

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของโคพื้นเมืองไทยในเขตภาคเหนือ จำนวน 5 แหล่ง (เชียงใหม่ แพร่ ลำพูน ลำปาง และพิษณุโลก) และโคขาวลำพูน ถูกวิเคราะห์โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุล ไมโครแซเทลไลต์ และ ข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของไมโทคอนเดรียในบริเวณ D-loop ผลการศึกษาพบว่าไมโครแซเทลไลต์ของ โคพื้นเมือง จำนวน 20 ตำแหน่ง มีอัลลีลทั้งหมด 119 อัลลีล ซึ่งมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 5.95 อัลลีล/ไพรเมอร์ โดยมีค่า heterozygosity เฉลี่ยเท่ากับ 0.426 ± 0.306 และมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) เฉลี่ยเท่ากับ 0.136 ± 0.046 ข้อมูลไมโครแซเทลไลต์ สามารถแบ่งกลุ่มโคพื้นเมืองในเขตภาคเหนือออกเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่ม 1 โคพื้นเมืองในเขตจังหวัดเชียงใหม่ และแพร่ และกลุ่ม 2 โคพื้นเมืองในเขตจังหวัดลำพูน ลำปาง และพิษณุโลก และโคขาวลำพูน สำหรับข้อมูลความผันแปรของลำดับนิวคลีโอไทด์ mtDNA (D-loop) ของโคพื้นเมืองในเขต ภาคเหนือ สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม (กลุ่มที่เหมือน และแตกต่างจากโคพื้นเมืองจากเอเชียใต้) จากผล การศึกษาในครั้งนี้บ่งชี้ได้ว่า โคพื้นเมืองในเขตภาคเหนือ มีลักษณะทางพันธุกรรมคล้ายคลึงกันสูง โดยโค พื้นเมืองจากจังหวัดเชียงใหม่ มีความใกล้ชิดกับโคพื้นเมืองจากจังหวัดแพร่ มากกว่าโคพื้นเมืองจากจังหวัดลำพูน ลำปาง พิษณุโลก และโคขาวลำพูน ตามลำดับ นอกจากนี้โคพื้นเมืองในเขตภาคเหนือส่วนใหญ่มีพันธุกรรมของ mtDNA (D-loop) แตกต่างจากโคพื้นเมืองจากแถบภูมิภาคเอเชียใต้ ยุโรป และแอฟริกา อย่างชัดเจน

210465

Genetic diversity of northern Thai native beef cattles from 5 locations (Chiang Mai, Phrae, Lamphun, Lampang and Pitsanulok) and White Lamphun cattle breeds was analysed by using microsatellite markers and mitochondrial DNA (D-loop) sequence. A total of 119 alleles of 20 microsatellites were detected in Thai native cattles and the mean number of alleles was 5.95 per locus. An average heterozygosity and genetic distance among of northern Thai native cattles were 0.426 ± 0.306 and 0.136 ± 0.046 , respectively. Genetic variation based on microsatellite markers, Thai native cattles could be divided into 2 groups: (1) Chiang Mai and Phrae Thai native cattles and (2) Lamphun, Lampang, Pitsanulok and White Lamphun cattle breeds. Moreover, the mtDNA (D-loop) nucleotide sequence of the northern Thai native cattles are clearly separated into 2 groups (similar and non-similar to southern Asia cattle breeds). Results indicated that Thai native cattles are highly genetic similarity. The Chiang Mai cattles are closely related to Phrae cattles, but are separated from the Lamphun, Lampang, Pitsanulok cattles and White Lamphun cattle breeds, respectively. Additionally, the mtDNA (D-loop) sequence of the most northern Thai native cattles are distinguished from southern Asia, European and African cattle breeds.