

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าในสภาพกรงเลี้ยง
**GENETIC DIVERSITY OF SELECTED PHEASANT SPECIES
 IN CAPTIVE CONDITION**

กฤตยาพร เพ็ญชาติ^{1/}, วรวิทย์ วัชชวัลคุ^{2/} และ รongลarp สุขมาสรวง^{1/*}
 Kritayapone Penthchat^{1/}, Worrawit Watchawanku^{2/} & Ronglarp Sukmasuang^{1/*}

ABSTRACT

The study of genetic diversity of selected pheasant species in captive condition was conducted at Bang La Mung, Phu Kieo, Khao PraTap Chang and Huai Kha Khaeng Wildlife Breeding Stations during September 2009 and August 2010. The objectives were to investigate the pheasant genetic diversity and phylogenetic relationships among the species. The *polymerase chain reaction* (PCR) technique around the control region of the mtDNA was used. Base sequences to investigate the genetic difference of the pheasant species were used. Two hundred and forty eight blood samples were collected in total from 8 pheasant species, and used to analyze. The results showed that 9 haplotypes were found from 45 Siamese Fireback samples, 6 haplotypes were found from 61 Kalji Pheasant samples, 8 haplotypes were found from 62 Silver Pheasant samples, and 13 haplotypes were found from 51 Red Jungle fowl samples. Two haplotypes were found from 5 Crested Fireback samples, 3 haplotypes from 3 Great Argus samples, 9 haplotypes were found from 15 Green Peafowl samples and 5 haplotypes were found from 6 Grey Peacock-Pheasant samples. Genetic diversity of the species were 0.842 (SD=0.028) for Siamese Fireback, 0.793 (SD=0.026) for Kalji Pheasant, 0.825 (SD=0.025) for Silver Pheasant, 0.872 (SD=0.024) for Red Jungle fowl, 0.400 (SD=0.237) for Crested Fireback, 1.000 (SD=0.272) for Great Argus, 0.848 (SD=0.088) for Green Peafowl and 0.933 (SD=0.122) for Grey Peacock-Pheasant. The results from phylogenetic tree studies that compared with the same species in the GenBank and with the outgroup species found that all haplotype of Siamese Fireback, Kalji Pheasant, Crested Fireback, Grey Peacock-Pheasant and Great Argus in this study were new, and composed of 9, 6, 2, 5, and 3 haplotypes respectively. Furthermore, this study found that 7 out of 8 haplotypes of Silver Pheasant had never been recorded in the GenBank. Whereas found that 12 out of 13 haplotypes of Red Junglefowl had never been recorded in the GenBank that were collected from Japan, Laos, Sri Lanka, Zimbabwe, India and Vietnam. The results of this study are useful to understand genetic diversity of the pheasant species in the four captive breeding stations. Some management aspects of the captive species to improve genetic diversity were also recommended in this study.

Keyword: *Genetic Diversity, Pheasant Species, Captive Condition*

^{1/*} ภาควิชาชีววิทยาป่าไม้ คณะวนศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ E-mail: fforrls@ku.ac.th

^{2/} ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

บทคัดย่อ

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าบางชนิดในสภาพกรงเลี้ยง ดำเนินการที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง ในระหว่างเดือนกันยายน พ.ศ. 2552 ถึงเดือนสิงหาคม พ.ศ. 2553 โดยมีวัตถุประสงค์ เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม และความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ โดยการใช้เทคนิคการเพิ่มจำนวนยีน (PCR) ในไมโทคอนเดรีย บริเวณ control region เปรียบเทียบความแตกต่างคู่ลำดับเบส เพื่อใช้ในการจำแนกลักษณะทางพันธุกรรมของไก่ฟ้า ผลการศึกษาจากการเก็บตัวอย่างเลือดไก่ฟ้า 8 ชนิด ได้แก่ ไก่ฟ้าพญาลอ จำนวน 45 ตัวอย่าง พบ 9 haplotype ไก่ฟ้าหลังเทา จำนวน 61 ตัวอย่าง พบ 6 haplotypes ไก่ฟ้าหลังขาว จำนวน 62 ตัวอย่าง พบ 8 haplotypes ไก่ฟ้า จำนวน 51 ตัวอย่าง พบ 13 haplotypes ไก่ฟ้าหน้าเขียว จำนวน 5 ตัวอย่าง พบ 2 haplotypes นกหว้า จำนวน 3 ตัวอย่าง พบ 3 haplotypes นกยูงไทย จำนวน 15 ตัวอย่าง พบ 9 haplotypes และนกแวนสีเทา จำนวน 6 ตัวอย่าง พบ 5 haplotypes โดยมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.842 (SD=0.028) ในไก่ฟ้าพญาลอ 0.793 (SD=0.026) ในไก่ฟ้าหลังเทา 0.825 (SD=0.025) ในไก่ฟ้าหลังขาว 0.872 (SD=0.024) ในไก่ฟ้า 0.400 (SD=0.237) ในไก่ฟ้าหน้าเขียว 1.000 (SD=0.272) ในนกหว้า 0.848 (SD=0.088) ในนกยูงไทย และ 0.933 (SD=0.122) ในนกแวนสีเทา ผลการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเชิงวิวัฒนาการ ด้วยการสร้างแผนภูมิต้นไม้ เปรียบเทียบกับสัตว์นอกกลุ่ม และสัตว์ชนิดเดียวกันที่ปรากฏใน GenBank พบว่า haplotype ของไก่ฟ้าพญาลอ จำนวน 9 haplotypes ไก่ฟ้าหลังเทา จำนวน 6 haplotypes ไก่ฟ้าหน้าเขียว จำนวน 2 haplotypes นกแวนสีเทา จำนวน 5 haplotypes และนกหว้า จำนวน 3 haplotypes จากการศึกษานี้ เป็น haplotype ที่ยังไม่เคยมีรายงานมาก่อน นอกจากนี้ยังพบว่า ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าหลังขาว จำนวน 7 haplotypes จาก 8 haplotypes เป็นชนิดใหม่ที่ยังไม่เคยมีรายงานใน GenBank ขณะที่กรณีของไก่ฟ้า พบว่า จำนวน 12 haplotypes จาก 13 haplotypes เป็นชนิดใหม่ที่ยังไม่เคยมีรายงานใน GenBank มาก่อนเช่นกัน โดยได้มาจากประเทศญี่ปุ่น ลาว ศรีลังกา ซิมบับเวย์ อินเดีย และเวียดนาม ผลการศึกษารั้งนี้ เป็นประโยชน์ในการทำความเข้าใจ เรื่องความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้า ที่ศึกษาในสภาพกรงเลี้ยงทั้ง 4 สถานี โดยได้เสนอแนวทางในการจัดการบางประการ เพื่อรักษาความหลากหลายทางพันธุกรรมไว้

คำนำ

สัตว์ในวงศ์ไก่ฟ้ามีประโยชน์ทั้งทางด้านวัฒนธรรม เศรษฐกิจ สังคม และการศึกษาของมนุษย์มานานนับพันปี (Van & Dyke, 2004) ปัจจุบันสัตว์ในกลุ่มนี้มีอยู่ 177 ชนิด ใน 45 สกุล โดยมีราว 16 ชนิด ที่ถูกนำไปเลี้ยงเกือบทั่วโลก เพื่อประโยชน์ทั้งเป็นอาหาร เพื่อความรื่นรมย์ และเป็นเกมกีฬา (Long, 1981) ประเทศไทยเป็นที่อาศัยของไก่ฟ้าตามธรรมชาติ 23 ชนิด ใน 13 สกุล (Lekagul & Round, 1991) มีการเพาะเลี้ยงก่อให้เกิดประโยชน์ด้านต่างๆ อย่างแพร่หลายเช่นกัน อีกทั้งไก่ฟ้าพญาลอ ได้ถูกจัดให้เป็นนกประจำชาติ ดังนั้นจึงจำเป็นต้องมีการศึกษาความหลากหลาย

ทางพันธุกรรม เพื่อใช้ในการจัดการให้เกิดประโยชน์อย่างยั่งยืน โดยเฉพาะในสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า ที่ต้องการสนับสนุนให้เกิดการเพาะเลี้ยงขยายพันธุ์อย่างแพร่หลาย อย่างไรก็ตามจำนวนของไก่ฟ้าที่อยู่ในสถานีเลี้ยงปัจจุบันมีจำนวนมาก กระจายในทุกภูมิภาคของประเทศไทย จึงจำเป็นต้องเลือกสถานีเพาะเลี้ยง ที่เป็นแหล่งกำเนิดการเพาะเลี้ยงไก่ฟ้าแต่ละชนิด เลือกเฉพาะไก่ฟ้าเต็มวัย มีสุขภาพดี เพื่อเก็บตัวอย่างสำหรับการศึกษา ผลที่ได้จากตัวอย่างเลือด 248 ตัวอย่าง จากไก่ฟ้า 8 ชนิด โดยยังคงมีไก่ฟ้าอีกจำนวนมาก ยังไม่อาจทำการศึกษาได้ทั้งหมด อย่างไรก็ตามผลการศึกษาที่ได้ สามารถใช้ในการจัดการพ่อแม่พันธุ์ไก่ฟ้า ที่ทราบลักษณะทางพันธุกรรม และสามารถใช้เป็นข้อมูล เพื่อการศึกษาพัฒนาการจัดการเพาะเลี้ยงไก่ฟ้าของประเทศไทยต่อไป

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าครั้งนี้ เลือกดำเนินการที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า 4 แห่ง ได้แก่ สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง เพื่อให้ทราบความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยใช้การศึกษาในบริเวณ mitochondria DNA ซึ่งเป็นบริเวณที่ได้รับการถ่ายทอดจากเพศเมีย นอกจากนั้นการศึกษาค้นคว้าความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการทางพันธุกรรม นอกจากมีประโยชน์สำหรับการวางแผนจัดการ เพื่อรองรับการสนับสนุนการเพาะเลี้ยง การจัดการในกรง เพื่อหลีกเลี่ยงการผสมเลือดชิด ระยะห่างทางพันธุกรรม ยังใช้ทำความเข้าใจการแบ่งกลุ่มทางอนุกรมวิธาน เพื่อให้เกิดประสิทธิภาพ และคงลักษณะที่ดีตามธรรมชาติให้เกิดความยั่งยืนของทรัพยากรส่วนนี้ได้อย่างเหมาะสม อำนวยประโยชน์ต่อสังคมส่วนรวมต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการ

เก็บตัวอย่างเลือดไก่ฟ้าชนิดต่างๆ จากสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง โดยเลือกเก็บตัวอย่างจากตัวพ่อแม่พันธุ์ที่สมบูรณ์ แข็งแรง ให้ได้จำนวนมากที่สุด ทั้งหมดจำนวน 248 ตัวอย่าง รวม 8 ชนิด คือ (1) ไก่ฟ้าหลังขาวจำนวน 62 ตัวอย่าง (2) ไก่ฟ้าหลังเทาจำนวน 61 ตัวอย่าง (3) ไก่ฟ้าพญาลอจำนวน 45 ตัวอย่าง (4) ไก่ฟ้าหน้าเขียวจำนวน 5 ตัวอย่าง (5) ไก่ป่าจำนวน 51 ตัวอย่าง (6) นกแว่นเหนือจำนวน 6 ตัวอย่าง (7) นกหัวจำนวน 3 ตัวอย่าง และ (8) นกยูงไทยจำนวน 15 ตัวอย่าง โดยเก็บตัวอย่างเลือดประมาณ 1.5 มิลลิลิตร ที่เส้นเลือดดำบริเวณปีก (wing vein) (กาญจน์, 2546) ใส่ในหลอดตัวเก็บตัวอย่างที่มี สารป้องกันการแข็งตัวของเลือด (EDTA) แล้วเก็บหลอดบรรจุเลือดในกระดิกน้ำแข็ง จากนั้นนำกลับมาเก็บที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียสจนกว่ามีการวิเคราะห์ DNA

สกัดดีเอ็นเอตัวอย่างจากเลือดไก่ฟ้าโดยวิธี Salting out method นำดีเอ็นเอที่สกัดได้มาใช้เป็นต้นแบบในการเพิ่มจำนวนโดยวิธี Polymerase chain reaction (PCR) (Miller *et al.*,1988) ไพรเมอร์ด้าน forward และ reward ที่ใช้ประยุกต์จาก Glenn *et al.*(1999) และ Michael (2003) ตามลำดับ

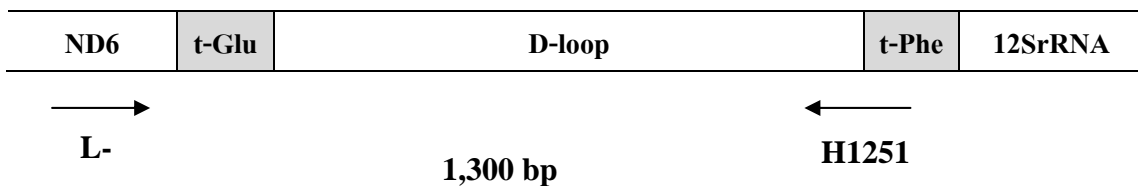
ขั้นตอนในปฏิกิริยาใช้อุณหภูมิ pre denature 94 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที denature 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที annealing 50 องศาเซลเซียส นาน 40 วินาที และ extension 72 องศาเซลเซียส 40 วินาที จำนวน 40 รอบ โดยรอบสุดท้าย extension 72 องศาเซลเซียส นาน 7 นาที และลดอุณหภูมิลงมาที่ 4 องศาเซลเซียส นำผลิตภัณฑ์ PCR ที่ได้มาตรวจสอบด้วย 1.5% agarose gel electrophoresis ย้อมด้วย ethidium bromide แล้วถ่ายรูปภายใต้แสง UV เพื่ออ่านผล

หลังจากตรวจสอบผลิตภัณฑ์ PCR แล้ว ต้องทำให้ ผลิตภัณฑ์ PCR ที่ได้บริสุทธิ์ ในที่นี้ทำโดยวิธี Silica Milk ประยุกต์วิธีมาจาก Wang *et al.*(2000) ส่งหาลำดับเบสที่บริษัท First Base Laboratories SDN BH ประเทศมาเลเซีย ลำดับเบสที่ได้จะทำการวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูปในการวิเคราะห์ผลตามลำดับ ดังนี้คือ (1) BioEdit (2) SplitsTree (3) MEGA4.1 (4) Network สำหรับการจำแนก haplotype การสร้าง Phylogenetic tree และการจัดทำ Phylogenetic network และ (5) DnaSP5 สำหรับคำนวณค่า Haplotypic Diversity และ Nucleotide Diversity นำผลความแตกต่างของ haplotypes ที่ได้มาศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม และ วางแผนดำเนินการจัดการภายในกรงเลี้ยงต่อไป

ผลและวิจารณ์

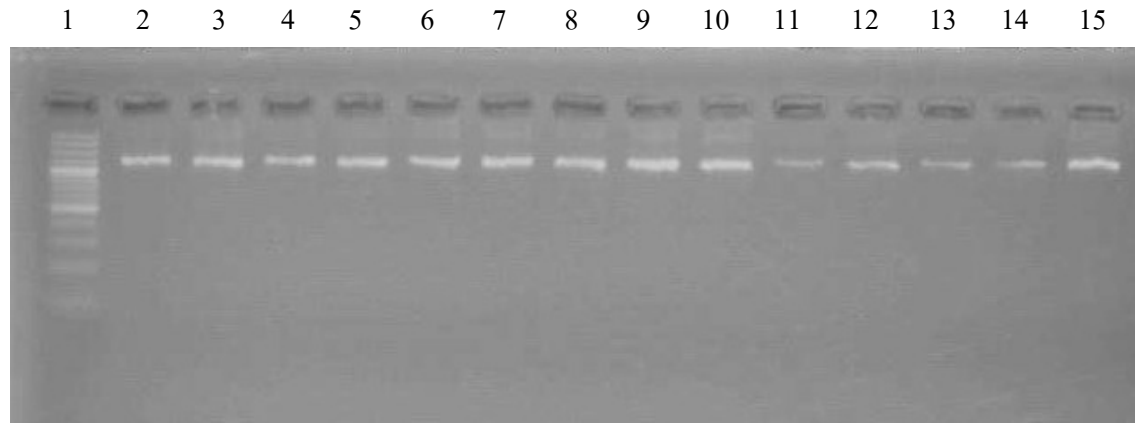
การสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือดไก่ฟ้าและ Polymerase chain reaction (PCR)

นำดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือดไก่ฟ้า 8 ชนิดมาสกัดดีเอ็นเอ โดยวิธี salting out method นำดีเอ็นเอที่สกัดได้มาเพิ่มปริมาณยีนส่วน D-loop ด้วยวิธี PCR โดยใช้ไพรเมอร์ L-ND6 และ H1251 ซึ่งจับที่ตำแหน่งท้ายของยีนส่วน ND6 และ ส่วนปลายสุดของ D-loop (ภาพที่ 1)



ภาพที่ 1 ตำแหน่งการจับของไพรเมอร์

จากการตรวจสอบพบว่าได้ผลิตภัณฑ์ PCR ขนาด 1,300 bp (ภาพที่ 2) ซึ่งเป็นยีนส่วน D-loop



ภาพที่ 2 การตรวจสอบผลิตภัณฑ์ PCR ที่ได้จากการทำ PCR ด้วย 1.5% agarose gel electrophoresis ช่องที่ 1 DNA marker(100 bp ladder) ช่องที่ 2-15 ผลิตภัณฑ์ PCR ขนาด 1,300 bp

ความหลากหลายทางพันธุกรรม

การเปรียบเทียบความแตกต่างลำดับเบสทั้งหมดในยีน D-loop ซึ่งมีความยาวประมาณ 1,200 bp จะต้องส่งหาลำดับเบสด้วยไพรเมอร์ทั้งสองข้าง แต่เนื่องจากการศึกษาครั้งนี้มีจำนวนตัวอย่างค่อนข้างมาก จึงส่งหาลำดับเบสเพียงข้าง Forward (L-ND6) และตัดเฉพาะยีนในส่วน D-loop ตั้งแต่ต้นจนถึงประมาณ 500 bp แรก เพื่อใช้ในการจำแนก haplotype ในวงศ์ไก่ฟ้าแต่ละชนิดได้ผลการศึกษาดังนี้

ไก่ฟ้าพญาลอ

ไก่ฟ้าพญาลอที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 45 ตัวอย่าง จาก สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง 15 ตัวอย่าง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว 26 ตัวอย่าง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง 4 ตัวอย่าง สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 9 haplotype มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 12 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 532 bp ตัวอย่างที่มีจำนวนมากที่สุดคือ LD03 รองลงมาคือ LD02 LD04 LD01 LD06 LD05 LD07 LD08 และ LD09 ตามลำดับ ซึ่ง LD08 และ LD09 มีจำนวนประชากรเท่ากันโดย LD05 จำนวน 3 ตัวอย่าง และ LD08 จำนวน 1 ตัวอย่าง พบเฉพาะสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง ส่วน LD07 จำนวน 2 ตัวอย่าง และ LD09 จำนวน 1 ตัวอย่าง พบเฉพาะสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว นอกจากนี้ haplotype อื่นๆ จะพบได้มากกว่าหนึ่งสถานีเพาะเลี้ยง haplotype ที่พบได้สองสถานีเพาะเลี้ยงมีจำนวน 4 haplotype คือ LD03 LD06 LD01 และ LD04 โดย

2haplotype แรกพบในสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง ส่วน 2 haplotype หลังพบในสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง ส่วน haplotype ที่พบทุกสถานีเพาะเลี้ยงคือ LD02

ไก่ฟ้าหลังเทา

ไก่ฟ้าหลังเทาที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 61 ตัวอย่าง จาก สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง 14 ตัวอย่าง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว 9 ตัวอย่าง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง 19 ตัวอย่าง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง 19 ตัวอย่าง สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 6 haplotype มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 7 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 535 bp ตัวอย่างที่มีจำนวนมากที่สุดคือ LL03 รองลงมาคือ LL04 LL06 LL01 LL02 และ LL05 ตามลำดับซึ่ง LL01 และ LL02 มีจำนวนตัวอย่างเท่ากัน โดย LL01 และ LL05 พบเฉพาะสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง และ สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง ตามลำดับ ส่วน LL03 สามารถพบได้ทั้ง 4 สถานีเพาะเลี้ยง รองลงมาคือ LL04 พบ 3 สถานี ยกเว้นสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้งส่วน haplotypes ที่พบได้ 2 สถานี คือ LL02 ซึ่งพบที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุงและสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง และ LL06 พบที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง

ไก่ฟ้าหลังขาว

ไก่ฟ้าหลังขาวที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 62 ตัวอย่าง จาก สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง 25 ตัวอย่าง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว 27 ตัวอย่าง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง 10 ตัวอย่าง สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 8 haplotype มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 26 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 534 bp ตัวอย่างที่มีจำนวนมากที่สุดคือ LN01 รองลงมาคือ LN05 LN04 LN08 LN02 LN03 LN06 และ LN07 ตามลำดับ ซึ่ง LN02 เท่ากับ LN03 และ LN06 เท่ากับ LN07 โดย LN01 LN05 LN07 และ LN08 พบได้สองสถานี LN01 พบที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง LN07 พบที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว และ สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง ส่วน LN05 และ LN08 พบที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง และ สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว

ไก่ฟ้าหน้าเขียว

ไก่ฟ้าหน้าเขียวที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 5 ตัวอย่าง ทั้งหมดมาจากสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 2 haplotype มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 2 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 534 bp

ไก่อ่า

ไก่อ่าที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 51 ตัวอย่าง จากสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว 9 ตัวอย่าง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง 42 ตัวอย่าง สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 13 haplotypes มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 37 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 598 bp ตัวอย่างที่มีจำนวนมากที่สุดคือ GG13 รองลงมาคือ GG10 GG08 GG09 GG02 GG04 GG12 GG11 GG01 GG03 GG05 GG06 และ GG07 ตามลำดับ โดย GG02 มีประชากรเท่ากับ GG04 และ GG12 และ GG01 มีประชากรเท่ากับ GG03 GG05 GG06 และ GG07 โดย GG01 ถึง GG05 พบที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว และ GG06 ถึง GG12 พบที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง

นกแว่นสีเทา

นกแว่นสีเทาที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 6 ตัวอย่าง ทั้งหมดมาจากสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 5 haplotypes มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 12 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 530 bp ตัวอย่างที่มีจำนวนมากที่สุดคือ PB04 ส่วน haplotype อื่นๆ ได้แก่ PB01 PB02 และ PB03 มีจำนวนเท่ากันทั้งหมด

นกหัว

นกหัวที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 3 ตัวอย่าง ทั้งหมดมาจากสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 3 haplotypes คือ AA01 AA02 และ AA03 มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 14 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 524 bp

นกยูงไทย

นกยูงไทยที่นำมาจำแนกทั้งหมดจำนวน 15 ตัวอย่าง จากสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว 6 ตัวอย่าง และสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง 9 ตัวอย่าง สามารถจำแนกได้ทั้งหมด 9 haplotypes มีตำแหน่งที่แตกต่างทั้งหมด 14 ตำแหน่ง จากจำนวนเบสที่วิเคราะห์ทั้งหมด 528 bp ตัวอย่างที่มีจำนวนมากที่สุดคือ GP09 รองลงมา GP01 ส่วน haplotypes อื่นๆ ได้แก่ GP02 GP03 GP04 GP05 GP06 GP07 และ GP08 มีจำนวนตัวอย่างเท่ากันทั้งหมด

การเปรียบเทียบความหลากหลายภายในชนิดของไก่อ่าแต่ละชนิด

ผลการศึกษาพบ haplotype ในไก่อ่าพญาล่อ (n=45) ไก่อ่าหลังเทา (n=61) ไก่อ่าหลังขาว (n=62) และไก่อ่า (n=51) จำนวน 9 6 8 และ 13 haplotypes ตามลำดับ ขณะที่พบ haplotype ในไก่อ่าหน้าเขียว (n=5) นกแว่นสีเทา (n=6) นกหัว (n=3) และนกยูงไทย (n=15) จำนวน 2 5 3 และ 9 haplotypes ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบผลการศึกษารุ่นนี้ กับที่ศึกษาโดย Jianget al. (2005) ในไก่อ่าอัสเซียน (*Syrmaticus ellioti*) ในกรงเลี้ยงจำนวน 36 ตัวอย่าง ที่พบว่ามีความหลากหลาย haplotype เพียง 3 haplotypes ซึ่งแสดงว่าไก่อ่าทั้ง 8 ชนิด ที่ศึกษาส่วนใหญ่มีความหลากหลาย haplotype มากกว่า กรณี

นกหว้า นกยูงไทย นกแว่นสีเทา หรือไก่ฟ้าหน้าเขียวที่อยู่ในกรงเลี้ยงของสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว มีจำนวน haplotype มาก เมื่อเปรียบเทียบกับจำนวนตัวอย่าง อาจเป็นเพราะว่า เป็นประชากรที่ได้จากธรรมชาติ เมื่อไม่นานมานี้ ยังไม่มีการขยายพันธุ์เพิ่มจำนวนมากขึ้น จึงยังคงมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง เมื่อเปรียบเทียบกับจำนวนที่มีอยู่

ค่า Haplotype Diversity ของไก่ฟ้าพญาลอมีค่า 0.842 (SD=0.028) ไก่ฟ้าหลังเทา มีค่า 0.793 (SD=0.026) ไก่ฟ้าหลังขาว มีค่า 0.825 (SD=0.025) ไก่ป่า มีค่า 0.872 (SD=0.024) ไก่ฟ้าหน้าเขียวมีค่า 0.400 (SD=0.237) นกแว่นสีเทา มีค่า 0.933 (SD=0.122) นกหว้า มีค่า 1.000 (SD= 0.272) นกยูงไทย มีค่า 0.848 (SD=0.088) ดังรายละเอียดตามตารางที่ 1 ซึ่งเมื่อพิจารณาจำนวนตัวอย่าง ที่ทำการวิเคราะห์โดยรวมทุกสถานีแล้ว พบว่ามีไก่ฟ้า 4 ชนิดแรก ที่มีจำนวนตัวอย่างมาก ระหว่าง 45 – 62 ตัวอย่าง มีค่า SD ต่ำ ระหว่าง 0.024 – 0.028 ขณะที่ไก่ฟ้าหน้าเขียวนกแว่นสีเทา นกหว้า และนกยูงไทย มีจำนวนตัวอย่างน้อย ค่า Haplotype Diversity แม้จะมีค่ามาก แต่เมื่อพิจารณา ค่า SD พบว่ามีค่าสูง จึงให้ผลความเชื่อมั่นที่ต่ำ ดังนั้นควรมีการเก็บข้อมูล เพิ่มขึ้นให้มากเท่ากับ 4 ชนิดแรก อย่างไรก็ตาม จำนวนไก่ฟ้าหน้าเขียว นกแว่นสีเทา และนกหว้า เป็นสัตว์ป่าหายาก มีจำนวนในสถานที่เลี้ยงน้อย

การศึกษา Nucleotide Diversity ครั้งนี้ศึกษาจาก DNA sequences โดยตรง ค่าที่ได้บอกถึงองศาของความผันแปรทางพันธุกรรมโดยพบว่าค่า Nucleotide Diversity ของไก่ฟ้าพญาลอ เท่ากับ 0.00508 (SD=0.00048) ไก่ฟ้าหลังเทา เท่ากับ 0.00347 (SD=0.00024) ไก่ฟ้าหลังขาว เท่ากับ 0.01303 (SD=0.00141) ไก่ป่า เท่ากับ 0.01035 (SD=0.00080) ไก่ฟ้าหน้าเขียว เท่ากับ 0.00150 (SD=0.00089) นกแว่นสีเทา เท่ากับ 0.01057 (SD=0.00267) นกหว้า เท่ากับ 0.00763 (SD=0.00268) และนกยูงไทย เท่ากับ 0.00648 (SD=0.00127) (ตารางที่ 1) ค่า Nucleotide Diversity ของไก่ฟ้าทั้ง 8 ชนิด ยังคงมีค่าสูง เมื่อเปรียบเทียบกับค่า Nucleotide Diversity กับที่ได้จากการศึกษาไก่ฟ้าอีเลียตในกรงเลี้ยง ตามที่ดำเนินการโดย Jianget *al.* (2005) ที่พบว่ามีค่าเพียง 0.00150

ตารางที่ 1 จำนวนตัวอย่าง จำนวน haplotype และค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้า
8 ชนิดจากสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า 4 สถานี

ลำดับ ที่	ชนิดไก่ฟ้า	จำนวน ตัว	จำนวน haplotype	Haplotype Diversity	SD of HD ^{1/}	Nucleotide Diversity	SD of ND ^{2/}
1	ไก่ฟ้าพญาลอ	45	9	0.842	0.028	0.00508	0.0004 8
2	ไก่ฟ้าหลังเทา	61	6	0.793	0.026	0.00347	0.0002 4
3	ไก่ฟ้าหลังขาว	62	8	0.825	0.025	0.01303	0.0014 1
4	ไก่ป่า	51	13	0.872	0.024	0.01035	0.0008 0
5	ไก่ฟ้าหน้าเขียว	5	2	0.400	0.237	0.00150	0.0008 9
6	นกแว่นสีเทา	6	5	0.933	0.122	0.01057	0.0026 7
7	นกหัวว่า	3	3	1.000	0.272	0.00763	0.0026 8
8	นกยูงไทย	15	9	0.848	0.088	0.00648	0.0012 7

หมายเหตุ

^{1/} = Standard deviation of Haplotype Diversity

^{2/} = Standard deviation of Nucleotide Diversity

เนื่องจากไก่ฟ้าในกรงเลี้ยงส่วนใหญ่ได้มาจากพื้นที่ป่าบริเวณที่ตั้งสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าแต่ละแห่ง และมีการแลกเปลี่ยนพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ระหว่างสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าด้วยกันเอง ประกอบกับบางส่วนได้รับมาจากของกลางที่ยึดได้จากธุรกิจค้าสัตว์ป่า เมื่อพิจารณาค่า Nucleotide Diversity พบว่าค่าดังกล่าวมีความสอดคล้องกับพื้นที่การกระจายในธรรมชาติ ซึ่งใช้เปรียบเทียบได้ในกรณีของไก่ฟ้าพญาลอ ไก่ฟ้าหลังเทา ไก่ฟ้าหลังขาว และไก่ป่า เนื่องจากมีจำนวนตัวอย่างใกล้เคียงกันและมากพอ สามารถแยกค่าที่ได้ออกเป็น 2 กลุ่มอย่างเห็นได้ชัด คือ กลุ่มที่มีค่ามาก พบ

ในไก่ฟ้าหลังขาว และไก่ป่า และกลุ่มที่มีค่าน้อย พบในไก่ฟ้าพญาลอ และไก่ฟ้าหลังเทา สังเกตได้ว่าในกลุ่มที่มีค่า Nucleotide Diversity มาก คือ ไก่ฟ้าหลังขาว ซึ่งมีการกระจายกว้าง โดยพบทางภาคเหนือ ภาคตะวันตก ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และภาคตะวันออก ส่วนไก่ป่ามีการกระจายพันธุ์ครอบคลุมทุกภาคในประเทศไทย ในกลุ่มที่มีค่า Nucleotide Diversity ต่ำ คือ ไก่ฟ้าพญาลอ ซึ่งมีการกระจายครอบคลุมพื้นที่น้อยกว่า โดยพบทางภาคเหนือลงมาภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงใต้ ส่วนไก่ฟ้าหลังเทามีการแพร่กระจายพันธุ์บริเวณด้านตะวันตกของประเทศลงมาถึงคอคอดกระ (Lekagul & Round, 1991) ดังนั้นเพื่อความอยู่รอดได้อย่างเหมาะสม กลุ่มสัตว์ที่มีการกระจายครอบคลุมกว้างขวางมากกว่า พบว่ามีค่า Nucleotide Diversity สูงกว่าสัตว์ที่มีการกระจายน้อยกว่า

อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณา ความสัมพันธ์ระหว่างค่า Haplotype Diversity และ Nucleotide Diversity จากการศึกษาพบที่มีความสัมพันธ์เป็นไปในทิศทางเดียวกันเมื่อพิจารณาจากค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ (r) ที่มีค่า 0.571 ($P=0.139$) เนื่องจากค่า Haplotype Diversity ขึ้นกับจำนวนตัวอย่าง ($r=0.61$, $P=0.108$) หมายความว่าหากจำนวนตัวอย่างมีมากก็มีโอกาสตรวจพบ haplotype เพิ่มขึ้นอีก เมื่อมีจำนวน haplotype มาก รูปแบบการจัดลำดับเบสบนสายพันธุกรรมจึงมีโอกาสแตกต่างกันมากด้วย ซึ่งแสดงออกมาเป็นค่า Nucleotide Diversity ทำให้ความสัมพันธ์ระหว่างค่า Haplotype Diversity และ Nucleotide Diversity เป็นไปในทิศทางเดียวกัน แต่ก็ไม่จำเป็นเสมอไป เช่นในกรณีของ ไก่ฟ้าหน้าเขียว นกแว่นสีเทา นกหัว และนกยูงไทย ซึ่งมีจำนวนตัวอย่างไม่มากแต่กลับมี Haplotype Diversity สูง ดังนั้นจึงควรเพิ่มจำนวนตัวอย่างในการศึกษาให้มีขนาดเท่าๆ กัน

เมื่อพิจารณาจำนวน haplotype ที่พบ โดยรวมจำนวน 55 haplotypes จากจำนวนตัวอย่างที่ศึกษารวม 248 ตัวอย่างพบว่าหากเพิ่มจำนวนตัวอย่างขึ้นอีก ยังมีโอกาสในการพบ haplotype ใหม่แต่ไม่มากนัก ดังนั้นหากมีการศึกษาเพิ่มเติมต่อไป ควรเพิ่มจำนวนตัวอย่างขึ้นอีก เพื่อพิจารณาจำนวนตัวอย่างที่เหมาะสมสำหรับการศึกษา และควรศึกษาความสัมพันธ์ของจำนวนตัวอย่างที่เหมาะสม กับจำนวน haplotype ที่พบในไก่ฟ้าแต่ละชนิดต่อไปด้วยแต่ ทั้งนี้ ต้องใช้เวลา และจำนวนตัวอย่างในไก่ฟ้าแต่ละชนิด เป็นจำนวนมาก

ความหลากหลายทางพันธุกรรมไก่ฟ้าจำแนกตามสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า

ผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้า จำนวน 8 ชนิด เมื่อพิจารณาแยกตามสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าแต่ละสถานี จากที่เก็บตัวอย่าง พบว่าสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว มีจำนวน haplotype มากที่สุดคือ 34 haplotypes จากจำนวนตัวอย่างที่เก็บ 91 ตัวอย่าง โดยไก่ฟ้าพญาลอ มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงสุด ชนิดที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรม

รองลงมา คือ ไก่ฟ้าหลังขาว ไก่ป่า นกแว่นสีเทา และไก่ป่า โดยพบชนิดละ 5 haplotypes (ตารางที่ 2) ขณะที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง จากตัวอย่างที่เก็บรวมจำนวน 54 ตัวอย่าง พบว่า มีความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้า 3 ชนิด รวม 14 haplotypes ชนิดที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมมาก ได้แก่ ไก่ฟ้าพญาลอ และไก่ฟ้าหลังขาว มีจำนวนชนิดละ 5 haplotypes รองลงมาคือ ไก่ฟ้าหลังเทา มี 4 haplotypes

สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้างพบความหลากหลายทางพันธุกรรม 9 haplotypes จากจำนวนตัวอย่างที่ศึกษา 23 ตัวอย่าง จากไก่ฟ้า 3 ชนิด คือ ไก่ฟ้าหน้าเขียว ไก่ฟ้าหลังขาว และไก่ฟ้าหลังเทา โดยแต่ละชนิดมี 3 haplotypes สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง พบว่า มีจำนวน haplotype ของไก่ฟ้าที่ศึกษา 3 ชนิด คือ ไก่ป่า ไก่ฟ้าหลังขาว และนกยูง โดยพบรวม 15 haplotypes จากจำนวนตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมด 70 ตัวอย่าง โดยไก่ป่ามีจำนวน haplotype สูงสุดคือมี 8 haplotypes รองลงมาคือ นกยูงมี 4 haplotypes ไก่ฟ้าหลังขาวมี 3 haplotypes (ตารางที่ 2) แม้ว่า กลุ่มงานเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า (2553) กล่าวว่า สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง ในอดีตเป็นแหล่งกำเนิดของทั้งไก่ฟ้าหลังเทา และไก่ฟ้าหลังขาวจากธรรมชาติ ก่อนที่จะกระจายไปยังสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าแห่งอื่น แต่ปัจจุบันพบที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าทั้ง 2 ชนิด น้อยกว่าที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว และบางละมุง อาจเป็นเพราะว่า มีการเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมจากไก่ฟ้าที่ได้จากธรรมชาติบริเวณสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว ขณะเดียวกันสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียวเป็นที่รวมความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าพญาลอที่สำคัญของประเทศ

ตารางที่ 2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมไก่อฟ้าจำแนกตามสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า 4 แห่ง
(ค่าในวงเล็บแสดงจำนวนตัวอย่างที่ศึกษา)

สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ ป่า	LD ^{1/}	LL ^{2/}	LN ^{3/}	LI ^{4/}	GG ^{5/}	PB ^{6/}	AA ^{7/}	GP ^{8/}	รวม
1. ภูเขียว	7 (26)	2 (9)	5 (27)	2 (5)	5 (9)	5 (6)	3 (3)	5 (6)	34 (91)
2. บางละมุง	5 (15)	5 (14)	4 (25)	-	-	-	-	-	14 (54)
3. เขาชะพืดช้าง	3 (4)	3 (19)	3 (10)	-	-	-	-	-	9 (23)
4. ห้วยขาแข้ง	-	3 (19)	-	-	8 (42)	-	-	4 (9)	15 (70)
รวม	9 (45)	6 (61)	8 (62)	2 (5)	13 (51)	5 (6)	3 (3)	4 (15)	72 (238)

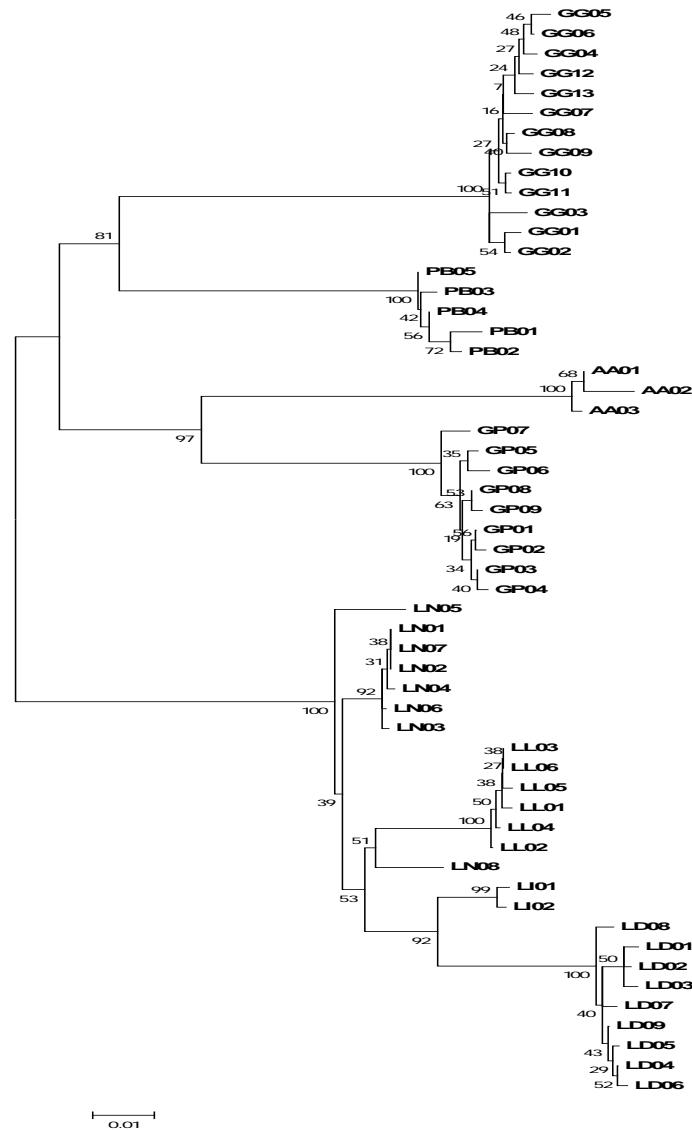
หมายเหตุ

- 1/ LD = ไก่อฟ้าพญาลอ 5/ GG = ไก่อฟ้า
2/ LL = ไก่อฟ้าหลังเทา 6/ PB = นกแว่นสีเทา
3/ LN = ไก่อฟ้าหลังขาว 7/ AA = นกหัว
4/ LI = ไก่อฟ้าหน้าเขียว 8/ GP = นกยูงไทย

ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของไก่อฟ้า

เมื่อนำข้อมูลทั้งหมดมาจัดเรียง เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ในเชิงวิวัฒนาการจากพันธุกรรมของไก่อฟ้าทั้ง 8 ชนิด สามารถจัดกลุ่มไก่อฟ้าทั้ง 8 ชนิด (Randi *et al.*, 2000, Kimball *et al.*, 2001) พบว่าไก่อฟ้ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับนกแว่นสีเทา นกหัวมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับนกยูงไทย ไก่อฟ้าพญาลอมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไก่อฟ้าหน้าเขียว และไก่อฟ้าหลังเทามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไก่อฟ้าหลังขาว การพบ haplotype ของไก่อฟ้าหลังขาวจำนวน 1 haplotype ในกลุ่มไก่อฟ้าหลังเทาอาจเกิดจากความผิดพลาดในการจับคู่ผสมพันธุ์ในกรงเลี้ยง (ภาพที่ 3) นอกจากนี้พบว่า haplotype ที่พบทั้งหมดของไก่อฟ้าพญาลอ 9 haplotypes ไก่อฟ้าหลังเทา 6 haplotypes ไก่อฟ้าหน้าเขียว จำนวน 2 haplotypes นกแว่นสีเทา 5 haplotypes และนกหัว 3 haplotypes เป็น haplotype ที่พบใหม่ ไม่เคยมีรายงานมาก่อนใน GenBank ยังพบว่าลักษณะทางพันธุกรรมของไก่อฟ้าหลังเทา 7 จาก 8 haplotypes

เป็นชนิดใหม่ที่ยังไม่เคยมีรายงานมาก่อนเช่นกัน ขณะที่ไก่ป่า พบว่า haplotype ทั้ง 13 haplotypes เหมือนกับที่มีรายงานในประเทศญี่ปุ่น ลาว ศรีลังกา ซิมบับเวย์ อินเดีย และเวียดนาม



ภาพที่ 3 ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของไก่ฟ้า 8 ชนิด พิจารณาจากลักษณะทางพันธุกรรม

GG = ไก่ป่า (*Gallus gallus*) PB = นกแว่นสีเทา (*Polyplectron bicalcaratum*)

AA = นกหัวว่า (*Argusianus argus*) GP = นกยูงไทย (*Pavo muticus*)

LN = ไก่ฟ้าหลังขาว (*Lophura nycthemera*) LL = ไก่ฟ้าหลังเทา (*Lophura leucomelanos*)

LI = ไก่ฟ้าหน้าเขียว (*Lophura ignita*) LD = ไก่ฟ้าพญาลอ (*Lophura diardi*)

สรุป

ผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม และความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของ ไก่ฟ้ารวม 8 ชนิด ในสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า 4 แห่ง เมื่อพิจารณาจากจำนวน haplotype ที่พบสามารถสรุปได้ดังนี้

1. ไก่ฟ้าพญาลอ สามารถจำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรม ได้ 9 haplotypes จากจำนวนตัวอย่าง 45 ตัวอย่างมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 0.842 (SD=0.028) ไก่ฟ้าหลังเทาพบความแตกต่างทางพันธุกรรม ที่สามารถจำแนกออกได้ 6 haplotypes จากจำนวนตัวอย่างที่นำมาศึกษา 61 ตัวอย่าง ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 0.793 (SD=0.026) ไก่ฟ้าหลังขาว พบ 8 haplotypes

จากจำนวนที่ศึกษา 62 ตัวอย่างค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 0.825 (SD=0.025) ไก่ฟ้าหน้าเขียว พบ 2 haplotypes จากที่ศึกษาจำนวน 5 ตัวอย่างค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 0.400 (SD=0.237) ไก่ป่า พบ 13 haplotypes จากจำนวนตัวอย่าง 51 ตัวอย่าง ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 0.872 (SD=0.024) นกแว่นสีเทา พบ 5 haplotypes จากจำนวนตัวอย่าง 6 ตัวอย่าง ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 0.933 (SD=0.122) นกหัวว่า พบ 3 haplotypes จากจำนวน 3 ตัวอย่างค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 1.000 (SD=0.272) นกยูงไทย พบ 9 haplotypes จากจำนวน 15 ตัวอย่างค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม 0.848 (SD=0.088) โดยไก่ฟ้าพญาลอ ไก่ฟ้าหลังขาว ไก่ฟ้าหลังเทา และไก่ป่า พบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรม ที่ได้จากจำนวนตัวอย่างมาก ($n = 45$, $n = 61$, $n = 62$ และ $n = 51$ ตัวอย่างตามลำดับ) มีค่าสูง และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำ จึงมีความน่าเชื่อถือสูง

สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว มีความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าที่ศึกษาโดยรวมสูงสุด ที่พบจำนวน 34 haplotypes จากจำนวน 91 ตัวอย่าง โดยสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าภูเขียว มีความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าพญาลอมากที่สุด โดยพบ 7 haplotypes จากจำนวน 26 ตัวอย่าง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง มีความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่ฟ้าโดยรวมรองลงมา โดยพบ 15 haplotypes จากจำนวนตัวอย่าง รวม 70 ตัวอย่าง ซึ่งไก่ป่าที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าห้วยขาแข้ง มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงสุด พบ 8 haplotypes จาก 42 ตัวอย่าง สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าบางละมุง มีความหลากหลายของ haplotype ไก่ฟ้าโดยรวม 14 haplotypes โดยพบในไก่ฟ้าพญาลอ และไก่ฟ้าหลังเทาอย่างละ 5 haplotypes จากจำนวนตัวอย่าง 15 และ 14 ตัวอย่างตามลำดับ ส่วนไก่ฟ้าหลังขาวพบ 4 haplotypes จากจำนวน 25 ตัวอย่าง ขณะที่สถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าเขาประทับช้าง มีความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยรวมของไก่น้อยที่สุด ซึ่งพบรวม 9 haplotypes จากไก่ฟ้าพญาลอ ไก่ฟ้าหลังเทา และไก่ฟ้าหลังขาว ชนิดละ 3 haplotypes จากตัวอย่างที่นำมาวิเคราะห์ 4 19 และ 10 ตัวอย่างตามลำดับ

2. กรณีความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ ไก่ฟ้าชนิดต่างๆ โดยการสร้างแผนภูมิต้นไม้ (phylogenetic tree) พบว่าไก่ป่ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับนกแว่นสีเทา นกหัวว่ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับนกยูงไทย ไก่ฟ้าพญาโลมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไก่ฟ้าหน้าเขียว และไก่ฟ้าหลังเทา มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไก่ฟ้าหลังขาว การพบ haplotype ของไก่ฟ้าหลังขาวจำนวน 1 haplotype ในกลุ่มไก่ฟ้าหลังเทาอาจเกิดจากความผิดพลาดในการจับคู่ผสมพันธุ์ในกรงเลี้ยง ยังพบว่า haplotype ที่พบทั้งหมดของไก่ฟ้าพญาโล 9 haplotypes ไก่ฟ้าหลังเทา 6 haplotypes ไก่ฟ้าหน้าเขียว จำนวน 2 haplotypes นกแว่นสีเทา 5 haplotypes และนกหัวว่า 3 haplotypes เป็น haplotype ที่พบใหม่ ไม่เคยมีรายงานมาก่อนใน GenBank

นอกจากนี้ พบว่า ลักษณะทางพันธุกรรมของ ไก่ฟ้าหลังเทา 7 จาก 8 haplotypes เป็นชนิดใหม่ที่ยังไม่เคยมีรายงานมาก่อนเช่นกัน ขณะที่ไก่ป่า พบว่า haplotype ทั้ง 13 haplotypes เหมือนกับที่มีรายงานในประเทศญี่ปุ่น ลาว ศรีลังกา ชัมบับเวย์ อินเดีย และเวียดนาม

ข้อเสนอแนะ

1. ควรมีการศึกษาเพิ่มเติมให้ครอบคลุมสัตว์พวกไก่ฟ้าทุกชนิด และครอบคลุม จำนวน ตัวอย่างที่เกิดจากพ่อแม่ที่ต่างกันและดำเนินการในสถานีเพาะเลี้ยงสัตว์ป่าทุกแห่ง
2. จากผลการศึกษาที่ได้ ควรดำเนินการจัดการเพาะเลี้ยง โดยจัดให้สัตว์ ที่มี haplotype เหมือนกัน ไว้ด้วยกัน โดยขังแยกเพศ เป็นหมวดหมู่ตาม haplotype ที่ทราบแน่ชัดแล้ว
3. การจับคู่ผสมพันธุ์ ควรพิจารณาคัดเลือกให้พ่อแม่พันธุ์ มี haplotype ที่แตกต่างกัน นอกเหนือจากความสมบูรณ์ของสุขภาพ และปราศจากโรค
4. สร้างเครือข่ายการเพาะเลี้ยงไก่ฟ้าของผู้เพาะเลี้ยง เพื่อการแลกเปลี่ยนพ่อแม่พันธุ์ที่ทราบลักษณะทางพันธุกรรมแล้ว

เอกสารอ้างอิง

- กลุ่มงานเพาะเลี้ยงสัตว์ป่า. 2553. สถิติจำนวนไก่ฟ้าที่อยู่ในความครอบครองของสถานีเพาะเลี้ยง สัตว์ป่าทั้ง 24 สถานีทั่วประเทศ ประจำเดือนมิถุนายน 2553. กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช, กรุงเทพฯ.
- กาญจน์ คุ่มทรัพย์. 2546. อิทธิพลของฤดูกาลและความเครียดแบบเฉียบพลันต่อการเปลี่ยนแปลง ทางสรีรวิทยาของไก่ฟ้าหลังขาวในกรงเลี้ยง. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- ปรีดา เลิศวัชรสารกุล,นิกรทองทิพย์,สุปราณีบุญญ โนนแต่้,วรวิทย์วัชชวัลคุ, สิทธิเดช มหาสารวังกุล,ทวีโภคอังควาณิช,และ ศรีนัยจันทรศิริทิเวช. 2546.

ความหลากหลายของรหัสพันธุกรรมในส่วนยีน cytochrome b ของช้างไทย.

วิทยาสารกำแพงแสน 1: 33-39.

- Glenn, T.C., Stephan, W. and M.J. Braun. 1999. Effects of a population bottleneck on whooping crane mitochondrial DNA variation. **Conservation biology** 13: 1097-1107.
- Jiang, P., Q. Lang, S. Fang, P. Ding, and L. Chen. 2005. A genetic diversity comparison between captive individuals and wild individuals of Elliot's Pheasant (*Symaticus ellioti*) using mitochondrial DNA. **Journal of Zhejiang University Science** 6: 413-417.
- Kimball, R.T., Braun, E.L., Zwartjes, P.W., Crowe, T.M. and J.D. Ligon. 1999. A Molecular phylogeny of the Pheasants and Partridges suggests that these lineages are not monophyletic. **Molecular phylogenetics and evolution** 11 : 38-54.
- Lekagul, B. and P.D. Round. 1991. **A Guide to the Birds of Thailand**. Saba Kam Bhaet, Bangkok.
- Long, J.L. 1981. **Introduced Birds of the World**. Reed, Wellington.
- Michael, D.S. 2003. Avian mtDNA primers. Available Source:
<http://people.bu.edu/msoren/Bird.mt.Primers.pdf>, July 4, 2009
- Miller S.A., D.D. Dyker and H.F. Polesky. 1988. A Simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. **Nucleic acid research** 16 : 1215.
- Randi, E., V. Lucchini, A. Hennache, R.T. Kimball, E.L. Braun and J. D. Ligon. 2001. Evolution of the mitochondrial DNA control region and cytochrome b genes and the inference of phylogenetic relationships in the avian genus *Lophura* (Galliformes). **Molecular Phylogenetics and Evolution** 19: 187-201.
- Wang Zhuo-hua, Li Hong-hao and Ma Hui-wen. 2000. Recover of DNA from agarose gel with home-made silica milk. **Wuhan university journal of natural sciences** 5 : 373-376.
- Van, T.M. and G.J. Dyke. 2004. Calibration of galliform molecular clocks using multiple fossils and genetic partitions. **Molecular Phylogenetics Evolution** 30: 74-86.