

โคพื้นเมืองไทยเป็นพื้นฐานโคเนื้อที่สำคัญของประเทศไทยซึ่งสามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมและอาหารที่หาได้ในท้องถิ่นได้เป็นอย่างดี ปัจจุบันเกษตรกรนิยมผสมกับโคพันธุ์ต่างประเทศทำให้โคพื้นเมืองพันธุ์แท้ลดจำนวนลงและทำให้เกิดการสูญเสียแหล่งพันธุกรรมของโคพื้นเมือง ในประเทศไทย ข้อมูลทางพันธุกรรมของโคพื้นเมืองยังมีอยู่น้อยมาก งานวิจัยนี้ได้จัดทำขึ้นเพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของโคพื้นเมืองโดยเฉพาะในเขตภาคกลางของไทยโดยใช้ข้อมูลของไมโครแซทเทลไลท์ และไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ ตัวอย่างโคพื้นเมืองที่ใช้ในการศึกษานำมาจากจังหวัดประจวบคีรีขันธ์ กาญจนบุรี นครปฐม และราชบุรี ทำการสกัดดีเอ็นเอจากชิ้นเนื้อและเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในส่วนของไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 20 โลไซและไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอในบริเวณD-loop โดยใช้เทคนิคปฏิกิริยาถูกโซ่พีซีอาร์ หลังจากวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรและระหว่างประชากรโดยใช้โปรแกรม POPGENE v.1.32 พบว่า ไมโครแซทเทลไลท์ทุกโลไซเป็นโพลิมอร์ฟิก จำนวนของอัลลีลในแต่ละโลคัสมีความผันแปรอยู่ระหว่าง 2-6 อัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 0.324-0.378 และค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 0.464-0.536 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.0299-0.1039 โดยประชากรโคจาก จ. ประจวบคีรีขันธ์ มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับโคจาก จ. นครปฐม ราชบุรี และกาญจนบุรี ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์ความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop โดยวิธี UPGMA พบว่าโคพื้นเมืองจากภาคกลางของไทยมีค่าความเหมือนของลำดับเบสเทียบกับโคตระกูล *Bos indicus*, โคตระกูล *Bos taurus* และกระบือ (*Bubalus bubalis*) เท่ากับ 90-99%, 80-88% และ 64-70% ตามลำดับ ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของโคพื้นเมืองไทยภาคกลางกับโค *B. indicus* ของประเทศอื่นๆในเอเชียอยู่ระหว่าง 0.0072-0.0950 ลำดับเบสของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอของโคพื้นเมืองไทยภาคกลางจำแนกได้ 7 แสพโทลไทป์ โดยโคในแสพโทลไทป์ ct1 ส่วนใหญ่เป็นโคพื้นเมืองที่มาจาก จ. ประจวบคีรีขันธ์ และมีความใกล้ชิดกับโคพื้นเมืองที่มาจากประเทศภูฏาน มองโกเลีย และอินเดีย ขณะที่แสพโทลไทป์ ct2 ถึง ct7 เป็นกลุ่มโคจากทั้งสี่จังหวัดและมีวิวัฒนาการแยกจากโคพื้นเมืองของประเทศจีนตอนใต้ จีนตะวันตกเฉียงใต้ อินเดีย เนปาล และฟิลิปปินส์ งานวิจัยนี้ยืนยันได้ว่าโคพื้นเมืองในเขตภาคกลางของประเทศไทยเป็นโคประจำถิ่นเอเชียตอนใต้ การนำข้อมูลพันธุกรรมที่ได้ไปศึกษาเปรียบเทียบกับข้อมูลของโคพื้นเมืองจากเขตภาคอื่นของประเทศและกับประเทศเพื่อนบ้านของไทยจะทำให้ทราบแหล่งพันธุกรรมของโคพื้นเมืองของไทยที่ชัดเจนขึ้นซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อการอนุรักษ์สายพันธุ์โคพื้นเมืองของไทยอย่างจริงจัง

Thai native cattle are an important basic beef breed of Thailand which have a good ability to adapt to environment and local feedstuff. Thai farmer tend to cross them with foreign breeds causing reduction of Thai native pure breed and loss of genetic resource. Nowadays, little genetic data on Thai native cattle has been gathered. This research was performed to study the genetic diversity of the native cattle especially in the central region of Thailand using the information of microsatellite and mitochondrial DNA. The native cattle samples were collected from Prachuapkhirikhan, Kanchanaburi, Nakompathom and Ratchaburi provinces. DNA was extracted from meat and then amplified for 20 loci of microsatellite and a D-loop mitochondrial DNA by PCR technique. After analysis of genetic diversity within and between populations by POPGENE v.1.32, it was found that microsatellite loci had polymorphic vary from 2-6 alleles with the average of 4 alleles per locus. The H-W equilibrium of the population at each locus was tested, and found that fifteen loci had no significant deviation. The observed heterozygosity value was 0.324-0.378 and the expected heterozygosity value was 0.464-0.536. The genetic distance was 0.0299-0.1039. The cattle from Prachuapkhirikhan were closely related to those from Nakompathom, Ratchaburi and Kanchanaburi respectively. The mtDNA D-loop diversity and phylogenetic tree analysed by UPGMA method showed that the sequence identity of the Central Thailand cattle were 90-99%, 80-88% and 64-70% compared to *Bos indicus* cattle, *Bos taurus* cattle and buffalo (*Bubalus bubalis*) respectively. The genetic distance values between the Central Thailand cattle and the other Asian cattle were 0.0072-0.0950. The sequence of Central thai cattle were identified into 7 haplotypes, the haplotype ct1 harbored most of samples from Prachuapkhirikhan and closely related to the *B. indicus* cattle from Bhutan, Mongolia and India. The rest of the haplotypes (ct2 - ct7) fell into another cluster located apart from the *B. indicus* cattle from South China, Southwest China, Nepal, Phillipins and India. This research confirmed that the Central Thailand cattle belonged to the South Asian cattle. Comparison of the obtained results and the data of cattle from other regions of Thailand and the neighbor countries will clarify the origin of Thai native cattle which benefit to the strict conservation of the Thai native cattle breeds