



ใบรับรองวิทยานิพนธ์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (การปรับปรุงพันธุ์สัตว์)

ปริญญา

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์	สัตว์บาล
สาขา	ภาควิชา
เรื่อง การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกันของแม่สุกรลูกผสมลาจไวท์ และแลนด์เรซ	
Estimates of Genetic Parameter for Litter Size in Different Parities of Crossbred Large White and Landrace Sows	
นามผู้วิจัย นายอลงกรณ์ คงเจริญ	
ได้พิจารณาเห็นชอบโดย	
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	(รองศาสตราจารย์วาณี ชัยวัฒน์สิน, Ph.D.)
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	(รองศาสตราจารย์ศรีสุวรรณ ชมชัย, วท.ม.)
หัวหน้าภาควิชา	(ผู้ช่วยศาสตราจารย์เสกสม อตมางกูร, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญญา ธีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ เดือน พ.ศ.

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกัน
ของแม่สุกรลูกผสมลาร์จไวท์ และแลนดรีเซ

Estimates of Genetic Parameter for Litter Size in Different Parities of Crossbred
Large White and Landrace Sows

โดย

นายอลงกรณ์ คงเจริญ

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (การปรับปรุงพันธุ์สัตว์)

พ.ศ. 2555

อลงกรณ์ คงเจริญ 2555: การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกันของแม่สุกรลูกผสมลาจัวท์ และแลนค์เรซ ปรินญาวิทยา ศาสตรมหาบัณฑิต (การปรับปรุงพันธุ์สัตว์) สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชา สัตวบาล อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รองศาสตราจารย์วามิ ชัยวัฒนสิน, Ph.D. 115 หน้า

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด (number of total piglets, NTB) จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (number of piglets born alive, NBA) จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม (number of weaning, NW) น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก (litter birth weight, LBW) และน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก (litter weight at weaning, LWW) ในลำดับครอกที่ต่างกัน โดยใช้ข้อมูลของแม่สุกรลูกผสมลาจัวท์และแลนค์เรซ จำนวน 26,739 บันทึก จากแม่สุกร 1,334 ตัว ที่เกิดระหว่างปี พ.ศ. 2546 ถึง พ.ศ. 2552 จากฟาร์ม เอกชนที่อยู่ในเขตภาคกลางของประเทศไทย ค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ประมาณด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยใช้โมเดลตัวสัตว์ (animal model) ซึ่งประมาณค่าอิทธิพลโดยตรงของยีนแบบบวกสะสม (direct additive gene effect) อิทธิพลเนื่องจากแม่ (maternal additive genetic effect) และอิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominance gene effect) ค่าอัตราพันธุกรรม (h_a^2) ของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW มีค่าอยู่ในช่วง 0.002 - 0.078, 0.002 - 0.073, 0.009 - 0.309, 0.002 - 0.090, และ 0.003 - 0.044 ตามลำดับ ค่าอัตราพันธุกรรมของอิทธิพลเนื่องจากแม่ (h_m^2) มีค่าอยู่ในช่วง 0.018 - 0.139, 0.004 - 0.041, 0.007 - 0.178, 0.017 - 0.123, และ 0.007 - 0.279 ตามลำดับ ค่าสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข่มกันของยีน (d^2) มีค่าอยู่ในช่วง 0.015 - 0.129, 0.011 - 0.116, 0.012 - 0.119, 0.003 - 0.109, และ 0.011 - 0.034 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะทั้งห้าระหว่างลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง -0.94 ถึง 1.00 ผลจากการศึกษาแสดงให้เห็นว่า ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW และ LWW มีค่าแตกต่างกันในแต่ละลำดับครอก และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของแต่ละลำดับครอกของลักษณะเหล่านี้มีค่าน้อยกว่าหนึ่ง ในสภาพเช่นนี้การคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะดังกล่าวควรใช้คุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณ โดยการแยกลำดับครอก

Alongkorn Kongcharoen 2012: Estimates of Genetic Parameter for Litter Size in Different Parities of Crossbred Large White and Landrace Sows. Master of Science (Animal Breeding), Major Field: Animal Breeding, Department of Animal Science. Thesis Advisor: Associate Professor Wanee Chaiwatanasin, Ph.D. 115 pages.

Genetic parameters were estimated for number of total piglets (NTB), number of piglets born alive (NBA), number of weaning (NW), litter birth weight (LBW) and litter weight at weaning (LWW) at different parities using 26,739 Large White and Landrace crossbred litter records of 1,334 sows, born from 2003 to 2009, from private farms in the Central part of Thailand. Estimation of (co)variance components was carried out by Restricted Maximum Likelihood (REML) method under animal model with direct additive, maternal additive, and dominant gene effects. Heritability of (h_a^2) NTB, NBA, NW, LBW and LWW ranged from 0.002 - 0.078, 0.002 - 0.073, 0.009 - 0.309, 0.002 - 0.090, and 0.003 - 0.044, respectively. Maternal heritabilities (h_m^2) for NTB, NBA, NW, LBW and LWW were 0.018 - 0.139, 0.004 - 0.041, 0.007 - 0.178, 0.017 - 0.123, and 0.007 - 0.279, respectively. The proportion of dominance variance (d^2) for NTB, NBA, NW, LBW and LWW were 0.015 - 0.129, 0.011 - 0.116, 0.012 - 0.119, 0.003 - 0.109, and 0.011 - 0.034, respectively. The genetic correlations between all five traits at different parities were positive and ranged from -0.94 to 1.00. The results indicated that genetic variances for these traits could be different between parities, and that genetic correlation between different parities can be much smaller than one. In situations like these, selection to improve NTB, NBA, NW, LBW and LWW should be done using breeding value estimated from multiple-parity genetic evaluation of animal.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร. วาณี ชัยวัฒนสิน อาจารย์ที่ปรึกษา
วิทยานิพนธ์หลัก รองศาสตราจารย์ ศรีสุวรรณ ชมชัย อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ที่ได้ให้
คำปรึกษาแนะนำและตรวจแก้ตลอดระยะเวลาในการทำวิทยานิพนธ์ รวมถึงประธานการสอบ
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. เลอชาติ บุญเอก และผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก ดร. สัจจา ระหว่างสุข ที่ช่วย
ตรวจสอบแก้ไขวิทยานิพนธ์เพื่อให้มีความสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น ขอกราบขอบพระคุณคณาจารย์ และ
เจ้าหน้าที่ภาควิชาสัตวบาลทุกท่านสำหรับความช่วยเหลือตลอดมา

ขอขอบคุณบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ที่ได้สนับสนุนทุนการทำวิทยานิพนธ์
เพื่อการตีพิมพ์ในวารสารวิชาการระดับชาติหรือนานาชาติ ขอขอบคุณภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร
กำแพงแสน และฟาร์มเอกชนที่สนับสนุนข้อมูลที่ใช้ในการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้

สุดท้ายนี้ขอกราบขอบพระคุณทุกคนในครอบครัวที่ช่วยสนับสนุนทุนในการศึกษา และ
เป็นกำลังใจในการศึกษาตลอดมา ขอขอบคุณความช่วยเหลือและกำลังใจจากทุกคนที่มีส่วนสำคัญที่
ทำให้การศึกษาและการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

อลงกรณ์ คงเจริญ
กุมภาพันธ์ 2555

สารบัญ

	หน้า
สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(5)
คำอธิบายสัญลักษณ์และอักษรย่อ	(7)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	2
การตรวจเอกสาร	3
อุปกรณ์และวิธีการ	23
อุปกรณ์	23
วิธีการ	23
ผลการทดลองและวิจารณ์	38
สรุปและข้อเสนอแนะ	96
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	97
ภาคผนวก	106
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	115

สารบัญตาราง

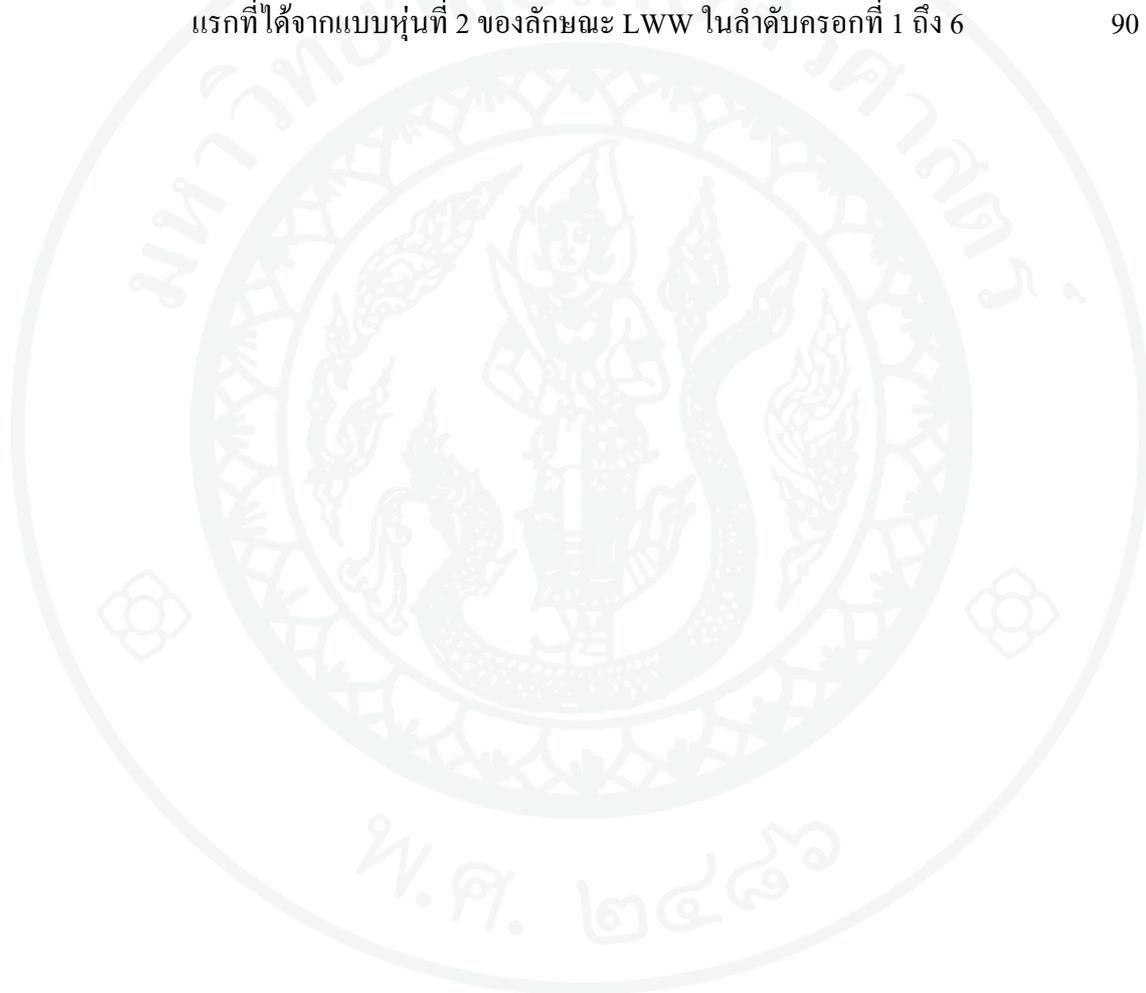
ตารางที่		หน้า
1	ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด (NTB)	8
2	ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (NBA)	11
3	ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม (NW)	14
4	ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก (LBW)	16
5	ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่ศึกษาระหว่างลำดับครอกที่ต่างกัน	17
6	โครงสร้างของข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาโดยจำแนกตามพันธุ์ของแม่สุกร	23
7	จำนวนข้อมูล ค่าเฉลี่ย ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานและค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนของลักษณะขนาดครอกที่จำแนกตามพันธุ์	39
8	จำนวนข้อมูล ค่าเฉลี่ย ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน ค่าเฉลี่ยลีสท์สแควร์ ความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน อิทธิพลของปัจจัยคงที่และความแปรปรวนร่วมที่มีผลต่อลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกัน	41
9	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่่นที่ 1	47
10	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่่นที่ 2	48
11	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่่นที่ 3	51
12	ความแปรปรวนทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม และลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่่นที่ 4	53
13	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 1 จากแบบหุ่่นต่าง ๆ	64

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
14	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 2 จากแบบหุ่นต่าง ๆ	65
15	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 3 จากแบบหุ่นต่าง ๆ	66
16	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 4 จากแบบหุ่นต่าง ๆ	67
17	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 5 จากแบบหุ่นต่าง ๆ	68
18	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 6 จากแบบหุ่นต่าง ๆ	69
19	สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 1	73
20	สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 2	74
21	สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 3	77
22	สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 4	79
23	คุณค่าการผสมพันธุ์ ค่าความแม่นยำ และอันดับสัตว์ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2 ของลักษณะ NTB ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6	86
24	คุณค่าการผสมพันธุ์ ค่าความแม่นยำ และอันดับสัตว์ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2 ของลักษณะ NBA ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6	87
25	คุณค่าการผสมพันธุ์ ค่าความแม่นยำ และอันดับสัตว์ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2 ของลักษณะ NW ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6	88

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
26	คุณค่าการผสมพันธุ์ ค่าความแม่นยำ และอันดับสัตว์ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2 ของลักษณะ LBW ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6	89
27	คุณค่าการผสมพันธุ์ ค่าความแม่นยำ และอันดับสัตว์ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2 ของลักษณะ LWV ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6	90



สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2	93
2	แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2	93
3	แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2	94
4	แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2	94
5	แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักหย่านมลูกสุกรทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2	95
ภาพผนวกที่		
1	แบบหุ่่นที่ 1 แสดงในรูป Mixed Model Equation	107
2	แบบหุ่่นที่ 2 แสดงในรูป Mixed Model Equation	107
3	แบบหุ่่นที่ 3 แสดงในรูป Mixed Model Equation	108
4	แบบหุ่่นที่ 4 แสดงในรูป Mixed Model Equation	108
5	ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการ RENUM DATA FILE เพื่อให้ข้อมูลอยู่ในระบบตัวเลขด้วยโปรแกรม RENUMMAT เพื่อใช้ในการวิเคราะห์	109
6	ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน คุณค่าการผสมพันธุ์และ ค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90 และ ACCF90 สำหรับแบบหุ่่นที่ 1	110
7	ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน คุณค่าการผสมพันธุ์และ ค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90 และ ACCF90 สำหรับแบบหุ่่นที่ 2	111

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่		หน้า
8	ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบความแปรปรวน คุณค่าการผสมพันธุ์และ ค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90 และ ACCF90 สำหรับแบบหุ่่นที่ 3	112
9	ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบความแปรปรวน คุณค่าการผสมพันธุ์และ ค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90 และ ACCF90 สำหรับแบบหุ่่นที่ 4	113

คำอธิบายสัญลักษณ์และอักษรย่อ

NTB	=	Number of total piglets
NBA	=	Number of piglets born alive
NW	=	Number of weaning
LBW	=	Litter birth weight
LWW	=	Litter weight at weaning
LY	=	Large White x Landrace
YL	=	Landrace x Large White
h_a^2	=	Direct additive heritability
h_m^2	=	Maternal heritability
$r(a, m)$	=	Correlation between direct additive and maternal effects
d^2	=	Proportion of dominance variance
d^2/h_a^2	=	Proportion of direct additive variance attributable to dominance variance
$-2 \log L$	=	-2log likelihood
v_a	=	Direct additive genetic variance
v_m	=	Maternal genetic variance
v_d	=	Dominance genetic variance
v_p	=	Phenotypic variance
r_G	=	Genetic correlation
r_p	=	Phenotypic correlation

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกันของแม่สุกรลูกผสมลาจไวท์ และแลนดร์เซซ

Estimates of Genetic Parameter for Litter Size in Different Parities of Crossbred Large White and Landrace Sows

คำนำ

การปรับปรุงพันธุ์สุกรเพื่อเพิ่มลักษณะขนาดครอก (litter size) เช่น จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกสุกรแรกเกิดที่มีชีวิต จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม น้ำหนักลูกสุกรแรกคลอดทั้งครอก และน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก เป็นเป้าหมายที่สำคัญในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สุกร เนื่องจากเป็นสิ่งสำคัญที่แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ของแม่สุกร เมื่อพิจารณาจากจำนวนลูกสุกรหย่านมต่อแม่ต่อปี ลักษณะขนาดครอกจึงเป็นลักษณะที่มีสำคัญทางเศรษฐกิจและมีผลกระทบโดยตรงต่อต้นทุน และรายได้ของผู้ผลิตสุกร อย่างไรก็ตามผลตอบแทนของการคัดเลือกของลักษณะขนาดครอกนั้นค่อนข้างต่ำ เนื่องจากมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ดังนั้นการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่มีความแม่นยำเพื่อใช้ในการประมาณค่าการผสมพันธุ์จะส่งผลให้เกิดความแตกต่างจากการคัดเลือก (selection differential) เพิ่มสูงขึ้น

การประเมินพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในสุกรนิยมใช้แบบหุนประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) เนื่องจากมีการวัดซ้ำในลักษณะเดียวกัน จากหลายงานวิจัยที่ผ่านมาบ่งชี้ว่าการใช้แบบหุนที่ประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำอาจไม่ถูกต้องจากข้อกำหนดของแบบหุน ซึ่งระบุว่า ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอก (parity order) ต้องเท่ากับ 1 (unity) ข้อกำหนดดังกล่าวจึงมีความเป็นไปได้ที่เป็นสาเหตุทำให้ผลตอบแทนของการคัดเลือกไม่ดีเท่าที่ควร ดังนั้นจึงมีหลายงานวิจัยที่ผ่านมาแนะนำให้ประเมินพันธุกรรมลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกัน (different parity) ถือเป็นลักษณะที่ต่างกันโดยใช้การวิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะ (multiple-trait analysis) ในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ โดยทั่วไปในการคัดเลือกสุกรจะพิจารณาอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเป็นหลัก แต่ถ้าสามารถนำส่วนของอิทธิพลของยีนแบบไม่บวกสะสม เช่น อิทธิพลแบบข่มกันของยีนมาร่วมใช้ในการประเมินพันธุกรรมจะช่วยเพิ่มความแม่นยำของการคัดเลือก โดยพิจารณาร่วมกับอิทธิพลของแม่ซึ่งถือว่ามีความสำคัญในการศึกษาลักษณะขนาดครอก ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้จึงมุ่งเน้นศึกษาพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกัน และศึกษาความเหมาะสมของแบบหุนที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมเพื่อให้การคัดเลือกลักษณะขนาดครอกมีประสิทธิภาพ และมีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น

วัตถุประสงค์

1. เพื่อประมาณค่าอัตราพันธุกรรม (heritability) เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive genetic effect) อิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากแม่ (maternal effect) และอิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance effect) ของลักษณะขนาดครอกที่มีลำดับครอกที่ต่างกัน ในแม่สุกรลูกผสมลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ
2. เพื่อประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม อิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากแม่ และอิทธิพลแบบข่มของยีนของลักษณะขนาดครอกที่มีลำดับครอกที่ต่างกัน ในแม่สุกรลูกผสมลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ
3. เพื่อประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ (estimate breeding value) ของลักษณะขนาดครอกที่มีลำดับครอกที่ต่างกัน ในแม่สุกรลูกผสมลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ
4. วิเคราะห์แนวโน้มทางพันธุกรรม (genetic trend) ของลักษณะขนาดครอกในแม่สุกรลูกผสมลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ

การตรวจเอกสาร

การพัฒนาพันธุ์สุกรในอดีตจะมุ่งเน้นประสิทธิภาพการให้ผลผลิต (production traits) ซึ่งประกอบไปด้วย การเจริญเติบโตต่อวัน ประสิทธิภาพการใช้อาหาร เปอร์เซ็นต์เนื้อแดงในซาก เปอร์เซ็นต์ซากตกแต่ง คุณภาพเนื้อ ซึ่งลักษณะดังกล่าวนี้ จะมีความสัมพันธ์เชิงลบกับลักษณะการสืบพันธุ์ (reproduction traits) ในแม่สุกร เช่น ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก และน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก ซึ่งเป็นลักษณะที่ถ่ายทอดทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ โดยมีค่าอยู่ระหว่าง 0.01–0.24 (ภานุวัฒน์, 2549) แม้ว่าการปรับปรุงพันธุ์ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำจะทำได้ยาก และให้ผลค่อนข้างช้า แต่ผลสำเร็จของการปรับปรุงพันธุ์จะยั่งยืน และให้ผลตอบแทนทางเศรษฐกิจต่อระบบการผลิตสุกรสูง (จันทร์จรัส, 2534)

1. ลักษณะทางการสืบพันธุ์ในสุกร (Reproductive traits)

ลักษณะทางการสืบพันธุ์ในสุกร เช่น ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก และน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก เป็นลักษณะที่มีความสำคัญในทางเศรษฐกิจ และถูกพิจารณาเข้าในแผนการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ ลักษณะเหล่านี้เป็นลักษณะเชิงปริมาณควบคุมโดยยีนมากคู่ (polygenes) ทำหน้าที่ร่วมกัน และเมื่อรวมอำนาจของยีนเข้ากับสภาพแวดล้อมจึงแสดงออกมาเป็นลักษณะปรากฏของลักษณะปริมาณ การแสดงออกของลักษณะ (phenotype) ซึ่งสามารถ ซึ่ง ดวง หรือวัดได้จะมีค่ามากน้อยเพียงใดขึ้นอยู่กับอิทธิพล 2 ประการคือ องค์ประกอบทางพันธุกรรม (genotype) และ อิทธิพลของสภาพแวดล้อม (environment) สามารถเขียนอยู่ในรูปของสมการได้ ดังนี้ (สมชัย, 2549)

$$P = G + E$$

เมื่อ P = ลักษณะปรากฏที่วัดได้จากตัวสัตว์ (phenotype)
 G = องค์ประกอบทางพันธุกรรมของตัวสัตว์ (genotype)
 E = สภาพแวดล้อม

2. อัตราพันธุกรรม (heritability)

ค่าอัตราพันธุกรรม หมายถึง สัดส่วนความแปรปรวนทางพันธุกรรม (σ_G^2) ต่อค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (σ_P^2) โดยสามารถแบ่งออกเป็น 2 แบบ คือ ค่าอัตราพันธุกรรมแบบกว้าง (broad sense heritability, h^2) เป็นการคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมจากสัดส่วนของค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งหมด และค่าอัตราพันธุกรรมแบบแคบ (narrow sense heritability, h^2) เป็นการคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมจากสัดส่วนของค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ค่าอัตราพันธุกรรมใช้เพื่อกำหนดลักษณะ และจำนวนลักษณะในการปรับปรุงครั้งนั้น ๆ รวมถึงการเลือกใช้ข้อมูลจากแหล่งต่าง ๆ เพื่อการคัดเลือก กำหนดระบบการผสมพันธุ์ (mating system) สำหรับปรับปรุงลักษณะที่เน้นเพื่อการคัดเลือก และใช้ร่วมกับพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมอื่น ๆ เพื่อกำหนดดัชนีการคัดเลือก (selection index) ซึ่งใช้เป็นเกณฑ์ในการเปรียบเทียบเพื่อใช้คัดเลือกสัตว์ไว้ทำพ่อ-แม่พันธุ์ต่อไป (สมชัย, 2549)

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะใดลักษณะหนึ่งเป็นค่าเฉพาะสำหรับประชากรหนึ่งๆ ทั้งนี้เป็นเพราะประชากรสัตว์ที่ต่างกันย่อมมีองค์ประกอบทางพันธุกรรมต่างกันทั้งยังคงอยู่ภายใต้สภาพแวดล้อมที่ต่างกัน หากต้องการนำค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินในประชากรอื่นมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์กับอีกประชากรหนึ่งจำเป็นต้องพิจารณาความคล้ายคลึงกันของประชากรและสภาพแวดล้อมด้วย โดยทั่วไปค่าอัตราพันธุกรรมจะมีความแตกต่างกันตามกลุ่มประชากรและวิธีที่ศึกษา ซึ่งจะมีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 (สมชัย, 2549)

2.1 อัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด (number of total piglets)

รายงานของ Hanenberg *et al.* (2001) ศึกษาอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดในสุกรพันธุ์แลนด์เรซ โดยการประมาณค่าความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.101 ± 0.006 และ 0.093 ± 0.009 ในลำดับครอกที่ 1 และลำดับครอกที่ 2-6 ตามลำดับ ส่วน ภาณุวัฒน์ (2549) ได้ศึกษาในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และสุกรพันธุ์แลนด์เรซโดยใช้ REML พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.17 และ 0.13 ตามลำดับ ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดของสุกรพันธุ์ต่าง ๆ มีผู้ศึกษาและรายงานไว้ซึ่งได้สรุปไว้ดังแสดงในตารางที่ 1

2.2 อัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (number of piglets born alive)

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในสุกรพันธุ์แลนด์เรซ โดยใช้ REML พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.084 ± 0.006 และ 0.020 ± 0.004 ในลำดับครอกที่ 1 และลำดับครอกที่ 2-6 ตามลำดับ (Hanenberg *et al.*, 2001) ส่วนภานุวัฒน์ (2549) ศึกษาในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และสุกรพันธุ์แลนด์เรซ โดยใช้ REML พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.16 และ 0.12 ตามลำดับ ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตมีผู้ศึกษา และรายงานไว้ซึ่งได้สรุปไว้ดังแสดงในตารางที่ 2

2.3 อัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม (number of weaning)

ธิดา (2545) ได้ศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมในสุกรพันธุ์แลนด์เรซ โดยใช้ REML พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.1109 และ 0.0068 ในลำดับครอกที่ 1 และลำดับครอกที่ 1-4 ตามลำดับ และในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.068 และ 0.099 ในลำดับครอกที่ 1 และ ลำดับครอกที่ 1-4 ตามลำดับ และได้สรุปรายงานค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมดังแสดงในตารางที่ 3

2.4 อัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอก (litter birth weight)

Wolf *et al.* (2008) ได้ศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอกในสุกรพันธุ์เชิร์คแลนด์เรซ โดยใช้ REML ด้วยการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multivariate analysis) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.16 ± 0.018 ส่วนธิดา (2545) ได้ศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอก ในสุกรพันธุ์แลนด์เรซ โดยใช้ REML พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.079 และ 0.093 ในลำดับครอกที่ 1 และ ลำดับครอกที่ 1-4 ตามลำดับ และในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.0260 และ 0.0610 ในลำดับครอกที่ 1 และ ลำดับครอกที่ 1-4 ตามลำดับ และได้สรุปรายงานค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอกดังแสดงในตารางที่ 4

2.5 อัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก (litter weight at weaning)

งานวิจัยที่ศึกษาความแตกต่างของค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกที่มีลำดับครอกที่ต่างกันพบได้น้อยแต่ก็มีรายงานไว้บ้างดังนี้ Chimonyo *et al.* (2008) ศึกษาอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในสุกรพันธุ์ Mukota โดยใช้ AIREML พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.149 ± 0.118

3. อิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance gene effect)

การผสมพันธุ์เพื่อผลิตสุกรในทางการค้าจะอาศัยการผสมข้ามพันธุ์ (crossbreeding) โดยมีจุดมุ่งหมายเพื่อใช้พันธุกรรมที่มีอยู่ให้เกิดประโยชน์ การผสมข้ามพันธุ์เป็นระบบการผสมข้ามซึ่งคู่ผสมเป็นสัตว์ต่างพันธุ์กัน เช่น การผสมระหว่างสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์กับสุกรพันธุ์แลนด์เรซ เพื่อใช้ประโยชน์จากเฮตเทอโรซิส (heterosis) หรือ ไฮบริด วิกเกอร์ (hybrid vigor) ซึ่งทำให้ลูกผสมที่ได้ให้ผลผลิตสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (สมชัย, 2549)

ปัจจุบันพันธุ์ที่นิยมใช้ และให้ผลดีในการสร้างแม่พันธุ์ลูกผสม ได้แก่ พันธุ์ลาร์จไวท์กับพันธุ์แลนด์เรซ ทั้งนี้ฝ่ายแม่นั้นจะต้องมีความสามารถในการให้ผลผลิตสูง ซึ่งต้องเป็นลูกผสมที่เกิดจากการผสมระหว่างพ่อ และแม่พันธุ์แท้ที่มีความสามารถเป็นเลิศในลักษณะการสืบพันธุ์ เช่น ให้ลูกดกเลี้ยงลูกเก่ง มีอัตราการเจริญเติบโตสูง และจะต้องมีลักษณะคุณภาพซากที่ดีด้วย สำหรับทางฝ่ายพ่อก็จะเป็นพันธุ์แท้ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่ตีเลิศในลักษณะอื่น ๆ ที่แม่ลูกผสมยังมีลักษณะนั้นไม่ดีพอ เช่น อัตราการเจริญเติบโต คุณภาพซาก ความแข็งแรงเลี้ยงง่ายและไม่จำเป็นต้องคำนึงถึงลักษณะของความมีลูกดก และเลี้ยงลูกเก่ง จึงใช้สุกรพันธุ์ดुरอกเป็นพ่อพันธุ์ ซึ่งต้องผ่านการคัดเลือกทดสอบมาอย่างดีโดยเน้นทางด้านอัตราการเจริญเติบโต และคุณภาพซาก เมื่อผสมกับแม่พันธุ์ลูกผสมที่กล่าวมาข้างต้นจะได้สุกรลูกผสมสามสายพันธุ์เพื่อใช้เลี้ยงเป็นสุกรขุนที่มีประสิทธิภาพสูง และที่สำคัญคือมีคุณภาพซากที่ดีด้วย

เนื่องจากสุกรเป็นสัตว์ที่ให้ลูกเป็นครอกจึงให้ข้อมูลที่มีความสัมพันธ์แบบลูกร่วมพ่อ และแม่เดียวกัน (full sib) เป็นจำนวนมาก ดังนั้นในการประเมินค่าทางพันธุกรรมภายใต้อิทธิพลแบบข่มของยีนจึงมีความแม่นยำขึ้น ซึ่งมีความสำคัญอย่างยิ่งในการวางแผนการคัดเลือกคู่ผสมพันธุ์ (mate selection) เพื่อให้ลูกมีคุณค่าทางพันธุกรรมรวมสูงสุด (total genetic merit) และในการประเมินพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบไม่บวกสะสม (non additive gene effect) เช่น

อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบข่มกันของยีนมาร่วมปรับในแบบหุ้จะช่วยให้คุณค่าการผสมพันธุ์มีความแม่นยำ (accuracy) มากขึ้น (มนต์ชัย, 2548)

ภาณุวัฒน์ (2549) ศึกษาค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบข่มกันของยีนของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในแม่สุกรลูกผสมลาจัวท์ และแลนดเรซ โดยใช้ REML พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.02 และ 0.04 ในทุกลำดับครอก

4. สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic Correlation: r_G) และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ (Phenotypic Correlation: r_P)

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) เป็นความสัมพันธ์ร่วมทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะสองลักษณะ ซึ่งอาจมีสาเหตุมาจากการที่ยีนบนตำแหน่งหนึ่งมีผลในการควบคุมลักษณะมากกว่าหนึ่งลักษณะ (pleiotropy) หรือเนื่องจากยีนหรือกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะทั้งสองมีตำแหน่งอยู่ใกล้ชิดกันบน โครโมโซมเดียวกัน (linkage) โดยสาเหตุหลังนี้ยีนจะถ่ายทอดไปด้วยกัน จะแยกกันต่อเมื่อเกิดการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซม (crossing over) เท่านั้น ส่วนสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ นั้นเป็นความสัมพันธ์ร่วมระหว่างลักษณะสองลักษณะที่มีสาเหตุมาจากพันธุกรรม และสภาพแวดล้อม ทั้งสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ที่มีต่อลักษณะทั้งสองอาจเป็นแบบสนับสนุนซึ่งกันและกัน (synergistic effect) หรืออาจเป็นแบบตรงกันข้ามกัน (antagonistic effect) ค่าสหสัมพันธ์มีระดับความสัมพันธ์ตั้งแต่ -1 ถึง $+1$ (สมชัย, 2549)

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏของลักษณะขนาดครอกระหว่างลำดับครอกที่แตกต่างกัน ซึ่งเป็นค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าอยู่ระหว่าง 0.04 ถึง 1.00 ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏมีค่าอยู่ระหว่าง 0.55 ถึง 0.98 ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ดังแสดงในตารางที่ 5

ตารางที่ 1 ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด (number of total piglets, NTB)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
ภาณุวัฒน์ (2549)	LW	-	24,192	1	REML	0.17	-	-
	LR	-	28,732	1	REML	0.13	-	-
ธิดา (2545)	LW	1	503	1	REML	0.18	0.01	-0.30
	LW	1-4	1,490	1	REML	0.10	0.00	-0.27
	LR	1	854	1	REML	0.10	0.03	-0.49
	LR	1-4	2,546	1	REML	0.01	0.01	-0.76
พรพรรณ (2545)	DR, LW, LR	-	5,911	1	REML	0.14	-	-
	DR, LW, LR	-	5,911	1	REML	0.08	0.01	-
Irgang <i>et al.</i> (1994)	DR	1	2,466	1	DFREML	0.18 (0.01)	0.01 (0.07)	-0.69 (0.76)
	DR	2	1,648	1	DFREML	0.15 (0.01)	0.09 (0.12)	-0.88 (1.18)
	DR	3	1,082	1	DFREML	0.27 (0.18)	0.07 (0.15)	-0.99 (1.70)
	LR	1	7,729	1	DFREML	0.16 (0.04)	0.00 (0.04)	-0.91 (4.57)
	LR	2	4,922	1	DFREML	0.27 (0.01)	0.08 (0.06)	-0.63 (0.53)
	LR	3	3,287	1	DFREML	0.03 (0.08)	0.01 (0.12)	-0.99 (2.33)

ตารางที่ 1 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
Irgang <i>et al.</i> (1994)	LW	2	3,836	1	DFREML	0.01 (0.09)	0.12 (0.07)	-0.42 (7.30)
	LW	3	2,715	1	DFREML	0.25 (0.09)	0.02 (0.07)	-0.99 (1.72)
Alfonso <i>et al.</i> (1997)	LR	All	34,417	2	REML	0.07 (0.01)	0.01 (0.01)	0.90 (0.06)
	LR	1	9,277	2	REML	0.05 (0.02)	0.00	-1.00 (-0.02)
	LR	2	6,233	2	REML	0.06 (0.02)	-	-
	LR	3	4,823	2	REML	0.05 (0.02)	-	-
	LR	4	3,744	2	REML	0.07 (0.03)	-	-
	LR	5	2,978	2	REML	0.06 (0.03)	-	-
	LR	All	16,750	2	REML	0.06 (0.01)	0.00	-1.00 (-0.03)
	LR	1	3,730	2	REML	0.04 (0.02)	0.00	-0.85 (-0.01)
	LR	2	3,158	2	REML	0.02 (0.02)	-	-
	LR	3	2,766	2	REML	0.10 (0.03)	-	-
	LR	4	2,212	2	REML	0.10 (0.03)	-	-
	LR	5	1,726	2	REML	0.04 (0.03)	-	-
	Hanenberg <i>et al.</i> (2001)	LR	1	58,194	2	DFREML	0.09 (0.01)	-

ตารางที่ 1 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
Hanenberg <i>et al.</i> (2001)	LR	2-6	144,205	1	DFREML	0.10 (0.01)	-	-
Wolf <i>et al.</i> (2008)	CLW	All	2,933	3	REML	0.13 (0.02)	-	-
Imboonta <i>et al.</i> (2007a)	ไม่ระบุ	1	3,074	3	REML	0.03 (0.02)	-	-
	ไม่ระบุ	2	2,441	3	REML	0.02 (0.02)	-	-
	ไม่ระบุ	3	2,024	3	REML	0.04 (0.03)	-	-
	ไม่ระบุ	4	1,655	3	REML	0.11 (0.04)	-	-
Hellbrugge <i>et al.</i> (2008)	GLR	All	1,538	1	GS	0.09 (0.03)	-	-
Su. <i>et al.</i> (2007)	LR	All	9,300	3	AIREML	0.07 (0.01)	-	-
	LW	All	6,861	3	AIREML	0.05 (0.02)	-	-

พันธุ์สุกร^{1/}

LW = Large White, LR = Landrace, DR = Duroc, GLR = German Landrace, และ CLW = Czech Large White

แบบหุ่น^{2/}

1 = animal model, 2 = univariate linear animal model, และ 3 = multivariate linear animal model

วิธีการ^{3/}

REML = restricted maximum likelihood, DFREML = derivative free REML, AIREML = average information REML,

และ GS = gibbs sampling

พารามิเตอร์

h_a^2 = direct additive heritability, h_m^2 = maternal additive heritability, r_{am} = correlation between direct additive and maternal effects,

และ SE = standard error

ตารางที่ 2 ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (number of piglets born alive, NBA)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
ภาณุวัฒน์ (2549)	LW	-	24,192	1	REML	0.16	-	-
	LR	-	28,732	1	REML	0.12	-	-
ธิดา (2545)	LW	1	503	1	REML	0.08	0.01	-0.72
	LW	1-4	1,490	1	REML	0.09	0.00	-0.64
	LR	1	854	1	REML	0.16	0.05	-0.74
	LR	1-4	2,546	1	REML	0.01	0.00	-0.18
พรพรรณ (2545)	DR, LW, LR	All	5,911	1	REML	0.08	-	-
	DR, LW, LR	All	5,911	1	REML	0.06	0.01	-
พรรณพวง (2543)	LW	All	2,588	1	REML	0.01	-	-
	LR	All	2,427	1	REML	0.05	-	-
	DR	All	1,336	1	REML	0.02	-	-
Alfonso <i>et al.</i> (1997)	LR (pop A)	All	34,417	2	REML	0.06 (0.01)	0.02 (0.02)	-
	LR (pop A)	1	9,277	2	REML	0.04 (0.01)	0.00	-1.00 (-0.03)
	LR (pop A)	2	6,233	2	REML	0.05 (0.02)	-	-
	LR (pop A)	3	4,823	2	REML	0.05 (0.02)	-	-

ตารางที่ 2 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
Alfonso <i>et al.</i> (1997)	LR (pop A)	4	3,744	2	REML	0.05 (0.03)	-	-
	LR (pop A)	5	2,978	2	REML	0.06 (0.03)	-	-
	LR (pop B)	All	16,750	2	REML	0.05 (0.01)	0.01	-0.04 (-0.04)
	LR (pop B)	1	3,730	2	REML	0.05 (0.02)	0.01 (0.03)	-1.00 (-0.12)
	LR (pop B)	2	3,158	2	REML	0.01 (0.02)	-	-
	LR (pop B)	3	2,766	2	REML	0.09 (0.03)	-	-
	LR (pop B)	4	2,212	2	REML	0.02 (0.02)	-	-
	LR	5	1,726	2	REML	0.04 (0.03)	-	-
Hananberg <i>et al.</i> (2001)	DLR	1	58,194	2	DFREML	0.08 (0.01)	-	-
	DLR	2-6	144,205	2	DFREML	0.02 (0.00)	-	-
Hamann <i>et al.</i> (2004)	GLR	1	10,033	2	GS	0.05 (0.00)	0.15 (0.02)	-
	GLR	2-10	38,544	2	GS	0.03 (0.00)	0.11 (0.01)	-
	PT	1	6,119	2	GS	0.05 (0.01)	0.15 (0.03)	-
	PT	2-10	16,884	2	GS	0.03 (0.01)	0.09 (0.01)	-
Holm <i>et al.</i> (2005)	NLR	1	35,030	4	ไม่ระบุ	0.12	-	-

ตารางที่ 2 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
Holm <i>et al.</i> (2005)	NLR	2	17,826	4	ไม่ระบุ	0.14	-	-
	NLR	1	35,030	5	ไม่ระบุ	0.12	-	-
	NLR	2	17,826	5	ไม่ระบุ	0.14	-	-
Wolf <i>et al.</i> (2008)	CLR	All	2,933	3	REML	0.14 (0.02)	-	-
Suwanasopee <i>et al.</i> (2005)	DR, LW, LR	All	13,289	1	REML	0.15	-	-
Hellbrugge <i>et al.</i> (2008)	GLR	All	1,538	1	GS	0.10 (0.03)	-	-
Su <i>et al.</i> (2007)	LR	All	9,300	3	AIREML	0.08 (0.02)	-	-
	LW	All	6,861	3	AIREML	0.05 (0.02)	-	-

พันธุ์สุกร^{1/} LW = Large White, LR = Landrace, DR = Duroc, CLR = Czech Large White, GLR = German Landrace, PT = Pietrain ,
DLR = Dutch Landrace, และ NLR = Norwegian Landrace

แบบหุ่น^{2/} 1 = animal model, 2 = univariate linear animal model, 3 = multivariate linear animal model, 4 = mixed linear model,
และ 5 = joint linear threshold model

วิธีการ^{3/} REML = restricted maximum likelihood, DFREML = derivative free REML, AIREML = average information REML,
และ GS = gibbs sampling

พารามิเตอร์ h_a^2 = direct additive heritability, h_m^2 = maternal additive heritability, r_{am} = correlation between direct additive and maternal effects,
และ SE = standard error

หมายเหตุ pop A = population A และ pop B = population B

ตารางที่ 3 ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม (number of weaning, NW)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
ธิดา (2545)	LW	1	503	1	REML	0.07	0.00	-0.01
	LW	1-4	1,490	1	REML	0.10	0.02	-0.69
	LR	1	854	1	REML	0.11	0.06	-0.50
	LR	1-4	2,546	1	REML	0.01	0.00	-0.48
พรพรรณ (2545)	DR, LW, LR	All	5,911	1	REML	0.07	-	-
	DR, LW, LR	All	5,911	1	REML	0.06	0.02	-
พรรณพวง (2543)	LW	All	2,526	1	REML	0.04	-	-
	LR	All	2,379	1	REML	0.05	-	-
	DR	All	1,274	1	REML	0.05	-	-
Irgang <i>et al.</i> (1994)	DR	1	2,466	1	DFREML	0.24 (0.10)	0.04 (0.09)	-0.94 (1.32)
	DR	2	1,648	1	DFREML	0.13 (0.16)	0.20 (0.13)	-0.99 (1.06)
	DR	3	1,082	1	DFREML	0.15 (0.19)	0.07 (0.26)	-0.99 (2.97)
	LR	1	7,729	1	DFREML	0.17 (0.05)	0.00 (0.04)	-0.99 (5.42)
	LR	2	4,922	1	DFREML	0.18 (0.07)	0.10 (0.06)	-0.58 (0.27)
	LR	3	3,287	1	DFREML	0.03 (0.08)	0.00 (0.11)	-0.99 (8.78)
	LW	1	5,980	1	DFREML	0.07 (0.05)	0.00 (0.04)	0.98 (9.36)

ตารางที่ 3 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
Irgang <i>et al.</i> (1994)	LW	2	3,836	1	DFREML	0.05 (0.08)	0.09 (0.05)	-0.00 (0.67)
	LW	3	2,715	1	DFREML	0.31 (0.10)	0.06 (0.11)	-0.99 (1.13)
Chimonyo <i>et al.</i> (2008)	MS	All	2,467	1	AIREML	0.00 (0.00)	-	-
Su <i>et al.</i> (2007)	LR	All	9,300	3	AIREML	0.09 (0.02)	-	-
	LW	All	6,861	3	AIREML	0.07 (0.02)	-	-
Wolf <i>et al.</i> (2008)	CLR	All	2,933	2	REML	0.16 (0.02)	-	-
Roehe <i>et al.</i> (2009)	LW x DR	All	5,103	2	REML	0.02 (0.03)	-	-

พันธุ์สุกร^{1/} LW = Large White, LR = Landrace, MS = Mukota sows, และ DR = Duroc

แบบหุ่น^{2/} 1 = animal model, และ 2 = multivariate linear animal model

วิธีการ^{3/} REML = restricted maximum likelihood, DFREML = derivative free REML, และ AIREML = average information REML

พารามิเตอร์ h_a^2 = direct additive heritability, h_m^2 = maternal additive heritability, r_{am} = correlation between direct additive and maternal effects, และ SE = standard error

ตารางที่ 4 ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก (litter birth weight, LBW)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลำดับครอก	จำนวนข้อมูล	แบบหุ่น ^{2/}	วิธีการ ^{3/}	h_a^2 (SE)	h_m^2 (SE)	r_{am} (SE)
ธิดา (2545)	LW	1	503	1	REML	0.03	0.02	-0.67
	LW	1-4	1,490	1	REML	0.06	0.02	-0.75
	LR	1	854	1	REML	0.06	0.02	-0.85
	LR	1-4	2,546	1	REML	0.02	0.01	-0.79
พรพรรณ (2545)	DR, LW, LR	All	5,911	1	REML	0.20	-	-
	DR, LW, LR	All	5,911	1	REML	0.30	0.02	-
พรรณพวง (2543)	LW	All	2,585	1	REML	0.15	-	-
	LR	All	2,425	1	REML	0.01	-	-
	DR	All	1,335	1	REML	0.04	-	-
ประณีติ (2551)	LW, PT	1	2,227	1	AIREML	0.08 (0.03)	-	-
Wolf <i>et al.</i> (2008)	CLR	All	2,912	2	REML	0.13 (0.02)	-	-
Roehe <i>et al.</i> (2009)	LW x DR	All	5,293	3	BM	0.20 (0.04)	-	-

พันธุ์สุกร^{1/}

LW = Large White, LR = Landrace, DR = Duroc, PT = Pietrain, LW x DR = cross bred, และ CLR = Czech Large White

แบบหุ่น^{2/}

1 = animal model, 2 = multivariate linear animal model, และ 3 = threshold and Gaussian model

วิธีการ^{3/}

REML = restricted maximum likelihood BM = bayesian methods, และ AIREML = average information REML

พารามิเตอร์

h_a^2 = direct additive heritability, h_m^2 = maternal additive heritability, r_{am} = correlation between direct additive and maternal effects, และ SE = standard error

ตารางที่ 5 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) สำหรับลักษณะที่ศึกษาระหว่างลำดับครอก (parity order) ที่แตกต่างกัน

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลักษณะ ^{2/}	ลำดับครอก	ลำดับครอก					
				1	2	3	4	5	6
Alfonso <i>et al.</i> (1997)	LR	NBA	1	-	0.74	0.55	0.34	0.57	-
			2	-	-	0.55	0.40	0.57	-
			3	-	-	-	0.22	0.58	-
			4	-	-	-	-	0.31	-
			5	-	-	-	-	-	-
			6	-	-	-	-	-	-
Hanenberg <i>et al.</i> (2001)	DLR	NBA	1	-	0.04	0.08	0.09	0.08	0.06
			2	0.79	-	0.05	0.10	0.10	0.08
			3	0.73	0.88	-	0.12	0.13	0.16
			4	0.71	0.75	0.93	-	0.13	0.17
			5	0.58	0.69	0.92	0.97	-	0.17
			6	0.55	0.62	0.83	0.95	0.96	-

ตารางที่ 5 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลักษณะ ^{2/}	ลำดับครอก	ลำดับครอก					
				1	2	3	4	5	6
Alfonso <i>et al.</i> (1997)	LR	NTB	1	-	0.72	0.56	0.67	0.16	-
			2	-	-	0.54	0.35	0.20	-
			3	-	-	-	0.57	0.35	-
			4	-	-	-	-	0.23	-
			5	-	-	-	-	-	-
			6	-	-	-	-	-	-
Hananberg <i>et al.</i> (2001)	DLR	NTB	1	-	0.04	0.10	0.10	0.10	0.18
			2	0.83	-	0.07	0.12	0.12	0.10
			3	0.74	0.90	-	0.15	0.17	0.19
			4	0.74	0.78	0.95	-	0.15	0.18
			5	0.62	0.74	0.94	0.97	-	0.20
			6	0.62	0.68	0.90	0.97	0.98	-

ตารางที่ 5 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลักษณะ ^{2/}	ลำดับครอก	ลำดับครอก					
				1	2	3	4	5	6
Fernández <i>et al.</i> (2008)	IB	NBA	1	-	0.72	0.80	0.72	0.28	0.41
			2	-	-	0.99	0.99	0.87	0.93
			3	-	-	-	0.99	0.80	0.87
			4	-	-	-	-	0.87	0.93
			5	-	-	-	-	-	0.99
			6	-	-	-	-	-	-
Fernández <i>et al.</i> (2008)	IB	LW21	1	-	0.80	0.29	0.33	0.30	0.64
			2	-	-	0.28	0.20	0.04	0.58
			3	-	-	-	0.92	0.84	0.87
			4	-	-	-	-	0.97	0.91
			5	-	-	-	-	-	0.83
			6	-	-	-	-	-	-

ตารางที่ 5 (ต่อ)

แหล่งที่มา	พันธุ์สุกร ^{1/}	ลักษณะ ^{2/}	ลำดับครอก	ลำดับครอก					
				1	2	3	4	5	6
เกียรติศักดิ์ (2552)	LW, LR, LW x DR	NTB	1	-	0.88	0.57	0.74	0.22	0.31
			2	0.07	-	0.82	0.88	0.52	0.68
			3	0.06	0.12	-	0.92	0.77	0.83
			4	0.05	0.11	0.09	-	0.60	0.72
			5	0.04	0.08	0.04	0.07	-	0.86
			6	0.29	0.05	0.06	0.31	0.10	-
เกียรติศักดิ์ (2552)	LW, LR, LW x DR	NBA	1	-	0.72	0.39	0.55	0.35	0.31
			2	0.07	-	0.73	0.85	0.66	0.59
			3	0.03	0.09	-	0.84	0.61	0.41
			4	0.04	0.07	0.07	-	0.67	0.57
			5	0.04	0.06	0.06	0.04	-	0.39
			6	0.34	0.06	0.07	0.11	0.13	-

พันธุ์สุกร^{1/}

LW = Large White, LR = Landrace, DR = Duroc, DLR = Dutch Landrace IB = Iberian, และ LW x DR = crossbred

ลักษณะ^{2/}

NTB = number of total born, NBA = number of born alive, และ LW21 = litter weight at 21 days

5. คุณค่าการผสมพันธุ์ (breeding value, BV)

คุณค่าการผสมพันธุ์ หมายถึง ค่าของพันธุกรรมที่ถ่ายทอดจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่ง เป็นความสามารถทางพันธุกรรมซึ่งมีผลเนื่องมาจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (Additive gene effect) ซึ่งเราไม่สามารถมองเห็นยีนที่สัตว์แต่ละตัวมีอยู่ จึงทำให้ไม่ทราบคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์นั้น อย่างไรก็ตามเราสามารถประมาณได้จากข้อมูลของตัวสัตว์เองรวมทั้งข้อมูลของเครือญาติ โดยคุณค่าการผสมพันธุ์สามารถประมาณได้จากการคำนวณ ข้อมูลลักษณะปรากฏที่บันทึกจากแหล่งต่าง ๆ ทำให้สามารถจัดลำดับสัตว์ได้ตามความดีเด่นทางพันธุกรรม วิธีการประเมินพันธุกรรมที่ได้รับความนิยม และใช้กันอย่างแพร่หลายในการประเมินพันธุกรรมสัตว์ คือ วิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

Henderson (1973) ได้เสนอรูปแบบสมการสำหรับโมเดลผสมที่สามารถประมาณอิทธิพลจากปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่มได้พร้อมกัน ซึ่งเรียกโดยทั่วไปว่า BLUP ซึ่งเป็นการประเมินพันธุกรรมสัตว์เพื่อใช้ในการคัดเลือกให้มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น เนื่องจาก BLUP ใช้วิธีการประมาณค่าของอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยคงที่ เช่น ฝูง ปีเกิด ฤดูกาล ฯลฯ พร้อมกับการประมาณค่าของอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยสุ่ม เช่น ค่าพันธุกรรม ค่าสภาพแวดล้อมถาวร ฯลฯ ทำให้ค่าพันธุกรรมจากสัตว์ที่ประเมินมีการปรับด้วยอิทธิพลเหล่านั้นสามารถใช้เปรียบเทียบต่างฝูง หรือปีเกิดต่างกัน ซึ่งเป็นประโยชน์อย่างยิ่งในงานประเมินพันธุกรรมสัตว์ที่ต้องมีการเปรียบเทียบพันธุกรรมจากหลายฝูง อีกทั้งยังใช้ข้อมูลจากทุกแหล่งที่เกี่ยวข้องทางสายเลือดโดยผ่านทางพันธุ์ประวัติ (pedigree) ดังนั้นค่าพันธุกรรมที่ประมาณได้จึงมีความแม่นยำสูง และสัตว์ที่ไม่มีบันทึกเป็นของตัวเองก็สามารถถูกประเมินพันธุกรรมได้

6. แนวโน้มทางพันธุกรรม (genetic trend)

การผลิตในระดับฝูงพ่อแม่พันธุ์มีเป้าหมายสูงสุด คือ ต้องการให้มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมมากที่สุดโดยจะส่งผลให้การผลิตพ่อ-แม่พันธุ์แท้ การผลิตสุกรลูกผสม และการผลิตสุกรขุนมีประสิทธิภาพสูงขึ้นตามไปด้วย ดังนั้นการคัดเลือกโดยวิธีการประเมินพันธุกรรมจึงเป็นเครื่องมือที่สำคัญที่นำมาใช้เพื่อให้บรรลุเป้าหมายที่ตั้งไว้ การตรวจสอบความก้าวหน้าทางพันธุกรรมที่เกิดขึ้นในแต่ละปี สามารถตรวจสอบได้จากการวิเคราะห์แนวโน้มทางพันธุกรรม ซึ่งเป็นการวัดประสิทธิภาพของแผนการปรับปรุงพันธุ์ทั้งหมด โดยมีหน่วยเป็นความก้าวหน้าต่อปีเพื่อนำผลไปวิเคราะห์ปรับปรุงแก้ไขการทำงาน และควรมีการวิเคราะห์แนวโน้มทางพันธุกรรม

เพื่อวัดผลปีละ 2 ครั้ง ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมขึ้นอยู่กับความถูกต้องของค่าอัตราพันธุกรรม ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และคุณค่าการผสมพันธุ์เป็นสำคัญ (Southwood and Kennedy 1990)

ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จากการศึกษาของ Southwood and Kennedy (1991) พบว่าในสุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์ และแลนค์เรซ ระหว่างปี 1977 ถึงปี 1987 มีค่าแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดอยู่ในช่วง -0.009 ถึง 0.001 และ -0.004 ถึง 0.002 ตัวต่อปี ตามลำดับ Imboonta *et al.* (2007) รายงานผลการศึกษาแนวโน้มทางพันธุกรรมของสุกรรวมทุกสายพันธุ์ที่มีลำดับครอกที่ต่างกัน ระหว่างปี 1993 ถึงปี 2003 มีค่าเท่ากับ -0.01, 0.02, -0.02 และ 0.02 ตัวต่อปีในลำดับครอกที่ 1, 2, 3, และ 4 ตามลำดับ ส่วนการศึกษาของ ธิดา (2545) ในสุกรพันธุ์แลนค์เรซ ระหว่างปี 2538 ถึงปี 2543 และสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ ระหว่างปี 2539 ถึงปี 2543 ของฟาร์มเอกชนแห่งหนึ่งในจังหวัดลพบุรี มีค่าเท่ากับ 0.007 ± 0.019 ตัวต่อปี และ 0.002 ± 0.008 ตัวต่อปี ตามลำดับ

แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต จากการศึกษาของ Southwood and Kennedy (1991) พบว่าในสุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์ และแลนค์เรซ ระหว่างปี 1977 ถึงปี 1987 มีค่าอยู่ในช่วง -0.012 ถึง -0.001 และ -0.001 ถึง 0.001 ตัวต่อปี ตามลำดับ ธิดา (2545) ศึกษาในสุกรพันธุ์แลนค์เรซ ระหว่างปี 2538 ถึงปี 2543 และสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ ระหว่างปี 2539 ถึงปี 2543 มีค่าเท่ากับ 0.050 ± 0.001 ตัวต่อปี และ 0.002 ± 0.003 ตัวต่อปี ตามลำดับ ส่วนการศึกษาของ Suwanasopee *et al.* (2005) พบว่าในสุกรรวมทุกสายพันธุ์ระหว่างปี 1995 ถึงปี 2002 มีค่าเท่ากับ 0.026 ตัวต่อปี การศึกษาของ ประณิธิ (2551) ในสุกรพันธุ์เพียเทรน ร่วมกับพันธุ์ลาร์จไวท์ระหว่างปี 2541 ถึงปี 2549 มีค่าเท่ากับ -0.02 ± 0.03 ตัวต่อปี

อุปกรณ์และวิธีการ

1. ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา (data source)

การศึกษานี้ใช้ข้อมูลเกี่ยวกับลักษณะทางด้านความสมบูรณ์พันธุ์ของแม่สุกรลักษณะที่ใช้ศึกษาได้แก่ จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด (number of total piglets; NTB) จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (number of piglets born alive; NBA) จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม (number of weaning; NW) น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก (litter birth weight; LBW) และ น้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก (litter weight at weaning; LWW) ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ของแม่สุกรลูกผสมสองสายพันธุ์ระหว่าง ลาร์จ ไวท์ x แลนซ์เรซ (YL) และ แลนซ์เรซ x ลาร์จ ไวท์ (LY) จำนวน 26,739 บันทึกการผลิตสุกรขุนสามสายพันธุ์ภายในฟาร์มใช้พ่อพันธุ์สุดท้ายเป็นพันธุ์ครอกและใช้การผสมเทียม (artificial insemination) ทั้งหมด เก็บรวบรวมข้อมูลจากฟาร์มเอกชน 2 แห่งที่อยู่ในเขตภาคกลางของประเทศไทย ระหว่างปี พ.ศ. 2546 ถึง ปี พ.ศ. 2552 รวม 7 ปี โดยมีรายละเอียดดังตารางที่ 6

ตารางที่ 6 โครงสร้างของข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาโดยจำแนกตามพันธุ์ของแม่สุกร

ข้อมูล	พันธุ์ ^{1/}		
	LY	YL	รวมพันธุ์
จำนวนสัตว์ทั้งหมด (ตัว)	1,471	1,779	3,250
จำนวนสัตว์ที่มีข้อมูล (ตัว)	602	732	1,334
จำนวนข้อมูลของลักษณะ NTB (บันทึก)	2,770	3,058	5,828
จำนวนข้อมูลของลักษณะ NBA (บันทึก)	2,679	2,964	5,643
จำนวนข้อมูลของลักษณะ NW (บันทึก)	2,880	3,286	6,166
จำนวนข้อมูลของลักษณะ LBW (บันทึก)	2,298	2,717	5,015
จำนวนข้อมูลของลักษณะ LWW (บันทึก)	1,821	2,266	4,087
จำนวนข้อมูลทั้งหมด (บันทึก)	12,448	14,291	26,739

^{1/} LY = Landrace x Large White และ YL = Large White x Landrace

2. ลักษณะโครงสร้างของข้อมูล (data structure)

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาประกอบด้วย 2 แฟ้มข้อมูลคือ พันธุ์ประวัติ และข้อมูลผลผลิตที่ศึกษาประกอบด้วยรายละเอียดของข้อมูลดังนี้

2.1 แฟ้มข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree file)

- หมายเลขประจำตัวสัตว์ (animal identification; ID)
- หมายเลขประจำตัวพ่อพันธุ์ (sire ID)
- หมายเลขประจำตัวแม่พันธุ์ (dam ID)
- วัน เดือน ปี เกิดของตัวสัตว์ (birth date)

2.2 แฟ้มข้อมูลผลผลิต (production file)

- หมายเลขประจำตัวสัตว์ (animal ID)
- พันธุ์ (breed)
- วัน เดือน ปี ที่สุกรคลอดลูก (farrowing date)
- ลำดับครอกที่สุกรคลอดลูก (parity)
- ฟาร์ม (farm)
- พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ (service boar)
- จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด
- จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต
- จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม
- น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก
- น้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก

3. การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ (statistical analysis)

3.1 การเตรียมและการแก้ไขข้อมูล (data preparation and editing)

วิเคราะห์โครงสร้างข้อมูลและตรวจสอบการแจกแจงแบบปกติ (normal distribution) โดยพิจารณาจาก ความใกล้เคียงกันของค่าเฉลี่ย (mean) ค่ามัธยฐาน (median) ค่าฐานนิยม (mode) ค่าความเบ้ (skewness) และกราฟ normality plot ตรวจสอบข้อมูลที่มีค่าสูงต่ำกว่าปกติ (outlier) ในการแก้ไขข้อมูลเบื้องต้นโดยการตัดข้อมูลที่ไม่สมบูรณ์ ได้แก่ ข้อมูลที่สูญหาย ข้อมูลที่ได้จากสัตว์ที่ไม่รู้วันเดือนปีเกิด ไม่มีหมายเลขประจำตัวสัตว์ และข้อมูลที่มีมากกว่าลำดับครอกที่ 6 โดยไม่นำเข้ามารวมในการศึกษาครั้งนี้

3.2 การวิเคราะห์ปัจจัยที่มีผลต่อลักษณะขนาดครอก

อิทธิพลเนื่องจากปัจจัยคงที่ (fixed effect) ที่คาดว่าจะมีผลต่อลักษณะที่ศึกษาได้แก่ กลุ่มพันธุ์ของสุกร (group genetic effect) แบ่งเป็น 2 กลุ่มได้แก่ LY เป็นสุกรลูกผสมแลนซ์เรซ x ลาร์จไวท์ และ YL เป็นสุกรลูกผสมลาร์จไวท์ x แลนซ์เรซลำดับครอกที่สุกรคลอด (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, ปีที่สุกรคลอดลูกคือ ปี พ.ศ. 2546 ถึง ปี พ.ศ. 2552 และ ฤดูกาล (season) ที่สุกรคลอดลูก แบ่งได้เป็น 3 ฤดูกาล คือ ฤดูหนาว (ตุลาคม ถึง มกราคม) ฤดูร้อน (กุมภาพันธ์ ถึง พฤษภาคม) และ ฤดูฝน (มิถุนายน ถึง กันยายน) พิจารณาตามปริมาณน้ำฝน อุณหภูมิ และความชื้นสัมพัทธ์ และพ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ (service boar) ส่วนอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยคงที่ซึ่งกำหนดให้เป็นความแปรปรวนร่วม (covariate) ได้แก่ อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก (age at farrowing) โดยให้มีค่าอยู่ในช่วงที่กำหนดตามลำดับครอก ดังนี้ AGEF1 อยู่ในช่วง 280 ถึง 530 วัน AGEF2 อยู่ในช่วง 430 ถึง 680 วัน AGEF3 อยู่ในช่วง 540 ถึง 850 วัน AGEF4 อยู่ในช่วง 700 ถึง 900 วัน AGEF5 อยู่ในช่วง 900 ถึง 1,200 วัน และ AGEF6 อยู่ในช่วง 950 ถึง 1,300 วัน ทดสอบอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยคงที่ด้วยวิธี Ordinary least square (OLS) ด้วยโปรแกรม R 2.13.1 (Development Core Team, 2006) โดยแยกวิเคราะห์ทีละลำดับครอกและมีโมเดลสำหรับการวิเคราะห์ดังนี้

$$Y_{lkji} = \mu + BR_l + CG_k + BOAR_j + b(AGEF_{lkji} - \overline{AGEF}) + e_{lkji}$$

- Y_{lkji} = ค่าสังเกตของลักษณะที่ศึกษาของแม่สุกรตัวที่ i พันธุ์ที่ l กลุ่มการจัดการที่ k และพ่อพันธุ์ที่นำมาผสมพันธุ์ที่ j
- μ = ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ศึกษา
- B_l = อิทธิพลคงที่เนื่องจากพันธุ์ที่ l ($l = 1, 2$)
- CG_k = อิทธิพลคงที่เนื่องจากกลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูกที่ k ($k = 1, 2, \dots, 47$)
- $BOAR_j$ = อิทธิพลคงที่เนื่องจากพ่อพันธุ์ที่นำมาผสมพันธุ์ที่ j ($j = 1, 2, \dots, 165$)
- b = สัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงเส้นตรงของอายุเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกต่างๆของแม่สุกรตัวที่ i พันธุ์ที่ l กลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูกที่ k และพ่อพันธุ์ที่นำมาผสมพันธุ์ที่ j
- $(AGEF_{lkji} - \overline{AGEF})$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อคลอดลูกของแม่สุกรตัวที่ i พันธุ์ที่ l กลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูกที่ k และพ่อพันธุ์ที่นำมาผสมพันธุ์ที่ j
- e_{lkji} = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนอื่นๆ โดยที่ $e \sim NID(0, I\sigma_e^2)$

4. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (estimation of genetic parameter)

4.1 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม (variance and covariance component estimator)

การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของลักษณะที่ศึกษา เพื่อนำไปประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ และคุณค่าการผสมพันธุ์ โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PigPAK 2.5 (Duangjinda *et al.*, 2005) ซึ่งประมาณตามแบบหุ่นทางสถิติ ซึ่งเป็นแบบหุ่นผสมจากหลายลักษณะ (multi-trait mixed model) สาเหตุที่วิเคราะห์ครั้งละหลายลักษณะพร้อมกันเนื่องจากการใช้ข้อมูลจากลักษณะที่มีความสัมพันธ์กันเข้าทำการวิเคราะห์พร้อมกันจะทำให้การประเมินพันธุกรรมมีอคติ (bias) น้อยกว่า และมีความเที่ยงตรงมากกว่าในขณะทำการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (univariate analysis) ความสัมพันธ์ดังกล่าวมีค่าเท่ากับศูนย์ (Meyer, 1991) โดยสามารถเขียนแบบหุ่นในการศึกษาครั้งนี้เป็นสมการได้ดังนี้

แบบหุ่นที่ 1 (multi-trait animal model) ในชุดข้อมูลที่ไม่ได้พิจารณาอิทธิพลของแม่

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \\ Y_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix}$$

องค์ประกอบของความแปรปรวนคือ

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

เมื่อโครงสร้างเมตริกซ์ G, R คือ

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{g11}^2 & \sigma_{g21} & \sigma_{g31} & \sigma_{g41} & \sigma_{g51} & \sigma_{g61} \\ \sigma_{g12} & \sigma_{g22}^2 & \sigma_{g32} & \sigma_{g42} & \sigma_{g52} & \sigma_{g62} \\ \sigma_{g13} & \sigma_{g23} & \sigma_{g33}^2 & \sigma_{g43} & \sigma_{g53} & \sigma_{g63} \\ \sigma_{g14} & \sigma_{g24} & \sigma_{g34} & \sigma_{g44}^2 & \sigma_{g54} & \sigma_{g64} \\ \sigma_{g15} & \sigma_{g25} & \sigma_{g35} & \sigma_{g45} & \sigma_{g55}^2 & \sigma_{g65} \\ \sigma_{g16} & \sigma_{g26} & \sigma_{g36} & \sigma_{g46} & \sigma_{g56} & \sigma_{g66}^2 \end{bmatrix} \quad R = \begin{bmatrix} \sigma_{r11}^2 & \sigma_{r21} & \sigma_{r31} & \sigma_{r41} & \sigma_{r51} & \sigma_{r61} \\ \sigma_{r12} & \sigma_{r22}^2 & \sigma_{r32} & \sigma_{r42} & \sigma_{r52} & \sigma_{r62} \\ \sigma_{r13} & \sigma_{r23} & \sigma_{r33}^2 & \sigma_{r43} & \sigma_{r53} & \sigma_{r63} \\ \sigma_{r14} & \sigma_{r24} & \sigma_{r34} & \sigma_{r44}^2 & \sigma_{r54} & \sigma_{r64} \\ \sigma_{r15} & \sigma_{r25} & \sigma_{r35} & \sigma_{r45} & \sigma_{r55}^2 & \sigma_{r65} \\ \sigma_{r16} & \sigma_{r26} & \sigma_{r36} & \sigma_{r46} & \sigma_{r56} & \sigma_{r66}^2 \end{bmatrix}$$

- เมื่อ
- Y_i = เวกเตอร์ (vector) ของค่าสังเกตของลักษณะที่ 1-6
 - b_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ (fixed effect) ได้แก่ กลุ่มพันธุ์ของสุกร (group genetic effect) กลุ่มการจัดการ (contemporary group) อายุสุกรเมื่อคลอดลูก (age at farrowing) และพ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ (service boar) ของลักษณะที่ 1-6
 - a_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่ม (random effects) เนื่องจากตัวสัตว์ของลักษณะที่ 1-6
 - A = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (animal relationship matrix)

- I = identity matrix
 X_i, Z_i = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incident matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ b_i และ a_i ของลักษณะที่ 1-6 ตามลำดับ
 e_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน (residual error) ของลักษณะที่ 1-6
 G = เมตริกซ์ของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive genetic variance and covariance) ของลักษณะที่ 1-6
 R = เมตริกซ์ของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน (residual variance and covariance) ของลักษณะที่ 1-6
 \otimes = kronecker product

สำหรับสมการแบบหุ้มผสม (mixed model equation; MME) ของแบบหุ้มที่ 1 ซึ่งนำเสนอโดย Henderson (1973) แสดงดังภาคผนวกที่ 1

แบบหุ้มที่ 2 (multi-trait maternal animal model) ในชุดข้อมูลที่พิจารณาอิทธิพลของแม่

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \\ Y_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & W_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & W_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & W_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \\ m_3 \\ m_4 \\ m_5 \\ m_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix}$$

- เมื่อ
- Y_i = เวกเตอร์ของค่าสังเกตของลักษณะที่ 1-6
 b_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ ได้แก่ กลุ่มพันธุ์ของสุกร

กลุ่มการจัดการ อายุสุกรเมื่อคลอดลูก และพ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ของลักษณะที่ 1-6

a_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ของลักษณะที่ 1-6

m_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลของแม่ (maternal effects) ของลักษณะที่ 1-6

X_i, Z_i, W_i = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incident matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ b_i, a_i และ m_i ตามลำดับ

e_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของลักษณะที่ 1-6

องค์ประกอบของความแปรปรวนคือ

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_6 \\ m_1 \\ \vdots \\ m_6 \\ \varepsilon_1 \\ \vdots \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & \cdots & g_{16}A & g_{17}A & \cdots & g_{112}A & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ g_{61}A & \cdots & g_{66}A & g_{67}A & \cdots & g_{612}A & 0 & \cdots & 0 \\ g_{71}A & \cdots & g_{76}A & g_{77}A & \cdots & g_{712}A & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ g_{121}A & \cdots & g_{126}A & g_{127}A & \cdots & g_{1212}A & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & r_{11} & \cdots & r_{16} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & r_{61} & \cdots & r_{66} \end{bmatrix}$$

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

r_{ij} = ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของความคลาดเคลื่อน (residual variance and covariance) ของลักษณะที่ 1 ถึง 6

A = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์

สำหรับสมการแบบหุ่นผสมของแบบหุ่นที่ 2 แสดงดังภาคผนวกที่ 2

แบบหุ่นที่ 3 ในชุดข้อมูลที่พิจารณาอิทธิพลแบบข่มกันของยีน

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \\ Y_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} \\
 + \begin{bmatrix} V_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & V_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & V_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & V_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & V_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & V_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} d_1 \\ d_2 \\ d_3 \\ d_4 \\ d_5 \\ d_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix}$$

องค์ประกอบของความแปรปรวนคือ

$$V \begin{bmatrix} a \\ d \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & F \otimes D & 0 \\ 0 & 0 & R \otimes I \end{bmatrix}$$

เมื่อโครงสร้างเมตริกซ์ G, R, F คือ

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{g11}^2 & \sigma_{g21} & \sigma_{g31} & \sigma_{g41} & \sigma_{g51} & \sigma_{g61} \\ \sigma_{g12} & \sigma_{g22}^2 & \sigma_{g32} & \sigma_{g42} & \sigma_{g52} & \sigma_{g62} \\ \sigma_{g13} & \sigma_{g23} & \sigma_{g33}^2 & \sigma_{g43} & \sigma_{g53} & \sigma_{g63} \\ \sigma_{g14} & \sigma_{g24} & \sigma_{g34} & \sigma_{g44}^2 & \sigma_{g54} & \sigma_{g64} \\ \sigma_{g15} & \sigma_{g25} & \sigma_{g35} & \sigma_{g45} & \sigma_{g55}^2 & \sigma_{g65} \\ \sigma_{g16} & \sigma_{g26} & \sigma_{g35} & \sigma_{g46} & \sigma_{g56} & \sigma_{g66}^2 \end{bmatrix} \quad F = \begin{bmatrix} \sigma_{f11}^2 & \sigma_{f21} & \sigma_{f31} & \sigma_{f41} & \sigma_{f51} & \sigma_{f61} \\ \sigma_{f12} & \sigma_{f22}^2 & \sigma_{f32} & \sigma_{f42} & \sigma_{f52} & \sigma_{f62} \\ \sigma_{f13} & \sigma_{f23} & \sigma_{f33}^2 & \sigma_{f43} & \sigma_{f53} & \sigma_{f63} \\ \sigma_{f14} & \sigma_{f24} & \sigma_{f34} & \sigma_{f44}^2 & \sigma_{f54} & \sigma_{f64} \\ \sigma_{f15} & \sigma_{f25} & \sigma_{f35} & \sigma_{f45} & \sigma_{f55}^2 & \sigma_{f65} \\ \sigma_{f16} & \sigma_{f26} & \sigma_{f35} & \sigma_{f46} & \sigma_{f56} & \sigma_{f66}^2 \end{bmatrix}$$

$$R = \begin{bmatrix} \sigma_{r_{11}}^2 & \sigma_{r_{21}} & \sigma_{r_{31}} & \sigma_{r_{41}} & \sigma_{r_{51}} & \sigma_{r_{61}} \\ \sigma_{r_{12}} & \sigma_{r_{22}}^2 & \sigma_{r_{32}} & \sigma_{r_{42}} & \sigma_{r_{52}} & \sigma_{r_{62}} \\ \sigma_{r_{13}} & \sigma_{r_{23}} & \sigma_{r_{33}}^2 & \sigma_{r_{43}} & \sigma_{r_{53}} & \sigma_{r_{63}} \\ \sigma_{r_{14}} & \sigma_{r_{24}} & \sigma_{r_{34}} & \sigma_{r_{44}}^2 & \sigma_{r_{54}} & \sigma_{r_{64}} \\ \sigma_{r_{15}} & \sigma_{r_{25}} & \sigma_{r_{35}} & \sigma_{r_{45}} & \sigma_{r_{55}}^2 & \sigma_{r_{65}} \\ \sigma_{r_{16}} & \sigma_{r_{26}} & \sigma_{r_{36}} & \sigma_{r_{46}} & \sigma_{r_{56}} & \sigma_{r_{66}}^2 \end{bmatrix}$$

- เมื่อ
- Y_i = เวกเตอร์ของค่าสังเกตของลักษณะที่ 1-6
 - b_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ ได้แก่ กลุ่มพันธุ์ของสุกร
กลุ่มการจัดการ อายุสุกรเมื่อคลอดลูกและพ่อพันธุ์ที่ใช้ใน
การผสมพันธุ์ของลักษณะที่ 1-6
 - a_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ของลักษณะที่ 1-6
 - d_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีน
(dominance gene effect) ของลักษณะที่ 1-6
 - A = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์
 - D = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์เนื่องจาก
อิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominance relationship matrix)
 - I = identity matrix
 - X_i, Z_i, V_i = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incident matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์
 b_i, a_i และ d_i ของลักษณะที่ 1-6 ตามลำดับ
 - e_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน
ของลักษณะที่ 1-6
 - G = เมตริกซ์ของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพล
สุ่มเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมของลักษณะที่ 1-6
 - F = เมตริกซ์ของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพล
สุ่มเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominance genetic
variance and covariance) ของลักษณะที่ 1-6
 - R = เมตริกซ์ของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพล
สุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของลักษณะที่ 1-6
 - \otimes = kronecker product

สำหรับสมการแบบหุ้่นผสมของแบบหุ้่นที่ 3 แสดงดังภาคผนวกที่ 3

แบบหุ่นที่ 4 ในชุดข้อมูลที่พิจารณาอิทธิพลของแม่และอิทธิพลแบบข่มกันของยีน

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

เมื่อ

Y_i = เวกเตอร์ของค่าสังเกตของลักษณะที่ 1-6

b_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ ได้แก่ กลุ่มพันธุ์ของสุกร
กลุ่มการจัดการ อายุสุกรเมื่อคลอดลูกและพ่อพันธุ์ที่ใช้ใน
การผสมพันธุ์ของลักษณะที่ 1-6

a_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ของลักษณะที่ 1-6

m_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลของแม่
(maternal effects) ของลักษณะที่ 1-6

d_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีน
ของลักษณะที่ 1-6

X_i, Z_i, W_i, V_i = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incident matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์
 b_i, a_i, m_i และ d_i ตามลำดับ

e_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของ
ลักษณะที่ 1-6

องค์ประกอบของความแปรปรวนคือ

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_6 \\ m_1 \\ \vdots \\ m_6 \\ d_1 \\ \vdots \\ d_6 \\ \varepsilon_1 \\ \vdots \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & \cdots & g_{16}A & g_{17}A & \cdots & g_{112}A & 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ g_{61}A & \cdots & g_{66}A & g_{67}A & \cdots & g_{612}A & 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ g_{71}A & \cdots & g_{76}A & g_{77}A & \cdots & g_{712}A & 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ g_{121}A & \cdots & g_{126}A & g_{127}A & \cdots & g_{1212}A & 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & f_{11}D & \cdots & f_{16}D & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & f_{61}D & \cdots & f_{66}D & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & r_{11} & \cdots & r_{16} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & 0 & \cdots & 0 & r_{61} & \cdots & r_{66} \end{bmatrix}$$

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} = ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีนระหว่างตัวแปร i และ j เมื่อ $i = 1$ ถึง 6 หมายถึง อิทธิพลแบบข่มกันของยีนสำหรับลักษณะที่ j เมื่อ $j =$ ลักษณะที่ 1 ถึง 6 ตามลำดับ

r_{ij} = ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของความคลาดเคลื่อนของลักษณะที่ 1 ถึง 6

A = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์

D = เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์เนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีน

สำหรับสมการแบบหุ่นผสมของแบบหุ่นที่ 4 แสดงดังภาคผนวกที่ 4

4.2 การเปรียบเทียบระหว่างแบบหุ่น

ค่า \log likelihood ($\log L$) เป็นค่าที่ใช้ในการเปรียบเทียบค่าความแปรปรวนที่ประเมินได้จากแบบหุ่นว่าแบบหุ่นใดมีความน่าจะเป็นใกล้เคียงกับค่าที่แท้จริงของประชากรมากที่สุด โดยปกติค่า $\log L$ จะมีค่าเป็นลบ ดังนั้นจึงนิยมแปลงให้อยู่ในรูป $-2\log L$ ซึ่งค่าที่ได้จะเป็นบวก (มนต์ชัย, 2549 อ้างโดย ภาณุวัฒน์, 2549) ในการเปรียบเทียบระหว่างแบบหุ่นค่า $-2\log L$ ที่มีค่าเป็นบวกและมีค่าน้อยที่สุดจะเป็นแบบหุ่นที่มีความเหมาะสมมากที่สุด ส่วนแบบหุ่นที่มีค่า $-2\log L$ เป็นลบที่มีค่าติดลบน้อยที่สุด (คือค่าเข้าใกล้ศูนย์) จะเป็นแบบหุ่นที่มีความเหมาะสมมากกว่าแบบหุ่นที่มีค่าติดลบมาก ๆ นอกจากนี้ในการเปรียบเทียบระหว่างแบบหุ่นที่มีค่าเป็นบวกและเป็นลบ แบบหุ่นที่มีค่า $-2\log L$ เป็นบวกจะมีความเหมาะสมมากกว่าแบบหุ่นที่มีค่า $-2\log L$ เป็นลบ (ธิดา, 2545)

$$-2\log L = k + \log|R| + \log|G| + \log|C| + yR^{-1}(y - Xb - Za)$$

เมื่อ	k	= ค่าคงที่ของแบบหุ่น
	R	= ความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อน
	G	= ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลเนื่องจากตัวสัตว์
	C	= ค่า coefficient matrix ของแบบหุ่น
	b	= เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่
	a	= เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์
	y	= เวกเตอร์ของค่าสังเกต
	X, Z	= เมตริกซ์ของเหตุการณ์ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ b และ a

4.3 การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม (heritability)

อัตราพันธุกรรม หมายถึง ค่าสัดส่วนของความแปรปรวนซึ่งมีผลเนื่องมาจากพันธุกรรมต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ ดังนั้นจึงเป็นค่าเฉพาะสำหรับประชากรหนึ่งๆ (สมชัย, 2549) จากการวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวนจะทำให้ทราบค่าความแปรปรวนของอิทธิพลเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม (σ_a^2) อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ (σ_m^2) และค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (σ_e^2) ในแต่ละโมเดล แล้วนำค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้มาประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะที่ศึกษา โดยค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้

เป็นค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (narrow sense heritability) ซึ่งเป็นความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมต่อความแปรปรวนทั้งหมด จากองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้สามารถหาค่าอัตราพันธุกรรม (h_a^2) และค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ (h_m^2) ได้จากสูตรการคำนวณ ดังนี้

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

เมื่อ σ_a^2 = ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม
 σ_p^2 = ค่าความแปรปรวนลักษณะปรากฏ

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_p^2}$$

เมื่อ σ_m^2 = ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่
 σ_p^2 = ค่าความแปรปรวนลักษณะปรากฏ

การประมาณค่าสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข่มกันของยีน

$$d^2 = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_p^2}; \quad \sigma_d^2 = 4\sigma_{fs}^2$$

เมื่อ σ_d^2 = ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีน
 σ_{fs}^2 = ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากความสัมพันธ์แบบ full sib
 หรือ parental dominance effect
 σ_p^2 = ค่าความแปรปรวนลักษณะปรากฏ

4.4 การประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phenotypic correlation and genotypic correlation)

องค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมที่ได้จากการวิเคราะห์นำมาคำนวณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะที่ศึกษา ดังนี้

ค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ คำนวณได้จากสูตร

$$r_{P(X,Y)} = \frac{\text{cov}_p(X,Y)}{\sqrt{\sigma_{P(X)}^2 \cdot \sigma_{P(Y)}^2}}$$

เมื่อ $r_{P(X,Y)}$ = ค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะ X และ Y
 $\text{cov}_p(X,Y)$ = ค่าความแปรปรวนร่วมของลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะ X และ Y
 $\sigma_{P(X)}^2$ = ความแปรปรวนลักษณะปรากฏของลักษณะ X
 $\sigma_{P(Y)}^2$ = ความแปรปรวนลักษณะปรากฏของลักษณะ Y

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม คำนวณได้จากสูตร

$$r_{G(X,Y)} = \frac{\text{cov}_G(X,Y)}{\sqrt{\sigma_{G(X)}^2 \cdot \sigma_{G(Y)}^2}}$$

เมื่อ $r_{G(X,Y)}$ = ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะ X และ Y
 $\text{cov}_G(X,Y)$ = ค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะ X และ Y
 $\sigma_{G(X)}^2$ = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะ X
 $\sigma_{G(Y)}^2$ = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของลักษณะ Y

4.5 การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ (breeding value)

การวิเคราะห์คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอกและน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ตามแบบหุ่นจำลองทางสถิติสำหรับการประเมินพันธุกรรมสัตว์ ที่ 1-4 โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PigPAK 2.5 (Duangjinda *et al.*, 2005)

4.6 ค่าความแม่นยำ (accuracy)

ค่าความแม่นยำซึ่งในการประเมินพันธุกรรมด้วยเทคนิค BLUP นั้นสามารถประมาณได้จากกราฟที่สองของ reliability (R) โดยค่า reliability จะมีความเกี่ยวข้องกับความแปรปรวนของค่าความคลาดเคลื่อนจากการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ (prediction error variance, PEV) โดยค่า reliability ที่ประเมินได้มีค่าเท่ากับ

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

ดังนั้นค่าความแม่นยำมีค่าเท่ากับ

$$\text{accuracy} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_a^2}}$$

เมื่อ PEV = ความแปรปรวนของค่าความคลาดเคลื่อนจากการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์
 σ_a^2 = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมของยีน

ค่าความแม่นยำจะมีค่าอยู่ในช่วง 0-1 โดยค่าที่สูงใกล้ 1 แสดงว่าคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับคุณค่าทางพันธุกรรมที่แท้จริง (true breeding value) โดยทั่วไปค่าความแม่นยำจะขึ้นอยู่กับปัจจัยหลายประการ เช่น จำนวนข้อมูลที่น่ามาประเมิน ค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของแหล่งข้อมูลที่น่ามาประเมิน ฯลฯ เป็นต้น (มนต์ชัย, 2548)

4.7 แนวโน้มทางพันธุกรรม (genetic trend)

แนวโน้มทางพันธุกรรม คือ การเปลี่ยนแปลงคุณค่าการผสมพันธุ์ต่อหน่วยเวลา พันธุกรรมของฝูงสุกรจะมีการเปลี่ยนแปลงเนื่องจากการคัดเลือกสุกรทดแทนเป็นพ่อแม่พันธุ์ ดังนั้น กลุ่มลูกสุกรเกิดใหม่ทุก ๆ ปีจะมีพันธุกรรมที่เปลี่ยนแปลงไป การประเมินแนวโน้มทางพันธุกรรมสามารถทำได้โดยการสร้างความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากวิธี BLUP กับปีเกิดของสัตว์โดยนำมาสร้างเป็นกราฟเชิงเส้นระหว่างค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์จากสัตว์ที่ประเมินได้กับปีเกิดของตัวสัตว์ เพื่อแสดงให้เห็นการเปลี่ยนแปลงคุณค่าการผสมพันธุ์ต่อปี

ผลการทดลองและวิจารณ์

1. ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

การวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นมีจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาแยกตามลักษณะที่ศึกษาทั้งห้าลักษณะ ได้แก่ จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด (NTB) 5,828 บันทึก จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (NBA) 5,643 บันทึก จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม (NW) 6,166 บันทึก น้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอก (LBW) 5,015 บันทึก และน้ำหนักหย่านมลูกสุกรทั้งครอก (LWW) 4,087 บันทึก ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานแยกตามลักษณะและพันธุ์ลูกผสมที่เกิดจากการใช้พ่อพันธุ์แลนด์เรซผสมกับแม่พันธุ์ลาร์จไวท์ (Landrace x Large White, LY) และเกิดจากการใช้พ่อพันธุ์ลาร์จไวท์ผสมกับแม่พันธุ์แลนด์เรซ (Large White x Landrace, YL) ดังแสดงในตารางที่ 7

1.1 ค่าเฉลี่ยของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด

ค่าเฉลี่ยและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดในแม่สุกรลูกผสม LY และ YL มีค่าเท่ากับ (mean \pm SD) 12.49 ± 2.51 และ 12.45 ± 2.51 ตัว ตามลำดับ มีค่ามากกว่า ธิดา (2545) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซพบว่ามีค่าเท่ากับ 10.07 ± 3.05 และ 9.63 ± 2.96 ตัว ตามลำดับ ภาณุวัฒน์ (2549) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์แลนด์เรซและพันธุ์ลูกผสม LY และ YL พบว่ามีค่าเท่ากับ 10.07 ± 0.03 , 10.02 ± 0.03 , 10.32 ± 0.04 และ 10.24 ± 0.04 ตัว ตามลำดับ เกียรติศักดิ์ (2552) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซร่วมกับพันธุ์ลูกผสม LY และ YL พบว่ามีค่าเท่ากับ 11.15 ± 2.24 ตัว วัชรินทร์ (2554) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์ แลนด์เรซและดुरอค พบว่ามีค่าเท่ากับ 11.78 ± 2.37 , 11.81 ± 2.67 และ 10.00 ± 2.08 ตัว ตามลำดับ Arango *et al.* (2005) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าเท่ากับ 11.80 ± 3.90 ตัว Imboonta *et al.* (2007a) ศึกษาในประชากรพันธุ์แลนด์เรซ พบว่ามีค่าเท่ากับ 10.03 ± 2.64 ตัว และ Hellbrügge *et al.* (2008) ศึกษาในประชากรพันธุ์เยอรมันแลนด์เรซพบว่ามีค่าเท่ากับ 11.20 ± 3.60 ตัว ทั้งนี้อาจเนื่องจากเป็นสุกรพันธุ์ลูกผสมจึงได้รับอิทธิพลจากเฮตเทอโรซิสทำให้สามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดี อีกทั้งยังเป็นพันธุ์ลูกผสมที่ได้มาจากการผสมระหว่างพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซที่ให้ลูกตกและเลี้ยงลูกเก่ง แต่มีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Su *et al.* (2007) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซพบว่ามีค่าเท่ากับ 13.10 และ 14.30 ตัว ตามลำดับ

ตารางที่ 7 จำนวนข้อมูล (number of records; N) ค่าเฉลี่ย (mean) ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation; SD) และค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (coefficient of variation; CV) ของลักษณะขนาดครอกที่จำแนกตามพันธุ์

ลักษณะ ^{1/}	Landrace x Large White (LY)				Large White x Landrace (YL)			
	N	mean	SD	CV	N	mean	SD	CV
NTB (ตัว)	2,770	12.49	2.51	25.00	3,058	12.45	2.51	25.36
NBA (ตัว)	2,679	11.58	2.40	25.99	2,964	11.52	2.36	25.65
NW (ตัว)	2,880	9.80	1.50	27.60	3,286	9.87	1.43	20.06
LBW (กก./ครอก)	2,298	17.32	3.41	26.36	2,717	17.34	3.35	25.07
LWW (กก./ครอก)	1,821	64.88	11.06	28.90	2,266	64.52	11.07	27.54

^{1/} NTB = จำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด, NBA = จำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต, NW = จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม, LBW = น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก, LWW = น้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก

1.2 ค่าเฉลี่ยของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต

ค่าเฉลี่ยและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในแม่สุกรลูกผสม LY และ YL มีค่าเท่ากับ 11.58 ± 2.40 และ 11.52 ± 2.36 ตัว ตามลำดับ ซึ่งมีค่ามากกว่า ภาณุวัฒน์ (2549) ศึกษาในประชากรพันธุ์แท็ลาร์จไวท์ แลนด์เรซและพันธุ์ลูกผสม LY และ YL พบว่ามีค่าเท่ากับ 9.20 ± 0.03 , 9.20 ± 0.02 , 9.56 ± 0.04 และ 9.62 ± 0.04 ตามลำดับ เกียรติศักดิ์ (2552) ศึกษาในประชากรพันธุ์แท็ลาร์จไวท์และแลนด์เรซร่วมกับพันธุ์ลูกผสม LY และ YL พบว่ามีค่าเท่ากับ 10.17 ± 2.11 ตัว วัชรินทร์ (2554) ศึกษาในประชากรพันธุ์แท็ลาร์จไวท์ แลนด์เรซและครอก พบว่ามีค่าเท่ากับ 10.75 ± 2.67 , 10.81 ± 2.79 และ 9.09 ± 2.29 ตัว ตามลำดับ Imboonta *et al.* (2007b) ศึกษาในประชากรพันธุ์แท็ลนด์เรซ พบว่ามีค่าเท่ากับ 9.95 ± 2.66 ตัว และ Hellbrügge *et al.* (2008) ศึกษาในประชากรพันธุ์เยอรมันแลนด์เรซพบว่ามีค่าเท่ากับ 10.40 ± 3.40 ตัว แต่มีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Su *et al.* (2007) ในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์ (13.10 ตัว) และมีค่าใกล้เคียงกันในประชากรพันธุ์แลนด์เรซ (11.60 ตัว)

1.3 ค่าเฉลี่ยของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม

ค่าเฉลี่ย และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมในแม่สุกรลูกผสม LY และ YL มีค่าเท่ากับ 9.80 ± 1.50 และ 9.87 ± 1.43 ตัว ตามลำดับ มีค่ามากกว่าธิดา (2545) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์และแลนด์เรซพบว่า มีค่าเท่ากับ 8.96 ± 2.76 และ 8.56 ± 2.60 ตัว ตามลำดับ วัชรินทร์ (2554) ศึกษาในประชากรพันธุ์แท็ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ และคูรอก พบว่ามีค่าเท่ากับ 9.26 ± 1.94 , 9.29 ± 2.16 และ 7.52 ± 1.92 ตัว ตามลำดับ และการศึกษาของ Irgang *et al.* (1994) ในประชากรพันธุ์แท็ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ และคูรอกที่เลี้ยงในประเทศบราซิล ตามลำดับครอกที่แตกต่างกัน พบว่าลำดับครอกที่ 1 มีค่าเท่ากับ 8.62 ± 2.65 , 8.50 ± 2.47 และ 8.09 ± 2.34 ตัว ตามลำดับ ลำดับครอกที่ 2 มีค่าเท่ากับ 9.35 ± 2.74 , 9.17 ± 2.48 และ 8.65 ± 2.37 ตัว ตามลำดับ และลำดับครอกที่ 3 มีค่าเท่ากับ 9.95 ± 2.52 , 9.74 ± 2.42 และ 8.72 ± 2.38 ตัว ตามลำดับ แต่มีค่าใกล้เคียงกับการศึกษาของ Su *et al.* (2007) ในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ ซึ่งพบว่ามีค่าเท่ากับ 9.70 และ 9.80 ตัว ตามลำดับ

1.4 ค่าเฉลี่ยของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก

ค่าเฉลี่ย และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอกในแม่สุกรลูกผสม LY และ YL มีค่าเท่ากับ 17.32 ± 3.41 และ 17.34 ± 3.35 กิโลกรัม ตามลำดับ มีค่ามากกว่าการศึกษาของพรรณพงา (2543) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ คูรอก และยอร์กเชียร์ พบว่ามีค่าเท่ากับ 12.83 ± 4.40 , 14.29 ± 4.30 , 12.58 ± 4.15 , และ 13.04 ± 4.18 กิโลกรัม ตามลำดับ ธิดา (2545) ศึกษาในประชากรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ พบว่ามีค่าเท่ากับ 13.13 ± 4.07 และ 13.51 ± 4.08 กิโลกรัม ตามลำดับ ประณิธิ (2551) ศึกษาในประชากรพันธุ์เพียเทรน และลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าเท่ากับ 11.25 ± 0.13 และ 12.60 ± 0.22 กิโลกรัม ตามลำดับ แต่มีค่าน้อยกว่า Wolf *et al.* (2008) ศึกษาในประชากรพันธุ์เช็กลาร์จไวท์ พบว่ามีค่าเท่ากับ 19.30 ± 3.62 กิโลกรัม

1.5 ค่าเฉลี่ยของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก

ค่าเฉลี่ย และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในแม่สุกรลูกผสม LY และ YL มีค่าเท่ากับ 64.88 ± 11.06 และ 64.52 ± 11.07 กิโลกรัม ตามลำดับ

ตารางที่ 8 จำนวนข้อมูล (N) ค่าเฉลี่ย (mean) ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (SD) ค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (CV) ค่าเฉลี่ยลีสต์สแควร์ (least squares means; LSMEAN) ความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error; SE) อิทธิพลของปัจจัยคงที่ (fixed effects) และความแปรปรวนร่วม (covariates) ที่มีผลต่อลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกัน

ลักษณะ ^{1/} และ ลำดับครอก	N	mean	SD	CV	LSMEAN	SE	อิทธิพลของปัจจัยคงที่ ^{2/}						ความแปรปรวนร่วม ^{3/}
							BR	ระดับ	CG	ระดับ	BOAR	ระดับ	AGEF
NTB													
1	1,373	11.25	3.00	26.64	10.92	0.20	ns	2	*	46	ns	165	ns
2	1,369	11.84	3.02	25.49	11.53	0.17	ns	2	ns	47	ns	151	ns
3	1,118	12.54	3.02	24.08	12.25	0.18	ns	2	ns	35	ns	151	ns
4	877	12.78	2.99	23.40	12.48	0.21	ns	2	ns	38	ns	144	**
5	661	12.64	3.13	24.78	12.36	0.25	ns	2	ns	40	ns	119	ns
6	430	12.52	3.02	24.17	12.31	0.31	ns	2	ns	45	ns	103	ns
NBA													
1	1,334	10.68	2.90	27.13	10.33	0.19	ns	2	*	46	ns	165	ns
2	1,334	11.24	2.93	26.10	10.98	0.17	ns	2	ns	47	ns	151	ns
3	1,082	11.88	2.85	24.02	11.67	0.17	ns	2	ns	35	ns	151	ns
4	846	2.84	0.68	23.75	11.81	0.20	ns	2	ns	38	ns	144	**
5	635	11.74	2.99	25.49	11.68	0.24	ns	2	ns	40	ns	119	*
6	412	11.44	2.79	24.37	11.46	0.30	ns	2	ns	45	ns	103	ns

ตารางที่ 8 (ต่อ)

ลักษณะ ^{1/} และ ลำดับครอก	N	mean	SD	CV	LSMEAN	SE	อิทธิพลของปัจจัยคงที่ ^{2/}						ความแปรปรวนร่วม ^{3/}
							BR	ระดับ	CG	ระดับ	BOAR	ระดับ	AGEF
NW													
1	1,435	9.41	2.08	22.11	9.03	0.14	ns	2	**	46	**	165	ns
2	1,432	9.43	2.10	22.25	9.14	0.12	ns	2	**	47	**	151	ns
3	1,176	9.59	1.96	20.40	9.33	0.13	ns	2	**	35	*	151	ns
4	944	9.50	1.96	20.61	9.25	0.15	ns	2	**	38	**	144	ns
5	721	9.38	2.13	22.72	9.33	0.18	ns	2	*	40	ns	119	ns
6	458	8.94	2.19	24.54	9.11	0.22	ns	2	**	45	*	103	ns
LBW													
1	1,201	15.42	4.05	26.26	15.05	0.28	ns	2	*	46	ns	165	ns
2	1,201	17.56	4.43	25.26	17.17	0.25	ns	2	**	47	ns	151	ns
3	963	18.40	4.28	23.26	17.97	0.26	ns	2	ns	35	ns	151	ns
4	738	18.38	4.19	22.78	17.92	0.30	ns	2	ns	38	ns	144	*
5	551	17.91	4.61	25.74	17.58	0.36	ns	2	ns	40	ns	119	ns
6	361	17.23	4.09	23.77	17.08	0.45	ns	2	ns	45	ns	103	ns

ตารางที่ 8 (ต่อ)

ลักษณะ ^{1/} และ ลำดับครอก	N	mean	SD	CV	LSMEAN	SE	อิทธิพลของปัจจัยคงที่ ^{2/}						ความแปรปรวนร่วม ^{3/}
							BR	ระดับ	CG	ระดับ	BOAR	ระดับ	AGEF
LWW													
1	1,003	57.51	16.72	29.07	54.85	1.17	ns	2	**	26	**	162	ns
2	1,003	61.75	18.00	29.15	60.17	1.03	ns	2	**	26	**	141	ns
3	785	63.41	17.42	27.48	62.21	1.06	ns	2	**	25	ns	127	ns
4	606	62.17	16.56	26.64	61.23	1.24	ns	2	**	22	**	121	ns
5	434	60.30	17.48	28.98	61.20	1.50	ns	2	*	21	ns	96	ns
6	256	55.68	16.77	30.11	58.07	1.83	ns	2	**	18	ns	77	ns

^{1/} ดูตารางที่ 7

^{2/} BR = พันธุ์, CG = กลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูก, และ BOAR = พ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์

^{3/} AGFF = อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก

ns = แตกต่างอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($p > 0.05$), * = แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.05$), and ** = แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($p < 0.01$)

2. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่ศึกษา

การทดสอบปัจจัยคงที่ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ต่างกันโดยกำหนดให้ พันธุ์ กลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูก และ พ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์ ในแต่ละลำดับครอก เป็นปัจจัยคงที่ (fixed effects) ส่วนอายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูกกำหนดให้เป็น ความแปรปรวนร่วม (covariates) ดังแสดงในตารางที่ 8

2.1 ปัจจัยเนื่องจากพันธุ์

ผลการทดสอบปัจจัยเนื่องจากพันธุ์ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ต่างกันของประชากรแม่สุกรลูกผสม LY และ YL ที่ระดับเลือด 50% พบว่า อิทธิพลของพันธุ์ไม่มีผลต่อลักษณะขนาดครอกที่ศึกษาทั้งห้าลำดับครอก ($P>0.05$) ซึ่งอาจเป็นผลมาจากแม่สุกรลูกผสมทั้งสองสายพันธุ์ได้รับอิทธิพลของเฮเทอโรซีสที่ไม่แตกต่างกันทำให้มีความสามารถในการปรับตัวเข้ากับสภาวะแวดล้อมได้ใกล้เคียงกัน สอดคล้องกับการศึกษาของ ภาณุวัฒน์ (2549) พบว่าค่าเฉลี่ยระหว่างแม่สุกรลูกผสม LY และ YL ที่ระดับเลือด 50% ของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด และจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตไม่แตกต่างกัน ($P>0.05$) และมีจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตมากกว่าแม่สุกรพันธุ์แท้ทั้งลาร์จไวท์ และแลนซ์เรซ เช่นเดียวกับการศึกษาของ พัทธวี และคณะ (2550) และ Kantanamalakul *et al.*, (2007) พบว่าแม่สุกรลูกผสม LY และ YL ที่ระดับเลือด 50% มีจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดไม่แตกต่างกัน ($P>0.05$) และมีจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดมากกว่าแม่สุกรพันธุ์แท้ทั้งลาร์จไวท์ และแลนซ์เรซ ดังนั้นการสร้างสุกรสายพันธุ์ลูกผสมที่เกิดจากการใช้ลาร์จไวท์ และแลนซ์เรซเป็นพ่อหรือแม่พันธุ์ จะไม่ส่งผลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด

2.2 ปัจจัยเนื่องจากกลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูก

ผลการทดสอบอิทธิพลเนื่องจากกลุ่มการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูกที่มีอิทธิพลต่อลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ต่างกันของประชากรแม่สุกรลูกผสม LY และ YL ที่ระดับเลือด 50% พบว่า มีอิทธิพลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดและลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ($P<0.05$) ลักษณะน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 และ 2 ($P<0.05$) และลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมและลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในทุกลำดับครอก จากการศึกษาจะเห็นได้ว่าในลำดับครอกที่ 1

กลุ่มของการจัดการมีผลในทุกลักษณะที่ศึกษา เนื่องจากในลำดับครอกแรกแม่สุกรต้องมีการปรับตัวอย่างมาก และการพัฒนาระบบสืบพันธุ์ยังไม่สมบูรณ์เต็มที่ ทำให้อิทธิพลเนื่องจากการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูกส่งผลกระทบต่อทุกลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ 1 ส่วนในลำดับครอกหลัง ๆ นั้นแม่สุกรได้เคยผ่านการอู่มท้องมาแล้วทำให้สามารถปรับตัวได้ดีขึ้นและมดลูกสามารถบรรจุตัวอ่อนได้มากขึ้นทำให้อิทธิพลเนื่องจากการจัดการที่แม่สุกรคลอดลูกจึงไม่มีผลในบางลำดับครอกของลักษณะที่ศึกษา แต่อย่างไรก็ตามอิทธิพลจากสภาพอากาศ อุณหภูมิและการจัดการฟาร์มที่แตกต่างกันจะส่งผลกระทบต่อความสามารถในการเลี้ยงลูกและประสิทธิภาพทางด้านการสืบพันธุ์อุณหภูมิที่ไม่เหมาะสมมักก่อให้เกิดความเครียดในแม่สุกรอาจทำให้ความสามารถในการกินอาหารของแม่สุกรลดลงทำให้ได้รับสารอาหารไม่เพียงพอส่งผลกระทบต่อสุขภาพของแม่สุกร โดยเฉพาะระบบฮอร์โมนที่เกี่ยวข้องกับระบบสืบพันธุ์ ซึ่งมีผลต่อการตกไข่ อัตราการตายของตัวอ่อนในช่วงแรกของการอู่มท้อง จำนวนลูกตายแรกคลอด และเปอร์เซ็นต์มีนม สอดคล้องกับการศึกษาของ ปรียพันธ์ (2542); พรรณพงา (2543); ธิดา (2545); สุกัน (2545); เถลิงศักดิ์ (2546); ภาณุวัฒน์ (2549) และ วัชรวิพร (2554)

2.3 พ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์

การศึกษานิทธิพลของพ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ที่อาจจะมีผลต่อลักษณะขนาดครอกในสุกรแบ่งออกเป็น 2 ส่วนได้แก่ อัตราการผสมติด (fertilization rate) และการมีชีวิตรอดของตัวอ่อนก่อนคลอด (prenatal survival rate) (Rahnefeld and Swierstra, 1970) การศึกษาของ Soede *et al.* (1995) พบว่า การผสมในเวลาที่เหมาะสมมีความสัมพันธ์กับการตกไข่และอาจมีผลกับการมีชีวิตรอดของตัวอ่อนก่อนคลอดด้วย แม้ว่าสภาพแวดล้อมภายในมดลูกของสุกรจะมีความสำคัญอย่างมากต่อการมีชีวิตรอดของตัวอ่อน (Ashworth, 1992) ซึ่งนอกจากคุณภาพของน้ำเชื้อ (capacity or sperm quality) ยังอาจเป็นผลเนื่องมาจากพันธุกรรมของพ่อพันธุ์ที่มีผลต่อการมีชีวิตรอดของตัวอ่อนภายในมดลูกด้วย ผลการทดสอบอิทธิพลเนื่องจากความแตกต่างของพ่อพันธุ์ที่ใช้การผสมพันธุ์ในแต่ละลำดับครอกที่มีอิทธิพลต่อลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ต่างกันของประชากรแม่สุกรลูกผสม LY และ YL ที่ระดับเลือด 50% พบว่า ไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตและลักษณะน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก ($P>0.05$) แต่มีอิทธิพลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมในลำดับครอกที่ 1, 2, 3, 4, และ 6 ($P<0.05$) และลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1, 2, และ 4 ตามลำดับ ซึ่งแตกต่างจากการศึกษาของ Hanenberg *et al.* (2001) พบว่าพ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์มีอิทธิพลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดและลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต ($P<0.01$) van der Lende *et al.* (1999) รายงานว่าอาจเป็นผลที่

เกี่ยวข้องกับคุณภาพของน้ำเชื้อที่มีคุณภาพต่ำทำให้ส่งผลกระทบต่อความผันแปรของอิทธิพลของพ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์ นอกจากนี้ยังส่งผลต่อการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของอิทธิพลเนื่องจากพ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์อีกด้วย

2.4 อายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูก

ผลการทดสอบความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลเนื่องจากอายุของแม่สุกรเมื่อคลอดลูกที่มีอิทธิพลต่อลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ต่างกันของประชากรแม่สุกรลูกผสมพบว่า มีอิทธิพลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดและน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอกในลำดับครอกที่ 4 ($P < 0.05$) ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 4 และ 5 ($P < 0.05$) แต่ไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมและลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในทุกลำดับครอก แตกต่างจากการศึกษาของ เกลิงศักดิ์ (2546) รายงานว่า อิทธิพลของอายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 1 ไม่มีผลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดและจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต การศึกษาของ Koketsu and Dial (1997) รายงานว่าอายุเมื่อคลอดลูกจะส่งผลต่อลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ 1 และ 2 เท่านั้น แต่ผลจากการศึกษาในครั้งนี้ พบว่าอายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูกที่เพิ่มมากขึ้นยังส่งผลกระทบต่อลักษณะขนาดครอกในบางลักษณะที่ศึกษา และการศึกษาของ ธิดา (2545) พบว่าอิทธิพลของอายุแม่สุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 1 มีผลต่อลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต และจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม ($P < 0.05$) แต่ไม่มีผลต่อลักษณะน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก ($P > 0.05$)

3. องค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมใช้แบบหุนการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multi-trait animal model) โดยใช้วิธี REML องค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมประกอบไปด้วย ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive genetic effect variance and covariance) ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ (maternal genetic effect variance and covariance) ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominance genetic effect variance and covariance) และความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของลักษณะปรากฏ (phenotypic variance and covariance) ระหว่างลำดับครอกที่ต่างกันที่ประมาณได้จาก 4 แบบหุนดังแสดงในตารางที่ 9-12

ตารางที่ 9 ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (เส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ในวงเล็บ) ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 1

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive genetic effect variance and covariance)							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	0.30 (9.08)	-0.18	-0.12	0.18	-0.25	-0.11
	2	1.67	0.33 (9.15)	0.17	0.10	0.23	0.11
	3	1.62	1.93	0.13 (9.38)	0.02	0.18	0.10
	4	1.61	2.22	2.38	0.47 (9.03)	-0.14	-0.04
	5	1.77	1.78	2.40	2.14	0.49 (9.59)	0.24
	6	1.53	1.25	2.12	2.25	2.79	0.18 (8.88)
NBA	1	0.35 (8.51)	-0.18	-0.09	0.20	-0.17	-0.06
	2	1.34	0.30 (8.50)	0.13	0.10	0.12	0.02
	3	1.51	1.54	0.08 (8.46)	0.04	0.08	0.04
	4	1.26	1.46	1.98	0.45 (8.19)	-0.12	-0.06
	5	1.55	1.16	2.01	2.05	0.31 (8.81)	0.15
	6	1.24	0.89	1.73	1.62	2.33	0.13 (7.80)
NW	1	0.68 (4.44)	0.05	-0.13	0.21	0.11	-0.57
	2	0.27	0.06 (4.47)	0.04	0.06	0.19	0.03
	3	0.04	0.23	0.14 (3.61)	0.06	0.26	0.18
	4	-0.20	0.31	0.27	0.29 (4.08)	0.26	-0.29
	5	-0.15	-0.15	0.51	0.54	0.98 (4.67)	0.27
	6	0.06	-0.04	0.26	0.45	0.44	0.90 (5.11)
LBW	1	0.65 (16.8)	-0.42	-0.38	0.47	0.10	0.08
	2	2.49	0.45 (19.9)	0.31	-0.15	0.07	0.06
	3	2.92	3.71	0.40 (19.2)	-0.03	0.21	0.19
	4	1.92	3.18	4.95	1.35 (18.1)	0.70	0.68
	5	2.30	2.50	3.82	3.64	0.77 (17.1)	0.60
	6	2.92	2.98	4.99	5.57	6.05	0.61 (21.3)

ตารางที่ 9 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกระยะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LWW	1	4.68 (284)	-4.43	-5.35	-3.39	-5.82	-4.90
	2	32.56	4.49 (335)	5.26	3.68	5.98	5.01
	3	18.89	22.93	6.49 (288)	4.60	7.43	6.25
	4	0.46	45.13	44.77	4.60 (292)	6.04	5.12
	5	-4.52	-4.78	52.81	50.90	9.27 (313)	7.69
	6	15.97	6.09	40.57	54.52	45.27	6.53 (295)

^{1/} ดูตารางที่ 7

ตารางที่ 10 ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (เส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ในวงเล็บ) ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 2

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกระยะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	0.30 (8.93)	-0.13	-0.08	0.28	-0.25	-0.04
	2	1.61	0.48 (9.17)	0.39	0.32	0.42	0.43
	3	1.51	1.98	0.41 (9.38)	0.39	0.38	0.45
	4	1.58	2.15	2.44	1.12 (9.35)	0.27	0.58
	5	1.57	1.83	2.43	2.39	0.68 (9.61)	0.48
	6	1.30	1.22	2.14	2.44	2.71	0.66 (8.51)
NBA	1	0.36 (8.42)	-0.13	-0.05	0.30	-0.34	-0.33
	2	1.35	0.29 (8.54)	0.16	0.17	0.30	0.14
	3	1.51	1.57	0.10 (8.46)	0.12	0.15	0.06
	4	1.32	1.49	2.01	0.61 (8.33)	-0.11	-0.26
	5	1.40	1.26	2.05	2.02	0.50 (8.88)	0.33
	6	1.10	0.96	1.74	1.56	2.35	0.34 (7.80)

ตารางที่ 10 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NW	1	0.48 (3.90)	0.11	-0.10	0.12	0.17	-0.65
	2	0.51	0.09 (4.19)	0.03	0.06	0.30	-0.09
	3	0.07	0.26	0.12 (3.14)	0.08	0.28	0.12
	4	-0.29	0.36	0.22	0.24 (4.08)	0.36	-0.30
	5	-0.15	0.11	0.59	0.61	1.49 (4.83)	-0.13
	6	-0.14	-0.45	0.37	0.34	0.43	1.12 (3.86)
LBW	1	1.01 (16.2)	-0.23	-0.46	1.19	-0.83	0.01
	2	2.30	0.34 (19.7)	0.09	-0.33	-0.18	-0.13
	3	2.83	3.48	0.28 (19.0)	-0.52	0.52	0.05
	4	1.64	2.50	4.18	1.73 (17.1)	-0.65	0.37
	5	2.33	2.56	4.67	4.05	1.81 (20.9)	0.59
	6	1.88	2.01	3.35	2.37	5.32	0.64 (16.2)
LWW	1	11.4 (259)	11.10	-8.17	-4.91	-0.28	-9.81
	2	41.78	32.9 (321)	-6.51	-0.38	23.50	-8.98
	3	13.30	26.83	13.7 (267)	9.45	13.90	9.09
	4	-3.37	36.02	40.01	16.0 (284)	16.90	-0.18
	5	-4.33	-5.05	40.35	43.93	58.4 (308)	4.48
	6	11.91	-6.56	44.66	42.29	31.30	25.9 (213)
ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ (maternal genetic effect variance and covariance)							
NTB	1	0.30	-0.13	-0.08	0.28	-0.25	-0.04
	2	-	0.48	0.39	0.32	0.42	0.43
	3	-	-	0.41	0.39	0.38	0.45
	4	-	-	-	1.12	0.27	0.58
	5	-	-	-	-	0.68	0.48
	6	-	-	-	-	-	0.66

ตารางที่ 10 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของแม่							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NBA	1	0.30	0.03	0.02	0.24	-0.03	-0.12
	2	-	0.03	0.02	0.02	0.06	0.05
	3	-	-	0.04	0.02	0.07	0.05
	4	-	-	-	0.20	-0.03	-0.09
	5	-	-	-	-	0.33	0.29
	6	-	-	-	-	-	0.32
NW	1	0.70	-0.31	-0.05	0.20	-0.10	-0.56
	2	-	0.32	0.02	-0.09	-0.16	0.45
	3	-	-	0.66	0.18	0.32	-0.01
	4	-	-	-	0.16	0.17	-0.16
	5	-	-	-	-	0.93	-0.28
	6	-	-	-	-	-	2.94
LBW	1	0.63	0.23	-0.05	0.27	0.03	0.16
	2	-	0.30	0.21	0.38	0.49	0.51
	3	-	-	0.49	0.55	0.90	0.73
	4	-	-	-	2.11	0.95	1.30
	5	-	-	-	-	2.19	1.67
	6	-	-	-	-	-	1.65
LWW	1	20.80	-8.86	5.79	3.06	-0.22	4.34
	2	-	14.10	-5.36	3.12	0.14	6.64
	3	-	-	17.00	2.08	4.90	-6.14
	4	-	-	-	9.33	0.57	8.31
	5	-	-	-	-	8.12	-0.94
	6	-	-	-	-	-	59.40

^{1/} ดูตารางที่ 7

ตารางที่ 11 ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (เส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ในวงเล็บ) ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 3

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	0.23 (11.2)	0.59	0.64	0.60	0.66	0.66
	2	7.42	1.56 (25.3)	1.70	1.57	1.75	1.74
	3	7.55	18.53	1.87 (26.7)	1.73	1.92	1.90
	4	7.10	17.52	18.51	1.62 (24.8)	1.78	1.77
	5	7.66	18.23	19.69	18.68	2.00 (27.0)	1.97
	6	7.28	17.38	19.12	18.41	19.89	1.98 (25.8)
NBA	1	0.19 (10.4)	0.46	0.50	0.45	0.45	0.50
	2	6.55	1.16 (23.1)	1.27	1.13	1.13	1.24
	3	6.94	16.55	1.40 (24.2)	1.24	1.25	1.37
	4	6.18	14.86	16.11	1.11 (21.7)	1.11	1.21
	5	6.34	14.18	15.78	15.13	1.12 (21.5)	1.22
	6	6.42	15.44	17.10	15.77	16.10	1.35 (23.2)
NW	1	0.10 (4.43)	0.01	-0.03	0.02	-0.02	-0.01
	2	0.27	0.09 (4.48)	0.01	0.03	-0.03	0.04
	3	0.04	0.24	0.07 (3.61)	0.01	0.01	-0.02
	4	-0.21	0.32	0.26	0.05 (4.07)	-0.01	0.01
	5	-0.16	-0.15	0.51	0.54	0.10 (4.66)	0.03
	6	0.05	-0.06	0.24	0.41	0.38	0.21 (5.19)
LBW	1	0.10 (17.5)	0.10	0.65	0.57	0.64	0.61
	2	3.48	0.14 (21.4)	0.81	0.71	0.81	0.76
	3	8.70	11.64	5.52 (64.7)	4.80	5.48	5.16
	4	6.81	9.84	43.24	4.24 (52.5)	4.80	4.52
	5	8.05	10.34	46.96	41.80	5.48 (60.8)	5.16
	6	7.15	9.79	44.75	39.41	45.16	4.92 (55.7)

ตารางที่ 11 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LWW	1	1.22 (284)	0.35	-0.02	0.53	-0.02	0.51
	2	32.55	1.56 (335)	-0.18	0.34	0.19	0.82
	3	18.98	23.19	1.11 (288)	0.21	0.78	0.20
	4	0.46	45.49	44.73	1.37 (293)	0.61	1.09
	5	-4.68	-5.48	52.94	51.08	1.56 (314)	0.95
	6	16.45	4.53	37.99	49.52	37.84	2.60 (294)
ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominance genetic effect variance and covariance)							
NTB	1	0.61	1.08	1.14	1.06	1.14	1.22
	2	-	2.80	2.80	2.54	2.72	2.76
	3	-	-	3.12	2.78	3.00	2.90
	4	-	-	-	2.76	2.80	2.72
	5	-	-	-	-	3.26	2.94
	6	-	-	-	-	-	3.32
NBA	1	0.58	1.03	1.06	0.93	0.94	1.07
	2	-	2.58	2.56	2.18	2.14	2.30
	3	-	-	2.80	2.38	2.36	2.44
	4	-	-	-	2.22	2.08	2.12
	5	-	-	-	-	2.26	2.18
	6	-	-	-	-	-	2.60
NW	1	0.31	0.04	-0.11	0.07	-0.07	0.00
	2	-	0.30	0.04	0.09	-0.09	0.16
	3	-	-	0.22	0.02	0.01	-0.08
	4	-	-	-	0.11	-0.04	0.04
	5	-	-	-	-	0.28	0.12
	6	-	-	-	-	-	0.62

ตารางที่ 11 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามกันของยีน							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LBW	1	0.58	0.29	0.86	0.79	0.87	0.90
	2	-	0.55	1.14	0.91	1.07	1.03
	3	-	-	7.20	6.04	6.60	6.16
	4	-	-	-	5.72	5.68	5.46
	5	-	-	-	-	6.96	6.10
	6	-	-	-	-	-	6.24
LWW	1	3.66	1.27	-0.17	1.78	-0.01	2.02
	2	-	4.60	-0.67	1.26	0.74	3.11
	3	-	-	3.27	0.78	2.62	0.88
	4	-	-	-	3.87	2.14	4.01
	5	-	-	-	-	4.66	3.47
	6	-	-	-	-	-	8.26

^{1/} ดูตารางที่ 7

ตารางที่ 12 ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (เส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ในวงเล็บ) ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 4

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	0.04(888)	0.01	0.01	0.02	0.02	0.04
	2	1.64	0.02(893)	0.00	0.00	-0.01	0.01
	3	1.56	1.86	0.02(920)	0.02	0.02	0.01
	4	1.52	2.02	2.31	0.04(900)	0.03	0.01
	5	1.71	1.71	2.34	2.33	0.06(944)	0.02
	6	1.47	1.06	2.09	2.28	2.70	0.08(847)

ตารางที่ 12 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NBA	1	0.04 (8.33)	0.01	0.00	0.00	0.02	0.03
	2	1.32	0.02 (8.34)	0.01	0.00	0.00	0.01
	3	1.48	1.49	0.01 (8.30)	0.01	0.01	0.00
	4	1.22	1.41	1.93	0.02 (8.09)	0.01	0.00
	5	1.51	1.12	1.94	2.01	0.03 (8.64)	0.02
	6	1.23	0.86	1.72	1.61	2.29	0.05 (7.62)
NW	1	0.05 (3.89)	0.02	-0.02	0.01	-0.02	0.00
	2	0.46	0.05 (4.17)	0.01	0.02	-0.01	0.01
	3	0.04	0.27	0.03 (3.24)	0.00	0.00	-0.01
	4	-0.31	0.34	0.21	0.03 (3.94)	-0.01	0.00
	5	-0.24	-0.02	0.50	0.49	0.05 (4.35)	0.01
	6	0.06	-0.36	0.40	0.41	0.45	0.07 (3.40)
LBW	1	0.09 (16.2)	0.03	0.00	0.02	0.03	0.06
	2	2.43	0.04 (19.4)	0.00	-0.01	-0.01	0.02
	3	2.99	3.44	0.03 (18.7)	0.02	0.02	0.00
	4	1.73	2.80	4.54	0.09 (17.2)	-0.01	0.02
	5	2.82	2.69	4.57	4.94	0.16 (20.5)	0.06
	6	2.19	2.08	3.39	2.97	5.38	0.10 (16.1)
LWW	1	1.12 (263)	0.65	-0.06	0.68	0.10	0.65
	2	43.29	1.49 (316)	-0.11	0.40	0.19	0.75
	3	15.16	27.98	0.86 (272)	0.15	0.68	0.23
	4	1.57	39.41	42.12	1.42 (283)	0.59	0.99
	5	-3.06	-7.93	46.27	45.14	1.43 (301)	0.88
	6	18.62	2.91	44.96	47.29	37.87	1.80 (218)

ตารางที่ 12 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของแม่							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	0.21	0.05	0.08	0.05	0.06	0.04
	2	-	0.23	0.08	0.11	0.07	0.20
	3	-	-	0.21	0.09	0.10	0.08
	4	-	-	-	0.16	0.07	0.14
	5	-	-	-	-	0.20	0.12
	6	-	-	-	-	-	0.51
NBA	1	0.19	0.03	0.04	0.04	0.04	-0.01
	2	-	0.17	0.06	0.05	0.05	0.05
	3	-	-	0.18	0.05	0.09	0.03
	4	-	-	-	0.12	0.05	0.03
	5	-	-	-	-	0.20	0.06
	6	-	-	-	-	-	0.23
NW	1	0.11	-0.04	0.00	0.02	0.02	0.00
	2	-	0.06	-0.01	-0.01	-0.03	0.06
	3	-	-	0.08	0.01	0.00	-0.03
	4	-	-	-	0.03	0.01	0.00
	5	-	-	-	-	0.06	-0.02
	6	-	-	-	-	-	0.37
LBW	1	0.38	0.05	-0.02	0.13	0.03	0.02
	2	-	0.34	0.17	0.25	0.21	0.29
	3	-	-	0.38	0.26	0.29	0.28
	4	-	-	-	0.61	0.38	0.44
	5	-	-	-	-	0.59	0.44
	6	-	-	-	-	-	0.69

ตารางที่ 12 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลของแม่							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LWW	1	4.30	-2.12	0.72	-0.25	-0.33	-0.52
	2	-	3.84	-0.95	1.21	0.40	0.37
	3	-	-	3.26	0.54	1.33	-1.24
	4	-	-	-	2.00	1.14	0.52
	5	-	-	-	-	2.80	-0.13
	6	-	-	-	-	-	15.38
ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามกันของอื่น							
NTB	1	0.32	0.06	0.09	0.18	0.20	0.43
	2	-	0.13	0.02	0.00	-0.07	0.10
	3	-	-	0.16	0.18	0.19	0.04
	4	-	-	-	0.35	0.31	0.12
	5	-	-	-	-	0.53	0.17
	6	-	-	-	-	-	0.79
NBA	1	0.35	0.13	0.03	0.02	0.16	0.34
	2	-	0.18	0.06	0.02	0.04	0.09
	3	-	-	0.09	0.06	0.07	-0.01
	4	-	-	-	0.11	0.04	-0.04
	5	-	-	-	-	0.23	0.15
	6	-	-	-	-	-	0.46
NW	1	0.08	0.04	-0.03	0.03	-0.04	0.00
	2	-	0.09	0.01	0.04	-0.03	0.01
	3	-	-	0.05	0.00	0.01	-0.01
	4	-	-	-	0.05	-0.02	0.00
	5	-	-	-	-	0.09	0.03
	6	-	-	-	-	-	0.09

ตารางที่ 12 (ต่อ)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามกันของยีน							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LBW	1	0.30	0.08	-0.01	0.09	0.14	0.22
	2	-	0.08	0.00	-0.01	0.06	0.07
	3	-	-	0.05	0.03	0.03	-0.01
	4	-	-	-	0.22	-0.05	0.05
	5	-	-	-	-	0.45	0.21
	6	-	-	-	-	-	0.28
LWW	1	4.56	3.60	-0.47	3.08	0.65	3.40
	2	-	6.30	-0.63	2.34	1.05	3.98
	3	-	-	3.64	1.04	3.58	1.54
	4	-	-	-	5.26	3.12	4.78
	5	-	-	-	-	6.38	4.52
	6	-	-	-	-	-	7.48

^{1/} ดูตารางที่ 7

4. ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะที่ศึกษา

4.1 ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยแบบหุ่่นต่างๆ

การศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะในลำดับครอกที่ต่างกันทั้งหมด 6 ลำดับครอกโดยใช้แบบหุ่่นที่ต่างกัน 4 แบบหุ่่นดังแสดงในตารางที่ 13-18

4.1.1 จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากแบบหุ่่นที่ 1 มีค่าเท่ากับ 0.033, 0.036, 0.014, 0.052, 0.051 และ 0.020 ตามลำดับแบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.033, 0.052, 0.043, 0.120, 0.070 และ 0.078 ตามลำดับแบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.021, 0.061, 0.070, 0.065, 0.074 และ 0.077 ตามลำดับและแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.004, 0.002, 0.002, 0.005, 0.007 และ 0.010 ตามลำดับ มีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Jorgensen (1989) และ Rydhmer *et al.* (1992) ในประชากรสุกรพันธุ์แลนด์เรซ และยอร์กเชียร์ตามลำดับ พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.43-0.33 แต่มีค่าใกล้เคียงกับการศึกษาในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ ซึ่งพบว่ามีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.01-0.27 (เกียรติศักดิ์, 2552; วัชรวิพร, 2554; ภาณุวัฒน์, 2549; ธิดา, 2545; พรพรรณ, 2545; Irgang *et al.*, 1994; Alfonso *et al.*, 1997; Hanenberg *et al.*, 2001; Hellbrügge *et al.*, 2008; Wolf *et al.*, 2008; Su. *et al.*, 2007)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ในแบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.033, 0.031, 0.034, 0.047, 0.058 และ 0.139 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.023, 0.026, 0.023, 0.018, 0.022 และ 0.060 ตามลำดับ มีค่าสูงกว่าการศึกษาของ Jorgensen (1989) ในสุกรพันธุ์แลนด์เรซพบว่ามีค่าเท่ากับ 0.27 แต่สอดคล้องกับการศึกษาในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซที่พบว่ามีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.00-0.12 (พรพรรณ, 2545; Irgang *et al.*, 1994; Alfonso *et al.*, 1997)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของฮีนในแบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.055, 0.111, 0.117, 0.112, 0.121 และ 0.129 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.036, 0.015, 0.017, 0.039, 0.056 และ 0.093 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าสูงกว่าการศึกษาของ เถลิงศักดิ์ (2546) และ ภาณุวัฒน์ (2549) ในประชากรของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ และสุกรลูกผสมระหว่าง

พันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซที่พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.02-0.04 แต่มีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Ishida *et al.* (2001) ในประชากรสุกรพันธุ์แลนด์เรซ มีค่าเท่ากับ 0.20

4.1.2 จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากแบบหุ่่นที่ 1 มีค่าเท่ากับ 0.042, 0.035, 0.010, 0.055, 0.035 และ 0.017 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.042, 0.034, 0.011, 0.073, 0.056 และ 0.044 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.018, 0.050, 0.058, 0.051, 0.052 และ 0.058 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.005, 0.003, 0.002, 0.002, 0.004 และ 0.007 ตามลำดับ สอดคล้องกับการศึกษาในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซที่พบว่ามีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.01-0.16 (เกียรติกศักดิ์, 2552; ประณีธิ, 2551; ภาณุวัฒน์, 2549; ชิดา, 2545; พรพรรณ, 2545; Hanenberg *et al.*, 2001; Hamann *et al.*, 2004; Holm *et al.*, 2005; Wolf *et al.*, 2008; Wolf *et al.*, 2005; Kapell *et al.*, 2009; Suwanasopee *et al.*, 2005; Hellbrugge *et al.*, 2008; Su *et al.*, 2007; Pholsing *et al.*, 2009)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ในแบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.036, 0.004, 0.004, 0.024, 0.037 และ 0.041 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.023, 0.020, 0.021, 0.014, 0.023 และ 0.030 ตามลำดับ มีค่าต่ำกว่าการศึกษาในสุกรพันธุ์แลนด์เรซของ Holm *et al.* (2005) และ Jorgensen (1989) มีค่าเท่ากับ 0.15 และ 0.27 ตามลำดับ แต่มีค่าใกล้เคียงกับการศึกษาในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซที่พบว่ามีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.00-0.05 (ชิดา, 2545; พรพรรณ, 2545; Alfonso *et al.*, 1997; Roehe and Kennedy, 1995; Irgang *et al.*, 1994)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีนในแบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.056, 0.112, 0.116, 0.102, 0.105 และ 0.112 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.042, 0.022, 0.011, 0.014, 0.027 และ 0.060 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าสูงกว่าการศึกษาของเถลิงศักดิ์ (2546) และภาณุวัฒน์ (2549) ในประชากรของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ และสุกรลูกผสมระหว่างพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซที่พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.01-0.04

4.1.3 จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากแบบหุ่่นที่ 1 มีค่าเท่ากับ 0.152, 0.013, 0.038, 0.072, 0.209 และ 0.177 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.123, 0.022, 0.039, 0.059, 0.309 และ 0.291 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.024, 0.021, 0.020, 0.012, 0.021 และ 0.041 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.012, 0.012, 0.010, 0.009, 0.012 และ 0.020 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับการศึกษาของ วัชรวิพร (2554) สุกรพันธุ์คูรอก แลนด์เรซ และลาร์จไวท์มีค่าอยู่ในช่วง 0.06-0.39 และการศึกษาในประชากรพันธุ์แท้ของสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซที่พบว่ามีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.00-0.31 (ธิดา, 2545; พรพรรณ, 2545; Irgang *et al.*, 1994; Chen *et al.*, 2003; Nakavisut *et al.*, 2006; Chimonyo *et al.*, 2008; Su *et al.*, 2007; Wolf *et al.*, 2008; Roehe *et al.*, 2009)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ในแบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.178, 0.075, 0.212, 0.039, 0.192 และ 0.162 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.028, 0.015, 0.023, 0.007, 0.015 และ 0.109 ตามลำดับ สอดคล้องกับการศึกษาของ Irgang *et al.* (1994) และ Jorgensen (1989) ในประชากรพันธุ์คูรอก และแลนด์เรซพบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.13-0.20 และการศึกษาในสุกรพันธุ์แท้ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซซึ่งพบว่ามีค่าต่ำโดยมีค่าอยู่ในช่วง 0.00-0.10 (ธิดา, 2545; พรพรรณ, 2545; Southwood and Kennedy, 1990; Roehe and Kennedy, 1995; Irgang *et al.*, 1994) ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีนในแบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.070, 0.067, 0.061, 0.028, 0.060 และ 0.119 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.021, 0.021, 0.017, 0.012, 0.020 และ 0.027 ตามลำดับ

4.1.4 น้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอก

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากแบบหุ่่นที่ 1 มีค่าเท่ากับ 0.039, 0.023, 0.021, 0.075, 0.045 และ 0.029 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.063, 0.017, 0.015, 0.101, 0.087 และ 0.040 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.006, 0.007, 0.085, 0.081, 0.090 และ 0.088 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.005, 0.002, 0.002, 0.005, 0.008 และ 0.006 ตามลำดับ มีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ พรพรรณ (2545) ศึกษาในสุกรพันธุ์คูรอก ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซพบว่ามีค่าเท่ากับ 0.30 แต่มี

ใกล้เคียงกับการศึกษาในสุกรพันธุ์แลนด์เรซ และลาร์จไวท์พบว่ามีความอยู่ในช่วง 0.01-0.20 (ธิดา, 2545; พรพรรณ, 2545; พรณพงา, 2543; ประณีธิ, 2551; Wolf *et al.*, 2008; Roche *et al.*, 2009)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ในแบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.039, 0.026, 0.026, 0.123, 0.029 และ 0.102 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.024, 0.017, 0.021, 0.035, 0.105 และ 0.043 ตามลำดับ มีค่าสูงกว่าการศึกษาของ ธิดา (2545) และ พรพรรณ (2545) ในสุกรพันธุ์ครอก ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซ พบว่ามีความอยู่ในช่วง 0.01-0.02 ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีนในแบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.033, 0.026, 0.111, 0.109, 0.115 และ 0.112 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.018, 0.004, 0.003, 0.013, 0.022 และ 0.017 ตามลำดับ

4.1.5 น้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักหย่านมลูกสุกรทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากแบบหุ่่นที่ 1 มีค่าเท่ากับ 0.017, 0.013, 0.023, 0.016, 0.030 และ 0.022 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.044, 0.102, 0.051, 0.056, 0.190 และ 0.122 ตามลำดับ แบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.004, 0.005, 0.004, 0.005, 0.005 และ 0.009 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.004, 0.005, 0.003, 0.005, 0.005 และ 0.008 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Chimonyo *et al.* (2008) ในสุกรพันธุ์แท้ Mukota พบว่ามีความเท่ากับ 0.149 ± 0.118 ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ในแบบหุ่่นที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.279, 0.026, 0.033, 0.064, 0.044 และ 0.080 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.070, 0.009, 0.007, 0.012, 0.012 และ 0.016 ตามลำดับ และค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มกันของยีนในแบบหุ่่นที่ 3 มีค่าเท่ากับ 0.013, 0.014, 0.011, 0.013, 0.015 และ 0.028 ตามลำดับ และแบบหุ่่นที่ 4 มีค่าเท่ากับ 0.017, 0.021, 0.013, 0.019, 0.021 และ 0.034 ตามลำดับ

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสมที่ประมาณได้จากทุกแบบหุ่่นของลักษณะขนาดครอกทุกลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าต่ำกว่า ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนไม่สามารถจำแนกแหล่งความแปรปรวนได้อย่างครบถ้วน ซึ่งส่งผลให้ความแปรปรวนจากความคลาดเคลื่อนมีค่าสูงขึ้นทำให้ลักษณะที่ศึกษามีค่าอัตราพันธุกรรมที่ต่ำ (เกียรตีสักดิ์, 2552) ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ แสดงให้เห็นว่าการแสดงออกของลักษณะที่ศึกษามีอิทธิพลมาจากสิ่งแวดล้อมเป็นสำคัญ

(สมชัย, 2549) ดังนั้นการปรับปรุงลักษณะดังกล่าวควรทำโดยการคัดเลือกด้วยวิธีประเมิน พันธุกรรมร่วมกับการจัดการสภาพแวดล้อมอย่างเหมาะสม ความแตกต่างของค่าอัตราพันธุกรรม ในแต่ละลำดับครอกแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างเนื่องจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่ได้ จากการถ่ายทอดระหว่างลำดับครอกในช่วงของอายุการสืบพันธุ์ (reproductive lifespan) ของแม่สุกร (Noguera *et al.*, 2002)

ผลการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ที่มีต่อลักษณะขนาด ครอกทุกลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 สำหรับแบบหุ่้นที่ 2 และแบบหุ่้นที่ 4 พบว่ามีค่า ก่อนข้างสูงเมื่อเปรียบเทียบกับค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมแสดง ให้ถึงเห็นความสำคัญของค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่กับการปรับปรุงลักษณะ ขนาดครอก แต่อย่างไรก็ตาม Southwood and Kennedy (1991) ได้ศึกษาด้วยการจำลองข้อมูลใน สุกรพบว่าการประมาณค่าอิทธิพลของแม่จะมีความน่าเชื่อถือได้นั้นต้องใช้จำนวนข้อมูลที่ เหมาะสมคือ 5 ชั่วโมงจึงจะมากพอที่จะจำแนกอิทธิพลของแม่ได้ ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพล ของแม่และอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม ($r(a, m)$) มีค่าอยู่ในช่วง -0.01 ถึง 0.58 แสดงให้เห็น ว่าการคัดเลือกด้วยการประมาณค่าการผสมพันธุ์ซึ่งพิจารณาอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเพียง อย่างเดียวอาจส่งผลกระทบต่ออิทธิพลของแม่เนื่องมาจากปัจจัยของการแสดงผลร่วมกัน (confound) ระหว่างอิทธิพลของแม่ และอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมสอดคล้องกับการศึกษา ของ Rothe and Kennedy (1993)

การศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามกันของยีนของลักษณะ ขนาดครอกทุกลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 สำหรับแบบหุ่้นที่ 2 และแบบหุ่้นที่ 4 พบว่า มีค่าสูง เนื่องจากการประเมินพันธุกรรมของสัตว์ลูกผสมนั้นจำเป็นต้องพิจารณาเฮเทอโรซิส และ ความแตกต่างของความแปรปรวนระหว่างพันธุ์ (Swan and Kinghorn, 1992) ซึ่งจะพิจารณาความ แปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างลูกผสมกับพันธุ์แท้ในแต่ละพันธุ์โดยที่ความแปรปรวนทาง พันธุกรรมในลูกผสมจะพิจารณาในส่วนที่ถูกถ่ายทอดมาจากพ่อแม่โดยใช้แบบหุ่้นลูกผสม (crossbred model) วิธีการนี้จะทำให้การประเมินพันธุกรรมในสัตว์ลูกผสมมีความแม่นยำมากขึ้น (Lo *et al.*, 1997) แต่เนื่องจากแบบหุ่้นที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้จะพิจารณาความสัมพันธ์แบบลูกร่วม พ่อแม่เดียวกัน (full sib) โดยจะคำนวณความสัมพันธ์ระหว่าง paternal subclass แล้วจึงคำนวณหา ส่วนกลับของเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์เนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามของยีนซึ่งเสนอโดย Hoeschele and Van Raden (1991) โดยรูปแบบของแบบหุ่้นในการศึกษาครั้งนี้จะไม่ถูกปรับด้วย ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างลูกผสมกับพันธุ์แท้เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาไม่

มีส่วนของข้อมูลพ่อแม่พันธุ์แท้จึงทำให้ค่าอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีนที่ได้มีค่าสูงกว่าความเป็นจริง (overestimated) สังเกตได้จากสัดส่วนระหว่างค่าอิทธิพลเนื่องจากการข่มกันของยีนต่อค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม (d^2/h_a^2) มีสัดส่วนที่สูงมาก (1.93 - 9.20) และอาจเป็นผลมาจากความสัมพันธ์แบบลูกร่วมพ่อแม่เดียวกันมีไม่เพียงพอเพราะต้องใช้เป็นจำนวนมาก (Culbertson *et al.*, 1998)



ตารางที่ 13 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 1 จากแบบหุ่นต่าง ๆ

ลักษณะ ^{1/}	แบบหุ่น ^{2/}	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ^{3/}						
		h_a^2	h_m^2	$r(a, m)$	d^2	d^2/h_a^2	v_e	-2logL
NTB	1	0.033	-	-	-	-	8.78	24,676.4
	2	0.033	0.033	-0.52	-	-	8.64	25,152.7
	3	0.021	-	-	0.055	2.63	10.3	30,542.9
	4	0.004	0.023	-0.02	0.036	8.98	8.31	25,225.5
NBA	1	0.042	-	-	-	-	8.15	24,569.1
	2	0.042	0.036	-0.68	-	-	8.07	24,565.3
	3	0.018	-	-	0.056	3.14	9.64	29,965.5
	4	0.005	0.023	-0.02	0.042	9.20	7.75	24,641.0
NW	1	0.152	-	-	-	-	3.76	19,226.2
	2	0.123	0.178	-0.29	-	-	3.42	19,196.1
	3	0.024	-	-	0.070	2.95	4.01	19,286.7
	4	0.012	0.028	-0.01	0.021	1.70	3.65	19,289.9
LBW	1	0.039	-	-	-	-	16.1	30,825.7
	2	0.063	0.039	-0.04	-	-	15.2	30,186.8
	3	0.006	-	-	0.033	5.75	16.9	35,284.0
	4	0.005	0.024	-0.01	0.018	3.32	15.4	30,885.9
LWW	1	0.017	-	-	-	-	280	51,617.7
	2	0.044	0.080	0.28	-	-	248	51,584.7
	3	0.004	-	-	0.013	3.00	280	51,634.2
	4	0.004	0.016	-0.01	0.017	4.06	253	51,634.4

^{1/} ตารางที่ 7

^{2/} 1 = แบบหุ่นที่ไม่ได้พิจารณาอิทธิพลของแม่, 2 = แบบหุ่นที่พิจารณาอิทธิพลของแม่, 3 = แบบหุ่นที่พิจารณาอิทธิพลแบบข่มกันของยีน, 4 = แบบหุ่นที่พิจารณาอิทธิพลของแม่ และอิทธิพลแบบข่มกันของยีน

^{3/} h_a^2 = direct additive heritability, h_m^2 = maternal heritability, $r(a, m)$ = correlation between direct additive and maternal effects, d^2 = dominance effect, d^2/h_a^2 = proportion of direct additive variance attributable to dominance variance, v_e = residual variance, and -2logL = -2log likelihood

ตารางที่ 14 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 2 จากแบบหุ่นต่าง ๆ

ลักษณะ ^{1/}	แบบหุ่น ^{2/}	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ^{3/}					
		h_a^2	h_m^2	$r(a,m)$	d^2	d^2/h_a^2	v_e
NTB	1	0.036	-	-	-	-	8.82
	2	0.052	0.031	-0.81	-	-	8.69
	3	0.061	-	-	0.111	1.80	21.0
	4	0.002	0.026	-0.02	0.015	6.57	8.55
NBA	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
NW	1	0.013	-	-	-	-	4.42
	2	0.022	0.075	-0.17	-	-	4.10
	3	0.021	-	-	0.067	3.15	4.09
	4	0.012	0.015	-0.02	0.021	1.72	3.97
LBW	1	0.023	-	-	-	-	19.5
	2	0.017	0.026	-0.32	-	-	19.7
	3	0.007	-	-	0.026	3.85	20.7
	4	0.002	0.017	-0.01	0.004	2.06	19.0
LWW	1	0.013	-	-	-	-	331
	2	0.102	0.044	0.02	-	-	288
	3	0.005	-	-	0.014	2.95	329
	4	0.005	0.012	-0.02	0.021	4.23	305

^{1/2,3/} ดูตารางที่ 13

หมายเหตุ ค่า $-2\log L$ ดูตารางที่ 13 เนื่องจากนำข้อมูลเข้าวิเคราะห์พร้อมกันทั้งหกลำดับครอก โดยใช้ Multi-trait animal model

ตารางที่ 15 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 3 จากแบบหุ่นต่าง ๆ

ลักษณะ ^{1/}	แบบหุ่น ^{2/}	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ^{3/}					
		h_a^2	h_m^2	$r(a,m)$	d^2	d^2/h_a^2	v_e
NTB	1	0.014	-	-	-	-	9.26
	2	0.043	0.034	-0.83	-	-	8.97
	3	0.070	-	-	0.117	1.67	21.7
	4	0.002	0.023	-0.02	0.017	7.19	8.81
NBA	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
NW	1	0.038	-	-	-	-	3.47
	2	0.039	0.212	-0.66	-	-	3.02
	3	0.020	-	-	0.061	3.04	3.32
	4	0.010	0.023	-0.02	0.017	1.65	3.08
LBW	1	0.021	-	-	-	-	18.9
	2	0.015	0.026	-0.57	-	-	18.7
	3	0.085	-	-	0.111	1.30	52.0
	4	0.002	0.021	-0.01	0.003	1.77	18.2
LWW	1	0.023	-	-	-	-	282
	2	0.051	0.064	0.32	-	-	253
	3	0.004	-	-	0.011	2.95	284
	4	0.003	0.012	-0.02	0.013	4.21	264

^{1/2,3/} ดูตารางที่ 13

หมายเหตุ ค่า $-2\log L$ ดูตารางที่ 13 เนื่องจากนำข้อมูลเข้าวิเคราะห์พร้อมกันทั้งหกลำดับครอก โดยใช้ Multi-trait animal model

ตารางที่ 16 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 4 จากแบบหุ่นต่าง ๆ

ลักษณะ ^{1/}	แบบหุ่น ^{2/}	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ^{3/}					
		h_a^2	h_m^2	$r(a,m)$	d^2	d^2/h_a^2	v_e
NTB	1	0.052	-	-	-	-	8.56
	2	0.120	0.047	-0.92	-	-	8.23
	3	0.065	-	-	0.112	1.71	20.4
	4	0.005	0.018	-0.03	0.039	7.94	8.45
NBA	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
NW	1	0.072	-	-	-	-	3.79
	2	0.059	0.039	-0.89	-	-	3.84
	3	0.012	-	-	0.028	2.37	3.91
	4	0.009	0.007	-0.03	0.012	1.32	3.83
LBW	1	0.075	-	-	-	-	16.8
	2	0.101	0.123	-0.59	-	-	15.4
	3	0.081	-	-	0.109	1.35	42.5
	4	0.005	0.035	-0.02	0.013	2.62	16.3
LWW	1	0.016	-	-	-	-	287
	2	0.056	0.033	-0.10	-	-	268
	3	0.005	-	-	0.013	2.82	287
	4	0.005	0.007	-0.02	0.019	3.70	274

^{1/2,3/} ดูตารางที่ 13

หมายเหตุ ค่า $-2\log L$ ดูตารางที่ 13 เนื่องจากนำข้อมูลเข้าวิเคราะห์พร้อมกันทั้งหกลำดับครอกโดยใช้ Multi-trait animal model

ตารางที่ 17 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 5 จากแบบหุ่นต่าง ๆ

ลักษณะ ^{1/}	แบบหุ่น ^{2/}	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ^{3/}					
		h_a^2	h_m^2	$r(a,m)$	d^2	d^2/h_a^2	v_e
NTB	1	0.051	-	-	-	-	9.11
	2	0.070	0.058	-0.90	-	-	8.93
	3	0.074	-	-	0.121	1.63	21.8
	4	0.007	0.022	-0.03	0.056	8.19	8.64
NBA	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
NW	1	0.209	-	-	-	-	3.69
	2	0.309	0.192	-0.90	-	-	3.34
	3	0.021	-	-	0.060	2.88	4.28
	4	0.012	0.015	-0.02	0.020	1.60	4.15
LBW	1	0.045	-	-	-	-	16.3
	2	0.087	0.105	-0.89	-	-	19.1
	3	0.090	-	-	0.115	1.27	48.3
	4	0.008	0.029	-0.03	0.022	2.87	19.3
LWW	1	0.030	-	-	-	-	304
	2	0.190	0.026	-0.06	-	-	250
	3	0.005	-	-	0.015	2.99	308
	4	0.005	0.009	-0.02	0.021	4.46	290

^{1/2,3/} ดูตารางที่ 13

หมายเหตุ ค่า $-2\log L$ ดูตารางที่ 13 เนื่องจากนำข้อมูลเข้าวิเคราะห์พร้อมกันทั้งหกลำดับครอก โดยใช้ Multi-trait animal model

ตารางที่ 18 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW ในลำดับครอกที่ 6 จากแบบหุ่นต่าง ๆ

ลักษณะ ^{1/}	แบบหุ่น ^{2/}	ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ^{3/}					
		h_a^2	h_m^2	$r(a,m)$	d^2	d^2/h_a^2	v_e
NTB	1	0.020	-	-	-	-	8.69
	2	0.078	0.139	-0.88	-	-	7.85
	3	0.077	-	-	0.129	1.68	20.5
	4	0.010	0.060	-0.03	0.093	9.26	7.09
NBA	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	-0.003	0.060	9.04	6.89
NW	1	0.177	-	-	-	-	4.21
	2	0.291	0.162	-0.87	-	-	2.73
	3	0.041	-	-	0.119	2.90	4.36
	4	0.020	0.109	-0.01	0.027	1.32	2.87
LBW	1	0.029	-	-	-	-	20.7
	2	0.040	0.102	-0.74	-	-	15.6
	3	0.088	-	-	0.112	1.27	44.6
	4	0.006	0.043	-0.02	0.017	2.92	15.1
LWW	1	0.022	-	-	-	-	289
	2	0.122	0.279	0.58	-	-	213
	3	0.009	-	-	0.028	3.18	283
	4	0.008	0.070	-0.01	0.034	4.15	194

^{1/2,3/} ดูตารางที่ 13

หมายเหตุ ค่า $-2\log L$ ดูตารางที่ 13 เนื่องจากนำข้อมูลเข้าวิเคราะห์พร้อมกันทั้งหกลำดับครอกโดยใช้ Multi-trait animal model

4.2 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยแบบหุ่นต่างๆ

การศึกษาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะระหว่างลำดับครอกที่แตกต่างกันทั้งหมดหกลำดับครอกโดยใช้แบบหุ่นที่ต่างกัน 4 แบบหุ่นดังแสดงในตารางที่ 19-22

4.2.1 จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดระหว่างลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากการวิเคราะห์ภายใต้แบบหุ่นที่ 1, 2, 3, และ 4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง -0.65 ถึง 0.83, -0.56 ถึง 0.89, 0.97 ถึง 0.99 และ -0.21 ถึง 0.75 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่ามีค่าอยู่ในช่วงกว้างในทุกแบบหุ่นที่ศึกษาสอดคล้องกับการศึกษาของ Roehle and Kennedy (1995) ในประชากรสุกรพันธุ์แคนาเดียนแลนด์เรซ และลาร์จไวท์ รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดมีค่าอยู่ในช่วง 0.59 ถึง 1.00 การศึกษาของ Hanenberg *et al.* (2001) สุกรพันธุ์ดัชช์แลนด์เรซ รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดหกลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.62 ถึง 0.98 การศึกษาของ Alfonso *et al.* (1997) ที่ศึกษาในประชากรสุกรพันธุ์แลนด์เรซ รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดห้าลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.16 ถึง 0.72 และการศึกษาของ เกียรติศักดิ์ (2552) ที่ศึกษาในประชากรสุกรพันธุ์แท้แลนด์เรซ และลาร์จไวท์ ร่วมกับสุกรพันธุ์ลูกผสม LY และ YL รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดหกลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.22 ถึง 0.92

4.2.2 จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตระหว่างลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากการวิเคราะห์ภายใต้แบบหุ่นที่ 1, 2, 3, และ 4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง -0.55 ถึง 0.80, -0.94 ถึง 0.95, 0.99 ถึง 1.00 และ -0.11 ถึง 0.76 ตามลำดับ สอดคล้องกับการศึกษาของ Roehle and Kennedy (1995) ในประชากรสุกรพันธุ์แคนาเดียนแลนด์เรซ และลาร์จไวท์ รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตหกลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.49 ถึง 1.00 การศึกษาของ Hanenberg *et al.* (2001) ที่ศึกษาในประชากรสุกรพันธุ์ดัชช์แลนด์เรซ รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตหกลำดับครอกมี

ค่าอยู่ในช่วง 0.55 ถึง 0.97 และการศึกษาของ Fernández *et al.* (2008) ที่ศึกษาในประชากรสุกรพันธุ์ไอบีเรียนรายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตหกลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.11 ถึง 0.99 แตกต่างจากการศึกษาของ Alfonso *et al.* (1997) ที่ศึกษาในประชากรสุกรพันธุ์แลนด์เรซ รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดห้าลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.22 ถึง 0.74 และการศึกษาของเกียรติศักดิ์ (2552) ที่ศึกษาในประชากรสุกรพันธุ์แท้แลนด์เรซ และลาร์จไวท์ร่วมกับสุกรพันธุ์ลูกผสม LY และ YL รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดหกลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.31 ถึง 0.85

4.2.3 จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมระหว่างลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากการวิเคราะห์ภายใต้แบบหุ่้นที่ 1, 2, 3, และ 4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง -0.73 ถึง 0.80, -0.88 ถึง 0.82, -0.36 ถึง 0.40 และ -0.40 ถึง 0.44 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่ามีค่าต่ำ และมีค่าเป็นลบในบางลำดับครอกในทุกแบบหุ่้นที่ศึกษา จากการศึกษานี้ของ Roehle and Kennedy (1995) ในประชากรสุกรพันธุ์แคนาดาเดียนแลนด์เรซ และลาร์จไวท์รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมสี่ลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.17 ถึง 0.93 โดยไม่มีค่าเป็นลบแต่ยังคงมีค่าอยู่ในช่วงที่กว้าง และมีแนวโน้มของค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกเพิ่มขึ้น และลดลงอย่างไม่แน่นอนทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากการย้ายฝากลูกสุกร (cross fostering) ในระยะอนุบาลส่งผลให้ข้อมูลที่ได้อาจมีความแปรปรวนสูง และไม่ได้ข้อมูลที่แท้จริงประกอบกับข้อมูลที่ใช้ในการศึกษายังมีปริมาณน้อยทำให้ค่าที่ได้ออกมาเป็นค่าต่ำและติดลบ

4.2.4 น้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอก

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอกระหว่างลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากการวิเคราะห์ภายใต้แบบหุ่้นที่ 1, 2, 3, และ 4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง -0.77 ถึง 0.87, -0.85 ถึง 0.90, 0.86 ถึง 1.00 และ -0.11 ถึง 0.49 ตามลำดับ

4.2.5 น้ำหนักหย่านมลูกสุกรทั้งครอก

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักหย่านมลูกสุกรทั้งครอกระหว่างลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 จากการวิเคราะห์ภายใต้แบบหุ่้นที่ 1, 2, 3, และ 4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง -0.97 ถึง 0.99, -0.65 ถึง 0.64, -0.14 ถึง 0.59 และ -0.10 ถึง 0.62 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่ามีค่าต่ำแตกต่างจากการศึกษาของ Fernández *et al.* (2008) ที่ศึกษาในประชากรสุกรพันธุ์ไอบีเรียนรายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักหย่านมลูกสุกรทั้งครอกหกลำดับครอกมีค่าอยู่ในช่วง 0.04 ถึง 0.97

ผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะขนาดครอกทุกลักษณะที่ศึกษามีค่าแตกต่างกันสอดคล้องกับการศึกษาของ Mekkawy *et al.* (2010), Fernández *et al.* (2008) และ Piles *et al.* (2005) การที่ความแปรปรวนของลักษณะขนาดครอกในช่วงชีวิตของการให้ผลผลิตของแม่สุกรมีความแตกต่างกันอาจเนื่องมาจากยีนที่เกี่ยวข้องกับการแสดงออกของลักษณะขนาดครอกมีความแตกต่างกัน (different gene) หรือมีการแสดงออกของยีนร่วมกัน (different combinations of genes) ในแต่ละลำดับครอก ซึ่งอาจส่งผลต่อฮอร์โมน (hormonal) และสรีรวิทยาการโตเต็มวัย (physiological maturation) ของแม่สุกร (Noguera *et al.*, 2002) จากการศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์โมเลกุล (molecular genetics) ของยีนโปรเพอร์ดีน (properdin; *BF*) ที่มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 7 ของสุกร (Ponsuksili *et al.*, 2001) และมีบทบาทสำคัญในการเหนี่ยวนำการเจริญของเนื้อเยื่อชั้น epithelium ภายในมดลูกสุกรซึ่งมีผลต่อความสมบูรณ์พันธุ์ของแม่สุกร การศึกษาของนันทพร และคณะ (2554) พบว่ายีน *BF* มีอิทธิพลแบบบวกสะสม (additive gene effects) และอิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominance gene effects) กับลักษณะขนาดครอก ได้แก่ จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต และจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($P < 0.01$) และยังมีความสัมพันธ์กับลักษณะจำนวนลูกสุกรที่เป็นมัมมีในลำดับครอกที่ 2 ถึง 5 สอดคล้องกับการศึกษาของ Buske *et al.*, (2005), Wang *et al.*, (2008) และ Chen *et al.*, (2009) ผลจากการศึกษาแสดงให้เห็นว่ายีน *BF* มีอิทธิพลต่อลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่แตกต่างกันซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาในครั้งนี้เมื่อพิจารณาจากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอก นอกจากนี้อาจเป็นผลมาจากโครงสร้างของข้อมูล ความสมบูรณ์ของพันธุ์ประวัติ และจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาไม่เพียงพอ (ธิดา, 2545; Mekkawy *et al.*, 2010) ซึ่งเป็นผลจากการคัดทิ้งแม่สุกรในช่วงต้นของการให้ผลผลิตจากปัญหาด้านระบบสืบพันธุ์ และสุขภาพของแม่สุกร

ตารางที่ 19 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 1

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive gene effect correlation)							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	-	-0.57	-0.62	0.47	-0.65	-0.45
	2	0.18	-	0.83	0.26	0.57	0.46
	3	0.18	0.21	-	0.10	0.71	0.63
	4	0.18	0.24	0.26	-	-0.29	-0.13
	5	0.19	0.19	0.25	0.23	-	0.80
	6	0.17	0.14	0.23	0.25	0.30	-
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	-
NW	1	-	0.24	-0.43	0.47	0.14	-0.73
	2	0.06	-	0.51	0.45	0.80	0.14
	3	0.01	0.06	-	0.31	0.70	0.51
	4	-0.05	0.07	0.07	-	0.48	-0.57
	5	-0.03	-0.03	0.12	0.12	-	0.29
	6	0.01	-0.01	0.06	0.10	0.09	-
LBW	1	-	-0.77	-0.75	0.51	0.14	0.13
	2	0.14	-	0.74	-0.19	0.12	0.11
	3	0.16	0.19	-	-0.04	0.38	0.38
	4	0.11	0.17	0.27	-	0.69	0.76
	5	0.14	0.14	0.21	0.21	-	0.87
	6	0.15	0.14	0.25	0.28	0.32	-

ตารางที่ 19 (ต่อ)

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LWW	1	-	-0.97	-0.97	-0.73	-0.88	-0.89
	2	0.11	-	0.97	0.81	0.93	0.93
	3	0.07	0.07	-	0.84	0.96	0.96
	4	0.00	0.14	0.15	-	0.93	0.93
	5	-0.02	-0.01	0.18	0.17	-	0.99
	6	0.06	0.02	0.14	0.19	0.15	-

^{1/}ดูตารางที่ 6

ตารางที่ 20 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 2

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	-	-0.34	-0.22	0.49	-0.56	-0.10
	2	0.18	-	0.89	0.44	0.74	0.77
	3	0.17	0.21	-	0.57	0.73	0.87
	4	0.17	0.23	0.26	-	0.31	0.67
	5	0.17	0.19	0.26	0.25	-	0.72
	6	0.15	0.14	0.24	0.27	0.30	-
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	-

ตารางที่ 20 (ต่อ)

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NW	1	-	0.50	-0.39	0.35	0.20	-0.88
	2	0.13	-	0.29	0.39	0.82	-0.28
	3	0.02	0.07	-	0.47	0.67	0.32
	4	-0.07	0.09	0.06	-	0.60	-0.58
	5	-0.04	0.03	0.15	0.14	-	-0.10
	6	-0.04	-0.11	0.11	0.09	0.10	-
LBW	1	-	-0.39	-0.85	0.90	-0.62	0.02
	2	0.13	-	0.28	-0.42	-0.23	-0.28
	3	0.16	0.18	-	-0.74	0.72	0.11
	4	0.10	0.14	0.23	-	-0.37	0.35
	5	0.13	0.13	0.23	0.21	-	0.55
	6	0.12	0.11	0.19	0.14	0.29	-
LWW	1	-	0.58	-0.65	-0.36	-0.01	-0.57
	2	0.14	-	-0.31	-0.02	0.54	-0.31
	3	0.05	0.09	-	0.64	0.49	0.48
	4	-0.01	0.12	0.15	-	0.55	-0.01
	5	-0.02	-0.02	0.14	0.15	-	0.12
	6	0.05	-0.03	0.19	0.17	0.12	-
สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่ (maternal genetic effect correlation)							
NTB	1	-	0.29	0.52	0.75	0.30	0.39
	2	-	-	0.75	0.48	0.73	0.84
	3	-	-	-	0.66	0.80	0.79
	4	-	-	-	-	0.53	0.66
	5	-	-	-	-	-	0.83
	6	-	-	-	-	-	-

ตารางที่ 20 (ต่อ)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NBA	1	-	0.28	0.21	0.96	-0.11	-0.37
	2	-	-	0.63	0.30	0.61	0.49
	3	-	-	-	0.27	0.65	0.49
	4	-	-	-	-	-0.11	-0.36
	5	-	-	-	-	-	0.88
	6	-	-	-	-	-	-
NW	1	-	-0.67	-0.08	0.59	-0.12	-0.39
	2	-	-	0.04	-0.39	-0.29	0.47
	3	-	-	-	0.56	0.41	0.00
	4	-	-	-	-	0.44	-0.24
	5	-	-	-	-	-	-0.17
	6	-	-	-	-	-	-
LBW	1	-	0.54	-0.09	0.23	0.02	0.16
	2	-	-	0.55	0.49	0.61	0.73
	3	-	-	-	0.54	0.87	0.81
	4	-	-	-	-	0.44	0.70
	5	-	-	-	-	-	0.88
	6	-	-	-	-	-	-
LWW	1	-	-0.52	0.31	0.22	-0.02	0.12
	2	-	-	-0.35	0.27	0.01	0.23
	3	-	-	-	0.17	0.42	-0.19
	4	-	-	-	-	0.07	0.35
	5	-	-	-	-	-	-0.04
	6	-	-	-	-	-	-

^{1/} ดูตารางที่ 6

ตารางที่ 21 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 3

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	-	0.97	0.97	0.97	0.97	0.98
	2	0.44	-	0.99	0.99	0.99	0.99
	3	0.44	0.71	-	0.99	0.99	0.99
	4	0.43	0.70	0.72	-	0.99	0.99
	5	0.44	0.70	0.73	0.72	-	0.99
	6	0.43	0.68	0.73	0.73	0.75	-
NBA	1	-	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99
	2	0.42	-	1.00	0.99	0.99	0.99
	3	0.44	0.70	-	1.00	1.00	0.99
	4	0.41	0.66	0.70	-	1.00	0.99
	5	0.42	0.64	0.69	0.70	-	0.99
	6	0.41	0.67	0.72	0.70	0.72	-
NW	1	-	0.12	-0.36	0.33	-0.22	-0.05
	2	0.06	-	0.14	0.40	-0.27	0.30
	3	0.01	0.06	-	0.11	0.06	-0.18
	4	-0.05	0.07	0.07	-	-0.13	0.06
	5	-0.04	-0.03	0.12	0.12	-	0.24
	6	0.01	-0.01	0.06	0.09	0.08	-
LBW	1	-	0.86	0.86	0.86	0.86	0.87
	2	0.18	-	0.92	0.91	0.91	0.92
	3	0.26	0.31	-	1.00	1.00	0.99
	4	0.22	0.29	0.74	-	0.99	0.99
	5	0.25	0.29	0.75	0.74	-	0.99
	6	0.23	0.28	0.75	0.73	0.78	-

ตารางที่ 21 (ต่อ)

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LWW	1	-	0.25	-0.02	0.41	-0.02	0.28
	2	0.11	-	-0.14	0.23	0.12	0.41
	3	0.07	0.07	-	0.17	0.59	0.12
	4	0.00	0.15	0.15	-	0.42	0.58
	5	-0.02	-0.02	0.18	0.17	-	0.47
	6	0.06	0.01	0.13	0.17	0.12	-
สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance genetic effect correlation)							
NTB	1	-	0.82	0.83	0.82	0.81	0.85
	2	-	-	0.95	0.91	0.89	0.90
	3	-	-	-	0.95	0.94	0.90
	4	-	-	-	-	0.93	0.90
	5	-	-	-	-	-	0.89
	6	-	-	-	-	-	-
NBA	1	-	0.84	0.83	0.82	0.82	0.88
	2	-	-	0.95	0.91	0.89	0.89
	3	-	-	-	0.95	0.93	0.90
	4	-	-	-	-	0.92	0.89
	5	-	-	-	-	-	0.90
	6	-	-	-	-	-	-
NW	1	-	0.15	-0.40	0.35	-0.24	-0.01
	2	-	-	0.15	0.50	-0.32	0.38
	3	-	-	-	0.12	0.03	-0.20
	4	-	-	-	-	-0.21	0.16
	5	-	-	-	-	-	0.29
	6	-	-	-	-	-	-

ตารางที่ 21 (ต่อ)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามของยีน							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LBW	1	-	0.51	0.42	0.43	0.43	0.47
	2	-	-	0.58	0.52	0.55	0.56
	3	-	-	-	0.94	0.93	0.92
	4	-	-	-	-	0.90	0.91
	5	-	-	-	-	-	0.93
	6	-	-	-	-	-	-
LWW	1	-	0.31	-0.05	0.47	0.00	0.37
	2	-	-	-0.17	0.30	0.16	0.51
	3	-	-	-	0.22	0.67	0.17
	4	-	-	-	-	0.51	0.71
	5	-	-	-	-	-	0.56
	6	-	-	-	-	-	-

^{1/} ดูตารางที่ 6

ตารางที่ 22 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) ในลำดับครอกที่ต่างกันของลักษณะ NTB, NBA, NW, LBW, และ LWW สำหรับแบบหุ่นที่ 4

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	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	-

ตารางที่ 22 (ต่อ)

สหสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
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	-
NW	1	-	0.32	-0.40	0.34	-0.31	0.01
	2	0.11	-	0.17	0.44	-0.23	0.11
	3	0.01	0.07	-	0.05	0.08	-0.16
	4	-0.08	0.09	0.06	-	-0.15	0.00
	5	-0.06	-0.01	0.13	0.12	-	0.24
	6	0.02	-0.09	0.12	0.11	0.12	-
LBW	1	-	0.47	-0.03	0.26	0.28	0.61
	2	0.14	-	0.07	-0.11	0.18	0.30
	3	0.17	0.18	-	0.31	0.24	-0.01
	4	0.10	0.15	0.25	-	-0.07	0.18
	5	0.15	0.13	0.23	0.26	-	0.49
	6	0.14	0.12	0.20	0.18	0.30	-
LWW	1	-	0.50	-0.06	0.54	0.08	0.46
	2	0.15	-	-0.10	0.28	0.13	0.46
	3	0.06	0.10	-	0.13	0.61	0.18
	4	0.01	0.13	0.15	-	0.41	0.62
	5	-0.01	-0.03	0.16	0.15	-	0.55
	6	0.08	0.01	0.18	0.19	0.15	-

ตารางที่ 22 (ต่อ)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
NTB	1	-	0.21	0.38	0.30	0.30	0.12
	2	-	-	0.37	0.57	0.32	0.57
	3	-	-	-	0.50	0.49	0.24
	4	-	-	-	-	0.36	0.50
	5	-	-	-	-	-	0.36
	6	-	-	-	-	-	-
NBA	1	-	0.17	0.19	0.26	0.23	-0.05
	2	-	-	0.33	0.36	0.27	0.25
	3	-	-	-	0.33	0.47	0.15
	4	-	-	-	-	0.31	0.21
	5	-	-	-	-	-	0.29
	6	-	-	-	-	-	-
NW	1	-	-0.46	-0.01	0.34	0.18	0.01
	2	-	-	-0.10	-0.13	-0.41	0.40
	3	-	-	-	0.24	0.06	-0.16
	4	-	-	-	-	0.24	-0.03
	5	-	-	-	-	-	-0.16
	6	-	-	-	-	-	-
LBW	1	-	0.13	-0.05	0.28	0.07	0.03
	2	-	-	0.47	0.55	0.48	0.59
	3	-	-	-	0.54	0.62	0.54
	4	-	-	-	-	0.64	0.68
	5	-	-	-	-	-	0.70
	6	-	-	-	-	-	-

ตารางที่ 22 (ต่อ)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลของแม่							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LWW	1	-	-0.52	0.19	-0.09	-0.09	-0.06
	2	-	-	-0.27	0.44	0.12	0.05
	3	-	-	-	0.21	0.44	-0.18
	4	-	-	-	-	0.48	0.09
	5	-	-	-	-	-	-0.02
	6	-	-	-	-	-	-
	6	-	-	-	-	-	-
สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข่มของยีน (dominance genetic effect correlation)							
NTB	1	-	0.30	0.41	0.53	0.49	0.85
	2	-	-	0.16	0.00	-0.27	0.32
	3	-	-	-	0.78	0.67	0.12
	4	-	-	-	-	0.72	0.24
	5	-	-	-	-	-	0.27
	6	-	-	-	-	-	-
	6	-	-	-	-	-	-
NBA	1	-	0.50	0.18	0.09	0.56	0.86
	2	-	-	0.47	0.12	0.19	0.32
	3	-	-	-	0.56	0.45	-0.05
	4	-	-	-	-	0.27	-0.17
	5	-	-	-	-	-	0.47
	6	-	-	-	-	-	-
	6	-	-	-	-	-	-
NW	1	-	0.44	-0.49	0.45	-0.42	0.03
	2	-	-	0.16	0.57	-0.34	0.11
	3	-	-	-	0.03	0.09	-0.20
	4	-	-	-	-	-0.28	0.01
	5	-	-	-	-	-	0.32
	6	-	-	-	-	-	-
	6	-	-	-	-	-	-

ตารางที่ 22 (ต่อ)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามของยีน							
ลักษณะ ^{1/}	ลำดับครอก	1	2	3	4	5	6
LBW	1	-	0.53	-0.10	0.34	0.38	0.77
	2	-	-	-0.01	-0.11	0.30	0.45
	3	-	-	-	0.29	0.19	-0.06
	4	-	-	-	-	-0.15	0.19
	5	-	-	-	-	-	0.59
	6	-	-	-	-	-	-
LWW	1	-	0.67	-0.12	0.63	0.12	0.58
	2	-	-	-0.13	0.41	0.17	0.58
	3	-	-	-	0.24	0.74	0.30
	4	-	-	-	-	0.54	0.76
	5	-	-	-	-	-	0.66
	6	-	-	-	-	-	-

^{1/} ดูตารางที่ 6

5. การเปรียบเทียบแบบหุ้ันที่เหมาะสมเพื่อประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์

การพิจารณาความเหมาะสมของแบบหุ้ันที่ศึกษาจากค่า $-2\log L$ ($-2\log$ likelihood) และค่าความแปรปรวนของค่าความคลาดเคลื่อน (residual variance) ซึ่งแสดงดังตารางที่ 13 พบว่า ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดแบบหุ้ันที่ 1 ที่พิจารณาอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเพียงอย่างเดียวมีความเหมาะสมที่สุด ตามด้วยแบบหุ้ันที่ 2, 3, และ 4 ตามลำดับ ส่วนค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนนั้นแบบหุ้ันที่ 4 มีความเหมาะสมที่สุด ตามด้วยแบบหุ้ันที่ 2, 1, และ 3 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่าแบบหุ้ันที่ 1 ถึงแม้ว่าจะมีความเหมาะสมเมื่อพิจารณาจากค่า $-2\log L$ แต่แล้วยังมีค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่สูง ส่วนในแบบหุ้ันที่ 4 นั้นมีค่าความคลาดเคลื่อนที่ต่ำกว่าทุกแบบหุ้ันแต่ก็ยังมีค่า $-2\log L$ ที่ค่อนข้างสูงกว่าแบบหุ้ันที่ 1 และ 2 ดังนั้นจึงพิจารณาเลือกแบบหุ้ันที่ 2 ซึ่งเป็นแบบหุ้ันที่พิจารณาเพิ่มอิทธิพลของแม่ร่วมด้วยน่าจะมีความเหมาะสมที่สุดในการนำไปประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ เนื่องจากลักษณะที่ศึกษานั้นเกี่ยวข้องกับลักษณะทางด้านความ

สมบุรณ์พันธุ์ สอดคล้องกับการศึกษาของ Roehle and Kennedy (1995) และ Rydhmer *et al.* (1995) ซึ่งพบว่าแบบหุ่่นที่เพิ่มอิทธิพลของแม่มีความเหมาะสมในการนำไปประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ เพื่อใช้ในการคัดเลือกสัตว์ด้วยวิธีการประเมินพันธุกรรม (animal genetic evaluation)

ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตแบบหุ่่นที่มีความเหมาะสมเมื่อพิจารณาจากค่า $-2\log L$ พบว่าแบบหุ่่นที่ 2, 1, 4, และ 3 มีความเหมาะสมตามลำดับ เมื่อพิจารณาถึงค่าความแปรปรวนของค่าความคลาดเคลื่อน พบว่าแบบหุ่่นที่ 4, 2, 1, และ 3 มีความเหมาะสมตามลำดับ แต่เนื่องจากแบบหุ่่นที่ 4 นั้นมีการเพิ่มอิทธิพลแบบข้ามกันของยีน และอิทธิพลของแม่ ซึ่งจากการศึกษาของ Misztal *et al.* (1997) รายงานว่าการประมาณค่าความแปรปรวนเพื่อให้เกิดความน่าเชื่อถือขึ้น ต้องใช้ข้อมูลร่วมในการวิเคราะห์ไม่น้อยกว่า 65,000 หรือประมาณ 20 เท่าของแบบหุ่่นที่ประเมินพันธุกรรมแบบปกติ และจากการศึกษาของ เถลิงศักดิ์ (2546), ภาณุวัฒน์ (2549), Culbertson *et al.* (1998), และ Ishia *et al.* (2001) พบว่าแบบหุ่่นที่เพิ่มอิทธิพลแบบข้ามกันของยีนมีค่าอัตราพันธุกรรมที่ต่ำซึ่งเมื่อเปรียบเทียบกับอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมพบว่ามีค่าน้อยมาก ดังนั้นในการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์เพื่อใช้ในการคัดเลือกจึงไม่จำเป็นต้องเพิ่มอิทธิพลแบบข้ามกันของยีน สอดคล้องกับการศึกษาของ วิชัย (2547) ซึ่งรายงานว่าการศึกษาอิทธิพลแบบข้ามกันของยีนจะนิยมพิจารณาสัดส่วนระหว่างความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามกันของยีนเปรียบเทียบกับอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม หากอิทธิพลแบบข้ามกันของยีนมีความสำคัญน้อยการคัดเลือกโดยพิจารณาจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมอย่างเดียวก็น่าจะเพียงพอ ดังนั้นจึงพิจารณาเลือกแบบหุ่่นที่ 2 ซึ่งเป็นแบบหุ่่นที่พิจารณาเพิ่มอิทธิพลของแม่ร่วมด้วยในการนำไปประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ ส่วนลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก และลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก พบว่าแบบหุ่่นที่ 2 มีความเหมาะสมมากที่สุดที่จะนำไปประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์เมื่อพิจารณาจากค่า $-2\log L$ และค่าความแปรปรวนของค่าความคลาดเคลื่อน

6. คุณค่าการผสมพันธุ์และการจัดลำดับสัตว์

การประมาณค่าทางพันธุกรรมของสัตว์โดยเฉพาะคุณค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) เพื่อนำมาจัดลำดับ และคัดเลือกตามวัตถุประสงค์หรือเป้าหมายในแผนการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ทำให้ทราบถึงสัตว์ที่มีพันธุกรรมดีเด่นอย่างแท้จริงในฝูง และเพิ่มความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) ของสัตว์ (มนต์ชัย, 2548) คุณค่าการผสมพันธุ์และการจัดลำดับของสัตว์สำหรับลักษณะขนาดครอกทุกลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 แสดงดังตารางที่ 23-27

สัตว์ตัวที่มีคุณค่าการผสมพันธุ์ที่เป็นบวกหมายถึง มีค่าของลักษณะที่จะทำการเลือกมากกว่า ค่าเฉลี่ยของฝูงจึงควรคัดเลือกไว้ทำแม่พันธุ์ต่อไป ส่วนสัตว์ตัวที่มีคุณค่าการผสมพันธุ์ที่เป็นลบ หมายถึง มีค่าของลักษณะที่จะทำการเลือกน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของฝูงจึงควรพิจารณาคัดทิ้ง จากการศึกษาในครั้งนี้พบว่าคุณค่าการผสมพันธุ์มีค่าต่ำ และมีค่าเข้าใกล้ศูนย์ ซึ่งอาจเป็นผล เนื่องจากสภาพแวดล้อมที่ส่งผลกระทบต่อตัวของแม่สุกร ซึ่งในทางการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ถือว่าเป็นปัจจัยที่ไม่สามารถถ่ายทอดได้ และยังเป็นปัจจัยที่อาจจะบดบังความสามารถที่แท้จริงทางพันธุกรรมของตัวสัตว์ (สมชัย, 2549) และอาจเกิดจากเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ของฟาร์มเน้นลักษณะการให้ผลผลิตเป็นสำคัญซึ่งมักมีสหสัมพันธ์ในทางลบกับลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ นอกจากนี้ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกที่ศึกษานั้นมีค่าต่ำซึ่งแสดงให้เห็นถึงอิทธิพลของพันธุกรรมต่อการแสดงออกของลักษณะในสัตว์ฝูงนั้นมีน้อยเมื่อเปรียบเทียบกับสภาพแวดล้อม ดังนั้นการปรับปรุงลักษณะขนาดครอกที่ศึกษาจึงควรเน้นการปรับปรุงการจัดการฟาร์ม และสภาพแวดล้อมที่เหมาะสมจึงจะทำให้สัตว์แสดงศักยภาพทางพันธุกรรมได้อย่างเต็มที่ ร่วมกับการคัดเลือกโดยการพิจารณาจากคุณค่าการผสมพันธุ์เพื่อให้ได้สัตว์ที่มีพันธุกรรมที่ดีเด่น และเหมาะสมกับสภาพแวดล้อมนั้น ๆ ต่อไป

การจัดเรียงลำดับสัตว์ (rank) โดยนำคุณค่าการผสมพันธุ์มาเรียงลำดับจากมากไปน้อยของลักษณะขนาดครอกทุกลักษณะที่ศึกษาในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ซึ่งจะพิจารณาลำดับครอกที่ 1 เป็นหลัก (ตารางที่ 23-27) เพื่อใช้คัดเลือกสัตว์ที่มีพันธุกรรมดีเด่น เมื่อเปรียบเทียบการจัดเรียงคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 พบว่าแม่สุกรส่วนใหญ่ใน 20 อันดับแรกไม่ได้เป็นแม่สุกรในชุดเดียวกัน แสดงให้เห็นว่าการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โดยใช้แบบหุนการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ โดยกำหนดให้แต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่แตกต่างกันมีผลต่อการจัดลำดับของคุณค่าการผสมพันธุ์ แต่เมื่อพิจารณาค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์ พบว่ามีค่าต่ำ (0.00-0.29) แสดงดังตารางที่ 23-27 ซึ่งเป็นผลมาจากความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์ภายในประชากรที่ศึกษามีน้อย โดยในการศึกษาครั้งนี้มีการใช้ข้อมูลบันทึกของตัวสัตว์เอง (performance records) และข้อมูลบันทึกของญาติพี่น้อง (relative records) ดังนั้นจึงควรพิจารณาใช้ข้อมูลให้ครบทุกแหล่งข้อมูล โดยนำข้อมูลบันทึกของบรรพบุรุษ (pedigree records) และข้อมูลบันทึกของลูก (progeny records) เข้าร่วมในการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ ซึ่งจะส่งผลให้ค่าความแม่นยำเพิ่มสูงขึ้น

ตารางที่ 23 คุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ค่าความแม่นยำ (ACC) และอันดับสัตว์ (rank) ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2 ของลักษณะ NTB ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6

ID	ลำดับครอก																	
	1			2			3			4			5			6		
	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank
3B593	0.35	0.02	1	0.03	0.03	1,108	0.10	0.03	765	0.81	0.07	454	0.01	0.04	496	0.22	0.05	399
911015	0.33	0.02	2	0.09	0.03	96	0.14	0.03	344	0.86	0.07	46	0.06	0.04	342	0.26	0.04	909
20056A	0.30	0.08	3	0.23	0.10	163	0.23	0.09	75	0.78	0.11	284	0.05	0.02	192	0.32	0.01	214
21260	0.30	0.08	4	0.34	0.09	23	0.39	0.08	145	0.95	0.11	73	0.15	0.09	122	0.53	0.02	155
3520515	0.28	0.05	5	0.05	0.08	9	0.09	0.07	1,272	0.67	0.16	81	0.04	0.09	208	0.17	0.06	1,189
908103B	0.27	0.02	6	0.10	0.03	750	0.17	0.03	445	0.80	0.07	309	0.14	0.04	343	0.32	0.04	300
1224	0.27	0.08	7	0.28	0.09	365	0.28	0.08	405	0.77	0.10	14	0.09	0.05	152	0.36	0.01	126
1055110515	0.26	0.00	8	0.49	0.00	651	0.45	0.00	1,328	0.95	0.25	292	0.26	0.10	336	0.54	0.04	912
20154	0.26	0.02	9	0.26	0.03	1,013	0.28	0.02	408	0.76	0.06	114	0.03	0.03	682	0.35	0.00	247
21188	0.26	0.03	10	0.17	0.04	337	0.20	0.04	259	0.76	0.09	319	0.09	0.05	800	0.27	0.05	52
20810F	0.26	0.08	11	0.20	0.09	549	0.22	0.09	63	0.94	0.11	828	0.14	0.09	412	0.36	0.05	1,167
20892G	0.25	0.02	12	0.10	0.03	1,292	0.12	0.02	520	0.66	0.06	655	0.04	0.04	570	0.29	0.04	408
20830B	0.24	0.03	13	0.17	0.04	62	0.18	0.03	1,213	0.70	0.08	90	0.01	0.04	31	0.26	0.01	852
21049A	0.24	0.08	14	0.44	0.09	864	0.43	0.08	1,105	1.03	0.10	628	0.29	0.02	1,223	0.56	0.01	1,012
1828515	0.24	0.01	15	0.13	0.01	359	0.14	0.01	123	0.69	0.03	24	0.08	0.02	20	0.31	0.02	83
21031B	0.24	0.04	16	0.16	0.05	221	0.22	0.04	272	0.68	0.07	139	0.09	0.00	347	0.31	0.00	46
1061618515	0.23	0.00	17	0.19	0.00	906	0.21	0.00	319	1.10	0.29	271	0.32	0.00	724	0.41	0.10	324
20089	0.23	0.08	18	0.15	0.09	40	0.20	0.08	169	0.64	0.11	35	0.10	0.06	123	0.33	0.02	140
20014	0.23	0.08	19	0.14	0.09	285	0.14	0.08	521	0.48	0.06	22	0.00	0.02	189	0.19	0.01	148
YTCC02M008	0.23	0.05	20	0.54	0.07	135	0.58	0.06	1,231	1.07	0.15	189	0.33	0.09	1,233	0.73	0.10	943

ตารางที่ 24 คุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ค่าความแม่นยำ (ACC) และอันดับสัตว์ (rank) ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2 ของลักษณะ NBA ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6

ID	ลำดับครอก																	
	1			2			3			4			5			6		
	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank
20426D	0.03	0.09	1	0.20	0.08	144	0.12	0.05	180	0.26	0.07	92	0.12	0.06	69	0.00	0.01	191
1067516515	0.03	0.04	2	0.10	0.03	8	0.06	0.01	68	0.16	0.06	7	0.04	0.05	121	0.00	0.03	144
10462	0.03	0.06	3	0.19	0.06	742	0.11	0.03	228	0.26	0.06	161	0.12	0.01	197	0.00	0.00	173
20429C	0.02	0.09	4	0.10	0.08	103	0.07	0.05	1,210	0.14	0.10	130	0.05	0.08	1,106	0.00	0.03	697
20403B	0.02	0.03	5	0.25	0.03	18	0.15	0.01	214	0.32	0.06	210	0.16	0.04	241	0.01	0.03	221
20069A	0.02	0.09	6	0.13	0.08	1,198	0.08	0.05	690	0.16	0.10	766	0.08	0.06	761	0.00	0.01	303
26802515	0.02	0.01	7	0.18	0.01	951	0.11	0.00	567	0.24	0.02	597	0.13	0.01	606	0.01	0.01	272
20545C	0.02	0.03	8	0.03	0.02	234	0.02	0.01	171	0.05	0.05	273	0.01	0.04	264	0.00	0.03	215
10928B	0.02	0.06	9	0.15	0.06	1,168	0.09	0.02	661	0.18	0.01	721	0.10	0.00	725	0.00	0.00	299
21277B	0.01	0.06	10	0.13	0.06	478	0.08	0.02	119	0.15	0.01	338	0.09	0.00	262	0.00	0.00	207
20206	0.01	0.09	11	0.17	0.09	281	0.10	0.06	600	0.19	0.10	627	0.11	0.09	556	0.02	0.01	333
3852515	0.01	0.00	12	0.08	0.00	532	0.05	0.00	93	0.10	0.00	93	0.05	0.00	1,029	0.00	0.00	187
20097	0.01	0.09	13	0.17	0.08	92	0.10	0.05	738	0.20	0.07	68	0.11	0.06	319	0.02	0.01	241
LTOA92I335	0.01	0.00	14	0.12	0.00	757	0.07	0.00	1,238	0.15	0.01	1,063	0.07	0.00	1,073	0.00	0.00	747
21147	0.01	0.02	15	0.12	0.02	878	0.07	0.01	1,186	0.15	0.04	474	0.10	0.03	936	0.01	0.02	502
3J837	0.01	0.01	16	0.11	0.00	290	0.07	0.00	342	0.14	0.01	332	0.07	0.01	361	0.01	0.01	250
20811B	0.01	0.02	17	0.03	0.02	905	0.02	0.01	1,205	0.03	0.03	1,255	0.02	0.00	1,201	0.00	0.00	987
20121515	0.01	0.00	18	0.09	0.00	283	0.06	0.00	5	0.12	0.00	854	0.06	0.00	901	0.00	0.00	958
915	0.01	0.06	19	0.10	0.05	840	0.06	0.03	83	0.13	0.07	361	0.08	0.07	266	0.01	0.03	195
9508415	0.01	0.01	20	0.08	0.01	334	0.05	0.00	740	0.11	0.02	2	0.05	0.01	1,085	0.00	0.00	1,244

ตารางที่ 25 คุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ค่าความแม่นยำ (ACC) และอันดับสัตว์ (rank) ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2 ของลักษณะ NW ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6

ID	ลำดับครอก																	
	1			2			3			4			5			6		
	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank
1057252515	0.18	0.05	1	0.27	0.00	522	0.12	0.00	1,421	0.04	0.02	450	1.05	0.03	1,170	0.07	0.00	605
9737415	0.17	0.01	2	0.19	0.00	927	0.09	0.00	378	0.02	0.00	746	0.67	0.00	378	0.01	0.00	301
1071023515	0.16	0.01	3	0.17	0.00	756	0.05	0.00	1,130	0.01	0.01	290	0.60	0.03	513	0.00	0.00	328
1057933415	0.11	0.01	4	0.15	0.00	301	0.11	0.00	778	0.06	0.00	30	0.57	0.00	162	0.01	0.00	231
10849615	0.11	0.01	5	0.13	0.00	328	0.07	0.00	113	0.01	0.00	678	0.45	0.00	312	0.02	0.00	422
20403615	0.09	0.01	6	0.14	0.00	744	0.11	0.00	1,162	0.03	0.00	549	0.54	0.00	686	0.07	0.00	401
11227	0.09	0.08	7	0.11	0.02	687	0.03	0.01	1,315	0.01	0.00	279	0.34	0.00	1,333	0.00	0.00	968
20471C	0.08	0.07	8	0.13	0.02	1,240	0.08	0.02	1,098	0.03	0.04	864	0.50	0.16	729	0.06	0.00	281
1066428415	0.07	0.01	9	0.14	0.00	674	0.12	0.00	1,103	0.05	0.01	562	0.55	0.03	615	0.06	0.02	432
21355	0.07	0.09	10	0.15	0.03	1,270	0.12	0.03	341	0.12	0.05	78	0.71	0.18	480	0.02	0.03	205
20419I	0.07	0.06	11	0.15	0.01	848	0.08	0.02	406	0.01	0.03	1,215	0.56	0.15	159	0.11	0.09	1,358
LTOA58L078	0.07	0.01	12	0.10	0.00	1,050	0.09	0.00	1,302	0.06	0.00	581	0.44	0.03	940	0.01	0.02	376
11109	0.06	0.05	13	0.11	0.01	12	0.08	0.02	62	0.06	0.02	1,315	0.48	0.12	326	0.02	0.00	1,142
1058948515	0.06	0.03	14	0.15	0.01	1,038	0.12	0.01	450	0.11	0.01	811	0.70	0.03	454	0.01	0.00	341
29820415	0.06	0.01	15	0.09	0.00	155	0.07	0.00	1,373	0.03	0.00	462	0.33	0.00	1,025	0.02	0.00	875
3044415	0.06	0.01	16	0.07	0.00	742	0.04	0.00	1,353	0.01	0.00	315	0.24	0.00	963	0.01	0.00	439
1062536515	0.05	0.01	17	0.13	0.00	167	0.05	0.00	526	0.03	0.01	515	0.55	0.03	414	0.07	0.00	692
5736615	0.05	0.01	18	0.16	0.00	1,154	0.09	0.00	1,287	0.04	0.01	846	0.68	0.03	201	0.11	0.00	116
00320B	0.05	0.05	19	0.08	0.01	177	0.04	0.02	530	0.01	0.03	520	0.29	0.13	424	0.04	0.08	712
20509B	0.05	0.07	20	0.07	0.01	129	0.04	0.02	316	0.05	0.04	57	0.30	0.16	146	0.00	0.10	293

ตารางที่ 26 คุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ค่าความแม่นยำ (ACC) และอันดับสัตว์ (rank) ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2 ของลักษณะ LBW ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6

ID	ลำดับครอก																	
	1			2			3			4			5			6		
	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank
3639611	1.11	0.01	1	0.87	0.00	1,148	11.49	0.00	609	1.16	0.00	926	9.20	0.00	861	9.19	0.00	720
20629F	0.59	0.05	2	0.44	0.01	1,156	11.12	0.01	362	0.18	0.06	858	8.26	0.06	807	8.18	0.03	697
20637D	0.57	0.04	3	0.41	0.01	940	11.09	0.01	762	0.12	0.06	446	8.19	0.04	1,046	8.11	0.02	1,037
20633B	0.57	0.08	4	0.34	0.04	706	11.00	0.03	186	0.40	0.04	168	7.89	0.01	1,091	8.00	0.01	452
5436415	0.53	0.01	5	0.32	0.00	256	11.03	0.00	89	0.38	0.00	136	7.95	0.00	165	8.07	0.00	130
25408415	0.52	0.00	6	0.40	0.00	359	11.10	0.00	8	0.60	0.01	1,183	8.05	0.00	718	8.20	0.00	781
5940615	0.51	0.00	7	0.35	0.00	160	11.04	0.00	273	0.28	0.01	324	7.99	0.00	257	8.07	0.00	160
10022415	0.49	0.01	8	0.45	0.00	704	11.16	0.00	140	0.56	0.00	104	8.27	0.00	1,108	8.34	0.00	1,121
1063307615	0.45	0.01	9	0.22	0.00	1,077	10.83	0.00	564	0.02	0.01	863	7.54	0.00	791	7.69	0.00	657
19152615	0.43	0.01	10	0.41	0.00	854	11.15	0.00	426	0.77	0.00	757	8.23	0.00	632	8.40	0.00	448
4D162	0.42	0.01	11	0.24	0.00	633	10.88	0.00	1,114	0.09	0.01	980	7.62	0.01	895	7.76	0.00	674
23419615	0.42	0.02	12	0.31	0.00	140	10.99	0.00	389	0.36	0.02	166	7.79	0.00	198	7.96	0.01	140
1063302415	0.40	0.01	13	0.20	0.00	641	10.85	0.00	453	0.05	0.01	1,102	7.53	0.00	21	7.68	0.00	152
4801415	0.39	0.01	14	0.39	0.00	139	11.18	0.00	189	0.76	0.01	442	8.16	0.01	261	8.31	0.00	169
621415	0.39	0.00	15	0.34	0.00	146	11.06	0.00	187	0.28	0.00	439	8.08	0.00	265	8.11	0.00	171
41945415	0.38	0.01	16	0.36	0.00	202	11.09	0.00	607	0.70	0.01	155	8.06	0.01	1,044	8.25	0.00	1,135
2060312415	0.38	0.00	17	0.39	0.00	875	11.20	0.00	1,060	0.93	0.01	368	8.12	0.00	724	8.32	0.00	554
YSOC91M530	0.37	0.01	18	0.21	0.00	1,006	10.87	0.00	196	0.35	0.01	1,124	7.56	0.01	916	7.79	0.00	812
1063034615	0.37	0.01	19	0.27	0.00	138	11.02	0.00	194	0.42	0.01	429	7.81	0.00	264	7.97	0.00	173
1060731315	0.37	0.01	20	0.23	0.00	344	10.92	0.00	197	0.20	0.01	494	7.64	0.01	319	7.80	0.00	226

ตารางที่ 27 คุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ค่าความแม่นยำ (ACC) และอันดับสัตว์ (rank) ของแม่พันธุ์ 20 อันดับแรกที่ได้จากแบบหุ้คนที่ 2 ของลักษณะ LWW ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6

ID	ลำดับครอก																	
	1			2			3			4			5			6		
	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank	EBV	ACC	rank
1064924415	2.36	0.01	1	0.53	0.01	207	1.02	0.00	313	1.89	0.00	260	0.37	0.00	355	6.49	0.00	124
20646515	2.26	0.01	2	0.64	0.01	193	3.43	0.01	310	1.96	0.01	254	0.94	0.02	343	4.30	0.00	128
909156B	2.16	0.02	3	0.64	0.06	310	0.09	0.03	338	1.61	0.03	307	0.03	0.11	400	6.65	0.06	146
21023A	2.06	0.04	4	0.32	0.08	185	1.56	0.04	320	2.22	0.03	255	0.21	0.01	337	7.17	0.00	142
1050915515	1.99	0.01	5	0.39	0.01	921	0.79	0.01	199	1.54	0.01	849	0.20	0.02	281	3.35	0.01	594
5811515	1.90	0.01	6	0.27	0.01	654	0.28	0.01	778	1.07	0.01	884	0.09	0.02	789	6.27	0.01	269
20445F	1.76	0.04	7	0.73	0.08	621	1.64	0.04	237	2.25	0.04	424	0.10	0.01	471	5.64	0.00	138
9011415	1.69	0.01	8	0.16	0.01	763	1.29	0.01	196	1.06	0.01	405	0.20	0.02	511	1.87	0.01	126
1064303515	1.66	0.01	9	0.04	0.01	255	1.45	0.01	234	1.20	0.01	356	0.34	0.02	784	1.35	0.01	181
1059324715	1.63	0.01	10	0.97	0.01	880	1.84	0.01	960	1.98	0.00	733	0.77	0.00	859	5.74	0.00	435
20451F	1.61	0.03	11	0.43	0.06	594	1.84	0.03	846	1.69	0.04	535	0.41	0.11	748	5.58	0.06	297
20838515	1.57	0.01	12	0.64	0.01	861	0.21	0.01	786	1.47	0.01	150	0.08	0.02	128	4.88	0.00	121
1059949415	1.57	0.01	13	0.40	0.01	238	1.44	0.01	212	1.32	0.01	70	0.47	0.02	217	4.09	0.01	114
1053434715	1.56	0.01	14	0.61	0.01	548	0.46	0.01	200	1.33	0.00	30	0.13	0.00	41	4.67	0.00	2
909014	1.52	0.03	15	0.26	0.07	606	1.49	0.03	479	1.54	0.04	466	0.16	0.12	565	3.29	0.06	177
20445D	1.47	0.02	16	0.20	0.05	510	1.58	0.02	813	1.20	0.03	878	0.13	0.10	956	1.76	0.00	687
20219415	1.46	0.00	17	0.68	0.01	139	0.47	0.00	950	1.47	0.00	624	0.04	0.02	707	2.10	0.01	460
22713415	1.46	0.00	18	0.65	0.01	168	0.49	0.00	54	1.19	0.00	775	0.14	0.02	249	6.13	0.01	115
1051911415	1.46	0.01	19	0.48	0.01	191	1.62	0.01	825	1.52	0.00	328	0.39	0.00	542	1.61	0.00	292
13839415	1.44	0.01	20	0.47	0.01	690	1.25	0.01	814	1.18	0.01	577	0.14	0.02	755	1.42	0.01	291

7. แนวโน้มทางพันธุกรรม

แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอก ได้แก่ จำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต จำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม น้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก และ น้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในลำดับครอกที่ต่างกัน ที่วิเคราะห์ได้จากแบบหุ่นที่ 2 โดยใช้ ข้อมูลระหว่างปี 2546 ถึงปี 2552 พบว่า เมื่อนำคุณค่าการผสมพันธุ์เฉลี่ยในแต่ละปีไปสร้างกราฟ แสดงความสัมพันธ์ จะได้แนวโน้มทางพันธุกรรมดังภาพที่ 1 ถึง ภาพที่ 5

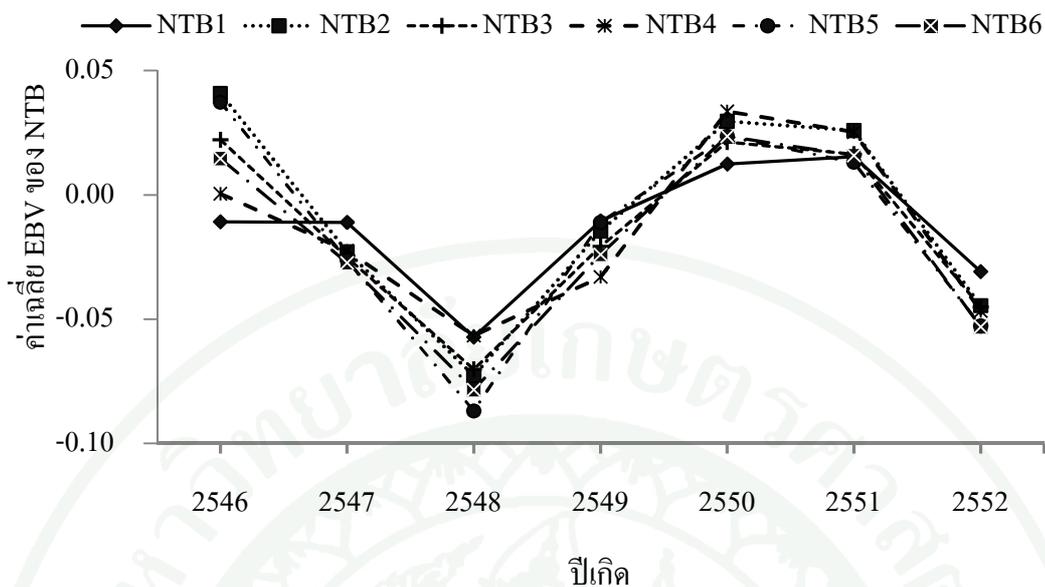
ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าเท่ากับ -0.01, -0.01, -0.01, -0.01, -0.01, -0.02 ตัวต่อครอกต่อปี สอดคล้องกับการศึกษาของ ธิดา 2545 ในสุกรพันธุ์แท้ พบว่าแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดของสุกรพันธุ์แลนด์เรซ ในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ -0.014 และ 0.005 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ ส่วนในแม่สุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ 0.007 และ 0.002 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ Southwood and Kennedy (1991) ศึกษาในสุกรพันธุ์ ยอร์กเชียร์ และแลนด์เรซระหว่างปี 1977 ถึง ปี 1987 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง -0.009 ถึง 0.001 และ -0.004 ถึง 0.002 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ และ Imboonta *et al.* (2007b) รายงานผล การศึกษาแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดจากสุกรรวมทุกสายพันธุ์ ระหว่างปี 1993 ถึงปี 2003 ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ -0.01, 0.02, -0.02, และ 0.02 ตัว ต่อครอกต่อปี ตามลำดับ

ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าเท่ากับ -0.01, -0.01, -0.01, -0.01, -0.01, 0.00 ตัวต่อครอกต่อปี สอดคล้องกับการศึกษาของ ประณีธิ (2551) ในสุกรพันธุ์เพียเทรน และลาร์จไวท์ระหว่างปี พ.ศ. 2539 ถึงปี พ.ศ. 2543 พบว่ามีค่าเท่ากับ -0.02 ตัวต่อครอกต่อปี ธิดา (2545) ศึกษาในสุกรพันธุ์แท้ พบว่าสุกรพันธุ์แลนด์เรซในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ -0.017 และ -0.020 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ ส่วนในแม่สุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ ในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ 0.050 และ -0.020 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ Southwood and Kennedy (1991) ศึกษาในสุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์ และแลนด์เรซ ระหว่างปี 1977 ถึง ปี 1987 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง -0.012 ถึง -0.001 และ -0.001 ถึง 0.001 ตัวต่อ ครอกต่อปี ตามลำดับ และ Suwanasopee *et al.* (2005) ศึกษาในสุกรรวมทุกสายพันธุ์ระหว่างปี 1995 ถึงปี 2002 มีค่าเท่ากับ 0.026 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ

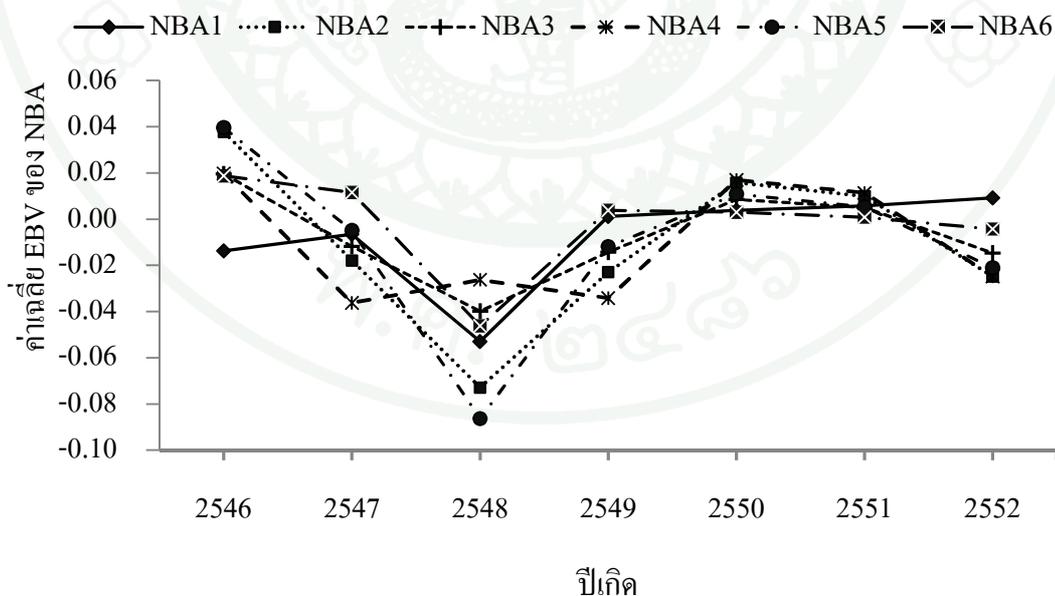
ลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านมในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าเท่ากับ 0.00, 0.00, -0.01, -0.02, -0.02, -0.01 ตัวต่อครอกต่อปี สอดคล้องกับการศึกษาของ ธิดา (2545) ในสุกรพันธุ์แท้ พบว่า แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดของสุกรพันธุ์แลนด์เรซในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ -0.006 และ 0.013 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ ส่วนในแม่สุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ 0.001 และ 0.005 ตัวต่อครอกต่อปี ตามลำดับ

ลักษณะน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าเท่ากับ 0.01, 0.00, 0.10, 0.03, 0.07, 0.07 กิโลกรัมต่อครอกต่อปี สอดคล้องกับการศึกษาของ ธิดา (2545) ในสุกรพันธุ์แท้ พบว่าแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมดของสุกรพันธุ์แลนด์เรซในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ 0.184 และ 0.072 กิโลกรัมต่อครอกต่อปี ตามลำดับ ส่วนในแม่สุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ในลำดับครอกแรก และลำดับครอกที่ 1 ถึง 4 มีค่าเท่ากับ 0.020 และ -0.010 กิโลกรัมต่อครอกต่อปี ตามลำดับ และแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอกในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 มีค่าเท่ากับ 0.31, 0.21, 0.30, 0.16, 0.25, 0.40 กิโลกรัมต่อครอกต่อปี

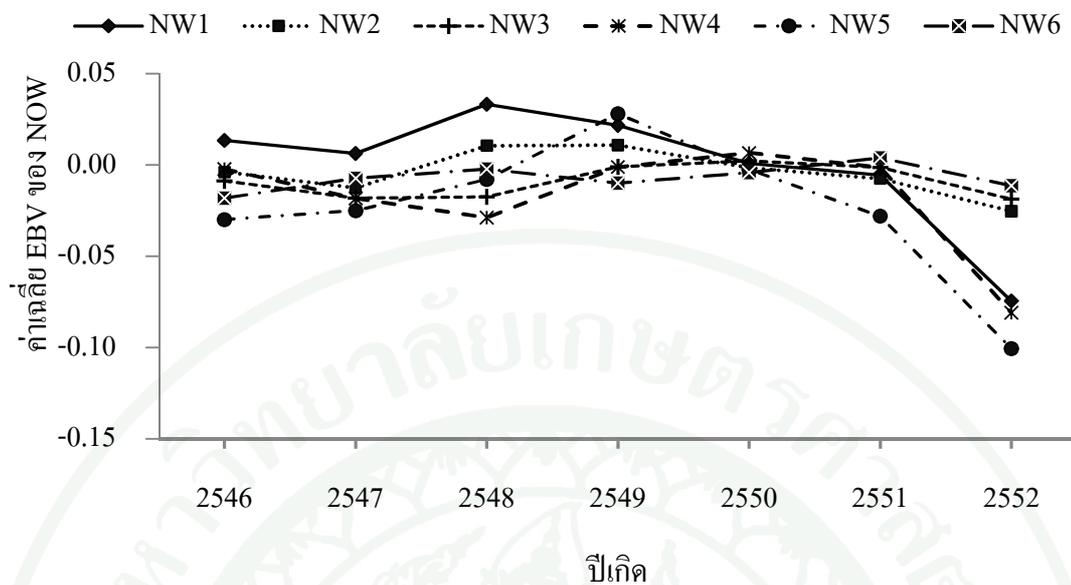
การเปลี่ยนแปลงของแนวโน้มทางพันธุกรรมอาจมีสาเหตุจากอิทธิพลทางพันธุกรรมมีผลกับลักษณะที่ศึกษาค่า เป้าหมายของการคัดเลือกสุกรภายในฟาร์มที่ส่งผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษา เช่น การคัดเลือกที่เน้นทางด้าน การเจริญเติบโต คุณภาพซาก อัตราการแลกน้ำหนัก ฯ ซึ่ง เป็นลักษณะที่มีสหสัมพันธ์เชิงลบกับลักษณะทางด้าน การสืบพันธุ์ การนำเข้าสุกรพ่อ-แม่พันธุ์ทั้ง จากภายใน และภายนอกประเทศเข้ามาในฟาร์ม และวิธีการประเมินพันธุกรรมเพื่อใช้ในการคัดเลือกสุกร ส่วนแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด และ ลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิตที่มีค่าลดลงอย่างมากในระหว่างปี พ.ศ. 2546 ถึงปี พ.ศ. 2548 เนื่องจากทางฟาร์มมีนโยบายที่จะขยายฟาร์ม ทำให้ต้องนำเข้าสุกรสาวจำนวนมาก ซึ่งสุกรเหล่านี้ การพัฒนาของระบบสืบพันธุ์ยังไม่สมบูรณ์เต็มที่ และต้องมีการปรับตัวเพื่อเตรียมอุ้มท้อง จึงทำให้ ค่าเฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะดังกล่าวมีค่าลดลง



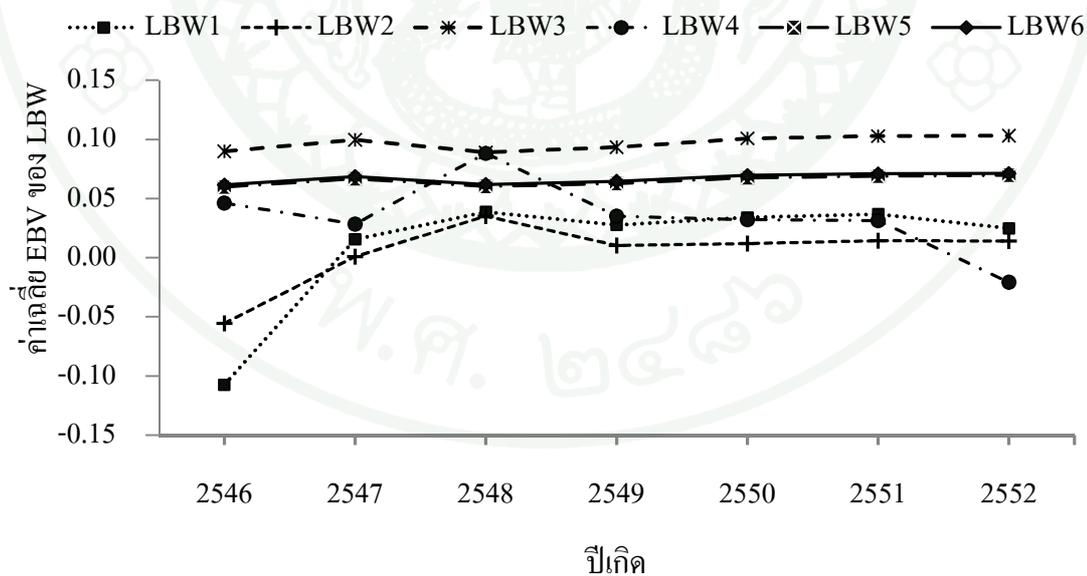
ภาพที่ 1 แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดทั้งหมด (NTB) ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2



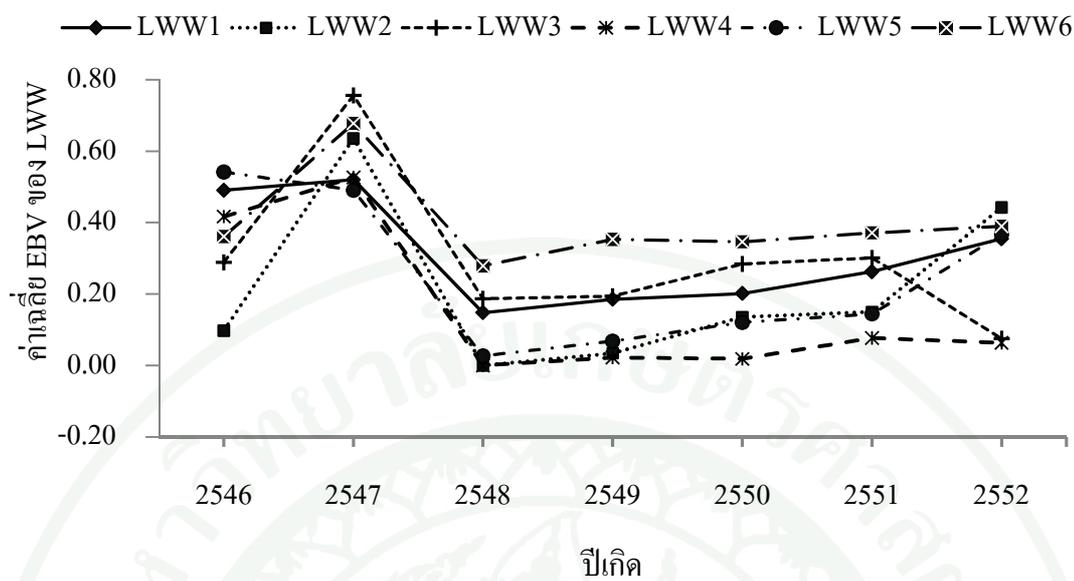
ภาพที่ 2 แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรแรกเกิดมีชีวิต (NBA) ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2



ภาพที่ 3 แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะจำนวนลูกสุกรเมื่อหย่านม (NW) ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2



ภาพที่ 4 แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรแรกเกิดทั้งครอก (LBW) ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่่นที่ 2



ภาพที่ 5 แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักลูกสุกรเมื่อหย่านมทั้งครอก (LWW) ในลำดับครอกที่ 1 ถึง 6 ที่ได้จากแบบหุ่นที่ 2

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุปผลการศึกษา

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกทั้งห้าลักษณะในลำดับครอกที่ต่างกันมีค่าต่ำ และแตกต่างกันในแต่ละลำดับครอก ซึ่งแสดงให้เห็นถึงอิทธิพลของพันธุกรรมต่อการแสดงออกของลักษณะในสัตว์ฝูงนั้นมีน้อยเมื่อเปรียบเทียบกับสภาพแวดล้อม ดังนั้น การปรับปรุงลักษณะขนาดครอกที่ศึกษาจึงให้ผลตอบสนองเนื่องจากการคัดเลือกต่ำ การคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะดังกล่าวจึงควรทำควบคู่ไปกับการปรับปรุงด้านการจัดการฟาร์มและสภาพแวดล้อม เช่น ควรปรับสภาพแวดล้อมภายในโรงเรือนให้มีอุณหภูมิเหมาะสม และมีการระบายอากาศที่ดี มีการป้องกันโรค และทำวัคซีนตามโปรแกรม แม่พันธุ์ควรใช้สุกรสาวทดแทนที่มีการเจริญเติบโตเต็มที่ และปรนอาหารก่อนการผสมพันธุ์ ใช้งานพ่อพันธุ์ในขณะที่อากาศเย็นสบาย จำนวนครั้งของการผสมพันธุ์ที่เหมาะสม และตรวจเช็คคุณภาพน้ำเชื้อเป็นประจำ เป็นต้น

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลำดับครอกของลักษณะขนาดครอกที่ศึกษามีค่าต่ำ ดังนั้นในการประเมินพันธุกรรมสัตว์จึงควรแยกพิจารณาให้แต่ละลำดับครอกเป็นลักษณะที่ต่างกัน เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอก ซึ่งเป็นอีกทางเลือกหนึ่งที่จะช่วยเพิ่มผลตอบสนองต่อการคัดเลือก

ข้อเสนอแนะ

ควรมีการศึกษาการจำลองข้อมูลเปรียบเทียบผลตอบสนองเนื่องจากการคัดเลือกระหว่างแบบหุ่นประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) และแบบหุ่นที่มีการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (muti-trait model) เพื่อพัฒนาวิธีการคัดเลือกที่เหมาะสมต่อไป

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

เกียรติศักดิ์ เหล็งหนูคำ. 2552. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะระยะหย่านมถึงผสมครั้งแรกที่ลำดับครอบครัวต่างๆในสุกร. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

จันทร์จรัส เรียวเดชะ. 2534. ความรู้เกี่ยวกับการปรับปรุงพันธุ์. ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.

เดลินศักดิ์ อังคุรเศรษฐี. 2546. การประมาณค่าความแปรปรวนจากอิทธิพลแบบบวกสะสมและอิทธิพลแบบข่มของยีนสำหรับลักษณะการสืบพันธุ์เพศเมียในสุกร. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

พรรณพางา แสงสุริยะ. 2543. ดัชนีการคัดเลือกลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจในสุกรพันธุ์แท้. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

พรพรรณ ศรีดาว. 2545. การทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะสมรรถภาพการผลิตและลักษณะการสืบพันธุ์ในแม่สุกร. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

พัชรวิดี สิงห์ทอง วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และ เนรมิตร สุขมณี. สมรรถภาพการผลิตของแม่สุกรพันธุ์แท้และแม่สุกรลูกผสม. การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 46 (สาขาสัตวและสัตวแพทย์) วันที่ 29 มกราคม-1 กุมภาพันธ์ 2550. หน้า 130-137.

ภาณุวัฒน์ คัมภีราวัฒน์. 2549. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในสุกรโดยใช้โมเดลลูกผสม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

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

_____. 2549. เอกสารประกอบการสอนวิชาทฤษฎีการประมาณค่า. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น. ขอนแก่น.

ประณีติ พลสิงห์. 2551. ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างอายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรกและลักษณะการให้ลูกของสุกรสาวพันธุ์เพียเทรนและลาร์จไวท์ที่ถูกเลี้ยงดูภายใต้สภาพแวดล้อมของประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

ปรีดิ์ พันธุ์อุดมประเสริฐ. 2542. การจัดการสุขภาพและผลผลิตในฟาร์มสุกร. ภาควิชาสัตวศาสตร์ สาขาวิชาสัตวศาสตร์และการสืบพันธุ์. คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ.

วัชรินทร์ เลื่อมใส. 2554. ผลของสมรรถภาพการผลิตที่มีต่อสมรรถภาพการสืบพันธุ์ของแม่สุกรพันธุ์แท้. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

วิชัย ทิพย์วงศ์. 2547. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียน. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

ธิดา โคมแสงทอง. 2545. การประมาณค่าความแปรปรวนของอิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ต่อลักษณะน้ำนมแรกเกิดและขนาดครอกในสุกรพันธุ์แท้. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

นันทพร สุทธิ นครินทร์ พริบไหว ธนาวดี คำชู พันธกรณ์ สุภัคกาญจน์กุล สุนิตย์ สนโชติ พัชรินทร์ กระจุกเมือง สิริวดี ชมเดช และ ศุภมิตร เมฆฉาย. การประชุมพันธุศาสตร์แห่งชาติครั้งที่ 17 วันที่ 7-9 เมษายน 2554. หน้า 111-114.

สมชัย จันทร์สว่าง. 2549. พันธุศาสตร์สถิติในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

- สุกัญ แก้วหนูจันทร์. 2545. การวิเคราะห์ทางพันธุกรรมของลักษณะอายุการใช้งานและผลผลิตตลอดชั่วอายุในฝูงพันธุ์แท้. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารสัตวศาสตร์. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- Arango, J., I. Misztal, S. Tsuruta, M. Culbertson, and W. Herring. 2005. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. **J. Anim. Sci.** 83: 499–506.
- Alfonso, L., J. L. Noguera, D. Babet, and J. Estany. 1997. Estimates of genetic parameters for litter size at different parities in pig. **Livest. Prod. Sci.** 47: 149-156.
- Ashworth, C.J. 1992. Synchrony embryo-uterus. **Anim. Reprod. Sci.** 28:259-267.
- Buske, B., C. Brunsch, K. Zeller, P. Reinecke, and G. Brockmann. 2005. Analysis of properdin (*BF*) genotypes associated with litter size in a commercial pig cross population. **J. Anim. Genet.** 122: 259-263.
- Chen, L. H., L. X. Wang, Y. G. Ji, L. C. Zhang, and H. Yan. 2009. Association of polymorphism for porcine *BF* gene with reproductive traits and placental efficiency in Large White. **J. Yi. Chuan.** 31: 615-619.
- Chen, P., T.J. Baas, J.W. Mabry, and K.J. Koehler. 2003. Genetic correlations between lean growth and litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. **J. Anim. Sci.** 81: 1700-1705.
- Chimonyo, M., K. Dzama, and E. Bhebhe. 2008. Genetic determination of mothering ability and piglet growth in indigenous Mukota sows of Zimbabwe. **Livest. Prod. Sci.** 113: 74-80.
- 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.

- Duangjinda, M., I. Misztal, and S.T. Surata. 2005. **BLUPF90-PigPAK 2.5 Genetic Evaluation Programm for pig**. Department fo Animal and Dairy Science The University of Georgia and Department of Animal Science Khonkaen University.
- 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.
- Fernández, 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. Agricultural Research.** 6: 98-106.
- Hellbrügge, B., K. H. Tolle., J. Bennewitz., C. Henze., U. Presuhn, and J. Krieter. 2008. Genetic aspects regarding piglet losses and the maternal behavior of sows. Part 1. Genetic analysis of piglet mortality and fertility traits in pigs. **J. Anim.** 2:9, 1273-1280.
- Hamann, H., R. Steinheuer, and O. Distl. 2004. Estimation of genetic parameter for litter size as a sow and boar trait in German herdbook Landrace and Pietrain swine. **Livest. Prod. Sci.** 85: 201-207.
- 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. Prod. Sci.** 69: 179-186.
- Henderson, C.R. 1973. **Sire evaluation and genetic trends. In Proceeding of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honour of Dr. Jay L. Lush**, pp. 10-41. Champaign, Illinois : ASAS and ADSA.
- _____. 1988. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. **J. Dairy Sci.** 71 (Suppl. 2): 1-16.

- Hoeschele, I. and P.M. Van Raden. 1991. Rapid inversion of dominance relationship matrices for noninbred population by including sire by dam subclass effects. **J. Dairy. Sci.** 74: 557-569.
- Holm, B., M. Bakken, O. Vangen, and R. Rekaya. 2005. Genetic analysis of age at first service, return rate, litter size, and weaning-to-first service interval of gilts and sows. **J. Anim. Sci.** 83: 41-48.
- Imboonta, N., L. Rydhmer, and S. Tumwasorn. 2007a. Genetic parameters and trends for production and reproduction traits in Thai Landrace sows. **Livest. Prod. Sci.** 111: 70-79.
- _____, _____, and _____. 2007b. Genetic parameters for reproduction and production traits of Landrace sows in Thailand. **J Anim Sci.** 85: 53-59.
- 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.
- Ishida, T., T. Kuroki, H. Harada, and R. Fukuhara. 2001. Estimation of additive and dominance genetic variance in line breeding swine. **Asian-Aust. J. Anim. Sci.** 5: 543-555.
- Jorgensen, J. N. 1989. The influence of maternal effects on litter size in pigs. **Acta. Agri. Scand.** 39: 421-429.
- Kantanamalakul, C., P. Sopannarath, and S. Tumwasorn. 2007. Estimation of breed effects on litter traits at birth in Yorkshire and Landrace pigs. **J. Sci. & Tech.** 4(2): 175-186.
- Kapell, D. N. R. G., C. J. Ashworth, G. A. Walling, A. B. Lawrence, S. A. Edwards, and R. Roehe. 2009. Estimation of genetic associations between reproduction and production

traits based on a sire and dam line with common ancestry. **Cambridge journals.** 3: 1354-1362.

Koketsu, Y. and D.D. Dial. 1997. Quantitative relationships between reproductive performance in sows and its sows and its risk factors. **Pig News and Information.** 18: 47-51.

Knol, E.F., B. J. Ducro, J. A. M. van Arendonk, and T. van der Lende. 2001. Direct, maternal and nurse sow genetic effect on farrowing-, pre-weaning- and total piglet survival. **Livest. Prod. Sci.** 73: 153-164.

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.

Lundgren, H., L. Canario., K. Grandinson., N. Lundeheim., B. Zumbach., O. Vangen, and L. Rydhmer. 2010. Genetic analysis of reproductive performance in Landrace sows and its correlation to piglet growth. **Livest. Prod. Sci.** 128: 173-178.

Mekkawy, 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.

Meyer, K., M.J. Carrick, and B.J.P. Donnelly. 1993. Genetic parameter for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **J. Anim. Sci.** 71: 2614-2.

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, Wallingford Oxon, UK. 344p.

- Nakavisut, S., R.E. Crump, and H.-U. Graser. 2006. Body length and its genetic relationships with production and reproduction traits in pigs. AGBU Pig Genetics Workshop – October 2006
- Noguera, J. L., L. Varona, D. Babot, and J. Estany. 2002. Mutivariate 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.
- Pholsing, P., S. Koonawootrittriron, A.E. Mauricio, and T. Suwanasopee. 2009. Genetic Association between Age and Litter Traits at First Farrowing in a Commercial Pietrain-Large White Population in Thailand. **Kasetsart J. (Nat. Sci.)**. 43: 280-287.
- Piles, M., M. L. Garcia, O. Rafel, J. Ramon, and M. Baselga. 2005. Genetic of litter size in three maternal lines of rabbits: Repeatability versus multiple-trait models. **J. Anim. Sci.** 84: 2309-2315.
- Ponsuksili, S., K. Wimmers, M. Yerle, and K. Schellander. 2001. Mapping of 93 porcine ESTs preferentially expressed in liver. **J. Mamm. Genome.** 12: 869-872.
- Rahnefeld, G.W. and E.E. Swierstra. 1970. Influence of the sire on litter size in swine. **J. Anim. Sci.** 50: 671-675.
- Roehe, R., N.P. Shrestha, W.Mekkway, E.M. Baxter, P.W. Knap, K.M. Smurthwaite, S. Jarvis, A.B. Lawrence, and S.A. Edwards. 2009. Genetic analyses of piglet survival and individual birth weight on first generation data of a selection experiment for piglet survival under outdoor conditions. **Livest. Prod. Sci.** 121: 173-181.

- Roehe, R. 1999. Genetic determination of individual birth weight and its association with sow Productivity traits using Bayesian analyses. **J. Anim. Sci.** 77: 330–343.
- 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.
- _____ and _____. 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.
- Rydhmer, L., K. Johansson, and I. Eliasson-Selling. 1992. A Genetic study of pubertal age, litter traits, weight loss during lactation and relation and relations to growth and leanness in gilts. **J. Anim. Sci.** 42: 211-219.
- Rydhmer, L., N. Lundenheim, and K. Johansson. 1995. Genetic parameter for reproduction traits in sows and relations to performance-test measurements. **J. Anim. Breed. Genet.** 12: 33-42.
- _____, N, Lundenheim, and K. Johansson. 1995. Genetic parameters for reproduction traits in sows and relations to performance-test measurement. **J. Anim. Breed. Genet.** 12: 33-42.
- Soede, N.M., C.C.H. Wetzels, W. Zondag, M.A.I. De Koning, and B. Kemp. 1995. Effects of time of insemination relative to ovulation, as determined by ultrasonography, on fertilization. **J. Reprod. Fert.** 104: 99-106.
- 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.
- _____. and _____. 1991. Genetic and environmental trends for litter size in swine. **J. Anim. Sci.** 69: 3177-3182.

- Su, G., M. S. Lund, and D. Sorensen. 2007. Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. **J. Anim. Sci.** 85: 1385-1392.
- Suwanasopee, T., J. W. Mabry, S. Koonawootrittriron, P. Sopannarath, and S. Tumwason. 2005. Estimated genetic parameters of non-productive sow days related to litter size in swine raised in Thailand. **J. Agri. Sci.** 38(3-4): 87-93.
- Swan, A.A. and B.P. Kinghorn. 1992. Evaluation and exploitation of crossbreeding in dairy cattle. **J. Dairy Sci.** 75: 624-639.
- Tummaruk, P., N. Lundeheim, S. Einarsson, and A.-M. Dalin. 2001. Effect of birth litter size, birth parity number, growth rate, backfat thickness and age at first mating of gilts on their reproductive performance as sows. **Anim. Repro. Sci.** 66: 225-237.
- Van der Lende, T., M.H.A. Willemsen, J.A.M. van Arendonk, and E.B.P.G. van Haandel. 1999. Genetic analysis of the service sire effect on litter size in swine. **Livest. Prod. Sci.** 58: 91-94.
- Wang, X. P., L. X. Wang, Z. M. Luo Ren, and S. D. Sun. 2008. Analysis of *PRLR* and *BF* genotypes associated with litter size in Beijing Black pig population. **J. Agric. Sci. China.** 7: 1374-1378.
- Wolf, J., E. Zakova, and E. Groeneveld. 2005. Genetic parameters for a joint genetic evaluation of production and reproduction traits in pigs. **J. Anim. Sci.** 3: 96-103.
- _____. _____, and _____. 2008. Within-litter variation of birth weight in hyperprolific Czech Large White sows and relation to litter size traits, stillborn piglets and losses until weaning. **Livest. Prod. Sci.** 115: 195-205.



ภาคผนวก

ภาคผนวกที่ 1 แบบหุนที่ 1 แสดงในรูป Mixed Model Equation (MME) ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_6 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1'R^{11}X_1 & \cdots & X_1'R^{16}X_1 & X_1'R^{11}Z_1 & \cdots & X_1'R^{16}Z_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}X_1 & \cdots & X_6'R^{66}X_6 & X_6'R^{61}Z_1 & \cdots & X_6'R^{66}Z_6 \\ Z_1'R^{11}X_1 & \cdots & Z_1'R^{16}X_6 & Z_1'R^{11}Z_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & Z_1'R^{16}Z_6 + G^{16}A^{-1} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}X_1 & \cdots & Z_6'R^{66}X_6 & Z_6'R^{61}Z_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & Z_6'R^{66}Z_6 + G^{66}A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1'R^{11}Y_1 & \cdots & X_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}Y_1 & \cdots & X_6'R^{66}Y_6 \\ Z_1'R^{11}Y_1 & \cdots & Z_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}Y_1 & \cdots & Z_6'R^{66}Y_6 \end{bmatrix}$$

ภาคผนวกที่ 2 แบบหุนที่ 2 แสดงในรูป Mixed Model Equation (MME) ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_6 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_6 \\ m_1 \\ \vdots \\ m_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1'R^{11}X_1 & \cdots & X_1'R^{16}X_6 & X_1'R^{11}Z_1 & \cdots & X_1'R^{16}Z_6 & X_1'R^{11}V_1 & \cdots & X_1'R^{16}V_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}X_1 & \cdots & X_6'R^{66}X_6 & X_6'R^{61}Z_1 & \cdots & X_6'R^{66}Z_6 & X_6'R^{61}V_1 & \cdots & X_6'R^{66}V_6 \\ Z_1'R^{11}X_1 & \cdots & Z_1'R^{16}X_6 & Z_1'R^{11}Z_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & Z_1'R^{16}Z_6 + G^{16}A^{-1} & W_1'R^{11}Z_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & W_1'R^{16}Z_6 + G^{16}A^{-1} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}X_1 & \cdots & Z_6'R^{66}X_6 & Z_6'R^{61}Z_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & Z_6'R^{66}Z_6 + G^{66}A^{-1} & W_6'R^{61}Z_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & W_6'R^{66}Z_6 + G^{66}A^{-1} \\ W_1'R^{11}X_1 & \cdots & W_1'R^{16}X_6 & W_1'R^{11}Z_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & W_1'R^{16}Z_6 + G^{16}A^{-1} & W_1'R^{11}W_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & W_1'R^{16}W_6 + G^{16}A^{-1} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ W_6'R^{61}X_1 & \cdots & W_6'R^{66}X_6 & W_6'R^{61}Z_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & W_6'R^{66}Z_6 + G^{66}A^{-1} & W_6'R^{61}W_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & W_6'R^{66}W_6 + G^{66}A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1'R^{11}Y_1 & \cdots & X_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}Y_1 & \cdots & X_6'R^{66}Y_6 \\ Z_1'R^{11}Y_1 & \cdots & Z_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}Y_1 & \cdots & Z_6'R^{66}Y_6 \\ W_1'R^{11}Y_1 & \cdots & W_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ W_6'R^{61}Y_1 & \cdots & W_6'R^{66}Y_6 \end{bmatrix}$$

ภาคผนวกที่ 3 แบบหุนที่ 3 แสดงในรูป Mixed Model Equation (MME) ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_6 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_6 \\ d_1 \\ \vdots \\ d_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1'R^{11}X_1 & \cdots & X_1'R^{16}X_6 & X_1'R^{11}Z_1 & \cdots & X_1'R^{16}Z_6 & X_1'R^{11}V_1 & \cdots & X_1'R^{16}V_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}X_1 & \cdots & X_6'R^{66}X_6 & X_6'R^{61}Z_1 & \cdots & X_6'R^{66}Z_6 & X_6'R^{61}V_1 & \cdots & X_6'R^{66}V_6 \\ Z_1'R^{11}X_1 & \cdots & Z_1'R^{16}X_6 & Z_1'R^{11}Z_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & Z_1'R^{16}Z_6 + G^{16}A^{-1} & Z_1'R^{11}V_1 & \cdots & Z_1'R^{16}V_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}X_1 & \cdots & Z_6'R^{66}X_6 & Z_6'R^{61}Z_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & Z_6'R^{66}Z_6 + G^{66}A^{-1} & Z_6'R^{61}V_1 & \cdots & Z_6'R^{66}V_6 \\ V_1'R^{11}X_1 & \cdots & V_1'R^{16}X_6 & V_1'R^{11}Z_1 & \cdots & V_1'R^{16}Z_6 & V_1'R^{11}V_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & V_1'R^{16}V_6 + G^{16}A^{-1} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ V_6'R^{61}X_1 & \cdots & V_6'R^{66}X_6 & V_6'R^{61}Z_1 & \cdots & V_6'R^{66}Z_6 & V_6'R^{61}V_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & V_6'R^{66}V_6 + G^{66}A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1'R^{11}Y_1 & \cdots & X_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}Y_1 & \cdots & X_6'R^{66}Y_6 \\ Z_1'R^{11}Y_1 & \cdots & Z_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}Y_1 & \cdots & Z_6'R^{66}Y_6 \\ V_1'R^{11}Y_1 & \cdots & V_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ V_6'R^{61}Y_1 & \cdots & V_6'R^{66}Y_6 \end{bmatrix}$$

ภาคผนวกที่ 4 แบบหุนที่ 4 แสดงในรูป Mixed Model Equation (MME) ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_6 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_6 \\ m_1 \\ \vdots \\ m_6 \\ d_1 \\ \vdots \\ d_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1'R^{11}X_1 & \cdots & X_1'R^{16}X_6 & X_1'R^{11}Z_1 & \cdots & X_6'R^{61}Z_1 & X_1'R^{11}W_1 & \cdots & X_1'R^{16}W_6 & X_1'R^{11}V_1 & \cdots & X_1'R^{16}V_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}X_1 & \cdots & X_6'R^{66}X_6 & X_6'R^{61}Z_1 & \cdots & X_6'R^{66}Z_6 & X_6'R^{61}W_1 & \cdots & X_6'R^{66}W_6 & X_6'R^{61}V_1 & \cdots & X_6'R^{66}V_6 \\ Z_1'R^{11}X_1 & \cdots & Z_1'R^{16}X_6 & Z_1'R^{11}Z_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & Z_1'R^{16}Z_6 + G^{16}A^{-1} & Z_1'R^{11}W_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & Z_1'R^{16}W_6 + G^{16}A^{-1} & Z_1'R^{11}V_1 & \cdots & Z_1'R^{16}V_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}X_1 & \cdots & Z_6'R^{66}X_6 & Z_6'R^{61}Z_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & Z_6'R^{66}Z_6 + G^{66}A^{-1} & Z_6'R^{61}W_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & Z_6'R^{66}W_6 + G^{66}A^{-1} & Z_6'R^{61}V_1 & \cdots & Z_6'R^{66}V_6 \\ W_1'R^{11}X_1 & \cdots & W_1'R^{16}X_6 & W_1'R^{11}Z_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & W_1'R^{16}Z_6 + G^{16}A^{-1} & W_1'R^{11}W_1 + G^{11}A^{-1} & \cdots & W_1'R^{16}W_6 + G^{16}A^{-1} & W_1'R^{11}V_1 & \cdots & W_1'R^{16}V_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ W_6'R^{61}X_1 & \cdots & W_6'R^{66}X_6 & W_6'R^{61}Z_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & W_6'R^{66}Z_6 + G^{66}A^{-1} & W_6'R^{61}W_1 + G^{61}A^{-1} & \cdots & W_6'R^{66}W_6 + G^{66}A^{-1} & W_6'R^{61}V_1 & \cdots & W_6'R^{66}V_6 \\ V_1'R^{11}X_1 & \cdots & V_1'R^{16}X_6 & V_1'R^{11}Z_1 & \cdots & V_1'R^{16}Z_6 & V_1'R^{11}W_1 & \cdots & V_1'R^{16}W_6 & V_1'R^{11}V_1 + F^{11}A^{-1} & \cdots & V_1'R^{16}V_6 + F^{16}A^{-1} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ V_6'R^{61}X_1 & \cdots & V_6'R^{66}X_6 & V_6'R^{61}Z_1 & \cdots & V_6'R^{66}Z_6 & V_6'R^{61}W_1 & \cdots & V_6'R^{66}W_6 & V_6'R^{61}V_1 + F^{61}A^{-1} & \cdots & V_6'R^{66}V_6 + F^{66}A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1'R^{11}Y_1 & \cdots & X_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ X_6'R^{61}Y_1 & \cdots & X_6'R^{66}Y_6 \\ Z_1'R^{11}Y_1 & \cdots & X_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_6'R^{61}Y_1 & \cdots & X_1'R^{16}Y_6 \\ W_1'R^{11}Y_1 & \cdots & W_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ W_6'R^{61}Y_1 & \cdots & W_6'R^{66}Y_6 \\ V_1'R^{11}Y_1 & \cdots & V_1'R^{16}Y_6 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ V_6'R^{61}Y_1 & \cdots & V_6'R^{66}Y_6 \end{bmatrix}$$

ภาคผนวกที่ 5 ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการ RENUM DATA FILE เพื่อให้ข้อมูลอยู่ในระบบตัวเลขด้วยโปรแกรม RENUMMAT เพื่อใช้ในการวิเคราะห์

```

data.prn          /*ชื่อเพิ่มข้อมูลที่น่าเข้าวิเคราะห์*/
Redata.prn       /*ชื่อเพิ่มข้อมูลที่ออกจากการวิเคราะห์*/
renum.prn        /*ชื่อเพิ่มข้อมูลที่พิมพ์ออกจากการวิเคราะห์*/
1                /*คอลัมน์พันธุ์สุกร*/
2                /*คอลัมน์กลุ่มการจัดการฝูง-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอดลูกในลำดับครอกที่ 1*/
3                /*คอลัมน์กลุ่มการจัดการฝูง-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอดลูกในลำดับครอกที่ 2*/
4                /*คอลัมน์กลุ่มการจัดการฝูง-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอดลูกในลำดับครอกที่ 3*/
5                /*คอลัมน์กลุ่มการจัดการฝูง-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอดลูกในลำดับครอกที่ 4*/
6                /*คอลัมน์กลุ่มการจัดการฝูง-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอดลูกในลำดับครอกที่ 5*/
7                /*คอลัมน์กลุ่มการจัดการฝูง-ปี-ฤดูกาลที่สุกรคลอดลูกในลำดับครอกที่ 6*/
8                /*คอลัมน์อายุสุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 1*/
9                /*คอลัมน์อายุสุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 2*/
10               /*คอลัมน์อายุสุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 3*/
11               /*คอลัมน์อายุสุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 4*/
12               /*คอลัมน์อายุสุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 5*/
13               /*คอลัมน์อายุสุกรเมื่อคลอดลูกในลำดับครอกที่ 6*/
14               /*คอลัมน์พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในลำดับครอกที่ 1*/
15               /*คอลัมน์พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในลำดับครอกที่ 2*/
16               /*คอลัมน์พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในลำดับครอกที่ 3*/
17               /*คอลัมน์พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในลำดับครอกที่ 4*/
18               /*คอลัมน์พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในลำดับครอกที่ 5*/
19               /*คอลัมน์พ่อพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์ในลำดับครอกที่ 6*/
0                /*จบคำสั่ง renum ปีจัยคยที่*/
0                /*จำนวนน้อยที่สุดของคำสั่งเกิด */
20 21 22 23 24 25 /*คอลัมน์คำสั่งเกิดที่ศึกษา*/
26              /*คอลัมน์หมายเลขประจำตัวสัตว์*/
ped.prn          /*ชื่อเพิ่มพันธุ์ประวัติที่น่าเข้าวิเคราะห์*/
Reped.prn/       /*ชื่อเพิ่มพันธุ์ประวัติที่ออกจากการวิเคราะห์*/
1 2 3 4         /*คอลัมน์หมายเลขประจำตัวสัตว์ พ่อ แม่ และปีเกิด*/
0              /*จบคำสั่ง renum พันธุ์ประวัติ*/
0 0 0          /*จำนวนน้อยที่สุดของการ renum พันธุ์ประวัติ*/
0              /*option repeatability*/
1              /* option maternal effect*/

```

ภาคผนวกที่ 6 ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์หองค์ประกอบความแปรปรวน
 คุณค่าการผสมพันธุ์ และค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90,
 และ ACCF90 สำหรับแบบหุ่นที่ 1

```

DATAFILE
Redata.prn
NUMBER_OF_TRAITS
6
NUMBER_OF_EFFECTS
10
OBSERVATION(S)
11 12 13 14 15 16
WEIGHT(S)
EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECTS
1 0 0 0 0 75 cross
0 2 0 0 0 61 cross
0 0 0 3 0 60 cross
4 0 0 0 0 31 cross
0 5 0 0 0 32 cross
0 0 6 0 0 30 cross
0 0 0 7 0 32 cross
0 0 0 8 0 30 cross
0 0 0 0 9 26 cross
10 10 10 10 10 10 2228 cross /*effect of direct genetic from animal*/
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
16.10 2.91 3.30 1.45 2.20 2.84
2.91 19.50 3.40 3.33 2.43 2.92
3.30 3.40 18.90 4.98 3.62 4.81
1.45 3.33 4.98 16.80 2.93 4.88
2.20 2.43 3.62 2.93 16.30 5.45
2.84 2.92 4.81 4.88 5.45 20.70
RANDOM_GROUP
10
RANDOM_TYPE
add_an_upg
FILE
Reped.prn
(CO)VARIANCES
0.65 -0.42 -0.38 0.47 0.10 0.08
-0.42 0.45 0.31 -0.15 0.07 0.06
-0.38 0.31 0.40 -0.03 0.21 0.19
0.47 -0.15 -0.03 1.35 0.70 0.68
0.10 0.07 0.21 0.70 0.77 0.60
0.08 0.06 0.19 0.68 0.60 0.61

```

ภาคผนวกที่ 7 ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์หองค้ประกอบความแปรปรวน
 คุณค่าการผสมพันธุ์ และค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90,
 และ ACCF90 สำหรับแบบหุนที่ 2

```

DATAFILE
Redat.prn
NUMBER_OF_TRAITS
6
NUMBER_OF_EFFECTS
5
OBSERVATION(S)
5 6 7 8 9 10
WEIGHT(S)
EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECTS
0 0 0 1 0 0    1 cov
0 0 0 0 2 0    1 cov
3 0 0 0 0 0    31 cross
4 4 4 4 4 4    3542 cross    /*effect of direct genetic from animal*/
11 11 11 11 11 11 3542 cross /*effect of maternal effect*/
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
8.07  1.48  1.56  1.02  1.74  1.42
1.48  8.24  1.41  1.32  0.97  0.83
1.56  1.41  8.37  1.89  1.90  1.68
1.02  1.32  1.89  7.72  2.13  1.81
1.74  0.97  1.90  2.13  8.38  2.02
1.42  0.83  1.68  1.81  2.02  7.46
RANDOM_GROUP
4 5
RANDOM_TYPE
add_an_upg
FILE
Reped.prn
(CO)VARIANCES
0.36  -0.13  -0.05  0.30  -0.34  -0.33  -0.22  0.02  0.03  -0.18  0.25  0.30
-0.13  0.29  0.16  0.17  0.30  0.14  -0.10  -0.07  -0.07  -0.08  -0.26  -0.20
-0.05  0.16  0.10  0.12  0.15  0.06  -0.08  -0.04  -0.04  -0.06  -0.14  -0.10
0.30  0.17  0.12  0.61  -0.11  -0.26  -0.41  -0.04  -0.04  -0.35  0.03  0.14
-0.34  0.30  0.15  -0.11  0.50  0.33  0.09  -0.07  -0.08  0.08  -0.40  -0.36
-0.33  0.14  0.06  -0.26  0.33  0.34  0.20  -0.03  -0.04  0.16  -0.25  -0.31
-0.22  -0.10  -0.08  -0.41  0.09  0.20  0.30  0.03  0.02  0.24  -0.03  -0.12
0.02  -0.07  -0.04  -0.04  -0.07  -0.03  0.03  0.03  0.02  0.02  0.06  0.05
0.03  -0.07  -0.04  -0.04  -0.08  -0.04  0.02  0.02  0.04  0.02  0.07  0.05
-0.18  -0.08  -0.06  -0.35  0.08  0.16  0.24  0.02  0.02  0.20  -0.03  -0.09
0.25  -0.26  -0.14  0.03  -0.40  -0.25  -0.03  0.06  0.07  -0.03  0.33  0.29
0.30  -0.20  -0.10  0.14  -0.36  -0.31  -0.12  0.05  0.05  -0.09  0.29  0.32

```

ภาคผนวกที่ 8 ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์หองค์ประกอบความแปรปรวน
 คุณค่าการผสมพันธุ์ และค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90,
 และ ACCF90 สำหรับแบบหุ่นที่ 3

```

DATAFILE
Redat.prn
NUMBER_OF_TRAITS
6
NUMBER_OF_EFFECTS
5
OBSERVATION(S)
6 7 8 9 10 11
WEIGHT(S)
EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECTS
0 0 0 1 0 0    1 cov
2 0 0 0 0 0    31 cross
0 3 0 0 0 0    32 cross
4 4 4 4 4 4    1651 cross    /*effect of parental subclass*/
5 5 5 5 5 5    3542 cross    /*effect of direct genetic from animal*/
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
7.04 0.28 0.41 0.42 0.50 -0.19
0.28 7.30 0.57 1.18 0.63 0.82
0.41 0.57 6.68 1.14 0.90 1.51
0.42 1.18 1.14 7.82 1.99 2.09
0.50 0.63 0.90 1.99 7.38 2.17
-0.19 0.82 1.51 2.09 2.17 6.90
RANDOM_GROUP
5
RANDOM_TYPE
add_an_upg
FILE
Reped.prn
(CO)VARIANCES
0.46 1.15 1.26 1.12 1.12 1.24
1.15 2.90 3.18 2.82 2.83 3.11
1.26 3.18 3.50 3.11 3.12 3.42
1.12 2.82 3.11 2.77 2.77 3.03
1.12 2.83 3.12 2.77 2.80 3.05
1.24 3.11 3.42 3.03 3.05 3.37
RANDOM_GROUP
4
RANDOM_TYPE
par_domin    /*pedigree can be created by program RENDOMN*/
FILE
domdReped.prn
(CO)VARIANCES
2.91 5.13 5.28 4.64 4.71 5.37
5.13 12.90 12.80 10.90 10.70 11.50
5.28 12.80 14.00 11.90 11.80 12.20
4.64 10.90 11.90 11.10 10.40 10.60
4.71 10.70 11.80 10.40 11.30 10.90
5.37 11.50 12.20 10.60 10.90 13.00

```

ภาคผนวกที่ 9 ตัวอย่าง PARAMETER FILE ที่ใช้ในการวิเคราะห์หึ่งค์ประกอบความแปรปรวน
 คุณค่าการผสมพันธุ์ และค่าความแม่นยำด้วยโปรแกรม REMLF90, BLUPF90,
 และ ACCF90 สำหรับแบบหุ่นที่ 4

```

DATAFILE
Redat.prn
NUMBER_OF_TRAITS
6
NUMBER_OF_EFFECTS
5
OBSERVATION(S)
5 6 7 8 9 10
WEIGHT(S)
EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECTS
0 0 0 1 0 0    1 cov
2 0 0 0 0 0    31 cross
3 3 3 3 3 3    1651 cross    /*effect of parental subclass*/
4 4 4 4 4 4    3542 cross    /*effect of direct genetic from animal*/
11 11 11 11 11 11 3542 cross /*effect of maternal effect*/
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
8.31  1.53  1.38  1.27  1.43  0.96
1.53  8.55  1.74  1.91  1.71  0.75
1.38  1.74  8.81  2.02  2.03  1.96
1.27  1.91  2.02  8.45  1.92  2.00
1.43  1.71  2.03  1.92  8.64  2.39
0.96  0.75  1.96  2.00  2.39  7.09
RANDOM_GROUP
4 5
RANDOM_TYPE
add_an_upg
FILE
Reped.prn
(CO)VARIANCES
0.36  0.07  0.11  0.20  0.21  0.42  -0.17  -0.09  -0.08  -0.14  -0.12  -0.28
0.07  0.20  0.05  0.00  -0.08  0.10  -0.05  -0.10  -0.03  0.00  0.03  -0.07
0.11  0.05  0.22  0.20  0.21  0.05  -0.06  -0.04  -0.13  -0.12  -0.12  -0.07
0.20  0.00  0.20  0.44  0.32  0.14  -0.11  -0.01  -0.11  -0.24  -0.17  -0.10
0.21  -0.08  0.21  0.32  0.64  0.19  -0.09  -0.02  -0.13  -0.21  -0.35  -0.19
0.42  0.10  0.05  0.14  0.19  0.85  -0.18  -0.14  -0.05  -0.13  -0.12  -0.54
-0.17  -0.05  -0.06  -0.11  -0.09  -0.18  208.00  46.40  79.70  54.00  61.60  40.40
-0.09  -0.10  -0.04  -0.01  -0.02  -0.14  46.40  234.00  83.50  110.00  70.30  196.00
-0.08  -0.03  -0.13  -0.11  -0.13  -0.05  79.70  83.50  213.00  92.30  101.00  78.00
-0.14  0.00  -0.12  -0.24  -0.21  -0.13  54.00  110.00  92.30  158.00  65.10  141.00
-0.12  0.03  -0.12  -0.17  -0.35  -0.12  61.60  70.30  101.00  65.10  203.00  116.00
-0.28  -0.07  -0.07  -0.10  -0.19  -0.54  40.40  196.00  78.00  141.00  116.00  510.00

```

RANDOM_GROUP

3

RANDOM_TYPE

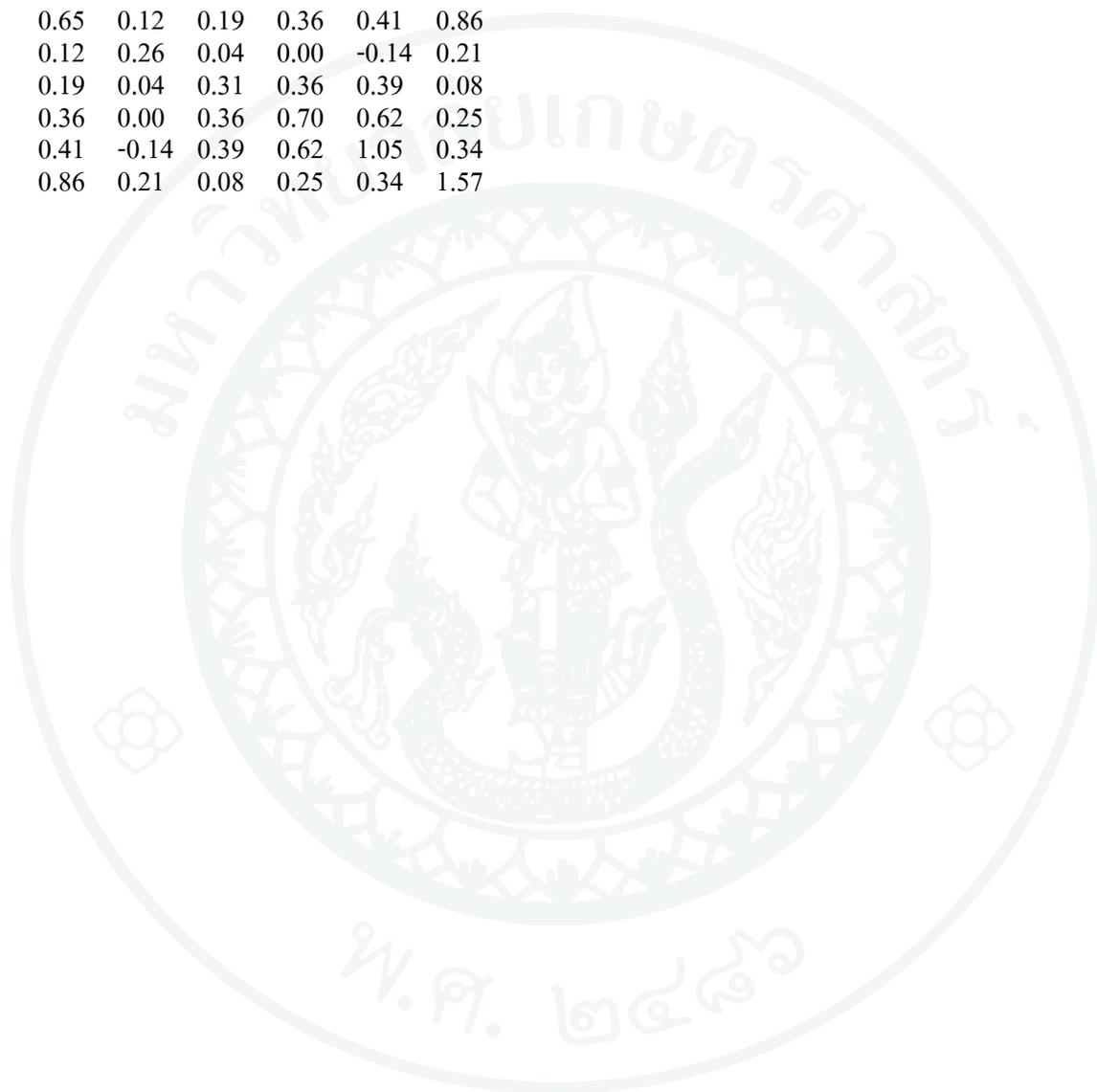
par_domin

FILE

domdReped.prn /*pedigree can be created by program RENDOMN*/

(CO)VARIANCES

0.65	0.12	0.19	0.36	0.41	0.86
0.12	0.26	0.04	0.00	-0.14	0.21
0.19	0.04	0.31	0.36	0.39	0.08
0.36	0.00	0.36	0.70	0.62	0.25
0.41	-0.14	0.39	0.62	1.05	0.34
0.86	0.21	0.08	0.25	0.34	1.57



ประวัติการศึกษาและการทำงาน

ชื่อ-นามสกุล	นายอลงกรณ์ คงเจริญ
วัน เดือน ปี ที่เกิด	2 กันยายน 2527
สถานที่เกิด	อ. มวกเหล็ก จ. สระบุรี
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (สัตวศาสตร์และเทคโนโลยีการเกษตร) มหาวิทยาลัยศิลปากร วิทยาเขตสารสนเทศเพชรบุรี จ. เพชรบุรี
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	ทุนสนับสนุนการทำวิทยานิพนธ์ เพื่อการตีพิมพ์ในวารสารวิชาการ ระดับชาติหรือนานาชาติ จากบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ผลงานนำเสนอ

อลงกรณ์ คงเจริญ ศรีัญญา ชูเจริญ พศุฒิยา นิลประพุกษ์ ภัทรภาพร ภูมรินทร์ และพรรณธิภาณ
เชียงใหม่. เปรียบเทียบคุณค่าทางโภชนาการในพืชตระกูลถั่วสกุล *Vigna* บางชนิด. ใน: การประชุม
วิชาการ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน ครั้งที่ 3. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
วิทยาเขตกำแพงแสน, นครปฐม. วันที่ 7 ธันวาคม 2549, หน้า 740-746.

อลงกรณ์ คงเจริญ วาณิชชัยวัฒน์สิน และ ศรีสุวรรณ ชมชัย. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทาง
พันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกันในแม่สุกรลูกผสม. ใน: การประชุม
วิชาการ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน ครั้งที่ 8. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
วิทยาเขตกำแพงแสน, นครปฐม. วันที่ 8-9 ธันวาคม 2554, หน้า 25.

อลงกรณ์ คงเจริญ วาณิชชัยวัฒน์สิน และ ศรีสุวรรณ ชมชัย. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม
ของลักษณะน้ำหนักแรกเกิดลูกสุกรทั้งครอกในลำดับครอกที่ต่างกันในสุกร. ใน: การประชุม
วิชาการเสนอผลงานวิจัยระดับบัณฑิตแห่งชาติ ครั้งที่ 23. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์เทคโนโลยี
ราชมงคลอีสาน, นครราชสีมา. วันที่ 23-24 ธันวาคม 2554, หน้า 43.

อลงกรณ์ คงเจริญ วาณิชชัยวัฒน์สิน และ ศรีสุวรรณ ชมชัย. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทาง
พันธุกรรมของลักษณะขนาดครอกในลำดับครอกที่ต่างกันของแม่สุกรลูกผสมลาจัวท์
และแลนด์เรซ. วารสารแก่นเกษตร. ตอรับการตีพิมพ์วันที่ 16 กุมภาพันธ์ 2555 โดยจะ
ตีพิมพ์ใน ฉบับที่ 2 ปีที่ 40 (2555).