

วัตถุประสงค์ของงานวิจัยครั้งนี้ คือ 1) สำรวจประชากรแพะที่ศึกษา 2) ศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมด้วยเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ทั้งภายในประชากรและระหว่างประชากรที่ศึกษา และ3) สร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของประชากรแพะที่ศึกษา โดยทำการเก็บตัวอย่างเลือดแพะพร้อมสกัดดีเอ็นเอ เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR จากนั้นใช้ไพเมอร์ทั้งหมด 5 โคลัส คือ INRA0023 HSC SRCRSP0024 OarFCB0020 และ SRCRSP0023 ตามคำแนะนำของ ISAG/FAO เพื่อศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมของประชากรแพะ

ผลการวิจัยพบว่า ประชากรแพะในเขตกรุงเทพฯ ที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้ มีทั้งหมด 7 ประชากร โดยมาจากเขตประเวศ 3 ประชากร หนองจอก 3 ประชากร คลองสามวา 1 ประชากร และนอกเขตกรุงเทพฯ อีก 1 ประชากรซึ่งเป็นกลุ่มควบคุมที่มาจากสถานีบำรุงพันธุ์สัตว์หนองขวาง จังหวัดราชบุรี รวมทั้งสิ้น 28 ตัว

ในจำนวนไพเมอร์ที่นำมาใช้ในการศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรม 5 โคลัสนั้น มีเพียง 3 โคลัสเท่านั้นที่สามารถนำมาใช้เป็นเครื่องหมายบ่งชี้พันธุกรรมในแพะที่เลี้ยงในประเทศได้ คือ INRA0023 HSC และ OarFCB0020 ในด้านความผันแปรทางพันธุกรรมของประชากรที่ศึกษานั้น เมื่อทำการทดสอบความสมดุลย์ของประชากร (Hardy-Weinberg Equilibrium) พบว่า ประชากรส่วนใหญ่อยู่ในสมดุลย์ จำนวนอัลลีลที่สังเกตได้ของโคลัส INRA0023 จะมากที่สุด คือ 5.000 และพบในประชากรส่วนใหญ่ ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีเฉลี่ยของประชากรทั้ง 8 กลุ่ม ในโคลัส INRA0023 HSC และ OarFCB0020 เท่ากับ 0.689 0.619 และ 0.384 ตามลำดับ

แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการถูกสร้างโดยใช้ระยะห่างทางพันธุกรรมของ Nei โดยใช้วิธี UPGMA ซึ่งให้เห็นอย่างชัดเจนว่า ประชากรที่ศึกษานั้น ถูกแยกออกเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มประชากรในกรุงเทพมหานคร (กลุ่ม 1-7) และกลุ่มนอกกรุงเทพมหานคร (กลุ่ม 8) ประชากรภายในกรุงเทพมหานครนั้น สามารถแบ่งออกเป็น 3 กลุ่มย่อย คือ ประชากรกลุ่มที่ 1 กับ 2 กลุ่มที่ 6 กับ 7 และกลุ่มที่ 3 4 กับ 5 มีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรมมาก

Aims of this research were: 1) to study characteristic of goat population studied, 2) to study genetic variation within and between the populations using microsatellite markers, and 3) to create phylogenetic tree of the populations. Blood sample was collected and DNA was extracted. The DNA was amplified by using PCR technique. The five microsatellite markers, ISAG/FAO recommended, such as INRA0023, HSC, SRCRSP0024, OarFCB0020 and SRCRSP0023, were used to study the genetic variation.

The result showed that total of eight populations, 28 goats, were used as samples. Seven populations were from different districts of Bangkok, namely, Praveth, Nonjok and Klong Samwa (3, 3 and 1 populations, respectively). The other one was a control population from Ratchaburi Province.

Only three markers, INRA0023, HSC and OarFCB0020, could be used as genetic markers for the populations studied. For the genetic variation of the populations, the result was shown that most of the populations studied were in Hardy-Weinberg equilibrium. The highest observed alleles were found in the INRA0023 locus (5.000) in the most populations. Average heterozygosity of the populations in INRA0023, HSC and OarFCB0020 were 0.689, 0.619 and 0.384, respectively.

A phylogenetic tree was constructed based on Nei's genetic distance by UPGMA method. The dendrogram was clearly divided the populations into two groups; one consisting seven populations in Bangkok and the other was the population outside Bangkok. The populations within Bangkok could be divided into three subgroups; pop 1 and 2, pop 6 and 7, and pop 3, 4 and 5.