

## บทที่ 1

### บทนำ

การปรับปรุงพันธุ์สุกรให้มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจตามแผนการปรับปรุงพันธุ์ (breeding plan) ที่กำหนดไว้ ประกอบด้วยระบบการคัดเลือกพันธุ์ (selection system) และระบบการผสมพันธุ์ (mating system) อย่างถูกต้องและเหมาะสมกับการจัดการและสภาพแวดล้อมนั้น การคัดเลือกสุกรรายตัวเป็นการประเมินพันธุกรรมของสุกรที่มีพันธุกรรมดีที่สุดในฝูง เครื่องมือที่สำคัญและมีประสิทธิภาพที่สามารถนำมาใช้ในการคัดเลือกและจัดลำดับพ่อแม่พันธุ์แต่ละตัวตามความสามารถทางพันธุกรรมและเป็นที่ยอมรับกันอย่างแพร่หลายในปัจจุบันคือการประเมินค่าการผสมพันธุ์ (breeding value, BV) ซึ่งเป็นการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์ตัวนั้นที่แสดงออกมาอันเป็นผลเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน (additive gene effect) สามารถถ่ายทอดจากชั่วหนึ่งไปยังอีกชั่วหนึ่งได้ การประเมินค่าทางพันธุกรรมดังกล่าวมีความสำคัญเป็นอย่างยิ่งต่อผลของการตัดสินใจในการคัดเลือก การคulling) หรือการวางแผนระบบการผสมพันธุ์ของฟาร์ม หากการประเมินทางพันธุกรรมมีความถูกต้องแม่นยำและน่าเชื่อถือจะทำให้สามารถทำการคัดเลือกและการคullingหรือวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ได้อย่างถูกต้องและเหมาะสมต่อสภาพแวดล้อมที่เป็นอยู่ทำให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) ได้มากที่สุด

ปัจจุบันมีการศึกษาและพัฒนาวิธีการประเมินค่าทางพันธุกรรมเพื่อให้มีความถูกต้องแม่นยำเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องทั้งด้านวิธีการทางสถิติ โมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์และรวมทั้งความสามารถในการคำนวณของคอมพิวเตอร์ที่เพิ่มขึ้นช่วยแก้ไขข้อจำกัดในการคำนวณค่าทางสถิติที่เกี่ยวข้องกับพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมจากเดิมที่ใช้วิธีการวิเคราะห์ด้วยสมการถดถอยธรรมดา (regression analysis) โดยใช้วิธีกำลังสองน้อยที่สุด (least squares method) ซึ่งมีข้อจำกัดในการใส่ปัจจัยสุ่มเข้าไปในโมเดล ได้มีการพัฒนามาใช้วิธีการ Maximum likelihood (ML) ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ซึ่งเป็นเทคนิคเพื่อประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่พัฒนาโดย Henderson (1984) และจากเดิมที่ใช้โมเดลของพ่อพันธุ์ (sire model) (Henderson, 1973) ได้พัฒนามาเป็นโมเดลของตัวสัตว์ (animal model) ด้วยหลักการของการสร้างโมเดลผสม (mixed model) ซึ่งเป็นวิธีการที่ยอมรับกันว่าทำให้การประเมินค่าทางพันธุกรรมมีความถูกต้องและแม่นยำที่สุด เพราะสามารถประมาณอิทธิพลของปัจจัยคงที่ (fixed effects) ได้แก่ ปัจจัยเนื่องจากการจัดการ และสภาพแวดล้อมพร้อมกันกับปัจจัยที่เป็นอิทธิพลแบบสุ่ม (random effects) ได้แก่ ตัวสัตว์ที่ต้องการประเมินความดีเด่นทางพันธุกรรม (genetic merit) พร้อม

กับสามารถใช้ความสัมพันธ์ของญาติหรือระหว่างตัวสัตว์ (animal relationships) คือสัตว์ทุกตัวที่มีพันธุ์ประวัติ (pedigree) ในการประเมินคุณค่าการผสมด้วยการประเมินค่าการผสมพันธุ์จะต้องอาศัยค่าอัตราพันธุกรรม (heritability,  $h^2$ ) มาประกอบในการคำนวณ โดยทั่วไปค่าอัตราพันธุกรรมหมายถึงสัดส่วนระหว่างความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ ในขณะที่ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance effect) และปฏิกริยาร่วมของยีนที่ต่างตำแหน่ง (epistatic effect) ถูกรวมไว้กับความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม โดยทฤษฎีแล้วอิทธิพลแบบข่มของยีนจะไม่นำถ่ายทอดสู่รุ่นลูก (non-heritable) เพราะเกิดจากการเข้าคู่กันของยีน (gene combination) ที่ได้รับจากคู่ผสมของพ่อแม่ สามารถศึกษาได้จากข้อมูลของลูกที่เกิดจากพ่อและแม่เดียวกัน (full sib) หรือข้อมูลของลูกที่ลูกน้องทั้งคู่มีพ่อและแม่เป็นพี่น้องกัน (double first cousin) (Falconer and Mackay, 1996) ซึ่งข้อมูลชนิดนี้ในสัตว์เศรษฐกิจมีค่อนข้างน้อย การศึกษาอิทธิพลแบบข่มของยีนจึงมีน้อยมาก เนื่องจากเหตุผลข้างต้นประกอบกับความซับซ้อนในการวิเคราะห์ ได้แก่ การคำนวณส่วนกลับ (inversion) ของเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์เนื่องจากอิทธิพลแบบข่ม (dominance relationship matrix) การประเมินค่าการผสมพันธุ์สัตว์ที่ผ่านมาจึงมุ่งเน้นที่พันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมเป็นหลัก (Kennedy and Schaeffer, 1990 ; Mrode, 1996) แต่ในปัจจุบันได้พัฒนาวิธีการประเมินจาก parental subclass หรือความสัมพันธ์ของสัตว์ที่มีพ่อและแม่เดียวกัน แล้วจึงคำนวณส่วนกลับของความสัมพันธ์นี้ซึ่งทำได้สะดวกกว่าการหาส่วนกลับของเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์เนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีนโดยตรง

ลักษณะการสืบพันธุ์เพศเมียในสุกรมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ หรือมีความแปรปรวนของอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนต่ำ แสดงให้เห็นว่ามีอิทธิพลที่ไม่ใช่แบบบวกสะสมของยีน (non-additive) อยู่มาก จึงทำให้การประเมินอิทธิพลแบบข่มของยีนมีความเป็นไปได้ในการประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่เพิ่มขึ้น ดังนั้นการประเมินค่าอิทธิพลแบบข่มของยีนจะมีความสำคัญต่อการประเมินพันธุกรรมรวม (total genetic merit) และมีประโยชน์ในการเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือก ในขณะที่เดียวกันจะมีประโยชน์ต่อการวางแผนการคัดเลือกคู่ผสมของพ่อแม่ที่เหมาะสม (mate selection) เพื่อจะให้ได้ลูกที่มีพันธุกรรมรวมสูงสุด (De Stefano and Hoschele, 1992; Misztal, 1997; Varona et.al., 1998) เพราะฉะนั้นการศึกษาครั้งนี้เป็นการศึกษาผลการประเมินค่าทางพันธุกรรมด้วยโมเดลที่มีอิทธิพลแบบข่มของยีนของลักษณะการสืบพันธุ์เพศเมียในสุกรเพื่อเปรียบเทียบกับโมเดลที่ไม่มีอิทธิพลแบบข่มของยีน โดยมีวัตถุประสงค์ของการวิจัย และประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการศึกษาวิจัย มีดังต่อไปนี้

### วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. ประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากตัวสัตว์ในแต่ละโมเดลมีอิทธิพลทางพันธุกรรมแตกต่างกัน
2. ประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีน
3. เปรียบเทียบค่าพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์วิเคราะห์ได้จากโมเดลมีอิทธิพลแบบข่มของยีนกับโมเดลไม่มีอิทธิพลแบบข่มของยีน

### ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับการวิจัย

1. ทำให้ทราบค่าความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรมด้วยโมเดลที่มีอิทธิพลทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน
2. ทำให้ทราบค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีนและค่าพันธุกรรมที่แท้จริงมากขึ้น
3. ทำให้ทราบความแตกต่างของค่าพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้จากโมเดลที่แตกต่างกัน
4. ทำให้สามารถเข้าใจรูปแบบของโมเดลตัวสัตว์เพื่อการวิเคราะห์หาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมได้ถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้นต่อไปในอนาคต

ศูนย์วิทยทรัพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย