

การปรับอิทธิพลเนื่องจากอายุแม่เมื่อคลอดร่วมกับอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์
ต่อการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักตัวในโคบราห์มัน

**The Adjustments of Age of Dam and Herd -Sire Interaction effects on Genetic
Parameter Estimation for Body Weight in Brahman Cattle.**

สมพร โชคเจริญ^{1/} มนต์ชัย ดวงจินดา^{1/} สุภร กตเวทิน^{1/} วิโรจน์ ภัทรจินดา^{1/} และสมมาตร สวรรณมาโจ^{2/}
Somporn Chokcharoen, Monchai Duangjinda, Suporn Katawatin, Virote Patarajinda and Somart Suwanmajao

Abstract

The purposes of this study were to: 1) adjust age of dam using year classification, linear regression and quadratic regression including herd-sire interaction (hs^2), and 2) compare the parameter estimates using single trait and multiple trait analysis. 18,928 pedigree animal of Brahman from Department of Livestock Development (DLD) from 1978 to 2001 were used in this study. Genetic parameters were estimated by Restriction Maximum Likelihood (REML). Breeding value were predicted by Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) using BULPF90 PC-PAK 2.0 program. Traits used in the analysis were birth weight, weaning weight, and yearling weight (400 days). The results of this study signify no different for difference method of age of dam adjustment on genetic parameter estimation. Including herd-sire interaction in single trait model gene downward the estimate of direct heritability, maternal heritability and direct-maternal relationship either using single trait or multiple trait models. The herd-sire interaction ratio was about 1-4 % of total variance. Direct heritability (h^2) estimates on birth weight, weaning weight and yearling weight were 0.35, 0.11 and 0.11, maternal heritability (m^2) were 0.05 on weaning weight. Genetic and phenotypic correlation on birth weight, weaning weight and yearling weight were 0.57-0.67 and 0.27-0.67 respectively. The multiple trait analysis was suitable for practical implementation in Beef evaluation since its accounted for trait correlations in the model.

Keyword: Age of dam, herd-sire interaction, genetic parameter, breeding value, Brahman cattle,

BLUP

^{1/} ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น 40002

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

^{2/} กองบำรุงพันธุ์สัตว์ กรมปศุสัตว์ วิทยาโท กรุงเทพฯ 10400

Department of Livestock Development, Bangkok Thailand 10400

บทคัดย่อ

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ ศึกษาความเหมาะสมของการปรับปรุงจิ้งคังที่เนื่องจากอายุแม่เมื่อคลอดลูกแบบเป็นกลุ่มปี แบบรีเกรซชันเส้นตรง แบบรีเกรซชันเส้นโค้ง ร่วมกับการปรับปรุงจิ้งคังเนื่องจากอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ (hs^2) และเปรียบเทียบวิธีการวิเคราะห์ที่ละลักษณะกับวิเคราะห์พร้อมหลายลักษณะ โดยใช้ข้อมูลโคברהมี้นจำนวน 18,928 ตัวของกรมปศุสัตว์ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2521- 2544 ถูกนำมาวิเคราะห์ในการศึกษาครั้งนี้ ทำการประมาณค่าความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ทำนายค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PC-PAK 2.0 โดยมีลักษณะที่ศึกษา ได้แก่ น้ำหนักตัวเมื่อแรกเกิด เมื่อหย่านม และเมื่ออายุ 1 ปี (400 วัน) ผลการศึกษาพบว่า การปรับอายุแม่เมื่อคลอดลูกทั้งสามแบบ ให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ใกล้เคียงกัน ส่วนการประเมิน hs^2 พบว่ามีสัดส่วนประมาณ 1-4 % และเมื่อสัดส่วนมากขึ้นจะส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง (h^2) อัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนที่ผ่านทางแม่ (m^2) และสหสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลจากยีนโดยตรงและที่ผ่านทางแม่ (r_{um}) ลดลง สำหรับการวิเคราะห์ที่ละลักษณะและหลายลักษณะให้ค่าประมาณพารามิเตอร์ ค่าการผสมพันธุ์ และผลตอบแทนการคัดเลือกใกล้เคียงกัน โดยพบว่าค่า h^2 ที่ประมาณได้ของน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี เท่ากับ 0.35, 0.11 และ 0.11 ตามลำดับ ค่า m^2 ของน้ำหนักหย่านมเท่ากับ 0.05, ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี มีค่าตั้งแต่ 0.60 - 0.75 และ 0.27-0.67 ตามลำดับ อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์พร้อมหลายลักษณะจะมีความเหมาะสมกว่าในการนำไปใช้ เนื่องจากมีการปรับด้วยค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ

คำนำ

การประเมินพันธุกรรมของสัตว์ (genetic evaluation) ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ที่พัฒนาโดย Henderson (1973) เป็นเทคนิคที่นิยมใช้กันแพร่หลายในปัจจุบัน ซึ่งจะใช้ข้อมูลจากหลายแหล่งในการประเมิน ได้แก่ ข้อมูลจากตัวสัตว์ จากบรรพบุรุษ จากพี่น้อง และจากลูกหลาน ทั้งยังสามารถปรับปรุงจิ้งคังที่ (fixed effect) ไปพร้อมกับปรับปรุงสุ่ม (random effect) มีการปรับซ้ำไม่เท่ากัน และใช้ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์มาช่วยในการประเมิน เรียกว่าสมการแบบหุ่นตัวสัตว์ (animal model) และต่อมา Henderson and Quaas (1976) ได้เสนอวิธีการประเมินพันธุกรรมของสัตว์จากหลายลักษณะ (multiple traits) ซึ่งช่วยเพิ่มความแม่นยำของการคัดเลือก (accuracy) ใช้กับลักษณะที่มีความสัมพันธ์กัน (correlated traits) ค่าที่ประเมินได้จึงมีลักษณะไม่เอน

เอียง (unbiased) และมีความคลาดเคลื่อนต่ำที่สุด (minimum error variance) รายละเอียดสามารถศึกษาได้จาก Mrode (1996)

ปัจจัยคงที่ที่มีผลต่อค่าสังเกตได้แก่เพศ ผุง เดือนเกิด ปีเกิด ลำดับการคลอด อายุแม่เมื่อคลอด อายุสัตว์ที่ทำการวัด ปัจจัยเหล่านี้จะส่งผลต่อค่าสังเกตที่วัดได้แตกต่างกัน ดังนั้นจึงต้องมีการปรับอิทธิพลดังกล่าวในตัวแบบ เพื่อขจัดอิทธิพลเหล่านั้น ทำให้ค่าสังเกตเหลือเพียงอิทธิพลเนื่องจากตัวสัตว์จริง ๆ เนื่องจากอายุแม่เมื่อคลอด (age of dam) เป็นปัจจัยหนึ่งที่สามารถปรับได้หลายแบบ (เป็นกลุ่มปี, แบบรีเกรซชันแบบเส้นตรง หรือรีเกรซชันเส้นโค้งกำลังสอง) และการประเมินอิทธิพลคู่ระหว่างผุงการจัดการและพ่อพันธุ์ (herd-sire interaction) มีผลต่อมีความถูกต้องของการประเมินค่าการผสมพันธุ์ (Bertrand et al., 1985; Meyer, 1997) ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อ 1.) ศึกษาวิธีการที่เหมาะสมในการปรับอิทธิพลคงที่เนื่องจากอายุแม่เมื่อคลอดร่วมกับอิทธิพลร่วมระหว่างผุงการจัดการกับพ่อพันธุ์ ที่มีผลต่อการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ของน้ำนมแรกเกิด น้ำนมหย่านม น้ำนมเมื่ออายุ 400 วัน ของโคברהมัน และ 2.) ศึกษาความเหมาะสมของการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ (single trait) กับการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ (multiple traits) ของน้ำนมแรกเกิด น้ำนมหย่านม และน้ำนมเมื่ออายุ 400 วัน ของโคברהมัน

วิธีการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้วิเคราะห์

ใช้ข้อมูลโคברהมันที่เลี้ยงในหน่วยงานของกรมปศุสัตว์ซึ่งประกอบด้วยน้ำนมแรกเกิด น้ำนมหย่านม และน้ำนมเมื่ออายุ 1 ปี (400 วัน) จากโคברהมันรวมพันธุ์ประวัติ จำนวน 18,928 ตัว ตั้งแต่ปี 2520 - 2544 (Table 1.) การวิเคราะห์ลักษณะจะแบ่งเป็นการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ คือ

1. การวิเคราะห์ที่ละลักษณะ โดยศึกษาในทุกลักษณะ มีรูปแบบสมการเส้นตรงแบบหุ่นผสม (animal mixed model) ของน้ำนมเมื่อแรกเกิด น้ำนมเมื่อหย่านม และ น้ำนมเมื่ออายุ 1 ปี ดังแสดงในสมการ ที่ [1], [2] และ [3] ตามลำดับ

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

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

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

Table 1. Characteristics of growth traits data 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 brith	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

2. การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ โดยทำการศึกษาในสามลักษณะคือน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี มีรูปแบบสมการเส้นตรงแบบหุ่นผสม (animal mixed model) ดังสมการที่ [4]

$$\begin{aligned}
 y_1 &= X_1 b_1 + Z_1 a_1 + W_1 c_1 + e \\
 y_2 &= X_2 b_2 + Z_2 a_2 + M_2 m_2 + W_2 c_2 + e \\
 y_3 &= X_3 b_3 + Z_3 a_3 + e
 \end{aligned} \quad \left. \vphantom{\begin{aligned} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{aligned}} \right\} [4]$$

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

เมื่อ y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต, b = เวกเตอร์ของ fixed effect, a = เวกเตอร์ของ direct genetic effect, m = เวกเตอร์ของ maternal genetic effect, c = เวกเตอร์ของ 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, σ_a^2 = ความแปรปรวนที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง, σ_m^2 = ความแปรปรวนที่เป็นอิทธิพลจากแม่, σ_{am} = ความแปรปรวนร่วมระหว่างยีนโดยตรงและอิทธิพลจากแม่, σ_c^2 = ความ

แปรปรวนจากจากสภาพแวดล้อมการที่ผ่านทางแม่, σ_e^2 = ความแปรปรวนอื่น ๆ และ 1, 2, 3 = ลักษณะน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี ตามลำดับ

การวิเคราะห์ข้อมูล

จากข้อมูลที่มีอยู่ประเมินความแปรปรวน โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ที่พัฒนาโดย (Patterson and Thompson, 1971) โดยมีการปรับปัจจัยคงที่ประกอบด้วยเพศ ฝูงการจัดการ วัน เดือนปีที่ซึ้งน้ำหนัก ลำดับการคลอด และอายุแม่เมื่อคลอด 3 แบบ (แบบเป็นช่วงปี , แบบเส้นตรง และ แบบเส้นโค้ง) ร่วมกับการปรับด้วยอิทธิพลสุ่มเนื่องจากฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ (hs^2) (Table 2) จากนั้นนำตัวแบบที่เหมาะสมจากการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ มาใช้เป็นตัวแบบในการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะที่มีการประเมิน หรือไม่ประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ การวิเคราะห์ใช้โปรแกรม BLUPF90 PC-PAK 2.0 (Duangjinda et al, 2002) ค่าที่ประเมินได้นำไปคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง (h^2) อัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากแม่ (m^2) สัดส่วนของสภาพแวดล้อมการที่ผ่านทางแม่ (c^2) และค่าอัตราซ้ำ (t) ดังนี้คือ $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$; $m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_p^2}$; $c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_p^2}$; $t = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_c^2}{\sigma_p^2}$ และ $hs^2 = \frac{\sigma_{hs}^2}{\sigma_p^2}$

Table 2. Description of univariate analysis model in Brahman cattle.

Model ^{1/}	Age of dam			
	Year class	Linear covariate	Linear and quadratic covariate	Herd-Sire interaction
1	✓	-	-	-
2	-	✓	-	-
3	-	✓	✓	-
4	-	✓	✓	✓

^{1/} = Yearling weight no age of dam and parity for adjust, to compare non adjusted (No_HS) and add herd-sire interaction for adjusted (Add_HS).

ผลและวิจารณ์ผล

การวิเคราะห์ที่ละลักษณะ

ผลการศึกษาพบว่า การปรับอายุแม่เมื่อคลอดด้วยวิธีจัดเป็นกลุ่มปี แบบรีเกรซชันเส้นตรง และรีเกรซชันเส้นโค้งในโมเดลที่ 1-3 ให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมไม่แตกต่างกัน ส่วนการประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ (hs^2) ในโมเดลที่ 4 พบว่า เมื่อมีการประเมินอิทธิพลดังกล่าว จะมีผลทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง (h^2) อิทธิพลจากยีนที่ผ่านทางแม่ (m^2) และสหสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลจากยีนโดยตรงและอิทธิพลจากยีนที่ผ่านทางแม่ (r_{am}) ลดต่ำลง และพบว่า เมื่อสัดส่วนของ hs^2 เพิ่ม สูงขึ้นผลกระทบก็จะมากขึ้นด้วย โดยน้ำหนักเมื่อแรกเกิด น้ำหนักเมื่อหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี มีสัดส่วนของ hs^2 เท่ากับ 1, 4 และ 3 % ของความแปรปรวนทั้งหมด หรือ เท่ากับ 3, 36 และ 27 % เมื่อเทียบกับค่า h^2 , และค่า h^2 ที่ประมาณได้ เท่ากับ 0.34, 0.11 และ 0.11 ตามลำดับ และค่า m^2 สำหรับน้ำหนักหย่านม เท่ากับ 0.10 ซึ่งผลการประเมิน hs^2 (Table 3) ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Notter et al., (1992) ที่กล่าวว่า การประเมิน hs^2 มีความสำคัญกับลักษณะเมื่อหย่านมและมีสัดส่วนประมาณ 3-4 % ของความแปรปรวนทั้งหมด, Meyer (1997) และ Baschnagel et al., (1999) กล่าวว่า ถ้าไม่ประเมิน hs^2 จะส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้มีค่าสูงเกินจริง ส่งผลให้ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้มีความแม่นยำลดต่ำลง จากการศึกษาครั้งนี้ ค่า h^2 ที่ประมาณได้เมื่อเทียบกับการรายงานของ Meyer (1998) และ ชีระชัย (2539) รายงานในโคบราห์มันพบว่า น้ำหนักเมื่อแรกเกิด มีค่า h^2 ต่ำกว่า เท่ากับ 0.22 และ 0.20 ตามลำดับ และ Meyer (1998) รายงานในโคบราห์มันพบว่า น้ำหนักเมื่อหย่านม มีค่า h^2 และ m^2 ที่ใกล้เคียงกัน เท่ากับ 0.16 และ 0.13 ตามลำดับ ส่วนน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี Meyer (1992) รายงานในโคพินธุ์ เฮียร์ฟอร์ด มีค่า h^2 เท่ากับ 0.15

การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ

จากการนำโมเดลของการวิเคราะห์ที่ละลักษณะที่ปรับอายุแม่แบบรีเกรซชันเส้นตรงและเส้นโค้งกำลังสอง (โมเดล 3) ซึ่งเป็นโมเดลที่นิยมใช้ในปัจจุบันในการเปรียบเทียบ พบว่า เมื่อมีการประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ (hs^2) ให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ คือ มีค่าเท่ากับ 1, 3 และ 1 % เมื่อเทียบกับความแปรปรวนทั้งหมด หรือ เท่ากับ 3, 16 และ 10 % เมื่อเทียบกับค่า h^2 และพบว่า เมื่อมีการประเมิน hs^2 มีผลทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง (h^2) และความสัมพันธ์ของอิทธิพลจากยีนโดยตรง และอิทธิพลจากแม่ (r_{am}) ลดต่ำลง ซึ่งสอดคล้องกับการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ อย่างไรก็ตาม การศึกษาครั้งนี้พบว่า การประเมิน hs^2 สำหรับน้ำหนักหย่านมกับการวิเคราะห์ร่วมหลาย

ลักษณะจะมีผลกระทบกับค่า h^2 น้อยกว่าการวิเคราะห์ที่ลักษณะ (Table 4) และจากการรายงานของ Bertrand et al., (1985) กล่าวว่าอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์เกิดจากสาเหตุ 1) พันธุกรรมของพ่อพันธุ์แสดงออกได้แตกต่างกันในแต่ละสภาพแวดล้อม และ 2) พ่อพันธุ์เดียวกันมีโอกาสผสมกับแม่พันธุ์ในแต่ละฝูงที่มีความดีเด่นแตกต่างกัน จึงทำให้ลูกที่ได้ มีการแสดงออกที่แตกต่างกันด้วย

Table 3. Estimated of phenotypic variance and genetic parameter form univariate analysis for growth traits Brahman.

Traits	Model ^{1/}	Phenotypic variance and genetic parameter							-2LogL
		σ_p^2	h^2	m^2	r_{am}	c^2	t	hs^2	
Birth weight	1	10.06	0.35	-	-	0.05	0.40	-	33013.55
	2	10.11	0.35	-	-	0.05	0.40	-	33026.62
	3	10.09	0.35	-	-	0.05	0.40	-	33033.32
	4	10.13	0.34	-	-	0.05	0.39	0.01	33034.10
Weaning weight	1	443.54	0.17	0.10	-0.33	0.05	0.22	-	58332.96
	2	444.37	0.17	0.10	-0.33	0.05	0.22	-	58342.29
	3	443.54	0.17	0.10	-0.33	0.05	0.22	-	58332.96
	4	449.02	0.11	0.09	-0.32	0.06	0.17	0.04	58317.83
Yearling weight	No_hs	716.54	0.14	-	-	-	-	-	5058.17
	Add_hs	727.32	0.11	-	-	-	-	0.03	5059.11

^{1/} 1 = Adjusted for age of dam as year class; 2 = Adjusted for age of dam as linear covariate;

3 = Adjusted for age of dam as quadratic covariate; 4 = Adjusted for age of dam as quadratic covariate together with herd- sire interaction included; NO_HS = No adjusted for age of dam, parity and herd- sire interaction not included; AD_HS = No adjusted for age of dam, parity and herd- sire interaction included.

^{2/} σ_p^2 = total variance; h^2 = direct heritability; m^2 = maternal heritability; r_{um} = direct and maternal correlation; c^2 = maternal permanent environment effect ratio; t = repeatability; hs^2 = herd sire interaction ratio and $-2LogL$ = Likelihood function

การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ ทำให้ทราบค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_g) และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (r_p) โดยพบว่าทั้งสามลักษณะมีค่า r_g อยู่ในระดับปานกลาง ถึงสูง

และมีความสัมพันธ์กันในทางบวก โดยมีค่าตั้งแต่ 0.57 – 0.76 (Table 4) ซึ่งหมายถึงการแสดงออกของลักษณะเหล่านั้นเป็นไปในทิศทางเดียวกัน หรือกล่าวได้ว่าเมื่อมีการคัดเลือกลักษณะหนึ่ง ก็จะทำให้ลักษณะหนึ่งดีขึ้นตามไปด้วย (Bourdon, 2000) ส่วนค่า r_p พบว่ามีค่าค่อนข้างต่ำ ถึงปานกลาง โดยมีค่าตั้งแต่ 0.27-0.67 (Table 5) เนื่องจากลักษณะปรากฏที่สัตว์แสดงออกมา จะมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม สภาพแวดล้อม และรวมถึงอิทธิพลเนื่องจากการข้ามของยีน (dominance gene effect) อิทธิพลจากอัตราเลือดชิด (inbreeding depression) และอิทธิพลร่วมอื่น ๆ (epistasis) ที่เราไม่ได้จำแนกออกมาจากโมเดล (Falconer, 1989)

Table 4. Estimated of phenotypic variance and genetic parameter form univariate and multivariate analysis for growth traits Brahman.

Trait	Method ^{1/}	Genetic parameter						
		σ_p^2	h^2	m^2	r_{um}	c^2	t	hs^2
Birth weight	Sin	10.09	0.35	-	-	0.05	0.40	-
	Mul	10.19	0.38	-	-	0.04	0.42	-
	Mul_HS	10.22	0.35	-	-	0.04	0.40	0.03
Weaning weight	Sin	443.54	0.17	0.10	-0.33	0.05	0.22	-
	Mul	437.95	0.21	0.05	-0.32	0.08	0.29	-
	Mul_HS	440.51	0.18	0.05	-0.26	0.08	0.26	0.03
Yearling weight	Sin	716.54	0.14	-	-	-	-	-
	Mul	748.29	0.11	-	-	-	-	-
	Mul_HS	753.22	0.11	-	-	-	-	0.01

^{1/}Sin = single trait analysis

Mul = multiple traits analysis and herd- sire interaction not included.

Mul_HS = multiple traits analysis and herd- sire interaction included.

Table 5. Genetic and phenotypic correlation form multivariate analysis for growth traits Brahman.

Traits	Genetic and phenotypic correlation		
	BW	WW	YW
Multiple traits analysis but not included herd- sire interaction			
BW	-	0.57	0.69
WW	0.31	-	0.76
YW	0.27	0.67	-
Multiple traits analysis and included herd- sire interaction			
BW	-	0.60	0.69
WW	0.31	-	0.75
YW	0.27	0.67	-

- Upper diagonal was genetic correlation; Lower diagonal was phenotypic correlation

สรุปและข้อเสนอแนะ

ผลจากการศึกษาครั้งพบว่า การปรับอายุแม่เมื่อคลอดทั้งสามแบบทำให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้ไม่แตกต่างกัน แต่เมื่อพิจารณาตัวแปรอายุแม่เมื่อคลอด พบว่าเป็นตัวแปรต่อเนื่อง หากการปรับอายุแม่แบบเป็นกลุ่ม (ปี) การจัดกลุ่มอาจทำได้หลายแบบ ทำให้ได้ค่าปรับที่แตกต่างกันออกไป แต่ถ้าเลือกปรับแบบรีเกรซชัน ก็จะได้ค่าสัมประสิทธิ์รีเกรซชันเพียงค่าเดียวเพื่อนำไปคูณกับอายุแม่ ก็จะได้ค่าปรับสำหรับสัตว์แต่ละตัว และจากการรายงานที่ผ่านมาพบว่า การตอบสนองของลักษณะต่างๆ กับอายุแม่เมื่อคลอดจะไม่เป็นเส้นตรง และนิยมปรับถึงระดับเส้นโค้งกำลังสอง ส่วนการประเมินอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ น่าจะได้รับการพิจารณาประเมินร่วมในโมเดล เมื่อมีสัดส่วนดังกล่าวเพิ่มขึ้นมากกว่า 1-2 % ของความแปรปรวนทั้งหมด หรือมีสัดส่วนมากกว่า 10 % เมื่อเทียบกับอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง เนื่องจากเมื่ออิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์เพิ่มสูงขึ้น จะให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเปลี่ยนแปลงไป ซึ่งจะส่งผลทำให้ค่าการผสมพันธุ์ (Breeding value) และการจัดลำดับสัตว์ในฝูงเปลี่ยนแปลงไป

เอกสารอ้างอิง

- ธีระชัย ช่อไม้. 2539. ดัชนีคัดเลือกโครุ่นพันธุ์บราห์มัน. วิทยานิพนธ์สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- 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.
- Bertrand J. K., J. P. Berger and R. L. Willham. 1985. Sire x environment interactions in beef cattle weaning weight filed data. *J. Anim. Sci.* 60: 1396 – 1402.
- Bourdon, R. M. 2000. *Understanding Animal Breeding*. 2nd ed. Prentice-Hall, Inc. Upper Saddle River, New Jersey.
- Duangjinda, M., I. Misztal and S. Tsuruta. 2002. BLUPF90 PC – PAK 2.0: Users's Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Falconer, D. S. 1989. *Introduction to Quantitative Genetic*. 3th ed. Harlow. England Longman.
- Henderson, C. R. and R. L. Quaas. 1976. Multiple trait evaluation using relatives' records. *J. Anim. Sci.* 43: 1118 – 1197.
- Meyer, K. 1992. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 31: 179 – 204.
- 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.
- Meyer, K. 1998. Report on the Analysis of Thailand Buffalo and Brahman Data. Animal Genetic and Breeding Unit . A Joint Unit of NSW Agriculture and UNE.
- Mrode, R. A. 1996. *Linear Model for the Prediction of Animal Breeding Values*. CAB International, Wallingford UK.
- Notter, D. R., B. Tier and K. Meyer. 1992. Sire x Herd Interactions for weaning weight in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 70 : 2359 – 2365.