

บทที่ 2

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

การศึกษาทางพันธุศาสตร์ ได้กล่าวถึงลักษณะทางปริมาณที่สัตว์ ได้แสดงออกมาให้เห็น และวัดได้เป็นลักษณะปรากฏ โดยปกติลักษณะปรากฏของสัตว์แต่ละตัวมีค่าแตกต่างกันไปค่า ความแตกต่างที่เกิดขึ้นมีผลมาจากอิทธิพล 2 ประการ คือ พันธุกรรม และสภาพแวดล้อม ที่สัตว์ ได้รับ ความสัมพันธ์ที่เกิดขึ้นนี้ แสดงออกมาในรูปของสมการได้ดังนี้

$$P = G + E$$

เมื่อ P = ลักษณะปรากฏ

G = พันธุกรรม

E = สภาพแวดล้อม

หมายความถึงลักษณะใดลักษณะหนึ่ง เช่น อัตราการเจริญเติบโตของสัตว์ที่ปรากฏออกมา มีผลมาจากพันธุกรรมที่ได้รับจากพ่อแม่และสภาพแวดล้อม เช่น อาหาร และการจัดการ ค่าต่าง ๆ เหล่านี้ มีความผันแปรเกิดขึ้นเสมอ โดยทั่วไปการศึกษาความผันแปรเหล่านี้ในรูปของ ค่าความแปรปรวน (variance) เมื่อพิจารณาแจกแจงองค์ประกอบความแปรปรวน จะพบว่า ความแปรปรวนทั้งหมด คือ ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (phenotypic variance , V_p) เป็นผลมาจากความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genotypic variance , V_G) ร่วมกับ ความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อม (environment variance , V_E) สามารถสรุปองค์ประกอบความแปรปรวนได้ดังนี้

$$V_P = V_G + V_E$$

เมื่อ $V_G = V_A + V_D + V_I$

ดังนั้น $V_P = V_A + V_D + V_I + V_E$

เมื่อ V_A = ความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจากยีนแบบบวกสะสม
(additive genetic variance)

V_D = ความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจากการช้กันของยีน
(dominance variance)

V_I = ความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจากปฏิกริยาร่วมของยีน
ต่างตำแหน่งกัน (epistasis variance)

ค่าความแปรปรวนที่ได้จากการแจกแจงตามปัจจัยเหล่านี้ ถือเป็นคุณสมบัติในแต่ละประชากรนำไปสู่การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (Falconer and Mackay , 1996)

ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ได้รับความสนใจที่ศึกษาในฐานะที่เป็นข้อสรุปด้านปริมาณของการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม และยังบอกได้ว่าลักษณะที่ศึกษานั้นมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมเพียงพอที่จะทำการคัดเลือกอย่างมีประสิทธิภาพ ค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญสำหรับการศึกษาครั้งนี้คือ อัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ และค่าคุณค่าการผสมพันธุ์

2.1.1. ค่าอัตราพันธุกรรม

อัตราพันธุกรรมเป็นดัชนีซึ่งมีความสำคัญอย่างยิ่งต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ และจะมีบทบาทสำคัญในทุกกรณีที่เป็นการศึกษาการถ่ายทอดลักษณะปริมาณ และการปรับปรุงลักษณะปริมาณ สำหรับการประยุกต์ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (สมชัย จันทรสว่าง, 2530) สรุปถึงหน้าที่เฉพาะที่สำคัญๆ จำแนกเป็นข้อ ๆ ดังนี้

1. ใช้เพื่อกำหนดลักษณะและจำแนกลักษณะในแผนการปรับปรุงพันธุ์
2. ใช้เพื่อกำหนดระบบการผสมพันธุ์ (mating system) สำหรับปรับปรุงลักษณะที่เน้นเพื่อการคัดเลือก
3. ใช้เพื่อกำหนดวิธีการคัดเลือก (selection system) การเลือกใช้ข้อมูลจากแหล่งต่างๆ สำหรับการปรับปรุงลักษณะที่เน้นเพื่อการคัดเลือก
4. ใช้ร่วมกับค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมอื่น ๆ ในการคำนวณดัชนีการคัดเลือก (selection index) เพื่อใช้เป็นเกณฑ์ในการเปรียบเทียบ เพื่อคัดเลือกสัตว์ไว้ทำพันธุ์

อัตราพันธุกรรม เป็นสัดส่วนของความแปรปรวนอันเนื่องมาจากพันธุกรรม ต่อความแปรปรวนทั้งหมดของลักษณะหนึ่ง ค่าอัตราพันธุกรรมที่ต้องการใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เป็นอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (heritability in narrow sense) เป็นสัดส่วนของความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจากยีนแบบบวกสะสมต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

สมชัย จันทะสว่ง (2530) ให้ความหมายเพิ่มเติมเกี่ยวกับอัตราพันธุกรรมว่า ค่านี้เป็นค่าสถิติทางพันธุศาสตร์ที่อธิบายถึงความเฉพาะของสัตว์ในฝูงใดฝูงหนึ่ง หรือประชากรใดประชากรหนึ่ง ทั้งนี้เพราะประชากรสัตว์ที่ต่างกันย่อมมีองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ต่างกัน สำหรับลักษณะหนึ่งๆ ซึ่งจะบอกให้ทราบถึงอิทธิพลของพันธุกรรมว่ามีผลต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นในฝูงสัตว์มากน้อยเพียงใดเพื่อชี้ให้เห็นว่าควรเน้นปรับปรุงทางด้านพันธุกรรม หรือด้านการจัดการ ทั้งนี้เนื่องจากค่าอัตราพันธุกรรมขึ้นกับค่าของความแปรปรวนต่างๆ ที่เกิดขึ้นทั้งหมด ดังนั้นไม่ว่าความแปรปรวนที่เกิดขึ้นเนื่องมาจากสาเหตุใดเปลี่ยนแปลงไป ย่อมมีผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมเปลี่ยนไปด้วยเสมอ ค่าอัตราพันธุกรรมนี้ถือว่าเป็นคุณสมบัติเฉพาะของลักษณะหนึ่งของสัตว์แต่ละชนิดที่อยู่ในประชากรหนึ่ง และภายใต้สภาพแวดล้อมหนึ่งเท่านั้น หากต้องการนำค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินในประชากรหนึ่งมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์กับอีกประชากรหนึ่ง จำเป็นต้องพิจารณาความคล้ายคลึงกันของประชากร และสภาพแวดล้อมด้วย

ค่าอัตราพันธุกรรม มีความแตกต่างการไปตามวิธีการศึกษา กลุ่มประชากร และสถานที่ที่ใช้ในการศึกษา ค่านี้อาจจะปรากฏค่าออกมาสูงหรือต่ำได้แตกต่างกันไป บางครั้งการใช้ค่าอัตรา

พันธุกรรมใช้ค่าเฉลี่ย จากหลายๆ รายงาน ระดับของค่าอัตราพันธุกรรม สามารถแบ่งออกได้เป็น กลุ่มคือ ลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมสูง (>50%) อัตราพันธุกรรมระดับกลาง (20 - 40%) และค่าอัตราพันธุกรรมระดับต่ำ (<20%) (จันทร์จรัส เรียวเดชะ, 2534)

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม มีวิธีการวิเคราะห์ได้หลายวิธีขึ้นกับข้อมูลของสัตว์ที่นำมา ศึกษา มีความสัมพันธ์กันทางเครือญาติ (set of relation) เป็นแบบใด เช่น ประเมินโดยวิเคราะห์ จากข้อมูลพี่น้องร่วมพ่อหรือแม่เดียวกัน (half sib correlation) ซึ่งมีทั้งร่วมพ่อต่างแม่ (paternal half sib) และร่วมแม่ต่างพ่อ (maternal half sib) หรือจากข้อมูลพี่น้องร่วมพ่อแม่เดียวกัน (full sib correlation) นอกจากนี้ยังได้จากการวิเคราะห์สมการถดถอย (regression) มีทั้งการวิเคราะห์ สมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในพ่อ (regression of offspring on sire) และการวิเคราะห์ สมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ (regression of offspring on dam)

- อัตราพันธุกรรมของลักษณะอัตราการเจริญเติบโต

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอัตราการเจริญเติบโตในสุกร มีความแตกต่างกันไปตามแหล่งที่มาของข้อมูล และวิธีการวิเคราะห์ข้อมูล จากที่ได้รวบรวมมา มีการศึกษาในสุกร หลายสายพันธุ์ และหลายวิธีการ ดังมีรายละเอียดพอสรุปได้ดังนี้

Robinson และ Berruecos (1973) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดรูคและยอร์กเชียร์ ตั้งแต่อายุ 76 วันถึงน้ำหนัก 93.5 กิโลกรัม โดยวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.48 ± 0.26

Young และคณะ (1978) รายงานค่าอัตราพันธุกรรม จากสุกรจำนวน 2,095 ตัว โดยวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน มีค่าเท่ากับ 0.30 ± 0.12

Bates และ Buchanan (1988) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดรูคและแฮมเชียร์เพศผู้จำนวน 1,792 ตัว ทำการศึกษาในสุกรน้ำหนักตั้งแต่ 31.8 กก. ถึง 104.3 กก. โดยวิธีการ Realized heritability estimate (R) มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.52 ± 0.20

Bryner และคณะ (1992) ศึกษาจากสุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์เพศผู้จำนวน 7,951 ตัว ศึกษาจากสุกรน้ำหนักเริ่มต้นทดสอบที่น้ำหนัก 36.0 กก. ถึง 104.5 กก. โดยวิธีการ Restriction

Maximum Likelihood (REML) วิเคราะห์ค่าอัตราพันธุกรรมโดยแบบหุ่น Sire-maternal grandsire model มีค่าเท่ากับ 0.24

Lo และคณะ (1992) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดуроคและแลนด์เรซ จำนวน 5,649 ตัว ประมาณค่าพื้นฐานทางการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธี REML ในสุกรทดสอบพันธุ์จากน้ำหนัก 39.5 กิโลกรัมถึง 103.6 กิโลกรัม มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.36 ± 0.07

สัจจา ระหว่างสุข (2527) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดуроคจำนวน 419 ตัว ลาร์จไวท์จำนวน 1,048 ตัว และแลนด์เรซ จำนวน 829 ตัว โดยวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.53 ± 0.14 , 0.70 ± 0.09 และ 0.47 ± 0.10 ตามลำดับ

ตารางที่ 2.1 ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอัตราการเจริญเติบโต จำแนกตามวิธีวิเคราะห์

วิธี	พันธุ์	จำนวนข้อมูล	$h^2 \pm S.E.$	เอกสารอ้างอิง
ANOVA	D , Y	-	0.48 ± 0.26	Robinson and Berruecos (1973)
ANOVA	-	2,095	0.30 ± 0.12	Yonug et al. (1978)
R	Y , H	1,762	0.52 ± 0.20	Bates and Buchanan (1988)
REML	Y	7,951	0.24	Bryner et al. (1992)
REML	D , L	5,649	0.36 ± 0.07	Lo et al. 1992)
ANOVA	D	419	0.53 ± 0.14	สัจจา ระหว่างสุข (2527)
	Y	1,048	0.70 ± 0.09	
	L	829	0.47 ± 0.10	

โดยที่	h^2	= ค่าอัตราพันธุกรรม	S.E.	= standard error
	ANOVA	= วิธีวิเคราะห์ความแปรปรวน	D	= Duroc
	REML	= Restricted maximum likelihood	L	= Landrace
	R	= Realized heritability	Y	= Yorkshire
			H	= Hamshire

- อัตราพันธุกรรมของลักษณะอัตราการแลงน้ำหนัก

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอัตราการแลงน้ำหนักในสุกร มีความแตกต่างกันไปตามแหล่งที่มาของข้อมูล และวิธีการวิเคราะห์ข้อมูล จากที่ได้รวบรวมมาการศึกษาในสุกรหลายสายพันธุ์ และหลายวิธีการ ดังมีรายละเอียดพอสรุปได้ดังนี้

Park (1965) ศึกษาในสุกรพันธุ์แฮมเชียร์และพันธุ์ดรูค โดยวิธีวิเคราะห์ความแปรปรวน มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.20 ± 0.08 และ 0.34 ± 0.08 ตามลำดับ

Robinson และ Berruecos (1973) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดรูคและยอร์กเชียร์ จำนวน 321 ตัว โดยวิธีวิเคราะห์ความแปรปรวน ในสุกรอายุ 65-79 วัน อายุ 65-93 วัน อายุ 65-107 วัน อายุ 65-121 วัน อายุ 79-93 วัน อายุ 79-107 วัน และอายุ 79-121 วัน มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.09 ± 0.21 , 0.38 ± 0.24 , 0.54 ± 0.25 , 0.23 ± 0.27 , 0.64 ± 0.13 , 0.78 ± 0.27 และ 0.45 ± 0.29 ตามลำดับ

สัจจา ระหว่างสุข (2527) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดรูคจำนวน 419 ตัว ลาร์จไวท์จำนวน 1,048 ตัว และแลนด์เรซจำนวน 829 ตัว มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.63 ± 0.26 , 0.95 ± 0.19 และ 0.79 ± 0.20 ตามลำดับ

ตารางที่ 2.2 ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอัตราแลกน้ำหนัก จำแนกตามวิธีวิเคราะห์

วิธี	พันธุ์	จำนวนข้อมูล	$h^2 \pm S.E.$	เอกสารอ้างอิง	หมายเหตุ		
ANOVA	H	-	0.20 ± 0.08	Park (1965)			
	D		0.34 ± 0.08				
ANOVA	D, Y	321	0.09 ± 0.21	Robinson and Berruecos (1973)	อายุ 65 ถึง 93 วัน		
			0.38 ± 0.24		อายุ 65 ถึง 107 วัน		
			0.54 ± 0.25		อายุ 65 ถึง 121 วัน		
			0.23 ± 0.27		อายุ 79 ถึง 93 วัน		
			0.64 ± 0.13		อายุ 65 ถึง 107 วัน		
			0.78 ± 0.27		อายุ 65 ถึง 121 วัน		
ANOVA	D	419	0.63 ± 0.26	สัจจา ระหว่างสุข(2527)			
			Y		1,048	0.95 ± 0.19	
			L		829	0.79 ± 0.20	

โดยที่	h^2	= ค่าอัตราพันธุกรรม	S.E.	= standard error
	ANOVA	= วิธีวิเคราะห์ความแปรปรวน	Y	= Yorkshire
			D	= Duroc
			H	= Hamshire
			L	= Landrace

- อัตราพันธุกรรมของลักษณะความหนาไขมันสันหลัง

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความหนาไขมันสันหลังมีค่าปานกลางจนถึงสูง แสดงว่าเป็นลักษณะที่ได้รับอิทธิพลจากพันธุกรรมค่อนข้างสูงจึงสามารถทำการปรับปรุงโดยการคัดเลือก (Falconer and Mackay, 1996) ซึ่งการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะนี้แตกต่างกันไปตามแหล่งที่มาของข้อมูล วิธีการวิเคราะห์ จากที่ได้อบรมมาเป็นการศึกษาในสุกรหลายสายพันธุ์ และหลายวิธีการ ดังแสดงไว้ในตารางที่ 2.3 และมีรายละเอียดพอสรุปได้ดังนี้

Reutzel และ Sumption (1968) ศึกษาในสุกรสาวพันธุ์ยอร์กเชียร์ จำนวน 1,192 ตัว ใช้ข้อมูลพี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ โดยใช้วิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความหนาไขมันสันหลังที่อายุ 140 วัน มีค่าเท่ากับ 0.27 ± 0.16

Cox และ Smith (1968) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดรูคจำนวน 7,463 ตัว และสุกรพันธุ์แฮมเชียร์จำนวน 7,411 ตัว โดยใช้วิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน วัดความหนาไขมันสันหลังที่อายุ 154 วัน รายงานว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.41 ± 0.12 และ 0.38 ± 0.12 ตามลำดับ

Flock (1970) ศึกษาสุกรพันธุ์แลนด์เรซ จากสถานีทดสอบพันธุ์ในประเทศเยอรมันตะวันตก 12 สถานี ระหว่างปี 1964 ถึง 1966 จำนวน 6,820 ตัว โดยวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.53 ± 0.05

Young และคณะ (1978) ศึกษาสุกรสาวพันธุ์สังเคราะห์ จำนวน 2,095 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังที่อายุ 140 วัน รายงานว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.89 ± 0.13

David, Johson และ Socha (1983) ศึกษาข้อมูลจากภาคสนามของสุกร ตั้งแต่ปี 1971 ถึง 1979 จากสุกร 18 ฝูง เป็นสุกรทั้งสิ้น 101,606 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังที่น้ำหนัก 100 กิโลกรัม รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมในสุกรแต่ละฝูงแตกต่างกัน มีค่าตั้งแต่ -0.22 ถึง 0.51 มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.16 ± 0.03 ค่าอัตราพันธุกรรมเฉลี่ยต่ำจากการศึกษาในครั้งนี้ ผู้วิจัยได้ตั้งข้อสังเกตว่าเกิดจากความแปรปรวนสูง และความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมสูง

Bereskin, Steele และ Mitchell (1990) ศึกษาในสุกรลูกผสมดรูค - ยอร์กเชียร์ จำนวน 472 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังที่น้ำหนัก 91 กิโลกรัม โดยวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.24 ± 0.21

Kuhlers และ Jungst (1982) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดรูค และแฮมเชียร์ จำนวน 355 คู่ วัดความหนาไขมันโดยใช้เครื่องอัลตราโซนิก ที่น้ำหนัก 105 และ 135 กิโลกรัม วิเคราะห์ข้อมูลโดยวิธีเกรซชันของลักษณะในลูกต่อค่าเฉลี่ยลักษณะในพ่อและแม่ รายงานว่ามีอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.76 ± 0.07 และ 0.58 ± 0.08 ตามลำดับ

Kuhlers และ Jungst (1983) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดรูค และแลนด์เรซ จำนวน 552 ตัว วัดความหนาไขมันโดยใช้เครื่องอัลตราโซนิก ที่น้ำหนัก 105 และ 135 กิโลกรัม วิเคราะห์ข้อมูลโดย

วิธีเกรซชั้นของลักษณะในลูกต่อค่าเฉลี่ยลักษณะในพ่อและแม่ รายงานว่ามีอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.79 ± 0.09 และ 0.58 ± 0.06 ตามลำดับ

Reutzel และ Sumption (1968) ศึกษาในสุกรสาวพันธุ์ยอร์กเชียร์ จำนวน 1,192 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังที่อายุ 140 วัน ด้วยวิธีวิเคราะห์วิธีเกรซชั้นของลักษณะในลูกต่อลักษณะในแม่ มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.33 ± 0.07

Pumfrey, Cunningham และ Zimmerman (1975) ศึกษาในสุกรพันธุ์สังเคราะห์ที่ได้รับการคัดเลือก เพื่อเพิ่มอัตราการตกไข่ จำนวน 1,253 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลัง ที่อายุ 140 วัน โดยใช้วิธีวิเคราะห์วิธีเกรซชั้นของลักษณะในลูกต่อลักษณะในแม่ มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.46 ± 0.05

Hutchens, Hintz และ Johnson (1981) ศึกษาในสุกรพันธุ์แท้และสุกรลูกผสมของพันธุ์ดรูออค ยอร์กเชียร์ สปอต และแลนดเรช จำนวน 737 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังที่น้ำหนัก 90.7 กิโลกรัม วิเคราะห์ค่าอัตราพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลในพื้นที่ร่วมพ่อแต่ต่างแม่ และข้อมูลในพื้นที่ร่วมแม่แต่ต่างพ่อ ด้วยวิธี Henderson's method III รายงานว่ามีค่าใกล้เคียงกัน คือเท่ากับ 0.51 ± 0.15 และ 0.55 ± 0.14 ตามลำดับ

Kennedy, Johansson และ Hudson (1985) วิเคราะห์ข้อมูลสุกรที่เลี้ยงในประเทศแคนาดา ตั้งแต่ปี 1977 ถึง 1984 ด้วยวิธี Henderson's new method ซึ่งวิธีใหม่นี้ต่างจากวิธี Henderson's method III ในขั้นตอนการประมาณปัจจัยคงที่ คือการประมาณปัจจัยคงที่ด้วยวิธีอย่างง่าย (Henderson , 1980) ใช้สุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์ แลนดเรช ดรูออค และแฮมเชียร์ จำนวน 74,661, 46,347, 16,860 และ 13,697 ตัว ตามลำดับ วัดความหนาไขมันสันหลังที่น้ำหนัก 90 กิโลกรัม มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.44, 0.61, 0.44 และ 0.40 ตามลำดับ

Lo และคณะ (1992) ศึกษาในสุกรดรูออค และแลนดเรช จำนวน 5,600 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังโดยใช้เครื่อง Real - time ที่น้ำหนัก 103.6 กิโลกรัม วิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้ Animal model ด้วยวิธี REML มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.54 ± 0.09

นลินี อัมบุญตา(2539) ศึกษาในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ แลนดเรช และดรูออค จำนวน 5,305 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังโดยใช้เครื่องอัลตราซาวด์ ปรับน้ำหนักที่ 104.54 กิโลกรัม

หรือ 230 ปอนด์ วิเคราะห์ข้อมูลด้วยวิธี Derivative Free Restricted Maximum Likelihood (DFREML) มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.44 ± 0.05

Berruecos, Dillard และ Robinson (1971) ศึกษาในสุกรลูกผสมที่ผ่านการคัดเลือกเพื่อลดความหนาไขมันสันหลัง จำนวน 297 ตัว วัดความหนาไขมันสันหลังที่อายุ 130 วัน รายงานว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมประจักษ์ เท่ากับ 0.27 ± 0.09

Kuhlers และ Jungst (1983) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดูรอด และแลนด์เรซ จำนวน 522 ตัว จาก 2 ชั่วอายุ วัดความหนาไขมันสันหลัง โดยใช้เครื่องอัลตราโซนิก มีน้ำหนัก 105 และ 135 กิโลกรัม วิเคราะห์ข้อมูลโดยวิธีการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมประจักษ์ มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.78 ± 0.09 และ 0.65 ± 0.16 ตามลำดับ

Fredeen และ Mikami (1986) ศึกษาสุกร จำนวน 541 ตัว ที่ผ่านการคัดเลือกเพื่อลดความหนาไขมันสันหลัง เป็นเวลา 9 ชั่วอายุ รายงานว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมประจักษ์เท่ากับ 0.28 ± 0.04

ตารางที่ 2.3 ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความหนาไขมันสันหลัง จำแนกตามวิธีวิเคราะห์

วิธี	โมเดล	พันธุ์	จำนวนข้อมูล	$h^2 \pm S.E.$	เอกสารอ้างอิง
ANOVA	PHS	Y	1,192	0.27 ± 0.16	Reutzel and Sumption (1968)
	PHS	D	7,463	0.41 ± 0.12	Cox and Smith (1968)
	PHS	H	7,411	0.38 ± 0.12	Cox and Smith (1968)
	PHS	L	6,820	0.53 ± 0.05	Flock (1970)
	PHS	Syn	2,095	0.89 ± 0.13	Young et al. (1978)
	PHS	-	101,606	0.16 ± 0.02	David et al. (1983)
	PHS	DxY	472	0.24 ± 0.21	Bereskin et al.(1990)
ROMP	-	D,L,X	355	0.76 ± 0.07	Kuhlers and Jungst (1982)
	-	D,L,X	355	0.58 ± 0.08	Kuhlers and Jungst (1982)
	-	D,L,X	522	0.79 ± 0.07	Kuhlers and Jungst (1983)
	-	D,L,X	522	0.58 ± 0.06	Kuhlers and Jungst (1983)
ROD	-	Y	1,192	0.33 ± 0.07	Reutzel and Sumption (1968)
	-	Syn	1,253	0.46 ± 0.05	Pumfrey et al. (1975)
Henderson's	PHS	D,Y,S,L,X	737	0.51 ± 0.15	Hutchens et al. (1981)
method III	MHS	D,Y,S,L,X	737	0.55 ± 0.14	Hutchens et al. (1981)
	PHS	Y	74,661	0.44	Kennedy et al. (1985)
	PHS	L	46,347	0.61	Kennedy et al. (1985)
	PHS	D	16,860	0.44	Kennedy et al. (1985)
	PHS	H	13,697	0.40	Kennedy et al. (1985)
REML	AM	D,L	5,649	0.54 ± 0.09	Lo et al. (1994)
R	-	X	297	0.27 ± 0.09	Berruecos et al. (1971)
	-	D,L,X	522	0.78 ± 0.09	Kuhlers and Jungst (1982)
	-	D,L,X	522	0.65 ± 0.16	Kuhlers and Jungst (1982)
	-	-	541	0.28 ± 0.04	Fredeen and Mikami (1986)
DFREML	AM	D,L,Y	5305	0.44 ± 0.05	นลินี อิ่มบุญญา(2539)

โดยที่	h^2	= ค่าอัตราพันธุกรรม	S.E.	= standard error
	AM.	= Animal model	X	= crossbred
	PHS	= Paternal half-sib estimate	Y	= Yorkshire
	MHS	= Maternal half-sib estimate	D	= Duroc
	REML	= Restricted maximum likelihood	H	= Hamshire
			L	= Landrace
			S	= Spot
			Syn	= สุกรพันธุ์สังเคราะห์

-ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอายุที่น้ำหนัก 90 กิโลกรัม

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะ อายุที่น้ำหนัก 90 กิโลกรัม ในสุกรมีความแตกต่างกันไปตามแหล่งที่มาของข้อมูล และวิธีการวิเคราะห์ข้อมูล จากที่ได้รวบรวมมา มีการศึกษาในสุกรหลายสายพันธุ์ และหลายวิธีการ ดังมีรายละเอียดพอสรุปได้ดังนี้

Kennedy, Johansson และ Hudson (1985) ศึกษาในสุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์จำนวน 74,661 ตัว พันธุ์แลนด์เรชจำนวน 46,374 ตัว พันธุ์ดิวรอกจำนวน 16,860 ตัวและพันธุ์แฮมเชียร์จำนวน 13,697 ตัว ทำการศึกษาอายุที่น้ำหนัก 90 กิโลกรัม โดยใช้วิธี REML ได้ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.36 , 0.40 , 0.27 และ 0.46 ตามลำดับ

Van Diepen และ Kennedy (1988) ศึกษาในสุกรพันธุ์สาร์จไวท์ของสถานีทดสอบพ่อพันธุ์ จำนวน 3,513 ตัว ข้อมูลการทดสอบพ่อพันธุ์ในฟาร์ม จำนวน 13,760 ตัว ข้อมูลการทดสอบเพศเมียในฟาร์ม จำนวน 28,203 ตัว ศึกษาอัตราพันธุกรรมของลักษณะอายุที่น้ำหนัก 90.0 กิโลกรัม โดยใช้วิธี Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimator (MIVQUE) ได้ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.22 , 0.19 และ 0.25 ตามลำดับ

Lo และคณะ (1992) ศึกษาอัตราพันธุกรรมของลักษณะอายุเมื่อน้ำหนัก 103.6 กิโลกรัม ในสุกรพันธุ์ดิวรอกและแลนด์เรช จำนวน 5,649 ตัว โดยใช้วิธี REML ได้ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.43 ± 0.08

Xuewei และ Kennedy (1994) ศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอายุเมื่อน้ำหนัก 100.0 กิโลกรัม ในสุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์จำนวน 47,360 ตัว พันธุ์แลนด์เรซจำนวน 28,762 ตัว พันธุ์ดรูคจำนวน 14,020 ตัวและพันธุ์แฮมเชียร์จำนวน 9,983 ตัว โดยใช้วิธี DFREML ได้ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.31 , 0.30 , 0.26 และ 0.32 ตามลำดับ

ตารางที่ 2.4 ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะอายุที่น้ำหนัก 90 กิโลกรัม จำแนกตามวิธีวิเคราะห์

วิธี	พันธุ์	จำนวนข้อมูล	$h^2 \pm S.E.$	เอกสารอ้างอิง
REML	Y	74,661	0.36	Kennedy et al. (1985)
	L	46,374	0.40	
	D	16,860	0.27	
	H	13,697	0.46	
MIVQUE	Y	45,476	0.22	Van Diepen and Kennedy (1989)
REML	D , L	5,649	0.43 ± 0.08	Lo et al. (1992)
DFREML	Y	47,360	0.31	Xuewei and Kennedy (1994)
	L	28,762	0.30	
	D	14,020	0.26	
	H	9,983	0.32	

โดยที่	h^2	= ค่าอัตราพันธุกรรม	S.E. = standard error
	REML	= Restricted maximum likelihood	Y = Yorkshire
	DFREML	= Derivative free Restricted maximum likelihood	L = Landrace
	MIVQUE	= Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimator	D = Duroc
			H = Hamshire

วิธีการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (Estimation of genetic parameters)

1. การวิเคราะห์การถดถอยของลักษณะในลูกต่อลักษณะในพ่อหรือแม่ (Regrssion of offspring on parent)

เป็นการวิเคราะห์ซึ่งมีการประยุกต์ใช้เพื่อประมาณค่าอัตราพันธุกรรมเมื่อมีการบันทึกลักษณะนั้นในชั่วลูกและชั่วพ่อแม่ การวิเคราะห์การถดถอยเมื่อจำแนกตามเพศ สามารถจัดเป็นแบบตามคู่ของลักษณะได้ดังนี้คือ ลักษณะในพ่อกับลักษณะในลูกเพศผู้ (sire-son) ลักษณะในพ่อกับลักษณะในลูกเพศเมีย (sire-daughter) ลักษณะในแม่กับลักษณะในลูกเพศผู้ (dam-son) ลักษณะในแม่กับลักษณะในลูกเพศเมีย (dam-daughter) ในทางปฏิบัติแบบที่จะใช้ในการวิเคราะห์หมักขึ้นอยู่กับความสัมพันธ์ของบันทึกของลักษณะ (สมชัย จันทร์สว้าง, 2530)

2. การวิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of variance : ANOVA)

การประมาณความแปรปรวนร่วมของลักษณะปรากฏ (phenotypic covariance) ระหว่างสัตว์ที่เป็นพี่น้องกันในการวิเคราะห์แบบเก่ามักจะใช้วิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวนหรือวิธีการที่คล้ายคลึงกัน โดยทั่วไปการวิเคราะห์แบบนี้มักกำหนดให้ระดับความสัมพันธ์ในกลุ่มญาติพี่น้องทุกตัวเหมือนกันโครงสร้างของครอบครัว (family structure) ในสัตว์ที่พบบ่อยๆ ได้แก่ ลูกร่วมพ่อ (paternal half sibs) และลูกในพ่อแม่เดียวกัน (full sibs) เป็นต้น

ในการวิเคราะห์ความแปรปรวนนั้น ความแปรปรวนร่วมของสมาชิกในครอบครัวหรือกลุ่มสัตว์ที่เป็นเครือญาติกันมักวัดในรูปของส่วนประกอบความแปรปรวน (variance component) ระหว่างกลุ่มซึ่งเกี่ยวข้องกับการแบ่งส่วนของ sum of squares (SS) เนื่องจากแหล่งความแปรปรวนที่แตกต่างกันในแบบหุ้ของการวิเคราะห์ ส่วนของ Mean of squares (MS) จะได้จาก SS โดยแบ่งตามชั้นความเป็นอิสระ (degree of freedom, df) สำหรับข้อมูลที่สมดุล (balanced data) แต่ข้อมูลทางพันธุกรรมของสัตว์มักจะไม่สมดุล ดังนั้นวิธีการวิเคราะห์ที่คล้ายคลึงกันกับวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน จึงได้รับการพัฒนาขึ้นสำหรับข้อมูลไม่สมดุล (unbalanced data) โดยเฉพาะวิธีการ Henderson's method III (1953) หรือ "fitting constants" โดยการแทนที่ SS ในวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวน ด้วย quadratic forms แก๊สมการโดยใช้ Least squares วิธีการนี้เป็นที่นิยมอย่างกว้างขวางโดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ Least squares มาประยุกต์ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (Meyer , 1989)

3. วิธี Maximum Likelihood (ML)

ข้อมูลที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์นั้นมักจะได้มาจากการคัดเลือก (selection experiment) หรือบันทึกจากโครงการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ซึ่งมักไม่ใช่ตัวอย่างสุ่ม (random sample) โดยหลักการวิเคราะห์ความแปรปรวนนั้นจะมีข้อสมมติของตัวอย่างสุ่ม ซึ่งเป็นผลทำให้เกิดอคติ (bias) จากการคัดเลือกในทางตรงข้าม ML เป็นวิธีการประมาณค่าส่วนประกอบความแปรปรวนภายใต้เงื่อนไขของการคัดเลือกซึ่งข้อมูลทุกอย่างมีความจำเป็นที่จะต้องใช้ในการวิเคราะห์ เพื่อสนับสนุนการตัดสินใจในการคัดเลือกเว้นแต่ข้อมูลทั้งหมดไม่มีความสัมพันธ์กันในการวิเคราะห์ ในกรณีที่ข้อมูลมีความสัมพันธ์กันบางส่วน ค่าประมาณของ ML จะมีอคติเนื่องจากการคัดเลือกน้อยกว่า ANOVA แนวความคิดในการประมาณโดยวิธี ML นั้นต้องการเพียงข้อสมมติเกี่ยวกับการแจกแจง (distribution) ของข้อมูลซึ่งในการประมาณส่วนประกอบความแปรปรวนโดย ML นั้น จะมีข้อสมมติว่า ข้อมูลมีการแจกแจงแบบ multivariate normal distribution

ข้อเสียเปรียบของการประมาณค่าโดยวิธี ML ในแบบหุนผสม (mixed model) คือการสูญเสียชั้นความเป็นอิสระ (df) เนื่องจากอิทธิพลของปัจจัยคงที่ หากแบบหุนในการวิเคราะห์มีปัจจัยคงที่มากโดยเฉพาะข้อมูลที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จะทำให้ตัวประมาณเกิดอคติในส่วนของค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนโดยจะมีค่าต่ำกว่าค่าประมาณอย่างรุนแรง (Meyer, 1989)

4. วิธี Restricted Maximum Likelihood (REML)

ข้อเสียของการประมาณค่าโดยวิธี ML ในแบบหุนผสม คือถือว่าทราบปัจจัยคงที่แล้ว กล่าวคือลดการสูญเสียชั้นความเป็นอิสระ เนื่องจากการปรับปัจจัยคงที่ดังกล่าว ยกตัวอย่างเช่น ค่าประมาณ ML ของความแปรปรวนเนื่องจากลักษณะปรากฏ จะเป็นผลรวมกำลังสองทั้งหมด (SS) หาดด้วยจำนวนค่าสังเกต ขณะที่ค่าประมาณที่ไม่มีอคติตัวหารจะต้องลดลงไปหนึ่งเพื่อใช้ประมาณค่าเฉลี่ยทั้งหมด ถ้าในแบบหุนประกอบด้วยอิทธิพลคงที่จำนวนมาก เช่น ในกรณีข้อมูลที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ จะสามารถทำให้ค่าประมาณเกิดอคติโดยเฉพาะความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนจะเป็นค่าประมาณที่ต่ำกว่าค่าที่เป็นจริงอย่างมาก

Patterson และ Thompson (1971) ได้เสนอวิธีการแก้ปัญหาของ ML ที่เรียกว่า Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยการ maximize เฉพาะส่วนของ likelihood เท่านั้น ซึ่งเป็นอิสระกับปัจจัยคงที่ โดยการแทนข้อมูลฟังก์ชันเชิงเส้นของ error contrasts โดยมีค่าคาดหวัง (expectation) เป็นศูนย์ ซึ่งค่าสังเกตจะถูกปรับสำหรับค่าประมาณ generalized least-squares ของปัจจัยคงที่ ในกรณีข้อมูลสมดุล ค่าประมาณของ REML จะเท่ากับค่าประมาณจาก ANOVA (Meyer, 1989)

4.1) Derivative-free Restricted Maximum Likelihood (DFREML)

การใช้ REML เพื่อประมาณค่าส่วนประกอบความแปรปรวน โดย Patterson และ Thompson (1971) เป็นวิธีการที่หลีกเลี่ยงความผิดพลาดจากจำนวนตัวอย่างที่มีขนาดเล็กที่มีความสัมพันธ์กับปัจจัยคงที่และหลีกเลี่ยงอคติจากคัดเลือก Henderson (1986) ได้อธิบายการใช้ REML ใน Animal Model (AM) และ Reduced Animal Model (RAM) ซึ่งวิธีการนี้เป็นวิธีการที่ต้องการหาค่า generalized inverse ของ coefficient matrix ในสมการของแบบหุ่นผสม

Graser, Smith และ Tier (1987) ได้เสนอวิธี Derivative Free Restricted Maximum Likelihood algorithm (DFREML) สำหรับ Animal Model และ Reduced Animal Model ซึ่งเป็นวิธีการที่ไม่ต้องใช้การกลับเมตริกซ์โดยตรง

จาก Model

$$y = X\beta + Zu + e$$

เมื่อ y = เวกเตอร์ขนาด $n \times 1$ ของค่าสังเกต

β = เวกเตอร์ขนาด $p \times 1$ ของปัจจัยคงที่ที่ไม่ทราบค่า

u = เวกเตอร์ขนาด $q \times 1$ ของปัจจัยสุ่มทุกชนิด

e = เวกเตอร์ขนาด $n \times 1$ ของความคลาดเคลื่อน

X, Z = เมตริกซ์แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกต

กับปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่ม

และ Animal Model Equation คือ

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

โดยที่ $\lambda = (\sigma_e^2 / \sigma_a^2)$

หรืออาจเขียนสมการใหม่ได้เป็น

$$Cf = r$$

เมื่อมีข้อสมมติว่าการแจกแจงเป็นแบบปกติ ส่วนของ likelihood ที่เป็นอิสระจากปัจจัยคงที่ สามารถเขียนได้เป็น

$$\begin{aligned} L &= -\frac{1}{2} [\text{constant} + \log |I\sigma_e^2| + \log |A\sigma_e^2| + \log |C| + y'Py] \\ &= -\frac{1}{2} [\text{constant} + m \log \sigma_e^2 + n \log \sigma_a^2 + \log |C| + y'Py] \end{aligned}$$

เมื่อ

$A =$ เมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ (Numerator relationship matrix)

$$P = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}$$

$$V = ZAZ' \frac{\sigma_a^2}{\sigma_e^2} + I$$

$\sigma_a^2 =$ ความแปรปรวนของยีนแบบบวกสะสม

$\sigma_e^2 =$ ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

และ m คือ จำนวนของค่าสังเกต และ n คือ จำนวนของสัตว์การคำนวณ $y'Py$ และ \log

$|C|$ สามารถกระทำได้โดยการขยายส่วนของ coefficient matrix ได้เป็น

$$M = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'y \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'y \\ y'X & y'Z & y'y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C & f \\ f' & y'y \end{bmatrix}$$

เมื่อ $\lambda = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$ และเมื่อแก้สมการให้ C เข้าไปอยู่ในรูป $y'y$ เพื่อให้ได้ $y'Py$ วิธีนี้ไม่จำเป็นต้องใช้การกลับเมตริกซ์ C และจะใช้เวลาเพียง 1/3 ของการคำนวณเพื่อหาค่าการกลับเมตริกซ์ C สำหรับข้อมูลที่มีขนาดใหญ่

Solution ของ σ_e^2 คือ

$$\sigma_e^2 = \frac{y'Py}{[m - rank(X)]}$$

$$\sigma_a^2 = \lambda \hat{\sigma}_e^2$$

กระบวนการคือ การทำซ้ำ (iterative) ในช่วงของค่า λ และ log likelihood (L) Graser และคณะ(1987) ใช้วิธีการ fit quadratic function ใน λ ไปสู่ log likelihood เพื่อจะทำนายค่าสูงสุดของ Log L และจะพบว่าวิธีการนี้ให้ค่า convergence อย่างรวดเร็ว (Graser และคณะ, 1987 และ Kennedy, 1989)

Kennedy (1989) รายงานว่า วิธีการ DFREML ยังสามารถใช้กับแบบหุ่นที่มีปัจจัยสุ่มมากกว่าหนึ่งปัจจัยและในปัจจุบันได้มีการพัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์ DFREML ใช้กับ Animal Model แบบต่าง ๆ

2.1.2 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (Genetic and Phenotypic Correlation , r_g and r_p)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะสองลักษณะ อาจเป็นแบบสนับสนุนซึ่งกันและกันหรืออาจเป็นแบบตรงกันข้าม ซึ่งความสัมพันธ์ร่วมดังกล่าวมีสาเหตุมาจากการที่ยีนตำแหน่งหนึ่งมีผลในการควบคุมลักษณะมากกว่าหนึ่งลักษณะ และจากการที่ยีนหรือกลุ่มของยีนจะถ่ายทอดไปด้วยกันจะแยกจากกันก็ต่อเมื่อเกิดการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซม (crossing over) เท่านั้น (สมชัย จันทร์สว่าง, 2530)

ในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในลักษณะต่างๆ หากจะให้ได้ผลดีมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องทราบถึงค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะ ตลอดจนค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะที่จะคัดเลือกว่ามีแนวโน้มแบบสนับสนุนซึ่งกันและกันหรือเป็นแบบตรงกันข้าม จึงจะวางแผนใช้วิธีคัดเลือกต่อไป ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏของลักษณะต่างๆ มีการรายงาน ดังนี้

- สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการเจริญเติบโตกับอัตราการแลกน้ำหนัก

Bereskin และคณะ (1975) ได้ศึกษาการประมาณค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการเจริญเติบโตกับอัตราการแลกน้ำหนัก ในสุกรจำนวน 128 ตัว ตั้งแต่อายุ 9 สัปดาห์ ถึงน้ำหนัก 100 กิโลกรัม มีค่าเท่ากับ -0.40

สัจจา ระหว่างสุข (2527) ศึกษาสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ศึกษาในสุกรพันธุ์ดุดรอดจำนวน 419 ตัว สาร์จไวท์จำนวน 1,048 ตัว และแลนด์เรซจำนวน 829 ตัว มีค่าเท่ากับ -0.24 ± 0.03 และประมาณค่า สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ -0.22 ± 0.13

- สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการเจริญเติบโตกับความหนาไขมันสันหลัง

Bereskin (1983) ประมาณค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏของสุกรพันธุ์ดุดรอดและยอร์กเชียร์ของลักษณะอัตราการเจริญเติบโตกับความหนาไขมันสันหลังจากอายุ 8 สัปดาห์ถึงน้ำหนัก 90.7 กิโลกรัมมีค่าเท่ากับ 0.31

Bates และ Buchanan (1988) ศึกษาในสุกรพันธุ์ดุดรอดและแฮมเชียร์เพศผู้ อายุ 8-9 สัปดาห์ถึงน้ำหนัก 100 กิโลกรัม ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.44 ± 0.14

Keplon และคณะ (1991) ได้ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการเจริญเติบโตกับความหนาไขมันสันหลัง ในสุกรพันธุ์โปลิสสาร์จไวท์จำนวน 114,347 ตัว โดยวิธี REML มีค่าเท่ากับ 0.25 และ 0.23 ตามลำดับ

Lo และคณะ (1992) ได้ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการเจริญเติบโต กับความหนาไขมันสันหลังได้ศึกษาในสุกรพันธุ์แลนด์เรซและพันธุ์ดุดรอด โดยวิธี REML ได้ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.28 ± 0.18 และประมาณค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏมีค่าเท่ากับ 0.21

- สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการเจริญเติบโตกับอายุเมื่อน้ำหนัก 90 กิโลกรัม

Lo และคณะ (1992) ได้ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการเจริญเติบโต กับอายุเมื่อน้ำหนัก 103.6 กิโลกรัม ได้ศึกษาในสุกรพันธุ์แลนด์เรซและพันธุ์ดुरอค โดยวิธี REML ได้ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ -0.13 ± 0.12 และประมาณค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏมีค่าเท่ากับ -0.10

Kaplon และคณะ(1991)ได้ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะความหนาไขมันสันหลัง กับอายุเมื่อน้ำหนัก 110 กิโลกรัม ในสุกรพันธุ์โพลีสารจไวท์จำนวน 114,347 ตัว โดยวิธี REML มีค่าเท่ากับ -0.99 และ -0.99 ตามลำดับ

- สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะอัตราการแลกน้ำหนัก กับความหนาไขมันสันหลัง

สัจจา ระหว่างสุข (2527) ศึกษาสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏศึกษาในสุกรพันธุ์ดुरอคจำนวน 419 ตัว สารจไวท์จำนวน 1048 ตัว และแลนด์เรซจำนวน 829 ตัว มีค่าเท่ากับ -0.23 ± 0.03 และประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ -0.09 ± 0.14

- สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะความหนาไขมันสันหลัง กับอายุเมื่อน้ำหนัก 90 กิโลกรัม

Lo และคณะ (1992) ได้ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะความหนาไขมันสันหลัง กับอายุเมื่อน้ำหนัก 103.6 กิโลกรัม ในสุกรพันธุ์แลนด์เรซและพันธุ์ ดुरอค มีค่าเท่ากับ -0.13 ± 0.12 และ -0.10 ตามลำดับ

Xuwei และ Kennedy (1994) ศึกษาในสุกรพันธุ์ยอร์กเชียร์จำนวน 47,360 ตัว พันธุ์แลนด์เรซ จำนวน 28,762 ตัว พันธุ์ดुरอคจำนวน 14,020 ตัวและพันธุ์แฮมเชียร์จำนวน 9,983 ตัว โดยวิธี DFREML ในการประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ

ระหว่างลักษณะความหนาไขมันสันหลัง กับอายุเมื่อน้ำหนัก 100 กิโลกรัม มีค่าเท่ากับ -0.13 และ -0.08 ตามลำดับ

Keplon และคณะ(1991) ได้ประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ ระหว่างลักษณะความหนาไขมันสันหลัง กับอายุเมื่อน้ำหนัก 110 กิโลกรัม ในสุกรพันธุ์ โปลิสลาร์จไวท์จำนวน 114,347 ตัว โดยวิธี REML มีค่าเท่ากับ -0.21 และ -0.20 ตามลำดับ ตารางที่ 2.5 แสดงสหสัมพันธ์ลักษณะทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ

ลักษณะ	วิธีการ	พันธุ์	ลักษณะปรากฏ	ลักษณะพันธุกรรม	ผู้ศึกษา
อัตราการเจริญเติบโตกับอัตราแลงน้ำหนัก					
	ANOVA	D, Y, L	-0.24±0.03	-0.22±0.13	สัจจา (2527)
อัตราการเจริญเติบโตกับความหนาไขมันสันหลัง					
	ANOVA	D, Y	0.31	-	Bereskin (1983)
	R	D, H	0.44±0.14	-	BatesและBuchanan (1988)
	REML	Y	0.23	0.25	Keplon et al. (1991)
	REML	L, D	0.21	0.28±0.18	Lo et al. (1992)
อัตราการเจริญเติบโตกับอายุเมื่อ 90 กก.					
	REML	L, D	-0.70	-0.83±0.08	Lo et al. (1992)
	REML	Y	-0.99	-0.99	Keplon et al. (1991)
อัตราแลงน้ำหนักกับความหนาไขมันสันหลัง					
	ANOVA	D, L, Y	-0.23±0.03	-0.09±0.14	สัจจา (2527)
ความหนาไขมันสันหลังกับอายุเมื่อ 90 กก.					
	REML	L, D	-0.10	-0.13±0.12	Lo et al. (1992)
	DFREML	Y, L, D	-0.08	-0.13	XueweiและKennedy (1994)
	REML	Y	-0.20	-0.21	Keplon et al. (1991)
โดยที่	ANOVA	= Analysis of Variance			Y = Yorkshire
	R	= Realized heritability estimate.			L = Landrace
	REML	= Restriction Maximum Likelihood			D = Duroc
	DFREML	= Derivative Free REstriction Maximum Likelihood			H = Hamshire

2.2 การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ (Estimated breeding value , EBV)

ลักษณะต่างๆที่สัตว์แสดงออกถูกควบคุมด้วยปัจจัย 2 ประการคือ พันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม (การจัดการ) ปกติจะพบว่าสิ่งแวดล้อมมีผลต่อลักษณะปรากฏมากกว่าอิทธิพลของพันธุกรรม กลยุทธ์ในการปรับปรุงพันธุกรรมในฝูงปศุสัตว์คือการแยกอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมออกจากอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม แล้วทำการคัดเลือกเฉพาะสัตว์ตัวที่มีพันธุกรรมดีเลิศ เนื่องจากลักษณะที่เกิดเนื่องจากการจัดการที่ดีไม่สามารถถ่ายทอดไปสู่ลูกรุ่นต่อไปได้ ขณะที่ลักษณะที่เกิดเนื่องจากพันธุกรรมสามารถถ่ายทอดได้ (Kennedy, 1988)

จุดประสงค์ในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อพัฒนาปรับปรุงค่าเฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์ของประชากร คุณค่าการผสมพันธุ์ คือ ความสามารถทางพันธุกรรมซึ่งมีผลเนื่องมาจากอำนาจของยีนแบบบวกสะสม แต่เราไม่สามารถมองเห็นยีนที่สัตว์แต่ละตัวมีอยู่จึงไม่ทราบคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์นั้น อย่างไรก็ตามเราสามารถประมาณได้จากข้อมูลของตัวสัตว์เองรวมทั้งข้อมูลของเครือญาติ

Henderson (1973) ได้พัฒนาการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ และให้คำจำกัดความของการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ว่าเป็นการทำนาย (prediction) ตามปกติคำว่า prediction หมายถึงการทำนายเหตุการณ์ต่างๆในอนาคต (Henderson, 1984) และยังสามารถหมายถึงการประมาณค่าของปัจจัยสุ่ม (Scheaffer, 1992) ทั้งนี้เนื่องจากลักษณะทางพันธุกรรมใดๆบนโครโมโซมถือว่าเป็นตัวแปรเชิงสุ่มและเป็นปัจจัยเชิงสุ่ม ส่วนปัจจัยอื่นๆที่ไม่เกี่ยวข้องกับพันธุกรรมยกเว้นค่าความคลาดเคลื่อน ถือว่าเป็นปัจจัยคงที่ซึ่งเป็นเรื่องของการประมาณ

2.2.1 วิธีต่าง ๆ ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์

ถ้าแยกวิธีประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ตามรายละเอียดของสมมติฐาน พบว่าวิธีใดก็ตามที่ง่ายต่อการคิดและมีสมมติฐานมาก จะมีความถูกต้องน้อยกว่าวิธีที่ยากต่อการคิด ทั้งนี้เพราะวิธีง่ายนั้น มักจะตั้งสมมติฐานเอาไว้ก่อนว่า ทราบค่าที่จะเป็นต้องใช้ในสูตรมาก่อน อาทิทราบค่า ค่าเฉลี่ย และ ความแปรปรวน เป็นต้น ส่วนวิธีที่ยากนั้นมักจะไม่สมมติฐานใด ๆ มาก่อน ดังนั้น

Henderson (1984) ได้กล่าวว่ววิธีการประเมินคุณค่าพันธุกรรม หรือการประเมินความแปรปรวนของปัจจัยมีได้หลายวิธีดังต่อไปนี้

1. Best Prediction (BP) เป็นวิธีประเมินคุณค่าพันธุกรรม ที่ตั้งสมมติฐานว่าคุณค่าพันธุกรรมเป็นค่าที่มองไม่เห็น (w) แต่จะใช้ค่าสังเกต (y) ที่เห็นเป็นสื่อ โดยอาศัยว่าทั้ง 2 ค่ามีการกระจายตัวร่วมกัน (jointly distribution) และทราบค่าเฉลี่ยของประชากรด้วย ค่าผิดพลาดทางสถิติที่วัด คือ ค่าคาดหวัง ของผลต่างระหว่างค่าทำนายกับตัวถูกทำนายมีน้อยที่สุด ซึ่งเรียกว่า Minimum Square Error Prediction หรือ Best Prediction

2. Best Linear Prediction (BLP) เป็นวิธีที่ทราบค่าเฉลี่ยของประชากรและทราบความแปรปรวนแต่ไม่ทราบการกระจายตัวของค่าสังเกตและตัวทำนาย ถ้าเราสมมติให้การกระจายเป็นแบบ multivariate normal ดังนั้น ค่าเฉลี่ยของตัวทำนาย จะมีการสัมพันธ์ในเชิงเส้นตรงกับค่าสังเกต ทันทีจะได้ว่าตัวทำนายจะเท่ากับ $a'y + b$ โดยที่ a' เป็นเวกเตอร์ (vector) และ b เป็นสเกลลาร์ (scalar) ซึ่งทำให้ค่า $E(w - \hat{w})^2$ มีค่าน้อยที่สุด

3. Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ซึ่งถือว่าวิธี BLUP มีข้อกำหนดน้อยกว่า ทำให้การหาค่าการผสมพันธุ์มีประสิทธิภาพที่สุด โดยเป็นวิธีการทำนายใช้บอกเหตุการณ์ในอนาคต แต่การทำนายจะอ้างถึงการประมาณค่าที่แท้จริงของตัวแปรสุ่มที่รู้ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของประชากร ซึ่งจะทำให้ BLUP มีคุณสมบัติ ดังนี้

1. ไม่มีอคติ นั่นคือ $E(\hat{w}) = E(w)$

2. maximize ค่าสหสัมพันธ์ระหว่าง \hat{w} และ w

3. หากการกระจายตัวเป็นแบบ multivariate normal จะได้ $E(\hat{w}, w) = w$ BLUP ถือว่าเป็นวิธีการทางสถิติ ซึ่งถูกประมาณขึ้นมาเพื่อวิเคราะห์แบบหุ่่น ด้วยการใส่แบบหุ่่นแบบผสมเป็นหลักการในการคำนวณหาค่าการผสมพันธุ์

2.2.2 การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี BLUP

BLUP เป็นวิธีที่ดีที่สุดเนื่องจากมีข้อกำหนดน้อยกว่า 2 วิธีแรก คือ ต้องการทราบค่าความแปรปรวนของประชากรที่จะทำการศึกษาเท่านั้น สามารถใช้ในกรณีไม่ทราบค่าของปัจจัยคงที่ และใช้ได้กับข้อมูลที่มีการคัดทิ้งหรือคัดเลือก (Henderson, 1973) นอกจากใช้ข้อมูลของตัวสัตว์เองแล้ว ยังใช้ข้อมูลของสัตว์ทุกตัวที่มีความสัมพันธ์กับสัตว์ตัวที่ได้รับการประมาณด้วย (Kennedy, 1988) ทำให้การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์มีประสิทธิภาพที่สุด

ปัจจุบัน BLUP ใช้กันอย่างแพร่หลายในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ โดย BLUP เป็นวิธีในการประมาณค่าปัจจัยสุ่ม ในเชิงคณิตศาสตร์การประมาณค่าปัจจัยคงที่และการทำนายค่าปัจจัยสุ่มสามารถคำนวณได้พร้อมๆกันจากสมการแบบหุ้มผสม ของ Henderson (1973) และ BLUP ถูกนำมาประยุกต์ใช้กับข้อมูลของสุกร (Kennedy, 1987; Belonsky และ Kennedy, 1988; Daryl และ Kennedy, 1992) และใช้ในการตัดสินใจคัดเลือกสุกรในหลายประเทศ เนื่องจาก BLUP มีข้อดีคือ

1. แก้ไขปัญหาจำนวนข้อมูลของแต่ละกลุ่มไม่เท่ากัน เช่น จำนวนฝูง จำนวนพ่อ จำนวนลูก
2. แก้ไขปัญหาความยากในการแยกปัจจัยคงที่ เช่น อิทธิพลเนื่องจาก ปี ฤดูกาล กลุ่มชั่วคราว (contemporary group) ออกจากปัจจัยสุ่ม
3. ปัจจัยเนื่องจากสภาพแวดล้อมและปัจจัยทางพันธุกรรม จะถูกนำไปประมาณพร้อมๆกัน ทำให้สามารถเปรียบเทียบสัตว์ระหว่างฝูง ระหว่างช่วงเวลา ระหว่างสัตว์ที่ได้รับการจัดการต่างกัน
4. การวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้ BLUP จะทำให้ค่าประมาณของคุณค่าการผสมพันธุ์แม่นยำขึ้นโดยการรวมข้อมูลของเครือญาติ และของตัวสัตว์ แล้ววิเคราะห์ไปด้วยกัน

2.2.3 แบบหุ้มที่ใช้ในการทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์

ลักษณะของการวิเคราะห์ทางสถิติจะให้ผลลัพธ์น่าเชื่อถือหรือไม่ ก็ขึ้นอยู่กับแบบหุ้มที่ใช้แสดงลักษณะของข้อมูล โดยทั่วไปที่ใช้ศึกษาทางชีววิทยาสวนมากจะเป็นแบบหุ้มเชิงเส้นตรง

(Linear model) ที่ประกอบขึ้นด้วยปัจจัย ที่มีผลต่อค่าสังเกต ปัจจุบันจะเรียกแบบหุ่นและวิธีการในชื่อเดียวกัน (Schaeffer , 1992) แบบหุ่นที่ใช้ในการทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ มีหลายชนิดขึ้นกับปัจจัยสุ่มเช่น

แบบหุ่นที่ใช้ในการทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์โดยทั่วไปแบ่งได้ 2 วิธี

(Schneeberger, 1992) คือ

1. แบ่งตามชนิดของปัจจัยสุ่ม

- Sire Model ปัจจัยสุ่มเกิดขึ้นเนื่องจากพ่อพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ทำการศึกษา
- Animal Model ปัจจัยสุ่มที่เกิดขึ้นเนื่องจากตัวของสัตว์ที่ทำการศึกษา

2. แบ่งตามลักษณะที่ทำการศึกษา

- Single-Trait Model ทำการวิเคราะห์เพียง 1 ลักษณะ
- Multiple-Trait Model ทำการวิเคราะห์มากกว่า 1 ลักษณะพร้อมกัน

Animal Model Animal Model เป็นแบบหุ่นที่อธิบายปัจจัยทุกปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อค่าสังเกตในสัตว์แต่ละตัว และสามารถทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ได้ทุกตัวได้ รวมทั้งทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ไม่มีค่าสังเกตได้อีกด้วย (Schaeffer, 1992) การประเมินโดยใช้ Animal Model จะอยู่บนพื้นฐานของตัวสัตว์และความสัมพันธ์ของตัวสัตว์กับสัตว์ตัวอื่นๆ ข้อมูลที่ใช้จะเป็นข้อมูลเกี่ยวกับตัวสัตว์เอง บรรพบุรุษของตัวสัตว์และลูกหลานของตัวสัตว์ที่มีความสัมพันธ์ ทำให้การประเมินด้วย Animal Model มีความถูกต้องและแม่นยำมาก เพราะใช้ความสัมพันธ์ทั้งหมดของสัตว์ นำมาพิจารณาค่าทาง พันธุกรรม และหากเป็นการเปรียบเทียบสัตว์ภายในฝูงที่มีการจัดการเหมือนกันจะมีความแม่นยำมากขึ้น (Conlin และ Steuernagel, 1997)

2.2.4 การคำนวณหาคุณค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี BLUP

หลักการคิดจะใช้แบบหุ่นแบบผสมในการประมาณค่า Best Linear Unbiased Estimation (BLUE) และทำนายค่า BLUP ได้พร้อม ๆ กันทันที โดย Henderson (1973) เป็นผู้คิดแบบหุ่นแบบผสม ใช้ในการประมาณและทำนายค่าใด ๆ ในประชากรหนึ่ง หรือหลาย

ประชากรที่มีจำนวนข้อมูลไม่เท่ากัน และมีข้อมูลสูญหาย เพื่อการประมาณและประเมินค่าที่ถูกต้อง โดยที่ต้องการทราบค่าที่อยู่ในเวกเตอร์ซึ่งเป็นค่าที่ไม่สามารถวัดด้วยตาเปล่าได้ แต่จะอาศัยค่าสังเกตที่อยู่ในเวกเตอร์ของค่าสังเกต ที่สามารถวัดได้มาเป็นสื่อ ถูกนำมาใช้ในการคำนวณหาค่าทางพันธุกรรม เช่น ค่าอัตราพันธุกรรมและคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะที่ศึกษา เป็นต้น

สมการโดยทั่วไปจะเป็นแบบหุ่นแบบผสม ที่ประกอบด้วยปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่ม เพราะว่าเวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน จะเป็นปัจจัยสุ่ม ส่วนค่าเฉลี่ยของทั้งหมดที่มีอยู่ในแบบหุ่นจะเป็นค่าปัจจัยคงที่ ดังนั้นสามารถกล่าวได้ว่าทุกแบบหุ่นเชิงเส้นจะเป็นแบบหุ่นแบบผสม (Henderson, 1973 อ้างโดย Schaffer , 1992) ที่มีแบบหุ่นทั่วไปที่เป็น matrix notation ดังนี้

$$\underline{y} = \underline{X} \underline{\beta} + \underline{Z} \underline{u} + \underline{e}$$

เมื่อ \underline{y} = เป็นเวกเตอร์ของค่าสังเกต ที่มีขนาด $n \times 1$

$\underline{\beta}$ = เป็นเวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ที่ไม่รู้ค่า มีขนาด $p \times 1$

\underline{u} = เป็นเวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มที่ไม่รู้ค่า มีขนาด $q \times 1$

\underline{e} = เป็นเวกเตอร์ของปัจจัยความคลาดเคลื่อนที่เป็นปัจจัยสุ่มมีขนาด $n \times 1$

\underline{X} = เป็นเมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับปัจจัยที่
ที่มีความเกี่ยวข้องกับสมาชิก ของ $\underline{\beta}$ กับสมาชิกของ \underline{y} มีขนาด $n \times p$

\underline{Z} = เป็นเมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับปัจจัยสุ่ม ที่มีความ
เกี่ยวข้องกับสมาชิกของ \underline{u} กับสมาชิกของ \underline{y} มีขนาด $n \times q$