การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลในระบบการเลี้ยงเชิงพาณิชย์

ปุญชรัศมิ์ มีแก้ว

ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ
มหาวิทยาลัยแม่โจ้
พ.ศ. 2562

การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลในระบบการเลี้ยงเชิงพาณิชย์

ปุญชรัศมิ์ มีแก้ว

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยแม่โจ้
พ.ศ. 2562

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยแม่โจ้

การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลในระบบการเลี้ยงเชิงพาณิชย์

ปุญชรัศมิ์ มีแก้ว

วิทยานิพนธ์นี้ได้รับการพิจารณาอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของความสมบูรณ์ของการศึกษา
ตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ

พิจารณาเห็นชอบโดย **อาจารย์ที่ปรึกษา**

อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก .....
(อาจารย์ ดร.นิสรา กิจเจริญ)
วันที่.....เดือน.....พ.ศ. .....

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม .....
(รองศาสตราจารย์ ดร.เกรียงศักดิ์ เม่งอำพัน)
วันที่.....เดือน.....พ.ศ. .....

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม .....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.จิราพร โรจน์ทินกร)
วันที่.....เดือน.....พ.ศ. .....

ประธานอาจารย์ผู้รับผิดชอบหลักสูตร .....
(อาจารย์ ดร.อุดมลักษณ์ สมพงษ์)
วันที่.....เดือน.....พ.ศ. .....

บัณฑิตวิทยาลัยรับรองแล้ว .....
(รองศาสตราจารย์ ดร.เกรียงศักดิ์ เม่งอำพัน)
คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย
วันที่.....เดือน.....พ.ศ. .....

ชื่อเรื่อง การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลในระบบการเลี้ยงเชิงพาณิชย์

ชื่อผู้เขียน นางสาวปุญชรัศมิ์ มีแก้ว

ชื่อปริญญา วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ

อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก อาจารย์ ดร.นิสรา กิจเจริญ

บทคัดย่อ

การเพาะเลี้ยงปลานิลมีการขยายตัวเพิ่มขึ้นอย่างมาก แม้ว่าจะมีการเพาะเลี้ยงมาเป็นระยะเวลานานแต่ในประเทศไทยยังมีการพัฒนาสายพันธุ์เพียงเล็กน้อย ในการศึกษาครั้งนี้เป็นการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลที่อายุ 2 และ 3 เดือนหลังจากฟัก โดยการประมาณค่าจากประชากรปลานิลเริ่มต้น 139 ครอบครัว องค์ประกอบความแปรปรวนถูกประมาณค่าด้วยวิธี restricted maximum likelihood (REML) โดยใช้ average information (AI) algorithm ร่วมกับแบบจำลองสัตว์ (animal model) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลมีความแตกต่างไปตามช่วงอายุ โดยที่อายุ 2 เดือนค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวมีค่าเท่ากับ 0.014 ± 0.189 ที่อายุ 3 เดือน ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวมีค่าเท่ากับ 0.197 ± 0.136 ซึ่งมีค่าปานกลางและมีค่ามากกว่าที่อายุ 2 เดือน ที่อายุ 7 เดือนค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวมีค่าเท่ากับ 0.275 ± 0.0808 ซึ่งมีค่าค่อนข้างสูงและมีค่ามากกว่าที่อายุ 2 และ 3 เดือน โดยมีแนวโน้มเช่นเดียวกับงานวิจัยที่ผ่านมา ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสามารถปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการคัดเลือกให้มีน้ำหนักตัวที่เพิ่มขึ้นได้ ในขณะที่ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวตัวและความกว้างลำตัวที่อายุ 7 เดือนมีค่าเท่ากับ 0.0089±0.0063 และ 0.0067±0.0096 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าต่ำ และมีค่าสหสัมพันธ์กับน้ำหนักตัวต่ำด้วยเช่นกัน การศึกษาอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม จากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) ของน้ำหนักปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารต่างชนิด มีค่าเท่ากับ 0.91 แสดงให้เห็นว่าไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม

คำสำคัญ : ปลานิล, อัตราพันธุกรรม, น้ำหนัก, BLUP, การคัดพันธุ์

Title ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR GENETIC IMPROVEMENT IN NILE TILAPIA (*OREOCHROMIS NILOTICUS*) UNDER COMMERCIAL FARM CONDITIONS

Author Miss Puncharat Meekaew

Degree Master of Science in Fisheries Technology and Aquatic Resources

Advisory Committee Chairperson Dr. Nissara Kitcharoen

ABSTRACT

Aquaculture of Nile Tilapia is practiced worldwide. Despite a long culture history, only a few genetically improved strains have been established in commercial farm in Thailand. In this study, heritability was estimated for total weight at 2 and 3 months after hatching. Estimation was made on data from 139 full-sib and 56 half-sib families. The analysis of variance was performed using a univariate mixed linear animal model. Variance components were analyzed following an animal model using Restricted Maximum Likelihood procedure (REML) employing average information (AI) algorithm. Heritability estimates (h^2) for growth related traits varied considerably with age. At 2 months old, h^2 for body weight (BW; 0.014 ± 0.189) were low. At 3 months old, h^2 of BW (BW; 0.197 ± 0.136) were higher than those estimated at 2 months old. At 7 months old, h^2 of BW (BW; 0.272 ± 0.103) were higher than those estimated at 2 and 3 months old The same trend was observed in many previous studies in body weight at harvest. The heritabilities showed good prospective for selective breeding of body weight at harvest. The heritabilities, h^2 of SL (SL; 0.0089±0.0063), h^2 of BH (BH; 0.0067±0.0096) were low. The correlations between BW, SL and BH were low as well. Genetic correlations for HW between fish meal and non-fish meal feed was 0.91, conclusion was that there was no significant evidence for genotype by environmental interaction.

Keywords : Nile Tilapia, heritability, growth, BLUP, selection

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนทุนจาก สำนักงานพัฒนางานวิจัยการเกษตร (องค์การมหาชน) ขอขอบคุณ บริษัท น้ำใสฟาร์ม จำกัด ที่สนับสนุนสถานที่ในการวิจัยตลอดจนเจ้าหน้าที่ที่ให้ความช่วยเหลือในการเก็บข้อมูลตลอดงานวิจัย

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ อาจารย์ ดร.นิสรา กิจเจริญ อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก รองศาสตราจารย์ ดร.เกรียงศักดิ์ เม่งอำพัน และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.จิราพร โรจน์ทินกร อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม ที่ได้ให้คำแนะนำ ในการทำการทดลอง ตลอดจนให้คำปรึกษาและช่วยแนะนำแนวทางในด้านการดำเนินงานวิจัย การเขียน รายงานและเล่มวิทยานิพนธ์ ทั้งยังสละเวลาอันมีค่าในการตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์ฉบับนี้จนเสร็จสิ้นสมบูรณ์

ขอขอบพระคุณ ศาสตราจารย์ ดร.อุทัยรัตน์ ณ นคร ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตบางเขน ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ผู้ให้ความเมตตาและให้คำแนะนำสำหรับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้

ขอขอบคุณบุคลากรทุกท่านในคณะเทคโนโลยีการประมงและทรัพยากรทางน้ำ ที่ให้ความช่วยเหลือ ขอขอบคุณบุคลากรทุกท่านในสำนักหอสมุด มหาวิทยาลัยแม่โจ้ ที่ช่วยเหลือในด้านโปรแกรมการใช้ Endnote ขอขอบคุณบุคลากรทุกท่านในบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยแม่โจ้ ที่ให้ความอำนวยสะดวกในการดำเนินเอกสารต่าง ๆ

และสุดท้ายนี้ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ คุณยายเขียว สุเปียง คุณพ่อทองแดง มีแก้ว และคุณแม่สมนา กอมั่ง และครอบครัวที่คอยสนับสนุน ช่วยเหลือและให้กำลังใจมาโดยตลอดระยะเวลาในการศึกษา

ปุญชรัศมิ์ มีแก้ว

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย ..... ค

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ ..... ง

กิตติกรรมประกาศ ..... ฉ

สารบัญ ..... ช

สารบัญตาราง ..... ฌ

สารบัญภาพ ..... ฎ

บทที่ 1 บทนำ 1

ความสำคัญของปัญหา 1

ขอบเขตของการวิจัย 3

วัตถุประสงค์ของการทำงานวิจัย 3

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ 3

บทที่ 2 ตรวจสอบเอกสาร 4

ชีววิทยาปลานิล 4

ความแตกต่างระหว่างเพศและการผสมพันธุ์ 4

การฟักไข่และลูกปลาวัยอ่อน 6

โครงการปรับปรุงพันธุ์ปลานิล 8

อัตราพันธุกรรมกับการปรับปรุงพันธุ์ 15

การคัดเลือกพันธุ์และปัจจัยที่มีผลต่อความสำเร็จของการคัดเลือกพันธุ์ 19

ผลของอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม 21

บทที่ 3 วิธีการวิจัย 25

วัสดุและอุปกรณ์ 25

ระยะเวลาในการวิจัยและสถานที่ดำเนินการ 26
วิธีดำเนินการวิจัย 26
การทดสอบในรุ่นที่ 1 27
บทที่ 4 ผลการวิจัยและวิจารณ์ 34
การวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้สถิติเชิงพรรณนา 34
การวิเคราะห์ความแปรปรวน 34
ค่าอัตราพันธุกรรม 37
ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะน้ำหนัก ระหว่างอายุ 3 เดือนและ 7 เดือน 39
ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะน้ำหนัก ความยาวตัว และความกว้างตัว ที่อายุ 7 เดือน 39
บทที่ 5 สรุปและข้อเสนอแนะ 42
บรรณานุกรม 43
ภาคผนวก 51
ประวัติผู้วิจัย 99

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 1 แสดงโครงการปรับปรุงพันธุ์ในปลานิลในประเทศต่าง ๆ 9

ตารางที่ 2 ตารางแสดงค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ที่สำคัญต่อการเพาะเลี้ยงปลานิลซึ่งได้ข้อมูลต่าง ๆ จากฟาร์มและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับสำหรับการคัดพันธุ์ลักษณะต่าง ๆ ได้แก่ น้ำหนักตัวเมื่อเก็บเกี่ยว เปอร์เซ็นต์เนื้อ ปริมาณเนื้อและอัตรารอด 17

ตารางที่ 3 ตารางแสดงค่าประมาณการตอบสนองต่อการคัดพันธุ์ของปลานิลต่อรุ่น ที่คาดว่าจะเกิดขึ้น เมื่อมีการวางแผนการผสมพันธุ์อย่างเหมาะสม 18

ตารางที่ 4 การศึกษาอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อมในปลานิล 22

ตารางที่ 5 แสดงสูตรอาหารปลาและคุณค่าทางอาหารของอาหารปลาที่ใช้ในการทดลอง 2 ชนิด คือ อาหารที่มีและไม่มีปลาป่นเป็นส่วนผสม 32

ตารางที่ 6 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับน้ำหนักปลานิลอายุ 2 เดือน (จากปลาจำนวน 138 ครอบครัว ๆ ละ 50 ตัว) 35

ตารางที่ 7 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับน้ำหนักปลานิลอายุ 3 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัวๆ ละ 50 ตัว) 35

ตารางที่ 8 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับน้ำหนักปลานิลอายุ 7 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัว ๆ ทั้งหมดจำนวน 4,137 ตัว) 35

ตารางที่ 9 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับความยาวตัวปลานิลอายุ 7 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัว ๆ ทั้งหมดจำนวน 4,137 ตัว) 36

ตารางที่ 10 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับความกว้างตัวปลานิลอายุ 7 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัว ๆ ทั้งหมดจำนวน 4,137 ตัว) 36

ตารางที่ 11 ค่าเฉลี่ยของน้ำหนัก และค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลที่อายุ 2 3 และ 7 เดือน 37

ตารางที่ 12 ค่าเฉลี่ยของความยาวตัว ความกว้างตัว และค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวตัว ความกว้างตัว ปลานิลที่อายุ 7 เดือน 38

ตารางที่ 13 แสดงค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) และ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phenotypic correlation) ของลักษณะน้ำหนักปลาที่อายุ 3 เดือนและ 7 เดือน .. 39

ตารางที่ 14 ตารางแสดงค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัว ความยาวตัวและความกว้างลำตัว (h^2 ±S.E แสดงในเส้นทแยงมุม) ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation แสดงในแนวเหนือเส้นทะแยงมุม) และ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation แสดงในแนวใต้เส้นทะแยงมุม) ของลักษณะน้ำหนักตัว ความยาวตัว และความกว้างลำตัวของปลาที่อายุ และ 7 เดือน 40

ตารางที่ 15 แสดงค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารต่างชนิดกัน (อาหารที่มีและไม่มีปลาป่น) 40

สารบัญภาพ

หน้า

ภาพที่ 1 รูปแบบของอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อม; (a) การเกิดอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อมแบบ scaling effect สำหรับ milk solid yield ของโคนมที่ถูกเลี้ยงดูในระบบที่มีการให้อาหารข้นในระดับที่แตกต่างกัน; (b) การเกิดอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อมแบบ re - ranking effect สำหรับ milk solid yield ของโคนมที่ถูกเลี้ยงดูแบบปล่อยแทะเล็ม และระบบการเลี้ยงที่ใช้ TMR เป็นหลัก 22

ภาพที่ 2 แผนผังแสดงการขั้นตอนการสร้าง breeding nucleus เพื่อจะใช้ในโปรแกรมการคัดเลือก 27

ภาพที่ 3 ภาพแสดงลักษณะความยาวตัว (SL: Standard Length) และ ความสูงของลำตัวปลา (BH: Body Height) 29

ภาพที่ 4 กระบวนการปรับปรุงสายพันธุ์ปลานิล รุ่นที่ 1 33

บทที่ 1
บทนำ

ความสำคัญของปัญหา

ปลานิลเป็นปลาเนื้อขาวที่ได้รับความนิยมในการเลี้ยงและบริโภคกันอย่างแพร่หลายทั่วโลก ทั้งในทวีปเอเชียและอัฟริกา โดยเฉพาะในเขตร้อนและกึ่งเขตร้อน มีศักยภาพสามารถใชทดแทนปลาเนื้อขาวชนิดอื่น ๆ ในปัจจุบันการเพาะเลี้ยงปลานิลมีการขยายตัว เพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ ทั่วโลก ปลานิลจัดเป็นปลาน้ำจืดที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจและมีผลผลิตเป็นอันดับหนึ่งของประเทศไทย ผลผลิตจากการเพาะเลี้ยงปลานิลในปี พ.ศ. 2540 ประมาณ 67,800 ตัน และมีผลผลิตเพิ่มขึ้นเป็น 200,760 ตัน ในปี พ.ศ. 2559 ปลานิล (ปลานิลและทับทิม) เป็นสัตว์น้ำจืดที่ผลิตมากที่สุดมีปริมาณรวมทั้งสิ้นถึง 200,763 ตัน คิดเป็นร้อยละ 52.61 ของปริมาณการผลิตทั้งหมด มีมูลค่า 10,724.41 ล้านบาท และการเพาะเลี้ยงปลานิลในไทยยังมีโอกาสขยายตัวเพิ่มได้อีก เนื่องจากตลาดปลานิลทั่วโลกมีการขยายตัวเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ (กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง, 2561) แต่อย่างไรก็ตามปริมาณการส่งออกปลานิลและผลิตภัณฑ์ของประเทศไทยในปี 2560 ปริมาณ 5,817.8 ตัน คิดเป็นมูลค่า 344.7 ล้านบาท ทั้งปริมาณและมูลค่าลดลง 27.1% และ 42.4% ตามลำดับ

การเพิ่มผลผลิตและลดต้นทุนในการเลี้ยงนับเป็นสิ่งสำคัญอย่างยิ่งต่ออุตสาหกรรมการเลี้ยงปลานิลทำให้มีความพยายามพัฒนาสายพันธุ์ปลานิลเพื่อเพิ่มผลผลิต ดังเช่น สถาบัน ICLARM (International Centre for Living Resources หรือ World fish ในปัจจุบัน) ได้มีโครงการปรับปรุงสายพันธุ์ปลานิลที่ศูนย์ National Fresh Water Fisheries Technology Centre ประเทศฟิลิปปินส์โดยในระหว่างปี ค.ศ. 1988-1997 ได้รับทุนสนับสนุนจาก Asian Bank ภายใต้ชื่อโครงการ “The Genetic Improvement of Farmed Tilapia” เพื่อศึกษาหาแนวทางในการพัฒนาสายพันธุ์ปลานิล เป็นผลทำให้เกิดปลานิลสายพันธุ์ GIFT (Genetic Improvement Farmed Tilapia) ซึ่งมีการเจริญเติบโตดีและประสบความสำเร็จอย่างสูงในการปรับปรุงพันธุ์จนกระทั่งกลายเป็นสายพันธุ์ที่มีปริมาณถึงครึ่งหนึ่งของผลผลิตปลานิลของประเทศไทย ในปี ค.ศ. 2003 ในขณะที่สายพันธุ์เดิมคือจิตรลดาได้ลดปริมาณการเลี้ยงเหลือเพียง 7% (Asian Development Bank, 2005) ดังนั้น หากมีการพัฒนาสายพันธุ์ ให้ปลานิลมีคุณลักษณะสำคัญ คือ การเจริญเติบโตดี ปริมาณเนื้อมาก คุณภาพเนื้อดีก็จะเป็นที่ต้องการของตลาดอย่างมาก โดยเฉพาะอย่างยิ่งจะเป็นช่องทางเพิ่มตลาดในประเทศตะวันตก ซึ่งบริโภคเนื้อปลานิลแล่มากกว่าปลาทั้งตัว (Ragnar Tveteras, 2016)

อาหารตามธรรมชาติของปลานิลคือแพลงก์ตอนพืช ในอดีตการเลี้ยงปลานิลทำได้โดยทำให้น้ำในบ่อเลี้ยงอุดมด้วยแพลงก์ตอนพืชก็เพียงพอสำหรับการเลี้ยงแล้ว แต่ในปัจจุบัน เนื่องจากที่ดินมีจำกัด และราคาแพง ผู้เลี้ยงปลานิลจำเป็นต้องเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่และลดระยะเวลาการเลี้ยง จึงหันไปใช้อาหารเม็ดสำเร็จรูปเลี้ยงปลานิลกันมากขึ้น ทำให้ต้นทุนการเลี้ยงสูงขึ้นเนื่องจากอาหารเม็ดสำเร็จรูปต้องใช้ปลาป่นเป็นแหล่งของโปรตีนอีก ทั้งการจับสัตว์น้ำเพื่อผลิตเป็นปลาป่นมีแนวโน้มลดลงเรื่อย ๆ ในแต่ละปี แต่ความต้องการใช้ปลาป่นเพื่อการเลี้ยงสัตว์ภายในประเทศกลับมีปริมาณเพิ่มสูงขึ้น จึงส่งผลให้ราคาปลาป่นเพิ่มสูงมากขึ้น ผู้ผลิตอาหารสัตว์ต้องซื้อปลาป่นในราคาที่สูงขึ้น

การปรับปรุงพันธุปลานิลเป็นอีกแนวทางหนึ่งที่ใช้เพื่อยกระดับผลผลิตของตัวปลานิลนอกเหนือไปจากการให้อาหารคุณภาพดี และการจัดการที่ดีและเหมาะสม ถึงแม้วาการปรับปรุงพันธุปลานิลจะเป็นวิธีการที่ผู้เลี้ยงให้ความสนใจน้อยที่สุด เนื่องจากความยุ่งยากซับซ้อนในการปฏิบัติและใช้เวลานานกว่าจะเห็นผล แต่เมื่อมองถึงผลที่จะเกิดขึ้นในระยะยาวแลว กล่าวได้ว่าการปรับปรุงพันธุปลานิลเป็นวิธีการที่เหมาะสมที่สุดที่จะ ช่วยให้ผู้เลี้ยงปลานิลประสบผลสำเร็จตามที่วางไวเร็วขึ้น (นวลมณี, ม.ป.ป.)

ในโครงการปรับปรุงพันธุ์สัตว์น้ำนั้นจำเป็นจะต้องมีข้อมูลพื้นฐาน ได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) และค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ ซึ่งในทางปฏิบัตินั้นก่อนเริ่มโครงการปรับปรุงพันธุ์นั้นหากไม่มีการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมก่อนก็อาจจะเสี่ยงต่อความล้มเหลวในการคัดเลือกได้ และการนำผลการศึกษาอัตราพันธุกรรมของลักษณะนั้น ๆ ในสัตว์น้ำชนิดเดียวกันมาช่วยในการตัดสินใจก็อาจทำได้บ้างแต่ต้องคำนึงไว้เสมอว่า ค่าอัตราพันธุกรรม เปลี่ยนแปลงได้ตามสิ่งแวดล้อม เช่น อายุ สภาพการทดลอง ฯลฯ นอกจากนั้นยังแตกต่างกันในสัตว์น้ำต่างประชากรที่มีความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมต่างกันในสัตว์น้ำ ประชากรเดียวกันที่ผ่านการคัดเลือกในชั่วอายุหลัง ๆ จะมีค่าอัตราพันธุกรรมลดลง เนื่องจากความหลากหลาย ของพันธุกรรมลดลง (อุทัยรัตน์, 2543)

ดังนั้นคณะผู้วิจัยจึงมีความสนใจอย่างยิ่งในการทำวิจัยเกี่ยวกับการศึกษาข้อมูลพื้นฐานที่เกี่ยวข้องกับ การประเมินค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิลให้มีการเจริญเติบโตดีเมื่อเลี้ยงด้วยอาหารที่ลดการใช้ปลาป่นในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์ เนื่องจากหากสามารถศึกษาพบว่ามีความแตกต่างระดับพันธุกรรมของปลานิลในแต่ละครอบครัวที่มีผลต่อการเจริญเติบโตเมื่อได้รับอาหารที่มีและไม่มีปลาป่นเป็นส่วนผสมก็จะนำไปสู่การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ปลาที่มีการเจริญเติบโตดีเมื่อเลี้ยงด้วยอาหารที่ไม่มีปลาป่นเป็นส่วนผสมซึ่งช่วยให้ลดการใช้ปลาป่นในอาหารและลดต้นทุนการเลี้ยงปลานิลลงได้ ซึ่งจะดำเนินการเป็นแนวทางในการเพิ่มศักยภาพการผลิตปลานิลในระบบการผลิตสัตว์น้ำเพื่อเพิ่มมูลค่าและความมั่นคงด้านอาหารอีกทั้งยังเป็นแนวทางต่อระบบการผลิตสัตว์น้ำเพื่อผลิตอาหารปลอดภัยให้แก่เกษตรกรได้ต่อไปในอนาคต และการศึกษาข้อมูล

พื้นฐานที่เกี่ยวข้องกับการประเมินค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิลให้มีการเจริญเติบโตดีเมื่อเลี้ยงด้วยอาหารที่ลดการใช้ปลาป่นในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์

ขอบเขตของการวิจัย

งานวิจัยนี้ประกอบด้วยการศึกษาข้อมูลพื้นฐานที่เกี่ยวข้องกับการประมาณค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิลให้มีการเจริญเติบโตดีเมื่อเลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่นและไม่มีปลาป่นในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์ ซึ่งจะเป็นงานวิจัยที่เน้นในเรื่องการใช้วิธีการประมาณค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นอันได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต น้ำหนักตัว ความยาวตัว และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตดังกล่าว โดยเลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่นและไม่มีปลาป่น และประเมินอิทธิพลของอาหารที่มีส่วนประกอบของวัตถุดิบอื่นมาทดแทนการใช้ปลาป่นไปพร้อม ๆ กับการประมาณค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิล และคงความหลากหลายทางพันธุกรรมให้เหมาะสมโดยการวางแผนการผสมพันธุ์

วัตถุประสงค์ของการทำงานวิจัย

1. เพื่อประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่จำเป็นต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิลให้มีการเจริญเติบโตดีเมื่อเลี้ยงด้วยอาหารที่ลดการใช้ปลาป่นในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์
2. เพื่อประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมเมื่อเลี้ยงด้วยอาหารที่มีและไม่มีปลาป่นในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ได้ข้อมูลของค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิลในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์
2. สามารถนำข้อมูลมาวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์ได้ต่อไป

บทที่ 2
ตรวจสอบเอกสาร

ชีววิทยาปลานิล

ปลานิล มีชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *Oreochromis niloticus* (Linn.) มีริมฝีปากบนและล่างเสมอกัน บริเวณแก้มมีเกล็ด 4 แถว ลำตัวมีสีเขียวปนน้ำตาลและมีลาดพาดขวาง 9–10 แถบ ครีบหลัง ครีบก้นและครีบหางมีจุดขาวและเส้นสีดำตัดขวาง ครีบหลังมีอันเดียวประกอบด้วยก้านครีบแข็ง 15–18 อัน และก้านครีบอ่อน 12–14 อัน ครีบก้นมีก้านครีบแข็ง 3 อัน และก้านครีบอ่อน 12–14 อัน บนแถบเส้นข้างลำตัวมีเกล็ด 33 เกล็ด และจากเส้นข้างลำตัวลงมาถึงแนวส่วนหน้าของครีบก้น 13 เกล็ด ลำตัวมีสีเขียวปนน้ำตาล ตรงกลางเกล็ดมีสีเข้ม ที่กระดูกแก้มมีจุดสีเข้มอยู่ 1 จุด ปลานิลมีนิสัยชอบอยู่รวมกันเป็นฝูง มีความอดทนและปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมต่าง ๆ ได้ดี มีอุปนิสัยกินอาหารทั้งพืชและสัตว์ สามารถกินแพลงก์ตอนพืช แพลงก์ตอนสัตว์ ซากอินทรีย์และอนินทรีย์ที่เน่าเปื่อย รวมทั้งจุลินทรีย์และพืชน้ำต่าง ๆ เป็นปลาที่กินอาหารในเวลากลางวันและหยุดกินอาหารในเวลากลางคืน กินอาหารได้ทั้งที่ผิวน้ำ กลางน้ำ และก้นบ่อ (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.)

ความแตกต่างระหว่างเพศและการผสมพันธุ์

ตามปกติรูปร่างภายนอกของปลานิลเพศผู้และเพศเมียจะมีลักษณะคล้ายคลึงกันมาก แต่จะสังเกตลักษณะเพศได้โดยการดูติ่งเพศ (genital papillae) ที่บริเวณใกล้กับช่องทวาร โดยปลาเพศผู้จะมีติ่งเพศลักษณะเรียวยาวยื่นออกมา ปลาเพศเมียมีลักษณะติ่งเพศมีลักษณะค่อนข้างใหญ่และกลมมีรูช่วงกลางติ่ง ขนาดปลาที่จะแยกเพศได้ชัดเจนต้องเป็นปลาที่มีความยาวตั้งแต่ 10 เซนติเมตรขึ้นไป สำหรับปลาที่มีขนาดโตเต็มที่สามารถสังเกตเพศได้ด้วยการดูสีที่ลำตัว โดยสีบริเวณใต้คางและลำตัวของปลาเพศผู้จะมีสีเข้มกว่าปลาเพศเมีย เมื่อถึงช่วงผสมพันธุ์สีจะยิ่งเข้มยิ่งขึ้น นอกจากนี้ ในปลาวัยเดียวกัน ปลานิลเพศผู้จะมีขนาดใหญ่กว่าปลาเพศเมียเนื่องจากปลานิลเพศเมียเขาสู่วัยเจริญพันธุ์เร็วและวางไข่ได้ตลอดปีจึงโตช้ากว่าปลานิลเพศผู้ เพราะในช่วงที่ฟักไข่และอนุบาลลูกปลาในปากซึ่งกินเวลาประมาณ 1 เดือน แม่ปลาจะไม่กินอาหาร (นวลมณี, ม.ป.ป.)

ปลานิลสามารถผสมพันธุ์ได้ตลอดปี โดยใช้ระยะเวลา 2–3 เดือนต่อครั้ง แต่ถ้าได้รับอาหารเพียงพอและเหมาะสม ในระยะเวลา 1 ปี จะสามารถผสมพันธุ์ได้ 5–6 ครั้ง ขนาดอายุและช่วงการสืบพันธุ์ของปลาแต่ละตัวจะแตกต่างกันไปตามสภาพแวดล้อม และสภาพทางสรีรวิทยาของปลาเอง

โดยพบว่าปลานิลจะเริ่มมีพัฒนาการของไข่และน้ำเชื้อเมื่อมีความยาวประมาณ 6.5 เซนติเมตร (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.) อีกทั้งปลานิลแต่ละสายพันธุ์มีความเหมาะสมสำหรับนำมาใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ต่างกัน เช่น สายพันธุ์จิตรลดาเดิมเข้าสู่วัยเจริญพันธุ์ช้า จำนวนไข่ที่ได้จากแม่ปลาแต่ละตัวน้อย แต่เปอร์เซ็นต์แม่ปลาที่วางไข่มาก ขณะที่สายพันธุ์จิตรลดา 3 หรือ GIFT เข้าสู่วัยเจริญพันธุ์เร็วกว่า รวมทั้งระยะเวลาระหว่างรอบการวางไข่สั้นกว่า และให้สัดส่วนลูกปลาเพศผู้มากกว่า แต่โดยภาพรวมแล้ว ผลผลิตไข่และลูกปลาที่ได้จากปลานิลทั้งสองสายพันธุ์ใกล้เคียงกัน (Mair et al., 2004; Nho, 1996) การเลือกที่จะผลิตลูกปลาสายพันธุ์ใด จึงขึ้นกับความต้องการของเกษตรกรในพื้นที่เป็นหลัก (เรณู และนพนันท์, 2549)

วงจรการสืบพันธุ์ของแม่ปลาแบ่งได้ เป็นสองช่วงคือช่วงแรกหลังจากไข่ได้รับการปฏิสนธิ แม่ปลาจะฟักไข่ในปากจนไข่ฟักเป็นตัว ที่อุณหภูมิน้ำ 27-28 องศาเซลเซียส ใช้เวลา 12 วัน ช่วงที่สองแม่ปลาดูแลลูกปลาต่อ โดยลูกปลาสามารถเข้ามาหลบในปากแม่ปลาอีก 7 วัน หลังจากช่วงเวลาดังกล่าวเนื้อเยื่อรังไข่จะพัฒนาจนสมบูรณ์เต็มที่ในอีก 8 วันถัดมา รวมระยะเวลาของวงจรการสืบพันธุ์เท่ากับ 27 วัน แต่หากนำไข่ออกจากปากแม่ปลาไปฟัก แม่ปลาจะวางไข่ได้อีกครั้งห่างจากการวางไข่ครั้งแรกเพียง 15 วัน (Baroiller et al., 1997) สำหรับแม่ปลานิลมีลักษณะการสืบพันธุแบบ single-breeding คือรังไข่ของแม่ปลายังคงพัฒนาจนมีความพร้อมในการผสมพันธุ์ และยังคงมีพฤติกรรมการวางไข่ แม้จะไม่มีปลานิลเพศผู้อยู่ด้วยก็ตาม (Mires, 1982) อย่างไรก็ตามจากการตรวจสอบของ (Bhujel, 2000) พบว่าในระยะเวลา 35 วัน แม่ปลาถึง 25 เปอร์เซ็นต์ที่ไม่วางไข่ ในช่วงเวลาดังกล่าวและแม่ปลาบางส่วนไม่วางไข่เลยตลอดระยะเวลา 3 เดือน ซึ่งเป็นลักษณะเฉพาะของแม่ปลาแต่ละตัว ดังนั้นการคัดเฉพาะปลาที่มีรอบการวางไข่ถี่มาใช้เป็นแม่พันธุ์จึงนับว่ามีความจำเป็นมากในระบบการผลิตพันธุ์ปลานิลเชิงพาณิชย์ (เรณู และนพนันท์, 2549)

ในช่วงผสมพันธุ์วางไข่ ปลานิลเพศผู้จะแยกออกจากฝูงไปสร้างรัง โดยปลาจะเลือกบริเวณเชิงลาดหรือก้นบ่อที่มีระดับน้ำลึกระหว่าง 0.5–1.0 เมตร วิธีการสร้างรังนั้นปลาจะปักหัวลงลำตัวตั้งฉากกับพื้นดิน แล้วใช้ปากพร้อมกับเคลื่อนไหวลำตัวเขี่ยดินตะกอนออก จากนั้นจะอมดินตะกอนและงับเศษสิ่งของต่าง ๆ ออกไปทิ้งนอกรัง ทำเช่นนี้จนกว่าจะได้รังที่มีลักษณะค่อนข้างกลม เส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 20–35 เซนติเมตร ลึกประมาณ 3–6 เซนติเมตร หลังจากสร้างรังเสร็จเรียบร้อยแล้ว พ่อปลาจะหวงอาณาเขตโดยจะไล่ปลาอื่นให้ออกจากบริเวณนั้น และแสดงพฤติกรรมเกี้ยวปลาเพศเมีย เมื่อเลือกปลาเพศเมียได้ถูกใจแล้ว จะแสดงอาการจับคู่กัน โดยใช้หางดีดและกัดกันเบา ๆ และเริ่มการผสมพันธุ์วางไข่โดยปลาเพศผู้ใช้บริเวณหน้าผากดุนที่ใต้ท้องปลาเพศเมียเพื่อกระตุ้นให้วางไข่ ปลาจะวางไข่ครั้งละ 10–15 ฟอง ปริมาณไข่ที่วางรวมกันแต่ละครั้งมีประมาณ 50–600 ฟอง ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับขนาดของแม่ปลา เมื่อแม่ปลาวางไข่แต่ละครั้งพ่อปลาจะว่ายน้ำไปเหนือไข่พร้อมกับปล่อยน้ำเชื้อลงไปผสมกับไข่ จากนั้นแม่ปลาจะเก็บไข่ที่ได้รับการผสมแล้วไว้ในปาก โดยจะทำเช่นนี้จนกว่าการผสมพันธุ์

แล้วเสร็จ ใช้เวลาประมาณ 1–2 ชั่วโมง แม่ปลาจะว่ายออกจากรังและพ่อปลาจะค่อยหาโอกาสเลือกปลาเพศเมียตัวอื่นต่อไป (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.) แต่อย่างไรก็ตามเปอร์เซ็นต์แม่ปลาที่วางไข่ใน แต่ละรอบการผลิตค่อนข้างต่ำ เฉลี่ยเพียง 20 เปอร์เซ็นต์ ของแม่ปลาทั้งหมด ทั้งนี้เนื่องจากปัจจัยในตัวพ่อแม่พันธุ์เอง เช่น ความต่างของสายพันธุ์ ลักษณะทางพันธุกรรม ปัจจัยทางด้านสิ่งแวดล้อม เช่นอุณหภูมิ ความยาวช่วงแสงในรอบวัน และปัจจัยที่เกิดจากการจัดการในระบบการผลิต เช่น ชนิด และความถี่ในการให้อาหาร รูปแบบกระชัง รูปแบบการพักและเปลี่ยนพันธุ์ ฯลฯ (เรณู และนพนันท์, 2549)

การเพาะพันธุ์ปลานิลสามารถดำเนินการได้ทั้งในบ่อดิน บ่อซีเมนต์ และกระชัง พ่อแม่พันธุ์ที่ใช้ในการเพาะพันธุ์ ควรเป็นปลาที่สมบูรณ์ ไม่มีบาดแผล ปลอดโรค และมีขนาดไล่เลี่ยกันคือมีความยาวตั้งแต่ 15–25 เซนติเมตร น้ำหนักตั้งแต่ 150–200 กรัม แต่ก็ขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ด้วย เช่นปลานิลสายพันธุจิตรลดาเข้าสู่วัยเจริญพันธุเมื่ออายุ 22 สัปดาห์ (เพ็ญพรรณ และคีรี, 2539) แต่พ่อแม่พันธุ์ที่ใช้ในระบบการผลิตมักพิจารณาจากขนาดมากกว่าอายุ โดยส่วนใหญ่ใช่พ่อแม่พันธุ์ขนาด 100 - 350 กรัม (เรณู และนพนันท์, 2549) จำนวนพ่อแม่ปลาที่ปล่อยลงเพาะพันธุ์ประมาณ 1–5 ตัวต่อตารางเมตร ควรปล่อยในอัตราส่วนเพศผู้ 1 ตัว ต่อเพศเมีย 2–5 ตัว สำหรับข้อควรระวังในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ลงเพาะในกระชัง คือ ขนาดของพ่อปลาควรมีขนาดใกล้เคียงกัน เพราะในช่วงของการผสมพันธุ์ปลาเพศผู้จะมีนิสัยก้าวร้าวและหวงพื้นที่ ปลาเพศผู้ที่มีขนาดใหญ่กว่าจึงมักมีโอกาสผสมพันธุ์กับปลาเพศเมียมากกว่าปลาเพศผู้ขนาดเล็ก ในระยะยาวจึงอาจเกิดปัญหาการผสมเลือดชิดขึ้นได้ เนื่องจากลูกที่ได้เกิดจากพ่อ พันธุ์ขนาดใหญ่เพียงไม่กี่ตัวในกระชัง โดยจำนวนไข่ที่แม่ปลาผลิตขึ้นกับอายุและขนาดแม่ปลา รวมถึงปัจจัยแวดล้อม ต่าง ๆ แม่ปลาขนาดเล็กให้ไข่ขนาดเล็ก และให้ไข่น้อยกว่าแม่ปลาขนาดใหญ่ แต่ความถี่ในการวางไข่มากกว่า ระยะเวลาระหว่างรอบของการวางไข่สั้นกว่าจึงมักให้ผลผลิตลูกปลาโดยรวม มากกว่า (Little, 1989)

การฟักไข่และลูกปลาวัยอ่อน

แม่ปลาจะฟักไข่ในปากโดยขยับปากให้น้ำไหลเข้าออกในช่องปลาอยู่เสมอ เพื่อช่วยให้ไข่ที่อมไว้ได้รับน้ำสะอาดทั้งยังเป็นการป้องกันศัตรูที่จะมากินไข่ด้วยไข่ที่ปลานิลเพศเมียอมไว้ในปากจะมีพัฒนาการขึ้นเป็นลำดับ ไข่ปลานิลเป็นไข่ประเภทไข่จม มีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1.8–2.0 มิลลิเมตร ตัวอ่อนมีถุงไข่แดงขนาดใหญ่ ไข่จะฟักเป็นตัวภายในเวลา 4 วัน ในน้ำอุณหภูมิ 27–28 องศาเซลเซียส ไข่ปลานิลจะพัฒนาเป็นลูกปลาวัยอ่อน ซึ่งมีระยะพัฒนาต่าง ๆ สามารถจำแนกจากลักษณะภายนอกได้ 5 ระยะ (Little et al., 1998) ดังนี้คือ

1. ระยะไม่มีตา (uneyed) ไข่ที่ได้รับการผสมระยะแรก ระยะนี้ไข่ยังคงเป็นสีเหลืองอ่อนตลอดทั้งฟอง ยังไม่มีพัฒนาการใด ๆ

2. ระยะมีตา (eyed) ไข่มีสีเหลืองเข้ม และมีจุดดำรอบ ๆ ไข่ เริ่มสังเกตเห็นจุดตาสีดำ

3. ระยะก่อนฟักเป็นตัว (pre–hatch) เป็นระยะที่ไข่เปลี่ยนเป็นสีน้ำตาล สังเกตเห็นส่วนตาและหางชัดเจน

4. ระยะฟักเป็นตัวอ่อน (hatch fry หรือ yolk sac fry) เป็นระยะที่ลูกปลาฟักออกเป็นตัวแต่ยังมีถุงไข่แดงติดอยู่

5. ระยะตัวอ่อนว่ายน้ำ (swim–up fry) เป็นระยะที่ถุงไข่แดงยุบและลูกปลาสามารถว่ายน้ำได้ พัฒนาการของไขจากระยะที่ 1 ถึงระยะที่ 5 เร็วหรือ ช้าขึ้นกับอุณหภูมิ ที่อุณหภูมิ 30 องศาเซลเซียส ไขปลา นิลจากระยะที่ 1 จะฟักเป็น ตัวภายในระยะเวลา 3 วัน แต่ถ้าอุณหภูมิลดลงเป็น 20 องศาเซลเซียส จะใช้เวลา 6 วัน (MacIntosh & Little, 1995)

หลังจากไข่ปลานิลพัฒนาเป็นลูกปลาวัยอ่อนที่อาหารยังไม่ยุบ ลูกปลานิลวัยอ่อนจะเกาะรวมกันเป็นกลุ่มโดยว่ายวนเวียนอยู่บริเวณหัวของแม่ปลา ลูกปลาจะว่ายเข้าไปหลบซ่อนอยู่ในช่องปากแม่ปลาเมื่อมีภัย เมื่อลูกปลาอายุครบ 13–14 วัน นับจากแม่ปลาวางไข่ ลูกปลานิลจะเริ่มกินอาหารจำพวกพืชและไรน้ำขนาดเล็ก และหลังจากมีอายุ 3 สัปดาห์ขึ้นไป ลูกปลาจะกระจายแตกฝูงไปหากินเลี้ยงตัวเองได้โดยลำพัง (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.)

ช่วงเวลาในการตรวจสอบไข่ในปากแม่ปลา คือ 5-10 วัน ขึ้นกับอุณหภูมิ ในฤดูร้อนอุณหภูมิสูง ไข่มีพัฒนาการเร็ว ควรตรวจสอบไข่ในปากแม่ปลา ทุก 5–7 วัน เพราะหากปล่อยไว้นานเกิน ไข่จะฟักเป็นตัวทำให้ไม่ทราบอายุลูกปลาที่แน่นอน เป็นปัญหาในการแปลงเพศ รวมทั้งเกิด การสูญเสียเนื่องจากลูกปลาจะตายจากการ บอบช้ำในช่วงที่ไล่พ่อแม่พันธุรวมทั้งลูกปลา ไปรวมไว้ด้านหนึ่งของกระชังเพื่อตรวจสอบไข่ในปากแม่ปลา และลูกปลายังอาจถูกปรสิตพวก เห็บระฆังเกาะทำลายง่าย หากเป็นช่วงฤดูหนาว ควรตรวจสอบทุก 7–10 วัน เพราะหากตรวจสอบเร็วเกินไป จะได้ไข่ปลาระยะที่ 1–2 มาก ซึ่งไข่ระยะดังกล่าวเมื่อนำไปฟักในระบบฟักไข่ ปัญหาเรื่องอุณหภูมิต่ำจะทำให้ไข่มีพัฒนาการช้า บางครั้งอาจใช้เวลาเกิน 1 สัปดาห์ ทำให้เกิดปัญหาเรื่องโรคและเปอร์เซ็นต์การฟักเป็นตัวน้อยกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ แต่สำหรับอัตราการฟักของไข่ระยะที่ 1-2 ในช่วงฤดูร้อน พบว่าไม่มีปัญหาดังกล่าว และมีเปอร์เซ็นต์การฟักเป็นตัวสูง (เรณู และนพนันท์, 2549)

การอนุบาลลูกปลานิลสามารถดำเนินการได้ทั้งในบ่อดิน บ่อซีเมนต์ และกระชังไนล่อนตาถี่ อัตราปล่อยลูกปลานิลเพื่ออนุบาล ควรปล่อยจำนวน 250–300 ตัวต่อตารางเมตร ในการอนุบาลนอกจากใช้ปุ๋ยเพื่อเพาะอาหารธรรมชาติแล้ว จำเป็นต้องให้อาหารสมทบประมาณ 10–20 เปอร์เซ็นต์ของน้ำหนักตัวด้วย

การเลี้ยงปลานิลมีทั้งในรูปแบบการค้าและเลี้ยงไว้เพื่อบริโภคในครัวเรือน บ่อดินที่ใช้เลี้ยงปลาจะเพิ่มอาหารธรรมชาติโดยการใส่ปุ๋ยและให้อาหารสมทบชนิดต่าง ๆ ที่มีราคาถูกและหาได้ง่ายในปริมาณ 4 เปอร์เซ็นต์ของน้ำหนักปลา การเลี้ยงปลานิลในบ่อดินควรกำจัดวัชพืชและพรรณไม้น้ำ

ต่าง ๆ ออกไปจากบ่อให้หมด ถ้าเป็นบ่อเก่ามีเลนมาก จำเป็นต้องลอกเลนขึ้น ตกแต่งเชิงลาดและคันดินให้แน่น ควรกำจัดศัตรูปลานิลก่อนปล่อยลูกปลาลงเลี้ยง โดยทั่วไปจะปล่อยลูกปลานิลขนาด 2–3 เซนติเมตร ในอัตรา 1–3 ตัวต่อตารางเมตร หรือ 2,000–5,000 ตัวต่อไร่ คุณภาพน้ำที่เหมาะสมในการเพาะเลี้ยงปลานิล ควรมีค่าความเป็นกรดเป็นด่าง (pH) อยู่ระหว่าง 6.5–8.5 ปริมาณออกซิเจนละลายน้ำในช่วง 3–4 มิลลิกรัมต่อลิตร อุณหภูมิน้ำอยู่ในช่วง 19–28 องศาเซลเซียส ความเค็มไม่เกิน 10 ส่วนในพัน แอมโมเนียและไนไทต์ไม่เกิน 0.02 มิลลิกรัมต่อลิตร ไฮโดรเจนซัลไฟด์หรือก๊าซไข่เน่าไม่เกิน 0.002 มิลลิกรัมต่อลิตร (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.)

โครงการปรับปรุงพันธุ์ปลานิล

โปรแกรมการปรับปรุงพันธุกรรมปลานิลสมัยใหม่ในการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำโดยใช้เครื่องมือพันธุศาสตร์เชิงปริมาณได้ริเริ่มขึ้นในช่วงยุค 70's โดยทำในปลาแซลมอนและปลาเทราท์ในนอร์เวย์ในแต่เหตุการณ์สำคัญที่จัดเป็นการเริ่มต้นของการปรับปรุงพันธุกรรมของปลานิลฟาร์ม (GIFT) คือโครงการในฟิลิปปินส์ที่เกิดขึ้นในปี 1989 ซึ่งประสานงานและดำเนินการโดย ICLARM ปัจจุบันเป็น World Fish Center โดยความร่วมมือกับสถาบันวิจัยการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำนอร์เวย์ (AKVAFORSK), NOFIMA Marin และสถาบันระดับชาติสามแห่งในฟิลิปปินส์ ได้แก่ Fisheries and Aquatic Resources (BFAR), the Marine Science Institute of the University of the Philippines (UP-MSI), and the Freshwater Aquaculture Center of the Central Luzon State University (FAC-CLSU) (Eknath & Hulata, 2009) ในปี ค.ศ. 2002 โครงการ GIFT ได้ก่อตั้งขึ้นที่ประเทศมาเลเซียโดย World Fish และได้ทำการคัดเลือกและแจกจ่ายปลานิลอย่างต่อเนื่อง โครงการ GIFT ในประเทศฟิลิปปินส์โดย GIFT Foundation International Incorporated (GFII) โปรแกรมการผสมพันธุ์ปลานิล 17 โปรแกรมที่รายงานที่นี่ยังค่อนข้างเล็กซึ่งเริ่มดำเนินการในปี 1994 แต่ส่วนใหญ่ (54%) เริ่มขึ้นเมื่อเร็ว ๆ นี้ในปี 2005 ผลกระทบของโครงการ GIFT นั้นเห็นเป็นที่ประจักษ์ชัดเจนว่า โปรแกรมการผสมพันธุ์ปลานิล 10 โปรแกรมจากทั้งสิ้น 17 โปรแกรมที่พิจารณาในการศึกษานี้ยืนยันว่าประชากรพื้นฐานมาจาก World Fish ซึ่ง 15 โปรแกรม รวมถึง blue, red, and shiranus tilapia ซึ่งได้รับการสนับสนุนทางเทคนิคจากสถาบันนี้รวมถึงเอเชียแอฟริกาและอเมริกาใต้ World Fish ยังส่งออกเทคโนโลยี GIFT ไปยังโปรแกรมการปรับปรุงพันธุกรรมอื่น ๆ ด้วย (Neira, 2010)

การพัฒนาสายพันธุ์ของปลานิล GIFT ได้แสดงให้เห็นถึงการมีส่วนร่วมของพันธมิตรระดับชาติว่าการปรับปรุงพันธุกรรมอย่างรวดเร็วของปลานิลที่เพาะเลี้ยงนั้นเป็นไปได้ผ่านการคัดเลือกพันธุ์ (Asian Development Bank, 2005) ซึ่งดำเนินการโดยรวบรวมปลานิลจากธรรมชาติ 4 สายพันธุ์ ได้แก่ Egypt, Ghana, Kenya, Senegal และ ปลานิลจากการเพาะเลี้ยง 4 สายพันธุ์ ได้แก่

Israel, Singapore, Taiwan PoC,Thailand มาใช้เป็นประชากรเริ่มต้นและผสมปลาทั้ง 8 สายพันธุ์แบบ 8 ×8 diallele cross ได้ทั้งหมด 64 คู่ผสม และนำไปทดสอบเลี้ยงในฟาร์มที่มีสภาพแวดล้อมการจัดการต่าง ๆ ทั้งสิ้น 11 แห่ง เพื่อประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม และคัดเลือกบางครอบครัวที่โตดี ร่วมกับการคัดตัวที่โตดีที่สุดของแต่ละครอบครัวไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์ภายในระยะเวลา 5 รุ่นทำให้น้ำหนักตัวเพิ่มขึ้นได้ 12-17 % ต่อรุ่น (Acosta & Eknath, 1998) ในปัจจุบันก็มีปลานิลหลายสายพันธุ์ที่นำปลานิล GIFT เป็นประชากรเริ่มต้นและพัฒนาสายพันธุ์ต่อเช่น Genomar Supreme tilapia, Spring genetics, ProGift Hainan เป็นต้น (Hans, 2014)

นอกจากนี้แล้วยังมีโครงการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลอีกหลายโครงการในประเทศต่าง ๆ ดัง ที่แสดงในตารางที่ 1 โปรแกรมการเพาะพันธุ์ปลานิลส่วนใหญ่ (17 โครงการ) ได้รับทุนจากแหล่งสาธารณะในขณะที่อีก 9 โครงการ (35%) ใช้ทุนส่วนตัวเท่านั้น โดย 7 โครงการตั้งอยู่ในเอเชียและอีก 2 โครงการตั้งอยู่ในละตินอเมริกา ครึ่งหนึ่งของโปรแกรมมีขนาด 100 ครอบครัวขึ้นไปและส่วนใหญ่ของโปรแกรมเหล่านี้ มีการออกแบบตามครอบครัวพร้อมกับการติดเครื่องหมายแยกรายตัวโดยการใช้ PIT tag ซึ่งสามารถประมาณค่าคุณค่าการผสมพันธุ์โดย BLUP ได้

ตารางที่ 1 แสดงโครงการปรับปรุงพันธุ์ในปลานิลในประเทศต่าง ๆ

ชนิด	ประเทศ	ชื่อสถาบัน/ บริษัท	ปีที่เริ่มโครงการ	จำนวนครอบครัว	ลักษณะที่คัดเลือก	แหล่งทุน
Nile Tilapia, *Oreochromis niloticus*	Egypt	The WorldFish Center Egypt	2002	100	1	สาธารณะ
	Ghana	Water Research Institute (WRI)	2002	60	1	สาธารณะ
	Bangladesh	Bangladesh Fisheries Research Institute	2005		3	สาธารณะ
	Bangladesh	BRAC – Fisheries Enterprise	2008	225	1	ส่วนตัว
	China	Freshwater Fisheries Research Center (FFRC), Chinese Acad. of Fishery Scs (CAFS)	2006	100	1	สาธารณะ
	China	Hainan Progift Aqua-Tech Cooperation Ltd	2005	125	3	ส่วนตัว
	Malaysia	The WorldFish Center	2002	87	1	สาธารณะ
	Philippines	GIFT Foundation International Incorporated	1989		1	สาธารณะ
	Philippines	TGA Farm Incorporated	2006	1200	1	ส่วนตัว
	Sri Lanka	National Aquaculture Development Authority of Sri Lanka	2007	960	1	สาธารณะ

ตารางที่ 1 ต่อ...

ชนิด	ประเทศ	ชื่อสถาบัน/ บริษัท	ปีที่เริ่มโครงการ	จำนวนครอบครัว	ลักษณะที่คัดเลือก	แหล่งทุน
	Thailand	Manit Farm Feedmill Co., Ltd.	2008		4	ส่วนตัว
	Thailand	Pathumthani Fisheries Test and Research Center	1994	150	1	สาธารณะ
	Vietnam	Research Institute for Aquaculture No. 1 (RIA 1)	1997	110	1	สาธารณะ
	Vietnam	Research Institute for Aquaculture No. 2 (RIA 2)	2006	100	1	สาธารณะ
	Vietnam	Research Institute for Aquaculture No.1	1998	80-120	2	สาธารณะ
	Brazil	Instituto de Tecnologia Agropecuaria de Maringá	2005	60	1	สาธารณะ
	Brazil	University of Mogi das Cruzes and Royal Fish – Tilápia Fish Farming	2004	64	4	ส่วนตัว
	Colombia	CENIACUA Costa Rica Aqua	2006	100	2	สาธารณะและส่วนตัว
		Corporación Internacional	2006	120	3	ส่วนตัว
Tilapia, Blue *Oreochromis aureus*	Egypt	The WorldFish Center Egypt	1998	80	1	สาธารณะ
	China	Hainan Progift Aqua-Tech Cooperation Ltd	2007	100	3	ส่วนตัว
Tilapia, Red *Oreochromis sp.*	China	Hainan Progift Aqua-Tech Cooperation Ltd	2008	125	3	ส่วนตัว
	Malaysia	Fisheries Research Institute, Penang, Malaysia	2006	100	2	สาธารณะ
	Thailand	Manit Farm Feedmill Co., Ltd.	2008	150	4	ส่วนตัว
	Thailand	Pathumthani Fisheries Test and Research Center	2005		2	สาธารณะ
Tilapia, *Oreochromis shiranus*	Malawi	Department of Science and Technology	1996	51	1	สาธารณะ

ที่มา: Roberto (2010)

การปรับปรุงพันธุ์ปลานิลในประเทศไทย เริ่มแรกจากพระมหากรุณาธิคุณของพระบาทสมเด็จพระเจ้าอยู่หัวรัชกาลที่ 9 ได้ทรงตระหนักถึงความสำคัญในด้านการอนุรักษ์และการปรับปรุงพันธุ์ปลา จึงทรงมีพระราชดำริให้พยายามรักษาพันธุ์แท้เอาไว้ เพราะสังเกตเห็นว่าปลานิลตามท้องตลาดกลายพันธุ์ไป มีขนาดเล็กลงและโตช้า พระราชดำริเหล่านี้ทางกรมประมงได้น้อมรับมาดำเนินการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลโดยใช้พ่อแม่พันธุ์จากสวนจิตรลดาเป็นหลัก ในการควบคุมพันธุกรรมได้ดำเนินการคัดพันธุ์ปลานิลจิตรลดา แบบคัดเลือกภายในครอบครัว (with–in family selection) จำนวน 5 ชั่วอายุ ซึ่งสถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง ปรับปรุงพันธุ์ได้เมื่อ พ.ศ. 2536 ต่อจากนั้นได้ดำเนินการทดสอบพันธุ์ ณ ศูนย์พัฒนาประมงน้ำจืด ฟาร์มเกษตรกร ในจังหวัด

พระนครศรีอยุธยา เชียงราย พิษณุโลก พิจิตร เพชรบุรี อุดรธานี และขอนแก่น ซึ่งสถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำพิจารณาให้เป็นพันธุ์แนะนำภายใต้ชื่อว่า “ปลานิลจิตรลดา 1” โดยมีลักษณะประจำพันธุ์คือให้ผลผลิตสูงกว่าปลานิลสายพันธุ์ปกติ 22% และอัตรารอดสูงกว่าปลาพันธุ์ปกติ 10%

ต่อมากรมประมงตระหนักถึงความสำคัญของปลานิลต่อธุรกิจการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำของประเทศไทย จึงได้ให้การสนับสนุนงานวิจัยด้านการพัฒนาการเพาะเลี้ยง และปรับปรุงพันธุ์ปลามาอย่างต่อเนื่อง จนได้สายพันธุ์ปลานิลอีก 3 สายพันธุ์ คือ

“ปลานิลจิตรลดา 2” เป็นปลานิลที่พัฒนาพันธุ์มาจากปลานิลสายพันธุ์อียิปต์ ภายใต้การร่วมงานระหว่างสถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ มหาวิทยาลัยเวลส์ (University of Wales) สหราชอาณาจักร และ มหาวิทยาลัยเซนทรัลลูซอนสเตท (Central Luzon State University) สาธารณรัฐฟิลิปปินส์ โดยการจัดการพันธุกรรมในพ่อพันธุ์ให้มีโครโมโซมเพศจากเดิมคือ “XY” ให้กลายเป็น “YY” ที่เรียกว่า “YY–male” หรือ “ซูเปอร์เมล (supermale)” ซึ่งเมื่อนำพ่อพันธุ์ดังกล่าวไปผสมพันธุ์กับแม่พันธุ์ปกติ จะได้ลูกปลานิลเพศผู้ล้วนที่มีโครโมโซมเพศเป็น “XY” เรียกลูกปลานิลเพศผู้เหล่านี้ว่า “Genetically Male Tilapia (GMT)” ซึ่งต่อมาได้กระจายพันธุ์ไปสู่ภาครัฐและเอกชนตั้งแต่ปี พ.ศ.2550 (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.)

“ปลานิลจิตรลดา 3” ในปี พ.ศ.2531 กรมประมง ได้นำปลานิล GIFT ชั่วอายุที่ 5 7 และ 9 เข้ามาทดสอบลักษณะในประเทศไทยระหว่างช่วงปี พ.ศ.2537–2539 โดยปรับปรุงลักษณะการเจริญเติบโตด้วยวิธีการคัดเลือกแบบหมู่ (mass selection) จำนวน 3 ชั่วอายุ และได้กระจายพันธุ์ไปสู่ภาครัฐและเอกชนตั้งแต่ปี พ.ศ.2541 ปลานิลดังกล่าวนี้ต่อมาได้รู้จักกันในนามของ “ปลานิลจิตรลดา 3” ซึ่งมีลักษณะประจำพันธุ์คือ หัวเล็ก เนื้อมาก และโตเร็ว (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.)

“ปลานิลจิตรลดา 4” เป็นพันธุปลานิลที่ได้รับการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์สำเร็จในปี 2552 โดยปรับปรุงจากปลานิลสายพันธุ์ GIFT รุ่นที่ 9 จาก World Fish Center ประเทศมาเลเซีย (ซึ่งมีสายพันธุ์จิตรลดาดั้งเดิมผสมอยู่ด้วยเช่นกัน) “จิตรลดา 4” ผ่านการปรับปรุงพันธุ์ด้วยวิธีการประเมินจากค่าการผสมพันธุ์ (Estimated Breeding Value, EBV) ของน้ำหนัก เพื่อให้ได้ผลผลิตสูง มีลักษณะเด่น คือ ส่วนหัวเล็ก ลำตัวกว้าง สันหนา หน่วยงานที่ผลิตพันธุ์ในปัจจุบัน คือ ศูนย์วิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำปทุมธานี ในสังกัดกองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ, ม.ป.ป.)

นอกจากนี้ยังมีงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลโดยการคัดเลือก ได้แก่

Hulata et al. (1986) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะตัวเอง (mass selection) ของอัตราการเจริญเติบโตเป็นเวลา 2 ชั่วอายุ พบว่าไม่เกิดผลตอบสนองต่อการคัดพันธุ์

Teichart & Smitherman (1988) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะตัวเอง (mass selection) ของอัตราการเจริญเติบโตเป็นเวลา 1 ชั่วอายุ พบว่าไม่เกิดผลตอบสนองต่อการคัดพันธุ์

Basiao & Doyle (1999) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะตัวเอง (mass selection) ของอัตราการเจริญเติบโตเป็น เวลา 1 ชั่วอายุ พบว่าปลานิลมีการตอบสนองต่อการคัดพันธุ์ 3%

บุญช่วย และคณะ (2546) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะตัวเอง (mass selection) ของอัตราการเจริญเติบโตเป็นเวลา 1 ชั่วอายุ พบว่าปลานิลในสายที่ผ่านการคัดเลือกโตกว่าปลานิลในสายควบคุม 7.9-8%

นวลมณี (2550) ได้คัดพันธุ์ปลานิลจิตรลดา 3 โดยวิธีดูลักษณะตัวเองจากการเจริญเติบโตเป็นระยะเวลา 3 ชั่วอายุ มีผลทำให้ปลานิลจิตรลดา 3 มีการเจริญเติบโตเร็วขึ้น ปลานิลจิตรลดา 3 กลุ่มคัดพันธุ์ รุน F3 มีอัตราการเจริญเติบโตสูงกว่าปลานิลจิตรลดา 3 กลุ่มควบคุม รุน F3 ประมาณ 40% คา genetic gain ของน้ำหนักปลานิลจิตรลดา 3 อายุ 180 วัน ประมาณ 10.1% ต่อชั่วอายุ

Horstegen & Langholz (1998) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะครอบครัว (family selection) ของอายุเมื่อเข้าวัยเจริญพันธุ์ เป็นเวลา 2 ชั่วอายุ พบว่าปลานิลคัดพันธุ์เพศเมียมีวัยเจริญพันธุชากว่าเดิมประมาณ 29% และปลานิลคัดพันธุ์เพศผู้มีค่า GSI ต่ำกว่าเดิมประมาณ 39%

สุภัทรา (2535) ได้คัดพันธุปลานิลโดยวิธีดูลักษณะภายในครอบครัว (within family selection) ของการเจริญเติบโต จำนวน 3 รุน พบว่าปลาคัดพันธุ์มีขนาดโตกว่าปลาในสายควบคุม 21% โดย น้ำหนัก

Uraiwan (1988) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะภายในครอบครัว (within family selection) ของอายุเมื่อเขาวัยเจริญพันธุ พบวาในชั่วอายุที่ 1 ปลาคัดพันธุเจริญพันธุ์เร็วกวาเดิม 11-14 วัน แต่ในชั่วอายุที่ 2 ผลของการคัดพันธุ์ไม่ชัดเจน

Boliver และคณะ (1994) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะภายในครอบครัว (within family selection) ของอัตราการเจริญเติบโต เป็นเวลา 8 ชั่วอายุ พบวาเกิดผลตอบสนองต่อการคัดพันธุ์ประมาณ 3% ต่อชั่วอายุ

Bolivar & Newkirk (2002) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธีดูลักษณะภายในครอบครัว (within family selection) ของน้ำหนัก เป็นเวลา 12 ชั่วอายุ พบว่าเกิดผลตอบสนองตอการคัดพันธุ์ประมาณ 12.4% ต่อชั่วอายุ

Acosta & Eknath (1998) ได้คัดพันธุ์ปลานิลสายพันธุ์ GIFT โดยวิธี Combined selection ของอัตราการเจริญเติบโต เป็นเวลา 5 ชั่วอายุ พบว่าปลาคัดพันธุ์มี genetic gain ประมาณ 12-17% ต่อชั่วอายุ

Gall & Bakar (2002) ได้คัดพันธุ์ปลานิลโดยวิธี BLUP selection ของน้ำหนักปลาอายุ 98 วัน เป็นเวลา 3 ชั่วอายุ พบว่าปลาคัดพันธุ์มี genetic gain ระหว่าง 2.42-2.61 กรัมต่อช่วงอายุ และปลาคัดพันธุ์มีการเจริญเติบโตเพิ่มขึ้น

Ponzoni และคณะ (2007) ได้คัดพันธุ์ปลานิลสายพันธุ์ GIFT โดยวิธี BLUP selection ของอัตราการเจริญเติบโตเป็นเวลา 5 ชั่วอายุ พบว่าปลาคัดพันธุ์มีการเจริญเติบโตเพิ่มขึ้น

นอกจากการปรับปรุงพันธุ์ปลานิลโดยวิธีการคัดเลือกแล้วยังสามารถทำได้โดยการจัดการชุดโครโมโซม (Chromosome set manipulation) ซึ่งเป็นวิธีการปรับเปลี่ยนชุด โครโมโซมในปลานิลโดยใหมีการเพิ่มชุดของโครโมโซม (polyploidy) หรือมีโครโมโซมมาจากแม่ทั้งหมด (gynogenesis) หรือมีโครโมโซมมาจากพอทั้งหมด (androgenesis) การจัดการชุดโครโมโซมในปลานิล มีอยู่ 3 แนวทาง คือ การเหนี่ยวนำใหเกิดการเพิ่มชุดของ โครโมโซม (Ploidy manipulation) การเหนี่ยวนำจีโนจีนิซิส (Gynogenesis) และการเหนี่ยวนำแอนโดรจีนีซิส (Androgenesis) วิธีการเหนี่ยวนำให เกิดการเพิ่มชุดของโครโมโซมในปลานิลมีการ ศึกษาวิจัย 2 วิธี คือ วิธีการใช้ ความดันและวิธีการใช้อุณหภูมิ ผลของการเหนี่ยวนำให้เกิดการเพิ่มชุดของโครโมโซมมีผลทำให้ปลานิล เจริญเติบโตกว่าปกติ ปลานิลที่มีโครโมโซม 3 ชุดจะเป็นหมันซึ่งจะเป็นผลดีในควบคุมประชากรและลด กิจกรรมที่เกี่ยวของกับการสืบพันธุ์ลง (นวลมณี, ม.ป.ป.)

Hussain และคณะ (1991) ได้ศึกษาวิจัยเพื่อเหนี่ยวนำให้ ปลานิลมีโครโมโซม 3 ชุด โดยการแช่ไข่ปลา นิลหลังจากผสม 7 นาที ในน้ำเย็นอุณหภูมิ 9 องศาเซลเซียส นาน 30 นาที ให้ผลได้ปลานิลที่มีโครโมโซม 3 ชุด 100% ได้ทดลองแช่ไข่ปลานิลหลังจากผสม 5 นาที ในน้ำร้อนอุณหภูมิ 41 องศาเซลเซียส นาน 3.5 นาที ให้ผลได้ปลานิลที่มีโครโมโซม 3 ชุด 100% และยังได้ทดลองช็อกไขปลานิลหลังจากผสม 9 นาที ด้วย Hydrostatic pressure ระดับ 8,000 psi นาน 9 นาที ซึ่งให้ผลได้ปลานิลที่มีโครโมโซม 3 ชุด 100% Bramick et al (1996) ได้ศึกษาวิจัยพบว่าปลานิลที่มีโครโมโซม 3 ชุด เจริญเติบโตเร็วกว่าแลให้ ผลผลิตสูงกว่าปลานิลปกติประมาณ 56-123% ได้มีการศึกษาวิจัยเพื่อเหนี่ยวนำให้ปลาในกลุ่มปลานิลมีโครโมโซม 4 ชุด โดยใช้อุณหภูมิ สารเคมี และ Pressure shock แต่ยังไม่ประสพผลสำเร็จเท่าที่ควร เนื่องจากปลานิลที่มีโครโมโซม 4 ชุดตายหมด (Don & Avtalion, 1988; Mair, 1988; Myers, 1986)การเหนี่ยวนำไจโนจีนีซิส (Gynogenesis) เป็นการเหนี่ยวนำให้ปลานิลได้รับสารพันธุกรรมจากไข่เท่านั้น โดยที่สารพันธุกรรมของน้ำเชื้อถูกทำลายด้วยรังสี มีผลทำให้ปลานิลมีโครโมโซมเหมือนแม่ Hussain และคณะ (1993) ประสพผลสำเร็จในการเหนี่ยวนำไจโนจีนีซิสในปลานิล โดยการนำน้ำเชื้อ ไปฉายรังสีอัลตราไวโอเลต 300-310 ไมโครวัตต์ต่อตารางเซนติเมตร ระยะเวลา 2 นาที ภายหลังผสมน้ำเชื้อกับไข่นาน 27.5 นาที นำไข่ที่ผสมแล้วไปแช่ในร้อนอุณหภูมิ 41 องศาเซลเซียส นาน 3.5 นาที ซึ่งได้ผลเป็น ปลานิลไจโนจีนีซิสเพศเมีย XX-females Myers และคณะ (1995) ประสบผลสำเร็จในการเหนี่ยวนำไจโนจีนีซิสในปลานิล โดยการนำน้ำเชื้อไป

ฉายรังสีอัลตราไวโอเลต 300-310 ไมโครวัตต์ต่อตารางเซนติเมตร ระยะเวลา 2 นาที ภายหลังผสมน้ำเชื้อกับไข่นาน 25-27.5 นาที นำไข่ที่ผสมแลวไปแช่ในน้ำร้อนอุณหภูมิ 42.5 องศาเซลเซียส นาน 3-4 นาที ซึ่งได้ผล เป็นปลานิลไจโนจีนีซิสเพศเมีย XX-females การเหนี่ยวนำแอนโดรจีนีซิส (Androgenesis) เป็นการเหนี่ยวนำให้ปลานิลได้รับสารพันธุกรรมจาก น้ำเชื้อเท่านั้น โดยที่สารพันธุกรรมของไข่ถูกทำลายด้วยรังสี มีผลทำให้ปลานิลมีโครโมโซมเหมือนพ่อ Myers et al. (1995) ได้ทดลองเหนี่ยวนำ Androgenetic ในปลานิล โดยการนำไข่ปลานิลไปฉาย รังสี UV ความ เขม 450-720 J/m^2 ก่อนนำไปผสมกับน้ำเชื้อปกติ และแช่ไข่ปลานิลหลังจากผสม 25-27.5 นาที ในน้ำร้อนอุณหภูมิ 42.5 องศาเซลเซียส นาน 4 นาที ให้ผลได้ปลานิลที่เป็น Androgenetic

การผสมข้ามเป็นทางเลือกหนึ่งในการปรับปรุงพันธุ์ การผสมข้ามในสัตว์น้ำมีการทำอย่างกว้างขว้าง มากกว่าในพืชและสัตว์บก ในสัตว์น้ำสามารถทำการผสมข้ามได้ทั้งในระดับต่างสกุล (genus) หรือแม้แต่ต่าง วงศ์ (family) การผสมข้ามภายในชนิด (intra-specific hybridization) จะเพิ่มสัดส่วนของ genotype ที่เป็น heterozygous ของประชากร โดยสัดส่วนของ heterozygous จะสูงสุดในลูกผสมชั่วแรก (F1) และจะลดน้อยลงในการผสมในชั่วอายุต่อไป การผสมข้ามทำให้เกิด heterosis หรือ hybrid vigor ซึ่งลูกผสมที่ได้ จะมีค่าเฉลี่ยของลักษณะต่าง ๆ สูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ การผสมข้ามโดยทั่วไปมีวัตถุประสงค์ 2 ประการ คือ เพื่อใช้ประโยชน์จาก heterosis และเพื่อรวมลักษณะที่ดีของสัตว์ต่างสายพันธุ์เข้าด้วยกัน ค่า heterosis อาจเป็นบวกหรือลบก็ได้ ถ้าเป็นลบหมายถึงว่า ลูกผสมมีลักษณะด้อยกว่าพ่อแม่ค่า heterosis จะยิ่งสูงเมื่อพ่อแม่มีพันธุกรรมแตกต่างกันมาก การนำลูกผสมที่ได้ไปทำการผสมต่อจะทำให้ลูกในรุ่นต่อมามีค่า heterosis ลดลง เนื่องจากการกระจายตัวของยีน การผสมข้ามระหว่างชนิด (Inter-specific hybridization) ในปลานิลเป็นวิธี การหนึ่งที่นิยมใช้เพื่อ รวมลักษณะที่ดีของปลานิลต่างชนิดเข้าด้วยกัน หรือเป็นการสร้างปลาเพศเดียว การผสมข้ามชนิดระหว่างปลานิลและปลาหมอเทศ ซึ่งได้ปลาลูกผสมที่สามารถเจริญเติบโตใน น้ำเค็ม 15-32 ppt. ได้ดีกว่าปลานิล (Villegas, 1990; เจษฎา, 2540) การผสมข้ามชนิดระหว่างปลา Blue tilapia เพศผู้ และปลานิลเพศเมีย ซึ่งได้ปลาลูกผสมที่เป็นเพศผู้ประมาณ 50-100% (Pruginin et al. 1975) ปลานิลแดงหรือปลานิลสีแดงก็จัดเป็นปลาลูกผสมระหว่างปลานิลกับปลาหมอเทศ ซึ่งมีความถี่ของยีนที่ศึกษาในครั้งนั้นเป็นของปลานิล 78% ปลาหมอเทศ 22% และมีลักษณะของโครโมโซมใกล้เคียงกับปลาหมอเทศและปลานิล ซึ่งสอดคล้องกับลักษณะภายนอกของปลานิลแดงที่ปรากฏว่าคล้ายคลึงกับปลานิลและปลาหมอเทศ คือ มีปากเฉียงขึ้นคล้ายปลาหมอเทศและลักษณะลำตัวคล้ายปลานิล ซึ่งสมเด็จพระเทพรัตนราชสุดาฯ สยามมกุฎราชกุมารี ได้ทรงพระราชทานชื่อปลาชนิดนี้ว่า “ปลานิลสีแดง” แต่มักจะเรียกกันว่า “ปลานิลแดง” (กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ (ม.ป.ป.) ปัจจุบันปลานิลแดงได้รับความนิยมเลี้ยงกันอย่างแพร่ราย กรมประมงได้ได้กำหนดชื่อพันธุ์ปลานิลแดงอีก 3 สายพันธุ์ ดังนี้

“เร้ด 1” เป็นพันธุ์ปลานิลแดงที่ได้รับการปรับปรุงพันธุ์สำเร็จในปี 2550 โดยวิธีการคัดเลือกแบบหมู่ เพื่อให้มีการเจริญเติบโตที่ดีทั้งด้านความยาวและน้ำหนัก ประชากรเริ่มต้นจากปลานิลแดงสายพันธุ์ไทย (NIFI strain)

“เร้ด 2” เป็นพันธุ์ปลานิลแดงที่ได้รับการปรับปรุงพันธุ์สำเร็จในปี 2555 โดยวิธีการคัดเลือกแบบดูลักษณะภายในครอบครัว เพื่อให้มีการเจริญเติบโตที่ดีทั้งด้านความยาวและน้ำหนัก ประชากรเริ่มต้นจากปลานิลแดงสายพันธุ์อุตรดิตถ์และรวบรวมจากแหล่งพันธุ์อื่นในจังหวัดใกล้เคียงที่มีรูปร่างลักษณะดี สีสด มีกระจุดด่างดำน้อย

“ปทุมธานี 1” เป็นพันธุ์ปลานิลแดงที่ได้รับการปรับปรุงพันธุ์สำเร็จในปี 2552 โดยวิธีการคัดเลือกแบบดูลักษณะตัวเองที่มีการประเมินจากค่าการผสมพันธุ์ของน้ำหนัก ในน้ำความเค็ม 25-30 ส่วนในพัน เพื่อให้มีการเจริญเติบโตเร็ว ให้ผลผลิตสูง และสามารถเลี้ยงได้ในน้ำเค็มระดับ 25-30 ส่วนในพัน ประชากรเริ่มต้นจากปลานิลแดง 4 สายพันธุ์ คือ ไทย ไต้หวัน มาเลเซีย และสเตอร์ลิง มีลักษณะเด่น คือ ลำตัวกว้าง สันหนา สีชมพูอมส้ม

อัตราพันธุกรรมกับการปรับปรุงพันธุ์

ในโครงการปรับปรุงพันธุ์สัตว์น้ำนั้นจำเป็นจะต้องมีข้อมูลพื้นฐาน ได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) และค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ ซึ่งในทางปฏิบัตินั้นก่อนเริ่มโครงการปรับปรุงพันธุ์นั้นหากไม่มีการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมก่อนก็อาจจะเสี่ยงต่อความล้มเหลวในการคัดเลือกได้ และการนำผลการศึกษาอัตราพันธุกรรมของลักษณะนั้น ๆ ในสัตว์น้ำชนิดเดียวกันมาช่วยในการตัดสินใจก็อาจทำได้บ้างแต่ต้องคำนึงไว้เสมอว่า ค่าอัตราพันธุกรรม เปลี่ยนแปลงได้ตามสิ่งแวดล้อม เช่น อายุ สภาพการทดลอง ฯลฯ นอกจากนั้นยังแตกต่างกันในสัตว์น้ำต่างประชากรที่มีความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมต่างกันในสัตว์น้ำ ประชากรเดียวกันที่ผ่านการคัดเลือกในชั่วอายุหลัง ๆ จะมีค่าอัตราพันธุกรรมลดลง เนื่องจากความหลากหลาย ของพันธุกรรมลดลง (อุทัยรัตน์, 2543)

อัตราพันธุกรรม (Heritability; Narrow sense) เป็นพารามิเตอร์สำคัญในการปรับปรุงพันธุ์ โดยอัตราพันธุกรรม เป็นสัดส่วนความสัมพันธ์ระหว่างความผันแปรของลักษณะที่ปรากฏ (Phenotypic variance) และความผันแปรทั้งพันธุกรรมแบบบวกสะสม (Additive genetic variance) แสดงให้เห็นถึง สัดส่วนความความผันแปรที่สามารถส่งผ่านไปยังสัตว์รุ่นถัดไป มีเพียงอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเท่านั้นที่สัตว์แต่ละตัวส่งผ่านหรือถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ (ศกร, 2560)

ค่าอัตราพันธุกรรม ชี้ให้เห็นถึง ความแตกต่างระหว่างสัตว์แต่ละตัว (individuals) แสดงถึงสัดส่วนความแตกต่างระหว่างสัตว์แต่ละตัวที่เกิดจากพันธุกรรม และความโดดเด่นของสัตว์แต่ละตัวหรือในกลุ่มสัตว์ที่สามารถถ่ายไปยังรุ่นถัดไป ด้วยคุณสมบัติดังกล่าว อัตราพันธุกรรมจึงถูกนำมาใช้ใน

การทำนายความสามารถทางพันธุกรรม หรือ คุณค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) สำหรับลักษณะที่สนใจของสัตว์แต่ละตัว และถูกนำมาใช้ในการทำนายผลตอบสนองต่อการคัดเลือก ซึ่งโดยทั่วไปอัตราพันธุกรรม เป็นค่าที่แสดงให้เห็นถึงความยากหรือง่ายในการปรับปรุงพันธุ์โดยการคัดเลือก (ศกร, 2560)

ค่าอัตราพันธุกรรมนั้นมีประโยชน์อย่างยิ่งต่อการกำหนดวิธีการปรับปรุงพันธุ์ ค่าอัตราพันธุกรรม หมายถึงสัดส่วนของวาเรียนซ์ของลักษณะปรากฏที่ถูกควบคุมโดยอิทธิพลของยีนผลบวก หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งว่าค่านี้จะแสดงสัดส่วนของวาเรียนซ์ของลักษณะปรากฏที่จะสามารถถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกได้อย่างแม่นยำและ สามารถคาดการณ์ได้ ค่าอัตราพันธุกรรมเป็นค่าที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างความผันแปรของพันธุกรรมและความผันแปรของลักษณะที่ปรากฏในประชากร ซึ่งในสัตว์น้ำนั้นค่าอัตราพันธุกรรมที่จัดว่าต่ำมีค่าตั้งแต่ 0.15 ลงไป ส่วนค่าที่ต่ำกว่า 0.3 แต่สูงกว่า 0.15 จัดว่ามีค่าปานกลาง และค่าอัตราพันธุกรรมที่มีค่าสูงกว่า 0.3 ขึ้นไปจัดว่ามีค่าสูง (Tave, 1993) นอกจากนี้แล้วค่าอัตราพันธุกรรมยังมีประโยชน์ในการประเมินค่าการตอบสนองต่อการคัดเลือก (response to selection) และในกรณีที่ต้องการปรับปรุงลักษณะหลาย ๆ ลักษณะไปพร้อม ๆ กัน จำเป็นที่จะต้องจัดทำค่าดัชนีการคัดเลือก (selection index) โดยจะใช้ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะนั้น ๆ เป็นข้อมูลในการคำนวณร่วมกับ ข้อมูลอื่น ๆ เกี่ยวกับความสำคัญทางเศรษฐกิจ และสหสัมพันธ์ต่าง ๆ ที่เป็นเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ โดยในสัตว์น้ำที่ประสบความสำเร็จในการใช้ดัชนีการคัดเลือกได้แก่ กุ้งขาว (*Litopeneaus vannamei*) โดยมีจุดประสงค์เพื่อการปรับปรุงการเจริญเติบโต และเพิ่มความต้านทานโรค และให้ความสำคัญทั้งสองลักษณะเท่า ๆ กัน พบว่าการคัดเลือกเพียง 1 รุ่นมีความก้าวหน้าในการคัดเลือกถึง 25 เปอร์เซ็นต์สำหรับลักษณะการเจริญเติบโตและ 18.4 เปอร์เซ็นต์ และ 3.6 เปอร์เซ็นต์ (แตกต่างกันตามสถานที่เลี้ยง ทดลอง) สำหรับความต้านทานต่อไวรัส Tuara syndrome (Argue et al., 2002)

ในกรณีของปลานิลลักษณะที่มีความสำคัญต่อการเพาะเลี้ยงคือ อัตราการเจริญเติบโต ความต้านทานต่อโรค และปริมาณการให้เนื้อ ซึ่งจากงานวิจัยที่ผ่านมาชี้ให้เห็นว่าลักษณะทั้ง 3 ประการ มีค่าอัตราพันธุกรรมที่แตกต่างกันดังแสดงในตาราง ดังนี้

ตารางที่ 2 ตารางแสดงค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ที่สำคัญต่อการเพาะเลี้ยงปลานิลซึ่งได้ข้อมูลต่าง ๆ จากฟาร์มและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับสำหรับการคัดพันธุ์ลักษณะต่าง ๆ ได้แก่ น้ำหนักตัวเมื่อเก็บเกี่ยว เปอร์เซ็นต์เนื้อ ปริมาณเนื้อและอัตรารอด

ลักษณะ	ค่าเฉลี่ยของประชากร	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของประชากร	ค่าอัตราพันธุกรรม	ที่มา
น้ำหนักตัวเมื่อเก็บเกี่ยว (g)	760g (ข้อมูลจากน้ำใสฟาร์ม)	+ 250g (ข้อมูลจากน้ำใสฟาร์ม)	0.25-0.50 (ค่าเฉลี่ย 0.35)	Rutten et al., 2005; Charo-Karisa et al., 2006; Trọng et al., 2013; Hans et al., 2012
เปอร์เซ็นต์เนื้อ (%)	40%	6%	0.12-0.25	Rutten et al.,2005; Nguyen et al., 2010; Thodesen et al., 2011
ปริมาณเนื้อ(g)	300g	± 150g	0.20-0.32	Rutten et al.,2005; Nguyen, 2010; Gjerde, 2012; Thodesen, 2011;
น้ำหนักตัวเมื่ออายุ 98 วัน	30.36	13.19	0.02	Gall, 2002
อัตรารอด(%)	-	45%	0.03-0.12	Charo-Karisa et al., 2006
ความยาวตัว (cm)	-	-	0.30-0.60	Jovana et al., 2016; Trọng et al., 2013
ความกว้างตัว (cm)	-	-	0.32	Jovana et al., 2017; Trọng et al., 2013
ความหนาตัว (cm)	-	-	0.25-0.27	Jovana et al., 2017; Trọng et al., 2014

และจากการคาดการณ์ผลตอบสนองจากการคัดเลือก/การคัดพันธุ์ ในปลานิลพบว่าผลตอบสนองต่อการคัดพันธุ์มีค่าค่อนข้างสูง ในลักษณะ น้ำหนักตัว ปริมาณเนื้อ และมีค่าค่อนข้างต่ำในอัตรารอด ซึ่งชี้ให้เห็นว่าสามารถปรับปรุงน้ำหนักตัวเมื่อเก็บเกี่ยวและเปอร์เซ็นต์เนื้อได้ดีด้วยวิธีคัดเลือก แต่อย่างไรก็ตามในลักษณะของอัตรารอดนั้นผลของการคัดเลือกต่ออัตรารอดจึงมีข้อจำกัดดังแสดงในตารางต่อไปนี้

ตารางที่ 3 ตารางแสดงค่าประมาณการตอบสนองต่อการคัดพันธุ์ของปลานิลต่อรุ่น ที่คาดว่าจะเกิดขึ้น เมื่อมีการวางแผนการผสมพันธุ์อย่างเหมาะสม

ลักษณะที่คัดเลือก	การพัฒนาทางพันธุกรรม	การพัฒนาของลักษณะที่ปรากฏ
น้ำหนักต่อตัว	53%	น้ำหนักเพิ่มขึ้น 103 g ต่อตัว
ปริมาณเนื้อ	38%	เนื้อเพิ่มขึ้น 38 g ต่อตัว
อัตรารอด	9.0%	อัตรารอดเพิ่มขึ้น 10.3%

ที่มา: ติดต่อส่วนตัวกับ Dr.ir. R.J.W Blonk และ Prof. Dr. Hans Komen (ABG, Wageningen University)

ในการเปรียบเทียบสัตว์ระหว่างพันธุ์ทั้งอิทธิพลของพันธุกรรมแบบบวกสะสมและไม่บวกสะสมจะถูกนำมาวิเคราะห์หาความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม การประมาณค่าความแปรปรวนร่วม โดยใช้ข้อมูลการผสมพันธุ์ วิธีหนึ่งที่ใช้กันในปัจจุบันคือ restricted maximum likelihood procedure (REML) ที่ (Elzo, 1994; 1996) ได้พัฒนาขึ้นสำหรับประชากรสัตว์หลายพันธุ์เพื่อให้สามารถพิจารณาค่าความแตกต่างทางพันธุกรรมในความแปรปรวนร่วม (heterogeneity covariance) ระหว่างกลุ่มทางพันธุกรรมของสัตว์ได้ โดยสามารถแสดงค่าความแปรปรวนของพันธุกรรมแบบบวกสะสม และไม่บวกสะสม และสิ่งแวดล้อมในกลุ่มพันธุ์ได้เสมือน linear combination ของความแปรปรวนร่วมย่อย ๆ และสามารถประมาณค่าของเซ็ทของความแปรปรวนร่วมที่ใช้คำนวณค่าพันธุกรรมแบบบวกสะสมและไม่บวกสะสมและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมในสัตว์แต่ละกลุ่มพันธุ์ทีใช้เป็นพื้นฐานได้พร้อม ๆ กัน

ปัจจุบันมีความก้าวหน้าทางด้านโปรแกรมคอมพิวเตอร์อย่างมาก ทำให้สามารถนำเอาปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่มมาวิเคราะห์โดยใช้เลือกใช้ animal model ที่เหมาะสม วิธีนี้เป็นที่นิยมใช้กันในประเมินค่าการผสมพันธุ์ในสัตว์บก โดยใช้ Mixed Model Equation; MME ซึ่งพัฒนาโดย (Henderson, 1975) วัตถุประสงค์ก็เพื่อ ประมาณอิทธิพลคงที่และทำนายอิทธิพลแบบสุ่มได้พร้อม ๆ กัน โดยการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนต่าง ๆ จะถูกประมาณค่าโดยวิธี restricted maximum likelihood (REML) จากนั้น Best Linear Unbiased Prediction จะใช้ประโยชน์จากองค์ประกอบของความแปรปรวนทำนายค่าความสามารถทางพันธุกรรม (Estimated Breeding Value; EBV) สำหรับลักษณะใด ๆ ของสัตว์แต่ละตัว BLUP มีคุณสมบัติเช่นเดียวกับดัชนีการคัดเลือกโดยสมการที่ใช้ทำนายตัวแปรสุ่มจะอยู่ในรูปเส้นตรงค่าประมาณอิทธิพลคงที่และค่าทำนายอิทธิพลสุ่มที่ได้ไม่มีอคติและมีค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าจริงกับค่าทำนายสูงสุด หรือ มีความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อย BLUP เป็นวิธีการที่แพร่หลายในการทำนายค่าความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์

เลี้ยงและได้ถูกพัฒนาให้ก้าวหน้าตลอดมาตามความเจริญของคอมพิวเตอร์ ซึ่งประกอบไปด้วยการประยุกต์ให้สามารถใช้กับ sire model ในระยะแรก ๆ จนกระทั่งแบบจำลอง ที่สลับซับซ้อน เช่น animal model เป็นต้น ซึ่งมีโปรแกรมสำเร็จรูปจำนวนมากที่สามารถนำมาใช้คำนวณ

ในสัตว์น้ำก็เริ่มมีการนำวิธีนี้มาใช้แล้วโดยทำการผสมพันธุ์แบบ nested design เพื่อสร้างประชากรที่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติต่าง ๆ แล้วใช้ animal Model เพื่อศึกษาอัตราพันธุกรรม เช่นในกุ้งขาว (*Litopeneaus vanamei*) ได้ทำการประเมินอัตราพันธุกรรมของน้ำหนัก เมื่อเก็บเกี่ยว และอัตรารอดกุ้งขาว ภายใต้สภาวะการเลี้ยงแบบเชิงพาณิชย์ (Gitterle et al., 2005) และยังมีการศึกษาเพื่อประเมินค่า อัตราพันธุกรรม ของน้ำหนักเมื่อเก็บเกี่ยวเช่นเดียวกันในการศึกษาของ (Castillo-Juárez et al., 2007) ซึ่งใช้ animal model ทั้งแบบ univariate และ multivariate เพื่อศึกษาผลปฏิกิริยาร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อม (G x E interaction) อีกด้วย

การคัดเลือกพันธุ์และปัจจัยที่มีผลต่อความสำเร็จของการคัดเลือกพันธุ์

การคัดเลือก หมายถึง การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่จะยกระดับค่าเฉลี่ยของประชากรในชั่วอายุถัดไปความแตกต่างของค่าเฉลี่ยของประชากรรุ่นพ่อแม่และรุ่นลูกเรียกว่า ค่าตอบสนองต่อการคัดเลือก (selection response, R) และความแตกต่างของค่าเฉลี่ยของพ่อแม่พันธุ์และค่าเฉลี่ยของประชากรเรียกว่า ความแตกต่าง ของการคัดเลือก (selection differential, S) โดยในการคัดเลือกสิ่งที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องพิจารณาคือ การกำหนดค่าความแตกต่างของการคัดเลือกและ ความเข้มข้นของการคัดเลือก (selection intensity, i) ซึ่งเป็นค่าที่กำหนดความก้าวหน้าของการคัดเลือกโดยค่านี้จะบอกถึง ค่าความแตกต่างในการคัดเลือก ในรูปของค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะปรากฏ (σp) ดังนี้ $i = S / \sigma p$ การคัดเลือกที่เข้มข้นมาก ถึงแม้ว่าความก้าวหน้าในการคัดเลือกจะสูงแต่หากคัดพ่อแม่พันธุ์ไว้น้อยเกินไปอาจทำให้ความหลากหลายของประชากรลดลงมาก การคัดเลือกในชั่วอายุต่อไปก็จะไม่ได้ผล นอกจากนั้นยังอาจทำให้เกิดการผสมเลือดชิดได้ (Falconer, 1981)

การพัฒนาศักยภาพทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะใด ๆ ความสำเร็จของการคัดเลือกพันธุ์นั้นเกี่ยวข้องโดยตรงกับ ความแม่นยำ และความยุติธรรม ในการคัดเลือกพันธุ์โดยแท้จริงแล้ว การพัฒนาศักยภาพทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของสัตว์นั้น มุ่งเน้นไปที่การทำให้สัตว์รุ่นลูกมีลักษณะที่พึงประสงค์ดีกว่าสัตว์รุ่นพ่อ–แม่ การผสมพันธุ์ ลักษณะที่แสดงออกในรุ่นลูกจึงเป็นตัวชี้วัดที่สำคัญต่อความสำเร็จหรือแม่นยำ ในการคัดเลือกสัตว์พ่อแม่พันธุ์ (ศกร, 2560)

ในการคัดเลือกสัตว์นั้นเราจะต้องทำการเก็บข้อมูลชั่ง/วัดลักษณะที่ปรากฏแล้วเลือกสัตว์ที่ดีที่สุดมาเป็นพ่อแม่พันธุ์ ค่าลักษณะที่ปรากฏนั้นไม่เพียงแต่เป็นข้อมูลทางด้าน breeding value หรือ additive vale หากมีการเก็บข้อมูลของแต่ละครอบครัวของสัตว์ในประชากร เราก็จะทราบค่าเฉลี่ย

ของครอบครัว (family mean) ของสัตว์ตัวนั้น ๆ ได้ ซึ่งข้อมูลเหล่านี้จะนำมาพิจารณาในการวางแผนการคัดเลือกต่อไป โดยลักษณะที่ปรากฏของสัตว์แต่ละตัวนั้นเป็นผลรวมของความแตกต่างของครอบครัวสัตว์ตัวนั้นจากค่าเฉลี่ย ของประชากร กับความแตกต่างของสัตว์ตัวนั้นจากค่าเฉลี่ยของครอบครัวสัตว์ตัวนั้น ซึ่งวิธีการต่าง ๆ ในการคัดเลือกตามแบบของ (Falconer, 1981) ได้แก่ การคัดเลือกแบบดูลักษณะตัวเอง (mass/individual selection) การคัดเลือกแบบดูลักษณะครอบครัว (family selection) และ การคัดเลือกโดยดูลักษณะภายใน ครอบครัว (within family selection) ได้กำหนด น้ำหนักของแต่ละส่วนประกอบของความแตกต่างเป็น วิธีแยกวิธีการคัดเลือกไว้โดยการจะใช้วิธีในการคัดเลือกแบบใดในการปรับปรุงพันธุ์นั้นขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ และดุลพินิจของนักปรับปรุงพันธุ์ นอกจากจะคัดเลือกโดยดูจากลักษณะปรากฏแล้วในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ยังสามารถคัดเลือกสัตว์จากคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากผลการทำนาย (Expected Breeding Value, EBV) ของสัตว์แต่ละตัวมาจัดเรียงลำดับ (ranking) เพื่อใช้เป็นหลักเกณฑ์ในการคัดเลือกที่มีพันธุกรรมที่ดีไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์ โดยคุณค่าการผสมพันธุ์ (Breeding Value, BV) หมายถึง ค่าของพันธุกรรมที่ถูกถ่ายทอดจาก ชั่วอายุหนึ่งไปอีกชั่วอายุหนึ่งโดยอิทธิพลของพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive genetic effect) เป็นอิทธิพลอย่างหนึ่งที่แสดงได้ด้วยคุณค่าการผสมพันธุ์ ซึ่งสามารถทำนายได้จากการคำนวณจากบันทึกจาก แหล่งต่าง ๆ ของลักษณะปรากฏของสัตว์ทำให้สามารถจัดลำดับได้ตามความดีเด่นของลักษณะทางพันธุกรรม ซึ่งค่าประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัวจะมีค่าเท่ากับค่าประมาณของ additive genetic effect (Elzo, 1996, 2005; Mrode, 1996)

ในสัตว์น้ำนั้นเริ่มมีการนำวิธีการนี้มาใช้ในปลานิล (Gall and Bakar, 2002) โดยการประยุกต์ใช้ Mixed Model Equation (MME) เพื่อทำนายค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ (Expected Breeding Value, EBV) เพื่อคัดเลือกปลานิลที่อายุ 98 วัน ให้มีน้ำหนักเพิ่มขึ้น โดยจากการศึกษาในครั้งนี้ชี้ให้เห็นว่า หลังจากคัดเลือกโดยวิธีดูลักษณะตัวเอง (mass selection) จากการเรียงลำดับคุณค่าการผสมพันธุ์ไปได้ 3 รุ่น พบสามารถปรับปรุงลักษณะดังกล่าวได้อย่ารวดเร็ว กล่าวคือ ผลการตอบสนองต่อการคัดเลือกคิดเป็น 40 เปอร์เซ็นต์ นอกจากนี้ยังมีการใช้วิธีดังกล่าวในการคัดเลือกปลาแซลมอน *Oncorhynchus kisutch*; (Neira et al., 2006) พบว่าผลการตอบสนองต่อการคัดเลือกของน้ำหนักเมื่อเก็บเกี่ยวคิดเป็น 13.9 เปอร์เซ็นต์ ต่อรุ่นเมื่อเทียบกับกลุ่มควบคุม แต่ก็พบว่าค่าเฉลี่ยของสัมประสิทธิ์การผสมเลือดชิดมีค่าสูงขึ้นถึง 9.5 เปอร์เซ็นต์ เมื่อทำการคัดเลือกไปได้ 4 รุ่น ในขณะที่ในปลานิลก็นำวิธีนี้ไปใช้ในการคัดเลือกแบบดู ลักษณะภายในครอบครัวซึ่งสามารถปรับปรุงให้น้ำหนักตัวเพิ่มได้ถึง 2.2 กรัมต่อรุ่น โดยที่รักษาระดับค่าเฉลี่ย ของสัมประสิทธิ์การผสมเลือดชิดหลังจากคัดเลือกไป 12 รุ่น ไว้ได้ที่ 0.525 เปอร์เซ็นต์ ต่อรุ่นจากประชากรเริ่มต้นเพียง 19 full sib families (Bolivar & Newkirk, 2002)

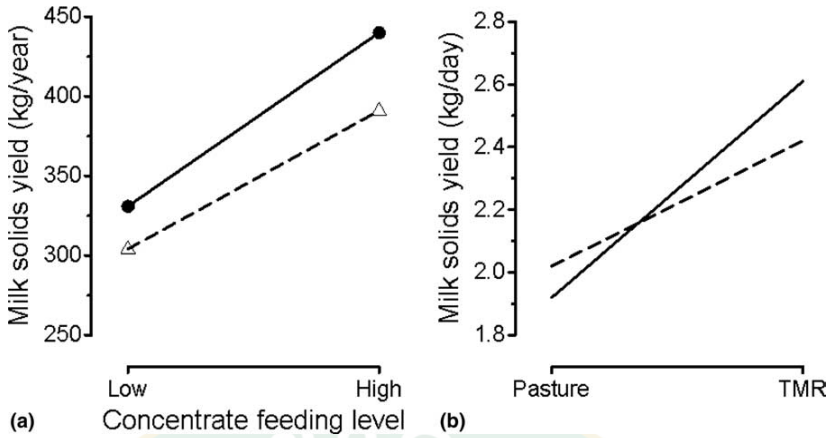
ผลของอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม

อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม (Genotype x Environment Interaction; GxE) มักเกิดขึ้นเมื่อสัตว์มีการแสดงออกของลักษณะที่ถูกควบคุมโดยยีนที่มีรูปแบบของการเข้าคู่ของยีน (genotype) 2 แบบ หรือ มากกว่านั้น ซึ่งได้มีการแสดงออกของลักษณะปรากฏ (phenotype) ที่เปลี่ยนแปลงไปเมื่อเปลี่ยนจากสิ่งแวดล้อมหนึ่งไปสู่อีกสิ่งแวดล้อมหนึ่ง (Bourdon, 2000) ทั้งนี้เป็นผลเนื่องมาจากการแสดงออกของยีน (gene expression) ที่แตกต่างกันในสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน เพราะมีระดับของการแสดงออกของยีนในตำแหน่งนั้นที่ไม่เท่ากันในสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน เนื่องจากมีกลไกการกระตุ้นและยับยั้งการทำงานของยีนที่แตกต่างกันในสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน (Rutherford & Linquist, 1998) หรือเกิดจากการแสดงออกของยีนที่ควบคุมการแสดงออกของลักษณะนั้น ๆ ในตำแหน่งที่ต่างกันเมื่ออยู่ในสิ่งแวดล้อมที่ต่างกัน (Falconer & Mackay, 1996)

อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม สามารถแบ่งออกเป็น 2 ลักษณะ คือ 1) มีการเปลี่ยนแปลงลำดับค่าความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์ เมื่อมีการเปลี่ยนสิ่งแวดล้อม (re-ranking effect 2) มีการเปลี่ยนแปลงของระดับการแสดงออก เมื่อมีการเปลี่ยนสิ่งแวดล้อมแต่ไม่มีการเปลี่ยนแปลงลำดับค่าความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์ (scaling effect; ภาพที่ 1) ทั้งนี้ลักษณะของอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมทั้ง 2 ลักษณะ มีผลต่อการคัดเลือกที่แตกต่างกัน โดยเมื่อเกิด scaling effect ควรเลือกใช้พ่อพันธุ์โดยพิจารณาในส่วนของความสามารถทางพันธุกรรมเป็นหลักในทุกสิ่งแวดล้อม แต่ถ้าเกิด re-ranking effect ควรเลือกใช้พ่อพันธุ์ที่มีความจำเพาะต่อสิ่งแวดล้อมนั้น เพื่อให้ได้ผลผลิตสูงสุดในสิ่งแวดล้อมนั้น (Chanvijit, 2006) ปัจจัยที่มีผลต่อการเกิดอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ได้แก่ พันธุ์สัตว์ ลักษณะที่สนใจ รวมถึงความผันแปรของสิ่งแวดล้อม และรูปแบบการจัดการฟาร์ม จึงส่งผลให้ลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมต่ำ ยกตัวอย่างเช่น ประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ มีโอกาสเกิดอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมมากกว่าลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมสูง (Bourdon, 2000)

การวัดอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อม สามารถวัดได้โดยการวัดค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะเดียวกัน ในสิ่งแวดล้อมที่ต่างกัน (Rutherford & Linquist, 1998) โดยการแบ่งกลุ่มของสิ่งแวดล้อมนั้น สามารถแบ่งได้หลายวิธี เช่น แบ่งตามประเทศ ภูมิภาค อุณหภูมิ ระบบการให้อาหาร ระดับของการให้ผลผลิต ขนาดของฟาร์ม และระบบการจัดการฟาร์ม เป็นต้น (ตารางที่ 4)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะเดียวกัน ในสิ่งแวดล้อมที่ต่างกันเท่ากับ 1.0 บ่งชี้ว่าไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม (Cooper & Delacy, 1994) โดย Robertson (1959) กล่าวว่า หากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะเดียวกัน ในสิ่งแวดล้อมที่ต่างกันมากว่า 0.8 แสดงว่าไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม



ภาพที่ 1 รูปแบบของอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อม; (a) การเกิดอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อมแบบ scaling effect สำหรับ milk solid yield ของโคนมที่ถูกเลี้ยงดูในระบบที่มีการให้อาหารข้นในระดับที่แตกต่างกัน; (b) การเกิดอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อมแบบ re - ranking effect สำหรับ milk solid yield ของโคนมที่ถูกเลี้ยงดูแบบปล่อยแทะเล็ม และระบบการเลี้ยงที่ใช้ TMR เป็นหลัก

ที่มา: (a) Fulkerson et al. (2000)
(b) Kolver et al. (2002)

ตารางที่ 4 การศึกษาอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อมในปลานิล

ลักษณะ 1/	สิ่งแวดล้อม	ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม	ผลการศึกษา	อ้างอิง
HW	7 Farms : earthen ponds fertilized with inorganic fertilizer and organic manure or on-farm agricultural residues, cage culture, and test stations located in different agro-climatic regions	0.36–0.99	อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อมมีค่าน้อย/ไม่มีความสำคัญนัก	Ponzoni et al., 2007; Eknath et al., 2007; Khaw et al., 2009

ตารางที่ 4 ต่อ...

ลักษณะ 1/	สิ่งแวดล้อม	ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม	ผลการศึกษา	อ้างอิง
HW/ SUR	Brackish Freshwater	0.45 0.42	พบอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อมเกิดขึ้น	Luan et al., 2008
HW	Two input environment	0.74-0.84	ไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม	Khaw et al., 2008
HW/BD	Two production environment : cage and VAC (Vietnamese acronym for garden, pond and livestock pen	0.79 ถึง 0.80	ไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม	Trong et al., 2013
BW/FCR/ Mat/SUR	Freshwater Medium salinity	0.78-0.99	ไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม	(Thoa et al., 2016)
BW/ SL /TL	high and low energy diets	0.73-0.93 0.78-0.95 0.78-0.95	ไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม	Binyotubo, 2017

หมายเหตุ 1/ HW = น้ำหนักเมื่อเก็บเกี่ยว
SUR = อัตรารอด
BD = สัดส่วนรูปร่าง
FCR = อัตราแลกเนื้อ
Mat = ความสมบูรณ์เพศ
SL = ความยาวมาตรฐาน
TL = ความยาวตัวทั้งหมด

การศึกษาอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมในการปรับปรุงพันธุกรรมเพื่อการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำมีความสำคัญมากขึ้นเรื่อย กล่าวคือ เมื่อมีโครงการปรับปรุงพันธุ์ภายใต้สภาพแวดล้อม การเลี้ยง การจัดการหนึ่ง ๆ จนได้สายพันธุ์ที่ผ่านการคัดเลือกแล้วเมื่อนำไปเลี้ยงในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันอาจไม่แสดงออกแตกต่างกันตามสภาพแวดล้อมที่หลากหลาย ซึ่งเป็นผลกระทบจากอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม (Khaw et al., 2009) การแสดงของจีโนไทป์ในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันเผยให้เห็นระดับของการมีปฏิสัมพันธ์ของอิทธิพลร่วมระหว่าง

พันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมและ ซึ่งสามารถสังเกตได้ว่า การแสดงออกของสัตว์ที่มีประสิทธิภาพที่ดีที่สุดของจีโนไทป์ในสภาพแวดล้อมหนึ่งอาจจะไม่ดีที่สุดในอีกสภาพหนึ่ง (Mulder & Bijma, 2005) ขนาดและธรรมชาติของปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสิ่งแวดล้อมสามารถมีอิทธิพลต่อความสำเร็จของการผสมพันธุ์ ดังนั้นการศึกษาถึงอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมควรจัดทำขึ้นเพื่อเป็นส่วนหนึ่งของการตัดสินใจในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้เหมาะสมกับในสภาพแวดล้อมที่หลากหลาย (Montaldo, 2001)

การสังเกตทั่วไปเกี่ยวกับสัตว์น้ำคือ อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมเพิ่มขึ้นตามการเพิ่มขึ้นของพันธุกรรมระยะห่างระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมในวงกว้าง (Falconer & Mackay, 1996) Gjedrem (2005) และ James (2008) ย้ำว่าทุกโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ควรได้รับการประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ได้แก่ ใน ปลานิล GIFT พบว่าอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมต่ำสำหรับลักษณะการเติบโต (rg = 0.73 ถึง 0.85) และน้ำหนักเก็บเกี่ยวในปลานิล (rg = 0.63 ถึง 0.95) ส่งผลให้การจัดอันดับจีโนไทป์ที่ไม่การเปลี่ยนแปลงลำดับในต่างสิ่งแวดล้อม (Khaw et al., 2012) ในขณะที่ Moav และคณะ (1975) รายงานการเปลี่ยนแปลงลำดับของประสิทธิภาพการเติบโตของปลาคาร์พ 12 สายพันธุ์ที่เลี้ยงในบ่อที่ต่างกัน 5 แหล่ง ซึ่งแสดงให้เห็นว่าจำเป็นต้องมีการพิจารณาอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมปลาคาร์พและปลากะพงขาวในยุโรป ในขณะที่อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมไม่สำคัญสำหรับน้ำหนักตัวที่บันทึกไว้ในปลากะพงยุโรป (Dupont et al., 2008; Moav et al., 1975) เช่นเดียวกับที่พบว่ามีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมที่ส่งผลต่อการจัดอันดับในการเจริญเติบโตในปลาคาร์พอิสราเอล (Gjedrem & Baranski, 2009)

บทที่ 3
วิธีการวิจัย

งานวิจัยนี้ประกอบด้วยการศึกษาข้อมูลพื้นฐานที่เกี่ยวข้องกับการประมาณค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิลให้มีการเจริญเติบโตดีเมื่อเลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่นและไม่มีปลาป่นในสภาพการเลี้ยงในฟาร์มเชิงพาณิชย์ ซึ่งจะเป็นงานวิจัยที่เน้นในเรื่องการใช้วิธีการประมาณค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นอันได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต ได้แก่ น้ำหนักตัว ความยาวตัว และสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตดังกล่าว โดยเลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่นและไม่มีปลาป่น และประเมินอิทธิพลของอาหารที่มีส่วนประกอบของวัตถุดิบอื่นมาทดแทนการใช้ปลาป่นไปพร้อม ๆ กับการประมาณค่าทางพันธุกรรมที่จำเป็นต่อการคัดเลือกสายพันธุ์ปลานิล และคงความหลากหลายทางพันธุกรรมให้เหมาะสมโดยการวางแผนการผสมพันธุ์

วัสดุและอุปกรณ์

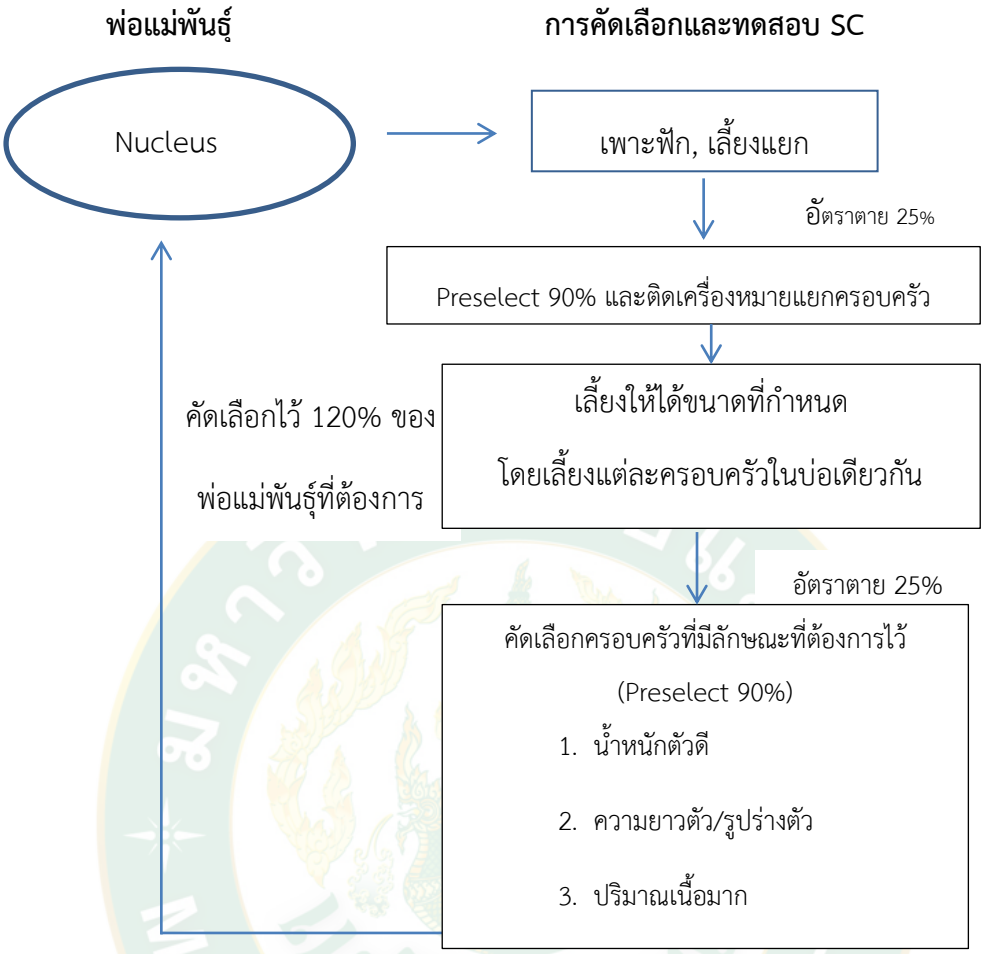
1. กระชัง
2. ระบบเครื่องให้อากาศ (ท่อลม, สายแอร์, ปั๊มลม, หัวทราย)
3. เครื่องชั่งน้ำหนักดิจิตอลและสปริง
4. ตาข่ายพรางแสง, ตาข่ายกันนก
5. ไมโครชิฟ, เครื่องอ่านไมโครชิฟ
6. สวิง ถังน้ำ อุปกรณ์และเครื่องมือขนาดเล็ก
7. อาหารปลาสำเร็จรูป
8. ปุ๋ย ปูนขาวและสารเคมี
9. ระบบถาดสำหรับฟักไข่
10. น้ำมันเชื้อเพลิง

ระยะเวลาในการวิจัยและสถานที่ดำเนินการ

ระยะเวลา	ระยะเวลา 1 ปี ตั้งแต่เดือน เมษายน 2561 – เดือน มีนาคม 2562
สถานที่ดำเนินงาน	บริษัทน้ำใสฟาร์ม จำกัด 118 หมู่ 1 ต.บางกระเบา อ.บ้านสร้าง จ.ปราจีนบุรี 25150

วิธีดำเนินการวิจัย

1. จะใช้พ่อแม่พันธุ์ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมจากแหล่งต่าง ๆ ที่ของบริษัทน้ำใสฟาร์มมีอยู่ (breeding nucleus) ซึ่งเป็นสายพันธุ์ GIFT ซึ่งมีการเลี้ยงพัฒนาในฟาร์มเป็นประชากรพื้นฐานในการสร้างประชากรเริ่มต้น selection candidates (SC) จำนวนเท่า ๆ กันในแต่ละครอบครัว
2. ติดเครื่องหมาย SC แต่ละตัว เพื่อบันทึกประวัติ แล้วเลี้ยงจนได้ขนาดที่กำหนดไว้
3. สุ่มจับปลาและบันทึกน้ำหนักและความยาวตัวที่จับได้
4. ประเมินลักษณะทางพันธุกรรมของน้ำหนักและความยาวตัวด้วยวิธี BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) เพื่อประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของ SC แต่ละตัวในแต่ละครอบครัว และคัดเลือก SC ที่มีลักษณะที่ต้องการดีที่สุดเพื่อนำไปเป็นพ่อแม่พันธุ์รุ่นต่อไป



ภาพที่ 2 แผนผังแสดงการขั้นตอนการสร้าง breeding nucleus เพื่อจะใช้ในโปรแกรมการคัดเลือก

การคัดเลือก nucleus

พ่อแม่พันธุ์ในโครงการวิจัยนี้ ประกอบด้วย ปลาเพศผู้ 60 ตัวและเพศเมีย 120 ตัว (120 ครอบครัว)

การทดสอบในรุ่นที่ 1

ในการทดสอบรุ่นที่ 1 นี้ จะทำการเก็บไข่จาก 120 ครอบครัว โดยเก็บไข่จากแม่ปลา 1 ตัว จาก 1 กระชัง แล้วนำไปฟัก จากนั้นนำปลานิลระยะ swim-up 50 ตัว จากแต่ละครอบครัวไปเลี้ยงรวมกันเพื่อใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์กลุ่มควบคุม ในขณะเดียวกันนำลูกปลา swim-up อีก 300 - 500 ตัว จากแต่ละครอบครัวไปเลี้ยงแยกกันตามครอบครัว แล้วติดเครื่องหมาย (tag) จากนั้นนำลูกปลาทั้งหมดมาเลี้ยงในกระชังจนมีขนาด 600 กรัม ด้วยอาหาร 2 ชนิด คือ อาหารที่มีปลาป่นและไม่มีปลาป่นเป็นส่วนผสม โดยใช้อาหารที่มีระดับโปรตีน 30% ไขมัน 6% ส่วนอาหารที่ไม่มีปลาป่นเป็น

ส่วนผสมเพื่อทดสอบการตอบสนองต่ออาหารทั้ง 2 ชนิด ของแต่ละครอบครัว (อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม)

รายละเอียดวิธีดำเนินการวิจัย

1. เก็บไข่ปลา 120 คู่ผสม (120 full-sib family) จากพ่อแม่พันธุ์ปลานิลของน้ำใสฟาร์ม ซึ่งมีความหลากหลายทางพันธุกรรมเพียงพอที่จะใช้ในโครงการพัฒนาสายพันธุ์นี้ โดยกลุ่มสายพันธุ์พ่อแม่ปลานิลของบริษัทน้ำใสฟาร์ม จำกัด ได้แก่ สายพันธุ์ GIFT จำนวนปลาที่ใช้อย่างน้อย 120 ครอบครัว เป็นจำนวนที่เพียงพอสำหรับการคัดเลือกสายพันธุ์ ในโครงการวิจัยนี้ โดยไม่ทำให้เกิดปัญหาการผสมพันธุ์ในเครือญาติ

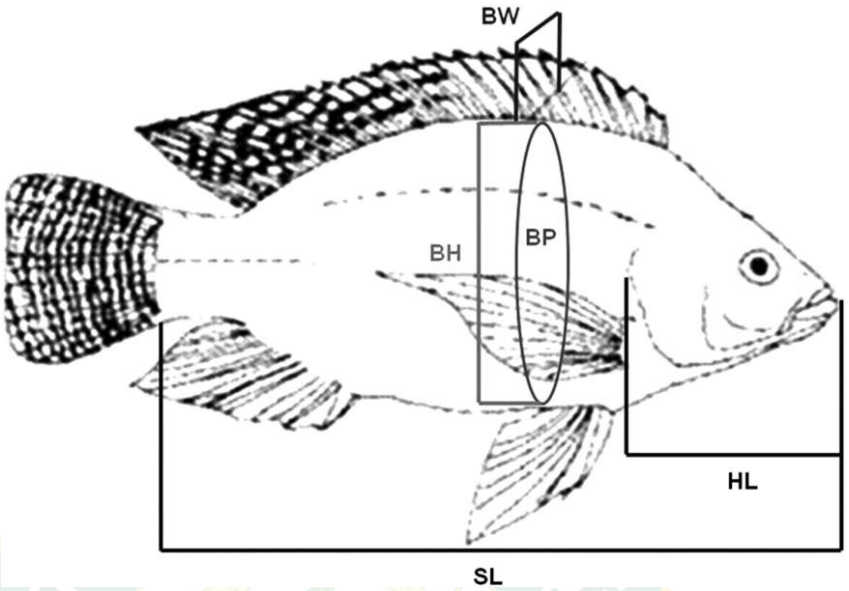
2. นำลูกปลาระยะ swim-up จำนวน 300-500 ตัวจากแต่ละครอบครัว (ทั้งหมด 139 ครอบครัว) จะถูกเลี้ยงในกระชังในบ่อดินที่ทำน้ำเขียวให้ปลาถึงขนาด 5-10 กรัม โดยใช้กระชังขนาด 2 ต.ร.ม. 1 กระชังต่อ 1 ครอบครัว และนำลูกปลาระยะ swim-up อีก 50 ตัวจากแต่ละครอบครัว จะถูกนำมาเลี้ยงรวมกันในกระชัง ขนาด 40 ต.ร.ม. ในบ่อเดียวกัน จนปลามีขนาดเฉลี่ย 5-10 กรัม เช่นเดียวกัน

3. นำลูกปลาขนาดขนาดเฉลี่ย 5-10 กรัม (ลูกปลาอายุประมาณ 3 เดือน) จำนวน 50 ตัวจากแต่ละครอบครัวที่เลี้ยงแยกครอบครัวในกระชัง 2 ต.ร.ม. (รวม 6,000 ตัว) มาถูกติดเครื่องหมายด้วย PIT tag (microchip) ส่วนลูกปลากลุ่มควบคุมจากกระชัง ขนาด 40 ต.ร.ม. จะไม่ต้องติดเครื่องหมาย

4. อนุบาลลูกปลา 6,000 ตัวที่ติด tag แล้ว ในกระชังขนาด 120 ต.ร.ม. และอนุบาลลูกปลา 2,000 ตัวที่ไม่ติด tag ในกระชังขนาด 40 ต.ร.ม. เป็นระยะเวลา 6 สัปดาห์

5. นำปลาที่ติด tag ปล่อยในกระชังขนาด 4x 3 ต.ร.ม. ลึก 1.2 ม. กระชังละ 240 ตัว จำนวน 18 กระชัง (รวม 4,320 ตัว) ให้อาหารจนกระทั่งเพียงพอต่อความต้องการของปลา โดยปลา 9 กระชังใช้อาหารที่มีโปรตีน 30% ทีมีปลาป่นในสูตรอาหาร และ อีก 9 กระชังใช้อาหารมีโปรตีน 30% ที่ไม่ปลาป่นในสูตรอาหาร เลี้ยงเป็นระยะเวลา 3 เดือนจนได้ขนาด 400-600 กรัม ในขณะเดียวกัน ปล่อยปลาที่ไม่ติด tag ลงกระชังขนาดเดียวกันกระชังละ 240 ตัว จำนวน 2 กระชัง และให้อาหาร 2 ชนิดเช่นเดียวกับปลาที่ติด tag เพื่อใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์กลุ่มควบคุมสำหรับรุ่นที่ 2

6.ปลาที่เลี้ยงจะถูกเก็บข้อมูลเพื่อการประเมินค่าทางพันธุกรรม อันได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรม ค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต ซึ่งได้แก่ น้ำหนักตัว ความยาวตัว และความสูงของลำตัวปลา ดังภาพที่ 4



ภาพที่ 3 ภาพแสดงลักษณะความยาวตัว (SL: Standard Length) และ ความสูงของลำตัวปลา (BH: Body Height)

ที่มา Vander et al. (2019)

จากนั้นนำข้อมูลทั้งหมดมาวิเคราะห์ค่าทางสถิติเบื้องต้นด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป SAS (SAS statistical computer package) และวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนของข้อมูลโดยใช้แบบจำลองสัตว์ (animal model) ซึ่งโมเดลที่ใช้เขียนอธิบายได้ในรูปเมทริกซ์ ดังนี้

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

เมื่อ ; **y** คือ เวกเตอร์ของลักษณะที่ทำการศึกษาในแต่ละช่วงอายุ

อายุ 2 3 เดือนได้แก่ น้ำหนัก และอายุ 7 เดือนได้แก่ น้ำหนัก และความยาวตัว

b คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ (fixed effect) ในแต่ละช่วงอายุ

อายุ 2 เดือนได้แก่ กลุ่มความหนาแน่น (density group) และ กลุ่มระยะเวลาที่ปล่อยลงเลี้ยงในกระชัง (stocking group)

อายุ 3 เดือนได้แก่ กลุ่มความหนาแน่น (density group), กลุ่มระยะเวลาที่ปล่อยลงเลี้ยงในกระชัง (stocking group) และอายุเมื่อติดเครื่องหมาย PIT tag (age)

อายุ 7 เดือนได้แก่ กระชังที่เลี้ยงปลาในแพทดลอง (cage) เพศ และอาหาร

a คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มสำหรับตัวสัตว์ (animal additive genetic effects)

c คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มของสภาพแวดล้อมร่วมสำหรับสัตว์ครอบครัวเดียวกัน (common environmental effect) ได้แก่ สภาพสิ่งแวดล้อมที่เกิดจากกระชังที่ใช้เลี้ยงปลาแยกกันในแต่ละครอบครัว

e คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มส่วนที่เหลือ (random residual effects)

และ **X, Z** และ **W** เป็นอินซิเดนซ์เมทริกที่เชื่อมโยงกับข้อมูลกับอิทธิพลคงที่ ในเวกเตอร์ **b** อิทธิพลสุ่มสำหรับสัตว์ ในเวกเตอร์ **a** และอิทธิพลสุ่มในเวกเตอร์ **c** ตามลำดับ โดยมีสมมติฐานดังนี้

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} \sim \text{NID}, \left(\begin{bmatrix} X\beta \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z\,G\,Z' + W\,C\,W' + R & Z\,G' & WC' & R \\ G\,Z' & G & 0 & 0 \\ C\,W' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right)$$

เมื่อ $G = A\sigma_a^2$ ซึ่ง A คือ numerator relationship matrix (Henderson, 1975), C คือ common environmental matrix โดย C = $I\sigma_c^2$ และ R = residual variance matrix โดย R= $I\sigma_e^2$

องค์ประกอบของความแปรปรวน สำหรับลักษณะแต่ละลักษณะ ถูกประมาณค่าโดยใช้วิธี restricted maximum likelihood procedure (REML) โดยใช้ average information (AI) algorithm ร่วมกับแบบจำลองสัตว์ (animal model) ที่กล่าวมาข้างต้น ซึ่งจะวิเคราะห์ข้อมูลทีละลักษณะ (single trait analysis) ในแต่ละช่วงอายุ จากนั้นจึงนำค่าดังกล่าวไปคำนวณค่าอัตราพันธุกรรม ค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป ASREML (Gilmour A.R et al.Gogel B.J et al.Cullis B.RThompson R, 2002)

7. เมื่อได้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (อัตราพันธุกรรมและสหสัมพันธ์) ของประชากรและคุณค่าการผสมพันธุ์ (ความสามารถทางพันธุกรรม) สำหรับแต่ละลักษณะที่สนใจแล้ว จะนำค่าเหล่านี้มาพิจารณาคัดเลือกพ่อแม่ปลานิลสำหรับการผลิตลูกในรุ่นที่ 2 ต่อไปโดยจะทำการเรียงลำดับสัตว์ที่มีค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ซึ่งเป็นอิทธิพลสุ่มสำหรับสัตว์ (random effect) ที่ทำนายได้ภายหลังจากการปรับความแตกต่างของปัจจัยกำหนด (fixed effect) ต่าง ๆ ได้แก่ กลุ่มสายพันธุ์พ่อแม่ปลานิล (GIFT) เพศของปลา และอาหารที่ใช้เลี้ยงปลา (อาหารที่มีและไม่มีปลาป่น) ในหุ่นจำลองทางพันธุกรรมดังกล่าวข้างต้น ซึ่งจะพิจารณาโดยเรียงลำดับคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ทำนายได้ และคัดเลือกจากค่าสูงสุด 120 คู่ (ในแต่ละสายการให้อาหารที่มีและไม่มีปลาป่นไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์) ในรุ่นถัดไป

8. การวิเคราะห์ความแปรปรวนสามารถหาโมเดลที่เหมาะสมสำหรับการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักเมื่ออายุ 2 3 และ 7 เดือนได้โดยใช้ animal model ซึ่งจะวิเคราะห์ข้อมูลทีละ

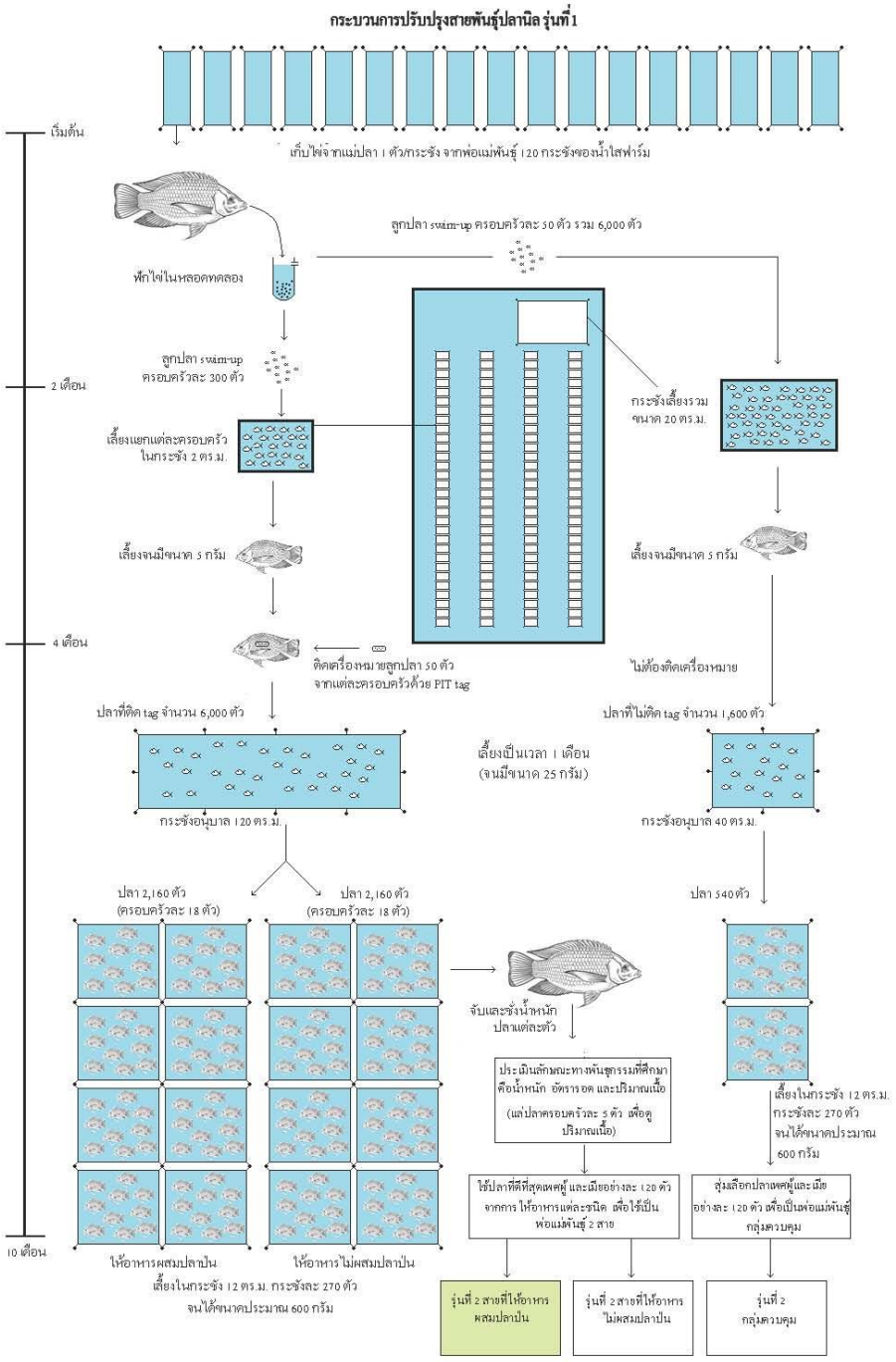
ลักษณะ (single trait analysis) ในแต่ละช่วงอายุ โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป ASREML (Gilmour A.R et al.Gogel B.J et al.Cullis B.RThompson R., 2002) ซึ่งเป็นการประมาณค่าได้อย่างไม่มีอคติ (Best linear Unbiased Prediction; BLUP) โดยสามารถแสดงค่าความแปรปรวนของพันธุกรรมแบบบวกสะสม และไม่บวกสะสม และสิ่งแวดล้อมในกลุ่มพันธุ์ได้เสมือน linear combination ของความแปรปรวนร่วมย่อย ๆ และสามารถประมาณค่าของเซ็ทของความแปรปรวนร่วมที่ใช้คำนวณค่าพันธุกรรมแบบบวกสะสมและไม่บวกสะสมและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมในสัตว์แต่ละกลุ่มพันธุ์ที่ใช้เป็นพื้นฐานได้พร้อม ๆ กัน (Elzo, 1996; 2005; Mrode, 1996)

9. ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ (phenotypic correlation) ถูกคำนวณด้วย PROC Corr ใน SAS ส่วนค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) คำนวณโดยนำค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ของปลาแต่ละตัวมาวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ด้วย PROC Corr ใน SAS เช่นกัน

10. การพิจารณาค่าอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อมที่ถูกนำมาใช้ในการศึกษาครั้งนี้ ได้แก่ การวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) ของปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารต่างชนิดกัน โดยนำค่า คุณค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์/แม่พันธุ์ปลาที่ได้รับอาหารสูตรต่างกัน คือ อาหารที่มีและไม่มีปลาป่นในสูตรอาหาร มาวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ด้วย PROC Corr ใน SAS

ตารางที่ 5 แสดงสูตรอาหารปลาและคุณค่าทางอาหารของอาหารปลาที่ใช้ในการทดลอง 2 ชนิด คือ อาหารที่มีและไม่มีปลาป่นเป็นส่วนผสม

Feed stuff	Fish meal diet g/100g (%)	Non-fish meal diet g/100g (%)
Tuna fish meal 55% (TC Union)	11.64	0.00
Meat & bone meal	10.18	16.00
Protosan	3.88	4.85
Squid meal	1.75	2.72
Corn meal	29.58	28.61
Cassava meal	5.82	4.85
Soybean meal (solvent extracted)	30.07	35.87
Salt	0.68	0.68
Calcium carbonate	1.94	1.94
Fish oil	3.88	3.88
Vitamin & mineral	0.23	0.23
Lysine	0.35	0.37
Proximate		
Crude Protein (%)	30.96	30.53
Fat (%)	8.44	8.39
Crude Fiber (%)	2.87	3.39
Ash (%)	9.34	9.83
Energy(kcal/kg)	2,774.79	2,703.73



ภาพที่ 4 กระบวนการปรับปรุงสายพันธุ์ปลานิล รุ่นที่ 1

บทที่ 4
ผลการวิจัยและวิจารณ์

การวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้สถิติเชิงพรรณนา

เมื่ออายุ 2 เดือน จากปลาจำนวนครอบครัว 139 ครอบครัว ค่าเฉลี่ยน้ำหนักตัว มีค่าเท่ากับ 4.82 กรัม และมีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 2.26 กรัม อายุ 3 เดือน จากปลาจำนวนครอบครัว 120 ครอบครัว ค่าเฉลี่ยน้ำหนักตัว มีค่าเท่ากับ 10.53 กรัม และมีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 4.83 กรัม และอายุ 7 เดือน จากปลาจำนวนครอบครัว 120 ครอบครัว ค่าเฉลี่ยน้ำหนักตัว มีค่าเท่ากับ 471.40 กรัม และมีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 126.71 กรัม ค่าเฉลี่ยความยาวตัว 22.44 เซนติเมตร และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 9.59 เซนติเมตร ค่าเฉลี่ยความกว้างตัว 10.21 เซนติเมตร และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 3.64 เซนติเมตร

การวิเคราะห์ความแปรปรวน

เมื่อปลามีอายุครบ 2 และ 3 เดือนจึงเก็บข้อมูลน้ำหนักมาประเมินค่าอัตราพันธุกรรม โดยนำข้อมูลน้ำหนักปลาที่อายุ 2 จากจำนวนทั้งสิ้น 138 ครอบครัวเนื่องจากมี 1 ครอบครัวกระชังที่ใช้อนุบาลรั่วทำให้ปลาหายออกไปจากกระชัง และ ข้อมูลน้ำหนักปลาที่อายุ 3 เดือนจากจำนวนทั้งสิ้น 120 ครอบครัวเนื่องจากมีเพียง 120 ครอบครัวที่มีปริมาณลูกปลาที่ความหนาแน่น 300-500 ตัวต่อกระชังมาวิเคราะห์ค่าทางสถิติเบื้องต้นด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป SAS (SAS statistical computer package) และหาโมเดลที่เหมาะสมด้วยการวิเคราะห์ความแปรปรวนและพบว่าอิทธิพลที่มีผลต่อน้ำหนักปลานิลที่อายุ 2 เดือน ได้แก่ แม่พันธุ์ (Dam No), พ่อพันธุ์ (Sire No), กระชังที่ใช้เลี้ยงปลาแต่ละครอบครัว (Hapa No), กลุ่มความหนาแน่น (Density Group) และ กลุ่มระยะเวลาที่ปล่อยลงเลี้ยงในกระชัง (Stocking Group) และ อิทธิพลที่มีผลต่อน้ำหนักปลานิลที่อายุ 3 เดือนได้แก่ แม่พันธุ์ (Dam No), พ่อพันธุ์ (Sire No), กระชังที่ใช้เลี้ยงปลาแต่ละครอบครัว (Hapa No), กลุ่มความหนาแน่น (Density Group), กลุ่มระยะเวลาที่ปล่อยลงเลี้ยงในกระชัง (Stocking Group) และอายุเมื่อติดเครื่องหมาย PIT tag (Age) ส่วนอิทธิพลที่มีผลต่อน้ำหนักปลานิลที่อายุ 7 เดือนได้แก่ แม่พันธุ์ (Dam No), พ่อพันธุ์ (Sire No), กระชังที่ใช้เลี้ยงปลาแต่ละครอบครัว (Hapa No) กระชังที่เลี้ยงปลาในแพทดลอง (Cage No) เพศ (Sex) และอาหาร (Feed) ซึ่งแสดงในตาราง ANOVA ดังนี้

ตารางที่ 6 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับน้ำหนักปลานิลอายุ 2 เดือน (จากปลาจำนวน 138 ครอบครัว ๆ ละ 50 ตัว)

Source of Variance	DF	Sum Square	Mean Square	Pr > F
DamNo	137	20857.49223	152.24447	<.0001
SireNo	56	8228.74254	146.94183	<.0001
HapaNo	137	20858.45194	152.25147	<.0001
Density Group	6	3263.93257	543.98876	<.0001
Stocking Group	5	3638.6521	727.73042	<.0001

ตารางที่ 7 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับน้ำหนักปลานิลอายุ 3 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัวๆ ละ 50 ตัว)

Source of Variance	DF	Sum Square	Mean Square	Pr > F
DamNo	119	47428.31	398.5572	<.0001
SireNo	49	26669.68	544.27923	<.0001
HapaNo	119	47428.31	398.5572	<.0001
Density Group	10	12420.68	1242.0683	<.0001
Age	23	27742.5	1206.19561	<.0001
Stocking Group	5	20195.69	4039.1386	<.0001

ตารางที่ 8 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับน้ำหนักปลานิลอายุ 7 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัว ๆ ทั้งหมดจำนวน 4,137 ตัว)

Source of Variance	DF	Type I SS	Mean Square	Pr > F
HapaNo	119	19231137.55	161606.2	<.0001
CageNo	17	3097407.57	182200.45	<.0001
Sex	2	13289053.55	6644526.77	<.0001
Feed	0	0	.	.

ตารางที่ 9 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับความยาวตัวปลานิลอายุ 7 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัว ๆ ทั้งหมดจำนวน 4,137 ตัว)

Source of Variance	DF	Type III SS	Mean Square	Pr > F
HapaNo	119	14590.89699	122.61258	0.0059
CageNo	16	5939.43032	371.2144	<.0001
Feed	0	0	.	.
Sex	2	481.56882	240.78441	0.0688

ตารางที่ 10 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) สำหรับความกว้างตัวปลานิลอายุ 7 เดือน (จากปลาจำนวน 120 ครอบครัว ๆ ทั้งหมดจำนวน 4,137 ตัว)

Source of Variance	DF	Type III SS	Mean Square	Pr > F
HapaNo	119	2197.9277	18.4699	0.0014
CageNo	16	673.5374	42.0992	<.0001
Feed	0	0	.	.
Sex	2	514.2885	257.1442	<.0001

อิทธิพลที่มีผลต่อน้ำหนักปลานิลที่อายุ 2 เดือน ได้แก่ อิทธิพลจากพ่อพันธุ์ อิทธิพลจากแม่พันธุ์ ซึ่งเป็นอิทธิพลสุ่ม (random effect) อิทธิพลจากกระชังที่ใช้เลี้ยงปลานิลแต่ละครอบครัว ซึ่งถือเป็นอิทธิพลสุ่มของสภาพแวดล้อมสำหรับสัตว์ครอบครัวเดียวกัน (common environmental effect) กลุ่มความหนาแน่นเมื่ออายุ 2 เดือน (density group) และ กลุ่มความหนาแน่นเริ่มต้น (stocking density group) จัดเป็นอิทธิพลคงที่ (fixed effect) ในขณะที่เมื่ออายุ 3 เดือน มีอิทธิพลคงที่เพิ่มขึ้นมาอีกคือ อายุ (จำนวนวัน) จนถึงวันที่เก็บข้อมูลซึ่งแต่ละกระชังมีอายุต่างกัน โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 87±8 วัน เนื่องจากไม่ได้เก็บข้อมูลแต่ละกระชังที่อายุเท่ากัน ในขณะที่เมื่อทดลองเลี้ยงปลาที่ติดเครื่องหมายแยกครอบครัวรวมกันในกระชังทดลองเลี้ยงในแพเป็นระยะเวลา 3 เดือน (ปลาอายุ 7 เดือน) พบว่าอิทธิพลคงที่ที่มีผลต่อน้ำหนักตัว ได้แก่ กระชังที่เลี้ยงปลาในแพทดลอง (cage) เพศ (sex) และอาหาร (feed) อิทธิพลคงที่ที่มีผลต่อ ความยาวตัว ได้แก่ กระชังที่เลี้ยงปลาในแพทดลอง (cage) และอาหาร (feed) อิทธิพลคงที่ที่มีผลต่อน้ำหนักตัว ความกว้างตัวได้แก่ กระชังที่เลี้ยงปลาในแพทดลอง (cage) และอาหาร (feed)

ค่าอัตราพันธุกรรม

ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักมีความแตกต่างไปตามช่วงอายุ โดยที่อายุ 2 เดือนค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัว มีค่าเท่ากับ 0.014 ± 0.189 ซึ่งมีค่าต่ำ ที่อายุ 3 เดือน ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัว มีค่าเท่ากับ 0.197 ±0.136 ซึ่งมีค่าปานกลางแต่มีค่ามากกว่าที่อายุ 2 เดือน ในขณะที่ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวที่อายุ 7 เดือนมีค่าเท่ากับ 0.477 ± 0.230 โดยในโมเดลนำ Hapa No มาเป็น common environmental effect และมีค่าเท่ากับ 0.558 ± 0.046 ในโมเดลไม่นำ Hapa No มาเป็น common environmental effect โดยดังตารางที่ 11

ตารางที่ 11 ค่าเฉลี่ยของน้ำหนัก และค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลที่อายุ 2 3 และ 7 เดือน

อายุ	ค่าเฉลี่ยของน้ำหนัก (กรัม)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	ค่าอัตราพันธุกรรม ± S.E.
2 เดือน	4.82	2.26	0.014 ± 0.189
3 เดือน	10.53	4.83	0.197 ± 0.136
7 เดือน[1]	471.40	126.71	0.477 ± 0.230
7 เดือน[2]	471.40	126.71	0.558 ± 0.046

หมายเหตุ 1 ในโมเดลนำ Hapa No มาเป็น common environmental effect

2 ในโมเดลไม่นำ Hapa No มาเป็น common environmental effect

ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลจากการทดลองนี้มีความแตกต่างไปตามช่วงอายุ โดยที่อายุ 2 เดือนค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัว มีค่าเท่ากับ 0.014 ± 0.189 ซึ่งมีค่าต่ำ ในขณะที่ค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวที่อายุ 3 เดือน มีค่าเท่ากับ 0.197 ± 0.136 ซึ่งมีค่าปานกลาง และมีค่ามากกว่าที่อายุ 2 เดือน ในขณะที่เมื่อทดลองเลี้ยงปลาที่ติดเครื่องหมายแยกครอบครัวรวมกันในกระชังทดลองเลี้ยงในแพด้วยอาหารที่มีและไม่มีปลาป่น พบว่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวเมื่ออายุ 7 เดือนมีค่าค่อนข้างสูง และมีค่ามากกว่าที่อายุ 2 และ 3 เดือน โดยมีค่าเท่ากับ 0.275 ±0.0808 เช่นเดียวกับการศึกษาใน (Charo-Karisa et al., 2008) ที่ได้ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัวปลาที่อายุ 42 วัน มีค่าต่ำซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.01±0.06 และพบว่าความแปรปรวนเนื่องมาจาก สภาพแวดล้อมสำหรับสัตว์ครอบครัวเดียวกัน (common environmental effect; c^2) มีค่าสูงซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.36±0.05 โดยจะเห็นได้ว่าเมื่อเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่นำ Hapa No มาเป็น common environmental effect จะมีค่าอัตราพันธุกรรมที่น้อยกว่าเมื่อใช้โมเดลที่ไม่ได้นำ

Hapa No มาเป็น common environmental effect กล่าวคือ การประมาณค่าอาจมีค่าสูงเกินจริงได้เมื่อไม่นำ Hapa No มาเป็น common environmental effect

อัตราพันธุกรรมของน้ำหนักเมื่อเก็บเกี่ยวมีค่าสูงขึ้น โดยมีค่าเท่ากับ 0.477 ± 0.230 ซึ่งจัดว่ามีค่าสูง (Falconer, 1981) โดยมีแนวโน้มเช่นเดียวกับงานวิจัยที่ผ่านมาซึ่งมีค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลเมื่อเก็บเกี่ยวอยู่ระหว่าง 0.25-0.58 (Rutten et al., 2005; Charo-Karisa et al., 2006; Hooi et al., 2009; Trong et al., 2013)

ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวตัวเมื่ออายุ 7 เดือน มีค่าเท่ากับ 0.0000±0.0000 โดยในโมเดลนำ Hapa No มาเป็น common environmental effect และมีค่าเท่ากับ 0.0130±0.0089 ในโมเดลไม่นำ Hapa No มาเป็น common environmental effect ค่าอัตราพันธุกรรมของความกว้างตัวเมื่ออายุ 7 เดือน มีค่าเท่ากับ 0.0116±0.0184 โดยในโมเดลนำ Hapa No มาเป็น common environmental effect และมีค่าเท่ากับ 0.0230±0.0102 ในโมเดลไม่นำ Hapa No มาเป็น common environmental effect โดยดังตารางที่ 12

ตารางที่ 12 ค่าเฉลี่ยของความยาวตัว ความกว้างตัว และค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวตัว ความกว้างตัว ปลานิลที่อายุ 7 เดือน

อายุ	ค่าเฉลี่ยของน้ำหนัก (กรัม)	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	ค่าอัตราพันธุกรรม ± S.E.
ความยาวตัว[1]	22.44	9.59	0.0000±0.0000
ความยาวตัว[2]	22.44	9.59	0.0130±0.0089
ความกว้างตัว[1]	10.21	3.64	0.0116±0.0184
ความกว้างตัว[2]	10.21	3.64	0.0230±0.0102

หมายเหตุ 1 ในโมเดลนำ Hapa No มาเป็น common environmental effect

2 ในโมเดลไม่นำ Hapa No มาเป็น common environmental effect

ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวตัว และ ความกว้างลำตัว เมื่ออายุ 7 เดือนมีค่าเท่ากับ 0.0000±0.0000 และ 0.0116±0.0184 ตามลำดับ ดังตาราง ซึ่งมีค่าต่ำมากเมื่อเทียบกับงานวิจัยที่ผ่านมาซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง 0.03-0.12 (Gall, 2002; Charo et al.,2006) แสดงให้เห็นว่าลักษณะความยาวตัวและความหนาของลำตัวไม่ได้ถูกควบคุมด้วยพันธุกรรมแบบบวกสะสม

ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะน้ำหนัก ระหว่างอายุ 3 เดือนและ 7 เดือน

ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) และ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม Genotypic Correlation ของลักษณะน้ำหนักปลาที่อายุ 3 เดือนและ 7 เดือน มีค่าเท่ากับ 0.36376 และ 0.02310 ตาลำดับ ซึ่งแสดงดังตารางที่ 13

ตารางที่ 13 แสดงค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) และ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phenotypic correlation) ของลักษณะน้ำหนักปลาที่อายุ 3 เดือนและ 7 เดือน

Phenotypic Correlation			**Genotypic Correlation**		
	TW3M	TW7M		EBVTW3M	EBVTW7M
TW3M	1	0.36376	EBVTW3M	1	0.02310
TW7M	0.36376	1	EBVTW7M	0.02310	1

จากค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) และ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม Genotypic Correlation ของลักษณะน้ำหนักปลาที่อายุ 3 เดือนและ 7 เดือน มีค่าค่อนข้างต่ำ ซึ่งแสดงให้เห็นว่าความสัมพันธ์ของน้ำหนักปลาที่อายุ 3 และ 7 เดือนมีค่าต่ำ กล่าวคือ ปลาที่มีการเจริญเติบโตดี น้ำหนักมากในช่วงอายุ 3 เดือน อาจจะไม่ใช่ปลาที่โตดี น้ำหนักมากในช่วงอายุ 7 เดือน ดังนั้น หากต้องการคัดเลือกปลาให้มีน้ำหนักดีควรคัดที่อายุ 7 เดือน ไม่สามารถใช้ข้อมูลน้ำหนัก หรือคุณค่าการผสมพันธุ์ของปลาที่อายุ 3 เดือนได้ เนื่องจากค่าสหสัมพันธ์มีค่าต่ำ

ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะน้ำหนัก ความยาวตัว และความกว้างตัว ที่อายุ 7 เดือน

ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) ระหว่างน้ำหนักตัวกับความยาวตัว ระหว่างน้ำหนักตัวกับความกว้างตัวและ ระหว่างความยาวตัวกับความกว้างตัว มีค่าเท่ากับ 0.16585 , 0.25813 และ 0.13342 ตามลำดับ สำหรับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) ระหว่างความยาวตัวกับน้ำหนักตัว ระหว่างความกว้างลำตัวกับน้ำหนักตัวและ ระหว่างความกว้างลำตัวกับความยาวตัว มีค่าเท่ากับ 0.44325, 0.56063 และ 0.36220 ตามลำดับ ดังแสดงในตารางที่ 14

ตารางที่ 14 ตารางแสดงค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัว ความยาวตัวและความกว้างลำตัว (h^2 ±S.E แสดงในเส้นทแยงมุม) ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation แสดงในแนวเหนือเส้นทะแยงมุม) และ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation แสดงในแนวใต้เส้นทะแยงมุม) ของลักษณะน้ำหนักตัว ความยาวตัว และความกว้างลำตัวของปลาที่อายุ และ 7 เดือน

ลักษณะ	น้ำหนักตัว (TW)	ความยาวตัว (SL)	ความกว้างลำตัว (BH)
น้ำหนักตัว (TW)	0.477 ± 0.230	0.16585	0.25813
ความยาวตัว (SL)	0.44325	0.0000±0.0000	0.13342
ความกว้างลำตัว (BH)	0.56053	0.36220	0.0116±0.0184

จากค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของน้ำหนักตัว ความยาว และความกว้างลำตัว ซึ่งมีค่าต่ำเช่นเดียวกับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะของน้ำหนักตัว ความยาว และความกว้างลำตัวก็มีค่าต่ำเช่นกัน แสดงให้เห็นว่า ไม่มีความสัมพันธ์กันระหว่างน้ำหนัก ความยาวและความกว้างลำตัว ซึ่งเมื่อเรียงลำดับคุณค่าการผสมพันธุ์ตามน้ำหนักตัวปลาที่อายุ 7 เดือนแล้วพบว่าลำดับสัตว์ที่คัดเลือกไว้ 200 อันดับแรก ไม่ตรงกับลำดับคุณค่าการผสมพันธุ์ตามความยาวตัวและความกว้างลำตัวปลาที่อายุ 7 เดือน ซึ่ง จากค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวที่อายุ 7 เดือนมีค่าค่อนข้างสูงดังนั้น การคัดเลือกควรเลือกโดยใช้ข้อมูลคุณค่าการผสมพันธุ์ตามน้ำหนักตัวปลาที่อายุ 7 เดือน

การศึกษาอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) ของ น้ำหนักปลา ความยาวตัวปลาและความกว้างตัวปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารต่างชนิด มีค่าเท่ากับ 0.91, 0.09 และ 0.15 ตามลำดับ

ตารางที่ 15 แสดงค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารต่างชนิดกัน (อาหารที่มีและไม่มีปลาป่น)

ลักษณะ	ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารทีมีและไม่มีปลาป่น
น้ำหนัก	0.91
ความยาวตัว	0.09
ความกว้างลำตัว	0.15

จากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) ของ น้ำหนักปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารต่างชนิด มีค่าเท่ากับ 0.91 ซึ่งมีค่าสูงกว่า 0.8 แสดงให้เห็นว่าไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ (Omowumi Ibijoke Binyotubo, 2017) ซึ่งทดลองให้อาหาร 2 ชนิดได้แก่ แหนเป็ด และอาหารเม็ดสำเร็จรูป และพบว่าสหสัมพันธ์ระหว่างอาหาร 2 ชนิดมีค่าสูง กล่าวคือ ไม่มีไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยเกี่ยวกับการศึกษาอิทธิพลร่วมระหว่างสิ่งแวดล้อมกับพันธุกรรมอื่น ๆ ซึ่งพบว่าไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม ในขณะที่ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) ของความยาวตัวและความกว้างลำตัว มีค่าเท่ากับ 0.09 และ 0.15 ตามลำดับ แสดงว่ามีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม

บทที่ 5
สรุปและข้อเสนอแนะ

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมจากประชากรปลานิลเริ่มต้น 139 ครอบครัว องค์ประกอบความแปรปรวนถูกประมาณค่าด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยใช้ Average Information (AI) Algorithm ร่วมกับแบบจำลองสัตว์ (animal model) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักปลานิลมีความแตกต่างไปตามช่วงอายุ โดยที่อายุ 2 เดือนค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวมีค่าเท่ากับ 0.014 ± 0.189 ซึ่งมีค่าต่ำ ที่อายุ 3 เดือนค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวมีค่าเท่ากับ 0.197 ± 0.136 ซึ่งมีค่าปานกลางและมีค่ามากกว่าที่อายุ 2 เดือน ที่อายุ 7 เดือนค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวมีค่าเท่ากับ 0.477 ± 0.230 ซึ่งมีค่าสูงและมีค่ามากกว่าที่อายุ 2 และ 3 เดือน โดยมีแนวโน้มเช่นเดียวกับงานวิจัยที่ผ่านมา ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสามารถปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีการคัดเลือกให้มีน้ำหนักตัวที่เพิ่มขึ้นได้ ในขณะที่ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวตัวและความกว้างลำตัวที่อายุ 7 เดือนมีค่าเท่ากับ 0.0000±0.0000 และ 0.0116±0.0184 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าต่ำและมีค่าสหสัมพันธ์กับน้ำหนักตัวต่ำด้วยเช่นกัน

ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) และ ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม Genotypic Correlation ของลักษณะน้ำหนักปลาที่อายุ 3 เดือนและ 7 เดือน มีค่าค่อนข้างต่ำ ซึ่งแสดงให้เห็นว่าความสัมพันธ์ของน้ำหนักปลาที่อายุ 3 และ 7 เดือนมีค่าต่ำ ดังนั้นควรคัดเลือกปลาเมื่อมีอายุ 7 เดือน เนื่องจากค่าอัตราพันธุกรรมของน้ำหนักตัวเมื่ออายุ 7 เดือนมีค่าสูง

ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของน้ำหนักตัว ความยาว และความกว้างลำตัวปลาที่อายุ 7 เดือนมีค่าต่ำ เช่นเดียวกับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะของน้ำหนักตัว ความยาว และความกว้างลำตัวปลาที่อายุ 7 เดือน ก็มีค่าต่ำเช่นกัน แสดงให้เห็นว่า ไม่มีความสัมพันธ์กันระหว่างน้ำหนัก ความยาวและความกว้างลำตัว

การศึกษาอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม จากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genotypic correlation) ของ น้ำหนักปลาที่ถูกเลี้ยงด้วยอาหารต่างชนิด มีค่าเท่ากับ 0.91 ซึ่งมีค่าสูงกว่า 0.8 แสดงให้เห็นว่าไม่มีอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม

อย่างไรก็ตามควรมีการศึกษาผลตอบสนองต่อการคัดเลือกในประชากรที่ผ่านการคัดเลือกต่อไป

บรรณานุกรม

กองนโยบายและยุทธศาสตร์พัฒนาการประมง กรมประมง. 2561. **สถิติการประมงแห่งประเทศไทย พ.ศ. 2559**. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา: https://www.fisheries.go.th/strategy-stat/themeWeb/books/2559/1/yearbook_2559.pdf (11 มีนาคม 2562).

กองวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ. ม.ป.ป. **ชีววิทยาปลานิล**. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา: http://www.fisheries.go.th/genetic/index.php/component/content/article/85-2013-11-25-08-28-46/101-2014-02-06-01-52-39?showall=&start=7 (3 ตุลาคม 2560).

เจษฎา ธนกิจการ. 2540. **การปรับปรุงความทนทานต่อความเค็มในปลานิล (*Oreochromis niloticus*) โดยวิธีการผสมข้ามชนิดกับปลาหมอเทศ (*Oreochromis mossambicus*).** วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

นวลมณี พงศ์ธนา. ม.ป.ป. **องค์ความรู้การปรับปรุงพันธุ์ปลานิล**. [ระบบออนไลน์]. แหล่งที่มา: https://www.fisheries.go.th/technical_group/ดาว์โหลด/องค์ความรู้การปรับปรุงพันธุ์ปลานิล.pdf (11 มีนาคม 2562).

นวลมณี พงศธนา. 2550. **การคัดพันธุ์ปลานิลสายพันธุ์จิตรลดา 3**: ใน รายงานการประชุมวิชาการประมงประจำปี 2550. กรมประมงและศูนย์พัฒนาการประมงแห่งเอเชียตะวันออกเฉียงใต้.

บุญช่วย เชาวน์ทวี, สุภัทรา อุไรวรรณ์ และมะลิ ลาน้ำเที่ยง. 2546. **การคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ปลานิลเพื่อเพิ่มอัตราการเจริญเติบโต**. กรุงเทพฯ: สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง.

เพ็ญพรรณ ศรีสกุลเตียว และคีรี กออนันตกุล. 2539. **พัฒนาการทางเพศของปลานิลเพศเมียระหว่างวัยเจริญพันธุ์**. อุดรธานี: ศูนย์พัฒนาประมงน้ำจืดอุดรธานี กองประมงน้ำจืด กรมประมง.

เรณู ว่องส่งสาร และนพนันท์ อยู่รอง. 2549. **คู่มือการผลิตปลานิลแปลงเพศ**. อุดรธานี: ศูนย์วิจัยและพัฒนาประมงน้ำจืดอุดรธานี กรมประมง.

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

สุภัทรา อุไรวรรณ์. 2535. **การคัดพันธุ์ปลานิลเพื่อเพิ่มอัตราการเจริญเติบโตโดยวิธีดูลักษณะภายในครอบครัว**. สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง.

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

Acosta, B. O. & A.E. Eknath. 1998. **Manual on genetic improvement of farmed**

tilapia (GIFT) research methodologies: Genetic Improvement of Farmed Tilapias Project. UNDP/Sustainable Energy and Environment Division Project.

Argue, B. J., Arce, S. M., Lotz, J. M. & Moss, S. M. 2002. Selective breeding of Pacific white shrimp (Litopenaeus vannamei) for growth and resistance to Taura Syndrome Virus. **Aquaculture**, 204(3), 447-460.

Asian Development Bank. 2005. **An Impact Evaluation of the Development of Genetically Improved Farmed Tilapia and Their Dissemination in Selected Countries**. [Online] Available http://hdl.handle.net/11540/3321

Baroiller, J. F., D. Desprez, Y. Carteret, P. Tacon, F. Borel, M. C. Hoareau, C. Melard & B. Jalabert. 1997. **Influence of environmental and social factors on the reproductive efficiency in three tilapia species, Oreochromis niloticus, O. aureus , and the red tilapia (Red Florida strain).** Northeast Regional Agricultural Engineering Service.

Basiao, Z. U. & Doyle, R. W. 1999. Test of size-specific mass selection for Nile tilapia, Oreochromis niloticus L., cage farming in the Philippines. **Aquaculture Research**, 30(5), 373-378.

Bhujel, R. C. 2000. A review of strategies for the management of Nile tilapia (Oreochromis niloticus) broodfish in seed production systems, especially hapa-based systems. **Aquaculture**, 181(1), 37-59.

Binyotubo, O. I. 2017. **Comparative assessment of the production performances of different strains of nile tilapia and the evaluation of genotype × environment interaction.** Ph.D. Thesis, Stellenbosch University.

Bolivar, R. B. & Newkirk, G. F. 2002. Response to within family selection for body weight in Nile tilapia (Oreochromis niloticus) using a single-trait animal model. **Aquaculture**, 204(3), 371-381.

Boliver, R. B., Z.P. Bartolome & G.F. Newkirk. 1994. Response to within-family selection for growth in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). In Chou LM, Munro AD, Lam T, Chen TW, Cheong LKK, Ding JK, Hooi KK, Khoo HW, Phang VPE, Shim KF & Tan CH (Eds.), **The Third Asian Fisheries Forum. Asian Fisheries Society** (pp. 548-554). Manila, Philippines.

Bourdon, R. M. 2000. **Understanding animal breeding**. Prentice-Hall, Inc.: Prentice-

Hall, Inc.

Castillo-Juárez, H., Casares, J. C. Q., Campos-Montes, G., Villela, C. C., Ortega, A. M. & Montaldo, H. H. 2007. Heritability for body weight at harvest size in the Pacific white shrimp, Penaeus (Litopenaeus) vannamei, from a multi-environment experiment using univariate and multivariate animal models. **Aquaculture**, 273(1), 42-49.

Chanvijit, K. 2006. **Genetic Estimation of Milk Production by Model Including Effects of Genetic Environment Interaction in Purebred and Crossbred Holstein Friesian.** Ph.D. thesis. Khon Kaen University.

Charo-Karisa, H., Komen, H., Bovenhuis, H., Rezk, M. A. & Ponzoni, R. W. 2008. Production of genetically improved organic Nile tilapia. **Dynamic Biochemistry, Process Biotechnology and Molecular Biology** 2(S1), 50-54.

Cooper, M. & Delacy, I. H. 1994. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi environment experiments. **Theoretical and Applied Genetics**, 88, 561-572.

Don, J. & Avtalion, R. R. 1988. Comparative study on the induction of triploidy in tilapias, using cold- and heat-shock techniques. **Journal of Fish Biology**, 32(5), 665-672.

Dupont-Nivet, M., Vandeputte, M., Vergnet, A., Merdy, O., Haffray, P., Chavanne, H. & Chatain, B. 2008. Heritabilities and GxE interactions for growth in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) using a marker-based pedigree. **Aquaculture**, 275(1-4), 81-87.

Eknath, A. E. & Hulata, G. 2009. Use and exchange of genetic resources of Nile tilapia (Oreochromis niloticus). **Reviews in Aquaculture**, 1(3-4), 197-213.

Elzo, M. A. 1994. Restricted Maximum Likelihood Procedures for the Estimation of Additive and Nonadditive Genetic Variances and Covariances in Multibreed Populations. **J. Anim. Sci.**, 72(12), 3055-3065.

Falconer, D. S. 1981. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman.

Falconer, D. S. & T. F. Mackay. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. Essex:

Longman Group.

Fulkerson, W. J., G. Hough, M. Goddard & T. Davison. 2000. **The Productivity of Friesian Cows: Effects of Genetic Merit and Level of Concentrate Feeding**. NSW Agricultural, Australia: Wollongbar Agricultural Institute. Gall, G. A. E. & Bakar, Y. 2002. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. **Aquaculture**, 212(1), 93-113.

Gilmour A.R, Gogel B.J, Cullis B.R & Thompson R. 2002. **ASReml User Guide Release 1.0. VSN International Ltd.** UK: Hemel Hempstead.

Gitterle, T., Salte, R., Gjerde, B., Cock, J., Johansen, H., Salazar, M., Lozano, C. & Rye, M. 2005. Genetic (co)variation in resistance to White Spot Syndrome Virus (WSSV) and harvest weight in Penaeus (Litopenaeus) vannamei. **Aquaculture**, 246(1), 139-149.

Gjedrem, T. 2005. **Selection and Breeding Programs in Aquaculture**. Berlin, Heidelberg: Springer.

Gjedrem, T. & Baranski, M. 2009. **Selective Breeding in Aquaculture: An Introduction**. London: Springer.

Gilmour A.R, Gogel B.J, Cullis B.R & Thompson R. 2002. **ASReml User Guide Release 1.0. VSN International Ltd.** UK: Hemel Hempstead.

Hans B. Bentsen, Bjarne Gjerde, Nguyen Hong Nguyen, Morten Rye, Raul W. Ponzoni, Marietta S. Palada de Vera, Hernando L. Bolivar, Ravelina R. Velasco, Jocedel C. Danting, Edna E. Dionisio, Felicisima M. Longalong, Ruben A. Reyes, Tereso A. Abella, Melchor M. Tayamen & Ambekar E. Eknath. 2012. Genetic improvement of farmed tilapias: Genetic parameters for body weight at harvest in Nile tilapia (Oreochromis niloticus) during five generations of testing in multiple environments. **Aquaculture**, 338-341, 56-65.

Hans Komen. 2014. **Nile tilapia genetic improvement: achievements and future directions. In The 10th International Symposium on Tilapia in Aquaculture**. [Online]. Available https://library.wur.nl/WebQuery/wurpubs/480816 (15 March 2019).

Henderson, C. R. 1975. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a

Selection Model. **Biometrics**, 31(2), 423-447.

Horstegen-Schwark, G. & H.J. Langholz. 1998. Prospects of selecting for late maturity in tilapia (Oreochromis niloticus): III. A selection experiment under laboratory conditions. **Aquaculture**, 167, 123-133.

Hulata, G., Wohlfarth, G. W. & Halevy, A. 1986. Mass selection for growth rate in the Nile tilapia (Oreochromis niloticus). **Aquaculture**, 57(1), 177-184.

Hussain, M. G., A. Chatterji, B.J. McAndrew & R. Johnstone. 1991. Triploidy induction in Nile tilapia, *Oreochromis niloticus* L. Using pressure, heat and cold shock. **Theor. Appl. Genet.**, 81-62.

Hussain, M. G., D.J. Penman, B.J. McAndrew & R. Johnstone. 1993. Suppression of first cleavage in the Nile tilapia, Oreochromis niloticus L. – a comparison of the relative effectiveness of pressure and heat shocks. **Aquaculture**, 111, 263-270.

James, J. W. (2008). Adaptation and fitness in animal populations: evolutionary and breeding perspectives on genetic resource management. In J van der Werf, R. Frankham, H-U Graser & A.Gondro (Eds.), (pp. 151-167): Springer Verlag Berlin.

Khaw, H. L., Bovenhuis, H., Ponzoni, R. W., Rezk, M. A., Charo-Karisa, H. & Komen, H. 2009. Genetic analysis of Nile tilapia (Oreochromis niloticus) selection line reared in two input environments. **Aquaculture**, 294(1), 37-42.

Khaw, H. L., Ponzoni, R. W. & Danting, M. J. C. 2008. Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (Oreochromis niloticus) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003. **Aquaculture**, 275(1), 64-69.

Khaw, H. L., Ponzoni, R. W., Hamzah, A., Abu-Bakar, K. R. & Bijma, P. 2012. Genotype by production environment interaction in the GIFT strain of Nile tilapia (Oreochromis niloticus). **Aquaculture**, 326-329, 53-60.

Kolver, E. S., Roche, J. R., de Veth, M. J., Thorne, P. L. & Napper, A. R. 2002. Total mixed rations versus pasture diets: Evidence for a genotype x diet interaction in dairy cow performance. **Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production**, 62, 246-251.

Little, D. C. 1989. **An evaluation of strategies for production of Nile tilapia Oreochromis niloticus (L) fry suitable for hormonal treatment.** Ph.D. thesis.

University of Stirling.

Little, D. C., D.J. MacIntosh & P. Edwards. 1998. Improving spawning synchrony in the Nile tilapia, Oreochromis niloticus (L). **Aquaculture and Fisheries Management**, *24*(3), 399-405.

MacIntosh, D. J. & Little D. C. 1995. **Nile tilapia (Oreochromis niloticus). In: Broodstock management and egg and larval quality**. Blackwell Science Ltd., Oxford. .

Mair, G., Lakapunrat, S., Jere, W. & Bart, A. 2004. **Comparisons of reproductive parameters among improved strains of nile tilapia Oreochromis niloticus L**.

Mair, G. C. 1988. **Studies on sex determining mechanisms in Oreochromis species.** Ph.D. thesis. University of Wales.

Mauricio A. Elzo. 1996. **Animal breeding notes**. University of Florida.

Mauricio A. Elzo. 2005. **Animal breeding notes**. University of Florida.

Mires, D. 1982. **A study of the problems of the mass production of hybrid tilapia fry, In: The Biology and Culture of Tilapia**. Philippines: ICLARM, Manila.

Moav, R., Hulata, G. & Wohlfarth, G. 1975. Genetic differences between the Chinese and European races of the common carp. **Aquaculture and Fisheries Biotechnology: Genetic Approaches**, 34, 323-340.

Montaldo, H. H. 2001. Genotype by environment interactions in livestock breeding programs: a review. **Interciencia**, *26*(6), 229–235.

Mrode, R. A. 1996. **Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values**. UK: CAB International Wallingford, Oxon.

Mulder, H. A. & Bijma, P. 2005. Effects of genotype × environment interaction on genetic gain in breeding programs1. **Journal of Animal Science**, 83(1), 49-61.

Myers, J. M. 1986. Tetraploid induction in Oreochromis spp. **Aquaculture**, 57(1), 281-287.

Myers, J. M., Penman, D. J., Basavaraju, Y., Powell, S. F., Baoprasertkul, P., Rana, K. J., Bromage, N. & McAndrew, B. J. 1995. Induction of diploid androgenetic and mitotic gynogenetic Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, 90(2), 205-210.

Neira, R. 2010. **Breeding in Aquaculture Species: Genetic Improvement Programs**

in Developing Countries. [Online]. Available https://www.researchgate.net/publication/265313094_Breeding_in_Aquaculture_Species_Genetic_Improvement_Programs_in_Developing_Countries/download (12 มีนาคม 2562).

Neira, R., Díaz, N. F., Gall, G. A. E., Gallardo, J. A., Lhorente, J. P. & Manterola, R. 2006. Genetic improvement in Coho salmon (Oncorhynchus kisutch). I: Selection response and inbreeding depression on harvest weight. **Aquaculture**, 257(1), 9-17.

Nguyen Hong Nguyen, Raul W. Ponzoni, Hoong YipYee, Khairul R. Abu-Bakar, AzharHamzah & Hooi LingKhaw. 2010. Quantitative genetic basis of fatty acid composition in the GIFT strain of Nile tilapia (Oreochromis niloticus) selected for high growth. **Aquaculture**, 309(1-4), 66-74.

Nho, P. V. 1996. **Comparison of the reproductive performance of three strains of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*).** Master degree. Asian Institute of Technology.

Omowumi Ibijoke Binyotubo. 2017. **Comparative assessment of the production performances of different strains of Nile Tilapia and the evaluation of genotype × environment interaction.** Doctor of Philosophy (Aquaculture). Stellenbosch University.

Ponzoni, R. W., Nguyen, N. H. & Khaw, H. L. 2007. Investment appraisal of genetic improvement programs in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, 269(1), 187-199.

Ragnar Tveteras. 2016. **Global Fish Production Data & Analysis**. [Online]. Available www.aquaculturealliance.org/wp-content/uploads/2017/06/Day1_RagnarTveteras.pdf (15 March 2019).

Robertson. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, 15, 469-485.

Rutherford, S. L. & S. Linquist. 1998. Hsp90 as a capacitor for morphological evolution. **Nature**, 396, 336-342.

Tave, D. 1993. **Genetics for fish hatchery managers**. New York: Van Nostrand Reinhold.

Teichart-Coddington, D. R. & R.O. Smitherman. 1988. Lack of response by Tilapia nilotica to mass selection for rapid early growth. **Trans. Am. Fish. Soc.**, 117(3), 297-300.

Thoa, N. P., Ninh, N. H., Knibb, W. & Nguyen, N. H. 2016. Does selection in a challenging environment produce Nile tilapia genotypes that can thrive in a range of production systems? **Scientific reports**, 6, 21486-21486.

Thodesen, J., Rye, M., Wang, Y.-X., Yang, K.-S., Bentsen, H. B. & Gjedrem, T. 2011. Genetic improvement of tilapias in China: Genetic parameters and selection responses in growth of Nile tilapia (Oreochromis niloticus) after six generations of multi-trait selection for growth and fillet yield. **Aquaculture**, 322-323, 51-64.

Trọng, T. Q., Mulder, H. A., van Arendonk, J. A. M. & Komen, H. 2013. Heritability and genotype by environment interaction estimates for harvest weight, growth rate, and shape of Nile tilapia (Oreochromis niloticus) grown in river cage and VAC in Vietnam. **Aquaculture**, 384-387, 119-127.

Uraiwan, S. 1988. **Direct and indirect response to selection for age at first maturation of Oreochromis niloticus**. Bangkok.

Vander Bruno dos Santos, Vinicius Vasconcelos Silva, Marcus Vinicius de Almeida, Edson Assunção Mareco & Rondinelle A. S. Salomao. 2019. Performance of Nile tilapia Oreochromis niloticusstrains in Brazil: a comparison with Philippine strain **Journal of Applied Animal Research** 47(1), 72-78.

Villegas, C. T. 1990. **Growth and survival of Oreochromis niloticus, Oreochromis mossambicus and their F1 hybrids in various salinities**. Philippines.

ภาคผนวก

ภาพภาคผนวกที่ 1 ภาพกระชังผสมพันธุ์ปลานิลเพื่อให้ได้จำนวนครอบครัว 120 ครอบครัวเพื่อใช้ในการประมาณค่าทางพันธุกรรม โดยได้ยื่นจดอนุสิทธิบัตร เลขที่คำขอ 1803001978

ภาพภาคผนวกที่ 2 ภาพแสดงการเคาะไข่ออกจากปากแม่ปลานิล

ภาพภาคผนวกที่ 3 นำไข่มาฟักแยกครอบครัวในถาดฟักไข่

ภาพภาคผนวกที่ 4 ภาพกระชังอนุบาลขนาด 1x 1 ตารางเมตร
เพื่อใช้อนุบาลลูกปลานิลจนถึงขนาด 5-10 กรัมแยกครอบครัว

ภาพภาคผนวกที่ 5 ภาพแสดงการติดเครื่องหมาย PIT tag .
ลูกปลานิลขนาด 5-10 กรัม (อายุเฉลี่ย 3 เดือน)

ภาพภาคผนวกที่ 6 ภาพกระชัง ขนาด 4x 3 ต.ร.ม. ลึก 1.2 ม.
เพื่อใช้เลี้ยงปลานิลที่ติด tag กระชังละ 240 ตัว จำนวน 20 กระชัง

ภาพภาคผนวกที่ 7 ภาพแสดงการอ่าน Tag, ชั่งน้ำหนัก และวัดขนาดปลานิลเมื่ออายุ7 เดือน

ภาพภาคผนวกที่ 8 ภาพแสดงการวัดขนาดความยาวและความกว้าง ปลานิลเมื่ออายุ 7 เดือน

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักปลานิลที่อายุ 2 เดือน

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

05 Apr 2019 22:40:07.480 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1TW2M

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file C:\ASREML\NamsaiGen1TW2M.ped: skipping 1 lines

PEDIGREE [C:\ASREML\NamsaiGen1TW2M.ped] has 7093 identities, 21029 Non zero elements

QUALIFIERS: SKIP 1! MAXIT 50! ASUV

Reading C:\ASREML\NamsaiGen1TW2M.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of TW2M

Using 6900 records [of 6900 read from 6900 lines of C:\ASREML\NamsaiGen1]

Model	term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1	FishNo	7093	Direct	1	3.000	3553.	7093.	0	0
2	SireNo	7093	Direct	2	2.000	2661.	6992.	0	0
3	DamNo	7093	Direct	3	1.000	3527.	7043.	0	0
4	HapaNo	138	Factor	4	1	69.5000	138	0	0
5	DensityGrou	7	Factor	5	1	1.3990	7	0	0
6	StockGroup	6	Factor	6	1	2.3913	6	0	0
7	TW2M	1	Variate	7	1.290	4.853	37.34	0	0

Forming 7244 equations: 13 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 1 (more) singularities,

LogL=-6520.82	S2= 2.2180	6888 df	0.1000	0.1000	1.000
LogL=-6461.90	S2= 2.1531	6888 df	0.1308	0.1187	1.000
LogL=-6387.40	S2= 2.0555	6888 df	0.2056	0.1577	1.000
LogL=-6333.57	S2= 1.9614	6888 df	0.3500	0.2089	1.000
LogL=-6304.93	S2= 1.9066	6888 df	0.6262	0.2343	1.000
LogL=-6298.25	S2= 1.9809	6888 df	0.9065	0.1340	1.000
LogL=-6297.72	S2= 2.0768	6888 df	1.022	0.3091E-01	1.000
LogL=-6297.72	S2= 2.0787	6888 df	1.032	0.2874E-01	1.000

Final parameter values 1.0322 0.29040E-01 1.0000

Source	Model terms		Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138	138	1.03216	2.14558	4.45	0 P
FishNo	7093	7093	0.290403E-01	0.603667E-01	0.07	1 P
Variance	6900	6888	1.00000	2.07872	5.13	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
5 DensityGroup	7	210.79	100.05	1.450
6 StockGroup	5	6.93	6.93	0.6171

	Solution	Standard Error	T-value	T-prev
6 StockGroup				
2	-0.752194	0.321013	-2.34	
3	-0.322086	0.434153	-0.74	0.98
4	-0.880106	0.459557	-1.92	-1.02
5	-2.39060	0.478773	-4.99	-2.58
6	-2.76678	0.781704	-3.54	-0.44
5 DensityGroup				
9	5.30103	0.232201	22.83	
7	5.69505	0.534474	10.66	0.74
5	6.75640	0.471683	14.32	1.58
2	11.1630	1.48903	7.50	2.82

8 6.40224 1.11646 5.73 -2.56

6 5.53519 1.05293 5.26 -0.57

4 8.93875 1.56421 5.71 1.81

4 HapaNo 138 effects fitted

1 FishNo 7093 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

0.81

107 possible outliers: see .res file

Finished: 05 Apr 2019 22:40:15.198 WARNING: LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุรรมด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักปลานิลที่อายุ 2 เดือน

4 Total 1 4.285 0.2784

Heritability = FishNo 2/Total 1 4= 0.0141 0.1883

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักปลานิลที่ติดเครื่องหมาย อายุ 3 เดือน

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

05 Apr 2019 22:51:04.961 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1TWTag

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file C:\ASREML\NamsaiGen1TWTag.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [C:\ASREML\NamsaiGen1TWTag.ped] has 6170 identities, 18290 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading C:\ASREML\NamsaiGen1TWTag.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of Weight

Using 5968 records [of 6000 read from 6000 lines of C:\ASREML\NamsaiGen1]

Model	term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1	TagNo	6170	Direct	1	3.000	3095.	6170.	0	0
2	SireNo	6170	Direct	2	2.000	2300.	5559.	0	0
3	DamNo	6170	Direct	3	1.000	3069.	6120.	0	0
4	HapaNo	120	Factor	4	1	60.5473	120	0	0
5	DensityGrou	11	Factor	5	1	4.6691	11	0	0
6	StockGroup	6	Factor	6	1	2.4097	6	0	0
7	Age	1	Covariat	7	66.00	86.93	96.00	0	0

8 Weight 1 Variate 8 3.320 10.44 65.36 0 0

Forming 6308 equations: 18 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 1 (more) singularities,

LogL=-9394.58 S2= 7.8114 5951 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-9388.53 S2= 7.7142 5951 df 0.1151 0.1176 1.000

LogL=-9381.39 S2= 7.5327 5951 df 0.1451 0.1557 1.000

LogL=-9377.41 S2= 7.3036 5951 df 0.1829 0.2123 1.000

LogL=-9376.28 S2= 7.0674 5951 df 0.2178 0.2787 1.000

LogL=-9376.24 S2= 6.9933 5951 df 0.2254 0.3014 1.000

LogL=-9376.24 S2= 6.9895 5951 df 0.2258 0.3025 1.000

Final parameter values 0.22578 0.30251 1.0000

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	120	120	0.225779	1.57808	2.31	0 P
TagNo	6170	6170	0.302510	2.11440	1.42	0 P
Variance	5968	5951	1.00000	6.98951	9.19	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
5 DensityGroup	11	344.10	8.11	1.432
6 StockGroup	5	23.93	2.80	1.963
7 Age	1	1.96	1.96	

	Solution	Standard Error	T-value	T-prev
7 Age				
1	0.160016	0.114367	1.40	
6 StockGroup				
2	-0.703577E-02	0.625986	-0.01	
3	0.193758	1.28274	0.15	0.23
4	0.543131	1.88045	0.29	0.39
5	-2.05337	2.73878	-0.75	-2.31
6	-2.60902	3.43739	-0.76	-0.39
5 DensityGroup				
4	0.459130	10.8775	0.04	
8	-3.43965	10.7941	-0.32	-3.77

7 -2.27972 10.7870 -0.21 1.64

10 -3.72485 10.7359 -0.35 -2.10

9 -4.07962 10.8073 -0.38 -0.83

6 -0.981590 10.8750 -0.09 4.56

12 -5.13414 10.8918 -0.47 -2.35

11 -4.45924 10.7365 -0.42 0.40

2 5.87010 10.8877 0.54 5.96

5 -0.782735 10.9061 -0.07 -3.57

13 -5.37837 10.6988 -0.50 -2.45

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagNo 6170 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

1.30

102 possible outliers: see .res file

Finished: 05 Apr 2019 22:51:11.809 LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักปลานิลที่ติดเครื่องหมาย อายุ 3 เดือน

4 Total 1 10.68 0.4444

Heritability = TagNo 2/Total 1 4= 0.1979 0.1367

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักปลานิล อายุ 7 เดือน

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 17:30:12.974 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen17MWeigth

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen17MWeigth.ped: skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen17MWeigth.ped] has 4442 identities, 13111 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen17MWeigth.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of HarWt

Using 4317 records [of 4317 read from 4317 lines of NamsaiGen17MWeigth.d]

Model term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1 TagID	4442	Direct	1	3.000	2294.	4442.	0	0
2 SireNo	4442	Direct	2	2.000	157.1	374.0	0	0
3 DamNo	4442	Direct	3	1.000	215.3	2971.	0	0
4 HapaNo	138	Factor	4	2	70.1031	138	0	0
WARNING - More levels found in CageNo than specified								
5 CageNo	19	Factor	5	1	10.0269	19	0	0
6 HarWt	1	Variate	6	35.00	471.4	921.0	0	0

WARNING - Fewer levels found in Sex than specified

7 Sex	3 Factor	7	1	1.3303	2	2	0
8 Feed	2 Factor	8	1	1.4985	2	0	0

Forming 4604 equations: 24 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 22 (more) singularities,

LogL=-21728.6	S2= 8024.5	4297 df	0.1000	0.1000	1.000
LogL=-21716.4	S2= 7834.8	4297 df	0.1155	0.1303	1.000
LogL=-21701.8	S2= 7477.2	4297 df	0.1464	0.2025	1.000
LogL=-21693.1	S2= 7004.0	4297 df	0.1873	0.3254	1.000
LogL=-21690.2	S2= 6529.5	4297 df	0.2378	0.4764	1.000
LogL=-21690.0	S2= 6485.6	4297 df	0.2685	0.4883	1.000
LogL=-21690.0	S2= 6516.2	4297 df	0.2745	0.4761	1.000

Final parameter values	0.27475	0.47703	1.0000

Source	Model terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138 120	0.274753	1790.35	2.82	0 P
TagID	4442 4442	0.477030	3108.42	2.57	0 P
Variance	4317 4297	1.00000	6516.21	10.47	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	3663.50	838.04	52.72
8 Feed	2	61.67	18.76	8.254
5 CageNo	16	15.43	15.43	

Solution	Standard Error	T-value	T-prev
5 CageNo			
3 -24.0078	8.25223	-2.91	
4 -36.6811	8.25781	-4.44	-1.09
5 -44.4091	8.27410	-5.37	-0.93
6 -59.9339	8.22767	-7.28	-1.33
7 -44.0153	8.27437	-5.32	1.93
8 -54.5455	8.20809	-6.65	-0.90
9 -56.9940	8.26021	-6.90	-0.30
11 -71.4413	8.06982	-8.85	
12 -64.5655	8.24747	-7.83	0.60
13 -43.5840	8.34113	-5.23	2.52

14	-56.6192	8.30866	-6.81	-1.11
15	-79.2056	8.33117	-9.51	-2.70
16	-66.4534	8.08752	-8.22	1.10
17	-36.6464	8.32138	-4.40	3.67
18	-68.3083	8.17637	-8.35	-2.72
19	-39.7432	8.25569	-4.81	3.51

8 Feed

20	320.801	65.0533	4.93	
21	288.221	65.0394	4.43	-3.95

7 Sex

22	254.740	64.5143	3.95	
23	128.224	64.5378	1.99	-40.81

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 4442 effects fitted

16 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 17:30:22.558 LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักปลานิลที่อายุ 7 เดือน

4 Total 1 4899. 858.9

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.4770 0.2300

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของความยาวตัว ปลานิล อายุ 7 เดือน

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 16:57:51.824 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen17MTL

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen17MTL.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen17MTL.ped] has 4442 identities, 13111 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen17MTL.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of TLcm

Using 4317 records [of 4317 read from 4317 lines of NamsaiGen17MTL.dat]

Model term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1 TagID	4442	Direct	1	3.000	2294.	4442.	0	0
2 SireNo	4442	Direct	2	2.000	157.1	374.0	0	0
3 DamNo	4442	Direct	3	1.000	215.3	2971.	0	0
4 HapaNo	138	Factor	4	2	70.1031	138	0	0

WARNING - More levels found in CageNo than specified

5 CageNo	19	Factor	5	1	10.0269	19	0	0
6 TLcm	1	Variate	6	9.800	22.44	241.0	0	0

WARNING - Fewer levels found in Sex than specified

7 Sex 3 Factor 7 1 1.3303 2 2 0

8 Feed 2 Factor 8 1 1.4985 2 0 0

Forming 4604 equations: 24 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 22 (more) singularities,

LogL=-11929.1 S2= 83.860 4297 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-11888.4 S2= 88.948 4297 df 0.1639E-01 0.1000E-01 1.000

LogL=-11887.3 S2= 89.468 4297 df 0.1749E-01 0.1000E-02 1.000

LogL=-11887.0 S2= 89.568 4297 df 0.1673E-01 0.1000E-04 1.000

LogL=-11886.9 S2= 89.591 4297 df 0.1625E-01 0.1000E-06 1.000

LogL=-11886.9 S2= 89.591 4297 df 0.1625E-01 0.1000E-06 1.000

Final parameter values 0.88601E-020.10000E-06 1.0000

Source	Model terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138 120	0.886005E-02	0.793785	1.41	-45 P
TagID	4442 4442	0.100000E-06	0.895915E-05	45.79	0 B
Variance	4317 4297	1.00000	89.5915	45.79	0 P

WARNING: Code B - fixed at a boundary (!GP)

C - Constrained by user (!CON)

S - Singular Information matrix

S means there is no information in the data for this parameter.

Very small components with Comp/SE ratios of zero sometimes indicate poor scaling. Consider rescaling the design matrix in such cases

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	7626.53	4.82	5.509
8 Feed	2	3.49	5.53	0.8679
5 CageNo	16	4.07	4.07	

	Solution	Standard Error	T-value	T-prev
5 CageNo				
3	3.07548	0.868892	3.54	
4	-3.00005	0.868627	-3.45	-4.94
5	-3.05040	0.869764	-3.51	-0.06
6	-1.48553	0.866069	-1.72	1.27

7	-0.453007	0.870574	-0.52	1.19
8	-3.48749	0.863286	-4.04	-2.47
9	-3.07494	0.869080	-3.54	0.48
11	-1.20331	0.849392	-1.42	
12	-3.27436	0.866989	-3.78	-1.71
13	-2.10860	0.876085	-2.41	1.33
14	-0.930676	0.873374	-1.07	0.95
15	-1.28538	0.877151	-1.47	-0.40
16	-2.64042	0.849386	-3.11	-1.11
17	-2.92186	0.874500	-3.34	-0.33
18	-1.02361	0.860476	-1.19	1.55
19	-0.216352	0.867757	-0.25	0.94

8 Feed

20	15.5970	6.77051	2.30	
21	17.5460	6.76982	2.59	2.25

7 Sex

22	7.68018	6.74242	1.14	
23	6.76657	6.74511	1.00	-2.91

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 4442 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

5.06

13 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 17:05:44.679 WARNING: LogL Converged; Parameters Not Converged

4 Total 1 0.7938 0.5613

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.0000 0.0000

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 16:46:31.342 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen17MBH

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen17MBH.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen17MBH.ped] has 4442 identities, 13111 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen17MBH.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of BHcm

Using 4317 records [of 4317 read from 4317 lines of NamsaiGen17MBH.dat]

Model term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1 TagID	4442	Direct	1	3.000	2294.	4442.	0	0
2 SireNo	4442	Direct	2	2.000	157.1	374.0	0	0
3 DamNo	4442	Direct	3	1.000	215.3	2971.	0	0

4 HapaNo 138 Factor 4 2 70.1031 138 0 0

WARNING - More levels found in CageNo than specified

5 CageNo 19 Factor 5 1 10.0269 19 0 0

6 BHcm 1 Variate 6 2.000 10.21 108.0 0 0

WARNING - Fewer levels found in Sex than specified

7 Sex 3 Factor 7 1 1.3303 2 2 0

8 Feed 2 Factor 8 1 1.4985 2 0 0

Forming 4604 equations: 24 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 22 (more) singularities,

LogL=-7744.74 S2= 11.960 4297 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-7705.61 S2= 12.730 4297 df 0.1176E-01 0.1000E-01 1.000

LogL=-7705.37 S2= 12.741 4297 df 0.8940E-02 0.1098E-01 1.000

LogL=-7705.31 S2= 12.750 4297 df 0.7281E-02 0.1147E-01 1.000

LogL=-7705.31 S2= 12.753 4297 df 0.6699E-02 0.1162E-01 1.000

Final parameter values 0.67060E-020.11622E-01 1.0000

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138	120	0.670595E-02	0.855233E-01	0.69	0 P
TagID	4442	4442	0.116220E-01	0.148219	0.64	0 P
Variance	4317	4297	1.00000	12.7533	41.94	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	10926.14	25.43	2.083
8 Feed	2	8.81	5.79	0.3283
5 CageNo	16	3.24	3.24	

	Solution	Standard Error	T-value	T-prev
5 CageNo				
3	0.510751	0.328727	1.55	
4	-0.889664	0.328633	-2.71	-3.01
5	-1.29206	0.329033	-3.93	-1.22
6	-0.535427	0.327663	-1.63	1.63
7	-0.470016E-01	0.329345	-0.14	1.49
8	-1.07811	0.326590	-3.30	-2.22
9	-1.17132	0.328799	-3.56	-0.28
11	-0.636230	0.321343	-1.98	
12	-1.23616	0.327992	-3.77	-1.31
13	-1.19003	0.331462	-3.59	0.14

14	-0.552836	0.330375	-1.67	1.36
15	-0.717204	0.331829	-2.16	-0.49
16	-1.41566	0.321295	-4.41	-1.51
17	-1.03904	0.330817	-3.14	1.16
18	-0.504328	0.325480	-1.55	1.15
19	0.770237E-01	0.328248	0.23	1.79

8 Feed

20	7.73418	2.55955	3.02	
21	8.18181	2.55931	3.20	1.36

7 Sex

22	3.18449	2.54894	1.25	
23	2.34878	2.54997	0.92	-7.04

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 4442 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

0.62

15 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 16:46:33.628 LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของความยาวตัวปลานิลที่ อายุ 7 เดือน

4 Total 1 0.2337 0.1456

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.0116 0.0184

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml น้ำหนักของปลานิล อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่น)

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 18:01:13.465 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1FMFeed7MWT

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen1FMFeed7MWT.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen1FMFeed7MWT.ped] has 2317 identities, 6734 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen1FMFeed7MWT.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of HarWt

Using 2165 records [of 2165 read from 4317 lines of NamsaiGen1FMFeed7MWT]

Model	term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1	TagID	2317	Direct	1	3.000	1232.	2317.	0	0
2	SireNo	2317	Direct	2	2.000	158.8	373.0	0	0
3	DamNo	2317	Direct	3	1.000	209.5	538.0	0	0
4	HapaNo	138	Factor	4	2	69.8120	138	0	0
	WARNING - More levels found in CageNo than specified								
5	CageNo	19	Factor	5	2	10.5746	19	0	0
6	HarWt	1	Variate	6	45.00	485.1	921.0	0	0
	WARNING - Fewer levels found in Sex than specified								
7	Sex	3	Factor	7	1	1.3404	2	1	0
	WARNING - Fewer levels found in Feed than specified								
8	Feed	2	Factor	8	1	1.0000	1	0	0

Forming 2479 equations: 24 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 31 (more) singularities,

LogL=-10987.1 S2= 8585.8 2154 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-10978.1 S2= 8295.1 2154 df 0.1135 0.1403 1.000

LogL=-10967.5 S2= 7762.5 2154 df 0.1369 0.2385 1.000

LogL=-10961.3 S2= 7066.3 2154 df 0.1584 0.4164 1.000

LogL=-10959.3 S2= 6302.8 2154 df 0.1698 0.6790 1.000

LogL=-10959.1 S2= 6048.5 2154 df 0.1738 0.7838 1.000

LogL=-10959.1 S2= 6060.2 2154 df 0.1766 0.7780 1.000

Final parameter values 0.17674 0.77800 1.0000

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138	120	0.176738	1071.07	1.49	0 P
TagID	2317	2317	0.777995	4714.79	2.84	0 P
Variance	2165	2154	1.00000	6060.18	7.07	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	2877.57	382.84	77.01
8 Feed	1	21.13	23.14	94.64
5 CageNo	8	17.76	17.76	

Solution	Standard Error	T-value	T-prev
5 CageNo			

3	-23.9759	8.44782	-2.84	
6	-59.6463	8.42318	-7.08	
7	-43.5011	8.47291	-5.13	1.91
11	-71.4981	8.26237	-8.65	
14	-54.9389	8.52724	-6.44	
15	-78.8773	8.52949	-9.25	-2.79
18	-67.9913	8.38095	-8.11	
19	-40.0874	8.47010	-4.73	3.35

8 Feed

20	455.237	94.6436	4.81

7 Sex

22	119.613	94.2423	1.27	
23	-4.59450	94.2812	-0.05	-27.66

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 2317 effects fitted

8 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 18:01:36.337 LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักปลานิลที่ อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่น)

4 Total 1 5786. 1182.

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.7780 0.3804

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ความยาวของปลานิล อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่น)

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 17:45:39.690 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1FMFeed7MTL

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen1FMFeed7MTL.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen1FMFeed7MTL.ped] has 2317 identities, 6734 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen1FMFeed7MTL.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of TLcm

Using 2165 records [of 2165 read from 4317 lines of NamsaiGen1FMFeed7MTL]

Model	term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1	TagID	2317	Direct	1	3.000	1232.	2317.	0	0
2	SireNo	2317	Direct	2	2.000	158.8	373.0	0	0
3	DamNo	2317	Direct	3	1.000	209.5	538.0	0	0
4	HapaNo	138	Factor	4	2	69.8120	138	0	0
	WARNING - More levels found in CageNo than specified								
5	CageNo	19	Factor	5	2	10.5746	19	0	0
6	TLcm	1	Variate	6	12.00	22.57	233.0	0	0
	WARNING - Fewer levels found in Sex than specified								
7	Sex	3	Factor	7	1	1.3404	2	1	0
	WARNING - Fewer levels found in Feed than specified								
8	Feed	2	Factor	8	1	1.0000	1	0	0

Forming 2479 equations: 24 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 31 (more) singularities,

LogL=-5979.49 S2= 82.130 2154 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-5960.82 S2= 87.055 2154 df 0.4809E-01 0.1098E-01 1.000

LogL=-5956.16 S2= 88.587 2154 df 0.2387E-01 0.1098E-02 1.000

LogL=-5955.39 S2= 89.230 2154 df 0.1430E-01 0.1098E-04 1.000

LogL=-5955.32 S2= 89.466 2154 df 0.1096E-01 0.1098E-06 1.000

LogL=-5955.32 S2= 89.485 2154 df 0.1071E-01 0.1098E-05 1.000

Final parameter values 0.10676E-010.10979E-04 1.0000

Source	Model terms		Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138	120	0.106760E-01	0.955341	0.63	0 P
TagID	2317	2317	0.109789E-04	0.982439E-03	0.00	900 P
Variance	2165	2154	1.00000	89.4846	29.09	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	5142.24	1.41	7.781
8 Feed	1	5.53	4.08	9.542
5 CageNo	8	5.13	5.13	

	Solution	Standard Error	T-value	T-prev
5 CageNo				
3	3.04550	0.868807	3.51	
6	-1.50241	0.865810	-1.74	

7 -0.473892 0.869964 -0.54 1.19

11 -1.23602 0.849015 -1.46

14 -0.935084 0.873169 -1.07

15 -1.28542 0.876589 -1.47 -0.40

18 -1.04288 0.860110 -1.21

19 -0.242013 0.867538 -0.28 0.93

8 Feed

20 19.2780 9.54243 2.02

7 Sex

22 3.95426 9.52325 0.42

23 3.24308 9.52688 0.34 -1.63

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 2317 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

6.12

6 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 17:55:26.514 WARNING: LogL Converged; Parameters Not Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของความยาวตัวปลานิลที่อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่น)

4 Total 1 0.9563 1.494

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.0000 0.0285

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของความสูงตัวปลานิล อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่น)

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 17:40:56.251 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1FMFeed7MBH

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen1FMFeed7MBH.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen1FMFeed7MBH.ped] has 2317 identities, 6734 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen1FMFeed7MBH.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of BHcm

Using 2165 records [of 2165 read from 4317 lines of NamsaiGen1FMFeed7MBH]

Model term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1 TagID	2317	Direct	1	3.000	1232.	2317.	0	0
2 SireNo	2317	Direct	2	2.000	158.8	373.0	0	0
3 DamNo	2317	Direct	3	1.000	209.5	538.0	0	0
4 HapaNo	138	Factor	4	2	69.8120	138	0	0
WARNING - More levels found in CageNo than specified								
5 CageNo	19	Factor	5	2	10.5746	19	0	0
6 BHcm	1	Variate	6	4.600	10.37	100.0	0	0
WARNING - Fewer levels found in Sex than specified								
7 Sex	3	Factor	7	1	1.3404	2	1	0
WARNING - Fewer levels found in Feed than specified								
8 Feed	2	Factor	8	1	1.0000	1	0	0

Forming 2479 equations: 24 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 31 (more) singularities,

LogL=-4074.06 S2= 14.001 2154 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-4055.77 S2= 14.304 2154 df 0.1276E-01 0.8887E-01 1.000

LogL=-4051.31 S2= 14.708 2154 df 0.1276E-02 0.5381E-01 1.000

LogL=-4050.80 S2= 14.797 2154 df 0.1276E-04 0.4662E-01 1.000

LogL=-4050.72 S2= 14.817 2154 df 0.1276E-06 0.4487E-01 1.000

LogL=-4050.28 S2= 15.087 2154 df 0.1276E-06 0.2275E-01 1.000

LogL=-4050.27 S2= 15.054 2154 df 0.1276E-06 0.2524E-01 1.000

Final parameter values 0.12756E-060.25404E-01 1.0000

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138	120	0.127557E-06	0.192025E-05	29.30	0 B
TagID	2317	2317	0.254040E-01	0.382434	1.46	0 P
Variance	2165	2154	1.00000	15.0541	29.30	0 P

WARNING: Code B - fixed at a boundary (!GP)

C - Constrained by user (!CON)

S - Singular Information matrix

S means there is no information in the data for this parameter.

Very small components with Comp/SE ratios of zero sometimes indicate poor scaling. Consider rescaling the design matrix in such cases

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	5456.93	7.79	3.213
8 Feed	1	6.96	6.22	3.940

5 CageNo 8 2.71 2.71

Solution Standard Error T-value T-prev

5 CageNo

3 0.504973 0.358592 1.41

6 -0.549917 0.357374 -1.54

7 -0.491288E-01 0.359091 -0.14 1.40

11 -0.637195 0.350428 -1.82

14 -0.553507 0.360430 -1.54

15 -0.719014 0.361792 -1.99 -0.46

18 -0.512313 0.354961 -1.44

19 0.653620E-01 0.358080 0.18 1.63

8 Feed

20 9.83019 3.94012 2.49

7 Sex

22 1.05675 3.93207 0.27

23 0.344894 3.93367 0.09 -3.94

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 2317 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

0.86

7 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 17:40:59.058 LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของความสูงตัวปลานิลที่อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่มีปลาป่น)

4 Total 1 0.3824 0.2620

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.0254 0.0178

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักตัวปลานิล อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่ไม่มีปลาป่น)

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 18:44:29.165 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1NFMFeed7MWT

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen1NFMFeed7MWT.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen1NFMFeed7MWT.ped] has 2312 identities, 6718 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen1NFMFeed7MWT.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of HarWt

Using 2152 records [of 2152 read from 2152 lines of NamsaiGen1NFMFeed7MW]

Model term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1 TagID	2312	Direct	1	3.000	1230.	2312.	0	0
2 SireNo	2312	Direct	2	2.000	158.1	374.0	0	0
3 DamNo	2312	Direct	3	1.000	216.1	1765.	0	0
4 HapaNo	138	Factor	4	2	70.3959	138	0	0
WARNING - Fewer levels found in CageNo than specified								
5 CageNo	18	Factor	5	1	9.4758	17	0	0
6 HarWt	1	Variate	6	35.00	457.6	894.0	0	0
WARNING - Fewer levels found in Sex than specified								
7 Sex	3	Factor	7	1	1.3202	2	1	0
8 Feed	2	Factor	8	2	2.0000	2	0	0

Forming 2473 equations: 23 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 30 (more) singularities,

LogL=-10851.4 S2= 8042.4 2141 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-10842.2 S2= 7802.8 2141 df 0.1193 0.1296 1.000

LogL=-10831.4 S2= 7385.1 2141 df 0.1568 0.1993 1.000

LogL=-10825.2 S2= 6876.2 2141 df 0.2028 0.3182 1.000

LogL=-10823.3 S2= 6358.3 2141 df 0.2481 0.4764 1.000

LogL=-10823.2 S2= 6223.5 2141 df 0.2655 0.5225 1.000

LogL=-10823.2 S2= 6237.5 2141 df 0.2685 0.5164 1.000

Final parameter values 0.26866 0.51642 1.0000

Source	Model terms		Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138	120	0.268663	1675.78	2.27	0 P
TagID	2312	2312	0.516415	3221.12	2.06	0 P
Variance	2152	2141	1.00000	6237.46	7.67	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	3007.17	438.79	74.84
8 Feed	1	1.09	2.67	91.93
5 CageNo	8	12.19	12.19	

	Solution	Standard Error	T-value	T-prev
5 CageNo				
4	-36.3412	8.16426	-4.45	
5	-43.9484	8.18679	-5.37	-0.93

8 -54.2072 8.11682 -6.68

9 -56.0476 8.17065 -6.86 -0.23

12 -64.2900 8.15891 -7.88

13 -42.7493 8.24589 -5.18 2.61

16 -66.2473 8.01309 -8.27

17 -36.2114 8.23150 -4.40 3.73

8 Feed

20 150.336 91.9328 1.64

7 Sex

21 393.270 91.5840 4.29

22 264.632 91.6299 2.89 -29.37

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 2312 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

0.87

9 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 18:44:41.359 LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของน้ำหนักตัวปลานิลที่อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่ไม่มีปลาป่น)

4 Total 1 4897. 1080.

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.5164 0.3156

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของความยาวตัวปลานิล อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่ไม่มีปลาป่น)

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 18:55:35.872 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1NFMFeed7MTL

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen1NFMFeed7MTL.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen1NFMFeed7MTL.ped] has 2312 identities, 6718 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen1NFMFeed7MTL.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of TLcm

Using 2152 records [of 2152 read from 2152 lines of NamsaiGen1NFMFeed7MT]

Model term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1 TagID	2312	Direct	1	3.000	1230.	2312.	0	0
2 SireNo	2312	Direct	2	2.000	158.1	374.0	0	0
3 DamNo	2312	Direct	3	1.000	216.1	1765.	0	0
4 HapaNo	138	Factor	4	2	70.3959	138	0	0
WARNING - Fewer levels found in CageNo than specified								
5 CageNo	18	Factor	5	1	9.4758	17	0	0
6 TLcm	1	Variate	6	9.800	22.31	241.0	0	0
WARNING - Fewer levels found in Sex than specified								
7 Sex	3	Factor	7	1	1.3202	2	1	0
8 Feed	2	Factor	8	2	2.0000	2	0	0

Forming 2473 equations: 23 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 30 (more) singularities,

LogL=-5952.30 S2= 82.764 2141 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-5939.81 S2= 87.221 2141 df 0.7575E-01 0.1000E-01 1.000

LogL=-5931.18 S2= 88.874 2141 df 0.3454E-01 0.1000E-02 1.000

LogL=-5929.87 S2= 89.380 2141 df 0.2509E-01 0.1000E-04 1.000

LogL=-5929.60 S2= 89.529 2141 df 0.2235E-01 0.1000E-06 1.000

LogL=-5929.60 S2= 89.529 2141 df 0.2235E-01 0.1000E-06 1.000

Final parameter values 0.11157E-010.10000E-06 1.0000

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo		138	120	0.111566E-01	0.998834	1.00 -50 P
TagID		2312	2312	0.100000E-06	0.895286E-05	31.89 0 B
Variance		2152	2141	1.00000	89.5286	31.89 0 P

WARNING: Code B - fixed at a boundary (!GP)

C - Constrained by user (!CON)

S - Singular Information matrix

S means there is no information in the data for this parameter.

Very small components with Comp/SE ratios of zero sometimes indicate poor scaling. Consider rescaling the design matrix in such cases

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	4259.76	4.30	7.815
8 Feed	1	1.27	2.08	9.583
5 CageNo	8	2.96	2.96	

Solution Standard Error T-value T-prev

5 CageNo

4 -2.99213 0.868865 -3.44

5 -3.04496 0.870143 -3.50 -0.06

8 -3.48342 0.863546 -4.03

9 -3.07110 0.869781 -3.53 0.48

12 -3.27708 0.867294 -3.78

13 -2.10269 0.876226 -2.40 1.34

16 -2.59212 0.850349 -3.05

17 -2.89148 0.874812 -3.31 -0.35

8 Feed

20 13.8169 9.58324 1.44

7 Sex

21 11.4966 9.56426 1.20

22 10.2931 9.56871 1.08 -2.69

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 2312 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

6.58

7 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 18:55:40.652 WARNING: LogL Converged; Parameters Not Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของความยาวตัวปลานิลที่อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่ไม่มีปลาป่น)

4 Total 1 0.9988 0.9966

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.0000 0.0000

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยโปรแกรม Asreml ของความกว้างตัวปลานิล อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่ไม่มีปลาป่น)

ASREML [16 Mar 2000] Tilapia Namsai Gen1-2018

18 Apr 2019 18:08:27.568 8.00 Mbyte MSWIN NamsaiGen1NFMFeed7MBH

****

* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *

* convergence monitoring of parameters to .res file *

********** ARG *

Reading pedigree file NamsaiGen1NFMFeed7MBH.ped : skipping 1 lines

PEDIGREE [NamsaiGen1NFMFeed7MBH.ped] has 2312 identities, 6718 Non zero elements

QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT 50 !ASUV

Reading NamsaiGen1NFMFeed7MBH.dat FREE FORMAT skipping 1 lines

Univariate analysis of BHcm

Using 2152 records [of 2152 read from 2152 lines of NamsaiGen1NFMFeed7MB]

Model term	Size	Type	COL	Minimum	Mean	Maximum	#zero	#miss
1 TagID	2312	Direct	1	3.000	1230.	2312.	0	0
2 SireNo	2312	Direct	2	2.000	158.1	374.0	0	0
3 DamNo	2312	Direct	3	1.000	216.1	1765.	0	0
4 HapaNo	138	Factor	4	2	70.3959	138	0	0
WARNING - Fewer levels found in CageNo than specified								
5 CageNo	18	Factor	5	1	9.4758	17	0	0
6 BHcm	1	Variate	6	2.000	10.06	108.0	0	0
WARNING - Fewer levels found in Sex than specified								
7 Sex	3	Factor	7	1	1.3202	2	1	0
8 Feed	2	Factor	8	2	2.0000	2	0	0

Forming 2473 equations: 23 dense

Initial updates will be shrunk by factor 0.245

NOTICE: 30 (more) singularities,

LogL=-3635.13 S2= 9.5013 2141 df 0.1000 0.1000 1.000

LogL=-3620.38 S2= 9.9427 2141 df 0.4619E-01 0.3574E-01 1.000

LogL=-3615.64 S2= 10.133 2141 df 0.1666E-01 0.2579E-01 1.000

LogL=-3615.23 S2= 10.194 2141 df 0.9434E-02 0.2404E-01 1.000

LogL=-3615.21 S2= 10.211 2141 df 0.7393E-02 0.2375E-01 1.000

LogL=-3615.21 S2= 10.210 2141 df 0.7397E-02 0.2384E-01 1.000

Final parameter values 0.73938E-020.23843E-01 1.0000

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
HapaNo	138	120	0.739381E-02	0.754930E-01	0.40	0 P
TagID	2312	2312	0.238432E-01	0.243446	0.67	0 P
Variance	2152	2141	1.00000	10.2103	27.46	0 P

Analysis of Variance	DF	F-incr	F-adj	StndErrDiff
7 Sex	2	7028.08	21.81	2.652
8 Feed	1	2.37	3.58	3.252
5 CageNo	8	4.00	4.00	

	Solution	Standard Error	T-value	T-prev
		5 CageNo		
4	-0.899030	0.295132	-3.05	
5	-1.29517	0.295513	-4.38	-1.34
8	-1.08340	0.293284	-3.69	
9	-1.17288	0.295433	-3.97	-0.30
12	-1.24060	0.294573	-4.21	

13 -1.18870 0.297635 -3.99 0.17

16 -1.40227 0.288771 -4.86

17 -1.04300 0.297097 -3.51 1.23

8 Feed

20 6.15289 3.25187 1.89

7 Sex

21 5.26230 3.24536 1.62

22 4.28644 3.24690 1.32 -6.42

4 HapaNo 120 effects fitted

1 TagID 2312 effects fitted

SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section 1

2.55

10 possible outliers: see .res file

Finished: 18 Apr 2019 18:08:32.362 LogL Converged

ผลการวิเคราะห์การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม Asreml ของความกว้างตัวปลานิลที่อายุ 7 เดือน (เลี้ยงด้วยอาหารที่ไม่มีปลาป่น)

4 Total 1 0.3189 0.2246

Heritability = TagID 2/Variance 3= 0.0238 0.0358

ผลการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ ด้วยโปรแกรม SAS ของน้ำหนักปลานิล ระหว่างอายุ 3 เดือน กับ 7 เดือน

The SAS System

The CORR Procedure

2 Variables: EBVWT3M EBVWT7M

Simple Statistics

Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
EBVWT3M	4271	0.0006869	0.03274	2.93367	-0.06373	0.36390
EBVWT7M	4271	0.45503	34.09475	1943	-122.00000	113.70000

Pearson Correlation Coefficients, N = 4271

Prob > |r| under H0: Rho=0

	EBVWT3M	EBVWT7M
EBVWT3M	1.00000	0.02310 0.1312
EBVWT7M	0.02310 0.1312	1.00000

ผลการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ ด้วยโปรแกรม SAS ของน้ำหนักตัว ความยาวตัว และความกว้างตัวปลานิล เมื่ออายุ 7 เดือน

The SAS System

The CORR Procedure

3 Variables: EBVWT7M EBVTL7M EBVBH7M

Simple Statistics

Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
EBVWT7M	4271	0.45503	34.09475	1943	-122.00000	113.70000
EBVTL7M	4271	1.87129E-8	2.39788E-6	0.0000799	-4.788E-6	0.0000183
EBVBH7M	4271	0.0005790	0.11826	2.47292	-0.31930	0.90870

Pearson Correlation Coefficients, N = 4271

Prob > |r| under H0: Rho=0

	EBVWT7M	EBVTL7M	EBVBH7M
EBVWT7M	1.00000	0.44325 <.0001	0.56053 <.0001
EBVTL7M	0.44325 <.0001	1.00000	0.36220 <.0001
EBVBH7M	0.56053 <.0001	0.36220 <.0001	1.00000

ผลการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ ด้วยโปรแกรม SAS ของน้ำหนักตัวปลานิล เมื่ออายุ 7 เดือน (ระหว่างให้อาหารที่มีปลาป่นและไม่มีป่น)

The SAS System

The CORR Procedure

2 Variables: EBVWT7MFM EBVWT7MNFM

Simple Statistics

Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
EBVWT7MFM	170	-0.0007988	44.09197	-0.13580	-136.30000	110.50000
EBVWT7MNFM	170	0.26369	30.33097	44.82790	-96.00000	95.23000

Pearson Correlation Coefficients, N = 170

Prob > |r| under H0: Rho=0

	EBVWT7MFM	EBVWT7MNFM
EBVWT7MFM	1.00000	0.90807 <.0001
EBVWT7MNFM	0.90807 <.0001	1.00000

ผลการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ ด้วยโปรแกรม SAS ของความยาวตัวปลานิล เมื่ออายุ 7 เดือน (ระหว่างให้อาหารที่มีปลาป่นและไม่มีป่น)

The SAS System

The CORR Procedure

2 Variables: EBVTL7MFM EBVTL7MNFM

Simple Statistics

Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
EBVTL7MFM	170	-1E-10	0.0000238	-1.7E-8	-0.0000448	0.0001088
EBVTL7MNFM	170	1.85059E-9	1.82459E-6	3.146E-7	-3.871E-6	8.309E-6

Pearson Correlation Coefficients, N = 170

Prob > |r| under H0: Rho=0

	EBVTL7MFM	EBVTL7MNFM
EBVTL7MFM	1.00000	0.09300 0.2277
EBVTL7MNFM	0.09300 0.2277	1.00000

ผลการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ ด้วยโปรแกรม SAS ของความกว้างตัวปลานิล เมื่ออายุ 7 เดือน (ระหว่างให้อาหารที่มีปลาป่นและไม่มีป่น)

The SAS System

The CORR Procedure

2 Variables: EBVBH7MFM EBVBH7MNFM

Simple Statistics

Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
EBVBH7MFM	170	-1.7647E-6	0.21426	-0.0003000	-0.54060	0.95510
EBVBH7MNFM	170	0.0002044	0.15936	0.03475	-0.40110	0.90850

Pearson Correlation Coefficients, N = 170

Prob > |r| under H0: Rho=0

	EBVBH7MFM	EBVBH7MNFM
EBVBH7MFM	1.00000	0.15423 0.0446
EBVBH7MNFM	0.15423 0.0446	1.00000

ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ-สกุล	นางสาวปุญชรัศมิ์ มีแก้ว
เกิดเมื่อ	06 สิงหาคม 2534
ประวัติการศึกษา	พ.ศ. 2557 ปริญญาตรี สาขาวิชาการประมง มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จังหวัดเชียงใหม่ พ.ศ. 2553 มัธยมศึกษาตอนปลาย โรงเรียนแม่ริมวิทยาคม จังหวัดเชียงใหม่ พ.ศ. 2550 มัธยมศึกษาตอนต้น โรงเรียนแม่ริมวิทยาคม จังหวัดเชียงใหม่
ประวัติการทำงาน	กันยายน 2557 – ธันวาคม 2557 พนักงานบริษัทเอกชน แผนก ผลิต บริษัท ทิปโก้ มหาชน จำกัด (น้ำแร่ออรา) มกราคม 2558-กรกฎาคม 2559 นักวิชาการ/ผู้ช่วยนักวิจัย ศูนย์วิจัยและพัฒนาสัตว์น้ำจืดเชียงใหม่ (กรมประมง) สิงหาคม 2559-ปัจจุบัน กำลังศึกษาในระดับปริญญาโท มหาวิทยาลัยแม่โจ้ จ.เชียงใหม่