



การศึกษาพันธุศาสตร์เพื่อปรับปรุงพันธุ์สัตว์ปีกในประเทศไทยและอาเซียน

วรวิทย์ สิริพลวัฒน์

คณะนวัตกรรมการจัดการเกษตร สถาบันการจัดการปัญญาภิวัฒน์ ปากเกร็ด

นนทบุรี 11120

Email: voravitsir@pim.ac.th

บทนำ

ไก่จัดเป็นสัตว์ปีกชนิดหนึ่ง ที่มีความหลากหลายและแตกต่างทางพันธุกรรมมาก โดยสามารถพบไก่บางชนิดหนักเพียง 400 กรัมในขณะที่อีกบางชนิดหนักถึง 7,000 กรัม เช่นเดียวกับลักษณะปริมาณการให้ไข่ ซึ่งไก่บางชนิดให้ไข่ปีละประมาณ 20-30 ฟอง ในขณะที่อีกบางชนิดสามารถให้ไข่ปีละประมาณ 300 ฟอง ไก่มีโครโมโซม 39 คู่ ที่มีขนาดแตกต่างกัน สามารถแบ่งได้เป็น 2 กลุ่มคือโครโมโซมขนาดใหญ่ และโครโมโซมขนาดเล็ก ยีนในไก่จะประกอบไปด้วยเบสประมาณ 2.4×10^9 bps ผลผลิตที่ได้จากไก่สามารถใช้เป็นอาหารบริโภคได้ในคนทุกเชื้อชาติ ศาสนาโดยไม่มีข้อจำกัด ดังนั้นไก่จึงมีคุณค่าควรแก่การให้ความสนใจ โดยเฉพาะด้านการปรับปรุงพันธุ์ไก่ซึ่งจำเป็นต้องอาศัยพื้นฐานทางพันธุศาสตร์ ดังนั้นพันธุศาสตร์จึงเป็นปัจจัยหลักที่ใช้สำหรับการปรับปรุงพันธุ์ ที่ให้ผลอย่างยั่งยืนถาวร และยังเป็นการเพิ่มมูลค่าให้กับตัวสัตว์ การปรับปรุงพันธุ์ไก่มีตั้งแต่การใช้ลักษณะภายนอกลงลึกไปถึงการใช้ประโยชน์จากระดับโมเลกุล ซึ่งการใช้หลักพันธุศาสตร์โมเลกุลเพื่อปรับปรุงพันธุ์จะได้ประโยชน์ในหลายด้าน เช่น ประหยัดพื้นที่เลี้ยงสัตว์ ประหยัดค่าอาหาร และสามารถคัดเลือกลักษณะที่ไม่แสดงออกในบางเพศได้ ฯลฯ

จากการประชุม International chicken polymorphism map consortium (2004) รายงานว่ามี SNP ประมาณ 2.8 ล้านที่กระจายอยู่ใน genome ไก่ หรือจะพบประมาณ 1 SNP ในทุก ๆ 400 bps ซึ่งจัดเป็นแผนที่ SNP ที่มีค่า ดังนั้นความหลากหลายของ SNP เหล่านี้จึงเป็นที่สนใจของนักปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ที่จะนำมาใช้เป็นเครื่องหมายพันธุกรรมสำหรับการคัดเลือกลักษณะ ผลงานวิจัยบางส่วนที่เกี่ยวข้องกับการใช้ SNP จะได้เสนอในเนื้อหาต่อไป

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ปีกในประเทศไทย

ในประเทศไทยมีการนำหลักพันธุศาสตร์มาปรับใช้กับการปรับปรุงพันธุ์ไก่ใน 3 มิติหลัก ๆ ดังนี้

มิติที่หนึ่ง เป็นการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ลักษณะคุณภาพ ซึ่งเป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนเพียง 1-2 คู่ และสภาพแวดล้อมไม่มีผลต่อการแสดงออกของลักษณะ โดยการใช้กฎของ Mendel มาช่วยในการคัดเลือก เช่น ลักษณะสีขน และสีแข้ง ซึ่งจัดเป็นลักษณะที่สามารถใช้บ่งบอกถึงเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ภายนอกของไก่ เพื่อสร้างความน่าเชื่อถือให้กับสายพันธุ์ไก่ที่ได้คัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ เปรียบเหมือนกับสินค้าแต่ละชนิดที่ต้องมีรูปแบบของสินค้าที่ต้องการให้ผู้ซื้อจดจำได้ ยีนที่ควบคุมลักษณะสีขนในไก่มีมากกว่า 40 ตำแหน่ง ตำแหน่งที่เด่นที่สุดคือตำแหน่ง Extension black (E) ที่เป็นตำแหน่งแบบ multiple alleles ซึ่ง Siripholvat *et al.* (2005) ได้นำเสนอยีนบางชนิดที่เกี่ยวข้องกับการแสดงออกของสีขนไก่พื้นเมืองไทยในจังหวัดเชียงราย ซึ่งประกอบด้วยยีนตำแหน่ง E, Co (columbian), Db (dark brown), Mh (mahogany), S (silver) และ I (dominant white) และยังพบยีนที่ควบคุมลักษณะคอไม่มีขนหรือคอเปลือยที่ควบคุมด้วยยีน Na (naked neck) ใน 2 หมู่บ้านของจังหวัดเชียงราย โดยยีน Na แสดงอิทธิพลแบบข่มไม่สมบูรณ ลักษณะคอเปลือยถูกจัดเป็นเครื่องหมายภายนอก (phenotypic marker) ที่จะเกี่ยวข้องกับลักษณะทนร้อนของไก่ ห้าปีต่อมา Siripholvat and Homwong (2010) ได้ใช้ยีน 5 ตำแหน่งมาระบุ genotype ของไก่พื้นเมืองที่สุ่มเลือกมาจาก

13 จังหวัดของประเทศ พบไม้สนแบบ birchen มีจำนวนมากที่สุด ในขณะที่ อาทิตย์ใหญ่ลา และคณะ (2551) ได้ศึกษาลักษณะสีขนแบบเหลืองหางขาว และรายงานว่าจะมีลูกลูกไก่เมื่อโตขึ้นมีสีขนเหลืองหางขาวได้นั้น จำเป็นต้องใช้แม่ไก่ที่มีขนดำและขนในบริเวณส่วนหัวและท้ายทอยของไก่ต้องมีสีขาวปน นอกจากนี้ Siripholvat และ Homwong (2010) ได้ศึกษาลักษณะสีแข้งของไก่พื้นเมืองไทยด้วยการใช้ยีน 3 ตำแหน่งและสามารถระบุ genotype ของไก่แข้งเหลือง แข้งขาว แข้งดำ แข้งเขียว และ แข้งเทาเงิน การที่สามารถระบุ genotype ได้ย่อมมีผลต่อการสร้างเอกลักษณ์ประจำพันธุ์ของไก่ได้ไม่ยาก

ลักษณะคุณภาพที่ได้ถูกนำมาใช้ให้เกิดประโยชน์กับการปรับปรุงพันธุ์ไก่ คือลักษณะแข้งสีที่จัดเป็นลักษณะเพิ่มมูลค่าให้กับตัวไก่ เป็นลักษณะที่พบในไก่แจ้และถูกควบคุมด้วยยีน Creeper (Cp) โดยยีนมีอิทธิพลการแสดงออกเป็นแบบ semi-lethal ดังนั้นไก่แจ้จะไม่สามารถ breed true และประมาณ 25% ของตัวอ่อนในไข่ฟักที่ได้จากการผสมระหว่างพ่อแม่พันธุ์ไก่แจ้จะตายในระหว่างการพัฒนาไข่ ราคาลูกไก่แจ้ในระยะพัฒนาการอนุบาลจะตกตัวละประมาณ 300-500 บาท ขึ้นอยู่กับความสวยงามของสีขนและรูปทรงของพ่อแม่พันธุ์ ลักษณะคุณภาพอีกชนิดหนึ่งที่มีประโยชน์อย่างมาก คือลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนที่มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมเพศ ที่นักปรับปรุงพันธุ์สัตว์ปีกใช้สำหรับการคัดแยกเพศลูกไก่แรกเกิด ก่อให้เกิดประโยชน์อย่างมากต่ออุตสาหกรรมโรงฟักลูกไก่ โดยนอกจากจะช่วยลดค่าใช้จ่าย ยังช่วยลดแรงงาน ลดพื้นที่เลี้ยงและความบอบซ้ำของลูกไก่ ตำแหน่งยีนที่ได้รับความนิยมใช้ในการคัดแยกเพศลูกไก่แรกเกิดมากที่สุดคือตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะสีขน silver (S) โดยประกอบด้วย allele S และ s⁺ ลูกไก่เพศผู้ที่ได้จะจำหน่ายในราคาถูกและนำไปเลี้ยงเพื่อทำเป็นไก่ย่าง มีบางส่วนที่จะนำไปย้อมสีจำหน่ายให้กับเกษตรกร และผู้ที่สนใจ

มิติที่สอง เป็นการนำวิชาการด้านพันธุศาสตร์ผสมผสานกับวิชาการด้าน Biometry มาศึกษาในลักษณะปริมาณ (Quantitative traits) ซึ่งเป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนจำนวนมาก แต่แต่ละยีนจะมีอิทธิพลต่อลักษณะเล็กน้อย และสภาพแวดล้อมจะมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะ ข้อกำหนดของการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะปริมาณ คือต้องทำในสภาพแวดล้อมที่คงที่และดี ถ้าใช้เฉพาะหลักวิชาการ Quantitative genetics การที่จะระบุตำแหน่งยีนที่มีผลต่อการแสดงออกของลักษณะเหล่านี้ย่อมเป็นไปได้ ปัจจุบันหลังจากมีการนำความรู้ด้านพันธุศาสตร์โมเลกุลมาใช้เพื่อค้นหาตำแหน่ง QTL การระบุตำแหน่งยีนเหล่านี้ก็ไม่ได้เป็นปัญหาต่อไป ซึ่งลักษณะปริมาณที่นักปรับปรุงพันธุ์ให้ความสำคัญในอันดับต้นๆ ของการปรับปรุงพันธุ์ไก่คือ ลักษณะปริมาณไข่ น้ำหนักไข่ น้ำหนักตัว ฯลฯ วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ คณะ (2538) ได้รายงานค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัว ที่ประมาณค่ามาจากประชากรไก่เนื้อลูกผสม ที่ผ่านการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์มาเป็นระยะเวลา 5 ชั่ว ต่อมา วรศิลป์ มาลัยทอง (2542) ได้นำเสนอวิธีการใช้ เอนิมัลโมเดล (Animal model) ในการทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะน้ำหนักตัวไก่เนื้อลูกผสมด้วยวิธี Best linear unbiased prediction (BLUP) เพื่อคัดเลือกเก็บไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์

นอกจากการศึกษาปรับปรุงพันธุ์ในไก่เนื้อแล้ว Siripholvat and Sanguanpan (1994) ใช้วิธี ANOVA (Analysis of variances) ประมาณค่าอัตราพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะเศรษฐกิจต่าง ๆ ในไก่ลูกผสมโรดแดงกับเซียงไฮ้ มากกว่านั้น วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ คณะ (2539) ได้ใช้วิธีการผสมแบบไดอัลลิสระหว่างสายพันธุ์ไก่ไข่ต่าง ๆ เพื่อประมาณค่า General combining ability ซึ่งเป็นอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive effect) และ Specific combining ability ซึ่งเป็นอิทธิพลของยีนแบบ dominance และ epistasis ในลักษณะน้ำหนักตัว 4 และ 8 สัปดาห์ และในปีต่อมา 2540 วรวิทย์ และ ภูพาน ได้รายงานลักษณะผ่าเหล่าของลักษณะเศรษฐกิจในไก่ไข่ ที่เป็นผลมาจากการผสมแบบไดอัลลิส เมื่อไก่ไข่ลูกผสมได้ถูกคัดเลือกเป็นพ่อแม่พันธุ์ ลักษณะเศรษฐกิจในรุ่นลูกได้ถูกนำมาประมาณค่าพารามิเตอร์เพื่อใช้ในการวางแผนคัดเลือก (วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ 2542) และได้ถูกนำมาประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเศรษฐกิจด้วยวิธี REML (สาริต อยู่เย็น 2542) และในปีเดียวกันนั้น วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ (2542) ได้ใช้วิธีประมาณค่า 2 วิธีคือ ANOVA และ REML (Restriction maximum likelihood) มาใช้ประมาณค่าพารามิเตอร์ลักษณะน้ำหนักตัวในไก่พื้นเมือง ซึ่งทั้ง 2 วิธีให้ผลของค่าประมาณที่แตกต่างกัน

มิติที่สาม เมื่อวิชาการด้านพันธุศาสตร์โมเลกุลมีความก้าวหน้า ประกอบกับความสำเร็จของการสร้างเครื่องมือเพิ่มปริมาณสารดีเอ็นเอได้ภายในไม่กี่ชั่วโมง เป็นผลให้การเพิ่มปริมาณสารดีเอ็นเอไม่ได้เป็นงานยากและไม่ต้องอดหลับอดนอน จึงมีการศึกษาพันธุศาสตร์ในระดับโมเลกุลอย่างแพร่หลาย ผลดังกล่าวได้นำมาสู่การนำความรู้ทางพันธุศาสตร์โมเลกุลมาใช้กับงานด้านปรับปรุงพันธุ์สัตว์ การใช้หลักพันธุศาสตร์โมเลกุลมาช่วยงานปรับปรุงพันธุ์ไก่เนื้อในประเทศไทยได้เริ่มเมื่อประมาณปี 2538 และผู้ที่ได้ผลักดันและช่วยให้เกิดโครงการขึ้น ก็ต้องขอขอบเครดิตให้กับ ดร.สมวงศ์ ตระกูลรุ่ง โดยโครงการได้ใช้วิธี positional gene ของตำแหน่งไมโครแซทเทลไลท์ตรวจหาตำแหน่ง QTL ของลักษณะน้ำหนักในฝูงไก่เนื้ออ้างอิง ที่ได้จากการผสมระหว่างไก่เนื้อน้ำหนักมากกับไก่เนื้อน้ำหนักน้อย ผลไม่พบตำแหน่งใดๆ ของไมโครแซทเทลไลท์ที่เกี่ยวข้องกับตำแหน่ง QTL และจากการใช้เทคนิค AFLP ตรวจหาความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอ เปรียบเทียบระหว่างกลุ่มไก่น้ำหนักมากสุดกับกลุ่มไก่น้ำหนักน้อยสุด สามารถพบแถบดีเอ็นเอ 1 แถบที่เจาะจงกับกลุ่มน้ำหนักแต่ยังไม่ได้ระบุตำแหน่งบนโครโมโซม (วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ คณะ 2542) และจากแนวคิดที่ว่าไข่แดงในรังไข่ของแม่ไก่ต้องได้รับอาหารโปรตีนที่สังเคราะห์จากตับ และถูกลำเลียงมาสะสมใน follicle ยืนที่ควบคุมการสังเคราะห์โปรตีนจึงน่าจะเกี่ยวข้องกับลักษณะการไข่มากและไข่น้อย กุลสุตา ชมวิศรุตกุล และคณะ (2550) จึงได้ใช้เทคนิคพีซีอาร์ เอสเอสซีพีในการหาความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอที่เกิดจาก point mutation หรือ single base substitution ของตำแหน่งยืนไวเทลโลเจนนินทุ และคาร์เทปซินดี ซึ่งน่าจะเป็น candidate gene ผลของแถบดีเอ็นเอที่ได้ไม่สามารถใช้จำแนกไข่ไข่มากและไข่น้อยได้ ในขณะที่ Sheng *et al.* (2013) ใช้เทคนิคเดียวกันและใช้ความหลากหลายของ SNP ศึกษายืนคาร์เทปซินดี และสรุปว่ายืนคาร์เทปซินดีจะเกี่ยวข้องกับลักษณะขนาดของไข่แดง ในขณะที่ วิโรจน์ ลิขิตตระกูลวงศ์ และ คณะ (2550) ใช้วิธีพีซีอาร์ เอสเอสซีพีตรวจสอบยืนความหนาแน่นต่ำมากไลโปโปรตีน และยืนไวเทลโลเจนนินทุเรพเตอร์ก็ไม่พบความแตกต่างระหว่างไข่ไข่มากกับไข่ไข่น้อยเช่นกัน

จากการใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ ตรวจจำแนกความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอในไก่พื้นเมืองสีขนชนิดต่าง ๆ ไก่เบตงและไก่เนื้อ วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ คณะ (2546) พบไพรเมอร์อย่างน้อย 2 ชนิดที่ให้แถบดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจงในไก่เนื้อ และพบไพรเมอร์ 1 ชนิดที่จำเพาะเจาะจงในไก่เบตง และจากการใช้แถบดีเอ็นเอที่ได้มาหาเปอร์เซ็นต์ความเหมือนระหว่างไก่พื้นเมืองต่างสีขน พบว่ามีเปอร์เซ็นต์ความเหมือนสูงต่ำแตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับชนิดของสีขนไก่ (Siripholvat, 1999) ลักษณะการฟักไข่เป็นลักษณะที่มีประโยชน์อย่างมากในไก่พื้นเมือง แต่จะไม่มีประโยชน์ในไก่ทางการค้า วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ คณะ (2546) ได้ใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ตรวจหาตำแหน่ง QTL ที่เกี่ยวข้องกับการฟักไข่ ผลไม่พบแถบดีเอ็นเอใดที่แสดงการเกี่ยวข้องอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ และในงานวิจัยเดียวกันนั้น ยังใช้ยืน *prolactin* ที่น่าจะเป็น candidate gene มาตรวจหาด้วยวิธีพีซีอาร์ เอสเอสซีพีในฝูงประชากรไก่อ้างอิงในรุ่น F₂ ระหว่างไก่ที่มีนิสัยฟักไข่กับไก่ที่มีนิสัยไม่ฟักไข่ ผลไม่พบความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอที่ได้ ไก่พื้นเมืองนอกจากจะเป็นแหล่งอาหารโปรตีนราคาถูกสำหรับเกษตรกรชนบท ยังจัดเป็นแหล่งที่สร้างความบันเทิงในรูปกีฬาให้กับเกษตรกรบางกลุ่ม ไก่พื้นเมืองที่มีเชิงกีฬาคือจะมีราคาซื้อขายที่สูงมาก ดังนั้น ศิริวัฒน์ ไทยสนธิ และ คณะ (2553) ได้ใช้เทคนิค AFLP ตรวจหาความหลากหลายแถบดีเอ็นเอในไก่ 2 กลุ่มคือ เชิงกีฬาคือและไมคี่ที่มาจากครอบครัวเดียวกัน พบว่ามีแถบดีเอ็นเอ 1 แถบที่น่าจะเกี่ยวข้องกับลักษณะเชิงกีฬาคือ

เป็นที่เชื่อกันว่าไก่เลี้ยงเกือบทั่วโลกมีวิวัฒนาการปรับตัวมาจากไก่ป่าขนสีแดง และมีรายงานการพบ Avian leucosis virus group E (ALVE) หรือ endogenous viruses (ev) ในไก่ป่าขนสีแดง และไก่พันธุ์แท้เล็กฮอร์นขาว ซึ่ง ALVE สามารถถ่ายทอดทางพันธุกรรม จึงเป็นเหตุให้ Siripholvat *et al.* (2006 และ 2007) ต้องการที่จะตรวจสอบว่าไก่พื้นเมืองจังหวัดเชียงรายมีบรรพบุรุษเป็นไก่ป่าขนสีแดงจริง จึงใช้ไพรเมอร์ที่เจาะจงกับส่วนของ LTR ของ provirus ในตำแหน่ง ev จำนวน 3 ตำแหน่งและตำแหน่ง ALVE จำนวน 5 ตำแหน่ง มาตรวจหาแถบดีเอ็นเอที่เจาะจงกับบริเวณ LTR ในไก่ป่าขนสีแดง ไก่ต่อ และไก่พื้นเมืองเชียงราย ผลการตรวจไม่พบแถบดีเอ็นเอที่เป็นส่วนของ LTR ของ ev ทั้ง 3 ตำแหน่ง และของ ALVE 3 ตำแหน่ง ส่วนไพร

เมอร์ ALVE อีก 2 ตำแหน่งจะไม่ให้แถบดีเอ็นเอในไก่ทุกชนิดที่ศึกษา จึงสรุปว่า *ev* หรือ ALVE จะเข้าสู่ *germ lines* ของไก่หลังการเกิดวิวัฒนาการมาเป็นไก่เลี้ยง และภูมิภาคที่เชื้อไวรัสเข้าสู่ไก่อ่าจะเป็นบริเวณแถบเมดิเตอร์เรเนียน ซึ่งเป็นบริเวณต้นกำเนิดของไก่พันธุ์แท้เล็กฮอร์นขาว เมื่อประมาณ 10 ปีที่ผ่านมาประเทศไทยได้เกิดโรคระบาดหวัดนกที่เกิดจากเชื้อ *Orthomyxoviruses* เป็นเหตุให้ไก่ตายจำนวนมาก และพันธุกรรมไก่พื้นเมืองที่อาจต้านทานต่อโรคก็ถูกทำลายไปด้วย วรวิทย์ และ นิตพงศ์ (2553) ได้ใช้ไพรเมอร์ 7 คู่ (Li *et al.*, 2007) ที่เจาะจงกับบริเวณต่าง ๆ ของยีน *hemagglutinin* และ *neuraminidase* และไพรเมอร์ 4 คู่ที่ออกแบบเองและให้เจาะจงกับบริเวณ *regulatory region* ของยีน *NP* ไพรเมอร์ 3 คู่ของ Li *et al.* ให้ความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอในไก่พื้นเมือง แต่มีเพียง 1 คู่ ที่ให้ความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอในไก่ไข่ และไม่พบไพรเมอร์ใดที่จะให้ความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอในไก่เนื้อ ส่วนไพรเมอร์ที่ออกแบบเองไม่ให้ความหลากหลายของแถบดีเอ็นเอในไก่ทุกกลุ่ม

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ปีกในประเทศอาเซียน

ไก่พื้นเมืองในประเทศอาเซียนจัดเป็นทรัพยากรที่ทรงคุณค่าของแต่ละประเทศ จึงมีการศึกษาหาความหลากหลายทางพันธุกรรม เพื่อใช้หาความสัมพันธ์ระหว่างสายพันธุ์ไก่พื้นเมืองต่างๆ ของแต่ละประเทศ โดย Yap and Kumaran (2011) ใช้ไพรเมอร์อาร์เอฟดี ประเมินค่าความแตกต่างระหว่างไก่พื้นเมืองมาเลเซีย พบว่าสามารถแบ่งไก่ได้เป็น 6 กลุ่มสอดคล้องกับความแตกต่างของพื้นที่ ในขณะที่ Berthouly *et al.* (2009) ใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ ตรวจสอบความหลากหลายของไก่พื้นเมืองในเมือง Ha Giang ของเวียดนาม พบค่า *expected heterozygosity* มีค่า >0.60 และสรุปว่ายีนส่วนมากของไก่ป่าชนสีแดงจะถ่ายทอดให้กับไก่พื้นเมือง เช่นเดียวกับ Pham *et al.* (2013) ใช้ไพรเมอร์ไมโครแซทเทลไลท์ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองเวียดนาม ไก่ป่าชนสีแดง และไก่พื้นเมืองที่มีกำเนิดจากประเทศจีนพบ *allele* ที่จำเพาะกับไก่พื้นเมืองเวียดนาม 7 ตำแหน่ง และพบไก่พื้นเมืองเวียดนามมีค่า *expected heterozygosity* ค่าสูงกว่าค่า *observed heterozygosity* ซึ่งสอดคล้องกับการรายงานของ Riztyan *et al.* (2011) ที่ใช้ความหลากหลายของ SNP markers ศึกษาในไก่พื้นเมืองอินโดนีเซียพบค่า *expected heterozygosity* มีค่าสูงกว่าค่า *observed heterozygosity* เช่นกัน และพบค่า *polymorphic loci* อยู่ในช่วงระหว่าง 0.765-0.878

นอกจากการใช้ Nuclear DNA แล้ว Sulandari *et al.* (2008) ยังใช้ลำดับเบสของ mitochondrial DNA D-loop ศึกษาความหลากหลายในไก่พื้นเมืองอินโดนีเซีย เช่นเดียวกับ Bondoc and Santiago (2012) ได้ใช้ DNA barcodes ที่ได้จากยีน *cytochrome c oxidase subunit 1 (CO1)* ใน mt-DNA พบว่า DNA barcodes สามารถจำแนกความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ไก่พื้นเมืองของประเทศฟิลิปปินส์ แต่ไม่สามารถจำแนกความแตกต่างของสายพันธุ์ไก่ทางการค้า ในขณะที่ Sartika *et al.* (2011) ได้ใช้เทคนิคพีซีอาร์-อาร์เอฟ แอลพีตรวจหายีน *Mx* พบ *allele Mx⁺* ที่มีรายงานการต้านทานต่อเชื้อไวรัสหวัดนกประมาณ 65% ในแม่ไก่พื้นเมืองและ 60% ในไก่พ่อพันธุ์

การใช้ SNP เพื่อการปรับปรุงพันธุ์ไก่ในต่างประเทศ

การตรวจสอบความหลากหลายของ SNP ที่เรียกว่า SNP array เป็นวิธีหนึ่งของ DNA micro-array ที่ต้องประกอบด้วย 3 ปัจจัยหลักคือ 1. ลำดับเบสของ DNA เป้าหมายที่ถูกตรึงอยู่บนแผ่นสไลด์หรือที่รองรับ 2. สาย *Oligonucleotide* ของตำแหน่ง *allele* ที่เจาะจงและติดฉลากด้วย probes และ 3. เครื่องตรวจวัดสัญญาณ probes เพื่อบันทึกผล ซึ่ง Siang Ng *et al.* (2012) ได้ใช้ genotype ของ SNP ตรวจสอบพันธุ์ประวัติไก่ที่ได้จากพ่อพันธุ์ไก่นยอน (Frizzle feather) แบบ heterozygous ผสมกับแม่พันธุ์ปกติ พบ SNP 2 ชนิดที่มีตำแหน่งอยู่ใน linkage group E22C19W28 และ E50C23 เกี่ยวข้องอยู่กับลักษณะขนยอนอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ และบริเวณใกล้เคียงดังกล่าวจะเป็นตำแหน่งของกลุ่มยีน *keratin* หลังการตรวจสอบยีน *keratin* ทั้ง 14 ชนิด พบ 1 ชนิดที่จะเป็นสาเหตุที่ก่อให้เกิดลักษณะขนยอนคือยีน KRT75 โดยพบว่าลำดับเบสของยีน

KRT75 จะขาดหายไป 69 bps ในบริเวณรอยต่อระหว่าง exon 5 กับ intron 5 ส่วน Wells *et al.* (2012) ใช้ SNP array ตรวจหาความบกพร่องของยีน scaleless (sc) โดยใช้วิธี pooled DNA จากไก่ที่มี genotype แบบ sc/sc และ sc/+ พบว่า allele sc มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 4 ของไก่ และสาเหตุที่ทำให้ไก่มีลักษณะ scaleless หรือลักษณะไม่มีขนและเกร็ดหน้าแข้งจะเกิดจากการเกิด substitution แบบ nonsense ของยีน FGF20 (Fibroblast growth factor 20) และในปี 2010 Wang *et al.* ใช้เทคนิค DNA microarray ศึกษา gene differential expressed ในไก่เนื้ออายุ 1, 4 และ 7 สัปดาห์ในไก่ 2 สายพันธุ์คือ สายพันธุ์ไข่ม้วนดำและไข่ม้วนสูงที่ถูกคัดเลือกแบบ divergent มาเป็นระยะเวลา 8 ชั่ว พบว่ามีจำนวนยีนที่แสดงออกในไก่อายุ 1, 4 และ 7 สัปดาห์เท่ากับ 81, 966 และ 610 ชนิด จำนวนยีนที่แสดงออกทั้งในอายุ 4 และ 7 สัปดาห์ มีประมาณ 30 ชนิด ซึ่งหลายยีนที่แสดงออกในช่วงอายุดังกล่าวจะเกี่ยวข้องกับกระบวนการ glyco-metabolism

สรุป

ถึงแม้ว่าหลักการทางพันธุศาสตร์โมเลกุลจะมีความก้าวหน้าไปมากเพียงใดก็ตาม โดยเฉพาะมีการสร้างแผนที่ SNP ของยีนในไก่ แต่การปรับปรุงพันธุ์ยังคงต้องอาศัยวิธีการจากทั้ง 3 มิติดังกล่าวข้างต้น ซึ่งยังคงมีความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์เสมอ โดยเฉพาะเมื่อต้องการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ลักษณะปริมาณ จำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องใช้วิธีทาง Biometry มาช่วยในการประเมินผลอย่างหลีกเลี่ยงไม่ได้ ยีนที่ควรให้ความสนใจศึกษาในไก่ คือยีนที่เกี่ยวข้องกับการสร้างอาหารในไข่แดง ยีนที่เกี่ยวข้องกับการสร้างไข่ขาว ยีนที่เกี่ยวข้องกับเอนไซม์ที่ใช้การสังเคราะห์ไขมัน ซึ่งไขมันในไก่เนื้ออุตสาหกรรมได้เป็นปัญหาให้กับการผลิตมาก เพราะนอกจากจะทำให้ความสมบูรณ์พันธุ์ลดต่ำแล้ว ยังเป็นเหตุของการอ่อนแอต่อโรค และยีนอีกประเภทที่ควรให้ความสนใจศึกษามากคือยีนที่ต้านทานต่อเชื้อโรคต่าง ๆ โดยเฉพาะเชื้อไวรัส

คำขอบคุณ

ผู้เขียนต้องขอขอบคุณภาควิชาสัตวบาล มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กำแพงแสน ซึ่งเป็นภาควิชาที่ผู้เขียนเคยทำงานและได้สั่งสมความรู้ทั้งทางด้านปฏิบัติในฟาร์มสัตว์ปีกและทฤษฎีมาอย่างต่อเนื่องตลอดช่วงระยะเวลาที่ได้ทำงานมาประมาณ 33 ปี และถ้าหากเนื้อหาที่เรียบเรียงเขียนนี้มีส่วนดีและเป็นประโยชน์อยู่บ้างก็ขอขอบคุณดีเหล่านี้ให้กับภาควิชาสัตวบาล กำแพงแสน

เอกสารอ้างอิง

- กุลสุตา ชมวิศรุตกุล เนรมิต สุขมณี สุภมิตร เมฆฉาย และ วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ 2550 การใช้เทคนิคพีซีอาร์-เอสเอสซีพีเพื่อตรวจสอบการกลายพันธุ์ของยีนคาร์เทปซินดีและยีนไวเทลโลเจนนินทูในไก่ วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร 38:203-211.
- วิโรจน์ ลิขิตตระกูลวงศ์ เนรมิต สุขมณี และ วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ 2550 การตรวจสอบยีนความหนาแน่นต่ำมากไลโปโปรตีนและไวเทลโลเจนนินรีเซพเตอร์โดยวิธีพีซีอาร์เอสเอสซีพี วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร 38:525-533.
- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ สมชัย จันทรสวาง และ สุชาติ สงวนพันธ์ 2538 ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัวของไก่เนื้อลูกผสมที่คัดเลือกจำนวน 5 ชั่ว วิทยาศาสตร์เกษตร สาขาวิทยาศาสตร์ 29:28-37.
- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ ภูพาน รัตนภักดี และ สมชัย จันทรสวาง 2539 การประมาณค่าความสามารถในการเข้ากันได้ของสายพันธุ์ไก่ไข่ในลักษณะน้ำหนักตัว 4 และ 8 สัปดาห์ด้วยวิธีการผสมแบบไดอัลลิล วิทยาศาสตร์ สาขาวิทยาศาสตร์ 30:185-192.
- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ ภูพาน รัตนภักดี 2540 ลักษณะผ่าเหล่า: เปรียบเทียบลักษณะเศรษฐกิจในไก่ไข่ที่เกิดจากการผสมแบบไดอัลลิลภายในและระหว่างสายพันธุ์ทางการค้าต่างๆ การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 35 หน้า 304-310.

- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์^a 2542 การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมในไก่ไข่ที่คัดเลือกมาจากประชากรที่ผ่านการผสมแบบไดอัลลิลวิทยาการเกษตรศาสตร์ สาขาวิทยาศาสตร์ 33:51-59.
- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์^b 2542 เปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัวในไก่พื้นบ้านที่ได้จากการประมาณค่า 2 วิธี วิทยาการเกษตรศาสตร์ สาขาวิทยาศาสตร์ 33:354-362.
- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ สมวงษ์ ตระกูลรุ่ง อภิชาติ วรณวิจิต และ พิศสุวรรณ เจริญสมบัติ 2542 เครื่องหมายพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับอัลลิลควบคุมลักษณะน้ำหนักตัวเพื่อใช้ในการปรับปรุงลักษณะไก่กระทง รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์ เสนอ ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ สมวงษ์ ตระกูลรุ่ง และ ศศิธร นาคทอง 2546 I. การใช้เทคนิคไมโครแซทเทลไลท์-พีซีอาร์ ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นบ้านเหล่าต่าง ๆ II. การสร้างเครื่องหมายพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับลักษณะการฟักไข่ รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์ เสนอ สำนักงานคณะกรรมการการวิจัยแห่งชาติ
- วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ นิติพงศ์ หอมวงษ์ 2553 การหาความหลากหลายเครื่องหมายพันธุกรรมของยีนเอนเคอซีทีทีพีเอสที่สัมพันธ์กับไวรัสหวัดนก รายงานความก้าวหน้า สถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
- วรศิลป์ มาลัยทอง 2542 การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะน้ำหนักตัวในไก่เนื้อลูกผสมโดยวิธีแอนิมัลโมเดล วิทยานิพนธ์ ปริญญาโท มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
- ศิริวัฒน์ ไทยสนธิ วรวิทย์ วัชวัลคุ และ วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ 2553 การใช้เทคนิค AFLP ตรวจหาแถบดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กับลักษณะเชิงการต่อสู้ในไก่พื้นเมือง วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร 41:159-166.
- สาธิต อยู่เย็น 2542 การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจในไก่ไขูลูกผสมด้วยวิธี REML วิทยานิพนธ์ ปริญญาโท มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
- อาทิตย์ ไชยกุล นรมิต สุขมณี วีรชัย ช่อไม้ และ วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ 2551 ลักษณะทางพันธุกรรมของสีขนไก่พื้นเมืองพันธุ์เหลืองหางขาว วารสารวิทยาศาสตร์เกษตร 39:65-72.
- Berthouly, C., G. Leroy, T.N. Van, H.H. Thanh, *et al.* 2009. Genetic analysis of local Vietnamese chickens provides evidence of gene flow from wild to domestic population. BMC Genetics 10:1
- Bondoc, O.L. and R.C. Santiago, 2012. The use of DNA barcodes in the evolutionary analysis of domestic breeds and strains of chicken (*Gallus gallus domesticus*) in the Philippines. Philipp. Agric. Scientist 95:358-369.
- International chicken polymorphism map consortium 2004. A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. Nature 432:717-722.
- Li, X.Y., L.J. Qu, Z.C. Hou, J.F. Yao, G.Y. Xu, and N. Yang. 2007. Genomic structure and diversity of the chicken Mx gene. Poul. Sci. 86:786-789.
- Pham, M.H., C. Berthouly-Salazar, X.H. Tran, W.H. Chang, *et al.* 2013. Genetic diversity of Vietnamese domestic chicken populations as decision making support for conservation strategies. Animal Genetics. DOI:10.1111/age.12045.
- Riztyan, T. Katano, T. Shimogiri, K. Kawabe and S. Okamoto, 2011. Genetic diversity and population structure of Indonesian native chickens bases on single nucleotide polymorphism markers. Poultry Sci. 90:2471-2478.
- Sartika, T., S. Sulandari and M.S.A. Zein, 2011. Selection of Mx gene genotype as genetic marker for avian influenza resistance in Indonesian native chickens. BMC Proceedings. 5 (suppl. 4): S37.
- Sheng Q., D. Cao, Y. Zhou, Q. Lei, H. Han, *et al.* 2013. Detection of SNPs in the cathepsin D gene and their association with yolk traits in chickens. PLoS ONE 8(2) : e56656. doi : 10.1371

- Siang Ng C., P. Wu, J. Foley, A. Foley, M-L. McDonald, *et al.* 2012. The chicken frizzle feather is due to an α -keratin (KRT 75) mutation that cause a defective rachis. PLoS Genetics 8(7):e1002748
- Siripholvat, V., S. Isariyodom, S. Jiarakongman, S. Morathop, S. Rangsihaht, C. Tirawattanawanich, A. Narkchamnan, N. Mahakanta, A. Leotaragul and S. Trimanee 2005. Morphological description in plumage color, adult body weight and fighting behavior of Thai native chicken in the Chiangrai region. The 2005 HCMR Congress in Tokyo. p 16-18.
- Siripholvat V., S. Isariyodom, C. Tirawattanawanich, P. Kromkhun, S. Rangsihaht and S. Jirakongman 2006. Descriptive the relationship between Chiang-rai native and decoy chickens : using the specific loci of some endogenous proviruses. The 2006 HCMR Congress in Tokyo. p.25-26.
- Siripholvat V., S. Isariyodom, C. Tirawattanawanich, P. Kromkhun, S. Rangsihaht and S. Jirakongman 2007. PCR diagnostic test for endogenous retrovirus primer specific loci in red jungle fowl, decoy and Chiang Rai native chicken. The 2007 HCMR Congress in Thailand.
- Siripholvat V. 1999. Using microsatellite-PCR technique to estimate the genetic similarity of Thai indigenous chicken. The 10th International Congress on Genes, gene Families, and Isozymes. Beijing, China.
- Siripholvat V. and S. Sanguanpan 1994. Heritability, correlation estimated for some economic traits of Rhode-Changhai crossbred hens. Proc. 5th World Congr. Genetics Appl. Livestock Production. 20 : 80-83. Guelph, Canada.
- Siripholvat V. and N. Homwong, 2010 Elucidation some plumage-shank color and Mx protein genes in Thai native chickens. The 14th AAAP Animal Science Congress, pp 23-27. Pingtung, Taiwan, ROC.
- Sulandari, S., M.S.A. Zein and T. Sartika. 2008. Molecular characterization of Indonesian indigenous chickens based on mitochondrial DNA displacement (D)-loop sequences. Hayati J. Biosci. 15:145-154.
- Wang H.B., Q.G. Wang, X.Y. Zhang, X.F. Gu, N. Wang, S.B. Wu and H. Li, 2010. Microarray analysis of genes differentially expressed in the liver of lean and fat chickens. Animal 4:513-522.
- Well K.L., Y. Hadad, D. Ben-Avraham, J. Hillel, A. Cahaner and D.J. Headon, 2012. Genome-wide SNP scan of pooled DNA reveals nonsense mutation in FGF20 in the scaleless line of featherless chickens. BMC Genomics 13:257-267.
- Yap F.C. and J.V. Kumaran, 2011. Phylogenetic relationships among different breeds of domestic chickens in selected areas of Peninsular Malaysia using RAPD markers. Pertanika J. Trop. Agric. Sci. 34:263-270.