JOURNAL OF
APPLIED ANIMAL SCIENCE

ISSN 1906-2257 (Print)
ISSN 2985-1211 (Online)

VOL.18 NO.1 JANUARY-JUNE 2025

"Journal of Applied Animal Science" (JAAS)

Scope of the Journal

The philosophy of the Faculty of Veterinary Science, Mahidol University, is "*One Health*", i.e., to interweave the disciplines of veterinary sciences with medical sciences for extreme advantages to human, animals and environment. The *Journal of Applied Animal Science (JAAS)*, is a peered review journal which published 2 numbers (January-June, July-December) a year by Faculty of Veterinary Science, Mahidol University, accepts manuscripts presenting information for publication with this philosophy in mind. Articles published in *JAAS* include a broad range of research topics in veterinary science, animal science, animal husbandry, animal production and fundamental aspects of genetics, nutrition, physiology, and preparation and utilization of animal products. Articles typically report research with cattle, companion animals, goats, horses, pigs, and sheep; however, studies involving other farm animals, aquatic and wildlife species, and laboratory animal species that address fundamental questions related to livestock and companion animal biology will be considered for publication.

บรรณาธิการ

รศ.ดร.น.สพ.ธนศักดิ์ ช่างบรรจง

Editor-in-Chief

Assoc.Prof. Dr.Tanasak Changbunjong

กองบรรณาธิการ

ศ.เกียรติคุณ ดร.พิไลพันธ์ พุธวัฒนะ	มหาวิทยาลัยมหิดล
ศ.ดร.น.สพ.สถาพร จิตตปาลพงศ์	มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ศ.ดร.น.สพ.ทวีศักดิ์ ส่งเสริม	มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ศ.ดร.น.สพ.พงศ์ราม รามสูต	มหาวิทยาลัยมหิดล
รศ.น.สพ.ปานเทพ รัตนากร	ราชวิทยาลัยจุฬาภรณ์
รศ.ดร.น.สพ.วิทวัช วิริยะรัตน์	มหาวิทยาลัยมหิดล
รศ.ดร.สพ.ญ.สุขฤทัย บุญมาไสว	มหาวิทยาลัยมหิดล
รศ.ดร.สพ.ญ.พนิดา ชนาภิวัตน์	มหาวิทยาลัยมหิดล
รศ.ดร.น.สพ.อนุวัตน์ วิรัชสุดากุล	มหาวิทยาลัยมหิดล
รศ.ดร.ชุติเพ็ญ บูรณะสินทรัพย์	มหาวิทยาลัยมหิดล
รศ.ดร.น.สพ.เติมพงศ์ วงศ์ตะวัน	มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์
ผศ.ดร.สพ.ญ.จารุญลักษณ์ จิรภัทรเศรษฐ์	มหาวิทยาลัยมหิดล
ผศ.ดร.น.สพ.ชาญณรงค์ รอดคำ	จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ผศ.ดร.สพ.ญ.วรพร สุขุมาวาสี	จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ผศ.ดร.น.สพ.อดถพร รุ่งสิทธิชัย	มหาวิทยาลัยมหาสารคาม
ผศ.สพ.ญ.สุพรรณิกา พุทธชาลี	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ผศ.ดร.จอมขวัญ มีรักษ์	มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
อ.ดร.สพ.ญ.สุภร ทองยวน	มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
อ.ดร.สพ.ญ.วชิราพรรณ ทรัพย์สวัสดิ์	มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
อ.ดร.สพ.ญ.รมณียา ลีลาอาภรณ์	ราชวิทยาลัยจุฬาภรณ์

Editorial Boards

Emeritus Prof. Dr.Pilaipan Puthavathana	Mahidol University
Prof. Dr.Sathaporn Jittapalapong	Kasetsart University
Prof. Dr.Thaweesak Songserm	Kasetsart University
Prof. Dr.Pongrama Ramasoota	Mahidol University
Assoc.Prof. Parntep Ratanakorn	Chulabhorn Royal Academy
Assoc.Prof. Dr.Witthawat Wiriyarat	Mahidol University
Assoc.Prof. Dr.Sookruetai Boonmasawai	Mahidol University
Assoc.Prof. Dr.Panida Chanapiwat	Mahidol University
Assoc.Prof. Dr.Anuwat Wiratsudakul	Mahidol University
Assoc.Prof. Dr.Shutipen Buranasinsup	Mahidol University
Assoc.Prof. Dr.Tuempong Wongtawan	Walailak University
Asst.Prof. Dr.Charoonluk Jirapattharasate	Mahidol University
Asst.Prof. Dr.Channarong Rodkhum	Chulalongkorn University
Asst.Prof. Dr.Woraporn Sukhumavasi	Chulalongkorn University
Asst.Prof. Dr.Atthaporn Roongsitthichai	Mahasarakham University
Asst.Prof. Suphannika Pnutthachalee	Khon Kaen University
Asst.Prof. Dr.Jomkhwan Meerak	Chiang Mai University
Dr.Suporn Thongyuan	Kasetsart University
Dr.Wachiraphan Supsavhad	Kasetsart University
Dr.Rommaneeya Leela-arporn	Chulabhorn Royal Academy

Journal Management

คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
999 ถนนพุทธมณฑล สาย 4 ตำบลศาลายา อำเภอพุทธมณฑล จังหวัดนครปฐม 73170
โทร. 0-2441-5242 ต่อ 1308 โทรสาร 0-2441-0937
Website http://www.vs.mahidol.ac.th/jaas Editor-in-Chief: Assoc.Prof. Dr.Tanasak Changbunjong, E-mail address: editor.jaas2020@gmail.com
Journal manager: Dr.Nicharee Income

จัดพิมพ์โดย :

ห้างหุ้นส่วนสามัญนิติบุคคล ปอยท์ กราฟิค
177/2 ซอยจรัญสนิทวงศ์ 11 ถนนจรัญสนิทวงศ์ แขวงวัดท่าพระ เขตบางกอกใหญ่ กรุงเทพฯ 10600
โทร. 081-826-5455 E-mail address: pointswift@yahoo.com

"Journal of Applied Animal Science" (JAAS)

สารจากคณบดี

เรียน ท่านผู้อ่านและผู้สนใจทุกท่าน

ในนามของคณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล ดิฉันมีความยินดีเป็นอย่างยิ่งที่จะนำท่านผู้อ่านเข้าสู่ **Journal of Applied Animal Science (JAAS) ปีที่ 18 ฉบับที่ 1 ประจำเดือนมกราคม-มิถุนายน พ.ศ. 2568** ซึ่งเป็นวารสารคุณภาพที่ได้รับการรับรองให้อยู่ในฐานข้อมูลศูนย์ดัชนีการอ้างอิงวารสารไทย (Thai-Journal Citation Index Centre - TCI) กลุ่มที่ 1

วารสารฉบับปฐมฤกษ์ของปีนี้ถือเป็นก้าวสำคัญที่น่าภาคภูมิใจ เนื่องจากเราได้รับเกียรติในการตีพิมพ์ผลงานวิจัยและบทความปริทัศน์จากนักวิชาการนานาชาติถึง 2 เรื่อง ซึ่งสะท้อนให้เห็นถึงการยอมรับในคุณภาพและมาตรฐานของวารสารในระดับสากลที่เพิ่มขึ้น ดิฉันขอถือโอกาสนี้แสดงความขอบคุณต่อนักวิจัยจากต่างประเทศ สำหรับการเลือกวารสารของเราเป็นเวทีในการเผยแพร่ผลงานอันทรงคุณค่า

เนื้อหาในฉบับนี้มีความหลากหลายและครอบคลุมประเด็นสำคัญในแวดวงสัตวศาสตร์ประยุกต์ร่วมสมัย ตั้งแต่การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีขั้นสูงไปจนถึงการเฝ้าระวังโรคในระดับท้องถิ่น เรามีบทความปริทัศน์ที่น่าสนใจเกี่ยวกับ **แนวโน้มการใช้เทคโนโลยีโปรตีโอมิกส์ (proteomics) ในการปรับปรุงพันธุ์แพะในประเทศไนจีเรีย** ควบคู่ไปกับงานวิจัยที่ใช้เทคนิคชีววิทยาระดับโมเลกุลในการ **ตรวจหาและวิเคราะห์เชื้อก่อโรคจากเห็บในแพะ** ในพื้นที่สำคัญของประเทศไทย ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความก้าวหน้าทางวิทยาศาสตร์ที่ช่วยยกระดับการผลิตสัตว์และสร้างความมั่นคงทางสุขภาพ

ขณะเดียวกัน วารสารฉบับนี้ยังคงตระหนักถึงความสำคัญของสุขภาพสัตว์และแนวทางการแก้ปัญหาในระดับพื้นที่ผ่านงานวิจัยย้อนหลังเกี่ยวกับ **พยาธิตัวกลมในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้อง** ในจังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี และการศึกษาที่น่าสนใจว่าด้วย **ศักยภาพของสารสกัดจากใบยี่หร่า (*Ocimum gratissimum*) ในการต้านจุลชีพและต้านอนุมูลอิสระ** ซึ่งเป็นอีกหนึ่งแนวทางในการใช้ทรัพยากรธรรมชาติเพื่อส่งเสริมสุขภาพสัตว์อย่างยั่งยืน

ความสำเร็จของวารสารฉบับนี้จะเกิดขึ้นไม่ได้หากปราศจากความทุ่มเทของผู้นิพนธ์ทุกท่าน ผู้ทรงคุณวุฒิประเมินบทความและกองบรรณาธิการทุกท่าน ที่ได้สละเวลาและอุทิศตนเพื่อรักษามาตรฐานทางวิชาการของวารสารให้เข้มแข็งเสมอมา

สุดท้ายนี้ ดิฉันหวังเป็นอย่างยิ่งว่าบทความทุกเรื่องในวารสารฉบับนี้จะเป็นประโยชน์และสร้างแรงบันดาลใจให้แก่นักวิชาการ นักวิจัย นิสิตนักศึกษา และผู้เกี่ยวข้องทุกท่านต่อไป และขอเชิญชวนทุกท่านร่วมเป็นส่วนหนึ่งในการพัฒนาองค์ความรู้ด้านสัตวศาสตร์ประยุกต์โดยการส่งผลงานเพื่อตีพิมพ์ในฉบับต่อไป

รองศาสตราจารย์ ดร.สัตวแพทย์หญิงวลาสินี ศักดิ์คำดวง
คณบดีคณะสัตวแพทยศาสตร์
มหาวิทยาลัยมหิดล

"Journal of Applied Animal Science" (JAAS)

ปีที่ 18 ฉบับที่ 1 มกราคม-มิถุนายน 2568 Vol. 18 No. 1 January-June 2025

สารบัญ

Editor's Note

ธนศักดิ์ ช่างบรรจง 7

Research Article

Antimicrobial and Antioxidant Potentials of Aqueous Extracts of *Ocimum gratissimum* Leaves 9

Adeyinka Oye Akintunde *Agboiyi Marcus Ogah* *Lois Chidinma Ndubuisi-Ogbonna* *Martha Dupe Olumide* *Olufemi Joseph Banjoko*

Retrospective Study of Strongyle Nematode in the Gastrointestinal Tract of Ruminants in Kanchanaburi and Ratchaburi Provinces 19

Witsanu Wongsawang *Supat Prasopsin*

Molecular Detection and Phylogenetic Analysis of Tick-Borne Pathogens in Goats in Kanchanaburi, Khon Kaen, and Chaiyaphum, Thailand 31

Pisiththa Promkhan *Praewa Leelakajornkiat* *Warissara Janjaroen* *Ruenruetai Udonsom* *Aongart Mahittikorn* *Charoonluk Jirapattharasate*

Review Article

Prospects of Proteomics in Goat Breeding in Nigeria: A Narrative Review 41

Babatunde Olatunji *Ajayi Bababunmi Alaba* *Akintunde Adeyinka Oye* *Akinsola Kafayat Funmi* *Osunkeye Jacob Olumuyiwa*

คำแนะนำสำหรับผู้แต่ง

"Journal of Applied Animal Science" (JAAS)

วารสารสัตวศาสตร์ประยุกต์เป็นวารสารวิชาการราย 6 เดือน (2 ฉบับต่อปี เดือนมกราคม-มิถุนายน และเดือนกรกฎาคม-ธันวาคม) ของคณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล เผยแพร่ผลงานวิจัยครอบคลุมสหสาขาวิชาทั้งสัตวแพทยศาสตร์ และสัตวศาสตร์ ตั้งแต่พื้นฐานถึงระดับโมเลกุล รวมถึงรายงานทางคลินิก บทความที่ได้รับการตีพิมพ์ในวารสารต้องผ่านการประเมินโดยผู้ทรงคุณวุฒิอย่างน้อย 3 ท่าน ในรูปแบบ double-blind peer review

ผู้สนใจส่งบทความเพื่อตีพิมพ์ในวารสารสัตวศาสตร์ประยุกต์กรุณาปฏิบัติตามข้อแนะนำและส่งพร้อมจดหมายนำ

1. ประเภทบทความ ที่รับพิจารณาได้แก่ รายงานการวิจัย รายงานฉบับย่อ บทความปริทัศน์และรายงานทางคลินิกเขียนด้วยภาษาไทยหรือภาษาอังกฤษ แต่บทคัดย่อต้องมีทั้งภาษาไทยและภาษาอังกฤษ

2. การส่ง ส่งต้นฉบับพร้อมสำเนา 4 ชุด และไฟล์ดิจิตอลทางไปรษณีย์ ไฟล์ดิจิตอลต้องสร้างด้วยโปรแกรม MS-Word หรือซอฟต์แวร์ที่ใช้แทนกันได้ อาจส่งต้นฉบับผ่านอีเมลโดยไม่มีสำเนาได้

3. รูปแบบ ขนาดกระดาษเอ 4 พิมพ์หน้าเดียว เว้นระยะ 1 บรรทัด ขอบกระดาษ 2.54 ซม. (1 นิ้ว) ฟอนต์ Angsana New หรือ TH SarabunPSK 16 พอยต์

4. ส่วนประกอบ รายงานการวิจัยต้องประกอบด้วยหน้าแรก (ได้แก่ ชื่อเรื่อง ชื่อผู้แต่ง สถานที่ทำงานและที่อยู่ชื่อผู้แต่งหลักพร้อมที่อยู่ที่ติดต่อได้และอีเมล พิมพ์ทั้งภาษาไทยและภาษาอังกฤษ) บทคัดย่อ (สั้นกระชับได้ใจความและคำสำคัญ 3-4 คำ) บทนำ อุปกรณ์และวิธีการ ผลการวิจัย วิจารณ์ กิตติกรรมประกาศและเอกสารอ้างอิง

ก. รายงานฉบับย่อและรายงานทางคลินิก อาจเขียนโดยไม่แยกหัวข้อ หรืออาจรวมส่วนผลการวิจัยและวิจารณ์เป็นหัวข้อเดียว

ข. บทความปริทัศน์ ควรเริ่มด้วยบทนำ แล้วบรรยายโดยแยกตามหัวข้อที่ต้องการนำเสนอ พร้อมบทสรุป

5. ตาราง-รูปภาพ ตารางและรูปภาพให้แทรกไว้ท้ายสุดของบทความ คำบรรยายตารางพิมพ์ด้านบน คำบรรยายรูปภาพพิมพ์ใต้ภาพ และมีหมายเลขอาระบิกกำกับตามลำดับการอ้างถึง ตารางควรเข้าใจได้ง่าย ให้ส่งรูปภาพความละเอียดสูงแยกต่างหากมาพร้อมด้วย

6. การอ้างอิง ผู้แต่งต้องปฏิบัติตามรูปแบบการอ้างอิงของวารสาร การอ้างอิงในเนื้อหาใช้ระบบนาม-ปี เช่น (คัมภีร์ กอธีระกุล และคณะ 2530) หรือ คัมภีร์ กอธีระกุล และคณะ (2530) การเขียนรายการเอกสารอ้างอิงให้เขียนไว้หลังกิตติกรรมประกาศ โดยพิมพ์เอกสารภาษาไทยก่อนแล้วตามด้วยเอกสารภาษาอังกฤษ สำหรับการเขียนเอกสารอ้างอิงภาษาอังกฤษให้ดูจากส่วนแนะนำภาษาอังกฤษ

คัมภีร์ กอธีระกุล, เทิด เทศประทีป, วรา พานิชเกรียงไกร, โสมทัต วงศ์สว่าง, วราภรณ์ แซ่ลี้, สมศักดิ์ ภัคีศิริภรณ์. การสำรวจพบเชื้อ *อี.โคไล* ซีโรไทป์ K88 จากลูกสุกรวัยดูดนมและหลังหย่านม. เวชชสารสัตวแพทย์. 2530; 17(1): 21-7.

7. ชื่อวิทยาศาสตร์ ให้พิมพ์เป็นภาษาอังกฤษตามประมวลนามศัพท์สากลและทำให้เด่นแตกต่างจากเนื้อหา

8. การถอดคำไทยเป็นภาษาอังกฤษ ใช้หลักเกณฑ์การถอดอักษรไทยเป็นอักษรโรมันแบบถ่ายเสียงของราชบัณฑิตยสถาน

9. อักษรย่อและสัญลักษณ์ หากเป็นที่รับรู้โดยทั่วกันอนุโลมให้ใช้ได้โดยไม่ต้องพิมพ์ตัวเต็มก่อน

สำหรับรายละเอียดเพิ่มเติมและแม่แบบต้นฉบับ ให้ไปที่เว็บไซต์ของวารสาร https://he02.tci-thaijo.org/index.php/jaas_muvs

อีเมลบรรณาธิการวารสาร editor.jaas2020@gmail.com

ที่อยู่ คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล 999 ถนนพุทธมณฑล สาย 4 ตำบลศาลายา อำเภอพุทธมณฑล จังหวัดนครปฐม 73170

Instructions to Authors

"Journal of Applied Animal Science" (JAAS)

Journal of Applied Animal Science is a peer-review journal (2 issues/year; January-June and July-December) which publishes papers that report on original research covering broadly interdisciplinary of veterinary and animal sciences with results of more than local regard. *JAAS* invite and welcome submissions on existing new research from basic to molecular. Articles published under our journal are double-blind peer reviewed by at least 3 reviewers.

The author should follow the instructions below for manuscript preparation and submit with covering letter.

1. Categories: *JAAS* accepts varieties of article, including research articles, short communications, reviews and also clinical reports.

2. Language: English articles are preferable; however, both Thai and English manuscripts are acceptable, with Thai and English abstracts.

3. Submission: Submission via email is our most preferable way. However, submission of the manuscript is acceptable by either paper (4 copies) or digital format (email). Finally, digital format must be submitted. The submission file is in MS-Word format or compatible software.

4. Format: The manuscript should be used A4 size with margin of 2.54 cm (1 in), double spacing and indentions by using tabs. Times New Roman font 12 points is favored for English and Angsana New or TH SarabunPSK 16 points is desirous for Thai.

5. Components: The research manuscripts should have sequential components as title page, abstract and 3-4 keywords, introduction, materials and methods, results, discussion, conclusion, acknowledgements and references. Title page, in both Thai and English, includes title, author(s) and affiliation(s) for each author. Corresponding author must provide full contact address and email.

a. Short communications or clinical reports: These could be written as no sections, combination of results and discussion or introduction and followed by several presentation sections.

b. Reviews: The manuscript should start with introduction and followed by demonstration sections and conclusion.

6. Tables-Figures: Tables and figures must be numbered by using Arabic numbers. The caption must be written on the top of table or the bottom of figure. Tables and figures should be put at the end of article. All tables should be understandable by itself. All figures with high quality should be prepared in black and white as separate files.

7. References: Authors must be careful for the reference formats of both in-text citations and bibliography. In-text citations use author(s)-year in parentheses, the proper format is (Smith 2008; Kennedy and Smith 2009; John et al., 2010a, 2010b) or Smith (2008).Two authors use "and" in between. Using "et al.," when there are more than 2 authors. Multiple citations in a sentence must be in chronological order first, then alphabetical order. Bibliography should be in the last part of article and arranged alphabetically by authors or title. List first 6 authors and followed by "et al." when there are more than 6 authors. The title is followed the last author. Abbreviated journals are according to the conventional ISO abbreviations used by PubMed. One-word journal title must be spelled out. Year of publication, volume, issue in parentheses, and begin and end pages. These are examples of bibliography.

Barker K. At the Bench: A laboratory navigator. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press; 1998.

Fairbrother JM, Gyles CL. Escherichiacoliinfections. In: Straw BE, Zimmerman JJ, D'Allaire S, Taylor DJ, editors. Diseases of swine. 9th ed. Iowa: Blackwell Publishing; 2006. p. 639-74.

Laohasinnarong D, Kaeoket K, Prasitphon B. Estrus synchronization in gilts with altrenogest by different given time. Proceedings of the 19th IPVS Congress. Copenhagen, Denmark: Narayana Press; 2006. p. 118.

Meng X-J, Purcell RH, Halbur PG, Lehman JR, Webb DM, Tsareva TS, et al. A novel virus in swine is closely related to the human hepatitis E virus. Proc Natl Acad Sci. 1997;94(18):9860-5.

WHO media centre. African trypanosomiasis (sleeping sickness) [Internet]. WHO. 2010 [cited 2011 Oct 29]. Available from: http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs259/en/.

8. Scientific terms should use the update and follow the International Code of Nomenclature, written by emphasis.

9. Standard abbreviations and symbols are acceptable without definition.

Please visit *JAAS* website for more information and manuscript template, https://he02.tci-thaijo.org/index.php/jaas_muvs

Editor-in-Chief email: editor.jaas2020@gmail.com

Address: Faculty of Veterinary Science, Mahidol University, 999 Phuttamonthon Sai 4, Salaya, Phuttamonthon, Nakornphatom 73170 Thailand.

Editor Note

สวัสดีครับท่านผู้อ่านและสมาชิกวารสาร Journal of Applied Animal Science (JAAS) ทุกท่านวารสารฉบับนี้เป็นฉบับแรกของปีพุทธศักราช 2568 และถือเป็นปีที่ 18 แห่งการดำเนินงานของวารสาร โดยอยู่ภายใต้การจัดทำของคณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล ตลอดระยะเวลาที่ผ่านมา วารสารมุ่งมั่นเป็นเวทีทางวิชาการสำหรับเผยแพร่ผลงานวิจัยและองค์ความรู้ด้านสัตวแพทยศาสตร์และสัตวศาสตร์ในระดับชาติและนานาชาติ เป็นที่น่ายินดีอย่างยิ่งที่ JAAS ได้รับการจัดอันดับอยู่ใน กลุ่ม Tier 1 ของฐานข้อมูล TCI (Thai-Journal Citation Index Centre) ในรอบการประเมินปี พ.ศ. 2568-2572 ซึ่งสะท้อนถึงคุณภาพของบทความวิชาการและกระบวนการกลั่นกรองทางวิชาการที่เข้มข้น ขอขอบคุณผู้เขียน บรรณาธิการร่วม คณะผู้ทรงคุณวุฒิ และผู้อ่านทุกท่านที่มีส่วนร่วมในการพัฒนาวารสารจนได้รับการยอมรับในครั้งนี้

วารสารฉบับนี้ประกอบด้วยบทความวิจัยจำนวน 3 เรื่อง ได้แก่

1. Antimicrobial and Antioxidant Potentials of Aqueous Extracts of *Ocimum gratissimum* Leaves
2. การศึกษาแบบย้อนหลังพยาธิตัวกลมกลุ่ม Strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในจังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี
3. การตรวจวิเคราะห์ทางโมเลกุลและการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของเชื้อก่อโรคที่นำโดยเห็บจากตัวอย่างเลือดแพะในจังหวัดกาญจนบุรี ขอนแก่น และชัยภูมิ ประเทศไทย

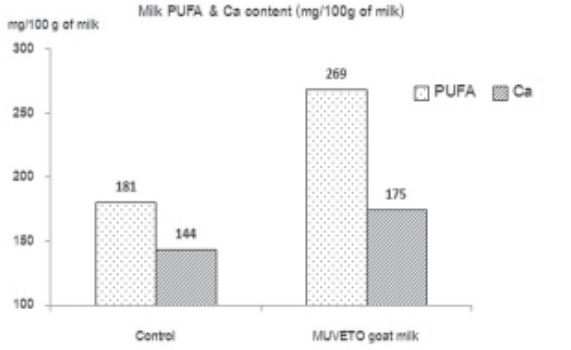
รวมถึงบทความทบทวนวรรณกรรม 1 เรื่อง คือ Prospects of Proteomics in Goat Breeding in Nigeria: A Narrative Review

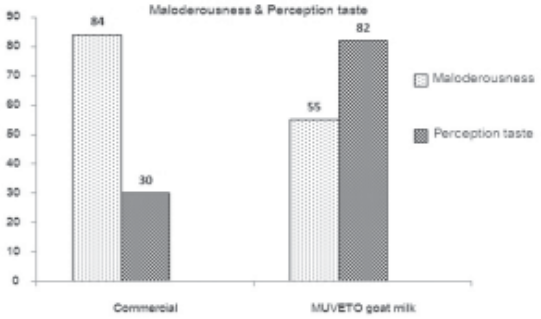
ท้ายที่สุดนี้ ผมขอเรียนเชิญนักวิจัย นักวิชาการ และผู้ที่สนใจทุกท่าน ส่งบทความวิจัยเพื่อตีพิมพ์เผยแพร่ใน Journal of Applied Animal Science เพื่อร่วมกันขับเคลื่อนองค์ความรู้ในศาสตร์ด้านนี้ให้ก้าวหน้าและยั่งยืน ท่านสามารถศึกษารายละเอียดเกี่ยวกับการเตรียมต้นฉบับและขั้นตอนการส่งบทความได้ที่เว็บไซต์ของวารสาร https://he02.tci-thaijo.org/index.php/jaas_muvs/about/submissions หากมีข้อสงสัยหรือต้องการข้อมูลเพิ่มเติม กรุณาติดต่อโทรศัพท์: 0-2441-5242 ต่อ 1201 หรือ อีเมล: editor.jaas2020@gmail.com

รองศาสตราจารย์ ดร.นายสัตวแพทย์ธนศักดิ์ ช่างบรรจง

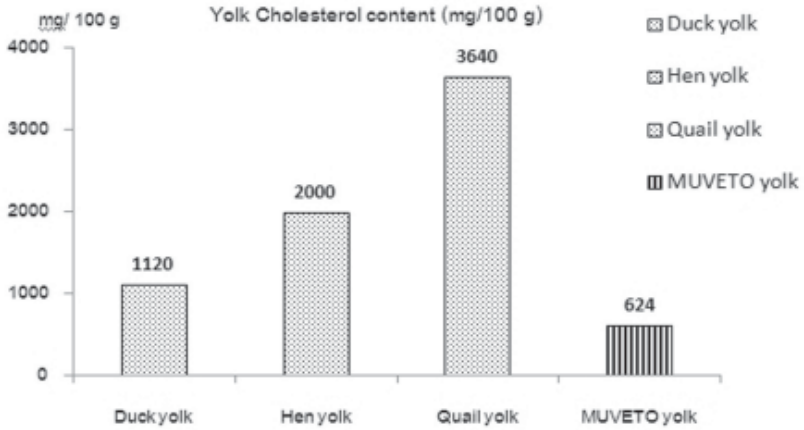
บรรณาธิการ (Editor-in-Chief)

MUVETO





Functional goat milk: Naturally high PUFA,Ca and maloderousness



Functional egg: Low cholesterol

Distributed by : Faculty of Veterinary Science, Mahidol University
999 Phutthamonthon Sai 4 Road, Salaya, Phutthamonthon,
Nakhonpathom, 73170, Thailand. Tel. 02-4410933.

Research Article

Antimicrobial and Antioxidant Potentials of Aqueous Extracts of *Ocimum gratissimum* Leaves

Adeyinka Oye Akintunde[1*] Agboiyi Marcus Ogah[1] Lois Chidinma Ndubuisi-Ogbonna[1] Martha Dupe Olumide[1] Olufemi Joseph Banjoko[2]

[1]Department of Agriculture and Industrial Technology, Babcock University, Ilishan-Remo, Ogun State, Nigeria
[2]Department of Animal Production, Federal College of Animal Health and Production Technology, Moor Plantation, Ibadan, Oyo State, Nigeria

[*]Corresponding author, E-mail address: adeyinka.akintunde@gmail.com

Received: 7 March 2025; Revised: 18 April 2025; Accepted: 21 April 2025

Abstract

***Ocimum gratissimum*, commonly known as scent leaf, is a medicinal plant with a long history of use in traditional medicine due to its therapeutic properties. This study evaluates the antimicrobial and antioxidant potentials of aqueous extracts of *O. gratissimum* leaves. The antimicrobial activity was assessed using the agar well diffusion assay, and the antioxidant activity was determined using 2,2-Diphenyl-1-Picrylhydrazy (DPPH), nitric oxide scavenging assay (NOSA), ascorbic acid content, and total phenolic content assays. The results revealed that the *O. gratissimum* leaf extract exhibited significant antimicrobial activity against both gram-positive and gram-negative bacteria, with the highest inhibition observed against *Staphylococcus aureus* and *Pseudomonas aeruginosa*. In the antioxidant assays, the extract demonstrated moderate DPPH free radical scavenging activity, with a half-maximal inhibitory concentration (IC_{50}) of 40.21 ± 0.01 μg/mL, and high nitric oxide scavenging activity, with an IC_{50} of 47.62 ± 0.02 μg/mL. The extract also contained a notable amount of ascorbic acid (15.20 ± 2.20 mg/100 g) and phenolic compounds (0.80 ± 0.01 mg/100 g). These findings highlight the dual therapeutic potential of *O. gratissimum* in both animal and human health. The antimicrobial properties suggest its use as a natural alternative to synthetic antibiotics, especially in the management of bacterial infections in livestock. The antioxidant activity indicates the potential of the plant to mitigate oxidative stress, thereby improving overall animal health, productivity, and resistance to diseases. Moreover, the consumption of animal products derived from animals fed with antioxidant-rich plants like *O. gratissimum* could contribute to human health by reducing the risk of oxidative stress-related diseases.**

Keywords: Antimicrobial, Antioxidants, *Ocimum gratissimum*, Phytogenics

Journal of Applied Animal Science 2025; 18(1): 9-18.

Introduction

Ocimum gratissimum L., commonly known as scent leaf or African basil, is a widely distributed medicinal plant belonging to the Lamiaceae family. It has been extensively utilized in traditional medicine for the treatment of various ailments, including bacterial and fungal infections, respiratory diseases, and gastrointestinal disorders (Talabi and Makanjuola 2017). Scientific reports have shown that *O. gratissimum* has a wide range of bioactive compounds such as flavonoids and polyphenols (Venuprasad et al., 2014; Irondi et al., 2016) and essential oils with several beneficial effects (Benitez et al., 2009; Melo et al., 2019). Phytochemicals (oleanolic acid, caffeic acid, ellagic acid, epicatechin, sinapic acid, rosmarinic acid, chlorogenic acid, luteolin, apigenin, nepetoidin, xanthomicrol, nevadensin, salvigenin, gallic acid, catechin, quercetin, rutin, and kaempfero) and essential oils (camphene, β-caryophyllene, α- and β-pinene, α-humulene, sabinene, β-myrcene, limonene, 1,8-cineole, trans-β-ocimene, linalool, α- and δ-terpineol, eugenol, α-copaene, β-elemene, p-cymene, thymol, and carvacrol) are among the bioactive substances extracted from *O. gratissimum*. Numerous *in vitro* and *in vivo* investigations have demonstrated the pharmacological characteristics of *O. gratissimum* and its bioactive components, including antimicrobial, anti-inflammatory, anticancer, hepatoprotective, antidiabetic, antihypertensive, antidiarrheal, and antioxidant qualities (Ugbogu et al., 2021).

The rise in antibiotic resistance among pathogenic microorganisms has necessitated the search for alternative antimicrobial agents from natural sources (World Health Organization [WHO], 2020). Plant-derived antimicrobials are increasingly recognized for their potential to combat multidrug-resistant pathogens due to their diverse mechanisms of action (Angelini 2024). Similarly, oxidative stress has been implicated in the pathogenesis of several chronic diseases, including cancer, cardiovascular diseases, and neurodegenerative disorders. The antioxidant properties of plant extracts are attributed to their ability to scavenge free radicals and prevent oxidative damage (Maury et al., 2020). The antioxidant potentials of many plant extracts have been studied in poultry and livestock species. Akintunde et al. (2023) reported the antioxidant potentials of *Parquetina nigrescens* leaf extracts in broiler chicken production. The use of several plants in animal production have been reported and widely recommended because of their rich profiles of bioactive substances and the potential replacements of these phytogenics have been recommended (Akintunde et al., 2024; Adebisi et al., 2024). Considering the rich phytochemical composition of *O. gratissimum*, this study aims to evaluate the antimicrobial and antioxidant potentials of its aqueous leaf extracts. The findings from this research could provide insights into the therapeutic applications of the aqueous extracts of *O. gratissimum* leaves and contribute to the development of novel natural health products especially in animal production.

Materials and Methods

Plant collection and preparation

Fresh leaves of *O. gratissimum* were collected from Babcock University Campus, Ilishan-Remo, Ogun State, Nigeria. The plants were authenticated by a botanist from the Department of Basic Sciences, Babcock University, Ilishan-Remo, Ogun State, Nigeria. The plant was deposited at the herbarium unit of the Department of Plant Biology, Faculty of Life Sciences, University of Ilorin, Kwara State with the voucher number UILH/001/1356/2021. Collected leaves were washed thoroughly under running tap water.

Extraction of plant material

The fresh leaves of *O. gratissimum* were harvested around 6:00 hrs and 6:30 hrs; thereafter, they were washed. 50 g of the fresh leaves harvested were blended with 100 mL of distilled water using a blender. The blending was done for about 3 minutes, after which the blended samples were filtered using filter papers (Whatman paper No.1). The filtrate was then analyzed for chemical compositions. This research was conducted at the Animal Science Laboratory, Babcock University, Ilishan-Remo, Ogun State, Nigeria. Ilishan-Remo is located in Nigeria's rainforest zone, with an annual rainfall of about 1,500 mm and a mean temperature of 27 °C.

Antimicrobial assay for *O. gratissimum* leaf extract

The antimicrobial activity was assessed using the agar well diffusion assay. The antimicrobial activity of the extracts was assessed against selected Gram-negative (*Escherichia coli* MTCC 585, *Klebsiella pneumoniae* MTCC 3040, *Pseudomonas aeruginosa* MTCC 424) and gram-positive (*Bacillus subtilis* MTCC 441, *Staphylococcus aureus* MTCC 3160) using the agar well diffusion method (Prescott et al., 1999; Shahidi, 2004). All bacterial cultures were plated out on Nutrient agar plates and were incubated for 24 h at 37 ± 0.5 °C and colonies from this fresh culture were used for making suspension. 10 ml of sterile nutrient broth were aseptically inoculated with test cultures and incubated at 37 ± 0.5 °C for 18 hours. Fresh inoculum of approximately 10^6 CFU / mlMcFarland Turbidity Range of tested drug resistant microorganisms was used for the study. 100 µl of the bacterial suspension was uniformly spread on sterile Muller Hinton Agar plates. After solidification of the agar, wells were made with a 6 mm sterile cork borer. The extracts were made with 99% (v/v) DMSO (Dimethyl sulfoxide) and 100 µl of the extracts were poured into separate wells. The plates were incubated for 24 hours at 37 ± 0.5 °C and antibacterial activity was observed by measuring the zone of inhibition as diameter in millimeters. Negative controls were made by DMSO alone and positive controls were made by the antibiotic streptomycin (25 µg /disc).

Antioxidant assay

DPPH (2,2-Diphenyl-1-Picrylhydrazy) radical scavenging activity: The procedure outlined by Pejin *et al.* (2013) was utilized to ascertain the impact of the crude ethanolic extract on free radicals. As 4 g of DPPH, were dissolved in 100 mL of methanol. The extract was combined with 2 mL of DPPH solution. Using a Spectrumlab 752S UV Vis Spectrophotometer at 517 nm, the decrease in the DPPH free radical was assessed after the 30 min incubation period. The half-maximal inhibitory concentration (IC_{50}) value was used to calculate the scavenging capacity of the aqueous extract. It is described as a sample concentration that causes a 50% decrease in oxidative radicals. The strength of the antioxidant scavenging activity increases with decreasing IC_{50} values. The extract's scavenging activity was evaluated using the percentage of decolorization. The sample's scavenging activity was calculated using the sample's percentage of decolorization.

Nitric oxide scavenging assay (NOSA): 0.5 mL of the extract was combined with 2 mL of sodium nitroprusside in 0.5 ml of phosphate buffer saline, and the mixture was incubated for 150 minutes at 25 °C. A volume of 0.5 mL was extracted from the incubated mixture and added to 1.0 mL of sulfanilic acid reagent. The absorbance at 540 nm was then measured after 1.0 mL of naphthylethylenediamine dihydrochloride had been combined and allowed to sit at room temperature for 10 minutes. Using the Badami et al. (2003) method, NOSA was measured in triplicate and expressed as IC_{50} (µg/ml).

Determination of ascorbic acid

A 2, 6- dichlorophenol titrimetric method was used to determine the ascorbic acid content of the sample according to the methods labeled by AOAC (2010) and Okwu (2004). Ascorbic acid standard solution was prepared by dissolving 50 mg standard ascorbic acid tablet in water. Two grams (2 g) of the resulting sample is then extracted by mixing properly in acetic acid solution and diluting to 100 ml to ensure a homogenous mix. The solution obtained was then filtered. Thereafter, 10 ml of the clear filtrate was pipetted into a 2.6 ml solution of acetone contained in a conical flask. The resulting solution was then titrated with indophenoldye solution (2, 6-dichlorophenol indophenols) until a faint pink colour appeared. The procedure was also repeated for the standard. All the analyses were done in triplicates.

Determination of phenolic content

Standard spectrophotometric methods as described by Obadoni and Ochuko (2001) were used in the determination of total phenolic content of the aqueous extracts of *O. gratissimum* leaf. The fat free sample was boiled with 50 ml of ether for the extraction of the phenolic component for fifteen minutes. 5 ml of the extract was pipetted into a 50 ml flask and then 10 ml of distilled water was added. Two 2 millilitres of ammonium hydroxide solution and 5 ml of amyl alcohol were added to the sample and made up to the mark. It was left to react for 30 minutes for colour development; the absorbance was measured at 550 nm.

Statistical analysis

Data were conducted in triplicate, and results were expressed as mean ± standard deviation. Data obtained from the study were subjected to statistical analysis using appropriate Statistical Package for Social Sciences (SPSS Version 20).

Results

The antimicrobial assay results of *O. gratissimum* leaf extract against selected bacterial strains are presented in Table 1. The extract exhibited varying degrees of inhibition against both gram-positive and gram-negative bacteria, demonstrating its broad-spectrum antimicrobial potential. The highest zone of inhibition was observed against *S. aureus* (16.31 ± 0.54 mm) and *P. aeruginosa* (16.29 ± 0.06 mm), while the lowest inhibition was recorded for *E. coli* (11.03 ± 0.02 mm). Comparatively, the positive control (streptomycin) exhibited significantly larger inhibition zones against all test organisms, confirming its superior antimicrobial efficacy. The negative control (DMSO) exhibited no inhibition, indicating that the observed antimicrobial activity was solely due to the bioactive components in the plant extract.

Table 1. Antimicrobial assay for *Ocimum gratissimum* leaf extract.

Microorganisms	Zone of inhibition (Diameter in mm)		
	Sample	Streptomycin Positive control	DMSO Negative control
Escherichia coli MTCC 585	11.03 ± 0.02	22.60 ± 0.01	-
Klebsiella pneumoniae MTCC 3040	14.75 ± 0.61	19.27 ± 0.13	-
Pseudomonas aeruginosa MTCC 424	16.29 ± 0.06	20.21 ± 0.03	-
Bacillus subtilis MTCC 441	12.34 ± 0.04	18.14 ± 0.02	-
Staphylococcus aureus MTCC 3160	16.31 ± 0.54	20.43 ± 0.01	-

The antioxidant activity of *O. gratissimum* (scent leaf) leaf extract was measured using various assays, and the results are presented in Table 2. These assays include DPPH activity and NOSA. The leaf extract of *O. gratissimum* contained ascorbic acid and phenolic compounds. The ascorbic acid content was found to be 15.20 ± 2.2 mg per 100 g of the sample extract, while the total phenolic content was 0.80 ± 0.01 mg per 100 g of the sample extract.

Table 2. Antioxidant assay for *Ocimum gratissimum* leaf extract.

Antioxidant assay	IC_{50} (μg/mL)
DPPH	40.21 ± 0.01
NOSA	47.62 ± 0.02

The half-maximal inhibitory concentration, IC_{50}.

Discussion

The evaluation of antimicrobial activity using plant extracts is typically performed through the agar well diffusion or disc diffusion method, where the zone of inhibition (ZOI) around the sample application area on the agar plate reflects the extent of microbial growth suppression. In this study, the antimicrobial activity of *O. gratissimum* leaf extract was assessed against five bacterial strains, and results were compared to both a positive control (streptomycin) and a negative control (DMSO). Breakpoints provide reference points for determining the efficacy of antimicrobial agents. Although standard clinical breakpoints do not exist for plant extracts, a ZOI ≥ 15 mm is typically considered indicative of strong antimicrobial activity (Oluduro 2012).

The antimicrobial efficacy of *O. gratissimum* suggests its potential as a natural alternative to conventional antibiotics in livestock production. The growing concern over antibiotic resistance in animal husbandry necessitates the exploration of phytogenic alternatives (Wang et al.,

2024). The inhibition of *E. coli* and *K. pneumoniae*, which are commonly associated with gastrointestinal infections in livestock, indicates that *O. gratissimum* could serve as a natural feed additive or therapeutic agent in managing bacterial enteritis in poultry and ruminants (Wang et al., 2024). This is in line with the observations of Koche et al. (2012) who reported the antibacterial activity of chloroform solvent of the root extract of *O. gratissimum* to be high in *E. coli*. The results were however in contrast with the conclusion of Oladele and Ologundudu (2022) that bacterial isolates Klebsiella oxytoca, *K. pneumoniae*, *E. coli*, *Proteus mirabilis*, and *Salmonella pullorum* were all resistant to the plant extract. The results from the present study further confirms the observation of Anugom and Ofongo (2019) that aqueous *O. gratissimum* leaf extract improved growth performance and reduced gut pH and *E. coli* counts.

Additionally, the significant inhibition of *P. aeruginosa* and *S. aureus-both* of which are known to cause mastitis and respiratory infections in cattle and small ruminants-implies that *O. gratissimum* could be integrated into herbal veterinary medicine to manage bacterial infections in dairy and meat-producing animals (Wilson et al., 1997; Bergonier et al., 2014; Chen et al., 2018).

The antibacterial potential of *O. gratissimum* also has important implications for human health, particularly in addressing antibiotic-resistant bacterial infections. The presence of bioactive compounds such as eugenol, thymol, and flavonoids in *Ocimum* species has been widely reported to contribute to their antimicrobial properties (Dharsono et al., 2022). The inhibition of S. aureus, a major cause of skin infections, food poisoning, and pneumonia in humans, suggests that the plant extract could be explored for the development of herbal antiseptics and functional foods to boost immune defense (Wertheim et al., 2005; Hanselman et al., 2009).

Moreover, with the rise of antimicrobial resistance (AMR) due to excessive antibiotic use in both humans and livestock, the use of *O. gratissimum* as a natural antimicrobial agent could play a role in reducing dependency on synthetic antibiotics, thereby mitigating the emergence of drug-resistant strains (Rahman et al., 2022). The results demonstrate the antimicrobial efficacy of *O. gratissimum* leaf extracts against common pathogenic bacteria, highlighting its potential applications in animal production, veterinary medicine, and human health.

The DPPH assay is widely used to assess the free radical scavenging ability of antioxidants, indicating their potential to mitigate oxidative stress. The result shows a moderate scavenging activity of *O. gratissimum* leaf extract in contrast to *Moringa oleifera* leaf extracts have shown a DPPH inhibition at 100 μg/ml, with an IC value of 53.95 μg/ml (Aziz et al., 2021). This suggests that the extract contains compounds capable of neutralizing free radicals. Antioxidants such as these can play a significant role in animal health by preventing oxidative damage to cells, tissues, and organs. Oxidative stress is known to contribute to various diseases in animals, including those affecting growth, reproduction, and immune function (Ponnampalam et al., 2022). Therefore, the incorporation of antioxidant-rich plants like *O. gratissimum* in animal diets could promote better health, productivity, and resistance to diseases. The NOSA indicates the ability of the plant extract to neutralize nitric oxide radicals, which are involved in inflammatory processes and various pathophysiological conditions in animals. Excessive nitric oxide production is associated with chronic diseases, including cardiovascular diseases and immune dysfunctions (Roy et al., 2023). The high NOSA value in *O. gratissimum* suggests that its inclusion in animal feed could help reduce inflammation and oxidative stress, thereby improving animal health and

productivity, particularly in livestock with inflammation-based conditions such as mastitis and arthritis. Vitamin C (ascorbic acid) is a potent antioxidant that is critical for immune function, collagen synthesis, and the maintenance of healthy tissues. The concentration of ascorbic acid in *O. gratissimum* leaves can contribute to enhancing the immune system of animals, particularly in poultry and livestock (Hieu et al., 2022). A diet rich in ascorbic acid has been shown to improve the resistance of animals to infectious diseases. Ascorbic acid has been found to improve poultry performance, especially in heat stress conditions. The immune system was also improved with the addition of ascorbic acid to the diet. In particular, ascorbic acid improves the responses to infection and inflammation (Hieu et al., 2022). Furthermore, animals under stress, such as those in intensive farming systems, benefit from increased vitamin C intake to support optimal growth and health. Phenolic compounds are another class of bioactive molecules with strong antioxidant properties. They are known to play a role in protecting cells from oxidative damage and reducing the risk of chronic diseases in animals. The phenolic content of *O. gratissimum* is relatively modest, but it still contributes to the overall antioxidant capacity of the leaf extract. Phenolic compounds have been reported to improve digestive health, enhance immune response, and reduce the incidence of diseases like gastrointestinal disorders in livestock (Mahfuz et al., 2021; Formato et al., 2022). Their inclusion in animal nutrition could therefore have broader implications for animal welfare and productivity.

The results of the antioxidant assays demonstrate that *O. gratissimum* leaf extract contains significant antioxidant properties, which could offer valuable health benefits for animals. Incorporating antioxidant-rich plants into animal diets can help in the management of oxidative stress, a major contributor to poor health outcomes such as reduced growth rates, immune suppression, and increased susceptibility to diseases (Ponnampalam et al., 2022; Akintunde et al., 2023, 2024a). This, in turn, could enhance productivity in animal farming by reducing mortality rates and improving feed conversion efficiency (Akintunde et al., 2024b). In a study on growth performance and carcass characteristics of broiler chickens administered oral aqueous extracts of *O. gratissimum* as replacement of synthetic antibiotics by Olumide et al. (2022), it was observed that the administration of *O. gratissimum* leaf extracts up to 0.6 ml improved growth performance of broiler chicks and they however concluded that oral administration of *O. gratissimum* leaf extracts in the production of broilers had no detrimental effect on the performance of broilers. In another study by Olumide and Akintola (2020), it was reported that the inclusion of *O. gratissimum* in the diets of broiler chicken has no detrimental effect on performance and carcass characteristics but better acceptability of the meat and improved livability as birds fed with diet containing 300 g/ 100 kg *O.gratissimum* leaf meal had the best livability of 100%.

In terms of human health, the consumption of animal products from animals fed with antioxidant-rich plants like *O. gratissimum* may provide health benefits to humans as well. Animal-derived products such as milk, meat, and eggs contain bioactive compounds that can influence human health outcomes (Kussmann et al., 2023). Antioxidant-rich products may offer protective effects against oxidative stress-related animal diseases, including cardiovascular diseases, digestive disorder and neurodegenerative disorders. The results indicate that *O. gratissimum* leaf extract has substantial antioxidant potential, with significant implications for animal production and health. By incorporating this plant into animal diets, it is possible

to improve overall health, productivity, and resistance to diseases. These benefits also extend to human health, particularly through the consumption of animal products enriched with antioxidants.

Conclusion

The antimicrobial and antioxidant activities of *O. gratissimum* leaf extracts demonstrate its promising role as a natural agent in both animal and human health. The plant's significant antibacterial properties indicate its potential as an alternative to synthetic antibiotics, which is particularly important in the context of rising antibiotic resistance in both animals and humans. The moderate antioxidant activity, coupled with high levels of ascorbic acid and phenolic compounds, suggests that *O. gratissimum* could be utilized in animal nutrition to reduce oxidative stress, promote better health, and enhance productivity in livestock. Furthermore, the consumption of animal-derived products enriched with antioxidants from plants like *O. gratissimum* could provide valuable health benefits to humans, offering protective effects against various oxidative stress-related diseases. This study underscores the importance of exploring plant-based alternatives in managing health challenges in both animals and humans and highlights the potential of *O. gratissimum* as a functional ingredient in natural health products.

References

Adebisi AA, Akintunde AO, Tayo GO, Animashaun RO. Phytochemical and metabolomic profiles of ethanolic extract of Curculigo pilosa rhizomes for animal health. Anim Prod. 2024;26(3):176-91.

Akintunde AO, Ndubuisi-Ogbonna LC, Adewumi AG, Akinboye OE, Adewole OA, Akeju SI, et al. Growth pattern and cardiovascular response of Japanese quails to the administration of *Parquetina nigrescens* leaf extracts. Trop J Nat Prod Res. 2024a;8(11): 9245-55.

Akintunde AO, Ndubuisi-Ogbonna LC, Olorunfemi OA, Ladele MM, Ojo OA, Adewumi A, et al. Growth pattern and physiological response of Japanese quails to administered aqueous solution of egg lime molasses mixture. Agric Sci Dig. 2024b;44(3):523-9.

Akintunde AO, Ndubuisi-Ogbonna LC, Sobowale A, Irorevbo HE, Ojo OA, Oyewumi SO, et al. Antioxidant potentials of Parquetina nigrescens leaf extract administration in broiler chicken production. Int J Pharm Phytopharm Res. 2023;13(5):19-26.

Angelini P. Plant-derived antimicrobials and their crucial role in combating antimicrobial resistance. Antibiotics (Basel). 2024;13(8):746.

Anugom YO, Ofongo RTS. Impact of aqueous *Ocimum gratissimum* (Lyn) leaf extract on growth performance, gut pH and bacterial counts in broiler chickens. Int J Poult Sci. 2019;18:309-16.

AOAC. Official methods of analysis of association of official analytical chemists. 18th ed, Washington, DC. 2010.

Aziz RA, Ismail SNAS, Mahbob ENM, Shukr AM. DPPH radical scavenging activity of *Moringa oleifera* leaf extract and its protective effect on the shelf life of cherry tomatoes. GADING J Sci Tech; 2021;4(1): 9-15.

Badami S, Moorkoth S, Rai SR, Kannan E, Bhojraj S. Antioxidant activity of *Caesalpinia sappan* heartwood. Biol Pharm Bull. 2003;26(11):1534-1537.

Benitez NP, León EMM, Stashenko EE. Eugenol and methyl eugenol chemotypes of essential oil of species *Ocimum gratissimum* L. and *Ocimum campechianum* Mill. from Colombia. J Chromatogr Sci. 2009;47: 800-3.

Bergonier D, Sobral D, Feβler AT, Jacquet E, Gilbert FB, Schwarz S, et al. *Staphylococcus aureus* from 152 cases of bovine, ovine and caprine mastitis investigated by Multiple-locus variable number of tandem repeat analysis (MLVA). Vet Res. 2014;45:1-8.

Chen JW, Lau YY, Krishnan T, Chan KG, Chang CY. Recent advances in molecular diagnosis of Pseudomonas aeruginosa infection by state-of-the-art genotyping techniques. Front Microbiol. 2018; 9:1104.

Dharsono HDA, Putri SA, Kurnia D, Dudi D, Satari MH. *Ocimum* Species: A review on chemical constituents and antibacterial activity. Molecules. 2022;27(19): 6350.

Formato M, Cimmino G, Brahmi-Chendouh N, Piccolella S, Pacifico S. Polyphenols for livestock feed: Sustainable perspectives for animal husbandry. Molecules. 2022;27(22):7752.

Hanselman BA, Kruth SA, Rousseau J, Weese JS. Coagulase positive *Staphylococcus* colonization of humans and their household pets. Can Vet J. 2009; 50:954-8.

Hieu TV, Guntoro B, Qui NH, Quyen NTK, Hafiz FAA. The application of ascorbic acid as a therapeutic feed additive to boost immunity and antioxidant activity of poultry in heat stress environments. Vet World. 2022;15(3):685-93.

Irondi EA, Agboola SO, Oboh G, Boligon AA. Inhibitory effect of leaves extracts of *Ocimum basilicum* and *Ocimum gratissimum* on two key enzymes involved in obesity and hypertension in vitro. J Intercult Ethnopharmacol. 2016;5:396-402.

Koche DK, Kokate PS, Suradkar SS, Bhadange DG. Preliminary phytochemistry and antibacterial activity of ethanolic extract of *Ocimum gratissimum* L. Biosci Disc. 2012;3(1):20-4.

Kussmann M, Abe Cunha DH, Berciano S. Bioactive compounds for human and planetary health. Front Nutr. 2023;10:1193848

Mahfuz S, Shang Q, Piao X. Phenolic compounds as natural feed additives in poultry and swine diets: a review. J Anim Sci Biotechnol. 2021;12:48.

Maury GL, Rodríguez DM, Hendrix S, Arranz JCE, Boix YF, Pacheco AO, et al. Antioxidants in plants: A valorization potential emphasizing the need for the conservation of plant biodiversity in Cuba. Antioxidants (Basel). 2020;9(11):1048.

Melo RS, Azevedo AMA, Pereira AMG, Rocha RR, Cavalcante RMB, Matos MNC, et al. Chemical composition and antimicrobial effectiveness of *Ocimum gratissimum* L. Essential oil against multidrug-resistant isolates of *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli*. Molecules. 2019;3864:2-17.

Obadoni BO, Ochuko PO. Phytochemical studies and comparative efficacy of the crude extracts of some homeostatic plants in Edo and Delta States of Nigeria. Global J Pure Appl Sci. 2002;8(2):203-8.

Okwu DE. Phytochemicals and vitamin content of indigenous spices of South Eastern Nigeria. J Sust Agric Env. 2004;6(1):30-7.

Oladele IS, Ologundudu FA. Antimicrobial and synergistic potential of *Ocimum gratissimum* leaves and *Petiveria alliacea* bark against some selected microorganisms. Ann Environ Sci Toxicol. 2022;6(1):41-6.

Oluduro AO. Evaluation of antimicrobial properties and nutritional potentials of *Moringa oleifera* Lam. leaf in South-Western Nigeria. Malaysian J Microbiol. 2012;8(2):59-67.

Olumide MD, Akintunde AO, Ndubuisi-Ogbonna LC. Performance and carcass characteristics of broiler chickens to oral administration of aqueous extracts of *Ocimum gratissimum*. Proceedings of the 47th Annual Conference of the Nigerian Society for Animal Production at University of Jos and Federal College of Forestry, Jos, Nigeria. 2022. p. 1331-5.

Olumide MD, Akintola AS. Effect of scent leaf meal (*Ocimum gratissimum*) supplementation on performance, carcass and meat quality of broiler chicken. Nig J Anim Prod. 2020;45(3):228.

Pejin B, Bogdanovic-Pristov J, Pejin I, Sabovljevic M. Potential antioxidant activity of the moss *Bryum moravicum*. Nat Prod Res. 2013;27:900-2.

Ponnampalam EN, Kiani A, Santhiravel S, Holman BWB, Lauridsen C, Dunshea FR. The importance of dietary antioxidants on oxidative stress, meat and milk production, and their preservative aspects in farm animals: Antioxidant action, animal health, and product quality-invited review. Animals (Basel). 2022; 12(23):3279.

Prescott ML, John P, Harley D, Klein A. Microbiology. Dubuque: Brown publishers; 1999.

Rahman MM, Alam Tumpa MA, Zehravi M, Sarker MT, Yamin M, Islam MR, et al. An overview of antimicrobial stewardship optimization: The use of antibiotics in humans and animals to prevent resistance. Antibiotics (Basel). 2022;11(5):667.

Roy R, Wilcox J, Webb AJ, Gallagher K. Dysfunctional and dysregulated nitric oxide synthases in cardiovascular disease: Mechanisms and therapeutic potential. Int J Mol Sci. 2023;24(20):15200.

Shahidi BGH. Evaluation of antimicrobial properties of Iranian medicinal plants against *Micrococcus luteus, Serratia marcescens, Klebsiella pneumoniae* and *Bordetella bronchoseptica*. Asian J Plant Sci. 2004;3(1):82-6.

Talabi JY, Makanjuola SA. Proximate, phytochemical, and In Vitro antimicrobial properties of dried leaves from *Ocimum gratissimum*. Prev Nutr Food Sci. 2017; 22(3):191-4.

Ugbogu OC, Emmanuel O, Agi GO, Ibe C, Ekweogu CN, Ude VC, et al. A review on the traditional uses, phytochemistry, and pharmacological activities of clove basil (*Ocimum gratissimum* L.). Heliyon. 2021; 7(11):e08404.

Wilson DJ, Gonzalez RN, Das HH. Bovine mastitis pathogens in New York and Pennsylvania: Prevalence and effects on somatic cell count and milk production. J Dairy Sci. 1997;80:2592-8.

Venuprasad MP, Kandikattu HK, Razack S, Khanum F. Phytochemical analysis of *Ocimum gratissimum* by LC-ESI-MS/MS and its antioxidant and anxiolytic effects. South Afr J Bot Le. 2014;92:151-8.

Wang J, Deng L, Chen M, Che Y, Li L, Zhu L, et al. Phytogenic feed additives as natural antibiotic alternatives in animal health and production: A review of the literature of the last decade. Anim Nutr. 2024; 17:244-64.

Wertheim HF, Melles DC, Vos MC, van Leeuwen W, van Belkum A, Verbrugh HA, et al. The Role of Nasal Carriage in *Staphylococcus aureus*. Lancet Infect Dis. 2005;5:751-62.

Research Article

Retrospective Study of Strongyle Nematode in the Gastrointestinal Tract of Ruminants in Kanchanaburi and Ratchaburi Provinces

Witsanu Wongsawang[1*] Supat Prasopsin[2]

[1]Pasupalan Livestock and Wildlife Hospital, Faculty of Veterinary Science, Mahidol University Kanchanaburi Campus, Kanchanaburi Province, Thailand

[2]Science Laboratory for Education Unit, Mahidol University Kanchanaburi Campus, Kanchanaburi Province, Thailand

[*]Corresponding author, E-mail address: witsanu.won@mahidol.ac.th

Received: 5 March 2025; Revised: 9 May 2025; Accepted: 14 May 2025

Abstract

Strongyle nematode infection is the main cause of parasitic infections in ruminants in Thailand, which can lead to poor health and reduced product value. This research aimed to study the prevalence and associated factors of strongyle nematode infection in the gastrointestinal tract of ruminants in Kanchanaburi and Ratchaburi Provinces during 2018-2022. The overall prevalence of strongyle nematode was 60.28% (95% CI = 56.90-63.58). The highest prevalence of strongyle nematodes was found in goats at 71.08% (95% CI = 66.84-75.05). The prevalence of strongyle nematodes in sheep was 48.78% (95% CI = 40.90-56.69), the prevalence of strongyle nematodes in beef cattle was 48.67% (95% CI = 40.43-56.95), the prevalence of strongyle nematodes in dairy cattle was 31.25% (95% CI = 16.11-50.00), and the prevalence of strongyle nematodes in buffalo was 7.14% (95% CI = 0.18-33.86). In addition, the type of ruminant was found to be a factor significantly related to the prevalence of strongyle nematode infection in the digestive tract of ruminants ($P < 0.01$). It was also found that grazing farming was significantly more related to the prevalence of strongyle nematode infection than housing farming ($P < 0.01$). From the results of this research, the prevalence and factors related to the prevalence of strongyle nematode infection in ruminants were known, which is very useful as preliminary data for disease diagnosis, surveillance, control and prevention of strongyle nematode infection in the digestive tract of ruminants in Kanchanaburi and Ratchaburi Provinces.

Keywords: Strongyle nematode, ruminants, Kanchanaburi, Ratchaburi

การศึกษาแบบย้อนหลังพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในจังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี

วิษณุ วงษ์สว่าง[1*] สุภัทร ประสพศิลป์[2]

[1]โรงพยาบาลปศุสัตว์และสัตว์ป่า ปศุปาลัน คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล วิทยาเขตกาญจนบุรีจังหวัดกาญจนบุรี ประเทศไทย
[2]งานปฏิบัติการวิทยาศาสตร์เพื่อการศึกษา มหาวิทยาลัยมหิดล วิทยาเขตกาญจนบุรี จังหวัดกาญจนบุรี ประเทศไทย

[*]ผู้รับผิดชอบบทความ E-mail address: witsanu.won@mahidol.ac.th

Received: 5 March 2025; Revised: 9 May 2025; Accepted: 14 May 2025

บทคัดย่อ

การติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle เป็นสาเหตุหลักของการติดพยาธิในสัตว์เคี้ยวเอื้องของประเทศไทย ที่สามารถสร้างความเสียหายให้กับสุขภาพสัตว์และลดมูลค่าของผลิตภัณฑ์เป็นอย่างมาก การวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์ในการศึกษาความชุกและปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565 พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle โดยรวมเท่ากับร้อยละ 60.28 (95% CI = 56.90-63.58) พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะมากที่สุด เท่ากับร้อยละ 71.08 (95% CI = 66.84-75.05) พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแกะเท่ากับร้อยละ 48.78 (95% CI = 40.90-56.69) พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในโคเนื้อเท่ากับร้อยละ 48.67 (95% CI = 40.43-56.95) พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในโคนมเท่ากับร้อยละ 31.25 (95% CI = 16.11-50.00) และพบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในกระบือเท่ากับร้อยละ 7.14 (95% CI = 0.18-33.86) นอกจากนี้ ยังพบว่าชนิดของสัตว์เคี้ยวเอื้องเป็นปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อความชุกการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.01$) รวมทั้งยังพบว่าสภาพการเลี้ยงแบบปล่อยในแปลงหญ้ามีความสัมพันธ์ต่อความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle มากกว่าสภาพการเลี้ยงแบบขังคอกอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.01$) จากผลการวิจัยนี้ ทำให้ทราบถึงความชุกและปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ของสัตว์เคี้ยวเอื้อง ซึ่งมีประโยชน์เป็นอย่างมากในการใช้เป็นข้อมูลเบื้องต้นประกอบการวินิจฉัยโรค การเฝ้าระวัง การควบคุมและป้องกันการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี

คำสำคัญ : พยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle สัตว์เคี้ยวเอื้อง กาญจนบุรี ราชบุรี

บทนำ

พยาธิภายในทางเดินอาหาร (gastrointestinal parasites) ที่ก่อโรคในสัตว์เคี้ยวเอื้องมีหลายชนิด แต่ที่พบในประเทศไทยส่วนมาก คือ พยาธิตัวกลม (nematodes) โดยเฉพาะพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle (strongyle type) ยกตัวอย่างเช่น พยาธิ *Oesophagostomum* spp., พยาธิ *Haemonchus* spp., พยาธิ *Bunostomum* spp., พยาธิ *Trichostrongylus* spp., พยาธิ *Ostertagia* spp. และพยาธิ *Cooperia* spp. เป็นต้น พยาธิภายในทางเดินอาหารเหล่านี้จะก่อโรคและสร้างความเสียหายต่อสุขภาพของสัตว์เคี้ยวเอื้องเป็นอย่างมาก ซึ่งจะส่งผลต่อมูลค่าของผลิตภัณฑ์ที่ได้จากสัตว์เคี้ยวเอื้องมากเช่นกัน โดยทั่วไปพยาธิภายในทางเดินอาหารจะทำให้สัตว์มีสุขภาพไม่แข็งแรง น้ำหนักลด การเจริญเติบโตช้า ผลิตภัณฑ์ที่ได้ไม่มีคุณภาพ สำหรับรายงานความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในประเทศไทยตั้งแต่ในอดีตจนถึงปัจจุบันนั้น ยังมีการรายงานมาอย่างต่อเนื่อง อาทิ รายงานความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่ภาคกลางของประเทศไทย เช่น พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะพื้นที่จังหวัดนครปฐม ร้อยละ 79.47 (Ratanapob et al., 2012) พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในโคเนื้อ ร้อยละ 71.84 ในพื้นที่อำเภอไทรโยค จังหวัดกาญจนบุรี (Wongsawang et al., 2014) พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะเขตหนองจอก กรุงเทพมหานคร ร้อยละ 40.6 (Khumpool 2015) พบความชุกของพยาธิตัวกลมภายในทางเดินอาหารกลุ่ม strongyle ในแพะเนื้อ ร้อยละ 59.89 ในพื้นที่อำเภอไทรโยค จังหวัดกาญจนบุรี (Wongsawang et al., 2020) พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ร้อยละ 64.24 และพยาธิตัวกลม *Trichostrongylus* spp. ร้อยละ 26.89 ในแพะพื้นที่จังหวัดชัยนาท (Wongrak et al., 2023) นอกจากนี้ยังมีรายงานความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ เช่น พบความชุกร้อยละ 85.55 ในโคพื้นที่อำเภอเมือง จังหวัดกาฬสินธุ์ (สิริกาญดา ธนาสุวรรณ และคณะ 2562) พบความชุกร้อยละ 55.67 ในแพะเนื้อพื้นที่จังหวัดขอนแก่น (Rerkyusuke et al., 2024) รวมทั้งรายงานความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในพื้นที่ภาคเหนือและภาคใต้ของประเทศไทย เช่น รายงานความชุกร้อยละ 27 ในโคเนื้อพื้นที่จังหวัดน่าน (Kaewthamasorn and Wongsamee 2006) พบความชุกร้อยละ 76.8 ในแพะพื้นที่จังหวัดพิษณุโลก (Wuthijaree et al., 2022) และรายงานพบความชุกร้อยละ 79.32 ในแพะเนื้อพื้นที่ภาคใต้ของประเทศไทย (Kaewnoi et al., 2024) นอกจากนี้ ยังมีรายงานการใช้เทคนิคทางอณูชีวโมเลกุลในการตรวจพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในโคเนื้อและแพะในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรี โดยพบว่าให้ผลบวกร้อยละ 28.7 และ 86.3 ตามลำดับ (Income et al., 2021) สำหรับปัจจัยที่ส่งเสริมให้สัตว์เคี้ยวเอื้องติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle นั้น จากการศึกษาพบว่า ปัจจัยสภาพการเลี้ยงและระบบฟาร์มมีความสัมพันธ์ต่อความชุกของการติดพยาธิ (Ratanapob et al., 2012; Wongsawang et al., 2020; Income et al., 2021; Junsiri et al., 2021) รวมทั้งปัจจัยด้านอาหารและวิธีการให้อาหาร (Ratanapob et al., 2012) นอกจากนี้ ปัจจัยชนิดของแพะมีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิภายในทางเดินอาหาร (Ratanapob et al., 2012; Income et al., 2021) รวมถึงปัจจัยระยะห่างของการถ่ายพยาธิ (Ratanapob et al., 2012; Income et al., 2021) เป็นต้น

พื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี เป็นพื้นที่มีการเลี้ยงสัตว์เคี้ยวเอื้องทั้งเพื่อการบริโภคและการท่องเที่ยวเป็นจำนวนมาก อาทิ โคเนื้อ โคนม แพะเนื้อ แพะนม กระบือ และแกะ มีลักษณะทางภูมิศาสตร์ที่เป็นเขตชายแดนไทย-พม่าตามแนวยาวของเทือกเขาตะนาวศรี มีสภาพภูมิประเทศที่แห้งแล้งประกอบด้วยพื้นที่ป่าไม้เบญจพรรณสลับกับพื้นที่เกษตรกรรมและพื้นที่ลุ่มน้ำ โดยข้อมูลจากกลุ่มสารสนเทศและข้อมูลสถิติ ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร กรมปศุสัตว์ ปี พ.ศ. 2565 พบว่าในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี มีการเลี้ยงสัตว์เคี้ยวเอื้องรวมทั้งสิ้น 699,998 ตัว ซึ่งนับได้ว่าเป็นพื้นที่ที่มีการเลี้ยงสัตว์เคี้ยงเอื้องมากที่สุดในภาคตะวันตกของประเทศไทย ดังนั้นการวิจัยครั้งนี้ จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความชุกและปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565

เพื่อใช้เป็นฐานข้อมูลสำหรับประกอบการวินิจฉัยโรค การเฝ้าระวัง การควบคุมและป้องกันการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี รวมทั้งเพื่อใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานสำหรับการศึกษาวิจัยเกี่ยวกับพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ต่อไปในอนาคต

อุปกรณ์และวิธีการ

การออกแบบการวิจัย

การวิจัยนี้ออกแบบเป็นการศึกษาย้อนหลังเชิงพรรณนาภาคตัดขวาง (retrospective cross-sectional descriptive study) โดยการเก็บข้อมูลจากเวชระเบียน (retrospective chart review) ข้อมูลการป่วยจากแบบประวัติสัตว์ป่วย (medical record) และข้อมูลจากรายงานผลการตรวจทางห้องปฏิบัติการ (laboratory result report) ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2561-2565 จากนั้นจึงทำการกำหนดตัวแปรและแปลงข้อมูลเชิงคุณภาพ (recode) ซึ่งได้แก่ ข้อมูลปัจจัยต่าง ๆ ข้อมูลอาการป่วย แล้วจึงทำการวิเคราะห์ทางสถิติ

จริยธรรมการใช้สัตว์เพื่องานทางวิทยาศาสตร์

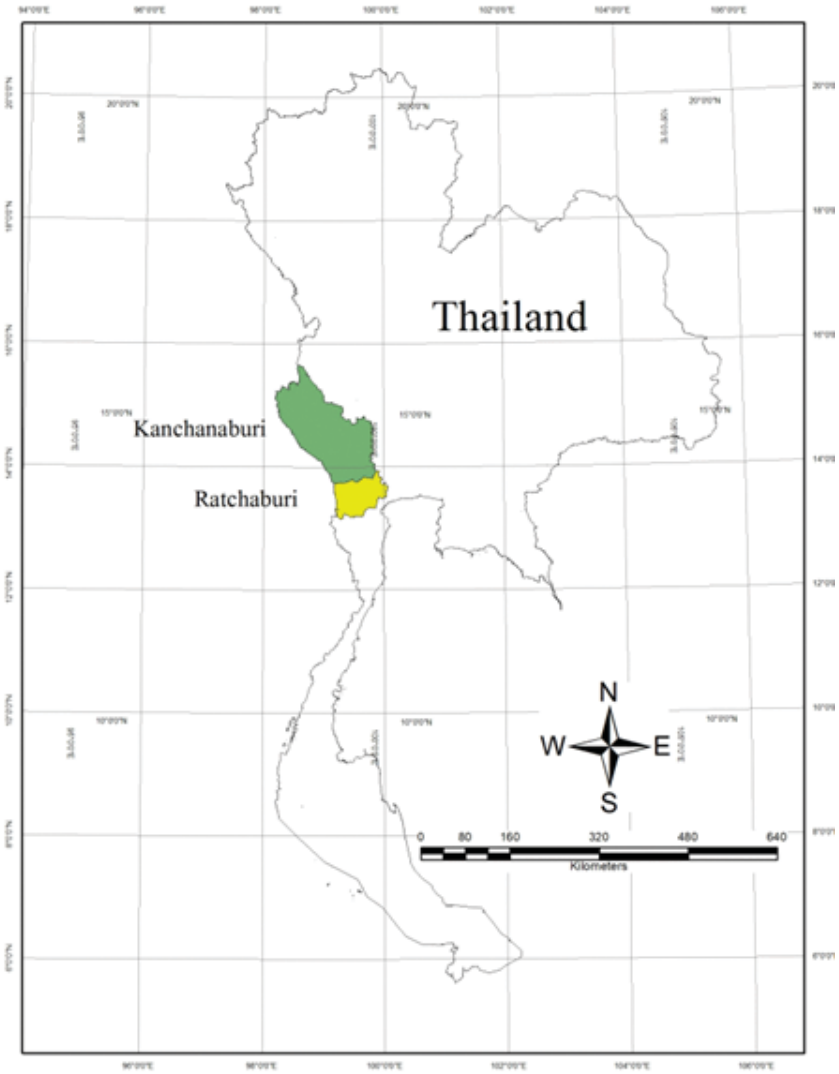
การวิจัยนี้ได้รับการยกเว้นไม่ต้องยื่นโครงการเพื่อขอรับการพิจารณาจากคณะกรรมการกำกับดูแลการดำเนินการต่อสัตว์เพื่องานทางวิทยาศาสตร์ (ค.ก.ส) ตามข้อ 4 ในประกาศมหาวิทยาลัยมหิดล เรื่อง แนวปฏิบัติการดำเนินการต่อสัตว์เพื่องานทางวิทยาศาสตร์ พ.ศ. 2567 โดยผู้วิจัยได้รับการอนุญาตให้ใช้ฐานข้อมูลทุติยภูมิ (secondary data) จากโรงพยาบาลปศุสัตว์และสัตว์ป่า ปศุปาลัน คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล ตามหนังสือเลขที่ อว 78.135/ 00141 ลงวันที่ 4 เมษายน พ.ศ. 2566

กลุ่มประชากร และตัวอย่าง

ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565 โรงพยาบาลปศุสัตว์และสัตว์ป่า ปศุปาลัน คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล ได้ทำการตรวจและรักษาสัตว์เคี้ยงเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี (ภาพที่ 1) จำนวนทั้งสิ้น 10,241 ตัว มีจำนวนสัตว์เคี้ยวเอื้องที่มีอาการเข้าข่ายติดพยาธิภายในทางเดินอาหาร อาทิเช่น ถ่ายเหลว เยื่อเมือกซีด มีความผิดปกติในระบบสืบพันธุ์ มีความผิดปกติในระบบทางเดินหายใจ เป็นต้น รวมถึงสัตว์ที่เข้ารับการตรวจสุขภาพทั่วไป โดยการเก็บตัวอย่างมูลสัตว์จากทวารหนัก (per rectum) จำนวน 851 ตัว ดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1 แสดงจำนวนตัวอย่างส่งตรวจพยาธิภายในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565

	พ.ศ. 2561	พ.ศ. 2562	พ.ศ. 2563	พ.ศ. 2564	พ.ศ. 2565	รวม
จำนวนสัตว์เคี้ยวเอื้องที่เข้าทำการตรวจรักษา	3,291	2,587	948	2,083	1,332	10,241
จำนวนตรวจพยาธิภายในทางเดินอาหาร	145	204	239	178	85	851
ร้อยละตรวจพยาธิภายในทางเดินอาหาร	4.40	7.88	25.21	8.54	6.38	8.30



ภาพที่ 1 แสดงพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรี (สีเขียว) และราชบุรี (สีเหลือง)

วิธีการวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการ

ตัวอย่างมูลสัตว์ที่ได้จากการเก็บทางทวารหนักจำนวน 10 กรัม จะได้รับการตรวจวินิจฉัยไข่พยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารด้วยวิธี simple flotation โดยใช้น้ำเกลืออิ่มตัว (saturated saline) ที่มีความถ่วงจำเพาะ 1.2 (นงนุช ภิญโญภานุวัฒน์ 2545) และวิธี simple sedimentation (นงนุช ภิญโญภานุวัฒน์ 2545) จากนั้นจึงตรวจหาไข่พยาธิด้วยกล้องจุลทรรศน์ชนิดแสงสว่าง ที่กำลังขยาย 100 และ 400 เท่า ตามลำดับ โดยไข่พยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle มีรูปร่างเป็นวงรี (oval shape) มีลักษณะเปลือกไข่บาง ไม่มีสี ผิวเรียบ ภายในไข่ประกอบด้วย segmented embryonic cell จำนวน 8 - 32 เซลล์ ดังภาพที่ 2

ภาพที่ 2 แสดงลักษณะไข่พยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้อง (กำลังขยาย 400 เท่า) ถ่ายภาพโดยกล้องจุลทรรศน์ชนิดแสงสว่างยี่ห้อ Nikon รุ่น ECLIPSE Ci, กล้องถ่ายภาพยี่ห้อ Nikon DS-Fi2

วิธีการวิเคราะห์ทางสถิติ

ข้อมูลที่ได้จากการวิจัยนี้จะถูกวิเคราะห์โดยใช้สถิติเชิงพรรณนา เช่น ความถี่ ร้อยละ และทดสอบความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยด้วยสถิติ Chi - square test (χ^2) โดยกำหนดค่านัยสำคัญทางสถิติที่ $P = 0.05$

ผลการวิจัย

พบความชุกโดยรวมของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565 เท่ากับร้อยละ 60.28 (513/851) โดยในปี พ.ศ. 2561 มีความชุกเท่ากับร้อยละ 70.34 (102/145) ปี พ.ศ. 2562 มีความชุกเท่ากับร้อยละ 56.37 (115/204) ปี พ.ศ. 2563 มีความชุกเท่ากับร้อยละ 48.54 (116/239) ปี พ.ศ. 2564 มีความชุกเท่ากับร้อยละ 72.56 (119/164) และปี พ.ศ. 2565 มีความชุกเท่ากับร้อยละ 77.22 (61/79) ตามลำดับ ดังตารางที่ 2

ตารางที่ 2 แสดงจำนวนและร้อยละการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565

	จำนวนตัวอย่าง (ตัว)	จำนวนผลบวก (ตัว)	จำนวนผลลบ (ตัว)	ร้อยละผลบวก	95% CI
พ.ศ. 2561	145	102	43	70.34	62.20-77.63
พ.ศ. 2562	204	115	89	56.37	49.27-63.28
พ.ศ. 2563	239	116	123	48.54	42.04-55.06
พ.ศ. 2564	164	119	45	72.56	65.05-79.22
พ.ศ. 2565	79	61	18	77.22	66.40-85.90
รวมทั้งหมด	851	513	338	60.28	56.90-63.58

พบความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะมากที่สุดร้อยละ 71.08 (349/491) ดังตารางที่ 3 ลำดับต่อมาคือ ความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแกะและโคเนื้อ โดยพบความชุกที่ใกล้เคียงกันคือ ร้อยละ 48.78 (80/164) และร้อยละ 48.67 (73/150) ตามลำดับ และพบความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle น้อยที่สุดในกระบือร้อยละ 7.14 (1/14) สำหรับการศึกษาปัจจัยของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565 ซึ่งประกอบไปด้วยปัจจัยตัวสัตว์ เช่น ชนิดสัตว์ เพศ พันธุ์ อายุ ปัจจัยทางด้านสุขภาพสัตว์ เช่น อาการป่วย ภาวะโลหิตจาง ปัจจัยทางด้านการจัดการและสภาพแวดล้อม เช่น สภาพการเลี้ยง ถ่ายพยาธิ ฤดูกาล ให้ผลการศึกษาดังตารางที่ 3

ตารางที่ 3 แสดงปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565

ปัจจัย		จำนวน (ตัว)	ผลบวก (ตัว)	ร้อยละผลบวก	95% CI	χ^2	*P*
ชนิดสัตว์	โคเนื้อ	150	73	48.67	40.43-56.95	69.198	0.00*
	โคนม	32	10	31.25	16.11-50.00		
	แพะ	491	349	71.08	66.84-75.05		
	แกะ	164	80	48.78	40.90-56.69		
	กระบือ	14	1	7.14	0.18-33.86		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		
เพศ	ตัวผู้	66	44	66.67	53.98-77.79	1.218	0.27
	ตัวเมีย	785	469	59.75	56.21-63.19		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		
พันธุ์	พันธุ์แท้	95	61	64.21	53.72-73.78	0.689	0.41
	พันธุ์ผสม	756	452	59.79	56.19-63.30		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		

ตารางที่ 3 แสดงปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี ระหว่างปี พ.ศ. 2561-2565 (ต่อ)

ปัจจัย		จำนวน (ตัว)	ผลบวก (ตัว)	ร้อยละผลบวก	95% CI	χ^2	*P*
อายุ	น้อยกว่า 1 ปี	14	6	42.86	17.66-71.13	1.805	0.18
	เท่ากับหรือมากกว่า 1 ปี	837	507	60.57	57.17-63.90		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		
อาการป่วย	ไม่แสดงอาการ	808	481	59.53	56.05-62.93	5.750	0.22
	ถ่ายเหลว	27	18	66.67	46.03-83.48		
	ระบบสืบพันธุ์	1	1	100.00	2.50-100.00		
	ระบบทางเดินหายใจ	1	1	100.00	2.50-100.00		
	เยื่อเมือกซีด	14	12	85.71	57.18-98.22		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		
โลหิตจาง	ค่า Packed cell volume < 24 %	18	14	77.78	52.36-53.59	1.797	0.18
	ค่า Packed cell volume ≥ 24 %	37	22	59.46	42.09-75.24		
	รวมทั้งหมด	55	36	65.45	51.41-77.76		
การเลี้ยง	ปล่อยฝูง (grazing farming)	724	462	63.81	60.19-67.31	25.251	0.00*
	ขังคอก (housing farming)	127	51	40.16	31.56-49.22		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		
ถ่ายพยาธิ	ถ่ายพยาธิ	806	492	61.04	57.57-64.42	3.679	0.06
	ไม่ถ่ายพยาธิ	45	21	46.67	31.66-62.12		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		
ฤดูกาล	ร้อน (มีนาคม-มิถุนายน)	135	79	58.52	49.72-66.92	0.593	0.74
	ฝน (กรกฎาคม-ตุลาคม)	502	308	61.35	56.93-65.63		
	หนาว (พฤศจิกายน-กุมภาพันธ์)	214	126	58.88	51.96-65.54		
	รวมทั้งหมด	851	513	60.28	56.90-63.58		

*มีนัยสำคัญทางสถิติที่ $P = 0.05$

อภิปรายผลการวิจัย

ในการวิจัยนี้พบความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในสัตวเคี้ยวเอื้อง 5 ชนิด คือ โคเนื้อ (ร้อยละ 48.67) โคนม (ร้อยละ 31.25) แพะ (ร้อยละ 71.08) แกะ (ร้อยละ 48.78) และกระบือ (ร้อยละ7.14) โดยพบความชุกโดยรวมเท่ากับร้อยละ 60.28 ซึ่งนับว่ามีความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในระดับสูง โดยเฉพาะความชุกของการติดพยาธิในแพะที่พบความชุกสูงถึงร้อยละ 71.08 เมื่อเปรียบเทียบกับรายงานความชุกของการติดพยาธิในแพะพื้นที่ภูมิภาคตะวันตกของประเทศไทย พบว่าความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะจากการวิจัยนี้ ใกล้เคียงกับรายงานของ Ratanapob et al. (2012) ที่พบความชุกของ

การติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ร้อยละ 79.47 ในแพะพื้นที่จังหวัดนครปฐม แต่มากกว่ารายงานความชุกของ Wongsawang et al. (2020) ที่รายงานความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะเนื้อร้อยละ 59.89 ในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรี มากกว่ารายงานของ Junsiri et al. (2021) ที่รายงานความชุกร้อยละ 57.77 ในแพะพื้นที่จังหวัดราชบุรี อย่างไรก็ตาม รายงานความชุกในพื้นที่จังหวัดต่าง ๆ เป็นการรายงานโดยใช้การตรวจหาไข่พยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ผ่านกล้องจุลทรรศน์ มีรายงานความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะโดยใช้เทคนิคทางอณูชีวิทยาที่พบความชุกในอัตราที่สูงถึงร้อยละ 86.3 ในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรี (Income et al., 2021) ดังนั้น ความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแพะอาจสูงกว่าการวิจัยนี้ เมื่อมีการสำรวจความชุกด้วยเทคนิคดังกล่าว นอกจากนี้เมื่อนำความชุกของการติดพยาธิในแพะจากการวิจัยนี้เปรียบเทียบกับภูมิภาคอื่นของประเทศไทย พบว่าใกล้เคียงกับรายงานของ Wuthijaree et al. (2022) ที่พบความชุกร้อยละ 76.8 ที่จังหวัดพิษณุโลก ใกล้เคียงกับรายงานของ Kaewnoi et al. (2024) ที่รายงานความชุกของพยาธิกลุ่ม strongylid egg type ร้อยละ 79.32 ในแพะเนื้อในพื้นที่ภาคใต้ของประเทศไทย แต่มากกว่ารายงานของ Wongrak et al. (2023); Khumpool 2015 และ Rerkyusuke et al. (2024) ที่พบความชุกร้อยละ 64.24, 40.6 และ 55.67 ในพื้นที่จังหวัดชัยนาท ในพื้นที่เขตหนองจอก กรุงเทพมหานคร และในพื้นที่จังหวัดขอนแก่น ตามลำดับ การที่ยังพบความชุกของการติดพยาธิของแพะในพื้นที่ในระดับสูง แสดงให้เห็นว่าการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ยังเป็นสิ่งพบได้เสมอและยังคงเป็นอุปสรรคที่สำคัญต่อการเลี้ยงแพะของเกษตรกรในพื้นที่ นอกจากนี้ มีรายงานของเสาวลักษณ์และรัตนีย์ (2563) และ Chan et al. (2025) ที่พบว่าพยาธิตัวกลมในทางเดินอาหารของแพะในพื้นที่จังหวัดราชบุรี มีการดื้อยา albendazole ivermectin และ levamisole ค่อนข้างสูง ซึ่งอาจเป็นหนึ่งในปัจจัยที่ทำให้ยังพบความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในระดับสูงในพื้นที่ดังกล่าว ในการวิจัยนี้พบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแกะพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี เท่ากับร้อยละ 48.78 น้อยกว่าความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ที่พบในแพะ แต่มีความชุกใกล้เคียงกับความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ที่พบในโคเนื้อ (ร้อยละ 48.67) สำหรับในประเทศไทยนั้น การศึกษาความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแกะยังมีจำนวนการศึกษาน้อย ทำให้ไม่สามารถเปรียบเทียบความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ของแกะในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทยได้ แต่พบว่าผลการศึกษานี้มีความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle น้อยกว่าความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในแกะของประเทศมาเลเซีย ที่รายงานความชุกสูงถึงร้อยละ 81.7 (Dorny et al., 1995) สำหรับความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในสัตว์เคี้ยวเอื้องชนิดอื่น ๆ นั้น พบความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในโคเนื้อเท่ากับร้อยละ 48.67 น้อยกว่าการศึกษาของ Wongsawang et al. (2014) ที่พบความชุกร้อยละ 71.84 ในพื้นที่อำเภอไทรโยค กาญจนบุรี น้อยกว่าการศึกษาของสิริกาญดาและคณะ (2562) ที่พบความชุกร้อยละ 85.55 ในพื้นที่อำเภอเมืองกาฬสินธุ์ แต่มากกว่าการศึกษาของ Yuwajita et al. (2014); Kaewthamasorn and Wongsamee (2006) และ Income et al. (2021) ที่พบความชุกเพียงร้อยละ 10.76, 27.00 และ 28.7 ในพื้นที่จังหวัดอุดรธานี ในพื้นที่จังหวัดน่านและในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรี ตามลำดับ ในการวิจัยนี้พบความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในโคนมเท่ากับร้อยละ 31.25 มากกว่าการศึกษาของ Jittapalapong et al. (2011) ที่พบความชุกพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle เพียงร้อยละ 6.07 จากการสำรวจความชุกของการติดพยาธิภายในทางเดินอาหารของโคนมในประเทศไทย

ในการวิจัยนี้ ศึกษาปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ของสัตว์เคี้ยวเอื้อง ประกอบด้วยปัจจัยจากตัวสัตว์ อาทิเช่น ชนิดสัตว์ เพศ พันธุ์ อายุ ปัจจัยสุขภาพของสัตว์ เช่น อาการป่วย ภาวะโลหิตจาง และปัจจัยจากการจัดการฟาร์มและสิ่งแวดล้อม เช่น สภาพการเลี้ยง การถ่ายพยาธิ ฤดูกาล เป็นต้น โดยพบว่าปัจจัยชนิดของสัตว์เคี้ยวเอื้องมีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติต่อการ

ติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle (χ^2= 69.198, $P < 0.01$) โดยแพะมีการติดพยาธิมากกว่าสัตว์เคี้ยวเอื้องชนิดอื่น ๆ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Income et al. (2021) ที่พบว่าแพะเนื้อมีแนวโน้มจะติดพยาธิมากกว่าแพะนมถึง 9.3 เท่า รวมทั้งการศึกษาของ Ratanapob et al. (2012) ที่พบว่าแพะเนื้อมีโอกาสติดเชื้อพยาธิตัวกลมมากกว่าแพะนมถึง 8.75 เท่า อย่างไรก็ตามเนื่องจากการวิจัยนี้ไม่ได้แยกชนิดของแพะว่าเป็นแพะเนื้อหรือแพะนม จึงควรทำการศึกษาวิจัยเกี่ยวกับชนิดสัตว์เคี้ยวเอื้องที่อาจส่งต่อความชุกของการติดพยาธิตัวกลมต่อไปในอนาคต สำหรับปัจจัยเพศ พันธุ์ อายุของสัตว์เคี้ยวเอื้องต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle นั้นพบว่าไม่มีสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Wuthijaree et al. (2022) และ Wongsawang et al. (2020) ที่พบว่าปัจจัยเรื่องเพศไม่มีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิภายในของแพะ สำหรับปัจจัยจากสุขภาพของสัตว์เคี้ยวเอื้อง เช่น ภาวะโลหิตจาง (ค่า packed cell volume ต่ำกว่า 24%) จากการศึกษานี้ไม่พบว่ามีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ของสัตว์เคี้ยวเอื้อง ซึ่งแตกต่างจากการศึกษาของ Rerkyusuke et al. (2024) ที่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติของค่า packed cell volume ที่มีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิภายในทางเดินอาหารของแพะเนื้อ โดยทั่วไปการติดพยาธิตัวกลมเป็นจำนวนมากในทางเดินอาหารจะทำให้จำนวนเม็ดเลือดแดงและปริมาณโปรตีนในเลือดลดลง ซึ่งอาจทำให้เกิดภาวะโลหิตจางจากการถูกดูดเลือดได้ (Taylor et al., 2007) แต่เนื่องจากข้อจำกัดของข้อมูลของการวิจัยนี้ที่เป็นข้อมูลในระดับทุติยภูมิ (secondary data) จึงควรมีการศึกษาวิจัยในประเด็นนี้ต่อไปในอนาคต นอกจากนี้ในการศึกษานี้ยังไม่พบความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติระหว่างสัตว์เคี้ยวเอื้องที่แสดงอาการป่วย (ถ่ายเหลว เยื่อเมือกซีด มีความผิดปกติในระบบสืบพันธุ์ และระบบทางเดินหายใจ) กับสัตว์เคี้ยวเอื้องที่ไม่แสดงอาการป่วย (ตรวจสุขภาพทั่วไป) สำหรับการศึกษาปัจจัยจากการจัดการฟาร์มและสิ่งแวดล้อม พบว่าปัจจัยสภาพการเลี้ยงสัตว์เคี้ยวเอื้องมีความสัมพันธ์ต่อการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ของสัตว์เคี้ยวเอื้องอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (χ^2 = 25.251, $P < 0.01$) สอดคล้องกับการศึกษาของ Wongsawang et al. (2020) ที่พบว่าการเลี้ยงแพะแบบปล่อยฝูงมีโอกาสติดพยาธิภายในทางเดินอาหารมากกว่าการเลี้ยงแบบยืนโรงถึง 7.31 เท่า สอดคล้องกับการศึกษาของ Ratanapob et al. (2012) ที่พบว่าแพะที่เลี้ยงปล่อยในแปลงหญ้ามีโอกาสติดพยาธิมากกว่าแพะที่เลี้ยงในคอกถึง 6.31 เท่า เนื่องมาจากสัตว์อาจกินตัวอ่อน (larvae) ระยะติดต่อ จากการปล่อยให้แทะเล็มหญ้าในแปลงหญ้าโดยตรง (Wongrak et al., 2023) จากนั้นจึงเข้าสู่วงจรการติดพยาธิโดยสมบูรณ์ในตัวสัตว์ และจะผลิตไข่หลังจากการติดพยาธิใน 14 วัน (Taylor et al., 2007) เมื่อสัตว์ถูกปล่อยลงสู่แปลงหญ้าอีกครั้งจะถ่ายมูลออกมาพร้อมกับไข่พยาธิลงในแปลงหญ้า และพัฒนากลายเป็นตัวอ่อนในระยะติดต่อต่อไป ดังนั้นการจัดการฟาร์มโดยการปล่อยสัตว์ลงสู่แปลงหญ้าทีละแปลงสลับกันอาจเป็นแนวทางหนึ่งในการป้องกันการติดพยาธิในสัตว์จากการเลี้ยงแบบปล่อยฝูงในแปลงหญ้า

การที่ยังพบความชุกของพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในทางเดินอาหารในอัตราที่สูง โดยเฉพาะในแพะ แกะ และโคเนื้อ ในพื้นที่จังหวัดกาญจนบุรีและราชบุรี แสดงให้เห็นถึงการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ที่ยังพบได้เสมอในสัตว์เคี้ยวเอื้อง ทั้งที่มีการให้ความรู้ทางด้านการจัดการฟาร์มจากภาครัฐอย่างต่อเนื่อง โดยเฉพาะลักษณะของสภาพการเลี้ยงสัตว์เคี้ยวเอื้องที่เกษตรกรยังคงนิยมการเลี้ยงแบบปล่อยฝูงมากกว่าเลี้ยงแบบขังคอก ซึ่งเป็นปัจจัยสำคัญที่มีความสัมพันธ์ต่อความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในสัตว์เคี้ยวเอื้อง ดังนั้นการสำรวจความชุกและติดตามการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle อย่างต่อเนื่องและสม่ำเสมอ การศึกษาปัจจัยที่มีความสัมพันธ์ต่อความชุกของการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ในสัตว์เคี้ยวเอื้องเพิ่มเติม จึงมีความสำคัญอย่างยิ่งในการเฝ้าระวังโรค ควบคุมและป้องกันการติดพยาธิตัวกลมกลุ่ม strongyle ของสัตว์เคี้ยวเอื้องในพื้นที่

กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบคุณ รศ.ดร.สพ.ญ.สุกัญญา มณีอินทร์ รักษาการแทนผู้อำนวยการโรงพยาบาลปศุสัตว์และสัตว์ป่าปศุปาลัน สำหรับการอนุมัติให้ทำการวิจัย ขอขอบคุณ น.สพ.บพิธ ปุยะติ นายสัตวแพทย์ชำนาญการพิเศษ สำนักงานปศุสัตว์อำเภอเมือง จังหวัดบุรีรัมย์ สำหรับคำแนะนำทางสถิติ ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่หน่วยเวชระเบียน เจ้าหน้าที่หน่วยวินิจฉัยทางห้องปฏิบัติการ โรงพยาบาลปศุสัตว์และสัตว์ป่าปศุปาลัน สำหรับการอำนวยความสะดวกในการเก็บข้อมูลในการทำการวิจัยนี้

เอกสารอ้างอิง

นงนุช ภิญโญภานุวัฒน์. เทคนิคการตรวจไข่พยาธิ. เอกสารประกอบการเรียน ปฏิบัติการปาราสิตวิทยาคลินิค (520353). โครงการตำรา คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์; 2545. หน้า 21-8 .

สิริกาญดา ธนาสุวรรณ, สุภาวดี ปีระเต, อนุพงษ์ ทานกระโทก, สมจิตร์ กันธาพรม, ศราวุธ ดวงมะวงศ์. ความชุกของการติดพยาธิภายในทางเดินอาหารของโค อำเภอเมือง จังหวัดกาฬสินธุ์. วารสารแก่นเกษตร. 2562;47(6): 1151-62.

เสาวลักษณ์ พาด้วง, รัตนีย์ ทองทา. การศึกษาการดื้อยาถ่ายพยาธิของพยาธิตัวกลมในระบบทางเดินอาหารของแพะในจังหวัดราชบุรี. วารสารสัตวแพทย์. 2563;30(1):1-10.

_____. จำนวนเกษตรกรผู้เลี้ยงสัตว์และปศุสัตว์ รายจังหวัด ปี 2565. กลุ่มสารสนเทศและข้อมูลสถิติ ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร กรมปศุสัตว์ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 2565.

Chan AHE, Kaenkaew C, Pakdee W, Sungpradit S, Thaenkham U. Emergence of dual drug-resistant strongylids in goats: first phenotypic and genotypic evidence from Ratchaburi Province, central Thailand. BMC Vet Res. 2025;21(1):245.

Dorny P, Symoens C, Jalila A, Vercruysse J, Sani R. Strongyle infections in sheep and goats under the traditional husbandry system in peninsular Malaysia. Vet Parasitol. 1995;56(1-3):121-36.

Income N, Tongshoob J, Taksinoros S, Adisakwattana P, Rotejanaprasert C, Maneekan P, et al. Helminth infections in cattle and goats in Kanchanaburi, Thailand, with focus on strongyle nematode infections. Vet Sci. 2021;8(12):324.

Jittapalapong S, Sangwaranond A, Nimsuphan B, Inpankaew T, Phasuk C, Pinyopanuwat N, et al. Prevalence of gastro-Intestinal parasites of dairy cows in Thailand. Kasetsart J (Nat Sci). 2011; 45:40-5.

Junsiri W, Tapo P, Chawengkirttikul R, Watthanadirek A, Poolsawat N, Minsakorn S, et al. The occurrence of gastrointestinal parasitic infections of goats in Ratchaburi, Thailand. Thai J Vet Med. 2021;51(1): 151-60.

Kaewnoi D, Kaewmanee S, Wiriyaprom R, Prachantasena S, Pitaksakulrat O, Ngasaman R. Prevalence of zoonotic intestinal parasites in meat goats in southern Thailand. Vector Borne Zoonotic Dis. 2024;24(2):111-7.

Kaewthamasorn M, Wongsamee S. A preliminary survey of gastrointestinal and haemoparasites of beef cattle in the tropical livestock farming system in Nan province, northern Thailand. Parasitol Res. 2006;99:306-8.

Grisada Khumpool. Prevalence of gastrointestinal parasitic infections of goats in Nongchok district, Bangkok checked by modified formalin-ether sedimentation and McMaster technique. J. Mahanakorn Vet. Med. 2015;10(1):49-58.

Rerkyusuke S, Lerk-U-Suke S, Mektrirat R, Wiratsudakul A, Kanjampa P, Chaimongkol S, et al. Prevalence and associated risk factors of gastrointestinal parasite infections among meat goats in Khon Kaen Thailand. Vet Med Int. 2024:3267028.

Ratanapob N, Arunvipas P, Kasemsuwan S, Phimpraphai W, Panneum S. Prevalence and risk factors for intestinal parasites infection in goat raised in Nakhon Pathom province Thailand. Trop Anim Health Prod. 2012;44:741-5.

Taylor A, Coop R L, Wall R L. Parasites of sheep and goat. 2007. In Veterinary Parasitology (3rd ed.). Oxford: Blackwell Publishing. pp: 398-585.

Wongrak K, Bunpook P, Numhom R, Baingen N. Prevalence of gastrointestinal nematodes in goats in Chainat province. J Mahanakorn Vet Med. 2023; 18(1):137-45.

Wongsawang W, Sanyutitham S, Nakthong C. The survey of gastro-intestinal parasites in beef, Sai-Yok district, Kanchanaburi province. J Appl Anim Sci. 2015;7(1): 1-10.

Wongsawang W, Sanyuttitham S, Lanamteing Y, Keawsa-ard T, Jiemtaweeboon S. Prevalence and factors associated of gastrointestinal parasitic infection in meat goats. J. Mahanakorn Vet. Med. 2020;15(2): 93-102.

Wuthijaree K, Tatsapong P, Lambertz C. The prevalence of intestinal parasites infections in goats from smallholder farms in northern Thailand. Helminthologia. 2022;59(1):64-73.

Yuwajita C, Pruangka S, Sukwong T. Prevalence of gastro-intestinal parasites of cattle in Udon Thani, Thailand. Khon Kaen Agr J. 2014;42(Suppl 4): 20-4.

Research Article

Molecular Detection and Phylogenetic Analysis of Tick-Borne Pathogens in Goats in Kanchanaburi, Khon Kaen, and Chaiyaphum, Thailand

Pisiththa Promkhan[1] Praewa Leelakajornkiat[1] Warissara Janjaroen[1]
Ruenruetai Udonsom[2] Aongart Mahittikorn[2] Charoonluk Jirapattharasate[3*]

[1]Sixth year student, Faculty of Veterinary Science, Mahidol University, 999 Phutthamonthon Sai 4 Road Salaya, Phutthamonthon Nakhon Pathom, 73170 Thailand
[2]Department of Protozoology, Faculty of Tropical Medicine, Mahidol University, Bangkok 10400, Thailand
[3]Department of Pre-Clinic and Applied Animal Science, Faculty of Veterinary Science, Mahidol University, 999 Phutthamonthon Sai 4 Road Salaya, Phutthamonthon Nakhon Pathom, 73170 Thailand

[*]Corresponding author, E-mail address: charoonluk.jir@mahidol.ac.th

Received: 11 April 2025; Revised: 21 May 2025; Accepted: 22 May 2025

Abstract

Tick-borne pathogens (TBPs) are a major health concern for small ruminants, leading to economic losses through reduced productivity and increased mortality. This study aimed to investigate the presence and genetic characteristics of TBPs in goats from three provinces in Thailand: Kanchanaburi, Khon Kaen, and Chaiyaphum, using PCR-based molecular methods. A total of 258 goat blood samples were tested for *Theileria* spp., *Theileria ovis, Theileria orientalis, Babesia ovis, Anaplasma ovis,* and *Anaplasma marginale.* Only *Theileria* spp. (8/258; 3.10%) were detected, while the other pathogens were not found. Positive samples were sequenced, and phylogenetic analysis of 18S rRNA gene fragments revealed that the isolates clustered with *Theileria luwenshuni* previously reported from Thailand, China, and Myanmar. These findings confirm the presence of *T. luwenshuni* in goats in these regions and provide insights into its genetic relatedness to regional strains. Continued surveillance and molecular monitoring are recommended to better understand the epidemiology of TBPs in Thailand's goat population.

Keywords: Tick-borne pathogens, *Theileria luwenshuni*, Goats, Molecular detection, Phylogenetic analysis, Thailand

การตรวจวิเคราะห์ทางโมเลกุลและการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของเชื้อก่อโรคที่นำโดยเห็บจากตัวอย่างเลือดแพะในจังหวัดกาญจนบุรี ขอนแก่น และชัยภูมิ ประเทศไทย

พิสิฏฐา พรหมขันธ์[1] แพรวา ลีละขจรเกียรติ[1] วริศรา จันทร์เจริญ[1]
รื่นฤทัย อุดรโสม[2] องอาจ มหิทธิกร[2] จารุญลักษณ์ จิรภัทรเศรษฐ์[3*]

[1]นักศึกษาชั้นปีที่ 6 คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
999 ถนนพุทธมณฑลสาย 4 ตำบลศาลายา อำเภอพุทธมณฑล จังหวัดนครปฐม 73170 ประเทศไทย
[2]ภาควิชาพยาธิโปรโตซัว คณะเวชศาสตร์เขตร้อน มหาวิทยาลัยมหิดล
420/6 ถนนราชวิถี แขวงทุ่งพญาไท เขตราชเทวี กรุงเทพมหานคร 10400 ประเทศไทย
[3]ภาควิชาปรีคลินิกและสัตวศาสตร์ประยุกต์ คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
999 ถนนพุทธมณฑลสาย 4 ตำบลศาลายา อำเภอพุทธมณฑล จังหวัดนครปฐม 73170 ประเทศไทย

[*]ผู้รับผิดชอบบทความ E-mail address: charoonluk.jir@mahidol.ac.th

Received: 11 April 2025; Revised: 21 May 2025; Accepted: 22 May 2025

บทคัดย่อ

เชื้อก่อโรคจากเห็บ (Tick-borne pathogens: TBPs) เป็นปัญหาสำคัญที่ส่งผลกระทบต่อสุขภาพของสัตว์เคี้ยวเอื้องขนาดเล็ก และก่อให้เกิดความเสียหายทางเศรษฐกิจจากผลผลิตที่ลดลงและอัตราการตายที่เพิ่มขึ้น งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาการติดเชื้อและความหลากหลายทางพันธุกรรมของ TBPs ในแพะจาก 3 จังหวัดของประเทศไทย ได้แก่ กาญจนบุรี ขอนแก่น และชัยภูมิ โดยใช้เทคนิค PCR ตรวจหาเชื้อ *Theileria* spp., *Theileria ovis, Theileria orientalis, Babesia ovis, Anaplasma ovis* และ *Anaplasma marginale* ในตัวอย่างเลือดแพะจำนวน 258 ตัวอย่าง พบเฉพาะเชื้อ *Theileria* spp. (8/258; ร้อยละ 3.10) เท่านั้นที่ให้ผลบวก โดยเชื้อที่ตรวจพบได้ถูกนำมาหาลำดับเบส และผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการบริเวณยีน 18S rRNA และพบว่าเชื้อจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับ *Theileria luwenshuni* ที่เคยมีรายงานจากประเทศไทย จีน และเมียนมา ผลการศึกษานี้แสดงให้เห็นถึงการมีอยู่ของ *T. luwenshuni* ในแพะในพื้นที่ศึกษา และแสดงให้เห็นถึงความเกี่ยวข้องทางพันธุกรรมกับสายพันธุ์ในภูมิภาค จึงควรมีการเฝ้าระวังและติดตามทางโมเลกุลอย่างต่อเนื่อง เพื่อเข้าใจระบาดวิทยาของเชื้อ TBPs ในประชากรแพะของประเทศไทยให้ดียิ่งขึ้น

คำสำคัญ : เชื้อก่อโรคที่นำโดยเห็บ, *Theileria luwenshuni*, แพะ, การตรวจวินิจฉัยระดับโมเลกุล, การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ, ประเทศไทย

Introduction

Tick-borne pathogens (TBPs) cause diseases in livestock that result in substantial economic losses due to reduced productivity, increased mortality, and the cost of veterinary care (Alessandra and Santo 2012). These pathogens include protozoa (*Babesia* spp. and *Theileria* spp.) and bacteria (*Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., and *Rickettsia* spp.).

Babesia ovis and *Babesia motasi* are the main species of the genus *Babesia* responsible for babesiosis in sheep and goats. *B. ovis* is highly pathogenic, resulting in acute hemolytic anemia, fever, hemoglobinuria, jaundice, and mortality. *B. motasi*, although generally less pathogenic than *B. ovis*, can still cause notable morbidity and production losses, particularly under conditions of stress or immunosuppression (Ijaz et al., 2013). Theileriosis, caused by various species of *Theileria*, is a significant protozoan disease affecting sheep and goats, particularly in tropical and subtropical regions. *Theileria lestoquardi, Theileria uilenbergi,* and *Theileria luwenshuni* are highly pathogenic and associated with severe clinical signs (Islam et al., 2021). In contrast, *Theileria recondite*, *Theileria separate*, and *Theileria ovis*, generally cause benign theileriosis (Yin et al., 2004). However, they can still lead to production losses under stressful conditions or in immunocompromised animals.

Among bacterial pathogens, *Anaplasma phagocytophilum* and *Anaplasma ovis* are significant contributors to tick-borne diseases in small ruminants (Yousefi et al., 2017). *A. ovis* is primarily responsible for ovine anaplasmosis, a disease characterized by fever, progressive anemia, jaundice, weight loss, and reduced productivity. The infections of *A. ovis* are often asymptomatic and can be more severe in goats than in sheep, particularly in stressed or weak animals (Mason et al., 2017).

Goats are an important part of Thailand's agricultural economy, especially in rural areas where they expose to many vector-borne diseases transmitted by arthropods, including ticks and hematophagous insects. The occurrence of TBPs has been investigated in various regions of Thailand. Although earlier studies focused largely on cattle and buffalo (Altangerel et al., 2011; Jirapattharsate et al., 2016; Jirapattharsate et al., 2017), recent reports have also documented TBPs in goats, including molecular detection of *Theileria*, *Babesia*, and *Anaplasma* species in Thailand (Aung et al., 2022; Udonsom et al., 2022; Aung et al., 2024) However, data remain limited in several parts of the country, particularly in central and lower northeastern Thailand, warranting further investigation. This study aimed to investigate the presence of tick-borne pathogens in goats from three provinces in Thailand-Kanchanaburi, Khon Kaen, and Chaiyaphum-using PCR-based molecular detection methods. These provinces were selected due to their significance as major goat-rearing regions, their documented exposure to tick infestations, and their representation of different agro-ecological zones across central, northeastern, and western Thailand. The targeted pathogens included *Theileria* spp., *T. orientalis, T. ovis, B. ovis, A. ovis,* and *A. marginale.* In addition to assessing the prevalence of these pathogens, we conducted phylogenetic analysis to evaluate the genetic diversity of the detected species and their relationships to previously reported strains.

Materials and methods

1. Ethical statement

Residual blood samples, originally collected for the diagnostic investigation of toxoplasmosis and neosporosis in cattle and goats, were utilized in the present study. Ethical approval for the use of goat blood samples was granted by

the Ethics and Animal Care and Use Committee, Faculty of Veterinary Science, Mahidol University (Permit No. MUVS-2023-05-35).

2. Animal sample and DNA extraction

A total of 258 whole-blood samples were collected from goats randomly selected between April and May 2021, regardless of breed, age, or sex. Sampling was conducted from both backyard and farm settings in three provinces-Kanchanaburi (n = 114), Khon Kaen (n = 60), and Chaiyaphum (n = 84)-selected based on accessibility and their relevance to goat farming (Figure 1). Approximately 2.5 mL of blood was obtained from each animal via jugular venipuncture using sterile 5 mL EDTA vacuum tubes and stored at a cool temperature until laboratory processing. The sample size was determined by the availability of residual blood samples originally collected for diagnostic purposes and was not statistically calculated.

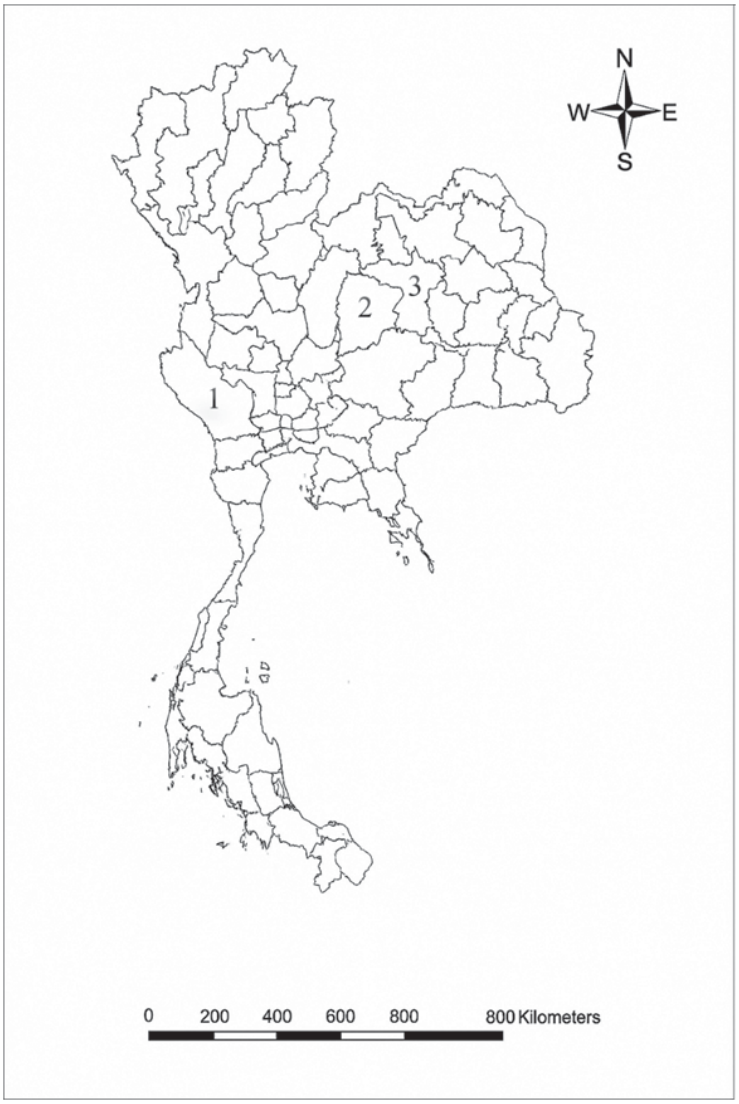


Figure 1. The sampling areas of goats in Thailand were located in three provinces: (1) Kanchanaburi, (2) Chaiyaphum, and (3) Khon Kaen.

3. Genomic DNA extraction

Genomic DNA was extracted from approximately 200 μL of whole blood using the G-spin™ Total DNA Extraction Kit (iNtRON Biotechnology, Inc., Seongnam, South Korea), in accordance with the manufacturer's instructions. The resulting DNA was stored at-20 °C until further analysis. The purity and concentration of the extracted DNA were evaluated using a NanoDrop™ 2000 spectro-photometer (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) prior to downstream applications.

4. Detection of TBPs and DNA sequencing

Molecular detection was performed using primers specific to the target genes of *Theileria* spp., *T. orientalis, T. ovis, B. ovis, Anaplasma ovis,* and *A. marginale*. The selected primer sets target well-conserved genes and has been previously validated in goats and other ruminants in both international and Thai field studies. Their use in this study was based on prior successful applications demonstrating high sensitivity and specificity under similar field conditions (Aktaș et al., 2005; Altay et al., 2005; Torina et al., 2012; Jirapattharasate et al., 2017; Udonsom et al., 2022). The sequences of all primers employed, along with the corresponding PCR conditions, are detailed in Table 1.

Each PCR reaction was prepared in a 25 μL total volume, containing 5 μL of 5x OneTaq Standard Reaction Buffer, 0.5 μL of dNTPs, 0.2 μM of forward and reverse primers, and 0.125 μL of OneTaq DNA polymerase (New England Biolabs, Ipswich, MA, USA). The remaining volume was adjusted with nuclease-free distilled water. Positive control DNA samples previously confirmed for *Theileria* spp. and *A. ovis* (Udonsom et al., 2022), as well as *A. marginale* (Jirapattharasate et al., 2017), were included in the PCR assays. Nuclease-free water was used as a negative control. Due to the unavailability of positive control DNA for *Babesia ovis* and *Theileria ovis*, verification of amplicon sizes was performed through sequencing. PCR products were electrophoresed on 1.5% agarose gels using 1x TAE buffer and visualized under UV light following staining with FluoroDye™ DNA Fluorescent Loading Dye (SMOBIO Technology, Hsinchu City, Taiwan). Bands corresponding to positive amplicons were excised and purified using the NucleoSpin® Gel and PCR Clean-up Kit (Macherey-Nagel, Düren, Germany), according to the manufacturer's instructions. DNA concentrations were assessed using a NanoDrop™ 2000 spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA). The purified products were submitted for Sanger sequencing at Macrogen (Seoul, Korea). Resulting nucleotide sequences were processed and aligned using BioEdit version 7.2.6 (Tom Hall, Ibis Biosciences, CA, USA), and their identities were confirmed via BLASTn searches against the GenBank database. Pairwise sequence comparisons and percent identity calculations were conducted using MEGA 11 software (Tamura et al., 2021).

5. Phylogenetic Analysis

The nucleotide sequences generated in this study were compared with reference sequences available in public genetic databases using MEGA version 11 software (Tamura et al., 2021). Multiple sequence alignments for each genetic locus were conducted using the MUSCLE algorithm, and phylogenetic relationships were inferred employing either the neighbor-joining or maximum likelihood method. The robustness of the resulting phylogenetic trees was assessed through bootstrap analysis based on 1,000 replicates.

Table 1. List of target genes and primers used for PCR assays.

Target gene	Assay	Primer Sequence (5'-> 3')		Fragment (bp)	Annealing Temp. (°C)	Reference
		Forward	Reverse			
A. ovis (MSP4)	PCR	TGAAGGGAGCGG GGTCATGGG	GAGTAATTGCAGC CAGGCACTCT	347	62	(Torina et al., 2012)
A. marginale (MSP4)	PCR	CTGAAGGGGGA GTAATGGG	GGTAATAGCTGCC AGAGATTCC	344	60	(Torina et al., 2012)
B. ovis (18S RNA)	PCR	TGGGCAGGACC TTGGTTCTTCT	CCGCGTAGCGCC GGCTAAATA	549	62	(Aktaş et al., 2005)
T. ovis (18S rRNA)	PCR	TCGAGACCTTC GGGT	TCCGGACATTG TAAAACAAA	520	60	(Altay et al., 2005)
T. orientalis (MPSP)	PCR	CTTTGCCTAGGA TACTTCCT	ACGGCAAGTGG TGAGAACT	776	58	(Ota et al., 2009)
Theileria spp. (18S rRNA)	PCR	GAAACGGCTAC CACATCT	AGTTTCCCCGTG TTGAGT	778	55	(Cao et al., 2013)
	nPCR	TTAAACCTCTTC CAGAGT	TCAGCCTTGCGA CCATAC	581	55	

Abbreviation: Major surface protein 4 gene (MSP4), 18S ribosomal RNA (18S RNA), Major piroplasm surface protein (MPSP), Polymerase chain reaction (PCR), Nested polymerase chain reaction (nPCR).

Results

1. PCR detection of TBPs

In the present study, none of the 258 blood samples tested positive for *B. ovis*, *T. ovis*, *T. orientalis*, *A. ovis*, and *A. marginale*. Only *Theileria* spp. was detected, with an overall infection rate of 3.10% (8/258; 95% CI: 1.35-6.00) among the goat populations. The province-specific prevalence rates were 3.51% in Kanchanaburi (4/114; 95% CI: 0.97-8.74), 1.67% in Khon Kaen (1/60; 95% CI: 0.04-8.95), and 3.57% in Chaiyaphum (3/84; 95% CI: 0.74-10.04).

Table 2. Number of PCR positive samples and infection rate.

	Kanchanaburi (n=114)	Khon Kaen (n=60)	Chaiyaphum (n=84)
A. ovis	0	0	0
A. marginale	0	0	0
B. ovis	0	0	0
Theileria spp.	3.50% (95% CI: 0.97-8.74)	1.67% (95% CI: 0.04-8.95)	3.57% (95% CI: 0.74-10.04)

2. Comparative sequence and Phylogenetic analysis

BLASTn analysis of the partial 18S rRNA gene sequences of *Theileria* spp. obtained in this study (accession numbers: PQ774181-PQ774187) revealed 100% nucleotide identity with *T. luwenshuni* sequences previously isolated from goats in Thailand (OM802538, MZ734312, and MW307320), sheep in China (KC414097), and from goats (LC326009) and a dog (LC602484) in Myanmar. Phylogenetic analysis further demonstrated that the partial sequences of *T. luwenshuni* identified in this study clustered within a single clade alongside *T. luwenshuni* isolates from Thailand, Myanmar, and China (Figure 2).

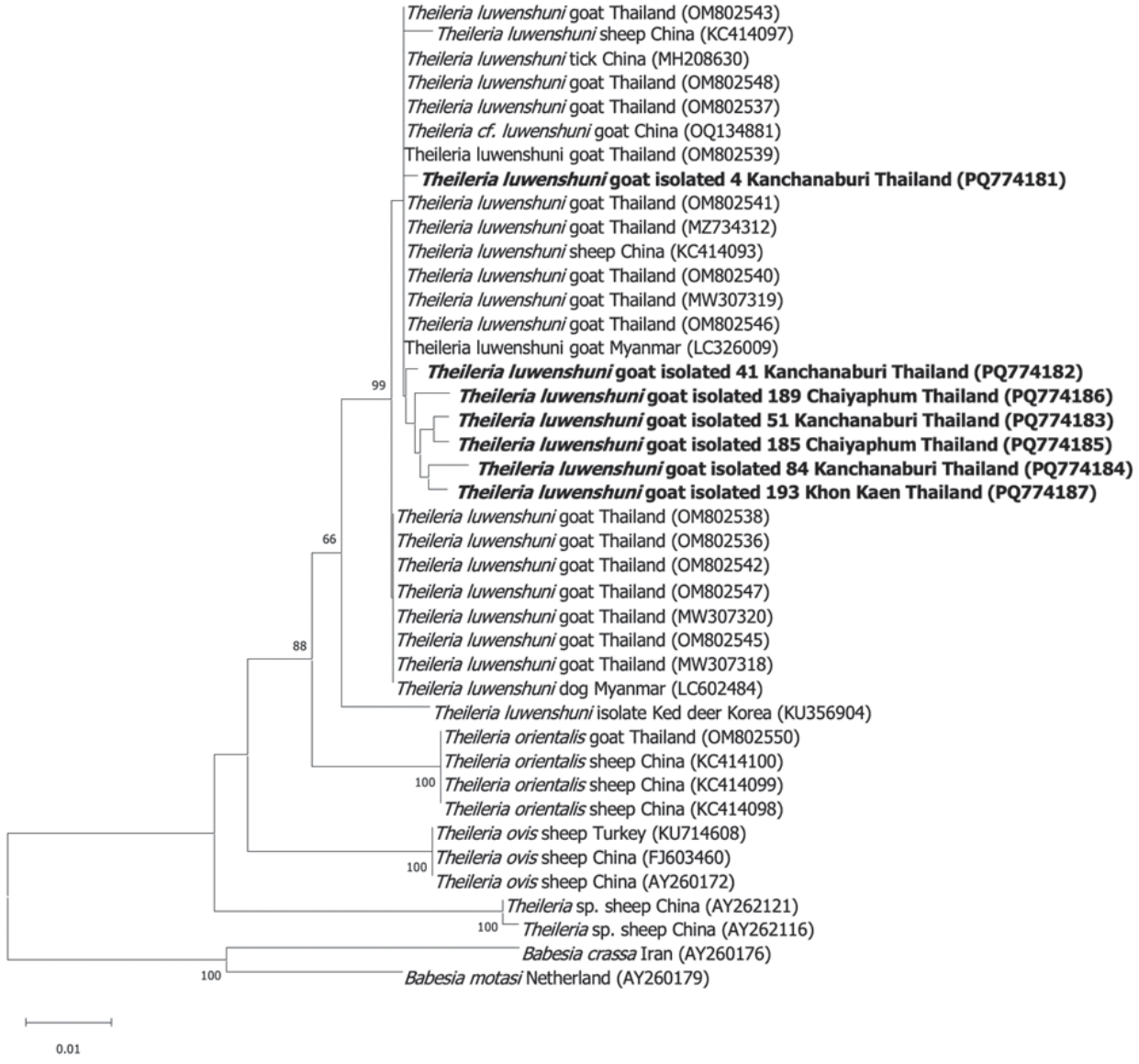


Figure 2. A phylogenetic tree was reconstructed using partial 18S rRNA gene sequences of *T. luwenshuni* identified in this study (shown in bold), alongside representative sequences of other *Theileria* species. The analysis employed the maximum likelihood method with the Kimura 2-parameter model, and the robustness of the tree topology was evaluated through 1,000 bootstrap replications. Bootstrap support values are indicated at each node, with only values exceeding 60 presented. Partial sequences of *Babesia crassa* and *Babaesia motasi* were included as outgroup references to root the tree.

Discussion

Tick-borne pathogens (TBPs) infections pose a significant concern for small-ruminant farming, particularly in tropical and subtropical regions where environmental conditions support the proliferation of arthropod vectors. In Southeast Asia, research on tick-borne diseases has been conducted in countries such as Thailand, Myanmar, Cambodia (Yean et al., 2024), and others including China (Han et al., 2024) and Pakistan (Mushtaq et al., 2021). While recent studies have enhanced the understanding of TBPs in Thailand, including investigations in goats and cattle across various regions, data remain limited for small ruminants in certain areas. Our study contributes to this field by providing new insights into the prevalence and genetic characteristics of TBPs in goats from central and lower northeastern provinces, thereby expanding the existing epidemiological knowledge base.

Among these pathogens, theileriosis-caused by *Theileria* species-is a significant tick-borne disease affecting goats worldwide, with particularly severe impacts in tropical and subtropical climates. The economic consequences of theileriosis can be substantial due to its association with high morbidity and mortality. In Thailand, previous studies have reported varying prevalence rates of *Theileria* spp. in goats depending on geographic location. The prevalence of *Theileria* spp. in goats has been reported to vary across different regions of Thailand, with studies indicating rates of 10.3% in the southern provinces (Udonsom et al., 2022) and up to 41.33% in Watthana Nakhon district, Sa Kaeo province (Kaewhom and Thitasarn 2017). Similar variability is seen across Asia, with reported prevalence rates of 34.7-52.5% in China (Cao et al., 2013), 33.3% in Myanmar (Bawm et al., 2018), 15.4% in Pakistan (Mushtaq et al., 2021), and 8.5% in Bangladesh (Islam et al., 2021).

Molecular identification and phylogenetic characterization of *Theileria* species commonly involve PCR amplification of the 18S rRNA gene, a widely accepted target for species-level discrimination (Yan et al., 2021). The detection of *T. luwenshuni* in goats from all three provinces is consistent with the known presence of ixodid ticks in these regions. Previous surveys have reported the occurrence of *Haemaphysalis* and *Rhipicephalus* spp. in both central and northeastern Thailand, including Kanchanaburi, Khon Kaen, and Chaiyaphum provinces (Altangerel et al., 2011; Jirapattharasate et al., 2016). These tick genera are recognized vectors of *Theileria* species, particularly *T. luwenshuni*. The environmental conditions in these provinces characterized by mixed farming systems, suitable vegetation cover, and seasonal rainfall favor tick survival and transmission. However, detailed entomological data specific to goat farms in the study areas remain limited, highlighting the need for integrated surveillance of both pathogens and vectors to better assess transmission risk. Sequence analysis revealed 99.3-100% similarity to *T. luwenshuni* strains previously reported in southern Thailand, China, and Myanmar. Earlier studies have shown varying prevalence of *T. luwenshuni*, with rates as high as 80% in Yanji Province and 32% in Jinchang Province of China (Cao et al., 2013), and 10.3% in goats from southern Thailand (Udonsom et al., 2022). The close genetic similarity observed between isolates from Thailand and China may be influenced by factors such as shared tick vectors and regional animal movement patterns. This hypothesis is supported by findings from other regions; for instance, *T. ovis* isolates from Saudi Arabia closely resemble those from Turkey (Metwally et al., 2021), suggesting that geographically distant yet genetically similar strains can occur.

In the present study, *A. marginale*, *A. ovis*, and *B. ovis* were not detected in any of the goat blood samples collected from the study areas. While this absence may suggest a low prevalence or absence of these pathogens in the sampled populations, definitive conclusions cannot be drawn without broader epidemiological coverage. Previous studies have reported prevalence rates of *Anaplasma* spp. in goats ranging from 2.3% to 28.7%, depending on the geographic region, host population, and detection methodology employed (Torina et al., 2012; Yousefi et al., 2017;). Further investigations incorporating larger, seasonally stratified sample sets and multi-gene detection approaches are warranted to comprehensively assess the prevalence of these tick-borne pathogens in goats across Thailand. A key limitation of this study is the absence of positive control DNA for *B. ovis* and *T. ovis*. Although amplicon sequencing was used for confirmation, the absence of positive amplification standards may have compromised the detection threshold for these targets. This limitation should be considered when interpreting the negative findings and highlights the need for future studies to incorporate validated positive controls for all targeted pathogens.

Conclusions

This study provides new molecular evidence of *T. luwenshuni* infection in goats from Kanchanaburi, Khon Kaen, and Chaiyaphum provinces, expanding the known geographic distribution of this pathogen in Thailand. Phylogenetic analysis revealed close genetic relationships between the Thai isolates and those from China and Myanmar, suggesting possible transboundary transmission routes. These findings underscore the importance of continued surveillance and tick control programs, particularly in regions with expanding goat production. Although *T. luwenshuni* has been previously reported, our data contribute new regional insights relevant to small-ruminant health and veterinary epidemiology in Thailand.

Acknowledgements

This research project was financially supported by the Faculty of Veterinary Science, Mahidol University. The authors gratefully acknowledge the provision of funding, laboratory facilities, and essential research infrastructure that enabled the successful completion of this study. Special thanks are due to local livestock officers, field veterinarians, and goat farmers in Kanchanaburi, Khon Kaen, and Chaiyaphum provinces for their kind cooperation, logistical support, and willingness to participate in the study. Their contributions were crucial in facilitating sample collection and field coordination.

References

Aktaş M, Altay K, Dumanlh N. Development of a polymerase chain reaction method for diagnosis of *Babesia ovis* infection in sheep and goats. Vet Parasitol. 2005;133(4):277-81.

Alessandra T, Santo C. Tick-borne diseases in sheep and goats: Clinical and diagnostic aspects. Small Rumin Res. 2012;106:S11-6.

Altangerel K, Sivakumar T, Inpankaew T, Jittapalapong S, Terkawi MA, Ueno A, et al. Molecular prevalence of different genotypes of *Theileria orientalis* detected from cattle and water buffaloes in Thailand. J Parasitol. 2011;97(6):1075-9.

Altay K, Dumanli N, Holman PJ, Aktas M. Detection of *Theileria ovis* in naturally infected sheep by nested PCR. Vet Parasitol. 2005;127(2):99-104.

Aung A, Kaewlamun W, Narapakdeesakul D, Poofery J, Kaewthamasorn M. Molecular detection and characterization of tick-borne parasites in goats and ticks from Thailand. Ticks Tick Borne Dis. 2022;13(3):101938.

Aung A, Narapakdeesakul D, Arnuphapprasert A, Nugraheni YR, Wattanachant C, Kaewlamun W, et al.. Multi-locus sequence analysis of *Anaplasma bovis* in goats and ticks from Thailand, with the initial identification of an uncultured *Anaplasma* species closely related to *Anaplasma phagocytophilum*-like 1. Comp Immunol Microbiol Infect Dis. 2024; 109:102011.

Bawm S, Kakisaka K, Thu MJ, Chel HM, Oo YMN, Soe NC, et al. First molecular detection of *Theileria luwenshuni* from goats in Myanmar. Parasitol Res. 2018;117(10):3361-4.

Cao S, Zhang S, Jia L, Xue S, Yu L, Kamyingkird K, et al. Molecular detection of *Theileria* species in sheep from northern China. J Vet Med Sci. 2013;75(9): 1227-30.

Han XY, Du LF, Lin ZT, Li C, Xiong T, Zhu WJ, et al. Genomic characters of *Anaplasma bovis* and genetic diversity in China. Emerg Microbes Infect. 2024; 13(1):2323153.

Ijaz M, Rehman A, Ali MM, Umair M, Khalid S, Mehmood K, et al. Clinico-epidemiology and therapeutical trials on babesiosis in sheep and goats in Lahore, Pakistan. J Anim Plant Sci. 2013;23(2): 666-9.

Islam MF, Rudra PG, Singha S, Das T, Gebrekidan H, Uddin MB, et al. Molecular epidemiology and characterization of *Theileria* in goats. Protist. 2021; 172(2):125804.

Jirapattharasate C, Moumouni PFA, Cao S, Iguchi A, Liu MM, Wang G, et al. Molecular detection and genetic diversity of bovine *Babesia* spp., *Theileria orientalis*, and *Anaplasma marginale* in beef cattle in Thailand. Parasitol Res. 2017;116(2):751-62.

Jirapattharasate C, Moumouni PFA, Cao S, Iguchi A, Liu MM, Wang G, et al. Molecular epidemiology of bovine *Babesia* spp. and *Theileria orientalis* parasites in beef cattle from northern and northeastern Thailand. Parasitol Int. 2016;65(1):62-9.

Kaewhom P, Thitasarn W. The prevalence of *Theileria* spp. of goat in Watthana Nakhon district, Sa Kaeo province. J Mahanakorn Vet Med. 2017;12(2): 57-66.

Mason KL, González MV, Chung C, Mousel MR, White SN, Taylor JB, et al. Validation of an improved *Anaplasma* antibody competitive ELISA for detection of *Anaplasma ovis* antibody in domestic sheep. J Vet Diagn Invest. 2017;29(5):763-6.

Metwally DM, Alajmi R, Alsulami MN, Al-Turaiki IM, Abdel-Gaber R, Alkhuriji AF, et al. Identification of *Theileria* spp. in sheep and goats from Jeddah, Saudi Arabia, using molecular techniques. Peer J. 2021;9: e12596.

Mushtaq A, Shoukat T, Mumtaz T, Qasim M, Ajmal K, Fatima N, et al. Tick-borne diseases in sheep and goats in Pakistan: A systematic review and meta-analysis. Acta Parasitol. 2021;66(4):1316-25.

Ota N, Mizuno D, Kuboki N, Igarashi I, Nakamura Y, Yamashina H, et al. Epidemiological survey of *Theileria orientalis* infection in grazing cattle in the eastern part of Hokkaido, Japan. J Vet Med Sci. 2009;71(7):937-44.

Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. Mol Biol Evol. 2021;38(7):3022-7.

Torina A, Agnone A, Blanda V, Alongi A, D'Agostino R, Caracappa S, et al. Development and validation of two PCR tests for the detection of and differentiation between *Anaplasma ovis* and *Anaplasma marginale*. Ticks Tick Borne Dis. 2012;3(5):283-7.

Udonsom R, Mahittikorn A, Jirapattharasate C. Molecular detection and genetic diversity of tick-borne pathogens in goats from the southern part of Thailand. Pathogens. 2022;11(4):477.

Yan Y, Cui Y, Zhao S, Jing J, Shi K, Jian F, et al. Development of a duplex PCR assay for detecting *Theileria luwenshuni* and *Anaplasma phagocytophilum* in sheep and goats. Exp Appl Acarol. 2021;85(2): 319-30.

Yean S, Prasetyo DB, Marcombe S, Hadi UK, Kazim AR, Tiawsirisup S, et al. Challenges for ticks and tick-borne diseases research in Southeast Asia: Insight from the first international symposium in Cambodia. PLoS Negl Trop Dis. 2024;18(7):e0012269.

Yin H, Luo J, Schnittger L, Lu B, Beyer D, Ma M, et al. Phylogenetic analysis of *Theileria* species transmitted by *Haemaphysalis qinghaiensis*. Parasitol Res. 2004;92(1):36-42.

Yousefi A, Rahbari S, Shayan P, Sadeghi-dehkordi Z, Bahonar A. Molecular detection of *Anaplasma marginale* and *Anaplasma ovis* in sheep and goat in west highland pasture of Iran. Asian Pac J Trop Biomed. 2017;7(5):455-9.

Review Article

Prospects of Proteomics in Goat Breeding in Nigeria: A Narrative Review

Babatunde Olatunji[1*] Ajayi Bababunmi Alaba[1] Akintunde Adeyinka Oye[2] Akinsola Kafayat Funmi[1] Osunkeye Jacob Olumuyiwa[1]

[1]Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Production and Management, College of Agriculture and Renewable Natural Resources, Osun State University, Osun State, Nigeria
[2]Department of Agriculture and Industrial Technology, School of Science and Technology, Babcock University, Ilishan-Remo, Ogun State, Nigeria

[*]Corresponding author, E-mail address: olatunji.babatunde@pgc.uniosun.edu.ng

Received: 5 June 2025; Revised: 13 July 2025; Accepted: 14 July 2025

Abstract

Proteomics, the large-scale study of proteins and their functions, is emerging as a transformative tool in animal breeding and genetics. This narrative review explores the prospects of proteomics in enhancing goat breeding programs in Nigeria, with a focus on improving productivity, disease resistance, and adaptation to environmental stressors in indigenous breeds such as the West African Dwarf, Sokoto Red, and Sahel goats. Although these breeds are rich in genetic diversity and important for local economies, they remain underexploited in terms of targeted genetic improvement. Proteomics offers a pathway to understand the complex biological processes underlying economically important traits by identifying key protein biomarkers associated with growth, reproduction, lactation, and resistance to endemic diseases. Integrating proteomic data into conventional and molecular breeding strategies can enable more precise selection, resulting in improved herd performance and sustainability. In addition, proteomic profiling can aid in characterizing breed-specific responses to nutrition and climate variability, thereby contributing to resilience in the face of climate change. Despite its potential, proteomics remains underutilized in Nigerian livestock research due to limited infrastructure, funding, and technical expertise. This review highlights the need for strategic investments in proteomics research facilities, capacity building, and collaborative networks among academic institutions, government agencies, and the private sector. Myostatin (MSTN), Myogenic regulatory factors (MRFs), Insulin-like growth factor 1 (IGF-1), actin, and myosin have been studied to regulate muscle growth and development thus vital for meat animals. The adoption of proteomics in Nigerian goat breeding holds significant promise for advancing animal productivity and food security while preserving the genetic integrity of indigenous breeds. Emphasizing a multidisciplinary approach, this paper advocates for the inclusion of proteomics in future breeding programs to drive sustainable genetic improvement in Nigeria's goat population.

Keywords: Proteomics, Goat, Breeding, Nigeria

Introduction

Goats play a crucial role in Nigeria's agricultural economy, serving as key sources of meat, milk, hides, and financial security for millions of smallholder farmers. Among the indigenous breeds, the Red Sokoto (RS) goats, shown in Figure 1, and West African Dwarf (WAD) goat, shown in Figure 2, are particularly important due to their exceptional adaptability to tropical environments and their significant contributions to meat and milk production. These resilient breeds are vital small ruminant genetic resources across tropical regions, often serving as economic lifelines for resource-poor rural households (Ayoola et al., 2025).

Figure 1. Red Sokoto goats. Photo credit: Babatunde O.

Figure 2. West African Dwarf goat. Photo credit: Babatunde O.

Despite their adaptability, indigenous goat breeds often exhibit lower reproductive performance and growth potential compared to exotic or improved breeds, which can limit productivity (Kubkomawa et al., 2017). WAD in southwestern, Nigeria showed Kidding interval of 261 ± 75 days and litter size 1.6 ± 0.5. Annual reproductive rate was 2.3 kids per doe (Adeoye 1985). Mean litter size for RS was 1.4 ± 0.06, annual reproductive rate was 2.1-2.3 kids per doe (Adu et al., 1979), the kidding interval for RS was not available at the time of writing this review. This is in contrast with their exotic counterpart such as Nubian goats with mean litter size of 2.9 (Marai et al., 2002), Osmanabadi goats with kidding interval of 195.09 ± 5.65 days (Rathod and Dixit 2021). In terms of growth, Kalahari Red (KR) was compared with WAD, KR kids exceeded WAD kids birth weight (2.30 ± 0.06 kg vs 1.56 ± 0.06 kg), at 3-month weaning (8.88 ± 0.57 kg vs 3.88 ± 0.20 kg) and at 6-month post-weaning (13.97 ± 0.86 kg vs 5.05 ± 0.37 kg). Corresponding pre-weaning average daily gain (ADG) estimates were 84.44 ± 2.44 g and 31.73 ± 1.16 g and post-weaning ADG were 61.88 ± 1.81 g and 24.84 ± 1.21 g (Omotosho et al., 2020). In another study, when raised under similar conditions, average birth weight of the Sahelian (2.2 ± 0.23 kg) was significantly higher than the Red Sokoto kids (1.0 ± 0.17). At weaning age, the average kid weight of the Sahelian (5.6 ± 0.42 kg) was significantly higher than the Red Sokoto (3.9 ± 0.44 kg) (Makun et al., 2008).

Common traditional goat breeding practices in Nigeria, includes uncontrolled Natural mating where goats mate freely during communal grazing or in household compounds, controlled natural mating/selective mating where selected bucks are kept separate and introduced to does during breeding seasons, unintentional inbreeding in village and pastoral systems often due to ignorance of inbreeding consequences (Okpeku et al., 2019). Selection practices, where practiced, is usually based on health status and fecundity for bucks and does respectively. Official intervention on breeding and improvement was nil (Jesuyon et al., 2023). In addition to the main goals, Breeders utilize offspring testing, pedigree keeping, and social restrictions on selling genetically valuable animals to influence herd composition and performance (Bitrus et al., 2023). Goat keepers in north central Nigeria primarily utilize semi-intensive management systems, focusing on traits like disease resistance, survival, and fertility, while also considering growth and cultural importance in their traditional breeding practices (Yakubu and Aachapu 2011). These traditional breeding and selection strategies have yielded only modest gains, with progress frequently constrained by environmental and socio-economic challenges. For instance, larger herd sizes have been associated with reduced repeatability in litter size, likely due to genetic dilution and management inefficiencies that compromise the effectiveness of selection (Akpa et al., 2010).

Recent advances in molecular biology have provided novel opportunities to enhance animal breeding strategies. Among these, proteomics (the comprehensive study of protein structures, functions, interactions, and abundances) has emerged as a powerful tool for understanding the molecular mechanisms that govern phenotypic traits. This approach involves the systematic analysis of the entire protein complement expressed by a cell, tissue, or organism under specific conditions (Zhang et al., 2021; Aebersold and Mann 2003; Smith et al., 2023). By identifying protein biomarkers associated with traits such as growth, immunity, and fertility, proteomics offers a valuable complement to genetic and genomic methods, potentially accelerating the pace and precision of animal breeding.

For example, Lamri et al. (2023) identified 10 proteins associated with muscle structure in male goats using proteomics. Also Wani et al. (2021) identified Interferon-Stimulated Gene 15 (ISG15) and Interferon Regulatory Factor 7 (IRF7) suggesting as key biomarkers of goat's antiviral and immunomodulatory response to Peste des Petits ruminants virus (PPRV).

This review explores the current landscape and prospects of proteomic applications in Nigerian goat breeding. It examines how proteomic technologies can be leveraged to address key challenges in the sector, support the conservation of indigenous breeds, and enhance the productivity and resilience of local goat populations.

Overview of Goat Breeding in Nigeria

Nigeria, as at 2022, has an estimated goat population of 88 million goats. (USDA 2025). These goats thrive in diverse agro-ecological zones and their production has emerged as a fundamental strategy for improving livelihoods, alleviating poverty, and achieving sustainable agriculture and food security (Aduba and Salako 2024). These animals demonstrate exceptional versatility, thriving across diverse environments from intensive dairy farms to arid landscapes. Their economic and social significance extends beyond mere agricultural production, encompassing cultural, religious, and environmental dimensions. Despite their economic significance, substantial knowledge gaps persist regarding the genetic and molecular foundations of the key phenotypic traits of these goat breeds. This limited understanding presents a considerable obstacle to developing effective breeding programs aimed at improving critical productivity traits such as growth rates, meat quality, milk yield, and reproductive efficiency, as well as resilience traits including environmental adaptability and disease resistance (Yakubu 2010; Okpeku et al., 2011).

Traditional breeding practices among smallholder goat farmers in Nigeria remain largely unstructured, often marked by uncontrolled mating, inadequate record-keeping, and minimal adoption of reproductive technologies. Line breeding and cross breeding are practiced in some research farms but it is largely challenged by poor adaptability of exotic breeds to local climates, diseases and high cost of management. Assisted reproductive technologies (ART) such as artificial insemination using normal-saline diluent has been used in goat breeding in Nigeria (Ihejirika and Ewuola 2024). However this is not widely spread because of the high technical skill, equipment and finance required. Also, frozen semen and embryo transfer are rare due to inadequately trained personnel, cost of equipment, cost of hormone synchronization and power instability in Nigeria.

These limitations contribute to persistently low productivity, particularly in meat yield, milk production, and reproductive performance. Fakoya and Oloruntoba (2009) reported 7.55% of farmers in Osun State using intensive systems, more survey data suggests that extensive system is still high with more goat keepers gradually adopting semi-intensive system. Oni et al. (2022) in Ondo State study reported 60.5% using semi-intensive systems, with virtually no intensive farmers recorded, indicating that intensive production in southwestern Nigeria remains uncommon. Similarly, Girei and Ayoola (2017) found that merely 10% of goat farmers in Adamawa State adopted intensive management practices, further highlighting the widespread reliance on traditional, low-input systems.

Efforts to improve goat performance have focused on phenotypic selection, limited crossbreeding programs and recently, using microsatellite markers to discriminate breeds of goats (Okpeku et al., 2011; Awobajo et al., 2015; Ojo et al., 2024). To achieve sustainable

improvement, integration of molecular tools like proteomics is essential to uncover the biological basis of desirable traits and facilitate precision breeding. For example, if proteomic profiling of ovarian follicular fluid in WAD does with high kidding rates reveals elevated levels of proteins like Zinc-α2-glycoprotein, Annexin A1, and Complement C3, all linked to follicle quality and oocyte competence. These proteins could be used to screen young females for reproductive potential before first kidding, early culling or selection. It can also serve for an enhanced artificial insemination programme where these proteins can be used in timing for optimal success or tailor hormone treatments for lower-performing animals. Similar research has been carried out in Canindé goats where levels of zinc α2-glycoprotein-type proteins, complement factor B, and complement C3 were significantly higher in large follicles compared to medium or small ones (Junior et al., 2018).

Fundamentals of Proteomics

Proteomics refers to the large-scale study of the proteome-the entire complement of proteins expressed by a cell, tissue, or organism under specific conditions. Since proteins execute most of the biological functions encoded by genes, proteomics offers direct insights into cellular physiology and molecular mechanisms. As a branch of biotechnology, proteomics integrates techniques from molecular biology, biochemistry, and genetics to analyze protein structure, function, interactions, and dynamics (Tamang 2023).

According to Omics Tutorials (2025), proteomics can be categorized into several subfields based on its specific applications. Expression proteomics examines differences in expression of proteins, quantities in which they are expressed and how their expressions differ across different tissues, developmental stages and even changes in environmental conditions. It also study expression levels across different physiological or pathological states (example, healthy versus diseased tissues). utilizing techniques such as two-dimensional polyacrylamide gel electrophoresis (2D-PAGE), mass spectrometry and label-free quantification or isotopic labeling (e.g., iTRAQ, SILAC). Expression is very important in identification of trait-associated proteins, uncovering molecular pathways, biomarker discovery, precision breeding and selection, validating genomic prediction and species-specific insights in understudied livestock (Kajin et al., 2025). For instance, research can be carried to determine differential expression of Myosin light chain 1 (MYL1) in muscle tissue of goats with varying meat tenderness.

Functional proteomics focuses on illustrating the biological roles of specific proteins through protein isolation, purification, and functional assays. It uncovers how proteins interact, assemble, and carry out molecular activities within living systems thus revealing mechanism behind biological function. It also reveals protein roles and signaling pathways by mapping out protein-protein interactions within complexes thereby revealing how unknown proteins contribute to specific biological processes. It employs affinity purification or immuno-precipitation coupled with mass spectrometry thus allowing reconstruction of cellular machinery and signal transduction networks. It also interprets the functional relevance of proteins discovered in genomic studies. Lastly, it accelerates discovery of therapeutic or productivity targets (Yanagida 2002). A hypothetical research can be a study on Catalase (CAT) protein to reveal activity, especially under stress or disease.

Interaction proteomics investigates protein-protein interactions to construct interaction networks that help clarify

complex biological pathways. Common methods include yeast two-hybrid screening and affinity purification coupled with mass spectrometry. Interaction proteomics is wellestablished, with highthroughput MS methods enabling large-scale interaction mapping which is crucial for complex traits like fertility or disease resistance. Interaction proteomics reveals how proteins work within networks, helping to map key biological pathways, validate biomarkers, and identify targets for precise breeding, health, or management interventions (Veenstra 2024). An example of interaction proteomics research is the study of Heat Shock Protein 70 (HSP70) to identify protein-protein interactions (PPIs) and network associations helps map pathways of immunity or stress adaptation, critical for resilience traits.

Structural proteomics aims to determine the three-dimensional structures of proteins using techniques like X-ray crystallography and nuclear magnetic resonance (NMR) spectroscopy. Structural proteomics is important for understanding function of protein because it makes the 3D structures of proteins visible. It is this structure that determine how they interact, respond to mutations, and perform biological functions. it helps in drug and vaccine design, improves protein annotation in under-characterized species like native goats, and encourages logical breeding by linking protein structure to desirable traits like disease resistance or heat tolerance. X-ray crystallography has been used to demonstrate the three-dimensional structure of caprine beta-lactoglobulin (this is a major protein found in goat milk). This reveals how its folding affects digestibility and allergic tendency in goats (Crowther 2018).

Post-translational modification (PTM) proteomics analyzes chemical modifications such as phosphorylation, glycosylation, and acetylation, which can significantly alter protein function. Post-translational modifications like phosphorylation, glycosylation, and acetylation have been used in the following ways: act as dynamic switches that regulate protein activity, structure, interactions, localization, and stability, enable cells to rapidly respond to changing stimuli through reversible modifications by kinases, phosphatases, transferases, or deacetylases, Create PTM crosstalk, where one modification influences another, allowing complex regulation of pathways and they are also crucial for identifying active biomarker forms, understanding disease mechanisms, and designing targeted interventions in both human medicine and livestock productivity. Phosphoproteomics has been used by researchers to track dynamic changes in phosphorylation across hundreds of proteins to reveal how signal transduction pathways are rapidly activated or suppressed, such as when kinases alter enzyme activity or trigger stress responses (Mumby and Brekken 2005).

Comparative proteomics explores interspecies or inter-strain variations in protein profiles to infer evolutionary trends and functional divergence. Comparative proteomics explores interspecies or inter-strain variations in protein profiles to infer evolutionary trends and functional divergence. It comes handy in identifying conserved and divergent protein expression patterns across species or strains, it also reveals how different organisms utilize cellular resources under natural or stress conditions such as, metabolism or growth mechanisms. It is used to discover species-specific proteins linked to key traits, like stress tolerance or disease resistance. Knowledge acquired from this informs targeted breeding or therapeutic strategies. Lastly, it can be used to unravel the evolutionary history of gene duplication, dosage compensation, and adaptive innovation through comparative abundance and turnover profiling. Comparative proteomics was used by Han et al. (2022) to perform label-free comparative proteomic analysis on milk whey from bovine, goat, and camel, identifying 840

whey proteins and revealing quantitative differences. Cystatin C (CST3), cathepsin B (CTSB), and SERPING1 were found to significantly differentiate these species while myostatin (MSTN), myogenic regulatory factors (MRFs), Insulin-like growth factor 1 (IGF-1), actin and myosin are vital for growth and development of meat animals.

Proteomics workflow typically involves protein precipitation and digestion, where samples are diluted with a denaturing buffer to unfold proteins present. The proteins are then digested into peptides using proteolytic enzymes such as trypsin (Aebersold and Mann 2016). After this, the sample is cleaned up by solid-phase extraction (SPE) techniques to remove impurities and concentrate the peptides (Zhang et al., 2013).

Next, LC-MS analysis is performed using liquid chromatography (LC) coupled with mass spectrometry (MS), which is widely used for high-throughput proteomic studies (Domon and Aebersold 2006). The LC-MS system is equipped with an appropriate mass analyzer such as a time-of-flight (TOF) or orbitrap detector. MS parameters such as ionization mode, collision energy, and scan range are optimized for specific proteins being analyzed (Michalski et al., 2011).The acquired MS data is processed using appropriate software to identify and quantify plasma proteins. Typically, ProteoWizard is adopted for raw data conversion and compound identification, and the UniProt database is used to match and annotate identified proteins (Chambers et al., 2012; UniProt Consortium 2023). The identified proteins are then quantified in concentration (μg/μL), and their corresponding retention times (in minutes) are obtained.

Applications of Proteomics in Livestock Breeding

Proteomics has found widespread application in livestock species such as cattle, sheep, pigs, and poultry, where it has contributed significantly to the understanding of traits related to growth, reproduction, immunity, and milk production. These applications are equally relevant and promising in goat breeding, offering a molecular-level perspective that can inform precision breeding and management strategies.

a. Understanding Genetic and Molecular Mechanisms

Proteomics has emerged as a powerful tool for identifying key proteins and regulatory networks underlying complex traits in livestock, including growth performance, reproductive efficiency, and disease resistance. Proteomic analyses have been used in pigs to investigate feed efficiency revealed enzymes such as glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) and acyl-CoA dehydrogenase as critical to glycolysis and fatty acid oxidation pathways, respectively. This has revealed energy metabolism as central to feed conversion (Xiang et al., 2024). Similarly, in beef cattle, heat shock proteins (e.g., HSP70) and tropomyosin have both been linked to meat quality properties such as tenderness and postmortem proteolysis, thus demonstrating the biochemical basis of meat palatability (Hwang et al., 2023; Tian et al., 2024). These insights provide a foundation for marker-assisted selection and targeted genetic improvement.

b. Integration with Multi-Omics Approaches

The integration of proteomics with other omics platform such as genomics, transcriptomics, and metabolomics has enabled a more holistic understanding of trait expression and regulation. In sheep, multi-omics studies combining proteomics with transcriptomics have been used to identify

keratin-associated proteins (KAPs), which play a structural role in determining wool fineness and strength (Wang et al., 2023; Li et al., 2024).

Poultry feed efficiency improvement studies have revealed the relevance of ATP synthase subunits and elongation factor Tu, which are involved in energy metabolism and protein biosynthesis, respectively. These were discovered through integrative analysis with QTL mapping and metabolite profiling (Urgessa and Woldesemayat 2023). This type of integration improves interpretation and enhances breeding accuracy.

c. Applications in Animal Health and Welfare

Proteomics also plays a critical role in improving animal health and disease resilience. For instance, in male fertility assessments, proteins like tektin-4, which is involved in sperm flagellar structure and calmodulin, which is a calcium-binding messenger protein essential for sperm motility and capacitation, have been identified as biomarkers for semen quality and cryopreservation outcomes (Allai et al., 2024; Tiwari et al., 2024).

With respect to disease resistance, annexin A1 and S100 calcium-binding proteins have been found to regulate inflammatory responses and innate immunity during bacterial and parasitic infections (Choudhary et al., 2024). These discoveries offer new avenues for health-related genetic selection and vaccine development.

d. Advancements in Meat and Dairy Science

In the domains of meat and dairy science, proteomics has contributed to quality enhancement and process optimization. For example, desmin, a cytoskeletal protein, has been associated with tenderness development, while myosin light chain and enolase are involved in energy depletion and water-holding capacity (Wang et al., 2023; Hwang et al., 2023) In dairy cattle, proteomics has helped identify proteins such as β-casein, α-lactalbumin, and lactoferrin, that influences milk composition, coagulation properties, and udder immune defense, respectively (Proteomics-Based Advancements in Research toward Sustainable Production of Dairy Livestock 2022). These applications support the development of value-added animal products and enhance production sustainability.

Comparative Analysis with Other Biotechnologies

In livestock research and breeding, several omics technologies-genomics, transcriptomics, metabolomics, and proteomics-offer complementary insights into the molecular basis of economically important traits. Understanding the comparative strengths of proteomics relative to other biotechnologies highlights its unique role and potential in advancing goat breeding in Nigeria.

Proteomics vs. Genomics

Genomics has significantly advanced the identification of genetic markers and quantitative trait loci (QTLs) associated with desirable traits. It remains the most mature omics technology in terms of throughput, standardization, and cost-efficiency. However, genomics provides only a blueprint of potential biological outcomes. In contrast, proteomics offers a functional readout by identifying and quantifying proteins that are actively involved in trait manifestation. For example, proteomic analyses have been used to investigate protein-level changes linked to beef quality traits, effectively complementing genomic studies (Hwang et al., 2023; Tian et al., 2024).

Proteomics vs. Transcriptomics

Transcriptomics focuses on gene expression at the mRNA level, offering insights into transcriptional regulation and the genes potentially involved in trait development. However, mRNA abundance does not always correlate with protein levels due to post-transcriptional regulation, degradation, or translational control. Proteomics bridges this gap by characterizing the actual proteins executing cellular functions. In pig studies, for instance, proteomic data have revealed proteins associated with feed efficiency, providing functional validation of transcriptomic findings (Xiang et al., 2024).

Proteomics vs. Metabolomics

Metabolomics investigates the small molecules and metabolic intermediates that reflect the end products of cellular processes. It provides a snapshot of the organism's biochemical state. Proteomics complements this by identifying the enzymes and regulatory proteins driving these metabolic pathways. Integrated proteomic and metabolomic analyses have been used in sheep and goat studies to identify biomarkers related to meat tenderness and flavor (Wang et al., 2023; Hwang et al., 2023), illustrating the synergy between these approaches.

Proteomics within Multi-Omics Approaches

Multi-omics approaches aim to integrate genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics to provide a systems-level understanding of complex traits. Within this framework, proteomics plays a critical role by connecting gene expression to phenotypic outcomes through the functional molecules-proteins. In poultry research, multi-omics strategies that include proteomic data have successfully identified biomarkers related to feed efficiency and disease resistance, demonstrating the power of integration (Dehau et al., 2022; Urgessa and Woldesemayat 2023). Such approaches hold strong promise for application in goat breeding, particularly for unraveling the genetic and functional basis of traits relevant to productivity and adaptation.

From the comparative analysis above, proteomics offers unique advantages that fill crucial gaps left by genomics, transcriptomics, and metabolomics. Proteomics provides essential functional insight, especially when transcriptomic data is inconclusive, genomic variants need validation, and phenotypic traits are complex and environmentally influenced.

Prospects of Proteomics in Goat Breeding in Nigeria

Proteomics can significantly enhance the genetic makeup of goat breeds in Nigeria by providing insights into the genetic diversity and functional traits of these animals. This approach involves analyzing the protein expressions and variations that correlate with desirable phenotypic traits, thereby facilitating targeted breeding programs. By integrating proteomics with genomic data, researchers can identify specific proteins and genes associated with traits such as disease resistance, productivity, and adaptability, which are crucial for improving indigenous goat breeds in Nigeria.

Akintunde et al. (2024) reviewed that the low production and productivity of goats in Nigeria is caused by the inability to conserve and adequately characterise the indigenous breeds. Molecular tools are also underutilised, thereby limiting the capacity to apply characterised information and molecular tools to goat breeding programmes. The review also suggested that conservation techniques, such as livestock preservation and the use of molecular markers, are essential for enhancing their traits, including adaptability and disease resistance. Proteomics can

complement genomic studies by providing functional insights into how specific proteins influence these traits, thereby guiding selective breeding efforts (Qureshi et al., 2014). The integration of next-generation sequencing (NGS) with proteomics allows for a comprehensive analysis of the goat genome, facilitating the identification of genetic markers for improved breeding strategies (Qureshi et al., 2014).

Proteomic research journey so far in Nigeria

Proteomics research in Nigeria is still in its infancy, yet it is increasingly contributing valuable insights into different aspects of human life, such as disease mechanisms, biomarker discovery, and therapeutic strategies. Some novel studies carried out with proteomics in Nigeria include those by Bachmann et al. (2014), Onile et al. (2017), and Ogunyinka et al. (2018), which demonstrated the application of proteomics in understanding cerebral malaria, schistosomiasis, and diabetes respectively, revealing key pathological pathways and potential diagnostic markers. Proteomic profiling of snake venom by Adamude et al. (2021) has enriched knowledge on local toxinology relevant for antivenom development. Some reviews have also exposed the importance of proteomics in the medical sector. Articles by Ogunjobi et al. (2024) and Funmilayo et al. (2024) laid bare the integrative role of proteomics in omics approaches for addressing chronic diseases and parasitology challenges. These efforts demonstrate the prospects of proteomics in advancing biomedical research in Nigeria. There is a need to explore this same power of proteomics in improving the productivity of indigenous breeds of goats through an integrated morphometric and proteomic approach in breeding.

Current Gaps and Research Challenges

While proteomics offers promising avenues for improving goat breeds, challenges such as the high cost of technology and the need for skilled personnel may limit its widespread adoption in Nigeria. Additionally, the integration of proteomic data with traditional breeding practices requires careful consideration to ensure the preservation of valuable genetic traits such as adaptability and disease resistance (Akintunde et al., 2024).

Future Directions and Recommendations

The synergy of multi-omics approaches is a powerful concept that can redefine goat breeding in Nigeria. However, tackling the challenges of data integration and interpretation requires deliberate investment in computational and bioinformatic capacity. Key steps include:

1. Data Integration and Systems Biology: Multi-omics generates complex datasets. Researchers need skills in network biology and tools like MOFA, DIABLO (mixOmics), and Cytoscape for integration and visualization. Proficiency in R, Python, and Bioconductor is essential.

2. Functional Annotation and Comparative Genomics: Due to poor annotation of local goat breeds, training in tools like BLAST2GO, InterProScan, and GO enrichment is critical. Researchers should also master orthology tools (OrthoFinder, eggNOG) and genome assembly software (SPAdes, Canu, MAKER).

3. Machine Learning and Predictive Modeling: To extract meaningful traits from noisy data, expertise in Random Forest, SVM, XGBoost, and deep learning is needed, along with platforms like scikit-learn, TensorFlow, and Keras-particularly for genomic prediction and selection index development.

4. QTL and GWAS Analysis: Linking omics markers to key traits requires competence in PLINK, GEMMA, TASSEL, and QTL tools like R/qtl and MapQTL.

5. Cloud Computing and Data Management: Given the size of multi-omics data, cloud and high-performance computing are essential to overcome local infrastructure limitations.

Recommendations for Nigeria:

a. Establish bioinformatics hubs in research-focused institutions such as, Osun State University, Nigeria.

b. Promote international training partnerships such as H3Africa, CGIAR, ILRI.

c. Develop national livestock omics databases.

d. Encourage cross-training in genomics, proteomics, statistics, and computer science for animal scientists.

e. High spirited individuals and philanthropic Non-Governmental Organizations can be encouraged to contribute to capacity building for multi-omics laboratory in Nigeria.

The integration of proteomics with conventional breeding approaches and other omics platforms holds great promise for revolutionizing goat breeding programs in Nigeria. By leveraging these technologies, breeding efforts can become more data-driven, targeted, and impactful, contributing to improved productivity, rural livelihoods, and national food security.

Conclusion

Proteomics has emerged as a transformative tool in livestock breeding, providing functional insights into the molecular basis of economically important traits such as growth, reproduction, immunity, and product quality. While genomics, transcriptomics, and metabolomics offer valuable layers of biological information, proteomics delivers a unique perspective by directly reflecting gene function through protein expression and interaction. This functional dimension is critical for advancing precision breeding and promoting sustainable livestock production systems.

References

Adamude FA, Dingwoke EJ, Abubakar MS, Ibrahim S, Mohamed G, Klein A, et al. Proteomic analysis of three medically important Nigerian Naja (*Naja haje, Naja katiensis* and *Naja nigricollis*) snake venoms. Toxicon. 2021;197:24-32.

Adeoye SAO. Reproductive performance of West African dwarf goats in southwestern Nigeria. In: Wilson RT, Bourzat D, editors. Small ruminants in African agriculture. Proceedings of a conference held at ILCA, Addis Ababa, Ethiopia; 1985.

Adu IF, Buvanendran V, Lakpini CAM. The reproductive performance of Red Sokoto goats in Nigeria. J Agric Sci. 1979;93(3):563-6.

Aduba P, Salako AE. Breeding objectives for West African Dwarf goat under small holder system in Oyo State, Nigeria. J For Environ Sustain Dev. 2024;10(2): 105-13.

Aebersold R, Mann M. Mass-spectrometric exploration of proteome structure and function. Nature. 2016;537(7620):347-55.

Akintunde AO, Mustofa I, Ndubuisi-Ogbonna LC, Oyekale OO, Shobo BA. Exploring the Genetic Diversity: A Review of Germplasm in Nigerian Indigenous Goat Breeds. Small Rumin Res. 2024;234:107236.

Akpa GN, Alphonsus C, Dalha SY, Garba Y. Goat breeding structure and repeatability of litter size in smallholder goat herds in Kano, Nigeria. Anim Res Int. 2010;7(3):1274-80.

Allai L, Li C, Quan G. An updated review on the application of proteomics to explore sperm cryoinjury mechanisms in livestock animals. Anim Reprod Sci. 2024;107441.

Awobajo OK, Peters SO, Ilori BM. Analysis of genetic structure of Nigerian West African Dwarf goats by microsatellite markers. Univ Ibadan Institutional Repository. 2015. https://repository.ui.edu.ng/items/e80796b8-8e62-4326-b955-886e61c0beff.

Ayoola MO, Oluwatoyinbo TO, Oguntunji AO. Evaluation of serum biochemical indices on heat-stressed Nigerian indigenous goat breeds in the South-West agro-ecological zone. In: Proceedings of the 29th conference of the Animal Science Association of Nigeria. 2024; Lagos, Nigeria. p. 190-3.

Bachmann J, Burté F, Pramana S, Conte I, Brown BJ, Orimadegun AE, et al. Affinity proteomics reveals elevated muscle proteins in plasma of children with cerebral malaria. PLoS Pathog. 2014;10(4):e1004038.

Bitrus I, Ezema C, Makun HJ, Aronu CJ, Arinzechukwu ES, Gilbert T, et al. Reproductive efficiencies and productive potentials of female Nigerian indigenous goat breeds. Anim Health J. 2023;4(1):38-53.

Chambers MC, Maclean B, Burke R, Amodei D, Ruderman DL, Neumann S, et al. A cross-platform toolkit for mass spectrometry and proteomics. Nat Biotechnol. 2012;30(10):918-20.

Choudhary RK, Kumar BVS, Mukhopadhyay CS, Kashyap N, Singh N, Salajegheh Tazerji S, et al. Animal wellness: the power of multiomics and integrative strategies. Vet Med Int. 2024;2024:4125118.

CRC Press. Proteomics-based advancements in research toward sustainable production of dairy livestock. In: Proteomics-Based Advancements in Research Toward Sustainable Production of Dairy Livestock. Boca Raton: CRC Press; 2022. p. 231-8.

Crowther JM, Lassé M, Suzuki H, Kessans SA, Loo TS, Norris GE, et al. Ultra-high resolution crystal structure of recombinant caprine β-lactoglobulin. FEBS Lett. 2014;588(21):3816-22.

Dehau T, Ducatelle R, Van Immerseel F, Goossens E. Omics technologies in poultry health and productivity - Part 1: current use in poultry research. Avian Pathol. 2022;51(5):407-17.

Domon B, Aebersold R. Mass spectrometry and protein analysis. Science. 2006;312(5771):212-7.

Fakoya EO, Oloruntoba A. Socio-economic determinants of small ruminants production among farmers in Osun State, Nigeria. J Hum Soc Sci Cretv Arts. 2009;4(1): 90-100.

Funmilayo AJ, Agboola O, Agboola S, Oluboyo B, Egbebi A, Sijuade A, et al. The roles of genomics and proteomics in human parasitology: Closing the knowledge gap. Infect Epidemiol Microbiol. 2024;10(2):157-74.

Girei MI, Ayoola JB. Socio-economic factors influencing small ruminant production in Adamawa State; policy implications for livestock transformation in Nigeria. Int J Sci Eng Res. 2017;8(3):1261-72.

Han B, Zhang L, Zhou P. Comparative proteomics of whey proteins: New insights into quantitative differences between bovine, goat and camel species. Int J Biol Macromol. 2023;227:10-6.

Hwang YH, Lee EY, Lim HT, Joo ST. Multi omics approaches to improve meat quality and taste characteristics. Food Sci Anim Resour. 2023;43(6): 1067-86.

Jesuyon OMA, Boluwaji O, Orunmuyi M, Aganga AA, Ogunjimi SI. Assessment of management and breeding practices among indigenous goat farmers in a tropical humid forest zone. In: Goat science-environment, health and economy. London: IntechOpen; 2023.

Kajin F, Šmit I, Stevanović V, Rešetar Maslov D, Rubić I, Mrljak V, et al. Current application of proteomics in the veterinary field-a short summary and literature review. Vet Stanica. 2025;56(2):245-56.

Kubkomawa IH, Ahmadu A, Tizhe MA, Abubakar NS. Influence of genes, morphology, physiology and the environment on reproductive characteristics of indigenous goats in Nigeria: a review. Int J Agric Res Food Sci. 2017;4(1):107-32.

Lamri M, Della Malva A, Djenane D, López-Pedrouso M, Franco D, Albenzio M, et al. Towards the discovery of goat meat quality biomarkers using label-free proteomics. J Proteomics. 2023;278:104868.

Li M, Lu Y, Gao Z, Yue D, Hong J, Wu J, et al. Pan-omics in sheep: unveiling genetic landscapes. Animals. 2024;14(2):273.

Makun HJ, Ajanusi JO, Ehoche OW, Lakpini CA, Otaru SM. Growth rates and milk production potential of Sahelian and Red Sokoto breeds of goats in northern Guinea Savannah. Pak J Biol Sci. 2008;11(4): 601-6.

Marai IFM, Abou-Fandoud EI, Daader AH, Abu-Ella AA. Reproductive doe traits of the Nubian (Zaraibi) goats in Egypt. Small Rumin Res. 2002;46(2-3):201-5.

Michalski A, Cox J, Mann M. More than 100,000 detectable peptide species elute in single shotgun proteomics runs but the majority is inaccessible to data-dependent LC-MS/MS. J Proteome Res. 2011;10(4):1785-93.

Mumby M, Brekken D. Phosphoproteomics: new insights into cellular signaling. Genome Biol. 2005;6(9): 230.

Ogunjobi TT, Ohaeri PN, Akintola OT, Atanda DO, Orji FP, Adebayo JO, et al. Bioinformatics applications in chronic diseases: a comprehensive review of genomic, transcriptomics, proteomic, metabolomics, and machine learning approaches. Medinformatics. 2024;2024: 2335.

Ogunyinka BI, Oyinloye BE, Osunsanmi FO, Opoku AR, Kappo AP. Proteomic analysis of differentially-expressed proteins in the liver of streptozotocin-induced diabetic rats treated with Parkia biglobosa protein isolate. Molecules. 2018;23(2):156.

Ojo VOA, Ozoje MO, Adebambo OA, Peters SO. Microsatellite analysis of West African Dwarf goats in Nigeria. Niger J Anim Prod. 2024;51(1):37-46.

Okpeku M, Ogah DM, Adeleke MA. A review of challenges to genetic improvement of indigenous livestock for improved food production in Nigeria. Afr J Food Agric Nutr Dev. 2019;19(1):13959-78.

Okpeku M, Peters SO, Ozoje MO, Adebambo OA, Agaviezor BO, O'Neill MJ, et al. Preliminary analysis of microsatellite-based genetic diversity of goats in southern Nigeria. Trop Anim Health Prod. 2011; 49(49):33-41.

Omics Tutorials. Comprehensive guide to proteomics types: Delving into expression, functional, and structural proteomics [Internet]. 2025 [cited 2025 May 16]. Available from: https://omicstutorials.com/comprehensive-guide-to-proteomics-types-delving-into-expression-functional-and-structural-proteomics/.

Omotosho BO, Bemji MN, Bamisile K, Ozoje MO, Wheto M, Lawal AM, et al. Comparative study of growth patterns of Kalahari Red goats and West African dwarf goats reared in Southwest Nigeria. Niger J Anim Prod. 2020;47(5):213-26.

Oni OO, Ibhaze GA, Ogunwande IO, Onibi GE. Socioeconomic characteristics of farmers, profitability and militating factors affecting small ruminant production in Ondo State, South-West, Nigeria. Int J Environ Agric Biotechnol. 2022;7(2):69-77.

Onile OS, Calder B, Soares NC, Anumudu CI, Blackburn JM. Quantitative label-free proteomic analysis of human urine to identify novel candidate protein biomarkers for schistosomiasis. PLoS Negl Trop Dis. 2017;11(11):e0006045.

Paula Junior AR, van Tilburg MF, Lobo MDP, Monteiro-Moreira ACO, Moreira RA, Melo CHS, et al. Proteomic analysis of follicular fluid from tropically-adapted goats. Anim Reprod Sci. 2018; 188:35-44.

Qureshi MI, Sabir JSM, Mutwakil M, Hanafy E, Ashmaoui HM, Ramadan H, et al. Review of modern strategies to enhance livestock genetic performance: from molecular markers to next-generation sequencing technologies in goats. J Food Agric Environ. 2014; 7(5):541-53.

Rathod P, Dixit S. Effect of improved management practices on productive and reproductive performance of Osmanabadi goats under semi-intensive rearing systems. Indian J Anim Sci. 2021;91(6):499-504.

Smith R, Hall B, Taylor D. Gene expression regulation of muscle growth in livestock. Livest Sci. 2023; 260:104942.

Tamang S. Proteomics: types, methods, steps, applications [Internet]. 2023 [cited 2025 May 16]. Available from: https://microbenotes.com/proteomics/.

Tian R, Mahmoodi M, Tian J, Esmailizadeh Koshkoiyeh S, Zhao M, Saminzadeh M, et al. Leveraging functional genomics for understanding beef quality complexities and breeding beef cattle for improved meat quality [Preprint]. 2024 [cited 2025 May 16]. Available from: https://doi.org/10.20944/preprints202408.1038.v1.

Tiwari M, Gujar G, Shashank CG, Sriranga KR, Singh RJ. Omics strategies for unveiling male fertility-related biomarkers in livestock: a review. Gene Rep. 2024; 101928.

U.S. Department of Agriculture, Foreign Agricultural Service. Planned livestock sector reforms could lead to trade opportunities. Rep. No.: NI20250011. Washington (DC): USDA. 2025 [cited 2025 Jun 3]. Available from: https://apps.fas.usda.gov/newgainapi/api/Report/DownloadReportByFileName?fileName=Planned+Livestock+ Sector+Reforms+Could+Lead+to+Trade+Opportunities_Lagos_Nigeria_NI2025-0011.pdf.

UniProt Consortium. UniProt: the universal protein knowledgebase in 2023. Nucleic Acids Res. 2023;51(D1):D523-31.

Urgessa OE, Woldesemayat AA. OMICs approaches and technologies for understanding low-high feed efficiency traits in chicken: implication to breeding. Anim Biotechnol. 2023:1-20.

Veenstra BT, Veenstra TD. Proteomic applications in identifying protein-protein interactions. Adv Protein Chem Struct Biol. 2024;138:1-48.

Wan X, Jing J, Lv F-H. Whole-genome selective scans detect genes associated with important phenotypic traits in goat (*Capra hircus*). Front Genet. 2023; 14:1173017.

Wang J, Fu Y, Su T, Wang Y, Soladoye OP, Huang Y, et al. A role of multi-omics technologies in sheep and goat meats: progress and way ahead. Foods. 2023;12(22):4069.

Wani SA, Sahu AR, Khan RIN, Praharaj MR, Saxena S, Rajak KK, et al. Proteome modulation in peripheral blood mononuclear cells of Peste des Petits ruminants vaccinated goats and sheep. Front Vet Sci. 2021; 8:670968.

Xiang Y, Sun J, Ma G, Dai X, Meng Y, Fu C, et al. Integrating multi-omics data to identify key functional variants affecting feed efficiency in Large White boars. Genes. 2024;15(8):980.

Yakubu A, Achapu MM. Assessment of production objective and breeding practices of rural goat keepers and implications for a breeding programme in north central Nigeria. Niger J Anim Prod. 2021;43(1): 50-61.

Yakubu A. Path coefficient and path analysis of body weight and biometric traits in Yankasa lambs. Afr J Biotechnol. 2010;9(38):6419-23.

Yanagida M. Functional proteomics; current achievements. J Chromatography B. 2002;771(1-2):89-106.

Zhang Y, Fonslow BR, Shan B, Baek MC, Yates JR. Protein analysis by shotgun/bottom-up proteomics. Chem Rev. 2013;113(4):2343-94.

Zhang Z, Wu H, Zhao Y. The role of transcriptomic analysis in heat stress adaptation of livestock. Anim Biotechnol. 2022;33(6):1275-90.