บทคัดย่อ

ช่วงที่มีสภาพอากาศร้อนและความชื้นสูงพบว่าโคนมจะให้ผลผลิตน้ำนมและความสมบูรณ์พันธุ์ลดต่ำลง โดยมีสาเหตุมาจากความเครียดเนื่องจากความร้อน (heat stress) เนื่องจากการทนร้อนเป็นลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมค่อนข้างต่ำการคัดเลือกดังกล่าวอาจได้ผลตอบสนองการคัดเลือกค่อนข้างช้า ดังนั้นการหาเครื่องหมายโมเลกุลเพื่อช่วยในการคัดเลือกจึงเป็นแนวทางหนึ่งที่น่าจะช่วยให้การปรับปรุงพันธุ์มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น เก็บตัวอย่างเลือดจากโคนมจำนวนรวม 262 ตัว เพื่อสกัดดีเอ็นเอ จากนั้นเพิ่มจำนวน DNA ด้วยเทคนิคการเพิ่มขยายส่วนดีเอ็นเอ (PCR) โดยเลือกใช้ microsatellite markers จำนวน 9 ชุด ใช้ข้อมูลค่าผสมพันธุ์ช่วงห่างการคลอด (breeding value, EBV_CI), ช่วงห่างการคลอดเฉลี่ยทุกครั้งการให้ลูก (average calving interval, CI), และช่วงห่างการคลอดครั้งแรก (first calving interval, FCI) เป็นค่าสังเกตในการพิจารณาความสมบูรณ์พันธุ์ โดยโคที่มีค่า CI, FCI, EBV_CI ต่ำแสดงว่ามีความสมบูรณ์พันธุ์สูง ข้อมูลการคลอดของโคตั้งแต่ปี พ.ศ. 2535-2544 จำนวน 17,315 บันทึก มีจำนวนสัตว์ 13,124 ตัวในพันธุ์ประวัติ จากฟาร์มเอกชนแห่งหนึ่งถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์

จากการศึกษา microsatellite พบอัลลีล (allele) ทั้งหมด 33 อัลลีล โดย ILST064 พบจำนวนอัลลีลน้อยที่สุดคือ 2 อัลลีล และ BL41 พบจำนวนอัลลีลมากที่สุดคือ 6 อัลลีล เมื่อวิเคราะห์อิทธิพลของ maker genotype ที่มีต่อช่วงห่างการให้ลูก พบว่า Marker 2 (MB101), Marker 5 (BL41) และ Marker 1 (BMS871) มีอิทธิพล ($P<0.05$) หรือมีแนวโน้ม ($P<0.10$) ต่อความผันแปรของช่วงห่างการให้ลูกในโคนม โดยการใช้ข้อมูล EBV ในการวิเคราะห์จะมีความไว (sensitivity) ในการทดสอบสูงกว่าการใช้ข้อมูล phenotype ซึ่งการศึกษาจากข้อมูลจริง (original data) และข้อมูลที่แปลงให้อยู่ในรูปรหัส (threshold data) โดยกำหนดเกณฑ์ความสมบูรณ์พันธุ์ให้ผลสอดคล้องกัน โดยพบว่าอัลลีลที่พบความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญต่อความสมบูรณ์พันธุ์จะปรากฏใน Marker 1 (BMS871) Marker 2 (MB101), Marker 4 (MB079), Maker 5 (BL41) และ Marker 6 (BM4129) ($P<0.05$)

เมื่อตรวจหาตำแหน่ง QTL ที่มีอิทธิพลต่อช่วงห่างการให้ลูกบนโครโมโซม 3 พบว่าพ่อพันธุ์ที่ 1 พบ profile peak ของ QTL ที่ตำแหน่ง 14 cM ซึ่งอยู่ระหว่าง Marker 1 (BMS871) และ Marker 2 (MB101), ส่วนพ่อพันธุ์ที่ 2 พบ profile peak ของ QTL ที่ตำแหน่ง 52 cM ซึ่งอยู่ระหว่าง Marker 5 (BL41) และ Marker 6 (BL41) ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาอิทธิพลของ marker genotype และความสัมพันธ์ของอัลลีล เนื่องจาก QTL ที่พบอยู่ระหว่าง 2 marker ดังกล่าวสามารถเกิด linkage ระหว่าง QTL กับแต่ละ maker ซึ่งทำให้ marker genotype ทั้ง 2 ตำแหน่งมีผลต่อการผันแปรของลักษณะช่วงห่างการให้ลูกในแม่โค

Abstract

219267

During high temperature and humid, dairy cattle will lose milk yield and fertility because of heat stress. Acording to low heritability, selection response will be slow if conventional breeding is used. Therefore, detection of molecular marker might be an alternative method to improve breeding efficiency. A total of 262 blood samples from dairy cows were collected and isolated for genomic DNA. The polymerase chain reaction (PCR) was applied to detect 9 microsatellites. Calving interval interms of breeding value (EBV_CI), average calving interval for all parities (CI), and first calving interval (FCI) were used to describe fertility, which the lower CI, FCI anc EBV_CI showed the higher fertility. A total of 17,315 calving records during 2535-2544 with 13,124 animals in pedigree from commercial diary farm were used in the analysis.

Thiry three alleles from 9 microsatellite were found in this study. The least number of alleles was found in ILST064 (2 alleles), and the highest number of allelels was found in BL41 (6 allelels). The analysis of marker genotypes found that Marker 2 (MB101), Marker 5 (BL41) and Marker 1 (BMS871) had significant effect ($P<0.05$) or tendency ($P<0.10$) to the variation of calving interval in datairy cattle. The used of EBV in the analysis showed more sensitivity in the test compared to phenotypic data. However, the used of original calving interval data or translated into fertility code (threshold data) gave the similar results. It was found that the significant allele effect to the fertility were related to Marker 1 (BMS871), Marker 2 (MB101), Marker 4 (MB079), Maker 5 (BL41) และ Marker 6 (BM4129) ($P<0.05$).

The detection of QTL effect on calving interval along chromosome III found that sire I had a profile peak of QTL at 14 cM between Marker 1 (BMS871) and Marker 2 (MB101), and sire II had a profile peak of QTL at 52 cM between Marker 5 (BL41) and Marker 6 (BL41), which were agreeable with the study of marker genotype and allele effect. This showed that the QTL between two markers was linked to each marker, which made the flanking marker genotype had effects on the variation of calving intervals in the cows.