การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอน โดยใช้ single-trait และ multiple-trait model ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML)

พลอย แสนเหลี่ยว

ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ
มหาวิทยาลัยแม่โจ้
พ.ศ. 2567

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอน โดยใช้ single-trait และ multiple-trait model ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML)

พลอย แสนเหลี่ยว

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ
สำนักบริหารและพัฒนาวิชาการ มหาวิทยาลัยแม่โจ้
พ.ศ. 2567

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยแม่โจ้

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะการเจริญเติบโตของ
ปลาชะโอน โดยใช้ single-trait และ multiple-trait model
ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML)

พลอย แสนเหลี่ยว

วิทยานิพนธ์นี้ได้รับการพิจารณาอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษา
ตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ

พิจารณาเห็นชอบโดย **อาจารย์ที่ปรึกษา**

อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก ....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.จอมสุดา ดวงวงษา)
วันที่...................เดือน..................พ.ศ. ....

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม ....
(รองศาสตราจารย์ ดร.จงกล พรมยะ)
วันที่...................เดือน..................พ.ศ. ....

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม ....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ภานุวัฒน์ คัมภีราวัฒน์)
วันที่...................เดือน..................พ.ศ. ....

ประธานอาจารย์ผู้รับผิดชอบหลักสูตร ....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุดาพร ตงศิริ)
วันที่...................เดือน..................พ.ศ. ....

สำนักบริหารและพัฒนาวิชาการรับรองแล้ว ....
(รองศาสตราจารย์ ดร.ชัยยศ สัมฤทธิ์สกุล)
รักษาการแทนรองอธิการบดี
วันที่...................เดือน..................พ.ศ. ....

ชื่อเรื่อง	การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอน โดยใช้ single-trait และ multiple-trait model ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML)
ชื่อผู้เขียน	นางสาวพลอย แสนเหลี่ยว
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ
อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.จอมสุดา ดวงวงษา

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอน เพื่อใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในกระบวนการจับคู่ผสมพันธุ์และคัดพันธุ์ของแผนการปรับปรุงพันธุ์ โดยใช้ลูกปลาชะโอน ชั่วรุ่นที่ 3 ทำการเลี้ยงในระบบน้ำหมุนเวียนแบบปิดขนาดเล็ก รายงานผลคุณภาพน้ำด้วยระบบไอโอที (IoT) ทั้งหมด จำนวน 9 บ่อ ขนาดบ่อพลาสติกทรงกลม 1,000 ลิตร จุน้ำ 800 ลิตร ปลามีน้ำหนักและความยาวเริ่มต้นเฉลี่ย 1.90 กรัม และ 2.99 เซนติเมตร ปล่อยเลี้ยง จำนวน 300 ตัว/บ่อ ทำการทดลองเป็นระยะเวลา 180 วัน โดยเก็บข้อมูลลักษณะการเจริญเติบโตทั้งหมด 7 ลักษณะ คือ 1. ความยาวเหยียด (TL) 2.ความยาวลำตัว (BL) 3. ความยาวหัว (HL) 4. ความลึกลำตัว (BD) 5.ความกว้างลำตัว (BW) 6. น้ำหนัก (W) และ 7. สัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยเปรียบเทียบโมเดลการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait) และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Chicken PAK 2.5 จากการศึกษาพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอนที่ได้จากการวิเคราะห์ทั้ง 2 โมเดล มีค่าอัตราพันธุกรรมระหว่าง 0.20-0.53 โดยจากการวิเคราะห์ด้วยโมเดล single-trait มีค่าระหว่าง 0.46 - 0.53 ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับสูงทุกลักษณะ โดยลักษณะที่มีค่าสูงที่สุดได้แก่ น้ำหนัก (W) มีค่าเท่ากับ 0.53±0.05 ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมวิเคราะห์ด้วยโมเดล multiple-trait พบว่ามีค่าระหว่าง 0.20-0.44 ซึ่งอยู่ระดับปานกลางในทุกลักษณะ ยกเว้นความยาวลำตัว (BL) ที่มีค่าอยู่ในระดับสูง มีค่าเท่ากับ 0.44±0.01 จากผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่าการใช้โมเดลการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าการวิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait) เนื่องจากให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ

(single-trait) จะช่วยเพิ่มความแม่นยำ และปราศจากอคติ เนื่องจากวิธีการนี้จะพิจารณาข้อมูลที่มาจากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมร่วมด้วย ในการประเมิน สำหรับการศึกษาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม พบว่าค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะการเจริญเติบโตมีความสัมพันธ์กันในทิศทางบวกและลบในระดับต่ำถึงสูง โดยมีค่าสหสัมพันธ์ระหว่าง -0.22 - 0.80 โดยค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะความยาวลำตัว (BL) และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) มีค่าเท่ากับ -0.22 ส่วนลักษณะความยาวเหยียด (TL) กับความลึกลำตัว (BD) และความยาวเหยียด (TL) กับน้ำหนัก (W) มีความสัมพันธ์กันในทิศทางบวกและสูง มีค่าเท่ากับ 0.80 - 0.76 ตามลำดับ เมื่อพิจารณาจากค่าสหสัมพันธ์ลักษณะความยาวเหยียดจะเห็นได้ว่ามีความสัมพันธ์กับทุกลักษณะไปในทิศทางที่สูง ยกเว้นสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL) ที่มีความสัมพันธ์ในระดับต่ำ มีค่าเท่ากับ (0.22) ซึ่งเป็นประโยชน์ในการนำไปใช้ในกระบวนการคัดเลือกตลอดจนการวางแผนผสมพันธุ์

คำสำคัญ : ปลาชะโอน, พารามิเตอร์ทางพันธุกรรม, อัตราพันธุกรรม, สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม, การวิเคราะห์ทีละลักษณะ, การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ

MAEJO UNIVERSITY

Title	ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF GROWTH TRAITS FOR BUTTER CATFISH (*Ompok bimaculatus* (Bloch, 1794)) USING SINGLE-TRAIT AND MULTIPLE-TRAIT MODEL BY RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML)
Author	Miss ploy saenliao
Degree	Master of Science in Fisheries Technology and Aquatic Resources
Advisory Committee Chairperson	Assistant Professor Dr. Jomsuda Duangwongsa

ABSTRACT

This study aimed to estimate the genetic parameters of growth traits in butter catfish (*Ompok bimaculatus* (Bloch, 1794)) to provide fundamental information for planning breeding programs, including mating systems and selection. In the study, third-generation butter catfish were reared in a closed recirculating aquaculture system (RAS); water was monitored using an Internet of Things (IoT). Nine 1,000-liter plastic round tanks, each containing 800 liters of water, were used for the rearing process. The initial average weight and length of the fish were 1.90 g and 2.99 cm, respectively. Each tank was stocked with 300 fish, and the experiment had conducted for 180 days. Seven growth traits were measured and recorded during the experiment, including total length (TL), body length (BL), head length (HL), body depth (BD), body width (BW), weight (W) and head-to-body ratio (HL/BL). Genetic parameters and variance components were estimated using the Restricted Maximum Likelihood (REML) method, comparing single-trait and multiple-trait analysis models using the BLUPF90 Chicken PAK 2.5 software. The results showed that heritability (h^2) estimates for growth traits were moderate to high (h^2 = 0.20-0.53) under both single-trait and multiple-trait analysis models. Analysis Using a single-trait model, h^2 estimates ranged from 0.46 to 0.53, displaying high genetic potential for all growth traits. The highest h^2 value was observed for weight (W)

(0.53±0.05). Multiple-trait model ranged from 0.20 to 0.44, except for body length (BL), which had a high heritability (0.44±0.015). Studies have shown that using a multiple-trait analytical model to estimate heritability yields better results than a single-trait analytical model. The results suggest that multiple-trait analysis provides a more accurate and unbiased estimate of heritability than single-trait analysis because multiple-trait analysis incorporates information from genetic correlations among traits, which reduces the variance component of error. For genetic correlations among growth traits in butter catfish, found that the genetic correlation of growth traits ranged from -0.22 to 0.80, showing both positive and negative relationships. The only negative correlation between body length (BL) and head-to-body ratio (HL/BL) (-0.22). The highest genetic correlation was observed between total length (TL) and body depth (BD) (0.80), followed by total length (TL) and weight (W) (0.76). An analysis of genetic correlations among growth traits in butter catfish revealed a high positive relationship between total length (TL) and other characteristics, except for head-to-body ratio (HL/BL), which displayed a low correlation (0.22). These findings offer practical utility for selection and breeding programs.

Keywords : Ompok bimaculatus, genetic parameters, heritability, genetic correlation, single-trait model, multiple-trait model

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้า นางสาว พลอย แสนเหลี่ยว ขอขอบพระคุณ ผศ.ดร.จอมสุดา ดวงวงษา อาจารย์ที่ปรึกษาหลักที่ให้ความช่วยเหลือในการวางแผนการดำเนินงานวิจัย ตลอดจนให้คำปรึกษาแนะนำ ตรวจสอบแก้ไขข้อบกพร่องต่างๆ ในการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้รวมถึงเป็นผู้ออกค่าใช้จ่ายในการ ดำเนินงานวิจัยในครั้งนี้จนเสร็จสิ้นสมบูรณ์

ขอขอบคุณ รศ.น.สพ.ดร.สุรชัย พิกุลแก้ว อาจารย์ภาควิชาคลินิกสัตว์บริโภค คณะสัตวแพทย์ศาสตร์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ให้เกียรติเป็นประธานคณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ และให้คำแนะนำชี้แนะแก้ไขวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้

ขอขอบพระคุณ รศ.ดร.จงกล พรมยะ และผศ.ดร.ภานุวัฒน์ คัมภีรวัฒน์ อาจารย์ที่ปรึกษาร่วมทั้งสองท่าน ผู้ให้คำแนะนำ และตรวจทานแก้ไขข้อบกพร่องต่างๆในการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้

ขอขอบคุณ คณะเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ที่เอื้ออำนวยสถานที่ในการทำวิทยานิพนธ์ และขอขอบคุณอาจารย์ทุกท่านที่ถ่ายทอดองค์ความรู้เพื่อใช้ในการทำวิจัยในครั้งนี้ สุดท้ายนี้ข้าพเจ้าขอขอบพระคุณ บิดา มารดา ที่ให้การอบรมสั่งสอน อีกทั้งเป็นผู้สนับสนุนค่าใช้จ่ายในการศึกษาในระดับบัณฑิตศึกษามาโดยตลอด และเป็นกำลังใจที่สำคัญอย่างยิ่งในการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้ให้เสร็จสิ้น และลุล่วงไปได้ด้วยดี

พลอย แสนเหลี่ยว

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย ..... ค

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ ..... จ

กิตติกรรมประกาศ ..... ช

สารบัญ ..... ซ

สารบัญตาราง ..... ฏ

สารบัญภาพ ..... ฏ

สารบัญภาพผนวก ..... ฐ

บทที่ 1 บทนำ 1

ความสำคัญของปัญหา 1

วัตถุประสงค์ 4

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ 4

บทที่ 2 การตรวจเอกสาร 5

1. ปลาชะโอน 5

1.1 ลักษณะทั่วไปของปลาชะโอน 5

1.2 แหล่งที่อยู่อาศัยและนิสัยการกิน 6

1.3 การเพาะและการอนุบาล 6

1.4 คัพภวิทยา 7

1.5 การเลี้ยง 7

2. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม 8

2.1 อัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) 9

2.2 ค่าสหสัมพันธ์ (Correlation, r) 11

3. การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม (estimation of genetic (co) variance component) 12
3.1 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธี REML 13
4. การประเมินพันธุกรรมด้วยเทคนิค BLUP 13
5. การคัดเลือก 15
6. การเลือกโมเดลทางสถิติสำหรับประเมินพันธุกรรมสัตว์ 17
6.1. Single-trait model 17
6.2 Multiple-trait model 18
7. งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง 19
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย 23
1. เตรียมการทดลอง 23
ประชากรรุ่นพ่อแม่ (P_0) 23
วิธีการเพาะพันธุ์ 23
2. วิธีการทดลอง 23
การเตรียมบ่อเลี้ยงในระบบน้ำหมุนเวียนแบบปิดขนาดเล็ก 23
การเตรียมปลาทดลอง 24
การให้อาหาร 24
การบันทึกและการคำนวณการเจริญเติบโต 24
วิธีการวิเคราะห์และโมเดลที่ใช้ในการศึกษา 24
บทที่ 4 ผลการทดลอง 28
1. ค่าเฉลี่ยและความแปรปรวนของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนที่อายุ 1-6 เดือน 28
2. แนวโน้มการเจริญเติบโตของลักษณะการเจริญเติบโตที่อายุ 1-6 เดือน 29
3. อัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอน 34
4. ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะการเจริญเติบโต 35

บทที่ 5 วิจารณ์ผลการศึกษา 37
1. ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต 37
2. ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะการเจริญเติบโต 38
3. การเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประมาณโดย single-trait และ multiple-trait โมเดล 39
บทที่ 6 สรุปผลการศึกษาและข้อเสนอแนะ 41
บรรณานุกรม 42
ภาคผนวก 52
ภาพผนวก ก ภาพการทำวิจัย 53
ภาคผนวก ข ผลงานวิจัยที่ตีพิมพ์เผยแพร่ 58
ประวัติผู้วิจัย 60

MAEJO UNIVERSITY

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 1 อัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักและความยาวของสัตว์น้ำที่นิยมเลี้ยงกันอย่างแพร่หลายในประเทศไทย 10

ตารางที่ 2 อัตราพันธุกรรมของลักษณะเชิงปริมาณนอกเหนือจากการเจริญเติบในสัตว์น้ำ........ 11

ตารางที่ 3 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความยาวเหยียด (Total Length; TL) ที่อายุ 1-6 เดือน 29

ตารางที่ 4 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความยาวลำตัว (Body Length; BL) ที่อายุ 1-6 เดือน.. 30

ตารางที่ 5 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความยาวหัว (Head Length; HL) ที่อายุ 1-6 เดือน 30

ตารางที่ 6 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความลึกลำตัว (Body Depth; BD) ที่อายุ 1-6 เดือน 31

ตารางที่ 7 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความกว้างลำตัว (Body Width; BW) ที่อายุ 1-6 เดือน 32

ตารางที่ 8 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะน้ำหนัก (Weight; W) ที่อายุ 1-6 เดือน 32

ตารางที่ 9 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ที่อายุ 1-6 เดือน 33

ตารางที่ 10 ค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) และค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) ของลักษณะการเจริญเติบโตทั้ง 7 ลักษณะ โดยใช้ single-trait และ multiple-trait model 34

ตารางที่ 11 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ ของลักษณะการเจริญเติบโตทั้ง 7 ลักษณะ........ 36

สารบัญภาพ

หน้า

ภาพที่ 1 ปลาชะโอน (Ompok bimaculatus (Bloch, 1794) 5

ภาพที่ 2 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความยาวเหยียด ที่ อายุ 1-6 เดือน 29

ภาพที่ 3 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความยาวลำตัวที่ อายุ 1-6 เดือน 30

ภาพที่ 4 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความยาวหัวที่ อายุ 1-6 เดือน 31

ภาพที่ 5 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความลึกลำตัวที่อายุ 1-6 เดือน 31

ภาพที่ 6 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความกว้างลำตัวที่ อายุ 1-6 เดือน 32

ภาพที่ 7 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะน้ำหนักที่ อายุ 1-6 เดือน 33

ภาพที่ 8 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะสัดส่วนหัวต่อลำตัวที่ อายุ 1-6 เดือน 33

สารบัญภาพผนวก

หน้า

ภาพผนวกที่ 1 การเตรียมบ่อเลี้ยงปลาชะโอน ใช้บ่อพลาสติกขนาด 1,000 ลิตร บรรจุน้ำ 800 ลิตร พร้อมออกซิเจน.....50

ภาพผนวกที่ 2 ระบบให้อากาศในบ่อทดลองเลี้ยงปลาชะโอน.....50

ภาพผนวกที่ 3 ชุดอุปกรณ์ตรวจวัดคุณภาพน้ำในบ่อเลี้ยง.....51

ภาพผนวกที่ 4 การให้อาหารลูกปลาชะโอน.....51

ภาพผนวกที่ 5 การพักปลาก่อนการชั่งวัด.....51

ภาพผนวกที่ 6 การชั่งวัดปลาแต่ละครั้ง.....52

ภาพผนวกที่ 7 การวัดลักษณะการเจริญเติบโตต่างๆของปลา.....52

ภาพผนวกที่ 8 การชั่งน้ำหนักปลาชะโอน.....53

บทที่ 1
บทนำ
ความสำคัญของปัญหา

ปลาชะโอน (*ompok bimaculatus* (Bloch, 1794)) หรือปลาสยุมพรที่ชาวบ้านรู้จักกันในชื่อ “ปลาเนื้ออ่อน”เป็นปลาน้ำจืดในกลุ่มปลาหนัง อยู่ในวงศ์ปลาเนื้ออ่อน (Siluridae) พบได้ในน่านน้ำภายในประเทศ และกระจายอยู่ทั่วไปในเอเชียใต้และเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ เช่น กัมพูชา ไทย เมียนมาร์ อินเดีย บังคลาเทศ ปากีสถาน และอัฟกานิสถาน (Ng et al., 2010; Rainboth, 1996) เป็นปลาที่มีเนื้อมาก รสชาติดี นิยมบริโภคในลักษณะของปลาทอดกรอบ และปลารมควัน มีคุณค่าทางโภชนาการสูง เป็นแหล่งของโปรตีน วิตามิน แร่ธาตุ และกรดไขมันที่ดี (Paul et al., 2015) เช่นไขมันในกลุ่มโอเมก้า 3 โดยเฉพาะกรดไขมันดีชนิด DHA (Docosahexaenoic acid) และ EPA (Eicosapentaenoic acid) ที่มีความสำคัญต่อการเจริญเติบโตของเด็ก และช่วยป้องกันการเกิดโรคหัวใจ และโรคหลอดเลือด (Calder, 2004) นอกจากบริโภคแล้วยังนิยมนำมาเลี้ยงเป็นปลาสวยงาม ในภาคตะวันออกและตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศอินเดียมีการเพาะเลี้ยงปลาชะโอนเพื่อส่งออกเป็นปลาสวยงามยังต่างประเทศ (Gupta, 2015) ปลาชะโอนเป็นปลาพื้นเมืองของประเทศไทยและอินเดีย ที่มีมูลค่าทางเศรษฐกิจที่สูง โดยในประเทศไทยปลาสดมีราคาประมาณ 130-350 บาท/กก. (ตลาดไท, 2567) จึงเป็นที่ต้องการของตลาดทั้งภายใน และต่างประเทศ ซึ่งถือเป็นปลาน้ำจืดที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทย ปลาชะโอนส่วนใหญ่ยังนำเข้าจากทะเลสาบเขมร ในปี 2562 ประเทศไทยนำเข้าปลาชะโอนในรูปแบบแช่แข็งปริมาณ 107.317 ตัน คิดเป็นมูลค่า 10,421,751 บาท (ด่านตรวจสัตว์น้ำจังหวัดสุรินทร์, 2562) ปลาชะโอนเป็นปลาที่ตลาดมีความต้องการสูงแต่ปริมาณผลผลิตจากการเพาะเลี้ยงยังน้อย ผลผลิตของปลาชะโอนในประเทศไทยส่วนใหญ่ได้มาจากการทำประมงในแหล่งน้ำธรรมชาติ (ชไมพร และคณะ, 2560) ทำให้ปลาชะโอนมีปริมาณลดลงและในอนาคตมีแนวโน้มที่จะลดลงอย่างต่อเนื่อง

ปัจจุบันปลาชะโอนถูกจัดอยู่ในปลาที่มีความเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ จากการถูกคุกคาม และการหาประโยชน์ที่มากเกินไปของมนุษย์ (Ng et al., 2010) ปลาชะโอนเป็นปลาที่จับกันมากในธรรมชาติ แต่ไม่มีการเพาะพันธุ์เพื่อการอนุรักษ์ เนื่องจากปัญหาสำคัญของการอนุบาล คือ อัตราการรอดของลูกปลาที่ต่ำมาก จากพฤติกรรมการกินอาหารของลูกปลา ซึ่งเป็นปลากินเนื้อ ทำให้ปลากินกันเอง (ศศิวิมล และแสงเดือน, 2560) จึงทำให้เกษตรกรประสบปัญหาการขาดแคลนลูกพันธุ์ปลา

อีกทั้งยังใช้ระยะเวลาในการเลี้ยงที่ค่อนข้างนาน เพื่อให้ได้ขนาดตามที่ตลาดต้องการ ทำให้การเลี้ยงในเชิงพาณิชย์ค่อนข้างน้อย จากการลงทุนในการเลี้ยงที่ค่อนข้างมาก ผู้คนจึงนิยมจับในแหล่งน้ำธรรมชาติเป็นส่วนใหญ่ ปริมาณที่น้อยลงของปลาชะโอนทำให้ราคาปลาชะโอนเพิ่มสูงขึ้น และมีความต้องการที่มากขึ้น เพื่อการส่งเสริมการเพาะเลี้ยงปลาชะโอนในเชิงพาณิชย์ จึงมีความจำเป็นที่จะต้องมีการศึกษาการคัดเลือก/คัดพันธุ์ และการปรับปรุงพันธุ์ปลาชะโอน เพื่อให้ได้สายพันธุ์ที่มีการเจริญเติบโตที่เร็วขึ้น และใช้เวลาในการเลี้ยงที่สั้นลงเพื่อให้เกษตรกรมีลูกพันธุ์ปลาที่มีลักษณะการเจริญเติบโตที่ดี ใช้ระยะเวลาในการเลี้ยงที่สั้นลง เพื่อเป็นแนวทางในการเพิ่มผลผลิต ลดระยะเวลาในการเลี้ยง เพิ่มผลตอบแทนให้เกษตรกร และเป็นการอนุรักษ์ทรัพยากรปลาชะโอน ทำให้ปลาชะโอนในแหล่งน้ำมีการฟื้นฟู และไม่เกิดการสูญพันธุ์ ซึ่งการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ให้มีประสิทธิภาพและบรรลุเป้าหมายได้อย่างรวดเร็ว และเป็นไปตามวัตถุประสงค์ที่เราต้องการส่งผลให้เกิดความก้าวหน้า และพัฒนาปรับปรุงพันธุ์สัตว์นั้นจำเป็นต้องทราบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ไม่ว่าจะเป็นค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation, r_g) และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation, r_p) โดยค่าดังกล่าวนำไปสู่การประเมินค่าการผสมพันธุ์ (EBV) เพื่อใช้ในการคัดเลือก ส่วนค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสามรถบอกให้ทราบถึงผลของการคัดเลือกในลักษณะหนึ่งเกิดผลกระทบอย่างไรกับอีกลักษณะหนึ่ง ซึ่งมีความสำคัญสำหรับการคัดเลือกร่วมหลายลักษณะ (index selection) (วุฒิชัย และคณะ, 2550)โดยทั่วไปการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม มักใช้โมเดลการวิเคราะห์แบบทีละลักษณะ (single-trait model) ซึ่งมีข้อจำกัดคือไม่สามารถคำนวณความแปรปรวนร่วม (covariance) ระหว่างลักษณะต่างๆ และอาจส่งผลต่อความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ ซึ่งนำไปสู่ความอคติในการคัดเลือก ซึ่งการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) จะมีการรวมผลกระทบทางพันธุกรรมหลายประการภายในลักษณะเดียวกัน หรือหลายลักษณะภายในกลุ่มเดียวกัน ซึ่งให้ผลลัพธ์ที่ชัดเจนกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ เนื่องจากวิธีการนี้จะพิจารณาข้อมูลที่มาจากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมร่วมด้วย ในขณะทำนายค่าการผสมพันธุ์และค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะใดๆ (Jia and Jannik, 2012) นอกจากนี้การใช้การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ ยังช่วยให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้มีความน่าเชื่อถือและปราศจากอคติ (Soller and Beckmann, 1983) อีกทั้งการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะยังสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการประมาณค่าให้กับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ หรือขนาดประชากรที่มีขนาดเล็กได้อีกด้วย (Guo et al., 2014)

งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าอัตราพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม สำหรับลักษณะการเจริญเติบโต โดยใช้ข้อมูล ลักษณะความยาวเหยียด ความยาวลำตัว ความยาวหัว ความลึกลำตัว ความกว้างลำตัว น้ำหนัก และสัดส่วนหัวต่อลำตัว ด้วยการคัดเลือกโดยดูบันทึกลักษณะของครอบครัว (Within family selection) โดยประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี Restriction Maximum Likelihood (REML) โดยเปรียบเทียบการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single trait analysis) และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple trait analysis) สำหรับลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Chicken PAK2.5 ซึ่งพัฒนาโดย (Duangjinda et al., 2005)

วัตถุประสงค์

1. ประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ได้แก่ อัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) สำหรับลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอน
2. เปรียบเทียบการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุกรรมด้วย single-trait animal model และ multiple-trait model.

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ได้ทราบค่าอัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ ของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอน

2. ได้ทราบโมเดลที่เหมาะสมในการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอน

3. ค่าที่ประมาณได้สามารถเพื่อนำไปใช้ประกอบการตัดสินใจในการคัดเลือกและการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ปลาชะโอนต่อไป

4. เป็นฐานข้อมูลเพื่อนำไปศึกษาต่อยอดหรือพัฒนาการปรับปรุงพันธุ์ปลาชะโอนในระดับที่สูงขึ้น และเป็นประโยชน์ต่อนักวิชาการที่สนใจนำไปศึกษาต่อยอดได้

5. ได้พันธุ์ปลาที่มีลักษณะการเจริญเติบโตที่ดี เพื่อเป็นพันธุ์ที่สามารถให้เกษตรนำไปเลี้ยงต่อในเชิง พาณิชย์ได้

บทที่ 2
การตรวจเอกสาร

ภาพที่ 1 ปลาชะโอน (*Ompok bimaculatus* (Bloch, 1794)

1. ปลาชะโอน

1.1 ลักษณะทั่วไปของปลาชะโอน

ปลาชะโอน หรือปลาสยุมพร มีชื่อเรียกหลายอย่างต่างออกไปตามท้องถิ่น เช่น "ปลาเนื้ออ่อน" "ปลาหน้าสั้น" "อิกัน และอิตัม" ในภาษามาลายู ในภาคอีสานเรียกว่า "ปลาเซือม" และในภาคใต้เรียกสั้นๆ ว่า"ปลาโอน" (สุรศักดิ์, 2543) ปลาชะโอนมีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Ompok bimaculatus* (Bloch, 1794) มีชื่อสามัญว่า Butter Catfish หรือ Two-Spot Glass Catfish เป็นปลาน้ำจืดในกลุ่มปลาหนัง อยู่ในวงศ์ปลาเนื้ออ่อน (Siluridae) เป็นปลาที่มีขนาดไม่ใหญ่ น้ำหนักอยู่ระหว่าง 100-300 กรัม และมีความยาวระหว่าง 20-30 เซนติเมตร แต่เคยมีพบยาวถึง 50 เซนติเมตร (สมโภชน์, 2523 อ้างใน เบญจวรรณ และคณะ, 2560) ปลาชะโอนมีลักษณะลำตัวค่อนข้างยาว และแบนข้าง ความยาวลำตัวด้านหลังเกือบเท่าด้านท้อง ตั้งแต่ปลายจะงอยปากจนถึงบริเวณด้านหลังของส่วนหัวโค้งนูน และค่อยๆ ยกสูงขึ้นจนถึงโคนครีบหลัง แนวหลังเกือบจะเป็นเส้นตรง ความกว้างของส่วนหัวเกือบเท่ากับความยาว จะงอยปากป้านยาวเป็น 1.2-2 เท่าของเส้นผ่าศูนย์กลางของตา ปากเฉียงและอยู่ค่อนไปทางด้านบน มุมปากอยู่ไม่เกินขอบหน้าของตา ขากรรไกรล่างยื่นยาวกว่าขากรรไกรบน ตามีขนาดเล็กมีหนังคลุม อยู่ประมาณกึ่งกลางของส่วนหัวในระดับเหนือมุมปากแต่เยื้องไปทางหลัง ส่วนของหัวหลังตายาวเป็น 2.5-3.5 เท่าของเส้นผ่าศูนย์กลางตา หนวดที่ขากรรไกรบนยาวถึงกึ่งกลางครีบหูหรือครีบก้น หนวดที่ขากรรไกรล่างสั้นมากอาจจะสั้นหรือยาวกว่าเส้นผ่าศูนย์กลางของตา ความลึกของลำตัวเป็น 1.5-2 เท่าของก้านครีบหลังอันที่ยาวที่สุด

ระยะจากครีบหลังถึงปลายจะงอยปากเป็น 0.5 ของระยะจากครีบหลังถึงคอดหาง ปลายครีบก้นอยู่ใกล้กับครีบหางซึ่งเว้าลึก ปลายหางมน แพนหางส่วนบนยาวกว่าแพนหางส่วนล่างเล็กน้อย ครีบหูยาวเท่ากับส่วนหัวหลังมุมปาก ก้านครีบอันแรกของครีบหูเป็นก้านครีบแข็ง และเป็นจักร ปลายจักรชี้ไปทางปลายครีบ ครีบท้องอยู่ตรงข้ามกับครีบหลัง ฟันบนขากรรไกรบนและล่างมีแห่งละ 2 แถบ ฟันแต่ละซี่โค้งไปทางหลังและปลายแหลม ฟันที่อยู่ด้านในสุดมีขนาดเล็กที่สุด ฟันที่กระดูกส่วนกลางของเพดานปากเป็นแถบรูปไข่มี 2 แถบ ซี่กรองบนโค้งเหงือกมี 9 ซี่ แต่ละซี่อยู่ห่างกันมาก และขนาดสั้นกว่าฝอยเหงือก ลำตัวและส่วนหัวมีสีเทาเข้มหรือสีน้ำตาล บริเวณใต้หัวและส่วนท้องมีสีอ่อนกว่าสีของลำตัว หลังช่องเหงือกบริเวณเหนือกึ่งกลางของครีบหูมีจุดดำ 1 จุด บางตัวจะมีจุดดำขนาดเล็ก 1 จุดที่โคนหางด้วย ครีบและลำตัวมีจุดดำขนาดเล็กประอยู่ทั่วไป ขอบครีบมีสีเข้มโดยเฉพาะครีบหางและครีบก้น ฐานของครีบหางมีแถบสีดำ 1 แถบ พาดอยู่ในแนว (ชลธิศักดิ์, 2540 อ้างในลัดดา, 2510)

1.2 แหล่งที่อยู่อาศัยและนิสัยการกิน

ปลาชะโอน หรือปลาเนื้ออ่อน พบกระจายอยู่ทั่วทุกภาค มีชุกชุมในภาคกลาง ภาคใต้ ภาคตะวันออก และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (สุรศักดิ์, 2543) นอกจากนี้ยังพบแพร่กระจายอยู่ทั่วไปในเอเชียใต้และเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ เช่น กัมพูชา ไทย เมียนมาร์ อินเดีย บังคลาเทศ ปากีสถาน และอัฟกานิสถาน (Ng et al., 2010; Rainboth, 1996 อ้างใน Rem, 2020) เป็นปลาที่อาศัยอยู่ในทะเลสาบ หนองน้ำ และแม่น้ำ ที่มีระดับความสูง 100 – 2,500 เมตร (Sridhar et al., 1998) ปลาชะโอนเป็นปลาที่มีนิสัยค่อนข้างก้าวร้าว กินปลาเล็กเป็นอาหาร โดยปกติจะลอยตัวนิ่งไม่ขยับเขยื้อน แต่เมื่อพบเหยื่อจะพุ่งเข้าฉกอย่างรวดเร็วและรุนแรง เป็นปลาที่ตกใจง่ายและมักจะอยู่รวมกันเป็นฝูง (สุรศักดิ์, 2543) ลักษณะนิสัยการกินอาหารเป็นปลากินเนื้อ จะกินสัตว์จำพวกกุ้ง ปลาเล็ก และพบกินสัตว์จำพวกหอยในบางครั้ง (Rainboth, 1996)

1.3 การเพาะและการอนุบาล

การเพาะพันธุ์ปลาชะโอนในประเทศไทยเพาะพันธุ์ได้สำเร็จครั้งแรกเมื่อปี พ.ศ. 2533 ที่ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงน้ำจืดชลบุรี โดยการรวบรวมพ่อแม่พันธุ์จากอ่างเก็บน้ำบางพระ อ.ศรีราชา จ.ชลบุรี การเพาะพันธุ์ปลาชะโอนควรใช้พ่อแม่พันธุ์ปลาที่มีอายุตั้งแต่ 6 เดือนขึ้นไป ในอัตราส่วนเพศผู้ 2 ตัว:เพศเมีย 1 ตัว โดยฉีดฮอร์โมนสังเคราะห์กระตุ้น จำนวน 2 ครั้ง ครั้งแรกฉีดฮอร์โมนสังเคราะห์ทั้งเพศผู้และเพศเมีย ในอัตรา 10 ไมโครกรัม ร่วมกับยาเสริมฤทธิ์ในอัตรา 10 มิลลิกรัมต่อน้ำหนักพ่อแม่พันธุ์ปลา 1 กิโลกรัม เว้นระยะห่าง 6 ชั่วโมง จึงฉีดฮอร์โมนสังเคราะห์ครั้งที่ 2

เฉพาะเพศเมีย ในอัตรา 20 ไมโครกรัม ร่วมกับยาเสริมฤทธิ์ในอัตรา 10 มิลลิกรัม ต่อแม่ปลา 1 กิโลกรัม จากนั้นปล่อยให้ผสมพันธุ์กันเองในบ่อซีเมนต์ที่เตรียมไว้ ประมาณ 6-8 ชั่วโมง ต่อมาแม่ปลาจะวางไข่บนตะแกรงฟักไข่ ย้ายพ่อแม่พันธุ์ปลาออกจากบ่อ ทิ้งไว้ 24 ชั่วโมง ไข่จะฟักเป็นตัว ปล่อยลูกปลาในอัตรา 50 ตัวต่อน้ำ 1 ลิตร เริ่มอนุบาลลูกปลาที่ได้ โดยดูดตะกอนของเสียและถ่ายน้ำ 50% ทุกวันใน 2 วันแรก ไม่ต้องให้อาหารเนื่องจากลูกปลายังมีอาหารจากถุงไข่แดงอยู่ เริ่มให้อาหารในวันที่ 3 อาหารที่ให้คือ โรติเฟอร์ หรือไรแดงที่เพิ่งเกิดใหม่ ในสัปดาห์แรก สัปดาห์ที่ 2 ให้ไรแดง อนุบาลลูกปลาจนเข้าสู่สัปดาห์ที่ 3 จึงเริ่มให้อาหารเสริม คือ ไข่ตุ๋นบดละเอียดสลับกับไรแดง เมื่อเวลาผ่านไป 45 วัน ลูกปลาจะมีขนาด 2.5-3.5 เซนติเมตร เริ่มให้อาหารปลาดุกเล็ก (แสงเดือน และคณะ, 2560) สามารถนำไปเลี้ยงในบ่อดินหรือบ่อซีเมนต์ได้แล้ว หากต้องการนำไปเลี้ยงในกระชังควรอนุบาลลูกปลาต่ออีก 2-3 เดือน จนได้ขนาดที่เหมาะสมจึงนำไปเลี้ยงในกระชังต่อไป

1.4 คัพภวิทยา

ไข่ปลาชะโอนที่พึ่งได้รับการปฏิสนธิจะมีไข่ลักษณะสีเหลืองใส ขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางเท่ากับ 1.2-1.5 มิลลิเมตร เปลือกไข่จะมีเมือกเหนียวอยู่โดยรอบ ซึ่งเป็นลักษณะของไข่ติด แต่เมือกนี้จะไม่ยึดติดกับวัสดุ แม่ปลาชะโอนหนึ่งตัวมีไข่ประมาณ 15,000-20,000 ฟอง จากระยะเวลาตั้งแต่ได้รับการปฏิสนธิไข่จะใช้เวลาพัฒนาประมาณ 18-24 ชั่วโมง จึงฟักออกเป็นตัวที่อุณหภูมิ 25-28 องศาเซลเซียส เมื่อใกล้ฟักออกเป็นตัวไข่จะเพิ่มขนาดขึ้นเป็น 2 เท่ามีเส้นผ่าศูนย์กลางเท่ากับ 2.4 มิลลิเมตร ลูกปลาที่เกิดใหม่จะมีสีเหลืองใสเช่นเดียวกับไข่ มีความยาวอยู่ที่ 1.2 มิลลิเมตร เมื่อฟักออกเป็นตัวลูกปลาจะอยู่นิ่งๆที่พื้นบ่อประมาณ 6 ชั่วโมง จึงจะเริ่มว่ายน้ำ เมื่ออายุได้ 36 ชั่วโมงถึงจะมีอวัยวะครบสมบูรณ์ มีครีบหูใหญ่มากเมื่อเทียบกับลำตัว ถุงไข่แดงจะยุบเมื่ออายุได้ประมาณ 2 วัน และเริ่มกินอาหารได้ ในระยะนี้ลูกปลาจะมีปากกว้างเท่ากับ 0.1 มิลลิเมตร (ชลธิศักดิ์, 2540)

1.5 การเลี้ยง

ปลาชะโอนเป็นปลาที่สามารถเลี้ยงได้ทั้งในระบบปิด บ่อดิน และกระชัง ส่วนการเลี้ยงในบ่อซีเมนต์สามารถเลี้ยงได้แต่การเจริญเติบโตมักจะช้า ส่วนใหญ่จะใช้สำหรับอนุบาลลูกปลาให้ได้ขนาดก่อนการปล่อยเลี้ยงในกระชัง ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงน้ำจืดชลบุรี ได้ทดลองเลี้ยงปลาชะโอนในบ่อดินที่ขนาด 1,000 ตารางเมตร จำนวน 4,000 ตัว และเลี้ยงในกระชังขนาด 5x4x1.2 เมตร ปริมาตรน้ำที่ 10 ลูกบาศก์เมตร จำนวน 500 ตัว/กระชัง โดยปล่อยลูกปลาขนาดความยาว 2.07 เซนติเมตร น้ำหนัก 1.21 กรัม หลังจากเลี้ยงเป็นเวลา 7 เดือน พบว่าปลาที่เลี้ยงในบ่อดินมีขนาดความยาวที่เพิ่มขึ้นเท่ากับ 16.42 เซนติเมตร น้ำหนัก 37.42 กรัม และอัตราการแลกเนื้ออยู่ที่ประมาณ 1.7-2 เปอร์เซ็นต์

ในขณะปลาที่เลี้ยงในกระชังได้ขนาดความยาวที่ 16.95 เซนติเมตร น้ำหนัก 42.65 กรัม ซึ่งจากการทดลองพบว่าการเลี้ยงปลาชะโอนในกระชังมีการเจริญเติบโตที่ดีและใกล้เคียงกับการเลี้ยงในบ่อดิน (กรมประมง, 2559)

Zahid et al. (2021) ได้ทำการศึกษาการเจริญเติบโตและคุณค่าทางโภชนาการของปลาชะโอนที่เลี้ยงในระบบน้ำหมุนเวียน (RAS) และระบบปิด (CAS) จากการศึกษาพบว่าปลาชะโอนที่เลี้ยงในระบบน้ำหมุนเวียน มีค่าอัตราการเจริญเติบโตเฉลี่ยต่อวัน (ADG) และค่าอัตราการเจริญเติบโตจำเพาะ (SGR) เท่ากับ (ADG: 0.18 ก./วัน: SGR: 3.40%/วัน) การเลี้ยงในระบบปิดมีค่าเท่ากับ (ADG: 0.05 ก./วัน: SGR: 2.40%/วัน) ซึ่งพบว่าการเลี้ยงในระบบน้ำหมุนเวียนมีค่า อัตราการเจริญเติบโตเฉลี่ยต่อวัน และค่าอัตราอัตราการเจริญเติบโตจำเพาะ ที่สูงกว่าการเลี้ยงในระบบปิด (ADG: 3.61: SGR: 1.4 เท่า) ในส่วนของการศึกษาคุณค่าทางโภชนาการพบว่าปลาที่เลี้ยงในระบบปิดมีกรดไขมันเชิงซ้อน (PUFA) ที่สูงกว่า (41%) การเลี้ยงในระบบน้ำหมุนเวียน (33%) อย่างมีนัยสำคัญ อัตราส่วนระหว่างกรดไขมันโอเมก้า 3 และโอเมก้า 6 ในระบบน้ำหมุนเวียน และระบบปิด เท่ากับ 0.73 และ 0.69 ตามลำดับ จากการศึกษานี้พบว่าเลี้ยงปลาชะโอนในระบบน้ำหมุนเวียน มีความเหมาะสมกว่าการเลี้ยงในระบบปิด ในแง่ของการเจริญเติบโต

2. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

พารามิเตอร์ทางพันธุกรรม เป็นค่าที่แสดงถึงองค์ประกอบทางพันธุกรรม สำหรับลักษณะใดลักษณะหนึ่งที่เป็นเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ อาทิเช่น ลักษณะการเจริญเติบโต อัตราการรอด ความต้านทานโรค คุณภาพเนื้อและคุณภาพซาก ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ และความดกไข่ เป็นต้น โดยจะเป็นค่าเฉพาะในประชากรหนึ่งและภายใต้สภาพแวดล้อมหนึ่งเท่านั้น เนื่องจากลักษณะปรากฏเกิดจากผลร่วมของพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม สามารถเขียนรูปแบบสมการได้ดังนี้ $P = G + E$ ซึ่งการศึกษาพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมจะใช้ข้อมูลจากการชั่งน้ำหนัก วัดขนาด และวิธีการทางสถิติ เพื่อแยกผลอันเกิดจากพันธุกรรมออกจากสิ่งแวดล้อม โดยลักษณะปรากฏมีการเปลี่ยนแปลงได้ และมีการกระจายอย่างต่อเนื่อง จำเป็นต้องใช้ค่าทางสถิติ คือ ความแปรปรวน (variance) มาใช้ในการศึกษา จึงสามารถเขียนสมการได้ใหม่เป็น $V_p=V_G+V_E$ (Falconer and Mackay, 1996)

2.1 อัตราพันธุกรรม (heritability,h^2)

ค่าอัตราพันธุกรรมเป็นค่าที่วัดได้จากการแสดงออกของสัตว์ ซึ่งแบ่งออกเป็น 2 ประเภท 1. อัตราพันธุกรรมประเภท broad sense heritability เป็นสัดส่วนของความแปรปรวนระหว่างอิทธิพลของพันธุกรรมทั้งหมด กับความแปรปรวนทั้งหมดของลักษณะปรากฏ 2. อัตราพันธุกรรมประเภท narrow sense heritability เป็นสัดส่วนความแปรปรวนระหว่างอิทธิพลเนื่องจาก additive gene effect กับความแปรปรวนทั้งหมดของลักษณะปรากฏ ซึ่งเป็นค่าที่แสดงให้เห็นถึงความสำคัญของยีนต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นๆ และสัดส่วนของยีนที่สามารถถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูก (Falconer and Mackay, 1996) ค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าอยู่ในช่วง 0-1 โดยลักษณะที่เข้าใกล้ 1 แสดงว่าอิทธิพลของพันธุกรรมส่งผลต่อการแสดงออกอยู่สูง ดังนั้นค่าอัตราพันธุกรรมจึงเป็นเครื่องมือที่บอกว่าลักษณะใดควรปรับปรุงด้วยวิธีการคัดเลือก ลักษณะใดควรปรับปรุงพันธุ์โดยการจัดระบบผสมพันธุ์ที่เหมาะสม และลักษณะใดควรเน้นการปรับปรุงด้วยการจัดการ ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ มีความแตกต่างกันทั้งนี้เนื่องจากประชากรในแต่ละกลุ่มมีความแตกต่างกันในด้านองค์ประกอบทางพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม และวิธีการที่ใช้ในการวิเคราะห์ ทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมมีความแตกต่าง (Muir and Aggrey, 2003) สามารถแบ่งระดับอัตราพันธุกรรมได้ ดังนี้ 0.05-0.15 คือ อัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับต่ำ, 0.20-0.40 คือ อัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับปานกลาง, >0.40-0.60 คือ อัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับสูง และ > 0.65 คือ อัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับสูงมาก (Cardellino and Rovira, 1987)

ในสุกรพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูง ส่งผลให้การตอบสนองต่อการคัดเลือกมีประสิทธิภาพมากขึ้น มีรายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรม 0.5 ให้ผลตอบสนองต่อการคัดเลือก 81-90 % และ 75-83% เมื่ออัตราพันธุกรรมมีค่า 0.1 (Sorensen, 1988) ในลักษณะที่อัตราพันธุกรรมต่ำ จะมีข้อจำกัดในเรื่องของความแม่นยำ ($r_{a\breve{a}}$) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จาก BLUP และค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง (true breeding value) ที่ค่อนข้างต่ำ (Meyer, 1989) ส่วนในสัตว์น้ำนั้นจากการศึกษาในปลาชนิดต่าง ๆ พอจะสรุปเป็นแนวทางได้ว่าลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการสืบพันธุ์ของปลา เช่น จำนวนไข่อายุเมื่อเจริญพันธุ์ฯลฯ มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำเช่นเดียวกับที่พบในสัตว์บกอื่น ๆ ลักษณะที่เกี่ยวข้องกับผลผลิต เช่น น้ำหนักตัว ความยาว อัตราแลกเนื้อฯลฯ มีค่าอัตราพันธุกรรมปานกลางส่วนลักษณะเมอริสติก (meristic) เช่น จำนวนก้านครีบจำนวนข้อของกระดูกสันหลัง ฯลฯ มีค่าอัตราพันธุกรรมค่อนข้างสูง (Tave, 1986) อัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักและความยาวของสัตว์น้ำที่เลี้ยงแพร่หลายในประเทศไทยได้รวบรวมไว้ใน (ตารางที่ 1) และอัตราพันธุกรรมของลักษณะเชิงปริมาณนอกเหนือจากการเจริญเติบในสัตว์น้ำแสดงไว้ใน (ตารางที่ 2)

ตารางที่ 1 อัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักและความยาวของสัตว์น้ำที่นิยมเลี้ยงกันอย่างแพร่หลายในประเทศไทย

ชนิดสัตว์น้ำ	**ลักษณะ**	**อัตราพันธุกรรม**	**เอกสารอ้างอิง**
ปลาสวาย	ความยาวเมื่ออายุ 182 วัน	h^2_D =0.173±0.204	เกียรติ (2530)
	ความยาวเมื่ออายุ 240 วัน	h^2_D = 0.062±0.440	เกียรติ (2530)
	น้ำหนักเมื่ออายุ 182 วัน	h^2_D = 0.122±0.213	เกียรติ (2530)
	น้ำหนักเมื่ออายุ 240 วัน	h^2_D = 0.126±0.424	เกียรติ (2530)
ปลายี่สกเทศ	ความยาวเมื่ออายุ 202 วัน	h^2_D = 0.046±0.074	มารุต (2530)
	ความยาวเมื่ออายุ 285 วัน	h^2_D = 0.893±0.094	มารุต (2530)
	น้ำหนักเมื่ออายุ 202 วัน	h^2_D = 0.024±0.044	มารุต (2530)
	น้ำหนักเมื่ออายุ 285 วัน	h^2_D = 0.093±0.088	มารุต (2530)
ปลาดุกอุย	น้ำหนักตัว	h^2_R = 0.24	Jarimopas et al. (1989)
	ความยาว	h^2_R = 0.28	Jarimopas et al. (1989)
ปลาตะเพียนขาว	ความยาวเมื่ออายุ 276 วัน	h^2_D = 0.291±0.517	นวรัตน์ (2533)
	ความยาวเมื่ออายุ 276 วัน	h^2_D = 0.202±0.332	นวรัตน์ (2533)
กุ้งก้ามกราม	น้ำหนักเมื่ออายุ 119 วัน		
	เพศผู้	h^2_S =-0.0236±0.110	Melecha et al. (1984)
	เพศเมีย	h^2_S = 0.340±0.239	Melecha et al. (1984)
	ความยาวเมื่ออายุ 311 วัน		
	เพศผู้	h^2_S = -0.143±0.250	Melecha et al. (1984)
	เพศเมีย	h^2_S = 0.348±0.297	Melecha et al. (1984)

หมายเหตุ : การเจริญเติบโตต่ำมาก โดยกุ้งอายุ 119 และ 311 วัน มีน้ำหนักเฉลี่ย 0.438 และ 2.275 กรัม ตามลำดับ

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก (อุทัยรัตน์, 2543)

MAEJO UNIVERSITY

ตารางที่ 2 อัตราพันธุกรรมของลักษณะเชิงปริมาณนอกเหนือจากการเจริญเติบในสัตว์น้ำ

ชนิดสัตว์น้ำ	**ลักษณะ**	**อัตราพันธุกรรม**	**เอกสารอ้างอิง**
กุ้งน้ำจืดในประเทศญี่ปุ่น (*Macrobrachium nipponense*)	ความทนทานต่อน้ำจืดในกุ้งวัยอ่อน	h^2_R =20.4±0.065	Wongchan and McAndrew (1990)
ปลาเรนโบว์เทราต์	อายุเมื่อเจริญพันธุ์	h^2_S =0.38±0.17*	Gall et al. (1998)
		h^2_S =0.38±0.001*	Gall et al. (1998)
	เปอร์เซ็นต์ซาก	h^2_S =0.01±0.05	Gjerde and Gjedrem (1984)
	ความหนาของเนื้อ**(meatiness)	h^2_S =0.06±0.08	Gjerde and Gjedrem (1984)
	อัตราแลกเนื้อ (FCR)	h^2_S =0.03±0.1	Kinghorn (1983)
	สีเนื้อ***	h^2_S =0.06±0.08	Gjerde and Gjedrem (1984)
	สีตับ***	h^2_S =0.04±0.05	Gjerde and Gjedrem (1984)
ปลาแอตแลนติกซัลมอน	เปอร์เซ็นต์ซาก	h^2_S =0.03±0.02	Gjerde and Gjedrem (1984)
	ความหนาของเนื้อ**(meatiness)	h^2_S =0.16±00.05	Gjerde and Gjedrem (1984)
	สีเนื้อ***	h^2_S =0.01±0.03	Gjerde and Gjedrem (1984)
	สีตับ***	h^2_S =0.04±0.03	Gjerde and Gjedrem (1984)
ปลาดุกอุย	ความต้านทานต่อเชื้อแบคทีเรีย *A. hydrophila*	h^2_R**** =0.07, 0.18	Na-Nakorn et al. (1994)

หมายเหตุ : * คำนวณจาก ข้อมูลของ ฮาล์ฟ-สิบ

** คำนวณจาก สมการถดถอย ระหว่างลูกและแม่

*** วัดโดยการให้คะแนน

**** ศึกษาในปลา 2 ประชากร

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก (อุทัยรัตน์, 2543)

2.2 ค่าสหสัมพันธ์ (Correlation, r)

ลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในสัตว์แต่ละชนิดมีหลายลักษณะ โดยในแผนการปรับปรุงพันธุ์เมื่อคัดเลือกลักษณะหนึ่งจะส่งผลกระทบต่อลักษณะอื่นๆด้วย เนื่องจากความสัมพันธ์ร่วมระหว่างลักษณะสองลักษณะที่เรียกว่า ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง -1 ถึง +1 โดยสามารถแบ่งได้เป็น 3 แบบ 1. ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) เป็นค่าที่แสดงถึงความสัมพันธ์ของการแสดงออกของสองลักษณะ 2. ค่าสหสัมพันธ์สิ่งแวดล้อม (environment correlation) เป็นค่าที่แสดงถึงความสัมพันธ์ระหว่างสิ่งแวดล้อมที่มีอิทธิพลต่อลักษณะหนึ่ง กับสิ่งแวดล้อมที่มีอิทธิพลต่ออีกลักษณะหนึ่ง

3. ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) เป็นค่าที่แสดงถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสองลักษณะใดๆ ที่มีสาเหตุเนื่องจากการที่ยีนตำแหน่งหนึ่งมีผลในการควบคุมลักษณะมากกว่าหนึ่งลักษณะ (pleiotropy) หรือการที่ยีนที่ควบคุมลักษณะทั้งสองนั้นอยู่บนตำแหน่งใกล้กันบนโครโมโซมเดียวกัน (linkage) โดยความสัมพันธ์ร่วมของอิทธิพลจากพันธุกรรมต่อลักษณะทั้งสองอาจเป็นแบบสนับสนุนซึ่งกันและกัน กล่าวคือการคัดเลือกเน้นในลักษณะหนึ่งจะส่งผลทำให้อีกลักษณะหนึ่งดีขึ้นด้วย หรืออาจเป็นแบบตรงกันข้ามกัน คือการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะหนึ่งมีผลทำให้อีกลักษณะหนึ่งด้อยลง ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏจะมีความสัมพันธ์กับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์สิ่งแวดล้อม (Falconer, 1960)

ค่าสหสัมพันธ์สามารถแบ่งออกเป็น 3 ระดับ คือมีค่าอยู่ระหว่าง 0.00 - 0.40 แสดงว่าทั้งสองลักษณะมีความสัมพันธ์กันในระดับต่ำ มีค่าอยู่ระหว่าง 0.45 - 0.55 แสดงว่ามีความสัมพันธ์กันในระดับปานกลาง และมีค่าอยู่ระหว่าง 0.60 ถึง 1 แสดงว่ามีความสัมพันธ์กันในระดับสูง (Navarro et al., 2009)

3. การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม (estimation of genetic (co) variance component)

องค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะที่แสดงออกมีอิทธิพลเนื่องมาจากความแปรปรวนทางพันธุกรรม และความแปรปรวนทางสภาพแวดล้อม ถ้าความแปรปรวนทางสภาพแวดล้อมมีค่าน้อยหรือเข้าใกล้ศูนย์ แสดงว่าลักษณะปรากฏย่อมมาจากความแปรปรวนทางพันธุกรรม ดังนั้นเมื่อทำการคัดเลือกจึงส่งผลกระทบต่อการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆ (Falconer and Mackay, 1996)

องค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณได้สามารถนำไปคำนวณหาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่างๆ ซึ่งในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์นับว่ามีความสำคัญอย่างยิ่ง เนื่องจากค่าที่ประมาณได้สามารถใช้อธิบายความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของสัตว์ในประชากรและใช้เปรียบเทียบความสามารถรายตัวของสัตว์ในรูปของค่าการผสมพันธุ์ เพื่อประโยชน์ในการคัดเลือกลักษณะที่สนใจได้อย่างถูกต้องและแม่นยำตามความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมได้อย่างแท้จริง แต่ทั้งนี้ต้องพิจารณาถึงขนาดของข้อมูล ชนิดของข้อมูลและวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลที่ถูกต้องและเหมาะสมด้วย (Misztal et al., 2000)

วิธีการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีการพัฒนาจากวิธีที่มีข้อกำหนดเกี่ยวกับข้อมูลมากซึ่งง่ายต่อการคำนวณแต่ขาดคุณสมบัติที่ดีของค่าประมาณ เป็นวิธีที่มีข้อกำหนดเกี่ยวกับข้อมูลน้อยลงซึ่งการคำนวณมีความยุ่งยากมากขึ้น แต่มีความเหมาะสมกับธรรมชาติของข้อมูลทางพันธุกรรม และข้อมูลที่มีการสูญหายมาก และให้ค่าประมาณที่มีคุณสมบัติของค่าประมาณที่ดี

วิธีการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีหลากหลายวิธีเช่น Analysis of Variance (ANOVA), REML, Gibbs sampling และ Method R เป็นต้น (Duangjinda et al., 2001)

3.1 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธี REML

REML เป็นวิธีประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่นิยมใช้กันอยู่ใน (Misztal, 1999) เนื่องจากสามารถขจัดอตคิอันเนื่องจากการคัดเลือก (Graser et al., 1987) ซึ่งการใช้วิธี ANOVA มี assumption ของข้อมูลที่ใช้พ่อพันธุ์ต้องไม่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติ เพราะจะทำให้ค่าประมาณที่ได้จากข้อมูลเหล่านี้มีอคติ (biased) REML จึงถูกพัฒนาเพื่อใช้ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนในกรณีข้อมูลที่มีการคัดเลือก เพราะการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธีนี้ต้องการเพียง assumption ของการกระจาย (distribution) ของข้อมูลเท่านั้น โดยข้อมูลมีการสมมติว่ามีการกระจายแบบ multivariate normal (Meyer et al., 1989) และทำการ maximized เฉพาะส่วนของ likelihood function ซึ่งเป็นอิสระกับปัจจัยคงที่ โดยประเมินค่าปัจจัยด้วยวิธี generalized least-square (Patterson and Thompson, 1971) REML ได้รับการพัฒนาสำหรับวิธีการคำนวณซ้ำ (iterative) ซึ่งเหมาะสำหรับ Mixed model equation (MME) และยังสามารถใช้ความสัมพันธ์ของสัตว์ร่วมคำนวณด้วย (Mohiudin, 1993) วิธี REML ได้รับการพัฒนาเพื่อใช้ร่วมกับการประเมินพันธุกรรมของสัตว์โดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) โดยเฉพาะอย่างยิ่งใน Animal model (Meyer et al., 1989) (Dempster et al., 1977) เสนอ Expectation Maximization - algorithm (EM) ซึ่งในการคำนวณต้องการเพียง first derivative ของ likelihood function ที่ต้องการประเมินผลของค่าประมาณอยู่ในรูปแบบ quadratics solution วิธีการนี้ค่าประมาณจะเข้าสู่ parameter space ช้า แต่ convergence ดี (Meyer, 1983)

4. การประเมินพันธุกรรมด้วยเทคนิค BLUP

การประเมินพันธุกรรมสัตว์ด้วยการสร้างดัชนีการคัดเลือก (Selection index) ซึ่งจัดเป็นตัวประมาณแบบ best linear prediction นั้น แม้ว่าจะเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพและมีการใช้งานมาเป็นเวลานาน แต่ยังมีข้อกำหนดบางประการที่ทำให้ดัชนีการคัดเลือกมีข้อจำกัด เช่น สามารถใช้ภายในฟาร์มหรือฝูงสัตว์เฉพาะ และไม่สามารถเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมข้ามฝูงหรือข้ามกลุ่มที่มีการจัดการแตกต่างกันได้ นอกจากนี้การสร้างดัชนีการคัดเลือกยังจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องทราบค่าเฉลี่ยที่นำมาปรับให้กับค่าสังเกต อีกทั้งจะว่าค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินด้วยดัชนีการคัดเลือกนั้นจะไม่มีการปรับปัจจัยอื่นๆ ที่อาจมีผลกระทบต่อความผันแปรของลักษณะ ซึ่งหลังจากที่มีการใช้ตัวแบบผสม (mixed model) เข้ามาช่วยวิเคราะห์และอธิบายผลของลักษณะทางเศรษฐกิจ จึงทำให้ตัวแบบผสมมีการใช้กันอย่างแพร่หลายมากขึ้น ส่งผลให้การประมาณค่าการผสมพันธุ์สัตว์จากตัวแบบผสมมีบทบาทมากขึ้น (วุฒิไกร, 2546) ต่อมา (Henderson, 1973) ได้เสนอรูปแบบของสมการเพื่อใช้สำหรับตัว

แบบผสมโดยสามารถที่จะประมาณค่าการผสมพันธุ์จากปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มได้พร้อมกัน ซึ่งค่าประมาณที่ได้จากการปรับอิทธิพลของปัจจัยคงที่จะมีคุณสมบัติเป็น Best Linear Unbiased Estimator (BLUE) ส่วนค่าประมาณที่ได้จากการปรับอิทธิพลของปัจจัยสุ่มจะมีคุณสมบัติเป็น Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ส่งผลให้การประเมินพันธุกรรมสัตว์เพื่อใช้ในการคัดเลือกมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ซึ่งการประเมินพันธุกรรมสัตว์โดยใช้เทคนิค BLUP มีข้อได้เปรียบหลายประการคือ

1. สามารถใช้ข้อมูลได้จากทุกแหล่งโดยอาศัยความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างตัวสัตว์ (genetic relationship) (บันทึกตัวเอง บรรพบุรุษ พี่น้อง และบันทึกลูก) เข้าวิเคราะห์ร่วมกันได้ ทำให้ค่าการผสมพันธ์ที่ได้มีความแม่นยำสูง

2. สามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์แม้ไม่มีข้อมูลสัตว์ หรือเกิดข้อมูลสูญหาย โดยใช้วิธีการประเมินผ่านทางพันธุ์ประวัติ (pedigree)

3. สามารถนำข้อมูลจากหลายฝูงหรือหลายปีมาวิเคราะห์ร่วมกันได้ (across herd evaluation) ซึ่งทำให้สามารถเปรียบเทียบพันธุกรรมระหว่างฝูงได้โดยไม่มีอคติ (สามารถขจัดอิทธิพลของปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มได้พร้อมกัน)

4. เป็นที่ยอมรับว่าเป็นวิธีการทางสถิติที่มีความคลาดเคลื่อนของการทำนายต่ำสุด

ในทางสถิติ BLUP มีความหมายดังนี้

B = Best: BLUP เป็นตัวประมาณค่าที่ดีที่สุด ซึ่งในทางสถิติตัวประมาณที่ดีที่สุดหมายถึงตัวประมาณที่มีความแปรปรวนของคลาดเคลื่อน (error variance) ต่ำสุด ดังนั้น BLUP มีคุณสมบัติ $Min\{E(\hat{u}-u)^2\}$ ในกรณีของการประเมินพันธุ์ $\hat{u}$ หมายถึงค่าอิทธิพลพันธุกรรมที่ประมาณโดย BLUP และ u เป็นค่าอิทธิพลพันธุกรรมที่แท้จริงของตัวสัตว์

L = Linear: BLUP สร้างตัวประมาณในรูปของฟังก์ชันเชิงเส้นของค่าสังเกต หรือ $\hat{u} = L'y$

U = Unbiased: BLUP สร้างตัวประมาณที่ไม่มีความเอนเอียงหรือไม่มีความอคติ เนื่องจาก BLUP ใช้วิธีประมาณค่าของอิทธิพลคงที่แทนการใช้ค่าเฉลี่ยหรือค่าอิทธิพลที่แท้จริงของประชากรซึ่งในทางปฏิบัติทราบได้ยาก นอกจากนี้ค่าคาดคะเนของ linear combination ของตัวประมาณด้วย BLUP จะมีค่าเท่ากับ linear combination ของค่าที่แท้จริงของประชากร กล่าวคือ $E(k'\hat{u}) = k'u$

P = Prediction: BLUP เป็นวิธีการสร้างตัวประมาณของอิทธิพลสุ่ม (ตัวประมาณอิทธิพลคงที่เรียกว่า estimation)

วิธีการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมในสัตว์น้ำมีการเปลี่ยนแปลงพร้อมกับการพัฒนาของวิธีการทางสถิติที่ใช้ในการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมในสัตว์เพื่อเพิ่มความแม่นยำและลดความอคติของค่าที่ประมาณ (Gall et al., 1993; Kolstad, 2005) โดยวิธีการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมในสัตว์น้ำเริ่มจากการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) และพัฒนาเป็นการใช้สมการแบบผสม (Mixed Model Equation) (Henderson, 1984) ร่วมกับวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ซึ่งการวิเคราะห์ความแปรปรวนต้องการข้อมูลที่สมดุล (Balanced data หมายถึงลักษณะของข้อมูลที่มีค่าของปัจจัยในแต่ละระดับเท่ากัน) จับคู่ผสมพันธุ์สัตว์โดยการสุ่มและประชากรที่ใช้ไม่มีการคัดเลือก ทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากวิธีการนี้มีอคติ เมื่อนำไปใช้กับประชากรที่มีการคัดเลือกหรือเมื่อข้อมูลสัตว์มีหลายรุ่นสามารถใช้ข้อมูลได้เพียงบางส่วนเท่านั้นเพื่อให้ตรงกับรูปแบบของวิธีการเหล่านั้น ต่อมามีการพัฒนากลวิธี REML ขึ้นซึ่งวิธีการนี้สามารถใช้ได้กับข้อมูลที่มีการคัดเลือกและข้อมูลที่ไม่สมดุล (Unbalanced data หมายถึงข้อมูลที่มีค่าสังเกตของปัจจัยแต่ละระดับไม่เท่ากัน) และสามารถใช้ประโยชน์จากความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในการวิเคราะห์ข้อมูลทำให้ข้อมูลทั้งหมดที่มีในประชากรนั้นถูกนำมาใช้ประโยชน์ สมการแบบผสมสามารถทำนายค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์โดยวิธีการ BLUP ตัวอย่างการใช้ BLUP ในสัตว์น้ำเช่น การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและศึกษาผลของพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมต่ออัตราการเจริญเติบโตในปลาเรนโบว์เทร้าต์ (*Onchorhynchus mykiss*) โดย Fishback et al. (2002) การศึกษาพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของผลผลิต สี ขนาด และความแน่นของคาเวียร์ในปลาสเตอร์เจียนไซบีเรียน (*Acipenser baerii*) (Bestin et al., 2021) การศึกษาประสิทธิภาพของการทำนายค่าพันธุกรรมจีโนมสำหรับลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะการเจริญเติบโตในปลาไน (Yellow River Carp) (Wang et al., 2021) และการคาดการณ์ผลลัพธ์ทางพันธุกรรมสำหรับการคัดเลือกเพื่อเพิ่มผลผลิตเนื้อปลาเรนโบว์เทร้าต์ (García-Ballesteros et al., 2022)

5. การคัดเลือก

การคัดเลือกทางพันธุกรรมนั้นใช้หลักการพื้นฐานของผลรวมของลักษณะที่ต้องการซึ่งเป็นผลของยีนแบบบวกสะสมที่สามารถถ่ายทอดจากชั่วหนึ่งไปยังอีกชั่วหนึ่งได้ และยังมีประสิทธิภาพสูงกว่าการคัดเลือกโดยลักษณะปรากฏ ทั้งนี้เนื่องจากการแดงออกของลักษณะปรากฏนั้น ยังคงมีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมและการจัดการรวมอยู่ด้วย (Falconer and Mackay, 1996; Sharma, 1998; มนต์ชัย, 2548b) ในการคัดเลือกทางพันธุกรรมของแต่ละลักษณะนั้น ต้องอาศัยค่าการผสมพันธุ์ (EBV). ในการเรียงลำดับสัตว์ตามความสามารถทางพันธุกรรม โดยหากเป็นการคัดเลือกเพียงลักษณะเดียวสามารถคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ได้ตามลำดับค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จัดเรียงไว้ ส่วนการคัดเลือกหลายลักษณะ (multiple trait selection index) การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์พิจารณาจากดัชนีค่าการผสม

พันธุ์ของสัตว์แต่ละตัว (index selection) ซึ่งดัชนีดังกล่าวเป็นผลรวมของค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากแต่ละลักษณะ และมีการกำหนดความสำคัญให้กับลักษณะที่คัดเลือกด้วยค่าทางเศรษฐกิจสัมพันธ์ (economic value) ในการสร้างดัชนีการคัดเลือก (selection index) ดังกล่าวใช้หลักการของ BLP (Best Linear Prediction) ซึ่งมีข้อจำกัดในเรื่องของสัตว์ที่ประเมินนั้นต้องอยู่ในสภาพแวดล้อมและการจัดการเดียวกัน จึงทำให้ไม่สามารถเปรียบเทียบสัตว์ที่อยู่ต่างฝูงกันได้ ต่อมาจึงได้มีการพัฒนาในเรื่องของการคัดเลือก โดยมีการนำเอาการประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้เทคนิค BLUP มาประยุกต์ใช้ร่วมกับดัชนีการคัดเลือก (Hazel et al., 1994) ทำให้สามารถเปรียบเทียบสัตว์ที่อยู่ต่างฝูงกันได้ และในกรณีที่มีการคัดเลือกร่วมหลายลักษณะ (multi-trait BLUP) สามารถคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์โดยพิจารณาจากดัชนีพันธุกรรมรวม (มนต์ชัย, 2548b; วุฒิชัย, 2551)

การคัดเลือกหลายลักษณะ

การคัดเลือกหลายลักษณะ (multiple-trait selection) ที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ในปัจจุบันมี 4 วิธี

1. Tandem selection เป็นการคัดเลือกไปทีละลักษณะซึ่งมีการกำหนดค่าต่ำสุดที่จะเก็บสัตว์เอาไว้ทำพันธุ์ และเมื่อคัดเลือกลักษณะหนึ่งจนเป็นที่น่าพอใจแล้ว จึงทำการคัดเลือกลักษณะต่อไป ข้อเสียของการคัดเลือกด้วยวิธีนี้ คือ หากลักษณะที่ทำการคัดเลือกมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) ในทิศทางลบ การปรับปรุงลักษณะที่สองจะไม่สามารถทำได้ และต้องใช้เวลาในการคัดเลือกยาวนาน

2. Independent culling level เป็นการคัดเลือกทีละ 2 ลักษณะไปพร้อมกัน โดยกำหนดระดับต่ำสุดของแต่ละลักษณะเอาไว้เป็นเกณฑ์ในการคัดเลือก ข้อเสียของการคัดเลือกวิธีนี้ ทำให้ส่วนที่ต้องการเก็บไว้มีน้อย ทำให้ตัวที่ดีมากในลักษณะหนึ่งแต่อีกลักษณะหนึ่งไม่ถึงเกณฑ์ที่ตั้งไว้ถูกคัดทิ้งไปด้วย

3. Independent selection level จะกำหนดค่าที่ต่ำสุดที่จะคัดเลือกเอาไว้ ซึ่งเป็นการแก้ปัญหาของการคัดเลือกแบบ Independent culling level ที่มีสัตว์เก็ไว้น้อย แต่ข้อเสียของวิธีนี้คือ จะมีปริมาณสัตว์ที่คัดเอาไว้มากเกินไป ซึ่งคัดเลือกตัวที่ดีที่สุดของลักษณะหนึ่งและต่ำสุดในลักษณะหนึ่งเอาไว้ ส่วนสัตว์ในระดับกลางๆ จะถูกคัดออกไป

4. Index selection เป็นการใช้ดัชนีการคัดเลือกตั้งแต่สองลักษณะขึ้นไปพร้อมๆกัน โดยทำการปรับในแต่ละลักษณะ โดยกำหนดความสำคัญของแต่ละลักษณะ ด้วยค่าทางเศรษฐกิจ (economic value) และคำนวณออกมาเป็นค่าดัชนีของแต่ละลักษณะ จากนั้นนำมารวมกันในรูปสมการถดถอย ซึ่งจะได้เป็นดัชนีการคัดเลือกเนื่องจากในแต่ละลักษณะมีค่าทางเศรษฐกิจที่แตกต่างกัน การให้น้ำหนักหรือความสำคัญของแต่ละลักษณะจึงแตกต่างกันด้วย หลักในพิจารณาให้คะแนนคือ ลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจมาก และลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงซึ่งสามารถ

ปรับปรุงลักษณะนั้นได้ง่ายจึงควรให้คะแนนกับลักษณะเหล่านั้นมากขึ้น อย่างไรก็ตามการคัดเลือกหลายลักษณะเกินไป ส่งผลให้ความเข้มในการคัดเลือกลดลง (Falconer and Mackay, 1996)

6. การเลือกโมเดลทางสถิติสำหรับประเมินพันธุกรรมสัตว์

การประเมินพันธุกรรมสัตว์ในปัจจุบันนิยมใช้เทคนิค BLUP (best linear unbiased prediction) ภายใต้โมเดลตัวสัตว์ (animal model) สำหรับการวิเคราะห์และการประมาณค่าการผสมพันธุ์ โดยเทคนิคดังกล่าวเป็นเทคนิคที่ได้รับการยอมรับว่ามีความถูกต้องและมีประสิทธิภาพมากที่สุด ส่งผลให้ค่าประมาณมีความใกล้เคียงกับค่าพันธุกรรมที่แท้จริงของตัวสัตว์ (true genetic) การประเมินพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ พบว่าการเลือกโมเดลทางสถิติให้เหมาะสมกับลักษณะที่ศึกษานับว่ามีความสำคัญมาก ซึ่งจะช่วยให้การประเมินพันธุกรรมมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น โดยโมเดลที่ใช้ในปัจจุบันมีด้วยกันหลายโมเดลเช่น

6.1. Single-trait model

เป็นโมเดลผสมอย่างง่าย ที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ ซึ่งเรียกว่า single-trait เนื่องจากโมเดลนี้มุ่งเน้นการวิเคราะห์ค่าสังเกตเพียงลักษณะเดียว ซึ่งโมเดลนี้ประกอบไปด้วย ผลกระทบคงที่ (fixed effect) และอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive genetic effects) โดยไม่มีผลกระทบแบบสุ่ม (random effect) อื่นไม่ว่าจะเป็นอิทธิพลเนื่องจากแม่ (maternal effect) หรืออิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominant effect) (Van der Werf, 2002) โดยมีโมเดลสำหรับการวิเคราะห์ดังนี้

$$y = Xb + Zu + e$$

โดยที่ y คือ เวกเตอร์ของค่าสังเกต

b คือ เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่

u คือ เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่ม

e คือ เวกเตอร์ของ random residual error

X, Z เป็น incident matrices ที่แสดงการปรากฏของ b และ u ในค่าสังเกตตามลำดับ

แสดงให้อยู่ในรูปของ Mixed Model Equation *(MME)* ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \alpha A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

โดยที่ A^{-1} คือ inverse of numerator relationship matrices

$\alpha = \sigma_e^2/\sigma_a^2$

σ_e^2 คือ ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของความคลาดเคลื่อน

σ_a^2 คือ ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม

6.2 Multiple-trait model

เป็นโมเดลที่ใช้ประเมินพันธุกรรมโดยพิจารณาหลายลักษณะพร้อมกัน (multiple trait) โดยค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จะมีการปรับด้วยค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะนอกเหนือจากการปรับด้วยปัจจัยคงที่ต่างๆ จากการที่โมเดลสามารถปรับปรุงพันธุกรรมในหลายลักษณะได้พร้อมกัน (มนต์ชัย, 2548a) จึงช่วยเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกโดยเฉพาะกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำโดยนำมาศึกษาวิเคราะห์ร่วมกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง (Schaeffer, 1984) ซึ่งลักษณะที่จะนำมาวิเคราะห์ร่วมกันควรมีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมไม่สูงหรือต่ำเกินไป ($0.2<r_g<0.8$) เพื่อให้ผลตอบสนองของการคัดเลือกและความแม่นยำของการคัดเลือกสูงขึ้น (Mrode, 1996) โดยมีโมเดลสำหรับการวิเคราะห์ดังนี้

สามารถเขียนเป็นรูปสมการทั่วไป (กรณี 2 ลักษณะ) ได้ดังนี้

$$y_i = X_i b_i + Z_i u_i + e_i$$

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}\begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}\begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

$$;\text{ โดยที่ } V\begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma^2_{a11} & A\sigma_{a12} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a21} & A\sigma^2_{a22} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma^2_{e11} & I\sigma_{e12} \\ 0 & 0 & I\sigma_{e21} & I\sigma^2_{e22} \end{bmatrix}$$

โดยที่ $y_1 y_2$ คือ เวกเตอร์ของค่าสังเกตลักษณะที่ 1 และ 2

$b_1 b_2$ คือ เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ที่มีต่อลักษณะที่ 1 และ 2

$u_1 u_2$ คือ เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสมที่มีต่อลักษณะที่ 1 และ 2

$e_1 e_2$ คือ เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อนที่มีต่อลักษณะที่ 1 และ 2

$X_1 X_2, Z_1 Z_2$ เป็น incident matrices ที่แสดงการปรากฏของอิทธิพล $b_1 b_2$ และ $u_1 u_2$ ในแต่ละค่าสังเกตตามลำดับ

A เป็น numerator genetic relationship matrices ระหว่างตัวสัตว์

I เป็น identity matrix

$\sigma^2_{a11}, \sigma^2_{a22}, \sigma_{a12}$ คือความแปรปรวนเนื่องจากตัวสัตว์สำหรับลักษณะที่ 1 และ 2 และความแปรปรวนร่วมตามลำดับ

$\sigma^2_{e11}, \sigma^2_{e22}, \sigma_{e12}$ คือความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนสำหรับลักษณะที่ 1 และ 2 และความแปรปรวนร่วมตามลำดับ

7. งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ประชุม และคณะ (2561) ศึกษาการคัดพันธุ์ปลาช่อนเพื่อเพิ่มอัตราการเจริญเติบโต ด้วยวิธีการคัดเลือกแบบดูลักษณะภายในครอบครัว (Within-family selection) ทำการเพาะพันธุ์แยกเป็น 2 สาย ได้แก่ สายพันธุ์ และสายควบคุม ใช้ทั้งหมด 16 ครอบครัว และทำการเพาะพันธุ์แบบสลับครอบครัวในรุ่นต่อไปเพื่อหลีกเลี่ยงการผสมเลือดชิด เมื่อผ่านการคัดเลือกได้ 2 รุ่น พบว่าประชากรพื้นฐานก่อนการคัดเลือกมีอัตราพันธุกรรมด้านความยาว และน้ำหนัก 0.277±0.067 และ 0.216±0.004 ตามลำดับ ส่วนอัตราพันธุกรรมที่คำนวณได้จากค่าตอบสนองของการคัดเลือกด้านความยาวและน้ำหนักในรุ่นที่ 2 เท่ากับ 0.388 และ 0.228 ตามลำดับ จากการทดลองพบว่าประชากรที่ผ่านการคัดเลือกแล้วมีความยาวและน้ำหนักมากกว่าประชากรสายควบคุม 11.10 และ 20.59 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ซึ่งสรุปได้ว่าการคัดพันธุ์ด้วยวิธีการคัดเลือกโดยดูบันทึกลักษณะภายในครอบครัวสามารถใช้คัดเลือกเพื่อเพิ่มอัตราการเจริญเติบโตในปลาช่อนได้ โดยมีการเจริญเติบโตที่เพิ่มขึ้นในปลาช่อนที่ผ่านการคัดเลือกทั้งสองรุ่น

ศุภกิตติ์ และคณะ (2563) ศึกษาการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลอินทรีย์ภายใต้การเลี้ยงในระบบไบโอฟลอคที่อายุ 2-3 และ 4-5 เดือนหลังจากฟัก โดยการประมาณค่าจากประชากรปลานิลเริ่มต้น 109 ครอบครัวองค์ประกอบความแปรปรวนถูกประมาณค่าด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยใช้ average information (AI) algorithm ร่วมกับแบบจำลองสัตว์ (animal model) ซึ่งจะวิเคราะห์ข้อมูลทีละลักษณะ (single trait analysis) จากการศึกษาพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลมีความแตกต่างไปตามช่วงอายุ โดยที่อายุ 2-3 เดือน ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวมีค่าเท่ากับ 0.05±0.03 ซึ่งมีค่าต่ำ ส่วนที่อายุ 4-5 เดือน ค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.58±0.44 ซึ่งมีค่าสูงและมีค่ามากกว่าที่อายุ 2-3 เดือน ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสามารถปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการคัดเลือกให้มีน้ำหนักตัวที่เพิ่มขึ้นได้

ตรีชฎา และคณะ (2556) ศึกษาสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏของลักษณะการเจริญเติบโตและปริมาณเนื้อของปลากดเหลืองชนิด *Hemibagrus filamentus* โดยวางแผนการวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างพี่น้องแบบ nested design ซึ่งประกอบด้วยพี่น้องจากพ่อแม่เดียวกัน (full-sib family) 24 ครอบครัว และพี่น้องร่วมพ่อแต่ต่างแม่ (half-sib family) 12 ครอบครัว ผลการศึกษาพบว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเฉลี่ยและสหสัมพันธ์

ของลักษณะปรากฏเชิงบวกระหว่างลักษณะความยาวลำตัวและน้ำหนักตัวที่อายุ 30, 120, 210, 300 และ 360 วัน อัตราการเจริญเติบโตจำเพาะที่อายุต่างๆ และความยาวลำตัวหรือน้ำหนักตัวกับเปอร์เซ็นต์เนื้อที่บริโภคได้ที่อายุ 360 วัน ซึ่งมีค่าระหว่าง 0.55±0.11 ถึง 0.90±0.48 และ 0.24±0.04 ถึง 0.96±0.06 ตามลำดับ ซึ่งผลการศึกษานี้แสดงให้เห็นว่ามีความเป็นไปได้ที่จะปรับปรุงพันธุ์ปลากดเหลือง โดยวิธีการคัดเลือกทางอ้อม

Whatmore et al. (2013) ศึกษาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจในปลาคิงฟิชหางเหลือง ทำการศึกษาจากข้อมูลปลา จำนวน 400 ตัว ที่ได้จากฟาร์ม Cleanseas Tuna ctd. โดยตัวอย่างปลาเป็นลูกหลานของครอบครัวทั้ง full-half sib จำนวน 22 ครอบครัว มีการใช้เครื่องหมายไมโครแซท 6 ชนิด ที่พัฒนาขึ้นมาใหม่ และ 4 ชนิดที่เคยมีรายงานในการสร้างพันธุประวัติ ทำการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโดยใช้โมเดล การคัดเลือกร่วมหลายลักษณะ (multiple trait model) โดยใช้โปรแกรม AsReml โดยอิทธิพลคงที่ (fixed effect) ประกอบด้วย เพศ รอยแผล และสถานะความพิการ เวคอิทธิพลแบบสุ่ม (random effect) ประกอบด้วย อิทธิพลของพันธุกรรมผลบวกของสัตว์แต่ละตัว maternal และ common environment effect จากการศึกษาพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะลำตัวและซากมีค่าอัตราพันธุกรรมปานกลาง h^2=0.15-0.30 ปริมาณไขมันในเนื้อปลามีค่าอัตราพันธุกรรมสูง (0.94±0.21) เมื่อใช้โมเดลตัวสัตว์ แต่ลดลงเหลือปานกลาง (0.41±0.26) เมื่อรวมถัง และแม่พันธุ์เป็นผลกระทบแบบสุ่ม (random effect) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างขนาดลำตัวและซาก เป็นไปในทิศทางบวกและสูง (0.87±0.94) ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะลำตัว และ condition score เป็นไปในทิศทางบวกและมีค่าสหสัมพันธ์ปานกลาง-สูง จากผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่าการคัดเลือกให้มีการเจริญเติบโตที่สูงส่งผลให้น้ำหนักเนื้อเพิ่มขึ้น ไปพร้อมๆกันซึ่งเป็นลักษณะซากที่มีความสำคัญอย่างยิ่ง

จอมสุดา และคณะ (2563) ศึกษาการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต ในปลาสลิดดอนนาชั่วรุ่นที่ 1 ด้วยวิธีการคัดเลือกแบบหมู่ (mass selection) จำนวน 30 ครอบครัว โดยใช้ข้อมูล ลักษณะความยาว และน้ำหนัก ปลาอายุ 7 เดือน จากการทดลองพบว่าประชากรที่ผ่านการคัดเลือกแล้วมีความยาวและน้ำหนักเพิ่มขึ้นมากกว่าประชากรสายควบคุมเป็น 4.70/17.09 เปอร์เซ็นต์ในเพศผู้ และ 6.68/4.24 เปอร์เซ็นต์ในเพศเมีย โดยมีความยาวและน้ำหนักเฉลี่ยของสายควบคุมเท่ากับ 15.12±0.88/50.57±10.79 เซนติเมตร/กรัม และสายคัดเลือกเท่ากับ 15.83±0.88/69.21±10.27 เซนติเมตร/กรัม ในเพศผู้ และสายควบคุมเท่ากับ 15.31±1.14/62.01±14.64 เซนติเมตร/กรัม สายคัดเลือกเท่ากับ 6.36±1.14/64.46±11.12 เซนติเมตร/กรัม ในเพศเมีย ซึ่งมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางเศรษฐกิจ ($p<0.01$)

สำหรับประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Chicken PAK2.5 พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาว และน้ำหนักตัวในสายควบคุมมีค่าเท่ากับ 0.20 และ 0.20 ในขณะที่สายควบคุมมีค่าเท่ากับ 0.34 และ 0.43 ตามลำดับ

นฤชล (2563) ศึกษาการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะการเจริญเติบโตและลักษณะเนื้อแล่ของปลากะพงขาว โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) และการอนุมานแบบเบย์ (Bayesian approach) ด้วยวิธี Gibbs Sampling ใช้ตัวอย่างลูกปลากะพงขาวที่เกิดจากการผสมแบบกลุ่มระหว่างพ่อพันธุ์ 20 ตัว กับแม่พันธุ์ 24 ตัว อายุ 120 วันหลังฟัก จำนวน 3,000 ตัว มาวัดขนาด ชั่งน้ำหนัก ตัดครีบ และติดเครื่องหมาย (PIT tags) หลังจากนั้นนำไปเลี้ยงต่อในบ่อดิน 2 บ่อที่ความหนาแน่นเท่ากัน เมื่ออายุครบ 270 ทำการวัดขนาดและชั่งน้ำหนัก เมื่อสิ้นสุดการเลี้ยงที่อายุ 390 วัน นำปลาทั้งหมดมาวัดขนาด ชั่งน้ำหนัก และขนส่งไปแล่เนื้อที่ห้องเย็น จากการวิเคราะห์พันธุประวัติ (pedigree) โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ 11 ตำแหน่ง พบว่าจากตัวอย่างปลา 1,750 มีลักษณะทางพันธุกรมที่ได้รับถ่ายทอดมาจากพ่อพันธุ์ 16 ตัว และแม่พันธุ์ 18 ตัว ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมด้วยแบบจำลองทางพันธุกรรมสัตว์แบบวิเคราะห์ร่วมกันหลายลักษณะ (multivariate animal model) โดยวิธี REML และ Gibbs sampling พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักอยู่ในระดับปานกลางและเพิ่มขึ้นตามอายุ เมื่อครบ 120 ,270 และ 390 วัน มีค่าเท่ากับ 0.06(0.26), 0.16(0.31) และ 0.45(0.48) ตามลำดับ ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาว (TL) ก็เป็นไปในทิศทางเดียวกัน โดยมีค่าเท่ากับ 0.07(0.26), 0.11(0.28) และ 0.37(0.40) ตามลำดับ ในขณะที่ค่าอัตราพันธุกรมของน้ำหนักปลาแล่ (fillet weight) อยู่ในระดับสูง (0.50 และ 0.52) ในส่วนเปอร์เซ็นต์เนื้อแล่ (fillet yield) อยู่ในระดับต่ำถึงปานกลาง (0.16 และ 0.31) สำหรับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างน้ำหนักตัวเมื่ออายุต่างๆ กับน้ำหนักเนื้ออยู่ในระดับสูง (0.85-0.98) จากผลการศึกษาชี้ให้เห็นถึงศักยภาพของการคัดเลือก (selection) ในประชากรปลากะพงขาวนี้ และการใช้น้ำหนักตัวที่อายุ 120 วันเป็นเกณฑ์ในการคัดเลือกซึ่งสัมพันธ์กับน้ำหนักปลาที่อายุเก็บเกี่ยว 390 วัน รวมถึงน้ำหนักเนื้อที่เพิ่มขึ้น

Sukhavachana et al. (2021) ศึกษาการใช้เทคนิคการคัดเลือกแบบ multiple-traits genomic เพื่อปรับปรุงความแม่นยำในการทำนายค่าการผสมพันธุ์ (EBV) สำหรับลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจในปลากะพงขาว ได้แก่ อัตราการเติบโตและผลผลิตเนื้อปลาปกติการวัดผลผลิตเนื้อปลานั้นทำได้ยาก มีค่าใช้จ่ายสูง และไม่สามารถวัดในปลาที่ยังไม่โตเต็มวัย ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงมุ่งเน้นประเมินประสิทธิภาพของการใช้ (multi-trait genomic selection) ปลาทั้งหมด 1,047 ตัว

ถูกวิเคราะห์พันธุกรรมด้วยสนิป SNP (single nucleotide polymorphisms) จำนวน 29,521 ตำแหน่ง ข้อมูลพันธุประวัติ ของปลาได้จากไมโครแซทเทลไลท์ 11 ตำแหน่ง ข้อมูลการวัดต่างๆ ที่เก็บรวบรวมตอนเก็บเกี่ยว ได้แก่ น้ำหนักตัว (BW) ความยาวลำตัว (SL) น้ำหนักเนื้อปลา (FW) และผลผลิตเนื้อปลา (FY) นำมาใช้ในการวิเคราะห์เทคนิคการคาดการณ์แบบดั้งเดิมอย่าง BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) และ GBLUP (Genomic BLUP) ถูกนำมาใช้ร่วมกับ single และ two-trait model เพื่อทำนายค่า EBV และ GEBV ประมาณค่าความแม่นยำและอคติโดยใช้วิธีการทดสอบแบบ five-fold cross-validation โดยแบ่งชุดข้อมูลออกเป็น 5 ส่วนเท่าๆ กัน และทำการทดสอบซ้ำทั้งหมด 5 รอบ เมื่อเปรียบเทียบกับ BLUP แล้ว GBLUP เพิ่มความแม่นยำในการทำนายได้ 25% สำหรับ BW, SL, FW และ 10% สำหรับ FY การวิเคราะห์แบบ multi-trait GBLUPให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าการวิเคราะห์แบบ single-trait เล็กน้อย ผลลัพธ์ยังชี้ว่า การคาดการณ์ GEBV มีความแม่นยำมากกว่าสำหรับ BW, SL และ FW เมื่อเทียบกับ FY ความแม่นยำในการทำนาย FY ดีขึ้นอย่างมากเมื่อนำข้อมูลลักษณะขนาดลำตัวอื่นๆ ที่เกี่ยวข้องกันมาใช้ประกอบในการวิเคราะห์ โดยความแม่นยำเพิ่มขึ้น 5 ถึง 76% เมื่อเทียบกับผลลัพธ์จาก multi-trait GBLUP กลยุทธ์นี้จึงเป็นอีกทางเลือกใหม่ที่มีประสิทธิภาพในการปรับปรุงผลผลิตเนื้อปลาในปลากะพงขาวในเอเชีย

บทที่ 3
วิธีดำเนินการวิจัย

1. เตรียมการทดลอง

ประชากรรุ่นพ่อแม่ (P_0)

ดำเนินการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์จากรุ่นที่ 2 ที่มีความสมบูรณ์เพศ จำนวน 30 ครอบครัว อัตราส่วนพ่อพันธุ์ต่อแม่พันธุ์ เท่ากับ 2:1 เพื่อสร้างประชากรรุ่นพ่อแม่พันธ์ (parental generation P_0) โดยการคัดเลือกแบบดูบันทึกลักษณะของครอบครัว (within family selection) ทำทดลอง ณ แปลงสาธิตการเลี้ยงปลาชะโอนในระบบน้ำหมุนเวียนแบบปิดขนาดเล็ก คณะเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ มหาวิทยาลัยแม่โจ้

วิธีการเพาะพันธุ์

เพาะพันธุ์โดยการฉีดฮอร์โมนสังเคราะห์ LHRHa ให้กับปลาเพศเมียในอัตราความเข้มข้น 25 ไมโครกรัมต่อกิโลกรัม ร่วมกับยาเสริมฤทธิ์ DOM อัตราความเข้มข้น 5 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม โดยฉีดบริเวณโคนครีบหลังของปลา สำหรับปลาเพศผู้ฉีดฮอร์โมนสังเคราะห์ LHRHa อัตราความเข้มข้น 10 ไมโครกรัมต่อกิโลกรัมร่วมกับยาเสริมฤทธิ์ DOM อัตราความเข้มข้น 5 มิลลิกรัมต่อกิโลกรัม โดยฉีดตำแหน่งเดียวกับปลาเพศเมีย แล้วนำพ่อแม่พันธุ์ปลาชะโอนปล่อยลงใน อัตราส่วนพ่อพันธุ์ต่อแม่พันธุ์ เท่ากับ 2:1 ดัดแปลงจาก: (ประดิษฐ์ และคณะ, 2561) แล้วปล่อยให้ปลาผสมพันธุ์กันเอง

2. วิธีการทดลอง

การเตรียมบ่อเลี้ยงในระบบน้ำหมุนเวียนแบบปิดขนาดเล็ก

ประกอบด้วยบ่อพลาสติก 1000 ลิตร (เส้นผ่านศูนย์กลาง 150 เซนติเมตร สูง 80 เซนติเมตร) ทั้งหมด 12 บ่อ แบ่งออกเป็น บ่อทดลองเลี้ยง จำนวน 9 บ่อ จุน้ำ 800 มิลลิลิตร และบ่อกรองชีวภาพ จำนวน 3 บ่อ จุน้ำที่ 400 ลิตร ซึ่งเป็นบ่อบำบัดโดยอาศัยกระบวนการแบคทีเรียกลุ่มไนตริฟิเคชั่นเป็นหลัก โดยน้ำที่ผ่านการบำบัดไหลหมุนเวียนคืนสู่บ่อเลี้ยงอย่างต่อเนื่อง แบคทีเรียกลุ่มกลุ่มนี้สามารถเจริญได้ดีต้องไปยึดเกาะอยู่บนพื้นผิวของวัสดุ (สุภาวดี, 2557) ภายในบรรจุผ้าสแลนสีดำน้ำหนัก 5 กก. โดยการจัดวางของบ่อในพื้นที่ต่างระดับเพื่อลดการใช้พลังงานในการรับเคลื่อนมวลน้ำ ใช้ปั๊มขนาด 220-240 วัตต์ ยี่ห้อ Atman Ax-800 สามารถขับเคลื่อนมวลน้ำได้ 8,000 ลิตร/ชั่วโมง โดยน้ำที่ใช้เลี้ยงถูกส่งผ่านการกรองด้วยใยกรองขนาด 200 ไมครอน ให้อากาศด้วยปั๊มลมผ่านหัวทราย และมีการเติมน้ำ และพักไว้อย่างน้อย 7 วันก่อนเติมเข้าในระบบบ่อเลี้ยง

การเตรียมปลาทดลอง

สถานที่แปลงสาธิตคณะเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ โดยใช้ลูกปลาที่เพาะจากแปลงสาธิตคณะเทคโนโลยีการประมง ฯลฯ เป็นลูกปลารุ่นที่ 3 ที่เพาะได้จากพ่อแม่พันธุ์รุ่นที่ 2 ลูกปลาชะโอนอายุ 50 วัน มีน้ำหนักเริ่มต้นเฉลี่ยเท่ากับ 1.9 กรัม และความยาวเริ่มต้นเฉลี่ยเท่ากับ 2.99 เซนติเมตร นำลูกปลาเลี้ยงในบ่อพักเติมอากาศ จำนวน 9 บ่อ บ่อละ 300 ตัว และให้อาหารวันละ 5 ครั้ง เพื่อปรับตัวให้เข้ากับสิ่งแวดล้อมเป็นเวลา 7 วัน โดยสังเกตพฤติกรรมการยอมรับอาหารของลูกปลา (กานตกานท์, 2561) โดยใช้ระยะเวลาในการเลี้ยง 6 เดือน คือระหว่างวันที่ 21 กันยายน 2565 ถึง 28 มีนาคม 2566

การให้อาหาร

ช่วงที่ 1 ปลาชะโอนอายุ 30-45 วัน ให้อาหารมีชีวิต (ไรแดงทุกขนาด) เมื่อลูกปลาอายุ 46-60 วัน เริ่มให้อาหารผงลอยน้ำโปรตีนไม่ต่ำกว่า 36%

ช่วงที่ 2 ปลาชะโอนอายุ 61-90 วัน ให้อาหารเม็ดลอยน้ำโปรตีนไม่ต่ำกว่า 42%

ช่วงที่ 3 ให้อาหารเม็ดลอยน้ำโปรตีนไม่ต่ำกว่า 30%

โดยให้อาหาร วันละ 5 ครั้ง เวลา 08.00 น., 12.00 น., 16.00 น., 20.00 น., และ00.00 น. ด้วยการให้อาหารแบบให้กินจนอิ่ม (sitiation) ด้วยการสังเกตพฤติกรรมการกินอาหาร (appetite) ของปลาและบันทึกปริมาณอาหารที่ปลากิน

การบันทึกและการคำนวณการเจริญเติบโต

เก็บข้อมูลปลารุ่นที่ 3 จำนวน 2,700 ตัว ทำการชั่งวัดปลาทั้งประชากรจำนวน 9 บ่อ บ่อละ 300 ตัว ทุกๆ 15 วัน เพื่อทำการเก็บข้อมูลลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอน โดยงดให้อาหารปลา 1 วันก่อนชั่งน้ำหนัก (วรพงษ์ และ สายชล, 2562) ทำการเก็บรวบรวมข้อมูลของลักษณะการเจริญเติบโตจำนวน 7 ลักษณะ คือ 1. ความยาวเหยียด (Total Length; TL) 2.ความยาวลำตัว (Body Length; BL) 3.ความยาวหัว (Head Length; HL) 4.ความลึกลำตัว (Body Depth: BD) 5. ความกว้างลำตัว (Body Width; BW) 6.น้ำหนักปลา (Weight; W) และ 7. สัดส่วนหัวและลำตัว (Head-to-Body ratio; HL/BL)

วิธีการวิเคราะห์และโมเดลที่ใช้ในการศึกษา

นำข้อมูลทั้งหมดมาวิเคราะห์ค่าทางสถิติเบื้องต้นด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป SAS ผ่านทาง SAS OnDemand For Academics (SAS Institute., 2014) ประเมินค่าอัตราพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะการเจริญเติบโต เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

และองค์ประกอบความแปรปรวนโดยใช้วิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยเปรียบเทียบโมเดลการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait) และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Chicken PAK2.5 (Duangjinda et al., 2005)

5.1 การวิเคราะห์ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาวเหยียด ความยาวลำตัว ความยาวหัว ความลึกลำตัว ความกว้างลำตัว น้ำหนัก และสัดส่วนหัวต่อลำตัว คำนวณจากองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ดังแสดงในสมการที่ 1

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2+\sigma_e^2} \qquad (1)$$

โดยที่ h^2 คือค่าอัตราพันธุกรรม

σ_a^2 คือความแปรปรวนที่เกิดเนื่องจากอิทธิพลแบบบวกสะสม

σ_e^2 คือความแปรปรวนที่เกิดเนื่องจากความคลาดเคลื่อน

5.3 การวิเคราะห์สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏของลักษณะความยาวเหยียด ความยาวลำตัว ความยาวหัว ความลึกลำตัว ความกว้างลำตัว น้ำหนักและสัดส่วนหัวต่อลำตัว คำนวณจากองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ดังแสดงในสมการที่ 2 และ 3 ตามลำดับ

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

$$r_a = \frac{cov_{a(x,y)}}{\sqrt{(Var)_{a(x)}(Var)_{a(y)}}} \qquad (2)$$

โดยที่ r_a คือค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

$cov_{a(x,y)}$ คือความแปรปรวนร่วมของลักษณะทางพันธุกรรมระหว่าง x และ y

$(Var)_{a(x)}$ คือความแปรปรวนของลักษณะทางพันธุกรรม x

$(Var)_{a(y)}$ คือความแปรปรวนของลักษณะทางพันธุกรรม y

ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ

$$r_p = \frac{COV_{p(x,y)}}{\sqrt{(Var)_{p(x)}(Var)_{p(y)}}} \qquad (3)$$

โดยที่ r_p คือค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ

$COV_{p(x,y)}$ คือความแปรปรวนร่วมของลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะ x และ y

$(Var)_{p(x)}$ คือความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ x

$(Var)_{p(y)}$ คือความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ y

5.3 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ของลักษณะการเจริญเติบโต ได้แก่ ความยาวเหยียด (TL) ความยาวลำตัว (BL) ความยาวหัว (HL) ความลึกลำตัว (BD) ความกว้างลำตัว (BW) น้ำหนัก (W) และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ของปลาทั้งหมดทำการประมาณค่าด้วยโมเดลการวิเคราะห์ทีลักษณะ (single-trait) ทำการวิเคราะห์ลักษณะการเจริญเติบโตไปทีละลักษณะ และการวิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคาะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) ทำการวิเคราะห์ทุกลักษณะไปพร้อมๆกันในคราวเดียว โดยใช้หุ่นจำลองทางสถิติดังแสดงในสมการที่ 4

$$y = Xb + Za + Wc + e \qquad (4)$$

โดยที่ y คือเวกเตอร์ค่าสังเกตของลักษณะที่ศึกษาในแต่ละลักษณะ ได้แก่ ลักษณะความยาวเหยียด (TL) ความยาวลำตัว (BL) ความยาวหัว (HL) ความลึกลำตัว (BD) ความกว้างลำตัว (BW) น้ำหนัก (W) และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL)

b คือเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่

a คือเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มสำหรับตัวสัตว์

c คือเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มของสภาพแวดล้อมร่วม

e คือเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน

X, Z, W คืออินซิเดนซ์เมตริกที่เชื่อมโยงกับข้อมูลกับอิทธิพลคงที่ ในเวกเตอร์ b อิทธิพลร่วมสำหรับสัตว์ในเวกเตอร์ a และอิทธิพลสุ่มในเวกเตอร์ c ตามลำดับ

การวิเคราะห์แบบทีละลักษณะ (single-trait analysis) จากสมการที่ 4 สามารถเขียนแบบหุ่นจำลองในรูปของเมทริกซ์ได้ดังสมการที่ 5

$$\text{โดยที่ } V\begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad (5)$$

สามารถเขียนในรูป (MME) ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \alpha_1 A^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \alpha_2 I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

โดยที่ $\alpha_1 = \sigma_e^2/\sigma_a^2$

$\alpha_2 = \sigma_e^2/\sigma_c^2$

A^{-1} คือ inverse of numerator relationship matrices

I เป็น identity matrix

การวิเคราะห์แบบร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) จากสมการที่ 4 สามารถเขียนแบบหุ่นจำลองในรูปของเมทริกซ์ได้ดังสมการที่ 6

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \\ y_5 \\ y_6 \\ y_7 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_7 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \\ b_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_7 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \\ a_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & W_4 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & W_5 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & W_6 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & W_7 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \\ c_3 \\ c_4 \\ c_5 \\ c_6 \\ c_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \\ e_7 \end{bmatrix} \quad (6)$$

$$\text{โดยที่ } V\begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & C \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \otimes I \end{bmatrix}$$

โดยที่ $G = A\sigma_a^2$

$C = I\sigma_c^2$

$R = I\sigma_e^2$

A เป็น numerator genetic relationship matrices ระหว่างตัวสัตว์

I เป็น identity matrix

$\otimes$ คือ Kronecker product

บทที่ 4

ผลการทดลอง

1. ค่าเฉลี่ยและความแปรปรวนของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนที่อายุ 1-6 เดือน

1.1 การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะความยาวเหยียด ที่อายุ 1-6 เดือน พบว่าค่าเฉลี่ย (Mean ± SD) ที่อายุ 1-6 เดือนมีค่าเท่ากับ 5.53±1.09, 8.61±1.09, 11.20±1.43, 12.45±1.42, 12.97±1.51 และ 14.27±1.78 ตามลำดับ และพบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (%CV) มีความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 11-19 % (ดังแสดงในตารางที่ 4)

1.2 การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะความยาวมาตรฐาน ที่อายุ 1-6 เดือน พบว่าค่าเฉลี่ย (Mean ± SD) ที่อายุ 1-6 เดือนมีค่าเท่ากับ 4.83±0.98, 7.49±0.93, 9.68±1.21, 10.69±1.18, 11.28±1.28 และ 12.26±1.51 ตามลำดับ และพบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (%CV) มีความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 11-20 % (ดังแสดงในตารางที่ 5)

1.3 การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะความยาวหัว ที่อายุ 1-6 เดือน พบว่าค่าเฉลี่ย (Mean ± SD) ที่อายุ 1-6 เดือนมีค่าเท่ากับ 0.70±0.19, 1.12±0.28, 1.51±0.32, 1.69±0.36, 1.76±0.39 และ 2.01±0.42 ตามลำดับ และพบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (%CV) มีความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 21-26 % (ดังแสดงในตารางที่ 6)

1.4 การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะความลึกลำตัว ที่อายุ 1-6 เดือน พบว่าค่าเฉลี่ย (Mean ± SD) ที่อายุ 1-6 เดือนมีค่าเท่ากับ 0.85±0.23, 1.43±0.26, 1.92±0.36, 2.26±0.39, 2.29±0.45 และ 2.65±0.52 ตามลำดับ และพบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (%CV) มีความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 17-27 % (ดังแสดงในตารางที่ 7)

1.5 การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะความกว้างลำตัว ที่อายุ 1-6 เดือน พบว่าค่าเฉลี่ย (Mean ± SD) ที่อายุ 1-6 เดือนมีค่าเท่ากับ 0.32±0.12, 0.55±0.12, 0.75±0.17, 0.86±0.17, 0.87±0.21 และ 0.99±0.23 ตามลำดับ และพบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (%CV) มีความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 20-37% (ดังแสดงในตารางที่ 8)

1.6 การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะน้ำหนัก ที่อายุ 1-6 เดือน พบว่าค่าเฉลี่ย (Mean ± SD) ที่อายุ 1-6 เดือนมีค่าเท่ากับ 1.638, 5.40±2.13, 12.04±5.05, 16.97±6.55, 19.34±7.61 และ 26.80±11.41 ตามลำดับ และพบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (%CV) มีความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 38-42% (ดังแสดงในตารางที่ 9)

1.7 การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของลักษณะสัดส่วนหัวต่อลำตัว ที่อายุ 1-6 เดือน พบว่าค่าเฉลี่ย (Mean ± SD) ที่อายุ 1-6 เดือนมีค่าเท่ากับ 14.62±3.19, 14.96±2.96 ,15.02±3.32,

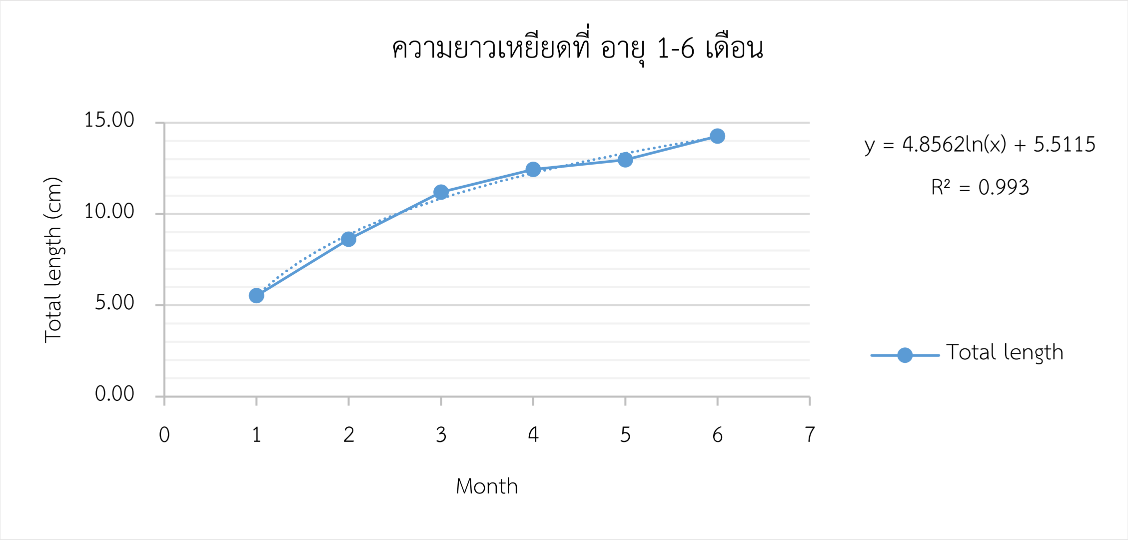
15.63±2.65, 16.41±2.88 และ 16.45±2.76 ตามลำดับ และพบว่าค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (%CV) มีความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 16-22% (ดังแสดงในตารางที่ 9)

2. แนวโน้มการเจริญเติบโตของลักษณะการเจริญเติบโตที่อายุ 1-6 เดือน

จากการศึกษาแนวโน้มการเจริญเติบโตของลักษณะการเจริญเติบโตทั้ง 7 ลักษณะ คือ 1. ความยาวเหยียด (TL) 2.ความยาวลำตัว (BL) 3. ความยาวหัว (HL) 4. ความลึกลำตัว (BD) 5.ความกว้างลำตัว (BW) 6. น้ำหนัก (W) และ 7. สัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ของปลาชะโอนที่อายุ 1-6 เดือน จากกราฟการเจริญเติบโต พบว่าในทุกลักษณะให้กราฟการเจริญเติบโตที่มีแนวโน้มไปในทิศทางเดียวกัน โดยมีค่าที่เพิ่มขึ้นตามช่วงอายุ และค่าจะเริ่มคงที่หรือเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อย (ดังที่แสดงในภาพที่ 2-8)

ตารางที่ 3 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความยาวเหยียด (Total Length; TL) ที่อายุ 1-6 เดือน

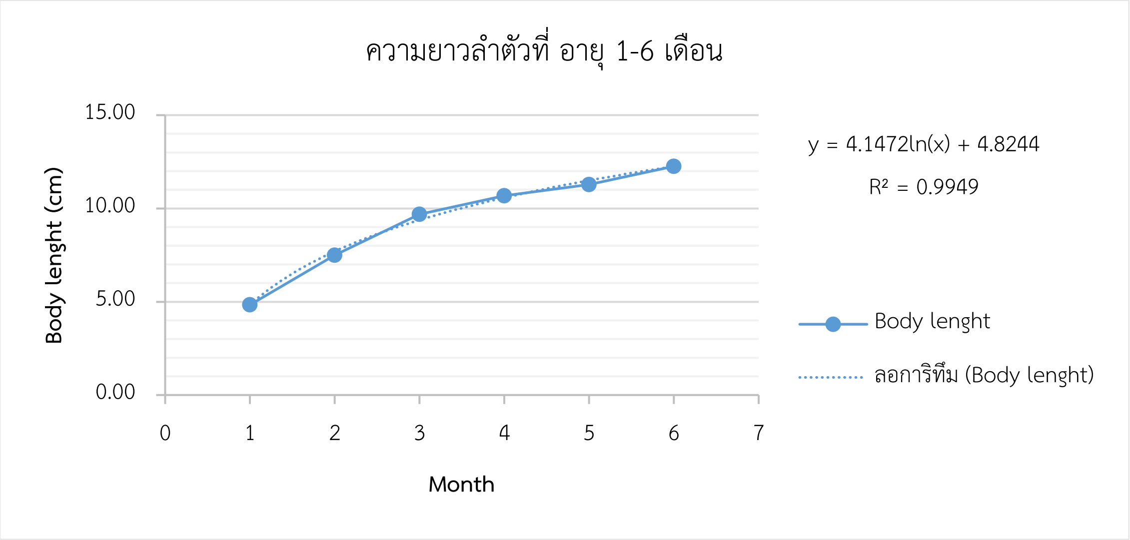
อายุ	Min	Max	Mean	SD	%CV
1 เดือน	2.70	8.80	5.53	1.09	19.80
2 เดือน	4.30	13.30	8.61	1.09	12.70
3 เดือน	5.80	15.50	11.20	1.43	12.78
4 เดือน	8.00	16.80	12.45	1.42	11.42
5 เดือน	8.50	18.00	12.97	1.51	11.67
6 เดือน	9.50	19.50	14.27	1.78	12.49



ภาพที่ 2 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความยาวเหยียด ที่ อายุ 1-6 เดือน

ตารางที่ 4 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความยาวลำตัว (Body Length; BL) ที่อายุ 1-6 เดือน

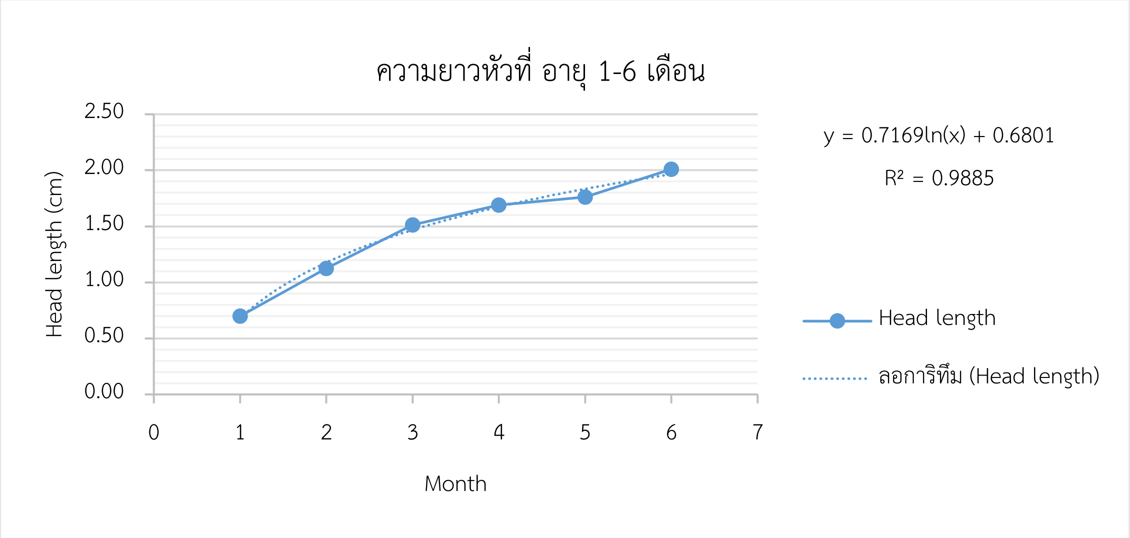
อายุ	Min	Max	Mean	SD	%CV
1 เดือน	2.40	7.80	4.83	0.98	20.24
2 เดือน	3.50	11.50	7.49	0.93	12.47
3 เดือน	4.40	13.20	9.68	1.21	12.46
4 เดือน	6.90	14.20	10.69	1.18	11.06
5 เดือน	7.30	15.30	11.28	1.28	11.33
6 เดือน	8.00	17.60	12.26	1.51	12.28



ภาพที่ 3 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความยาวลำตัวที่ อายุ 1-6 เดือน

ตารางที่ 5 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความยาวหัว (Head Length; HL) ที่อายุ 1-6 เดือน

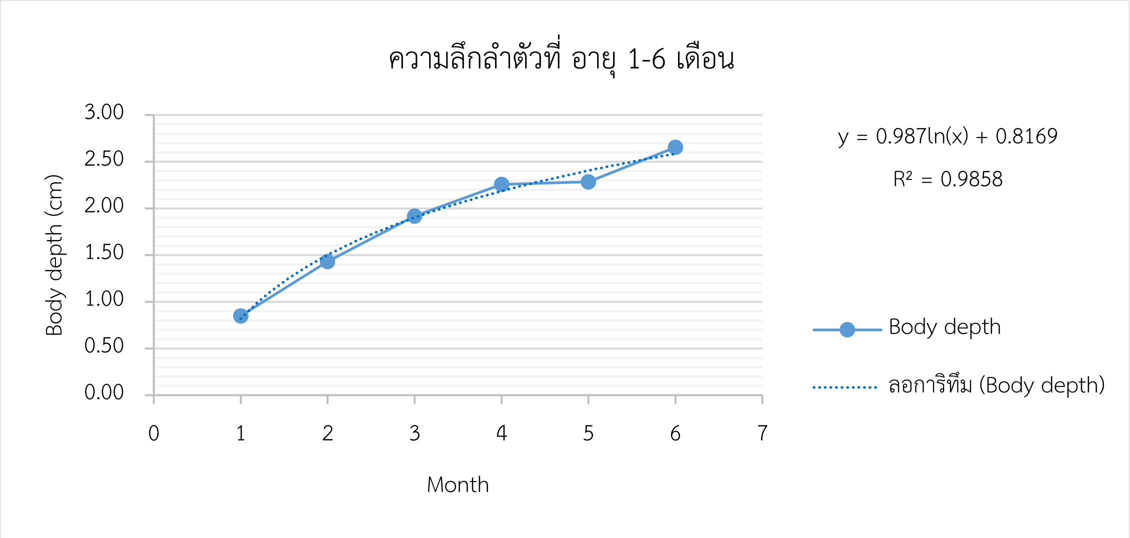
อายุ	Min	Max	Mean	SD	%CV
1 เดือน	0.20	1.45	0.70	0.19	26.49
2 เดือน	0.35	2.10	1.12	0.28	24.57
3 เดือน	0.50	2.60	1.51	0.32	21.33
4 เดือน	0.70	3.00	1.69	0.36	21.34
5 เดือน	0.80	3.10	1.76	0.39	21.89
6 เดือน	1.10	3.70	2.01	0.42	21.03



ภาพที่ 4 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความยาวหัวที่ อายุ 1-6 เดือน

ตารางที่ 6 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความลึกลำตัว (Body Depth; BD) ที่อายุ 1-6 เดือน

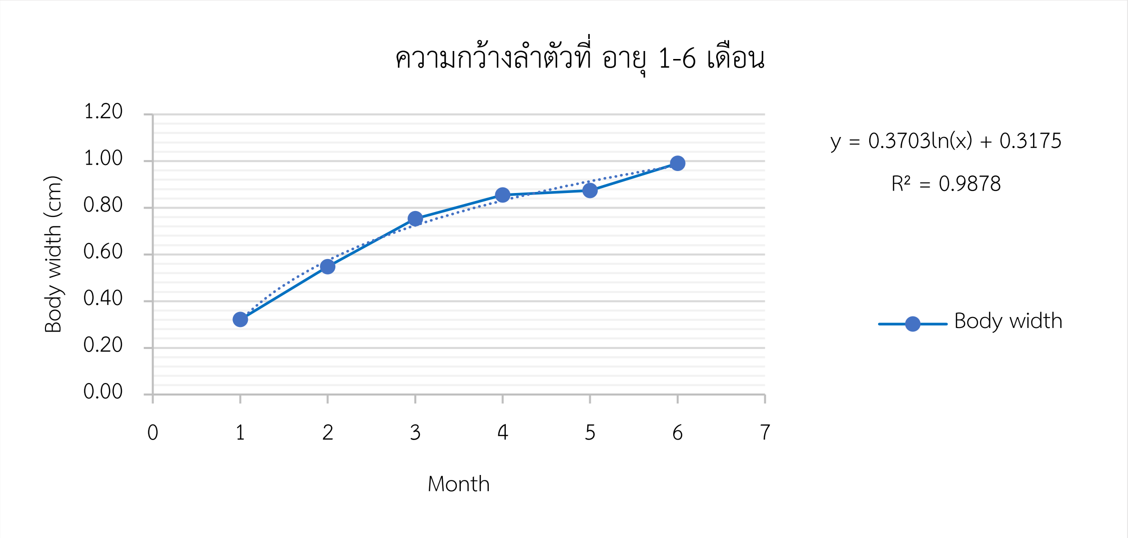
อายุ	Min	Max	Mean	SD	%CV
1 เดือน	0.30	1.90	0.85	0.23	27.01
2 เดือน	0.80	2.70	1.43	0.26	18.35
3 เดือน	0.90	3.10	1.92	0.36	18.86
4 เดือน	1.10	3.90	2.26	0.39	17.18
5 เดือน	1.10	4.10	2.29	0.45	19.50
6 เดือน	1.20	4.50	2.65	0.52	19.74



ภาพที่ 5 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความลึกลำตัวที่อายุ 1-6 เดือน

ตารางที่ 7 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะความกว้างลำตัว (Body Width; BW) ที่อายุ 1-6 เดือน

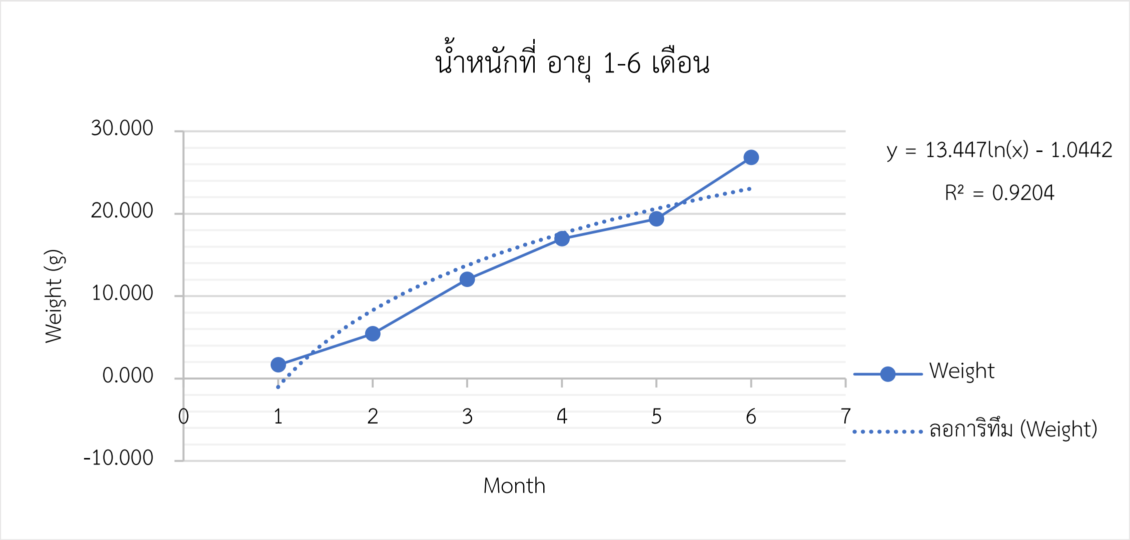
อายุ	Min	Max	Mean	SD	%CV
1 เดือน	0.05	0.70	0.32	0.12	37.28
2 เดือน	0.30	1.20	0.55	0.12	21.02
3 เดือน	0.30	1.30	0.75	0.17	23.19
4 เดือน	0.40	1.45	0.86	0.17	20.42
5 เดือน	0.40	1.80	0.87	0.21	23.93
6 เดือน	0.40	2.00	0.99	0.23	23.49



ภาพที่ 6 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะความกว้างลำตัวที่ อายุ 1-6 เดือน

ตารางที่ 8 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะน้ำหนัก (Weight; W) ที่อายุ 1-6 เดือน

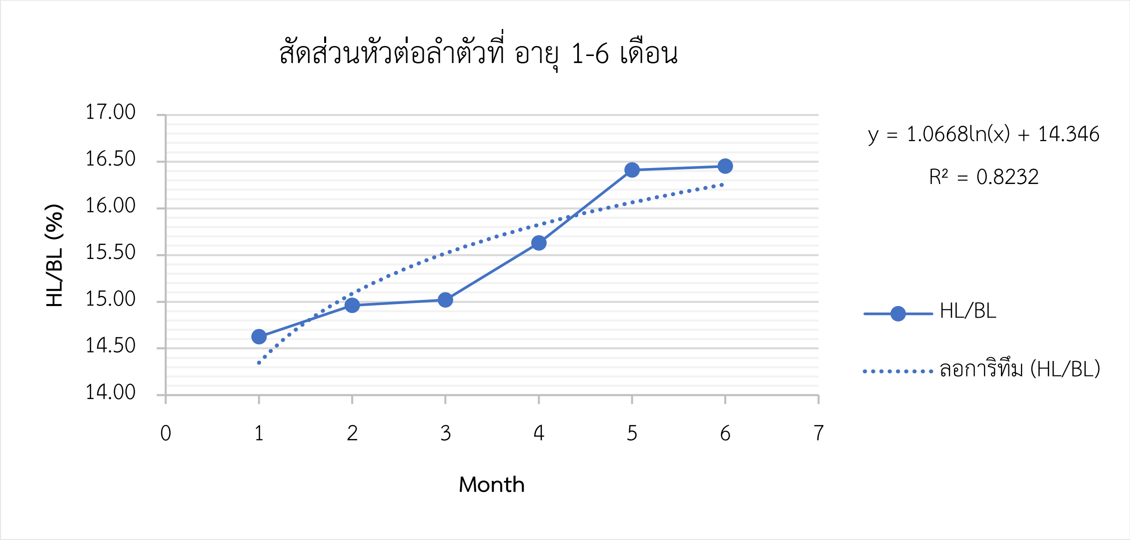
อายุ	Min	Max	Mean	SD	%CV
1 เดือน	-	-	1.638	-	-
2 เดือน	1.20	19.60	5.40	2.13	39.46
3 เดือน	1.30	35.10	12.04	5.05	41.93
4 เดือน	4.00	50.40	16.97	6.55	38.58
5 เดือน	4.90	57.10	19.34	7.61	39.34
6 เดือน	6.00	73.40	26.80	11.41	42.57



ภาพที่ 7 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะน้ำหนักที่ อายุ 1-6 เดือน

ตารางที่ 9 ค่าสถิติเชิงพรรณนาสำหรับลักษณะสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ที่อายุ 1-6 เดือน

อายุ	Min	Max	Mean	SD	%CV
1 เดือน	4.80	23.91	14.62	3.19	21.79
2 เดือน	5.80	30.77	14.96	2.96	19.82
3 เดือน	6.90	31.82	15.02	3.32	22.08
4 เดือน	7.46	35.82	15.63	2.65	16.94
5 เดือน	8.11	36.84	16.41	2.88	17.57
6 เดือน	8.77	36.99	16.45	2.76	16.80



ภาพที่ 8 กราฟการเจริญเติบโตของลักษณะสัดส่วนหัวต่อลำตัวที่ อายุ 1-6 เดือน

3. อัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอน

จากการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนทั้งหมด 7 ลักษณะ คือ 1. ความยาวเหยียด (TL) 2.ความยาวลำตัว (BL) 3. ความยาวหัว (HL) 4. ความลึกลำตัว (BD) 5.ความกว้างลำตัว (BW) 6. น้ำหนัก (W) และ 7. สัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ด้วยโมเดล single-trait และ multiple-trait (ดังแสดงในตารางที่ 11) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่วิเคราะห์ด้วยโมเดล single-trait มีค่าอัตราพันธุกรรมระหว่าง 0.46 - 0.53 ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระดับสูงทุกลักษณะ (Cardellino and Rovira, 1987) โดยลักษณะการเจริญเติบโตที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงที่สุดได้แก่ น้ำหนัก (W) มีค่าเท่ากับ 0.53±0.051 รองลงมาได้แก่ ความยาวเหยียด (TL) ความลึกลำตัว (BD) .ความกว้างลำตัว (BW) และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ซึ่งมีค่าอัตราพันธุกรรมที่เท่ากันเท่ากับ 0.50±0.021, 0.50±0.019, 0.50±0.018 และ 0.50±0.021 ตามลำดับ ความยาวหัว (HL) และความยาวลำตัว (BL) มีค่าเท่ากับ 0.49±0.019 และ 0.46±0.018 ตามลำดับ

ส่วนการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนด้วยโมเดล multiple-trait ของลักษณะการเจริญเติบโตทั้งหมด 7 ลักษณะ พบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตมีค่าระหว่าง 0.20 - 0.44 ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระดับปานกลางในทุกลักษณะ ยกเว้นลักษณะความยาวลำตัว (BL) ที่มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับสูง (Cardellino and Rovira, 1987) โดยลักษณะการเจริญเติบโตที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงที่สุดได้แก่ ความยาวลำตัว (BL) มีค่าเท่ากับ 0.44±0.015 รองลงมาได้แก่ น้ำหนัก (W), ความยาวเหยียด (TL), ความลึกลำตัว (BD), ความยาวหัว (HL), ความกว้างลำตัว (BW), และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) มีค่าเท่ากับ 0.39±0.031, 0.38±0.017, 0.33±0.016, 0.31±0.017, 0.31±0.014 และ 0.20±0.011 ตามลำดับ

ตารางที่ 10 ค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) และค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) ของลักษณะการเจริญเติบโตทั้ง 7 ลักษณะ โดยใช้ single-trait และ multiple-trait model

ลักษณะ	Single - trait		Multiple - trait	
	h^2	SE	h^2	SE
TL	0.50	0.021	0.38	0.017
BL	0.46	0.018	0.44	0.015
HL	0.49	0.019	0.31	0.017
BD	0.50	0.019	0.33	0.016
BW	0.50	0.018	0.31	0.014
W	0.53	0.051	0.39	0.031
HL/BL	0.50	0.021	0.20	0.011

หมายเหตุ : TL: ความยาวเหยียด; BL: ความยาวลำตัว; HL: ความยาวหัว; BD: ความลึกลำตัว; BW: ความกว้างลำตัว; W: น้ำหนัก; HL/BL: สัดส่วนหัวต่อลำตัว

4. ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะการเจริญเติบโต

การวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอน พบว่ามีความสัมพันธ์กันไปในทิศทางบวกและลบ มีค่าระหว่าง (-0.21 – 0.92) โดยมีค่าสหสัมพันธ์อยู่ในระดับต่ำถึงสูง (ดังที่แสดงในตารางที่ 12) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะ TL กับ BL, HL, BD, BW, W และ HL/BL มีค่าเท่ากับ 0.70, 0.70, 0.80, 0.71, 0.76 และ 0.22 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ BL กับ HL, BD, BW, W และ HL/BL เท่ากับ 0.40, 0.49, 0.42, 0.51 และ -0.22 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ HL กับ BD, BW, W และ HL/BL เท่ากับ 0.73, 0.70, 0.71 และ 0.51 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ BD กับ BW, W และ HL/BL เท่ากับ 0.71, 0.72 และ 0.30 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ BW กับ W และ HL/BL เท่ากับ 0.73 และ 0.28 ตามลำดับ และค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ W กับ HL/BL มีค่าเท่ากับ 0.22

ค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏของลักษณะ HL/BL กับ TL, BL, HL, BD, BW และ W มีค่าเท่ากับ 0.26, -0.32, 0.66, 0.36, 0.34 และ 0.34 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ W กับ TL, BL, HL, BD และ BW เท่ากับ 0.92, 0.60, 0.80, 0.88 และ 0.81 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ BW กับ TL, BL, HL และ BD เท่ากับ 0.78, 0.52, 0.76 และ 0.79 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ BD กับ TL, BL และ HL เท่ากับ 0.88, 0.59 และ 0.81 ตามลำดับ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ HL กับ TL และ BL เท่ากับ 0.78 และ 0.45 ตามลำดับ และค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะ BL กับ TL มีค่าเท่ากับ 0.74

จากการศึกษาพบว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวเหยียด (TL) กับความลึกลำตัว (BD) และความยาวเหยียด (TL) กับน้ำหนัก (W) มีค่าสหสัมพันธ์สูงที่สุด เท่ากับ 0.80 และ 0.76 ตามลำดับ ในขณะที่ลักษณะความยาวเหยียด (TL) กับสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) และน้ำหนัก (W) กับสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) มีค่าสหสัมพันธ์ที่ต่ำที่สุด เท่ากับ 0.22 และค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะความยาวลำตัว (BL) กับสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ที่มีค่าสหสัมพันธ์ที่ต่ำ (-0.22) และมีค่าไปในทิศทางลบ ซึ่งจากศึกษาค่าสหสัมพันธ์ในทุกลักษณะพบว่าสามารถคัดเลือกจากลักษณะความยาวลำตัวเนื่องจากมีความสัมพันธ์กับทุกลักษณะในทิศทางที่สูง ยกเว้นลักษณะสัดส่วนหัวและลำตัว ที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน เนื่องจากค่าสหสัมพันธ์อยู่ในระดับต่ำ (0.22) ถือเป็นผลดีเนื่องจากค่าสหสัมพันธ์ที่ต่ำ หมายถึงในขณะที่ทุกลักษณะมีค่าที่เพิ่มขึ้น แต่ลักษณะสัดส่วนหัวและลำตัว อาจไม่มีการเปลี่ยนแปลง หรือมีการเปลี่ยนแปลงที่น้อย ซึ่งจะส่งผลให้ได้ลักษณะหัวที่เล็ก และปริมาณเนื้อที่เพิ่มมากขึ้น

ตารางที่ 11 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ ของลักษณะการเจริญเติบโตทั้ง 7 ลักษณะ

	TL	BL	HL	BD	BW	W	HL/BL
TL	1	0.70	0.70	0.80	0.71	0.76	0.22
BL	0.74	1	0.40	0.49	0.42	0.51	-0.22
HL	0.78	0.45	1	0.73	0.70	0.71	0.51
BD	0.88	0.59	0.81	1	0.71	0.72	0.30
BW	0.78	0.52	0.76	0.79	1	0.73	0.28
W	0.92	0.60	0.80	0.88	0.81	1	0.22
HL/BL	0.26	-0.32	0.66	0.36	0.34	0.34	1

หมายเหตุ : TL: ความยาวเหยียด; SL: ความยาวมาตรฐาน; HL: ความยาวหัว; BD: ความลึกลำตัว; BW: ความกว้างลำตัว; W: น้ำหนัก; HL/BL: สัดส่วนหัวต่อลำตัว

บทที่ 5
วิจารณ์ผลการศึกษา

1. ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต

จากการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนทั้งหมด 7 ลักษณะ คือ 1. ความยาวเหยียด (TL) 2.ความยาวลำตัว (BL) 3. ความยาวหัว (HL) 4. ความลึกลำตัว (BD) 5.ความกว้างลำตัว (BW) 6. น้ำหนัก (W) และ 7. สัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตที่วิเคราะห์ด้วยโมเดล single-trait และ multiple-trait มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 0.20 ถึง 0.53 ซึ่งการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนด้วยโมเดล single-trait มีค่าอัตราพันธุกรรมระหว่าง 0.46 - 0.53 ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระดับสูงทุกลักษณะ (Cardellino and Rovira, 1987) โดยมีลักษณะการเจริญเติบโตที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงที่สุดได้แก่ น้ำหนัก (W) มีค่าเท่ากับ 0.53±0.051

ส่วนการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนด้วยโมเดล multiple-trait มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับปานกลางถึงสูง โดยมีค่าระหว่าง 0.20 - 0.44 (Cardellino and Rovira, 1987) ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระดับปานกลางในทุกลักษณะ ยกเว้นลักษณะความยาวลำตัว (BL) ที่มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับสูง เมื่อพิจารณาค่าอัตราการเจริญเติบโตในแต่ละลักษณะ พบว่าลักษณะการเจริญเติบโตที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงที่สุดได้แก่ ความยาวลำตัว (BL) มีค่าเท่ากับ 0.44±0.015 และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำที่สุด 0.20±0.011 ซึ่งจากการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักในปลาชนิดอื่นๆ พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักจากการวิเคราะห์ด้วยโมเดล การวิเคราะห์ทีละลักษณะ และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับปานกลางถึงสูงเช่นกัน โดยการวิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคราะห์แบบทีละลักษณะ (single-trait) พบว่ามีอัตราพันธุกรรมในระดับปานกลางถึงสูง เช่นในปลาคู้ดำ Tambaqui มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ (h^2=0.26-0.49) (Perazza et al., 2019) ในปลาสวาย Striped catfish ที่วิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคราะห์แบบ (univariate) มีค่าอัตราพันธุพันธุกรรมเท่ากับ (h^2=0.34±0.13) (Sang et al., 2012) และในปลากะพง Asian seabass มีค่าเท่ากับ (h^2=0.37±0.18) (Domingos et al., 2013) ในส่วนของการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักที่วิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักมีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับปานกลางถึงสูงเช่นกัน ในปลาคิงฟิชหางเหลือง Yellow kingfish พบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ (h^2=0.17±0.16) (Whatmore et al., 2013) ปลากะพง European seabass มีค่าเท่ากับ

(h^2=0.29-0.61) (Dupont-Nivet et al., 2010) และปลาซ่ง Bighead carp (h^2=0.21±0.11) (Chen et al., 2023)

ในการปรับปรุงพันธุ์ลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในโปรแกรมการคัดเลือกพันธุ์สัตว์น้ำ คือ ลักษณะการเจริญเติบโต (Huang and Liao., 1990) ซึ่งในงานวิจัยส่วนใหญ่ที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตสะท้อนถึงความสำคัญทางเศรษฐกิจของการเพิ่มน้ำหนักสุดท้ายให้เร็วขึ้น เนื่องจากการวัดน้ำหนักเป็นวิธีการที่ง่าย และเห็นผลชัดเจนกว่า โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สัตว์น้ำหลายโปรแกรมจึงนิยมเลือกน้ำหนักเป็นเกณฑ์ในการคัดเลือกเพียงอย่างเดียว อย่างไรก็ตามงานวิจัยที่เชื่อมโยงน้ำหนักตัวกับความยาวของลำตัวได้รับความนิยมที่มากขึ้นในวงการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ (Freitas et al., 2021) ความรู้เกี่ยวกับการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นในลักษณะอื่นที่เกี่ยวข้อง เช่น การวัดลักษณะทางสัณฐาน อันเป็นผลมาจากการคัดเลือกเพื่อให้น้ำหนักที่เพิ่มขึ้น ก็มีความสำคัญเช่นกัน (Charo-Karisa et al., 2007; Nguyen et al., 2010) ซึ่งการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ถือเป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจสำหรับปลาเลี้ยงหลายชนิดเช่นเดียวกัน เนื่องจากขนาดของหัวส่งผลโดยตรงต่อผลผลิตซาก (Chen et al., 2018) จากการศึกษาลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนอยู่ในระดับปานกลางถึงสูง แสดงให้เห็นว่าความผันแปรทางพันธุกรรมของลักษณะในประชากรปลาชะโอนที่ทำการศึกษาในครั้งนี้ อยู่ในระดับที่ให้ผลตอบสนองต่อการคัดเลือกได้เป็นอย่างดี ซึ่งโดยทั่วไป อัตราพันธุกรรมเป็นค่าที่แสดงให้เห็นถึงความยากหรือง่ายในการปรับปรุงพันธุ์โดยการคัดเลือก (ศกร, 2560)

2. ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะการเจริญเติบโต

จากการศึกษานี้พบว่า ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอนมีความสัมพันธ์ในทิศทางทางบวกและลบ โดยมีค่าระหว่าง (-0.21 – 0.92) โดยค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะความยาวลำตัว (BL) และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) มีค่าเท่ากับ -0.22 ส่วนค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต ลักษณะความยาวเหยียด (TL) กับความลึกลำตัว (BD) และความยาวเหยียด (TL) กับน้ำหนัก (W) มีความสัมพันธ์กันในทิศทางบวกและสูง มีค่าเท่ากับ 0.80 และ 0.76 ตามลำดับ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาในปลาชนิดอื่นเช่นในปลาลิ้นหมา (Li et al., 2018) ปลากะพง (Khang et al., 2018) ปลาดุก (Srimai et al., 2019) ปลาเฉา (Fu et al., 2016) และในปลาคู้ดำ (de Mello et al., 2016) ที่พบว่าค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะความยาว และน้ำหนัก มีความสัมพันธ์ในทิศทางบวกและสูง จากการศึกษาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่าสามารถคัดเลือกจากลักษณะความยาวเหยียด (TL) เนื่องจากมีความสัมพันธ์กับทุกลักษณะในทิศทางที่สูง ยกเว้นลักษณะสัดส่วนหัวและลำตัว ทีไม่มีความสัมพันธ์กัน เนื่องจากค่าสหสัมพันธ์อยู่ในระดับต่ำ ถือเป็นผลดีเนื่องจากค่าสหสัมพันธ์ที่ต่ำ หมายถึงในขณะที่ทุกลักษณะมีค่าที่

เพิ่มขึ้น แต่ลักษณะสัดส่วนหัวและลำตัว อาจไม่มีการเปลี่ยนแปลง หรือมีการเปลี่ยนแปลงที่น้อย ซึ่งจะได้ลักษณะของส่วนหัวที่เล็กลงแต่ปริมาณความยาวลำตัวเพิ่มขึ้น นั่นหมายถึงหัวที่เล็กและเนื้อที่เพิ่มมากขึ้น (Geng et al., 2016) ได้กล่าวว่า รูปร่างและขนาดของหัวปลามีความสำคัญอย่างยิ่ง ไม่เพียงแค่ศึกษาวิวัฒนาการและการพัฒนา แต่ยังมีความสำคัญต่อมูลค่าทางเศรษฐกิจของอุตสาหกรรมการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ ซึ่งรูปร่างและขนาดของหัวปลาส่งผลโดยตรงต่อผลผลิตเนื้อปลาที่เลี้ยงเพื่อการค้าอีกทั้ง (Rutten et al., 2005) ยังได้กล่าวอีกว่า ปลาที่เลี้ยงในเชิงพาณิชย์นั้น หัวที่เล็กจะให้ผลผลิตเนื้อปลาที่สูง ดังนั้นการคัดเลือกปลาที่มีหัวเล็ก จึงมีความสำคัญอย่างยิ่งในด้านการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ

3. การเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประมาณโดย single-trait และ multiple-trait โมเดล

จากการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนทั้ง 7 ลักษณะด้วยโมเดล single-trait และ multiple- trait พบว่าผลจากการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตด้วยโมเดล single-trait มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงกว่าการวิเคราะห์ด้วยโมเดล multiple- trait ในทุกลักษณะ แต่เมื่อศึกษาค่าความคลาดเคลื่อน พบว่าการวิเคราะห์ด้วยโมเดล multiple-trait มีค่าความคลาดเคลื่อนที่น้อยกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait) ในทุกลักษณะซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Sukhavachana et al. (2021) ซึ่งพบว่าการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมที่วิเคราะห์โดยวิธี multiple-trait model ให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่า single-trait model เนื่องจากให้ค่าความคลาดเคลื่อน และความอคติที่น้อยกว่า ในการประมาณค่าผลผลิตและลักษณะเนื้อของปลากะพง ทั้งนี้การวิเคราะห์ทีละลักษณะ single-trait model เป็นโมเดลที่มุ่งเน้นการวิเคราะห์ค่าสังเกตเพียงลักษณะเดียว ซึ่งโมเดลนี้ประกอบไปด้วย ผลกระทบคงที่ (fixed effect) และอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive genetic effects) โดยไม่มีผลกระทบแบบสุ่ม (random effect) อื่นไม่ว่าจะเป็นอิทธิพลเนื่องจากแม่ (maternal effect) หรืออิทธิพลแบบข่มกันของยีน (dominant effect) (Van der Werf, 2002) การวิเคราะห์แบบทีลักษณะ (single-trait model) จึงมีข้อจำกัดคือไม่สามารถคำนวณความแปรปรวนร่วม (covariance) ระหว่างลักษณะต่างและอาจจะส่งผลต่อความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ ซึ่งในไปสู่อคติในการคัดเลือก ในขณะที่การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) จะมีการรวมผลกระทบทางพันธุกรรมหลายประการภายในลักษณะเดียวกัน หรือหลายลักษณะภายในกลุ่มเดียวกัน ซึ่งให้ผลลัพธ์ที่ชัดเจนกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ เนื่องจากวิธีการนี้จะพิจารณาข้อมูลที่มาจากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมร่วมด้วย ในขณะทำนายค่าการผสมพันธุ์และค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะใดๆ (Jia and Jannik, 2012) นอกจากนี้การใช้การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ ยังช่วยให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้มีความน่าเชื่อถือและปราศจากอคติ (Soller and Beckmann, 1983) อีกทั้งการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ

ยังสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการประมาณค่าให้กับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ หรือขนาดประชากรที่มีขนาดเล็กได้อีกด้วย (Guo et al., 2014) ดังนั้นการวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกัน มักดีกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ โดยเฉพาะกับลักษณะที่มีความสัมพันธ์กันโดยจะให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ และช่วยเพิ่มความแม่นยำ หรือเมื่อบางลักษณะมีค่าสังเกตสูญหาย และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏไม่เท่ากันในสภาพเช่นนี้ การใช้การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะพร้อมกัน ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะถูกใช้ให้เป็นประโยชน์ ทำให้ทราบความสามารถทางพันธุกรรมของอีกลักษณะที่ไม่มีข้อมูลได้ ซึ่งการวิเคราะห์ทีละลักษณะไม่สามารถทำได้ (Schaeffer, 2019) ดังนั้นการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait model) จึงดีกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait model) เพราะให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ และช่วยเพิ่มความแม่นยำ และปราศจากอคติ multiple-trait model จึงเป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมที่จะใช้ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอน เนื่องจากค่าที่ประมาณได้มีความถูกต้องมากกว่าค่าที่ประมาณได้จาก single-trait model

บทที่ 6
สรุปผลการศึกษาและข้อเสนอแนะ

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของปลาชะโอนทั้งหมด 7 ลักษณะ คือ 1. ความยาวเหยียด (TL) 2.ความยาวลำตัว (BL) 3. ความยาวหัว (HL) 4. ความลึกลำตัว (BD) 5.ความกว้างลำตัว (BW) 6. น้ำหนัก (W) และ 7. สัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) ด้วยโมเดล single-trait model มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระดับสูงทุกลักษณะ โดยลักษณะการเจริญเติบโตที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงที่สุดได้แก่ น้ำหนัก (W) ส่วนการวิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ multiple-trait มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ระดับปานกลางในทุกลักษณะ ยกเว้นลักษณะความยาวลำตัว (BL) ที่มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับสูง ทั้งนี้การวิเคราะห์หาค่าอัตราพันธุกรรมด้วยวิธีการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait) และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple-trait) เมื่อจำแนกอัตราพันธุกรรมรายลักษณะ พบว่าการวิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ multiple-trait ให้ผลรับที่ดีกว่าการวิเคราะห์ด้วยโมเดลการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single-trait) เนื่องจากให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ ซึ่งจะช่วยเพิ่มความแม่นยำ และปราศจากอคติ ดังนั้น multiple-trait model จึงเป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมที่จะใช้ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอน เนื่องจากค่าที่ประมาณได้มีความถูกต้องมากกว่าค่าที่ประมาณได้จาก single-trait model

ส่วนค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอน พบว่าค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะการเจริญเติบโตมีความสัมพันธ์กันในทิศทางบวกและลบ ในระดับต่ำถึงสูง โดยมีค่าสหสัมพันธ์ระหว่าง -0.22 - 0.80 ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะความยาวลำตัว (BL) และสัดส่วนหัวต่อลำตัว (HL/BL) มีค่าเท่ากับ -0.22 ส่วนลักษณะความยาวเหยียด (TL) กับความลึกลำตัว (BD) และความยาวเหยียด (TL) กับน้ำหนัก (W) มีความสัมพันธ์กันในทิศทางบวกและสูง มีค่าเท่ากับ 0.80 - 0.76 ตามลำดับ จากการศึกษาค่าสหสัมพันธ์สามารถคัดเลือกจากลักษณะความยาวเหยียดเนื่องจากมีความสัมพันธ์กับทุกลักษณะในทิศทางที่สูง ยกเว้นลักษณะสัดส่วนหัวและลำตัว ทีไม่มีความสัมพันธ์กัน เนื่องจากค่าสหสัมพันธ์อยู่ในระดับต่ำ ถือเป็นผลดีเนื่องจากค่าสหสัมพันธ์ที่ต่ำ หมายถึงในขณะที่ทุกลักษณะมีค่าที่เพิ่มขึ้น แต่ลักษณะสัดส่วนหัวและลำตัว อาจไม่มีการเปลี่ยนแปลง หรือมีการเปลี่ยนแปลงที่น้อย ซึ่งจะส่งผลให้ได้ลักษณะหัวที่เล็ก และปริมาณเนื้อที่เพิ่มมากขึ้น ซึ่งจากผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่ามีความเป็นไปได้ในการปรับปรุงลักษณะการเจริญเติบโตในปลาชะโอนด้วยวิธีการคัดเลือกทางพันธุกรรมโดยสามารถพิจารณาปรับปรุงจากลักษณะความยาวเหยียด ส่งผลช่วยให้ลักษณะการเจริญเติบโตอื่นๆในปลาชะโอนดีขึ้นได้ ดังนั้นข้อมูลที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้จะเป็นข้อมูลซึ่งเป็นประโยชน์ในการนำไปใช้ในกระบวนการคัดเลือกตลอดจนการวางแผนผสมพันธุ์ต่อไป

บรรณานุกรม

กรมประมง. 2559. **ปลาประจำหน่วยงาน**. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา https://www4.fisheries.go.th/local/index.php/main/view_activities/102/658 (25 ตุลาคม 2566).

กานตกานท์ เทพณรงค์. 2561. ประสิทธิภาพการใช้ระบบน้ำหมุนเวียนร่วมกับผักตบชวาในการเลี้ยงปลาดุกบิ๊กอุย. **วารสารวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี**, 26(7), 1150-1161.

เกียรติ ลี้ประเสริฐ. 2530. **พันธุกรรมของลักษณะปริมาณบางลักษณะของปลาสวาย**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

จอมสุดา ดวงวงษา, สง่า ลีสง่า, สุชาติ จุลอดุง, มลฤดี โพธิ์ประดิษฐ์ และปรัชญาพร เอกบุตร. 2563. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในปลาสลิด ดอนน่าชั่ว รุ่นที่ 1. **วารสารแก่นเกษตร**, 49(1), 211-213.

ชไมพร แก้วศรีทอง, อำไพพรรณ ไกรสุรสีห์, สุชาติ ไกรสุรสีห์ และณิชารินทร์ แก้วฤทธิ์. (2560). การเปรียบเทียบอัตราการเจริญเติบโตของปลาชะโอน 3 กลุ่มประชากร. น. 52-60. ใน **รายงานประจำปี 2560 ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำเขต7 (ชลบุรี)**: กองวิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืด. กรมประมง.

ชลธิศักดิ์ ชาวปากน้ำ. 2540. **การเจริญเติบโตและอัตรารอดตายของลูกปลาชะโอนวัยอ่อนที่เลี้ยงด้วยอาหารที่มีระดับโปรตีนต่างกัน**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาตร์.

ด่านตรวจสัตว์น้ำจังหวัดสุรินทร์. 2562. **ภาพรวมสถานการณ์การนำเข้าสินค้าสัตว์น้ำผ่านทางด่านตรวจสัตว์น้ำจังหวัดสุรินทร์**. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา https://www4.fisheries.go.th/local/file_document/20191122132006_new.pdf (10 มีนาคม 2565).

ตรีชฎา แสงชัยศรี, สุวีณา บานเย็น, จริยา ปลัดอิ่ม, ประดิษฐ์ เพ็ชรจรูญ, ประหยัด ไชยลึก และนเรศ ซ่วนยุก. (2556). สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏของลักษณะการเจริญเติบโตและปริมาณเนื้อของปลากดเหลือง *Hemibagrus filamentus* (Fang and Chaux, 1949). น. 904-912. ใน **การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 54**. กรุงเทพฯ: สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย.

ตลาดไท. 2567. **ราคาปลาเนื้ออ่อน**. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา https://talaadthai.com/search/ปลาเนื้ออ่อน (05 กุมภาพันธ์ 2567).

นฤชล ภัทราปัญญาวงศ์. 2563. **พารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะการเจริญเติบโตในปลากะพงขาว**.

วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

นวรัตน์ จิตร์ภิรมย์ศรี. 2533. **การศึกษาเบื้องต้นทางพันธุศาสตร์ของปลาตะเพียนขาว. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท**. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

เบญจวรรณ เยาวรัตน์, ณพัชร สงวนงาม และสุจิตรา สรสิทธิ์. (2560). อายุที่เหมาะสมของแม่พันธุ์ในการเพาะพันธุ์ปลาชะโอน. น. 79-92. ใน **รายงานประจำปี 2560 ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืดเขต7(ชลบุรี)**: กองวิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืด. กรมประมง.

ประชุม ดวนใหญ่, สมศักดิ์ รุ่งทองใบสุรีย์, พนม กระจ่างพจน์ สอดสุข และวรพจน์ ทิพยกุลานนท์. 2561. การคัดพันธุ์ปลาช่อนเพื่อเพิ่มการเจริญเติบโต. **วารสารประมงอิเล็กทรอนิกส์**, 1(4). แหล่งที่มา https://www4.fisheries.go.th/local/pic_activities/202006171356421_pic.pdf

ประดิษฐ์ เพ็ชรจรูญ, จินตนา มหาสวัสดิ์ และประหยัด ไชยลึก. (2561). การเพาะและอนุบาลปลาชะโอน. น. 157-167. ใน **รายงานประจำปี 2561 ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืดเขต7(ชลบุรี)**: กองวิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืด. กรมประมง.

มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548a. **การประเมินพันธุกรรมสัตว์**. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

________. 2548b. **การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ขั้นสูง**. ขอนแก่น: ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

มารุต ทรัพย์สุขสำราญ. 2530. **ข้อมูลเบื้องต้นทางพันธุศาสตร์ของปลายี่สกเทศ**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

ลัดดา โล่สวัสดิ์กุล. 2510. **การศึกษาปลาในครอบครัวปลาเนื้ออ่อนที่พบในไทย**. วิทยานิพนธ์ปริญญาตรี. คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

วรพงษ์ นลินานนท์ และสายชล เลิศสุวรรณ. 2562. ผลของระดับความหนาแน่นต่อประสิทธิภาพการเจริญเติบโตและคุณภาพน้ำในการเลี้ยงปลาหมอด้วยชุดถังเลี้ยงปลาระบบน้ำหมุนเวียน. **แก่นเกษตร**, 47(1), 1155-1162.

วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2546. **การประมาณกราฟการให้นมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์โดยใช้ตัวแบบวันทดสอบรีเกรซชั่นสุ่มและพหุตัวแปร**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

วุฒิชัย เคนไชยวงศ์. 2551. **ผลตอบแทนการคัดเลือกของลักษณะการเจริญเติบโตเมื่อใช้ดัชนีการคัดเลือกโดยการจำลองข้อมูลในไก่พื้นเมืองชี**. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยขอนแก่น.

วุฒิชัย เคนไชยวงศ์, มนต์ชัย ดวงจินดา, บัญญัติ เหล่าไพบูลย์ และเทวินทร์ วงษ์พระลับ. 2550.

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในไก่พื้นเมืองไทยพันธุ์ชี. **วารสารเกษตร**, 23(3), 256-261.

ศกร คุณวุฒิฤทธิรณ. 2560. **การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ Animal Breeding**. กรุงเทพฯ: ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

ศศิวิมล เปาลิวัฒน์ และแสงเดือน นาคสุวรรณ. (2560). การเพิ่มประสิทธิภาพการเพาะเลี้ยงปลาชะโอนเชิงพาณิชย์. น. 39-51. ใน **รายงานประจำปี 2560 ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืดเขต7(ชลบุรี)**: กองวิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืด. กรมประมง.

ศุภกิตติ์ กลั่นจังหรีด, ปุญชรัศมิ์ มีแก้ว และนิสรา กิจเจริญ. (2563). การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลอินทรีย์ภายใต้การเลี้ยงในระบบไบโอฟลอค. น. 11-16. ใน **งานประชุมวิชาการระดับชาติ ครั้งที่** 12: มหาวิทยาลัยราชภัฏนครปฐม.

สมโภชน์ อัคะทวีวัฒน์. 2523. **ครอบครัวปลาน้ำจืดที่มีคุณค่าของไทย**. เอกสารวิชาการ ฉบับที่ 5/2533. กรุงเทพฯ: สถาบันประมงน้ำจืดแห่งชาติ. กรมประมง.

สุภาวดี โกยดุลย์. 2557. การกำจัดไนโตรเจนในระบบการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำแบบไม่ทิ้งของเสียออกจากฟาร์ม. **วารสาริชาการมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ**, 2(1), 66-80.

สุรศักดิ์ วงศ์กิตติเวช. 2543. **สารานุกรมปลาไทย**. กรุงเทพฯ: บริษัท เอมซัพพลาย จำกัด.

แสงเดือน นาคสุวรรณ, นวพร พัฒนยินดี และมัลลิกา วรรณประภา. (2560). ความหนาแน่นที่เหมาะสมในการเลี้ยงปลาชะโอนในบ่อดิน. น. 165-180. ใน **รายงานประจำปี 2560 ศูนย์วิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืดเขต7(ชลบุรี)**: กองวิจัยและพัฒนาการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำจืด. กรมประมง.

อุทัยรัตน์ ณ นคร. 2543. **พันธุศาสตร์สัตว์น้ำ**. พิมพ์ครั้งที่ 2. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

Bestin, A., Brunel, O., Malledant, A., Debeuf, B., Benoit, P., Mahla, R., Chapuis, H., Guémené, D., Vandeputte, M. and Haffray, P. 2021. Genetic parameters of caviar yield, color, size and firmness using parentage assignment in an octoploid fish species, the Siberian sturgeon *Acipenser baerii*. **Aquaculture**, 540, 736725.

Calder, P.C. 2004. Long-chain n-3 fatty acids and cardiovascular disease: further evidence and insight. **Nutrition Research**, 24(10), 761-772.

Cardellino, R. and Rovira, J. 1987. **Mejoramiento genetico animal**. Montevideo (Uruguay): Hemisferio Sur.

Charo-Karisa, H., Bovenhuis, H., Rezk, M.A., Ponzoni, R.W., van Arendonk, J.A. and

Komen, H. 2007. Phenotypic and genetic parameters for body measurements, reproductive traits and gut length of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) selected for growth in low-input earthen ponds. **Aquaculture***,* 273(1)*,* 15-23.

Chen, G., Liu, H., Yu, X., Luo, W. and Tong, J. 2023. Estimation of heritabilities and quantitative trait loci for growth traits of bighead carp (*Hypophthalmichthys nobilis*). **Aquaculture***,* 566, 739213.

Chen, L., Peng, W., Kong, S., Pu, F., Chen, B., Zhou, Z., Feng, J., Li, X. and Xu, P. 2018. Genetic Mapping of Head Size Related Traits in Common Carp (*Cyprinus carpio*). **Frontiers in genetic***,* 9, 448.

de Mello, F., Oliveira, C., Streit Jr, D., Resende, E., Oliveira, S., Darci Carlos, F., Barreto, R., Povh, J. and Ribeiro, R. 2016. Estimation of genetic parameters for body weight and morphometric traits to Tambaqui *Colossoma macropomum*. **Journal of Fisheries Science***,* 10(2)*,* 96-100.

Dempster, A.P., Laird, N.M. and Rubin, D.B. 1977. Maximum likelihhod from complete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistical Society***,* 39(1)*,* 1-38.

Domingos, J.A., Smith-Keune, C., Robinson, N., Loughnan, S., Harrison, P. and Jerry, D.R. 2013. Heritability of harvest growth traits and genotype–environment interactions in barramundi, *Lates calcarifer* (Bloch). **Aquaculture***,* 402-403, 66-75.

Duangjinda, M., Misztal, I., Bertrand, J.K and Tsurata, S. 2001. The empirical bias of estimates by restricted maximum likelihood, Bayesian method, and method R under selection for additive, maternal, and dominance models. **Journal of animal science***,* 79(12)*,* 2991-2996.

Duangjinda, M., Misztal, I. and Tsurata, S. 2005. **BLUPF90-Chicken PAK 2.5** [computer programs]. [Online]. Available http://agserver.kku.ac.th/monchai?fbclid=IwAR3e_e1pimOZa8xX9aR1QD5US9AUa1A5A8r8-T2N-nEZRHo5W6HpeDSiHM (25 october 2023).

Dupont-Nivet, M., Karahan-Nomm, B., Vergnet, A., Merdy, O., Haffray, P., Chavanne, H., Chatain, B. and Vandeputte, M. 2010. Genotype by environment interactions for growth in European seabass (*Dicentrarchus labrax*) are large when growth rate rather than weight is considered. **Aquaculture***,* 306(1)*,* 365-368.

Falconer, D.S. 1960. **Introduction to quantitative genetics**. Edinburgh: Oliver and Boyd Ltd.

Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Addison Wesley Longman.

Fishback, A.G., Danzmann, R.G., Ferguson, M.M. and Gibson, J.P. 2002. Estimates of genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) as inferred using molecular pedigrees. **Aquaculture**, 206(3), 137-150.

Freitas, M.V., Lira, L.V.G., Ariede, R.B., Agudelo, J.F.G., de Oliveira Neto, R.R., Borges, C.H.S., Mastrochirico-Filho, V.A., Garcia Neto, B.F., Carvalheiro, R. and Hashimoto, D.T. 2021. Genotype by environment interaction and genetic parameters for growth traits in the Neotropical fish pacu (*Piaractus mesopotamicus*). **Aquaculture**, 530, 735933.

Fu, J., Shen, Y., Xu, X. and Li, J. 2016. Genetic parameters estimates for growth of grss carp, *Ctenopharyngodonidella,* at 10 and 18 months of age. **Aquaculture**, 450, 342-348.

Gall, G.A.E., Baltodano, J. and Huang, N. 1998. Heritability of age at spawning for rainbow trout. **Aquaculture**, 68(2), 93-102.

Gall, G.A.E., Becker, Y. and Famula, T. 1993. Estimating genetic change from selection. **Aquaculture**, 111(1), 75-88.

García-Ballesteros, S., Fernández, J., Kause, A. and Villanueva, B. 2022. Predicted genetic gain for carcass yield in rainbow trout from indirect and genomic selection. **Aquaculture**, 554, 738119.

Geng, X., Liu, S., Yao, J., Bao, L., Zhang, J., Li, C., Wang, R., Sha, J., Zeng, P., Zhi, D. and Liu, Z. 2016. A genome wide association study identifiles multiple regions associated with head size in catfish. **G3 Genes Genomes Genetics**, 6(10), 3389-3398.

Gjerde, B. and Gjedrem, T. 1984. Estimates of phenotypic and genetic parameters for carcass trait in Atlantic salmon and rainbow trout. **Aquaculture**, 36, 97-110.

Graser, H.U., Smith, S.P. and Tier, B. 1987. A derivative-free approch for estimating variance components in animal model by restricted maximum likelihood.

Journal Animal Science, 64, 1362-1370.

Guo, G., Zhao, F., Wang, Y., Zhang, Y., Du, L. and Su, G. 2014. Comparison of single-trait and multiple-trait genomic prediction models. **BMC Genetics**, 15(1), 30.

Gupta, S. 2015. An overview on feeding habit, reproductive biology and induced breeding of *Ompok bimaculatus* (Bloch, 1794). **European Journal of Biological Sciences**, 7(4), 147-153.

Hazel, L.N., Dickerson, G.E. and Freeman, A.E. 1994. The selection index-Then, Now, and for the future. **Journal of Dairy Science**, 77(10), 3236-3251.

Henderson, C.R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. **Journal of Animal Science**, 1973(Symposium), 10-41.

_______. 1984. **Applications of linear model in animal breeding**. Guelph: University of Guelp.

Huang, C.M. and Liao, I.C. 1990. Response to mass selection for growth rate in *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, 85(1-4), 199-205.

Jarimopas, P., Kumnan, A. and Wongchan, J. (1989). Mass selection of *Clarias macrocephalus* Gunther for growth (3 generations) **Final report, fish genetic project (phase II)**. Submitted to the International development research center: National aquaculture genetics Institute, Deparment of fisheries, Bangkok.

Jia, J. and Jannik, J-L. 2012. Multiple-trait genomic selection methods increase genetic value prediction accuracy. **Genetics**, 192(4), 1513-1522.

Khang, P.V., Phuong, T.H., Dat, N.K., Knibb, W. and Nguyen, N.H. 2018. An 8-year breeding program for Asian Seabass *Lates calcarifer*: Genetic evaluation, experiences, and challenges. **Frontiers in genetic**, 9, 191.

Kinghorn, B. 1983. Genetic variation in food conversion efficiency and growth in rainbow trout. **aquaculture**, 32, 141-155.

Kolstad, K. (2005). Methods for Estimating Phenotypic and Genetic Parameters. p. 121-143. In T. Gjedrem (Ed.), **Selection and Breeding Programs in Aquaculture**. Dordrecht: Springer Netherlands.

Li, Y., Zhang, B., Lu, S., Tian, Y., Yang, Y. and Chen, S. 2018. Genetic paramerters estimates for growth performance traits at harvest in Japanese flounder

(*Paralichthys olivaceus*). **Aquaculture**, 489, 56-61.

Melecha, S.R., Masuno, S. and Onizuka, D. 1984. The feasibility of measuring the heritability of growth pattern variation in juvenile freshwater prawns, *Macrobrachium rosenbergii* (de Man). **Aquaculture**, 38, 347-363.

Meyer, K. 1983. Maximum likelihood procedures for estimating genetic parameters for later lactation of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 66(9), 1988-1997.

_______. 1989. **Estimation of genetic parameters evolution and animal breeding**. Wallingford, UK: CAB Internation.

Meyer, K., Graser, H.U. and Hammond, K. 1989. Estimates of genetic parameters for first lactation test day production of Australian black and white cows. **Livestock Production Science**, 21(3), 177-199.

Misztal, I. 1999. **Computational techniques in Animal Breeding**. Department of Animal Science, University of Georgia.

Misztal, I., Strabel, T., Jamrozik, J., Mäntysaari, E. A. and Meuwissen, T. H. . 2000. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. **Journal Dairy Science**, 83(5), 1125-1134.

Mohiudin, G. 1993. Estimates of genetic and phenotypic parameters of some performance traits in beef cattle. **Animal Breeding Abstract**, 61(8).

Mrode, R. A. 1996. **Linear Models for the Prediction of Aniaml Breeding Values**. Wallingford U.K.: CAB international.

Muir, W.M. and Aggrey, S.E. 2003. **Poultry genetics breeding and biotechnology**. USA: Oxford University.

Na-Nakorn, U., Chantsawang, S. and Tarnchalanukit, U. 1994. Response to mass selection for disease resistance in walking catfish, *Clarias macrocephalus*. **journal of Applied Aquaculture**, 4, 65-74.

Navarro, A., Zamorano, M.J., Hildebrandt, S., Gines, R., Aguilera, C. and Afonso, J.M. 2009. Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth and carcase traits in gilthead seabream (*Sparus auratus L.*), under industrial condition. **Aquaculture**, 289(3), 225-230.

Ng, H.H., Tenzin, K. and Pal, M. 2010. ***Ompok bimaculatus***. (Publication no. . https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2010-4.RLTS.T166616A174788267.en).

https://www.iucnredlist.org/species/166616/174788267

Nguyen, N.H., Ponzoni, R.W., Abu-Bakar, K.R., Hamzah, A., Khaw, H.L. and Yee, H.Y. 2010. Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, 305(1-4), 1-5.

Patterson, H.D. and Thompson, R. 1971. Recover of inter-block information when block sizes are uniqual. **Biometrika**, 58(3), 545-554.

Paul, B.N., Chanda, S., Sridhar, N., Saha, G.S. and Giri, S.S. 2015. Proximate and mineral composition of Magur (*Clarias batrachus*) and Singhi (*Heterop neustes fossilis*). **Indian Journal of Animal Nutrition**, 32(4), 453-456.

Perazza, C.A. , Ferraz, J.B.S., Almeida-Val, V.M.F. and Hilsdorf, A.W.S. 2019. Genetic parameters for loin eye area and other body traits of an important Neotropical aquaculture species, *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1818). **Aquaculture Research**, 50(10), 2907-2916.

Rainboth, W. J. 1996. **Fish of the Cambodian Mekong**. FAO species identification field guide for fishery purpose. Rome: FAO.

Rem, P., Chiayvareesajja, S. and Suanyuk, N. 2020. Effects of temperature on growth performance and water quality in culture system of butter catfish (*Ompok bimaculatus*). **Songklanakarin Journal of Science and Technology**, 42(6), 1253-1258.

Rutten, M.J.M., Bovenhuis, H. and Komen, H. 2005. Genetic parameters for fillet traits and body measurement in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, 246(1-4), 125-132.

Sang, N.V., Klemetsdal, G., Ødegård, J. and Gjøen, H.M. 2012. Genetic parameters of economically important traits recorded at a given age in striped catfish (*Pangasianodon hypophthalmus*). **Aquaculture**, 344, 82-89.

SAS Institute. 2014. **SAS® OnDemand for Academics: User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc. USA.

Schaeffer, L.R. 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait models. **Journal of Dairy Science**, 67(7), 1567-1580.

_______. 2019. **Animal models**. Volumes Direct.

Sharma, D., Johari, D.C., Kataria, M.C., Hazary, R.C., Choudhari, D. and Mohapatra, S.C. 1998. Factors affecting direct and correlated responses in a white leghorn population under longterm selection for egg number. **British Poultry Science***,* 39(1)*,* 31-38.

Soller, M. and Beckmann, J.S. 1983. Genetic polymorphism in varietal identification and genetic improvement. **Theoretical and applied genetics***,* 67(1)*,* 25-33.

Sorensen, D.A. 1988. Effect of selection index versus mixed model methods of prediction of breeding value response to selection in a simulated pig population. **Livestock Production Science***,* 20(2)*,* 135-148.

Sridhar, S., Vijayakumar, C. and Haniffa, M.A. 1998. Induced spawning and establishment of a captive population for an endangered fish, *Ompok bimaculatus* in India. **Curr Sci***,* 75(10)*,* 1066-1068.

Srimai, W., Koonawootrittriron, S., Manee-aphai, W., Chatchaiphan, S., Koolboon, U. and Na-Nakorn, U. 2019. Genetic parameters and genotype-environment interaction for growth traits of North African catfish, *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822). **Aquaculture***,* 501, 104-110.

Sukhavachana, S., Senanan, W., Pattarapanyawong, N., Srithon, C., Joerakate, W., Tunkijjanukij, S. and Poompuang, S. 2021. Multiple-trait genomic prediction of harvest and fillet traits in Asian Seabass (*Lates calcarifer*, Bloch 1790). **Aquaculture***,* 544, 737069.

Tave, D. 1986. **Genetics for fish hatchery managers**. New York: AVI publishing company.

Van der Werf, J. 2002. **Mixed models for genetic analysis**. Armidale, Australia: University of New England.

Wang, J., Chen, L., Li, B., Xu, J., Feng, J., Dong, C., Zhou, T. and Xu, P. 2021. Performance of genome prediction for morphological and growth-related traits in Yellow River carp. **Aquaculture***,* 536, 736463.

Whatmore, P., Nguyen, N.H., Miller, A., Lamont, R., Powell, D., D' Antignana, T., Bubner, E., Elizur, A. and Knibb, W. 2013. Genetic parameters for economically important traits in yellowtail kingfish Seriola lalandi. **Aquaculture***,* 400-401, 77-84.

Wongchan, J.T.Y and McAndrew, B.J. 1990. Selection for larval freshwater tolerance in *Macrobrachium nipponense* (de man). **Aquaculture**, 88, 151-156.

Zahid, A.M., Fatema, K., Hassan, R.M. and Hasan, M. 2021. Growth performances and nutrient compositions of PABDA *Ompok bimaculatus* (Bloch, 1797) grown in recirculating and closed aquaculture system. **Journal of the Asiatic Society of Bangladesh Science**, 47(1), 1-12.

มหาวิทยาลัยแม่โจ้
MAEJO UNIVERSITY

ภาคผนวก

ภาพผนวก ก

ภาพการทำวิจัย

มหาวิทยาลัยแม่โจ้
MAEJO UNIVERSITY

ภาพผนวกที่ 1 การเตรียมบ่อเลี้ยงปลาชะโอน ใช้บ่อพลาสติกขนาด 1,000 ลิตร บรรจุน้ำ 800 ลิตร พร้อมออกซิเจน

ภาพผนวกที่ 2 ระบบให้อากาศในบ่อทดลองเลี้ยงปลาชะโอน

ภาพผนวกที่ 3 ชุดอุปกรณ์ตรวจวัดคุณภาพน้ำในบ่อเลี้ยง

ภาพผนวกที่ 4 การให้อาหารลูกปลาชะโอน

ภาพผนวกที่ 5 การพักปลาก่อนการชั่งวัด

ภาพผนวกที่ 6 การชั่งวัดปลาแต่ละครั้ง

ภาพผนวกที่ 7 การวัดลักษณะการเจริญเติบโตต่างๆของปลา

ภาพผนวกที่ 8 การชั่งน้ำหนักปลาชะโอน

มหาวิทยาลัยแม่โจ้
MAEJO UNIVERSITY

ภาคผนวก ข

ผลงานวิจัยที่ตีพิมพ์เผยแพร่

ผลงานวิจัยที่ตีพิมพ์เผยแพร่

พลอย แสนเหลี่ยว, สง่า ลีสง่า, ชนกันต์ จิตมนัส, ธนบดี ปิ่นศิริ และ จอมสุดา ดวงวงษา. 2566. ลักษณะสัณฐานวิทยาบางประการเพื่อใช้ในการแยกเพศปลาชะโอน. **วารสารสัตวศาสตร์**. 4 (ฉบับพิเศษ 1):755-764.

พลอย แสนเหลี่ยว, จงกล พรมยะ, ภานุวัฒน์ คัมภีรวัฒน์ และจอมสุดา ดวงวงษา. 2567. สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏของลักษณะการเจริญเติบโตในลาชะโอน. น. 314-320. ใน **การประชุมวิชาการนำเสนอผลงานวิจัย (SYMPOSIUM) ระดับบัณฑิตศึกษา ครั้งที่ 16**. วันเสาร์ที่ 30 มีนาคม 2567 ณ อาคารบัณฑิตวิทยาลัย ชั้น 3 มหาวิทยาลัยราชภัฏอุบลราชธานี.

ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ-สกุล	นางสาว พลอย แสนเหลี่ยว
เกิดเมื่อ	27 พฤษภาคม 2542
ประวัติการศึกษา	
	ปริญญาตรี สาขาการประมง คณะเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่
	มัธยมปลาย โรงเรียนวาวีวิทยาคม
	มัธยมต้น โรงเรียนวิชัยวิทยาคม
ประวัติการทำงาน	-