

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์แรกเพื่อจำแนกความเหมือนทางพันธุกรรมระหว่างไก่พื้นเมืองไทย 4 สายพันธุ์ คือ เหลืองหางขาว ประดู่หางดำ แดง และซี โดยใช้ข้อมูลลักษณะปรากฏ (สีปาก, สีขน และสีแข้ง) (N= 288) และข้อมูลโมเลกุล (ไมโครแซทเทลไลต์) (N= 353) สกัดดีเอ็นเอจากเลือดไก่พื้นเมืองที่สุ่มมาจากกรมปศุสัตว์ ศึกษาข้อมูลพันธุกรรมในสัตว์แต่ละตัวด้วย 15 ไมโครแซทเทลไลต์รวม 73 อัลลิล ประเมินค่าสัมประสิทธิ์ความเหมือน (similarity coefficient) ระหว่างสัตว์แต่ละตัวด้วยวิธี Dice ผลจากการศึกษาการจำแนกกลุ่มด้วยข้อมูลลักษณะปรากฏโดยการวิเคราะห์การจัดกลุ่ม (cluster analysis) และแผนภาพการกระจายตัววิธี principal component plot พบว่า ไก่พื้นเมืองไทยสามารถจำแนกได้เป็น 4 กลุ่ม อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์การจัดกลุ่มและการวิเคราะห์ด้วยแผนภาพการกระจายตัวจากข้อมูลไมโครแซทเทลไลต์แสดงให้เห็นว่าพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองไทยจำแนกกลุ่มได้ยาก ส่วนการวิเคราะห์ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) ด้วยวิธี Nei's genetic distance แสดงให้เห็นความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มสายพันธุ์เหลืองหางขาวและประดู่หางดำ และกลุ่มสายพันธุ์ซีและแดง ค่าเฮเทอโรไซโกซิตี (heterozygosity) ในสายพันธุ์เหลืองหางขาว ประดู่หางดำ ซีและแดง มีค่าเท่ากับ 0.315, 0.365, 0.331 และ 0.371 ตามลำดับ การศึกษครั้งนี้พบอิทธิพลการเกิดประชากรกลุ่มย่อยเพียงเล็กน้อย ($F_{ST} = 0.088$) วัตถุประสงค์ที่สองเพื่อตรวจหาเครื่องหมายดีเอ็นเอสำหรับลักษณะเฉพาะของไก่สายพันธุ์ เหลืองหางขาว ประดู่หางดำ แดง และซี และใช้ข้อมูลไมโครแซทเทลไลต์มาช่วยในการวิเคราะห์อัลลิลที่มีความจำเพาะในแต่ละสายพันธุ์ด้วยวิธี logistic regression พบว่ามีอัลลิลที่มีความจำเพาะอย่างมีนัยสำคัญ ในสายพันธุ์ เหลืองหางขาว (ADL268.4, MCW0081.1 และ MCW0034.3), ประดู่หางดำ (ADL268.1, MCW0081.3, MCW0034.3, MCW295.3, MCW0037.1, MCW183.2, MCW183.3 และ ADL122.2) และซี (ADL268.6, MCW0081.4, MCW295.2, MCW295.5, MCW0037.4, LEI0166.5, MCW183.4 และ MCW0104.1) โดยค่าความน่าจะเป็นที่ทำนายได้มีค่าความถูกต้องมากกว่า 0.85

211681

The first objective of this study was to classify the genetic similarity between 4 lines of Thai native chickens, Luang Hang Khao (LK), Pradoo Hang Dam (PD), Dang (DG), and Chee (CH). Phenotypic data (beak, feather and shank color) (N = 288) and molecular data (microsatellites) (N = 353) were used in the analyses. Genomic DNA was isolated from whole blood sampling from the Department of Livestock Development Research Center. Fifteen microsatellites with 73 alleles were typed for each individual. Dice's similarity coefficients between animals were estimated. The result from cluster analysis and principal component plot from phenotypic data showed that Thai native chicken can be classified into 4 groups. The cluster analysis and principal component plot from microsatellites data showed that genetics between each line of Thai native chickens were hardly to differentiate. However the analysis of Nei's genetic distance showed the relatedness between LK and PD, and between DG and CH. This study also found that heterozygosity indices of LK, PD, DG and CH were 0.315, 0.365, 0.331 and 0.371, respectively. The subpopulation effects was slightly occurred ($F_{ST} = 0.088$). The second objective was to detect the DNA markers for specific characters for LK, PD, DG, and CH. The associations of microsatellites alleles with the specific lines were analyzed by logistic regression. The significant alleles was found only in LK (ADL268.4, MCW0081.1 and MCW0034.3), ประดู่หางดำ (ADL268.1, MCW0081.3, MCW0034.3, MCW295.3, MCW0037.1, MCW183.2, MCW183.3 and ADL122.2) and Chee (ADL268.6, MCW0081.4, MCW295.2, MCW295.5, MCW0037.4, LEI0166.5, MCW183.4 and MCW0104.1) with corrected prediction probability greater than 0.85.