

เปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัว ในไก่พื้นบ้านที่ได้จากการประมาณค่า 2 วิธี

Comparing the Genetic Parameter of Body Weight Estimated with 2 Methods in Thai Indigenous Chicken

วรวิทย์ สิริพลวัฒน์

ABSTRACT

Fourty-one of Thai indigenous female chickens were raised individually in the double desk battery for 120 days period of egg collection. The average egg production was 26 eggs per hen and the range of the trait was 61. The 4, 6 and 8 weeks body weight of progenies derived from the nested mating of 13 males and 27 females were 164.46, 343.83 and 555.91 grams and the coefficient of variation (CV) of these traits were 17.77, 17.30 and 17.84 respectively. The genetic variation and the heritability derived from sire and dam components which analysed by REML showed a higher value than analysed by ANOVA in all traits. The heritabilities were ranged between 0.25-0.85 in REML method and ranged between 0.21-0.73 in ANOVA method. The standard error (SE) of the heritabilities computed from ANOVA method showed medium to high value of 0.19-0.45. The genetic and phenotypic correlation between these traits revealed a high value of 0.83-0.97 and 0.71- 0.86 respectively. However, the genetic correlation between some traits were more than 1 which was outside the parameter space due to an unappropriated analysis method

Key words : heritability, correlation, body weight, Thai indigenous chickens

บทคัดย่อ

แม่ไก่พื้นบ้านที่เลี้ยงเป็นรายตัวอยู่บนกรงดับ 2
ชั้น จำนวน 41 ตัว ในช่วงระยะเวลาการให้ไข่ 120 วัน

จำนวนไข่เฉลี่ยที่ได้ประมาณ 26 ฟองต่อตัว โดยมีค่า
พิสัยของลักษณะเท่ากับ 61 ลักษณะน้ำหนักตัวเฉลี่ย
ในรุ่นลูกที่ได้จากการผสมพ่อ 13 ตัว กับแม่ 27 ตัว
เมื่ออายุ 4, 6 และ 8 สัปดาห์จะมีค่าเท่ากับ 164.46,

343.83 และ 555.91 กรัม โดยมีค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวน (CV) เท่ากับ 17.77, 17.30 และ 17.84 ตามลำดับ ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมและค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณจากอิทธิพลเนื่องมาจากพ่อและแม่ที่ได้จากการวิเคราะห์ข้อมูลด้วยวิธี REML มีค่าสูงกว่าที่ได้จากการวิเคราะห์แบบ ANOVA ในทุกลักษณะ โดยค่าอัตราพันธุกรรมที่วิเคราะห์แบบ REML มีค่าอยู่ในระดับ 0.25-0.85 ในขณะที่การวิเคราะห์แบบ ANOVA มีค่าอยู่ในระดับ 0.21-0.73 เมื่อพิจารณาค่า standard error ของค่าอัตราพันธุกรรมที่วิเคราะห์ด้วยวิธี ANOVA พบว่าจะมีค่าอยู่ในระดับปานกลางถึงสูง 0.19-0.45 ส่วนค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและทางลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะน้ำหนักตัวเหล่านี้ มีค่าสูงระหว่าง 0.83-0.97 และ 0.71-0.86 ตามลำดับ อย่างไรก็ตามค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างบางลักษณะ มีค่าอยู่นอกพื้นที่พารามิเตอร์คือมีค่าเกิน 1 ซึ่งเป็นผลที่ได้จากการใช้วิธีการวิเคราะห์ที่ไม่เหมาะสม

คำนำ

ลักษณะน้ำหนักตัวเป็นลักษณะปริมาณที่ถูกควบคุมด้วยยีนจำนวนมาก โดยยีนแต่ละตัวนั้นอาจมีผลต่อลักษณะเล็กน้อยแตกต่างกันไป และผลที่มีต่อลักษณะอาจอยู่ในรูปแบบบวกสะสม หรือแบบไม่บวกสะสม (non-additive) เช่น intraallelic (dominance effect) และ intraallelic interaction (epistasis effect) เพื่อง่ายต่อการประมาณค่า นักพันธุศาสตร์ปริมาณจึงกำหนดให้อิทธิพลของยีนแต่ละคู่มีผลต่อลักษณะเท่า ๆ กัน และพิจารณาผลของยีนเหล่านั้นเป็นอิทธิพลรวมที่แสดงเป็นค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ต้องประมาณค่าจากข้อมูล ซึ่งค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่คุ้นเคยดีสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์สัตว์คือ ค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) และค่าสหสัมพันธ์ทาง

พันธุกรรม (r_G) ค่าประมาณของพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ถูกต้องแม่นยำย่อมมีผลดีต่อความก้าวหน้าและความถูกต้องของการคัดเลือกทั้งทางตรงและทางอ้อม วิธีการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมมีหลายวิธี แต่ละวิธีมีข้อได้เปรียบเสียเปรียบแตกต่างกัน ดังนั้นการเลือกใช้วิธีประมาณค่าแบบวิธีใดจะขึ้นอยู่กับชนิดข้อมูลและจุดประสงค์ที่วางไว้

โดยทั่วไปนักปรับปรุงพันธุ์สัตว์ปศุสัตว์นิยมใช้วิธี ANOVA method 1 และ method 2 (Henderson, 1953) ประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ค่าที่ประมาณได้จัดเป็นค่าที่ไร้อคติ และเชื่อถือได้ เมื่อข้อมูลเป็นแบบสมดุล แต่ในทางปฏิบัติข้อมูลที่ได้จากฟาร์มมักเป็นข้อมูลที่ไม่สมดุล และข้อกำหนดของวิธี ANOVA อีกข้อคือตัวอย่างข้อมูลที่ได้อาจเป็นตัวอย่างสุ่ม คือไม่มีอิทธิพลของการคัดเลือกมาเกี่ยวข้อง แต่ถ้าเป็นข้อมูลที่ได้จากประชากรที่ผ่านการคัดเลือกจะส่งผลทำให้เกิดอคติและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้ อาจอยู่นอกพื้นที่พารามิเตอร์ เช่นค่าอัตราพันธุกรรมอาจมีค่าติดลบหรือเกิน 1 ก็ได้ (Meyer, 1989) Patterson and Thompson (1971) ได้เสนอวิธีการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี REML ซึ่งวิธีนี้ Schaeffer and Song (1978) พบว่าสามารถหลีกเลี่ยงความอคติที่เกิดจากจำนวนข้อมูลน้อยที่รวมอยู่กับอิทธิพลคงที่ (fixed effect) นอกจากนั้นยังสามารถหลีกเลี่ยงอคติที่เกิดจากการคัดเลือก เป็นที่ทราบดีว่าไก่พื้นบ้านมีวิวัฒนาการมาจากไก่ป่ามาเป็นเวลาอันยาวนาน และไก่พื้นบ้านมีคุณสมบัติในแง่ของแหล่งอาหารโปรตีนสำหรับเกษตรกรตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน การผลิตไก่ลูกผสมพื้นบ้านจำเป็นต้องใช้ไก่พื้นบ้านเป็นสายพ่อพันธุ์ (วรวิทย์ และ สุชาติ, 2535) การคัดเลือกลักษณะน้ำหนักตัวไก่พื้นบ้านจึงมีความจำเป็นสำหรับการสร้างสายพ่อพันธุ์เพื่อผลิตไก่ลูกผสม ดังนั้นข้อมูลน้ำหนักตัวไก่พื้นบ้านที่ได้จึงจำเป็นต้องนำมาวิเคราะห์เพื่อหาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

เพื่อใช้สำหรับพิจารณาการคัดเลือกในฝูง โดยการใช่วิธีวิเคราะห์แบบ ANOVA เปรียบเทียบกับวิธี REML

อุปกรณ์และวิธีการ

ไก่พื้นบ้านที่เก็บรักษาพันธุ์ไว้ใช้สำหรับเป็นสายพ่อพันธุ์ผลิตไก่ลูกผสมพื้นบ้าน และได้ผ่านการคัดเลือกโดยเน้นเฉพาะน้ำหนักพ่อพันธุ์มาเป็นระยะเวลา 5 ชั่วโมง ได้นำมาผสมด้วยวิธีการผสมเทียม การผสมจะใช้พ่อไก่ 1 ตัว ผสมแม่ไก่ 2-3 ตัว พ่อที่ใช้ทั้งหมด 13 ตัว ไก่ที่รวบรวมได้แต่ละวันจะถูกบันทึกเบอร์แม่บนผิวเปลือกไข่ และนำเข้าเก็บรักษาไว้ในห้องเย็น หลังจากนั้นจะนำไข่เข้าฟักเป็นจำนวน 6 ชุดแต่ละชุดห่างกัน 10 วัน เมื่อลูกไก่เกิด จะใช้สีทาเพื่อจำแนกลูกไก่ตามเบอร์แม่ พร้อมกับทำวัคซีนป้องกันโรคมาร์ริกซ์ หลังจากนั้นประมาณ 10 วัน จะใช้เบอร์ปีกติดแทนอาหารที่ใช้เป็นอาหารไก่ในระยะแรกเกิด ถึง 6 สัปดาห์ และอาหารไก่ในระยะสองที่ใช้สำหรับลูกไก่อายุ 7-12 สัปดาห์ การให้อาหารไก่และการทำวัคซีนจะเป็นไปตามหลักการเลี้ยงไก่ทั่วไป

ข้อมูลลักษณะน้ำหนักตัวเมื่ออายุ 4, 6 และ 8 สัปดาห์ จะถูกบันทึกเป็นรายตัว หุ่นจำลองทางสถิติที่ใช้สำหรับการทดลองครั้งนี้สามารถเขียนอยู่ในรูปแบบการเส้นตรงสำหรับการวิเคราะห์แบบ ANOVA ดังนี้

$$y_{ijkl} = \mu + H_i + S_j + D_{jk} + E_{ijkl}$$

โดย y_{ijkl} = ข้อมูลลักษณะของตัวที่ l ที่เกิดจากแม่ตัวที่ k ผสมกับพ่อตัวที่ j ในชุดฟักที่ i

μ = ค่าเฉลี่ยของฝูง

H_i = อิทธิพลของชุดฟักที่ i

S_j = อิทธิพลจากพ่อตัวที่ j

D_{jk} = อิทธิพลจากแม่ตัวที่ k ที่ผสมกับพ่อตัวที่ j

E_{ijkl} = residual error

ส่วนหุ่นจำลองสำหรับการวิเคราะห์แบบ REML จะต่างจากของ ANOVA เล็กน้อยโดยที่อิทธิพลของ H_i จะรวมอยู่กับค่า μ ซึ่งเป็นอิทธิพลคงที่ (fixed effect)

การวิเคราะห์ข้อมูล จะใช้ General linear model procedure (Proc.GLM) สำหรับการวิเคราะห์แบบ ANOVA และใช้ Proc.Varcomp. สำหรับวิเคราะห์แบบ REML ซึ่งทั้ง Proc.GLM และ Proc. Varcomp. เป็นวิธีวิเคราะห์ที่อยู่ภายใต้โปรแกรม SAS (1989) การคำนวณค่าอัตราพันธุกรรม ค่า standard error ของ h^2 และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จาก sire component และ dam component จะใช้สูตรของ Becker (1984)

ผล

ปริมาณไข่ในรุ่นแม่พันธุ์ ได้เก็บสถิติปริมาณการไข่รายตัวของแม่พันธุ์จำนวน 41 ตัว ซึ่งเรียงเป็นรายตัวอยู่ในกรดดับ เป็นระยะเวลา 120 วัน พบว่าลักษณะปริมาณการไข่จะมีค่าความแปรปรวนของลักษณะเท่ากับ 343.05 และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 18.5 โดยมีค่าเฉลี่ยปริมาณการไข่เท่ากับ 26 ฟองต่อตัว ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน เท่ากับ 18.5 และค่า range เท่ากับ 61 จำนวนแม่ไก่ที่ให้ปริมาณไข่มากน้อยต่างกันและสามารถจัดแบ่งเป็นช่วง ๆ ดังนี้

จำนวนแม่ไก่	จำนวนไข่
1	มากกว่า 60 ฟอง
5	50-59 ฟอง
7	40-49 ฟอง
4	30-39 ฟอง
7	20-29 ฟอง
5	10-19 ฟอง
12	2-9 ฟอง

น้ำหนักตัว ข้อมูลลูกจำนวน 240 ตัวที่ได้จาก

แม่พันธุ์ 27 ตัว ในลักษณะน้ำหนักเมื่ออายุ 4,6 และ 8 สัปดาห์ จะถูกคำนวณหาค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่า range และค่า CV (Table 1) ค่าเฉลี่ยน้ำหนักตัว ในอายุ 4,6 และ 8 สัปดาห์มีค่าเท่ากับ 164.46, 343.83 และ 555.91 กรัม ตามลำดับ และค่าเบี่ยงเบน มาตรฐานจะมีค่าเพิ่มมากขึ้นตามอายุที่เพิ่มขึ้นคือ 29.22, 59.50 และ 99.17 แต่เมื่อพิจารณาความสัมพันธ์ ความแปรปรวน (CV) ในทั้ง 3 ลักษณะจะมีค่าที่ใกล้เคียงกัน คือ เท่ากับ 17.77 , 17.30 และ 17.84

ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genetic variance) ข้อมูลลักษณะน้ำหนักตัวที่ได้จากชุดฟัก 6 ชุด เมื่อนำเข้าวิเคราะห์แบบ ANOVA พบว่า อิทธิพลของชุดฟักมีผลต่อลักษณะน้ำหนักตัว 4 และ 8 สัปดาห์ ($P < 0.05$) ในขณะที่อิทธิพลชุดฟักจะไม่มีผลต่อลักษณะน้ำหนักตัว 6 สัปดาห์ ($P > 0.05$) เมื่อแยกอิทธิพลความแปรปรวนอันเนื่องมาจากชุดฟักออก

จากความแปรปรวนทั้งหมด สามารถแบ่งค่าความแปรปรวนที่เหลือเป็นความแปรปรวนทางพันธุกรรมอันเนื่องมาจากพ่อ (σ_s^2) จากแม่ (σ_D^2) และความแปรปรวนของ error (σ_E^2) ซึ่งจะรวมส่วนความแปรปรวนพันธุกรรมที่เหลือจากพ่อและแม่และความแปรปรวนจากสภาพแวดล้อม (Table 2) และเมื่อนำข้อมูลทั้ง 6 ชุดฟักดังกล่าว วิเคราะห์แบบ REML อิทธิพลของชุดฟักในการวิเคราะห์แบบนี้จะถูกแยกรวมอยู่กับอิทธิพลคงที่ (fixed effect) ส่วนความแปรปรวนทางพันธุกรรมอันเนื่องมาจากพ่อและแม่และความแปรปรวนของ error ได้แสดงไว้ใน Table 2 ค่า σ_s^2 และ σ_D^2 ที่คำนวณได้จากการวิเคราะห์แบบ ANOVA ในทุกลักษณะจะมีค่าต่ำกว่าที่คำนวณได้จากการวิเคราะห์แบบ REML เช่นเดียวกับค่า σ_E^2 ที่ได้จากวิธี ANOVA มีค่าต่ำกว่าวิธี REML และเมื่อ

Table 1 The average body weight, standard deviation (SD), range and CV of Thai indigenous chickens in ages of 4, 6 and 8 weeks.

Ages	Mean (gm)	SD	CV	Range
4 weeks old	164.46	29.22	17.77	180
6 weeks old	343.83	59.50	17.30	360
8 weeks old	555.91	99.17	17.84	580

Table 2 Variance components of various ages computed from sire , dam and error effects of analysis method of ANOVA and REML.

Analysis methods	Ages	σ_s^2	σ_D^2	σ_E^2
ANOVA	4 wks	145.29	85.68	563.65
	6 wks	575.68	183.30	2754.63
	8 wks	854.03	694.74	7736.41
REML	4 wks	179.56	94.82	571.29
	6 wks	750.93	237.16	2758.93
	8 wks	1152.96	745.84	7884.22

เทียบเป็นเปอร์เซ็นต์พบว่าค่า σ^2_E ที่ได้จากวิธี ANOVA มีค่าต่ำกว่าวิธี REML เท่ากับ 1.34, 0.16 และ 1.87% ในลักษณะน้ำหนัก 4,6 และ 8 สัปดาห์ตามลำดับ

ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability) ค่าอัตราพันธุกรรมของทุกลักษณะที่คำนวณจาก sire, dam และ sire + dam components ของการวิเคราะห์แบบ ANOVA และแบบ REML และค่า standard error ของค่าอัตราพันธุกรรม [SE (h^2)] ของทุกลักษณะที่ได้จากการวิเคราะห์แบบ ANOVA โดยเฉพาะ ได้แสดงค่าไว้ใน Table 3 ค่าอัตราพันธุกรรมในทุกลักษณะที่คำนวณจาก sire, dam และ sire+dam components ที่ได้จากการวิเคราะห์แบบ ANOVA และแบบ REML จะมีค่าอยู่ในระดับปานกลางถึงสูง 0.21-0.73 และ 0.25-0.85 ตามลำดับ โดยค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณจาก sire component จะมีค่าสูงกว่าค่าที่คำนวณจาก dam component ในทุกลักษณะที่วิเคราะห์ทั้งแบบ ANOVA และแบบ REML อย่างไรก็ตามค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณจาก sire, dam หรือ sire+dam components ที่ได้จากวิธี REML มีค่าสูงกว่าที่ได้จากวิธี ANOVA ในทุกค่าของลักษณะเดียวกัน ค่า SE ของอัตราพันธุกรรมของทุกลักษณะจะมีค่าอยู่ในระดับปานกลางถึงสูง 0.19-0.45 โดยค่า SE ที่คำนวณจาก sire component จะสูงกว่าค่า SE ที่คำนวณจาก dam component ในลักษณะเดียวกันของทุกลักษณะ

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) ระหว่างลักษณะต่าง ๆ ได้แสดงไว้ใน Table 4 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะต่าง ๆ ที่มีค่าอยู่ในพื้นที่พารามิเตอร์คือ ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ 4-8 สัปดาห์ ที่คำนวณจาก sire component และระหว่างลักษณะ 6-8 สัปดาห์ ที่คำนวณจากทั้ง sire และ dam components ส่วนค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะอื่น ๆ จะมีค่าอยู่นอกพื้นที่พารามิเตอร์คือมีค่าเกิน 1 เมื่อพิจารณาจากค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะต่าง ๆ พบว่ามีค่าอยู่ในระดับสูง 0.71-0.86 เช่นเดียวกับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะที่มีค่าอยู่ในขอบเขตของพื้นที่พารามิเตอร์จะมีค่าอยู่ในระดับ 0.83-0.97

วิจารณ์

ลักษณะปริมาณไข่ในรุ่นแม่พันธุ์มีค่าเฉลี่ย 26 ฟองต่อตัวในระยะเวลาการเก็บสถิติไข่ 120 วันนั้น จัดเป็นค่าเฉลี่ยที่สูงกว่าในสภาพที่เลี้ยงปล่อยแบบธรรมชาติที่แม่ไก่จะให้ไข่โดยเฉลี่ยประมาณ 35-50 ฟองต่อปี หรือถ้าเทียบในช่วง 120 วันจะให้เฉลี่ยโดย

Table 3 Estimated heritability and it's standard error in various ages computed from sire, dam, and sire + dam components derived from the analysis method ANOVA and REML.

Analysed methods	Ages	$h^2_S \pm SE$	$h^2_D \pm SE$	$h^2_{S+D} \pm SE$
ANOVA	4 wks	0.73 $\pm$ 0.45	0.43 $\pm$ 0.24	0.58 $\pm$ 0.28
	6 wks	0.66 $\pm$ 0.38	0.21 $\pm$ 0.19	0.43 $\pm$ 0.23
	8 wks	0.37 $\pm$ 0.29	0.30 $\pm$ 0.22	0.33 $\pm$ 0.21
REML	4 wks	0.85	0.45	0.65
	6 wks	0.80	0.25	0.53
	8 wks	0.47	0.31	0.39

Table 4 Estimated genetic correlation (upper diagonal) computed from sire and dam components and phenotypic correlation (lower diagonal) between various ages of Thai indigenous chickens.

Ages	4 wks	6 wks		8 wks	
		sire	dam	sire	dam
4 wks	-	1.0002	1.03	0.83	1.14
6 wks	0.83		-	0.94	0.97
8 wks	0.71		0.86		-

ประมาณ 12-17 ฟอง เพราะในสภาพธรรมชาติ แม่ไก่เมื่อให้ไข่ครบชุดจะใช้เวลาฟักไข่ประมาณ 21 วัน และใช้เวลาเลี้ยงลูกอีกประมาณ 45-60 วัน หลังจากนั้นจะเริ่มสะสมอาหารและสร้างไข่แดง เพื่อเริ่มให้ไข่ชุดถัดไป ปริมาณไข่ที่ได้จากแม่ไก่พื้นบ้านที่เลี้ยงบนกรงมีค่าเฉลี่ยดีกว่าน่าจะเป็นผลมาจากปัจจัยสภาพแวดล้อม คือ อาหาร และการเก็บไข่ทุกวันที่มีผลทำให้แม่ไก่แสดงลักษณะการฟักน้อยลงเมื่อเทียบกับการเลี้ยงในสภาพธรรมชาติ อันเป็นผลเนื่องจากการเกิดปฏิกริยาร่วมระหว่าง พันธุกรรมกับสภาพแวดล้อมนั่นเอง ลักษณะปริมาณไข่ในฝูงจะมีค่า range ที่ห่างกันมากคือ 61 โดยตัวที่ไข่ดีที่สุดให้ไข่ 63 ฟอง ส่วนตัวที่ไข่น้อยสุดให้ไข่เพียง 2 ฟอง ความแตกต่างของลักษณะปริมาณไข่น้อย เป็นผลมาจาก minor gene ที่แสดงอิทธิพลแบบ additive และ non additive ต่อลักษณะก่อให้เกิดความแปรปรวนทางพันธุกรรม ซึ่งจัดเป็นแหล่งข้อมูลที่จะใช้สำหรับการวางแผนคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ ในแม่ไก่บางตัวที่แสดงลักษณะปริมาณไข่เพียงไม่กี่ฟองนั้นอาจเป็นผลมาจากอิทธิพลของ major gene คือ restricted ovulator gene (ro) ที่มีผลต่อลักษณะปริมาณไข่ ยีนชนิดนี้เป็น sex-linked recessive โดยจะมีผลไปจำกัดการตกไข่ ทำให้แม่ไก่ไม่สามารถให้ไข่ได้หรือให้ได้เพียงไม่กี่ฟองเท่านั้น (McGibbon, 1977) ซึ่งเมื่อแม่ไก่ไม่สามารถให้ไข่ได้ ยีนตัวนี้น่าจะสูญหายไปจากฝูงประชากรแต่ในความ

เป็นจริงยีนนี้จะแฝงอยู่ในไก่เพศผู้ที่เป็น homogametic sex ในรูปของ heterozygous ยังผลให้ความถี่ยีน ro จะยังคงมีอยู่ในฝูงไก่พื้นบ้านต่อไปได้ถ้าไม่มีการทดสอบพ่อพันธุ์

ลักษณะน้ำหนักตัวเฉลี่ยเมื่ออายุ 4, 6 และ 8 สัปดาห์ มีค่าเท่ากับ 164.46, 343.83 และ 555.91 กรัม ซึ่งเป็นค่าที่ใกล้เคียงกับไก่พื้นบ้านภาคกลางรุ่นพ่อแม่ที่มีค่าเท่ากับ 167.7, 359.1 และ 526.8 กรัมตามลำดับที่รายงานโดยวรวิทย์ และ ศศิธร (2539) ค่า range หรือช่วงห่างระหว่างค่าสูงสุดและต่ำสุดของแต่ละลักษณะจะมีค่า 180, 360 และ 580 จัดว่าในแต่ละลักษณะมีค่าลักษณะน้ำหนักที่แตกต่างกันมาก เมื่อวิเคราะห์ข้อมูลหาค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมด้วยวิธีวิเคราะห์แบบ ANOVA พบว่าค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมอันเนื่องจากพ่อ (σ_p^2) และเนื่องจากแม่ (σ_m^2) ของลักษณะ 4, 6 และ 8 สัปดาห์ จะเท่ากับ 18.28%, 10.78%, 16.38%, 5.22%, และ 9.20%, 7.48% ของความแปรปรวนทั้งหมด ตามลำดับ ในขณะที่เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี REML ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมอันเนื่องจากพ่อและเนื่องจากแม่จะเท่ากับ 21.23%, 11.21%, 20.04%, 6.33%, และ 11.79%, 7.62% ในลักษณะต่าง ๆ ดังกล่าว ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมอันเนื่องจากพ่อและเนื่องจากแม่ที่วิเคราะห์ด้วยวิธี REML จะมีค่าเปอร์เซ็นต์ที่สูงกว่าหรืออธิบายความแปรปรวนทางพันธุกรรมได้มากกว่าการวิเคราะห์แบบ

ANOVA นั้นเป็นเพราะวิธี REML สามารถลอคคิตจากข้อกำหนดที่ข้อมูลต้องเป็นตัวอย่างสุ่มจากประชากรและลอคคิตจากผลของการคัดเลือก (Patterson and Thompson, 1971)

ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยวิธี ANOVA และ REML ที่คำนวณจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมอื่นเนื่องจากพ่อ (sire component) จะมีค่าที่สูงกว่าที่คำนวณจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมอื่นเนื่องจากแม่ (dam component) ในทุกลักษณะ ผลที่ได้น่าจะมีอิทธิพลของ sex-linked gene เกี่ยวข้องกับลักษณะเนื่องจากไก่เพศผู้จะเป็นแบบ homogametic sex และผลที่ได้จะตรงข้ามกับผลงานของ Aggrey and Cheng (1994) ที่รายงานค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัวในนกกระทาที่คำนวณจาก dam component จะให้ค่าสูงกว่าที่คำนวณจาก sire component ในทุกลักษณะ ค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณได้จากการวิเคราะห์ทั้ง 2 วิธี ANOVA และ REML มีค่าลดลงเมื่ออายุไก่เพิ่มขึ้นนั้นน่าจะเป็นผลของยีนและจำนวนยีนที่มีอิทธิพลต่อลักษณะในแต่ละอายุแตกต่างกัน (Sefton and Siegel, 1974) ค่า Standard error ของค่าอัตราพันธุกรรมของทุกลักษณะที่ได้จะมีค่าอยู่ในระดับปานกลางถึงสูงจะเป็นผลเนื่องมาจากจำนวนข้อมูลประชากรที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้มีน้อยเกินไป เช่นเดียวกับการรายงานของ Smith and Savage (1992) และ Kennedy (1981) ได้ให้ข้อเสนอแนะว่า ค่าความแตกต่างของค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณจากวิธี REML และ วิธี ANOVA ในทุกลักษณะที่วิเคราะห์จากข้อมูลที่ไม่สมดุลย์ ค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณจากวิธี REML จะเป็นค่าประมาณที่ใกล้เคียงค่าพารามิเตอร์ของประชากรมากกว่าวิธี ANOVA ซึ่งจากค่าอัตราพันธุกรรมที่วิเคราะห์ได้โดยวิธี REML ของการศึกษาครั้งนี้ จึงเป็นค่าที่น่าเชื่อถือมากกว่า ซึ่งสอดคล้องกับผลงานวิจัยของ Smith and Savage (1992) ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำ

หนักที่คำนวณจาก sire component และ dam component ที่มีค่าอยู่ในระดับปานกลางถึงสูงนั้นให้ผลสอดคล้องกับที่รายงานโดย Chambers (1990)

ค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะน้ำหนักตัวต่างๆมีค่าเป็นบวกและมีค่าสูง ซึ่งให้ผลสนับสนุนงานวิจัยในนกกระทาของ Aggrey and Cheng (1994) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะน้ำหนักตัวต่าง ๆ 4-6 และ 4-8 สัปดาห์ มีค่าสูงนั้นย่อมหมายความว่าการศึกษาเลือกลักษณะน้ำหนักตัวเมื่ออายุ 4 สัปดาห์ย่อมมีผลทำให้ลักษณะน้ำหนักเมื่ออายุ 6 และ 8 สัปดาห์หนักตามไปด้วย ดังนั้นเพื่อเป็นการประหยัดค่าใช้จ่ายด้านอาหารและพื้นที่ การคัดเลือกลักษณะน้ำหนักสามารถดำเนินการได้ในระยะอายุ 4 สัปดาห์ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะน้ำหนักที่ได้จะเป็นค่าที่สอดคล้องกับการรายงานของ chambers (1990) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างบางลักษณะที่มีค่าเกิน 1 ที่คำนวณจากวิธี ANOVA นั้นย่อมหมายถึงจะต้องมีอิทธิพลแบบ non-additive ที่เป็นองค์ประกอบอยู่ในส่วนของครอบครัวแบบ full-sib และอิทธิพลสภาพแวดล้อมเกี่ยวข้องทำให้ค่าที่ประมาณได้ไม่น่าเชื่อถือเพราะอยู่นอกพื้นที่พารามิเตอร์ของค่าสหสัมพันธ์ที่ควรมีค่าอยู่ระหว่าง ± 1 จึงเป็นเหตุผลหนึ่งที่ทำให้การวิเคราะห์ข้อมูลมักใช้วิธี REML เพราะค่าที่ประมาณได้จะอยู่ภายใต้พื้นที่พารามิเตอร์ของลักษณะนั้น ๆ (Smith and Savage, 1992 ; Aggrey and Cheng, 1994)

สรุป

ลักษณะปริมาณการไข่ของไก่พื้นบ้านยังมีความแปรปรวนของลักษณะสูง และน่าจะมียีน ro ที่แฝงอยู่ในฝูงประชากรเพศผู้ เมื่อถ่ายทอดสู่เพศเมียทำให้แม่ไก่ดังกล่าวอาจไม่ไข่หรือไข่เพียงไม่กี่ฟอง

ความแปรปรวนของลักษณะน้ำหนักตัวไก่พื้น

บ้านยังมีค่าสูง การคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะน้ำหนักสามารถดำเนินการได้ไม่ยุ่งยาก (ถ้าไม่คำนึงถึงลักษณะอื่น) เพราะค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะมีค่าสูงนั้นย่อมหมายความว่าสามารถถ่ายทอดลักษณะได้สูงเช่นกัน

การคัดเลือกลักษณะน้ำหนักตัวสามารถดำเนินการได้เมื่อ อายุ 4 สัปดาห์ เพราะค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะน้ำหนัก 4-6 และ 4-8 สัปดาห์มีค่าสูงเพื่อเป็นการประหยัดค่าใช้จ่ายด้านอาหารและพื้นที่

ค่าประมาณของพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์แบบ ANOVA จะมีค่าอยู่นอกพื้นที่พารามิเตอร์ นั้นย่อมหมายถึงการเกิดอคติกับการวิเคราะห์ซึ่งการใช้วิธี ANOVA จึงไม่น่าจะเหมาะสม

ค่าประมาณของพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเช่น ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากทั้งวิธี REML และ ANOVA ที่ใช้ในการวิเคราะห์ครั้งนี้ยังจะเป็นค่าประมาณที่ไม่ถูกต้องร้อยเปอร์เซ็นต์เพราะหุ่นจำลองที่ใช้ในการวิเคราะห์ไม่ได้คำนึงถึงความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ จึงอาจเป็นผลทำให้ค่าประมาณได้ไม่ตรงกับค่าพารามิเตอร์ที่แท้จริงได้

ข้อมูลที่ใช้สำหรับการวิเคราะห์มีน้อยเกินไปเป็นผลทำให้เกิดค่า SE ของอัตราพันธุกรรมสูง

เอกสารอ้างอิง

วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และสุชาติ สงวนพันธุ์. 2535. ผลของระดับโปรตีนในอาหารต่ออัตราการเติบโตของไก่ลูกผสมสามสายเลือด. ว. เกษตรศาสตร์ (วิทย.). 26 : 393-399.

วรวิทย์ สิริพลวัฒน์ และศศิธร โชติศศิธร. 2539. การอนุรักษ์และการศึกษาพันธุ์สัตว์ปีกในประเทศไทย, น. 279-283. ใน สรุปผลการดำเนินการวิจัยโครงการวิจัยทุนอุดหนุนวิจัย มก. ประเภท ข

สถาบันวิจัยและพัฒนามหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 9-11 มกราคม 2539.

Aggrey, S.E. and K.M. Cheng. 1994. Animal model analysis of genetic (co) variances for growth traits in Japanese quail. Poultry Sci. 73 : 1822-1828.

Becker, W.A. 1984. Manual of Quantitative Genetics. Pullman, Washington. 196 p.

Chambers, J.R. 1990. Genetics of growth and meat production in chickens, pp 559-643. In R.D. Crawford (ed.). Poultry Breeding and Genetics., Elsevier, Amsterdam, The Netherlands.

Henderson, C.R. 1953. Estimation of variance and covariance components. Biometrics 9 : 226-252.

Kennedy, B.W. 1981. Variance component estimation and prediction of breeding values. Can. J. Genet. Cytol. 23 : 565-578.

McGibbon, W.H. 1977. Evidence that the restricted ovulator gene (ro) in chicken is sex-linked. Genetics 86 (suppl.) : 43-44.

Meyer, K. 1989. Estimation of genetic parameters, pp 161-167. In W.G. Hill and T.F.C. Mackay (eds.). Evolution and Animal Breeding. C.A.B International, Oxon.

Patterson, H.D. and R. Thompson. 1971. Recovery of inter - block information when block size are unequal. Biometrika. 58 : 545-554.

SAS Institute. 1989. Users Guide, SAS Institute Inc., Cary, North Carolina. 569 p.

Schaeffer, L.R. and H. Song. 1978. Selection bias and REML variance covariance component estimation. J. Dairy Sci. 61 (Suppl. 1) : 91.

Sefton, A.E. and P.B. Siegel. 1974. Inheritance of body weight in Japanese quail. Poultry Sci. 53

: 1597-1603.

keys. Poultry Sci. 71 : 229-234.

Smith, E.J. and T.F. Savage. 1992. A comparison of
four methods of variance component estimation
for heritability of embryonic mortality in tur-

วันรับเรื่อง : 6 ก.ค. 41
วันรับตีพิมพ์ : 27 พ.ย. 41