ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรช้างเลี้ยงในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

โดย
นางสาวเนตรนภา วิทิตธรรมคุณ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาสัตวศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 ระดับปริญญามหาบัณฑิต
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร
ปีการศึกษา 2560
ลิขสิทธิ์ของบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรช้างเลี้ยงในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

โดย
นางสาวเนตรนภา วิทิตธรรมคุณ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาสัตวศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 ระดับปริญญามหาบัณฑิต
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร
ปีการศึกษา 2560
ลิขสิทธิ์ของบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร

GENETIC DIVERSITY OF THE DOMESTIC ELEPHANT POPULATIONS IN NORTH AND NORTHEAST OF THAILAND

By

MISS Netnapa VITITHUMAKHUN

A Thesis Submitted in partial Fulfillment of Requirements

for Master of Science (Animal Science)

Graduate School, Silpakorn University

Academic Year 2017

Copyright of Graduate School, Silpakorn University

หัวข้อ	ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรช้างเลี้ยงในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย
โดย	เนตรนภา วิทิตธรรมคุณ
สาขาวิชา	สัตวศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 ระดับปริญญามหาบัณฑิต
อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุภาวดี มานะไตรนนท์

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยศิลปากร ได้รับพิจารณาอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

..... คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย
(รองศาสตราจารย์ ดร.ปานใจ ธารทัศนวงศ์)

พิจารณาเห็นชอบโดย

..... ประธานกรรมการ
(ดร. กฤติยา เลิศชุณหะเกียรติ)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุภาวดี มานะไตรนนท์)

..... ผู้ทรงคุณวุฒิภายใน
(ดร. วัชราภรณ์ รวมธรรม)

..... ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. วุฒิ ทักษิณธรรม)

55751202 : สัตวศาสตร์ แผน ก แบบ ก 2 ระดับปริญญามหาบัณฑิต
คำสำคัญ : ความหลากหลายทางพันธุกรรม / ช้าง / ไมโครแซทเทลไลท์

นางสาว เนตรนภา วิทิตธรรมคุณ: ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรช้างเลี้ยงในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุภาวดี มานะไตรนนท์

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างเลี้ยงในกลุ่มประชากรช้างภาคเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย โดยใช้ Microsatellite marker จำนวน 18 ตำแหน่ง เก็บตัวอย่างเลือดช้างภาคเหนือจำนวน 55 ตัวอย่าง และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือจำนวน 31 ตัวอย่าง ผลการวิเคราะห์ได้ค่าเฉลี่ยของ number of alleles เท่ากับ 9.333±5.412 อัลลีลต่อโลคัส โดยมีค่าต่ำสุดเท่ากับ 3 อัลลีลและค่าสูงสุดเท่ากับ 23 อัลลีล จากการวิเคราะห์โดยโปรแกรม FAMD นำมาสร้าง UPGMA tree พบว่ากลุ่มประชากรช้างภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยเป็นกลุ่มประชากรเดียวกัน นอกจากนี้การวิเคราะห์ด้วยวิธี principal coordinate analysis พบว่าประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ น่าจะเป็น subset ของประชากรช้างภาคเหนือ จากการวิเคราะห์หาค่า observation number of alleles, gene diversity, Shannon’s Information index, number of polymorphic loci and %polymorphic loci ของประชากรช้างภาคเหนือมีค่าเท่ากับ 1.958±0.200, 0.222±0.158, 0.357±0.210, 161 และ 95.83% ตามลำดับ โดยค่า observation number of alleles, gene diversity, Shannon’s Information index, number of polymorphic loci and %polymorphic loci ของประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่าเท่ากับ 1.875±0.332, 0.220±0.169, 0.348±0.229, 147 และ 87.50% ตามลำดับ. ซึ่งช้างภาคเหนือมีค่า observed number of alleles, gene diversity, Shannon’s Information index, number of polymorphic loci และ %polymorphic loci สูงกว่าช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จึงสามารถสรุปได้ว่าช้างภาคเหนือมีแนวโน้มมีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่าช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

55751202 : Major (Animal Science)

Keyword : Genetic diversity / elephant / microsatellite

MISS NETNAPA VITITHUMAKHUN : GENETIC DIVERSITY OF THE DOMESTIC ELEPHANT POPULATIONS IN NORTH AND NORTHEAST OF THAILAND THESIS ADVISOR : ASSISTANT PROFESSOR DOCTOR SUPAWADEE MANATRINON

The objective of this research was to study the genetic diversity of domestic elephant populations in the North and Northeast of Thailand by using 18 microsatellite markers. Fifty-five and thirty-one of blood samples from the North and Northeast of Thailand were collected, respectively. The results showed that the average number of alleles per locus was 9.33±5.41 (min = 3, max = 23).The results from UPGMA tree that constructed by FAMD program showed the similarity of genetic between domestic elephants in the North and Northeast of Thailand. The principle coordinate analysis found that the genetic of elephants in the Northeast population were subset of the North population. Observation number of alleles, gene diversity, Shannon's Information index, number of polymorphic loci and %polymorphic loci in the North population were 1.958±0.200, 0.222±0.158, 0.357±0.210, 161 and 95.83%, respectively. While the observation number of alleles, gene diversity, Shannon's Information index, number of polymorphic loci and %polymorphic loci in the Northeast population were 1.875±0.332, 0.220±0.169, 0.348±0.229, 147 and 87.50%, respectively. From the results showed that observed number of alleles, gene diversity, Shannon's Information index, number of polymorphic loci and %polymorphic loci of the North elephants group were higher than the Northeast group. It can be concluded that northern elephants population tend to have higher genetic diversity than northeastern elephants population.

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี ก็เพราะได้รับความเมตตากรุณา จากอาจารย์ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุภาวดี มานะไตรนนท์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ได้ให้ความช่วยเหลือ ให้คำปรึกษาคำแนะนำที่เป็นประโยชน์อย่างยิ่งแก่ผู้วิจัย รวมทั้งอาจารย์ ดร.กฤติยา เลิศชุณหะเกียรติ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ อาจารย์ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วุฒิ ทักษิณธรรม กรรมการผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก และอาจารย์ ดร.วัชราภรณ์ รวมธรรม กรรมการตรวจสอบวิทยานิพนธ์ ที่กรุณาให้คำปรึกษา คำแนะนำ และข้อเสนอแนะที่เป็นประโยชน์ยิ่ง ขอกราบขอพระคุณในความกรุณาของทุกท่านเป็นอย่างสูง

ขอกราบขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วริษา สินทวีวรกุล และคุณวิโรจน์ ศุภโชคสหกุล ในการช่วยประสานงานกับปางช้าง ขอขอบพระคุณ สัตวแพทย์หญิงภัทร เชื้อพลายเวช ผู้อำนวยการสถาบันวิจัยและบริการสุขภาพช้างแห่งชาติ ท่านได้ให้ความอนุเคราะห์ตัวอย่างเลือดช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และขอกราบขอบพระคุณอาจารย์คณะสัตวศาสตร์และเทคโนโลยีการเกษตรทุกท่าน ที่ให้ความรู้ ให้คำแนะนำ ให้ข้อเสนอแนะ

ขอขอบคุณ นางสาวรัตนวดี ก้อนทองคำ และนางสาวสุชานุช คล่องใจ ที่ช่วยประสานงานและให้คำปรึกษาเป็นอย่างดีมาโดยตลอด ขอขอบพระคุณเจ้าของหนังสือ วารสาร เอกสาร และวิทยานิพนธ์ทุกเล่ม ที่ช่วยให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้มีความสมบูรณ์ ขอบคุณคณะเจ้าหน้าที่บัณฑิตวิทยาลัยทุกท่าน

ขอขอบคุณครอบครัว ที่คอยเป็นกำลังใจ รวมทั้งเป็นแรงผลักดันให้ผู้วิจัยสามารถทำผลงานวิจัยฉบับนี้สำเร็จไปได้ด้วยดี คุณค่า หรือประโยชน์อันเกิดจากวิทยานิพนธ์เล่มนี้ ผู้วิจัยขอน้อมบูชาแด่พระคุณบิดา มารดา ครูอาจารย์ ที่ได้อบรมสั่งสอน แนะนำ ให้การสนับสนุนเป็นอย่างดียิ่งเสมอมา

ขอขอบคุณแหล่งทุนการวิจัยในครั้งนี้ จากสถาบันวิจัยและพัฒนา มหาวิทยาลัยศิลปากร ปีงบประมาณ 2557

เนตรนภา วิทิตธรรมคุณ

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย ..... ง

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ ..... จ

กิตติกรรมประกาศ ..... ฉ

สารบัญ ..... ช

สารบัญตาราง ..... ญ

สารบัญภาพ ..... ฎ

บทที่ 1 บทนำ 1

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา 1

1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา 4

1.3 สมมติฐานของการศึกษา 4

1.4 ขอบเขตการศึกษา 4

บทที่ 2 ตรวจเอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง 5

2.1 สายพันธุ์ของช้าง 5

2.1.1 ช้างแอฟริกา (Loxodonta africana) 5

2.1.2 ช้างเอเชีย (Elephas maximus) 5

2.2 ลักษณะของช้างเอเชียเปรียบเทียบกับช้างแอฟริกา 7

2.3 ลักษณะของช้างไทยที่ดี นิยมนำมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ 8

2.4 ลักษณะของช้างในประเทศไทย 9

2.4.1 งาช้าง 9

2.4.2 การมองเห็นและการดมกลิ่น 10

2.4.3 พฤติกรรมทางสังคม....10
2.4.4 การตกมัน....11
2.4.5 การตั้งท้องและตกลูก....11
2.5 สถานภาพช้างไทย....12
2.6 จำนวนประชากรช้างเอเชีย....15
2.7 ปัจจัยคุกคาม....16
2.8 การเก็บตัวอย่างเพื่อสกัด DNA ช้าง....16
2.9 ความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity)....16
2.9.1 ความสำคัญของความหลากหลายทางพันธุกรม....17
2.9.2 การสูญเสียคุณสมบัติ Fitness ของประชากร....17
2.9.4 ประชากรทางพันธุศาสตร์....18
2.9.5 สมดุลฮาร์ดี – ไวน์เบอร์ก....19
2.9.6 ปัจจัยที่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีน....20
2.10 โครโมโซม (Chromosome)....21
2.11 การเพิ่มปริมาณ DNA โดยวิธี PCR(Polymerase chain reaction)....21
2.12 เครื่องหมายทางพันธุกรรม (Genetic Markers)....23
2.12.1 RFLP (Restriction fragment length polymorphism)....23
2.12.2 AFLPs (Amplified fragment length polymorphism)....24
2.12.3 SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms)....24
2.12.5 ไมโครแซทเทลไลท์....24
บทที่ 3 วิธีดำเนินงานวิจัย....27
3.1 การเก็บตัวอย่าง....27
3.2 สกัด DNA....28
3.3 การเพิ่มปริมาณชิ้นส่วน DNA โดยวิธีไมโครแซทเทลไลท์....29

3.4 การแปลผลข้อมูล.....31
3.5 การวิเคราะห์ข้อมูล 31
บทที่ 4 ผลการวิจัยและวิจารณ์ผล.....32
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัย 48
รายการอ้างอิง 49
ประวัติผู้เขียน 53

สารบัญตาราง

ตารางที่ **หน้า**

1 ความแตกต่างระหว่างช้างเอเชียและช้างแอฟริกา 7

2 จำนวนช้างที่สำรวจพบในประเทศต่างๆ ของทวีปเอเชียโดยประมาณ 15

3 รายละเอียดสถานที่เก็บตัวอย่าง และถิ่นกำเนิดของช้างตัวอย่าง 28

4 primer และอุณหภูมิ annealing ที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR 30

5 จำนวน อัลลีล และ private alleles ของแต่ละ loci ในกลุ่มประชากรช้างภาคเหนือ และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 42

6 ค่า observed number of alleles, effective number of alleles, gene diversity, Shannon's Information index, number of polymorphic และ %polymorphic ในประชากรช้างภาคเหนือ ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และช้างทั้งหมด 44

7 ค่า genetic identity(เหนือเส้นทแยงมุม) และ genetic distance(ใต้เส้นทแยงมุม) 45

มหาวิทยาลัยศิลปากร

สารบัญภาพ

ภาพที่ **หน้า**

1 ตั๋วรูปพรรณช้างแบบเดิม 14

2 ตั๋วรูปพรรณช้างแบบใหม่ 14

3 ขั้นตอนการทำปฏิกิริยา 23

4 การเก็บตัวอย่างเลือดช้าง 27

5 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT06 33

6 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT08 33

7 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT13 34

8 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT16 34

9 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT17 35

10 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT18 35

11 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT24 36

12 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT25 36

13 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT26 37

14 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH1 37

15 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH19 38

16 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH48 38

17 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH65 39

18 ผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH67 39

19 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH71 40

20 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH94 40

21 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH102 41

22 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH103 41

23 UPGMA tree โดยโปรแกรม FAMD กำหนดให้ N = ช้างภาคเหนือ
และ E = ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 46

24 แสดง principal coordinate analysis โดยโปรแกรม FAMD กำหนดให้
N = ช้างภาคเหนือ และ E = ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 47

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ช้างเป็นสัตว์ที่มีความสัมพันธ์กับสังคมไทยมาอย่างยาวนานต่อเนื่องนับร้อยๆ ปี ในอดีตช้างเป็นสัตว์ที่มีความสำคัญ ช้างทำหน้าที่เป็นราชพาหนะสำหรับพระมหากษัตริย์ในการสู้ศึกสงคราม และมีบทบาทในวิถีชีวิตผูกพันกับคนไทยมาตั้งแต่โบราณ ช้างเป็นสัญลักษณ์ที่ปรากฏบน "ธงชาติไทย" หรือ "ธงช้างเผือก" มาตั้งแต่ พ.ศ. 2398 จนถึง วันที่ 31 ธันวาคม พ.ศ. 2459 ต่อมาคณะรัฐมนตรีได้ลงมติเมื่อวันที่ 26 พฤษภาคม 2541 เห็นชอบให้วันที่ 13 มีนาคม ของทุกปี เป็นวันช้างไทย จึงถือได้ว่าช้างเป็นสัตว์ที่มีความสำคัญ เป็นสัญลักษณ์ของประเทศไทย และเป็นสัตว์คู่พระบารมีของพระมหากษัตริย์ แต่ปัจจุบันสภาพสังคมและเศรษฐกิจได้มีการเปลี่ยนแปลงไป จึงทำให้การเลี้ยงช้างมีการเปลี่ยนแปลงไปในรูปแบบของการทำธุรกิจมากขึ้น (เผชิญ ธรรมสรางกูร, 2557)

ช้างมีความสำคัญต่อระบบนิเวศ เพราะช้างป่าจะสามารถกินผลไม้ป่าได้หลากหลายชนิด ช้างสามารถกินผลไม้และเมล็ดพืชที่มีขนาดใหญ่กว่าสัตว์ชนิดอื่น เมื่อช้างถ่ายมูลออกมาเป็นเมล็ดพันธุ์ ก็จะช่วยกระจายพันธุ์พืช และทำให้เกิดการขยายพันธุ์พืชในพื้นที่ต่างๆ ถือว่าเป็นการช่วยฟื้นฟูผืนป่าได้เป็นอย่างดี และมูลช้างก็ยังเป็นปุ๋ยให้แก่พืชในป่าอีกด้วย ในป่ามีสิ่งมีชีวิตอื่นๆ ที่กินมูลช้างเป็นอาหารได้ เช่น แมลง หากช้างถ่ายมูลลงในน้ำ ปลาก็กินมูลช้างเป็นอาหารได้ แม้กระทั่งเส้นทางเดินของช้างก็มีประโยชน์ เพราะช้างเป็นสัตว์ที่มีขนาดใหญ่ สามารถทำให้ป่าที่รกกลายเป็นทางเดินให้กับสัตว์ที่มีขนาดตัวเล็กกว่าได้ ช้างจึงเป็นสัตว์ที่มีบทบาทสำคัญต่อระบบนิเวศ ดังนั้นหากช้างสูญพันธุ์ไป จะทำให้พันธุ์พืชหลายชนิดหายไปจากระบบนิเวศ และมีผลกระทบต่อการดำรงชีวิตของสัตว์ป่าอื่นๆ หลายชนิดที่อาศัยอยู่ร่วมกันกับช้าง (มัทนา ศรีกระจ่าง, 2556)

ช้างเป็นสัตว์ป่าที่จัดอยู่ในภาวะใกล้สูญพันธุ์นับตั้งแต่ปี 2529 อันเนื่องมาจากพื้นที่อยู่อาศัยถูกบุกรุกทำลายมากขึ้น และการล่าที่เพิ่มมากขึ้น อีกทั้งงาช้างมีราคาแพงและเป็นที่ต้องการของมนุษย์ รวมทั้งการล่าเพื่อนำลูกช้างไปฝึกใช้งาน จากความต้องการใช้ทรัพยากรธรรมชาติเพื่อตอบสนองความต้องการของมนุษย์ที่เพิ่มมากขึ้น จำนวนประชากรช้างจึงลดลงอย่างรวดเร็ว ปัจจุบันในประเทศไทยมีช้างป่าอาศัยอยู่ตามธรรมชาติประมาณ 3,000 ตัว เท่านั้น โดยกระจายอยู่ในพื้นที่อนุรักษ์ 69 แห่งทั่วประเทศ พื้นที่โดยรวม 56,270 ตารางกิโลเมตร (ชมชื่น ศิริผันแก้ว, 2547) ในส่วนของช้างเลี้ยงของไทยมีอยู่ประมาณ 3,659 เชือก และมีการตายปีละประมาณ 150 เชือก (สามารถ ประสิทธิ์ผล & สาโรช จันทร์ลาด, 2554) ประชากรช้างเลี้ยงกำลังประสบปัญหาที่ไม่แตกต่างกันกับช้างป่านัก เนื่องจากพื้นที่ป่าที่เคยมีไว้เลี้ยงช้างลดน้อยลง แหล่งน้ำแหล่งอาหารมีการปนเปื้อนด้วยสารพิษและยาฆ่าแมลงมากขึ้น ทำให้คุณภาพของน้ำและอาหารที่ช้างได้รับมีคุณภาพและปริมาณไม่เพียงพอ นอกจากนี้ยังมีปัญหาเรื่องโรคภัยไข้เจ็บ ที่มีความรุนแรงและเรื้อรังมากขึ้น รวมทั้งปัญหาการทารุณกรรมช้างในรูปแบบต่างๆ ทั้งจากการฝึก การใช้งานช้างเพื่อธุรกิจต่างๆ เช่น การท่องเที่ยวเป็นต้น ทั้งนี้ในช่วงที่ผ่านมาประเทศไทยถูกวิพากษ์วิจารณ์จากประชาชนทั้งชาวไทยและชาวต่างประเทศ โดยเฉพาะอย่างยิ่งจากองค์กรอนุรักษ์และคุ้มครองสัตว์ที่กำลังจะสูญพันธุ์ ก่อให้เกิดวิกฤติศรัทธาต่อการบริหารจัดการเรื่องช้างของหน่วยงานภาครัฐขึ้นอย่างหลีกเลี่ยงไม่ได้ ทำให้รัฐเริ่มหันมาใส่ใจกับการแก้ไขปัญหาเกี่ยวกับช้างไทยอย่างจริงจัง โดยมีหน่วยงานที่มีหน้าที่รับผิดชอบ คือ กรมการปกครอง (กระทรวงมหาดไทย) กรมปศุสัตว์ (กระทรวงเกษตรและสหกรณ์) และกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช (กระทรวงทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม) นอกจากนี้ยังมีคณะกรรมการเอกลักษณ์แห่งชาติ สำนักนายกรัฐมนตรี ทำหน้าที่ประสานงานกับหน่วยงานและองค์กรด้านการอนุรักษ์ช้าง ซึ่งหน่วยงานภาครัฐทั้ง 4 แห่ง ได้พยายามศึกษาวิจัย เพื่อหาแนวทางที่ยั่งยืนมาแก้ไขปัญหาช้างในประเทศที่กำลังเข้าสู่ภาวะวิกฤติในปัจจุบัน

ช้างป่าในประเทศไทยอาศัยอยู่ตามผืนป่าอนุรักษ์ต่างๆ ที่กระจายอยู่ทุกภูมิภาคทั่วประเทศ ในแต่ละพื้นที่มีช้างป่าอยู่ประมาณ 5-300 ตัว ประชากรช้างที่หลงเหลืออยู่จะอยู่แบบกระจายตัวแยกขาดออกจากกันตามลักษณะของผืนป่าที่ตัดขาดออกจากกันเป็นพื้นที่ป่าผืนเล็กๆ การแลกเปลี่ยนพันธุกรรมจึงเกิดขึ้นได้ยาก การผสมเลือดชิดจึงมีโอกาสเกิดได้มาก ทำให้ลักษณะประชากรมีแนวโน้มด้อยลงเรื่อยๆ ในกรณีของช้างเลี้ยงนั้น ช้างเพศผู้ 1 เชือกมักถูกนำมาเป็นพ่อพันธุ์และใช้ผสมช้างเพศเมียหลายๆ เชือกเนื่องจากช้างพ่อพันธุ์ที่มีลักษณะสวยงามมีจำนวนลดลง และค่านิยมที่ต้องการให้ช้างเพศเมียได้ผสมกับช้างพ่อพันธุ์ที่มีประวัติเคยผสมแล้วได้ลูกมาก่อน จึงทำให้ช้างเลี้ยงมีแนวโน้มเกิดการผสมเลือดชิดมากขึ้น (สุนันทา ทองไชย, 2555)

ช้างในประเทศไทย เป็นช้างเอเชีย (*Elephas maximus*) ชนิดพันธุ์ย่อย คือ ช้างอินเดีย (*Elephas maximus indicus*) ซึ่งจัดเป็นสัตว์ที่อยู่ในกลุ่มใกล้สูญพันธุ์ โดยถูกจัดอยู่ใน Appendix I ของ CITES ดังนั้นการอนุรักษ์ช้างจึงเป็นสิ่งสำคัญ การอนุรักษ์นั้นไม่ใช่เพียงอนุรักษ์ให้ประชากรช้างมีจำนวนมากขึ้นเท่านั้น การอนุรักษ์จำเป็นต้องอนุรักษ์ทางด้านพันธุกรรม หรือ DNA ร่วมด้วย ความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรช้างมีความสำคัญมาก หากจำนวนประชากรช้างมีจำนวนมาก แต่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมน้อย ในอนาคตพันธุกรรมช้างจะด้อยลง และจำนวนประชากรช้างจะลดลงอย่างรวดเร็ว ดังนั้นการอนุรักษ์ช้างควรอนุรักษ์ให้ช้างมีจำนวนประชากรที่มากพอร่วมกับมีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สูง จึงจะถือได้ว่าเป็นการอนุรักษ์ช้างแบบยั่งยืน การศึกษาในครั้งนี้เป็นการศึกษาหาความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้าง โดยวิธีไมโครแซทเทลไลท์ เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในการจัดการด้านการผสมพันธุ์และสามารถนำข้อมูลที่ได้ไปใช้ในการวางแผนการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างได้

1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา

เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างเลี้ยง

1.3 สมมติฐานของการศึกษา

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างเลี้ยงในภาคเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ มีความแตกต่างกัน

1.4 ขอบเขตการศึกษา

เป็นการศึกษาความหลากหลายและความแตกต่างทางพันธุ์กรรมของช้างเลี้ยงในภาคเหนือเทียบกับภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดยใช้วิธีไมโครแซทเทลไลท์

มหาวิทยาลัยศิลปากร

บทที่ 2

ตรวจเอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 สายพันธุ์ของช้าง

ช้างเป็นสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม เป็นสัตว์ที่อาศัยบนบกและมีขนาดใหญ่ที่สุดในโลก จัดอยู่ในอันดับ Proboscidea วงศ์ Elephantidae เพราะเป็นสัตว์ที่มีงวง ซึ่งเป็นลักษณะเด่นของสัตว์ในวงศ์นี้ และเนื่องจากช้างมีผิวหนังที่หยาบหนา เช่นเดียวกับพวกแรดและกระซู่ จึงเรียกสัตว์ในกลุ่มนี้ว่า Pachyderm ช้างมีวิวัฒนาการอยู่บนโลกนี้มายาวนาน 50-60 ล้านปี ในประเทศไทยเคยมีผู้ค้นพบกรามช้างโบราณบริเวณเหมืองลิกไนซ์ อำเภอแม่เมาะ จังหวัดลำปาง ผู้เชี่ยวชาญได้คำนวณแล้วว่ากรามช้างที่พบ มีอายุไม่น้อยกว่าหมื่นปี ช้างในปัจจุบันแบ่งออกเป็น 2 ชนิด คือ ช้างแอฟริกา และช้างเอเชีย

2.1.1 ช้างแอฟริกา (*Loxodonta africana*)

เป็นช้างที่มีถิ่นกำเนิดอยู่ในทวีปแอฟริกา มีอยู่ 2 ชนิดพันธุ์ย่อย คือ
ช้างป่าแอฟริกา (*Loxodonta africana cyclotis*) สายพันธุ์นี้อาศัยอยู่ในป่าภายในทวีปแอฟริกา
ช้างทุ่งแอฟริกา (*Loxodonta africana Africana*) สายพันธุ์นี้อาศัยอยู่ในทุ่งหญ้าและทะเลทรายของทวีปแอฟริกา

ลักษณะของช้างทุ่งแอฟริกา จะมีขนาดตัวใหญ่กว่าช้างป่าแอฟริกา และมีขนตามลำตัวน้อยกว่า มีใบหูเป็นรูปสามเหลี่ยมและขนาดใหญ่กว่าช้างป่าแอฟริกา งามีขนาดใหญ่และงอนช้อนขึ้น ส่วนงาของช้างป่าแอฟริกาจะค่อนข้างเรียวและตรง ส่วนลูกผสมระหว่างช้างทั้งสองชนิดจะพบได้บริเวณรอยต่อระหว่างทุ่งหญ้ากับป่า

2.1.2 ช้างเอเชีย (*Elephas maximus*)

เป็นช้างที่มีถิ่นกำเนิดอยู่ในทวีปเอเชีย มีความสูงโดยเฉลี่ย 3 เมตร มีขนาดตัวและขนาดใบหูที่เล็กกว่าช้างแอฟริกา ช้างเอเชียมักถูกนำมาฝึกเพื่อใช้งานมากกว่าช้างแอฟริกา ในปัจจุบันช้างเอเชีย มีอยู่ 4 ชนิดพันธุ์ย่อย คือ

ช้างศรีลังกา (*Elephas maximus maximus*) พบบนเกาะศรีลังกาเท่านั้น มีขนาดตัวใหญ่ที่สุด สีเข้มที่สุด ใบหูมีขนาดใหญ่และมีบริเวณตกกระสีชมพูมาก ช้างเพศผู้ส่วนใหญ่เป็นช้างสีดอ

(ไม่มีงา) จะพบช้างงาได้น้อยมาก เนื่องจากช้างถูกล่าเอางาเป็นจำนวนมากในช่วงศรีลังกาตกเป็นอาณานิคมของประเทศอังกฤษ

ช้างอินเดีย (*Elephas maximus indicus*) พบในอินเดีย บังคลาเทศ ภูฏาน เนปาล เมียนมาร์ ไทย ลาว กัมพูชา เวียดนาม จีน และมาเลเซีย มีขนาดปานกลาง สีไม่เข้มเท่าช้างศรีลังกา และมีบริเวณตกกระสีชมพูบ้าง

ช้างสุมาตรา (*Elephas maximus sumatranus*) พบเฉพาะบนเกาะสุมาตรา ประเทศอินโดนีเซีย เท่านั้น มีขนาดเล็กที่สุด ผิวสีอ่อนมากที่สุด และไม่มีบริเวณที่เป็นตกกระสีชมพู

ช้างบอร์เนียว (*Elephas maximus borneacus*) สันนิษฐาณว่าเป็นช้างที่นำมาจากประเทศมาเลเซีย และไทย เพราะบนเกาะนี้ไม่เคยมีช้างอาศัยอยู่ตามธรรมชาติมาก่อน เพิ่งถูกค้นพบบนเกาะบอร์เนียว (กาลิมันตัน) มีลักษณะภายนอกคล้ายคลึงกับช้างสายพันธุ์ย่อยชนิดอินเดีย แต่มีรหัสพันธุกรรมแตกต่างจากช้างสายพันธุ์ย่อยอื่นๆ (สิทธิเดช มหาสาวังกุล et al., 2554)

2.2 ลักษณะของช้างเอเชียเปรียบเทียบกับช้างแอฟริกา

ตารางที่ 1 แสดงความแตกต่างระหว่างช้างเอเชียและช้างแอฟริกา

ลักษณะ	ช้างเอเชีย	ช้างแอฟริกา
ถิ่นที่อยู่อาศัย	13 ประเทศในทวีปเอเชีย ได้แก่ เนปาล ภูฏาน อินเดีย บังคลาเทศ ศรีลังกา จีนตอนใต้ พม่า ไทย ลาว กัมพูชา เวียดนาม มาเลเซีย และ อินโดนีเซีย	ทวีปแอฟริกาตอนใต้ของทะเลทรายซาฮารา เช่น ซิมบับเว เคนยา แทนซาเนีย แอฟริกาใต้ อูกันดา
ภูมิอากาศ	ชอบอาศัยในป่าทึบ ที่มีอากาศร่มเย็น ไม่ชอบอากาศร้อนจัด	เนื่องจากถิ่นที่อยู่อาศัยส่วนใหญ่เป็นทุ่งหญ้า ต้นไม้ขนาดใหญ่มีน้อย อากาศร้อนจัดเวลากลางวัน หนาวเย็นในเวลากลางคืน ช้างแอฟริกาจึงทนทานต่ออากาศร้อนและแห้งแล้งได้ดี
รูปร่างลักษณะ		
รูปร่าง	อ้วนป้อม	สูงใหญ่ปราดเปรียวกว่า
ความสูงถึงไหล่	เพศผู้ ประมาณ 9 ฟุต	เพศผู้ ประมาณ 10 ฟุต
	เพศเมีย ประมาณ 8 ฟุต	เพศเมีย ประมาณ 9 ฟุต
น้ำหนัก	3,500-4,000 กิโลกรัม	4,000-5,000 กิโลกรัม
หลัง	โค้ง	แอ่น
หัว	หัวกว้างมี 2 ลอน	หัวเล็กมีลอนเดียว
ใบหู	เล็ก ขอบในหูสูงไม่เกินระดับหัว	ใหญ่ ของใบหูสูงพ้นระดับหัว
จงอยปลายงวง	1 จงอย (ด้านบน)	2 จงอย (บนและล่าง)

ลักษณะ	ช้างเอเชีย	ช้างแอฟริกา
งา	มีเฉพาะเพศผู้	มีงาทั้งเพศผู้และเพศเมีย
ความยาววง	เฉลี่ย 1.2-1.6 เมตร	เฉลี่ย 2-2.5 เมตร
ฟันกราม	ลวดลายเป็นวงยาวรีเรียงกัน สันร่อง (ridges) ของฟันกรามเต็มวัยมีมากที่สุดไม่เกิน 27 ร่อง	ลวดลายเป็นรูปสี่เหลี่ยมข้าวหลามตัด หรือสี่เหลี่ยมขนมเปียกปูน สันร่องตัวเต็มวัยมีมากที่สุด 14 สันร่อง
จำนวนกระดูกซี่โครง	19 คู่	21 คู่
จำนวนข้อกระดูกหาง	33 ข้อ	26 ข้อ
จำนวนเล็บตีน		
ตีนหน้า	5 เล็บ	4 หรือ 5 เล็บ
ตีนหลัง	4 หรือ 5 เล็บ	3 เล็บ

(มูลนิช้างแห่งประเทศไทย, 2549)

2.3 ลักษณะของช้างไทยที่ดี นิยมนำมาเป็นพ่อแม่พันธุ์

1. ศีรษะ : โตแก้มไม่ตอบ หน้าผากกว้างและกลม
2. ตา : แจ่มใส สะอาด ไม่ขุ่นมัว มีน้ำตาหล่อเลี้ยงพอสมควร
3. งวง : ยาวตรง โคนงวงใหญ่ ปิดเปิดปลายงวงปิดได้สนิท
4. หู : ใบหูใหญ่ ปลายใบหูงุ้มลง
5. คอ : สั้นล่ำใหญ่ รับกับศีรษะ
6. อก : กว้างมีกล้ามเนื้อหนา บ่ายกนูนสูงใหญ่
7. ขา : ขาหน้ามีส่วนโค้งไปข้างหน้า และยาวกว่าขาหลัง
8. หลัง : กว้าง โค้งลาดลงไปข้างหน้าและข้างหลัง แบ่งได้ 2 ประเภท

8.1 หลังแปก้านกล้วย เป็นลักษณะที่ดีที่สุด คือ กระดูกสันหลังสูงตรงกลางเล็กน้อยแล้วลาดลงทางหางในลักษณะสม่ำเสมอ

8.2 หลังแปปราสาท คือ สันหลังโค้งสูงมาก

9. ลำตัว : หนา ล่ำสม่ำเสมอ ตัวไม่สั้นเกินไป

10. ตะโพก : กลมเต็มไปด้วยกล้ามเนื้อ

11. เท้า : กลม ไม่เล็กเกินไป พื้นเท้าแข็งปราศจากรอยแตกหรือรูเล็กๆ

12. เล็บ : โคนเล็บนูน ใสสะอาด ไม่แตก ไม่แข็ง และควรมีเล็บหน้าข้างละ 5 เล็บ เล็บเท้าหลังข้างละ 4 เล็บ รวมเป็น 18 เล็บ

13. หาง : หางยาวแต่ไม่จรดดิน แผงขนหางใหญ่ ช้างที่ดีควรมีหางยาวถึงข้อเท้า

14. หนัง : อ่อนย่นและหนา เป็นมันเลื่อมสีออกดำมองดูคล้ายชุ่มชื้นอยู่เสมอ ช้างที่มีหนังหนาเป็นที่นิยมกันมากถือว่าเป็นช้างที่แข็งแรง

15. งา : ล่ำหนา งาทั้งคู่ตรงเสมอกันไม่บิดเบี้ยว งามี 4 ลักษณะ คือ

15.1 งาปลี เป็นงาลักษณะใหญ่เหมือนปลีกล้วยไม่ยาวนัก

15.2 งาหยวก เป็นงาลักษณะยาวสวยเท่ากัน

15.3 งาหิน เป็นงาลักษณะใหญ่ยาวแน่นตันมีสีออกน้ำตาล มีโพรงงาสั้น

15.4 งาหวาย เป็นงาลักษณะเรียวยาว รี ขนาดเล็กแหลม สีออกเหลือง

16. รูต่อมน้ำมันใกล้หู : ถ้าใหญ่แสดงว่าเป็นช้างที่แข็งแรง

17. ความสูง : ช้างพลายที่โตเต็มที่ควรมีความสูงไม่ต่ำกว่า 8 ฟุต (วัดจากพื้นดินถึงไหล่) ช้างพังประมาณ 7 ฟุต 6 นิ้ว (วิธีคำนวณหาความสูงของชาวบ้านใช้วัดรอยเท้าหน้าแล้วคูณด้วย 2 จะได้ส่วนสูงของช้าง)

18. น้ำหนัก : ช้างพลายที่สมบูรณ์ (สูง 8 ฟุต 3 นิ้ว) จะมีน้ำหนักประมาณ 3 ตัน ถ้าสูงกว่า 8 ฟุต 3 นิ้ว จะมีน้ำหนักเฉลี่ยเพิ่มขึ้น 50 กิโลกรัม. ทุกๆ ความสูงที่เพิ่มขึ้น 1 นิ้ว ถ้าช้างต่ำกว่า 8 ฟุต 3 นิ้ว จะมีน้ำหนักเฉลี่ยลดลง 37.5 กิโลกรัม. ทุกๆ ความสูงที่ลดลง 1 นิ้ว (กลุ่มอำนวยการ สถาบันคชบาลแห่งชาติในพระอุปถัมภ์ฯ องค์การอุตสาหกรรมป่าไม้, 2553)

2.4 ลักษณะของช้างในประเทศไทย

2.4.1 งาช้าง

ช้างไทยเป็นช้างเอเชีย มีงาเฉพาะตัวผู้เท่านั้น เราเรียกช้างตัวผู้ว่าช้างพลาย สำหรับช้างตัวผู้ที่ไม่มีงาเรียกว่าช้างสีดอ ส่วนช้างตัวเมียเรียกว่าช้างพัง ช้างพังบางตัวมีงาออกมาสั้นๆ แต่ไม่นิยมเรียกว่างา จะเรียกว่าขนาย

งาช้าง ก็คือฟันคู่หน้าของช้าง งอกจากขากรรไกรบน งาช้างส่วนใหญ่มีสีขาวนวล เริ่มโผล่ให้เห็นเมื่อช้างมีอายุประมาณ 2-5 ปี งาช้างที่สวยงามจะต้องมีความโค้งเรียบสม่ำเสมอ จนเกือบเป็น

ครึ่งวงกลม ช้างใช้งาเป็นอาวุธสำหรับป้องกันตัว และต่อสู้กับช้างตัวอื่น ช้างป่ามักจะลับงากับโป่งหรือตลิ่งดินริมฝั่ง ด้วยเหตุผล 2 ประการ คือ เพื่อแซะเอาดินโป่งมากิน และลับให้งาสั้น เพื่อจะได้ใช้งาอย่างมีประสิทธิภาพ ข้อแตกต่างของงาช้างเลี้ยงกับงาช้างป่า งาช้างเลี้ยงปลายงาจะมนกลม งาของช้างป่าจะแบนและคม ความยาวเฉลี่ยประมาณ 1 เมตร งามีลักษณะทึบ เนื้องาเป็นมันงดงาม ความสวยงามของงานี้เอง เป็นที่มาของจุดจบของช้างเอเชียนับพันนับหมื่น งาช้างเลี้ยงมักจะยาวออกมามากจนเกินพอดี ทั้งนี้เพราะช้างไม่มีโอกาสได้ลับงา ผิดกับช้างป่าที่ลับงาเอง ทำให้งาสั้นกว่า เพื่อเดินทางในป่ารกได้สะดวก ไม่เกี่ยวพันเถาไม้ แต่ในช้างแอฟริกาบางตัว มีงาใหญ่และยาวเกือบจดดิน ซึ่งไม่ทำความเกะกะแต่ประการใด เพราะช้างแอฟริกาอาศัยอยู่กลางทุ่งและในป่าโป่ง (โซไรดา ซาลวาลา, 2541)

2.4.2 การมองเห็นและการดมกลิ่น

ช้างมีตาขนาดเล็ก แต่มีขนตาค่อนข้างยาว ช้างเป็นสัตว์ที่มีสายตาไม่ค่อยดีนัก อีกทั้งช้างยังมีลักษณะการมองเห็นที่เรียกว่า The dichromatic color vision of deuteranopes คือ มีลักษณะอาการตาบอดสีแดงและสีเขียว แต่ช้างยังสามารถจำแนก หรือมองเห็นแม่สีหลักอื่นๆ อย่างเช่น สีน้ำเงินและสีเหลืองได้อย่างชัดเจน อย่างไรก็ตาม ช้างมีประสิทธิภาพการได้ยิน และการดมกลิ่นที่ดีเยี่ยม เพื่อใช้ในการตรวจจับสิ่งแปลกปลอมต่างๆ

2.4.3 พฤติกรรมทางสังคม

ช้างอยู่ในสังคมที่มีลำดับโครงสร้าง การใช้ชีวิตในสังคมของช้างเพศผู้และช้างเพศเมียมีความแตกต่างกันมาก ในโขลงช้างจะมีช้างเพศเมียที่อายุมากที่สุดเป็นผู้นำโขลง ช้างเพศเมียจะใช้เวลาทั้งชีวิตอยู่ร่วมกับโขลง แต่ช้างเพศผู้จะใช้เวลาส่วนใหญ่อยู่อย่างสันโดษ โดยเมื่อช้างเพศผู้มีอายุประมาณ 6-7 ปี ก็จะเริ่มออกจากโขลงเพื่อไปหากินโดยลำพัง และจะค่อยๆ ปลีกตัวออกไปอยู่สันโดษ คราวละหลายชั่วโมงหรือหลายวัน จนกระทั่งเมื่อช้างเพศผู้มีอายุ 14 ปี ก็จะแยกตัวออกจากฝูงต้นกำเนิดอย่างถาวร จะแยกตัวออกไปหากินเพียงลำพัง แล้วจะกลับเข้าโขลงเฉพาะช่วงฤดูผสมพันธุ์ ซึ่งช้างเพศผู้ที่แข็งแรงและแข็งแกร่งจะมีโอกาสได้ผสมพันธุ์กับช้างเพศเมียในโขลง มากกว่าช้างเพศผู้ตัวอื่นๆ (ปรีชา พวงคำ, ริชาร์ด ซี. แลร์, & ทวิโภค อังควานิช, 2548)

2.4.4 การตกมัน

อาการตกมันของช้างเป็นอาการทางธรรมชาติของทั้งช้างเพศผู้และช้างเพศเมีย ซึ่งมีอายุอยู่ในวัยเจริญพันธุ์ เมื่อช้างตกมันครั้งหนึ่งแล้วก็จะตกมันทุกปี ช้างบางเชือกตกมันมากกว่า 1 ครั้ง ใน 1 ปี แสดงถึงความสมบูรณ์ของร่างกาย ผู้ดูแลจะต้องคอยสังเกตต่อมน้ำมันที่ขมับทั้งสองข้างว่ามีน้ำมันไหลออกมา หรือไม่ ก่อนตกมัน ช้างมักมีอาการดุร้าย เกเร ผู้ดูแลช้างจะต้องลดอาหาร หยุดการใช้งาน และแยกช้างตัวนั้นออกจากฝูงแล้วนำไปล่ามในที่ร่ม ห่างไกลจากชุมชน อาการตกมันนี้จะอยู่ประมาณ 2-3 สัปดาห์ แต่บางเชือกก็นานกว่านี้ การให้อาหารช้างตกมันที่นิยมคือ ฟักเขียว ต้นกล้วย หญ้า และน้ำพอสมควร อาการตกมันจะค่อยๆ ลดลงและหายไปเอง

2.4.5 การตั้งท้องและตกลูก

ช้างเพศเมียที่ร่างกายสมบูรณ์ดี จะให้ลูกได้เมื่ออายุระหว่าง 12-40 ปี การตั้งท้องใช้เวลานาน 20-22 เดือน และหลังจากตกลูกแล้ว จะทิ้งห่างการตั้งท้องอีกประมาณ 3-4 ปี ตลอดชีวิตของแม่ช้าง อาจมีลูกได้ประมาณ 3-4 เชือก ตามปกติแม่ช้างจะตกลูกได้เพียงครั้งละ 1 เชือก ช้างเลี้ยงจะให้ลูกน้อยกว่าช้างป่าที่อยู่อย่างอิสระในผืนป่าธรรมชาติ

การผสมพันธุ์ของช้างไม่เลือกว่าจะเป็นฤดูใด แต่มักจะเป็นฤดูร้อน และอาจตกลูกในราวเดือนธันวาคม ถึง เดือนกุมภาพันธ์ การตั้งท้องของช้างนั้นสังเกตได้ยาก เนื่องจากช้างตัวใหญ่และอ้วนกลมอยู่แล้ว ผู้เลี้ยงจะสังเกตได้จากอาการอุ้ยอ้าย เต้านมขยาย มีน้ำนมไหล หรือช้างไม่ยอมทำงานตามปกติเป็นต้น

สัญชาตญาณอย่างหนึ่งของแม่ช้างก็คือ เมื่อรู้สึกว่าท้องแก่มาก ก็มักจะหาช้างเพศเมียด้วยกันไว้เป็นเพื่อน และเรียกเพื่อนช้างตัวนั้นว่าแม่รับ แม่รับจะช่วยทำหน้าที่เลี้ยงลูกช้าง แม่รับจะรักและหวงแหนลูกช้างเหมือนดังเป็นลูกของตนเอง เมื่อแม่ช้างใกล้ถึงกำหนดตกลูก มันจะไปหาพื้นที่ที่มีหญ้าอ่อน หรือพื้นดินนุ่ม ไว้รองรับลูกที่จะเกิดมา ก่อนตกลูกแม่ช้างจะเจ็บท้องและส่งเสียงร้อง 2-3 ชั่วโมง มักจะตกลูกในเวลากลางคืน แม่ช้างจะย่อขาหลังทั้งสองขา ลดตัวทางส่วนท้ายให้ต่ำลง เพื่อไม่ให้ลูกช้างตกจากที่สูงเกินไป ลูกช้างแรกเกิดมีขนยาว งวงสั้น สูงจากพื้นถึงไหล่ประมาณ 2 ฟุตครึ่ง ถึง 3 ฟุต น้ำหนักเฉลี่ย 100 กิโลกรัม แม่รับจะช่วยประคับประคองลูกช้างตลอดเวลา จนกระทั่งลูกช้างเข้าไปกินนมแม่ได้ ลูกช้างกินแต่นมอยู่หลายเดือน และจะค่อยๆ เริ่มหัดกินหญ้าแต่ยังคงกินนมแม่ จนอายุ 3 ปี (โซไรดา ซาลวาลา, 2541)

2.5 สถานภาพช้างไทย

ประเทศไทยแบ่งช้างออกเป็นสองกลุ่มคือช้างบ้าน (ช้างเลี้ยง) และช้างป่า ซึ่งใช้กฎหมายคุ้มครองที่แตกต่างกันโดยช้างเลี้ยง เป็นสัตว์ที่ได้รับความคุ้มครองตามพระราชบัญญัติสัตว์พาหนะ พุทธศักราช 2482 และช้างป่าเป็นสัตว์ป่าคุ้มครองตามพระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พุทธศักราช 2535 และอยู่ในบัญชี 1 (Appendix I) ของอนุสัญญา CITES, IUCN Red List (2012) และ Thailand Red Data (2005) จัดให้ช้างป่ามีสถานภาพใกล้สูญพันธุ์ (Endangered)

จากพระราชบัญญัติ สัตว์พาหนะ พุทธศักราช 2482 สัตว์พาหนะ หมายความว่า ช้าง ม้า โค กระบือ ล่อ ลา ซึ่งต้องทำตั๋วรูปพรรณตามพระราชบัญญัตินี้ การจดทะเบียนตั๋วรูปพรรณ ให้ทำในช้างที่มีอายุอย่างเข้าปีที่แปด ทำให้การนำช้างป่ามาสวมสิทธิ์เป็นช้างเลี้ยงเป็นไปได้ง่าย อีกทั้งการจดทะเบียนตามกฎหมายสัตว์พาหนะ โดยการออกตั๋วรูปพรรณ ใช้การระบุตัวด้วยลักษณะที่ปรากฏ เช่น ตำหนิ ขวัญ ฯลฯ ทั้งนี้มีข้อบกพร่อง คือ การเลือนลาง การซ้ำซ้อน การปลอมแปลง เป็นไปได้ง่าย จึงทำให้มีผู้ลักลอบนำช้างป่ามาสวมทะเบียนเป็นช้างเลี้ยงอยู่บ่อยครั้ง ประชากรช้างในธรรมชาติถูกรบกวนจนจำนวนลดน้อยลง ดังนั้นจึงจำเป็นต้องหาวิธีการจดทะเบียนช้างโดยทำเครื่องหมายระบุตัวช้างที่รัดกุมยิ่งขึ้นกว่าเดิม ซึ่งปัจจุบันการใช้เครื่องหมายอิเลคโทรนิกส์ หรือไมโครชิพ นับเป็นอุปกรณ์ที่ทันสมัย ปลอดภัย ถาวร ตลอดจนปลอมแปลงได้ยาก จึงถูกพิจารณานำมาใช้ในช้างเลี้ยง เพื่อให้ช้างเลี้ยงทุกเชือกในประเทศไทยมีเครื่องหมายประจำตัวถาวร (ไมโครชิพ) เพื่อจดทะเบียนและสำรวจสำมะโนประชากรช้างอย่างถูกต้อง มีประสิทธิภาพ เพื่อป้องกันการลักลอบ การปลอมแปลง การนำช้างป่ามาสวมทะเบียนเป็นช้างเลี้ยง และลดการลักลอบค้าช้างระหว่างประเทศได้

ในปี พ.ศ. 2557 ได้มีระเบียบกระทรวงมหาดไทย ว่าด้วยการสัตว์พาหนะ(ฉบับที่2) พ.ศ. 2557 ยกเลิกการใช้ตั๋วรูปพรรณแบบเดิม ให้จัดทำตั๋วรูปพรรณแบบใหม่ที่มีรายละเอียดของช้างมากขึ้น มีรูปถ่าย และมีเครื่องหมายประจำตัวถาวร (ไมโครชิพ) และยังให้ลูกช้างไปขึ้นทะเบียนเพื่อทำตั๋วรูปพรรณได้ตั้งแต่แรกเกิด ไม่ต้องรอจนอายุ 8 ปี จึงช่วยลดการนำช้างป่ามาสวมทะเบียนเป็นช้างเลี้ยงได้

ในปี พ.ศ. 2559 หัวหน้าคณะรักษาความสงบแห่งชาติ ได้เห็นความสำคัญ จึงมีคำสั่งหัวหน้าคณะรักษาความสงบแห่งชาติ ที่ 60/2559 ลงวันที่ 28 กันยายน พุทธศักราช 2559 เรื่อง มาตรการป้องกันการนำช้างป่ามาสวมสิทธิ เป็นช้างเลี้ยง กำหนดมาตรการในการเร่งรัดดำเนินกิจกรรมตามแผนปฏิบัติการงาช้างแห่งชาติ โดยเฉพาะการป้องกัน ระงับ และปราบปรามการนำช้าง

ป่ามาสวมสิทธิเป็นช้างเลี้ยงให้แล้วเสร็จโดยเร็ว โดยมอบหมายให้กรมการปกครอง กรมปศุสัตว์ และกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช จัดส่งเจ้าหน้าที่เพื่อดำเนินการเก็บตัวอย่างเลือดจากช้างที่เป็น สัตว์พาหนะตามกฎหมายว่าด้วยสัตว์พาหนะ รวมถึงช้างที่ได้มาจากการสืบพันธุ์ของช้างดังกล่าว จัดทำเครื่องหมายประจำตัวให้ช้างที่ยังไม่มีเครื่องหมายประจำตัว และดำเนินการตรวจสอบรหัสพันธุกรรม (DNA) เพื่อให้ กรมการปกครองนำไปบันทึกในทะเบียนตั๋วรูปพรรณช้างต่อไป หากเจ้าของช้างผู้ใดไม่นำช้างมาเก็บตัวอย่างเลือดเพื่อตรวจสอบรหัสพันธุกรรม (DNA) ภายในระยะเวลาหนึ่งร้อยแปดสิบวันนับแต่วันที่คำสั่งนี้มีผลใช้บังคับ ให้ถือว่าช้างเชือกนั้นเป็นช้างตามกฎหมายว่าด้วยการสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า และให้ตกเป็นของแผ่นดิน โดยเจ้าของ หรือผู้ครอบครองช้าง ต้องส่งมอบช้างให้แก่กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืชภายในสามสิบวันนับแต่วันที่ได้รับแจ้ง เป็นหนังสือจากกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช เนื่องจากประเทศไทยได้ร่วมในภาคีอนุสัญญาว่าด้วยการค้าระหว่างประเทศ ซึ่งชนิดสัตว์ป่าและพืชป่าที่ใกล้สูญพันธุ์ (Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES)) จึงมีความจำเป็นต้องกำหนดมาตรการในการเร่งรัดดำเนินกิจกรรมตามแผนปฏิบัติการ งาช้างแห่งชาติ โดยเฉพาะการป้องกัน ระงับ และปราบปรามการนำช้างป่ามาสวมสิทธิเป็นช้างเลี้ยง ให้แล้วเสร็จโดยเร็ว เพื่อมิให้ประเทศไทยถูกระงับการนำเข้าและส่งออกสัตว์ป่าและพืชป่าตามบัญชีอนุสัญญา CITES อันจะส่งผลกระทบต่อระบบเศรษฐกิจโดยรวมและความน่าเชื่อถือของประเทศได้ (ภิญญาพัชญ์ เห็นประเสริฐ์ & พินิจ ทิพย์มณี, 2558)

ภาพที่ 1 ตั๋วรูปพรรณช้างแบบเดิม

ที่มา : (ชุลีพร บุตรโคตร, 2555)

ภาพที่ 2 แสดงตั๋วรูปพรรณช้างแบบใหม่

ที่มา : (มติชนออนไลท์, 2559)

2.6 จำนวนประชากรช้างเอเชีย

ช้างเอเชียในปัจจุบันสามารถพบได้ในป่าตอนใต้ของทวีปเอเชียตั้งแต่ประเทศ เนปาล ภูฏาน อินเดีย บังคลาเทศ ศรีลังกา จีนตอนใต้ (ยูนาน) พม่า ไทย ลาว กัมพูชา เวียดนาม มาเลเซีย และเกาะสุมาตราของประเทศอินโดนีเซีย จำนวนช้างเลี้ยงและช้างป่าในทวีปเอเชีย แสดงรายละเอียดดัง ตารางที่ 2

ตารางที่ 2 จำนวนช้างที่สำรวจพบในประเทศต่างๆ ของทวีปเอเชียโดยประมาณ

ลำดับที่	ประเทศ	ช้างเลี้ยง	ช้างป่า
1	ไทย	3,074	3,000
2	พม่า	3,949	400
3	ลาว	722	2,000-3,000
4	กัมพูชา	100	300-600
5	อินเดีย	3,400	28,000-29,000
6	บังคลาเทศ	94	200
7	ศรีลังกา	500	3,500
8	ภูฏาน	4	-
9	เนปาล	177	92-113
10	มาเลเซีย	>38	1,200-1,500
11	อินโดนิเซีย	483	2,000-2,500
12	เวียดนาม	165	85-114
13	จีนตอนใต้	100	น้อยมาก
	รวม	12,806	เฉลี่ย 42,352

(มูลนิช้างแห่งประเทศไทย, 2549)

2.7 ปัจจัยคุกคาม

ผลจากการพัฒนาประเทศทำให้สภาพแวดล้อม และสภาพสังคมไทยเปลี่ยนแปลงไปอย่างรวดเร็ว ซึ่งไม่ได้เป็นผลดีต่อสรรพสัตว์ โดยเฉพาะอย่างยิ่งช้างสัตว์ที่มีขนาดใหญ่ ซึ่งเป็นสัญลักษณ์ของประเทศ สถานการณ์ช้างในประเทศไทยทั้งช้างป่าและช้างเลี้ยงมีจำนวนลดลงอย่างน่าใจหาย อัตราการลดลงไม่น้อยกว่า 2 % ต่อปี ปัจจุบันผืนป่าอนุรักษ์หลายแห่งมีสภาพเป็นหย่อมป่าขนาดเล็กที่แยกจากกัน ซึ่งเป็นผลมาจากการพัฒนาประเทศและการขยายพื้นที่เกษตรกรรม รวมทั้งการบุกรุกพื้นที่ป่าอนุรักษ์ซึ่งเป็นแหล่งอาศัยที่สำคัญของช้างป่า จากการศึกษาปัจจัยคุกคามในพื้นที่อนุรักษ์ในปี 2547-2553 พบว่าปัจจัยหลักที่คุกคามช้างป่า คือการสูญเสียถิ่นที่อยู่อาศัย (Habitat loss) และการแบ่งแยกของถิ่นที่อยู่อาศัย (Habitat fragmentation)

2.8 การเก็บตัวอย่างเพื่อสกัด DNA ช้าง

การเก็บตัวอย่างช้างเพื่อนำมาสกัด DNA ในช้างบ้าน หรือช้างเลี้ยง นิยมเก็บตัวอย่างจากเลือดช้าง (Duangsmorn Suwattana et al., 2010) โดยตัวอย่างจากเลือดจะมีคุณภาพดีกว่าการเก็บตัวอย่างจากขน ซึ่งการเก็บตัวอย่างจากขน ต้องเก็บให้ได้รากขนจำนวนไม่ต่ำกว่า 10 เส้น ในช้างป่ามักเก็บตัวอย่างจากมูล การเก็บตัวอย่างจากมูล จะต้องเก็บเมือกที่อยู่บนมูล ซึ่งมีเซลของเยื่อบุลำไส้จำนวนมากซึ่งสามารถนำมาสกัด DNA ของช้างได้ เป็นวิธีที่นิยมเก็บตัวอย่างในช้างป่าเนื่องจากไม่รบกวนสัตว์ และไม่ทำให้พฤติกรรมของสัตว์ป่าเปลี่ยนแปลงไป (Li Zhang et al., 2015; สุนันทา ทองไชย, 2555) แต่ข้อเสียของการเก็บตัวอย่างจากมูลคือ DNA ที่ได้จากการสกัดจากมูลมักจะมีคุณภาพ และปริมาณต่ำ (ชมชื่น ศิริผันแก้ว, 2547) การเก็บตัวอย่างยังสามารถเก็บตัวอย่างจากชิ้นเนื้อเพื่อนำมาตรวจ DNA ได้ ซึ่งเป็นวิธีที่นับจำนวนตัวอย่างได้แน่นอน กว่าการเก็บตัวอย่างจากมูลช้าง (Whitehouse & Harley, 2001)

2.9 ความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity)

หมายถึง ความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สิ่งมีชีวิตแต่ละชีวิตได้รับการถ่ายทอดมาจากรุ่นพ่อแม่ และส่งไปยังรุ่นต่อไป ลักษณะทางพันธุกรรมที่ได้รับการถ่ายทอดนั้นผ่านทางยีน (genes) ที่มีอยู่ในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดซึ่งส่งผลให้สิ่งมีชีวิตชนิดเดียวกันอาจมีลักษณะที่คล้ายคลึงกันหรือแตกต่างกันไปตามยีนที่ได้รับการถ่ายทอดมา ตัวอย่างของความหลากหลายทางพันธุกรรมมีอยู่

ทุกครอบครัวของสิ่งมีชีวิต พี่น้องอาจมีสีผม สีผิว และสีของนัยน์ตาที่แตกต่างกัน เป็นต้น ความแตกต่างผันแปรทางพันธุกรรมในแต่ละหน่วยชีวิตนั้นมีสาเหตุมาจากการเปลี่ยนแปลง พันธุกรรม (mutation) ซึ่งอาจเกิดขึ้นในระดับยีน หรือในระดับโครโมโซม ผสมผสานกับกลไกที่เรียกว่า Crossing over ที่เกิดขึ้นในขณะที่มีการแบ่งเซลล์สืบพันธุ์สำหรับการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศ เป็นผลทำให้ยีนสลับที่ และรวมตัวกันใหม่ (Recombination) ซึ่งจะถูกถ่ายทอดไปสู่รุ่นต่อๆ ไปในประชากร (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล, 2552)

2.9.1 ความสำคัญของความหลากหลายทางพันธุกรม

ทำให้มีศักยภาพในกระบวนการเกิดวิวัฒนาการความแปรผันทางพันธุกรรม ซึ่งเป็นสิ่งสำคัญพื้นฐานในกระบวนการคัดเลือกตามธรรมชาติ สิ่งมีชีวิตแต่ละตัวในประชากรหนึ่ง อาจมีความแตกต่างกันทางด้านความสามารถในการสืบพันธุ์ และการอยู่รอดได้ดีกว่าสิ่งมีชีวิตตัวอื่นๆ ประชากรหนึ่งๆ ต้องเปลี่ยนแปลงไปตามกาลเวลา

2.9.2 การสูญเสียคุณสมบัติ Fitness ของประชากร

ประชากรใดก็ตามสูญเสียความหลากหลายทางพันธุกรรม มักจะประสบกับปัญหาต่างๆ ที่เกิดขึ้นกับประชากรนั้นๆ ได้แก่ระดับความสมบูรณ์พันธุ์คงที่ อัตราการตายสูงในรุ่นลูก ความสามารถในการสืบพันธุ์ต่ำ ซึ่งเรียกคุณสมบัติเหล่านี้ของประชากรว่า Fitness ของประชากร (ปะภาภรณ์ ชูศรี, 2555)

2.9.3 ค่าที่บอกถึงความหลากหลายทางพันธุกรรม

1. ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร

1.1 percent polymorphic loci คือสัดส่วนของยีนที่มี allele มากกว่า 1 allele คิดเป็นร้อยละของจำนวนยีนที่ศึกษาทั้งหมด

1.2 number of alleles per locus คือการนับจำนวน allele ทั้งหมดทุกตำแหน่ง หารด้วยจำนวนตำแหน่งของยีนทั้งหมด

1.3 Heterozygosity คือความถี่ของ heterozygous (ยีนที่มี allele ต่างกัน) ต่อยีน 1 ตำแหน่ง

- Ho (observed heterozygosity) คือสัดส่วนของ heterozygous ยีโนไทพ์เฉลี่ยต่อตำแหน่ง คำนวณจากข้อมูลจริง

- He (expected heterozygosity) ได้จากการคำนวณทางอ้อม โดยมีสมมติฐานว่าประชากรอยู่ในสภาพสมดุล

- ความถี่ของ homozygosity = p2 + q2 และ ความถี่ของ heterozygosity = 1 – q2

ถ้าประชากรไม่อยู่ในสมดุลของฮาร์ดี - ไวน์เบอร์ก (He > Ho) แสดงว่าสัดส่วนของ heterozygosity ต่ำกว่าที่ควร อาจเกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่างเครือญาติ การคัดทิ้ง การปะปนกันของประชากร 2 ประชากร

ถ้า Ho > He แสดงว่าสัดส่วนของ heterozygosity สูงกว่าที่ควร อาจเกิดจาก homozygous มีอัตราการรอดต่ำกว่า heterozygous

ค่า heterozygosity เฉลี่ยมีค่าสูงต่ำแตกต่างกันตามชนิดของสัตว์และแปรผันตรงกับจำนวนพ่อแม่พันธุ์ในประชากร (effective population size – Ne)

2. ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร

2.1 ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) เป็นค่าที่บ่งบอกจำนวนของยีนที่มีการเปลี่ยนแปลงไปภายในยีนแต่ละตำแหน่ง หลังจากที่ประชากรทั้งสองกลุ่มเริ่มแยกออกจากกัน คำนวณได้จากค่า genetic identity (I)

2.2 แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (phylogenetic dendrogram) การนำข้อมูลที่ได้ไปสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ ด้วยวิธี UPGMA (unweighted pair group method)

2.3 สัมประสิทธิ์ F (F coefficients)

- Fst เป็นค่าที่วัดระดับความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรต่างๆ หากค่า Fst สูง หมายความว่า กลุ่มประชากรนั้นมีการแบ่งออกเป็นประชากรย่อยจริง

- Fis เป็นค่าที่บอกระดับการเบี่ยงเบนจากสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบอร์กของประชากรย่อย

- Fit เป็นค่าที่บอกระดับความเบี่ยงเบนจากสมดุลของฮาร์ดี-ไวนเบอร์กของประชากรทั้งหมด (ชลีไพบูลย์ กิจกุล)

2.9.4 ประชากรทางพันธุศาสตร์

หมายถึง กลุ่มของสิ่งมีชีวิตที่อยู่รวมกัน สืบพันธุ์โดยอาศัยเพศ มีความสัมพันธ์ และผสมพันธุ์กันภายในกลุ่ม ทำให้ประชากรเป็นแหล่งรวมของยีน หรือลักษณะต่างๆของสิ่งมีชีวิตนั้นๆ

ความถี่ของยีน (genetic frequency) หมายถึงอัตราส่วนของยีนใดๆ ที่ศึกษาเมื่อเปรียบเทียบกับยีนทั้งหมดของยีนตำแหน่งเดียวกันในประชากรนั้นซึ่งคำนวณได้จาก

$$\text{ความถี่ของยีนใดยีนหนึ่ง} = \frac{\text{จำนวนยีนชนิดนั้น}}{\text{จำนวนของยีนทั้งหมดในตำแหน่งเดียวกัน}}$$

ความถี่ของยีนทั้งหมดรวมกันมีค่าเท่ากับ 1

$$\text{ความถี่ของจีโนไทป์ใดจีโนไทป์หนึ่ง} = \frac{\text{จำนวนจีโนไทป์ชนิดนั้น}}{\text{จำนวนของจีโนไทป์ทั้งหมดในตำแหน่งเดียวกัน}}$$

ความถี่ของจีโนไทป์ทั้งหมดรวมกันมีค่าเท่ากับ 1

การผสมแบบสุ่ม (random mating) หมายถึงการที่จีโนไทป์ทุกจีโนไทป์ของเพศผู้ และเพศเมียในประชากรมีโอกาสเท่ากันในการผสมพันธุ์กัน

2.9.5 สมดุลฮาร์ดี – ไวน์เบอร์ก

ฮาร์ดี (G.H.Hardy) นักคณิตศาสตร์ชาวอังกฤษ และไวน์เบอร์ก (W.Weinberg) นายแพทย์ชาวอเมริกันนักพันธุศาสตร์ประชากรทั้ง 2 ได้แสดงด้วยหลักคณิตศาสตร์ว่า ถ้าประชากรมีขนาดใหญ่มาก และการผสมพันธุ์ในประชากรนั้นเป็นไปโดยไม่มีการเจาะจงคู่ หรือเป็นไปโดยวิธีสุ่มโดยไม่มีปัจจัยสำคัญภายนอกในการเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีน สัดส่วนของอัลลีล จะเป็นตัวกำหนดสัดส่วนของ Genotype และสัดส่วน genotype จะคงที่ในรุ่นต่อๆ ไป

ประชากรจะอยู่ในสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบอร์กได้ จะต้องมีเงื่อนไขดังนี้

1. ประชากรมีขนาดใหญ่
2. ไม่มีการถ่ายเทเคลื่อนย้ายยีนระหว่างกลุ่มประชากร
3. ไม่เกิดมิวเทชัน ซึ่งจะทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของแอลลีลในประชากร
4. สมาชิกทุกตัวมีโอกาสผสมพันธุ์ได้เท่ากัน
5. ไม่เกิดการคัดเลือกโดยธรรมชาติ โดยสิ่งมีชีวิตทุกตัวมีโอกาสอยู่รอด และประสบความสำเร็จในการสืบพันธุ์ได้เท่าๆ กัน

ประชากรที่มีอัตราส่วนของยีน และจีโนไทป์คงที่นี้เรียกว่า เป็นประชากรที่สมดุล (Equilibrium population) สมมติว่ามียีน 1 คู่ ซึ่งมี 2 อัลลีล คือ A และ a อันมีอัตราส่วน p และ q ตามลำดับ

ดังนั้น ประชากรซึ่งมียีนนี้จะสร้างหน่วยสืบพันธุ์ 2 ชนิด คือ A และ a ในอัตราส่วน p และ q ตามลำดับ (เนื่องจากยีนมีเพียง 2 อัลลีล คือ A และ a) ดังนั้น $p + q = 1$

ดังนั้น อัตราส่วนของ genotype ในชั่วลูก จะได้จากการคูณกันระหว่างอัตราส่วนของหน่วยสืบพันธุ์ของพ่อ และแม่ คือจะได้ว่า

$$[P(A) + q(a)]^2 = p^2(AA) + 2pq(Aa) + q^2(aa)$$

Genotype AA จะมีอัตราส่วน = p^2

Genotype Aa จะมีอัตราส่วน = $2pq$

Genotype aa จะมีอัตราส่วน = q^2

2.9.6 ปัจจัยที่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีน

1. การกลาย (mutation) เป็นการเปลี่ยนแปลงของลักษณะพันธุกรรม และลักษณะที่เปลี่ยนแปลงไปนั้นสามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นต่อไปได้ อาจเป็นการเปลี่ยนแปลงของยีนจากสภาพหนึ่งไปเป็นอีกสภาพหนึ่ง เช่น เปลี่ยนจากยีนเด่นไปเป็นยีนด้อย หรือจากยีนด้อยไปเป็นยีนเด่น หรืออาจเกิดขึ้นทั้งสองทิศทาง ถ้ายีน A เปลี่ยนไปเป็นยีน a ในอัตราที่มากกว่ายีน a เปลี่ยนไปเป็นยีน A จะทำให้ความถี่ของยีน A ในประชากรค่อยๆลดลง และความถี่ของยีน a ค่อยๆ เพิ่มขึ้น นอกจากนี้ยังอาจเกิดขึ้นได้จากการเปลี่ยนแปลงรูปร่าง หรือจำนวนโครโมโซม

2. การอพยพ (migration) เป็นการเคลื่อนย้ายของสมาชิกจากประชากรหนึ่งไปยังอีกประชากรหนึ่ง ประชากรหนึ่งมีการอพยพออก และอีกประชากรหนึ่งมีการอพยพเข้าทำให้ความถี่ของยีนในประชากรทั้ง 2 ประชากรมีการเปลี่ยนแปลงไป เช่น พวกจีโนไทป์ aa อพยพจากประชากรแรกไปสู่ประชากรที่สอง ประชากรแรกจะมีความถี่ของยีน a ลดลง และความถี่ของยีน A เพิ่มขึ้น ประชากรที่สองมีความถี่ของยีน a เพิ่มขึ้น และความถี่ของยีน A ลดลง

3. การคัดเลือก (selection) เป็นการคัดเอาลักษณะบางลักษณะทิ้งไปจากประชากร ทำให้ยีนที่ควบคุมลักษณะที่ถูกคัดทิ้งนั้นมีความถี่น้อยลง ความถี่ของยีนอีกตัวหนึ่งมากขึ้น การคัดเลือกอาจเกิดจากการกระทำของมนุษย์ที่คัดเลือกเอาลักษณะที่ดีเอาไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์ หรืออาจเกิดขึ้นตามธรรมชาติเนื่องจากความแตกต่างของความสมบูรณ์พันธุ์ ความสามารถในการผลิตลูกหลาน และความสามารถในการอยู่รอด เช่น สัตว์ที่มีจีโนไทป์ aa ขนสีขาว เมื่ออยู่ในป่าเป็นเหยื่อของสัตว์ใหญ่ได้ง่ายกว่าพวกขนสีดำที่มีจีโนไทป์ AA และ Aa พวกจีโนไทป์ aa จะถูกคัดทิ้งไปเรื่อยๆ ทำให้ความถี่ของยีน a ลดลง และความถี่ของยีน A เพิ่มขึ้น

4. การเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีนแบบไม่มีทิศทาง (genetic drift) เป็นผลจากการเปลี่ยนแปลงขนาดของประชากรจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่ง ในประชากรขนาดใหญ่มีการผสมพันธุ์แบบสุ่มเกิดขึ้นจะมีผลทำให้ความถี่ของจีโนไทป์คงที่ตลอดไป แต่ถ้าเป็นประชากรขนาดเล็ก จะไม่มีการผสมแบบสุ่ม ทำให้มีการเปลี่ยนแปลงความถี่ของยีนขึ้นๆลงๆ อยู่ตลอดเวลา ขึ้นกับโอกาสที่เซลล์สืบพันธุ์แต่ละชนิดของทั้งสองฝ่ายมารวมเป็นลูก

2.10 โครโมโซม (Chromosome)

เป็นที่อยู่ของสารพันธุกรรม หรือดีเอนเอ (DNA) รวมถึงหน่วยพันธุกรรมหรือยีน(gene) ซึ่งทำหน้าที่ควบคุมและถ่ายทอดข้อมูล เกี่ยวกับ ลักษณะทางพันธุกรรมต่างๆ ของสิ่งมีชีวิต เช่น ลักษณะของเส้นผม ลักษณะสีของดวงตา เพศ และผิว ในช้างแอฟริกา (*Loxodonta africana*) และช้างเอเชีย (*Elephas maximus*) มีจำนวนโครโมโซมเท่ากัน คือ 56 แท่ง หรือ 28 คู่ (Houck, Kumamoto, Gallagher, & Benirschke, 2001)

ดีเอนเอ คือ สารพันธุกรรม ความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด เกิดจากการเรียงตัวของเบสในโมเลกุลของ DNA ที่แตกต่างกัน ได้แก่ อะดีนีน (adenine), ควอนีน (guanine), ไซโตซีน (cytosine) และ ไทมีน (thymine) ทำให้สิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด แต่ละสายพันธุ์ มีรหัสพันธุกรรมที่มีความเป็นเอกลักษณ์ เกิดความแตกต่างกัน

2.11 การเพิ่มปริมาณ DNA โดยวิธี PCR(Polymerase chain reaction)

PCR (Polymerase chain reaction) หรือ *In vitro* enzymatic gene amplification เป็นการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วน DNA เฉพาะส่วนที่เราต้องการศึกษา ให้มีจำนวนมากขึ้นกว่าเดิมหลายล้านเท่าในหลอดทดลอง โดยอาศัยหลักการจำลองตัวของสาย DNA (DNA Replication) เลียนแบบกระบวนการสังเคราะห์ DNA ในสิ่งมีชีวิตตามธรรมชาติ ที่มีการสร้างสาย DNA สายใหม่อีกหนึ่งสายจาก DNA สายเดิม ค้นพบปฏิกิริยา PCR ครั้งแรกเมื่อปี 1985 โดย Kary Mullis และคณะ เราเรียก DNA ที่ทราบลำดับเบส ว่า DNA primer และเรียก DNA ที่เป็นต้นแบบเพื่อเพิ่มปริมาณว่า template DNA

ขั้นตอนการทำปฏิกิริยา PCR มี 3 ขั้นตอน ดังนี้

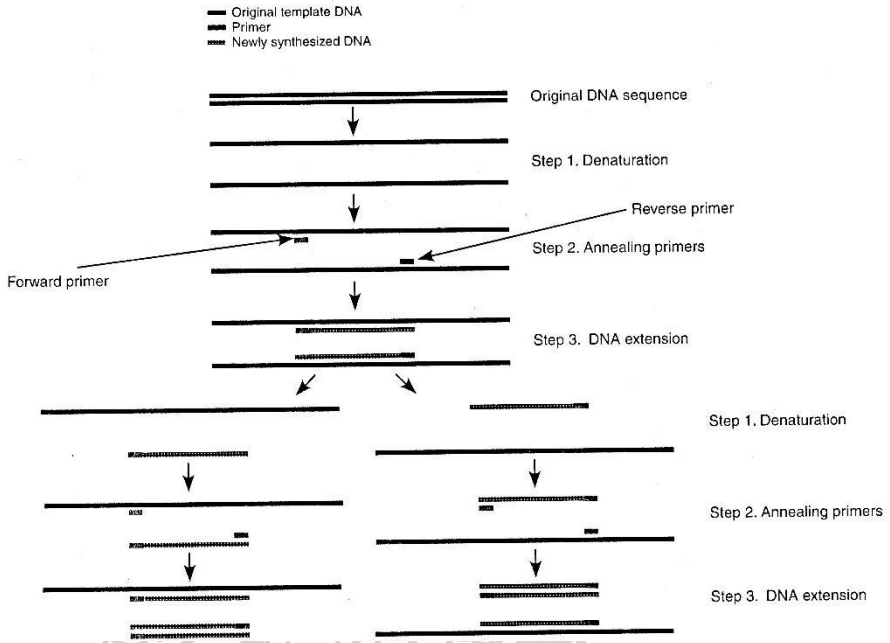
1. การแยกสาย DNA เกลียวคู่ออกจากกัน (Denaturation) DNA ที่เป็นต้นแบบ(template DNA) มีลักษณะสองสายพันเป็นเกลียวคู่ (Double helix) เมื่อเพิ่มอุณหภูมิในหลอดทดลอง ประมาณ 91-96 องศาเซลเซียส จะทำให้พันธะไฮโดรเจนระหว่างคู่เบสของ DNA ถูกทำลาย ทำให้เส้น DNA แยกออกจากกัน โดยขั้นตอนนี้จะแตกต่างจากการสังเคราะห์ DNA ในธรรมชาติ คือในสิ่งมีชีวิติจะมี

เอนไซม์ Helicase ช่วยในการแยกสายและคลายเกลียว DNA แล้ว DNA สายเดี่ยวที่ได้นี้จะเป็นต้นแบบของ DNA สายใหม่

2. การจับของไพร์เมอร์กับ DNA แม่แบบ (Annealing) เมื่อลดอุณหภูมิในหลอดทดลองให้เหลือประมาณ 40-62 องศาเซลเซียส DNA สังเคราะห์ขนาดสั้นประมาณ 15-25 เบส ที่เรียกว่า ไพร์เมอร์ (Primer) เข้ามาจับบริเวณที่มีลำดับเบสคู่สมกัน ในการสังเคราะห์ DNA ไม่สามารถที่จะเริ่มจากศูนย์ได้เนื่องจากเอ็นไซม์ DNA polymerase ต้องการปลาย-OH ทางด้าน 3'เพื่อนำนิวคลีโอไทด์มาต่อ ซึ่งในสิ่งมีชีวิตจะมีเอ็นไซม์ Primase เป็นตัวสร้าง RNA ไพรเมอร์ขึ้น

3. การสังเคราะห์ DNA สายใหม่ (Extension) โดยมี DNA สายเดี่ยวเป็นต้นแบบ สร้างสาย DNA ต่อจาก primer โดยมีสารละลายบัฟเฟอร์ที่เหมาะสม มีเอนไซม์ Taq DNA polymerase ที่ทนความร้อนช่วยสร้าง DNA สายใหม่ มีวัตถุดิบที่จำเป็นในการสร้างสาย DNA คือ Deoxynucleotide triphosphase (dNTPs) และอุณหภูมิที่เหมาะสม ประมาณ 70-75 องศาเซลเซียส primer จะถูกสร้างต่อไป จาก 5′ ไปหา 3′ และลำดับเบสที่สร้างขึ้นมาใหม่จะเป็นคู่สมกับ DNA สายเดี่ยวที่เป็นต้นแบบ DNA สายใหม่จึงเป็น antiparallel กับ DNA ต้นแบบ

จากขั้นตอนที่ 1-3 ซึ่งนับเป็นจำนวน 1 รอบ DNA ต้นแบบ 2 สาย กลายเป็น DNA 4 สาย และในรอบต่อไป DNA ต้นแบบ และDNA สายใหม่ จะกลายเป็น DNA ต้นแบบของรอบถัดไปเรื่อยๆ ในรอบที่สองก็จะได้ DNA 8 สาย จึงเห็นได้ว่าจะมีการเพิ่มปริมาณ DNA แบบทวีคูณ (exponential rate) จะได้ DNA = 2^n โดยที่ n คือรอบของ PCR ปฏิกิริยา 30–40 รอบ สามารถเพิ่มปริมาณสารดีเอ็นเอได้ไม่น้อยกว่าพันล้านเท่า ดังนั้น แม้ตัวอย่างที่นำมาศึกษามีปริมาณสารพันธุกรรมน้อยมาก เราสามารถใช้เทคนิค PCR เพิ่มจำนวนได้หลายเท่าทวีคูณ (อำไพวรรณ จวนสัมฤทธิ์ & ธันยชัย สุระ, 2534)



ภาพที่ 3 แสดงขั้นตอนการทำปฏิกิริยา PCR

ที่มา : (Freeland, Kirk, & Petersen, 2011)

2.12 เครื่องหมายทางพันธุกรรม (Genetic Markers)

เป็นชิ้นส่วนของ DNA ที่บ่งบอกถึงตำแหน่งของยีนที่ต้องการศึกษา โดยยีนที่ต้องการศึกษานั้นสามารถตรวจสอบได้ง่ายในห้องปฏิบัติการ เครื่องหมายพันธุกรรมที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสัตว์นั้น มีหลากหลายชนิด เช่น

2.12.1 RFLP (Restriction fragment length polymorphism)

RFLPs ถูกพัฒนาขึ้นเมื่อปี ค.ศ. 1980 เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ใช้จำแนกความแตกต่างของขนาด DNA โดยใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ ตัด DNA ตำแหน่งที่แน่นอนบนโครโมโซมที่สามารถถ่ายทอดทางพันธุกรรมได้ แบบอัลลีลที่มีความเด่นร่วมกัน (codominant alleles) ให้ขาดเป็นท่อนๆ มีขนาดแตกต่างกัน เทคนิค RFLPs มีประโยชน์ในด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ การศึกษาการเปลี่ยนแปลงความผันแปรของ DNA การตรวจสอบพันธุ์ประวัติ การศึกษาการกลายพันธุ์ในสัตว์ การตรวจสอบยีนต้านทานโรค และสามารถใช้สร้างแผนที่ทางพันธุกรรม ใช้ติดตามการถ่ายทอดลักษณะผิดปกติของ DNA จากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่งได้ (หัทยา กาวีวงศ์, 2549) ข้อจำกัดของวิธี RFLP คือ ใช้ปริมาณ DNA จำนวนมาก DNA ที่จะนำมาทดสอบต้องมีคุณภาพดีและอยู่ใน

สภาพที่สมบูรณ์ ไม่ถูกย่อยสลาย และใช้เวลาในการทดสอบนาน 6-8 สัปดาห์ นอกจากนี้การทดสอบต้องใช้ผู้มีประสบการณ์สูง (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล, 2545)

2.12.2 AFLPs (Amplified fragment length polymorphism)

เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะร่วมกับการเพิ่มจำนวน DNA ด้วยวิธี PCR เข้าเชื่อมต่อที่ปลายของชิ้นส่วนของ DNA และทำหน้าที่เป็นตำแหน่งที่จับของ primer ในการทำ PCR สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการทำลายพิมพ์ DNA การจำแนกความแตกต่าง ซึ่งเป็นประโยชน์ใช้ในการจัดทำพันธุ์ประวัติได้อย่างแม่นยำ ข้อดีของเทคนิคเอเอฟเอลพี คือ ไม่ต้องการข้อมูลลำดับเบสของ DNA จึงทำได้อย่างกว้างขวาง ทำได้รวดเร็ว และใช้ปริมาณ DNA เริ่มต้นน้อย นำไปเพิ่มปริมาณได้โดยวิธี PCR จึงมีประสิทธิภาพสูงในการทำปฏิกิริยาครั้งหนึ่งๆ สามารถตรวจ DNA ได้หลายตำแหน่งพร้อมกัน แต่เทคนิค AFLPs มีข้อเสียคือ เป็นวิธีการที่ค่อนข้างซับซ้อน และไม่เหมาะสำหรับใช้เปรียบเทียบสิ่งมีชีวิตที่มีความแตกต่าง หรือความเหมือนกันมากๆ ไม่สามารถแยกความแตกต่างของจีโนไทป์ได้ และยังใช้ต้นทุนสูงมาก จึงไม่ค่อยได้รับความนิยมมากนัก

2.12.3 SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms)

สนิปส์ เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม แสดงถึงความแตกต่างที่เกิดจากการเปลี่ยนแปลงในระดับของนิวคลีโอไทด์ เพียงตำแหน่งเดียว ที่ก่อให้เกิดผลที่แตกต่างกันทางกายภาพ ซึ่งได้รับความนิยมในการนำมาใช้ด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เนื่องจากมีอัตราการกลายพันธุ์ต่ำ และอยู่บนยีนที่มีการแสดงออกจึงได้ความแม่นยำสูง และใช้ในการคัดเลือกสัตว์ระยะยาวได้ สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการวินิจฉัย การรักษา และการป้องกันโรคได้ (ปะภาภรณ์ ชูศรี, 2555)

2.12.4 ISSR markers(Inter Simple Sequence Repeat market)

เป็นเครื่องหมายพันธุกรรมที่อาศัยการเรียงลำดับเบสซ้ำๆ ที่กระจายตลอดทั้งจีโนม โดยการสกัด DNA ที่ต้องการศึกษาออกมา จากนั้นนำมาทำการเพิ่มจำนวน DNA โดยวิธี PCR ทำการแปลผล DNA โดยใช้เทคนิค Eletrophoresis นำผลที่ได้มาเปรียบเทียบขนาดของ DNA แปลผลโดยวัดจากความหลากหลายของชิ้นส่วน ISSR ที่พบในตัวอย่างที่ศึกษา เปรียบเทียบความหลากหลายของแถบ DNA

2.12.5 ไมโครแซทเทลไลท์

คือ เครื่องหมายพันธุกรรมที่นิยมใช้กันอย่างแพร่หลาย เนื่องจากสามารถใช้ระบุความหลากหลายภายในกลุ่มประชากร และสามารถบ่งชี้ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรที่อาศัยบริเวณใกล้เคียงกันได้ดีกว่าเครื่องหมายประเภทอื่นๆ ซึ่งไมโครแซทเทลไลท์ เป็นกลุ่ม DNA ที่มี

เบสซ้ำ (repetitive DNA) เรียงต่อเนื่องกันอยู่ที่ตำแหน่งหนึ่งๆ ในจีโนม พบมากในจีโนมของสิ่งมีชีวิตชั้นสูง ความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตที่เกิดขึ้นนั้นเป็นผลเนื่องมาจาก จำนวนครั้งของเบสซ้ำของไมโครแซทเทลไลท์ในโลกัสหนึ่งๆ โดยทั่วไปไมโครแซทเทลไลท์ประกอบด้วยเบสซ้ำต่อเนื่อง (tandem repeat) ตั้งแต่ 1-6 เบส ตัวอย่างเช่น เบสซ้ำหนึ่งเบสเรียกว่า mono-nucleotide repeat เช่น (A)n เบสซ้ำสองเบสเรียกว่า di-nucleotide repeat เช่น (GA)n เบสซ้ำสามเบสเรียกว่า tri-nucleotide repeat เช่น (TAA)n และ เบสซ้ำสี่เบสเรียกว่า tetra-nucleotide repeat เช่น (GATA)n โดยที่ n เป็นจำนวนครั้งของเบสซ้ำ ลำดับเบสแบบไมโครแซทเทลไลท์นี้มีการกระจายตัวทั้งจีโนม แต่การกระจายตัวไม่สม่ำเสมอบางบริเวณพบมากบางบริเวณพบน้อยตามแต่ชนิดของสิ่งมีชีวิต การกระจายตัวของไมโครแซทเทลไลท์ส่วนใหญ่อยู่ในบริเวณที่ไม่ใช่ยีน หรือส่วนนำรหัสของยีน (non-coding region) โดยเฉพาะพวกที่ชุดซ้ำมีขนาดไม่เท่ากับ 3 เบสเพราะถ้าเกิดการเปลี่ยนแปลงจำนวนของชุดซ้ำจะทำให้เกิดการกลายพันธุ์ มีส่วนน้อยที่พบอยู่ส่วนนำรหัสของยีน หรือส่วนที่เกี่ยวข้องกับการแสดงออกของยีน เนื่องจากลำดับเบสแบบไมโครแซทเทลไลท์มีการกระจายอยู่ทั่วไปในจีโนมจึงมักมีลำดับเบสที่จำเพาะ (unique sequences) อยู่ขนาบข้างกับเบสซ้ำต่อเนื่อง จากลักษณะเฉพาะของลำดับเบสนี้ สามารถนำมาพัฒนาเป็นเครื่องหมาย DNA ได้โดยการออกแบบไพรเมอร์ที่สามารถเข้าคู่กับเบสจำเพาะ (unique sequences) เหล่านี้ซึ่งเรียกว่า “ไมโครแซทเทลไลท์ไพรเมอร์ หรือเอสเอสอาร์ไพรเมอร์” ไพรเมอร์เหล่านี้จะใช้เป็นจุดเริ่มต้นของการเพิ่มปริมาณ DNA ของส่วนที่เป็นเบสซ้ำต่อเนื่องที่อยู่ระหว่างเบสจำเพาะ ความหลากหลายของชิ้นส่วน DNA ขนาดต่างๆ เป็นผลมาจากจำนวนครั้งของเบสซ้ำที่ไม่เท่ากัน ซึ่งจะใช้บ่งบอกความแตกต่างระหว่างสิ่งมีชีวิตได้ (พัชรี ลาโคตร, 2552)

การศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์ในระดับโมเลกุล เป็นการศึกษาถึงความแตกต่างของยีนที่ทำหน้าที่ควบคุมการแสดงออกของลักษณะต่างๆ ของสิ่งมีชีวิต การศึกษานี้มีประโยชน์อย่างมาก ที่จะนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ การใช้เป็นเครื่องหมายในการตรวจสอบในระดับยีน หรือ DNA เช่น ใช้เป็นเครื่องหมายในการคัดเลือก (marker-assisted selection) การจำแนกสายพันธุ์ เพื่อตรวจสอบความบริสุทธิ์ของสายพันธุ์ การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสายพันธุ์เพื่อการรวบรวมพันธุ์การทำแผนที่ทางพันธุกรรม (genetic mapping) เครื่องหมายโมเลกุล DNA ที่นิยมใช้กันอย่างแพร่หลาย คือ เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล, 2552)

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยวิธีไมโครแซทเทลไลท์ มีการนำไปใช้ศึกษาในช้างอินเดีย (Duangsmorn et al., 2010; Kongrit et al., 2008) และศึกษาในช้างแอฟริกา (Archie et al., 2003 ; Gugala, Ishida, Georgiadis, & Roca, 2016; Whitehouse & Harley, 2001) ซึ่งเป็นการศึกษาโดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์ มาร์คเกอร์ จำนวนไม่น้อยกว่า 10 ตำแหน่ง

Duangsmorn Suwattana et al., (2010) ใช้ไมโครแซทเทลไลท์ DNA ชนิดเตตร้านิวคลีโอไทล์ 10 ตำแหน่ง ให้ผลที่มีประสิทธิภาพสูงในการตรวจวิเคราะห์ข้อมูลพันธุกรรมของช้างไทย เมื่อนำข้อมูลไปใช้เป็นลายพิมพ์ DNA เฉพาะตัวของช้างไทย ซึ่งให้ผลถูกต้อง และแม่นยำในการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางสายเลือดสูงถึง 99.99998783% และมีความแม่นยำสูงถึง 99.91%

Ahlering et al., (2010) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในช้างเอเชีย (*Elephas maximus*) ในประเทศลาว จำนวน 102 ตัวอย่าง โดยใช้ microsatellite merker จำนวน 10 ตำแหน่ง ได้ค่าเฉลี่ย number of alleles เท่ากับ 8 และค่า observed heterozygosity เท่ากับ 0.711

Li Zhang et al., (2015) ทำการศึกษาพันธุกรรมช้างในประเทศจีน โดยเก็บตัวอย่างจากมูลช้างจำนวน 654 ตัวอย่าง ใช้ microsatellite merker 9 ตำแหน่ง หาความหลากหลายทางพันธุกรรมเปรียบเทียบช้างเอเชีย (*Elephas maximus*) จาก 5 พื้นที่ ได้ค่าเฉลี่ยของ Observed number of alleles เท่ากับ 3.22, Effective number of alleles เท่ากับ 1.66, Shannon Information Index เท่ากับ 0.60, Nei's Gene Diversity เท่ากับ 0.38, Observed Heterozygosity เท่ากับ 0.34, Expected Heterozygosity เท่ากับ 0.33 และ Polymorphic Information Content เท่ากับ 0.29

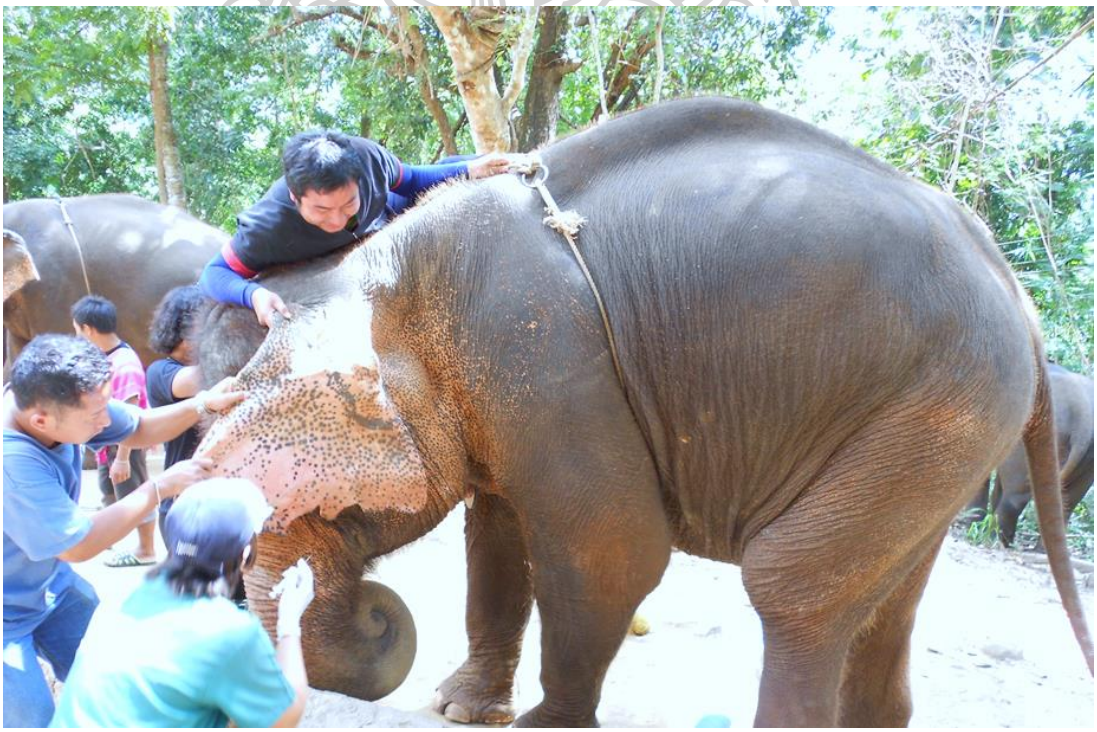
Whitehouse & Harley, (2001) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างแอฟริกาของประชากรช้างในอุทยานแห่งชาติ Kruger และประชากรช้างในอุทยานแห่งชาติ Addo เก็บตัวอย่างจากเนื้อเยื่อช้างในอุทยานแห่งชาติ Addo โดยใช้ปืนเก็บเนื้อเยื่อ (biopsy dart) และตัวอย่างเนื้อเยื่อจากช้างที่ถูกฆ่า ในปี 1920 เนื้อเยื่อถูกเก็บไว้ในพิพิธภัณฑ์ เก็บตัวอย่างจากผิวหนังของช้างในอุทยานแห่งชาติ Kruger จำนวน 111 ตัวอย่าง เปรียบเทียบความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ microsatellite merker 9 ตำแหน่ง ได้ค่า number of alleles ระหว่าง 1-6 ค่าเฉลี่ยของอัลลีลของช้างในอุทยานแห่งชาติ Addo เท่ากับ 1.89 และ ช้างในอุทยานแห่งชาติ Kruger เท่ากับ 3.89

บทที่ 3

วิธีดำเนินงานวิจัย

3.1 การเก็บตัวอย่าง

ทำการเก็บตัวอย่างเลือดช้างทั้งหมด 86 ตัวอย่าง โดยแบ่งช้างออกเป็นสองกลุ่มประชากร ประชากรแรกเป็นช้างที่อาศัยในภาคเหนือ และมีพันธุ์ประวิติพ่อแม่เป็นช้างภาคเหนือ จำนวน 55 เชือก และช้างที่อาศัยในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และมีพันธุ์ประวิติพ่อแม่เป็นช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 31 เชือก (รายละเอียดดังตารางที่ 3) ทำการเก็บตัวอย่างเลือดช้างโดยใช้ไซริงค์ขนาด 3 ml. และเข็มเบอร์ 18 ยาว 1 นิ้ว เก็บตัวอย่างเลือดจากเส้นเลือดดำบริเวณใบหู (ear vein) ปริมาณ 1 ml. นำเลือดที่ได้ใส่ในหลอดเก็บเลือด (eppendorp) ขนาด 1.5 ml. ที่มีสารป้องกันการแข็งตัวของเลือด (EDTA) 0.5 mM ปริมาตร 100 µl และเก็บตัวอย่างเลือดช้างในลังบรรจุน้ำแข็ง หลังจากนั้นนำไปเก็บที่อุณหภูมิ –20 องศาเซลเซียส ทำการเก็บตัวอย่างเลือดช้างในเดือน ตุลาคม พ.ศ. 2557



ภาพที่ 4 การเก็บตัวอย่างเลือดช้าง

ตารางที่ 3 แสดงรายละเอียดสถานที่เก็บตัวอย่าง และถิ่นกำเนิดของช้างตัวอย่าง

ถิ่นกำเนิดของช้าง	จำนวนตัวอย่าง
เชียงใหม่, ตาก, แม่ฮ่องสอน, เพชรบูรณ์, แพร่	55
ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ	31

3.2 สกัด DNA

ทำการสกัด DNA จากตัวอย่างเลือดช้าง โดยใช้ DNA Trap II จากห้องปฏิบัติการ DNA Technology มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ โดยมีวิธีสกัด DNA ดังนี้

1. นำตัวอย่างเลือดปริมาตร 100 µl ใส่ลงในหลอดเก็บตัวอย่างขนาด 1.5 ml. เติม trapping buffer ปริมาตร 200 µl ผสมให้เข้ากันด้วย vortex
2. นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 1,000 rpm เป็นเวลา 1 นาที และเทส่วนใสด้านบนทิ้ง ระวังอย่าให้ตะกอนหลุด
3. เติม extraction buffer II ปริมาตร 500 µl ลงในหลอดที่มีตะกอนอยู่ ใช้เครื่อง vortex ทำให้ตะกอนแตกตัว
4. นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 1,000 rpm เป็นเวลา 1 นาที และเทส่วนใสด้านบนทิ้ง ระวังอย่าให้ตะกอนหลุด
5. เติม washing buffer I ปริมาตร 500 µl ลงในหลอดที่มีตะกอนอยู่ ใช้เครื่อง vortex ทำให้ตะกอนแตกตัว
6. นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 1,000 rpm เป็นเวลา 1 นาที และเทส่วนใสด้านบนทิ้ง ระวังอย่าให้ตะกอนหลุด
7. ทำซ้ำข้อที่ 5-6
8. เติม extraction buffer II ปริมาตร 500 µl ลงในหลอดที่มีตะกอนอยู่ ใช้เครื่อง vortex ทำให้ตะกอนแตกตัว
9. นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 1,000 rpm เป็นเวลา 1 นาที และเทส่วนใสด้านบนทิ้ง ระวังอย่าให้ตะกอนหลุด

10. ทำให้ตะกอนแห้งโดยวางไว้ที่อุณหภูมิห้อง หรือใส่ในตู้ควบคุมอุณหภูมิที่ 65 ºC เมื่อตะกอนแห้ง เติม elution buffer 100 µl แล้วใช้เครื่อง vertex ทำให้ตะกอนแตกตัว

11. นำไปใส่ในตู้ incubator 65 °C เป็นเวลา 1 ชั่วโมง

12. นำออกจากตู้ incubator แล้วนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 rpm เป็นเวลา 10 นาที

13. ดึงเฉพาะส่วนใสมาใส่หลอดใหม่

14. ตรวจสอบคุณภาพ และปริมาณของ DNA ที่สกัดได้ (โดยการเปรียบเทียบกับ DNA มาตรฐานที่ทราบความเข้มข้น) โดยใช้ 1% agarose gel electrophoresis และย้อมแผ่นเจลด้วยสารละลาย ethidium bromide ตรวจดูแถบ DNA บนแผ่น agrose gel โดยส่องด้วยแสงอัลตราไวโอเลต บันทึกผลด้วยการถ่ายภาพ

15. เก็บ DNA ที่สกัดไว้ในตู้เย็น 4 ºC จนกระทั่งถึงเวลาที่จะนำมาใช้งาน

3.3 การเพิ่มปริมาณชิ้นส่วน DNA โดยวิธีไมโครแซทเทลไลท์

นำ DNA ที่ได้มาเจือจางให้ได้ความเข้มข้น 5 ng/µl และทำการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วน DNA ที่ต้องการโดยใช้ primer จำนวน 18 primer (Archie et.al., 2003; Duangsmorn et.al., 2010)

DNA เริ่มต้น 10 ng, primer สายละ 0.5 pmol, 1X Taq buffer, 1.5 mM $MgCl_2$, 0.2 mMdNTPs และเอนไซม์ Taq DNA polymerase 0.5 unit ในปริมาณทั้งหมด 10 µl ผสมเข้าด้วยกันแล้วนำไปใส่เครื่องควบคุมอุณหภูมิ (GeneAmp® PCR System 9700 (Applied Biosystem)) โดยใช้อุณหภูมิต่างๆ ดังนี้

94 °c	5	นาที	
94 °c	30	วินาที	┐
* °c	30	วินาที	├ 35 รอบ
72 °c	2	นาที	┘
72 °c	5	นาที	

** อุณหภูมิ annealing ที่ใช้ในแต่ละ primer แสดงในตารางที่ 3

หลังเสร็จปฏิกิริยา หยุดปฏิกิริยาด้วย 5 µl Loading buffer (10 mM EDTA (pH 8.0), 98% formamide, bromophenol blue &xylenecyanol)

ตารางที่ 4 แสดง primer และอุณหภูมิ annealing ที่ใช้ในปฏิกิริยา PCR

Loci	Repeat motif	Primer sequence(5′- 3′)	*Ta (°c)	Accession no.
LaT06	(CCAT)13	F:AGCCAGGCACATTAAGTGT	52	AY172174
		R:TCTCCTAGAAAAGGTTACCACA		
LaT08	(TAGA)16	F:ATGGACAGGCAGAAAGATTT	56	AY172176
		R:TCCCAATAACAGGATAGCATT		
LaT13	(CATC)21	F:TGAGCTTCTGTAGGCTCTGA	56	AY172177
		R:GCACTCGATAAACAGTGTTGA		
LaT16	(GGAT)3GGCG	F:TGGATGAATGGCAAATGG	52	AY172178
	(GGAT)18	R:GCACAACACCTGCCTGTCA		
LaT17	(GGAT)15 …	F:TTCACTGAGACCTATGCAGGG	56	AY172179
	(GGAT)10	R:AAAATACCAGCCTGAGTGTGC		
LaT18	(CCAT)22	F:AATCCAAGATTGGGCAACAC	56	AY172180
		R:GCTCAGATAACAAAATGAATGG		
LaT24	(GGAT)22 211–231	F:AAGTTGAGAGATCAGCAAAGC	56	AY172182
		R:GATGTTCAGTCCTTCCTTAGCA		
LaT25	(CCAT)15	F:TGAGACCGTCTTCATGAGAT	52	AY172183
		R:ATGCAAGCTTACAATGGCAG		
LaT26	(GGAT)3G(GGAT)5	F:AACCCAGGCTAAAGCACCA	52	AY172184
	(GGGAT)7GGAT	R:TTTCCTGCTTGAGAGCCAAA		
	(GGGAT)3CGAT			
	(GGGAT)4			
FH1	(CA)12	F:GATCAGACCATGGCATGA	55	A206275
		R:ACAGTCTCCCTTGGGAAGAC		
FH48	(CA)22	F:GAGTCTCCATAATCAAGAGC	58	A206279
		R:CCTCCCTGGAATCTGTACAG		
FH65	(CA)19	F:GGCTGTAGCATTTTACACTCCC	60	A206281
		R:CATGAATAAACCCAGCCTCTG		

Loci	Repeat motif	Primer sequence(5′- 3′)	*Ta (°c)	Accession no.
FH67	(CA)15	F:GCTTCTCTAGAAATGTGTATGC	58	A206282
		R:GGCGTATAGGATAGTTCCAC		
FH71	(CA)14	F:GGGATTGGCTAAAATAG	58	A206283
		R:CTAAGCACATCAGGGAC		
FH94	(CA)16	F:TTCCTCCCACAGAGCAGC	61	A206284
		R:ATTGGTTAATTTGCCAGTCCC		
FH102	(CT)11(CA)14	F:CTTCATTACTGACCTAAACGAG	60	A206285
		R:GGACAGGGCTGGAGAAATATG		
FH103	(CA)13	F:TGTGCTGCCACTTCCTACAC	58	A206286
		R:GATGTTGAGACAGTTCTGTAAG		

Primer ลำดับที่ 1-9 อ้างอิงตาม (Comstock, Wasser, & Ostrander, 2000) และลำดับที่ 10-18 อ้างอิงตาม Archie et al., 2003

*Ta, annealing temperature

3.4 การแปลผลข้อมูล

ตรวจสอบผลของปฏิกิริยา PCR โดยนำ PCR product มาตรวจสอบโดยใช้ 4.5% denaturing polyacrylamide gel electrophoresis ใน 1X TBE buffer และย้อมแผ่นเจลด้วย silver nitrate เพื่อดูแถบ DNA ที่เกิดขึ้น และทำการแปลผลข้อมูลจากแถบ DNA โดยสัตว์แต่ละตัวสามารถปรากฏแถบ DNA ได้ตั้งแต่ 0 แถบขึ้นไป ในการแปลผลข้อมูลทำได้โดยการบันทึกการพบหรือไม่พบแถบ DNA ถ้าพบ = 1 หรือไม่พบ = 0 ทำการบันทึกข่อมูลลงในไฟล์ Excel

3.5 การวิเคราะห์ข้อมูล

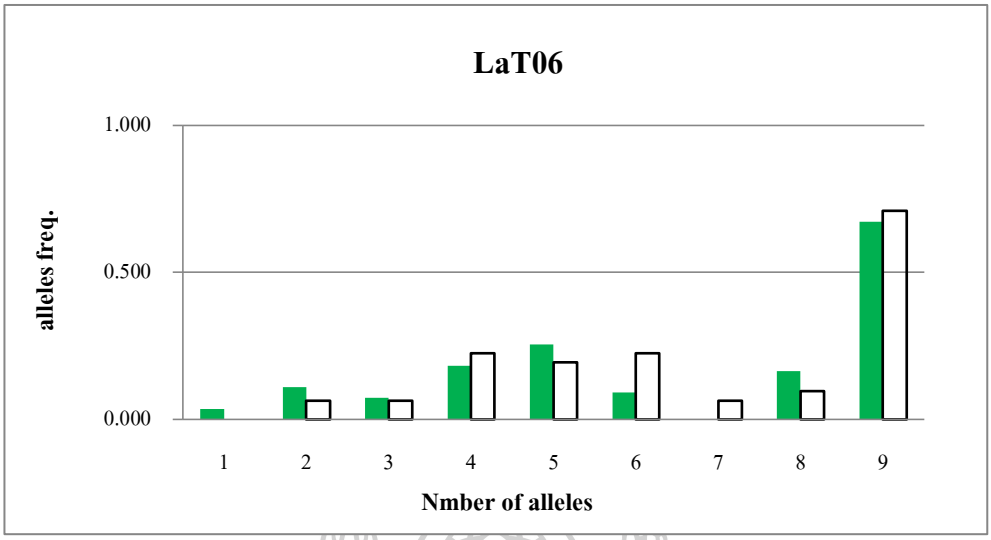
การวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์โดยการวิเคราะห์หาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร และระหว่างประชากร โดย ค่า number of alleles, private alleles, observed number of alleles (Na), effective number of alleles (Ne), gene diversity (H), Shannon's Information index วิเคราะห์โดยโปรแกรม PopGen ใช้โปรแกรม FAMD คำนวณ และสร้าง individual tree

บทที่ 4

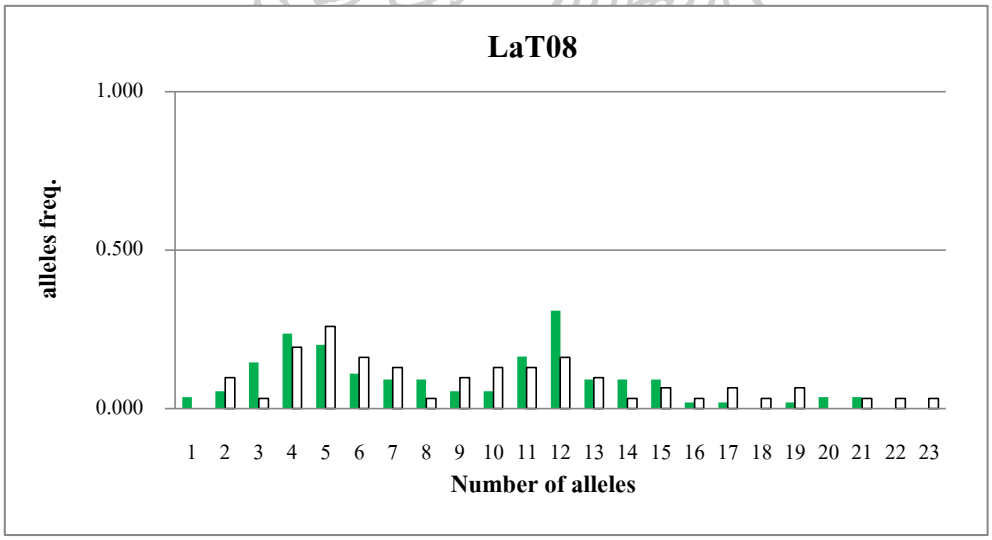
ผลการวิจัยและวิจารณ์ผล

จากการวิเคราะห์จำนวนอัลลีล ต่อ locus พบว่า microsatellite merker ทั้ง 18 ตำแหน่ง สามารถแสดงผล polymorphism ได้ โดยพบได้ตั้งแต่ 3-23 อัลลีล โดยเรียงตามจำนวนอัลลีลที่พบดังนี้ FH19 และ FH67 พบ 3 อัลลีล FH65 และ FH103 พบ 4 อัลลีล FH1, FH94 และ FH102 พบ 6 อัลลีล LaT13 พบ 7 อัลลีล LaT16 พบ 8 อัลลีล LaT06 และ LaT17 พบ 9 อัลลีล LaT18 พบ 10 อัลลีล FH48 พบ11 อัลลีล LaT24 และLaT25 พบ 13 อัลลีล FH71 พบ 16 อัลลีล LaT26 พบ 17 อัลลีล และ LaT08 พบ 23 อัลลีล รวมทั้งหมด 168 อัลลีล จากผลการวิเคราะห์ แสดงว่า microsatellite merker ทั้ง 18 ตำแหน่ง สามารถนำมาหาความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ซึ่งเป็นไปในทิศทางเดียวกับ Duangsmorn et al., (2007) และให้ผล polymorphism สูงกว่างานวิจัยของ Archie et al.,(2003)

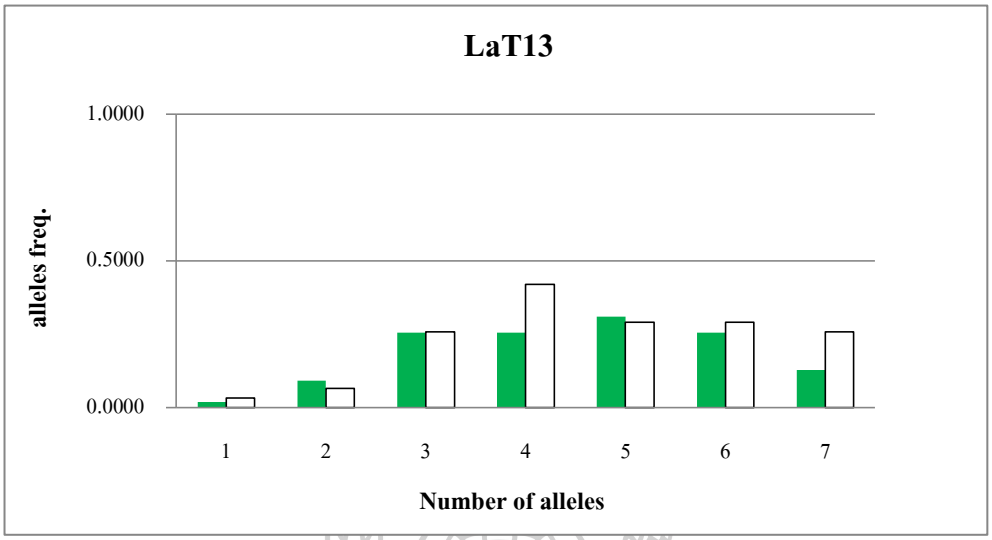
มหาวิทยาลัยศิลปากร



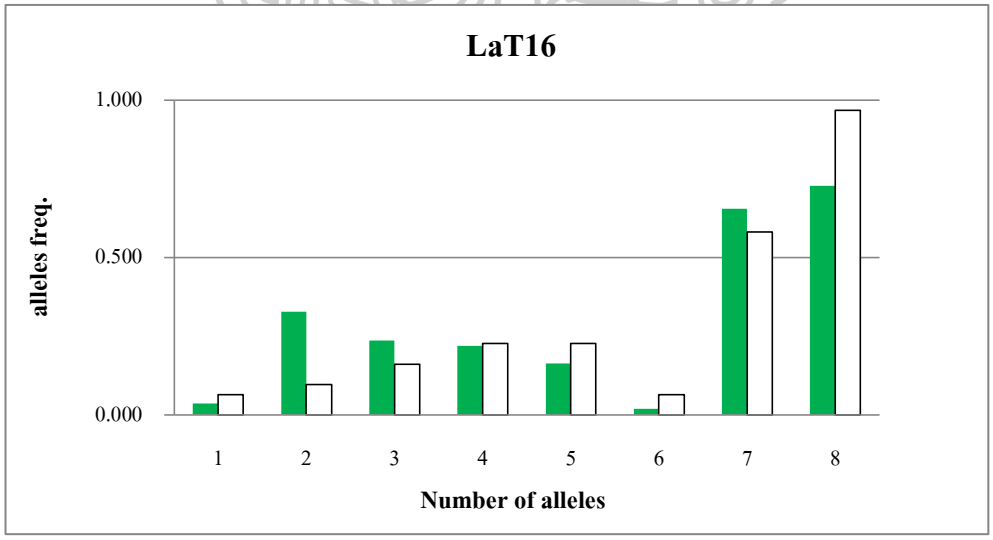
ภาพที่ 5 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT06 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย ■ แทนประชากรช้างภาคเหนือและ □ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



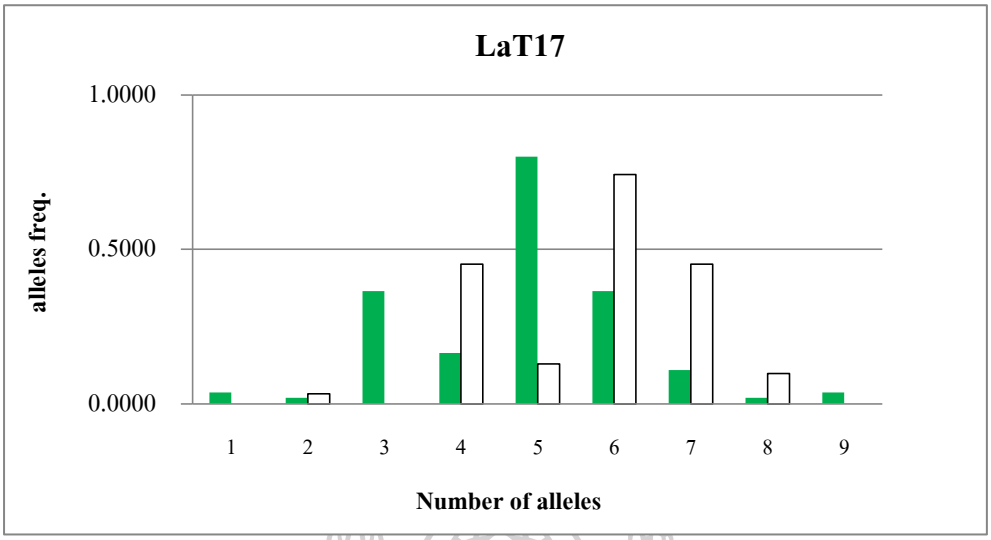
ภาพที่ 6 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT08 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย ■ แทนประชากรช้างภาคเหนือและ □ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



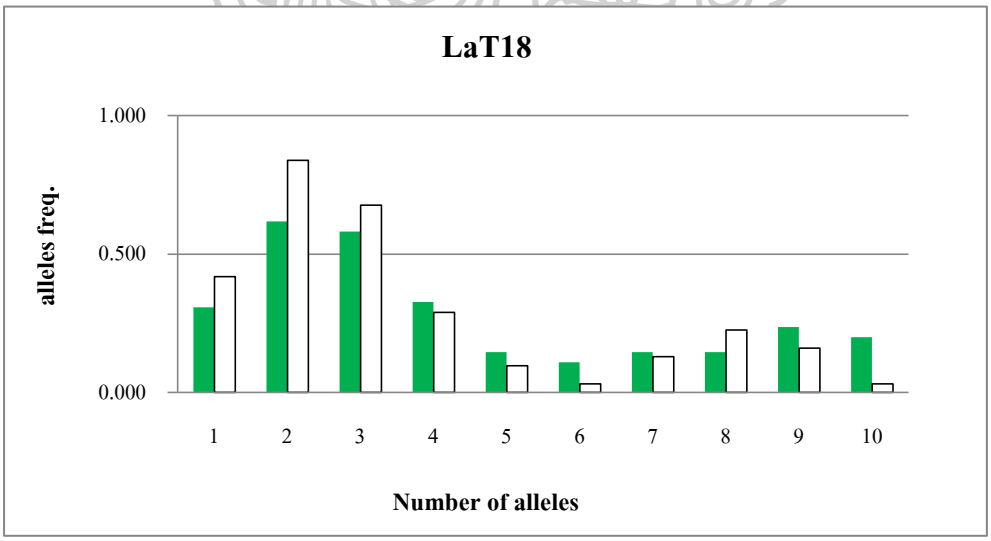
ภาพที่ 7 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT13 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



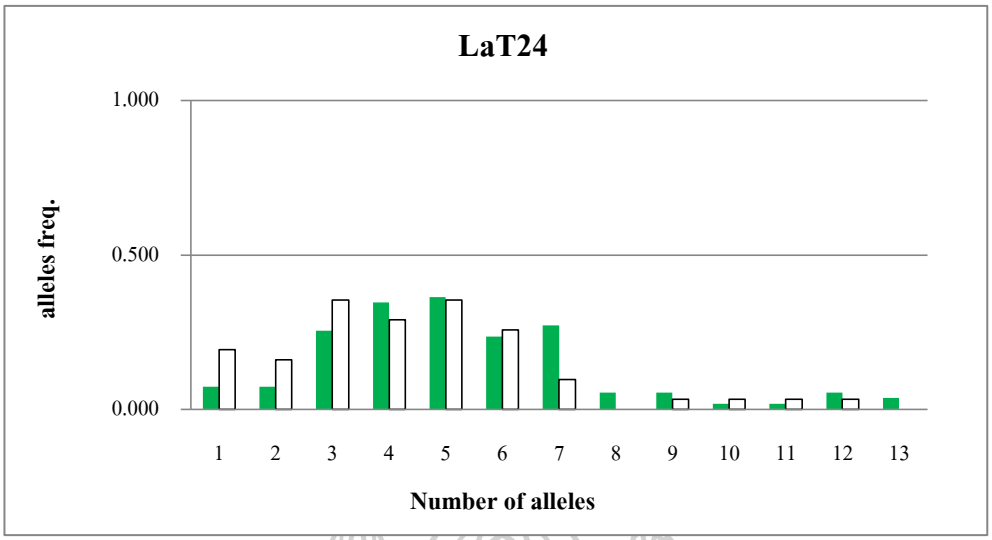
ภาพที่ 8 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT16 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



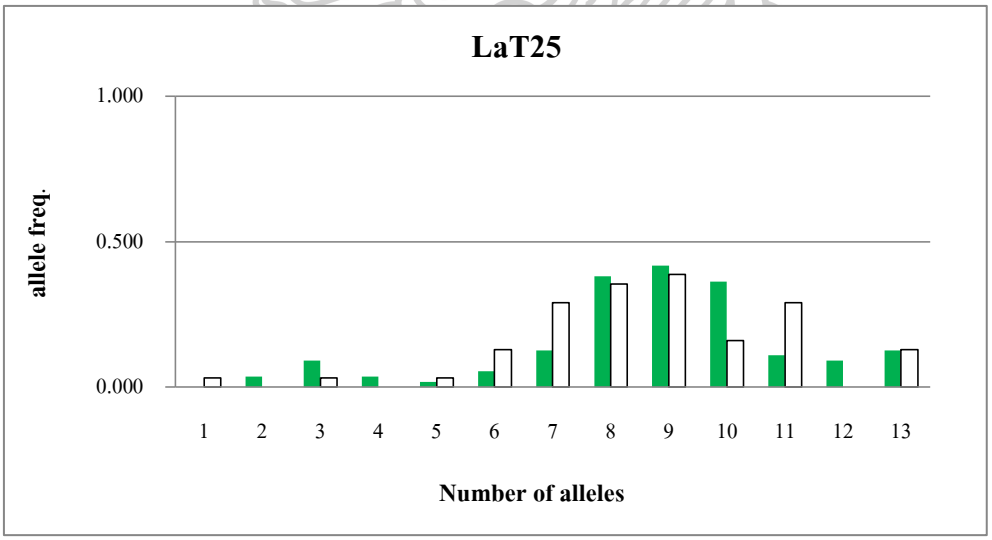
ภาพที่ 9 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT17 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



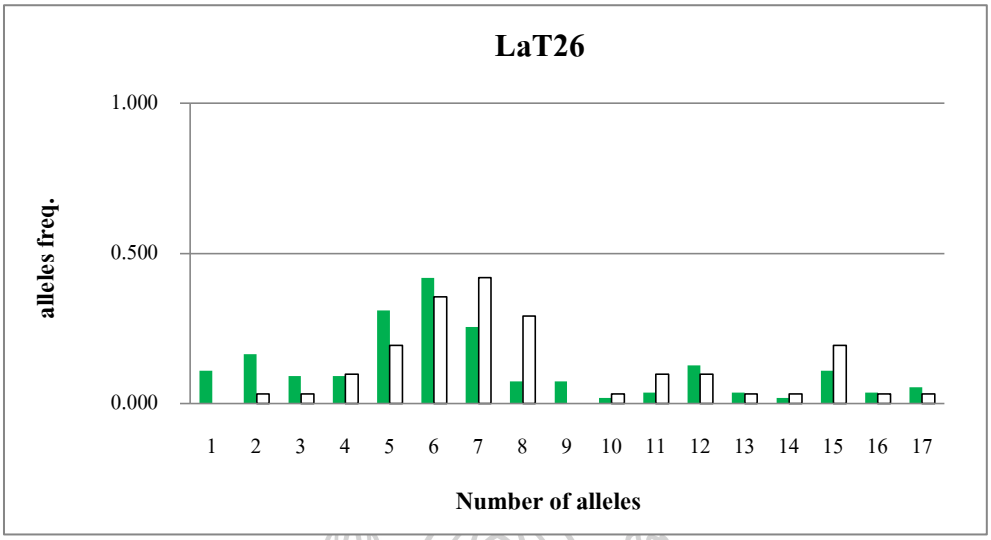
ภาพที่ 10 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT18 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



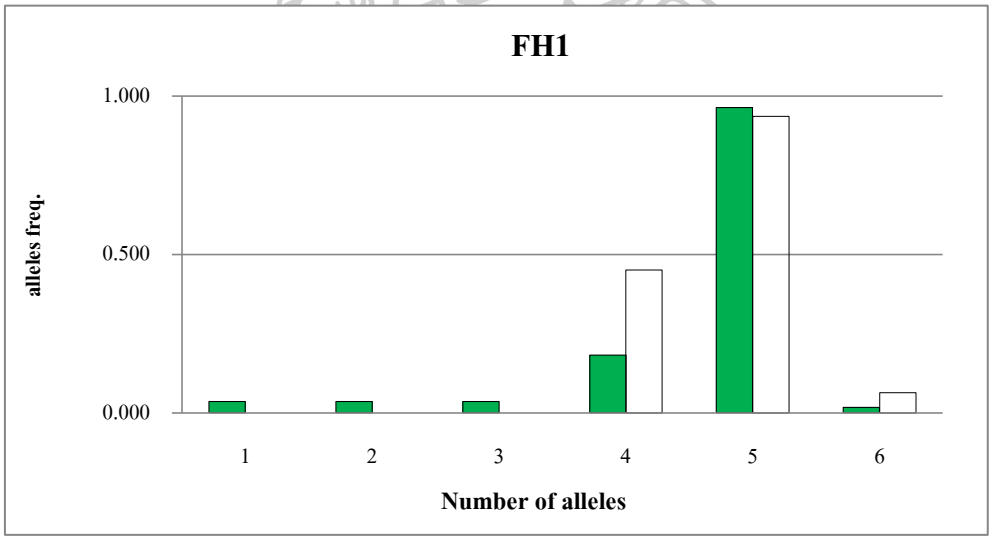
ภาพที่ 11 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT24 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



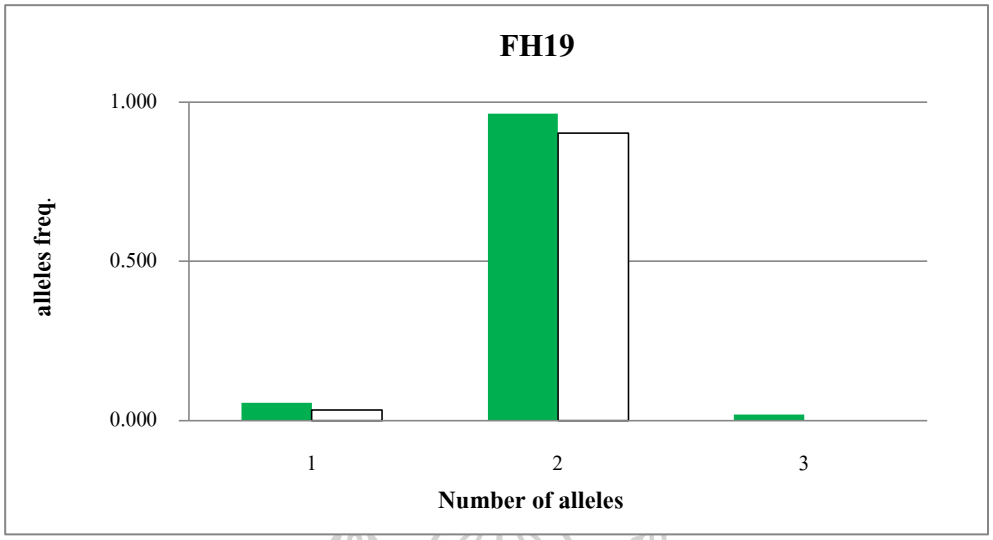
ภาพที่ 12 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT25 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



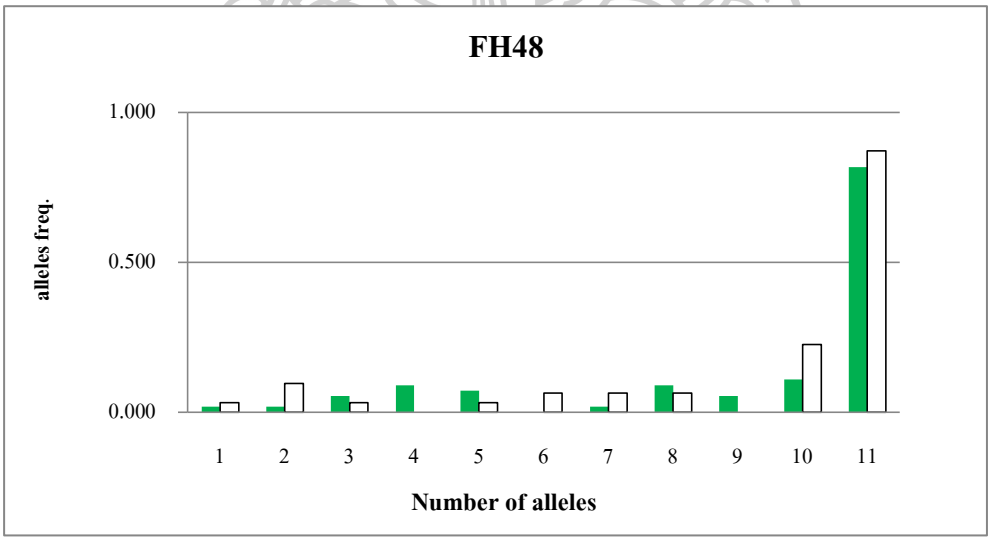
ภาพที่ 13 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker LaT26 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



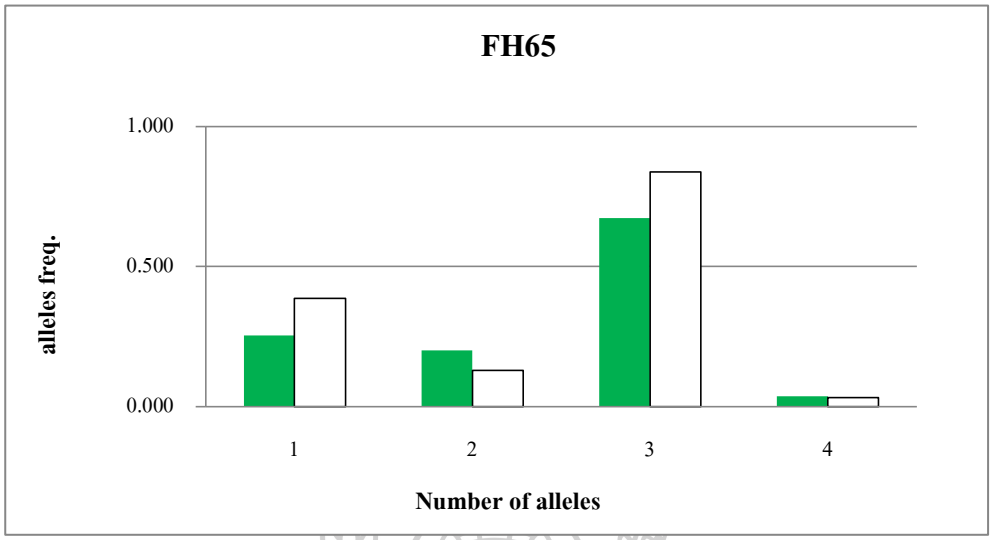
ภาพที่ 14 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH1 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โด แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



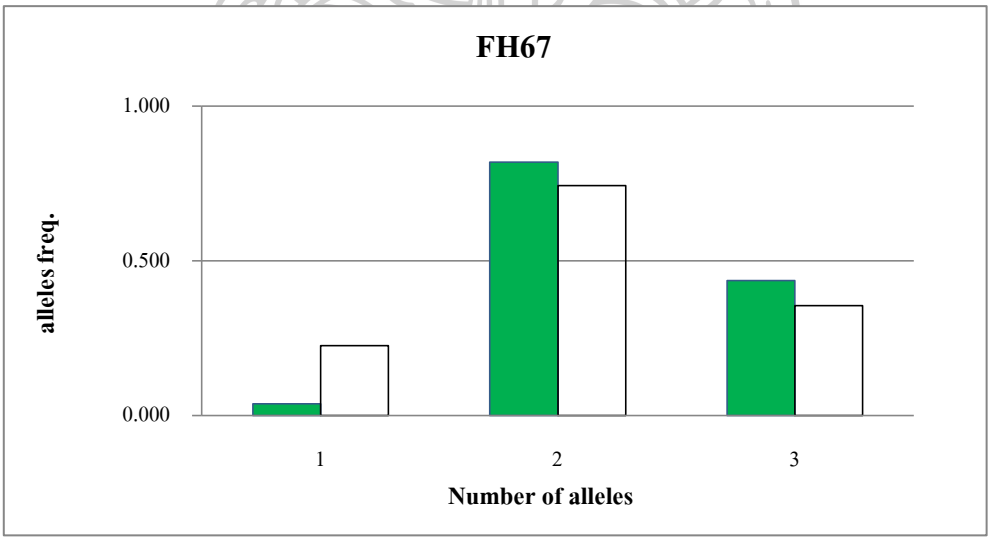
ภาพที่ 15 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH19 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



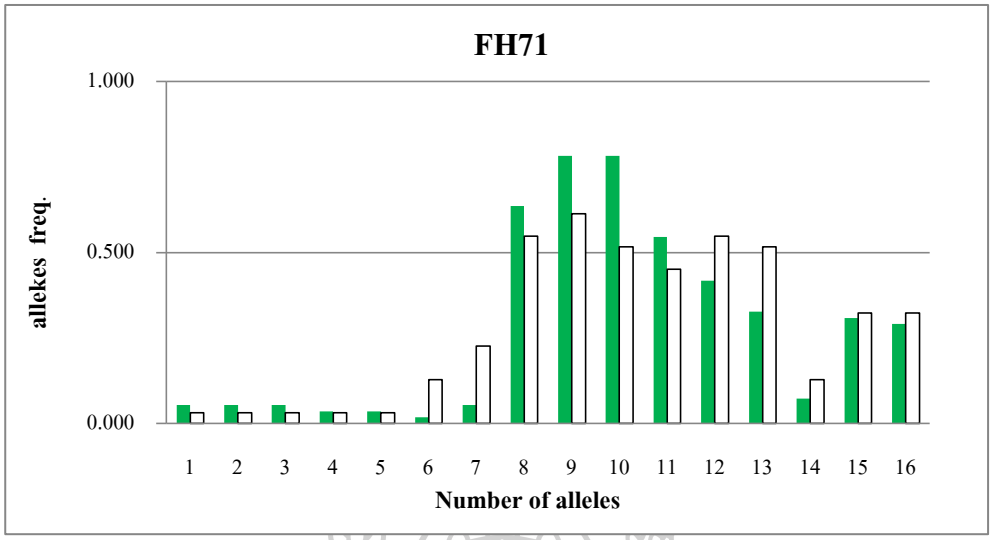
ภาพที่ 16 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH48 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



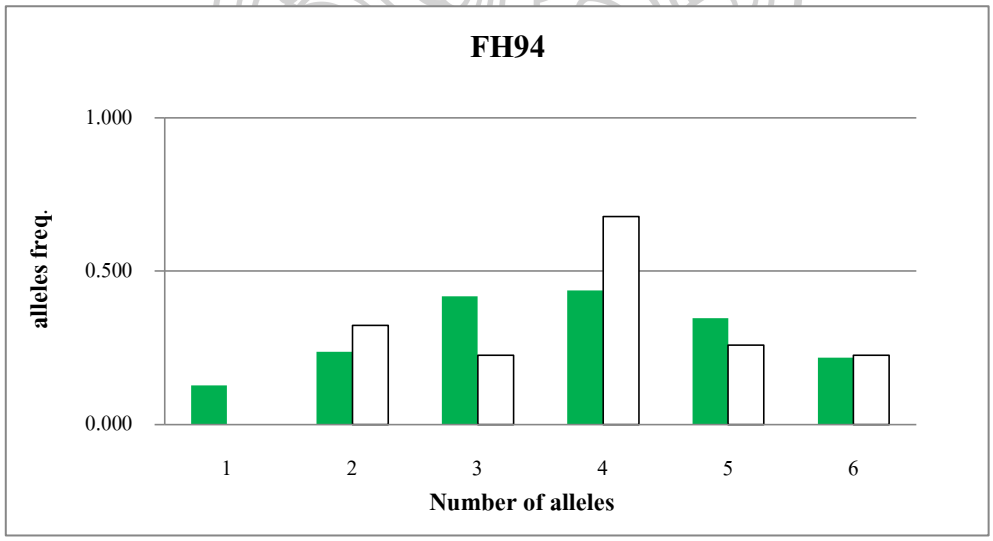
ภาพที่ 17 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH65 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย ▬ แทนประชากรช้างภาคเหนือและ ▭ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



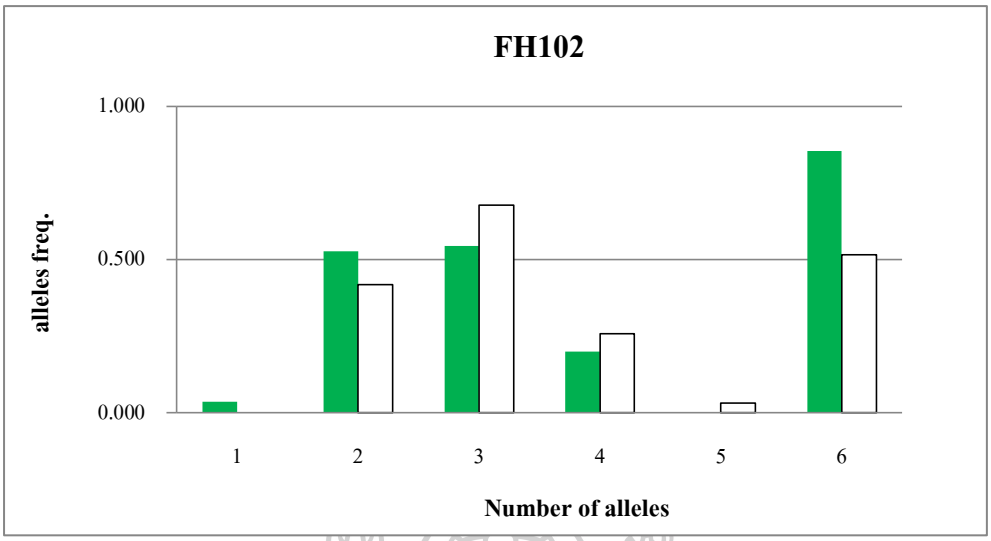
ภาพที่ 18 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH67 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดย ▬ แทนประชากรช้างภาคเหนือและ ▭ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



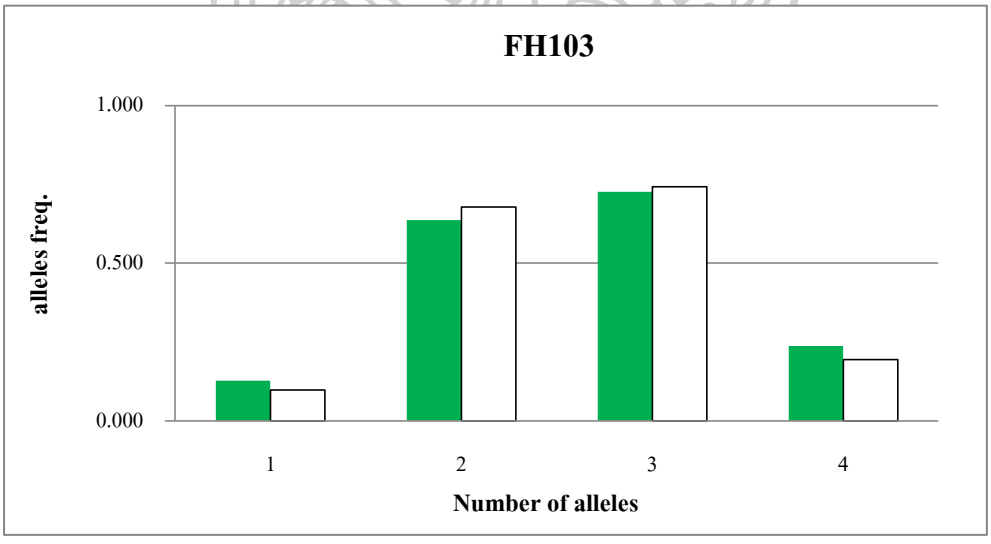
ภาพที่ 19 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH71 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือโดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



ภาพที่ 20 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH94 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือโดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



ภาพที่ 21 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH102 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือโดย แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ



ภาพที่ 22 แผนภูมิ แสดงความถี่ของอัลลีล เมื่อใช้ microsatellite merker FH103 เปรียบเทียบระหว่างประชากรช้างภาคเหนือกับประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือโด แทนประชากรช้างภาคเหนือและ แทนประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

ตารางที่ 5 แสดงจำนวน อัลลีล และ private alleles ของแต่ละ loci ในกลุ่มประชากรช้างภาคเหนือ และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

loci	number of alleles			private alleles	
	ช้างภาคเหนือ	ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ	ช้างทั้งหมด	ช้างภาคเหนือ	ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
LaT06	8	8	9	1	1
LaT08	20	21	23	2	3
LaT13	7	7	7	-	-
LaT16	8	8	8	-	-
LaT17	9	6	9	3	-
LaT18	10	10	10	-	-
LaT24	13	11	13	2	-
LaT25	12	10	13	3	1
LaT26	17	15	17	2	-
FH1	6	3	6	3	-
FH19	3	2	3	1	-
FH48	10	9	11	2	1
FH65	4	4	4	-	-
FH67	3	3	3	-	-
FH71	16	16	16	-	-
FH94	6	5	6	1	-
FH102	5	5	6	1	1
FH103	4	4	4	-	-
รวม	161	147	168	21	7
Mean	8.944	8.167	9.33		
SD	4.988	5.090	5.412		

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ดังตารางที่ 5 จากการวิเคราะห์หาจำนวนอัลลีล เฉลี่ยต่อ locus ของช้างทั้งหมด เท่ากับ 9.333±5.412 จำนวน อัลลีล เฉลี่ยต่อ locus ของช้างภาคเหนือมีค่าเท่ากับ 8.944±4.988 และจำนวนอัลลีล เฉลี่ยต่อ locus ของช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ 8.167±5.090 ซึ่งช้างภาคเหนือมีจำนวนอัลลีล เฉลี่ยต่อ locus มากกว่าช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ แสดงว่าช้างภาคเหนือมีแนวโน้มที่จะมีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่าช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

จากการวิเคราะห์หาจำนวน private alleles มีทั้งหมด 27 อัลลีล พบใน microsatellite merker 11 loci ได้แก่ LaT06, LaT08, LaT17, LaT24, LaT25, La26, FH1, FH19, FH48, FH94 และ FH102 จำนวน private alleles ของช้างภาคเหนือ เท่ากับ 21 อัลลีล และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ 6 อัลลีล ประชากรช้างภาคเหนือ มี private alleles สูงกว่าประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือแสดงว่าช้างภาคเหนือมีแนวโน้มที่จะมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกับช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ตารางที่ 6 แสดงค่า observed number of alleles, effective number of alleles, gene diversity, Shannon's Information index, number of polymorphic และ %polymorphic ในประชากรช้างภาคเหนือ ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และช้างทั้งหมด

	n_a*	n_e*	h*	I*	number of polymorphic loci	%polymorphic loci
N	1.958±0.200	1.346±0.306	0.222±0.158	0.357±0.210	161	95.830
E	1.875±0.332	1.350±0.324	0.220±0.169	0.348±0.229	147	87.500
A	2.000±0.000	1.356±0.305	0.228±0.158	0.366±0.206	168	100.000

หมายเหตุ

n_a*= observed number of alleles

n_e*= effective number of alleles [Kimura and Crow(1964)]

h* = Nei's (1973) gene diversity

I* = Shannon's Information index [Lewontin(1972)]

N = ช้างภาคเหนือ

E = ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

A = ช้างทั้งหมด

ดังตารางที่ 6 ค่า observed number of alleles ของช้างภาคเหนือ มีค่าเท่ากับ 1.958±0.2000 ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ 1.875±0.332 และช้างทั้งหมดเท่ากับ 2.000±0.000 ช้างภาคเหนือ มีค่า observed number of alleles มากกว่าช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

ค่า effective number of alleles ของช้างภาคเหนือ มีค่าเท่ากับ 1.346±0.306 ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ 1.350±0.324 และช้างทั้งหมดเท่ากับ 1.356±0.305 เมื่อเปรียบเทียบค่า effective number of alleles พบว่า ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ มีค่า effective number of alleles มากกว่าช้างภาคเหนือ

ค่า gene diversity ของช้างภาคเหนือ มีค่าเท่ากับ 0.222±0.158 ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ 0.220±0.169 และช้างทั้งหมดเท่ากับ 0.228±0.158 เมื่อเปรียบเทียบค่า gene diversity พบว่า ช้างภาคเหนือ และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ มีค่า gene diversity ใกล้เคียงกัน

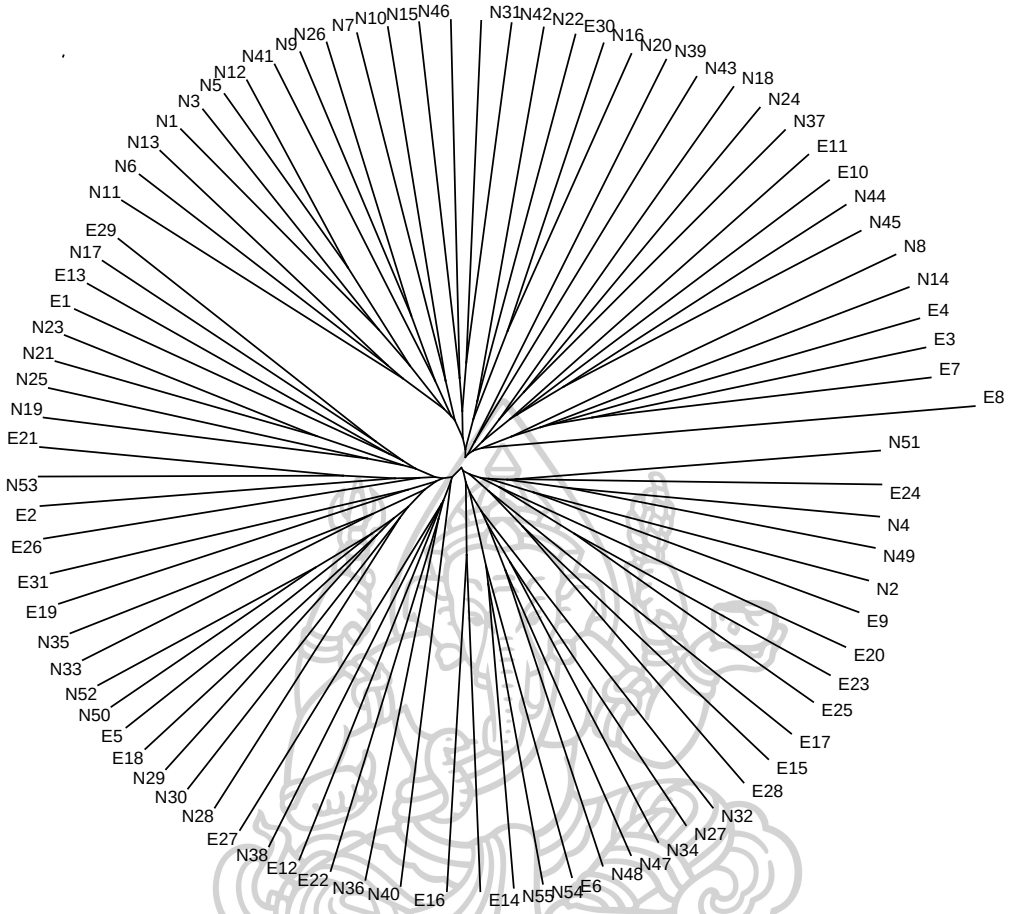
ค่า Shannon's Information index ของช้างภาคเหนือ มีค่าเท่ากับ 0.357±0.210 ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ 0.348±0.229 และช้างทั้งหมดเท่ากับ 0.366±0.206 เมื่อเปรียบเทียบค่า Shannon's Information index พบว่า ช้างภาคเหนือมีค่า effective number of alleles มากกว่า ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ช้าง

จำนวน polymorphic และเปอร์เซ็นต์ polymorphic ของช้างภาคเหนือมีค่าเท่ากับ 161 และ 95.83% ตามลำดับ ของช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่าเท่ากับ 147 และ 87.50% ตามลำดับ ของช้างทั้งหมดมีค่าเท่ากับ 168 และ 100% ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบค่า polymorphic และเปอร์เซ็นต์ polymorphic พบว่า ช้างภาคเหนือมีค่า polymorphic และเปอร์เซ็นต์ polymorphic มากกว่า ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

ตารางที่ 7 แสดงค่า genetic identity (เหนือเส้นทแยงมุม) และ genetic distance (ใต้เส้นทแยงมุม)

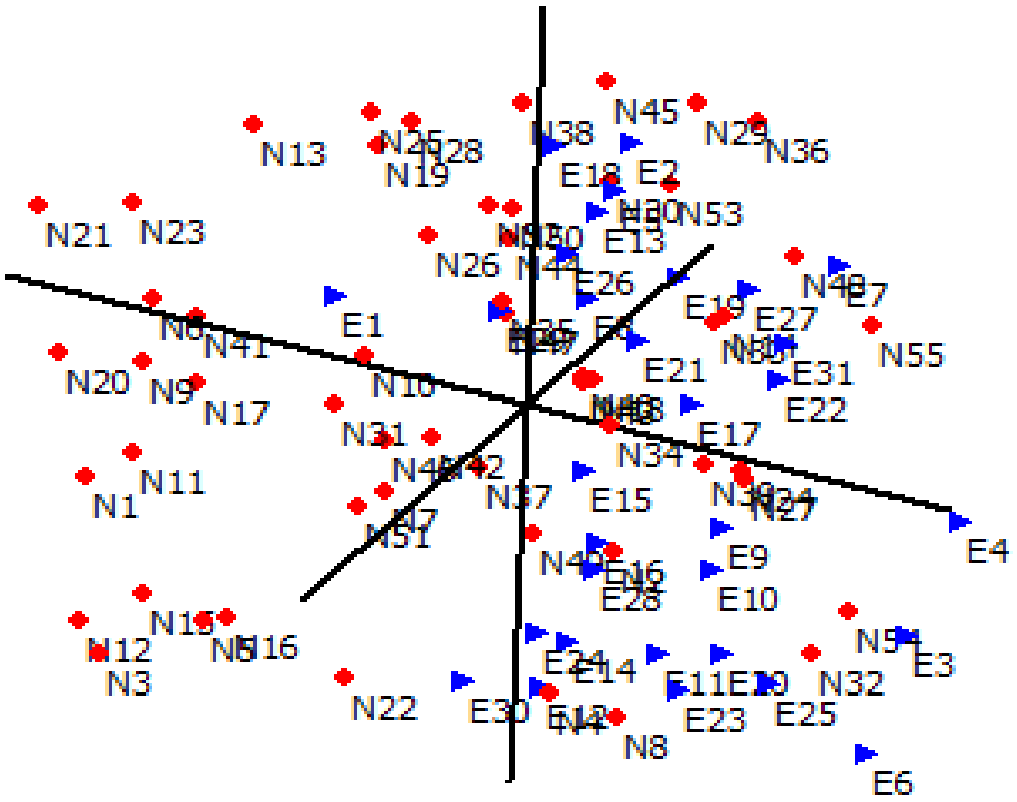
ประชากร	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
ช้างภาคเหนือ	****	0.9817
ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ	0.0185	****

จากตารางที่ 7 ค่า genetic identity (เหนือเส้นทแยงมุม) ระหว่างช้างภาคเหนือกับช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่าเท่ากับ 0.9817 และค่า genetic distance (ใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างช้างภาคเหนือกับช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่าเท่ากับ 0.0185 แสดงว่า ระหว่างช้างภาคเหนือ และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีความเหมือนกันทางพันธุกรรมเท่ากับ 98.17% และมีความต่างกันทางพันธุกรรมเท่ากับ 1.85%



ภาพที่ 23 แสดง UPGMA tree โดยโปรแกรม FAMD กำหนดให้ N = ช้างภาคเหนือ และ E = ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

จากภาพที่ 23 เป็นการใช้โปรแกรม FAMD วิเคราะห์ Maximum Similarity ของช้างทั้งหมด 86 เชือก แล้วนำมาสร้าง UPGMA tree พบว่ากลุ่มประชากรช้างภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนืออยู่ในกลุ่มประชากรเดียวกัน



ภาพที่ 24 แสดง principal coordinate analysis โดยโปรแกรม FAMD กำหนดให้ N = ช้างภาคเหนือ และ E = ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

จากภาพที่ 24 แสดง principal coordinate analysis ของช้างทั้งหมด 86 เชือก โดยใช้โปรแกรม FAMD จากภาพจะเห็นได้ว่าประชากรช้างภาคเหนือและช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนืออยู่ในกลุ่มเดียวกัน แต่เมื่อสังเกตกลุ่มประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือจะเกาะกลุ่มกันทางด้านขวา แสดงให้เห็นว่า ประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ เป็น subset ของช้างภาคเหนือ

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัย

1. microsatellite marker ทั้ง 18 ตำแหน่ง ให้ค่า number of alleles เฉลี่ยเท่ากับ 9.33±5.412 โดยมีค่าต่ำสุดเท่ากับ 3 อัลลีล และค่าสูงสุดเท่ากับ 23 อัลลีล

2. ช้างทั้ง 2 กลุ่ม มีความเหมือนกันทางพันธุกรรมสูง โดยมีค่า genetic identity มากกว่า 96 % ขึ้นไป

3. จากการวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรม FAMD สร้าง UPGMA tree พบว่าประชากรช้างภาคเหนือเป็นประชากรกลุ่มเดียวกันกับช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

4. นอกจากนี้ผลการวิเคราะห์โดยวิธี principal coordinate analysis โดยใช้โปรแกรม FAMD พบว่าประชากรช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือน่าจะเป็น subset ของประชากรช้างภาคเหนือ

5. ช้างภาคเหนือ มีแนวโน้มว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่าช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดยสังเกตจากค่า observed number of alleles, gene diversity, Shannon's Information index, number of polymorphic และ %polymorphic

มหาวิทยาลัยศิลปากร

รายการอ้างอิง

Ahlering, M. A., Hedges, S., Johnson, A., Tyson, M., Schuttler, S. G., & Eggert, L. S. (2010). Genetic diversity, social structure, and conservation value of the elephants of the Nakai Plateau, Lao PDR, based on non-invasive sampling. *Conserv Genet, 12*(2), 413-422.

Archie, E. A., Moss, C. J., & Alberts, S. C. (2003). Characterization of tetranucleotide microsatellite loci in the African Savannah Elephant (Loxodonta africana africana). *Molecular Ecology Notes, 3*, 244–246

Comstock, K. E., Wasser, S. K., & Ostrander, E. A. (2000). Polymorphic microsatellite DNA loci identified in the African elephant (Loxodonta africana). *Molecular Ecology, 9*(7), 1004-1006.

Duangsmorn Suwattana, Jutarat Jirasupphachok, Sumolya Kanchanapangka, & Weerapong Koykul. (2010). Tetranucleotide Microsatellite Markers for Molecular Testing in Thai Domestic Elephants (Elephas maximus indicus) *Thai J. Vet. Med., 40* (4), 405-409.

Duangsmorn Suwattana, Weerapong Koykul, Jutharat Jirasupphachok, & Sumolya Kanchanapangka. (2007). Microsattellite polymorphism and parentage control in Thai domestic elephants (Elephas maximus). *The Thai Journal of Veterinary Medicine, 37*(4), 33-38.

Freeland, J. R., Kirk, H., & Petersen, S. (2011). *Molecular Ecology* (Second Edition ed.): A John Wiley & Sons, Ltd.

Gugala, N. A., Ishida, Y., Georgiadis, N. J., & Roca, A. L. (2016). Development and characterization of microsatellite markers in the African forest elephant (Loxodonta cyclotis) *JournalBMC Research Notes, 9*(1), 364.

Houck, M. L., Kumamoto, A. T., Gallagher, J. D. S., & Benirschke, K. (2001). Comparative cytogenetics of the African elephant (Loxodonta africana) and Asiatic elephant (Elephas maximus). *Cytogenetics and Cell Genetics, 93*, 249-252.

Kongrit, C., Siripunkaw, C., Brockelman, W. Y., Akkarapatumwong, V., Wright, T. F., & Eggert, l. s. (2008). Isolation and characterization of dinucleotide microsatellite loci in the Asian elephant(Elephas maximus). *Molecular Ecology,* 8(1), 175-177.

Li Zhang, Lu Dong, Liu Lin, Limin Feng, Fan Yan, Lanxin Wang, . . . Aidong Luo. (2015). Asian Elephants in China: Estimating Population Size and Evaluating Habitat Suitability. *PLOS ONE, 10*(5).

Whitehouse, A. M., & Harley, E. H. (2001). Post-bottleneck genetic diversity of elephant populations in South Africa, revealed using microsatellite analysis. *Molecular Ecology, 10*, 2139–2149.

กลุ่มอำนวยการ สถาบันคชบาลแห่งชาติในพระอุปถัมภ์ฯ องค์การอุตสาหกรรมป่าไม้. (2553). ความรู้ระดับครูเรื่องช้าง. Retrieved from file:///E:/เรียน/ความรู้ระดับครูในเรื่องการดูแลช้าง.pdf

ชมชื่น ศิริผันแก้ว. (2547). การประเมินความแปรผันทางพันธุกรรมของตำแหน่งไมโครแซทเทลไลท์ในช้างไทย(*Elephas maximus)(Evaluation of microsatellite loci polymorphism in asia elephant,Elephus maximus.* (วิทยานิพนธ์ปริญญามหาบัณฑิต), มหาวิทยาลัยมหิดล.

ชลีไพบูลย์ กิจกุล. พันธุศาสตร์ประชากรและการประยุกต์ใช้. Retrieved from http://www.chanthaburi.buu.ac.th/~chalee/subject/genetic/gen006%20population%20genetic.pdf

ชุลีพร บุตรโคตร. (2555). ศูนย์ TCIJ Retrieved from http://www.tcijthai.com/news/2012/03/scoop/410

โซไรดา ซาลวาลา. (2541). ช้างผู้มีคุณ (พิมพ์ครั้งที่ 2 ed.). กรุงเทพฯ: บริษัทโรงพิมพ์ไทยวัฒนาพานิช จำกัด.

ปรีชา พวงคำ, ริชาร์ด ซี. แลร์, & ทวิโภค อังควานิช. (2548). คู่มือการดูแลช้าง สำหรับควาญช้างและผู้จัดการปางช้าง. ลำปาง: หจก.ลำปางบรรณกิจพริ้นติ้ง.

ปะภาภรณ์ ชูศรี. (2555). ความหลากหลายทางพันธุกรรมของเนื้อทราย (*Axis porcinus).* (วิทยาศาสตร์บัณฑิต), มหาวิทยาลัยศิลปากร.

เผชิญ ธรรมสรางกูร. (2557). สถานการณ์ช้างเลี้ยงในประเทศไทย. Retrieved from https://www.gotoknow.org/posts/564244

พัชรี ลาโคตร. (2552). เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช. Retrieved from http://www.agri.ubu.ac.th/masterstu/seminar/Patcharee.pdf

ภิญญาพัชญ์ เห็นประเสริฐ์, & พินิจ ทิพย์มณี. (2558). มาตรการทางกฎหมายในการคุ้มครองดูแลช้างเลี้ยงในประเทศไทย (นิติศาสตรมหาบัณฑิ), มหาวิทยาลัยธุรกิจบัณฑิตย์.

มติชนออนไลท์. (2559). กรมอุทยานฯเก็บเลือดช้างในอยุธยา หาดีเอ็นเอลงข้อมูลรูปพรรณ สกัดช้างป่าสวมสิทธิ. Retrieved from https://www.matichon.co.th/news/319881

มัทนา ศรีกระจ่าง. (2556). *55* คำถามเกี่ยวกับช้างไทย (พ. 3 Ed.). กรุงเทพฯ: ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย.

มูลนิช้างแห่งประเทศไทย. (2549). คู่มือการเสริมโป่งช้าง. กรุงเพพฯ: โรงพิมพ์อักษรสัมพันธ์ (1987)จำกัด.

สามารถ ประสิทธิ์ผล, & สาโรช จันทร์ลาด. (2554). การศึกษาความเข้ากันได้ของเลือดช้างเลี้ยงในจังหวัดกาญจนบุร. Retrieved from http://dcontrol.dld.go.th/index.php/km/resease/650-2010-12-23-02-08-15.html

สิทธิเดช มหาสาวังกุล, ทีโภค อังควานิช, ศรัณย์ จันทร์สิทธิเวช, ขจรพัฒน์ บุญประเสริฐ, ปองพล หอมคง, ฐิติพร กีรติมโนชญ์, . . . ปีติกาญจน์ บำเพ็ญผล. (2554). ตำรับการดูแลช้าง. ลำปาง: ศิลปการพิมพ์.

สุนันทา ทองไชย. (2555). ความหลากหลายทางพันธุกรรมของช้างป่า (*Elephas maximus Linnaeus, 1758)* ในเขตรักษาพันธุ์สัตว์ป่าภูวัว จังหวัดหองคาย. (วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต), มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2545). จีโนมและเครื่องหมายดีเอ็นเอ: ปฏิบัติการอาร์เอพีดีและเอเอฟแอลพี (พิมพ์ครั้งที่ 1 ed.). กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2552). เครื่องหมายดีเอ็นเอ : จากพื้นฐานสู่การประยุกต์ (พิมพ์ครั้งที่ 1 ed.). กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

หัทยา กาวีวงศ์. (2549). อณูพันธุศาสตร์ (พิมพ์ครั้งที่ 2 ed.). เชียงใหม่: ห้างหุ้นส่วนจำกัด บุญไชยการพิมพ์.

อำไพวรรณ จวนสัมฤทธิ์, & ธันยชัย สุระ. (2534). ความรู้พื้นฐานเรื่องเวชพันธุศาสตร์. โลหิตวิทยาและเวชศาสตร์บริการโลหิต, *1*(4), 469-477.

ประวัติผู้เขียน

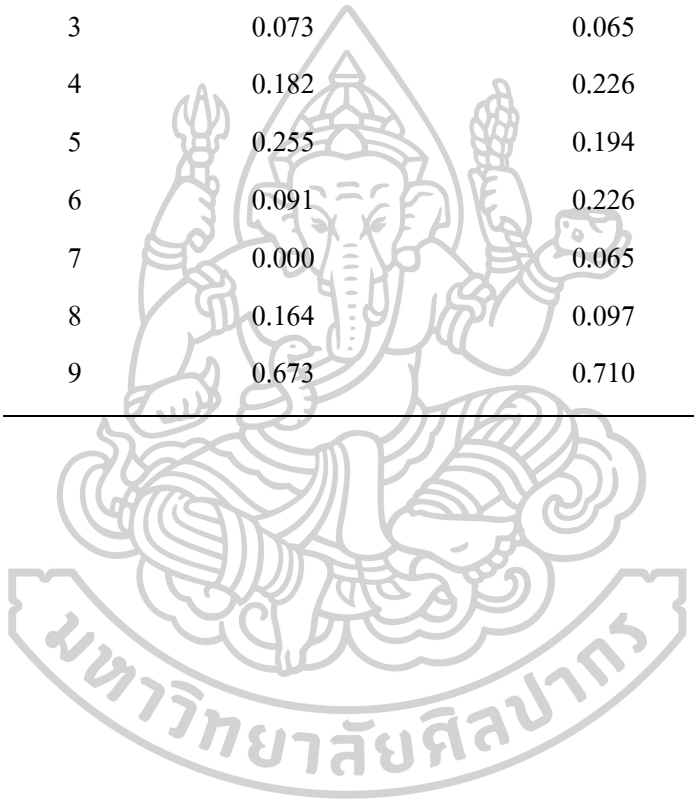
ชื่อ-สกุล	นางสาวเนตรนภา วิทิตธรรมคุณ
วัน เดือน ปี เกิด	15 มิถุนายน 2525
สถานที่เกิด	ยะลา
วุฒิการศึกษา	ปริญญาตรี วท.บ. คณะสัตวศาสตร์ ม.เทคโนโลยีราชมงคล หันตรา อยุธยา ปริญญาตรี สพ.บ. คณะสัตวแพทยศาสตร์ ม.เทคโนโลยีมหานคร
ที่อยู่ปัจจุบัน	สำนักบริหารพื้นที่อนุรักษ์ที่15(เชียงราย) 775 ถ.สิงหไคล ต.เวียง อ.เมือง จ.เชียงราย 57000
ผลงานตีพิมพ์	-
รางวัลที่ได้รับ	-

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ภาคผนวก

ตารางที่ 1 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT06 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
อัลลีล	ช้างภาคเหนือ	ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
1	0.036	0.000
2	0.109	0.065
3	0.073	0.065
4	0.182	0.226
5	0.255	0.194
6	0.091	0.226
7	0.000	0.065
8	0.164	0.097
9	0.673	0.710



ตารางที่ 2 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT08 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
อัลลีล	ช้างภาคเหนือ	ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
1	0.036	0.000
2	0.055	0.097
3	0.145	0.032
4	0.236	0.194
5	0.200	0.258
6	0.109	0.161
7	0.091	0.129
8	0.091	0.032
9	0.055	0.097
10	0.055	0.129
11	0.164	0.129
12	0.309	0.161
13	0.091	0.097
14	0.091	0.032
15	0.091	0.065
16	0.018	0.032
17	0.018	0.065
18	0.000	0.032
19	0.018	0.065
20	0.036	0.000
21	0.036	0.032
22	0.000	0.032
23	0.000	0.032

ตารางที่ 3 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT13 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

อัลลีล	ความถี่ของอัลลีล	
	ช้างภาคเหนือ	ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
1	0.0182	0.0323
2	0.0909	0.0645
3	0.2545	0.2581
4	0.2545	0.4194
5	0.3091	0.2903
6	0.2545	0.2903
7	0.1273	0.2581

ตารางที่ 4 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT16 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

อัลลีล	ความถี่ของอัลลีล	
	ช้างภาคเหนือ	ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
1	0.036	0.065
2	0.327	0.097
3	0.236	0.161
4	0.218	0.226
5	0.164	0.226
6	0.018	0.065
7	0.655	0.581
8	0.727	0.968

ตารางที่ 5 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT17 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.0364	0.0000
2	0.0182	0.0323
3	0.3636	0.0000
4	0.1636	0.4516
5	0.8000	0.1290
6	0.3636	0.7419
7	0.1091	0.4516
8	0.0182	0.0968
9	0.0364	0.0000

ตารางที่ 6 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT18 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.309	0.419
2	0.618	0.839
3	0.582	0.677
4	0.327	0.290
5	0.145	0.097
6	0.109	0.032
7	0.145	0.129
8	0.145	0.226
9	0.236	0.161
10	0.200	0.032

ตารางที่ 7 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT24 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

alleles	ความถี่ของอัลลีล	
	ช้างภาคเหนือ	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.073	0.194
2	0.073	0.161
3	0.255	0.355
4	0.345	0.290
5	0.364	0.355
6	0.236	0.258
7	0.273	0.097
8	0.055	0.000
9	0.055	0.032
10	0.018	0.032
11	0.018	0.032
12	0.055	0.032
13	0.036	0.000

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ตารางที่ 8 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT25 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.000	0.032
2	0.036	0.000
3	0.091	0.032
4	0.036	0.000
5	0.018	0.032
6	0.055	0.129
7	0.127	0.290
8	0.382	0.355
9	0.418	0.387
10	0.364	0.161
11	0.109	0.290
12	0.091	0.000
13	0.127	0.129

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ตารางที่ 9 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง LaT26 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.109	0.000
2	0.164	0.032
3	0.091	0.032
4	0.091	0.097
5	0.309	0.194
6	0.418	0.355
7	0.255	0.419
8	0.073	0.290
9	0.073	0.000
10	0.018	0.032
11	0.036	0.097
12	0.127	0.097
13	0.036	0.032
14	0.018	0.032
15	0.109	0.194
16	0.036	0.032
17	0.055	0.032

ตารางที่ 10 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง FH1 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.036	0.000
2	0.036	0.000
3	0.036	0.000
4	0.182	0.452
5	0.964	0.935
6	0.018	0.065

ตารางที่ 11 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง FH19 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.055	0.032
2	0.964	0.903
3	0.018	0.000

ตารางที่ 12 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง FH48 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

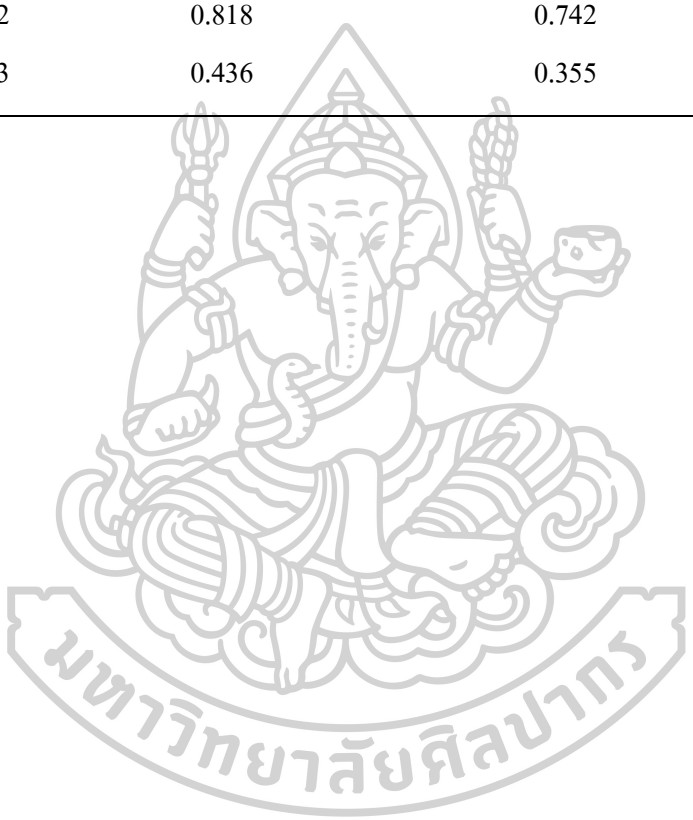
	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.018	0.032
2	0.018	0.097
3	0.055	0.032
4	0.091	0.000
5	0.073	0.032
6	0.000	0.065
7	0.018	0.065
8	0.091	0.065
9	0.055	0.000
10	0.109	0.226
11	0.818	0.871

ตารางที่ 13 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง FH65 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.255	0.387
2	0.200	0.129
3	0.673	0.839
4	0.036	0.032

ตารางที่ 14 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง FH67 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.036	0.226
2	0.818	0.742
3	0.436	0.355



ตารางที่ 15 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง FH71ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.055	0.032
2	0.055	0.032
3	0.055	0.032
4	0.036	0.032
5	0.036	0.032
6	0.018	0.129
7	0.055	0.226
8	0.636	0.548
9	0.782	0.613
10	0.782	0.516
11	0.545	0.452
12	0.418	0.548
13	0.327	0.516
14	0.073	0.129
15	0.309	0.323
16	0.291	0.323

ตารางแสดง ความถี่ของอัลลีล ในแต่ละmicrosatellite merker FH94 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก โดยเป็นช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.127	0.000
2	0.236	0.323
3	0.418	0.226
4	0.436	0.677
5	0.345	0.258
6	0.218	0.226

ตารางที่ 14 ความถี่ของอัลลีล ณ ตำแหน่ง FH102 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก (ช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก)

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.036	0.000
2	0.527	0.419
3	0.545	0.677
4	0.200	0.258
5	0.000	0.032
6	0.855	0.516

ตารางแสดง ความถี่ของอัลลีล ในแต่ละmicrosatellite merker FH103 ของช้างทั้งหมด 86 เชือก โดยเป็นช้างภาคเหนือ 55 เชือก และช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 31 เชือก

	ความถี่ของอัลลีล	
alleles	**ช้างภาคเหนือ**	**ช้างภาคตะวันออกเฉียงเหนือ**
1	0.127	0.097
2	0.636	0.677
3	0.727	0.742
4	0.236	0.194