

การศึกษาการจัดเรียงตัวของลำดับเบสและความหลากหลายทางพันธุกรรมของ ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอในช้างไทย

Study of Nucleotide Arrangement and Genetic Diversity of Mitochondrial DNA in Thai Elephants (*Elephas maximus indicus*)

คำนำ

ช้างเป็นสัตว์ชนิดหนึ่งที่เสี่ยงต่อการสูญพันธุ์เนื่องจากต้องการแหล่งที่อยู่อาศัยเป็นบริเวณกว้างและต้องการอาหารในปริมาณมาก ซึ่งเป็นข้อจำกัดในภาวะปัจจุบัน ทั้งนี้จำนวนช้างในประเทศไทยได้ลดจำนวนลงอย่างต่อเนื่อง โดยในช่วงสามสิบปีที่ผ่านมาช้างเลี้ยงมีจำนวนลดลงจากหนึ่งหมื่นกว่าเชือกเหลือเพียงประมาณ 2,500 เชือกโดยประมาณในปัจจุบันหรือมีอัตราการลดลงเฉลี่ยประมาณ 3 % ต่อปี (สิทธิเดช, 2542) เนื่องจากช้างเลี้ยงมีโอกาสที่จะผสมพันธุ์และเกิดลูกน้อยลง ป่วยและตายเพิ่มขึ้น ช้างเพศผู้ที่มีความสามารถในการผสมตามธรรมชาติก็มีจำนวนน้อย เพราะถูกพาไปเร่ร่อนหากินไม่มีเวลาในการฝึกช้างให้รู้จักการผสมพันธุ์ตามธรรมชาติ การเจ็บป่วยเนื่องจากสุขภาพทรุดโทรมเพราะได้รับอาหารที่ไม่เพียงพอ การลักลอบตัดงาที่ผิดวิธีทำให้เกิดการอักเสบของโพรงงา ติดเชื้อแทรกซ้อนจนบาดเจ็บล้มตาย ทำให้ลักษณะพันธุกรรมที่ดีหายไป ในปางช้างเพื่อธุรกิจการท่องเที่ยว จะต้องการช้างที่เชื่องและควบคุมง่าย จึงใช้แต่ช้างเพศเมียเป็นส่วนใหญ่ โดยมีช้างเพศผู้ไม่กี่เชือกที่ถูกใช้เป็นพ่อพันธุ์ อีกทั้งช้างและลูกช้างที่เกิดในปางช้างเหล่านี้ยังมีการเคลื่อนย้ายอยู่ตลอดเวลา ทำให้การจัดทำฐานข้อมูลเพื่อวางแผนการผสมพันธุ์ทำได้ยาก ช้างกลุ่มนี้ส่วนใหญ่ก็จะผสมพันธุ์กันเองในกลุ่ม และยังมีรายงานที่พบว่าคุณภาพน้ำเชื้อของช้างไทยที่รีดเก็บด้วยวิธี manual collection มีคุณภาพต่ำมาก (นิกร และคณะ, 2546) ทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมที่เกิดจากการผสมพันธุ์ตามธรรมชาติด้วยช้างเพียงกลุ่มเดียวมีโอกาสทำให้ความหลากหลายต่ำด้วย ซึ่งจะเห็นได้ว่าสถานการณ์ของช้างเลี้ยงในปัจจุบัน นอกจากจะมีจำนวนลดลงแล้ว ยังเกิดการสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมร่วมด้วย ในส่วนของช้างป่าปัจจุบันคาดว่าจะมีช้างป่ารวมกันทุกผืนป่าไม่เกิน 3000 ตัว (มัทนา, 2548) ซึ่งมีแนวโน้มที่จะเกิดสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรมเพิ่มมากขึ้น เนื่องจากพื้นที่ป่าที่อยู่อาศัยลดลง ป่าถูกตัดขาดออกจากกัน กลายเป็นพื้นที่ที่ไม่ติดต่อกัน ช้างที่อยู่อาศัยภายในผืนป่าต่างๆไม่สามารถอพยพระหว่างป่าได้ การผสมพันธุ์จึงเกิดขึ้นแต่ภายในกลุ่มทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมลดลง ประกอบกับใน

ปัจจุบันข้อมูลการประเมินจำนวนช้างป่าโดยอาศัยหลักการประเมินทางอ้อมพบว่าไม่มีผืนป่าใดที่มีจำนวนช้างมากกว่า 500 ตัว ซึ่งตามหลักในการอนุรักษ์บนพื้นฐานของการคงความหลากหลายทางพันธุกรรม ในผืนป่าแต่ละพื้นที่ควรมีจำนวนช้างอย่างน้อย 500 ตัว จึงจะทำให้เกิดการผสมพันธุ์และคงลักษณะทางพันธุกรรมที่ดีไว้ได้ (Santiapillai and Jackson, 1990)

ในปัจจุบันความรู้ทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพระดับโมเลกุลมีความก้าวหน้าอย่างรวดเร็ว หลายๆประเทศสามารถนำความรู้ดังกล่าวมาประยุกต์ใช้ในการในแง่ของการสำรวจประชากรและความหลากหลายทางพันธุกรรมแล้วนำข้อมูลมาใช้วางแผนในการอนุรักษ์ช้าง เทคนิคทางด้านชีวโมเลกุลที่มีการนำมาใช้ในการศึกษาทางความหลากหลายทางพันธุกรรม จะสามารถบอกลักษณะของ heterozygosity, ระยะห่างของพันธุกรรม (genetic distance) และยังมีประโยชน์ในการศึกษาวิวัฒนาการ (evolution) ของสิ่งมีชีวิต การนำดีเอ็นเอจากไมโทคอนเดรีย (Mitochondria) มาศึกษาเนื่องจากดีเอ็นเอจากไมโทคอนเดรียมีจำนวน copy มากกว่าใน nuclear DNA และมีอัตราการเกิดวิวัฒนาการสูงกว่าใน nuclear DNA เนื่องจากไมโทคอนเดรียได้รับการถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมจากเพศเมีย (maternal inheritance) (Alberts *et al.*, 1983) เท่านั้นทำให้สามารถย้อนศึกษากลับไปต้นกำเนิดสายแม่ได้ มีการนำเทคนิคทางด้านชีวโมเลกุลมาใช้ในการศึกษาทางความหลากหลายทางพันธุกรรม เช่น ควาย (Kikkawa *et al.*, 1997), สัตว์ตระกูลกวาง (มนต์ชัย และคณะ, 2549; Balakrishnan *et al.*, 2003; Pang *et al.*, 2003) ในช้างได้มีการใช้ลำดับเบสบริเวณ cytochrome b มาช้างแอฟริกาและช้างเอเซีย, ช้างแอฟริกาและช้างเมมมอท (Thomas *et al.*, 2000)

ในประเทศไทยได้มีการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในช้างไทยจำนวน 82 เชือก โดยการหาลำดับเบสในส่วนยีน cytochrome b ความยาวประมาณ 300 bp ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ (Mitochondrial DNA) สามารถแบ่งช้างไทยได้ 8 haplotypes (A-H) จากความแตกต่างของลำดับเบส 12 ตำแหน่ง และจากตัวอย่างช้างป่าจำนวน 2 ตัว พบลำดับเบสที่มีการเรียงตัวแบบ haplotype B แสดงให้เห็นว่าช้างป่าและช้างเลี้ยงมีความสัมพันธ์กันในเครือญาติ (ปริดา และคณะ, 2546) ในการศึกษาการวิจัยในครั้งนี้จะศึกษาลำดับเบสในส่วน displacement loop (d-loop) เพิ่มขึ้น โดยคาดว่าจะทำให้พบกลุ่มของช้าง (haplotype) เพิ่มมากขึ้น นอกจากนี้จะทำการศึกษาการจัดเรียงตัวของลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอทั้งหมด เพื่อเป็นประโยชน์ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างในอนาคตต่อไป