

แนวโน้มทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ที่ลักษณะ  
และร่วมหลายลักษณะของลักษณะน้ำหนักตัวในโคברהห์มัน

## Genetic Trend and Breeding Value from Univariate and Multivariate Analysis of Body Weight in Brahman

สมพร โชคเจริญ<sup>1/</sup> มนต์ชัย ดวงจินดา<sup>1/</sup> สุภร กตเวทิน<sup>1/</sup> วิโรจน์ ภัทรจินดา<sup>1/</sup> และเอก วิฑูรพงษ์<sup>2/</sup>  
Sompom Chokcharoen, Monchai Duangjinda, Suporn Katavatin, Virote Patarajinda and Ek Vitoonpong

<sup>1/</sup> ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น 40002

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kean University, Khon Kean 40002

<sup>2/</sup> กองบำรุงพันธุ์สัตว์ กรมปศุสัตว์ พญาไท กรุงเทพฯ 10400

Department of Livestock Development, Bangkok Thailand 10400

### Abstract

The purposes of this study were to compare genetic trend, correlation and accuracy of breeding value from univariate and multivariate analysis. Traits used in the analysis were birth weight, weaning weight, and yearling weight using 18,928-pedigree animal of Brahman from Department of Livestock Development (DLD) from 1978 to 2001 were used in this study. Restriction Maximum Likelihood (REML) estimated genetic parameters. Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) using BULPF90 PC-PAK 2.02 program, predicted breeding value and genetic trend. The results of this study were higher genetic trend and accuracy of breeding value from multivariate analysis in weaning and yearling weight because it was positive correlations for adjust. Then birth weight were effect for weaning and yearling weight but weaning and yearling weight were no effect for birth weight. The best of multivariate analysis can predicted of breeding value in missing trait by correlate between trait and relationship of animal.

**Keyword:** Genetic trend, Breeding Value, accuracy, Univariate and Multivariate analysis, Brahman.

### บทคัดย่อ

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาแนวโน้มทางพันธุกรรม ความสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์ และความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ ที่ได้จากการวิเคราะห์ที่ลักษณะ และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะของลักษณะน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี (400 วัน) ของโคברהห์มัน โดยใช้ข้อมูลโคברהห์มันจำนวน 18,928 ตัว ของกรมปศุสัตว์ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2521- 2544 นำมาวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรม โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ทำนายค่าการผสมพันธุ์ แนวโน้มทางพันธุกรรม และความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BULPF90 PC-PAK 2.02 ผลการศึกษา

พบว่า การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ จะส่งผลให้มีผลตอบสนองต่อการคัดเลือก แนวโน้มทางพันธุกรรม และความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์สูงกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ โดยเฉพาะน้ำหนักรีดนม และเมื่ออายุ 1 ปี เนื่องจากการปรับด้วยความสัมพันธ์กันระหว่างลักษณะ และมีความสัมพันธ์กันในเชิงบวก โดยน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม จะส่งผลต่อการแสดงออกของน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี แต่น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี จะไม่มีโอกาสส่งผลต่อการแสดงออกของน้ำหนักเมื่อแรกเกิด และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะจะสามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ของอีกลักษณะหนึ่งซึ่งอาจจะไม่มีข้อมูลของลักษณะนั้น ๆ ได้ โดยอาศัยความสัมพันธ์กันระหว่างลักษณะ และความสัมพันธ์กันทางสายเลือด

**คำสำคัญ:** แนวโน้มทางพันธุกรรม, ค่าการผสมพันธุ์, ความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์, การวิเคราะห์ทีละลักษณะและหลายลักษณะ และโคברהห์มัน

## คำนำ

การประมาณความแปรปรวนโดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดย (Patterson and Thompson, 1971) และการประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) โดย Henderson (1973) เป็นเทคนิคที่นิยมใช้ในปัจจุบัน ซึ่งจะใช้ข้อมูลจากหลายแหล่งในการประเมิน และสามารถปรับปัจจัยคงที่ (fixed effect) ร่วมกับปัจจัยสุ่ม (random effect) มีการปรับซ้ำไม่เท่ากัน และใช้ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ในการประเมิน ในการประเมินสามารถประเมินได้ที่ละลักษณะ (single trait) หรือหลายลักษณะ (multiple trait) ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ประเมินได้จากเทคนิค BLUP เป็นค่าที่ได้ใกล้เคียงกับค่าจริงของประชากรสูงสุด (unbiased) และมีความคลาดเคลื่อนต่ำที่สุด (minimum error variance) (Mrode, 1996) และเมื่อมีข้อมูลเพิ่มมากขึ้นก็จะให้ความแม่นยำ (accuracy) เพิ่มสูงขึ้น (Sivarajasingam et al., 1998)

การประเมินพันธุกรรมของสัตว์จากหลายลักษณะพร้อมกัน (multiple traits) จะช่วยเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือก (accuracy) และเป็นการประเมินที่ไม่เอนเอียง (unbiased) เนื่องจากการปรับด้วยค่าสหสัมพันธ์ร่วมระหว่างลักษณะ (Henderson and Quaas, 1976 และ Sivarajasingam et al., 1998) นอกจากนี้การประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ (herd sire interaction) จะส่งผลทำให้เพิ่มความเชื่อมั่นให้กับโมเดลมากขึ้น และจะมีผลทำให้อัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง และสหสัมพันธ์ของอิทธิพลจากยีนโดยตรง และยีนที่ผ่านทางแม่ลดต่ำลง (Meyer, 1997; Baschnagel et al., 1999) โดย Buchanan and Nielsen (1979) กล่าวว่าอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์มีนัยสำคัญมากกับลักษณะน้ำหนักรีดนม

ค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้ จะใช้ในการจัดลำดับของสัตว์ในฝูง โดยสัตว์ตัวใดที่มีค่าสูงกว่าค่าเฉลี่ยจะให้ค่าเป็นบวก และถ้าต่ำกว่าค่าเฉลี่ยจะให้ค่าเป็นลบ ดังนั้นค่าเฉลี่ยของค่าการผสมพันธุ์จึง

ควรจะทำกับศูนย์ หรือใกล้เคียงกับศูนย์ และสามารถใช้อำนาจผสมพันธุ์เฉลี่ยในแต่ละปีเกิด (year of birth) หรือแต่ละรุ่น (generation) ไปสร้างกราฟเพื่อดูแนวโน้ม หรือความก้าวหน้าของการคัดเลือกที่ผ่านมาได้ (genetic trend) ว่ามีการเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางที่เพิ่มขึ้น หรือลดลงอย่างไร (Bourdon, 2000) ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อ เปรียบเทียบแนวโน้มทางพันธุกรรม และการจัดลำดับของค่าการผสมพันธุ์ และความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ที่ลักษณะ และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ ของลักษณะน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี (400 วัน) ของโคบราห์มัน

### วิธีการศึกษา

#### ข้อมูลที่ใช้วิเคราะห์

ใช้ข้อมูลโคบราห์มันที่เลี้ยงในหน่วยงานของกรมปศุสัตว์ซึ่งประกอบด้วยน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี (400 วัน) จากโคบราห์มันตั้งแต่ปี พ.ศ.2520 ถึง พ.ศ.2544 ประกอบด้วยข้อมูลตัวสัตว์รวมพันธุ์ประวัติ จำนวน 18,928 ตัว (Table 1.) ในการวิเคราะห์จะทำการวิเคราะห์ที่ลักษณะ และการวิเคราะห์ร่วมสามลักษณะ ดังนี้คือ

**Table 1.** Characteristics of data structure analysis and body weight record in Brahman cattle.

Traits	N	Average	Std
Animal with record	13,737	-	-
Animal in pedigree	18,928	-	-
Herd-sire interaction	2,759	-	-
Contemporary groups at birth	2,340	-	-
Contemporary groups at weaning	1,214	-	-
Contemporary groups at yearling	444	-	-
Birth weight records (kg)	10,849	27.27	3.80
Weaning weight records (kg)	8,921	158.80	27.85
Yearling weight records (kg)	747	222.89	44.17

**โมเดลที่ 1.** การวิเคราะห์ที่ลักษณะ โดยศึกษาที่ลักษณะ โดยมีรูปแบบสมการเส้นตรงแบบหุ่นผสมของน้ำหนักเมื่อแรกเกิด น้ำหนักเมื่อหย่านม และ น้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปีดังแสดงในสมการ ที่ [1], [2] และ [3] ตามลำดับ

$$y = Xb + Za + Wc + e \text{ โดยมี } \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad [1]$$

$$y = Xb + Za + Mm + Wc + e \text{ โดยมี } \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad [2]$$

$$y = Xb + Za + e \text{ โดยมี } \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad [3]$$

**โมเดลที่ 2** การวิเคราะห์ห้ร่วมสามลักษณะ โดยทำการวิเคราะห์ในสามลักษณะไปพร้อมกัน คือน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักเมื่อหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี มีรูปแบบสมการเส้นตรงแบบหุ้ผสม ดังสมการที่ [4]

$$\begin{aligned} y_1 &= X_1b_1 + Z_1a_1 + W_1c_1 + e \\ y_2 &= X_2b_2 + Z_2a_2 + M_2m_2 + W_2c_2 + e \end{aligned} \quad [4]$$

$$y_3 = X_3b_3 + Z_3a_3 + e$$

$$\text{โดยมี } \text{Var} = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ m_2 \\ c_1 \\ c_2 \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a11} & A\sigma_{a12} & A\sigma_{a13} & A\sigma_{am12} & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a21} & A\sigma_{a22} & A\sigma_{a23} & A\sigma_{am22} & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a31} & A\sigma_{a32} & A\sigma_{a33} & A\sigma_{am32} & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{ma21} & A\sigma_{ma22} & A\sigma_{ma23} & A\sigma_{m22}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{c11}^2 & I\sigma_{c12} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{c21} & I\sigma_{c22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_c^2 \end{bmatrix}$$

**โมเดลที่ 3** การวิเคราะห์ห้ร่วมสามลักษณะที่ประเมินฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ร่วมด้วย โดยรายละเอียดคล้ายกับโมเดลที่ [4] แต่เพิ่มการประเมินอิทธิพลห้ร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ (herd sire interaction) ร่วมในโมเดล โดยมีโครงสร้างของความแปรปรวนของ ฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ดังต่อไปนี้

$$\text{Var} \begin{bmatrix} hs_1 \\ hs_2 \\ hs_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_{hs_1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{hs_2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{hs_3}^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ  $y$  = vector of observation,  $b$  = vector of fixed effect,  $a$  = vector of direct genetic effect,  $m$  = vector of maternal genetic effect,  $c$  = vector of maternal permanent environment effect,  $e$  = เวกเตอร์ของ residual error,  $A$  = relationship matrix,  $I$  = Identity matrix,  $X, Z, W$  = Incident matrix ของอิทธิพลที่เกิดจาก fixed, direct genetic และ maternal permanent environment effect,  $\sigma_a^2$  = direct

genetic variance,  $\sigma_m^2$  = maternal genetic variance,  $\sigma_{am}$  = direct and maternal correlation,  $\sigma_c^2$  = maternal permanent environment variance,  $\sigma_e^2$  = error variance,  $\sigma_{hs}^2$  = herd sire interaction variance และ 1, 2, 3 = birth weight, weaning weight และ yearling weight ตามลำดับ

### การวิเคราะห์ข้อมูล

การวิเคราะห์แนวโน้มทางพันธุกรรมจากข้อมูลที่มีอยู่ ทำการประเมินความแปรปรวนโดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) (Patterson and Thompson, 1971) มีการปรับปัจจัยคงที่ประกอบด้วยเพศ ผู้จัดการ วัน เดือนปีที่ซึ่งน้ำหนัก ลำดับการคลอด และอายุแม่เมื่อคลอด (linear and quadratic covariate) การวิเคราะห์ที่ลักษณะใช้โมเดลที่ไม่มีการประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างผู้จัดการและพ่อพันธุ์ (herd sire interaction) ซึ่งเป็นโมเดลที่นิยมใช้ในปัจจุบัน ส่วนวิเคราะห์ร่วมสามลักษณะใช้ทั้งสองโมเดล คือ โมเดลที่มี และไม่มีการประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างผู้จัดการและพ่อพันธุ์ จากนั้นทำการประมาณค่าการผสมพันธุ์ แนวโน้มทางพันธุกรรม และความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ (Accuracy) ตามโมเดลที่ 1, 2 และ 3 โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PC-PAK 2.02 (Duangjinda et al., 2002) ดังนี้คือ

1. ค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณได้นำมาหาค่าเฉลี่ยแต่ละปี และนำมาสร้างกราฟเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแต่ละโมเดล วิเคราะห์หาความก้าวหน้าทางพันธุกรรมโดยเฉลี่ย และหาความสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ที่ลักษณะและหลายลักษณะ ว่าใกล้เคียงกัน และมีลำดับที่แตกต่างกันหรือไม่ ด้วยวิธี Pearson correlation และ Spearman rank correlation

2. การเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของ Accuracy ที่ได้จากการวิเคราะห์ในแต่ละโมเดล โดยหาค่าเฉลี่ยของ Accuracy ในแต่ละปีนำมาสร้างกราฟเพื่อเปรียบเทียบความแตกต่างของแต่ละโมเดล โดยค่า Accuracy สามารถคำนวณได้จากโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PC-PAK 2.02 ดังนี้

$$ACC = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_a^2}}$$

เมื่อ  $PEV = \text{diag}\{c^{ii}\} \sigma_e^2$

$\text{diag}\{c^{ii}\}$  = diagonal of Henderson mixed model equations

$\sigma_a^2$  = direct genetic variance

$\sigma_e^2$  = error variance

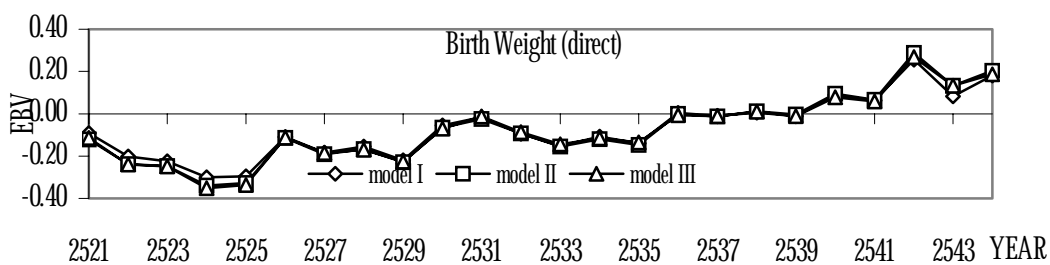
## ผลและวิจารณ์ผลการศึกษา

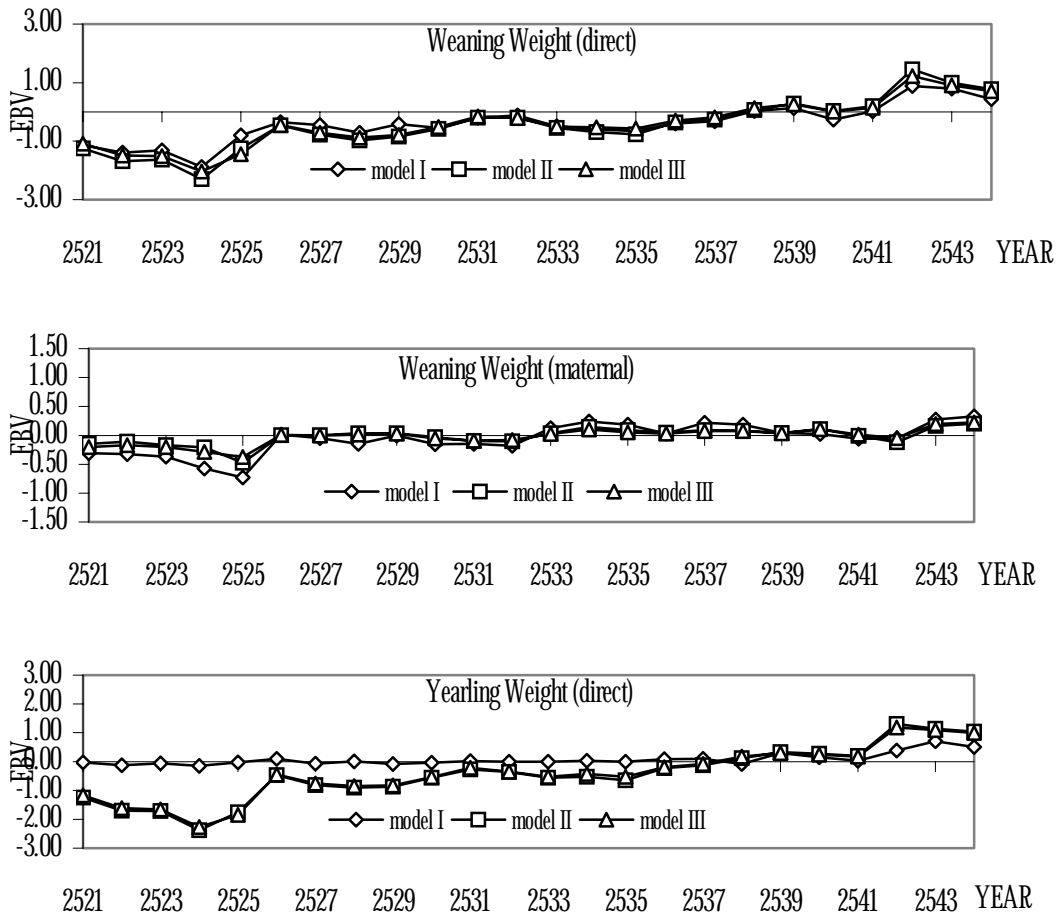
### แนวโน้มทางพันธุกรรม

จากการนำค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ที่ลักษณะ มาเปรียบเทียบกับค่าที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะทั้งสามโมเดล โดยนำค่าการผสมพันธุ์ที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง และอิทธิพลจากยีนที่ผ่านทางแม่ค่าเฉลี่ยแต่ละปี ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2521 - 2544 พบว่าการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะจากโมเดลที่ 2 และ 3 มีแนวโน้มทางพันธุกรรมเฉลี่ยต่อปีที่เพิ่มขึ้นในอัตราที่สูงกว่าโมเดลที่ 1 เล็กน้อย (Table 2) ส่วนน้ำหนักหย่านม และน้ำหนัก 1 ปีจะมีแนวโน้มที่เพิ่มขึ้นเช่นกัน และเพิ่มในอัตราที่สูงกว่าน้ำหนักแรกเกิด เนื่องจากลักษณะเหล่านี้มีความสัมพันธ์กันในเชิงบวก (สมพร และ คณะ, 2547) ดังนั้นน้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักหย่านมจะส่งผลถึงลักษณะ 1 ปีด้วย แต่ในทางตรงกันข้ามน้ำหนัก 1 ปีกลับไม่มีโอกาสส่งผลต่อน้ำหนักหย่านม และน้ำหนักแรกเกิด และเมื่อนำค่าการผสมพันธุ์เฉลี่ยไปสร้างกราฟแสดงความก้าวหน้าของการคัดเลือกที่ผ่านมา พบว่าเส้นกราฟที่ได้ก็ให้ผลตอบต่อการคัดเลือกที่ใกล้เคียงกัน (Figure 1) ยกเว้นในลักษณะน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปีในการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะจะมีแนวโน้มทางพันธุกรรมที่สูงกว่าการวิเคราะห์ที่ลักษณะ ซึ่งสอดคล้องกับผลตอบสนองจากการคัดเลือกเฉลี่ยต่อปีที่คำนวณได้

**Table 2** Genetic gain per year from model I, model II and model III of body weight in Brahman.

	Direct Genetic Effect			Maternal Genetic Effect		
	Model I	Model II	Model III	Model I	Model II	Model III
birth weight	0.017	0.019	0.018	-	-	-
weaning weight	0.077	0.108	0.099	0.003	0.013	0.015
yearling weight	0.021	0.119	0.115	-	-	-





**Figure 1** Genetic trend of direct and maternal at birth, wean and yearling weight from model I, model II and model III in Brahman.

**ความสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์จากการวิเคราะห์ที่ลักษณะและหลายลักษณะ**

ค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จากทั้งสามโมเดล นำมาหาความสัมพันธ์โดยวิธี **Pearson correlation** และ **Spearman rank correlation** พบว่าการวิเคราะห์ที่ลักษณะ และหลายลักษณะทำให้ค่าการผสมพันธุ์ และการจัดลำดับของสัตว์ที่ใกล้เคียงกัน โดยเฉพาะน้ำหนักเมื่อแรกเกิด เท่ากับ 0.98 - 0.99 ส่วนน้ำหนักเมื่อหย่านมทั้งอิทธิพลจากยีน โดยตรง และอิทธิพลจากแม่มีค่าตั้งแต่ 0.57-0.91 และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี มีค่าสหสัมพันธ์ที่อยู่ในระดับต่ำ เท่ากับ 0.14-0.24 เนื่องจากลักษณะดังกล่าวมีข้อมูลค่อนข้างน้อย (*missing*) แต่การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะสามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ได้ โดยอาศัยความสัมพันธ์กันระหว่างลักษณะ จึงทำให้การจัดลำดับของสัตว์ในฝูงที่แตกต่าง โดยเฉพาะลักษณะน้ำหนัก 1 ปี ซึ่งมีอิทธิพลมาจากน้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักเมื่อหย่านม (Table 4)

**Table 4** Breeding value correlations between model I, model II and model III of body weight in Brahman cattle.

	Pearson Correlation		Spearman rank correlation	
	Model I & II	Model I & III	Model I & II	Model I & III
Birth weight (D)	0.99	0.99	0.98	0.98
Weaning weight (D)	0.86	0.78	0.81	0.75
Weaning weight (M)	0.89	0.91	0.87	0.89
Yearling weight (D)	0.24	0.23	0.15	0.14

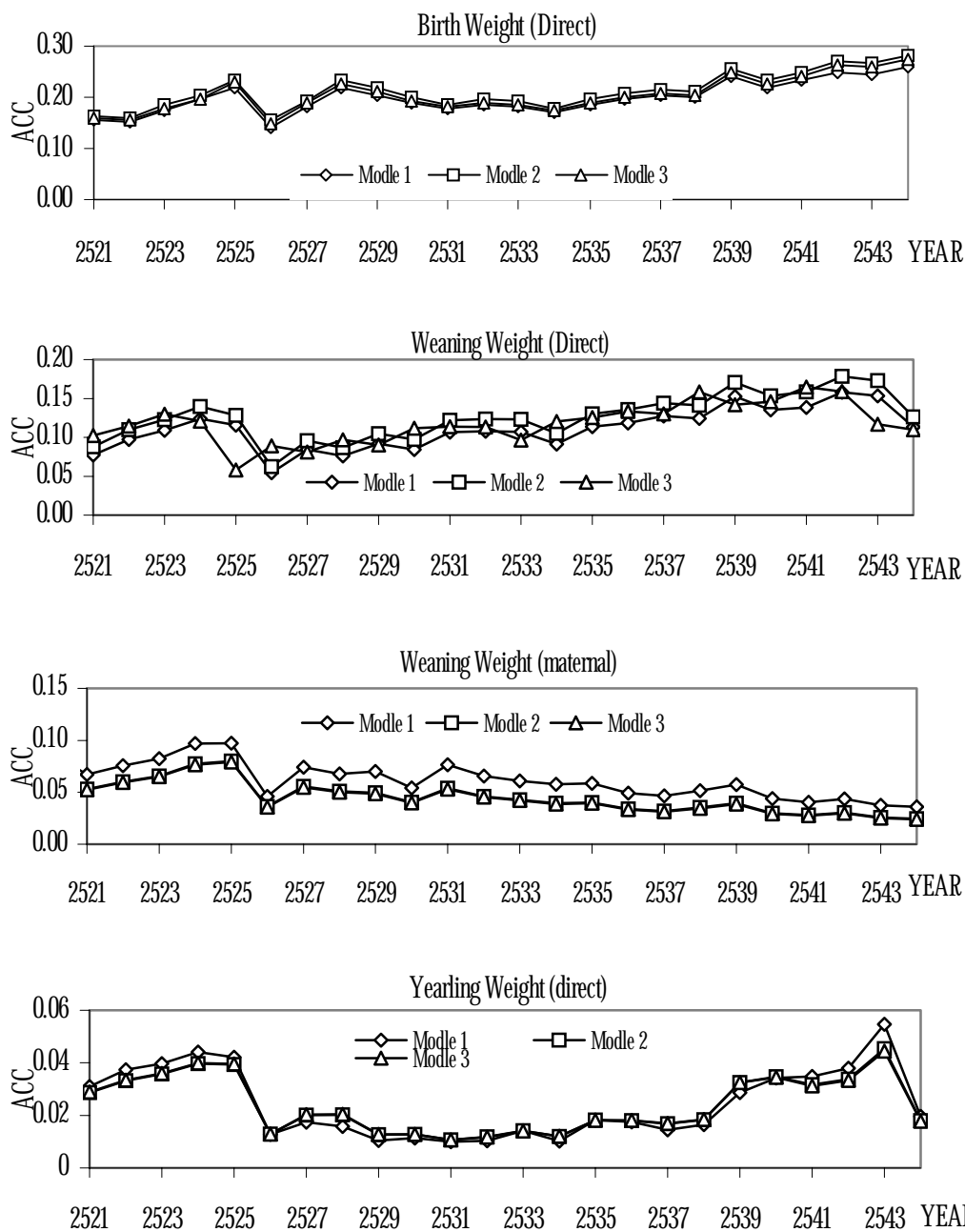
D = direct genetic effect; M = maternal genetic effect

#### ความแม่นยำของการคัดเลือก

เมื่อนำค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ (Accuracy; ACC) มาหาค่าเฉลี่ยในแต่ละปีแล้วนำไปสร้างเป็นกราฟเพื่อเปรียบเทียบกันในแต่ละโมเดล พบว่าโมเดลที่ 2 และ 3 ที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะให้ค่า ACC ที่สูงกว่าการวิเคราะห์ที่ลักษณะเล็กน้อย ยกเว้นค่า ACC ของความสามารถการให้นมที่มีค่าต่ำกว่าเล็กน้อย ดังแสดงใน Table 5 และ Figure 2 แต่อย่างไรก็ตามค่า ACC ของค่าการผสมพันธุ์ที่สูงกว่า จะบ่งบอกถึงค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้กับค่าการผสมพันธุ์จริงของสัตว์มีค่าที่ใกล้เคียงกันมากน้อยเพียงใด (Mrode, 1996)

**Table 5** Average of accuracy from model I, model II and model III of body weight in Brahman.

	Direct Genetic Effect			Maternal Genetic Effect		
	Model I	Model II	Model III	Model I	Model II	Model III
birth weight	0.197	0.210	0.203	-	-	-
weaning weight	0.110	0.126	0.116	0.061	0.045	0.044
yearling weight	0.024	0.024	0.024	-	-	-



**Figure 2** Average of accuracy at birth, wean and yearling weight from model I, model II and model III in Brahman.

### สรุปและข้อเสนอแนะ

การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ จะส่งผลให้มีผลตอบสนองต่อการคัดเลือก แนวโน้มทางพันธุกรรม และความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ค่อนข้างสูงกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ โดยเฉพาะน้ำหนักเมื่อหย่านม และเมื่ออายุ 1 ปี ส่วนน้ำหนักเมื่อแรกเกิดพบว่ามีค่าที่ใกล้เคียงกัน เนื่องจากการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะจะมีการปรับความสัมพันธ์กันระหว่างลักษณะ และมีค่าเป็นบวก ดังนั้นน้ำหนักแรกเกิด จึงส่งผลต่อการแสดงออกของน้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี แต่ น้ำหนักหย่า

นม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปีกลับไม่มีโอกาสส่งผลต่อการแสดงออกของน้ำหนักเมื่อแรกเกิด อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะจะทำให้ทุกลักษณะถูกคัดเลือกไปพร้อมกัน และสามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ของอีกลักษณะหนึ่งซึ่งอาจจะไม่มีข้อมูลของลักษณะนั้น ๆ ได้ เนื่องจากอาศัยความสัมพันธ์กันระหว่างลักษณะ

### เอกสารอ้างอิง

- สมพร โชคเจริญ, มนต์ชัย ดวงจินดา, สุภร กตเวทิน, วิโรจน์ ภัทรจินดา และ สมมาตร สุวรรณมาโจ. 2547. การปรับอิทธิพลเนื่องจากอายุแม่เมื่อคลอดร่วมกับการปรับอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ต่อการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัวในโคברהห์มัน. การประชุมสัมมนาวิชาการเกษตรแห่งชาติ ประจำปี 2547 สาขา สัตวศาสตร์/สัตวบาล คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- Baschnagel, M. B., J. Moll and N. Kunzi. 1999. Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire x herd interaction as an additional random effect. *Livest. Prod. Sci.* 60: 203 - 208.
- Bourdon, R. M. 2000. *Understanding Animal Breeding*. 2<sup>nd</sup> ed. Prentice-Hall, Inc., New Jersey.
- Buchanan, D. S. and M. K. Nielsen. 1979. Sire by environment interactions in beef cattle field data. *J. Anim. Sci.* 48: 307 - 312.
- Duangjinda, M., I. Misztal and S. Tsurata. 2002. BLUPF90 PC - PAK 2.02: Users's Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Meyer, K. 1997. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariance. *Livest. Prod. Sci.* 52: 187 - 199.
- Mrode, R. A. 1996. *Linear Model for the Prediction of Animal Breeding Values*. CAB International, Wallingford UK.
- Patterson, H. D. and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*. 58:545.
- Sivarajasingam, S., B. Kinghorn and J. van der Werf. 1998. *Animal Breeding and Genetics for the Tropics*. Handbook for course held in conjunction with the 6<sup>th</sup> World Congress on Genetic Applied to Livestock Production. University of New England, NSW.