

## การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ต่างกันในแม่สุกรลูกผสมลาร์จไวท์และแลนด์เรซ

### Estimates of Genetic Parameter for Number of Born Alive at Different Parities in Crossbred Large White and Landrace Sows

อลงกรณ์ คงเจริญ<sup>1</sup> วาณี ชัยวัฒน์สิน<sup>1</sup> และ ศรีสุวรรณ ชมชัย<sup>1</sup>

#### บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ในการศึกษาครั้งนี้เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (number of born alive; NBA) ในลำดับครอกที่ต่างกันและศึกษาความเหมาะสมของโมเดลด้วยการเปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ประมาณได้จากโมเดลในรูปแบบต่างๆ โมเดลที่ใช้ในการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้มีดังนี้ โมเดลที่ 1) พิจารณาอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงด้วยการวิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะ โมเดลที่ 2) วิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะโดยเพิ่มอิทธิพลของแม่ โมเดลที่ 3) วิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะโดยเพิ่มอิทธิพลแบบซ่มกันของยีน และโมเดลที่ 4) วิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะโดยเพิ่มอิทธิพลของแม่และอิทธิพลแบบซ่มกันของยีน โดยพิจารณาว่าแต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่ต่างกัน โดยใช้ข้อมูลลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต จำนวน 7,948 บันทึกของแม่สุกรลูกผสมที่เกิดระหว่างปี พ.ศ. 2546 ถึง พ.ศ. 2552 จากฟาร์มเอกชนที่อยู่ในเขตภาคกลางของประเทศไทย ประมาณค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมประมาณด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ผลจากการศึกษา พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมทางตรงเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม ( $h^2$ ) ของลักษณะ NBA ที่ได้จากโมเดลที่ 1 2 3 และ 4 มีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.002-0.073 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ( $r_g$ ) ระหว่างลำดับครอกมีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.00-0.95 การเปรียบเทียบโมเดลที่เหมาะสมด้วยค่า AIC แสดงให้เห็นว่าโมเดลที่ 1 มีความเหมาะสมมากที่สุดในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ในประชากรสุกรที่ได้ศึกษาในครั้งนี้

**คำสำคัญ :** ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม, ลักษณะขนาดครอก, ลำดับครอกที่แตกต่างกัน

#### Abstract

The objectives of this study were to estimate genetic parameters of number of born alive (NBA) in different parities and to examine the appropriateness of the 4 models. The genetic parameters in all models were evaluated. Model 1) multivariate analyses with direct genetic effects only, Model 2) multivariate analyses with maternal and direct genetic effects, Model 3) multivariate analyses with dominance and direct genetic effects, Model 4) multivariate analyses with maternal, dominance, and direct genetic effects, with each parity was considered as a different trait. The 7,948 records of NBA from sows that born between 2546 to 2552 were analysed. They were grew by private farms in the central part of Thailand. (Co)variance components were estimated by Restricted Maximum Likelihood (REML) method. The results revealed that direct heritabilities of NBA from Model 1, 2, 3, and 4 were less which ranged from 0.002-0.073. Genetic correlation ( $r_g$ ) between parity were less which ranged from 0.00-0.95. Model comparison by AIC values

<sup>1</sup>ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน จ.นครปฐม 73140

indicate that Model 1 is the most appropriate model to estimate the population of breeding values pigs in this study.

**Keyword :** genetic parameter, litter size, different parities

## บทนำ

ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (number of born alive) จัดเป็นหนึ่งในลักษณะขนาดครอก (litter size) ที่มีความสำคัญในการผลิตสุกรเชิงพาณิชย์ (Noguera *et al.*, 2002) และเป็นเป้าหมายที่สำคัญในการเน้นการปรับปรุงลักษณะการสืบพันธุ์ (reproductive traits) ในสุกรสายแม่ (dam lines) เพื่อเพิ่มจำนวนลูกหย่านมต่อแม่ต่อปี (เกียรติศักดิ์, 2552) การเพิ่มประสิทธิภาพการผลิตของแม่สุกร (sow productivity) เป็นทางหนึ่งที่จะช่วยลดต้นทุนในการผลิต (Irgang *et al.*, 1994) ลักษณะขนาดครอกนั้นเป็นลักษณะที่ถ่ายทอดทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ (ภานุวัฒน์, 2549) แม้ว่าการปรับปรุงพันธุ์ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำจะทำได้ยากและให้ผลค่อนข้างช้า แต่ผลสำเร็จของการปรับปรุงพันธุ์จะยั่งยืนและยาวนานอีกทั้งยังให้ผลตอบแทนทางเศรษฐกิจต่อระบบการผลิตสุกรสูง (มนต์ชัย, 2548) ลักษณะขนาดครอกเป็นลักษณะที่มีการวัดซ้ำในลักษณะเดียวกันโดยใช้โมเดลประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) (Ehlers *et al.*, 2005) อย่างไรก็ตามการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโดยไม่มีการแยกพิจารณาตามลำดับครอกอาจเกิดอคติ (bias) ในการประมาณค่าได้ (Fernandez *et al.*, 2008) จากข้อกำหนดของโมเดลซึ่งระบุว่า ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอก (parity order) ต้องเท่ากับ 1 (Henderson, 1988) ข้อกำหนดดังกล่าวจึงมีความเป็นไปได้ที่เป็นสาเหตุทำให้ผลตอบสนองเนื่องจากการคัดเลือกไม่ดีเท่าที่ควร (Irgang *et al.*, 1994) จากการพัฒนาโมเดลวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait model) ทำให้มีการเชื่อมโยงข้อมูลจากหลายลักษณะเป็นการเพิ่มความแม่นยำ (accuracy) กับการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โดยเฉพาะกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำหากนำมาวิเคราะห์ร่วมกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง (Mrode and Thompson., 2005) และยังสามารถวิเคราะห์ร่วมกับทุกลักษณะในกระบวนการคัดเลือก (Noguera *et al.*, 2002) โดยทั่วไปในการคัดเลือกสุกรจะพิจารณาอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเป็นหลัก (additive gene effect) แต่ถ้าสามารถนำส่วนของอิทธิพลของยีนแบบไม่บวกสะสม (non-additive gene effect) เช่น อิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominance effect) มาร่วมใช้ในการประเมินค่าทางพันธุกรรม อาจจะช่วยเพิ่มความแม่นยำได้ (ภานุวัฒน์, 2549) โดยพิจารณาร่วมกับอิทธิพลของแม่ (maternal effect) ซึ่งถือว่ามีค่าสำคัญในการศึกษาลักษณะขนาดครอก (Roehe and Kennedy, 1993) จุดประสงค์ในการศึกษาครั้งนี้เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ต่างกันและศึกษาความเหมาะสมของโมเดลที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมในประชากรสุกรลูกผสมลาจัวท์และแลนด์เรซที่ได้ศึกษาในครั้งนี้

## วิธีการศึกษา

### 1. ข้อมูลในการศึกษา

การศึกษานี้ใช้ข้อมูลจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในสุกรลูกผสม 2 สายพันธุ์ระหว่าง ลาจัวท์ x แลนด์เรซ (YL) และแลนด์เรซ x ลาจัวท์ (LY) ที่ผลิตขึ้นเองภายในฟาร์มโดยหลีกเลี่ยงการผสมเลือดชิด ในส่วนของพ่อแม่พันธุ์แนะนำให้เข้ามาจากประเทศเดนมาร์ก การผลิตสุกรขุน 3 สายพันธุ์ ใช้พ่อสุดท้ายเป็นพันธุ์ดูโรค และใช้การผสมเทียม (artificial insemination) ทั้งหมด เก็บรวบรวมข้อมูลจากฟาร์มเอกชน 2 แห่งที่อยู่ในเขตภาคกลางของประเทศไทย ระหว่างปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2552 รวม 7 ปี ข้อมูลที่รวบรวมแบ่งได้เป็น 2 ส่วนดังนี้ 1) ข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree file) ประกอบด้วยหมายเลขประจำตัวสุกร (swine Identification number; ID), หมายเลขพ่อพันธุ์ (Sire's ID), หมายเลขแม่พันธุ์ (Dam's ID), ปีเกิด (Year of Birth; YB) และ 2) แฟ้มข้อมูล (data file) ประกอบด้วย หมายเลขประจำตัวสุกร (swine Identification

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

number; ID), กลุ่มระดับสายเลือดของสุกร (group genetic effect) แบ่งเป็น 2 กลุ่มได้แก่  $\frac{1}{2}$  ลาร์จไวท์ x  $\frac{1}{2}$  แลนซ์เรซ (50%Y x 50%L) และ  $\frac{1}{2}$  แลนซ์เรซ x  $\frac{1}{2}$  ลาร์จไวท์ (50%L x 50%Y) ลำดับครอกที่สุกรคลอด (parity) วัน-เดือน-ปี ที่สุกรคลอดลูก (farrowing date) นำมาจัดเป็นกลุ่มการจัดการ (contemporary group) โดยพิจารณาจากฝูง-ปี-ฤดูกาล ที่สุกรคลอดลูก มีรายละเอียดดังนี้ ฟาร์มหรือหน่วยการผลิต (farm or unit), แบ่งได้เป็น 2 กลุ่มได้แก่ CHF และ CSF, ปี ที่สุกรคลอดลูกคือ ปี พ.ศ. 2546 ถึง ปี พ.ศ. 2552, และ ฤดูกาล (season) ที่สุกรคลอดลูก แบ่งได้เป็น 3 ฤดูกาล คือ ฤดูหนาว (พฤศจิกายน ถึง กุมภาพันธ์) ฤดูร้อน (มีนาคม ถึง พฤษภาคม) และ ฤดูฝน (มิถุนายน ถึง ตุลาคม) โดยพิจารณาตามปริมาณน้ำฝน อุณหภูมิ และความชื้นสัมพัทธ์ อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก (age at farrowing) แบ่งออกเป็น 6 กลุ่ม โดยจำกัดตามลำดับครอก คือ AGEF1 = 280 ถึง 530 วัน, AGEFF2 = 430 ถึง 680 วัน, AGEFF3 = 540 ถึง 850 วัน, AGEFF4 = 700 ถึง 900 วัน, AGEFF5 = 900 ถึง 1,200 วัน, AGEFF6 = 950 ถึง 1,300 วัน ตามลำดับ พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ (service boar) ในแต่ละลำดับครอก รายละเอียดของโครงสร้างข้อมูลดังแสดงใน Table 1

## 2. การวิเคราะห์ข้อมูล

วิเคราะห์โครงสร้างข้อมูลและตรวจสอบการแจกแจงแบบปกติ (normal distribution) โดยพิจารณาจากค่าความเบ้ (skewness) และกราฟ normality plot ตรวจสอบข้อมูลที่มีค่าสูงต่ำกว่าปกติ (outlier) แก้ไขข้อมูลเบื้องต้นโดยตัดข้อมูลที่ไม่สมบูรณ์ เช่น ข้อมูลที่ไม่มีหมายเลขประจำตัวสัตว์ ข้อมูลของสัตว์ที่ไม่มีวันเดือนปีเกิด และตัดข้อมูลที่มีมากกว่าลำดับครอกที่ 4 ออกจากแฟ้มข้อมูลโดยไม่นำเข้ามารวมในการศึกษาครั้งนี้ ทดสอบปัจจัยคงที่ (fixed effect) ได้แก่ กลุ่มระดับสายเลือดของสุกร ฝูง-ปี-ฤดูกาล ที่สุกรคลอดลูก พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในแต่ละลำดับครอก และปัจจัยที่กำหนดให้เป็นความแปรปรวนร่วม (covariate) ได้แก่ อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก ทดสอบปัจจัยดังกล่าวด้วยวิธี Ordinary least square (OLS) ด้วยโปรแกรม R 2.13.1 (Development Core Team, 2006)

วิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PigPAK 2.5 (Duangjinda *et al.*, 2005) โดยการวิเคราะห์พร้อมหลายลักษณะภายใต้โมเดลตัวสัตว์ (multiple-trait animal model) โดยให้แต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่ต่างกันโดยใช้โมเดลทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน 4 โมเดลดังนี้

$$\begin{aligned}
 \text{โมเดลที่ 1: } \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \\ Y_6 \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix} \\
 \text{โมเดลที่ 2: } \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \\ Y_6 \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & W_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & W_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & W_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \\ m_3 \\ m_4 \\ m_5 \\ m_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix} \\
 \text{โมเดลที่ 3: } \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \\ Y_6 \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} V_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & V_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & V_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & V_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & V_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & V_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} d_1 \\ d_2 \\ d_3 \\ d_4 \\ d_5 \\ d_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix} \\
 \text{โมเดลที่ 4: } \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \\ Y_6 \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & W_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & W_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & W_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \\ m_3 \\ m_4 \\ m_5 \\ m_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} V_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & V_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & V_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & V_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & V_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & V_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} d_1 \\ d_2 \\ d_3 \\ d_4 \\ d_5 \\ d_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix}
 \end{aligned}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$Y_i$  = เวกเตอร์ของค่าสังเกตของลักษณะที่  $i$ ,  $b_i$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ได้แก่ กลุ่มพันธุ์ของสุกร กลุ่มการจัดการอายุสุกรเมื่อคลอดลูกและพ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ของลักษณะที่  $i$ ,  $a_i$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ของลักษณะที่  $i$ ,  $m_i$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลของแม่ (maternal effects) ของลักษณะที่  $i$ ,  $d_i$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลแบบซ่มกันของยีน ของลักษณะที่  $i$ ,  $X_i, Z_i, W_i, V_i$  = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incident matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์  $b_i, a_i, m_i$  และ  $d_i$  ตามลำดับ,  $e_i$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของลักษณะที่  $i$ , เมื่อ  $i$  หมายถึง ลักษณะที่ 1 ถึง 6 โดยมีองค์ประกอบของความแปรปรวนดังนี้

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ M \\ a_6 \\ m_1 \\ M \\ m_6 \\ d_1 \\ M \\ d_6 \\ e_1 \\ M \\ e_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & L & g_{16}A & g_{17}A & L & g_{112}A & 0 & L & 0 & 0 & L & 0 \\ M & O & M & M & O & M & M & O & M & M & O & M \\ g_{61}A & L & g_{66}A & g_{67}A & L & g_{612}A & 0 & L & 0 & 0 & L & 0 \\ g_{71}A & L & g_{76}A & g_{77}A & L & g_{712}A & 0 & L & 0 & 0 & L & 0 \\ M & O & M & M & O & M & M & O & M & M & O & M \\ g_{121}A & L & g_{126}A & g_{127}A & L & g_{1212}A & 0 & L & 0 & 0 & L & 0 \\ 0 & L & 0 & 0 & L & 0 & f_{11}D & L & f_{16}D & 0 & L & 0 \\ M & O & M & M & O & M & M & O & M & M & O & M \\ 0 & L & 0 & 0 & L & 0 & f_{61}D & L & f_{66}D & 0 & L & 0 \\ 0 & L & 0 & 0 & L & 0 & 0 & L & 0 & r_{11} & L & r_{16} \\ M & O & M & M & O & M & M & O & M & M & O & M \\ 0 & L & 0 & 0 & L & 0 & 0 & L & 0 & r_{61} & L & r_{66} \end{bmatrix}$$

$g_{ij}$  = ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมระหว่างตัวแปร  $i$  และ  $j$  เมื่อ  $i = 1$  ถึง 6 หมายถึง อิทธิพลทางตรงเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม (direct additive genetic effects) และเมื่อ  $i = 7$  ถึง 12 หมายถึง อิทธิพลของแม่ (maternal effects) สำหรับลักษณะที่  $j$  เมื่อ  $j =$  ลักษณะที่ 1 ถึง 6 ตามลำดับ,  $f_{ij}$  = ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบซ่มกันของยีนระหว่างตัวแปร  $i$  และ  $j$  เมื่อ  $i = 1$  ถึง 6 หมายถึง อิทธิพลแบบซ่มกันของยีนสำหรับลักษณะที่  $j$  เมื่อ  $j =$  ลักษณะที่ 1 ถึง 6 ตามลำดับ,  $r_{ij}$  = ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของความคลาดเคลื่อนของลักษณะที่ 1 ถึง 6,  $A$  = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์,  $D$  = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์เนื่องจากอิทธิพลแบบซ่มกันของยีน

องค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้นำไปประมาณค่าอัตราพันธุกรรม (heritability) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) ค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) ค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) พิจารณาโมเดลที่เหมาะสมด้วยค่า Log Likelihood (-2LogL) ซึ่งจะมีแนวโน้มที่ดีขึ้นเมื่อมีการประมาณค่าพารามิเตอร์จำนวนมาก ส่วนค่า Akaike's information criterion (AIC) เป็นแนวคิดที่จะปรับลดความได้เปรียบ (penaltise) ของโมเดลทางสถิติที่มีจำนวนพารามิเตอร์ที่มากกว่ามีสมการในการคำนวณดังนี้ (Liu *et al.*, 2006)

$$AIC = -2\log L + 2K$$

เมื่อ  $K$  = จำนวนพารามิเตอร์อิสระในโมเดล

## ผลการทดลองและวิจารณ์

### 1. ค่าเฉลี่ยของลักษณะ

ค่าเฉลี่ยของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (NBA) ของแม่สุกรลูกผสมทั้งสองสายพันธุ์มีค่าเฉลี่ยในทุกลำดับครอกอยู่ในช่วง  $10.68 \pm 2.90$  ตัว ถึง  $12.03 \pm 2.96$  ตัว ตามลำดับ (Table 1) มีค่าสูงกว่าการศึกษาของ ภาณุวัฒน์ (2549) และ เกียรติศักดิ์ (2552) ในประชากรสุกรลูกผสมลาจัวท์และแลนด์เรซ พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง  $9.62 \pm 0.04$  ตัว ถึง  $10.17 \pm 2.11$  ตัว ตามลำดับ ซึ่งอาจเป็นผลมาจากความแตกต่างของระดับสายเลือด (genetic group effect) และสภาพภูมิประเทศที่แตกต่างกัน แต่สูงกว่าการศึกษาในสุกรพันธุ์แท้ลาจัวท์และแลนด์เรซ (พัชรวิดีและคณะ, 2550; วชิรพร, 2554) ซึ่งอาจเป็นผลเนื่องมาจากแม่สุกรลูกผสมได้รับอิทธิพลของเฮตเทอโรซิสเนื่องจากการผสมข้ามพันธุ์ (crossbreeding) ทำให้สุกรลูกผสมมีความแข็งแรงและให้ผลผลิตดีกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อและแม่ซึ่งเป็นสุกรพันธุ์แท้และผลการศึกษายังแสดงให้เห็นว่าในลำดับครอกแรกมีค่าเฉลี่ยต่ำที่สุดสาเหตุเนื่องจากสุกรสาวมีการพัฒนาความสมบูรณ์ของร่างกายยังไม่สมบูรณ์เต็มที่ (Pluske et al., 1998) และมีค่าเฉลี่ยสูงที่สุดในลำดับครอกที่ 4 หลังจากนั้นค่าเฉลี่ยจะมีแนวโน้มลดลงทั้งสองสายพันธุ์ เนื่องจากอัตราการตายของตัวอ่อนที่เพิ่มมากขึ้นตามลำดับครอกที่เพิ่มมากขึ้น สอดคล้องกับการศึกษาของ ปรียพันธ์ (2542)

Table 1 Data structure for the analysis

Breed <sup>1/</sup> and Parity	No. of records	CG <sup>2/</sup>	BOAR <sup>3/</sup>	Item			NBA <sup>5/</sup>		
				Mean	SD	CV	Mean	SD	CV
LY									
1	832	40	139	388.86	86.37	22.21	10.68	2.90	27.15
2	830	41	118	529.92	90.80	17.13	11.22	3.02	26.92
3	717	38	110	676.20	95.41	14.11	11.94	2.96	24.79
4	592	35	88	814.10	77.53	9.52	12.03	2.96	24.61
5	501	32	79	950.98	81.91	8.61	11.71	2.99	25.54
6	369	32	72	1,087.0	85.87	7.90	11.33	2.89	25.47
YL									
1	982	29	125	382.93	61.07	15.95	10.68	2.95	27.62
2	981	32	111	530.72	95.58	18.01	11.26	2.83	25.13
3	805	31	104	673.14	84.90	12.61	11.84	2.84	23.99
4	640	25	95	812.00	72.07	8.88	11.92	2.80	23.49
5	445	24	72	944.44	94.85	10.04	11.78	2.95	25.06
6	254	17	49	1,080.8	96.24	8.90	11.61	2.69	23.16

<sup>1/</sup>LY = 50%Landrace x 50%Large White and YL = 50%Large White x 50%Landrace, <sup>2/</sup>CG = contemporary groups (herd-year-season at farrowing), <sup>3/</sup>BOAR = service boar, <sup>4/</sup>AGEF = age at farrowing, <sup>5/</sup>NBA = number of born alive

### 2. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะขนาดครอก

ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (Table 2) พบว่า ปัจจัยของพันธุ์ อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูกและพ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่ศึกษา ( $p > 0.05$ ) ทั้งนี้เนื่องจากแม่สุกรลูกผสมทั้งสองสายพันธุ์มีความสามารถในการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดีเนื่องจากแม่สุกรทั้งหมดถูกเลี้ยงภายในโรงเรือนแบบปิดระบบระเหยไอน้ำเย็น (evaporative cooling system) สภาพแวดล้อมภายในโรงเรือนค่อนข้างคงที่

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประกอบกับมีการจัดการที่ดีและยังได้รับอิทธิพลของสเตทอโรซีส์จึงทำให้ปัจจัยดังกล่าวไม่มีผลต่อลักษณะที่ศึกษา (ภาณุวัฒน์, 2549) อิทธิพลของกลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูก พบว่ามีผลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ( $p < 0.05$ ) เนื่องจากในลำดับครอกแรกแม่สุกรต้องมีการปรับตัวก่อนเข้าสู่วัยเจริญพันธุ์เมื่อลำดับครอกเพิ่มขึ้นแม่สุกรได้เคยผ่านการอุ้มท้องมาแล้วทำให้สามารถปรับตัวได้ดีขึ้นและมดลูกสามารถบรรจุตัวอ่อนได้มากขึ้นทำให้อิทธิพลเนื่องจากกลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูกจึงไม่มีผลต่อลักษณะที่ศึกษา

**Table 2** Number of litter size records different parity, least square mean (LSMEAN), standard error (SE), and significance of fixed effect and covariate used in analyses

Traits and parity	No. of records	LSMEAN	SE	Fixed effects			Covariates
				Breed <sup>1/</sup>	CG <sup>2/</sup>	BOAR <sup>3/</sup>	Age at farrowing
number of born alive (NBA)							
1	1,814	10.33	0.19	ns	*	ns	ns
2	1,811	10.98	0.17	ns	ns	ns	ns
3	1,522	11.67	0.17	ns	ns	ns	ns
4	1,232	11.81	0.20	ns	ns	ns	ns
5	946	11.68	0.24	ns	ns	ns	ns
6	623	11.46	0.30	ns	ns	ns	ns

<sup>1/</sup>, <sup>2/</sup>, <sup>3/</sup> See explanation in table 1

ns = not significant ( $p > 0.05$ ) and \* = significant ( $p < 0.05$ )

### 3. ค่าอัตราพันธุกรรม

ค่าอัตราพันธุกรรมทางตรงเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ( $h_a^2$ ) ที่ประมาณได้จากทุกโมเดลที่ศึกษาของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าอยู่ในช่วง 0.002-0.073 แสดงใน Table 3 ซึ่งมีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Roehe and Kennedy (1995) และ Fernandez *et al.* (2008) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ต่างกันมีค่าอยู่ในช่วง 0.06-0.13 ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนไม่สามารถจำแนกแหล่งความแปรปรวนได้อย่างครบถ้วน ซึ่งส่งผลให้ความแปรปรวนจากความคลาดเคลื่อนมีค่ามากขึ้นทำให้ลักษณะที่ศึกษามีค่าอัตราพันธุกรรมที่ต่ำ (เกียรติศักดิ์, 2552) ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำแสดงให้เห็นว่าการแสดงออกของลักษณะที่ศึกษามีอิทธิพลมาจากสิ่งแวดล้อมเป็นสำคัญ (สมชัย, 2549) ดังนั้นการปรับปรุงลักษณะดังกล่าวควรทำโดยการคัดเลือกด้วยวิธีประเมินพันธุกรรมร่วมกับการจัดการสภาพแวดล้อมอย่างเหมาะสม ความแตกต่างของค่าอัตราพันธุกรรมในแต่ละลำดับครอกแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างเนื่องจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่ได้จากการถ่ายทอดระหว่างลำดับครอกในช่วงของอายุการสืบพันธุ์ (reproductive lifespan) ของแม่สุกร (Noguera *et al.*, 2002)

### 4. ค่าอิทธิพลของแม่

ผลการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ ( $h_m^2$ ) ที่มีต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 สำหรับโมเดลที่ 2 และโมเดลที่ 4 (Table 3) พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.036 ถึง 0.041 ซึ่งมีค่าค่อนข้างสูงเมื่อเปรียบเทียบกับค่าอัตราพันธุกรรมทางตรงเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมแสดงให้เห็นความสำคัญของค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่กับการปรับปรุงลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต แต่อย่างไรก็ตาม Southwood and Kennedy (1991) ได้ศึกษาด้วยการจำลองข้อมูลในสุกรพบว่าการประมาณค่าอิทธิพลของแม่จะมีความน่าเชื่อถือได้นั้นต้องใช้อำนาจข้อมูลที่เหมาะสมคือ 5 ชั่วรุ่นจึงจะมากพอที่จะจำแนกอิทธิพลของแม่ได้ ค่าสหสัมพันธ์

ระหว่างอิทธิพลของแม่และอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม ( $r(a, m)$ ) มีค่าอยู่ในช่วง -0.02 ถึง -0.98 แสดงให้เห็นว่าการคัดเลือกด้วยการประมาณค่าการผสมพันธุ์ซึ่งพิจารณาอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเพียงอย่างเดียวอาจส่งผลกระทบต่อด้านลบต่ออิทธิพลของแม่เนื่องมาจากปัจจัยของการแสดงผลร่วมกัน (confound) ระหว่างอิทธิพลของแม่และอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมสอดคล้องกับการศึกษาของ Roehe and Kennedy (1993)

**Table 3** Heritabilities for direct additive ( $h_a^2$ ), maternal effects ( $h_m^2$ ) correlation between direct additive and maternal effect ( $r(a, m)$ ) dominance effects ( $d^2$ ) proportion of direct additive variance attributable to dominance variance ( $d^2/h_a^2$ ) residual variance ( $v_e$ )  $-2\log$  likelihood ( $-2\log L$ ) and Akaike's information criterion (AIC) for number of born alive (NBA) in crossbred large white and landrace sows by trait and model

Trait	Model	$h_a^2$	$h_m^2$	$r(a, m)$	$d^2$	$d^2/h_a^2$	$v_e$	$-2\log L$	AIC
NBA1	1	0.042	-	-	-	-	8.15	24,569	51,369
	2	0.042	0.036	-0.68	-	-	8.07	24,565	109,625
	3	0.018	-	-	0.056	3.14	9.64	29,965	76,580
	4	0.005	0.023	-0.02	0.042	9.20	7.75	24,641	129,525
NBA2	1	0.035	-	-	-	-	8.20	-	-
	2	0.034	0.004	-0.74	-	-	8.24	-	-
	3	0.050	-	-	0.112	2.22	19.3	-	-
	4	0.003	0.020	-0.02	0.022	7.36	7.97	-	-
NBA3	1	0.010	-	-	-	-	8.38	-	-
	2	0.011	0.004	-0.73	-	-	8.37	-	-
	3	0.058	-	-	0.116	2.00	20.0	-	-
	4	0.002	0.021	-0.02	0.011	6.28	8.01	-	-
NBA4	1	0.055	-	-	-	-	7.74	-	-
	2	0.073	0.024	-0.98	-	-	7.72	-	-
	3	0.051	-	-	0.102	2.00	18.4	-	-
	4	0.002	0.014	-0.02	0.014	5.89	7.84	-	-
NBA5	1	0.035	-	-	-	-	8.50	-	-
	2	0.056	0.037	-0.97	-	-	7.46	-	-
	3	0.052	-	-	0.105	2.02	18.1	-	-
	4	0.004	0.023	-0.02	0.027	6.74	8.18	-	-
NBA6	1	0.017	-	-	-	-	7.66	-	-
	2	0.044	0.041	-0.93	-	-	7.46	-	-
	3	0.058	-	-	0.112	1.93	19.3	-	-
	4	0.007	0.030	-0.03	0.060	9.04	6.89	-	-

### 5. ค่าอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีน

การศึกษาค่าอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีน ( $d^2$ ) ของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 (Table 3) สำหรับโมเดลที่ 2 และโมเดลที่ 4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.011 ถึง 0.116 ซึ่งมีค่าสูงกว่าการศึกษาของ ภาณุวัฒน์ (2549) ที่ศึกษาในสุกรลูกผสมลาร์จไวท์และแลนด์เรซพบว่าค่าอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีนของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตมีค่าเท่ากับ 0.015 เนื่องการประเมินพันธุกรรมของสัตว์ลูกผสมนั้นจำเป็นต้อง

พิจารณาเสตเทอโรซิสและความแตกต่างของความแปรปรวนระหว่างพันธุ์ (Swan and Kinghorn, 1992) ซึ่งจะพิจารณาความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างลูกผสมกับพันธุ์แท้ในแต่ละพันธุ์โดยที่ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในลูกผสมจะพิจารณาในส่วนที่ถูกถ่ายทอดมาจากพ่อแม่โดยใช้โมเดลลูกผสม (crossbred model) วิธีการนี้จะทำให้การประเมินพันธุกรรมในสัตว์ลูกผสมมีความแม่นยำมากขึ้น (Lo *et al.*, 1997) แต่เนื่องจากโมเดลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้จะพิจารณาความสัมพันธ์แบบลูกร่วมพ่อแม่เดียวกัน (full sib) โดยจะคำนวณความสัมพันธ์ระหว่าง paternal subclass แล้วจึงคำนวณหาส่วนกลับของเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์เนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีนซึ่งเสนอโดย Hoeschele and Van Raden (1991) โดยรูปแบบของโมเดลในการศึกษาครั้งนี้จะไม่ถูกปรับด้วยความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างลูกผสมกับพันธุ์แท้เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาไม่มีส่วนของข้อมูลพ่อแม่พันธุ์แท้จึงทำให้ค่าอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีนที่ได้มีค่าสูงกว่าความเป็นจริง (overestimated) สังเกตได้จากสัดส่วนระหว่างค่าอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีนต่อค่าอัตราพันธุกรรมทางตรงเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกลดผสม ( $d^2/h_a^2$ ) มีสัดส่วนที่สูงมาก (1.93 - 9.20) และอาจเป็นผลมาจากความสัมพันธ์แบบลูกร่วมพ่อแม่เดียวกันมีไม่เพียงพอเพราะต้องใช้เป็นจำนวนมาก (Culbertson *et al.*, 1998)

## 6. การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล

การศึกษาเพื่อเลือกโมเดลที่มีรูปแบบเหมาะสมที่สุด (the most appropriate model) ด้วยค่า  $-2\log L$  (Table 3) จะเห็นได้ว่าโมเดลที่ 2 มีความเหมาะสมแต่อาจเป็นผลมาจากการประมาณค่าพารามิเตอร์ที่มากกว่าและรูปแบบของโมเดลที่มีความซับซ้อนกว่า (ภาคภูมิ, 2552) ซึ่งจากพิจารณาค่า AIC ซึ่งปรับลดความได้เปรียบของโมเดลที่มีจำนวนพารามิเตอร์ที่มากกว่าจะพบว่าโมเดลที่ 1 มีความเหมาะสม และเมื่อพิจารณาค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ( $V_e$ ) พบว่าโมเดลที่ 4 มีความเหมาะสมซึ่งค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่ลดลงอาจมีสาเหตุมาจากการเพิ่มอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีนในโมเดลแล้วทำให้เกิดการประมาณค่าที่สูงเกินจริงจึงทำให้ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนมีค่าลดลง (Johansson and Kennedy, 1985) อย่างไรก็ตามการศึกษาเกี่ยวกับการประมาณค่าอิทธิพลแบบข่มกันของยีนโดย Misztal *et al.* (1977) พบว่าเพื่อให้การประมาณค่าอิทธิพลแบบข่มกันของยีนมีความผิดพลาดไม่เกิน 3 เปอร์เซ็นต์ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ต้องใช้ข้อมูลไม่น้อยกว่า 65,000 บันทึกหรือประมาณ 20 เท่าของโมเดลที่ใช้ประเมินพันธุกรรมแบบปกติสอดคล้องกับการศึกษาโดยการจำลองข้อมูลของ Chang (1988) แต่การศึกษานี้มีข้อจำกัดในส่วนของการประมาณข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา ดังนั้นโมเดลที่ 1 จึงเป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมที่สุดที่จะใช้ประเมินพันธุกรรมประชากรสุกรลูกผสมที่ได้ศึกษาในครั้งนี้

## 7. ค่าสหสัมพันธ์

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ในทุกโมเดลมีค่าอยู่ระหว่าง 0.00-0.95 (Table 4) ผลจากการศึกษาแสดงให้เห็นว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกมีค่าแตกต่างกันสอดคล้องกับการศึกษาของ Fernandez *et al.* (2008) และ Mekkawy *et al.* (2010) การที่ความแปรปรวนของลักษณะที่ศึกษาในช่วงชีวิตของการให้ผลผลิตของแม่สุกรมีความแตกต่างกันอาจเนื่องมาจากยีนที่เกี่ยวข้องกับการแสดงออกของลักษณะขนาดครอกมีความแตกต่างกัน (different gene) หรือมีการแสดงออกของยีนร่วมกัน (different combinations of genes) ในแต่ละลำดับครอก ซึ่งอาจส่งผลต่อฮอริโมนและสรีรวิทยาการโตเต็มวัย (physiological maturation) ของแม่สุกร (Noguera *et al.*, 2002) นอกจากนี้อาจเป็นผลมาจากโครงสร้างของข้อมูลความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ และจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาไม่เพียงพอ (ธิดา, 2545) เนื่องจากการคัดทิ้งแม่สุกรในช่วงต้นของการให้ผลผลิตจากปัญหาด้านระบบสืบพันธุ์ และสุขภาพของแม่สุกร

**Table 4** Genetic correlations (above the diagonal) and phenotypic correlations (below the diagonal) for number of born alive (NBA) in crossbred large white and landrace sows using a multiple trait animal model

Trait and parity	Parity					
	1	2	3	4	5	6
Model 1						
NBA						
1	-	0.55	0.52	0.49	0.52	0.26
2	0.16	-	0.80	0.28	0.38	0.11
3	0.18	0.18	-	0.19	0.53	0.35
4	0.15	0.17	0.24	-	0.33	0.26
5	0.18	0.13	0.23	0.24	-	0.71
6	0.15	0.11	0.21	0.20	0.28	-
Model 2						
NBA						
1	-	0.39	0.27	0.64	0.81	0.94
2	0.16	-	0.95	0.40	0.77	0.43
3	0.18	0.18	-	0.51	0.68	0.35
4	0.16	0.18	0.24	-	0.19	0.57
5	0.16	0.15	0.24	0.24	-	0.81
6	0.14	0.12	0.21	0.19	0.28	-
Model 3						
NBA						
1	-	0.27	0.39	0.50	0.44	0.75
2	0.18	-	0.23	0.00	0.21	0.23
3	0.17	0.20	-	0.65	0.56	0.12
4	0.17	0.23	0.25	-	0.60	0.22
5	0.19	0.19	0.25	0.25	-	0.26
6	0.17	0.12	0.24	0.26	0.30	-
Model 4						
NBA						
1	-	0.44	0.21	0.16	0.45	0.76
2	0.16	-	0.41	0.06	0.10	0.22
3	0.18	0.18	-	0.46	0.43	0.03
4	0.15	0.17	0.24	-	0.24	0.11
5	0.18	0.13	0.23	0.24	-	0.37
6	0.15	0.11	0.22	0.20	0.28	-

### สรุป

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ต่างกัน พบว่ามีค่าต่ำและแตกต่างกัน ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกมีค่าต่ำและแตกต่างกันมาก ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกจึงควรแยกพิจารณาให้แต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่ต่างกันในการ

ประมาณค่าการผสมพันธุ์เพื่อใช้ในการคัดเลือก โดยโมเดลที่มีความเหมาะสมเมื่อพิจารณาจากค่า  $-2\text{LogL}$  และค่า AIC ไม่เป็นไปในทิศทางเดียวกันแต่เนื่องจากค่า AIC ถูกปรับลดความได้เปรียบของโมเดลจากจำนวนพารามิเตอร์อิสระ ดังนั้นโมเดลที่ 1 จึงเป็นโมเดลที่เหมาะสมในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ในประชากรสุกรที่ได้ศึกษาในครั้งนี้

### คำขอบคุณ

ผู้วิจัยขอขอบคุณ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ที่ได้สนับสนุนทุนการทำวิทยานิพนธ์ เพื่อการตีพิมพ์ในวารสารวิชาการระดับชาติหรือนานาชาติ ขอขอบคุณภาคีวิชาสัตวบาล คณะเกษตร กำแพงแสน และฟาร์มเอกชนที่สนับสนุนสถานที่และข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

### เอกสารอ้างอิง

- เกียรติศักดิ์ เหลียงหนูดำ. 2552. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะระยะหย่านมถึงผสมครั้งแรกที่ลำดับครอบครัวในสุกร. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารบัณฑิต สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- พัชรวิดี สิงห์ทอง วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ เนรมิตร สุขมณี. สมรรถภาพการผลิตของแม่สุกรพันธุ์แท้และแม่สุกรลูกผสม. การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 46 (สาขาสัตว์และสัตวแพทย์) วันที่ 29 มกราคม-1 กุมภาพันธ์ 2550. หน้า 130-137.
- ภาคภูมิ เสาวภาคย์. 2552. การศึกษาโมเดลเรเกรสชันผสมเพื่อประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมไฮลด์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารบัณฑิต สาขาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี, นครราชสีมา.
- ภานุวัฒน์ คัมภีร์วัฒน์. 2549. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในสุกรโดยใช้โมเดลลูกผสม. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาสัตวศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548. การประเมินพันธุกรรมสัตว์. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์. มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ปริญญ์ อุดมประเสริฐ. 2542. การจัดการสุขภาพและผลผลิตในฟาร์มสุกร. ภาควิชาสัตวศาสตร์ ภาควิชาสัตวศาสตร์ ภาควิชาสัตวศาสตร์, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- วัชรพร เลื่อมใส 2554. ผลของสมรรถภาพการผลิตที่มีต่อสมรรถภาพการสืบพันธุ์ของแม่สุกรพันธุ์แท้. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารบัณฑิต สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน, นครปฐม.
- ธิดา โคมแสงทอง. 2545. การประมาณค่าความแปรปรวนของอิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ต่อลักษณะน้ำนมแรกเกิดและขนาดครอกในสุกรพันธุ์แท้. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- สมชัย จันทร์สว่าง. 2549. พันธุศาสตร์สถิติในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์. ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- Chang H.A. 1988. Studies on estimation of genetic variance through mate allocation strategies. J. Dairy Sci. 75: 1680-1690.
- Culbertson M.S., J.W. Maby, I. Misztal, N. Gengler, J.K. Bertrand and L. Varona. 1998. Estimation of dominance variance in purebred Yorkshire swine. J. Anim. Sci. 76:448-451.
- Development Core Team. 2006. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for statistical computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, <http://www.R-project.org>. Accessed 2 Sep. 2009.
- Duangjinda M., I. Misztal and S.T. Surata. 2005. *BLUPF90-PigPAK 2.5 Genetic Evaluation Program for pig*. Department of Animal and Dairy Science The University of Georgia and Department of Animal Science Khonkaen University.
- Ehlers M., J.W. Mabry, J.K. Bertrand and K.L. Stalder. 2005. Variance components and heritabilities for sow productivity traits estimated from purebred versus crossbred sows. J. Anim. Genet. 122: 318-324.
- Fernandez A., J. Rodriganez, J. Zuzuarregui, M.C. Rodriguez and L. Sillio. 2008. Genetic parameter for litter size and weight at different parities in Iberian pig. J. Agric. Res (Special issue J. M. Malpica). 6: 98-106.
- Henderson C. R. 1988. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. J. Dairy Sci. 71 (Suppl. 2):.1-16.
- Hoeschele I. and Van P.M. Raden. 1991. Rapid inversion of dominance relationship matrices for noninbred population including sire by dam subclass effects. J. Dairy Sci. 74: 557-569.
- Irgang R., J.A. Favero and B.W. Kennedy. 1994. Genetic parameters for litter size of different parities in duroc, Landrace, and Large White sows. J Anim Sci. 72: 2237-2246.
- Johansson K. and B.W. Kennedy. 1985. Estimation of genetic parameters for reproductive trait in pigs. Acta Agric. Scand. 35: 421-431.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- Liu Y.X., J. Zhang , L. Schaeffer , R.Q. Yang and W.L. Zhang. 2006. Short communication: Optimal random regression models for milk production in dairy cattle. *J. Dairy. Sci.* 89: 2233-2235.
- Lo L.L., R.L. Fernando and M.Grossman. 1997. Genetic evaluation by BLUP in two-breed terminal crossbreeding systems under dominance. *J. Anim. Sci.* 75: 2877-2884.
- Mekkway W., R. Roehe , R.M. Lewis, M.H. Davies , L. Bünger , G.Simm and W. Haresign . 2010. Comparison of repeatability and multiple trait threshold models for litter size in sheep using observed and simulated data in Bayesian analyses. *J. Anim. Genet.* 127: 261-271.
- Misztal L., T.J. Lawlor and R.L. Fernando. 1997. Dominance model with method R for stature of Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80: 975-978.
- Mrode R. A. and R. Thompson. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. CAB international Oxon, UK.
- Noguera J.L., L. Varona, D. Babot and J. Estany. 2002. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pig: I. Bayesian variance component estimation. *J Anim Sci.* 80: 2540-2547.
- Pluske J., I.H. Williams, L.J. Zak, E.J. Clowes, A.C. Cegielski and F.X. Aherne. 1998. Freeding lactating primiparous sows to establish three divergent metabolic states: III. Milk production and pig growth. *J. Anim. Sci.* 76: 1165-1171.
- Roehe R. and B.W. Kennedy. 1995. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. *J. Anim. Sci.* 73: 2959-2970.
- Roehe R. and B.W. Kennedy. 1993. The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. *J. Anim. Sci.* 71: 2353-2364.
- Southwood O.I. and Kennedy B.W. 1991. Genetic and environmental trends for litter size in swine. *J. Anim. Sci.* 69:3177-3182.
- Swan A.A. and Kinghorn B.P. 1992. Evaluation and exploitation of crossbreeding in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 75: 624-639.