

ปราชญ์ แก้วสะเทือน: โปรตีโอมิกส์โปรไฟล์ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะประสิทธิภาพการใช้
อาหารของไก่โคราช (PROTEOMIC PROFILES INVOLVED IN THE TRAIT OF FEED
EFFICIENCY OF KORAT CHICKEN) อาจารย์ที่ปรึกษา : รองศาสตราจารย์ ดร. อมรรัตน์
โหมพี, 101 หน้า.

คำสำคัญ: ไก่กลุ่มโตช้า/ประสิทธิภาพการใช้อาหาร/คุณภาพเนื้อ/label-free proteomics/
bioinformatics

ไก่โคราช จัดเป็นไก่กลุ่มโตช้าที่มีคุณภาพเนื้อที่โดดเด่น เช่น เนื้อเหนียวนุ่ม รสชาติดี และมีสาร
ที่มีประโยชน์ต่อร่างกาย แต่อย่างไรก็ตามการที่ไก่โคราชมีประสิทธิภาพการใช้อาหารที่ต่ำส่งผลทำให้
ต้นทุนการผลิตสูงขึ้น จึงมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องปรับปรุงพันธุกรรมของไก่โคราชให้มี
ประสิทธิภาพการใช้อาหารที่สูงขึ้นเพื่อลดต้นทุนการผลิต และเพิ่มความสามารถในการแข่งขันให้กับ
ผู้ผลิตไก่ในประเทศไทย ดังนั้นการวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแตกต่างของโปรตีโอมิกส์
โปรไฟล์, การแสดงออกของโปรตีน และกลไกที่เกี่ยวข้องกับลักษณะประสิทธิภาพการใช้อาหารในเนื้อ
อก เนื้อสะโพก และลำไส้ส่วนต้น (duodenum) โดยในการศึกษาแรกไก่โคราชเพศผู้ทั้งหมด 75 ตัว
ถูกนำมาเลี้ยงในกรงเดี่ยว เพื่อคำนวณความสามารถในการใช้อาหาร (FCR และ RFI) จากข้อมูล
ปริมาณที่กินได้ และน้ำหนักตัว เมื่อไก่โคราชมีอายุได้ 10 สัปดาห์จึงทำการเก็บตัวอย่างลำไส้
duodenum เพื่อนำไปวิเคราะห์ทางโปรตีโอมิกส์ด้วยเทคนิค label-free quantitative proteomic
ซึ่งข้อมูลของไก่ที่มีค่า FCR สูงที่สุด (n=3) และต่ำที่สุด (n=3) ถูกนำไปใช้สำหรับการวิเคราะห์ทาง
สถิติ อย่างเช่น การหาความแตกต่างของการแสดงออกของโปรตีน (differential abundant
proteins), เครือข่ายปฏิสัมพันธ์ระหว่างโปรตีน (protein-protein interaction networks), การ
ค้นหาหน้าที่ของกลุ่มโปรตีน (functional enrichment) และการวิเคราะห์ทางวิถีสรี (pathway
analysis) จากผลการศึกษาพบว่า มีโปรตีนทั้งหมด 40 ชนิดที่มีการแสดงออกที่แตกต่างกันระหว่างไก่
สองกลุ่ม โดยกลุ่มโปรตีนเหล่านี้มีบทบาทหน้าที่ในกลไกที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการ
glycolysis/gluconeogenesis, peroxisome, oxidative phosphorylation, tight junction และ
cysteine and methionine metabolism ดังนั้นการค้นพบโปรตีนเหล่านี้มีความเป็นไปได้ในการ
นำไปใช้สำหรับเป็น biomarker เพื่อคัดเลือกให้ไก่โคราชมีประสิทธิภาพการใช้อาหารให้ดีขึ้น

ถึงแม้ว่าการค้นพบในการศึกษาแรกนั้นจะชี้ให้เห็นถึงความเป็นไปได้การปรับปรุงพันธุ์ให้ไก่กลุ่มโต
ช้านี้มีประสิทธิภาพการใช้อาหารที่ดียิ่งขึ้น แต่อย่างไรก็ตามความเข้าใจถึงผลกระทบจากการคัดเลือกต่อ
คุณภาพเนื้อของไก่กลุ่มโตช้ายังไม่ชัดเจน ดังนั้นวัตถุประสงค์ในการศึกษาต่อมาจึงมีเพื่อที่จะศึกษาถึง
ความสัมพันธ์ของลักษณะประสิทธิภาพการใช้อาหารและคุณภาพเนื้อของไก่โคราช โดยข้อมูลของ
ประสิทธิภาพการใช้อาหาร (FCR และ RFI) คุณภาพเนื้อ และโปรตีโอมิกส์โปรไฟล์ในเนื้อสะโพกถูกนำมาใช้

สำหรับการวิเคราะห์ weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) จากผลการศึกษาพบว่า โมดูลกลุ่มของโปรตีน 127 ชนิดที่อยู่ใน turquoise module มีความสัมพันธ์กับลักษณะประสิทธิภาพการใช้อาหารและคุณภาพของเนื้อสะโพก ซึ่งพบว่ากลุ่มโปรตีนเหล่านี้มีบทบาทหน้าที่เกี่ยวข้องกับไกลโคไกลิซิส/gluconeogenesis, metabolic pathway, carbon metabolism, biosynthesis of amino acids, pyruvate metabolism และ protein processing in the endoplasmic reticulum แต่อย่างไรก็ตามความสัมพันธ์ของทั้งสองลักษณะกลับมีทิศทางตรงกันข้ามกัน เมื่อประสิทธิภาพการใช้อาหารเพิ่มขึ้นส่งผลให้คุณภาพของเนื้อสะโพกลดลงด้วยการเปลี่ยนแปลงการทำงานของกลไกดังกล่าว เห็นได้จากค่าของ water holding capacity ในเนื้อลดลง และมีปริมาณ inosine content, amide I และ CH-bending เพิ่มขึ้น นอกจากนี้ยังพบว่าโปรตีนทั้ง 10 ตัวนี้ TNNT1, TNNT3, TNNI2, TNNC2, MYLPP, MYH10, GADPH, PGK1, LDHA และ GPI มีบทบาทสำคัญต่อทั้งสองลักษณะที่สนใจ ดังนั้นผลการศึกษานี้ชี้ให้เห็นว่าในการออกแบบโปรแกรมสำหรับการคัดเลือกสัตว์นั้นมีความจำเป็นอย่างมากที่ต้องพิจารณาทั้งสองลักษณะควบคู่กันเพื่อให้แน่ใจได้ว่าเมื่อไก่มีประสิทธิภาพการใช้อาหารที่ดีขึ้น คุณภาพเนื้อจะยังไม่เปลี่ยนแปลงไป

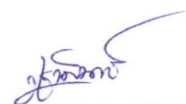

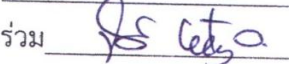


สาขาวิชาเทคโนโลยีและนวัตกรรมทางสัตว์
ปีการศึกษา 2565

ลายมือชื่อนักศึกษา

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

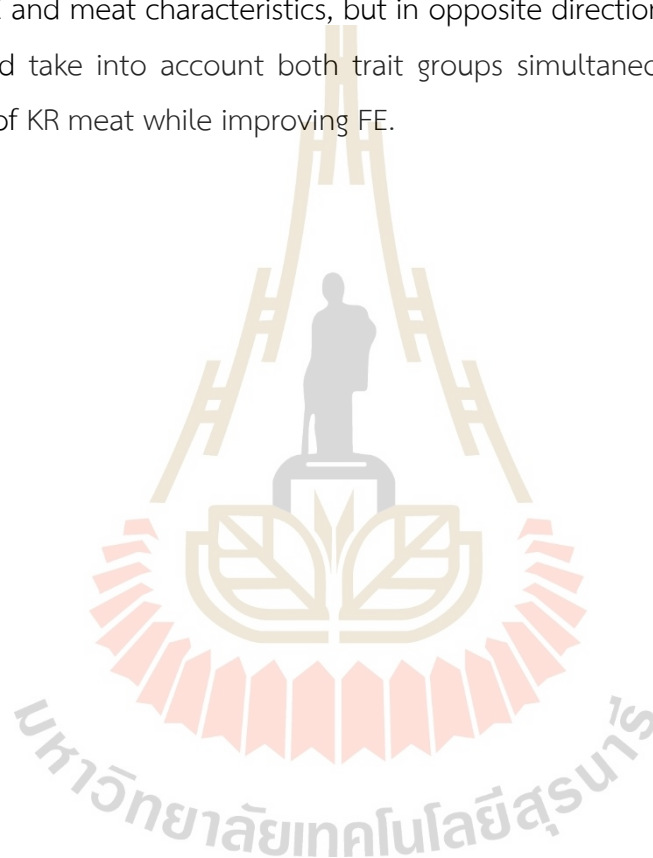
PRAMIN KAEWSATUAN : PROTEOMIC PROFILES INVOLVED IN THE TRAIT OF FEED EFFICIENCY OF KORAT CHICKEN. THESIS ADVISOR: ASSOC. PROF. DR. AMONRAT MOLEE, Ph. D., 101 PP.

Keyword: SLOW-GROWING CHICKEN/FEED EFFICIENCY/MEAT CHARACTERISTICS/LABEL-FREE PROTEOMICS/BIOINFORMATICS


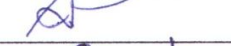
The Korat chicken (KR), developed in Thailand, is a slow-growing breed developed as an alternative breed for Thai chicken producers. The growing interest in slow-growing chicken meat, due to its unique taste, distinct texture, health benefits, and higher broiler welfare has led to higher market demand for KR. Understanding the molecular mechanism regulating feed efficiency (FE) allows for designing a suitable selection program and contributing to breeding more efficient chicken for poultry production. Thus, the objective of our study was to investigate the proteome differences and possible pathways associated with FE in male KR using a label-free quantitative proteomic approach. Seventy-five KR males were individually evaluated for FE, and duodenum samples from 6 animals (3 high-FE and 3 low-FE chickens) were collected at 10 weeks of age for differential abundant proteins (DAPs), protein-protein interaction networks, functional enrichment, and pathway analysis. We found 40 DAPs significantly associated with FE pathways, including glycolysis/ gluconeogenesis, peroxisome, oxidative phosphorylation, tight junction, and cysteine and methionine metabolism. Thus, the variations in observed DAPs or genes related to DAPs could be interesting biomarker candidates for selection for higher feed utilization efficiency in chickens.

Although improving FE can be achieved through genetic selection, the impact of selection for FE on meat characteristics is largely unknown. Thus, the investigation insight into the molecular mechanism underlying FE and meat characteristics traits is required. In our second study, therefore, we used weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) to identify the key protein modules and pathways in the thigh muscle. The results revealed that the same proteins contained in the turquoise module significantly correlated both FE and thigh meat characteristics and mostly enriched in the pathways including glycolysis/gluconeogenesis, metabolic pathway,

carbon metabolism, biosynthesis of amino acids, pyruvate metabolism, and protein processing in the endoplasmic reticulum. However, the correlation was unfavorable; improving FE may result in a decrease in meat quality as a result from reduced water holding capacity, increased inosine content, amide I, and CH-bending through the alteration of these identified pathways. In addition, the 10 hub proteins of the significant module including TNNT1, TNNT3, TNNI2, TNNC2, MYLPP, MYH10, GADPH, PGK1, LDHA, and GPI were identified. Given that the same proteins and pathways are present in FE and meat characteristics, but in opposite directions, selection practices for KR should take into account both trait groups simultaneously to maintain the high quality of KR meat while improving FE.



School of Animal Technology and Innovation
Academic Year 2022

Student's Signature 
Advisor's Signature 
Co-advisor's Signature 