PRAWARUN AGRICULTURAL JOURNAL

https://li01.tci-thaijo.org/index.php/pajrmu/index

บทความวิจัย

โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรไก่เบตงที่รวบรวมมาจากพื้นที่ที่แตกต่างกัน โดยใช้เครื่องหมายอินเดล

เนาวรัตน์ มณีโชติ[1,2] ธีรวัต ขันติชนะกุล[1] ณัฏฐธิดา บุญถึงจิตร[1] ศุภนนท์ ตู้นิ่ม[1] และ พิชญานิภา พงษ์พานิช[1,2*]

[1] *สาขาวิชานวัตกรรมการผลิตสัตว์และการจัดการ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ อำเภอหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา 90110*

[2]*ศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักงานพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สำนักงานคณะกรรมการอุดมศึกษา กรุงเทพฯ 10900*

ข้อมูลบทความ

Article history
รับ: 28 เมษายน 2567
แก้ไข: 31 พฤษภาคม 2567
ตอบรับการตีพิมพ์: 2 มิถุนายน 2567
ตีพิมพ์ออนไลน์: 16 มิถุนายน 2567

คำสำคัญ
ไก่เบตง
เครื่องหมายอินเดล
โครงสร้างทางพันธุกรรม

บทคัดย่อ

การศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของไก่เบตงที่รวบรวมมาจากพื้นที่ที่แตกต่างกัน ได้แก่ ไก่เบตงพิกุลทองจากศูนย์ศึกษาการพัฒนาพิกุลทองอันเนื่องมาจากพระราชดำริ จังหวัดนราธิวาส (A) ไก่เบตงจากฟาร์มตัวอย่าง จังหวัดยะลา (B) ไก่เบตงจากฟาร์มเอกชนบ่อน้ำร้อน จังหวัดยะลา (C) และ ไก่เบตงจากฟาร์มปฏิบัติการสัตวศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ จังหวัดสงขลา (PSU) รวมทั้งสิ้น 60 ตัว วิเคราะห์ด้วยเครื่องหมายอินเดล จำนวน 10 ตำแหน่ง ผลการศึกษาพบตำแหน่งที่มีความหลากหลายทั้งหมด 7 ตำแหน่ง และพบว่าค่าเฉลี่ยของอัตราส่วน Polymorphic loci (P_{poly}) เท่ากับ 0.750±0.068 เมื่อพิจารณาจากค่าเฮทเทอโรไซโกซิตี้คาดหมาย (H_e) พบว่า มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.299±0.038 การวิเคราะห์ Analysis of molecular variance (AMOVA) พบว่า ความแปรปรวนที่เกิดขึ้นในประชากรส่วนใหญ่เกิดจากความแปรปรวนภายในประชากร (91 %) เมื่อพิจารณาผลจากการความแตกต่างทางพันธุกรรมจากค่าสัมประสิทธิ์ F (F-coefficient) พบว่าในประชากรทั้งหมดพบการลดลงของเฮทเทอโรไซโกซิตี้เพียงเล็กน้อย (F_{IT} = 0.016±0.035) ไม่พบการเกิดการผสมเลือดชิดในประชากรย่อย (F_{IS} = -0.094±0.041) และมีความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ในระดับปานกลาง (F_{ST} = 0.098±0.030) จากผลการวิเคราะห์ของ Neighbor-Joining (NJ) แสดงให้เห็นถึงความใกล้ชิดกันของไก่เบตงจากฟาร์ม A B และ C สำหรับการวิเคราะห์ Principal component analysis (PcoA) และวิเคราะห์โครงสร้างประชากร (Structure analysis) พบว่าสามารถจำแนกกลุ่มประชากรไก่เบตงออกเป็น 2 กลุ่มที่แตกต่างกัน (ΔK = 2) จากการศึกษาครั้งนี้สรุปได้ว่าเครื่องหมายอินเดลสามารถใช้ในบ่งชี้โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรไก่เบตงที่รวบรวมมาจากพื้นที่ที่แตกต่างกันและอาจนำไปประยุกต์ใช้เพื่อศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองสายพันธุ์อื่น ๆ ได้

บทนำ

ไก่เบตง (Betong chicken) เป็นพันธุ์ไก่พื้นเมืองที่สำคัญของภาคใต้ ซึ่งนิยมเลี้ยงกันในแถบ 3 จังหวัดชายแดนภาคใต้ คือ จังหวัด ยะลา ปัตตานี และนราธิวาส เกษตรกรส่วนใหญ่เลี้ยงไก่เบตงเพื่อการบริโภคภายในครัวเรือนและผลิตไก่เบตงในเชิงพาณิชย์ซึ่งสามารถพบเห็นการเลี้ยงทั้งในรูปแบบการเลี้ยงแบบปล่อยอิสระและแบบกึ่งขังกึ่งปล่อย (Nualhnuplong, 2019) ไก่เบตงถือได้ว่าเป็นไก่ที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในพื้นที่ภาคใต้ เนื่องจากมีลักษณะโดดเด่นในเรื่องของคุณภาพเนื้อที่มีคุณภาพดี เนื้อนุ่ม หนังบาง หนึบกรอบ และมีรสชาติอร่อย จึงทำให้เนื้อของไก่เบตงเป็นที่ยอมรับของผู้บริโภคและเป็นที่ต้องการของตลาด โดยมักจะนำไปทำเมนูข้าวมันไก่และไก่สับ เป็นต้น (Angkuraseranee, 2019; Wattanasit et al., 2020)

โดยทั่วไปการจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมในไก่พื้นเมืองสามารถทำได้โดยการสังเกตจากลักษณะปรากฏ เช่น สีขน สีตา สีแข้ง สีสร้อยคอ และลักษณะหงอน ซึ่งลักษณะเหล่านี้สามารถนำไปใช้ในการบ่งชี้ถึงเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ได้ (Buranawit et al., 2016) จากรายงานการศึกษาของ Angkuraseranee (2019) ได้ทำการรวบรวมงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับลักษณะปรากฏของไก่เบตงในพื้นที่ 3 จังหวัดชายแดนใต้ พบว่าลักษณะประจำพันธุ์ของไก่เบตง คือ มีสีเหลืองอ่อนหรือเหลืองทองตลอดทั้งตัว ปากและแข้งมีสีเหลือง ขนปีกสั้น ไม่มีขนปีกแข็ง และมีขนพลิ้วขึ้นด้านบน ขนหางสั้น เพศผู้มีหงอนจักร เพศเมียมีหงอนถั่วสั้นหรือหงอนจักรติดหนังหัว ถึงแม้ว่าวิธีนี้จะเป็นวิธีที่ทำได้ง่าย สะดวก รวดเร็ว แต่ก็จำเป็นต้องใช้ผู้ที่มีความชำนาญเพื่อให้สามารถตรวจสอบลักษณะปรากฏได้อย่างถูกต้อง (Peyachoknagul, 2009) อย่างไรก็ตาม ข้อมูลที่ได้จากการสังเกตเพียงลักษณะปรากฏอย่างเดียวนั้น อาจไม่เพียงพอสำหรับบอกความเหมือนหรือความแตกต่างทางพันธุกรรมของไก่ภายในสายพันธุ์เดียวกันได้ อย่างไรก็ตาม มีบางรายงานการศึกษาพบว่า ระดับความแปรปรวนทางพันธุกรรมภายในประชากรลดลงเมื่อสภาพแวดล้อมแตกต่างกัน ซึ่งสามารถเกิดขึ้นได้จากปัจจัยต่าง ๆ เช่น ปัจจัยทางด้าน

*Corresponding author
E–mail address: pitchayanipa.K@psu.ac.th (P. Phongphanich)
Online print: 16 June 2024 Copyright © 2024. This is an open access article, production, and hosting by Faculty of Agricultural Technology, Rajabhat Maha Sarakham University. https://doi.org/10.14456/paj.2024.20

ภูมิศาสตร์ ระยะทางระหว่างแหล่งที่อยู่อาศัย รวมไปถึงประชากรที่มีขนาดเล็กที่อาศัยอยู่ในพื้นที่เฉพาะ ซึ่งอาจเป็นข้อจำกัดในการแลกเปลี่ยนลักษณะทางพันธุกรรมระหว่างประชากร จนอาจก่อให้เกิดการผสมพันธุ์กันเองภายในประชากรมากขึ้น (Premoli, 1997) อย่างไรก็ตาม พบบางรายงานการศึกษาที่แสดงผลลัพธ์ที่ตรงกันข้าม (Sáenz-Romero & Tapia-Olivares, 2003) ดังนั้น หากต้องการผสมพันธุ์ประชากรไก่เบตงที่มาจากต่างพื้นที่ จึงจำเป็นต้องมีการตรวจสอบโครงสร้างทางพันธุกรรมและความหลากหลายทางพันธุกรรมเพิ่มเติม เพื่อใช้ในการบ่งชี้ลักษณะประจำพันธุ์และความเหมือนหรือความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรไก่เบตง

ปัจจุบันจึงได้มีการนำเครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) เข้ามาใช้ในการตรวจสอบความแตกต่างทางพันธุกรรมให้มีความแม่นยำเพิ่มมากขึ้น (Choomee & Worananthakij, 2017) โดยรายงานการศึกษาของ Väli et al. (2008) แนะนำให้มีการใช้ Insertion and/or Deletion (InDel) เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม ซึ่งมีคุณสมบัติ คือ เป็นเครื่องหมายที่มีการกระจายตัวทั่วทั้งจีโนม สามารถตรวจสอบจีโนไทป์ได้ง่าย ไม่จำเป็นต้องใช้เทคนิคขั้นสูงในการวิเคราะห์เมื่อเทียบกับการใช้ Single nucleotide polymorphism (SNP) ด้วยคุณสมบัติดังกล่าวจึงทำให้เครื่องหมายอินเดล มีความเหมาะสมที่จะนำไปใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและโครงสร้างของประชากร เพื่อใช้ในการจำแนกกลุ่มของไก่พื้นเมืองได้ (Maw et al., 2012; Maw et al., 2015) อย่างไรก็ตามยังไม่มีรายงานเกี่ยวกับโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรไก่เบตงในพื้นที่ภาคใต้ ดังนั้นการศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของไก่เบตงที่รวบรวมมาจากพื้นที่ที่แตกต่างกัน ซึ่งอาจนำผลการศึกษาที่ได้ไปใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการปรับปรุงพันธุ์ไก่เบตงและนำไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองสายพันธุ์อื่น ๆ ได้

อุปกรณ์และวิธีการวิจัย

สัตว์ทดลองและการเก็บตัวอย่าง

การดำเนินการที่เกี่ยวข้องกับสัตว์ทดลองในงานวิจัยนี้ได้รับการรับรองจากคณะกรรมการกำกับดูแลการเลี้ยงและการใช้สัตว์ของมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ เลขที่เอกสารรับรอง 2022-FNR01-003

สุ่มเก็บตัวอย่างเลือดจากประชากรไก่เบตงที่รวบรวมมาจากพื้นที่ที่แตกต่างกัน ได้แก่ ไก่เบตงพิกุลทองจากศูนย์ศึกษาการพัฒนาพิกุลทองอันเนื่องมาจากพระราชดำริ จ.นราธิวาส (A) ไก่เบตงจากฟาร์มตัวอย่าง จ.ยะลา (B) ไก่เบตงจากฟาร์มเอกชนบ่อน้ำร้อน จ.ยะลา (C) โดยประชากรทั้ง 3 พื้นที่นี้เป็นประชากรที่มีการรวบรวมการเลี้ยงอยู่ในฟาร์มแห่งหนึ่งในจังหวัดปัตตานี นอกจากนี้ยังมีการสุ่มเก็บตัวอย่างเลือดไก่เบตงจากฟาร์มปฏิบัติการสัตวศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ จ.สงขลา (PSU) โดยทำการสุ่มเก็บตัวอย่างเลือดจากเส้นเลือดดำบริเวณใต้ปีก (Wing vein) พื้นที่ละ 15 ตัว รวมทั้งสิ้น 60 ตัว ใส่ลงในหลอดทดลองขนาด 1.5 มิลลิลิตร ที่บรรจุ 0.5 % Ethylene diamine tetraacetic acid (EDTA) ซึ่งเป็นสารป้องกันการแข็งตัวของเลือด จากนั้นนำตัวอย่างเลือดเก็บไว้ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส เพื่อรอดำเนินการในขั้นตอนต่อไป

การสกัดดีเอ็นเอจีโนมิกส์และการเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอของเครื่องหมายอินเดล

สกัดจีโนมิกส์ดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือดไก่โดยใช้ชุดสกัดสำเร็จรูปของ GeneJET Whole Blood Genomic DNA Purification Mini Kit (Thermo Scientific, Waltham, MA, USA) และตรวจสอบความเข้มข้นและความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอด้วย Nanodrop Lite™Spectrophotometer (Thermo Scientific, Waltham, Massachusetts, USA) จากนั้นทำการเจือจางดีเอ็นเอด้วย TE buffer ให้ได้ความเข้มข้น 20 ng/µl เก็บรักษาที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เพื่อรอการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอต่อไป

จีโนมิกส์ดีเอ็นเอของไก่พื้นเมืองในแต่ละประชากรจะถูกนำไปเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยใช้เทคนิค PCR (Polymerase chain reaction) โดยมีการใช้เครื่องหมายอินเดลที่ได้ทำการคัดเลือกมาจากการศึกษาของ Maw et al. (2012) จำนวน 10 ตำแหน่ง (Table 1) ในปฏิกิริยาการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอ ประกอบด้วย Genomic DNA ที่มีความเข้มข้น 20 ng ปริมาตร 1 µl, 10 x Buffer ปริมาตร 1 µl, 10 mM of dNTP (Thermo Scientific) ปริมาตร 1 µl, Forward primer และ Reverse primer ปริมาตรอย่างละ 1 µl , 25 mM $MgCl_2$ ปริมาตร 0.8 µl, 5 U Taq DNA Polymerase (Thermo Scientific) ปริมาตร 0.1 µl และปรับปริมาตรด้วย Sterile water ให้มีปริมาตรรวมทั้งสิ้น 10 µl โดยมีวงรอบในการทำ PCR ดังนี้ Initial denaturation ที่อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส 5 นาที Denaturation ที่อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส 45 วินาที Annealing มีอุณหภูมิอยู่ในช่วง 58-60 องศาเซลเซียส 30 วินาที Extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาสเซลเซียส 45 วินาที และ Final extension 72 องศาเซลเซียส 5 นาที รวมทั้งสิ้น 35 รอบ จากนั้นนำ PCR ที่ได้ไปตรวจหาแถบดีเอ็นเอ (Gel electrophoresis) ด้วย 2 % Agarose gel แล้วนำไปย้อมด้วยสารเรืองแสงและบันทึกภาพแถบดีเอ็นเอภายใต้แสง UV ด้วยเครื่อง Gel document เพื่อตรวจสอบจีโนไทป์ของตำแหน่งที่เป็น Insertion และ Deletion ของไก่แต่ละตัว โดยการประเมินจากขนาดของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน และนำไปวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์ประชากรในลำดับต่อไป

การวิเคราะห์ข้อมูล

นำรูปแบบจีโนไทป์ที่ได้จากเครื่องหมายอินเดลในแต่ละตำแหน่งที่ตรวจสอบได้มาประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากร โดยพิจารณาจากค่า Polymorphic loci (P_{poly}) ค่าเฮตเทอโรไซโกตที่คาดหมาย (Expected heterozygosity, H_e) ค่าเฮตเทอโรไซโกตที่ตรวจพบ (Observed heterozygosity, H_o) และทดสอบสมดุลของยีนในประชากร (Hardy-Weinberg equilibrium) ด้วย Chi-square test จากนั้นทำการวิเคราะห์โครงสร้างประชากรด้วยวิธี Analysis of molecular variance (AMOVA) เพื่อประเมินความแปรปรวนที่เกิดขึ้นภายในและระหว่างประชากร จากนั้นทำการทดสอบโครงสร้างประชากรและการแบ่งออกเป็นประชากรย่อยด้วยค่าสัมประสิทธิ์ (F-coefficient) และทำการทดสอบความแตกต่างระหว่างประชากร (Pairwise F_{st} differentiation) ด้วยโปรแกรม GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse, 2012) สำหรับการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Phylogenetic tree) ทำการวิเคราะห์จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรมด้วยวิธี Neighbor-joining (NJ) ด้วย

โปรแกรม POPTREE2 (Takezaki et al., 2010) จากนั้นทำการวิเคราะห์โครงสร้างของประชากรด้วยโปรแกรม Structure 2.3 (Porras-Hurtado et al., 2013) โดยการตั้งค่าเพื่อคำนวณค่า Posterior probability ในแต่ละครั้ง จะใช้จำนวนซ้ำของ Markov Chain Monte Carlo (MCMC) ในช่วง Burn-in จำนวน 20,000 ครั้ง ตามด้วยจำนวนซ้ำอีก 20,000 ครั้ง หลังจากนั้นนำข้อมูลที่ได้ไปหาค่า K ที่เหมาะสมด้วยโปรแกรม StructureSelector (Li & Liu, 2018) และวิเคราะห์โครงสร้างประชากรด้วยวิธี Principal component analysis (PCoA) ด้วยโปรแกรม GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse, 2012)

ผลและวิจารณ์ผลการวิจัย

1) ความหลากหลายของเครื่องหมายอินเดลและความผันแปรทางพันธุกรรมของไก่เบตง

จากการวิเคราะห์ตัวอย่างประชากรไก่เบตงที่ได้ทำการรวบรวมมาจากแต่ละพื้นที่ในภาคใต้ของประเทศไทยด้วยเครื่องหมายอินเดล พบตำแหน่งที่มีความหลากหลาย (Polymorphic) ทั้งหมด 7 ตำแหน่ง จาก 10 ตำแหน่ง คือตำแหน่งที่ 1-5 และ 7-8 ในขณะที่ตำแหน่ง 6, 9 และ 10 เป็นตำแหน่งที่ไม่พบความหลากหลาย (Monomorphic) เมื่อพิจารณาจากค่าอัตราส่วน Polymorphic loci (P_{poly}) (Table 2) พบว่าประชากรไก่เบตงทั้ง 4 แหล่งมีค่า P_{poly} อยู่ในช่วง 0.571-0.857 โดยฟาร์ม A และ C มีค่า P_{poly} ที่เท่ากัน (P_{poly} = 85.7 %) และมีค่าสูงกว่าประชากรไก่เบตงจากฟาร์ม B และ PSU ตามลำดับ

จากการวิเคราะห์เครื่องหมายอินเดลที่พบความหลากหลายจำนวน 7 ตำแหน่ง เมื่อพิจารณาจากค่า Heterozygosity ของประชากรไก่เบตงที่ทำการรวบรวมจากฟาร์มทั้ง 4 แหล่ง พบว่า ค่า Expected heterozygosity (H_e) มีค่าอยู่ในช่วง 0.194±0.078 ถึง 0.354±0.069 โดยไก่เบตงที่ทำการรวบรวมจากฟาร์ม A, B และ C มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.354±0.069, 0.318±0.085 และ 0.330±0.078 ตามลำดับ ในขณะที่ไก่เบตงจากฟาร์ม PSU มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.194±0.078 ซึ่งค่า H_e ที่พบในประชากรไก่เบตงทั้ง 4 แหล่งที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้จะเห็นได้ว่า ฟาร์ม A, B และ C มีค่าที่ใกล้เคียงกันและมีความหลากหลายอยู่ระดับปานกลาง อาจเกิดขึ้นเนื่องจากไก่เบตงจากฟาร์ม A เป็นประชากรที่ผ่านการคัดเลือกเบื้องต้นเพื่อให้ลักษณะทางพันธุกรรมที่ดี (Nakavisut et al., 2020) ส่วนไก่เบตงจากฟาร์ม B และ C เป็นประชากรที่มีการผสมพันธุ์แบบสุ่ม โดยมีการปล่อยให้ผสมพันธุ์กันเองภายในประชากรเดียวกัน ในขณะที่ไก่เบตงจากฟาร์ม PSU มีค่า H_e ต่ำที่สุดและมีความหลากหลายอยู่ในระดับต่ำ อาจเนื่องมาจากไก่เบตงจากฟาร์ม PSU มีการสร้างฝูงมาเป็นระยะเวลานานและมีการคัดเลือกลักษณะทางพันธุกรรมมาหลายชั่วรุ่น รวมทั้งไม่ได้มีการนำแหล่งพันธุกรรมจากที่อื่นเข้ามาผสมพันธุ์ในประชากร จึงอาจทำให้มีการผสมกันภายในสายเลือดและเริ่มเข้าสู่ภาวะโฮโมไซโกซิตี้ (Homozygosity) เมื่อพิจารณาค่าเฉลี่ยของ H_e ของประชากรไก่เบตงที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้มีค่าเท่ากับ 0.299±0.038 ซึ่งมีค่าสูงกว่าการศึกษาของ Maw et al. (2015) ที่มีการศึกษาในประชากรไก่พื้นเมืองจากประเทศพม่า ไทย และลาว โดยใช้เครื่องหมายอินเดล จำนวน 102 ตำแหน่ง ซึ่งมีค่าเฉลี่ย H_e เท่ากับ 0.263±0.004 แต่มีค่าน้อยกว่าการศึกษาในประชากรไก่พื้นเมืองไทยโดยใช้เครื่องหมาย Single nucleotide polymorphism (SNP) และ Microsatellite ซึ่งมีค่าเฉลี่ย H_e เท่ากับ 0.353 และ 0.792 ตามลำดับ (Dorji et al., 2011; Mekchay et al., 2014) ซึ่งอาจเป็นเพราะความแตกต่างของจำนวนประชากรและจำนวนเครื่องหมายดีเอ็นที่นำมาใช้ในการศึกษา

สรุปผลการวิจัย

การทำนาอินทรีย์ที่ได้รับรองมาตรฐานเกษตรอินทรีย์ (Organic Thailand) ในคาบสมุทรสทิงพระ มีปริมาณน้อยมากเมื่อเปรียบเทียบกับพื้นที่การผลิตข้าวทั้งหมด แม้ว่าการทำเกษตรอินทรีย์ในพื้นที่มีการเริ่มต้นผลิตอย่างจริงจังมายาวนาน ตั้งแต่ ปี พ.ศ.2557 โดยปี พ.ศ. 2560 นับเป็นปีแห่งการยกระดับการผลิตข้าวอินทรีย์ที่ได้รับรองมาตรฐานเกษตรอินทรีย์มีจำนวนเกษตรกรและพื้นที่ในการผลิตเพิ่มขึ้นจำนวนมากเนื่องจากมีโครงการของภาครัฐสนับสนุน แต่เมื่อสิ้นสุดโครงการซึ่งมีระยะเวลารวม 3 ปี ในปีการเพาะปลูก พ.ศ. 2563/2564 การทำนาอินทรีย์ที่ได้รับรองมาตรฐาน Organic Thailand มีแนวโน้มลดลง เกษตรกรมีการปรับเปลี่ยนรูปแบบการรับรองมาตรฐานการผลิตเกษตรอินทรีย์รูปแบบอื่นที่มีความสะดวกมากกว่า เช่น การรับรองในระบบ PGS และมุ่งเน้นการผลิตที่ไม่ต้องการเข้าสู่การรับรองมาตรฐานมากขึ้น โดยแรงจูงใจในการปลูกข้าวอินทรีย์ประกอบด้วย นโยบายการส่งเสริมของภาครัฐและภาคเอกชน สภาพแวดล้อม ราคาพืชทดแทน และ ราคาปัจจัยการผลิต ปัจจัยเชิงสาเหตุในการเข้าสู่การผลิตข้าวอินทรีย์ที่ได้รับการรับรองมาตรฐานเกษตรอินทรีย์ของเกษตรกร ได้แก่ ปัจจัยด้านความมุ่งมั่นและตั้งใจของเกษตรกร การส่งเสริมของภาครัฐ ผู้นำชุมชน และการสนับสนุนจากโครงการของภาครัฐ ในขณะที่ปัจจัยเชิงสาเหตุในการผลิตข้าวอินทรีย์ที่ไม่เข้าสู่รับการรับรองมาตรฐานเกษตรอินทรีย์ของเกษตรกร ได้แก่ ปัจจัยด้านความยุ่งยากในระบบการตรวจรับการประเมิน ความล่าช้าในการได้รับเงินอุดหนุน การเปลี่ยนแปลงกรรมสิทธิ์ที่นา การขาดแคลนแรงงาน และการจัดจำหน่ายผลผลิต ซึ่งในการจัดจำหน่ายผลผลิตนั้นส่วนใหญ่เป็นการจำหน่ายให้กับผู้บริโภคขั้นสุดท้าย เน้นบริโภคในครัวเรือน ตัวเกษตรกรเองนับเป็นเครื่องหมายในการการันตีหรือการรับรองการผลิตแบบอินทรีย์ได้เนื่องจากมีการผลิตและซื้อขายกันมาอย่างยาวนาน เกษตรกรจึงยังไม่เล็งเห็นความจำเป็นในการขอรับรองมาตรฐานเกษตรอินทรีย์นั่นเอง ดังนั้นหน่วยงานที่เกี่ยวข้อง เช่น กรมการข้าว สำนักงานพาณิชย์จังหวัด หรือผู้ดูแลแหล่งจำหน่ายในตลาดท้องถิ่น ต้องร่วมมือกันและสร้างความแตกต่างด้านราคาระหว่างข้าวอินทรีย์ที่ได้รับรองมาตรฐานอินทรีย์กับข้าวอินทรีย์ที่ไม่ได้รับรองมาตรฐาน และข้าวเคมี เพื่อจูงใจเกษตรกร รวมทั้งต้องให้ความสะดวกในการขอรับรองมาตฐานเกษตรอินทรีย์ รวมทั้งการพัฒนาช่องทางการจัดจำหน่าย การยกระดับคุณภาพของผลผลิตในการแปรรูปเพื่อให้ได้ผลิตภัณฑ์ข้าวสารอินทรีย์คุณภาพดี เพื่อรองรับผลผลิตจากเกษตรกรทำนาอินทรีย์ในคาบสมุทรสทิงพระ หากมีการทำให้เกษตรกรเล็งเห็นคุณค่าและความสำคัญของการขอรับรองมาตรฐานเกษตรอินทรีย์จะส่งผลให้แนวโน้มการผลิตข้าวอินทรีย์

ในคาบสมุทรสทิงพระเพิ่มมากขึ้น

2) การวิเคราะห์โครงสร้างประชากรไก่เบตง

2.1) การวิเคราะห์โครงสร้างประชากรด้วยวิธี Analysis of molecular variance (AMOVA)

จากการวิเคราะห์ Analysis of molecular variance (AMOVA) เพื่อประเมินความแปรปรวนที่เกิดขึ้นภายในและระหว่างประชากร (Table 3) พบว่า ความแปรปรวนที่เกิดในประชากรไก่เบตงเกิดจากความแปรปรวนภายในประชากรสูงถึง 91 % แสดงให้เห็นว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในไก่เบตงส่วนใหญ่ที่เกิดขึ้นเป็นผลเนื่องมาจากความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับรายตัว ในขณะที่พบความแปรปรวนระหว่างประชากรเพียง 9 % ของความแปรปรวนที่เกิดขึ้นทั้งหมดของประชากร แสดงว่าประชากรไก่เบตงในแต่ละพื้นที่นั้นยังมีความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมอยู่สูง

2.2) การทดสอบโครงสร้างประชากรและการแบ่งออกเป็นประชากรย่อย

จาก Table 4 แสดงให้เห็นถึงการประเมินความแตกต่างทางพันธุกรรมจากค่าสัมประสิทธิ์ F (F-coefficient) เมื่อพิจารณาจากค่า F_{IS} ซึ่งเป็นค่าที่บอกถึงระดับการเบี่ยงเบนจากสมดุล Hardy-Weinberg ของประชากรย่อย โดยค่านี้จะแสดงถึงการลดลงของ Heterozygosity ในประชากรที่มีอิทธิพลอันเนื่องมาจากการผสมเลือดชิด (Inbreeding) ซึ่งมีค่าอยู่ในช่วง -1 ถึง 0 จากการศึกษาพบว่า ค่าเฉลี่ย F_{IS} ของเครื่องหมายอินเดลที่ใช้ศึกษาในประชากรไก่เบตงจากทั้ง 4 แหล่ง มีค่าเท่ากับ -0.094±0.041 แสดงให้เห็นว่าในประชากรย่อยมีค่า Heterozygosity สูง ไม่พบการเกิดการผสมเลือดชิด เมื่อพิจารณาผลจากความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรย่อย โดยใช้ค่า F_{ST} หากค่า F_{ST} มีค่าต่ำกว่า 0.05 แสดงว่า ประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันน้อยมาก หากมีค่าระหว่าง 0.05-0.15 แสดงว่า ประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับปานกลาง หากมีค่ามากกว่า 0.15 แสดงว่า ประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมสูง และหากมีค่ามากกว่า 0.25 แสดงว่าประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมสูงมาก (Nassiry et al., 2009) ซึ่งจากการศึกษาพบว่า ค่าเฉลี่ย F_{ST} ของเครื่องหมายอินเดลมีค่าเท่ากับ 0.098±0.030 ซึ่งแสดงให้เห็นว่าประชากรไก่เบตงในแต่ละประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ในระดับปานกลาง โดยความแตกต่างที่เกิดขึ้นเป็นผลมาจากความแตกต่างระหว่างประชากร 9.8 % และอีก 90.2 % เกิดจากความแตกต่างภายในประชากร แสดงให้เห็นว่าความแตกต่างที่เกิดขึ้นอาจยังไม่เพียงพอที่จะสามารถแยกประชากรไก่เบตงออกเป็นประชากรย่อย เมื่อพิจารณาค่า F_{IT} ซึ่งเป็นค่าที่บอกถึงระดับการเบี่ยงเบนจากสมดุล Hardy-Weinberg ของประชากรทั้งหมด พบว่าค่าเฉลี่ย F_{IT} ของเครื่องหมายอินเดลมีค่าเท่ากับ 0.016±0.035 ซึ่งแสดงให้เห็นว่ามีการลดลงของ Heterozygosity เพียงเล็กน้อยซึ่งอาจไม่เพียงพอที่จะทำให้ประชากรเบี่ยงเบนออกจากสมดุล Hardy-Weinberg

2.3) การทดสอบความแตกต่างระหว่างประชากร (Pairwise F_{ST} differentiation)

จากการวิเคราะห์ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมจากค่า Pairwise F_{ST} (Table 5) ระหว่างไก่เบตงที่ทำการรวบรวมมาจากฟาร์ม A B C และ PSU พบว่ามีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.007-0.129 โดยไก่เบตงจากฟาร์ม A และฟาร์ม C มีระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด และไก่เบตงจากฟาร์ม B และ C มีระยะห่างทางพันธุกรรมรองลงมา ซึ่งแสดงให้เห็นว่าไก่เบตงจากฟาร์ม A B และ C มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกัน ในขณะที่ไก่เบตงจากฟาร์ม PSU มีระยะห่างทางพันธุกรรมจากไก่เบตงฟาร์ม B มากที่สุดรองลง คือ ฟาร์ม A และ C ตามลำดับ การใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมของไก่เบตงจากฟาร์ม A B และ C นั้นอาจเป็นไปได้ว่าเดิมประชากรเหล่านี้อาจมีแหล่งพันธุกรรมที่มาจากแหล่งเดียวกัน จึงทำให้มีโอกาสในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมระหว่างประชากรได้ ในขณะที่ไก่เบตงจากฟาร์ม PSU เป็นประชากรที่มีการเลี้ยงแบบระบบปิด ซึ่งอาจส่งผลในการขัดขวางการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมระหว่างประชากรไก่เบตงจากฟาร์ม A B และ C อีกทั้งยังมีแผนการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ที่แตกต่างกัน จึงส่งผลให้ไก่เบตงจากฟาร์ม PSU มีระยะห่างทางพันธุกรรมมากกว่ากลุ่มอื่น ๆ

2.4) การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Phylogenetic tree)

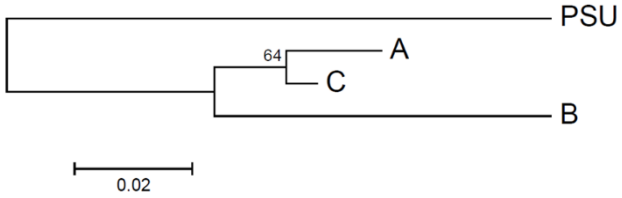

Figure 1 Neighbor-joining (NJ) tree of Betong chicken population from different locations. A = Betong Pikunthong chickens from Pikun Thong Royal Development Study Centre, Narathiwat Province, B = Betong chickens from model farm, Yala Province, C = Betong chickens from Bo Namron farm, Yala Province, PSU = Betong chickens from Animal Production Innovation and Management Division, Faculty of Natural resources, Prince of Songkla University (PSU).

จากผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Phylogenetic tree) จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรมด้วยวิธี Neighbor-joining (NJ) (Figure 1) พบว่า ประชากรไก่เบตงที่ได้ทำการรวบรวมมาจากฟาร์มทั้ง 4 แหล่งนี้สามารถจำแนกออกเป็น 2 กลุ่ม คือ ไก่เบตงจากฟาร์ม PSU และไก่เบตงจากฟาร์ม A B และ C ซึ่งการที่ประชากรไก่เบตงถูกจำแนกออกเป็น 2 กลุ่มอาจเกิดขึ้นเนื่องจากความแตกต่างของพื้นที่ในการเลี้ยงไก่เบตง โดยไก่เบตงจากฟาร์ม PSU เป็นประชากรที่เลี้ยงในฟาร์มปฏิบัติการสัตวศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ จังหวัดสงขลา ซึ่งมีการรวบรวมมาจากแหล่งที่แตกต่างกัน และแหล่งที่นำมาอาจมีพื้นฐานความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน เป็นผลจากแผนการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ที่แตกต่างกัน ขณะที่ไก่เบตงจากฟาร์ม A เป็นประชากรที่เลี้ยงในศูนย์ศึกษาการพัฒนาพิกุลทอง ฯ จ. นราธิวาส ฟาร์ม B เป็นประชากรที่เลี้ยงอยู่ในฟาร์มตัวอย่าง จ.ยะลา และ C เป็นประชากรจากฟาร์มเอกชนที่ถูกเลี้ยงอยู่ใน จ. ยะลา ซึ่งเป็นพื้นที่ที่อยู่ใกล้ชิดกัน จึงอาจมีความเป็นไปได้ที่จะมีการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมกันระหว่างประชากร (Long et al., 2017)

2.5) การวิเคราะห์โครงสร้างประชากรด้วยวิธี Principal component analysis (PCoA)

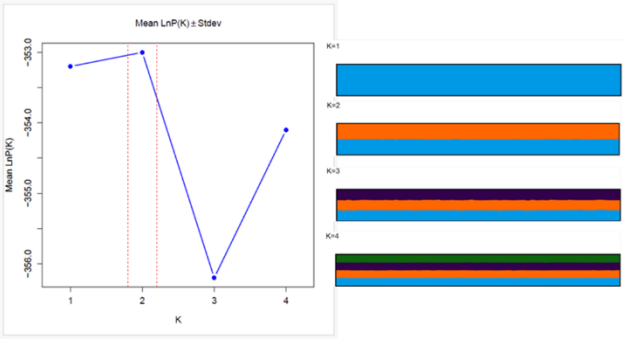

Figure 2 Delta K values and population structure of Betong chicken breed from difference location.

จาก Figure 2 แสดงให้เห็นถึงการวิเคราะห์หาค่า K ที่เหมาะสมในการจำแนกประชากร พบว่าประชากรไก่เบตงจากทั้ง 4 แหล่ง สามารถแบ่งออกได้เป็น 2 กลุ่ม (ΔK = 2) ซึ่งสอดคล้องกับการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Figure 1) ซึ่งเมื่อพิจารณาผลของการศึกษาโครงสร้างประชากรที่ทำการวิเคราะห์ด้วย Principal component analysis (PcoA) (Figure 3) พบว่าประชากรไก่เบตงจากฟาร์ม A B และ C มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกัน ในขณะที่ประชากรไก่เบตงจากฟาร์ม PSU แตกต่างจากประชากรอื่น

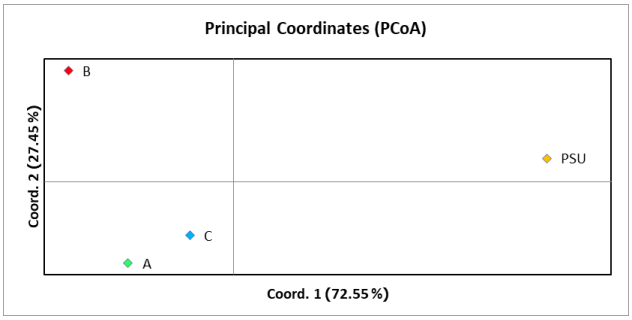

Figure 3 Principal Component Analysis (PCoA) of Betong chicken population from different locations. A = Betong Pikunthong chickens from Pikun Thong Royal Development Study Centre, Narathiwat Province, B = Betong chickens from model farm, Yala Province, C = Betong chickens from Bo Namron farm, Yala Province, PSU = Betong chickens from Animal Production Innovation and Management Division, Faculty of Natural resources, Prince of Songkla University (PSU).

สรุปผลการวิจัย

การศึกษาครั้งนี้พบเครื่องหมายอินเดลที่มีความหลากหลายทั้งหมด 7 ตำแหน่ง ซึ่งเป็นตำแหน่งที่สามารถนำมาใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างของประชากรไก่เบตงที่รวบรวมมาจากพื้นที่ที่แตกต่างกันได้ ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่เบตงนั้นพบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับปานกลาง (H_e = 0.299±0.038) เมื่อวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจากค่าสัมประสิทธิ์ F (F-coefficient) พบว่าในประชากรทั้งหมดพบการลดลงเฮทเทอโรไซโกซิตี้เพียงเล็กน้อย (F_{IT} = 0.016±0.035) ขณะที่ในประชากรย่อยไม่พบการเกิดการผสมเลือดชิด (F_{IS} = -0.094±0.041) และในแต่ละประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมอยู่ในระดับปานกลาง (F_{ST} = 0.098±0.030) นอกจากนี้ เมื่อทำการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่าประชากรไก่เบตงสามารถจำแนกได้เป็น 2 กลุ่ม โดยที่ไก่เบตงจากฟาร์ม A, B และ C ถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน ซึ่งสอดคล้องกับการวิเคราะห์โครงสร้างประชากร (Structure analysis) และการวิเคราะห์ด้วย Principal component analysis (PcoA) ที่สามารถจำแนกได้เป็น 2 กลุ่มเช่นเดียวกัน ซึ่งอาจเกิดขึ้นเนื่องจากฟาร์มทั้ง 3 แหล่งนี้มีพื้นที่ในการเลี้ยงที่ใกล้เคียงกัน ดังนั้น จากการศึกษาครั้งนี้จะเห็นได้ว่าเครื่องหมายอินเดลสามารถใช้ในการบ่งชี้โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรไก่เบตงที่รวบรวมมาจากพื้นที่ที่แตกต่างกันได้ ซึ่งผลการศึกษาที่ได้นี้จะเป็นข้อมูลทางพันธุกรรมที่สำคัญสำหรับการนำไปวางแผนการผสมพันธุ์ โดยประชากรที่มีความเหมือนกันทางพันธุกรรมนั้นสามารถนำไปผสมข้ามฝูงระหว่างประชากรได้ เพื่อเป็นการอนุรักษ์สายพันธุ์แท้ของประชากรไก่เบตงเอาไว้ และอาจนำเครื่องหมายอินเดลไปประยุกต์ใช้เพื่อศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองสายพันธุ์อื่น ๆ ได้

กิตติกรรมประกาศ

การวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนจากศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักงานปลัดกระทรวงการอุดมศึกษา วิทยาศาสตร์ วิจัยและนวัตกรรม

Table 1 Chromosome, primer sequence, and size range of InDels marker

No.	Chr: Reference NCBI	Forward primer (3'-5')	Reverse primer (3'-5')	Size range (bp)	TA (C°)
1	1: rs15186483	agctattcagggaggggatg	ggatgcctgtttctggaaga	287-311	60
2	2: rs15953427	tctatcaggccttgcacctt	ttacttgagggtgcccaatc	254-282	58
3	4: r s16359295	tataaatgggggtgggtgtgg	caccaaaagcagaaatgcaa	281-305	58
4	4: rs16399900	ttgcagcaaaagggaagatt	tggaggaatgcagctgacta	280-306	58
5	6: rs14570404	gctgttcacttggtcttgc	cgaggactgaaggaaatgaca	326-349	58
6	7: rs14622212	ttaaagccagcacacaatgc	catccagcagtcagcctttt	331-360	58
7	8: rs15908922	ttttcatgggtagttcattagaga	atgctgccttccataactgc	307-327	58
8	10: rs15572293	tgcacaaaactaatcttgctgtct	ggtgttgtcaatcctgtttgc	309-330	58
9	13: rs15695194	ggtgggtaatccagtctctcc	cttcaggctcaacaggaacc	293-326	60
10	17: rs15027282	ccacaacgactcggttaagaa	gtcattgctgggaacctcat	287-315	60

Source: Maw et al. (2012).

Table 2 The genetic variability of Betong chicken populations from different farms

Population	Number of Samples	P_{poly}	H_o ± SE	H_e ± SE
A	15	0.857	0.333 ± 0.068	0.354 ± 0.069
B	15	0.714	0.400 ± 0.112	0.318 ± 0.085
C	15	0.857	0.362 ± 0.088	0.330 ± 0.074
PSU	15	0.571	0.210 ± 0.085	0.194 ± 0.078
Total	60	0.750±0.068	0.326 ± 0.044	0.299 ± 0.038

H_O = observed heterozygosity, H_e = expected heterozygosity, P_{poly} = proportion of polymorphic loci, A = Betong Pikunthong chickens from Pikun Thong Royal Development Study Centre, Narathiwat Province, B = Betong chickens from model farm, Yala Province, C = Betong chickens from Bo Namron farm, Yala Province, PSU = Betong chickens from Animal Production Innovation and Management Division, Faculty of Natural resources, Prince of Songkla University (PSU).

Table 3 AMOVA of Betong chicken breed was collected from different locations

Source	df	SS	Variance component	% of variation	F_{st}	P-value
Among population	3	13.275	0.111	9	-	-
Within population	116	127.433	1.099	91	-	-
Total	119	140.708	1.209	100	0.092	0.001

df= degree of freedom, SS= sum of squares, F_{st}: fixation index.

Table 4 F-coefficient for 7 polymorphic loci of Betong chicken breed collected from different locations

Locus	F_{IS}	F_{ST}	F_{IT}
1	-0.055	0.009	-0.045
2	-0.070	0.084	0.020
3	0.008	0.120	0.127
4	-0.329	0.175	-0.097
5	-0.054	0.024	-0.029
7	-0.071	0.051	-0.017
8	-0.088	0.222	0.154
Mean±SD	-0.094±0.041	0.098±0.030	0.016±0.035

F_{IS} = deficiency of heterozygosity relative to the Hardy-Weinberg expectation, F_{IT} = the overall inbreeding coefficient, F_{ST} = differentiation among populations.

Table 5 Pairwise F_{ST} of Betong chicken populations from different locations

Population	A	B	C	PSU
A	0.000			
B	0.057	0.000		
C	0.007	0.044	0.000	
PSU	0.104	0.129	0.079	0.000

A = Betong Pikunthong chickens from Pikun Thong Royal Development Study Centre, Narathiwat Province, B = Betong chickens from model farm, Yala Province, C = Betong chickens from Bo Namron farm, Yala Province, PSU = Betong chickens from Animal Production Innovation and Management Division, Faculty of Natural resources, Prince of Songkla University (PSU).

References

Angkuraseranee, T. (2019). Phenotype and performance of Betong chickens in three southern border Provinces (Pattani, Yala, and Narathiwat). *STOU Journal of Agriculture*, *1*(1), 96-103. (in Thai)

Buranawit, K., Chailungka, C., Wongsunsri, C., & Laenoi, W. (2016). Phenotypic characterization of Thai native black-bone chickens indigenous to northern Thailand. *The Thai Journal of Veterinary Medicine*, *46*(4), 547-554. doi: 10.56808/2985-1130.2773

Choomee, K., & Worananthakij, W. (2017). Genetic diversity of Thai native chickens using RAPD technique. *Proceedings of the 55th Kasetsart university annual conference: science and genetic engineering, architecture and engineering, agro-industry, natural resources and environment* (pp. 152-159). Bangkok:, Thailand Kasetsart University. (in Thai)

Dorji, N., Daungjinda, M., & Phasuk, Y. (2011). Genetic characterization of Thai indigenous chickens compared with commercial lines. *Tropical Animal Health and Production*, *43*(4), 779-785. doi: 10.1007/s11250-010-9763-3

Li, Y. L., & Liu, J. X. (2018). StructureSelector: a web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources*, *18*(1), 176-177. doi: 10.1111/1755-0998.12719

Long, A., Qing, Y., Gu, T., Zhu, Q., Liu, Y., Wang, Y., Yin, H., Shu, G., Zang, Y., Lai, S., & Zhao, X. (2017). Genetic variation of nine chicken breeds collected from different altitudes revealed by microsatellites. *The Journal of Poultry Science*, *54*(1), 18-25. doi: 10.2141/jpsa.0160033

Maw, A. A., Kawabe, K., Shimogiri, T., Rerkamnuaychoke, W., Kawamoto, Y., Masuda, S., & Okamoto, S. (2015). Genetic diversity and population structure in native chicken populations from Myanmar, Thailand and Laos by using 102 indels markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, *28*(1), 14-19. doi: 10.5713/ajas.14.0212

Maw, A. A., Shimogiri, T., Riztyan, Kawabe, K., Kawamoto, Y., & Okamoto, S. (2012). Genetic diversity of Myanmar and Indonesia native chickens together with two jungle fowl species by using 102 indels polymorphisms. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, *25*(7), 927-934. doi: 10.5713/ajas.2011.11511

Mekchay, S., Supakankul, P., Assawamakin, A., Wilantho, A., Chareanchim, W., & Tongsima, S. (2014). Population structure of four Thai indigenous chicken breeds. *BMC Genetics*, *15*(1),40. doi: 10.1186/1471-2156-15-40

Nakavisut, S., Trimanee, S., & Rangsao, T. (2020). *Creating a breeding flock of Betong Pikulthong chickens*.

Accessed May 29, 2024. Retrieved from http://r12.ldd.go.th/pikunthong.pdf. (in Thai)

Nassiry, M. R., Javanmard, A., & Tohidi, R. (2009). Application of statistical procedures for analysis of genetic diversity in domestic animal populations. *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*, *4*(4), 136–141. doi: 10.3844/ajavsp. 2009.136.141

Nualhnuplong, P. (2019). *Betong chicken production system in three border (Pattani Yala and Narathiwat) Provinces* (Doctoral dissertion). Songkhla,Thailand: Prince of Sonkla University. (in Thai)

Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, *28*(19), 2537-2539. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460

Peyachoknagul, S. (2009). *DNA marker, from basic to applications*. Bankok, Thailand: Kasetsart University. (in Thai)

Porras-Hurtado, L., Ruiz, Y., Santos, C., Phillips, C., Carracedo, Á., & Lareu, M. V. (2013). An overview of structure: applications, parameter settings, and supporting software. *Frontiers in Genetics*, *4*, 98. doi: 10.3389/fgene.2013.00098

Premoli, A. C. (1997). Genetic variation in a geographically restricted and two widespread species of South American Nothofagus. *Journal of Biogeography*, *24*(6), 883-892. doi: 10.1046/j.1365-2699.1997.00115.x

Sáenz-Romero, C., & Tapia-Olivares, B. L. (2003). Pinus oocarpa isoenzymatic variation along an altitudinal gradient in Michoacán, México. *Silvae Genetica*, *52*(5), 237-240.

Takezaki, N., Nei, M., & Tamura, K. (2010). POPTREE2: software for constructing population trees from allele frequency data and computing other population statistics with Windows interface. *Molecular Biology and Evolution*, *27*(4), 747-752. doi: 10.1093/molbev/msp312

Väli, Ü., Brandström, M., Johansson, M., & Ellegren, H. (2008). Insertion-deletion polymorphisms (indels) as genetic markers in natural populations. *BMC Genetics*, *9*(1), 1-8. doi: 10.1186/1471-2156-9-8

Wattanasit, S., Wattanachant, C., Nualhnuplong, P., Bumrungsak, J., Angkuraseranee, T., & Wattanachant, S. (2020). *Guide for raising and management Betong chicken farm, farmer edition*. Songkhla, Thailand: Prince of Sonkla University. (in Thai)

Research article

Population genetic structure of Betong chicken breed collected from different locations revealed by InDel markers

Naowarat Maneechot[1,2] Teerawat Kantichanakul[1] Nattatida Boonthungjit[1] Supanon Tunim[1] and Pitchayanipa Phongphanich[1,2*]

[1] *Animal Production Innovation and Management Division, Faculty of Natural resources, Prince of Songkla University, Hat Yai Campus, Hat Yai district, Songkhla Province, 90110*
[2]*Center of Excellence on Agricultural Biotechnology: (AG-BIO/PERDO-CHE), Bangkok 10900*

ARTICLE INFO

Article history
Received: 28 April 2024
Revised: 31 May 2024
Accepted: 2 June 2024
Online published: 16 June 2024

Keyword
Betong chicken
insertion-deletion (InDel) markers
Genetic structure

ABSTRACT

This research aims to study the genetic diversity and population structure of the Betong chicken breed collected from different locations: Betong Pikunthong chickens from Pikun Thong Royal Development Study Centre, Narathiwat Province (A), Betong chickens from model farm, Yala Province (B), Betong chickens from Bo Namron farm, Yala Province (C) and Betong chickens from Animal Production Innovation and Management Division, Faculty of Natural resources, Prince of Songkla University, Songkhla Province (PSU). A total of 60 chickens were selected from Betong chicken breed populations. The samples were analyzed by using 10 insertion-deletion (InDel) markers. This result reveals polymorphism in 7 indels and it was found that the average of polymorphic loci (P_{poly}) was 0.750 ± 0.068. According to the average expected heterozygosity (H_e) was 0.299±0.038. Analysis of Molecular Variance (AMOVA) indicated that most of the variation was within the population (91%). The genetic differences from the F-coefficient, we found that a slight reduction in heterozygosity was observed in all populations (F_{IT}=0.016±0.035), while in the subpopulation was no inbreeding (F_{IS}=-0.094±0.041), and moderate genetic differences were found between populations (F_{ST}=0.098±0.030). The analysis of genetic relationships using a phylogenetic tree constructed with Neighbor-joining (NJ) revealed that Betong chicken population from farms A, B, and C were genetically close. The Principal Component Analysis (PcoA) and Structure analysis depicted that the studied samples can be divided into two groups (ΔK=2). In conclusion, InDel markers could be used to indicate the genetic structure of Betong chicken populations collected from different areas and may be applied to study the future genetic analyses of other local chicken breeds.

*Corresponding author
E–mail address: pitchayanipa.K@psu.ac.th (P. Phongphanich)
Online print: 16 April 2024 Copyright © 2024. This is an open access article, production, and hosting by Faculty of Agricultural Technology, Rajabhat Maha Sarakham University. https://doi.org/10.14456/paj.2024.20