

ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของลักษณะเมื่อหย่านมของโคברהห์มัน ศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ลำพูนกลาง^{1/}

สมพร โชคเจริญ^{2/} เทอดศักดิ์ ชมชื่นจิตร^{2/} นิกร สงฆ์ไพโร^{2/}

บทคัดย่อ

ค่าประมาณทางพันธุกรรม และแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตเมื่อหย่านม ได้แก่ น้ำหนักตัว (WT) ความสูงลำตัว (HH) ความยาวรอบอก (GIR) และความยาวลำตัวเมื่อหย่านม (STP) ของโคברהห์มันศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ลำพูนกลาง จำนวน 4,564 ตัว นำมาวิเคราะห์ความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) มีการปรับปัจจัยคงที่ประกอบด้วยเพศ เดือน ปีที่หย่านม อายุแม่เมื่อคลอด (linear and quadratic regression) และอายุเมื่อหย่านม การประเมินค่าการผสมพันธุ์แนวโน้มทางพันธุกรรมโดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ด้วยโปรแกรม BLUPF90 PC-PAK 2.02 ผลการศึกษาพบว่าลักษณะ WT, HH, GIR และ STP มีค่าอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง (h^2) เท่ากับ 0.39, 0.39, 0.22 และ 0.47 มีค่าอัตราพันธุกรรมของความสามารถการให้นม (m^2) เท่ากับ 0.16, 0.12, 0.15 และ 0.07 ตามลำดับ มีค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_g) ตั้งแต่ 0.48 – 0.98 และค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (r_p) ตั้งแต่ 0.41 – 0.71 และพบว่าทุกลักษณะมีแนวโน้มของพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรงเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางที่เพิ่มขึ้นเฉลี่ยต่อปีโดยมีค่าเท่ากับ 0.36 ก.ก., 0.10, 0.09 และ 0.09 ซ.ม. ส่วนพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลของความสามารถการให้นมในทุกลักษณะมีแนวโน้มที่ลดต่ำลงโดยมีค่าเท่ากับ -0.23 ก.ก., -0.05, -0.07 และ -0.05 ซ.ม. ตามลำดับ เนื่องจากมีความสัมพันธ์เชิงตรงกันข้ามกับอิทธิพลจากยีนโดยตรง

คำสำคัญ : ความก้าวหน้าทางพันธุกรรม, ลักษณะเมื่อหย่านม, โคברהห์มัน,

^{1/} ทะเบียนวิชาการเลขที่ 47(3) - 0406 - 144

^{2/} ศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ลำพูนกลาง ต. หนองรี อ. ลำสนธิ จ. ลำพูน (10590)

Genetic Trend of Weaning Trait of Brahman Cattle in Lamphyaklang
Livestock Breeding and Research Center ^{1/}

Somporn Chokcharoen ^{2/} Terdsak Chomchernchit ^{2/} Nikorn Sanghureyphrai ^{2/}

Abstract

The estimated of genetic parameter and genetic trend of growth traits at weaning were weaning weight (WT), hip height (HH), herd girth (GIR) and shoulder to pin (STP) Brahman cattle in Lampayaklang livestock breeding and research center. The 4,564 animal in pedigree were estimated variance by Restricted Maximum Likelihood (REML) and adjust fixed effect were sex, month-year at weaning, age of dam (linear and quadratic regression) and age at weaning. Breeding value and genetic trend were predicted by Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) using BLUPF90 PC-PAK 2.02 program. The results showed that WT, HH, GIR and STP direct heritability (h^2) were 0.39, 0.39, 0.22 and 0.47, maternal heritability (m^2) were 0.16, 0.12, 0.15 and 0.07 respectively. The genetic correlation (r_g) were 0.48 – 0.98, phenotypic correlation (r_p) were 0.41 – 0.71. Direct genetic trend in all traits increase per year were 0.36 kg., 0.10, 0.09 and 0.09 cm. but maternal genetic trend in all traits were decrease per year were -0.2 kg, -0.05, -0.07 and -0.05 cm. respectively because it was negative correlation with direct genetic.

Keyword : genetic trend, weaning trait, Brahman cattle,

1/ Research Project No 47(3) - 0406 - 144

2/ Lampayaklang Livestock Breeding and Research Center, Nong-ree, Lamsonti, Lopburee provine, (10590)

บทนำ

ลักษณะเมื่อหย่านม เป็นลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจลักษณะหนึ่งของโคเนื้อ ซึ่งกรมปศุสัตว์ได้ใช้ในการคัดเลือกมาโดยตลอด จากอดีตจนถึงปัจจุบัน โดยข้อมูลที่ทำให้การเก็บเมื่อหย่านมมาโดยตลอดได้แก่น้ำหนักตัว ความสูงลำตัว ความยาวรอบอก และความยาวลำตัวเมื่อหย่านม ลักษณะเหล่านี้เป็นลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative traits) ที่สามารถวัดค่าได้ ซึ่งจะถูกรับควบคุมด้วยพันธุกรรม (genetic effect) และสภาพแวดล้อม (environment effect) ส่วนที่ถูกรับควบคุมด้วยพันธุกรรมจะสามารถจำแนกได้เป็นอิทธิพลเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม (additive gene effect) อิทธิพลจากการข่มของยีน (dominance gene effects) และปฏิกิริยาร่วมระหว่างยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งกัน (epistatic gene effect) ส่วน อิทธิพลเนื่องจากยีนแบบบวกสะสมยังสามารถจำแนกได้เป็นอิทธิพลเนื่องจากยีนโดยตรง (direct gene effect) และอิทธิพลเนื่องจากยีนที่ผ่านทางแม่ (maternal gene effect) ส่วนที่เหลือจะเป็นอิทธิพลที่เกิดจากสภาพแวดล้อม ซึ่งจะสามารถแบ่งเป็นสภาพแวดล้อมถาวรที่ผ่านทางแม่ (maternal permanent environment effect) และสภาพแวดล้อมชั่วคราว (temporary environment effect) (Falconer, 1989)

อิทธิพลของพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง และอิทธิพลจากยีนที่ผ่านทางแม่ เป็นส่วนที่มีความสำคัญที่สามารถถ่ายทอดจากพ่อและแม่ไปสู่ลูกได้อย่างละครั้งเท่า ๆ กัน และสามารถประเมินค่าได้ โดยค่าที่ประเมินได้เมื่อนำไปเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของฝูงเรียกว่าค่าการผสมพันธุ์ (Breeding Value) ประกอบกับในปัจจุบันเทคนิค BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) เป็นเทคนิคที่พัฒนาโดย Henderson (1973) ซึ่งสามารถปรับปัจจัยคงที่ (fixed effect) ไปพร้อมกับปัจจัยสุ่ม (random effect) โดยอาศัยความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์มาช่วยในการประเมิน เรียกว่าสมการแบบหุ่นตัวสัตว์ (animal model) การประเมินสามารถประเมินได้ที่ละลักษณะ (single trait) หรือหลายลักษณะ (multiple trait) ไปพร้อมกัน ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จะถูกนำไปใช้ในการจัดลำดับสัตว์ในการคัดเลือก และใช้ในการดูความก้าวหน้าของการคัดเลือกที่ผ่านมาได้ และเชื่อว่าเป็นเทคนิคที่มีความแม่นยำสูงสุดในปัจจุบัน (Mrode, 1996; Bourdon, 2000) ดังนั้น ในการศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาค่าประมาณทางพันธุกรรม และความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของการคัดเลือกที่ผ่านมาของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตเมื่อหย่านม ได้แก่ น้ำหนักตัว ความสูง ความยาวลำตัว และความยาวรอบอก ของโคบราห์มันของศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ลำพูนกลางว่ามีการพัฒนาที่ดีขึ้นมากน้อยอย่างไร

อุปกรณ์และวิธีการ

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลโคบราห์มันของศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ลำพูนกลาง ตั้งแต่ปี 2529 – 2546 จำนวน 4,564 ตัว ได้แก่ข้อมูลน้ำหนักตัว (WT) ความสูงลำตัว (HH)

ความยาวรอบอก (GIR) และความยาวลำตัวเมื่อหย่านม(STP) ดังแสดงในตารางที่ 1 ทำการวิเคราะห์ความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ที่พัฒนาโดย (Patterson and Thompson, 1971) มีการปรับปัจจัยคงที่ประกอบด้วยเพศ เดือน ปีที่หย่านม อายุแม่เมื่อคลอด (linear and quadratic regression) และอายุเมื่อหย่านม การประเมินค่าการผสมพันธุ์ และแนวโน้มทางพันธุกรรมใช้โปรแกรม BLUPF90 PC-PAK 2.02 (Duangjinda et al, 2002) ค่าประมาณที่ได้นำไปคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง (h^2) อัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนที่ผ่านทางแม่ (m^2) และอัตราซ้ำ (t) จากนั้นนำค่าที่ประมาณได้ไปใช้ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์และหาค่าการผสมพันธุ์เฉลี่ยในแต่ละปีนำไปสร้างกราฟแสดงความสัมพันธ์ของปีเกิดกับค่าการผสมพันธุ์เฉลี่ยในแต่ละปีเพื่อดูแนวโน้มการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมที่ผ่านมา ในการวิเคราะห์ทำการวิเคราะห์แบบ Multivariate analysis ตัวแบบที่ใช้วิเคราะห์ คือ maternal and repeatability animal model (Mrode, 1996) ดังสมการ

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \\ \beta_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} M_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & M_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & M_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & M_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \\ m_3 \\ m_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & W_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \\ c_3 \\ c_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \end{bmatrix}$$

$$\text{โดยมี } \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \end{bmatrix} = G \otimes A; \text{Var}[c] = W \otimes I; \text{Var}[\varepsilon] = R \otimes I$$

เมื่อ y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต; X, Z, M, W = Incident matrix ของอิทธิพลที่เกิดจาก fixed effect, direct genetic effect, maternal genetic effect และ maternal permanent environment effect ตามลำดับ; a, m, c, ε = เวกเตอร์ของ direct genetic effect, maternal genetic effect, maternal permanent environment effect, และ residual error ตามลำดับ; G = genetic variance matrix; A = relationship matrix; R = Identity matrix I = Identity matrix; \otimes = conicur product; และ 1, 2, 3, 4 = ลักษณะน้ำหนักตัว ความสูงลำตัว ความยาวรอบอก และความยาวลำตัวตามลำดับ

ตารางที่ 1. โครงสร้างและจำนวนข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตเมื่อหย่านมของโคברהห์มัน

ลักษณะ	จำนวน	ค่าเฉลี่ย	Std	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
จำนวนตัวสัตว์ (รวมพันธุ์ประวัติ)	4,564	-	-	-	-
จำนวน Contemporary groups	152	-	-	-	-
น้ำหนักตัวเมื่อหย่านม (kg)	2,716	160.65	31.36	100	273
ความสูงลำตัว (cm)	2,665	109.14	7.72	91	115
ความยาวรอบอก (cm)	2,593	124.73	9.56	106	212
ความยาวลำตัว (cm)	2,452	106.71	9.00	90	172

ผลและวิจารณ์ผลการศึกษา

ค่าประมาณทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วม 4 ลักษณะพบว่าค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) ของลักษณะที่ศึกษาได้แก่ WT, HH, GIR และ STP มีค่าเท่ากับ 0.39, 0.39, 0.22 และ 0.47 ตามลำดับ โดยมีค่าสูงกว่า Meyer (1998) ที่รายงานในโคברהมันเช่นกันมีค่าเท่ากับ 0.17, 0.18, 0.12 และ 0.32 และสมพร (2546) มีค่าเท่ากับ 0.17, 10, 10 และ 20 ตามลำดับ อย่างไรก็ตามพบว่า ลักษณะ STP มีค่า h^2 ที่สูงกว่าอีกสามลักษณะซึ่งสอดคล้องกัน ส่วนค่า m^2 มีค่าเท่ากับ 0.16, 0.12, 0.15 และ 0.07 ซึ่งใกล้เคียงกับ Meyer (1998) รายงานไว้เท่ากับ 0.12, 0.03, 0.09 และ 0.04 ตามลำดับ โดยค่าที่แตกต่างกันเนื่องจากประชากรที่ศึกษาแตกต่างกัน มีพันธุกรรมที่ต่างกัน และสภาพแวดล้อมที่ต่างกัน (Sivarajasingam, 1998) ดังแสดงในตารางที่ 2.

ตารางที่ 2. ค่าประมาณพารามิเตอร์ของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตเมื่อหย่านมโคברהมัน

ลักษณะ	ลักษณะปรากฏและค่าประมาณพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม					
	σ_p^2	h^2	m^2	r_{am}	c^2	t
น้ำหนักตัวเมื่อหย่านม	545.18	0.39	0.16	-0.82	0.11	0.55
ความสูงลำตัว	33.56	0.39	0.12	-0.87	0.05	0.52
ความยาวรอบอก	57.85	0.22	0.15	-0.89	0.06	0.39
ความยาวลำตัว	47.43	0.47	0.07	-0.79	0.03	0.54

หมายเหตุ σ_p^2 = phenotypic variance; h^2 = direct heritability; m^2 = maternal heritability; r_{am} = direct and maternal genetic correlation; c^2 = permanent environment effect ratio และ t = repeatability

การวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะทำให้สามารถทราบค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_g) และ ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (r_p) โดยพบว่าลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตเมื่อหย่านมทั้ง 4 ลักษณะที่ศึกษา มีค่า r_g ปานกลางถึงสูง คือมีค่าตั้งแต่ 0.48 – 0.98 โดย ลักษณะ WT กับ GIR มีค่า r_g สูงที่สุด เท่ากับ 0.98 และต่ำที่สุดคือลักษณะ HH กับ STP เท่ากับ 0.48 ส่วนค่า r_p ระหว่าง 4 ลักษณะมีค่าอยู่ในระดับปานกลาง โดยมีค่าตั้งแต่ 0.41 – 0.71 ดังแสดงในตารางที่ 3. ซึ่ง Meyer (1998) รายงานไว้ในโคברהมันเช่นกันมีค่า r_g ตั้งแต่ 0.28-0.74 และมีค่า r_p ตั้งแต่ 0.47-0.74

ตารางที่ 3. ค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตเมื่อหย่านมโคברהมัน

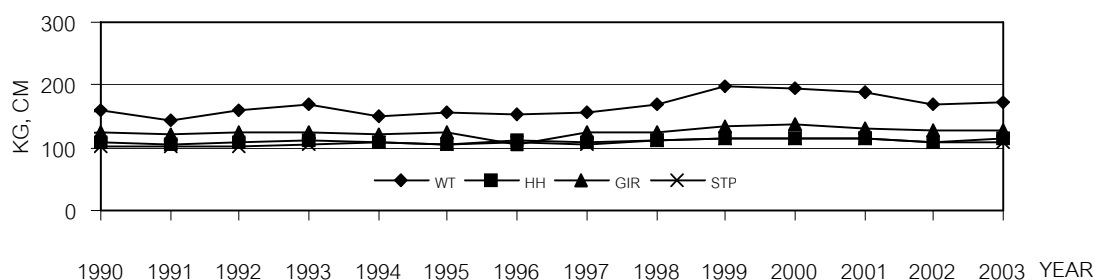
ลักษณะ	น้ำหนักหย่านม	ความสูงลำตัว	ความยาวรอบอก	ความยาวลำตัว
--------	---------------	--------------	--------------	--------------

น้ำหนักหย่านม	-	0.73	0.98	0.86
ความสูงลำตัว	0.60	-	0.78	0.48
ความยาวรอบอก	0.71	0.55	-	0.88
ความยาวลำตัว	0.59	0.41	0.54	-

หมายเหตุ เหนือแนวทแยงคือสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม; ใต้แนวทแยงคือสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ

ลักษณะปรากฏที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตของโคברהมีนทั้ง 4 ลักษณะ นำมาสร้างกราฟแสดงแนวโน้มลักษณะปรากฏเฉลี่ยในแต่ละปี พบว่าลักษณะ WT มีการเปลี่ยนแปลงที่ไม่มากนักในช่วงก่อนปี พ.ศ. 2540 หลังจากนั้นพบว่าแนวโน้มที่เพิ่มขึ้น ส่วนลักษณะอื่น ๆ ได้แก่ HH, GIR และ STP พบว่ามีค่าที่ไม่เปลี่ยนแปลงมากนัก อาจเนื่องมาจากการคัดเลือกโคทดแทนที่ผ่านมาจะคัดลักษณะน้ำหนักตัวเพียงลักษณะเดียว (รูปที่ 1)

รูปที่ 1 แสดงแนวโน้มของลักษณะปรากฏที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตโคברהมีน

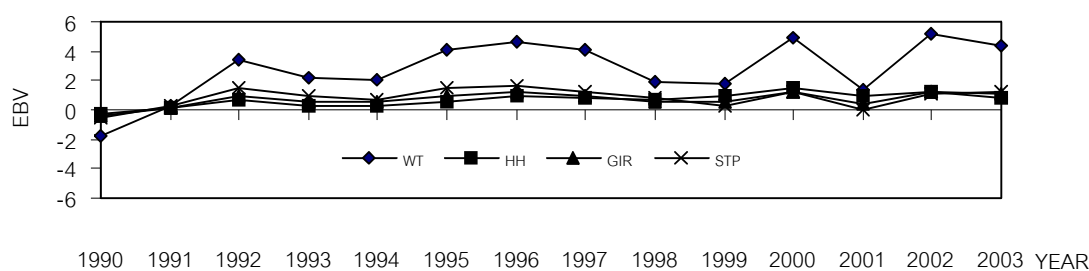


แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะที่ศึกษาพบว่าทุกลักษณะมีแนวโน้มที่เพิ่มขึ้น โดย WT มีอัตราที่เพิ่มขึ้นโดยเฉลี่ยต่อปี เท่ากับ 0.36 กิโลกรัม ส่วนลักษณะ HH, GIR และ STP มีอัตราที่เพิ่มขึ้นเฉลี่ยต่อปี เท่ากับ 0.10, 0.09 และ 0.09 เซนติเมตรตามลำดับ ส่วนความสามารถการให้นมพบว่าทุกลักษณะมีแนวโน้มที่ลดลงโดย WT, HH, GIR และ STP มีค่าเท่ากับ -0.21 กิโลกรัม, -0.05 , -0.07 และ 0.05 เซนติเมตรตามลำดับ (ตารางที่ 4) และเมื่อนำไปสร้างกราฟเพื่อดูแนวโน้มทางพันธุกรรมพบว่าช่วงก่อนปี พ.ศ. 2540 มีการเปลี่ยนแปลงของค่าการผสมพันธุ์ที่ไม่มากนัก อาจเนื่องมาจากช่วงนั้นการคัดเลือกโคจะใช้อัตราส่วนน้ำหนัก (weight ratio) ในการคัดเลือก และหลังจากนั้นเริ่มมีการคัดเลือกสัตว์โดยใช้ค่าการผสมพันธุ์ (Breeding value) ในการคัดเลือกเรื่อยมา ส่งผลให้มีการเปลี่ยนแปลงที่ชัดเจนมากขึ้น (รูปที่ 2) ส่วนความสามารถในการให้นม (Milking ability) มีการเปลี่ยนแปลงไม่มากนัก ยกเว้นลักษณะ WT (รูปที่ 3)

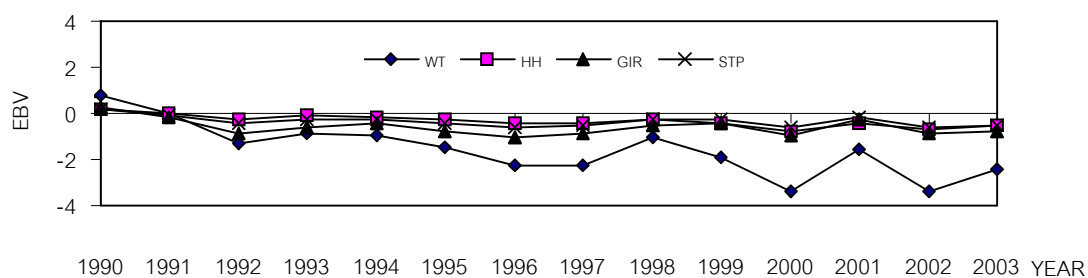
ตารางที่ 4. ค่าเฉลี่ยของแนวโน้มทางพันธุกรรมของอิทธิพลจากยีนโดยตรง และความสามารถการให้นมเฉลี่ยต่อปีของโคברהห์มัน

ลักษณะเมื่อหย่านม	แนวโน้มทางพันธุกรรม			
	อิทธิพลจากยีนโดยตรง	R^2	ความสามารถการให้นม	R^2
น้ำหนักตัว	0.36	0.65	-0.23	0.83
ความสูงลำตัว	0.10	0.82	-0.05	0.85
ความยาวรอบอก	0.09	0.65	-0.07	0.60
ความยาวลำตัว	0.09	0.40	-0.05	0.70

รูปที่ 2. แสดงแนวโน้มทางพันธุกรรมของอิทธิพลจากยีนโดยตรงที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตในโคברהห์มัน



รูปที่ 3. แสดงแนวโน้มทางพันธุกรรมของอิทธิพลจากยีนที่เกี่ยวข้องกับการให้นมของลักษณะการเจริญเติบโตในโคברהห์มัน



สรุปผล

ผลจากการศึกษาพบว่าลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโตเมื่อหย่านมของโคברהห์มันของศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ลำพูนกลางได้แก่ WT, HH, GIR และ STP มีค่า h^2 ตั้งแต่ 0.22-0.47, ค่า m^2 มีค่าตั้งแต่ 0.07-0.16 โดยมีค่า r_g ตั้งแต่ 0.48 - 0.98 มีค่า r_p ตั้งแต่ 0.41 - 0.71 และพบว่าทุกลักษณะมีแนวโน้มของพันธุกรรมเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางที่ดีขึ้น ส่วนความสามารถของการให้นมในทุกลักษณะมีแนวโน้มที่ลดต่ำลง

ข้อเสนอแนะ

การคัดเลือกที่ผ่านมามุ่งที่จะคัดเลือกเฉพาะลักษณะของน้ำหนักรีดนมเมื่อหย่านม โดยลักษณะอื่น ๆ แม้จะมีการเก็บข้อมูลไว้เป็นจำนวนมากแต่ไม่ได้ใช้ในการคัดเลือก ลักษณะเหล่านี้มีความสัมพันธ์กันในเชิงบวกกับน้ำหนักรีดนม จึงทำให้มีแนวโน้มที่ดีขึ้นไปด้วย ในอนาคตหากมีการให้ความสำคัญกับลักษณะของโครงร่าง และสัดส่วนร่างกายมากขึ้น อาจต้องมีการพิจารณาคัดลักษณะดังกล่าวร่วมด้วย และการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะน่าจะเหมาะสมที่สุด เนื่องจากมีการปรับด้วยความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ จึงน่าจะให้ความแม่นยำที่ดีกว่า ประกอบกับความสามารถของ hardware และ software ก็มีสมรรถนะที่สูงขึ้นเรื่อย ๆ ในอนาคต

เอกสารอ้างอิง

- สมพร โชคเจริญ 2546. การประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการเจริญเติบโตในโคบราห์มันด้วย การวิเคราะห์ที่ละลักษณะและหลายลักษณะโดยใช้ BLUP, วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต, มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- Bourdon, R. M. 2000b. Understanding Animal Breeding. 2nd ed. Prentice-Hall, Inc., New Jersey.
- Duangjinda, M., I. Misztal and S. Tsurata. 2002. BLUPF90 PC – PAK 2.02: Users's Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Falconer, D. S. 1989. Introduction to Quantitative Genetic. 3th ed. Harlow. England Longman
- 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.
- 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 6th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production. University of New England, NSW.