

# บทที่ 1

## บทนำ

### ความสำคัญและที่มาของปัญหา

การปรับปรุงพันธุ์สุกรโดยทั่วไปมักจะมีจุดมุ่งหมายที่สอดคล้องกับสภาพเศรษฐกิจและเพื่อสนองความต้องการของผู้บริโภคที่ต้องการสุกรที่มีประสิทธิภาพทางด้านการผลิต (production performance) ในลักษณะต่างๆ เช่น ลักษณะการเจริญเติบโต (growth trait) ลักษณะการสืบพันธุ์ (reproductive trait) และลักษณะคุณภาพเนื้อ (meat quality trait) เป็นต้น ลักษณะดังกล่าวได้มีการปรับปรุงและพัฒนาโดยตลอดในประเทศไทย การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างทางพันธุกรรมของสุกรเริ่มขึ้นในปี พ.ศ. 2497 โดยทางกรมปศุสัตว์ได้มีการนำสุกรพันธุ์แท้จากต่างประเทศเข้ามาใช้ในระบบการผลิตสุกร เนื่องจากประสิทธิภาพทางด้านการผลิตของสุกรเหล่านั้นมีลักษณะที่ดีกว่าสุกรพื้นเมือง และเพื่อนำมาศึกษาปรับปรุงให้มีความเหมาะสมกับสภาพแวดล้อม และลักษณะการเลี้ยงของเกษตรกรไทย (จันทร์จรัส เรียวเดชะ และ กัญญา ตันติวิสุทธิกุล, 2543)

ลักษณะการเจริญเติบโตของสุกรเป็นลักษณะหนึ่งที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ ค่าที่เป็นตัวบ่งชี้ของลักษณะกลุ่มนี้ได้แก่ อัตราการเจริญเติบโต ความหนาไขมันสันหลัง และอัตราการเปลี่ยนอาหารเป็นเนื้อ เป็นต้น การแสดงออกของค่าต่างๆ เหล่านี้ได้รับอิทธิพลจากพันธุกรรม ซึ่งถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ และอิทธิพลจากสิ่งแวดล้อม ได้แก่ การจัดการด้านการเลี้ยง ด้านอาหาร และการป้องกันโรค เป็นต้น มีอิทธิพลต่อลักษณะการเจริญเติบโตสูง แต่เฉพาะอิทธิพลทางพันธุกรรมเท่านั้นที่สามารถถ่ายทอดไปยังลูกหลานชั่วต่อไปได้ ดังนั้นเป้าหมายของการปรับปรุงพันธุ์จึงมุ่งที่จะพัฒนาพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะนั้นๆ ให้ดีขึ้น จนเป็นที่พอใจสำหรับผู้ผลิตและผู้บริโภค ฉะนั้นการปรับปรุงพันธุ์จึงต้องมีการวางแผนที่ดี สิ่งที่สามารถเป็นตัวบ่งชี้ถึงความสำเร็จ และประสิทธิภาพหลังจากการปรับปรุงพันธุ์ คือแนวโน้มทางพันธุกรรม (genetic trend)

การศึกษาถึงแนวโน้มทางพันธุกรรม เป็นการวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของลักษณะที่เกิดเนื่องจากอิทธิพลของพันธุกรรมต่อหน่วยเวลา ว่าได้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) มากน้อยเพียงใด ขั้นตอนการคำนวณเพื่อทำนายแนวโน้มทางพันธุกรรมนั้นต้องเป็นวิธีการที่มีความแม่นยำ และถูกต้องมากที่สุด เพื่อประโยชน์ในการนำไปใช้เป็นแนวทางพิจารณาการพัฒนาแผนการปรับปรุงพันธุ์ เพิ่มความสำเร็จจากการคัดเลือก ตลอดจนการจัดการผสมพันธุ์

สุกรได้อย่างมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้นในอนาคต ดังนั้นแนวโน้มทางพันธุกรรมจึงเป็นการวิเคราะห์ความเปลี่ยนแปลงของคุณค่าการผสมพันธุ์ต่อหน่วยเวลา หรือวิเคราะห์การถดถอย (regression) ของค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จาก Animal Model ต่อหน่วยเวลาก็สามารถทำนายแนวโน้มทางพันธุกรรมได้

คุณค่าการผสมพันธุ์ เป็นค่าที่บ่งบอกถึงศักยภาพทางพันธุกรรมของสัตว์ที่สามารถถ่ายทอดไปสู่ลูกหลานได้โดยตรง การประมาณค่าทางพันธุกรรมมีความสำคัญมาก ต้องการทั้งความแม่นยำ และความถูกต้องมากที่สุด เพื่อที่จะได้เป็นดัชนีแสดงให้เห็นถึงอิทธิพลของพันธุกรรม และสามารถนำมาใช้เป็นแนวทางในการปรับปรุงและพัฒนาพันธุ์ให้ได้ประสิทธิภาพ Lee (2000) กล่าวว่าในการประมาณค่าทางพันธุกรรมและอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม โดยอาศัยข้อมูลจากลักษณะปรากฏ และความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์เป็นสำคัญ เพื่อให้ได้มาซึ่งความก้าวหน้าทางพันธุกรรมสูงสุด (maximum genetic progress) นั้น Henderson ได้ค้นพบวิธีการคือ Mixed Model Equations (MME) ภายใต้ Animal Models เพื่อใช้ในการทำนาย (prediction) คุณค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) ของสัตว์ได้ การคำนวณคุณค่าการผสมพันธุ์ต้องอาศัย ค่าอัตราพันธุกรรมเข้ามาเกี่ยวข้องด้วย ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรม (heritability,  $h^2$ ) เป็นค่าของสัดส่วนความแปรปรวนจากพันธุกรรมต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ ดังนั้นการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน (variance components) ถือเป็นจุดเริ่มต้นที่สำคัญ ต้องการค่าที่ถูกต้อง และแม่นยำมากที่สุด ซึ่งจะส่งผลไปยังคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ถูกต้อง

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน มีวิธีการคำนวณอยู่หลายวิธี เริ่มตั้งแต่ (ANOVA)-based methods (Henderson methods) ข้อจำกัดของวิธีนี้ คือถ้าสัตว์ที่อยู่ภายใต้การคัดเลือก องค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณได้จะเกิดอคติ (biased) minimum variance (or norm) quadratic unbiased estimation (MIVQUE / MINQUE) เป็นวิธีที่มีข้อจำกัด คือไม่สามารถใช้กับข้อมูลที่มีขนาดใหญ่ ทำให้ได้ค่าความคลาดเคลื่อนที่มากเกินไปจริง likelihood-based methods หรือที่นิยมใช้กันในปัจจุบันคือ Restricted maximum likelihood (REML) วิธีนี้จะใช้หลักการประมาณ และค่าสังเกตจะต้องอยู่ภายใต้สมมติฐานการกระจายแบบโค้งปกติ (normal curve) ซึ่งในทางปฏิบัติแล้วข้อมูลจริงจากฟาร์ม มีความเป็นไปได้น้อยที่จะมีการกระจายแบบโค้งปกติ Gibbs sampling เป็นวิธีการประมาณค่าทางพันธุกรรมวิธีหนึ่งที่เสนอโดย Harville เมื่อ ค.ศ. 1977 แต่ด้วยข้อจำกัดของเครื่องมือที่ใช้คำนวณในอดีตมีศักยภาพต่ำ จึงไม่เป็นที่นิยม ในปัจจุบันเครื่องมือในการคำนวณได้มีการพัฒนาขึ้นมา Gibbs sampling จึงถูกนำกลับมาใช้อีก โดยอาศัยทฤษฎีความน่าจะเป็นของ Bayesian ในการประมาณองค์ประกอบ

ความแปรปรวน รวมถึงการนำเทคนิค Markov Chain Monte Carlo เข้ามาช่วยในการคำนวณ ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้จากวิธีนี้มีแนวโน้มที่แม่นยำกว่า เนื่องจากค่าสังเกตไม่ต้องอยู่ ภายใต้ข้อสมมติฐานการกระจายต้องเป็นแบบโค้งปกติ โดยหลักการของ Gibbs sampling เป็นการสุ่มค่าความน่าจะเป็นขึ้นมาวิเคราะห์ไม่ได้เป็นการประมาณ ซึ่งเป็นแนวทางที่ช่วยลดอคติในการวิเคราะห์ได้ วิธีนี้ยังสามารถวิเคราะห์ข้อมูลจากภาคสนามที่มีฐานข้อมูลจำนวนมาก แต่มีข้อจำกัดคือ เป็นวิธีที่ใช้เวลาในการวิเคราะห์นานกว่าวิธีอื่นๆ จึงยังไม่ถูกนำมาใช้กันอย่างแพร่หลาย

### วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. ประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงของลักษณะการเจริญเติบโตในสุกร
2. การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยทฤษฎี REML และ Bayesian (โดยวิธี Gibbs sampling)
3. สร้างสมการถดถอยของแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต

### ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ทราบปัจจัยที่มีอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงของลักษณะการเจริญเติบโตในสุกร
2. ทราบวิธีการวิเคราะห์ และทราบค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยทฤษฎี REML และ Bayesian (โดยวิธี Gibbs sampling)
3. ลำดับของคุณค่าการผสมพันธุ์ที่คำนวณจากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยทฤษฎี REML และ Bayesian (โดยวิธี Gibbs sampling)
4. แนวโน้มทางพันธุกรรม ของลักษณะการเจริญเติบโตที่ได้รับการปรับปรุงพันธุ์มาแล้ว

ศูนย์วิทยทรัพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย