

บทที่ 2

เอกสาร และ งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ (Genetic Parameters)

การศึกษาทางพันธุศาสตร์ได้กล่าวถึงลักษณะปริมาณของสัตว์ที่แสดงออกมาให้เห็นและวัดปริมาณได้ว่าเป็นลักษณะปรากฏ (phenotype, P) โดยธรรมชาติ ลักษณะที่ปรากฏของสัตว์ย่อมมีค่าแตกต่างกันไประหว่างสัตว์แต่ละตัว ความแตกต่างที่เกิดขึ้นนี้เป็นผลมาจากอิทธิพลที่สำคัญ 2 ประการคือพันธุกรรม (genetics, G) และสภาพแวดล้อม (environment, E) ที่สัตว์ได้รับ ความสัมพันธ์ที่เกิดขึ้นแสดงออกในรูปสมการได้ดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

$$P = G + E$$

ซึ่งหมายถึงลักษณะใดลักษณะหนึ่งของสัตว์ที่ปรากฏออกมามีผลมาจากพันธุกรรมที่ได้รับจากพ่อแม่ และสภาพแวดล้อมเช่น อาหาร และการจัดการ เป็นต้น ค่าต่างๆนี้ย่อมมีความผันแปรเกิดขึ้นเสมอ โดยทั่วไปจะศึกษาความผันแปรเหล่านี้ในรูปของค่าความแปรปรวน (variance) เมื่อพิจารณาแจกแจงองค์ประกอบของความแปรปรวน จะพบว่าความแปรปรวนทั้งหมด ก็คือความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (phenotypic variance, V_P) เป็นผลมาจากความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genotypic variance, V_G) ร่วมกับ ความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อม (environment variance, V_E) ซึ่งเป็นผลเนื่องมาจากสมการ $P = G + E$ โดยตรง ทั้ง V_G และ V_E สามารถแยกย่อยออกตามอิทธิพลที่เข้ามาเกี่ยวข้องได้อีก ซึ่งสรุปองค์ประกอบของความแปรปรวนต่างๆ ได้ดังนี้

	$V_P = V_G + V_E$
เมื่อ	$V_G = V_A + V_D + V_I$
ดังนั้น	$V_P = V_A + V_D + V_I + V_E$
เมื่อ	$V_A =$ ความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจาก ยีนแบบบวกสะสม (additive genetics variance)
	$V_D =$ ความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจาก การช้กันของยีน (dominance variance)
	$V_I =$ ความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจาก ปฏิกริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่งกัน (interaction variance)

ค่าความแปรปรวนที่ได้จากการแจกแจงตามปัจจัยเหล่านี้ ถือเป็นคุณสมบัติอย่างหนึ่งในแต่ละประชากร นำไปสู่การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ ซึ่งมีหัวข้อที่จะต้องกล่าวถึงดังต่อไปนี้

2.1.1 ค่าอัตราพันธุกรรม (Heritability, h^2)

อัตราพันธุกรรม เป็นสัดส่วนของความแปรปรวนอันเนื่องมาจากพันธุกรรมต่อความแปรปรวนทั้งหมดของลักษณะหนึ่ง ค่าอัตราพันธุกรรมที่ต้องการใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ เป็นอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (heritability in narrow sense) ซึ่งเป็นสัดส่วนของความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจากยีนแบบบวกสะสม ต่อ ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

ค่าอัตราพันธุกรรมนี้ถือว่าเป็นคุณสมบัติเฉพาะของลักษณะหนึ่งของสัตว์แต่ละชนิดที่อยู่ในประชากรหนึ่งและภายใต้สภาพแวดล้อมหนึ่งเท่านั้น หากต้องการนำค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินในประชากรอื่น มาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์กับอีกประชากรหนึ่ง จำเป็นต้องพิจารณาความคล้ายคลึงกันของประชากร และสภาพแวดล้อมด้วย (Falconer and Mackay, 1996) นอกจากนี้ สมชัย (2530) ให้ความหมายเพิ่มเติมเกี่ยวกับอัตราพันธุกรรมว่า ค่านี้เป็นค่าสถิติทางพันธุศาสตร์ที่อธิบายถึงความเฉพาะของสัตว์ในฝูงใดฝูงหนึ่ง สำหรับลักษณะหนึ่ง ๆ ซึ่งจะบอกให้ทราบถึงอิทธิพลของพันธุกรรมที่มีต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นในฝูงสัตว์อย่างน้อยเพียงใด ซึ่งให้เห็นว่าควรจะเน้นการปรับปรุงด้านพันธุกรรม หรือ ด้านสิ่งแวดล้อม (การจัดการ) เพื่อให้เกิดผลดีต่อลักษณะนั้นต่อไป ทั้งนี้เนื่องจากค่าอัตราพันธุกรรมขึ้นกับค่าของความแปรปรวนต่างๆที่เกิดขึ้นทั้งหมด ดังนั้นไม่ว่าความแปรปรวนที่เกิดขึ้นเนื่องมาจากสาเหตุใดเปลี่ยนแปลงไปย่อมมีผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมนี้เปลี่ยนแปลงไปด้วยเสมอ

ค่าอัตราพันธุกรรม มีความแตกต่างกันไปตามวิธีการศึกษา กลุ่มประชากร และสถานที่ที่ใช้ศึกษา ค่านี้อาจจะปรากฏค่าออกมาสูงหรือต่ำได้แตกต่างกันไป บางครั้งการใช้อัตราพันธุกรรมใช้ค่าเฉลี่ยจากหลาย ๆ รายงาน ระดับของค่าอัตราพันธุกรรมสามารถแบ่งออกได้เป็นกลุ่มคือ ลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมระดับสูง (>50%) อัตราพันธุกรรมระดับกลาง (20-40%) และอัตราพันธุกรรมระดับต่ำ (<20%) (จันทร์จรัส, 2534)

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรม วิเคราะห์ได้หลายวิธีขึ้นกับลักษณะข้อมูลสัตว์ที่นำมาศึกษา มีความสัมพันธ์กันทางเครือญาติ (set of relatives) เป็นแบบใด เช่น ประเมินโดยใช้วิเคราะห์จากข้อมูลพี่น้องร่วมพ่อหรือแม่เดียวกัน (half sib correlation) ซึ่งมีทั้งร่วมพ่อต่างแม่ (paternal half sib, PHS) และร่วมแม่ต่างพ่อ (maternal half sib, MHS) หรือจากข้อมูลพี่น้องร่วมพ่อและแม่ (full sib correlation, FS) นอกจากนี้ยังได้จากการวิเคราะห์สมการถดถอย (regression) มีทั้งการวิเคราะห์สมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในพ่อ (regression of offspring on sire, ROD) และการวิเคราะห์สมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ (regression of offspring on dam, ROS) ดังนั้น Kinghorn (1992b) จึงให้คำจำกัดความว่า อัตราพันธุกรรมเป็นรีเกรสชันของลูกที่มีต่อค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ หรืออาจกล่าวได้ว่าอัตราพันธุกรรมถือเป็นประสิทธิภาพในการถ่ายทอดลักษณะจากพ่อแม่ไปสู่ลูกรุ่นต่อไป

สำหรับการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์จะต้องมีการวิเคราะห์ความแปรปรวนเสียก่อน ในการศึกษาที่ใช้วิธีการวิเคราะห์แบบโควาเรียนซ์ (analysis of covariance) พิจารณาปรับน้ำหนักตัวเมื่อเริ่มต้น เนื่องจากในการศึกษา น้ำหนักหย่านมและน้ำหนักที่อายุ 1 ปี น้ำหนักสัตว์ในระยะนี้มีความแตกต่างกันไปมีผลมาจากน้ำหนักตัวเริ่มต้น เช่น น้ำหนักแรกเกิดหรือน้ำหนักหย่านม ของแต่ละตัวที่มีไม่เท่ากัน จึงนำเอาน้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักหย่านมนี้เข้ามาปรับในแบบหุ่น (model) เพื่อลดอิทธิพลที่มีต่อน้ำหนักหย่านม และน้ำหนักที่อายุ 1 ปี ตามลำดับ ผลการปรับจะช่วยให้ค่าสังเกตเหล่านี้ปราศจากอิทธิพลของน้ำหนักเริ่มต้นที่ไม่เท่ากัน และส่วนที่สำคัญสำหรับการวิเคราะห์คือต้องแยกความแปรปรวนต่างๆ ออกโดยพิจารณาปัจจัยที่เข้ามาเกี่ยวข้องไม่ว่าจะมาจากสัตว์ หรือ สิ่งแวดล้อมด้านต่างๆ ซึ่งปัจจัยสำคัญนี้ประกอบด้วยอิทธิพลจากพ่อพันธุ์ถือเป็นปัจจัยสุ่ม (random effect) เพราะในโคตัวหนึ่งมียีน (gene) ควบคุมลักษณะทางปริมาณอยู่มากมายเมื่อนำพ่อพันธุ์มาผสม จะไม่สามารถทราบได้ว่ายีนตัวใดถ่ายทอดไปสู่ลูกบ้าง ดังนั้นยีนหรือพันธุกรรมที่ลูกได้รับจึงพิจารณาให้เป็นปัจจัยสุ่ม ส่วนปัจจัยด้านอื่นๆ เช่น เพศ ปี ฝูง หรือ ฤดูกาล จัดเป็นปัจจัยคงที่ (fixed effect) ปัจจัยทั้งหลายเหล่านี้เมื่อบรรจุเข้าในแบบหุ่นแยกความแปรปรวนออกตามสาเหตุที่มี การประเมินค่าความแปรปรวนอันเนื่องมาจากพ่อ (sire) และ ความคลาดเคลื่อน (error) จะมีความเที่ยงตรงมากขึ้น ส่วนการวิเคราะห์หาความแปรปรวนของน้ำหนักแรกเกิดไม่มีการปรับน้ำหนักเริ่มต้นแต่อย่างใด ทั้งสามลักษณะที่ศึกษานี้มีขั้นตอนการวิเคราะห์แบบ Henderson's method II (Henderson, 1953)

สำหรับการประเมินค่าอัตราพันธุกรรม (estimation of heritability, h^2) ในการศึกษาที่ประเมินโดยวิธี paternal half - sib correlation นำข้อมูลมาวิเคราะห์หาความแปรปรวนของพ่อพันธุ์ (sire variance component: σ_s^2) และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (error variance component: σ_e^2) เพื่อนำไปสู่การคำนวณหาอัตราพันธุกรรม ต่อไป ตารางที่ 1 แสดงการวิเคราะห์ความแปรปรวนจากข้อมูลแบบพี่น้องร่วมพ่อหรือแม่ (half sib) (Becker, 1985)

ตารางที่ 1 การวิเคราะห์ความแปรปรวน และ Expected mean square (EMS)

SOV	df	SS	MS	EMS
Between Sires	S-1	SS_s	MS_s	$\sigma_w^2 + k\sigma_s^2$
Progeny with in Sire	N-S	SS_w	MS_w	σ_w^2

โดยที่

- S = จำนวนพ่อทั้งหมด
- N = จำนวนลูกทั้งหมด
- MS_s = ค่าเฉลี่ยของผลรวมกำลังสองของค่าเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของพ่อพันธุ์
- MS_w = ค่าเฉลี่ยของผลรวมกำลังสองของค่าเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของลูกโค

$$\begin{aligned}\sigma_s^2 &= \text{ความแปรปรวนเนื่องจากพ่อพันธุ์} \\ \sigma_w^2 &= \text{ความแปรปรวนเนื่องจากลูกโค} \\ k &= \text{ค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน} \\ &= (N - \sum_i n_i^2 / N) / S - 1 \text{ เมื่อ } n_i = \text{จำนวนลูกของพ่อตัวที่ } i\end{aligned}$$

ในทางพันธุกรรมเมื่อพิจารณาความแปรปรวนเนื่องจากพ่อพันธุ์ จะถือว่าเป็นความแปรปรวนร่วมของลูกที่มีพ่อร่วมกันแต่คนละแม่ (half sib) ดังนั้นค่า σ_s^2 จึงเท่ากับความแปรปรวนร่วมของลูก (COV_{HS}) ซึ่งเท่ากับ $\frac{1}{4}V_A + \frac{1}{16}V_{AA} + \frac{1}{64}V_{AAA} \dots$ ส่วนความแปรปรวนระหว่างลูกภายในพ่อเดียวกัน (σ_w^2) จะเกิดจากผลต่างของความแปรปรวนทั้งหมด (σ_T^2) กับ COV_{HS} รายละเอียดส่วนประกอบของความแปรปรวนได้แสดงในตารางที่ 2

ตารางที่ 2 ส่วนประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมส่วนต่าง ๆ และสภาพแวดล้อมของข้อมูลแบบร่วมพ่อต่างแม่ (paternal half sib)

Component	Covariance	V_A	V_D	V_{AA}	V_{AD}	V_{DD}	$V_{AAA} \dots$	V_E
σ_s^2	$= COV_{HS}$	$\frac{1}{4}$	0	$\frac{1}{16}$	0	0	$\frac{1}{64}$	$\dots 0$
σ_e^2	$= \sigma_T^2 - COV_{HS}$	$\frac{3}{4}$	1	$\frac{15}{16}$	1	1	$\frac{63}{64}$	$\dots 1$
σ_T^2	$= \sigma_s^2 + \sigma_e^2$							

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก Becker (1985)

- เมื่อ V_A = ความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม
 V_D = ความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลของยีนลักษณะเด่น
 V_{AA} = ความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลร่วมระหว่างยีนแบบบวกสะสม 2 ตำแหน่ง
 V_{AD} = ความแปรปรวนเนื่องมาจากปฏิกริยาร่วมระหว่างยีนแบบบวกสะสม 1 ตำแหน่ง กับ ยีนลักษณะเด่น 1 ตำแหน่ง
 V_{DD} = ความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลร่วมระหว่างยีนลักษณะเด่น 2 ตำแหน่ง
 V_{AAA} = ความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลร่วมระหว่างยีนแบบบวกสะสม 3 ตำแหน่ง
 V_E = ความแปรปรวนเนื่องมาจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม

2.1.1.1 ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักแรกเกิด (Heritability of Birth Weight)

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิด ในโคเนื้อแตกต่างกันไปตามแหล่งที่มาของข้อมูล และ วิธีการวิเคราะห์ จากที่ได้อธิบายมาแล้ว มีการศึกษาในโคเนื้อหลายสายพันธุ์ มีรายละเอียดพอสรุปได้ดังนี้

Tumwasorn (1977) ศึกษาลักษณะการเจริญเติบโตของโคเนื้อที่เกิดจากแม่ 3 กลุ่มพันธุ์ คือ บราห์มัน ลูกผสม 50% บราห์มัน และพื้นเมือง จากสถานีบำรุงพันธุ์สัตว์ท่าพระ และทับกวาง ตั้งแต่ปีพ.ศ. 2512-2518 มีจำนวน 515 ตัว ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมโดยวิธี paternal half-sib correlation มีปัจจัยต่าง ๆ เช่น พันธุ์ อายุแม่ ปีเกิด เพศ และ ฟาร์ม ได้ถูกปรับก่อนที่จะคำนวณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยวิธี least-squares analysis ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของ น้ำหนักแรกเกิดมีค่าอยู่ในช่วง 0.45-0.64

Aaron และคณะ (1987) ศึกษาโคพันธุ์ซานตาเกอร์ทรูดิส (Santa Gertrudis) ที่รวบรวมไว้ระหว่างปี 1975-1985 มีจำนวน เพศผู้ 939 ตัว และเพศเมีย จำนวน 955 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมโดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้เท่ากับ 0.38 ± 0.12 , 0.24 ± 0.10 และ 0.32 ± 0.07 ในเพศผู้ เพศเมีย และรวมทั้ง 2 เพศ ตามลำดับ

DeNise และคณะ (1988) ศึกษาข้อมูลระหว่างปี 1957-1985 จำนวน 7,690 ตัว ของโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด (Hereford) ที่อยู่ใน Arizona ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมโดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้เท่ากับ 0.18 ± 0.04 ในโคเพศผู้ และ 0.02 ± 0.04 ในเพศเมีย

Tewelde (1988) ศึกษาโคลูกผสม Romosinuano (Polled Sinu) ที่อเมริกาใต้ ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ของลักษณะดังกล่าว โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้เท่ากับ 0.36 ± 0.16

Cantet และคณะ (1988) ศึกษาโคพันธุ์ เฮียร์ฟอร์ด จำนวน 4,423 ตัว ประเมินค่า อัตราพันธุกรรมไว้หลายวิธี ประเมินโดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้เท่ากับ 0.28 โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้เท่ากับ 0.45 โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในพ่อ ได้เท่ากับ 0.28 และโดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อและแม่ ได้เท่ากับ 0.45

Winder และคณะ (1990) ศึกษาสมรรถภาพการผลิตโคพันธุ์เรดแองกัส (Red Angus) จำนวน 41,184 ข้อมูล ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมโดยวิธีสหสัมพันธ์ร่วมพ่อต่างแม่ ได้เท่ากับ 0.46 ± 0.02

Kriese และคณะ (1991) ได้ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมโค 4 พันธุ์ คือ บีฟมาสเตอร์ (Beefmaster) บราห์มัน และแบรงกัส (Brangus) โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในพ่อ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.22, 0.37 และ 0.28 ตามลำดับ

Liu และคณะ (1991) ศึกษาโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด และ โคสายพันธุ์ที่สังเคราะห์ขึ้นมา (Beef Synthetic, BS) ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ของโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด ได้เท่ากับ 0.24 ± 0.12 และ โค BS เท่ากับ 0.65 ± 0.11

Swalve (1993) ศึกษาข้อมูลโคพันธุ์ซิมเมนทอล (Simmental) จากสมาคมผู้บำรุงพันธุ์โคซิมเมนทอลออสเตรเลีย (Australian Simmental Breeders Association) ทั้งหมด 17 ฝูง มีจำนวน 18,083 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมโดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.33

Tawah และคณะ (1993) ศึกษาในโคพันธุ์ Gudali และ Wakwa ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรมของโคพันธุ์ Gudali เท่ากับ 0.39 ± 0.10 และ Wakwa เท่ากับ 0.65 ± 0.15

Waldron และคณะ (1993) ศึกษาโคพันธุ์เบอร์ดีนแองกัส (Aberdeen-Angus) และ เฮียร์ฟอร์ด ตั้งแต่ปี 1969-1987 จำนวน 7,291 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมโดยวิธี สหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.30

Kars และคณะ (1994) รายงานอัตราพันธุกรรมของโคพันธุ์ Nguni ใน South Africa ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้เท่ากับ 0.41

Haile and Kassa (1995) ศึกษาโคพันธุ์ Boran ที่ในฟาร์มของกระทรวงเกษตร ประเทศเอธิโอเปีย (Ethiopia) ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ได้เท่ากับ 0.24

และนอกจากนี้ยังมีการศึกษารวบรวมข้อมูลจากการตรวจเอกสารที่มีตีพิมพ์เผยแพร่ เกี่ยวกับการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์โดย Mohiuddin (1993) พบว่า ค่าเฉลี่ย อัตราพันธุกรรม ของน้ำหนักแรกเกิดที่สำรวจมาทั้งหมดมีค่าเท่ากับ 0.46 0.26 และ 0.31 ในเพศผู้ เพศเมีย และ รวมทั้ง 2 เพศ ตามลำดับ จากที่ได้รายงานการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักแรกเกิดมาข้างต้นนี้ พอสรุปรวบรวมได้ตามตารางที่ 3

2.1.1.2 อัตราพันธุกรรมของน้ำหนักหย่านม (Heritability of Weaning Weight)

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักหย่านม ในโคเนื่องจากหลายสายพันธุ์ ตามแหล่งที่มาของข้อมูล และ วิธีการวิเคราะห์ พอสรุปได้ดังนี้

Tumwasorn (1977) ได้รายงานอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักรีดนม ในโค เนื้อที่เกิดจากแม่ 3 กลุ่มพันธุ์ คือ บราห์มัน ลูกผสม 50% บราห์มัน และพื้นเมือง โดยวิธีสหสัมพันธ์ร่วมพ่อต่างแม่ พบว่า อัตราพันธุกรรม ของน้ำหนักรีดนมอยู่ในช่วง 0.35-0.55

Aaron และคณะ(1987) ศึกษาการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักรีดนมในโค พันธุ์ซานตาเกอทรูติช ในแต่ละเพศ โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ พบว่าในเพศผู้ เพศเมีย และทั้ง 2 เพศ มีอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.45 ± 0.12 0.30 ± 0.11 และ 0.42 ± 0.08 ตามลำดับ

DeNise และคณะ(1988) ศึกษาข้อมูลพันธุ์เฮียร์ฟอร์ดใน Arizona ตั้งแต่ ปี 1957-1985 ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้เท่ากับ 0.33 ± 0.05 และ 0.38 ± 0.05 ในเพศผู้และเพศเมีย ตามลำดับ

Cantet และคณะ(1988) ศึกษาโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด จำนวน 4,423 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรีดนมไว้หลายวิธีประเมินโดยวิธีสหสัมพันธ์ร่วมพ่อต่างแม่ ได้เท่ากับ 0.28 โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้เท่ากับ 0.21 โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในพ่อ ได้เท่ากับ 0.06 และโดยวิธีพี่น้องร่วมพ่อและแม่ ได้เท่ากับ 0.88

Tewolde (1988) ศึกษาในโคลูกผสม Romosinuano (Polled Sinu) ที่อเมริกาใต้ ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ของน้ำหนักรีดนม เมื่อ 210 วัน โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้เท่ากับ 0.29 ± 0.14

Winder และคณะ (1990) ศึกษาในโคพันธุ์เรดแองกัส (Red Angus) ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรีดนมเมื่อ 205 วัน โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้เท่ากับ 0.39 ± 0.02

Kriese และคณะ (1991) ศึกษาอัตราพันธุกรรมจากโค 2 พันธุ์ โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมแต่ละพันธุ์ดังนี้ พันธุ์แบรังกัส มีค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรีดนม เท่ากับ 0.21 ส่วนพันธุ์บราห์มัน มีค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.23

Swalve (1993) ศึกษาข้อมูลโคพันธุ์ซิมเมนทอลจากสมาคมผู้บำรุงพันธุ์โคซิมเมนทอลออสเตรเลีย (Australian Simmental Breeders Association) ทั้งหมด 17 ฝูง มีจำนวน 18,083 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.35

Tawah และคณะ (1993) ศึกษาในโคพันธุ์ Gudali และ Wakwa ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักหย่านม โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรมของโคพันธุ์ Gudali เท่ากับ 0.27 ± 0.09 และ Wakwa เท่ากับ 0.29 ± 0.13

Waldron และคณะ (1993) ศึกษาโคพันธุ์อเบอร์ดีนแองกัส และเฮียร์ฟอร์ด ตั้งแต่ปี 1969-1987 จำนวน 7,291 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักหย่านมโดยวิธี สหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.14

Kars และคณะ (1994) ศึกษาในโคพันธุ์ Ngini ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักหย่านม (205 วัน) โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้ ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.29

Fan และคณะ (1995) รายงานอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักหย่านม โดยวิเคราะห์ด้วยวิธี Restricted Maximun Likelihood (REML) ใช้แบบหุ่นรายตัว (animal model) ได้ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.46 และ 0.16 ในโคพันธุ์ Hereford และ Angus ตามลำดับ

และการศึกษาโคพันธุ์ Boran ในเอธิโอเปียโดย Haile และ Kassa (1995) ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ได้เท่ากับ 0.29 นอกจากนี้ยังมีการศึกษารวบรวมข้อมูลจากการตรวจเอกสารที่มีตีพิมพ์เผยแพร่เกี่ยวกับการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์โดย Mohiuddin (1993) พบว่า ค่าเฉลี่ยอัตราพันธุกรรม ของน้ำหนักหย่านมที่สำรวจมาทั้งหมดมีค่าเท่ากับ 0.39 0.23 และ 0.28 ในเพศผู้ เพศเมีย และ รวมทั้ง 2 เพศ ตามลำดับ จากที่ได้รายงานการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักหย่านมมาข้างต้นนี้ พอสรุปรวบรวมได้ตามตารางที่ 4

2.1.1.3 ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักที่อายุ 1 ปี

(Heritability of Yearling Weight)

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักที่อายุ 1 ปี ในโคเนื้อแตกต่างกันไปตามแหล่งที่มาของข้อมูล และ วิธีการวิเคราะห์ จากที่ได้รวบรวมมา มีการศึกษาในโคเนื้อหลายสายพันธุ์ และหลายวิธีการ มีรายละเอียดพอสรุปได้ดังนี้

Tewolde (1988) ศึกษาในโคเนื้อลูกผสม Romosinuano (Polled Sinu) ที่อเมริกาใต้ ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักที่อายุ 1 ปี ประเมินโดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้เท่ากับ 0.57 ± 0.21

Winder และคณะ (1990) ศึกษาในโคพันธุ์เรดแองกัส จำนวน 41,184 ข้อมูล ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักที่อายุ 1 ปี โดยวิธีพี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ได้เท่ากับ 0.40 ± 0.02

Swalve (1993) ศึกษาข้อมูลโคพันธุ์ซิมเมนทอลจากสมาคมผู้บำรุงพันธุ์โคซิมเมนทอลออสเตรเลีย(Australian Simmental Breeders Association) ทั้งหมด 17 ฝูงมีจำนวน 18,083 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.37

Waldron และคณะ (1993) ศึกษาโคพันธุ์อเบอร์ดีนแองกัส และเฮียร์ฟอร์ด ตั้งแต่ 1969-1987 จำนวน 7,291 ตัว ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรุ่นอายุ 1 ปี โดยวิธีสหสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อต่างแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.32

Kars และคณะ(1994) ศึกษาในโคพันธุ์ Ngini ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรุ่นอายุ 1 ปี โดยวิธีสมการถดถอยของลูกต่อลักษณะในแม่ ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.26

Fan และคณะ (1995) รายงานการประเมินอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรุ่นอายุ 1 ปี โดยใช้วิธีการวิเคราะห์ REML ได้ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.43 และ 0.45 ในโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด และ พันธุ์แองกัส ตามลำดับ

Haile และ Kassa (1995) ศึกษาโคพันธุ์ Boran ในเอธิโอเปีย ได้ประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรุ่นอายุ 1 ปี ได้ค่าอัตราพันธุกรรม เท่ากับ 0.34

และนอกจากนี้ยังมีการศึกษารวบรวมข้อมูลจากการตรวจเอกสารที่มีตีพิมพ์เผยแพร่เกี่ยวกับการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์โดย Mohiuddin (1993) พบว่า ค่าเฉลี่ยอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรุ่นอายุ 1 ปีที่สำรวจมาทั้งหมดมีค่าเท่ากับ 0.24 0.20 และ 0.57 ในเพศผู้ เพศเมีย และ รวมทั้ง 2 เพศ ตามลำดับ จากที่ได้รายงานการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักรุ่นอายุ 1 ปีมาข้างต้นนี้ พอสรุปรวบรวมได้ตามตารางที่ 5

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 3 ค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักแรกเกิด ของโคเนื้อแต่ละพันธุ์

พันธุ์	วิธี	จำนวน	อัตราพันธุกรรม	รายการอ้างอิง
Brahman + Brahman Crossbreds	PHS	515	0.45-0.64	Tumwasorn (1977)
Santa	PHS	955	0.38 M 0.24 F 0.32 M+F	Aaron <i>et al.</i> (1987)
Hereford	PHS	7,690	0.18 M 0.02 F	DeNise <i>et al.</i> (1988)
Romosinuano Crossbred	ROD	---	0.36	Tewolde (1988)
Hereford	PHS	4,423	0.28	Cantet <i>et al.</i> (1988)
	ROD		0.45	
	ROS		0.21 ~~~~~	
	FS		0.45	
Red Angus	PHS	41,184	0.46	Winder <i>et al.</i> (1990)
Beefmaster	~PHS	2,388	0.22	Kriese <i>et al.</i> (1991)
Brahman		5,459	0.37	
Brangus		32,215	0.28	
Hereford	PHS	2,077	0.24	Liu <i>et al.</i> (1991)
Beef Synthetic			0.65	
----- reviewed papers ----- (average value)		-----	0.46 M 0.26 F 0.31 M+F	Mohiuddin (1993)
Simmental	PHS	18,083	0.33	Swalve (1993)
Gudali	PHS	-----	0.39	Tawah <i>et al.</i> (1993)
Wakwa			0.65	
Angus+Hereford	PHS	7,291	0.30	Waldron <i>et al.</i> (1993)
Ngui	ROD	-----	0.41	Kars <i>et al.</i> (1994)

หมายเหตุ : FS = full-sib correlation
 PHS = paternal half-sib correlation
 ROD = regression of offspring on dam
 ROS = regression of offspring on sire
 M = male
 F = female

ตารางที่ 4 ค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักหย่านม ของโคเนื้อแต่ละพันธุ์

พันธุ์	วิธี	จำนวน	อัตราพันธุกรรม	รายการอ้างอิง
Brahman + Brahman Crossbreds	PHS	515	0.35-0.55	Tumwasorn (1977)
Santa	PHS	955	0.45 M 0.30 F 0.42 M+F	Aaron <i>et al.</i> (1987)
Hereford	PHS	7,690	0.33 M 0.38 F	DeNise <i>et al.</i> (1988)
Romosinuano Crossbred	ROD	---	0.29	Tewolde (1988)
Hereford	PHS	4,423	0.28	Cantet <i>et al.</i> (1988)
	ROD		0.21	
	ROS		0.06	
	FS		0.88	
Red Angus	PHS	41,184	0.39	Winder <i>et al.</i> (1990)
Brahman	PHS	5,459	0.21	Kriese <i>et al.</i> (1991)
Brangus		32,215	0.23	
----- reviewed papers (average value)		-----	0.39 M 0.23 F 0.28 M+F	Mohiuddin (1993)
Simental	PHS	18,083	0.35	Swalve (1993)
Gudali	PHS	-----	0.27	Tawah <i>et al.</i> (1993)
Wakwa			0.29	
Angus +Hereford	PHS	7,291	0.14	Waldron <i>et al.</i> (1993)
Ngui	ROD	-----	0.29	Kars <i>et al.</i> (1994)

หมายเหตุ : FS = full-sib correlation
 PHS = paternal half-sib correlation
 ROD = regresion of offspring on dam
 ROS = regresion of offspring on sire
 M = male
 F = female

ตารางที่ 5 ค่าอัตราพันธุกรรมน้ำหนักที่อายุ 1 ปีของโคเนื้อแต่ละพันธุ์

พันธุ์	วิธี	จำนวน	อัตราพันธุกรรม	รายการอ้างอิง
Romosinuano	ROD	---	0.57	Tewolde (1988)
Crossbred				
Red Angus	PHS	41,184	0.40	Winder <i>et al.</i> (1990)
----- reviewed papers	-----	-----	0.24 M	Mohiuddin (1993)
(average value)			0.20 F	
			0.25 M+F	
Simmental	PHS	18,083	0.37	Swalve (1993)
Angus+Hereford	PHS	7,291	0.32	Waldron <i>et al.</i> (1993)
Ngui	ROD	-----	0.26	Kars <i>et al.</i> (1994)

หมายเหตุ : PHS = paternal half-sib correlation
 ROD = regression of offspring on dam
 M = male
 F = female

ศูนย์วิทยทรัพยากร
 จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

2.1.2 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และ สหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ

(Genotypic Correlation and Phenotypic Correlation, r_g and r_p)

ลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจในสัตว์เลี้ยงมีมากมายหลายลักษณะ บางลักษณะมีความสัมพันธ์ในทางบวก บางลักษณะมีความสัมพันธ์ในทางลบต่อกัน และบางลักษณะไม่มีความสัมพันธ์กันเลย ในการวางแผนคัดเลือกเพื่อปรับปรุงพันธุ์ต้องทราบความสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ ในตัวสัตว์ว่าเป็นอย่างไร เป็นไปในทิศทางใด และมีปริมาณเท่าใดเสียก่อน และเมื่อวางแผนปรับปรุงลักษณะหนึ่งก้าวหน้าไปย่อมส่งผลกระทบต่ออีกลักษณะได้ หรือมีผลกระทบต่อลักษณะอื่นที่มีได้ทำการปรับปรุงได้เช่นกัน สำหรับการวัดความสัมพันธ์ระหว่าง 2 ลักษณะในที่นี้จะชอกล่าว 2 รูปแบบ คือ ความสัมพันธ์ระหว่าง 2 ลักษณะที่ปรากฏออกมาในฝูงสัตว์ เนื่องจากได้รับสภาพแวดล้อมที่เหมือนกัน สามารถวัดออกมาได้ด้วยค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation, r_p) และอีกกรณี วัดเป็นความสัมพันธ์ร่วมในทางพันธุกรรม มีสาเหตุมาจากการที่ยีนบนตำแหน่งหนึ่ง มีผลในการควบคุมลักษณะมากกว่าหนึ่งลักษณะ (pleiotropy) หรือเนื่องจากยีน หรือ กลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะทั้งสองมีตำแหน่งอยู่ใกล้ชิดกันบนโครโมโซมเดียวกัน (linkage) (สมชัย, 2530) ความสัมพันธ์นี้เรียกว่า สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation, r_g) เมื่อพิจารณาระดับความสัมพันธ์ของ 2 ลักษณะพบว่า ทั้งสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ สามารถให้ค่าของสหสัมพันธ์ ได้ตั้งแต่ -1 ถึง +1

สำหรับการคำนวณค่าสหสัมพันธ์ ในกรณีที่ต้องการศึกษาลักษณะ 2 ลักษณะ (X , Y) มีความสัมพันธ์กันอย่างไร ในทิศทางใด มีปริมาณเท่าใด สามารถพิจารณาถึงระดับความสัมพันธ์ระหว่าง 2 ลักษณะนั้นได้ โดยการประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และ สหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ จำเป็นต้องวิเคราะห์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม (analysis of variance and covariance) ของ 2 ลักษณะพร้อมกัน สำหรับวิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวนของแต่ละลักษณะนั้น ทำเช่นเดียวกับการประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ส่วนการวิเคราะห์ความแปรปรวนร่วมระหว่าง 2 ลักษณะ ได้จากการวิเคราะห์หา expected mean cross product

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ คำนวณได้จากสูตรต่อไปนี้ Becker (1985)

$$r_p = \frac{COV_{w(xy)} + COV_{s(xy)}}{(\sqrt{V_{w(x)} + V_{s(x)}})(\sqrt{V_{w(y)} + V_{s(y)}})}$$

$$r_g = \frac{4COV_{s(xy)}}{\sqrt{(4V_{s(x)})(4V_{s(y)})}}$$

เมื่อ : $V_{s(x)}$	= ความแปรปรวนเนื่องจากพอลิโคในลักษณะ X
$V_{s(y)}$	= ความแปรปรวนเนื่องจากพอลิโคในลักษณะ Y
$V_{w(x)}$	= ความแปรปรวนเนื่องจากลูกโคในลักษณะ X
$V_{w(y)}$	= ความแปรปรวนเนื่องจากลูกโคในลักษณะ Y
$COV_{s(xy)}$	= ความแปรปรวนร่วมระหว่างลักษณะ X และ Y เนื่องจากพอลิโค
$COV_{w(xy)}$	= ความแปรปรวนร่วมระหว่างลักษณะ X และ Y เนื่องจากลูกโค

2.1.2.1 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และ สหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำนมแรกเกิด กับ น้ำนมหย่านม

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำนมแรกเกิด กับ น้ำนมหย่านม มีรายงานไว้ดังนี้

Tumwasorn (1977) รายงานสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ของลักษณะทั้งสองมีค่าระหว่าง 0.17-0.82 และ 0.13-0.27 ตามลำดับ ซึ่งทำการศึกษาใน โคพันธุ์ บราห์มัน ลูกผสม 50% บราห์มัน และ โคลูกผสมพื้นเมือง

Aaron และคณะ (1987) ศึกษาในโคพันธุ์ซานตาเกอทรูติช ประเมินค่าสหสัมพันธ์ ของลักษณะดังกล่าว ได้เท่ากับ 0.43 และ 0.31 ตามลำดับ ในเพศผู้ และ เท่ากับ 0.33 และ 0.27 ในเพศเมีย

DeNise และคณะ (1988) ศึกษาโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด ประเมินค่าสหสัมพันธ์ได้เท่ากับ 0.33 และ 0.24 ตามลำดับ

Smith และคณะ (1989) ศึกษาในโคพันธุ์เดียวกัน จำนวน 779 ตัว พบว่าประเมินค่า สหสัมพันธ์ได้เท่ากับ 0.25 และ 0.33 ตามลำดับ

Winder และคณะ (1990) รายงานค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ ลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำนมแรกเกิด กับ น้ำนมหย่านม (205 วัน) ในโคพันธุ์เรดแองกัส เท่ากับ 0.56 และ 0.38 ตามลำดับ

Mohiuddin (1993) ศึกษาจากการตรวจเอกสาร พบว่า สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ของน้ำนมแรกเกิด กับ น้ำนมหย่านม โดยเฉลี่ยเท่ากับ 0.47, 0.41 และ 0.43 ในเพศผู้ เพศเมีย และเมื่อคิดรวมทั้งสองเพศ ตามลำดับ

2.1.2.2 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่าง น้ำหนักแรกเกิด กับ น้ำหนักที่อายุ 1 ปี

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำหนักแรกเกิด กับ น้ำหนักเมื่ออายุที่ 1 ปี มีรายงานไว้ดังนี้

DeNise และคณะ (1988) ศึกษาในโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด ประเมินค่าสหสัมพันธ์ได้เท่ากับ 0.26 และ 0.76 ตามลำดับ ในเพศผู้ และ 0.44 และ 0.25 ตามลำดับในเพศเมีย

Smith และคณะ (1989) ศึกษาในโคพันธุ์เดียวกัน จำนวน 779 ตัว พบว่าประเมินค่าสหสัมพันธ์เท่ากับ 0.84 และ 0.79 ตามลำดับ

Winder และคณะ (1990) รายงาน ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างน้ำหนักแรกเกิด กับ น้ำหนักที่อายุ 1 ปี ในโคพันธุ์เรดแองกัส เท่ากับ 0.57 และ 0.39 ตามลำดับ

Mohiuddin (1993) ศึกษาจากการตรวจเอกสาร พบว่า สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ระหว่างลักษณะดังกล่าวเท่ากับ 0.64, 0.51 และ 0.56 ในเพศผู้ เพศเมีย และรวมทั้งสองเพศ ตามลำดับ

2.1.2.3 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำหนักหย่านม กับ น้ำหนักที่อายุ 1 ปี

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่าง น้ำหนักหย่านม กับ น้ำหนักที่อายุ 1 ปี มีรายงานไว้ดังนี้

Smith และคณะ (1989) ศึกษาในโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ด จำนวน 779 ตัว พบว่าประเมินค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำหนักหย่านมกับ น้ำหนักที่อายุ 1 ปีเท่ากับ 0.41 และ 0.33 ตามลำดับ

Winder และคณะ (1990) รายงาน ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะดังกล่าว ในโคพันธุ์เรดแองกัส เท่ากับ 0.78 และ 0.63 ตามลำดับ

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่าง น้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักที่อายุ 1 ปี ที่กล่าวมาข้างต้นแสดงไว้ในตารางที่ 6

ตารางที่ 6. ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏของลักษณะที่ศึกษา

ลักษณะที่ศึกษา	สหสัมพันธ์ ทางพันธุกรรม	สหสัมพันธ์ ลักษณะปรากฏ	รายการอ้างอิง
BW-WW	0.17-0.82	0.13-0.27	Tumwasorn (1977)
	0.43	0.31	Aaron (1987)
	0.33	0.24	DeNise (1988)
	0.25	0.33	Smith และคณะ (1989)
	0.56	0.38	Winder และคณะ (1990)
	0.47(M)	-	Mohiuddin (1993)
	0.41(F)	-	
	0.43(M+F)	-	
BW-YW	0.76	0.26	DeNise และคณะ (1988)
	0.84	0.79	Smith และคณะ (1989)
	0.57	0.39	Winder และคณะ (1990)
	0.64(M)	-	Mohiuddin (1993)
	0.51(F)	-	
	0.56(M+F)	-	
WW-YW	0.41	0.33	Smith และคณะ (1989)
	0.78	0.63	Winder และคณะ (1990)

หมายเหตุ . M = male

F = female

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

2.2 ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ (Relative Economic Values)

ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ของลักษณะใดลักษณะหนึ่งหมายถึง ค่าที่ถูกประเมินขึ้นเพื่อเป็นตัวชี้ให้เห็นการเปลี่ยนแปลงของกำไร หรือผลตอบแทนทางเศรษฐกิจ ซึ่งแต่ละลักษณะมีค่าเศรษฐกิจแตกต่างกันไป การให้น้ำหนัก(weight) กับแต่ละลักษณะขึ้นอยู่กับผู้ปรับปรุงพันธุ์ต้องการจะเน้นลักษณะใด เพื่อหวังว่าเมื่อดำเนินการปรับปรุงไปแล้วแต่ละลักษณะจะถูกพัฒนาขึ้นตามสัดส่วนความสำคัญที่กำหนดให้ การประมาณค่าทางเศรษฐกิจนี้ Thomson(1980) แนะนำการประเมินค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ของลักษณะต่างๆ จากการนำรายได้หรือผลกำไรจากการผลิต กับปริมาณที่วัดได้ของลักษณะนั้นๆ นำมาหา Correlated value ต่อ 1 หน่วยส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน(SD) จากนั้นนำค่าที่คำนวณได้นี้เข้าสมการถดถอยหลายตัวแปร(multiple regression) ดังสมการ(1)จากสมการนี้จะทำการประมาณค่า b_i ค่า b_i ที่ประมาณเหล่านี้เป็น สัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงส่วน(partial regression coefficient) ซึ่งหมายถึง ค่าที่แสดงอัตราการเปลี่ยนแปลงใน Y เมื่อค่า X_i เปลี่ยนแปลงไป 1 หน่วย โดยที่ X อื่นๆ คงที่ (สงศรี, 2532) ค่าสัมประสิทธิ์ที่ได้นำไปสร้างค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ต่อไป วิธีการนี้เป็นการหาค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ ทำนองเดียวกับการศึกษาของ Tumwasorn(1987)

$$\frac{Y - \bar{Y}}{S_Y} = b_0 + b_1 \frac{(X_1 - \bar{X}_1)}{S_1} + b_2 \frac{(X_2 - \bar{X}_2)}{S_2} + b_3 \frac{(X_3 - \bar{X}_3)}{S_3} + e \dots\dots\dots (1)$$

ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ (a_i) คำนวณได้จากการนำค่า สัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงส่วนมาปรับอีกครั้งโดยเทียบสัดส่วนระหว่าง สัมประสิทธิ์ b_i แต่ละลักษณะกับ สัมประสิทธิ์ b_{min} ที่มีค่าน้อยสุดจะได้ออกมาเป็น ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ ซึ่งมีสัดส่วน $a_i = \frac{b_i}{b_{min}}$

2.3 ดัชนีคัดเลือกโคเนื้อ

ดัชนีคัดเลือกเป็นคุณค่าการผสมพันธุ์รวมจากหลายลักษณะของสัตว์แต่ละตัว เมื่อนำลักษณะตั้งแต่ 2 ลักษณะขึ้นไปมาศึกษา อาศัยวิธีการทางพันธุศาสตร์ประเมินค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญ และใช้หลักทางเศรษฐกิจคำนวณหาค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ของแต่ละลักษณะ แล้วนำค่าที่ได้เหล่านี้มาวิเคราะห์ร่วมกันอีกครั้ง สร้างเป็นดัชนีคัดเลือกสำหรับใช้ประโยชน์ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัว (จันทร์จรัส, 2534) สำหรับโคเนื้อลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจที่ใช้ในการคัดเลือกได้แก่ น้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม น้ำหนักที่อายุ 1 ปี หรืออัตราการเจริญเติบโตในระยะต่างๆ การพิจารณาเลือกลักษณะใดมาใช้ขึ้นอยู่กับจุดประสงค์ของผู้ปรับปรุงพันธุ์ว่าจะเน้นลักษณะใดก็จะเลือกลักษณะนั้นมาร่วมในการสร้างสมการดัชนีคัดเลือก อย่างไรก็ตามหากใช้หลายๆ ลักษณะในการสร้างจะมีผลให้ ความเข้มข้นในการคัดเลือก

(selection intensity, i) ลดลงได้เช่นกัน เพราะ $i = \frac{1}{\sqrt{n}}$ (n = จำนวนลักษณะที่คัดเลือก) และ

ส่งผลให้การตอบสนองการคัดเลือกของแต่ละลักษณะ (response of selection, R) ต่ำลงตาม มาเนื่องจาก $R = ih^2\sigma_p$ (Falconer and Mackay, 1996)

โครงสร้างของดัชนีคัดเลือก มีลักษณะเป็นสมการคล้ายกันกับสมการถดถอยหลายตัวแปร (multiple regression) คือ $I = b_1P_1 + b_2P_2 + \dots + b_nP_n$ ส่วนสำคัญประกอบด้วย I คือ ดัชนีคัดเลือก b คือ ค่าตัวปรับ และ P คือ ค่าที่ได้จากการวัดของแต่ละลักษณะจากตัวสัตว์ โดยทั่วไปคุณสมบัติของดัชนีคัดเลือกควรมีดังนี้

- 1) มีความสัมพันธ์กับคุณค่าทางการผสมพันธุ์ที่แท้จริง (true breeding value) สูงที่สุด
- 2) ทำให้โอกาสการจัดลำดับสัตว์ได้อย่างถูกต้อง ตรงตามคุณค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริงของตัวสัตว์มีสูงที่สุด
- 3) มีผลตอบสนองต่อการคัดเลือกสูงที่สุด
- 4) มีความคลาดเคลื่อนเนื่องมาจากการใช้ดัชนีคัดเลือกต่ำที่สุด

การสร้างดัชนีคัดเลือกมีส่วนประกอบที่สำคัญหลายส่วน สำหรับการสร้างตามวิธีการของ Becker (1985) ซึ่งได้ปรับปรุงมาจาก Hazel (1943) จะต้องประกอบไปด้วย

1. ความแปรปรวนของลักษณะทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ (genotypic and phenotypic variances: σ_A^2 and σ_P^2) ของทุกลักษณะที่เลือกใส่ไว้ในดัชนีคัดเลือก
2. ความแปรปรวนร่วมของลักษณะทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ (genotypic and phenotypic covariances: σ_A and σ_P) ระหว่างแต่ละคู่ของลักษณะที่นำมาศึกษาในข้อ 1
3. ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ (economic weights หรือ relative economic value: $a_1, a_2 \dots a_n$ หรือ $v_1, v_2 \dots v_n$)

สำหรับในข้อ 1 และ 2 คำนวณได้จากการวิเคราะห์ความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมในการประมาณค่า อัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (r_p) และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_g) ส่วนค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ (a_i หรือ v_i) สามารถหาได้โดยวิธีวิเคราะห์สมการถดถอยเชิงส่วน (partial regression analysis) เมื่อสามารถคำนวณหาส่วนประกอบที่สำคัญในการสร้างดัชนีคัดเลือก ทั้ง 3 ข้อตามหลักการของ Hazel (1943) ที่กำหนดไว้แล้ว ขั้นต่อมา จะต้องประมาณค่าตัวปรับ (b) โดยถดถอยสมการ $Pb = G\alpha$ ผลลัพธ์ที่ได้คือค่า b แต่ละตัว จากนั้นนำไปแทนค่า b_n ที่กำหนดไว้ในโครงสร้างสมการ สร้างเป็นสมการดัชนีคัดเลือก ซึ่งมีรูปแบบดังนี้

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_nX_n$$

เมื่อ

I = ดัชนีคัดเลือก

b_i = ค่าตัวปรับ (weighting factors) ($i = 1, 2, \dots, n$)

X_i = ค่าจากการวัดลักษณะปรากฏของลักษณะต่างๆ ในตัวสัตว์ที่ต้องการคำนวณดัชนีคัดเลือก

ในทางทฤษฎีสัตว์แต่ละตัวย่อมมีคุณค่าทางพันธุกรรมที่แท้จริง (aggregate genotypic value, H หรือ true additive genetic value, T) ค่านี้สามารถแสดงออกมาเป็นสมการได้หลายแบบ ตามแหล่งที่มาของเอกสารอ้างอิง มีดังนี้

$$\begin{aligned} H &= a_1G_1 + a_2G_2 + \dots + a_nG_n && \text{(Hazel, 1943)} \\ \text{หรือ} \quad T &= v_1G_1 + v_2G_2 + \dots + v_nG_n && \text{(Ronninger and Van Vleck, 1985)} \end{aligned}$$

เมื่อ a_i หรือ v_i = ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ ของลักษณะที่ i
 G_i = additive genetic values ของลักษณะที่ i

แต่การประมาณค่า T หรือ H โดยตรงนั้น เป็นการยากที่จะวัดค่า G_i ที่แท้จริงได้ จึงอาศัยค่าลักษณะปรากฏ (X_i) ของลักษณะต่างๆ ที่แสดงออกมาแทน ดังนั้นค่า i จึงเป็นค่าดัชนีหรือคะแนนรวมของสัตว์แต่ละตัวที่ได้จากการรวมเอาคุณค่าทางการผสมพันธุ์ของลักษณะที่ใช้ในการคัดเลือกเข้าไว้ด้วยกัน ถือเป็นตัวประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง การคำนวณค่า i ที่ได้ออกมาจัดว่าเป็นค่าประมาณที่ดีและเหมาะสมได้ ต่อเมื่อแสดงให้เห็นในรูปความสัมพันธ์ระหว่างดัชนีคัดเลือก กับคุณค่าพันธุกรรมรวมที่แท้จริง ว่ามีสูงหรือต่ำเพียงใด ซึ่งเรียกความสัมพันธ์นี้ว่า สหสัมพันธ์ระหว่างดัชนีคัดเลือกกับคุณค่าพันธุกรรมรวมที่แท้จริง

สหสัมพันธ์ระหว่างดัชนีคัดเลือกกับคุณค่าพันธุกรรมรวมที่แท้จริง

(Correlation Between the Selection Index and the True Additive Genetic Values, r_{π})

ค่า r_{π} ที่คำนวณได้จะแสดงให้เห็นว่าดัชนีคัดเลือกที่สร้างขึ้นนั้นมีสหสัมพันธ์ กับคุณค่าทางพันธุกรรมที่แท้จริงในสัตว์ตัวมาก-น้อยเพียงใด หรือให้ความแม่นยำ (accuracy of the index) ในการทำนายคุณค่าทางพันธุกรรมรวมเท่าใด บ่งบอกถึงประสิทธิภาพในการคัดเลือกสามารถคำนวณได้จากสูตร (Hazel, 1943 และ Ronninger and Van Vleck, 1985)

$$r_{\pi} = \sqrt{\frac{\text{COV}_{\pi} \cdot \text{COV}_{\pi}}{\sigma_I^2 \sigma_T^2}} = \sqrt{\frac{\sigma_{\pi}}{\sigma_T^2}} = \sqrt{\frac{\sigma_I^2}{\sigma_T^2}} \quad (\text{เพราะว่า } \sigma_I^2 = \sigma_{\pi})$$

เมื่อ

$$\sigma_I^2 = \mathbf{b}' \mathbf{P} \mathbf{b}$$

\mathbf{b} = ทรานสโพสเวคเตอร์ (Transpose vector) หรือเวคเตอร์แนวนอนของสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของดัชนีคัดเลือกหรือค่าปรับตัว

$$\sigma_I^2 = \text{ความแปรปรวนของดัชนีคัดเลือก (Variance of the index)}$$

$$\sigma_r^2 = a'Ga$$

a = ทรานสโพสเวคเตอร์ (Transpose vector) หรือเวคเตอร์แนวนอนของค่าเศรษฐกิจสัมพันธ์ของลักษณะที่ทำการคัดเลือก

σ_r^2 = ความแปรปรวนของคุณค่าทางพันธุกรรมรวม (The true additive genetic value)

ค่าคาดหวังการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรม

(Expected Genetic Change, ΔG)

ค่า ΔG นี้เป็นค่าที่บ่งบอกถึงความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ เมื่อมีการคัดเลือกโดยใช้ดัชนีคัดเลือก คำนวณได้จากสูตร (Cunningham, 1969)

$$\Delta G_i = 100 - \sqrt{\frac{b'Pb - b_i^2 / W_{ii}}{b'Pb}} \cdot 100$$

เมื่อ

ΔG_i = ค่าคาดหวังการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของลักษณะที่ i ($i = 1, 2, 3, \dots, n$)

b_i = สัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของดัชนีคัดเลือกของลักษณะที่ i ($i = 1, 2, 3, \dots, n$)

W_{ii} = ค่าของสมาชิกบนแนวเส้นทแยงในส่วนกลับแมตริกซ์พี (diagonal element of P^{-1})

$b'Pb$ = ความแปรปรวนของดัชนีคัดเลือก (σ_i^2)

การใช้ดัชนีคัดเลือก คัดเลือกลักษณะทางเศรษฐกิจที่สำคัญในโคนเนื้อ โดยพิจารณาจากหลายๆ ลักษณะ มีผู้ศึกษาและรายงานไว้มีดังนี้

Tumwasorn (1987) ศึกษาจากโคนธุ์แองกัสจำนวน 1,246 ข้อมูล สร้างดัชนีคัดเลือกสำหรับโคนธุ์แองกัส พิจารณาจาก 2 ลักษณะคือ น้ำหนักแรกเกิด (BW) น้ำหนักหย่านม (WW) สร้างเป็นดัชนีคัดเลือกของเพศผู้ เพศเมีย และรวมทั้งสองเพศ ได้ดังนี้คือ

$I = -3.7(BW-25.6) + (WW-190.1)$ $I = -0.004(BW-23.7) + (WW-177.9)$ และ $I = -2.24(BW-24.7) + (WW-184.5)$ ตามลำดับ มีผลให้ลักษณะ น้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และ อัตราการเจริญเติบโตก่อนหย่านมเพิ่มขึ้นเท่ากับ 0.155, 0.955 และ 0.006 กก. ต่อปี ตามลำดับ

Davis และคณะ (1994) ทำการคัดเลือกลูกโคนธุ์เฮียร์ฟอร์ดโดยใช้ดัชนีคัดเลือกที่พิจารณาลักษณะน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักที่อายุ 1 ปี ศึกษาจากข้อมูลจำนวน 1472 ข้อมูล ตั้งแต่ปี 1976-1990 ทำการคัดเลือกเพื่อต้องการให้ น้ำหนักแรกเกิดคงที่ ส่วนน้ำหนักที่อายุ 1 ปีเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ดัชนีคัดเลือกที่ใช้คือ $I = YW - 3.2BW$ ผลการคัดเลือกในปีแรกมีค่าเฉลี่ยคุณค่า

ค่าการผสมพันธุ์(BV)ของลักษณะ น้ำหนักแรกเกิด และ น้ำหนักที่อายุ 1 ปี มีค่าเท่ากับ 0.25 และ 1.71 ตามลำดับ เมื่อถึงปีสุดท้าย(1990) ค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะ น้ำหนักแรกเกิด และ น้ำหนักที่อายุ 1 ปี มีค่าเท่ากับ 0.69 และ 26.21 ตามลำดับ

นอกจากนี้ Doornbos และคณะ (1994) ทำการศึกษาในโคพันธุ์เฮียร์ฟอร์ดจากข้อมูล น้ำหนักแรกเกิดจำนวน 1,146 ข้อมูลและข้อมูลน้ำหนักที่อายุ 1 ปีจำนวน 996 ข้อมูล นำมาสร้างดัชนีคัดเลือกพ่อพันธุ์โดยเลือกน้ำหนักที่อายุ 1 ปี และน้ำหนักแรกเกิดปรับ(adjust birth weight) ในที่นี้ปรับโดยใช้วันที่ของปีนั้นๆ(the day of year) จากการศึกษาได้ดัชนีคัดเลือกเป็นดังนี้ $I = YW - 3.2(BW)$ ผลตอบสนองจากการคัดเลือกตั้งแต่ปี 1976-1990 พบว่าโคให้น้ำหนักที่อายุ 1 ปีเพิ่มขึ้นโดยเฉลี่ยเท่ากับ 31 กก. น้ำหนักหย่านมเพิ่มเท่ากับ 17 กก. ส่วนน้ำหนักแรกเกิดยังคงอยู่ระดับเดิมไม่เปลี่ยนแปลง สำหรับดัชนีคัดเลือกโคเนื้อในประเทศไทย ได้ตรวจเอกสารดูแล้วยังไม่มียางานการศึกษา



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย