

สารบัญ

หน้า

| | |
|--|----|
| กิตติกรรมประกาศ | ค |
| บทคัดย่อภาษาไทย | ง |
| บทคัดย่อภาษาอังกฤษ | ฉ |
| สารบัญตาราง | ญ |
| สารบัญภาพ | ฎ |
| อักษรย่อและสัญลักษณ์ | ฏ |
| บทที่ 1 บทนำ | 1 |
| บทที่ 2 ตรวจเอกสาร | |
| 2.1 ยีนที่เกี่ยวข้องกับคุณภาพเนื้อในสุกร | 3 |
| 2.2 Porcine stress syndrome และจุดกลายพันธุ์ของยีน <i>RYR1</i> | 5 |
| 2.3 การกลายพันธุ์ในยีน <i>RYR1</i> ต่อคุณภาพเนื้อสุกร | 7 |
| 2.4 พันธุ์สุกรที่มีความเสี่ยงต่อการเป็นพาหะของ Porcine stress syndrome | 9 |
| บทที่ 3 อุปกรณ์และวิธีการดำเนินการวิจัย | |
| 3.1 สัตว์ทดลอง | 15 |
| 3.2 อุปกรณ์และเครื่องมือ | 15 |
| 3.3 สารเคมี | 16 |
| 3.4 สารละลาย | 17 |
| 3.5 การเก็บตัวอย่าง | 17 |
| 3.6 การสกัดดีเอ็นเอ | 18 |
| 3.7 การวัดความเข้มข้นของดีเอ็นเอ | 21 |
| 3.8 การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย Polymerase chain reaction (PCR) | 22 |

สารบัญ (ต่อ)

| | หน้า |
|---|------|
| 3.9 การตรวจสอบจุดกลายพันธุ์โดยใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ (Restriction fragment length polymorphism; RFLP) | 23 |
| 3.10 การแยกชิ้นส่วนของดีเอ็นเอด้วย Agarose gel electrophoresis | 23 |
| 3.11 การวิเคราะห์คุณภาพเนื้อในสุกรลูกผสม | 24 |
| 3.12 การวิเคราะห์ทางสถิติ | 25 |
| 3.13 สถานที่ทำการวิจัย | 26 |
| 3.14 ระยะเวลาในการดำเนินงานวิจัย | 26 |
| บทที่ 4 ผลการทดลอง | |
| 4.1 การสกัดดีเอ็นเอและความเข้มข้นของดีเอ็นเอ | 27 |
| 4.2 การเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอด้วยพีซีอาร์ | 27 |
| 4.3 การจำแนกจุดกลายพันธุ์โดยใช้เทคนิค PCR-RFLP | 28 |
| 4.4 การวิเคราะห์ความถี่ของจีโนไทป์และความถี่อัลลีล | 29 |
| 4.5 ความสัมพันธ์ของการกลายพันธุ์ในยีน <i>RYR1</i> ต่อคุณภาพเนื้อ | 31 |
| บทที่ 5 วิเคราะห์ผลการทดลอง | |
| 5.1 การสกัดดีเอ็นเอและความเข้มข้นของดีเอ็นเอ | 33 |
| 5.2 การเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอด้วยพีซีอาร์ | 33 |
| 5.3 การจำแนกจุดกลายพันธุ์โดยใช้เทคนิค PCR-RFLP | 34 |
| 5.4 การวิเคราะห์ความถี่ของจีโนไทป์และความถี่อัลลีล | 34 |
| 5.5 ความสัมพันธ์ของการกลายพันธุ์ในยีน <i>RYR1</i> ต่อคุณภาพเนื้อ | 36 |
| บทที่ 6 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ | 39 |
| เอกสารอ้างอิง | 41 |
| ภาคผนวก | 48 |
| ประวัติผู้เขียน | 66 |

สารบัญตาราง

| ตาราง | | หน้า |
|-------|---|------|
| 1 | แสดง QTL ที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะซากและคุณภาพเนื้อสุกร | 3 |
| 2 | แสดงความถี่ของอัลลีล C ในสุกรพันธุ์ต่าง ๆ | 10 |
| 3 | แสดงค่าความถี่จีโนไทป์และความถี่อัลลีลของยีน <i>RYRI</i> ของสุกรแต่ละพันธุ์ | 11 |
| 4 | แสดงค่าการกระจายตัวของจีโนไทป์ของยีน <i>RYRI</i> ของสุกรแต่ละพันธุ์ | 11 |
| 5 | แสดงค่าความถี่ของยีน <i>RYRI</i> ในสุกรแต่ละพันธุ์ | 12 |
| 6 | แสดงการกระจายลักษณะการจับคู่ของยีนที่ไวต่อความเครียด ในสถานทดสอบพันธุ์โครงการไทย-เบลเยียม | 13 |
| 7 | แสดงการกระจายลักษณะการจับคู่ของยีนที่ไวต่อความเครียดในสุกรแต่ละพันธุ์ ในสถานทดสอบพันธุ์โครงการไทย-เบลเยียม | 13 |
| 8 | แสดงเปอร์เซ็นต์การเกิดลักษณะ PSE ในสุกรแต่ละพันธุ์ | 14 |
| 9 | แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์และอุณหภูมิที่เหมาะสมของการเข้าจับของไพรเมอร์ ที่ใช้ในการทำพีซีอาร์ | 23 |
| 10 | แสดงความถี่จีโนไทป์และความถี่อัลลีลของยีน <i>RYRI</i> ในสุกรสายพันธุ์ทางการค้า และสุกรไทยพื้นเมือง | 30 |
| 11 | แสดงความสัมพันธ์ของยีน <i>RYRI</i> กับลักษณะคุณภาพเนื้อในสุกรลูกผสม 3 สาย | 32 |
| 12 | เปรียบเทียบความถี่อัลลีล C และ T ของยีน <i>RYRI</i> กับการศึกษาในประชากรอื่นๆ | 35 |
| 13 | แสดงจีโนไทป์และความเข้มข้นของดีเอ็นเอตัวอย่างในสุกรสายพันธุ์ต่างๆ | 48 |

สารบัญภาพ

| รูป | หน้า |
|---|------|
| 1 Calcium-releasing channel, Sarcoplasmic reticulum (SR), Transverse tubule (T-tubule) และ โครงสร้างต่างๆ ภายในกล้ามเนื้อ | 6 |
| 2 การวัดค่า pH ที่กล้ามเนื้อสันนอก (ซ้าย) และกล้ามเนื้อสะโพก (ขวา) | 24 |
| 3 การวัดสีของเนื้อด้วยเครื่อง Minolta Chroma Meter | 25 |
| 4 ผลผลิตจาก PCR ของยีน <i>RYRI</i> บน 3% Agarose gel ในการหา อุณหภูมิที่เหมาะสมของการเข้าจับของไพรเมอร์ | 28 |
| 5 ลำดับเบสของชิ้นส่วนยีน <i>RYRI</i> ตำแหน่งของการแทนที่ของลำดับเบส (Single nucleotide polymorphism; SNP) และจุดตัดของเอนไซม์ <i>Hin</i> 6I | 29 |
| 6 รูปแบบของจีโนมไทป์ที่ตัดด้วยเอนไซม์ <i>Hin</i> 6I บน 3% Agarose gel | 29 |
| 7 เนื้อสุกรที่มีลักษณะปกติ (CC) (ซ้าย) และเนื้อสุกรที่เกิดการกลายพันธุ์ของยีน <i>RYRI</i> (CT) ซึ่งแสดงลักษณะ PSE (ขวา) หลังจากการเก็บที่ อุณหภูมิ 4 °C เป็นเวลา 24 ชั่วโมง | 32 |

อักษรย่อและสัญลักษณ์

| | | |
|--------------------|---|---|
| a* | = | Redness |
| b* | = | Yellowness |
| bp | = | Base pair |
| C | = | Cytosine base |
| °C | = | Degree Celsius |
| CAST | = | <i>Calpastatin</i> |
| DNA | = | Deoxyribonucleic acid |
| ddH ₂ O | = | Double distilled water |
| dNTP | = | Deoxynucleotide triphosphate |
| EDTA | = | Ethylenediamine-tetraacetic acid |
| g | = | Gram |
| HFABP | = | <i>Heart fatty acid binding protein</i> |
| L* | = | Lightness |
| LEP | = | <i>Leptin</i> |
| M | = | Molar |
| mg | = | Milligram |
| MHS | = | Malignant hyperthermia syndrome |
| ml | = | Milliliter |
| mM | = | Millimolar |
| M4CR | = | <i>Melanocortin-4 receptor</i> |
| NaCl | = | Sodium chloride |
| ng | = | Nanogram |
| nm | = | Nanometre |
| PBS | = | Phosphate buffer saline |
| PCR | = | Polymerase chain reaction |

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

อักษรย่อและสัญลักษณ์ (ต่อ)

| | | |
|----------------|---|--|
| PCR – RFLP | = | Polymerase chain reaction - Restriction fragment length polymorphism |
| pmol | = | Picomol |
| <i>PRKAG3</i> | = | <i>Protein kinase AMP-activated gamma 3 subunit</i> |
| PSE | = | Pale, soft and exudative |
| PSS | = | Porcine stress syndrome |
| QTL | = | Quantitative trait loci |
| RFLP | = | Restriction fragment length polymorphism |
| rpm | = | Rotation per minute |
| <i>RYR1</i> | = | <i>Ryanodine receptor 1</i> |
| SDS | = | Sodium dodecyl sulfate |
| SNP | = | Single nucleotide polymorphism |
| T | = | Thymine base |
| TBE | = | Tris-Boric acid-EDTA buffer |
| TE | = | Tris-EDTA buffer |
| T _m | = | Annealing temperature |
| U | = | Unit |
| μl | = | Microliter |
| V | = | Volt |
| WHC | = | Water holding capacity |

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University

All rights reserved