

บทคัดย่อ

ข้อมูลเพศของสัตว์มีความจำเป็นมากต่อการอนุรักษ์ประชากรสัตว์ป่าในธรรมชาติ ทั้งนี้ การจำแนกนกหลายชนิดไม่สามารถทำได้ในธรรมชาติ เนื่องจากเพศผู้และเพศเมียมีลักษณะภายนอกเหมือนกัน ทำให้ไม่สามารถแยกเพศโดยใช้ลักษณะภายนอกที่ต่างกันได้ การศึกษารังนี้ จึงมีขึ้นเพื่อพยายามที่จะหาวิธีการระบุเพศของนกป্রอตคอลาย โดยใช้เทคนิคชีวโมเลกุล และการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ จากการเก็บข้อมูลนกป্রอต 33 ตัว ในพื้นที่เขตราชพันธุ์สัตว์ป่าดอยเชียงดาว ระหว่างเดือนมีนาคมถึงเดือนตุลาคม 2556 โดยใช้ตัวข่ายดักจับนกเพื่อเก็บข้อมูลชีวสัณฐานของนกจำนวน 5 ลักษณะ และเก็บตัวอย่างเลือดประมาณ 0.1 มิลลิลิตร เพื่อใช้สำหรับการทดสอบในห้องปฏิบัติการ โดยสกัด DNA จากตัวอย่างเลือด ด้วยวิธี proteinase K เพิ่มปริมาณยืน CHD โดยใช้ไพรเมอร์ P2/P8 และทำการแยกขนาด DNA ที่เพิ่มปริมาณได้โดยวิธีเจลอิเลคโทรforeชิส พบว่าเมื่อสังเกตแบบ DNA ที่ปรากฏจะพบแบบเดียวกันในนกเพศผู้ และ 2 แบบ ในนกเพศเมีย จากข้อมูลการทดสอบทางชีวโมเลกุล และชีวสัณฐานของนกป্রอตคอลายเพศผู้และเพศเมียได้ถูกนำมาสร้างสมการทางคณิตศาสตร์โดยใช้ multiple logistic regression ซึ่งสมการนี้ช่วยให้สามารถบ่งบอกเพศนกในธรรมชาติได้สะดวกและรวดเร็วมากยิ่งขึ้น แต่สมการดังกล่าวยังไม่สมบูรณ์ มีความแม่นยำเพียง 77.8% การเก็บข้อมูลชีวสัณฐานของนกที่เพิ่มมากขึ้นในอนาคตจะช่วยพัฒนาการระบุเพศนกโดยใช้สมการทางคณิตศาสตร์มีความน่าเชื่อถือและแม่นยำมากขึ้น การศึกษารังนี้สามารถนำไปใช้เป็นต้นแบบในการศึกษาประชากรนกชนิดอื่นในธรรมชาติต่อไปได้

Abstract

The concerning of sexes is important for wildlife population study and conservation, however many monomorphic birds are hardly to determine sex in the field. This study tried to determine sex of Stripe-throated Bulbuls, the Asiatic monomorphic passerines, by using DNA sexing technique. Thirtythree adult Stripe-throated Bulbulshad been caught from their natural habitats in Chiang Dao Wildlife Sanctuary. All the birds were caught between March 2013 and October 2013 by using mist nets. Each bird was collected five morphometric data and approximately of 0.1 ml of blood sample for further DNA analysis. The bird's genomic DNA was obtained by using proteinase K extraction kit. The primers P8 and P2 were used to amplify CHD gene by polymerase chain reactions (PCR). For most sex determination, the PCR's product was visualized for the number of allele's band; a bird with one band is male and a bird with two bands is female. To predict the sex of our study species, we combined both molecular and morphometric data together to generate the multiple logistic regression which predicted 77.8% of our population tested in this study and based on small sample size. This mathematic analysis along with DNA sexing technique will be very helpful for sex determination of Stripe-throated Bulbuls in the field. Future study needs to deal with bigger of sample size for robust predictions. Our study may be used as a model for further wildlife bird population study.