

การศึกษาแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการใช้ อาหารโค

Analysis of rumen bacteria to improve cattle feed efficiency

ปิยะนุช เนียมทรัพย์¹ แสงทอง พงษ์เจริญกิต¹ ปราโมช สีตะโกเศศ¹

PIYANUCH NIAMSUP¹, SAENGTONG PONGJAROENKIT², PRAMOT SEETAKOSES²

¹ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้

² คณะผลิตกรรมการเกษตร มหาวิทยาลัยแม่โจ้

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้ได้ทำการศึกษาความหลากหลายทางชีวภาพของแบคทีเรียจากของเหลวในกระเพาะรูเมนของโคพันธุ์ Holstein โดยใช้เทคนิคทางชีววิทยาโมเลกุล ทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยวิธี PCR โดยใช้ primer ที่จำเพาะกับยีน 16S rRNA ของแบคทีเรีย (ประมาณ 1.5 kb) และทำการสร้าง 16S rDNA clone libraries ได้ทั้งสิ้นจำนวน 69 โคลน เมื่อทำการเปรียบเทียบความเหมือนกับ 16S rDNA ในฐานข้อมูล National Center for Biotechnology Information (NCBI) พบว่ามี 3 โคลน เป็นแบคทีเรียที่ทราบชื่อ คือ *Fibrobacter succinogenes*, *Eubacterium ruminantium* และ *Butyrivibrio fibrisolvens* ที่ความเหมือน 97%, 90% และ 98% ตามลำดับ และจากทั้ง 69 โคลน พบว่ามีจำนวนโคลนที่มีความเหมือนมากกว่า 97% ทั้งสิ้น 22 โคลน ที่มีความเหมือนอยู่ระหว่าง 90-97% มีจำนวน 42 โคลน และที่มีความเหมือนน้อยกว่า 90% มีจำนวน 5 โคลน นอกจากนั้นพบว่าลำดับเบสส่วนใหญ่ของแบคทีเรียในกระเพาะรูเมนของโคจะอยู่ในกลุ่มของ low G+C Gram positive bacteria (LGCGPB) และ *Cytophyga-Flavobacter-Bacteroides* (CFB) ที่ความเหมือน 34.8% และ 12.0% ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบโคลนที่ยังไม่ทราบชนิดของแบคทีเรียจัดอยู่ใน 3 กลุ่มคือ uncultured group I, uncultured group II และ uncultured group III ที่ความเหมือน 14.4%, 4.3% และ 21.7% ตามลำดับ

ABSTRACT

Molecular diversity of rumen bacteria was analyzed by PCR amplification and sequencing of 16S rDNA clone libraries prepared from the rumen content of Holstein cows. A total of 69 clones, containing almost full size 16S rDNA sequences (about 1.5 kb long), were completely sequenced and subjected to an on line similarity search. Three sequences from the 69 clones closely resembled that of *Fibrobacter succinogenes*, *Eubacterium ruminantium* and *Butyrivibrio fibrisolvens* at 97%, 90% and 98% similarity, respectively. Of 69 such clones, 22 showed more than 97% sequence similarity with known sequences, 42 clones had 90-97% similarity and for the remaining 5 clones, the similarity was less than 90%. The majority of clones fell into the low G+C Gram-positive bacteria (LGCGPB) and the *Cytophyga-Flavobacter-Bacteroides* (CFB) at 38.4% and 12%, respectively. Unknown sequences were found to form three unique clusters, uncultured group I, uncultured group II and uncultured group III (14.4%, 4.3% and 21.7%, respectively).