

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์

การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของโคขาว
ลำพูน โคนมลูกผสมและ โคนมพันธุ์แท้ฟรีเซียนด้วย
ไมโครแซทเทลไลท์ที่สัมพันธ์กับการผลิตน้ำนม

ชื่อผู้เขียน

นางสาวอรพรรณ จันทรัมย์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) สาขาวิชาสัตวศาสตร์

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

รศ. เพทาย พงษ์เพ็ญจันทร์	ประธานกรรมการ
รศ. ดร. ดาวรุ่ง กังวานพงศ์	กรรมการ
ผศ. ศพ.ญ. นุชา สิมะสาธิตกุล	กรรมการ

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของโคขาวลำพูนจากสถานีบำรุงพันธุ์สัตว์พะเยา จังหวัดพะเยา โคนมลูกผสมที่มีพันธุกรรมของโคนมฟรีเซียน 75 % 87.5 % และ 100 % จากศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์เชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่ กลุ่มละ 20 ตัว โดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์ (Microsatellite) ชนิด dinucleotide repeat จำนวน 5 ตำแหน่ง คือ UWCA9, TGLA153, BM203, CSSM065 และ IGF-1 ซึ่งเป็นไมโครแซทเทลไลท์ที่สัมพันธ์กับการผลิตน้ำนม วิเคราะห์อัลลีลแต่ละตำแหน่งโดยวิธี polymerase chain reaction (PCR), polyacrylamide gel electrophoresis และย้อมโดยวิธี silver staining และเก็บข้อมูลประกอบด้วย: ระยะให้นม ปริมาณน้ำนมจริง น้ำนมที่ 100 วัน และ น้ำนมเฉลี่ยต่อตัวต่อวันในทุกกลุ่มโคนม

ผลการศึกษาพบว่า ที่ตำแหน่ง UWCA9 ในโคขาวลำพูนพบ 14 อัลลีล โคนมพันธุ์แท้พบ 10 อัลลีล โคนมลูกผสม 87.5 % พบ 12 อัลลีล โคนมลูกผสม 75 % พบ 13 อัลลีล ที่ตำแหน่ง TGLA153 โคนมลำพูนพบ 5 อัลลีล โคนมพันธุ์แท้พบ 12 อัลลีล โคนมลูกผสม 87.5 % และ 75 % พบ 9 อัลลีลเท่ากัน ที่ตำแหน่ง BM203 โคนมลำพูนพบ 15 อัลลีล โคนมพันธุ์แท้และโคนมลูกผสม 87.5 % พบ 13 อัลลีลเท่ากัน ส่วนโคนมลูกผสม 75 % พบ 14 อัลลีล ที่ตำแหน่ง CSSM065 โคนมลำพูน และโคนมพันธุ์แท้พบ 9 อัลลีล โคนมลูกผสม 87.5 % พบ 10 อัลลีล และโคนมลูกผสม 75 % พบ 12 อัลลีล ที่ตำแหน่ง IGF-1 โคนมลำพูน และโคนมพันธุ์แท้พบ 7 อัลลีลเท่ากัน

โคนมลูกผสม 87.5 % พบ 8 อัลลีล และโคนมลูกผสม 75 % พบ 11 อัลลีล และทำการเปรียบเทียบความแตกต่างของความถี่อัลลีลระหว่างประชากรโดยการทดสอบแบบไคสแควร์ พบว่าที่ตำแหน่ง TGLA153, IGF-1 และ UWCA9 แสดงความแตกต่างของประชากรอย่างมีนัยสำคัญที่ $P < 0.001$ และตำแหน่ง BM203 ที่ $P < 0.05$ ส่วนตำแหน่ง CSSM065 ไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม (ค่าเฉลี่ย heterozygosity) พบว่าโคขาวลำพูน โคนมพันธุ์แท้ โคนมลูกผสม 87.5 % และ 75 % มีค่า 0.792, 0.824, 0.828 และ 0.862 ตามลำดับ และระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างโคขาวลำพูนกับโคนมพันธุ์แท้ 100 % มีค่า 0.572 โคขาวลำพูนกับโคนมลูกผสม 87.5 % มีค่า 0.648 โคขาวลำพูนกับโคนมลูกผสม 75 % มีค่า 0.347 โคนมพันธุ์แท้ 100 % กับโคนมลูกผสม 87.5 % มีค่า 0.108 โคนมพันธุ์แท้กับโคนมลูกผสม 75 % มีค่า 0.076 และโคนมลูกผสม 87.5 % และ 75 % มีค่า 0.122 การกระจายความถี่อัลลีลของ ไมโครแซทเทลไลต์ทั้ง 5 ตำแหน่งในกลุ่มโคนมที่ให้น้ำนมจริงสูง ต่ำ และไม่ให้น้ำนม (โคขาวลำพูน) พบว่าตำแหน่ง TGLA153 มีการกระจายความถี่อัลลีลที่แตกต่างกัน โดยอัลลีลขนาด 127 คู่เบส พบมากในกลุ่มโคนมที่ให้ปริมาณน้ำนมจริงสูง และน้ำนมเฉลี่ยต่อตัวต่อวันสูง อัลลีลขนาด 129 คู่เบส พบมากในโคนมที่ให้ปริมาณน้ำนมจริงต่ำ น้ำนมเฉลี่ยต่อตัวต่อวันต่ำ และกลุ่มไม่ให้น้ำนม

สรุปได้ว่าโคขาวลำพูน โคนมพันธุ์แท้ 100 % โคนมลูกผสม 87.5 % และ 75 % ที่ทำการศึกษายังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง โคขาวลำพูนมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างจากกลุ่มโคนม และ ไมโครแซทเทลไลต์ตำแหน่ง TGLA153 ที่อัลลีลขนาด 127 และ 129 คู่เบส มีความสัมพันธ์กับการผลิตน้ำนม

Thesis Title Genetic Diversity Analysis of White Lumphun Cattle, Crossbred and Purebred Friesian by Milk Production Related Microsatellites

Author Miss Orapan Jantarangsri

M.S. (Agriculture) Animal Science

Examining Committee	Assoc. Prof. Petai Pongpiachan	Chairperson
	Assoc. Prof. Dr. Daoroong Kangwanpong	Member
	Asst. Prof. Nucha Simasatikul	Member

Abstract

The objective of this study was to analyse genetic diversity of White Lamphun cattle at Phayao Livestock Breeding Station and 75 % 87.5 % and 100% Friesian at Chiangmai Livestock Breeding Station in Chiangmai (20 cows per group). We used 5 dinucleotide repeat microsatellites. There were UWCA9, TGLA153, BM203, CSSM065 and IGF-1. They were microsatellites that involved in milk production. We used polymerase chain reaction (PCR), polyacrylamide gel electrophoresis and silver staining method to analyse those alleles. We recorded data of lactation period, total milk yield, 100 days milk yield and average daily milk yield of each group.

We found 14 alleles of UWCA9 of White Lamphun, 10 alleles of purebred, 12 alleles of 87.5 % crossbred and 13 alleles of 75 % crossbred Friesian. There were 5 alleles of TGLA153 of White Lamphun, 9 alleles of 87.5 % and 75 % crossbred Friesian and 12 alleles of purebred Friesian. In BM203, there were 15 alleles of White Lamphun, 13 alleles purebred and 87.5 % crossbred Friesian and 14 alleles of 75 % crossbred Friesian. In CSSM065, 9 alleles of White Lamphun and purebred Friesian, 10 alleles and 12 alleles of 87.5 % and 75 % crossbred Friesian. There were 7 alleles of White Lamphun and purebred Friesian, 8 alleles of 87.5 % and 11 alleles of 75 % crossbred Friesian in IGF-1, respectively. We analyzed the difference of allelic frequency

between each group by Chi square test. We found that TGLA153, IGF-1 and UWCA9 were highly significantly ($p < 0.001$), BM203 ($p < 0.05$) and CSSM065 had no significant.

Heterozygosities of White Lamphun, purebred, 87.5 % and 75 % crossbred Friesian were 0.792, 0.824, 0.828 and 0.862, respectively. And the distance between each group on phylogenetic tree were 0.572 (White Lamphun vs purebred), 0.648 (White Lamphun vs 87.5 % crossbred), 0.347 (White Lamphun vs 75 % crossbred), 0.108 (purebred vs 87.5 % crossbred), 0.076 (purebred vs 75 % crossbred) and 0.122 (87.5 % crossbred vs 75 % crossbred). For locus TGLA153, we found that the distribution of allele frequencies in high, low and no milk yield (White Lamphun) groups were difference. The most of high total milk yield and high average daily milk yield groups had allele size 127 base pairs. And the most low total milk yield, low average daily milk yield and no milk yield groups had allele size 129 base pairs.

In conclusion, there were high genetic diversity between each group. White Lamphun cattle was difference from other groups. And TGLA153 at allele size 127 and 129 base pairs related to milk production.