การใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติในการประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในสัตว์

Using pedigree data for genetic diversity estimation in animals

สุภาวดี มานะไตรนนท์

Supawadee Manatrinon

คณะสัตวศาสตร์และเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยศิลปากร เพชรบุรี 76120

Faculty of Animal Sciences and Agricultural Technology, Silpakorn University, Phetchaburi 76120, Thailand

Email: manatrinon@hotmail.com

บทคัดย่อ

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นการศึกษาความหลากหลายของรูปแบบของแอลลีลและจีโนไทป์ที่ปรากฏอยู่ในประชากรที่ศึกษา เป้าหมายหลักของการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นการรักษารูปแบบของแอลลีลและจีโนไทป์ให้มีความหลากหลายอยู่ภายในประชากรมากที่สุด การวิเคราะห์พันธุ์ประวัติเป็นวิธีการหนึ่งที่ใช้ในการประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร โดยมีขั้นตอนการวิเคราะห์แบ่งออกเป็น 2 ขั้นตอน คือ (1) การวิเคราะห์โครงสร้างของข้อมูลพันธุ์ประวัติเพื่อศึกษาลักษณะและคุณภาพของข้อมูล ซึ่งกำหนดด้วยจำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ ขนาดของประชากรอ้างอิง ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ จำนวนรุ่นสูงสุดที่สามารถตรวจสอบย้อนกลับได้ จำนวนรุ่นที่พันธุ์ประวัติมีความสมบูรณ์ และจำนวนบรรพบุรุษที่ทราบ และ (2) การประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม ซึ่งทำได้โดยการคำนวณหาค่าอัตราเลือดชิด, coefficient of coancestry, effective number of founders, effective number of founder genome และ effective number of ancestor นอกจากนี้การวิเคราะห์ข้อมูลพันธุ์ประวัติยังสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในงานอื่นๆ ที่เกี่ยวข้อง เช่น การวิเคราะห์หาสัตว์ตัวที่สำคัญที่สุด ดังนั้นการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติเป็นวิธีการหนึ่งในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรได้เป็นอย่างดีและเป็นวิธีที่มีค่าใช้จ่ายต่ำ

ABSTRACT

Genetic diversity is the variety of alleles and genotypes present in the population under study. Conservation of genetic diversity focuses on conservation of the variety of alleles and genotypes present in the population. Pedigree analysis is one of tools for estimating genetic diversity in the population. The procedure is divided into 2 steps. First, pedigree information structure is analyzed for characterization and quality of data which are determined by number of animals in the whole pedigree, size of reference population, pedigree completeness, maximum generation traced, complete generation equivalent and known ancestor. Second, genetic diversity can be estimated by calculation of inbreeding coefficient, coefficient of coancestry, effective number of founders, effective number of founder genome and effective number of ancestor. Moreover, pedigree analysis can be applied to other related areas likewise investigation for the most important ancestor. In conclusion, pedigree analysis is a useful tool for studying genetic diversity in the population, as the most cost effective method.

คำสำคัญ: พันธุ์ประวัติ; ความหลากหลายทางพันธุกรรม; การอนุรักษ์; สัตว์

Keywords: pedigree; genetic diversity; conservation; animal

บทนำ

เทคโนโลยีที่ใช้ในอุตสาหกรรมการผลิตสัตว์ในปัจจุบันมีความก้าวหน้าและทันสมัยเป็นอย่างมาก โดยเฉพาะอย่างยิ่งเทคโนโลยีทางด้านการสืบพันธุ์ เช่น เทคนิคการเก็บน้ำเชื้อแช่แข็ง การย้ายฝากตัวอ่อน การคัดเลือกเพศ และการผสมเทียม เทคโนโลยีเหล่านี้นำมาใช้อย่างมากในการขยายพันธุ์สัตว์ที่มีพันธุกรรมดีได้อย่างรวดเร็ว โดยน้ำเชื้อจากพ่อพันธุ์ที่มีพันธุกรรมดีเพียง 1 ตัว สามารถนำไปผสมเทียมกับแม่พันธุ์ได้จำนวนมาก และหากขาดความระมัดระวังในการจับคู่ผสมพันธุ์ระหว่างสัตว์ 2 ตัว อาจมีความเสี่ยงในอนาคตที่จะเกิดการผสมพันธุ์ระหว่างสัตว์ที่มีความสัมพันธ์ทางสายเลือดได้ ที่เรียกว่าการผสมเลือดชิด โดยมีรายงานการเพิ่มขึ้นของอัตราเลือดชิดอย่างต่อเนื่องตั้งแต่ปี ค.ศ.1978 เป็นต้นมาทั้งในสุกรและโค (Parland *et al*., 2007; Melka and Schenkel, 2010) การผสมเลือดชิดส่งผลเสียให้สัตว์มีความสมบูรณ์พันธุ์ อัตราการอยู่รอด และผลผลิตลดลง (Gonzalez-Recio et al., 2007; Rokouei *et al*., 2010; Hinrichs and Thaller, 2011; Fuerst-Waltl and Fuerst, 2012) มีรายงานการเพิ่มขึ้นของอัตราเลือดชิด 1% ส่งผลให้ปริมาณน้ำนมโคท้องที่ 3 ลดลง 27.38 กิโลกรัม และปริมาณไขมันลดลง 0.66 กิโลกรัม (Rokouei *et al*., 2010) นอกจากนี้การผสมเลือดชิดทำให้โอกาสในการแสดงออกของโรคทางพันธุกรรมมีมากขึ้น ในขณะที่ความหลากหลายทางพันธุกรรมลดลง เนื่องจากการผสมเลือดชิดทำให้เพิ่มสัดส่วนจีโนไทป์ให้อยู่ในรูปโฮโมไซกัสมากกว่าเฮทเทอโรไซกัส

ความหลากหลายทางพันธุกรรมมีความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์ โดยในประชากรที่ไม่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมไม่สามารถทำการปรับปรุงพันธุกรรมได้ เนื่องจากสัตว์ทุกตัวมีพันธุกรรมเหมือนกันหมด การรักษาระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมให้มีอยู่ในประชากรมากที่สุดเท่าที่จะเป็นไปได้ เป็นการรับประกันได้ว่าอาจมียีนที่สำคัญต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในอนาคต และลดโอกาสการสูญพันธุ์ของประชากรเมื่อสิ่งแวดล้อมมีการเปลี่ยนแปลง ดังนั้นเป้าหมายหลักของการวางแผนการอนุรักษ์พันธุกรรมจึงเป็นการรักษาระดับของความหลากหลายทางพันธุกรรมให้มีอยู่ในประชากรและลดการผสมเลือดชิดได้ (Lacy 1995; Barker 2001; Fernandez *et al*. 2001) การวางแผนการอนุรักษ์พันธุกรรมมีความสำคัญอย่างยิ่งในประชากรที่มีการใช้เทคนิคการผสมเทียมหรือการย้ายฝากตัวอ่อนซึ่งจะส่งผลให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรลดลงอย่างรวดเร็ว (Vasconcellos *et al*., 2003) ดังนั้นก่อนที่จะวางแผนการอนุรักษ์พันธุกรรมได้จึงจำเป็นต้องรู้ลักษณะโครงสร้างของข้อมูลพันธุ์ประวัติและค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมที่มีอยู่ในประชากรตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน

การประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมทำได้โดยวิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุล เช่น โปรตีน ดีเอ็นเอไมโครแซทเทิลไลท์ และดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (Eenennaam and Medrano, 1991; Jia *et al*., 2007; Manatrinon *et al*., 2008; Manatrinon *et al*., 2012; Mancini *et al*., 2013) การศึกษาโดยวิธีนี้เป็นการศึกษาในระดับพันธุกรรมของสัตว์ทั้งประชากร ซึ่งมีค่าใช้จ่ายในการวิเคราะห์ อีกวิธีหนึ่งคือการใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติในการประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม (Leroy, 2011) การศึกษาโดยวิธีนี้เป็นการประยุกต์ใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติที่มีอยู่แล้วภายในฟาร์มและใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ในการวิเคราะห์ข้อมูล ข้อดีของวิธีนี้คือสามารถวิเคราะห์แนวโน้มค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรตั้งแต่อดีตได้ โดยไม่จำเป็นที่จะต้องใช้ตัวอย่างชิ้นส่วนจากสัตว์ในการวิเคราะห์ตามวิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุล

ในปี ค.ศ.1997 Boichard *et al*. ได้นำเสนอวิธีการใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติในการประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากร โดยอาศัยหลักการความน่าจะเป็นของจุดกำเนิดของยีน (probabilities of gene origin) โดยอาศัยความน่าจะเป็นที่สัตว์ตัวหนึ่งจะได้รับการถ่ายทอดยีนใดๆ ที่อยู่บนโครโมโซมร่างกายจากพ่อหรือแม่เท่ากับ 0.5 และ ความน่าจะเป็นที่สัตว์ตัวหนึ่งจะได้รับการถ่ายทอดยีนใดๆ ที่อยู่บนโครโมโซมร่างกายจากปู่ ย่า ตา หรือ ยายเท่ากับ 0.25 โดยอาศัยหลักการนี้สามารถคำนวณหาค่า effective number of ancestors, effective number of founder และ effective number of founder genomes ซึ่งนำไปใช้ในการอธิบายโครงสร้างทางพันธุกรรมและความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรได้อีกวิธีหนึ่ง

ปัจจุบันมีรายงานการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมกันอย่างแพร่หลาย (Gutierrez *et al*., 2003; Parland *et al*., 2007; Vozzi *et al*., 2007; Melka and Schenkel, 2010; Bouquet *et al*., 2011; Pjontek *et al*., 2012; Cortes *et al*., 2014) โดยในบทความนี้จะกล่าวถึงลักษณะโครงสร้างและความสมบูรณ์ของข้อมูลพันธุ์ประวัติ และตัวแปรที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากร เพื่อให้เห็นความความสำคัญของข้อมูลพันธุ์ประวัติในอีกแง่มุมหนึ่ง และเป็นทางเลือกอีกวิธีหนึ่งที่ใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมสัตว์ในประเทศไทยได้

ลักษณะโครงสร้างและความสมบูรณ์ของข้อมูลพันธุ์ประวัติ

ความถูกต้องของข้อมูลพันธุ์ประวัติ เช่น สัตว์ตัวนี้มีพ่อแม่เป็นใคร มีผลต่อความแม่นยำและความถูกต้องในการประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร (Oliehoek and Bijma, 2009) ลักษณะโครงสร้างและความสมบูรณ์ของข้อมูลพันธุ์ประวัติแสดงในแง่ของจำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ ระยะเวลาและขนาดของประชากรอ้างอิง ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ จำนวนรุ่นสูงสุดที่สามารถตรวจสอบย้อนกลับได้ จำนวนของรุ่นที่พันธุ์ประวัติมีความสมบูรณ์ และจำนวนบรรพบุรุษที่ทราบ โดย Melka and Schenkel (2010) ได้วิเคราะห์หาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรในประเทศแคนาดาจำนวน 4 พันธุ์ที่เกิดในช่วงปี ค.ศ. 2006–2008 (Table 1)

จำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ

จำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ (whole pedigree) ได้นำเสนอเพื่อให้ทราบว่ามีจำนวนสัตว์เท่าใดที่นำมาวิเคราะห์ข้อมูล เป็นการบ่งบอกขนาดของประชากรที่มีการเก็บข้อมูลพันธุ์ประวัติของสัตว์ประชากรนั้นๆ ได้ และใช้เป็นข้อมูลประกอบการเปรียบเทียบการแปลผลข้อมูล เช่น สุกรพันธุ์ Landrace มีจำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ 1,080,144 ตัว และมีความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ 96% (ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติในที่นี้ หมายถึง มีการจดบันทึกพ่อและแม่ของสัตว์ในประชากรซึ่งจะได้อธิบายรายละเอียดในหัวข้อต่อไป) ขณะที่สุกรพันธุ์ Hampshire มีจำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ 114,871 ตัว และมีความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติเพียง 53% ดังนั้นสุกรพันธุ์ Landrace นอกจากจะมีจำนวนประชากรที่มีขนาดใหญ่กว่าสุกรพันธุ์ Hampshire ถึงสิบเท่าแล้ว ยังมีการเก็บข้อมูลพันธุ์ประวัติที่สมบูรณ์มากกว่าด้วย (Table 1) ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่า ผลการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติของ 2 ประชากรไม่สามารถนำมาเปรียบเทียบกันได้ เนื่องจากความแตกต่างกันของข้อมูลพื้นฐาน

Table 1 Number of animals in the whole pedigree file and in the reference population (2006-2008), pedigree completeness index, maximum generations traced and average complete generation equivalents of animals in the reference population and percentage of known ancestors in a given generation.

Breeds	Duroc	Hampshire	Lacombe	Landrace
Whole pedigree	480,191	114,871	51,397	1,080,144
Size of reference population	46,779	98	1,420	78,228
Pedigree completeness index (%)	90	53	90	96
Maximum generations traced	33	21	30	29
Complete generation equivalent	13	6	18	11
% Known ancestors in:				
1st generation	100	100	100	100
3rd generation	85	68	63	82
5th generation	72	62	61	65
7th generation	60	58	60	49

Source: Modified from Melka and Schenkel (2010)

ขนาดของประชากรอ้างอิง

ขนาดของประชากรอ้างอิง (size of reference population) เป็นการระบุขอบเขตหรือกลุ่มของประชากรที่ต้องการศึกษา เช่น ต้องการหาอัตราเลือดชิดของสัตว์กลุ่มใด โดยส่วนใหญ่จะกำหนดกลุ่มของประชากรตามปีเกิดของสัตว์ หรือเป็นช่วงปีเกิด ซึ่งในที่นี้ประชากรที่ใช้ในการศึกษาเป็นสุกรที่เกิดช่วงปี ค.ศ.2006–2008 จากผลการวิเคราะห์ Table 1 ขนาดของประชากรอ้างอิงของสุกรพันธุ์ Hampshire มีจำนวนทั้งสิ้น 98 ตัว จากประชากรทั้งหมด 114,871 ตัวที่ปรากฏในพันธุ์ประวัติ คิดเป็น 0.1% ของประชากรทั้งหมด และสุกรพันธุ์ Landrace มีขนาดประชากรอ้างอิงจำนวนทั้งสิ้น 78,228 ตัว จากประชากรทั้งหมด 1,080,144 ตัวที่ปรากฏในพันธุ์ประวัติ คิดเป็น 7.2% ของประชากรทั้งหมด จะเห็นว่าสัดส่วนขนาดของประชากรอ้างอิงของสุกรพันธุ์ Landrace มีมากกว่าสุกรพันธุ์ Hampshire (Table 1)

ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ

ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ (pedigree completeness) ประเมินโดยสัดส่วนของจำนวนบรรพบุรุษ (ancestor) ที่ทราบโดยถูกบันทึกไว้ในพันธุ์ประวัติ การบันทึกข้อมูลพันธุ์ประวัติประกอบไปด้วยอย่างน้อยชื่อสัตว์ ชื่อพ่อ ชื่อแม่และวันเดือนปีเกิดของสัตว์ ถ้ากำหนดให้มีสัตว์ที่เกิดในปี ค.ศ.2006 จำนวนทั้งหมด 4 ตัว แสดงว่าจะต้องทราบชื่อพ่อและชื่อแม่ของสัตว์ทั้ง 4 ตัว รวมเป็นจำนวนสัตว์ที่ต้องทราบในรุ่นพ่อแม่นี้ทั้งหมด 8 ตัว เรียกสัตว์ทั้ง 8 ตัวในรุ่นพ่อแม่นี้ว่าเป็นบรรพบุรุษของสัตว์ที่อยู่ในประชากรอ้างอิง และในรุ่นพ่อแม่มีจำนวนสัตว์ทั้งหมด 8 ตัวแสดงว่าจะต้องมีจำนวนสัตว์ในรุ่นปู่ย่า 16 ตัว (เรียกสัตว์ทั้ง 16 ตัวในรุ่นปู่ย่านี้ว่าเป็นบรรพบุรุษของสัตว์ในรุ่นพ่อแม่) รวมเป็นสัตว์ทั้งหมด 28 ตัวที่อยู่ในพันธุ์ประวัติ โดยถ้าสัตว์ทั้ง 28 ตัว ถูกบันทึกไว้ในพันธุ์ประวัติ จะได้ว่าความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติของสัตว์ที่เกิดในปี ค.ศ.2006 นี้มีค่าเท่ากับ 100% เมื่อย้อนกลับไป 2 รุ่น เป็นต้น ดัง Figure 1 ดังนั้นในการคำนวณหาความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติต้องระบุกลุ่มของประชากรอ้างอิง ซึ่งระบุได้โดยปีเกิด และต้องระบุจำนวนรุ่นที่ต้องการคำนวณหาย้อนหลังกลับไป จึงจะสามารถคำนวณหาความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติได้

ข้อมูลความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติของสุกร 4 พันธุ์ใน Table 1 เป็นการคำนวณย้อนหลังกลับไป 4 รุ่น จะเห็นว่าความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติของสุกร 3 พันธุ์ คือ Duroc Lacombe และ Landrace มีความสมบูรณ์สูงโดยมีค่าความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติมากกว่า 90% ในขณะที่ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติในสุกรพันธุ์ Hampshire มีค่าต่ำเพียง 53% เท่านั้น ซึ่งความสมบูรณ์ของข้อมูลพันธุ์ประวัตินี้จะมีผลอย่างมากต่อความถูกต้องในการคำนวณค่าต่างๆ โดยเฉพาะการคำนวณหาค่าอัตราเลือดชิด โดยค่าอัตราเลือดชิดที่คำนวณได้ในพันธุ์ประวัติที่มีความสมบูรณ์น้อยจะมีค่าอัตราเลือดชิดเท่ากับหรือน้อยกว่าค่าอัตราเลือดชิดที่มีอยู่จริงในประชากร เป็นต้น

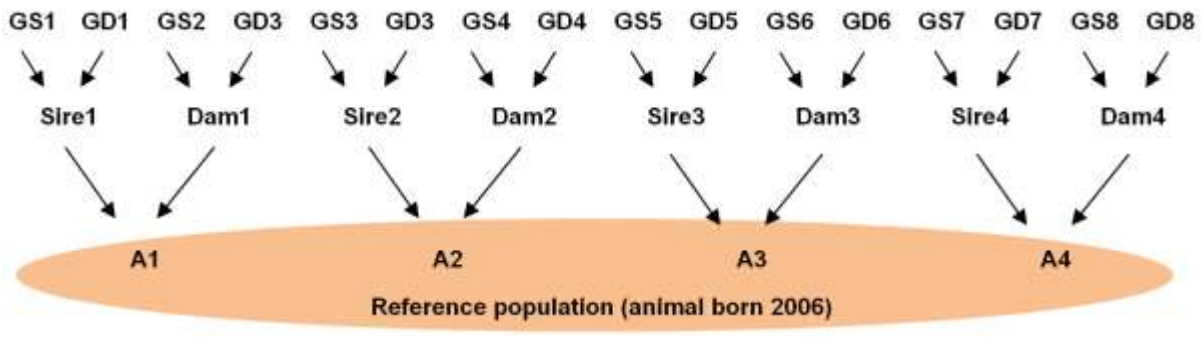

Figure 1 Pedigree completeness of the male and female lines up to two generations back from the animals in the reference population (A= individual animal, GS=grandsire and GD=granddam).

การนำเสนอความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติอาจถูกนำเสนอในอีกรูปแบบหนึ่งโดยระบุเป็นร้อยละ หรือ % ของจำนวนสัตว์ที่ทราบบรรพบุรุษดัง Figure 2 แสดงเปอร์เซ็นต์ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติโคเนื้อในประเทศสเปนจำนวน 2 พันธุ์ คือ Alistana และ Pirenaica โดยแสดงทั้งหมด 3 รุ่น คือ รุ่นพ่อแม่ (Sire/Dam) รุ่นปู่ย่า (GS/ GD; GS=grandsire, GD= granddam) และรุ่นทวด (GGS/GGD; GGS=great-grandsire, GGD=great-granddam) พบว่าโคเนื้อพันธุ์ Pirenaica มีความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติมากกว่าโคเนื้อพันธุ์ Alistana ในทุกๆ รุ่น โดยความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติในโคเนื้อพันธุ์ Pirenaica มีค่า 89–90% ในรุ่นพ่อแม่ 70–85% ในรุ่นปู่ย่า และ 45–79% ในรุ่นทวด ส่วนความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติในโคเนื้อพันธุ์ Alistana มีค่า 68–80% ในรุ่นพ่อแม่ 28–52% ในรุ่นปู่ย่า และ 5–35% ในรุ่นทวด ดังนั้นในการวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของโคเนื้อพันธุ์ Pirenaica อาจมีความถูกต้อง แม่นยำ และมีความน่าเชื่อถือมากกว่า

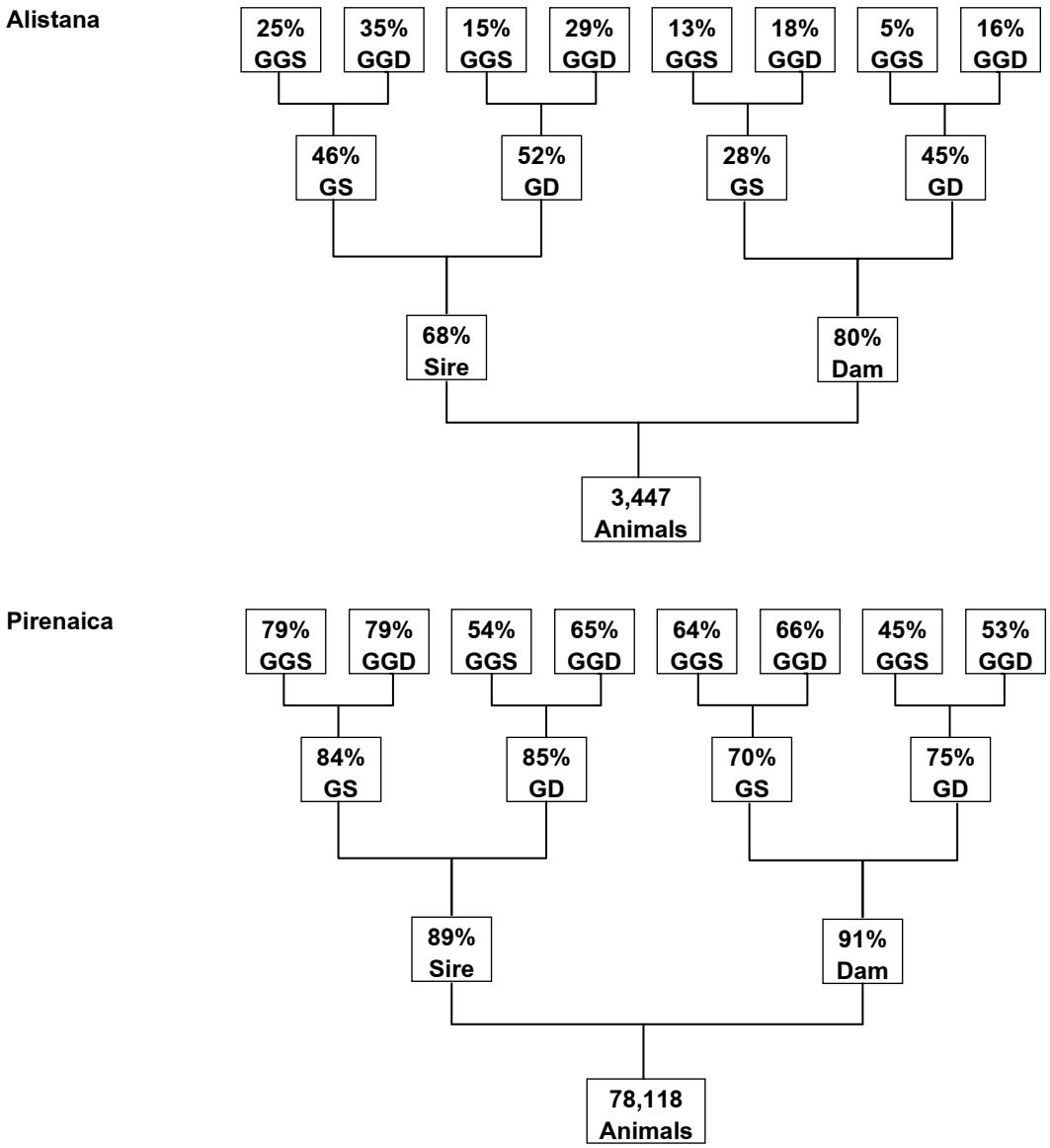

Figure 2 Pedigree completeness and level of identification of ancestors until the third generation in the whole pedigree data files of two Spanish beef cattle breeds (GS=grandsire, GD=granddam, GGS=great-grandsire and GGD=great-granddam) (modified from Gutierrez *et al*., 2003).

จำนวนรุ่นสูงสุดที่สามารถตรวจสอบย้อนกลับได้

จำนวนรุ่นสูงสุดที่สามารถตรวจสอบย้อนกลับได้ (maximum generations traced) หมายถึง จำนวนรุ่นที่สามารถนับย้อนกลับไปได้สูงสุดในประชากรทั้งหมด (whole pedigree) สะท้อนให้เห็นว่ามีการบันทึกพันธุ์ประวัติมายาวนานและมีความต่อเนื่องเพียงใด โดยหากมีการบันทึกพันธุ์ประวัติมายาวนานตั้งแต่อดีต แต่ถ้าหากมีการบันทึกไม่ต่อเนื่องจะไม่สามารถนับจำนวนรุ่นที่ย้อนหลังกลับไปได้ไกล ซึ่งจำนวนรุ่นที่สามารถนับย้อนหลังกลับไปได้นี้มีผลต่อการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติด้วยเช่นกัน โดยหากคำนวณหาค่าอัตราเลือดชิดในประชากรที่มีการบันทึกพันธุ์ประวัติที่ยาวนานและต่อเนื่องมากกว่าย่อมมีโอกาสให้ค่าอัตราเลือดชิดที่สูงกว่าประชากรที่มีการบันทึกพันธุ์ประวัติที่สั้นกว่าหรือมีความไม่ต่อเนื่องของการบันทึกข้อมูลมากกว่า จากข้อมูลใน Table 1 พบว่าสุกรพันธุ์ Duroc มีพันธุ์ประวัติที่สามารถนับย้อนหลังไปได้ไกลที่สุด (deep pedigree) ถึง 33 รุ่น มากกว่าสุกรพันธุ์อื่นๆ ส่วนสุกรพันธุ์ Hampshire สามารถนับย้อนหลังไปได้น้อยที่สุดเพียง 21 รุ่น เท่านั้น จึงอาจกล่าวได้ว่าสุกรพันธุ์ Duroc มีการบันทึกพันธุ์ประวัติที่ยาวนานกว่าสุกรพันธุ์ Hampshire

จำนวนรุ่นที่พันธุ์ประวัติมีความสมบูรณ์

จำนวนรุ่นที่พันธุ์ประวัติมีความสมบูรณ์ (complete generation equivalent) หมายถึง จำนวนรุ่นที่สามารถนับย้อนกลับไปได้สูงสุดโดยเริ่มนับย้อนจากสัตว์ที่อยู่ในประชากรอ้างอิง การคำนวณหาจำนวนรุ่นที่พันธุ์ประวัติมีความสมบูรณ์นี้เปรียบเสมือนเป็นการดูคุณภาพของข้อมูลพันธุ์ประวัติในกลุ่มของประชากรอ้างอิงโดยเฉพาะซึ่งจัดเป็นกลุ่มย่อยจากประชากรทั้งหมดที่มีอยู่ในพันธุ์ประวัติ จากข้อมูลใน Table 1 พบว่าสุกรพันธุ์ Lacombe ซึ่งมีจำนวนประชากรทั้งหมดน้อยที่สุดเพียง 51,397 ตัว มีขนาดประชากรอ้างอิง 1,420 ตัว แต่กลับมีพันธุ์ประวัติที่สามารถนับย้อนหลังไปได้ไกลที่สุดโดยนับจากประชากรอ้างอิงมากถึง 18 รุ่น ในขณะที่สุกรพันธุ์ Landrace มีจำนวนประชากรทั้งหมด 1,080,144 ตัว มีขนาดประชากรอ้างอิงถึง 78,228 ตัว แต่กลับมีพันธุ์ประวัติที่สามารถนับย้อนหลังไปได้ไกลที่สุดโดยนับจากประชากรอ้างอิงเพียง 11 รุ่น เท่านั้น ในการนำเสนอค่าจำนวนรุ่นที่พันธุ์ประวัติมีความสมบูรณ์นี้อาจนำเสนอในรูปของกราฟ โดยจำแนกประชากรอ้างอิงออกเป็นกลุ่มย่อยๆ ตามปีเกิดของสัตว์ ซึ่งจะเห็นแนวโน้มการเปลี่ยนแปลงคุณภาพของข้อมูลพันธุ์ประวัติว่าเป็นอย่างไร

จำนวนบรรพบุรุษที่ทราบ

จำนวนบรรพบุรุษที่ทราบ (known ancestors) หมายถึง จำนวนพ่อและแม่ที่ทราบของสัตว์ในแต่ละรุ่น โดยเรียกพ่อและแม่ที่ทราบในแต่ละรุ่นว่า known ancestors ซึ่งเป็นการนับย้อนหลังกลับไปจากสัตว์ที่อยู่ในประชากรอ้างอิงโดย Table 1 แสดงจำนวนบรรพบุรุษย้อนหลังกลับไปทั้งหมด 4 รุ่น คือ รุ่นที่ 1, 3, 5 และ 7 ผลการวิเคราะห์พบว่าเมื่อนับย้อนหลังกลับไป 1 รุ่นนั้น ทราบพ่อและแม่ของสัตว์ทุกตัวที่ในประชากรอ้างอิง โดยยิ่งนับย้อนหลังกลับไป จำนวนบรรพบุรุษที่ทราบก็ลดจำนวนลงไปเรื่อยๆ จากทราบจำนวนบรรพบุรุษ 100% เป็น 85, 72 และ 60% ในรุ่นที่ 1, 3, 5 และ 7 ตามลำดับ สะท้อนให้เห็นถึงคุณภาพของข้อมูลพันธุ์ประวัติในแต่ละรุ่นของแต่ละประชากร

ตัวแปรที่ใช้การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม

ภายหลังจากที่มีการวิเคราะห์โครงสร้างของข้อมูลพันธุ์ประวัติเพื่อดูคุณภาพหรือความสมบูรณ์ของข้อมูลแล้ว ต่อมาจะเป็นการนำข้อมูลนั้นมาวิเคราะห์หาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร โดยการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในสัตว์แบ่งได้เป็น 2 แบบ คือ การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร (within-breed) และระหว่างประชากร (between breed) (Tang *et al.*, 2013) โดยการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้พันธุ์ประวัติในครั้งนี้จะเป็นการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร ซึ่งผลการวิเคราะห์ที่ได้จะเป็นประโยชน์โดยตรงต่อการปรับปรุงพันธุกรรมของประชากรให้ดีขึ้น อีกทั้งการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมให้มีอยู่ในประชากรยังเป็นเครื่องรับประกันด้วยว่าจะมียีนที่มีความหลากหลายเพียงพอไว้ใช้ในการปรับปรุงพันธุกรรมในอนาคต การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรอยู่บนพื้นฐานของ

หลักการ 2 แบบ คือ probability of the identity by descent และ probability of gene origin ดังนี้

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้หลักการ probability of the identity by descent

อัตราเลือดชิด

อัตราเลือดชิด (inbreeding coefficient; F_i) หมายถึง ความน่าจะเป็นที่ 2 แอลลีล ณ ยีนตำแหน่งหนึ่งจะเหมือนกันโดยการถ่ายทอด (Falconer and Mackay, 1996) คำนวณได้โดยใช้สูตร ของ Tang *et al*. (2013) ซึ่งปรับปรุงมาจาก Sargolzaei *et al*. (2006) ดังนี้

$$F_i = a_{ii} - 1$$

โดย F_i = อัตราเลือดชิดของสัตว์ตัวที่ *i*

a_{ii} = additive genetic relationship ระหว่างสัตว์ตัวที่ *i* กับตัวมันเอง

จากผลการวิเคราะห์ของ Manatrinon *et al*., 2009 ซึ่งผู้เขียนได้นำข้อมูลอัตราเลือดชิดมาเขียนเป็นกราฟดังแสดงใน Figure 3 พบว่าค่าอัตราเลือดชิดในโคพันธุ์ Brown Swiss ของประเทศออสเตรียมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นทุกปี ซึ่งสอดคล้องกับการวิจัยของ Tang *et al*. (2013) และ Melka and Schenkel (2010) ซึ่งศึกษาในสุกร และ Valera *et al*. (2005) ทำการศึกษาในม้า การที่อัตราเลือดชิดมีแนวโน้มเพิ่มขึ้นนี้ไม่ส่งผลดีต่อประชากรในระยะยาว เนื่องจากการเพิ่มขึ้นของอัตราเลือดชิดจะส่งผลให้ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรลดลง อีกทั้งอาจเกิดผลเสียอันเนื่องมากจาก inbreeding depression

การเพิ่มขึ้นของอัตราเลือดชิดในสัตว์แต่ละตัว (individual increase in inbreeding; ΔF_i) หมายถึง ความแตกต่างของอัตราเลือดชิดของสัตว์ตัวที่ i กับพ่อแม่ของตัวสัตว์เอง (Kaerney *et al*., 2004) คำนวณโดยใช้สูตร

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t-1]{1 - F_i}$$

โดย t = จำนวนรุ่นที่พันธุ์ประวัติมีความสมบูรณ์ (Gutierrez *et al*., 2009)

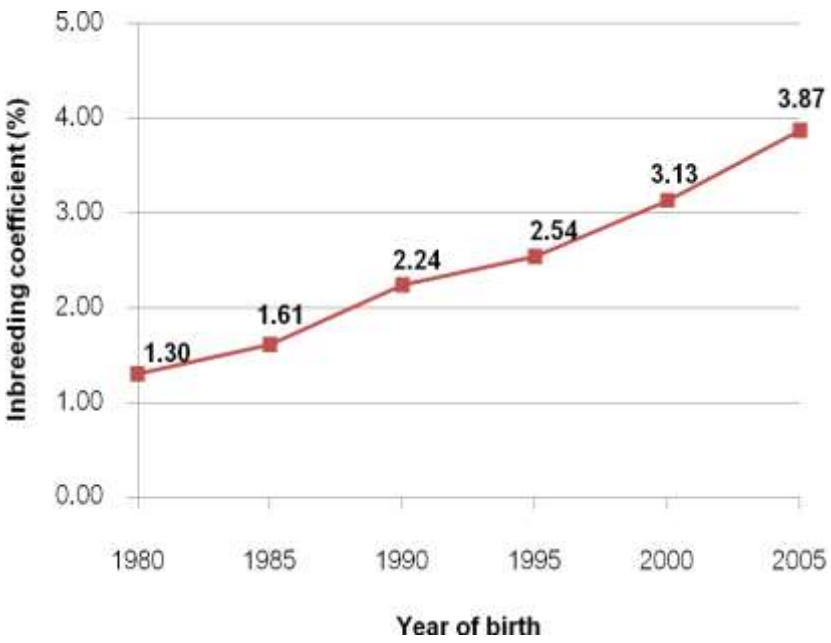

Figure 3 Trend in level of inbreeding coefficient for the Austrian Brown Swiss cattle breeds across year of birth (modified from Manatrinon *et al*., 2009).

Coefficient of coancestry (f_{xy})

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์มีหลักการ 2 ข้อ คือ หลักการคัดเลือก (selection) และหลักการจับคู่ผสมพันธุ์ (mating system) ในการจับคู่ผสมพันธุ์เพื่อหลีกเลี่ยงการเกิดเลือดชิดนั้นทำได้โดยพยายามจับคู่ผสมพันธุ์ระหว่างสัตว์ที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางสายเลือด ซึ่งสามารถทำได้โดยอาศัยข้อมูลพันธุ์ประวัติ อย่างไรก็ตามอาจเป็นการยากที่จะเลือกจับคู่ผสมพันธุ์ระหว่างสัตว์ที่ไม่เป็นเครือญาติกัน เนื่องจากในปัจจุบันมีการใช้เทคโนโลยีทางด้านต่างๆ เข้าช่วย โดยเฉพาะเทคนิคการผสมเทียม ทำให้พันธุกรรมของสัตว์เพศผู้ตัวใดตัวหนึ่งที่มีพันธุกรรมดีเลิศสามารถกระจายพันธุกรรมของตัวเองเข้าไปในฝูงได้อย่างรวดเร็ว ซึ่งการคำนวณหาค่า coefficient of coancestry มีประโยชน์คือสามารถใช้ในการทำนายอัตราเลือดชิดที่เกิดขึ้นในรุ่นลูก เมื่อจับคู่สัตว์ 2 ตัว ผสมพันธุ์กัน ทำให้นักปรับปรุงพันธุ์สัตว์สามารถรู้อัตราเลือดชิดที่เกิดขึ้นก่อนที่จะมีการจับคู่สัตว์เพื่อผสมพันธุ์กันจริง เนื่องจากค่า coefficient of coancestry ของพ่อและแม่มีค่าเท่ากับอัตราเลือดชิดของลูก (Falconer and Mackay, 1996) โดย ค่า coefficient of coancestry ระหว่างสัตว์ 2 ตัวมีเท่ากับครึ่งหนึ่งของค่า additive genetic relationship ดังนี้

$$f_{xy} = 0.5a_{xy}$$

โดย f_{xy} และ a_{xy} = ค่า coancestry coefficient และ additive genetic relationship ระหว่าง x และ y ตามลำดับ

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้หลักการ probability of gene origin

Effective number of founders (f_e)

Lacy (1989) ได้ให้คำจำกัดความของคำว่า founder หมายถึง สัตว์ตัวใดๆ ที่ไม่ทราบว่าพ่อหรือแม่ตัวเองเป็นใคร และคำว่า effective number of founder (founder equivalent) หมายถึง จำนวนของ founder ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมเหมือนกันกับในประชากรที่ศึกษา (Boichard *et al*., 1997)

$$f_e = \left[\sum_{i=1}^{f} q_i^2\right]^{-1}$$

โดย q_i = พันธุกรรมจาก founder ตัวที่ i ที่มีอยู่ในประชากรอ้างอิง และ f = จำนวน founder ทั้งหมด

ข้อมูลจาก Table 2 พบว่าสุกรพันธุ์ Hampshire มีจำนวน founder มากกว่าสุกรพันธุ์ Lacombe (257 และ 158 ตัว ตามลำดับ) แต่สุกรพันธุ์ Hampshire กลับมีค่า effective number of founder น้อยกว่าสุกรพันธุ์ Lacombe (11 และ 56 ตัว ตามลำดับ) กล่าวได้ว่าสุกรพันธุ์ Hampshire มีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำกว่าสุกรพันธุ์ Lacombe เนื่องจากพันธุกรรมของประชากรทั้งหมดของ Hampshire มาจาก founder เพียง 11 ตัวเท่านั้น ในขณะที่สุกรพันธุ์ Lacombe มีพันธุกรรมที่ถูกถ่ายทอดมาจาก founder จำนวน 56 ตัว จึงสามารถสรุปได้ว่าสุกรพันธุ์ Lacombe มีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่าสุกรพันธุ์ Hampshire โดยใช้ค่า effective number of founder เป็นเกณฑ์ อย่างไรก็ตามการเปรียบเทียบผลระหว่างประชากรเป็นสิ่งที่ต้องระมัดระวังเนื่องจากคุณภาพของข้อมูลพันธุ์ประวัติในแต่ละประชากรมีไม่เท่ากัน เช่น ความสมบูรณ์ของข้อมูลพันธุ์ประวัติ และขนาดประชากรอ้างอิง

Effective number of founder genome (f_{ge})

effective number of founder genome (founder genome equivalent) หมายถึง จำนวนของ founder ที่ถ่ายทอดพันธุกรรมของตัวเองในสัดส่วนที่เท่ากันทุกตัวแล้วทำให้มีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมเท่ากันกับค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรอ้างอิง (Tang *et al*., 2013) อย่างไรก็ตามในประชากรที่มีขนาดเล็ก ถึงแม้ว่า founder ทุกตัวจะสามารถถ่ายทอดพันธุกรรมของตัวเองไปสู่รุ่นลูกได้เท่ากัน ก็มักเกิดการสูญเสียค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมซึ่งมีสาเหตุมาจาก genetic drift (Lacy, 1989) สามารถคำนวณหาค่า effective number of founder genome โดยใช้สูตร ดังนี้

$$f_{ge} = \frac{1}{2\bar{f}_g}$$

โดย f_g = ค่าเฉลี่ยของค่า coancestry ของประชากร

Table 2 Parameters derived from the probability of gene origin in the most recent years (2006-2008) in each breed.

Breeds	Duroc	Hampshire	Lacombe	Landrace
Total number of founders, f	1,803	257	158	1621
Effective number of founders, f_e	275	11	56	54
Effective number of founder genome, f_{ge}	19	4	4	18
f_e/f ratio	0.15	0.04	0.35	0.03
f_{ge}/f_e ratio	0.07	0.36	0.07	0.33
Number of ancestors to explain:				
50% of gene pool	16	4	7	17
75% of gene pool	55	9	16	50
100% of gene pool	837	29	74	826

Source: Modified from Melka and Schenkel (2010)

จาก Table 2 พบว่ามีค่าสุกรพันธุ์ Hamshire และ Lacombe มีค่า effective number of founder genome เท่ากับ 4 หมายความว่า ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรอ้างอิงซึ่งมีอยู่จำนวน 98 ตัว (Hamshire) และ 1,420 ตัว (Lacombe) สามารถถูกอธิบายได้ด้วย founder จำนวน 4 ตัวเท่านั้น ซึ่งถือว่าเป็นค่าที่น้อยมาก

Effective number of ancestor (f_a)

effective number of ancestor หมายถึงจำนวนของบรรพบุรุษที่น้อยที่สุดที่เพียงพอในการอธิบายค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรที่กำลังศึกษา (Boichard *et al.*, 1997) นอกจากนี้ยังนิยมนำเสนอค่า number of ancestors explaining 50% of genetic diversity (N_{50}) ซึ่งหมายถึงจำนวนของบรรพบุรุษที่น้อยที่สุดที่เพียงพอในการอธิบายค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรอ้างอิงเพียงครึ่งเดียว จาก Table 2 นำเสนอค่า number of ancestors explaining of genetic diversity ที่ 50% (N_{50}), 75% (N_{75}) และ 100% (N_{100}) ซึ่งพบว่าสุกรพันธุ์ Hampshire มีค่า N_{100} เท่ากับ 29 ตัว เท่านั้น ในขณะที่สุกรพันธุ์ Duroc และ Landrace มีค่า N_{100} มากกว่า 800 ตัว

ตัวอย่างการใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในลักษณะอื่น

การวิเคราะห์พันธุ์ประวัติเพื่อหาบรรพบุรุษตัวที่สำคัญที่สุด

Baumung and Manatrinon (2007) วิเคราะห์หาบรรพบุรุษตัวที่สำคัญที่สุด (the most important ancestors) ในโคพันธุ์ Brown Swiss ซึ่งเป็นโคกึ่งเนื้อกึ่งนมในเขต Tyrol ประเทศออสเตรีย โดยประชากรอ้างอิงเป็นโคที่เกิดระหว่างปี ค.ศ.2001–2006 มีจำนวนโครวม 34,409 ตัว และมีจำนวน founder ทั้งหมด 12,034 ตัว จากผลการวิเคราะห์พบว่าโคบรรพบุรุษที่สามารถถ่ายทอดพันธุกรรมของตัวเองไปสู่ประชากรอ้างอิง (marginal gene contribution) ได้มากที่สุดคือ Elegant ซึ่ง Elegant เกิดในปี ค.ศ.1966 โดยพบว่าในประชากรอ้างอิงมีพันธุกรรมที่ได้จาก Elegant ถึง 11.24% และพบ Elegant ในพันธุ์ประวัติของสัตว์ในประชากรอ้างอิง 98% อันดับสอง คือ Str. Improver และ Jubilation ซึ่งสามารถถ่ายทอดพันธุกรรมของตัวเองไปสู่ประชากรอ้างอิงได้ 8.50% และ 5.72% ตามลำดับ (Table 3) การที่โคทั้ง 3 ตัวนี้สามารถถ่ายทอดพันธุกรรมไปสู่ประชากรอ้างอิงได้มาก เนื่องจากโคทั้ง 3 ตัว เป็นโคพ่อพันธุ์ซึ่งสามารถใช้เทคโนโลยีการแช่แข็งน้ำเชื้อและเทคนิคการผสมเทียมในการกระจายพันธุกรรมของตัวเองเข้าไปในฝูงเพศเมียได้จำนวนมาก นอกจากนี้ผลการวิเคราะห์จำนวนบรรพบุรุษที่สำคัญที่สุด 20 ตัวแรก พบว่าโคตัวที่ 20 สามารถถ่ายทอดพันธุกรรมไปสู่ประชากรอ้างอิงได้ 0.97% (Table 3) และค่า number of ancestors explaining 80% of genetic diversity เท่ากับ 52 ตัว

Table 3 Description of the most important ancestors for animals born between 2001 and 2006.

	Name	Birth year	Marginal gene contribution %	Pedigree %	Disease carrier[1]
1	Elegant	1966	11.24	98	SDM
2	Str. Improver	1972	8.50	95	SMA
3	Jubilation	1975	5.72	68	-
4	Norvic	1960	4.67	98	A
5	Vigate	1978	4.46	51	-
6	Stretch	1962	3.96	99	-
7	Simon	1979	3.96	64	-
8	My Design	1967	2.98	95	-
9	Tammy	1983	2.24	33	-
10	Tammy	1965	2.15	67	-
11	Punch Ray	1971	2.06	49	-
12	Pavanne	1959	2.01	94	-
13	Vinos	1987	1.94	28	-
14	Emerald	1976	1.89	48	-
15	Bridge View	1969	1.59	89	-
16	President ET	1995	1.20	8	SDM
17	Zelad	1976	1.20	27	W
18	Destiny	1953	1.14	99	SMA
19	Bobo	1968	1.04	50	-
20	Bruce	1966	0.97	48	W

Source: Baumung and Manatrinon (2007)

[1] Lethal autosomal-recessive genetic disorders (A=Arachnomelia, SDM=Spinal Dysmyelination, SMA=Spinal Muscular Atrophy and W=Weaver)

นอกจาก Elegant และ Str. Improver จะเป็นโค 2 ตัวแรกที่สามารถถ่ายทอดพันธุกรรมของตัวเองไปสู่ประชากรอ้างอิงได้มากที่สุดแล้ว ผลการวิเคราะห์ในครั้งนี้ยังพบอีกว่าทั้ง Elegant และ Str. Improver เป็นพาหะของโรคทางพันธุกรรม คือ โรค Spinal Dysmyelination (SDM) และ Spinal Muscular Atrophy (SMA) ตามลำดับ ซึ่งนั่นหมายความว่าแอลลีลด้อย (recessive allele) ที่เป็นสาเหตุของโรคทางพันธุกรรมทั้ง 2 โรคนี้ก็มีโอกาสถูกถ่ายทอดไปสู่ประชากรอ้างอิงได้เช่นเดียวกัน นอกจากทั้ง 2 โรคนี้แล้วยังพบโคที่เป็นพาหะของโรคทางพันธุกรรมอีก 2 โรค คือ Arachnomelia (A) และ Weaver (W) อีกด้วย (Table 3) จะเห็นว่าข้อมูลพันธุ์ประวัตินอกจากจะถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์หาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมได้แล้ว ยังสามารถนำมาใช้ในการวิเคราะห์หาการกระจายของโรคทางพันธุกรรมในประชากรได้ด้วย ดังมีรายละเอียดของผลการวิเคราะห์เพิ่มเติมดังนี้

โรคทางพันธุกรรมทั้ง 4 โรคนี้ เป็นโรคทางพันธุกรรม (genetic disorder) ที่มียีนตั้งอยู่บนออโทโซม (autosome) และโคจะแสดงอาการเป็นโรคเมื่อมีแอลลีลด้อย 2 ตัวอยู่รวมกัน (homozygous recessive) และเมื่อโคเป็นโรคนี้แล้วจะเสียชีวิตในไม่ช้า (lethal) ดังนั้นแอลลีลด้อยสามารถอยู่ในประชากรได้ในรูปแบบของพาหะ (carrier) ซึ่งจะมีจีโนไทป์เป็นแบบ heterozygous ประกอบไปด้วยแอลลีลด้อยและแอลลีลปกติอยู่รวมกัน สัตว์ที่เป็นพาหะนำโรคเหล่านี้จะไม่แสดงอาการของโรค ทำให้นักปรับปรุงพันธุ์สัตว์ไม่สามารถทราบได้ว่าสัตว์ตัวใดบ้างที่มีแอลลีลเป็นโรค ต่อมาได้มีรายงานการศึกษา

การปนเปื้อนของแอลลีลด้อยที่เป็นโรคเหล่านี้ว่ามีอยู่ในประชากรเท่าไร โดย Manatrinon *et al*. (2009) ได้ศึกษาการประมาณค่าความถี่ยีนของโรคทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติโคพันธุ์ Brown Swiss ในประเทศออสเตรีย โดยรายงานผลในรูปแบบของกราฟเส้น พบว่าความถี่ยีนของโรค Spinal Dysmyelination และโรค Spinal Muscular Atrophy มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นตั้งแต่ปี ค.ศ.1980–2005 โดยความถี่ยีนเพิ่มขึ้นจากประมาณ 3% ในปี ค.ศ.1980 เป็นประมาณ 9% ในปี ค.ศ.2005 ส่วนความถี่ยีนของโรค Arachnomelia มีแนวโน้มลดลง โดยความถี่ยีนของโรค Arachnomelia ลดลงจากประมาณ 3% ในปี ค.ศ.1980 เป็นประมาณ 1–2% ในปี ค.ศ.2005 ในขณะที่ความถี่ยีนของโรค Weaver มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นจากประมาณ 3% ในปี ค.ศ.1980 เป็นประมาณ 6% ในปี ค.ศ.1990 หลังจากนั้นกลับพบว่ามีแนวโน้มลดลงเรื่อยๆ จนกระทั่งในปี ค.ศ.2005 มีความถี่ยีนโรค Weaver อยู่ที่ประมาณ 3.5%

การที่ความถี่ยีนของโรค Weaver ลดลงหลังจากปี ค.ศ.1990 เนื่องจากในปี ค.ศ.1990 Hoeschele and Meinert (1990) ได้รายงานผลงานวิจัยเกี่ยวกับความสัมพันธ์ของโคที่เป็นโรค Weaver กับผลผลิตน้ำนม โดยพบว่าโคที่ให้น้ำนมสูงมักจะมีโอกาสเป็นโรค Weaver มากขึ้น ภายหลังจากที่ผลงานวิจัยชิ้นนี้ได้ตีพิมพ์ความถี่ยีนของโรค Weaver จึงมีแนวโน้มลดลงอย่างชัดเจน ผลการวิเคราะห์ของ Manatrinon *et al*. (2009) ซึ่งรายงานในรูปแบบของกราฟพบว่าจำนวนโคที่เป็นพาหะนำโรค Weaver ถูกนำมาใช้ในการเป็นพ่อพันธุ์ลดจำนวนลงอย่างรวดเร็วจากปี ค.ศ.1990 – 1993 โดยพบว่าก่อนปี ค.ศ.1990 ได้มีการใช้พ่อพันธุ์โคที่เป็นพาหะนำโรค Weaver สูงถึงประมาณ 8–10% ของจำนวนพ่อพันธุ์ทั้งหมด แต่ภายหลังจากปี ค.ศ.1990 มีแนวโน้มการใช้พ่อพันธุ์โคที่เป็นพาหะนำโรค Weaver ลดลงเรื่อยๆ จนกระทั่งในปี ค.ศ.1993 มีการใช้พ่อพันธุ์โคที่เป็นพาหะนำโรค Weaver ลดลงเหลือเพียงไม่ถึง 1% ของจำนวนพ่อพันธุ์ทั้งหมด

การวิเคราะห์พันธุ์ประวัติร่วมกับพันธุศาสตร์โมเลกุล

การประมาณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรสามารถทำได้ 2 วิธี คือ การวิเคราะห์ข้อมูลจากพันธุ์ประวัติ และการใช้วิธีพันธุศาสตร์โมเลกุล โดยทั้ง 2 วิธีนี้สามารถใช้ในการหาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมได้เหมือนกันแต่วิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุลมีค่าใช้จ่ายที่สูงกว่า Armstrong *et al*. (2010) ศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรแอดแดกซ์ (addax) ซึ่งเป็นสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมชนิดหนึ่งที่มีชื่ออยู่ในบัญชี Appendix I ของ CITES และอยู่ในภาวะใกล้สูญพันธุ์ (critically endangered species) โดยมีจำนวนเหลืออยู่น้อยกว่า 300 ตัวในธรรมชาติ และมีอยู่ 1,700 ตัวในสวนสัตว์ทั่วโลก

Armstrong *et al*. (2010) วิเคราะห์ข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้พันธุ์ประวัติร่วมกับพันธุศาสตร์โมเลกุล โดยใช้ไมโครแซทเทิลไลท์จำนวน 39 ตำแหน่ง พบว่าให้ผลการวิเคราะห์ที่ไม่แตกต่างกัน โดยการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติยังให้ข้อมูลเพิ่มเติม ดังนี้ จากการศึกษาประชากรแอดแดกซ์ ที่อยู่ในสวนสัตว์ Parque Lecocq โดยใช้ข้อมูลเดือนเมษายน ค.ศ.2008 พบว่ามีจำนวนแอดแดกซ์ที่มีชีวิตเหลืออยู่ทั้งหมด 27 ตัว และพบว่าสัตว์ทั้ง 27 ตัวนี้มาจากสัตว์ที่เป็น founder จำนวนเพียง 2 ตัวเท่านั้น (Figure 4) สะท้อนให้เห็นว่ามีการผสมแบบเลือดชิดเกิดขึ้นในประชากรนี้อย่างหลีกเลี่ยงไม่ได้ อัตราเลือดชิดของสัตว์ทุกตัวในพันธุ์ประวัติมีค่าเฉลี่ย 0.222โดยมีค่าอยู่ในช่วง 0.000 – 0.375 ในขณะอัตราเลือดชิดของประชากรอ้างอิง (ประชากรที่เกิดในรุ่นล่าสุด ซึ่งเกิดระหว่างปี ค.ศ.2000-2008) มีค่าอัตราเลือดชิดเฉลี่ย 0.221 โดยมีค่าอยู่ในช่วง 0.250 – 0.375 แสดงให้เห็นถึงการเพิ่มขึ้นของการผสมเลือดชิด

จะเห็นว่าการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติเป็นวิธีหนึ่งที่สามารถใช้ในการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรได้ นอกจากนี้ Fernandez *et al*. (2005) รายงานว่าวิธีการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมให้มีอยู่ในประชากรโดยใช้วิธีวิเคราะห์ข้อมูลพันธุ์ประวัติเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพมากกว่าวิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุล โดยเฉพาะอย่างยิ่งจำนวน polymorphism markers ที่ใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลต้องมีจำนวนมากจึงจะให้ผลการวิเคราะห์ที่มีคุณภาพเทียบเท่ากับการวิเคราะห์ข้อมูลจากพันธุ์ประวัติ อีกทั้งวิธีการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติมีค่าใช้จ่ายที่ถูกกว่าวิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุลมาก

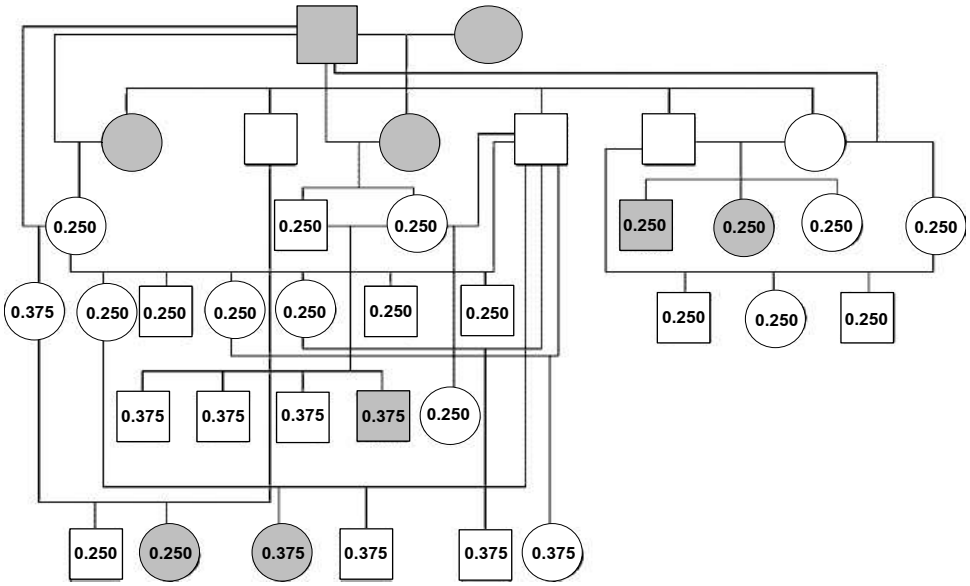

Figure 4 Pedigree chart of the addax population at Parque Lecocq Zoo. Females are represented by circles, males are represented by squares, and dead animals are dashed. The number inside the symbol represents the animal identification number. The square inside the symbol denotes animals that were genotyped. Some of the new born animals that do not have offsprings are not represented (modified with permission from Armstrong *et al*., 2010).

บทสรุป

การศึกษาโครงสร้างของประชากรโดยใช้ข้อมูลจากพันธุ์ประวัติซึ่งมักมีการจดบันทึกอยู่แล้วในฟาร์มสามารถนำมาใช้ประเมินค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร และสามารถนำผลการวิเคราะห์มาใช้ในการวางแผนการอนุรักษ์ความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ อีกทั้งเป็นวิธีการที่ประหยัดค่าใช้จ่ายเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุล อย่างไรก็ตามโดยวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลจากพันธุ์ประวัติเป็นการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมภายในประชากร ไม่สามารถนำผลการวิเคราะห์มาเปรียบเทียบกันระหว่างประชากรได้โดยตรง เนื่องจากลักษณะโครงสร้างพื้นฐานทางพันธุกรรมที่ไม่เหมือนกัน การนำผลการวิเคราะห์มาเปรียบเทียบกันจึงไม่ก่อให้เกิดประโยชน์แต่อย่างใด อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์ข้อมูลพันธุ์ประวัติที่มีการจดบันทึกเป็นประจำอยู่แล้วนี้จะมีประโยชน์อย่างมากในกรณีที่ใช้ในการติดตามการเปลี่ยนแปลงค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรเมื่อเวลาเปลี่ยนไป

เอกสารอ้างอิง

Armstrong E, Leizagoyen C, Martinez AM, Gonzalez S, Delgado JV, Postiglioni A (2010) Genetic structure analysis of a highly inbred captive population of the African Antelope *Addax nasomaculatus*. Conservation and management implications. Zoo Biol 29: 1–14.

Barker JSF (2001) Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. Can J For Res 31: 588–595.

Baumung R, Manatrinon S (2007) Tiroler Braunvieh: Rückblick und Ausblick, 1907–2007, Verlag Edition Tirol, Reith, Austria, pp 127–129.

Boichard D, Maignel L, Verrier E (1997) The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet Sel Evol 29: 5–23.

Bouquet A, Venot E, Laloe D, Forabosco F, Fogh A,

Pabiou T, Moore K, Eriksson JA, Renand G, Phocas F (2011) Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. J Anim Sci 89: 1719–1730.

Cortes O, Sevane N, Baro JA, Canon J (2014) Pedigree analysis of a highly fragmented population, the Lidia cattle breed. Livest Sci 167: 1–8.

Eenennaam AV, Medrano JF (1991) Milk protein polymorphisms in California dairy cattle. J Dairy Sci 74: 1730–1742.

Falconer DS, Mackay TFC (1996) Introduction to quantitative genetics. Longman, Harlow, pp 82–99.

Fernandez J, Toro MA, Caballero A (2001) Practical implementation of optimal management strategies in conservation programmes: a mate selection method. J Anim Biodiv Cons 24: 2–17.

Fernandez J, Villanueva B, Pong-Wong R, Toro MA (2005) Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. Genetics 170: 1313–1321.

Fuerst-Waltl B, Fuerst C (2012) Effect of inbreeding depression on survival of Austrian Brown Swiss calves and heifers. J Dairy Sci 95: 6086–6092.

Gonzalez-Recio O, Lopez de Maturana E, Gutierrez JP (2007) Inbreeding depression of female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. J Dairy Sci 90: 5744–5752.

Gutierrez JP, Altarraiba J, Diaz C, Quintanilla R, Canon J, Piedrafita J (2003) Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genet Sel Evol 35: 43–63.

Gutierrez JP, Cervantes I, Goyache F (2009) Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. J Anim Breed Genet 126: 327–332.

Hinrichs D, Thaller G (2011) Pedigree analysis and inbreeding effects on calving traits in large dairy herds in Germany. J Dairy Sci 94: 4726–4733.

Hoeschele I, Meinert TR (1990) Association of genetic defects with yield and type traits the Weaver locus effect on Yield. J Dairy Sci 73: 2503–2515.

Jia S, Chen H, Zhang G, Wang Z, Lei C, Yao R, Han X (2007) Genetic variation of mitochondrial d-loop region and evolution analysis in some Chinese cattle breeds. J Genet Genomics 34: 510–518.

Kaerney JF, Wall E, Villanueva B, Coffey MP (2004) Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. J Dairy Sci 87: 3503–3509.

Lacy R (1989) Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. Zoo Biol 2: 111–123.

Lacy RC (1995) Classification of genetic terms and their use in the management of captive populations. Zoo Biol 14: 565–578.

Leroy G (2011) Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: Results from pedigree analysis. Vet J 189: 177–182.

Manatrinon S, Egger-Danner C, Baumung R (2009) Estimating lethal allele frequencies in complex pedigrees via gene dropping approach using the example of Brown Swiss cattle. Arch Anim Breed 52: 230–242.

Manatrinon S, Fischerleitner F, Baumung R (2008) Genetic characterization among some Austrian and Hungarian cattle breeds. Arch Anim Breed 51: 426–437.

Manatrinon S, Thonglor O-U, Boonyapakdee A (2012) Genetic and morphological variation in three populations of *Donax spp.* in the Gulf of Thailand. Thai J Genet. 5: 76–85.

Mancini G, Nicolazzi EL, Valentini A, Chillemi G, Marsan PA, Santus E, Pariset L (2013) Association between single nucleotide polymorphisms (SNPs) and milk production traits

in Italian Brown cattle. Livest Sci 157: 93–99.

Melka MG, Schenkel F (2010) Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. Can J Anim Sci 90: 331–340.

Oliehoek PA, Bijma P (2009) Effects of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. Genet Sel Evol. doi:10.1186/1297–9686–41–9.

Parland SM, Kearney JF, Rath M, Berry DP (2007) Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. J Anim Sci 85: 322–331.

Pjontek J, Kadlecik O, Kasarda R, Horny M (2012) Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. Czech J Anim Sci 57: 54–64.

Rokouei M, Torshizi RV, Shahrbabak MM, Sargolzaei, Sorensen AC (2010) Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. J Dairy Sci 93: 3294–3302.

Sargolzaei M, Iwaisaki H, Colleau JJ (2006) CFC: A tool for monitoring genetic diversity. Proceedings of the 8th World congress on genetics ppplied to livestock production, 13-18 August 2006, Belo Horizonte, Brazil. pp 27–28.

Tang GQ, Xue J, Lian MJ, Yang RF, Liu TF, Zeng ZY, Jiang AA, Jiang YZ, Zhu L, Bai L, *et al*. (2013) Inbreeding and genetic diversity in three imported swine breeds in China using pedigree data. Asian Australas J Anim Sci 26: 755–765.

Valera M, Molina A, Gutierrez JP, Gomez J, Goyache F (2005) Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. Livest Prod Sci 95: 57–66.

Vasconcellos LPMK, Daniella T, Pereire AP, Coutinho LL, Regitano LC (2003) Genetic characterization of Aberdeen Angus cattle using molecular markers. Genet Mol Biol 26: 133–137.

Vozzi PA, Marcondes CR, Bezerra LAF, Lobo RB (2007) Pedigree analysis in the breeding program for Nellore cattle. Genet Mol Res 6: 1044–1050.