

ทวี เหล่าดี 2558: ความผันแปรทางพันธุกรรมจีโนมสำหรับลักษณะการให้ผลผลิตของโคนม
ในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ในประเทศไทยปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
(สัตวศาสตร์) สาขาสัตวศาสตร์ ภาควิชาสัตวบาล อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก:
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ศกร คุณวุฒิฤทธิธรรม, วท.ค. 83 หน้า

ข้อมูลสปีส์ (8,810 ตำแหน่ง) ของโคนมเพศเมียจำนวน 1,413 ตัว ของเกษตรกรจำนวน 195 ราย ที่ตั้งอยู่ในพื้นที่ภาคกลาง (78 ราย) ภาคใต้ (67 ราย) และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (50 ราย) ของประเทศไทย มีสปีส์ทั้งหมด 8,573 ตำแหน่งที่ผ่านการตรวจสอบคุณภาพของสปีส์ โดยพิจารณาจากสัดส่วนการปรากฏของสปีส์แต่ละตำแหน่งในประชากรโคนม (มากกว่าร้อยละ 90) และมีตำแหน่งทางกายภาพบนโครโมโซมแต่ละคู่ จากนั้น สปีส์ที่ผ่านเกณฑ์คุณภาพถูกนำมาพิจารณาความผันแปรของสปีส์และระดับ Linkage disequilibrium (LD) ในระดับจีโนมในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ในประเทศไทย สปีส์ทั้งหมดถูกวิเคราะห์การกระจายตัวระยะห่างระหว่างสปีส์ ความหนาแน่นของสปีส์ และค่า Minor allele frequency (MAF) บนโครโมโซมแต่ละคู่ จากนั้น สปีส์ที่ทราบตำแหน่งทางกายภาพบนโครโมโซมร่างกายแต่ละคู่ ที่มีค่า $MAF \geq 0.05$ ถูกนำมาพิจารณาเชื่อมโยงกับข้อมูลแผนที่สปีส์และข้อมูลพันธุ์ประวัติของโคนมด้วยซอฟต์แวร์ Haploview และประมาณค่า LD โดยใช้สองตัวแปรคือ D' และ r^2 ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่า สปีส์ของโคนมไทยหลากหลายพันธุ์มีการกระจายตัวแตกต่างกันบนทั้งโครโมโซมร่างกายและโครโมโซมเพศ และอยู่ร่วมกันเป็นกลุ่มบนพื้นที่บางส่วนของโครโมโซม รวมทั้งการกระจายตัวของ LD บนโครโมโซมร่างกายแต่ละคู่แตกต่างกันขึ้นอยู่กับระยะห่างระหว่างคู่สปีส์ ค่า MAF และขนาดประชากรที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ ระดับ LD ที่มีค่าสูงบนโครโมโซมร่างกายโดยเฉพาะระหว่างคู่สปีส์ที่มีระยะห่าง 40 ถึง 50 kb ($D' = 0.694 \pm 0.007$ และ $r^2 = 0.202 \pm 0.003$) จำนวนโคนมน้อยที่สุดสำหรับการประมาณค่า LD ในประชากรโคนมไทยหลากหลายพันธุ์ คือ มากกว่า 177 ตัว สำหรับประมาณค่า D' และมากกว่า 89 ตัว สำหรับประมาณ r^2 ผลการศึกษาชี้เป็นนัยถึงความจำเพาะทางพันธุกรรมในระดับจีโนมของโคนมไทยหลากหลายพันธุ์ และความจำเป็นในการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในระดับจีโนม เพื่อหาแนวทางการปรับปรุงศักยภาพการผลิตและพันธุกรรมโคนมไทยในเขตร้อนชื้นต่อไป

ลายมือนิติ

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก