เอกสารประกอบคำสอน

วิชา การปรับปรุงพันธุ์สัตว์

Animal Breeding

โดย

อมรรัตน์ โมพี

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

โทรศัพท์ 089 7446440, 044 224569

E - mail address: amonrat@sut.ac.th

สารบัญ

บทที่ 5 หลักการของระบบผสมพันธุ์แบบต่างๆ

บทนำ 2

ความหมายและความสำคัญของระบบการผสมพันธุ์ 5

ระบบการผสมพันธุ์ 10

ระบบการผสมพันธุ์ที่มีเป้าหมายเพื่อปรับปรุงลักษณะเชิงคุณภาพ 10

ระบบการผสมพันธุ์ที่มีเป้าหมายเพื่อปรับปรุงลักษณะเชิงปริมาณ 14

ระบบผสมพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลประสิทธิภาพการผลิตของสัตว์เป็นเกณฑ์ 14

ระบบผสมพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลความสัมพันธ์ทางเครือญาติของสัตว์เป็นเกณฑ์ 16

ตัวอย่างการใช้ทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับระบบการผสมพันธุ์ในการกำหนด breeding program เพื่อให้บรรลุซึ่ง breeding goal ของการพัฒนาสายพันธุ์ไก่เนื้อโคราช 48

เอกสารอ้างอิง 51

บทที่ 6 การใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อการปรับปรุงพันธุ์

บทนำ 52

ความหมายและชนิดของเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ 54

เทคนิคต่างๆเพื่อให้ได้ซึ่งเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ 56

การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ 59

ประโยชน์และข้อควรพิจารณาของการใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ 64

ความเป็นไปได้ของการใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์ในประเทศ 66

การใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อการเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมของสัตว์ 68

การใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อช่วยกระจายพันธุกรรม 69

สรุป 71

เอกสารอ้างอิง 72

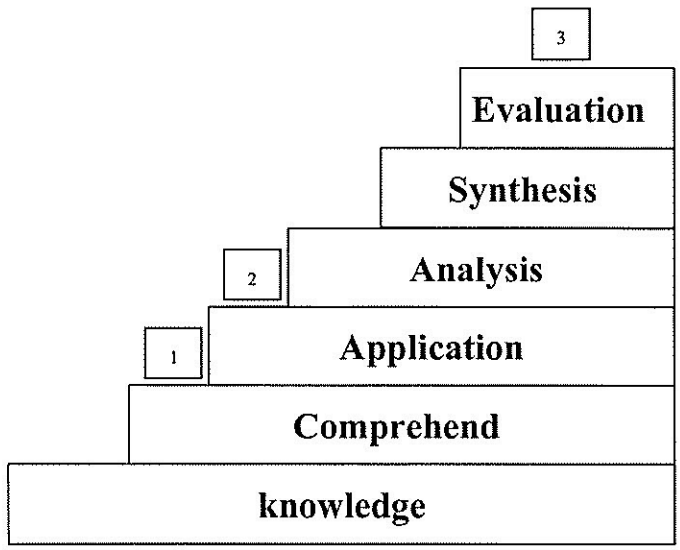
บทที่ ๕

ระบบการผสมพันธุ์

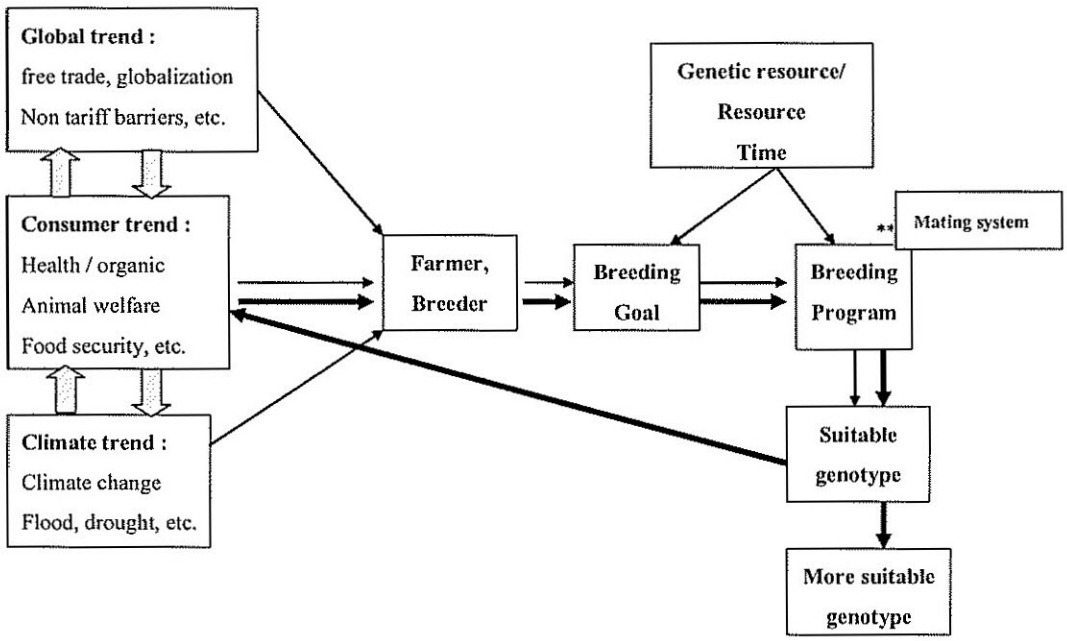
วัตถุประสงค์เชิงพฤติกรรม

เพื่อให้นักศึกษาสาขาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์สามารถ

1. อธิบายความหมายและความสำคัญของระบบการผสมพันธุ์ต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์
2. อธิบายหลักการสำคัญของระบบการผสมพันธุ์ต่างๆ พร้อมทั้งอธิบายความแตกต่างและข้อดี ข้อเสียของแต่ละระบบได้
3. เลือกใช้ระบบการผสมพันธุ์ที่เหมาะสมเพื่อให้การปรับปรุงพันธุ์สัตว์บรรลุตามเป้าหมายที่กำหนดไว้



(ทฤษฎีการเรียนรู้ที่เสนอโดย Bloom มี 6 ระดับ)



รูปที่ 5.1 เส้นทางคิดของงานด้านการปรับปรุงพันธุ์

๕.๑ *บทนำ*

ในการบรรยายพิเศษของ รองศาสตราจารย์ ดร.จันทร์จรัส เรี่ยวเดชะ ผู้อำนวยการฝ่ายเกษตรของสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย ทำให้ผู้เขียนจับประเด็นและเห็นภาพที่สำคัญของเส้นทางคิดของนักปรับปรุงพันธุ์ ได้ตามที่สรุปไว้ในรูปที่ 1 ว่า การเริ่มต้นงานด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ควรมีจุดเริ่มต้นมาจากการวิเคราะห์สถานการณ์โดยภาพกว้างอย่างรอบคอบทั้งในด้าน global trend, consumer trend, climate trend ทั้งในอดีตและสถานการณ์ปัจจุบัน และคาดการณ์ในอนาคต และสถานการณ์ที่คาดการณ์สำหรับอนาคต ถูกใช้เป็นปัจจัยสำคัญหนึ่งในการกำหนด breeding goal และ breeding goal เป็นตัวกำหนด breeding program นอกจากนี้นักปรับปรุงพันธุ์เองยังต้องนำเอาความพร้อมต่างๆ เช่น แหล่งพันธุกรรม ทรัพยากรอื่นๆ เงินทุน เวลา เข้าร่วมในการพิจารณากำหนด breeding goal และ breeding program ด้วย เพราะเป็นปัจจัยบ่งชี้ว่าการพัฒนาที่วางแผนนั้นจะมีความเป็นไปได้หรือไม่

เพื่อให้เห็นเป็นรูปธรรมที่ชัดเจนขึ้น ขอยกตัวอย่างการกำหนด breeding goal และ breeding program ของโครงการวิจัย "การพัฒนาสายพันธุ์ไก่เนื้อโคราชเพื่อเป็นอาชีพวิสาหกิจชุมชน" ที่ได้รับการสนับสนุนงบประมาณจากสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัยและมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี โครงการนี้มีเป้าหมายตรงตามชื่อของโครงการ **กล่าวคือเพื่อพัฒนาสายพันธุ์ไก่เนื้อโคราชเพื่อให้เป็น**

เครื่องมือในการประกอบอาชีพในระดับวิสาหกิจชุมชน ย่อหน้าถัดไปจะวิเคราะห์ให้เห็นว่าเหตุใดเป้าหมายของโครงการจึงเป็นเช่นนี้

ความต้องการของผู้บริโภค ปัจจุบันยังคงมีความต้องการไก่พื้นเมืองเพื่อส่งเข้าสู่ตลาดเนื้อไก่พื้นเมืองในปริมาณมาก เนื่องจาก เป็นที่ยอมรับว่าเนื้อไก่พื้นเมืองมีรสชาติอร่อย ลักษณะเนื้อไม่ยุ่ยมีความเหนียวในระดับพอดี เมื่อเทียบกับเนื้อไก่เนื้อสายพันธุ์ทางการค้าแล้วมีความแตกต่างกันอย่างชัดเจน (ข้อมูลได้จากการสำรวจตลาด)

ความต้องการของเกษตรกร ด้วยความต้องการของผู้บริโภคที่กล่าวมา ถ้าเกษตรกรสามารถจะผลิตไก่พื้นเมืองส่งตลาด หรือไก่พื้นเมืองลูกผสม ในจำนวนและขนาดตัวที่สม่ำเสมอ เพียงพอต่อความต้องการของตลาด ก็จะเป็นผลดี และถ้าเกษตรกรสามารถยึดเป็นอาชีพได้ ก็จะยิ่งเป็นผลดีทั้งต่อ ตลาด ที่จะมีไก่พื้นเมืองส่งจำหน่ายอย่างสม่ำเสมอ และต่อเกษตรกรที่สามารถมีอาชีพที่มั่นคง และสร้างรายได้ได้อย่างสม่ำเสมอ

ข้อจำกัด แต่อย่างไรก็ตาม เป็นที่ทราบกันอย่างชัดเจนว่า การผลิตไก่พื้นเมืองเชิงการค้ามีข้อจำกัดที่สำคัญมาก คือ ไก่พื้นเมืองมีอัตราการเจริญเติบโต และ ความสามารถในการให้ไข่ต่ำ ด้วยข้อจำกัดนี้ การที่เกษตรกรจะผลิตไก่พื้นเมืองเชิงการค้าเป็นอาชีพจึงมีความเป็นไปได้น้อย

ภารกิจของมหาวิทยาลัย ใช้ความรู้ในการแก้ไขข้อจำกัดที่กล่าวมา และทำให้ไก่กลายเป็นเครื่องมือในการประกอบอาชีพในระดับวิสาหกิจชุมชนให้ได้ เพื่อก่อให้เกิดความเข้มแข็งของชุมชนในระดับรากหญ้าของประเทศ ซึ่งเป็นเฟืองสำคัญในการพัฒนาประเทศให้มีความเข้มแข็ง และลดความแตกต่างทางชนชั้นของสังคม

(นักศึกษาอาจเคยคิด หรือกำลังคิดว่า สาขาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ เป็นสาขาที่ไม่มีความสำคัญต่อการพัฒนาหรือแก้ไขปัญหาให้กับประเทศ แต่แท้จริงแล้ว ขอยืนยันและขอให้นักศึกษาจงมีความภาคภูมิว่าสาขาที่กำลังเรียนอยู่นี้ นักศึกษาสามารถนำความรู้ที่ได้ มาใช้ในการแก้ไขปัญหาใหญ่ของประเทศ และใช้เป็นเฟืองสำคัญในการพัฒนาประเทศในระดับรากหญ้าได้อย่างแท้จริง)

จากที่กล่าวมาทั้งในด้านความต้องการของผู้บริโภค ความต้องการของเกษตรกร รวมถึงจำกัดของไก่พื้นเมือง จึงทำให้เกิดโครงการ และเป้าหมายของโครงการจึงเป็นเช่นที่กล่าวมา อนึ่งเป้าหมายของโครงการ คือสิ่งที่ทำให้เกิด **breeding goal ของโครงการ คือ** การพัฒนา ปรับปรุง พันธุกรรมของไก่ให้สามารถเจริญเติบโตได้รวดเร็วพอที่จะใช้เป็นเครื่องมือในการประกอบอาชีพ แต่ยังคงต้องรักษาความดีเด่นในเรื่องรสชาติ และเนื้อสัมผัสของเนื้อไก่พื้นเมืองให้คงอยู่ และจะต้องแก้จุดอ่อนในเรื่องผลผลิตไข่ที่ต่ำเนื่องจากจำนวนไข่เป็นปัจจัยในการกำหนดต้นทุนลูกไก่ ซึ่งจะส่งต่อไปยังต้นทุนการผลิตไก่เนื้อ อันเป็นปัจจัยหลักปัจจัยหนึ่งของความสามารถในการนำไปประกอบอาชีพและการสร้างจุดขาย

เราสามารถบรรลุ breeding goal นี้ได้ด้วย การกำหนด breeding program ที่เหมาะสม

ทำอย่างไร ???

เนื้อหาต่อจากนี้ไป จะขอกล่าวถึงทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับระบบการผสมพันธุ์ทั้งหมด เพื่อเป็นการให้ความรู้ในทฤษฎีเหล่านั้นก่อน จากนั้นในส่วนท้ายบท จะกล่าวถึงวิธีการที่โครงการวิจัยนี้ใช้เพื่อให้บรรลุเป้าหมายที่วางไว้ เพื่อเป็นตัวอย่างสำหรับนักศึกษาในเรื่องการใช้ทฤษฎีเพื่อให้เกิดประโยชน์ในการพัฒนาพันธุ์

อนึ่งสำหรับเนื้อหาและการเรียงลำดับเนื้อหารวมถึงตัวอย่างบางส่วนของเอกสารประกอบคำสอนฉบับนี้มาจากหนังสือ understanding Animal breeding โดย Bourdon R.M. เนื่องจากผู้เขียนเห็นว่าเนื้อหาและการเรียงลำดับของหนังสือเล่มนี้ดูเข้าใจง่าย และตัวอย่างที่นำมามีความชัดเจนดีเหมาะที่จะนำมาใช้ประกอบการสอนในระดับปริญญาตรี นอกจากนี้ ตัวอย่างประกอบอีกส่วนหนึ่งมาจากประสบการณ์ตรงของผู้เขียนที่ได้จากการทำงานวิจัยในโครงการวิจัย "การพัฒนาสายพันธุ์ไก่เนื้อโคราชเพื่อเป็นอาชีพในระดับวิสาหกิจชุมชน" ที่ได้รับการสนับสนุนทุนวิจัยจากสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.) และมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี รวมถึงความร่วมมือจากกรมปศุสัตว์และกลุ่มทำนาลาดบัวขาว

๕.๒ ความหมายและความสำคัญของระบบการผสมพันธุ์

ความหมายโดยทั่วไป ระบบการผสมพันธุ์หมายถึง การจัดการเพื่อให้สัตว์เพศผู้ใดๆ ได้ผสมพันธุ์กับเพศเมียใดๆ เพื่อจะได้มีโอกาสในการถ่ายทอดพันธุกรรมของมันสู่ลูกรุ่นถัดไป และถ้าจะพิจารณาให้ลึกซึ้ง ระบบการผสมพันธุ์ เป็นการออกแบบคู่ผสมพันธุ์ของสัตว์เพื่อใช้ประโยชน์จากอิทธิพลของยีน ซึ่งมีทั้ง additive gene effect, (ทบทวนที่ 1) และ non additive gene effect (ทบทวนที่ 2, 3) ซึ่งก็แล้วแต่วัตถุประสงค์หรือเป้าหมายของการปรับปรุงพันธุ์ อย่างไรก็ตามอิทธิพลประเภทต่างๆของยีนที่กล่าวมานี้เริ่มต้นมาจากอิทธิพลของ allele และ genotype ดังนั้นในเชิงลึก ระบบการผสมพันธุ์จึงหมายถึงการจัดการให้ allele ได้เข้าคู่กันเพื่อให้ได้ genotype รูปแบบที่จะก่อให้เกิดอิทธิพลของยีนตามที่ต้องการ และสัตว์ที่เกิดขึ้นจะได้แสดงลักษณะปรากฏตามที่ต้องการ ระบบการผสมพันธุ์มีความสำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ หลายประการ เช่น

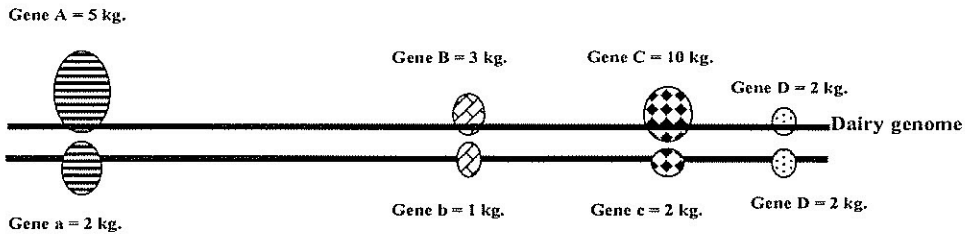
ทบทวน 1

อิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive gene effect) หมายถึง อิทธิพลที่บวกสะสมจากอิทธิพลของยีนแต่ละยีนต่อการแสดงออกของลักษณะใดๆ อย่างอิสระต่อกัน ตัวอย่างเช่น ลักษณะผลผลิตน้ำนมในโคนม มียีนที่มีอิทธิพลต่อลักษณะนี้ 4 ตำแหน่ง ๆละ 2 allele ดังนั้นลักษณะผลผลิตน้ำนมจึงถูกควบคุมด้วยยีนทั้งหมด 8 allele และ อิทธิพลของยีนทั้ง 6 allele นี้อิสระต่อกัน ดังนั้นถ้ากำหนดให้ยีน allele ที่ 1 ถึง 8 มีอิทธิพลต่อการให้ผลผลิตน้ำนมเป็น 5, 2, 3, 1, 10, 2, 2,2 ตามลำดับ ด้วยอิทธิพลแบบบวกสะสมนี้ จะทำให้โคมีปริมาณน้ำนมเท่ากับ 5+2+3+1+10+2+2+2 = 27 kg. ดังรูป

เนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมนี้เป็นอิทธิพลที่สามารถถ่ายทอดจากพ่อ/แม่สู่ลูกได้จึงถูกใช้ในการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์แต่ละตัวด้วย อิทธิพลนี้จึงมีชื่อเรียกอีกชื่อว่า **breeding value หรือค่าการผสมพันธุ์**

Milk yield from additive effect 27 kg. **A + a+ B + b + C + c + D + D**

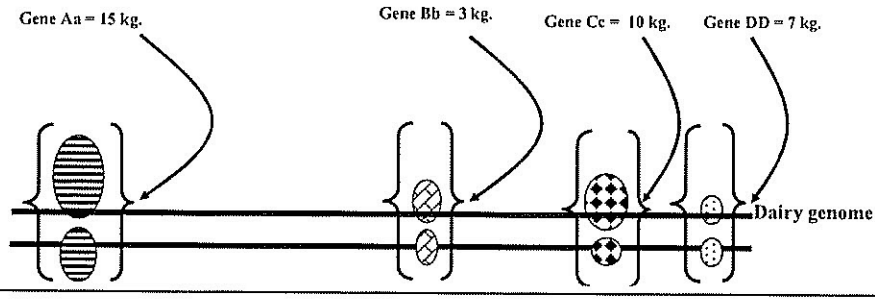
= 5 + 2+ 3 + 1 + 10 + 2 + 2 + 2



ทบทวน 2

อิทธิพลแบบข่มของยีนบนตำแหน่งเดียวกัน (dominance effect) หมายถึง อิทธิพลร่วมของยีนในตำแหน่งเดียวกัน ดังรูป อิทธิพลนี้มี 3 ประเภทได้แก่ no dominance, partial หรือ incomplete dominance, และ complete dominance อนึ่ง dominance effect จัดเป็น non additive effect และเป็นอิทธิพลที่ไม่สามารถถ่ายทอดจากรุ่นหนึ่งสู่รุ่นหนึ่งได้

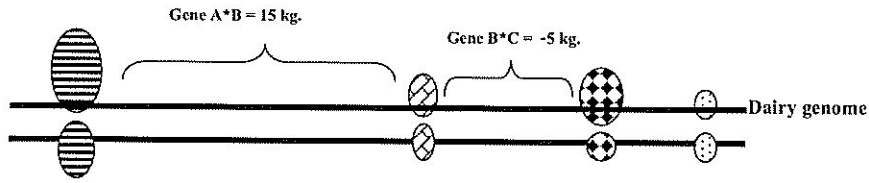
Milk yield from non additive effect 35 kg. Aa + Bb + Cc + DD
(dominance effect) = 15 + 3 + 10 + 7



ทบทวน 3

อิทธิพลแบบข่มของยีนที่ต่างตำแหน่ง (Epistasis effect) หมายถึง อิทธิพลร่วมของยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งกัน เป็น non additive effect เช่นเดียวกับ dominance effect และเป็นอิทธิพลที่ไม่สามารถถ่ายทอดได้ ดังนั้น การใช้ประโยชน์จาก non additive effect นั้นจะใช้ในการจัดคู่ผสมพันธุ์

Milk yield from additive effect 10 kg. A*B + B* C
Epistasis effect = 15 + (-5)



- **การสร้างพันธุ์**

ในกรณีที่ความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์พันธุ์ดั้งเดิมไม่สามารถตอบสนองความต้องการ หรือ breeding goal ได้ การสร้างพันธุ์ใหม่ขึ้น หรือที่เรียกว่า synthetic breed เป็นทางออกหนึ่งของนักปรับปรุงพันธุ์ที่เลือกใช้ เช่นกรณีของไก่สายแม่พันธุ์ไก่เนื้อ มทส. ที่เป็น synthetic breed ที่มีจุดเริ่มต้นจากเกิดจากพ่อพันธุ์ไก่เนื้อ และไก่ไข่สายพันธุ์ทางการค้าได้เป็นไก่ลูกผสม (F1) จากนั้นทำการผสมพันธุ์ไก่ลูกผสมเหล่านั้น (การผสมพันธุ์วิธีนี้เรียกว่า Inter Se mating) ไประยะหนึ่งจนค่า inbreeding coefficient ในฝูงประมาณ 30 % สามารถกล่าวได้ว่าเป็น synthetic breed ที่มีชื่อว่าไก่พันธุ์ มทส. (มทส. เป็นชื่อย่อของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี) โดยลักษณะของแม่ มทส.นั้นจะไข่ดก และมีความสามารถในการเจริญเติบโตในระดับหนึ่งที่จะสามารถถ่ายทอดความสามารถนี้ลงไปให้ลูกไก่เนื้อลูกผสมได้

- **เพื่อเพิ่มหรือขยายขนาดของประชากรให้มีจำนวนมากขึ้น**

ในการปรับปรุงพันธุกรรม สิ่งที่เป็นปัจจัยสำคัญที่จะทำให้การปรับปรุงพันธุ์ประสบความสำเร็จ คือ จำนวนประชากรที่เหมาะสม ไม่เล็กเกินไปจนเกิด inbreeding depression หรือ genetic drift ดังนั้น นักปรับปรุงพันธุ์จำเป็นที่จะต้องมีจำนวนสัตว์ในประชากรในจำนวนหนึ่งก่อนที่จะเริ่มต้นแผนการคัดเลือกเพื่อหลีกเลี่ยงผลเสียต่างๆที่กล่าวมา

อนึ่ง มีเหตุผลที่สำคัญอีกประการที่การขยายขนาดของประชากรให้มีขนาดใหญ่ที่สุดเท่าที่ทรัพยากรจะรองรับได้มีความจำเป็น คือ เมื่อเราต้องการคัดเลือกพันธุกรรมของสัตว์ แท้ที่จริงแล้วหมายถึง เรากำลังต้องการคัดเลือก allele และ genotype ซึ่งโดยธรรมชาติ ยีนที่มีอิทธิพลต่อลักษณะเชิงปริมาณหลายตำแหน่งเป็นยีนที่มี multiple allele แต่ละ allele มีบทบาทต่อลักษณะที่สนใจแตกต่างกัน และในขณะเดียวกันการเข้าคู่กันของ allele (เป็น genotype) เหล่านี้ยังมีอิทธิพลร่วมต่อกันและส่งผลต่อลักษณะที่สนใจแตกต่างกันด้วย ดังนั้นการทำให้ allele ทุก allele ได้มีโอกาสปรากฏในประชากร และในขณะเดียวกันการทำให้เกิดคู่ของ allele หรือการทำให้เกิดความหลากหลายของ genotype (ทำให้เกิดอิทธิพลร่วมต่อกันและส่งผลต่อลักษณะที่สนใจแตกต่างกัน) ให้มากที่สุดเท่าที่จะทำได้เป็นเรื่องที่ควรคำนึงถึงอย่างยิ่ง ทั้งนี้เพื่อเป็นการเพิ่มโอกาสที่จะได้ allele และ genotype ที่เหมาะสมมากที่สุด การใช้ระบบการผสมพันธุ์บางระบบสามารถใช้สำหรับวัตถุประสงค์นี้ได้

- **เพื่อนำพันธุกรรมที่ต้องการเข้าสู่ประชากรเป้าหมาย**

ในหลายกรณีที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องการปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะใด ลักษณะหนึ่ง ให้บรรลุตามเป้าหมายการปรับปรุงที่กำหนดไว้ แต่ในประชากรสัตว์นั้นไม่มีพันธุกรรมของลักษณะที่ต้องการ เช่น กรณีของ นักปรับปรุงพันธุ์โคเนื้อของสหรัฐอเมริกาต้องการปรับปรุงโคเนื้อพันธุ์ Limousin จากขนสีแดงให้เป็นโคพันธุ์ Limousin ที่มีสีขนสีดำ จำเป็นที่จะต้องใช้โคเนื้อพันธุ์ Angus ซึ่งเป็นโคที่มีขนสีดำมาเป็นแหล่งพันธุกรรมขนสีดำมาผสมพันธุ์กับโคพันธุ์ Limousin เพื่อให้ประชากรโคพันธุ์ Limousin ในรุ่นถัดๆไปมีขน

เป็นสีดำ (Bourdon, 2000) กรณีเช่นนี้สามารถทำได้ด้วยการใช้ระบบการผสมพันธุ์แบบ Repeat Back Crossing ซึ่งจะได้กล่าวในรายละเอียดต่อไป

- **เพื่อเพิ่มความถี่ของพันธุกรรมเหล่านั้นในประชากรและให้พันธุกรรมนั้นคงอยู่**

หลังจากที่นำเข้าพันธุกรรมที่ต้องการสู่ประชากรเป้าหมายแล้ว สิ่งที่จำเป็นที่จะต้องดำเนินการต่อคือการเพิ่มความถี่ของพันธุกรรมนั้นให้สูงขึ้น และ รักษาพันธุกรรมนั้นให้คงอยู่ต่อไปในประชากร ซึ่งระบบการผสมพันธุ์แบบต่างๆ เป็นแนวทางในการที่จะ เพิ่มความถี่ หรือรักษาพันธุกรรมนั้นๆ ไว้

- **เพื่อเพิ่มระดับพันธุกรรมให้สูงขึ้น**

ในบางกรณีต้องการให้สัตว์ลูกผสมมีระดับพันธุกรรมของพันธุ์ใดพันธุ์เพิ่มสูงขึ้น ด้วยเหตุผลต่างๆ เช่น ด้านการปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อม หรือด้านเศรษฐกิจ เป็นต้น การผสมพันธุ์เพื่อยกระดับสายเลือด (grading up) เป็นระบบผสมพันธุ์ที่สามารถช่วยให้บรรลุวัตถุประสงค์นี้ เช่นกรณีของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ ซึ่งเป็นโคนมสายพันธุ์หลักที่เลี้ยงในประเทศ เป็นโคนมลูกผสมที่ใช้ระบบการผสมพันธุ์แบบ grading up เพื่อเพิ่มระดับสายเลือดของพันธุ์โฮลสไตน์ให้สูงขึ้น โดยการใช้น้ำเชื้อจากพ่อพันธุ์โฮลสไตน์แท้ 100% ผสมกับแม่ซึ่งเป็นโคลูกผสม ซึ่งลูกที่เกิดขึ้นจะมีระดับสายเลือดโฮลสไตน์ที่สูงกว่าแม่ เป็นต้น

สำหรับประเทศไทยการเพิ่มระดับสายเลือด ควรมีทิศทางและเป้าหมายที่ชัดเจน ซึ่งจากการศึกษาของ Molee et al. (2011) พบว่าในภาวะที่โลกกำลังเผชิญกับ climate change อุณหภูมิเปลี่ยนแปลงอย่างรวดเร็ว โคนมระดับสายเลือดช่วง 80% เป็นระดับที่เหมาะสมเนื่องจากการศึกษาระดับสายเลือดดังกล่าวสามารถให้ผลผลิตที่สม่ำเสมอที่สุด เมื่อเทียบกับระดับสายเลือด 70% หรือ 90%

- **เพื่อใช้ประโยชน์จากอิทธิพลรูปแบบต่างๆของยีน**

ระบบการผสมพันธุ์ที่แตกต่างกันอาจมีเป้าหมายการใช้ประโยชน์จากอิทธิพลของยีนในรูปแบบที่แตกต่างกัน อิทธิพลของยีนประกอบด้วย อิทธิพล 2 ประเภท คือ อิทธิพลแบบบวกสะสม (additive gene effect) อิทธิพลแบบไม่บวกสะสม (non additive effect) ซึ่งประกอบด้วย อิทธิพลแบบข่มของยีนบนตำแหน่งเดียวกัน (dominance effect) และอิทธิพลแบบข่มระหว่างยีนที่ต่างตำแหน่งกัน (epistasis effect) อิทธิพลเหล่านี้ล้วนแต่มีประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุกรรมของสัตว์ทั้งสิ้น เพียงแต่ต้องเลือกใช้ให้เหมาะสมกับลักษณะหรือประเภทของสัตว์ ตัวอย่างกรณีของ ไก่เนื้อโคราช ที่ใช้พ่อพันธุ์เป็นไก่พื้นเมืองเหลืองหางขาวกบินทร์ และแม่เป็น synthetic breed ที่มีชื่อว่า ไก่มทส. โดยพ่อและแม่พันธุ์มีโครงสร้างทางพันธุ์กรรมที่มีความแตกต่างกัน เป็นการใช้รูปแบบการผสมพันธุ์แบบ crossbreeding เพื่อจะใช้ประโยชน์จาก non additive effect ทั้งนี้เนื่องจาก จากเอกสารงานวิจัยจำนวนมากและจากการพัฒนาพันธุ์ไก่เนื้อในอุตสาหกรรมการผลิตไก่เนื้อ ทำให้ทราบว่าลักษณะการเจริญเติบโตเป็นลักษณะที่มีบทบาทของ non additive gene effect ค่อนข้างมาก แต่ในกรณีของอุตสาหกรรมการผลิตโคนมนักศึกษาจะสังเกตเห็นได้ว่ามีการผลิตน้ำเชื้อพ่อพันธุ์ที่มีความสามารถทางพันธุกรรมในลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมที่ดีส่งไปจำหน่ายทั่ว

โลก และเกษตรกรจะเลือกซื้อน้ำเชื้อของพ่อพันธุ์ที่มีประวัติที่ดีในด้านนี้ ทั้งนี้เพราะหวังว่าจะให้พันธุกรรมที่ดีนี้ส่งต่อไปยังลูก เช่นนี้เป็นการใช้ประโยชน์จาก additive gene effect

ที่ได้กล่าวมานี้เป็นความสำคัญของระบบการผสมพันธุ์ที่มีต่อการปรับปรุงพันธุ์ เมื่อนักศึกษาทราบถึงความสำคัญแล้ว ในหัวข้อต่อไปจะกล่าวถึงรายละเอียดของระบบการผสมพันธุ์แบบต่างๆ และตัวอย่างการประยุกต์ใช้เพื่อให้นักศึกษาได้เห็นภาพชัดเจนยิ่งขึ้น

๕.๓ ระบบการผสมพันธุ์

ระบบการผสมพันธุ์มีหลายระบบ แต่ละระบบมีวัตถุประสงค์ที่แตกต่างกัน และขึ้นอยู่กับลักษณะที่ต้องการจะปรับปรุงด้วย กล่าวคือ ถ้าต้องการปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะภายนอกที่สามารถบอกความแตกต่างได้อย่างชัดเจนซึ่งส่วนใหญ่มักเป็นลักษณะเชิงคุณภาพ (qualitative trait) เช่นสีขน ระบบการผสมพันธุ์ที่ใช้อาจไม่ซับซ้อน แต่ในขณะเดียวกันการปรับปรุงลักษณะบางลักษณะที่ไม่สามารถแยกความแตกต่างได้ชัดเจน หรือลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait) เช่น การเจริญเติบโต น้ำหนักตัว ระบบการผสมพันธุ์ที่ใช้จะมีความซับซ้อน และใช้เวลานาน

ทบทวน4

ลักษณะเชิงคุณภาพ (qualitative trait) หมายถึง ลักษณะที่สามารถจำแนกความแตกต่างได้ค่อนข้างชัดเจน เป็นลักษณะที่มียีนที่ควบคุมหรือมีบทบาทต่อการแสดงออกของลักษณะนี้จำนวนไม่มาก และมีอิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมน้อยมาก ลักษณะปรากฏของลักษณะนี้มักตรงกับรูปแบบ genotype ของยีน เช่น genotype BB โคจะมีขนสีดำเท่านั้น เป็นต้น ดังนั้นในการปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะเหล่านี้ สามารถทำได้ง่าย

ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait) หมายถึง ลักษณะที่สามารถชั่ง ตวง วัด นับได้ แต่ไม่สามารถแยกความแตกต่างได้ชัดเจนเหมือนลักษณะเชิงคุณภาพ เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมหรือได้รับอิทธิพลจากยีนจำนวนมาก หรือที่เรียกว่า polygene โดยแต่ละยีนอาจมีอิทธิพลต่อลักษณะนี้ มากบ้างน้อยบ้างแตกต่างกันไป นอกจากนี้ ยังเป็นลักษณะที่มีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมมีส่วนในการแสดงออกของลักษณะเหล่านี้

๕.๓.๑ ระบบการผสมพันธุ์ที่มีเป้าหมายเพื่อปรับปรุงลักษณะเชิงคุณภาพ

โดยส่วนใหญ่ลักษณะเชิงคุณภาพมักจะสามารถบอกความแตกต่างได้ชัดเจน เช่น การมีเขา ไม่มีเขา สีขน สีหนัง ลักษณะเหล่านี้เมื่อเทียบกับลักษณะเชิงปริมาณแล้ว มียีนที่มีส่วนในการควบคุมการแสดงออกน้อยกว่า และด้วยเหตุผลทั้ง 2 ประการ คือ บอกความแตกต่างได้ชัดเจน และมียีนที่ควบคุมน้อย การปรับปรุงลักษณะเหล่านี้จึงสามารถทำได้ง่ายกว่าการปรับปรุงลักษณะเชิงปริมาณ โดยระบบผสมพันธุ์เพื่อตอบสนองการปรับปรุงลักษณะเหล่านี้ ได้แก่

ก. การจับคู่ผสมพันธุ์เพื่อผลิตลูกให้มีลักษณะตามความต้องการ

สิ่งที่จำเป็นต้องทราบ

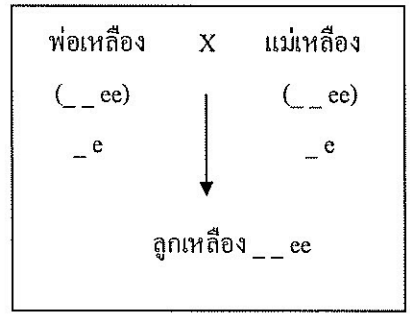
- จำนวนยีนที่มีบทบาทต่อการแสดงออกของลักษณะ
- จำนวน allele ของยีนในแต่ละตำแหน่ง
- รูปแบบอิทธิพลของ allele และอิทธิพลร่วมระหว่าง allele (dominant, epistasis)
- รูปแบบ genotype ที่กำหนดลักษณะนั้นๆ ของพ่อ และ แม่

<u>ตัวอย่างที่ 1</u>(Bourdon, 2000) สุนัขสายพันธุ์ลาบราดอร์ รีทรีฟเวอร์ ซึ่งเป็นสุนัขที่ได้รับความนิยมเลี้ยงสูงมาก สุนัขสายพันธุ์มีทั้งหมด 3 สี คือ สีเหลือง สีดำ และสีช็อคโกแลต มีข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับยีนที่ควบคุมสีขนของสุนัขสายพันธุ์นี้ดังนี้

- มียีนที่ควบคุมการมีสีขน 2 ตำหน่ง คือ locus B (black) และ Locus E (extension of pigmentation)
- Locus B มี 2 allele คือ B, และ b และ locus E ก็ประกอบด้วย 2 allele เช่นกัน คือ E, e
- allele B มีอิทธิพลแบบ completely dominant ต่อ allele b
- allele E มีอิทธิพลแบบ completely dominant ต่อ allele e
- ยีนทั้ง 2 loci นี้มีอิทธิพลแบบ epistasis ต่อกัน โดย

B_E_	สุนัขมีขนสีดำ
bbE_	สุนัขมีขนสีช็อคโกแลต
__ee	สุนัขมีขนสีเหลือง

จากความรู้ดังกล่าว เราสามารถนำมาใช้ในการจับคู่ผสมพันธุ์เพื่อผลิตลูกสุนัขให้มีสีขนตามที่ต้องการได้ เช่น ถ้าต้องการลูกสุนัขที่มีขนสีเหลือง เราสามารถใช้พ่อและแม่ที่มีสีเหลือง ผสมกันได้เลย ดังรูปที่ 5.2



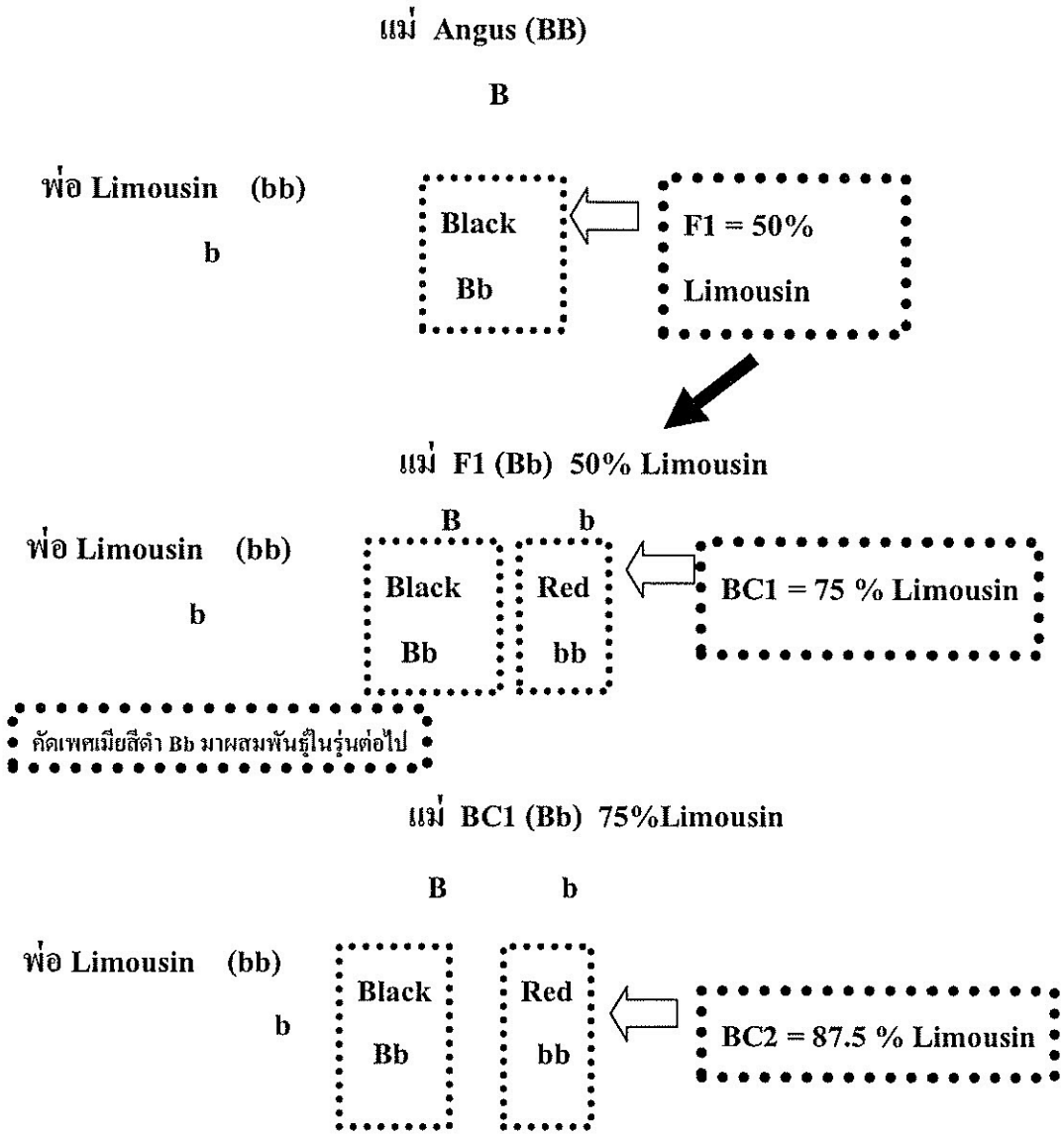
รูปที่ 5.2 ตัวอย่างการออกแบบคู่ผสมพันธุ์เพื่อให้ได้ลูกที่มีลักษณะสีขนตามที่ต้องการ

ข. การผสมแบบ Repeated Backcrossing หรือ Introgression

วัตถุประสงค์ของระบบการผสมพันธุ์นี้ คือ ต้องการนำ allele ที่ควบคุมลักษณะที่ต้องการจากประชากรหนึ่งเข้าสู่ประชากรเป้าหมาย โดยการนำเอาพันธุกรรม (allele) ที่ควบคุมลักษณะที่ต้องการเข้ามาผสมพันธุ์กับสัตว์ในประชากรเป้าหมายและเพิ่มจำนวน allele นั้นให้มีจำนวนมากขึ้นในประชากรเป้าหมาย (เพิ่มความถี่/ frequency ของ allele) โดยการนำลูกที่มีลักษณะที่ต้องการไปผสมกับสัตว์สายพันธุ์เดียวกับพ่อหรือแม่ของตน (Parent breed / line) และ คัดเลือกเฉพาะลูกที่มีลักษณะที่ต้องการ เพื่อไปผสมกับ Parent breed (line) ทำซ้ำเช่นนี้ไป จนกระทั่งได้สัตว์ที่มีลักษณะที่ต้องการและมีระดับสายเลือดประมาณ 94%

ตัวอย่างที่ 2 (Bourdon, 2000) กรณีโคเนื้อพันธุ์ Limousin มีขนสีแดง จากประเทศฝรั่งเศส ถูกนำเข้าไปที่ USA, Breeder ต้องการ ให้โคสายพันธุ์นี้มีสีดำโดยทราบข้อมูลดังนี้และแผนการผสมพันธุ์แสดงดัง รูปที่ 5.3

breed	phenotype	genotype
limousin	**red**	**bb**
Angus (USA)	**black**	**BB**



คัดเพศเมียสีดำ Bb มาผสมพันธุ์ในรุ่นต่อไป

- คัดเพศเมียสีดำ Bb มาผสมพันธุ์ Backcross ซ้ำไปจนกระทั่งได้ลูกระดับสายเลือด 94%

รูปที่ 5.3 แผนผังการผสมพันธุ์แบบ repeated backcrossing หรือ introgression เพื่อการปรับปรุงพันธุ์โคเนื้อสายพันธุ์ Limousin ที่มีสีแดง ให้มีขนสีดำ

จากรูปอธิบายได้ว่า เริ่มต้นคู่ผสมพันธุ์ใช้เพศเมีย Angus 100% ผสมกับเพศผู้ Limousin 100% เพื่อผลิตสูกรุ่น F1 ซึ่งเป็นลูกผสม 50% (Limousin X Angus) ในลูกรุ่น F1 นี้จะถูกคัดเฉพาะเพศเมียสีดำ (เท่านั้น) เพื่อนำกลับไปผสมกับสายพันธุ์ของพ่อ คือ Limousin พันธุ์แท้ ลักษณะการผสมพันธุ์ โดยนำลูกกับไปผสมพันธุ์กับสายพันธุ์เดียวกับพ่อ หรือ แม่นี้ เป็นการผสมที่เรียกว่า **backcrossing mating system** และเมื่อได้ลูกในรุ่นถัดมา ก็คัดเฉพาะเพศเมียสีดำ เพื่อนำไปผสมพันธุ์กับสายพันธุ์ของพ่อ ซ้ำไปเรื่อยๆ จนกระทั่งได้ลูกที่มีระดับสายเลือดของ Limousin ประมาณ 90% ขึ้นไป ซึ่งลักษณะการผสมแบบ backcross ซ้ำไปเรื่อยๆ เช่นนี้ ระบบการผสมพันธุ์จึงมีชื่อเรียกว่า Repeated backcrossing นั่นเอง

๕.๓.๒ ระบบการผสมพันธุ์ที่มีเป้าหมายเพื่อปรับปรุงลักษณะเชิงปริมาณ สามารถแบ่งออกเป็นประเภทได้ดังนี้

๕.๓.๒.๑ ระบบผสมพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลประสิทธิภาพการผลิตของสัตว์เป็นเกณฑ์

เป็นระบบการผสมพันธุ์ที่มุ่งเน้นในการปรับปรุงลักษณะเชิงปริมาณ และใช้ข้อมูลประสิทธิภาพการผลิตของสัตว์ในการเลือกใช้ระบบการผสมพันธุ์ ระบบการผสมพันธุ์นี้ ประกอบด้วย ระบบการผสมพันธุ์ที่แตกต่างกัน ดังนี้

ก. การผสมพันธุ์แบบสุ่ม (Random mating system)

เป็นรูปแบบการผสมพันธุ์ที่ สัตว์เพศผู้และเมียผสมพันธุ์กันโดยสุ่ม ไม่มีอิทธิพลใดๆมาเกี่ยวข้องในการจับคู่ผสมพันธุ์ ดังนั้น สัตว์ทุกตัวจึงมีโอกาสเท่าๆ กันในการได้รับการผสมพันธุ์ โดยไม่จำเป็นที่จะต้องทราบว่าสัตว์แต่ละตัวมีความสามารถในการให้ผลผลิตมากน้อยเพียงใด

ข้อดีในการผสมพันธุ์แบบสุ่ม

- เป็นระบบการผสมพันธุ์ที่เหมาะสำหรับประชากรเริ่มต้นที่ต้องการปรับปรุงพันธุกรรม โดยเฉพาะประชากรนั้นเป็นประชากรที่มีขนาดเล็ก เพราะเป็นระบบที่สามารถเพิ่มจำนวนประชากรได้ในระยะเวลารวดเร็ว เนื่องจากไม่ต้องรอพิจารณาข้อมูลประสิทธิภาพการผลิตของสัตว์
- ทำให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรม
- กรณีที่พ่อพันธุ์มีโอกาสผสมอย่างสุ่มกับแม่จำนวนมากจะมีผลดีต่อการทำ genetic evaluation เพราะพันธุกรรมที่ประเมินได้เกิดจากพันธุกรรมของพ่ออย่างแท้จริง

ข้อจำกัดในการผสมพันธุ์แบบสุ่ม

- สามารถควบคุม หรือทำนายพันธุกรรมของลูกในรุ่นถัดไปได้น้อย
- ผลที่ได้จากลูกอาจมีทั้งลูกที่ดีเด่น และไม่ดี และไม่มีความสม่ำเสมอ

- สำหรับประชากรฝูงเริ่มต้นนอกจากจะมีระบบการจัดเก็บข้อมูลที่ยังไม่สมบูรณ์แล้วนั้น ยังอาจรวมถึงการที่ยังไม่มีข้อมูลพันธุ์ประวัติอีกด้วย ซึ่งสิ่งที่ต้องระมัดระวัง หรือต้องระลึกไว้คือ มีโอกาสสูงมากที่การใช้ระบบการผสมพันธุ์นี้จะเกิดการผสมเลือดชิด (inbreeding) ขึ้นได้ และอาจทำให้สัตว์ได้รับผลกระทบของอิทธิพลเนื่องจาก inbreeding depression ได้

ตัวอย่างที่ 3 กรณีศึกษาการผสมพันธุ์แบบสุ่มในการสร้างไก่สายแม่พันธุ์ไก่เนื้อที่พัฒนาโดย มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ที่มีชื่อว่า **ไก่มทส.** ซึ่งจะเป็น synthetic breed ขณะนี้อยู่ในขั้นตอนของการทดสอบศักยภาพคู่ผสมที่จะพัฒนาไปเป็น สายแม่ มทส. ซึ่งคู่ผสมที่เข้าทำการทดสอบ 3 คู่ คือ มทส.T1, มทส.T2 และ มทส.T3 โดย มทส.Tต่างๆนี้ เป็นลูกผสมที่เกิดจาก พ่อพันธุ์ไก่เนื้อที่แตกต่างกัน 3 พันธุ์ และแม่ไก่ไข่ทางการค้า (commercial layer)

ประเด็นสำคัญของตัวอย่างนี้ คือ ในการผสมพันธุ์พ่อและแม่ เพื่อผลิตลูกผสม มทส.T ต่างๆนั้น ใช้วิธีการผสมแบบ Random mating กล่าวคือ พ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ทุกตัวมีโอกาสที่จะได้รับการผสมพันธุ์เท่าๆกัน ในการผสมพันธุ์นี้ใช้สัดส่วนจำนวนพ่อพันธุ์ต่อแม่พันธุ์ 1:5 คือ พ่อพันธุ์ 1 ตัวผสมกับแม่พันธุ์ 5 ตัว การจับคู่ผสมพันธุ์นั้นเป็นไปโดยสุ่ม ทั้งนี้เนื่องจากเหตุผลสำคัญ คือ เพื่อให้ลูกผสม มทส. มีความหลากหลายทางพันธุกรรมให้มากที่สุด เพื่อประโยชน์ในการคัดเลือกต่อไปในอนาคต กล่าวคือ ลูกผสม มทส. T ใด T หนึ่งจะต้องเข้าสู่กระบวนการพัฒนาพันธุกรรมเพื่อเป็นสายแม่พันธุ์ไก่เนื้อ ที่มีเป้าหมายว่า ไก่เนื้อนี้จะต้องมีความสามารถในการเจริญเติบโตจากอิทธิพลของ heterosis effect ดังนั้นการที่ ลูกผสม มทส. มีความหลากหลายทางพันธุกรรมมาก โอกาสที่จะเกิด heterosis effect ในรุ่นลูก (ไก่เนื้อ) ก็จะสูงมากยิ่งขึ้น ในทางตรงกันข้าม ถ้าในการผลิตลูกผสม มทส. เป็นการผสมแบบมีการคัดเลือก ความหลากหลายทางพันธุกรรมจะลดลงเนื่องจากพันธุกรรมบางส่วนจะถูกคัดทิ้งไป และอาจเป็นผลทำให้โอกาสการเกิด heterosis effect ลดลง

ข. การผสมพันธุ์แบบ assortative mating system

a. Positive assortative mating system

เป็นระบบการผสมพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลความสามารถในการให้ผลผลิตของสัตว์เป็นเกณฑ์ในการเลือกว่าคู่ผสมพันธุ์ โดยระบบ positive นี้ เป็นการเลือกสัตว์ที่มีความสามารถในการให้ผลผลิตที่ใกล้เคียงกันมาผสมพันธุ์กัน เช่น

- พ่อพันธุ์สุกรที่มี ADG สูง X แม่พันธุ์ ADG สูง
- พ่อพันธุ์โคนม EBV สูง X แม่พันธุ์ EBV สูง

ระบบการผสมพันธุ์ แบบนี้จะทำให้เกิดผลที่ตามมาคือ

- genetic variation สูงกว่า Random mating
- สามารถเพิ่ม genetic progress
- สามารถผลิตสัตว์ที่มี performance ดีเยี่ยม

b. Negative assortative mating system

เป็นระบบการผสมพันธุ์ที่ตรงกันข้ามกับระบบการผสมพันธุ์แบบ positive assortative โดยระบบการผสมพันธุ์แบบนี้ เป็นการนำสัตว์ที่มีความสามารถที่แตกต่างกัน หรือตรงข้ามกันมาผสมพันธุ์กัน เช่น

- พ่อพันธุ์สุกรที่มี ADG สูง X แม่พันธุ์ ADG ต่ำ
- พ่อพันธุ์โคนม EBV สูง X แม่พันธุ์ EBV ต่ำ

ระบบการผสมพันธุ์ แบบนี้จะทำให้เกิดผลที่ตามมาคือ

- genetic variation ต่ำกว่า Random mating
- ผลิตสัตว์ที่มี performance ปานกลาง แต่มีความ uniform สูง

ข้อจำกัดในการผสมพันธุ์แบบ assortative mating

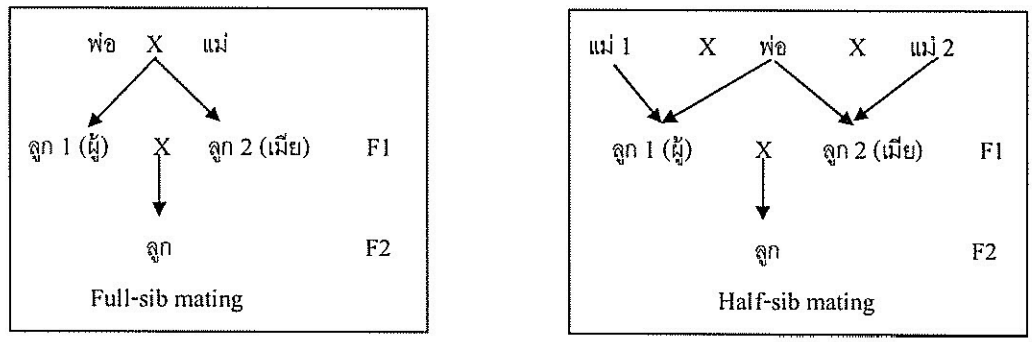
- เป็นระบบที่มีความยุ่งยาก ซับซ้อน กว่า Random mating เนื่องจากต้องการข้อมูล performance record, genetic prediction
- ต้องมีการจัดลำดับสัตว์ ซึ่งเป็นสาเหตุหนึ่งที่ทำให้เกิดความซับซ้อนมากยิ่งขึ้น โดยเฉพาะในกรณีที่ต้องการปรับปรุงลักษณะในแบบ multiple Trait
- ในการทำ genetic evaluation จะเกิด bias เนื่องจาก พ่อพันธุ์จะได้ผสมกับ แม่พันธุ์ที่ดีเท่านั้น

๕.๓.๒.๒ ระบบผสมพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลความสัมพันธ์ทางเครือญาติของสัตว์เป็นเกณฑ์

เป็นระบบการผสมพันธุ์ที่ให้ความสำคัญกับอิทธิพลที่เกิดขึ้นอันเนื่องจากความสัมพันธ์ทางเครือญาติของสัตว์ เช่น inbreeding depression effect หรือ heterosis effect เป็นต้น ระบบการผสมพันธุ์ในกลุ่มนี้มีดังต่อไปนี้

ก. การผสมเลือดชิด (Inbreeding)

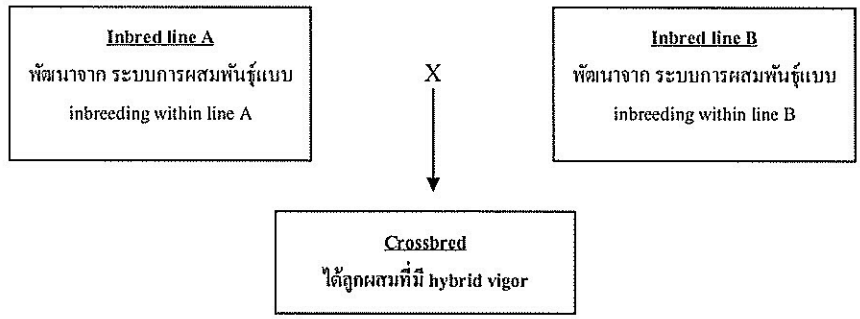
เป็นการผสมพันธุ์กันภายในเครือญาติโดยเครือญาตินี้ต้องมีความใกล้ชิดกันมาก เช่น พ่อผสมกับลูกสาว ปู่ผสมกับหลานสาว พี่ผสมกับน้องซึ่งเกิดจากพ่อ***หรือ***แม่เดียวกัน (half-sib mating) พี่ผสมกับน้องซึ่งเกิดจากพ่อ***และ***แม่เดียวกัน (full-sib mating) ดังแสดงรูปที่ 5.4 เป็นต้น แต่ไม่นับรวมถึงเครือญาติที่มีความห่างมากเกินไป (Legates and Warwick, 1990)



รูปที่ 5.4 รูปแบบการผสมเลือดชิดแบบ full-sib mating และ Half-sib mating

ผลจากการผสมพันธุ์แบบ Inbreeding

- เพิ่มสภาพการเป็น homozygosity ของยีน จึงทำให้ลูกที่เกิดการการผสมแบบ inbreeding มีความ uniform และมีความเหมือนกับพ่อแม่สูง
- ความหลากหลายของสัตว์ในประชากรจะลดต่ำลง (variation ต่ำ)
- ช่วยทำให้ homozygous recessive genotype แสดงออก และสามารถคัดทิ้งสัตว์เหล่านั้นได้ซึ่งเหมาะสำหรับลักษณะที่เป็นเชิงคุณภาพ เช่น สีขน โรคทางพันธุกรรมบางชนิด
- สามารถเพิ่ม Hybrid vigor ได้โดยการเพิ่ม hybrid vigor ไม่ได้เกิดจากภายใน Inbred line แต่เกิดจากการผสมระหว่าง Inbred line ที่แตกต่างกัน 2 line ดังแสดงในรูปที่ 5.5



รูปที่ 5.5 รูปแบบการผสมพันธุ์ที่ใช้ inbred line ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ต่างกัน 2 inbred line ในการผลิตลูกผสมที่มีอิทธิพล hybrid vigor สูง

- ก่อให้เกิดผลเสียต่อการแสดงออกของลักษณะเชิงปริมาณ (โดยเฉพาะอย่างยิ่งลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ) กล่าวคือ ในกรณีของลักษณะเชิงปริมาณ ผลของการที่สัตว์มี genotype แบบ homozygous recessive ไม่ชัดเจน เนื่องจากอิทธิพลของ gene แต่ละตัวที่มีต่อลักษณะนั้นๆ ไม่มากนัก แต่เมื่อรวมกันหลายตำแหน่ง ผลจึงเริ่มชัดเจน การที่ Inbreeding ส่งผลเสียต่อการแสดงออกลักษณะ ดังที่กล่าวมานี้ เราเรียกว่า *Inbreeding Depression* จากการศึกษางานวิจัยที่ทำการศึกษาผลของ inbreeding depression ของสัตว์เศรษฐกิจ ได้แก่ ไก่ไข่ ไก่เนื้อ โค สุกร พบว่า inbreeding depression นั้น มีผลเสียต่อลักษณะต่างๆ ที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ เช่น จากการรวบรวมของ Legates and Warwick (1990) หรือจากการศึกษาของ Szwaczkowski et al. (2004) และ Sewalem et al. (1999) ต่างพบเช่นเดียวกันว่า inbreeding depression นั้นมีผลกระทบอย่างรุนแรงและชัดเจนต่อ ลักษณะที่เกี่ยวข้องกับ reproductive trait ในไก่ เช่น จำนวนไข่ต่อตัวต่อปี น้ำหนักไข่ เปอร์เซนต์การผสมติด และเปอร์เซนต์การฟักออก เป็นต้น ในกรณีของสุกรพบว่า inbreeding depression มีผลต่อ libido ที่ลดต่ำลง ในสุกรพ่อพันธุ์ ขนาดครอก น้ำหนักครอก อัตราการรอดชีวิต การเจริญเติบโต (Buchanan and Clutter, 2009; Legates and Warwick, 1990)

จากที่กล่าวมาจะเห็นได้ว่า ระบบการผสมพันธุ์แบบ inbreeding นั้นมีทั้งผลดี และผลเสีย ซึ่งนักปรับปรุงพันธุ์จำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องทราบ ทั้งนี้ เพื่อจะได้ใช้แผนการผสมพันธุ์นี้ได้อย่างมีประสิทธิภาพ

โดยทั่วไปการเกิดการผสมแบบเลือดชิดของสัตว์ในประชากรนั้นจะเกิดขึ้นอาจโดยจงใจ (เลือกแผนการผสมพันธุ์นี้) และไม่จงใจ (การผสมแบบสุ่ม หรือจำนวนสัตว์ในประชากรมีน้อย หรือ ผลจากการคัดเลือกสัตว์ที่มีพันธุกรรมที่ดีให้ผสมพันธุ์กันซึ่งโอกาสที่คู่ผสมนี้จะมีความสัมพันธ์กันทางสายเลือดก็มีอยู่) **ดังนั้นการทราบสถานะของการเกิด inbreeding ในฝูง จึงมีความจำเป็น ทั้งนี้ข้อมูลดังกล่าวจะมีประโยชน์ในแง่ของการวางแผนการผสมพันธุ์ต่อไป หรือการนำมาใช้ประกอบการพิจารณาถึงสาเหตุที่แท้จริงของปัญหาที่เกี่ยวข้องกับการลดลงของผลผลิต ในทั้งสองกรณีนี้ขอยกตัวอย่างประกอบ ดังนี้**

ตัวอย่างที่ 4 ในกรณีที่เราต้องการใช้ประโยชน์จาก heterosis effect ต่อลักษณะปรากฏที่สนใจ ซึ่งอิทธิพลนี้เกิดจากการเข้าคู่กันของ allele ที่มีความจำเพาะต่อกัน (ความจำเพาะต่อกันในที่นี้หมายถึง คู่ของ allele ที่ทำให้เกิด heterosis effect สูงที่สุด) เพื่อให้เกิดความจำเพาะเช่นนี้ สามารถทำได้โดยการคัดเลือกคู่ผสม จากทฤษฎี มีการคัดเลือกที่สามารถทำให้บรรลุวัตถุประสงค์นี้ได้ เช่น การคัดเลือกแบบ recurrent selection (RS) และ reciprocal recurrent selection (RRS) การทำ RS นั้นมีความเหมาะสมเมื่อสายพ่อ หรือสายแม่ สายใดสายหนึ่งมีสภาพเป็น inbred line ซึ่งมี โครงสร้างทางพันธุกรรมที่มีความเสถียรแล้ว และใช้

สายนั้นเป็น tester เพื่อใช้ในการคัดเลือก allele ที่มีความจำเพาะ (มี interaction effect สูง) ในอีกฝูงหนึ่ง และเมื่อมีการผสมพันธุ์ภายในฝูงแบบ random mating จะทำให้ allele ที่มีความจำเพาะเหล่านั้นเพิ่มจำนวนมากขึ้นในฝูง และคาดหวังว่าเมื่อนำสัตว์ 2 ฝูงนี้มาผสมพันธุ์กันเพื่อผลิตลูกผสม ฝูงของลูกผสมจะมีสภาพของ heterozygosity ที่สูงขึ้น ส่วนการทำ RRS มีความเหมาะสมเมื่อต้องการคัดเลือกสัตว์ฝูงพ่อและแม่ไปพร้อมๆ กัน โดยสภาพโครงสร้างทางพันธุกรรมของสัตว์ทั้งสองฝูงนี้ไม่ได้อยู่ในสภาพของ inbred line

เมื่อพิจารณาโครงสร้างประชากรของคู่ผสมเพื่อใช้ในการผลิตไก่เนื้อโคราชซึ่งได้แก่ ไก่เหลืองหางขาว และไก่ มทส. พบว่า กรณีไก่เหลืองหางขาวที่จะใช้ในการพัฒนาเป็นสายพ่อพันธุ์ไก่เนื้อโคราช เป็นไก่ที่ถูกรวบรวมโดยกรมปศุสัตว์และ สกว. โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อเก็บรวบรวมเป็นแหล่งพันธุกรรมพื้นฐาน ด้วยวัตถุประสงค์ดังกล่าว จึงไม่ควรมีการคัดเลือกและหลีกเลี่ยงการผสมเลือดชิด ดังนั้น โครงสร้างพันธุกรรมของไก่เหลืองหางขาวจะถูกนำมาใช้ในโครงการจึงไม่ควรมีสถานะภาพเป็น inbred line เมื่อคำนวณอัตราการเกิดเลือดชิด พบว่ามีค่าเท่ากับ 2% ซึ่งอธิบายได้ว่าโอกาสที่ประชากรนี้จะมีโครงสร้างทางพันธุกรรมแบบ homozygous โดยได้รับมีคู่ยีนที่เหมือนกันจากบรรพบุรุษเดียวกันนั้นต่ำมาก ดังนั้นจึงสามารถบอกได้ว่าประชากรไก่พื้นเมืองเหลืองหางขาวไม่ได้เป็น inbred line จึงไม่เหมาะสมที่จะใช้เป็น tester สำหรับแผนการคัดเลือกและผสมพันธุ์แบบ RS

ดังนั้นจะเห็นได้ว่าด้วยค่า inbreeding coefficient สามารถใช้เป็นข้อมูลหนึ่งเพื่อประกอบการตัดสินใจเลือกแผนการคัดเลือกสัตว์ได้

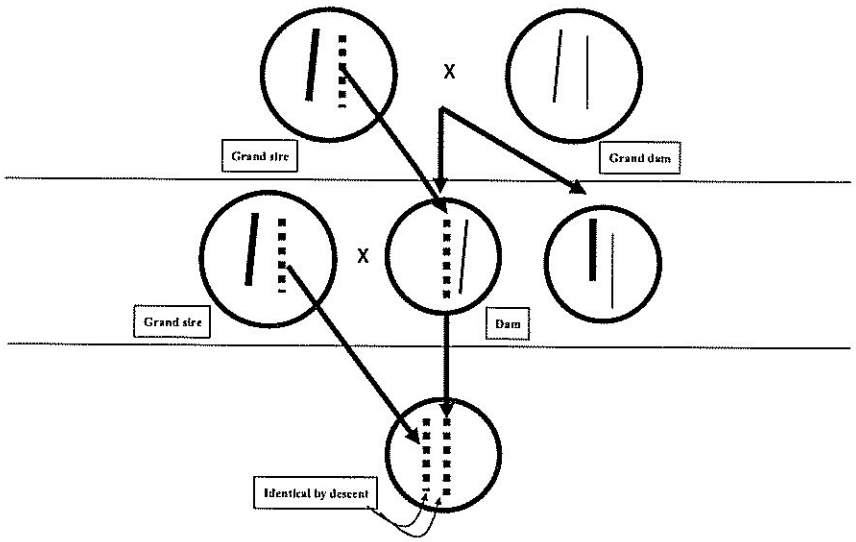
ตัวอย่างที่ 5 ปัจจุบันผลผลิตน้ำนมของโคนมในประเทศมีแนวโน้มลดลง และมีปัญหาเรื่องความสมบูรณ์พันธุ์มากขึ้น มีการสันนิฐานถึงสาเหตุของปัญหาเหล่านี้ เช่น เรื่องของอาหารและการจัดการอาหารที่ไม่ดีพอ ภาวะอากาศที่มีความแปรปรวนมากขึ้น และผู้ที่เกี่ยวข้องก็พยายามแก้ไขปัญหาเหล่านี้ อย่างไรก็ตามผู้เขียนคิดว่า มีความเป็นไปได้เช่นกันที่สาเหตุหนึ่งของปัญหานี้อาจมาจากการเกิด inbreeding depression เนื่องจากโดยทั่วไปเกษตรกรรายย่อยมักเลือกซื้อน้ำเชื้อจากพ่อมีมีความสามารถในการให้นมสูง และขาดการบันทึกข้อมูลพันธุ์ประวัติอย่างต่อเนื่อง จึงมีความเป็นไปได้ที่ลูกสาว หลานสาว อาจถูกผสมโดยพ่อ หรือตาของมัน โดยที่เกษตรกรไม่มีโอกาสทราบเลย ปัญหาของ inbreeding depression อาจเป็นปัญหาที่ซ่อนตัวอยู่และกำลังแสดงผลของมันออกมา โดยที่ผู้เกี่ยวข้องยังไม่ทราบเลยว่าสาเหตุของปัญหานี้คือ การเกิด inbreeding depression

จากตัวอย่างที่กล่าวมาแม้จะเป็นข้อสันนิฐาน แต่ก็มีความเป็นไปได้ ดังนั้นการติดตามสถานะของการเกิด inbreeding จึงเป็นเรื่องที่ควรให้ความสำคัญ การติดตามการเกิด inbreeding นั้นสามารถทำได้โดยการประเมินเป็นค่าที่เรียกว่า ค่า inbreeding coefficient; F_X ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

ค่า inbreeding coefficient; (F_X)

เป็นค่าที่บ่งบอกถึงความน่าจะเป็นที่สัตว์ตัวนั้นๆ จะมีคู่ยีนที่เป็นแบบ homozygous อันเนื่องจากได้รับถ่ายทอดจากบรรพบุรุษเดียวกัน (คู่ยีนที่มีสภาพแบบ homozygous ที่ได้รับถ่ายทอดจากบรรพบุรุษเดียวกันเรียกว่า Identical by descent ดังแสดงในรูปที่ 5.6) ค่า F_X นี้เป็นค่าความน่าจะเป็นที่มีค่าอยู่ระหว่าง 0-1 หรือ 0 – 100%

ตัวอย่างการอธิบายความหมายของค่า F_X ค่า inbreeding coef. = 25% คือ มีโอกาส 25% ที่คู่ยีนของสัตว์ตัวนี้จะเหมือนกันโดยได้รับการถ่ายทอดจากบรรพบุรุษเดียวกัน



รูปที่ 5.6 อธิบายการเกิดสภาพ homozygous ของยีนที่เป็นแบบ identical by descent; IBD

เราสามารถคำนวณค่า F_X ได้จากสูตรด้านล่างนี้

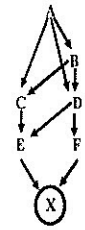
$$F_x = \sum_{CA=1}^{k} (1/2)^{n_1+n_2+1}(1+F_{CA}) \qquad \underline{\textit{สูตรที่ 1}}$$

เมื่อ CA คือ common ancestor ของ sire และ dam ของสัตว์ X, k คือ จำนวนของ common ancestor ในพันธุ์ประวัติของสัตว์ X, n1 และ n2 คือ จำนวน generation จากพ่อ (sire) ของ X ถึง common ancestor และจำนวน generation จากแม่ (dam) ของสัตว์ X ถึง common ancestor ตามลำดับ อนึ่งที่มาของสูตรสามารถศึกษาได้จาก Bourdon (2000)

ตัวอย่างที่ 6 จากตารางพันธุ์ประวัติ (pedigree) ด้านล่าง ให้จัดให้อยู่ในรูปของ arrow diagram และคำนวณค่า inbreeding coefficient (F) ของสัตว์ X

animal	sire	dam
A	-	-
B	A	-
C	A	B
D	A	B
E	C	D
F	-	D
X	E	F

เขียน arrow diagram แสดงความสัมพันธ์ของสัตว์ใน pedigree ได้ดังรูปด้านล่างนี้



คำนวณค่า inbreeding coefficient (F) ของสัตว์ X ได้ดัง*สูตรที่ 1*

$$F_x = \sum_{CA=1}^{k} (1/2)^{n_1+n_2+1}(1+F_{CA})$$

- k คือ จำนวนของ common ancestor ซึ่งจะเห็นได้ว่า ใน pedigree นี้มี common ancestor อยู่เพียง 1 ตัว คือ A
- n1 นับจำนวน generation จาก E ถึง A เท่ากับ 2 generation
- n2 คือ จำนวน generation นับจาก F ถึง A เท่ากับ 3 generation
- กำหนดให้ A ไม่ทราบข้อมูลของค่า F จึงกำหนดให้ F_{CA} มีค่าเป็น 0

จากข้อมูลดังกล่าว ค่า F_X สามารถคำนวณได้ดังนี้

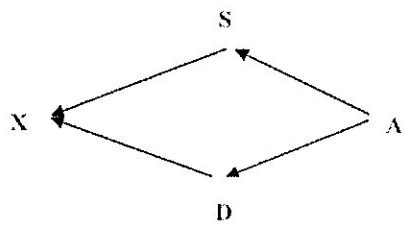
$$F_x = \sum_{CA=1}^{k} (1/2)^{n_1+n_2+1}(1+F_{CA})$$

$$= \sum_{CA=1}^{1} (1/2)^{2+3+1}(1+0)$$

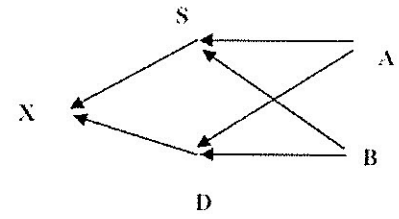
$$=(1/2)^6 = 0.015625 = 1.56\%$$

∴ สามารถอธิบายได้ว่า สัตว์ X มีโอกาสเพียง 1.56% ที่คู่ยีนของสัตว์ตัวนี้จะเหมือนกันโดยได้รับการถ่ายทอดจากบรรพบุรุษเดียวกัน

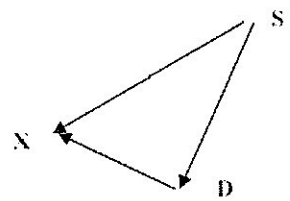
ตัวอย่างที่ 7 จากหนังสือของ Bourdon (2000) หน้าที่ 343 Figure ที่ 17.4 คำนวณหาค่า F_X ที่เกิดจากระบบการผสมพันธุ์แบบ Inbreeding ในรูปแบบของ half-sib mating, full-sib mating, sire x daughter mating และ mating of unrelated inbred



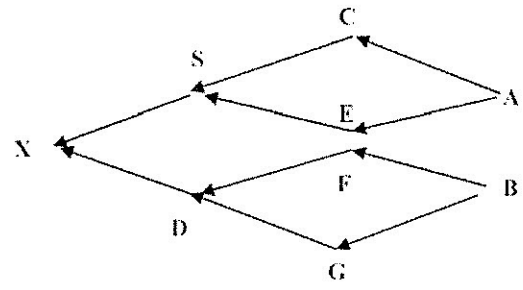
Half-sib mating



Full-sib mating



Sire X daughter mating



Mating of unrelated inbred

Half-sib mating

จากสูตร

$$F_x = \sum_{CA=I}^{k} \left(1/2\right)^{n_i+1} (1 + F_{CA})$$

k เป็นจำนวน common ancestor ซึ่งในกรณีนี้มีเพียง 1ตัว คือ A

n_i จำนวนลูกศรจาก S – A– D เท่ากับ 2

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ common ancestor มีค่าเป็น 0

$$F_x = \sum_{CA=1}^{1} \left(1/2\right)^{2+1} (1 + 0)$$

$$= \left(1/2\right)^{3}$$

$$= 0.125 \quad = 12.5\%$$

Full-sib mating

จากสูตร

$$F_x = \sum_{CA=I}^{k} \left(1/2\right)^{n_i \mid 1} (1 + F_{CA})$$

k เป็นจำนวน common ancestor ซึ่งในกรณีนี้มีเพียง 2 ตัว คือ A, B

∴ คิด common ancestor A

n_i จำนวนลูกศรจาก S – A– D เท่ากับ 2

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ common ancestor มีค่าเป็น 0

$$F_x = \sum_{CA=1}^{1} \left(1/2\right)^{2+1} (1 + 0)$$

$$= \left(1/2\right)^{3}$$

$$= 0.125 \quad = 12.5\%$$

∴ คิด common ancestor B

n_i จำนวนลูกศรจาก S – B– D เท่ากับ 2

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ common ancestor มีค่าเป็น 0

$$F_x = \sum_{CA=1}^{1} \left(1/2\right)^{2+1} (1+0)$$

$$= \left(1/2\right)^{3}$$

$$= 0.125 \quad = 12.5\%$$

∴ คิดผลรวม common ancestor A และ B $= 0.125 + 0.125$

$= 0.25 = 25\%$

Sire X daughter mating

จากสูตร

$$F_x = \sum_{CA=I}^{k} \left(1/2\right)^{n_i+1} (1+F_{CA})$$

k เป็นจำนวน common ancestor ซึ่งในกรณีนี้มีเพียง 1ตัว คือ S

n_i จำนวนลูกศรจาก S – D เท่ากับ 1

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ common ancestor มีค่าเป็น 0

$$F_x = \sum_{CA=1}^{1} \left(1/2\right)^{1+1} (1+0)$$

$$= \left(1/2\right)^{2}$$

$$= 0.25 \quad = 25\%$$

Mating of unrelated inbred

จาก arrow diagram จะเห็นได้ว่า พ่อ (S) แม่ (D) ไม่มีบรรพบุรุษร่วมกันเลย ดังนั้นค่า inbreeding coefficient จึงมีค่าเป็น 0

ค่า Wright's coefficient of relationship (R_{XY})

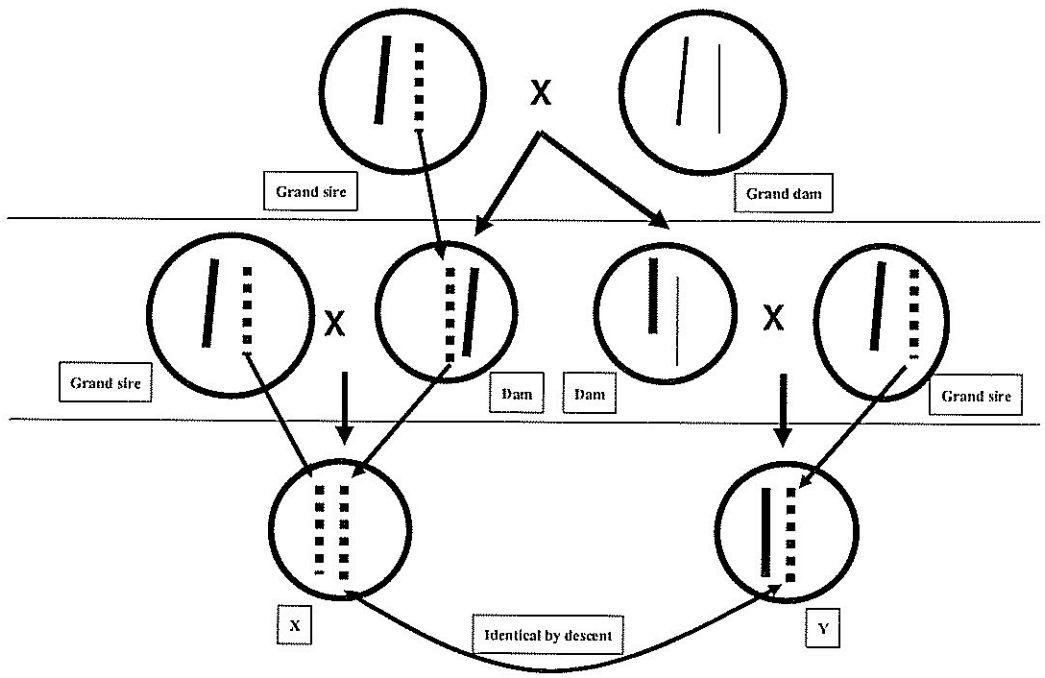
เป็นการวัดระดับความสัมพันธ์ทางสายเลือดของสัตว์ 2 ตัว (สัตว์ X กับสัตว์ Y) โดยวัดเป็นโอกาสที่ยีนของสัตว์ตัวหนึ่งจะเหมือนกับยีนของสัตว์อีกตัวหนึ่งโดยได้รับจากบรรพบุรุษเดียวกัน (ยีนที่เหมือนกันแบบ identical by descent) สามารถดูได้จากรูปที่ 5.7 ค่าที่วัดได้นี้เป็นค่าความน่าจะเป็นที่มีค่าอยู่ระหว่าง 0-1 โดยค่า 0 หมายถึง สัตว์ 2 ตัวนี้ไม่มีความสัมพันธ์กันเลย และ ค่า 1 หมายถึง สัตว์ตัวเดียวกัน หรือ identical twin

ตัวอย่างการอธิบายความหมายของค่า R_{XY} ค่า R_{XY} = 25% คือ มีโอกาส 25% ที่ยีนของสัตว์ X และ สัตว์ Y จะเหมือนกันโดยได้รับการถ่ายทอดจากบรรพบุรุษเดียวกัน

เราสามารถคำนวณค่า R_{XY} ได้จากสูตรด้านล่างนี้

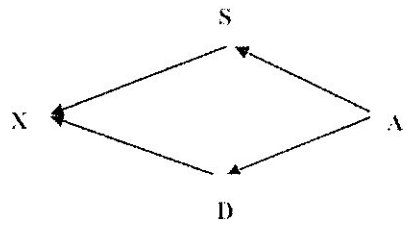
$$R_{xy} = \frac{\sum_{CA=1}^{k} (1/2)^{n_1+n_2}(1+F_{CA})}{\sqrt{1+F_X}\sqrt{1+F_Y}} \qquad \textit{สูตรที่ 2}$$

เมื่อ CA คือ common ancestor ของ sire และ dam ของสัตว์ X, k คือ จำนวนของ common ancestor ในพันธุ์ประวัติของสัตว์ X, n1 และ n2 คือ จำนวน generation นับจากจุดที่แยกจาก common ancestor ถึงสัตว์ X ของสาย sire และ dam ตามลำดับ ส่วน F_X , F_Y เป็นค่า inbreeding coefficient ของสัตว์ X และ สัตว์ Y ตามลำดับ

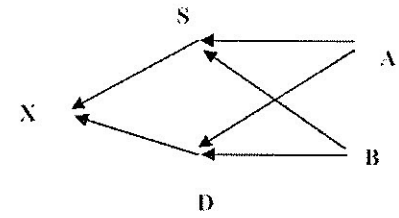


รูปที่ 5.7 อธิบายความสัมพันธ์แบบทางสายเลือดของสัตว์ X และ Y ที่มียีนที่เหมือนกันแบบ identical by descent

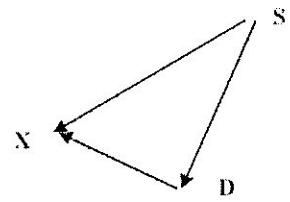
ตัวอย่างที่ 8 จากตัวอย่างที่ 6 การคำนวนหาค่า R_{DS} ที่เกิดจากการผสมพันธุ์แบบ inbreeding ในรูปแบบของ half-sib mating, full-sib mating, sire x daughter mating และ mating of unrelated inbred



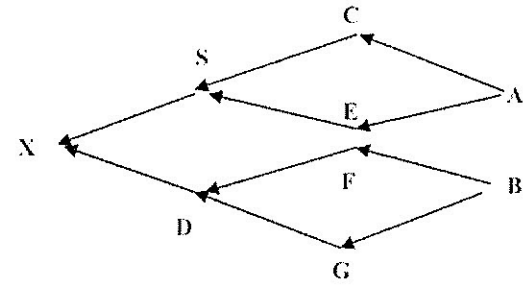
Half-sib mating



Full-sib mating



Sire X daughter mating



Mating of unrelated inbred

Half-sib mating

จากสูตร

$$R_{SD} = \frac{\sum_{CA=I}^{k} \left(1/2\right)^{n_i} (1 + F_{CA})}{\sqrt{1 + F_X}\sqrt{1 + F_Y}}$$

k เป็นจำนวน common ancestor ซึ่งในกรณีนี้มีเพียง 1ตัว คือ A

n_i จำนวนลูกศรจาก S ถึงD ผ่านทาง CA คือ S – A – D เท่ากับ 2

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ common ancestor มีค่าเป็น 0

$$R_{SD} = \frac{\sum_{CA=1}^{1}\left(1/2\right)^{2}(1+0)}{\sqrt{1+F_S}\sqrt{1+F_D}}$$

$F_S = 0$
$F_D = 0$

$$\therefore R_{SD} = \frac{\sum_{CA=1}^{1}\left(1/2\right)^{2}(1+0)}{1} = 2.5$$

Full-sib mating

จากสูตร

$$R_{SD} = \frac{\sum_{CA=1}^{k}\left(1/2\right)^{n_i}(1+F_{CA})}{\sqrt{1+F_S}\sqrt{1+F_D}}$$

k เป็นจำนวน CA ซึ่งในกรณีนี้มี 2 ตัว คือ A, B

∴ คิด common ancestor A

n_i จำนวนลูกศรจาก S ถึง D ผ่านทาง CA คือ S – A – D เท่ากับ 2

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ common ancestor มีค่าเป็น 0

$$= \frac{(1/2)^{2}(1+0)}{\sqrt{1+F_S}\sqrt{1+F_D}}$$

$F_S = 0$
$F_D = 0$

$$\therefore - \frac{(1/2)^{1+1}(1+0)}{1} - 0.25$$

∴ คิด common ancestor B

n_i จำนวนลูกศรจาก S – B – D เท่ากับ 2

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ common ancestor มีค่าเป็น 0

$$= \frac{(1/2)^2(1+0)}{\sqrt{1+F_S}\sqrt{1+F_D}}$$

$F_S = 0$

$F_D = 0$

$$\therefore = \frac{(1/2)^{1+1}(1+0)}{1} = 0.25$$

$R_{SD} = 0.25 \mid 0.25 = 0.5$

Sire X daughter mating

จากสูตร

$$R_{SD} = \frac{\sum_{CA=1}^{k}\left(1/2\right)^{n_1}(1+F_{CA})}{\sqrt{1+F_S}\sqrt{1+F_D}}$$

k เป็นจำนวน common ancestor ซึ่งในกรณีนี้มีเพียง 1 ตัว คือ S

n_i จำนวนลูกศรจาก S ถึง D ผ่านทาง CA คือ S – D เท่ากับ 1

F_{CA} กำหนดให้ inbreeding coefficient ของ CA มีค่าเป็น 0

$$R_{SD} = \frac{\sum_{CA=1}^{1}\left(1/2\right)^{1}(1+0)}{\sqrt{1+F_S}\sqrt{1+F_D}}$$

$F_S = 0$

$F_D = 0$

$$\therefore R_{SD} = \frac{\sum_{CA=1}^{1}\left(1/2\right)^{1}(1+0)}{1} = 0.5$$

Mating of unrelated inbred จาก arrow diagram จะเห็นได้ว่าไม่มีลูกศรเชื่อมโยงความสัมพันธ์ของ S และ D ผ่านทางบรรพบุรุษร่วมเลย ดังนั้น จึงกล่าวได้ว่า ความสัมพันธ์ R_{SD} จึงมีค่าเป็น 0

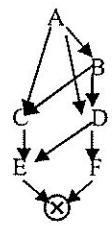
จะเห็นได้ว่า การคำนวณหาค่า inbreeding coefficient และค่าความสัมพันธ์ด้วยวิธีการดังกล่าวนั้น สามารถทำได้ในกรณีที่ต้องหาหาค่าเหล่านี้กับสัตว์จำนวนไม่มาก แต่ถ้าต้องการคำนวณค่าทั้ง 2 ของสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ วิธีการนี้จะไม่สะดวก วิธีการคำนวณหาค่าเหล่านี้มีหลายวิธี แต่วิธีหนึ่งที่มีความสะดวกในการหา ได้แก่ วิธี Tabular method

การคำนวณหาค่า F_X, R_{XY} ด้วยวิธี Tabular method

ตัวอย่างที่ 9 จากตัวอย่างที่ 8 จากพันธุ์ประวัติ (pedigree) คำนวณค่า F_X, R_{XY}

Animal	Sire	Dam
A	-	-
B	A	-
C	A	B
D	A	B
E	C	D
F	-	D
X	E	F

เขียน arrow diagram แสดงความสัมพันธ์ของสัตว์ใน pedigree ได้ดังรูปด้านล่างนี้



ขั้นตอนที่ 1 สร้างตารางขนาด n x n เมื่อ n เป็นจำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ และใส่เบอร์สัตว์ลงไปในแต่ละ column และ row และ ตำแหน่งที่อยู่เหนือเบอร์ในแต่ละ column ให้ใส่เบอร์พ่อ และ แม่ ของสัตว์ตัวนั้นๆ ดังรูป

	_,_ A	A,_ B	A.B C	A,B D	C,D E	_,D F	E,F X
A							
B							
C							
D							
E							
F							
X							

ขั้นตอนที่ 2 พิจารณาว่าสัตว์ตัวใดบ้างในพันธุ์ประวัติที่ควรจะมีอัตราเลือดชิด ซึ่งจาก arrow diagram จะเห็นได้ว่า สัตว์ C, D, E, X เป็นสัตว์ที่มีอัตราเลือดชิดอยู่ ดังนั้นในการหาความสัมพันธ์ของตัวสัตว์เอง ซึ่งอยู่บริเวณแนวทแยงนั้น จะต้องมีการคำนวณค่า inbreeding coefficient ด้วย ดังจะกล่าวในขั้นตอนที่ 3

ขั้นตอนที่ 3 พิจารณาเฉพาะแถวที่ 1 และ คำนวณความสัมพันธ์ r_{XY} ระหว่างสัตว์ 2 ตัว จากสูตร

$$r_{XY} = \frac{1}{2} r_{XS} + \frac{1}{2} r_{XD}$$

เมื่อ x, y เป็นสัตว์ที่ต้องการหาความสัมพันธ์ S, D เป็น พ่อและแม่ของสัตว์

ในกรณีที่ต้องการคำนวณหาความสัมพันธ์ของสัตว์ตัวเดียวกัน r_{XY} ซึ่งในกรณีตัวอย่างนี้ คือความสัมพันธ์ของ $r_{AA}, r_{BB}, r_{CC}, ..., r_{XX}$ สามารถคำนวณได้จากสูตร

$$r_{XX} = 1 + F_X$$
$$F_X = \frac{1}{2} r_{SD}$$

	_,_ A	A,_ B	A,B C	A,B D	C,D E	_,D F	E,F X
A	1	0.5	0.75	0.75	0.75	0.375	0.5625
B	0.5						
C	0.75						
D	0.75						
E	0.75						
F	0.375						
X	0.5625						

$$r_{AA} = 1 + F_A$$

$$= 1 + 0 \quad = 1$$

อนึ่งสัตว์ตัวใดที่มีอัตราเลือดชิดค่า F จะไม่เท่ากับ 0

$$r_{AB} = \frac{1}{2} r_{AA} + 0$$

$$= \frac{1}{2}(1)$$

$$= 0.5$$

$$r_{AC} = \frac{1}{2} r_{AA} + \frac{1}{2} r_{AB}$$

$$= \frac{1}{2}(1) + \frac{1}{2}(0.5)$$

$$= 0.75$$

หาความสัมพันธ์ของ r_{AD}, r_{AE}, r_{AF}, r_{AX} ด้วยวิธีการเดียวกัน จะได้ค่า แสดงดังตาราง อนึ่งค่าความสัมพันธ์ของ r_{AB}, r_{AC}, r_{AD}, r_{AE}, r_{AF}, r_{AX} จะค่าเท่ากับค่าความสัมพันธ์ของ r_{BA}, r_{CA}, r_{DA}, r_{EA}, r_{FA}, r_{XA} ดังนั้นในแนวตั้ง (column ที่ 1) จึงมีค่าเท่ากับค่าในแถวที่ 1 ดังตาราง

ขั้นตอนที่ 4 พิจารณาเฉพาะแถวที่ 2 โดยใช้ค่าความสัมพันธ์ภายในแถวที่ 2 เท่านั้น จะได้ค่าตามตาราง จากนั้นก็ดำเนินการตามขั้นตอนเดียวกันในแถวถัดไป จนครบทุกแถว

	_,_ A	A,_ B	A,B C	A,B D	C,D E	_,D F	E,F X
A	1	0.5	0.75	0.75	0.75	0.375	0.5625
B	0.5	1	0.75	0.75	0.75	0.375	0.5625
C	0.75	0.75					
D	0.75	0.75					
E	0.75	0.75					
F	0.375	0.375					
X	0.5625	0.5625					

	_,_ A	A,_ B	A,B C	A,B D	C,D E	_,D F	E,F X
A	1	0.5	0.75	0.75	0.75	0.375	0.5625
B	0.5	1	0.75	0.75	0.75	0.375	0.5625
C	0.75	0.75	1.25	0.75	1	0.375	0.6875
D	0.75	0.75	0.75	1.25	1	0.625	0.8125
E	0.75	0.75	1	1	1.375	0.5	0.9375
F	0.375	0.375	0.375	0.625	0.5	1	0.75
X	0.5625	0.5625	0.6875	0.8125	0.9375	0.75	1.25

ในกรณีที่ต้องหาความสัมพันธ์ของสัตว์ด้วยวิธีการหาค่า Wright's coefficient of relationship สามารถคำนวณได้จากสูตร $R_{XY} = \frac{r_{XY}}{\sqrt{1+F_X}\sqrt{1+F_y}}$ เมื่อ X และ Y เป็นสัตว์ที่เราต้องการหาความสัมพันธ์ส่วนค่า F_X, F_Y คือค่า inbreeding coefficient ของสัตว์ X และ Y ตามลำดับ เช่นถ้าเราต้องการหาค่าความสัมพันธ์ของสัตว์ D กับ E หรือค่า R_{DE} สามารถทำได้ดังนี้

$$R_{DE} = \frac{r_{DE}}{\sqrt{1+F_D}\sqrt{1+F_E}}$$

$$F_D = \frac{1}{2} r_{AB}$$

$$= \frac{1}{2} 0.5 = 0.25$$

$$F_E = \frac{1}{2} r_{CD}$$

$$= \frac{1}{2} 0.75 = 0.375$$

$$\therefore R_{DE} = \frac{1}{\sqrt{1+0.25}\sqrt{1+0.375}}$$

$$= \frac{1}{(1.12)(1.17)} = 0.76$$

โดยทั่วไปรูปแบบการผสมพันธุ์ที่แตกต่างกัน (full – sib mating, half – sib mating เป็นต้น) จะทำให้อัตราการเพิ่มขึ้นของค่า inbreeding coefficient เพิ่มขึ้นในแต่ละ generation แตกต่างกัน ดังแสดงในตารางที่ 1 ซึ่งความรู้ดังกล่าวเป็นประโยชน์มากในการวางแผนการผสมพันธุ์ที่จะใช้ระบบการผสมพันธุ์แบบ inbreeding เนื่องจากเป็นที่ทราบดีแล้วว่า เมื่อระดับของ inbreeding coefficient เพิ่มขึ้นยิ่งมีผลกระทบต่อการแสดงออกของลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจในทางมากขึ้นด้วย

ตารางที่ 1 ค่า inbreeding coefficient ที่เกิดจากการผสมพันธุ์ในระบบที่แตกต่างกัน

generation	Selfing	Full-sibling	Sire back to offspring	One - sire herd	Two - sire herd	Three - sire herd
1	0.500	0.250	0.250	0.125	0.066	0.042
2	0.750	0.375	0.375	0.218	0.128	0.082
3	0.875	0.500	0.438	0.304	0.185	0.119
4	0.938	0.594	0.469	0.380	0.239	0.155
5	0.969	0.672	0.484	0.448	0.289	0.189

ที่มา: Legates and Warwick (1990)

ที่กล่าวมาเป็นการประมาณหาค่าที่ใช้ในการบอกถึงสถานการณ์เกิด inbreeding ในประชากร ปัจจัยสำคัญที่เร่งให้เกิด inbreed ในประชากรนอกจากเกิดจากความจงใจของนักปรับปรุงพันธุ์แล้ว ขนาดประชากรที่เล็กและสัดส่วนของสัดเพศผู้และเมียไม่สมดุลกันเป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่สำคัญ ดังนั้นในกรณีที่แผนการปรับปรุงพันธุ์ต้องการหลีกเลี่ยงการเกิดเลือดชิด จึงต้องให้ความสนใจกับจำนวนสัตว์ในประชากรและสัดส่วนของเพศผู้และเพศเมียด้วย

ขนาดประชากรและสัดส่วนเพศผู้เพศเมียกับการเกิด inbreeding

ที่กล่าวมาการเกิดการผสมแบบเลือดชิด เกิดขึ้นเนื่องจากความต้องการของนักปรับปรุงพันธุ์ หรือผู้เลี้ยงแต่ในขณะเดียวกันการเกิด inbreeding นั้น อาจเกิดขึ้นโดยมิได้เกิดจากความตั้งใจ ขนาดประชากรที่เล็กหรือสัดส่วนของเพศผู้เพศเมียที่ไม่เหมาะสม เป็นปัจจัยสำคัญที่ทำให้เกิด inbreeding ในประชากรนั้นๆ ดังนั้นจึงมีวิธีการคำนวณขนาดของประชากร รวมถึงสัดส่วนของเพศผู้เพศเมีย

จากความหมายของค่า inbreeding coefficient ที่ระบุว่า ความน่าจะเป็นที่สัตว์ตัวนั้นๆ จะมีคู่ยีนที่เป็นแบบ homozygous อันเนื่องจากได้รับถ่ายทอดจากบรรพบุรุษเดียวกัน (คู่ยีนที่มีสภาพแบบ homozygous ที่ได้รับถ่ายทอดจากบรรพบุรุษเดียวกัน เรียกว่า Identical by descent ดังนั้น ถ้ากำหนดให้จำนวนประชากรพื้นฐาน มีจำนวนเท่ากับ N ตัวที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางสายเลือดกันเลือด ครึ่งหนึ่งของประชากรนี้เป็นเพศผู้และอีกครึ่งหนึ่งเป็นเพศเมีย ถ้าเพศผู้ 1 ตัวผสมพันธุ์กับเพศเมีย 1 ตัวในประชากรนี้จะมีคู่ผสมทั้งหมดเท่ากับ $N/2$ ถ้าแต่ละคู่ผสมสามารถผลิตลูกได้จำนวน 2 ตัวประกอบตัวผู้และเมียอย่างละ 1 ตัว เมื่อทำการผสมพันธุ์ในรุ่นลูกอย่างสุ่ม (random mating; สัตว์ทุกตัวในประชากรมีโอกาสได้รับการผสมพันธุ์เท่าๆกัน) ความน่าจะเป็นที่พี่น้องพ่อแม่เดียวกันจะผสมพันธุ์กัน (full-sib mating) เท่ากับ $2/N$ และความน่าจะเป็นที่ยีนที่เข้าคู่กัน ณ ตำแหน่งนั้นๆ จะเป็นคู่เหมือนกันแบบ identical by descent จากการผสมพันธุ์แบบ full-sib mating เท่ากับ $1/4$ ดังนั้นโอกาสที่จะเกิดการเข้าคู่กันของยีนที่เหมือนกันแบบ identical by descent ใน generation ถัดไปจึงเท่ากับ $2/N \times 1/4 = 1/2N$ (Pirchner, 1969) ซึ่งค่านี้คือค่า inbreeding coefficient นั่นเอง หรือสามารถเขียนให้อยู่ในรูปสมการได้ดังนี้

$$F_1 = 1/2N$$

เมื่อ F_1 คือค่า inbreeding coefficient ของประชากรใน generation ที่ 1

เมื่อพิจารณาถึง generation ถัดไป โอกาสของการเข้าคู่กันของยีนแบบ identical by descent จะมาจากการเกิดเหตุการณ์นี้ใน generation นี้ ซึ่งมีโอกาสเช่นเดียวกับใน generation ที่ 1 คือ $1/2N$ ร่วมกับการเกิดเหตุการณ์ดังกล่าวใน generation ก่อนหน้านี้ ซึ่งมีค่าเป็น $(1-1/2N)F_1$ ซึ่งมาจาก $1-1/2N$ ซึ่งเป็นความน่าจะเป็นของการเข้าคู่กันของยีนแบบอิสระ และ F_1 โอกาสการเข้าคู่กันของยีนแบบ identical by

descent จาก generation ก่อนหน้านี้เมื่อเอาความน่าจะเป็น 2 ค่านี้มาคูณกัน ดังนั้นโดยรวมสามารถเขียนสมการได้ดังนี้

$$F_2 = 1/2N + (1 - 1/2N)F_1$$

เมื่อ F_2 คือค่า inbreeding coefficient ของประชากรใน generation ที่ 2

ถ้าพิจารณา ณ generation ใดๆ จะได้ว่า

$$F_t = 1/2N + (1 - 1/2N)F_{t-1}$$

เมื่อ F_t, F_{t-1} คือค่า inbreeding coefficient ของประชากรใน generation ที่ t และ generation ที่ t-1 ซึ่งจะเห็นได้ว่าค่า inbreeding coefficient ณ generation หนึ่งๆ จะมีค่าเป็น

$$\Delta F = 1/2N$$

ถ้าให้ N เป็น N_e คือ effective number สมการด้านบนนี้จะเปลี่ยนเป็น

$$\Delta F = 1/2N_e$$

เมื่อ N_e คือ effective number ของประชากรที่จะทำให้อัตราการเกิด inbred เร็ว หรือช้า อย่างไรก็ตามในหลายกรณีจะพบว่า effective number ของประชากรนั้นนอกจากจะหมายถึงจำนวนสัตว์ทั้งหมดในประชากรแล้ว ยังต้องให้ความสำคัญกับจำนวนสัตว์เพศผู้และเพศเมียด้วย เพราะแม้ว่าจำนวนสัตว์โดยรวมจะเพียงพอและดูเหมือนจะสามารถควบคุมอัตราการเพิ่มขึ้นของค่า F ได้แต่อัตราการเพิ่มขึ้นของ F กลับเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วทั้งนี้อาจเนื่องจาก สัดส่วนที่ไม่เหมาะสมระหว่างสัตว์เพศผู้และเพศเมีย สมการด้านล่างนี้เป็นสมการที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่าง effective number ของแต่ละเพศต่ออัตราการเกิดค่า F

$$1/N_e = 1/4N_m + 1/4N_f$$
$$\Delta F = 1/8N_m + 1/8N_f$$

เมื่อ N_m, N_f คือจำนวนสัตว์เพศผู้และเพศเมียตามลำดับ ในประชากร

ที่กล่าวมาข้างต้นอาจสรุปได้ว่าการผสมแบบเลือดชิดมีความเหมาะสมสำหรับการพัฒนาพันธุ์ไปเป็นพันธุ์แท้ เพราะทำให้ลักษณะทางพันธุกรรมในแต่ละรุ่นและระหว่างรุ่นมีความใกล้เคียง อย่างไรก็ตามระบบการผสมพันธุ์นี้จะมีข้อจำกัดในด้านการเกิด inbreeding depression ซึ่งจะมีผลกระทบต่อลักษณะปรากฏ ดังนั้นการติดตาม ประเมินระดับของค่า inbreeding coefficient เป็นระยะๆ เพื่อชะลอหรือลดความรุนแรงของอิทธิพลดังกล่าวจึงเป็นเรื่องจำเป็น รวมถึงการคำนึงถึงจำนวนประชากรและสัดส่วนเพศผู้เพศเมียในประชากรพื้นฐานก็เป็นปัจจัยที่ต้องให้ความสำคัญ

อนึ่งในการผสมพันธุ์แบบเลือดชิดนี้ อาจกล่าวได้ว่าเป็นระบบการผสมพันธุ์ที่ใช้ประโยชน์จากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่เป็นอิทธิพลที่ถ่ายทอดจากพ่อ/แม่ สู่ลูก นั่นคือเราต้องการให้ลูกมีลักษณะที่ต้องการเหมือนหรือคล้ายคลึงกับพ่อแม่ อย่างไรก็ตามในหลายๆลักษณะที่ถูกพบว่าเราสามารถทำให้ลูกมีลักษณะเหล่านั้นโดดเด่นกว่าพ่อแม่ เนื่องจากการเกิดอิทธิพลร่วมของยีน และระบบการผสมพันธุ์ที่จะกล่าวในหัวข้อถัดไปเป็นระบบการผสมพันธุ์ที่จะทำให้เกิดอิทธิพลร่วม ดังที่กล่าวได้

ข. การผสมข้าม Outbreeding หรือ Crossbreeding หรือ Linecrossing

เป็นระบบการผสมพันธุ์ที่ตรงข้ามกับ Inbreeding ในประชากรสัตว์นั้นสัตว์ส่วนใหญ่มักมีความสัมพันธ์ทางเครือญาติกัน แต่การทำ outbreeding เป็นระบบผสมพันธุ์ที่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติที่ต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของประชากรหรือ อาจเป็นการผสมข้ามสายพันธุ์โดย พ่อ แม่ พันธุ์ที่มีสายพันธุ์ที่แตกต่างกัน

ผลของการผสมพันธุ์แบบ outbreeding

- เพื่อเพิ่ม % hetreozygosity ในประชากรซึ่งมีสภาพยีนดังกล่าวจะทำให้เกิดอิทธิพลที่เรียกว่า Hybrid vigor หรือ heterosis effect จะกล่าวรายละเอียดในหัวข้อถัดไป
- ลดโอกาสการเกิด deleterious recessive allele โดยทำให้ allele เหล่านี้อยู่ในรูป heterozygous และมีโอกาสได้แสดงออกน้อยมาก
- เพื่อให้ได้ Breed complementarity ซึ่งเป็นการรวบรวมลักษณะที่ต้องการจากพันธุ์ที่แตกต่างกันที่มีความโดดเด่นของลักษณะสำคัญที่แตกต่างกันด้วยวิธีการผสมพันธุ์ เช่น กรณีของการพัฒนาพันธุ์โคกำแพงแสนที่เป็นลูกผสมระหว่าง โคพื้นเมือง โคชาโรเลส์ และ โคบราห์มันทั้งนี้เพื่อนต้องการโคกำแพงแสนเป็นโคเนื้อที่มีคุณภาพสูงซึ่งได้รับพันธุกรรมจากโคชาโรเลส์ มีโครงร่างใหญ่จากที่ได้รับพันธุกรรมจากโคอเมริกาบราห์มันห์ และมีความทนร้อนและต้านทานโรคจากพันธุกรรมของโคพื้นเมือง หรือกรณีของไก่ มทส. T ต่างๆก็เช่นกัน กล่าวคือ มทส.T1 (PS. Broiler X commercial layer) เป็นลูกผสมที่คาดหวังการเจริญเติมโตที่ดี ประสิทธิภาพการใช้อาหารสูง ซึ่งได้รับพันธุกรรมมาจากพ่อ และมีไข่ดก ซึ่งได้รับพันธุกรรมจากแม่ ส่วน มทส.T2

(เชี่ยงไฮ้ X commercial layer) เป็นลูกผสมที่คาดหวังการเจริญเติบโต และรสชาติของเนื้อที่ดีจากพ่อ และมีไข่ดกจากแม่ และ มทส.T3 (เชี่ยงไฮ้ โร้ด บาร์ X commercial layer) เป็นลูกผสมที่คาดหวังการเจริญเติบโต และรสชาติของเนื้อที่ดีจากพ่อ และมีไข่ดกจากแม่ เป็นต้น

การเกิด Heterosis หรือ Hybrid vigor

การเกิด heterosis จะเกิดขึ้นเมื่อยีนที่เข้าคู่กันมีความแตกต่างกัน ซึ่งเกิดจากการที่พ่อกับแม่มีโครงสร้างพันธุกรรมที่แตกต่างกัน และผลิตลูกที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมส่วนใหญ่เป็นแบบ heterozygous ดังรูปที่ 5.8 สร้างขึ้นเพื่อให้เห็นภาพการเกิด heterosis effect

$AAbb \times aaBB$	รุ่นพ่อแม่
↓	
$AaBb$	รุ่นลูก

รูปที่ 5.8 อธิบายการเกิดสภาพ heterozygous ในรุ่นลูกซึ่งเป็นสาเหตุของการเกิด heterosis effect

จากแผนภาพถ้ากำหนดให้ ลักษณะที่สนใจถูกคุมด้วยยีน 2 ตำแหน่ง คือ ตำแหน่ง A และ B และแต่ละตำแหน่งมียีน 2 allele คือ A และ a และ B และ b โดยยีน A และ B มีอิทธิพลข่มยีน a และ b ตามลำดับ โดยอิทธิพลแบบนี้ อาจเป็นการข่มแบบ complete dominant หรือเป็น overdominant ก็ได้ ดังนั้นด้วยโครงสร้างพันธุกรรมในรุ่นของพ่อ แม่ จึงทำให้ในรุ่นพ่อแม่ควรมีการแสดงออกของลักษณะที่สนใจไม่ดีเท่าการแสดงออกของลักษณะเดียวกันในรุ่นลูก ซึ่งเป็นการเกิด heterosis effect ค่าอิทธิพลนี้ เราสามารถวัดหรือคาดคะเนได้ว่าควรมีค่าเป็นเท่าไรถ้าเราทราบข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูลของลักษณะที่เราสนใจ

การวัด Hybrid Vigor

โดยทั่วไปค่า Hybrid Vigor, HV สามารถวัดได้โดยวัดความแตกต่างของค่าเฉลี่ยลักษณะที่สนใจในรุ่นลูกเทียบกับค่าเฉลี่ยในรุ่นพ่อแม่

$$HV = \overline{P_{F1}} - \overline{P_P}$$

เมื่อ $\overline{P_{F1}} - \overline{P_P}$ คือ ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่สนใจในรุ่นลูก และรุ่นพ่อแม่ตามลำดับ โดย $\overline{P_P}$ คำนวณจาก

$$\overline{P_P} = \frac{\overline{P_{P1}} + \overline{P_{P2}}}{2}$$

เมื่อ $\overline{P_{P1}}, \overline{P_{P2}}$ คือค่าเฉลี่ยของลักษณะนั้นๆ ในสายพ่อ และสายแม่ตามลำดับ

ในกรณีที่ต้องการวัดค่า HV เป็นเปอร์เซ็นต์ สามารถคำนวณได้จากสูตร

$$\%HV = \frac{\overline{P_{F1}} - \overline{P_P}}{\overline{P_P}} \times 100$$

ตัวอย่างที่ 10 ในการทดสอบความสามารถในการเป็นสายแม่พันธุ์ไก่เนื้อของไก่ มทส.T1 พบว่า จำนวนไข่ของไก่มทส. T1 เฉลี่ยประมาณ 320 ฟองต่อตัวต่อปี ในขณะที่ค่าเฉลี่ยจำนวนไข่ในสายพ่อ (parent stock broiler) และสายแม่ (commercial layer) มีค่าเท่ากับ 180 และ 300 ฟองต่อตัวต่อปี จากข้อมูลดังกล่าวให้คำนวณ % HV ของไก่ มทส.T1

วิธีทำ จากสูตร

$$\%HV = \frac{\overline{P_{F1}} - \overline{P_P}}{\overline{P_P}} \times 100$$

$$\overline{P_{F1}} = 320$$

$$\overline{P_F} = \frac{\overline{P_A} + \overline{P_B}}{2} = \frac{180+300}{2} = 240$$

$$\%HV = \frac{320-240}{240} \times 100$$

$$= 33.33\%$$

% Hybrid vigor = 33.33% สามารถอธิบายได้ว่า "ไก่มทส. T1สามารถให้ผลผลิตไข่ได้สูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อ แม่ ประมาณ 33 %"

การลดลงของ Hybrid Vigor

ค่า HV จะสูงสุดในรุ่นแรก (F1) ที่มีการผสมข้าม หลังจากนั้นค่านี้จะลดลง แต่จะมากหรือน้อย ช้าหรือเร็วขึ้นอยู่กับรูปแบบการผสมพันธุ์ อนึ่งสำหรับวิธีการคำนวณ เพื่อทำนายค่า HV ในแต่ละรุ่น จะได้กล่าวในหัวข้อถัดไป แต่สำหรับหัวข้อนี้ จะอธิบายถึงการเปลี่ยนแปลงของสภาพ heterozygous ของประชากรในแต่ละรุ่น อันเป็นสาเหตุของการเปลี่ยนแปลงค่า HV ในแต่ละรุ่น

จาก Bourdon (2000) ถ้ากำหนดให้ลักษณะที่สนใจถูกควบคุมด้วยยีน J ซึ่งมี 2 allele คือ J,j โดยความถี่ของ J,j แทนค่าด้วย p และ q ตามลำดับ ละความถี่ genotype JJ, Jj และ jj มีค่าเป็น P, H, และ Q ตามลำดับในการผสมพันธุ์ครั้งนี้ในสัตว์ 2 พันธุ์คือ Breed A และ B โดย breed A มีความถี่ p และ q เท่ากับ 0.3 และ 0.7 ตามลำดับ ส่วนใน breed B มี p และ q เท่ากับ 0.7 และ 0.3 ตามลำดับ กำหนดยีน J ในทั้งสองประชากรนี้มี ความสมดุล Hardy – Weinberg equilibrium ความถี่ genotype แบบ heterozygous ของ breed A และ B คือ

Breed A

$$HA = 2pq$$
$$= 2(0.3)(0.7)$$
$$= 0.42$$

Breed B

$$HB = 2pq$$
$$= 2(0.3)(0.7)$$
$$= 0.42$$

ค่าเฉลี่ยของ heterozygous ใน 2 breed นี้เท่ากับ 0,42

∴ ขณะนี้ความถี่ genotype ที่เป็น heterozygous ในประชากรเริ่มต้น (breed A และ B) เท่ากับ 0.42 จากนั้นทำกาผสมระหว่าง breed A และ B เข้าด้วยกันเพื่อผลิตลูกรุ่น F1

breedA/B	B J= p=0.7	j=q =0.3
A J = p = 0.3	JJ = 0.21 = P	Jj = 0.09 = PQ = H
j = q = 0.7	Jj = 0.49 =PQ = H	jj = 0.21 = Q

รุ่น F1

ดังนั้นค่า p และ q ในรุ่น F1 จึงมีค่าเท่ากับ

$$p = P + \frac{1}{2}H \qquad = 0.21 + \frac{1}{2}(0.58) = 0.5$$
$$q = Q + \frac{1}{2}H \qquad = 0.21 + \frac{1}{2}(0.58) = 0.5$$

จากนั้นทำการผสม F1 กับ F1 (Inter Se Mating หมายถึงการระบบการผสมพันธุ์ภายในรุ่น, generation, เดียวกัน) เพื่อผลิตลูก F2 จะได้ค่าความถี่ต่างๆดังนี้

รุ่น F2

F1 X F1	F1 J = p = 0.5	j = q = 0.5
F1 J = p = 0.5	JJ = 0.25 = P	Jj = 0.25 = PQ = H
j = q = 0.5	Jj = 0.25 = PQ = H	jj = 0.25 = Q

ดังนั้นค่า p และ q ในรุ่น F2 จึงมีค่าเท่ากับ

$$p = P + \frac{1}{2}H \qquad = 0.25 + \frac{1}{2}(0.5) = 0.5$$

$$q = Q + \frac{1}{2}H \qquad = 0.25 + \frac{1}{2}(0.5) = 0.5$$

จะสังเกตเห็นได้ว่า heterosygosity ของ F2 ลดลงจาก F1 จาก 0.58 เป็น 0.5 เมื่อสภาพของยีนเป็นแบบ heterozygous ลดลง การเกิด hybrid vigor จึงลดลงด้วย การคงอยู่ของ hybrid vigor ใน generation ถัดไปหรือ retained heterosis (RHV) ระดับของ RHV ในแต่ละ generation ที่เปลี่ยนไปขึ้นอยู่กับหลายปัจจัย ดังเช่นกรณีของตัวอย่างนี้ ถ้าเรานำสัตว์รุ่น F2 ทำการ inter se mating ก็จะพบว่า RHV จะเท่ากับ F1 เนื่องจากความถี่ของ gene และ genotype ไม่มีการเปลี่ยนแปลงและสาเหตุที่ gene และ genotype ของ F2 ไม่มีการเปลี่ยนแปลงไปจาก F1 เนื่องจาก gene ในตำแหน่งนี้เข้าสู่สมดุล Hardy-Weiberg Equilibrium (HWE) ตามที่กำหนดไว้ในเบื้องต้นนั่นเอง

รุ่น F3

F2 X F2	F2 J = p = 0.5	j = q = 0.5
F2 J = p = 0.5	JJ = 0.25 = P	Jj = 0.25 = PQ = H
j = q = 0.5	Jj = 0.25 = PQ =H	jj = 0.25 = Q

และค่า p และ q ในรุ่น F3 จึงมีค่าเท่ากับ

$$p = P + \frac{1}{2}H \qquad = 0.25 + \frac{1}{2}(0.50) = 0.5$$

$$q = Q + \frac{1}{2}H \qquad = 0.25 + \frac{1}{2}(0.50) = 0.5$$

นอกจากปัจจัยการเข้าสู่สมดุล HWE ของยีน แล้ว ปัจจัยเนื่องจากจำนวนสัตว์ที่อยู่ในระบบปัจจัยที่เกี่ยวกับจำนวนสายพันธุ์ที่ใช้ในการผสม และชนิดของระบบการผสมพันธุ์ล้วนเป็นปัจจัยที่มีความสำคัญต่อค่า RHV ทั้งสิ้น ดังนั้นจึงขอเน้นว่าตัวอย่างที่นำแสดงมาให้เห็นนั้นเป็นเพียงกรณีศึกษากรณีหนึ่งเท่านั้น ดังนั้นในกรณีที่ต้องการทราบว่า ถ้าใช้ระบบผสมพันธุ์ใดแล้วค่า RHV จะเปลี่ยนแปลงมากน้อย ช้าเร็ว อย่างไรเราสามารถคำนวณได้ตามวิธีการที่จะกล่าวในหัวข้อถัดไป

การทำนายค่า Hybrid vigor (Predicting Hybrid Vigor, $\widehat{RHV}$)

<u>กรณีที่1</u> เมื่อค่า $F_1\widehat{HV}$ ของทุกพันธุ์ที่เกี่ยวข้องมีค่าใกล้เคียงกัน

วัตถุประสงค์สำคัญในการทำนาย $\widehat{RHV}$ เพื่อเป็นข้อมูลเบื้องต้นในการตัดสินใจเลือกสายพันธุ์ที่จะใช้ในการผลิตลูกผสม หรือการเลือกระบบผสมพันธุ์ เพื่อให้ได้ลูกผสมที่มีค่า *HV* สูงตามที่ต้องการ สูตรที่ใช้ในการคำนวณ $\widehat{RHV}$ มีดังนี้

$$\widehat{RHV} = (1-\sum_{i=1}^{n} P_{s_i}P_{d_i})F_1\widehat{HV}$$

เมื่อ $\widehat{RHV}, P_{s_i}, P_{d_i}, F_1\widehat{HV}, n$ เป็นค่าทำนายของ *HV,* สัดส่วนของพันธุ์ *i* ในพ่อ, สัดส่วนของสายพันธุ์ *i* ในแม่, ค่า *HV* ในรุ่น *F1* ของลักษณะนั้นๆ, และจำนวนพันธุ์ทั้งหมดที่มีในระบบผสมพันธุ์นี้ตามลำดับ

ตัวอย่างที่ 11 การผสมพันธุ์แกะใช้แกะเพศผู้ที่มีโครงสร้างของพันธุ์ *A, B* อย่างละ 50% กับแกะเพศเมียที่มีโครงสร้างของพันธุ์ *A, B* และ *C* เป็น 25%, 25%, และ 50% ตามลำดับ ลักษณะที่สนใจที่จะศึกษาผลของ HV คือ น้ำหนักหย่านมที่ 60 วัน กำหนดให้ ค่า HV ของ F1 สำหรับลักษณะนี้เป็น 4 ปอนด์ ค่า $\widehat{RHV}$ สามารถคำนวณ ได้ดังนี้

<u>วิธีทำ</u> จากสูตร $\widehat{RHV} = (1-\sum_{i=1}^{n} P_{s_i}P_{d_i})F_1\widehat{HV}$

เมื่อ (Ps_iPd_i) เมื่อ i คือ A,B,C ดังนั้นจึงเขียนรายละเอียดได้เป็น

$$(Ps_iPd_i) = (Ps_APd_A) + (Ps_BPd_B) + (Ps_CPd_C)$$

$$= (0.5 \times 0.25) + (0.5 \times 0.25) + (0 \times 0.5)$$

$F_1\widehat{HV}$ = 4

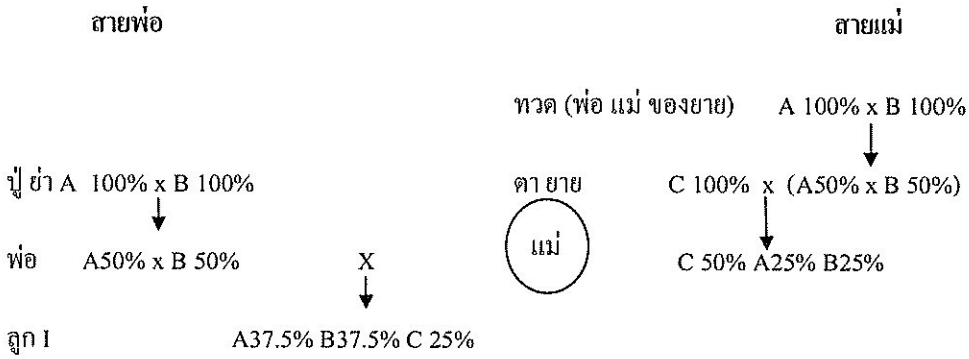
$\widehat{RHV}_1$ = {1-{(0.5 x 0.25) + (0.5 x 0.25) + (0 x 0.5)}} x 4

= 3.0 ปอนด์

อย่างไรก็ตามเนื่องจากลักษณะหย่านมเป็นลักษณะที่มีอิทธิพลทั้งจากความสามารถทางพันธุกรรมของตัวสัตว์เอง เกี่ยวข้อง และยังขึ้นอยู่กับความสามารถของแม่ในการเลี้ยงลูกด้วยนั้น กล่าวคือ แม่ที่มีความสามารถในการเลี้ยงลูกที่ดี มีความสามารถในการผลิตน้ำนมได้เพียงพอต่อความต้องการของลูก ส่งผล

ให้ลูกตัวดังกล่าวมีน้ำหนักหย่านมที่สูง กว่าลูกที่เกิดจากแม่ที่มีความสามารถด้อยกว่า อิทธิพลของแม่ที่ส่งผลต่อการแสดงออกของลักษณะใดๆ ในลูก เราเรียกอิทธิพลนั้นว่า Maternal effect

ดังนั้นเมื่อกลับมาพิจารณาถึงค่า $R\hat{H}V$ ที่ส่งผลต่อลักษณะนี้ จึงมาจาก 2 แหล่ง คือ $R\hat{H}V$ ที่มาจากตัวสัตว์นั้นๆ ($R\hat{H}V_i$) และ ที่มาจากแม่สัตว์ตัวนั้น $R\hat{H}V_d$ สูตรในการคำนวณ $R\hat{H}V_d$ เหมือนกับ $R\hat{H}V_i$ แต่โครงสร้างพันธุ์ของแม่อาจเหมือนหรือ ต่างจากลูก ในกรณีตัวอย่าง กำหนดให้แม่เป็นลูกผสมที่เกิดจากพ่อพันธุ์ C และแม่พันธุ์ผสมระหว่าง A x B ดังแผนภาพด้านล่าง



ค่า $R\hat{H}V_d$ จึงสามารถคำนวณได้โดยแผนภาพข้างบน แม่ C 50% A25% B25% ดังนั้น

$$(Ps_i Pd_i) = (Ps_A Pd_A) + (Ps_B Pd_B) + (Ps_C Pd_{Ci})$$

$$= (0 \times 0.50) + (0 \times 0.50) + (1 \times 0)$$

$$F_1\hat{H}V = 4$$

$$R\hat{H}V_d = \{1-\{(0 \times 0.50) + (0 \times 0.50) + (1 \times 0)\} \times 4\}$$

$$= 4 \text{ ปอนด์}$$

$$R\hat{H}V_{total} = R\hat{H}V_i + R\hat{H}V_d$$

$$= 3 + 4 = 7$$

จากนั้นถ้าต้องการทำนายค่าเฉลี่ยของลักษณะดังกล่าวในรุ่นลูกผสม สามารถทำได้โดยคำนวณค่าเฉลี่ยของลักษณะที่มีการปรับด้วยสัดส่วนโครงสร้างพันธุ์ก่อน จากตัวอย่างซึ่งกำหนดให้ พ่อพันธ์เป็นลูกผสมที่มีโครงสร้างพันธุ์เป็น A และ B อย่างละ 50% ส่วนแม่เป็นลูกผสมที่ประกอบด้วยพันธุ์ A, B และ

C โดยมีสัดส่วนเป็น 25%, 25% และ 50% ดังนั้นลูกผสมที่เกิดจากพ่อ แม่นี้จะมีสัดส่วนของพ่อพันธุ์แต่ละพันธุ์ดังนี้

สัดส่วนของพันธุ์ A $= \frac{1}{2}(0.5 + 0.25) = 0.375$

สัดส่วนของพันธุ์ B $= \frac{1}{2}(0.5 + 0.25) = 0.375$

สัดส่วนของพันธุ์ C $= \frac{1}{2}(0 + 0.50) = 0.25$

ถ้าค่าเฉลี่ยของลักษณะน้ำหนักหย่านมของพันธุ์ A เป็น 45 ปอนด์ พันธุ์ B เป็น 55 ปอนด์ C เป็น 40 ปอนด์ ลูกผสมที่ได้ควรมีน้ำหนักหย่านม

$$\bar{P} = 0.375(45) + 0.375(55) + 0.25(40) = 47.5$$

จากการคำนวณค่า $R\hat{H}V_{total}$ ได้เท่ากับ 7 ปอนด์

$$\bar{P} = 47.5 + 7 = 54.5$$

อย่างไรก็ตามหลายกรณีที่เราต้องการเปรียบเทียบคู่ผสมพันธุ์ ที่วางแผนไว้เพื่อดูว่าคู่ผสมพันธุ์ใดที่สามารถให้ลูกที่มีค่า $R\hat{H}V$ สูงกว่า เราสามารถคำนวณได้ตามสูตรที่แสดงไว้ข้างล่างนี้

$$R\hat{H}V = (1 \quad \sum_{i=1}^{n} Ps_i Pd_i) \times 100$$

<u>กรณีที่ 2</u> เมื่อค่า $F_1\hat{H}V$ ของทุกพันธุ์ที่เกี่ยวข้องมีความแตกต่างกัน

ในกรณีที่ค่า $F_1\hat{H}V$ ของลักษณะใดๆที่สนใจ ในแต่ละพันธุ์มีความแตกต่างกัน การใช้สูตรที่ผ่านมาเพื่อคำนวณค่า $R\hat{H}V$ จะมีความคลาดเคลื่อนไป ดังนั้นในกรณีดังกล่าวจึงควรใช้ สูตรในการคำนวณค่า $R\hat{H}V$ ดังแสดงข้างล่างนี้

$$R\hat{H}V = \sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n} P_{s_i} P_{d_i} F_1\hat{H}V_{ij}$$

เมื่อ $R\hat{H}V, P_{s_i}, P_{d_i}, F_1\hat{H}V_{ij}, n$ เป็นค่าทำนายของ HV, สัดส่วนของพ่อพันธุ์ i ในพ่อ,สัดส่วนของสายพันธุ์ i ในแม่, ค่า HV ในรุ่น F1 ของลักษณะนั้นๆในลูกผสมระหว่างพันธุ์ i และ j และจำนวนพันธุ์ที่มีทั้งหมดในระบบผสมพันธุ์นี้ ตามลำดับ

ตัวอย่างที่ 12 ถ้ากำหนดให้ ค่า $F_1\hat{H}V$ ของลูกผสม A x B, ลูกผสมA x C,ลูกผสม B x C มีค่าเป็น 2.7, 5.5 และ 4.0 ปอนด์ ตามลำดับ ดังนั้นค่า $R\hat{H}V$ ของลูกผสม (A x B) x (C x (A x B)) คือ

$$R\hat{H}V = \sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n} P_{s_i} P_{d_i} F_1\hat{H}V_{ij}$$

$$= (0.5(0.25)(0) + 0.5(0.25)(2.7) + 0.5(0.5)(5.5) + 0.5(0.25)(2.7) + 0.5(0.25)(0) + 0.5(0.5)(4) + 0(0.25)(5.5) + 0(0.25)(4) + 0(0.5)(0)$$

$$= 3.1$$

และถ้ากำหนดให้ลักษณะนี้ในสายแม่มีค่า $F_1\hat{H}V$ เท่ากับที่โจทย์กำหนดในคู่ผสมเดียวกัน ดังนั้น ค่า $R\hat{H}V_d$ เท่ากับ

$$R\hat{H}V = \sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n} P_{s_i} P_{d_i} F_1\hat{H}V_{Mij}$$

$$= 0(0.5)(0) + 0(0.5)(2.7) + 0(0)(5.5) + 0(0.5)(2.7) + 0(0.5)(0) + 0(0)(4) + 1(0.5)(5.5) + 1(0.5)(4) + 1(0)(0)$$

$$= 4.8$$

ดังนั้นค่า $R\hat{H}V_{total}$ จึงมีค่าเท่ากับ $R\hat{H}V_i + R\hat{H}V_d = 3.1 + 4.8 = 7.9$

หมายเหตุ สำหรับสูตรและตัวอย่างในการคำนวณ $R\hat{H}V$ มาจาก Bourdon (2000)

ข้อพิจารณาในการเลือกแผนการผสมแบบ crossbreeding

ตามที่ได้กล่าวในเบื้องต้นแล้วว่า ในการผสมพันธุ์แบบ crossbreeding นั้นมีวัตถุประสงค์หลักอยู่ 2 ประการ คือ การใช้ประโยชน์จาก heterosis effect และ เพื่อรวมลักษณะอันพึงประสงค์จาก พ่อและแม่เข้าด้วยกันในรุ่นลูก (breed complementarity) อย่างไรก็ตาม เนื่องจาก แผนการผสมพันธุ์แบบ crossbreeding มักจะต้องใช้งบประมาณในดูแลจัดการฝูงสัตว์ค่อนข้างมาก เนื่องจากต้องดูแล จัดการ และรักษาฝูงสัตว์

มากกว่า 1 ฝูง ดังนั้นการเลือกแผนการผสมดังกล่าว นอกจากจะพิจารณาถึงประโยชน์ที่ได้จาก heterosis effect และหรือ breed complementarity แล้ว ยัง มีปัจจัยที่ควรพิจารณาดังนี้

1. Hybrid Vigor ระบบผสมพันธุ์ที่ต่างกันลูกผสมที่ได้จะมีค่า HV ที่แตกต่าง และขณะเดียวกันค่าดังกล่าวอาจลดลงในรุ่นถัดไป ดังนั้นในการพิจารณาเลือกระบบการผสมพันธุ์ใดๆ HV และ $\widehat{RHV}$ เป็นปัจจัยหนึ่งที่จำเป็นต้องพิจารณา ในการพัฒนาพันธุ์สัตว์ทางการค้า หรือที่เรียกว่า commercial breed นิยมใช้รูปแบบการผสมพันธุ์ที่ทำให้สัตว์ในรุ่นที่เป็น commercial breed เป็นรุ่นที่มี HV สูงที่สุดและมีเป้าหมายในการผลิตเพื่อส่งตลาด จะไม่นำไปขยายพันธุ์ต่อ เนื่องจากถ้านำไปขยายพันธุ์ต่อลูกในรุ่นถัดไปจะมีความสามารถลดต่ำลงเนื่องจากค่า HV จะลดลง ตัวอย่างเช่น ไก่เนื้อ หรือ ไก่ไข่สายพันธุ์ทางการค้า ในกรณีของไก่เนื้อมีอัตราการเจริญเติบโตที่เร็วมาก คือ ใช้เวลาประมาณ 40 วันมีน้ำหนักตัวถึง 2 กิโลกรัม ความสามารถนี้มีผลเนื่องจาก HV อันเกิดจาก การใช้ พ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ที่มีสายพันธุ์แตกต่างกันแต่มีพันธุกรรมที่มีความจำเพาะต่อกัน หรือในกรณีของ **"ไก่เนื้อโคราช"** ซึ่งเป็นไก่เนื้อลูกผสมพื้นเมืองที่กำลังอยู่ระหว่างการพัฒนาโดย มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี เป้าหมายทางพันธุกรรมของไก่เนื้อโคราช คือจะมีความสามารถในการเจริญเติบโตที่รวดเร็วจาก HV ดังนั้นรูปแบบการพัฒนาพันธุ์ จึงเน้นเรื่องจากพัฒนาพันธุกรรมของสายพันธุ์พ่อ เหลือง มทส. ซึ่งเป็นไก่พื้นเมืองเหลืองหางขาว และสายพันธุ์แม่ มทส. ซึ่งเป็น synthetic breed ให้มีพันธุกรรมที่จำเพาะกัน
2. Breed complementarity เป็นการรวบรวมลักษณะที่พึงประสงค์จากพ่อและแม่พันธุ์เพื่อให้ปรากฏในลูกผสม เช่นกรณีการใช้พ่อพันธุ์เนื้อ ชาร์โรเล่ย์ ผสมกับแม่พันธุ์บรามันห์โดยคาดหวังว่าลูกที่ได้จะมีการเจริญเติบโต และคุณภาพซากที่ดีเหมือนพ่อ และมีความสามารถในการทนต่อสภาพอากาศของประเทศได้ดีเหมือนแม่ เป็นต้น การได้มาซึ่ง Breed complementarity ในลูกผสมก็จะแตกต่างกันไปด้วย
3. Consistency of Performance ในการเลือกระบบผสมพันธุ์ควรพิจารณาถึงความสามารถที่จะผลิตลูกผสมที่สามารถให้ผลผลิต หรือการแสดงออกของลักษณะที่สนใจได้อย่างคงที่ใกล้เคียงกันในฝูง ทั้งนี้เนื่องจากความ uniformity เป็นลักษณะที่สำคัญต่ออุตสาหกรรมการผลิตสัตว์จำนวนมาก เช่น อุตสาหกรรมการผลิตไก่เนื้อ โรงเชือดไก่จำเป็นต้องใช้ไก่ที่มีขนาดใกล้เคียง

กัน เนื่องจากเครื่องจักร หรือ เครื่องมือต่างๆที่ใช้ในการชำแหละไก่ ถูกออกแบบมาใช้กับไก่ที่มีขนาดใกล้เคียงกันเท่านั้น ในกรณีที่ไก่มีขนาดเล็ก หรือใหญ่เกินไป ซากจะมีตำหนิ

4. Replacement Consideration การผลิตฝูงทดแทนเป็นอีกกฎเกณฑ์หนึ่งที่จะต้องพิจารณาอย่างรอบคอบในการตัดสินใจใช้ระบบผสมพันธุ์ใดๆ เนื่องจากการผลิตฝูงทดแทนนั้นเป็นการใช้ต้นทุน สถานที่ ที่จะต้องผลิตสัตว์ทดแทนได้อย่างต่อเนื่อง ซึ่งอาจจำเป็นต้องใช้เงิน และสถานที่จำนวนมากขึ้นเมื่อใช้ระบบผสมพันธุ์ที่ใช้พันธุ์สัตว์มากขึ้น
5. Simplicity ความง่าย และความสะดวกในการจัดการบริหารระบบเป็นเกณฑ์หนึ่งที่มีความสำคัญ เกณฑ์นี้จะมีความเกี่ยวข้องในการผลิตฝูงทดแทน และรวมถึงการเก็บข้อมูลต่างๆ เพื่อใช้ในการประมาณค่าพันธุกรรมต่างๆ ซึ่งเป็นอีกเกณฑ์หนึ่งที่จะกล่าวถึงถัดไป
6. Accuracy of Genetic prediction ในการคัดเลือกสัตว์เป็น พ่อ แม่พันธุ์ทดแทนในระบบผสมพันธุ์นั้น จำเป็นที่ต้องคัดเลือกจากค่าพันธุกรรมต่างๆ เช่นค่าการผสมพันธุ์สัตว์ (estimated breeding value; EBV)รวมถึงค่า Genetic parameter ต่างๆ ที่จำเป็นต้องใช้ในการประเมิน EBV ดังนั้นการเก็บข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree) และข้อมูลผลผลิตต่างๆของสัตว์ จึงต้องถูกเก็บอย่างต่อเนื่องและถูกต้อง ระบบการผสมพันธุ์ที่มีความซับซ้อนอาจส่งผลต่อระบบการจัดเก็บข้อมูลต่างๆดังกล่าวได้ไม่สะดวก อาจกระทบต่อการประเมิน หรือการประมาณค่า parameter ต่างๆได้

จากที่กล่าวมาเป็นเกณฑ์ หรือข้อควรพิจารณาเพื่อใช้ประกอบการตัดสินใจในการเลือกใช้ระบบการผสมพันธุ์สัตว์ใดๆ ซึ่งมีอยู่หลายระบบ ซึ่งนักศึกษาสามารถศึกษาเพิ่มเติมได้ในตำราหลายเล่ม แต่เล่มที่อ่านและเข้าใจได้ง่ายได้แก่ตำราของ Bourdon (2000)

ตัวอย่างการใช้ทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับระบบการผสมพันธุ์ในการกำหนด breeding program เพื่อให้บรรลุซึ่ง breeding goal ของการพัฒนาสายพันธุ์ไก่เนื้อโคราช สายพันธุ์ไก่เนื้อที่มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี สกว. กรมปศุสัตว์ และกลุ่มเกษตรกรทำนาลาดบัวขาว ได้ร่วมมือกันพัฒนาขึ้น

Breeding goal ของโครงการ คือ การพัฒนา ปรับปรุง พันธุกรรมของไก่ให้สามารถเจริญเติบโตได้รวดเร็วพอที่จะใช้เป็นเครื่องมือในการประกอบอาชีพ แต่ยังคงต้องรักษาความดีเด่นในเรื่องรสชาติ และเนื้อสัมผัสของเนื้อไก่พื้นเมืองให้คงอยู่ และจะต้องแก้จุดอ่อนในเรื่องผลผลิตไข่ที่ต่ำ เนื่องจากจำนวนไข่เป็นปัจจัยในการกำหนดต้นทุนลูกไก่ ซึ่งจะส่งต่อไปยังต้นทุนการผลิตไก่เนื้อ อันเป็นปัจจัยหลักปัจจัยหนึ่งของความสามารถในการนำไปประกอบอาชีพและการสร้างจุดขาย

เราสามารถบรรลุ breeding goal นี้ได้ด้วย การกำหนด breeding program ที่เหมาะสม

แนวทางการได้มาซึ่ง breeding program

จาก breeding goal จะเห็นได้ว่า มีลักษณะที่สำคัญ 3 ลักษณะที่ต้องให้ความสำคัญ คือ 1.ต้องพัฒนาสมรรถนะการเจริญเติบโต 2. ต้องคงรสชาติและเนื้อสัมผัสของเนื้อไก่พื้นเมือง และ 3.ต้องพัฒนาผลผลิตไข่ ดังนั้นจะขอกล่าวเป็นประเด็นๆ ดังนี้

1. **การพัฒนาสมรรถนะการเจริญเติบโต** ข้อจำกัดเรื่องการเจริญเติบโตช้าของไก่พื้นเมือง การพัฒนาพันธุกรรมไก่พื้นเมืองแท้ให้มีอัตราการเจริญเติบโตที่ดีขึ้นจนสามารถใช้เป็นเครื่องมือในการประกอบอาชีพได้นั้นสามารถทำได้ด้วยการคัดเลือกทางพันธุกรรม แต่จะใช้ระยะเวลานาน และด้วยข้อจำกัดทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองเองไม่สามารถเพิ่มการเจริญเติบโตจนทำให้สามารถใช้เป็นเครื่องมือในการประกอบอาชีพได้ จากการศึกษางานวิจัยจำนวนมากพบว่าทางออกที่น่าสนใจ คือ
    i. ลักษณะที่เกี่ยวข้องกับสมรรถนะการเจริญเติบโต เป็นลักษณะที่มีอิทธิพลแบบ non additive effect หรืออาจเรียกว่า heterosis effect เข้ามามีอิทธิพลค่อนข้างมาก ดังนั้นเราสามารถใช้ประโยชน์จากอิทธิพลดังกล่าวในการพัฒนาลักษณะนี้ให้ดีขึ้นได้ ด้วยการใช้รูปแบบการผสมพันธุ์ที่ทำให้โครงสร้างพันธุกรรมของลูกมีสภาพเป็นแบบ heterozygous ซึ่งรูปแบบการ

ผสมพันธุ์ที่จะช่วยให้โครงสร้างพันธุกรรมเป็นเช่นนี้ได้ คือการผสมข้าม หรือ crossbreeding

ii. ในขณะเดียวกันในทางทฤษฎีในกรณีที่สัตว์ต่างประชากรกันและทั้งสองประชากรนั้นมีความแตกต่างทางโครงสร้างพันธุกรรมกัน ค่า heterosis effect จะสูงที่สุดในลูกผสมรุ่น F1 และจะลดลงในรุ่นถัดไป ดังนั้นแผนการผสมพันธุ์เพื่อผลิตไก่เนื้อจึงควรเป็นรูปแบบการผสมที่เรียกว่า composite mating system ซึ่งลูกที่เกิดจากรูปแบบการผสมนี้จะมีค่า heterosis effect ที่สูงที่สุด และเรียกลูกรุ่นนี้ว่า commercial line ซึ่งจะไม่ถูกนำไปขยายพันธุ์ต่อ

2. **การคงรสชาติและเนื้อสัมผัสของไก่พื้นเมือง** เป็นลักษณะสำคัญที่ใช้เป็นจุดขายเพื่อช่วยให้เกษตรกรมีความง่ายในการทำตลาดไก่ อย่างไรก็ตาม ด้วยข้อจำกัดทางพันธุกรรมเรื่องสมรรถนะการเจริญเติบโต ตามที่กล่าวมาแล้ว จึงทำให้การดำเนินโครงการไม่ได้เลือกแนวทางการพัฒนาไก่พื้นเมืองพันธุ์แท้ให้มีสมรรถนะการเจริญเติบโตที่ดีขึ้น แต่พิจารณาแนวทางในการพัฒนาเป็นไก่ลูกผสมพื้นเมือง ด้วยเหตุผลในข้อ 1. (i) ซึ่งแนวทางนี้จำเป็นที่จะต้องมั่นใจว่าการสร้างลูกผสมพื้นเมืองนั้นจะยังคงสามารถรักษาความดีเด่นในเรื่องรสชาติและเนื้อสัมผัสได้ จากการศึกษางานวิจัยจำนวนมาก พบว่ารสชาติและเนื้อสัมผัสของไก่ลูกผสมพื้นเมืองนั้นไม่มีความแตกต่างจากไก่พื้นเมืองพันธุ์แท้ ดังนั้นแนวคิดที่ว่าจะผลิตลูกผสมพื้นเมืองที่มีสมรรถนะการเจริญเติบโตที่ดีเด่นกว่าไก่พื้นเมืองแต่ยังคงความอร่อยของเนื้อไก่พื้นเมืองจึงมีความเป็นไปได้มากขึ้น

3. **การพัฒนาผลผลิตไข่** แม้เราจะสามารถหาแนวทางในการแก้ไขจุดอ่อน 2 ประเด็นหลักๆ ได้แล้ว แต่ยังคงมีปัญหาใหญ่อีก 1 ประเด็นที่สำคัญ คือ ถ้าเราจะทำลูกผสมพื้นเมือง ก็ควรเป็นลูกผสมที่มีพ่อเป็นไก่พื้นเมือง เพราะถ้าใช้แม่เป็นไก่พื้นเมือง จะพบกับปัญหาใหญ่คือจำนวนไข่ของแม่ไก่พื้นเมืองต่ำมาก (60 – 90 ฟองต่อตัวต่อปี) และ เนื่องจาก ลักษณะผลผลิตไข่เป็นลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมต่ำ (ประมาณ 0.2) อาจต้องใช้เวลากว่า 10 ปี จึงจะสามารถเพิ่มปริมาณไข่ของไก่พื้นเมืองให้สูงขึ้นประมาณ 20 ฟอง (จากการทำนายด้วยสูตรการคำนวณ genetic progress) ระยะเวลาที่นานขนาดนี้ไม่ทันต่อความต้องการของเกษตรกร เราจึงจำเป็นที่จะต้องพิจารณาหาแม่พันธุ์ที่ไม่ใช่ไก่พื้นเมือง แต่เนื่องจากประเทศไทยไม่มีแหล่งพันธุกรรมของไก่สายแม่พันธุ์ที่เป็นแม่สาธารณะ และมีจำนวนมากพอที่จะใช้เป็นฝูงเริ่มต้นในการคัดเลือกได้ การนำเข้าพันธุกรรมก็ไม่สามารถทำได้เนื่องจากกฎหมายของบางประเทศที่ไม่อนุญาตให้ขายพันธุกรรมสัตว์ให้แก่ต่างชาติ หรือบางประเทศที่สามารถขายได้ก็มีราคาแพงมาก ดังนั้นเราจึงจำเป็นต้องคิดถึงการสร้าง synthetic breed ขึ้นมาเอง โดย synthetic breed นี้

ต้องมีคุณสมบัติคือ สามารถให้ผลผลิตไข่ที่สูง อย่างน้อยไม่ต่ำกว่า 180 ฟองต่อตัวต่อปี ซึ่งเป็นมาตรฐานของแม่พันธุ์ไก่เนื้อทางการค้า <u>และเราตั้งชื่อ synthetic breed สายแม่พันธุ์ไก่เนื้อนี้ว่า สายแม่ มทส.</u>

4. สืบเนื่องจากข้อ 1.(ii) ที่ระบุว่าการสร้างลูกผสมให้มีค่า heterosis effect สูงที่สุดต้องเกิดจาก พ่อและแม่ที่มีโครงทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน จึงเป็นเหตุผลข้อที่ 2 ที่ลูกผสมนี้ควรใช้พ่อพันธุ์เป็นไก่พื้นเมือง และข้อ 3 ที่แม่พันธุ์ต้องเป็น synthetic breed ด้วยพันธุกรรมของพ่อและแม่ที่มีความแตกต่างกันลูกผสมที่เกิดขึ้นควรจะมี heterosis effect สูงในระดับหนึ่ง สิ่งที่ต้องการเพิ่มเติมจากนี้คือ ในฝูงของไก่ลูกผสมควรมีความสม่ำเสมอกันในรุ่นเดียวกันเอง และในรุ่นถัดๆไป การที่จะเป็นเช่นนั้นได้ พันธุกรรมของพ่อและแม่ที่ถ่ายทอดมาที่ลูกต้องมีความคงที่ การคัดเลือกแบบ recurrent selection หรือ reciprocal recurrent selection จึงเป็นวิธีการที่โครงการจะนำมาใช้เพื่อเป็นการเพิ่ม allele รูปแบบที่มีความจำเพาะต่อกันของประชากรในสายพ่อ และสายแม่ อันเป็นต้นเหตุของการเกิด heterosis effect ในรุ่นลูก โดยสายพ่อพันธุ์ไก่พื้นเมืองที่ผ่านการคัดเลือกวิธีนี้จนมีพันธุกรรมที่จำเพาะกับ แม่พันธุ์ มทส.จะมีชื่อว่า **ไก่พื้นเมืองเหลืองหางขาวสายพันธุ์เหลืองโคราช**

จากที่กล่าวมาทั้งหมดสามารถสรุปได้ว่า breeding program ที่ใช้ได้แก่

1. Crossbreeding ในการสร้าง synthetic breed สายแม่พันธุ์ มทส.
2. crossbreeding ประเภท composite mating system กับพ่อพันธุ์ไก่พื้นเมือง เพื่อผลิตลูกผสมพื้นเมืองเพื่อเป็นไก่เนื้อที่มีสมรรถนะการเจริญเติบโตที่ดีเด่นจาก heterosis effect
3. Inter Se mating เพื่อผลิตฝูงทดแทนของ สายแม่พันธุ์ มทส. สายพ่อพันธุ์เหลืองหางขาวสายพันธุ์เหลือง มทส.

ที่กล่าวมาทั้งหมดนี้เพื่อเป็นตัวอย่างให้นักศึกษาได้เห็นถึงขั้นตอน แนวความคิดในการกำหนด breeding goal และได้เห็นถึงขั้นตอนการนำ breeding goal มาวิเคราะห์เพื่อกำหนด breeding program และให้เห็นถึงการกำหนด breeding program นั้นจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องมีความรอบคอบ มีเหตุผลชัดเจน

ในเนื้อหาทั้งหมดนี้เป็นทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับรูปแบบการผสมพันธุ์แบบต่างๆ อนึ่งการศึกษาทฤษฎีให้เข้าใจเป็นจุดเริ่มต้นที่สำคัญที่จะทำให้นักศึกษาจะมีความสามารถในการนำทฤษฎีไปประยุกต์ได้อย่างเหมาะสมกับ breeding goal เวลา และงบประมาณที่มีอยู่อย่างจำกัดได้

เอกสารอ้างอิง

Bourdon R.M. 2000. Understanding animal breeding 2nd . Prentice-Hall. USA.

Buchanan D., and A. Clutter. 2009. Inbreeding in swine. http://osufacts.okstate.edu. (1 February)

Legates J.E., and E.J. Warwick. 1990. Breeding and improvement of farm animal. McGraw-Hill. USA.

Molee A., B. Bundasak, P. Kuadsantiat, and P. Mernkrathoke.2011. Suitable Percentage of Holstein in Crossbred Dairy Cattle in Climate Change Situation. J. Anim. Vet. Adv. 10: 828-831.

Pirchner F. 1969. Population genetics in animal breeding. W.H. Freeman and company. German.

Sewalem A., K. Johansson, M. Wilhelmson, and K. Lillpers. 1999. Inbreeding and inbreeding depression on reproduction and production traits of white leghorn lines selected for egg production traits. Bri. Poul. Sci. 40: 203.

Szwaczkowski T., K. Cywa-Benko, and S. Wezyk. 2004. Curvilinear inbreeding effects on some performance traits in laying hens. J. Appl. Genet. 45:343-345.

ชื่อแฟ้ม:	mating 3_3_55
ไดเรกทอรี:	C:\Users\sony\Documents
แม่แบบ:	C:\Users\sony\AppData\Roaming\Microsoft\Templates\Normal.dotm
ชื่อเรื่อง:	
เรื่อง:	
ผู้สร้าง:	sony
คำสำคัญ:	
ข้อคิดเห็น:	
วันที่สร้าง:	03/03/55 8:28:00
จำนวนการเปลี่ยนแปลง:	3
บันทึกล่าสุดเมื่อ:	05/03/55 5:52:00
บันทึกล่าสุดโดย:	sony
เวลาในการแก้ไขทั้งหมด:	3 นาที
พิมพ์ครั้งสุดท้ายเมื่อ:	05/03/55 5:52:00

เป็นงานพิมพ์ที่เสร็จสิ้นชิ้นสุดท้าย

จำนวนหน้า:	51
จำนวนคำ:	10,396 (ประมาณ)
จำนวนอักขระ:	59,261 (ประมาณ)

บทที่ ๖

การใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อการปรับปรุงพันธุ์

วัตถุประสงค์เชิงพฤติกรรม

เพื่อให้นักศึกษาสาขาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์สามารถ

1. อธิบายประโยชน์ของการนำเทคโนโลยีชีวภาพมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์
2. อธิบายข้อจำกัดของเทคโนโลยีชีวภาพต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ และผลกระทบต่อความหลากหลายทางชีวภาพ

๖.๑ *บทนำ*

การแสดงออกของลักษณะปรากฏของสัตว์เกิดขึ้นจากการทำงานของยีนร่วมกับอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม โดยสัดส่วนอาจมาก น้อย แตกต่างกันตามแต่ละลักษณะซึ่งรายละเอียดได้กล่าวในบทที่ 5 แล้วนั้น ดังนั้นในการคัดเลือกสัตว์โดยมีเป้าหมายเพื่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในประชากรให้มีลักษณะปรากฏตามที่ต้องการนั้นในความจริงแล้ว เรากำลังคัดเลือก allele หรือ genotype และพยายามที่จะเปลี่ยนแปลงความถี่ของ allele หรือ genotype ในประชากรของสัตว์นั่นเอง แต่ในอดีตที่ผ่านมาเรามีข้อจำกัดในการศึกษาหรือเครื่องมือในการเข้าถึงยีนได้ ดังนั้นในการทำงานของนักปรับปรุงพันธุ์จึงจำเป็นที่จะต้องใช้เครื่องมือทางสถิติเข้าช่วยเป็นส่วนมาก

ในช่วง 30 ปีที่ผ่านมาเทคโนโลยีชีวภาพเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ถูกพัฒนาขึ้นอย่างรวดเร็ว ก่อให้เกิดความรู้ความเข้าใจเกี่ยวกับการแสดงออกของยีนที่ควบคุมลักษณะที่สำคัญต่างๆในสัตว์อย่างมากมาย ในขณะเดียวกันยังก่อให้เกิดการพัฒนาเทคนิคเพื่อช่วยในการศึกษาและนำข้อมูลในระดับอณูพันธุศาสตร์มาประยุกต์ในการปรับปรุงพันธุ์ด้วย การใช้เทคโนโลยีภาพเพื่อช่วยในการปรับปรุงพันธุกรรมของสัตว์ มีทั้งในด้าน การใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อพัฒนาเป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์มาช่วยในการคัดเลือก หรือที่เรียกว่า Marker assisted selection (MAS) การเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมของสัตว์เพื่อให้แสดงลักษณะปรากฏตามที่ต้องการ และการใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อช่วยในการกระจายพันธุกรรมของสัตว์ให้สามารถกระจายได้รวดเร็วยิ่งขึ้น

อย่างไรก็ตามมีความเข้าใจที่คาดเคลื่อนจากคนจำนวนมากว่าด้วยความสามารถอย่างมากมายทางเทคโนโลยีด้านนี้ ดังนั้นเทคโนโลยีชีวภาพจึงเป็นคำตอบสุดท้ายและเป็นคำตอบเดียวในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในปัจจุบันและอนาคต แท้จริงแล้วหาเป็นเช่นนั้นไม่ เนื่องจากเราต้องระลึกถึงอยู่เสมอว่า การแสดงออก

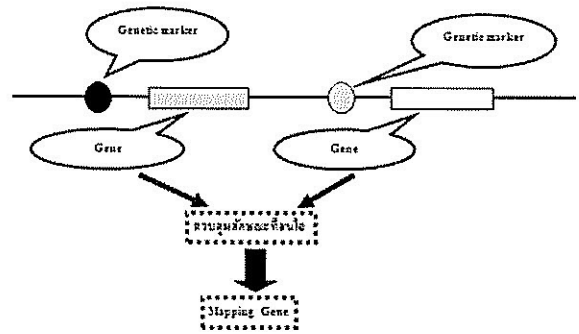
ของลักษณะที่ปรากฏแต่ละลักษณะเกิดจากการทำงานร่วมกันของยีนในหลายตำแหน่ง ไม่ว่าจำนวนตำแหน่งของยีนที่เข้ามาเกี่ยวข้องจะมากหรือน้อย (ขึ้นอยู่กับเป็นลักษณะเชิงปริมาณ หรือ คุณภาพ) แต่การทำงานของยีนเหล่านี้ไม่อิสระจากกันแน่นอน ดังนั้นในการใช้เครื่องมือทางเทคโนโลยีชีวภาพในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์จำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องเข้าใจในประเด็นดังกล่าวอย่างจริงจัง นอกจากนี้ความรู้ความเข้าใจเกี่ยวกับเครื่องมือทางเทคโนโลยีชีวภาพที่จะนำมาประยุกต์ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์เป็นอีกประเด็นหนึ่งที่เราจำเป็นที่ต้องมี **จึงจะทำให้การใช้เครื่องมือนี้เป็นไปอย่างเหมาะสม และเท่าทัน**

เนื้อหาทั้งหมดของบทนี้จึงมีเป้าหมายเพื่อให้นักศึกษามีความรู้ความเข้าใจเกี่ยวกับเครื่องมือทางเทคโนโลยีชีวภาพที่สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ และรวมถึงข้อจำกัดของเครื่องมือนี้ทั้งนี้เพื่อให้เกิดการประยุกต์ใช้ที่เหมาะสม

๖.๒ ความหมายและชนิดของเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์

เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ หมายถึง ยีน หรือ ชิ้นส่วนของดีเอ็นเอที่สามารถบอก

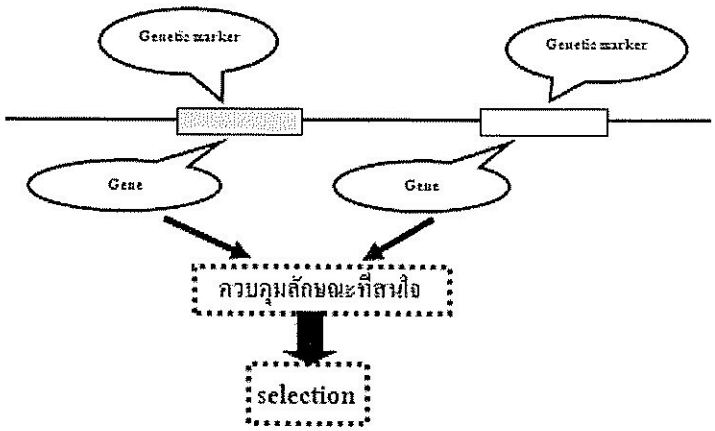
- ตำแหน่งของยีนที่สนใจ โดยใช้หลักการที่ว่า เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ สามารถตรวจหาได้ง่ายโดยใช้วิธีการทางห้องปฏิบัติการ และเมื่อตรวจพบเครื่องหมายเหล่านี้แล้ว มีความเป็นไปได้สูงมากที่สัตว์นั้นจะมียีนที่สนใจอยู่ในบริเวณนั้นๆ (Kinghorn, 1992)โดยเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ใช้บอกตำแหน่งของยีนที่สนใจนั้น เรียกว่า Linked marker หรือ Quantitative trait loci; QTL- linked marker ซึ่งตำแหน่งที่เป็นเครื่องหมายนั้นอาจไม่ได้เป็น functional gene (gene ที่เป็น encode ของโปรตีน) เช่น microsatellite (รายละเอียดจะกล่าวในลำดับต่อไป) ดังแสดงในรูปที่ 6.1 วัตถุประสงค์หลักของการใช้เครื่องหมายพันธุศาสตร์ประเภทนี้ เพื่อการทำแผนที่ยีน (gene mapping)



รูปที่ 6.1 แบบจำลองเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ประเภท linked marker เพื่อใช้ในการทำแผนที่ยีน

- หรือ ความสัมพันธ์ของยีนซึ่งอาจจะในรูปแบบของallele, genotype, composite genotype, หรือ haplotype และลักษณะที่สนใจของสัตว์แต่ละตัว โดย รูปแบบที่แตกต่างมีความสัมพันธ์กับลักษณะที่แตกต่างกันสามารถใช้เป็น marker ในการคัดเลือกสัตว์ได้ เป็นรายตัวได้ดังแสดงในรูปที่ 6.2 โดยยีนที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะที่สนใจนั้นอาจเป็นยีนที่มีหน้าที่ หรือบทบาทโดยตรงต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นๆ ซึ่งเรียกว่า major gene โดย เครื่องหมายประเภทนี้เรียกว่า major gene

marker หรือ อาจเป็นยีนที่มีบทบาทร่วมกับยีนหรืออื่นๆ หรือเรียกว่า candidate gene ซึ่งเรียกเครื่องหมายประเภทนี้ว่า candidate gene marker



รูปที่ 6.2 แบบจำลองเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ประเภท major gene marker หรือ candidate gene marker เพื่อใช้ในการคัดเลือกสัตว์

๖.๓ เทคนิคต่างๆเพื่อให้ได้ซึ่งเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์

1. PCR - RFLP (Polymerase Chain Reaction - Restriction Fragment Length Polymorphism)

เป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ถูกพัฒนาขึ้นเป็นชนิดแรกเมื่อประมาณ ปี ค.ศ. 1980 จึงถือได้ว่าเป็นเครื่องหมายที่ทำให้การศึกษาตำแหน่งของยีนมีการพัฒนาขึ้นอย่างรวดเร็ว โดย RFLP หมายถึง เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ใช้หลักการในการจำแนกความแตกต่างของขนาด ดีเอ็นเอ ที่เกิดจากการตัดด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ (restriction enzyme) ที่ผลิตจากแบคทีเรีย โดยเอ็นไซม์จะตัดดีเอ็นเอในบริเวณที่จำเพาะทำให้ดีเอ็นเอขาดออกเป็นท่อนๆแต่ละท่อนมีขนาดไม่เท่ากัน http://en.wikipedia.org/wiki/Restriction_fragment_length_polymorphism (2011) และสัตว์แต่ละตัวจะมีจำนวน และขนาดของท่อนดีเอ็นเอที่แตกต่างกันไป เทคนิค PCR-RFLP สามารถนำไปประยุกต์ใช้กับงานด้านการปรับปรุงพันธุ์อย่างมากมาย โดยเฉพาะอย่างยิ่งในการนำไปพัฒนาเป็นยีนเครื่องหมายเพื่อช่วยในการคัดเลือกสัตว์ในลักษณะต่างๆ เช่น ลักษณะการต้านทานโรคการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนม การให้ผลผลิตไข่ในไก่ไข่ เป็นต้น

2. PCR - AFLPs (Polymerase Chain Reaction - Amplified Fragment Length Polymorphisms)

เป็นการเทคนิคการทำเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ โดยใช้ความแตกต่างของทั้ง genome ของสัตว์เพื่อสร้างเป็น DNA fingerprint โดยการใช้ restriction enzyme ย่อย genomic DNA ทั้ง genome จากนั้นเชื่อมต่อด้วย adapter DNA ด้วยเอ็นไซม์ ligase และเพิ่มจำนวนชิ้นดีเอ็นเอเหล่านั้นด้วยเทคนิค PCR สิ่งที่ได้จากการทำ AFLPs คือจำนวนและขนาดของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันในสัตว์แต่ละตัว http://en.wikipedia.org/wiki/Amplified_fragment_length_polymorphism (2011) จึงสามารถใช้แยกความแตกต่างของสัตว์ได้ ส่วนข้อเด่นของ AFLPs คือแถบดีเอ็นเอที่ได้จากเทคนิคนี้มาจาก ดีเอ็นเอตลอดทั้งจีโนมของสัตว์ ซึ่งการนำไปใช้ประโยชน์ของ AFLPs นี้ คือ สามารถนำไปใช้ในการทำลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อจำแนกความแตกต่าง หรือความเหมือนกันของสัตว์เพื่อประโยชน์ในการจัดทำพันธุ์ประวัติที่แม่นยำยิ่งขึ้น และขณะเดียวกันสามารถนำไปใช้เป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อหาตำแหน่งของยีนที่สนใจได้ อย่างไรก็ตามการใช้ AFLPs เป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ไม่สามารถแยกความแตกต่างของจีโนไทป์แบบ homozygous และ heterozygous ได้ และขณะเดียวกันการได้มาซึ่งเครื่องหมายดังกล่าวต้องใช้ต้นทุนสูงมาก ดังนั้นในปัจจุบันการศึกษาทางสัตว์จึงได้รับความนิยมในวงจำกัด

3. Microsatellite

Microsatellite หมายถึง ดีเอ็นเอที่อยู่ในบริเวณintervening sequence มีโครงสร้างเป็นคู่เบสที่ซ้ำๆ กันอยู่ในช่วง 2 – 5 เบส (Simm ,1998) และเหตุผลที่ microsatellite เป็น เครื่องหมายทางอณูพันธุศาสตร์ที่นิยมใช้ในการศึกษาหาตำแหน่งของยีนในสัตว์เนื่องจาก microsatellite มีคุณสมบัติที่สำคัญ คือ1) เป็นท่อน DNA ที่ไม่มีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะปรากฏ (Phenotypic neutrality) 2) มีความหลากหลายของรูปแบบ genotype(Polymorphism) 3) สามารถพบกระจายอยู่ทั่วไปตลอดทั้งgenome เพื่อใช้ในการตรวจหายีนที่กระจายอยู่ตลอดทั้ง genome 4) มีลักษณะเป็นแบบ Codominant ซึ่งหมายถึงยีนที่สามารถจำแนกความแตกต่างระหว่างจีโนไทป์แบบ heterozygous และ homozygous ได้ (Kinghorn, 1992; Tanksley, 1993) และ 6).สามารถใช้เทคนิค PCR ได้สะดวก

จากคุณสมบัติของmicrosatellite ทั้ง 6 ประการดังกล่าวจึงทำให้งานวิจัยส่วนใหญ่นิยมใช้ microsatellite เป็น เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ เช่นงานของ Buitenhuis et al. (2007), Druet et al.(2006) ซึ่งการศึกษาเหล่านี้เป็นการศึกษาหาความสัมพันธ์ระหว่าง เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์และลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในโคนมหรืองานวิจัยในลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตและคุณภาพซากในสุกรของ Anderson-Eklund et al.(1994) ลักษณะการต้านทานเชื้อ salmonellaในไก่ของ Janss and Bolder (2000) หรือ Beever et al.(1989) ที่ศึกษาลักษณะคุณภาพซากในโคเนื้อ และงานวิจัยเกี่ยวกับการเจริญเติบโตในไก่ (Uemotoet al., 2009) เป็นต้น

4. SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms)

เป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์อีกชนิดหนึ่งที่สามารถแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างที่เกิดจากการเปลี่ยนแปลงในระดับนิวคลีโอไทด์ SNPs ได้รับความนิยมอย่างกว้างขวางในการนำมาใช้เป็นเครื่องหมายเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เนื่องจากคุณสมบัติที่สำคัญ คือ 1) สามารถแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างที่เกิดจากการเปลี่ยนแปลงในระดับนิวคลีโอไทด์และความแตกต่างนั้นก่อให้เกิดความแตกต่างของการแสดงออกของลักษณะที่เกี่ยวข้อง (McCarthy and Hilfiker, 2000) 2) เป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่มีอัตราการกลายพันธุ์ต่ำ (Beuzen et al.,2000) 3) เป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่อยู่บริเวณยีนที่มีการแสดงออก ดังนั้นถ้าต้องการตรวจสอบความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบของอัลลีลที่แตกต่างกันกับลักษณะที่ปรากฏจึงสามารถทำได้แม่นยำ (Beuzen et al.,2000)

ด้วยคุณสมบัติที่ดังกล่าว จึงทำให้ขณะนี้ SNPs จึงเป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์อีกชนิดหนึ่งที่ได้รับความสนใจจากนักวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์สัตว์มากขึ้นดังปรากฏในงานของ Page et al.(2002) ที่ใช้ SNPs เป็น gene marker เพื่อศึกษารูปแบบที่หลากหลายของ *CAPN1* ที่มีผลต่อคุณภาพเนื้อในโค งานของ บดินทร์ และคณะ (2553) ศึกษา SNPs เพื่อศึกษาความหลากหลายของยีนไทโรโกบูลินในโค

เนื้อลูกผสมหรืองานของ Ge et al.(2003) สำหรับการศึกษารูปแบบที่หลากหลายของยีนที่ควบคุมการหลั่งฮอร์โมนการเจริญเติบโตในโคพันธุ์แองกัส เป็นต้น

อนึ่งยังคงมีเครื่องหมายพันธุศาสตร์อีกบางประเภทที่ไม่ได้กล่าวในที่นี้ เนื่องจากจะเลือกกล่าวเฉพาะเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่นิยมใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์เท่านั้น ดังนั้นกรณีที่นักศึกษามีความสนใจเพิ่มเติมสามารถที่จะค้นคว้าได้จากตำรา และเอกสารต่างๆ ได้

๖.๔ การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์

เราสามารถประยุกต์ใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ได้หลายกรณี เช่น

1. ใช้ในการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติ (Pedigree Analysis)

ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ความถูกต้องของพันธุ์ประวัติเป็นปัจจัยที่สำคัญมากที่จะทำให้การปรับปรุงพันธุ์จะพัฒนาไปได้รวดเร็วเพียงใด บ่อยครั้งพบว่าการจัดทำพันธุ์ประวัติไม่สมบูรณ์ มีสัตว์แต่ไม่รู้ความสัมพันธ์ของสัตว์เหล่านั้น การใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์สามารถแก้ปัญหานี้ได้ ซึ่งในการวิเคราะห์พันธุ์ประวัตินี้สามารถใช้เครื่องหมายได้หลายประเภท เช่น RFLPs , AFLPs , microsatellite เป็นต้น หลังจากได้ข้อมูลทางด้านอณูพันธุศาสตร์แล้ว นำข้อมูลดังกล่าวมาวิเคราะห์หาความเป็นพ่อ แม่ ลูกกันจาก sharing band โดยใช้สูตร

$$sharing\ index = \frac{2N_{xy}}{N_x + N_y}$$

เมื่อ N_{xy} = จำนวน sharing band

N_x , N_y = จำนวนแถบที่ปรากฏของสัตว์ที่สนใจ

ที่มา : Danieland Andrew (1989)

2. ใช้ในการวิเคราะห์ความหลากหลายของประชากร (Population Diversity Analysis)

ระดับความหลากหลายในแต่ละประชากรมีความสำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ในประชากรนั้นๆ เป็นอย่างมาก กล่าวคือ ประชากรใดที่มีความหลากหลายต่ำโอกาสที่มีการผสมเลือดชิดสูงขึ้น และขณะเดียวกันโอกาสที่จะเกิด genetic drift ก็สูงขึ้นด้วยเช่นกัน ดังนั้นในการปรับปรุงพันธุ์ สิ่งหนึ่งที่จะต้องทำการวิเคราะห์อยู่เสมอคือ ระดับความหลากหลายของประชากร ซึ่งสามารถทำได้หลายวิธี แต่ในที่นี้ขอกล่าวถึงวิธีการวิเคราะห์ค่า heterozygosity ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

การวิเคราะห์ค่า heterozygosity: ใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่สามารถบอกความเป็น homozygous และ heterozygous ได้ ซึ่งได้แก่ microsatellite ในการวิเคราะห์มักใช้ microsatellite ประมาณ 20 ตัว เมื่อได้แถบดีเอ็นเอ เรียบร้อยแล้วนำมาคำนวณตามสูตรนี้

$$\hat{H}_i = \frac{N_H}{N}$$

เมื่อ N_H = จำนวนสัตว์ที่มีสภาพเป็น heterozygous ใน locus นั้น

N = จำนวนสัตว์ทั้งหมด

และทำเช่นนี้จนครบทุก locus (20 locus) และนำมาหาค่าเฉลี่ย ตามสูตรนี้

$$\tilde{H} = \sum_{i=1}^{m} \frac{H_i}{m}$$

เมื่อ m = จำนวน loci ที่ใช้ในการวิเคราะห์

ที่มา : Danieland Andrew (1989)

3. ใช้ในการตรวจหา QTL (Quantitative Trait Loci Detection)

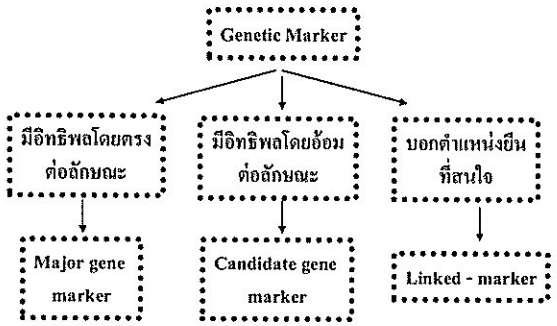
ลักษณะที่สำคัญในอุตสาหกรรมการผลิตสัตว์โดยส่วนใหญ่มักเป็นลักษณะเชิงปริมาณ และยีนที่มีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะดังกล่าวมักประกอบไปด้วยยีนจำนวนมาก (polygene) กระจายอยู่ตลอดทั้ง genome ของสัตว์ หรือที่เราเรียกยีนเหล่านี้ว่า Quantitative Trait Loci หรือ QTL โดยยีนแต่ละตัวใน QTL นี้มักจะมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นๆ แตกต่างกันไป (Weller , 2001) เป้าหมายหลักของการตรวจหาตำแหน่งของ QTL นั้นคือ การทำแผนที่ยีน ซึ่งเป็นแผนที่ประเภท genetic map และเพื่อหาตำแหน่งของ major gene ที่ควบคุมลักษณะนั้นๆ โดยมีหลักการคือ ต้องหา microsatellite ที่ link กับ QTL ให้พบ และถ้าพบแล้วนอกจากจะสามารถทำเป็นแผนที่ยีนได้แล้ว ในด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เราสามารถนำ microsatellite นั้นมาใช้เป็นเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์มาช่วยในการคัดเลือกได้ ซึ่งในการหาว่า microsatellite นั้น link กับ QTL หรือไม่ มีขั้นตอนที่สรุปได้ คือ 1) ใช้ทฤษฎีความน่าจะเป็น ร่วมกับอัตราการเกิด recombination ระหว่าง microsatellite กับ QTL ในการคำนวณโอกาสของการที่ microsatellite และ QTL จะถูกถ่ายทอดจากรุ่นหนึ่งสู่รุ่นหนึ่งไปด้วยกัน 2) ใช้ความน่าจะเป็นดังกล่าวนี้มาคำนวณตำแหน่งของ QTL บน genome โดยใช้ mapping function ซึ่งมีอยู่หลาย function เช่น Morgan mapping function, Haldane mapping function, Kosambi mapping function (Weller, 2001) เป็นต้น 3) หาความสัมพันธ์ระหว่าง microsatellite ที่คาดว่าจะ link กับ QTL กับลักษณะปรากฏโดยการใช้สถิติ

4. ใช้ช่วยในการคัดเลือก (Marker Assisted Selection, MAS)

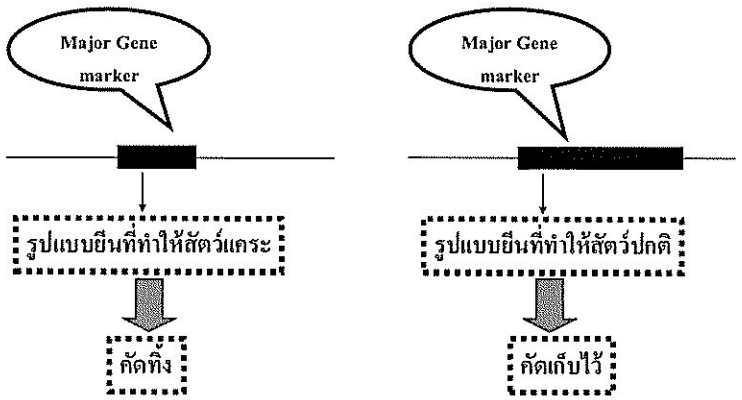
การคัดเลือกสัตว์ที่มีความถูกต้องแม่นยำสูงเป็นปัจจัยสำคัญที่จะทำให้การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ประสบความสำเร็จได้ในระยะเวลาที่เหมาะสม ดังนั้นนักปรับปรุงพันธุ์สัตว์จึงมีความพยายามในการหาเครื่องมือ หรือวิธีการที่จะเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกให้สูงขึ้น ในปัจจุบันนักปรับปรุงพันธุ์สัตว์สามารถใช้ เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ ช่วยในการคัดเลือกสัตว์ ซึ่งวิธีการนี้ เรียกว่า Marker Assisted Selection (MAS) เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อช่วยในการคัดเลือกแบ่งออกเป็นกลุ่มใหญ่ ๆ ได้ 3 กลุ่ม

คือ major gene marker, candidate gene marker และ QTL linked-marker ดังแสดงในรูปที่ 6.3 เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เหล่านี้มีความแตกต่างกันคือ

Major gene marker หมายถึงยีนที่มีอิทธิพลโดยตรงต่อลักษณะที่สนใจ และใช้รูปแบบที่แตกต่างกันของยีนนี้ (ใช้เทคนิคต่างๆที่กล่าวมาในการแยกความแตกต่างของ allele หรือ genotype ของยีนนั้น) เป็นเครื่องหมายในการคัดเลือกสัตว์เพื่อให้ได้สัตว์ที่มีลักษณะนั้นๆ ได้โดยตรง ปัจจุบันมี major gene marker ที่ถูกใช้ในอุตสาหกรรมการผลิตสัตว์แล้ว ได้แก่ ยีนแคระ (Dwarf gene) เช่นยีนแคระในโค (Cavanagh et al. ,2002) และ halothane gene ซึ่งเป็นสาเหตุสำคัญที่ทำให้เนื้อสุกรมีลักษณะเป็น pale soft exudative อนึ่งให้สังเกตว่าเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ประเภทนี้จะถูกนำใช้ในอุตสาหกรรมการผลิตอย่างจริงจัง ก็ต่อเมื่อเป็นลักษณะที่มีผลกระทบทางเศรษฐกิจอย่างรุนแรงเท่านั้น และจำเป็นต้องคัดสัตว์ทิ้งทันทีที่ตรวจพบ เพื่อไม่ให้ยีนดังกล่าวกระจายอยู่ในประชากรดัง รูปที่ 6.4 ที่จำลองวิธีการใช้ major gene marker เพื่อช่วยในการคัดเลือก



รูปที่ 6.3 ประเภทของเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ใช้ช่วยในการคัดเลือก

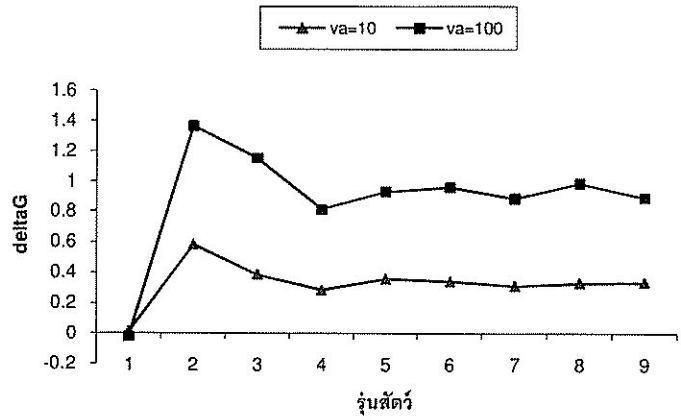


รูปที่ 6.4 จำลองวิธีการใช้ major gene marker เพื่อช่วยในการคัดเลือก ซึ่งเป็นการคัดเลือกสัตว์จากรูปแบบยีนที่แตกต่างกันในสัตว์แต่ละตัว โดยรูปแบบยีนที่แตกต่างกันนี้สามารถตรวจสอบได้จากเทคนิคต่างๆ ที่กล่าวมาในหัวข้อที่ ๖.๓

Candidate gene marker หมายถึงยีนที่มีบทบาทร่วมในการควบคุมลักษณะที่สนใจ โดยส่วนใหญ่ candidate marker นี้มักเป็นกลุ่มยีนที่ทำหน้าที่ร่วมกัน เรียกว่า family gene เช่น กลุ่มของยีนที่ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับการสร้างภูมิคุ้มกันในสัตว์ หรือ major histo-compatibility complex; MHC เช่นการศึกษาในลักษณะที่เกี่ยวข้องกับความสามารถในการต้านทานโรคเต้านมอักเสบในโคนม (Gelhaus et al. ,1995, Sharif et al.,1998 และ Ledwidge et al.,2001) หรือลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตและคุณภาพซากในสุกร (Leeds et al.,2002) และการศึกษาลักษณะที่เกี่ยวข้องกับจำนวนลูกเมื่อคลอดในสุกร (Kirkpatrick ,2002) เป็นต้น

โดยทั่วไปการใช้ MAS ในกรณีนี้มักจะใช้เป็นปัจจัยหนึ่งในการประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยวิธีการ Best linear unbiased prediction; BLUP ซึ่งคาดว่าจะทำให้ค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้มีความแม่นยำสูงขึ้น และสิ่งที่ตามมาคือความก้าวหน้าในการคัดเลือก (genetic response) จะรวดเร็วขึ้น อย่างไรก็ตามเนื่องจากค่าใช้จ่ายในการศึกษาหรือการได้มาซึ่ง MAS นั้นสูงมาก ดังนั้นจึงจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องศึกษาว่า การนำข้อมูล MAS มาใช้นั้นให้ประโยชน์ที่ดีกว่าอย่างชัดเจนอย่างไรเมื่อเทียบกับการใช้ข้อมูลของลักษณะที่ปรากฏเพียงอย่างเดียว แต่การศึกษาในลักษณะนี้ทำได้ยากมากในความเป็นจริง หรืออาจต้องใช้งบประมาณและระยะเวลาที่ยาวนานมากเพื่อให้ได้ข้อมูลจริงเพื่อใช้ในการศึกษา ดังนั้นในการศึกษาในปัจจุบันทั้งหมดจึงใช้วิธีการจำลองข้อมูล (simulate data) จากผลการศึกษาของ Andersson-Eklund and Danell (1993) และ Beuzen et al.(2000) เป็นต้น พบว่าเมื่อใช้ MAS แล้วจะทำให้ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมสูงกว่าเมื่อใช้ข้อมูลจากลักษณะที่ปรากฏเพียงแหล่งเดียว จะเห็นได้ว่าการใช้ MAS มีประโยชน์ในด้านการปรับปรุงพันธุ์

สัตว์เป็นอย่างมาก อย่างไรก็ตามจากการศึกษาของ อมรรัตน์ และมนต์ชัย (2549) พบว่าการใช้ประโยชน์ของ MAS นั้นมิใช่สามารถใช้ได้โดยไม่มีข้อจำกัด ประชากรใดที่มีความถี่ของยีนที่สนใจสูงแล้ว หรือลักษณะใดที่มีความแปรปรวนต่ำการใช้ MAS อาจไม่ได้ประโยชน์ใดๆ เลย ดังแสดงในรูปที่ 6.5



รูปที่ 6.5 ค่าเฉลี่ยของการตอบสนองการคัดเลือก (ΔG) เมื่อค่าความแปรปรวนต่ำ ($\sigma_a^2 = 10$) และสูง ($\sigma_a^2 = 100$) และอิทธิพลของยีนเป็น 20%ของค่าความแปรปรวนทั้งหมด

ที่มา อมรรัตน์ และมนต์ชัย (2549)

๖.๕ ประโยชน์และข้อควรพิจารณาของการใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์

การที่นักปรับปรุงพันธุ์สามารถเข้าถึงข้อมูลในระดับพันธุกรรมของสัตว์ และสามารถใช้ข้อมูลเหล่านั้นช่วยในการคัดเลือกสัตว์ นั้นถือว่าเป็นประโยชน์อย่างมาก กล่าวคือ

- การลดระยะเวลาในการคัดเลือกสัตว์ให้สั้นลง พันธุกรรมของสัตว์จะไม่มีการเปลี่ยนแปลง ตั้งแต่สัตว์ถูกปฏิสนธิ จน ตาย ดังนั้นเมื่อทราบว่ารูปแบบใดของยีนที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่สนใจ ไปในทางที่ต้องการ เราสามารถคัดเลือกสัตว์ที่มีรูปแบบยีนนั้นๆ ได้ ทันทีที่สามารถตรวจพันธุกรรมของสัตว์ได้ โดยเฉพาะอย่างยิ่งลักษณะที่ต้องการจะปรับปรุง ถ้าเป็นลักษณะที่เกี่ยวข้องการให้ผลผลิตของสัตว์ ความสมบูรณ์ความสามารถในการต้านทานโรค หรือลักษณะที่เกี่ยวข้องกับคุณภาพซาก เนื้อ จำเป็นต้องรอจนกว่าสัตว์จะแสดงลักษณะเหล่านั้น หรือ อาจจำเป็นต้องฆ่าสัตว์ ซึ่งเมื่อสัตว์ตาย ก็ไม่สามารถนำสัตว์ตัวนั้นมากระจายพันธุ์ได้แม้จะมีคุณภาพเนื้อ ซากที่ดีเพียงใดก็ตาม ดังนั้นการใช้ MAS จึงสามารถลดระยะเวลา และแก้ไขข้อจำกัดดังกล่าว
- การเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกสัตว์ โดยความแม่นยำในที่นี้ หมายถึงเราสามารถคัดเลือกสัตว์ตัวที่เหมาะสมในการที่จะนำไปกระจายพันธุกรรมจริงๆ นั่นคือควรเป็นสัตว์ที่ข้อด้อยทางพันธุกรรมทุกด้านน้อยที่สุด เช่น สัตว์บางตัวอาจมีพันธุกรรมดีเด่นในเรื่องการเจริญเติบโต แต่อาจเป็นพาหะของโรคทางพันธุกรรมบางโรค หรืออาจมียีนที่ควบคุมลักษณะด้อยเกี่ยวกับคุณภาพซาก ถ้าเราคัดเลือกสัตว์ดังกล่าวไป แม้เราจะได้กระจายพันธุกรรมด้านการเจริญเติบโตไป แต่ขณะเดียวกันก็ยังกระจายพันธุกรรมที่ด้อยเกี่ยวกับโรค หรือ คุณภาพซากไปด้วย การใช้ MAS สามารถแก้ไขข้อจำกัดที่กล่าวมาได้ เช่น เราอาจใช้ข้อมูลในการคัดเลือกสัตว์ ทั้ง 2 แหล่งประกอบกัน คือ ข้อมูล EBV ร่วมกับข้อมูล MAS อันจะทำให้การคัดเลือกสัตว์มีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น

จากที่กล่าวมาจะเห็นได้ว่า เราสามารถใช้ MAS เพื่อประโยชน์ในการคัดเลือกสัตว์ ได้ทั้งในประเด็นของการลดระยะเวลาในการคัดเลือก และเพิ่มความแม่นยำ ในการคัดเลือก อย่างไรก็ตาม จากการศึกษาของ Molee et al. (2011a), Molee et al. (2011b) และ Molee et al.(2012) ซึ่งทำการศึกษาอิทธิพลของยีนในกลุ่มยีน casein และยีน DGAT1 ซึ่งเป็นกลุ่มยีนที่มีบทบาทสำคัญต่อปริมาณน้ำนมและองค์ประกอบน้ำนม และอิทธิพลร่วมของยีนทั้งสอง ตามลำดับ พบข้อสังเกตว่าที่น่าสนใจ ดังนี้

1) ยีนเบต้าเคซีนและแคปป้าเคซีนมี linkage disequilibrium ต่อกัน นั่นคือ การเกิดรูปแบบของยีนใดยีนหนึ่งมีผลต่อการเกิดรูปแบบของอีกยีนหนึ่ง ซึ่งทำให้ต้องพิจารณาต่อว่า มี

ความเป็นไปได้สูงมากที่จะเกิดเหตุการณ์เช่นนี้ในยีนตำแหน่งอื่นๆที่ควบคุมลักษณะอื่นๆ ด้วย

2) ยีนทั้งสองตำแหน่งนี้มีอิทธิพลต่อการแสดงออกซึ่งกันและกัน ทำให้ต้องพิจารณาว่ามีความเป็นไปได้สูงเช่นกันที่ จะเกิดอิทธิพลร่วม (interaction effect) เช่นนี้กับยีนในตำแหน่งอื่นๆ ด้วย

3) ขนาดและทิศทางของอิทธิพลของยีนทั้ง 2 ตำแหน่งมีความเหมือน และความแตกต่างกับการศึกษาก่อนหน้านี้ซึ่งนอกจากจะเป็นสาเหตุเนื่องจากสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน สิ่งหนึ่งคือประชากรโคที่ศึกษาเป็นคนละประชากร ซึ่งมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน อันรวมถึงรูปแบบของยีนแต่ละตำแหน่งแตกต่างกัน ส่งผลให้อิทธิพล และอิทธิพลร่วม ของยีนจึงแตกต่างกันด้วย

จากข้อสังเกตทั้ง 3 ข้อดังกล่าว จึงนำมาซึ่งข้อควรพิจารณาในการเลือกใช้ และการใช้ MAS คือ

- นักปรับปรุงพันธุ์จำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องคำนึงว่า ยีนทุกตำแหน่งต่างมีความเกี่ยวข้องซึ่งกันและกันเสมือนไยแมงมุม การคัดเลือกสัตว์โดยใช้ข้อมูลรูปแบบของยีนใดยีนหนึ่ง อาจเสี่ยงต่อการสูญเสียรูปแบบใดๆ ของยีนอีกตำแหน่งหนึ่ง หรือ อีกหลายตำแหน่งไป ดังนั้นการศึกษาถึงความสัมพันธ์กันของยีนตำแหน่งต่างๆทั้งในด้านความอิสระของการเกิดรูปแบบใดๆ ของยีน และในด้านของอิทธิพลร่วมต่อกัน จึงเป็นสิ่งจำเป็นมาก ก่อนที่จะตัดสินใจใช้ยีนใดๆ เป็น MAS ในการคัดเลือก
- อิทธิพลของยีนที่มีผลต่อการแสดงออกของสัตว์นั้น ขึ้นอยู่กับโครงสร้างทางพันธุกรรมของสัตว์ในประชากรด้วย เนื่องจาก ดังที่ได้กล่าวข้างต้นว่า การทำงานของยีนมีความเชื่อมโยงกันเหมือนไยแมงมุม ดังนั้นเมื่อบางตำแหน่งของยีนในแต่ละประชากรอาจมีความแตกต่างกัน อันเนื่องจาก แผนการผสมพันธุ์ หรือแผนการปรับปรุงพันธุ์มีความแตกต่างกันไป ระดับอิทธิพลของยีนอาจมีความแตกต่างกันด้วย ดังนั้นในการใช้ MAS จึงจำเป็นที่จะต้องทำการศึกษาบทบาทของยีนตำแหน่งที่สนใจในประชากรนั้นๆ ก่อนที่จะนำมาใช้งานจริง

๖.๖ ความเป็นไปได้ของการใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์ในประเทศ

จากที่กล่าวมาจะเห็นได้ว่าเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ถูกพัฒนาขึ้นอย่างรวดเร็วในช่วง 10 ปีที่ผ่านมา กลายเป็นเครื่องมือที่สำคัญในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ สำหรับประเทศไทยความพร้อมในการใช้ประโยชน์จากเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์จะแตกต่างกันไป ดังนี้

1. การใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อช่วยในการตรวจสอบสัตว์ที่มียีนหรือเป็นพาหะที่เกี่ยวข้องกับการเกิดโรค หรือ ลักษณะที่มีผลกระทบต่อเศรษฐกิจอย่างรุนแรง เช่น โรคBLAD (Bovine Lymphocyte Adhesion Deficiency) โรค MHS (Malignant Hyperplasia Syndrome) ที่ทำให้เนื้อสัตว์มีสภาพฉ่ำน้ำ (Pale Soft Exudative Syndrome, PSE) ลักษณะแคระในสัตว์เป็นต้นและเมื่อตรวจพบสัตว์ที่มียีนดังกล่าวสามารถคัดสัตว์เหล่านั้นออกจากฝูงได้ทันที ลักษณะการใช้งานดังกล่าวประเทศไทยมีความพร้อมทั้งทางด้านเครื่องมือที่ทันสมัย และนักวิชาการที่มีความรู้ในการที่จะใช้ประโยชน์จากเครื่องหมายดังกล่าว การใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ในอุตสาหกรรมการผลิตสัตว์สามารถสร้างความเชื่อมั่นแก่ผู้ซื้อพันธุ์สัตว์ได้ว่าจะได้สัตว์ที่ปราศจากพันธุกรรมที่ก่อให้เกิดความเสียต่อการผลิต ซึ่งเป็นผลดีต่อการพัฒนาปศุสัตว์ในแง่ของการเปิดโอกาสให้ผู้ผลิตพันธุ์สัตว์สามารถเปิดตลาดในต่างประเทศได้ง่ายขึ้น อีกทั้งสามารถเพิ่มมูลค่าของพันธุ์สัตว์ที่จะจำหน่ายได้อีกด้วย
2. การใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อวิเคราะห์พันธุ์ประวัติและวิเคราะห์ความหลากหลายของสัตว์ในประชากร เป็นอีกแนวทางหนึ่งของการใช้ประโยชน์จากเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ที่ประเทศไทยมีศักยภาพมากพอที่จะใช้ได้ การใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์ในลักษณะดังกล่าวสามารถพัฒนาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในประเทศได้เนื่องจากจะทำให้ข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับพันธุ์ประวัติมีความถูกต้องสูงขึ้น และขณะเดียวกันสามารถควบคุมระดับการเกิดเลือดชิดในฟาร์มได้ อย่างไรก็ตามในประเด็นนี้ถ้ามีการให้ความรู้ความเข้าใจถึงความสำคัญของการบันทึกข้อมูลแก่เกษตรกรผู้เป็นเจ้าของฝูงสัตว์ โดยข้อมูลที่ว่านี้ ได้แก่ข้อมูลพันธุ์ประวัติ (ประกอบด้วยเบอร์พ่อ เบอร์แม่ เบอร์ลูก วันเดือนปีเกิดของลูก) เพื่อให้ทราบได้ว่าสัตว์แต่ละตัวมีความสัมพันธ์ทางเครือญาติกันหรือไม่ มากน้อยเพียงใด ถ้าทำได้เช่นนี้แล้ว การใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อช่วยในการตรวจสอบพันธุ์ประวัติก็ไม่มีความจำเป็นที่ต้องใช้
3. การใช้เครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อตรวจหา QTL หรือเพื่อตรวจหา candidate gene นักวิชาการด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ทั้งในประเทศ และ ต่างประเทศยังคงอยู่ในระหว่างการศึกษาวิจัยเพื่อให้ได้ข้อมูลที่มีความถูกต้องสูงสุด เนื่องจากการหาคำตอบที่ชัดเจนว่ายีนที่สนใจอยู่ ณ ตำแหน่งใดบนโครโมโซม หรือยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะที่สนใจนั้นควรมีรูปแบบ

ของอัลลีลเป็นอย่างไรนั้นจำเป็นที่จะต้องมีข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับสัตว์และผลผลิตของสัตว์ที่มากพอและมีความถูกต้อง เพื่อนำมาหาความสัมพันธ์โดยใช้วิธีการทางสถิติขั้นสูงเข้าช่วย ดังนั้นจึงก่อให้เกิดความยุ่งยากในการวิเคราะห์หาคำตอบและต้องใช้เวลานานพอสมควร ในอนาคตคาดว่าจะได้คำตอบสำหรับลักษณะที่สำคัญบางลักษณะ เช่น ลักษณะความสามารถในการต้านทานโรคของสัตว์ ลักษณะที่เกี่ยวข้องกับคุณภาพซาก ลักษณะที่เกี่ยวข้องความสามารถในการเจริญพันธุ์ หรือลักษณะที่เกี่ยวกับการให้ผลผลิตนมและส่วนประกอบที่สำคัญ เป็นต้น และคำตอบดังกล่าวจะเป็นประโยชน์ต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในประเทศ

จากที่กล่าวมาจะเห็นได้ว่าประเทศไทยมีศักยภาพพอที่จะนำใช้ประโยชน์ของเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ได้ อย่างไรก็ตามการใช้ประโยชน์ดังกล่าวจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องคำนึงความคุ้มค่าทางเศรษฐกิจด้วย ดังนั้นจากสถานการณ์ปัจจุบันของประเทศที่ราคาผลิตภัณฑ์จากสัตว์ยังคงไม่มีความแน่นอน ผู้บริโภคกลุ่มใหญ่ยังไม่ให้ความสนใจกับคุณภาพของผลิตภัณฑ์สัตว์มากพอ ดังนั้นการใช้ประโยชน์จากเครื่องหมายทางพันธุศาสตร์จึงอาจถูกจำกัดอยู่กับสัตว์บางชนิด และบางลักษณะเท่านั้น

๖.๗ การใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อการเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมของสัตว์

การเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมสัตว์เพื่อให้สัตว์สามารถแสดงลักษณะอันพึงประสงค์นั้น จำเป็นต้องพิจารณาต่อด้วยว่า การเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมดังกล่าวนั้นสามารถถ่ายทอดไปสู่ generation ถัดไปด้วยหรือไม่ ปัจจุบัน มีการศึกษาวิจัยเพื่อเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมในสัตว์เศรษฐกิจเป็นจำนวนมาก แต่มีข้อจำกัดประเด็นสำคัญคือ การเปลี่ยนแปลงนั้นยังไม่สามารถถ่ายทอดสู่รุ่นถัดไปได้อย่างสมบูรณ์

เทคนิคหลักที่ใช้เพื่อการเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมสัตว์ คือ เทคนิคที่เรียกว่า การย้ายยีน transgene หรือ gene transfer โดยสัตว์ที่ผ่านขั้นตอนดังกล่าวนี้ เราเรียกว่า transgenic animal

การย้ายยีน (transgene, gene transfer) คือการนำยีนที่ควบคุมการแสดงออกของลักษณะที่สนใจจากสิ่งมีชีวิตชนิดหนึ่งเข้ามาเป็นส่วนหนึ่งของพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตอีกชนิดหนึ่ง โดยคาดหวังว่าสิ่งมีชีวิตนี้จะสามารถแสดงลักษณะที่สนใจออกมาได้

ตัวอย่างงานวิจัยที่ใช้เทคนิคดังกล่าวเพื่อเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมของสัตว์ให้แสดงลักษณะที่พึงประสงค์ ได้แก่

Enviropig เป็นสุกรที่สามารถผลิต enzyme phytase เป็น enzyme ที่สามารถย่อย phytate ซึ่งเป็น phosphorus ที่สัตว์กระเพาะเดี่ยวไม่สามารถใช้ประโยชน์ (http://en.wikipedia.org/wiki/Enviropig, 2011) สัตว์กระเพาะเดี่ยวจะไม่สามารถใช้ประโยชน์จาก phytate ซึ่งเป็นองค์ประกอบหนึ่งในธัญพืชอันเป็นแหล่งวัตถุดิบสำคัญของอาหารสัตว์กระเพาะเดี่ยว เนื่องจากสัตว์เหล่านี้ไม่สามารถผลิตน้ำย่อยเพื่อย่อย phytateได้ ดังนั้นในมูลของสัตว์กระเพาะเดี่ยว โดยเฉพาะในสุกรจะมี phosphorus ซึ่งเป็นองค์ประกอบหลักของ phytate อยู่เป็นจำนวนมาก โดย phosphorus เหล่านี้เป็นมูลเหตุสำคัญของมลภาวะทั้งในดิน และน้ำ และเป็นสาเหตุหนึ่งของการลดจำนวนลงของสัตว์น้ำ ด้วยเหตุผลดังกล่าวกลุ่มนักวิจัยจากมหาวิทยาลัย Guelph ได้ร่วมวิจัยและพัฒนา Enviropigโดยการ insert gene ที่ควบคุมการผลิตเอ็นไซม์ phytase เข้าสู่พันธุกรรมของสุกร ดังนั้นสุกรที่เป็น enviropig จะสามารถผลิต เอ็นไซม์ดังกล่าวและหลั่งออกมาผสมกับน้ำลายและสามารถย่อย phytateได้ สามารถค้นหารายละเอียดเพิ่มเติมได้ที่ www.Enviropig.com (2011)

โคนมที่สามารถต้านทานโรคเต้านมอักเสบ การสูญเสียเนื่องจากโรคเต้านมอักเสบในแต่ละปีสูงมาก ทั้งในด้านค่าใช้จ่ายในการรักษา และในด้านการสูญเสียเนื่องจากโคไม่สามารถให้ผลผลิตได้ นอกจากนี้การรักษาที่ต้องใช้ยาปฏิชีวนะยังมีผลตกค้างในน้ำนม และอาจมีผลทำให้เชื้อดื้อต่อยาได้ นักวิจัยจากสหรัฐอเมริกา ได้ทำการวิจัย ด้วยการ insert gene ของจุลินทรีย์ ที่เป็น encodeโปรตีน lysostaphinโปรตีนตัวนี้จะสามารถทำลายเชื้อ *Staphylococcus Aureus* อันเป็นสาเหตุของการเป็นโรคเต้านมอักเสบ จากการวิจัยพบว่าโคที่เป็น transgenic cattle สามารถที่จะต้านทานการเกิดโรคเต้านมอักเสบได้อย่างสมบูรณ์ อย่างไรก็ตามขณะนี้ยังอยู่ในขั้นตอนของการศึกษาวิจัยซึ่งมีความเป็นไปได้ที่จะพัฒนาไปสู่การผลิตในภาคอุตสาหกรรม (http://www.sciencedaily.com/releases/2005/04/050421234556.htm, 2011)

๖.๘ การใช้เทคโนโลยีชีวภาพเพื่อช่วยกระจายพันธุกรรม

หลังจากที่ผ่านการปรับปรุงพันธุกรรมจนได้สัตว์ที่มีพันธุกรรมที่ดีแล้ว อาจมีความจำเป็นที่จะต้องกระจายพันธุกรรมที่ดีนั้นสู่ประชากร การกระจายพันธุกรรมสู่ประชากรถ้าสามารถทำได้ในระยะเวลาอันสั้น ก็จะเป็นการประหยัดงบประมาณ และเพิ่มรายได้เนื่องจากความสามารถในการให้ผลผลิตที่ดีได้เร็วขึ้น

การผสมเทียม(Artificial insemination) เป็นเทคโนโลยีชีวภาพที่เป็นที่รู้จักอย่างแพร่หลาย ซึ่งเป็นวิธีการในการกระจายพันธุกรรมของสัตว์เพศผู้ที่ผ่านการทดสอบพันธุกรรมอย่างดีโดยนำน้ำเชื้ออสุจิจากสัตว์ตัวผู้ที่เป็นพ่อพันธุ์ไปผสมกับไข่ของสัตว์ตัวเมียซึ่งเทคนิคนี้พ่อพันธุ์ 1 ตัวสามารถผสมกับแม่พันธุ์ได้ครั้งละหลายตัว เมื่อผสานกับเทคโนโลยีที่พัฒนาขึ้นเพื่อการเก็บรักษาอสุจิให้สามารถเก็บได้ยาวนานขึ้น ยิ่งเพิ่มประสิทธิภาพในการกระจายพันธุกรรมของสัตว์เพศผู้ให้มีมากขึ้นและในระยะเวลาที่นานขึ้น แม้ว่าสัตว์ตัวผู้จะตายไปแล้ว ก็ยังสามารถกระจายพันธุกรรมของตนได้ นอกจากนี้ การผสมเทียมยังตัดข้อจำกัดในเรื่องระยะทางและสถานที่ของพ่อ แม่พันธุ์ที่อาจอยู่ห่างไกลกัน เนื่องจากสามารถขนส่งน้ำเชื้อในลักษณะของน้ำเชื้อแช่แข็งเพื่อใช้ในการผสมกับแม่พันธุ์ในสถานที่ใดๆ

การย้ายฝากตัวอ่อน(Embryo Transfer; ET) เทคโนโลยีนี้เป็นการกระจายพันธุกรรมที่ดีทั้งของพ่อ และแม่พันธุ์ โดยมีหลักการคือ การนำตัวอ่อนที่ได้จากการปฏิสนธิระหว่าง พ่อ และ แม่พันธุ์ที่ผ่านการทดสอบพันธุกรรมมาเป็นอย่างดีแล้ว ออกจากตัวแม่พันธุ์และนำตัวอ่อนเหล่านั้นไปถ่ายฝากให้แก่แม่ตัวรับ เพื่อให้แม่ตัวรับนี้ทำหน้าที่ในการตั้งท้อง และคลอดลูก โดยทั่วไป การทำ ET มักทำร่วมกับ การกระตุ้นให้แม่โคพันธุ์ดีมีการตกไข่ครั้งละหลายใบ ที่เรียกว่าการทำ Multiple ovulation ซึ่งสามารถเรียกรวมกันได้ว่า การทำ multiple ovulation embryo transfer หรือ MOET ซึ่งเป็นการเพิ่มประสิทธิภาพการใช้ประโยชน์จากแม่พันธุ์ดีโดยเฉพาะอย่างยิ่งในโคนม กล่าวคือ โดยปกติโคนมจะมีการตกไข่ครั้งละ 1 ใบ ดังนั้นในรอบ 1 ปี แม่โคจะสามารถผลิตลูกได้เพียง 1 ตัว แต่การทำ MOET แม่โคพันธุ์ดี 1 ตัวอาจสามารถผลิตลูกได้สูง 3 – 4 ตัวต่อปี หรือมากกว่า เนื่องจากจำนวนไข่ที่ตกต่อครั้งมากกว่า 1 ใบ และสามารถทำได้มากกว่า 1 ครั้งต่อปี เนื่องจาก แม่โคไม่ต้องตั้งท้องเอง

นอกจากนี้ในปัจจุบันมีการศึกษาวิจัยเกี่ยวกับการทำ embryo splitting ซึ่งเป็นเทคนิคการตัดแบ่งตัวอ่อน โดยผลที่ได้จะเหมือนกับการเกิด identical twin การทำ embryo splitting ในเชิงของการกระจายพันธุกรรมนั้น เพื่อให้ได้ลูกสัตว์พันธุ์ดี ที่เกิดจาก พ่อ และ แม่พันธุ์ดี ในจำนวนที่มากขึ้นด้วยระยะเวลาเท่าเดิม

การโคลนนิ่ง (Cloning) เป็นเทคนิคการเพิ่มสิ่งมีชีวิตที่มีพันธุกรรมเหมือนกับสิ่งมีชีวิตตั้งตนทุกประการ จากเซลล์ร่างกาย โดยไม่ต้องอาศัยการผสมพันธุ์ ในแง่ของการกระจายพันธุกรรมของสัตว์พันธุ์ดีนั้น เมื่อสัตว์ผ่านการทดสอบพันธุกรรมแล้วต้องการกระจายพันธุกรรมของสัตว์ออกสู่ประชากรในวงกว้าง การโคลนนิ่ง จะสามารถทำให้ได้สัตว์ตัวใหม่ที่มีพันธุกรรมที่ดีเหมือนสัตว์ตัวนี้ทุกประการ อย่างไรก็ตาม ในการปรับปรุงพันธุ์เราไม่นิยมใช้เทคนิคนี้เพื่อการกระจายพันธุกรรมของสัตว์ เนื่องจาก สิ่งหนึ่งที่เป็น

ปัจจัยสำคัญมากต่อการพัฒนาพันธุ์สัตว์ให้เดินหน้าอย่างไม่หยุดชะงัก คือความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic diversity) ที่จะต้องคงอยู่ และโดยความเป็นจริงแล้ว ไม่มีรูปแบบพันธุกรรมใดที่จะมีความสมบูรณ์แบบตลอดไป แต่อาจมีความสมบูรณ์ในช่วงเวลาใดเวลาหนึ่งเท่านั้น

สรุป

จะเห็นได้ว่าปัจจุบันนี้เทคโนโลยีชีวภาพได้พัฒนาไปอย่างรวดเร็ว การนำเอาเทคโนโลยีดังกล่าวมาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์นั้น นับว่าเป็นประโยชน์อย่างยิ่ง อย่างไรก็ตาม สำหรับการปรับปรุงพันธุ์นั้น เทคโนโลยีชีวภาพ เป็นเพียงเครื่องมือหนึ่งที่สามารถทำให้การปรับปรุงพันธุ์เป็นไปได้อย่างรวดเร็วขึ้น แต่ที่สำคัญคือมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่ผู้ใช้จะต้องมีความเข้าใจในสาระสำคัญของการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ และโครงสร้าง รวมถึงความเกี่ยวโยงกันของระบบพันธุกรรมของสัตว์ และตระหนักว่า การได้ลักษณะที่ดีขึ้น ลักษณะใดลักษณะหนึ่งย่อมมีบางลักษณะที่เสียไปเสมอ **สิ่งที่สำคัญมากคือ เราต้องรู้ว่าเราจะเสียอะไรไป เพื่อให้ได้อะไรมา คุ้มกันหรือไม่** ถ้านักปรับปรุงพันธุ์ตระหนักถึงสิ่งเหล่านี้แล้ว การใช้เครื่องมือใดๆ เพื่อการปรับปรุงพันธุ์จะใช้ด้วยความระมัดระวังและรู้เท่าทัน และอีกประเด็นหนึ่งที่ควรต้องตระหนักสำหรับการปรับปรุงพันธุ์คือ เราจำเป็นที่จะต้องดำรงไว้ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรม เพื่อความคงอยู่ที่ยั่งยืนของระบบการผลิตสัตว์

เอกสารอ้างอิง

บดินทร์ วงศ์พรหม, วาณี ชัยวัฒนสิน, **อมรรัตน์ โมพี.** 2553. การศึกษา single nucleotide polymorphism ของยีนไทโรโกบูลินในโคเนื้อลูกผสม. ประชุมวิชาการเกษตร ครั้งที่ 11 คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

อมรรัตน์ โมพี, และ มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548. ผลตอบสนองการคัดเลือกเมื่อใช้โมเดลที่มีอิทธิพลของยีนหลักโดยการจำลองข้อมูลในโคนม. งานประชุมสัมมนา วิชาการสัตวศาสตร์ ครั้งที่ 1. คณะเกษตรศาสตร์, มหาวิทยาลัยขอนแก่น

Andersson-Eklund L., C.S. Haley, H. Ellegren, S.A. Knott, M. Johansson, K. Andersson, L I. Edfors-Lija, M.Fredholm, I. Hansson, J. Hakansson and K.Lundstrom . 1994. Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. Science.263:1771-1774.

Beever J.E., P.D. George, R.L. Fernando, C.J. Stormont and H.A. Lewin. 1989. Associations between genetic markers and growth and carcass traits in a paternal half-sib family of Angus cattle. J.Anim.Sci. 68:337 – 344.

Beuzen N.D., M.J. Stear and K.C. Chang. 2000. Molecular markers and their use in animal breeding. The veterinary J. 160:42 -52.

Buitenhuis A. J., M. S. Lund, J. R. Thomasen, B. Thomsen, V. Hunnicke Nielsen, C. Bendixen, and B. Guldbrandtsen. 2007. Detection of quantitative trait loci affecting lameness and leg conformation traits in Danish Holstein cattle. J. Dairy Sci. 90:472–481.

Cavanagh J.A.L., I. Tammen, P.A. Windor, F.W. Nicholas and H.W. Raadsma. 2002. Identification of the gene causing chondrodysplasia in dexter cattle. 7th world congress on genetics applied to livestock production, August 19-24, 2002, Montpellier, France.

Daniel L. H., G.C. Andrew.1989.Principles of population genetics2nd. SinauerAssociates.USA.

Druet, T., S. Fritz, D. Boichard, and J. J. Colleau. 2006. Estimation of Genetic Parameters for Quantitative trait loci for dairy traits in the French Holstein population. J. Dairy Sci. 89:4070–4076

Ge W., M.E. Davis, H.C. Hines, K.M. Irvin and R.C.M. Simmen. 2002. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle. J.Anim.Sci.81:641-648.

Gelhaus A., L.Schnittger, D.Mehlitz, R.D.Horstmann and C.G.Meyer.1995. Sequence and PCRRFLP analysis of 14 novel BoLA-DRB3 alleles. Animal Genetics.26:147-153.

Janss L.L.G. and N.M. Bolder. 2000. Heritabilities of and genetic relationships between salmonella resistance traits in broilers. J.Anim.Sci. 78:2287-2291.

Kirkpatrick B.W. 2002. QTL and candidate gene effects on reproduction in livestock: progress and prospects. 7th world congress on genetics applied to livestock production, August 19-24, 2002, Montpellier, France

Kinghorn, B., J. Van der Werf, and M. Ryan. 1992. Genetic maps and detection of major genes: Animal breeding use of new technology. Twynam Inc., Amidale.

Ledwidge S.A., B.A. Mallard, J.P. Gibson, G.B. Jansen and Z.H. Jiang. 2001. Multi-primer target PCR for rapid identification of bovine *DRB3* alleles. Animal Genetics.32:219-221.

Leeds T.D., K.M. Irvin and S.J. Moeller. 2002. The association between the estrogen receptor locus and growth , carcass and developmental traits in pigs. 7th world congress on genetics applied to livestock production, August 19-24, 2002, Montpellier, France.

McCarthy J.J. and R. Hilfiker. 2000. The use of single- nucleotide polymorphism maps in pharmacogenomics. Nature biotechnology.18:505-508.

Molee A.,L.Boonek, and N. Rungsakinnin.2011a. The effect of beta and kappa casein genes on milk yield and milk composition in different percentages of Holstein in crossbred dairy cattle. Anim. Sci. J.82: 512–516.

Molee A., N. Duanghaklang, and P. Mernkrathoke.2011b. Interaction Effect of DGAT1 and Composite Genotype of Beta-Kappa Casein On Economic Milk Production Traits in Crossbred Holstein. World Academy of Science, Engineering and Technology. Paris, France.

Molee A, Duanghaklang N, Na-Lampang P. 2012. Effects of Acyl-CoA:diacylglycerol acyl transferase 1 (DGAT1) gene on milk production traits in crossbred Holstein dairy cattle. Trop. Anim. Health Prod. 44: 751-755.

Page B.T., E. Casas, M.P. Heaton, N.G. Cullen, D.L. Hyndman, C.A. Morris, A.M. Crawford, T.L.Wheeler, M. Koohmaraie, J.W. Keele and T.P.L. Smith. 2002. Evaluation of single nucleotide polymorphisms in *CAPN1* for association with meat tenderness in cattle. J. Anim. Sci. 80:3077-3085.

Sharif S., B.A. Mallard, B.N Wilkie, J.M. Sargeant, H.M. Scott, J.C.M. Dekkers and K.E. Leslie.1998. Associations of the bovine major histocompatibility complex DRB3 (BoLADRB3) alleles with occurrence of disease and milk somatic cell score in Canadian dairycattle. Anim. Genet. 29:185-193.

Simm, G. 1998. Genetic improvement of cattle and sheep. Farming press.UK.

Tanksley, S.D. 1993. Mapping polygenes.Annu. Rev. Genet. 27: 205-233.

Uemoto, Y., S. Sato, S. Odawara, H. Nokata, Y. Oyamada, Y. Taguchi, S. Yanai, O. Sasaki, H. Takahashi, K. Nirasawa, and E. Kobayashi. 2009. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting growth and carcass traits in F2 intercross chickens. Poult. Sci. 88:477–482.

Weller, J.I. 2001. Quantitative trait loci in animal. CABI Publish, USA.

http://en.wikipedia.org/wiki/Amplified_fragment_length_polymorphism (2011)

http://en.wikipedia.org/wiki/Restriction_fragment_length_polymorphism(2011)

http://en.wikipedia.org/wiki/Enviropig, มีนาคม, 2011

http://www.sciencedaily.com/releases/2005/04/050421234556.htm. 2011.Transgenic Cows Resist Mastitis-Causing Bacteria. ScienceDaily.April. 25, 2005.

ชื่อแฟ้ม:	biotech 3_3_2012
ไดเรกทอรี:	C:\Users\sony\Documents
แม่แบบ:	C:\Users\sony\AppData\Roaming\Microsoft\Templates\Normal.dotm
ชื่อเรื่อง:	
เรื่อง:	
ผู้สร้าง:	sony
คำสำคัญ:	
ข้อคิดเห็น:	
วันที่สร้าง:	03/03/55 8:58:00
จำนวนการเปลี่ยนแปลง:	5
บันทึกล่าสุดเมื่อ:	05/03/55 5:53:00
บันทึกล่าสุดโดย:	sony
เวลาในการแก้ไขทั้งหมด:	40 นาที
พิมพ์ครั้งสุดท้ายเมื่อ:	05/03/55 5:53:00
เป็นงานพิมพ์ที่เสร็จสิ้นชิ้นสุดท้าย	
จำนวนหน้า:	23
จำนวนคำ:	5,481 (ประมาณ)
จำนวนอักขระ:	31,245 (ประมาณ)