

## ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างสายพันธุ์กระบือปลักโดยใช้ ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอฟิงเกอร์พริ้นท์

จันทร์เพ็ญ พันธุ์สิน สุรพล ปานโทน กิตติยา ศรีศักดิ์วัฒนะ\*  
สุพิชญา เขษฐุสิงห์ เกரியศักดิ์ ทาศรีภู มณีวรรณ กมลพัฒนะ

คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ถ.อังรีดูนังค์ ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

\*ผู้เสนอผลงาน โทรสาร 662 2553910, e-mail: skitiya@netserv.chula.ac.th

ศึกษาความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์กระบือปลัก โดยใช้ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอฟิงเกอร์พริ้นท์ เป็นการศึกษาเบื้องต้นโดยใช้ปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส (PCR) ในการเพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอ ส่วน D-loop ของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอที่ได้จากเซลล์เม็ดเลือดขาว ของกระบือปลักจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือ จำนวน 50 ตัว และตัดดีเอ็นเอด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะชนิดต่าง ๆ จากการทดลองพบว่าแถบดีเอ็นเอที่ได้สามารถบอกความแตกต่างเป็น 3 กลุ่มในการตัดด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ *Hae III* ส่วนเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ *BamH I* จะพบความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ 2 กลุ่ม แต่ถ้าใช้เอ็นไซม์ตัดจำเพาะ *Ava II* และ *Hind III* ไม่พบความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ

คำสำคัญ: swamp buffalo, DNA fingerprint, D-loop, PCR, mtDNA

## Genetic Difference in the D-loop Region of Swamp Buffalo Mitochondrial DNA by Use of the PCR

Chanpen Pansin Surapon Parntone Kitiya Srisakwattana\*

Supitchaya Chethasing Kriengsak Tasripoo Maneewan Kamonpatana

Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn University, Bangkok, 10330, Thailand

\*Presentable person, Fax. 662 2553910, e-mail : skitiya@netserv.chula.ac.th

Methods have been devised for detecting polymorphisms in the D-loop regions using the PCR followed by restriction enzyme digestion to reveal restriction fragment length polymorphism. Total DNA were extracted from the white blood cell of swamp buffaloes. Restriction endonuclease cleavage patterns of mitochondrial DNA (mtDNA) of local swamp buffalo from the north eastern of Thailand were analyzed using four enzymes which recognize 5 and 6 nucleotides. Among the 50 animals analyzed, 2 of 4 enzymes, *Hae III* and *BamH I*, revealed different polymorphisms. Three mtDNA polymorphism were identified by *Hae III* of which 3 bands were found in group I, 4 bands were found in group II and 4 bands were found in group III. While *BamH I* showed at least two types of mtDNA polymorphism, two bands and three bands type. But *Ava II* and *Hind III* showed no difference of mtDNA polymorphism. These preliminary results indicated that these enzymes would be able to classify the genetic variation among the swamp buffalo.

**Keywords:** swamp buffalo, DNA fingerprint, D-loop, PCR, mtDNA