

บทที่ 5

อุปกรณ์และวิธีการ

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาเก็บรวบรวมจากฟาร์มสุกรจำนวน 4 ฟาร์มในเขตภาคตะวันออกเฉียงของประเทศไทย (เจ้าของฟาร์มของสงวนนาม) เป็นสุกรเพศเมียที่ได้รับการพัฒนาภายใต้สภาพการเลี้ยงดูของฟาร์มเอกชน ซึ่งประกอบด้วยสุกรพันธุ์ครูดอก ขอร์คเชียร์ แลนด์เรซ และสุกรลูกผสมที่เกิดจากการผสมข้ามภายในพันธุ์ (outcrossing) ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2536 ถึง พ.ศ. 2539 ผู้ศึกษาจะเก็บข้อมูลสมรรถภาพของสุกร และรายงานการผสม รวมทั้งพันธุ์ประวัติของสุกร จากระเบียนประวัติของฟาร์ม และทำการศึกษาค้นคว้าข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับสุกรและการจัดการภายในฟาร์มเพื่อเป็นประโยชน์สำหรับการวิเคราะห์ต่อไป

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

ข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับสุกรและการจัดการฟาร์ม

ก. การพัฒนาสายพันธุ์สุกร สุกรที่ทำการศึกษทั้งหมดเป็นสุกรที่เกิดในประเทศไทย เดิมได้รับการคัดเลือกเพื่อลดความหนาไขมันสันหลังโดยวัดความหนาไขมันสันหลังด้วยเครื่องมืออัลตราโซนิก ต่อมาปี 2536 ได้นำเครื่องมืออัลตราซาวด์แสดงภาพที่เห็นขณะนั้นมาใช้วัดความหนาไขมันสันหลัง เนื่องจากเครื่องมือใหม่นี้สามารถประมาณเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงได้ทางฟาร์มจึงเปลี่ยนลักษณะที่ใช้เป็นเกณฑ์ในการคัดเลือกจากความหนาไขมันสันหลังมาเป็น

เพิ่มเปอร์เซ็นต์เนื้อแดง อย่างไรก็ตาม Stewart และ Schinckel (1991) รายงานว่าเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงและความหนาไขมันสันหลังมีความสัมพันธ์ตรงข้ามกันสูงโดยมีค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_{gg}) เท่ากับ -0.87 และค่าเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงที่ใช้เป็นเกณฑ์ในการคัดเลือกเป็นค่าที่คำนวณมาจากค่าความหนาไขมันสันหลังและพื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน ดังนั้นการคัดเลือกเพื่อเพิ่มเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงยังคงมีผลต่อการลดความหนาไขมันสันหลัง

ในช่วง 3 ปี ที่ทำการศึกษามีการนำเข้าสุกรใหม่จากต่างประเทศดังนั้นการเปลี่ยนแปลงของพันธุกรรมจึงเกิดเนื่องจากการคัดเลือกเท่านั้น

ข. **การบันทึกข้อมูล** สุกรทุกตัวที่ใช้ในการศึกษาเป็นสุกรที่ผ่านการทดสอบพันธุ์จากฟาร์มปุ๋-ย่าพันธุ์ฟาร์มเดียวกัน สุกรจะเข้าทดสอบพันธุ์ที่อายุประมาณ 9 สัปดาห์ มีน้ำหนักเฉลี่ยประมาณ 22 กิโลกรัม หลังจากทดสอบพันธุ์เป็นเวลา 3 เดือน จะทำการวัดสมรรถภาพของสุกรโดยการชั่งน้ำหนักตัวสุกร วัดความหนาไขมันสันหลังและพื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน ด้วยเครื่องอัลตราซาวด์แสดงภาพที่เห็นขณะนั้น หลังจากนั้นคำนวณหาค่าเปอร์เซ็นต์เนื้อแดง (lean %) และค่าอัตราการเพิ่มเนื้อแดง (lean gain) ปรับที่น้ำหนัก 230 ปอนด์ โดยใช้สูตรดังนี้ (Liu, 1993)

$$\text{Lean\%} = 100 * (85.000 - 0.042 * \text{Live_Weight} - 16.440 * \text{Live_Fat} + 4.692 * \text{Live_Area}) / 170 \quad (12)$$

โดยที่

Live_Weight = น้ำหนักสุกรเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลังและพื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน
 Live_Fat = ความหนาไขมันสันหลัง
 Live_Area = พื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน

$$\begin{aligned}
 \text{Lean gain} = & 0.9 - 0.0044 * \text{Initial_Test_Weight} \\
 & - 0.0070 * \text{Days_on_Test} \\
 & - 0.1500 * \text{Live_Fat} \\
 & + 0.0180 * \text{Live_Area} \\
 & + 0.0047 * \text{Live_Weight} * 0.74
 \end{aligned}
 \tag{13}$$

โดยที่

Initial_Test_Weight = น้ำหนักสุกรเมื่อเริ่มทดสอบ
 Days_on_Test = จำนวนวันที่สุกรได้รับการทดสอบ
 Live_Fat = ความหนาไขมันสันหลัง
 Live_Area = พื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน
 Live_Weight = น้ำหนักสุกรเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลัง
 และพื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน

ลักษณะต่างๆ ที่ทางฟาร์มทำการบันทึก คือ

1. ความหนาไขมันสันหลังที่ตำแหน่งซีโครงที่ 10 มีหน่วยเป็นเซนติเมตร
2. อัตราการเจริญเติบโตเฉลี่ยต่อวัน ศึกษาจากน้ำหนักสุกรที่อายุประมาณ 9 สัปดาห์ ถึงน้ำหนักประมาณ 100 กิโลกรัม มีหน่วยเป็นกรัม
3. พื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน วัดโดยใช้เครื่องอัลตราซาวด์แสดงภาพที่เห็นขณะนั้น มีหน่วยเป็นตารางเซนติเมตร
4. เปอร์เซ็นต์เนื้อแดง มีหน่วยเป็นเปอร์เซ็นต์
5. อัตราการเพิ่มเนื้อแดงต่อวัน มีหน่วยเป็นกรัมต่อวัน
6. น้ำหนักเมื่อออกทดสอบ มีหน่วยเป็นกิโลกรัม

ค. การจัดการสุกรสาว สุกรสาวที่ผ่านการทดสอบจะได้รับการจัดการเหมือนกัน โดยแบ่งเป็นขั้นตอนต่างๆ คือ

1. การดูแลสุกรสาวทดแทน (Replacement gilts) มีขั้นตอนในการปฏิบัติ ดังนี้

ก) ย้ายสุกรขึ้นทดแทนเมื่ออายุประมาณ 6 เดือน ในบันทึกของสุกรจะมี วันที่สุกรย้ายขึ้นทดแทน ทำให้สามารถคำนวณอายุเมื่อขึ้นทดแทนได้

ข) เมื่อสุกรมาถึงจะต้องมีน้ำไว้ให้กินอย่างพอเพียง และให้อาหารจำนวนพอเหมาะเพื่อลดความเครียดเนื่องจากการขนส่ง

ค) ให้สุกรสาวปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมใหม่ไม่ต่ำกว่า 45 วัน เพื่อให้เกิดการสร้างภูมิคุ้มกัน และเลี้ยงไว้ใกล้กับคอกพ่อสุกรพันธุ์

ง) เริ่มตรวจการเป็นสัดเมื่อสุกรย้ายเข้ามาอยู่ในคอกสุกรทดแทนได้ ประมาณ 21 วัน (3 อาทิตย์) บันทึกการเป็นสัด และประมาณวันเป็นสัดรอบถัดไป เพื่อใช้สำหรับจัดกลุ่มผสมพันธุ์

จ) ย้ายสุกรสาวไปสู่เล้าผสมก่อนทำการผสม 3-5 วัน

2. การผสมครั้งแรก มีข้อกำหนดที่พึงปฏิบัติดังนี้

ก) ผสมเมื่ออายุอย่างน้อย 7 - 8 เดือน (210-240 วัน) และเข้ามาอยู่ในฟาร์มอย่างน้อย 45 วัน

ข) ย้ายสุกรสาวมาสู่เล้าผสมก่อนทำการผสม 3-5 วัน และได้รับการกระตุ้นโดยพ่อพันธุ์สุกร

ค) เช็คการเป็นสัดวันละสองครั้ง เช้า-เย็น

ง) สุกรสาวที่พร้อมสำหรับการผสมจะต้องยืนนิ่งเมื่อมีน้ำหนักรีดบนหลัง

จ) ทำการผสม

ฉ) ถ้าสุกรไม่ได้รับการผสมภายใน 3 เดือนหลังจากขึ้นทดแทน หรือสุกรมีอายุประมาณ 9 - 11 เดือน (270-330 วัน) สุกรจะถูกคัดทิ้ง

3. การจัดการกลุ่มผสม กลุ่มผสมประกอบไปด้วย แม่สุกรหย่านม สุกรสาวทดแทน สุกรตกค้าง (ถ้ามี) จำนวนสุกรสาวที่จะเข้ากลุ่มผสมจะทราบจำนวนล่วงหน้าแน่นอน แม่สุกรหย่านมส่วนหนึ่งจะถูกคัดทิ้งเนื่องจากผลผลิตต่ำ หรือเนื่องจากปัญหาสุขภาพ

เป้าหมายการผสมทราบล่วงหน้าแน่นอนถ้าสุกรหย่านมรวมกับสุกรสาวทดแทนเกินเป้าผสม จะปรับจำนวนสุกรที่จะผสมโดยการ ไม่ผสมแม่สุกรหย่านมที่เป็นท้องแรก (first parity) หรือไม่ผสมแม่สุกรที่สูญเสียน้ำหนักมาก (bad condition) ดังนั้นสุกรสาวทุกตัวเมื่อเข้าสู่กลุ่มผสมแล้วทุกตัวจะได้รับการผสม เว้นแต่มีปัญหาด้านสุขภาพ

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

ก. ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาแบ่งเป็น 3 ไฟล์ข้อมูล คือ

1. ข้อมูลเกี่ยวกับลักษณะการสืบพันธุ์ ประกอบด้วย

ก) เลขประจำตัวสุกร ซึ่งระบุถึงพันธุ์ เพศ และเบอร์หูของสุกร

ข) วัน-เดือน-ปีเกิด

ค) วัน-เดือน-ปีที่ผสม

ง) ครั้งที่ผสม

จ) ครั้งที่สุกรให้ลูก (parity)

2. ข้อมูลเกี่ยวกับลักษณะการผลิต ประกอบด้วย

ก) เลขประจำตัวสุกร

- ข) อัตราการเจริญเฉลี่ยต่อวัน
- ค) ความหนาไขมันสันหลัง
- ง) พื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน
- จ) เปอร์เซนต์เนื้อแดง
- ฉ) อัตราการเพิ่มเนื้อแดงต่อวัน

3. ข้อมูลพื้นฐานประวัติ ประกอบด้วย

- ก) เลขประจำตัวของสุกร
- ข) เลขประจำตัวพ่อของสุกร
- ค) เลขประจำตัวแม่ของสุกร

ข. การจัดการข้อมูลเบื้องต้น

1. **คัดเลือกข้อมูล** ข้อมูลที่คัดลอกมาจากทะเบียนประวัติของทั้ง 4 ฟาร์ม จำนวน 83,032 บันทึก เมื่อคัดเลือกให้เหลือเฉพาะข้อมูลของสุกรพันธุ์ครอก ยอร์คเชียร์ และแลนด์เรซ ที่เกิดและได้รับการผสมพันธุ์ในช่วงปี พ.ศ. 2536-2539 เหลือข้อมูลทั้งหมด 18,671 บันทึก จากนั้นทำการคัดเลือกให้เหลือเฉพาะสุกรที่ได้รับการผสมครั้งแรกและให้ลูกเป็นครอกแรกเท่านั้น รวมไฟล์ข้อมูลลักษณะการสืบพันธุ์กับไฟล์ข้อมูลลักษณะการผลิตเข้าด้วยกันตามเบอร์สุกรและตัดบันทึกที่ไม่มีข้อมูลในบางลักษณะ (missing data) เพื่อให้สุกรแต่ละตัวมีข้อมูลครบทั้งสองลักษณะที่จะทำการศึกษา

2. **ตรวจสอบความปกติของข้อมูล** จากข้อกำหนดในการจัดการสำหรับการผสมครั้งแรกพบว่าสุกรควรได้รับการผสมเมื่อมีอายุอยู่ระหว่าง 210-330 วัน เมื่อทำการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นพบว่าสุกรบางกลุ่มมีอายุเมื่อผสมครั้งแรกต่ำ หรือสูงผิดปกติ ซึ่งเกิด

จากการจัดการที่ไม่ได้มาตรฐานหรือเกิดจากปัญหาสุขภาพของสุกร ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้ จึงไม่นำข้อมูลที่สุกรมีอายุเมื่อผสมครั้งแรกน้อยกว่า 210 วัน และมากกว่า 330 วัน เป็นจำนวนทั้งสิ้น 3.24 และ 1.56 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับมาใช้ในการศึกษา รวมข้อมูลที่เข้าทำการวิเคราะห์ทั้งสิ้น 5,305 บันทึก ดังรายละเอียดในตารางที่ 5

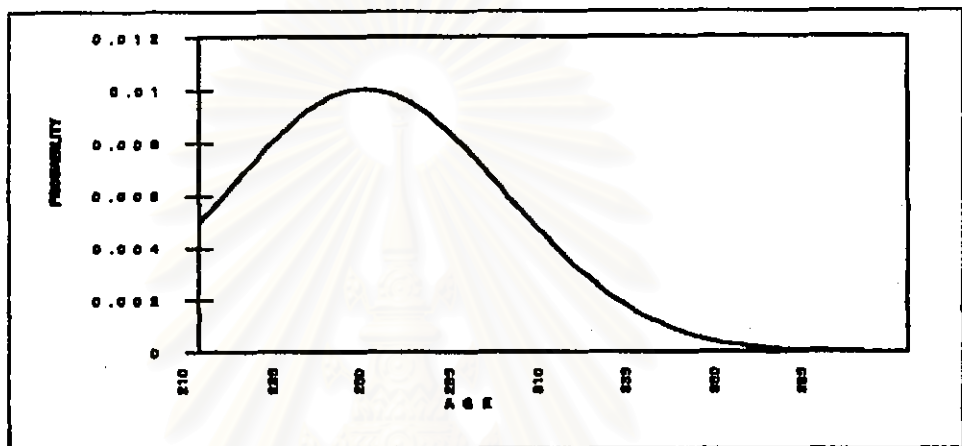
ตารางที่ 5 จำนวนสุกรที่ใช้ในการศึกษาแยกตามฟาร์มและพันธุ์สุกร

รายการ	ครอค	ยอร์กเชียร์	แลนค์เชซ	รวม
ฟาร์ม 1	245	923	711	1,879
ฟาร์ม 2	-	399	328	727
ฟาร์ม 3	293	527	794	1,614
ฟาร์ม 4	107	591	387	1,085

3. ตรวจสอบการกระจายของข้อมูล เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ เป็นข้อมูลที่เก็บมาจากภาคสนาม (field data) ซึ่งปัจจัยต่างๆ ของสิ่งแวดล้อมมีอิทธิพลต่อลักษณะที่ใช้ในการศึกษา โดยข้อมูลรวบรวมจากสุกรต่างพันธุ์ มีน้ำหนักเมื่อวัดไขมันสันหลัง ผุ่ที่สุกรได้รับการเลี้ยงดู ปี-ฤดูกาลที่สุกรเกิดแตกต่างกัน อีกทั้งจำนวนข้อมูลในแต่ละชั้นของปัจจัยต่างๆก็ไม่มีเท่ากัน และมีการคัดเลือกเกิดขึ้นอย่างต่อเนื่อง การศึกษาครั้งนี้จึงวิเคราะห์ข้อมูลด้วยแบบหุ่ผสมเชิงเส้นตรง (Henderson, 1973) ทำการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี REML โดยโปรแกรมสำเร็จรูป MTDFREML (Boldman et al., 1993) และวิเคราะห์คุณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี BLUP ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป PEST (Groeneveld, 1990)

เนื่องจากการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี REML มีข้อกำหนด (assumption) ว่าข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์มีการกระจายปกติ (normal distribution)

ดังนั้นก่อนทำการวิเคราะห์ความแปรปรวนจึงต้องทำการตรวจสอบการกระจายของข้อมูลด้วยคำสั่ง Proc Univariate ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS (Statistical Analysis System, 1985) พบว่าข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นตัวอย่างที่สุ่มมาจากประชากรที่มีการกระจายแบบปกติที่ระดับความเชื่อมั่น 99 เปอร์เซ็นต์ ดังแสดงในรูปที่ 1



รูปที่ 1 กราฟแสดงการกระจายของข้อมูลอายุเมื่อผสมครั้งแรก ที่มีการกระจายแบบปกติ (normal distribution)

โมเดลและการวิเคราะห์

การวิเคราะห์เบื้องต้น

ก. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่ออายุเมื่อผสมครั้งแรก จากการตรวจเอกสารพบว่า มีปัจจัยคงที่คือ ผู้ที่สุกรได้รับการเลี้ยงดู ปีที่สุกรเกิด ฤดูกาลที่สุกรเกิด และพันธุ์ของสุกร ปัจจัยสุ่มคือความหนาไขมันสันหลังที่ตำแหน่งซีโครงที่ 10 อัตราการเจริญเติบโต เปอร์เซ็นต์เนื้อแดง อัตราการเพิ่มเนื้อแดง และพื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน เนื่องจากเปอร์เซ็นต์เนื้อแดงและอัตราการเพิ่มเนื้อแดงเป็นค่าที่คำนวณมาจากความหนาไขมันสันหลังและพื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน

ดั่งสมการ (12) และ (13) ทำให้ลักษณะเหล่านี้ไม่อิสระต่อกันในการศึกษาครั้งนี้จึงไม่พิจารณาทั้งสองลักษณะนี้ สำหรับปัจจัยสุ่มที่เหลือคือ ความหนาไขมันสันหลัง อัตราการเจริญเติบโต และพื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน มีความแปรปรวนร่วมกัน (Stewart and Schinckel, 1991) จึงทำการวิเคราะห์แยกกันคราวละลักษณะ วิเคราะห์ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่ออายุเมื่อผสมครั้งแรก ด้วยคำสั่ง Proc GLM ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS โดยมีโมเดลในการวิเคราะห์ดังนี้

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + B_j + T_k + e_{ijk} \quad (14)$$

เมื่อ

$$y_{ijk} = \text{อายุเมื่อผสมครั้งแรกของสุกรตัวที่ } i \text{ ที่ได้รับอิทธิพลจากลักษณะที่ } k \text{ พันธุ์ที่ } j \text{ ผง-ปี-ฤดูกาล ที่ } i$$

$$\mu = \text{ค่าเฉลี่ยของลักษณะเป็นอิทธิพลรวมซึ่งค่าสังเกตทุกค่าได้รับ}$$

$$HYS_i = \text{อิทธิพลคงที่ของ ผง-ปี-ฤดูกาล ที่ } i \text{ (} i = 1, 2, 3, \dots, 36 \text{)}$$

$$B_j = \text{อิทธิพลคงที่ของพันธุ์ที่ } j \text{ (} j = 1, 2, 3 \text{)}$$

$$T_k = \text{อิทธิพลสุ่มเนื่องจากลักษณะที่ } k$$

$$\text{โดย } T_k \sim \text{NID} (0, \sigma_T^2)$$

ลักษณะในแต่ละคราวที่ทำการวิเคราะห์ คือ

1. ความหนาไขมันสันหลังที่ตำแหน่งซีโครงที่ 10
2. อัตราการเจริญเติบโต
3. พื้นที่หน้าตัดเนื้อสัน

$$e_{ijk} = \text{อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่ค่าสังเกตได้รับ}$$

$$\text{โดย } e_{ijk} \sim \text{NID} (0, \sigma_e^2)$$

ข. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อความหนาไขมันสันหลัง จากการตรวจเอกสารพบว่า มีปัจจัยคงที่คือ ฝูงที่สุกรได้รับการเลี้ยงดู ปีที่สุกรเกิด ฤดูกาลที่สุกรเกิด พันธุ์ และเพศของสุกร และมีน้ำหนักเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลังเป็นความแปรปรวนร่วม (covariate) เมื่อเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของน้ำหนักเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลังของสุกรแต่ละพันธุ์พบว่าแตกต่างกัน ($p < 0.01$) จึงทำการวิเคราะห์โดยให้น้ำหนักเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลังเป็นอิทธิพลซ้อน (nested effect) อยู่ในอิทธิพลของพันธุ์ และเนื่องจากศึกษาเฉพาะสุกรเพศเมียจึงไม่นำอิทธิพลเนื่องจากเพศเข้ามาศึกษา วิเคราะห์ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อความหนาไขมันสันหลังด้วยคำสั่ง Proc GLM ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS โดยมีโมเดลในการวิเคราะห์ดังนี้

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + B_j + NW_{k(j)} + e_{ijk} \quad (15)$$

เมื่อ

$$y_{ijk} = \text{ความหนาไขมันสันหลังของสุกรตัวที่ } i \text{ ที่ได้รับอิทธิพลจาก พันธุ์ที่ } j \text{ ฝูง-ปี-ฤดูกาล ที่ } i \text{ โดยมีน้ำหนักเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลังที่ } k \text{ ในพันธุ์ที่ } j$$

$$\mu = \text{ค่าเฉลี่ยของลักษณะเป็นอิทธิพลร่วมซึ่งคำสั่งเกิดทุกค่าได้รับ}$$

$$HYS_i = \text{อิทธิพลคงที่ของ ฝูง-ปี-ฤดูกาล ที่ } i \text{ (} i = 1, 2, 3, \dots, 36 \text{)}$$

$$B_j = \text{อิทธิพลคงที่ของพันธุ์ที่ } j \text{ (} j = 1, 2, 3 \text{)}$$

$$NW_{k(j)} = \text{อิทธิพลร่วมเนื่องจากน้ำหนักเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลังที่ } k \text{ ที่ซ้อนอยู่ในสายพันธุ์ที่ } j$$

$$e_{ijk} = \text{อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่คำสั่งเกิดได้รับ}$$

$$\text{โดย } e_{ijk} \sim NID(0, \sigma_e^2)$$

ค. วิเคราะห์ความสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ ระหว่างลักษณะอายุเมื่อผสมครั้งแรกกับลักษณะความหนาไขมันสันหลัง ด้วยคำสั่ง Proc Corr และ Proc GLM ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS โดยใช้ข้อมูลดิบ (raw data) และข้อมูลที่ได้รับการปรับอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยคงที่ (adjusted data) ดังนี้คือ ปรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุ์ออกจากลักษณะความหนาไขมันสันหลัง และปรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุ์และฟาร์มที่สุกรได้รับการเลี้ยงดูออกจากลักษณะอายุเมื่อผสมครั้งแรก

ผลการวิเคราะห์เบื้องต้นด้วยข้อมูลดิบของสุกรทุกพันธุ์รวมกันพบว่ามีความสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏระหว่างอายุเมื่อผสมครั้งแรกและความหนาไขมันสันหลัง ($p < 0.01$) จึงทำการวิเคราะห์อย่างละเอียดโดยแบ่งสุกรออกเป็น 3 กลุ่มตามความหนาไขมันสันหลัง คือ ความหนาไขมันสันหลังน้อยกว่า 1.2 เซนติเมตร ความหนาไขมันสันหลังอยู่ระหว่าง 1.2 ถึง 2.0 เซนติเมตร และความหนาไขมันสันหลังมากกว่า 2.0 เซนติเมตรตามลำดับ (N. Wang, personal communication, July 13, 1996) เนื่องจากมีรายงานว่ากลุ่มสุกรที่มีความหนาไขมันสันหลังก่อนการผสมครั้งแรกต่างกันจะมีประสิทธิภาพการสืบพันธุ์และช่วงเวลาที่ให้ผลผลิต (lifetime performance) ต่างกัน (Gaughan et al., 1995)

การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน

การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะที่ทำการศึกษา เพื่อจะนำไปประมาณค่าอัตราพันธุกรรม และสำหรับใช้ในการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ ได้ทำการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี REML เปรียบเทียบระหว่างการวิเคราะห์ด้วยโมเดลต่างกัน

ก. Sire Model วิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยคำสั่ง Proc Varcomp ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS โดยแยกความแปรปรวนเนื่องจากปัจจัยต่างๆ ด้วย Sire Model

โดยมีโมเดลสำหรับวิเคราะห์ลักษณะอายุเมื่อผสมครั้งแรก และสำหรับวิเคราะห์ลักษณะความหนาไขมันสันหลัง ดังนี้

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + B_j + S_k + e_{ijk} \quad (16)$$

เมื่อ

y_{ijk} = อายุเมื่อผสมครั้งแรก หรือความหนาไขมันสันหลังของสุกรตัวที่ i ที่ได้รับอิทธิพลจากพ่อสุกรตัวที่ k พันธุ์ที่ j ผูก-ปี-ฤดูกาล ที่ i

μ = ค่าเฉลี่ยของลักษณะเป็นอิทธิพลร่วมซึ่งค่าสังเกตทุกค่าได้รับ

HYS_i = อิทธิพลคงที่ของ ผูก-ปี-ฤดูกาล ที่ i ($i = 1, 2, 3, \dots, 36$)

B_j = อิทธิพลคงที่ของพันธุ์ที่ j ($j = 1, 2, 3$)

S_k = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากพ่อสุกรตัวที่ k ($k = 1, 2, \dots, 188$)

โดย $S_k \sim NID(0, \sigma_s^2)$

e_{ijk} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่ค่าสังเกตได้รับ

โดย $e_{ijk} \sim NID(0, \sigma_e^2)$

ข. Animal Model วิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood (MTDFREML) ของ Boldman และคณะ (1993) โดยแยกการวิเคราะห์ออกเป็นการวิเคราะห์คราวละลักษณะ (univariate analyses) และวิเคราะห์สองลักษณะพร้อมกัน (bivariate analyses)

1. วิเคราะห์คราวละลักษณะ โดยแยกความแปรปรวนเนื่องจากปัจจัยต่างๆ ด้วย Animal Model ตามโมเดลทางสถิติที่ (17) สำหรับวิเคราะห์ลักษณะอายุเมื่อผสมครั้งแรก และ (18) สำหรับวิเคราะห์ลักษณะความหนาไขมันสันหลัง ดังนี้

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + B_j + a_{ijk} + e_{ijk} \quad (17)$$

$$y_{ijk} = \mu + YS_i + B_j + fW_{m(j)} + a_{ijk} + e_{ijk} \quad (18)$$

- เมื่อ
- y_{ijk} = อายุเมื่อได้รับการผสมครั้งแรกแจกแจงตาม
ฟาร์ม-ปี-ฤดูกาลที่ i สายพันธุ์ที่ j ของสุกรตัวที่ k
- y_{jkl} = ความหนาไขมันสันหลังแจกแจงตาม
ปี-ฤดูกาลที่ i สายพันธุ์ที่ j น้ำหนักเมื่อวัดความหนา
ไขมันสันหลัง k ในสายพันธุ์ที่ j ของสุกรตัวที่ l
- μ = ค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อได้รับการผสมครั้งแรก เป็นอิทธิพลร่วม
ที่ค่าสังเกตทุกค่าได้รับ
- HYS_i = อิทธิพลคงที่ของ ฟาร์ม-ปีที่เกิด-ฤดูที่เกิด
(Herd-Year-Season) ที่ i ($i = 1, 2, \dots, 144$)
- YS_i = อิทธิพลคงที่ของ ปีที่เกิด-ฤดูที่เกิด
(Year-Season) ที่ i ($i = 1, 2, \dots, 36$)
- B_j = อิทธิพลคงที่เนื่องจากพันธุ์ ที่ j ($j = 1, 2, 3$)
- $FW_{k(j)}$ = อิทธิพลร่วมเนื่องจากน้ำหนักเมื่อวัดความหนาไขมันสันหลัง k
ที่ซ่อนอยู่ในสายพันธุ์ที่ j
- a_{jk} = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากอำนาจขึ้นแบบบวกสะสมของสุกรตัว
ที่ k ใน ฟาร์ม-ปี-ฤดูที่ i สายพันธุ์ที่ j ($k = 1, 2, \dots, 4194$)
- a_{jkl} = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากอำนาจขึ้นแบบบวกสะสมของสุกรตัว
ที่ l ใน ปี-ฤดูที่ i สายพันธุ์ที่ j
น้ำหนัก k ในสายพันธุ์ที่ j ($l = 1, 2, \dots, 4194$)
โดย a_{jk} และ $a_{jkl} \sim NID(0, A\sigma_e^2)$
- A = เมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์
- e_{jk}, e_{jkl} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆที่สุกรแต่ละตัวได้รับ
โดย $e_{jk} \sim NID(0, \sigma_e^2)$

โมเดล (17) และ (18) สามารถเขียนเป็นโมเดลในรูปทั่วไป (general form) หรือ mixed model equation (MME) ได้ในโมเดลเดียวกันดังนี้

$$y = X\beta + Za + e \quad (19)$$

โดยที่

y = เวกเตอร์ (vector) ของค่าสังเกต

X, Z = เป็นเมตริกที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกต กับปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่ม (Incident Matrix)

β = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ ที่ไม่ทราบค่า

a = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่ม โดยที่ $a \sim \text{NID}(0, A\sigma^2)$

A เป็นเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสุ่ม

e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน (error)

โดยให้ $e \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$

2. วิเคราะห์สองลักษณะพร้อมกัน เขียนเป็นโมเดลในรูปทั่วไปดังนี้

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad (20)$$

โดยที่

y_1, y_2 = เวกเตอร์ (vector) ของค่าสังเกตอายุเมื่อผสมครั้งแรก และ ความหนาไขมันสันหลัง

X_1, X_2 = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกต

(Z_1, Z_2) กับปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่ม (Incident Matrix)

- β_1, β_2 = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ ที่ไม่ทราบค่า ของลักษณะที่ 1 และ 2
 ต้องอธิบายไว้ในสมการที่ (17) และ (18)
- σ_1, σ_2 = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่ม ของลักษณะที่ 1 และ 2
 ต้องอธิบายไว้ในสมการที่ (17) และ (18)
- e_1, e_2 = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน ของลักษณะที่ 1 และ 2

โดยมีความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมดังนี้

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{a_1a_2} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_2} & A\sigma_{a_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e_1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix} \quad (21)$$

A เป็นเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์

3. ค่าเริ่มต้นที่ใช้ในการคำนวณ โปรแกรมสำเร็จรูป MTDFREML แบ่งการคำนวณเป็น 3 ขั้นตอนคือ

- ก) สร้างเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ที่กลับเมตริกซ์แล้ว (A^{-1})
- ข) เตรียมข้อมูล ป้อนโมเดลสำหรับการคำนวณ และสร้าง mixed model equation (MME)

ผลจากขั้นตอนนี้โปรแกรมจะบอกค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation, SD.) ของข้อมูลในแต่ละลักษณะที่ทำการศึกษา ซึ่งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานยกกำลังสองเท่ากับค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

$$(\text{SD.})^2 = \sigma_p^2 \quad (22)$$

ค) คำนวณองค์ประกอบความแปรปรวน โดยใช้วิธี Simplex method เพื่อหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน

ในขั้นตอนนี้โปรแกรมต้องการค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม หรือค่าความแปรปรวนของอำนาจยีนแบบบวกสะสม (additive genetic variance, σ^2_a) สำหรับเริ่มต้น (prior value) คำนวณ ในการคำนวณครั้งนี้ใช้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้มาจากการทบทวนเอกสาร คือ ลักษณะอายุเมื่อผสมครั้งแรกใช้ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอายุเมื่อโตเต็มวัยมีค่าเท่ากับ 0.32 (ตารางที่ 3) ค่าอัตราพันธุกรรมของความหนาไขมันสันหลังมีค่าเท่ากับ 0.37 (ตารางที่ 4) เป็นค่าเริ่มต้น โดยคำนวณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเพื่อใช้ในการเริ่มต้นการคำนวณ จากสูตรการคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมของ Falconer และ Mackay (1996) ดังนี้

$$h^2 = \frac{\sigma^2_e}{\sigma^2_p}$$

หรือ $\sigma^2_e = h^2 \cdot \sigma^2_p$

จาก (22) $(SD.)^2 = \sigma^2_p$

ดังนั้น $\sigma^2_e = h^2 \cdot (SD.)^2$ (23)

4. ขั้นตอนการคำนวณ Boldman และคณะ (1993) แนะนำว่าเพื่อให้การคำนวณสิ้นสุด (converge) เร็วขึ้น ควรเริ่มการคำนวณจาก 1 ลักษณะโดยกำหนดให้โปรแกรมหยุดคำนวณ (stop criteria) ที่ค่าปานกลางแล้วจึงนำผลที่ได้ไปใช้เป็นค่าเริ่มต้นสำหรับการคำนวณหลายลักษณะต่อไป การคำนวณองค์ประกอบความแปรปรวนมีขั้นตอนดังนี้

ก) ขั้นตอนที่ 1 คำนวณองค์ประกอบความแปรปรวนครั้งละ 1 ลักษณะ โดยใช้ค่าความแปรปรวนของพันธุกรรมที่ได้จากสมการ (23) เป็นค่าเริ่มต้น และกำหนดให้โปรแกรมหยุดการคำนวณเมื่อค่าความแปรปรวนที่ได้จากการคำนวณแต่ละซ้ำ (iteration) ต่างกันเท่ากับ 0.000001 หรือ 10^{-6}

ข) ขั้นตอนที่ 2 คำนวณองค์ประกอบความแปรปรวนของ 2 ลักษณะพร้อมกัน โดยใช้ค่าความแปรปรวนของพันธุกรรม ที่ได้จากการคำนวณในขั้นตอนที่ 1 เป็นค่าเริ่มต้น และกำหนดให้โปรแกรมหยุดการคำนวณเมื่อการคำนวณแต่ละขั้นมีค่าต่างกันเท่ากับ 0.000000000000001 หรือ 1^{-14}

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม

สำหรับการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมนั้น จะต้องใช้ค่าความแปรปรวนของอำนาจยีนแบบบวกสะสม และความแปรปรวนเนื่องจากสิ่งแวดล้อม (environmental variance, σ^2_e) ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้เรียกว่า heritability in the narrow sense จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนข้างต้นสามารถหาค่าอัตราพันธุกรรมได้จากสูตรการคำนวณดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

$$h^2 = \frac{\sigma^2_s}{\sigma^2_e + \sigma^2_s} \quad (24)$$

สำหรับกรณีทราบค่าองค์ประกอบความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของพ่อพันธุ์ (σ^2_s) สามารถคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมได้จากสูตรการคำนวณดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

$$h^2 = \frac{4\sigma^2_s}{\sigma^2_s + \sigma^2_e} \quad (25)$$

ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error, S.E.) ของอัตราพันธุกรรม สำหรับข้อมูลที่มีจำนวนในชั้นย่อยไม่เท่ากันจะคำนวณได้จากสูตรของ Swiger และคณะ (1964) ดังนี้

$$S.E. (h^2) = 4 \sqrt{\frac{2(N-1)(1-t)^2[1+(k-1)t]^2}{k^2(N-S)(S-1)}} \quad (26)$$

โดยที่

N = จำนวนข้อมูลทั้งหมด

S = จำนวนพ่อพันธุ์

$$k = \left(\frac{1}{S-1}\right) \times \left[N - \left(\frac{\sum n_i^2}{N}\right)\right] \quad (27)$$

n_i = จำนวนข้อมูลของพ่อที่ i

t = สหสัมพันธ์ภายในชั้น (intraclass correlation)

$$\text{assume } t = 0.25 h^2 \quad (\text{Lo et al., 1992})$$

ค่าประมาณของ t ที่ใช้ในสมการ (26) อยู่บนพื้นฐานของการคำนวณองค์ประกอบความแปรปรวนด้วย sire Model สำหรับการศึกษาค้างนี้คำนวณองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี REML จากทั้ง Sire Model และ Animal Model

การคำนวณค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานสำหรับค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้มาจาก Animal Model ในการศึกษาครั้งนี้คำนวณโดยใช้วิธีของ Swiger และคณะ (1964) เช่นเดียวกับการศึกษาของ Lo และคณะ (1992)

การประมาณค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ

จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนข้างต้นสามารถหาค่าสหสัมพันธ์ของมูลค่าการผสมพันธุ์ (correlation of breeding value) และสหสัมพันธ์ของสิ่งแวดล้อมรวมทั้งอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ไม่ใช่อำนาจยีนแบบรวมสะสม (environmental correlation including non-additive genetic effects) ของระหว่างลักษณะอายุเมื่อผสมครั้งแรกและความหนาไขมันสันหลังได้จากสูตรการคำนวณดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

$$\text{สหสัมพันธ์ของมูลค่าการผสมพันธุ์ } (r_{EE}) = \frac{\text{COV}_{E1E2}}{\sqrt{V_{E1}V_{E2}}} \quad (28)$$

$$\text{สหสัมพันธ์ของสิ่งแวดล้อม } (r_{ee}) = \frac{\text{COV}_{e1e2}}{\sqrt{V_{d1}V_{d2}}} \quad (29)$$

ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error, S.E.) ของค่าสหสัมพันธ์มูลค่าการผสมพันธุ์ คำนวณได้จากสูตรของ Falconer และ Mackay (1996) ดังนี้

$$\text{S.E.} = \frac{1-r_{xy}^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{\sigma_{h_x}^2 \sigma_{h_y}^2}{h_x^2 h_y^2}} \quad (30)$$

โดยที่

r_{xy} = สหสัมพันธ์ของมูลค่าการผสมพันธุ์ระหว่างลักษณะ x และ y

$\sigma_{h_x}^2, \sigma_{h_y}^2$ = ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของอัตราพันธุกรรมของลักษณะ x และ y

h_x^2, h_y^2 = ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะ x และ y

การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์

การวิเคราะห์อิทธิพลของปัจจัยคงที่และประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์สามารถกระทำได้พร้อมกันโดยใช้วิธี BLUP ซึ่งคำนวณหาผลเฉลยของ MME โดยใช้ Gauss-Seidel iteration โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป PEST (Groeneveld, 1990; Groeneveld and Kovac, 1990) ข้อจำกัด (assumption) ของวิธี BLUP คือไม่ทราบค่าเฉลี่ย แต่ทราบค่าความแปรปรวน ในการคำนวณครั้งนี้ใช้ค่าความแปรปรวนที่คำนวณได้จากโปรแกรมสำเร็จรูป MTDFREML ในขั้นตอนการวิเคราะห์ความแปรปรวน 2 ลักษณะพร้อมกัน

ทำการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ลักษณะ โดยใช้โมเดลที่ (17) สำหรับลักษณะอายุเมื่อผสมครั้งแรก และโมเดลที่ (18) สำหรับลักษณะความหนาไขมันสันหลัง โดยกำหนดให้โปรแกรมหยุดการคำนวณเมื่อผลเฉลยในแต่ละรอบของการคำนวณที่ติดกันมีค่าต่างกันไม่เกิน 0.001 หรือ 1^{-5}

การวิเคราะห์แนวโน้มทางพันธุกรรม

แนวโน้มทางพันธุกรรม คือ การเปลี่ยนแปลงคุณค่าการผสมพันธุ์ต่อหน่วยเวลา พันธุกรรมของฝูงสุกรที่ทำการศึกษามีการเปลี่ยนแปลงเนื่องจากการคัดเลือกสุกรขึ้นทดแทนเป็นพ่อ-แม่สุกรพันธุ์ใหม่ทุกเดือน ดังนั้นกลุ่มสุกรที่เกิดใหม่ทุกๆ เดือนจะมีพันธุกรรมที่เปลี่ยนแปลงไป ในการศึกษาครั้งนี้จึงทำการศึกษาแนวโน้มทางพันธุกรรมของอายุเมื่อผสมครั้งแรกและความหนาไขมันสันหลังของกลุ่มสุกรจำแนกตามเดือนเกิดของสุกร โดยมีการวิเคราะห์หลังจากได้คุณค่าการผสมพันธุ์จากขั้นตอนที่ผ่านมาดังนี้ (Kaplon et al, 1991)

1. จัดกลุ่มสุกรที่ทำการศึกษาตามเดือนที่สุกรเกิด แยกตามพันธุ์สุกร

2. คำนวณค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์ของสุกรแต่ละกลุ่ม โดยใช้คำสั่ง Proc Mean ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS
3. วิเคราะห์รีเกรชันระหว่างค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์และเดือนที่สุกรเกิด ด้วยคำสั่ง Proc Reg ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย