

แผนการสอนรายวิชา 323381 3(3-0-6)

เทคโนโลยีการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ด้วยอิทธิพลยีนแบบบวกสะสม
(Animal Breeding Technology by Additive Gene Effect)

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

ลำดับ ที่	หัวข้อ	จำนวน ชั่วโมง	เนื้อหาใน เอกสาร (ชม.)
1	การปรับปรุงพันธุ์สัตว์เบื้องต้น	6	√
2	เป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์สัตว์	3	√
3	อิทธิพลของยีน และ อิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม	3	√
4	ทฤษฎีการประมาณค่า	6	√
5	หลักการของตัวแบบตัวสัตว์	3	
6	การใช้ตัวแบบตัวสัตว์เพื่อการคัดเลือก	6	
7	การใช้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่อการประเมินผล และการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์	6	
8	การประยุกต์ใช้พันธุศาสตร์โมเลกุลในการคัดเลือก	3	
	รวมเนื้อหาของเอกสารนี้	36	36

บทนำ

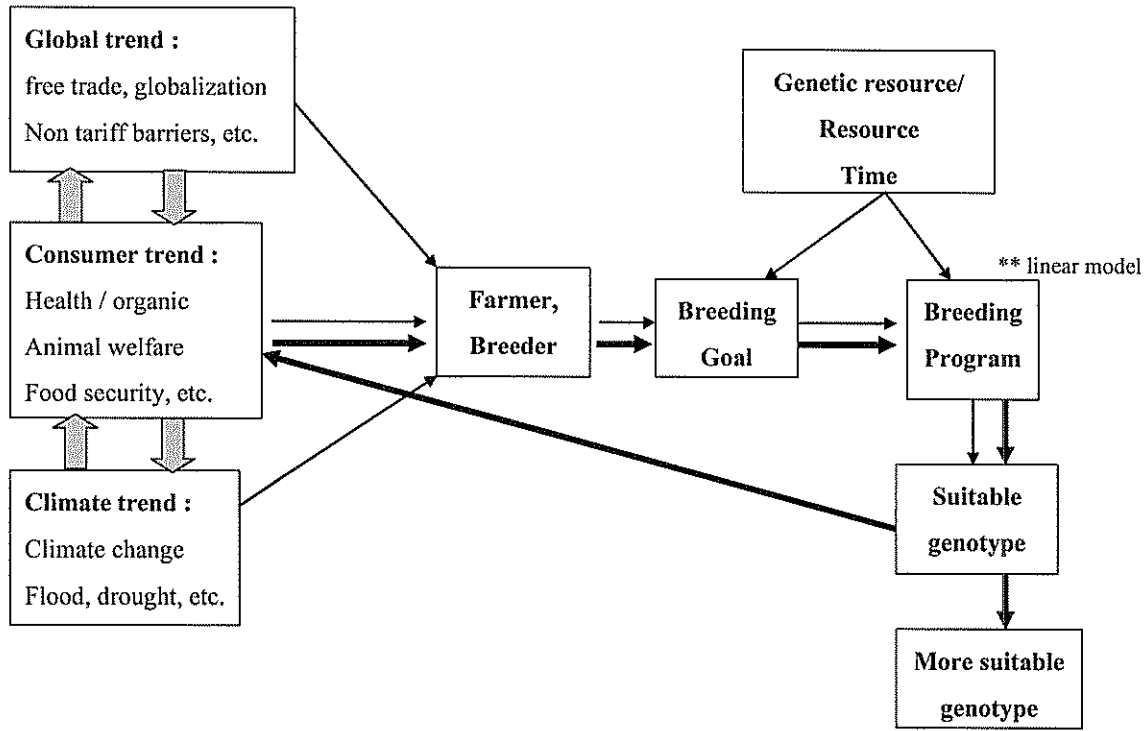
เอกสารประกอบการสอนวิชาเทคโนโลยีการปรับปรุงพันธุ์สัตว์โดยอิทธิพลแบบบวกระบบ มีวัตถุประสงค์เพื่อใช้ประกอบการเรียนการสอน วิชาเทคโนโลยีการปรับปรุงพันธุ์โดยอิทธิพลแบบบวกระบบ ให้แก่นักศึกษาระดับบัณฑิตศึกษาในหลักสูตรเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ นอกจากรายวิชาที่กล่าวแล้ว นักศึกษายังสามารถใช้อ่านประกอบเพื่อความเข้าใจที่ชัดเจนในรายวิชาอื่นๆ ที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์ได้ด้วย

ความหมายของคำว่า “เทคโนโลยี” หมายถึง การประยุกต์ใช้วิทยาศาสตร์ เพื่อให้เกิดประโยชน์ ดังนั้นหลักสูตรเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ จึงเป็นหลักสูตรที่มุ่งเน้นที่ผลิตทรัพยากรมนุษย์ที่สามารถนำความรู้ทางวิทยาศาสตร์มาประยุกต์ให้เกิดประโยชน์ต่อตน และ ประเทศชาติ ดังนั้นการที่นักศึกษาจะสามารถประยุกต์ความรู้ทางวิทยาศาสตร์เพื่อเกิดประโยชน์ต่อชุมชน ต่อประเทศชาติได้นั้น นักศึกษาจำเป็นที่จะต้องมีความรู้ความเข้าใจอย่างแท้จริงและลึกซึ้งในวิทยาศาสตร์ และในขณะเดียวกันนักศึกษายังจำเป็นต้องเรียนรู้และทำความเข้าใจกับชุมชน สังคม แวดวง อุตสาหกรรมใดๆ ที่จะนำความรู้ไปประยุกต์ใช้เป็นอย่างดี นักศึกษาจึงจะสามารถเลือกความรู้ทางวิทยาศาสตร์ที่เหมาะสม เลือกแนวทางการประยุกต์ที่เหมาะสมได้ ก่อให้เกิดเป็นเทคโนโลยีที่เหมาะสม (appropriated technology) และตรงตามความต้องการของชุมชน หรือ สังคม หรือ แวดวง หรือ อุตสาหกรรมใดๆ จริง

ดังนั้น คำว่า “เทคโนโลยีการปรับปรุงพันธุ์สัตว์” จึงหมายถึงการประยุกต์ใช้ความรู้ทางวิทยาศาสตร์ ทฤษฎีต่างๆ ด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ มาใช้ให้เกิดประโยชน์ต่อชุมชน สังคม แวดวง หรืออุตสาหกรรม ซึ่งวิทยาศาสตร์ ที่จำเป็นต้องใช้ได้แก่ คณิตศาสตร์ (สถิติ แคลคูลัส เป็นต้น) ชีววิทยา ชีวเคมี พันธุศาสตร์ เป็นต้น ศาสตร์เหล่านี้ นำมาสู่ความรู้ทางด้านวิทยาศาสตร์ประยุกต์ในการปรับปรุงพันธุ์ ได้แก่ ความรู้เรื่อง อิทธิพลของยีนแบบบวกระบบ อิทธิพลของยีนแบบไม่บวกระบบ การคัดเลือก ความก้าวหน้าของการคัดเลือก ระบบการผสมพันธุ์ อนุพันธุศาสตร์ เป็นต้น แต่ความรู้ และทฤษฎีต่างๆนี้ จะไม่สามารถก่อให้เกิดประโยชน์ใดๆ ต่อสังคม ชุมชน หรือประเทศชาติได้เลย ถ้าปราศจาก ความเข้าใจ เข้าถึง สังคม หรือ ชุมชน ที่แท้จริง ดังนั้น เอกสารนี้ จึงมุ่งเน้นเพื่อให้ผู้อ่านได้เข้าใจ เข้าถึง และเห็นภาพการแปลงรูปจากวิทยาศาสตร์ ทฤษฎีด้านการปรับปรุงพันธุ์ (ความรู้) ไปสู่การเป็นเทคโนโลยีที่เหมาะสม อันจะนำไปสู่ประโยชน์ต่อสังคม ชุมชน หรือประเทศชาติ (ปัญญา)

จุดเริ่มต้นที่สำคัญของงานทางด้านการปรับปรุงพันธุ์ คือการเห็นสังคม กลุ่มเป้าหมาย และพลวัตของสิ่งเหล่านี้ให้ชัดเจน วิเคราะห์ปัญหา และความต้องการที่แท้จริง หาวิธีแก้ หรือพัฒนาที่เหมาะสม และถ้าการสร้าง/ พัฒนาพันธุ์สัตว์ เป็นทางออก ก็ให้คิด และทำอย่างรอบครอบ เส้นทางคิดของงานนี้แสดงดังรูป 1

เราต้องการพัฒนา / ปรับปรุง / สร้าง สัตว์สายพันธุ์ใหม่ๆ เพื่อ ใคร ?
 ใครคนนั้นต้องการอะไร ?
 เหตุใดจึงต้องการสิ่งนั้น ?



รูปที่ 1 เส้นทางการคิดของงานด้านการปรับปรุงพันธุ์

ในการบรรยายพิเศษของ รองศาสตราจารย์ ดร.จันทร์จรัส เรียวเดชะ ปัจจุบันดำรงตำแหน่งรองผู้อำนวยการด้านการนำผลงานวิจัยไปใช้ประโยชน์ สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย ทำให้ผู้เขียนจับประเด็นและเห็นภาพที่สำคัญของเส้นทางการคิดของนักปรับปรุงพันธุ์ ได้ตามที่สรุปไว้ในรูปที่ 1 ว่า การเริ่มต้งานด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ควรมีจุดเริ่มต้นมาจากการวิเคราะห์สถานการณ์โดยภาพกว้างอย่างรอบคอบทั้งในด้าน global trend, consumer trend, climate trend ทั้งในอดีตและสถานการณ์ปัจจุบัน และคาดการณ์ในอนาคต และสถานการณ์ที่คาดการณ์สำหรับอนาคต ถูกใช้เป็นปัจจัยสำคัญหนึ่งในการกำหนด breeding goal และ *breeding goal เป็นตัวกำหนด breeding program* นอกจากนี้ก็ปรับปรุงพันธุ์เองยังต้องนำเอาความพร้อมต่างๆ เช่น แหล่งพันธุกรรม ทรัพยากรอื่นๆ เงินทุน เวลา เข้าร่วมในการพิจารณากำหนด breeding goal และ breeding program ด้วย เพราะเป็นปัจจัยบ่งชี้ว่าการพัฒนาที่วางแผนนั้นจะมีความเป็นไปได้หรือไม่

อนึ่ง การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เพื่อให้บรรลุซึ่งเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ มีวิธีการ และเทคนิคต่างๆ ที่นักปรับปรุงพันธุ์จำเป็นต้องพิจารณาเลือก ใช้ อย่างรอบคอบ โดยควรให้ความสำคัญกับ เป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์อย่างลึกซึ้ง ทั้งในด้านของ ผู้ใช้ประโยชน์จากพันธุ์สัตว์ (ผู้เลี้ยง และผู้บริโภค) งบประมาณ ทรัพยากรที่มี สิ่งเหล่านี้จะเป็นข้อมูลสำคัญในการช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถตัดสินใจในเลือกใช้วิธีการ หรือเทคนิคใดๆ ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ การใช้ประโยชน์จากอิทธิพลยีนแบบบวกสะสม เป็นเทคนิคหนึ่งของการปรับปรุงพันธุ์

สารบัญ

บทนำ

บทที่ 1 การปรับปรุงพันธุ์สัตว์เบื้องต้น

ความสำคัญของการปรับปรุงพันธุ์	1
การปรับปรุงพันธุ์สัตว์	2
บทบาทของการปรับปรุงพันธุ์สัตว์กับการพัฒนาประเทศ	2
ขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์	5
การอธิบายคุณลักษณะของลักษณะใดๆ ของสัตว์ และของประชากร	6
ลักษณะในทางการปรับปรุงพันธุ์	12
การเก็บข้อมูลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์	13
สรุป	15

บทที่ 2 เป้าหมายของการปรับปรุงพันธุ์

สถานการณ์ต่างๆ นำมาสู่การกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์สัตว์	16
การกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์	23
สรุป	

บทที่ 3 อิทธิพลของยีน และอิทธิพลของยีนแบบบวกลบผสม

อิทธิพลของยีน	25
การเกิด Heterosis หรือ Hybrid vigor	28
การวัด Hybrid Vigor	29
บทบาทอิทธิพลแบบบวกลบผสม	31
การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ด้วย additive gene effect	32
สรุป	33

บทที่ 4 ทฤษฎีการประมาณค่า

ความน่าจะเป็น	35
ตัวแปรสุ่ม	36
คุณสมบัติที่สำคัญของตัวประมาณ	46
สมการถดถอย	51
General linear model; GLM ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์	53
การจำแนกตัวแบบ	57
การประมาณค่าอิทธิพลคงที่ และ อิทธิพลสุ่ม	66

บทที่ 5 หลักการของตัวแบบตัวสัตว์

บทที่ 6 การใช้ตัวแบบตัวสัตว์เพื่อการคัดเลือก

บทที่ 7 การใช้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่อการประเมินผล และการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์

บทที่ 8 การประยุกต์ใช้พันธุศาสตร์โมเลกุลในการคัดเลือก

บทที่ 1

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์เบื้องต้น

ความสำคัญของการปรับปรุงพันธุ์

มักจะมีคำถามเสมอว่า ลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ (economic traits) ของสัตว์ที่จำเป็นต้องปรับปรุงพัฒนาให้ดีขึ้น หรือเหมาะสมขึ้น เช่นลักษณะการเจริญเติบโต อัตราการเปลี่ยนอาหารเป็นเนื้อ ผลผลิตน้ำนม คุณภาพน้ำนม ผลผลิตไข่ คุณภาพเนื้อ ฯลฯ สามารถทำได้ด้วยการปรับปรุงสิ่งแวดล้อมอาหาร และการจัดการ ซึ่งใช้เวลาสั้นกว่า งบประมาณน้อยกว่า การใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์ แล้วเหตุใด เราจึงต้องทำการปรับปรุงหรือพัฒนาพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆ ในสัตว์เศรษฐกิจ

พึงระลึกอยู่เสมอว่าลักษณะที่สัตว์แสดงออกมานั้น เกิดจากอิทธิพล 3 อิทธิพลใหญ่ๆ ที่ช่วยกันทำงาน คืออิทธิพลที่เกิดจากพันธุกรรมของสัตว์ ซึ่งเป็นอิทธิพลภายในตัวสัตว์ และอิทธิพลจากสิ่งแวดล้อมซึ่งได้แก่อาหาร การจัดการ สภาพแวดล้อม การเลี้ยงดู จัดเป็นอิทธิพลภายนอกตัวสัตว์ และอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม อิทธิพลทั้ง 3 ส่วนนี้ร่วมด้วยช่วยกันทำงานและสัตว์ก็แสดงลักษณะปรากฏออกมา หากอิทธิพลใดอิทธิพลหนึ่งไป การแสดงออกของสัตว์ก็จะเปลี่ยนแปลงไป ในตำราทางด้านปรับปรุงพันธุ์ มักจะกล่าวสมการหนึ่งซึ่งเป็นสมการพื้นฐานอันแสดงถึงการทำงานของอิทธิพลสำคัญ 3 อิทธิพลตามที่กล่าวมา สมการนี้คือ

$$P = G + E + (G \times E)$$



เมื่อ $P, G, E, (G \times E)$ คือ ลักษณะที่ปรากฏ, อิทธิพลทางพันธุกรรม, อิทธิพลจากสิ่งแวดล้อม และอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม

จากสมการดังกล่าว จะเห็นได้ว่าการปรับปรุง หรือพัฒนาลักษณะทางเศรษฐกิจของสัตว์ด้วยการปรับปรุงพันธุกรรม (การปรับปรุง พัฒนา G) เป็นการเพิ่มศักยภาพทางธรรมชาติของสัตว์ในการแสดงออกซึ่งลักษณะนั้นๆ และเมื่อสัตว์มีศักยภาพทางธรรมชาติในการแสดงออกซึ่งลักษณะนั้นๆ มากขึ้น เมื่อเพิ่มการจัดการที่เหมาะสม อาหาร และสิ่งแวดล้อมที่เหมาะสมแล้วก็จะเป็นการเพิ่มสมรรถนะการผลิตให้ดียิ่งขึ้นได้ในทางกลับกันการไม่ปรับปรุง พัฒนาพันธุกรรมของสัตว์ แม้ว่าสัตว์จะมีการจัดการ อาหาร และสิ่งแวดล้อมที่สมบูรณ์เพียงใด การแสดงออกซึ่งลักษณะนั้นๆ จะดีที่สุดได้เท่าที่ศักยภาพทางพันธุกรรมของสัตว์นั้นๆ จะเป็น เท่านั้น ดังนั้น การปรับปรุง พัฒนา ทุกด้านที่เกี่ยวข้อง (พันธุกรรม และการจัดการ) ตามความถนัดของนักวิชาการ เพื่อให้บรรลุเป้าหมายเดียวกัน จึงเป็นสิ่งที่จำเป็น

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์

การปรับปรุงพันธุ์หมายถึง การทำให้พันธุกรรมของสัตว์ในประชากรเปลี่ยนแปลงไป ด้วยการคัดเลือก (selection) และการออกแบบคู่ผสมพันธุ์ (mating design) เพื่อให้ได้พันธุกรรมที่ทำให้สัตว์ในประชากรแสดงลักษณะที่ต้องการตามเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ (breeding goal) และสามารถถ่ายทอดพันธุกรรมนั้นจากรุ่นหนึ่งสู่รุ่นหนึ่งได้ ซึ่งหมายถึง ในกรณีที่มีการปรับปรุงพันธุ์ สัตว์ในประชากรนั้น (ฝูงนั้น) ก็ต้องมีการเปลี่ยนแปลงในระดับพันธุกรรมของประชากร (ฝูง) ของสัตว์ จึงจะเห็นได้ว่า ความสำเร็จ หรือพัฒนาการของการปรับปรุงพันธุ์ใดๆ หมายถึง การเกิดการเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมในระดับประชากรจากรุ่นสู่รุ่น ไปในทิศทางของการเข้าสู่ breeding goal

บทบาทของการปรับปรุงพันธุ์สัตว์กับการพัฒนาประเทศ

จากความหมายของคำว่า การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จะเห็นได้ว่าผลของการปรับปรุงพันธุ์จะทำให้ได้ประชากรสัตว์ที่มีความสามารถในการแสดงลักษณะใดๆ อันเป็นประโยชน์ทางตรง หรือทางอ้อมต่อผู้เลี้ยงสัตว์ และผู้บริโภค ผลลัพธ์นี้มีความสำคัญต่อประเทศชาติอย่างไร

1. การสร้างความสามารถในการแข่งขันให้กับผู้ประกอบการด้านการผลิตสัตว์ ตลอดโซ่การผลิต

การพัฒนาพันธุกรรมสัตว์ให้มีความสามารถที่โดดเด่น แตกต่าง จากความสามารถเดิมๆ ที่มีอยู่ จะนำไปสู่ โอกาสในการเข้าสู่พื้นที่ของตลาดได้มากขึ้น แต่ความโดดเด่น และแตกต่าง ต้องตอบสนองความต้องการของผู้บริโภคด้วย การเพิ่มโอกาสในการแข่งขันดังกล่าวนี้ เริ่มตั้งแต่ผู้ผลิตและจำหน่ายพันธุ์สัตว์ ที่สามารถนำความโดดเด่นของพันธุ์เพื่อใช้เป็นจุดขายให้กับผู้ที่ซื้อพันธุ์สัตว์ไปเลี้ยงเพื่อประกอบอาชีพ ส่วนผู้เลี้ยงก็สามารถใช้จุดขายเดียวกันในการจำหน่ายให้กับผู้ประกอบการอาหารที่นำสัตว์มาแปรรูป ประุงอาหาร และผู้ประกอบการเหล่านั้นก็สามารถนำจุดเด่นเป็นจุดขายให้กับผู้บริโภค

การเพิ่มความสามารถในการแข่งขันเป็นประเด็นที่สำคัญทั้งในระดับภายในประเทศ และระหว่างประเทศ ภายในประเทศ อาจเป็นประเด็นที่มุ่งเน้นไปที่การสร้างความสามารถในการแข่งขันให้กับเกษตรกร หรือ กลุ่มเกษตรกร ให้มีความสามารถในการแข่งขันกับ กลุ่มธุรกิจรายใหญ่ได้ อันเป็นแนวทางสำคัญในการพัฒนาเกษตรกรในประเทศให้มีความเข้มแข็ง ส่วนในระดับระหว่างประเทศ การใช้ความสามารถด้านความโดดเด่น ที่เกิดจากการพัฒนาพันธุ์เป็นเครื่องมือในการแข่งขันในตลาดระหว่างประเทศนั้น เป็นสิ่งที่เราควรทำให้เกิดขึ้น เนื่องจากข้อได้เปรียบของประเทศไทย คือการมีแหล่งพันธุกรรมของสัตว์พื้นเมืองที่มีลักษณะหลายลักษณะที่โดดเด่น และเป็นที่ต้องการของตลาดในระดับโลก ถ้าเราสามารถทำได้ ผลประโยชน์จะเกิดขึ้นกับผู้ประกอบการในประเทศ อันจะมีผลทำให้ อาชีพเกษตรกรของประเทศไทยมีความมั่นคงขึ้น แต่ถ้าเราทำไม่ได้ ความสามารถในการแข่งขันของเราจะขึ้นอยู่กับการพยายามลดต้นทุนการผลิตเพื่อแข่งกันในเรื่องของราคาเป็นหลัก ซึ่ง จุดอ่อนสำคัญของประเทศที่จะใช้ความสามารถในการแข่งขันใน

ประเด็นนี้คือ ต้นทุนที่เป็นปัจจัยการผลิตทั้งหมดมีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้น โดยเฉพาะค่าแรงงาน ซึ่งจะทำให้ความสามารถในการแข่งขันของเราถดถอยลง

2. ลดการสูญเสียเงินตราออกนอกประเทศ

ในอุตสาหกรรมการผลิตไก่เนื้อและไก่ไข่ ประเทศไม่ได้เป็นผู้ผลิตพันธุ์เพื่อใช้ในอุตสาหกรรม เรานำเข้าปุ๋ย ยาฆ่าพยาธิ มาเพื่อผลิตพ่อแม่พันธุ์ และ ใช้พ่อแม่พันธุ์เหล่านั้นในการผลิตไก่เนื้อ ขุน และไก่ไข่ เพื่อจำหน่าย ประเทศสูญเสียเงินตราไปให้กับต่างประเทศทุกปี ถ้าประเทศสามารถผลิตพันธุ์สัตว์ ขึ้นใช้เองในประเทศได้ จะสามารถลดการสูญเสียเงินตราออกนอกประเทศได้ จำนวนมาก อย่างไรก็ตาม การพัฒนาพันธุ์ เพื่อให้ทัดเทียมกับประเทศที่เริ่มต้นงานนี้มาเมื่อ ประมาณ 70 ปี ที่แล้วนั้น การพัฒนาพันธุ์จำเป็นต้องสร้างจุดต่าง และผลักดันเข้าสู่ตลาดในระดับที่แตกต่างกัน ซึ่งต้องมีความร่วมมือจากทุกภาคส่วน ได้แก่ รัฐ เอกชน และนักวิชาการ

3. การเพิ่มความมั่นคงทางอาหาร

สืบเนื่องจากข้อ 2 การนำเข้าพันธุ์ไก่เนื้อและไก่ไข่จากต่างประเทศเป็นประจำทุกปี กล่าวได้ว่าประเทศขาดความมั่นคงทางอาหารที่สำคัญ เนื่องจาก เนื้อไก่และไข่ไก่ ถือเป็นอาหารโปรตีน คุณภาพที่มีราคาถูก ผู้บริโภคทุกระดับสามารถเข้าถึงได้ ถ้าเกิดกรณีใดๆ ก็ตามที่ทำให้การขนส่ง ลูกไก่จากต่างประเทศหยุดชะงัก ผู้บริโภคในประเทศจะได้รับผลกระทบทันที นอกจากนั้นภาคธุรกิจที่เกี่ยวข้องก็จะได้รับผลกระทบด้วย ดังนั้นการพัฒนาพันธุ์ขึ้นใช้เองในประเทศ แม้เป็นเรื่อง ยาก และใช้งบประมาณสูงมาก แต่จำเป็นต้องมีการเริ่มต้น ทั้งนี้ เพื่อเพิ่มความมั่นคงทางอาหาร โปรตีนจากเนื้อสัตว์ ให้ค่อยๆสูงขึ้น เมื่อเกิดการเริ่มต้นแล้ว ควรจะเกิดการพัฒนา ขยายผลอย่างต่อเนื่อง อนาคต ประเทศอาจจะมีพันธุ์สัตว์ที่พัฒนาขึ้นมาใช้เอง และอาจเพียงพอในการจำหน่าย พันธุ์สัตว์เหล่านั้น ไปจำหน่ายต่างประเทศ ได้ด้วย ซึ่งถือเป็นการจำหน่ายผลผลิตในกลุ่มนวัตกรรม อันเป็นการยกระดับของประเทศเกษตรกรรมอย่างประเทศไทย

4. การสร้างความมั่นคงให้กับอาชีพเกษตรกร และการอนุรักษ์พัฒนาอาชีพเกษตรกรไทย

สืบเนื่องจากข้อ 1 การที่ประเทศมีการพัฒนาพันธุ์สัตว์ที่มีพันธุกรรมที่โดดเด่น และแตกต่าง สามารถเพิ่มความสามารถในการแข่งขัน ให้กับผู้ผลิตตลอดโซ่การผลิตได้ หนึ่งในองค์ประกอบของ โซ่การผลิต คือเกษตรกรผู้เลี้ยง การที่เกษตรกรมีเครื่องมือที่ใช้ในการประกอบอาชีพที่เข้มแข็ง กล่าวคือ ผลผลิตที่ได้ เป็นผลผลิตที่มีจุดเด่นที่แตกต่าง สามารถใช้เป็นเครื่องมือในการเข้าสู่ตลาด เพิ่มความสามารถในการต่อรองราคา เกษตรกรสามารถเป็นผู้กำหนดราคาขายได้ เช่นนี้จึงทำให้ การประกอบอาชีพเกษตรกรจึงจะมีความเข้มแข็ง

นอกจากนี้ ถ้าวิวเคราะห์จากสถานการณ์ที่เป็นอยู่ในปัจจุบัน อาชีพเกษตรกรรายย่อยที่ เกษตรกรเป็นเจ้าของกิจการ มีจำนวนถดถอยลงอย่างต่อเนื่อง ทั้งนี้ มีสาเหตุหลายประการ แต่ ส่วนหนึ่งของสาเหตุทั้งหมด คือ การขาดแคลนเครื่องมือที่เข้มแข็งในการประกอบอาชีพ เครื่องมือ ในกรณีนี้ คือพันธุ์สัตว์ และเทคโนโลยีที่เกี่ยวข้อง ก็ไม่สามารถตอบโจทย์ ได้ทุกข้อ เช่น ไก่พื้นเมือง เป็นที่ต้องการของตลาด แต่ไม่ตอบโจทย์ในเรื่องประสิทธิภาพการผลิต มีต้นทุนการผลิต

สูง พันธุ์สัตว์ที่มีประสิทธิภาพการผลิตที่สูง เกษตรกรก็ไม่สามารถเข้าถึงได้ เพราะ ต้องนำเข้าจากต่างประเทศ และถ้าเกษตรกรบางรายมีความสามารถนำเข้าได้ แต่ความสามารถในการให้ผลผลิตไม่แตกต่างจากที่ภาคเอกชนขนาดใหญ่นำเข้ามา เกษตรกรเหล่านั้นก็จะไม่สามารถแข่งขันได้ เพราะไม่มีความแตกต่าง และผลิตได้น้อยกว่า ต้นทุนการผลิตสูงกว่า ด้วยเหตุผลของการขาดแคลนเครื่องมือ (พันธุ์สัตว์) ที่จะนำมาใช้ในการประกอบอาชีพ นี่เองจึงเป็นสาเหตุหนึ่งที่ทำให้จำนวนเกษตรกรรายย่อยของประเทศลดจำนวนลง และอาจจะหมดไปจากประเทศ ภาพอนาคตของการผลิตด้านการเกษตรของประเทศไทย จะเข้าสู่รูปแบบการผลิตเชิงเดี่ยว และผูกขาดอยู่กับเอกชนรายใหญ่ เกษตรกรของประเทศจะกลายเป็นลูกจ้าง

การคงอยู่ของเกษตรกรรายย่อย มีความสำคัญต่อการเป็นประเทศไทย ทั้งในเชิงความมั่นคงทางอาหาร และ สังคม ซึ่งความสำคัญดังกล่าวมีความสัมพันธ์กันแบบลูกโซ่

ในด้านความมั่นคงทางอาหาร เกษตรกรรายย่อยที่กระจุกกระจายอยู่ในชุมชนต่างๆ ทั่วประเทศ คือผู้ผลิตอาหารหลักให้กับสมาชิกในชุมชนนั้น และยังคงไว้ซึ่งความหลากหลายของอาหารที่ชุมชนยังสามารถที่จะเลือกบริโภคได้ ถ้าอาชีพเกษตรกรรายย่อยหมดไป ความสามารถในการผลิตอาหารเพื่อสนองความต้องการในชุมชนจากคนในชุมชนเอง จะหมดไป จำเป็นต้องหันไปพึ่งอาหารจากภาคอุตสาหกรรม ซึ่ง หากมีราคาสูงกว่า จะเกิดผลกระทบต่อความมั่นคงทางอาหารในชุมชนนั้นๆ

ในเชิงสังคม การที่ประเทศยังคงมีเกษตรกรรายย่อย ประเทศยังคงไว้ซึ่งการเป็นประเทศที่ประชาชนเป็นเจ้าของตนเอง อาจมีเกษตรกรบางรายที่เรียนรู้ และพัฒนาเทคโนโลยีต่างๆ ขึ้น จนทำให้อาชีพมีความเข้มแข็ง กลายเป็นต้นแบบให้เกษตรกรรายอื่นๆ ได้เรียนรู้ อันเป็นกลไกสำคัญในการพัฒนาคนของประเทศให้มีความสามารถในการแข่งขัน และมีความเข้มแข็งต่อไป ในทางกลับกันถ้า ถ้าอาชีพดังกล่าวหมดไป เกษตรกรบางรายจะกลายเป็นลูกจ้างบริษัท ที่ทำงานตามคำสั่ง หรือ นโยบายของบริษัท สังคมเป็นสังคมของลูกจ้าง ความเข้มแข็งของประเทศจะกระจุกอยู่ที่กลุ่มคนเพียงไม่กี่กลุ่ม ประเทศก็จะไม่สามารถขจัดปัญหาความไม่เท่าเทียมในสังคมได้ จิตนาการ และ นวัตกรรม ที่จะใช้การพัฒนาประเทศจะถูกผูกติดกับกลุ่มคนไม่กี่กลุ่มเท่านั้น

5. การอนุรักษ์พันธุกรรมสัตว์พื้นเมืองไทยอย่างยั่งยืน

การอนุรักษ์พันธุกรรมของสัตว์พื้นเมือง โดยการเก็บไว้ ในสถานที่ใดๆ ไม่เป็นการอนุรักษ์ที่ยั่งยืน ทั้งนี้เพราะ หน่วยงานที่ทำหน้าที่ในการอนุรักษ์ต้องมึงงบประมาณจำนวนมากตลอดไปเพื่ออนุรักษ์พันธุ์สัตว์ไว้ เมื่อไรที่งบประมาณหมด การอนุรักษ์ก็จะสิ้นสุด การอนุรักษ์ที่ยั่งยืนหมายถึง การนำพันธุกรรมนั้นมาใช้ให้เกิดประโยชน์ เมื่อมีการใช้ประโยชน์ จะทำให้เกิดการอนุรักษ์ที่ยั่งยืน อันเกิดจากการมีประโยชน์ของตัวสัตว์เอง เช่น กรณีของกระบือ ปัจจุบันนี้ ประเทศมีปัญหาเรื่อง การลดจำนวนลงของกระบืออย่างน่าเป็นห่วง ทั้งนี้ เนื่องจาก วิถีชีวิตคนไทยกับกระบือได้เปลี่ยนแปลงไปแล้ว วิถีชีวิตของคนไทยพึ่งพากระบือน้อยลง จึงทำให้กระบือหมดความสำคัญ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในมิติเดิม แต่ในกรณีไก่พื้นเมือง

ขั้นตอนการปรับปรุงพันธุ์ มีดังนี้

1. จุดเริ่มต้นของการปรับปรุงพันธุ์ เราจำเป็นต้องมี breeding goal ที่ชัดเจน และ breeding goal นี้ ต้องเกิดจากการศึกษาความต้องการของผู้ใช้รอบคอบแล้ว โดยผู้ใช้นี้ หมายถึง ทั้งผู้เลี้ยง และผู้บริโภค เนื่องจากในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ต้องใช้เวลานานกว่าจะทำให้พันธุกรรมของสัตว์เป็นไปตามเป้าหมาย ดังนั้นการคาดการณ์ถึงสถานการณ์ต่างๆ ในอนาคต และรวมถึงการคาดการณ์ความต้องการของผู้บริโภคในอนาคต จึงเป็นสิ่งที่จำเป็นอย่างยิ่ง รายละเอียดเหล่านี้จะได้กล่าวในบทต่อไป
2. เราจำเป็นต้องมีความชัดเจนว่าประชากรสัตว์ที่เราต้องการจะปรับปรุงพันธุ์นั้น (ประชากรเป้าหมาย; target population) คือประชากรใด มีขนาดเป็นอย่างไร มีขอบเขตของประชากรเป็นอย่างไร มีคุณลักษณะของประชากรเป็นอย่างไร ลักษณะที่ต้องการจะปรับปรุงพันธุ์ของประชากรนั้นเป็นอย่างไร มีความเป็นไปได้ มาก น้อยเพียงใดในการจะพัฒนาประชากรนั้น เข้าสู่ goal ที่ต้องการ ซึ่งข้อมูลของประชากรที่กล่าวไว้นี้มีความสำคัญควบคู่กับการกำหนด breeding goal เลยทีเดียว
3. การเลือกเครื่องมือ และวิธีการที่จะใช้ในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้บรรลุซึ่ง breeding goal โดยหลักการแล้ว การปรับปรุงพันธุ์ เพื่อให้บรรลุซึ่ง breeding goal มีทางเลือกใหญ่ 2 ทาง คือ การเลือกใช้ประโยชน์จาก additive effect หรือ non additive effect เมื่อนักปรับปรุงพันธุ์เลือกวิธีการใดแล้ว รายละเอียดของเนื้องานจะตามมา เช่น เมื่อประเมิน breeding goal ร่วมกับประชากรที่ต้องการจะปรับปรุงพันธุ์แล้ว สรุปว่า จะใช้ประโยชน์จาก additive effect วิธีการต่อมาคือ การจัดทำพันธุ์ประวัติ และเก็บข้อมูลลักษณะต่างๆ รายตัว เพื่อนำเข้าสู่การประเมินค่าทางพันธุกรรม ซึ่งปัจจุบันใช้วิธีการ Best linear unbiased prediction (BLUP) เพื่อคัดเลือกสัตว์ที่มี EBV ที่ดีที่สุดในการกระจายพันธุกรรม และส่งต่อพันธุกรรมนั้น สู่รุ่นถัดไป หรือถ้านักปรับปรุงพันธุ์ประเมินว่า ควรนำเอาความรู้ทางด้าน molecular genetic เข้ามาร่วมในกระบวนการก็สามารถทำได้ ปัจจุบันเทคโนโลยีทางด้านนี้ พัฒนาไปอย่างรวดเร็ว ทำให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถเข้าถึงข้อมูลในระดับพันธุกรรมได้ ทั้งในด้านของตำแหน่ง หน้าที่ และบทบาทของยีน อันทำให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถพัฒนาพันธุกรรมได้รวดเร็ว และแม่นยำมากยิ่งขึ้น อย่างไรก็ตาม ความเร็วที่เพิ่มขึ้นนั้น ยังต้องเพิ่มความระมัดระวัง และมีความรอบคอบให้มากยิ่งขึ้น เพราะสิ่งที่เราได้มาจากการปรับปรุงพันธุ์ กับสิ่งที่เราสูญเสียไปจากการปรับปรุงพันธุ์ อาจจะไม่คุ้มกัน
4. เมื่อเข้าสู่การปรับปรุงพันธุ์ การนำพันธุ์ที่พัฒนาได้ในแต่ละรุ่น เข้าสู่การทดสอบพันธุ์ เป็นกระบวนการที่มีความสำคัญ กล่าวคือ ผู้ใช้เป้าหมายของงานนี้ คือใคร จะมีรูปแบบการเลี้ยงการจัดการอย่างไร ในการทดสอบพันธุ์ควรจัดการให้มีรูปแบบการเลี้ยงการจัดการที่เทียบเคียงกับการเลี้ยงการจัดการของผู้ใช้เป้าหมาย และในขณะเดียวกัน ตลาดเป้าหมายของการพัฒนาพันธุ์นี้ คือตลาดใด ผู้บริโภคคือกลุ่มใด การนำพันธุ์สัตว์ที่พัฒนาได้ในแต่ละรุ่น เข้าสู่ตลาดนั้นๆ และ

ผู้บริโภคนั้นเป้าหมาย เพื่อรับฟังความเห็นต่างๆ เป็นสิ่งจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องทำ เพื่อนำความเห็นเหล่านั้นมาทบทวน และอาจนำมาใช้เป็นข้อมูลเพื่อใช้ในการพัฒนาพันธุ์ ต่อไป

การทำงานด้านการปรับปรุงพันธุ์ เป็นงานที่ต้องใช้งบประมาณจำนวนมาก และใช้เวลานาน มีความเกี่ยวข้องกับคนจำนวนมาก ในขณะเดียวกัน ประเทศไทยเป็นประเทศกำลังพัฒนา มีความจำเป็นต้องพึ่งพาเทคโนโลยีที่มีความเหมาะสมกับประเทศ ภูมิอากาศ และ คน ภายใต้ข้อจำกัดอย่างมากมายในด้านงบประมาณ ทั้งหมดนี้ คือสิ่งที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องตระหนัก

การอธิบายคุณลักษณะของลักษณะใดๆ ของสัตว์ และของประชากร

การที่จะทราบได้ว่า ประชากรเป้าหมายนั้น มีความเป็นไปได้ มากน้อยเพียงใดในการพัฒนาให้ไปถึง breeding goal ใช้เวลานาน น้อย อย่างไร หรือ หลังจากพัฒนา หรือ คัดเลือกไปแล้ว ประชากรดังกล่าวมีการพัฒนาไปมากน้อยเพียงใด นั้น นักปรับปรุงพันธุ์จะใช้ค่าทางสถิติในการประเมินสถานะการณ์ ค่าทางสถิติที่ถูกสร้างขึ้นมา คำนวณจากข้อมูลของทั้งประชากร และนำมาประยุกต์ใช้ในการอธิบายคุณลักษณะของประชากร เรียกว่า ค่า parameter และค่า parameter ที่ใช้ในการอธิบายค่าทางพันธุกรรม เพื่อประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์ เรียกว่า ค่า genetic parameter ได้แก่ค่า mean, variance ต่างๆ, correlation, heritability, repeatability การได้มาซึ่งค่าดังกล่าว จะกล่าวรายละเอียดต่อไป แต่ในเบื้องต้นนี้ จะกล่าวถึงความหมาย และลักษณะการใช้งานของค่า genetic parameter ต่างๆ ก่อนดังนี้

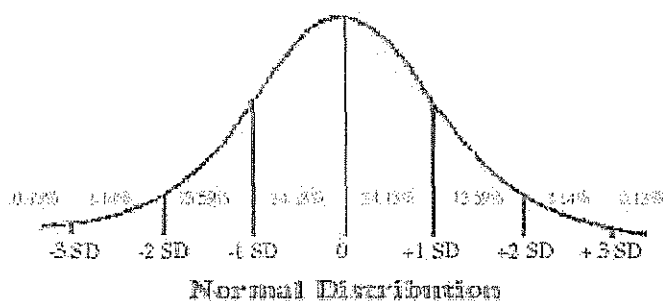
ค่า mean (μ) คือค่าเฉลี่ยของข้อมูล ในด้านการปรับปรุงพันธุ์เป็นค่าที่บอกถึงความสามารถของประชากรนั้นๆ ในการแสดงออกของลักษณะที่สนใจ นักปรับปรุงพันธุ์สามารถทราบได้ว่า จุดเริ่มต้นของประชากรนี้ของลักษณะนี้เป็นอย่างไร ดี เลว จำเป็นต้องมีการพัฒนาอีกหรือไม่ และถ้ามีการพัฒนาพันธุกรรมไปแล้ว นักปรับปรุงพันธุ์สามารถใช้ค่านี้ในการติดตามความก้าวหน้าในการพัฒนาพันธุกรรมได้ว่าการปรับปรุงพันธุ์นี้มีความก้าวหน้าในการปรับปรุงมากน้อยเพียงใด

ค่า variance (σ^2) ค่าความแปรปรวน ค่านี้เป็นค่าที่ใช้บอกความแปรปรวน หรือความแตกต่างของลักษณะนั้นๆ ของสัตว์ในประชากร และในขณะเดียวกัน ค่า variance ยังถูกใช้ประโยชน์ในการนำมาใช้คำนวณค่าต่างๆ ทางด้านการปรับปรุงพันธุ์ด้วย (ซึ่งจะได้กล่าวต่อไป)

ในทางปฏิบัติ การอธิบายความแตกต่างของลักษณะใดๆ ในประชากรนั้น เราไม่ได้ใช้ค่า variance ในการอธิบาย แต่เราใช้ค่า standard deviation (SD) ซึ่งเป็นค่ารากที่สองของค่า variance ($\sqrt{\sigma^2}$) ค่า SD ทำให้นักปรับปรุงพันธุ์เห็นภาพความแตกต่างของลักษณะนั้นๆ ของสัตว์ในประชากรได้อย่างเป็นรูปธรรม เช่น ถ้าค่านี้สูง จะเห็นภาพได้ว่าลักษณะนั้นๆ ของสัตว์ในประชากรนี้ มีความแตกต่างกันมาก และถ้าค่านี้ต่ำ จะเห็นภาพว่า ลักษณะนั้นๆ ของสัตว์ในประชากรมีความแตกต่างกันน้อย อย่างไรก็ตามในทางทฤษฎีค่าดังกล่าวเป็นการอธิบายถึงการกระจายตัวของข้อมูลที่เบี่ยงเบนออกจากค่าเฉลี่ยกลางของประชากร และมีเงื่อนไขในการใช้คือ ลักษณะที่จะใช้ค่า mean และค่า SD ในการอธิบายลักษณะการกระจายตัวของลักษณะนั้นได้ ลักษณะดังกล่าวต้องมีรูปแบบการกระจายของข้อมูลที่เป็นแบบการกระจายปกติ หรือ normal distribution

ตัวอย่าง การอธิบายลักษณะใดๆ ของประชากร ด้วยค่า mean และค่า SD

ค่าเฉลี่ยและค่า SD ของผลผลิตน้ำนมต่อตัวต่อวันของประชากรโคนมในฟาร์มมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารีในปี 2556 มีค่าเท่ากับ 12 ± 5 ลิตรต่อตัวต่อวัน อธิบายได้ว่า โคนมประชากรนี้มีค่าเฉลี่ยน้ำนมอยู่ที่ 12 ลิตรต่อตัวต่อวัน และโคนม ประมาณ 68 % ของประชากร มีผลผลิตในช่วง 7 – 17 ลิตรต่อตัวต่อวัน (สมมุติในฟาร์มนี้มีโคนม 100 ตัว แสดงว่าประมาณ 68 ตัวจะมีผลผลิตน้ำนมอยู่ในช่วง 7 – 17 ลิตรต่อตัวต่อวัน) 68 % มีที่มาอย่างไร ให้ผู้อ่านพิจารณา รูปที่ 1.1 ซึ่งเป็นรูปของ normal distribution ความรู้ทางด้าน calculus ในการหาพื้นที่ใต้โค้งด้วยการ integrate function ของ normal distribution ตั้งแต่ +1 SD ถึง -1SD จะได้พื้นที่ใต้โค้ง ซึ่งมีพื้นที่ประมาณ 68% ของพื้นที่ใต้โค้งทั้งหมด ซึ่งเป็น 100% จากที่กล่าวมานี้จึงเป็นเหตุผลในการอธิบายถึงที่มาของตัวเลข 68% และในขณะเดียวกัน ก็เป็นเหตุผลในการอธิบายว่า การใช้ประโยชน์ของ ค่า mean และค่า SD ในการอธิบายคุณลักษณะของประชากรนั้น ลักษณะดังกล่าวต้องมีรูปแบบการกระจายตัวของข้อมูลแบบ normal distribution ด้วย เพราะ ค่าพื้นที่นี้เป็นค่าพื้นที่ที่เกิดจากการกระจายตัวแบบ normal distribution นั่นเอง



รูปที่ 1.1

การกระจายแบบปกติ ที่แสดงถึงพื้นที่ใต้โค้ง ตั้ง ± 1 SD ถึง ± 3 SD

ที่มา : <http://www.google.co.th/imgres?sa=X&biw=1680&bih=838&tbn=isch&tbnid=z7EINPD-cjdETM%3A&imgrefurl=http%3A%2F%2Fwww.gifted.uconn.edu%2Fsiegle%2Fresearch%2Fnormal%2Finstructornotes.html&docid=uefdlNRr8ahABM&imgurl=http%3A%2F%2Fwww.gifted.uconn.edu%2Fsiegle%2Fresearch%2Fnormal%2Fnormal.gif&w=548&h=253&ei=SAJRUR3cD4Whige20YDgAQ&zoom=1&ved=0CIEBEIQcMBA&iact=rc&dur=1048&page=1&start=0&ndsp=23> วันที่ 11 มกราคม 2557

การใช้ประโยชน์ของค่า SD หรือค่า σ^2 ในการปรับปรุงพันธุ์ ได้แก่

ประการที่ 1 ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์นั้น ประเด็นสำคัญอย่างหนึ่งคือ การประเมินโอกาสในการพัฒนาพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆ ในประชากร โดยในการประเมิน จะประเมินโอกาสในการคัดเลือกสัตว์ กล่าวคือ ถ้าสัตว์ในประชากรมีความหลากหลายมาก (มีความแตกต่างกันมาก) ก็จะมีโอกาสในการคัดเลือกสัตว์ได้มาก และในทางตรงกันข้ามถ้ามีความหลากหลายหรือมีความแตกต่างกันน้อย ก็จะมีโอกาสในการคัดเลือก

น้อย ความหลากหลาย หรือความแตกต่างที่กล่าวมาสามารถวัดได้ด้วยค่า SD ของลักษณะนั้นๆของสัตว์ในประชากรนั่นเอง ดังนั้น เราสามารถประเมินโอกาสในการคัดเลือก ซึ่งเป็นกระบวนการสำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ ได้จากการพิจารณาจากค่า SD

ประการที่ 2 ในกระบวนการการปรับปรุงพันธุ์ เราใช้ค่า SD ในการติดตามการเปลี่ยนแปลงของพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆของประชากร เช่น ตามที่ได้กล่าวไปแล้วว่า การคัดเลือกเป็นกระบวนการที่สำคัญในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ผลของการคัดเลือก นอกจากจะทำให้ค่าเฉลี่ยของลักษณะนั้นๆของประชากรมีการเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางที่กำหนดไว้ใน breeding goal แล้ว การคัดเลือกในระยะเวลานานี้จะทำให้ค่า SD ลดต่ำลงด้วย ทั้งนี้เนื่องจากการคัดเลือกที่มุ่งจะทำให้ลักษณะของสัตว์ในประชากรสู่ goal เดียวกันนั้น ย่อมทำให้สัตว์ในรุ่นถัดไปมีความเหมือนกันมากขึ้นทุกที จึงเป็นสาเหตุที่ทำให้ประชากรที่มีการคัดเลือกในลักษณะใดๆ แล้ว ลักษณะนั้นๆ ควรจะมี SD ที่ลดต่ำลง เป็นต้น

ประการที่ 3 ในการคำนวณค่าทาง genetic เช่นค่า estimated breeding value (EBV) ค่า heritability ค่า correlation เป็นต้น จำเป็นต้องใช้ σ^2 เป็นองค์ประกอบในการคำนวณ

ประการที่ 4 สามารถใช้ค่า SD ในการตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูล ก่อนที่จะนำข้อมูลนั้นไปใช้ในการคำนวณค่าต่างๆ เพื่อให้ได้ค่าเหล่านั้นที่มีความถูกต้อง และสามารถนำไปใช้ประโยชน์ตามวัตถุประสงค์ได้ต่อไป นอกจากนี้ การตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลนั้น ยังมีประโยชน์ในแง่การตรวจสอบการปฏิบัติงานการเก็บข้อมูล ต่างๆ ได้ด้วย การใช้ค่า SD ในการตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลนั้น ผู้ตรวจสอบจำเป็นต้องทราบถึงค่า SD ของลักษณะนั้นๆ ซึ่งโดยส่วนใหญ่ค่า SD ของลักษณะเดียวกัน มักจะไม่แตกต่างกันมาก ดังนั้น ถ้าค่าสังเกตที่ใช้ในการคำนวณค่า SD มีความผิดพลาดค่า SD ก็จะผิดพลาดด้วย เช่น ค่าอาจสูงเกินไป ในเบื้องต้นผู้ตรวจสอบข้อมูลอาจทราบถึงความผิดพลาดนี้ และเริ่มต้นหาสาเหตุของความผิดพลาดต่อไป

อนึ่งในด้านการปรับปรุงพันธุ์ ค่า SD และ σ^2 นี้ยังแบ่งย่อยออกเป็นค่า additive variance (σ_a^2), ค่า dominance variance (σ_d^2), epistasis variance (σ_{ep}^2), residue variance (σ_e^2) ค่าเหล่านี้ทำหน้าที่ในการบอกถึงความแตกต่างของอิทธิพลของ additive gene effect, dominance effect, epistasis effect, และอิทธิพลที่ไม่สามารถจำแนกได้ ตามลำดับของสัตว์ในประชากร ส่วน phenotypic variance (σ_p^2) เป็นค่าที่บอกถึงความแตกต่างของลักษณะที่ปรากฏของสัตว์ในประชากร โดยการอธิบายความแตกต่างนั้นใช้หลักการเดียวกับการอธิบายที่กล่าวมาข้างต้น ส่วนการอธิบายการใช้ประโยชน์ของค่าเหล่านี้โดยละเอียดจะกล่าวต่อไป

ค่า Heritability (h^2) คือสัดส่วนของความแปรปรวนระหว่างอิทธิพลของพันธุกรรมและอิทธิพลทั้งหมดที่มีผลการแสดงออกของสัตว์ $\sigma^2_{genetic} / \sigma^2_{total}$ ถ้าค่าดังกล่าวมีค่าต่ำ อธิบายได้ว่า ความแตกต่างของลักษณะที่สนใจนั้นเกิดจากความแตกต่างทางพันธุกรรมของสัตว์ในประชากรน้อยเมื่อเทียบกับสาเหตุของความแตกต่างทั้งหมด (พันธุกรรม และสิ่งแวดล้อม) ในทางกลับกันถ้าค่าดังกล่าวมีค่าสูง หมายความว่า ความแตกต่างที่เกิดจากพันธุกรรมมีค่ามากเมื่อเทียบกับความแตกต่างที่เกิดจากสาเหตุทั้งหมด ซึ่งความรู้นี้ สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในด้านการประเมินโอกาสในการพัฒนาพันธุกรรมได้ คือ ดังที่กล่าวไว้ว่า การคัดเลือกเป็น

กระบวนการที่สำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ ความแตกต่างทางพันธุกรรมมากค่า h^2 สูง มีโอกาสให้คัดเลือกได้มาก ความแตกต่างทางพันธุกรรมน้อย h^2 ต่ำ โอกาสที่จะคัดเลือกก็จะน้อย รายละเอียดการใช้ประโยชน์ของค่า h^2 นี้จะได้กล่าวอีกครั้ง

จากสมการ ๑ นั้น เมื่อ G คือ พันธุกรรม ในส่วนนี้ เมื่อพิจารณาในรายละเอียด จะพบว่า อิทธิพลเนื่องจาก พันธุกรรมนั้น สามารถแบ่งย่อยออกได้เป็น additive gene effect และ non additive gene effect ซึ่ง non additive gene effect นี้ จะประกอบด้วย dominance effect และ epistasis effect จากองค์ประกอบของอิทธิพลของพันธุกรรมที่กล่าวมานี้ นำมาสู่ประเภทของ h^2 ที่แตกต่างกัน ดังนี้

Broad sense heritability เป็นการเทียบสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมทั้งหมด กับความแปรปรวนทั้งหมดของลักษณะปรากฏ $\frac{\sigma^2_{genetic}}{\sigma^2_{total}}$ (ซึ่งเกิดจากความแตกต่างของอิทธิพลเนื่องจาก พันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม)

Narrow sense heritability เป็นการเปรียบเทียบสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลเนื่องจาก additive gene effect หรือ dominance effect หรือ epistasis effect อย่างใดอย่างหนึ่ง กับความแปรปรวนทั้งหมดของลักษณะปรากฏ $(\frac{\sigma^2_{additive}}{\sigma^2_{total}}$ หรือ $\frac{\sigma^2_{dominance}}{\sigma^2_{total}}$ หรือ $\frac{\sigma^2_{epistasis}}{\sigma^2_{total}}$ หรือ $\frac{\sigma^2_{nonadditive}}{\sigma^2_{total}})$ ซึ่งขึ้นอยู่กับว่า เราต้องการจะเทียบเคียงค่าความแปรปรวนของอิทธิพลของพันธุกรรมประเภทใด เพราะเหตุใด

อนึ่งค่า h^2 นั้นเป็นค่าเฉพาะลักษณะใดลักษณะหนึ่ง ของประชากรใดประชากรหนึ่ง เท่านั้น และเมื่อเวลาเปลี่ยนแปลงไปค่า h^2 อาจเปลี่ยนแปลงด้วย อันเกิดจากผลของการคัดเลือก

ค่า correlation โดยทฤษฎีด้านสถิติ ค่า correlation คือ ค่าความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรสุ่ม 2 ตัวแปร ซึ่งความสัมพันธ์นี้อาจเป็นความสัมพันธ์ที่เป็นไปในทิศทางเดียวกัน (positive correlation) ความสัมพันธ์ที่เป็นไปในทิศทางตรงข้ามกัน (negative correlation) ความสัมพันธ์นี้สามารถวัดเป็นค่า correlation coefficient หรือ ค่า r ซึ่งจะมีค่าอยู่ในช่วง -1 ถึง +1 โดย ค่า r นี้จะบ่งบอกถึงทิศทางและระดับความสัมพันธ์เชิงเส้นตรงของคู่ของตัวแปรที่สนใจ (รูปที่ 1.2) ดังนี้

$r = 0$ หมายถึง ตัวแปรสุ่ม 2 ตัวแปรนี้ไม่มีความสัมพันธ์เชิงเส้นตรงต่อกัน (อาจมีความสัมพันธ์ในรูปแบบอื่นได้)

r ออกจาก 0 มีทิศทางเป็นบวกจนกระทั่งมีค่าเท่ากับ 1 หมายถึง ความสัมพันธ์ของตัวแปรสุ่มทั้ง 2 นั้น มีความสัมพันธ์เชิงเส้นตรงโดยมีทิศทางไปในทางเดียวกัน โดยเมื่อตัวแปรหนึ่งเพิ่ม อีกตัวแปรหนึ่งก็จะเพิ่มขึ้นเช่นกัน และเมื่อตัวแปรหนึ่งลด อีกตัวแปรหนึ่งก็จะลดลงเช่นกัน

r ออกจาก 0 มีทิศทางเป็นลบจนกระทั่งมีค่าเท่ากับ -1 หมายถึง ความสัมพันธ์ของตัวแปรสุ่มทั้ง 2 นั้น มีความสัมพันธ์เชิงเส้นตรงโดยมีทิศทางตรงข้ามกัน โดยเมื่อตัวแปรหนึ่งเพิ่ม อีกตัวแปรหนึ่งจะลด และเมื่อตัวแปรหนึ่งลด อีกตัวแปรหนึ่งจะเพิ่มขึ้น

ในการปรับปรุงพันธุ์สามารถประยุกต์ใช้ค่า correlation ในหลากหลายแง่มุม เช่น

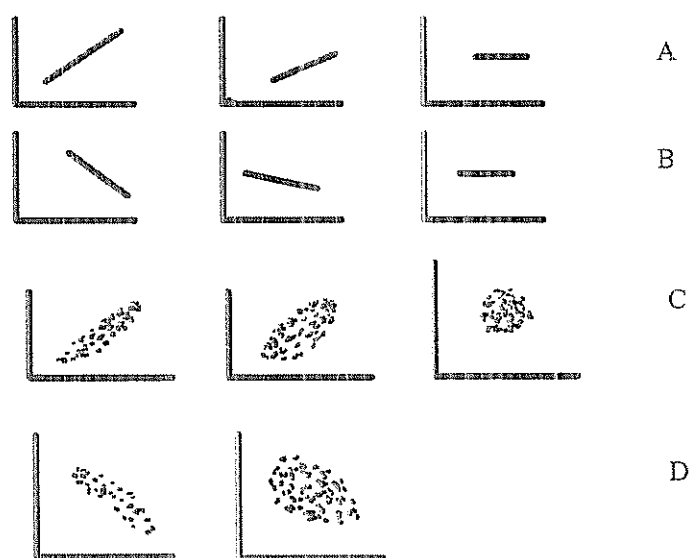
ประการที่ 1 การประยุกต์ในกรณีที่ต้องการใช้ breeding program ที่ต้องการปรับปรุงลักษณะมากกว่า 1 ลักษณะในเวลาเดียวกัน (multiple trait) หรือ กรณีที่ต้องการศึกษาเพื่อบอกความสัมพันธ์ของลักษณะใดๆ 2 ลักษณะ ที่สนใจ โดยถ้าพบว่าลักษณะทั้งสองนั้นมีความสัมพันธ์กัน ไม่ว่าจะเป็ นทิศทางใด ในการกำหนด breeding program ต้องทราบว่าในการพัฒนาทางพันธุกรรมของลักษณะใดลักษณะหนึ่ง ย่อมมีผลกระทบต่ออีกลักษณะหนึ่งด้วย

ประการที่ 2 ประยุกต์ใช้ในการลดระยะเวลาในการปรับปรุงพันธุ์ สำหรับลักษณะที่มีการแสดงออกอย่างต่อเนื่องและยาวนาน เช่นลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนม การให้ผลผลิตไข่ในไก่ไข่ หรือ ไก่แม่พันธุ์ เป็นต้น ลักษณะเหล่านี้ต้องใช้เวลาอย่างน้อยกว่า 1 ปี จึงจะทราบความสามารถโดยรวมของสัตว์ ซึ่งนอกจากต้องใช้เวลาานแล้ว ยังต้องใช้งบประมาณจำนวนมากในการได้มาซึ่งข้อมูล การประยุกต์ใช้ค่า correlation โดยวิเคราะห์ว่า ลักษณะดังกล่าว ในช่วงเวลาใดที่มีความสัมพันธ์สูงกับผลผลิตสุดท้าย ซึ่งสามารถคัดเลือกสัตว์โดยใช้ผลผลิตในช่วงเวลานั้นได้ เพื่อลดระยะเวลา และงบประมาณในการคัดเลือกสัตว์ได้ เช่นในงานของ รุจจิรา (2556) หรือนงานของณัฐวัฒน์ (2557) ทำการวิเคราะห์ค่า correlation ของผลผลิตไข่สะสมในแต่ละเดือน กับเดือนที่ 9 ซึ่งเป็นผลผลิตไข่สุดท้ายของไก่สายแม่พันธุ์ มทส. และพบว่า ผลผลิตไข่สะสมในเดือนที่ 4 เป็นช่วงที่ผลผลิตไข่ที่มีความสัมพันธ์กับผลผลิตเดือนสุดท้าย จึงเสนอแนะว่า เราสามารถเก็บข้อมูลผลผลิตไข่ถึงเดือนที่ 4 และทำการคัดเลือกได้ เป็นต้น

ประการที่ 3 ใช้ในการติดตามผลกระทบ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในเชิงลบกับลักษณะบางลักษณะ ที่อาจเกิดขึ้น เมื่อมีการคัดเลือกลักษณะอีกลักษณะหนึ่ง เช่น กรณีการคัดเลือกลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตของไก่ เน้นให้ไก่มีการเจริญเติบโตที่รวดเร็ว มีปริมาณของเนื้อหน้าอกมาก เพื่อตอบสนองความต้องการของผู้บริโภค แต่ในขณะเดียวกัน ลักษณะทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการพัฒนาการของกระดูก ความแข็งแรงของกระดูก มีความถดถอยลง หรือ การพัฒนาด้านการเจริญเติบโตของไก่ มีผลต่อความสามารถในการต้านทานโรคของไก่ (Rauw et al. (1998) and Masilarnani (2003)

การเกิดผลกระทบดังกล่าวนี้ โดยทฤษฎี สามารถอธิบายได้ เช่น การที่กลุ่มยีนที่มีบทบาทต่อลักษณะใดๆ ที่สนใจจะพัฒนานั้น อาจมีบทบาทกับอีกลักษณะหนึ่งที นักปรับปรุงพันธุ์อาจทราบ หรือไม่ก็ตาม ทั้งนี้เป็นเพราะ กลุ่มยีนเหล่านั้นมีอิทธิพลที่เรียกว่า pleiotropic effect ซึ่งหมายถึง ยีนที่มีบทบาทต่อลักษณะใดๆ มากกว่า 1 ลักษณะ การเกิด pleiotropic effect มีสาเหตุหลายประการ เช่น สาเหตุที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการควบคุมการแสดงออกของยีน หรือ การเกิด linkage gene ซึ่งเป็นสาเหตุที่ทำให้เกิด linkage disequilibrium (การเกิด allele ใดๆ ของยีน ณ ตำแหน่งหนึ่ง ไม่ได้เกิดอย่างอิสระ แต่ขึ้นอยู่กับ allele ของยีนอีก ณ ตำแหน่งหนึ่ง) เหตุการณ์เหล่านี้ ทำให้ เกิดความสัมพันธ์ของลักษณะต่างๆ ซึ่งอาจจะเป็นความสัมพันธ์ของลักษณะ 2 ลักษณะ หรือมากกว่า การศึกษา ณ ปัจจุบัน เราพบว่าหลายๆ ลักษณะมีความสัมพันธ์กัน แต่ก็เป็นเพียงส่วนน้อยเท่านั้น ดังนั้น นักปรับปรุงพันธุ์ จำเป็นที่จะต้องมีความเข้าใจ และให้ความสำคัญกับความสัมพันธ์ของบางลักษณะที่ยังไม่มีความชัดเจนให้มากยิ่งขึ้น

ผู้เขียนได้มีโอกาสร่วมประชุม 14th European Poultry conference ระหว่างวันที่ 23 - 27 มิถุนายน 2557 ณ เมือง Stavenger ประเทศ Norway ประเด็นสำคัญประเด็นหนึ่งที่ถูกพูดถึงในการประชุมครั้งนั้น คือ ผลกระทบเชิงลบที่เกิดขึ้นอย่างมากมาย เช่นพฤติกรรมต่างๆ ที่ทำให้ไม่เป็นผลดีต่อ welfare ของสัตว์ ความสามารถในการพัฒนาด้านกระดูกที่ถดถอยลง โรควางโรคที่เกิดขึ้นได้ง่าย ซึ่งเป็นผลเนื่องจากการพัฒนาพันธุกรรมไก่เนื้อให้มีการเจริญเติบโตที่รวดเร็วมาก และมีประเด็นว่า สายเกินไปหรือยังที่เราจะย้อนกลับ? สามารถกล่าวได้ว่า สำหรับประเทศไทย ในด้านการพัฒนาพันธุกรรมของสัตว์เศรษฐกิจต่างๆ ตามหลัง ประเทศในแถบยุโรป หรืออเมริกา อยู่มาก โดยเฉพาะอย่างยิ่งด้านของเวลา ดังนั้น เราสามารถเรียนรู้ จากเหตุการณ์ที่ประเทศเหล่านี้ประสบอยู่ได้ และสามารถทำได้อย่างรอบคอบกว่าได้



รูปที่ 1.2 ความสัมพันธ์ของตัวแปร 2 ตัวที่วัดด้วยค่า correlation (r) โดยรูปในกลุ่ม A และ B แสดงค่า correlation เท่ากับ 1 และ -1 ตามลำดับ ส่วนรูป C เป็นการแสดงความสัมพันธ์ที่มีค่า r อยู่ช่วง $0.9 - 0.5$, $0.5 - 0.1$ และ 0 ส่วนรูป D เป็นการแสดงความสัมพันธ์ในทางลบ

ค่า Repeatability หรือ ค่าอัตราซ้ำ หมายถึงความสามารถที่สัตว์จะแสดงออกในลักษณะใด ได้ใกล้เคียงกับการแสดงออกของลักษณะนั้นก่อนหน้านี้ กล่าวคือ สำหรับลักษณะบางลักษณะเป็นลักษณะที่สัตว์จะมีการแสดงออกซ้ำๆ เมื่อเวลาเปลี่ยนไป เช่น จำนวนลูกต่อครอกในสุกร จำนวนผลผลิตน้ำนมต่อ lactation น้ำหนักแรกเกิดของลูก เป็นต้น ค่าอัตราซ้ำจะมีค่าตั้งแต่ 0 - 1 ค่าที่สูงบอกได้ว่า สัตว์ในประชากรนั้นมีความสามารถในการแสดงออกซึ่งลักษณะนั้นๆ ได้ใกล้เคียงกัน ในขณะที่ค่าที่ต่ำบอกว่าการแสดงออกของลักษณะนั้นๆ ของสัตว์ในประชากรนั้นมีค่าไม่คงที่ มีการเปลี่ยนแปลง ซึ่งจากความหมายของค่าอัตราซ้ำ ดังกล่าว จะเห็นได้ว่า ลักษณะใดๆ ที่มีอัตราซ้ำสูง เป็นลักษณะที่ควรมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของสัตว์ เพราะพันธุกรรมในสัตว์แต่ละตัวจะไม่เปลี่ยนแปลงตลอดชั่วชีวิตของสัตว์ ในขณะที่ลักษณะที่มีค่าอัตราซ้ำต่ำ ควร

เป็นลักษณะที่มีอิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมมากกว่า เนื่องจากการแสดงออกของลักษณะนั้น จะเปลี่ยนแปลงตามสิ่งแวดล้อม

การคำนวณค่าอัตราซ้ำ ทำได้โดย การหาสัดส่วนระหว่างผลรวมของความแปรปรวนของ additive gene effect กับความแปรปรวนของอิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมถาวรต่อความแปรปรวนรวมทั้งหมด

$$\left(\frac{\sigma^2_{additive} + \sigma^2_{permanent\ environment}}{\sigma^2_{total}} \right)$$

ค่าต่างๆที่กล่าวมา สามารถใช้ในการอธิบายคุณลักษณะของลักษณะที่สนใจและของประชากรที่สนใจได้ การทราบคุณลักษณะของลักษณะ และของประชากรนั้น เป็นสิ่งสำคัญในการกำหนดแผนการปรับปรุงพันธุ์

ลักษณะในทางการปรับปรุงพันธุ์

ดังที่ได้กล่าวไว้แล้วว่าหัวใจสำคัญของการปรับปรุงพันธุ์คือ การกำหนด breeding goal และการกำหนดประชากรเป้าหมาย วิธีการต่างๆที่จะถูกนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์นั้น ควรพิจารณาเลือก โดยให้ความสำคัญกับเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ จากนั้น เมื่อมีเป้าหมายที่ชัดเจนแล้ว ประเด็นสำคัญต่อมาที่ต้องจำแนกแยกแยะ ให้ชัดเจน คือ ลักษณะ(trait) ที่ต้องการจะปรับปรุงพันธุ์กรรม ให้เหมาะสมขึ้นนั้น เป็นลักษณะประเภทใด ในด้านการปรับปรุงพันธุ์ จะจำแนกลักษณะไว้ 2 ประเภท คือ ลักษณะเชิงคุณภาพ (qualitative trait) และลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait) โดยความหมายของลักษณะทั้ง 2 ประเภทนี้มีดังต่อไปนี้

ลักษณะเชิงคุณภาพ (qualitative trait) หมายถึง ลักษณะที่สามารถจำแนกความแตกต่างได้ค่อนข้างชัดเจน เป็นลักษณะที่มียีนที่ควบคุมหรือมีบทบาทต่อการแสดงออกของลักษณะนี้จำนวนไม่มาก และมีอิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมน้อยมาก ลักษณะปรากฏของลักษณะนี้มักตรงกับรูปแบบ genotype ของยีน เช่น genotype BB โคจะมีขนสีดำเท่านั้น เป็นต้น ดังนั้นในการปรับปรุงพันธุ์กรรมของลักษณะเหล่านี้สามารถทำได้ง่ายกว่า การปรับปรุง หรือพัฒนาพันธุ์กรรม ในลักษณะเชิงปริมาณ

ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait) หมายถึง ลักษณะที่สามารถชั่ง ตวง วัด นับได้ แต่ไม่สามารถแยกความแตกต่างได้ชัดเจนเหมือนลักษณะเชิงคุณภาพ เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมหรือได้รับอิทธิพลจากยีนจำนวนมาก หรือที่เรียกว่า polygene โดยแต่ละยีนอาจมีอิทธิพลต่อลักษณะนี้ มากบ้างน้อยบ้างแตกต่างกันไป นอกจากนี้ ยังเป็นลักษณะที่มีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมมีส่วนในการแสดงออกของลักษณะเหล่านี้

อนึ่งสำหรับลักษณะเชิงปริมาณในสัตว์เศรษฐกิจนี้ มักเป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ (economic trait) ดังนั้นในการเรียนการสอน จึงมักจะเน้นที่จะกล่าวถึงการพัฒนาพันธุ์กรรมของลักษณะในกลุ่มนี้ค่อนข้างมาก

การเก็บข้อมูลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์

การเก็บข้อมูลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ จำเป็นต้องมีการจัดเก็บข้อมูลเป็นรายตัว เนื่องจาก จากสมการ ① จะเห็นว่า เมื่อเราต้องการพัฒนาพันธุ์กรรม แปลว่าเราต้องการพัฒนา G ให้มีความเหมาะสม พันธุ์กรรมเป็นความสามารถเฉพาะตัวของสัตว์ ดังนั้น ขั้นตอนในการปรับปรุงพันธุ์ในด้านเทคนิคนั้น ต้องเริ่มต้นจาก การวางแผนการเก็บข้อมูลลักษณะปรากฏ (P) ที่ต้องการจะปรับปรุง จากนั้นใช้เครื่องมือทางสถิติ ในการแยกค่า G ออกจากค่า P และคัดเลือกสัตว์แต่ละตัวจากค่า G ที่ต้องการต่อไป ซึ่งจะเห็นได้ว่า ค่า G เป็นค่าประจำตัวของสัตว์ ดังนั้น การประเมินค่า G จากค่า P จึงจำเป็นต้องมีค่า P เป็นรายตัว นอกจากนั้น การประเมิน G จำเป็นต้องมีข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree) ทั้งนี้เพื่อใช้ในการหาความสัมพันธ์ทางสายเลือด และเชื่อมโยงสู่ความสามารถในการแสดงออกซึ่งลักษณะปรากฏที่สนใจ ดังนั้นในประเด็นของการเก็บข้อมูลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์นั้น จึงแยกออกเป็นส่วนๆ เพื่อความชัดเจน ดังนี้

ข้อมูลลักษณะปรากฏ

หัวใจสำคัญอย่างยิ่งในการคัดเลือกสัตว์ คือ การคัดเลือกสัตว์ได้อย่างถูกต้องตามความสามารถทางพันธุ์กรรม ดังนั้น ค่า G ที่ได้ต้องมีความถูกต้อง ซึ่งการได้มาซึ่งค่า G ที่ถูกต้องนั้น นอกจากจะต้องใช้เครื่องมือทางสถิติ ซึ่งจะได้กล่าวในบทต่อไป เพื่อจะแยกค่า G ออกจาก P ได้อย่างถูกต้องแล้ว ค่า P ที่ได้มาต้องมีความถูกต้องก่อน และ P ที่นำมาใช้ในการประเมินพันธุ์ต้องมีความเชื่อมโยงกับ G ให้มากที่สุด

การได้มาซึ่งข้อมูลของลักษณะปรากฏ เพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ เป็นประเด็นสำคัญมาก โดยเฉพาะในปัจจุบัน และอนาคต ทั้งนี้เนื่องจากเหตุผลดังนี้

1. การสิ้นเปลืองแรงงาน เวลา และงบประมาณในการเก็บข้อมูล เนื่องจากข้อมูลเหล่านี้เป็นการเก็บข้อมูลรายตัว หรือบางกรณีเป็นการเก็บเป็นแบบครอบครัว (เพราะค่าทางพันธุ์กรรมเป็นค่าเฉพาะตัว หรือค่าเฉพาะครอบครัว) และจำเป็นต้องได้จากสัตว์จำนวนมาก สิ่งเหล่านี้จะเป็นอุปสรรคสำคัญที่จะทำให้การพัฒนางานด้านการปรับปรุงพันธุ์ เป็นไปได้ไม่เต็มที่
2. โอกาสของการเกิดความผิดพลาดในการเก็บข้อมูลค่อนข้างสูง เนื่องจากสาเหตุที่ต้องเก็บข้อมูลในปริมาณมาก และในระยะเวลาที่จำกัด เมื่อข้อมูลที่นำมาใช้ในการประเมินพันธุ์มีความผิดพลาด ค่าทางพันธุ์กรรมที่นำมาใช้ก็ผิด
3. กระแสความต้องการของผู้บริโภคในปัจจุบัน และอนาคต ให้มีความสำคัญกับรายละเอียดของอาหารที่บริโภค โดยเฉพาะอย่างยิ่ง ในด้านของรสชาติ รสสัมผัส หรือการเป็นประโยชน์ต่อสุขภาพ ดังนั้นลักษณะที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องให้ความสำคัญ จึงเปลี่ยนไป จากเดิม เป็นลักษณะที่เน้นในเรื่องปริมาณ เช่น การเจริญเติบโตที่รวดเร็ว ผลผลิตไข่ที่มาก ปริมาณน้ำนมที่มาก เป็นต้น กลายมาเป็น ลักษณะที่เน้นเชิงคุณภาพ รสสัมผัส เนื้อสัมผัส องค์ประกอบที่มีประกอบต่อสุขภาพของผู้บริโภค เป็นต้น
4. กระแสที่เปลี่ยนแปลงไปในข้อ 3 ยังรวมถึงการให้ความสำคัญกับกระบวนการการผลิตสัตว์ที่เป็นมิตรต่อสัตว์ และสิ่งแวดล้อม

จากที่กล่าวมา นักปรับปรุงพันธุ์จึงควรคำนึงถึงการศึกษาเพื่อหาเทคโนโลยีใหม่ที่จะนำมาใช้ในการให้ได้มาซึ่งข้อมูลของลักษณะปรากฏ ที่มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ซึ่งคำว่าประสิทธิภาพในที่นี้ผู้เขียน หมายถึงความสามารถที่จะเก็บข้อมูลได้อย่าง สะดวก รวดเร็ว มีความถูกต้องสูง และมีความเชื่อมโยงกับพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะที่สนใจ ดังนั้น การศึกษาเพื่อให้ได้มาซึ่งเทคโนโลยีใหม่ๆ ที่เพิ่มประสิทธิภาพของการได้มาซึ่งลักษณะปรากฏ จึงควรเป็นโจทย์วิจัยที่นักปรับปรุงพันธุ์ สามารถนำไปใช้ในการวิจัยเพื่อหาคำตอบเพื่อการพัฒนางานด้านการปรับปรุงพันธุ์ เช่น การพัฒนาเครื่องมือสำหรับวัดหรือประเมินมวลของไก่ โดยการใช้ศาสตร์ด้านแสงและพลังงานแสง และสมการทางคณิตศาสตร์ (บูรณาการกับนักวิจัยด้านฟิสิกส์ คณิตศาสตร์ หรือวิศวกรอิเล็กทรอนิกส์) หรือการใช้เทคโนโลยีแสงอินฟราเรดเพื่อวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างโมเลกุลเพื่อนำมาใช้ในการวิเคราะห์ biochemical compound ในเนื้อ นม หรือไข่ เพื่อประโยชน์ในการนำมาเป็นข้อมูลในการพัฒนาพันธุกรรมเพื่อตอบสนองความต้องการของผู้บริโภค เป็นต้น

ข้อมูลสิ่งแวดล้อม การจัดการที่มีผลต่อลักษณะปรากฏ

จากสมการ ① จะเห็นได้ว่า การที่สัตว์จะแสดงลักษณะปรากฏออกมานั้น เกิดจากการทำงานร่วมกันระหว่าง G และ E (อิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อม) ดังนั้น ในการประเมินพันธุ์ โดยการใช้ค่า P เป็นค่าตั้งต้น จึงจำเป็นต้องแยกค่า E ออกจาก P เพื่อให้ได้ G ต่อไป การจะแยกค่า E จึงจำเป็นต้องมีข้อมูลของ E ดังนั้นในการเก็บข้อมูล นอกจากต้องให้ความสำคัญกับการเก็บค่า P แล้ว ควรให้ความสำคัญกับการเก็บและบันทึกค่า E ด้วย โดยหลักการ E ใดๆ ที่คาดว่าจะมีผลต่อลักษณะปรากฏที่สนใจ เราควรเก็บข้อมูลเหล่านั้น รูปแบบการเก็บข้อมูล ขึ้นอยู่กับการออกแบบ โดยเน้นว่า ต้องสามารถนำความเหมือน หรือความแตกต่างของ E ที่สัตว์แต่ละตัวได้รับ มาใช้ในกระบวนการการประเมินพันธุ์ได้ เช่น กรณีของการพัฒนาพันธุ์ไก่เนื้อโคราช ในการทำฝูงทดสอบนั้น จะมีฝูงที่แตกต่างกัน เนื่องจากมีวัน เดือน เกิดที่แตกต่างกัน และเมื่อเกิดไม่พร้อมกัน โรงเรือนที่ใช้ในการเลี้ยง และคนเลี้ยงก็จะแตกต่างกัน การที่ไก่มีวันเดือนเกิดแตกต่างกัน ย่อมหมายถึงการผ่านกระบวนการเก็บไข่ การฟักไข่ การเกิดลูกไก่ ที่แตกต่างกัน ความแตกต่างนี้อาจส่งผลในด้านความแข็งแรงของตัวอ่อนที่แตกต่างกัน ซึ่งมีผลทำให้ไก่มีการเจริญเติบโตที่แตกต่างกัน การเติบโตที่แตกต่างกันนี้ จะเห็นได้ว่ามิได้เกิดจากสาเหตุทางพันธุกรรมแต่อย่างใด ในส่วนของโรงเรือน และคนเลี้ยง ก็เช่นเดียวกัน ความแตกต่างนี้อาจหมายถึง ความแตกต่างในด้านอุณหภูมิ ความชื้น ความสามารถ หรือความเอาใจใส่ของผู้เลี้ยง ที่แตกต่างกัน ซึ่งมีผลต่อการเจริญเติบโตที่แตกต่างกันของไก่ จากประสบการณ์ของผู้เขียน ในการประเมินพันธุ์ เมื่อนำข้อมูลเหล่านี้ไปใช้ในการวิเคราะห์เพื่อเข้าสู่การประเมินพันธุ์นั้น บ่อยครั้งที่พบว่า ข้อมูลเหล่านี้มีผลอย่างมีนัยสำคัญต่อน้ำหนักตัว และการเจริญเติบโตของไก่ ดังนั้น จะเห็นได้ว่าการจดบันทึกข้อมูลเหล่านี้ เพื่อใช้ในการประเมินพันธุ์ จึงจำเป็นอย่างยิ่ง ส่วนกระบวนการที่จะนำข้อมูลเหล่านี้ไปแยกออกจากค่า P และรูปแบบการจดบันทึกนั้น จะกล่าวในรายละเอียดต่อไปในส่วนของ การประเมินค่าทางพันธุกรรม ด้วยตัวแบบตัวสัตว์

ข้อมูลพันธุ์ประวัติ

ข้อมูลพันธุ์ประวัติ คือข้อมูลประจำตัวสัตว์แต่ละตัว ที่บอกถึง พ่อ แม่ และวัน เดือน ปี เกิดของสัตว์ตัวนั้น ๆ เนื่องจากจำเป็นต้องทราบพ่อ แม่ ของสัตว์แต่ละตัว ดังนั้นในฝูงสัตว์ที่ต้องทำการปรับปรุงพันธุ์ จำเป็นต้องมีการติดเบอร์สัตว์เป็นรายตัว และจะไม่สามารถจัดการฝูงแบบคุมฝูงได้ เพราะการคุมฝูง จะไม่สามารถทราบได้ว่าพ่อของสัตว์ คือตัวใด ดังนั้น การใช้การผสมเทียม อาจเป็นการจัดการที่สะดวกในการจัดทำพันธุ์ประวัติ ในการจัดเก็บข้อมูลเพื่อทำพันธุ์ประวัติ ความยากง่าย ขึ้นอยู่กับชนิดของสัตว์ เช่น

ในกรณีโคเนื้อโคนม และสุกร ที่คลอดลูกเป็นตัว ที่ละตัว สามารถทราบได้ว่า ลูกโคที่เกิดมาเป็นลูกของแม่โคตัวใด และถ้ามีการจดบันทึกข้อมูลการผสมพันธุ์ ก็จะสามารถทราบได้ว่าพ่อคือสัตว์ตัวใด

ในกรณีของไก่หรือสัตว์ปีกอื่นๆ ที่ออกลูกเป็นไข่ และต้องนำไข่เข้าตู้ฟัก จำเป็นต้องมีการจัดการเพื่อให้ทราบได้ว่า ลูกไก่ที่ฟักออกมานั้น เป็นลูกของแม่ตัวใด การจัดการดังกล่าว เช่น การทำกล่องเกิดลูกไก่ เมื่อลูกไก่ฟักเป็นตัวก็จะอยู่ในกล่องเกิดนั้นๆ เมื่อเอาออกมาจากกล่องเกิดก็จะสามารถติดเบอร์ และทำข้อมูลพันธุ์ได้ทันที

ข้อมูลพันธุ์ประวัติ จะถูกนำไปใช้ในกระบวนการการประเมินพันธุ์ โดยใช้ในการคำนวณความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ในประชากร และความสัมพันธ์ดังกล่าวนี้ จะถูกนำไปใช้ในการคำนวณค่าทางพันธุกรรม ดังนั้นถ้าข้อมูลพันธุ์ประวัติครบถ้วน ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจะมีความถูกต้อง และเมื่อนำค่าความสัมพันธ์เหล่านี้ไปใช้ในการคำนวณค่าทางพันธุกรรม จะได้ค่าที่มีความถูกต้องเช่นกัน รายละเอียด และขั้นตอนในการนำข้อมูลจากพันธุ์ประวัติไปใช้ในการคำนวณค่าทางพันธุกรรม จะได้กล่าวในบทที่ว่าด้วยตัวแบบตัวสัตว์

สรุป

ในการปรับปรุงพันธุ์ หัวใจสำคัญคือความชัดเจนของเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ว่าจะปรับปรุงพันธุกรรมของสัตว์เพื่อให้มีลักษณะใดๆ เพื่อตอบสนองต่อความต้องการของใคร เพราะเหตุใด รวมถึงการประเมินศักยภาพของกลุ่มประชากรสัตว์ที่ต้องการจะปรับปรุงพันธุ์ว่ามีศักยภาพ หรือมีความเป็นไปได้มากน้อยเพียงใด ซึ่งการประเมินศักยภาพของประชากรนั้น สามารถประเมินได้จากค่า parameter ต่างๆ ที่ได้กล่าวไป และเมื่อชัดเจนแล้ว การเริ่มต้น การปรับปรุงพันธุ์ ควรมีการวางแผนในการจัดเก็บข้อมูลรายตัว ทั้งในด้านข้อมูลลักษณะปรากฏที่ต้องการจะปรับปรุง ข้อมูลสิ่งแวดล้อม และการจัดการต่างๆ ที่มีผลต่อลักษณะปรากฏ และพันธุ์ประวัติ ทั้งนี้ เพื่อจะได้ใช้ข้อมูลเหล่านั้นในการประเมินค่าทางพันธุกรรมต่างๆ ได้อย่างถูกต้อง และแม่นยำ นอกจากนี้ นักปรับปรุงพันธุ์ควรให้ความสำคัญกับการหาเครื่องมือ หรือ เทคโนโลยีใหม่เพื่อนำมาใช้ในการวัด ประเมินลักษณะปรากฏของสัตว์ที่มีประสิทธิภาพ และตอบสนองความต้องการของผู้บริโภคอยู่เสมอ ทั้งนี้เพื่อให้การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในประเทศมีการพัฒนาและสามารถเป็นส่วนหนึ่งในการพัฒนาประเทศได้

บทที่ ๒

เป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์

เหตุผลที่จะต้องกล่าวถึงและให้ความสำคัญกับเรื่องเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในตำราเล่มนี้ เนื่องจาก เป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์เป็นตัวกำหนดวิธีการ หรือ โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ การตัดสินใจเลือกใช้ประโยชน์จากอิทธิพลแบบบวกระยะสมในการปรับปรุงพันธุ์หรือไม่ จึงขึ้นอยู่กับว่ามีเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ว่าเป็นอย่างไร

เป้าหมายของการปรับปรุงพันธุ์ ไม่ได้หมายถึงลักษณะใดๆที่ต้องการจะปรับปรุง ในสัตว์ใดๆ ให้มีพันธุ์กรรมที่ดีขึ้นเพียงอย่างเดียว แต่รวมถึง ใครจะเป็นผู้ใช้สัตว์เหล่านั้นด้วย ซึ่งผู้ใช้ในที่นี้ คือ ผู้เลี้ยง และ ผู้บริโภค ประเด็นของผู้เลี้ยง มีความสำคัญที่จะต้องนำมาใช้ร่วมในการกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ เนื่องจาก ผู้เลี้ยงที่มีความพร้อมที่แตกต่างกัน (เกษตรกรรายย่อย เกษตรกรรายกลาง เกษตรกรรายใหญ่ บริษัท) ย่อมมีความเหมาะสมกับความสามารถทางพันธุ์กรรมของสัตว์ที่มีความโดดเด่นที่แตกต่างกัน เช่นไก่เนื้อสายพันธุ์ทางการค้ามีความเหมาะสมกับเกษตรกรที่มีเงินทุนสูงแต่ไม่เหมาะสมเลยกับเกษตรกรรายย่อยทั่วไป ไก่เนื้อโคราชเหมาะกับเกษตรกรรายย่อยที่มีความสามารถในการจัดการ เลี้ยงดูไก่ ประมาณ 500-1000 ตัว แต่ไม่เหมาะกับการเลี้ยงในระดับอุตสาหกรรมมีอัตราการเลี้ยงที่หนาแน่น โคนมที่มีระดับสายเลือดโฮลส์ไตน์ สูงกว่า 80% ขึ้นไปเหมาะสมกับการเลี้ยงในฟาร์มขนาดใหญ่ ผู้เลี้ยงมีเงินทุนที่สามารถลงทุนการเลี้ยง การจัดการได้เต็มที่ แต่ไม่เหมาะสมกับเกษตรกรรายย่อยที่มีข้อจำกัดด้านเงินทุน ในประเด็นของผู้เลี้ยง กับการกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ สำหรับประเทศกำลังพัฒนา และเป็นประเทศที่อาชีพด้านการเกษตรเป็นอาชีพหลักของคนส่วนใหญ่ อย่างเช่นประเทศไทย นักปรับปรุงพันธุ์ควรต้องให้ความสำคัญและต้องตระหนักให้มาก ว่าเราจะทำงานเพื่อใคร เพราะเหตุใด และอย่างไร

จากเส้นทางคิดของนักปรับปรุงพันธุ์ที่แสดงไว้ในรูปที่ 1 จะเห็นได้ว่า จุดเริ่มต้นของเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ จะเริ่มต้นจาก การวิเคราะห์แนวโน้มของสถานการณ์ต่างๆ เช่น แนวโน้มของผู้บริโภค สภาพภูมิอากาศ ความเป็นไปในภาคการค้าภายในและระหว่างประเทศ เป็นต้น ซึ่งจะเห็นได้ว่า สถานการณ์และแนวโน้มเหล่านี้ มีความเป็นพลวัต ดังนั้น ในการกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ จึงจำเป็นต้องมีการติดตามสถานการณ์เหล่านี้อย่างต่อเนื่อง และ รอบคอบ ใช้สถานการณ์เหล่านี้ เพื่อการ speculate (คาดการณ์) ไปในอนาคต และใช้สิ่งเหล่านี้ในการกำหนดเป้าหมาย ที่ระลึกไว้ว่า การพัฒนาพันธุ์สัตว์ เมื่อเริ่มตั้งงานแล้ว การเปลี่ยนแปลงทำได้ไม่ถ่วงนัก

สถานการณ์ต่างๆนำมาสู่การกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์สัตว์

หัวข้อนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อให้ผู้อ่านเห็นว่าการเปลี่ยนแปลงของกระแสโลก และวงการอุตสาหกรรม การผลิตสัตว์ จะมีผลกระทบต่องานด้านการปรับปรุงพันธุ์อย่างชัดเจน ดังนั้นการติดตาม และการปรับตัวต่อสถานการณ์ที่มีการเปลี่ยนแปลง จึงเป็นสิ่งที่นักปรับปรุงพันธุ์ควรทำ

ในอดีตโจทย์ของการผลิตสัตว์ คือ ผลิตอย่างไรให้ได้ปริมาณที่เพียงพอต่อผู้บริโภค และมีต้นทุนการผลิตต่ำที่สุด ซึ่งเมื่อนำมาเชื่อมโยงกับเป้าหมายในการพัฒนาพันธุ์เพื่อตอบสนองความต้องการของผู้ผลิต จึงมุ่งเน้นการพัฒนาพันธุ์ที่ให้ความสำคัญกับการเพิ่มปริมาณผลผลิต ดังนั้นลักษณะที่ถูกให้ความสำคัญ จะเป็นกลุ่มของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับสมรรถนะการผลิตของสัตว์ ทั้งในด้านการเจริญเติบโต ประสิทธิภาพการใช้อาหาร ความสมบูรณ์พันธุ์ ความสามารถในการให้ผลผลิตต่างๆ เช่น ปริมาณเนื้อ นม ไข่ เป็นต้น ทั้งนี้ประเมินจากงานวิจัยในช่วงปี 1970 - 2000 ซึ่งแสดงไว้ในตารางที่ 2.1 ตารางดังกล่าว แสดงให้เห็นถึงทิศทาง หรือกระแสของงานวิจัยด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ที่เน้นการพัฒนาลักษณะต่างๆ ที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ ทั้งทางตรง และทางอ้อม ซึ่งจะเห็นได้ว่า ในช่วงปี 1970 ถึง ปี 2000 ลักษณะที่ถูกให้ความสำคัญและใช้ในการศึกษามากได้แก่ ลักษณะ ที่เกี่ยวข้องกับสมรรถนะการผลิต แต่เมื่อสถานการณ์ของโลกเปลี่ยนแปลงไป แนวทางในการศึกษาพัฒนา ก็จำเป็นต้องเปลี่ยนแปลงด้วย

ปัจจุบันการผลิตสัตว์อย่างยั่งยืน หรือ Sustainable Animal Production เป็นประเด็นสำคัญที่ทั่วโลกให้ความสำคัญ เนื่องจากสถานการณ์การเปลี่ยนแปลงในมิติต่างๆของโลก ได้แก่

- จำนวนประชากรของโลกที่จะเพิ่มขึ้นอย่างมหาศาล จากรูปที่ 2.1 จะเห็นได้ว่าในทศวรรษปัจจุบัน จำนวนประชากรของโลกมีประมาณ 7,000 ล้านคน และประมาณว่าจะสูงขึ้นถึง 10,000 ล้านคนในปี 2040
- พื้นที่ในการทำการเกษตรและปศุสัตว์ลดลง (รูปที่ 2.2) และถูกแทนที่ด้วยสังคมเมือง และการปลูกพืชเพื่อใช้ในการผลิตพลังงาน (Eisler et al., 2014)
- ในประเด็นของสุขภาพสัตว์ ปัจจุบันมีโรคระบาดต่างๆเกิดขึ้นกับสัตว์ และบางโรคเป็นโรคติดต่อจากสัตว์สู่มนุษย์ (zoonoses) และจากรายงานของ Grace et al. (2012) ระบุว่า ในแต่ละปีจะมีผู้ป่วยอันเนื่องจากสาเหตุของ zoonoses ทั่วโลกประมาณ 24,000 ล้านคน และเสียชีวิตด้วยสาเหตุนี้ประมาณ 2.2 ล้านคน
- จากรายงานของ Food and Agriculture Organization (FAO) ในปี 2006 ระบุว่า การผลิตสัตว์ เป็นต้นเหตุสำคัญประการหนึ่งของภาวะโลกร้อน การเสื่อมของดิน การเกิดมลภาวะของน้ำและอากาศ การสูญเสียความหลากหลายทางชีวภาพ และเป็นสาเหตุของ green house gas ประมาณ 18%
- ในส่วนของการค้าระหว่างประเทศ ปัจจุบันมีการรวมกลุ่มกันของประเทศต่างๆ เช่น กลุ่มของสหภาพยุโรป ประชาคมอาเซียน เป็นต้น การรวมกลุ่มของประเทศเหล่านี้ มีเหตุผลสำคัญ คือ การเพิ่มอำนาจในการต่อรองในเชิงการค้า กับประเทศคู่ค้า สิ่งที่หลีกเลี่ยงไม่ได้ คือ การสร้างมาตรฐานต่างๆ เพื่อควบคุมปริมาณสินค้านำเข้า ทั้งนี้เพื่อปกป้องกลุ่มธุรกิจ หรือเกษตรกรภายในประเทศ ซึ่งมาตรการต่างๆ ที่นำมาใช้ ส่วนหนึ่งมาจากฐานของความต้องการของผู้บริโภค เช่น การส่งเนื้อไก่จำหน่ายให้กับกลุ่มสหภาพยุโรป ผลิตภัณฑ์อาหารต้องปราศจากยาปฏิชีวนะตกค้าง แหล่งโปรตีนในอาหารไก่ต้องไม่ใช่แหล่งโปรตีนที่มาจากสัตว์ หรือ ในด้านกระบวนการฆ่าที่ต้องได้รับการรับรองมาตรฐานต่างๆ จำนวนมาก เป็นต้น

- แนวโน้มความต้องการของผู้บริโภคในปัจจุบันและอนาคต จะมุ่งเน้นในด้านอาหารคุณภาพที่มีประโยชน์ต่อสุขภาพ และให้ความสำคัญกับความอร่อย และเนื้อสัมผัสที่ดี (ตารางที่ 2.1) ซึ่งแตกต่างจากผู้บริโภคในอดีตที่ให้ความสำคัญกับสิ่งเหล่านี้น้อยกว่า และเน้นในเรื่องปริมาณของผลผลิตหรือ ความรวดเร็วของการเจริญเติบโตของสัตว์มากกว่า

ด้วยสถานการณ์ดังกล่าวนี้เอง จึงทำให้การผลิตสัตว์อย่างยั่งยืนกลายเป็นประเด็นที่จะต้องให้ความสำคัญอย่างจริงจัง

การผลิตสัตว์อย่างยั่งยืน ต้องพัฒนาและคำนึงถึงองค์ประกอบ 3 องค์ประกอบไปพร้อมๆ กัน คือ คน สิ่งแวดล้อม และสัตว์ ในส่วนของคน มีประเด็นที่ต้องให้ความสำคัญคือ อาหารปลอดภัย (food safety) ความมั่นคงทางอาหาร (food security) และเศรษฐกิจ ในส่วนของสิ่งแวดล้อม คือ การคำนึงถึงและการผลิตที่เป็นมิตรกับสิ่งแวดล้อม การคงไว้ซึ่งความหลากหลายทางชีวภาพ ในส่วนของสัตว์ คือ ความสามารถในการให้ผลผลิตของสัตว์ (productivity) และประสิทธิภาพการผลิตของสัตว์ (efficiency) และสวัสดิภาพสัตว์ (animal welfare)

จากสถานการณ์ต่างๆ วิเคราะห์ได้ว่า แนวทางในการผลิตสัตว์ต่อไปในอนาคตต้องเป็นมิตรต่อสิ่งแวดล้อม (ใช้ทรัพยากรธรรมชาติน้อยลง และไม่ทำลาย) ให้ความสำคัญกับสวัสดิภาพของสัตว์ ในขณะเดียวกัน ผลิตภัณฑ์ที่ผลิตได้ ก็ต้องตอบสนองความต้องการของผู้บริโภค ทั้งในแง่การเป็นอาหารที่มีประโยชน์ต่อสุขภาพ และในด้านรสชาติ รสสัมผัส ในขณะที่ปริมาณยังต้องมีมากเพียงพอสำหรับคนจำนวน 50,000 หมื่นล้านคน ภายใต้อัตราการผลิตที่ลดลง และสำหรับประเทศไทย เรายังคงมีปัญหาระบบความมั่นคงในอาหาร และ อาหารปลอดภัยด้วย ในความคิดของผู้เขียน ที่กล่าวมานั้นคือสถานการณ์ที่นักปรับปรุงพันธุ์จะต้องนำมาใช้เป็นส่วนหนึ่งของการกำหนดเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์

การวิเคราะห์ความเป็นไปได้ในการปรับปรุงพันธุ์

การวิเคราะห์ความเป็นไปได้ในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อตอบสนองต่อสถานการณ์นั้น เป็นกระบวนการที่สำคัญมาก การวิเคราะห์จะบอกได้ว่า เราสามารถใช้การปรับปรุงพันธุ์เป็นส่วนหนึ่งของการจัดการสถานการณ์ที่เกิดขึ้นได้หรือไม่ โดยหลักการในการวิเคราะห์ คือ

- เริ่มต้นด้วยการวิเคราะห์สถานการณ์ ความเป็นไปต่างๆ เพื่อกำหนดเป้าหมายของงานทั้งในด้านของเนื้องาน และในด้านของกลุ่มคนที่จะเอางานไปใช้ประโยชน์
- สำรวจทรัพยากรที่เกี่ยวข้องในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อประเมินความเป็นไปได้ ทรัพยากรที่เกี่ยวข้องได้แก่ แหล่งพันธุกรรมที่จะนำมาใช้ในการพัฒนา องค์กร สถานที่ งบประมาณ บุคลากร ในการประเมินความเป็นไปได้ของแหล่งพันธุกรรมจะได้กล่าวในรายละเอียดในบทต่อไป ส่วนในด้านขององค์กร สถานที่ งบประมาณ บุคลากร ต้องประเมินในแง่ความสามารถที่จะทำงานได้อย่างต่อเนื่องในระยะยาว ด้วยงบประมาณที่เพียงพอ

จากสถานการณ์ที่ได้กล่าวในหัวข้อก่อนหน้านี้ สำหรับประเทศไทย เมื่อวิเคราะห์ความเป็นไปได้ในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อเป็นส่วนหนึ่งในการจัดการสถานการณ์ดังกล่าว สิ่งที่เราประเทศไทย คือ เรามีทรัพยากรพันธุ์สัตว์พื้นเมือง และเรายังคงเหลือเกษตรกรรายย่อยที่มีวิถีชีวิตที่อิสระจากบริษัทรายใหญ่ 2 สิ่งที่เรามีอยู่ขณะนี้ มีประโยชน์อย่างไร

ในด้านทรัพยากรพันธุ์สัตว์พื้นเมือง ถ้าเรามองย้อนไปที่สถานการณ์ที่เป็นอยู่ ทั้งในแง่การผลิตที่เป็นมิตรกับสัตว์ สวัสดิภาพสัตว์ การตอบสนองต่อความต้องการของผู้บริโภค ด้านการผลิตอาหารที่มีประโยชน์ต่อสุขภาพ และยังคงไว้ซึ่งความอร่อย และรวมถึงประเด็นของความมั่นคงทางอาหาร จะเห็นได้ว่า พันธุ์สัตว์พื้นเมืองที่มีอยู่ เช่น ไก่พื้นเมือง สุกรพื้นเมือง โคพื้นเมือง กระบือ เป็นต้น มีศักยภาพเพียงพอที่จะนำไปสู่แก้โจทย์เหล่านี้ได้ สัตว์พื้นเมือง เป็นสัตว์ที่มีพันธุกรรมเหมาะสมต่อสภาพแวดล้อม และภูมิอากาศของประเทศไทย เนื่องจาก การที่ถูกคัดเลือกโดยธรรมชาติ (ธรรมชาติแบบภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้) มาอย่างยาวนาน จึงให้พันธุกรรมที่คงเหลืออยู่ในปัจจุบัน จึงเป็นพันธุกรรมที่มีความเหมาะสมกับประเทศไทย ตามที่กล่าวมา ความสามารถในการคงอยู่ และปรับตัวของสัตว์พื้นเมืองเหล่านี้เอง เป็นศักยภาพหนึ่งที่เราจะนำมาใช้ประโยชน์ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในด้านการผลิตที่เป็นมิตรกับสัตว์ และสวัสดิภาพสัตว์ เพราะการผลิตที่ให้ความสำคัญในเรื่องสวัสดิภาพสัตว์ คือการให้สัตว์สามารถแสดงพฤติกรรมตามธรรมชาติของสัตว์ได้ ซึ่งหมายถึงการที่สัตว์จะสามารถอยู่ในระบบการเลี้ยงที่สามารถสัมผัสกับธรรมชาติได้ ส่วนในเรื่องความสามารถในการให้ผลผลิตทั้งในเชิงปริมาณ และคุณภาพ อาจเป็นสิ่งที่ต้องพัฒนาต่อไป โดยการบูรณาการความรู้ทั้งในด้านการปรับปรุงพันธุ์ และ ด้านอื่นๆ ที่เกี่ยวข้อง

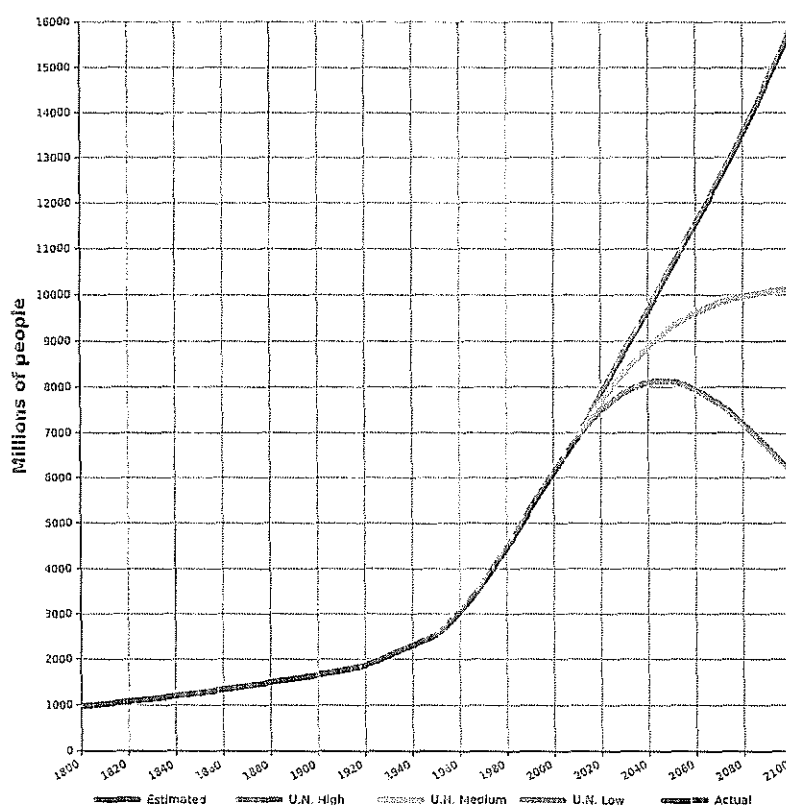
อย่างไรก็ตาม สิ่งที่สำคัญอย่างยิ่งคือ ในการพัฒนาพันธุกรรมสัตว์ใดๆ การสร้างประชากรพื้นฐานเป็นขั้นตอนสำคัญที่ต้องทำ และในการเก็บรักษาประชากรพื้นฐาน ต้องพยายามรักษาไว้ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมของสัตว์ โดยให้ฝูงประชากรนี้ ทำหน้าที่เสมือนห้างสรรพสินค้าที่มีสินค้าที่หลากหลาย ลูกค้าสามารถเข้ามาซื้อสินค้าต่างๆจากห้างนี้ ได้อย่างครบถ้วน ส่วนในการพัฒนาพันธุกรรมนั้น ต้องเป็นการนำเอาสัตว์จากประชากรพื้นฐานออกจากฝูง และใช้เป็นฝูงตั้งต้นในการพัฒนาพันธุกรรม การกระทำเช่นนี้จะทำให้พันธุกรรมของประชากรพื้นฐานจะสามารถคงไว้ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ รูปแบบนี้ เป็นรูปแบบที่สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัยร่วมกับกรมปศุสัตว์และผู้ทรงคุณวุฒิจากหลากหลายมหาวิทยาลัยได้ร่วมกันคิด และวางแผน และวางรูปแบบการอนุรักษ์และพัฒนาพันธุกรรมของไก่พื้นเมือง

กล่าวโดยสรุป การที่ประเทศไทยยังมีพันธุกรรมของสัตว์พื้นเมืองอยู่ นี้ เป็นความโชคดีของประเทศ เราสามารถนำพันธุกรรมเหล่านี้มาใช้ให้เกิดประโยชน์ ตอบโจทย์ความต้องการในด้านต่างๆ ได้ อย่างไรก็ตามสิ่งที่ต้องตระหนัก คือ การมีอยู่ของพันธุกรรมของสัตว์พื้นเมืองในขณะนี้ ค่อนข้างเปราะบาง เสี่ยงที่จะหมดไปจากประเทศ ทั้งในด้านตัวสัตว์ และความหลากหลายทางพันธุกรรม

ในประเด็นของการคงเหลือเกษตรกรรายย่อยที่มีวิถีชีวิตที่อิสระจากบริษัทรายใหญ่มีประโยชน์ต่อการพัฒนาเพื่อตอบโจทย์ที่กล่าวไว้ข้างต้น คือ เกษตรกรเหล่านี้ คือ กลไกสำคัญของการทำให้เกิดความมั่นคงทางอาหารในชุมชน トラบใดที่เรายังคงมีเกษตรกรรายย่อย และเกษตรกรเหล่านี้มีเครื่องมือในการประกอบอาชีพเป็นของตัวเอง ความกังวลในเรื่องความมั่นคงทางอาหารก็จะน้อยลง นอกจากนี้การผลิตสัตว์ในระดับของ

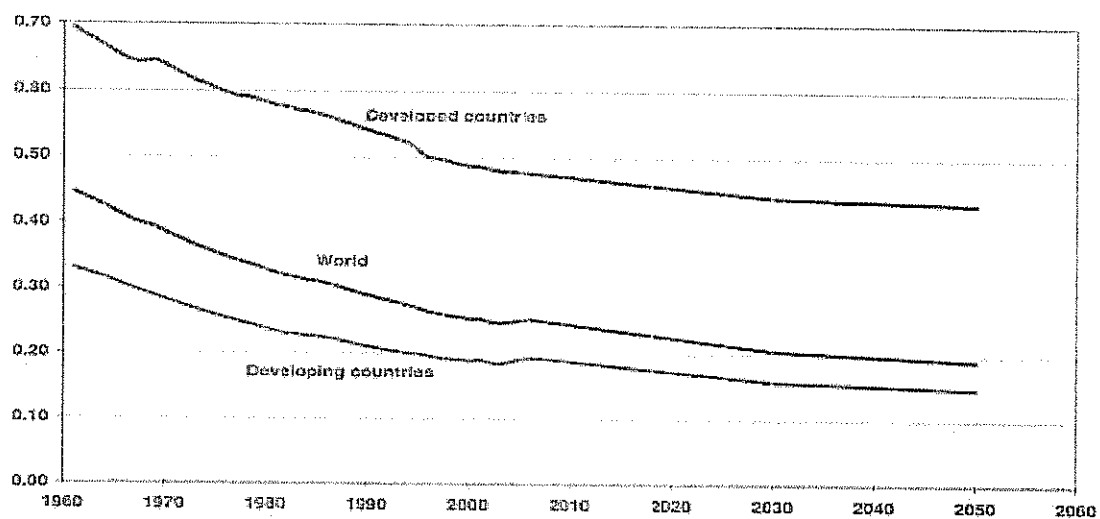
เกษตรกรรายย่อย ทั่วไปจะเป็นระดับการผลิตที่เล็ก ดังนั้นการวางแผนจัดการของเสียต่างๆที่เกิดจากการผลิตสามารถทำได้ไม่ยาก

ให้ผู้อ่านพยายามเห็นภาพว่า ประเทศไทยมีเกษตรกรรายย่อยกระจายอยู่ทั่วประเทศ แต่ละกลุ่มมีเครื่องมือในการประกอบอาชีพของตัวเอง ที่มีความโดดเด่นที่จำเพาะ สามารถแข่งขันด้านการตลาดได้ กำลังการผลิตอยู่ในระดับที่เพียงพอสำหรับชุมชน และเหลือพอขายนอกชุมชนบ้าง หน้าที่ของนักปรับปรุงพันธุ์ คือ การสร้างและพัฒนาเครื่องมือในการประกอบอาชีพจากพันธุกรรมของสัตว์พื้นเมือง เพื่อตอบโจทย์ในด้านความมั่นคงทางอาหาร การผลิตสัตว์ที่เป็นมิตรกับสิ่งแวดล้อม เป็นมิตรกับสัตว์ และตอบสนองความต้องการของผู้บริโภคทั้งในด้านความอร่อยและความเป็นอาหารสุขภาพ



รูปที่ 2.1 การเปลี่ยนแปลงจำนวนประชากรของโลกตั้งแต่ปี คศ.1800 ถึง 2100

ที่มา : http://en.wikipedia.org/wiki/World_population, 26 มีนาคม 2558



รูปที่ 2.2

การเปลี่ยนแปลงพื้นที่ในการทำการเกษตร ตั้งแต่ปี 1960 – 2060

ที่มา :

<http://ourworldindata.org/data/food-agriculture/land-use-in-agriculture/29> มีนาคม 2558

ตารางที่ 2.1 การศึกษาวิจัยด้านการปรับปรุงพันธุกรรมสัตว์ในลักษณะต่างๆ ตั้งแต่ ปี คศ.1970 - 2014

เอกสารอ้างอิง	ลักษณะที่ศึกษาเพื่อการปรับปรุงพันธุ์ในสัตว์ต่างๆ
Vesely et al. (1970)	Birth weight, Weaning weight, Average daily gain, Total gain, Final weight, Clean fleece, Staple length, Wool grade score, Wool yield ในแกะ
Dillard et al. (1972)	Birth weight, Weaning weight, Final weight, Gain birth to weaning, Gain weaning to final, Gain birth to final ในสุกร
Brandt et al. (1973)	Days open, Day in milk, Milk, %Fat, Fat, %SNF, SNF, %Protein, Protein ในโคนม
Bereskin et al. (1974)	Total litter size at birth, Day of age total litter weight, average weight per pig ในสุกร
Matsoukas and Fairchild (1975)	No services per conception, Day from first breeding to conception, Calving interval, Milk production ในโคนม
Robison et al. (1980)	Body weight, Withers height, Fore-chest depth, Fore-chest girth, Withers to pin, Withers to hips, Hips to pins ในโคเนื้อ
Rincon et al. (1982)	Milk yield, Fat protein-corrected milk, Fat yield, Protein yield ในโคนม
Lin et al. (1986)	Milk yield, Fat yield, Protein yield ในโคนม
Martinez et al. (1988)	Day in milk, Age at calving, Calving interval, Milk yield ในโคนม
Van Der Werf and De Boer (1989)	Milk yield, Fat protein-corrected milk, Fat yield, Protein yield, %Fat, %protein ในโคนม
Wiggans (1989)	Milk yield, Fat yield, Protein yield ในแพะ
Mejdell et al. (1993)	Milk yield, %Fat, %Protein, meat production(economic value of carcass, carcass weight) ในโคนม
Visscher and Goddara (1995)	Survival score, Milk yield, Protein yield, Milking speed score, Temperament score, Likeability score ในโคนม
Lundén et al. (1997)	Milk yield, Protein yield, Fat yield, Casein yield, Lactose yield ในโคนม
Chao and Lee (2001)	age at first egg, average egg weight at 25 wk of age, egg production from AFE to 52 wk, average fertility from 30 to 33 wk of age, serum γ -globulin concentration at 34 wk of age, immune response to phytohemagglutinin-P, antibody response to SRBC, carbon clearance ability ในไก่ไข่
McElroy et al. (2006)	Live weight, Body weight, weight of abdominal fat pad, weight of carcass without giblets, weight of the front half of the carcass, weight of the fillet, weight of the tender, weight of the white meat, conformation score, transport loss ในไก่เนื้อ
Demeter et al. (2009)	305-d milk yield, 305-d protein yield, 305-d fat yield, %Protein, %Fat, %Fatty acid (C4:0, C5 to C15, C6 to C12, C14:0, C16:0, C18:0, C18u, CLA, TFA) ในโคนม
Crisà et al. (2010)	Milk yield, %Fat, %Fatty acid (C4:0, C6:0, C8:0, C10:0, C10:1, C12:0, C14:0, C14:1, C15:0, C15 iso C15 anteiso, C16:0, C16:1, C17:0) ในแกะ
Li et al. (2010)	Body weight, Abdominal fat, Breast fat, Thigh fat ในไก่เนื้อ
Molee et al. (2011)	Milk yield, Protein yield, Fat yield ในโคนม
Bhattacharya et al. (2012)	Body weight, growth rates ในไก่เนื้อ
Huang et al. (2012)	Protein, α S-CN, β -CN, K-CN, α -LA, β -LG ในโคนม
Molee et al. (2012)	
Chen et al. (2014)	daily feeding duration, daily feeding head down time, average feeding duration per feeding event, average feeding head down time per feeding event, feeding frequency, meal eating rate, midpoint metabolic BW, residual feed intake, residual feed intake adjusted for final ultrasound backfat, final ultrasound LM area; final ultrasound backfat, carcass LM area, carcass average backfat thickness, lean meat yield, carcass marbling score. ในโคนม
Grion et al. (2014)	G:F, Partial efficiency of growth, Relative growth rate, Kleiber's ratio, Residual feed intake, Residual weight gain (kg gain/d), Residual intake and gain ในไก่เนื้อ

ตารางที่ 2.2 เกณฑ์การเลือกบริโภคเนื้อสัตว์ของผู้บริโภคในประเทศต่างๆ

Country	Criterion	Reference
Turkey : Ankara	Price, Taste, Nutritional quality, Conditions relating to health, Fat content	Aral et al. (2013)
Malaysia	Freshness, Good environment, Halal guaranteed, Price	Chamhuri and Batt (2013)
Romania : Bucharest	Taste, Color, Texture, Cholesterol content, Chicken naturally fed (meat origin)	Pirvutoiu and Popescu (2013)
Thailand : Central and Western	Price, Flavor, Texture, Antibiotic	Chaouthai and Sumon (2010)
Romania : Timiș, Caraș-Severin, Arad	Chicken naturally fed (meat origin)	Buzamat et al. (2009)
Indonesia	Firm, Fatless, Texture, Poultry receive fed without drug/antibiotic/chemical, Good for health	Maladno and Olaf (2009)
Switzerland	Price, Meat quality, Product origin, Animal welfare	Bolliger and Réviron (2008)
Czech	Price, Tastiness, Fat content, Flavor	Pourova and Stehlik (2002)
Germany	Freshness, Free rang, Feed, Country of original, Brand/label, Antibiotics, Fat/cholesterol, Price	Becker et al. (2000)

การกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์

จากหัวข้อที่ผ่านมา จะเห็นได้ว่า สถานการณ์ต่างๆ ที่เกิดขึ้นมีการเปลี่ยนแปลง ดังนั้น นักปรับปรุงพันธุ์จึงควรต้องตระหนักและติดตาม และวิเคราะห์สถานการณ์เหล่านั้นและใช้สถานการณ์เหล่านั้นมาใช้ประกอบการกำหนดเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ ในการกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ มีคำถามสำคัญ ดังนี้

- ใครคือผู้ใช้ (target user)
- ผู้ใช้เหล่านั้นต้องการอะไร
- ผู้ใช้เหล่านั้นมีศักยภาพในการเลี้ยงการจัดการสัตว์ในระดับใด
- กลุ่มลูกค้าของผู้ใช้เหล่านั้นเป็นใคร (ความสามารถในการเข้าถึงสินค้า รสนิยม วิธีการสื่อสาร)
- แนวโน้มการเปลี่ยนแปลงความต้องการของกลุ่มลูกค้าเหล่านั้นเป็นอย่างไร (5 – 10 ปีข้างหน้า)
- ใครหรือองค์กรใดจะเป็นผู้ทำหน้าที่ในการรักษาฝูงต้นพันธุ์
- ใครหรือองค์กรใดทำหน้าที่ในการพัฒนาพันธุ์
- ใครหรือองค์กรใดทำหน้าที่ในการผลิตพันธุ์และกระจายพันธุ์
- ใครหรือองค์กรเหล่านั้นมีศักยภาพมากน้อยเพียงใด ทั้งในด้านงบประมาณ บุคลากร

การได้มาซึ่งคำตอบของคำถามเหล่านี้ เป็นประเด็นที่มีความสำคัญมาก การได้มาซึ่งคำตอบไม่มีวิธีการที่แน่นอน แต่อย่างน้อย นักปรับปรุงพันธุ์ต้องตระหนักถึง การได้มาซึ่งคำตอบที่เป็นจริง และนำไปใช้ในการวางแผนการทำงาน

และต้องเกิดจากการทำงานร่วมกันหลายฝ่าย การได้มาควรเป็นประเด็นที่ต่อเนื่องจากหัวข้อที่ผ่านมา ในประเด็นนี้ ความต้องการของผู้ใช้ ควรเกิดจากการพิจารณาร่วมกันระหว่างผู้เกี่ยวข้องหลายฝ่าย เช่น ผู้ใช้ ผู้บริโภค ตลาด นักปรับปรุงพันธุ์ เป็นต้น การคำนึงถึงความสามารถในการแข่งขันของเกษตรกร โดยใช้พันธุ์สัตว์ที่จะพัฒนาขึ้น และในบางกรณี การให้การศึกษ การเปลี่ยนแปลงรสนิยม ความเชื่อ จากสิ่งที่ถูกเชื่อ หรือยอมรับมานาน สู่ความเป็นจริง หรือการใช้กลยุทธ์ต่างๆในการเปลี่ยนแปลงผู้บริโภค ก็มีความจำเป็น กรณีตัวอย่าง ไก่เนื้อโคราช เป็นกรณีที่น่าสนใจ ดังนี้ ไก่เนื้อโคราชเป็นไก่ลูกผสม ที่มีพ่อเป็นไก่พื้นเมืองเหลืองหางขาวบินบุรี (ได้รับความอนุเคราะห์จากกรมปศุสัตว์) ส่วนแม่เป็นสายพันธุ์ที่ถูกสร้างขึ้นเพื่อการผลิตไก่เนื้อโคราช ซึ่งมีชื่อเรียกว่า ไก่ มทส. ลักษณะภายนอกของไก่เนื้อโคราชนั้น โครงร่างคล้ายไก่พื้นเมือง แต่สีขนของไก่ จะมีทั้งไก่ที่มีขนสีดำ ขนสีขาว ขนสีน้ำตาล โดยสัดส่วนไก่ที่มีขนสีขาวประมาณ 90% ในเบื้องต้นตลาดรับซื้อไก่มีชีวิตระบุว่าไก่ขนสีขาวจะมีปัญหาผู้บริโภคไม่ยอมรับ และจะจำหน่ายได้ในราคาต่ำ ซึ่งในประเด็นนี้ ต้องมีการให้ข้อมูลว่า สีขนของไก่นั้น ไม่สำคัญเท่ากับลักษณะเนื้อสัมผัส และรสชาติของเนื้อไก่อ ดังนั้น ผู้เลี้ยง และผู้จำหน่ายต้องสร้างการรับรู้และยอมรับในเรื่องเนื้อสัมผัส และรสชาติก่อน ซึ่งเมื่อทำได้แล้ว ณ ปัจจุบัน ขนสีขาวของไก่เนื้อโคราชนั้นไม่ใช่ปัญหาด้านการตลาดอีกแล้ว ไม่เพียงแต่ไม่ใช่ปัญหา แต่ขนสีขาวยังกลายเป็นข้อเด่นของไก่เนื้อโคราช เพราะขนสีขาว ตกแต่งซากก่อนจำหน่ายได้ง่าย ทำให้ซากดูสะอาดกว่า ไก่ขนสีดำ

บทที่ ๓

อิทธิพลของยีน และ อิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม

จากที่ได้กล่าวไว้ในบทที่ 1 ว่า ลักษณะในด้านการปรับปรุงพันธุ์นั้น แบ่งเป็น 2 ประเภท คือลักษณะเชิงคุณภาพ (qualitative trait) และลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait) สำหรับลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในสัตว์เศรษฐกิจทั่วไปนั้น ส่วนใหญ่จัดเป็นลักษณะเชิงปริมาณ โดยลักษณะดังกล่าวนี้เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนหลายตำแหน่ง หรือที่เรียกว่า polygene และยังมีอิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้องกับการแสดงออกด้วย ในการทำงานของยีนหลายตำแหน่ง ประกอบด้วยรูปแบบของอิทธิพลของยีนที่มีผลต่อลักษณะนั้นๆ 2 รูปแบบใหญ่ คือ additive gene effect, และ non additive gene effect ซึ่งในส่วนของ non additive gene effect ประกอบด้วย 2 อิทธิพล คือ dominance gene effect และ epistasis gene effect เพื่อถ่ายทอดการเข้าใจ จากสมการที่ ① ให้พิจารณาที่ G จะเห็นว่าอิทธิพลของ G จะจำแนกออกดังสมการด้านล่างนี้ อิทธิพลของยีนทุกรูปแบบต่างมีผลต่อการแสดงออกของลักษณะ แต่ในสัดส่วนที่มากน้อย แตกต่างกันไป ในแต่ละลักษณะ

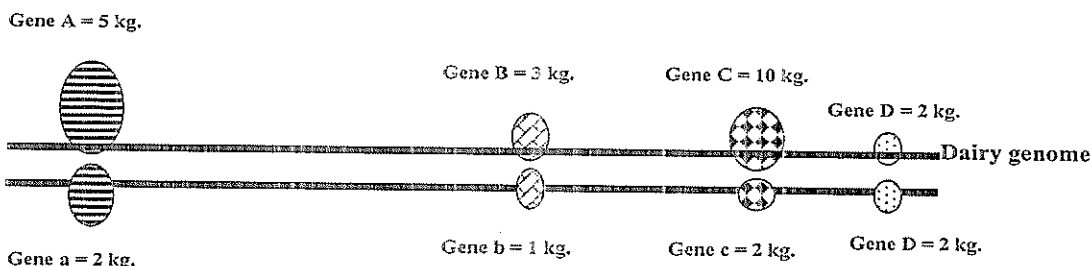
$$P = G + E + (G \times E) \quad \text{①}$$

อิทธิพลของยีน ประกอบด้วย 2 อิทธิพลหลัก คือ

1. Additive gene effect หรือ อิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม ในลักษณะเชิงปริมาณ ยีนที่มีบทบาทต่อการแสดงออกของลักษณะ ประกอบด้วยยีนหลายตำแหน่ง แต่ละตำแหน่งต่างก็ร่วมด้วยช่วยกันในการทำให้ลักษณะนั้นแสดงออกมา บางตำแหน่งอาจมีอิทธิพลต่อลักษณะนั้นสูง บางตำแหน่งอาจมีอิทธิพลต่อลักษณะนั้นน้อย บางตำแหน่งมีอิทธิพลในการลดลงของลักษณะ และเมื่ออิทธิพลของยีนทุกตำแหน่งที่มีบทบาทต่อลักษณะนั้นมารวมกัน ก็จะเป็นค่าของอิทธิพลแบบบวกสะสม โดยทฤษฎีเมื่อนำเอา ค่า additive gene effect มารวมกับ อิทธิพลของยีนแบบ dominance effect, epistasis effect และอิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมแล้ว จะได้ค่าเป็นค่า P หรือค่าของลักษณะปรากฏของสัตว์ตัวนั้นๆ ดังแสดงในรูปจำลอง รูปที่ 3.1

Additive gene effect เป็นอิทธิพลที่สามารถถ่ายทอดจากพ่อ แม่ ไปสู่ลูกได้ โดยในการถ่ายทอดนี้ พ่อจะถ่ายทอดไปให้ลูกได้ $\frac{1}{2}$ ของอิทธิพลแบบ additive gene effect ของพ่อ และแม่ก็สามารถถ่ายทอดไปได้ $\frac{1}{2}$ ของอิทธิพลนี้ของแม่ ซึ่งการถ่ายทอดนี้ อยู่ในกระบวนการการสร้างเซลล์สืบพันธุ์ (sperm และ egg) ในเซลล์สืบพันธุ์ประกอบด้วยชุดโครโมโซม $1n$ และบนโครโมโซมเหล่านี้ประกอบด้วยยีนต่างๆ และเมื่อเซลล์สืบพันธุ์เข้าสู่กระบวนการปฏิสนธิ ชุดโครโมโซมจาก sperm ($1n$) และ egg ($1n$) ก็มารวมกัน กลายเป็น $2n$ และยีนต่างๆ ที่อยู่บนโครโมโซมของพ่อและของแม่ก็จะถูกปรากฏที่ลูก

จากรูปที่ 3.1 จะเห็นได้ว่ายีนต่างๆ ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะนั้นๆ จะอยู่บนเส้นโครโมโซม เรียงกันไปตามแนวยาวของเส้นโครโมโซม ทั้ง 2 แท่ง (คู่กัน) ในช่วงของการสร้าง cell สืบพันธุ์ โครโมโซมซึ่งเป็นคู่กัน ก็จะถูกแยกกัน จำนวนโครโมโซมที่เป็นแบบ 2n ก็จะเหลือเพียง n เดียว กลายเป็น cell สืบพันธุ์ โดย cell สืบพันธุ์ในเพศผู้ คือ sperm หรืออสุจิ และ cell สืบพันธุ์ในเพศเมียคือ egg หรือไข่ และใน cell สืบพันธุ์นี้เองที่มียีนต่างๆ ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่สนใจ (ที่กล่าวไป) ดังนั้น เมื่อมีการผสมพันธุ์สัตว์จะสามารถถ่ายทอดพันธุกรรม ซึ่งเป็นบนเส้นโครโมโซม ไปสู่ลูก จึงกล่าวได้ว่าอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมนั้นสามารถถ่ายทอดจากพ่อ แม่ สู่ลูกได้ และเมื่อพิจารณาต่อไป จะเห็นได้ว่าการถ่ายทอดอิทธิพลแบบบวกสะสมจากพ่อหรือแม่สู่ลูกนั้นจะถ่ายทอดอิทธิพลไปที่ลูก เพียงครึ่งหนึ่ง บนเส้นโครโมโซม ยีนที่เคยเข้าคู่กัน จะถูกแยกจากกัน อิทธิพลที่มีต่อลักษณะใดๆ ที่เกิดจากการรวมอิทธิพลของยีนทุกตำแหน่งที่เกี่ยวข้อง ทั้ง 2 เส้นโครโมโซม เมื่อถูกแยกเหลือโครโมโซมเพียง n เดียว



ผลผลิตน้ำนมรวม = อิทธิพลของ allele A + allele a + allele B + allele b + allele C + allele c + allele D + allele d + อิทธิพล dominance effect ณ ตำแหน่งต่างๆ + อิทธิพล epistasis effect ณ ตำแหน่งต่างๆ + อิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อม
 ผลผลิตน้ำนมรวม = 5 + 2 + 3 + 1 + 10 + 2 + 2 + 2 + dominance effect + epistasis effect + environment effect

รูปที่ 3.1 แบบจำลองเพื่ออธิบายความหมายของ additive gene effect และตัวอย่างของ additive gene effect ต่อลักษณะผลผลิตน้ำนมในโคนม

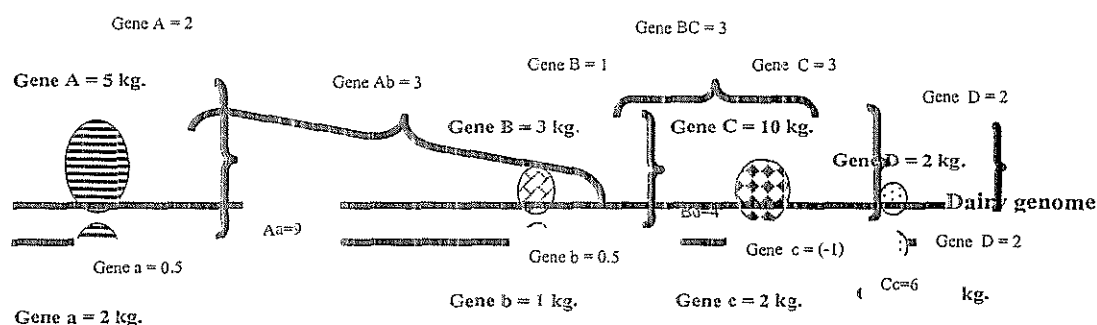
เราสามารถบอกระดับของอิทธิพลของ additive gene effect ของสัตว์ตัวหนึ่งๆ ที่มีต่อลักษณะใดลักษณะหนึ่งได้ ด้วยค่า additive gene effect เรียกอีกชื่อหนึ่งว่า ค่าการผสมพันธุ์ (breeding value; BV) อย่างไรก็ตาม ค่า BV นี้ เราไม่สามารถ ชั่ง ตวง วัด ได้ ด้วยเครื่องมือใดๆ ค่าดังกล่าวได้จากการการประมาณด้วยวิธีการทางสถิติ ดังนั้น เราจึงเรียกค่านี้ว่าค่า estimated breeding value หรือค่า EBV

ค่า EBV เป็นค่าจำเพาะของสัตว์ตัวหนึ่งและของลักษณะหนึ่งในช่วงเวลาใดเวลาหนึ่งเท่านั้น ปริมาณของค่า EBV ใช้ในการบอกว่าการแสดงออกของลักษณะใดๆ ของสัตว์ตัวหนึ่ง มีอิทธิพลเนื่องจากอิทธิพลแบบ additive gene effect มากน้อยเพียงใดโดยเทียบกับค่าเฉลี่ยของลักษณะนั้นในประชากรนั้น

ตัวอย่าง ประชากรไก่แม่พันธุ์ มทส.103 มีผลผลิตไข่ต่อปีเฉลี่ย 180 ฟองต่อตัวต่อปี ไก่แม่ทส.ตัวหนึ่งมีผลผลิตไข่ต่อปี เท่ากับ 170 ฟอง มีค่า EBV มีค่าเท่ากับ -9 ข้อมูลเช่นนี้ อธิบายได้ว่า ไก่แม่ทส.ตัวนี้ มีอิทธิพลเนื่องจาก additive gene effect ที่มีผลต่อการให้ผลผลิตไข่ และทำให้ไก่มีผลผลิตไข่น้อยกว่าค่าเฉลี่ยของประชากร 9 ฟอง

อนึ่งค่า EBV นี้ เป็นค่าจำเพาะของประชากร และไม่สามารถเปรียบเทียบค่านี้อะหว่างประชากรได้ สำหรับการคำนวณค่า EBV นั้นจะได้กล่าวในรายละเอียดต่อไป

2. Non-additive gene effect หรือ อิทธิพลของยีนแบบไม่บวกสะสม ตามที่ได้กล่าวไว้ ในส่วนของ additive gene effect ว่า ในลักษณะเชิงปริมาณ ยีนที่มีบทบาทต่อการแสดงออกของลักษณะประกอบด้วยยีนหลายตำแหน่ง แต่ละตำแหน่งต่างก็ร่วมด้วยช่วยกันในการทำให้ลักษณะนั้นแสดงออกมา ถ้าในกรณีที่มีอิทธิพลของยีนทุกตำแหน่งที่มีบทบาทต่อลักษณะนั้นมารวมกัน อิทธิพลนี้เรียกว่าอิทธิพลแบบบวกสะสม อย่างไรก็ตาม ยังมีอิทธิพลของยีนอีกประเภทหนึ่งที่เป็นอิทธิพลที่ไม่ได้เกิดจากการบวกสะสมอิทธิพลของยีนตำแหน่งต่างๆ แต่เป็นอิทธิพลที่เกิดจากอิทธิพลร่วมกันระหว่างยีนในตำแหน่งเดียวกัน (อิทธิพลร่วมระหว่าง allele ณ locus เดียวกัน) ที่เรียกว่า dominance effect หรือ อิทธิพลร่วมระหว่างยีนต่างตำแหน่งกัน (อิทธิพลร่วมระหว่าง allele ที่อยู่ต่าง locus กัน) ที่เรียกว่า epistasis effect อิทธิพลทั้ง 2 รูปแบบนี้เราเรียกว่า อิทธิพลของยีนแบบไม่บวกสะสม (non-additive gene effect) (รูปที่ 3.2)



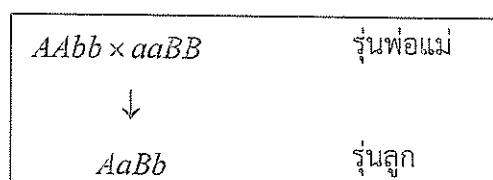
ผลผลิตน้ำนมรวม = อิทธิพลของ allele A + allele a + allele B + allele b + allele C + allele c + allele D + allele d + อิทธิพล dominance effect ณ ตำแหน่งต่างๆ (Aa, Bb, Cc, DD) + อิทธิพล epistasis effect ณ ตำแหน่งต่างๆ (Ab, Bc) + อิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อม
 ผลผลิตน้ำนมรวม = 2 + 0.5 + 1 + 0.5 + 3 + (-1) + 2 + 2 + 4 + 3 + 3 + 0.5 + 3 + 3 + environment effect

รูปที่ 3.2 แบบจำลองเพื่ออธิบายความหมายของ non additive gene effect และตัวอย่างของ non additive gene effect ต่อลักษณะผลผลิตน้ำนมในโคนม

Non-additive gene effect เป็นอิทธิพลที่ไม่สามารถถ่ายทอดจากพ่อ แม่ ไปสู่ลูกได้ ถ้าพิจารณาจากรูปที่ 3.2 เมื่อเข้าสู่กระบวนการการสร้างเซลล์สืบพันธุ์ allele ที่เข้าคู่กันเป็น genotype ณ ตำแหน่งต่างๆของยีนจะถูกแยกจากกัน ปฏิกริยาร่วมที่เคยมีเมื่อ allele มีการเข้าคู่กันก็จะหายไปเซลล์สืบพันธุ์ และเมื่อเซลล์สืบพันธุ์เข้าสู่กระบวนการปฏิสนธิ การเข้าคู่กันของ allele ก็อาจจะเป็นการเข้าคู่กันด้วย allele อื่นๆ ซึ่งอาจทำให้ปฏิกริยาร่วมอาจดีกว่า หรือเลวกว่า ก็ได้ ถ้าการเข้าคู่ผสมพันธุ์กันของสัตว์ไม่ได้เกิดจากการวางแผน

การเกิด Heterosis หรือ Hybrid vigor

Non – additive gene effect เป็นสาเหตุของการเกิด heterosis effect และเกิด hybrid vigor ซึ่งหมายถึงลูกที่มีลักษณะปรากฏที่สนใจโดดเด่นกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ heterosis สาเหตุที่ทำให้เกิด heterosis effect คือ genotype ที่เป็นแบบ heterozygous โดยหลักการแล้ว เมื่อพิจารณาลักษณะเชิงปริมาณลักษณะใดลักษณะหนึ่ง ถ้าสภาพของ genotype ของกลุ่มยีนที่มีบทบาทต่อลักษณะดังกล่าวเป็นแบบ heterozygous ทั้งหมด ก็จะมีโอกาสในการเกิด heterosis effect สูง การที่ genotype จะมีสภาพเป็นเช่นที่กล่าวได้ เกิดจากการที่พ่อกับแม่มีโครงสร้างพันธุกรรมที่แตกต่างกัน และ ผลิตรูกลูกที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมส่วนใหญ่เป็นแบบ heterozygous ดังรูปที่ 3.3 สร้างขึ้นเพื่อให้เห็นภาพการเกิด heterosis effect



รูปที่ 3.3 อธิบายการเกิดสภาพ heterozygous ในรุ่นลูกซึ่งเป็นสาเหตุของการเกิด heterosis effect

จากแผนภาพที่กำหนดให้ ลักษณะที่สนใจถูกคุมด้วยยีน 2 ตำแหน่ง คือ ตำแหน่ง A และ B และแต่ละตำแหน่งมียีน 2 allele คือ A และ a และ B และ b โดยยีน A และ B มีอิทธิพลข่มยีน a และ b ตามลำดับ โดยอิทธิพลแบบนี้ อาจเป็นการข่มแบบ complete dominant หรือเป็น overdominant ก็ได้ ดังนั้นด้วยโครงสร้างพันธุกรรมในรุ่นของพ่อแม่ จึงทำให้ในรุ่นพ่อแม่ควรมีการแสดงออกของลักษณะที่สนใจไม่ดีเท่าการแสดงออกของลักษณะเดียวกันในรุ่นลูก ซึ่งเป็นการเกิด heterosis effect ค่าอิทธิพลนี้ เราสามารถวัด หรือคาดคะเนได้ว่าควรมีค่าเป็นเท่าไรถ้าเราทราบข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูลของลักษณะที่เราสนใจ

การวัด Hybrid Vigor

โดยทั่วไปค่า Hybrid Vigor, HV สามารถวัดได้โดยวัดความแตกต่างของค่าเฉลี่ยลักษณะที่สนใจในรุ่นลูกเทียบกับค่าเฉลี่ยในรุ่นพ่อแม่

$$HV = \overline{P_{F1}} - \overline{P_P}$$

เมื่อ $\overline{P_{F1}} - \overline{P_P}$ คือ ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่สนใจในรุ่นลูก และรุ่นพ่อแม่ตามลำดับ โดย $\overline{P_P}$ คำนวณจาก

$$\overline{P_P} = \frac{\overline{P_{P1}} + \overline{P_{P2}}}{2}$$

เมื่อ $\overline{P_{P1}}, \overline{P_{P2}}$ คือค่าเฉลี่ยของลักษณะนั้นๆในสายพ่อ และสายแม่ตามลำดับ

ในกรณีที่ต้องการวัดค่า HV เป็นเปอร์เซ็นต์ สามารถคำนวณได้จากสูตร

$$\%HV = \frac{\overline{P_{F1}} - \overline{P_P}}{\overline{P_P}} \times 100$$

ตัวอย่างที่ 1 ในการทดสอบความสามารถในการเป็นสายแม่พันธุ์ไก่เนื้อของไก่ มทส.T1 พบว่า จำนวนไข่ของไก่ มทส. T1 เฉลี่ยประมาณ 320 ฟองต่อตัวต่อปี ในขณะที่ค่าเฉลี่ยจำนวนไข่ในสายพ่อ (parent stock broiler) และสายแม่ (commercial layer) มีค่าเท่ากับ 180 และ 300 ฟองต่อตัวต่อปี จากข้อมูลดังกล่าวให้คำนวณ % HV ของไก่ มทส.T1

วิธีทำ จากสูตร

$$\%HV = \frac{\overline{P_{F1}} - \overline{P_P}}{\overline{P_P}} \times 100$$

$$\overline{P_{F1}} = 320$$

$$\overline{P_P} = \frac{\overline{P_A} + \overline{P_B}}{2} = \frac{180 + 300}{2} = 240$$

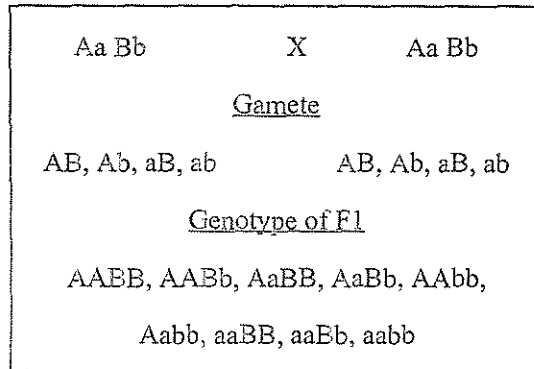
$$\%HV = \frac{320 - 240}{240} \times 100$$

$$= 33.33\%$$

% Hybrid vigor = 33.33% สามารถอธิบายได้ว่า “ไก่ มทส. T1 สามารถให้ผลผลิตไข่ได้สูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ ประมาณ 33 %”

สัตว์ที่เป็น market line หรือ สัตว์ที่ถูกเลี้ยงโดยมีวัตถุประสงค์ในการบริโภคที่มีอยู่ในอุตสาหกรรม การเลี้ยงสัตว์ เช่น ไก่เนื้อ ไก่ไข่ สุกรขุน สัตว์เหล่านี้ ล้วนแล้วแต่มีความสามารถในการแสดงออกซึ่งลักษณะ

ปรากฏ จากอิทธิพลของ heterosis effect ทั้งสิ้น อย่างไรก็ตามสัตว์เหล่านี้ ถ้านำมาทำ inter se mating (ผสมพันธุ์กันภายในฝูง) การแสดงออกของลักษณะปรากฏของสัตว์ในรุ่นต่อไป จะมีความแตกต่างมากขึ้น ความสม่ำเสมอของการแสดงออกของลักษณะปรากฏของสัตว์จะลดลง (ความสม่ำเสมอ หรือ uniformity ในวงการอุตสาหกรรมการผลิตสัตว์นั้นมีความสำคัญมาก ทั้งในด้านการจัดการการเลี้ยงจนกระทั่งถึงกระบวนการชำแหละ และแปรรูปเนื้อสัตว์) เนื่องจาก สภาพของ genotype ในรุ่นลูก จะมีทั้ง homozygous dominance, homozygous recessive และ heterozygous (รูปที่ 3.4)



รูปที่ 3.4 แบบจำลองการเกิด genotype ต่างๆ ในรุ่น F1 เมื่อมีการนำสัตว์ที่มี genotype สภาพ heterozygous มาผสมพันธุ์กันแบบ inter se mating

ที่กล่าวมาทั้งหมด คือภาพรวมของอิทธิพลของยีน ต่อการแสดงออกของลักษณะปรากฏ ซึ่งนักปรับปรุงพันธุ์ควรมีความเข้าใจในอิทธิพลของยีนทั้งหมด และทราบว่าการศึกษาที่สัตว์จะแสดงลักษณะใดๆออกมา นั้น เกิดจากการทำงานร่วมกันของอิทธิพลทั้งหมด ร่วมกับสิ่งแวดล้อม แต่การเลือกที่จะใช้ประโยชน์จากอิทธิพลในรูปแบบใด ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์นั้น ขึ้นอยู่กับ เป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ว่ามีเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะใด เพื่อใคร ลักษณะที่ต้องการจะปรับปรุงว่าลักษณะนั้นๆ อิทธิพลประเภทใดมีบทบาทมากกว่ากัน (ทราบจากการศึกษางานวิจัยที่มีมาก่อนหน้านี้) งบประมาณที่จะต้องใช้ ระยะเวลา และทรัพยากรต่างๆ เหล่านี้ล้วนแต่เป็นประเด็นที่ต้องนำมาประกอบการตัดสินใจ ในการวางแผนทั้งสิ้น

บทบาทอิทธิพลแบบบวกสะสม

การใช้อิทธิพลแบบบวกสะสมเพื่อให้บรรลุซึ่งเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ จากเนื้อหาก่อนหน้านี้ ทำให้ทราบว่า การแสดงออกของสัตว์ในลักษณะที่สนใจ จะใกล้เคียงกับการแสดงออกในลักษณะเดียวกันในรุ่นของพ่อ แม่ เพราะลูกได้รับการถ่ายทอดพันธุกรรมจากรุ่นพ่อ แม่ ดังนั้น ในสถานะการณ์ใดๆที่เป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ ต้องการปรับปรุงพันธุ์ให้สัตว์ มีความสามารถทางพันธุกรรมเหมือนรุ่นพ่อแม่ เช่น การสร้างพันธุ์แท้ และในขณะเดียวกัน ก็ต้องการพัฒนาพันธุ์แท้นั้น ให้มีความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆ ที่ดีขึ้นด้วย ควรพิจารณาใช้ประโยชน์จากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม

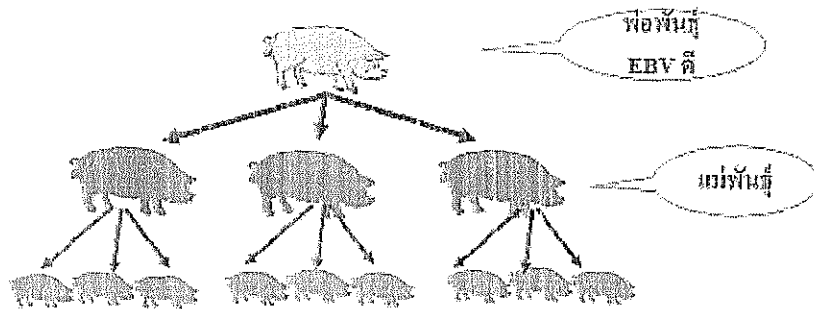
การใช้อิทธิพลแบบบวกสะสม เพื่อให้บรรลุซึ่งเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์นั้น ทำได้โดย การคัดเลือกสัตว์ด้วยค่า EBV ซึ่งเป็นค่าที่บอกถึงอิทธิพลแบบบวกสะสมที่มีต่อลักษณะนั้นๆ และใช้สัตว์ที่ผ่านการคัดเลือกในการผสมพันธุ์ เพื่อให้สัตว์เหล่านั้น ได้มีโอกาสในการส่งพันธุกรรม ซึ่งเป็นเหตุของการที่อิทธิพลแบบบวกสะสมต่อไปยังลูก ทำให้ประชากรในรุ่นลูกมีการแสดงออกซึ่งลักษณะนั้น ดีขึ้น (ค่อยๆ เข้าสู่เป้าหมายที่กำหนดไว้) ด้วยพันธุกรรมที่ได้รับจากพ่อ แม่ เมื่อทำการคัดเลือกด้วยค่า EBV ต่อไปเพื่อผลิตลูกในรุ่นถัดๆ ไป ประชากรในรุ่นถัดๆ ไป จะมีค่าเฉลี่ย EBV ที่สูงขึ้นเมื่อเทียบกับค่าเฉลี่ย EBV ในรุ่นก่อนหน้านี้ ซึ่งเมื่อ EBV สูงขึ้นและมีการจัดการที่เหมาะสมกับพันธุกรรมที่ดีขึ้นแล้ว ลักษณะที่สนใจนั้น ก็ควรมีการแสดงออกที่ดีด้วย

เมื่อพิจารณาในระดับ allele ซึ่งเป็นต้นกำเนิดของอิทธิพลแบบบวกสะสมและทำให้ได้ค่า EBV เมื่อเราคัดเลือกสัตว์ด้วยค่า EBV หมายถึงการที่ allele ของกลุ่มยีนที่มีอิทธิพลที่ดีต่อลักษณะนั้นๆ จะถูกคัดเลือกและถูกส่งต่อไปยังรุ่นลูก ส่วน allele ของกลุ่มยีนเดียวกันแต่มีผลที่ไม่ดีจะถูกคัดทิ้ง (การไม่ถูกคัดเลือกให้ไม่มีโอกาสในการกระจายพันธุกรรม) ผลที่ตามมา จะทำให้ประชากรในรุ่นลูกมีความถี่ของ allele ที่ถูกคัดเลือกไว้สูงขึ้น และสูงกว่าประชากรในรุ่นพ่อแม่ เมื่อทำการคัดเลือกด้วยค่า EBV อย่างต่อเนื่อง เพื่อสร้างประชากรในรุ่นต่อไป ก็จะมีผลทำให้ความถี่ของ allele เหล่านั้นสูงขึ้นเป็นลำดับ และ allele ที่ไม่ถูกคัดเลือกก็จะมีค่าลดลงเป็นลำดับ เช่นกัน และผลที่จะตามมา คือ

- 1) ประชากรในรุ่นถัดๆ ไป จะมีความสามารถทางพันธุกรรมที่มีผลต่อลักษณะนั้นๆ ดีขึ้น
- 2) สัตว์ในประชากรจะมีความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆ ใกล้เคียงกันมากยิ่งขึ้น (uniformity)
- 3) ความหลากหลายของ allele ของกลุ่มยีนที่มีบทบาทต่อลักษณะนั้นๆ ของสัตว์ในประชากรนี้ จะลดลง
- 4) การคัดเลือกด้วยค่า EBV นี้จะทำให้ระดับของ inbreeding coefficient ในประชากรมีค่าสูงขึ้น ซึ่งโดยทฤษฎีควรเป็นเช่นนั้น เนื่องจาก ค่า EBV เป็นค่าที่ถูกถ่ายทอดทางพันธุกรรม ดังนั้น สัตว์มีค่า EBV ที่สูงหรือต่ำ เมื่อถ่ายทอดพันธุกรรมนั้นไปสู่รุ่นลูก ลูกก็จะมีค่า EBV สูง หรือต่ำเช่นเดียวกับ พ่อ หรือแม่ ดังนั้นในการคัดเลือก เราเลือกสัตว์ที่มีค่า EBV ที่ดี สัตว์เหล่านี้มีโอกาสที่จะเป็นเครือญาติกัน เนื่องจาก ค่านี้เป็นค่าที่บอกถึง additive effect ซึ่งสามารถถ่ายทอดทางพันธุกรรมได้ สัตว์ที่เป็นเครือญาติที่ใกล้ชิดกัน ควรจะมีความสามารถทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกัน ดังนั้นเมื่อทำการคัดเลือกไประยะหนึ่ง สัตว์ที่ผ่านการคัดเลือก ควรจะมีความเป็นเครือญาติกัน

มากขึ้น เมื่อนำสัตว์เหล่านั้น มาผสมพันธุ์กัน ลูกที่เกิดมาจะมีค่า inbreeding coefficient มากขึ้น

- 5) สัตว์ที่ผ่านการคัดเลือกจะมีความสามารถที่เรียกว่า General combining ability (GCA) ซึ่งหมายถึง ความสามารถที่สัตว์ตัวนั้นๆ จะสามารถผลิตลูกที่มีพันธุกรรมของลักษณะนั้นๆ ที่ดีได้ โดยลูกได้รับการถ่ายทอด additive effect จากตัวมันครั้งหนึ่ง การทำให้สัตว์มี GCA นิยมทำให้เกิดในสัตว์เพศผู้ เนื่องจาก สัตว์เพศผู้สามารถกระจายพันธุ์ของตนได้เร็ว และได้ในจำนวนมาก กล่าวคือ พ่อพันธุ์ที่มี GCA เมื่อนำไปผสมพันธุ์กับแม่ใดๆ จะมีพันธุกรรมที่ดีหรือไม่ก็ตาม ลูกที่เกิดมาจะได้รับ additive ที่ดีจากพ่อประมาณครั้งหนึ่ง และลูกทุกตัวที่เกิดจากพ่อตัวดังกล่าว ก็จะได้รับ additive effect เช่นนี้ เหมือนกัน ดังรูปที่ 3.5

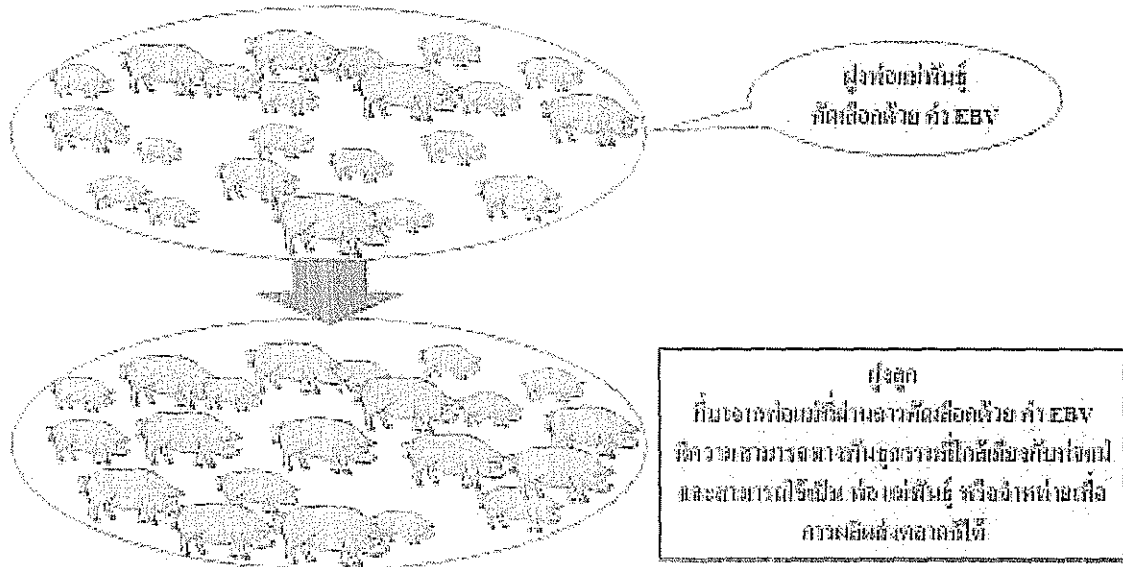


รูปที่ 3.5 การถ่ายทอดพันธุกรรมของสัตว์เพศผู้ที่มี general combining ability สามารถถ่ายทอดพันธุกรรมที่ดีไปสู่รุ่นลูก และลูกก็จะมีความสามารถทางพันธุกรรมที่ดี โดยได้รับจากพ่อ

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ด้วย additive gene effect

จากที่ได้กล่าวแล้วว่า การปรับปรุงพันธุ์ด้วย additive gene effect จะทำให้ได้ประชากรสัตว์ที่มีโครงสร้างพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกับบรรพบุรุษ และยังสามารถถ่ายทอดพันธุกรรมเหล่านี้สู่รุ่นต่อไปได้ด้วย ในด้านงบประมาณที่ต้องใช้ในการพัฒนาพันธุ์ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเด็นของการดูแล จัดการฝูงสัตว์ ก็จะใช้ น้อยกว่าการพัฒนาพันธุ์ด้วย non additive gene effect ทั้งนี้เนื่องจาก การจัดการฝูงสัตว์ ไม่มีความซับซ้อน อาจมีความจำเป็นในการจัดการ และดูแล ฝูงสัตว์เพียง 1 ฝูงต่อสายพันธุ์ โดยฝูงสัตว์นั้น เป็นฝูงที่มีความสามารถในการแสดงออกซึ่งลักษณะที่เป็นเป้าหมายของการปรับปรุงพันธุ์ ซึ่งการใช้ประโยชน์ จากฝูงสัตว์นี้ อาจเป็นการจำหน่ายเพื่อเป็นพ่อ หรือ แม่พันธุ์ หรือจำหน่ายเพื่อนำไปเลี้ยงส่งตลาด เพื่อการบริโภค ก็ได้ ดังรูปที่ 3.6 เมื่อเทียบกับกรณีที่ใช้ประโยชน์จาก non additive gene effect ต้องมีฝูงสัตว์ที่ดูแล และจัดการไม่น้อยกว่า 2 ฝูง ทั้งนี้เพราะการใช้ประโยชน์จากอิทธิพลของยีนประเภทนี้ อาศัยการเข้าคู่กันของ allele ที่มีความจำเพาะกัน เพื่อให้เกิด heterosis สูงที่สุด ดังนั้น จึงจำเป็นต้องมีฝูงสัตว์อย่างน้อย 2 ฝูง ฝูงหนึ่งเป็นสายพ่อพันธุ์ เป็นฝูงที่ใช้แต่สัตว์เพศผู้เพื่อเป็นพ่อพันธุ์ อีกฝูงหนึ่งเป็นสายแม่พันธุ์ ใช้แต่สัตว์เพศเมีย

เพื่อเป็นแม่พันธุ์ ทั้งสองฝูงจะมีโครงสร้างพันธุกรรมที่แตกต่างกัน เมื่อ gamete ของทั้งพ่อและแม่มาเข้าคู่กันในกระบวนการผสมพันธุ์ ลูกที่เกิดขึ้น ซึ่งเป็นลูกผสม จะมีโครงสร้างพันธุกรรมที่มีความเป็น heterozygosity สูง และส่งผลให้เกิด heterosis ที่สูง โดยในส่วนของลูกนี้ มีเป้าหมายในการเลี้ยงหรือผลิตเพื่อการส่งตลาด



รูปที่ 3.6 ฝูงสัตว์ที่ใช้ประโยชน์จาก additive gene effect

การพัฒนาพันธุ์สัตว์เศรษฐกิจในเชิงการค้าที่เน้นการใช้ประโยชน์จาก additive gene effect ได้แก่ การพัฒนาพันธุ์กรมพ่อพันธุ์โคนม โคเนื้อ และสุกร โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเทศที่พัฒนาแล้ว โดย เมื่อได้พันธุ์กรมตามที่ต้องการแล้ว จะจำหน่ายน้ำเชื้อของพ่อ หรือในกรณีของสุกรจะจำหน่ายเป็นตัวสัตว์ โดยคาดหวังว่า ลูกที่เกิดจากพ่อเหล่านี้จะได้รับพันธุกรรมที่ดีจากพ่อ และสามารถแสดงลักษณะนั้นๆ ได้ดีตามความสามารถทางพันธุกรรมที่ได้รับจากพ่อนั้นเอง

สรุป

อิทธิพลทางพันธุกรรม ประกอบด้วย 2 อิทธิพล คือ อิทธิพลแบบ additive gene effect และ non additive gene effect โดย non additive gene effect ประกอบด้วย dominance effect และ epistasis effect อิทธิพลแบบ additive gene effect เป็นอิทธิพลที่สามารถถ่ายทอดไปยังลูกรุ่นต่อไปได้ ดังนั้น ในการปรับปรุงพันธุ์ คงไว้ซึ่งความสามารถทางพันธุกรรมในลักษณะใดๆ ของประชากรสัตว์ในรุ่นต่อไป การใช้อิทธิพลดังกล่าวเป็นแนวทางในการพัฒนาพันธุ์ จึงเป็นแนวทางที่เหมาะสม อย่างไรก็ตาม ผลที่จะเกิดตามมาจากการพัฒนาพันธุ์ด้วยวิธีดังกล่าวคือ ความหลากหลายของพันธุกรรมจะลดลง และ inbreeding coefficient จะสูงขึ้น ซึ่งเป็นประเด็นที่นักปรับปรุงพันธุ์จำเป็นต้องทราบ เพื่อ การวางแผนที่รอบคอบ

บทที่ ๔ ทฤษฎีการประมาณค่า

ค่า genetic parameter เช่น ค่าความแปรปรวนของอิทธิพลแบบบวกสะสม (σ_a^2) ค่าความแปรปรวนของอิทธิพลของยีนแบบซ่ม (σ_d^2) ความแปรปรวนของอิทธิพลอื่นๆ (σ_e^2) ค่าความแปรปรวนทั้งหมด (σ_p^2) ค่าเฉลี่ยประชากร (μ) ค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) เป็นต้น ค่าเหล่านี้มีความจำเป็นสำหรับการปรับปรุงพันธุ์ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเด็นของการอธิบายโครงสร้างประชากรที่สนใจ และการนำไปใช้สำหรับการคำนวณค่าทางพันธุกรรม ต่างๆ ดังนั้น การได้มาซึ่งค่า parameter ที่มีความถูกต้องจึงมีความจำเป็นอย่างมาก มีวิธีการสำหรับการประมาณค่า parameter เป็นจำนวนมาก เช่น moment method, maximum likelihood; ML, restricted maximum likelihood; REML เป็นต้น ในเนื้อหาของบทนี้จะกล่าวถึงหลักการสำคัญของวิธีการบางวิธีการที่ใช้ในการประมาณค่า parameter และ คุณสมบัติของตัวประมาณที่ดี ที่ถูกใช้สำหรับการตรวจสอบวิธีการประมาณค่าว่าสามารถสร้างตัวประมาณที่มีความเหมาะสมแล้วหรือไม่ อย่างไรก็ตามก่อนที่จะเข้าสู่หัวข้อที่ได้กล่าวมานั้น มีความจำเป็นที่จะต้องกล่าวถึงอย่างสรุปเกี่ยวกับความน่าจะเป็นและรูปแบบการกระจาย (Probability and distribution) อันจะเป็นพื้นฐานสำคัญในการเข้าใจถึงหลักการของวิธีการที่ใช้ในการประมาณค่าต่อไป

ความน่าจะเป็นเป็นพื้นฐานของทฤษฎีการประมาณค่า ทั้งนี้เนื่องจาก ความน่าจะเป็น คือโอกาสของการเกิดเหตุการณ์ใดๆที่สนใจ ส่วนผลลัพธ์ของเหตุการณ์เหล่านั้นเราเรียกว่าตัวแปรสุ่ม (ค่าจำกัดความและตัวอย่างแสดงไว้ในหัวข้อถัดไป) ตัวแปรสุ่มที่แตกต่างกันนำไปสู่รูปแบบการกระจาย (distribution) ที่แตกต่างกัน และรูปแบบของการกระจายที่ต่างกันนี้นำไปสู่รูปแบบของ function (distribution function) ที่แตกต่างกันด้วย ในแต่ละ distribution function จะประกอบด้วยค่าหลักๆ คือ ตัวแปรสุ่ม และค่า parameter ที่แตกต่างกัน เช่น normal distribution function ประกอบด้วยค่า μ และ σ^2 เป็นค่า parameter ค่า parameter ในแต่ละ function นี้เองเป็นค่าที่จำเป็นต้องประมาณหา จากความสัมพันธ์โดยสรุประหว่าง ความน่าจะเป็น ตัวแปรสุ่ม รูปแบบการกระจายของตัวแปรสุ่ม distribution function และค่า parameter นำมาสู่การประยุกต์มาใช้ในการประมาณค่า genetic parameter

เนื่องจากลักษณะปรากฏ ซึ่งเป็นผลลัพธ์สุดท้ายของการทำงานของพันธุกรรมของสัตว์ ถูกมองว่าเป็นตัวแปรสุ่ม และโดยส่วนใหญ่ลักษณะที่ปรากฏที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจมักเป็นตัวแปรสุ่มประเภท normal random variable ที่ให้รูปแบบการกระจายของข้อมูลของลักษณะนั้นในประชากรเป็นแบบ normal distribution และในขณะที่เดียวกันอิทธิพลของยีนที่ร่วมกันส่งผลต่อการแสดงออกของลักษณะปรากฏลักษณะใดลักษณะหนึ่งของสัตว์แต่ละตัวก็เป็นตัวแปรสุ่มที่มีถูกกำหนดให้เป็นตัวแปรสุ่มประเภท normal random variable เช่นกัน ดังนั้นรูปแบบการกระจายของอิทธิพลของยีนเหล่านั้นในประชากรจึงเป็นการกระจายแบบ normal distribution ด้วย ซึ่งค่า parameter ที่เกี่ยวข้องของ distribution นี้ได้แก่ค่า μ และ σ^2

ในการปรับปรุงพันธุ์ นักปรับปรุงพันธุ์จำเป็นที่จะต้องทราบกลไกการทำงานของพันธุกรรมโดยรวมที่เป็นสาเหตุให้สัตว์แต่ละตัวในประชากรมีการแสดงออกของลักษณะที่สนใจแตกต่างกัน และวัดความแตกต่าง

ของอิทธิพลของพันธุกรรมที่มีผลต่อลักษณะนั้นๆ ในประชากรออกมาในค่าของความแปรปรวน; σ^2 (variance) หรือในรูปของสัดส่วนของความแปรปรวนระหว่างอิทธิพลของพันธุกรรมและอิทธิพลทั้งหมดที่มีผลการแสดงออกของสัตว์ที่เรียกว่าค่าอัตราพันธุกรรม $\frac{\sigma^2_{genetic}}{\sigma^2_{total}}$ (heritability) เพื่อใช้ค่าดังกล่าวในการวางแผนการคัดเลือกสัตว์ และคาดการณ์ถึงความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) ของลักษณะนั้นของประชากรที่สนใจ เป็นต้น

ที่กล่าวมาต้องการเน้นให้เห็นถึงความเชื่อมโยงระหว่างทฤษฎีพื้นฐานเกี่ยวกับความน่าจะเป็น ตัวแปรสุ่ม รูปแบบการกระจายของตัวแปรสุ่ม การประมาณค่า parameter กับการประยุกต์ใช้ในด้านปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในประเด็นของการประมาณค่า genetic parameter ทั้งนี้เพื่อเป็นพื้นฐานของความเข้าใจในรายละเอียดของเนื้อหาต่อไป

ความน่าจะเป็น (probability)

ความน่าจะเป็น หมายถึงโอกาสของการเกิดเหตุการณ์ใดๆ จากเหตุการณ์ทั้งหมดที่จะเกิดขึ้นได้ ซึ่งสามารถคำนวณได้ และมีค่าอยู่ระหว่าง 0 – 1 หรือ 0 – 100%

Sample space; S ผลลัพธ์ที่เป็นไปได้ทั้งหมดจากการทำการทดลอง เช่น ในการโยนเหรียญ 1 เหรียญ 1 ครั้ง เหตุการณ์ที่สามารถเกิดขึ้นได้ทั้งหมด หรือ sample space คือ การเกิดหัว หรือ ก้อย หรือ สามารถเขียนได้ว่า $S = \{\text{หัว}, \text{ก้อย}\}$ หรือ กรณีโยนเหรียญ 1 เหรียญ 2 ครั้ง sample space คือ $S = \{(\text{หัว}, \text{หัว}), (\text{หัว}, \text{ก้อย}), (\text{ก้อย}, \text{หัว}), (\text{ก้อย}, \text{ก้อย})\}$ หรือ การศึกษาในรูปแบบ composite genotype ของยีน Acyl-CoA:diacylglycerol acyl transferase 1; DGAT1 ซึ่งมีอิทธิพลต่อลักษณะที่เกี่ยวข้องกับผลผลิตน้ำมันและองค์ประกอบน้ำมัน และยีน Luteinizing Hormone Receptor gene; LHR เป็นยีนที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่เกี่ยวข้องกับความสมบูรณ์พันธุ์ ซึ่งยีน DGAT1 มีรูปแบบ genotype ทั้งหมด 3 รูปแบบคือ KK, KA, AA และยีน LHR มีรูปแบบทั้งหมด 3 รูปแบบคือ CC, CT, TT ดังนั้น sample space คือ $S = \{(KK, CC), (KK, CT), (KK, TT), (KA, CC), (KA, CT), (KA, TT), (AA, CC), (AA, CT), (AA, TT)\}$ เป็นต้น

Events; E เหตุการณ์ที่สนใจใน sample space นั้นๆ เช่น เหตุการณ์ที่โยนเหรียญ 1 เหรียญ 1 ครั้งแล้วได้หัว หรือ $E = \{\text{หัว}\}$ หรือเหตุการณ์ที่เมื่อสุ่มโคมาตรวจรูปแบบ genotype แล้วจะพบ genotype KA ของยีน DGAT1 หรือ $E = \{(KA, CC), (KA, CT), (KA, TT)\}$ เป็นต้น

ตัวแปรสุ่ม (random variable)

ตัวแปรสุ่มหมายถึงผลลัพธ์ที่ได้จากการทดลอง ซึ่งอาจเป็นตัวเลข หรือไม่เป็นก็ได้ แต่ผลลัพธ์ดังกล่าว นั้นจะเกิดขึ้นโดยสุ่ม ซึ่งหมายถึงการที่เราไม่สามารถกำหนดผลลัพธ์ได้ โอกาสที่จะเกิดผลลัพธ์ใดๆ จากการทดลอง อาจมาก น้อย แตกต่างกันได้ โดยโอกาสของการเกิดผลลัพธ์ใดๆ นั้น เราเรียกว่า “ความน่าจะเป็นของการเกิดเหตุการณ์” ซึ่งความน่าจะเป็นนี้อาจคุ้นเคยกันว่า ค่า probability นั้นเอง

ตัวอย่างของตัวแปรสุ่มทางการผลิตสัตว์

- 1) จำนวนลูกสุกรที่เกิดขึ้น ณ ฟาร์มแห่งหนึ่งในแต่ละวัน ซึ่งจะเห็นได้ว่า จำนวนลูกสุกรเกิดใหม่ในแต่ละวันนั้นอาจเป็น 10 ตัว 20 ตัว หรือเท่าไรก็ได้ ซึ่งอาจจะเท่ากัน หรือไม่เท่ากันในแต่ละวัน ซึ่งเป็นเหตุการณ์ที่เราไม่สามารถกำหนดได้ และผลลัพธ์สามารถเปลี่ยนแปลงไปได้ในแต่ละวัน
- 2) ปริมาณน้ำนมของโคแต่ละตัวต่อวัน ปริมาณน้ำนมโคแต่ละตัวอาจเท่ากัน หรือไม่เท่ากันก็ได้ และเมื่อเปลี่ยนวันปริมาณน้ำนมของโคตัวเดียวกันอาจเหมือนเดิม หรือ เปลี่ยนไปก็ได้ ซึ่งเราไม่สามารถกำหนดได้

จากตัวอย่างดังกล่าวแม้ว่าเราจะไม่สามารถกำหนดผลลัพธ์ที่จะเกิดขึ้นได้ แต่เราสามารถคำนวณโอกาสของการเกิดผลลัพธ์แต่ละผลลัพธ์ ได้ ด้วยการคำนวณความน่าจะเป็น ซึ่งสามารถคำนวณได้จาก function ความน่าจะเป็น ซึ่งจะแตกต่างกันไปตามชนิดของตัวแปรและการกระจายของตัวแปรประเภทนั้น

ประเภทของตัวแปรสุ่มและการกระจาย (ศึกษาเพิ่มเติมจาก Hayter, 2002)

ตัวแปรสุ่มสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 ประเภทหลักๆ คือตัวแปรสุ่มแบบไม่ต่อเนื่อง (Discrete random variable) และตัวแปรสุ่มแบบต่อเนื่อง (Continuous random variable) ซึ่งในทฤษฎีทางสถิติมีตัวแปรในแต่ละประเภทอยู่จำนวนมาก แต่ในเอกสารฉบับนี้จะขอกล่าวเฉพาะบางประเภทเท่านั้น

ตัวแปรแบบไม่ต่อเนื่อง (Discrete random variable) เป็นตัวแปรที่มีผลลัพธ์เป็นข้อมูลที่ไม่ต่อเนื่อง ซึ่งส่วนใหญ่เป็นข้อมูลเชิงคุณภาพ ซึ่งอาจให้ผลลัพธ์เป็นตัวเลข หรือ เป็นหมวดหมู่ก็ได้ ในการคำนวณความน่าจะเป็นของการเกิดตัวแปรสุ่มประเภทนี้สามารถคำนวณได้ด้วย function ที่เรียกว่า Probability Mass Function ดังนี้

$$P(X = x_i) = p_i \quad \text{เมื่อ} \quad 0 \leq p_i \leq 1 \quad \text{และ} \quad \sum_i p_i = 1$$

หรือสามารถเขียนให้อยู่ในรูปของ cumulative distribution function; c.d.f. ได้ดังนี้

$$F(x) = P(X \leq x)$$

โดยสามารถคำนวณค่า expectation ;E(X) หรือค่าเฉลี่ย (μ) ของ discrete random variable ได้ดังนี้

$$E(X) = \sum_{X \in A} xf(x)$$

โดย $X \in A$ หมายถึง discrete random variable X เป็นสมาชิกของ A ซึ่งหมายถึง set ของทุกค่าที่เป็นไปได้

และสามารถคำนวณค่า variance ของ discrete random variable ได้ดังนี้

$$V(X) = E(X^2) - E(X)^2$$

ตัวอย่าง (Ghahramani, 1996) ในการโยนเหรียญ 2 เหรียญ 1 ครั้ง และให้ X เป็นจำนวนครั้งของการโยนเหรียญแล้วได้หัว จงคำนวณหาค่า expectation และค่า variance ของ discrete random variable X

วิธีทำ $S = \{(\text{หัว, หัว}), (\text{หัว, ก้อย}), (\text{ก้อย, หัว}), (\text{ก้อย, ก้อย})\}$

\therefore โอกาสของการโยนเหรียญ 2 ครั้งแล้วไม่ได้หัวเลย $= f(x) = f(0) = 1/4$

โอกาสของการโยนเหรียญ 2 ครั้งแล้วได้หัว 1 ครั้ง $= f(x) = f(1) = 1/2$

โอกาสของการโยนเหรียญ 2 ครั้งแล้วได้หัว 2 ครั้ง $= f(x) = f(2) = 1/4$

เมื่อ

$$E(X) = \sum_{X \in A} xf(x) \quad \text{แล้ว}$$

$$\begin{aligned} E(X) &= \{0 \cdot f(0)\} + \{1 \cdot f(1)\} + \{2 \cdot f(2)\} \\ &= (0 \cdot 1/4) + (1 \cdot 1/2) + (2 \cdot 1/4) \\ &= 0 + 1/2 + 1/2 \\ &= 1 \end{aligned}$$

$$V(X) = E(X^2) - E(X)^2$$

$$E(X^2) = \sum_{i=0}^2 x^2 f(x)$$

$$\begin{aligned} E(X^2) &= \{0^2 \cdot 1/4\} + \{1^2 \cdot 1/2\} + \{2^2 \cdot 1/4\} \\ &= 1/2 + 1 \\ &= 3/2 \end{aligned}$$

$$E(X)^2 = 1^2 = 1$$

$$V(X) = 3/2 - 1 = 1/2$$

ชนิดของตัวแปรสุ่มที่จะขอก้าวในเอกสารฉบับนี้มีดังต่อไปนี้

Bernoulli Random Variable ชื่อตัวแปรประเภทนี้ถูกตั้งตามชื่อของนักคณิตศาสตร์ชาวสวิสเซอร์แลนด์ ชื่อ James Bernoulli จัดเป็นตัวแปรที่เป็นพื้นฐานที่สุด ตัวแปรประเภทนี้เกิดขึ้นจากเหตุการณ์ใดๆที่เกิดขึ้นเพียง 1 ครั้ง และมีผลลัพธ์ได้เพียง 2 รูปแบบเท่านั้น เช่น {ใช่ ไม่ใช่} {มี ไม่มี} ซึ่งโดยรวมแล้ว ผลลัพธ์ที่เกิดขึ้นจะมีเพียง {สำเร็จ ไม่สำเร็จ}

ตัวอย่าง

1. เหตุการณ์ที่โคตัวหนึ่งจะเป็นโรคเด้านมอักเสบ หลังจากที่ได้รับการตรวจน้ำนมก่อนรีดนม ซึ่งจะเห็นได้ว่า ในการตรวจผลลัพธ์จะมีเพียง 2 แบบเท่านั้นคือ โคเป็นโรค กับ โคไม่เป็นโรค
2. เหตุการณ์ที่แม่สุกรตัวหนึ่งจะผสมติดหลังจากที่ได้รับการผสม 1 ครั้ง ซึ่งผลลัพธ์ของเหตุการณ์ดังกล่าวจะมีเพียง 2 แบบเท่านั้นคือ แม่สุกรตัวนี้ผสมติด กับผสมไม่ติด

การคำนวณความน่าจะเป็นของการเกิดผลลัพธ์ของตัวแปรสุ่มประเภทนี้สามารถคำนวณได้จาก probability function ที่แสดงข้างล่างนี้

$$P(X) = p^x q^{1-x}$$

เมื่อ p คือโอกาสของความสำเร้ง, q คือโอกาสที่ล้มเหลวคำนวณได้จาก $1 - p$ และ x คือ 0 เมื่อล้มเหลว และเป็น 1 เมื่อสำเร้ง และ

$$E(X) = p$$

$$V(X) = pq$$

Binomial Random Variable เป็นตัวแปรสุ่มที่เกิดจากเหตุการณ์ที่ทำให้เกิดตัวแปรแบบ Bernoulli n ครั้ง โดยแต่ละครั้งของเหตุการณ์ต้องมีความอิสระต่อกัน โดย binomial random variable นั้น คือ จำนวนครั้งที่ประสบความสำเร็จจากจำนวนเหตุการณ์ทั้งหมด n ครั้ง

ตัวอย่าง

1. การสำรวจโคนมในฟาร์มแห่งหนึ่งซึ่งมีโคทั้งสิ้น 120 ตัว ($n = 120$) เพื่อดูว่ามีโคตัวใดบ้างที่เคยเป็นโรคเด้านมอักเสบ ซึ่งจะเห็นได้ว่า ในการตรวจผลลัพธ์จะมีเพียง 2 แบบเท่านั้นคือ โคเป็นโรค กับ โคไม่เป็นโรค แต่จำนวนโคที่เคยเป็นโรคอาจมีเพียง 1 ตัว หรือ 2 ตัว หรือ 3 4 5 ... 120 ตัว โดยจำนวนโคที่เคยเป็นโรค คือ binomial random variable
2. การสำรวจแม่สุกรในฟาร์มแห่งหนึ่งซึ่งมีแม่สุกรทั้งหมด 200 ตัว เพื่อดูว่ามีแม่สุกรตัวใดบ้างที่ผสมติดหลังจากที่ได้รับการผสม 1 ครั้ง ซึ่งผลลัพธ์ของเหตุการณ์ดังกล่าวจะมีเพียง 2 แบบเท่านั้น

คือ แม่สุกรตัวนี้ผสมติด กับผสมไม่ติด แต่จำนวนแม่สุกรผสมติดอาจมีเพียง 1 ตัว หรือ 2 ตัว หรือ 3 4 5 ... 200 ตัว โดยจำนวนแม่สุกรที่ผสมติด คือ binomial random variable

3. โอกาสที่จะพบเชื้อราในอาหารสัตว์อย่างน้อย 5 ถึง จากการสำรวจถังใส่อาหารจำนวน n ถัง
4. โอกาสที่จะพบว่า cell มีการพัฒนาไปอย่างปกติอย่างน้อย 10% จากการสำรวจ cell ในหูที่เลี้ยงไว้ทั้งหมดจำนวน 50 cell
5. โอกาสที่จะพบสุกรที่มี genotype ของยีน MC4R เป็นแบบ bb ไม่เกิน 5 % ของฝูง จากการสำรวจสุกรฝูงหนึ่งซึ่งมีจำนวนทั้งสิ้น 1000 ตัว

การคำนวณความน่าจะเป็นของการเกิดผลลัพธ์ของตัวแปรสุ่มประเภทนี้สามารถคำนวณได้จาก probability function ที่แสดงข้างล่างนี้

$$P(X) = \binom{n}{x} p^x q^{n-x}$$

หมายเหตุ $\binom{n}{x}$ อ่านว่า n choose x หมายถึงเลือกมา x จากทั้งหมด n สามารถคำนวณได้ดังนี้

$$\binom{n}{x} = \frac{n!}{(n-x)!x!}$$

เมื่อ p คือโอกาสของความสำเร็จ, q คือโอกาสที่ล้มเหลวคำนวณได้จาก $1-p$ และ x คือ จำนวนครั้งที่ประสบความสำเร็จจากเหตุการณ์ n เหตุการณ์ ซึ่งมีค่าได้ตั้งแต่ 0 1 2... n และ

$$\begin{aligned} E(X) &= np \\ V(X) &= npq \end{aligned} \quad \text{เมื่อ } n \text{ คือจำนวนครั้งที่สำเร็จ}$$

Poisson Random Variable เป็นตัวแปรสุ่มที่เกิดจากเหตุการณ์ที่มีโอกาสเกิดได้น้อยมากในช่วงเวลาใดเวลาหนึ่ง หรือในระยะทางใดระยะทางหนึ่ง สถานที่ใดสถานที่หนึ่ง โดย Poisson Random Variable จะเป็นจำนวนครั้งของความสำเร็จหรือการเกิดเหตุการณ์ที่สนใจในช่วงเวลา หรือสถานที่ หรือระยะทางที่กำหนด

ตัวอย่าง

1. โอกาสที่จะพบว่าโคจะมียีนแคระอย่างน้อย 5 ตัวจากการสำรวจโคทั้งหมดของฟาร์มจำนวน 100 ตัว โดยพบว่าความถี่ของยีนแคระในประชากรเท่ากับ 0.05
2. โอกาสที่ลูกม้าจะพิการตั้งแต่เกิดเนื่องจากโรคกล้ามเนื้ออ่อนแรง อย่างน้อย 2% ของฝูงจากการสำรวจลูกม้าทั้งหมดของฟาร์มจำนวน 300 ตัว และพบว่าโอกาสที่ม้าจะเป็นโรคนี้มีค่าเท่ากับ 0.03

การคำนวณความน่าจะเป็นของการเกิดผลลัพธ์ของตัวแปรสุ่มประเภทนี้สามารถคำนวณได้จาก probability function ที่แสดงข้างล่างนี้

$$P(X) = \frac{e^{-\lambda} \lambda^x}{x!}$$

เมื่อ e คือ 2.71828 (natural logarithm), λ คือค่าเฉลี่ยของเหตุการณ์ที่สำเร็จในช่วงเวลา สถานที่ ระยะทางที่กำหนด และ

$$E(X) = \lambda$$

$$V(X) = \lambda$$

ตัวแปรแบบต่อเนื่อง (Continuous random variable)

เป็นตัวแปรที่มีลักษณะแบบต่อเนื่อง (real number) ส่วนใหญ่มักเป็นข้อมูลเชิงปริมาณ ในการคำนวณความน่าจะเป็นของการเกิดตัวแปรสุ่มประเภทนี้สามารถคำนวณได้ด้วย function ที่เรียกว่า Probability density Function ดังนี้

$$P(a \leq X \leq b) = \int_a^b f(x) dx \quad \text{เมื่อ } f(x) \geq 0$$

$$\int f(x) dx = 1$$

โดยสามารถคำนวณค่า expectation ;E(X) หรือค่าเฉลี่ย (μ) ของ continuous random variable ได้ดังนี้

$$E(X) = \int_{-\infty}^{\infty} x \cdot f(x) dx$$

$$V(x) = E(X^2) - E(X)^2$$

ตัวอย่าง (Ghahramani, 1996) ในกลุ่มผู้ใหญ่เพศชายพบว่า มีระดับของ uric acid ในกระแสเลือดที่แตกต่างกัน ถ้ากำหนดให้ X เป็น continuous random variable ซึ่งเป็นระดับของ uric acid ในกระแสเลือดที่จะตรวจพบซึ่งอยู่ในช่วง $-1 - 1$ และถ้าให้ probability density function ของ uric acid เป็นดังแสดงด้านล่าง จงคำนวณหาค่า expectation และค่า variance ของระดับ uric acid ที่ตรวจพบในกลุ่มชายดังกล่าว

$$\text{Probability density function ; } f(x) = -\frac{1}{2}(2x-3x^2) \quad \text{เมื่อ } -1 < x < 1$$

$$= 0 \quad \text{ในกรณีอื่นๆ}$$

จาก
$$E(X) = \int_{-\infty}^{\infty} x \cdot f(x) \, dx$$

ดังนั้น $E(X)$ ของ $f(x) = -\frac{1}{2}(2x-3x^2)$ สามารถหาได้ดังนี้

$$\begin{aligned} E(X) &= \int_{-1}^1 x \cdot \left\{ -\frac{1}{2}(2x-3x^2) \right\} \, dx \\ &= \int_{-1}^1 -\frac{1}{2}(2x^2 - 3x^3) \, dx \\ &= -\frac{1}{2} \int_{-1}^1 (2x^2 - 3x^3) \, dx \\ &= -\frac{1}{2} \left[\frac{2x^3}{3} - \frac{3x^4}{4} \right]_{-1}^1 \\ &= -\frac{1}{2} \left\{ \left[\frac{2}{3} - \frac{3}{4} \right] - \left[\frac{-2}{3} - \frac{3}{4} \right] \right\} \\ &= -\frac{1}{2} \left\{ \frac{2}{3} - \frac{3}{4} + \frac{2}{3} + \frac{3}{4} \right\} \\ &= -\frac{2}{3} \end{aligned}$$

และจากการคำนวณค่า $V(x) = E(X^2) - E(X)^2$ ดังนั้น ค่า $V(X)$ มีค่าดังนี้

$$\begin{aligned}
V(x) &= E(X^2) - E(X)^2 \\
E(X^2) &= \int_{-1}^1 x^2 \cdot \left\{ \frac{1}{2}(2x - 3x^2) \right\} dx \\
&= \int_{-1}^1 \frac{1}{2}(2x^3 - 3x^4) dx \\
&= \frac{1}{2} \int_{-1}^1 (2x^3 - 3x^4) dx \\
&= \frac{1}{2} \left[\frac{2x^4}{4} - \frac{3x^5}{5} \right]_{-1}^1 \\
&= \frac{1}{2} \left\{ \left[\frac{2}{4} - \frac{3}{5} \right] - \left[\frac{2}{4} + \frac{3}{5} \right] \right\} \\
&= \frac{1}{2} \left\{ \frac{2}{4} - \frac{3}{5} - \frac{2}{4} - \frac{3}{5} \right\} \\
&= \frac{-1}{4} + \frac{3}{10} + \frac{1}{4} + \frac{3}{10} \\
&= \frac{3}{5}
\end{aligned}$$

ชนิดของตัวแปรประเภทนี้มีหลายประเภท แต่ที่จะกล่าวในเอกสารฉบับนี้จะกล่าวเพียง normal random variable เท่านั้น

Normal Random Variable หรือเรียกว่าตัวแปรสุ่มแบบปกติ ตัวแปรประเภทนี้จะมีรูปแบบการกระจายข้อมูล (distribution) แบบ normal distribution หรือการกระจายปกติ ซึ่งมีลักษณะเป็นรูปประซังคว่ำที่มีลักษณะสมมาตร (symmetric) เป็นตัวแปรที่พบอยู่เสมอเป็นปกติในสิ่งมีชีวิต เช่น น้ำหนักตัวของสัตว์ ซึ่งจะพบว่า จะมีน้ำหนักตัวอยู่ช่วงหนึ่งที่สัตว์จำนวนมากจะมีน้ำหนักตัวอยู่ในช่วงนี้ จากนั้น จำนวนสัตว์ก็จะลดน้อยลงไปเรื่อยเมื่อน้ำหนักเปลี่ยนไปจากช่วงดังกล่าว ซึ่งเมื่อนำข้อมูลนี้ไปสร้างเป็นฮิสโตแกรม จะพบว่า ช่วงน้ำหนักที่สัตว์จำนวนมากมีนั้นจะเป็นบริเวณที่ ฮิสโตแกรมสูงที่สุด ซึ่งค่านี้จะเป็นค่ากลางของข้อมูลชุดนั้นด้วย

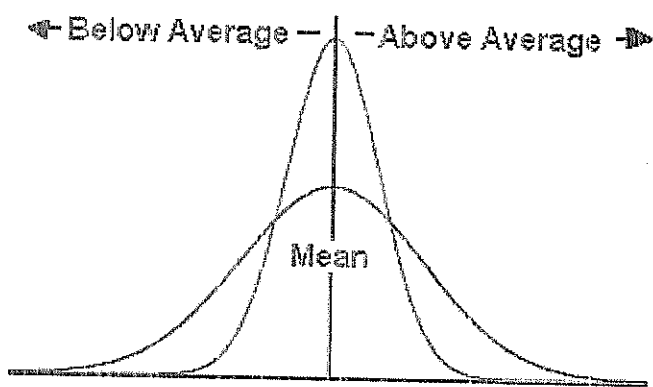
ตัวอย่าง

1. ปริมาณน้ำนมโคแต่ละตัวในประชากรโคนมภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
2. ปริมาณการกินอาหารของสุกรแต่ละตัวในฟาร์มต่อวัน
3. อัตราการเจริญเติบโตต่อวันของไก่กระทอง

ตัวแปรประเภทนี้มี density function แสดงด้านล่างนี้

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{1}{2}\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)^2}$$

เมื่อ μ คือ ค่าเฉลี่ยกลางของประชากร, σ คือ standard deviation ของประชากร และ σ^2 คือความแปรปรวนของประชากร



รูปที่ 4.1 กราฟการกระจายตัวแบบ normal distribution เมื่อมีค่า standard deviation; SD ที่แตกต่างกัน

กัน เส้นสีแดงเป็นการกระจายที่มีค่า SD น้อยกว่าเส้นสีน้ำเงิน

ที่มา:

<http://www.tarorigin.com/art/Omasory/Uncertainty/normal.gif>

รูปร่างของกราฟการกระจายนี้ (รูปที่ 4.1) จะเปลี่ยนแปลงไปตามค่าของ standard deviation ;SD ซึ่งถ้า SD สูงขึ้น กราฟจะมีลักษณะเตี้ยลง กว้างขึ้น และเมื่อ SD ต่ำลงกราฟจะมีลักษณะโด่งขึ้น ดังแสดงในรูปที่ 4.1 ในชุดข้อมูลที่ต่างกันโดยมีค่าเฉลี่ยที่ต่างกัน แต่ถ้ายังมี SD เท่ากัน รูปร่างของกราฟการกระจายก็ยังคงมีรูปแบบเดียวกัน เพียงแต่มีตำแหน่งของจุดกึ่งกลางของข้อมูล หรือ จุดที่เส้นโค้งขึ้นสูงที่สุด เปลี่ยนไป ด้วยหลักการนี้เอง จึงสามารถปรับข้อมูล X , ที่เป็น normal random variable ให้เป็น standard normal random variable หรือ Z random variable หรือ ตัวแปรสุ่มปกติมาตรฐาน ซึ่งเป็นข้อมูลที่มีค่าเฉลี่ยกลาง μ เท่ากับ 0 และมีค่า SD เท่ากับ 1 เสมอ โดยวิธีการปรับหรือ การ standardized ข้อมูลนั้นสามารถทำได้ดังสมการข้างล่างนี้

$$Z = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

เมื่อ x คือ normal random variable ใดๆ, μ คือค่าเฉลี่ยกลางของประชากร, และ σ คือค่า SD ของประชากร

ซึ่งตัวแปรสุ่มมาตรฐาน Z random variable นี้มี density function ดังนี้

$$f(Z) = \frac{e^{-\frac{1}{2}Z^2}}{\sqrt{2\pi}}$$

อนึ่งการปรับข้อมูลของ normal random variable ให้เป็น Z random variable นั้นมีวัตถุประสงค์ที่สำคัญคือ เพื่อจะได้นำชุดข้อมูลที่มีความแตกต่างกันมาเปรียบเทียบกันได้ และสามารถใช้ตาราง Z เพื่อประโยชน์ในการคำนวณความน่าจะเป็นของเหตุการณ์ต่างๆ รวมถึงใช้ในการวิเคราะห์ความน่าจะเป็นในการสรุปผลที่ผิดพลาดในการทดสอบสมมุติฐานทางสถิติด้วย

ให้สังเกตว่าลักษณะปรากฏที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจนั้น จัดเป็น random variable และถ้าเราสามารถเก็บข้อมูลลักษณะปรากฏจากสัตว์ในจำนวนมากพอแล้วนำมาค่าเหล่านั้นมาสร้างเป็น histogram จะพบว่าค่าเหล่านี้จะมีรูปแบบการกระจายหรือ distribution ที่มีความจำเพาะ อย่างไรก็ตามมีลักษณะปรากฏที่เป็นลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจจำนวนมากที่มีรูปแบบการกระจายแบบ normal distribution ดังนั้นในเอกสารฉบับนี้จึงขอเน้นตัวอย่างต่างๆที่เป็น normal random variable

ตามที่ได้กล่าวข้างต้นว่าในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ การคัดเลือกสัตว์ที่มีความถูกต้องแม่นยำเพื่อให้สัตว์เหล่านั้นได้มีโอกาสในการกระจายพันธุกรรมของตน เป็นปัจจัยหนึ่งที่มีความสำคัญต่อความสำเร็จของการปรับปรุงพันธุ์ และการคัดเลือกสัตว์ที่ถูกต้องนั้นมีความเกี่ยวข้องกับค่า genetic parameter เช่นค่า variance genetic ต่างๆ เช่น ค่า variance of additive gene effect (σ_a^2), variance of dominance effect, variance of residue, heritability (ซึ่งเป็นค่าสัดส่วนของ σ_a^2 กับค่า variance total) ทั้งนี้ค่า parameter เหล่านี้นอกจากจะใช้ในการอธิบายลักษณะของลักษณะนั้นๆในประชากรนั้นๆโดยเฉพาะในประเด็นของของแตกต่างอันเป็นข้อมูลที่สำคัญในการประเมินโอกาสความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์แล้ว ค่าเหล่านี้ยังถูกใช้ในการประมาณค่าที่สำคัญที่ใช้ในการคัดเลือกสัตว์ เช่นค่า additive gene effect ในรูปแบบของของค่า EBV หรือค่า dominance effect เป็นต้น ดังนั้นค่า parameter ที่ถูกต้องจึงมีความจำเป็นต่อการนำมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์เป็นอย่างมาก ปัจจุบันมีวิธีการสำหรับการประมาณค่า parameter เป็นจำนวนมาก เช่น moment method, maximum likelihood; ML, restricted maximum likelihood; REML เป็นต้น แต่ในเนื้อหาของบทนี้จะกล่าวถึงหลักการสำคัญของวิธี maximum likelihood เท่านั้น ทั้งนี้เพื่อเป็นพื้นฐานในการที่จะนำไปสู่วิธีการที่มีความซับซ้อนยิ่งขึ้น

3. การประมาณค่า parameter ด้วยวิธี Maximum likelihood method (Larsen and Marx, 2001)

วิธีการประมาณค่า parameter ด้วยวิธี maximum likelihood นั้นตัวประมาณ (estimator) ที่ได้กำหนดให้เป็น $\hat{\theta}$ จะมีความน่าจะเป็นสูงสุดที่จะเป็นค่า parameter (θ) ของประชากร หลักการสำคัญของวิธีการนี้ คือ

1. สร้าง likelihood function ด้วยการหา Product (ผลคูณ) ของ function ของ distribution นั้นๆ ดังนั้นถ้ากำหนดให้ W_1, W_2, \dots, W_n เป็น random variable sample จาก $f_W(W; \theta)$ และ θ เป็น unknown parameter แล้ว likelihood function; $L(\theta)$ เป็นดังนี้

$$L(\theta) = \prod_{i=1}^n f_W(w_i; \theta)$$

2. หาค่า $\hat{\theta}$ ที่มีความน่าจะเป็นสูงสุดที่จะเป็นค่า θ ด้วยการ set derivative ของ $L(\theta)$ ให้เท่ากับ 0 อย่างไรก็ตามการ take ln ลงไปใน $L(\theta)$ เป็นการ simplify function เนื่องจากรูปของ function จะเปลี่ยนอยู่ในรูปของ function ผลบวก

ตัวอย่าง (Larsen and Marx, 2001) จาก normal probability density function จงคำนวณหาค่า parameter ของ function ซึ่งได้แก่ค่า $\hat{\mu}$ และค่า $\hat{\sigma}^2$ ด้วยวิธี maximum likelihood จาก normal probability density function

$$f_Y(y; \mu, \sigma^2) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} e^{-\frac{1}{2} \frac{(y-\mu)^2}{\sigma^2}} \quad \begin{array}{l} -\alpha < y < \alpha \\ \text{เมื่อ } -\alpha < \mu < \alpha \\ \sigma^2 > 0 \end{array}$$

1. สร้าง $L(\mu, \sigma^2)$ ดังนี้

$$\begin{aligned} L(\mu, \sigma^2) &= \prod_{i=1}^n f(y) \\ &= \prod_{i=1}^n \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} e^{-\frac{1}{2} \frac{(y_i-\mu)^2}{\sigma^2}} \\ &= (2\pi\sigma^2)^{-\frac{n}{2}} e^{-\frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \frac{(y_i-\mu)^2}{\sigma^2}} \\ \ln L(\mu, \sigma^2) &= \ln(2\pi\sigma^2)^{-\frac{n}{2}} + \ln e^{-\frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \frac{(y_i-\mu)^2}{\sigma^2}} \\ &= -\frac{n}{2} \ln(2\pi\sigma^2) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \left(\frac{y_i - \mu}{\sigma}\right)^2 \ln e \end{aligned}$$

2. หา maximum point โดยการ take derivative by μ และ σ^2 ตามลำดับดังนี้

$$\frac{\partial L(\mu, \sigma^2)}{\partial \mu} = -\sum_{i=1}^n \left(\frac{y_i - \mu}{\sigma}\right) \left(-\frac{1}{\sigma}\right)$$

Set derivative เท่ากับ 0 ได้เป็น

$$-\sum_{i=1}^n \left(\frac{y_i - \mu}{\sigma}\right) \left(-\frac{1}{\sigma}\right) = 0$$

$$\sum_{i=1}^n \left(\frac{y_i - \mu}{\sigma^2}\right) = 0$$

$$\sum_{i=1}^n (y_i - \mu) = 0$$

$$\sum_{i=1}^n y_i - n\mu = 0$$

$$\therefore \hat{\mu} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i = \bar{y}$$

และ
$$\frac{\partial L(\mu, \sigma^2)}{\partial \sigma^2} = -\frac{n}{2} \cdot \frac{1}{2\pi\sigma^4} \cdot 2\pi - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n (y_i - \mu)^2 \left(-\frac{1}{\sigma^4}\right)$$

$$-\frac{n}{2} \cdot \frac{1}{2\pi\sigma^4} \cdot 2\pi - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n (y_i - \mu)^2 \left(-\frac{1}{\sigma^4}\right) = 0$$

$$-n\sigma^2 + \sum_{i=1}^n (y_i - \mu)^2 = 0$$

$$\therefore \hat{\sigma}^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2$$

คุณสมบัติที่สำคัญของตัวประมาณ

เราจะทราบได้อย่างไรว่า ค่า parameter ที่ประมาณได้มีความถูกต้องแม่นยำ และสามารถนำไปใช้แทนค่าจริงของประชากรได้หรือไม่ รวมถึงวิธีการที่ใช้ในการประมาณค่ามีความเหมาะสมแล้วหรือไม่ “คุณสมบัติของตัวประมาณที่ดี” เป็นวิธีการที่จะช่วยเราในการตรวจสอบได้ว่า ค่าพารามิเตอร์ที่ประมาณได้หรือที่เรียกว่า ตัวประมาณ นั้นมีความถูกต้องมากน้อยเพียงใด รวมถึง วิธีการที่ใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์นั้นมีความเหมาะสมแล้วหรือไม่ จากตำราของ Larsen and Marx (2001) ได้สรุปคุณสมบัติที่สำคัญของตัวประมาณที่ดีนั้นมีอยู่ 6 ข้อดังนี้

- 1). Unbiasness estimator
- 2). Efficiency estimator
- 3). Sufficiency estimator
- 4). Complete estimator
- 5). Uniqueness estimator
- 6). Consistency estimator

1). Unbiasness estimator

Unbiasness estimator แปลว่า ตัวประมาณที่ไม่มีอคติ หมายถึง ตัวประมาณที่มีค่าคาดหวัง (expectation) เท่ากับค่าจริงของประชากร หรือที่เรียกว่าค่าพารามิเตอร์ นั่นเอง

ถ้าให้ $x_1, x_2, x_3, \dots, x_n$ เป็น random variable ของ $f(x, \theta)$, และให้ $\hat{\theta}$ เป็น ตัวประมาณของ θ ค่า $\hat{\theta}$ จะเป็น unbiased estimator เมื่อ

$$E\langle \hat{\theta} \rangle = \theta$$

เมื่อ $\hat{\theta}$ หมายถึงค่า expectation ของตัวประมาณ ($\hat{\theta}$ หมายถึงตัวประมาณ หรือตัว estimator) และค่า θ หมายถึงค่าพารามิเตอร์

ดังนั้นถ้า estimator ที่ได้มีค่าเท่ากับค่าพารามิเตอร์ตามทฤษฎี เราสามารถเรียก ค่า estimator นี้ว่า unbiased estimator และเราจะเรียกรูปวิธีการที่ใช้ในการประมาณค่า และให้ค่า unbiased estimator ได้ว่า unbiased estimation, หรือ unbiased prediction แล้วแต่กรณี

ในทางปฏิบัติการเราสามารถบอกได้ว่า estimator ที่ได้ นั้น เป็น unbiased estimator หรือไม่นั้น จากการคำนวณหาค่า bias ซึ่งสามารถคำนวณได้จากสมการด้านล่างนี้

$$\text{Bias} = E\langle \hat{\theta} \rangle - \theta$$

- ในกรณีที่ค่า bias > 0 เรียกว่า estimator ที่ได้ว่า over-estimator
 ในกรณีที่ค่า bias < 0 เรียกว่า estimator ที่ได้ว่า under-estimator
 ในกรณีที่ค่า bias = 0 เรียกว่า estimator ที่ได้ว่า unbiased estimator

หมายเหตุ ค่า expectation หรือ ค่าเฉลี่ย

$$\therefore E(\theta) = \mu$$

การหาค่า expectation กรณีที่ X เป็น discrete random variable

$$\mu = E(x) = \sum x_i p(x_i)$$

การหาค่า expectation กรณีที่ X เป็น continuous random variable

$$\mu = E(x) = \int x f(x) dx$$

ที่มา: Ghahramani (1996)

จากตัวอย่าง (Larsen and Marx, 2001) ที่ให้ประมาณค่า σ^2 ด้วยวิธี maximum likelihood จาก normal probability density function และได้ว่า

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2$$

ถ้า ค่า parameter นี้ เป็น unbiased estimator แล้วค่า $E(\hat{\sigma}^2) = \sigma^2$ การทดสอบมีรายละเอียดดังนี้

$$\begin{aligned} E(\hat{\sigma}^2) &= E\left[\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2\right] \\ &= E\left[\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i^2 - 2y_i\bar{y} + \bar{y}^2)\right] \\ &= E\left[\frac{1}{n} (\sum_{i=1}^n y_i^2 - n\bar{y}^2)\right] \\ &= \frac{1}{n} \left[\sum_{i=1}^n E(y_i^2) - nE(\bar{y}^2) \right] \\ &= \frac{1}{n} \left[\sum_{i=1}^n (\sigma^2 + \mu^2) - n\left(\frac{\sigma^2}{n} + \mu^2\right) \right] \\ &= \frac{n-1}{n} \sigma^2 \end{aligned}$$

ซึ่งจะเห็นได้ว่า ค่า $E(\hat{\sigma}^2)$ ไม่เท่ากับค่า σ^2 กรณีเช่นนี้สามารถกล่าวได้ว่า การประมาณค่า parameter ด้วยวิธี maximum likelihood สร้างตัวประมาณของค่า σ^2 ที่เป็น biased estimator oygogv'

2). Efficiency estimator

Efficiency estimator หมายถึง ตัวประมาณที่เป็น unbiased estimator และมีค่าความแปรปรวนต่ำกว่า (minimum variance) ในบางกรณีที่มี estimator มากกว่า 1 ตัวที่เป็น unbiased estimator แต่ไม่จำเป็นว่า estimator ทั้งสองนั้นจะมีคุณสมบัติเป็น efficiency estimator ได้เท่ากัน

ถ้าให้ $x_1, x_2, x_3, \dots, x_n$ เป็น random variable ของ $f(x, \theta)$, และให้ $\hat{\theta}_1$ และ $\hat{\theta}_2$ เป็น unbiased estimator ของ θ ตัวประมาณ $\hat{\theta}_1$ จะมี efficiency มากกว่า ตัวประมาณ $\hat{\theta}_2$ เมื่อ

$$\text{Var}(\hat{\theta}_1) < \text{Var}(\hat{\theta}_2)$$

อย่างไรก็ตามจากข้างบนนี้ $\hat{\theta}_1$ อาจไม่ใช่ estimator ที่มีความแปรปรวนต่ำที่สุด ดังนั้นในกรณีที่ต้องการทราบว่า estimator หนึ่ง เป็น efficiency estimator ที่มี minimum variance หรือไม่มีวิธีตรวจสอบดังนี้

Step ที่ 1 ตรวจสอบคุณสมบัติ unbiased ของ estimator ตัวนั้น

Step ที่ 2 ใช้ค่าความแปรปรวนของ estimator ที่ได้ เปรียบเทียบกับค่า Cramer - rao lower bound ดังนี้

$$\text{Var}(\hat{\theta}) \geq \underbrace{\left\{ nE \left[\left(\frac{\partial \ln f(x; \theta)}{\partial \theta} \right)^2 \right] \right\}^{-1} = \left\{ -nE \left[\frac{\partial^2 \ln f(x; \theta)}{\partial \theta^2} \right] \right\}^{-1}}_{\text{Cramer - rao lower bound}}$$

เมื่อ n คือจำนวน random variable

\therefore ถ้า $\text{Var}(\hat{\theta}) = \text{Cramer - rao lower bound}$ แสดงว่า $\hat{\theta}$ เป็น estimator ที่มีคุณสมบัติเป็น the most efficient

♥ สำคัญ : Unbiased estimator ใดที่ ค่าความแปรปรวนเท่ากับ Cramer - rao lower bound ($Var(\hat{\theta}) = \text{Cramer - rao lower bound}$) แสดงว่า estimator นั้นเป็น best estimator

3). Sufficiency estimator

Sufficiency estimator หมายถึง estimator ที่ได้จากการใช้ข้อมูลอย่างเพียงพอในการประมาณค่า โดยทั่วไป estimator ที่ได้จากการใช้ข้อมูลทั้งหมดจากการสุ่มตัวอย่าง มักจะมีคุณสมบัติ sufficient เช่นในกรณีของ ค่า mean, mode, median นั้น ค่า mean เป็นค่าที่ได้จากการนำเอาข้อมูลจากการสุ่มตัวอย่างทั้งหมดมาใช้ในการคำนวณ ซึ่งทำให้ค่า mean เป็นค่า estimator ที่มีคุณสมบัติข้อนี้ ในขณะที่ ค่า mode และ median เป็นค่าที่ได้จากการใช้ค่าบางส่วนของชุดข้อมูลมาคำนวณซึ่งอาจทำให้ทั้ง 2 ค่านี้ขาดคุณสมบัติข้อนี้ไป อย่างไรก็ตาม estimator ที่เป็น sufficiency estimator อาจไม่มีคุณสมบัติ unbiased หรือ efficiency ก็ได้

4). Complete estimator

Complete estimator แปลว่า ตัวประมาณที่มีความสมบูรณ์ หมายถึง estimator ที่มีคุณสมบัติดังนี้

กำหนดให้ $x_1, x_2, x_3, \dots, x_n$ เป็น random variable ที่มาจาก $f(x; \theta)$ เมื่อ $\theta > 0$ และให้ $k(t)$ เป็น function ใดๆ เมื่อ $t \propto \hat{\theta}$ หรือ $t = g(\hat{\theta})$ แล้ว $\hat{\theta}$ จะเป็น complete estimator เมื่อ

$$E[k(t)] = 0 \quad \text{เมื่อ } k(t) = 0$$

5). Uniqueness estimator

สำหรับ estimator ใดๆ ที่มีคุณสมบัติ complete sufficient และ unbiased แสดงว่า estimator ตัวนั้นมีคุณสมบัติเป็น Uniqueness estimator และ minimum variance

6). Consistency estimator

Estimator ที่ได้มีค่าใกล้เคียงค่าจริงเมื่อจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการประมาณเข้าสู่ infinity หรืออาจกล่าวในรูปของประโยคสัญลักษณ์ได้ว่า Estimator ใดๆ จะมีคุณสมบัติ consistency ก็ต่อเมื่อ

$$\begin{array}{l}
 1) \quad E[\hat{\theta}] = \theta \\
 2) \quad \text{Var}[\hat{\theta}] = 0
 \end{array}
 \left. \vphantom{\begin{array}{l} 1) \\ 2) \end{array}} \right\}
 \begin{array}{l}
 \text{เมื่อ } n \text{ เข้าสู่ } \infty \\
 \text{เมื่อ } \text{Var}[\bar{x}] = \frac{\sigma^2}{n} \text{ ดังนั้นเมื่อ } n \text{ เข้าสู่ } \infty \\
 \text{Var}[\bar{x}] \text{ ก็จะเข้าใกล้ } 0
 \end{array}$$

จากที่กล่าวมาเป็นคุณสมบัติที่สำคัญของตัวประมาณ ทั้งนี้เพื่อเป็นพื้นฐานสำหรับนักศึกษาที่จะนำไปสู่การเข้าใจในเรื่องวิธีการที่ใช้ในการประมาณอิทธิพลคงที่ และอิทธิพลสุ่ม และได้ค่าอิทธิพลคงที่ และค่าอิทธิพลสุ่ม ที่มีคุณสมบัติต่าง ๆ ดังกล่าว และสำหรับนักศึกษาที่มีความสนใจในรายละเอียดเกี่ยวกับคุณสมบัติของตัวประมาณที่ดี นั้นสามารถศึกษาเพิ่มเติมได้จากหนังสือของ Larsen and Marx (2001)

สมการถดถอย (Regression Model)

Regression model เป็นตัวแบบ หรือ สมการ ที่มีจุดประสงค์เพื่อใช้ในการทำนายค่าของตัวแปรด้วยตัวแปรตัวหนึ่ง หรือกลุ่มหนึ่ง ด้วยการสร้างสมการ เรียกว่า สมการทำนายค่า หรือ สมการ regression โดยทั่วไป ตัวแปรที่ใช้ในการทำนายค่าของอีกตัวแปรหนึ่งนั้น มักกำหนดให้เป็นตัวแปร x ซึ่งเป็นตัวแปรอิสระ (Independence variable) หรือเรียกว่า regressor ในขณะที่ตัวแปรที่ถูกทำนายจากตัวแปร x นั้นมักนิยมกำหนดให้เป็นตัวแปร y เป็นตัวแปรตาม (Dependence variable) (Kaps and Lamberson, 2004) โดย นัยของการอธิบายความสัมพันธ์ของตัวแปร x และ y คือ เมื่อ x เปลี่ยนไป 1 หน่วย y จะเปลี่ยนไปเท่าไร โดยมีรูปแบบสมการที่เป็นรูจก ดังแสดงด้านล่างนี้

$$y = a + b x + \varepsilon$$



เมื่อ y, x คือ dependence variable, และ independence variable ตามลำดับ ในขณะที่ a เป็นจุดตัดแกน y (ตำแหน่งที่ x มีค่าเท่ากับ 0) และ b เป็นค่าความชันของเส้น regression ซึ่งเป็นเส้นที่แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ของตัวแปร x และ y ในเชิงของเส้นตรง ค่า b มีชื่อเรียกเฉพาะว่า ค่า regression coefficient

สมการ regression มีหลายชนิด ได้แก่ linear regression, non linear regression เป็นต้น อย่างไรก็ตามในเอกสารฉบับนี้จะขอกล่าวเฉพาะการประยุกต์ใช้ linear regression เพื่อการปรับปรุงพันธุ์เป็นหลัก

1. การประยุกต์ใช้ linear regression ในการปรับปรุงพันธุ์

ด้วยวัตถุประสงค์หลักของ linear regression ที่ใช้ในการสร้างสมการทำนายโดยใช้ตัวแปรหนึ่ง หรือกลุ่มของตัวแปรใดๆ ทำนายค่าของตัวแปรอีกตัวหนึ่ง เมื่อพิจารณาารูปแบบของสมการแล้วจะเห็นได้ว่าเป็นรูปแบบที่แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ของตัวแปรที่มีอยู่ที่ด้านขวา และด้านซ้ายของสมการ ด้วยรูปแบบดังกล่าว ในการปรับปรุงพันธุ์จึงนำสมการดังกล่าวมาประยุกต์ใช้ในหลายกรณี เช่น

1.1 การสร้างสมการทำนาย โดยใช้ลักษณะปรากฏลักษณะหนึ่งในการทำนายลักษณะปรากฏอีกลักษณะหนึ่ง เช่น ลักษณะที่ถูกทำนายอาจเป็นลักษณะที่เก็บข้อมูลได้ยากหรือมีค่าใช้จ่ายสูง เช่น น้ำหนักตัวโค เนื้อซึ่งมีขนาดลำตัวใหญ่ต้องใช้เครื่องชั่งขนาดใหญ่ การเก็บข้อมูลดังกล่าวอาจทำได้ไม่สะดวก และอาจต้องใช้ค่าสังเกตอื่นมาทำนายน้ำหนักโคแทน หรือค่าลักษณะปรากฏบางค่าต้องใช้เวลานานในการเก็บข้อมูลก็อาจใช้ค่าของลักษณะบางลักษณะที่สัมพันธ์กันและเก็บข้อมูลได้เร็วกว่าในการทำนายเพื่อลดระยะเวลาให้สั้นลง นอกจากนี้ลักษณะบางลักษณะต้องฆ่าสัตว์จึงจะได้ข้อมูล เช่นลักษณะไขมันแทรกในเนื้อ ปริมาณเนื้อแดง การใช้บางลักษณะเช่น น้ำหนักตัวในการทำนายได้ ก็ไม่จำเป็นที่จะต้องฆ่าสัตว์

1.2 ใช้ในการคำนวณหาค่าอัตราพันธุกรรม (heritability; h^2) (Falconer and Mackay, 1996) โดยใช้หลักการหาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะปรากฏที่สนใจของ พ่อหรือ แม่ หรือทั้งพ่อและแม่ กับลักษณะปรากฏของลูก ทั้งนี้ถ้าลักษณะเหล่านี้เป็นลักษณะที่มีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมอยู่สูง การแสดงของพ่อ แม่ กับลูก ย่อมมีความสัมพันธ์กันสูง ค่า h^2 ของลักษณะนี้ก็ควรจะสูง แต่ในทางตรงกันข้าม ถ้าลักษณะดังกล่าวมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมน้อยมาก (มีอิทธิพลจากสิ่งแวดล้อม เช่น อาหาร อากาศ การจัดการต่างๆ ฯ) ค่า h^2 ก็ควรจะต่ำ อนึ่งในการใช้ regression เพื่อประมาณค่า h^2 นั้นมีที่มาในการคำนวณดังนี้

จากสมการ ①

$$y = a + b x + \varepsilon$$

เมื่อนำประยุกต์ใช้กับการหาค่า h^2 จะอธิบายค่าตัวแปรต่างๆได้ดังนี้ y คือ dependence variable ซึ่งค่าสังเกตของลูก, และ x คือ independence variable ซึ่งเป็นค่าสังเกตของพ่อ หรือ แม่ หรือ พ่อและแม่ ในขณะที่ a เป็นจุดตัดแกน y (ตำแหน่งที่ x มีค่าเท่ากับ 0) และ b เป็นค่าความชันของเส้น regression ซึ่ง เป็นเส้นที่แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ของพ่อหรือแม่ หรือทั้งพ่อและแม่ กับลูก ในเชิงของเส้นตรง ค่า b มีชื่อเรียกเฉพาะว่า ค่า regression coefficient โดยค่า b สามารถคำนวณได้ดังนี้

$$b = \frac{\text{cov}(x, y)}{\text{var}(x)}$$

$$\text{cov}(x, y) = \frac{1}{2} \text{Var}(A)$$

เมื่อ $\text{cov}(x, y)$ คือความสัมพันธ์ของพ่อกับลูก, หรือ แม่กับลูก, หรือ พ่อแม่กับลูก ส่วน $\text{var}(x) = \sigma_x^2$ คือค่าความแปรปรวนของลักษณะนั้นๆในรุ่นพ่อ แม่ หรือเท่ากับ $\text{var}(P)$

$$\begin{aligned}
 \text{ดังนั้น} \quad b &= \frac{1/2 \operatorname{var}(A)}{\operatorname{var}(P)} \\
 &= \frac{1}{2} h^2 \\
 h^2 &= 2b
 \end{aligned}$$

2. General linear model; GLM ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์

สมการเส้นตรงนี้ นอกจากมีวัตถุประสงค์เพื่อใช้ในการทำนาย ตามที่กล่าวแล้วในหัวข้อที่ 1 ยังสามารถประยุกต์โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยใดๆที่คาดว่าจะมีผลต่อลักษณะปรากฏและประมาณค่าอิทธิพลของปัจจัยนั้นๆ ด้วย เช่น

- การหาความสัมพันธ์ของปัจจัยเนื่องจากสิ่งแวดล้อมต่างๆ ที่อาจมีผลต่อลักษณะปรากฏที่สนใจ เช่น ในโคนม ระดับสายเลือด Holstein ในโคนมลูกผสม ครั้งที่ให้นม (lactation) จำนวนวันให้นม (day in milk) ปี ฤดูกาลที่เกิดฝูง (herd year season) ฯ ปัจจัยเหล่านี้อาจมีผลต่อลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม หรือ ไก่ไข่ วันเดือนปีเกิด (date of birth) ลำดับของไข่ (clutch number) พ่อ แม่ (sire dam) เป็นปัจจัยที่อาจมีผลต่อการให้ผลผลิตไข่ การหาความสัมพันธ์ของปัจจัยเหล่านี้ รวมถึง การประมาณค่าอิทธิพลของปัจจัยมีความจำเป็นต่อการปรับปรุงพันธุ์ ทั้งในด้านของเลือกปัจจัยที่มีผลอย่างชัดเจนเข้าสู่ขั้นตอนของการประมาณค่า estimated breeding value; EBV ในตัวแบบตัวสัตว์ (animal model) หรือ การใช้ข้อมูลในการวางแผนในการปรับปรุง หรือจัดการ ปัจจัยเหล่านั้นให้เหมาะสมยิ่งขึ้น
- หรือ การหาความสัมพันธ์และระดับอิทธิพลของรูปแบบ genotype ของ candidate gene ต่างๆ เช่น casein gene DGAT1 gene ที่มีผลต่อปริมาณ และ หรือองค์ประกอบน้ำนมในโคนม (Ikonen et al., 1999; Van Eenennaam and Medrano, 1991; Bobe et al., 1999; Braunschweig et al., 2000, Näslund et al., 2008; Gautier et al., 2007; Sanders et al., 2006) หรือยีน IGFI, II, FSHR ที่มีผลต่อผลผลิตไข่ในไก่ (Yun et al., 2005; Beccavin et al., 2001; Duclos et al., 1999; Tomas et al., 1998) จากการศึกษาของ (Lande and Thomsom, 1990), (Meuwissen and Van Arendonk, 1992), (Spelman and Garrick, 1998), และ (Abdel-Azim and Freeman, 2003) พบว่าการปรับปรุงลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมต่ำ ลักษณะที่ต้องใช้เวลาในการรอให้สัตว์แสดงลักษณะนั้นออกมา ลักษณะที่ต้องฆ่าสัตว์ การใช้ยีนเครื่องหมายเข้ามาช่วยในการคัดเลือก หรือที่นิยมเรียกกันโดยทั่วไปว่า marker assisted selection; MAS จะทำให้การปรับปรุงลักษณะนั้นๆ ใช้ระยะเวลาน้อยลง และเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกได้ อย่างไรก็ตามการใช้ยีนใดๆเพื่อเป็น MAS สำหรับประชากรใดๆ จำเป็นที่ต้องทราบความสัมพันธ์และอิทธิพลของยีนตัวนั้นๆ กับลักษณะที่สนใจก่อน ซึ่งเราสามารถใช้ GLM มาช่วยในการศึกษาความสัมพันธ์นี้ได้ และจะแสดงในตัวอย่างต่อไป

ตัวแบบของ general linear model หรือ GLM แสดงในตัวแบบที่ ②

$$y = b_1x_1 + b_2x_2 + \varepsilon \quad \text{②}$$

ซึ่งค่า y คือค่าสังเกต ส่วนค่า b_1 ใน สมการคือค่าอิทธิพลเนื่องจากปัจจัย x_1 และ b_2 คือค่าอิทธิพลเนื่องจาก x_2 และ ε ใน linear model คืออิทธิพลเนื่องจากปัจจัยอื่นๆที่ไม่สามารถจำแนกได้

จากสมการที่ ② จะเห็นว่า y ประกอบด้วยชุดของค่าสังเกตซึ่งมีมากกว่า 1 ค่า ส่วน X ประกอบด้วยการปรากฏ หรือการมีอยู่ของอิทธิพลที่มีต่อค่าสังเกตเหล่านั้นซึ่งอาจประกอบด้วยหลายประเภทปัจจัย (x_1, x_2, \dots, x_i) ค่า b คือค่าอิทธิพลของ x นั้นๆ มีจำนวนเท่ากับจำนวน x และ ε จะประกอบด้วยค่า ε ของแต่ละค่าสังเกต y เช่นกัน ดังนั้นจากสมการที่ ② เราสามารถจัดให้อยู่ในรูปความสัมพันธ์เชิงคณิตศาสตร์ ในรูปแบบของ matrix ได้ดังสมการที่ ③

$$y = X\beta + \varepsilon \quad \text{โดย } \varepsilon \sim (0, \sigma^2) \quad \text{③}$$

โดย y คือ vector ของค่าสังเกต ดังนี้

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix}$$

X เป็น matrix ที่เรียกว่า incident matrix ที่แสดงการปรากฏของอิทธิพลที่มีต่อค่าสังเกต เช่นกรณีที่มีโรงเรียนที่แตกต่างกัน 3 โรงเรียนมีอิทธิพลต่อค่า y matrix X จะเป็นดังแสดงด้านล่าง โดยจะสังเกตเห็นว่า matrix X จะมีจำนวน column เท่ากับจำนวนอิทธิพลที่มีต่อค่าสังเกต y และจำนวน row จะเท่ากับจำนวนค่าสังเกต y

$$X = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & x_{13} \\ x_{21} & x_{22} & x_{23} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & x_{n3} \end{bmatrix}$$

β เป็น vector ของค่าอิทธิพลคงที่ (ซึ่งจะได้กล่าวในรายละเอียดในหัวข้อถัดไป) ของอิทธิพล X ในกรณีตัวอย่างที่กล่าวมา ถ้า X คือโรงเรียนที่แตกต่างกัน 3 โรงเรียน vector β จะมีรูปแบบดังแสดงด้านล่างนี้

$$\beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix}$$

และ ε เป็น vector ของอิทธิพลที่เรียกว่า un - identify factor โดยมีจำนวน row เท่ากับจำนวนค่าสังเกต y นั้นเอง

$$\varepsilon = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \vdots \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{bmatrix}$$

จากที่กล่าวมา สามารถเขียนตัวแบบให้แสดงรายละเอียดส่วนประกอบของสมการได้ดังนี้

$$\begin{array}{c} \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix} \\ y \end{array} = \begin{array}{c} \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & x_{13} \\ x_{21} & x_{22} & x_{23} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{n1} & x_{2n} & x_{3n} \end{bmatrix} \\ X \end{array} \begin{array}{c} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} \\ \beta \end{array} + \begin{array}{c} \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \vdots \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{bmatrix} \\ \varepsilon \end{array} \quad \text{④}$$

จากสมการที่ ③ หรือ ④ ก็ตามจะเห็นว่า vector ของ β เป็น vector ที่ต้องประมาณค่า ซึ่งจะได้กล่าวในรายละเอียดในหัวข้อถัดไป

อนึ่งนักศึกษาสามารถศึกษารายละเอียดของการเขียนตัวแบบ GLM พร้อมการอธิบายตัวแปรต่างๆได้จากหนังสือภาษาไทยของ มนต์ชัย (2548) หรือภาษาอังกฤษของ Mrode (2005)

ตัวอย่างที่ 4.1 จากข้อมูลน้ำหนักไก่มทส.1 ที่อายุให้ไข่ฟองแรก โดยไก่เหล่านี้มาจากครั้งที่เข้าฟักที่แตกต่างกัน 3 ครั้ง แสดงในตาราง จงแปลงเป็น linear model และแสดงรายละเอียดของ matrix ต่างๆ

ID	ครั้งที่	นน.(กก.)
001	1	1.1
003	3	1.2
012	2	1.1
011	3	1.3
021	1	1.1
004	2	1.4

แปลงเป็น linear model ได้คือ

$$y = X\beta + \varepsilon$$

โดย $\varepsilon \sim (0, \sigma^2)$

โดย y คือ vector ของค่าสังเกต ดังนี้

$$y = \begin{bmatrix} y_{001} \\ y_{003} \\ y_{012} \\ y_{011} \\ y_{021} \\ y_{004} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1.1 \\ 1.2 \\ 1.1 \\ 1.3 \\ 1.1 \\ 1.4 \end{bmatrix}$$

X เป็น incident matrix ที่แสดงการปรากฏของอิทธิพลที่มีต่อค่าสังเกต กรณีนี้ คือครั้งที่เข้าฟักที่แตกต่างกัน 3 ครั้ง ดังนี้

$$X = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad \beta = \begin{bmatrix} \mu \\ \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix}$$

และ

$$\varepsilon = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \\ \varepsilon_5 \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix}$$

สามารถเขียนตัวแบบให้แสดงรายละเอียดส่วนประกอบของสมการได้ดังนี้

$$\begin{array}{c} \begin{bmatrix} 1.1 \\ 1.2 \\ 1.1 \\ 1.3 \\ 1.1 \\ 1.4 \end{bmatrix} \\ y \end{array} = \begin{array}{c} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \\ X \end{array} \begin{array}{c} \begin{bmatrix} \mu \\ \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} \\ \beta \end{array} + \begin{array}{c} \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \\ \varepsilon_5 \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix} \\ \varepsilon \end{array}$$

การจำแนกตัวแบบ Classification Model

เป็นการจำแนกประเภทของตัวแบบ ตามประเภทของปัจจัยที่เป็นองค์ประกอบของตัวแบบนั้นๆ ดังนั้นก่อนจะกล่าวในหัวข้อนี้ จะขอกล่าวในเรื่องส่วนประกอบของตัวแบบก่อน

1. ส่วนประกอบของตัวแบบ

Linear model ที่ใช้ในงานด้านการปรับปรุงพันธุ์โดยทั่วไปนั้นมักประกอบด้วยพจน์ที่สำคัญคือ พจน์ที่เป็นปัจจัยคงที่ และปัจจัยแบบสุ่ม โดยความหมายของปัจจัยทั้งสองนี้ เป็นดังนี้

อิทธิพลคงที่ (fixed effect)

อิทธิพลคงที่เป็นอิทธิพลที่จะส่งผลต่อการแสดงออกของสัตว์แต่ละตัวแตกต่างกันเมื่อได้รับอิทธิพลเดียวกัน เช่น ถ้าอิทธิพลเนื่องจากการเป็นเพศผู้ทำให้สัตว์มีน้ำหนักส่งตลาดสูงกว่าค่าเฉลี่ยฝูง 1.2 kg ถ้าค่าเฉลี่ยของน้ำหนักส่งตลาดเท่ากับ 95 kg แสดงว่า สัตว์ทุกตัวที่เป็นเพศผู้จะมีน้ำหนักส่งตลาดอย่างน้อยเท่ากับ 96.2 kg (95+1.2) (ในกรณีที่ไม่มีอิทธิพลอื่นที่ทำให้น้ำหนักส่งตลาดลดลงไป) อิทธิพลคงที่ที่มักพบในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ได้แก่ กลุ่มการจัดการ (contemporary group) ฤดูกาล ฝูงสัตว์ โรงเรือน เพศ ระยะการให้นม รูปแบบ genotype, composite genotype, haplotype, allele ของยีนที่สนใจ ฯลฯ ค่าอิทธิพลคงที่เป็นพารามิเตอร์ค่าหนึ่งใน model ที่จำเป็นต้องประมาณค่า โดยทั่วไปการประมาณค่าอิทธิพลคงที่เรามักเรียกว่า estimation และเรียกค่าที่ประมาณได้ว่า estimator สำหรับวิธีการ estimate fixed effect มีหลายวิธี แต่วิธีที่นิยมใช้อย่างแพร่หลายนั้นได้แก่ วิธี ordinary least square (OLS), generalize least square (GLS), maximum likelihood (ML), และ best linear unbiased estimation (BLUE)

การประมาณค่าอิทธิพลคงที่มีความสำคัญทั้งในด้านของการจำแนกค่าอิทธิพลที่มีผลต่อค่า phenotypic data เพื่อประมาณค่า EBV และในด้านของการศึกษาอิทธิพลของปัจจัยใดๆ ที่มีผลต่อ phenotypic data

อิทธิพลสุ่ม (random effect)

อิทธิพลสุ่มเป็นอิทธิพลที่จะส่งผลต่อการแสดงออกของสัตว์แต่ละตัวไม่เท่ากัน แต่ไม่รวมอิทธิพลที่ไม่สามารถจำแนกได้ หรือที่เรียกว่า error โดยทั่วไปในทางปรับปรุงพันธุ์ อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมมักถูกจัดเป็นอิทธิพลสุ่ม ซึ่งจะสังเกตได้ว่า พี่น้องที่เกิดจากพ่อ แม่เดียวกันมีการแสดงออกของลักษณะที่แตกต่างกัน

โดยอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมนี้เองที่เราเรียกว่าค่าการผสมพันธุ์ หรือ estimated breeding value (EBV) ซึ่งได้กล่าวรายละเอียดไว้ในเบื้องต้นแล้ว นอกจากนี้ อิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมจากรากตัวสัตว์ ก็มักถูกจัดเป็นอิทธิพลแบบสุ่มด้วยเช่นกัน

เช่นเดียวกับค่าอิทธิพลคงที่ ค่าอิทธิพลสุ่ม จัดเป็นพารามิเตอร์อีกค่าหนึ่งใน model ที่จะต้องประมาณค่า โดยการประมาณค่าอิทธิพลแบบสุ่มนี้เราจะเรียกว่า prediction และค่าของอิทธิพลสุ่มที่ประมาณได้เราเรียกว่า predictor วิธีการประมาณค่าอิทธิพลสุ่มนั้นมีหลายวิธีเช่นกัน แต่ที่นิยมใช้ในปัจจุบัน คือวิธี best linear unbiased prediction (BLUP)

2. การจำแนกตัวแบบ (model classification)

Model นี้ประกอบด้วยอิทธิพลที่แตกต่างกัน 2 ประเภท คือ อิทธิพลคงที่ (fixed effect) และอิทธิพลแบบสุ่ม (random effect) ในกรณีที่อยู่ใน model มีอิทธิพลคงที่เพียงอย่างเดียว เรียก model นั้นว่า fixed model แต่ถ้าใน model นั้นมีอิทธิพลทั้งสองประเภท ซึ่งเป็น model ที่นิยมใช้ในการปรับปรุงพันธุ์เราจะเรียก model นั้นว่า mixed model

Fixed model เป็น linear model รูปแบบหนึ่งที่ตัวแบบประกอบด้วยปัจจัยที่เป็น fixed effect เพียงอย่างเดียว ซึ่งเราทราบว่า fixed model สามารถพบตัวแบบลักษณะนี้ได้ในงานทดลองทางสัตวศาสตร์ทั่วไป โดยมีรูปแบบของตัวแบบทั่วไป ดังนี้

$$y = X\beta + \varepsilon \quad \text{เมื่อ } \varepsilon \sim (0, I\sigma_\varepsilon^2)$$

โดย y เป็นค่าสังเกต หรือลักษณะปรากฏ X, β และ ε เป็น incident matrix ของปัจจัยที่มีผลต่อค่าสังเกต y , ค่าอิทธิพลคงที่ (ที่ต้องมีการประมาณค่าด้วยวิธีการที่จะได้กล่าวต่อไป) และอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยอื่นๆ ตามลำดับ และ $\varepsilon \sim (0, I\sigma_\varepsilon^2)$ หมายถึง ค่าคาดคะเน (expectation) $E(X) = 0$ และค่า $V(\varepsilon) = I\sigma_\varepsilon^2$ ซึ่งหมายความว่า ค่าเฉลี่ยของความคลาดเคลื่อนของประชากรเป็น 0 และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของประชากรเป็นเมตริกซ์ที่มีค่าเป็น $I\sigma_\varepsilon^2$ โดยมีโครงสร้างของ $I\sigma_\varepsilon^2$ เป็นดังนี้

$$I\sigma_\varepsilon^2 = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \ddots & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \sigma_\varepsilon^2$$

$$= \begin{bmatrix} \sigma_e^2 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sigma_e^2 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \ddots & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

โดยเมทริกซ์นี้เป็น จัตุรัสเมทริกซ์ ขนาด $n \times n$ เมื่อ n คือจำนวนค่าสังเกต และสามารถอธิบายได้ว่า สัตว์แต่ละตัวมีความแปรปรวนเท่ากับ σ_e^2 และความคลาดเคลื่อนของสัตว์แต่ละตัวเป็นอิสระต่อกัน หรือที่เรียกว่า uncorrelated error (covariance เท่ากับ 0)

จากตัวอย่างที่ 4.1 เป็น ตัวอย่างหนึ่งของ fixed model กล่าวคือเป็นรูปแบบที่ประกอบด้วยปัจจัยที่เป็น fixed effect เท่านั้น

อย่างไรก็ตามในแบบที่เป็น fixed model นั้นสามารถที่จะมี fixed effect ได้มากกว่า 1 ปัจจัย ทั้งนี้ขึ้นกับเหตุผล หรือความเชื่อมโยงของแต่ละปัจจัยที่จะมีอิทธิพลต่อ phenotypic data ดังแสดงใน ตัวอย่างที่ 4.2

ตัวอย่างที่ 4.2 จากข้อมูลในตารางซึ่งเป็นข้อมูลผลผลิตน้ำนมของโคนม โดยโคนมแต่ละตัวมี lactation และ รูปแบบยีน Acyl-CoA:diacylglycerol acyl transferase 1; DGAT1 ที่แตกต่างกัน จึงสร้าง fixed model และแสดงรายละเอียดต่างๆ ในรูปของ matrix

ID	lactation	genotype	Milk yield kg/day.
001	1	AA	15
002	3	AA	19
003	2	KA	23
004	3	KK	27
005	1	AA	13
006	2	KK	25

Fixed model ที่ได้คือ

$$y = X_1\beta_1 + X_2\beta_2 + \varepsilon$$

โดย $\varepsilon \sim (0, \sigma_e^2)$

เมื่อ $y, X_1, X_2, \beta_1, \beta_2, \varepsilon$ คือ vector ของผลผลิตน้ำนมต่อตัวต่อวัน, incident matrix ของ lactation 3 lactation, incident matrix ของ genotype AA, KA, KK, อิทธิพลเนื่องจาก lactation, อิทธิพลเนื่องจาก genotype และปัจจัยอื่นๆ, ตามลำดับ

อนึ่งการเขียน model ดังกล่าวนั้นเพียงเพื่อความชัดเจนในการพิจารณาว่ามีปัจจัยใดบ้างที่มีผลต่อค่าสังเกต แต่สำหรับการประมาณค่าอิทธิพลคงที่ model ที่ถูกต้องควรอยู่ในรูป $y = X\beta + \varepsilon$ และจาก model นี้สามารถเขียนรายละเอียดให้อยู่ในรูปของ vector และ matrix ได้ดังนี้

โดย y คือ vector ของค่าสังเกต ดังนี้

$$y = \begin{bmatrix} y_{001} \\ y_{002} \\ y_{003} \\ y_{004} \\ y_{005} \\ y_{006} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 15 \\ 19 \\ 23 \\ 27 \\ 13 \\ 25 \end{bmatrix}$$

X เป็น incident matrix ที่แสดงการปรากฏของอิทธิพลที่มีต่อค่าสังเกต กรณีนี้ คือ lactation ที่แตกต่างกัน 3 lactation และรูปแบบ genotype ที่แตกต่างกัน 3 รูปแบบ ดังนี้

$$\begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu \\ \beta_{lac1} \\ \beta_{lac2} \\ \beta_{lac3} \\ \beta_{geno1} \\ \beta_{geno2} \\ \beta_{geno3} \end{bmatrix}$$

X β

และ

$$\varepsilon = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \\ \varepsilon_5 \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix}$$

สามารถเขียนตัวแบบให้แสดงรายละเอียดส่วนประกอบของสมการได้ดังนี้

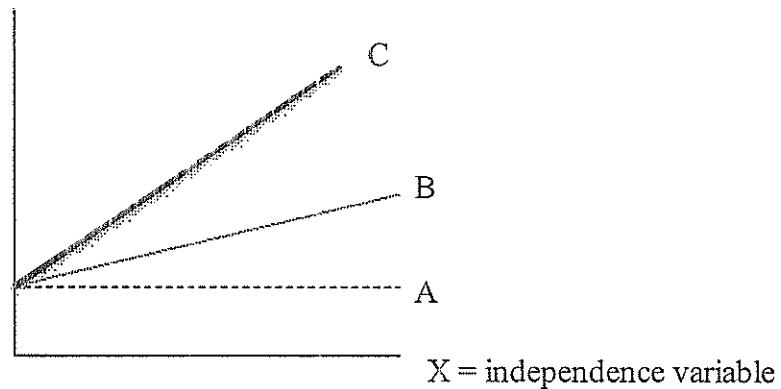
$$\begin{array}{c}
 \begin{bmatrix} 1.1 \\ 1.2 \\ 1.1 \\ 1.3 \\ 1.1 \\ 1.4 \end{bmatrix} \\
 y
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \\
 X
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 \begin{bmatrix} \mu \\ \beta_{lac1} \\ \beta_{lac2} \\ \beta_{lac3} \\ \beta_{geno1} \\ \beta_{geno2} \\ \beta_{geno3} \end{bmatrix} \\
 \beta
 \end{array}
 +
 \begin{array}{c}
 \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \\ \varepsilon_5 \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix} \\
 \varepsilon
 \end{array}$$

จาก model นี้สามารถหาผลลัพธ์ของสมการได้ ด้วยวิธีการประมาณค่าวิธีต่างๆ ที่กล่าวมา เช่น OLS, GLS, ML, หรือ BLUE ผลลัพธ์ที่ได้จะเป็นการบอกขนาดของอิทธิพล (estimated effect) ของปัจจัยคงที่ ซึ่งกรณีนี้ คือ ขนาดของอิทธิพลของ lactation ที่ 1, 2, 3 และ ขนาดของอิทธิพลของ genotype AA, KA, KK ว่ามีขนาดมากน้อย มีทิศทางเป็นบวก (มีผลต่อการเพิ่มปริมาณน้ำนมให้สูงกว่าค่าเฉลี่ย) หรือลบ (ลดปริมาณน้ำนมต่ำกว่าค่าเฉลี่ย) อย่างไรก็ตามในบางกรณีที่มีสมมุติฐานงานวิจัยว่า fixed effect นั้นๆ มีค่าอิทธิพลที่มีขนาด (magnitude) ใหญ่พอที่จะมีผลต่อการแสดงออกของสัตว์อย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ ดังนั้นจึงต้องมีขั้นตอนของการทดสอบสมมุติฐานด้วย

การทดสอบสมมุติฐาน

การทดสอบสมมุติฐานว่า fixed effect นั้นๆมีผลต่อค่าสังเกตอย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ ใช้หลักการและวิธีการเกี่ยวกับการทดสอบสมมุติฐานของสมการ regression กล่าวคือ เมื่อเราต้องการทราบว่า dependence variable และ independence variable มีความสัมพันธ์แบบเส้นตรงหรือไม่ ทั้งนี้เพื่อพิจารณาต่อว่า independence variable นี้จะสามารถใช้ในการทำนาย dependence variable ได้หรือไม่ จะมีหลักคิดว่า ถ้า variable ทั้งสองส่วนนี้มีความสัมพันธ์ในเชิงเส้นตรงต่อกัน slope ของเส้นตรงนั้นจะต้องมีค่ามากกว่า 0 และในทางกลับกัน ถ้า variable ทั้งสองนี้มีความสัมพันธ์เชิงเส้นตรงต่อกัน slope ของเส้นตรงนั้นควรเข้าใกล้ 0 หรือเท่ากับ 0 (Kaps and Lamberson, 2004) ดังรูปที่ 4.2

y = dependence variable



รูปที่ 4.2 ความสัมพันธ์เชิงเส้นตรงของ variable X และ Y โดยเส้น C เป็นเส้นที่มีค่า slope สูงที่สุด ในขณะที่เส้น A มี slope เท่ากับ 0

อย่างไรก็ตาม slope เท่ากับ 0 หรือไม่ หรือ slope เบี่ยงเบนออกจาก 0 อย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ ต้องใช้การทดสอบสมมติฐาน ซึ่งนิยมใช้การทดสอบด้วยตัวสถิติ student t

$$H_0 : \beta = 0$$

$$H_A : \beta \neq 0$$

โดยกำหนดให้ β คือค่า slope หรือเรียกว่า regression coefficient หรือในกรณีของค่า parameter ของ fixed model ค่า β นี้หมายถึงคงค่าอิทธิพลคงที่ที่ต้องประมาณขึ้น

ค่า t ที่คำนวณเพื่อใช้ในการทดสอบสมมติฐานในกรณีนี้ สามารถคำนวณได้จากสมการที่แสดงไว้ใน ดังนี้

$$t = \frac{\beta - 0}{\sqrt{s^2 / SS_{XX}}} ; \quad df = n - 2$$

$$s^2 = \frac{SS_{res}}{n - 2} = MS_{res}$$

ในการทดสอบ ถ้าค่า t ที่คำนวณได้ (เป็นค่า t สัมบูรณ์ $|t|$) มากกว่า $t_{\frac{\alpha}{2}; (n-2)}$ หรือเรียกว่าค่า critical value H_0 จะถูกปฏิเสธ

จากที่กล่าวมา หลังจากทดสอบสมมติฐานของ fixed effect แต่ละปัจจัยแล้วจะทำให้ทราบได้ว่าปัจจัยใดบ้างที่มีผลต่อค่าสังเกต และการนำปัจจัยเหล่านั้นไปใส่ในตัวแบบเพื่อประมาณค่า EBV จะได้เป็นไปอย่างเหมาะสม

Mixed model เป็นตัวแบบที่ประกอบด้วยปัจจัยที่เป็น fixed effect และ random effect ในตัวแบบเดียวกัน ส่วนใหญ่เรามักพบตัวแบบลักษณะนี้ได้ในด้านการปรับปรุงพันธุ์โดยมีรูปแบบของตัวแบบทั่วไปดังนี้

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon \quad \text{เมื่อ } \varepsilon \sim (0, R)$$

โดย y เป็นค่าสังเกต หรือลักษณะปรากฏ X, Z, β, u และ ε เป็น incident matrix ของปัจจัยที่มีผลต่อค่าสังเกต y , incident matrix ของปัจจัยสุ่ม, ค่าอิทธิพลคงที่, ค่าอิทธิพลสุ่ม (ที่ต้องมีการประมาณค่าด้วยวิธีการที่จะได้กล่าวต่อไป) และอิทธิพลเนื่องจากปัจจัยอื่นๆ ตามลำดับ และ $\varepsilon \sim (0, R)$ ซึ่งหมายถึง ค่าคาดหวัง (expectation) $E(X) = 0$ และค่า $R = I\sigma_e^2$ ซึ่งหมายความว่า ค่าเฉลี่ยของความคลาดเคลื่อนของประชากรเป็น 0 และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของประชากรเป็นเมตริกซ์ที่มีค่าเป็น $I\sigma_e^2$ และข้อกำหนดของตัวแปรสุ่มของพ่อพันธุ์คือ $u \sim (0, G)$ เมื่อ $G = A\sigma_s^2$ และ A คือ เมตริกซ์แสดงความสัมพันธ์ของสัตว์ในประชากร (relationship matrix) (มนต์ชัย, 2548)

เนื่องจากตัวแบบ ดังกล่าวมีปัจจัยสุ่มที่มีผลต่อค่าสังเกต 2 แหล่ง (ซึ่งต่างจาก fixed model ที่มีปัจจัยสุ่มจาก error เพียงแหล่งเดียว) จึงทำให้ความแปรปรวนของค่าสังเกตมีค่าเป็น $Var(y) = Var(Zu + \varepsilon)$ หากกำหนดให้ $Var(y) = V$ จะพบว่า $V = ZGZ' + R$ โดยรายละเอียดของค่าต่างๆ ในตัวแบบจะกล่าวในบทถัดไป

ตัวอย่างที่ 4.3 จากข้อมูลในตารางซึ่งเป็นข้อมูลผลผลิตน้ำนมของโคนม โดยโคนมแต่ละตัวมี lactation และ รูปแบบยีน Acyl-CoA:diacylglycerol acyl transferase 1; DGAT1 ที่แตกต่างกัน และโคแต่ละตัวเกิดจากพ่อพันธุ์ที่แตกต่างกัน จงสร้าง mixed model และแสดงรายละเอียดต่างๆ ในรูปของ matrix

ID	sire	lactation	genotype	Milk yield kg/day.
001	12	1	AA	15
002	12	3	AA	19
003	16	2	KA	23
004	16	3	KK	27
005	18	1	AA	13
006	18	2	KK	25

จากตารางสามารถจัดปัจจัยที่มีผลต่อปริมาณน้ำนมได้ 2 กลุ่ม คือ fixed effect ได้แก่ อิทธิพลเนื่องจาก lactation และรูปแบบ genotype ที่แตกต่างกัน โดยพิจารณาว่าปัจจัยเหล่านี้มีอิทธิพลต่อสัตว์

เท่าๆ กันเมื่อสัตว์ได้รับปัจจัยเดียวกัน และอีกกลุ่ม คือ random effect คือ อิทธิพลเนื่องจากพ่อพันธุ์ โดยพิจารณาว่า โคแม้ว่าจะเกิดจากพ่อเดียวกัน แต่พันธุกรรมที่ได้รับจะไม่เหมือนกันเพราะในขบวนการสร้าง cell สืบพันธุ์เกิด DNA recombination อยู่เสมอ ดังนั้น cell สืบพันธุ์ที่ได้จำนวนมาก จึงมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน และในการผสมพันธุ์การที่ cell สืบพันธุ์ใดๆ จะได้ผสมเกิดขึ้นโดยสุ่ม ด้วยเหตุนี้เราจึงพิจารณาให้ อิทธิพลเนื่องจากพ่อเป็นอิทธิพลสุ่ม และสามารถสร้างเป็น mixed linear model ในรูปของเมทริกซ์ได้ดังนี้

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

โดย y คือ vector ของค่าสังเกต ดังนี้

$$y = \begin{bmatrix} y_{001} \\ y_{002} \\ y_{003} \\ y_{004} \\ y_{005} \\ y_{006} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 15 \\ 19 \\ 23 \\ 27 \\ 13 \\ 25 \end{bmatrix}$$

X เป็น incident matrix ที่แสดงการปรากฏของอิทธิพลที่มีต่อค่าสังเกต กรณีนี้ คือ lactation ที่แตกต่างกัน 3 lactation และรูปแบบ genotype ที่แตกต่างกัน 3 รูปแบบ ดังนี้

$$\begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu \\ \beta_{lac1} \\ \beta_{lac2} \\ \beta_{lac3} \\ \beta_{geno1} \\ \beta_{geno2} \\ \beta_{geno3} \end{bmatrix}$$

X β

Z เป็น incident matrix ที่แสดงการปรากฏของ random effect เนื่องจากพ่อพันธุ์ ที่แตกต่างกัน และ u เป็น vector ของ random effect เนื่องจากพ่อพันธุ์ ดังนี้

$$\begin{matrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} & \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \\ s_3 \end{bmatrix} \\ \mathbf{Z} & \mathbf{u} \end{matrix}$$

และ

$$\boldsymbol{\varepsilon} = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \\ \varepsilon_5 \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix}$$

สามารถเขียนตัวแบบให้แสดงรายละเอียดส่วนประกอบของสมการได้ดังนี้

$$\begin{matrix} \begin{bmatrix} 1.1 \\ 1.2 \\ 1.1 \\ 1.3 \\ 1.1 \\ 1.4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu \\ \beta_{lac1} \\ \beta_{lac2} \\ \beta_{lac3} \\ \beta_{gmo1} \\ \beta_{gmo2} \\ \beta_{gmo3} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \\ s_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \\ \varepsilon_5 \\ \varepsilon_6 \end{bmatrix} \\ \mathbf{Y} & \mathbf{X} & \boldsymbol{\beta} & \mathbf{Z} & \mathbf{u} & \boldsymbol{\varepsilon} \end{matrix}$$

จากตัวแบบนี้จะเห็นได้ว่ามีปัจจัยที่จะต้องประมาณอยู่ 2 ส่วนคือ ส่วนที่เป็น fixed effect (vector $\boldsymbol{\beta}$) ซึ่งวิธีการประมาณได้กล่าวไปแล้วในหัวข้อก่อนหน้านี้ ส่วนอีกปัจจัยหนึ่งคือ random effect (vector \mathbf{u}) ซึ่งวิธีการประมาณจะกล่าวในหัวข้อต่อไป

อย่างไรก็ตามถ้าจะกล่าวโดยสรุปในเบื้องต้นก่อนนั้น จะเห็นได้ว่าในการประมาณค่า EBV เพื่อใช้ในการคัดเลือกสัตว์ จำเป็นต้องมีการจัดเก็บข้อมูลต่างๆ ทั้งข้อมูลในด้านการจัดการ สิ่งแวดล้อม ของสัตว์โดยละเอียด และการขาดข้อมูลบางส่วนไป อาจทำให้การประมาณค่ามีความคลาดเคลื่อนและส่งผลให้มีการคัดเลือกสัตว์ผิดพลาดไป

การประมาณค่าอิทธิพลคงที่ และ อิทธิพลสุ่ม

จากหัวข้อเรื่องการจำแนกชนิดของตัวแบบ จะเห็นได้ว่ามีตัวแบบที่มีความสำคัญในงานการปรับปรุงพันธุ์ คือ fixed model และ mixed model โดยองค์ประกอบของตัวแบบทั้งสองนี้ คือ การมีปัจจัยที่เป็นปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่ม หัวข้อนี้เป็นหัวข้อที่จะกล่าวถึงหลักการในการประมาณอิทธิพลคงที่ (fixed effect) และอิทธิพลแบบสุ่ม (random effect) โดย หลักการในการประมาณค่ามีหลักการเดียวกัน กล่าวคือ ตัวประมาณที่ได้ควรมีคุณสมบัติของการเป็นตัวประมาณที่ดีตามที่ได้กล่าวในหัวข้อที่ผ่านมา อย่างไรก็ตามวิธีที่ได้รับความนิยมในการประมาณค่าปัจจัยคงที่ ได้แก่ วิธี ordinary least square (OLS) และ generalized ordinary least square (GLS) และวิธี maximum likelihood (ML) ส่วนวิธีการสำหรับใช้ในการประมาณค่า random effect ได้แก่วิธี Best prediction (BP), Best linear prediction (BLP), และวิธี Best linear unbiased prediction (BLUP) ซึ่งจะได้กล่าวต่อไปดังนี้

การประมาณค่าอิทธิพลคงที่ (fixed effect estimation)

การประมาณค่าด้วยวิธี Ordinary least square (OLS)

Ordinary least square (OLS) เป็นวิธีการประมาณค่า parameter วิธีการอิทธิพลคงที่ ซึ่งที่นี้หมายถึง ค่า β ที่ให้ค่ากำลังสองของความคลาดเคลื่อนต่ำสุด ดังนั้นในการคำนวณจึงได้จากการ minimize ค่า residual sum of square หรือ $\text{Min}\{\epsilon'\epsilon\}$

จากตัวแบบ

$$y = X\beta + \epsilon$$

โดย $\epsilon \sim (0, \sigma_e^2)$

ให้ y เป็นเวกเตอร์ขนาด $m \times 1$ ของค่าสังเกต β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ขนาด $m \times 1$ ของพารามิเตอร์ที่ไม่ทราบค่า (unknown parameters) X เป็นเมตริกซ์ขนาด $n \times m$ ของตัวแปรอิสระหรือตัวแปรหุ่น (dummy variable) หรือ incident matrix ที่สัมพันธ์กับค่าอิทธิพลคงที่ และค่าความคลาดเคลื่อนของตัวแบบมีค่าเฉลี่ยเป็น 0 และมีค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนเป็น $I\sigma_e^2$ (uncorrelated error variance) ซึ่งจากวิธีการประมาณ และจากตัวแบบดังกล่าวจะได้ตัวประมาณแบบ OLS ดังนี้

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1} X'y \quad \text{หรือ}$$

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1} X'y \quad \text{ในกรณีที่ } X'X^{-1} \text{ เป็น เมตริกซ์ full-rank}$$

ตัวประมาณ OLS นี้มีคุณสมบัติ unbiased และ consistent เมื่อ σ_e^2 เป็น finite variance และ uncorrelated กับค่า regressors นอกจากนี้ตัวประมาณ OLS ยังมีคุณสมบัติ efficient เมื่อ σ_e^2 เป็น homogeneity of variance

ตัวอย่างที่ 4.4 จากข้อมูลในตัวอย่างที่ 4.1 จงหาค่าประมาณของอิทธิพลเนื่องจากครั้งที่เข้าฝึกที่แตกต่างกัน $\beta_1, \beta_2, \beta_3$ ด้วยวิธี OLS

วิธีทำ จาก $\hat{\beta} = (X'X)^{-1} X'y$ จะเห็นได้ว่า เราต้องสร้าง matrix X', X และ vector y จากนั้นใช้ matrix ดังกล่าวในการสร้าง matrix $X'X, X'y, (X'X)^{-1}$ โดยจากตัวอย่างที่ 4.1 จะได้

$$X = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}, \quad X' = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$y = \begin{bmatrix} y_{001} \\ y_{003} \\ y_{012} \\ y_{011} \\ y_{021} \\ y_{004} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1.1 \\ 1.2 \\ 1.1 \\ 1.3 \\ 1.1 \\ 1.4 \end{bmatrix}$$

$$\begin{aligned}
 X'X &= \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 6 & 2 & 2 & 2 \\ 2 & 2 & 0 & 0 \\ 2 & 0 & 2 & 0 \\ 2 & 0 & 0 & 2 \end{bmatrix} \\
 (X'X)^{-1} &= \begin{bmatrix} 0.094 & 0.031 & 0.031 & 0.031 \\ 0.031 & 0.345 & -0.156 & -0.156 \\ 0.031 & -0.156 & 0.344 & -0.156 \\ 0.031 & -0.156 & -0.156 & 0.344 \end{bmatrix} \\
 X'y &= \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1.1 \\ 1.2 \\ 1.1 \\ 1.3 \\ 1.1 \\ 1.4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 7.2 \\ 2.2 \\ 2.5 \\ 2.5 \end{bmatrix}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 \therefore \hat{\beta} &= (X'X)^{-1}(X'y) \\
 &= \begin{bmatrix} 0.094 & 0.031 & 0.031 & 0.031 \\ 0.031 & 0.345 & -0.156 & -0.156 \\ 0.031 & -0.156 & 0.344 & -0.156 \\ 0.031 & -0.156 & -0.156 & 0.344 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 7.2 \\ 2.2 \\ 2.5 \\ 2.5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.9 \\ 0.2 \\ 0.35 \\ 0.35 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu \\ \hat{\beta}_1 \\ \hat{\beta}_2 \\ \hat{\beta}_3 \end{bmatrix}
 \end{aligned}$$

จากผลลัพธ์ของค่า $\mu, \hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \hat{\beta}_3$ ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.9, 0.2, 0.35, และ 0.35 ตามลำดับนั้น สามารถอธิบายได้ว่า ไก่मतส.ฝูงนี้มีค่าเฉลี่ย นน.ตัว เมื่อให้ไข่ฟองแรกเท่ากับ 0.9 กก. และไก่ตัวใดๆ ที่เกิดจากการเข้าฟักครั้งที่ 1 จะได้รับอิทธิพลของการเข้าฟักครั้งที่ 1 ทำให้มี นน.ตัวของการให้ไข่ฟองแรกสูงกว่าค่าเฉลี่ยฝูงอยู่ 0.2 กก. ในขณะที่ไก่ที่เข้าฟักครั้งที่ 2 และ 3 จะได้รับอิทธิพลเนื่องจากการเข้าฟักครั้งที่ 2 และ 3 ทำให้มี นน.ตัวสูงกว่าค่าเฉลี่ยฝูงอยู่ 0.35 และ 0.35 กก. ตามลำดับ

การประมาณค่าด้วยวิธี Generalized least square (GLS)

Generalized least square (GLS) เป็นวิธีการประมาณค่า parameter ในตัวแบบ linear model อีกวิธีการหนึ่ง ซึ่งมีหลักการเช่นเดียวกับวิธี OLS แตกต่างกันตรงที่มีการปรับค่าด้วยความแปรปรวน ซึ่งจะใช้ในกรณีที่มี correlated error ดังนั้นในการคำนวณจึงได้จากการ minimize ค่า standardized residual sum of square หรือ $\text{Min}\{\epsilon'V^{-1}\epsilon\}$ และด้วยวิธีการดังกล่าวตัวประมาณ GLS จึงเป็นตัวประมาณที่มีคุณสมบัติ unbiased, consistent, และ efficient

จากตัวแบบ

$$y = X\beta + \varepsilon$$

โดย $\varepsilon \sim (0, V)$

ให้ y เป็นเวกเตอร์ขนาด $m \times 1$ ของค่าสังเกต β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ขนาด $m \times 1$ ของพารามิเตอร์ที่ไม่ทราบค่า (unknown parameters) X เป็นเมตริกซ์ขนาด $n \times m$ ของตัวแปรอิสระหรือตัวแปรหุ่น (dummy variable) หรือ incident matrix ที่สัมพันธ์กับค่าอิทธิพลคงที่ และค่าความคลาดเคลื่อนของตัวแบบมีค่าเฉลี่ยเป็น 0 และมีค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนเป็น V (correlated error variance) ซึ่งจากวิธีการประมาณ และจากตัวแบบดังกล่าวจะได้ตัวประมาณแบบ GLS ดังนี้

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y \quad \text{หรือ}$$

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y \quad \text{ในกรณีที่ } (X'V^{-1}X)^{-1} \text{ เป็น เมตริกซ์ full-rank}$$

การประมาณค่าด้วยวิธี Maximum likelihood (ML)

Maximum likelihood (ML) เป็นวิธีการประมาณค่าอิทธิพลคงที่ ซึ่งมีหลักการแตกต่างกับวิธี OLS และ GLS กล่าวคือ ค่าอิทธิพลคงที่ β ที่ได้ เป็นค่าที่มีภาวะน่าจะเป็นสูงสุดที่ตัวประมาณนี้จะเป็นค่าจริงของประชากร นอกจากนี้ วิธีการสร้างตัวประมาณด้วยวิธี ML นั้นจำเป็นต้องทราบรูปแบบการกระจายของข้อมูลค่าสังเกต เนื่องจากการสร้างตัวประมาณวิธีนี้สร้างจาก distribution function ของค่าสังเกตเหล่านั้น โดยมีหลักการในการสร้างดังนี้

1. ถ้ากำหนดให้ x_1, x_2, \dots, x_n เป็น ค่าสังเกตหรือลักษณะปรากฏที่สนใจ (กล่าวได้ว่าเป็น random variable) ดังนั้น distribution function ของ X เมื่อค่า parameter ของ distribution function นั้นเป็นค่า θ joint density function ของ x_1, x_2, \dots, x_n จะเป็นดังสมการข้างล่างนี้

$$f(x_1, x_2, \dots, x_n | \theta) = f(x_1 | \theta) f(x_2 | \theta) \dots f(x_n | \theta)$$

2. จาก joint density function นี้สามารถสร้างเป็น likelihood function ได้ด้วยการหาผลคูณ (product; \prod) ของทุก function จะได้ดังสมการด้านล่างนี้

$$L(\theta | x_1, x_2, \dots, x_n) = \prod_{i=1}^n f(x_i | \theta)$$

3. ให้สังเกตว่า function $\prod_{i=1}^n f(x_i | \theta)$ มักจะมีความซับซ้อนดังนั้นการ จัดการใดๆ กับ function ดังกล่าวจะมีความยุ่งยาก อย่างไรก็ตามการ take log ลงไปในสมการในข้อ 2 นั้นจะ

ทำให้ function $\prod_{i=1}^n f(x_i | \theta)$ อยู่ในรูป additive equation ผลจากการ take log ลงในสมการนี้จะได้ function ใหม่ที่เรียกว่า function log likelihood ดังแสดงด้านล่างนี้

$$\ln L(\theta | x_1, x_2, \dots, x_n) = \ln \prod_{i=1}^n f(x_i | \theta)$$

$$\ln L = \frac{1}{n} \ln L$$

4. จากสมการในข้อ 3 หาจุดสูงสุดของ function ด้วยการหาอนุพันธ์ตามค่า parameter จากนั้น set สมการที่ได้ให้เท่ากับ 0 และหาค่า parameter ด้วยการย้ายข้างสมการ

อย่างไรก็ตาม โดยทั่วไปลักษณะปรากฏของสัตว์ที่เราต้องการจะปรับปรุงพัฒนาให้สัตว์แสดงลักษณะเหล่านั้นให้ดีขึ้นนั้น ลักษณะเหล่านี้ส่วนใหญ่เป็นลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait) และมีรูปแบบการกระจายเป็นแบบ normal distribution ดังนั้นภายใต้เงื่อนไขที่ข้อมูลมีการกระจายแบบ normal distribution ตัวประมาณ ML จะมีรูปแบบดังแสดงด้านล่างนี้

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \quad \text{หรือ}$$

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \quad \text{ในกรณีที่ } XX^{-1} \text{ เป็น เมตริกซ์ full-rank}$$

การประมาณค่าด้วยวิธี Best linear unbiased estimation (BLUE)

Best linear unbiased estimation (BLUE) เป็นตัวประมาณค่าที่อยู่ในรูป linear combination ของข้อมูล $\hat{\beta} = L'y$ โดยวิธีการประมาณดังกล่าวจะได้ estimator หรือ $\hat{\beta}$ ที่มีคุณสมบัติ unbiased และ best estimator ซึ่งหมายถึงตัวประมาณที่เป็น minimum variance error

จากตัวแบบ $y = X\beta + \varepsilon$ โดย $\varepsilon \sim (0, V)$

ให้ y เป็นเวกเตอร์ขนาด $m \times 1$ ของค่าสังเกต β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ขนาด $m \times 1$ ของพารามิเตอร์ที่ไม่ทราบค่า (unknown parameters) X เป็นเมตริกซ์ขนาด $n \times m$ ของตัวแปรอิสระหรือตัวแปรหุ่น (dummy variable) หรือ incident matrix ที่สัมพันธ์กับค่าอิทธิพลคงที่ และค่าความคลาดเคลื่อนของตัวแบบมีค่าเฉลี่ยเป็น 0 และมีค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนเป็น V (correlated error variance) ซึ่งจากวิธีการประมาณ และจากตัวแบบดังกล่าวจะได้ตัวประมาณแบบ BLUE ดังนี้

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \quad \text{หรือ}$$

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \quad \text{ในกรณีที่ } X'X^{-1} \text{ เป็น เมทริกซ์ full-rank}$$

อนึ่งสำหรับรายละเอียดของที่มาของค่าประมาณวิธีต่างๆ นี้สามารถค้นคว้ารายละเอียดได้จากหนังสือของ มนต์ชัย (2548)

การประมาณค่าอิทธิพลสุ่ม (Random effect prediction)

จากตัวแบบ $y = X\beta + Zu + \varepsilon$ จะเห็นได้ว่า ค่า β, u, ε เป็นค่าของประชากรที่เรายังไม่ทราบค่า ดังนั้นเราจำเป็นต้องมีการประมาณค่าอิทธิพลเหล่านี้ อย่างที่กล่าวมาข้างต้นว่าในกรณีตัวแบบนี้ ค่า β เป็นค่าอิทธิพลคงที่ ดังที่กล่าวในรายละเอียดไปแล้ว ส่วน ค่า u, ε นั้นเป็นอิทธิพลสุ่ม (random effect) ซึ่งค่าอิทธิพลสุ่มที่ได้จากการประมาณเราเรียกว่า ค่า predictor และวิธีการที่ใช้ในการประมาณค่าอิทธิพลสุ่ม เราเรียกว่า prediction โดยวิธีในการประมาณค่าอิทธิพลสุ่มที่นิยมในปัจจุบัน มี 3 วิธี คือ Best prediction (BP), Best linear prediction (BLP), และ Best linear unbiased prediction (BLUP)

การประมาณค่าด้วยวิธี Best prediction (BP)

$$\text{จากตัวแบบ } y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

ให้ y เป็นเวกเตอร์ขนาด $m \times 1$ ของค่าสังเกต β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ขนาด $m \times 1$ ของพารามิเตอร์ที่ไม่ทราบค่า (unknown parameters) u เป็น เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มขนาด $k \times 1$ ของ X และ Z เป็นเมทริกซ์ขนาด $n \times m$ และ $n \times k$ ของตัวแปรอิสระหรือตัวแปรหุ่น (dummy variable) หรือ incident matrix ที่สัมพันธ์กับค่าอิทธิพลคงที่ และ ค่าอิทธิพลสุ่ม ตามลำดับ ความแปรปรวนของอิทธิพลสุ่มเป็น G และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของตัวแบบเป็น R

การประมาณค่าอิทธิพลสุ่มด้วยวิธี BP นั้นเป็นวิธีการประมาณค่า u ที่ให้ค่า prediction error variance ต่ำสุด หรือการ minimize mean square of prediction error หรือ $\text{Min} \left\{ E \left[\left(\hat{u} - u \right)^2 \right] \right\}$ ในการประมาณค่าด้วยวิธีนี้จำเป็นต้องทราบค่า อิทธิพลคงที่ (β) ซึ่งต้องเป็นค่าจริงของประชากร จากนั้นทำการ absorb อิทธิพลคงที่นี้เข้ากับค่าสังเกต หรือที่เรียกว่าการปรับปัจจัยคงที่ (adjust fixed effect) ออกจากแต่ละค่าสังเกต ซึ่งหมายถึงการแปลงค่าสังเกตดังนี้

$$y^* = Zu + \varepsilon \quad \text{เมื่อ } y^* = y - x\beta$$

จากนั้นในการประมาณค่า \hat{u} จากฟังก์ชันของค่าสังเกตที่ปรับแล้ว หรือสร้าง $\hat{u} = f(y^*)$ ด้วยการ minimize mean square of prediction ซึ่งจะได้ตัวประมาณ \hat{u} ดังนี้

$$\hat{u} = E(u | y^*) \quad (\text{อ่านว่า expectation ของ } u \text{ given } y \text{ adjust})$$

สังเกตว่าตัวประมาณ BP มีค่าเท่ากับค่าเฉลี่ยของอิทธิพลสุ่มเมื่อทราบ หรือ กำหนด ค่าสังเกตที่ปรับ ด้วยค่าอิทธิพลคงที่แล้ว (conditional mean given adjust data) ซึ่งในทางสถิติ การหา conditional mean ต้องทราบรูปแบบการแจกแจงร่วม (joint distribution) ระหว่าง (u, y^*)

ข้อจำกัดของวิธีนี้ คือ เราจำเป็นต้องทราบค่าอิทธิพลของ fixed effect ที่มีผลต่อค่าสังเกตก่อน จึงจะสามารถประมาณค่า \hat{u} ได้ ดังนั้นในกรณีที่ไมทราบค่า fixed effect จะทำให้การประมาณค่า \hat{u} ทำได้ลำบาก นอกจากนี้ เมื่อพิจารณาถึงขั้นตอนในการได้มาซึ่งค่า \hat{u} นั้นจะเห็นว่า มีขั้นตอนมาก กล่าวคือต้อง หาค่า fixed effect นำเอาค่า fixed effect นั้นมาใช้ในการปรับกับค่า y เพื่อค่า y^* แล้วจึงจะเริ่มขั้นตอนของการประมาณค่า \hat{u} ซึ่งไม่สะดวกในการทำงาน และเพิ่มโอกาสที่จะผิดพลาดได้

การประมาณค่าด้วยวิธี Best linear prediction (BLP)

จากตัวแบบ
$$y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

ให้ y เป็นเวกเตอร์ขนาด $m \times 1$ ของค่าสังเกต β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ขนาด $m \times 1$ ของพารามิเตอร์ที่ไม่ทราบค่า (unknown parameters) u เป็น เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มขนาด $k \times 1$ ของ X และ Z เป็นเมตริกซ์ขนาด $n \times m$ และ $n \times k$ ของตัวแปรอิสระหรือตัวแปรหุ่น (dummy variable) หรือ incident matrix ที่สัมพันธ์กับค่าอิทธิพลคงที่ และ ค่าอิทธิพลสุ่ม ตามลำดับ ความแปรปรวนของอิทธิพลสุ่มเป็น G และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของตัวแบบเป็น R

วิธี BLP เป็นการสร้างตัวประมาณ \hat{u} โดยใช้หลักการเดียวกับ BP แต่จะกำหนดฟังก์ชันของค่าสังเกตที่ปรับให้อยู่ในรูปฟังก์ชันเชิงเส้น (linear function) กล่าวคือต้องการ $\hat{u} = f(y^*) = L'y^*$ เมื่อ L เป็น linear combination matrix และ $y^* = y - X\beta$ จากนั้นด้วยวิธีการ minimize mean square of prediction error จะได้ ตัวประมาณอิทธิพลสุ่ม ดังนี้

$$\hat{u} = GZ'V^{-1}(y^*) \quad \text{หรือ}$$

$$\hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\beta)$$

รูปดังกล่าว หากกำหนดให้ ตัวแบบมี $E[y] = \mu$ และ $V(u) = I\sigma_u^2$ เมื่อ σ_u^2 เป็น additive genetic variance และ $V(e) = I\sigma_e^2$ จะพบว่าค่าประมาณของอิทธิพลสุ่มจะมีค่าเท่ากับ

$$\hat{u} = h^2 (y - \mu)$$

ซึ่งก็คือสมการในการประเมินค่า EBV หรือ selection index โดยใช้ข้อมูลจากตัวสัตว์ (performance record) นั้นเอง

ข้อจำกัดของวิธีนี้ จะเหมือนกับข้อจำกัดของวิธี BP กล่าวคือ มีขั้นตอนหลายขั้นตอนในการประมาณค่า random effect ซึ่งทำให้มีโอกาสในการผิดพลาดสูง

การประมาณค่าด้วยวิธี Best linear unbiased prediction (BLUP)

$$\text{จากตัวแบบ} \quad y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

ให้ y เป็นเวกเตอร์ขนาด $m \times 1$ ของค่าสังเกต β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ขนาด $m \times 1$ ของพารามิเตอร์ที่ไม่ทราบค่า (unknown parameters) u เป็น เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มขนาด $k \times 1$ ของ X และ Z เป็นเมตริกซ์ขนาด $n \times m$ และ $n \times k$ ของตัวแปรอิสระหรือตัวแปรหุ่น (dummy variable) หรือ incident matrix ที่สัมพันธ์กับค่าอิทธิพลคงที่ และ ค่าอิทธิพลสุ่ม ตามลำดับ ความแปรปรวนของอิทธิพลสุ่มเป็น G และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของตัวแบบเป็น R

วิธี BLUP เป็นการสร้างตัวประมาณ u โดยใช้หลักการของวิธี BLP คือการกำหนดตัวประมาณค่าในรูปฟังก์ชันเชิงเส้น แต่ที่แตกต่างจาก BLP คือ การกำหนดให้ตัวประมาณที่ได้มีคุณสมบัติ unbiased เช่นเดียวกับตัวประมาณ BLUE จากนั้นด้วยวิธีการ minimize mean square of prediction error จะได้ตัวประมาณอิทธิพลสุ่มแบบ BLUP ดังนี้

$$\hat{u} = GZ'V^{-1} (y - X\hat{\beta})$$

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y$$

เมื่อ

$$G = \text{Var}(u) = A\sigma_u^2$$

$$V = \text{Var}(y)$$

$$\text{Var}(y) = \text{Var}(Zu + e)$$

$$= Z\text{Var}(u)Z' + \text{Var}(e) + \text{cov}(Zu, e) + \text{cov}(e, Zu)$$

$$= ZGZ' + R + Z\text{cov}(u, e) + \text{cov}(e, u)Z'$$

$$= ZGZ' + R$$

เนื่องจาก $\text{cov}(u, e) = \text{cov}(e, u) = 0$

และ A คือ numerator relationship matrix หรือ matrix แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ในประชากร

อย่างไรก็ตาม จะเห็นได้ว่าการคำนวณเพื่อให้ได้ค่า random effect ด้วยวิธีการ BLUP นั้น จำเป็นต้องมีการจัดการ matrix ขนาดใหญ่มาก และ ต้องผ่านกระบวนการในการประมาณค่า fixed effect ก่อน แล้วจึงนำค่า fixed effect ที่ได้มาใช้ในการประมาณค่า random effect นอกจากนี้ ยังต้องทำการสร้างและ inverse matrix V ซึ่งเป็นความยุ่งยาก ดังนั้น ในปี 1950 Henderson ได้เสนอวิธีการในการที่สามารถประมาณค่า fixed effect และ random effect ได้ในเวลาเดียวกันด้วยการเสนอสมการที่เรียกว่า Mixed model equation (MME) (Morde, 2005) ซึ่งแสดงด้านล่างนี้

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

$$R = I\sigma_e^2$$

$$\therefore R^{-1} = I \frac{1}{\sigma_e^2} \quad \text{และ}$$

$$G = A\sigma_u^2$$

$$\therefore G^{-1} = A^{-1} \frac{1}{\sigma_u^2}$$

ดังนั้น สามารถทำให้ MME อยู่ในรูปที่ง่ายขึ้น ดังแสดงด้านล่างนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}; \quad \alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2} \text{ or } \frac{1-h^2}{h^2}$$

ค่า \hat{u} และ \hat{b} คือค่า random effect และ ค่า fixed effect ตามลำดับ โดยค่า random effect ในกรณีนี้ คือ ค่า estimated breeding value หรือค่า EBV นั่นเอง ซึ่งบางครั้งจะนิยมเรียกค่าดังกล่าวว่าค่า BLUP

เอกสารอ้างอิง

- มนต์ชัย ดวงจินดา 2548. การประเมินพันธุกรรมสัตว์ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- Abdel-Azim, G. and A.E. Freeman. 2003. Effect of including a quantitative trait locus in selection under different waiting plans of young bulls. *J. Dairy Sci.* 86:667-676.
- Bobé G., D.C. Beitz, A.E. Freeman, G.L. Linderg. 1999. Effect of milk protein genotypes on milk composition and its genetic parameter estimates. *J. Dairy Sci.* 82, 2797-2804.
- Beccavin C., B. Chevalier, L.A. Cogburn, J. Simon, and M.J. Duclos. 2001. Insulin – Like Growth Factors and Body Growth in Chickens Divergently Selected for High or Low Growth Rate. *J. Endocrinology.* 168:297.
- Braunschweig M., C. Hagger, G. Stanzinger, Z. Puhar. 2000. Associations between casein haplotypes and milk production traits of Swiss Brown cattle. *J Dairy Sci.* 83, 1387 - 1395.
- Duclos M.J., C. Beccavin, and J. Simon. 1999. Genetic models for the Study of Insulin-Like Growth Factors (IGF) and Muscle Development in Birds Compared to Mammals. *Domes. Anim. Endocrinol.* 17:231.
- Falconer D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics 4th. Longman. England.
- Gautier M., A. Capitan, S. Fritz, A. Eggen, D. Boichard, T. Druet. 2007. Characterization of the DGAT1 K232A and variable number of tandem repeat polymorphisms in French dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 90. 2980–2988.
- Ghahramani S. 1996. Fundamentals of probability. Prentice-hall. USA.
- Hayter A. 2002. Probability and statistics for engineers and scientists.
- Ikonen T., M. Ojala, O. Ruottinen. 1999. Associations between milk protein polymorphism and first lactation milk production traits in Finnish Ayrshire cows. *J. Dairy Sci.* 82. 1026–1033.
- Larsen R.J., and M.L. Marx. 2001. An Introduction to Mathematical Statistics and Its Applications. 3rd. Prentice Hall. NJ.
- Liu B.H. 1998. Statistical Genomics, Linkage, Mapping, and QTL Analysis. CRC Press, NY.
- Mrode R.A. 2005. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values 2nd. CAB

international,UK.

- Lande R. and R. Thompson. 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative trait. *Genetics* 124:743-756.
- Meuwissen T.H.E., and J.A.M. Van Arendonk. 1992. Potential improvements in rate of genetic gain from marker-assisted selection in dairy cattle breeding schemes. *J. Dairy Sci.* 75:1651-1659.
- Naslund J., W.F. Fikse, G.R. Pielberg, A. Lunden. 2008. Frequency and effect of the bovine acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1) K232A polymorphism in Swedish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 91. 2127–2134.
- Sanders K., J. N. Bennewitz, G. Reinsch, E.M. Thaller, C. Prinzenberg, E. Kühn, E. Kalm. 2006. Characterization of the DGAT1 mutations and the CSN1S1 promoter in the German Angeln dairy cattle population. *J. Dairy Sci.* 89, 3164–3174.
- Spelman, R.J. and D.J. Garrick. 1998. Genetic and economic responses for within-family marker-assisted selection in dairy cattle breeding Schemes. *J. Dairy Sci.* 81:2942-2950.
- Tomas F.M., R.A. Pym, J.P. McMurtry, and G.L. Francis. 1998. Insulin – Like Growth Factor (IGF-I) –I but Not IGF-II Promotes Lean Growth and Feed Efficiency in Broiler Chickens. *Gen. Com. Endocrinol.* 110: 262.
- Weller J.I. 2001. Quantitative trait loci analysis in animals. CABI Publishing, USA.
- <http://www.tarorigin.com/art/Omasory/Uncertainty/normal.gif>