

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: MRG60806143

ชื่อโครงการ: ความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างพันธุกรรมของประชากร
พื้นเมืองไทยในบริเวณภาคใต้ที่ถูกตรวจสอบด้วยดีเอ็นเอบาร์โค้ดตั้งและ
เครื่องหมายดีเอ็นเอ InDel

ชื่อผู้วิจัย: ดร. พิชญานิภา พงษ์พานิช และ ศ.ดร. มนต์ชัย ดวงจินดา

ที่อยู่อีเมล: pitchayanipa.k@psu.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: 3 เมษายน 2560 ถึง 3 เมษายน 2562

การประเมินความผันแปรทางพันธุกรรมและโครงสร้างพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีความสำคัญมากต่อการอนุรักษ์พันธุกรรมของสุกรท้องถิ่นและการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์สุกรพื้นเมืองไทยอย่างเหมาะสม การศึกษาครั้งนี้ทำการจำแนกสายพันธุ์สุกรพื้นเมืองภาคใต้โดยใช้ดีเอ็นเอบาร์โค้ดตั้งบริเวณไมโทคอนเดรียบนยีน cytochrome oxidase I gene (COI) และศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช พังงา ตรัง พัทลุง สงขลา ปัตตานี และสุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือสกลนคร สุกรสายพันธุ์แท้ต่างประเทศและสุกรลูกผสม โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอ InDel จำนวน 14 ยีน จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน COI พบรูปแบบ haplotypes จำนวน 5 haplotypes ที่จำเพาะกับสุกรพื้นเมืองภาคใต้ ผลจากการสร้าง phylogenetic tree จากข้อมูลระยะห่างทางพันธุกรรมด้วยวิธี neighbor-joining พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้จาก 7 จังหวัดถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน การศึกษาด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ InDel จำนวน 14 ยีน มีค่าเฉลี่ย percentage polymorphic loci ของประชากรสุกรทุกกลุ่มเท่ากับ 75.60 ± 4.93 % และมีค่าเฉลี่ย observed heterozygosities (H_o) และ expected heterozygosities (H_e) อยู่ในช่วง 0.205 ถึง 0.263 และ 0.239 ถึง 0.381 ตามลำดับ มีค่า fixation index ระหว่างประชากรสุกร อยู่ในช่วง -0.003 ถึง 0.265 การสร้างแผนภาพต้นไม้ด้วยวิธี neighbor-joining และจัดกลุ่มทางพันธุกรรมด้วยวิธี principal component analysis (PCA) เชื่อได้ว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้และสุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรม ขณะที่สุกรพื้นเมืองภาคใต้มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกับสุกรพันธุ์แท้ทางการค้าและสุกรลูกผสม การวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม STRUCTURE พบมีความแตกต่างระหว่างโครงสร้างประชากรสุกรพื้นเมืองไทยและสุกรสายพันธุ์ต่างประเทศ ซึ่งจัดกลุ่มได้ 2 กลุ่ม ($K=2$)

คำหลัก: สุกรพื้นเมืองภาคใต้ ดีเอ็นเอบาร์โค้ด เครื่องหมายดีเอ็นเอ InDel

Abstract

Project Code: MRG60806143

Project Title: Genetic variation and genetic structure of Southern Thai indigenous pig populations based on DNA sequences analyses of DNA barcoding marker and InDel DNA markers

Investigator: Pitchayanipa Phonphanich, Ph. D.

Professor Monchai Duangjinda, Ph. D.

E-mail Address: pitchayanipa.k@psu.ac.th

Project Period: 2 years (3rd April 2017 – 3rd April 2019)

The evaluation of genetic variation and genetic structure of Thai indigenous pig populations is very important for conservation genetic of local pig breeds and suitable for development breeding programs. In this study, DNA barcoding with the mitochondrial cytochrome oxidase I gene (*COI*) was used to identify southern Thai indigenous pig populations and the genetic diversity and genetic structure of Thai indigenous pig populations from Surat Thani, Nakhonsi Thammarat, Phang Nga, Trang, Phatthalung, Songkhla, Pattani and Sakon Nakhon, Exotic purebred pigs and Crossbred pigs were examined by using 14 functional insertion/deletion (InDels) markers. The analysis of *COI* gene sequence showed that specific 5 haplotypes in southern Thai indigenous pig populations. A phylogenetic tree was constructed from genetic distance determination according to neighbor-joining tree, revealed that southern Thai indigenous pig populations from seven provinces were clustered together. At the 14 InDels loci, with an average of percentage polymorphic loci for all pig populations were 75.60 ± 4.93 %, and the average observed heterozygosities (H_o) and expected heterozygosities (H_e) ranged from 0.205 to 0.263 and 0.239 to 0.381, respectively. The Fixation index ranged from -0.003-0.265 among populations. A neighbor-joining (NJ) tree, principal component analysis (PCA) revealed that Southern Thai indigenous pig and Northeast Thai indigenous pigs were genetically close, while Thai indigenous pigs were distant from the exotic purebred pig and crossbred pigs. STRUCTURE analysis clearly showed the genetic differentiation of Southern Thai indigenous, Northeast Thai indigenous pigs, exotic purebred pig and crossbred pigs was assigned into two cluster ($K=2$).

Keywords: Thai indigenous pig, DNA barcode , InDels marker