บทคัดย่อ

222670

ความทนทานต่อโรคเขตร้อน (tropical disease) เป็นลักษณะที่สำคัญในการกำหนดวัตถุประสงค์การปรับปรุงพันธุ์ (breeding objectives) โคนม แต่เนื่องด้วยเป็นลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่ต่ำทำให้ผลตอบสนองการคัดเลือกเป็นไปได้ค่อนข้างช้าหากใช้วิธีการคัดเลือกแบบปกติ (conventional selection) การตรวจหาเครื่องหมายพันธุกรรมจึงเป็นทางเลือกหนึ่งที่ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพการคัดเลือก ดังนั้นการวิจัยครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจหาความสัมพันธ์ของเครื่องหมายพันธุกรรมกับการต้านทานต่อโรคไข้เห็บซึ่งเป็นโรคเขตร้อน การวิจัยครั้งนี้ใช้โคนมจำนวน 332 ตัว จากสถานีทดลองและฝึกอบรมร้อยเอ็ด มหาวิทยาลัยขอนแก่น และสถานีทดสอบพันธุ์สัตว์ กรมปศุสัตว์ DNA ของโคถูกสกัดจากเม็ดเลือดขาวในขณะที่ DNA ของเชื้อจะถูกสกัดจากเม็ดเลือดแดงของโค รูปแบบอัลลีลของยีน DRB3 และการติดเชื้อ Anaplasma marginale ของโคแต่ละตัวถูกตรวจสอบด้วยวิธี PCR

ผลการวิจัยพบรูปแบบอัลลีล DRB3 หลากหลาย โดยพบ 16 อัลลีลที่มีความถี่มากกว่า 2.5% ได้แก่ DRB3*16, *51, *23, *8, *11, *15, *1, *48, *24, *2, *10, *naa, *45, *12, *13, *54 และ DRB3*16 มากที่สุดในการศึกษาครั้งนี้ (15.90%) จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของรูปแบบอัลลีลต่อการติดเชื้อด้วยวิธี logistic regression พบว่า อัลลีล DRB3*51 มีความสัมพันธ์ต่อการทนทานต่อเชื้อ (P<0.05) โดยค่าคาดคะเนความน่าจะเป็นที่จะพบการติดเชื้อในโคที่มีอัลลีล *51 มีค่าเท่ากับ 44.79%

การค้นพบรูปแบบอัลลีลของ DRB ที่มีความสัมพันธ์กับการต้านทานต่อเชื้อ Anaplasma marginale ครั้งนี้นับว่ามีประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์โคนมอย่างมาก และสามารถช่วยให้การพัฒนาโคนมในประเทศไทยเป็นไปอย่างรวดเร็วและมีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น

222670

Tropical disease tolerance is a valuable breeding objective for dairy cattle breeding system. Acording to low heritability, selection response will be minimal if conventional selection is applied because the inaccuracy of breeding values. Therefore, detection of molecular marker might be an alternative method to improve breeding efficiency. The objective of this study was to find the marker association with the tick born fever tolerance. A total of 332 dairy cattle blood samples from Roiet Experimental and Training center, Khon Kaen and DLD Breeding Stations, Department of Livestock development. Cattle genomic DNA were isolated from WBC, and parasite genomic DNA were isolated from RBC. The polymerase chain reaction (PCR) was applied to detect BoLA-DRB3 exon II from cattle genome and detect specific sequence for Anaplasma (Tick born fever) from pathogen genome.

Several BoLA-DRB3 alleles were found in this study. There were 16 alleles found frequency greater than 2.5%, which were DRB3*16, *51, *23, *8, *11, *15, *1, *48, *24, *2, *10, *naa, *45, *12, *13, *54. The most alleles found was DRB3*16 (15.90%). Only alleles with frequency greater than 2.5% were used to detect the associations with Anaplasmosis occurance usin logistic regression analysis. The result showed that DRB3*51 was significantly associated with the resistance of *Anaplasma marginale*. The expected probability to had the anaplasmosis infections was 44.79% if cows had DRB3*51 allele.

The detection of DRB3 allele associated with the tropical disease tolerance, which tick born fever by Anaplasma marginale in this study, was very important and useful in the dairy cattle breeding selection in the future.