บทที่ 4

ผลการวิจัย

4.1 การเก็บรวบรวมตัวอย่างเลือดสุกรบนพื้นที่สูง

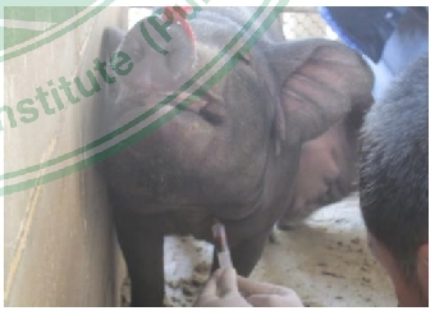
ทำการเก็บรวบรวมตัวอย่างเลือดสุกรบนพื้นที่สูง ภายใต้ชุดโครงการวิจัยเพื่อเสริมสร้างประสิทธิภาพการเลี้ยงสุกรบนพื้นที่สูง และจากศูนย์วิจัยสาธิตและฝึกอบรมการเกษตรแม่เหียะ ต.แม่เหียะ อ.เมือง จ.เชียงใหม่ จำนวน 60 ตัวดังภาพที่ 1 และเก็บตัวอย่างเลือดสุกรเพิ่มเติม จากศูนย์พัฒนาโครงการหลวงหนองหอย อ.แม่ริม จ.เชียงใหม่ จำนวน 40 ตัว แสดงดังภาพที่ 2 โดยสุกรทั้งหมดเป็นสุกรพันธุ์พื้นเมือง และลูกผสมพื้นเมือง-เหมยซาน หลังมีลักษณะแอ่นเล็กน้อย อายุประมาณ 1-2 เดือน โดยสุกรส่วนใหญ่มีลักษณะสีผิวของลำตัวเป็นสีดำ แต่สุกรบางตัวมีลักษณะสีผิวของลำตัวเป็นสีดำปนน้ำตาล และสีขาวปนดำแสดงดังภาพที่ 3 ซึ่งโดยรวมแล้วได้ทำการเก็บตัวอย่างสุกรที่มีลักษณะสีผิวของลำตัวดำตรงตามลักษณะสายพันธุ์จำนวน 76 ตัวอย่าง และสุกรที่มีลักษณะไม่ตรงตามสายพันธุ์จำนวน 24 ตัวอย่าง

ก

ข

ค

ง



ภาพที่ 1: ตัวอย่างการเก็บตัวอย่างเลือดสุกรจากศูนย์วิจัยสาธิตและฝึกอบรมการเกษตรแม่เหียะ (ก) (ข) (ค) และ (ง)

ก

ข

ค

ง

ภาพที่ 2: ตัวอย่างการเก็บตัวอย่างเลือดสุกรจากศูนย์พัฒนาโครงการหลวงหนองหอย (ก) (ข) (ค) และ (ง)

ก

ข

ภาพที่ 3: ตัวอย่างสุกรที่มีลักษณะสีผิวของลำตัวเป็นสีดำปนน้ำตาล และสีขาวปนดำ (ก) และ (ข)

4.2 การค้นหาเครื่องหมายทางพันธุกรรมของยีนเป้าหมาย *MC1R, ASIP* และ *TYR*

ผลการค้นหาความผันแปรทางพันธุกรรมของยีนเป้าหมายยีน *MC1R, ASIP* และ *TYR* โดยใช้วิธี *In silico* analysis พบว่า ยีน *MC1R* พบความผันแปรทางพันธุกรรมที่ตำแหน่ง c.370G>A และ c.727A>G ดังภาพที่ 4 และยีน *ASIP* พบความผันแปรทางพันธุกรรมที่ตำแหน่ง c.312T>C และ c.389A>G ดังภาพที่ 5 ในขณะที่ยีน *TYR* พบความผันแปรทางพันธุกรรมที่ตำแหน่ง c.560T>C ดังภาพที่ 6

จากนั้นได้ออกแบบไพรเมอร์ให้ครอบคลุมจุดความผันแปรพันธุกรรมของยีน *MC1R*, *ASIP* และ *TYR* (ตารางที่ 1) เพื่อใช้สำหรับค้นหาหาความผันแปรทางพันธุกรรมของยีนดังกล่าวในประชากรสุกรบนพื้นที่สูง

(ก)

```
AGACGCAGCACCCCACCCGCCAGGGCTGCGGCCTCAAGGGCACGGCCACCCTCACCATCCTGCT
AGACGCAGCACCCCACCCGCCAGGGCTGCGGCCTCAAGGGCGCGGCCACCCTCACCATCCTGCT
```

(ข)

```
TGCAGCAGCTGGACAATGTCATGGACGTGCTCATCTGCGGCTCCATGGTGTCCAGCCTCTGCTT
TGCAGCAGCTGGACAATGTCATGAACGTGCTCATCTGCGGCTCCATGGTGTCCAGCCTCTGCTT
```

ภาพที่ 4: ผลการค้นหาความผันแปรทางพันธุกรรมของยีนเป้าหมาย ยีน *MC1R* ตำแหน่ง c.727A>G (ก) และ ตำแหน่ง c.370G>A (ข)

(ก)

```
AAGATGAAAGAAGTCTAAGGAGCAACTCCTCCATGAACCTGTTGGATTTCCCTTCTGTCTCTAT
AAGATGAAAGAAGTCTAAGGAGCAACTCCTCCACGAACCTGTTGGATTTCCCTTCTGTCTCTAT
```

(ข)

```
TGAAGCACTGAACAAGAAATCCAAAAAGATCAGCAGAAAAGAAGCGAAGAAGAGATCTTCCAAG
TGAAGCACTGAACAAGAAATCCAAAAAGATCAGCAGAAAAGAAGCGGAGAAGAGATCTTCCAAG
```

ภาพที่ 5: ผลการค้นหาความผันแปรทางพันธุกรรมของยีนเป้าหมาย ยีน *ASIP* ตำแหน่ง c.312T>C (ก) และ ตำแหน่ง c.389A>G (ข)

(ก)

```
TTTGTCTGGATGCATTATTACGTGTCTAGGGACACACTACTTGGGGG
TTTGTCTGGATGCATTATTACGTGTCCAGGGACACACTACTTGGGGG
```

ภาพที่ 6: ผลการค้นหาความผันแปรทางพันธุกรรมของยีนเป้าหมาย ยีน *TYR* ตำแหน่ง c.560T>C (ก)

ตารางที่ 2: ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไพรเมอร์ยีน *MC1R, ASIP* และ *TYR*

ยีน	ไพรเมอร์ (5'→ 3')	ขนาดแถบดีเอ็นเอ (bp)
*MC1R*727	F: GCGGTACTGTACGTCCACA	153
	R: CCAGCAGAGGAGGAAGAC	
*MC1R*370	F: CTGCACTCGCCCATGTACT	141
	R: AGCAGAGGCTGGACACCAT	
ASIP-1	F:GATTTCCCTTCTGTCTCTATC	145
	R:ACTTAGGCAATGGATCCTGC	
ASIP-2	F:AAGATCAGCAGAAAGAATCG	147
	R:TTTCTTTGGGATGTAGGCAG	
TYR-1	F:AGACTTCGTCATCCCCACA	151
	R:GTCTCTCCTTCTGTCTCTATC	
TYR-2	F:CTCTTAACACAAAGGCGTTC	257
	R:CCCAGGGTTTTGGATAAGAG	

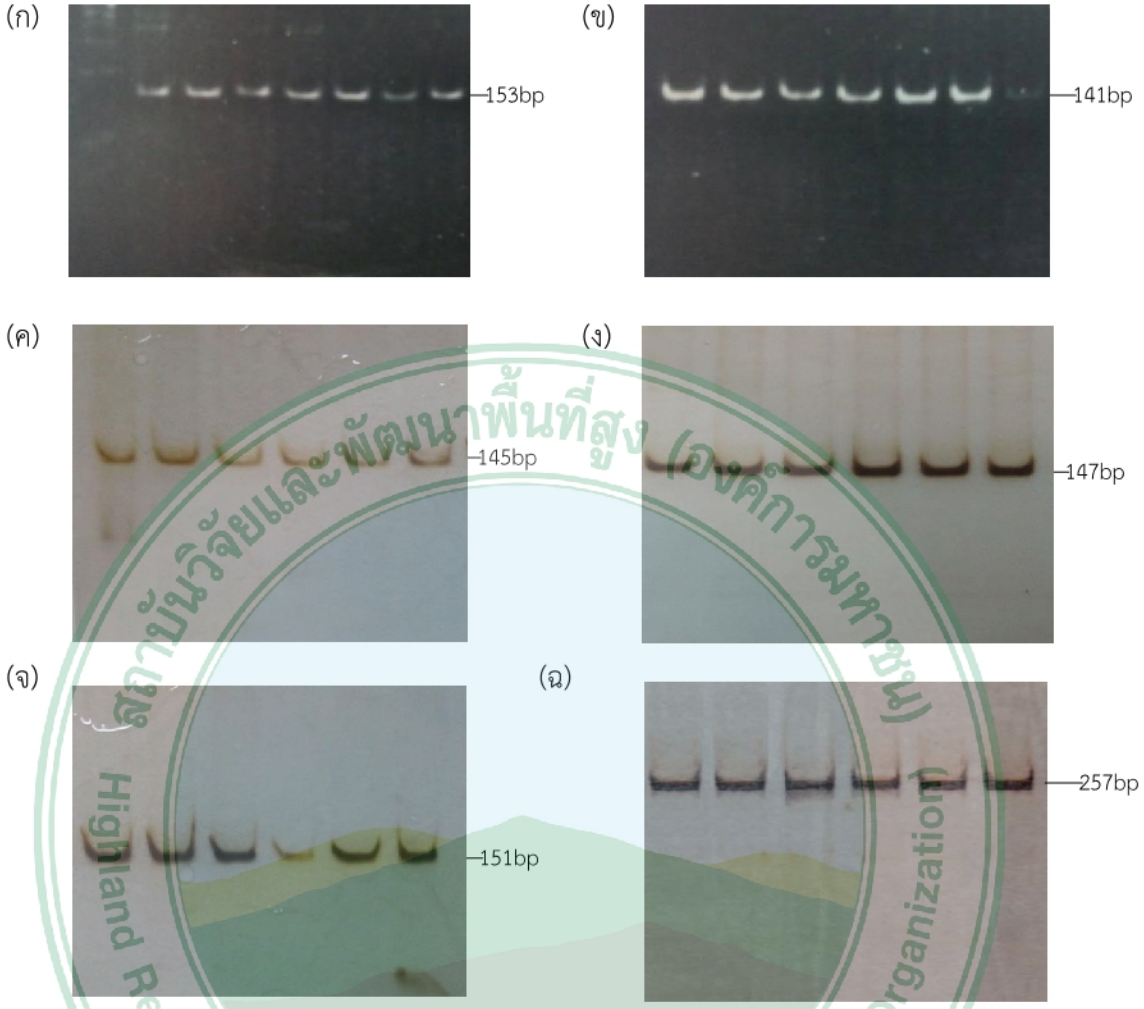
4.3 สกัดตัวอย่างดีเอ็นเอ

นำตัวอย่างเลือดที่เก็บรวบรวม จำนวน 100 ตัวอย่าง มาทำการสกัดตัวอย่างดีเอ็นเอด้วยวิธี phenol-chloroform รวมทั้งตรวจสอบคุณภาพและปริมาณของดีเอ็นเอบน agarose gel electrophoresis แสดงดังภาพที่ 6 และวัดความเข้มข้นของตัวอย่างดีเอ็นเอด้วยเครื่อง nanodrop โดยดีเอ็นเอที่สกัดได้มีความเข้มข้นอยู่ระหว่าง 100-200 ng/µl

ภาพที่ 7: ตัวอย่างการตรวจสอบคุณภาพดีเอ็นเอบน agarose gel electrophoresis

4.4 เพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอของยีนเป้าหมาย

ทำการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอของยีน*MC1R, ASIP* และ *TYR* โดยใช้ปฏิกิริยาพีซีอาร์และตรวจสอบการเพิ่มปริมาณของดีเอ็นเอบน polyacrylamide gel electrophoresis ที่ความเข้มข้น 6.0% โดยผลการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของยีน *MC1R* แสดงดังภาพที่ 8



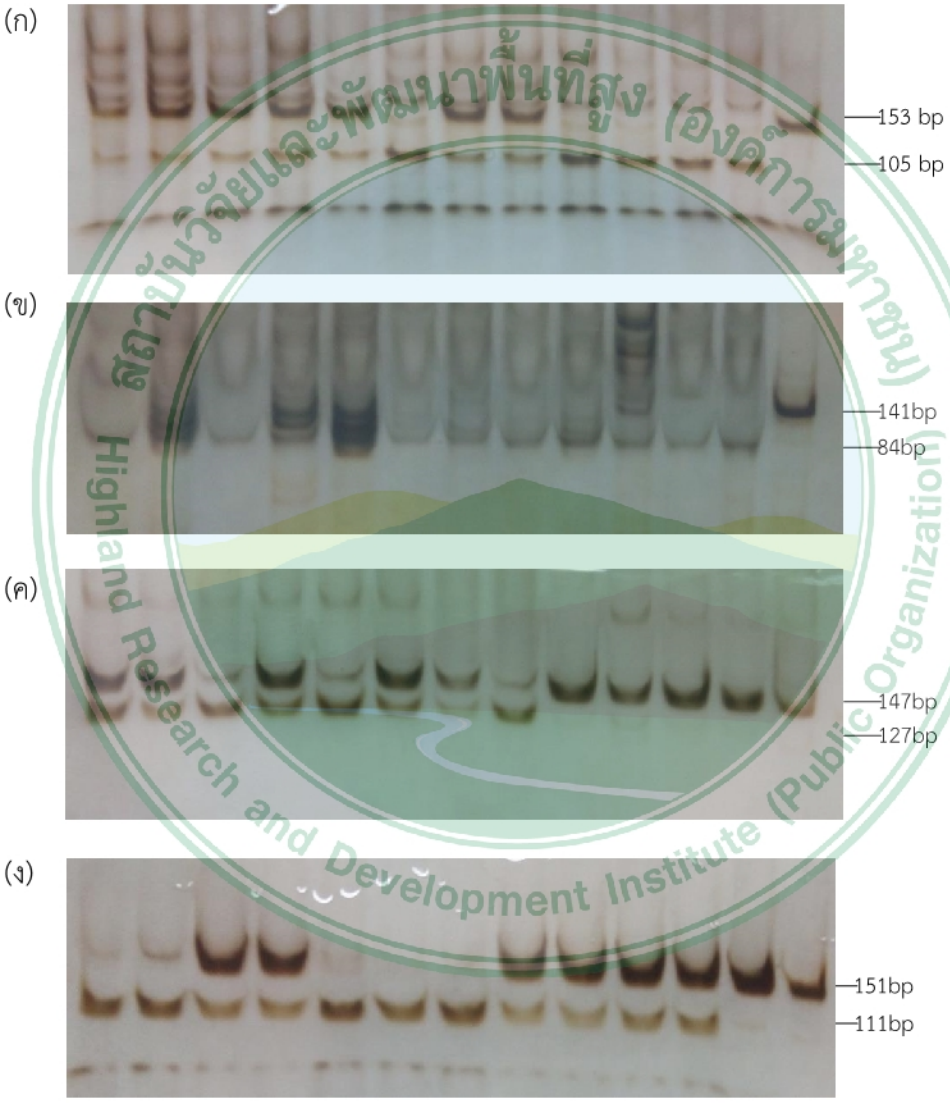
ภาพที่ 8: การตรวจสอบผลการเพิ่มปริมาณของดีเอ็นเอยีน *MC1R*727 (ก), *MC1R*370 (ข), *ASIP*-1 (ค), *ASIP*-2 (ง), *TYR*-1 (จ) และ *TYR*-2 (ฉ)

4.5 ตรวจสอบความผันแปรทางพันธุกรรมของยีนเป้าหมาย*MC1R, ASIP*และ *TYR*

ผลผลิต PCR ของยีนเป้าหมาย *MC1R, ASIP* และ *TYR* ถูกนำมาตรวจสอบจีโนไทป์ด้วยเทคนิค polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) และตรวจสอบความผันแปรทางพันธุกรรมบน polyacrylamide gel electrophoresis ที่ความเข้มข้น 6.0% โดยพบว่า ยีน *MC1R727, MC1R370*, *ASIP*-2 และ *TYR*-1 สามารถตรวจสอบจีโนไทป์ได้ด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hin*6I, *Hin1*II, *Taq*I และ *Bfa*I ตามลำดับ (ภาพที่ 9) แต่สำหรับยีน *ASIP*-1 และ *TYR*-2 ไม่พบความผันแปรทางพันธุกรรมในตัวอย่างสุกรบนพื้นที่สูง

โดยผลผลิต PCR ของยีน *MC1R727* มีความยาว 153 bp เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hin1*II สามารถตัดแถบ PCR ของยีน *MC1R727* ได้ ออกเป็น 2 แถบ ซึ่งมีขนาด 153 และ 105 bp ในขณะที่ ผลผลิต

PCR ของยีน *MC1R370* มีความยาว 141 bp เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Hin*6I สามารถตัดแถบ PCR ของยีน *MC1R370* ได้ ออกเป็น 2 แถบ ซึ่งมีขนาด 141 และ 84 bp สำหรับผลผลิต PCR ของยีน *ASIP-2* มีความยาว 147 bp เอนไซม์ตัดจำเพาะ *Taq*I สามารถตัดแถบ PCR ของยีน *ASIP-2* ได้ ออกเป็น 2 แถบ ซึ่งมีขนาด 147 และ 127 bp และผลผลิต PCR ของยีน *TYR-1* มีความยาว 151 bpเอนไซม์ตัดจำเพาะ *Bfa*I สามารถตัดแถบ PCR ของยีน *TYR-1* ได้ ออกเป็น 2 แถบ ซึ่งมีขนาด 151 และ 111 bp



ภาพที่ 9: ผลการตรวจสอบจีโนไทป์เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอของยีน *MC1R727* (ก), *MC1R370* (ข), *ASIP*-2 (ค) และ *TYR*-1 (ง)

4.6ความถี่จีโนไทป์และความถี่อัลลีลของยีนเป้าหมาย

ความถี่จีโนไทป์ของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ *MC1R727*, *MC1R370, ASIP*-2 และ *TYR*-1 แสดงดังตารางที่ 3 พบว่าสุกรที่มีสีดำล้วน เครื่องหมายโมเลกุล *MC1R272* มีจีโนไทป์เพียง 2 รูปแบบ คือ AB และ BB และค่าความถี่จีโนไทป์เท่ากับ 0.58 และ 0.42 ตามลำดับ และมีความถี่อัลลีล A และ B เท่ากับ 0.29 และ 0.71 ตามลำดับ ในขณะที่เครื่องหมายโมเลกุล *MC1R370*, *ASIP* และ*TYR* ของสุกรที่มีสีดำล้วน มีจีโนไทป์ 3 รูปแบบ โดยเครื่องหมายโมเลกุล *MC1R370* มีความถี่จีโนไทป์ AB และ BB สูงกว่า AA มีค่าเท่ากับ 0.55, 0.42 และ 0.03 และมีความถี่อัลลัลA และ B เท่ากับ 0.3 และ 0.7 ตามลำดับ สำหรับเครื่องหมายโมเลกุล *ASIP*-2 มีความถี่จีโนไทป์ AA และ AB สูงกว่า BB มีค่าเท่ากับ 0.35, 0.55 และ 0.10 และมีความถี่อัลลัลA และ B เท่ากับ 0.63 และ 0.37 ตามลำดับส่วนเครื่องหมายโมเลกุล *TYR* มีความถีจีโนไทป์ AB และ BB สูงกว่า AA มีค่าเท่ากับ 0.51, 0.46 และ 0.03 และมีความถี่อัลลัลA และ B เท่ากับ 0.28 และ 0.72 ตามลำดับ

ตารางที่ 3: ความถี่จีโนไทป์ และความถี่อัลลีลของเครื่องหมายโมเลกุล *MC1R727*, *MC1R370, ASIP*-2 และ *TYR*-1

เครื่องหมายโมเลกุล	ประชากร	จีโนไทป์			อัลลีล	
		AA	AB	BB	A	B
MC1R727	Black	0	0.58	0.42	0.29	0.71
	Non-black	0.33	0.29	0.38	0.48	0.52
MC1R370	Black	0.03	0.55	0.42	0.30	0.70
	Non-black	0	0.21	0.79	0.10	0.90
ASIP-2	Black	0.35	0.55	0.10	0.63	0.37
	Non-black	0.75	0.25	0	0.87	0.13
TYR	Black	0.03	0.51	0.46	0.28	0.72
	Non-black	0.13	0.21	0.67	0.23	0.77

ในขณะที่สุกรสีดำที่มีลายจุด เครื่องหมายโมเลกุล *MC1R370* และ *ASIP*-2 มีจีโนไทป์เพียง 2 รูปแบบ โดยเครื่องหมายโมเลกุล *MC1R370* ค่าความถี่จีโนไทป์ AB และ BB เท่ากับ 0.21 และ 0.79 และมีความถี่อัลลีลA และ B เท่ากับ 0.10 และ 0.90 ตามลำดับ ส่วนเครื่องหมายโมเลกุล *ASIP*-2 มีค่าความถี่จีโนไทป์ AA และ AB เท่ากับ 0.75 และ 0.25 และมีความถี่อัลลีลA และ B เท่ากับ 0.87 และ 0.13 ตามลำดับ สำหรับเครื่องหมายโมเลกุล *MC1R727* และ *TYR* ของสุกรสีดำที่มีลายจุด มีจีโนไทป์ 3 รูปแบบ โดยเครื่องหมายโมเลกุล *MC1R727* มีความถี่จีโนไทป์ AA, AB และ BB มีค่าเท่ากับ 0.33, 0.29 และ 0.38 ตามลำดับ และมีความถี่อัลลัลA และ B เท่ากับ 0.48 และ 0.52 ตามลำดับ ส่วนเครื่องหมายโมเลกุล *TRY*มีความถี่จีโนไทป์ AA, AB และBB มีค่าเท่ากับ 0.13, 0.21และ 0.67 และมีความถี่อัลลัลA และ B เท่ากับ 0.23 และ 0.77 ตามลำดับ

4.7 ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอเป้าหมายกับลักษณะสีดำในสุกรบนพื้นที่สูง

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอของยีน *MC1R727, MC1R370, ASIP*-2 และ *TYR*-1 กับลักษณะสีดำในสุกรบนพื้นที่สูง พบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าวมีความสัมพันธ์กับลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (P<0.05) โดยเครื่องหมายโมเลกุล *MC1R727* มีค่า Chi-square สูงสุด เท่ากับ 26.6651 (P<0.0001) ในขณะที่เครื่องหมายโมเลกุล MC1R370, ASIP-2 และ*TYR-1* มีค่า Chi-square เท่ากับ 9.9168 (P = 0.0007), 12.0319(P = 0.0007) และ8.3210 (P = 0.0156) ตามลำดับเมื่อพิจารณาค่าความแม่นยำของเครื่องหมายโมเลกุลยีน *MC1R727, MC1R370, ASIP*-2และ *TYR*-1 ในการทำนายลักษณะสีดำในสุกรบนพื้นที่สูง และได้คิดคำนวณแบบรวมเครื่องหมายโมเลกุลในรูปแบบต่างๆ แสดงดังตารางที่ 5 โดยพบว่า เครื่องหมายโมเลกุลยีน *MC1R727* มีค่าความแม่นยำในการทำนายลักษณะสีดำในสุกรบนพื้นที่สูงได้ถูกต้องสูงที่สุด (83.15%) ซึ่งสูงกว่าค่าการทำนายของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอยีนอื่นๆ และแบบรวมเครื่องหมายโมเลกุลในรูปแบบต่างๆ

ตารางที่ 4: ความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมายโมเลกุลกับลักษณะสีดำในสุกรบนพื้นที่สูง

เครื่องหมายโมเลกุล	ค่า Chi-square	P-value
MC1R727	26.6651	<0.0001
MC1R370	9.9168	0.0007
ASIP-2	12.0319	0.0024
TYR-1	8.3210	0.0156

ตารางที่ 5: สมการของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอและความแม่นยำในการทำนายลักษณะสีดำในสุกรบนพื้นที่สูง

เครื่องหมายโมเลกุล (X)	สมการ	ความแม่นยำ (%)
MC1R7272 (X1)	y = 0.5017 + 0.1852 (X1)	83.15
MC1R370 (X2)	y = 1.1313 – 0.2568 (X2)	55.78
ASIP-2 (X3)	y = 0.5952 + 0.2449 (X3)	67.36
TYP-1 (X4)	y = 0.8294 – 0.0560 (X4)	74.73
(X1) + (X2)	y = 0.8872 + 0.19733 (X1) -0.2687 (X2)	71.57
(X1) + (X2) + (X3)	y = 0.8106 + 0.14349 (X1) – 0.2446 (X2) + 0.1811 (X3)	75.78
(X1) + (X2) + (X3) + (X4)	y = 0.95388 + 0.1830 (X1) – 0.2567 (X2) + 0.1580 (X3) – 0.1118 (X4)	81.05

จะเห็นได้ว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอแบบรวมจำนวน 4 เครื่องหมาย ให้ผลการทำนายลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงได้ถูกต้องเท่ากับ 81.05 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งสูงกว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอแบบรวม 2 และ 3 เครื่องหมาย อย่างไรก็ตามเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอแบบรวมทั้ง 2, 3 และ 4 เครื่องหมาย ไม่ได้ให้ผลการทำนายลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงดีกว่าเครื่องหมาย *MC1R727* (83.15%) แสดงให้เห็นว่ายีน *MC1R* มีอิทธิพลต่อลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นสูงอย่างชัดเจน

สถาบันวิจัยและพัฒนาพื้นที่สูง (องค์การมหาชน) Highland Research and Development Institute (Public Organization)

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการวิจัย

ลักษณะสีของสุกรบนพื้นที่สูง สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มใหญ่ คือ ลักษณะสุกรที่มีสีดำทั้งลำตัว และสุกรที่มีสีดำไม่ทั่วทั้งลำตัว ซึ่งลักษณะสีดำมีความผันแปรในสุกรแต่ละตัว ไม่สามารถกำหนดหรือทราบได้จากลักษณะของพ่อแม่พันธุ์จากข้อมูลดังกล่าวแสดงให้เห็นว่าลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงยังคงมีการกระจายตัวอยู่ในการศึกษาครั้งนี้ต้องการศึกษาเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอของยีน Melanocortin 1 receptor (*MC1R*), Agouti signalling protein (*ASIP*) และ Tyrosinase (*TYR*) สำหรับการบ่งชี้ลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูง

5.1 ความผันแปรทางพันธุกรรมของยีน *MC1R, ASIP* และ *TYR*

จากการค้นหาความผันแปรทางพันธุกรรมของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอเป้าหมายยีน *MC1R, ASIP* และ *TYR* ด้วยวิธี *In silico* analysis นำไปสู่การออกแบบไพรเมอร์จำนวน 6 เครื่องหมายโมเลกุล (*MC1R727*, *MC1R370*, *ASIP-1*, *ASIP-2*, *TYR-1* และ *TYR-2*) เพื่อใช้ในการค้นหาความผันแปรทางพันธุกรรมในสุกรบนพื้นที่สูง พบเครื่องหมายโมเลกุลจำนวน 4 เครื่องหมาย (*MC1R727*, *MC1R370*, *ASIP-2*, และ*TYR-1*) แสดงความผันแปรในประชากรสุกรบนพื้นที่สูง โดยพบว่าเครื่องหมายโมเลกุลทั้ง 4 มีรูปแบบจีโนไทป์ทั้ง3 รูปแบบ คือ AA, AB และ BB

5.2 ความสัมพันธ์ของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอเป้าหมายกับลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูง

ความสัมพันธ์ของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ *MC1R727*, *MC1R370*,*ASIP-2* และ *TYR-1*กับลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงพบว่า เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ *MC1R*727 สามารถทำนายลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงได้ถูกต้อง มีความแม่นยำสูงสุด เท่ากับ 83.15 เปอร์เซ็นต์สำหรับโมเลกุลดีเอ็นเอ *MC1R370, ASIP-2* และ *TYR-1* มีความแม่นยำเท่ากับ 55.78, 67.36 และ 74.73 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ นอกจากนี้ยังได้มีการคิดค่าความแม่นยำในการทำนายแบบรวมเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอในรูปแบบต่างๆ คือ แบบ 2 เครื่องหมายโมเลกุล (*MC1R727+MC1R370*), 3 เครื่องหมายโมเลกุล (*MC1R727+MC1R370+ASIP-2*) และ 4 เครื่องหมายโมเลกุล (*MC1R727+MC1R370+ASIP-2+TYR-1*) สามารถทำนายสุกรที่มีลักษณะสีดำได้ถูกต้องแม่นยำเท่ากับ 71.57, 75.78 และ 81.05 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ซึ่งมีค่าความแม่นยำต่ำกว่าการคิดค่าความแม่นยำในการทำนายลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็น *MC1R*727 เพียงยีนเดียว

อย่างไรก็ตามในกระบวนการสร้างเม็ดสีขอสุกร เป็นลักษณะที่มีความซับซ้อน (complex traits) และถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ โดยยีนแต่ละคู่ต่างมีอิทธิพลต่อลักษณะดังกล่าว ทั้งนี้เครื่องหมายโมเลกุล ดีเอ็นเอ *MC1R727* เป็นเพียง 1 เครื่องหมาย ที่มีอิทธิพลสูงต่อลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นสูง (มีค่าความแม่นยำ 83.15 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับค่าความแม่นยำ 85 เปอร์เซ็นต์)

จากรายงานการศึกษาของ Klomtong et al. (2015) พบว่ายีน *MC1R* มีความสัมพันธ์กับลักษณะของสีผิวสุกรพันธุ์เหมยซานและสุกรพันธุ์พื้นเมืองไทย (ซึ่งเป็นสุกรสายพันธุ์แท้) แต่ยังไม่มีการศึกษาในประเด็นความแม่นยำของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอดังกล่าวกับสุกรแต่อย่างใด ดังนั้นความแม่นยำของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ *MC1R* ที่ระดับ 83.15 เปอร์เซ็นต์ เป็นระดับสูงสุดที่พบในการศึกษายีนดังกล่าว รวมถึงจากผลการทดสอบทางสถิติของเครื่องหมายโมเลกุลนี้ที่ 83.15 และ 85 เปอร์เซ็นต์ โดยวิธี T-Test และ Chi-square Test นั้น ผลการทดสอบทั้ง 2 วิธีการ ให้ผลที่สอดคล้องกัน โดยพบว่าค่าความแม่นยำที่ 83.15 และ 85 เปอร์เซ็นต์ แตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($P>0.05$) นั่นหมายความว่า เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ *MC1R727* ที่ความแม่นยำ 83.15 เปอร์เซ็นต์ที่ได้จากการผลการวิจัยครั้งนี้ ไม่แตกต่างจากค่าความแม่นยำคาดหวังที่ 85 เปอร์เซ็นต์ หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งได้ว่า เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ *MC1R727* สามารถใช้ในการจำแนกสุกรบนพื้นที่สูงได้ ไม่แตกต่างจากเกณฑ์คาดหวังไว้ที่ 85 เปอร์เซ็นต์ ทั้งนี้หากต้องการเพิ่มความแม่นยำของการทำนายลักษณะดังกล่าวให้เพิ่มสูงขึ้น ควรใช้เครื่องหมายโมเลกุลที่มีอิทธิพลสูงต่อลักษณะดังกล่าวจำนวนหลายตำแหน่ง ดังนั้นจึงความเป็นจำต้องศึกษาเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอสำหรับบ่งชี้ลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงเพิ่มเติม ซึ่งยังมียีนที่อาจสามารถใช้เป็นเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอสำหรับบ่งชี้ลักษณะสุกรบนพื้นที่สูงได้ เช่น ยีน tyrosine family receptor *(KIT)* และ KIT ligand *(KITLG)* โดยทั้งสองยีนมีรายงานความสัมพันธ์เกี่ยวกับการสร้างเม็ดสีของเซลล์เมลาโนไซต์ (Okumura et al., 2008) และยังมีรายงานว่ายีน *KIT* และ *KITLG* เกี่ยวข้องกับการควบคุมลักษณะขนสีขาวในสุกร (Marklund et al., 1998; Pielberg et al., 2002; Okumura et al., 2008)

บทที่ 6

สรุปผลการทดลอง

ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอของยีนเป้าหมาย Melanocortin 1 receptor (*MC1R*), Agouti signalling protein (*ASIP*) และTyrosinase (*TYR*) สำหรับบ่งชี้ลักษณะสีดำของสุกรบนพื้นที่สูงโดยใช้ไพรเมอร์ จำนวน 6 เครื่องหมาย ประกอบด้วย*MC1R727*, *MC1R370*, *ASIP-1*, *ASIP-2*, *TYR-1*, และ *TYR-2* พบว่า

1) เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่แสดงความผันแปรในประชากรสุกรบนพื้นที่สูง มีจำนวน 4 เครื่องหมาย คือ *MC1R727*, *MC1R370*, *ASIP-2* และ*TYR-1*

2) เครื่องหมายโมเลกุล *MC1R727*มีค่าความแม่นยำในการทำนายลักษณะสีดำในสุกรบนพื้นที่สูงได้ถูกต้องสูงที่สุด โดยมีค่าความแม่นยำเท่ากับ 83.15เปอร์เซ็นต์

สถาบันวิจัยและพัฒนาพื้นที่สูง (องค์การมหาชน)
Highland Research and Development Institute (Public Organization)