

บทที่ 2

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

แนวคิดและทฤษฎี

ลักษณะการให้ผลผลิตของแม่พันธุ์สุกร เช่น ลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม น้ำหนักลูกหย่านม ซึ่งมีความสำคัญในทางเศรษฐกิจ และถูกพิจารณาสำหรับการปรับปรุงและคัดเลือกตามเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ของฟาร์ม ลักษณะที่กล่าวมาข้างต้นเป็นลักษณะที่สามารถ ซึ่ง ตวง วัด ข้อมูลเหล่านี้มีความต่อเนื่อง (continuous measurements) จึงเรียกลักษณะเหล่านี้ว่า ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative traits) หมายถึง เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมการแสดงออกด้วยยีนหลายคู่ (polygenes) นอกจากอิทธิพลของยีนแล้ว สภาพแวดล้อม (environment) เป็นอิทธิพลที่มีความสำคัญต่อความผันแปรของลักษณะนั้นๆ ได้ ดังนั้น ลักษณะปริมาณที่แสดงออกในแม่สุกรแต่ละตัวหรือลักษณะปรากฏ (phenotype, P) จะมีความแตกต่างกัน ขึ้นกับอิทธิพลที่สำคัญ 2 ประการคือ อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม (genotype, G) และอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อม (environment, E) ที่สัตว์ได้รับความสัมพันธ์ที่เกิดขึ้นสามารถแสดงได้ในรูปของสมการดังนี้

$$P = G + E \quad \dots(2.1)$$

อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมที่ส่งผลต่อลักษณะปรากฏ ส่วนใหญ่จะมาจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน (additive gene effect, A) ปฏิกริยาร่วมระหว่างยีนที่อยู่ในตำแหน่งเดียวกัน หรือ อิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance gene effect, D) และปฏิกริยาร่วมระหว่างคู่ของยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งกันหรือ อิทธิพลเนื่องจากปฏิกริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง (epistasis gene effect, E) จากสมการที่ 2.1 สามารถเขียนใหม่ดังนี้

$$P = A + D + I + E \quad \dots(2.2)$$

เมื่อ

P = ลักษณะปรากฏ

A = อิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน

D = อิทธิพลแบบข่มของยีน

I = อิทธิพลเนื่องจากปฏิกริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง

E = อิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อม

การจำแนกอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมในลักษณะเชิงปริมาณ นิยมประมาณให้อยู่ในรูปของค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน (variance components) และค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่างๆ ของประชากร ค่าพันธุกรรมที่แตกต่างกันของสุกรแต่ละตัวนั้น ขึ้นกับอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ได้รับจากพ่อแม่ เพราะฉะนั้นสุกรแต่ละตัวจะมีลักษณะปรากฏแตกต่างกันมากน้อยเพียงใด ขึ้นกับความแปรปรวนของพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม สามารถแสดงได้ในรูปของสมการ ดังนี้

$$V_p = V_A + V_D + V_I + V_E$$

เมื่อ

V_p = ความแปรปรวนเนื่องจากลักษณะปรากฏ

V_A = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน

V_D = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีน

V_I = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลเนื่องจากปฏิกริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง

V_E = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม

จะเห็นได้ว่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ เป็นผลเนื่องมาจากพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมรวมกัน แต่สิ่งที่สามารถถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกได้นั้น จะเป็นผลเนื่องมาจากอิทธิพลทางพันธุกรรม ทำให้สามารถทราบได้ว่าลักษณะใดมีความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมมากน้อยเพียงใด โดยได้จากการเปรียบเทียบสัดส่วนระหว่างค่าความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนกับค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ เรียกสัดส่วนนี้ว่า ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) ซึ่งเป็นคุณสมบัติเฉพาะของลักษณะหนึ่งๆ ในประชากรนั้นและภายใต้สภาพแวดล้อมหนึ่งๆ เท่านั้น และบ่งบอกถึงองค์ประกอบในภาพรวมของลักษณะที่ทำการศึกษา ในช่วงเวลาและในประชากรใดประชากรหนึ่งเท่านั้น สำหรับการประเมินค่าพันธุกรรมแบบรายตัว ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่นิยมใช้คือ ค่าการผสมพันธุ์ (breeding value, BV) เป็นค่าที่บอกถึงความสามารถในการถ่ายทอดพันธุกรรมของลักษณะ จากชั่วอายุหนึ่งไปยังอีกชั่วอายุหนึ่งได้มากน้อยเพียงใด การประเมินค่าการผสมพันธุ์ถ้าลักษณะดังกล่าวเป็นผลเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนสูง ย่อมมีผลต่อการเพิ่มค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะ ในทางตรงข้ามถ้าลักษณะดังกล่าวเป็นผลเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนต่ำ ย่อมมีผลต่อการลดค่าการผสมพันธุ์

ของลักษณะ แสดงว่าอิทธิพลที่ไม่ใช่แบบบวกสะสมของยีน คือ อิทธิพลแบบข่มของยีน อิทธิพลเนื่องจากปฏิกริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง และอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมจะมีบทบาทเพิ่มขึ้น การคัดเลือกสุกรที่แสดงลักษณะดี จึงอาจจะไม่ใช่สุกรที่มีพันธุกรรมดีหรือสามารถถ่ายทอดลักษณะที่ดีดังกล่าวไปยังลูกเพื่อให้แสดงลักษณะที่ดีกว่าค่าเฉลี่ยในรุ่นพ่อแม่ ดังนั้นหากสามารถแยกอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมออกจากอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมได้ละเอียดมากขึ้น และแยกรายละเอียดของอิทธิพลแบบข่มของยีนและปฏิกริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่งได้ จะทำให้ทราบอิทธิพลทางพันธุกรรมทั้งหมดมากขึ้น ส่งผลให้ได้ค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้มีค่าใกล้เคียงกับค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง (true breeding value, TBV) มากขึ้น เมื่อสามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ได้ใกล้เคียงกับค่าการผสมที่แท้จริงมากขึ้นเท่าไร ก็จะทำให้การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์สุกรที่มีพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตสูงสุดมีความแม่นยำมากขึ้น และสามารถอธิบายถึงลักษณะปรากฏเป็นผลจากอิทธิพลทางพันธุกรรมทั้งหมดเท่าไร และเป็นผลจากอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมเท่าไร

อิทธิพลแบบข่มของยีนและปฏิกริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง มีความสำคัญต่อการประเมินค่าการผสมพันธุ์ เนื่องจากสามารถแยกออกจากสิ่งแวดล้อมและสามารถอธิบายแหล่งที่มาของยีนได้มากขึ้น โดยเฉพาะอิทธิพลแบบข่มของยีน ปัจจุบันมีวิธีการสำหรับการประมาณค่าอิทธิพลแบบข่มของยีน จึงทำให้สามารถแยกอิทธิพลทางพันธุกรรมออกจากสิ่งแวดล้อมได้เพิ่มขึ้นจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน โดยมีแนวคิดและทฤษฎี ดังนี้

อิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance effects)

อิทธิพลแบบข่มของยีน หมายถึง อิทธิพลที่เกิดจากการข่มกันระหว่างคู่ยีนที่อยู่ในตำแหน่งเดียวกัน (interaction within locus) ของการเข้าคู่กันของยีนที่ได้รับมาจากพ่อและแม่ ซึ่งไม่สามารถถ่ายทอดสู่รุ่นต่อไปได้

การประเมินค่าการผสมพันธุ์ต้องอาศัยความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ การคำนวณเมตริกซ์หาอัตราความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ จะมีความแตกต่างกันระหว่างเมตริกซ์ของอัตราความสัมพันธ์ที่มีอิทธิพลแบบบวกสะสมกับแบบข่มของยีน โดยเฉพาะการคำนวณเมตริกซ์หาอัตราความสัมพันธ์ที่มีอิทธิพลแบบข่มของยีน มีความยุ่งยากในการคำนวณมากกว่าการคำนวณเมตริกซ์หาอัตราความสัมพันธ์ที่มีอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน เนื่องจากการคำนวณจะต้องอาศัยพันธุ์

ประวัติลูกที่เกิดจากพ่อและแม่เดียวกัน เพราะค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างลูกที่เกิดจากพ่อและแม่เดียวกัน มีอิทธิพลแบบข้ามของยีนเพิ่มจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน ดังนี้

$$COV_{(FS)} = \frac{1}{2}V_A + \frac{1}{4}V_D$$

เมื่อ

$COV_{(FS)}$ = ความแปรปรวนร่วมระหว่างลูกที่เกิดจากพ่อและแม่เดียวกัน

V_A = ความแปรปรวนของอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน

V_D = ความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข้ามของยีน

(Falconer and Mackay, 1996)

วิธีการวิเคราะห์อิทธิพลแบบข้ามของยีน (dominance effects generating strategies)

จากผลการคำนวณความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม ของลูกที่เกิดจากพ่อและแม่เดียวกัน พบว่ามีความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมมีทั้งอิทธิพลแบบบวกสะสมและแบบข้าม ด้วยเหตุผลนี้การประมาณค่าการผสมพันธุ์ จึงจำเป็นที่จะต้องคำนวณเมตริกซ์ของค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์สำหรับอิทธิพลแบบข้าม (dominance relationship matrix) เพิ่มขึ้นมาจากเดิมที่มีเพียงแต่เมตริกซ์ของค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ สำหรับอิทธิพลแบบบวกสะสม (additive relationship matrix) (Mrode, 1996) แต่การสร้างเมตริกซ์ของค่าสัมประสิทธิ์ระหว่างสัตว์สำหรับอิทธิพลแบบข้ามมีความซับซ้อน Hoeschel และ VanRaden (1991) จึงได้ทำการพัฒนาวิธีการคำนวณหาความสัมพันธ์ระหว่าง parental subclass โดยประกอบด้วยพ่อและแม่ หรือพ่อและยาย (แม่และปู่) ของ subclass แทนที่จะวิเคราะห์ dominance relationship ระหว่างตัวสัตว์ (individual) โดยตรง เนื่องจากสามารถใช้คอมพิวเตอร์เข้าไปช่วยการคำนวณลักษณะการทำซ้ำ (recursive) ได้สะดวก แล้วจึงคำนวณส่วนกลับของเมตริกซ์ของค่าสัมประสิทธิ์ระหว่างสัตว์สำหรับอิทธิพลแบบข้าม (inverse of the dominance relationship matrix) ดังนั้นจึงต้องมีการวิเคราะห์ parental subclass ที่เกี่ยวข้องในการประเมินค่าอิทธิพลแบบข้ามของยีนของตัวสัตว์เหล่านั้นเสียก่อน ส่วน parental subclass นั้นนอกจากจะหมายถึงคู่ผสมพ่อและแม่ที่ให้กำเนิดสัตว์นั้นแล้ว ยังรวมถึง subclass อื่นๆ ที่เกี่ยวข้องในสมการการประมาณค่าอิทธิพลของ parental dominance หรือ full-sib ซึ่งสามารถแสดงได้ดังสมการที่ (2.1)

$$D_i = f_{s,d} + \varepsilon \quad \dots(2.1)$$

เมื่อ

D_i = อิทธิพลแบบข้ามของสัตว์ตัวที่ i

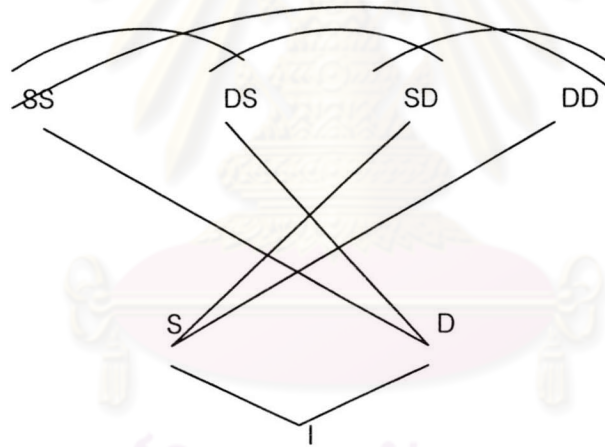
$f_{s,d}$ = ค่าเฉลี่ยของอิทธิพลแบบข้ามจากพ่อและแม่

ε = Mendelian sampling error

(Hoeschel and Van Raden ,1991)

$f_{s,d}$ สามารถหาได้จากความสัมพันธ์ parental subclass ซึ่งประกอบด้วยความสัมพันธ์ระหว่าง 3 ส่วน ได้แก่

1. พ่อ (sire) กับ ตา-ยาย (parents of dam)
2. แม่ (dam) กับ ปู่-ย่า (parents of sire)
3. ตา-ยาย กับ ปู่-ย่า ดังภาพที่ 1.



ภาพที่ 1. Parent subclasses of full family i.

(ดัดแปลงจาก : Hoeschel and Van Raden ,1991)

เพราะฉะนั้นการคำนวณ $f_{s,d}$ จากภาพที่ 1 ซึ่งจะเห็นได้ว่าการวิเคราะห์ parental dominance ยังต้องการ $f_{i,j}$ อื่นๆ อีก โดยมีระดับความสัมพันธ์ที่แตกต่างกันออกไป สามารถแสดงได้ในสมการที่ (2.2)

$$f_{s,d} = 0.5 (f_{s,sd} + f_{s,dd} + f_{ss,d} + f_{ds,d}) - 0.25 (f_{ss,sd} + f_{ss,dd} + f_{ds,sd} + f_{ds,dd}) + e \quad \dots(2.2)$$

เมื่อ

ss, ds, sd และ dd = ปู่, ย่า, ตา และยาย ตามลำดับ

e = Mendelian sampling error

จากสมการ (2.2) สามารถหา $f_{s,d}$ ได้อีกวิธีหนึ่งคือการหาจากสมการถดถอยของ parents subclass ดังแสดงในสมการที่ (2.3)

$$f_{sd} = b' f_{par} + e \quad \dots(2.3)$$

เมื่อ

f_{par} เป็นเวกเตอร์ของจำนวนกลุ่มย่อยของพ่อแม่ (vector of the number of parent subclasses) ทั้ง 8 กลุ่มในสมการ (2.2)

b' เป็นเวกเตอร์ของสัมประสิทธิ์สมการถดถอย (vector of corresponding partial regression coefficients) ซึ่งคำนวณได้จาก

$$b' = \text{cov}(f_{sd}, f_{par}) / \text{var}(f_{par}) \quad \dots(2.4)$$

และความแปรปรวนเนื่องจาก Mendelian sampling error

$$\text{var}(e) = \sigma^2 f - b' \text{var}(f_{par}) b \quad \dots(2.5)$$

ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่าง subclass ในสมการ (2.4) สามารถคำนวณได้ดังนี้

เช่น คำนวณค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมระหว่าง subclass f_{SD} , f_{PM} ได้ดังสมการที่ (2.6)

$$\text{COV}(f_{SD}, f_{PM}) = (a_{SP} a_{DM} + a_{SM} a_{DP}) \sigma^2 f \quad \dots(2.6)$$

ขณะที่ a_{ij} คือ ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์สำหรับอิทธิพลแบบบวกสะสม (additive relationship) ระหว่างตัวที่ i และ j

ดังนั้นถ้าจะหาความสัมพันธ์ระหว่าง subclass f_{SD} , $f_{SS,DD}$ และ f_s , f_{SD} ได้ดังนี้

$$\begin{aligned} \text{COV}(f_{SD}, f_{SS,DD}) &= (a_{s,SS}a_{D,DD} + a_{s,DD}a_{D,SS}) \sigma^2 f = (0.5(0.5)) + (0(0)) \sigma^2 f \\ &= 0.25 \sigma^2 f \end{aligned} \quad \dots(2.7)$$

และ
$$\begin{aligned} \text{COV}(f_{SD}, f_{s,SD}) &= (a_{SS}a_{D,SD} + a_{s,SD}a_{D,S}) \sigma^2 f = (1(0.5)) + (0(0)) \sigma^2 f \\ &= 0.5 \sigma^2 f \end{aligned} \quad \dots(2.8)$$

Mrode (1996) แสดงการคำนวณเวกเตอร์ของค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ สำหรับอิทธิพลแบบข้าม สมมติว่ามีกลุ่มย่อยทั้งหมด 9 กลุ่ม ดังนั้นจากสมการที่ (2.2) จะได้

$f_{sd} = 1$, $f_{s,sd} = 2$, $f_{s,dd} = 3$, $f_{ss,d} = 4$, $f_{ds,d} = 5$, $f_{ss,sd} = 6$, $f_{ss,dd} = 7$, $f_{ds,sd} = 8$ และ $f_{ds,dd} = 9$ และการคำนวณความแปรปรวนร่วมระหว่าง f_{sd} กับพ่อแม่ในกลุ่มย่อย ($\text{cov}(f_{sd}, f_{par}) / \sigma^2 f$) โดยใช้สมการ (2.6) ผลได้ดังแสดงในสมการที่ (2.9)

$$\begin{matrix} & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 \\ 1 & [0.5 & 0.5 & 0.5 & 0.5 & 0.25 & 0.25 & 0.25 & 0.25] \end{matrix} \quad \dots(2.9)$$

ดังนั้นในการสร้าง เมตริกซ์ของค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ สำหรับอิทธิพลแบบข้าม ($\text{var}(f_{par}) / \sigma^2 f$) ของพ่อแม่จากกลุ่มย่อยที่ 2 ถึงกลุ่มที่ 9 โดยใช้สมการ (2.6) ได้ผลดังนี้

$$\begin{bmatrix} 1.0 & 0.0 & 0.25 & 0.25 & 0.5 & 0.0 & 0.5 & 0.0 \\ 0.0 & 1.0 & 0.25 & 0.25 & 0.0 & 0.5 & 0.0 & 0.5 \\ 0.25 & 0.25 & 1.0 & 0.0 & 0.5 & 0.5 & 0.0 & 0.0 \\ 0.25 & 0.25 & 0.0 & 1.0 & 0.0 & 0.0 & 0.5 & 0.5 \\ 0.5 & 0.0 & 0.5 & 0.0 & 1.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 \\ 0.0 & 0.5 & 0.5 & 0.0 & 0.0 & 1.0 & 0.0 & 0.0 \\ 0.5 & 0.0 & 0.0 & 0.5 & 0.0 & 0.0 & 1.0 & 0.0 \\ 0.0 & 0.5 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 1.0 \end{bmatrix}$$

...(2.10)

จากเมตริกซ์ (2.9) และ (2.10) พบว่ามีค่าเท่ากับค่าสัมประสิทธิ์ของการถดถอยจากสมการ (4) ซึ่งเท่ากับ

$$b' = [0.5 \ 0.5 \ 0.5 \ 0.5 \ -0.25 \ -0.25 \ -0.25 \ -0.25]$$

...(2.11)

หรือมีค่าเท่ากับค่าสัมประสิทธิ์ถดถอยที่คำนวณได้ในสมการที่ (2.2) นั่นเอง

การพัฒนาโมเดลสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์

โมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์เป็นสิ่งที่สำคัญมาก ค่าที่ประมาณได้จะถูกต้องแม่นยำ น่าเชื่อถือมากน้อยแค่ไหน ขึ้นอยู่กับการกำหนดปัจจัยหรืออิทธิพลต่างๆ ภายในโมเดลเป็นสำคัญ โดยทั่วไปการวิเคราะห์ข้อมูลเพื่อประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆ ของลักษณะปริมาณในสุกร ส่วนใหญ่จะใช้โมเดลของสัตว์แต่ละตัวที่มีลักษณะเป็นโมเดลที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) ซึ่งจะไม่คำนึงถึงอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบข้ามแยกออกจากส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมอาจทำให้การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่าง ๆ มีค่าสูงเกินไป (Henderson, 1984; Mrode, 1996) ดังนี้

การวิเคราะห์อิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

เมื่อ

y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต (observation)

b = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ (fixed effects)

a = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ (random animal effects)

p = เวกเตอร์แบบสุ่มของสภาพแวดล้อมถาวรและอิทธิพลที่ไม่ใช่แบบบวกสะสม (permanent environmental effects)

e = เวกเตอร์แบบสุ่มของอิทธิพลที่เหลือจากอิทธิพลแบบสุ่ม (residual effects)

X, Z, W = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incidence matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ที่ระบุไว้แล้ว

โดยที่สมมติว่า

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ

σ_a^2 = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน

σ_p^2 = ความแปรปรวนแบบสุ่มเนื่องมาจากสิ่งแวดล้อมถาวร

σ_e^2 = ความแปรปรวนแบบสุ่มเนื่องจากอิทธิพลที่เหลือจากอิทธิพลแบบสุ่ม

ดังนั้น ความแปรปรวนของ a , p และ e หาได้คือ

$$\text{Var}(a) = A\sigma_a^2, \text{Var}(p) = I\sigma_p^2, \text{Var}(e) = I\sigma_e^2 = R$$

$$\text{Var}(y) = ZAZ'\sigma_a^2 + WW'\sigma_p^2 + R$$

โมเดลผสมสำหรับการวิเคราะห์เพื่อหาคำตอบของสมการด้วยวิธี BLUP

$$\begin{bmatrix} XX & XZ & XW \\ ZX & ZZ + A^{-1}\alpha_1 & ZW \\ WX & WZ & WW + I\alpha_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xy \\ Zy \\ Wy \end{bmatrix}$$

เมื่อ

$$\alpha_1 = \sigma_e^2 / \sigma_a^2 \quad \alpha_2 = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$$

ในการวิเคราะห์ข้อมูลโดยทั่วไป ไม่ได้วิเคราะห์แยกอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบข้ามออกมาจากอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ดังนั้นสำหรับบางลักษณะที่ต้องการคัดเลือกและมีอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบข้ามเข้ามาเกี่ยวข้อง การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์และนำค่าที่ได้มาใช้ในการคัดเลือกสัตว์ จะทำให้การคัดเลือกไม่แม่นยำเท่าที่ควร ในการวิเคราะห์ข้อมูลจึงควรมีอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบข้ามอยู่ในโมเดล ดังนี้

การวิเคราะห์อิทธิพลแบบบวกสะสมและแบบข่มของยีน

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 d + Wp + e$$

เมื่อ

y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต

b = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่

a = เวกเตอร์แบบสุ่มของอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน

d = เวกเตอร์แบบสุ่มของอิทธิพลแบบข่มของยีน

p = เวกเตอร์ของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมถาวร

e = เวกเตอร์แบบสุ่มของอิทธิพลที่เหลือจากอิทธิพลแบบสุ่ม

X, Z_1, Z_2, W = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ที่ระบุไว้แล้ว

โดยที่สมมติว่า

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ d \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & D\sigma_d^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ

σ_d^2 = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีน

ดังนั้น ความแปรปรวนของ a, d, p, e และ y หาได้คือ

$$\text{Var}(a) = A\sigma_a^2, \quad \text{Var}(d) = D\sigma_d^2, \quad \text{Var}(p) = I\sigma_p^2, \quad \text{Var}(e) = I\sigma_e^2 = R$$

$$\text{Var}(y) = Z_1 A Z_1' \sigma_a^2 + Z_2 D Z_2' \sigma_d^2 + W W' \sigma_p^2 + R$$

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

โมเดลผสมสำหรับการวิเคราะห์เพื่อหาคำตอบของสมการด้วยวิธี BLUP

$$\begin{bmatrix} XX & XZ_1 & XZ_2 & XW \\ Z_1'X & Z_1'Z_1 + A^{-1}\alpha_1 & Z_1'Z_2 & Z_1'W \\ Z_2'X & Z_2'Z_1 & Z_2'Z_2 + D^{-1}\alpha_2 & Z_2'W \\ WX & WZ_1 & WZ_2 & WW + I\alpha_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{d} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xy \\ Z_1'y \\ Z_2'y \\ Wy \end{bmatrix}$$

เมื่อ

$$\alpha_1 = \sigma_e^2 / \sigma_a^2 \quad \alpha_2 = \sigma_e^2 / \sigma_d^2 \quad \alpha_3 = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$$

เพราะฉะนั้นพันธุกรรมรวมของสัตว์(g)เท่ากับ

$$g = a + d$$

ในโมเดลผสมสามารถสร้างสมการสำหรับการแก้สมการหา g ได้โดยตรงดังนี้

$$\text{var}(g) = G = A\sigma_a^2 + D\sigma_d^2$$

โมเดลผสมสำหรับหาพันธุกรรมรวม

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + G^{-1}\sigma_e^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

หรือพันธุกรรมรวม(\hat{g})สามารถแยกองค์ประกอบได้เป็น

$$\hat{a} = \sigma_a^2 AG^{-1}\hat{g}$$

$$\hat{d} = \sigma_d^2 DG^{-1}\hat{g}$$

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปัจจัยที่มีผลกระทบต่อลักษณะ

นอกจากอิทธิพลที่เกิดจากพันธุกรรม ปัจจัยจากสภาพแวดล้อมและการจัดการจะมีผลต่อขนาดครอก ปัจจัยที่มีผลต่อลักษณะขนาดครอกทางด้านพันธุกรรม พอสรุปได้ดังนี้

อิทธิพลของพันธุ์และกลุ่มพันธุ์

มีรายงานอิทธิพลของพันธุ์และกลุ่มพันธุ์ ที่มีผลต่อลักษณะทางสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์แตกต่างกันแต่ละพันธุ์ (ปกครอง ภูประเสริฐ และคณะ, 2536; สุวิทย์ อโนทัยสินทวี, 2537; ธวัชชัย อินทรตุล และพัชรินทร์ สนธิไพโรจน์, 2539; เท็ดคักดี อินทรักษ์ และคณะ, 2541; Roehe and Kennedy, 1995a; Hermesch *et al.*, 2000a)

อิทธิพลของลำดับครอกที่คลอดลูก

มีรายงานอิทธิพลของลำดับครอกที่คลอดลูก ที่มีผลต่อลักษณะการแสดงออกทางสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ของสุกร (ปกครอง ภูประเสริฐ และคณะ, 2536; อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ, 2537ก, ข, ค; ประชุม อินทรโชติ และคณะ, 2537; ไพจิตร อินตรา และคณะ, 2537; ธวัชชัย อินทรตุล และพัชรินทร์ สนธิไพโรจน์, 2539; ประภาส มหินชัย และคณะ, 2539; Boesch *et al.*, 1998) และไม่มีผลต่อลักษณะการแสดงออกทางสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ของสุกร (สุวิทย์ อโนทัยสินทวี และคณะ, 2537)

อิทธิพลของปีและฤดูกาล

มีรายงานอิทธิพลของปีและฤดูกาลที่มีความแตกต่างกัน มีผลต่อลักษณะทางสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ของแม่สุกรมีความแตกต่างกันในแต่ละปีและฤดูกาล (อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ, 2537ก ข ค; ประชุม อินทรโชติ และคณะ, 2537; Roehe and Kennedy, 1995a; Boesch *et al.* , 1998; Alfonso *et al.*, 1999) อย่างไรก็ตามมีบางรายงานพบว่าฤดูกาลไม่มีผลต่อลักษณะทางสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ของสุกร (ปกครอง ภูประเสริฐ และคณะ, 2536; ประภาส มหินชัย และคณะ, 2539; ธวัชชัย อินทรตุล และพัชรินทร์ สนธิไพโรจน์, 2539; สุวิทย์ อโนทัยสินทวี และคณะ, 2537)

อิทธิพลของอายุในการคลอดลูกครั้งแรก

มีรายงานอิทธิพลของอายุในการคลอดลูกครั้งแรก มีผลต่อลักษณะทางสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ของแม่สุกรมีความแตกต่างกันในแต่ละอายุในการคลอดลูกครั้งแรก (พีระพงษ์ แพงไพรี, 2538; Southwood and Kennedy, 1990; Rydhmer *et.al.*, 1992; Irgang *et.al.*, 1994; Roeche and Kennedy, 1995)

นอกจากอิทธิพลต่างๆ ที่ได้กล่าวมาแล้วข้างต้น อิทธิพลของสถานที่ หน่วยการผลิตหรือฝูง การจัดการฟาร์ม อิทธิพลเหล่านี้มีผลต่อลักษณะการแสดงออกทางสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ของสุกร โดยขึ้นกับลักษณะของแต่ละประชากรและเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ของฟาร์ม

ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2)

อัตราการถ่ายทอดทางพันธุกรรมหรือเรียกสั้นๆ ว่าอัตราพันธุกรรมเป็นค่าสัดส่วนความแปรปรวนซึ่งมีผลเนื่องจากพันธุกรรม (genotype) ที่มีอิทธิพลความแปรปรวนแบบบวกสะสมของยีนต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (phenotype) ซึ่งเรียกว่า ค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (narrow sense)

สูตร

$$h^2 = \frac{V(A)}{V(P)}$$

$$= \frac{V_A}{V_A + V_D + V_I + V_E}$$

เป็นค่าแสดงให้เห็นถึงความสำคัญของยีนต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นๆ เพื่อการกำหนดลักษณะและจำนวนลักษณะในแผนการปรับปรุงพันธุ์ เพื่อกำหนดระบบผสมพันธุ์ เพื่อกำหนดวิธีการคัดเลือกและใช้ร่วมกับดัชนีทางพันธุกรรมอื่นๆ ความสามารถในการถ่ายทอดพันธุกรรมของลักษณะหนึ่งๆ มีความผันแปรไปตามองค์ประกอบทางพันธุกรรมหรือเรียกว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม ค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 ดังนั้นค่าของอัตราพันธุกรรมจึงเป็นค่าเฉพาะของประชากรใดประชากรหนึ่ง หรืออีกนัยหนึ่งค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเดียวกันอาจจะแตกต่างกันในแต่ละประชากร เพราะองค์ประกอบความแปรปรวนของพันธุกรรมมี

ความแตกต่างกันในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันของแต่ละประชากร (จันทรจักรัส เรียวเดชะ, 2534; รณชัย สิทธิไกรพงษ์, 2540)

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ (sow reproductive traits) โดยทั่วไปมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ หมายความว่า เป็นลักษณะที่ได้รับอิทธิพลจากสภาพแวดล้อมมากกว่าอิทธิพลจากพันธุกรรม (Falconer and Mackay, 1996) จากการตรวจเอกสารพบว่ามีหลายรายงาน แสดงค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์แตกต่างกันไป เนื่องจากศึกษาในประชากรที่ต่างกัน และใช้วิธีการศึกษาที่ต่างกัน

(1) ค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด

ในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดประมาณ 0.09-0.13 พันธุ์แลนด์เรซ มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดประมาณ 0.127-0.151 และพันธุ์ยอร์กเชียร์ มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดประมาณ 0.133 (Gu *et.al.*, 1989; Southwood และ Kennedy, 1990; Roehe และ Kennedy, 1995; Crump *et.al.*, 1997; Ishida *et.al.*, 2001)

(2) ค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต

ในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตประมาณ 0.07-0.50 พันธุ์ยอร์กเชียร์ มีค่าอัตราพันธุกรรมประมาณ 0.093-0.143 พันธุ์แลนด์เรซ มีค่าอัตราพันธุกรรมประมาณ 0.07-0.14 และพันธุ์ดูรอด มีค่าอัตราพันธุกรรมประมาณ 0.14-0.25 (อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ, 2537ก, ข; จิรพรธน นพวงศ์ ณ อยุธยา และคณะ, 2543; Haley *et.al.*, 1988; Gu *et.al.*, 1989; Southwood และ Kennedy, 1990; Ferraz และ Johnson, 1993; Roehe และ Kennedy, 1995; Rydhmer *et.al.*, 1995; Crump *et.al.*, 1997; Duc *et.al.*, 1998)

(3) ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำนมลูกแรกเกิด

ในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำนมลูกแรกเกิดประมาณ 0.029-0.37 พันธุ์แลนด์เรซ มีค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำนมลูกแรกเกิดประมาณ 0.127-0.151 พันธุ์ยอร์กเชียร์ มีค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำนมลูกแรกเกิดประมาณ และพันธุ์ดูรอด มีค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำนมลูกแรกเกิดประมาณ 0.26 (ประชุม อินทรโชติ และคณะ, 2537; อำนาจ เกตุ

ใหม่ และคณะ, 2537ก; ธวัชชัย อินทรตุล และพัชรินทร์ สนิธิไพโรจน์, 2539; ประภาส มหินชัย และคณะ, 2539; Young *et.al.*, 1978; Hermesch *et.al.*, 2000a)

(4) ค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านม

ในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.001-0.33 พันธุ์แลนด์เรซ มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.02-0.68 พันธุ์ยอร์กเชียร์ มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.066-0.11 และพันธุ์ดูรอก มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.001-0.27 (ประชุม อินทรโชติ และคณะ, 2537; อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ, 2537ก; ประภาส มหินชัย และคณะ, 2539; จิรพรรณ นพวงศ์ ณ อยุธยา และคณะ, 2543; Young *et.al.*, 1978; Southwood และ Kennedy, 1990; Irgang *et.al.*, 1994; Roehe และ Kennedy, 1995; Crump *et.al.*, 1997; Ishida *et.al.*, 2001)

(5) ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักลูกหย่านม

ในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.07-0.35 พันธุ์แลนด์เรซ มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.02-0.68 พันธุ์ยอร์กเชียร์ มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.081-0.11 และพันธุ์ดูรอก มีค่าอัตราพันธุกรรมของจำนวนลูกหย่านมประมาณ 0.19-0.45 (ประชุม อินทรโชติ และคณะ, 2537; อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ, 2537ก, ข, ค; ธวัชชัย อินทรตุล และพัชรินทร์ สนิธิไพโรจน์, 2539; ประภาส มหินชัย และคณะ, 2539; Young *et.al.*, 1978; Culbertson *et.al.*, 1998; Hermesch *et.al.*, 2000a, b)

ค่าอิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance, d^2)

Culbertson *et.al.*, (1998) ทำการศึกษาการประมาณค่าความแปรปรวนอิทธิพลเนื่องจากแบบข่มของยีนในสุกรยอร์กเชียร์พันธุ์แท้ โดยใช้วิธีการวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวนด้วยวิธี Method R. ซึ่งลักษณะที่ทำการศึกษามี 4 ลักษณะ คือ จำนวนลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกสุกรหย่านมที่ 21 วัน จำนวนวันที่น้ำหนักถึง 104.5 กิโลกรัม และความหนาไขมันสันหลังที่น้ำหนัก 104.5 กิโลกรัม จากลักษณะทั้ง 4 ลักษณะนำไปวิเคราะห์หาค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน และค่าการผสมพันธุ์ด้วยโมเดล 2 โมเดล คือ 1) โมเดลที่เฉพาะอิทธิพลแบบข่ม

สะสมของยีน 2) โมเดลที่มีทั้งอิทธิพลแบบบวกสะสมและแบบข่มของยีน พบว่าค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้จากทั้งสองโมเดลมีค่าสหสัมพันธ์สูง (>0.99) แสดงให้เห็นว่าค่าแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนที่วิเคราะห์ได้จากทั้งสองโมเดลไม่แตกต่างกัน สำหรับค่าความแปรปรวนที่วิเคราะห์จากโมเดลที่มีอิทธิพลแบบข่มของยีน ลักษณะจำนวนลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกหย่านม จำนวนวันที่สุกรน้ำหนักถึง 104.5 กิโลกรัม และความหนาไขมันสันหลังที่สุกรน้ำหนักถึง 104.5 กิโลกรัม มีค่าสัดส่วนความแปรปรวนอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนเท่ากับ 8.8, 8.1, 33.2 และ 43.6 ตามลำดับ และอิทธิพลแบบข่มของยีนเท่ากับ 2.2, 6.3, 10.3 และ 4.8 ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบอิทธิพลแบบข่มของยีนต่ออิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน พบว่ามีสัดส่วนเท่ากับ 25, 78, 31 และ 11 เปอร์เซ็นต์ ในลักษณะจำนวนลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกหย่านม จำนวนวันที่สุกรน้ำหนักถึง 104.5 กิโลกรัม และความหนาไขมันสันหลังที่สุกรน้ำหนักถึง 104.5 กิโลกรัม ตามลำดับ

Lutaaya *et al.*, (2001) รายงานค่าอิทธิพลแบบข่มของยีน ในสุกรพันธุ์แลนด์เรซและลาร์จไวท์ โดยศึกษาลักษณะจำนวนวันที่น้ำหนักถึง 104.5 กิโลกรัม เช่นเดียวกับ Culbertson *et al.*, (1998) พบว่ามีอิทธิพลแบบข่มของยีนมีค่าเท่ากับ 0.30 และ 0.24 และอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน มีค่าเท่ากับ 0.26 และ 0.28 สำหรับพันธุ์แลนด์เรซและลาร์จไวท์ ตามลำดับ และเมื่อเปรียบเทียบอิทธิพลแบบข่มของยีนกับอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน พบว่าพันธุ์แลนด์เรซมีค่าสูงกว่า 4 เปอร์เซ็นต์ และพันธุ์ลาร์จไวท์มีค่าต่ำกว่า 4 เปอร์เซ็นต์ รายงานของ Lutaaya *et al.*, (2001) มีค่าอิทธิพลแบบข่มของยีนสูงกว่ารายงานของ Culbertson *et al.*, (1998) อย่างไรก็ตามการศึกษาทั้งสองมีความแตกต่างทั้งวิธีการวิเคราะห์ ประชากร

Ishida และคณะ (2001) รายงานว่าการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่มีเฉพาะอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน ค่าความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีนมีค่าที่ประมาณได้สูงกว่าค่าที่แท้จริง (overestimated) เมื่อเปรียบเทียบกับโมเดลที่มีอิทธิพลแบบข่มของยีนร่วมด้วย เช่นเดียวกันค่าความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อน พบว่าค่าความแปรปรวนที่ได้จากโมเดลที่มีเฉพาะอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน ค่าที่ประมาณได้สูงกว่าค่าที่แท้จริงเมื่อเปรียบเทียบโมเดลที่มีอิทธิพลแบบข่มของยีนร่วมด้วย สำหรับค่าความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน และค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมดมีค่าที่ประมาณได้จากโมเดลที่มีเฉพาะอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน และโมเดลที่มีอิทธิพลแบบข่มของยีนร่วมด้วย มีค่า

เท่ากับ 0.73 0.57 และ 0.14 0.11 ตามลำดับ และลักษณะจำนวนลูกหย่านมมีค่าเท่ากับ 0.24 และ 0.05 ทั้ง 2 โมเดล สำหรับค่าความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบซ้ำของยีนและค่าสัดส่วนความแปรปรวน เนื่องจากอิทธิพลแบบซ้ำของยีนต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏที่ประมาณได้จากโมเดลที่มีอิทธิพลแบบซ้ำของยีนร่วมด้วย สำหรับลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมดมีค่าเท่ากับ 1.04 และ 0.05 ลักษณะจำนวนลูกหย่านมมีค่าเท่ากับ 0.00 และ 0.05 ตามลำดับ

เนื่องจากเหตุผลทางด้านข้อมูลที่พันธุ์ประวัติ ต้องมีความสัมพันธ์แบบลูกร่วมพ่อและแม่เดียวกันหรือลูกที่เกิดจากพ่อและแม่เป็นลูกพี่ลูกน้องกัน ส่งผลให้การประมาณค่าของอิทธิพลแบบซ้ำของยีนมีการศึกษากันน้อย อย่างไรก็ตามถึงแม้ว่าข้อมูลสำหรับการวิเคราะห์ในระบบการผลิตในเมืองไทยค่อนข้างมีข้อมูลที่มีคุณสมบัติข้างต้นน้อย ด้วยการค้นพบวิธีการที่สะดวกในการคำนวณและเทคโนโลยีที่พัฒนาขึ้น จึงเป็นที่น่าสนใจว่าลักษณะข้อมูลที่มีอยู่จริงสามารถวิเคราะห์หาค่าอิทธิพลแบบซ้ำของยีนได้หรือไม่ ซึ่งเป็นการเริ่มต้นการศึกษาและเป็นแนวทางสำหรับผู้สนใจอิทธิพลแบบซ้ำของยีนต่อไป



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย