

การตรวจหา Quantitative Trait Loci ที่มีอิทธิพลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนม

Detection of quantitative trait loci affecting fertility trait in dairy cattle

ช่อทิพ อรุณเดชาชัย¹, มนต์ชัย ดวงจินดา^{1*}, ยุพิน ภาสุข¹ และ โชค บุลกุล²

Chortip Aroondachachai¹, Monchai Duangjinda^{1*}, Yupin Phasuk¹ and Chok Bulakul²

บทคัดย่อ: การศึกษาครั้งนี้เพื่อตรวจหา QTL ที่มีอิทธิพลต่ออายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก และช่วงห่างการให้ลูกในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนที่เกิดขึ้นในประเทศไทยและศึกษาชุดข้อมูลที่เหมาะสมในการวิเคราะห์ QTL ด้วยแผนการทดลองแบบ daughter design (half-sib analysis) โดยตรวจสอบจีโนมไทป์ของ microsatellite markers จำนวน 42 markers ซึ่งครอบคลุม 7 โครโมโซม ในพ่อพันธุ์จำนวน 5 ครอบครัว และมีลูกสาวทั้งหมดรวม 457 ตัว ใช้ทั้งข้อมูลการให้ผลผลิต (yield deviation, YD) และ ค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ในการวิเคราะห์หา QTL โดยตรวจสอบทุก 1 cM ภายในบริเวณที่ครอบคลุมทุก marker ทำการประมาณค่า chromosome-wise significance thresholds ที่ระดับ 5 และ 1 % ด้วยวิธี permutation จำนวน 10,000 รอบ ผลการศึกษาครั้งนี้พบ linked QTL ที่มีอิทธิพลต่ออายุเมื่อคลอดลูกตัวแรกและช่วงห่างการให้ลูกอยู่บนโครโมโซมเดียวกัน บนโครโมโซมคู่ที่ 4 (อยู่ระหว่าง markerBMS827 และ BMS789), โครโมโซมคู่ที่ 7 (อยู่ระหว่าง markerBM6117 และ OARAE129) และโครโมโซมคู่ที่ 23 (อยู่ระหว่าง markerBM1818 และ DIK4203) นอกจากนี้ยังพบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC เพียงลักษณะเดียวบนโครโมโซมคู่ที่ 2 (ใกล้กับ markerBL1028) และโครโมโซมคู่ที่ 6 (ใกล้กับ markerBMS2508, DIK2294, ILSTS035) และชุดข้อมูล EBV มีความเหมาะสมมากกว่าที่สุดสำหรับการวิเคราะห์ QTL ที่มีผลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ในประชากรโคนมลูกผสมของประเทศไทย

คำสำคัญ: Quantitative Trait Loci, โคนม, ความสมบูรณ์พันธุ์

Abstract: The objective of this study aimed to investigate the locations of QTL affecting age at first calving and calving interval in Thai crossbred Holsteins by daughter design. Five sire families with total of 457 daughters were genotyped for forty two microsatellite markers with coverage of 7 bovine autosomes. Both of the yield deviations and the estimated breeding values were used. The putative QTL were scanned every 1 cM within the region covered by all markers. Ten thousand permutations were used to estimate the 5, and 1% chromosome-wise significance thresholds. The putative QTL affecting AFC and CI were most found linked on the same chromosome, which were chromosome 4 (between BMS827-BMS789), chromosome 7 (BM6117-OARAE129), and chromosome 23 (between BM1818-DIK4203). However, the QTL affected AFC alone were also found on chromosome 2 (near BL1028), and chromosome 6 (near BMS2508, near DIK2294, and near ILSTS035). EBV was the most suitable data set analyzed for QTL affecting fertility traits in Thai crossbred.

Keywords: Quantitative Trait Loci, dairy cattle, fertility

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น อ.เมือง จ.ขอนแก่น 40002

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

² ฟาร์มโชคชัย หมู่ 2 ต.หนองน้ำแดง อ.ปากช่อง จ.นครราชสีมา 30130

Farm Chokchai, Mu 2 Nong Nam Daeng, Pak Chong, Nakhon Ratchasima 30130

* Corresponding author: monchai@kku.ac.th

บทนำ

ความสมบูรณ์พันธุ์มีความสำคัญอย่างยิ่งต่อระบบการผลิตของโคนม เนื่องจากเป็นดัชนีตัวหนึ่งที่บ่งชี้ถึงประสิทธิภาพการผลิตของโคนม นอกจากนี้ปัญหาความไม่สมบูรณ์พันธุ์ในโคนม เป็นสาเหตุหลักที่ถูกใช้ในการพิจารณาคัดทิ้ง (culling) โคนมในฟาร์มอีกด้วย (Bascom and Young, 1998; Holmberg and Andersson-Eklund, 2006; Moussavi, 2008) โดยมีลักษณะต่างๆ ที่นิยมใช้ในการประเมินความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนม ได้แก่ อายุเมื่อผสมพันธุ์ครั้งแรก (age at first service, AFS), อายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก (age at first calving, AFC), จำนวนครั้งผสมต่อการผสมติด (number of service per conception, NSC), ช่วงห่างการให้ลูก (calving interval, CI), จำนวนวันท้องว่าง (day open, DO) เป็นต้น

ในประเทศไทยโคนมที่เลี้ยงส่วนใหญ่เป็นโคนมลูกผสมระหว่างพันธุ์ Holstein Friesian และ Zebu เพื่อมุ่งเน้นทั้งการให้ผลผลิตน้ำนมและทนต่อสภาพอากาศร้อนชื้น แม้ว่าในปัจจุบันการคัดเลือกด้วยวิธี conventional breeding ค่อนข้างประสบความสำเร็จโดยมีการนำเอาโปรแกรมการประเมินพันธุกรรมเข้ามาใช้ในการคัดเลือกพ่อพันธุ์ แต่วิธีนี้ยังคงมีข้อจำกัดอยู่มากสำหรับลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ เนื่องจากเป็นลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ การแสดงออกของลักษณะถูกจำกัดด้วยเพศ จัดเก็บข้อมูลรายตัวให้สมบูรณ์ได้ยาก เมื่อประกอบกับปัจจัยด้านอื่นๆ (อาหาร การจัดการ สิ่งแวดล้อม ฯลฯ) จึงทำให้โคนมไทยยังคงมีปัญหาความสมบูรณ์พันธุ์ต่ำ การนำเอาความรู้ด้านพันธุศาสตร์โมเลกุลเข้ามาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์โคนมโดยส่วนใหญ่มุ่งเน้นการศึกษาตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะปริมาณ (quantitative trait loci, QTL) และ ค้นหาเครื่องหมายพันธุกรรม (genetic marker) ที่เกี่ยวข้องกับยีนที่มีอิทธิพลต่อลักษณะต่างๆ เพื่อนำมาใช้ในการคัดเลือกโคนมด้วยวิธี marker assisted selection (MAS) ซึ่งเป็นอีกทางเลือกหนึ่งสำหรับการคัดเลือกโคนมจากการใช้เครื่องหมายพันธุกรรมที่สัมพันธ์กับลักษณะ ทำให้สามารถคัดเลือกโคนมได้

อย่างแม่นยำและมีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น (Dekkers, 2004) ตลอดจนเพิ่มความเข้มข้นในการคัดเลือกอีกด้วย จึงมีนักวิจัยหลายกลุ่มทำการศึกษาถึงอิทธิพลของ QTL ที่มีผลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนม เช่น อัตราการติดท้อง อัตราการกลับสัด อัตราการคลอดลูกแฝด และช่วงการให้ลูกจนถึงผสมครั้งแรก เป็นต้น ซึ่งมีรายงานว่าพบ QTL บนโครโมโซมหลายแห่ง ได้แก่ 2, 6, 9, 14, 16, 18, 27 และ 28 เป็นต้น (Schrooten et al., 2000; Kuhn et al., 2003; Ashwell et al., 2004; Holmberg and Andersson-Eklund, 2006) ซึ่ง QTL ที่พบส่วนใหญ่เป็นชนิด LE markers ในการนำไปใช้ประโยชน์จะสามารถใช้ได้เฉพาะประชากรนั้นเท่านั้นไม่สามารถที่จะใช้กับประชากรอื่นๆ ได้ ดังนั้นการศึกษาค้นคว้าจึงมีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจหา QTL ที่มีอิทธิพลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมลูกผสมไฮลอสไตน์ฟรีเซียนที่เกิดขึ้นในประเทศไทยบนโครโมโซมคู่ที่ 2, 4, 6, 7, 18, 23, และ 27 และยังคงศึกษาถึงชุดข้อมูลที่เหมาะสมในการวิเคราะห์ QTL ระหว่างข้อมูลการให้ผลผลิต (yield deviation, YD) และค่าการผสมพันธุ์ (EBV) เนื่องจากทั้งสองชุดข้อมูลนี้มีความแตกต่างกันคือ yield deviation (YD) คือค่าของลักษณะปรากฏหักออกด้วยค่าอิทธิพลของปัจจัยคงที่ต่างๆ และ estimate breeding value (EBV) ซึ่งเป็นค่าของอิทธิพลเนื่องจาก additive gene จึงได้ค่าที่แสดงออกตามพันธุกรรมของสัตว์อย่างแท้จริง

วิธีการศึกษา

กลุ่มประชากรที่ศึกษา (Population)

ทำการศึกษาในประชากรโคนมลูกผสมไฮลอสไตน์ฟรีเซียนที่เกิดขึ้นในประเทศไทย จากฟาร์มโคนมโชคชัย อำเภอบางบาล จังหวัดนครราชสีมา ทำการตรวจสอบข้อมูลโคนมที่มีความสัมพันธ์แบบ daughter design หรือ half sib analysis (Weller et al., 1990) ซึ่งมีพ่อพันธุ์จำนวน 5 ครอบครัว และลูกสาวจำนวน 457 ตัว เกิดระหว่างปี ค.ศ. 1991 ถึง 2008 โดยมีจำนวนลูกสาวในแต่ละพ่อเท่ากับ 89, 65, 138, 96, และ 70 ตัว ตามลำดับ ซึ่งมีบันทึกข้อมูลความสมบูรณ์พันธุ์ ได้แก่ อายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก และช่วงห่างการให้ลูก

ข้อมูลจีโนไทป์ (Genotypic Data)

ทำการสกัด DNA จากน้ำเชื้อแช่แข็งของพ่อพันธุ์และเลือดของลูกสาวทั้งหมด เพื่อตรวจสอบจีโนไทป์ของ microsatellite markers บนโครโมโซมคู่ที่ 2, 4, 6, 7, 18, 23, และ 27 ด้วยวิธี PCR โดยคัดเลือก marker จากที่มีรายงานใน Meat Animal Research Center Map (MARC) (<http://www.marc.usda.gov>) เมื่อทำการตัดข้อมูลของ uninformative marker แล้วได้ marker ที่เหมาะสมจำนวน 42 markers ซึ่งครอบคลุม 7 โครโมโซม มีช่วงระยะห่างเฉลี่ยแต่ละ marker เท่ากับ 8 cM มีรายละเอียดของ marker ดังแสดงไว้ใน Table 1

ข้อมูลความสมบูรณ์พันธุ์ (Fertility Data)

ข้อมูลของลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ ได้แก่ อายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก (age at first calving, AFC) และช่วงห่างการให้ลูก (calving interval, CI) โดยใช้ข้อมูลทั้งที่เป็นแบบ yield deviation (YD) คือค่าของลักษณะปรากฏหักออกด้วยค่าอิทธิพลของปัจจัยคงที่ต่างๆ และ estimate breeding value (EBV)

ซึ่งเป็นค่าของอิทธิพลเนื่องจาก additive gene ทำการประเมินจากข้อมูล AFC จำนวน 7,376 บันทึก และ CI (CI ที่ 1-4) จำนวน 18,445 บันทึก จำนวนสัตว์ในพันธุ์ประวัติเท่ากับ 13,132 ตัว วิเคราะห์ด้วยโมเดลตัวสัตว์ (animal model) ซึ่งปรับด้วยอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยสุ่ม (random effect) ของตัวสัตว์ และปัจจัยคงที่ (fixed effects) ได้แก่ ระดับสายเลือดโฮลส์ไตน์ เดือนและปีที่แม่โคนมเกิด (เฉพาะ AFC) เดือนและปีที่แม่โคนมคลอดลูก และลำดับการให้นม (เฉพาะ CI) โดยมีโมเดลการวิเคราะห์เป็น $y = X\beta + Za + \epsilon$ และ $y = X\beta + Za + Wpe + \epsilon$ สำหรับ AFC และ CI ตามลำดับ, เมื่อ y = ค่าสังเกต, β = อิทธิพลคงที่, a = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์, pe = อิทธิพลสุ่มของสภาพแวดล้อมถาวร, และ ϵ = ความคลาดเคลื่อน, X, Z, W = incident matrix ทำการวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90-DairyPAK 3.0 (Duangjinda et al., 2007) ค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) ของ AFC และ CI มีค่าเท่ากับ 0.17 และ 0.15 ตามลำดับ, และค่า permanent environment (σ_{pc}^2) ของ CI เท่ากับ 0.05

Table 1 Characterization of genome coverage.

Chromosome	No. of markers	Markers (position in cM)
2	4	BMS829 (99.7), BMS1987 (107.4), BL1028 (114.2), DIK1155 (117.9)
4	5	BMS827 (28.4), BMS789 (39.0), MAF70 (45.9), MAF50 (51.2), DIK4876 (60.4)
6	11	BM1329 (35.4), BMS2508 (43.9), BMS5037 (47.82), BM143 (53.7), MNB-208 (60.2), DIK2294 (75.2), BM415 (81.9), ILSTS035 (87.3), BMS5021 (93.8), BP7 (98.5), DIK5389 (102.5)
7	5	BM6105 (36.9), BM6117 (62.2), BMS2258 (77.1), OARAE129 (95.9), BMS1979 (126.2)
18	8	ILSTS021 (11.0), DIK1099 (18.5), BMS2213 (24.4), INRA121 (30.1), BM8151 (40.2), BM7109 (46.9), BMS2639 (55.5), BM2078 (76.7)
23	5	RM033 (20.6), BM1258 (28.3), DIK5406 (47.7), BM1818 (58.1), DIK4203 (73.7)
27	4	BMS2104 (0), BM871 (7.8), BM1857 (52.3), INRA027 (57.7)

การวิเคราะห์ทางสถิติสำหรับ QTL

วิเคราะห์หาตำแหน่งของ QTL โดยใช้ข้อมูลจีโนไทป์ของ microsatellite markers และค่า YD และ EBV ของลักษณะ AFC และ CI ของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียน โดยวิธี least square แบบ simple interval mapping ด้วยโมเดลของ Haley and Knott (1992) ทำการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม QTL Express (Seaton et al., 2001) โดยวิเคราะห์แบบรวมทุกครอบครัว (across families) และวิเคราะห์แบบแยกภายในครอบครัว (within families) เพื่อตรวจหาตำแหน่งของ QTL ทุกๆ 1 cM ภายในบริเวณที่ครอบคลุมทั้ง 42 markers และทำการประมาณค่า chromosome-wise significance threshold ที่ระดับ 5 และ 1 % ด้วยการทดสอบ permutation จำนวน 10,000 รอบ

$$y_{ij} = \mu + S_i + b_i X_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad \text{Haley and Knott (1992)}$$

เมื่อ Y_{ij} = yield deviation หรือ EBV ของลูกสาว j, ของพ่อพันธุ์ i, μ = overall mean, S_i = fixed effect ของพ่อพันธุ์ i, b_i = regression coefficient ของพ่อพันธุ์ i, X_{ij} = โอกาสที่ลูกสาว j จะได้รับ putative QTL allele ที่ตำแหน่ง haplotype ที่พิจารณาของพ่อพันธุ์ i, ε_{ij} = residual effect

ผลการศึกษาและวิจารณ์

การวิเคราะห์รวมทุกครอบครัว

จากข้อมูลลูกสาวทั้งหมด 457 ตัว มีอายุเมื่อคลอดลูกตัวแรกเฉลี่ย และช่วงห่างการให้ลูกเฉลี่ยเท่ากับ 29.98 เดือน และ 416.19 วัน ตามลำดับ ผลการวิเคราะห์แบบรวมทุกครอบครัว พบตำแหน่งของ QTL ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะ AFC บนโครโมโซมคู่ที่ 2 (บริเวณใกล้กับ marker BL1028), โครโมโซมคู่ที่ 4 (บริเวณระหว่าง marker BMS827 และ BMS789), โครโมโซมคู่ที่ 6 (บริเวณใกล้กับ marker DIK2294) และโครโมโซมคู่ที่ 7 (บริเวณใกล้กับ marker BM6117) และสำหรับลักษณะ CI พบตำแหน่งของ QTL เพียงตำแหน่งเดียวอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 7 (บริเวณใกล้กับ marker OARAE129) (Figure 1-4) ดังนั้นจะเห็นได้ว่าแม้ว่าจะพบ QTL ของสองลักษณะบนโครโมโซมคู่ที่ 7 เช่นเดียวกันแต่ไม่ใช่ตำแหน่งเดียวกันจึงยังไม่สามารถที่จะนำ markers บนโครโมโซมนี้ไปใช้คัดเลือกพร้อมกัน 2 ลักษณะได้ และการใช้ข้อมูลที่แตกต่างกัน (YD และ EBV) จะทำให้พบตำแหน่งของ QTL ต่างกัน ซึ่งการใช้ข้อมูล YD จะพบตำแหน่งของ QTL ได้มากกว่า (Figure 1-4)

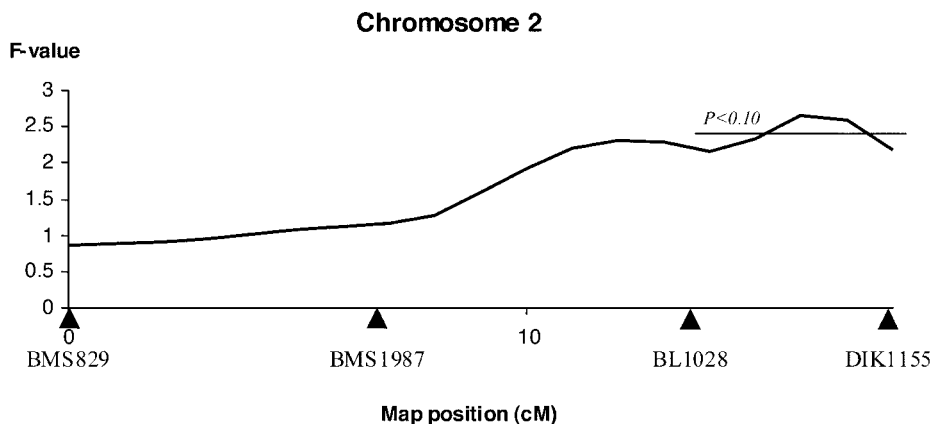


Figure 1 Test statistic profiles (F -values) from across family analyses for age at first calving using YD (—) on chromosome 2. Horizontal lines represent the chromosome-wise threshold values from 10,000 permutations. Relative marker locations are indicated by triangles on horizontal axis.

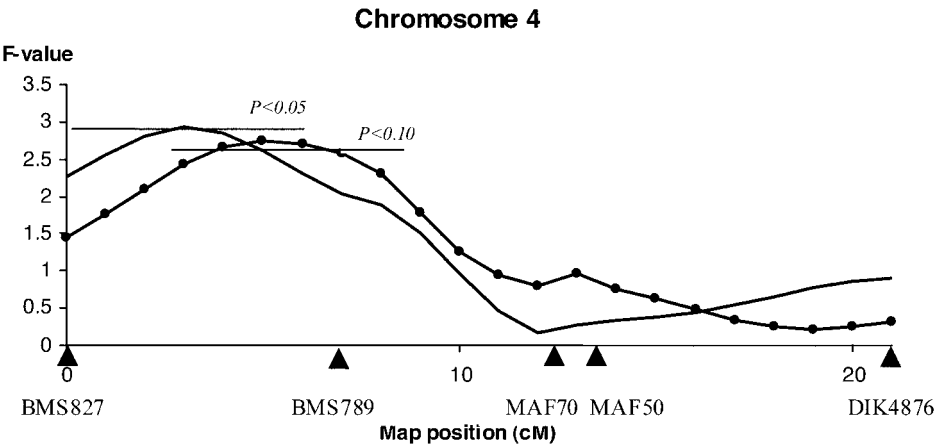


Figure 2 Test statistic profiles (F -values) from across family analyses for age at first calving using YD (—), and EBV/MT (—●—) on chromosome 4. Horizontal lines represent the chromosome-wise threshold values from 10,000 permutations. Relative marker locations are indicated by triangles on horizontal axis.

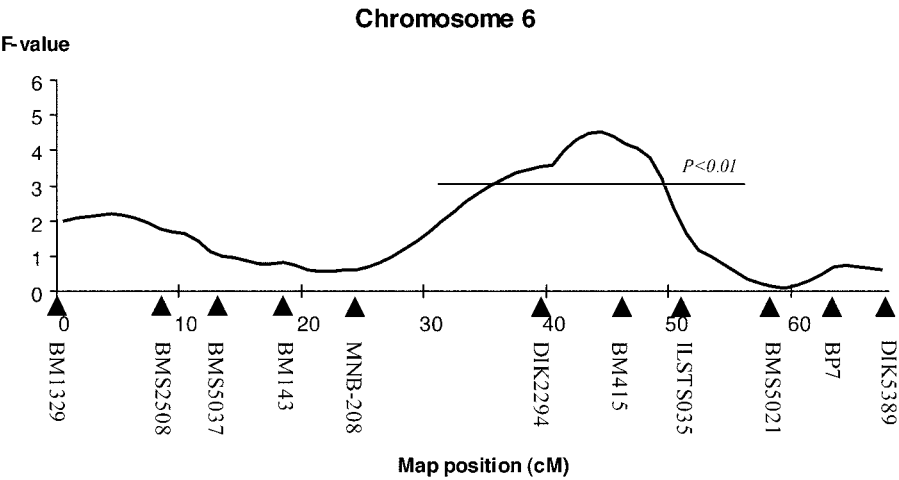


Figure 3 Test statistic profiles (F -values) from across family analyses for age at first calving using YD (—) on chromosome 6. Horizontal lines represent the chromosome-wise threshold values from 10,000 permutations. Relative marker locations are indicated by triangles on horizontal axis.

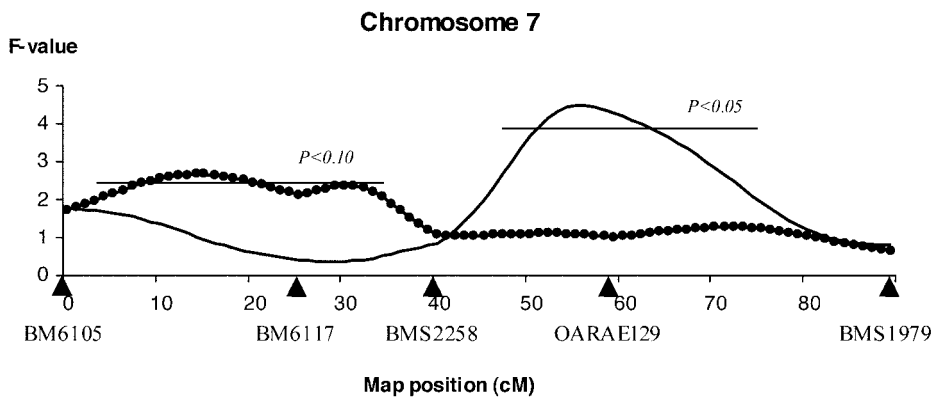


Figure 4 Test statistic profiles (F -values) from across family analyses for age at first calving using EBV/MT (—●—), calving interval using YD (—) on chromosome 7. Horizontal lines represent the chromosome-wide threshold values from 10,000 permutations. Relative marker locations are indicated by triangles on horizontal axis.

การวิเคราะห์แยกภายในครอบครัว

สำหรับพ่อพันธุ์ทั้ง 5 ครอบครัว เมื่อทำการวิเคราะห์แยกภายในครอบครัว พบว่ามี QTL ที่มีอิทธิพลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ในพ่อพันธุ์ที่ 1, 2, 3, 4, และ 5 (Table 2)

พ่อพันธุ์ที่ 1: พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC อยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 ระหว่าง marker DIK2294 และ ILSTS035 และพบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ CI อยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 ใกล้กับ marker BMS789

พ่อพันธุ์ที่ 2: พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC อยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 6 ใกล้กับ marker BMS2508 นอกจากนี้ยังพบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อทั้ง AFC และ CI อยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 7 ใกล้กับ marker OARAE129

พ่อพันธุ์ที่ 3: พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC อยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 2 (ใกล้กับ marker BL1028), โครโมโซมคู่ที่ 4 (ใกล้กับ marker BMS827), โครโมโซมคู่ที่ 18 (ใกล้กับ marker DIK1099) และโครโมโซมคู่ที่ 23 (ใกล้กับ marker DIK4203)

พ่อพันธุ์ที่ 4: พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อทั้ง AFC และ CI อยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 7 (ระหว่าง marker BM6117 และ BMS2258), โครโมโซมคู่ที่ 23 (ใกล้กับ marker BM1258 และ BM1818) และโครโมโซมคู่ที่ 27 (ระหว่าง marker BMS2104 และ BM871)

พ่อพันธุ์ที่ 5: พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC อยู่

บนโครโมโซมคู่ที่ 18 (ใกล้กับ marker BM7109) และโครโมโซมคู่ที่ 23 (ใกล้กับ marker BM1258)

ปัจจุบันการตรวจหา QTL ที่มีอิทธิพลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมยังมีรายงานไว้ไม่มากนัก ตลอดจนลักษณะที่ทำการศึกษาค่อนข้างจำกัดซึ่งขึ้นอยู่กับลักษณะของการบันทึกข้อมูลในฟาร์ม โดยในระยะแรกเป็นการศึกษาในลักษณะอัตราการตกไข่ และอัตราการคลอดลูกแฝด ซึ่งพบ QTL บนโครโมโซมคู่ที่ 5, 7, และ 19 (Kappes et al., 2000; Kirkpatrick et al., 2000; Lien et al., 2000) สำหรับการศึกษาครั้งนี้พบว่าตำแหน่งของ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC และ CI บนโครโมโซมคู่ที่ 2 สอดคล้องกับตำแหน่งที่พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่ออัตราการกลับสัดที่ 56 วันหลังการผสม (Schrooten et al., 2000) แต่สำหรับโครโมโซมคู่ที่ 6 พบว่า ตำแหน่งของ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC จากการศึกษาครั้งนี้ไม่สอดคล้องกับตำแหน่ง QTL ที่มีอิทธิพลต่อช่วงการให้ลูกจนถึงผสมครั้งแรกของ Schrooten et al. (2000) ซึ่งพบบริเวณ 107 cM (อยู่ระหว่าง marker BP7-BM2320) และรายงานของ Ashwell et al. (2004) พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่ออัตราการติดท้องที่ตำแหน่ง 122 cM (อยู่ระหว่าง marker BMS5021-BMS5029)

Table 2 Chromosome, QTL position, marker interval, sire effect, and *F*-value for age at first calving (AFC) and calving interval (CI), using yield deviation (YD), single (ST) and multiple (MT) trait EBV data sets (within family analysis).

Sire	Chromosome	Traits	Data set	Position ^{1/} (cM)	Marker interval		<i>F</i> -value	Effect
					Left	Right		
S1	4	CI	YD	4	BMS827	BMS789	8.90 ^{**}	-105.23
	6	AFC	YD	41	DIK2294	BM415	9.64 ^{***}	-3.43
			EBV/ST	50	BM415	ILSTS035	7.77 [*]	-0.41
S2	6	AFC	YD	7	BM1329	BMS2508	9.33 ^{**}	2.97
			EBV/MT	10	BMS2508	BMS5037	11.52 ^{**}	0.43
	7	AFC	YD	50	BMS2258	OARAE129	6.98 ^{**}	-3.11
		CI	YD	55	BMS2258	OARAE129	8.83 ^{**}	243.13
S3	2	AFC	YD	16	BL1028	DIK1155	8.44 ^{**}	2.78
	4	AFC	YD	3	BMS827	BMS789	6.70 ^{**}	-3.09
	18	AFC	YD	7	ILSTS021	DIK1099	7.14 [*]	-2.42
	23	AFC	EBV/ST	48	BM1818	DIK4203	8.27 ^{**}	0.54
			EBV/MT	46	BM1818	DIK4203	7.19 ^{**}	0.48
S4	7	AFC	EBV/ST	34	BM6117	BMS2258	9.34 ^{**}	-0.53
			EBV/MT	33	BM6117	BMS2258	10.52 ^{***}	-0.59
		CI	EBV/MT	32	BM6117	BMS2258	7.60 ^{**}	-7.97
	23	AFC	YD	7	RM033	BM1258	6.20 [*]	2.47
		CI	EBV/ST	33	DIK5408	BM1818	9.16 ^{**}	-6.16
	27	AFC	EBV/MT	3	BMS2104	BM871	6.34 ^{**}	0.41
		CI	EBV/ST	31	BM871	BM1857	11.55 ^{***}	7.71
S5	18	AFC	EBV/ST	36	BM7109	BMS2639	8.51 ^{**}	0.47
	23	AFC	YD	3	RM033	BM1258	6.06 [*]	2.81
			EBV/ST	5	RM033	BM1258	6.92 ^{**}	0.53
			EBV/MT	4	RM033	BM1258	7.23 ^{**}	0.55

^{1/} Relative from first marker in each chromosome.

^{*} Significant at 10% chromosome-wise significant level.

^{**} Significant at 5% chromosome-wise significant level.

^{***} Significant at 1% chromosome-wise significant level.

สรุป

การศึกษาครั้งนี้พบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC และ CI บนโครโมโซมคู่ที่ 4 (อยู่ระหว่าง markerBMS827 และ BMS789), โครโมโซมคู่ที่ 7 (อยู่ระหว่าง markerBM6117 และ OARAE129) และโครโมโซมคู่ที่ 23 (อยู่ระหว่าง markerBM1818 และ DIK4203) นอกจากนี้ยังพบ QTL ที่มีอิทธิพลต่อ AFC เพียงลักษณะเดียวบนโครโมโซมคู่ที่ 2 (ใกล้กับ markerBL1028) และโครโมโซมคู่ที่ 6 (ใกล้กับ markerBMS2508, DIK2294, ILSTS035) หากเราสามารถที่จะทดสอบ QTL เหล่านี้ได้ในประชากรอื่นๆ จะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งในการนำไปพัฒนาเป็น QTL-MAS เพื่อคัดเลือกพ่อพันธุ์โคนมให้มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น อีกทั้งยังช่วยเพิ่มมูลค่าให้กับพ่อพันธุ์ได้อีกทางหนึ่งด้วย และการศึกษาครั้งนี้พบว่าการใช้ชุดข้อมูล EBV มีความเหมาะสมมากกว่า YD สำหรับการวิเคราะห์ QTL ที่มีผลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ในประชากรโคนมลูกผสมของประเทศไทย

คำขอบคุณ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนบางส่วนจากศูนย์วิจัยเทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร เพื่อเศรษฐกิจที่ยั่งยืน และศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร (มหาวิทยาลัยขอนแก่น) โครงการพัฒนานักดัตติศึกษาและวิจัยสาขาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี และโครงการพัฒนาโคนมทนร้อนด้วยการบูรณาการเทคโนโลยีเพื่อการผลิตอย่างยั่งยืน ทุนอุดหนุนทั่วไป มหาวิทยาลัยขอนแก่น

เอกสารอ้างอิง

- Ashwell, M.S., D.W. Heyen, T.S. Sonstegard, C.P. Van Tassell, Y. Da, P.M. VanRaden, M. Ron, J.I. Weller, and H.A. Lewin. 2004. Detection of quantitative trait loci affecting milk production, health, and reproductive traits in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 87:468-475.
- Bascom, S.S., and A.J. Young. 1998. A summary of the reasons why farmers cull cows. *J. Dairy Sci.* 81:2299-2305.
- Dekkers, J.C.M. 2004. Commercial application of marker-and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *J. Anim. Sci.* 82: E313-E328.
- Duangjinda, M., I. Misztal and S. Tsuruta. 2007. BLUPF90-DairyPAK 3.0 [computer programme]. Khon kaen University, Thailand. [http://agserver.kku.ac.th/monchai].
- Haley, C.S. and S.A. Knott. 1992. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. *Heredity* 69: 315-324.
- Holmberg, M., and L. Andersson-Eklund. 2006. Quantitative traits loci affecting fertility and calving traits in Swedish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 89:3664-3671.
- Kappes, S.M., G.L. Bennett, J.W. Keele, S.E. Echternkamp, K.E. Gregory, and R.M. Thallman. 2000. Initial results of genomic scans for ovulation rate in a cattle population selected for increased twinning rate. *J. Anim. Sci.* 78:3053-3059.
- Kirkpatrick, B.W., B.M. Byla, and K.E. Gregory. 2000. Mapping quantitative trait loci for bovine ovulation rate. *Mamm. Genome* 11:136-139.
- Kühn, C., J. Bennewitz, N. Reinsch, N. Xu, H. Thomsen, C. Looft, G.A. Brockmann, M. Schwerin, C. Weimann, S. Hiendleder, G. Erhardt, I. Medjugorac, M. Forster, B. Brenig, F. Reinhardt, R. Reents, I. Russ, G. Averdunk, J. Blumel, and E. Kalm. 2003. Quantitative trait loci mapping of functional traits in the German Holstein cattle population. *J. Dairy Sci.* 86:360-368.
- Lien, S., A. Karlsen, G. Klemetsdal, D.I. V?ge, I. Olsaker, H. Klungland, M. Aasland, B. Heringstad, J. Ruane, and L. Gomez-Raya. 2000. A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting twinning rate. *Mamm. Genome* 11:877-882.
- MARC. 2005. U.S. Meat Animal Research Center, Cattle genome maps. Available: <http://www.marc.usda.gov>. Accessed Nov. 5, 2005.
- Moussavi, A.H. 2008. Days in milk at culling in Holstein dairy cows. *J. Anim. Vet. Adv.* 7:89-93.
- Schrooten, C., H. Bovenhuis, W. Coppieters, and J.A.M. Van Arendonk. 2000. Whole genome scan to detect quantitative trait loci for conformation and functional traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 83:795-806.
- Seaton, G., C.S. Haley, S.A. Knott, M. Kearsley, and P.M. Visscher. 2001. QTL express: Mapping quantitative trait loci in simple and complex pedigrees. *Bioinformatics* 18:339-340.
- Weller, J.I., Y. Kashi, and M. Soller. 1990. Power of daughter and granddaughter designs for determining linkage between marker loci and quantitative trait loci in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 73:2525-2537.