

การตรวจเอกสาร

ช้าง (Elephants)

ช้างเป็นสัตว์บกที่ใหญ่ที่สุดในปัจจุบัน โดยที่ช้างนั้นเป็นสัตว์กินพืชและเป็นสัตว์เลี้ยงลูกด้วยน้ำนมที่มีวิวัฒนาการมา 50-60 ล้านปี และมีการแพร่กระจายกว้างขวางทั่วโลก แต่ส่วนใหญ่ได้สูญพันธุ์ไปหมดแล้วหลงเหลืออยู่ในปัจจุบันเพียง 2 ชนิด คือ ช้างเอเชียและช้างแอฟริกา

ช้างเอเชีย (*Elephas maximus*) พบได้แถบทวีปเอเชียตอนใต้และหมู่เกาะที่อยู่ใกล้เคียง เช่น อินเดีย, เนปาล, พม่า, ไทย เป็นต้น โดยจะชอบอาศัยอยู่ในป่าดงดิบ ทุ่ง ที่มีอากาศร่มเย็น ไม่ชอบอากาศร้อนจัด ในปัจจุบันมีอยู่ 3 ชนิดพันธุ์ย่อย คือ

ชนิดพันธุ์ย่อยศรีลังกา (*Elephas maximus maximus*) เป็นช้างที่มีอยู่ในป่าธรรมชาติเฉพาะในเกาะซีลอนหรือเกาะลังกา หรือประเทศศรีลังกาในปัจจุบัน เป็นช้างเอเชียที่มีขนาดใหญ่ที่สุดและมีสีของผิวหนังเข้มที่สุด (กลุ่มงานโรคสัตว์ใหญ่, 2543)

ชนิดพันธุ์ย่อยอินเดีย (*Elephas maximus indicus*) เป็นช้างที่มีอยู่ตามธรรมชาติ บนแผ่นดินใหญ่ของทวีปเอเชีย ได้แก่ เนปาล, ภูฏาน, อินเดีย, พม่า, ไทย, ลาว, กัมพูชา, เวียดนาม, จีน และมาเลเซีย ซึ่งช้างชนิดนี้จะมีขนาดตัวเล็กและสีผิวหนังจางกว่าชนิดแรก สำหรับประเทศไทยนั้นมีช้างเอเชียพันธุ์อินเดียกระจัดกระจายอยู่ในป่าธรรมชาติทั่วทุกภาคของประเทศ

ชนิดพันธุ์ย่อยสุมาตรา (*Elephas maximus sumatranus*) พบเฉพาะบนเกาะสุมาตราของประเทศอินโดนีเซียเท่านั้น เป็นช้างเอเชียที่มีขนาดเล็กที่สุดและสีผิวหนังจางมากที่สุด (กฤษณา, 2545)

ช้างแอฟริกา (*Loxodonta africana*) มีเฉพาะทวีปแอฟริกาตอนใต้ของทะเลทรายซาฮาราเท่านั้น เช่น เคนยา, แทนซาเนีย, อูกันดา, แอฟริกาใต้ เป็นต้น ถิ่นที่อยู่อาศัยส่วนใหญ่เป็นทะเลทราย อากาศร้อนจัดในเวลากลางวันและหนาวจัดในเวลากลางคืน จึงมีความทนทานต่ออากาศร้อนและแห้งแล้งได้ดี มี 2 ชนิดพันธุ์ย่อย คือ

ชนิดพันธุ์ย่อยช้างป่าแอฟริกา (Forest elephant, *Loxodonta africana cyclotis*) อาศัยอยู่ในป่าภายในทวีป

ชนิดพันธุ์ย่อยช้างทุ่งแอฟริกา (Savanah elephant, *Loxodonta Africana africana*) อาศัยอยู่ในทุ่งหญ้าและทะเลทรายของทวีป

ไมโทคอนเดรียและไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ

พบได้ในเซลล์ยูคาริโอต (Eukaryotic cell) ทุกเซลล์ เป็นตำแหน่งของการเกิดการหายใจระดับเซลล์ (cellular respiration) หรือ Krebs cycle และการส่งถ่ายอิเล็กตรอน (electron transport chain) พลังงานที่จำเป็นสำหรับการดำรงชีวิต ได้มาจากระบวนการออกซิเดชันของอาหาร โดยพลังงานที่สิ่งมีชีวิตสามารถนำไปใช้ได้จะต้องเป็นพลังงานเคมีในรูปของ ATP ซึ่งการสังเคราะห์ ATP ในสภาพที่มีออกซิเจน (aerobic) จะเกิดขึ้นที่ไมโทคอนเดรีย เชื่อว่าไมโทคอนเดรียเกิดจากการ endosymbiosis ของโปรคาริโอต (Prokaryote) เข้าไปอยู่ในยูคาริโอตเหมือนกับคลอโรพลาสต์ ซึ่งไมโทคอนเดรียมีการเจริญเติบโตเปลี่ยนรูปร่างจากเส้นใย (filament) จนกลายเป็นแท่ง (rod) หรือทรงกลม (sphere) ในเซลล์ที่เจริญเต็มที่แล้วจะพบไมโทคอนเดรียมีรูปร่างยาวรี ความกว้างประมาณ 0.3-0.7 ไมโครเมตร ความยาวประมาณ 0.5-5 ไมโครเมตร จำนวนของไมโทคอนเดรียในแต่ละเซลล์จะเปลี่ยนแปลงตามขนาดและความต้องการพลังงานของเซลล์นั้น เช่น เซลล์อสุจิมี 260 ไมโทคอนเดรียต่อเซลล์, เซลล์ตับมี 500-2,000 ไมโทคอนเดรียต่อเซลล์ (นิภาพร, 2539) ยีนของเอนไซม์ในไมโทคอนเดรียบางชนิดถูกควบคุมโดยยีนในไมโทคอนเดรียเองแต่บางชนิดจะถูกควบคุมโดยยีนในนิวเคลียส ไมโทคอนเดรียสามารถแบ่งตัวเพิ่มจำนวนเองได้ เนื่องจากมีดีเอ็นเอ, ไรโบโซมและมีเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์ดีเอ็นเอ, อาร์เอ็นเอและโปรตีนในไมโทคอนเดรีย โดยยีนในไมโทคอนเดรียจะควบคุมการสังเคราะห์ rRNA, tRNA และโปรตีนที่เป็นส่วนประกอบของเยื่อหุ้มชั้นในที่ทำหน้าที่เกี่ยวกับระบบถ่ายเทอิเล็กตรอนและเอนไซม์ ATP ซินเทส (ATP synthase) โปรตีนที่ถูกควบคุมโดยยีนในนิวเคลียสจะถูกสังเคราะห์ที่ไซโตพลาซึม (Cytoplasm) แล้วถูกส่งเข้าไปยังบริเวณต่างๆไมโทคอนเดรีย ได้แก่ เมทริกซ์, เยื่อหุ้มชั้นใน, เยื่อหุ้มชั้นนอกและช่องว่างระหว่างเยื่อหุ้มทั้งสอง (ลัดดา, 2547)

ในเซลล์ของยูคาริโอต นอกจากจะมีดีเอ็นเอในนิวเคลียสแล้วยังมีดีเอ็นเออยู่ภายในไมโทคอนเดรียเรียกว่าไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ ซึ่งไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ เป็นดีเอ็นเอเกลียวคู่อยู่ใน

สภาพวงกลมปลายปิด (closed circular DNA) ดีเอ็นเอมีความยาวประมาณ 5 ไมโครเมตร มีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 10-12 เมกะดาลตัน (นิภาพร, 2539) ไมโทคอนเดรียแต่ละอันจะมีดีเอ็นเอประมาณ 2-10 ชุด (copy) หรือประมาณ 1,000-10,000 ชุดต่อเซลล์ โดยขนาดจีโนมของไมโทคอนเดรียในคนและสัตว์ส่วนมากจะมีขนาดประมาณ 16 kb ซึ่งไมโทคอนเดรียจีโนมขนาดใหญ่สามารถพบได้ในยีสต์ (ประมาณ 80 kb) และพืช (มากกว่า 200 kb) (Cooper, 2000) ในสัตว์ชั้นสูงการถ่ายทอดไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอจากรุ่นพ่อแม่ไปสู่รุ่นลูกนั้นจะเป็นแบบ uniparental คือจะได้รับจากทางแม่เท่านั้น (Maternal inheritance) นอกจากนี้การถอดรหัสของลำดับเบสเป็นกรดอะมิโนของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอยังแตกต่างจากนิวเคลียดีเอ็นเอด้วยดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 แสดงความแตกต่างระหว่าง Nuclear genetic code กับ Mitochondrial genetic code

Codon	Mammalian Mitochondrial Code	Yeast Mitochondrial Code	Nuclear code
UGA	Trp	Trp	STOP
AUA	Met	Met	Ile
CUA	Leu	Thr	Leu
AGA	STOP	Arg	Arg
AGG	STOP	Arg	Arg

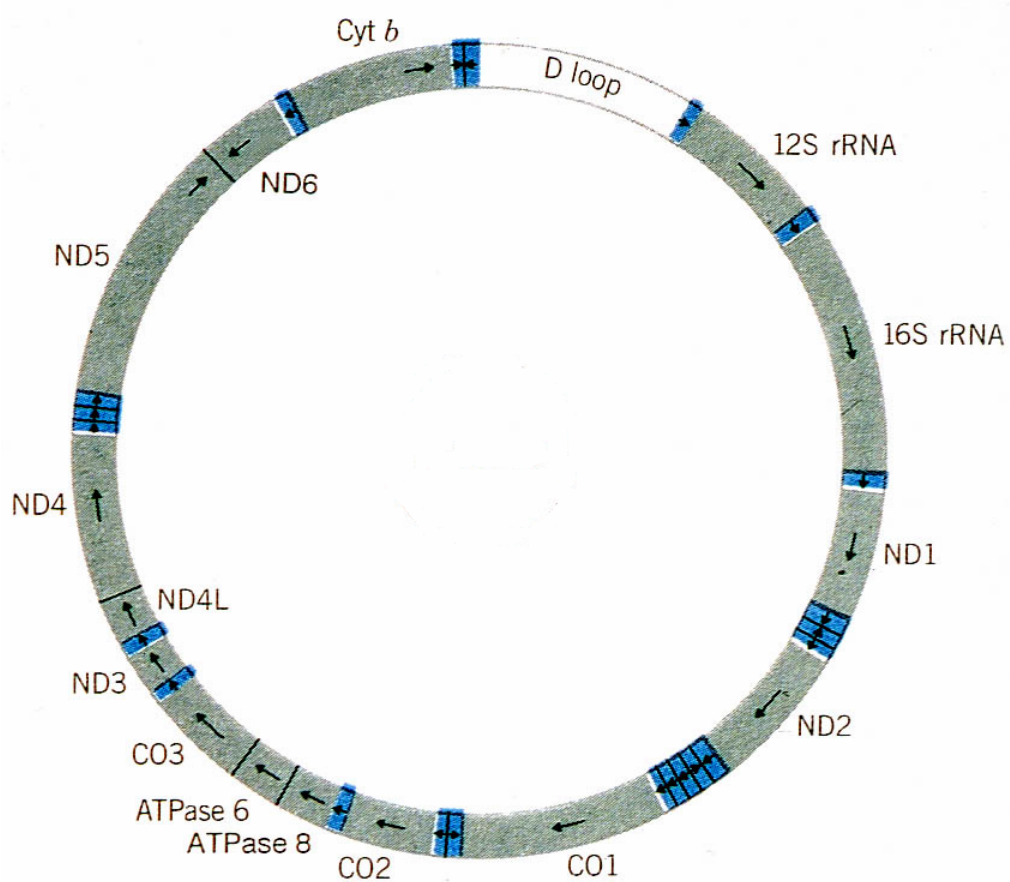
ที่มา: Albert *et al.*, 1983

ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอในสัตว์จะมีขนาดประมาณ 16 kb ประกอบด้วย 2 rRNA gene (12S rRNA และ 16S rRNA), 22 tRNA, 13 protein coding sequence และส่วนของ control region (ภาพที่ 1) ซึ่งโปรตีนทั้ง 13 ชนิดจะเกี่ยวข้องกับการขนส่งอิเล็กตรอน electron transport และ oxidative phosphorylation แสดงในตารางที่ 2 ทั้งนี้บริเวณ displacement loop (D-loop) และ cytochrome b (Noro *et al.*, 1998; Yang *et al.*, 1996; Pfeiffer *et al.*, 2004) เป็นส่วนที่ใช้ศึกษาความหลากหลายในสิ่งมีชีวิตหลายชนิด โดยความหลากหลายในช่วงนี้ได้มีการนำลำดับเบสในส่วน of cytochrome b มาใช้เนื่องจากการเปรียบเทียบลำดับเบสทำได้สะดวก เพราะยีนในส่วนนี้จะแปลรหัสเป็นโปรตีนที่มีความจำเพาะและความหลากหลายสูง

ตารางที่ 2 แสดงยีนและโปรตีนทั้ง 13 ชนิดของไมโทคอนเดรียคลีเอ็นเอ

Gene	Product
ND1	NADH dehydrogenase subunit 1
ND2	NADH dehydrogenase subunit 2
COX1	Cytochrome c oxidase subunit I
COX2	Cytochrome c oxidase subunit II
ATP8	ATP synthase F0 subunit 8
ATP6	ATP synthase F0 subunit 6
COX3	cytochrome c oxidase subunit III
ND3	NADH dehydrogenase subunit 3
ND4L	NADH dehydrogenase subunit 4L
ND4	NADH dehydrogenase subunit 4
ND5	NADH dehydrogenase subunit 5
ND6	NADH dehydrogenase subunit 6
Cyt b	Cytochrome b

ที่มา: GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)

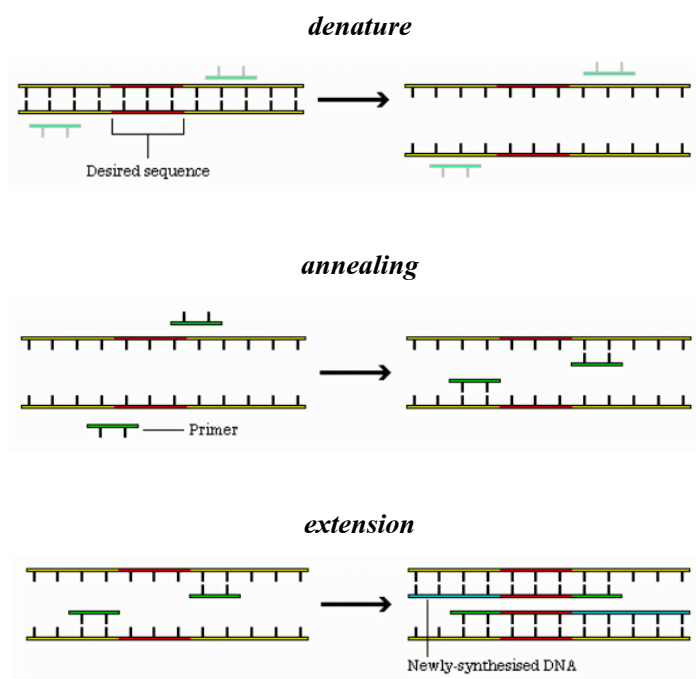


ภาพที่ 1 ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอแสดงตำแหน่งของยีน

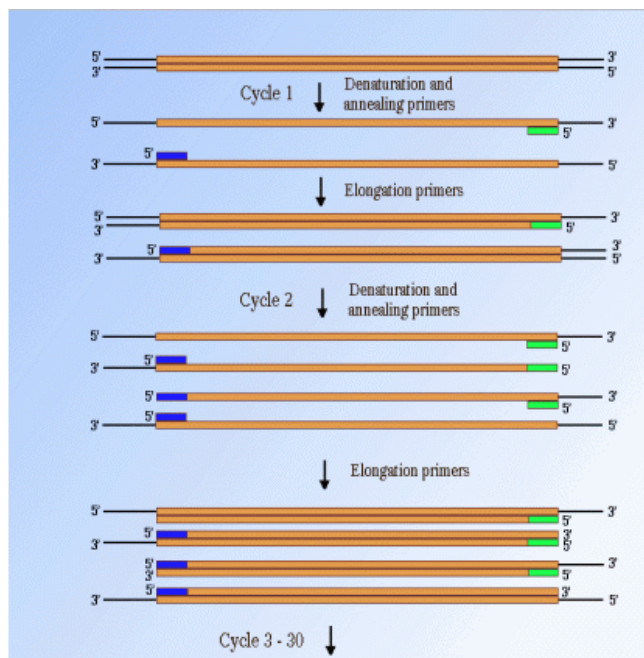
ที่มา: <http://anatomy.med.unsw.edu.au/cbl/GENOME/images/single/mito.gif>

Polymerase Chain Reaction

PCR เป็นวิธีเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอเฉพาะส่วนอย่างจำเพาะ (specific segment) ในหลอดทดลอง (in vitro) เนื่องจากยีนแต่ละชนิดจะมีเป็นส่วนน้อยใน genome ดังนั้นถ้าจะศึกษายีนใดๆ จะต้องเพิ่มจำนวนของดีเอ็นเอชิ้นนั้นให้มากขึ้นก่อน โดยทางทฤษฎี PCR จะคล้ายๆ กับ DNA replication ภายในเซลล์ กล่าวคือ เป็นวิธีการที่ DNA polymerase สร้างดีเอ็นเอจากดีเอ็นเอต้นแบบ โดยการต่อสาย oligonucleotide primer แต่ขบวนการ PCR อาศัย oligonucleotide primers 2 เส้น ซึ่งแต่ละเส้นจะ hybridize หรือ anneal กับดีเอ็นเอเส้นตรงข้าม เนื่องจาก complementary กัน โดย primer จะหันปลายด้าน 3'-OH ของ primer เข้าหากัน ถ้ามีเอนไซม์ DNA polymerase อยู่ด้วยก็จะเกิดการสร้างดีเอ็นเอขึ้นโดยการต่อปลายจาก primer ทั้ง 2 เส้นตามดีเอ็นเอต้นแบบจนกระทั่งสุดปลาย template โดยการสร้างดีเอ็นเอจะทำในทิศทางจาก 5'→3' การสร้างดีเอ็นเอทำซ้ำอีกได้โดยการนำปฏิกิริยามาทำให้ร้อน (90-95°C) ก็จะเป็นการแยกดีเอ็นเอเส้นคู่ที่ได้ใหม่ ให้เป็นดีเอ็นเอเส้นเดี่ยว (template denaturation) ถาลดอุณหภูมิลงมาให้เหมาะสม คือ ที่อุณหภูมิซึ่ง primer สามารถเข้าไป hybridize กับดีเอ็นเอเป้าหมาย ทั้งเส้นเก่าและเส้นที่สร้างใหม่ จากนั้นก็จะเกิดการสร้างดีเอ็นเอโดย DNA polymerase ทำให้เกิดการสังเคราะห์ดีเอ็นเอเป็นรอบๆ ซ้ำๆ กัน ในที่สุดก็จะได้ดีเอ็นเอเพิ่มเป็นแบบเท่าทวีคูณ (ภาพที่ 2) ในระยะแรกของเทคนิค PCR เอนไซม์ DNA polymerase ที่ใช้ในปฏิกิริยา คือ Klenow Fragment DNA polymerase แต่เอนไซม์นี้จะเสถียรภาพเมื่อถูกทำให้ร้อนในช่วงของ template denaturation ของ PCR cycle ดังนั้นเมื่อถึงรอบของ extension จะต้องเติมเอนไซม์ลงไปใหม่ทุกๆ รอบ ต่อมาได้มีการนำเอา Tag polymerase ซึ่งเป็น DNA polymerase ที่แยกได้จาก *Thermus aquaticus* มาใช้ในปฏิกิริยาแทน ซึ่ง Tag polymerase ทนความร้อนได้ดี (Thermostable) และยังทำงานในการ polymerize DNA ได้ที่อุณหภูมิสูงอีกด้วย จึงทำให้ขบวนการ PCR ทำได้ง่ายขึ้นและยังทำแบบอัตโนมัติได้ด้วย โดยการใช้เครื่อง thermal cycle ปฏิกิริยา PCR ประกอบด้วยส่วประกอบต่างๆ คือ DNA sample, oligonucleotide primer, deoxynucleotide triphosphate, buffer, Taq polymerase (ทวิศักดิ์, 2541)



PCR cycle



ภาพที่ 2 แสดงขั้นตอนการของเทคนิค PCR

ที่มา: www.nhrbc.org

การแยกขนาดดีเอ็นเอโดยวิธีอิเล็กโทรโฟรีซิส (Electrophoresis of DNA)

อิเล็กโทรโฟรีซิส เป็นเทคนิคที่ใช้แยกโมเลกุลของสารที่มีประจุออกจากกันโดยใช้กระแสไฟฟ้า โดยให้สารที่มีประจุเคลื่อนผ่านตัวกลางชนิดหนึ่งในสารละลาย สารที่มีประจุต่างกันจะเคลื่อนที่ไปในทิศทางตรงกันข้าม โมเลกุลของดีเอ็นเอประกอบด้วยหมู่ฟอสเฟตจำนวนมาก สารละลายของดีเอ็นเอ (หรืออาร์เอ็นเอ) จึงมีประจุเป็นลบที่ pH เป็นกลาง เมื่ออยู่ในสนามไฟฟ้าโมเลกุลของดีเอ็นเอจะเคลื่อนที่จากขั้วลบไปยังขั้วบวก เนื่องจากหมู่ฟอสเฟตเป็นส่วนประกอบของนิวคลีโอไทด์ทุกชนิด ดีเอ็นเอที่มีขนาดโมเลกุลเล็กจะมีหมู่ฟอสเฟตอยู่น้อยกว่าโมเลกุลขนาดใหญ่ ดังนั้นจะพบว่าประจุต่อมวลโมเลกุลของดีเอ็นเอทุกขนาดมีเท่ากัน ความเร็วในการเคลื่อนที่ของโมเลกุลดีเอ็นเอจึงขึ้นอยู่กับขนาดเป็นส่วนใหญ่ นอกจากประจุแล้วอัตราการเคลื่อนที่ก็ยังขึ้นอยู่กับขนาดของโมเลกุล, รูปแบบของดีเอ็นเอ (Configuration), แรงเคลื่อนไฟฟ้า (Voltage), เปรอร์เซ็นต์และชนิดของเจล และบัฟเฟอร์ที่ใช้ด้วย

อะกาโรสเจล (agarose gel) เป็นโพลิเมอร์ของ D-galactose สลับกับ 3,6-anhydrogalactose แยกได้จากวุ้น (agar) เนื่องจากอะกาโรสจับตัวกับสารต่างๆ ได้น้อยมากจึงนิยมใช้เป็นตัวกลางในการทำอิเล็กโทรโฟรีซิส การแยกโมเลกุลของดีเอ็นเอโดยทั่วไปจะใช้อะกาโรสเจลเป็นส่วนใหญ่ เพราะมีช่วงที่ใช้ได้มากกว่า การเตรียมทำได้ง่ายและไม่มีอันตราย ซึ่งการทำอิเล็กโทรโฟรีซิสมักทำในแนวนราบ (horizontal gel) (สุรินทร์, 2545)

การหาลำดับเบส (DNA sequencing)

เทคนิคในการหาลำดับเบสของดีเอ็นเอมี 2 วิธีคือ การหาลำดับเบสโดยติดฉลากที่ปลายดีเอ็นเอและใช้สารเคมีทำลายนิวคลีโอไทด์ ในตำแหน่งที่มีความจำเพาะต่อชนิดของเบส (Sequencing of end-labelled DNA by base-specific chemical cleavage) อาศัยหลักการใช้สารเคมีปรับเปลี่ยนเบสของดีเอ็นเอ เช่นการเติม methyl group ในตำแหน่งของเบสจำเพาะบางตำแหน่ง เบสที่ถูกปรับเปลี่ยนจะถูกทำลายไปเหลือเพียง deoxyribose ซึ่งจะถูกทำลายต่อไปจนเกิดการขาดของสายดีเอ็นเอ ในตำแหน่งของเบสดังกล่าว ทั้งนี้สามารถติดตามดีเอ็นเอโดยการติดฉลากด้วยสารกัมมันตรังสี เช่น ฟอสฟอรัส-32 (^{32}P) ซึ่งขนาดของดีเอ็นเอ สามารถแยกโดยใช้ไฟฟ้ากระแสตรงใน polyacrylamide gel ลำดับเบสสามารถอ่านได้จากแถบที่ปรากฏบนแผ่นฟิล์มเอกซเรย์

ส่วนอีกวิธีจะเป็นการหาลำดับเบสของดีเอ็นเอโดยใช้เอนไซม์เพื่อสร้างดีเอ็นเอสายใหม่จากดีเอ็นเอต้นแบบ (DNA sequencing by enzymatic synthesis) อาศัยหลักการสร้างดีเอ็นเอสายใหม่จากดีเอ็นเอต้นแบบ (template) สายเดียวโดยการทำงานของเอนไซม์ DNA polymerase และนิวคลีโอไทด์ที่ติดฉลากด้วยสารกัมมันตรังสี การสิ้นสุดการสร้างดีเอ็นเอสายใหม่จะเกิดขึ้นในตำแหน่งของ dideoxy nucleotide ดังนั้นจึงเรียกวินี้ว่า dideoxy chain termination

Automated DNA sequencing อาศัยหลักการของ dideoxy chain termination ยกเว้นการติดฉลากดีเอ็นเอจะใช้สารเรืองแสงแทนสารกัมมันตรังสี โดยอาศัยเครื่องมือติดตามการเรืองแสงของสีต่างๆกัน 4 ชนิด คือ G, T, A และ C สีที่ใช้ติดฉลากแต่ละตัวจะเรืองแสงในช่วงความยาวคลื่นต่างกันเมื่อถูกกระตุ้นด้วยแสงเลเซอร์ การติดฉลากสีในสายดีเอ็นเอจะทำได้ในช่วงการสร้างสายดีเอ็นเอ โดยติดฉลากที่ปลาย 5' ของ primer (dye primer) หรือที่ปลาย 3' ของ dideoxynucleotide triphosphate (dye termination) DNA template สามารถใช้ได้ทั้งสายเดี่ยวและสายคู่ (จตุรงค์, 2541)

การหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากร (Phylogenetic tree)

ความสัมพันธ์ทางโมเลกุล (Molecular phylogeny) เป็นการศึกษาความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต โดยใช้เทคนิคทางชีวโมเลกุลเข้ามาช่วยในการศึกษา วิวัฒนาการทางโมเลกุล (Molecular evolution) มีส่วนช่วยในการศึกษาวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต เนื่องจากธรรมชาติของดีเอ็นเอถูกนำมาใช้เป็นหลักฐานบันทึกอดีตของการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้น ข้อมูลจากการเปรียบเทียบความเหมือนหรือความต่างของลำดับเบสของดีเอ็นเอจากยีนต่างๆของสิ่งมีชีวิตสามารถระบุถึงความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิตเหล่านี้ได้ว่าแม้จะไม่สามารถแยกแยะจากกันโดยการเปรียบเทียบลักษณะทางสัณฐานวิทยา ข้อจำกัดของการใช้เทคนิคดีเอ็นเอในการศึกษาวิวัฒนาการคือ ลำดับเบสที่ใช้เป็นเพียงส่วนหนึ่งของโมเลกุลดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิต และอาจมีการกระจายแบบไม่ต่อเนื่อง หลักฐานที่ได้จึงเป็นส่วนน้อยซึ่งอาจไม่ใช่วิวัฒนาการที่แท้จริงของสิ่งมีชีวิตนั้นๆ วิธีการที่ใช้ในการศึกษาวิวัฒนาการในระดับโมเลกุลคือ การใช้ดีเอ็นเอเพื่อการศึกษาวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต เช่น โครงสร้างประชากร, การแปรผันทางภูมิศาสตร์ และการใช้สิ่งมีชีวิตต่างชนิดเพื่อการศึกษาวิวัฒนาการของดีเอ็นเอ โดยวิธีนี้เป็นสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันเป็นเพียงแหล่งดีเอ็นเอที่จะใช้ในการศึกษารูปแบบของความแปรผันของสารพันธุกรรม

ต้นไม้พันธุกรรม (Phylogenetic trees) แสดงถึงความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตที่สัมพันธ์กัน อาจวัดได้จากรูปลักษณะ ชีวเคมี อิมมูโนโลยี (Immunology) และลักษณะอื่นๆ โดยอนุมานว่า สิ่งมีชีวิตที่มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดจะมีลักษณะดังกล่าวข้างต้นคล้ายคลึงกันมากกว่าสิ่งมีชีวิตที่มีความสัมพันธ์ห่างกัน จึงมีการใช้ประโยชน์ของความแตกต่างของพันธุกรรมหรือของฟีโนไทป์ (Phenotype) ใดๆ เพื่อหาความสัมพันธ์ของประชากรหรือสปีชีส์ (Species) และเพื่อการจัดกลุ่มซึ่งทำให้สิ่งมีชีวิตต่างๆที่มีความหมายทางชีวภาพมากขึ้น โดยมักแสดงความสัมพันธ์ในรูปของต้นไม้ประวัติทางพันธุกรรม โดยมีส่วนของรากหรือรูปบรรพบุรุษอยู่ส่วนบนของต้นไม้และมีแขนงกิ่งหรือรูปแบบสืบทอดอยู่ด้านล่างของต้นไม้ ความคล้ายคลึงหรือความแตกต่างทางโครงสร้างของโมเลกุลจึงช่วยทำให้เกิดความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ

การศึกษาวิวัฒนาการนั้นสามารถศึกษาได้จากทั้งซากฟอสซิลหรือศึกษาจากสิ่งมีชีวิตที่มีอยู่ในปัจจุบัน ในทางทฤษฎีการศึกษาจากฟอสซิลจะเป็นหลักฐานโดยตรงที่แสดงให้เห็นถึงการเปลี่ยนแปลงทางวิวัฒนาการที่เกิดขึ้นกับสิ่งมีชีวิต แต่ในทางปฏิบัติข้อมูลฟอสซิลของสิ่งมีชีวิตส่วนใหญ่จะไม่สมบูรณ์ และนอกจากนี้สิ่งมีชีวิตที่สูญพันธุ์ไปแล้วอาจจะพบฟอสซิลโดยที่ไม่มีรุ่นลูกหลาน (descendant) ของสิ่งมีชีวิตนั้นสืบทอด ในขณะที่สิ่งมีชีวิตในปัจจุบันทุกชนิด ต้องเคยมีบรรพบุรุษ (ancestor) ด้วยกันทั้งนั้น (เจษฎา, 2545) การเลือกลำดับสายดีเอ็นเอเพื่อนำมาสร้างวงศาวานวิวัฒนาการนั้น ควรเป็นยีนที่อนุรักษ์ (conserved gene) ไว้ในระดับที่เหมาะสมคือ มีอัตราการสะสมการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสในสายดีเอ็นเอที่ไม่มากหรือน้อยเกินไปกับระดับของสิ่งมีชีวิตที่สนใจศึกษา และยีนดังกล่าวจะต้องมีอยู่ทั่วไปในสิ่งมีชีวิตที่สนใจศึกษาทุกๆตัวอีกด้วย ตัวอย่างของยีนที่นิยมนำมาใช้ในการสร้างวงศาวานวิวัฒนาการขึ้นมาใหม่ก็คือยีนที่ถอดรหัสเพื่อให้อาร์เอ็นเอชนิดที่เป็นองค์ประกอบของไรโบโซม (ribosomal RNA gene; rRNA gene; rDNA) ซึ่งมีอยู่ในสิ่งมีชีวิตทุกชนิด ทำให้เราสามารถศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตทุกชนิดได้ (เจษฎา, 2547)

Krause *et al.* (2006) ได้ทำการหาลำดับเบสไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอทั้งหมดของช้างแมมมอธแล้วนำมาวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าช้างแมมมอธมีความใกล้ชิดกับช้างเอเชียมากกว่าช้างแอฟริกา จากข้อมูลของ Paleontological กล่าวว่าช้างเอเชีย ช้างแอฟริกา และแมมมอธแยกออกจากกันเมื่อ 6 ล้านปีที่แล้วในแอฟริกา แต่ในการศึกษาครั้งนี้พบว่า ช้างเอเชียกับช้างแมมมอธเพิ่งแยกออกจากกันเมื่อ 440,000 ปีที่แล้วเท่านั้น