

## การศึกษาความหลากหลายและการจำแนกกลุ่มพันธุกรรมของโคพื้นเมืองไทยจากข้อมูล

### ไมโครแซทเทลไลต์และไมโทคอนเดรีย

#### Study of Genetic Diversity and Genetic Classification of Thai Native Beef Cattle

#### Using Microsatellite and Mitochondrial Data

#### บทคัดย่อ

การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและจำแนกกลุ่มพันธุกรรมของโคพื้นเมืองไทยด้วยการวิเคราะห์ความหลากหลายของขนาดไมโครแซทเทลไลต์และความหลากหลายของลำดับเบสของดีเอ็นเอของไมโทคอนเดรียที่บริเวณ D-loop การวิจัยครั้งนี้ใช้โคพื้นเมืองจาก 4 สายพันธุ์หลัก ได้แก่ โคขาวลำพูน โคอีสาน โคลาน และโคชน จากภาคเหนือ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคกลาง และภาคใต้ ภายใต้โครงการการศึกษาผลผลิตและระบบการผลิตโคพื้นเมืองของเกษตรกรโดยการสนับสนุนจากกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.) ทำการสุ่มโคประมาณ 20-30 ตัวต่อสายพันธุ์จากแต่ละพื้นที่ รวมโคที่ใช้ในการศึกษารั้งนี้ 108 ตัว การวิเคราะห์ไมโครแซทเทลไลต์จำนวน 20 ตำแหน่ง รวม 193 อัลลีล พบว่าขนาด (fragment size) และจำนวนอัลลีลของไมโครแซทเทลไลต์ที่พบในการศึกษารั้งนี้มีความหลากหลายกว่าที่เคยมีรายงานไว้ในโคพันธุ์ต่างประเทศอื่นๆ ในทุกตำแหน่ง โดยพบอัลลีลใหม่ที่แตกต่างจากโคพันธุ์ต่างประเทศหลายอัลลีล ซึ่งแสดงให้เห็นว่าโคพื้นเมืองไทยมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง เมื่อพิจารณาจากค่า heterozygosity พบว่าพันธุกรรมของโคพื้นเมืองไทยในแต่ละภาคมีความหลากหลายของยีนแต่ละตำแหน่งแตกต่างกัน การวิเคราะห์การจัดกลุ่มโคพื้นเมืองจากระยะห่างทางพันธุกรรม (Nei's genetic distance) ด้วย phylogenetic tree พบว่า โคพื้นเมืองภาคใต้มีพันธุกรรมแตกต่างจากโคพื้นเมืองกลุ่มอื่นๆ มากที่สุด โดยมีระยะห่างทางพันธุกรรมมากกว่า 63% โคภาคเหนือนั้นสามารถจำแนกออกจากโคกลุ่มอื่นๆ ได้เช่นกัน ขณะที่โคภาคกลางและโคภาคอีสานมีพันธุกรรมใกล้ชิดกันและยังไม่สามารถจำแนกพันธุกรรมออกจากกันได้อย่างชัดเจน ซึ่งสอดคล้องกับพันธุกรรมของบริเวณ D-loop ของไมโทคอนเดรีย ซึ่งพบว่าโคพื้นเมืองไทยกลุ่มภาคใต้และภาคเหนือมีพันธุกรรมที่สามารถจำแนกออกจากโคกลุ่มอื่นๆ ในขณะที่กลุ่มโคภาคอีสานและภาคกลางนั้นยังไม่สามารถจำแนกพันธุกรรมออกจากกันได้อย่างชัดเจนเช่นกัน อย่างไรก็ตามผลการวิเคราะห์พันธุกรรมรายตัวด้วยการวิเคราะห์ CCC-plot (Cubic Criterion Clustering – Plot) พบว่าจำนวนกลุ่มโคพื้นเมืองไทยมีพันธุกรรมที่แตกต่างกันเพียงพอในการจำแนกออกเป็นกลุ่ม โดยจำนวนกลุ่มที่เหมาะสมควรเป็น 4 กลุ่ม การวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมพบว่าโคพื้นเมืองในแต่ละสายพันธุ์มีความแตกต่างทางพันธุกรรมไม่มากนัก ( $F_{ST} = 0.043$ ) แต่มีความหลากหลายของพันธุกรรมของโครายตัวภายในแต่ละพันธุ์ค่อนข้างสูง การศึกษารั้งนี้พบอัลลีลที่สามารถใช้เป็นดีเอ็นเอแบบชี้โคพื้นเมืองในแต่ละกลุ่มได้โดยมีความน่าจะเป็นในการทำนายถูกต้องแตกต่างกัน โดยพบว่ามี microsatellite จำนวน 5 ตำแหน่งที่มีความเกี่ยวข้องกับการจำแนกโคพื้นเมือง และใช้ในการทำนายโคกลุ่มภาคเหนือและภาคกลางได้แม่นยำมากกว่า 70%

## ABSTRACT

This research aimed to study the genetic diversity and genetic classification of Thai Native cattle using fragment polymorphisms of microsatellites and nucleotide polymorphisms at D-loop of mitochondria. Four varieties of native cattle: North, Northeast (Esarn), Central, and South from the North, Northeast, Central, and South of Thailand under TRF production system project were used in the study. Twenty to thirty cattle per area was sampled. A total of 108 cattle were used. The analysis of 193 alleles from 20 loci of microsatellites found that the fragment size and number of alleles in Thai native cattle were higher than previous reports in exotic breeds in all loci. Several new alleles were found. This result showed that Thai native cattle have flourishing of genetic diversity. The analysis of heterozygosity revealed that each variety of Thai native cattle has different allelic polymorphisms. The phylogenetic analysis from Nei's genetic distance showed that Southern native cattle group was different from other groups with genetic distance between groups over 63%. The Northern native cattle could also be classified into different group. The cattle from Esarn and Central were difficult to show the differentiation. The nucleotide analysis at D-loop of mitochondria showed that Southern and Northern native cattle could be notably classified from other groups while Esarn and Central native cattle were difficult to differentiate, which was agreeable with the microsatellite analysis. However, the CCC plot revealed that Thai native cattle should be genetically divided into four groups. The analysis of genetic structure showed the lightly of genetic difference between four groups ( $F_{ST} = 0.043$ ), however, the genetic diversity in individual level was found very high. This study also found the specific alleles for using as marker to indicate the genetic group of Thai native cattle with the various percent of correctness. It was found that five loci of microsatellite were found associate the genetic group. The markers from this study could be used to classify Thai native cattle from the North and Central with concordance greater than 70%.