บทคัดย่อ

222200

ในการศึกษาครั้งนี้ เครื่องหมายโมเลกุลโปรตีนที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะความนุ่ม-เหนียวของเนื้อไก่และความแตกต่างของเครื่องหมายโปรตีนที่แสดงออกในกล้ามเนื้อไก่ไทยพันธุ์พื้นเมือง และไก่เนื้อสายพันธุ์ทางการค้า (ที่อายุ 0, 3, 6 และ 18 สัปดาห์) ถูกวิเคราะห์โดยเทคนิค 2 Dimentional gel electrophoresis (2DE) และ MADI-TOF/MS นอกจากนี้ความผันแปรทางพันธุกรรมของยีนเป้าหมายจากข้อมูลเครื่องหมายโปรตีน รวมถึงความสัมพันธ์ของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ กับลักษณะคุณภาพของเนื้อไก่ ถูกวิเคราะห์สำหรับการศึกษาครั้งนี้ เครื่องหมายโมเลกุลโปรตีน จำนวน 5 เครื่องหมาย มีระดับการแสดงออกแตกต่างกันระหว่างไก่ที่มีค่าแรงตัดเฉือนชิ้นเนื้อสูง-ต่ำ ในจำนวนนี้ เครื่องหมายโมเลกุลโปรตีน จำนวน 3 เครื่องหมายถูกวิเคราะห์ชนิดของโปรตีน ซึ่งพบว่ามีความคล้ายคลึงกับโปรตีน PKM2, PGAM1 และ TPI1 นอกจากนี้ เครื่องหมายโมเลกุลโปรตีน จำนวน 8 เครื่องหมาย (PGAM1, TPI1, RPS2, APOA1, HSP25K, DHFR, TTR และ FBP) มีระดับการเปลี่ยนแปลงในช่วงอายุ 0-18 สัปดาห์ ในไก่ทั้งสองสายพันธุ์ ผลการวิเคราะห์ความผันแปรทางพันธุกรรมของยีน *PKM2*, *PGAM1* และ *TPI1* พบตำแหน่งนิวคลีโอไทด์ผันแปรที่ c.1323G>A, c.636C>T และ c.585T>C บน open reading frame ของยีนดังกล่าว และสามารถตรวจสอบความผันแปรได้ด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ *Msp*I, *Msp*I และ *Hsp92*II ตามลำดับ โดยเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ *PKM2* และ *TPI1* มีความสัมพันธ์กับลักษณะการสูญเสียน้ำของเนื้อในขณะเก็บ และเปอร์เซ็นต์ซาก ตามลำดับ ในขณะที่เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอของยีน *PGAM1* มีความสัมพันธ์กับลักษณะการสูญเสียน้ำของเนื้อหลังทำให้สุกด้วยความร้อน และ ค่า pH_{45min} ของเนื้อไก่ นอกจากนี้ปฏิกิริยาร่วมระหว่างยีน *PGAM1 x TPI1* มีแนวโน้มสัมพันธ์กับค่าการสูญเสียน้ำของเนื้อในขณะเก็บ ค่า pH_{45min} และ pH_{24h} ของเนื้อไก่ อย่างไรก็ตาม การศึกษาในครั้งนี้ไม่พบความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมายโมเลกุล *PKM2*, *PGAM1* และ *TPI1* กับลักษณะความนุ่ม-เหนียวของเนื้อไก่ ผลการศึกษานี้บ่งชี้ว่าเอ็นไซม์ในกระบวนการ glycolysis มีบทบาทสำคัญต่อเมตาบอลิซึมของพลังงานในกล้ามเนื้อ และมีความสัมพันธ์กับคุณลักษณะของเนื้อ โดยการค้นพบในครั้งนี้ชี้ให้เห็นถึงความสำคัญของเอ็นไซม์ที่เกี่ยวข้องกับเมตาบอลิซึมของพลังงานในกล้ามเนื้อ และอาจสามารถใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลที่มีศักยภาพ สำหรับการบ่งชี้ลักษณะคุณภาพเนื้อของไก่ได้

Abstract 222200

In this study, protein markers associated with tenderness and toughness traits of chicken meats and differential protein expression profiling in Thai native chicken and broiler chicken muscle (0, 3, 6 and 18 weeks of age) were analysed by using two dimensional gel electrophoresis (2DE) and MALDI-TOF/MS techniques. Moreover, polymorphism of candidate genes based on proteomic markers and their association with meat quality traits of chickens were investigated. A total of 5 protein spots revealed differential protein expression levels in chicken meat with high- and low-shear force values of both chicken breeds. Out of these, 3 spot markers were identified and showed homology with chicken PKM2, PGAM1 and TPI1 proteins. Eight spot proteins PGAM1, TPI1, RPS2, APOA1, HSP25K, DHFR, TTR and FBP) were found significantly altered levels in during 0-18 weeks of age of both chicken breeds. Polymorphisms of chicken *PKM2*, *PGAM1* and *TPI1* genes were located at c.1323G>A, c.636C>T and c.585T>C of their open reading frame (ORF) and detected with *Msp*I, *Msp*I and *Hsp92*II, respectively. The *PKM2* and *TPI1* polymorphisms were associated with drip loss and dressing percentage traits, respectively. Whereas, *PGAM1* polymorphisms were associated with cooking loss and pH_{45min} of chicken meats. Moreover, the interaction of *PGAM1* x *TPI1* markers were trended associations with drip loss, pH_{45min} and pH_{24h} of chicken meats. However, no association of *PKM2*, *PGAM1* and *TPI1* markers with tenderness and toughness traits were found. The results indicated that these enzymes of glycolytic pathway play a major role in energy metabolism process of meat and related to meat characteristics. These findings promote the important of the muscle metabolic enzymes and could used as functional candidate genes for meat quality traits in chicken.