ปีที่ 11 ฉบับที่ 1: มกราคม - มิถุนายน 2568
Volume 11 Number 1: January - June 2025

การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมสำหรับใช้ติดตามและตรวจสอบแหล่งที่มาของสัตว์ป่าของกลาง

Genetic Investigation for Tracing and Verifying the Origins of Confiscated Wildlife

กิติชยา เพ็ญชาติ[1*] ศิริรัตน์ ชูสกุลเกรียง[1] และ ณัฐพจน์ วาฤทธิ์[2]

[1] คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร

[2] คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

Kitichaya Penchart[1], Sirirat Choosakoonkriang[1], and Natapot Warrit[2]

[1] Faculty of Science, Silpakorn University

[2] Faculty of Science, Chulalongkorn University

Received: August 23, 2024 | Revised: February 8, 2025 | Accepted: February 27, 2025

บทความวิชาการ (Academic Article)

บทคัดย่อ

การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมถือเป็นงานด้านนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าแขนงหนึ่งที่มีความสำคัญกับการตรวจพิสูจน์พยานหลักฐานเพื่อใช้ในการสืบสวนสอบสวน ติดตามแหล่งที่มาสัตว์ป่าของกลาง เนื่องจากสัตว์ป่าแต่ละชนิดมีเขตการกระจายพันธุ์ที่จำเพาะกับสัตวภูมิศาสตร์ เช่น ช้างเอเชีย ช้างทุ่งแอฟริกา ช้างป่าแอฟริกา เสือโคร่ง เสือดาว และลิ่นชนิดหลากหลายชนิด ทำให้สามารถใช้เขตการกระจายพันธุ์ของสัตว์ในการติดตามแหล่งต้นกำเนิดของสัตว์ ข้อมูลพันธุกรรมสัตว์ป่าใช้ระบุความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่าง พ่อ-แม่-ลูก ซึ่งเป็นพยานหลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์ที่สามารถนำไปใช้ในการยืนยันคำกล่าวอ้างจากผู้ครอบครองสัตว์ป่า ว่ามีแหล่งที่มาจากการสืบพันธุ์ในกรงเลี้ยงหรือไม่ในกรณีที่มีข้อสงสัย และในการแจ้งครอบครองสัตว์ป่าตามกฎหมาย ซึ่งพยานหลักฐานที่ได้จากกระบวนการทางนิติวิทยาศาสตร์มีความน่าเชื่อถือ สามารถใช้ในการดำเนินคดีกับผู้กระทำความผิดได้ การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมสัตว์ป่าจึงช่วยสนับสนุนการบังคับใช้กฎหมายเกี่ยวกับการควบคุมการลักลอบค้าสัตว์ป่าของประเทศไทยให้มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น และเป็นไปตามเจตนารมณ์ของอนุสัญญาไซเตส

คำสำคัญ: ฐานข้อมูลพันธุกรรมสัตว์ป่า, เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์, เครื่องหมายสนิปส์, การระบุตัว, การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก

Abstract

Genetic investigation is an important field of wildlife forensic science that can help investigate evidence and trace the origins of confiscated wildlife. Each species has a specific distribution range by zoogeography. For instance, this includes the Asian elephant, African

* Corresponding author, email: pang_jstp6@hotmail.com

savanna elephant, African forest elephant, tiger, leopard, and various pangolin species. Therefore, the distribution ranges can be used to help trace the origins of confiscated species. Moreover, genetic data can be used to investigate parent-offspring relationships to verify the origins of captive wildlife as claimed by their owners. In cases of uncertainty, such data can support the accurate and transparent documentation of captive wildlife possession. Therefore, the genetic investigation of wildlife more effectively supports the enforcement of wildlife trade regulations in Thailand, aligning with the intent of the CITES convention.

Keywords: Wildlife Genetic Database, Microsatellite**,** SNPs, Individual Identification, Parentage Testing

บทนำ

การลักลอบค้าสัตว์ป่าเป็นอาชญากรรมข้ามชาติรูปแบบหนึ่งที่เป็นปัญหาอันดับต้น ๆ ของภูมิภาคเอเชียรองจากปัญหาการค้ามนุษย์ และการค้ายาเสพติด ซึ่งส่งผลกระทบทั้งด้านความมั่นคง และเศรษฐกิจของประเทศ (Niyomsilpa, 2015) อีกทั้งยังทำให้ทรัพยากรสัตว์ป่าทั่วโลกลดจำนวนลงอย่างรวดเร็ว จนสัตว์ป่าหลายชนิดสูญพันธุ์ไปจากธรรมชาติ ประเทศไทยได้ร่วมลงนามและให้สัตยาบันในอนุสัญญาว่าด้วยการค้าระหว่างประเทศซึ่งชนิดสัตว์ป่าและพืชป่าที่ใกล้สูญพันธุ์ หรือ อนุสัญญาไซเตส (The Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora; CITES) ตลอดจนปรับปรุงแก้ไขกฎหมายเพื่อใช้ในการควบคุมการค้าสัตว์ป่าให้เหมาะสมกับสถานการณ์ปัจจุบัน กระทั่งล่าสุดประเทศไทยได้ตราพระราชบัญญัติงาช้าง พ.ศ. 2558 และพระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พ.ศ. 2562 ซึ่งมีการกำหนดกฎเกณฑ์การแจ้งครอบครอง การขออนุญาตค้า การนำเข้า การนำผ่าน การส่งออกซากสัตว์ป่าและผลิตภัณฑ์จากสัตว์ป่า รวมถึงการกำหนดกฎเกณฑ์กระทำการกับสัตว์ป่าที่ชัดเจน พร้อมกำหนดโทษที่สูงขึ้นหากฝ่าฝืน ดังนั้น กระบวนการตรวจพิสูจน์พยานหลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์จึงเข้ามามีบทบาทในการติดตาม สืบสวนสอบสวนคดีการลักลอบค้าสัตว์ป่ามากขึ้น เพื่อให้การบังคับใช้กฎหมายสำหรับควบคุมการค้าและการใช้ประโยชน์จากสัตว์ป่าของประเทศไทยเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพ

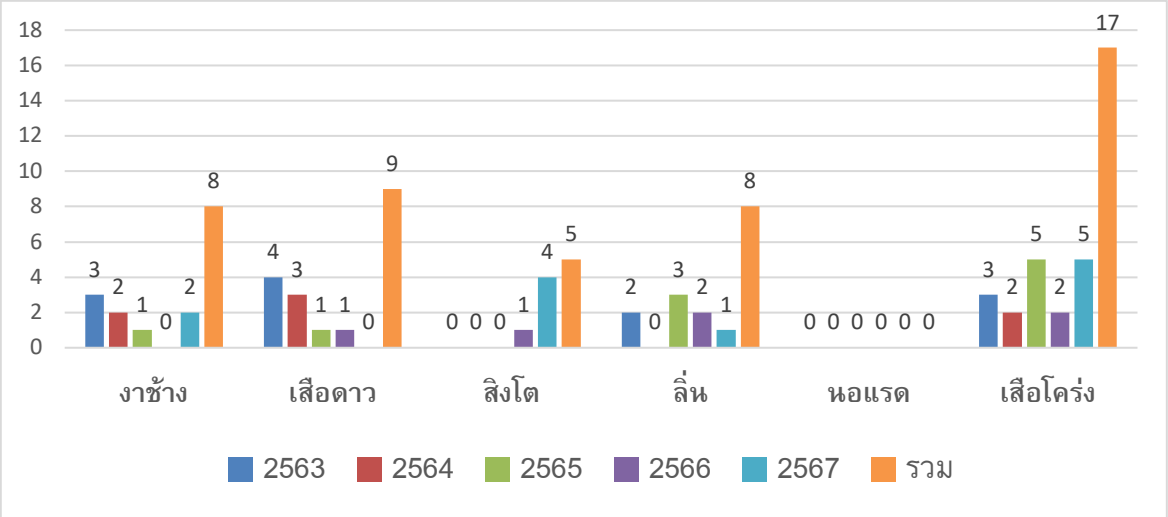
การตรวจพิสูจน์พยานหลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่านั้นเป็นสิ่งใหม่ที่ท้าทาย เนื่องจากคดีเกี่ยวกับสัตว์ป่าหนึ่งคดีสามารถตรวจยึดสัตว์ป่าของกลางได้หลายชนิด (species) มีทั้งสัตว์ป่าในประเทศและสัตว์ป่าต่างถิ่นที่ถูกลักลอบนำเข้ามา ซึ่งสัตว์ป่าชนิดต่าง ๆ เหล่านี้เกือบทั้งหมดที่มีการลักลอบค้าได้รับการคุ้มครองตามพระราชบัญญัติงาช้าง พ.ศ. 2558 พระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พ.ศ. 2562 และอนุสัญญาไซเตสทั้งสิ้น สัตว์ป่าของกลางที่ตรวจยึดได้ ได้แก่ สัตว์ป่าที่มีชีวิต ซากหรือชิ้นส่วนสัตว์ป่า เช่น เนื้อ กระดูก ฟัน งา หรือแม้แต่ผลิตภัณฑ์จากสัตว์ป่าจำพวกกระเป๋าหนังสัตว์ รวมถึงผลิตภัณฑ์แปรรูปที่มีส่วนผสมของซากสัตว์ป่า ได้แก่ ยารักษาโรค ซึ่งไม่สามารถจำแนกชนิดพันธุ์สัตว์ป่าจากลักษณะสัณฐานได้ แต่เนื่องจากพระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พ.ศ. 2562 ได้กำหนดประเภทสัตว์ป่าไว้ทั้งหมด 4 ประเภท ได้แก่ สัตว์ป่าสงวน สัตว์ป่าคุ้มครอง สัตว์ป่าควบคุม และสัตว์ป่าอันตราย โดยสัตว์ป่าแต่ละประเภทมีกฎเกณฑ์การ

ครอบครอง การค้า และการอนุญาตดำเนินการกับสัตว์ป่าที่แตกต่างกัน นอกจากนี้การส่งออก การนำผ่าน หรือนำเข้าสัตว์ป่าที่อยู่ในบัญชีของอนุสัญญาไซเตสยังมีการแบ่งชนิดพันธุ์สัตว์ออกเป็น 3 บัญชี คือ บัญชีหมายเลข 1 บัญชีหมายเลข 2 และบัญชีหมายเลข 3 ซึ่งการส่งออก การนำผ่าน หรือการนำเข้าสัตว์ป่าในแต่ละบัญชีมีกฎเกณฑ์แตกต่างกัน ดังนั้น การบังคับใช้กฎหมายเกี่ยวกับการกระทำผิดต่อสัตว์ป่าต่างชนิดพันธุ์จึงอาจมีฐานความผิดที่แตกต่างกันด้วย แม้ว่าจะเป็นการกระทำผิดในรูปแบบเดียวกันก็ตาม การบังคับใช้กฎหมายดังกล่าว จึงจำเป็นต้องทราบถึงชนิดพันธุ์และแหล่งที่มาของสัตว์ป่าของกลาง ทำให้การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมสัตว์ป่าของกลางมีความจำเป็นอย่างยิ่งต่อการสืบสวนสอบสวนและการบังคับใช้กฎหมายเพื่อควบคุมการค้าและการใช้ประโยชน์จากสัตว์ป่าของประเทศไทย

สำหรับบทความนี้จะกล่าวถึงการตรวจพิสูจน์พยานหลักฐานทางพันธุกรรมในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า จากสัตว์ป่าของกลางชนิดเป้าหมายที่มีการลักลอบค้ามากที่สุดในโลกและเป็นที่สนใจของศูนย์การศึกษาเพื่อการป้องกันประเทศชั้นสูง (Center for Advanced Defense Studies; C4ADS) ที่ประเทศไทยสามารถตรวจยึดได้สูงที่สุด 3 กลุ่มแรก (Family) ในช่วงปี 2563-2567 ซึ่งเป็นช่วงหลังการบังคับใช้พระราชบัญญัติงาช้าง พ.ศ. 2558 ร่วมกับพระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พ.ศ. 2562 ได้แก่ เสือโคร่งและเสือดาว (Felidae) ช้าง (Elephantidae) และลิ่น (Manidae) (C4ADS, 2025) ซึ่งทั้งหมดอยู่ในบัญชีไซเตสหมายเลข 1 ห้ามนำเข้า นำผ่าน หรือส่งออก เพื่อวัตถุประสงค์ทางการค้าโดยเด็ดขาด ด้วยการตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของกลาง (Species Identification) การตรวจพิสูจน์เพื่อระบุตัว (Individual Identification) และการหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก (Parentage Testing) โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมประเภทต่าง ๆ ในการติดตามและตรวจสอบสัตว์ป่าของกลาง ตลอดจนข้อเสนอแนะในการตรวจพิสูจน์พยานหลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า เพื่อให้การบังคับใช้กฎหมายของประเทศไทยในคดีเกี่ยวกับสัตว์ป่าเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพและสอดคล้องกับเจตนารมณ์ของอนุสัญญาไซเตส

1. สถานการณ์การลักลอบค้าสัตว์ป่า

ปัจจุบันมีการตรวจยึดซากสัตว์ป่ารวมถึงผลิตภัณฑ์จากสัตว์ป่าที่ได้จากการลักลอบค้าทั่วโลก ประเภทสัตว์ป่าของกลางที่ศูนย์การศึกษาเพื่อการป้องกันประเทศชั้นสูง (Center for Advanced Defense Studies; C4ADS) ให้ความสำคัญและเฝ้าระวังมีทั้งหมด 6 ประเภท ได้แก่ งาช้าง เสือดาว สิงโต ลิ่น นอแรด และเสือโคร่ง ซึ่งจัดเป็นสัตว์ป่าชนิดเป้าหมายที่มักถูกลักลอบค้า เป็นสัตว์ป่าหายากเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ และจัดอยู่ในบัญชีไซเตสหมายเลข 1 (CITES, 2025) โดยมีการประเมินว่าในทุก ๆ ปี มีเสือโคร่งมากกว่า 100 ตัว แรดมากกว่า 1,000 ตัว ช้างมากกว่า 20,000 ตัว และลิ่นมากกว่า 200,000 ตัว ถูกลักลอบค้า (WWF, 2022) จากข้อมูลการตรวจยึดสัตว์ป่าของกลางทั้ง 6 ประเภทข้างต้นของประเทศไทยระหว่างปี 2563-2567 พบว่า สัตว์ป่าของกลางที่ตรวจยึดได้ส่วนใหญ่เป็นกลุ่มสัตว์ที่ปัจจุบันยังคงมีการกระจายพันธุ์ในประเทศไทย ได้แก่ กลุ่มช้าง กลุ่มเสือ (เสือโคร่งและเสือดาว) และกลุ่มลิ่น ซึ่งกลุ่มสัตว์ดังกล่าวยกเว้นกลุ่มลิ่นมีการเพาะขยายพันธุ์ในกรงเลี้ยงของประเทศไทยด้วย โดยกลุ่มสัตว์ที่สามารถตรวจยึดได้สูงสุดของประเทศไทย 3 กลุ่มแรก คือ สัตว์กลุ่มเสือ (เสือโคร่ง เสือดาว และสิงโต) กลุ่มช้าง และกลุ่มลิ่น (ภาพที่ 1)



ภาพที่ 1 กราฟแสดงสถิติรายปีของจำนวนครั้งที่ตรวจยึดสัตว์ป่าของกลางในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2563 - 2567 อ้างอิงตามข้อมูลจากศูนย์การศึกษาเพื่อการป้องกันประเทศชั้นสูง (C4ADS, 2025)

2. ความสำคัญของอนุสัญญาไซเตสกับกฎหมายว่าด้วยการควบคุมการลักลอบค้าสัตว์ป่า

อนุสัญญาไซเตส หรือ อนุสัญญาว่าด้วยการค้าระหว่างประเทศซึ่งชนิดสัตว์ป่าและพืชป่าที่ใกล้สูญพันธุ์ (The Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora; CITES) คือ อนุสัญญาที่เกิดจากการลงนามข้อตกลงระดับนานาชาติระหว่างรัฐบาลของประเทศหรือรัฐต่าง ๆ ซึ่งประเทศไทยได้ร่วมลงนามเมื่อวันที่ 3 มีนาคม 2516 ณ กรุงวอชิงตัน ดี.ซี. สหรัฐอเมริกา จึงเรียกอีกชื่อหนึ่งว่า อนุสัญญาวอชิงตัน (Washington Convention) มีผลบังคับใช้เมื่อวันที่ 1 กรกฎาคม 2518 โดยประเทศไทยได้ให้สัตยาบันเมื่อวันที่ 21 มกราคม 2526 มีเจตนารมณ์เพื่อป้องกันการค้าสัตว์ป่าและพืชป่าที่ไม่ยั่งยืน ซึ่งอาจนำไปสู่การสูญพันธุ์ของชนิดพันธุ์เหล่านั้น (Ministry of Natural Resources and Environment, 2023) โดยมีระบบการขอใบอนุญาต (Permit) และหนังสือรับรอง (Certificate) นำเข้า (Import) ส่งออก (Export) ส่งกลับออกไป (Re-export) และนำเข้าจากทะเล (Introduction from the Sea) ซึ่งตามแนบท้ายของอนุสัญญาฉบับนี้มีบัญชีรายชื่อชนิดพันธุ์พืชและสัตว์ที่ได้รับการคุ้มครองแบ่งเป็น 3 บัญชี ได้แก่ ชนิดพันธุ์ในบัญชีหมายเลข 1 เป็นชนิดพันธุ์ที่หายาก ใกล้สูญพันธุ์ ห้ามส่งออกเพื่อวัตถุประสงค์ทางการค้าโดยเด็ดขาด ชนิดพันธุ์ในบัญชีหมายเลข 2 เป็นชนิดพันธุ์ที่ยังไม่เสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ สามารถส่งออกเพื่อวัตถุประสงค์ทางการค้าได้ และชนิดพันธุ์ในบัญชีหมายเลข 3 เป็นชนิดพันธุ์ที่ถูกคุ้มครองโดยประเทศในภาคีของอนุสัญญาฯ สำหรับประเทศไทยผู้ที่นำเข้า ส่งออก หรือนำผ่าน สัตว์บกที่อยู่ในบัญชีแนบท้ายของอนุสัญญาทุกบัญชีจะต้องได้รับอนุญาตจากกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช (Division of Wild Fauna and Flora Protection under The Convention, n.d.) สำหรับสัตว์น้ำรวมถึงสัตว์ที่อาศัยอยู่ในน้ำหากมีการกระทำการดังกล่าวจะต้องได้รับอนุญาตจากกรมประมง (Department of Fisheries, n.d.)

ประเทศไทยได้มีการปรับปรุงแก้ไขกฎหมายว่าด้วยการค้าสัตว์ป่า ซึ่งมีกำหนดกฎเกณฑ์ ระเบียบต่าง ๆ สอดคล้องกับอนุสัญญาไซเตส ได้แก่ พระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พ.ศ. 2562 ส่วนที่ 4 การนำเข้า ส่งออก หรือนำผ่านซึ่งสัตว์ป่า และด่านตรวจสัตว์ป่า มาตรา 22 ถึง มาตรา 27 และ พระราชบัญญัติ

งาช้าง พ.ศ. 2558 มาตรา 5 ห้ามมิให้ผู้ใดนำเข้า ส่งออก หรือนำผ่านซึ่งงาช้าง อย่างไรก็ตามสามารถกระทำการดังกล่าวได้เท่าที่ไม่ขัดกับกฎเกณฑ์และได้รับการอนุญาตอย่างถูกต้อง ดังนั้น อนุสัญญาไซเตสจึงมีบทบาทสำคัญในการควบคุมการลักลอบค้าสัตว์ป่าระหว่างประเทศของไทย ซึ่งสัตว์ป่าของไทย ตามกฎกระทรวงกำหนดให้สัตว์ป่าบางชนิดเป็นสัตว์ป่าคุ้มครอง พ.ศ. 2567 ส่วนใหญ่ได้รับการคุ้มครองจากอนุสัญญาไซเตส ตัวอย่างชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของไทยในบัญชีหมายเลข 1 เช่น เสือโคร่ง (*Panthera tigris*) เสือดาว (*Panthera pardus*) ช้าง (*Elephas maximus*) กระทิง (*Bos gaurus*) ชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของไทยในบัญชีหมายเลข 2 เช่น ลิงกัง (*Macaca leonine*) ลิงเสน (*Macaca arctoides*) หมาใน (*Cuon alpinus*) เหี้ย (*Varanus salvator*) และชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของไทยในบัญชีหมายเลข 3 เช่น อีเห็นเครือ (*Paguma larvata*) ชะมดเช็ด (*Viverricula indica*) หมาจิ้งจอก (*Canis aureus*) (CITES, 2025)

3. การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า

การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า เป็นการตรวจพิสูจน์พยานหลักฐานจากตัวอย่างวัตถุพยานที่ได้จากสัตว์ สำหรับตัวอย่างที่ได้จากสัตว์ป่าของกลางที่สามารถนำมาตรวจพิสูจน์พันธุกรรมได้ ได้แก่ เลือด น้ำลาย เส้นขน หรือเนื้อเยื่อต่าง ๆ ซึ่งการตรวจพิสูจน์ดังกล่าวจะวิเคราะห์รหัสพันธุกรรม (DNA) เพื่อเปรียบเทียบ เชื่อมโยงความเกี่ยวข้องระหว่างวัตถุพยาน หรือแหล่งที่มาของสัตว์ป่าของกลางนั้น ๆ เนื่องจากสัตว์ป่าแต่ละชนิดมีเขตการกระจายพันธุ์ในธรรมชาติที่แตกต่างกัน ดังนั้น หากทราบชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของกลางที่ตรวจยึดได้ ก็จะทราบถึงแหล่งต้นกำเนิดของสัตว์ป่าของกลางนั้น ๆ ด้วย จากการตรวจยึดสัตว์ป่าของกลางในประเทศไทยที่ผ่านมา บ่อยครั้งไม่สามารถจำแนกชนิดพันธุ์จากลักษณะสัณฐานภายนอกได้ ตัวอย่างเช่น ของกลางประเภทงาช้าง เกล็ดลิ่น หรือแม้แต่การระบุชนิดพันธุ์ย่อย (subspecies) ของสัตว์ป่าของกลางที่มีชีวิตจำพวกเสือโคร่ง และเสือดาว จากลักษณะภายนอก อาจทำให้เกิดความสับสนได้ เนื่องจากชนิดพันธุ์ย่อยของเสือโคร่ง และเสือดาวมีลักษณะภายนอกที่คล้ายคลึงกันมาก ไม่ว่าจะเป็นสีขน ขนาดลำตัว ฯลฯ (Castelló, 2020) นอกจากนี้สัตว์ป่าบางชนิด เช่น ช้าง มีสถานภาพเป็นสัตว์ป่าคุ้มครอง ตามพระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พ.ศ. 2562 ไม่อนุญาตให้ล่า หรือครอบครอง แต่ในขณะเดียวกันช้างบางกรณีเป็นสัตว์พาหนะตามพระราชบัญญัติสัตว์พาหนะ พ.ศ. 2482 สามารถเลี้ยง และเพาะขยายพันธุ์ได้ แต่ต้องจดทะเบียนตั๋วรูปพรรณกับกรมการปกครอง และต้องพิสูจน์ได้ว่าเป็นช้างที่ได้จากการสืบพันธุ์จากช้างที่มีตั๋วรูปพรรณเท่านั้น ทั้งนี้ เพื่อป้องกันการลักลอบนำช้างป่ามาสวมสิทธิเป็นช้างบ้าน สำหรับการตรวจพิสูจน์พันธุกรรมช้างเพื่อใช้เป็นพยานหลักฐานในการดำเนินคดีเกี่ยวกับการลักลอบสวมทะเบียนตั๋วรูปพรรณช้างป่ามาเป็นช้างบ้านของประเทศไทย จะใช้การตรวจสอบความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก และการตรวจพันธุกรรมเพื่อระบุตัว ซึ่งกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช ร่วมกับกรมการปกครอง และกรมปศุสัตว์ ได้จัดทำฐานข้อมูลพันธุกรรมของช้างบ้านมากกว่า 3,500 เชือก และใช้ฐานข้อมูลพันธุกรรมนี้ในการเปรียบเทียบผลการตรวจพิสูจน์พยานหลักฐานจากสัตว์ป่าของกลางสำหรับดำเนินคดี (Thai PBS, 2017)

เสือโคร่ง และเสือดาว ตามพระราชบัญญัติสงวนและคุ้มครองสัตว์ป่า พ.ศ. 2562 จัดเป็นสัตว์ป่าคุ้มครองที่ไม่อนุญาตให้ครอบครอง หรือเพาะพันธุ์เพื่อการค้าโดยเด็ดขาด แต่สามารถครอบครองได้เพื่อกิจการ

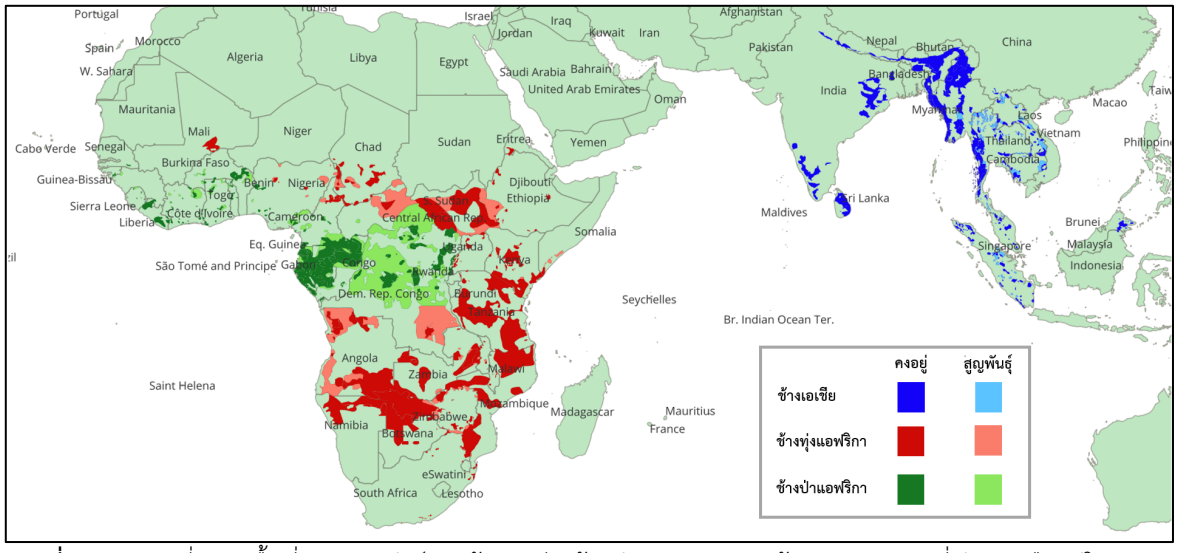
สวนสัตว์เท่านั้น โดยจะต้องจดทะเบียนครอบครองกับกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช รวมถึงต้องแจ้งหากมีการเกิด ตาย ของสัตว์ที่ครอบครอง โดยเฉพาะเสือโคร่ง จะต้องแจ้งผ่านช่องทางสายด่วน 1362 ให้เร็วที่สุด (Forest Fire Prevention and Suppression Office, 2515) เพื่อให้เจ้าหน้าที่เข้าไปตรวจสอบและจัดทำฐานข้อมูลการเพิ่มลดของประชากรเสือโคร่งในกรงเลี้ยง ซึ่งส่วนคุ้มครองสัตว์ป่า สำนักอนุรักษ์สัตว์ป่า กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช ได้ให้ข้อมูลว่า ลูกเสือโคร่งที่เกิดใหม่ จะมีการถ่ายภาพลายเสือโคร่งในมุมต่าง ๆ เช่น ภาพลายทั้งสองข้างของลำตัว ลายหน้าผาก ลายข้างแก้ม และลายหาง ซึ่งลายเสือโคร่งมีลักษณะเป็นแถบ (strip) และมีเอกลักษณ์เฉพาะตัวเช่นเดียวกับลายนิ้วมือของมนุษย์ สามารถใช้ระบุตัวได้ (Shi et al., 2023) นอกจากนี้ทางสัตวแพทย์ประจำสวนสัตว์จะฝังรหัสไมโครชิพไว้บริเวณสะบักหลังของเสือโคร่งด้วย โดยมีเจ้าหน้าที่ของกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช ร่วมเป็นพยาน ถึงกระนั้น บ่อยครั้งก็ไม่สามารถตรวจหารหัสไมโครชิพจากเครื่องอ่านได้ จึงจำเป็นต้องเปรียบเทียบลายจากภาพถ่ายในฐานข้อมูลเพื่อใช้ระบุตัวและฝังไมโครชิพรหัสใหม่ ทำให้เกิดความสับสน ดังนั้น เพื่อเป็นการควบคุมไม่ให้มีการลักลอบสวมทะเบียนเสือโคร่ง รวมถึงการลักลอบค้าซากเสือโคร่งที่ตายในกรงเลี้ยง การทำลายซากเสือโคร่ง จึงต้องมีเจ้าหน้าที่ร่วมเป็นพยานด้วย สำหรับในกรณีเสือดาว มีการจัดทำทะเบียนควบคุมเช่นเดียวกับเสือโคร่ง แต่ไม่มีการถ่ายภาพลาย เนื่องจากลายเสือดาวมีลักษณะคล้ายดอกกุหลาบ (Rosettes) และกระจายชิดติดกันทั้งตัว การระบุตัวจากลายเสือดาวด้วยสายตานั้นจึงทำได้ยาก (Mahaliyanaarachchi et al., 2024) นอกจากนี้เสือดาวบางตัวมีสีพื้นและลายสีเดียวกัน เช่น เสือดำ ดังนั้นการระบุตัวจึงอาศัยการตรวจพิสูจน์พันธุกรรมเป็นหลัก อย่างไรก็ตาม ลูกเสือโคร่งและเสือดาวทุกตัวที่นำมาจดทะเบียนแจ้งเกิดนั้น จะต้องได้มาจากการสืบพันธุ์ในกรงเลี้ยง หรือมีแหล่งที่มาที่ถูกต้องตามกฎหมาย โดยผู้แจ้งครอบครองจะต้องสามารถระบุพ่อ หรือ แม่ หรือ แหล่งที่มาของสัตว์ที่นำมาจดทะเบียนครอบครองได้ เพื่อให้เจ้าหน้าที่ตรวจสอบพันธุกรรมหากมีข้อสงสัย

การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมเพื่อหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก รวมถึงการตรวจพันธุกรรมเพื่อระบุตัวสัตว์จึงมีความจำเป็นสำหรับการพิสูจน์เพื่อยืนยันว่า สัตว์ตัวนั้น ๆ ได้มาจากการสืบพันธุ์ในกรงเลี้ยงจริงตามคำกล่าวอ้าง หรือใช้ในการระบุตัวในกรณีที่สัตว์บางชนิดไม่มีลวดลายที่เป็นเอกลักษณ์เฉพาะตัว เช่น ช้าง เพื่อใช้เป็นหลักฐานในการจดทะเบียนตั๋วรูปพรรณช้าง หรือในกรณีการจดทะเบียนครอบครองเสือโคร่ง และเสือดาวในกรงเลี้ยง รวมถึงใช้ตรวจพิสูจน์ในกรณีที่มีข้อสงสัยว่า สัตว์ตัวนั้น ๆ อาจมีที่มาไม่ถูกต้อง หรือมีการลักลอบสวมทะเบียนสัตว์ ตลอดจนใช้ตรวจพิสูจน์เพื่อตรวจสอบและติดตามแหล่งที่มาของพยานหลักฐานที่ได้จากสัตว์ป่าของกลาง

4. การตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของกลางในสัตว์กลุ่มช้าง (Elephantidae)

สัตว์กลุ่มช้างในปัจจุบันที่ยังมีการกระจายพันธุ์ในธรรมชาติมี 2 ชนิดพันธุ์ คือ ช้างเอเชีย (*Elephas maximus*) และช้างแอฟริกา (*Loxodonta africana*) โดยช้างเอเชียมีพื้นที่กระจายพันธุ์ตั้งแต่คาบสมุทรอินเดียมายังเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ลงไปจนถึงเกาะบอร์เนียว และทางตอนเหนือมีการกระจายพันธุ์ตั้งแต่ประเทศเนปาลลงมาถึงตอนใต้ของเกาะสุมาตรา (Williams et al., 2020) ส่วนช้างแอฟริกามีพื้นที่กระจายพันธุ์ในทวีปแอฟริกาบริเวณแอฟริกาใต้สะฮารา (Sub-Saharan Africa) แบ่งเป็น 2 ชนิดพันธุ์ย่อย คือ ช้างทุ่งแอฟริกา หรือ African Savanna Elephant (*Loxodonta africana africana*) ซึ่งเป็นประชากรส่วนใหญ่ที่กระจายพันธุ์ในทวีป

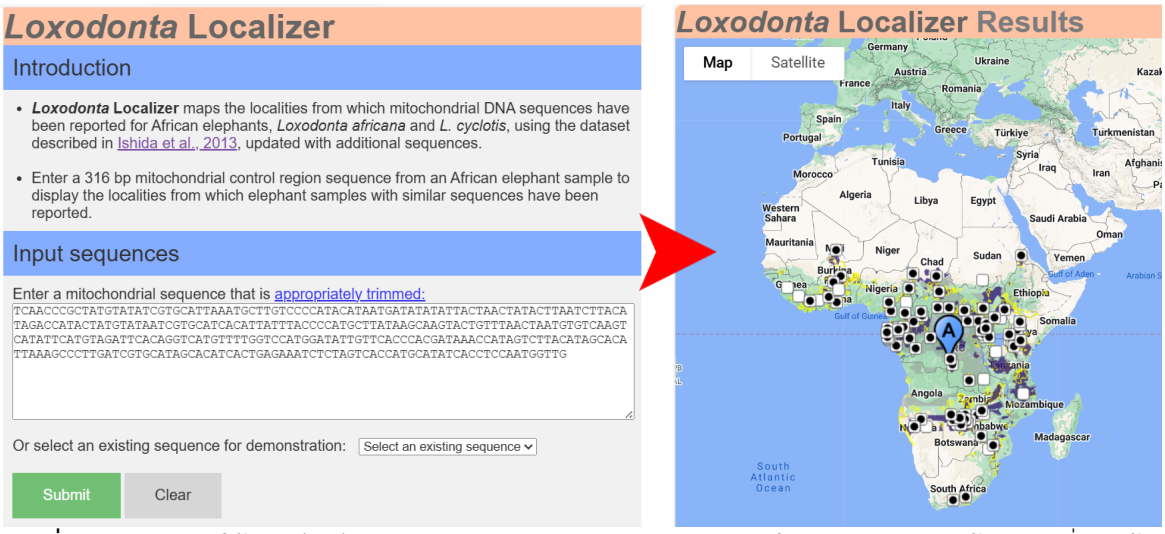
แอฟริกา ได้แก่ ประเทศมาลี ชาด ตอนใต้ของประเทศซูดาน เคนยา บุรุนดี แทนซาเนีย แองโกลา แซมเบีย มาลาวี นามิเบีย เอสวาตินี ซิมบับเว ฯลฯ (Gobush et al., 2021a) และช้างป่าแอฟริกา หรือ African Forest Elephant (*Loxodonta africana cyclotis*) กระจายพันธุ์เฉพาะในแถบตะวันตกของทวีปแอฟริกา ได้แก่ ประเทศไอวอรีโคลสต์ กานา ไนจีเรีย แคเมอรูน กาบอง คองโก ยูกันดา บุรุนดี ฯลฯ (Gobush et al., 2021b) (ภาพที่ 2) ดังนั้นหากทราบชนิดพันธุ์ของงาช้างก็จะสามารถสืบแหล่งที่มาในระดับภูมิภาคของงาช้างของกลางได้ ซึ่งจะเป็นประโยชน์ในการติดตามแหล่งที่มาของกลาง โดยเฉพาะในคดีการลักลอบค้าและนำเข้างาช้าง ที่ประเทศไทยตรวจยึดได้เป็นจำนวนมากจากการลักลอบนำเข้างาช้างมาจากประเทศทางแถบแอฟริกา โดยในปี 2557-2558 กรมศุลกากรไทยสามารถตรวจยึดงาช้างดิบได้มากกว่า 10 ตัน ซึ่งในปี 2563 สำนักงานสืบสวนความมั่นคงสหรัฐอเมริกา (Homeland Security Investigations; HIS) ได้ร่วมกับทีมเจ้าหน้าที่ศุลกากรไทย และกรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช ดำเนินการเก็บตัวอย่างงาช้างบางส่วนตรวจพันธุกรรมงาช้างของกลางเชื่อมโยงกับคดีอื่น ๆ เพื่อใช้ขยายผลในการดำเนินคดีกับผู้เกี่ยวข้อง (Customs, 2020)



ภาพที่ 2 แผนที่แสดงพื้นที่กระจายพันธุ์ของช้างเอเชีย ช้างทุ่งแอฟริกา และช้างป่าแอฟริกา ที่ยังคงเหลืออยู่ในธรรมชาติและสูญพันธุ์ไปแล้ว อ้างอิงตามข้อมูลจาก IUCN red list (2024)

ของกลางในกลุ่มสัตว์จำพวกช้างที่ตรวจยึดได้ส่วนใหญ่เป็นของกลางประเภทงาช้างดิบและผลิตภัณฑ์ที่ทำจากงาช้าง นอกจากนี้ยังมีการนำวัสดุเลียนแบบงาช้างมาวางขายปะปนกับผลิตภัณฑ์งาช้างด้วย ได้แก่ กระดูกสัตว์ เขี้ยว และเรซิ่น (Buddhachat et al., 2017) ซึ่งสามารถจำแนกได้จากลักษณะสัณฐานภายนอก โดยงาช้างจะมีลายตะแกรง (Schreger lines) บริเวณหน้าตัดของงา เป็นลักษณะเฉพาะที่พบในงาช้างเท่านั้น องศาการทำมุมของลายตะแกรงนี้จะแตกต่างกันระหว่างงาช้างแมมมอธกับงาช้างปัจจุบัน (Cartier et al., 2020) การตรวจพิสูจน์ทางพันธุกรรมจึงมีความจำเป็นในการจำแนกชนิดพันธุ์งาช้างปัจจุบัน โดยวิธีการตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์ของงาช้างจะใช้การถอดรหัสพันธุกรรมสายแม่ (Mitochondrial DNA) และนำรหัสพันธุกรรมที่ได้ไปเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลพันธุกรรมของศูนย์ข้อมูลเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (National Center for Biotechnology Information; NCBI) ของสหรัฐอเมริกา หรือที่เรียกว่า GenBank โดยใช้

เครื่องมือค้นหาและจัดเรียงลำดับเบื้องต้น (Basic Local Alignment Search Tool; BLAST) ซึ่งชิ้นส่วนพันธุกรรมสายแม่ที่นิยมใช้ในการจำแนกชนิดพันธุ์งาช้าง ได้แก่ *ND5, Cytochrome b* และ Control Region (Goffette et al. 2022; Hale et al., 2021) ปัจจุบันมีการศึกษาพัฒนาชุดตรวจพันธุกรรมงาช้างแบบพกพาสามารถจำแนกชนิดพันธุ์งาช้างเอเชียและงาช้างแอฟริกาได้แล้ว แต่ยังไม่มีการนำมาใช้ในงานคดี (Thanakiatkrai et al., 2024) ในกรณีการตรวจสอบแหล่งที่มางาช้างของกลางที่ได้จากช้างแอฟริกา สามารถนำรหัสพันธุกรรมที่ได้มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมหาแหล่งที่อยู่อาศัยของช้าง (Loxodonta Localizer; LL software) ซึ่งเป็นฐานข้อมูลออนไลน์ที่รวบรวมข้อมูลพันธุกรรมและแหล่งที่อยู่อาศัยของช้างแอฟริกาในธรรมชาติ (Ishida et al., 2013) การวิเคราะห์ทำโดยการป้อนข้อมูลรหัสพันธุกรรมสายแม่ในส่วน Control Region เพียง 316 คู่เบส เพื่อสืบค้นแหล่งที่มาของตัวอย่างของกลาง ซึ่งผลที่ได้จากการสืบค้นจะแสดงออกมาในรูปแผนที่ พร้อมปักหมุดแสดงตำแหน่งแหล่งอาศัยของช้างอย่างชัดเจน (ภาพที่ 3) (Carrothers et al., 2024) จากข้อมูลการตรวจยึดงาช้างที่ลักลอบนำเข้ามาในประเทศไทย แม้ว่างาช้างเกือบทั้งหมดมีที่มาจากภูมิภาคแอฟริกา (TRAFFIC International, 2024) แต่ก็จำเป็นต้องตรวจพิสูจน์หลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์ด้วยการตรวจพันธุกรรมเพื่อยืนยันว่า ไม่ใช่งาช้างที่มีต้นกำเนิดจากประเทศไทย



ภาพที่ 3 แสดงการใช้ซอฟต์แวร์ Loxodonta Localizer หรือ LL software ในการติดตามแหล่งต้นกำเนิดที่มางาช้างของกลางที่มีเขตการกระจายพันธุ์ในทวีปแอฟริกา (ช้างทุ่งแอฟริกา และช้างป่าแอฟริกา)

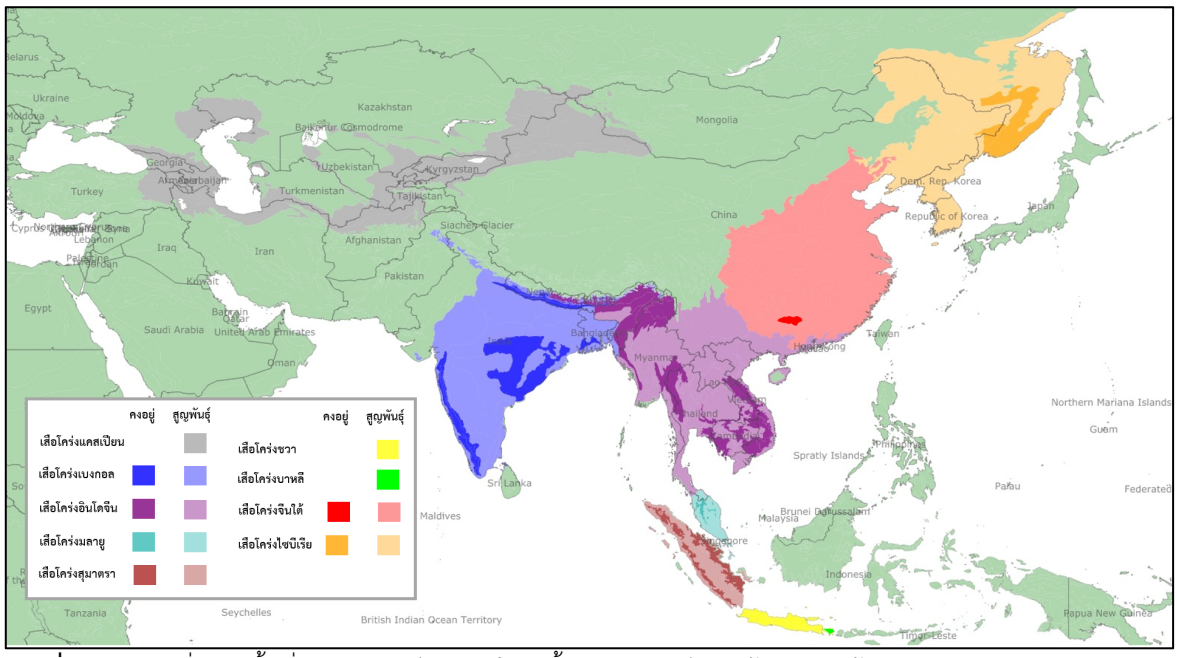
แหล่งที่มา: ฐานข้อมูล Loxodonta Localizer หรือ LL software (https://www.loxodontalocalizer.org/)

5. การตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของกลางในสัตว์กลุ่มเสือ (Felidae)

สัตว์กลุ่มเสือที่มักตกเป็นเป้าหมายการลักลอบค้าในอันดับต้น ๆ ของโลกและมีถิ่นกระจายพันธุ์ในประเทศไทย ได้แก่ เสือโคร่ง และเสือดาว ซึ่งทั้งสองชนิดนี้มีเขตการกระจายพันธุ์ในธรรมชาติเป็นพื้นที่กว้าง รวมถึงมีการลักลอบค้าทั่วโลก

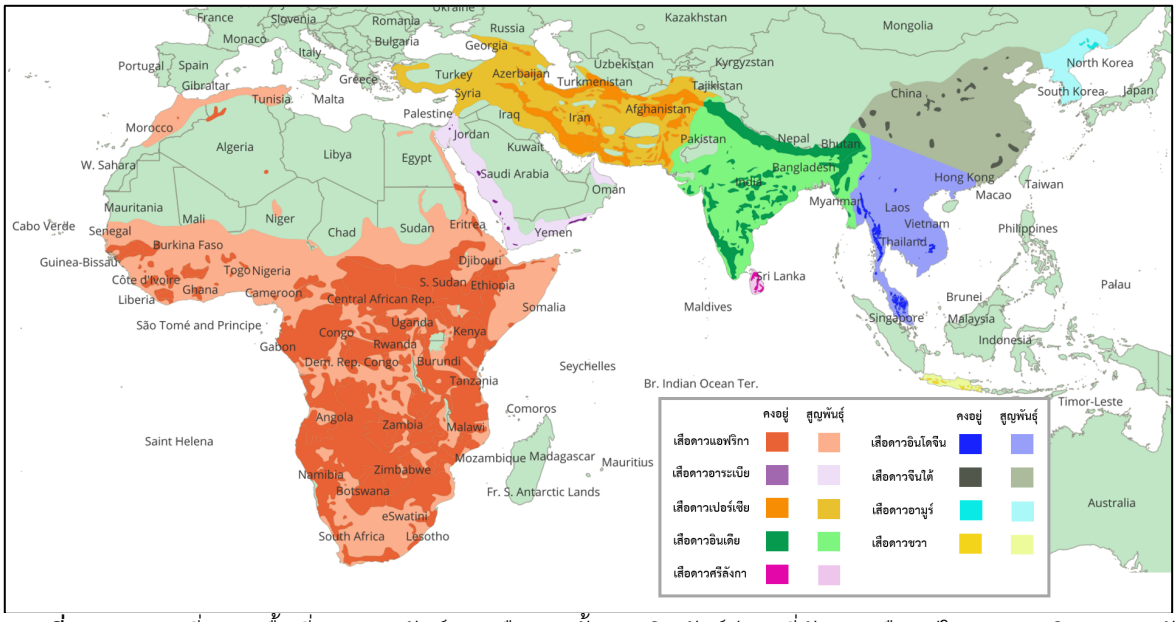
เสือโคร่ง (*Panthera tigris*) มีเขตการกระจายพันธุ์ตั้งแต่บริเวณทะเลสาบแคสเปียน จีนตอนเหนือ คาบสมุทรอินเดีย คาบสมุทรอินโดจีน เกาะสุมาตรา เกาะชวา และทางตอนเหนือของคาบสมุทรอินโดจีนขึ้นไปถึงแถบเอเชียตะวันออก คาบสมุทรเกาหลี และตอนใต้ของประเทศรัสเซีย แบ่งเป็น 9 ชนิดพันธุ์ย่อย ได้แก่ เสือ

โคร่งเบงกอล (*P.t. tigris*) เสือโคร่งไซบีเรีย (*P.t. altaica*) เสือโคร่งสุมาตรา (*P.t. sumatrae*) เสือโคร่งอินโดจีน (*P.t. corbetti*) เสือโคร่งมลายู (*P.t. jacksoni*) เสือโคร่งจีนใต้ (*P.t. amoyensis*) และ 3 ชนิดพันธุ์ย่อย ที่สูญพันธุ์ไปแล้ว ได้แก่ เสือโคร่งชวา (*P.t. sondaica*) เสือโคร่งแคสเปียน (*P.t. virgata*) และเสือโคร่งบาหลี (*P.t. balica*) (Allberry et al., 2024) ซึ่งแต่ละชนิดพันธุ์ย่อยมีเขตการกระจายพันธุ์ที่แตกต่างกัน (ภาพที่ 4) โดยชนิดพันธุ์ย่อยที่มีการกระจายพันธุ์ในประเทศไทยมี 2 ชนิดพันธุ์ย่อย ประชากรส่วนใหญ่ที่พบในประเทศไทยเป็นชนิดพันธุ์ย่อยเสือโคร่งอินโดจีน ส่วนเสือโคร่งมลายู มีพื้นที่กระจายพันธุ์ทางตอนใต้ของประเทศไทยเท่านั้น (Buddhakosai et al., 2016)



ภาพที่ 4 แผนที่แสดงพื้นที่กระจายพันธุ์ของเสือโคร่งทั้ง 9 ชนิดพันธุ์ย่อย อ้างอิงตามข้อมูลของ Molina (n.d.) และ IUCN red list (2024)

เสือดาว (*Panthera pardus*) มีเขตการกระจายพันธุ์ตั้งแต่ทวีปแอฟริกาไปจนถึงภูมิภาคเอเชียตะวันออก รวมถึงเกาะชวา แบ่งเป็น 9 ชนิดพันธุ์ย่อย ได้แก่ เสือดาวแอฟริกา (*P.p. pardus*) เสือดาวอาระเบีย (*P.p. nimr*) เสือดาวเปอร์เซีย (*P.p. saxicolor*) เสือดาวอินเดีย (*P.p. fusca*) เสือดาวศรีลังกา (*P.p. kotiya*) เสือดาวอินโดจีน (*P.p. delacouri*) เสือดาวจีนใต้ (*P.p. japonensis*) เสือดาวอามูร์ (*P.p. orientalis*) และเสือดาวชวา (*P.p. melas*) (IUCN red list, 2024) ซึ่งแต่ละชนิดพันธุ์ย่อยมีพื้นที่การกระจายพันธุ์ที่แตกต่างกัน เนื่องจากมีแนวเขตธรรมชาติแบ่งกั้นพื้นที่การกระจายพันธุ์ของเสือดาวแต่ละชนิดพันธุ์ย่อย (biological barriers) เช่น ภูเขา แม่น้ำ เกาะ โดยเสือดาวแอฟริกามีประชากรมากที่สุด สำหรับประเทศไทยเป็นแหล่งกระจายพันธุ์ของเสือดาวอินโดจีน พบการกระจายพันธุ์ในพื้นที่ป่าตะวันตก โดยมีแม่น้ำอิรวดี (Irrawaddy River) แบ่งกั้นเขตการกระจายพันธุ์ระหว่างประชากรเสือดาวอินเดียและเสือดาวอินโดจีน แม่น้ำเพิร์ล (Pearl River) แบ่งกั้นเขตการกระจายพันธุ์ของประชากรเสือดาวอินโดจีนและเสือดาวจีนใต้ (Jacobson et al., 2016) (ภาพที่ 5)

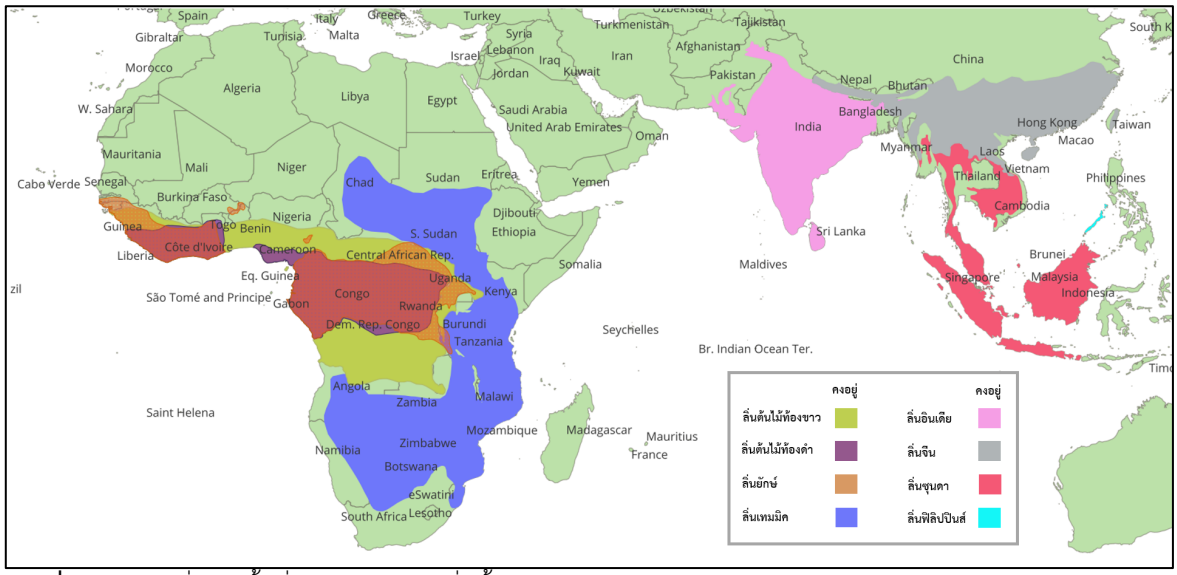


ภาพที่ 5 แผนที่แสดงพื้นที่กระจายพันธุ์ของเสือดาวทั้ง 9 ชนิดพันธุ์ย่อย ที่ยังคงเหลืออยู่ในธรรมชาติ และสูญพันธุ์ไปแล้ว อ้างอิงตามข้อมูลจาก IUCN red list (2024)

ของกลางเสือโคร่งและเสือดาวที่มักตรวจยึดได้ในประเทศไทยมีตั้งแต่ หนัง เขี้ยว เล็บ ซากทั้งตัว รวมไปถึงลูกเสือที่มีชีวิต การตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์ย่อยของลูกเสือของกลางเป็นวิธีหนึ่งสำหรับใช้ในการติดตามหาแหล่งที่มาตัวอย่างของกลางที่ตรวจยึดมาได้ อย่างไรก็ตามการตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์ย่อย (subspecies) มีความละเอียดมากกว่าการตรวจชนิดพันธุ์ (species) ดังนั้น จึงต้องใช้การถอดรหัสพันธุกรรมหลายชิ้นส่วนมาวิเคราะห์ร่วมกัน ซึ่งนิยมใช้การวิเคราะห์พันธุกรรมสายแม่ เช่น *Cytochrome b*, *ND1*, *ND2*, *ND5*, *ND6*, *COI*, *COII*, *ATP8*, *12S* และ Control Region แต่ก็มีการศึกษาพันธุกรรมบนออโตโซมใช้ในการจำแนกชนิดพันธุ์ย่อยร่วมด้วย (Gouda et al., 2020; Luo et al., 2004; Uphyrkina et al., 2001) และบางการศึกษาใช้ทั้งยีน *COI*, Mitogenome หรือกระทั่ง Genome-wide ในการจำแนกชนิดพันธุ์ย่อยของเสือโคร่ง (Ashrifurrahman et al., 2022; Liu et al., 2018) ส่วนการศึกษาพันธุกรรมชนิดพันธุ์ย่อยของเสือดาวยังคงอ้างอิงตาม Uphyrkina et al. (2001) ซึ่งใช้ยีน *ND5* ร่วมกับส่วนของ Control Region อย่างไรก็ตาม การตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์ย่อยของเสือโคร่งและเสือดาวจำเป็นต้องมีฐานข้อมูลพันธุกรรมของแต่ละชนิดพันธุ์ย่อยสำหรับใช้ในการเปรียบเทียบด้วย โดยใช้วิธีการสร้างแผนภูมิต้นไม้สายวิวัฒนาการ (phylogenetic tree) ซึ่งทั้งเสือโคร่งและเสือดาวมีข้อมูลพันธุกรรมที่ได้จากการศึกษาต่าง ๆ เผยแพร่อยู่ในฐานข้อมูล GenBank ครบทุกชนิดพันธุ์ย่อยแล้ว จากผลการตรวจพันธุกรรมเพื่อจำแนกชนิดพันธุ์ย่อยของลูกเสือโคร่งของกลางที่มีชีวิต 3 ตัว ที่ตรวจยึดได้ในประเทศไทย 2 ครั้ง พบว่า ลูกเสือโคร่ง 2 ตัวเป็นชนิดพันธุ์ย่อยเบงกอล และอีก 1 ตัวเป็นชนิดพันธุ์ย่อยไซบีเรีย ซึ่งชี้ให้เห็นว่า ลูกเสือโคร่งของกลางทั้งหมดไม่ได้มีถิ่นกำเนิดในธรรมชาติจากประเทศไทย (Thai PBS, 2022)

6. การตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของกลางในสัตว์กลุ่มลิ่น (Manidae)

ลิ่น (pangolin) เป็นสัตว์เลี้ยงลูกด้วยน้ำนม ตามลำตัวมีเกล็ดปกคลุม มีการกระจายพันธุ์ตั้งแต่ภูมิภาคแอฟริกาจนถึงเอเชียตะวันออก สามารถจำแนกชนิดพันธุ์ได้ทั้งหมด 8 ชนิดพันธุ์ ได้แก่ ลิ่นต้นไม้ท้องขาว (*Phataginus tricuspis*) ลิ่นต้นไม้ท้องดำ (*Phataginus tetradactyla*) ลิ่นยักษ์ (*Smutsia gigantea*) ลิ่นเทมมิค (*Smutsia temminckii*) ลิ่นอินเดีย (*Manis crassicaudata*) ลิ่นจีน (*Manis pentadactyla*) ลิ่นซุนดา (*Manis javanica*) และลิ่นฟิลิปปินส์ (*Manis culionensis*) (Cota-Larson, 2017) ซึ่งลิ่นแต่ละชนิดพันธุ์มีเขตการกระจายพันธุ์แตกต่างกัน โดยลิ่น 4 ชนิดพันธุ์แรก มีเขตการกระจายพันธุ์ในภูมิภาคแอฟริกา และลิ่น 4 ชนิดพันธุ์หลัง มีเขตการกระจายพันธุ์ในภูมิภาคอินเดีย ตอนใต้ของจีน เอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และฟิลิปปินส์ ตามลำดับ (ภาพที่ 6) (IUCN red list, 2024) ปัจจุบันสถานการณ์การลักลอบค้าลิ่นทั่วโลกนับตั้งแต่ปี 2559-2562 มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นทุกปี และมีสถิติการตรวจยึดลิ่นของกลางได้ไม่น้อยกว่า 60-150 ครั้ง ของกลางที่ตรวจยึดได้มีตั้งแต่ลิ่นที่มีชีวิต เกล็ดลิ่น ผลิตภัณฑ์ที่ได้จากหนังลิ่น (Challender et al., 2020) การตรวจยึดลิ่นของกลางในประเทศไทยส่วนใหญ่จะเป็นของกลางประเภทเกล็ดลิ่น โดยล่าสุดเจ้าหน้าที่ทางการไทยได้ตรวจยึดเกล็ดลิ่นที่ลักลอบค้าได้กว่า 1,400 กิโลกรัม (Matichon Online, 2023) ซึ่งการจำแนกชนิดพันธุ์ลิ่นจากลักษณะเกล็ดต้องอาศัยประสบการณ์ และมีโอกาสผิดพลาดได้สูง การตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์จากเกล็ดลิ่นในงานนิติวิทยาศาสตร์จึงนิยมใช้การตรวจพิสูจน์พันธุกรรม โดยการถอดรหัสพันธุกรรมสายแม่ในส่วนของยีน *Cytochrome b* และเปรียบเทียบกับฐานข้อมูล GenBank ด้วยเครื่องมือ BLAST ตลอดจนสร้างแผนภูมิต้นไม้สายวิวัฒนาการ (Ewart et al., 2021) ทำให้ทราบถึงชนิดพันธุ์ของเกล็ดลิ่น และสามารถติดตามแหล่งภูมิภาคต้นกำเนิด หรือที่มาเกล็ดลิ่นของกลางได้ ที่ผ่านมาประเทศไทยสามารถตรวจยึดเกล็ดลิ่นได้จำนวนหลายตัน ซึ่งส่วนใหญ่มีแหล่งที่มาจากประเทศในภูมิภาคแอฟริกาทั้งสิ้น (TRAFFIC International, 2024)



ภาพที่ 6 แผนที่แสดงพื้นที่กระจายพันธุ์ของลิ่นทั้ง 8 ชนิดพันธุ์ อ้างอิงตามข้อมูลจาก IUCN red list (2024)

7. การระบุตัวและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูกในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า

การระบุตัวและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดส่วนใหญ่ใช้ตรวจสอบที่มาของสัตว์ป่าต้องสงสัยที่มีการแจ้งครอบครองในกรงเลี้ยง โดยเฉพาะเสือโคร่ง เสือดาว และช้าง ที่อนุญาตให้สามารถครอบครองได้เป็นบางกรณี ซึ่งสัตว์เหล่านี้มีการจัดทำทะเบียนควบคุมจำนวนประชากร โดยผู้รับอนุญาตให้ครอบครองจะต้องแจ้งหากมีการลด หรือเพิ่มจำนวนสัตว์ที่ตนครอบครอง โดยการแจ้งครอบครองเสือโคร่งและช้างในประเทศไทยได้มีการจัดทำฐานข้อมูลพันธุกรรมสัตว์ร่วมกับการจดทะเบียนครอบครองด้วย ซึ่งฐานข้อมูลพันธุกรรมดังกล่าวเป็นการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA profiling) โดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมประเภทเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ (Short Tandem Repeats; STRs) และ เครื่องหมายสนิปส์ (Single Nucleotide Polymorphisms; SNPs) ในการระบุตัวและหาความสัมพันธ์ทางสายเลือด โดยการหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก จะใช้การเปรียบเทียบลายพิมพ์ดีเอ็นเอบนออโตโซม (autosome) ซึ่งโดยปกติลูกจะได้รับการถ่ายทอดพันธุกรรมมาจากพ่อและแม่อย่างละเท่า ๆ กัน และความสัมพันธ์ทางสายเลือดจะลดลงไปเรื่อย ๆ หากเป็นเครือญาติห่างกันออกไป (Kanthaswamy, 2024)

ปัจจุบันมีการพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมสำหรับใช้ในการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อใช้ระบุตัวและหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดของสัตว์เลี้ยงด้วยวิธีเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ และเครื่องหมายสนิปส์ ซึ่งเป็นชุดตรวจสำเร็จรูปอ้างอิงตามมาตรฐานของสมาคมพันธุศาสตร์สัตว์สากล (International Society of Animal Genetics; ISAG) (ISAG, n.d.) ชุดตรวจพันธุกรรมด้วยวิธีเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์สำหรับระบุตัวและหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดที่ขายตามท้องตลาด ได้แก่ ชุดตรวจพันธุกรรมสำเร็จรูปของสุนัข (Thermo Scientific™ Canine Genotypes Panel 1.1) จำนวน 19 เครื่องหมาย ชุดตรวจพันธุกรรมสำเร็จรูปของวัว (Bovine Genotypes™ Panels 1.2) จำนวน 12 เครื่องหมาย (Kanthaswamy, 2015) นอกจากนี้ยังมีการพัฒนาชุดตรวจเพื่อใช้ระบุตัวและหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดด้วยวิธีเครื่องหมายสนิปส์ของสัตว์เลี้ยง ได้แก่ ชุดตรวจพันธุกรรมสำเร็จรูปของวัว (Bovine ISAG SNP Parentage Panel (2013)) จำนวน 200 เครื่องหมาย (Schütz and Brenig, 2015) และชุดตรวจพันธุกรรมสำเร็จรูปของสุนัข (AgriSeq™ Canine SNP Parentage and ID Panel) จำนวน 381 เครื่องหมาย สำหรับเครื่องหมายพันธุกรรมของสัตว์ป่ายังไม่มีการพัฒนาเป็นชุดตรวจสำเร็จรูป ถึงกระนั้นก็มีการศึกษาวิจัยค้นหาเครื่องหมายพันธุกรรมสำหรับสัตว์ป่าแต่ละชนิดพันธุ์เพื่อใช้ในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า ซึ่งส่วนใหญ่เป็นการค้นหาเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ด้วยวิธี cross-species amplification ตัวอย่างเช่น การทดสอบเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ของแมวในสัตว์กลุ่มเสือ ตลอดจนมีการทดสอบเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์แบบมัลติเพล็กซ์ (multiplex STR) เพื่อสะดวกและประหยัดเวลาค่าใช้จ่ายในการใช้วิเคราะห์มากยิ่งขึ้น (Zhao et al., 2020) ในขณะที่การศึกษาเครื่องหมายสนิปส์บนออโตโซมของสัตว์ป่าส่วนใหญ่ เป็นการใช้เครื่องหมายสนิปส์เพื่อการจำแนกกลุ่มประชากรสัตว์ ซึ่งปัจจุบันนิยมศึกษาในระดับจีโนม (genomes) (Hyun et al., 2021) แต่ก็มีการศึกษาเครื่องหมายสนิปส์สำหรับใช้ในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าด้วย เช่น เสือโคร่ง (Ewart et al., 2024)

บทวิเคราะห์และบทวิจารณ์

1) การตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์สัตว์ป่าของกลางสำหรับใช้ในการติดตามแหล่งที่มา

การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมสำหรับระบุชนิดพันธุ์สัตว์นิยมใช้เครื่องหมายพันธุกรรมแบบข่มสมบูรณ์ (dominant marker) เพื่อถอดรหัสพันธุกรรมสายสั้น ๆ หรือที่เรียกว่า ดีเอ็นเอบาร์โค้ด (DNA barcode) ที่อยู่ในส่วนไมโทคอนเดียลดีเอ็นเอ (mitochondrial DNA) ซึ่งเป็นพันธุกรรมสายแม่มีจำนวน 10^3-10^4 ชุดซ้ำต่อเซลล์ (Copeland, 2010) ทำให้การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมด้วยวิธีนี้สามารถใช้กับตัวอย่างที่เสื่อมสภาพ หรือตัวอย่างที่มีปริมาณสารพันธุกรรมเพียงเล็กน้อยได้ อย่างไรก็ตามการจำแนกชนิดพันธุ์สัตว์ด้วยวิธีการตรวจพันธุกรรมสายแม่ไม่อาจทราบได้ว่า สัตว์นั้น ๆ เป็นสัตว์ลูกผสมข้ามชนิดพันธุ์หรือไม่ (Amorim et al., 2020) ซึ่งมีผลต่อการบังคับใช้กฎหมายของประเทศไทย เนื่องจากบทบัญญัติของกฎหมายกำหนดประเภทสัตว์ป่าโดยอ้างอิงชื่อวิทยาศาสตร์ ดังนั้นจึงไม่สามารถบังคับใช้กฎหมายกับสัตว์ลูกผสมได้ นอกจากนี้ยังไม่มีฐานข้อมูลพันธุกรรมที่เพียงพอในการติดตามแหล่งต้นกำเนิดของสัตว์ป่าด้วยวิธีการตรวจสอบชนิดพันธุ์เพื่อเชื่อมโยงกับขอบเขตการกระจายพันธุ์เฉพาะของสัตว์ป่าแต่ละชนิดพันธุ์ ประกอบกับสัตว์ป่าบางชนิดพันธุ์มีเขตการกระจายพันธุ์กว้าง และซ้อนทับกัน เช่น ลิ่นต้นไม้ท้องขาว ลิ่นต้นไม้ท้องดำ และลิ่นยักษ์ โดยเฉพาะในปัจจุบันมีการค้าและขนส่งสัตว์ป่าจากภูมิภาคต่าง ๆ ทั่วโลก อีกทั้งมีการปรับปรุงสายพันธุ์สัตว์ป่าเพื่อการค้า ทำให้พันธุกรรมที่มีความจำเพาะดั้งเดิมในแต่ละเขตการกระจายพันธุ์เกิดการปนเปื้อน ดังนั้น การติดตามแหล่งต้นกำเนิดสัตว์ป่าของกลางจากการตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์สัตว์ยังจำเป็นต้องอาศัยพยานหลักฐานอื่น ๆ ประกอบด้วย

2) **การระบุตัวและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก สำหรับใช้ตรวจสอบยืนยันแหล่งที่มาสัตว์ป่าต้องสงสัย**

เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ และเครื่องหมายสนิปส์เป็นเครื่องหมายพันธุกรรมแบบข่มร่วม (codominant marker) สามารถจำแนกอัลลีลที่เป็น heterozygotes ได้ จึงสามารถใช้ในการตรวจพิสูจน์เพื่อการระบุตัวและหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก อย่างไรก็ตาม การตรวจดังกล่าวจำเป็นต้องใช้พันธุกรรมบนออโตโซม ซึ่งเป็นพันธุกรรมที่อยู่บนนิวเคลียร์ดีเอ็นเอที่มีเพียง 2 ชุดต่อหนึ่งเซลล์เท่านั้น ทำให้การตรวจพิสูจน์ดังกล่าวต้องใช้ตัวอย่างที่มีปริมาณสารพันธุกรรมมากกว่าการตรวจพิสูจน์ชนิดพันธุ์ด้วยพันธุกรรมทางสายแม่ (mitochondrial DNA) ที่มีจำนวนพันธุกรรมหลายชุดซ้ำในแต่ละเซลล์

การวิเคราะห์เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ในงานนิติวิทยาศาสตร์ทำได้หลายเทคนิค ปัจจุบันงานนิติวิทยาศาสตร์ของมนุษย์และสัตว์นิยมใช้เทคนิคคาพิลลารีอิเล็คโตรโฟรีซิส (Capillary Electrophoresis; CE) ในการวิเคราะห์เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ เนื่องจากสามารถแยกขนาดความยาวของลำดับเบสที่แตกต่างกันเพียง 1 คู่ลำดับเบสได้ ซึ่งผลการวิเคราะห์จำนวนลำดับเบสด้วยวิธีนี้ มีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานระหว่าง 0.075-0.117 คู่ลำดับเบสเท่านั้น (Buel et al., 1998) จนกระทั่งมีการพัฒนาเทคโนโลยีการหาลำดับเบสยุคใหม่ (Next-Generation Sequencing; NGS) ที่สามารถถอดรหัสพันธุกรรมได้จำนวนมากถึงระดับจีโนม ทำให้สามารถวิเคราะห์ตำแหน่งสนิปส์บนสายพันธุกรรมได้ครอบคลุมทั้งจีโนม จึงมีการศึกษาเพื่อคัดเลือกตำแหน่งและจำนวนเครื่องหมายพันธุกรรมประเภทเครื่องหมายสนิปส์ที่เหมาะกับการศึกษาประเภทต่าง ๆ รวมถึงงานด้านนิติวิทยาศาสตร์มากขึ้น ตลอดจนมีการพัฒนาเครื่องหมายสนิปส์สำหรับใช้ในการระบุตัวและหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดของสัตว์แต่ละชนิดพันธุ์ แม้ว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์และเครื่องหมายสนิปส์ จะเป็นที่ยอมรับในการระบุตัวและตรวจหาความสัมพันธ์ทางสายเลือด ถึงกระนั้นการพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมในงานนิติวิทยาศาสตร์

จำเป็นต้องอ้างอิงตามมาตรฐานสากล เพื่อให้ผลที่ได้จากการตรวจพิสูจน์มีความน่าเชื่อถือ และสามารถตรวจสอบย้อนกลับถึงขั้นตอน วิธีการที่ใช้ในการตรวจพิสูจน์ได้ สำหรับมาตรฐานที่ใช้ในการพัฒนาเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์และเครื่องหมายสนิปส์ของสัตว์ที่เป็นที่ยอมรับในระดับสากล ได้แก่ International Society of Animal Genetics; ISAG, International Society for Forensic Genetics; ISFG และ Society for Wildlife Forensic Science; SWFS นอกจากนี้การพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมจำเป็นต้องทดสอบกับกลุ่มประชากรที่มีความหลากหลาย ครอบคลุมประชากรให้ได้มากที่สุด และมีจำนวนตัวอย่างที่มากพอด้วย (Jiang et al., 2020) ซึ่งเป็นข้อจำกัดของการศึกษาเครื่องหมายพันธุกรรมของสัตว์ป่า

จำนวนเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์และเครื่องหมายสนิปส์ที่เหมาะสมในการระบุตัวและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดของสัตว์ขึ้นกับจำนวนประชากร และสถานการณ์การผสมแบบเลือดชิด (inbreeding) ในประชากรของสัตว์ชนิดพันธุ์นั้น ๆ โดยสามารถทดสอบเครื่องหมายพันธุกรรมที่เหมาะสม และจำนวนเครื่องหมายที่เพียงพอสำหรับการตรวจพิสูจน์ในกรณีต่าง ๆ ได้จากค่าสถิติเฉพาะ ได้แก่ Hardy–Weinberg Equilibrium (HWE), Polymorphism Information Content (PIC), Heterozygosity, Probability of Exclusion (PE), Probability of Discrimination power (PD) เป็นต้น (Zhao et al., 2020) ปัจจุบันการพัฒนาเครื่องหมายสนิปส์ในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก เกือบทั้งหมดเป็นเครื่องหมายสนิปส์แบบ biallelic เนื่องจากพบบนจีโนมมากที่สุด (Samaha, 2021) ซึ่งเครื่องหมายสนิปส์ดังกล่าวมีเพียง 2 อัลลีล ในแต่ละเครื่องหมายเท่านั้น ในขณะที่เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ส่วนใหญ่ให้ความหลากหลายของจำนวนอัลลีลที่วิเคราะห์ได้มากกว่า (polymorphism) ทำให้การตรวจพิสูจน์ด้วยวิธีเครื่องหมายสนิปส์ต้องใช้จำนวนเครื่องหมายมากกว่าเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ อย่างน้อย 16-20 เท่า โดยอ้างอิงจากชุดตรวจพันธุกรรมสำเร็จรูปของสุนัขและวัว นอกจากนี้หากประชากรมีการผสมแบบเลือดชิดสูง หรือแต่ละตัวมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมาก ก็จำเป็นต้องใช้จำนวนเครื่องหมายพันธุกรรมในการวิเคราะห์เพิ่มมากขึ้น ดังนั้น เครื่องหมายสนิปส์จึงเป็นเพียงเครื่องมือเสริมสำหรับช่วยในการตรวจพิสูจน์ในงานนิติวิทยาศาสตร์เท่านั้น (Kowalczyk et al., 2018)

บทสรุป

การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่ามีความสำคัญต่อกระบวนการติดตามตรวจสอบยืนยันแหล่งที่มาของสัตว์ป่าของกลาง เพื่อประโยชน์ในการสืบสวนสอบสวน และให้ได้มาซึ่งพยานหลักฐานที่มีความน่าเชื่อถือในชั้นศาล ถึงกระนั้น วิธีการตรวจพิสูจน์พันธุกรรมสัตว์ป่าเพื่อตอบคำถามเกี่ยวกับชนิดสัตว์ป่า การระบุตัว และการหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูก ยังไม่มีการพัฒนาชุดตรวจพันธุกรรมสำเร็จรูปในทางการค้า อย่างไรก็ตาม การพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมประเภทต่าง ๆ จำเป็นต้องมีฐานข้อมูลพันธุกรรมสำหรับใช้ในการเปรียบเทียบจำนวนที่มากพอและเชื่อถือได้ ขณะที่ปัจจุบันฐานข้อมูลพันธุกรรมสัตว์ป่ายังมีไม่มาก และยังไม่ครอบคลุมกับทุกประชากร ประกอบกับมีการขนย้ายสัตว์ป่าจากถิ่นต้นกำเนิดมาเพาะขยายพันธุ์ในกรงเลี้ยง ทำให้พันธุกรรมที่มีความจำเพาะกับถิ่นการกระจายพันธุ์

ในธรรมชาติเกิดการปนเปื้อน นอกจากนี้ยังมีการผสมข้ามสายพันธุ์ให้ได้สัตว์ลูกผสมที่มีลักษณะแปลกไปจากเดิม ทำให้การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมสัตว์ป่าของกลางไม่อาจใช้เป็นพยานหลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์ได้ทุกกรณี

การตรวจพิสูจน์ทางพันธุกรรมเพื่อใช้ระบุตัวและหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างพ่อ-แม่-ลูกของสัตว์ป่ากลุ่มช้าง และกลุ่มเสือ เป็นกลุ่มสัตว์ป่าที่มีรายงานการศึกษาวิจัยเผยแพร่จำนวนมาก ตลอดจนมีการพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมที่หลากหลาย โดยเครื่องหมายพันธุกรรมที่ใช้ในวัตถุประสงค์ดังกล่าวที่มีการศึกษามากที่สุด คือ เครื่องหมายพันธุกรรมประเภทเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์เพื่อประโยชน์ในการสำรวจตรวจนับจำนวนประชากรสัตว์ป่าในธรรมชาติ ในขณะที่การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมด้วยเครื่องหมายสนิปส์ส่วนใหญ่ใช้สำหรับการศึกษาจำนวนประชากรและการจำแนกกลุ่มประชากรของสัตว์ในธรรมชาติ ซึ่งมีความเป็นไปได้ที่จะนำเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ และเครื่องหมายสนิปส์เหล่านี้มาใช้ในการตรวจพิสูจน์ทางนิติวิทยาศาสตร์ อย่างไรก็ตาม ต้องมีการศึกษาวิจัย ทดสอบประสิทธิภาพ และจำนวนเครื่องหมายที่เหมาะสม ทั้งนี้ การพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมสำหรับใช้ในงานนิติวิทยาศาสตร์จะต้องอ้างอิงตามมาตรฐานสากล

ข้อเสนอแนะ

1. การตรวจพิสูจน์พันธุกรรมในงานนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าจำเป็นต้องมีการจัดทำฐานข้อมูลพันธุกรรมสัตว์ป่าในแต่ละชนิดพันธุ์ให้ครอบคลุมประชากรของสัตว์ชนิดนั้น ๆ มากที่สุด ทั้งประชากรในกรงเลี้ยง รวมถึงประชากรในธรรมชาติ เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบกับตัวอย่างของกลาง

2. ควรมีการศึกษาพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมสำหรับใช้ในการจำแนกชนิดพันธุ์สัตว์ป่าลูกผสม เช่น ลูกผสมระหว่างเสือโคร่งกับสิงโต หรือลูกผสมของสัตว์ป่า ที่เป็นเป้าหมายการลักลอบค้าสัตว์ป่า

3. การเลือกประเภทเครื่องหมายพันธุกรรมที่ใช้ในการตรวจพิสูจน์ทางนิติวิทยาศาสตร์นอกจากจะคำนึงถึงประสิทธิภาพของเครื่องหมายแล้ว การพัฒนาเครื่องหมายพันธุกรรมยังต้องอ้างอิงตามหลักมาตรฐานสากล ได้แก่ ISAG, ISFG และ SWFS รวมถึงการประเมินความคุ้มค่าและระยะเวลาในการวิเคราะห์ผลในห้องปฏิบัติการด้วย

เอกสารอ้างอิง

Allberry, K., Rovie-Ryan, J. J., Ali, N. A. N. G., Elias, N. A., Darmaraj, M. R., Wong, C. C. T., Fong, L. C., Smith, O., Mohamed, K. A. B., Mukri, M. I. B. A., Yazid, M. H. B. M., Struebig, M. J., Ogden, R. and Groombridge, J. J. (2024). Emerging patterns of genetic diversity in the critically endangered Malayan tiger (*Panthera tigris jacksoni*). *Biodiversity and Conservation*, *33*(4), 1325-1349.

Amorim, A., Pereira, F., Alves, C., and García, O. (2020). Species assignment in forensics and the challenge of hybrids. *Forensic Science International: Genetics*, *48*, 102333.

Ashrifurrahman, A., Simamora, S., Ritonga, R., Novarino, W., Tjong, D. H., Rizaldi, R., Syaifullah, S. and Roesma, D. I. (2022). Sumatran tiger identification and phylogenetic analysis

based on the CO1 gene: Molecular forensic application. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, *23*(4).

Buddhachat, K., Brown, J. L., Thitaram, C., Klinhom, S., and Nganvongpanit, K. (2017). Distinguishing real from fake ivory products by elemental analyses: A Bayesian hybrid classification method. *Forensic Science International*, *272*, 142-149.

Buddhakosai, W., Klinsawat, W., Smith, O., Sukmak, M., Kaolim, N., Duangchantrasiri, S., Simcharoen, A., Siriaroonrat, B. and Wajjwalku, W. (2016). Mitogenome analysis reveals a complex phylogeographic relationship within the wild tiger population of Thailand. *Endangered Species Research*, *30*, 125-131.

Buel, E., Schwartz, M. B., and LaFountain, M. J. (1998). Capillary electrophoresis STR analysis: comparison to gel-based systems. *Journal of forensic sciences*, *43*(1), 164-170.

C4ADS. (2025). *Wildlife Seizure Dashboard*. Retrieved January 28, 2025. from https://wildlifedashboard.c4ads.org/.

Carrothers, K. L., Slattengren, N. M., Kuhner, M. K., Brown, T. A., and Spicer, A. M. (2024). Species and origin determinations of an ivory chess set: An application of the ivory workflow implemented by California's Wildlife Forensic Laboratory. *Forensic Science International: Animals and Environments*, *5*, 100086.

Cartier, L. E., Krzemnicki, M. S., Gysi, M., Lendvay, B., and Morf, N. V. (2020). A Case Study of Ivory Species Identification Using a Combination of Morphological, Gemmological and Genetic Methods. *Journal of Gemmology*, *37*(3).

Castelló, J. R. (2020). *Felids and Hyenas of the World: Wildcats, Panthers, Lynx, Pumas, Ocelots, Caracals, and Relatives*. Princeton University Press.

Challender, D. W., Heinrich, S., Shepherd, C. R., and Katsis, L. K. (2020). International trade and trafficking in pangolins, 1900–2019. In *pangolins* (pp. 259-276). Academic Press.

CITES. (2025). *Checklist of CITES Species*. Retrieved January 28, 2025. from https://checklist.cites.org/#/en.

Copeland, W. C. (2010). The mitochondrial DNA polymerase in health and disease. *Genome Stability and Human Diseases*, 211-222.

Cota-Larson, R. (2017). *Pangolin Species Identification Guide: A Rapid Assessment Tool for Field and Desk*. Prepared for the United States Agency for International Development. Bangkok: USAID Wildlife Asia Activity. Retrieved May 20, 2024. from http://www.usaidwildlifeasia.org/resources

Customs. (2020). *Monthly Customs Press 6/2563*. Retrieved June 1, 2024. from extension://gfdkcfdhglbbcnllmbgkfkfbmnfkncio/pdf.js/web/viewer.html?file=https://www. customs.go.th/data_files/850e9380d7c7b1a96ffca5afc06abd69.pdf. (In Thai).

Department of Fisheries. (n.d.). *Processing / Import & Export*. Retrieved January 21, 2025. from https://www4.fisheries.go.th/dof/service_item/17/0/21/0/666. (In Thai).

Division of Wild Fauna and Flora Protection under The Convention. (n.d.). *Control System under CITES*. Retrieved January 28, 2025. from https://portal.dnp.go.th/Content/citesdnp?contentId=1600. (In Thai).

Ewart, K. M., Lightson, A. L., Sitam, F. T., Rovie-Ryan, J., Nguyen, S. G., Morgan, K. I., Luczon, A., Anadon, E. M. S., Bruyn, M. D., Bourgeois, S., Ouitavon, K., Kotze, A., Bakar, M. S. A., Salgado-Lynn, M. and McEwing, R. (2021). DNA analyses of large pangolin scale seizures: Species identification validation and case studies. *Forensic Science International: Animals and Environments*, *1*, 100014.

Ewart, K. M., Sitam, F. T., Giarat Ali, N. A. N., Ogden, R., Morgan, K. I., Tran, H. M., Bui, T. P. T., Nguyen, T. Q., Nguyen, S. G., Rosli, N., Penchart, K., Ouitavon, K. and McEwing, R. (2024). Tigerbase: A DNA Registration System to Enhance Enforcement and Compliance Testing of Captive Tiger Facilities. *Available at SSRN 4825380*.

Forest Fire Prevention and Suppression Office. (2015). Receive Notification of Incident. Retrieved June 10, 2024. from https://portal.dnp.go.th/Content/Protectand Firecontrol?contentId=38152. (In Thai)

Gobush, K. S., Edwards, C. T. T, Balfour, D., Wittemyer, G., Maisels, F. and Taylor, R. D. (2021a). *Loxodonta africana* (amended version of 2021 assessment). *The IUCN Red List of Threatened Species* 2022: e.T181008073A223031019. Retrieved 4 July, 2024. from https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2022-2.RLTS.T181008073A223031019.en.

Gobush, K. S., Edwards, C. T. T., Maisels, F., Wittemyer, G., Balfour, D. and Taylor, R. D. (2021b). *Loxodonta cyclotis* (errata version published in 2021). *The IUCN Red List of Threatened Species* 2021: e.T181007989A204404464. Retrieved 4 July, 2024. from https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2021-1.RLTS.T181007989A204404464.en.

Goffette, Q., Suarez Gonzalez, N., Vanmechelen, R., Verheyen, E., and Sonet, G. (2022). Tracking the origin of worked elephant ivory of a medieval chess piece from Belgium through analysis of ancient DNA. *International Journal of Osteoarchaeology*, *32*(1), 38-48.

Gouda, S., Kerry, R. G., Das, A., and Chauhan, N. S. (2020). Wildlife forensics: a boon for species identification and conservation implications. *Forensic Science International*, *317*, 110530.

Hale, C., Ogden, R., Ciavaglia, S. A., Cook, G. T., Clarke, G., Ogle, S., and Webster, L. M. (2021). Investigating the origins of ivory recovered in the United Kingdom. *Forensic Science International: Animals and Environments*, *1*, 100027.

Hyun, J. Y., Pandey, P., Kim, K. S., Chon, A., Jeong, D., Bhak, J., Yu, M., Song, H. K., Singh, R., Min, M., Goyal, A. P., Bayarkagva, D., Marchenkova, T., Vikalova, A. and Lee, H. (2021). Whole genome survey of big cats (Genus: *Panthera*) identifies novel microsatellites of utility in conservation genetic study. *Scientific reports*, *11*(1), 14164.

ISAG. (n.d.). *Guidelines for standing committees*. Retrieved 4 July, 2024. from https://www.isag.us/about.asp.

Ishida, Y., Georgiadis, N. J., Hondo, T., and Roca, A. L. (2013). Triangulating the provenance of African elephants using mitochondrial DNA. *Evolutionary Applications*, *6*(2), 253-265.

IUCN red list. (2024). *The IUCN Red List of Threatened Species*. Retrieved 4 May, 2024. from https://www.iucnredlist.org/.

Jacobson, A. P., Gerngross, P., Lemeris Jr, J. R., Schoonover, R. F., Anco, C., Breitenmoser-Würsten, C., Durant, S. M., Farhadinia, M. S., Henschel, P., Kamler, J. F., Laguardia, A., Rostro-García, S., Stein, A. B. and Dollar, L. (2016). Leopard (*Panthera pardus*) status, distribution, and the research efforts across its range. *PeerJ*, *4*, e1974.

Jiang, H. H., Li, B., Ma, Y., Bai, S. Y., Dahmer, T. D., Linacre, A., and Xu, Y. C. (2020). Forensic validation of a panel of 12 SNPs for identification of Mongolian wolf and dog. *Scientific reports*, *10*(1), 13249.

Kanthaswamy, S. (2015). domestic animal forensic genetics–biological evidence, genetic markers, analytical approaches and challenges. *Animal genetics*, *46*(5), 473-484.

Kanthaswamy, S. (2024). Wildlife forensic genetics—Biological evidence, DNA markers, analytical approaches, and challenges. *Animal Genetics*, *55*(2), 177-192.

Kowalczyk, M., Zawadzka, E., Szewczuk, D., Gryzińska, M., and Jakubczak, A. (2018). Molecular markers used in forensic genetics. *Medicine, Science and the Law*, *58*(4), 201-209.

Liu, Y. C., Sun, X., Driscoll, C., Miquelle, D. G., Xu, X., Martelli, P., Uphyrkina, O., Smith, J. L. D., O'Brien, S. j. and Luo, S. J. (2018). Genome-wide evolutionary analysis of natural history and adaptation in the world's tigers. *Current Biology*, *28*(23), 3840-3849.

Luo, S. J., Kim, J. H., Johnson, W. E., Walt, J. V. D., Martenson, J., Yuhki, N., Miquelle, D. G., Uphyrkina, O., Goodrich, J. M., Quigley, H. B., Tilson, R., Brady, G., Martilli, P., Subramaniam, V., McDougal, C., Hean, S., Huang, S. Q., Pan, W., Karanth, U. K., Sunquist,

M., Smith, J. L. D. and O'Brien, S. J. (2004). Phylogeography and genetic ancestry of tigers (*Panthera tigris*). *PLoS biology*, *2*(12), e442.

Mahaliyanaarachchi, V., Randeniya, A., Dheerarathna, R., and Samarakoon, D. (2024). *Individual Leopard Identification Using Black Spot Patterns*. In 2024 4th International Conference on Advanced Research in Computing (ICARC) (pp. 121-126). IEEE.

Matichon Online. (2023). *International Pangolin Scale Gang Arrested, 1,400 Kg of Evidence Seized, Worth Over 50 million Baht*. Retrieved June 1, 2024. from https://www.matichon.co.th/news-monitor/news_4133801. (In Thai).

Ministry of Natural Resources and Environment. (2023). *Convention on International Trade on Endangered Species of Wild Fauna and Flora: CITES.* Retrieved January 28, 2025. From https://fad.mnre.go.th/th/mph/content/217. (In Thai).

Molina, L. K. (n.d.). *Former and current tiger subspecies habitat map*. Retrieved June 11, 2024. from https://databayou.com/tiger/habitat.html.

Niyomsilpa, S. (2015). *Transnational Organized Crime: A Threat to Thailand and ASEAN*. Population and Social Diversity in Thailand 2015. June 29, 2015. Nakhon Pathum. (In Thai).

Samaha, G. A. (2021). *Advances in felid genetics and genomics*. Bachelor of Animal and Veterinary Biosciences (Hons I), The University of Sydney, Australia.

Schütz, E., and Brenig, B. (2015). Analytical and statistical consideration on the use of the ISAG-ICAR-SNP bovine panel for parentage control, using the Illumina BeadChip technology: example on the German Holstein population. *Genetics Selection Evolution*, *47*, 1-7.

Shi, C., Xu, J., Roberts, N. J., Liu, D., and Jiang, G. (2023). Individual automatic detection and identification of big cats with the combination of different body parts. *Integrative Zoology*, *18*(1), 157-168.

Thai PBS. (2017). *The First "Wildlife Forensic Science Lab" to Solve Crime Mysteries*. Retrieved May 31, 2024. from https://www.thaipbs.or.th/news/content/260569. (In Thai).

Thai PBS. (2022). *DNA Results Clearly Show That the Three Tigers in the Evidence Did Not Come from the Thai Forest*. Retrieved May 31, 2024. from https://www.thaipbs.or.th/news/content/316532. (In Thai).

Thanakiatkrai, P., Chenphun, C., and Kitpipit, T. (2024). African and Asian elephant ivory discrimination using a portable strip test. *Forensic Science International: Genetics*, *70*, 103027.

TRAFFIC International. (2024) . *Wildlife trade portal*. Retrieved June 16, 2024. from https://wildlifetradeportal.org/dashboard.

Uphyrkina, O., Johnson, W. E., Quigley, H., Miquelle, D., Marker, L., Bush, M., and O'Brien, S. J. (2001). Phylogenetics, genome diversity and origin of modern leopard, Panthera pardus. *Molecular ecology*, *10*(11), 2617-2633.

Williams, C., Tiwari, S. K., Goswami, V. R., de Silva, S., Kumar, A., Baskaran, N., Yoganand, K. and Menon, V. (2020). *Elephas maximus*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2020: e.T7140A45818198. Retrieved July 4, 2024. from https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-3.RLTS.T7140A45818198.en.

WWF. (2022). *Illegal Wildlife Trade*. Retrieved January 31, 2025. from https://www.wwf.sg/nature-biodiversity/illegal-wildlife-trade/.

Zhao, X., Qiu, Q., Li, C., Fu, D., Hu, X., Gao, S., Zhu, Y., Mu, H., Wang, R., Yang, H. and Li, B. (2020). Genome-based development of 15 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in captive tigers. *PeerJ*, *8*, e8939.