

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 แพะพื้นเมืองภาคใต้ และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน โดยไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ

Genetic relationship among crossbred meat goat Sup-PSU-1 Thai native goat and Anglo-Nubian goat by mitochondrial DNA

ศิริรัตน์ นอสูงเนิน^{1,2}, รัชฎาพร เอกบุตร^{1*} และ ไชยวรรณ วัฒนจันทร์^{1,2}
Sirirat Norsungnoen^{1,2}, Pradchayaporn Akaboot^{1*} and Chaiyawan Wattanachant^{1,2}

บทคัดย่อ: การศึกษาครั้งนี้ใช้เลือดแพะทั้งหมด 108 ตัวประกอบด้วย แพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 (SUP, 48 ตัว) แพะพื้นเมืองภาคใต้ (TN, 30 ตัว) และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน (AG, 30 ตัว) เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ผลจาก PCR-RFLP พบรูปแบบจีโนไทป์ 2 รูปแบบ คือ GG และ GC โดยไม่พบจีโนไทป์ GC ในแพะพื้นเมืองภาคใต้ และพบว่าประชากรแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ.1 และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียนอยู่ในสมดุลของ Hardy-Weinberg ผลการวิเคราะห์แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยวิธี Neighbor Joining (NJ) สามารถแบ่งประชากรออกเป็น 2 กลุ่ม กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ.1 และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน และกลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยแพะพื้นเมืองภาคใต้ ผลการศึกษานี้ชี้ให้เห็นถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมและโอกาสในการปรับปรุงพันธุ์แพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ.1

คำสำคัญ : ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม, แพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ.1, ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ

ABSTRACT: A total of 108 blood individuals from 3 groups of goat, crossbred meat goat Sup-PSU-1 (SUP, n=48) Thai native goat (TN, n=30) and Anglo Nubian goat (AG, n=30) were used in this study. The objective of this study was to evaluate the genetic relationship by mitochondrial DNA. The result from PCR-RFLP showed two genotypic were identified, GG and GC. While as, GC genotypic was not found in Thai native goats. Sup-PSU-1 goat and Anglo Nubian goat showed no-significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. Phylogenetic tree by Neighbor joining (NJ) could cluster into 2 groups. The first group consisted with Sup-PSU-1 goat and Anglo Nubian goat and the second group consisted with Thai native goat. The results from this study genetic diversity indicated and opportunity of genetic improvement in Sup-PSU-1 goat.

Keywords: genetic relationship, crossbred meat goat Sup-PSU-1, mitochondrial DNA

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา ประเทศไทย 90112
Department of Animal Science, Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University, Hat Yai Campus, Songkhla, Thailand, 90112

² ศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนานวัตกรรมศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี
สำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษา กรุงเทพฯ 10900

Center of Excellence on Agricultural Biotechnology: (AG-BIO/PERDO-CHE), Bangkok, 10900

* Corresponding author: pradchayaporn.a@psu.ac.th

บทนำ

แพะ (*Capra aegagrus hircus*) เป็นสัตว์เศรษฐกิจทางเลือกที่มีปริมาณการเลี้ยงเพิ่มขึ้นในประเทศไทย ส่วนใหญ่อยู่ในพื้นที่ภาคใต้ (กรมปศุสัตว์, 2561) ทั้งนี้เกษตรกรนิยมเลี้ยงแพะพื้นเมืองภาคใต้ (Thai native goat) เพราะสามารถปรับตัวได้ดีในพื้นที่ แต่เนื่องจากแพะพื้นเมืองภาคใต้มีขนาดรูปร่างเล็กทำให้มีสมรรถภาพการให้ผลผลิตต่ำ (สมเกียรติ, 2528) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการให้ผลผลิตแพะพื้นเมืองภาคใต้ ศูนย์วิจัยและพัฒนาสัตว์เคี้ยวเอื้องขนาดเล็ก คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์จึงได้นำเข้าแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน (Anglo-Nubian goat) จากประเทศออสเตรเลียมาผสมข้ามสายพันธุ์กับแพะพื้นเมืองภาคใต้ ที่ระดับสายเลือด 50:50 เปอร์เซนต์ เพื่อปรับปรุงพันธุกรรมแพะพื้นเมืองภาคใต้ ทำให้ได้แพะลูกผสมที่มีสมรรถภาพการให้ผลผลิตสูงทั้งเนื้อและนม นอกจากนี้ยังได้พัฒนาลักษณะปรากฏของแพะเนื้อลูกผสมดังกล่าว เพื่อตั้งเป็นลักษณะประจำพันธุ์ โดยคัดเลือกแพะที่มีลักษณะสีขนลำตัวสีน้ำตาลถึงน้ำตาลเข้ม ขนแนวสันหลังสีดำ ขนบริเวณข้อเท้าสีดำ ใบหูปรกหรือกึ่งปรก และใบหน้าโค้งงุ้มเล็กน้อย หรือลาดตรงคล้ายแพะพื้นเมือง และเรียกชื่อแพะลูกผสมนี้ว่า “ทรัพย์ ม.อ. 1” (Wattanachant, 2008) โดยจากการรายงานของ สุรศักดิ์ และคณะ (2543) และธรรมนูญ และคณะ (2556) พบว่าแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 มีขนสีน้ำตาลตรงตามลักษณะประจำพันธุ์ที่ตั้งไว้ร้อยละ 49-60 และร้อยละ 68 ตามลำดับ ซึ่งเห็นว่ายังคงมีความแปรปรวนของลักษณะสีขน และเนื่องจากปัจจุบันแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 ยังคงปรากฏลักษณะบางลักษณะที่ไม่ตรงตามลักษณะประจำพันธุ์ที่ตั้งไว้ ซึ่งเห็นว่าพันธุกรรมไม่คงที่ ทำให้ไม่สามารถจดทะเบียนรับรองสายพันธุ์ได้ ทั้งนี้นอกเหนือจากการศึกษาลักษณะปรากฏ หรือลักษณะที่แสดงออกภายนอกแล้วนั้นควรมีการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 ร่วมกับแพะพื้นเมืองภาคใต้ และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียนซึ่งจะเป็นข้อมูลอีกด้านหนึ่งที่ระบุคุณภาพของสายพันธุ์ได้สมบูรณ์ยิ่งขึ้น เพราะ

สามารถบอกความแตกต่างระหว่างประชากรจากข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรม ที่สื่อถึงศักยภาพในการวิวัฒนาการของประชากร ที่มีการเปลี่ยนแปลงจากการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ (Allendorf, 1986)

การศึกษาค้นคว้าครั้งนี้ใช้ข้อมูลทางชีวโมเลกุล เนื่องจากจะทำให้การศึกษามีความรวดเร็ว และแม่นยำ โดยเทคนิคที่นำมาใช้ คือ ไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอ (mitochondrial DNA, mtDNA) ในบริเวณ D-loop เนื่องจากลำดับนิวคลีโอไทด์ในไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอ มีความผันแปรสูง และมากกว่านิวเคลียร์ ดีเอ็นเอ จึงพบความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์เบสในไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอสูงในสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกัน (Loftus et al., 1994) นอกจากนี้ยังสามารถใช้เทคนิค PCR-RFLP (polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism) มาช่วยวิเคราะห์ความแตกต่างในระดับดีเอ็นเอ ซึ่งสามารถช่วยแยกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตระหว่างกลุ่มที่เป็นโฮโมไซกัส (homozygous) และเฮเทอโรไซกัส (heterozygous) ได้ (สุริพร, 2546)

สำหรับการศึกษาค้นคว้านี้มีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 แพะพื้นเมืองภาคใต้ และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน ด้วยไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอ โดยใช้เทคนิค PCR-RFLP

วิธีการศึกษา

การเก็บตัวอย่าง การสกัดดีเอ็นเอและการตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอ

จะเก็บเลือดแพะจากเส้นเลือดดำที่คอ ใส่ในหลอดที่มีสาร Ethylenediaminetetraacetic acid ป้องกันการแข็งตัวของเลือด โดยเก็บตัวอย่างเลือดแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 (SUP) รุ่น F1 จำนวน 48 ตัว จากศูนย์วิจัยและพัฒนาสัตว์เคี้ยวเอื้องขนาดเล็ก คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ ตัวอย่างเลือดแพะพื้นเมืองภาคใต้ (TN) และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน (AG) สายพันธุ์ละ 30 ตัว จากศูนย์วิจัยและพัฒนาแพะแกะ อำเภอรามัน จังหวัดยะลา จากนั้นนำตัวอย่างเลือดที่ได้ไปสกัด

ดีเอ็นเอตามวิธีการของ Goodwin et al. (2007, อ้างโดย ปรัชญาพร, 2012) ตรวจสอบคุณภาพ ดีเอ็นเอ ด้วยเครื่องวัดค่าการดูดกลืนแสง Spectrophotometer (Nano-Drop 1000 spectrophotometer, Thermo Scientific, USA) และ ปรับค่าความเข้มข้นให้มีค่าเท่ากับ 50 นาโนกรัม/ไมโครลิตร

การตรวจสอบรูปแบบจีโนไทป์ ด้วย PCR-RFLP

เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของแต่ละตัวด้วยปฏิกิริยาพีซีอาร์ (polymerase chain reaction) โดยใช้คู่อพรเมอร์จากไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณ D-loop คือ GQF (5' TACAATCAATACACTGGTCTT 3') และ GQR (5' ATTACGTTTATGCTGGATT 3') (Liu et al., 2006) สารที่ใช้สำหรับการทำพีซีอาร์มีส่วนประกอบดังนี้ 10XPCR buffer 2.5 µl, 10 mM dNTPs 0.5 µl, 20 µM ไพร์เมอร์ 1 µl (forward 0.5 µl และ reverse 0.5µl), Taq DNA polymerase 0.125 µl น้ำกลั่น 4.875 µl และ ดีเอ็นเอ 1 µl ปริมาตรรวม 10 µl เริ่มปฏิกิริยาพีซีอาร์โดย initial activation 95°C 5 นาที หลังจากนั้นทำซ้ำ 30 รอบ ด้วย denature 95°C 15 วินาที annealing 50°C 15 วินาที extension 72°C 45 วินาที และ final extension 72°C เป็นเวลา 7 นาที นำผลผลิตของปฏิกิริยาพีซีอาร์มาตรวจสอบขนาดด้วย 2% อะกาโรสเจลที่ความต่างศักย์ไฟฟ้าที่ 50 โวลต์ เป็นเวลา 100 นาที แล้วย้อมด้วย ethidium bromide ภายใตแสงยูวี เพื่อตรวจสอบผลผลิตที่ได้

นำผลผลิตพีซีอาร์มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ Bmrl ที่ได้จากโปรแกรม NEBcutter V2. โดยมีส่วนผสมในการทำปฏิกิริยาดังนี้ H₂O 6.5 µl, 10X buffer 1µl, restriction enzyme 0.5 U และผลผลิตพีซีอาร์ 2 µl ปริมาตรรวม 10 µl นำไปบ่มไว้ที่อุณหภูมิ 37°C

เป็นเวลา 80 นาที จากนั้นวัดการปรากฏของแถบ ดีเอ็นเอด้วย 3% อะกาโรสเจลที่ความต่างศักย์ไฟฟ้าที่ 50 โวลต์ เป็นเวลา 120 นาที แล้วนำเจลที่ได้ย้อมด้วย ethidium bromide ภายใตแสงยูวี และบันทึกภาพ

เก็บข้อมูลและการวิเคราะห์ข้อมูล

วิเคราะห์ค่าความถี่จีโนไทป์และค่าความถี่อัลลีล จากสูตร

$$\text{ความถี่จีโนไทป์} = \frac{\text{จำนวนสัตว์ที่มีจีโนไทป์ที่กำหนด}}{\text{จำนวนสัตว์ทั้งหมด}}$$

$$\text{ความถี่อัลลีล} = D + \frac{1}{2} H$$

เมื่อ D = ความถี่ homozygous genotype และ H = ความถี่ heterozygous genotype

ทดสอบ Hardy-Weinberg equilibrium เพื่อทดสอบความสมดุลของยีนในประชากรของแพะแต่ละพันธุ์ด้วย Chi-square test (χ^2) และวิเคราะห์ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distances) ด้วยวิธีของ NEI-UB แล้วสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยวิธี Neighbor joining

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ความถี่จีโนไทป์และความถี่อัลลีล

การศึกษารูปแบบจีโนไทป์ในไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอ บริเวณ D-loop พบ PCR product มีขนาด 470 bp และหลังจากตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ Bmrl สามารถตรวจพบจีโนไทป์ 2 รูปแบบ คือ GG (470 bp, 300 bp และ 170 bp) และ GC (470 bp, 400 bp, 300 bp 170 bp และ 70 bp) ดังแสดงใน Figure 1

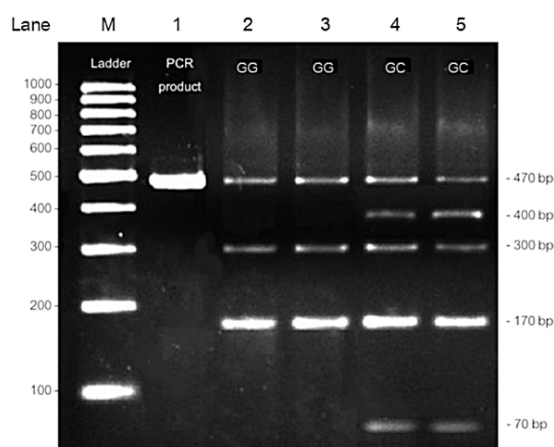


Figure 1 The PCR-RFLP patterns of mitochondrial DNA digested by Bmrl. (Lane M: 100 bp DNA Ladder, Lane 1: PCR product, Lane 2 and 3: Thai native goat, Lane 4: Anglo Nubian goat and Lane 5: Sup-PSU-1 goat)

จีโนไทป์ CC ไม่สามารถตรวจพบในแพะทั้ง 3 กลุ่ม เนื่องจากยีนดังกล่าวมีความถี่ของอัลลีล C ต่ำ (Table 1) สำหรับแพะพื้นเมืองภาคใต้พบว่าไม่

สามารถตรวจพบจีโนไทป์ GC ทั้งนี้เนื่องจากอัลลีล C มีความจำเพาะ specific ต่อแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน และแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1

Table 1 Genotype and allele frequencies at mitochondrial DNA in crossbred meat goat Sup-PSU-1, Thai native and Anglo Nubian goat breeds

		Genotype		Allele		$\chi^2(1, 0.5) = 3.841$
		GG	GC	G	C	
SUP	48	0.400(18)	0.600(27)	0.700	0.300	0.0037
TN	30	1.000(30)	0.000(0)	1.000	0.000	-
AG	30	0.462(12)	0.538(14)	0.731	0.269	0.1349
Total	108	0.594(60)	0.406(41)	0.797	0.203	

SUP: crossbred meat goat Sup-PSU-1; TN: Thai native goat; AG: Anglo Nubian goat

Table 1 พบว่าประชากรทั้ง 3 กลุ่มมีค่าความถี่ของอัลลีล G สูงกว่าอัลลีล C อาจเกิดจากอัลลีลพื้นฐานของประชากรหรือเกิดจากการคัดเลือกบางลักษณะของแต่ละประชากรที่อาจส่งผลกระทบต่อความถี่อัลลีลได้ รวมถึงจำนวนตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษามีจำนวนไม่มากพอที่จะตรวจพบอัลลีลที่มีความถี่ต่ำได้ (หนึ่งฤทัย และคณะ, 2554) และเมื่อทดสอบสมมติฐานความถี่ยีนตามกฎของ Hardy-Weinberg ในการศึกษาครั้งนี้พบประชากรแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ.1 และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียนที่ศึกษายังอยู่ในภาวะสมดุลตามกฎของ Hardy-

Weinberg แม้ว่าประชากรแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ.1 ที่ศึกษาในครั้งนี้มีการคัดเลือกด้านการเจริญเติบโต และคัดเลือกลักษณะปรากฏ (เสาวนิต และคณะ 2543; Wattanachant, 2008) ดังนั้นแม้จะมีการคัดเลือกในด้านการเจริญเติบโตมาระยะหนึ่งแล้ว แต่ยังไม่ถึงระดับที่กระทบต่อความถี่ยีนของประชากรหรืออาจเป็นไปได้ว่ายีนที่ถูกคัดเลือกอาจจะเป็นยีนกลุ่มอื่นนอกเหนือจากยีนที่ศึกษา ส่วนแพะพื้นเมืองภาคใต้ ไม่สามารถทดสอบสมมติฐาน Hardy-Weinberg ได้ เนื่องจากพบอัลลีลและจีโนไทป์รูปแบบเดียว

ระยะห่างทางพันธุกรรม

ผลการวิเคราะห์ระยะห่างทางพันธุกรรมด้วยค่าความถี่จีโนไทป์ในประชากรแพะแต่ละกลุ่มด้วย วิธีของ Nei-UB (NTSYS v. 2.1) แล้วนำไปสร้างแผนผังความสัมพันธ์ ตามวิธี Neighbor joining ด้วยโปรแกรม NTSYS v. 2.01 พบว่าประชากรแพะทั้ง 3 กลุ่ม มีพันธุกรรมไม่แตกต่างกัน แต่สามารถจำแนกกลุ่มแพะออกได้เป็น 2 กลุ่มย่อย โดยกลุ่มแรกประกอบด้วยแพะพันธุ์แองโกลนูเบียนและแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 กลุ่มที่สอง คือ แพะพื้นเมืองภาคใต้ (Figure 2) ซึ่งชี้ให้เห็นว่าแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียง

กับแพะพันธุ์แองโกลนูเบียนมากกว่าแพะพื้นเมืองภาคใต้ เนื่องจากแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 เกิดจากการผสมข้ามพันธุ์ระหว่างแม่แพะพันธุ์แองโกลนูเบียนกับพ่อแพะพื้นเมืองภาคใต้ และการศึกษาในครั้งนี้เป็นการศึกษาในไมโทคอนเดรียที่เป็นการถ่ายทอดจากแม่ไปสู่ลูก

สอดคล้องกับการศึกษาของ ศิริรัตน์ และคณะ (2561) ที่ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 แพะพื้นเมืองภาคใต้ และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน ด้วยเทคนิคไมโครแซทเทลไลท์ 8 โลไซ สามารถจำแนกกลุ่มแพะที่ศึกษาออกได้เป็น 2 กลุ่มย่อยเช่นเดียวกัน

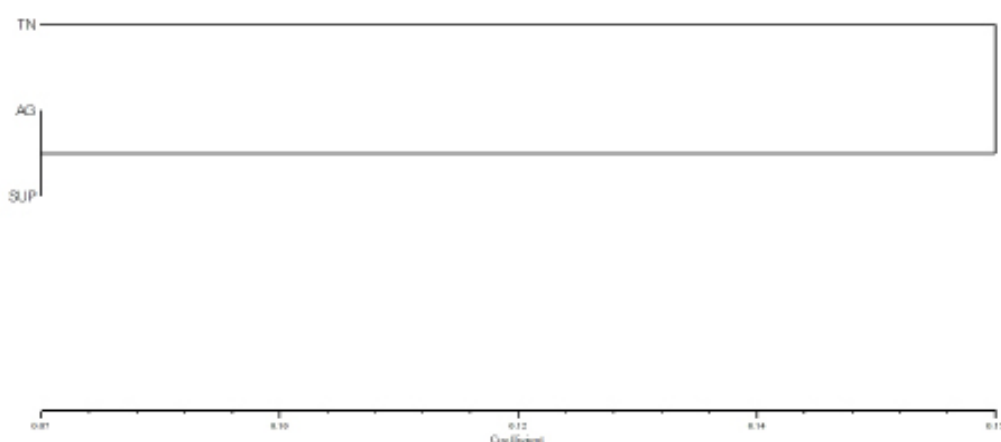


Figure 2 A phylogenetic tree based on Nei's UB genetic distance for three goat populations

Figure 2 พบแพะทั้ง 3 กลุ่ม มีความแตกต่างทางพันธุกรรมต่ำ ทั้งที่แพะทรัพย์ ม.อ. 1 แพะพื้นเมืองภาคใต้ และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน มีความแตกต่างด้านสายพันธุ์และต่างถิ่นที่อยู่อาศัย ซึ่งอาจเป็นผลมาจากประชากรแพะทั้ง 3 กลุ่ม มีบรรพบุรุษร่วมกัน เช่นเดียวกับ Pakpahan et al. (2015) ที่ศึกษาความสัมพันธ์ของแพะในประเทศอินโดนีเซีย 8 สายพันธุ์ โดยใช้ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ พบว่าแพะทุกสายพันธุ์มีความแตกต่างทางพันธุกรรมต่ำ โดยค่าระยะห่างทางพันธุกรรมเท่ากับ 0.02 เนื่องจากมีการศึกษาก่อนหน้ามีเชื้อสายแพะบางส่วนทั่วโลกเกิดจากแพะป่า และยังคงมีชีวิตอยู่มาจนถึงทุกวันนี้ ซึ่งบรรพบุรุษของแพะ domestication มีแพะ *Capra aegagrus* และ *Capra falconeri* เป็นบรรพบุรุษของแพะ *Capra*

hircus (Xie, 1985; Yu, 1991 and Kang et al., 2011) ทำให้แพะมีพันธุกรรมที่คล้ายคลึงกัน

สรุป

ผลการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 ระหว่างพันธุกรรมแท้ คือ แพะพื้นเมืองภาคใต้ และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียนด้วยไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ พบว่าพันธุกรรมของแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 ไม่แตกต่างจากแพะพื้นเมืองภาคใต้ และแพะพันธุ์แองโกลนูเบียน แต่ชี้ให้เห็นว่าแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับแพะแองโกลนูเบียนมากกว่าแพะพื้นเมืองภาคใต้

คำขอบคุณ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนส่วนหนึ่ง จากศูนย์ความเป็นเลิศด้านเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร สำนักพัฒนาบัณฑิตศึกษาและวิจัยด้านวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีสำนักงานคณะกรรมการอุดม กระทรวงศึกษาธิการ และบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ และขอขอบคุณศูนย์วิจัยและพัฒนาสัตว์เคี้ยวเอื้องขนาดเล็ก จังหวัดสงขลา และศูนย์วิจัยและพัฒนาแพะแกะ จังหวัดยะลา ที่สนับสนุนตัวอย่างเลือดแพะห้องปฏิบัติการเทคโนโลยีชีวภาพภาควิชาสัตวศาสตร์และภาควิชาพืชศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ที่ให้ความอนุเคราะห์สถานที่ในครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- กรมปศุสัตว์. 2561. ข้อมูลสถิติปศุสัตว์. <https://bit.ly/2Cln7y2> ค้นเมื่อ 12 กันยายน 2561.
- ศิริรัตน์ นอสูงเนิน, ปรีชาพร เอกบุตร และไชยวรรณ วัฒนจันทร์. 2561. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของแพะเนื้อลูกผสมทรัพย์ ม.อ. 1 โดยใช้ไมโครแซทเทลไลต์. วารสารวิจัยและส่งเสริมวิชาการเกษตร. 35: 195-201.
- สุรศักดิ์ ศษภักดี สมเกียรติ สายธนู และวัชรวิญญู ดั่งแก้ว. 2543. สีขนและลักษณะรูปร่างของแพะพันธุ์พื้นเมืองไทย และพันธุ์ลูกผสมพื้นเมือง-แองโกลนูเบียน ณ สถานีวิจัยคลองหอยโข่ง จังหวัดสงขลา. น.170-174. ใน: การประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ครั้งที่ 381-4 กุมภาพันธ์ 2543. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- สุรีพร เกตุงาม. 2546. เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์พืช. วารสารวิชาการมหาวิทยาลัยอุบลราชธานี. 5: 37-58.
- เสานิต คูประเสริฐ, อภิชาติ หล่อเพชร, สุรพล ชลดำรงกุล, สุรศักดิ์ ศษภักดี, สมเกียรติ สายธนู และวันวิศา งามผ่องใส. 2543. การประเมินประสิทธิภาพการผลิตในด้านต่าง ๆ และความเหมาะสมสำหรับการเลี้ยงในประเทศไทยของแพะพันธุ์พื้นเมืองไทย เปรียบเทียบกับแพะลูกผสมพันธุ์พื้นเมือง-แองโกลนูเบียนที่มีระดับสายเลือด 25% 50% และ 75%. ใน: รายงานผลการวิจัยเพื่อพัฒนาในสถาบันอุดมศึกษา. คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์, สงขลา.
- หนึ่งฤทัย พรหมวาทิ, มนต์ชัย ดวงจินดา, วุฒิไกร บุญคุ้ม และบัญญัติ เหล่าไพญญ์. 2554. ความสัมพันธ์ระหว่างจุดกลายพันธุ์ (SNPs) ของยีน GHSR, IGFI, cGH และ IGFBP2 ต่อลักษณะการเจริญเติบโตในไก่พื้นเมืองไทย (ซีและประดู่หางดำ). แก่นเกษตร. 39: 261-270.
- ปรีชาพร เอกบุตร. 2555. การเปรียบเทียบจีโนมโกปา, ไก่พื้นเมืองไทยและไก่เนื้อทางการค้าด้วยไมโครแซทเทลไลต์และฟังก์ชันแนลยีน. วิทยานิพนธ์ปริญญา วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- Allendorf, F.W. 1986. Genetic Drift and the Loss of Alleles versus Heterozygosity. Zoo Biology. 5:181-190.
- Kang, J.F., X.L. Li, R.Y. Zhou, L.H. Li, G.R. Zheng, and H.Y. Zhao. 2011. Genetic diversity and differentiation of four goat lineages based on analysis of complete mtDNA D-loop. Agric. 5: 87-93.
- Loftus, R.T., D.E. MacHugh, D.G. Bradley, P.M. Sharp, P. Cunningham. 1994. Evidence for two independent domestications of cattle. Proc. Natl. Acad. Sci. 91: 2757-2761.
- Pakpahan, S., W.T. Artama, R. Widayanti, and I. G. Suparta. 2015. Genetic variations and the origin of native Indonesian goat breeds based on mtDNA D-loop sequences. Asian J. Anim. Sci. 9, 341-350.
- Wattanachant, C. 2008. Goat Production in Thailand. In Proceedings of the International Seminar on Production Increases in Meat and Dairy Goats by Incremental Improvements in Technology and Infrastructure for Small-scale Farmers in Asia held at Ciawi, Bogor, 4-8 August 2008, West Java, Indonesia, pp. 84-104.
- Xie, CX. 1985. History of Raising Cattle, Sheep and Goat in China (Attached History of Raising Deer). Agricultural publishing house of China. pp. 144-150, 173-179.
- Yu, F. 1991. Technique of raising goats in ancient China. Ancient Mod. Agric. 3: 54-59.