



ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรดิตถ์ เพื่อการใช้ประโยชน์และอนุรักษ์อย่างยั่งยืน

สิริวดี พรหมน้อย^{1,*} และสกุณา พัฒนกุลอนันต์²

¹หลักสูตรชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏอุดรดิตถ์

²คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน

บทคัดย่อ: การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรดิตถ์ ด้วยการใช้ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณไซโตโครมบี โดยทำการสุ่มเก็บตัวอย่างเลือดจากไก่พื้นเมืองจำนวนทั้งหมด 22 ตัว จากนั้นทำการสกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอบริเวณไซโตโครมบี ด้วยเทคนิค PCR พบว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณไซโตโครมบี ของไก่พื้นเมืองมีความยาวประมาณ 560 คู่เบส และทำการวิเคราะห์ความสัมพันธ์โดยการสร้าง Phylogenetic tree พบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรดิตถ์เมื่อเทียบกับข้อมูลไก่พื้นเมืองจากแหล่งอื่น โดยแยกออกได้เป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มย่อยที่ 1 มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ *G. gallus gallus* และ *G. gallus spadiceus* และกลุ่มย่อยที่ 2 มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับ *G. gallus gallus*, *G. gallus spadiceus* และ *G. gallus murghi* การศึกษาในครั้งนี้เป็นการศึกษาแรกเกี่ยวกับข้อมูลทางด้านดีเอ็นเอของไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรดิตถ์ เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานทางพันธุกรรมที่สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการวางแผนการอนุรักษ์ และปรับปรุงพันธุ์ไก่พื้นเมืองของจังหวัดอุดรดิตถ์ต่อไป

คำสำคัญ: ความหลากหลาย ไก่พื้นเมือง ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ไซโตโครมบี จังหวัดอุดรดิตถ์

*ผู้รับผิดชอบบทความ

สัตวแพทยมหาวิทยาลัย. 2560. 12(2): 67-77.

E-mail address: first_pig_2@hotmail.com

Genetic Diversity of Native Chicken in Uttaradit Province for Sustainable of Utilization and Conservation

Siriwadee Phromnoi^{1,#} and Sakuna Phattanakunanan²

¹Biology, Faculty of Science and Technology, Uttaradit Rajabhat University

²Faculty of Veterinary Medicine, Kasetsart University. Kamphaeng Saen Campus

Abstract: This study was to investigate genetic diversity of native chicken in Uttaradit Province by using mitochondrial DNA (mtDNA) cytochrome b sequences. A total of 22 native chicken of 9 amphoe in Uttaradit province represented. The 560 bases of mtDNA (cytochrome b) were sequenced and compared to native chicken reported in GenBank, and the phylogenetic tree for the native chickens were constructed based on the cytochrome b sequences. Phylogenetic analyses revealed that Thai native chickens were divided into two lineages. The first lineage was closely related to *G. gallus gallus* and *G. gallus spadiceus*. The second lineage was closely related to *G. gallus gallus*, *G. gallus spadiceus* and *G. gallus murghi*. This is the first molecular data report of native chicken in Uttaradit Province. The information generated by this study will greatly aid in the establishment of effective breeding programs and conservation genetics of native chicken in Uttaradit.

Keywords: Biodiversity, Native Chicken, Mitochondria DNA, Cytochrome B, Uttaradit Province

[#]Corresponding author

J. Mahanakorn Vet. Med. 2017. 12(2): 67-77.

E-mail address: first_pig_2@hotmail.com

บทนำ

ไก่พื้นเมือง เป็นมรดกวัฒนธรรมและเป็นแหล่งชีวภาพที่หลากหลาย สร้างอาหารและความมั่นคงในการดำรงชีวิตของเกษตรกรมานานนับร้อยปี เป็นทรัพย์สินภูมิปัญญาอย่างหนึ่งของชาวบ้าน ไก่พื้นเมืองแต่ละสายพันธุ์มีจุดเด่นที่เป็นคุณสมบัติเฉพาะตัว เช่น ความต้านทานโรคและแมลง ทนต่อสภาพแวดล้อม ในประเทศไทยมีการเลี้ยงไก่ประจำถิ่นกันอยู่แล้วในแต่ละภูมิภาค ส่วนใหญ่เลี้ยงเป็น

อาชีพเสริมอีกทั้งราคาไก่พื้นเมืองแพงกว่าราคาไก่พันธุ์เนื้อ จึงให้ผลตอบแทนทางเศรษฐกิจสูงกว่า ขณะที่ต้นทุนการผลิตต่ำมากหรือเกือบไม่มีเลย ในแง่การบริโภคเนื้อก็มีรสชาติดีกว่าไก่พันธุ์เนื้อจากต่างประเทศ และยังเป็นแหล่งอาหารโปรตีนที่ดีที่สุดอย่างหนึ่งสำหรับเกษตรกร ถ้าหากเกษตรกรรู้จักการปรับปรุงการเลี้ยงดู พยายามศึกษาการป้องกันโรคระบาด รายได้จากไก่พื้นเมืองที่ควรจะได้รับจึงย่อมเพิ่มขึ้นอย่างแน่นอน (เจนรงค์ และคณะ, 2559) แต่

ในปัจจุบันการที่จะหาพันธุ์แท้ของไก่พื้นเมืองสายพันธุ์ต่างๆเป็นเรื่องยากขึ้นทุกที เพราะเกษตรกรส่วนใหญ่ในชนบทที่เลี้ยงไก่พื้นเมืองจะเลี้ยงปล่อย และผสมพันธุ์ตามธรรมชาติ ไม่สนใจแยกสายพันธุ์ หรือผู้เลี้ยงไก่ที่ชนก่ไม่ค่อยสนใจลักษณะภายนอก มีการเอาไก่พม่าและเวียตนามมาผสมกับไก่พื้นเมืองไทยเพื่อประโยชน์ในการชน ทำให้สายพันธุ์ไก่พื้นเมืองไทยค่อยๆหายไป หากไม่มีการรวบรวมพันธุ์และการอนุรักษ์ให้เป็นระบบอย่างต่อเนื่องแล้ว อาจทำให้สายพันธุ์ไก่พื้นเมืองประจำถิ่นของไทยสูญหายไป

จากการสำรวจของกรมปศุสัตว์ในปีพ.ศ. 2558 พบว่าประเทศไทยมีเกษตรกรผู้เลี้ยงไก่พื้นเมืองจำนวน 2,359,645 ครัวเรือน มีประชากรไก่พื้นเมือง 72,412,376 ตัว ส่วนใหญ่อยู่ในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือจำนวน 30,609,198 ตัว และภาคเหนือจำนวน 21,257,134 ตัว (ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร กรมปศุสัตว์, 2558) เนื่องจากความแตกต่างของฝูงไก่ ภูมิประเทศ วิธีการผสม คัดเลือก และปรับปรุงพันธุ์ ทำให้เกิดความหลากหลายโดยเฉพาะสีขน ซึ่งใช้จำแนกพันธุ์ไก่พื้นเมือง มีไก่พื้นเมืองหลายๆสายพันธุ์ที่มีศักยภาพในการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ให้เป็นไก่พื้นเมืองพันธุ์แท้ และใช้ประโยชน์พันธุ์ในอนาคต การศึกษาความหลากหลายของแหล่งประชากรไก่พื้นเมืองจึงเป็นสิ่งสำคัญ (เจนรงค์ และคณะ, 2559)

ในพื้นที่จังหวัดอุดรธานี พบว่าในปีพ.ศ. 2554 จำนวนไก่พื้นเมืองทั้งจังหวัดมีอยู่ 842,880 ตัว จากเกษตรกรผู้เลี้ยง 28,160 ราย (ศูนย์สารสนเทศ กรมปศุสัตว์, 2554) ต่อมาในปี 2558 พบว่าจำนวนไก่พื้นเมืองลดลงเหลือ 704,310 ตัว จากเกษตรกรผู้เลี้ยง 27,028 ครัวเรือน (กลุ่มสารสนเทศและข้อมูล

สถิติ ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร, 2558) ซึ่งถือว่าลดลงเป็นจำนวนมาก จากปัญหาการลดลงของปริมาณการเลี้ยงไก่พื้นเมืองดังกล่าว จึงนำมาซึ่งความสนใจศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในจังหวัดอุดรธานี เพื่อศึกษาศักยภาพของการเปลี่ยนแปลงวิวัฒนาการ (Evolution potential) ของประชากรนั้นๆว่าเป็นอย่างไร การที่ประชากรไก่พื้นเมืองมีจำนวนน้อยลงนั้น ย่อมส่งผลทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองลดลงไปได้ จึงต้องศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองที่ยังคงมีชีวิตอยู่เพื่อเป็นแนวทางในการบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพ เพื่อสามารถนำไปใช้ประโยชน์อย่างยั่งยืนต่อไปในอนาคต

การศึกษาเชิงวงศ์วานวิวัฒนาการระดับโมเลกุล (molecular phylogenetics) ของไก่พื้นเมืองมีความจำเป็นต่อการวางแผนการจัดการที่เหมาะสม เพื่อที่จะอนุรักษ์และปรับปรุงสายพันธุ์ไก่พื้นเมืองที่มีอยู่ ปัจจุบันการเปรียบเทียบลำดับเบสในดีเอ็นเอเป็นเครื่องมือมาตรฐานสำหรับการศึกษาเชิงวงศ์วานวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต (Peters *et al.*, 2005) โดยสามารถวิเคราะห์จากจีโนมหรือบางส่วนของดีเอ็นเอ เพื่อจัดจำแนกสิ่งมีชีวิตออกเป็นกลุ่มตามระดับความสัมพันธ์ที่เหมือนหรือแตกต่างกัน ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ (mitochondrial DNA, mtDNA) บริเวณไซโตโครมบี (cytochrome b) จึงเป็นบริเวณหนึ่งที่นิยมนำมาใช้เพื่อศึกษาเชิงวงศ์วานวิวัฒนาการระดับโมเลกุลของสิ่งมีชีวิตหลายชนิด เช่น โค (Mannen *et al.*, 2004) สุกร (Giuffra *et al.*, 2000) แกะ (Hiendleder *et al.*, 2002) แพะ (Odahara *et al.*, 2006) ม้า (Vila *et al.*, 2001) และไก่ (Liu *et al.*, 2006; Lee *et al.*, 2007; Pramual *et al.*,

2013; สิริวดี และสมเกียรติ, 2559) ดังนั้นการศึกษาในครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อสร้างฐานองค์ความรู้ในเชิงลึกที่เกี่ยวข้องกับดีเอ็นเอในแง่ของความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรดิตถ์ โดยอาศัยการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณไซโตโครมบี เพื่อใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการพิจารณาแนวทางในการอนุรักษ์และพัฒนาการใช้ประโยชน์จากไก่พื้นเมืองของจังหวัดอุดรดิตถ์ และประเทศไทยต่อไป

วัสดุอุปกรณ์และวิธีดำเนินการวิจัย

ตัวอย่างสัตว์ที่ใช้ในการศึกษาและการเก็บตัวอย่าง

สุ่มเก็บตัวอย่างไก่พื้นเมือง โดยคัดเลือกจากไก่พื้นเมืองของเกษตรกรที่ขึ้นทะเบียนกับสำนักงานปศุสัตว์จังหวัดอุดรดิตถ์ ทั้ง 9 อำเภอ เป็นไก่พื้นเมืองที่มีลักษณะภายนอกที่สมบูรณ์ (พ่อพันธุ์ อายุมากกว่า 6 เดือน, แม่พันธุ์ อายุมากกว่า 7 เดือน, ไก่รุ่น อายุ 2 – 7 เดือน) (ตารางที่ 1) จากนั้นทำการคัดเลือก แล้วทำการเจาะเลือดจากเส้นเลือดดำบริเวณโคนปีก (ulnar vein) จำนวน 1 มิลลิลิตรใส่ในหลอดเก็บเลือดที่มีสารป้องกันการแข็งตัวของเลือด (EDTA) เพื่อป้องกันการแข็งตัวของเลือดเก็บในถังใส่น้ำแข็ง แล้วเก็บไว้ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส เพื่อบริการสกัดดีเอ็นเอและเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในขั้นตอนต่อไป

การตรวจสอบดีเอ็นเอจากเทคนิค PCR

ทำการสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือดโดยใช้ FavorPrep™ Blood/Culture Cell Genomic DNA Extraction Mini Kit (FAVORGEN®, Taiwan) จากนั้นทำการเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอและตรวจสอบรูปแบบจีโนไทป์ของไก่พื้นเมืองด้วยวิธี PCR ตามวิธีของ Niu *et al.* (2002) โดยใช้ไพรเมอร์

Forward (cyt b) : 5'AGG ACT ACG GCT TGA AAA GC 3' และ Reverse (cyt b): 5'ATG TGC CTG ACC GAG GAA CCA G 3' การเพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอ จะใช้ DreamTaq Green PCR Master Mix (2X) (Thermo Scientific) จากนั้นนำ PCR mixture ดังกล่าว เข้าเครื่องปรับเปลี่ยนอุณหภูมิ (Thermal Cycler) โดยตั้งอุณหภูมิในแต่ละรอบดังนี้ Denaturation 94°C นาน 30 วินาที Annealing 55°C นาน 30 วินาที และ Extension 72°C นาน 30 วินาที รวมทั้งสิ้น 35 รอบ และตรวจสอบผลผลิต PCR โดยทำการแยกแแถบดีเอ็นเอโดยผ่าน กระแสไฟฟ้าบนเจล (agarose gel electrophoresis) และจากนั้นทำผลผลิต PCR ให้บริสุทธิ์โดยใช้ FavorPrep™ Gel/PCR Purification Mini kit (Favorgen, Taiwan) และทำการส่งวิเคราะห์หาลำดับเบสทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองที่บริษัท First Base Laboratories SDN BH ประเทศ มาเลเซีย

การวิเคราะห์ข้อมูล

ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณไซโตโครมบีจากตัวอย่างไก่พื้นเมืองได้รับการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Blastn ([http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blastn](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/)) และเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์แบบขนาน (multiple alignment) ด้วยโปรแกรม ClustalW เพื่อเปรียบเทียบความเหมือนและแตกต่างของการจัดเรียงลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณไซโตโครมบีระหว่างประชากรไก่พื้นเมืองในครั้งนี้และไก่พื้นเมืองอื่นที่อยู่ในสกุล Gallus ตามข้อมูลที่รายงานใน GenBank (ตารางที่ 2) โดยมี *Gallus varius* Indonesia (D82912) เป็น outgroup และจัดทำแผนภูมิต้นไม้เชิงวงศ์วานวิวัฒนาการ (phylogenetic

ตารางที่ 1 ไก่พื้นเมืองที่ได้จากการคัดเลือกเพื่อเป็นประชากรตัวอย่างในการศึกษา จำนวน 22 ตัวอย่าง

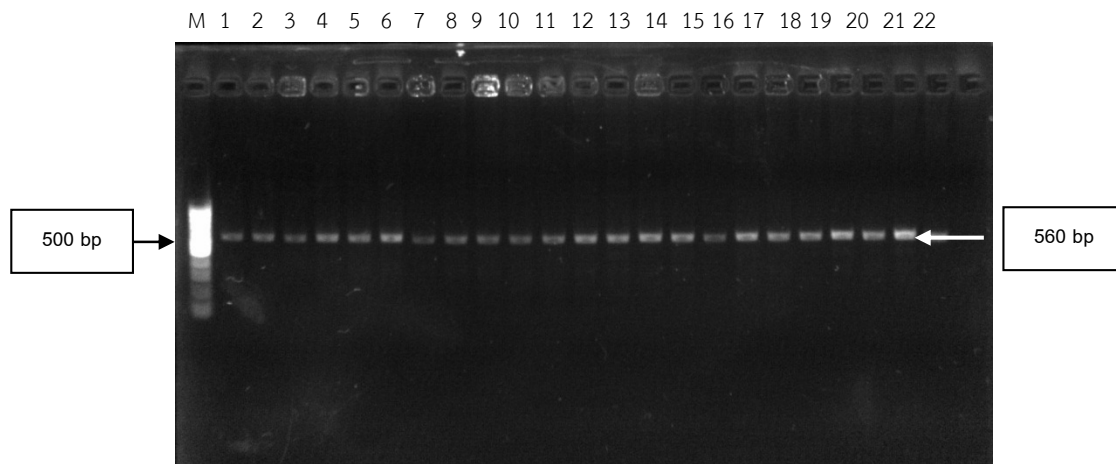
ลำดับที่	รหัส	เพศ	พื้นที่เก็บตัวอย่าง
1	NCF01	เพศเมีย	อำเภอเมือง
2	NCM03	เพศผู้	อำเภอเมือง
3	NCF04	เพศเมีย	อำเภอเมือง
4	NCM05	เพศผู้	อำเภอเมือง
5	NCF06	เพศเมีย	อำเภอทองแสนขัน
6	NCM07	เพศผู้	อำเภอทองแสนขัน
7	NCF08	เพศเมีย	อำเภอบ้านดง
8	NCM09	เพศผู้	อำเภอบ้านดง
9	NCM10	เพศผู้	อำเภอพิกุล
10	NCF11	เพศเมีย	อำเภอพิกุล
11	NCM12	เพศผู้	อำเภอพิกุล
12	NCF13	เพศเมีย	อำเภอบ้านโคก
13	NCF14	เพศเมีย	อำเภอบ้านโคก
14	NCM15	เพศผู้	อำเภอน้ำป่า
15	NCF16	เพศเมีย	อำเภอน้ำป่า
16	NCM17	เพศผู้	อำเภอตรอน
17	NCM18	เพศผู้	อำเภอตรอน
18	NCM19	เพศผู้	อำเภอตรอน
19	NCM20	เพศผู้	อำเภอพิชัย
20	NCM21	เพศผู้	อำเภอพิชัย
21	NCF22	เพศเมีย	อำเภอพิชัย
22	NCF23	เพศเมีย	อำเภอพิชัย

tree) ด้วยวิธี Neighbor – Joining (NJ) โดยใช้โปรแกรม Mega6 ทดสอบความเชื่อมั่นด้วยค่า bootstrap จำนวน 1,000 ซ้ำ เพื่อศึกษาสายวิวัฒนาการและความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรธานี

ผลการวิจัย

การตรวจสอบดีเอ็นเอจากเทคนิค PCR

จากการสุ่มเก็บตัวอย่างไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรธานี ได้จำนวน 22 ตัวอย่าง ได้แก่ ตัวผู้ 13 ตัว และตัวเมีย 9 ตัว จากผลการสกัดดีเอ็นเอของเลือดไก่พื้นเมือง พบว่า ลำดับของนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอในไมโทคอนเดรียล บริเวณ Cytochrome b ใน



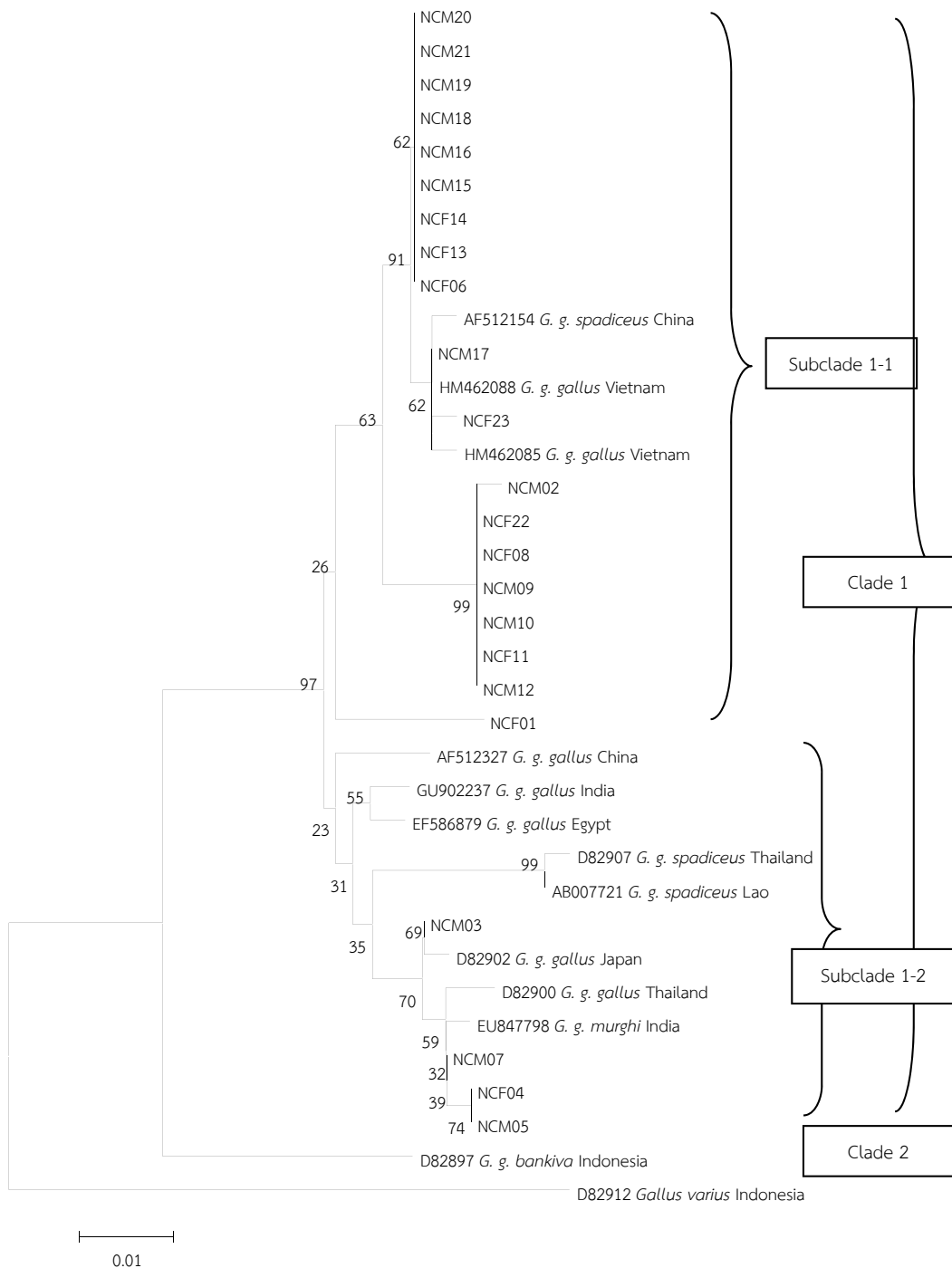
ภาพที่ 1 แลบดีเอ็นเอที่ได้จากการเพิ่มปริมาณยีน cytochrome b ด้วยเทคนิค PCR Lane M คือ marker ขนาด 100 kb Lane ที่ 1-21 แสดงผลแลบดีเอ็นเอของยีน cytochrome b ที่ได้จากเลือดไก่พื้นเมืองจากอำเภอต่างๆในจังหวัดอุดรดิตถ์

ไก่พื้นเมืองมีความยาวประมาณ 560 คู่เบสดังแสดงในภาพที่ 1

ผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมือง

เมื่อสร้าง phylogenetic tree ด้วยวิธี Neighbor- Joining (NJ) ของไก่พื้นเมืองที่ได้จากพื้นที่จังหวัดอุดรดิตถ์ จำนวน 22 ตัว และไก่พื้นเมืองจากฐานข้อมูล GenBank พบว่า สามารถจำแนกกลุ่มทางพันธุกรรมได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ (clade) ที่เป็นตระกูลไก่ป่า (*Gallus gallus*) ซึ่งถือเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ของไก่เลี้ยงทั้งหมดคือ กลุ่มที่ 1 ไก่ที่เป็น *G. g. gallus*, *G. gallus spadiceus* และ *G. gallus murghi* และกลุ่มที่ 2 ไก่ที่เป็น *G. gallus bankiva* ประเทศอินโดนีเซีย โดยกลุ่มที่ 1 ยังแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ subclade 1-1 เป็นไก่ *G. g. gallus* และ *G. gallus spadiceus* และ subclade 1-2 เป็นไก่ *G. g. gallus*, *G. gallus spadiceus* และ *G. gallus murghi* ซึ่งตัวอย่างเลือดไก่พื้นเมืองที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้จัดอยู่ใน subclade ที่ 1 เท่านั้น โดยจัดอยู่ในทั้ง

subclade 1-1 และ 1-2 โดยจำแนกได้ดังนี้ subclade 1-1 จำนวน 18 ตัวอย่าง (NCF01, NCF06, NCF08, NCM09, NCM10, NCF11, NCM12, NCF13, NCF15, NCM15, NCM16, NCM17, NCM18, NCM19, NCM20, NCM21, NCF22 และ NCF23) มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไก่พื้นเมืองในประเทศจีน (AF512154) (Liu *et al.*, 2006) และเวียดนาม (HM462088 และ HM462085) (Ramadam *et al.*, 2011) และใน subclade 1-2 พบจำนวน 4 ตัวอย่าง (NCM03, NCF04, NCM05 และ NCM07) ที่มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไก่พื้นเมืองที่มาจากประเทศจีน (AF512327: Liu *et al.*, 2006) อินเดีย (GU902237: Singh and Kumar (unpublished) (EU847798: Kanginakudru *et al.*, 2008) อียิปต์ (EF586879: Singh and Kumar (unpublished) ญี่ปุ่น (D82902: Fumihito *et al.*, 1996) ลาว (AB007721: Nishibori *et al.*, 2005) และประเทศไทย (D82907 และ D82900 : Fumihito *et al.*, 1996) และแยกจาก outgroup ที่เป็น *Gallus varius* (Fumihito *et al.*, 1996) ที่เป็นตระกูลของไก่ป่าชาวดังแสดงในภาพที่ 2



ภาพที่ 2 Phylogenetic tree แสดงความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมือง ด้วยโปรแกรม Mega 6 ทำการวิเคราะห์ด้วยวิธี Neighbor - joining (NJ) และทดสอบความเชื่อมั่นด้วย Bootstrap จำนวน 1,000 ซ้ำ

อภิปรายผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

ความหลากหลายทางพันธุกรรม เป็นสิ่งสำคัญสำหรับการพัฒนาการทางด้านวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต เป็นสิ่งจำเป็นสำหรับการปรับปรุงและ

คัดเลือกสายพันธุ์ ไก่พื้นเมืองที่มีในปัจจุบันจัดอยู่ในสกุล *Gallus* วงศ์ Phasianidae (Smith, 1998) และอลงกลด (2542) ได้รายงานไว้ว่า ต้นตระกูลของไก่พื้นเมืองนั้นอยู่ในทวีปเอเชียตะวันออกเฉียงใต้

ประกอบไปด้วยไก่ป่า 4 ชนิดได้แก่ ไก่ป่าสีแดง (*Gallus gallus*) ไก่ป่าซีลอน (*Gallus lafayetii*) ไก่ป่าสีเทา (*Gallus sonnerati*) และไก่ป่าขาว (*Gallus varius*) สำหรับไก่ป่าสีแดง (*Gallus gallus*) แบ่งออกได้เป็นชนิดย่อย 5 ชนิดคือ *G. g. gallus*, *G. g. spadiceus*, *G. g. bankiva*, *G. g. marghi* และ *G. g. jabouillei* โดยส่วนใหญ่ *G. gallus* พบการกระจายตัวอยู่ในประเทศจีน เวียดนาม และอินเดีย จัดเป็นไก่สายพันธุ์ดั้งเดิมและเป็นต้นตระกูลของไก่บ้านที่เลี้ยงกันเป็นสัตว์เศรษฐกิจในปัจจุบัน (Pramual *et al.*, 2013)

จากการศึกษาในครั้งนี้พบว่า ไก่พื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดอุดรดิตถ์ จัดอยู่ในไก่ป่าสีแดง ซึ่งเป็นกลุ่มของ *G. gallus* ทั้งหมด ใกล้เคียงกับ *G. gallus* 3 ชนิดย่อยคือ *G. g. spadiceus* (ของประเทศไทย) *G. g. gallus* (ของประเทศไทย เวียดนาม จีน อินเดีย ญี่ปุ่น และอียิปต์) และ *G. g. marghi* (ของประเทศไทย) ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Pramual *et al.* (2013) ที่รายงานว่าไก่พื้นเมืองส่วนใหญ่เป็นสายพันธุ์ *G. gallus* และสอดคล้องกับการทดลองของ Liu *et al.* (2006) ที่รายงานว่า ไก่พื้นเมืองน่าจะมีต้นกำเนิดมาจากจีน เวียดนาม พม่า ไทย และอินเดีย จาก phylogenetic tree (ภาพที่ 2) แสดงให้เห็นว่า ไก่พื้นเมืองที่พบในการศึกษาในครั้งนี้ และไก่พื้นเมืองจากประเทศไทยที่ศึกษาโดย Fumihito *et al.* (1996) (D82907 และ D82900) มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมกับ *G. g. spadiceus* และ *G. g. marghi* และสอดคล้องกับการทดลองของ Pramual *et al.* (2013) ที่รายงานว่าไก่พื้นเมืองจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับ *G. gallus* 3 ชนิดย่อย (*G. g. spadiceus*, *G. g. gallus* และ *G. g.*

marghi) และแตกต่างจาก *G. g. bankiva* ประเทศอินโดนีเซีย

จากการตรวจสอบสายวิวัฒนาการของไก่พื้นเมืองที่ทำการศึกษาในครั้งนี้สรุปได้ว่า จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน คือ *G. gallus* แต่พบว่า มีความหลากหลายทางพันธุกรรม เนื่องจากในกลุ่มเดียวกันยังสามารถแยกออกเป็น 2 กลุ่มย่อย โดยกลุ่มย่อยที่ 1 เป็นไก่พื้นเมืองที่อยู่ในบริเวณอำเภอรอบนอกของจังหวัดอุดรดิตถ์ (ทองแสนขัน, อำเภอท่าปลา, อำเภอปากท่า, อำเภอบ้านโคก, อำเภอน้ำปาด, อำเภอตรอน, อำเภอพิชัย) ส่วนในกลุ่มย่อยที่ 2 เป็นไก่พื้นเมืองที่อยู่ในอำเภอเมือง การแยกเป็น 2 กลุ่มย่อยนี้แสดงให้เห็นเป็นนัยถึงความหลากหลายของประชากรไก่พื้นเมืองของจังหวัด อาจมีสาเหตุมาจากความแตกต่างของพื้นที่ กลุ่มย่อยที่ 1 เป็นพื้นที่ห่างจากเมือง บางพื้นที่เป็นที่สูงและเป็นภูเขา ทำให้เรื่องของการคมนาคมที่มีผลต่อการเคลื่อนย้ายไก่มิน้อย มีการผสมเลือดชิด ส่วนกลุ่มย่อยที่ 2 พื้นที่อำเภอเมืองที่มีการคมนาคมสะดวก อาจเป็นสาเหตุให้มีการเคลื่อนย้ายไก่จากพื้นที่อื่นๆเข้ามาปะปน จึงมีความแตกต่างจากอำเภออื่นๆในจังหวัด รวมไปถึงความแตกต่างของการเลี้ยงในแต่ละพื้นที่ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของเฉลิมชัย (2546) ศึกษาการจำแนกสายพันธุ์ไก่พื้นเมืองในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ พบว่าความแตกต่างระหว่างไก่พื้นเมืองจังหวัดนครราชสีมา และจังหวัดยโสธร กับจังหวัดเลย อาจมีสาเหตุมาจากความแตกต่างของพื้นที่

นอกจากนี้ผลการวิจัยที่ได้ยังสอดคล้องกับการทดลองของ Berthouly-Salazar *et al.* (2010) ที่พบความหลากหลายของไก่พื้นเมืองเวียดนามที่จัดอยู่ใน *G. gallus* แต่แยกออกได้เป็นหลายกลุ่มย่อยเช่นกัน และไก่พื้นเมืองเหล่านี้น่าจะมีแหล่งกำเนิดมาจาก

ประเทศในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ จาก Phylogenetic tree แสดงให้เห็นว่า *G. g. spadiceus*, *G. g. gallus* และ *G. g. marghi* มีความใกล้ชิดกันทางวิวัฒนาการกับไก่พื้นเมืองของประเทศไทย แต่ไก่พื้นเมืองจากอินโดนีเซีย *G. g. bankiva* มีสายวิวัฒนาการแยกออกไป แสดงให้เห็นว่า อาจไม่มีความเกี่ยวข้องกันทางวิวัฒนาการกับไก่พื้นเมืองของประเทศไทย (Fumihito *et al.*, 1996; Liu *et al.*, 2006; Kanginakudru *et al.*, 2008; Pramual *et al.*, 2013)

ผลการศึกษาครั้งนี้เป็นงานแรกที่วิเคราะห์ความหลากหลายระดับดีเอ็นเอของไก่พื้นเมืองทั้ง 9 อำเภอของจังหวัดอุดรดิตถ์ เพื่อเป็นการสร้างฐานองค์ความรู้ในเชิงลึกที่เกี่ยวข้องกับดีเอ็นเอในการประยุกต์ใช้ประโยชน์ในการบริหารจัดการความหลากหลายทางชีวภาพในเชิงการพัฒนา การปรับปรุงสายพันธุ์ และการอนุรักษ์พันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในระดับท้องถิ่น ยังต้องมีการเพิ่มกลุ่มประชากรในการศึกษา เพื่อให้ทราบที่มาของสายวิวัฒนาการและข้อมูลความหลากหลายที่เกิดจากความแตกต่างของแหล่งที่อยู่อาศัยว่ามีพันธุกรรมเริ่มต้นมาเหมือนหรือแตกต่างกันในแต่ละแหล่งที่อยู่เพื่อบอกถึงลักษณะของไก่พื้นเมืองที่เป็นสัตว์ประจำถิ่นได้ และเป็นข้อมูลพื้นฐานที่สำคัญในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ ซึ่งจะเป็ประโยชน์จากทรัพยากรพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองอย่างยั่งยืนต่อไป

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนการวิจัยจากสถาบันวิจัยและพัฒนา มหาวิทยาลัยราชภัฏอุดรดิตถ์ ขอขอบพระคุณสำนักงานปศุสัตว์จังหวัดอุดรดิตถ์ที่ช่วยอำนวยความสะดวกในการติดต่อประสานงาน

คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน ที่เอื้ออำนวยความสะดวกอุปกรณ์ในการศึกษาด้านดีเอ็นเอ และเกษตรกรผู้เลี้ยงไก่พื้นเมืองในจังหวัดอุดรดิตถ์ทุกท่านที่ให้ความร่วมมือในการให้ข้อมูลและตัวอย่างเลือดไก่พื้นเมืองที่ใช้ในการทำวิจัยในครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- กลุ่มสารสนเทศและข้อมูลสถิติ ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร. 2558. ข้อมูลจำนวนปศุสัตว์ในประเทศไทย ปี 2558. กรมปศุสัตว์ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 193 หน้า.
- เจนรงค์ คำมุงคุณ ชัยตรี บุญดี และอานวย เลี้ยวธารากุล. 2559. ความหลากหลายของไก่พื้นเมืองในพื้นที่ภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของไทย. *วารสารแก่นเกษตร* 44 ฉบับพิเศษ 1: (2559). หน้า 37-42.
- เฉลิมชัย หอมตา. 2546. การจำแนกสายพันธุ์ไก่พื้นเมืองในภาคตะวันออกเฉียงเหนือด้วยไมโครแซทเทลไลท์-มาร์กเกอร์. วิทยานิพนธ์หลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี. 90 หน้า.
- สิริวดี พรหมน้อย และสมเกียรติ ดอนทองแดง. 2559. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่เขียวพาลีในพื้นที่อำเภอพิชัย จังหวัดอุดรดิตถ์ด้วยการวิเคราะห์ยีนไซโตโครมบีในไมโทคอนเดรีย. *วารสารวิจัยราชภัฏพระนคร สาขาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี*. ปีที่ 11 ฉบับพิเศษ (พฤศจิกายน 2559). หน้า 355-365.

- อลงกลต แทนอมทอง. (2542). ที่มาของต้นตระกูลไก่ (Origin of Fowl). *สารสันไก่*. 3(46): 33-36.
- Berthouly-Salazar, C., Rognon, X., Van, T.N., Gely, M., Chi, C.V., Tixier-Boichard, M., Bed'Hom, B., Bruneua, N., Verrier, E., Maillard, J.C. and Michaux, J.R. 2010. Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity. *BMC Genetics*. 11: 53.
- Fumihito, A., Miyake, T., Takada, M., Shingu, R., Endo, T., Gojobori, T., Kondo, N. and Ohno, S (1996). Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 93: 6792-6795.
- Giuffra, E., Kijas, M.H., Amarger, V., Carlborg, O., Jeon, J.T. and Andersson, L. (2000). The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. *Genetics*. 154: 1785-1791.
- Hiendleder, S., Kaupe, B., Wassmuth, R. and Janke, A. (2002). Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proceeding of Royal Society B: Biol. Sci.* 296: 893-904.
- Kanginakudru, S., Metta, M., Jakati, R.D. and Nagaraju, J. (2008). Genetic evidence from Indian red junglefowl corroborates multiple domestication of modern day chicken. *BMC Evolutionary Biology*. 8: 174.
- Lee, Y.J., Bhuiyan, M.S.A., Chung, H.J., Jung, W.Y., Choi, K.D., Jang, B.G., Paek, W.K., Jeon, J.T., Park, C.S. and Lee, J.H. (2007). Mitochondrial DNA diversity of Korean Ogal chicken. *Asian-Austrarian J. Anim. Sci.* 20(4): 477-481.
- Liu, Y.P., Wu, G.S., Yao, Y.G., Miao, Y.W., Luikart, G., Baig, M., Beja-Pereira, A., Ding, Z.L., Palanichamy, M.G. and Zhang, Y.P. (2006). Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. *Mol. Phylogenet. Evol.* 38: 12-19.
- Mannen, H., Kohno, M., Nagata, Y., Tsuji, S., Bradley, D.G., Yeo, J.S., Nyamsamba, D., Zagdsuren, Y., Yokohama, M., Nomura, K. and Amano, T. (2004). Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation of north eastern Asian cattle. *Mol. Phylogenet. Evol.* 32: 539-544.
- Nishibori, M., Shimogiri, T., Hayashi, T. and Yasue, H. (2005). Melecular evidence for hybridization of species in the genus *Gallus* except for *Gallus varius*. *Animal Genetics*. 36: 267-375.
- Niu, D., F. Yan, L. Jung, R. Hui, Y. Xu-Ping, C Gong and Z Ya-Ping. (2002). The origin and genetic diversity of Chinese native chicken breeds. *Biochem. Genetics*. 40(5/6): 163-174.

- Odahara, S., Chung, H.J., Choi, S.H., Yu, S.L., Sasazaki, S., Mannan, H., Park, C.S. and Lee, J.H. (2006). Mitochondrial DNA diversity of Korean native goats. *Asian-Australian J. Anim. Sci.* 19(4): 482-485.
- Peter, J.L., McCracken, K.G., Zhuravlev, Y.N., Lu, Y., Wilson, R.E., Johnson, K.P. and Omland, K.E. (2005). Phylogenetics of wigeons and allies (Anatidae: Anus): The importance of sampling multiple loci and multiple individuals. *Mol. Phylogenet. Evol.* 35: 209-224.
- Pramual, P., Meeyen, K., Wongpakam, K. and Klinhom, U. (2013). Genetic diversity of Thai Native Chicken inferred from mitochondrial DNA sequences. *Trop. Nat. Hist.* 13(2): 97-106.
- Ramadamptian, H.A.I., Galal, A., Fathi, M.M., El, F.S. and Yakoub, H.A. (2011). Characterization of two Egyptian native chicken breeds using genetic and immunological parameters. *Biotech. Anim. Husbandry.* 27: 1-16.
- Smith, E.J., and D.W. Burt. 1998. Parameter of the chicken genome (*Gallus domesticus*). *Anim. Genetic.* 29: 290-294.
- Tamura K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. and Kumar, S. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.* 28: 2731-2739.
- Vila, C., Leonard, J.A., Gotherstorm, A., Marklund, S., Sandberg, K., Liden, K., Wayne, R.K. and Ellegren, H. (2001). Widespread prigin of domestic horse lineages. *Science.* 291: 474-477.

