ความสัมพันธ์ของความแตกต่างทางพันธุกรรมของยีน Insulin-like growth factor II (*IGF-II*) ต่อลักษณะการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายในประชากรสุกรเชิงการค้าแห่งหนึ่ง

Association of the Insulin-like Growth Factor II Gene (*IGF-II*) with growth and body conformation traits in a commercial swine population

แพรว เที่ยงพิมล[1], ธนาทิพย์ สุวรรณโสภี[1], ศุภมิตร เมฆฉาย[2] และ ศกร คุณวุฒิฤทธิรณ[1*]

Praew Thengpimol[1], Thanathip Suwanasopee[1], Supamit Mekchay[2] and Skorn Koonawootrittriron[1*]

บทคัดย่อ: ข้อมูลการเจริญเติบโต ความยาวลำตัว (BL) ความกว้างไหล่ (SW) ความกว้างสะโพก (HW) ความลึกไขมันสันหลัง (BF) ความลึกเนื้อสัน (LD) และเปอร์เซ็นต์เนื้อแดง (PL) ของสุกรเพศเมียและเพศผู้ตอนพันธุ์เพียเทรน (P; 19 ตัว) ยอร์คเชีย (Y; 16 ตัว) ลูกผสมระหว่างเพียเทรนและยอร์คเชีย (YP; 17 ตัว) ลูกผสมระหว่างแลนด์เรซและเพียเทรน (LP; 18 ตัว) และลูกผสมระหว่างยอร์คเชียและแลนด์เรซ-เพียเทรน (YLP; 23 ตัว) ถูกพิจารณาร่วมกับลักษณะของจีโนไทป์ของยีน IGF-II (Insulin-like growth factor-II) ที่เป็นผลมาจากการตัดดีเอ็นเอ ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BcnI* (GG, GC และ CC) เพื่อศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของสุกรในระดับยีนที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตและการพัฒนาขนาดร่างกาย สุกรทั้งหมดเป็นสุกรปลอดยีนเครียด และได้รับการเลี้ยงดูภายใต้การจัดการสภาพแวดล้อมโรงเรือนระบบเปิด ในช่วงอายุ 84 ถึง 178 วัน หุ่นจำลองทางสถิติที่ใช้ในการศึกษาประกอบด้วยอิทธิพลร่วมระหว่างเพศและกลุ่มพันธุ์ อายุ และลักษณะจีโนไทป์เป็นปัจจัยกำหนด และมี residual เป็นปัจจัยสุ่ม ผลการศึกษาพบว่า ลักษณะจีโนไทป์ของสุกรมีอิทธิพลต่อ BL ($P < 0.01$) BF ($P < 0.05$) และ PL ($P < 0.05$) สุกรที่มีจีโนไทป์ GG มีค่าเฉลี่ยแบบลีสท์สแควร์ (LSM) สำหรับ BL (76.20 $\pm$ 1.37 ซม.) และ BF (12.25 $\pm$ 0.75 มม.; $P < 0.05$) สูงที่สุด ส่วนสุกรที่มีจีโนไทป์ GC นั้นมี LSM สำหรับ PL สูงที่สุด (60.13 $\pm$ 0.21%; $P < 0.05$) ความผันแปรของยีน *IGF-II* ตรงบริเวณ intron ที่ 7 เกิดจากการแทนที่เบส G ด้วยเบส C ที่ตำแหน่ง 162 ส่งผลให้สุกรมี BL และ BF ลดลง แต่มี PL เพิ่มขึ้น อิทธิพลแบบบวกสะสมของอัลลีล C ส่งผลให้ BL และ FAT2 ลดลง ($P < 0.05$) และอิทธิพลของการข่มกันของอัลลีลส่งผลต่อการเพิ่มขึ้นของ PL ($P < 0.05$) ในประชากรที่ศึกษา ดังนั้น ความผันแปรของยีน *IGF-II* ที่บริเวณดังกล่าว อาจนำมาใช้ในการจำแนกความแตกต่างระหว่างสุกรสำหรับการเจริญเติบโตและการพัฒนาขนาดร่างกายเพื่อใช้ประโยชน์ในการคัดเลือกพันธุ์สุกร

คำสำคัญ: สุกร, การเจริญเติบโต, ขนาดร่างกาย, เปอร์เซ็นต์เนื้อแดง, ความลึกไขมันสันหลัง, ยีน IGF-II

[1] ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900
Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Kasetsart University, Jatujak, Bangkok, 10900

[2] ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ เมือง เชียงใหม่ 50200
Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Chiang Mai University, Muang, Chiang Mai, 50200

* Corresponding author : agrskk@ku.ac.th

Abstract: Data on growth, body length (BL), shoulder width (SW), hip width (HW), backfat depth (BF), loin dept (LD), and percent lean (PL) of gilts and castrated males from Pietrain (P; 19 pigs), Yorkshire (Y; 16 pigs), crossbred between Y and P (YP; 17 pigs), crossbred between Landrace (L) and P (LP; 18 pigs), and crossbred between Y and LP (YLP; 23 pigs) were considered with genotype (GG, GC, and CC) of *IGF-II* (Insulin-like growth factor-II), which was from DNA restricted by a specific restriction endonuclease enzyme *BcnI*, in order to study the difference at gene level related to growth and body conformation. All pigs were negative halothane gene and they were raised under an open-house system from 84 to 178 days of age. The statistical model composed of interaction between sex and breed group, age, and genotype as fixed effects, and had residual as the random effect. The results revealed that *IGF-II* genotype had influenced on BL ($P < 0.01$), BF ($P < 0.05$), and PL ($P < 0.05$). Pigs with GG genotype had highest least square means (LSM) for BL (76.20 ± 1.37 cm; $P < 0.05$) and BF (12.25 ± 0.75 mm; $P < 0.05$). Pigs with GC genotype had highest LSM for PL ($60.13 \pm 0.21\%$; $P < 0.05$). Substitution G with C at position of 162 in intron 7 of the *IGF-II* resulted in reducing BL and BF, but increasing PL. Additive effect of allele C decreased BL and FAT2 ($P < 0.05$). Dominance effect was found in increasing PL ($P < 0.05$) of the studied population. Thus, variation of *IGF-II* gene at the position would be used to classify the difference in growth and body conformation among pigs in order to genetic selection.
Keywords: Growth, body conformation, percent lean, backfat depth, *IGF-II* gene

บทนำ

ปัจจุบันเกษตรกรผู้เลี้ยงสุกรในประเทศไทยมักประสบปัญหาการผลิตไม่คุ้มทุนซึ่งอาจเป็นผลจากต้นทุนการผลิตที่สูงขึ้น (ต้นทุนค่าอาหาร) ประสิทธิภาพการผลิตของสุกรที่ต่ำกว่าศักยภาพของตัวสัตว์ และความผันแปรของราคาขายเนื้อสุกรในท้องตลาด อีกทั้งเกษตรกรไม่สามารถกำหนดราคาขายได้เอง ดังนั้น การผลิตสุกรให้มีประสิทธิภาพการใช้อาหาร (Feed conversion ratio, FCR) ที่ดีและมีอัตราการเจริญเติบโตต่อตัวต่อวัน (Average daily gain, ADG) สูง รวมถึงการผลิตสุกรที่ให้คุณภาพซากตรงตามความต้องการของตลาดและผู้บริโภค จึงอาจเป็นแนวทางในการช่วยแก้ปัญหาการผลิตไม่คุ้มทุนได้ โดยสุกรที่มีคุณภาพซากที่ดีควรเป็นสุกรที่มีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงสูงและมีไขมันต่ำ ซึ่งเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงและปริมาณไขมันในเนื้อสุกรแต่ละตัวอาจมีความแตกต่างกันไปตามลักษณะการเจริญเติบโต การสะสมของกล้ามเนื้อ และขนาดร่างกายของสุกร ซึ่งอาจเป็นผลมาจากพันธุ์ น้ำหนักแรกคลอด (Johansen et al., 2003) เพศ อาหาร (Kyriazakis and Whittemore, 2006) สภาพแวดล้อม และการจัดการที่แตกต่างกัน (Johansen et al., 1993; Nezer et al., 1999; Stachowiak et al., 2005; Houston et al., 2006) ดังนั้น การศึกษาอิทธิพลของปัจจัยต่างๆ ที่มีผลต่อลักษณะการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกร ซึ่งเป็นลักษณะที่สำคัญต่อประสิทธิภาพในการผลิตสุกร (Casas-Carrillo et al., 1997; Solanes et al., 2004) จึงเป็นสิ่งที่เกษตรกรผู้ผลิตสุกรพ่อ-แม่พันธุ์ควรให้ความสำคัญ โดยเฉพาะการศึกษาอิทธิพลของพันธุกรรมในระดับยีนที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกร

ในปัจจุบันเทคโนโลยีทางด้านพันธุศาสตร์โมเลกุล (ได้แก่ Quantitative trait loci หรือ QTL และ Marker-assisted selection หรือ MAS) ถูกนำมาประยุกต์ใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ของยีนกับลักษณะที่แสดงออก เพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในการเพิ่มความแม่นยำ และลดระยะเวลาในการคัดเลือกพ่อ-แม่พันธุ์สุกรสำหรับการปรับปรุงพันธุ์เพื่อพัฒนาศักยภาพการผลิตของสุกรในรุ่นลูกต่อไป โดยยีนที่มีบทบาทต่อการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกร ได้แก่ Growth hormone (de Faria et al., 2006), Melanocortin-4 receptor (MC4R; Kim et al., 2000, Stachowiak et al., 2005), Pituitary-1 transcription factor (Pit-1; Yu et al., 1995; Stancekova et al., 1999), Insulin-like growth factor I (*IGFI*; Estany et al., 2007), Insulin-like growth factor II (*IGFII*; Nezer et al., 1999; Kolarikova et al., 2003; Braunschweig et al., 2004; Vykoukalova et al., 2006), Insulin-like growth factor binding protein-3 (*IGFBP-3*; de Wu et al., 2008) เป็นต้น ซึ่งยีน *IGF-II* มักถูกนำมาพิจารณาในการศึกษาสำหรับลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต

การสะสมกล้ามเนื้อ และความหนาไขมันสันหลังของสุกร (Jeon et al., 1999; Nezer et al., 1999; Liu, 2003; Van Laere et al., 2003) เนื่องจากยีน *IGF-II* มีบทบาทสำคัญต่อการเจริญเติบโตของสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม การแบ่งเซลล์ ความแตกต่างของตัวอ่อน และการเจริญพัฒนาของกล้ามเนื้อหลังคลอด ซึ่งเป็นยีนที่มีการแสดงออกแบบ paternal imprinting (Liu, 2003; Vykoukalova et al., 2006) โดยการกลายของยีน *IGF-II* ที่เกิดจากการแทนที่เบส G ด้วยเบส A ตรงตำแหน่งที่ 3072 ในบริเวณ Intron ที่ 3 ส่งผลต่อการเจริญเติบโต การสะสมกล้ามเนื้อ ความหนาไขมันสันหลัง และขนาดร่างกายของสุกร (Nezer et al., 1999; Estelle et al., 2005)

อย่างไรก็ตาม ในปัจจุบันการศึกษาถึงความสัมพันธ์ของยีนที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตและการพัฒนาขนาดร่างกายสุกรยังมีจำนวนจำกัด โดยเฉพาะอย่างยิ่งการศึกษาในประชากรสุกรที่ปลอดยีนเครียดและถูกเลี้ยงดูในโรงเรือนแบบเปิดภายใต้การจัดการในสภาพภูมิอากาศแบบร้อนชื้น ด้วยเหตุนี้ งานวิจัยในครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของสุกรในระดับยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกรที่ถูกเลี้ยงดูในระบบโรงเรือนเปิดภายใต้สภาพภูมิอากาศแบบร้อนชื้นในประเทศไทย

วิธีการศึกษา

สุกรที่ใช้ศึกษาเป็นสุกรที่เลี้ยงดูในระบบการผลิตสุกรพันธุ์เชิงการค้าของบริษัทเอกชนแห่งหนึ่ง จำนวนทั้งสิ้น 93 ตัว ประกอบด้วย 1) สุกรพันธุ์แท้ ได้แก่ สุกรพันธุ์เพียเทรน (Pietrain; P) จำนวน 19 ตัว (เพศผู้ตอน 11 ตัว และเพศเมีย 8 ตัว) และสุกรพันธุ์ยอร์คเชีย (Yorkshire; Y) จำนวน 16 ตัว (เพศผู้ตอน 8 ตัว และเพศเมีย 8 ตัว) 2) สุกรลูกผสมสองสาย ได้แก่ สุกรลูกผสมยอร์คเชีย x เพียเทรน (YP) จำนวน 17 ตัว (เพศผู้ตอน 8 ตัว และเพศเมีย 9 ตัว) และสุกรลูกผสมระหว่างสุกรพันธุ์แลนด์เรซ (Landrace; L) x เพียเทรน (LP) จำนวน 18 ตัว (เพศผู้ตอน 9 ตัว และเพศเมีย 9 ตัว) และ 3) สุกรลูกผสมข้ามสามสายระหว่างพันธุ์ยอร์คเชียและแลนด์เรซ x เพียเทรน (YLP) จำนวน 23 ตัว (เพศผู้ตอน 11 ตัว และเพศเมีย 12 ตัว) โดยสุกรทั้ง 93 ตัว ที่นำมาใช้เป็นส่วนหนึ่งของประชากรสุกรเชิงการค้าที่มีระบบการตรวจสอบยีนเครียด (halothane gene) ภายในประชากร และทำการคัดเลือกสุกรพ่อแม่พันธุ์ที่ปลอดยีนดังกล่าวอย่างต่อเนื่อง สุกรทุกตัวถูกเลี้ยงดูในระบบโรงเรือนเปิด ได้รับอาหารและการจัดการเดียวกันตลอดการศึกษาวิจัย

ข้อมูลการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกรถูกจดบันทึก 4 ครั้งเมื่อสุกรมีอายุเท่ากับ 84, 118, 144 และ 178 วัน ซึ่งข้อมูลที่จดบันทึกประกอบด้วย น้ำหนักตัวสุกร (Weight; WT) ความยาวลำตัว (Body length; BL) ความกว้างไหล่ (Shoulder width; SW) ความสูงไหล่ (Shoulder height; SH) ความกว้างสะโพก (Hip width; HW) และความสูงสะโพก (Hip height; HH) โดยใช้วิธีเดียวกับสมบัติ และคณะ (2548) และจดบันทึกข้อมูลความลึกไขมันสันหลังที่ตำแหน่งที่ 1 (FAT1) ความลึกไขมันสันหลังที่ตำแหน่งที่ 2 (FAT2) ความลึกเนื้อสัน (Loin depth; LD) และเปอร์เซ็นต์เนื้อแดง (Lean percentage; LP) โดยใช้เครื่องมือ Piglog 105® (SFK Technology A/S, Denmark) และค่าความลึกไขมันสันหลัง (BF) คำนวณได้จากค่าเฉลี่ยระหว่าง FAT1 และ FAT2 ส่วนการเก็บตัวอย่างเลือดจากสุกร จัดเก็บปริมาตร 5 มิลลิลิตรโดยเจ้าหน้าที่ที่มีความชำนาญ เพื่อนำมาสกัดดีเอ็นเอ โดยใช้ชุดสกัด Master Pure™ DNA Purification Kit (Epicentre®, USA) ซึ่งมีขั้นตอนการสกัดตามที่ปรากฏในเอกสารของบริษัท โดยเติม TE Buffer ปริมาตร 35 ไมโครลิตร เพื่อละลายตะกอนดีเอ็นเอในขั้นตอนสุดท้าย จากนั้นเก็บตัวอย่างดีเอ็นเอที่สกัดได้ไว้ที่อุณหภูมิ -20 °ซ เพื่อใช้สำหรับการศึกษาในขั้นตอนต่อไป

การวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมและ Genotype

ดีเอ็นเอที่สกัดถูกนำมาศึกษาความสัมพันธ์ของการเจริญเติบโตและการสะสมกล้ามเนื้อที่เกี่ยวข้อง

กับยีน *IGF-II* โดยเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนของยีน *IGF-II* ที่บริเวณ Intron ที่ 7 ด้วยวิธี Polymerase chain reaction (PCR) โดยใช้ primer ที่มีลำดับเบสดังนี้ Forward primer 5'-CACAGCAGGTGCTCCATCGG-3' และ Reverse primer 5'-GACAGGCTGTCATCCTGTGGG-3' (Vykoukalova et al., 2006) ส่วนประกอบของการทำ PCR ในแต่ละ reaction ประกอบด้วย 10xbuffer ปริมาตร 2.0 ไมโครลิตร, 0.2 μM primers (forward และ reverse) อย่างละ 0.4 ไมโครลิตร, 200 μM dNTPs ปริมาตร 0.5 ไมโครลิตร, 1.5 mM $Mgcl_2$ ปริมาตร 1.2 ไมโครลิตร, dH_2O ปริมาตร 14.4 ไมโครลิตร, *Tag* polymerase (Fermentus) ปริมาตร 0.1 ไมโครลิตร และตัวอย่างดีเอ็นเอ 1 ไมโครลิตร และซึ่งมีวงรอบในการทำ PCR เริ่มที่ขั้นตอน initial denaturation ที่อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 3 นาที แล้ว denaturation ที่อุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 วินาที primer annealing ที่อุณหภูมิ 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที และ extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที จำนวนทั้งสิ้น 35 รอบ จากนั้นสิ้นสุดที่ final extension ที่อุณหภูมิ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที ซึ่งผลผลิตของปฏิกิริยา PCR (PCR product) ที่ได้มีความยาว 336 คู่เบส จากนั้น PCR product จะถูกนำไปตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BcnI* ซึ่งมีส่วนประกอบสำหรับ 1 reaction คือ 10X buffer Tango (Fermentus) ปริมาตร 0.5 ไมโครลิตร เอนไซม์ *BcnI* ปริมาตร 0.1 ไมโครลิตร dH_2O ปริมาตร 1.9 ไมโครลิตร และ PCR product ปริมาตร 2.5 ไมโครลิตร นำไปไว้ที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 ชั่วโมง จากนั้นนำไปแยกขนาดของชิ้นส่วนดีเอ็นเอ (fragments) ด้วยกระแสไฟฟ้า Gel Electrophoresis โดยใช้ 6% Polyacrylamide gel และกระแสไฟฟ้า 120 โวลต์ เป็นเวลา 30 นาที

หลังจากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BcnI* จะสามารถจำแนกจีโนไทป์ได้ 3 แบบ คือ GG, GC และ CC โดยจีโนไทป์แบบ GG จะได้แถบดีเอ็นเอ (fragment) ที่มีความยาว 308 และ 28 คู่เบส ในขณะที่จีโนไทป์แบบ GC จะได้ fragment ที่มีความยาวต่างกัน 4 ขนาดด้วยกัน คือ 308, 208, 100 และ 28 คู่เบส และจีโนไทป์แบบ CC จะได้ fragment ที่มีความยาว 208, 100 และ 28 คู่เบส แต่ fragment ที่มีความยาว 28 คู่เบส จะไม่ปรากฏให้เห็นในภาพเจลที่ได้จากการแยกชิ้นส่วนดีเอ็นเอด้วยกระแสไฟฟ้า เนื่องจากเป็นชิ้นส่วนที่มีขนาดเล็กจึงเคลื่อนที่ผ่านเจลได้อย่างรวดเร็ว ดังนั้น fragment ที่จะปรากฏให้เห็นเพื่อใช้ในการจำแนกจีโนไทป์จึงมีเพียง fragment ที่มีความยาว 308, 208 และ 100 คู่เบส เท่านั้น

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

ข้อมูลการแสดงออกสำหรับการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกร และข้อมูลความแตกต่างทางพันธุกรรมที่วิเคราะห์รูปแบบจีโนไทป์ ถูกนำมาทดสอบอิทธิพลของปัจจัย ได้แก่ กลุ่มพันธุ์ (จำแนกเป็น 5 กลุ่ม คือ สุกร P, Y, LP, YP, YLP) เพศ (จำแนกเป็น 2 กลุ่ม คือ เพศผู้ตอน และ เพศเมีย) อายุขณะเก็บข้อมูล [จำแนกเป็น 4 กลุ่ม คือ อายุ 84 วัน (Period ที่ 1) 118 วัน (Period ที่ 2) 144 วัน (Period ที่ 3) และ 178 วัน (Period ที่ 4)] และรูปแบบของ genotype (จำแนกเป็น 3 รูปแบบ คือ GG, GC และ CC) โดยข้อมูลทั้งหมดถูกนำมาตรวจสอบความถูกต้อง จากนั้นข้อมูลจะถูกนำมาทดสอบความมีนัยสำคัญของปัจจัยต่างๆ โดยใช้หุ่นจำลองทางสถิติดังนี้

$$Y_{ijkl} = \mu + (\text{breed group x sex})_i + \text{Period}_j + \text{Genotype}_k + e_{ijkl}$$

โดยที่

Y_{ijkl} = ค่าสังเกตของลักษณะที่ศึกษา ได้แก่ น้ำหนักร่างกาย ความยาวลำตัว ความกว้างไหล่ ความกว้างสะโพก ความลึกไขมันสันหลัง ความลึกเนื้อสัน เปอร์เซ็นต์เนื้อแดง และการเจริญเติบโตต่อตัวต่อวัน จากแม่สุกร i ซึ่งมีรูปแบบจีโนไทป์ k มีอายุขณะเก็บข้อมูล j, และอยู่ในกลุ่มพันธุ์และเพศ i,

μ = ค่าเฉลี่ยรวมของลักษณะที่ศึกษาในประชากร, $(breed\ group \times sex)_i$ = อิทธิพลร่วมระหว่างกลุ่มพันธุ์และเพศที่ i,

$Period_j$ = อิทธิพลของอายุขณะเก็บข้อมูล j (j = 1, 2, 3, 4),

$Genotype_k$ = อิทธิพลของจีโนไทป์ของแม่สุกร k (k = GG, GC และ CC)

e_{ijk} = ความคลาดเคลื่อนอันเนื่องมาจากปัจจัยอื่นๆ ที่ไม่ได้พิจารณา $[e_{ijk} \sim NID(0, \sigma^2_e)]$

ปัจจัยแต่ละปัจจัยที่ปรากฏในหุ่นจำลองทางสถิติถูกทดสอบความมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับ α = 0.05 ค่าเฉลี่ยแบบลีสแควร์ของปัจจัยถูกคำนวณค่าและนำมาพิจารณาเปรียบเทียบด้วยวิธี t-test และการประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (ความแตกต่างของค่าเฉลี่ยระหว่างจีโนไทป์แบบ homozygous; $^1/_2$[CC - GG]) และการข่มของอัลลีล (ส่วนเบี่ยงเบนของจีโนไทป์แบบ GC จากค่าเฉลี่ยของจีโนไทป์แบบ homozygous; GC - $^1/_2$[CC + GG]; Falconer and Mackay, 1996) โดยใช้ชุดคำสั่ง PROC GLM ในโปรแกรมสำเร็จรูป SAS (SAS, 2003)

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ผลการทดสอบปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อความแตกต่างของลักษณะการเจริญเติบโต (น้ำหนักร่างกาย และการเจริญเติบโตเฉลี่ยต่อวัน) และลักษณะขนาดร่างกาย (ความยาวลำตัว ความกว้างไหล่ ความกว้างสะโพก ความลึกไขมันสันหลัง ความลึกเนื้อสัน และเปอร์เซ็นต์เนื้อแดง) พบว่า อิทธิพลร่วมระหว่างกลุ่มพันธุ์และเพศ อายุขณะเก็บข้อมูล และรูปแบบจีโนไทป์ของสุกรมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะที่ศึกษาแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (**Table 1**) โดยอิทธิพลร่วมระหว่างกลุ่มพันธุ์และเพศมีอิทธิพลต่อความแตกต่างในทุกลักษณะที่ศึกษา ($P < 0.01$) ยกเว้นลักษณะ ADG และ LD ($P > 0.05$) ในขณะที่อายุขณะเก็บข้อมูลของสุกรมีอิทธิพลต่อลักษณะที่ศึกษาในทุกลักษณะ ($P < 0.01$) แต่รูปแบบจีโนไทป์ของสุกรที่ได้จากการตัดชิ้นส่วนดีเอ็นเอของยีน *IGF-II* บริเวณตำแหน่งที่ 162 ของ Intron ที่ 7 ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BcnI* นั้นมีอิทธิพลต่อลักษณะ BL, FAT2, BF และ PL เท่านั้น ($P < 0.05$) ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Vykoukalova et al. (2006) ในประชากรสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ที่พบว่ารูปแบบจีโนไทป์ของยีน *IGF-II* ที่ตำแหน่งเดียวกันนี้มีอิทธิพลต่อความลึกไขมันสันหลังและเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงของสุกร ($P < 0.05$)

Table 1 P-value for factors affecting growth and body conformation traits.

Trait	Breed group x sex	Period	Genotype
Weight 0.0001	0.0001	0.1467	
Average daily gain	0.3023	0.0001	0.6386
Body length 0.0001	0.0001	0.0388	
Shoulder width	0.0001	0.0001	0.4121
Hip width 0.0001	0.0001	0.3416	
Backfat depth at position 1	0.0001	0.0001	0.1444
Backfat depth at position 2	0.0004	0.0001	0.0041
Backfat depth 0.0001	0.0001	0.0169	
Loin depth 0.9858	0.0023	0.3959	
Percent lean 0.0001	0.0001	0.0315	

จากการวิเคราะห์ตัวอย่างดีเอ็นเอโดยการเพิ่มปริมาณยีน *IGF-II* ได้แถบดีเอ็นเอที่มีขนาด 336 คู่เบส และเมื่อตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BcnI* ทำให้ได้แถบดีเอ็นเอขนาดต่างๆ แตกต่างกันตามรูปแบบจีโนไทป์ (GG, GC และ CC) ของยีน *IGF-II* บริเวณตำแหน่งเบสที่ 162 ของ Intron ที่ 7 (Vykoukalova et al., 2006) โดยความแตกต่างทางพันธุกรรมที่พบบริเวณดังกล่าว หากเป็นเบส G จะแสดงผลหลังจากตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BcnI* ที่ประกอบด้วยแถบดีเอ็นเอ 2 แถบที่มีขนาด 308 และ 28 คู่เบส (อัลลีล G) และหากบริเวณดังกล่าวเกิดการแทนที่เบส G ด้วยเบส C จะได้แถบดีเอ็นเอ 3 แถบที่มีขนาด 208, 100 และ 28 คู่เบส (อัลลีล C) ภายหลังจากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *BcnI* ดังแสดงใน **Figure 1**

สำหรับประชากรสุกรที่ศึกษาพบว่า ความถี่จีโนไทป์แบบ GC มีค่าสูงที่สุด รองมาคือ CC และ GG ซึ่งมีค่าเท่ากับ 58.06, 38.71 และ 3.23% ตามลำดับ (**Table 2**) แต่เมื่อพิจารณาในแต่ละกลุ่มพันธุ์และเพศพบว่า ประชากรสุกรพันธุ์แท้และสุกรลูกผสมมีความถี่ของจีโนไทป์ที่แตกต่างกัน โดยสุกรพันธุ์แท้ (เพศผู้และเพศเมีย) มีความถี่จีโนไทป์แบบ CC สูงที่สุด ยกเว้นในสุกร Y เพศผู้ที่มีความถี่จีโนไทป์แบบ GC สูงที่สุด ในขณะที่สุกรลูกผสมข้ามสองสายและสุกรลูกผสมข้ามสามสายมีความถี่จีโนไทป์แบบ GC สูงที่สุด รองลงมาคือ CC และ GG ตามลำดับ

ในขณะที่ความถี่อัลลีลของประชากรสุกรทั้งพันธุ์แท้ (P และ Y) ลูกผสมข้ามสองสาย (LP และ YP) และลูกผสมข้ามสามสาย (YLP) มีสัดส่วนระหว่างอัลลีล G และ C ในทิศทางเดียวกัน คือ ในทุกกลุ่มพันธุ์และเพศมีค่าความถี่ของอัลลีล C สูงกว่าค่าความถี่ของอัลลีล G โดยในประชากรที่ศึกษามีค่าความถี่ของอัลลีล C เท่ากับ 67.74% และมีค่าความถี่อัลลีล G เท่ากับ 32.26% แสดงให้เห็นว่าการกลายของยีน *IGF-II* นั้นไม่ได้เกิดขึ้นอย่างสมบูรณ์ในประชากรที่ศึกษา ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Vykoukalova et al. (2006) ในประชากรสุกรพันธุ์แท้ Landrace, Large White และ Duroc ที่มีความถี่ของอัลลีล C สูงกว่าค่าความถี่ของอัลลีล G เช่นกัน อย่างไรก็ตาม ในการศึกษาเดียวกันนี้ยังพบว่าสุกรพันธุ์ Hamshire มีความถี่ของอัลลีล C เท่ากับ 1.00 ที่เป็นเช่นนี้อาจเนื่องมาจากความแตกต่างของพันธุ์ที่มีผลต่อการเกิดการกลายของยีน *IGF-II* ได้แตกต่างกัน

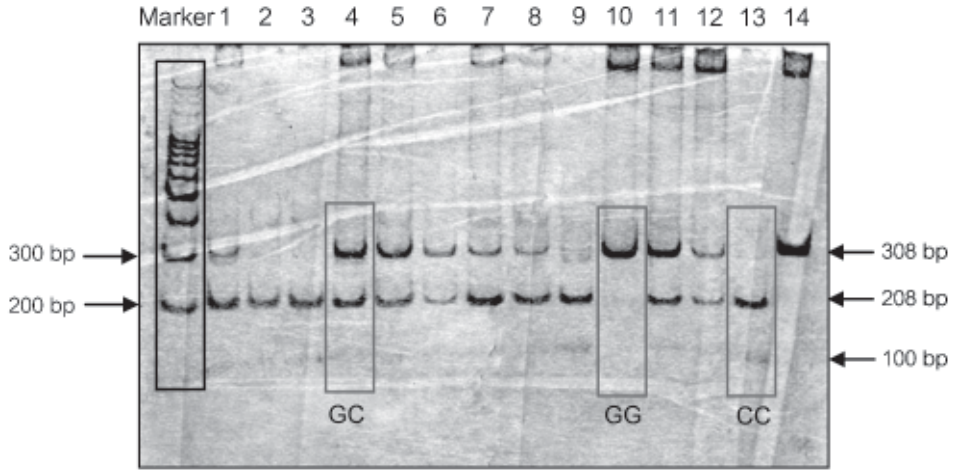

Figure 1 Polyacrylamide gel (6%) showing genotypes in *IGF-II* gene after digestion of the 336 bp fragment with *BcnI*. Lane 1, 4, 5, 6, 7, 8, 11 and 12 are heterozygous GC animals. Lane 2, 3, 9 and 13 are homozygous CC animals. Lane 10 is homozygous GG animal. Lane 14 is undigested PCR product.

Table 2 Genotypic and allelic frequencies at the BcnI restriction site of the swine IGF-II gene.

Breed	Sex	Number of animals	Genotype			Allele	
			GG	GC	CC	G	C
Pietrain	Castrated Male	11	0.00 (0)[1/]	36.36 (4)	63.64 (7)	18.18	81.82
	Female	8	0.00 (0)	12.50 (1)	87.50 (7)	6.25	93.75
Yorkshire	Castrated Male	8	0.00 (0)	75.00 (6)	25.00 (2)	37.50	62.50
	Female	8	0.00 (0)	37.50 (3)	62.50 (5)	18.75	81.25
Landrace x Pietrain	Castrated Male	9	11.11 (1)	44.44 (4)	44.44 (4)	33.33	66.67
	Female	9	0.00 (0)	88.89 (8)	11.11 (1)	44.44	55.56
Yorkshire x Pietrain	Castrated Male	8	12.50 (1)	62.50 (5)	25.00 (2)	43.75	56.25
	Female	9	11.11 (1)	66.67 (6)	22.22 (2)	44.44	55.56
Yorkshire x (Landrace x Pietrain)	Castrated Male	11	0.00 (0)	81.82 (9)	18.18 (2)	40.91	59.09
	Female	12	0.00 (0)	66.67 (8)	33.33 (4)	33.33	66.67
Overall		93	3.23 (3)	58.06 (54)	38.71 (36)	32.26	67.74

[1/] Number in the parenthesis is number of animals of the particular genotype.

ค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ BL, FAT2, BF และ PL ของประชากรสุกรที่ศึกษามีค่าแตกต่างกัน ($P < 0.05$) ในแต่ละรูปแบบของจีโนไทป์อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (**Table 3**) โดยสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GG มีค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ BL, FAT2 และ BF สูงที่สุด คือมีค่าเท่ากับ 76.20 เซนติเมตร 12.20 มิลลิเมตร และ 12.25 มิลลิเมตร ตามลำดับ แต่ค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ PL มีค่าสูงที่สุดในจีโนไทป์แบบ GC ซึ่งมีค่าเท่ากับ 60.13 เปอร์เซ็นต์ แสดงให้เห็นว่าการกลายที่เกิดจากการแทนที่เบส G ด้วย เบส C ในตำแหน่งที่ 162 ตรงบริเวณ Intron ที่ 7 ของยีน *IGF-II* ส่งผลให้สุกรมีความยาวลำตัวและความหนาไขมันสันหลังลดลง แต่มีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงเพิ่มขึ้น (**Figure 2**) ซึ่งอาจเป็นผลจากความสัมพันธ์ของอัลลีล C ในตำแหน่งดังกล่าวกับอัลลีล A ตรงตำแหน่งที่ 3072 ในบริเวณ Intron ที่ 3 (Vykoukalova et al., 2006) ที่มีผลต่อการเจริญเติบโต การสะสมกล้ามเนื้อ ความหนาไขมันสันหลัง และขนาดร่างกายของสุกร (Nezer et al., 1999; Braunschweig et al., 2004; Estelle et al., 2005) โดยการกลายที่ตำแหน่งต่างๆ ภายในยีน *IGF-II* อาจทำให้การแสดงออกของยีนเปลี่ยนแปลงไป ซึ่งส่งผลต่อการแสดงออกสำหรับลักษณะดังกล่าว

Table 3 Least square means and standard errors for weight (WT), average daily gain (ADG), body length (BL), shoulder width (SW), hip width (HW), backfat depth at position 1 (FAT1), backfat depth at position 2 (FAT2), backfat depth (BF), percent lean (PL) and loin depth (LD) by the *IGF-II* genotypes.

Traits	Genotype		
	GG	GC	CC
WT (kg)	64.31 ± 3.50	57.55 ± 0.85	58.74 ± 1.06
ADG (g/day)	648.06 ± 0.08	572.99 ± 0.02	582.28 ± 0.02
BL (cm)	76.20 ± 1.37 [a]	72.67 ± 0.33 [b]	73.14 ± 0.41b
SW (cm)	24.57 ± 0.48	24.08 ± 0.12	24.28 ± 0.15
HW (cm)	27.48 ± 0.50	26.73 ± 0.12	26.80 ± 0.15
FAT1 (mm)	12.29 ± 0.89	10.70 ± 0.22	11.12 ± 0.27
FAT2 (mm)	12.20 ± 0.77 [a]	9.84 ± 0.19 [b]	10.45 ± 0.23 [b]
BF (mm)	12.25 ± 0.75 [a]	10.27 ± 0.18 [b]	10.79 ± 0.23 [ab]
LD (mm)	49.06 ± 2.46	47.56 ± 0.60	46.42 ± 0.75
PL (%)	58.38 ± 0.86 [ab]	60.13 ± 0.21 [a]	59.42 ± 0.26 [b]

[a,b] Least square means within the row with different superscripts differ ($P < 0.05$).

จากความสัมพันธ์ระหว่างอัลลีล C กับอัลลีล A ตรงตำแหน่งทั้งสอง สุกรที่มีจีโนไทป์แบบ CC ควรมีความยาวลำตัวและความหนาไขมันสันหลังน้อยกว่าสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GC และควรมีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงสูงที่สุด ซึ่งต่างจากผลการวิเคราะห์ ทั้งนี้อาจเป็นผลจากขนาดของตัวอย่างที่ศึกษามีขนาดเล็ก ความแตกต่างที่เกิดขึ้นของสุกรในแต่ละจีโนไทป์จึงอาจไม่ชัดเจน การเพิ่มขนาดตัวอย่างในการศึกษาอาจช่วยให้ผลการวิเคราะห์มีความชัดเจนมากยิ่งขึ้น

สำหรับลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต ได้แก่ น้ำหนักร่างกาย (WT) และอัตราการเจริญเติบโตต่อตัวต่อวัน (ADG) ในแต่ละรูปแบบของจีโนไทป์มีค่าเฉลี่ยที่แตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($P > 0.05$) โดยสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GG มีค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ WT และ ADG สูงที่สุด คือ 64.31 และ 648.06 กรัมต่อวัน ตามลำดับ แสดงว่าสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GG อาจมีการเจริญเติบโตในด้านน้ำหนักร่างกายและอัตราการเจริญเติบโตต่อตัวต่อวันที่ดีกว่าสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ CC และ GC ตามลำดับ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Vykoukalova et al. (2006) โดยประชากรสุกรพันธุ์ Large White ที่มีจีโนไทป์แบบ GG มีค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะอัตราการเจริญเติบโตต่อตัวต่อวันสูงที่สุด คือมีค่าเท่ากับ 525.79 กรัมต่อวัน แต่จากรายงานการศึกษานี้ สุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GC มีค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะอัตราการเจริญเติบโตต่อตัวต่อวันสูงกว่าสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ CC ซึ่งความแตกต่างนี้อาจเป็นผลจากลักษณะประชากรและกลุ่มพันธุ์ของประชากรที่ศึกษาที่แตกต่างกัน

อย่างไรก็ตาม ผลการวิเคราะห์ข้างต้นนั้นแตกต่างจากการศึกษาของ Kolarikova et al. (2003) ในประชากรสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ที่พบว่า รูปแบบจีโนไทป์ของยีน *IGF-II* ตรงตำแหน่งที่ 3072 ในบริเวณ Intron ที่ 3 นั้นมีความสัมพันธ์กับน้ำหนักร่างกายของสุกร โดยสุกรที่เกิดการกลายที่ตำแหน่งดังกล่าวส่งผลให้ค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะน้ำหนักร่างกายลดลง ซึ่งความแตกต่างนี้อาจเป็นผลจากความแตกต่างทางพันธุกรรมที่ตำแหน่งต่างๆ ของยีน *IGF-II* ที่ส่งผลต่อการแสดงออกของยีนแตกต่างกันในแต่ละประชากรที่ศึกษา

ลักษณะที่เกี่ยวข้องกับขนาดร่างกายสุกร ได้แก่ ความกว้างหัวไหล่ (SW) ความกว้างสะโพก (HW) และความลึกเนื้อสัน (LD) ในแต่ละรูปแบบของจีโนไทป์ของประชากรที่ศึกษาครั้งนี้มีค่าเฉลี่ยที่แตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($P > 0.05$) แต่หากพิจารณาจากความเป็นไปได้ พบว่าสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GG

มีค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ SW, HW และ LD สูงที่สุด คือ 24.57, 27.48 เซนติเมตร และ 49.06 มิลลิเมตร ตามลำดับ รองลงมาคือ CC และ GC สำหรับลักษณะ SW และ HW แต่สำหรับลักษณะ LD พบว่าสุกรที่มีค่าเฉลี่ยรองลงมาคือ สุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GC และ CC ตามลำดับ ซึ่งจากการสืบค้นข้อมูลยังไม่พบรายงานการศึกษาของยีน *IGF-II* ที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะที่เกี่ยวข้องกับขนาดร่างกายสุกร

จากการศึกษารูปแบบจีโนไทป์ของยีน *IGF-II* ตรงตำแหน่งที่ 162 ในบริเวณ Intron ที่ 7 ไม่สามารถบ่งชี้ได้อย่างชัดเจนว่า ผู้ผลิตควรคัดเลือกสุกรที่มีรูปแบบจีโนไทป์แบบใดมาใช้เป็นพ่อ-แม่พันธุ์ เนื่องจากยีน *IGF-II* มีการแสดงออกแบบ paternal imprinting (Liu, 2003; Vykoukalova et al., 2006) จึงไม่สามารถบ่งชี้ได้ว่าอัลลีลที่เกิดขึ้นตรงตำแหน่งดังกล่าวนั้น ถ่ายทอดมาจากพ่อหรือแม่ของสุกร อย่างไรก็ตาม จากผลการศึกษานี้ ผู้ผลิตอาจคัดเลือกสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GG ผสมพันธุ์กับสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ CC เพื่อผลิตสุกรรุ่นลูกที่มีจีโนไทป์แบบ GC จะมีโอกาสที่ลูกสุกรดังกล่าวมีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงสูงและความลึกไขมันสันหลังต่ำ โดยมีลักษณะคุณภาพซากเป็นที่ต้องการของตลาดและผู้บริโภคได้ ซึ่งแตกต่างจากการศึกษาของ Vykoukalova et al. (2006) ในประชากรสุกรพันธุ์ Large White ที่พบว่าสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ CC มีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงสูงที่สุดและความลึกไขมันสันหลังต่ำที่สุด ดังนั้นจึงน่าจะคัดเลือกสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ CC มาใช้เป็นพ่อ-แม่พันธุ์มากที่สุด ซึ่งความแตกต่างที่เกิดขึ้นนี้อาจเป็นผลจากลักษณะของประชากรที่แตกต่างกันทั้งในด้านกลุ่มพันธุ์และสภาพแวดล้อมที่สุกรได้รับที่อาจส่งผลต่อการแสดงออกของยีนในแต่ละประชากรที่แตกต่างกัน

ทั้งนี้การพิจารณาโดยใช้รูปแบบจีโนไทป์ของยีน *IGF-II* ตรงตำแหน่งที่ 162 ในบริเวณ Intron ที่ 7 เพียงตำแหน่งเดียว ยังไม่สามารถเกิดความแม่นยำได้ 100 เปอร์เซ็นต์ เนื่องจากการแสดงออกของลักษณะการเจริญเติบโตของสุกรนั้นได้รับอิทธิพลจากยีนหลายตำแหน่ง ซึ่งนอกจากตำแหน่งดังกล่าวของยีน *IGF-II* แล้ว ความแตกต่างทางพันธุกรรมตำแหน่งที่ 3072 ในบริเวณ Intron ที่ 3 ของยีน *IGF-II* ยังมีผลต่อการเจริญเติบโต ความหนาไขมันสันหลัง เปอร์เซ็นต์เนื้อแดง และขนาดร่างกายของสุกร เช่นกัน โดยตำแหน่งดังกล่าวเป็นตำแหน่งที่อยู่ในบริเวณควบคุมของยีนที่ทำหน้าที่ในการจับกับ repressor ที่ส่งผลต่อการแสดงออกของยีน *IGF-II* (Van Laere et al., 2003) ซึ่งสุกรที่เกิดการแทนที่เบส G ด้วยเบส A ในตำแหน่งนี้จะมีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงสูงกว่า แต่มีความหนาไขมันสันหลังต่ำกว่าสุกรที่ไม่เกิดการกลาย แสดงให้เห็นว่าอัลลีล A ตรงตำแหน่งที่ 3072 ในบริเวณ Intron ที่ 3 ของยีน *IGF-II* ส่งผลให้สุกรมีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงเพิ่มขึ้น แต่มีความหนาไขมันสันหลังลดลง (Nezer et al., 1999; Estelle et al., 2005) ซึ่งอาจเป็นผลจากอัลลีล A นั้นมีผลทำให้ยีน *IGF-II* มีการแสดงออกที่กล้ามเนื้อเพิ่มขึ้น (Ojeda et al., 2008) โดยความแตกต่างทางพันธุกรรมในตำแหน่งดังกล่าวส่งผลให้เกิดความผันแปรของปริมาณกล้ามเนื้อและความหนาไขมันสันหลังของสุกรประมาณ 15 ถึง 30 % และ 10 ถึง 20 % ตามลำดับ (Nezer et al., 1999) และจากการศึกษาของ Kolarikova et al. (2003) ในประชากรสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่าอัลลีล A นั้นมีความสัมพันธ์กับน้ำหนักร่างกายของสุกรเช่นกัน โดยส่งผลให้สุกรมีน้ำหนักร่างกายลดลง ดังนั้นจึงสามารถใช้ประโยชน์จากความสัมพันธ์ระหว่างอัลลีล A ที่ตำแหน่งดังกล่าวข้างต้นกับอัลลีล C ในตำแหน่งที่ 162 ในบริเวณ Intron ที่ 7 (Vykoukalova et al., 2006) มาอธิบายความผันแปรของเปอร์เซ็นต์เนื้อแดง ความหนาไขมันสันหลัง และขนาดร่างกายของสุกรที่เป็นผลจากอัลลีล C ได้

ผลการวิเคราะห์อิทธิพลแบบบวกสะสมและการข่มกันของอัลลีล (**Table 4**) พบว่า อิทธิพลแบบบวกสะสมของอัลลีล C ส่งผลต่อการลดลงของลักษณะ BL และ FAT2 อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$) นอกจากนี้อิทธิพลของการข่มกันของอัลลีลยังส่งผลต่อการลดลงของ WT และ BL ($P < 0.05$) และความหนาไขมันสันหลัง (FAT2 และ FAT; $P < 0.01$) แต่ส่งผลต่อการเพิ่มขึ้นของ PL ($P < 0.05$) ในประชากรสุกรที่ศึกษา

ความแตกต่างทางพันธุกรรมที่ตำแหน่งต่างๆ ภายในยีน *IGF-II* นั้น ล้วนส่งผลต่อการแสดงออกของยีนสำหรับลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต การสะสมกล้ามเนื้อ ความหนาไขมันสันหลัง และขนาดร่างกายสุกรทั้งสิ้น ดังนั้นจึงสามารถใช้ยีน *IGF-II* เป็น candidate gene ในการศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่มีผลต่อการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกรได้ ซึ่งข้อมูลทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ระหว่างยีนที่ศึกษากับข้อมูลการแสดงออกของสุกร อาจเป็นประโยชน์ต่อการพัฒนาศักยภาพการผลิตของสุกร และช่วยเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกสุกรพ่อ-แม่พันธุ์เพื่อผลิตสุกรรุ่นลูกที่มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมมากยิ่งขึ้น นอกจากนี้ยังอาจส่งผลต่อกำไรที่เพิ่มขึ้นจากการผลิตสุกรขุนที่มีคุณภาพซากที่ดีตรงตามความต้องการของตลาดและผู้บริโภค ซึ่งส่งผลให้ผู้เลี้ยงสุกรสามารถดำเนินกิจการต่อไปได้อย่างมีประสิทธิภาพในอนาคต

สรุป

รูปแบบจีโนไทป์ของยีน *IGF-II* ที่ตำแหน่งที่ 162 ในบริเวณ Intron ที่ 7 มีอิทธิพลต่อการเจริญเติบโตและขนาดร่างกายของสุกร โดยมีอิทธิพลต่อค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ BL, FAT2, BF, และ PL เท่านั้น ($P < 0.05$) ซึ่งสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GG มีค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ BL, FAT2 และ BF สูงที่สุด แต่ค่าเฉลี่ยสำหรับลักษณะ PL มีค่าสูงที่สุดในจีโนไทป์แบบ GC แสดงให้เห็นว่าการกลายที่เกิดจากการแทนที่เบส G ด้วย เบส C ในตำแหน่งดังกล่าวของยีน *IGF-II* ส่งผลให้สุกรมีความยาวลำตัวและความหนาไขมันสันหลังลดลง แต่มีเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงเพิ่มขึ้น นอกจากนี้อิทธิพลแบบบวกสะสมของอัลลีล C ส่งผลต่อการลดลงของ BL และ FAT2 ($P < 0.05$) ส่วนอิทธิพลของการข่มกันของอัลลีลมีผลทำให้ WT, BL, FAT2 และ FAT ลดลง แต่ทำให้ PL เพิ่มขึ้น ($P < 0.05$) ดังนั้น ในการคัดเลือกสุกรพ่อ-แม่พันธุ์ในประชากรนี้ เพื่อผลิตสุกรรุ่นลูกที่มีเปอร์เซ็นเนื้อแดงสูงและความลึกไขมันสันหลังต่ำ ผู้ผลิตจึงอาจคัดเลือกสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ GG มาผสมกับสุกรที่มีจีโนไทป์แบบ CC ซึ่งเป็นการใช้ประโยชน์จากความสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมของยีน *IGF-II* ตรงตำแหน่งดังกล่าวกับลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต และการพัฒนาขนาดร่างกายของสุกรมาช่วยในการพิจารณาคัดเลือก เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกสุกรพ่อ-แม่พันธุ์สำหรับผลิตสุกรรุ่นลูกที่มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมมากยิ่งขึ้น

การศึกษาครั้งนี้ศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของสุกรในระดับยีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะการเจริญเติบโต และขนาดร่างกายของสุกรที่ถูกเลี้ยงดูในระบบโรงเรือนเปิดภายใต้สภาพภูมิอากาศแบบร้อนชื้นในประเทศไทย ซึ่งเป็นประชากรสุกรที่มีพันธุกรรมและได้รับการจัดการที่มีความเฉพาะตัว ดังนั้น การนำผลการวิจัยประยุกต์ใช้จึงควรพิจารณาโครงสร้างของประชากรและสภาพการจัดการฟาร์มสุกรด้วย และการศึกษาครั้งนี้วิเคราะห์เพียงความแตกต่างทางพันธุกรรมและรูปแบบจีโนไทป์ของยีน *IGF-II* ที่ตำแหน่งที่ 162 ในบริเวณ Intron ที่ 7 ด้วยเหตุนี้ ผู้ผลิตจึงสามารถนำผลการศึกษารูปแบบจีโนไทป์ของยีน *IGF-II* มาช่วยพิจารณาคัดเลือกสุกรพ่อ-แม่พันธุ์ได้เพียงส่วนหนึ่งเท่านั้น แต่อย่างไรก็ตาม การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมของยีน *IGF-II* กับลักษณะการเจริญเติบโตและการพัฒนาขนาดร่างกายของสุกร สามารถช่วยเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกสุกรพ่อ-แม่พันธุ์ เพื่อผลิตสุกรรุ่นลูกที่มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมได้เร็วยิ่งขึ้น ซึ่งถือเป็นแนวทางการพัฒนาศักยภาพการผลิตของสุกรในระบบการผลิตสุกรเชิงการค้าในอนาคตได้

คำขอบคุณ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณ สถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ (KURDI) สำหรับทุนอุดหนุนการวิจัยในโครงการวิจัย ก-ษ(ด) 26.51 “ความสัมพันธ์ระหว่างความสามารถในการเจริญ

เติบโต ปริมาณ Growth Hormone และ Lipoprotein ในกระแสเลือดของสุกรที่ถูกคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุกรรมภายใต้สภาพภูมิอากาศแบบร้อนชื้น" ขอขอบคุณ ศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ สำหรับสถานที่ในการวิเคราะห์ตัวอย่างดีเอ็นเอ และขอขอบคุณ คุณสุภาพ ธีรานุวัฒน์ สำหรับการอนุเคราะห์ชุดข้อมูลและตัวอย่างเลือดสุกรในการศึกษาวิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

สมบัติ ประสงค์สุข, ศกร คุณวุฒิฤทธิรณ, ธนาทิพย์ สุวรรณโสภี, Maurico A. Elzo และ ศรเทพ ธัมวาสร. 2548. การพัฒนาขนาดร่างกายเมื่ออายุเป็นสัดครั้งแรกของสุกรสาวเพียเทรน ลาร์จไวท์ และลูกผสมในประชากรสุกรหลากหลายพันธุ์ที่เลี้ยงดูภายใต้สภาวะแวดล้อมแบบร้อนชื้น, น. 258-265. ใน รายงานการประชุมวิชาการสาขาสัตวบาล/สัตวศาสตร์/สัตวแพทย์ ครั้งที่ 5. มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, เชียงใหม่.

Braunschweig, M.H., A.S. Van Laere, N. Buys, L. Andersson, and G. Andersson. 2004. *IGF2* antisense transcript expression in porcine postnatal muscle is affected by a quantitative trait nucleotide in intron 3. Genomics. 84: 1021-1029.

Casas-Carrillo, E., A. Prill-Adams, S.G. Price, A.C. Clutter, and B.W. Kirkpatrick. 1997. Relationship of growth hormone and insulin-like growth factor-1 genotypes with growth and carcass traits in swine. Anim. Genet. 28: 88-93.

de Faria, A.D., S.E.F. Guimaraes, P.S. Lopes, A.V. Pires, S.R. Paiva, B.P. Sollero, and A.A. Wenceslau. 2006. Association between G316A growth hormone polymorphism and economic traits in pigs. Genet. Mol. Bio. 29: 634-640.

de Wu, L., Z. Hao, W. Zhen-fang, L. Jia-qi, Y. Guan-fu, and Z. Xi-quan. 2008. Identification of SNPs and Their Effects on Swine Growth and Carcass Traits for Porcine *IGFBP-3* Gene. Agri. Sci. 7: 630-635.

Estany, J., M. Tor, D. Villalba, L. Bosch, D. Gallardo, N. Jimenez, L. Altet, J.L. Noguera, J. Reixach, M. Amills, and A. Sanchez. 2007. Association of CA repeat polymorphism at intron 1 of insulin-like growth factor (*IGF-I*) gene with circulation IGF-I concentration, growth, and fatness in swine. Physiol. Genomics. 31: 236-243.

Estelle, J., A. Mercade, J. L. Noguera, M. Perez-Enciso, C. Ovilo, A. Sanchez, and J.M. Folch. 2005. Effect of the porcine IGF2-inron3-G3072A substitution in an outbred Large White population and in an Iberian x Landrace cross. J. Anim. Sci. 83: 2723-2728.

Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th edition, Longman Scientific and Technical, NY

Houston, R.D., C.S. Haley, A.L. Archibald, N.D. Cameron, G.S. Plastow, and K.A. Rance. 2006. A Polymorphism in the 5'-untranslated Region of the Porcine Cholecystokinin Type A Receptor Gene Affects Feed Intake and Growth. Genetics. 174: 1555-1563.

Jeon, J.T., O. Carlborg, A. Toernsten, E. Giuffra, V. Amarger, P. Chardon, L. Andersen-Eklund, K. Anderson, I. Hansson, K. Lundstroem, and L. Andersson. 1999. A paternally expressed QTL affecting skeletal and cardiac muscle mass in pig maps to the *IGF2* locus. Nat. Genet. 21: 157-158.

Johansen, M., L. Alban, H.D. Kjoersgaard, and P. Boekbo. 2003. Factors influencing the weight gain of piglets during the nursing period: preliminary results. Acta Vet. Scand. Suppl. 44: 72.

Johansen, S., J. Hakansson, and K. Andersson. 1993. Effect of selecting for increased lean tissue growth rate in swine on low or high dietary protein levels. J. Anim. Sci. 71: 1203-1208.

Kim, K.S., N.J. Lasen, T. Short, G. Plastow, and M.F. Rothschid. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. Mamm. Genome. 11: 131-135.

Kolarikova, O., L. Putnova, T. Urban, J. Adamek, A. Knoll, and J. Dvorak. 2003. Associations of the *IGF2* gene with growth and meat efficiency in Large White pigs. J. Appl. Genet. 4: 509-513.

Kyriazakis, I. and C.T. Whittemore. 2006. Whittemore's Science and Practice of Pig Production. 3rd edition. Blackwell Publishing, Oxford

Liu, Y. 2003.Insulin-like growth factor 2 gene for leanness. Available: https://www.ccsi.ca/Reports/Reports_2003/IGF21.pdf. Accessed April 23, 2009.

Nezer, C., L. Moreau, B. Brouwers, W. Coppieters, J. Detilleux, R. Hanset, L. Karim, A. Kvasz, P. Leroy, and M. Georges. 1999. An imprinted QTL with major effect on muscle mass and fat deposition maps to the *IGF2* locus in pigs. Nat. Genet. 21: 155-156.

Ojeda, A., L.S. Huang, J. Ren, A. Angiolillo, I.C. Cho, H. Soto, C. Lemus-Flores, S.M. Makuza, J.M. Folch, and M. Perez-Enciso. 2008. Selection in the making: A worldwide survey of haplotypic diversity around a causative mutation in porcine *IGF2*. Genetics. 178: 1639-1652.

Solanes, F.X., K. Grandinson, L. Rydhmer, S. Stern, K. Andersson, and N. Lundeheim. 2004. Direct and maternal influences on the early growth, fattening performance, and carcass traits of pigs. Livest. Prod. Sci. 88: 199-212.

Stachowiak, M., M. Szydlowski, M. Obarzanek-fojt, and M. Switonski. 2005. An effect of a missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene on production traits in Polish pig breeds is doubtful. Anim. Genet. 37: 55-57.

Stancekova, K., D. Vasicek, D. Peskovicova, J. Bulla, and A. Kubek. 1999. Effect of genetic variability of the porcine pituitary-specific transcription factor (PIT1) on carcass traits in pigs. Anim. Genet. 30: 313-315.

Van Laere, A.S., M. Nguyen, M. Braunschweig, C. Nezer, C. Collette, L. Moreau, A.L. Archibald, C.S. Haley, N. Buys, M. Tally, G. Andersson, M. Georges, and L. Andersson. 2003. A regulatory mutation in *IGF2* causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. Nature. 425: 832-836.

Vykoukalova, Z., A. Knoll, J. Dvorak, and S. Cepica. 2006. New SNPs in the IGF2 gene and association between this gene and backfat thickness and lean meat content in Large White pigs. J. Anim. Breed. Genet. 123: 204-207.

Yu, T.P., C.K. Tuggle, C.B. Schmitz, and M.F. Rothschild. 1995. Association of *PIT1* polymorphisms with growth and carcass traits in pigs. J. Anim. Sci. 73: 1282-1288.