

# การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอก ในสุกรโดยใช้โมเดลลูกผสม

## Estimation of genetic parameters for litter size in swine by crossbred model

พานูวัฒน์ คัมภีรวัฒน์<sup>1</sup>, มนต์ชัย ดวงจินดา<sup>2\*</sup>, พิชญ์รัตน์ แสนไชยสุริยา<sup>2</sup> และ อดิศวงศ์ อาริยมงคลเลิศ<sup>2</sup>

Panuwat Khumpeerawat<sup>1</sup>, Monchai Duangjinda<sup>2\*</sup>, Pitcharat Sanchaisuriya<sup>2</sup>

and Adiswong Arriyamongkollert<sup>2</sup>

**บทคัดย่อ:** วัตถุประสงค์ของการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างพันธุกรรมของสุกรพันธุ์แท้และพันธุกรรมที่ถ่ายทอดสู่ลูกผสม 2 สายพันธุ์ และ เปรียบเทียบค่าความแม่นยำ (accuracy) และการจัดลำดับพ่อแม่พันธุ์จากค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ด้วยโมเดลที่ใช้ข้อมูลในแบบต่างๆ ดังนี้ 1) โมเดลที่ใช้เฉพาะข้อมูลพันธุ์แท้ (Model I) 2) โมเดลที่ใช้ข้อมูลพันธุ์แท้และลูกผสมร่วมกันโดยวิเคราะห์แบบโมเดลปกติ (Model II) และ 3) โมเดลที่ใช้ข้อมูลพันธุ์แท้และลูกผสมร่วมกันโดยวิเคราะห์แบบโมเดลลูกผสม (Model III) โดยศึกษากับข้อมูลลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต จำนวน 63,284 บันทึก ของสุกรพันธุ์ลาร์ไวท์ (LW) แลนด์เรซ (LR) และลูกผสมสองสายพันธุ์ (C) จากฟาร์มเอกชน ระหว่างปี พ.ศ. 2541 ถึง พ.ศ. 2546 ทำการประมาณค่าความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PigPAK 2.5 พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรม ( $h^2$ ) ที่ประมาณได้จาก Model I, II และ III มีค่าไม่แตกต่างกัน ระหว่างโมเดลค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพันธุ์แท้กับสุกรลูกผสม ( $r_{pc}$ ) มีค่าระหว่าง 0.20-0.30 การศึกษาค้นคว้าครั้งนี้พบว่าการใช้ Model II ให้ค่าความแม่นยำของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ต่ำสุด ในขณะที่การใช้ Model III ให้ค่าความแม่นยำของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์สูงที่สุด การจัดลำดับพ่อแม่พันธุ์จากค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ใช้ข้อมูลในแบบต่างๆ พบว่า พ่อแม่พันธุ์ 50 อันดับแรก จาก Model I และ Model III มีค่าสหสัมพันธ์อยู่ในช่วง 0.920 ถึง 0.982 แสดงถึงการจัดลำดับพันธุกรรมที่สอดคล้องกัน

**คำสำคัญ:** ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม, ขนาดครอก, สุกร, โมเดลลูกผสม

**ABSTRACT:** The objectives of this study were to estimate genetic parameters, genetic correlation between purebred and crossbred, and compare accuracy and rank correlation of EBV using models from several datasets: 1) within breed model using purebred data set (Model I), 2) pooled data set using animal model (Model II) and 3) Pooled data set using crossbred model (Model III). The data for total born (TB) and born alive (BA) of 63,284 records of purebred

<sup>1</sup> คณะทรัพยากรธรรมชาติและอุตสาหกรรมเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์วิทยาเขตเฉลิมพระเกียรติ จังหวัดสกลนคร, สกลนคร 47000

Faculty of natural resources and agro-industry, Kasetsart University Chalermphrakiat Sakon Nakhon Province Campus, Sakon Nakhon 47000

<sup>2</sup> ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

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

\* Corresponding author: monchai@kku.ac.th

Large White (LW), Landrace (LR) and two-breed cross (TBC) from a commercial swine company during year 1998 to 2003 were used in the analysis. The variance components and genetic parameters were estimated by Restricted Maximum Likelihood (REML) using BLUPF90 PigPAK 2.5. The results found that heritabilities were analyzed by Model I, II, and III not different. The genetic correlation between purebreds and crossbreds ( $r_{pc}$ ) ranged from 0.20-0.30. The  $r_{pc}$  was less than 0.8 suggesting that a possible benefit from combined evaluation purebreds and crossbreds. This study showed that model II had the lowest accuracy in BV estimates, while the estimated breeding value (EBV) from model III had highest accuracy. The rank correlation between EBV of 50 top sires and dams from model I and model III ranged from 0.920 and 0.982, which showed that ranks of sire and dam of both models were similar.

**Keywords:** genetic parameters, litter size, swine, crossbred model

## บทนำ

การผลิตสุกรในปัจจุบันมุ่งเน้นปรับปรุงและพัฒนาความสามารถด้านการให้ผลผลิตเป็นหลักโดยเฉพาะลักษณะซึ่งเกี่ยวข้องกับขนาดครอก (litter size) ได้แก่ จำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด (total born; TB) และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (born alive; BA) เนื่องจากเป็นลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจและมีผลกระทบโดยตรงต่อต้นทุนและรายได้ของเกษตรกรผู้เลี้ยง การปรับปรุงพันธุ์สุกรในประเทศไทยมีการนำระบบการผสมข้ามพันธุ์ (crossbreeding) มาใช้ เนื่องจากสุกรลูกผสมจะให้ผลผลิตดีกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อและแม่ซึ่งเป็นสุกรพันธุ์แท้ อันเป็นผลมาจากอิทธิพลของการเกิดเฮเทอโรซิส (heterosis) ซึ่งเป็นการรวมลักษณะที่ดีของสุกรแต่ละสายพันธุ์ไว้ในสุกรรุ่นลูกจึงทำให้การปรับปรุงพันธุ์ตรงตามความต้องการของผู้ผลิต (producer) และในการสร้างสุกรลูกผสมพบว่าพันธุ์ที่นิยมใช้นั้นส่วนใหญ่นำเข้ามาจากต่างประเทศ ได้แก่ พันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ โดยนำมาผลิตเป็นสุกรลูกผสมระหว่าง ลาร์จไวท์ x แแลนด์เรซ หรือแลนด์เรซ x ลาร์จไวท์ (จันทร์จรัส และ กันยา, 2543) เพื่อใช้เป็นสายแม่พันธุ์ (dam line) ในการผลิตสุกรขุน 3 สายพันธุ์ หรือ 4 สายพันธุ์ ต่อไป

สำหรับงานวิจัยที่ผ่านมาพบว่าในด้านการประเมินพันธุ์กรรมสุกรจะพบเฉพาะในสุกรพันธุ์แท้เท่านั้น (within breed analysis) ในขณะที่ข้อมูลลูกผสมจำนวนมากไม่ได้ถูกนำมาใช้แต่อย่างใด เนื่องจากต้องใช้ความรู้ทางวิชาการและทฤษฎีที่ซับซ้อนเข้ามาช่วยในการพิจารณา เช่น การเกิดเฮเทอโรซิส, ความแปรปรวนที่แตกต่างกัน

ระหว่างพันธุ์ (variance heterogeneity), ความแปรปรวนในลูกผสมรวมทั้งความแปรปรวนร่วมระหว่างพันธุ์แท้กับลูกผสม (Elzo and Famula, 1985; Swan and Kinghorn, 1992; Lutaaya, 1999) อย่างไรก็ตามปัจจุบันงานวิจัยหลายฉบับได้นำเสนอแนวทางและทฤษฎีในการประมาณค่าทางพันธุกรรม โดยนำบันทึกของลูกผสมมาใช้ร่วมกับบันทึกจากสัตว์พันธุ์แท้ เช่น การพิจารณา genetic group ภายใต้โมเดลต่างๆ (Arnold et al., 1992; Elzo et al., 1998; Elzo and Wakeman, 1998) การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple trait) โดยพิจารณาพันธุ์แท้และลูกผสมเป็นลักษณะที่แตกต่างกันภายใต้โมเดลต่างๆ (Wei and Van der Werf, 1994; Lo et al., 1997; Lutaaya et al., 2002) และการใช้โมเดล super-breed ซึ่งวิธีนี้จะมีการสร้างพันธุ์ประวัติ (pedigree) ขึ้นมาใหม่โดยพิจารณาเลือดชิด (inbreed) และกลุ่มพันธุ์ (breed group) ร่วมกัน (VanRaden, 1992; Miller and Goddard, 1998) จนกระทั่งปัจจุบันได้มีการพัฒนาโมเดลลูกผสม (crossbred model) ซึ่งเป็นวิธีที่ช่วยให้การประเมินพันธุ์กรรมสุกรมีความถูกต้อง และแม่นยำมากขึ้น

อย่างไรก็ตามเนื่องจากลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการให้ผลผลิตในสุกร (จำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต) มีการถ่ายทอดทางพันธุกรรมต่ำ และมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.01-0.22 (เกลิงคักดี, 2546; Holl and Robison, 2003) จึงทำให้การปรับปรุงพันธุ์สุกรโดยใช้ความรู้ทางด้านการประเมินพันธุ์กรรมในประเทศไทยมีการศึกษาและนำไปปฏิบัติในวงจำกัด ส่งผลให้การปรับปรุงพันธุ์กรรมในลักษณะดังกล่าวให้ดีขึ้นทำได้ยาก และให้ผลค่อนข้างช้า อย่างไรก็ตาม

ก็ตามการปรับปรุงพันธุ์กรรมโดยวิธีการประเมินพันธุ์กรรมจะมีความยั่งยืน และให้ผลตอบแทนทางเศรษฐกิจที่ดีคุ้มค่าต่อระบบการผลิตสุกรสูง (มนต์ชัย, 2548; Lutaaya, 1999) ดังนั้นการศึกษาค้นคว้าจึงมีวัตถุประสงค์เพื่อเปรียบเทียบการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกเกิดมีชีวิต ด้วยโมเดลที่ใช้เฉพาะข้อมูลพันธุ์แท้ (purebred dataset) และโมเดลที่ใช้ข้อมูลพันธุ์แท้ร่วมกับข้อมูลลูกผสม (pooled dataset) เพื่อศึกษาความเป็นไปได้สำหรับการใช้ในการคัดเลือกสุกรที่มีความสามารถทางพันธุกรรมที่ดีในลักษณะดังกล่าวต่อไป

### วิธีการศึกษา

#### ลักษณะข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

การศึกษาค้นคว้านี้ใช้ข้อมูลจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต ในสุกรพันธุ์แท้ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ นำเข้ามาจากประเทศอังกฤษ และข้อมูลลูกผสม 2 สายพันธุ์ระหว่าง ลาร์จไวท์ x แลนด์เรซ และ/หรือ แลนด์เรซ x ลาร์จไวท์ ที่ผลิตขึ้นเองภายในฟาร์ม โดยหลีกเลี่ยงการผสมเลือดชิด โดยเก็บรวบรวมข้อมูลจากฟาร์มเอกชนแห่งหนึ่งของประเทศไทย ในช่วงระหว่าง ปี พ.ศ. 2541 ถึง ปี พ.ศ. 2546 สำหรับขั้นตอนการเตรียมข้อมูลก่อนการวิเคราะห์พบว่าแบ่งเป็น 2 แฟ้มข้อมูล ได้แก่ 1) แฟ้มข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree files) ประกอบด้วย หมายเลขประจำตัวสุกร หมายเลขประจำตัวพ่อพันธุ์ หมายเลขประจำตัวแม่พันธุ์ ปีเกิดของตัวสุกร และ 2) แฟ้มข้อมูลการให้ผลผลิต (data files) ประกอบด้วย หมายเลขประจำตัวสุกร พันธุ์ของสุกร วันเดือนปี ที่สุกรคลอดลูก (farrowing date) ครั้งที่สุกรคลอดลูก (parity) ฟาร์มหรือหน่วยการผลิต อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูกครั้งแรก (age at first of farrowing) จำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดของการคลอดลูกแต่ละครั้ง (number of total born) และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตของการคลอดลูกแต่ละครั้ง (number of born alive) (Table 1)

#### วิธีการวิเคราะห์และโมเดลที่ใช้ศึกษา

ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยใช้วิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) (Patterson and Thompson, 1971) สำหรับนำไปประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่างๆ เช่น อัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม จากนั้นประมาณค่าการผสมพันธุ์ด้วยเทคนิค Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PIGPAK 2.5 (Duangjinda et al., 2005) พร้อมทั้งเปรียบเทียบค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณได้จากโมเดลต่างๆ โดยทำการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับ (Spearman rank correlation) และค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ (accuracy of estimated breeding values) เพื่อหาโมเดลที่เหมาะสมสำหรับนำไปใช้ในการคัดเลือกสุกรในลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตต่อไป

โมเดลที่ใช้ศึกษาค้นคว้านี้มีทั้งหมด 3 โมเดล ได้แก่

1) Model I ใช้ข้อมูลพันธุ์แท้เท่านั้นและวิเคราะห์แยกแต่ละพันธุ์ 2) Model II ใช้ข้อมูลพันธุ์แท้และลูกผสมร่วมกันโดยวิเคราะห์แบบปกติโดยรวมพันธุ์ประวัติของสัตว์พันธุ์แท้และลูกผสมเข้าด้วยกัน และ 3) Model III ใช้ข้อมูลพันธุ์แท้และลูกผสมร่วมกันโดยวิเคราะห์แบบโมเดลลูกผสมโดยแยกพันธุ์ประวัติของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์, แลนด์เรซ และสัตว์ลูกผสม แต่ละโมเดลมีรูปแบบสมการดังนี้

$$\text{Model I: } y = X\beta + Za + Wc + \varepsilon$$

$$\text{Model II: } y = X\beta + Qg + Za + Wc + \varepsilon$$

$$\begin{aligned} \text{Model I } y_{11} &= X_{11}\beta_{11} + Z_{11}a_{11} + W_{11}c_{11} + \varepsilon_{11} \\ y_{22} &= X_{22}\beta_{22} + Z_{22}a_{22} + W_{22}c_{22} + \varepsilon_{22} \\ y_{33} &= X_{33}\beta_{33} + Z_{13}a_{13} + Z_{23}a_{23} + W_{33}c_{33} + \varepsilon_{33} \end{aligned}$$

สำหรับ Model III สามารถเขียนในรูปของ Henderson's mixed model equation (HMME) ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix}
 X'_1 r'' X_1 & 0 & 0 & X'_1 r'' Z_1 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & X'_2 r'' X_2 & 0 & 0 & 0 & X'_2 r'' Z_2 & 0 \\
 0 & 0 & X'_3 r'' X_3 & 0 & X'_3 r'' Z_3 & 0 & X'_3 r'' Z_{23} \\
 X'_1 r'' Z_1 & 0 & 0 & Z'_1 r'' Z_1 + g'' A'' & g^{13} A'' & 0 & 0 \\
 0 & 0 & X'_3 r'' Z_{13} & g^{13} A'' & Z'_3 r'' Z_{13} + g^{33} A'' & 0 & Z'_3 r'' Z_{23} \\
 0 & X'_2 r'' Z_2 & 0 & 0 & 0 & Z'_2 r'' Z_2 + g^{22} A'' & g^{23} A'' \\
 0 & 0 & X'_3 r'' Z_{23} & 0 & Z'_3 r'' Z_{23} & g^{23} A'' & Z'_3 r'' Z_{23} + g^{33} A''
 \end{bmatrix}
 \begin{bmatrix}
 \beta_{11} \\
 \beta_{22} \\
 \beta_{33} \\
 a_{11} \\
 a_{13} \\
 a_{22} \\
 a_{23}
 \end{bmatrix}
 =
 \begin{bmatrix}
 X'_1 r'' y_{11} \\
 X'_2 r'' y_{22} \\
 X'_3 r'' y_{33} \\
 Z'_1 r'' y_{11} \\
 Z'_3 r'' y_{13} \\
 Z'_2 r'' y_{22} \\
 Z'_3 r'' y_{23}
 \end{bmatrix}$$

เมื่อ

$$\begin{bmatrix}
 a_{11} \\
 a_{13} \\
 a_{22} \\
 a_{23}
 \end{bmatrix}
 =
 \begin{bmatrix}
 g_{11} A_{11} & g_{13} A_{11} & 0 & 0 \\
 g_{13} A_{11} & g_{33} A_{11} & 0 & 0 \\
 0 & 0 & g_{22} A_{22} & g_{23} A_{22} \\
 0 & 0 & g_{23} A_{22} & g_{33} A_{22}
 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix}
 c_{11} \\
 c_{22} \\
 c_{33}
 \end{bmatrix}
 =
 \begin{bmatrix}
 I_c^{(11)} & 0 & 0 \\
 0 & I_c^{(22)} & 0 \\
 0 & 0 & I_c^{(33)}
 \end{bmatrix}
 \begin{bmatrix}
 \varepsilon_{11} \\
 \varepsilon_{22} \\
 \varepsilon_{33}
 \end{bmatrix}
 =
 \begin{bmatrix}
 I_c^{(11)} & 0 & 0 \\
 0 & I_c^{(22)} & 0 \\
 0 & 0 & I_c^{(33)}
 \end{bmatrix}$$

เมื่อ

$y_{11}, y_{22}, y_{33}$  = เวกเตอร์ของค่าสังเกตของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์, แลนด์เรซ และลูกผสม,  $\beta_{11}, \beta_{22}, \beta_{33}$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์, แลนด์เรซ และลูกผสม,  $a_{11}, a_{13}, a_{22}, a_{23}$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์, แลนด์เรซ, ลูกผสมลาร์จไวท์ x แลนด์เรซ และลูกผสมแลนด์เรซ x ลาร์จไวท์,  $g$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่เนื่องจากกลุ่มพันธุ์ (breed group),  $c_{11}, c_{22}, c_{33}$  = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์, แลนด์เรซ และลูกผสม,  $\varepsilon_{11}, \varepsilon_{22}, \varepsilon_{33}$  = เวกเตอร์ของอิทธิพล

สุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์, แลนด์เรซ และลูกผสม,  $X, Z, Q, W$  = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์  $\beta, a, g$  และ  $c$  ตามลำดับ,  $A_{11}, A_{22}$  = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ (animal relationship matrix) ของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ

### ผลการศึกษาและวิจารณ์

#### ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม ( $h^2$ ) ของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตในสุกรแต่ละพันธุ์พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.12 ถึง 0.17 (Table 2) แสดงให้เห็นว่าทั้งสองลักษณะมีส่วนความแปรปรวนทางพันธุกรรมค่อนข้างน้อยสอดคล้องกับ Peskovicova et al. (2002), Suarez (2005) และ Wolf et al. (2005) ซึ่งรายงานค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต มีค่าอยู่ในช่วง 0.07 ถึง 0.19 และมีค่าสัดส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากสภาพ

**Table 1** Data structure for the analysis.

| Item                                     | Breeds <sup>1/</sup> |            |            |
|------------------------------------------|----------------------|------------|------------|
|                                          | LW                   | LR         | C          |
| No. of full-sib subclass                 | 7,680                | 11,164     | 4,250      |
| No. of animals                           | 5,976                | 7,618      | 2,725      |
| No. of records                           | 24,192               | 28,732     | 10,360     |
| No. of contemporary groups <sup>2/</sup> | 240                  | 240        | 180        |
| No. of parity                            | 8                    | 8          | 8          |
| Average number of total born±SD          | 10.08±2.46           | 10.07±2.36 | 10.31±2.25 |
| Average number of born alive±SD          | 9.22±2.54            | 9.25±2.44  | 9.61±2.32  |

<sup>1/</sup> LW = Large White, LR = Landrace, C = Crossbred (LW x LR and LR x LW)

<sup>2/</sup> contemporary groups = farms or unit x months x year

**Table 2** Estimation of heritability ( $h^2$ ), ratio of permanent environmental variance as a proportion of total variance ( $c^2$ ), and genetic correlation between purebred and crossbred data set ( $r_{pc}$ ) in number of total born and number of born alive.

| breeds <sup>1/</sup> | models <sup>2/</sup> | Genetic parameters   |       |          |                      |       |          |
|----------------------|----------------------|----------------------|-------|----------|----------------------|-------|----------|
|                      |                      | number of total born |       |          | number of born alive |       |          |
|                      |                      | $h^2$                | $c^2$ | $r_{pc}$ | $h^2$                | $c^2$ | $r_{pc}$ |
| LW                   | I                    | 0.17                 | 0.04  |          | 0.16                 | 0.04  |          |
|                      | III                  | 0.17                 | 0.04  | 0.30     | 0.16                 | 0.04  | 0.28     |
| LR                   | I                    | 0.13                 | 0.04  |          | 0.12                 | 0.03  |          |
|                      | III                  | 0.13                 | 0.03  | 0.22     | 0.12                 | 0.03  | 0.20     |
| LW+LR+C              | II                   | 0.16                 | 0.03  | 0.15     | 0.03                 |       |          |

<sup>1/</sup> LW = Large White, LR = Landrace, C = Crossbred (LW x LR and LR x LW)

<sup>2/</sup> Model I = Within breed model using purebred data set, Model II = Pooled data set using animal model, Model III = Pooled data set using crossbred model

แวดล้อมถาวร ( $c^2$ ) อยู่ในช่วง 0.03 ถึง 0.04 เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากโมเดลที่ใช้เฉพาะข้อมูลของสุกรพันธุ์แท้เท่านั้น (Model I) และโมเดลที่ใช้ข้อมูลสุกรพันธุ์แท้ร่วมกับข้อมูลลูกผสม (Model II และ Model III) พบว่ามีค่าไม่แตกต่างกัน อย่างไรก็ตามการใช้ข้อมูลพันธุ์แท้และลูกผสมร่วมกันน่าจะให้ความแม่นยำมากกว่าการใช้เฉพาะข้อมูลพันธุ์แท้เพียงอย่างเดียว เนื่องจากค่าพารามิเตอร์ที่ประมาณได้มีการปรับด้วยค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากข้อมูลสุกรลูกผสมร่วมด้วย อีกทั้งจำนวนของแหล่งข้อมูลสำหรับใช้ในการวิเคราะห์ยังมีมากกว่าโมเดลอื่น จึงส่งผลให้ค่าประมาณมีความแม่นยำมากขึ้น

ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างข้อมูลสุกรพันธุ์แท้และข้อมูลสุกรลูกผสม ( $r_{pc}$ ) ซึ่งวิเคราะห์แบบโมเดลลูกผสม (Model III) ในแต่ละลักษณะพบว่า มีค่าในระดับต่ำ (0.20 ถึง 0.30) (Table 2) แสดงให้เห็นว่าความถี่ยีนในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซมีความแตกต่างกัน ดังนั้นการสร้างลูกผสมระหว่างสุกรทั้งสองสายพันธุ์จึงเป็นแนวทางที่ควรปฏิบัติในการปรับปรุงลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (Wei and van der Werf, 1994; Lutaaya, 1999) นอกจากนี้ Wei and van der Werf (1995) รายงานว่าค่า  $r_{pc}$  ที่ประมาณได้เกิดจากการพัวพัน

(confound) กันระหว่างปฏิกริยาร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมเมื่อสัตว์พันธุ์แท้และลูกผสมถูกเลี้ยงในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน ซึ่งแสดงถึงประโยชน์ของการนำข้อมูลลูกผสมมาใช้ในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ นอกจากนี้จากการจำลองข้อมูลของ Wei and van der Werf (1994) รายงานว่าค่า  $r_{pc}$  ที่ต่ำกว่า 0.8 ยังชี้ให้เห็นว่าการนำข้อมูลลูกผสมมาใช้ร่วมในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์จะส่งผลต่อการตอบสนองในการคัดเลือกในลูกผสมสูงกว่าการใช้ข้อมูลพันธุ์แท้เพียงอย่างเดียว และจากการศึกษาครั้งนี้พบว่าค่า  $r_{pc}$  มีค่าต่ำกว่า 0.8 แสดงว่าการประเมินค่าทางพันธุกรรมเพื่อคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์สุกรในลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตโดยใช้ข้อมูลลูกผสมร่วมด้วยจะมีประโยชน์มากกว่าการใช้ข้อมูลของสุกรพันธุ์แท้เพียงอย่างเดียว

### สหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์โดยใช้โมเดลต่างๆ

สหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์ (Spearman rank correlation) ระหว่างโมเดลต่างๆ ในกลุ่มพ่อแม่พันธุ์ 50 อันดับแรก ของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต ในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซ พบว่ามีค่าปานกลางถึงสูงและเป็นไปในทิศทางเดียวกัน (0.710 ถึง 0.982) (Table 3)

**Table 3** Spearman rank correlation between estimated breeding values in the 50 top Sires and the 50 top Dams using model I, II, and III by upper diagonal are Spearman rank correlation of number of total born trait and lower diagonal are Spearman rank correlation of number of born alive trait in Large White and Landrace breeds.

| breed <sup>1/</sup> | model <sup>2/</sup> | Top 50 Sires |       |       | Top 50 Dams |       |       |
|---------------------|---------------------|--------------|-------|-------|-------------|-------|-------|
|                     |                     | I            | II    | III   | I           | II    | III   |
| LW                  | I                   | .            | 0.812 | 0.973 | .           | 0.840 | 0.963 |
|                     | II                  | 0.761        | .     | 0.812 | 0.870       | .     | 0.842 |
|                     | III                 | 0.970        | 0.763 | .     | 0.954       | 0.869 | .     |
| LR                  | I                   | .            | 0.710 | 0.968 | .           | 0.883 | 0.982 |
|                     | II                  | 0.763        | .     | 0.713 | 0.829       | .     | 0.883 |
|                     | III                 | 0.920        | 0.760 | .     | 0.950       | 0.827 | .     |

<sup>1/</sup> LW = Large White, LR = Landrace

<sup>2/</sup> Model I = Within breed model using purebred data set, Model II = Pooled data set using animal model, Model III = Pooled data set using crossbred model

**Table 4** Average accuracy (standard deviation) of estimated breeding values in the 50 top Sires and the 50 top Dams using model I, II, and III of number of total born and number of born alive traits in Large white and Land race breeds.

| model <sup>1/</sup> | LW               |                  |                  |                  | LR               |                  |                  |                  |
|---------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
|                     | Top 50 Sires     |                  | Top 50 Dams      |                  | Top 50 Sires     |                  | Top 50 Dams      |                  |
|                     | TB <sup>2/</sup> | BA <sup>2/</sup> | TB <sup>2/</sup> | BA <sup>2/</sup> | TB <sup>2/</sup> | BA <sup>2/</sup> | TB <sup>2/</sup> | BA <sup>2/</sup> |
| I                   | 0.33±0.23        | 0.34±0.23        | 0.40±0.08        | 0.40±0.06        | 0.36±0.24        | 0.36±0.25        | 0.33±0.06        | 0.35±0.06        |
| II                  | 0.31±0.23        | 0.32±0.23        | 0.35±0.07        | 0.36±0.06        | 0.36±0.24        | 0.36±0.25        | 0.34±0.06        | 0.36±0.06        |
| III                 | 0.37±0.23        | 0.35±0.23        | 0.44±0.08        | 0.42±0.07        | 0.38±0.25        | 0.39±0.25        | 0.37±0.06        | 0.37±0.06        |

<sup>1/</sup> Model I = Within breed model using purebred data set, Model II = Pooled data set using animal model, Model III = Pooled data set using crossbred model

<sup>2/</sup> TB = Total born trait, BA = Born alive trait

ซึ่งแสดงว่าการประมาณค่าการผสมพันธุ์ทั้งในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โดยใช้ข้อมูลสุกรพันธุ์แท้วร่วมกับข้อมูลลูกผสมมีผลต่อการเปลี่ยนแปลงของลำดับของสุกรไม่มากนัก อย่างไรก็ตามเมื่อเปรียบเทียบระหว่างการใช้อัตราการผสมพันธุ์แท้วร่วมกับข้อมูลลูกผสมโดยวิเคราะห์ในรูปแบบของโมเดลลูกผสม (Model III) กับการใช้อัตราการผสมพันธุ์แท้วเพียงอย่างเดียว (Model I) พบว่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.920 ถึง 0.982 ซึ่งจะให้ความแม่นยำมากกว่าการใช้อัตราการผสมพันธุ์แท้วร่วมกับข้อมูลลูกผสมโดยการวิเคราะห์ในรูปแบบของโมเดลปกติ (Model II) (0.761 ถึง 0.870) ดังนั้นการใช้อัตราการผสมพันธุ์แท้วร่วมกันจากทุกแหล่งเพียงอย่างเดียวโดยไม่คำนึงถึงรูปแบบของโมเดลในการวิเคราะห์ร่วม

ด้วยอาจส่งผลกระทบต่อค่าการประมาณค่าทางพันธุกรรม จึงควรพิจารณาถึงรูปแบบของโมเดลในการวิเคราะห์ร่วมด้วย

### การเปรียบเทียบความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลต่างๆ

การเปรียบเทียบโมเดลที่เหมาะสมโดยพิจารณาจากค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ (accuracy of estimated breeding values) ของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตที่ได้นั้นเมื่อแยกคำนวณในกลุ่มพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ 50 อันดับแรกทั้งในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซ พบว่าการใช้อัตราการผสมพันธุ์แท้วและลูกผสมร่วมกันโดยวิเคราะห์



แบบโมเดลลูกผสม (Model III) ให้ค่าความแม่นยำสูงสุดเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดลอื่นๆ (Table 4) เนื่องจากการปรับความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างข้อมูลสุกรพันธุ์แท้และสุกรลูกผสม อีกทั้งมีการใช้ประโยชน์จากข้อมูลลูกผสมร่วมด้วย จึงส่งผลให้ค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณได้มีความแม่นยำมากขึ้น สำหรับโมเดลที่ให้ความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ในลำดับรองลงมาเป็นดังนี้ Model III > Model I > Model II ตามลำดับ

### สรุป

การประเมินพันธุกรรมสุกรในลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต โดยใช้ข้อมูลสุกรพันธุ์แท้ร่วมกับข้อมูลลูกผสม เปรียบเทียบกับการใช้ข้อมูลสุกรพันธุ์เพียงอย่างเดียว พบว่าให้ค่าประมาณพารามิเตอร์ไม่แตกต่างกันระหว่าง Model I และ Model III อย่างไรก็ตามการใช้ข้อมูลสุกรพันธุ์แท้ร่วมกับข้อมูลลูกผสมโดยวิเคราะห์แบบปกติโดยรวมพันธุ์ประวัติของสัตว์พันธุ์แท้และลูกผสมเข้าด้วยกัน (Model II) จะส่งผลกระทบต่อความแม่นยำของการประมาณค่าการผสมพันธุ์ และมีผลต่อการเปลี่ยนแปลงลำดับของค่าการผสมพันธุ์ทั้งในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์สุกร ดังนั้นการนำข้อมูลสุกรพันธุ์แท้และข้อมูลลูกผสมมาประเมินพันธุกรรมสุกรร่วมกันจึงควรใช้วิธีการวิเคราะห์แบบโมเดลลูกผสมโดยแยกพันธุ์ประวัติของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์, แลนด์เรซ และสัตว์ลูกผสม (Model III) ซึ่งจะให้ค่าความแม่นยำของการประมาณสูงสุด

### คำขอบคุณ

ผู้วิจัยขอขอบคุณฟาร์มเอกชนที่ให้ความอนุเคราะห์ข้อมูลในการวิจัยครั้งนี้ และขอขอบคุณอาจารย์วุฒิไกร บุญคุ้ม ที่ช่วยเหลือในการจัดเตรียมบทความฉบับนี้

### เอกสารอ้างอิง

- จันทร์จรัส เรียวเดช และ กันยา ตันติวิสุทธิกุล. 2543. พันธุ์และการปรับปรุงพันธุ์. หน้า 5-42. สถานภาพงานวิจัยสุกรในประเทศไทย (2501-2543) การประชุมวิชาการ เรื่อง ศักยภาพและโอกาสในการแข่งขันของอุตสาหกรรมสุกร ภายใต้การดำเนิน 18 ธันวาคม 2543 ณ โรงแรมปทุมวัน ปริ้นเซส, กรุงเทพฯ.
- เกลิงศักดิ์ อังกูรเศรษฐี. 2546. การประมาณค่าความแปรปรวนจากอิทธิพลแบบบวกสะสมและอิทธิพลแบบข้ามของยีนสำหรับลักษณะการสืบพันธุ์เพศเมียในสุกร. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548. การประเมินพันธุกรรมสัตว์. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- Arnold, J. W., J. K. Bertrand, and L. L. Benyshek. 1992. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. J. Anim. Sci. 70: 3322-3332.
- 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, Athens and Department of Animal Science, Khon Kaen University, Khon Kaen.
- Elzo, M. A., and D. L. Wakeman. 1998. Covariance components and prediction for additive and nonadditive preweaning growth genetic effects in an Angus-Brahman multibreed herd. J. Anim. Sci. 76: 1290-1302.
- Elzo, M. A., and T. R. Famula. 1985. Multibreed sire evaluation procedures within a country. J. Anim. Sci. 60: 942-952.
- Elzo, M. A., C. Manrique, G. Ossa, and O. Acosta. 1998. Additive and nonadditive genetic variability for growth traits in the Turipana Romosinuano-Zebu multibreed herd. J. Anim. Sci. 76: 1539-1549.
- Holl, J. W., and O. W. Robison. 2003. Results from nine generations of selection for increased litter size in swine. J. Anim. Sci. 81: 624-629.
- 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.
- Lutaaya, E. 1999. Methodologies for combined evaluation of purebreds and crossbreds in swine. Ph.D, thesis Department of Animal and Dairy Science The University of Georgia, Athens.

- Lutaaya, E., I. Misztal, J. W. Mabry, T. Short, H. H. Timm, and R. Holzbauer. 2002. Joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine. *J. Anim. Sci.* 80: 2263-2266.
- Miller, S. P., and M.E. Goddard. 1998. The super-breed approach to modelling additive and non-additive genetic effects between and within breeds in multibreed evaluations. *Proc. 6<sup>th</sup> Wrld. Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale.*
- Patterson. H. D., and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58: 545-554.
- Peskovicová, D., J. Wolf, E. Groeneveld and M. Wolfova. 2002. Simultaneous estimation of the covariance structure of traits from field test, station test and litter recording in pigs. *Livest. Prod. Sci.* 77: 155-165.
- Suarez, M. 2005. Research into a crossbreeding program that uses hyperprolific sows. M.Sc. Thesis, University of New England.
- Swan, A. A., and B. P. Kinghorn. 1992. Evaluation and exploitation of crossbreeding in dairy cattle. *J. Dairy. Sci.* 75: 624-639.
- VanRaden, P. M. 1992. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *J. Dairy. Sci.* 75: 3136-3144.
- Wei, M., and J. H. van der Werf. 1994. Maximizing genetic response in crossbreds using both purebred and crossbred information. *Anim. Prod.* 58: 401-413.
- Wei, M., and J. H. van der Werf. 1995. Genetic correlation and heritabilities for purebred and crossbred performance in poultry egg production traits. *J. Anim. Sci.* 73: 2220-2226.
- Wolf, J., E. Záková, E. Groeneveld. 2005. Genetic parameters for a joint genetic evaluation of production and reproduction traits in pigs. *Czech J. Anim. Sci.* 50: 96-103.