลูกผสมพันธุ์อีซ่าบราวน์มีค่ามากที่สุด คือ 0.4316 สำหรับระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างไก่พื้นเมืองไทยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.1120-0.3593 เมื่อนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมจากการคำนวณโดยใช้ Nei's genetic distance มาสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการโดยวิธี UPGMA พบว่าประชากรไก่ที่นำมาศึกษาทั้งหมดมีการจัดแบ่งเป็น 3 กลุ่มใหญ่ๆ ดังนี้ กลุ่มแรกประกอบด้วยไก่พื้นเมืองไทยจำนวน 6 สายพันธุ์ ได้แก่ ไก่เหลืองหางขาว ไก่ประดู่หางดำ ไก่ชี่ ไก่เบตง ไก่คอเปลือย และไก่ชนหยอง โดยไก่ป่าสีแดงคัมพูขาวถูกจัดให้อยู่ในกลุ่มนี้ด้วย กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยไก่พื้นเมืองไทยเพียงสายพันธุ์เดียว คือ ไก่แจ้ และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วยไก่ลูกผสมทางการค้าจำนวน 2 สายพันธุ์ ได้แก่ ไก่เนื้อลูกผสมพันธุ์อาร์เบอร์เอเคอร์ และไก่ไข่ลูกผสมพันธุ์อีซ่าบราวน์

ABSTRACT

TE150987

Genetic diversity of 7 Thai indigenous chicken lines were evaluated on the basis of microsatellite DNA polymorphisms. Thai indigenous chicken lines were Luenghangkhwa, Praduhangdam, Chee, Bantam, Betong, Naked Neck and Frizzle. Commercial broiler hybrid line (Arbor Acres), commercial layer hybrid line (Isa Brown) and Red Jungle Fowl (*Gallus gallus gallus*) were also included in this study. The genomic DNA were extracted from individual chicken blood. Twenty microsatellite DNA markers were used to amplify the extracted genomic DNA by polymerase chain reaction. DNA bands were separated and detected. Genetic diversity within and between populations were analyzed by POPGENE version 1.32. All the microsatellite loci were found to be polymorphic. The number of alleles was varying from 3 to 15 per locus, and the mean number of alleles per locus was 7.7. The mean observed and expected heterozygosity of Thai indigenous chicken ranged from 0.400 (Bantam) to 0.510 (Chee) and 0.531 (Frizzle) to 0.638 (Chee), respectively. From the 10 populations evaluated, the lowest genetic distance was between Luenghangkhwa and Praduhangdam (0.1120) and the highest was between Bantam and Isa Brown (0.4316). Among the 7 Thai indigenous chicken lines, the genetic distance ranged from 0.1120 to 0.3593. A phylogenetic tree was constructed based on Nei's genetic distance by UPGMA method. The lines were grouped into three clusters as following; the first group Thai indigenous chicken lines and Red Jungle Fowl, the second group Bantam and the third group Arbor Acres and Isa Brown.