สำนักงานวิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทที่ 5

อภิปรายผลการศึกษา

1. การศึกษาคาริโอไทป์ของชะนีจากการย้อมโครโมโซมแบบธรรมดาและแบบแถบสีจี

คาริโอไทป์ของชะนีสกุลย่อย *Hylobates* จากการย้อมสีแบบธรรมดา พบว่า มีจำนวนโครโมโซมเท่ากันคือ 2n=44 แต่ชะนีสกุลย่อย *Nomascus* มีจำนวนโครโมโซม 2n=52 และชะนีสกุลย่อย *Symphalangus* มีจำนวนโครโมโซม 2n=50 ผลการศึกษานี้และของ Geissmann (1995) ชี้ให้เห็นว่าชะนีทั้งสามสกุลย่อยมีความแตกต่างทั้งลักษณะสัณฐานวิทยาและโครโมโซม

ค่าจำนวนโครโมโซมพื้นฐาน (FN) ซึ่งแสดงถึงจำนวนแขนโครโมโซมทั้งหมดในโครโมโซม ดิพลอยด์ มีความสำคัญในการบ่งบอกถึงการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของโครโมโซมที่เกิดจากการกลาย (mutation) และวิวัฒนาการของโครโมโซมสัตว์ในวงศ์และสกุลเดียวกัน (อมรา คัมภิรานนท์, 2540) ชะนีสกุลย่อย *Hylobates* ทั้ง 3 ชนิดนั้น มีจำนวนโครโมโซมพื้นฐานเท่ากับ 85 ในเพศผู้และ 86 ในเพศเมีย ส่วนชะนีสกุลย่อย *Nomascus* มีค่าเท่ากับ 97 ในเพศผู้และ 98 ในเพศเมียและสกุลย่อย *Symphalangus* มีค่าเป็น 98 เมื่อพิจารณาค่า FN ชะนีทั้ง 3 สกุลย่อยนี้ อาจสันนิษฐานได้ว่ามีความเป็นไปได้ที่สกุลย่อย *Nomascus*และ *Symphalangus* น่าจะมีความใกล้ชิดกันทางสายวิวัฒนาการ

โครโมโซมร่างกายในชะนีสกุลย่อย *Hylobates* ทั้ง 3 ชนิด มีรูปร่างโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริก ซับเมตาเซนตริก และอโครเซนตริก จำนวน 24 16 และ 2 แท่งตามลำดับ และมีโครโมโซมทุกขนาด (ใหญ่ กลาง และเล็ก) ซึ่งแตกต่างจากรายงานการศึกษาของ Chu and Bender (1961) ที่รายงานว่าโครโมโซมชะนีสกุลย่อย *Hylobates* มีจำนวน 2n=44 มีโครโมโซมทั้งโครโมโซมร่างกายและโครโมโซมเพศเป็นชนิดเมตาเซนตริกและซับเมตาเซนตริกเป็น 38 และ 6 แท่งตามลำดับ แต่ไม่ได้กล่าวถึงขนาดของโครโมโซม ความแตกต่างระหว่างผลการศึกษานี้กับของ Chu and Bender (1961) อาจเนื่องมาจากใช้เกณฑ์มาตรฐานในการจัดรูปร่างของโครโมโซมแตกต่างกัน หรืออาจเนื่องจากความไม่ชัดเจนในการจำแนกรูปร่างของโครโมโซม

เมื่อทำการเปรียบเทียบโครโมโซมร่างกายชะนีสกุลย่อย *Hylobates* นี้กับชะนีสกุลย่อยอื่นอีก 2 สกุลย่อยที่พบในประเทศไทย พบว่าชะนีสกุลย่อย *Nomascus* มีโครโมโซมร่างกายเป็นชนิดเมตาเซนตริก ซับเมตาเซนตริก และอโครเซนตริก จำนวน 34 10 และ 6 แท่งตามลำดับ และมีโครโมโซม

ทุกขนาดเช่นเดียวกับสกุลย่อย *Hylobates* แต่ชะนีสกุลย่อย *Symphalangus* นั้นมี โครโมโซมร่างกายรวมกับโครโมโซมเพศ 25 คู่ ประกอบด้วยโครโมโซมชนิดเมตาเซนตริก ซับเมตาเซนริก และเทโลเซนตริกจำนวน 44 4 และ 2 แท่งตามลำดับ

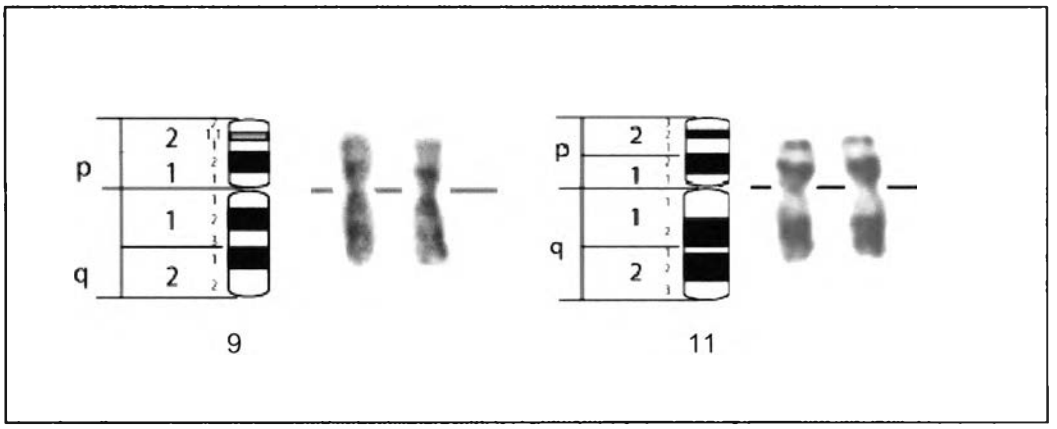
เมื่อพิจารณาเฉพาะส่วนโครโมโซมเพศนั้นพบว่าโครโมโซม X ของชะนีทั้ง 3 ชนิดในสกุลย่อย *Hylobates* เป็นซับเมตาเซนตริก แต่ไม่สามารถบอกชนิดของรูปร่างโครโมโซม Y ได้ เนื่องจากมีขนาดเล็กมาก แต่คาดว่าน่าจะมีรูปร่างโครโมโซมเป็นแบบเทโลเซนตริก (Stayon et al.,1987) ส่วนชะนีสกุลย่อย *Nomascus* มีโครโมโซม X เป็นชนิดซับเมตาเซนตริกเช่นเดียวกับสกุลย่อย *Hylobates* ในขณะที่โครโมโซม Y เป็นชนิดอโครเซนตริก สำหรับสกุลย่อย *Symphalangus* นั้นไม่สามารถนำโครโมโซมเพศมาเปรียบเทียบได้ เนื่องจากไม่มีตัวอย่างเพศผู้ในการศึกษาครั้งนี้

ในบรรดาชะนีทั้งสามสกุลย่อยในประเทศไทยนี้ มีเพียงสกุลย่อยเดียวคือ *Hylobates* ที่พบเครื่องหมายทางพันธุกรรมบนโครโมโซม โดยพบว่าโครโมโซมคู่ที่ 13 เป็นแซทเทิลไลท์โครโมโซม (มีบริเวณของ nucleolus organizer region, NOR) ที่แขนข้างยาวถัดจากบริเวณเซนโทรมีย (centromere) ส่วนในอีก 2 สกุลย่อย ไม่สามารถสังเกตเห็น NOR ได้ ซึ่งตรงกับ Warburton, Henderson and Atwood (1975) ได้รายงานว่าชะนีมือขาว ซึ่งเป็นสมาชิกในสกุลย่อย *Hylobates* มีโครโมโซมที่เป็นแซทเทิลไลท์โครโมโซมเช่นกัน แต่ว่าการจัดทำคาริโอไทป์ของผู้วิจัยคณะนี้ ได้วางโครโมโซมแท่งนี้เป็นคู่ที่ 15 ซึ่งต่างจากการศึกษาครั้งนี้ซึ่งเป็นคู่ที่ 13 อาจเนื่องมาจากการวัดและวิเคราะห์โครโมโซมที่ต่างกัน

จากการศึกษาคาริโอไทป์ของชะนีในประเทศไทยทั้ง 3 สกุลย่อย 5 ชนิด สามารถทำการย้อมสีโครโมโซมแบบแถบสีจีได้ 4 ชนิดใน 2 สกุลย่อย ได้แก่ สกุลย่อย *Hylobates* ทั้ง 3 ชนิดและสกุลย่อย *Nomascus* เมื่อเปรียบเทียบโครโมโซม และแผนภาพอิดิโอแกรม พบว่าสมาชิกภายในสกุลย่อย *Hylobates* ทั้ง 3 ชนิดนั้นมีรูปแบบของโครโมโซมไม่ที่แตกต่างกัน อย่างไรก็ตาม มีการศึกษาของเซลล์พันธุศาสตร์ของชะนีในสกุลย่อยนี้จากการย้อมสีโครโมโซมแบบแถบจีโดย Stayon และคณะ (1987) จากชะนี 27 ตัวอย่างที่ได้มาจากสวนสัตว์อินโดนีเซียและ Gibbon and Gallinaceous Bird Center of Saugus, California ซึ่งมีการกระจายพันธุ์ต่างกันนั้น พบการแปรผันของโครโมโซมคู่ที่ 8 อันเป็นผลมาจากการเกิด inversion โดยมีรูปแบบ 3 รูปแบบคือ 8a 8b และ 8c ซึ่งการแปรผันของโครโมโซมคู่ที่ 8 นี้เกิดขึ้นในชะนีทุกชนิดในสกุลย่อย *Hylobates* ที่คณะวิจัยนี้ศึกษา โดยรูปแบบปกติที่พบในชะนีส่วนใหญ่เป็น 8b จากรายงานดังกล่าว ทำให้เกิดข้อสงสัยเกี่ยวกับความแปรผันในระดับโครโมโซมของชะนีที่มีการกระจายพันธุ์อยู่ในประเทศไทย

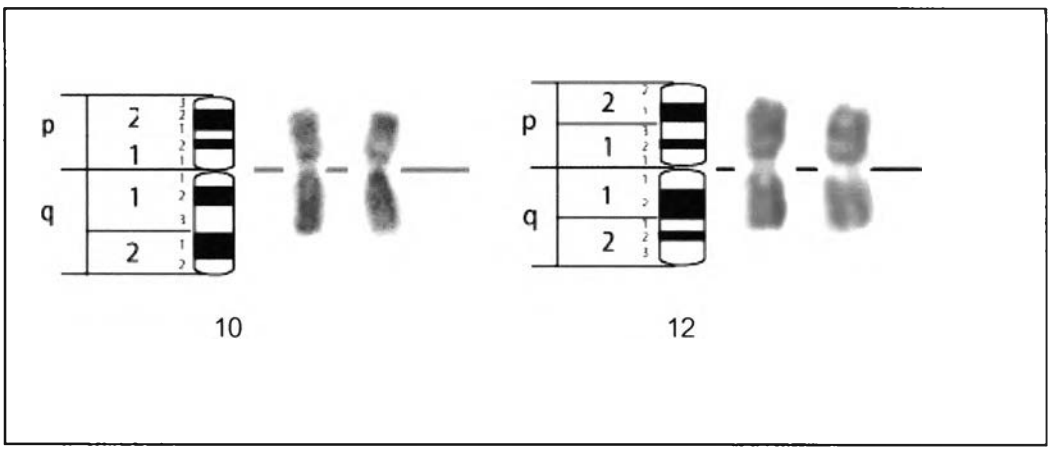
สำหรับการศึกษาครั้งนี้ใช้ตัวอย่างชะนีที่อยู่ในสวนสัตว์ต่างๆ ในประเทศไทยจำนวนทั้งหมด 16 ตัวอย่าง ทำการศึกษาโครโมโซมด้วยวิธีย้อมสีแบบแถบจีและทำการเปรียบเทียบโครโมโซมแต่ละคู่กับรายงานของ Stayon และคณะ (1987) พบว่ามีรูปแบบโครโมโซมทุกคู่ไม่แตกต่างกัน ส่วนโครโมโซมในคู่ที่ 8 นั้นเป็นแบบ (8b,8b) ทั้งหมด ถึงแม้ว่ายังไม่อาจสรุปแน่นอนเกี่ยวกับชะนีในสกุลย่อย *Hylobates* ในประเทศไทยว่ามีรูปแบบโครโมโซมคู่ที่ 8 เพียงแบบเดียว เนื่องจากกลุ่มตัวอย่างยังน้อยอยู่และจากการศึกษาของ Hirai และคณะ (2003) ก็ยังไม่สามารถสรุปเกี่ยวกับโครงสร้างโครโมโซมคู่ที่ 8 ที่มีรูปแบบเป็นแบบ "b" อย่างเดียวว่าจะไม่เกิดการเปลี่ยนแปลงโครโมโซมเป็นแบบ a, c และ c' ในรุ่นลูกถัดไป ประกอบกับการศึกษารูปแบบ chromosome bar code เพื่อดูการเปลี่ยนแปลงวิวัฒนาการของคาริโอไทป์เริ่มต้นจนกระทั่งมาเป็นคาริโอไทป์ในปัจจุบันในกลุ่มไพรเมตนั้น พบว่าชะนีเป็นกลุ่มที่มีความแปรผันของคาริโอไทป์มากที่สุดในบรรดากลุ่มไพรเมต (Muller and Wienberg, 2001) จนกระทั่งปี 2003 Muller, Hollatz และ Wienberg ประสบความสำเร็จในการหาคาริโอไทป์เริ่มต้นจากการวิเคราะห์โดยใช้ multi-directional chromosome painting พบว่าบรรพบุรุษชะนีมีจำนวนโครโมโซม 2n = 66 ดังนั้นสำหรับการศึกษาเซลล์พันธุศาสตร์ของชะนีในประเทศไทยเพิ่มเติมในอนาคตนั้น จึงมีโอกาสพบความแปรผันของโครโมโซมได้

จากรายงานเกี่ยวกับบรรพบุรุษของโครโมโซมของชะนี จึงสันนิษฐานได้ว่าน่าจะมีความคล้ายคลึงกันของโครโมโซมที่ได้จากการย้อมสีโครโมโซมแบบแถบจี จึงนำรูปแบบของแถบสีจีของชะนีสกุลย่อย *Nomascus* เปรียบเทียบแต่ละแท่งกับแถบสีบนโครโมโซมของสกุลย่อย *Hylobates* พบว่าคาริโอไทป์แถบสีจีบนโครโมโซมของชะนีทั้งสองสกุลย่อยมีเอกลักษณ์เป็นของตัวเองค่อนข้างมาก แต่มีโครโมโซมบางคู่ที่มีรูปร่างลักษณะและแถบสีที่เหมือนหรือคล้ายคลึงกัน ดังแสดงในภาพที่ 5.1 ถึงภาพที่ 5.5 ดังนี้



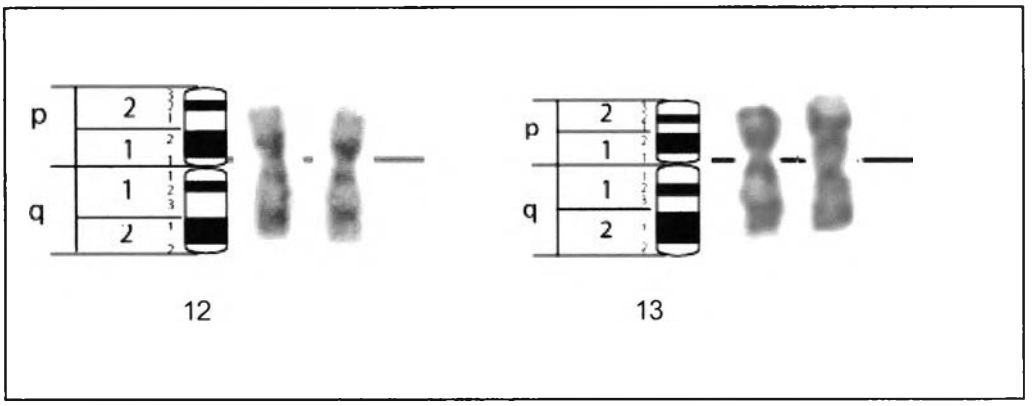
ภาพที่ 5.1 คาริโอไทป์และอิดิโอแกรมที่ได้จากการย้อมสีแบบแถบสีจีของโครโมโซมแห่งที่ 9 จากสกุลย่อย *Hylobates* (คู่ซ้าย) และแห่งที่ 11 จากสกุลย่อย *Nomascus* (คู่ขวา)

จากภาพ 5.1 พบว่าแขนข้างสั้นของสกุลย่อย *Hylobates* ประกอบด้วย 2 regions 4 bands 1 subband ส่วนสกุลย่อย *Nomascus* ประกอบด้วย 2 regions 5 bands แขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands เช่นเดียวกัน แต่ระยะห่างในแต่ละ band แตกต่างกันนั้น ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการยืดหดโครโมโซมทั้งสองแตกต่างกัน



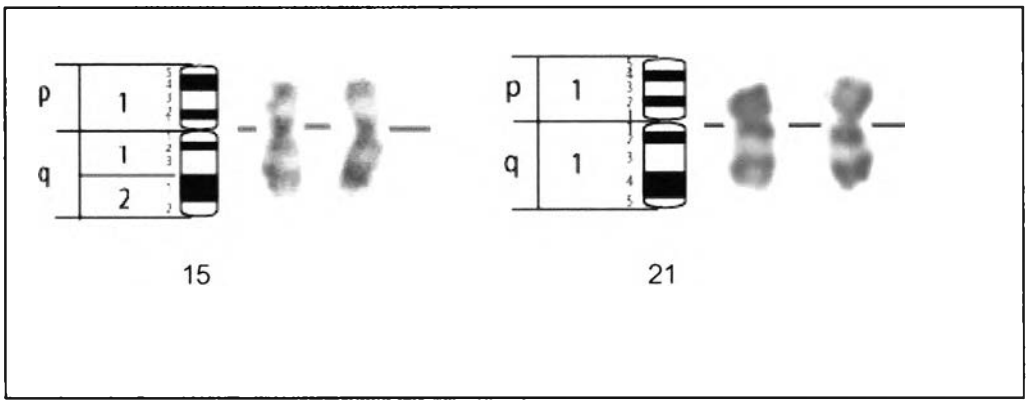
ภาพที่ 5.2 คาริโอไทป์และอิดิโอแกรมที่ได้จากการย้อมสีแบบแถบสีจีของโครโมโซมแห่งที่ 10 จากสกุลย่อย *Hylobates* (คู่ซ้าย) และแห่งที่ 12 จากสกุลย่อย *Nomascus* (คู่ขวา)

จากภาพ 5.2 พบว่าแขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands เช่นเดียวกันแต่ขนาด band ไม่เท่ากัน ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากโครโมโซมของสกุลย่อย *Nomascus* อาจมีการหดตัวมากกว่าสกุลย่อย *Hylobates*



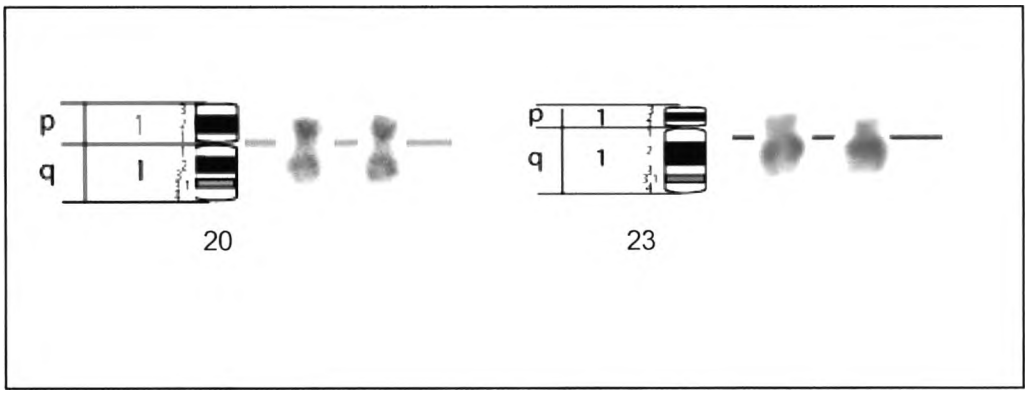
ภาพที่ 5.3 คาริโอไทป์และอิดิโอแกรมที่ได้จากการย้อมสีแบบแถบสีจีของโครโมโซมแท่งที่ 12 จากสกุลย่อย *Hylobates* (คู่ซ้าย) และแท่งที่ 13 จากสกุลย่อย *Nomascus* (คู่ขวา)

จากภาพที่ 5.3 พบว่าแขนข้างสั้นประกอบด้วย 2 regions 5 bands โดย band p12 และp22 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands โดย band q12 และ q21 ติดสีเข้ม เช่นเดียวกันทั้ง 2 สกุลย่อย



ภาพที่ 5.4 คาริโอไทป์และอิดิโอแกรมที่ได้จากการย้อมสีแบบแถบสีจีของโครโมโซมแท่งที่ 15 จากสกุลย่อย *Hylobates* (คู่ซ้าย) และแท่งที่ 21 จากสกุลย่อย *Nomascus* (คู่ขวา)

จากภาพที่ 5.4 พบว่าแขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 5 bands โดย band p12 และ p14 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 2 regions 5 bands โดย band q14 และ q12 ติดสีเข้ม เช่นเดียวกันทั้ง 2 สกุลย่อย ขนาดของ band อาจไม่เท่ากันทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการยืดหดของโครโมโซมในการแบ่งเซลล์ต่างกัน



ภาพที่ 5.5 คาริโอไทป์และอิดิโอแกรมที่ได้จากการย้อมสีแบบแถบสีจีของโครโมโซมแท่งที่ 20 จากสกุลย่อย *Hylobates* (คู่ซ้าย) และแท่งที่ 23 จากสกุลย่อย *Nomascus* (คู่ขวา)

จากภาพที่ 5.5 พบว่าแขนข้างสั้นประกอบด้วย 1 region 3 bands ซึ่ง band p12 ติดสีเข้ม ส่วนแขนข้างยาวประกอบด้วย 1 region 4 bands 1 subband ซึ่ง band q12 ติดสีเข้ม เช่นเดียวกันทั้ง 2 สกุลย่อย ส่วนขนาดของ band อาจไม่เท่ากันทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการยืดหดของโครโมโซมไม่เท่ากัน

ส่วนชะนีสกุลย่อย *Symphalangus* ไม่สามารถย้อมสีแบบแถบจีได้ เนื่องจากเซลล์ที่ได้จากการเพาะเลี้ยงเซลล์เม็ดเลือดขาวนั้นมีจำนวนน้อย อีกทั้งมีลักษณะไม่เหมาะสมในการย้อมสีแบบแถบจีคือ โครโมโซมมีการกระจายตัวไม่ดี มีลักษณะอัดแน่นภายในเซลล์และโครโมโซมหดสั้นมาก จึงไม่สามารถเปรียบเทียบหรือมีข้ออภิปรายดังกล่าวได้

2. การศึกษาความแปรผันของนิวคลีโอไทด์บริเวณ D-loop ของยีน Phe-tRNA ในไมโตรคอนเดรียดีเอ็นเอ

จากการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ทางสายวิวัฒนาการของชะนีจากลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ D-loop ของยีน Phe-tRNA พบว่าสามารถวิเคราะห์ความแปรผันได้ละเอียดกว่าการใช้ยีนบริเวณอื่น เช่น Cytochrome *b* (Malcolm, Jones and Wood., 1998) และ Cytochrome *c* subunit I, Cytochrome *c* subunit II และ ND6 (Shevchuk and Allard, 2001) ซึ่งยังไม่สามารถวิเคราะห์ความแตกต่างของชะนีแต่ละชนิดในสกุลย่อยได้ ส่วนการศึกษาของ Roos และ Geissmann (2001) ใช้บริเวณ D-loop ของยีน Phe-tRNA เช่นเดียวกันแต่มีการใช้ตัวอย่างชะนีมือขาวเพียงชนิดเดียวในสกุลย่อย *Hylobates* สำหรับการศึกษาครั้งนี้มีการเพิ่มตัวอย่างชะนีอีก 2 ชนิดคือ ชะนีมือดำและชะนีมงกุฎ ผลการวิเคราะห์ที่ได้มีผลคล้ายคลึงกัน แต่มีข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับชะนีชนิดต่างๆ ในสกุลย่อย *Hylobates* กล่าวคือชะนีทั้งสามชนิดของสกุลย่อยนี้มีความใกล้ชิดกันมาก โดยจากการประมาณอายุที่เกิดชนิดใหม่พบว่าประมาณ 315,000 ปีซึ่งถือว่าไม่นานมานี้เอง แตกต่างกับชะนีสกุลย่อย *Nomascus* ซึ่งทั้งสองชนิดแยกจากกันนานถึง 2.5 ล้านปีมาแล้ว

ผลการวิเคราะห์ความแปรผันของโครโมโซมและลำดับนิวคลีโอไทด์ชะนีในประเทศไทย พบว่ามีความขัดแย้งเกี่ยวกับความใกล้ชิดของชะนีสกุลย่อยต่างๆ เมื่อพิจารณาค่า FN ที่กล่าวมาข้างต้น ชี้ให้เห็นว่าชะนีสกุลย่อย *Nomascus* (FN=98) มีความใกล้ชิดกับชะนีสกุลย่อย *Symphalangus* (FN=98) มาก แต่ผลการศึกษา Phylogenetic tree พบว่าชะนีสกุลย่อย *Symphalangus* กลับมีความใกล้ชิดกับสกุลย่อย *Bunopithecus* (FN=68) (Prouty et al ,1983) มากกว่า ซึ่งผลการวิเคราะห์ชี้ให้เห็นว่าสกุลย่อย *Symphalangus* และ *Nomascus* มิได้มีความใกล้ชิดกันทางวิวัฒนาการดังที่ค่า FN ระบุไว้ ทั้งนี้เนื่องมาจากการวิเคราะห์ค่า FN เป็นเพียงการสันนิษฐานโดยใช้ข้อมูลจำนวนแขนโครโมโซม ควรมีการยืนยันข้อมูลเพิ่มเติมจากรูปแบบแถบสีโครโมโซม แต่จากผลการศึกษาครั้งนี้เราไม่สามารถย้อมสีโครโมโซมแบบแถบสีจีในสกุลย่อย *Symphalangus* ได้ จึงไม่สามารถพิจารณาเปรียบเทียบได้

3. **การประยุกต์**

การศึกษาโครโมโซมและการประยุกต์ใช้ในการจัดการสัตว์ป่านั้น พบรายงานการตรวจสอบลูกผสมที่เกิดขึ้นด้วยวิธีการย้อมสีโครโมโซมแบบธรรมดาและแบบแถบสีจีในลูกผสม siabon มีจำนวนโครโมโซม 2n เท่ากับ 47 ซึ่งเกิดจาก *Hylobates moloch* เพศผู้มีจำนวนโครโมโซม 2n เท่ากับ 44 กับ *Symphalungus syndactylus* เพศเมียมีจำนวนโครโมโซม 2n เท่ากับ 50 (Myer and Shafes, 1979) และลูกผสมที่เกิดจากชนิดย่อยของ *Nomascus concolor* ทั้ง 4 ชนิด ซึ่งมีรูปแบบของแถบสีจีที่แตกต่างกัน (Coutier and Lernould, 1991) สำหรับประเทศไทยมีรายงานพบการเกิดชะนีลูกผสมระหว่างชะนีมือขาวและชะนีมงกุฎ บริเวณอุทยานแห่งชาติเขาใหญ่ ซึ่งมีพื้นที่การกระจายพันธุ์ของชะนีทั้งสองชนิดซ้อนทับกันอยู่ เกิดเป็นชะนีลูกผสมที่ไม่เป็นหมัน (อมฤต สุวรรณเกต, 2540) อย่างไรก็ตาม ไม่สามารถใช้ข้อมูลโครโมโซมในการระบุว่าเป็นลูกผสมระหว่างชะนีชนิดใดได้ เพราะโครโมโซมในชะนีสกุลย่อย *Hylobates* ไม่มีความแตกต่างกัน แต่หากจะใช้ลำดับดีเอ็นเอก็อาจจะช่วยบอกได้ว่า ชะนีที่เป็นแม่น่าจะมาจากชะนีชนิดใด เพราะลำดับเบสของ D-loopบริเวณ Phe-tRNA ใน mtDNA มีความแตกต่างที่สามารถนำไปใช้ช่วยตรวจหาชนิดชะนีได้

อีกทั้งข้อมูลพื้นฐานที่ได้จากการวิจัยครั้งนี้นับเป็นข้อมูลที่สำคัญเพื่อใช้พิจารณาประกอบการวางแผนการจัดการของชะนีภายในสวนสัตว์และศูนย์เพาะเลี้ยงชะนีโดยควรมีการตรวจสอบโครโมโซมของชะนีแต่ละตัวก่อนนำมาเลี้ยงไว้ในที่เดียวกันและควรแยกชะนีที่ทำการตรวจสอบโครโมโซมที่พบว่าไม่ผิดปกติ ออกจากพวกที่ยังไม่ได้ตรวจสอบเพื่อเป็นการรักษาประชากรบริสุทธิ์เอาไว้ ดังที่ Van และคณะ (1999) ได้เสนอแนะไว้ เนื่องจากการผสมข้ามบางครั้งเกิดขึ้นจากความไม่ตั้งใจแต่เป็นผลมาจากความเครียดของสภาวะภายในกรงได้ เช่นในลูกผสมระหว่าง *H. lar* และ *H. agilis* นอกจากนี้การตรวจสอบดังกล่าวยังเป็นการเพิ่มโอกาสการขยายพันธุ์ชะนีให้มากขึ้นได้อีกด้วย เนื่องจากอิทธิพลจากการเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างโครโมโซมที่เกิดขึ้นมีผลทำให้ความสมบูรณ์พันธุ์ลดน้อยลง อันเนื่องมาจากผลของการเกิด non-disjunction มีผลทำให้ gametes ในเซลล์ลูกผิดปกติซึ่งเป็นอีกเหตุผลที่ทำให้เกิดการผสมไม่ติด (Hirai et al., 2003)

นอกจากนี้ยังสามารถใช้ข้อมูลประกอบการวางแผนการอนุรักษ์ นอกจากการใช้เกณฑ์ต่างๆ ได้แก่ เป็นสัตว์ที่หายากมีการกระจายตัวอยู่ในพื้นที่จำเพาะ มีความสำคัญต่อสิ่งแวดล้อมและมีความดึงดูดใจ เช่นขนาดใหญ่ หรือมีสีสันแปลกตาแล้ว ควรใช้ค่า Independent Evolutionary History (IEH) ซึ่งได้จากความยาวของกิ่งจากการสร้าง Phylogenetic tree (Avise, 2004) ทำให้ทราบถึงอายุที่ก่อกำเนิดของชะนีแต่ละสกุลย่อยบนโลกมาร่วมพิจารณาด้วย โดยอาจจะให้

ความสำคัญในการอนุรักษ์กับสายวิวัฒนาการที่มีอายุมากกว่า หายาก มีถิ่นอาศัยแคบก่อน ขณะเดียวกัน อาจจะพยายามอนุรักษ์สายวิวัฒนาการที่อาจจะทำให้เกิดไม่นาน แต่มีถิ่นอาศัยแคบๆ และมีความดึงดูดต่อสาธารณะ ซึ่งจะช่วยให้ สาธารณชนมีความตื่นตัวต่อการอนุรักษ์ อันจะส่งผลดีต่อการอนุรักษ์สัตว์ป่าในภาพรวมยิ่งขึ้น