

## อภิปรายผล สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ

### ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ของลักษณะสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ที่ทำการศึกษา ได้แก่ ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม น้ำหนักลูกหย่านม ดังแสดงในตารางที่ 4.2 จากการศึกษาพบว่าค่าเฉลี่ยลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดที่มีชีวิต ในพันธุ์ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ และดูรอด สอดคล้องกับรายงานของ พีระพงษ์ แพงไพรี (2538), เทิดศักดิ์ อินทรักษ์ และคณะ (2539) และพรรณพงา แสงสุริยะ (2544) แต่ต่ำกว่ารายงานของ รัชฎา แสนไทย (2533) ขณะเดียวกันมีค่าสูงกว่ารายงานของ สุวิทย์ อโนทัยสินทวี และคณะ (2537) น้ำหนักลูกแรกเกิด ในพันธุ์ลาร์จไวท์ ยอร์คเชียร์ แลนด์เรซ และดูรอด มีค่าเฉลี่ยสอดคล้องกับรายงานของ พรรณพงา แสงสุริยะ (2544) แต่สูงกว่ารายงานของ สุวิทย์ อโนทัยสินทวี และคณะ (2537) จำนวนลูกหย่านม มีค่าเฉลี่ยสอดคล้องกับรายงานของ พรรณพงา แสงสุริยะ (2544) แต่สูงกว่ารายงานของ เทิดศักดิ์ อินทรักษ์ และคณะ (2539) ขณะเดียวกันมีค่าเฉลี่ยต่ำกว่ารายงานของ สุวิทย์ อโนทัยสินทวี และคณะ (2537) สำหรับน้ำหนักลูกหย่านม มีค่าเฉลี่ยสอดคล้องกับรายงานของ พรรณพงา แสงสุริยะ (2544) แต่สูงกว่ารายงานของ สุวิทย์ อโนทัยสินทวี และคณะ (2537) จะเห็นได้ว่าลักษณะต่างๆ ที่ทำการศึกษามีค่าเฉลี่ยที่สอดคล้องและแตกต่างจากรายงานต่างๆ ที่ทำการศึกษาก่อนหน้านี้ ทั้งนี้เนื่องจากสาเหตุของการจัดการภายในฟาร์มแต่ละแห่งมีความแตกต่างกันออกไป ไม่ว่าจะเป็นด้านการปรับปรุงพันธุ์หรือด้านการจัดการอื่นๆ ที่เกี่ยวข้อง ที่มีความแตกต่างกันออกไป

### องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรม

การประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน ของลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมด และมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม น้ำหนักลูกหย่านม ในการวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์ และการวิเคราะห์แยกแต่ละพันธุ์ คือ พันธุ์ลาร์จไวท์ ยอร์คเชียร์ แลนด์เรซ และดูรอด โดยการใช้วิธีการวิเคราะห์ Restricted Maximum Likelihood (REML) ด้วยโมเดลที่มีความแตกต่างกันในส่วนของปัจจัยอิทธิพลแบบสุ่ม คือ อิทธิพลแบบบวกลบสะสมของยีน และอิทธิพลแบบข้ามของยีน พบว่าค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนของลักษณะดังกล่าว มีความแตกต่างกันในแต่ละลักษณะและแต่ละพันธุ์ ความแตกต่างจากการวิเคราะห์แต่ละโมเดลจำแนกตามลักษณะที่ศึกษา มีดังนี้

### ลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมดและมีชีวิต

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกลบผสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ไม่พิจารณาอิทธิพลแบบข้ามของยีน และอิทธิพลอัตราเลือดชิด (โมเดลที่ 1) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำเท่ากับ 0.1594 และ 0.1171 สำหรับลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิต ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของพันธุ์ฮอร์คเชียร์สูงกว่าพันธุ์แลนด์เรซ ดุรอก และลาร์จไวท์ ตามลำดับ โดยพันธุ์ฮอร์คเชียร์มีค่า 0.2338 และ 0.1813 สำหรับจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิต ตามลำดับ มีค่าสูงกว่ารายงานของ Johnson และ Kennedy (1985), Rico (1991), Estany และ Sorensen (1994) และ Culbertson และคณะ (1998) แต่มีค่าต่ำกว่ารายงานของ Rydmer และคณะ (1992) และมีค่าสอดคล้องกับรายงานของ Revelle และ Robinson (1973) และจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิตของพันธุ์แลนด์เรซมีค่าเท่ากับ 0.1743 และ 0.1516 มีค่าสูงกว่ารายงานของ พรณพงา แสงสุริยะ (2543), จิรพรณ นพวงศ์ ณ อยุธยา และสุวิทย์ อโนทัยสินทวี และคณะ (2543), Southwood และ Kennedy (1990), Roehe และ Kennedy (1995b), Alfonso และคณะ (1997), Crump และคณะ (1997), Marois และคณะ (2000) และ Kim (2001) ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิตของพันธุ์ลาร์จไวท์มีค่าต่ำสุดเท่ากับ 0.1226 และ 0.1216 สูงกว่ารายงานของ อำนางเกตุใหม่และคณะ (2537ก,ข), ธวัชชัย อินทรตุล และพัชรินทร์ สนิธิไพโรจน์ (2539), Haley และ Lee (1992), Boesch และคณะ (1998), Due และคณะ (1998), Hermesch และคณะ (2000a,b) และ Blasco และคณะ (2001) แต่มีค่าต่ำกว่ารายงานของ Loger และคณะ (1999) และมีค่าสอดคล้องกับรายงานของ See และคณะ (1993), Perez Enciso และคณะ (1996) และ Adamec และ Johnson (1997) และลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิตของพันธุ์ดุรอกมีค่าเท่ากับ 0.1712 และ 0.1728 มีค่าต่ำกว่ารายงานของ ประชุมและคณะ (2537) แต่มีค่าสูงกว่ารายงานของ Rico (1991) และค่าสอดคล้องกับรายงานของ จิรพรณ นพวงศ์ ณ อยุธยา และคณะ (2543) และ Skorupski และคณะ (1996)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกลบผสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่พิจารณาอิทธิพลอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 2) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำเท่ากับ 0.1603 และ 0.1207 สำหรับลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิต ตามลำดับ มีค่าใกล้เคียงโมเดลที่ 1 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดของพันธุ์ลาร์จไวท์ (0.1267) มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 แต่จำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิต (0.1492) มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1 พันธุ์แลนด์เรซทั้งสองลักษณะมีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 1 พันธุ์ดุรอกจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดมีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 1 แต่จำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตมีค่าใกล้เคียงกับ

โมเดลที่ 1 และพันธู์ยอร์คเชียร์ ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดมีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 1 แต่จำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตมีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกระยะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่พิจารณาอิทธิพลแบบข่มของยีน อิทธิพลของอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 3) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธู์มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.2236 และ 0.1966 สำหรับลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิต ตามลำดับ ซึ่งมีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1 และ 2 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธู์ พบว่า ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิตของพันธู์ลาร์จไวท์มีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 1 และ 2 สำหรับพันธู์แลนด์เรซ ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดและมีชีวิตมีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 2 แต่มีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 1 พันธุ์ดูรอก ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดมีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 แต่มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 2 แต่จำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตมีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 และ 2 และพันธู์ยอร์คเชียร์ ลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดมีค่าต่ำกว่าทั้งโมเดลที่ 1 และ 2 สำหรับจำนวนลูกแรกเกิดมีชีวิตมีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 2 แต่มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 สำหรับค่าสัดส่วนของอิทธิพลแบบข่มของยีนต่อลักษณะปรากฏทั้งสองลักษณะ ผลการวิเคราะห์รวมทุกพันธู์มีค่าเท่ากับ 0.3570E-05 และ 0.4396E-04 ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์แยกพันธู์ พบว่าลักษณะจำนวนลูกแรกเกิดทั้งหมดของพันธู์ยอร์คเชียร์มีค่าสูงกว่าพันธู์แลนด์เรซ และลาร์จไวท์เท่ากับ 0.0604, 0.0404 และ 0.0307 ตามลำดับ แต่มีค่าต่ำกว่าพันธู์ดูรอก (0.0951) สำหรับจำนวนลูกเกิดมีชีวิตทั้งหมดของพันธู์ยอร์คเชียร์มีค่าสูงกว่าพันธู์ลาร์จไวท์ แลนด์เรซ และดูรอกเท่ากับ 0.0577, 0.0400, 0.0264, และ 0.0137 ตามลำดับ ทั้งนี้ผลการวิเคราะห์มีค่าต่ำกว่ารายงานของ Ishida และคณะ (2001) และ Culbertson และคณะ (1998) แต่พันธู์ยอร์คเชียร์มีค่าสูงกว่ารายงานของ Culbertson และคณะ (1998)

### ลักษณะน้ำหนักลูกแรกเกิด

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกระยะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ไม่พิจารณาอิทธิพลแบบข่มของยีน และอิทธิพลอัตราเลือดชิด (โมเดลที่ 1) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธู์กรรมมีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.1721 เช่นเดียวกันเมื่อวิเคราะห์แยกพันธู์ พบว่าพันธู์แลนด์เรซ มีค่าสูงกว่าพันธู์ยอร์คเชียร์ ลาร์จไวท์ และดูรอก เท่ากับ 0.2160, 0.1689, 0.1564 และ 0.1550 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าสูงกว่ารายงานของ ธวัชชัย อิศรตุล และพัชรินทร์ สินธิไพโรจน์ (2539); อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ (2537); จิรพรรณ นพวงศ์ ณ อยุธยา และคณะ (2543), Hermesch และคณะ (2000a,b) และKaufmann และคณะ (2000) แต่มีค่าต่ำกว่ารายงานของ อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ (2537ก,ข); ประภาศ มหินชัย และคณะ (2539)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่พิจารณาอิทธิพลอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 2) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.2117 สูงกว่าโมเดลที่ 1 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์แลนด์เรซ และยอร์กเชียร์ (0.2198, 0.1612) มีค่าใกล้เคียงกับผลการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ 1 แต่พันธุ์ลาร์จไวท์ และดูรอด (0.1715, 0.1616) มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่พิจารณาอิทธิพลแบบข้ามของยีน อิทธิพลอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 3) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.1294 มีค่าต่ำกว่าทั้งโมเดลที่ 1 และ 2 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์แลนด์เรซ และยอร์กเชียร์มีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 1 และ 2 เช่นกัน สำหรับพันธุ์ลาร์จไวท์ มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1 แต่ต่ำกว่าโมเดลที่ 2 และพันธุ์ดูรอดมีค่าสูงกว่าทั้งโมเดลที่ 1 และ 2 สำหรับค่าสัดส่วนของอิทธิพลแบบข้ามของยีนต่อลักษณะปรากฏ ผลการวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าเท่ากับ  $0.2523E-04$  เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์ดูรอด มีค่าสูงกว่าพันธุ์ยอร์กเชียร์ ลาร์จไวท์ และแลนด์เรซเท่ากับ 0.1625, 0.0410, 0.0381 และ 0.0200 ตามลำดับ จากการตรวจเอกสารไม่พบการศึกษาลักษณะน้ำหนักรูปร่างเกิด แต่มีการศึกษาในโคเนื้อซึ่งผลการวิเคราะห์มีค่าใกล้เคียงกับลักษณะน้ำหนักรูปร่างเกิดในโคเนื้อ (Rodriguez และคณะ, 1995; Duangjinda , 2000)

### ลักษณะจำนวนลูกหย่านม

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ไม่พิจารณาอิทธิพลแบบข้ามของยีน และอิทธิพลอัตราเลือดชิด (โมเดลที่ 1) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำเท่ากับ 0.0582 เช่นเดียวกันเมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์ยอร์กเชียร์มีค่าสูงกว่าพันธุ์ดูรอด แลนด์เรซ และลาร์จไวท์มีค่าต่ำเท่ากับ 0.1026, 0.0595, 0.0586 และ 0.0546 ตามลำดับ มีค่าต่ำกว่ารายงานของ ประชุม และคณะ (2537), อานาจ เกตุใหม่ และคณะ (2537ก,ข), จิรพรรณ นพวงศ์ ณ อยุธยา และ สุวิทย์ อโนทัยสินทวี (2543), Jorgensen (1989), Southwood และ Kennedy (1990), และ Irgang และคณะ (1994) แต่มีค่าใกล้เคียงกับรายงานของ พรรณพงา แสงสุริยะ (2543); Strang และ Smith (1979), Rico (1991), Kaplon และคณะ (1991) และ Roehe และ Kennedy (1995a,b)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่พิจารณาอิทธิพลอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 2) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.0604 มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์พันธุ์ลาร์จไวท์

และแลนดัเรซ (0.0573, 0.0586) มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 และทั้งสองพันธุ์ก็มีค่าใกล้เคียงกัน แต่พันธุ์ดูรอด (0.0874) มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1 และพันธุ์ยอร์กเชียร์ (0.0878) มีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ 1 ขณะเดียวกันทั้งพันธุ์มีค่าใกล้เคียงเช่นเดียวกัน

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ พิจารณาอิทธิพลแบบข้ามของยีน อิทธิพลอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 3) พบว่า การวิเคราะห์ รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.0744 สูงกว่าทั้งโมเดลที่ 1 และ 2 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์ลาร์จไวท์ (0.0600) มีค่าสูงกว่าทั้งโมเดลที่ 1 และ 2 พันธุ์ดูรอด (0.0470) มีค่าต่ำกว่า โมเดลที่ 1 และ 2 พันธุ์แลนดัเรซ (0.0564) มีค่าใกล้เคียงทั้งโมเดลที่ 1 และ 2 และพันธุ์ยอร์กเชียร์ (0.1004) มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 แต่มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 2 ขณะเดียวกันพบว่าพันธุ์ยอร์กเชียร์ มีค่าสูงกว่าพันธุ์ลาร์จไวท์ แลนดัเรซ และดูรอด ตามลำดับ สำหรับค่าสัดส่วนของอิทธิพลแบบข้าม ของยีนต่อลักษณะปรากฏ ผลการวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าต่ำกว่า 0.7244E-02 เมื่อวิเคราะห์ แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์ยอร์กเชียร์มีค่าสูงกว่าพันธุ์ดูรอด แลนดัเรซ และลาร์จไวท์เท่ากับ 0.1037, 0.0470, 0.0205 และ 0.5855E-05 ตามลำดับ

#### ลักษณะน้ำหนักลูกหย่านม

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ไม่ พิจารณาอิทธิพลแบบข้ามของยีน และอิทธิพลอัตราเลือดชิด (โมเดลที่ 1) พบว่า การวิเคราะห์รวม ทุกพันธุ์กรรมมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำกว่า 0.1358 เช่นเดียวกันเมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่าพันธุ์ ยอร์กเชียร์มีค่าสูงกว่าพันธุ์แลนดัเรซ ดูรอด และลาร์จไวท์ เท่ากับ 0.2858, 0.2143, 0.1551 และ 0.1883 ตามลำดับ มีค่าต่ำกว่ารายงานของ อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ (2537ก); ปรภาส มหินชัย และคณะ (2539) แต่มีค่าสูงกว่ารายงานของ จริพรธน นพวงศ์ ณ อยุธยา และคณะ (2543); Culbertson และคณะ (1998) และ Hermech และคณะ (2000) และมีความสอดคล้องกับรายงาน ของ อำนาจ เกตุใหม่ และคณะ (2537ข) และธวัชชัย อิทรตุล และพัชรินทร์ สนิธิไพโรจน์ (2539)

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ พิจารณาอิทธิพลอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 2) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าอัตรา พันธุกรรมเท่ากับ 0.1361 มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ์ พบว่า พันธุ์ลาร์จไวท์ และพันธุ์แลนดัเรซ (0.1438, 0.2366) มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1 แต่พันธุ์ดูรอดและยอร์กเชียร์ (0.1584, 0.2856) มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 ขณะเดียวกันพันธุ์ยอร์กเชียร์ มีค่าสูงกว่าพันธุ์ แลนดัเรซ ดูรอด และลาร์จไวท์ เท่ากับ 0.2856, 0.2366, 0.1584 และ 0.1432 ตามลำดับ

ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกระดม ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่พิจารณาอิทธิพลแบบข่มของยีน อิทธิพลอัตราเลือดชิดร่วมด้วย (โมเดลที่ 3) พบว่า การวิเคราะห์รวมทุกพันธุมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำเท่ากับ 0.1354 มีค่าใกล้เคียงทั้งโมเดลที่ 1 และ 2 เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ พบว่า พันธุลาร์จไวท์และแลนด์เรซ (0.1493, 0.2339) มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 2 แต่มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ 1 สำหรับพันธุดูรอกและยอร์กเชียร์ (0.1516, 0.2667) มีค่าใกล้เคียงกับโมเดลที่ 1 และ 2 ขณะเดียวกันพันธุยอร์กเชียร์มีค่าสูงกว่าพันธุแลนด์เรซ ดูรอก และลาร์จไวท์ตามลำดับ สำหรับค่าสัดส่วนของอิทธิพลแบบข่มของยีนต่อลักษณะปรากฏ ผลการวิเคราะห์รวมทุกพันธุมีค่าต่ำเท่ากับ  $0.62431E-02$  เมื่อวิเคราะห์แยกพันธุ พบว่า พันธุดูรอกมีค่าสูงกว่าพันธุลาร์จไวท์ ยอร์กเชียร์ และแลนด์เรซ เท่ากับ 0.1536, 0.0343, 0.0003 และ  $0.319007E-03$  ตามลำดับ ผลการศึกษาครั้งนี้มีค่าต่ำกว่ารายงานของ Culbertson และคณะ (1998)

จากผลการวิเคราะห์การศึกษาครั้งนี้ ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ มีความแตกต่างจากบางรายงาน ทั้งนี้เนื่องจากความแตกต่างของประชากร องค์ประกอบของพันธุกรรมสภาพแวดล้อม จำนวนข้อมูล ลักษณะของข้อมูล ได้แก่ ลักษณะน้ำหนักลูกแรกเกิด เป็นน้ำหนักรายตัวจากการซึ่งรวมทั้งครอกแล้วจึงหาค่าเฉลี่ยเป็นรายตัว ลักษณะจำนวนลูกหย่านมมีการย้ายฝากข้อมูลจำนวนลูกหย่านมจึงไม่ใช่ลูกที่แท้จริงของแม่สุกรที่รับฝาก และลักษณะน้ำหนักลูกหย่านม ก็เป็นการเก็บข้อมูลเช่นเดียวกับลักษณะน้ำหนักลูกแรกเกิด นอกจากวิธีการเก็บบันทึกแล้ว ข้อมูลที่วิเคราะห์มีข้อมูลสูญหาย ประกอบกับทางฟาร์มมีการนำเข้าสู่สุกรและน้ำเชื้อจากต่างประเทศอย่างสม่ำเสมอ และมีความแตกต่างกันในด้านวิธีการประมาณค่า ความแตกต่างอิทธิพลที่มีในโมเดลที่ใช้วิเคราะห์ และโปรแกรมที่ใช้ในการประมวลผลแตกต่างกัน จึงทำให้เกิดความคลาดเคลื่อนและมีความแตกต่างกันในการวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน

สำหรับการอ้างอิงถึงผลการศึกษาจากรายงานอื่นๆ ในการเปรียบเทียบกับผลการวิเคราะห์อิทธิพลแบบข่มที่ได้จากโมเดลที่ 3 ของทุกลักษณะ เพื่อประกอบการพิจารณาถึงแนวโน้มความแตกต่างจากรายงานอื่นๆ ซึ่งเป็นรายงานศึกษาเฉพาะอิทธิพลแบบบวกระดมและแบบข่มของยีน ขณะเดียวกันสำหรับรายงานอื่นๆ ที่มีการศึกษาอิทธิพลแบบข่มที่เหมือนกันการทำวิจัยครั้งนี้ (โมเดลที่ 1, 2 และ 3) ก็จะมี ความแตกต่างกันในส่วนของข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์ ได้แก่ ประชากร จำนวนของข้อมูล พันธุ การบันทึกข้อมูล การย้ายฝากลูก อิทธิพลคงที่ และสิ่งแวดล้อมอื่นๆ โดยเฉพาะวิธีการวิเคราะห์ที่มีความแตกต่างกันในแต่ละรายงาน จึงมีผลการวิเคราะห์ที่แตกต่างกัน

## การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล

จากผลการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และค่าอัตราพันธุกรรมที่แยกวิเคราะห์ตามโมเดลที่ใช้ศึกษาทั้ง 3 โมเดลของ ลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมดและลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม น้ำหนักลูกหย่านม (ตารางที่ 4.3-4.27)

ผลการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนแบบรวมทุกพันธุ์ โดยพิจารณาจากค่า  $-2\log L$  ที่มีค่าต่ำที่สุด (Ferreira, *et al.*, 1999) ในแต่ละโมเดลของลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมดและลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม และน้ำหนักลูกหย่านม พบว่าค่า  $-2\log L$  แต่ละโมเดลมีค่าใกล้เคียงกัน

เมื่อพิจารณาผลการวิเคราะห์แบบแยกรายพันธุ์พบว่า การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรมโมเดลที่ 3 ในสุกรพันธุ์ลาโรจไวท์และยอร์กเชียร์ มีค่า  $-2\log L$  ต่ำที่สุด แสดงว่ามีความถูกต้องแม่นยำกว่าโมเดลที่ 1 และ 2 ขณะเดียวกันค่า  $-2\log L$  โมเดลที่ 1 และ 2 มีค่าใกล้เคียงกัน สำหรับพันธุ์แลนด์เรซและดুরอคมีค่า  $-2\log L$  ของแต่ละโมเดลมีค่าใกล้เคียงกัน แสดงว่า การเพิ่มอิทธิพลแบบชมของยีน เพื่อประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมไม่มีอิทธิพลต่อการลดค่า  $-2\log L$

## ค่าการผสมพันธุ์

จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์จาก 3 โมเดล พบว่า เมื่อการวิเคราะห์ด้วยโมเดลต่างๆ โมเดลที่มีค่าสหสัมพันธ์สูง ( $>0.7$ ) (ตารางภาคผนวกที่ 6-10) จะมีลำดับค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัวมีลำดับใกล้เคียงกัน ดังนี้

การวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์ พบว่า ลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมด จำนวนลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม และน้ำหนักลูกหย่านม ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ 1, 2 และ 3 ทั้งการวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์และการวิเคราะห์แยกพันธุ์ มีการจัดลำดับของแม่สุกรไม่แตกต่างกัน เนื่องจากผลการวิเคราะห์การจัดลำดับแม่สุกร มีค่าสหสัมพันธ์สูง

ลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมดและลูกเกิดมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม และน้ำหนักลูกหย่านม มีค่าการผสมพันธุ์เฉลี่ยใกล้เคียงค่า 0 ถึงแม้ว่าบางโมเดลมีค่าติดลบ แต่ก็มีการผสมพันธุ์เฉลี่ยใกล้เคียงค่า 0 และค่าผสมพันธุ์มีค่าแตกต่างกัน ทั้งนี้อาจจะเนื่องมาจากโมเดลที่มีอิทธิพลสุ่มที่แตกต่างกัน ส่งผลให้มีการเปลี่ยนแปลงสัดส่วนของอิทธิพลสุ่ม ทำให้สัดส่วน

ของพันธุกรรมมีค่าที่เป็นอิทธิพลแบบบวกสะสมมีการเปลี่ยนแปลง และสัดส่วนของพันธุกรรมรวมที่เปลี่ยนแปลงไป สำหรับอีกสาเหตุหนึ่งคือ ตลอดระยะเวลาที่ผ่านมาทางฟาร์มมีการคัดเลือกและการคัดเลือกสุกรจากลักษณะแสดงออก ทำให้สุกรที่มีพันธุกรรมดีแต่ไม่สามารถแสดงออกลักษณะที่ดีออกมาได้ถูกคัดทิ้งไปจากฝูง ประกอบกับทางฟาร์มมีการนำเข้าสู่สุกรมาจากต่างประเทศอย่างสม่ำเสมอ ทำให้สุกรมีการปรับตัวเพื่อเข้ากับสภาพแวดล้อมใหม่ หรือการนำเข้าน้ำเชื้อก็เป็นอีกสาเหตุหนึ่ง ขณะเดียวกันแผนการปรับปรุงพันธุ์ของฟาร์ม มีการคัดเลือกสัตว์โดยใช้สุกรที่ผ่านการทดสอบสมรรถภาพเป็นเกณฑ์ในการคัดเลือก ซึ่งจะพิจารณาจากลักษณะการเจริญเติบโตเป็นหลัก ส่งผลให้ลักษณะสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ต่ำลงเช่นกัน เพราะลักษณะสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์กับลักษณะการเจริญเติบโตมีค่าสหสัมพันธ์เป็นลบ ขณะเดียวกันลักษณะสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์ก็เป็นลักษณะค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ แสดงให้เห็นว่าอิทธิพลที่ไม่ใช่แบบบวกสะสมของยีนมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะสูง

### สรุปผลการวิจัย

#### ปัจจัยที่มีผลต่อลักษณะสมรรถภาพทางการสืบพันธุ์

อิทธิพลของพันธุ์ ลำดับครอก และปี-เดือน มีผลต่อลักษณะจำนวนลูกเกิดทั้งหมดและมีชีวิต น้ำหนักลูกแรกเกิด จำนวนลูกหย่านม และน้ำหนักลูกหย่านม ส่วนอิทธิพลอายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรกจะมีผลเฉพาะลักษณะน้ำหนักลูกหย่านม

#### องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรม

องค์ประกอบของความแปรปรวน มีการเปลี่ยนแปลงสัดส่วนแตกต่างกันในแต่ละโมเดล อย่างไรก็ตามค่าอัตราพันธุกรรมที่ประเมินได้จากทั้ง 3 โมเดลมีค่าใกล้เคียงกัน สำหรับสาเหตุความแตกต่างของสัดส่วนความแปรปรวนปรวนในแต่ละโมเดล โดยเฉพาะการเพิ่มอิทธิพลแบบข้ามของยีน คือ การประมาณค่าอิทธิพลแบบข้ามของยีนอาจมีความคลาดเคลื่อนได้ทั้งนี้เนื่องจากข้อมูลที่ใช้วิเคราะห์ เป็นข้อมูลจากภาคสนามมีการบันทึกข้อมูลพันธุ์ประวัติไม่สมบูรณ์ ขณะเดียวกันทางฟาร์มเลี่ยงการเกิดเลือดชิดจึงมีพันธุ์ประวัติแบบลูกร่วมพ่อแม่เดี่ยวน้อย ซึ่งเป็นส่วนหนึ่งในการประเมินอิทธิพลแบบข้ามของยีน ทั้งนี้ Chang (1988) ได้จำลองข้อมูลในการประเมินค่าอิทธิพลแบบข้ามของยีนที่มีความผิดพลาดไม่เกิน 3 เปอร์เซ็นต์ ต้องใช้ข้อมูลถึง 60,000 บันทึกหรือประมาณ 20 เท่าของโมเดลที่ประเมินแบบปกติ ซึ่งในกรณีนี้ข้อมูลที่ใช้วิเคราะห์มีน้อยกว่ารายงานของ Chang (1988) จึงมีสมมติฐานว่าการประมาณครั้งนี้อาจมีความคลาดเคลื่อนได้ด้วยสาเหตุต่างๆ ที่กล่าวมาแล้วทั้งหมด



### สัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข้ามของยีนกับลักษณะปรากฏ

ค่าสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข้ามของยีนกับลักษณะปรากฏที่ศึกษา มีค่าต่ำ โดยการวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์มีค่าต่ำกว่าการวิเคราะห์แยกพันธุ์ สำหรับการวิเคราะห์รายพันธุ์ พบว่าลักษณะน้ำหนักลูกแรกเกิดและน้ำหนักลูกหย่านมของพันธุ์คูรอก และลักษณะจำนวนลูกหย่านมของพันธุ์ยอร์คเชียร์ มีค่าสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข้ามของยีนต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏมีค่าใกล้เคียงกับค่าอัตราพันธุกรรม หรือคิดเป็น 94 103 และ 101 เปอร์เซ็นต์ ต่อค่าอัตราพันธุกรรม ตามลำดับ สำหรับสาเหตุที่ค่าสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข้ามของยีนกับความแปรปรวนของลักษณะปรากฏมีค่าต่ำ อาจจะเป็นเนื่องจากความสัมพันธ์ภายในพันธุ์ประวัติยังไม่เพียงพอและจำนวนข้อมูลมีจำนวนน้อยซึ่งไม่เพียงพอต่อการวิเคราะห์ความแปรปรวนของอิทธิพลแบบข้ามของยีน

### ความเสื่อมเนื่องจากอัตราเลือดชิด

ค่าอิทธิพลความเสื่อมเนื่องจากอัตราเลือดชิด จากการวิเคราะห์ทั้ง 2 โมเดล (โมเดลที่ 2 และ 3) ทั้งการวิเคราะห์รวมทุกพันธุ์และแยกพันธุ์ พบว่า ค่าอิทธิพลความเสื่อมเนื่องจากอัตราเลือดชิด จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ 3 มีค่าใกล้เคียงกับการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ 2 ของทุกลักษณะ และมีค่าต่ำ

### การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล

การวิเคราะห์ทุกพันธุ์และการวิเคราะห์แยกพันธุ์ ด้วยโมเดลที่ 3 มีค่า  $-2\log L$  ต่ำ และการวิเคราะห์ครั้งนี้อาจมีความพัวพันระหว่างปัจจัยสุ่มที่เกี่ยวกับตัวสัตว์ ทั้งนี้เนื่องจากการวิเคราะห์ไม่สามารถปรับอิทธิพลเนื่องจากการย้ายฝากเลี้ยงลูกสุกรได้ อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ 3 จะมีความจำเป็นก็ต่อเมื่อทางฟาร์มมีการวางแผนระบบผสมพันธุ์โดยใช้วิธีจับคู่ผสมพันธุ์ แต่ถ้าพิจารณาเฉพาะแม่สุกรที่มีค่าการผสมพันธุ์สูง เพื่อผสมกับพ่อพันธุ์ เพราะฉะนั้นการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ 1 ก็เพียงพอต่อการประเมินค่าการผสมพันธุ์ โดยมีขั้นตอนการวิเคราะห์รวดเร็วกว่าโมเดลที่ 3 และเป็นการประหยัดต้นทุนในการวิเคราะห์

## ข้อเสนอแนะ

### แนวทางการนำไปใช้ประโยชน์

1. ในการคัดเลือกพ่อพันธุ์เพื่อนำไปใช้ผลิตลูกสุกรขุน ควรมีการประเมินค่าการผสมพันธุ์ควบคู่กับการประเมินค่าอิทธิพลแบบเข้มของยีนในสุกรพันธุ์ดুরอค ทั้งนี้เนื่องจากลักษณะน้ำหนักลูกแรกเกิดและน้ำหนักลูกหย่านม มีค่าสัดส่วนของอิทธิพลแบบเข้มของยีนต่อลักษณะปรากฏใกล้เคียงกับค่าอัตราพันธุกรรม หรือเมื่อเปรียบเทียบค่าสัดส่วนของอิทธิพลแบบเข้มของยีนต่อลักษณะปรากฏกับค่าอัตราพันธุกรรม มีสัดส่วนที่สูงเท่ากับ 94 และ 101 เปอร์เซ็นต์ สำหรับลักษณะน้ำหนักลูกแรกเกิดและน้ำหนักลูกหย่านมตามลำดับ
2. ในกรณีที่ฟาร์มต้องการจำนวนลูกหย่านมต่อครอกสูงเพื่อการผลิตลูกสุกรขุน การคัดเลือกสุกรพันธุ์ออร์คเชียร์ ก็มีความเป็นไปได้ในการนำไปใช้ผลิตแม่สุกรสองสาย ทั้งนี้เนื่องจากลักษณะจำนวนลูกหย่านม มีค่าสัดส่วนของอิทธิพลแบบเข้มของยีนต่อลักษณะปรากฏกับค่าอัตราพันธุกรรมสูงเท่ากับ 103 เปอร์เซ็นต์

### แนวทางการศึกษาต่อ

1. ควรมีการศึกษาอิทธิพลแบบเข้มของยีนในระดับสุกรขุน เพื่อเป็นประโยชน์ในการวางแผนการผสมพันธุ์และพัฒนาโมเดลที่เหมาะสม กับเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ของระบบอุตสาหกรรมการเลี้ยงสุกรต่อไปในอนาคต
2. ควรมีการศึกษาการจับคู่ผสมพันธุ์สำหรับการผลิตสุกรขุน โดยการพิจารณาเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่มีอิทธิพลแบบเข้มของยีนและไม่มีอิทธิพลแบบเข้มของยีน

ศูนย์วิทยทรัพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย