

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอก ในลำดับครอกที่ต่างกันในแม่สุกรลูกผสมลาร์จไวท์และแลนด์เรซ

Estimates of genetic parameter for litter size at different parities in crossbred large white and landrace sows

อลงกรณ์ คงเจริญ^{1*}, วาณี ชัยวัฒนสิน¹ และ ศรีสุวรรณ ชมชัย¹

Alongkorn Kongcharoen^{1*}, Wanee Chaiwatanasin¹ and Srisuwan Chomchai¹

บทคัดย่อ: วัตถุประสงค์ในการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (number of born alive; NBA) ในลำดับครอกที่ต่างกันและศึกษาความเหมาะสมของโมเดลด้วยการเปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ประมาณได้จากโมเดลในรูปแบบต่างๆ โมเดลที่ใช้ในการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้มีดังนี้ Model I) วิเคราะห์ที่ละลักษณะ (single-trait model) โดยพิจารณาให้แต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่ต่างกัน Model II) ลำดับครอกที่ต่างกันเป็นการวัดซ้ำภายในลักษณะเดียวกัน โดยใช้โมเดลประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) และ Model III) วิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะ (multiple-trait model) โดยพิจารณาว่าแต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่ต่างกัน โดยใช้ข้อมูลลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต จำนวน 6,375 บันทึก ของแม่สุกรลูกผสมที่เกิดระหว่างปี พ.ศ. 2546 ถึง พ.ศ. 2552 จากฟาร์มเอกชนที่อยู่ในเขตภาคกลางของประเทศไทย ประมาณค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมประมาณด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) และประมาณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ผลจากการศึกษา พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) ของลักษณะ NBA ที่ได้จาก Model I, II, และ III มีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.01-0.05 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_g) ระหว่างลำดับครอกมีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.03-0.66 การเปรียบเทียบโมเดลที่เหมาะสมด้วยค่า -2LogL แสดงให้เห็นว่า Model I มีความเหมาะสมมากที่สุด และเมื่อพิจารณาจากความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์พบว่า Model II ให้ค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ที่สูงที่สุด จากการศึกษา ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ 25 อันดับแรก พบว่า ค่าการผสมพันธุ์จากทั้งสามโมเดลมีการจัดลำดับที่แตกต่างกัน (<0.65) ดังนั้นเพื่อเพิ่มผลตอบสนองจากการคัดเลือก Model II จึงเป็นโมเดลที่เหมาะสมในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ในประชากรสุกรที่ได้ศึกษาในครั้งนี้

คำสำคัญ: ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม, ขนาดครอก, 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 3 models. The genetic parameters in all models were evaluated. In model I, single-trait animal model, each parity was considered as a different trait. In model II, repeatability model, each trait of different parities was measured repeatedly. In model I, multiple-trait model, each parity was treated as a different trait. The 6,375 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 and breeding value were estimated by Restricted Maximum Likelihood (REML) and Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) method, respectively. The results

¹ ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน จ.นครปฐม 73140

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Kamphaeng Saen campus, Nakhon-Pathom 73140.

* Corresponding author: kornna135@hotmail.com

revealed that heritabilities of NBA from Model I, II, and III were less which ranged from 0.01-0.05. Genetic correlation (r_g) between parity were less which ranged from 0.03-0.66. Model comparison by -2LogL values indicate that Model I is the most appropriate model. For the accuracy of estimated breeding values (EBV), Model II had the highest accuracy. The top 25 dams of all three models that were analyzed by the rank correlation between EBV have different ranking. Therefore, Model II was selected as an appropriate model to estimate the population of breeding values pigs for maximizing the response in this study.

Keywords: genetic parameter, litter size, different parities

บทนำ

การปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มลักษณะขนาดครอก (Litter size) เช่น จำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (number of born alive; NBA) เป็นเป้าหมายที่สำคัญในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สุกร (Olliver et al., 1990; Roehe and Kennedy, 1995) เนื่องจากเป็นสิ่งสำคัญที่แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ของแม่สุกร (sow productivity) เมื่อพิจารณาจากจำนวนลูกสุกรหย่านมต่อแม่ต่อปี (เกียรติศักดิ์, 2553; Hanenberg et al., 2001) ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตจึงเป็นลักษณะที่มีสำคัญทางเศรษฐกิจและมีผลกระทบโดยตรงต่อต้นทุนและรายได้ของผู้ผลิตสุกร (มนต์ชัย, 2548; Irgang et al., 1994) อย่างไรก็ตามผลตอบสนองต่อการคัดเลือกลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตนั้นค่อนข้างต่ำ (ภานุวัฒน์, 2552; Southwood and Kennedy, 1990; Alfonso et al., 1997) เนื่องจากมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ดังนั้นการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (genetic parameter) ที่มีความแม่นยำเพื่อใช้ในการประมาณค่าการผสมพันธุ์จะส่งผลให้ความแตกต่างเนื่องมาจากการคัดเลือก (selection differential) เพิ่มมากขึ้น (Piles et al., 2006)

การประเมินพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในสุกรนิยมใช้โมเดลประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) เนื่องจากมีการวัดซ้ำในลักษณะเดียวกัน (Ehlers et al., 2005; Mekkiy et al., 2010) จากงานวิจัยที่ผ่านมาบ่งชี้ว่าการใช้โมเดลที่ประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำอาจไม่ถูกต้อง (Alfonso et al., 1997; Fernandez et al., 2008) จากข้อกำหนดของโมเดลซึ่งระบุว่า ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอก (parity order) ต้องเท่ากับ 1 (Henderson,

1988) ข้อกำหนดดังกล่าวจึงมีความเป็นไปได้ที่เป็นสาเหตุทำให้ผลตอบสนองเนื่องจากการคัดเลือกไม่ดีเท่าที่ควร (Irgang et al., 1994) ดังนั้นจึงมีหลายงานวิจัยที่ผ่านมาแนะนำให้ประเมินพันธุกรรมลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกัน (different parity) ถือเป็นลักษณะที่ต่างกันโดยใช้การวิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะ (multiple-trait analysis) ในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) (Roehe and Kennedy, 1995; Noguera et al., 2002) จุดประสงค์ในการศึกษาครั้งนี้เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ต่างกันและศึกษาความเหมาะสมของโมเดลที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมในประชากรสุกรลูกผสมลาร์จไวท์และแลนซ์เรซที่ได้ศึกษาในครั้งนี

วิธีการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

การศึกษานี้ใช้ข้อมูลจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในสุกรลูกผสม 2 สายพันธุ์ระหว่าง ลาร์จไวท์ x แลนซ์เรซ (YL) และ แลนซ์เรซ x ลาร์จไวท์ (LY) ที่ผลิตขึ้นเองภายในฟาร์มโดยหลีกเลี่ยงการผสมเลือดชิด ในส่วนของพ่อแม่พันธุ์ที่นำเข้ามาจากประเทศเดนมาร์ก การผลิตสุกรขุน 3 สายพันธุ์ ใช้พ่อสุดท้ายเป็นพันธุ์ดูรอด และใช้การผสมเทียม (artificial insemination) ทั้งหมด เก็บรวบรวมข้อมูลจากฟาร์มเอกชน 2 แห่งที่อยู่ในเขตภาคกลางของประเทศไทย ระหว่างปี พ.ศ. 2546 ถึง ปี พ.ศ. 2552 รวม 7 ปี ข้อมูลที่รวบรวมแบ่งได้เป็น 2 ส่วนดังนี้ 1) ข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree file) ประกอบด้วย หมายเลขประจำตัวสุกร (swine Identification number; ID), หมายเลขพ่อพันธุ์

(Sire's ID), หมายเลขแม่พันธุ์ (Dam's ID), ปีเกิด (Year of Birth; YB) และ 2) เพิ่มข้อมูล (data file) ประกอบด้วย หมายเลขประจำตัวสุกร (swine Identification number; ID), กลุ่มระดับสายเลือดของสุกร (group genetic effect) แบ่งเป็น 2 กลุ่มได้แก่ ½ ลาร์จไวท์ x ½ แลนซ์เรซ (50%Y x 50%L) และ ½ แลนซ์เรซ x ½ ลาร์จไวท์ (50%L x 50%Y) ลำดับครอกที่สุกรคลอด (parity) วัน-เดือน-ปีที่สุกรคลอดลูก (farrowing date) นำมาจัดเป็นกลุ่มการจัดการ (contemporary group) โดยพิจารณาจากฝูง-ปี-ฤดูกาล ที่สุกรคลอดลูก มีรายละเอียดดังนี้ ฟาร์มหรือหน่วยการผลิต (farm or unit), แบ่งได้เป็น 2 กลุ่มได้แก่ CHF และ CSF, ปีที่สุกรคลอดลูกคือ ปี พ.ศ. 2546 ถึง ปี พ.ศ. 2552, และ ฤดูกาล (season) ที่สุกรคลอดลูก แบ่งได้เป็น 3 ฤดูกาล คือ ฤดูหนาว (พฤษภาคมถึงกุมภาพันธ์) ฤดูร้อน (มีนาคมถึงพฤศจิกายน) และ ฤดูฝน (มิถุนายนถึงตุลาคม) โดยพิจารณาตามปริมาณน้ำฝน อุณหภูมิ และความชื้นสัมพัทธ์ (อารยา และคณะ, 2551) อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก (age at farrowing) แบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม โดยจำกัดตามลำดับครอก คือ AGEF1 = 230 ถึง 540 วัน, AGEFF2 = 350 ถึง 750 วัน, AGEFF3 = 500 ถึง 1,000 วัน, และ AGEFF4 = 600 ถึง 1,200 วัน ตามลำดับ พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ (service boar) ในแต่ละลำดับครอก รายละเอียดของโครงสร้างข้อมูลดังแสดงใน Table 1

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

วิเคราะห์โครงสร้างข้อมูลและตรวจสอบการแจกแจงแบบปกติ (normal distribution) โดยพิจารณาจากค่าความเบ้ (skewness) และกราฟ normality plot ตรวจสอบข้อมูลที่มีค่าสูงต่ำกว่าปกติ (outlier) แก่ไขข้อมูลเบื้องต้นโดยตัดข้อมูลที่เบี่ยงเบน เช่น ข้อมูลที่ไม่มีหมายเลขประจำตัวสัตว์ ข้อมูลของสัตว์ที่ไม่มีวันเดือนปีเกิด และตัดข้อมูลที่มีมากกว่าลำดับครอกที่ 4 ออกจากเพิ่มข้อมูลโดยไม่นำเข้ามารวมในการศึกษาครั้งนี้ ทดสอบปัจจัยคงที่ (fixed effect) ได้แก่ กลุ่มระดับสายเลือดของสุกร ฝูง-ปี-ฤดูกาล ที่สุกรคลอดลูก

พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในแต่ละลำดับครอก และ ปัจจัยที่กำหนดให้เป็นความแปรปรวนร่วม (covariate) ได้แก่ อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก ทดสอบปัจจัยดังกล่าวด้วยวิธี Ordinary least square (OLS) ด้วยโปรแกรม R 2.13.1 (Development Core Team, 2006)

ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) (Patterson and Thompson, 1971) ด้วยโปรแกรม WOMBAT 1.0 (Meyer, 2010) จากนั้นประมาณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) และประมาณค่าความแปรปรวนของค่าความคลาดเคลื่อนจากการประมาณค่าการผสมพันธุ์ (prediction error variance, PEV) ด้วยโปรแกรม PEST 4.2.3 (Groeneveld et al., 1990) หาค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ (accuracy of estimated breeding value) ดังแสดงในสมการ (Csato et al., 2004; Mrode and Thompson, 2005)

$$R^2 = 1 - \frac{PEV}{\sigma_a^2}$$

$$\text{accuracy} = \sqrt{R^2}$$

เมื่อ PEV = ค่าความแปรปรวนของค่าความคลาดเคลื่อนจากการประมาณค่าการผสมพันธุ์, σ_a^2 = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน, R = reliability พิจารณาโมเดลที่เหมาะสมด้วยค่า Log Likelihood (-2LogL) ค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ วิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ด้วยวิธี Pearson correlation และวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับ (Spearman rank correlation) เพื่อพิจารณาลำดับครอกและโมเดลที่เหมาะสมเพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในการคัดเลือกสุกรต่อไป โมเดลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้มีดังนี้ ได้แก่ Model 1) วิเคราะห์ที่ลักษณะ (single-trait analysis) โดยแยกวิเคราะห์ตามลำดับครอก Model 2) วิเคราะห์ข้อมูลในทุกลำดับครอกโดยใช้โมเดลประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) และ Model 3) วิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะ (multiple-trait analysis) โดยให้แต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่ต่างกันโดยมีรูปแบบของโมเดลดังนี้

Model I: $Y = Xb + Za + e$

$$\text{เมื่อ } \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim NID[0, V] \text{ เมื่อ } V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Model II: $Y = Xb + Za + Wc + e$

$$\text{เมื่อ } \begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} \sim NID[0, V] \text{ เมื่อ } V \begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ Y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต, b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ได้แก่กลุ่มระดับสายเลือดของสุกร ฝูงการจัดการ-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอด อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์, a = เวกเตอร์ของ

อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์, c = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร, A = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ (animal relationship matrix), I = identity matrix, e = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน, σ_a^2 = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม (additive genetic variance), σ_c^2 = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวร (permanent environment variance), σ_e^2 = (ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของความคลาดเคลื่อน (residual error variance), X, Z, W = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incident matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ b, a และ c ตามลำดับ

$$\text{Model III: } \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \end{bmatrix}$$

$$\text{โดยมี } V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 \\ 0 & R \otimes I \end{bmatrix}$$

เมื่อโครงสร้างเมตริกซ์ G, R คือ

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{g11}^2 & \sigma_{g21} & \sigma_{g31} & \sigma_{g41} \\ \sigma_{g12} & \sigma_{g22}^2 & \sigma_{g32} & \sigma_{g42} \\ \sigma_{g13} & \sigma_{g23} & \sigma_{g33}^2 & \sigma_{g43} \\ \sigma_{g14} & \sigma_{g24} & \sigma_{g34} & \sigma_{g44}^2 \end{bmatrix} \quad R = \begin{bmatrix} \sigma_{r11}^2 & \sigma_{r21} & \sigma_{r31} & \sigma_{r41} \\ \sigma_{r12} & \sigma_{r22}^2 & \sigma_{r32} & \sigma_{r42} \\ \sigma_{r13} & \sigma_{r23} & \sigma_{r33}^2 & \sigma_{r43} \\ \sigma_{r14} & \sigma_{r24} & \sigma_{r34} & \sigma_{r44}^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ Y_1, Y_2, Y_3, Y_4 = เวกเตอร์ของค่าสังเกตของลักษณะที่ 1-4, b_1, b_2, b_3, b_4 = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ได้แก่กลุ่มระดับสายเลือดของสุกร ฝูงการจัดการ-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอด อายุสุกรเมื่อคลอดลูก พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ของลักษณะที่ 1-4, a_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ของลักษณะที่ 1-4, A = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์, I = identity matrix, e_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของลักษณะที่ 1-4, X_i, Z_i = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ b และ a ของลักษณะที่ 1-4 ตามลำดับ, G = เมตริกซ์ของความ

แปรปรวน และความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมของลักษณะที่ 1-4, R = เมตริกซ์ของความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของลักษณะที่ 1-4, \otimes = kronecker product

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ค่าเฉลี่ยของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (number of born alive; NBA) ของแม่สุกรลูกผสมทั้งสองสายพันธุ์มีค่าเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 10.68±2.90 ตัว

และ 12.03 ± 2.96 ตัว ตามลำดับ (Table 1) โดยในลำดับครอกแรกมีค่าเฉลี่ยต่ำที่สุดสาเหตุเนื่องจากสุกรสาวมีการพัฒนาความสมบูรณ์ของร่างกายยังไม่สมบูรณ์เต็มที่ (Pluske et al., 1998) การเปรียบเทียบความแตกต่างค่าเฉลี่ยสี่สแควร์ (least square mean) ของลักษณะ NBA ระหว่างสายพันธุ์พบว่าแตกต่างอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($p > 0.05$) (ไม่ได้แสดงผลการวิเคราะห์)

การวิเคราะห์ทีละลักษณะ (univariate analysis)

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) โดยใช้โมเดลวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait model; Model I) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NBA แสดงใน Table 2 มีค่าต่างกันในทุกลำดับครอกที่มีการศึกษาโดยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.01-0.05 ซึ่งมีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Roehe and Kennedy (1995) และ Alfonso et al. (1997) รายงานว่า h^2 ของลักษณะ NBA ที่ใช้โมเดลวิเคราะห์ทีละลักษณะแยกลำดับครอกมีค่าอยู่ระหว่าง 0.08-0.14 อาจเป็นผลมาจากความเหมาะสมของโมเดลที่ใช้ในการศึกษาและไม่สามารถจำแนกปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษาได้อย่าง

ถูกต้อง อย่างไรก็ตาม Piles et al. (2006) กล่าวว่า การวิเคราะห์ทีละลักษณะสำหรับลักษณะขนาดครอกเกินกว่าลำดับครอกที่ 1 นั้นไม่เหมาะสมเนื่องจากไม่มีการเชื่อมโยงกันของข้อมูลระหว่างบันทึก h^2 ที่ได้จากโมเดลที่ประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model; Model II) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.03 ต่ำกว่าการศึกษาของ เกียรติศักดิ์ (2552) ซึ่งพบว่า h^2 ของลักษณะ NBA ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าอยู่ในช่วง 0.14-0.22 และค่าสัดส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร (c^2) มีค่าเท่ากับ 0.15 ซึ่งมีค่าสูงกว่าค่าอัตราพันธุกรรม แตกต่างจากการศึกษาของ ภาณุวัฒน์ (2552) รายงานว่า c^2 มีค่าอยู่ในช่วง 0.03-0.04 และมีค่าต่ำกว่าค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากการศึกษาครั้งนี้ได้ใช้ข้อมูลสุกรลูกผสมจึงเป็นไปได้ c^2 ที่สูงขึ้นเป็นผลมาจากอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของยีนแบบไม่บวกสะสม (non-additive genetic effect) สอดคล้องกับ Mekkawy et al. (2010) ซึ่งกล่าวว่าโดยปกติ c^2 สามารถเพิ่มสูงขึ้นได้จากอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของยีนแบบไม่บวกสะสมของประชากรลูกผสม (crossbred population)

Table 1 Data structure for the analysis.

Breed ^{1/} and Parity	Item ^{2/}									
	No. of records	No. of animal	CG	BOAR	AGEF			NBA		
					Mean	SD	CV	Mean	SD	CV
LY										
1	832	1,913	40	286	382.11	38.90	10.18	10.68	2.90	27.15
2	829	1,908	41	287	525.96	45.90	8.73	11.22	3.02	26.92
3	717	1,644	38	286	672.63	49.96	7.43	11.94	2.96	24.79
4	591	1,347	35	286	813.76	54.09	6.65	12.03	2.96	24.61
YL										
1	982	2,262	29	286	380.68	42.05	11.05	10.68	2.95	27.62
2	981	2,261	32	288	525.53	48.68	9.26	11.26	2.83	25.13
3	805	1,892	31	286	672.47	51.66	7.68	11.84	2.84	23.99
4	638	1,519	25	286	812.41	53.50	6.59	11.92	2.80	23.49

^{1/} LY = 50%Landrace x 50%Large White and YL = 50%Large White x 50%Landrace

^{2/} CG = contemporary groups (herd-year-season at farrowing), BOAR = service boar, AGEF = age at farrowing, NBA = number of born alive

Table 2 Parameter estimations for number of born alive in different parities under univariate analysis.

Trait and parity	Models ^{1/}	Parameter estimates ^{2/}						
		σ_a^2	σ_c^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2	c^2	-2LogL
1	I	0.16	-	8.25	8.41	0.02	-	5,663.29
2	I	0.42	-	8.12	8.54	0.05	-	5,692.42
3	I	0.08	-	6.90	6.98	0.01	-	5,338.78
4	I	0.22	-	5.73	5.95	0.04	-	5,067.13
all	II	0.23	1.14	6.17	7.55	0.03	0.15	21,665.51

^{1/} Model I = single-trait model and Model II = repeatability model

^{2/} σ_a^2 = additive genetic variance, σ_c^2 = permanent environmental variance, σ_e^2 = residual variance, h^2 = heritability, c^2 = permanent environmental ratios and -2LogL = Log Likelihood

Table 3 Parameter estimations of heritabilities (on the diagonal), genetic correlations (above the diagonal), and phenotypic correlations (below the diagonal) for number of born alive in crossbred sows using a multiple-trait animal model.

Trait and parity	Parameter estimates ^{1/}							
	1	2	3	4	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	-2LogL
1	0.01	0.38	0.27	0.34	0.10	8.61	8.51	15,064.44
2	0.17	0.02	0.25	0.66	0.16	8.75	8.59	-
3	0.19	0.20	0.01	0.03	0.08	8.00	7.92	-
4	0.16	0.17	0.25	0.03	0.22	8.18	7.97	-

^{1/} See explanation in Table 2

การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multivariate analysis)

ค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากโมเดลที่วิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait model; Model III) ของลักษณะ NBA มีค่าอยู่ในช่วง 0.01-0.03 แสดงใน **Table 3** ซึ่งมีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Roehe and Kennedy (1995) และ Fernandez et al. (2008) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะ NBA ในลำดับครอกที่ต่างกันมีค่าอยู่ในช่วง 0.06-0.13 ค่าอัตราพันธุกรรมจากการศึกษาในครั้งนี้มีค่าต่ำ ทั้งนี้ อาจเนื่องมาจากในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนไม่สามารถจำแนกแหล่งความแปรปรวนได้อย่างครบถ้วน ซึ่งส่งผลให้ความแปรปรวนจากความคลาดเคลื่อนมีค่ามากขึ้นทำให้ลักษณะที่ศึกษามีค่าอัตราพันธุกรรมที่ต่ำ (เกียรติศักดิ์, 2552) ความแตกต่าง

ของค่าอัตราพันธุกรรมในแต่ละลำดับครอก แสดงให้เห็นถึงความแตกต่างเนื่องจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่ได้จากการถ่ายทอดระหว่างลำดับครอก ในช่วงของอายุการสืบพันธุ์ (reproductive lifespan) ของแม่สุกร (Noguera et al., 2002) สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NBA ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าอยู่ในช่วง 0.03-0.66 (**Table 3**) ผลการศึกษา แสดงให้เห็นว่าสหสัมพันธ์ระหว่างลำดับครอกมีค่าแตกต่างกันสอดคล้องกับการศึกษาของ Piles et al. (2005), Fernandez et al. (2008) และ Mekkwat et al. (2010) การที่ความแปรปรวนของลักษณะขนาดครอกในช่วงชีวิตของการให้ผลผลิตของแม่สุกรมีความแตกต่างกันอาจเนื่องมาจากยีนที่เกี่ยวข้องกับการแสดงออกของลักษณะขนาดครอกมีความแตกต่างกัน (different gene) หรือมีการแสดงออกของยีนร่วมกัน

(different combinations of genes) ในแต่ละลำดับครอก ซึ่งอาจส่งผลต่อฮอร์โมน (hormonal) และสรีรวิทยาการโตเต็มวัย (physiological maturation) ของแม่สุกร (Noguera et al., 2002) นอกจากนี้ยังเป็นผลมาจากโครงสร้างของข้อมูล ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ และจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาไม่เพียงพอ (ธิดา, 2545; Mekkwat et al., 2010) เนื่องจากการคัดทิ้งแม่สุกรในช่วงต้นของการให้ผลผลิตจากปัญหาด้านระบบสืบพันธุ์และสุขภาพของแม่สุกร

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลโดยการพิจารณาค่า -2LogL ที่มีค่าต่ำที่สุด (Irgang et al., 1994) ซึ่งได้จากการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทั้งสามโมเดล พบว่ามีค่า -2LogL แตกต่างกันทั้งสามโมเดลโดยที่ Model I ในลำดับครอกที่ 4 มีค่าต่ำที่สุด แต่เนื่องจากการใช้ข้อมูลในลำดับครอกที่ 4 ไม่มีการเชื่อมโยงกันของข้อมูลระหว่างลำดับครอกอันเนื่องมาจากรูปแบบของโมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์ ดังนั้นการใช้ข้อมูลในลำดับครอกที่ 1 โดยใช้ Model I จึงมีความเหมาะสมที่สุดเมื่อเปรียบเทียบกับ Model II และ Model III โมเดลที่เหมาะสมรองลงมาคือ Model III

และ Model II ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าการประเมินพันธุ์กรรมของลักษณะ NBA โดยใช้โมเดลที่ต่างกัน ส่งผลกระทบบต่อค่า -2LogL

สหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์โดยใช้โมเดลต่างๆ

การวิเคราะห์สหสัมพันธ์ด้วยวิธี Pearson correlation และวิธี Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลต่างๆของแม่พันธุ์ 25 อันดับแรก ของลักษณะ NBA ในลำดับครอกที่ต่างกัน (Table 4) พบว่าสหสัมพันธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยวิธี Pearson correlation มีค่าสูงอยู่ในช่วง 0.79-0.92 แสดงให้เห็นว่าค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จากทั้งสามโมเดลมีความคล้ายคลึงกัน ส่วนสหสัมพันธ์ที่วิเคราะห์ด้วยวิธี Spearman rank correlation พบว่า Model I กับ Model II มีค่าปานกลางอยู่ในช่วง 0.60-0.65 แต่ทั้งสองโมเดลมีความสัมพันธ์กับ Model III ต่ำมาก (0.05-0.10) และมีแนวโน้มเหมือนกันในทุกลำดับครอก ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากทั้งสามโมเดลมีความแตกต่างกันในการจัดลำดับของค่าการผสมพันธุ์

Table 4 Pearson correlation (above the diagonal) and spearman rank correlation (below the diagonal) between predicted breeding values in the top 25 Dams using model I, model II, and model III for number of born alive in crossbred sows.

Model ^{1/}	parity 1			parity 2		
	I	II	III	I	II	III
I	-	0.91	0.90	-	0.92	0.88
II	0.60	-	0.81	0.65	-	0.82
III	0.08	0.07	-	0.05	0.07	-
	parity 3			parity 4		
	I	II	III	I	II	III
I	-	0.90	0.91	-	0.84	0.92
II	0.64	-	0.83	0.60	-	0.79
III	0.07	0.06	-	0.10	0.05	-

^{1/} Model I = single-trait model, Model II = repeatability model, and Model III = multiple-trait model

Table 5 Accuracy of predicted breeding values in the top 25 Dams using model I, model II, and model III for number of born alive in crossbred sows. (standard deviation in parentheses)

model ^{1/}	Trait and parity				
	1	2	3	4	all
I	0.14 (0.07)	0.17 (0.04)	0.09 (0.03)	0.13 (0.03)	-
II	-	-	-	-	0.28 (0.05)
III	0.12 (0.06)	0.12 (0.05)	0.11 (0.05)	0.18 (0.07)	-

^{1/} Model I = single-trait model, Model II = repeatability model, and Model III = multiple-trait model

การเปรียบเทียบความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลต่างๆ

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลโดยพิจารณาจากค่าความแม่นยำ (accuracy) ของค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะ NBA (Table 5) พบว่าโมเดลที่ประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (Model II) ให้ค่าความแม่นยำสูงสุดเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดลอื่นๆ เนื่องจากข้อมูลในลำดับครอกที่ต่างกันถือว่าการวัดซ้ำภายในลักษณะเดียวกันซึ่งเป็นผลให้จำนวนข้อมูลที่น่าเข้าร่วมในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมมีปริมาณมาก (Mekaway et al., 2010) อีกทั้งการกำหนดค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกอาจส่งผลกระทบต่อค่าความแม่นยำที่เพิ่มขึ้น ส่วนโมเดลวิเคราะห์ที่ละลักษณะ (Model I) ในลำดับครอกที่ 1 มีความแม่นยำใกล้เคียงกับโมเดลที่วิเคราะห์รวมหลายลักษณะ (Model III) อย่างไรก็ตามการใช้ข้อมูลในลำดับครอกถัดมาจากครอกที่ 1 เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโดยใช้ Model I ไม่แนะนำเพราะอาจเกิดคติเนื่องจากไม่มีการเชื่อมโยงกันของข้อมูลระหว่างลำดับครอก อย่างไรก็ตาม Model III อาจจะเป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมที่จะใช้ในการประเมินพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกตามหลายงานวิจัยที่ผ่านมา (เกียรติศักดิ์, 2552; Irgang et al., 1994; Noguera et al., 2002; Fernandez et al., 2008) ถ้าประชากรที่ศึกษามีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต่อกัน (full- and half sibs) และข้อมูลที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมมีทั้งข้อมูลในส่วนของตัวสัตว์เอง (individual data) ข้อมูลบรรพบุรุษ

(ancestor data) ในปริมาณที่เพียงพอ (Piles et al., 2006) ซึ่งอาจนำไปประยุกต์ใช้ในกรณีที่จะประเมินพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอก (litter trait) ร่วมกับลักษณะการให้ผลผลิต (productive trait) เพื่อใช้ในการคัดเลือกเนื่องจากทั้งสองลักษณะมีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต่อกัน แต่การศึกษาครั้งนี้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ภายในประชากรมีน้อยเนื่องจากข้อมูลที่ใช้เป็นข้อมูลของสุกรลูกผสมเท่านั้นไม่มีข้อมูลในรุ่นพ่อแม่ที่เป็นพันธุ์แท้ จึงอาจเป็นสาเหตุให้ผลการศึกษาในครั้งนี้ขัดแย้งกับหลายงานวิจัยที่ผ่านมา

สรุป

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ต่างกัน พบว่ามีค่าต่ำและแตกต่างกัน การใช้โมเดลแบบต่างๆ แต่มีผลต่อการจัดลำดับและค่าความแม่นยำในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ เมื่อพิจารณาจากค่าความแม่นยำ พบว่า Model II ให้ค่าความแม่นยำสูงสุด อย่างไรก็ตามค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกมีค่าต่ำและความแตกต่างกันมาก (0.03-0.66) ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอก ในการศึกษาครั้งนี้ไม่เหมาะสมที่จะสรุปว่าโมเดลใดมีความเหมาะสมเมื่อพิจารณาจากค่า -2LogL และค่าความแม่นยำในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ซึ่งอาจเป็นผลมาจากข้อจำกัดในเรื่องของข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาและรูปแบบของสมการที่ใช้ในการวิเคราะห์มีความ

แตกต่างกันมาก แต่เนื่องจาก Model II ให้ค่าความแม่นยำสูงที่สุดในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ ดังนั้น Model II จึงเป็นโมเดลที่เหมาะสมในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ในประชากรสุกรที่ได้ศึกษาในครั้งนี้

คำขอบคุณ

ผู้วิจัยขอขอบคุณ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ที่ได้สนับสนุนทุนการทำวิทยานิพนธ์ เพื่อการตีพิมพ์ในวารสารวิชาการระดับชาติหรือนานาชาติ ขอขอบคุณภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร กำแพงแสน และฟาร์มเอกชนที่สนับสนุนข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

เอกสารอ้างอิง

เกียรติศักดิ์ เหลืองหนูคำ. 2552. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะระยะหย่านมถึงผสมครั้งแรกที่ลำดับครอกต่างๆในสุกร. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบัณฑิต สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.

ภานุวัฒน์ คัมภีร์วัฒน์, มนต์ชัย ดวงจินดา, พิชญ์รัตน์ แสนไชยสุริยา, และ อติศวงศ์ อาริยมงคลเลิศ. 2552. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในสุกรโดยใช้โมเดลลูกผสม. ว. เกษตร. 37:157-164.

มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548. การประเมินพันธุกรรมสัตว์. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.

ธิดา โคมแสงทอง. 2545. การประมาณค่าความแปรปรวนของอิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ต่อลักษณะน้ำนมแรกเกิดและขนาดครอกในสุกรพันธุ์แท้. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบัณฑิต สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.

อารยา เจียรมาศ, ศกร คุณวุฒิฤทธิธน, อภิญา หิรัญวงษ์, ปรีชา อินนุรักษ์, และ พรรณวดี โสพรรณรัตน์. 2551. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมสำหรับน้ำนมแรกเกิดและน้ำนมหย่านมของประชากรโคเนื้อลูกผสมระหว่างพันธุ์พื้นเมืองไทยบราห์มันและชาร์โรเลส์. ว. เกษตร. 36:61-68.

Alfonso, L., J. L. Noguera, D. Babot, and J. Estany. 1997. Estimates of genetic parameters for litter size at different parities in pigs. *Livest Sci.* 47:149-156.

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.

Ehlers, M. J., 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. Silio. 2008. Genetic parameter for litter size and weight at different parities in Iberian pig. *J. Agric. Res.* 6 (Special issue J. M. Malpica): 98-106.

Groeneveld E. 1990. PEST User's manual. Institute of animal Husbandry and Animal Behavior, Federal Agriculture Research Center, 31535 Neusadt 1, Hoeltystrasse 10, Germany.

Hanenberg, E. H. A. T., E. F. Knol, and J. W. M. Merks. 2001. Estimates of genetic parameter for reproductive traits at different parities in Dutch Landrace pigs. *Livest Sci.* 69:179-186.

Henderson, C. R. 1988. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. *J. Dairy Sci.* 71 (Suppl. 2):1-16.

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.

Laszlo, C., N. Istvan, F. Janos, R. Laszlo, and V. Zsofia. 2004. Examination of the genetic connectedness of various Hungarian pigs populations. *Agric. Conspec. Sci.* 69:87-90.

Mekaw, W., R. Roeh, 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.

Meyer, K. 2010. WOMBAT User notes: A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. Animal Genetic and Breeding Unit, University of New England, Armidale, NSW 2351, Australia. <http://didgeridoo.une.edu.au/km/wmbdownloads.php>. Accessed 29 Nov. 2008.

Mrode RA and Thompson R. 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.
- Oliiver, L. 1998 Genetic improvement of pig. In: *The Genetics of the pig*. M. F. Rothschild and A. Ruvinsky (eds.) University press, Cambridge, UK.
- Piles, M., M. L. Garcia, O. Rafel, J. Ramon, and M. Baselga. 2006. Genetic of litter size in three maternal lines of rabbits: repeatability versus multiple-trait models. *J. Anim. Sci.* 84:2309-2315.
- 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.
- Southwood, O.I., and B.W. Kennedy. 1990 Estimation of direct and maternal genetic variance for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine using an animal model. *J. Anim. Sci.* 68:1841-1847.