

การเปรียบเทียบโมเดลระหว่าง traditional genetic evaluation model และ single-step genomic evaluation models สำหรับลักษณะการสืบพันธุ์ในสุกร

Comparison between traditional genetic evaluation model and single-step genomic evaluation models for reproductive traits in pigs

นวรรตน์ แสงลูน¹, มนต์ชัย ดวงจินดา^{1,2}, ศิษฏเสถ ทองสิมา³ และ วุฒิไกร บุญคุ้ม^{1,2*}

Navarat Sangloon¹, Monchai Duangjinda^{1,2}, Sissades Tongsimma³ and Wuttigrai Boonkum^{1,2*}

บทคัดย่อ: วัตถุประสงค์การศึกษาค้นคว้าครั้งนี้เพื่อเปรียบเทียบโมเดล 2 รูปแบบ คือ traditional genetic evaluation และ single-step genomic evaluation model โดยพิจารณาจากค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ค่าความแม่นยำ (R^2) และแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกเกิดมีชีวิต, ลักษณะน้ำหนักครอกแรกเกิด และลักษณะจำนวนลูกตายแรกเกิดในสุกรพันธุ์แลนด์เรซ และสุกรพันธุ์ดาร์จไวท์ ซึ่งมีข้อมูลเท่ากับ 28,556 และ 46,196 บันทึก ตามลำดับ ข้อมูลพันธุกรรมทั้งจีโนมที่ได้จาก Illumina Porcine SNP 60 BeadChip จำนวนสุกร 248 บันทึก (ใช้สำหรับวิเคราะห์ single-step genomic evaluation model) ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาค้นคว้านี้ ถูกเก็บบันทึกอยู่ในโปรแกรมฐานข้อมูลสุกรแม่พันธุ์ Sow Tracker[®] (Version 3.4.2) ของฟาร์มบริษัทเอกชนแห่งหนึ่งในประเทศไทย ช่วงปี พ.ศ.2548 ถึง พ.ศ.2553 จากการศึกษาโมเดลทั้งสองรูปแบบพบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกเกิดมีชีวิต, ลักษณะน้ำหนักครอกแรกเกิด และลักษณะจำนวนลูกตายแรกเกิด มีค่าอยู่ในช่วง 0.02 ถึง 0.05, 0.02 ถึง 0.09 และ 0.01 ถึง 0.06 ตามลำดับ เมื่อพิจารณาความแม่นยำพบว่า ค่าการผสมพันธุ์จากจีโนม (genomically enhanced breeding value; GEBV) ที่ได้จากการประเมินด้วย single-step genomic evaluation model มีความแม่นยำที่สูงกว่าค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value; EBV) ที่ได้จากการประเมินด้วย traditional genetic evaluation model ($R^2 = 30\%$) และมีแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะทั้งสามในทิศทางที่ดีกว่า

คำสำคัญ: ลักษณะจำนวนลูกเกิดมีชีวิต, ลักษณะน้ำหนักครอกแรกเกิด, ลักษณะจำนวนลูกตายแรกเกิด, traditional genetic evaluation models, single-step genomic evaluation models

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

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

² ศูนย์เครือข่ายวิจัยและพัฒนาด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (ไก่พื้นเมือง) คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

Research and development network center for animal breeding (Native chicken), Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Khon Kaen, 40002

³ ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ กระทรวงวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

National center for genetic engineering and biotechnology, National science and technology development agency, Ministry of science and technology

* Corresponding author: wboonkum@gmail.com

ABSTRACT: The objective of this study was to compare traditional genetic evaluation model with single-step genomic evaluation models by estimating related genetic parameters in reproductive traits, including accuracy (R^2) and genetic trend for 1) number born alive (NBA), 2) litter birth weight (LBW) and 3) number born dead (NBD) traits in 2 breeds of pigs (Large White = 28,556 and Land Race = 46,196). The Illumina Porcine SNP 60 Bead chip platform was used to detect genotype of 248 pigs (for single-step genomic evaluation model analysis) from program Sow Tracker® (Version 3.4.2) of swine commercial herd in Thailand during 2005 to 2010. Both model demonstrated that the heritability ranges for number born alive, litter birth weight and number born dead ranged from 0.02 to 0.05, 0.02 to 0.09 and 0.01 to 0.06, respectively. The R^2 for genomically enhanced breeding value (GEBV) estimated from single-step genomic evaluation model was higher (by 30%) than that of estimated breeding value (EBV) estimated from traditional genetic evaluation model and the GEBV genetic trends of all traits were better.

Keywords: number born alive, litter birth weight, number born dead, traditional genetic evaluation models, single-step genomic evaluation models

บทนำ

ทิศทางการขยายตัวของธุรกิจการเลี้ยงสุกรของโลกทั้งในด้านการผลิตและการบริโภคในปี พ.ศ.2556 พบว่ามีปริมาณเพิ่มขึ้นร้อยละ 1.76 และ 2.02 ตามลำดับ (สมาคมผู้ผลิตและแปรรูปสุกรเพื่อการส่งออก, 2557) สำหรับประเทศไทยมีการขยายตัวด้านปริมาณการผลิตในปี พ.ศ.2557 เพิ่มขึ้นจากปี พ.ศ. 2556 คิดเป็นร้อยละ 0.008 (ศูนย์สารสนเทศการเกษตร สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2557) ตัวเลขเหล่านี้ชี้ให้เห็นว่าสุกรยังคงเป็นสัตว์เศรษฐกิจที่สำคัญของโลกและของประเทศไทย อย่างไรก็ตาม การเพิ่มจำนวนลูกสุกรเพื่อรองรับความต้องการที่มากขึ้นอย่างต่อเนื่องเป็นเรื่องท้าทายสำหรับผู้ที่เกี่ยวข้องกับธุรกิจสุกรเป็นอย่างยิ่ง เนื่องจากมีปัจจัยเกี่ยวข้องและสัมพันธ์กับลักษณะจำนวนลูกสุกรหย่านมมากมายหลายปัจจัย ดังนั้นเพื่อที่จะบรรลุเป้าหมายตามที่ต้องการจำเป็นต้องคำนึงถึงลักษณะทางเศรษฐกิจอื่นๆ ประกอบและควรพัฒนาลักษณะเหล่านี้ควบคู่ไปด้วยกัน 1) ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (number born alive; NBA) เป็นลักษณะที่มีความเกี่ยวข้องโดยตรงกับต้นทุนรายได้ และผลกำไรที่จะเกิดขึ้นในอนาคตของเกษตรกร 2) ลักษณะน้ำหนักครอกแรกเกิด (litter birth weight; LBW) เป็นลักษณะที่สัมพันธ์กับลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต ซึ่งนอกจากจะให้ความสำคัญกับจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตแล้วน้ำหนักตัวของลูกสุกรก็มีความสำคัญเช่นกัน ทั้งนี้เนื่องจากลูกสุกรที่มีน้ำหนักตัวแรก

เกิดสูงมีความสัมพันธ์กับการเจริญเติบโตในอนาคต (ประภัศรา, 2551) ซึ่งจะช่วยให้อายุการทรงตัวเร็วและ 3) ลักษณะจำนวนลูกตายแรกเกิด (number born dead; NBD) เป็นลักษณะที่สัมพันธ์กับต้นทุนการผลิต ทั้งนี้หากเกษตรกรสามารถลดความสูญเสียจากการตายของลูกสุกรลงได้ย่อมส่งผลให้เกษตรกรลดต้นทุนการผลิต ขณะเดียวกันจะเป็นการเพิ่มจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตให้มากขึ้น (ศรัญญา, 2555) ซึ่งหมายถึงรายได้ที่จะได้รับเพิ่มมากขึ้นนั่นเอง

สำหรับแนวทางการพัฒนาประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ของแม่สุกรในปัจจุบันเน้นพัฒนาด้านการจัดการเป็นสำคัญ ได้แก่ การพัฒนาระบบการเลี้ยงดูให้ได้มาตรฐานและสามารถควบคุมได้ทั้งระบบแบบโรงเรือนปิด (evaporative cooling system) (Nichols et al., 1979) การพัฒนาด้านอาหารที่ช่วยให้การเจริญเติบโตเป็นไปได้อย่างรวดเร็ว (King and Williams, 1984) และแม้ว่าแนวทางดังกล่าวจะมีความสำคัญต่อธุรกิจการเลี้ยงสุกร แต่มีอาจกล่าวได้ว่าแนวทางอื่นไม่สำคัญหรือไม่จำเป็นแต่ควรหาแนวทางอื่นที่สามารถสนับสนุนและส่งเสริมให้การพัฒนาประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ของแม่สุกรให้เป็นไปอย่างรวดเร็วและมีความยั่งยืนมากขึ้นซึ่งหนึ่งในแนวทางที่สำคัญนั้นคือการศึกษาด้านการปรับปรุงพันธุกรรม โดยปัจจุบันแนวทางที่เป็นที่ยอมรับในระดับสากลและนิยมใช้คือการประเมินพันธุกรรมเพื่อคัดเลือกสุกรที่มีประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ที่ดี (ภาณุวัฒน์ และคณะ, 2552; นวรัตน์

และคณะ, 2557) หรือเรียกว่า การประเมินพันธุกรรมแบบดั้งเดิม (conventional evaluation) โดยค่าพันธุกรรมที่ประเมินได้เรียกว่าค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value; EBV) และจากการศึกษาจนถึงปัจจุบันแนวทางการปรับปรุงพันธุ์ได้ก้าวหน้าอย่างรวดเร็ว โดยมีการบูรณาการความรู้ทั้งเรื่องของเทคโนโลยีชีวภาพ (biotechnology) ชีวสารสนเทศศาสตร์ (bioinformatics) โมเดลทางคณิตศาสตร์ (mathematical model) และองค์ความรู้เรื่องพันธุกรรมเชิงลึกเข้าด้วยกัน จนกระทั่งสามารถได้แนวทางการคัดเลือกสุกรเพื่อให้มีพันธุกรรมของลักษณะประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ที่ดีเก็บไว้ขยายพันธุ์ต่อไป และคัดทิ้งสุกรที่มีพันธุกรรมของลักษณะประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ต่ำออกจากฝูงหรือฟาร์มได้เป็นผลสำเร็จ ดังจะเห็นได้จากการศึกษาของ Forni et al. (2011) และ Jafarikia et al. (2012) ซึ่งได้นำเสนอแนวทางการใช้ข้อมูล single nucleotide polymorphisms (SNPs) ร่วมพิจารณาในสมการประเมินพันธุกรรม ซึ่งวิธีการใหม่นี้ถูกเรียกว่า การคัดเลือกด้วยจีโนม (genome selection or genomic selection) และเรียกค่าที่แสดงออกมาว่าค่าการผสมพันธุ์จากจีโนม (genomically enhanced breeding value; GEBV) เปรียบเทียบกับการประเมินพันธุกรรมแบบดั้งเดิม ในลักษณะลูกเกิดทั้งหมด มีค่าความแม่นยำเท่ากับ 0.55 และ 0.97 ตามลำดับ และขนาดครอกแรกเกิดมีค่าความแม่นยำเท่ากับ 0.21 และ 0.62 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่าการคัดเลือกโดยใช้ข้อมูลสนิปส์เพื่อประเมินค่าการผสมพันธุ์มีค่าความแม่นยำสูงกว่า

อย่างไรก็ตาม การศึกษาพันธุกรรมโดยการพิจารณาข้อมูลสนิปส์เพื่อใช้ในการคัดเลือกสัตว์สำหรับประเทศไทยนั้นถือเป็นเรื่องใหม่โดยเฉพาะในสุกร ด้วยเหตุนี้จึงจำเป็นต้องมีการเปรียบเทียบถึงวิธีการดังกล่าวกับวิธีการประเมินพันธุกรรมที่ใช้อยู่ในปัจจุบันว่ามีความแตกต่างกันอย่างไร เพื่อให้มั่นใจว่าวิธีการคัดเลือกสุกรจากพันธุกรรมด้วยวิธีการใหม่จะให้ผลที่ดีและไม่กระทบต่อแนวทางการพัฒนาพันธุกรรมสุกรของประเทศ โดยการพิจารณาเปรียบเทียบจากค่า

ความแม่นยำของค่าพันธุกรรมที่ประเมินได้จากทั้งสองวิธีการ รวมถึงพิจารณาจากค่าพารามิเตอร์ที่ประมาณได้ และผลตอบสนองทางพันธุกรรมในรูปแบบของแนวโน้มทางพันธุกรรม

วิธีการศึกษา

การเตรียมข้อมูลและการวิเคราะห์ค่าพันธุกรรม

ข้อมูลลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต, น้ำหนักครอกแรกเกิด และจำนวนลูกตายแรกเกิด จากโปรแกรมฐานข้อมูลสุกรแม่พันธุ์ SowTracker® (Version 3.4.2) ของฟาร์มของบริษัทเอกชนแห่งหนึ่งในช่วงปี พ.ศ.2548 ถึง พ.ศ.2553 โดยแบ่งข้อมูลเป็น 2 ชุด คือ 1) ชุดข้อมูลของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ที่มีจำนวนข้อมูล 28,556 บันทึก, จำนวนสัตว์ในพันธุ์ประวัติเท่ากับ 6,793 และจำนวนพ่อพันธุ์ในพันธุ์ประวัติเท่ากับ 1,216 ตัว 2) ชุดข้อมูลของสุกรพันธุ์แลนเรซ มีจำนวนข้อมูล 46,196 บันทึก, จำนวนสัตว์ในพันธุ์ประวัติเท่ากับ 10,618 และจำนวนพ่อพันธุ์ในพันธุ์ประวัติเท่ากับ 1,300 ตัว ข้อมูลทั้งหมดถูกตรวจสอบความถูกต้องด้วยชุดคำสั่ง Proc Univariate โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป SAS v. 9.0 ก่อนนำไปวิเคราะห์หาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และค่าการผสมพันธุ์ ด้วยโมเดล traditional genetic evaluation model และ single-step genomic evaluation model (Aguilar et al., 2010)

สถิติพื้นฐาน

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะ NBA, LBW และ NBD ในสุกรพันธุ์แลนเรซ มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 10.04 ตัว, 15.44 กิโลกรัม และ 0.78 ตัวตามลำดับ และสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 10.23 ตัว, 15.23 กิโลกรัม 1.83 ตัว ตามลำดับ จากรายงานของ Schneider et al. (2012) พบว่าในสุกรพันธุ์แลนเรซ ค่าเฉลี่ยของลักษณะ NBA, LBW และ NBD เท่ากับ 9.34 ตัว, 15.03 กิโลกรัม และ 1.12 ตัว ตามลำดับ สอดคล้องกับรายงานของ Wolf and Wolfow (2012) ที่ศึกษาในสุกรพันธุ์เช็กลาร์จไวท์และพันธุ์แลนเรซ โดยมีค่าเฉลี่ย

ของลักษณะ NBA เท่ากับ 11.24 และ 11.43 ตัวตามลำดับ

ข้อมูลสไนป์ส (single nucleotide polymorphisms: SNPs)

สุกรพันธุ์ลาร์จไวท์จำนวน 129 ตัว แบ่งเป็นเพศเมียจำนวน 65 ตัว และเพศผู้จำนวน 64 ตัวตามลำดับ และสุกรพันธุ์แลนเรซ จำนวน 119 ตัว แบ่งเป็นเพศเมียจำนวน 66 ตัว และเพศผู้จำนวน 53 ตัว ตรวจหาสไนป์ส

ด้วย Illumina Porcine SNP 60 BeadChip จำนวน 62,163 ตำแหน่ง ข้อมูล SNPs ที่ใช้ในการวิเคราะห์ต้องผ่านการตรวจสอบตามเงื่อนไข Quality control (QC) ดังนี้ 1) Minor allele frequency (MAF) < 0.05; 2) SNP with call rate < 0.90; 3) Individuals with call rate < 0.90 หลังจากการทำ QC แล้ว คงเหลือจำนวนข้อมูล SNP ที่นำไปวิเคราะห์เท่ากับ 52,073 ตำแหน่ง จากทั้งหมด 62,163 ตำแหน่ง

โมเดลทางพันธุกรรมที่ใช้ศึกษา

1. Traditional genetic evaluation model

$$y = X\beta + Za + Wp + \varepsilon \quad ; \text{ เมื่อ } V \begin{bmatrix} a \\ p \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

โดยมีรูปแบบสมการตาม HMME ดังนี้ $\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \alpha A^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \gamma I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$

2. Single-step genomic evaluation model

$$y = X\beta + Za + Wp + \varepsilon \quad ; \text{ เมื่อ } V \begin{bmatrix} a \\ p \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

โดยมีรูปแบบสมการตาม HMME ดังนี้ $\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \alpha H^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \gamma I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$

สำหรับข้อมูล genomic information ในเมทริกซ์ A^{-1} ถูกแทนที่ด้วยเมทริกซ์ H^{-1} ดังนี้

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

เมื่อ

y เป็นเวกเตอร์ของลักษณะทางเศรษฐกิจที่สนใจ ได้แก่ จำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต, น้ำหนักครอกแรกเกิด และจำนวนลูกตายแรกเกิดทั้งหมด; β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่ส่งผลกระทบต่อค่าสังเกต ได้แก่ ฟาร์ม, ลำดับครอก, เดือนที่คลอดและปีที่คลอด; a เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์หรือพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive genetic effect); p เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร; ε

เป็นเวกเตอร์สุ่มของความคลาดเคลื่อน; X, Z, W เป็น incidence matrix ที่สัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลต่างๆ ในโมเดล; A^{-1} = เมทริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์; G^{-1} = เมทริกซ์ความสัมพันธ์ที่รวมข้อมูลพันธุกรรม; A_{22}^{-1} = เมทริกซ์ความสัมพันธ์ของสัตว์ที่มี genomic information; H^{-1} = เมทริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ที่มีทั้งข้อมูลพันธุกรรมประวัติและข้อมูลจีโนมร่วมกัน

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและแนวโน้มทางพันธุกรรม

การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมด้วยการวิเคราะห์ลักษณะเดียวภายใต้โมเดลตัวเดียว (univariate linear animal model) และการวิเคราะห์พร้อมหลายลักษณะภายใต้โมเดลตัวเดียว (multivariate linear animal model) โดยใช้กลวิธี average information restricted maximum likelihood (AI-REML) การประเมินค่าการผสมพันธุ์และแนวโน้มทางพันธุกรรมแบบ traditional genetic evaluation model โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90-PigPAK v 2.5 (Duangjinda et al., 2005)

และแบบ single-step genomic evaluation model โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUP package (Miszta et al., 2002) คำนวณค่าความแม่นยำของการคัดเลือก (accuracy of selection) เพื่อเปรียบเทียบความแม่นยำในการทำนายค่าการผสมพันธุ์ของทั้งสองโมเดล โดยคำนวณได้จากสูตร $\sqrt{1 - se^2/\sigma_a^2}$ (Mujibi et al., 2011)

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ค่าอัตราพันธุกรรม

ค่าอัตราพันธุกรรมใน Table 1 พบว่า traditional genetic evaluation model และ single-step

Table 1 Heritability of traditional genetic evaluation model and single-step genomic evaluation model for number born alive, litter birth weight and number born dead between in Large White (LW) and Land Race (LR) pigs.

Breed/Traits	NBA ¹		LBW ¹		NBD ¹	
	Traditional ²	Genomic ²	Traditional	Genomic	Traditional	Genomic
LR						
Univariate ³	0.02±0.02	0.02±0.02	0.08±0.03	0.08±0.03	0.01±0.02	0.01±0.02
Multivariate ³	0.02±0.01	0.02±0.01	0.08±0.01	0.08±0.01	0.03±0.12	0.03±0.11
LW						
Univariate	0.03±0.04	0.03±0.04	0.04±0.03	0.05±0.03	0.01±0.02	0.01±0.02
Multivariate	0.03±0.01	0.03±0.01	0.05±0.01	0.05±0.01	0.03±0.14	0.03±0.14

¹NBA = number born alive; LBW = litter birth weight; NBD = number born dead

² Traditional = traditional genetic evaluation model; Genomic = single-step genomic evaluation model

³Univariate = univariate analysis; Multivariate = multivariate analysis

genomic evaluation model ในลักษณะ NBA, LBW และ NBD ของสุกรพันธุ์แลนด์เรซและพันธุ์ลาร์จไวท์ สอดคล้องกับรายงานที่ผ่านมาของ ศรีบุญญา (2555) และ Schneider et al. (2012) แต่มีค่าต่ำกว่างานวิจัยของ ภานุวัฒน์ และคณะ (2552) เล็กน้อย ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินทั้งสองโมเดลแตกต่าง

กันเล็กน้อย เนื่องจากงานทดลองนี้เป็นงานเริ่มต้นของการนำข้อมูลสนิปส์มาใช้ในการวิเคราะห์ซึ่งอาจจะยังไม่เห็นความแตกต่างที่ชัดเจน อย่างไรก็ตาม การเพิ่มขึ้นของค่าอัตราพันธุกรรมจาก single-step genomic evaluation model สามารถอธิบายได้ว่าการเพิ่มข้อมูลสนิปส์ทำให้อธิบายผลบวกสะสมของยีน (additive gene)

ของ single-step genomic evaluation model เพิ่มขึ้น ส่งผลให้อัตราพันธุกรรมเพิ่มขึ้นด้วย หากมีการเพิ่มจำนวนข้อมูลสนิปส์อาจส่งผลทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมเพิ่มขึ้นได้อีกในอนาคต (Cleveland et al., 2010) อย่างไรก็ตาม ค่าอัตราพันธุกรรมของ single-step genomic evaluation model ที่ไม่เพิ่มขึ้นแต่ก็ไม่ได้ลดลง ย่อมแสดงให้เห็นว่าการคัดเลือกด้วยจีโนมสามารถในประชากรสุกรฝูงนี้สามารถทำได้

ความแม่นยำของการคัดเลือก

Table 2 การวิเคราะห์ด้วยวิธี univariate แสดงให้เห็นว่า single-step genomic evaluation model มีความแม่นยำสูงกว่า traditional genetic evaluation model 10-30 เปอร์เซนต์ สอดคล้องกับงานของ Forni et al. (2010) และ Jafarikia et al. (2012) ที่ศึกษาเปรียบเทียบโมเดลที่มีการเพิ่มข้อมูลสนิปส์และไม่มี การเพิ่มข้อมูลสนิปส์ พบว่าโมเดลที่มีการเพิ่มข้อมูลสนิปส์ในทุกชุดข้อมูลที่ทำการศึกษา มีความแม่นยำของการคัดเลือกสูงขึ้นประมาณ 30 เปอร์เซนต์ เนื่องจากวิเคราะห์ข้อมูลได้มีการนำเอาเครื่องหมาย พันธุกรรมตลอดทั่วทั้งจีโนมของสุกรในระดับ single nucleotide polymorphisms (SNPs) ซึ่งส่วนใหญ่คือ high density SNPs ที่มีความจำเพาะบนโครโมโซมต่างๆ ทำให้ทราบตำแหน่งที่แน่นอนของการเปลี่ยนแปลง ในระดับโมเลกุลของยีน นำมาใช้ร่วมกับการประเมินค่าการผสมพันธุ์ส่งผลให้มีความแม่นยำในการวิเคราะห์ข้อมูลเพิ่มขึ้น เมื่อเทียบกับโมเดลที่ไม่มีการ

เพิ่มข้อมูลสนิปส์ และเมื่อพิจารณาค่าความแม่นยำที่วิเคราะห์จาก single-step genomic evaluation model โดยใช้วิธีการ multivariate analysis จะมีค่าสูงกว่า univariate analysis เนื่องด้วยคุณสมบัติของการวิเคราะห์หลายลักษณะที่ค่าการผสมพันธุ์จะถูกปรับด้วยค่า genetic correlation และ phenotypic correlation ระหว่างลักษณะ (มนต์ชัย, 2548) รวมถึงการประมาณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากวิธี univariate analysis และ multivariate analysis ส่งผลต่อค่าความเชื่อมั่น (reliability) ซึ่งมีความเกี่ยวข้องกับค่าความแปรปรวนของคลาดเคลื่อนของค่าประมาณ (prediction error variance) ที่ใช้ในการคำนวณค่าความแม่นยำ (Jia and Jannink, 2012; Guo et al., 2014)

การวิเคราะห์ด้วย single-step genomic evaluation model ของลักษณะ NBA, LBW และ NBD มีความแม่นยำสูงกว่าการวิเคราะห์แบบ traditional genetic evaluation model (Cleveland et al., 2010) และสามารถคัดเลือกสัตว์ได้ตั้งแต่อายุน้อย เนื่องจากสามารถประเมินพันธุกรรมของสัตว์ได้โดยไม่ต้องรอให้สัตว์ให้ผลผลิตก่อน โดยใช้ข้อมูลสนิปส์จากการเก็บตัวอย่างเลือดสัตว์ได้ตั้งแต่แรกเกิด อีกทั้งการวิเคราะห์แบบ single-step genomic evaluation model มีขั้นตอนการวิเคราะห์ไม่ซับซ้อนสามารถทำได้สะดวกกว่าวิธีการประมาณค่าการผสมพันธุ์จากจีโนมแบบอื่น และสามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกภายในฟาร์มได้เป็นอย่างดี

Table 2 Accuracy of EBV and GEBV for number born alive, litter birth weight and number born dead between traditional genetic evaluation model and single-step genomic evaluation model in Large White (LW) and Land Race (LR) pigs.

Breed/Traits	NBA ¹		LBW ¹		NBD ¹	
	EBV ² (%)	GEBV ² (%)	EBV (%)	GEBV (%)	EBV (%)	GEBV (%)
LR						
Univariate ³	31.6	41.1	30.9	58.2	26.4	50.3
Multivariate ³	31.6	62.0	31.6	86.9	31.6	88.4
LW						
Univariate	29.6	43.2	29.5	51.7	24.0	27.3
Multivariate	29.7	72.8	29.7	65.0	29.7	87.4

¹NBA = number born alive; LBW = litter birth weight; NBD = number born dead

²EBV = estimated breeding value came from traditional genetic evaluation model; GEBV = Genomic breeding value came from single-step genomic evaluation model

³Univariate = univariate analysis; Multivariate = multivariate analysis

แนวโน้มทางพันธุกรรม

เมื่อพิจารณาจาก Figure 1 พบว่าแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะ NBA ในสุกรทั้งสองพันธุ์ เส้นกราฟที่วิเคราะห์ได้จากทั้งสองโมเดลมีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้นโดย single-step genomic evaluation model เพิ่มขึ้นมากกว่า traditional genetic evaluation model ในทุกปีที่ทำการศึกษา แสดงให้เห็นว่าเมื่อทำการคัดเลือกลักษณะ NBA ร่วมกับการพิจารณาข้อมูลสนิปส์ ส่งผลให้แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะ NBA ในสุกรพันธุ์ LR และ LW เพิ่มขึ้น ส่วนแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะ LBW สอดคล้องกันกับลักษณะ NBA เนื่องจากทั้งสองลักษณะนี้มีความสัมพันธ์กันในเชิงบวก (positive genetic correlation) อยู่แล้ว เมื่อลักษณะ NBA เพิ่มขึ้น ย่อมส่งผลทำให้ลักษณะ LBW เพิ่มขึ้นตาม (ศรัญญา, 2555; นวรัตน์ และคณะ, 2556; 2557, Schneider et al., 2012) และเมื่อพิจารณาเส้นทั้งสอง จะเห็นได้ว่าเส้นกราฟที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วย single-step genomic evaluation model มีค่าสูงกว่า

traditional genetic evaluation model หมายความว่า หากคัดเลือกลักษณะ LBW จากสุกรทั้งสองสายพันธุ์ ด้วยการพิจารณาข้อมูลสนิปส์ จะส่งผลให้การคัดเลือกลักษณะ LBW เพิ่มสูงขึ้นได้ แต่เมื่อพิจารณาลักษณะ NBD จะเห็นว่าแนวโน้มทางพันธุกรรมค่อยๆ ลดลงเข้าใกล้ศูนย์ใน traditional genetic evaluation model และมีค่าต่ำกว่าศูนย์ใน single-step genomic evaluation model นั้นหมายความว่า สามารถคัดเลือกลักษณะ NBD ให้ลดลงได้ ซึ่งเป็นไปในทิศทางที่พึงปรารถนา ซึ่งสอดคล้องกับ Figure 2 พิจารณาคัดเลือกลักษณะทั้งสามร่วมกัน (multivariate analysis) ซึ่งจัดได้ว่าสามารถคัดเลือกลักษณะ NBA, LBW เพิ่มสูงขึ้น และลดลักษณะ NBD ลงได้ ซึ่งเป็นผลมาจากการรวมชาติของลักษณะที่ทำการศึกษา รวมถึงการปรับค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างลักษณะด้วย อย่างไรก็ตาม การวิเคราะห์แบบ single-step genomic evaluation model ก็ยังให้แนวโน้มทางพันธุกรรมที่ดีมากกว่า traditional genetic evaluation model โดยเฉพาะในสุกรพันธุ์ LR

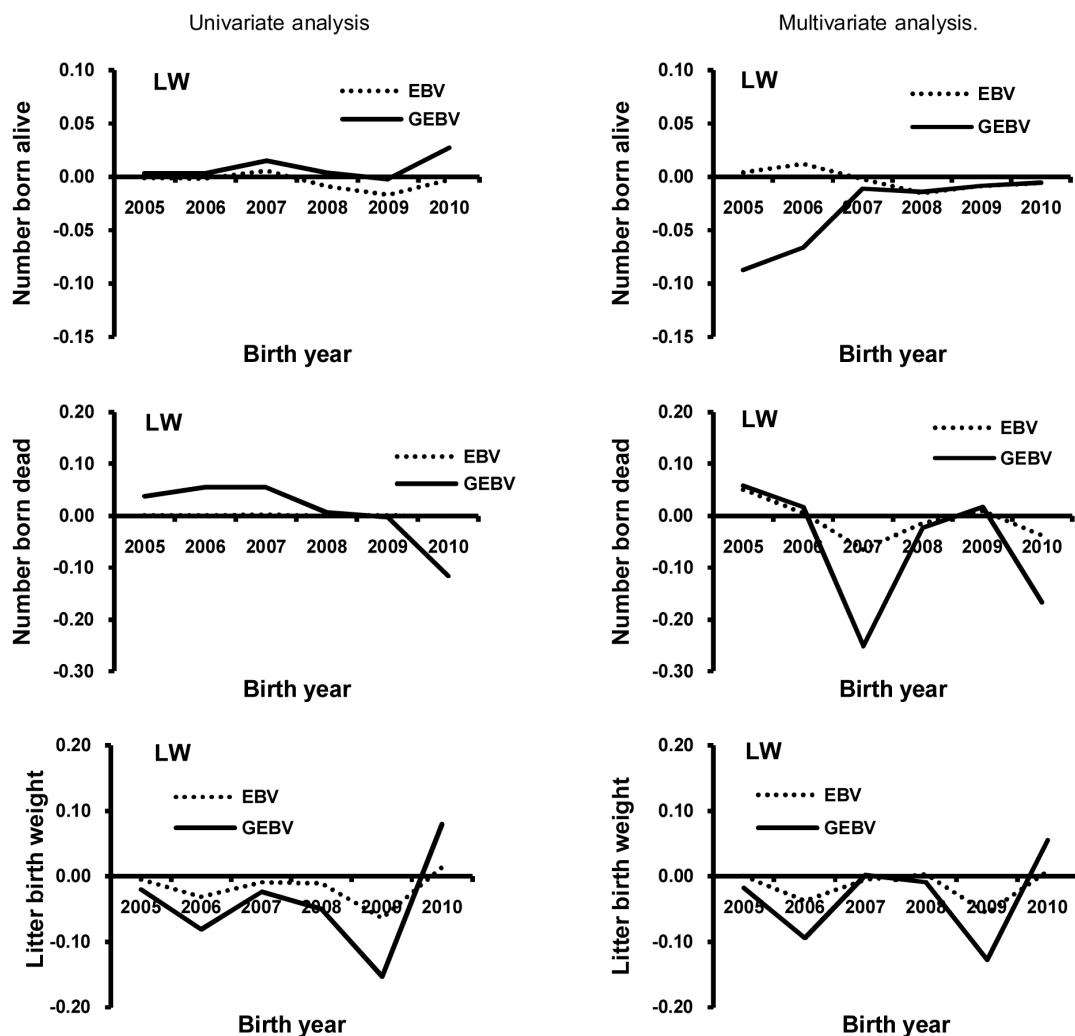


Figure 1 Genetic trend of number bore alive, litter birth weight and number born dead in Large White pig using traditional genetic evaluation model and single-step genomic evaluation model by univariate analysis and multivariate analysis.

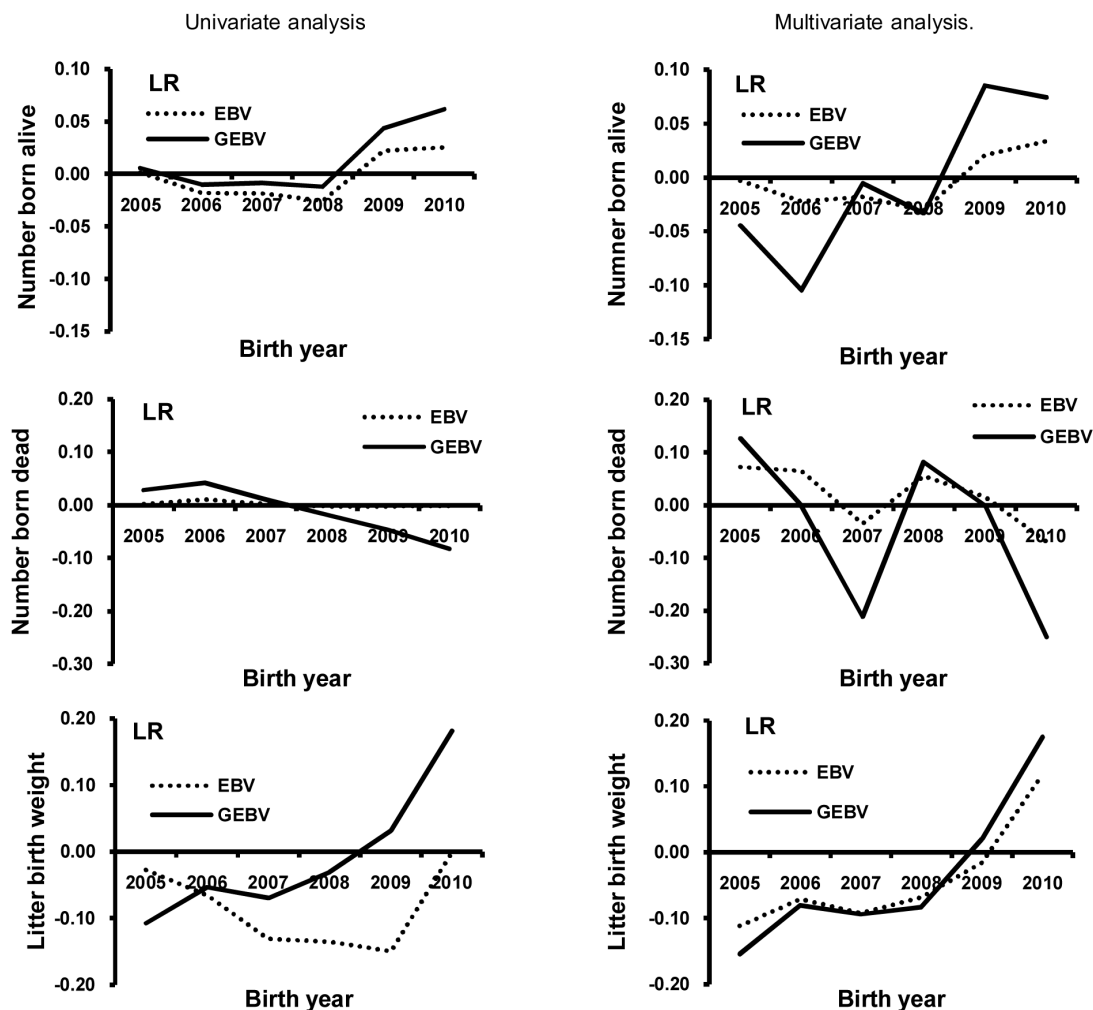


Figure 2 Genetic trend of number bore alive, litter birth weight and number born dead in Land Race pigs using traditional genetic evaluation model and single-step genomic evaluation model by univariate analysis and multivariate analysis.

สรุป

การวิจัยครั้งนี้พบว่าค่าลักษณะ NBA, LBW และ NBD มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ (0.01 ถึง 0.09) ค่าความแม่นยำที่วิเคราะห์ได้จาก single-step genomic evaluation model มีค่าสูงกว่า traditional genetic evaluation model ประมาณ 30 เปอร์เซ็นต์ และเพิ่มสูงขึ้นเมื่อใช้วิธีการแบบ multivariate analysis ส่วนแนวโน้มทางพันธุกรรมในทั้งสามลักษณะเป็นไปในทิศทางที่ดีและมีความเป็นไปได้ที่จะสามารถคัดเลือก

ให้ลักษณะ NBA และ LBW เพิ่มขึ้นและลักษณะ NBD ลดลงได้

คำขอบคุณ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณทุนพัฒนาศักยภาพบุคลากรเพื่อการศึกษาและพัฒนาสำหรับภาคอุตสาหกรรม สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) และมหาวิทยาลัยขอนแก่นที่ให้การสนับสนุนทุนวิจัย และสถานที่ทำงานจนประสบผลสำเร็จตามวัตถุประสงค์ที่วางไว้

เอกสารอ้างอิง

- นวัรัตน์ แสงลุน, ภาคภูมิ เสาวภาค, สมสุข พวงดี, มนต์ชัย ดวงจินดา และวุฒิไกร บุญคุ้ม. 2556. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะลูกตายแรกคลอด มัมมีและลูกแรกเกิดมีชีวิตในสุกร. ว. วิทย.เกษตร. 44: 191-194.
- นวัรัตน์ แสงลุน, มนต์ชัย ดวงจินดา และวุฒิไกร บุญคุ้ม. 2557. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมด ลูกตายแรกเกิด มัมมี และน้ำหนักครอกแรกเกิดในสุกร. แก่นเกษตร ฉบับพิเศษ. 42: 1-6.
- ประภัสรา คูหาอุดมลาภ. 2551. การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่สัมพันธ์กับการตายแรกเกิดของลูกสุกรในฟาร์มสุกรเชิงพาณิชย์. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาวิทยาลัยราชภัฏวชิรเวศน์ จังหวัดบุรีรัมย์. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาวิทยาลัยราชภัฏวชิรเวศน์ จังหวัดบุรีรัมย์. กรุงเทพฯ.
- ภาณุวัฒน์ คัมภีร์วัฒน์, มนต์ชัย ดวงจินดา, พิษณุรัตน์ แสงไชยสุริยา และอดิศักดิ์ อริยะมงคลเลิศ. 2552. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในสุกรโดยใช้โมเดลลูกผสม. แก่นเกษตร. 37: 157-164.
- มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548. การประเมินพันธุกรรมสัตว์. สำนักพิมพ์คลังนานาวิทยา, ขอนแก่น.
- ศรัญญา ศิริปัญญา. 2555. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะทางการสืบพันธุ์และการพัฒนาดัชนีการคัดเลือกด้านการให้ผลผลิตในแม่สุกรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซ. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ศูนย์สารสนเทศการเกษตร สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2557. สุกร: ผลพยากรณ์จำนวนตัว ณ วันที่ 1 มกราคม ปริมาณการผลิต ปี 2555-2557. ปี 2556-2557 พยากรณ์ไตรมาสที่ 2 เดือนมิถุนายน 2557. แหล่งข้อมูล: <http://www.oae.go.th/download/prcai/livestock/swine.pdf>. ค้นเมื่อ 26 สิงหาคม 2557.
- สมาคมผู้ผลิตและแปรรูปสุกรเพื่อการส่งออก. 2557. สถานการณ์สุกรโลก ปี 2556 และแนวโน้มปี 2557. แหล่งข้อมูล: <http://www.thai swine.org/Portals/4/stat%20year/สุกรโลก57.pdf>. ค้นเมื่อ 26 สิงหาคม 2557.
- Aguilar, I., I. Misztal, D. L. Johnson, A. Legarra, S. Tsuruta, and T. J. Lawlor. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. J. Dairy Sci. 93:743-752.
- Cleveland, M. A., S. Forni, D. J. Garrick, and N. Deeb. 2010. Prediction of genomic breeding values in a commercial pig population. Pp 0266. In: 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, 2010.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2005. BLUPF90-PigPAK v 2.5: User's Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Forni, S., I. Aguilar, and I. Misztal. 2011. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. Genetics Selection Evolution. 43: 1-7.
- Guo, G., F. Zhao, Y. Wang, Y. Zhang, L. Du, and G. Su. 2014. Comparison of single-trait and multiple-trait genomic prediction models. J. BMC Genetics. 15: 1471-2156.
- Jafarikia, M., F. Schenkel, F. Fortin, L. Maignel, S. Wyss, and B. Sullivan. 2012. Genomic evaluation for litter size in Canadian Yorkshire Pigs. pp 0211. In: Plant and Animal Genome XX Conference, January 14-18, 2012, San Diego, CA.
- Jia, Y., and J. L. Jannink. 2012. Multiple-trait genomic selection methods increase genetic value prediction accuracy. J. Genetics Society of America. 192: 1513-1522.
- King, R. H., and I. H. Williams. 1984. The effect of nutrition on the reproductive performance of first-litter sows 1. Feeding level during lactation, and between weaning and mating. Animal Production. 38: 241-247.
- Misztal, I. S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, and D. H. Lee. 2002. BLUPF90 and Related Programs(BGF90). In: 7th world congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France.
- Mujibi, F. D. N., J. D. Nkrumah, O. N. Durunna, P. Stothard, J. Mah, Z. Wang, J. Basarab, G. Plastow, D. H. Crews, Jr., and S. S. Moore. 2011. Accuracy of genomic breeding values for residual feed intake in crossbred beef cattle. J. Anim. Sci. 89: 3353-3361.
- Nichols, D. A., D. R. Ames, and R. H. Hines. 1979. Evaporative cooling systems for swine. pp 6-9. In: Swine day conference, November 8, 1979, Manhattan, KS.
- Schneider, J. F., L. A. Rempel, and G. A. Rohrer. 2012. GWAS of swine farrowing traits Part I: genetic and genomic parameter estimates. J. Anim. Sci. 90: 3360-3367.
- Wolf, J., and M. Wolf. 2012. Genetic parameters including the service sire effect for the sow traits stillbirth and piglet losses in Czech Large White and Landrace. J. Anim. Sci. 57: 402-409.